

## 黒毛和種の育種改良

### 1. ウシ脂肪交雑原因遺伝子EDG1 の県内繁殖牛群内での分布と 育種改良への利用方法の検討

#### The distribution of EDG1 in prefecture breeding dam that cause beef marble, and examined how to use it to breeding improvement

渡邊直人・伊藤雅之・藤田達男

## 要 旨

京都大学との共同研究で発見した脂肪交雑原因遺伝子の一つであるEDG1 について県内の黒毛和種繁殖牛、種雄牛、肥育牛における分布を調査し、系統間、産地間に有意差があるかどうかを検討した。

種雄牛 122 頭を検索した結果、AA遺伝子型とGG型間では一日あたり増体量 (DG) の育種価において有意差が認められ ( $P < 0.05$ )、GA型とGG型間でロース芯面積で有意差が認められたが ( $P < 0.05$ )、BMSナンバーについてはどの遺伝子型間においても有意差は認められなかった。

繁殖雌牛では各枝肉形質において遺伝子型間で有意差は認められなかった。

肥育牛では遺伝子型、遺伝子型内種雄牛、大分県の寄与率すべてが有意であった。種雄牛別に見た場合、有意差が見られた家系もあるがそうでない家系もあった。肥育牛の母牛の影響を検討した結果、母牛の生産県間に遺伝子頻度の差が認められ、母牛への大分県の寄与率を考慮した分散分析でも遺伝子型間にBMS育種価で有意な差が認められた。

キーワード：EDG1、BMSナンバー、育種価

### 背景及び目的

京都大学では、脂肪交雑形成能力の高い大分県産種雄牛「糸福」の体細胞クローン牛と、その能力の低いホルスタイン種を用いて、牛群間でのmRNA発現量の差を、ディファレンシャルディスプレイ法とリアルタイムPCRにより解析して、13 個の既知遺伝子を脂肪交雑原因遺伝子として選抜した (2005)。その中の一つであるEDG1 が特に有効性が高いことから、早期に県内繁殖牛群内での分布を把握し、育種改良への活用方法を検討することで肉用牛の飛躍的な能力向上が期待できる。

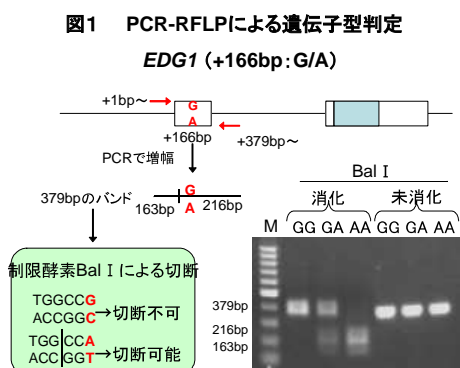
そこで、EDG1 遺伝子の県内繁殖牛群内での分布を把握するとともに、遺伝的能力との関連性を解析することでこれらの遺伝子の効果を検証する。また、早期に遺伝子が確定された場合には遺伝子検査による種雄牛の選抜を行う。

### 材料

材料としては種雄牛 122 頭、繁殖雌牛：161 頭、肥育牛：1042 頭、ホルスタイン雌牛：285 頭の血液から抽出したDNAサンプルを用いた。

方法

PCR-RFLP分析法により遺伝子型判定を行う。(図1)



EDG1 は第二染色体の第一エクソン領域 +166bpに存在するSNPである。まずPCR法により第一エクソン領域を特異的に増幅させ、その後制限酵素MscIによる切断作業を行う。PCR産物の+166bpの塩基が糸福の体細胞クローン牛と同じタイプのGである場合は切断されず、ホルスタインと同じAである場

合は 163bpと 216bpの長さに切断される。

この違いにより、遺伝子型をGG、GA、Aの三種類に分類した。

得られた遺伝子型と産肉能力育種価とを用いて以下の解析を行った。

- (1) 種雄牛および繁殖雌牛の遺伝子型と育種価との相関解析
- (2) 肥育牛の父親別の最小二乗分散分析
- (3) 肥育牛の母牛の生産県の寄与率を調査し、大分県以外の系統においてもEDG1 遺伝子が脂肪交雑に対してプラスの効果を持つか最小二乗分散分析。

結果および考察

種雄牛 122 頭の遺伝子型は表 1 のとおりで、GG46 頭、GA55 頭、AA21 頭であり、メンデルの遺伝の法則による遺伝子型の割合よりもGGが多くAAが少なかった。また、兵庫県産の種雄牛はAAが多い傾向であった。

表1. 種雄牛のEDG1遺伝子型

遺伝子型	GG			GA			AA		
種雄牛名	福鶴57	正姫	糸安次郎	城竜	糸福鶴	重福	八重福	安竹福	
	吉金	福竜	年藤	第2正徳	糸姫	忠茂福	徳花		
	第2賢晴	糸藤	寿清福	第6福久	谷代	幸千代	重栄		
	福桜	福金	茂安藤	八重栄	糸鶴	茂桜	金福3		
	福梅	寿恵福	萬福8	第2福鶴	文桜	満福	藤錦		
	真弓	福麻	植389	隆福	福鶴土井	宮茂997	第25平茂		
	糸竜	安金福		徳姫	勝福	藤平茂	谷川		
	糸福	糸寿藤		浜桜	糸509	75大船	幸福		
	平川	神茂藤		和雅	尾村忠福7	鶴波	城福		
	豊桜	隆茂38		松鶴	美福	佐華福	糸秀		
	福清勇	隆安福		初藤	糸清福	福栄竜	木綿鶴		
	第2糸福	神茂71		満重	大田錦	勝福平	安谷鶴		
	宮茂	糸満		平茂金	玖珠藤	糸茂定	重菊照		
	糸梅	安糸美		金富士	八重菊波	英長	照秀長		
	糸清幸	波恵福		糸栄	糸674	清安平	茂金鶴		
	秀福	喜実金		糸豊	玉栄		富茂勝		
	大船7	英春丸		糸金	栄福		八重福栄		
	栄404	鶴平		茂福	池田		光照福		
	栃太郎	清竜		鶴福	福久福		満清福		
	牧福	重福光		糸治	真太郎		芳鶴		
		46頭			55頭			21頭	

網掛けは純兵庫県産

枝肉6形質の育種価について分散分析を行った結果、AA型とGG型間でDG育種価にお

いて危険率 5%水準以下で有意差が認められ、GA型とGG型間でロース芯面積で同じく 5%水準以下で有意差が認められたが、BMSナンバーについてはどの遺伝子型間でも有意差は認められなかった。(表 2)

表 2. 種雄牛の遺伝子型と枝肉形質育種価の平均値

遺伝子型	枝肉重量	DG	ロース芯面積	バラ厚	皮下脂肪厚	BMSナンバー	頭数
AA	-1.23	11.59 *	3.00	-0.94	-2.60	1.15	21
GA	8.84	36.32	2.63 *	0.62	-0.45	1.40	55
GG	14.21	50.37 *	5.01 *	1.05	-1.18	1.83	46
全体	8.86	36.67	3.55	0.48	-1.10	1.50	122

\*: 有意差あり p<0.05

繁殖雌牛での遺伝子型判定頭数は 185 頭であるが、育種価が判明しているのは 16 1 頭だった。各遺伝子型のBMSナンバー育種価間に有意差は認められなかった。

表 3. 繁殖雌牛の遺伝子型及びBMSナンバー育種価

遺伝子型	BMSナンバー育種価	頭数
AA	1.91	10
GA	1.77	80
GG	1.88	71

またホルスタイン種の遺伝子型はGG型 0 頭、GA型 2 頭、AA型 278 頭となり、EDG 1 遺伝子の頻度は極めて低いことが分かった。

2. 今回検索に用いた肥育牛 1042 頭の内訳は第 7 系桜系（系鶴、勝福、系 509、系清福）が 302 頭、気高系（系治）が 195 頭、中土井系（福鶴土井）が 545 頭である。

今回の試験に用いた肥育牛はすべて大分県産であるために、父牛の系統の影響と共

に母牛の系統の影響も強く受けていると考えられる。そこで母牛の生産県の寄与率を調べるため、母の祖父母 4 頭の生産県をそれぞれ 0.25 とし、母牛にどれだけ寄与しているかを検討した。(表 4-1、4-2)

表 4-1. 母牛への生産県の寄与率別の遺伝子頻度

生産県寄与率	EDG1対立遺伝子頻度		計
	A	G	
大分			
1.00	27.0	73.0 *	61
0.75	35.6	64.4	431
0.50	37.1	62.9	426
0.25	39.3	60.7	103
0.00	88.1 **	11.9	21
	Total		1042
島根			
1.00			
0.75	50.0	50.0	1
0.50	35.4	64.6	48
0.25	30.3	69.7	548
0.00	45.7	54.3	445
	Total		1042

\*: P<0.05  
\*\* : P<0.01

表 4-2. 母牛への生産県の寄与率別の遺伝子頻度

生産県寄与率	EDG1対立遺伝子頻度		計
	A	G	
兵庫			
1.00	150.0	(50.0)	1
0.75	50.0	50.0	5
0.50	52.4 **	47.6	123
0.25	42.8	57.2	391
0.00	28.9	71.1	522
	Total		1042
鳥取			
1.00			
0.75	50.0	50.0	1
0.50	50.0 **	50.0	16
0.25	38.0	62.0	142
0.00	36.7	63.3	883
	Total		1042

\*: P<0.05  
\*\* : P<0.01

その結果、母牛の祖父母が大分県産の牛ではG遺伝子の頻度が高く (P<0.05)、兵庫県と鳥取県ではA遺伝子の頻度の方が高かった (P<0.01)。また鳥根県では有意差は認められなかった。

全肥育牛に対して大分県の影響を考慮して解析すると、遺伝子型、遺伝子型内種雄牛、大分県の寄与率すべてが有意であり (P<0.01)、最小二乗平均値も各遺伝子型間で有意差が見られた (P<0.01)。(表 5)

表5. 全肥育牛のBMS育種価に関する分散分析

最小二乗分散分析表			
変動因	自由度	平均平方	F値
EDG1	2	4.32	0.0019 **
EDG1遺伝子型内種雄牛	15	15.21	0.0001 **
大分県の寄与率への回帰	1	6.86	0.0016 **
残差	1,030	0.68	

\*\* p<0.01

遺伝子型の最小二乗平均値

遺伝子型	頭数	最小二乗平均値
AA	195	2.58±0.09 <sup>a</sup>
GA	518	2.83±0.05 <sup>b</sup>
GG	329	2.96±0.06 <sup>c</sup>

異なる兩文字を持つ平均値間に有意差あり (p<0.01)

種雄牛別に見ると、遺伝子型のBMS育種価に関する最小二乗平均値は有意差のある家系もあったが、見られない家系もあった。しかし全体的にAA、GA、GGの順に高くなる傾向があった。(表6)

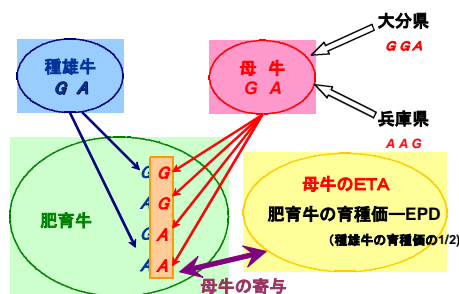
表6. 種雄牛別遺伝子型のBMS育種価に関する最小二乗平均値

遺伝子型	種雄牛					
	糸鶴	勝福	糸509	糸清福	糸治	福鶴土井
AA	2.91	2.84	2.09 <sup>a</sup>	2.65	2.83 <sup>a</sup>	2.02
GA	3.00	3.22	2.98 <sup>b</sup>	2.80	3.09	2.10
GG	3.01	2.97	3.39 <sup>c</sup>	2.86	3.26 <sup>b</sup>	2.19

同じ列内で異なる文字間に有意差あり (p<0.05)

母の生産県によって肥育牛の遺伝子頻度に差があることは既に述べたとおりであるが、肥育牛の遺伝子型頻度に及ぼす母牛の遺伝子頻度と母のETAとに着目して、生産県の寄与率の高い母牛から生まれた肥育牛の遺伝子型とETAとの関連性を検討した。(図2)

図2. 母牛の生産地別遺伝子頻度と母牛のETAの関連性



母牛への大分県、兵庫県それぞれの寄与率が50%以上の肥育牛について、母牛のETA値の遺伝子型別平均値は大分県、兵庫県共に遺伝子型間に有意差が認められた。(表7)

表7. 母牛への生産県の寄与率が50%以上の肥育牛の遺伝子型に関する母牛ETAの平均値

遺伝子型	大分県			兵庫県		
	頭数	平均値	標準偏差	頭数	平均値	標準偏差
AA	169	1.00 <sup>a</sup>	0.81	41	0.54 <sup>a</sup>	0.67
GA	465	1.12	0.82	60	0.77 <sup>b</sup>	0.73
GG	299	1.22 <sup>b</sup>	0.86	35	1.21 <sup>c</sup>	0.91

同じ列内で異なる文字間に有意差あり (p<0.05)

その結果、肥育牛の母牛の生産県間に遺伝子頻度の差が認められた。そして母牛への大分県の寄与率を考慮した分散分析でも遺伝子型間にBMSナンバー育種価で有意な差が認められた。

また、繁殖雌牛の結果からは各遺伝子型のBMSナンバー育種価間に有意差は認められなかったが、ホルスタイン雌牛の結果からEDG1 育種価間の差が示唆された。

以上の結果より、EDG1 遺伝子が脂肪交雑

責任遺伝子のひとつであることが示唆された。

今回のこの結果より、多くの遺伝子情報に基づいて高能力種雄牛の選抜が効率的に行えるようになると共に、肥育素牛の遺伝子型を判定することで、遺伝子型にあった肥育方法の変更も可能になると考えられ、大分県牛群の遺伝的能力の斉一化と肥育牛の経済性および品質の向上に大きく貢献するものと期待される。

さらに第二第三の脂肪交雑原因遺伝子を突き止め、種雄牛選抜、繁殖雌牛の能力向上、肥育牛の育成方法の検討などに応用していきたい。