

[成果情報名]黒毛和種雄牛「北平安」家系における脂肪交雑に関連する QTL 解析

[要約]道内で利用されている「北平安」産子去勢肥育牛の枝肉成績と枝肉断面の画像解析データを用いた 3K チップとマイクロサテライト DNA マーカーによる解析で得られた脂肪交雑関連 QTL は、BMS No.等の DNA マーカーアシスト選抜の可能性を示唆している。

[キーワード]DNA マーカー、QTL 解析、脂肪交雑

[代表連絡先]電話 0156-64-0617

[研究所]道総研畜産試験場・基盤研究部・畜産工学グループ、家畜研究部・肉牛グループ

[背景・ねらい]

黒毛和種の枝肉重量に関しては、これまで 14 番染色体に有効な DNA マーカーを検出し、実際の選抜に利用している。しかし、牛肉の経済価値に最も影響を及ぼしている脂肪交雑に関しては利用可能な QTL（量的形質遺伝子座：Quantitative Trait Loci の略で、家畜などの経済価値に関する遺伝情報が存在するであろう染色体上の領域のこと）は検出されていなかった。近年、脂肪交雑の形状や分布を評価する枝肉断面の画像解析技術、さらに SNP マーカーを配置した DNA チップによる QTL 解析技術など、解析手法の進歩によって、これまでよりも脂肪交雑に関連する QTL を検出する可能性が高まった。そこで道内で広く利用され産子の出荷頭数が多い黒毛和種雄牛「北平安」産子の去勢牛枝肉のデータを用いた QTL 解析により、牛肉の脂肪交雑に関連する有効な DNA マーカーを選定する。

[成果の内容・特徴]

1. 「北平安」産子去勢肥育牛の枝肉成績および枝肉断面の画像解析により評価した形質のデータ（表 1）について 3K チップ（動物遺伝研究所が黒毛和種で多型性が高い約 3 千個の SNP マーカーを選択・設計した黒毛和種集団用の illumina 社製 DNA チップ）を用いた遺伝解析（1 次解析）を行い、複数の染色体に有意な QTL が多数検出されている（表 2）。
2. 1 次解析により得られた脂肪交雑に関連する QTL について、サンプル頭数を追加してマイクロサテライト DNA マーカー（ゲノム中に散在し、繰り返しの数が異なる 2～4 塩基程度を 1 つの単位とした反復配列：MS マーカー）でさらに解析することとし、A、B、H、J 番染色体上の脂肪交雑に関連する 2 次 QTL 解析を行い（表 2）、B 番染色体、J 番染色体上の BMS.No（図 1）、ロース脂肪割合およびロース芯面積に関連する QTL が確認されている。
3. 2 次解析において検出された B 番染色体上のマーカー X および J 番染色体上のマーカー Y の遺伝子型による BMS No.への効果を検証したところ、最大と最小のタイプ間で BMS No.に 2.2 の差がある（図 2）。

[普及のための参考情報]

1. 黒毛和種の DNA マーカーによる脂肪交雑改良の実用化研究（性差や複数家系における効果、他形質への負の影響の有無などの検証）に活用する。
2. 得られた DNA マーカーを育種選抜に利用するには、雌との比較による性差の検討や、複数の家系における効果、他の形質への負の影響の有無などを検証する必要がある。

[具体的データ]

表 1. 1次・2次解析サンプルの主要な枝肉成績および画像解析データ

成績	形質	1次解析(n=251)		2次解析(n=491)	
		平均値	標準偏差	平均値	標準偏差
枝肉格付	出荷月齢 (月)	28.7	1.6	28.7	1.6
	枝肉重量 (kg)	451.9	45.9	454.0	46.7
	ロース芯面積 (cm ²)	60.3	7.6	59.9	7.9
	ばらの厚さ (cm)	7.76	0.76	7.78	0.78
	皮下脂肪厚 (cm)	2.07	0.62	2.07	0.60
	BMS No.	6.49	2.3	6.38	2.24
画像解析データ	ロース芯面積(画像) (cm ²)	64.0	8.0	64.2	8.6
	ロース脂肪面積割合 (%)	48.1	7.4	48.4	7.3
	あらさ指数10 ¹⁾ (%)	15.7	4.2	16.7	4.4
	最大あらさ指数 ²⁾ (%)	3.5	2.1	3.7	2.1
	細かさ指数 ³⁾	3.44	0.47	3.29	0.49

1): 枝肉画像を細線除去処理後、残った脂肪塊が脂肪面積に占める割合で、小さい方が評価が高い

2): 細線除去処理後に、もっとも大きい脂肪交雑塊が占める割合で、小さい方が評価が高い

3): ロース芯における0.01~0.5cm²の脂肪交雑粒子が占める割合で、大きい方が評価が高い

表 2. 1次・2次解析で検出された QTL とその効果

成績	形質	1次解析(n=251)				2次解析(n=491)					
		染色体 ¹⁾	位置 ¹⁾ (cM)	F値	置換効果 ³⁾	染色体 ¹⁾	位置 ¹⁾ (cM)	F値	置換効果 ³⁾		
画像解析データ	あらさ指数10	A	ア	8.7	0.02	*	A	nd ²⁾			
画像解析データ	最大あらさ指数			20.3	0.01	**					
枝肉格付	BMS No.	B	イ	11.9	-0.99	**	B	カ	7.9	0.57	*
画像解析データ	ロース脂肪割合			11.3	-0.03	*			7.5	0.02	*
画像解析データ	あらさ指数10			12.6	-0.02	**					
画像解析データ	最大あらさ指数	H	ウ	14.3	-0.01	**	H	nd ²⁾			
画像解析データ	細かさ指数			7.9	0.17	*					
枝肉格付	ロース芯面積		エ	11.3	3.27	**		キ	9.1	2.51	**
画像解析データ	ロース芯面積(画像)	J		11.7	3.51	**	J	ク	9.0	2.71	**
枝肉格付	BMS No.			10.8	0.98	**			11.2	0.73	**
画像解析データ	ロース脂肪割合		オ	8.1	0.03	*		ケ	11.0	0.02	**

1) 知財保護のため文字で表記

2) nd : p<0.05の有意なQTLが未検出

3) *p<0.05;**p<0.01(染色体ワイズ)

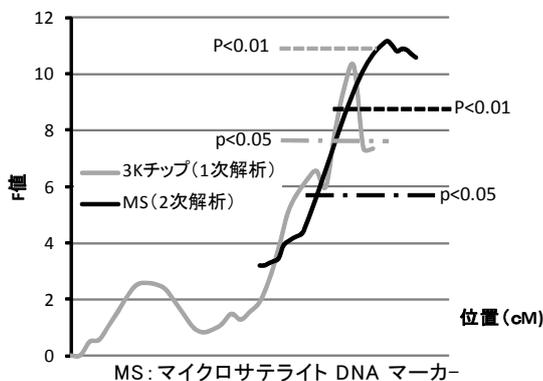


図 1. J 番染色体における BMS.No. の QTL についての F 値の推移

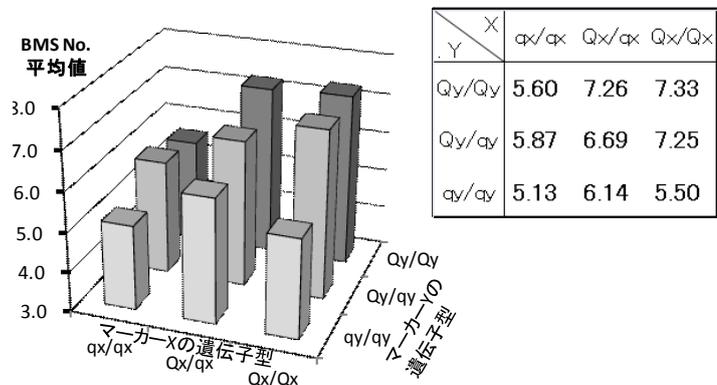


図 2. マーカーX および Y の遺伝子型による BMS No.への効果

(内藤 学)

[その他]

予算区分：JST-Astep

研究期間：2011~2012 年度

研究担当者：内藤 学、平山博樹、陰山聡一、南橋 昭、鹿島聖志、酒井稔史、宝寄山裕直、藤川 朗

平成 24 年度北海道農業試験会議（成績会議）における課題名および区分

「黒毛和種種雄牛「北平安」家系における脂肪交雑に関連する QTL 解析」（研究参考）