

[成果情報名]大ヨークシャー種の繁殖能力改良 SNP マーカーの検討

[要約]閉鎖群育種により造成した系統及び導入した大ヨークシャーの繁殖成績に基づき 22 個の 1 塩基多型 (SNP) の効果を検証した結果、14 個の SNP が繁殖成績と関連すること、特にプロラクチンレセプターは産子数の他、泌乳量の改良にも利用できることが示唆される。

[キーワード]1 塩基多型 (SNP)、大ヨークシャー、リアルタイム PCR、TaqManAssay

[担当]畜産研究課養豚担当

[代表連絡先]電話 088-694-2023

[研究所名]徳島県立農林水産総合技術支援センター

[分類]研究成果情報

[背景・ねらい]

TPP、日欧 EPA 等経済の自由化が養豚産業に大きく影響する中で、更なる生産コストの低減は喫緊の課題である。繁殖能力の向上は生産コストを低減させる手段であるが、繁殖能力は遺伝率が低いため、従来の育種改良手法では短期的な改良は困難である。

一方、近年ゲノム上に多数存在している 1 塩基多型 (SNP) をマーカーとして利用する取組みが欧米を中心に進んでいる。そこで、SNP をマーカーとした繁殖能力の短期的な改良の可能性について検討する。本研究ではまず、使用した豚群において繁殖性と連鎖不平衡の状態にある SNP を探索した。

[成果の内容・特徴]

1. 繁殖性について報告のある 22 カ所の SNP について塩基配列を決定し (表 1)、リアルタイム PCR と専用試薬 (TaqManAssay, Thermo Fisher Scientific) による短時間での検出を検討した。結果、全ての SNP は 1 反応 50 分以内の自動判定が可能であった。
2. 2 産以上の繁殖成績のある 95 頭の大ヨークシャーを対象に、実数及び育種価について SNP の遺伝子型により結果を集約し、1 元配置の分散分析により差を検定した。その結果、総産子数 (TNB) 3 個、生産子数 (NBA) 7 個、21 日齢頭数 (LP21) 7 個及び 21 日齢総体重 (LW21) 3 個、育種価では TNB' 9 個、NBA' 9 個、LP21' 10 個及び LW21' 11 個のアリル間に差のある SNP を検出した。そのうち、育種改良への利用が期待できる SNP について、表 2 及び表 3 に示す。
3. プロラクチンレセプター遺伝子 (*PRLR*) のエクソンに位置する SNP (rs45435440) の頻度は A/A12 頭、A/G47 頭及び G/G36 頭である。繁殖成績は、A アリルが G アリルに対して相加的に高い効果を示し、平均総産子数 (TNB) 及び 21 日齢総体重 (LW21) で有意差がみられる。また、育種価については全ての形質で A アリルが優れている ($P < 0.01$, $P < 0.05$)。G/G 型の 21 日齢総体重 (LW21) / 21 日齢頭数 (LP21) は、5.08 に対し A/A では 5.36 で離乳前の頭数、総体重ともに A アリルが優れている (表 2、図 1)。
4. エストロジェンレセプター 2 遺伝子 (*ESR2*) のエクソン内にある SNP (rs81219139) の頻度は A/A28 頭、A/G42 頭及び G/G25 頭である。産子数には差がないものの、LP21 では A アリルの効果が相加的に高い。また、総産子数では、全く差がないにも関わらず、生産子数で A アリルが多い傾向を示し、*ESR2* は哺育能力に関連することが示唆される (図 2)。

[成果の活用面・留意点]

1. リアルタイム PCR と専用試薬を用いることにより、短時間で DNA シーケンス、PCR-RFLP 等よりも簡単な操作で SNP の判定が可能になる。
2. 繁殖能力との関連性が示唆される SNP を複数検出したが、今回検出した SNP の有効性はそれぞれの系統の遺伝的背景によって異なる。

3. 本研究で検討した *PRLR* 内の SNP は、豚群内で多様性を持つとともに、産子数及び泌乳能力に影響していることが示唆される。また、当研究課における豚群では能力の高い A アリルの頻度が低いため、改良効果が期待される。

[具体的データ]

表 1 解析した SNP 一覧

SSC	Gene/ SNP	GenBank accession	Location	refSNP variation ID	SSC	Gene/ SNP	GenBank accession	Location	refSNP variation ID
1	<i>ESR2</i>	NM_001001533.1	Exon 5	rs81219139	9	<i>PGR</i>	NM_001166488	5' UTR	rs335447483
2	<i>EPOR</i>	NM_214292.1	Exon 3	rs321721168	10	<i>ADIPOR1</i>	AY578142	Exon 5	rs81508987
2	<i>SLC22A5</i>	XM_003123912	Exon 1	rs81219883	12	<i>ACE</i>	NM_001033015.2	Exon 13	rs81214366
4	<i>LOC100737714</i>	EU650788	Exon 6	rs196953718	12	<i>CCR7</i>	NM_001001532.2	Exon 3	rs330335216
5	<i>KCNC2</i>	CU633208	Intron 1	rs331851727	13	<i>MUC4</i>	CU468995	Intron 14	rs325030937
6	<i>FUT1</i>	NM_214068.2	Exon 1	rs344960039	14	<i>LIF</i>	AJ296176	Exon 3	rs322167972
6	<i>GYS1</i>		Exon 5	rs45435515	14	<i>MBL2</i>	NM_214125.1	Exon 1	rs326833930
6	<i>LEPR</i>	AF092422	Exon 4	-	14	<i>PRSS55</i>	CU469454	Intron 3	rs80999054
7	<i>CFB</i>	CT956038.9	Intron 3	rs339261793	15	<i>PRKAG3</i>	AY263454	Exon 5	-
7	<i>VRTN</i>	AB554652.1	Intron 1	-	16	<i>PRLR</i>	NM_001001868.1	Exon 8	rs45435440
8	<i>MAN2B2</i>	D28521	Exon 8	rs332074000	18	<i>LEP</i>	NM_213840.1	Exon 2	rs45431504

表 2 SNP マーカーによる集約 (TNB)

SNPマーカー	SNP	n	平均	SNP	n	平均	SNP	n	平均	両ホモ間差
<i>PRLR</i>	A/A	12	11.84 a	G/A	47	10.98	G/G	36	10.14 b	1.70
<i>ACE</i>	A/A	7	12.00 a	G/A	34	10.14 b	G/G	54	11.00	1.00

A-B:P<0.01,a-b:P<0.05

表 3 SNP マーカーによる集約 (NBA)

SNPマーカー	SNP	n	平均	SNP	n	平均	SNP	n	平均	両ホモ間差
<i>MUC4</i>	A/A	1	10.75	A/G	8	11.00 a	G/G	86	9.07 b	1.68
<i>LIF</i>	C/C	9	7.64 a	C/T	44	9.36 b	T/T	42	9.47 b	1.83
<i>MBL2</i>	A/A	29	9.89 a	G/A	48	8.89 b	G/G	18	9.16	0.73
<i>CCR7</i>	C/C	54	8.73 A	C/T	34	9.99 B	T/T	7	9.63	0.90
<i>ACE</i>	A/A	7	9.79 a	G/A	34	8.66 b	G/G	54	9.55	0.24
<i>LOC100737714</i>	C/C	84	9.05 a	C/T	9	10.75 b	T/T	2	10.75	1.70

A-B:P<0.01,a-b:P<0.05

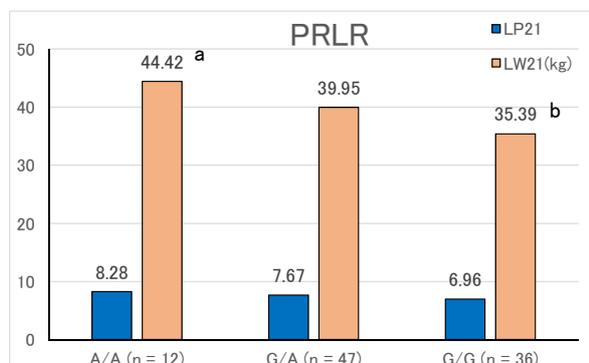


図 1 離乳時の SNP の集約 (*PRLR*)

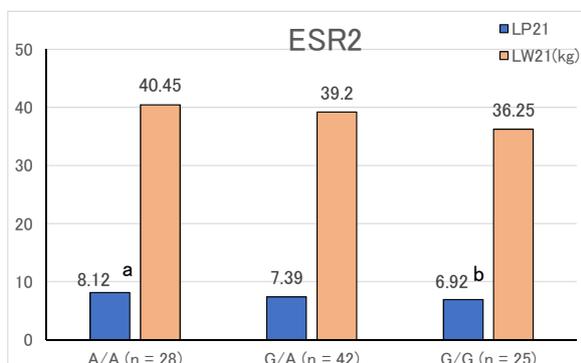


図 2 離乳時の SNP の集約 (*ESR2*)

(新居雅宏)

[その他]

予算区分：県単

研究期間：2017～2019年度

研究担当者：新居雅宏、飯塚悟