

課題分類：

研究課題：牛の枝肉形質と抗病性に関する遺伝子領域の解析

（牛の DNA マーカー育種技術の開発）

担当部署：道立畜試 家畜生産部 育種科 畜産工学部 代謝生理科・遺伝子工学科

協力分担：畜産技術協会附属動物遺伝研究所、家畜改良センター

予算区分：国補（DNA 育種）

研究期間：2000～2004 年度

1. 目的

黒毛和種の DNA マーカー育種技術を確立するため、枝肉形質に関する量的形質遺伝子座（QTL）領域を同定する。また小型ピロプラズマ病と乳房炎抵抗性に関する DNA マーカー育種技術を確立するため、両疾病に対する抵抗性形質に関する QTL 領域の同定も行う。

2. 方法

1) 黒毛和種の枝肉形質に関する QTL 領域の同定

黒毛和種の優良種雄牛を父とする半きょうだい家系（去勢牛）300 頭について 255 個の DNA マーカーの型判定を行い、枝肉形質に関する QTL 解析を行った。

2) 小型ピロプラズマ病抵抗性形質に関する QTL 領域の同定

黒毛和種とヘレフォードによるバッククロス子牛 118 頭について *Theileria sergenti* (TS) の感染試験を行った。F₁ 雄牛を父とする 3 家系 (sire1～3) について約 440 個の DNA マーカーの型判定を行い、抵抗性形質に関する QTL 解析を行った。

3) 乳房炎抵抗性遺伝子の同定

6 頭の種雄牛の娘牛 478 頭について 454 個の DNA マーカーの型判定を行い、初産次の体細胞数に関する QTL 解析を行った。また、最も連鎖の強かった領域について候補遺伝子の解析を行い変異を検出した。

3. 成果の概要

1) 枝肉格付成績と画像解析形質に関する QTL が 1, 9, 13, 14, 19 および 21 番染色体などに検出された（表 1）。このうち 9, 13, 14 および 21 番染色体上の QTL は他の黒毛和種の家系でも検出された領域とほぼ一致し、同じ遺伝子が分離している可能性が示唆された。

2) BMSNo.（脂肪交雑基準）に関する 19 と 21 番染色体上の QTL のハプロタイプ（Q₁₉ と q₁₉ および Q₂₁ と q₂₁）は BMSNo. に対して相加的効果を持つことが示唆された（表 2）。

3) ヘレフォードは黒毛和種・F₁ より TS に対する抵抗性が低く、F₁ と黒毛和種との間に抵抗性には差が認められなかったことから抵抗性遺伝子は優性効果を持つことが示された。また、TS 抵抗性に関する QTL が 8 番と 18 番染色体に検出された（表 3）。

4) 初産次の体細胞数について 22 番染色体に最も強く連鎖する領域を検出した。この領域の候補遺伝子 FEZL の変異によりアミノ酸配列の 107 番目に Glycine 残基が挿入し、Glycine 鎖 12G 型が 13G 型に変異することが分かった。この変異と初産次の体細胞数との関連が認められたことから、FEZL は乳房炎抵抗性遺伝子の一つと考えられた（図 1）。

黒毛和種の枝肉形質に関する遺伝子領域を同定し、脂肪交雑基準が 2 か所の遺伝子領域の影響を受けていることを示した。また小型ピロプラズマ病と乳房炎抵抗性に関する遺伝子領域を同定し、乳房炎抵抗性遺伝子の一つを明らかにした。

表1 1%水準で検出されたQTL領域の位置と効果

形質	染色体	cM	LOD値	効果
バラ厚	1	30	7.73 ***	0.41 cm
ロース芯・赤肉面積	1	86	4.78 **	2.35 cm ²
僧帽筋・脂肪交雑粒子のあらさ(全体)	5	52	5.22 **	3.12 %
歩留基準値	9	78	5.17 **	0.56 %
ロース芯面積(画像)	9	80	4.35 **	3.61 cm ²
僧帽筋・脂肪交雑粒子のあらさ(全体)	11	26	6.20 **	2.97 %
ロース芯面積(格付)	13	84	5.06 **	3.55 cm ²
歩留基準値	13	82	6.30 ***	0.69 %
枝肉重量	14	34	5.67 **	20.4 kg
ロース芯面積(格付)	14	34	6.27 **	3.7 cm ²
僧帽筋・脂肪交雑粒子のあらさ(全体)	15	10	3.45 **	2.59 %
僧帽筋・脂肪面積比	16	16	4.38 **	3.12 %
皮下脂肪厚	18	66	4.59 **	0.33 cm
BMSNo.	19	98	4.64 **	1.12
BMSNo.	21	76	5.13 **	1.13
僧帽筋・脂肪面積	22	24	4.30 **	2.6 cm ²
皮下脂肪厚	25	58	5.31 **	0.35 cm
僧帽筋・脂肪交雑粒子のあらさ(最大)	28	60	3.67 **	1.57 %

***: p<0.001, **: p<0.01 (染色体ワイズ)

表2 Q₁₉とQ₂₁のBMSNo.に対する相対効果

ハプロタイプ	頭数	BMSNo.
Q ₁₉ Q ₂₁	66	7.73 ± 2.61 ^a
Q ₁₉ q ₂₁	68	6.79 ± 2.66 ^b
q ₁₉ Q ₂₁	67	6.79 ± 2.82 ^b
q ₁₉ q ₂₁	83	5.83 ± 2.72 ^c

a,b,c:異符号間に有意差あり(p<0.001)

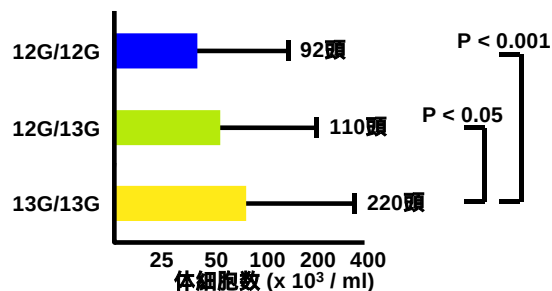


図1 FEZLの変異と初産次体細胞数との関連

表3 検出されたQTL領域の位置と効果

家系	形質	染色体	位置(cM)	LOD値	効果 ^a
Sire2	平均寄生率	8	102	3.69*	-1.03
	最高寄生率	8	102	5.01**	-1.32
	RBC減少率 ^b	18	66	3.70*	1.14
	PCV減少率 ^c	18	66	5.02**	1.32
Sire3	最低RBC	18	68	4.92**	0.94
	平均PCV	18	66	4.81**	1.06
	最低PCV	18	68	5.52**	1.17

*: p<0.05, **: p<0.01

a: 黒毛和種由来のハプロタイプ効果

b: RBC; 赤血球数

c: PCV; ヘマトクリット値

4. 成果の活用面と留意点

- 1) 同定した QTL 領域の情報は DNA マーカー育種と原因遺伝子解析のための基礎的情報である。効果検証を経た後、種雄牛やドナー牛の選抜情報として利用することができる。
- 2) 「ウシの乳房炎抵抗性遺伝子 FEZL の遺伝子診断法 (特願 2004-256487)」について特許申請中である。

5. 残された問題とその対応

- 1) 同定した QTL 領域の効果検証 → サンプルの継続と効果検証の解析
- 2) 他の黒毛和種家系における QTL 情報の共有 → 全国の研究への継続参加
- 3) FEZL 遺伝子の効果検証 → ランダムサンプリングによる関連解析の実施