

\*\*\*\*\*

## 黒毛和種・雌牛の受胎率を向上させる遺伝的要因の解明： 育種基盤の開発を目指して

社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所・主任研究員 佐々木 慎二

\*\*\*\*\*

### ■ 目的

黒毛和種・雌牛の受胎率は年々低下する傾向にあり、雌牛の生産効率を低下させる主な原因となっている。このため、黒毛和種において受胎率を向上させる 1) 遺伝子と、2) その責任多型が同定できれば、DNA 情報を基に高い受胎能力を持つ牛を選抜することで、遺伝的な側面から受胎率の低下を食い止めることができる。

これまでに、約 10,400 頭の黒毛和種・雌牛から受胎記録と DNA を収集し、ゲノム上に多数存在する SNP (1 塩基多型) を型判定した結果、受胎率と関連する 2 つの SNP を第 2 番染色体に見出していた。そこで、本課題ではこの領域のゲノム情報を詳しく調べることで、受胎率を向上させる 1) 遺伝子と、2) その責任多型の同定を試みた。その後、黒毛和種集団での育種応用について検討するため、多型頻度、アレル置換効果、寄与率の推定を行った。

### ■ 方法

第 2 番染色体の 2 つの SNP は、約 200 kbp の距離にあった。そこで、1) 連鎖不平衡 (LD) の広がりを知るため、2 つの SNP の周辺領域を、黒毛和種から得た約 50 万 8 千個の SNP を参照データとしてインピューテーションを行った。次に、2) LD 内に位置する遺伝子のエクソン、エクソン-イントロン接合部、予測プロモーター領域内の多型を探索し、受胎成績との関連を調査した。最後に、3) 約 1,400 頭の雌牛で候補責任多型の型判定を行い、多型頻度、アレル置換効果、寄与率を算出した。

### ■ 結果および考察

インピューテーションの結果、新たに 4 つの関連する SNP が検出され、約 251 kbp が有意な関連を示し、これらの SNP は完全 LD であった。領域内に *CR4\_1* と *CR4\_2* の 2 つの遺伝子が存在した。そこで、*CR4\_1* と *CR4\_2* のエクソン、エクソン-イントロン接合部、予測プロモーター領域内の多型探索を行った結果、*CR4\_1* のプロモーター領域に受胎率と関連する 3 塩基欠損を見出した。この多型を共変量として関連解析を行った結果、この領域に関連 SNP が認められなくなったことから、この領域の量的形質遺伝子座は 1 つであることが分かった。次に、1,433 頭の黒毛和種・雌牛で *CR4\_1* の 3 塩基欠損と受胎率との関連を調査した結果、多型頻度は 61% で、3 塩基欠損をホモ接合に持つ牛は欠損を持たない牛に比べ、受胎率が 3.7% 低いことが分かった。今後、検証集団を増やし DNA マーカーとしての信頼性を評価すると共に、*CR4\_1* のプロモーター領域の 3 塩基欠損がどのようなメカニズムで受胎率に影響を与えるのか検証する必要がある。

### ■ 結語

黒毛和種・雌牛の受胎率と関連する多型として、第 2 番染色体の *CR4\_1* プロモーター領域に 3 塩基欠損を見出した。1,433 頭の黒毛和種集団で効果推定を行った結果、3 塩基欠損をホモ接合に持つ牛は欠損を持たない牛に比べ受胎率が 3.7% 低く、集団での頻度が 61% と高いことから、育種への利用性が示唆された。