

黒毛和種雌牛集団における採卵性の効率的な改良手法の開発

(国研) 農業・食品産業技術総合研究機構畜産研究部門・任期付研究員 小川 伸一郎

■ 目的

わが国では現在、乳用牛への胚移植(ET)技術の活用などを通じた肉用肥育素牛の生産基盤のより一層の強化が求められている。近年、ゲノム情報を用いた改良、すなわちゲノム育種の手法開発が様々な畜種・生物種において推進されてきている。本研究の目的は、ゲノムワイドな一塩基多型(SNP)マーカーを活用した黒毛和種採卵性に関する効率的な改良手法を新規開発することである。

■ 方法

1. 黒毛和種雌牛の採卵性に関するゲノム育種価評価法に関する検討

JA 全農 ET 研究所(ET 研)飼養の黒毛和種雌牛 1,874 頭より 2008 年から 2022 年にかけて収集された過排卵処置による採卵成績 25,332 件を分析した。対象形質は、過排卵処置ごとの総回収卵数および高品質胚数である。これら 1,874 頭のうち 575 頭について、Illumina BovineSNP50K BeadChip v2 によるゲノムワイドな SNP マーカーの遺伝子型判別情報を得た。同チップで型判定が可能な SNP のうち、ARS-UCD1.2 アセンブリにて座乗位置が常染色体上とされており、575 頭においてコール率 > 0.95、マイナーアリル頻度 > 0.01、ハーディー・ワインベルグ平衡検定の p 値 > 0.001 をすべて満たす 36,426 か所を用いた。遺伝子型の欠測値は、上記の 575 頭を参照群とし、Beagle3.3.2 ソフトウェアにより補完した。記録をもつ雌牛とその祖先個体からなる 4,684 頭分の血統情報を用いた。血統情報のみにもとづく育種価評価ならびに SNP マーカー遺伝子型情報も併用したゲノム育種価評価には、BLUPF90 + ソフトウェアを用いた。

2. 遺伝子型補完における参照群用の個体選択法に関する検討

SNP 遺伝子型判定情報をもつ 575 頭を対象に、Yu et al.(Genet. Sel. Evol., 2014, 46, 46)の提唱した個体選択法である MCA 法および MCG 法を適用した。MCA 法および MCG 法の実装に係るプログラミングには R 言語を用いた。

■ 結果および考察

1. 黒毛和種雌牛の採卵性に関するゲノム育種価評価法に関する検討

36,426 の SNP マーカーは、575 頭の雌牛群において十分な多型性をもつと考えられた。これは、現場の要求に幅広く対応することを目的に ET 研へ雌牛を導入する際、血統(系統)構成上の過度な偏りの回避が作用したのではないかと推察された。育種価の予測信頼度は、計算に用いる分散成分が同じとき、血統情報のみの場合に比べて SNP マーカー遺伝子型情報も用いた方が平均的に高かった。このことは、採卵性を対象とした育種価評価におけるゲノム情報の有用性を示唆するものと考えられる。

2. 遺伝子型補完における参照群用個体の抽出法に関する検討

本集団では、血統情報にもとづく MCA 法にくらべて SNP マーカー遺伝子型判定情報にもとづく MCG 法の方が、DNA マーカー情報の高密度化を見据えた遺伝子型補完に要する参照群用の個体選択法に適していると推察された。

■ 結語

商用 SNP チップを用いて得られるゲノムワイドな SNP マーカー遺伝子型情報を活用した黒毛和種雌牛の採卵性に関する育種価評価法を開発した。本課題で開発された手法によるゲノム育種価評価値を用いることで、採卵性に関する改良の効率化が期待される。また、DNA マーカー情報の高密度化を見据えた遺伝子型補完に向けての基盤情報も得られた。本結果は、黒毛和種雌牛の採卵性を対象としたゲノム育種の高度化に貢献する重要な成果である。