
ゲノム情報を活用した黒毛和種採卵性における加齢変化の要因解明

京都大学大学院農学研究科 応用生物科学専攻動物遺伝育種学分野・助教 小川 伸一郎

■ 目 的

わが国では、高品質な和牛肉の国内需要や輸出拡大に対応するため、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。ET 研は 450 頭前後の雌牛を常に保有し、過排卵処置により生産された体内受精卵を全国へ供給する国内随一の施設である。我々は以前、供胚牛の採卵成績は加齢変化することを明らかにしている。もしも加齢変化に個体差が存在すれば、黒毛和種集団における新たな育種改良の可能性を提示する萌芽性を秘めている。しかし、この観点について研究成果を報告した例はない。

近年、ゲノム情報を用いた改良、すなわちゲノム育種手法の開発および現場実装に関する研究が黒毛和種において強力に推進されてきている。報告者はこれまで、採卵性に関するゲノム育種手法の開発に取り組んできている。本研究では、黒毛和種雌牛の採卵性に関する加齢変化の遺伝的個体差の可能性について、ゲノム情報を活用しつつ調査した。

■ 方 法

黒毛和種供胚牛 2,006 頭の採卵成績 30,491 件を解析した。対象形質は、採卵ごとの総回収卵数(TNE)および高品質胚数(NGE)である。採卵時月齢の幅は 23 ～ 202 か月齢であった。これら 2,006 頭のうち 1,190 頭について常染色体上に位置する 35,090 の一塩基多型(SNP)マーカーの遺伝子型情報および計 4,886 頭分の血統データを用いた。2 形質の反復率モデルおよび月齢に関する 2 次の変量回帰モデルを採用し、分散成分の推定はギブスサンプリングによった。遺伝的パラメーターの月齢に対する変化の様相を調べるとともに、SNP 情報を用いる場合と用いない場合とで結果を比較した。なお、一連の数値解析には BLUPF90+ ソフトウェアを用いたギブスサンプリングによった。

■ 結果および考察

反復率モデルを当てはめたとき、SNP 情報を用いない場合では、TNE および NGE の遺伝率の推定値±標準誤差はそれぞれ 0.27 ± 0.03 および 0.18 ± 0.03 、形質間の遺伝相関の推定値±標準誤差は 0.57 ± 0.06 であった。SNP 情報を用いた場合では、TNE および NGE の遺伝率はそれぞれ 0.21 ± 0.02 および 0.13 ± 0.02 、遺伝相関は 0.62 ± 0.06 と推定された。変量回帰モデルを当てはめたとき、SNP 情報を用いない場合では、TNE の推定遺伝率は 0.30 から 0.43、NGE の推定遺伝率は 0.09 から 0.57 の範囲をとった。異なる月齢間における遺伝相関の推定値として、両形質で負の値をとる場合がみられた。形質間の遺伝相関の推定値の取る範囲は、-0.26 から 0.77 であった。SNP 情報を用いた場合でも同様に、月齢によって遺伝的パラメーターの推定結果は変化した。報告者は以前、黒毛和種繁殖雌牛の分娩間隔を対象とした月齢に関する変量回帰モデル解析を実施したところ、遺伝率や遺伝相関の推定結果において月齢変化に応じた明瞭な変化は見られないことを報告している。このように、形質に応じて加齢変化に対する遺伝的な個体差が見え隠れする点は、学術的に興味深い知見である。

■ 結 語

変量回帰モデル分析の結果、推定遺伝率は変動し推定遺伝相関が 1 を大きく下回る場合がみられた。黒毛和種雌牛の採卵性形質は採卵時月齢によって遺伝的に異なることが示唆された。今後、遺伝相関の低い月齢間で別形質とした多形質モデルなど、より適切な統計モデル運用の可能性について検討したいと考えている。並行して、育種価や SNP 効果の推定結果に関する検討も進めたい。