

〔技術のページ〕

DNA情報を利用した種雄牛造成について

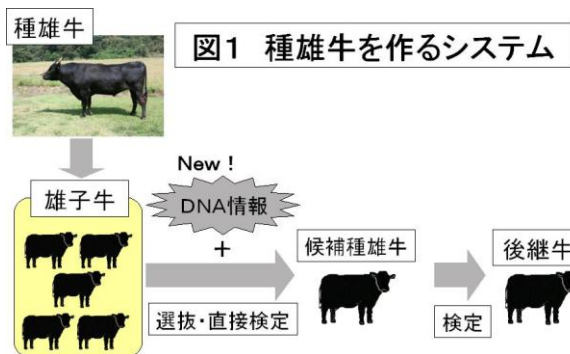
岡山県総合畜産センター

経営開発部 中藤 由紀

1 DNA情報を利用した種雄牛造成

岡山県総合畜産センターでは、優良種雄牛づくりに努めています。

種雄牛を作るには、従来の期待育種価や検定の成績に加えて、DNA情報を選抜指標に活用し、精度を高めた効率的な選抜を行っています（図1）。



DNA情報とは、「種雄牛の優良遺伝子を受け継いだか否か」ということで、あらかじめ種雄牛の優良遺伝子が存在する領域（以下、優良遺伝領域）を、DNAマーカーを使って特定しておきます。

岡山県基幹種雄牛「利花」においては、脂肪交雑とロース芯面積の優良遺伝子領域を特定し、その結果を利用して、後継牛「西花8」が作られました。優良遺伝子領域は、種雄牛によって異なるため、種雄牛ごとの解析が必要です。

今回は、岡山県基幹種雄牛「花茂勝2」について優良遺伝子領域を特定したので、その結果を方法とともに紹介します。

2 優良遺伝子領域を特定するための原理と方法

DNAの実体は、4種類の塩基が延々と並んだものですが、相当な長さであるため、染色体の中

に折りたたまれて存在します。染色体は対になっていて（相同染色体）、父と母から1本ずつ受け継いだものです。

DNAの塩基配列の中に、[CACA・・・]のような2種類の塩基が繰り返されている部分があり、相同染色体の父由来と母由来で、その繰り返し数が異なるものがあります。この違いを目印にするのがDNAマーカーで、繰り返し数は100塩基というように塩基数で示し、これを「マーカー型」と呼びます。

では、優良遺伝子領域を特定する原理と方法を、簡単な例を用いて説明します。

まず、種雄牛の相同染色体について、DNAマーカー1と2を使ってマーカー型を調べると、染色体Aは150と200塩基数、染色体aは180と250

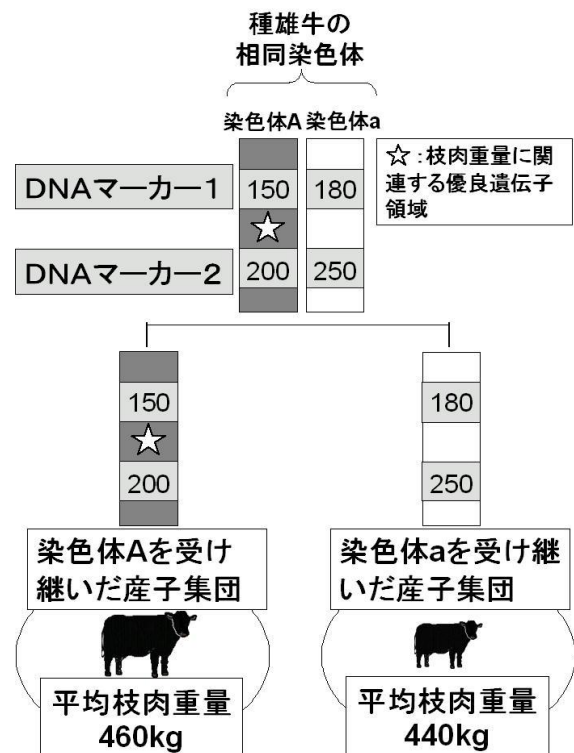


図2 優良遺伝子領域を特定するための原理

塩基数というように、染色体Aと染色体aを区別することができます（図2）。種雄牛の産子についてもマーカー型を調べると、染色体Aを受け継いだ集団と、染色体aを受け継いだ集団に分かれます。各集団において、枝肉重量の平均が、それぞれ460kg、440kgとすると、染色体Aの、DNAマーカー1と2で挟んだ領域が、枝肉重量に関連する優良遺伝子領域（図中☆印）であると推定されます。

この原理を用いた優良遺伝子領域の特定方法は、対象とする種雄牛の産子200～300頭のマーカー型を判定し、マーカー型データと枝肉成績との関連性を解析して、優良遺伝子領域を特定します（図3）。

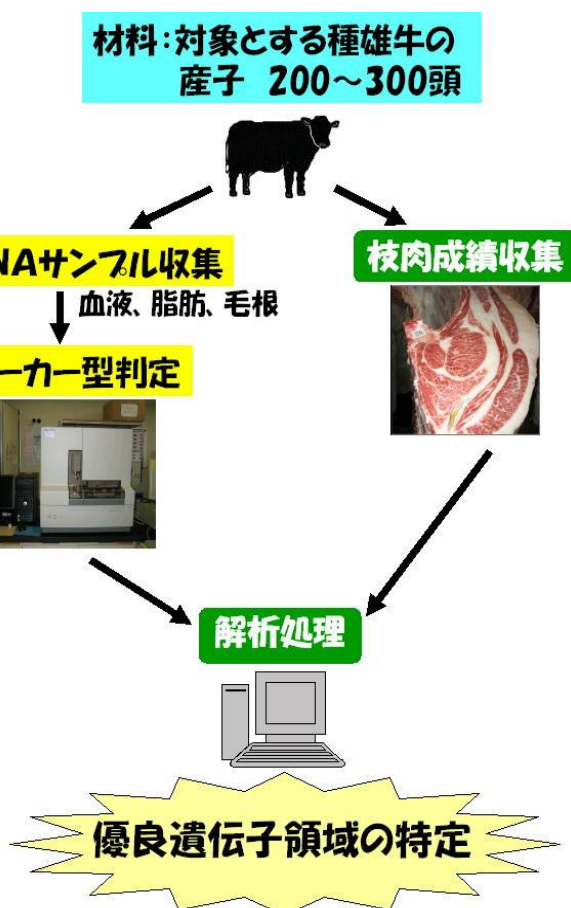


図3 優良遺伝子領域の解析方法

3 「花茂勝2」の優良遺伝子領域について

「花茂勝2」について解析した結果、枝肉重量について1カ所、ロース芯面積について2カ所、BMSナンバーについて1カ所の優良遺伝子領域を特定しました。

解析に用いた産子について、この4カ所の優良遺伝子領域の有無によって二つの集団に分け、各集団の平均値を比較すると、優良遺伝子領域を受け継いだ集団（有）が、いずれも高い値となり、各集団間の差は枝肉重量で32.1kg、ロース芯面積1で3.8cm²、ロース芯面積2で3.7cm²、BMSナンバーで0.86でした（表1）。

表1 産子における優良遺伝子領域の有無による成績の比較

形質	有 ¹⁾	無 ²⁾	集団間の差
枝肉重量	482.6 kg	450.5 kg	+ 32.1 kg
ロース芯面積1	53.5 cm ²	49.7 cm ²	+ 3.8 cm ²
ロース芯面積2	53.4 cm ²	49.7 cm ²	+ 3.7 cm ²
BMSナンバー	6.18	5.32	+ 0.86

¹⁾有＝優良遺伝子領域を受け継いだ産子集団

²⁾無＝優良遺伝子領域を受け継いでいない産子集団

また、ロース芯面積の優良遺伝子領域を2カ所とも受け継いだ産子は、1カ所受け継いだ産子より4.0cm²、無い産子より6.9cm²ロース芯面積が大きい結果となりました（表2）。

表2 優良遺伝子領域の有無によるロース芯面積の比較

無	1カ所	2カ所
47.8cm ²	50.7cm ²	54.7cm ²

4.0cm²の差

6.9cm²の差

この優良遺伝子領域の有無を、「花茂勝2」後継牛の選抜指標に活用することで、枝肉重量、ロース芯面積、脂肪交雑の改良が期待されます。

今後は、これらの優良遺伝子領域をさらに詳細に特定し、そのDNA情報を「花茂勝2」の後継牛選抜に活用していきます。また、他の基幹種雄牛「勝福茂」「沢茂勝」などについても優良遺伝子領域を調査していく予定です。