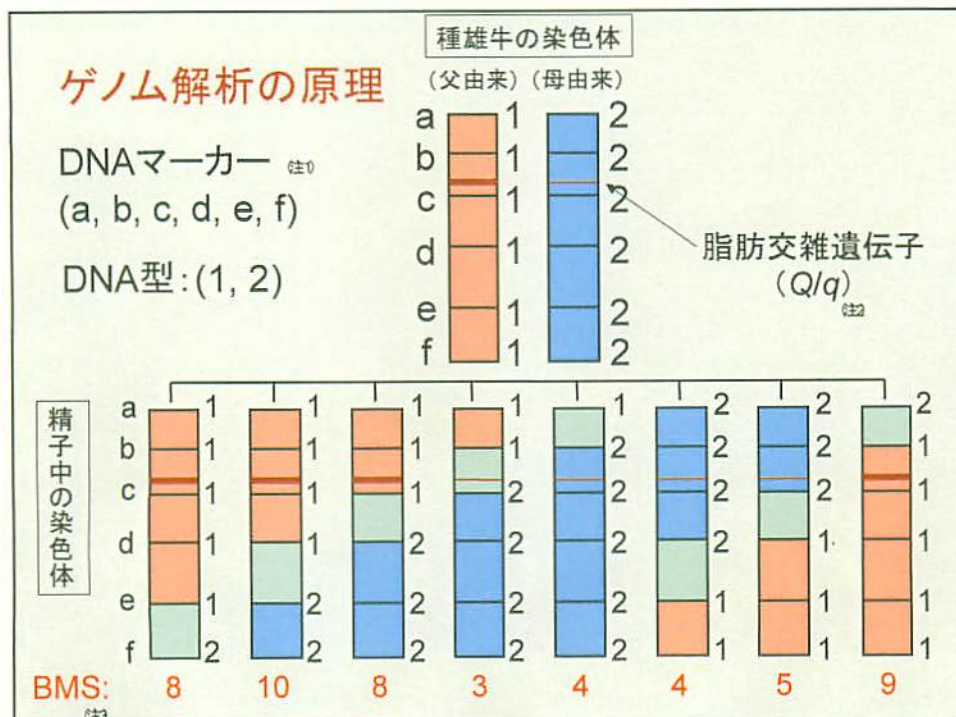


杉本専門委員提出資料  
(パワーポイント資料)

## ゲノム研究は畜産分野にどのような貢献ができるか？

- 不良遺伝形質の排除
  - 劣性遺伝病キャリアの診断  
(これまでの実績:6種の劣性遺伝病のDNA診断法を開発)
- 優れた経済形質の選抜
  - 成長速度、肉質、抗病性、繁殖性



(注1) DNAマーカー: 品種、遺伝形質等の差異を示す目印となるDNA配列。

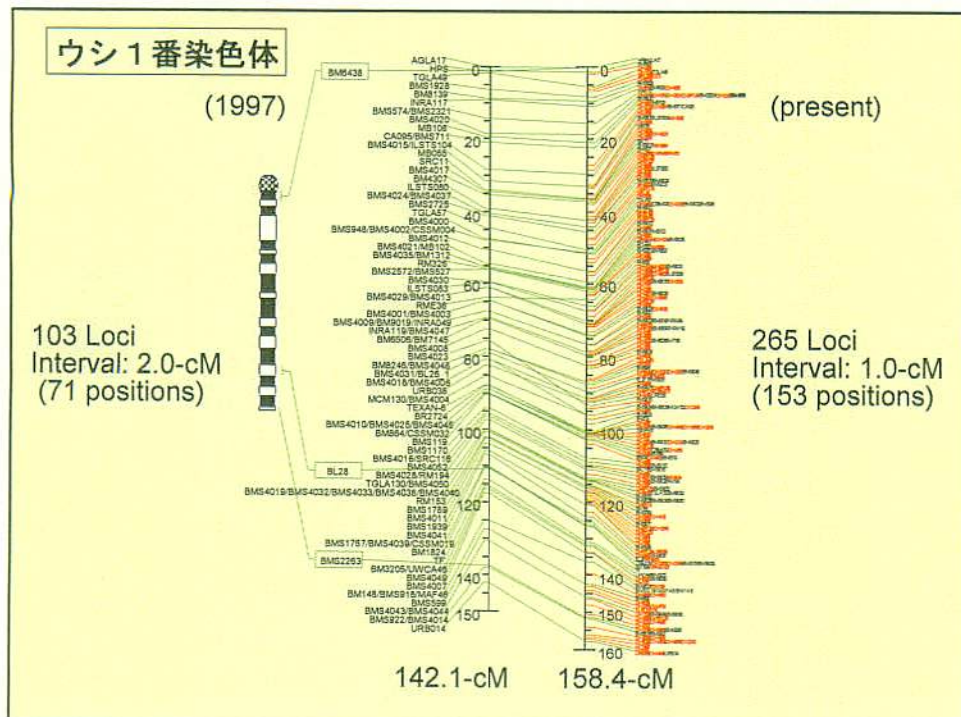
(注2) Q: 優良型遺伝子、q: 非優良型遺伝子

(注3) BMS: 脂肪交雑成績を表す指標。1から12までの12段階で評価される。

## DNA型と脂肪交雑

DNAマーカー	脂肪交雑成績の平均値		DNA型間の脂肪交雑成績の差
	DNA型		
	1	2	
a	6.6	6.0	0.6
b	7.6	4.3	3.3
c	8.8	4.0	4.8
d	7.5	5.3	2.2
e	6.5	6.3	0.2
f	6.0	6.6	0.6


前項の各DNAマーカーについて両DNA型のBMSの平均値を比較した。  
 この場合、両DNA型間でBMSの差が大きいDNAマーカーb、c、dの近傍に脂肪交雑に関与する遺伝子が存在することが示唆される。



## 黒毛和種における 経済形質のゲノム解析手法

	1. 家系解析	2. 相関解析
対象	特定種雄牛の産子 (200-1000頭)	ランダムな集団 (100-200頭)
解析できる 経済形質	脂肪交雑、発育速度 などの枝肉成績	制約はない
必要なDNA マーカー数	200-300個	1000個

## 家系解析の現状



経済形質	有意な効果が認められた遺伝子	遺伝子同定を試みたもの	有力候補遺伝子
体重	2	-	-
枝肉重量	2	1	1
脂肪交雑	9	3	1
ロース芯面積	3	-	-
バラ厚	1	-	-
皮下脂肪厚	3	-	-
合計	20 カ所	4 カ所	2 カ所

(注1) 有意水準の値  $p$  が0.001以下のもの。

## 黒毛和種の種雄牛と脂肪交雑

黒毛和種の種雄牛

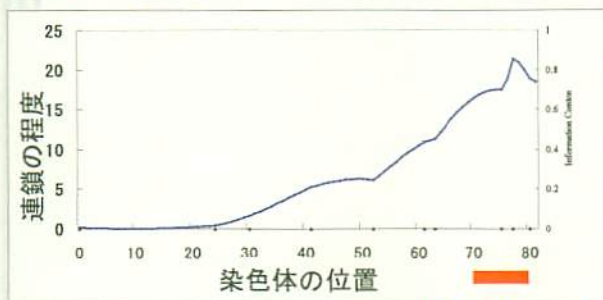


脂肪交雑



### 1. (1) 家系解析による脂肪交雑遺伝子の同定

#### ウシ21番染色体



検査産子数: 396頭

脂肪交雑への寄与率  
3.9%

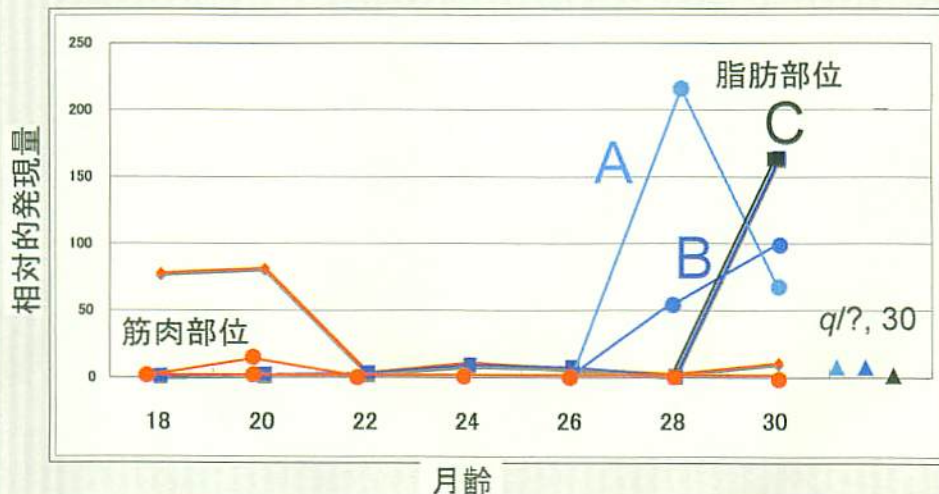
Marbling-1

家系解析によって脂肪交雑遺伝子を探索した結果、21番染色体の末端部分に脂肪交雑への影響が強い部位が見出された。

★ 脂肪交雑に関する有力な候補遺伝子3種は  
優良型Qの方が多く発現していた

- 脂肪交雑領域を600 kbに狭めた。
- そこには12種の遺伝子が存在。遺伝子配列を調べた結果、Qとq間で発現量の違う遺伝子が有力候補と判明。
- 3種の遺伝子(遺伝子名を、遺伝子A、B、Cとする。)の発現は、Qの発現が50倍以上多い。
- 3種の遺伝子発現の経時変化をバイオプシーで測定し、相互の関係を見た。

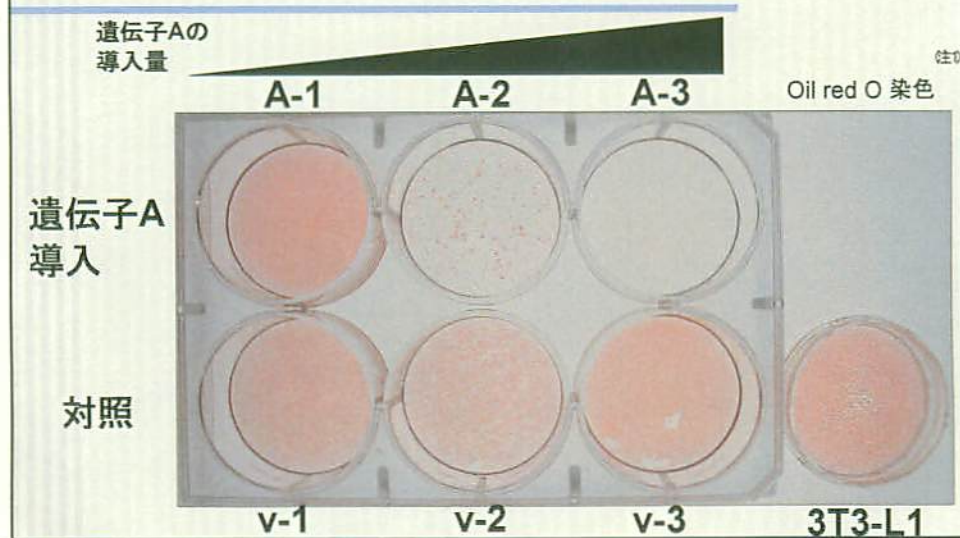
★ 枝肉ロース部位における  
候補遺伝子の経時的発現



赤色のグラフは筋肉部位、青色のグラフは脂肪部位における候補遺伝子の発現量を示す。

脂肪部位において、候補遺伝子のQは28ヶ月齢から発現量が急激に増加している。

## ★ 遺伝子Aは 脂肪細胞分化を抑制



(注1) Oil red O 染色: 中性脂肪を赤く染色する染料。脂肪細胞への分化を検出する際に使用される。

- ウシの繊維芽細胞(脂肪細胞に分化する前の細胞)に遺伝子Aを導入し、脂肪細胞へ誘導するホルモンを添加したところ、導入された遺伝子Aの量が多いものほど脂肪細胞への分化が抑制された。(図中上段における遺伝子A導入量はA-1 < A-3である)
- このことから、遺伝子Aが脂肪細胞への分化を抑制していることが示唆された。

### 1. (2) 家系解析による 増体・枝肉重量遺伝子の同定

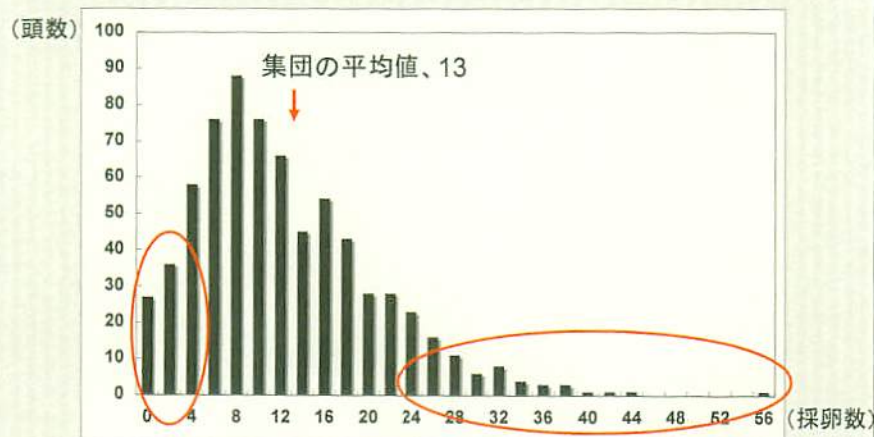
- 父方半きょうだい家系解析: 染色体14番に特定。
- 黒毛和種集団における優良遺伝子型の頻度は約50%。寄与率は12%と大きい。
- 領域を絞り、4種の有力候補遺伝子を発見。
- 今後、それぞれの遺伝子を導入したトランスジェニックマウスを8月頃までに作製し、マウスの成長を比較して責任遺伝子を決定する。

## 2. 相関解析の試み

- 家系作成の難しい経済形質の解析
  - 採卵性(過排卵処理への反応性): 遺伝的な能力の高い雌牛からの採卵は受精卵移植に重要。
  - 受胎率: 最近低下しており、改善が必要。
  - 脂肪壊死抵抗性: 黒毛和種に脂肪壊死症が多発するが、対策が困難。
  - その他
- マイクロサテライト・SNPを用いる相関解析


### 2. (1) 過排卵処理後の採卵数の分布

#### ■ 平均採卵数



採卵数の多い個体96頭と少ない個体96頭(図中赤丸部分)を解析した。

## ★ 過排卵処理後の採卵数に関する 全ゲノムスキニングの結果

- 
- 採卵数の多い個体96頭と少ない個体96頭を解析。
  - ウシ常染色体1番～29番、X染色体に、1200個のDNAマーカーをタイピング。
  - 一次スクリーニングにより、統計学的有意な15ヵ所の領域を検出。
  - 15ヵ所にDNAマーカーを増やし、二次スクリーニングを行い、2ヵ所に強い相関を検出。
  - 2ヵ所にはそれぞれノックアウトマウス実験で排卵に影響する有力な候補遺伝子が存在。
  - 現在、これら2種の遺伝子について研究中。