

「鹿兒島黒牛」のゲノミック評価法の開発

中島亮太郎^{*1}・鬼塚剛^{*2}・磯部知弘

要 約

「鹿兒島黒牛」の県有種雄牛選抜の一指標となるゲノミック評価法について検討するため、鹿兒島県内産黒毛和種肥育牛からサンプルを採取して DNA 一塩基多型 (SNP) データを得るとともに、当該牛の枝肉成績 (枝肉 6 形質; n=3,926) の収集、脂肪酸組成 2 形質 (n=1,310) および脂肪交雑形状 3 形質 (n=482) を測定した。得られた情報を基にデータベースを構築し、県有種雄牛のゲノム育種価を算出した。さらに、ゲノム育種価による種雄牛の遺伝的能力の推定精度を検証するため、算出したゲノム育種価と、現場後代検定成績に基づく期待枝肉成績もしくは推定育種価との相関を調べたところ、枝肉 6 形質、一価不飽和脂肪酸含有率及び細かさ指数で相関係数 (r) ≥ 0.7 と強い相関があった。今後は、本県の黒毛和種におけるゲノミック評価のさらなる精度向上のため、引き続きサンプルを積み上げるとともに、種雄牛選抜への活用を含む様々な応用について検討していく必要がある。

キーワード：鹿兒島黒牛，ゲノム育種価，種雄牛，SNP

緒 言

和牛の産肉能力は、従来から BLUP 法による育種価 (EBV) で評価⁸⁾されており、数十万件以上の枝肉データを利用し算出される EBV は最も信頼性が高く、本牛の遺伝的能力を反映している。しかし、種雄牛候補の育種価が判明するには、5 年以上を要し、その期間の短縮が望まれている。

農林水産省は家畜改良増殖目標 (2020 年 3 月) の中では、遺伝的多様性に配慮した種雄牛及び繁殖雌牛の選抜・利用等を行う必要性を課題に挙げており、肉用牛の能力向上に資する取組としては、SNP 情報を活用した遺伝的能力評価手法 (ゲノミック評価) について言及している⁶⁾。ゲノミック評価の利点としては、遺伝的能力の早期推定が可能であることや、全きょうだい間での能力比較が可能であること等⁴⁾があり、全国で研究が進められている⁸⁾。

我々はこれまでもゲノム育種価 (GEBV) を利用した種雄牛選抜手法について検討を行ってきており⁵⁾、本研究では、その活用に向けて一定の成果が得られたので報告する。

(連絡先) 肉用牛改良研究所新技術開発研究室

*1 鹿兒島中央家畜保健衛生所徳之島支所和泊町駐在

*2 公益社団法人 鹿兒島県家畜産物衛生指導協会

試験材料および方法

1 試験材料

DNA 抽出サンプルとして、2008 年 10 月から 2022 年 12 月にかけて、鹿兒島県内産黒毛和種肥育牛の腎周囲脂肪、血液、肉片または毛根を採取し、それに付随する枝肉 6 形質 (枝肉重量、ロース芯面積、バラ厚、皮下脂肪厚、推定歩留、脂肪交雑) の情報を収集した。また、近赤外分光法⁹⁾による食肉脂質測定装置を用いて脂肪酸組成 2 形質 (一価不飽和脂肪酸 (MUFA) とオレイン酸) と牛枝肉撮影装置を用いて脂肪交雑形状 3 形質 (脂肪面積割合、あらし指数および細かさ指数)²⁾を測定した。さらに、当所にて供用中又は過去に飼養していた県有種雄牛のサンプル (血液または精液) を採取した。

2 DNA 抽出及び SNP 型判定

DNA 抽出は、市販の DNA 抽出キットで実施した。抽出 DNA については、低密度 SNP アレイチップ (SNP 数約 3 万個) を用いて、マイクロアレイスキャナーおよび専用ソフトウェアにより SNP 型データを得た。なお、欠測値については、インピュテーション (相互補完による SNP 値の穴埋め) を行い、34,481 箇所 (SNP データ) に統一補完し、30,623 箇所 (SNP) を解析に用いた。

3 GEBV 算出

得られた SNP 型データと枝肉成績情報および計測値を利用して、GEBV 算出のための「鹿兒島訓練群」を構

築した。なお、各形質毎の訓練群頭数の内訳は、枝肉6形質3,926頭、脂肪酸組成1,310頭、脂肪交雑形状482頭であった。

また、全国DNA育種共同研究機関（本県含む）が収集・解析したSNP型データ、枝肉成績情報および計測値を用いて「全国訓練群」とし、各形質毎の内訳は、枝肉6形質55,604頭、脂肪酸組成10,681頭であった（脂肪交雑形状については全国データなし）。これらの訓練群の情報をデータベースとしてG行列（ゲノム関係行列）を使ったゲノミックブラップ法（GBLUP法）³⁾により各群それぞれのGEBV予測式を作成した。さらに、サンプルを採取した県有種雄牛42～48頭を、遺伝的能力を推定するための「予測群」とし、SNP型データを予測式に当てはめてGEBVを算出した。

4 GEBVの精度検証

枝肉6形質について、現場後代検定成績に基づく本牛期待枝肉成績をもつ種雄牛47頭についてGEBVとの相関を調べた。また、脂肪酸組成2形質および脂肪交雑形状3形質については、それぞれの形質のEBVをもつ種雄牛48頭および42頭についてEBVとGEBVとの相関

を調べた。なお、これらの検証は、データベースを鹿児島訓練群および全国訓練群とした場合の両方について実施した。

結果

1 GEBV精度検証

(1) 枝肉6形質

鹿児島訓練群については、相関係数(r)=0.72～0.87（図1）、全国訓練群については、 r =0.73～0.89であった（図2）。

(2) 脂肪酸組成

鹿児島訓練群については、オレイン酸 r =0.68、MUFA r =0.78（図3）、全国訓練群については、オレイン酸 r =0.69、MUFA r =0.71であった（図4）。

(3) 脂肪交雑形状

鹿児島訓練群で、脂肪面積割合 r =0.33、あらさ指数 r =0.58、細かさ指数 r =0.79であった（図5）。（全国訓練群データなし）

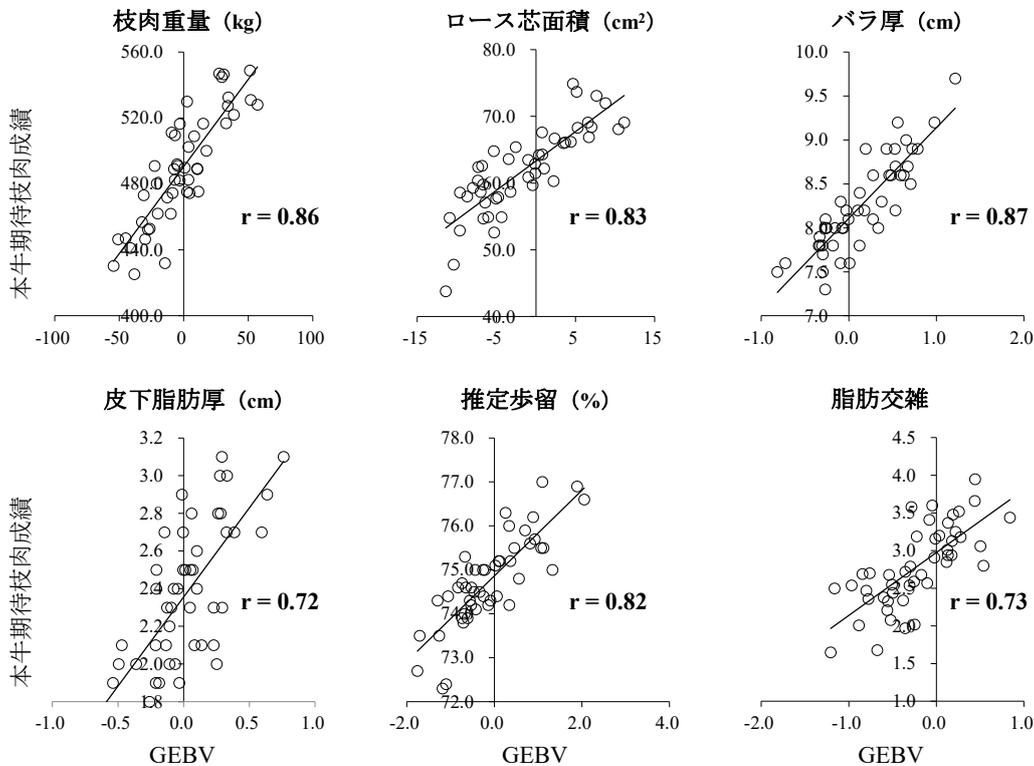


図1 枝肉6形質の本牛期待枝肉成績とGEBVとの相関（鹿児島訓練群）

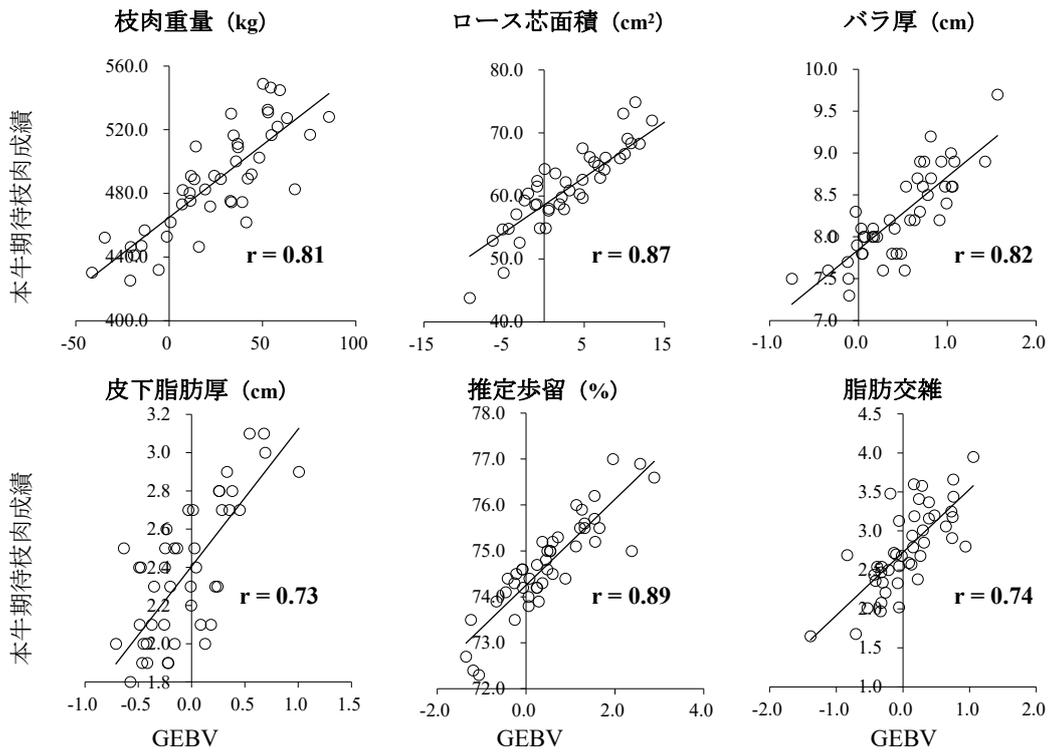


図2 枝肉6形質の本牛期待枝肉成績とGEBVとの相関（全国訓練群）

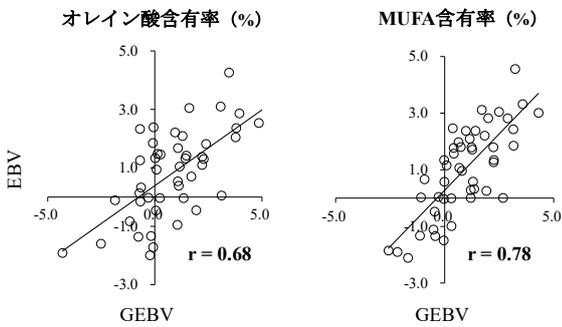


図3 脂肪酸組成2形質のEBVとGEBVとの相関（鹿児島訓練群）

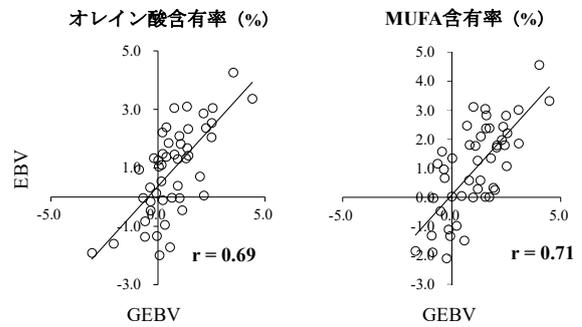


図4 脂肪酸組成2形質のEBVとGEBVとの相関（全国訓練群）

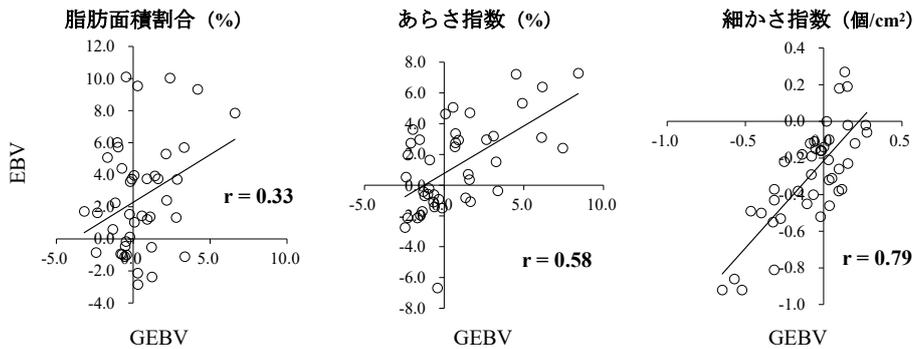


図5 脂肪交雑形状3形質のEBVとGEBVとの相関（鹿児島訓練群）

考 察

種雄牛 47 頭の枝肉 6 形質の GEBV について、本牛期待枝肉成績と GEBV との相関を調べたところ、データベースを鹿児島訓練群または全国訓練群とした場合のいずれにおいても $r \geq 0.7$ の強い相関があり、GEBV による遺伝的能力の推定精度は高いと考えられた。Takeda ら⁷⁾ は、枝肉形質の遺伝的改良に必要な訓練群頭数は 7,000 ~ 11,000 頭程度で十分な精度が得られると報告している。さらに、訓練群と予測群との間の血縁関係が近ければ GEBV の精度がより高まると報告されており、訓練群に含まれる系統に偏りがあると、SNP の効果値が過大評価または過小評価され、正確な予測ができない可能性がある¹⁾。特に、鹿児島県特有の「金水 9」系統等の地域特有の系統が訓練群に占める割合は小さいと思われるため、より精度の高い GEBV を算出するためには、訓練群の系統構成を考慮しながら、今後も引き続き訓練群頭数の積み上げを継続することが重要である。

種雄牛 48 頭の脂肪酸組成 2 形質の GEBV と EBV との相関については、鹿児島訓練群および全国訓練群のいずれにおいても MUFA 含有率では $r \geq 0.7$ の強い相関があり、オレイン酸含有率についても $r=0.68$ 及び 0.69 で相関が認められ、遺伝的能力の推定精度は高いと考えられた。また、種雄牛 42 頭の脂肪酸組成 3 形質の GEBV については、細かさ指数で $r=0.79$ の強い相関があり、脂肪面積割合とあらさ指数では弱い相関または中程度の相関がみられた。Takeda ら⁷⁾ は、遺伝率 0.3 または 0.5 の遺伝的形質で高い GEBV 予測正確度を得るには、それぞれ 15,000 頭および 5,000 頭程度の訓練群規模が必要というシミュレーション解析結果を報告している。近赤外分光法により測定した場合の MUFA 含有率とオレイン酸含有率の遺伝率はそれぞれ 0.48 ± 0.08 および 0.47 ± 0.08 ⁹⁾ であり、脂肪面積割合、あらさ指数および細かさ指数の遺伝率はそれぞれ 0.79 ± 0.05 、 0.60 ± 0.05 および 0.49 ± 0.05 と報告されており²⁾、これらの形質についてもさらにサンプル収集を進め、精度を向上させていく必要がある。

既報⁵⁾ からの研究の進展に伴い、本県での GEBV による遺伝的能力の推定精度は向上してきており、ゲノミック評価の応用を検討する段階にある。その一例として、2023 (令和 5) 年度検定交配候補種雄牛選定にあたり MUFA 含有率の GEBV を一指標とした選抜を行った。また、従来の産肉能力だけでなく様々な形質についての DNA 評価手法の活用は、家畜改良増殖目標⁶⁾ でも位置づけられており、現在、当所において牛肉のおいしさ関連成分等についてもデータ収集を進めているところであ

る。今後も GEBV による遺伝的能力推定精度の向上に努めるとともに、種雄牛選抜への活用を含むゲノミック評価の様々な応用法について検討していきたい。

謝 辞

本研究を実施するにあたり、御指導御助言いただきました独立行政法人家畜改良センター、一般社団法人家畜改良事業団、公益社団法人畜産技術協会、国立研究開発法人農研機構畜産研究部門の各位、サンプル採取に御協力いただきました株式会社ナンチク、株式会社 J A 食肉かごしまの各位、並びに EBV 評価に御協力いただいた鹿児島大学農学部農業生産科学科家畜育種学研究室の下桐猛教授に深謝いたします。

なお、本研究は、一部 JRA 日本中央競馬会特別振興資金事業「和牛の地域特性活用ゲノム選抜定着化事業」の一環として公益社団法人畜産技術協会、独立行政法人家畜改良センターおよび 20 道県との共同研究、また国際競争力強化技術開発プロジェクトの一環として国立研究開発法人農研機構畜産研究部門、独立行政法人家畜改良センターおよび 16 県との共同研究としてそれぞれ実施した。

引用文献

- 1) 畜産技術協会 2018. 牛ゲノムを活用した新たな育種戦略, 畜産技術 760(9):38-43
- 2) 口田圭吾 2015. 牛肉の格付における小ザシの取り扱いと改良の可能性, 食肉の科学 56(1):15-19
- 3) 松田洋和・谷口幸雄・祝前博明 2013. 代表的なゲノム育種価予測法と生物学的知識を用いたアプローチの現状, The Journal of Animals Genetics 41:93-99
- 4) 長嶺慶隆 2012. SNP マーカーを用いたゲノム研究と今後の家畜育種, 日畜会報 83(1):1-8
- 5) 中島亮太郎・川嶋啓介・溝下和則 2019. 「鹿児島黒牛」のさらなる品質向上のための DNA 解析, 鹿児島農総セ研報 13:115-119
- 6) 農林水産省 2020. 家畜改良増殖目標
- 7) Takeda M., Inoue K, Oyama H, Uchiyama K, Yoshinari K, Sasago N, Kojima T, Kashima M, Suzuki H, Kamata T, Kumagai M, Takasugi W, Aonuma T, Soma Y, Konno S, Saito T, Ishida M, Muraki E, Inoue Y, Takayama M, Nariai S, Hideshima R, Nakamura R, Nishikawa S, Kobayashi H, Shibata E, Yamamoto K, Yoshimura K, Matsuda H, Inoue T, Fujita A, Terayama S, Inoue K, Morita S, Nakashima R, Suezawa R, Hanamura T, Zoda A and Uemoto Y. 2021. Exploring the size of reference population for expected

accuracy of genomic prediction using simulated and real data in Japanese Black cattle. *BMC Genomics* 22:799-809

8) 渡邊敏夫 2016. 黒毛和種経済形質のゲノム育種価評価, *The Journal of Animal Genetics* 44:3-10

9) 吉村和敏・小山秀美・春日久志・徳丸元幸・上西慎

茂・今村清人・坂元信一・溝下和則・下桐猛 2018. 鹿児島県黒毛和種における筋間脂肪中の脂肪酸組成に関する遺伝的パラメータの確定, *日本暖地畜産学会報* 61(2):71-76

Genomic Evaluation Method of Japanese Black Breeding Bull for the Beef Characteristics of 'Kagoshima Kuroushi'

Ryotaro Nakashima, Takeshi Onitsuka and Tomohiro Isobe

Summary

A genomic evaluation method as an index for the selection of breeding bulls of 'Kagoshima Kuroushi' using DNA single nucleotide polymorphism (SNP) information was investigated as an evaluation method for early estimation of the beef characteristics ability in Japanese Black breeding bull. We collected carcass performance information (6 carcass traits; $n = 3,926$), and measured 2 fatty acid composition traits ($n = 1,310$) and 3 marbling shape traits ($n = 482$) of fattened cattle for which SNP data were obtained. In sequence, the genomic estimated breeding value (GEBV) of breeding bulls were calculated. Moreover, calculated GEBV were examined the correlation between the expected carcass performance and estimated breeding value of this cattle based on the on-site progeny test results, to verify the accuracy of estimating genetic ability based on the GEBV. The GEBV was a large correlation ($r \geq 0.7$) among the 6 carcass traits, the degree of monounsaturated fatty acid (MUFA) and an index of marbling fineness shape. It is necessary to continue accumulating samples, to further improve the accuracy of genomic evaluation and to consider various applications including utilization for selection of breeding bulls.

Keywords : Bull, GEBV, Kagoshima Kuroushi, SNP