

「鹿児島黒牛」のさらなる品質向上のための DNA 解析

中島亮太郎・川嶋啓介・溝下和則

要 約

「鹿児島黒牛」の種雄牛選抜の指標とするため、SNP (DNA 一塩基多型) 情報を活用し早期に牛の能力を算出できるゲノム育種価選抜法について検討した。ゲノム育種価予測群 (県有種雄牛 27 頭) の枝肉 6 形質についてゲノム育種価を算出し本牛期待枝肉成績との相関を検証し、(1) 鹿児島県訓練群 (県内産肥育牛 837 頭 SNP データ群) 算出では相関係数 $r=0.59 \sim 0.83$ を得た。(2) 全国訓練群 (全国黒毛和種肥育牛 17,125 頭 SNP データ群) では相関係数 $r=0.66 \sim 0.85$ を得た。

これらのことから、今後更に訓練群を積み上げることによってゲノム育種価の精度が上がり、従来の BLUP 法による育種価と同程度の種雄牛の評価が行えると考えられ、遺伝的に高い能力を内在する後継牛の早期選抜が可能であることが示唆された。

キーワード: 「鹿児島黒牛」、訓練群、ゲノム育種価、SNP、予測群

緒 言

近年、消費者ニーズの多様化により畜産物の高品質化・ブランド化が全国各地で進められている。中でも、黒毛和種は和牛の 9 割を占めており、その肉質はサシと呼ばれる筋繊維間の細かい脂肪が特徴で国内外を問わず高級牛肉として流通している。

農林水産省の家畜改良増殖目標 (平成 27 年 3 月) の中で、肉用牛の能力向上に資する取組として、「産肉能力や繁殖能力の有用形質に資する SNP 情報を活用した遺伝的能力評価手法についての解析技術を活用することを推進する」とされており、その DNA 評価手法の開発が望まれているところである³⁾。

従来、和牛の遺伝的産肉能力の評価は BLUP 法による育種価によって評価されている。現在、30 万件以上の枝肉データを利用し算出される育種価は、最も信頼が高く、本牛の遺伝的能力を反映している。しかし、育種価が判明するのに種雄牛では概ね 5 年以上の歳月と本牛産子の枝肉成績が必要であり、活用可能になるまでの期間を要する。

本研究では、育種価に準ずる評価値として、乳牛ですでに応用されている DNA 情報から遺伝的能力を推定するゲノム育種価選抜法²⁾に着目した。和牛での活用のために、データベースとして訓練群 (多数の肥育牛の SNP 型データと枝肉成績が関連解析された牛群) とゲノム育種価を予測したい種雄牛等 (予測群) の SNP 型データ

が必要である。これらのデータを使ってゲノム育種価 (= 遺伝的産肉能力評価値) を算出し、早期に種雄候補牛等の将来の遺伝的産肉能力を評価する解析技術を検討したので報告する^{1) 4)}。

試験材料および方法

1 試験材料

(1) 訓練群構築のため、鹿児島県内産黒毛和種肥育牛 837 頭の DNA サンプル (腎周囲脂肪または血液) を採取し、その全枝肉成績を収集した。

(2) ゲノム育種価を算出するための予測群として、県有種雄牛および候補種雄牛 114 頭の DNA サンプル (血液) を採取した。

2 DNA 抽出

脂肪、血液サンプルからの DNA 抽出はフェノール・クロロホルム抽出を実施した。

3 SNP 型判別

訓練群 837 頭および予測群 114 頭の SNP 型を判別するため、抽出した各 DNA から低密度 SNP アレイチップ (SNP 数 3 万 4 千) を用いて SNP 型データを得た。

4 SNP 型データのインピュテーション

SNP 型情報を得る際、通常各サンプルで 1 ~ 5 % の SNP の欠測値が出るため、全サンプルの SNP 型データから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 の SNP データ に統一補完した。このうち, 本解析に用いた SNP 数は 30,623 箇所とした。

5 ゲノム育種価算出

ゲノム育種価計算式を確立するため, 訓練群を二群用いた。一群は鹿児島訓練群(鹿児島県内産黒毛和種肥育牛群) 837 頭で, もう一群は鹿児島訓練群を含む全国訓練群(全国 DNA 育種共同研究機関による黒毛和種肥育牛群) 17,125 頭で, これらの SNP 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 GBLUP 法(ゲノミックブラップ法)により各群それぞれのゲノム育種価予測式を作成し, この予測式から予測群 114 頭の SNP 型を使ってゲノム育種価を算出した。

6 本牛期待枝肉成績とゲノム育種価の相関検証

算出したゲノム育種価の算出精度を検証する必要があるため⁴⁾, 検証対象として, 現場後代検定成績に基づき(公社)全国和牛登録協会により算出された「本牛期待枝

肉成績」を用いた。ゲノム育種価を算出した 114 頭のうち, 当所種雄牛 27 頭について本牛期待枝肉成績とゲノム育種価の相関を検証した。

7 全きょうだいのゲノム育種価比較

通常, 産子の期待育種価は両親の育種価を足して 2 で割ったもので算出されるため, 両親がまったく同じ全きょうだい同士では比較ができないが, 実際の産子の遺伝的産肉能力は個体毎に異なる。そこで, 受精卵移植産子全きょうだい 3 頭のゲノム育種価の比較を行った。

結 果

1 鹿児島訓練群での相関検証

鹿児島訓練群 837 頭のデータベースにより算出した枝肉 6 形質のゲノム育種価と本牛期待枝肉成績の相関を, 当所種雄牛 27 頭について検証した結果, 相関係数 $r = 0.59 \sim 0.83$ が得られた(図 1)。このうち, $r \geq 0.7$ の形質は 3 形質(枝肉重量 0.79, バラ厚 0.82, 脂肪交雑 0.83)であった。

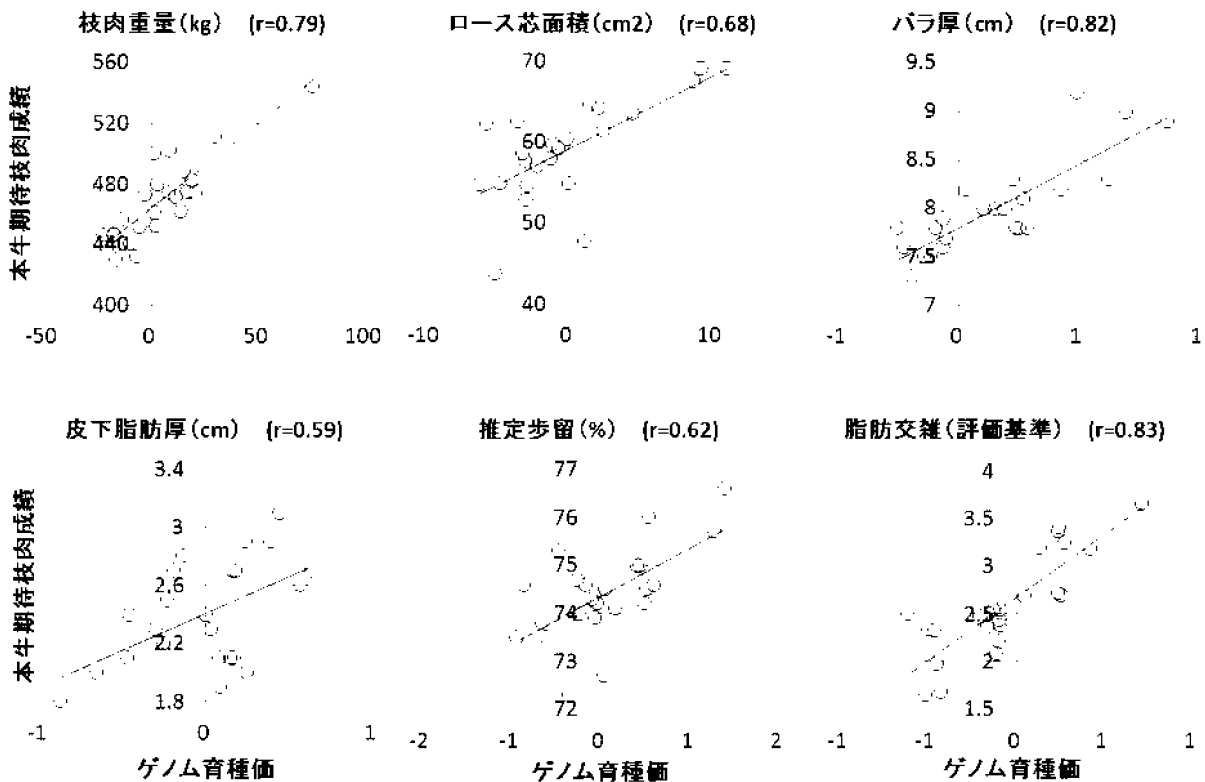


図 1 本牛期待枝肉成績とゲノム育種価の相関(鹿児島訓練群 837 頭)

2 全国訓練群での相関検証

全国訓練群 17,125 頭のデータベースにより算出した枝肉 6 形質のゲノム育種価と本牛期待枝肉成績の相関を, 当所種雄牛 27 頭について検証した結果, 相関係数 r

$= 0.66 \sim 0.85$ が得られた(図 2)。このうち, $r \geq 0.7$ の形質は 5 形質(枝肉重量 0.83, ロース芯面積 0.85, バラ厚 0.81, 推定歩留 0.82, 脂肪交雑 0.75)であった。

3 全きょうだいのゲノム育種価比較

受精卵移植による全きょうだい産子3頭についてゲノム育種価を算出した結果、3頭それぞれの遺伝的産肉能

力が算出され、全きょうだい産子の能力比較が可能になったことがわかった(表1)(図3)。

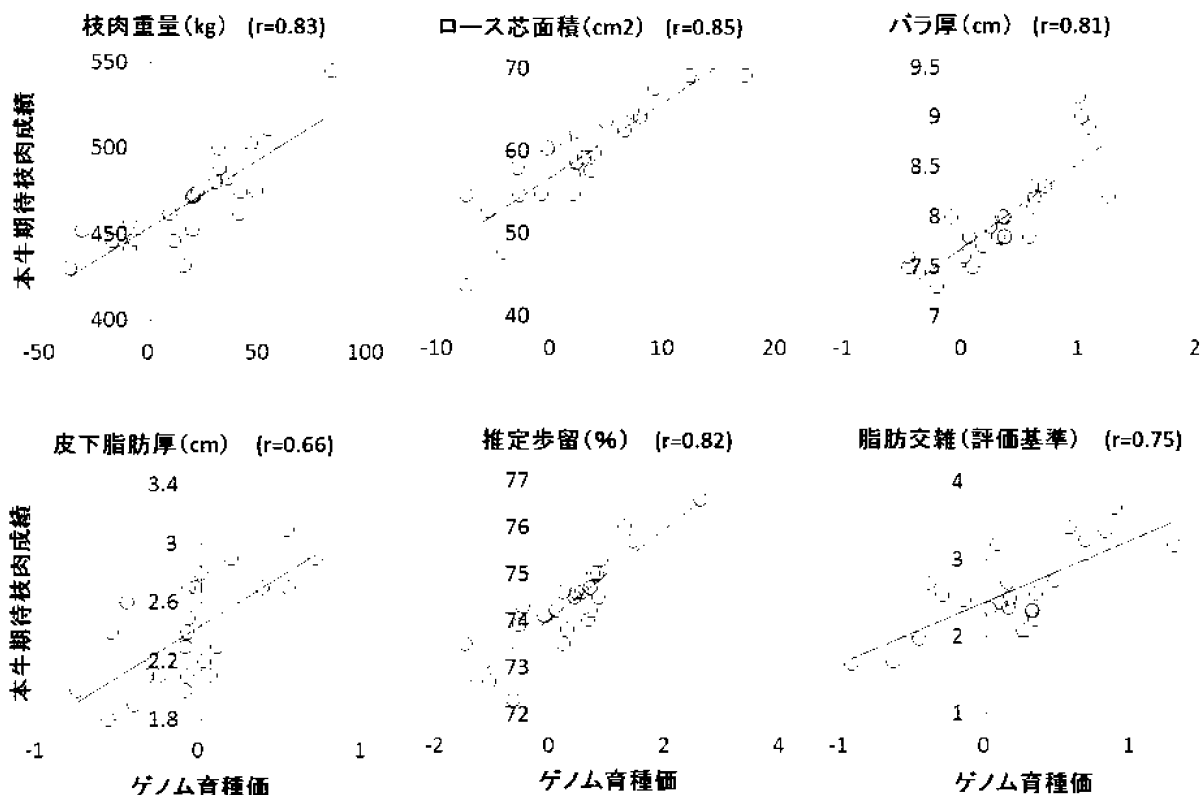


図2 本牛期待枝肉成績とゲノム育種価の相関(全国訓練群17,125頭)

表1 受精卵産子全きょうだいのゲノム育種価比較

全国訓練群17,125頭						
ゲノム育種価 予測値	枝肉重量 (kg)	ロース芯 面積 (cm ²)	バラ厚 (cm)	皮下 脂肪厚 (cm)	推定歩留 (%)	脂肪交雑 (評価基準)
産子a	23.190	-0.410	0.097	-0.022	-0.275	-0.004
産子b	21.223	-1.720	0.216	0.328	-0.684	0.141
産子c	-20.560	-4.861	0.243	0.003	-0.225	-0.378

考 察

本牛期待枝肉成績とゲノム育種価の相関について、鹿児島訓練群837頭では枝肉6形質のうち3形質で相関係数 $r \geq 0.7$ となり、高い精度が得られたと考えられる。これに対し、全国訓練群17,125頭では5形質で $r \geq 0.7$ となり、高い精度が得られたものの、すべての形質で $r \geq 0.7$ とはならなかった。

これは、鹿児島県特有の「金水9」系統の存在が影響していると考えられる。当所で系統維持している金水9系統産子は全国的には稀少系統であることから、全国訓練群に含まれる割合が低い。そのため、遺伝情報として訓練群に含まれるのはほぼ鹿児島訓練群によるものと考えられる。本研究におけるSNP情報を使ったゲノム育種価選抜法においては、遺伝子上の関連SNPを幅広く解析していくため、広く様々な黒毛和種系統の遺伝情報が含まれることが望ましい。今後の課題として、金水9系統の訓練群数増加を軸に鹿児島訓練群全体の頭数増が必要である。

受精卵産子全きょうだいのゲノム育種価については、枝肉6形質すべてにおいて個体毎の能力比較が出来た。

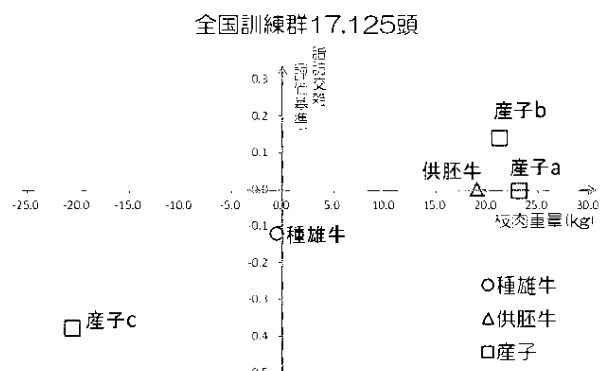


図3 受精卵産子全きょうだいゲノム育種価プロット図(縦軸：脂肪交雑，横軸：枝肉重量)

このことにより、期待育種価では比較できなかった全きょうだい産子の中から選抜することが可能になり、これまでの選抜法に加えることで更に選抜圧と改良速度が向上すると期待できる。

ゲノム育種価は、SNP 情報があればどの牛でもどの時期でも算出が可能であるので、今後、候補種雄牛に限らず供胚牛や現場後代検定牛、さらには 2022 年に本県で開催される第 12 回全国和牛能力共進会出品牛へのゲノム育種価の応用も期待される場所である。

最後に、今後の課題として枝肉 6 形質だけでなく、牛肉の美味しさに関連する成分等へのゲノム育種価の活用も望まれている。一価不飽和脂肪酸(MUFA)含有量や脂肪交雑形状(細かさ指数, あらさ指数)等はデータ収集中であり、その他の成分や分娩間隔など繁殖性についても応用可能と考えられる。こうした枝肉 6 形質以外の形質についてもゲノム育種価算出を確立し、選抜の一指標とすることで、「鹿児島黒牛」の高品質化・ブランド化へとつながることが期待できるため、さらに訓練群の構築を継続していく必要がある。

謝 辞

本研究を実施するにあたり、ご指導ご助言頂きました(独)家畜改良センターの皆様方、(一社)家畜改良事業団の皆様方、サンプル採取にご協力頂きました(株)ナンチクの皆様方に深謝いたします。

引用文献

- 1) 北村夕貴 2015. ゲノム育種価を活用した種雄牛選抜への取組. H27 年度第56回中国四国ブロック家畜保健衛生業績発表会
- 2) 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
- 3) 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
- 4) 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

DNA analysis for Further Quality Improvement of Kagoshima Black Cattle

Ryotaro Nakashima, Keisuke Kawashima and Kazunori Mizoshita

Summary

To make it an index of stud bulls selection of Kagoshima black cattle, genomic estimated breeding value(GEBV) selection procedure was considered. GEBV can utilize SNP(single nucleotide polymorphism) information and calculate the ability of the cow early. GEBV of carcass 6 traits of genomic prediction group(GP)(27 prefectural stud bulls) was calculated. Correlation between GEBV and The cattle expected carcass results was inspected. The coefficient of correlation (r) was 0.59-0.83 in Kagoshima genomic reference group(GR)(837). The coefficient of correlation (r) was 0.66-0.85 in the whole country GR (17,125).

In conclusion, it was suggested that the fortune meat ability grade of the stud bulls by GEBV was possible to increase more GR. And it was suggested that it was effective to select candidate stud bulls of the hereditary high ability early.

Keywords : GEBV, GP, GR, Kagoshima black cattle, SNP

