

動物遺伝育種研究

第30卷 1号 2002年



The
Journal
of Animal
Genetics

Vol.30
No.1
2002

Japanese Society of Animal Breeding and Genetics
日本動物遺伝育種学会

I-01

A PRIMARY SCREEN OF THE BOVINE GENOME FOR QUANTITATIVE TRAIT LOCI AFFECTING SOME GROWTH TRAITS OF JAPANESE BLACK CALVES

- Komatsu Masanori(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
A. Aziz Mahmoud(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
Niibayashi Tomomi(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
Malau-Aduli Enoch(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
Kojima Takatoshi(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
Oshima Kazunaga(National Agricultural Research Center for Western Region (WeNARC)),
Mizoguchi Yasushi(Shirakawa Institute of Animal Genetics),
Sugimoto Yoshikazu(Shirakawa Institute of Animal Genetics)

A primary genomic screen for quantitative trait loci (QTL) affecting growth traits was performed by genotyping 99 and 85 microsatellite markers on 18 and 19 progeny from 2 Japanese Black sires. Traits analyzed were birth weight, weaning weight, yearling weight and average daily gain from birth to weaning. Data were analyzed by generating an F-statistic profile computed at 1-cM intervals for each chromosome by the regression of phenotype on the conditional probability of receiving the allele from the sire. Each

sire family was analyzed separately as the markers differed. Data were adjusted for the effects of sex of calf and parity of dam. There was evidence for a QTL of the first sire affecting yearling weight, weaning weight and average daily gain in chromosomes A, B and C. Some putative QTL at or just below the threshold were also detected. Results provided represent a portion of a research work conducting to identify and characterize QTL affecting growth and body shape traits of Japanese Black calves.

I-02

黒毛和種の父方半きょうだい家系における QTL 解析

- 小林 直彦 (岐阜畜研)、平野 貴 (動物遺伝研)、柄本 洋子 (岐阜畜研)、
兼子 栄美子 (岐阜畜研)、大谷 健 (岐阜畜研)、杉本 喜憲 (動物遺伝研)

【目的】我々は、黒毛和種の経済形質を支配する QTL 領域を明らかにするために、岐阜県保有のエリート種雄牛産子で父方半きょうだい家系を構築し、連鎖解析を行っている。あるエリート種雄牛家系で、脂肪交雑に関して 2 箇所の QTL 候補領域が検出された。これら 2 箇所の領域が、脂肪交雑に及ぼす効果について検討した。【方法】エリート種雄牛の産子である肥育牛 190 頭について、種雄牛でヘテロであったマイクロサテライトマーカーを中心に 254 個を全染色体に配置した。各々について DNA 型判定を行い、解析ソフト Explorer half-sib で連鎖解析を行った。2 箇所の連鎖領域 ($p < 0.001$) にさらに、52 個のマイクロサテライトマーカーを配置し、2 次スクリーニングを行った。【結果】2 箇所の QTL 候補領域において、最も有意な領域 (長さ 5cM) の父由来ハプロタイプが確定した個

体 (180 頭) について、それぞれのハプロタイプの種類と脂肪交雑 (BMS No.) について比較した。候補領域 2 カ所の A 染色体と、B 染色体の脂肪交雑に効果のあるハプロタイプを各々 $Q_A Q_B$ とし、効果のないハプロタイプを $q_A q_B$ とした。 $Q_A Q_B$ が 37 頭、 $Q_A q_B$ が 60 頭、 $q_A Q_B$ が 37 頭、 $q_A q_B$ が 46 頭であった。各タイプの肥育牛の BMS No. について分散分析を行い、平均値の差の検定を F 検定で行った。 $Q_A Q_B$ の BMS No. の平均は 7.648、 $Q_A q_B$ では 6.486、 $q_A Q_B$ では 6.30、 $q_A q_B$ では 5.826 であった。各タイプの BMS No. 平均値には、 $Q_A Q_B$ と $q_A q_B$ に、 $Q_A Q_B$ と $q_A Q_B$ に有意差 ($p < 0.05$) がみられた。以上の結果から、脂肪交雑に関する 2 カ所の QTL 候補領域における効果のあるハプロタイプは、相加的効果を持つことが示唆された。