

讃岐牛の改良に貢献する枝肉重量関連遺伝子(DNA マーカー)の探索

上村圭一・土佐進・谷原礼諭・高橋和裕

Search of a carcass weight connection gene (DNA marker) contributing to the improvement of the Sanukiushi

Keiichi UEMURA, Susumu TOSA, Ayatsugu TANIHARA, Kazuhiro TAKAHASHI

要 約

讃岐牛を用いて、枝肉重量等に関連する遺伝子3種類((1) NCAPG 遺伝子、(2)GH 遺伝子、(3)GHR 遺伝子)と枝肉成績との関連を調査したところ以下の結果を得た。

1. NCAPG 遺伝子の対立遺伝子 G の存在によって、枝肉重量は、有意に重くなる。
2. NCAPG 遺伝子は、枝肉の単価を決める重要な項目とされる脂肪交雑に悪影響を与えない。
3. GH 遺伝子、GHR 遺伝子は枝肉重量との関連性を明白にできなかった。

このことから、NCAPG 遺伝子は、讃岐牛の枝肉重量の改良のための選抜 DNA マーカーとして有効であり、重要な遺伝子であることが示唆された。

緒 言

枝肉重量は、枝肉の販売金額を決める重要な項目となっている。収入を上げるためには、さらに枝肉重量を上げる必要がある。

黒毛和種の枝肉重量等に関する遺伝子は、枝肉重量に関連する NCAPG 遺伝子(枝肉重量責任候補遺伝子)、枝肉重量、BMS およびロース芯面積に関連する GH 遺伝子(成長ホルモン遺伝子)、ロース芯面積およびバラの厚さに関連する GHR 遺伝子(成長ホルモン受容体遺伝子)の遺伝子が報告されている。

今回我々は、讃岐牛を用いてこれら枝肉重量等に関連する遺伝子と枝肉成績との関連を解明し、枝肉重量の改良のための DNA マーカーを検討した。

材料及び方法

1. 材料

平成21年5月～平成23年1月にかけて食肉処理施設で処理された讃岐牛301頭(去勢203頭、雌98頭)の横隔膜筋を採取し材料とした。

2. 遺伝子分析

DNA は横隔膜筋から Dneasy Blood and Tissue Kits(QIAGEN)を用いて抽出し、遺伝子型の判別は NCAPG 遺伝子、GH 遺伝子、GHR 遺伝子について、PCR 法を実施し、得られた産物を直接または制限酵素反応後(PCR-RFLP 法)、3%アガロースゲルにて100Vで30～60分間電気泳動して増幅断片の

長さの違いにより、遺伝子型を判定した¹⁾²⁾³⁾。

3. 枝肉成績の分析

枝肉成績(枝肉重量、ロース芯面積、バラの厚さ、皮下脂肪厚、歩留基準値、B. M. S. No.) を分析に使用した。

成 績

1. 讃岐牛の枝肉成績

枝肉重量は、去勢 478.75kg、雌 422.76kg。ロース芯面積は、去勢 57.62cm²、雌 55.37cm²。バラの厚さは、去勢 7.51cm、雌 7.17cm。皮下脂肪厚は、去勢 2.13cm、雌 73.54cm。B. M. S. No. は、去勢 6.03、雌 5.39 であった。

表1 讃岐牛枝肉成績(平均)

性 別	去 勢	雌
頭 数	203	98
枝肉重量(kg)	478.75±59.84	422.76±50.13
ロース芯面積(cm ²)	57.62±9.41	55.37±8.77
バラの厚さ(cm)	7.51±0.79	7.17±0.77
皮下脂肪厚(cm)	2.13±0.70	2.78±0.83
歩留基準値	73.88±1.39	73.54±1.55
B.M.S.No.	6.03±2.36	5.39±2.01

2. NCAPG 遺伝子と枝肉成績との関係

NCAPG 遺伝子は、GG 型、GT 型、TT 型に分類される。

去勢では、GG、GT、TT の順で枝肉重量が重く、またロース芯面積も大きく、有意差も認められ、対立遺伝子 G の存在によって有意に良くなることがわかった。他の脂肪交雑等の項目について影響は認められなかった。

特に、枝肉重量では、遺伝子型 TT 型が 463.98kg に比べ、GG 型が 498.87kg であり、GG 型は TT 型に比べ、約 35kg の効果が認められた。

また、GG 型は平均値 478.75kg に比べても約 25kg の効果が認められた。

雌では、GG、GT、TT の順で、枝肉重量が重く、有意差も認められ、対立遺伝子 G の存在によって有意に良くなることがわかった。他の脂肪交雑等の項目について影響は認められなかった。

枝肉重量では、遺伝子型 TT 型が 407.72kg に比べ、GG 型が 453.10kg であり、GG 型は TT 型に比べ、約 45kg の効果が認められた。

また、GG 型は平均値 422.76kg に比べても約 30kg の効果が認められた。

讃岐牛の改良に貢献する枝肉重量関連遺伝子(DNA マーカー)の探索

表2 NCAPG遺伝子

去勢			
遺伝子型	GG	GT	TT
頭数	15	131	57
枝肉重量(kg)	498.87±66.15 ^a	482.88±57.99 ^a	463.98±60.35 ^b
ロース芯面積(cm ²)	59.47±9.19 ^a	58.43±9.42 ^a	55.28±9.19 ^b
バラの厚さ(cm)	7.69±0.79	7.54±0.77	7.37±0.84
皮下脂肪厚(cm)	2.01±0.57	2.12±0.67	2.18±0.79
歩留基準値	74.11±1.18	73.97±1.37	73.62±1.47
B.M.S.No.	6.13±2.72	5.99±2.28	6.11±2.47

異なる文字間で有意差あり(P<0.05)

表3 NCAPG遺伝子

雌			
遺伝子型	GG	GT	TT
頭数	10	77	11
枝肉重量(kg)	453.10±23.64 ^a	421.09±47.39 ^a	407.72±75.32 ^b
ロース芯面積(cm ²)	55.90±7.75	55.73±8.81	52.36±9.53
バラの厚さ(cm)	7.16±0.85	7.21±0.75	6.89±0.82
皮下脂肪厚(cm)	2.82±0.56	2.79±0.87	2.67±0.80
歩留基準値	73.23±1.23	73.63±1.62	73.16±1.27
B.M.S.No.	5.20±1.69	5.53±2.06	4.55±1.92

異なる文字間で有意差あり(P<0.05)

3. GH 遺伝子と枝肉成績との関係

GH 遺伝子は、AA 型、AB 型、AC 型、BB 型、BC 型、CC 型に分類される。

去勢では、枝肉重量を含む枝肉成績 6 項目について影響は認められなかった。

雌では、AA が他の遺伝子型よりもロース芯面積が大きく有意差も認められたが、枝肉重量を含む他の項目について影響は認められなかった。

表4 GH遺伝子

去勢						
遺伝子型	AA	AB	AC	BB	BC	CC
頭数	27	71	14	67	18	6
枝肉重量(kg)	477.33±51.48	480.68±60.86	471.36±70.62	485.21±57.65	466.78±69.72	443.50±53.47
ロース芯面積(cm ²)	57.22±7.70	57.75±9.32	55.50±10.43	57.84±9.06	57.89±13.17	59.67±9.00
バラの厚さ(cm)	7.48±0.77	7.60±0.84	7.34±0.97	7.52±0.70	7.32±0.85	7.32±0.67
皮下脂肪厚(cm)	2.16±0.79	2.18±0.67	1.75±0.35	2.18±0.72	2.03±0.80	2.15±0.58
歩留基準値	73.79±1.32	73.92±1.39	73.91±1.03	73.78±1.36	74.07±1.99	74.45±0.91
B.M.S.No.	6.56±2.74	5.75±1.98	5.79±2.55	6.10±2.34	6.11±2.95	6.50±2.81

表5 GH遺伝子

雌						
遺伝子型	AA	AB	AC	BB	BC	CC
頭数	4	35	11	38	8	2
枝肉重量(kg)	453.00±60.02	420.94±53.92	406.63±39.83	424.95±50.99	418.13±40.02	453.50±33.23
ロース芯面積(cm ²)	68.75±16.68 ^a	54.89±8.13 ^b	51.18±7.36 ^b	56.08±7.11 ^b	52.38±10.16 ^b	58.50±14.85 ^b
バラの厚さ(cm)	7.53±1.22	7.06±0.81	7.16±1.06	7.18±0.54	7.16±0.57	8.15±1.77
皮下脂肪厚(cm)	3.08±0.75	2.57±0.92	3.40±0.59	2.77±0.80	2.74±0.69	2.75±0.50
歩留基準値	74.83±2.90	73.64±1.51	72.60±1.36	73.60±1.32	73.29±1.84	74.25±2.19
B.M.S.No.	5.25±2.63	5.43±2.33	4.27±1.19	5.50±1.75	6.00±2.27	6.50±2.12

異なる文字間で有意差あり(P<0.05)

4. GHR 遺伝子と枝肉成績との関係

GHR 遺伝子は LL 型、LS 型、SS 型に分類されます。

去勢では、枝肉重量を含む枝肉成績 6 項目について影響は認められなかった。

雌では、SS、LL、LS の順でバラの厚さが厚く、LS、SS、LL の順で皮下脂肪厚が厚く有意差が認められたが、枝肉重量を含む他の項目について影響は認められなかった。

表6 GHR遺伝子

去勢			
遺伝子型	LL	LS	SS
頭数	59	69	75
枝肉重量(kg)	476.59±69.23	475.52±59.44	483.43±52.30
ロース芯面積(cm ²)	57.98±9.75	57.20±7.82	57.72±10.53
バラの厚さ(cm)	7.65±0.91	7.45±0.76	7.45±0.70
皮下脂肪厚(cm)	2.15±0.66	2.02±0.67	2.20±0.75
歩留基準値	74.01±1.48	73.94±1.08	73.73±1.57
B.M.S.No.	6.50±2.63	5.97±2.36	5.72±2.08

表7 GHR遺伝子

雌			
遺伝子型	LL	LS	SS
頭数	34	36	28
枝肉重量(kg)	412.07±45.85	424.08±51.76	433.29±52.35
ロース芯面積(cm ²)	55.68±7.47	54.61±8.95	55.97±10.16
バラの厚さ(cm)	7.09±0.71 ^a	6.96±0.61 ^a	7.53±0.89 ^b
皮下脂肪厚(cm)	2.54±0.88 ^a	2.93±0.86 ^b	2.88±0.70 ^b
歩留基準値	73.86±1.43	73.16±1.65	73.63±1.50
B.M.S.No.	6.80±2.27	5.06±2.03	5.32±1.61

異なる文字間で有意差あり(P<0.05)

考 察

黒毛和種の枝肉重量等に関する遺伝子は、枝肉重量に関連する NCAPG 遺伝子、枝肉重量、BMS およびロース芯面積に関与する GH 遺伝子、ロース芯面積およびバラの厚さに関与する GHR 遺伝子の遺伝子が報告されている。

NCAPG 遺伝子の対立遺伝子は G と T に分けられ、対立遺伝子 G の存在によって、枝肉重量は、有意に重くなることが示唆され^{2) 4)}、遺伝子型 GG 型は TT 型に比べ、約 39kg の増加する効果が報告されている⁴⁾。

今回の成績も、NCAPG 遺伝子の対立遺伝子 G の存在によって、枝肉重量は、有意に重くなることが示唆された。また、遺伝子型 GG 型は TT 型に比べ、去勢は約 35kg、雌は約 45kg、また讃岐牛の平均に比べ去勢では約 20kg、雌では約 30kg の効果が認められた。さらに、枝肉の単価を決める重要な項目とされる脂肪交雑に悪影響を与えていないことも確認できた。

GH 遺伝子の対立遺伝子は A, B, C に分けられ¹⁾、対立遺伝子 A の存在により枝肉重量が重くなることが報告され⁵⁾、また GHR 遺伝子の対立遺伝子は L と S に分けられ³⁾、対立遺伝子 L の存在により肉量が増加することが報告されている⁶⁾。

しかし、今回の成績からは GH 遺伝子、GHR 遺伝子は枝肉重量との関連を明白にすることはできなかった。

このことから、NCAPG 遺伝子は、讃岐牛の枝肉重量の改良のための選抜 DNA マーカーとして有効であり、重要な遺伝子であることが示唆された。また、香川畜試報告 48 (2013) 報告した「さらに美味しい讃岐牛」の選抜 DNA マーカーの FASN 遺伝子、SCD 遺伝子と合わせることで、「讃岐牛(オリーブ牛)」の改良および生産に有効と思われた。

なお、本研究の一部は、国補事業 和牛知的財産権の取得・活用事業で実施した。

引用文献

- 1) K. Chikuni, et al. Animal Genetics. 28. 230-232. (1997)
- 2) A. Takasuga et al, Mammalian Genome 18:125-136. (2007)
- 3) T. Ohkubo et al, J. Anim. Breed. Genet. 123:410-413(2006)
- 4) ウシ個体における枝肉重量を評価する遺伝子マーカー及びそれを用いた枝肉重量評価方法. 特開香川畜試報告、49 (2014)、1-5

讃岐牛の改良に貢献する枝肉重量関連遺伝子(DNA マーカー)の探索

2009-240233. 公開日平成 21 年 10 月 22 日. (2009)

5) 片岡博行ら, 岡山県総合畜産センター研究報告. 11:1-3. (2001)

6) 高橋和裕ら, 日畜会報 80(4):429-435. (2009)