

通し番号	3870
------	------

分類番号	13・6B・22・16
------	-------------

(成果情報名) DNAマーカーを用いた新育種技術の開発	
<p>[要約] 金華豚とデュロック種を共通の両親とする家系を用いて、静岡県、千葉県及び当県で、経済形質(豚肉品質と発育性)に関するDNA(マイクロサテライト)マーカーを検索する。このための情報を得るため、これまでに金華豚×デュロック種から実験家系を作出した。延べ15腹を交配分娩させ179頭の生存産子を得て、このうち126頭をと畜した。金華豚×デュロック種家系のF2世代126頭の経済形質を測定し終え、このうち56頭について60マーカーを用いて多型解析を行い、USDAの連鎖地図をもとに連鎖解析をした結果、椎骨数(第1、7染色体)、脂肪色・PFC S(第7染色体)、腎周囲脂肪色L*(第6染色体)でそれぞれQTL候補を検出した。</p>	
(実施機関・部名) 畜産研究所・畜産工学部	連絡先 046-238-4056

[背景・ねらい] 金華豚に、一般的な肥育豚の肉質に最も影響を及ぼすデュロック種をかけ合わせた、静岡、千葉、当県共通の家系を用いて、経済形質(豚肉品質、発育性)に関する染色体領域について、DNAマーカーを活用するための情報を得ることを目的とする。

[成果の内容・特徴]

1. 金華豚×デュロック種のF2世代における経済形質の調査とマイクロサテライトマーカーによる多型解析を実施した。経済形質の測定は体重30kgから2頭ずつの群飼で肥育し、70kgでと畜した。経済形質の測定結果を表1、表2、表3、表4に示した。
2. F2世代の一部56頭についてマーカーの一部60マーカー(最終的には400~500マーカーで解析する)を用いて多型解析を行い、USDAの連鎖地図をもとに連鎖解析を行った結果、椎骨数(第1、7染色体)、脂肪色・PFC S(第7染色体)、腎周囲脂肪色L\*(第6染色体)でそれぞれQTL候補を検出した。(表5)
3. 椎骨数に関連して、第1染色体上のマーカーSwr702の近傍領域にQTL候補が検出され、デュロック種の効果が高かった。また、第7染色体上のマーカーSw252の近傍領域に椎骨数に関連するQTL候補が検出され、デュロック種の効果が高かった。
4. 脂肪色(脂肪色標準・PFC S値)に関連して、第7染色体上のマーカーSw2564の近傍領域にQTL候補が検出された。
5. 脂肪色(腎周囲L\*値)に関連して、第6染色体上のマーカーSw322の近傍領域にQTL候補が検出された。

[成果の活用面・留意点]

1. 今後、個体数、マーカー数ともに増やして再解析することにより、他の測定項目に対するQTL候補の検出及びより正確なマーカーの位置の検出が可能になると思われる。

[ 具体的データ ]

表 1 F 2 世代のと体成績

区分	椎骨数 (本)	と体長 (cm)	と体幅 (cm)	背腰長 (cm)	背脂肪厚 (cm)	ロース断面積 (cm <sup>2</sup> )
平均	20.54	79.05	30.70	57.21	3.01	10.80
標準偏差	0.77	2.88	1.69	2.59	0.53	1.80
最大	22.00	88.50	35.00	65.20	4.90	14.70
最小	19.00	72.70	27.00	51.50	1.50	7.05

表 2 F 2 世代の肉質成績 ( 1 ) ・一般分析

区分	肉色			pH	水分含量 (%)	筋肉内脂肪 含量 (%)	ドリップロス (%)	クッキングロス (%)	シェアバリュー (kgw/cm <sup>2</sup> )
	L*	a*	b*						
平均	43.82	2.15	5.40	5.79	73.33	3.04	5.97	28.20	2.40
標準偏差	3.30	1.50	1.76	0.38	1.13	1.13	2.05	2.77	0.71
最大	49.40	6.88	8.74	6.91	76.71	6.60	15.84	33.28	4.96
最小	32.57	-1.26	1.28	5.28	70.16	0.92	2.70	19.17	1.20

表 3 F 2 世代の肉質成績 ( 2 ) ・脂肪酸組成

区分	脂肪酸組成・背脂肪内層 (%)							
	C14:0	C16:0	C16:1	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3	飽和脂肪酸
平均	1.34	26.23	1.89	16.49	43.44	10.13	0.47	45.95
標準偏差	0.16	1.75	1.00	4.22	5.34	1.11	0.09	5.13
最大	1.67	30.31	8.01	25.07	56.99	12.86	0.71	56.34
最小	0.90	19.03	0.36	4.57	30.77	8.51	0.21	31.77

表 4 F 2 世代の肉質成績 ( 3 ) ・遊離アミノ酸組成

区分	遊離アミノ酸組成 (%)																
	合計 (umol/100g)	Ile	Leu	Lys	Met	Phe	Tyr	Thr	Val	His	Arg	Ala	Asp	Glu	Gly	Pro	Ser
平均	716.00	3.9	7.1	5.4	2.6	3.2	3.0	4.9	5.8	2.2	4.3	25.4	6.3	6.1	14.6	3.2	6.5
標準偏差	238.47	0.5	0.8	0.8	0.4	0.4	0.4	0.8	0.7	0.2	1.7	4.4	3.3	1.7	2.1	0.7	1.0
最大	1696.56	5.3	8.6	7.2	3.2	4.3	3.8	7.7	7.8	2.7	9.5	33.2	13.4	11.4	21.8	6.7	8.7
最小	377.48	2.6	5.2	3.7	1.6	2.3	2.2	3.6	4.2	1.8	0.4	3.1	2.5	3.4	11.4	2.2	4.6

表 5 と体形質及び肉質形質の Q T L 解析結果

形質	n	平均値 ± 標準偏差	最大値	最小値	染色体	位置 (cM)	近傍マーカー	尤度比	寄与率
椎骨数	56	20.35 ± 0.67	22.00	19.00	SSC1	65.40	Swr702	15.97	0.26(+)
椎骨数	56	20.35 ± 0.67	22.00	19.00	SSC7	99.40	Sw252	36.86	0.50(+)
脂肪色(PFCS)	56	1.46 ± 0.40	2.00	1.00	SSC7	6.00	Sw2564	14.06	0.23(-)
脂肪色(腎周囲L*値)	56	73.83 ± 1.69	77.37	68.50	SSC6	149.80	Sw322	14.03	0.23(+)

[ 資料名 ] 平成13年度試験研究成績書(繁殖工学・養豚)

[ 研究課題名 ] DNA マーカーを用いた新育種技術の開発

[ 研究期間 ] 平成11 ~ 13年度)

[ 研究者担当名 ] 仲沢慶紀・青木稔・亀井勝浩・小嶋信雄・岸井誠男・引地宏二