

○佐田千絵美・稲永敏明・坂本夏美¹⁾・大倉昭信²⁾・山田宣永³⁾
 (熊本農研セ・¹⁾ 熊本県畜産課・²⁾ 熊本県天草家畜保健衛生所・³⁾ 新潟大学)

【目的】

EDG1 とは、大分県の家系（藤良系黒毛和種）において脂肪交雑への関与が報告されている遺伝子で、5'非翻訳領域に c.-312A>G という SNP が存在し、大分県の家系では G 型を多く持つものほど脂肪交雑が有意に高いと報告されている。

褐毛和種において EDG1 が脂肪交雑改良に有用かどうか知るために、褐毛和種における EDG1 の本 SNP の分布を把握するとともに、肥育牛を用いて効果検証を行った。

【材料および方法】

1. 対象牛

2010 年における基幹種雄牛 11 頭、現場後代検定中の待機種雄牛 20 頭および「鶴光重」産子肥育牛 176 頭（去勢 124 頭、雌 52 頭）を対象とし、肥育牛については（公社）日本食肉格付協会の格付けデータを収集した。

2. 遺伝子型の判定

種雄牛は精液、肥育牛は腎臓周囲脂肪から常法により DNA を抽出し、制限酵素を用いた PCR-RFLP 法（新潟大学山田教授らの研究グループによる）により遺伝子型を判定した。

3. 調査項目

種雄牛の遺伝子型保有状況および肥育牛の各遺伝子型間の脂肪交雑データの比較を行った。

【結果および考察】

1. 基幹種雄牛および待機種雄牛の遺伝子型

対象の 31 頭のうち、GG 型を持つものは見られず、GA 型が 6 頭、AA 型が 25 頭であった（表 1）。

2. 肥育牛の遺伝子型と脂肪交雑

結果 1 において、遺伝子型が GA 型であった種雄牛の 1 頭である「鶴光重」を対象に、その産子の遺伝子型判定を行った。遺伝子型の分布状況は GG:GA:AA=2:83:91 であり、アレル頻度は G:0.247,

A:0.753 であった。GG 型を持つ個体は全体で 2 頭であったため、GA 型と AA 型について去勢と雌に分けて脂肪交雑の比較を行ったところ、去勢、雌ともに GA 型と AA 型の BMS に有意差は見られなかった（図 1）。

これらの結果から、褐毛和種における EDG1 の分布について、優良アレルである G の遺伝子型頻度が低いことが分かった。また、「鶴光重」産子において EDG1 の脂肪交雑への関与が見られなかったことから、褐毛和種においては EDG1 遺伝子の脂肪交雑への効果は低いことが示唆された。

表1 種雄牛の遺伝子型

	GG	GA	AA
基幹種雄牛	0	2	9
待機種雄牛	0	4	16
合計	0	6	25

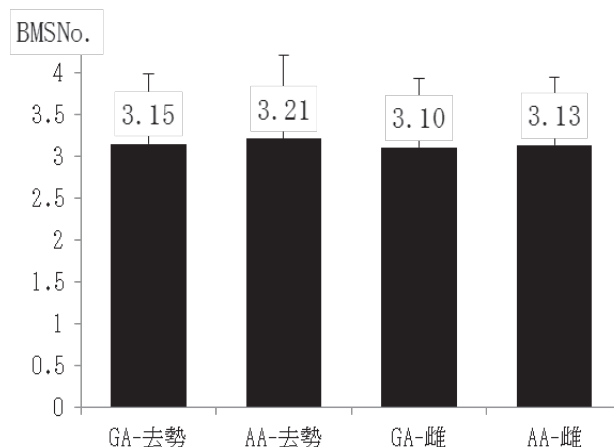


図1 EDG1 の遺伝子型と BMS の比較

注) 数値は各グループの平均値
 エラーバーは標準偏差