

博士論文

ニワトリの肉関連形質を支配する  
量的形質遺伝子座の解明

( 要約 )

平成 31 年 3 月

広島大学大学院生物圏科学研究科

生物資源科学専攻

小野 貴史

肉用鶏における体重や遊離アミノ酸含量など、家畜における経済的に重要な形質の多くは連続的な変異としてとらえられ、量的形質と呼ばれている。この量的形質は量的形質遺伝子座 (Quantitative Trait Loci: QTL) によって支配されており、QTL を把握するためには遺伝連鎖解析 (QTL 解析) が有効である。QTL 解析を遂行し、有用な QTL 近傍の DNA マーカーを発見することができれば、マーカーアシスト選抜が可能になり、従来の表現型に基づいた選抜方法よりも効率的、かつ正確に選抜を行うことができる。本研究では、将来のマーカーアシスト選抜を見据え、ニワトリの肉関連形質を支配する QTL を発見することを目的とした。

第 2 章では、QTL 解析を遂行するために必要な F<sub>2</sub> 資源家系の各世代における表現型データの解析を行った。本研究では、資源家系の両親品種として、肉用鶏の改良に用いられ、かつ遺伝的背景の異なる大シャモおよび白色プリマスロックを用いた。大シャモ雄 1 個体と白色プリマスロック雌 4 個体を交配することにより、F<sub>1</sub> 世代を得た。また、F<sub>1</sub> 世代を全きょうだい交配することにより、F<sub>2</sub> 世代 319 個体を得た。解析対象形質は、初生時より 7 週齢までの各週齢における体重および増体量、屠体関連形質、肉色、剪断力価、遊離アミノ酸含量および遊離アミノ酸関連物質含量である。表現型値を比較した結果、体重関連形質では、全ての形質において雌雄ともに白色プリマスロックが大シャモに対して有意に大きな値を示し、F<sub>1</sub> および F<sub>2</sub> は両親の中間的な値を示した。屠体関連形質の内、ムネ肉重量等の重量関連形質は体重と同様の傾向を示した。肉色に関しては、多くの形質において明確な品種間差および性差は認められなかった。剪断力価では、大シャモが白色プリマスロックおよび F<sub>2</sub> 世代に対して有意に高い値を示し、F<sub>1</sub> 世代は両親品種の中間的な値を示した。遊離アミノ酸および遊離アミノ酸関連物質含量については、モモ肉では、全 21 種類の物質の内、雄では 10 種類、雌では 8 種類に関して、両親品種間に有意差が認められた。しかし、両親品種に加え F<sub>1</sub> および F<sub>2</sub> 世代を含めた場合には、群間差および雌雄差は必ずしも明確ではなかった。これらの事実から、量的形質の中には、体重関連形質、屠体関連形質および剪断力価のように、品種間差や性差が認められるものと、肉色やアミノ酸含量のように、これらの差が存在しないものの両者が存在することが明らかになった。また、F<sub>1</sub> および F<sub>2</sub> 個体が両親品種の中間的な値を示す場合と、そうでない場合が存在することも明らかになった。

第 3 章では、第 2 章で述べた資源家系を用いて、体重、増体量および屠体関連形質を支配する QTL の染色体上の位置を明らかにすることを目的とした。大シャモおよび白色プリマスロックを交配し得られた 290 - 319 個体の F<sub>2</sub> 世代および RAD シークエンス法により得られた 23 の常染色体と Z 染色体に分布する 545 個の SNP マーカーを用いて simple interval mapping 法により QTL 解析を行った結果、体重、増体量および屠体関連形質に関与する 11 個の significant QTL (genome-wide 5 % レベル) および 7 個の suggestive QTL (genome-wide 10 % レベル) を第 1、2、3、5、8、19 および 24 番染色体上ならびに Z 染色体上に検出した。これらの 18 個の QTL の内、7 個は雄特異的に発現し、4 個は雌特異的に発現するものであった。検出した QTL の寄与率は、5.64 - 16.52 % であった。検出された QTL の内、第 1 番染色体上の QTL は 1~3 週齢時の雄に、Z 染色体上の QTL は 4~7 週齢の雄に特異的に発現した。第 8 番染色体上の QTL は、4~5 週齢においてのみ雌雄双方に発現した。これらの結果より、体重を支配する QTL には、時期特異的に発現するものや性特異的に発現するものが存在することが明らかになった。また、屠体関連形質の内、重量関連の形質を支配する QTL は、体重形質 QTL の近傍に検出されたことから、これらの QTL は同一の QTL である可能性が考えられた。本研究では体重、増体量および屠体関連形質に関するエピスタシス QTL は検出されなかった。検出された 18 個の QTL は全て既存の報告と重複した領域に検出されたため、既知の報告のものと同一であると考えられた。本研究で明らかになった QTL は、今後候補遺伝子を探索する上での一助となると期待される。

第 4 章では、第 2 章で述べた肉色、剪断力価、ならびに遊離アミノ酸および遊離アミノ酸関連物質含量のデータを用いて、ニワトリの肉質に関与する QTL を染色体上にマッピングすることを目的とした。資源家系の F<sub>2</sub> 世代 203 - 281 個体および第 3 章と同じく、23 の常染色体

および Z 染色体に配置した 545 の SNP マーカーを用いて QTL マッピングを行った。simple interval mapping を用いて解析を行った結果、肉色に関与する 4 個の significant QTL (genome-wide 5%レベル) および 2 個の suggestive QTL (genome-wide 10%レベル)が第 1、2 および 13 番染色体上にマッピングされた。剪断力価に関しては、Z 染色体上に significant QTL が 1 個マッピングされた。遊離アミノ酸および遊離アミノ酸関連物質含量については、9 個の significant QTL および 6 個の suggestive QTL が第 1、3、4、5、10、11、12、15 および 24 番染色体上、ならびに Z 染色体上にマッピングされた。これらの 22 個の QTL の内、16 個の QTL は性特異的な効果を示した。それぞれの QTL が示す寄与率は、肉色については 6.08 - 14.63 %、剪断力価では 12.24 %、遊離アミノ酸および遊離アミノ酸関連物質含量に関しては 7.82 - 33.29 %であった。本研究では、肉色、剪断力価、ならびに遊離アミノ酸および遊離アミノ酸関連物質含量に関するエピスタシス QTL は検出されなかった。一方、本章の研究で検出された主効果 QTL は 1 つを除き全て過去に報告例がなく、世界初発見の QTL であった。

本研究ではニワトリの肉関連形質を支配する計 40 個の量的形質遺伝子座を明らかにした。本研究の成果は、今後の DNA マーカーに着目したマーカーアシスト選抜への応用や、ニワトリの肉関連形質が示す複雑な遺伝を理解する一助となることが期待される。