

## 12. DNA マーカーを用いた種畜の遺伝能力推定法

〔要約〕家畜疾病や乳生産などの生産性に対する遺伝能力の推定に DNA マーカーを用いる手法を開発した。開発した手法の有効性を遺伝率, 形質に關与する遺伝子数および推定に用いる DNA マーカー数をもとに吟味した。

国際農林水産業研究センター 畜産草地部 国際家畜研究所 (ILRI)				連絡先	0298 (38) 6308		
部会名	国際農業	専門	畜産	対象	乳牛・肉用牛	分類	国際

### 〔背景・ねらい〕

トリパノゾーマの多様に変化する表面蛋白, 乳量等の生産形質に關与する遺伝子の解明の課程において, 遺伝子に近接した DNA マーカーとしてマイクロサテライト DNA が発見されてきた。従って, 遺伝子そのものは同定できなくともマイクロサテライト等の DNA 情報を利用して DNA レベルで直接的にトリパノゾーマ症や乳生産に及ぼす遺伝的影響の大きさや種畜の遺伝能力を推定する手法を開発する必要がある。

### 〔成果の内容・特徴〕

- ① DNA マーカー座位がヘテロになっている種雄牛において, DNA マーカーがトリパノゾーマ症や乳生産性に与える遺伝的影響の大きさ (効果) を推定する手法を開発した。

$$\begin{bmatrix} 1'R^{-1} & 1'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1} & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u \\ s \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

1: 1を要素に持つ列ベクトル (N×1, Nは観測値数), R: 残差共分散行列 (N×N), Z: 各マーカー毎に Mなら1, mなら-1を要素に持つ行列 (N×マーカー数, M, mはマーカー対立遺伝子), Y: 観測値列ベクトル (N×1), u: 平均値, s: DNA マーカー効果, G: DNA マーカー効果分散共分散行列。

- ② 開発した手法をもとに形質の遺伝率 (0.2, 0.4), 形質に關与する遺伝子数 (60, 90), 推定に要した DNA マーカー数 (全部, 上位30) の3つの要因を設け, DNA マーカー効果の真値と開発した手法から得られた推定値との相関係数を求めた (表1, 表2)。その結果, 遺伝率が増加するにつれて相関関係はわずかに増加した。一方, DNA マーカー全部を用いた場合の相関係数は0.5062~0.6667であったが, DNA 効果の大きい30のマーカーを選んで推定した場合の相関係数は0.6370~0.8177と大きく増加した。従って, DNA マーカーを用いた推定では効果の大きいマーカーを選んで遺伝能力を推定すべきことが認められた。

### 〔成果の活用面・留意点〕

国際家畜研究所 (ILRI) では, トリパノゾーマ抵抗性遺伝子に隣接する DNA マーカーをすでに明らかにしている。従って, 実際に報告された DNA マーカーをもとに, 抵抗性牛と感受性牛を使って本手法の適用が可能である。

### 〔具体的データ〕

表1 真の DNA マーカー効果値と推定 DNA マーカー効果値との相関

遺伝率	娘 牛 数			
	500		1000	
	目的遺伝子数		目的遺伝子数	
	60	90	60	90
0.2	0.5928	0.5151	0.6812	0.5911
0.4	0.6649	0.5763	0.7276	0.6276

備考1: 目的遺伝子数60の場合は1染色体内に2個の遺伝子があり, それを囲む3個の DNA マーカーがある (DNA マーカー間距離; 0.5M)。  
2: 目的遺伝子数90の場合は1染色体内に3個の遺伝子があり, それを囲む4個の DNA マーカーがある (DNA マーカー間距離; 0.33M)。

表2 真の DNA マーカー効果値と推定 DNA マーカー効果値との相関 (上位30の DNA マーカーを採用)

遺伝率	娘 牛 数			
	500		1000	
	目的遺伝子数		目的遺伝子数	
	60	90	60	90
0.2	0.7221	0.6741	0.7890	0.7639
0.4	0.7823	0.7316	0.8230	0.7961

### 〔その他〕

研究課題名: トリパノゾーマ抵抗性牛の育成のための基礎特性の検定

予算区分: 国際プロ (トリパノゾーマ)

研究期間: 平成7年度 (平成3~7年)

研究担当者: 富樫研治

発表論文等: An interactive procedure for analysing a combination of censored and uncensored traits in mixed models: Estimation of dispersion parameters. Genetic selection evolution (Submitted).