

令和 2 年 5 月 1 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H05015

研究課題名(和文) ウシ体脂肪の脂肪酸組成に関する責任遺伝子群の総合的解明

研究課題名(英文) Comprehensive analysis for responsible genes associated with fatty acid composition in cattle

研究代表者

万年 英之(Mannen, Hideyuki)

神戸大学・農学研究科・教授

研究者番号：20263395

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,200,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、ウシ体脂肪の脂肪酸組成に関する新規責任遺伝子の同定を目的とした。兵庫県黒毛和種集団に対してゲノムワイド関連解析(GWAS)を実施したところ、第9番染色体(BTA9)に3つ、BTA14に1つの有意水準を満たすSNPを検出した。全ゲノムリシーケンス解析および遺伝子機能解析の結果、CYB5R4、MED23、VNN1の3遺伝子が脂肪酸組成に効果を持つ候補遺伝子として検出された。これらの候補遺伝子に対して、兵庫県集団を用いた集団解析を実施したところ、CYB5R4 c.*349G>Tが最も高い有意差を示し、最も有力な責任遺伝子と考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

牛肉の脂肪酸組成は消費者の健康や高品質化を考えた場合重要な形質である。本研究課題では、ゲノムワイド関連解析、全ゲノムリシーケンス解析、Pathway解析など、ゲノミクスの先端技術を適用することにより、新規の責任遺伝子候補を明らかにすることができた(CYB5R4 c.*349G>T)。この遺伝子多型をDNAマーカーとして利用することにより、脂肪酸組成のコントロールが可能となり、より美味しく・健康的な牛肉生産に貢献することができる。

研究成果の概要(英文)：In this study, we aimed to identify the responsible gene associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. We performed genome wide association analysis for Hyogo Japanese Black cattle, and then identified candidate chromosomal regions in BTA9 and 14. Whole genome resequencing and gene functional analysis detected 3 candidate genes associated with fatty acid composition, CYB5R4, MED23 and VNN1. By population association study, CYB5R4 c.*349G>T revealed highest significant value. Therefore, CYB5R4 c.*349G>T is most candidate variant as responsible for fatty acid composition in Hyogo Japanese Black cattle population.

研究分野：動物遺伝育種学

キーワード：ウシ 黒毛和種 脂肪酸組成 責任遺伝子 全ゲノムリシーケンス 関連解析

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

我国の黒毛和種は世界的にも有名な高品質牛肉を生産する。我国の牛肉市場において最も重要な経済形質は脂肪交雑であるが、過去数十年の間に脂肪交雑は十分な改良が加えられた。一方近年では、ヒトの健康志向と牛肉の風味向上という視点から、不飽和脂肪酸含有率をはじめとした脂肪の「質」を高めることを目的とした、黒毛和種に新たな経済的価値を付与する取り組みが始まった。脂質は炭水化物やたんぱく質とともに3大栄養素の一つであり、2010年以降、脂味を第6の味覚とする学術的議論も出てきている。

我々のグループは、このウシの脂肪酸組成に世界でもいち早く着目し、この形質に対する遺伝学的分析により、この十数年の間に次のような様々な成果を上げてきた。1) 候補機能遺伝子解析により、不飽和化酵素 SCD 遺伝子の多型(A878V)を発見し、この多型は黒毛和種の体脂肪中一価不飽和脂肪酸含有率、特にオレイン酸含有率を増減する効果を有する。この業績は世界で最初の牛肉の美味しさに関わる遺伝子多型の発見となった。2) 次に現在までに、FASN 遺伝子の多型(TW16024:16039AR, g.G841C)を始めとし、脂肪酸組成に効果を有する複数の遺伝子を発見してきた。3) それら遺伝子多型の効果は、黒毛和種の複数の集団やそれ以外の牛品種でも効果を有し、ウシ生物種内における普遍性が高いことを示した。4) FASN 遺伝子多型では牛乳の脂肪酸組成 C14 Index に効果を持つが、他の遺伝子多型は牛乳の脂肪酸組成には影響しない。5) 遺伝子の網羅的発現解析により、脂肪酸組成に関わる遺伝子群とネットワークを明らかにした。6) パイオプシによる経時的試料を分析することで、時系列的な脂肪酸組成の変化を明らかにした。この結果から、優れた脂肪酸組成を有する個体は若年期からその傾向を示すため、より良い遺伝子型を有する個体の選抜は肥育期間の短縮につながることを示唆した。



一方、これまで発見されたすべての脂肪酸組成に関わる遺伝子多型が形質に及ぼす影響は、全遺伝分散の割合に対して10-30%程度であることも明らかにしている。言い換えれば、まだ7割以上の遺伝効果を持つ遺伝子(群)が不明であり、脂肪酸組成に対する責任遺伝子が少なからず存在していることを示唆している。ウシ体脂肪の脂肪酸組成に影響する主要な遺伝子群が明らかになれば、不飽和脂肪酸などの有益な脂肪酸の向上のみならず、必要な脂肪酸組成を増減することが可能になることを意味している。加えて、脂肪代謝、特に脂肪酸組成をコントロールする分子機構、生物の恒常性と脂肪酸組成、家畜種による脂肪酸組成の違いといった、脂肪代謝に関わる新しい角度からの知見の提示に結びつくことが期待される。

2. 研究の目的

このような研究背景と牛肉生産の社会的要望から、我々はウシ体脂肪の脂肪酸組成に対する他の責任遺伝子の同定を継続して続けてきた。また、2009年4月にウシのゲノム解読が終了したことにより、全ゲノム情報と高密度 SNP アレイが利用できるようになった。これらゲノム情報と手法を用いることにより、ウシの体脂肪における脂肪酸組成に関与する新規の責任遺伝子が座する候補染色体領域、責任遺伝子、責任変異の同定を可能にすると考えられた。加えて、これまで同定されてきた責任遺伝子・変異においても、どのような分子機構の機序により、脂肪酸組成が変化するのか不明な点も多い。そこで本研究課題では、ウシ体脂肪の脂肪酸組成に関する新規責任遺伝子の同定とこれら責任遺伝子の分子機構の総合的解明を目的とし、段階的な研究項目を実施した。

3. 研究の方法

本研究課題の目的を達成するため、以下の項目に沿った研究を遂行した。

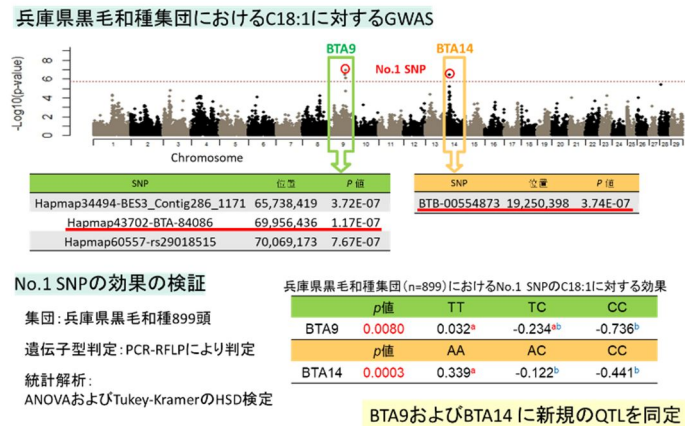
- (1) 兵庫県黒毛和種集団に対してゲノムワイド関連解析を実施し、体脂肪の脂肪酸組成に關与する染色体領域の同定を試みる。
- (2) 同定された染色体領域と有意 SNP に対し、検証集団を用いてそれら有意 SNP の効果の妥当性確認を行う。
- (3) この妥当性を確認後、試験集団の個体に対して全ゲノムリシーケンス解析を実施し、候補染色体領域から候補責任遺伝子と候補変異の抽出を行う。
- (4) 黒毛和種の試験集団と検証集団に対し、候補変異を対象とした関連解析を実施し、候補責任遺伝子・変異の同定を行う。

4. 研究成果

以下に本研究課題実施期間を通して得られた研究成果についてまとめる。

- (1) ウシの脂肪酸組成のうち、最も含有率が高く、摂取するヒトの健康にも關与が深いとされているオレイン酸を脂肪酸組成の対象形質とした。この形質を対象に、兵庫県黒毛和種集団 1836 頭に対してゲノムワイド関連解析を実施した。その結果、ウシ第 9 染色体(BTA9)と第 14 染色体 (BTA14) に、優位な染色体領域が検出された (図 1)。

- (2) これら候補領域に対する検証集団としては、GWAS 解析において母集団とした 1836 頭から選抜した兵庫県黒毛和種 702 頭及び 441 頭を用いた。BTA9 では、441 頭集団において有意性が認められなかったものの、702 頭集団で効果の傾向が認められた。BTA14 では、どちらの集団においても有意な関連は認められなかったが、441 頭集団では $p = 0.128$ とやや低い値が観察された。



- (3) 同定された BTA9 の QTL に対して、近年次世代シーケンス技術の発達により利用可能となった全ゲノムリシーケンス解析を適用し責任候補多型の網羅的探索を試みた。全ゲノムリシーケンス解析には、GWAS の DNA プール作成に用いた C18:1 に関する上位および下位の個体より、それぞれ 4 個体ずつ用いた。
- (4) GWAS において最も低い p 値を示した SNP (Hapmap43702-BTA-84086) より上流および下流に 5Mbp を候補領域とし、解析に用いた 8 個体にリファレンスを加えた 9 個体間で多型探索を実施した結果、全 39,658 多型を検出した。そのうち 10,045 多型が遺伝子内に位置していた。さらに Hapmap43702-BTA-84086 との連鎖不平衡 (LD) 程度を予測する指標として上位 4 個体と下位 4 個体間におけるアレルの異なる数を算出し、4 アレル以上異なっていた 1,993 多型を候補として絞り込んだ。続いてそれらの候補多型が位置していた 23 遺伝子について、NCBI データベースを基に機能の調査を実施した。結果として、脂肪酸の代謝に関わることが予想された CYB5R4、MED23、VNN1 の 3 遺伝子を候補遺伝子と認め、それぞれの遺伝子における候補多型として、CYB5R4 c.*349G>T、MED23 c.3700G>A、VNN1 c.197C>T を選出した。
- (5) これら SNP の兵庫県黒毛和種 899 頭における C18:1 との関連を調査した結果、3 SNP はいずれも C18:1 と有意な関連を示し、QTL に対する責任変異である可能性を示した。特に、は Hapmap43702-BTA-84086 よりも低い p 値を示し、遺伝分散を説明する割合も最も高い値が算出されたため、現段階における最有力候補であることを示した。

候補多型のC18:1に対する効果および遺伝分散を説明する割合(%VA)

SNP	位置	p値 (ANOVA)	AA	AB	BB	%VA
CYB5R4 c.*349G>T	66,377,383	0.0075	0.056 ^a ±0.087 (n=454)	-0.261 ^b ±0.093 (n=401)	-0.636 ^b ±0.279 (n=44)	4.20
No.1 SNP	69,956,436	0.0080	0.032 ^a ±0.085 (n=475)	-0.234 ^{ab} ±0.095 (n=378)	-0.736 ^b ±0.273 (n=46)	3.70
MED23 V1234I	70,521,413	0.0295	0.018 ±0.088 (n=441)	-0.205 ±0.091 (n=412)	-0.652 ±0.274 (n=46)	3.30
VNN1 T66M	71,851,690	0.0162	-0.050 ^a ±0.078 (n=566)	-0.158 ^a ±0.106 (n=304)	-1.054 ^b ±0.344 (n=29)	2.24

CYB5R4多型が最も有力な候補多型であると考えられた

(6) まとめ

牛肉の脂肪酸組成は消費者の健康や高品質化を考えた場合重要な形質である。本研究課題では、ゲノムワイド関連解析、全ゲノムリシーケンス解析、Pathway 解析など、ゲノミクスの先端技術を適用することにより、これまで誰も示唆していない新規の責任遺伝子候補を明らかにすることができた (CYB5R4 c.*349G>T)。この遺伝子多型を DNA マーカーとして利用することにより、脂肪酸組成のコントロールが可能となり、より美味しく・健康的な牛肉生産に貢献することができる。

また本研究課題を通して、牛肉の脂肪酸組成をコントロールする遺伝子は極めて多くあり、またそれぞれが有する遺伝的分散(一つ一つの遺伝の効果)は大きくないことが示唆された。したがって、脂肪酸組成をコントロールする遺伝子群の全貌を明らかにするためには、一つずつの遺伝子を追いかけるのではなく、全体を網羅して解析可能な方法論が必要であることも示唆された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件／うち国際共著 0件／うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Kigoshi H, Kawaguchi F, Yasuzumi R, Oyama K, Mannen H, Shinji Sasazaki	4. 巻 17
2. 論文標題 PLAG1 gene polymorphism on oleic acid percentage in various Japanese Black cattle populations	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genetics and Molecular Research	6. 最初と最後の頁 gmr18056
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） org/10.4238/gmr18056	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Kawaguchi F, Kigoshi H, Nakajima Ayaka, Matsumoto Y, Uemoto Y, Fukushima M, Yoshida E, Iwamoto E, Akiyama T, Kohama N, Kobayashi E, Honda T, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S	4. 巻 89
2. 論文標題 Pool-based genome-wide association study identified novel candidate regions on BTA9 and 14 for oleic acid percentage in Japanese Black cattle	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Anim. Sci. J	6. 最初と最後の頁 1060-1066
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/asj.13035	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Kawaguchi F, Kigoshi H, Fukushima M, Iwamoto E, Kobayashi E, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S	4. 巻 90
2. 論文標題 Whole-genome resequencing to identify candidate genes for the QTL for oleic acid percentage in Japanese Black cattle.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Anim Sci J.	6. 最初と最後の頁 467-472
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/asj.13179	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Kawaguchi Fuki, Okura Kazuki, Oyama Kenji, Mannen Hideyuki, Sasazaki Shinji	4. 巻 88
2. 論文標題 Identification of leptin gene polymorphisms associated with carcass traits and fatty acid composition in Japanese Black cattle	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Anim. Sci. J.	6. 最初と最後の頁 433 ~ 438
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/asj.12672	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Kawaguchi F, Kigoshi H, Nakajima Ayaka, Matsumoto Y, Uemoto Y, Fukushima M, Yoshida E, Iwamoto E, Akiyama T, Kohama N, Kobayashi E, Honda T, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S	4. 巻 89
2. 論文標題 Pool-based genome-wide association study identified a VNN1 gene mutation T66M for oleic acid percentage in Japanese Black cattle	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Anim. Sci. J.	6. 最初と最後の頁 1060-1066
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/asj.13035	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 川口英岐・古賀聡・大山憲二・万年英之・笹崎晋史	4. 巻 45
2. 論文標題 黒毛和種集団におけるLPL遺伝子内多型の脂肪酸組成に対する効果	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 動物遺伝育種研究	6. 最初と最後の頁 3-8
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kawaguchi F, Okura K, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S	4. 巻 88
2. 論文標題 Identification of leptin gene polymorphisms associated with carcass traits and fatty acid composition in Japanese Black cattle	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Anim. Sci. J.	6. 最初と最後の頁 433-438
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/asj.12672	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 川口英岐・福島護之・秋山敬孝・小浜菜美子・小林栄治・大山憲二・万年英之・笹崎晋史	4. 巻 87
2. 論文標題 黒毛和種繁殖雌牛集団におけるレプチン遺伝子内多型と繁殖形質との関連	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 日本畜産学会報	6. 最初と最後の頁 333-336
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Honda T, Oguri Y, Mizuno Y, Mannen H, Ishida T, Iwaisaki H, Kuge S, Saito K, Oyama K	4. 巻 87
2. 論文標題 Change of fatty acid composition of the lumbar longissimus during the final stage of fattening in the Japanese Black cattle	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Anim. Sci. J.	6. 最初と最後の頁 578-583
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/asj.12443	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Matsumoto H;Kawaguchi F;Itoh S;Yotsu S;Fukuda K;Oyama K;Mannen H;Sasazaki S	4. 巻 20
2. 論文標題 The SNPs in bovine MMP14 promoter influence on fat-related traits	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Meta Gene	6. 最初と最後の頁 100558-
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.mgene.2019.100558	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kigoshi H;Kawaguchi F;Oyama K;Mannen H;Sasazaki S	4. 巻 47
2. 論文標題 Effect of STARD3 gene polymorphism on carcass traits and fatty acid composition in Japanese Black cattle	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Animal Genetics	6. 最初と最後の頁 37-41
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kawaguchi F;Tsuchimura M;Oyama K;Matsuhashi T;Maruyama S;Mannen H;Sasazaki S	4. 巻 63
2. 論文標題 Effect of DNA markers on the fertility traits of Japanese Black cattle for improving beef quantity and quality	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Archives Animal Breeding	6. 最初と最後の頁 9-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.5194/aab-63-9-2020	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計15件（うち招待講演 3件 / うち国際学会 8件）

1. 発表者名 川口英岐、木越洸利、小浜菜美子、秋山敬孝、福島護之、吉田恵実、小林栄治、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 ウシ全ゲノムリシーケンスデータを用いたオレイン酸含有率に対する責任変異の探索
3. 学会等名 第124回日本畜産学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kawaguchi F, Kigoshi H, Kohama N, Kohama N, Akiyama T, Fukushima M, Yoshida E, Kobayashi E, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S
2. 発表標題 Detection of candidate polymorphisms in the QTL for oleic acid percentage on BTA9 based on whole-genome resequencing data
3. 学会等名 PAG Asia 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 木越洸利、川口英岐、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 兵庫県黒毛和種集団における全ゲノムリシーケンスデータを用いた枝肉形質に対する候補変異の抽出
3. 学会等名 第18回日本動物遺伝育種学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kigoshi H, Matsumoto Y, Kawaguchi F, Uemoto Y, Kobayashi E, Fukushima M, Iwamoto E, Yoshida E, Akiyama T, Kohama N, Oyama K, Honda T, Mannen H, Sasazaki S
2. 発表標題 Association of VNN1 gene polymorphism with fatty acid composition in Japanese Black cattle
3. 学会等名 36th International Society for Animal Genetics Conference, Dublin, Ireland (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Tsuchimura M, Fukazawa K, Kawaguchi F, Matsuhashi T, Maruyama S, Oyama K, Sasazaki S, Mannen H
2. 発表標題 Effects of DNA markers associated with carcass traits and fatty acid composition on fertility traits in Japanese Black cows
3. 学会等名 36th International Society for Animal Genetics Conference, Dublin, Ireland (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Sasazaki S, Nakajima T, Uemoto Y, Fukushima M, Yoshida E, Iwamoto E, Akiyama T, Kohama N, Kobayashi E, Oyama K, Mannen H
2. 発表標題 Genome-wide association study revealed a candidate region for beef marbling on BTA7
3. 学会等名 36th International Society for Animal Genetics Conference, Dublin, Ireland (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kawaguchi F, Kigoshi H, Nakajima A, Matsumoto Y, Uemoto Y, Fukushima M, Yoshida E, Iwamoto E, Akiyama T, Kohama N, Kobayashi E, Honda T, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S
2. 発表標題 PLAG1 polymorphism (ss319607405) is associated with oleic acid percentage in Japanese Black cattle
3. 学会等名 36th International Society for Animal Genetics Conference, Dublin, Ireland (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 木越洸利、川口英岐、上本吉伸、福島護之、吉田恵実、岩本英治、秋山敬孝、小浜菜美子、小林栄治、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 兵庫県黒毛和種におけるゲノムワイド関連解析により同定されたVNN1遺伝子T66M多型のオレイン酸含有率に対する効果
3. 学会等名 第18回日本動物遺伝育種学会大会，厚木
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 川口英岐、木越洸利、安栖梨理、小浜菜美子、秋山敬孝、福島護之、小林栄治、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 複数の黒毛和種集団を用いたPLAG1遺伝子多型のオレイン酸含有率に対する効果の検討
3. 学会等名 第18回日本動物遺伝育種学会大会，厚木
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 川口英岐、木越洸利、小浜菜美子、秋山敬孝、福島護之、吉田恵実、小林栄治、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 ウシ全ゲノムリシーケンスデータを用いたオレイン酸含有率に対する責任変異の探索
3. 学会等名 第124回日本畜産学会大会，東京
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Kawaguchi F, Nakajima A, Matsumoto Y, Uemoto Y, Fukushima M, Yoshida E, Iwamoto E, Akiyama T, Kohama N, Kobayashi E, Honda T, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S
2. 発表標題 Identification of polymorphisms associated with oleic acid percentage by pool-based genome wide association study (GWAS) in Japanese Black
3. 学会等名 35th International Society for Animal Genetics Conference (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 川口英岐、深澤謙治、小浜菜美子、秋山敬孝、福島護之、小林栄治、大山憲二、万年英之、笹崎晋史
2. 発表標題 黒毛和種繁殖雌牛集団におけるレプチン遺伝子内多型と繁殖形質との関連
3. 学会等名 第17回日本動物遺伝育種学会大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Mannen, H.
2. 発表標題 The origin and genetic diversity of Japanese Wagyu
3. 学会等名 17th AAAP Animal Science Congress (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Mannen, H.
2. 発表標題 The origin, immigration roots and genetic diversity of Japanese Wagyu
3. 学会等名 The 1st Symposium in Jeju Black cattle Research Center: Genetics & Breeding and Mass Production of Domestic Animal using Genome Analysis (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Kawaguchi F;Kigoshi H;Yasuzumi R;Oyama K;Mannen H;Sasazaki S
2. 発表標題 Effect of the PLAG1 gene polymorphism on carcass weight and oleic acid percentage in Japanese Black cattle populations
3. 学会等名 37th International Society for Animal Genetics Conference (招待講演)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 万年英之 他	4. 発行年 2017年
2. 出版社 朝倉書店	5. 総ページ数 204
3. 書名 動物遺伝育種学	

1. 著者名 万年英之、山口由紀	4. 発行年 2018年
2. 出版社 丸善ブラネット	5. 総ページ数 169
3. 書名 DNA解析による但馬牛の血統的特徴-兵庫県の和牛 但馬牛	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	小林 栄治 (Kobayashi Eiji) (00186727)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・畜産研究部門・ユニット長 (82111)	
研究分担者	本多 健 (Honda Ken) (10432551)	神戸大学・農学研究科・助教 (14501)	
研究分担者	笹崎 晋史 (Sasazaki Shinji) (50457115)	神戸大学・農学研究科・准教授 (14501)	
研究分担者	大山 憲二 (Oyama Kenji) (70322203)	神戸大学・農学研究科・教授 (14501)	