

令和 3 年 6 月 8 日現在

機関番号：13701

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05942

研究課題名(和文) DNA育種の実現にむけたウズラの産卵・産肉性に関する遺伝子座のゲノムマッピング

研究課題名(英文) Mapping of quantitative trait loci affecting productive traits in Japanese quail for future improvement

研究代表者

只野 亮 (Ryo, TADANO)

岐阜大学・応用生物科学部・准教授

研究者番号：70614048

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：ウズラの2系統を交配し作成したF2資源家系を用い、産卵ならびに産肉性(成長)に関する量的形質遺伝子座(QTL)の検出を実施した。産卵に関しては、初産日齢、初産卵重、初産卵黄重、平均卵重、平均卵黄重、卵長径、卵短径、卵白高、卵黄高の9つの形質で合計10個のsuggestiveならびにsignificantレベルのQTLが検出された。また産肉性(成長)に関しては、体重(10および30週齢)と脚長(5、10および30週齢)の5つの形質で合計8個のsignificantレベルのQTLが検出された。本研究の結果は、今後のDNA育種のための基礎的な情報になり得ると考えられる。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ウズラは経済的に重要な家禽の1つであるが、産卵や産肉能力に関する遺伝子座はほとんど特定されていない。そこで本研究では、3世代にわたる資源家系を作成し、形質データの測定とRADシーケンシングによるSNPマーカーの遺伝子型判定を実施した。そして連鎖解析を行い、産卵に関する形質では合計10個、産肉性(成長)に関する形質では合計8個の量的形質遺伝子座(QTLs)を検出できた。これらの情報は、今後のDNAマーカー育種の実現に貢献することが期待できる。

研究成果の概要(英文)：Analyses of quantitative trait loci (QTL) affecting productive traits of Japanese quail were carried out using F2 resource family. In total, 10 QTLs were detected at suggestive and significant levels for nine egg-related traits. In addition, eight QTLs were discovered at significant level for five growth-related traits. These results will be useful for future breeding and improvement of Japanese quail.

研究分野：動物ゲノム多様性学

キーワード：ウズラ SNPマーカー 資源家系 経済形質

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

(1) ウズラは、卵肉生産において重要な家禽の1つである。卵重や体重などの経済的に重要な形質は量的形質であり、QTL (quantitative trait loci: 量的形質遺伝子座) により支配されていると考えられる。QTL の染色体上での位置を明らかにするためには、形質データと DNA マーカーによる遺伝子型データの2つを用いて連鎖解析 (QTL 解析) をする必要がある。

(2) これまでに筆者は、ウズラ 2 系統を交配して F₂ 資源家系を作成し、産卵と産肉 (成長) に関する形質データを収集してきた。産卵に関わる具体的な形質として、初産日齢、産卵数、卵重、卵黄重、卵長径、卵短径、卵白高、卵黄高などを測定し、産肉 (成長) に関わる具体的な形質としては、体重と脚長を測定した。

(3) これに加えて、RAD シーケンシング (RAD-Seq) により一塩基多型 (SNP) マーカーの作成ならびに遺伝子型判定も実施してきた。RAD-Seq は、制限酵素で断片化した多数のゲノム DNA の特定領域を高い精度で読み、さらに複数の個体間で、これらの領域を比較して SNP マーカーを検出することが可能である。

(4) 本研究の最終目標は、これまでにほとんど明らかにされていないウズラの産卵・産肉性を支配する QTL を明らかにすることである。本研究から得られた結果は、今後の DNA マーカー育種のための基盤になり得ると考えられる。

2. 研究の目的

前述した(2)の形質データならびに(3)の SNP マーカーの型判定データが整備されたため、本研究では、これら2つを用いウズラの産卵や産肉性 (成長) に関わる QTL の検出を目的とした。

3. 研究の方法

(1) F₂ 資源家系の造成

体重が大きく異なる A 系統雌 3 羽と B 系統雄 1 羽を交配して F₁ 個体を作成した。次に、F₁ 個体の全きょうだい交配 (合計 9 ペア) を行い、F₂ 個体を作成した。また、SNP マーカーの型判定のための血液試料も収集した。

(2) 形質データ

今回の解析に用いた産卵に関する形質データは、1) 初産日齢、2) 産卵数 (10 ~ 20 週齢まで)、3) 初産卵重、4) 平均卵重 (10 週齢以降の 5 個)、5) 平均卵重 (20 週齢以降の 5 個)、6) 初産卵黄重、7) 平均卵黄重 (10 週齢以降の 5 個)、8) 平均卵黄重 (20 週齢以降の 5 個)、9) 平均卵長径 (10 週齢以降の 5 個)、10) 平均卵短径 (10 週齢以降の 5 個)、11) 平均卵白高 (10 週齢以降の 5 個)、12) 平均卵黄高 (10 週齢以降の 5 個)、13) 平均卵殻重 (10 週齢以降の 5 個) の 13 形質である。これらの形質のデータ数は、119 から 132 の範囲であった。これらの形質の F₂ 個体群のデータ数、平均値、標準偏差、最小値、最大値を表 1 に示した。

表1. F₂ 個体群の産卵形質データ

形質	データ数	平均値	標準偏差	最小値	最大値
初産日齢 (日)	132	44.4	5.3	37	66
産卵数 (10 ~ 20 週齢まで) (個)	119	63.1	5.7	47	72
初産卵重 (g)	129	8.5	1	5.8	10.6
平均卵重 (10 週齢以降の 5 個) (g)	128	11.4	0.9	9.4	14.9
平均卵重 (20 週齢以降の 5 個) (g)	122	12.1	0.9	10	14
初産卵黄重 (g)	127	2.1	0.4	1.2	3.4
平均卵黄重 (10 週齢以降の 5 個) (g)	128	3.3	0.3	2.7	4.5
平均卵黄重 (20 週齢以降の 5 個) (g)	122	3.7	0.3	2.9	4.8
平均卵長径 (10 週齢以降の 5 個) (mm)	128	32.7	1.3	29.9	36.4
平均卵短径 (10 週齢以降の 5 個) (mm)	128	25.2	1.2	23.3	35.5
平均卵白高 (10 週齢以降の 5 個) (mm)	128	5.8	0.4	4.5	6.9
平均卵黄高 (10 週齢以降の 5 個) (mm)	128	11.7	0.5	9.9	12.7
平均卵殻重 (10 週齢以降の 5 個) (g)	128	0.9	0.1	0.8	1.1

また産肉（成長）に関する形質データは、1)1日齢体重、2)1週齢体重、3)10週齢体重、4)30週齢体重、5)1日齢から1週齢までの体重増加量、6)5週齢脚長、7)10週齢脚長、8)30週齢脚長の8形質である。これらの形質のデータ数は、123から339の範囲であった。これらの形質のF₂個体群のデータ数、平均値、標準偏差、最小値、最大値を表2に示した。

表2. F₂個体群の産肉（成長）形質データ

形質	データ数	平均値	標準偏差	最小値	最大値
1日齢体重 (g)	339	8.6	0.7	6.3	10.7
1週齢体重 (g)	338	23.3	3.6	12.3	35.4
10週齢体重 (g)	247	203.7	24.6	152.1	284.3
30週齢体重 (g)	123	236.6	27	171	301.5
1日齢から1週齢までの体重増加量 (g)	338	14.7	3.5	3.73	24.8
5週齢脚長 (mm)	143	28.6	1.1	25.5	31.2
10週齢脚長 (mm)	250	28.6	1.1	25.2	31.2
30週齢脚長 (mm)	140	28.5	1.1	25.4	30.6

(3) SNP マーカーと連鎖地図の作成

半数以上のF₂個体で遺伝子型のデータが欠測しているSNPマーカーなどを除外して、最終的に83のSNPマーカーを選抜した。QTL解析を行う前に、The Map Manager QTX b20を使用して連鎖地図を作成した。これらのSNPマーカーは、合計で19の連鎖群に位置付けられた。

(4)QTL 解析

(2)の形質データと(3)のSNPマーカーの遺伝子型のデータを用い、R/qtlプログラムを使用してsimple interval mapping法によりQTL解析を行った。

4. 研究成果

(1) 産卵に関する QTL

7つの形質〔初産日齢、初産卵重、平均卵重（10週齢以降の5個）、平均卵長径（10週齢以降の5個）、平均卵短径（10週齢以降の5個）、平均卵白高（10週齢以降の5個）、平均卵黄高（10週齢以降の5個）〕で、significantレベル（genome-wide 5%レベル）のQTLが合計8個検出された。平均卵重（10週齢以降の5個）に関しては、それぞれ異なる連鎖群に位置するsignificantレベルのQTLが2つ検出された。

また、初産卵黄重と平均卵黄重（10週齢以降の5個）の2つの形質では、suggestiveレベル（genome-wide 10%レベル）のQTLがそれぞれ1つずつ検出された。

一方で、産卵数（10～20週齢まで）、平均卵重（20週齢以降の5個）、平均卵黄重（20週齢以降の5個）、平均卵殻重（10週齢以降の5個）の4つの形質では、LOD値が3以上のQTLを検出することはできなかった。

以上のように、産卵に関するQTLの検出結果をまとめると、9つの形質で合計10個のsuggestiveならびにsignificantレベルのQTLが検出された（significantレベルが8個、suggestiveレベルが2個）。

(2) 産肉（成長）に関する QTL

体重に関する5つの形質の内、10週齢体重と30週齢体重の2つの形質で、significantレベルのQTLが、それぞれ1つずつ検出された。これらの2つのQTLは、同じ連鎖群に位置していた。さらに、これらのLOD値は5以上と極めて高かった。10週齢体重に関わるQTLに関しては、表現型分散への寄与率が13.2%であった。

一方で、1日齢体重、1週齢体重、1日齢から1週齢までの体重増加量の3つでは、LOD値が3以上のQTLを検出することはできなかった。

脚長に関する3つの形質（5週齢脚長、10週齢脚長、30週齢脚長）では、それぞれ2つずつのsignificantレベルのQTLが検出された。2つの内の1つのQTLは、3つの形質で同一のものであり共有されていた。また残りの1つのQTLは、3つの形質において同一の連鎖群に位置していた。10週齢脚長に関わる2つのQTLに関しては、表現型分散への寄与率がそれぞれ11.6%と9.1%であった。

以上のように、産肉（成長）に関するQTLの検出結果をまとめると、5つの形質で合計8個のsignificantレベルのQTLが検出された。

本研究から得られた結果は、DNAマーカーを用いた育種改良の基礎的な情報として有益であると考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔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
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------