

比内鶏の遺伝的多様性の調査

誌名	秋田県農林水産技術センター畜産試験場研究報告
ISSN	18826466
著者名	力丸,宗弘 石塚,条次 高橋,秀彰
発行元	秋田県農林水産技術センター畜産試験場
巻/号	21号
掲載ページ	p. 57-64
発行年月	2006年8月

農林水産省 農林水産技術会議事務局筑波産学連携支援センター
Tsukuba Business-Academia Cooperation Support Center, Agriculture, Forestry and Fisheries Research Council
Secretariat



比内鶏の遺伝的多様性の調査

力丸 宗弘・石塚 条次・高橋 秀彰*

要 約

比内鶏の遺伝的多様性を明らかにするため、秋田県農林水産技術センター畜産試験場（以下、「秋田畜試」）で維持している比内鶏集団と秋田県声良鶏・比内鶏・金八鶏保存会（以下、「保存会」）の比内鶏集団について、マイクロサテライトマーカー24座位を用いて、両集団の遺伝的多様性を調査した。その結果、秋田畜試集団では、24マーカー座位全てにおいて多型性を示す一方、保存会集団では23マーカー座位が多型性を示し、1座位は単型性であった。1座位当たりの平均対立遺伝子数は、秋田畜試集団が3.67個、保存会集団が3.58個、平均ヘテロ接合率は、秋田畜試集団が0.439、保存会集団は0.385であった。これらの結果から、保存会の比内鶏は維持集団の規模が試験場に比べて小さいため、遺伝的多様性が失われる傾向にあることが示唆された。また、秋田畜試と保存会の比内鶏集団間の遺伝距離は0.104であり、同一の集団から分化した遺伝的に非常に近い集団であることが示唆された。

緒 言

比内鶏は羽色、体型の美しい純粋な日本地鶏で、学術的な保存の価値が認められ、1942年に国の天然記念物に指定されている。秋田畜試では、保存会から種卵を導入し、純粋な比内鶏の保存を開始するとともに、ロードアイランドレッド種との一代交雑種である「比内地鶏」生産の雄系種鶏として体重等の能力の改良を図りながら、毎年世代更新を行ってきた。このように保存会から種卵を導入して30年以上が経過しているが、秋田畜試と保存会の各比内鶏集団が、現在どのような遺伝的背景を持っているか不明である。もし、各集団の遺伝的背景が明らかになれば、その情報は天然記念物「比内鶏」保存のための計画的な交配・育種への応用や、比内鶏を活用した「比内地鶏」鶏肉の科学的検証システムの開発への活用が期待できる。

一方、近年の分子生物学の進展により、ニワトリにおいてもDNAマーカー情報による遺伝解析が可能となった。中でもマイクロサテライトマーカーは、多型性に富み、

検出される対立遺伝子数も多いことから、ニワトリ集団間の遺伝的な類縁関係を解析するツールとして有効である（高橋ら^{1), 12)}。本研究では、マイクロサテライトマーカーを用いて秋田畜試及び保存会の比内鶏集団の遺伝的背景を明らかにしたので報告する。

材料及び方法

1 供試材料

秋田畜試で維持している比内鶏160個体及び場内でふ化した保存会の比内鶏195個体を用いた。

2 ニワトリゲノムDNAの調製

ニワトリのゲノムDNAは、翼下静脈から採取した血液から、DNA抽出キット（三光純薬 セパジーン）を用いて抽出した。ゲノムDNAは、分光光度計（GeneQuant pro : アマシャムバイオサイエンス）を用いて、DNA濃度を測定後、10ng/μlに調製した。

3 マイクロサテライトDNA多型の検出

24個のマイクロサテライトマーカーを実験に用いた（表1）。

*（農業生物資源研究所、現 農業・食品産業技術総合研究機構畜産草地研究所）

表1 使用したプライマー (常染色体)

マーカー名	染色体番号	色素	フォワードプライマー	リバースプライマー	参考文献
ABR258	1	FAM	GCATGACAGAAATGCCAATA	GATCAGAACTTAACCTCCCT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR645	2	HEX	TATTGTCTTCCAATTACAT	CACGCACCTACATACTTAGA	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR297	3	NED	ATGTTCCCTCATTTCAGAG	GGTATCCATAGCAAGTTAGT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR75	4	FAM	CATGAAGACCACAGCAAAGGG	CAGAAGCTGCAACAAATTCAGAG	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR46	5	FAM	GTGGTCCC GCCGTTTGCTCT	GCCGTGGGAAACCGAAAGCA	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR28	6	NED	GTGCGAGGGCTTCGGATGTG	TGTGCTTGGGCTGCCGTTGG	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR419	7	NED	TTAAACTGGAGAATATTTAACAGC	TGCTTATTTCATTACACAA	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR228	8	HEX	TCTGACAATCGGAGAAAGAACTCG	CCCTCCTTTGTTATCCCTCGT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR526	9	HEX	TCAATTCAGTACGTCCCACA	GCAGGAGCTGCCTATTACAT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR495	10	NED	TTGTAAGGGTAGCATTGGA	ACTCTTTGGCCTACTTTTCC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR343	11	NED	AGGACAATTTCTCAAAGGTT	TTTCAAAGCAATATGAACAC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR634	12	FAM	TACTGAATAAAAGGAGGAAC	AATAGCCAAATAGGTACAGC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR506	13	FAM	ATCTTTATGGCTCCATCATA	TAACCATCAGGGATTACTGT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
LEI66	14	NED	GATCAGATGCATCCAAAGTTC	GAAGCAGAAAAATAGAAAAGGC	Gibbs <i>et al.</i> (1997)
MCW80	15	HEX	GAAATGGTACAGTGCAGTTGG	CCGTGCATTCTTAATTGACAG	Crooijmans <i>et al.</i> (1996)
ABR257	17	HEX	AGACAGCAGTAGCCACCCAT	GCTCTGTCTGAGGAGGAAG	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
MCW217	18	HEX	GATCTTTCTGGAACAGATTC	CTGCACTTGGTTCAGTTCTG	Crooijmans <i>et al.</i> (1997)
MCW304	19	NED	TCAGTATGAGAGCTTCTCAAG	TTGTTACAAGGTCTTCTGGAG	Crooijmans <i>et al.</i> (1997)
ABR223	20	HEX	TTTCTCCCAGTCTTAGCAGT	ATTCACAGGCTTGACATCC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR624	21	HEX	GAGCCTGAGGACAGATTCCA	CCATAGAGGTCGGCATTGTTT	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ADL262	23	FAM	GTGACAGACAGAGGAAAG	TCACATGCACACAGAGATGC	Cheng <i>et al.</i> (1995)
ABR617	26	NED	CCAAGAACTCACATCAACGAGCAA	TGGAAGACTGGCAGGGAAGC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR15	27	NED	AGTGCTGGCTGCATGGGTTA	CCGCCGCTTCCATTACAAC	Takahashi <i>et al.</i> (2005)
ABR378	28	HEX	GACTTACTCACTAAGAGTGGAGAT	CTGTCATCATTGCTCTTGTG	Takahashi <i>et al.</i> (2005)

PCRは、384ウェルプレートでの1ウェルあたり6ulとし、表2に示す組成の反応液を作成して、サーマルサイクラー (GeneAmp™ PCR System 9700 : アプライドバ

イオンシステムズあるいはiCyclerサーマルサイクラー : バイオ・ラッド) を用いて行った。

表2 PCR反応液の組成

	使用量	最終濃度
鋳型DNA溶液 (10 ng/μl)	3.0 μl	5.0 ng/μl
10×PCRバッファー	0.6 μl	[1×]
2 mM dNTPミックス	0.6 μl	200 μM
25 mM MgSO ₄	0.288 μl	1.2 mM
プライマー F (200 μM)	0.0125 μl	0.4167 μM
プライマー R (200 μM)	0.0125 μl	0.4167 μM
KOD DNA ポリメラーゼ (1 U/μl)	0.125 μl	0.0209 U/μl
滅菌蒸留水	1.362 μl	
全量	6.0 μl	

KOD DNA ポリメラーゼ : KOD-Plus- (東洋紡)

各マーカーのフォワードプライマーは、PCR増幅産物をDNAシーケンサーを用いて検出するため、表2に示した3種の色素（NED、6-FAM、HEX）のいずれかで蛍光標識した。PCRサイクルは、94℃、75秒間の熱変性後、熱変性（94℃、15秒）、アニーリング（60℃、30秒）、伸長反応（68℃、60秒）のサイクルを10回、アニーリング温度を55℃としたサイクルを10回、アニーリング温度を50℃としたサイクルを30回行い、最後に68℃で9分間伸長反応を行った。

PCR産物をホルムアミドで約1,000倍に希釈して、サイズスタンダード（GENESCAN400HD [ROX]、アプライドバイオシステムズ）と共に、DNAシーケンサー（モデル3100、アプライドバイオシステムズ）を用いて電気泳動した。

4 各マイクロサテライトDNA座位の対立遺伝子頻度

コンピューターソフトウェア（GeneMapper ver. 2.0 : アプライドバイオシステムズ）を用いて、PCR増幅産物の断片長の解析を行った。検出された各マーカーのピークを一つの対立遺伝子と見なし、そのサイズを明らかにした。使用した24マーカーは常染色体上のマーカーなので、ピークが1本ならばホモ型、2本ならばヘテロ型と判断して、各集団、各マーカーの対立遺伝子頻度を算出した。

5 平均ヘテロ接合率

集団内における遺伝的変異の量を推定するために、座位あたりに期待される平均ヘテロ接合体性（H）をNei⁶⁾の小集団を対象とした式

$$H = \sum [2n(1 - \sum q_i^2) / (2n - 1)] / r$$

によって推定した。（ q_i はある座位における*i*番目の対立遺伝子の頻度、 n は集団内の個体数、 r は調べられた遺伝子座位数を示す。）

6 集団間の遺伝距離

集団間の遺伝距離は、Nei⁷⁾の遺伝距離（ D_A ）の式

$$D_A = \sum_{k=1} [1 - \sum_{i=1} (x_{ik}y_{ik})^{1/2}] / r$$

を用いて推定した。（ m_k は遺伝子座*k*における対立遺伝子数、 x_{ik} 、 y_{ik} を対立遺伝子*ik*の集団X、Yにおける遺伝子頻度、 r は調べられた遺伝子座位数を示す。）

結果及び考察

調査した24個のマイクロサテライトマーカー座位における、秋田畜試と保存会の比内鶏の対立遺伝子頻度を表3に示した。

表3 常染色体における各マイクロサテライトDNA座位の対立遺伝子頻度

マーカー名	染色体番号	DNA断片長	畜産試験場 (160) [320]	保存会 (195) [390]
ABR258	1	114bp	0.503	0.113
		120bp	0.017	0.005
		122bp	0.010	0.010
		124bp	0.023	0
		131bp	0.079	0
		133bp	0.315	0.869
		139bp	0.053	0
		145bp	0	0.003
ABR645	2	217bp	0.243	0.171
		221bp	0.200	0
		229bp	0.343	0.310
		239bp	0.213	0.519
ABR297	3	163bp	0.194	0.171
		165bp	0.806	0.829
ABR75	4	158bp	0	0.026
		168bp	0.054	0.443
		170bp	0.091	0
		172bp	0.284	0.021
		176bp	0.456	0.510
		180bp	0.115	0
ABR46	5	139bp	0.049	0.266
		144bp	0.821	0.715
		146bp	0.116	0.020
		148bp	0.013	0
ABR28	6	219bp	0.108	0.031
		221bp	0.892	0.969
ABR419	7	349bp	0.901	0.968
		353bp	0.099	0.032
ABR228	8	83bp	0	0.004
		85bp	0.418	0.157
		87bp	0.270	0.243
		89bp	0.297	0.582
		91bp	0	0.011
ABR526	9	95bp	0.016	0.004
		174bp	0	0.026
		175bp	0.291	0.712
		176bp	0.023	0
		177bp	0.680	0.262
		181bp	0	0.021
ABR495	10	182bp	0.007	0.003
		228bp	0.166	0.024
		230bp	0.358	0.637
		231bp	0.010	0.280
		242bp	0.466	0.059

マーカー名	染色体番号	DNA断片長	畜産試験場 (160) [320]	保存会 (195) [390]
ABR343	11	104bp	0.003	0.042
		108bp	0.341	0.612
		114bp	0.159	0.107
		116bp	0.215	0.240
		122bp	0.281	0
ABR634	12	280bp	0.060	0.091
		282bp	0.003	0
		283bp	0.933	0.701
		284bp	0.003	0
		305bp	0	0.208
ABR506	13	135bp	0	0.005
		137bp	0.078	0.137
		141bp	0.922	0.858
LEI66	14	295bp	0.008	0.019
		299bp	0.246	0.253
		303bp	0.727	0.575
		305bp	0.008	0
		309bp	0.012	0.153
MCW80	15	268bp	0.007	0
		269bp	0.228	0
		274bp	0.003	0
		275bp	0.576	0.218
		276bp	0.021	0.168
		277bp	0.007	0.338
		278bp	0.159	0.277
ABR257	17	325bp	0.085	0
		327bp	0.915	1.00
MCW217	18	150bp	0.480	0.951
		152bp	0.520	0.038
		157bp	0	0.010
MCW304	19	268bp	0	0.003
		281bp	0.372	0.532
		283bp	0.064	0
		284bp	0	0.011
		287bp	0.351	0.124
		289bp	0	0.003
		293bp	0.213	0.246
		297bp	0	0.082
ABR223	20	266bp	0.140	0.179
		268bp	0.116	0.111
		270bp	0.743	0.709
ABR624	21	73bp	0.804	0.874
		81bp	0.023	0.013
		83bp	0.065	0.046
		89bp	0.108	0.067

マーカー名	染色体番号	DNA断片長	畜産試験場 (160) [320]	保存会 (195) [390]
ADL262	23	104bp	0.271	0.327
		106bp	0.729	0.673
ABR617	26	158bp	0.010	0.011
		160bp	0.767	0.339
		161bp	0	0.011
		164bp	0.223	0.565
		166bp	0	0.056
		176bp	0	0.017
ABR15	27	256bp	0.153	0.022
		262bp	0.847	0.978
ABR378	28	145bp	0.113	0.305
		151bp	0.144	0.016
		153bp	0.596	0.658
		155bp	0.007	0
		157bp	0.140	0
		163bp	0	0.021
対立遺伝子数の合計			88個	86個

(): 個体数

[] : 対立遺伝子数

秋田畜試の比内鶏では、24座位全てが多型性を示した。一方、保存会の比内鶏では23座位が多型性を示し、1座位は単型性であった。24座位で検出された対立遺伝子数の合計は秋田畜試集団が88個、保存会集団が86個であり、一座位あたりの平均対立遺伝子数は秋田畜試集団が3.67個、保存会集団が3.58個であった。両集団間の対立遺伝子を比較すると、秋田畜試集団にあって保存会集団には見られない対立遺伝子が検出されたマーカーは12座位18対立遺伝子、保存会集団にあって秋田畜試集団には見られない対立遺伝子が検出されたマーカーは10座位17対立遺伝子であった。35個の集団特異的な対立遺伝子のうち、31対立遺伝子の頻度は10%以下の低いものであった。秋田畜試と保存会の比内鶏では、基本的な選抜基準が異なるため、遺伝子頻度の低い対立遺伝子は、各集団の維持・選抜過程において、消失してしまったものと考えられた。

平均ヘテロ接合率は、秋田畜試の比内鶏では0.439、保存会の比内鶏では0.385であり、保存会の方が秋田畜試より低かった(表4)。

この原因として、愛好家の数および保存会の比内鶏の数そのものが減少していること、またそれぞれの愛好家が維持している集団の規模が小さいことが原因で、遺伝的多様性が小さくなっていることが考えられた。

秋田畜試と保存会間の遺伝距離 (D) は0.104と算出された(表5)。

表5 畜試、保存会間の遺伝距離

遺伝距離	0.104

Sartikaら⁸⁾は、今回用いた24マーカーのうちの23マーカーを共有する、24マーカーを用いて日本在来鶏、インドネシアの在来鶏および白色レグホン2系統の遺伝的な類縁関係を推定し、その中で、共通祖先系統から、選抜によって分化成立した白色レグホンの2系統(卵殻強系と弱系)間の遺伝距離を0.12と報告した。本報告の24マーカーセットとは、全く共通するマーカーを含まない、20マーカー座位を用いたMaksoud Osmanら⁹⁾の報告では、八木戸、大軍鶏および小軍鶏における、公立試験研究機関飼養の集団と愛好家集団の遺伝距離を、それぞ

表4 平均ヘテロ接合性

マーカー名	染色体番号	平均ヘテロ接合性	畜産試験場	保存会
ABR258	1	h(ABR258)	0.640	0.232
ABR645	2	h(ABR645)	0.740	0.607
ABR297	3	h(ABR297)	0.313	0.284
ABR75	4	h(ABR75)	0.689	0.544
ABR46	5	h(ABR46)	0.311	0.420
ABR28	6	h(ABR28)	0.193	0.061
ABR419	7	h(ABR419)	0.180	0.062
ABR228	8	h(ABR228)	0.667	0.579
ABR526	9	h(ABR526)	0.454	0.426
ABR495	10	h(ABR495)	0.629	0.513
ABR343	11	h(ABR343)	0.735	0.556
ABR634	12	h(ABR634)	0.126	0.458
ABR506	13	h(ABR506)	0.145	0.246
LEI66	14	h(LEI66)	0.412	0.584
MCW80	15	h(MCW80)	0.593	0.736
ABR257	17	h(ABR257)	0.156	0
MCW217	18	h(MCW217)	0.501	0.094
MCW304	19	h(MCW304)	0.691	0.636
ABR223	20	h(ABR223)	0.416	0.454
ABR624	21	h(ABR624)	0.338	0.229
ADL262	23	h(ADL262)	0.396	0.441
ABR617	26	h(ABR617)	0.363	0.564
ABR15	27	h(ABR15)	0.261	0.044
ABR378	28	h(ABR378)	0.594	0.475
H(hの総和の平均)			0.439	0.385

れ0.137、0.140および0.103と推定した。これらの報告と本研究は、マーカーの種類や数が本研究とは異なっており、単純には比較できないが、20~24個のマイクロサテライトマーカーを用いた場合、同一品種内集団間の遺伝距離は最大でも0.140程度であって、同じ品種の共通祖先に由来する系統でも選抜によって、その遺伝距離が0.126程度まで広がることが示唆される。今回の調査で得られた秋田畜試集団と保存会集団間の遺伝距離は0.104であり、同一品種内集団間の遺伝距離では想定内の低い数値であった。これは、種卵を導入して以来、外部からの異血導入は行わず、種鶏を維持してきた歴史を反映した妥当な遺伝距離と思われた。

保存会から比内鶏の種卵を導入し、秋田畜試で閉鎖群で維持を始めてから30年以上が経過した。この間の改良によって、導入時の比内鶏よりも明らかに体型が大型化している。例えば、導入当時(1974年生)の成鶏の雌体重は約1.7kgであったが(豊住ら¹³⁾、選抜試験を終え

た時点(1996年生)での成鶏の雌体重は約2.7kgとなっている(松浦ら⁵⁾)。一方、保存会では、品評会に適した比内鶏本来の外形的特徴を有する鶏だけが維持されるため、秋田畜試の比内鶏よりも体格は小さく、種卵を導入した当時の比内鶏と大きさはほとんど変わっていない。このような外形的な特徴や体格の変化に関わりなく、本研究結果から秋田畜試と保存会の比内鶏は、同一の集団から分化した遺伝的に近い集団であることが示唆された。また、各マーカーの対立遺伝子を見ると、両集団は一方の集団で消失してしまった頻度の低い対立遺伝子を有するなど、互いを補完する遺伝的な多様性を有していることがわかったので、今後、両集団間で遺伝子を交換するような連携が望ましい。

今回解析した秋田畜試の比内鶏集団において、使用したマイクロサテライトマーカー24座位は、全て多型性で、単型性のマーカーはなかった。しかしながら、もし、比内鶏の単型性マーカー座位が多数発見できれば、比内鶏

の単型性マーカーの対立遺伝子をセットで検出することによって、一代交雑種「比内地鶏」のDNA識別が可能となる。したがって、今後、調査マーカー数を増やし、比内地鶏の単型性マーカーを見出して、当场由来の種鶏から生産される「比内地鶏」鶏肉のDNA識別手法について検討を進めたい。

文 献

- 1) Cheng, H. H., Levin, I., Vallejo, R. L., Khatib, H., Dodgson, J. B., Crittenden, L. B., Hillel, J. 1995. Development of a genetic map of the chicken with markers of high utility. *Poult. Sci.*, 74, 1855-1874.
- 2) Crooijmans, R. P. M. A., van Oers, P. A. M., Strijk, J. A., van der Poel, J. J., Groenen, M. A. M. 1996. Preliminary linkage of the chicken (*Gallus domesticus*) genome based on microsatellite markers: 77 new markers mapped. *Poult. Sci.*, 75, 746-754.
- 3) Crooijmans, R. P. M. A., Dijkhof, R. J. M., van der Poel, J. J., Groenen, M. A. M. 1997. New microsatellite markers in chicken optimized for automated fluorescent genotyping. *Anim. Genet.*, 28, 427-437.
- 4) Gibbs, M., Dawson, D. A., McCamley, C., Wardle, A. F., Armour, J. A. L., Burke, T. 1997. Chicken microsatellite markers isolated from libraries enriched for simple tandem repeats. *Anim. Genet.*, 28, 401-417.
- 5) 松浦千恵子, 佐々木茂. 1998. 寒冷地に適した複合養鶏の安定生産技術の確立—特産鶏肉安定生産のための選抜試験—秋田畜試研報, 13, 43-46 1998.
- 6) Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583-590.
- 7) Nei, M., Tajima, F., Tateno, Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.*, 19, 153-170.
- 8) Sartika, T., Minesawa, M., Hihara, H., Praseryo, H., Takahashi, H. 2004. Genetic Relationships among Japanese and Indonesian native breeds of chicken based on microsatellite DNA polymorphisms. 29th International Conference on Animal Genetics, 113 (ISAG-Tokyo-2004).
- 9) Sayed Abdel-Masoud Osman, Masashi Sekino, Takehito Kuwayama, Keiji Kinoshita, Masahide Nishibori, Yoshino Yamamoto and Masaoki Tsuzuki. 2006. Genetic Variability and Relationships of Native Japanese Chickens Based on Microsatellite DNA Polymorphisms—Focusing on the Natural Monuments of Japan. *The Journal of Poultry Science*, 43, 12-22.
- 10) Takahashi, H., Niikura, J., Tsuzuki, M., Inoue-Murayama, M., Minezawa, M., Sasaki, O. 2005. A chicken linkage map based on microsatellite markers in an intercross of Japanese Large Game and White Leghorn. *Anim. Genet.*, 36, 463-467.
- 11) Takahashi, H., Nirasawa, K., Nagamine, Y., Tsuzuki, M., Yamamoto, Y. 1998. Genetic relationships among Japanese native breeds of chicken based on microsatellite DNA polymorphisms. *J. Hered.*, 89, 543-546.
- 12) 高橋秀彰. 1998. 家畜・家禽における遺伝子マーカーに関する研究. 農業生物資源研究所研究報告, 12, 13-54.
- 13) 豊住登, 本郷直喜, 藤原久康, 吉川芳秋. 1975. 比内地鶏の利用に関する試験. 秋田畜試研報, 昭和49年度, 87-94.

6. 謝 辞

本研修の機会をいただき、さらに研修中は多くの御助言をいただきました、独立行政法人農業生物資源研究所の峰澤満ジーンバンク動物資源研究チーム長に深甚の謝意を表します。

同時期に共に研修を受け、本試験の遂行にあたり、御協力していただきました、愛知県農業総合試験場畜産研究部家きんグループ中村明弘研究員に深く感謝いたします。

本研究を遂行するにあたり、実験補助をしていただきました、高橋佳世女史に深く感謝いたします。

秋田県農林水産技術センター畜産試験場研究報告 第21号 【訂正表】

P 1 9

表-5 枝肉成績

項目	冷却枝肉重量 (kg)	ロース芯面積 (cm ²)	バラの厚さ (cm)	皮下脂肪の厚さ (cm)	歩留基準値	脂肪交雑		肉の色沢			肉の締まり及びきめ			脂肪			枝肉 等級
						BMSNa	等級	BCSNa	光沢	等級	締まり	きめ	等級	BFSNa	光沢と質	等級	
中期給与区																	
去勢 1	524.5	73	9.4	2.4	76.4	11	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	A-5
2	489.0	76	7.7	2.0	76.5	11	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	A-5
雌 3	447.0	57	7.6	2.0	74.5	8	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	A-5
4	496.5	68	7.8	5.2	72.6	9	5	4	5	5	5	5	5	3	5	5	B-5
平均	489.3±27.8	68.5±7.2	8.1±0.7	2.9±1.3	75.0±1.6	9.8±1.3	5.0±0.0	3.3±0.4	5.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	3.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	
後期給与区																	
去勢 5	442.0	55	8.5	1.5	75.4	7	4	4	4	4	4	5	4	3	5	5	A-4
6	544.0	53	8.7	3.9	71.9	4	3	3	3	3	3	4	3	3	5	5	B-3
雌 7	464.0	64	9.0	4.0	74.4	5	4	4	4	4	4	4	4	3	5	5	B-4
8	445.0	80	8.2	3.7	76.4	10	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	B-5
平均	473.8±41.4	63.0±10.7	8.6±0.3	3.3±1.0	74.5±1.7	6.5±2.3	4.0±0.7	3.5±0.5	4.0±0.7	4.0±0.7	4.0±0.7	4.5±0.5	4.0±0.7	3.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	
無給与区																	
去勢 9	504.5	60	8.2	3.0	73.7	6	4	4	4	4	4	5	4	3	5	5	A-4
10	509.0	62	8.7	2.9	74.4	8	5	3	5	5	5	5	5	3	5	5	B-5
雌 11	464.5	63	9.0	2.9	75.2	8	5	4	5	5	5	5	5	3	5	5	A-5
12	513.5	75	9.0	3.5	75.7	7	4	4	5	5	4	5	4	3	5	5	A-4
平均	497.9±19.5	65.0±5.9	8.7±0.3	3.1±0.2	74.8±0.8	7.3±0.8	4.5±0.5	3.8±0.4	4.8±0.4	4.8±0.4	4.5±0.5	5.0±0.0	4.5±0.5	3.0±0.0	5.0±0.0	5.0±0.0	

P 5 9

遺伝距離の式

$$D_A = \sum_{k=1}^r [1 - \sum_{i=1}^{mk} (x_{ik}y_{ik})^{1/2}] / r$$