

県内産黒毛和種肥育牛の枝肉成績とCW-1及びCW-2の各遺伝子型との関連

誌名	岐阜県畜産研究所研究報告
ISSN	13469711
著者名	松橋,珠子 高須賀,晶子 西村,翔太 平野,貴 小林,直彦 丸山,新 向島,幸司 杉本,喜憲 北,和夫
発行元	岐阜県畜産研究所
巻/号	12号
掲載ページ	p. 14-21
発行年月	2012年7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



県内産黒毛和種肥育牛の枝肉成績と CW-1 及び CW-2 の各遺伝子型との関連

松橋珠子・高須賀晶子¹⁾・西村翔太²⁾・平野貴^{2) 3)}・小林直彦⁴⁾・丸山新・向島幸司・杉本喜憲²⁾・北和夫

- 1) 独立行政法人 家畜改良センター 福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原 1
- 2) 社団法人 畜産技術協会附属動物遺伝研究所 福島県西白河郡西郷村大字小田倉字小田倉原 1
- 3) 東京農業大学農学部 神奈川県厚木市船子 1 7 3 7
- 4) 飛騨家畜保健衛生所 岐阜県高山市上岡本町 7-468

枝肉重量は肉用牛の経済価値を高める重要な形質である。十年以上にわたる黒毛和種の枝肉形質に対する全ゲノム網羅的な QTL 解析の結果、枝肉重量の DNA マーカーとして有力な 3 ヶ所の QTL、CW-1、CW-2、CW-3 がそれぞれ 14 番、6 番、8 番染色体上に特定されるに至った。そこで本研究では主な県有種雄牛 3 頭を父とする県内産肥育牛を用いて、このうち 2 つの枝肉重量 QTL (CW-1、CW-2) について枝肉重量をはじめとする枝肉格付形質への効果を調べた。その結果、3 種雄牛家系全てにおいて枝肉重量に対する CW-1 と CW-2 の効果が確認された。さらに CW-1 と CW-2 はロース芯面積や枝肉価格に対しても効果が確認され、CW-1 と CW-2 の枝肉重量優良対立遺伝子 Q は、ロース芯面積や枝肉価格を高くする方向に寄与していた。以上の結果から、CW-1 と CW-2 は他の枝肉格付形質に悪い影響を与えることなく枝肉重量をはじめロース芯面積や枝肉価格を改良する効果が期待でき、黒毛和種の産肉能力を高める DNA マーカーとして有効であることが示唆された。

キーワード (CW-1、CW-2、枝肉重量、DNA マーカー、枝肉形質、黒毛和種、去勢肥育牛)

緒言

黒毛和種の枝肉形質に対する全ゲノム網羅的な QTL 解析は、表現形質に基づいた交配を軸としたそれまでの育種では困難だった複数形質遺伝子の選択的選抜という夢を叶える手段を確立するために、この十年以上盛んに行われてきた。その結果、枝肉重量の責任遺伝子として 14 番染色体上に CW-1、6 番染色体上に CW-2、8 番染色体上に CW-3 という 3 つの QTL 領域が同定されるに至った¹⁾⁷⁾。このうち CW-1 は責任遺伝子として PLAG1 が有力⁸⁾、CW-2 の責任遺伝子として NCAPG が有力になっている⁹⁾。そこで本研究では CW-1 および CW-2 の 2 枝肉重量 QTL について、主な県有種雄牛を父とする県内産肥育牛における、枝肉重量をはじめとする枝肉格付形質への効果を調べた。

材料及び方法

解析個体と解析形質

県有種雄牛 3 頭 (種雄牛 A、種雄牛 B、種雄牛 C) を父とする県内産去勢肥育牛を解析対象とした。肥育牛は県内 1 ヶ所の食肉処理場に出荷された種雄牛 A の産子 282 頭 (平成 19 年 1 月～平成 20 年 8 月出荷)、種雄牛 B の産子 286 頭 (平成 18 年 4 月～平成 20 年 8 月出荷)、種雄牛 C の産子 287 頭 (平成 19 年 7 月～平成 22 年 12 月出荷) の計 855 頭を解析に用いた。

枝肉形質は、日本食肉格付協会の食肉格付員による第 6-7 肋骨間切開面の格付結果を用いた。解析対象とした枝肉形質は以下のとおり：枝肉重量 (CW, kg)、ロース芯面積 (REA, cm²)、バラの厚さ (RT, cm)、皮下脂肪厚 (FST, cm)、歩留基準値 (YE)、BMS ナン

バー (BMS No.)、BCS ナンバー (BCS No.)、単価 (price/kg、円)、枝肉価格 (千円)、日増体量 (枝肉重量/出荷日齢、DG、kg/day) (表1)。

DNA 抽出と遺伝子型判定

全 DNA は県内1カ所の食肉処理場で枝肉から採取した腎周囲脂肪あるいは肉片からクラボウ核酸自動抽出装置 NA-2000 のプロトコールに従って抽出を行った。

CW-1 の遺伝子型は Nishimura らの報告した SNP Hapmap46986-BTA-34282 について⁷⁾、CW-2 は Setoguchi らの報告した NCAPG SNP9 のプライマーを用いて⁵⁾、それぞれシーケンス反応により遺伝子型を判定した。

統計分析

解析形質に対する各遺伝子型の効果は、分散分析を用いて評価した (SSRI, エクセル統計 2010)。遺伝子型間の平均値の差の検定は最小有意差法により行った。

結果

解析個体の基本統計量と遺伝子型頻度

種雄牛別の産子肥育牛の枝肉形質の基本統計量を表1に示した。出荷月齢は種雄牛 A の産子が最も早く (27.4 ヶ月) 種雄牛 C の産子が最も遅かった (28.2 ヶ月)。3 種雄牛の産子間では種雄牛 B の産子が最も日増体量が多く枝肉重量が大きかった。種雄牛 A の産子に比べ種雄牛 B の産子は日増体量が 0.011kg/日多く、枝肉重量は 38.8kg 大きくなっていった。一方 BMS ナンバーは種雄牛 A の産子が最も高く、最も低かった種雄牛 B の産子より 1.38 高くなっていった。

表1 種雄牛別の産子肥育牛の枝肉形質基本統計量

	Sire A	Sire B	Sire C
number of steers	282	286	287
slaughtered age in month	27.4 ± 1.8 ^a	27.8 ± 1.1 ^b	28.2 ± 1.1 ^a
CW, kg	424.6 ± 43.6 ^b	463.3 ± 43.9 ^a	429.0 ± 43.7 ^b
REA, cm ²	55.5 ± 7.7	54.8 ± 7.3 ^b	56.5 ± 7.8 ^a
RT, cm	7.7 ± 0.9 ^b	8.4 ± 0.8 ^a	7.5 ± 0.8 ^a
SFT, cm	2.5 ± 0.7 ^a	2.3 ± 0.7 ^b	2.4 ± 0.6
YE	74.2 ± 1.2	74.2 ± 1.2	74.3 ± 1.2
BMS No.	8.0 ± 2.0 ^a	6.6 ± 2.0 ^b	7.0 ± 2.0 ^b
BCS No.	3.7 ± 0.5 ^b	3.9 ± 0.5 ^a	3.9 ± 0.5 ^a
price/kg, yen	2778 ± 1047 ^a	2451 ± 363 ^b	2308 ± 379 ^b
carcass price, x10 ³ yen	1187 ± 493 ^a	1137 ± 207 ^a	994 ± 207 ^b
DG, kg/day	0.51 ± 0.06 ^b	0.55 ± 0.05 ^a	0.50 ± 0.05 ^a

CW, 枝肉重量、REA, ロース芯面積、RT, パラの厚さ、SFT, 皮下脂肪厚、YE, 歩留基準値、DG, 日増体量 (枝肉重量/出荷日齢)

a, b, c, 異なる文字間で有意差あり (P<0.05)

次に種雄牛別の産子肥育牛について CW-1 および CW-2 の遺伝子型頻度を調べた (表2)。CW-1 と CW-2 の各遺伝子型は、既報において枝肉重量を重くする効果が高かった対立遺伝子を Q、低かった対立遺伝子を q と表記した。種雄牛 A と種雄牛 C は CW-1 の遺伝子型がヘテロ Qq、種雄牛 B は CW-2 の遺伝子型が Qq であり、産子には QQ、Qq、qq の 3 種類の遺伝子型が生じていた。その他は種雄牛の遺伝子型がホモ (QQ または qq) であり、産子は母から受け継いだ対立遺伝子によって、それぞれ 2 種類の遺伝子型が生じていた。

そこで次に、種雄牛の遺伝子型と表2の種雄牛別産子の遺伝子型頻度から種雄牛別の交配雌牛集団の対立遺伝子頻度を算出した (表3)。3 種雄牛のいずれの交配雌牛集団でも対立遺伝子頻度に大きな差はなく、CW-1 は優良対立遺伝子 Q の頻度が 0.60~0.65、CW-2 は Q が 0.25~0.31 となっていた。

表2 各種雄牛家系の遺伝子型別頭数と遺伝子型頻度

QTL	genotype	Sire A		Sire B		Sire C	
		n	(%)	n	(%)	n	(%)
CW-1	sire		Qq		QQ		Qq
	QQ	114	(40.4)	173	(60.5)	65	(34.0)
	Qq	137	(48.6)	113	(39.5)	106	(55.5)
	qq	31	(11.0)	0	(0.0)	20	(10.5)
CW-2	sire		qq		Qq		qq
	QQ	0	(0.0)	11	(3.8)	0	(0.0)
	Qq	86	(30.5)	136	(47.6)	72	(25.1)
	qq	196	(69.5)	139	(48.6)	215	(74.9)

各 QTL の 2 対立遺伝子のうち枝肉重量を大きくする効果が高いと報告されている対立遺伝子を Q、もう一方を q とした。

表3 種雄牛別の交配雌牛集団の対立遺伝子頻度

QTL	allele	Sire A	Sire B	Sire C
CW-1	Q	0.647	0.605	0.618
	q	0.353	0.395	0.382
CW-2	Q	0.305	0.276	0.251
	q	0.695	0.724	0.749

枝肉形質に対する CW-1 および CW-2 の効果

出荷月齢および各枝肉形質への CW-1 と CW-2 の効果を推定するため、父牛別に形質と遺伝子型との関連を調べた (表4)。

枝肉重量に対しては、CW-1 と CW-2 のどちらも効果が確認された。CW-1 は QQ-Qq 間で 11.6-17.7 kg、Qq-qq 間で 24.2-28.8 kg の差が検出された。CW-2 は QQ-Qq 間で 13.1 kg、Qq-qq 間で 23.4-31.0 kg の差が検出された。

ロース芯面積に対しては、CW-1 と CW-2 のどちらも効果が確認された。CW-1 は QQ-Qq 間で 2.3-2.9 cm²、

Qq-qq 間で 1.2-3.1 cm² の差が検出された。CW-2 は QQ-Qq 間で 2.0 cm²、Qq-qq 間で 2.0-4.5 cm² の差が検出された。

バラの厚さに対しては、CW-2 で種雄牛 C の産子でのみ効果が検出された。皮下脂肪厚に対しては、どの家系でも有意な効果は検出されなかった。

歩留基準値に対しては、CW-1 は種雄牛 A 家系、CW-2 は種雄牛 C 家系のみで効果が検出された。

BMS ナンバーは CW-1 は種雄牛 A 家系、CW-2 は種雄牛 C 家系のみで効果が検出された。BCS ナンバーに対しては、どの家系でも有意な効果は検出されなかった。枝肉単価に対しては、CW-1 は種雄牛 A 家系、CW-2 は種雄牛 C 家系のみで効果が検出された。

枝肉価格に対しては、CW-1 と CW-2 で効果が確認された。CW-1 は QQ-Qq 間で 59-169 千円、Qq-qq 間で 72-140 千円の差が検出された。CW-2 は Qq-qq 間で 90-111 千円の差が検出された。

日増体量 (枝肉重量/出荷日齢) に対しては、CW-1、と CW-2 のどちらも効果が確認された。CW-1 は QQ-Qq 間で 0.013-0.017 kg/日、Qq-qq 間で 0.031-0.037 kg/日の差が検出された。CW-2 は QQ-Qq 間で 0.012 kg/日、Qq-qq 間で 0.028-0.035 kg/日の差が検出された。

種雄牛別の産子の遺伝子型と枝肉重量

次に遺伝子型と枝肉重量との関係を種雄牛間で比較した (図 1)。どの種雄牛の産子でも、CW-1、CW-2 のどちらも遺伝子型が QQ に比べて Qq の方が小さく、Qq に比べて qq の方が小さい傾向が確認された。

種雄牛 A の産子では、枝肉重量が最も大きかったのは CW-1/CW-2 の遺伝子型が QQ/Qq の集団で 458 kg (29 頭)、最も小さかったのは qq/Qq の集団で 393 kg (9 頭) で、2 個の対立遺伝子置換 (q が Q に置換されること) によって 65 kg の差が生じていた (32.5 kg/対立遺伝子)。種雄牛 C の産子でも枝肉重量が最も大きかったのは CW-1/CW-2 の遺伝子型が QQ/Qq の集団で 460 kg (19 頭)、最も小さかったのは qq/qq の集団で 391 kg (14 頭) で、3 個の対立遺伝子置換で 69 kg の差があった (23 kg/対立遺伝子)。種雄牛 B の産子では、枝肉重量が最も大きかったのは CW-1/CW-3 の遺伝子型が QQ/QQ の集団で 518 kg (6 頭)、最も小さかったのは Qq/qq の集団で 444 kg (58 頭) で、3 個の対立遺伝子置換で 74 kg (23.7kg/対立遺伝子) の差が生じていた。

同じ遺伝子型内では、種雄牛 B の産子は種雄牛 A の産子に比べ、平均 27 kg 重く、種雄牛 C の産子は種雄牛

A の産子に比べ、平均 10 kg 重い傾向が確認された。

考 察

解析個体の形質値と遺伝子型頻度

種雄牛 A と種雄牛 C は田尻系の影響が強く受け継がれ、肉質の良さが市場で高く評価されている種雄牛である。今回の解析集団でもこの遺伝的特徴が BMS ナンバーの高さや枝肉重量の小ささに表れていた。さらにどちらの種雄牛も CW-1 は Qq、CW-2 は qq であり、このことが産子の枝肉重量の小ささを一部説明していたと思われる。一方種雄牛 B は増体能力の改善を目的として県外から導入された気高系家系の子孫であり、種雄牛 A と種雄牛 C に比べて遺伝的に優れた増体能力が日増体量や枝肉重量の高さに現れていた。種雄牛 B は CW-1 が QQ、CW-2 は Qq であり、この遺伝子型の違いが種雄牛 A や種雄牛 C との間の枝肉重量の差 (それぞれ 38.7kg、34.3kg) を生じさせた可能性がある。

県内雌牛集団では、CW-1 の優良対立遺伝子 Q の割合は 60~65% と高かった。一方、CW-2 の優良対立遺伝子頻度はそれぞれ 25~30% と低く、このことが全国的な値 (473.8 kg、平成 23 年) に比べ県内の肥育牛の枝肉重量が小さいことに影響していた可能性がある⁹⁾。

枝肉形質に対する CW-1、CW-2 の効果

Nishimura ら⁷⁾は、枝肉重量に対する CW-1、CW-2 の効果は、1 対立遺伝子置換あたりそれぞれ 28.4 kg、35.3 kg、35.0 kg と報告している。また、それぞれの対立遺伝子置換効果を 21.0 kg、21.3 kg としている報告もある¹⁰⁾。本研究でもこれらの報告と同程度〜やや小さい効果が確認された。本解析では、種雄牛家系間で異なる交配雌牛家系の偏りや農家、肥育時期などの影響を考慮しなかったことから、対立遺伝子置換の効果に多少の違いが生じたと推測された。

また、2 万頭以上の去勢牛から半兄弟 3 頭以内としてランダム抽出した 1,236 頭を解析した結果では、表現型値の分散への寄与率は CW-1 が 7.8%、CW-2 が 6.8% と報告されている¹⁰⁾。枝肉重量の遺伝率を 0.5 とすると、遺伝分散への寄与率は CW-1 が 15.6%、CW-2 が 13.6% となり、この 2 つの QTL で枝肉重量の遺伝分散の 29.2% が説明されることになる。

本研究では CW-1 と CW-2 は共に、ロース芯面積や日増体量、枝肉価格に対して効果が認められ、いずれも対立遺伝子 q が対立遺伝子 Q に置換した際に成績が良くなる傾向が示された。CW-1 と CW-2 共に出荷月齢は変

わることなく、枝肉価格は 1 対立遺伝子置換あたり 10 万円前後/頭もの増収効果が確認され、CW-1 や CW-2 の対立遺伝子 Q を選抜することの経済的な効果は充分大きいと考えられた。

また CW-1 は、種雄牛 A 産子のみでバラの厚さ、皮下脂肪厚、歩留基準値、BMS ナンバー、枝肉単価への効果が確認された。対立遺伝子置換効果は遺伝子型がヘテロの種雄牛の産子で評価した方が、ホモの種雄牛産子で評価するより正確になると考えられる。しかし種雄牛 A と共に CW-1 ヘテロだった種雄牛 C の産子は CW-1 遺伝子型の判定頭数が少なかったため、CW-1 の効果が十分に検出できなかった可能性がある。一方、種雄牛 A 産子では CW-1 は対立遺伝子 Q の方がバラの厚さ、皮下脂肪厚、歩留基準値、BMS ナンバー、枝肉単価のいずれも成績が良い傾向があった。これらの結果をまとめると、仮に CW-1 の対立遺伝子 Q を選抜した場合、枝肉重量だけでなく、バラの厚さ、皮下脂肪厚、歩留基準値、BMS ナンバー、そして枝肉単価も向上する可能性が期待された。

CW-2 では、有意差こそ検出されなかったものの、種雄牛 A、種雄牛 B、種雄牛 C のいずれの産子でも対立遺伝子 Q の方が皮下脂肪厚が薄い傾向が見られた。

種雄牛別の産子の遺伝子型と枝肉重量

各種雄牛家系内の遺伝子型の比較では、23 kg から 32.5 kg と既報と同程度の対立遺伝子置換効果が確認された。また同じ遺伝子型の場合でも種雄牛家系間で枝肉重量に一定の差がみられた。種雄牛 A、種雄牛 B、種雄牛 C はいずれも CW-3 は qq であるため、本結果から種雄牛 B は今回調べた CW-1 や CW-2 だけでなく種雄牛 A に比べ枝肉重量を 27 kg 前後大きくする未知の QTL を保持していることが推察される。同様に種雄牛 C も種雄牛 A より枝肉重量を 10 kg 前後重くする未知の

QTL を保持していると思われる。芝浦及び南港市場で収集した 2 万頭以上の去勢牛を解析した結果では、表現型値の分散への寄与率は CW-1 が 7.8%、CW-2 が 6.8%、CW-3 が 4.4%と報告されている¹⁰⁾。枝肉重量の遺伝率を 0.5 とすると、遺伝分散への寄与率は CW-1 が 15.6%、CW-2 が 13.6%、CW-3 が 8.8%となり、これら 3 つの QTL で枝肉重量の遺伝分散の 38%が説明されることになる。その一方で、残り 62%を説明する未知の QTL が複数存在すると考えられる。

以上の結果から、CW-1、CW-2 は県内集団でも枝肉重量をはじめとする枝肉形質への効果を示すことが確認された。CW-1 および CW-2 は、BMS ナンバーをはじめとする枝肉形質に負の影響を与えることなく、枝肉重量やロース芯面積を増やし、枝肉価格を上昇させる効果が期待され、黒毛和種の産肉能力を高める DNA マーカーとして今後の活用が期待される。しかし、CW-1、CW-2 は枝肉重量の場合、その 3 割弱を説明したに過ぎず、DNA マーカー選抜を行う際には残り 7 割を説明する他の遺伝要因があることを充分考慮する必要がある。

最近では、母牛や生後早期の子牛の栄養状態が、その後の子牛の発育や枝肉重量に影響するという代謝生理的インプリンティングの重要性が明らかになりつつある¹¹⁾。これは母牛や子牛の栄養状態という環境要因が子牛の体質、すなわち遺伝子発現の様式にも影響を与える可能性を示すものである。遺伝要因には、構造タンパク質やホルモンなど形質に直接関わる遺伝子だけでなく、その遺伝子発現を制御するシグナル伝達因子や転写因子などの遺伝子の発現や機能もこれに含まれる。環境要因によって、その牛が持つ遺伝能力の一部が機能したりしなかったりするという事実は、今後のゲノム育種においても充分考慮すべきものと思われる。

表4 出荷月齢および各枝肉形質へのCW-1、CW-2の効果

trait	QTL	family	Genotype						P value	
			QQ		Qq		qq			
CW, kg	CW-1	Sire A	438 ± 45 ^a	420 ± 40 ^b	468 ± 43 ^a	456 ± 45 ^b	442 ± 46 ^a	430 ± 43 ^a	401 ± 44 ^b	<0.001
		Sire B	468 ± 43 ^a	456 ± 45 ^b	442 ± 46 ^a	430 ± 43 ^a	401 ± 44 ^b			<0.05
		Sire C	442 ± 46 ^a	430 ± 43 ^a	401 ± 44 ^b					<0.01
	CW-2	Sire A		441 ± 46 ^a	417 ± 41 ^b					<0.001
		Sire B	488 ± 57 ^a	475 ± 44 ^a	450 ± 38 ^b					<0.001
		Sire C		452 ± 41 ^a	421 ± 42 ^b					<0.001
REA, cm ²	CW-1	Sire A	57.3 ± 8.1 ^a	54.4 ± 7.4 ^b	55.7 ± 7.7	53.4 ± 6.5	58.8 ± 8.1 ^a	56.5 ± 8.4	53.4 ± 7.0 ^b	<0.001
		Sire B	55.7 ± 7.7	53.4 ± 6.5	58.8 ± 8.1 ^a	56.5 ± 8.4	53.4 ± 7.0 ^b			<0.001
		Sire C	58.8 ± 8.1 ^a	56.5 ± 8.4	53.4 ± 7.0 ^b					<0.001
	CW-2	Sire A		56.8 ± 7.9 ^a	54.8 ± 7.5 ^b					<0.001
		Sire B	57.9 ± 6.7	55.9 ± 8.1 ^a	53.5 ± 6.3 ^b					<0.001
		Sire C		59.8 ± 8.3 ^a	55.3 ± 7.4 ^b					<0.001
RT, cm	CW-1	Sire A	7.81 ± 0.89 ^a	7.74 ± 0.85	7.42 ± 0.85 ^b				0.080	
	CW-2	Sire C		7.73 ± 0.80 ^a	7.44 ± 0.83 ^b				<0.05	
SFT, cm	CW-1	Sire A	2.39 ± 0.58 ^a	2.54 ± 0.69	2.67 ± 0.82 ^b				0.061	
		Sire B		2.38 ± 0.63	2.55 ± 0.68				0.057	
	CW-2	Sire A		2.04 ± 0.71	2.25 ± 0.66	2.40 ± 0.66			0.073	
		Sire C			2.27 ± 0.55	2.43 ± 0.65			0.062	
YE	CW-1	Sire A	74.5 ± 1.2 ^a	74.1 ± 1.3 ^b	73.9 ± 1.0 ^b				<0.05	
	CW-2	Sire C		74.7 ± 1.2 ^a	74.1 ± 1.2 ^b				<0.01	
BMS No.	CW-1	Sire A	8.4 ± 1.9 ^a	7.8 ± 2.0 ^b	7.2 ± 1.9 ^b				<0.01	
	CW-2	Sire C		7.4 ± 1.9 ^a	6.8 ± 2.0 ^b				<0.05	
price/kg, yen	CW-1	Sire A	2960 ± 1333 ^a	2692 ± 833 ^b	2493 ± 439 ^b				<0.05	
	CW-2	Sire C		2380 ± 336	2284 ± 389				0.063	
carcass price, x10 ³ yen	CW-1	Sire A	1,303 ± 622 ^a	1,134 ± 382 ^b	994 ± 237 ^b				<0.01	
		Sire C	1,051 ± 222 ^a	992 ± 198	920 ± 156 ^b				<0.05	
	CW-2	Sire B	1,141 ± 191	1,182 ± 249 ^a	1,092 ± 145 ^b				<0.01	
		Sire C		1,077 ± 182 ^a	966 ± 207 ^b				<0.001	
DG, kg/day	CW-1	Sire A	0.52 ± 0.06 ^a	0.507 ± 0.051 ^b	0.476 ± 0.050 ^c				<0.001	
		Sire B	0.55 ± 0.05 ^a	0.538 ± 0.055 ^b					<0.05	
		Sire C	0.52 ± 0.06 ^a	0.502 ± 0.050 ^a	0.465 ± 0.050 ^b				<0.01	
	CW-2	Sire A		0.530 ± 0.057 ^a	0.502 ± 0.055 ^b				<0.001	
		Sire B	0.58 ± 0.07 ^a	0.564 ± 0.052 ^a	0.531 ± 0.050 ^b				<0.001	
		Sire C		0.526 ± 0.049 ^a	0.491 ± 0.049 ^b				<0.001	

各QTLの遺伝子型間で形質の平均値の差が P<0.1だった種雄牛家系だけを表記した。

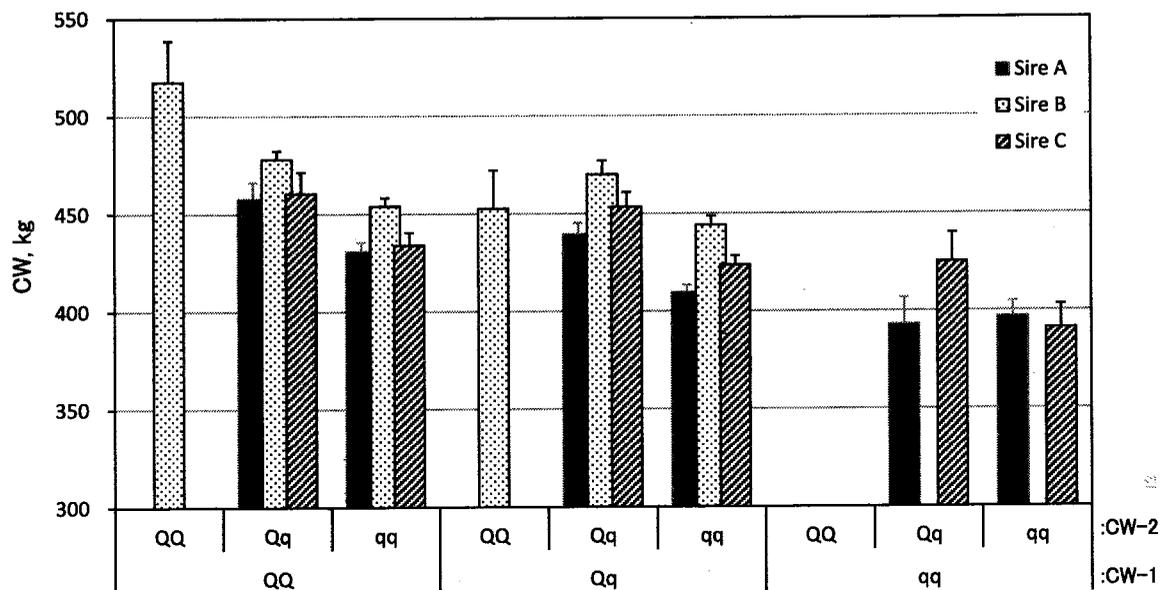


図1 種雄牛別産子肥育牛のCW-1、CW-2の遺伝子型と枝肉重量との関係
各区の平均値と標準誤差を示した。

文 献

- 1) Mizoshita K, Watanabe T, Hayashi H, Kubota C, Yamakuchi H, Todoroki J, Sugimoto Y, Quantitative trait loci analysis for growth and carcass traits in a half-sib family of purebred Japanese Black (Wagyu) cattle. *J Anim Sci*, 82: 3415-3420. (2004)
- 2) Mizoshita K, Takano A, Watanabe T, Takasuga A, Sugimoto Y: Identification of a 11-Mb region for a carcass weight QTL on bovine Chromosome 14. *Mamm Genome*, 16: 532-537. (2005)
- 3) Mizoguchi Y, Watanabe T, Fujinaka K, Iwamoto E, Sugimoto Y: Mapping of quantitative trait loci for carcass traits in a Japanese Black (Wagyu) cattle population. *Anim Genet*, 37: 51-54. (2006)
- 4) Takasuga A, Watanabe T, Mizoguchi Y, Hirano T, Ihara N, Takano A, Yokouchi K, Fujikawa A, Chiba K, Kobayashi N, et al.: Identification of bovine QTL for growth and carcass traits in Japanese Black cattle by replication and identical-by-descent mapping. *Mamm Genome* 2007, 18: 125-136.
- 5) Setoguchi K, Furuta M, Hirano T, Nagao T, Watanabe T, Sugimoto Y, Takasuga A. Cross-breed comparisons identified a critical 591-kb region for bovine carcass weight QTL (CW-2) on chromosome 6 and the Ile-442-Met substitution in NCAPG as a positional candidate. *BMC Genet*. Aug 4;10:43. (2009)
- 6) Setoguchi K, Watanabe T, Weikard R, Albrecht E, Kühn C, Kinoshita A, Sugimoto Y, Takasuga A. The SNP c.1326T>G in the non-SMC condensin I complex, subunit G (NCAPG) gene encoding a p.Ile442Met variant is associated with an increase in body frame size at puberty in cattle. *Anim Genet*. Dec;42(6):650-5. (2011)

- 7) Nishimura S, Watanabe T, Mizoshita K, Tatsuda K, Fujita T, Watanabe N, Sugimoto Y, Takasuga A. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the PLAG1-CHCHD7 QTN for stature in Japanese Black cattle. BMC Genet. May 20;13:40. (2012)
- 8) Karim L, Takeda H, Lin L, Druet T, Arias JA, Baurain D, Cambisano N, Davis SR, Arnir F, Grisart B, Harris BL, Keehan MD, Littlejohn MD, Spelman RJ, Georges M, Coppieters W. Variants modulating the expression of a chromosome domain encompassing PLAG1 influence bovine stature. Nat Genet. May;43(5):405-13. (2011)
- 9) 公益社団法人日本食肉格付協会, 平成 23 年格付結果の概要 (平成 23 年 1 月～12 月) .
- 10) 社団法人畜産技術協会附属動物遺伝研究所, 動物遺伝研究所年報, 第 19 号, 2011 (平成 23) 年度. (2012)
- 11) 後藤貴文, 黒毛和牛における飼養システムの比較—代謝インプリンティングと国内の草資源を活用した新しい生産システム構築への挑戦—. 畜産技術, 683:20-26. (2012)

Effects of polymorphism in CW-1 and CW-2 on carcass traits in Japanese Black cattle

Tamako MATSUHASHI, Akiko TAKASUGA¹⁾, Shota NISHIMURA²⁾, Takashi HIRANO²⁾³⁾, Naohiko KOBAYASHI,
Shin MARUYAMA, Koshi MUKOUJIMA, Yoshikazu SUGIMOTO, Kazuo KITA

- 1) National Livestock Breeding Center, Nishigo, Fukushima, Japan.
- 2) Shirakawa Institute of Animal Genetics, Japan Livestock Technology Association, Nishigo Fukushima, Japan
- 3) Tokyo University of Agriculture, Atsugi, Kanagawa, Japan

Carcass weight is an important trait for livestock raised for meat production. Researches on carcass traits-associated genes over the past more than a decade have revealed significant quantitative trait loci (QTLs) for carcass weight, CW-1 and CW-2 on chromosomes 14 and 6 in Japanese Black cattle. In the present study, we evaluated the effects of the QTLs on carcass traits in 855 steers of Japanese Black cattle identified as three paternal half-sib families.

Polymorphism in CW-1 and CW-2 had a detectable effect on carcass weight. Furthermore, polymorphism in CW-1 and CW-2 was found to affect rib eye area and carcass price: dominance alleles (allele Q) for carcass weight at the two QTLs showed a positive effect on rib eye area and carcass price.

The present results confirmed that CW-1 and CW-2 are useful markers for improvement of carcass weight and suggested that CW-1 and CW-2 may be used also as markers in improving effectively rib eye area and carcass price because they have no negative influence on the rest of carcass traits.

(Key word: bovine, carcass trait, carcass weight, CW-1, CW-2, Japanese Black cattle, DNA maker)