

# DNA マーカーを利用した高品質 阿波ポーク生産技術の開発（第 報）

新居 雅宏・谷 史雄・森 直樹

## 要 約

日本イノシシと大ヨークシャー種の系統豚である「アワヨーク」を交配し、集団間でみられた発育・枝肉形質及び肉質について遺伝的な解析を行った。具体的には1頭の雄イノシシと3頭の雌大ヨークシャー系統豚「アワヨーク」を交配し、そのF1の兄妹交配により得られたF2世代353頭について各種形質の測定と207個のマイクロサテライトDNAマーカーによるホールド・ゲノムスキャンを行った。結果、発育に関する量的形質遺伝子座（Quantitative Trait Loci：QTL）について第4, 7, 8染色体、と体の長さに関して第1, 4, 7, 8染色体を中心に22カ所の有意な領域を検出した。これらのQTLは全てイノシシアリルが負の効果を持っていた。肉質については肉色に関して第6, 15染色体、筋線維に関して第5, 15染色体を中心に11カ所、更に脂肪酸組成については10本の染色体に23カ所のQTLを検出した。これらのQTLの効果は同じ形質であっても染色体が異なると符号の逆転する形質も多く、発育・産肉性に比べ、F値も低かった。

## 目 的

家畜の発育、産肉能力、泌乳能力等の経済形質は統計的手法を用いて飛躍的な進歩を遂げてきたが、DNAレベルで個体の遺伝的能力を正確に把握できれば更なる育種改良が期待できる。一方で、優れた産肉性と肉質は相反することが報告されている（Hovenier：1992）。遺伝的に肉質と産肉能力の改良を従来の育種方法で行うのは困難であるが、肉質を調節する遺伝子の位置、機能を明らかにする、あるいは遺伝子と近接する特定のDNA配列をDNAマーカーとして利用することにより、効率的な育種改良が期待できる。

前報（新居ら：2001）においてF2兄妹家系240頭によるQTL解析の結果を報告したが、本報では更にF2の頭数とDNAマーカーの数を増やし、解析精度を向上させることで、QTLの位置と効果を特定し、DNAレベルで阿波ポークの改良を図ることを目的とした。

## 材料及び方法

## 実験家系の作成

5産までのF2兄妹交配家系の作成状況を前報において報告したが、更に6産、7産についても形質を測定し、最終的に353頭のF2からなる家系を構築した。飼養管理方法等については前報のとおりである。

## 形質の測定

肉質等検査方法は前報のとおりである。

## DNA マーカーの解析

DNA マーカーは全てマイクロサテライトマーカーを USDA-MARCmap (Rohrer : 1996) と PigMap (Archibald : 1995) より選び、親世代4頭、F1世代10頭、F2世代353頭について207個のDNAマーカーによるGeno-typingを行った(表1)。前報におけるDNAマーカーの数は127個であり、第18染色体にはDNAマーカーを配置することができなかったが、今回、83個のDNAマーカーを追加することで全染色体にDNAマーカーを配置することができた。プライマーは蛍光ラベルしたものを用い、PCR反応はAmpliTaqGold (Applied Biosystems) を用いた10分間95℃のホットスタート、PCR産物の電気泳動及び解析はDNA Seqencer377 (Applied Biosystems) 及びGenotyper (Applied Biosystems) により行った。

表1 各染色体におけるDNAマーカーの配置状況

染色体番号	chr. 1	chr. 2	chr. 3	chr. 4	chr. 5	chr. 6	chr. 7	chr. 8	chr. 9	chr. 10
マーカー数	20	17	12	13	10	16	9	9	9	7
染色体番号	chr. 11	chr. 12	chr. 13	chr. 14	chr. 15	chr. 16	chr. 17	chr. 18	chr. X	Total
マーカー数	8	12	15	10	9	8	8	6	9	207

## QTL 解析

QTL 解析は本家系における連鎖地図を作成していないので USDA-MARC の地図を用い、Haley (1994) の方法を一部改良したインターバルマッピング法によりF値を求めた。環境要因として性別及び産次を考慮した<sup>\*</sup>。

\* ) QTL 解析は独立行政法人生物資源研究所家畜ゲノム研究チームに依頼した。

結果及び考察

## 表現形質

出荷日齢は219.6日 $\pm$ 9.0(210 - 283日)、出荷時生体重は79.0kg $\pm$ 11.9(46.5 - 111kg)であった(表2)。

## QTL 解析結果

### 発育形質

1 日平均増体重 (DG: 離乳時から検定終了時) について第 4, 5, 7, 8 染色体にゲノムレベルで有意な QTL を検出した (表 3, 図 1)。これらの QTL は全てイノシシ由来のアリルが負の効果を持ち, 4 個の QTL で DG の全変動の 40% を説明できると見積もられた。第 4 染色体及び第 7 染色体の QTL は世界的に報告 (Bidanel: 2001, Walling: 2000, Rohrer: 2000) のあるものと同じである可能性が示唆された。本家系における特徴として新たに第 8 染色体上部に第 7 染色体と同レベルの高い QTL を検出した。第 8 染色体には Kit 遺伝子が存在しているが, Kit 遺伝子と今回の QTL の距離は遠いものの, 同じ染色体にあるため, 毛色と成長に有意な相関がみられた。

### 枝肉形質

乳頭数左右ともに第 1 染色体テロメア付近に最高 F 値 (左, 右 = 22.1, 29.6) を検出した。いずれも, イノシシが負の相加効果を持ち, 寄与率は 14.5% と 11.4% であった (表 3, 図 1)。

椎骨数も乳頭数と同じ領域に最高 F 値 = 108.6 の高い QTL を検出した。この 1 個の QTL で椎骨数の変動の 40% を説明可能と見積もられた。また, と体長と背腰長 の QTL が同じ位置に検出され, これらは同じ QTL で椎骨数が多いほど, と体長が伸びることが推察された。背腰長 がと体長よりも高い F 値となったことは, 今回の推察を裏付けられると考えられた。また, ゲノムレベルで有意水準に達しないものの, 第 7 染色体にも染色体レベルで有意な QTL を検出した。家系毎の解析の結果, 3 家系のサブファミリーのうち第 1 家系のアワヨーク雌親に椎骨数を増やす効果のある遺伝子が保存されていることが推察され, 本遺伝子はアワヨーク家系内において椎骨数の変異を説明する遺伝子として注目している。椎骨数が多いと体長が長くなるのが古くから報告されているが (伊藤: 1965), 更に成長への関連性も視野にいれ, 解析を継続する。

と体長・背腰長 は同じ位置に QTL を検出し, 先述の第 1 染色体以外の位置として第 4, 7, 8, 14 及び 15 に検出された。第 4, 7, 8, 15 染色体の QTL は成長の QTL と重なることから, と殺時の体重がと体の長さに影響していると考えるのが説明しやすいものの, これらが同一の QTL かどうかを明らかにするためには, 更に DNA マーカーを増やした高精度の解析が必要である。

表2 主な形質の個体数，平均，標準偏差及びR<sup>2</sup>値(%)

形質	No.	平均	標準偏差	R <sup>2</sup> value (%)	
				補正前	補正後
発育・枝肉形質 <sup>a)</sup>					
出荷時生体重(kg)	353	81.1	11.9	8.13	4.82
1日平均増体重(g/day <sup>b)</sup> )	353	396.4	64.0	5.27	2.2
背腰長Ⅱ	335	82.3	4.9	7.1	3.24
椎骨数	337	20.0	0.7	2.98	2.98
背脂肪(肩)(cm)	344	4.6	0.7	21.73	2.29
背脂肪(背)(cm)	344	2.7	0.5	24.41	0.17
背脂肪(腰)(cm)	344	3.4	0.6	20.53	0.8
ロース芯面積(cm <sup>2</sup> )	342	15.6	2.1	24.94	1.56
肉質 <sup>a)</sup>					
pH	353	5.6	0.2	11.87	0.22
Minolta L*値	353	41.6	2.7	11.96	0.94
Minolta a*値	353	10.1	1.1	20.64	0.14
Minolta b*値	353	0.3	1.1	9.68	2.4
加圧保水率(%)	353	74.0	4.3	36.02	0.47
遠心保水率(%)	325	69.9	4.6	22.79	0.48
加熱損失率(%)	316	26.8	2.0	22.91	1.13
圧搾肉汁率(%)	316	39.2	1.7	18.63	0.52
伸展率(%)	352	22.9	2.4	11.73	1.04
総コラーゲン(T)(mg/100g)	160	1,510.7	345.2	24.08	1.18
加熱溶解コラーゲン(S)(mg/100g)	160	176.9	53.9	65.45	2.66
T/S <sup>c)</sup> (%)	160	11.9	2.9	60.8	1.82
筋肉内粗脂肪(%)	193	2.6	1.0	15.01	1.18
I型筋線維(%)	345	11.8	4.7	1.11	1.11
II A型筋線維(%)	345	15.7	4.0	6.61	1.17
II B型筋線維(%)	345	73.1	6.9	2.99	0.32
脂肪酸組成					
内層C14:0(%)	345	1.4	0.1	18.82	0.9
内層C16:0(%)	345	28.4	1.1	21.41	0.5
内層C16:1(%)	345	1.6	0.3	12.78	0.31
内層C18:0(%)	345	15.3	1.5	16.81	0.2
内層C18:1(%)	345	43.7	1.9	19.49	0.69
内層C18:2(%)	345	8.2	1.1	29.55	0.29
外層C14:0(%)	353	1.5	0.2	16.06	0.88
外層C16:0(%)	353	27.8	1.2	26.27	0.03
外層C16:1(%)	353	2.3	0.4	8.24	0.28
外層C18:0(%)	353	12.0	1.1	23.45	0.94
外層C18:1(%)	353	45.8	1.7	30.68	0.8
外層C18:2(%)	353	9.0	1.1	30.46	0.46
腎周囲C14:0(%)	345	1.4	0.1	17.58	0.93
腎周囲C16:0(%)	345	28.9	1.2	15.79	1.22
腎周囲C16:1(%)	345	1.3	0.2	10.66	0.89
腎周囲C18:0(%)	345	18.9	1.7	20.31	1.37
腎周囲C18:1(%)	345	39.2	2.7	20.82	2.54
腎周囲C18:2(%)	345	8.9	1.1	26.12	1.59

a) と殺日齢は217日(標準偏差, 6.7)

b) 離乳時からと殺日

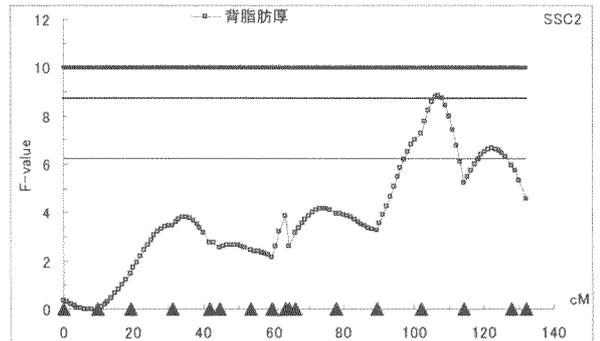
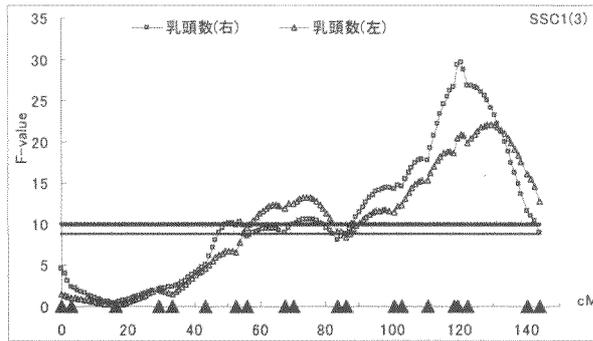
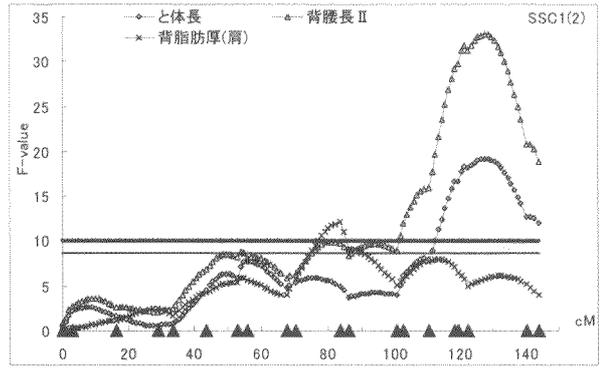
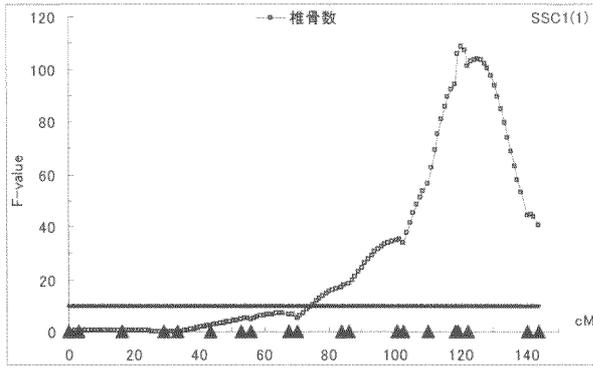
c) T/S = 総コラーゲン / 加熱溶解コラーゲン含量

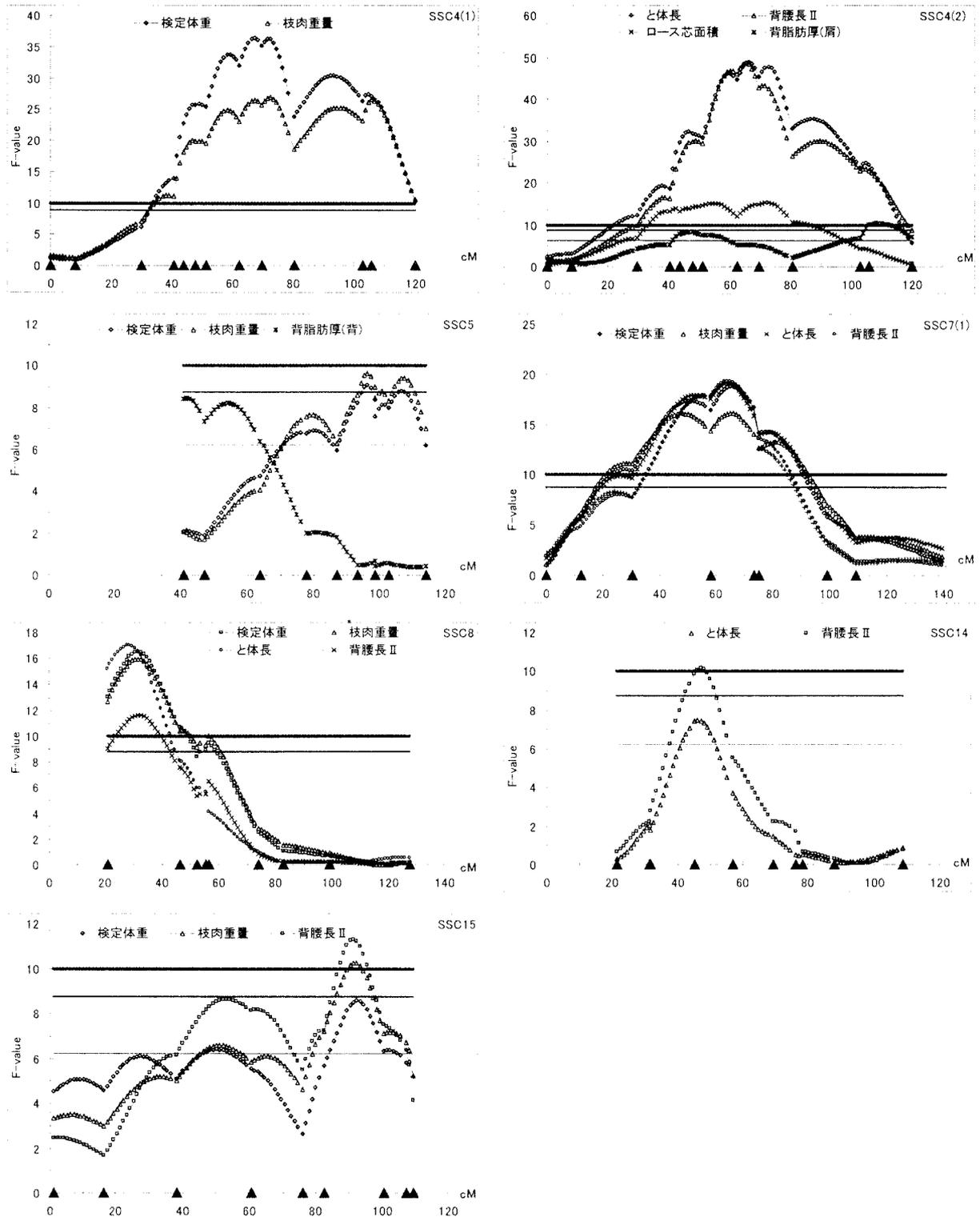
表3 発育・枝肉形質に関する QTL 解析結果

	染色体	F 値	相加効果	優性効果	全体分散	QTL 分散	寄与率 (%)
乳頭数 (右)	1	29.6## <sup>a)</sup>	-0.29	-0.04	0.30	0.04	14.52
乳頭数 (左)	1	22.1##	-0.26	0.04	0.27	0.03	11.43
DG	4	37.0##	-38.76	8.57	4,006.07	684.07	17.08
	5	9.0#	-17.67	10.94	4,006.07	192.17	4.80
	7	21.7##	-32.19	5.43	4,006.07	428.88	10.71
	8	16.0##	-28.36	18.00	4,006.07	327.66	8.18
	15	7.0*	-18.92	12.31	4,006.07	148.74	3.71
検定体重	4	36.3##	-7.32	2.20	147.55	25.15	17.04
	5	9.1#	-3.44	2.11	147.55	7.26	4.92
	7	18.8##	-5.87	0.50	147.55	14.25	9.66
	8	16.5##	-5.66	3.14	147.55	12.54	8.50
	15	8.6** <sup>d)</sup>	-4.12	2.11	147.55	6.82	4.62
と体長	1	19.2##	-2.39	0.44	25.33	2.58	10.20
	4	48.9##	-3.50	0.95	25.33	5.69	22.47
	7	19.0##	-2.49	0.24	25.33	2.58	10.19
	8	17.0##	-2.26	1.89	25.33	2.31	9.13
背腰長Ⅱ	1	33.1##	-2.28	0.43	13.69	2.36	17.21
	4	48.8##	-2.64	0.57	13.69	3.20	23.38
	7	19.3##	-1.89	0.31	13.69	1.50	11.00
	8	11.6##	-1.48	1.23	13.69	0.93	6.79
	14	10.1##	-1.08	1.32	13.69	0.83	6.04
	15	11.3##	-1.39	1.37	13.69	0.91	6.65
ロース芯面積	4	15.3##	-0.93	0.30	6.08	0.40	6.53
背脂肪厚 (肩)	1	12.1##	-0.24	-0.08	0.53	0.03	5.47
	4	8.3**	-0.21	0.01	0.53	0.02	3.87
	4	10.3##	-0.23	0.04	0.53	0.02	4.67
	8	8.8#	-0.21	0.20	0.53	0.02	4.02
背脂肪厚 (腰)	2	8.9#	-0.16	-0.18	0.39	0.02	4.12
椎骨数	1	108.6##	-0.61	0.19	0.49	0.20	39.45
	7	7.9**	-0.23	0.02	0.49	0.02	4.74

a) ## : 全ゲノムあたり 1% 水準で有意。  
 c) \*\* : 染色体あたり 1% 水準で有意。

b) # : 全ゲノムあたり 5% 水準で有意。  
 d) \* : 染色体あたり 5% 水準で有意。





(\*) —···1%ゲノム有意    —···5%ゲノム有意    —···5%染色体有意

図1 発育・枝肉形質に関する主なQTLグラフ

脂肪蓄積に関して肩背脂肪厚及び腰背脂肪厚に有意なQTLを検出した。肩背脂肪厚の第1及び第4染色体のQTLは他の報告(Bidanel:2001)と同じQTLの可能性が示唆されたが、他の報告に比べ低

いF値となった。また,予測に反して得られたQTLは全てイノシシが負の効果を持つと計算された。このことについてアワヨークの系統造成における背脂肪厚に関する選抜圧及び維持に入ってから選抜していないこと等により,イノシシと脂肪蓄積に関する遺伝的な差が小さいことが考察された。また,アワヨークはイノシシに比べ成長が早く,脂肪蓄積期が早いため,結果として脂肪蓄積に関して正の効果を持つと計算されたのかもしれない。

ロース芯面積は第4染色体に唯一有意なF値を検出したが,同じ領域に高い枝肉重量のF値があるのに対して低い統計量となった。

表4 肉質(筋肉)に関するQTL解析結果

	染色体	F値	相加効果	優性効果	全体分散	QTL分散	寄与率(%)
水分	6	7.8**	-0.35	0.08	0.96	0.04	3.86
	15	8.6**	0.30	0.07	0.96	0.04	4.14
加圧保水率	7	4.9	-0.42	-1.31	28.98	0.53	1.83
肉色(ロースL値)	15	7.4*	-0.72	0.30	7.97	0.30	3.71
肉色(ロースa値)	3	6.6*	0.31	0.11	1.49	0.04	2.98
	4	12.2##	-0.28	-0.39	1.49	0.08	5.36
	5	8.1**	0.32	-0.01	1.49	0.05	3.66
肉色(ロースb値)	6	13.9##	0.43	-0.16	1.49	0.09	6.16
	3	11.0##	0.33	0.24	1.13	0.06	5.53
	3	10.3##	0.33	0.03	1.13	0.06	5.22
pH	15	9.8#	-0.36	0.00	1.13	0.06	4.93
	3	6.4*	-0.04	-0.03	0.03	0.00	3.25
保水率(遠心法)	15	10.6##	0.06	-0.01	0.03	0.00	5.20
	5	5.8	-0.37	1.54	24.48	0.62	2.55
II B型筋線維割合	2	12.1##	-1.56	-0.95	21.21	1.36	6.43
	4	6.5*	0.23	1.97	21.21	0.74	3.50
	5	8.5**	-1.27	-0.86	21.21	0.96	4.51
	6	5.1	-1.12	-0.39	21.21	0.57	2.71
	6	4.6	-1.28	-0.88	21.21	0.54	2.53
	14	7.5	-1.37	0.73	21.21	0.87	4.11
	15	8.9#	-0.57	2.70	21.21	1.02	4.79
II A型筋線維割合	2	14.3##	1.07	0.85	10.73	0.78	7.29
	6	5.7	0.81	-0.54	10.73	0.33	3.07
	15	5.7	0.27	-1.57	10.73	0.33	3.04
I型筋線維割合	1	7.3	-0.74	-0.30	6.62	0.27	4.05
	5	11.0##	0.87	0.54	6.62	0.39	5.85
	15	7.5*	0.50	-0.82	6.62	0.27	4.09
総コラーゲン	x	9.7#	-0.83	0.37	6.62	0.35	5.23
	1	8.4**	-1.57	-0.48	1,220.03	120.02	9.84

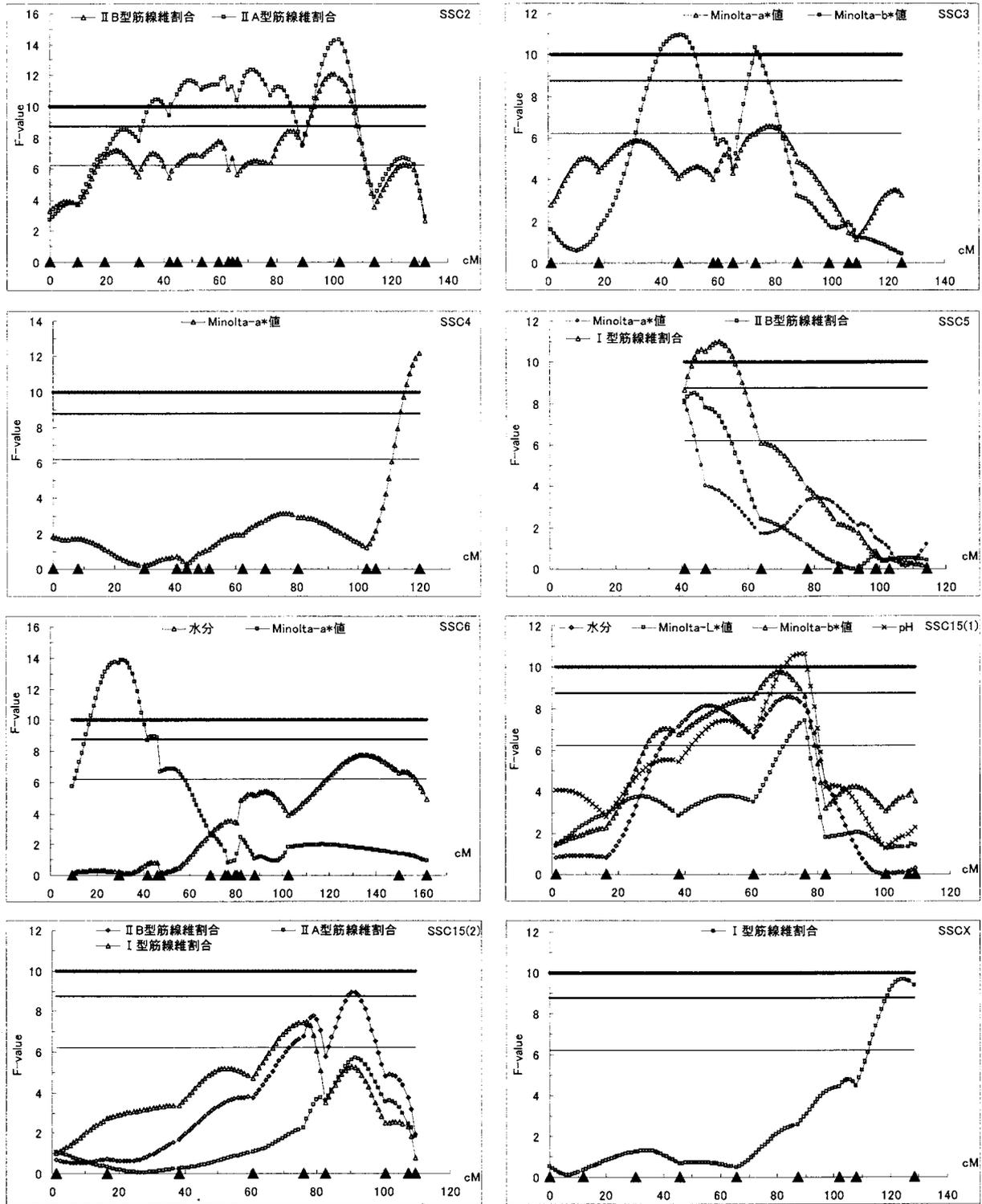


図2 肉質（筋肉）に関する主な QTL グラフ

### 肉質形質

本研究において 16 項目の各種肉質検査を行った。結果、9 項目、21 カ所に染色体あたり 5%以上の有意な QTL を検出した（表 4、図 2）。筋肉の構成単位である筋線維については第 1, 2, 4, 5, 15

染色体に QTL を検出し、中でも第 2 染色体の A 型筋線維、B 型筋線維と第 5 染色体の 型筋線維はゲノムレベルで 1%有意水準を超えていた。第 2 染色体の A 型と B 型筋線維は有意水準を示す領域が広く、複数の QTL の存在が予想された。また、筋線維割合は 型、A 型及び B 型を合わせた数値の百分率で示しているが、本 QTL はいずれも A 型に関してイノシシアリルが正の効果を持っていると計算された。第 5 染色体の 1%ゲノム有意な 型筋線維に関する QTL はイノシシアリルが正の効果を持ち、逆に 1%の染色体レベルで有意性を示す B 型筋線維は負の効果を示した。第 5 染色体の 0 - 40cM は世界的に DNA マーカーが少なく、本家系においては DNA マーカーを配置できなかった。更に 型筋線維の最高 F 値を示す領域には DNA マーカーがないため、これらの領域に DNA マーカーを配置して再解析する必要がある。第 15 染色体の 5%ゲノムレベルで有意性を示す B 型筋線維はイノシシアリルが負の効果を持ち、染色体有意水準には達していないが、逆に 型及び A 型筋線維が正の効果を持つと計算された。X 染色体には 型筋線維について、イノシシアリルが負の効果を持つ QTL が検出された。ほとんどの QTL でイノシシアリルが 型、A 型筋線維のいわゆる赤色筋と呼ばれる筋線維型に対して正の効果を示し、逆に白色筋と呼ばれる B 型は負の効果を示した。筋線維は性質の違いにより、ATPase 染色することでほぼ、3 種類の筋線維型に分類できる。 型筋線維は収縮の主なエネルギー源が酸素であり、そのため細胞内に多量のアミグロビンを蓄積し、酸化酵素活性が高く、また、脂質を豊富に含むため、食味、肉色に影響する重要な指標として注目している。

肉色 L\* 値について染色体あたり 5%レベルの有意性を示す QTL を第 15 染色体の SW936 付近に検出した。同じ領域には 5%ゲノムレベルで有意な b\* 値及び pH が検出された。本領域のイノシシアリルの効果は低い L\* 値、b\* 値及び高い pH を示した。SW936 付近には肉質を低下させるハンブシャーのみに存在する PRKAG3 遺伝子の突然変異 RN - 遺伝子を Milan (2000) らが報告したが、昨年 Ciobanu (2001) が本遺伝子には良い肉質と関連する第 3 のアリルがパークシャーに存在することを報告した。今回の QTL は Ciobanu らの報告と同じ傾向を示すことから、本家系の作成に用いたイノシシがパークシャーと同じ遺伝子を持っているか、あるいは全く別の同様の効果を示す遺伝子を持つことが推察された。

第 6 染色体には肉質で最も高い QTL となる肉色 a\* 値が検出された。肉色 a\* 値は肉の赤さの指標で筋肉中のアミグロビン含量と相関が高いと予測され、本領域には染色体レベルでは有意水準に達しないがイノシシアリルが正の相加効果を持つ赤色筋( 型、A 型)と負の効果を持つ白色筋( B 型)の QTL が位置づけられた。

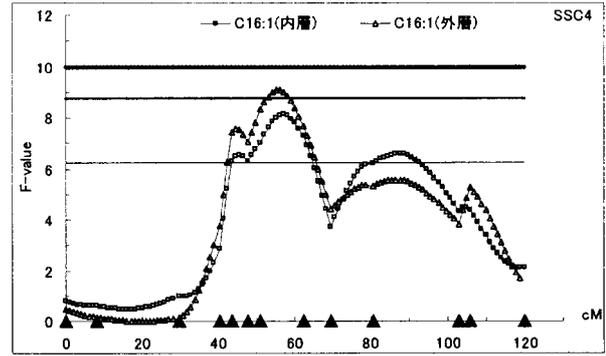
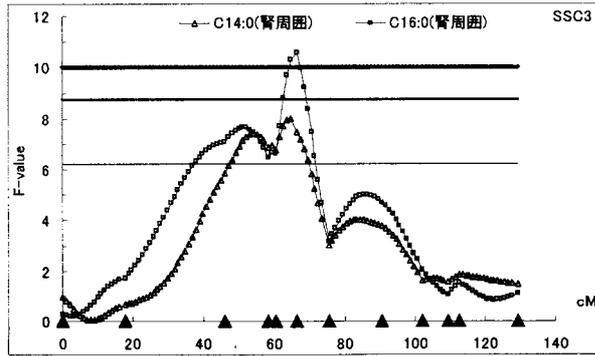
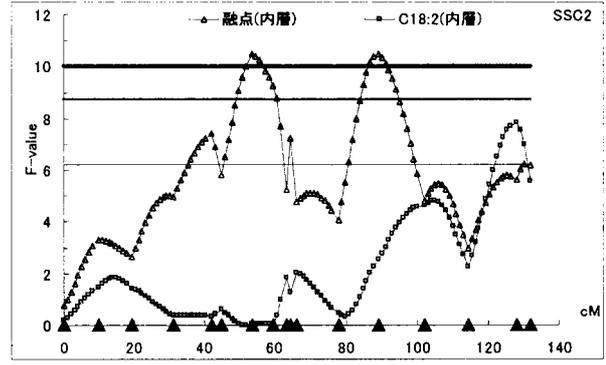
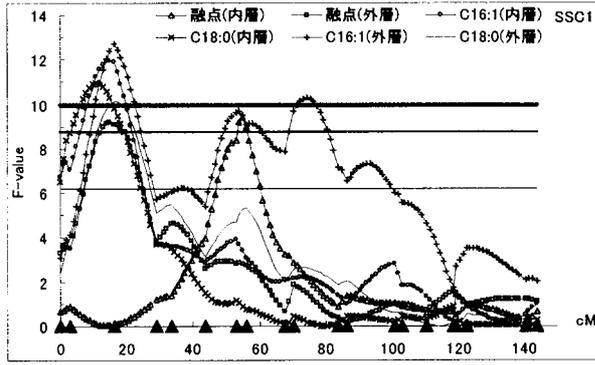
前報では加圧保水率はゲノムレベルで、遠心保水率は染色体レベルでそれぞれ別の染色体に有意性を示す QTL を検出したが、それらの QTL は今回の解析では有意水準に達しなかった。保水性は重要な肉質の指標である。アワヨーク純粋種と F2 家系の平均を比較したとき、保水性は F2 家系が高いことから、保水性に関して遺伝的な差はあるものの、1 つ 1 つの QTL の効果が低い、あるいは保水性は、と殺前後の環境の影響を大きく受けるため、それらが誤差となり検出できなかったのかもしれない。

## 脂肪形質

内層脂肪，外層脂肪及び腎周囲脂肪についてそれぞれ脂肪融点，脂肪酸組成[ミリスチン酸(C14:0)，パルミチン酸(C16:0)，パルミトレイン酸(C16:1)，ステアリン酸(C18:0)，オレイン酸(C18:1)，リノール酸(C18:2)，リノレン酸(C18:3)，飽和脂肪酸合計率(S率)]のQTL解析を行った。内層融点は第2染色体のセントロメアとテロメア付近に2つの1%ゲノムレベルで有意性を示すイノシシ負の効果を持つQTLが検出された(表5，図3)。融点と脂肪酸組成の相関は高いものの，本領域に脂肪酸組成に関して有意性を示すQTLはなかった。しかし，有意ではないものの，セントロメア領域に内層脂肪C18:0，C18:1及びC18:2のイノシシアリルが正の効果を持つQTLがみられた(データ未提示)。外層融点は第1染色体のテロメア付近に5%ゲノム有意レベルの有意性を示すイノシシ正の効果を持つQTLを検出した。本領域はC16:1，C18:0のゲノムレベルで有意性を示すピークが重なっていた。腎周囲融点はX染色体にイノシシアリルが負の効果を持つQTLがあった。X染色体における腎周囲脂肪酸のQTLはC18:0が20cM付近に位置づけられたが，領域が離れているため，融点の原因となるQTLではないと考えられた。脂肪酸組成は11の染色体の14カ所にゲノムレベルで有意性を示すQTLを検出した。先述の他，第3，4，5，6，7，9，14及び15染色体にゲノムレベルで有意なQTLを検出した。興味深いことに内層脂肪と外層脂肪は同じ領域に同様な効果とF値をとるQTLを検出したのに対し，腎周囲脂肪は第9染色体セントロメア領域を除き，単独で別の領域にQTLを検出した。このことについて，脂肪酸の合成経路が背脂肪内層と外層では同じか，あるいは類似しているが，腎周囲脂肪では異なることによると推察された。

表5 肉質（脂肪）に関する QTL 解析結果

	染色体	F 値	相加効果	優性効果	全体分散	Q T L分散	寄与率 (%)
内層 a* 値	1	9.4#	0.27	-0.11	0.78	0.04	4.88
外層融点	1	9.2#	0.70	1.02	10.86	0.44	4.08
内層融点	2	10.5##	-0.81	0.01	7.04	0.31	4.34
腎周囲融点	x	8.8#	-0.57	-0.17	5.94	0.14	2.41
内層 C 16:1	1	12.0##	-0.10	-0.03	0.08	0.00	5.95
	9	9.0#	-0.06	0.09	0.08	0.00	4.48
内層 C 18:0	1	10.9##	0.57	0.02	2.60	0.14	5.19
	9	14.4##	0.46	-0.59	2.60	0.17	6.61
内層 C 18:1	9	6.9*	-0.52	0.20	4.22	0.14	3.22
内層 C 18:2	2	7.8**	0.36	0.14	2.24	0.07	3.08
内層 C 18:3	5	11.6##	0.05	-0.05	0.04	0.00	5.24
内層飽和脂肪酸合計	5	8.4**	-0.58	0.33	5.17	0.19	3.73
	9	9.4#	0.55	-0.61	5.17	0.22	4.17
外層 C 16:0	15	16.1##	0.56	0.00	1.85	0.12	6.56
外層 C 16:1	1	12.7##	-0.12	-0.08	0.13	0.01	6.65
	7	8.1**	0.09	-0.11	0.13	0.01	4.33
外層 C 18:0	1	10.1##	0.37	0.28	1.86	0.08	4.54
	7	9.9#	-0.39	0.36	1.86	0.08	4.43
	9	9.3#	0.38	-0.20	1.86	0.08	4.15
外層 C 18:1	15	12.3##	-0.69	-0.22	3.97	0.19	4.86
外層飽和脂肪酸合計	15	12.3##	0.80	0.11	5.03	0.25	4.87
腎周囲 C 16:0	3	10.6##	-0.38	-0.23	1.65	0.08	5.16
	6	11.5##	-0.44	0.06	1.65	0.09	5.61
	14	12.5##	0.49	-0.09	1.65	0.10	6.10
腎周囲 C 18:0	9	8.5**	0.44	-0.43	3.65	0.14	3.97
	x	9.0#	-0.60	-0.20	3.65	0.15	4.20
腎周囲 C 18:1	14	10.0#	-0.94	0.32	8.09	0.38	4.74
腎周囲 C 18:2	7	9.5#	0.47	0.43	2.25	0.09	
腎周囲 C 18:3	5	14.7##	0.04	0.05	0.03	0.00	6.11
	7	10.2##	0.05	0.00	0.03	0.00	4.39



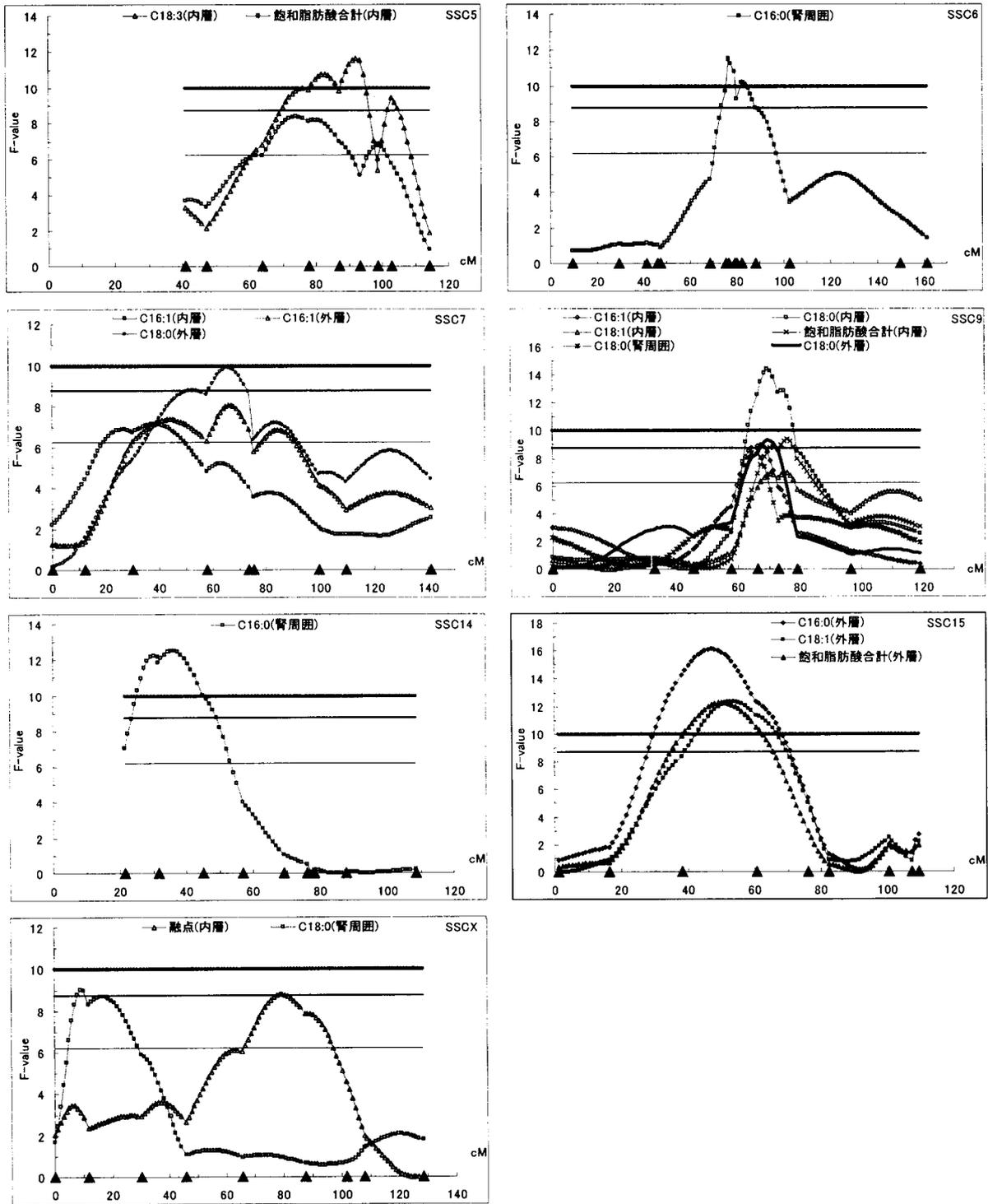


図3 肉質（脂肪）に関する主な QTL グラフ

成長・産肉性，肉質を合わせるとゲノムレベルで有意な染色体領域を 58 カ所検出した。今後，肉質の中でも特に肉色及び筋線維型構成割合に注目して DNA マーカー・アシスト・イントログレーション（MAI）により，これらの遺伝子がイノシシ型である系統を作成し，QTL 効果の実証と肉質に特徴を持つ新系統の作成により，阿波ポークのブランド化推進を支援したい。

## [ 引用文献 ]

- Andersson, L., et al, 1994 GenetiC mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Science* 263, 1771-4
- Archibald, A. L., et al, 1995 The PiGMaP consortium linkage map of the pig [*Sus scrofa*]. *Mammalian Genome* 6, 157-75
- Bidanel, J-P., et al, 2001 Detection of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Genet. Sel. Evol.* 33, 289-309
- Haley, C. S., et al, 1994 Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. *Genetics* 136, 1195-1207
- Hovenier, R., 1992, Genetic parameters of pig meat quality traits in a halothane negative population. *Livest Prod Sci*, 32, 309-321
- Milan, D., 2000, A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science* 288, 1248-51
- Rohrer, G. A., et al, 2000 Identification of quantitative trait loci affecting birth characters and accumulation of backfat and weight in a Meishan-White Composite resource population. *J. Anim. Sci.* 78, 2547-2553
- Rohrer, G. A., et al, 1996 A comprehensive map of the porcine genome. *Genome Research* 6, 371-91
- Walling, G. A., et al, 2000 Combined analysis of data from quantitative trait loci mapping studies chromosome 4 effects on porcine growth and fatness. *Genetics*. 155, 1369-1378
- 伊藤ら , 1965 豚の改良のための椎骨数に関する研究 農林水産技術会議事務局研究成果 26
- 新居ら , 1999 徳島肉試研報 27 , 29-36
- 新居ら , 2000 徳島肉試研報 28 , 31-40
- 新居ら , 2001 徳島畜研報 1 , 48-53