

---

口頭発表 | 2. 遺伝・育種

## 遺伝・育種

座長:佐々木 修(農研機構畜産部門)、美川 智(農研機構畜産部門)

Thu. Sep 19, 2019 9:30 AM - 10:50 AM 第III会場 (2番講義室)

III-19-01~III-19-04 : 佐々木 修

III-19-05~III-19-08 : 美川 智

---

10:40 AM - 10:50 AM

### [III-19-08]黒毛和種における未使用 SNPアレイデータの活用

\*佐々木 慎二<sup>1</sup>、村木 英二<sup>2</sup>、井上 喜信<sup>4</sup>、末澤 遼平<sup>3</sup>、荷川取 秀樹<sup>3</sup>、吉田 裕一<sup>5</sup>、成相 翔太<sup>6</sup>、秀島 遼哉<sup>6</sup>、森脇 俊輔<sup>6</sup>、中島 亮太郎<sup>7</sup>、内山 勝雄<sup>8</sup>、吉成 加奈子<sup>8</sup>、竹田 将悠規<sup>8</sup>、小島 孝敏<sup>8</sup> (1. 琉球大農、2. 岐阜畜研、3. 沖縄畜技セ、4. 鳥取畜試、5. 兵庫農技総セ、6. 島根畜技セ、7. 鹿児島肉改研、8. 家畜改良セ)

【目的】 ウシの SNPアレイデータは、ゲノム育種価の算出に活用されるなど、大規模に収集されつつある。市販の SNPアレイにはゲノムの位置が不明な SNPが多数搭載されており、「未使用 SNPアレイデータ」として、その後の解析には使用されていない。そこで、本研究では未使用 SNPの周辺配列を基に BLASTを使って、ゲノムの位置を特定し、この位置情報を使用し OMIA (遺伝性疾患データベース) で SNPの特徴付けを行った後、頻度調査を行なった。【結果】 285個の未使用 SNPの内、BLASTを使用し、276個の SNPのゲノム位置が特定された。この内110個はゲノムの位置情報を使用して OMIA IDと結びつけることができ、また42個は SNP名などから疾患との関連が示唆された。加えて、ゲノム位置が既知の SNPの内、58個はゲノム位置情報を使用して OMIA IDと結びつけることができ、14個は SNP名から疾患との関連が示唆された。合計で、ゲノム位置に冗長性のない 98個の SNPを特定できた。これらの SNPについて、黒毛和種5955頭で遺伝子型、アレル頻度を集計した結果、11個の SNPはリスクアレル頻度0.00008396から0.46であることが分かった。【結語】 未使用 SNPアレイデータをゲノムの位置情報を基に特徴付けることで、遺伝子疾患に関連するリスクアレルを迅速、簡便に特定できることが示された。