

2. 遺伝・育種

データ閲覧・コメント入力可能期間：2021年3月28日0時～4月3日24時（予定）

[P2-02]マウスの雑種強勢と臓器重量に関わる QTLのファインマッピングと候補遺伝子の探索

○石川 明¹、松丸 大豪¹ (1.名大院生命農)

[目的]マウス第2染色体上には体重や臓器重量等に関わる多くの QTLが発見されている。本研究では、これらのうち、雑種強勢 QTL (*Pbwg1.10*)と腎臓重量 QTL (*Pbwg1.51*)のファインマッピングを行い、その候補遺伝子を探索した。[方法]野生マウス由来のゲノム領域を C57BL/6Jcl (B6)系統に導入したサブコンジェニック系統 B6.Cg-*Pbwg1/19*Nga (SR19)と B6.Cg-*Pbwg1/22*Nga (SR22)をそれぞれ B6系統に交配し F₂集団を作製し、1、3、6、8、10週齢体重、10週齢体長と臓器重量を測定した。リアルタイム RT-qPCR法により、空腸 *Gcg*、*Dpp4*と *Glp1r*遺伝子の mRNA発現量を測定した。[結果](SR22× B6) F₂では、体重と体長に雑種強勢が確認され、野生由来アレルのホモ接合型マウスの腎臓重量は有意に重くなった。一方、(SR19× B6) F₂では、有意差はみられなかった。以上の結果より、*Pbwg1.10*と *Pbwg1.51*を第2染色体上のゲノム領域7.8 Mb内に限定することができた。(SR22× B6) F₂の遺伝子発現解析と因果推論テストの結果、雄の3-6週齢体重増加量、*Dpp4*発現量と遺伝子型との間に因果関係はみなかったが、雑種強勢に間接的に影響している可能性が示唆された。腎臓重量では因果関係は全くみられなかった。