
口頭発表 | 2. 育種・遺伝

育種・遺伝1

Chairperson: Keigo Kuchida, Toshio Watanabe(Livestock Improvement Association Japan Inc.), HIROYUKI Hirooka(Graduate School of Agriculture, Kyoto University), YOSHINOBU UEMOTO, Koichi Hagiya(Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine)

Fri. Sep 16, 2022 9:00 AM - 12:00 PM Zoom会場2 (オンライン)

II-16-01~II-16-04 : 口田 圭吾

II-16-05~II-16-07 : 渡邊 敏夫

II-16-08~II-16-10 : 廣岡 博之

II-16-11~II-16-14 : 上本 吉伸

II-16-15~II-16-18 : 荻谷 功一

9:00 AM - 9:10 AM

II-16-01]黒毛和種およびホルスタイン種の雄牛集団における ROHを用いた ゲノム近交度の推定

*Rintaro Nagai¹, Masashi Kinukawa², Toshio Watanabe², Atsushi Ogino², Kazuhito Kurogi², Kazunori Adachi², Masahiro Satoh¹, Yoshinobu Uemoto¹ (1. Tohoku Univ., 2. LIAJ)

【目的】本研究では、黒毛和種およびホルスタイン種の雄牛集団におけるゲノムレベルでの近交度を評価するために、SNPのホモ接合連続領域（ROH）から、① ROHの長さの違いによるゲノム近交度（ F_{ROH} ）の変化、②染色体ごとのROHの分布、③出生年における F_{ROH} の趨勢を求め、両品種間でその傾向を比較した。【方法】家畜改良事業団における1989年から2014年の間に生まれた黒毛和種およびホルスタイン種雄牛の高密度SNPチップ情報を用いた。①4種類のROHの長さ（ROH>2Mb, >4Mb, >8Mb, >16Mb）から F_{ROH} を推定した。②4種類のROH（2-4Mb, 4-8Mb, 8-16Mb, >16Mb）に分類し、染色体ごとのROH数とROHの占める割合を推定した。③出生年別に F_{ROH} を推定し、その趨勢を求めた。【結果】① ROHの長さが長くなると、両品種ともに F_{ROH} の平均値および分散は小さくなった。② ROHが占める割合は、第10番染色体上ではホルスタイン種が高く、第20番染色体上では両品種ともに高い結果となった。③ F_{ROH} の趨勢は、ホルスタイン種では出生年に伴い上昇傾向にあるが、黒毛和種では減少傾向にあった。これらの結果はウシ集団における遺伝的多様性を維持するにあたって有効な情報となる。