
口頭発表 | 2. 育種・遺伝

育種・遺伝2

Chairperson: Masaaki TANIGUCHI, Akira Ishikawa(Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University), Shinji Sasazaki, Norihide Yokoi, Tomokazu Fukuda(Iwate University), Youko Aida

Fri. Sep 16, 2022 1:30 PM - 4:40 PM Zoom会場2 (オンライン)

II-16-19~II-16-22 : 谷口 雅章

II-16-23~II-16-25 : 石川 明

II-16-26~II-16-28 : 笹崎 晋史

II-16-29~II-16-31 : 横井 伯英

II-16-32~II-16-34 : 福田 智一

II-16-35~II-16-37 : 間 陽子

3:00 PM - 3:10 PM

[II-16-28]デュロック純粋種における産肉形質に関する Microbiabilityの推定

*Yoshinobu Uemoto¹, Chihiro Homma¹, Kensuke Hirose², Tetsuya Ito², Mai Kamikawa², Senga Toma², Ryoichi Furukawa², Haruki Kitazawa¹, Masahiro Satoh¹ (1. Tohoku Univ., 2. ZEN-NOH)

【目的】ブタにおいて、微生物の総ゲノム（マイクロバイーム）と表現型との関係が注目されている。本研究では、デュロック純粋種の産肉形質に関して、糞便マイクロバイームによって説明できる表型分散の割合（Microbiability）を推定し、腸内細菌叢が表現型に与える影響を調査した。【方法】デュロック種400頭について、一日平均増体重、背脂肪厚、ロース芯面積、筋肉内脂肪を測定した。菌叢解析は、100kg時に糞便をサンプリングし、16S rRNA解析により菌叢の分類群を推定した。本研究では、マイクロバイームの違いが、糞便サンプリング時の季節および性別間でどの程度異なるか調査するために、 α 多様性および β 多様性を求めた。次に、産肉形質に関する遺伝率および Microbiability を REML法により推定した。【結果】菌叢割合、 α 多様性および β 多様性を糞便サンプリング時の季節および性別で求めた結果、各要因ともに水準間で有意な差があるものの、大きな差は見られなかった。次に、遺伝率と Microbiability の推定値を比較した結果、いずれの形質も遺伝率の方が高い値であった。また、一日平均増体重および脂肪関連形質では、Microbiability が推定されたことから、腸内細菌叢の情報をブタ育種改良に利用できる可能性が示唆された。