

有馬ら：デュロック種系統豚「ローズ D-1」の肉質改善試験
デュロック種系統豚「ローズ D-1」の肉質改善試験

有馬明莉・谷田部隆・鈴木菜月¹⁾・岡村俊宏²⁾
1) 現：県西農林事務所 2) 農研機構畜産研究部門

Meat quality improvement test of "Rose D-1" Duroc strain pigs
Akari ARIMA, Takashi YATABE, Natsuki SUZUKI, Toshihiro OKAMURA

要 約

2016 年度にデュロック種の系統造成が完了し系統豚として認定を受けたローズ D-1 は筋肉内脂肪含量 (IMF) が高いという特徴をもつ。本県では、ローズ D-1 を活用した銘柄豚「常陸の輝き」の生産に取り組んでいるが、常陸の輝きの生産促進と安定生産のためには、肉質に大きく影響する要因の一つであるローズ D-1 の能力の高位平準化が必要である。そこで、遺伝子解析技術を用いて IMF 等に影響する遺伝子の候補領域の探索を行った。

IMF を測定した結果、造成当初とほとんど変わらない能力を維持していることが確認されたが、個体差等によるばらつきが認められた。IMF と一塩基多型 (SNP) との関連を調査するために、ゲノムワイド関連解析を実施したところ、統計学的に有意な SNP は検出されなかったが、データ数を増やすことで有効な SNP マーカーを検出できる可能性が考えられる。

キーワード 系統豚、デュロック種、筋肉内脂肪含量、SNP、ゲノムワイド関連解析

緒 言

当所では筋肉内脂肪含量 (IMF) に優れたデュロック種系統豚「ローズ D-1」の造成を 2012 年度に開始し、2016 年度に造成を完了、系統豚として認定を受けた¹⁾。また、本県では「ローズ D-1」を活用した三元豚である「常陸の輝き」の生産に取り組んでいる。2018 年には「ローズ D-1」維持のための施設としてブランド育成センターを設置し、精液や育成豚を県内に広く供給している。

常陸の輝きのさらなる生産振興のためには、高品質な豚肉を安定的に供給することが求められる。しかしながら、ローズ D-1 を用いた三元豚の IMF の分布を調査したところ IMF が 1.5~6.0% の範囲に分布することが分かっており、系統豚であるローズ D-1 を用いても IMF にばらつきがあることが示唆された²⁾。三元豚の品質には、雄系の品質だけでなく、母系や飼養管理等の様々な要因が関与するが、より高品質な豚肉を安定的に供給するためには、「ローズ D-1」の能力の高位平準化が重要である。

一方、近年では遺伝子技術を活用して優れた肉質を持つ種豚の開発が行われており³⁾、肉質に影

響する遺伝子の候補領域を特定することで、よりの確に肉質へ焦点を当てた改良が期待できる。

そこで、本試験では優れた豚肉の生産促進と安定生産のため、遺伝子解析を用いて IMF に関連する遺伝子の候補領域を特定し、「ローズ D-1」の IMF の高位平準化を図ることを目的として調査を実施した。

材料および方法

1 試験豚

当所で造成し、維持しているデュロック種系統豚「ローズ D-1」の種豚 (雄 25 頭、雌 68 頭) および肥育豚 (雌 207 頭) を試験に供した。

2 方法

1) 飼養方法

当所慣行の飼養管理に沿って、慣行飼料を給与して育成した。

2) 発育調査

以下の項目を調査した。

・ 30-105 kg における 1 日平均増体重 (DG)

- 105 kg 時の体尺値(体長、胸囲、管囲、体高、十字部高、前幅、胸幅、後幅、胸深)
- 超音波測定装置を用いた体長 1/2 部位の背脂肪厚およびロース芯面積の測定(105 kg 時)

3) 肉質調査

肥育終了後(110kg~120kg)の試験豚を県内と畜場でと畜後、左側のロース部位を分析材料とした。

分析試料としては、図 1 に示すとおりロースの中心と中心から左右に 15cm の部分をサンプリング部位とした。サンプルは厚さ 2cm で切り取り、中心部を細断してミンチ状の試料を作成した。試料は円筒ろ紙に 3g 程度秤量し、乾熱滅菌器で 125℃90 分加熱した。その後、デシケーター内で放冷させた。

粗脂肪の分析は、自動式脂質抽出機(オートファテックス、(株)なかやま理化学製作所)によりソックスレー抽出法に基づいて実施した。

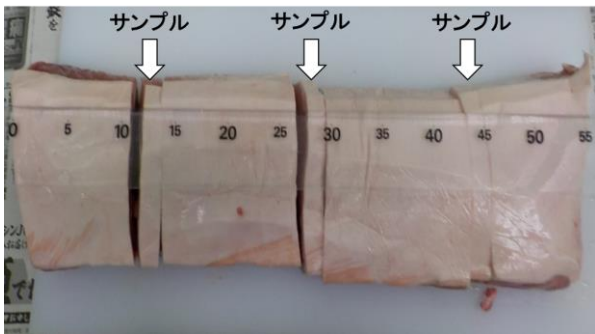


図 1 ロース肉のサンプリング部位

4) 一塩基多型(SNP)解析

SNP 解析は家畜改良事業団または東和科学に委託し、SNP チップ(GGP PorcineHD または GGP Porcine 50K)を用いて SNP の検出を実施した。

5) データ解析

検出された SNP マーカーのうち、分析に有用な SNP について環境等の効果を補正後、ゲノムワイド関連解析(GWAS)を行い、SNP と形質との関連を調査した。

また、測定した IMF 値を用いて BLUP 法により推定育種価を算出した。

結果および考察

1 肉質成績について

ローズ D-1 肥育豚の IMF の測定結果を表 1 に示した。ローズ D-1 造成完了時の雌の IMF は平

均 4.24% であり、本試験とはサンプリング部位(5か所採材し、部位単独または各部位混合で測定)²⁾や肥育期間中に産肉能力検定用飼料を給与している点が異なるが、現在も造成当初とほとんど変わらない能力を維持していることが確認された。しかし、IMF の最小値は 1.66% であり、IMF を選抜形質の 1 つとして造成した系統豚であっても個体差等によるばらつきが認められた。

表 1 ローズ D-1 肥育豚の IMF 測定結果(%)

平均	最小値	最大値
5.00±1.54	1.66	10.82

値は平均値±標準偏差で表した。(n=207)

2 遺伝子解析結果について

SNP 解析は種豚 93 頭、肥育豚 207 頭、合わせて 300 個体実施し、分析に有用な SNP は 295 個体の 36,861 個検出された。このうち、SNP データおよび表形値の両方がそろった個体のデータを用いて解析を実施した。

IMF は 185 個体のデータを用いて解析したが、統計学的に有意な SNP は検出されなかった(図 2)。

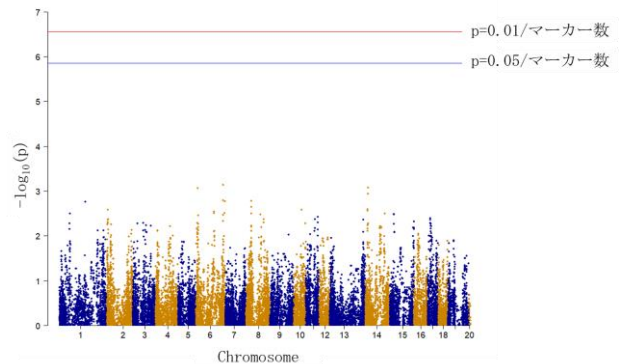


図 2 IMF に関する GWAS の結果

GWAS による SNP マーカーの検出は、データ数および SNP の効果の大きさ、遺伝子型頻度に依存することから、より多くのデータを分析する必要がある。これまで様々な品種の豚を用いて GWAS による IMF と関連する SNP の調査が行われており、本試験と同程度の規模で有効な SNP マーカーを検出したという報告⁴⁾がある一方、350 から 1000 頭以上の解析を行った報告^{5、6、7、8)}も多い。そのため、本試験の検体数が十分ではなか

った可能性が考えられる。また、ローズ D-1 は IMF を改良目標の 1 つとして造成された系統豚であることから、IMF に大きく影響し、少ない検体数でも検出されるような SNP はすでに固定されている可能性も否定できない。そのため、本試験で実施した検体数では、ローズ D-1 の IMF に有効な SNP を検出することはできなかったが、データ数を増やすことで有効な SNP マーカーを検出できる可能性が考えられる。

また、IMF は背脂肪厚と正の相関、ロース芯面積および体長、体高と負の相関がある^{9, 10)}。そのため、本試験では IMF のほかに、体尺値や背脂肪厚、ロース芯面積と SNP との関連も併せて調査した。背脂肪厚では 19 および 20 番染色体、胸幅では 13 番染色体に有意な SNP が検出された（データは示さず）。しかし、それらの SNP はマイナーアレル頻度が低く、遺伝子型毎の個体数に極端な偏りがあったことから、偽陽性が疑われた。そのほかの形質については有意な SNP は検出されず、本試験では有効な SNP を見出すことはできなかった。

本試験では、IMF を含め調査したすべての形質について関連する SNP を確認することができなかった。しかし、調査した IMF 値を用いて、BLUP 法により IMF の推定育種価を算出し、ローズ D-1 の交配や後継豚の選抜時の参考値として活用することができた。

また、本試験ではデータ数の不足が課題として挙げられたため、2023 年度からの新規試験「高品質な常陸の輝き生産に向けた遺伝子解析技術の開発に関する研究」で引き続き同様の調査を実施し、本試験で蓄積したデータと併せて再解析することを計画している。

参考文献

1) 丸山健、羽成勤、真原隆治、藤木美佐子、坪和靖俊、相馬由和、大石仁、2018、デュロック種系統造成試験、茨城県畜産センター研究報告 50、14-20
 2) 羽成勤、福本善乃助、金成由佳、石井貴茂、相馬由和、丸山健、真原隆治、2020、デュロック種系統造成豚を活用した肉質向上試験、茨城県畜産センター研究報告 51
 3) 吉岡豪、2010、肉品質を改善するデュロック種豚「ポーノブラウン」の開発、日本家政学会

誌 61(3)、183-186

4) Ros-Freixedes, R., Gol, S., Pena, R.N., Tor, T., Ibáñez-Escriche, N., Dekkers, J.C.M., and Estany, J. 2016. Genome-Wide Association Study Singles Out *SCD* and *LEPR* as the Two Main Loci Influencing Intramuscular Fat Content and Fatty Acid Composition in Duroc Pigs. *PLoS One*. doi:10.1371/journal.pone.0152496
 5) Wang, X.W., Ding, R.R., Quan, J.P., Yang, L. X., Yang, M. and Zheng, E.Q. 2017. Genome-wide association analysis reveals genetic loci and candidate genes associated with intramuscular fat in Duroc pigs. *Front. Agric. Sci. Eng.* 4 (3), 335-341.
 6) Won, S., Jung, J., Park, E. and Kim, H. 2018. Identification of genes related to intramuscular fat content of pigs using genome-wide association study. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* 31 (2), 157-162.
 7) Ding, R., Yang, M., Quan, J., Li, S., Zhuang, Z., Zhou, S., Zheng, E., Hong, L., Li, Z., Cai, G., Huang, W., Wu, Z. and Yang, J. 2019. Single-Locus and Multi-Locus Genome-Wide Association Studies for Intramuscular Fat in Duroc Pigs. *Front. Genet.* doi: 10.3389/fgene.2019.00619
 8) González-Prendes, R., Quintanilla, R., Mármol-Sánchez, E., Pena, R.N., Ballester, M., Cardoso, T.F., Manunza, A., Casellas, J., Cánovas, Á., Díaz, I., Noguera, J.L., Castelló, A., Mercadé, A. and Amills, M. 2019. Comparing the mRNA expression profile and the genetic determinism of intramuscular fat traits in the porcine gluteus medius and longissimus dorsi muscles. *BMC Genomics*. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5557-9>
 9) Pietruszka, A., Jacyno, E., Kawęcka, M. and Biel, W. 2015. The Relation Between Intramuscular Fat Level in the *Longissimus* Muscle and the Quality of Pig Carcasses and Meat. *Ann. Anim. Sci.* 15(4)1031-1041.
 10) 矢崎夏実、小川伸一郎、大西知佳、石井和雄、上本吉伸、佐藤正寛、2020、ブタの体型形質による産肉形質の改良の可能性、日本畜産学会報 91(1)、9-16