

優秀発表賞応募講演 | JSAS Excellent Presentation Award

## JSAS Excellent Presentation Award 2

Chairperson: Hideyuki Mannen (Kobe University), takahisa yamada, Ken Sawai, Hiroshi Harayama (Graduate School of Agricultural Science, Kobe University)

Tue. Sep 14, 2021 9:30 AM - 11:15 AM 優秀発表応募演題 2 (オンライン)

### [IIYS-03] 黒毛和種およびホルスタイン種の精液形質における非相加的 QTL の検出

\*Rintaro Nagai<sup>1</sup>, Masashi Kinukawa<sup>2</sup>, Toshio Watanabe<sup>2</sup>, Atsushi Ogino<sup>2</sup>, Kazuhito Kurogi<sup>2</sup>, Kazunori Adachi<sup>2</sup>, Masahiro Satoh<sup>1</sup>, Yoshinobu Uemoto<sup>1</sup> (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を対象に、雄牛の精液形質に関する遺伝的背景を明らかにすることを目的として、①精液形質に関する遺伝率および反復率を推定した。また、②ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を行い、精液形質に影響を与える量的形質遺伝子座 (QTL) を探索した。【方法】家畜改良事業団における4つの人工授精センターにおいて、1990年から2020年に採精された黒毛和種およびホルスタイン種雄牛の精液量、総精子数、平均活力、凍結後活力および精液濃度の記録を用いた。①遺伝率および反復率は、単形質アニマルモデル REML法により推定した。②GWASについて、SNP効果を相加的效果および非相加的效果としたモデルを仮定し、各SNPについてWald検定を行った。【結果】①黒毛和種およびホルスタイン種雄牛の各形質において、遺伝率は0.11から0.23の低い値が推定され、反復率は0.28から0.45と低から中程度の値が推定された。また、両品種で同程度の推定値であった。②GWASに関して、相加的效果を仮定したモデルでは、有意なSNPが1つのみ検出され、多くの有意なSNPは、非相加的效果を仮定したモデルで検出された。特に、ホルスタイン種では、第17番染色体上に非常に有意な非相加的效果を示すSNPが検出され、黒毛和種においても多型性を示した。