

# 第 35 回国際動物遺伝学会(ISAG)に参加して

家畜改良技術研究所 宮崎 義之

平成 28 年 7 月 23 日～27 日の期間で、アメリカのユタ州ソルトレイクシティにて開催された第 35 回国際動物遺伝学会 (ISAG) に参加した。初日はコンベンションセンター、2 日目以降はヒルトンホテルを会場とし、7 つのプレナリーセッション、21 の小会議、約 300 題のポスターで活発な議論が交わされた。以下に国際比較試験の結果、および興味を引いた発表について報告する。

## 各動物種比較試験

ウシ、イヌで参加した比較試験の結果は、ウシ SNP (一塩基多型)、STR (マイクロサテライト)、イヌ STR でランク 1 であった。例年ブタの比較試験も参加しているが、今回は実施されなかった。

今年の比較試験から、結果の取りまとめを行っていたコンピューティング機関を FASS (The Federation of Animal Science Societies) が一元管理することとなり、各動物種の比較試験会場では FASS 取り纏めによる問題点が提示された。特に、これまで容認されてきた表記方法の違いについて厳格化され、次回の比較試験からは修正不可となる。そのため、修正を行うためのプレ提出を設けるか否かの議論まで取り交わされた。また、比較試験は隔年でのみ開催のため、新規に参加を希望する機関が長期間ペンディング状態になることから、前回の試験で用いた DNA を保管し、新規参加を希望する機関にも提供できるような仕組み作りが提案された (成績による機関認証は正式な比較試験でのみ実施)。またウマでは、成績が低い機関に対してトレーニングを実施するよう FASS が要望していることが報告されたが、担当する機関などは決定されなかった。

## 講演およびポスター発表

【講演】

S0100 ゲノムの複雑性から得られる重要

## な知見

T. R. Gingeras\* (Cold Spring Harbor Laboratory, Functional Genomics, Cold Spring Harbor, NY)

我々は多くの真核生物のゲノム配列を解読したにもかかわらず、これらのゲノムに保存されている遺伝子発現の調節機構について、未だ多くの予期できないところがある。ヒトではすでに約 58,000 の遺伝子、約 23,000 の非翻訳遺伝子、約 20,000 の翻訳遺伝子、約 14,650 の偽遺伝子が報告されている。約 58,000 の遺伝子のうち、タンパクをコードしているものは約 20,000 (34.4%) であった。2008 年と比較して、当時は判明している遺伝子は約 37,000 であったが、現在は約 58,000 に、転写因子は約 82,000 から約 198,000 に増加しており、最も増えたものはタンパク質にならない RNA と転写因子であった。ヒト第 1 番染色体では、マウスの第 1, 3, 4, 5, 6, 8, 11, 13 番染色体と比較地図が構築されている。しかし、発現量の違いは大きく、全ゲノムでは相関係数が 0.67、1 番染色体では 0.37 と低かった。タンパクをコードするオーソログなタンパク質に翻訳される遺伝子の発現数は、マウスで約 20,000、ヒトで約 18,000、共通するものは約 15,000、ヒト、マウス、ムカクザル、ラット、ニワトリ、ウシに共通するも

のは約 6,000 であった。

#### S0104 機能的情報付加を行った世代間、 品種間のゲノム選抜の強化

B. Hayes\*1, A. J. Chamberlain2, H. Daetwyler3, C. J. Vander Jagt2, M. E. Goddard4  
(1Department of Economic Development, Melbourne, Australia, 2Dairy Futures Cooperative Research Centre, Bundoora, Australia, 3Department of Economic Development, Jobs, Transport, and Resources, Bundoora, Australia, 4Department of Primary Industries, Melbourne, Australia)

1,000 bull genomes project には現在、55 種 1,682 頭の全ゲノム配列が分析されており、Bos Taurus では 3,970 万 (3,810 万の SNP、170 万の挿入欠失)、Bos Indicus では 6,730 万 (6,480 万 SNP、250 万の挿入欠失) の変異が同定されている。

乳牛の繁殖性についてゲノムを利用した推定を行うが、全ゲノムシーケンス情報を使うと、800K のアレイ情報よりも少々良い推定値となる。今回、BayesRC というゲノムのアノテーション情報が利用できる方法で推定すると、より良い推定値が得られた。

#### S0107 環境により誘発される継代的なエ ピジェネティック遺伝形質：あなたの遺伝 子に潜む先祖のゴースト

M. K. Skinner\* (Washington State University, Pullman, WA)

環境からの汚染物質がエピジェネティックに及ぼす影響について、第 3 世代の精液から検出したメチレーションにどの程度影響を与えているかを確認した。汚染物質によりエピジェネティックの影響を受けた遺伝領域は、中心から周囲 2~5 Mb 程度であることがわかった。

#### 【ポスター】

#### P1014 豚の背脂肪厚と位置的候補遺伝子

#### GRIP1 のミスセンス変異の関連

J. B. Lee\*1, H. S. Kim2, H. B. Park3, C. K. Yoo4, I. C. Cho3, H. T. Lim2 (1KoZRI, Chonbuk National University, Iksan, Korea, The Republic of, 2Division of Applied Life Science BK21 program, Gyeongsang National University, Jinju, Korea, The Republic of, 3NIAS, Rural Development Administration, Jeju, Korea, The Republic of, 4Division of Applied Life Science BK21 program, Gyeongsang National University, Jinju, Korea, The Republic of)

1,105 頭の韓国ランドレース F2 集団を用いて QTL 解析を実施したところ、豚の背脂肪厚と GRIP1 (glutamate receptor-interacting protein 1) に強い相関を検出した。この遺伝子の相加効果では、肋骨 4~5 部で +0.96mm、11~12 部で +1.06mm、腰部で +1.52mm であった。

#### P4043 OpenArray を用いたウマ Hucul 種 の親子判定 SNP パネルの構築

A. Fornal,\* (National Research Institute of Animal Production, Balice, Poland), A. Piestrzynska-Kajtoch (National Research Institute of Animal Production, Department of Animal Genomics and Molecular Biology, Balice n. Krakow, Poland), A. Radko (National Research Institute of Animal Production, Department of Animal Genomics and Molecular Biology, Balice n. Krakow, Poland)

ウマ親子判定を SNP で実施するために、ABI 社の OpenArray を使って 120 SNP (競理研の戸崎 Panel、NCBI 情報などから引用) で検証を行った。OpenArray と SNP の相性もあり、全体の Call Rate は高いものではなく、改良の余地が多分にあるとした。しかしながら父権否定確率などについて STR との比較は行っておらず、また SNP の設計・選択にも問題あると感じた。

#### P5005 ホルスタイン種で親子判定に使わ れるマイクロサテライト父権否定確率と

## アリル頻度の相乗り効果の影響

B. Brenig and E. Schütz (Institute of Veterinary Medicine, Georg-August-University, Göttingen, Germany)

ISAG 牛 STR 比較試験で 2008 年に BM1818 を推奨マーカーとして追加し、合計 12 マーカーとした。この BM1818 を追加したことによる父権否定確率、アリル頻度の推移を調査した報告。低下していた父権否定確率は上昇したが、近年再び父権否定確率が低下しつつある。近年では 25 頭の種雄牛が全体のアリル頻度に関与していた。通常 25 頭の種雄牛がいれば一定の多様性は確保されるが、アリル頻度が低下していることから、様々な形質とアリル頻度の変化に相関があると考えられる。つまり、親子判定用 DNA マーカーは中立的なものではなく、Hitchhiking effect (何らかの形質と連鎖) を受けているのではないかと。

## P6000 メンデル遺伝形式をとる疾患レアアリル検出を目的とした犬 3 家系の全ゲノムシーケンス

S. Mäkeläinen, G. Andersson, and T. F. Bergström (Department of Animal Breeding and Genetics, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden)

クロムフォルレンダー、ジャーマンハンティングテリア、フレンチマスチーフおよびアイリッシュテリアにおいて確認されている肉球の角質化（皮膚の角質層が病的に肥厚した病気）の原因変異についての報告。メンデル遺伝するレアアリル疾患の犬家系を用いた全ゲノムシーケンスによる特定作業を行い、クロムフォルレンダー種における hereditary footpad hyperkeratosis（遺伝性肉球角化症）の全ゲノム相関解析を実施した。さらにクロムフォルレンダー種では 13 の症例および 29 のコントロール、アイリッシュテリア種では 10 の症例、20 のコントロールを用いてケーススタディー

全ゲノム相関解析手法によって、Illumina canine HD を用いて原因遺伝子を特定を試み、第 5 番染色体上の FAM83G 遺伝子の SNP (aa. Arg →Pro) を検出した。

## P6016 ウシの Rat-tail 症候群には 2 座位以上の上位相互作用が関連している

C. Kühn, R. Weikard (Leibniz Institute for Farm Animal Biology (FBN), Dummerstorf, Germany), J. Knaust, and F. Hadlich (Genome Biology, Leibniz Institute for Farm Animal Biology (FBN), Dummerstorf, Germany)

Rat-tail Syndrome (尾の硬直を伴う異所性発毛症) について、原因遺伝子が特定されているが、全てを説明できていないのが現状である。例えば黒色同士の交雑 (アンガス×ホルスタイン) やヨーロッパの希薄色種 (シンメンタール) などで確認されている。これは少なくとも 3 つの独立した座位が関連していることが想定されるが、MC1R (18 番染色体)、PMEL または SILV (5 番染色体)、および今回検出された KITLG (5 番染色体) だと考えられる。この KITLG は毛の構造を変化させる可能性がある。

## P6028 チロリアングレイの家族性腎疾患と MOCOS 遺伝子のフレームシフト変異の関連

L. Murgiano\* (GIGA, Liege, Belgium, and Institute of Genetics, Bern, Switzerland), V. Jagannathan (Institute of Genetics, University of Bern, Bern, Switzerland), C. Piffer (Azienda Sanitaria Alto Adige, Bozen, Italy), C. Drögemüller (Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland), A. Gentile (Department of Veterinary Medical Sciences, Bologna, Italy)

チロリアングレイ種で黒毛 CL-16 様の症状を示す個体を発見。8 番染色体の KIAA2026 (c. 926 C>G)、24 番染色体の MOCOS (c. 1881delG, c. 1782delG) との有意な相関を検出した。MOCOS

遺伝子の変異は、黒毛で代謝異常とキサンチン尿症の原因遺伝子とされている (MCSU) であり、該当変異のヘテロ個体はチロリアン集団で 4% 程度存在 (1,201 頭) 存在していると考えられる。

## P6029 ホルスタイン種における先天性白内障

A. K. Hollmann\* , W. E. Wemheuer, B. Brenig, E. Schütz (Institute of Veterinary Medicine, Georg-August-University, Göttingen, Germany), and J. Beck (Chronix Biomedical GmbH, Göttingen, Germany)

白内障はホルスタイン、ジャージー、ヘレフォード、アングス、ショートホーン、エアシャー、ロマニョーラなどで確認されているが、原因変異は特定されていない。BovineSNP50v2 を用いてケースコントロールスタディを実施、7 番染色体上の領域 (6.2Mb~12.4Mb) を同定、発症牛では領域がホモ化していることを確認した。これから原因遺伝子の特定を行う予定。原因となった海外 (US) の種雄牛で能力が高く、子供が多く存在する (Red ホルスタイン?)。

## ビジネスミーティング

- Michel Georges と Leif Andersson が名誉会員に選出された。
- 小会議の名称変更が 3 つ、新設が 1 つ
- 2017 年はアイルランドのダブリンで 7/16~ /21 を予定
- 2019 年の候補地はイタリア、スペイン、フランス、カナダから選出