

海外情報

第37回国際動物遺伝学会 (ISAG) に参加して

家畜改良技術研究所
遺伝検査部 上席専門役 渡邊 敏夫
検査第三課課長代理 宮崎 義之

7月7日からスペインのレイダで開催された第37回国際動物遺伝学会 (ISAG) に参加しました。

スペイン

「スペイン」と聞けば、パエリア、イベリコ、スペインリーグ、フラメンコ、闘牛、サグラダ・ファミリア、バルセロナ五輪、と連想するものは多いと思います。日本とは450年近い交流があり、歴史的にも関係が深い国です。

学会は、スペインの二大都市である首都マドリッドやバルセロナからそれぞれ300km、100km離れたレイダ

という都市で開催されました。レイダには11世紀初頭に建てられた町のシンボルである旧大聖堂があり、市街地から見上げると塔を常に目にすることができます。

世界最高水準の技術力を維持

ISAGには動物の親子判定や遺伝的不良形質（遺伝性疾患）の検査を行っている機関が多く参加していることから、各国の検査機関を対象にした「国際比較試験」のミーティングが開催されます。国際比較試験とは、同じDNA試料を決められたDNAマーカーで検査し、各機関が提出した結果を比較することでマーカーおよび検査機関の評価を行う試験のことです。さらにDNA情報を共有することで、世界中のどの機関に検査を依頼しても、同じ結果が得られるような仕組み作りも担っています。今回はウシ、ブタ、イヌ、ネコに参加し、前回に引き続き最高評価のランク1認定をいずれの動物種で受けました。以下に各ミーティングの内容を簡単にまとめました。

★ウシ国際比較試験（参加機関：92）

ウシ比較試験では2つの検査手法を対象に試験が行われています。1つ目は親子判定のスタンダードであるSTR（マイクロサテライト）で12種のマーカーが、2つ目はSNPで196種類のマーカーがそれぞれ指定されています。

今回のSNP試験では、196マーカーのうち4つを利用中止にすることが決定しました。これはマーカーの周辺情報に問題があるため、検査機器が異なると得られる結果が変わる可能性があるという報告があったためです。このように、複数の機器で同じマーカーを検査し、タイピングエラーの危険性を排除していくことも比較試験の重要な役割です。

★ブタ国際比較試験（参加機関：27）

ブタ比較試験は今回が5回目になります。試験の試料は日本でほとんど飼育されていない品種ですが、既



存の手法で十分検査に対応できます。親子判定を実施してみたい個体がありましたら、お気軽にお問い合わせください。

★イヌ、ネコ国際比較試験（参加機関：76、12）

STRとSNPが実施されましたが、STRにのみ参加しました。遺伝的不良形質について比較試験の項目として扱うべきだとの意見が多く出ましたが、国によって主要な品種が異なるため（需要が異なるため）共通の病気を検査することは難しいかもしれません。しかし、依頼する検査会社によって結果が変わってしまう事態を避けるためには、必要なことだという共通認識です。

現在、比較試験でSNPを正式に実施している動物種はウシのみで、イヌ、ネコ、ウマでも試験的に実施していますが、実用化の道のりは長いと感じています。ウシのSNP比較試験に参加している機関は、自国でSNPゲノミック評価を実施している所がほとんどで、STR参加数の3割程度しかいません。イヌ、ネコ、ウマでのSNP利用は研究的な意味合いが強く、一般の検査会社が手を出しづらいのが現状です。一方で今回の学会では、親子判定や遺伝性疾患に必要なSNPのみをキット化した製品の紹介も精力的に行われました。機器導入のハードルが下がれば、SNPに参入してくる機関が増えることが期待されます。

家畜ゲノム研究の動向

2010年代に入り、高密度SNPチップや次世代シーケンサーによるゲノム配列解読の技術が安価に利用できるようになり、家畜ゲノム研究分野でも急速に普及しました。本学会大会でもウシ、ブタだけでなくそれ以外の動物種の研究にこれらの技術を用いた発表演題が目立つというよりも、全くめづらしくなくなりました。会場でも20演題以上のゲノミック評価に関するポスター発表を目にすることができました。しかしながらゲノミック評価のような高い信頼性の要求される技術には多くの個体を検査する必要があり、大量の個体を分析できる研究室は限られます。

一方、情報処理の分野ではここ数年でAI（人工知能）の研究が盛んです。AI研究は大まかには統計解析の「機械学習」と同じです。学術研究の分野では研究に用いたゲノム配列解読データ、高密度SNPデータ、RNA発現情報データなどを原則的に公共データベ

ース（NCBIなど）で公開するようになってきました。研究者はこれら他人のデータを自由に使えることから、大量のデータ（まさにビッグデータ）を用いてコストを掛けずに家畜の形質に関連する遺伝子を探索したり、遺伝子の発現する仕組みを解析したりすることが可能になってきました。これらの研究には機械学習の技術が多く使われています。そのようなバイオインフォマティクス（生物情報処理）研究の発表も以前より目立つようになりました。

Wagyuの遺伝子の研究

かつて国内からアメリカに黒毛和種の遺伝資源が持ち出されたことがあり、アメリカやオーストラリアではWagyuという名前で交雑牛が生産されていることはご存じの方も多いと思います。

中国国内にはオーストラリア経由で輸入されたと考えられるWagyuがすでに多く生産されています。このように中国や東南アジアに渡ったWagyuを材料に用いた研究をいくつか見かけました。吉林大学（中国吉林省）のグループは6頭のWagyuサンプルを使って皮下脂肪組織と内臓脂肪組織で働く遺伝子の違いを長鎖非コーディングRNA（lncRNA）の発現の違いに着目する研究発表を行っていました。皮下脂肪と内臓脂肪とは脂肪蓄積や代謝が異なりますが、彼らの研究はいくつかのlncRNAの発現の違いがこれに関与していることを示唆するものでした。

同大学ではこれ以外にもWagyuの筋肉分化に関する遺伝子の研究についてすでに論文発表をしています（PLOS ONE誌、2017年）。

最後に

今回はウシに関する発表は少なく、新たな遺伝性疾患の情報はほとんどありませんでしたが、ヤギ、ブタ、ニワトリに関する報告が多かったです。地元スペインと中国からの参加者で半数近くを占めていたからかもしれません。解析機器では、次世代シーケンサーの小型化、低価格化により導入しやすい環境が整いつつある一方で、「親子判定」や「遺伝病検査」という側面から考えると、従来法は、目的が限定されているぶん圧倒的に安く小回りが利きます。「検査」と「研究」は切り離して考える必要がありますが、利点の多いものは積極的に調査し、生産現場に素早く結果をフィードバックできるように注視していきます。