

日本動物遺伝育種学会第 26 回大会

日本動物遺伝育種学会シンポジウム

## 講演要旨集

日時:2025年11月29日（土）-30日（日）

十文字学園女子大学

（埼玉県新座市菅沢2-1-28）

主催:日本動物遺伝育種学会

## 1. 日本動物遺伝育種学会第26回大会（第一日目）

日 時 2025 年 11 月 29 日 土曜日

場 所 十文字学園女子大学 新座キャンパス

講演会場 4 号棟 3 階 431 教室

ポスター・研究交流会会場 7 号館 1 階 カフェテリア

ランチョンセミナー 4 号棟 2 階 422 教室

総合受付 4 号棟 3 階 431 教室前

1) 受付開始 8:00 ~

2) ポスター貼り付け 8:30 ~ 9:00

3) 大会長挨拶 8:57 ~ 9:00

4) 口頭発表 1 9:00 ~ 11:34

特別賞選考対象演題 (S)

5) ポスター閲覧 9:00 ~ 翌日シンポジウム終了まで

6) ランチョンセミナー 11:40 ~ 12:40

株式会社ニッポンジーン： 牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

7) 口頭発表 2 12:45 ~ 14:55

一般演題 (I ~ II)

8) 総会 14:55 ~ 15:45

9) 口頭発表 3 15:45 ~ 17:46

一般演題 (III ~ IV)

10) ポスター発表 (個別質疑) 17:50 ~ 18:20

11) 特別賞審査委員会 17:50 ~ 18:20

12) 閉会挨拶 18:20 ~ 18:25

13) 研究交流会 特別賞発表および授与式 18:25 ~ 19:55

## 2. 日本動物遺伝育種学会シンポジウム（第二日目）

テーマ：匂いと生命システム 座長：(会長) 横井 伯英、(大会長) 竹嶋 伸之輔

日 時：2025 年 11 月 30 日 日曜日 9:00 ~ 12:30

場 所：十文字学園女子大学 4 号棟 3 階 431 教室

講 演：(1) 「多様な嗅覚行動をつかさどる分子・細胞・回路メカニズム」

吉原 良浩 (理化学研究所 脳神経科学研究センター

・システム分子行動学研究チーム)

講 演：(2) 「匂いがつくる脳と身体のリズム

～脳機能画像と活動量から見た香りの作用～」

小長井 ちづる (十文字学園女子大学

人間生活学部 健康栄養学科)

講演：(3)「様々な匂いの感知を可能にする嗅細胞の多様性創出の分子基盤」

廣田 順二 (東京科学大学

バイオサイエンスセンター・生命理工学院)

総合討論

### 3. 会場

十文字学園女子大学 新座キャンパス 〒352-8510 埼玉県新座市菅沢 2-1-28

講演会場	4号棟3階	431教室
ポスター会場	7号館1階	カフェテリア
ランチョンセミナー	4号棟2階	422教室
懇親会	7号館1階	カフェテリア
総合受付	4号棟3階	431教室前

### 4. 連絡先

十文字学園女子大学 人間生活学部 食物栄養学科

事務局 竹嶋 伸之輔 ・ 永田 文宏

〒352-0017 埼玉県新座市菅沢2丁目1-28 十文字学園女子大学 3号3階336室

TEL: 048-477-0555 (内線365); E-Mail: jsabg26@jumonji-u.ac.jp

FAX: 048-478-9367

### 5. 総合受付

#### (1) 参加費

##### 1) 大会参加費

普通会員	事前	5,000円	当日	6,000円
学生会員	事前	2,000円	当日	3,000円
非会員	事前	6,000円	当日	7,000円

##### 2) 研究交流会参加費

一般	4,000円	学生	1,000円
----	--------	----	--------

##### 3) 前納締切

2024年11月14日(金)

##### 4) 参加申込

大会事務局までメールにて講演要旨(Wordファイル)をお送りください。

(送り先: jsabg26@jumonji-u.ac.jp)

振込先

銀行名: 三井住友銀行  
店番号: 牛久支店(012)  
口座種別: 普通預金  
口座番号: 4491043

口座名：日本動物遺伝育種学会

(2) 参加証・抄録集

参加証・抄録集は当日配布します。

## 6. クローク

クロークは設置しませんので、自分の荷物は責任を持って管理してください。

## 7. 発表者へのご案内

本大会の発表は一つの演題につき、口演発表 + ポスター発表の両方でご発表いただきます。

### 【口演発表】

- (1) 一般演題口演発表は発表 6 分 個別質疑 2 分です。発表ファイルは事前にお送りするメール記載の URL よりアップロードを 11 月 27 日（木）18 時 00 分 締切でお願い致します。作成はパワーポイントもしくは PDF にてお願いいたします。
- (2) 特別賞選考対象演題については、発表 6 分 個別質疑 2 分です。発表ファイルは事前にお送りするメール記載の URL よりアップロードを 11 月 27 日（木）18 時 00 分 締切でお願い致します。作成はパワーポイントもしくは PDF にてお願いいたします。

### 【ポスター発表】

ポスター発表は A0 サイズ（幅 841mm × 高さ 1,189mm）以内で作成し当日持参してください。貼り付け時刻は 8：30 ～ 9：00 です。撤去は翌日のシンポジウムにご参加の方は翌日撤去いただけます。シンポジウムに参加なさらない方は、当日の撤去をお願いいたします。

ポスターについては、フリーディスカッションを 17 時 50 分より予定しております。ポスター前にて待機をお願いいたします。

貼 付： 8：30 ～ 9：00

閲 覧： 9：00 ～ 18：20

個別質問： 17：50 ～ 18：20

## 8. 理事会の開催

日 時 2025 年 11 月 28 日 金曜日 16：00 ～ 18：00

場 所 十文字学園女子大学 巣鴨サテライトキャンパス（十文字中学・高等学校内）

〒 170-0004 東京都豊島区北大塚 1 丁目 10-33

## 9. 大会運営組織

第 26 回大会実行委員会

大会長：竹嶋 伸之輔（十文字学園女子大学）

副大会長：間 陽子（東京大学）、飯村 九林（十文字学園女子大学）

実行委員長：松浦 遼介（東京大学）、副実行委員長：永田 文宏（東京大学）



## 10. 交通案内

(1) 理事会会場： 巣鴨サテライトキャンパス

〒170-0004 東京都豊島区北大塚1丁目10-33 十文字中学・高等学校内  
最寄りの駅は4駅から利用でき、どの駅からも徒歩で約5分で到着します。

JR 山手線 大塚駅（北口より）－徒歩5分

JR 山手線 巣鴨駅（正面口より）－徒歩5分

都営三田線 巣鴨駅（A2出口より）－徒歩5分

都電荒川線 大塚駅前駅－徒歩5分



(2) 日本動物遺伝育種学会第26回大会・シンポジウム会場

〒352-8510 埼玉県新座市菅沢2-1-28

十文字学園女子大学へは、JR 武蔵野線「新座駅」で下車してください。

---

電車をご利用の方へ

時間帯によって最適な経路は異なります。ご出発前に路線検索アプリなどで最新の運行状況や所要時間を必ずご確認ください。

1. 東京駅から

経路	乗り換え	備考
武蔵野線	なし	直通の武蔵野線がありますが、時間がかかります。
中央線快速 → 京浜東北線 → 武蔵野線	赤羽駅、南浦和駅	中央線快速で赤羽駅へ。京浜東北線に乗り換え南浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
京浜東北線 → 武蔵野線	南浦和駅	京浜東北線で南浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
中央線 → 武蔵野線	西国分寺駅	中央線で西国分寺駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
池袋駅 → 東武東上線 → 徒歩 → 武蔵野線	池袋駅、朝霞台駅 / 北朝霞駅	JR で池袋駅へ。東武東上線に乗り換え朝霞台駅へ。北朝霞駅まで徒歩で移動し、武蔵野線に乗り換え新座駅へ。朝霞台と北朝霞駅はとても近いです。

2. 大宮駅から

経路	乗り換え	備考
武蔵野線	なし	「むさし野号」など、新座駅まで直通する武蔵野線が数本運行しています。
京浜東北線 → 武蔵野線	南浦和駅	京浜東北線で南浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
埼京線快速 → 武蔵野線	武蔵浦和駅	埼京線快速で武蔵浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。

3. 羽田空港から

経路	乗り換え	備考
電車：京急線 → 京浜東北線 → 武蔵野線	品川駅（または泉岳寺駅）、南浦和駅	京急空港線特急で品川駅へ。京浜東北線に乗り換え南浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
電車：京急線 → 山手線 → 埼京線 → 武蔵野線	品川駅、新宿駅、武蔵浦和駅	京急空港線特急で品川駅へ。山手線に乗り換え新宿駅へ。埼京線に乗り換え武蔵浦和駅へ。武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
リムジンバス（所沢線）→ 武蔵野線	東所沢駅	エアポートリムジン（所沢・羽田空港線）を利用し、東所沢駅で降車後、武蔵野線に乗り換え新座駅へ。
リムジンバス（浦和線）→ 武蔵野線	武蔵浦和駅	エアポートリムジン（浦和・羽田空港線）を利用し、武蔵浦和駅西口で降車後、武蔵野線に乗り換え新座駅へ。

## 最寄り駅からのアクセス

JR 武蔵野線「新座駅」下車後、徒歩で約 8 分です。



新座駅から十文字学園女子大学まで



## 1 1. 会場案内

### 7号館1階カフェテリア

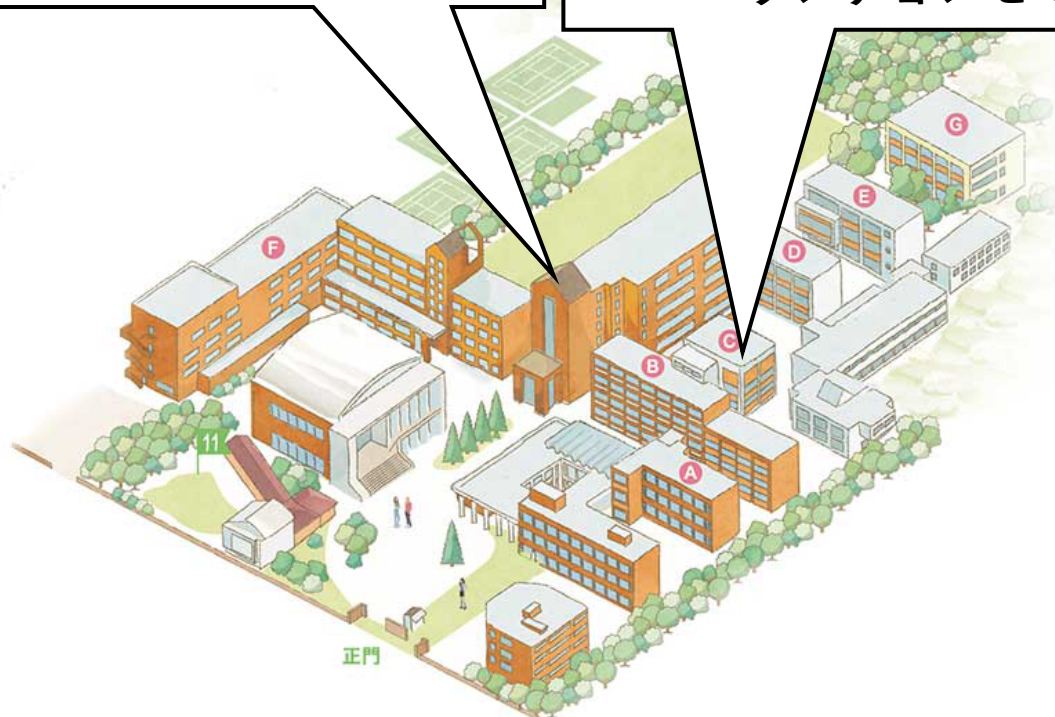
- ・ポスター会場
- ・研究交流会
- ・企業展示
- ・休憩スペース

### 4号棟3階：431室

- ・講演会場
- ・総合受付

### 4号棟2階：422室

- ・ランチョンセミナー



# プログラム

## シンポジウム

## 匂いと生命システム

11月30日(日)9:00～12:30

十文字学園女子大学 4号棟3階431教室

座長：横井 伯英（京都大学）竹嶋 伸之輔（十文字学園女子大学）

講演（1）多様な嗅覚行動をつかさどる分子・細胞・回路メカニズム 9:05～10:05  
吉原 良浩（理化学研究所 脳神経科学研究センター・システム分子行動学研究チーム）

講演（2）匂いがつくる脳と身体のリズム ～脳機能画像と活動量から見た香りの作用～ 10:10～11:10  
小長井 ちづる（十文字学園女子大学 人間生活学部 健康栄養学科）

講演（3）様々な匂いの感知を可能にする嗅細胞の多様性創出の分子基盤 11:15～12:15  
廣田 順二（東京科学大学 バイオサイエンスセンター・生命理工学院）

総合討論 12:15～12:30

## ランチョンセミナー 牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

11月29日(土)11:40～12:40

十文字学園女子大学 4号棟2階422教室

座長：大上 光明（株式会社ニッポンジーン）

（1）株式会社ニッポンジーンの会社、製品紹介  
大上 光明（株式会社ニッポンジーン）

（2）牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！  
（i）新規牛伝染性リンパ腫発症予測診断技術の確立とそれが拓く未来  
間 陽子（東京大学大学院農学生命科学研究科）  
（ii）牛伝染性リンパ腫ウイルス定量法 BLV-CoCoMo qPCR 法の新展開  
綿貫 園子（東京大学大学院農学生命科学研究科）

提供・共催：株式会社ニッポンジーン

## 口頭発表

- (1) 特別賞選考対象演題の口頭発表 (S) 11月29日(土) 9:00～11:34 (4号棟3階431教室)
- (2) 一般演題口頭発表 (I～II) 11月29日(土) 12:45～14:55 (4号棟3階431教室)
- (3) 一般演題口頭発表 (III～IV) 11月29日(土) 15:45～17:46 (4号棟3階431教室)
- (4) ポスター発表 (個別質疑) 11月29日(土) 17:50～18:20 (7号館1階・カフェテリア)

### (1) 特別賞選考対象演題の口頭発表

9:00～10:12 座長：笹崎晋史（神戸大学）、福井えみ子（宇都宮大学）

#### S-01 黒毛和種体外受精胚の割球分離方法の違いが胚全ゲノム増幅産物を用いた着床前遺伝子検査の評価精度に及ぼす影響

○福澤陽生（家畜改良センター）、吉岡 一（家畜改良センター）、竹田将悠規（家畜改良センター）、阿部 剛（家畜改良センター）

#### S-02 黒毛和種牛の骨格筋由来脂肪前駆細胞の分取および脂肪細胞への分化誘導手法の検討

○各務里彩（京大院農）、Hiba Javaid（京大院農）、稲垣翔太（京大院農）、渡邊りお（京大院農）、平野亘（京大院農）、小川伸一郎（京大院農）、横井伯英（京大院農）

#### S-03 全ゲノムリシーケンスデータを利用したウシ脂肪酸組成に関わる“High” impact SNP の網羅的探索

○中橋洸稀（神戸大院農）、川口美岐（神戸大院農）、万年英之（神戸大院農）、笹崎晋史（神戸大院農）

#### S-04 First comparative analysis of bovine leukemia virus prevalence, proviral load, and *BoLA-DRB3* allele distribution in China and Japan

○王靖源（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、Aronggaowa Bao（東大院農）、Rania Hamada（東大院農）、山田剛史（東大院農）、福士法子（東大院農）、Samy Metwally（東大院農）、曲光剛（中国濱兽研）、王长江（中国濱兽研）、王金良（中国濱兽研）、王学波（绿都生物）、沈志强（绿都生物）、董林（濱兽研）、間陽子（東大院農）

#### S-05 黒毛和種における産肉性に関わる遺伝子多型および肥育中期のVA制限と体重推移および肉質等級との関連性

○吉田桃菜（宇都宮大院地域創生科学）、江連穰（栃木県畜産酪農研究センター）、永井友香理（栃木県畜産酪農研究センター）、星一美（栃木県畜産酪農研究センター）、松本浩道（宇都宮大農）、福井えみ子（宇都宮大農）

#### S-06 黒毛和種におけるロバートソン転座保有状況の調査

○高野樹（岡山大院環境生命自然科学）、田中和明（麻布大学獣医学部）、長江麻佑子（岡山大院環境生命自然科学）辻岳人（岡山大院環境生命自然科学）

#### S-07 演題取り消し

- S-08 ベトナム水牛 *MTNR1A* 遺伝子変異を導入した野生由来マウス系統における雌性生殖機能の解析  
○長江麻佑子(岡山大院環境生命自然)、Nguyen Thanh Thuy(岡山大院環境生命自然、Faculty of Animal Sciences and Veterinary Medicine, University of Agriculture and Forestry, Hue University)、松崎瀬奈(名古屋大院生命農)、上野山賀久(名古屋大院生命農)、辻岳人(岡山大院環境生命自然)
- S-09 QTL-seq 法による合成系統豚トウキョウ X のメラノーマ発症関連領域の探索  
○大栗宙(東農大院農)、高橋剛(東農大農)、高橋幸水(東農大農)、平間俊吾(東京都青梅畜産セ)、松本徹郎(東京都青梅畜産セ)、桂川ゆきの(東京都青梅畜産セ)、山田真菜(東京都青梅畜産セ)、塗本雅信(家畜改良事業団)、伊藤智仁(家畜改良事業団)、荻野敦(家畜改良事業団)、島貫伸一(家畜改良事業団)、田原岳(家畜改良事業団)、古川力(東農大院農)、小林栄治(農研機構畜産部門)、野村こう(東農大農)
- 10:14 ~ 11:34 座長：下桐猛(鹿児島大学)、野村こう(東京農業大学)
- S-10 コウベモグラ(*Mogera kobeeae*) の繁殖管理に向けた分子的性判別法の開発  
○李 受恩(東海大農)、益田すう(東海大農)、今井早希(東海大農)、佐藤佑介(東海大農)、櫻村 敦(東海大農)、松本大和(東海大農)
- S-11 魚類の鱗に対する紫外線の影響解析  
○小西むつ望(十文字学園女子大)、飯村九林(十文字学園女子大)
- S-12 マルチバレントな抗ウイルス薬探索のためのヒトコロナウイルスおよびインフルエンザウイルスを用いたラパマイシン標的タンパク質複合体 1 の阻害効果の検証試験  
○山田剛史(東大院農)、松浦遼介(東大院農)、綿貫園子(東大院農)、松本安喜(東大院農)、萩原恭二(理研 CSRS)、宮武秀行(理研 BSI)、間陽子(東大院農)
- S-13 mtDNA と *SRY* 遺伝子配列を用いたモーリシャス在来ヤギの遺伝構造と伝播経路の推定  
○中谷百花(神戸大院農)、増子諒(神戸大院農)、笹崎晋史(神戸大院農)、川口美岐(神戸大院農)、山本義雄(広島大院統合生命)、下桐猛(鹿児島大共同獣医)、Gobindram NE(モーリシャス FAREI)、万年英之(神戸大院農)
- S-14 遅発性芦毛の検査法開発および日本サラブレッド集団における調査  
○川手皓貴(競走馬理化学研究所)、古川梨紗子(競走馬理化学研究所)、菊地美緒(競走馬理化学研究所)、石毛太郎(競走馬理化学研究所)、戸崎晃明(競走馬理化学研究所)、梶裕永(競走馬理化学研究所)
- S-15 Characterization of hypervariable *PRDM9* gene in Mongolian and Japanese native horses  
○Onontuul Ganbaatar(Okayama University, Mongolian University of Life Sciences), Le Nu Anh Thu(Okayama University of Science, Hue University), Liushiqi Borjigin(Okayama University of Science), Okuda Yu(Okayama University of Science), Saipolda Togtorbay(Mongolian University of Life Sciences), Rentsenkhand Jargalsaikhan(Mongolian University of Life Sciences), Enkhmanlai Ganbaatar(Mongolian University of Life Sciences), Badamsuren Batsukh(Mongolian University of Life Sciences), Khosbagana Tumurbaatar(Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Takehito Tsuji(Okayama University), Tetsuo Kunieda(Okayama University)
- S-16 PLINK と COLONY を用いた閉鎖集団であるトカラ馬中之島分集団の親子判定  
○吉原知子(鹿児島大学共同獣医学部)、石毛太郎(競走馬理化学研究所)、山下紀幸(鹿児島大学共

同獣医学部)、畠添孝(鹿児島大学共同獣医学部)、三角一浩(鹿児島大学共同獣医学部)、川手皓貴(競走馬理化学研究所)、菊地美緒(競走馬理化学研究所)、古川梨紗子(競走馬理化学研究所)、戸崎晃明(競走馬理化学研究所)、梶裕永(競走馬理化学研究所)、帆保誠二(鹿児島大学共同獣医学部)

**S-17 日本鶏 4 品種の初期成長における品種差および性差**

○西田 悠真(帯畜大畜産)、岡田 優明(帯畜大畜産)、Dipson Gyawali(帯畜大畜産)、後藤 達彦(帯畜大畜産)

**S-18 日本鶏の骨格形質における品種差**

○岡田 優明(帯畜大畜産)、Dipson Gyawali(帯畜大畜産)、西田 悠真(帯畜大畜産)、Ogunwale Emmanuel Tope(帯畜大畜産)、近藤 大輔(帯畜大獣医)、岩崎 遼太(帯畜大獣医)、後藤 達彦(帯畜大畜産)

**S-19 集団ゲノム解析による琉球在来鶏の起源と歴史の解明**

○藤原篤弥(広島大学生物生産学部)、高田勝(農業生産法人有限会社今帰仁アグー)、西堀正英(広島大学生物生産学部)、呉佳斎(広島大学生物生産学部)、米澤隆弘(広島大学生物生産学部)

(2) 一般演題口頭発表 (I ~ II)

**I ゲノム情報と複雑形質解析による経済形質の育種戦略**

12:45 ~ 13:50 座長: 谷口雅章(農業・食品産業技術総合研究機構)、米澤隆弘(広島大学)

**I-01 血統情報を用いた基礎世代における SNP アレル頻度推定に関する検討:**

黒毛和種雌牛の一集団を例に

○小川 伸一郎(京大院農)、造田 篤(JA 全農 ET 研)、香川 梨乃(JA 全農 ET 研)、白澤 篤(JA 全農 ET 研)、谷 政秀(JA 全農 ET 研)、横井 伯英(京大院農)

**I-02 ゲノムワイド SNP データに基づく広島和牛集団の遺伝的特徴と時代的変遷について**

○今井佳積(広島県総合技術研究所 畜産技術センター、広島大学大学院 統合生命科学研究科)、呉佳斎(広島大学大学院 統合生命科学研究科)、柴田愛梨(広島県総合技術研究所 畜産技術センター)、山根瑞穂(広島県総合技術研究所 畜産技術センター)、竹明日向花(広島県総合技術研究所 畜産技術センター)、日高健雅(広島県総合技術研究所 畜産技術センター)、佐々木慎二(琉球大学 亜熱帯農林環境科学科)、西堀正英(広島大学大学院 統合生命科学研究科)、河野幸雄(広島県総合技術研究所 畜産技術センター)、万年英之(神戸大学大学院 農学研究科)、米澤隆弘(広島大学大学院 統合生命科学研究科)

**I-03 豚ランドレース種の繁殖および産肉形質における *FSHR* 遺伝子の一塩基置換効果と選抜に伴う遺伝子型頻度の変化**

○松永のどか(家畜改良センター)、門脇宏遠(家畜改良センター)、佐藤優菜(家畜改良センター)、平山裕理(家畜改良センター)、阿部 剛(家畜改良センター)、福澤陽生(家畜改良センター)

**I-04 黒毛和種の枝肉重量と歩留に関する局所的遺伝相関を利用したゲノミック評価**

○松田洋和(家畜改良事業団)、荻野敦(家畜改良事業団)、渡邊敏夫(家畜改良事業団)、須藤聖映(家畜改良事業団)、黒木一仁(家畜改良事業団)

**I-05 北海道黒毛和種牛枝肉における脂肪酸組成の遺伝的パラメータの推定**

○鈴木洋美(道総研畜試)、木村聡志(元道総研畜試、現全国和牛登録協会)、大井幹記(道総研畜試)、山本祐介(元北海道酪農畜産協会)、巻口達也(北海道酪農畜産協会)、片山陽介(北海道酪農畜産協会)、岸大輔(北海道酪農畜産協会)、酒井稔史(道総研畜試)



**I-06 アンサンブル学習を用いたルーメン細菌叢からのメタン排出量予測**

石橋朋大（龍谷大農）、〇小野木章雄（龍谷大農）

**I-07 無限分裂ウシ顆粒層細胞の樹立**

〇白らんらん（岩手大農）、高橋美波（宮城大学食産）、小林仁（宮城大学食産）、永塚貴弘（東北大院農）、松坂ひまり（岩手大理工）、尾崎拓（岩手大農）、菅野江里子（岩手大農）、富田浩史（岩手大農）、清野透（佐々木研究所、国立がん研究センター）、徐遇安（順天堂大院医学）、河村和弘（順天堂大院医学）、仲川清隆（東北大院農）、福田智一（岩手大農）

**I-08 Establishment of three bovine leukemia virus (BLV) stably-infected human cell lines demonstrating viral latency and silencing**

〇 Samy Metwally (Laboratory of Global Infectious Diseases Control Science, Grad. Sch. Agricul. Life Sci., Univ. Tokyo, Japan, Department of Infectious Diseases & Epidemics, Damanhour University, Egypt), Yoko Aida (Laboratory of Global Infectious Diseases Control Science, Grad. Sch. Agricul. Life Sci., Univ. Tokyo, Japan)

**II 在来品種の保全と持続的利用：遺伝的多様性・進化史・環境適応**

13:50 ~ 14:55 座長：戸崎晃明（競走馬理化学研究所）、後藤達彦（帯広畜産大学）

**II-01 Morphometric evaluation of indigenous naked neck, full feathered and frizzle chickens from Bangladesh**

〇 Mohammad Aminul Islam (Department of Dairy and Poultry Science, Gazipur Agricultural University, Gazipur-1706, Bangladesh, Graduate School of integrated Science for Life, Hiroshima University, 1-4-4 Kagamiyama, Higashi-hiroshima 739-8528, Japan), Masahide Nishibori (Graduate School of integrated Science for Life, Hiroshima University, 1-4-4 Kagamiyama, Higashi-hiroshima 739-8528, Japan)

**II-02 Population Genetic Study for Unraveling Evolutionary History and Morphological Traits of Bangladesh Native Chicken**

〇 Md Altafur RAHMAN<sup>1</sup>, Masahide NISHIBORI (Graduate School of Innovation and Practice for Smart Society, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8529, Japan, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan), Kazushi MASUDA (Graduate School of Innovation and Practice for Smart Society, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8529, Japan), Md Nazmul HAQUE (Department of Genetics and Animal Breeding, Sylhet Agricultural University, Sylhet-3100, Bangladesh), Mohammad Aminul ISLAM (Department of Dairy and Poultry Science, Gazipur Agricultural University, Gazipur-1706, Bangladesh), Jiaqi WU (Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan), Takahiro YONEZAWA (Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan)

**II-03 Genetic characterization of Mongolian native horse using the Myostatin (*MSTN*) gene**

〇 Rentsenkhand Jargalsaikhan (Mongolian University of Life Sciences), Liushiqi Borjigin (Okayama University of Science), Okuda Yu (Okayama University of Science), Shimura Yusuke (Okayama University of Science), Onontuul Ganbaatar (Okayama University, Mongolian University of Life Sciences), Saipolda Togtorbay (Mongolian University of Life Sciences), Enkhmanlai Ganbaatar

(Mongolian University of Life Sciences), Badamsuren Batsukh (Mongolian University of Life Sciences), Khosbagana Tumurbaatar (Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Nurmuhamed Burshahbay (Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Urjin Battulga (Mongolian University of Life Sciences), Sanjdorj Khishigt (Mongolian University of Life Sciences), Tetsuo Kunieda (Okayama University)

**II-04 モンゴル在来馬の毛色に関する遺伝学的研究**

○陸拾七（岡理大・獣医）奥田ゆう（岡理大・獣医）、村井将樹（岡理大・獣医）、Ganbaatar Onontuul（岡大院・環生、モンゴル生命科学大・畜産）、Togtorbay Saipolda（モンゴル生命科学大・畜産）、Jargalsaikhan Rentsenkhand（モンゴル生命科学大・畜産）、Ganbaatar Enkhmanlai（モンゴル生命科学大・畜産）、Batsukh Badamsuren（モンゴル生命科学大・畜産）、Tumurbaatar Khosbagana（モンゴル畜産研）、Burshakhbay Nurmuhamed（モンゴル畜産研）、Battulga Urjin（モンゴル生命科学大・獣医）、Khishigt Sanjdorj（モンゴル生命科学大・畜産）、国枝哲夫（岡大院・環生）

**II-05 日本鶏 4 品種が示す従順性行動の多様性**

○後藤達彦（帯畜大）、Prudence Nyirimana（帯畜大）、Dipson Gyawali（帯畜大）、佐々木凌玖（帯畜大）、Emmanuel Tope Ogunwale（帯畜大）

**II-06 北海道和種馬の毛色と関わる SNP のゲノムワイドな探索 —とくに粕毛形質に着目して—**

○田中陸（酪農大）、河合正人（北大 FSC）、白井興一（北海道和種馬保存協会）、天野朋子（酪農大）

**II-07 対州馬集団を特徴づける SNP マーカーの同定に向けて**

○石毛太郎（競走馬理化学研究所）、吉原知子（鹿児島大学共同獣医学部）、川手皓貴（競走馬理化学研究所）、菊地美緒（競走馬理化学研究所）、古川梨紗子（競走馬理化学研究所）、戸崎晃明（競走馬理化学研究所）、梶裕永（競走馬理化学研究所）

**II-08 ラオス在来牛における飢餓環境適応遺伝子の探索**

○八木田颯汰（東農大院農）、高橋剛（東農大農）、高橋幸水（東農大農）、小林栄治（農研機構畜産）、天野卓（東農大）、野村こう（東農大農）

(3) 一般演題口頭発表 (III ~ IV)

**III ウイルスの宿主遺伝学と遺伝性疾患の分子病態**

15:45 ~ 16:50 座長：松本大和（東海大学）、白らんらん（岩手大学）

**III-01 *BoLA-DRB3* Polymorphism Associated with Bovine Leukemia Virus Infection and Proviral Load in Cattle Breeds in Egypt**

○Rania Hamada（東大院農、Damanshour 大学）、Samy Metwally（東大院農、Damanshour 大学）、松浦遼介（東大院農）、Liushiqi Borjigin（理研）、Chieh-Wen Lo（東大院農）、Alsagher Ali（South valley 大学）、Adel Elsayed（South valley 大学）、竹嶋伸之輔（十文字学園女子大）、和田智之（理研）、間陽子（東大院農）

**III-02 精液およびその後代を用いた PVL 上昇関連 SNP による発症リスク評価**

○包阿榮高娃（東大院農）、叶穎宝（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、永田文宏（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、松本安喜（東大院農）、庭野あゆは（川田獣医科医院）、川田隆作（川田獣医科医院）、間陽子（東大院農）

**III-03 品種に基づく牛伝染性リンパ腫ウイルスの感染状況と疾患感受性の全国調査**

○松浦遼介（東大農院）、王靖源（東大農院）、福士法子（東大農院）、綿貫園子（東大農院）、  
Bao Aronggaowa（東大農院）、山田剛史（東大農院）、Rania Hamada（東大農院）、  
松本安喜（東大農院）、小原潤子（北海道立総合研究機構 畜産試験場）、鈴木康則（農工大農院）、  
前澤誠希（東大農院）、Bai Lanlan、（岩手大農院）、間陽子（東大農院）

**III-04 BoLA 領域のターゲットリシーケンス法による牛伝染性リンパ腫のプロウイルス量を制御する  
マーカーの探索**

○永田文宏（東大院農）、Chieh-wen Lo（東大院農）、斎藤督（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、  
松浦遼介（東大院農）、松本安喜（東大院農）、細道一善（東京薬科大学）、佐々木慎二（琉球大学）、  
竹嶋伸之輔（十文字学園女子大学）、間陽子（東大院農）

**III-05 骨形成不全症が疑われる黒毛和種新生子牛について遺伝的変異検出の試み**

○田原岳（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、宮崎義之（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、  
佐々木彩乃（北里大学獣医学部 付属動物病院）、前田洋佑（北里大学獣医学部 付属動物病院）、  
荻野敦（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、塗本雅信（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）

**III-06 改良型 BLV-proviral-capture sequencing 法を用いた解析により明らかとなった牛伝染性リンパ  
腫ウイルス実験感染牛における牛伝染性リンパ腫ウイルスゲノム配列の特徴**

○福士法子（東大院農）、中土亜由美（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、  
包阿榮高娃（東大院農）、松本安喜（東大院農）、岩内陽子（東京薬科大）、細道一善（東京薬科大）、  
間陽子（東大院農）

**III-07 牛伝染性リンパ腫ウイルス抵抗性・感受性牛を用いた感染実験の RNA-seq 解析による牛伝染性  
リンパ腫発症関連宿主因子の同定**

○綿貫園子（東大院農）、中土亜由美（JA 全農）、包阿榮高娃（東大院農）、相馬順一（JA 全農）、  
大角貴幸（JA 全農）、松浦遼介（東大院農）、福田智一（岩手大学）、細道一善（東京薬科大学）、  
松本安喜（東大院農）、間陽子（東大院農）

**III-08 乳用牛の遺伝的不良形質「BLIRD」と表型成績間の関連**

○馬場俊見（日ホ北支局）、後藤裕作（日ホ北支局）、川上純平（日ホ北支局）、岡太郎（日ホ協会）

**IV 非家畜種における分子遺伝学的知見の応用と生物モデルの開発**

16:50 ~ 17:46 座長：菊池潔（東京大学）、松浦遼介（東京大学）

**IV-01 魚類の鱗や鱗様組織の形成機構の解析**

○飯村九林（十文字学園女子大学）

**IV-02 局所 PCA を利用した魚介類の性決定領域の検出**

大森識照（東京大学水産実験所）、喜納泰斗（東京大学水産実験所）、平瀬祥太郎（東京大学水産実験所）、  
細谷将（東京大学水産実験所）、○菊池潔（東京大学水産実験所）

**IV-03 アユの縄張り形成性における遺伝的パラメータの季節変化**

佐藤渉（東北大院農）、山田学（福島内水試）、○中嶋正道（東北大院農）

**IV-04 *Foxe3* ハイボモルフにおける白内障を修飾する複数の遺伝子**

○石田有輝（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、高橋 諒（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、古郡真宗（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、吉川欣亮（東京都医学総合研究所・先端基礎医科学研究分野）、和田健太（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）

**IV-05 無眼球ラット、NAK の低体重遺伝子座と病態特性**

○落合弘光（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、原 菜摘（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、和田健太（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）

**IV-06 セイヨウミツバチの衛生行動関連遺伝子座の探索**

○端崎 開（東農大院農）、大前 恵吾（東農大院農）、高橋 幸水（東農大農）、高橋 剛（東農大農）、小林 栄治（農研機構畜産部門）、野村 こう（東農大農）

**IV-07 西中国山地個体群ツキノワグマの DNA 個体識別および親子鑑定による生態モニタリング**

○増田 和志（広島大学大学院スマートソサイエティ実践科学研究院）、廣瀬 雅恵（広島大学大学院統合生命科学研究科）、呉 佳斎（広島大学大学院統合生命科学研究科）、米澤 隆弘（広島大学大学院統合生命科学研究科）、畑瀬 淳（広島市安佐動物公園）、野田亜矢子（広島市安佐動物公園）、西堀 正英（広島大学大学院スマートソサイエティ実践科学研究院、広島大学大学院統合生命科学研究科）

# シンポジウム要旨

## 匂いと生命システム

1. 多様な嗅覚行動をつかさどる分子・細胞・回路メカニズム  
吉原 良浩（理化学研究所）
2. 匂いがつくる脳と身体のリズム  
～脳機能画像と活動量から見た香りの作用～  
小長井 ちづる（十文字学園女子大学）
3. 様々な匂いの感知を可能にする嗅細胞の多様性創出の分子基盤  
廣田 順二（東京科学大学）
4. 総合討論

座長： 横井 伯英（日本動物遺伝育種学会 会長）  
竹嶋 伸之輔（第 26 回大会 大会長）

## シンポジウム 匂いと生命システム

### 多様な嗅覚行動をつかさどる分子・細胞・回路メカニズム

吉原 良浩 理化学研究所 脳神経科学研究センター



#### 【要旨】

嗅覚は、餌を探し出す、交配相手を見つける、親子・仲間を識別する、危険から逃避するなど、すべての生物において個体の生存や種の保存に直結する重要な化学感覚である。外界に存在する多種多様な匂い分子が嗅細胞で受容され、その情報が嗅球さらには高次嗅覚中枢へと伝達・処理されて、嗅覚イメージの形成、快・不快の情動創出、特異的な行動の発現、さらには匂い記憶の成立へと至る。これまでに私たちはゼブラフィッシュを用いて、餌の匂いへの誘引行動、性フェロモンによって誘起される求愛行動、警報フェロモンが惹起する忌避行動、匂いと報酬の連合記憶を司る嗅覚神経機能素子の同定と神経回路メカニズムの解明へ向けての研究を行ってきた。

本講演では、まずゼブラフィッシュ嗅覚系の神経回路基盤を概説し、次に策餌行動・性行動・危険回避行動の嗅覚メカニズムについて紹介する。特に傷ついた魚が仲間の魚に危険を知らせる警報フェロモンとして機能する2つの新規物質の発見を中心に解説する。

#### 【略歴】

1984 年 京都大学薬学部卒業  
1989 年 京都大学大学院薬学研究科博士課程修了（薬学博士）  
1989-1991 年 大阪バイオサイエンス研究所 神経科学部門 特別研究員  
1992-1998 年 大阪医科大学 医化学教室 助手・講師・助教授  
1998-2018 年 理化学研究所 脳科学総合研究センター チームリーダー  
2004 年 - 現在 長岡技術科学大学 生物機能工学課程 客員教授  
2018 年 - 現在 理化学研究所 脳神経科学研究センター チームディレクター  
2020 年 - 現在 理化学研究所 脳神経科学研究センター 副センター長  
2021-2023 年 日本味と匂学会 会長

## シンポジウム 匂いと生命システム

### 匂いがつくる脳と身体のリズム ～脳機能画像と活動量から見た香りの作用～

小長井 ちづる 十文字学園女子大学



#### 【要旨】

ある香りを嗅いだときに、気分が落ち着いたり昔の記憶が呼び起こされるといった経験は誰にでもある。匂いの刺激は外界の化学的シグナルとして大脳辺縁系に直接伝わり、感情や記憶にかかわる部位に作用して、情動を変化させたり記憶をよみがえらせる。さらに、嗅覚刺激は脳のはたらきを安定させたり活発にさせることで、自律神経を通じて心身の機能を調節する。すなわち、匂いは生体リズムや睡眠など生命システムの恒常性維持にも深く関わっていると考えられる。

脳のはたらきを観察する方法は、主に脳の神経活動を直接観察する方法（脳波（EEG）や脳磁図（MEG）など）と、神経活動に伴う血液動態の変化を観察する方法（ポジトロン断層撮影法（PET）、単一光子放射断層撮影（SPECT）、機能的磁気共鳴画像法（fMRI）、近赤外線分光法（NIRS）など）に大別される。これらのうち、脳波や近赤外線分光法は、非侵襲的で測定コストも比較的低いため、健康な者を対象とする健康科学分野の研究において、脳機能の賦活や鎮静の状態をモニターする方法として利用しやすい。

睡眠評価の方法としては、脳波や心電図、筋電図などの生体活動を同時にモニターする終夜睡眠ポリグラフ（PSG）がゴールドスタンダードであるが、近年は簡易的方法として活動量測定（アクチグラフィー）も用いられている。これは、PSG との高い相関が確認されており、簡便かつ長期間にわたり測定可能な、比較的信頼性の高い方法である。

一般に、香りの効果については依然として主観的評価に依る部分が大きいが、われわれの研究グループは、脳機能画像法や活動量測定を用いて匂いが生体活動に与える影響を客観的に検討してきた。今回は、主にこれらの方法を活用して得られた結果を紹介し、匂い刺激が脳機能の変化と行動リズムの双方に関係し、生命システムのリズム調整に関与している可能性について述べる。

今後は、匂いの感受性や嗜好の個人差を考慮しながら、匂い刺激が生理・行動リズムに及ぼす影響をより詳細に検討し、日常生活の質や健康維持への応用につなげていきたい。

#### 【略歴】

2000 年	日本女子大学 家政学部 食物学科 食物学専攻 卒業
2002 年	日本女子大学大学院 家政学研究科 食物・栄養学専攻 修士課程 修了
2002 年	日本女子大学 家政学部 食物学科 非常勤助手 杏林大学 医学部 精神神経科学教室 実験助手
2013 年	杏林大学 博士（医学）
2014 年	新渡戸文化短期大学 生活学科 食物栄養専攻 准教授
2017 年	十文字学園女子大学 人間生活学部 健康栄養学科 准教授

## シンポジウム 匂いと生命システム

### 様々な匂いの感知を可能にする嗅細胞の多様性創出の分子基盤

廣田 順二 東京科学大学



#### 【要旨】

私たちは、日常的に芳しい香りから嫌な臭いまで様々な匂いに出会い、それらを意識下または無意識下のうちに感じとっている。こうした匂い物質の感知・識別にかかわる感覚が嗅覚である。視覚優位となったヒトでは嗅覚の重要性が認識される機会は多くないが、ほとんどの動物にとって嗅覚は最も重要な感覚として機能する。例えば、食物の探索行動、天敵などの危険からの回避行動、子育て行動など、生命維持や種の保存に関わる行動の多くが嗅覚に依存する。嗅覚を失った動物は、これらの行動をとることができず、自然界では生き残ることも子孫を残すことも難しい。

一般的に匂い分子は、分子量数 100 以下の低分子有機化合物であり、その数は 10 万種類以上と推定されている。この膨大な数の匂い分子を感知し、識別する嗅覚受容体は、ゲノム上最大の遺伝子ファミリーを形成する。その数はマウスにおいて約 1,100 個、実にマウスの全遺伝子の約 5% を占める。視覚優位となったヒトでは、嗅覚受容体遺伝子の多くは機能を失い偽遺伝子化しているが、それでも機能的なヒト嗅覚受容体遺伝子は約 400 個（ヒトの全遺伝子の約 2%）も存在し、ヒトにおいても最大の遺伝子ファミリーであることに変わりはない。では、この巨大な遺伝子ファミリーを形成する嗅覚受容体は、嗅細胞でどのように使われ、多様な匂い分子を感知しているのか？本講演では、遺伝子レベルからみた匂いの感覚の仕組みについて、我々の最近のマウスを用いた研究成果を交えながら紹介する。

【参考文献】Hirota and Mombaerts, PNAS (2004) 101(23), 8751-8755; Hirota et al. Mol Cell Neurosci (2007) 34(4), 679-688; Iwata et al. Nat Commun (2017) 8(1):885; Enomoto et al. Commun Biol (2019) 2 (1):296; Iwata et al. Sci Rep (2021) 11(1):510; Kondo et al. Curr Biol (2025) 35(1) 21-35

#### 【略歴】

1990 年	東京工業大学 工学部 生物工学科 卒業
1992 年	東京工業大大学院 生命理工学研究科 修士課程 修了
1995 年	東京工業大大学院 生命理工学研究科 博士課程 修了 博士（工学）
1995 年	科学技術振興事業団 ERATO 御子柴細胞制御プロジェクト研究員
2000 年	米国ロックフェラー大学 博士研究員（Peter Mombaerts） Human Frontier Science Program, Long-Term Fellow
2005 年	大阪府立大学 理学系研究科 生物科学専攻 助教授
2008 年	東京工業大学 バイオ研究基盤支援総合センター 准教授
2021 年	東京工業大学 生命理工学院 教授
2024 年	東京科学大学 生命理工学院 教授 東京科学大学 副理事・副学長



# ランチオンセミナー要旨

牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

提供・共催

株式会社ニッポンジーン

(1) 株式会社ニッポンジーンの会社、製品紹介

大上 光明 (株式会社ニッポンジーン)

(2) 牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

(i) 新規牛伝染性リンパ腫発症予測診断技術の確立とそれが拓く未来

間 陽子 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

(ii) 牛伝染性リンパ腫ウイルス定量法 BLV-CoCoMo qPCR 法の新展開

綿貫 園子 (東京大学大学院農学生命科学研究科)

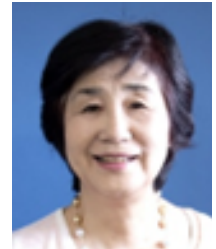
座長 大上 光明 (株式会社ニッポンジーン)

# 牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

## 新規牛伝染性リンパ腫発症予測診断技術の確立とそれが拓く未来

間 陽子

東京大学大学院農学生命科学研究科 地球規模感染症制御学講座



### 【要旨】

牛伝染性リンパ腫 (EBL) は、我が国の牛の届出伝染病の 80%以上を占めている重要疾患である。本疾患は牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) によって惹起される血液の腫瘍（リンパ腫／白血病）であり、有効な治療法やワクチンが存在しないため、BLV の感染率と発症率は増加の一途をたどっている。最近我々は、リンパ腫発症と体内ウイルス量の上昇に対して感受性と抵抗性主要組織適合性複合体 (BoLA) -DRB3 アレルを発見し、プロウイルス量が低値を示し発症し難い抵抗性アレルを有する“抵抗性牛”と、反対の“感受性牛”の存在とその効果を初めて明らかにした。BLV が蔓延している我が国において、経済的損失を最小限に抑えながら BLV の清浄化を進めていくためには既存の対策に加えて、この“疾患感受性の個体差”という新たな視点から、3つの新しい予防対策を提唱している。①抵抗性牛を BLV 感染牛と陰性牛の間に配置して新規陽転を防ぐ生物学的防壁として活用し、感受性牛を排除する「BLV 清浄化対策」、②発症・プロウイルス量が上昇しない抵抗性種牛を活用する「育種戦略」、そして、③感受性牛のプロウイルス量の低下させる「ワクチン戦略」。

しかしながら、EBL は病原体に加えて、宿主側の遺伝的要因と環境要因が複雑に絡み合って発症する“多因子性疾患”であるため、新技术を駆使して様々な BLV の新規牛伝染性リンパ腫発症関連一塩基置換 (SNP) を同定し、新規ジェノタイピング法を確立し、これらを組み合わせたより精度の高い“総合的発症予測診断基準パネル”を策定し、実用化を進めている。さらに、独創的な人工知能 (AI) の構築に成功し、既存のタイピング情報、年齢や農場情報などを組み合わせることで、より多様な農家に適合した革新的な発症予測診断技術の道を拓いた。

### 【略歴】

1985 年	北海道大学大学院獣医学研究博士課程修了 獣医学博士（北海道大学）
1985 年	日本学術振興会特別研究員
1986 年	理化学研究所研究員
2001 年	同 分子ウイルス学研究ユニットリーダー
2007 年	同 分子ウイルス学特別研究ユニットリーダー
2021 年	東京大学大学院農学生命科学研究科 特任教授（現在に至る）

# 牛伝染性リンパ腫対策の新技术に迫る！

## 牛伝染性リンパ腫ウイルス定量法 BLV-CoCoMo qPCR 法の新展開

綿貫 園子

東京大学大学院農学生命科学研究科 地球規模感染症制御学講座



### 【要旨】

病態進行やウイルス伝播リスクの指標となる牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) プロウイルス量 (PVL) を測定可能なリアルタイム定量 PCR(qPCR) 法は、高度に蔓延した BLV 清浄化の実現に向けて重要な技術である。しかし、本手法は煩雑な操作を必要とするため、簡便かつ迅速な検査技術が求められている。これまでに我々は、Coordination of Common Motif (CoCoMo) アルゴリズムにより未知を含めた全ての BLV 変異株を検出可能な縮重プライマーセットと TaqMan MGB プローブを用いて、BLV LTR 領域と宿主因子 *BoLA-DRA* 遺伝子を別ウェルで測定し、細胞数あたりの PVL を正確に定量可能な BLV-CoCoMo-qPCR 法を開発した。そして近年、検査作業の労力、時間およびコストの削減を狙い、同一のウェルで 2 つの遺伝子を同時に検出可能な BLV-CoCoMo-Dual-qPCR 法 (Dual-CoCoMo 法) の開発に成功し、製品化した。加えて、さらなる検査作業の負担軽減および効率化を図り、BLV 遺伝子検査薬では世界初となる Dual-CoCoMo 法の乾燥試薬を株式会社ニッポンジーンと共同で開発した。これにより、検査作業の負担軽減だけでなく、室温での輸送・保管が可能となることから、世界のあらゆる場所での検査が可能となる。本発表ではこれらの研究成果や Dual-CoCoMo 法における DNA 抽出法の検討について紹介する。

### 【略歴】

2016 年 3 月	東京農業大学 農学部 畜産学科 卒業
2018 年 3 月	東京大学大学院農学生命科学研究科 農学国際専攻 修士課程修了
2018 ～ 2022 年	株式会社タウンズ 開発部 研究員
2025 年 3 月	東京大学大学院農学生命科学研究科 農学国際専攻 博士課程修了
2023 年～ 2025 年	日本学術振興会 特別研究員 (DC2)
2025 年 4 月～現在	東京大学大学院農学生命科学研究科 特任研究員

# 要 目

## S-01 黒毛和種体外受精胚の割球分離方法の違いが胚全ゲノム増幅産物を用いた着床前遺伝子検査の評価精度に及ぼす影響

○福澤陽生（家畜改良センター）、吉岡 一（家畜改良センター）、竹田将悠規（家畜改良センター）、阿部 剛（家畜改良センター）

近年、胚の一部を全ゲノム増幅（WGA）することで、遺伝子解析が可能となっている。このとき、供するサンプルによって遺伝子型判定の精度が異なることが知られている。黒毛和種においては、有用な遺伝子が知られており、着床前に遺伝子型判定することで育種の効率化を図れる可能性がある。本研究では、着床前遺伝子型検査の可能性を検討するため、異なる割球分離方法で作出した胚サンプルでその評価精度を調べた。

【材料と方法】黒毛和種体外受精胚の2細胞期胚から割球分離して各1割球を胚盤胞まで発育させてWGAしたBS 2-cell区、8細胞期胚から分離した1割球をWGAしたBS 8-cell区の2区を比較した。各区ともWGAに供した胚細胞のペア細胞から胚移植により子牛を生産し、その毛根からDNAを抽出した。胚WGA産物および子牛毛根DNAそれぞれについて、増体性、肉質および疾病に関連する8種の遺伝子型をqPCR法により判定した。着

床前遺伝子型検査の評価精度は、胚WGA産物の遺伝子型判定結果を予測値、子牛の毛根から抽出したDNAの遺伝子型判定結果を正解値とし、混合行列から正解率、再現率、適合率およびF1値を計算した。

【結果と考察】BS 2-cell区では、胚WGA産物と子牛毛根DNAとの遺伝子型判定結果に齟齬がみられず、いずれの評価指標も100%であった。BS 8-cell区では、判定不能（6～33%）あるいは子牛毛根DNAの遺伝子型判定との不一致（0～11%）により正解率は、50～94%、再現率は50～94%、適合率は50～94%、F1値は50～94%であった。以上の結果から、2細胞期胚から割球分離して各1割球を胚盤胞まで発育させる方法では、着床前遺伝子型検査が可能であることが明らかとなった。一方、8細胞期の胚から割球分離する方法については追究が必要と考える。

## S-02 黒毛和種牛の骨格筋由来脂肪前駆細胞の分取および脂肪細胞への分化誘導手法の検討

○各務里彩（京大院農）、Hiba Javid（京大院農）、稲垣翔太（京大院農）、渡邊りお（京大院農）、平野亘（京大院農）、小川伸一郎（京大院農）、横井伯英（京大院農）

【目的】黒毛和種牛の優れた脂肪交雑の形成メカニズム解明には、骨格筋由来脂肪前駆細胞を用いた研究が不可欠である。しかし、黒毛和種牛の骨格筋から脂肪前駆細胞を分取し、高効率で安定的に脂肪細胞へ分化誘導する方法は確立されていない。本研究では、黒毛和種牛の骨格筋由来脂肪前駆細胞の分取および脂肪細胞への分化誘導手法について検討した。

【方法】京都大学農学研究科附属牧場で肥育され、京都食肉市場にて屠畜された黒毛和種去勢肥育牛より、頸最長筋および皮下脂肪を採取した。頸最長筋中の脂肪および皮下脂肪をハサミで細切し、コラゲナーゼ処理後に遠心分離を行い、沈殿として頸最長筋および皮下脂肪由来の間質血管細胞群（SVF）を得た。得られた2種類のSVFを線維芽細胞成長因子とウシ胎仔血清（FBS）を含む増殖培地で培養後、一度継代し、得られた細胞を候補脂肪前駆細胞群とした。この細胞群を上記増殖培地で

80%コンフルエントに達するまで培養後、FBS、3-イソブチル-1-メチルキサンチン、デキサメタゾン、インスリン、オレイン酸、パルミチン酸およびアスコルビン酸に加えて、ウシ血清アルブミン（BSA）を質量パーセント濃度0、1、2、3、4および5%添加した6種類の分化誘導培地で12日間培養し、Oil Red O染色により脂肪細胞への分化程度を評価した。

【結果】2種類の候補脂肪前駆細胞群に対する分化誘導の結果、BSA非添加区では明瞭な脂肪滴が観察されず、BSA1%添加区以上では明瞭な脂肪滴が認められたが、3%添加区以上では細胞の肥大化や剥離がみられた。また、BSA1%添加区と比較して2%添加区では、より大きな脂肪滴が観察された。以上より、黒毛和種牛の骨格筋から脂肪前駆細胞を含む細胞群が分取できること、分化誘導培地への適度な濃度のBSA添加によって、効率的に脂肪細胞へ分化誘導できることが示唆された。

### S-03 全ゲノムリシーケンスデータを利用したウシ脂肪酸組成に関わる“High” impact SNP の網羅的探索

○中橋洸稀（神戸大院農）、川口英岐（神戸大院農）、万年英之（神戸大院農）、笹崎晋史（神戸大院農）

【背景・目的】本研究は、黒毛和種の全ゲノム塩基配列データ（リシーケンスデータ）に基づく「annotation-impact」に着目し、その中でも遺伝子の機能への影響度が最も高い“High”に分類されるSNPを対象に、黒毛和種の脂肪酸組成に関連する多型の探索を行った。

【材料・方法】現場後代検定調査牛8個体より得られた全ゲノムリシーケンスデータから、HIGHの多型を抽出後、フィルタリングを行い、計652遺伝子1061多型を検出した。次に、Vieira *et al.* (2024) のシステマティックレビューにより、ウシ脂肪酸組成への関連が示唆された496遺伝子と、本研究の対象652遺伝子との重複を調査した結果、18遺伝子28多型が抽出された。そのうち本研究では3遺伝子3多型を検証多型として選出した。それら3多型について、KASP法を用い現場後代検定調

査牛664頭における遺伝子型判定を実施し、統計解析により脂肪酸組成に対する効果の検証を行なった。

【結果・考察】候補多型として、*SLC38A9* の start\_lost 多型 c.2T>C、*ACOX2* の stop\_gained 多型 c.22C>T、*ZDHHC3* の start\_lost 多型 c.3G>C を選出した。遺伝子型判定の結果、各多型のマイナーアレル頻度はそれぞれ、0.38、0.09、0.03であった。脂肪酸組成に対する関連解析の結果、*SLC38A9* の start\_lost 多型において、C16:1 および MUFA に有意な関連が見られた。*SLC38A9* は、脂肪酸の合成や取り込みに関わる *mTORC1* 経路を上流より制御する膜貫通タンパク質である。そのため、本多型が脂肪酸組成に影響した可能性が考えられた。今後は、本多型のさらなる検証に加えて、未検証の候補多型についても効果の検証を実施する予定である。

### S-04 First comparative analysis of bovine leukemia virus prevalence, proviral load, and *BoLA-DRB3* allele distribution in China and Japan

○王靖源（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、Aronggaowa Bao（東大院農）、Rania Hamada（東大院農）、山田剛史（東大院農）、福士法子（東大院農）、Samy Metwally（東大院農）、曲光剛（中国滨兽研）、王长江（中国滨兽研）、王金良（中国滨兽研）、王学波（绿都生物）、沈志强（绿都生物）、董林（滨兽研）、閻陽子（東大院農）

【Background】Bovine leukemia virus (BLV) is a retrovirus that causes enzootic bovine leucosis, which is a common neoplastic disease in cattle. The prevalence and proviral load (PVL) of BLV, as well as the association of *BoLA-DRB3* polymorphisms with BLV infection, have been extensively studied in Japan. However, no studies have examined the associations between *BoLA-DRB3* alleles and BLV infection or PVL in Chinese cattle. In this study, we conducted the first comparative analysis of BLV prevalence, PVL, and *BoLA-DRB3* allele distribution of cattle breeds in China and Japan

【Material and Method】Blood samples were collected from 288 Holstein and 303 Angus cattle from 3 farms in Shandong Province, China. And 352 Holstein cattle from 6 farms were collected in Japan. BLV infection was analyzed by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and CoCoMo-qPCR, respectively. *BoLA-DRB3* alleles were identified using PCR sequence-based typing method. Association study was conducted using Fisher's exact test.

【Result】China's cattle rank as the third-largest beef producer worldwide, with 6.09 million dairy cattle and 99.92 million beef cattle. Therefore, we selected

Angus as beef cattle and Holstein as dairy cattle to test the BLV prevalence in China. All tested Angus cattle were BLV-negative. By contrast, Holstein cattle show an overall prevalence of 20.5%. Next, to compare the prevalence between Chinese and Japanese Holstein, BLV was detected in all 6 farms, and prevalence is 72.4%, indicating Chinese Holstein prevalence is lower than that of Japanese. However, the mean PVL was 33,568 and 22,695 copies/10<sup>5</sup> cells in Chinese and Japanese Holstein cattle, respectively. Third, In Chinese Holstein cattle, *DRB3*\*011:01 and \*014:01:01 were resistant to BLV infection and PVL, respectively. No susceptible alleles were detected. In Japanese Holstein cattle, *DRB3*\*001:01 and \*012:01 were classified as susceptible alleles, while \*015:01, \*009:02, and \*14:01:01 were classified as resistant alleles.

【Discussion】BLV prevalence, PVL, and *BoLA-DRB3* allele distributions differ between Chinese and Japanese Holstein cattle. All Angus cattle were BLV-negative, due to strict quarantine measures. Susceptible alleles were only found in Japanese Holstein cattle; therefore, expanding the Chinese Holstein sample size is recommended to improve study accuracy.

## S-05 黒毛和種における産肉性に関わる遺伝子多型および肥育中期の VA 制限と体重推移および肉質等級との関連性

○吉田桃菜（宇都宮大院地域創生科学）、江連穠（栃木県畜産酪農研究センター）、永井友香理（栃木県畜産酪農研究センター）、星一美（栃木県畜産酪農研究センター）、松本浩道（宇都宮大農）、福井えみ子（宇都宮大農）

【背景】黒毛和種の枝肉重量および BMS 成績は、ゲノミック育種価の導入により向上した。その結果、集団内で増体向上の *GH* 遺伝子 A アリル、および MUFA 向上の *SCD* 遺伝子 C アリルの出現頻度が上昇した。一方、*NCAPG* 遺伝子型と増体との関連については明らかとなっていない。また肥育では、脂肪交雑の増加を目的としたビタミン A(VA) 制限の飼料が用いられている。しかし、VA 制限は生産性の低下を招く恐れがあるため、増体および BMS 成績との関連については検討が必要である。そこで本研究では、*GH*、*SCD* および *NCAPG* 遺伝子に着目し、各遺伝子型と個体の体重推移および VA 制限との関連を解析することを目的とした。

【方法】栃木県畜産酪農研究センターの黒毛和種去勢肥育牛 24 頭の *GH*、*SCD*、および *NCAPG* 遺伝子の多型解析を行った。肥育中期 (18 ～ 23 カ月齢) における血中 VA 濃度は、VA 制限群、VA 中間群、および VA 充足群の

各 8 頭において、それぞれ 40 IU/dL 以下、50 ～ 80 IU/dL、および 80 IU/dL 以上とした。遺伝子型との関連解析は、生時体重、肥育中期の VA 投与量と一日平均増体量、および BMS 成績について行った。

【結果】生時体重の平均値は、*GH* 遺伝子型 (AA、AB) および *NCAPG* 遺伝子型 (GG、TG) をもつ 13 頭において 37.2kg であり、他の遺伝子型をもつ 11 頭 (32.7kg) と比較して有意に高かった ( $p<0.01$ )。また肥育中期の一日平均増体量において、遺伝子型間ではほぼ差が認められなかった。一方で、VA 中間群 (1.01kg)、VA 充足群 (0.94kg)、VA 制限群 (0.80kg) の順に高い傾向が認められた。さらに、VA 制限と BMS 成績については、VA 制限群において高い傾向が認められたものの、VA 投与群においても *SCD* 遺伝子の C アリルをもつ個体の BMS 成績は高い傾向が認められた。

## S-06 黒毛和種におけるロバートソン転座保有状況の調査

○高野樹（岡山大院環境生命自然科学）、田中和明（麻布大学獣医学部）、長江麻佑子（岡山大院環境生命自然科学）辻岳人（岡山大院環境生命自然科学）

【背景・目的】ロバートソン転座は 2 本のアクロセントリック染色体が融合して 1 本の染色体を形成することにより生じる染色体構造異常であり、ヘテロ接合型では不均衡な配偶子が形成されることがある。1990 年代の報告では、ある県の黒毛和種集団でロバートソン転座が高頻度（繁殖雌牛 13.2%、種雄牛 22.7%）で検出され、雌雄いずれにおいても受胎率の低下が報告されている。しかしこれ以降、継続的な核型解析は実施されておらず、現在の黒毛和種における保有状況は明らかでない。近年、黒毛和種では繁殖成績低下が課題とされ、このロバートソン転座が影響しているかもしれない。そこで、本研究では現在の黒毛和種におけるロバートソン転座保有状況の調査を行った。

【材料・方法】A 県 46 頭、B 県 121 頭、C 県 55 頭、計 222 頭の黒毛和種（種雄牛 47 頭、繁殖雌牛 175 頭）について調査を行った。末梢血リンパ球から染色体標本を

作製し、C 分染法および G 分染法での核型解析によりロバートソン転座の有無を確認した。

【結果・考察】核型解析の結果、A 県および B 県の計 167 頭ではロバートソン転座保有個体は検出されなかった。C 県では繁殖雌牛 25 頭に保有個体は検出されなかったが、種雄牛 30 頭中 1 頭において染色体数の減少および X 染色体以外のサブメタセントリック染色体が 1 本観察され、ヘテロ接合型ロバートソン転座が確認された。さらに G 分染法により、この転座は黒毛和種で報告されている 7 番と 21 番染色体の融合 [rob(7;21)] であることが確認され、産子においても同様の転座が観察された。これらの結果から、調査した地域におけるロバートソン転座保有率は過去の報告よりも低く、現在の黒毛和種では減少傾向にある可能性が示唆された。一方、種雄牛にて検出されたためさらなる調査が必要であり、また黒毛和種に特有の rob(7;21) が残存していることは興味深い。

## S-07 演題取り消し

## S-08 ベトナム水牛 *MTNR1A* 遺伝子変異を導入した野生由来マウス系統における雌性生殖機能の解析

○長江麻佑子 (岡山大院環境生命自然)、Nguyen Thanh Thuy (岡山大院環境生命自然、  
Faculty of Animal Sciences and Veterinary Medicine, University of Agriculture and Forestry, Hue  
University)、松崎瀬奈 (名古屋大院生命農)、上野山賀久 (名古屋大院生命農)、辻岳人 (岡山大院環境生命自然)

【目的】水牛は発展途上国で役用・乳肉生産に使われる有用な家畜であるが、季節繁殖性を示し、発情兆候の発現が乏しく繁殖性が低いため、生産性向上が課題である。我々はベトナム在来水牛から繁殖性に関連する一塩基バリエーションを探索し、メラトニン受容体 1A 遺伝子 (*MTNR1A*) に新規ナンセンス変異を同定した。メラトニンの作用喪失が繁殖性に与える影響を解明するため、メラトニン合成能を有する野生由来マウス系統 (MSM/Ms) に同変異をノックイン (KI) した。哺乳類における卵胞発育は、視床下部弓状核キスペプチンニューロンが性腺刺激ホルモン放出ホルモン (GnRH) のパルス状分泌を介して制御する。本研究では、*Mtnr1a* KI 雌マウスの繁殖機能を解析した。

【方法】*Mtnr1a* 野生型、KI ヘテロ型、ホモ型雌マウスに卵巣除去を行い、卵巣重量を測定した。卵巣除去 1 週間

後に採血し、血中黄体形成ホルモン (LH) 濃度を測定した。灌流固定後に脳・下垂体を採取し、脳切片ではキスペプチン遺伝子 (*Kiss1*) の in situ hybridization を行い、発現細胞数と発現強度を定量した。下垂体では GnRH 受容体遺伝子 (*Gnrhr*)、LH  $\beta$  サブユニット遺伝子 (*Lhb*)、卵胞刺激ホルモン  $\beta$  サブユニット遺伝子 (*Fshb*) を定量的逆転写 PCR により測定した。

【結果】*Mtnr1a* KI ホモ型では、野生型に比べ弓状核 *Kiss1* 発現細胞数が減少傾向を示し、発現強度が有意に減少した。下垂体では *Gnrhr* が減少傾向、*Lhb* が有意に低下した。*Fshb*、血中 LH 濃度、卵巣重量に有意差はなかった。ヘテロ型は全項目で野生型と差を示さなかった。以上より、*Mtnr1a* ナンセンス変異は弓状核 *Kiss1* 発現および下垂体の GnRH 応答性を低下させるが、卵巣機能や繁殖性には影響を及ぼさないことが示唆された。



## S-09 QTL-seq 法による合成系統豚トウキョウ X のメラノーマ発症関連領域の探索

○大栗宙（東農大院農）、高橋剛（東農大農）、高橋幸水（東農大農）、平間俊吾（東京都青梅畜産セ）、松本徹郎（東京都青梅畜産セ）、桂川ゆきの（東京都青梅畜産セ）、山田真菜（東京都青梅畜産セ）、塗本雅信（家畜改良事業団）、伊藤智仁（家畜改良事業団）、荻野敦（家畜改良事業団）、島貫伸一（家畜改良事業団）、田原岳（家畜改良事業団）、古川力（東農大院農）、小林栄治（農研機構畜産部門）、野村こう（東農大農）

【背景・目的】メラノーマはヒトや動物に認められる皮膚に発生する悪性腫瘍である。ブタではデュロック種などの有色系品種で発症頻度が高いことが知られているが、遺伝的背景は未解明な点が多い。トウキョウ X でも発症家系が確認され、発症個体は経済的損失の要因となっている。本研究では、QTL-seq 法を用いた全ゲノム多型解析により、ブタのメラノーマ発症に関与するゲノム領域の網羅的探索と疾患関連候補遺伝子の特定を目的とした。

【材料・方法】メラノーマ疾患豚（15 頭）、同一家系の非疾患きょうだい（15 頭）、非血縁の健常豚（20 頭）を選抜し、各個体から等量の DNA を混合して 3 群のプールを作製した。プール毎平均 30 倍のカバレッジで全ゲノムをリシーケンスし、*Sus scrofa* 11.1 にマッピング後、リード数とともに SNP および InDel を抽出した。さらに疾患群と健常群、および疾患群ときょうだい群の 2 組で

Δ SNP-index を算出し、両者で共通して高値を示す領域を疾患関連候補領域とした。

【結果・考察】QTL-seq 法により、8 本の染色体（1,2,3,4,6,12,13,15）上に統計的閾値を超える疾患関連候補領域を検出した。これらのうち 6、12 番染色体上の領域は、先行研究でも報告されており、異なる集団でもメラノーマ発症に関与する有力な領域と思われた。また、残る 6 領域は本研究で新たに見いだされた候補領域と考えられた。検出した領域内には細胞増殖に関わる MAPK 経路（*DUSP23*, *MAPK7*）、DNA 修復を担うゲノム安定性（*MSH3*, *ALKBH5*）、T 細胞の活性化に関わる免疫制御（*CTLA4*, *CD28*）など、ヒトのメラノーマとの関連が報告されている遺伝子が多く含まれており、比較腫瘍学的観点からも疾患関連遺伝子の特定に向けた重要な知見が得られた。

## S-10 コウベモグラ (*Mogera kobae*) の繁殖管理に向けた分子的性別法の開発

○李 受恩（東海大農）、益田すう（東海大農）、今井早希（東海大農）、佐藤佑介（東海大農）、樫村 敦（東海大農）、松本大和（東海大農）

【目的】コウベモグラは地下生活に高度に適応しており、地下環境における低酸素耐性等を司る分子基盤の解明は学術的に高い価値を持つため、実験動物としての利用が期待されている。しかし、本動物は形態的な特徴による性別が困難なこともあり、これまでに人工繁殖は成功していない。そこで、本動物を実験動物化するための第一段階として、PCR 法を用いた性別法の開発を本研究の目的とした。

【材料と方法】解剖学的に性別を確認したコウベモグラ 5 頭（雄 2 頭、雌 3 頭）およびウシ等雌雄 1 頭ずつを供試した。また、性染色体上に位置し、哺乳類の性別に広く利用されている *AMG* 遺伝子と *SRY* 遺伝子を解析対象とした。参照配列にはヨーロッパモグラ（NW\_023601543, NW\_023601851）を用いた。

【結果】*AMG* 遺伝子の第 4 エクソンを対象に PCR を行った結果、先行研究通りウシ等では雌では 1 本、雄では 2

本のバンドが確認されたが、コウベモグラでは雌雄共に単一のバンドのみが確認された。さらに、本遺伝子の第 4 エクソン、第 1、3 インtron を対象に塩基配列決定を行った結果、調査した領域においては性別による塩基配列の違いは認められなかった。これらの結果はコウベモグラでは Y 染色体上には *AMG* 遺伝子は存在しないことを示唆し、本遺伝子のみを指標とした性別は困難であると考えられた。そこで、*AMG* 遺伝子を X 染色体マーカーとして、*SRY* 遺伝子を Y 染色体マーカーとして各々利用することによって性別を実践したところ、解剖学上の性別と遺伝子型が一致した。更に、両遺伝子を同時に増幅する multiplex PCR の開発を試みたところ、*AMG* 遺伝子と *SRY* 遺伝子のプライマー比を 1:4 とした条件下で、最も明瞭かつ再現性の高い結果が得られた。以上より、分子生物学的手法による本動物の性別が可能であることが示された。

## S-11 魚類の鱗に対する紫外線の影響解析

○小西むつ望（十文字学園女子大）、飯村九林（十文字学園女子大）

【目的】硬骨魚類の鱗は体表を覆う骨組織であり、加工の際は取り除かれ、廃棄される。そのため、鱗のない魚（無鱗魚）を開発できれば、加工が容易となり、廃棄物を削減することができる。紫外線は、DNAを損傷させ、皮膚ガンなどの種々の障害を引き起こす。一方、紫外線照射により器官形成が阻害されることも明らかとなっている。そのため、紫外線を利用することで鱗形成を阻害できる可能性が考えられる。しかし、紫外線の鱗形成に対する影響を解析した研究は皆無である。そこで、無鱗魚の開発を最終目標に、本研究では鱗形成に対する紫外線照射の影響を解析した。

【方法】本研究ではメダカ（*Oryzias latipes*）を用いた。まず、左体側の鱗を抜いた後、0、5、20mJ/cm<sup>2</sup>となるように254 nmの紫外線を照射した。5日間飼育する

ことで鱗を再生させた後、再生鱗を含む皮膚組織を採取し、その構造を観察した。次に、同様に紫外線処理した後、再生1日目の再生鱗を含む皮膚組織を採取した。組織にCPDs抗体を用いた免疫染色を施すことで、DNA損傷部位を検出した。

【結果・考察】再生5日目の組織を解析したところ、0mJ/cm<sup>2</sup>照射群、5mJ/cm<sup>2</sup>照射群では再生鱗が形成されていた。一方、20mJ/cm<sup>2</sup>照射群では鱗再生は認められなかった。これらのことから、紫外線照射量に比例して鱗形成が阻害されることが明らかとなった。免疫染色の結果、20 mJ/cm<sup>2</sup>照射群においては、真皮に免疫陽性反応が認められた。これらのことから、紫外線が真皮のDNAを変性させることで、鱗形成を阻害することが示唆された。

## S-12 マルチバレントな抗ウイルス薬探索のためのヒトコロナウイルスおよびインフルエンザウイルスを用いたラパマイシン標的タンパク質複合体1の阻害効果の検証試験

○山田剛史（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、松本安喜（東大院農）、萩原恭二（理研 CSRS）、宮武秀行（理研 BSI）、間陽子（東大院農）

【背景・目的】現代では様々なウイルス性疾患が蔓延しており、複数のウイルスに効果を示す薬剤が求められている。mammalian Target of Rapamycin Complex 1 (mTORC1) は細胞の増殖や生存に重要な役割を担う一方で、様々なウイルスの複製を促進することが知られている。そのため mTORC1 はマルチバレントな抗ウイルス薬の標的となり得る。本研究ではこれまでに抗がん剤として同定された mTORC1 阻害薬である薬剤 X の抗ウイルス効果を評価した。

【方法・結果】薬剤 X の安全性を評価するため、四種類の細胞株に対する 50% 細胞毒性濃度 (CC<sub>50</sub>) を WST-8 アッセイで測定した結果、CC<sub>50</sub> は 40 ~ 100 μM であった。次にヒトコロナウイルス (HCoV-229E) をヒト胎児肺由来正常線維芽細胞に感染させ、薬剤 X 存在下で 48 時間培養し、Cytopathic effect (CPE) を観察した。その結果、CPE の阻害が認められ、50% 阻害濃度 (IC<sub>50</sub>) は

約 4.7 μM であった。またインフルエンザウイルス (WSN 株) を Madin-Darby Canine Kidney 細胞に感染させ、薬剤 X 存在下で 24 時間培養後に CPE を観察し、上清および細胞中のウイルス RNA 量を RT-qPCR で測定した。結果、薬剤 X は濃度依存的に培養上清中のウイルス RNA 量を減少させ、その IC<sub>50</sub> は約 23.9nM であった。しかし、細胞中の RNA 量に大きな変化は認められなかった。

【考察】薬剤 X は HCoV-229E およびインフルエンザウイルスに対して抗ウイルス効果を示した。培養上清中のウイルス RNA 量が減少した一方で、細胞内 RNA 量に変化が見られなかったことから、薬剤 X はウイルス複製の過程のうち、RNA の翻訳あるいは出芽に影響を及ぼしている可能性がある。本研究の結果は、mTORC1 が複数のウイルス性疾患に対する治療標的となり得ることを示すとともに、マルチバレントな抗ウイルス薬開発の可能性を示唆するものである。

### S-13 mtDNA と *SRY* 遺伝子配列を用いたモーリシャス在来ヤギの遺伝構造と伝播経路の推定

○中谷百花（神戸大院農）、増子諒（神戸大院農）、笹崎晋史（神戸大院農）、川口美岐（神戸大院農）、山本義雄（広島大院統合生命）、下桐猛（鹿児島大共同獣医）、Gobindram NE（モーリシャス FAREI）、万年英之（神戸大院農）

【背景・目的】インド洋に位置する島嶼国であるモーリシャスの在来ヤギの由来はこれまで不明である。本研究ではモーリシャス由来ヤギの遺伝構造を調査し、伝播経路を推定することを目的とした。

【方法】モーリシャス島とロドリゲス島における計 72 個体のモーリシャス在来ヤギを供試し、mtDNA D-loop 領域（481bp）と *SRY* 遺伝子 3'UTR 領域（543bp）の塩基配列決定を行った。その後、先行研究より引用した塩基配列データを加え、mtDNA では NJ 系統樹の作成、塩基多様度の算出、同一ハプロタイプの地域同定、*SRY* 遺伝子ではハプロタイプ頻度を比較した。

【結果】mtDNA 解析：ハプログループ A がモーリシャス島（34/40）とロドリゲス島（32/32）の両島で優勢であった。加えてモーリシャス島では低頻度で B（4/40）と G（2/40）が観察された。塩基多様度はモーリシャス島（0.0162）では旧大陸 16 集団平均（0.0167）と同程

度であったが、ロドリゲス島（0.0052）では極めて低く、また優勢なハプロタイプ（26/32）が観察された。同一ハプロタイプの地域調査では、モーリシャス島の A では主に南アジア、B では南アジア・東南アジア、G では東アフリカとの一致が認められた。ロドリゲス島では南アジアに加え、1 個体でヨーロッパとの一致が確認された。*SRY* 解析：両島で Y1AA（50-79%）と Y2A（14-15%）が観察された。加えてモーリシャス島では Y2B（7%）、ロドリゲス島では Y1AB（35%）が確認された。【考察】本解析の結果から、モーリシャス在来ヤギは南アジアおよびアフリカ南東部の 2 地域から伝播し、特に南アジアからの影響が大きいと考えられた。またロドリゲス島では導入時における強い創始者効果が認められた。以上本研究では、モーリシャス在来ヤギの詳細な伝播過程を示唆することができた。

### S-14 遅発性芦毛の検査法開発および日本サラブレッド集団における調査

○川手皓貴（競走馬理化学研究所）、古川梨紗子（競走馬理化学研究所）、菊地美緒（競走馬理化学研究所）、石毛太郎（競走馬理化学研究所）、戸崎晃明（競走馬理化学研究所）、梶裕永（競走馬理化学研究所）

【背景・目的】ウマの毛色の一つである芦毛は顕性形質であり、加齢に伴い毛色が徐々に白色化する。この形質は、*STX17* 遺伝子第 6 インترونにおける約 4.6 kb 領域（G1 アレル）の 3 回重複（G3 アレル）により生じる。近年、我々は白色化の進行が遅い芦毛 1 家系を日本サラブレッド集団から同定し、「遅発性芦毛」と定義するとともに、その原因が同領域の 2 回重複（G2 アレル）であることを解明したが、同集団中における遅発性芦毛の出現頻度は不明である。一方、芦毛であることを同定する検査法として重複の有無を分析する方法はあるが、重複回数を識別する方法はなく G3 および G2 アレルを識別することができない。そこで本研究は、通常の芦毛と遅発性芦毛の識別が可能となる検査法の開発および日本サラブレッド集団における遅発性芦毛の出現頻度の調査を目的とした。

【方法】従来の重複配列結合部位を検出する方法を簡易にしたリアルタイム PCR（簡易法）、および重複回数を

定量的に解析するデジタル PCR（回数決定法）を開発した。これらの方法を用いて、毛色情報を有する日本のサラブレッド 4,596 頭を対象に調査した。

【結果・考察】簡易法により、すべての馬における重複領域の有無を確認できた。また、従来の方法と回数決定法を並行して実施することにより G1、G2 および G3 アレルを含むすべての遺伝型の推定が可能となった。これらの方法により、調査集団 4,596 頭のうち 1 頭が遅発性芦毛（G1/G2）であることを確認した。以上より、日本のサラブレッド集団内に、極めて稀ながら遅発性芦毛が出現していることが明らかとなった。今回の個体の祖先は通常の芦毛であり、G3 アレルから G2 アレルへの欠失変異によって遅発性芦毛が生じた可能性がある。この欠失変異は既報の別の遅発性芦毛家系においても認められていることから、遅発性芦毛が出現する主要因と考えられた。

## S-15 Characterization of hypervariable *PRDM9* gene in Mongolian and Japanese native horses

○ Onontuul Ganbaatar (Okayama University, Mongolian University of Life Sciences), Le Nu Anh Thu (Okayama University of Science, Hue University), Liushiqi Borjigin (Okayama University of Science), Okuda Yu (Okayama University of Science), Saipolda Togtorbay (Mongolian University of Life Sciences), Rentsenkhand Jargalsaikhan (Mongolian University of Life Sciences), Enkhmanlai Ganbaatar (Mongolian University of Life Sciences), Badamsuren Batsukh (Mongolian University of Life Sciences), Khosbagana Tumurbaatar (Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Takehito Tsuji (Okayama University), Tetsuo Kunieda (Okayama University)

[Background] Horse (*Equus ferus caballus*) has played a crucial role in human life for millennia served as a means of transportation, and as a source of food for meat and milk. We investigated the genetic diversity of *PRDM9* haplotypes among Mongolian and several Japanese indigenous breeds. The *PRDM9* gene is known to be associated with hybrid sterility and speciation. It encodes a Zinc Finger protein that directs meiotic recombination hotspots through sequence-specific DNA binding on mammalian genome. Variations in the number of ZF domains and their amino acid composition alter binding specificity, leading to differences in recombination patterns. evolves rapidly generating diverse allelic differences with distinct DNA-binding affinities.

[Materials and Method] Genomic DNA obtained from seven Mongolian native horse breeds or strains and three Japanese native horse breed was used for genotyping. The region containing the ZF repeat array of the *PRDM9* gene, located on equine chromosome 3, was amplified by PCR and subjected to direct sequencing.

[Result and Discussion] This study revealed that the horses of seven Mongolian breeds carried at least six distinct *PRDM9*

haplotypes: E1, E2, E3, and E4, each with nine ZF repeats, and G1 and G3, each with eleven ZF repeats. In contrast, horses of three Japanese native breeds possessed only E1 and E2 alleles, both comprising nine ZF repeats. These haplotypes were composed of seven distinct ZF domain types, differentiated by amino acid substitutions at positions -2, -1, +3, and +6 within the ZF motifs.

Among the Mongolian breeds, E1, E2, E3 and E4 were found in Tes; E1, E2, and E4 in Darkhad; E1, E4, and G3 in Galshar and Mongol; E1 and E4 in Myangad; and E1 and G1 in GobiShankh. Notably, the E3 allele was unique to the Tes breed. In Japanese breeds, Hokkaido and Taishu carried both E1 and E2, whereas Misaki showed only E1. The overall allele frequencies in Mongolian horses were E1:E2:E3:E4:G1:G3=0.88:0.03:0.025:0.08:0.05:0.03, and in Japanese horses, E1:E2=0.95:0.05.

In conclusion, the ZF repeats of horse *PRDM9*, like those of other mammalian species, exhibit high level of genetic diversity with distinct patterns among Mongolian and Japanese native horse breeds.

## S-16 PLINK と COLONY を用いた閉鎖集団であるトカラ馬中之島分集団の親子判定

○吉原知子（鹿児島大学共同獣医学部）、石毛太一郎（競走馬理化学研究所）、山下紀幸（鹿児島大学共同獣医学部）、畠添孝（鹿児島大学共同獣医学部）、三角一浩（鹿児島大学共同獣医学部）、川手皓貴（競走馬理化学研究所）、菊地美緒（競走馬理化学研究所）、古川梨紗子（競走馬理化学研究所）、戸崎晃明（競走馬理化学研究所）、梶裕永（競走馬理化学研究所）、帆保誠二（鹿児島大学共同獣医学部）

【背景と目的】トカラ馬は鹿児島県トカラ列島原産の日本在来馬で、総数 95 頭が県内 3 カ所（中之島、鹿児島大学付属入来牧場、開門山麓自然公園）で分散飼育されている。中之島集団は急激なボトルネックを経験した約 20 頭の小規模閉鎖集団だが、正確な家系情報が未確認だった。本研究では計画的な交配を目指し、PLINK と COLONY を用いて中之島集団の家系図作成を目的とした。

【材料と方法】2016 年および 2022 年に中之島集団 37 頭から血液を採取し、DNA を抽出した。Illumina Equine 80K SNP array で遺伝型を判定し、PLINK で QC (--chr 1-31, --chr-set 31, --geno 0.01, --hwe 0.001, --mind 0.05) を実施後、maf 条件等を追加し最適条件を模索した。PLINK で IBD 推定 (Z0-Z2, PI\_HAT 値)、COLONY で尤

度に基づく血縁推定を行い、年齢矛盾（生年、繁殖可能年齢、死亡年）・管理記録との矛盾を検討した。

【結果】PLINK では 25267SNP（追加 QC: --maf0.1）、COLONY では 727SNP（追加 QC: --maf0.2, --indep-pairwise 50 5 0.5）で解析を実施した。PLINK で 28 頭の親を特定し、COLONY ではそのうち 27 頭が完全一致、1 頭が片親一致した。COLONY の probability は 0.33-1.00 で、年歴矛盾が 3 件、管理記録矛盾が 8 件見られた。

【考察】適切な QC 条件でフィルタリングすることで、閉鎖集団の中之島集団で親子判定が可能となり、正確な家系情報を知ることができた。COLONY の probability の低さは、閉鎖集団の特徴と考えられた。低 probability ペアは条件を考慮して採用し、これを基に繁殖計画を立案したい。

## S-17 日本鶏 4 品種の初期成長における品種差および性差

○西田 悠真（帯畜大畜産）、岡田 優明（帯畜大畜産）、Dipson Gyawali（帯畜大畜産）、後藤 達彦（帯畜大畜産）

〔目的〕家畜の飼育個体数はニワトリが世界一位であり、鶏卵・鶏肉は誰もが利用可能な食品であるため、ニワトリは多くの研究で用いられている。日本鶏は特異な形態的特徴を示すものが多く、成長や形態形質の遺伝的メカニズムを理解するための優れた実験動物である。品種間の違いを把握することは遺伝解析の第一歩となるが、トサジドリの脚は黄色、ミノヒキチャボは柳色など、成鶏では品種間の明確な差異があるものの、成長初期における経時変化は調べられていない。本研究では、トサジドリ、コシャモ、ミノヒキチャボ、チャボの初期成長における品種差および性差を調べることを目的とした。

〔材料および方法〕トサジドリ雄 11 個体および雌 9 個体、コシャモ雄 13 個体および雌 9 個体、ミノヒキチャボ雄 29 個体および雌 26 個体、チャボ雄 15 個体および雌 16 個体を同一環境で品種別に飼育した。体格 2 形質（体重および脚長）ならびに色彩色差計による脚色 3 形質（L\*、a\*、b\*）の計 5 形質を 0 週から 7 週齢時まで測定した。

品種および性別の効果を調べるために、0 週齢および 7 週齢の 2 時点でそれぞれ二元配置分散分析を行った。品種の差異が成長ステージのいつ頃に出るのか調査するため、品種および週齢の効果を二元配置分散分析で検定した。

〔結果〕0 週齢および 7 週齢の全形質において品種の有意差が認められた。0 週齢の体重、7 週齢の体格 2 形質および脚色 2 形質で性別の有意差が認められた。経時変化の解析によって、体格 2 形質は週齢が進むにつれて増加し、脚色 3 形質は 3 週齢までに品種特異的な変化があり、4 週齢以降はそれぞれの品種で安定した状態が見られた。

〔まとめ〕日本鶏 4 品種の初期成長における品種差および性差が明らかになった。とりわけ、脚色は 3 週齢前後で品種それぞれの特徴が明確になることが明らかとなった。今後は、脚色に関わる遺伝子の発現メカニズムの研究を進めたい。

## S-18 日本鶏の骨格形質における品種差

○岡田 優明（帯畜大畜産）、Dipson Gyawali（帯畜大畜産）、西田 悠真（帯畜大畜産）、Ogunwale Emmanuel Tope（帯畜大畜産）、近藤 大輔（帯畜大獣医）、岩崎 遼太（帯畜大獣医）、後藤 達彦（帯畜大畜産）

〔目的〕ニワトリの骨格に関する研究は、主に卵用鶏や肉用鶏を対象としており、日本鶏に関する報告は限られている。特に肋骨数に着目した研究はほぼなく、その品種差や遺伝的基盤は未解明である。これまでに日本鶏 4 品種（チャボ、コシャモ、オヒキ、トサジドリ）の 7 週齢を調査した結果、教科書記載の 7 対の肋骨に加え、8 対の肋骨を持つ個体が存在し、チャボおよびオヒキでその割合が高いことを明らかにした。本研究では、成鶏における肋骨数の品種差ならびに肋骨数における体格等への効果を明らかにすることを目的とした。

〔材料および方法〕帯畜大畜産大学の家畜実験施設において、チャボ（雄 n=25、雌 n=13）、コシャモ（雄 n=14、雌 n=26）、オヒキ（雌 n=7）、トサジドリ（雄 n=11、雌 n=9）の成鶏を飼育した。CT スキャナを用いた全身撮影および骨格標本の作製により肋骨数を確認し、それぞれの品種における肋骨数の割合を求めた。さらに、体重、脚長、モモ肉、ササミ肉、ムネ肉の重量を測定し、品種、

性別および肋骨数との関連を分散分析で解析した。

〔結果〕成鶏ではオヒキにおいて 8 対の肋骨を持つ個体の割合が 71% と最も高く、チャボでは 7 対（55%）と 8 対（45%）がほぼ同程度であった。一方、コシャモおよびトサジドリでは 7 対の個体が多数（71～85%）を占めた。肋骨数における性差は認められなかったが、その他の形質では性差が認められた。体重、脚長、ムネ肉重量において肋骨数の有意な効果があったが、ササミおよびモモ肉重量では有意な効果はなかったことから、肋骨数の変異は、体格およびムネ肉重量に関与することが示唆された。上記より、日本鶏には肋骨数の多様性が存在し、遺伝的に制御されているものと考えられた。

〔まとめ〕日本鶏 4 品種の成鶏における肋骨数の品種差ならびに肋骨数における体格等への効果が明らかになった。今後は、ブタの椎骨数に関与する *VRTN* 遺伝子等の候補遺伝子の解析を行う予定である。

## S-19 集団ゲノム解析による琉球在来鶏の起源と歴史の解明

○藤原篤弥（広島大学生物生産学部）、高田勝（農業生産法人有限会社今帰仁アグー）、  
西堀正英（広島大学生物生産学部）、呉佳斎（広島大学生物生産学部）、米澤隆弘（広島大学生物生産学部）

琉球諸島は、アジア大陸から日本列島への動植物や家畜の伝播経路を考えるうえで、非常に重要な地域である。近代にはいるまで琉球諸島は日本本土とは独自の歴史を歩んできたため、琉球在来鶏は日本本土の在来鶏とは異なる起源や独自の遺伝的特徴を保持している可能性がある。沖縄本島の品種群（タウチー、チャーン、琉球古地鶏）では活発的に研究が進められている一方で、その周辺の島々では現在でも多くの未記載集団が存在し、これらについてはほとんど研究が進んでいない。ごく最近、これらの未記載集団の mtDNA を用いた系統解析が行われたが、母系情報に限定されており、集団全体の遺伝的構造は未解明のまま残されている。そのため琉球在来鶏の伝播史の全体像を解明するためには、全ゲノム解析が必要である。本研究では、これらの未記載集団に加えて、日本本土の在来鶏や中国・韓国をはじめとする世界の在来鶏の全ゲノム解析を通じて、琉球在来鶏の系統進化史を解明することを目的としている。

与那国島集団、石垣島集団、奄美大島集団からそれぞれ2個体ずつランダムに選び、第二世代シーケンサー（イルミナ社 NovaSeq）により全ゲノム配列の決定を行った。これに加えて軍鶏、タウチー、小国、東天紅、尾長鶏、黒柏、薩摩鶏、声良、蜀鶏、韓国在来鶏の全ゲノム配列（各集団5~6個体）と地鶏（チャーン、琉球古地鶏を含む12品種96個体）のRAD-seq データを併せて解析した。こうして得られた配列はアダプター配列を除去したのち、クオリティコントロールを行い、微生物のコンタミネーション配列を除外したうえで、ニワトリの参照ゲノム配列（Galgal7）に Mapping した。BCFTOOLS プログラムにより SNP calling（変異個所の抽出）を行い global vcf ファイルを生成した。これにより得られたデータを Wang *et al.* (2020) のデータを基礎とする Galbase 上の世界の在来鶏・セキショクヤケイ 928 個体のサンプルデータと統合したうえで集団ゲノム解析を実施した。本発表ではその成果を報告する。

## I-01 血統情報を用いた基礎世代における SNP アレル頻度推定に関する検討： 黒毛和種雌牛の一集団を例に

○小川 伸一郎（京大院農）、造田 篤（JA 全農 ET 研）、香川 梨乃（JA 全農 ET 研）、白澤 篤（JA 全農 ET 研）、  
谷 政秀（JA 全農 ET 研）、横井 伯英（京大院農）

【目的】血統情報とゲノムワイドな一塩基多型 (SNP) マーカーを併用する育種価予測法においては、血統情報にもとづく相加的血縁行列 (A 行列) と SNP 遺伝子型情報を用いたゲノム関係行列 (G 行列) との適合性が重要となる。この適合性は、G 行列構築に必要な SNP アレル頻度の計算方法に依存すると考えられる。本研究では、黒毛和種雌牛の一集団を対象に、血統情報を用いた一般化最小二乗法 (GLS) により基礎世代の SNP アレル頻度を推定するとともに、アレル頻度の推定結果を用いて G 行列を構築し、A 行列との適合性を評価した。

【方法】反復採卵記録を有する黒毛和種雌牛 2,006 頭を対象とした。うち 1,190 頭は、36,531 箇所の SNP マーカーに関する遺伝子型判定情報を有した。記録をもつ個体から最大で 5 世代遡った際に登場した 4,886 頭分に関する血統情報にもとづき A 行列を構築した。各遺伝子型は、1,190 頭におけるマイナーアレル保有数 (0、1、2)

に数値変換した。数値化した遺伝子型を目的変数、全平均を目的変数、誤差構造に A 行列を仮定した GLS 分析の結果から、各 SNP の基礎世代におけるアレル頻度を推定した。基礎世代におけるアレル頻度の推定値および 1,190 頭におけるアレル頻度の計算値をそれぞれ用いて VanRaden の方法 1 にもとづき G 行列を構築し、A 行列と比較した。

【結果】アレル頻度の基礎世代における推定値および 1,190 頭を用いた計算値との相関は 0.96 であった。アレル頻度の推定値と計算値の差は最大で 0.17 であった。A 行列要素との相関は、対角・非対角ともに推定値を用いた G 行列の方が 1 に近かった。A 行列と G 行列との行列ノルムは、推定値を用いた方が小さかった。したがって、本研究においては、基礎世代におけるアレル頻度の推定結果を用いた方が、A 行列と G 行列の適合性は高いと判断された。

## I-02 ゲノムワイド SNP データに基づく広島和牛集団の遺伝的特徴と時代的変遷について

○今井佳積（広島県総合技術研究所 畜産技術センター、広島大学大学院 統合生命科学研究科）、呉佳斎（広島大学大学院 統合生命科学研究科）、柴田愛梨（広島県総合技術研究所 畜産技術センター）、山根瑞穂（広島県総合技術研究所 畜産技術センター）、竹明日向花（広島県総合技術研究所 畜産技術センター）、日高健雅（広島県総合技術研究所 畜産技術センター）、佐々木慎二（琉球大学 亜熱帯農林環境科学科）、西堀正英（広島大学大学院 統合生命科学研究科）、河野幸雄（広島県総合技術研究所 畜産技術センター）、万年英之（神戸大学大学院 農学研究科）、米澤隆弘（広島大学大学院 統合生命科学研究科）

今日の広島和牛の育種改良では、県在来の岩倉蔓系統の遺伝資源を守りつつ時代のニーズに対応しうる産肉能力を備えた種雄牛の造成が行われている。その一方で広島和牛の遺伝的特徴や、育種改良の歴史に伴った変遷に関する研究は進んでいない。本研究は、広島和牛の遺伝的特徴とその変遷を明らかにすることを目的として、集団ゲノム解析により国内の黒毛和種や世界の牛品種のデータと比較した。解析には広島県産歴代種雄牛（広島集団）146 頭、全国黒毛和種個体（日本参照集団）48 頭および世界の 143 牛品種 4102 頭のゲノムワイド SNP データを用いた。全集団での系統樹を推定した結果、広島集団と日本参照集団は東アジアの韓牛や中国延辺牛とともに一つのクラスターを形成した。F<sub>3</sub> 統計量も同様に韓牛、中国延辺牛の順に高かった。次に海外品種からの混血の度合いを定量化するために F<sub>4</sub> 統計量を推定した。

広島集団と比較して日本参照集団では、Brown Swiss, Finnish Ayrshire, Holstein 等明治期に日本に導入された品種と強い遺伝的交雑のシグナルを示し、広島集団は相対的に混血の影響が限定的であると推察された。また日本国内での和牛集団構造を評価するため、日本参照集団と、出生年に基づき昭和・平成・令和の 3 コホートに分類した広島集団に対して主成分分析を行い、各コホートの遺伝的特徴の違いを調査した。日本参照集団と広島集団昭和コホートの遺伝的分散は小さい値を示したが、平成コホートは遺伝的分散が大きく日本参照集団と一部重なっていた。平成期の全国的な同一方向の育種改良が行われた結果、ゲノム全体でその影響を受けている可能性が示唆される一方で、令和コホートの一部が昭和コホートと重なり、県在来の血統を活用した種雄牛造成の取組みを反映していると考えられた。

## I-03 豚ランドレース種の繁殖および産肉形質における *FSHR* 遺伝子の一塩基置換効果と選抜に伴う遺伝子型頻度の変化

○松永のどか（家畜改良センター）、門脇宏遠（家畜改良センター）、佐藤優菜（家畜改良センター）、平山裕理（家畜改良センター）、阿部 剛（家畜改良センター）、福澤陽生（家畜改良センター）

豚肉生産コスト低減のため、母豚の繁殖性向上が求められている。*FSHR* は卵胞刺激ホルモンの受容体に関連する遺伝子で、産子数向上に寄与することが知られている。家畜改良センター茨城牧場では豚ランドレース種の集団について産子数を対象に育種改良を進めてきた。本研究では、この集団で *FSHR* の効果を確認するとともに、選抜に伴う遺伝子型頻度の変化を調査した。

【材料と方法】2015～2024 年生まれの豚 610 頭の繁殖記録と 1035 頭の産肉記録を用いた。繁殖形質は総産子数、生存産子数および死産数、産肉形質は一日平均増体重、背脂肪厚およびロース芯面積の 6 形質を分析した。*FSHR* の遺伝子型は qPCR 法により判定した。各形質について、年×群（母数）、検定方法（産肉のみ、母数）、性（産肉のみ、母数）、体重（産肉のみ、共変量）、個体の育種価（変量）および誤差（変量）に加えて *FSHR* の相加的効果（共変量）と優性効果（共変量）を含むモデ

ルと含まないモデルで、アニマルモデル AI-REML 法により分散成分を推定し、母数効果の解を得た。

【結果と考察】*FSHR* の効果は総産子数および生存産子数で 0.75 頭および 0.7 頭といずれも有意な効果が認められ ( $p<0.05$ )、相加的遺伝分散に占める遺伝子型分散の割合は 12% および 14% であった。その他の形質では *FSHR* 遺伝子の効果は有意でなかった ( $p>0.05$ )。 *FSHR* 優良型のアレル頻度は、集団の育種改良を開始した 2015 年は 40% で、毎年向上して 2020 年には 80% に達したが、近年は横ばいに推移していた。以上、*FSHR* 遺伝子は豚の繁殖形質の改良に有効で、産肉形質には影響を及ぼさないことを確認した。本集団では生存産子数の育種改良に伴って *FSHR* が優良型で固定が進んでいた。しかし近年は、優良型の固定化が進んでいないため、マーカーアシスト選抜が必要と考えられた。

## I-04 黒毛和種の枝肉重量と歩留に関する局所的遺伝相関を利用したゲノミック評価

○松田洋和（家畜改良事業団）、荻野敦（家畜改良事業団）、渡邊敏夫（家畜改良事業団）、  
須藤聖映（家畜改良事業団）、黒木一仁（家畜改良事業団）

【目的】黒毛和種において、枝肉重量（CW）と歩留基準値（YE）は重要な経済形質であるが、両者間のグローバルな遺伝相関はほぼゼロと報告されており、従来の多形質ゲノミック評価による精度向上の恩恵は限定的であった。この「見かけ上の無相関」の裏に、ゲノム領域ごとに異なる局所的遺伝相関（LGC）が隠されているという仮説に基づき、本研究では LGC 情報を組み込んだ新しい Single-Step 評価モデル（ssLGC-Bayes）を構築し、予測性能の評価を行った。【方法】黒毛和種 68,453 頭の表現型記録と 22,436 頭の SNP 情報を用いて、まず多形質 ssSNP-BLUP の MCMC 法により、CW と YE に関するゲノムワイドな LGC を推定した。その結果に基づき、ゲノムを「正の相関領域」、「負の相関領域」、「無相関領域」の 3 つの SNP セットに分割。次に、これらの SNP セットをそれぞれ異なる変量効果として組み込んだ階層ベイズモデル（ssLGC-Bayes）を構築した。性能検証として、令和 6 年の記録を欠測させた 1,780 頭を検証集団とし、

従来の多形質 ssSNP-BLUP（分割なしモデル）と、本法（ssLGC-Bayes）の予測正確度および事後分散を比較した。【結果】LGC 分析の結果、グローバルな遺伝相関が 0.03 とほぼゼロであるにもかかわらず、ゲノムワイドに LGC の異質性が存在した。特に、CW の主要 QTL である CW2 領域は YE と強い正の相関を、CW3 領域は強い負の相関を示した。予測精度の検証では、ssLGC-Bayes による相関ベースの正確度は、従来法とほぼ同等であった（CW で 0.88、YE で 0.80）。しかし、評価の信頼性を示す事後分散は、CW において 20 分の 1 以下にまで減少し、YE においても明確な改善が見られた。この事後分散の減少は、評価の安定性を高め、将来の育種価の順位逆転リスクを低減させることから、特にヤングサイアー選抜において実践的価値を持つと思われる。本研究により、LGC がゲノミック評価の信頼性を向上させる情報となり得る可能性が示された。

## I-05 北海道黒毛和種牛枝肉における脂肪酸組成の遺伝的パラメータの推定

○鈴木洋美（道総研畜試）、木村聡志（元道総研畜試、現全国和牛登録協会）、大井幹記（道総研畜試）、  
山本祐介（元北海道酪農畜産協会）、巻口達也（北海道酪農畜産協会）、片山陽介（北海道酪農畜産協会）、  
岸大輔（北海道酪農畜産協会）、酒井稔史（道総研畜試）

【目的】黒毛和種枝肉における体脂肪中の一価不飽和脂肪酸割合（＝ MUFA）は和牛肉の好ましい食味性に寄与するとされており（入江 2021）、全国的な調査が進行中である。北海道産黒毛和種ではオレイン酸の育種価評価が進められてきたが、MUFA は対象とされておらず、選抜指標として MUFA の育種価も求められていた。そこで本研究では MUFA の遺伝的解析を行った。

【方法】2012 年から 2025 年 6 月までに全国 4 地域に出荷された北海道産黒毛和種枝肉 33,686 頭分の、光学法による MUFA、オレイン酸、飽和脂肪酸＝SFA 測定値を対象形質とした。遺伝的パラメータは、それぞれ単形質アニマルモデルによる REML 法により推定した。変量効果は、個体の直接遺伝効果、農家（428 水準）、残差とし、性別（2 水準）、と場および市場開催日（684 水準）、出生年月（136 水準）、近交係数（1 次回帰）、個体の月

齢（1 次および 2 次回帰）を取り上げた。血縁遡及個体数は 49,667 頭であった。

【結果・考察】MUFA、オレイン酸、SFA の平均値はそれぞれ  $60.8 \pm 3.7\%$ 、 $55.9 \pm 3.5\%$ 、 $36.9 \pm 3.8\%$ であった。遺伝率は 0.49、0.52、0.51 であり、既報（入江 2021）と同様に比較的高い値を示した。MUFA の種雄牛育種価は、最大値で  $+5.91\%$ （正確度 0.78）、最小値で  $-5.40\%$ （正確度 0.68）となり、約 10% 近い大きな差が認められた。したがって、道内黒毛和種牛群における MUFA の遺伝的な改良の余地は大きいと考えられた。一方で、肥育農場毎に MUFA に与える効果を推定した結果、最大値で  $+2.85\%$ 、最小値で  $-2.60\%$  となり、肥育環境によって約 5% 程度の差が生じた。脂肪酸組成は環境による影響が小さいとした報告が多いものの、肥育環境改善による MUFA 向上の余地はあると考えられた。



## I-06 アンサンブル学習を用いたルーメン細菌叢からのメタン排出量予測

石橋朋大（龍谷大農）、○小野木章雄（龍谷大農）

【目的】ウシのルーメン細菌叢とメタン排出量の関係は詳細に明らかではないが、細菌叢の関与の度合いは、細菌叢から排出量をどの程度予測できるかによって知ることができる。しかしその関係は複雑であると予想される。本研究ではスタッキング（ST）などのアンサンブル学習を用いて、ルーメン細菌叢からメタン排出量を予測し、細菌叢がどの程度排出量に関与しているか調査した。【材料と方法】750頭の乳牛から取得されたデータを使用した（Difford *et al.* 2018）。細菌叢は細菌 4018 OTUs、古細菌 203 OTUs からなった。乳牛についてはメタン排出量の他、群や産次などの変数を含んでいた。まず細菌叢以外の変数とメタン排出量の関係を線形モデルで表し、AIC でモデル選択を行った。最良モデルに含まれる変数の効果でメタン排出量を補正し、細菌叢による予測実験（5 分割交差検証）に用いた。手法は細菌叢の線形カーネルを用いた BLUP 法を基準とし、ランダムフォレスト

（RF）、勾配ブースティング（GB）2 種、ST モデル 20 種を比較した。ST は RF、GB2 種、正則化線形回帰をベース学習器とし、メタ学習器としてこれらの手法と線形回帰を用いた。ベース学習器とメタ学習器の組み合わせにより複数の ST モデルを試した。【結果と考察】BLUP 法による予測の平均相関係数は 0.047 であった。アンサンブル学習による予測は、RF 及び ST の 4 モデルで有意に BLUP より正確であったが、平均相関係数は 0.085 ～ 0.095 であった。有意であった ST モデルは、いずれもメタ学習器に正則化線形回帰を用いていた。以上の結果から、細菌叢からのメタン排出量予測はアンサンブル学習を用いて改善されるものの、総じて正確さは低かった。細菌叢の関与の度合いがそもそも低いか、または本研究で考慮していない要因（例えば宿主遺伝子型との相互作用など）の影響が大きいことが示唆された。

## I-07 無限分裂ウシ顆粒層細胞の樹立

○白ららん（岩手大農）、高橋美波（宮城大学食産）、小林仁（宮城大学食産）、永塚貴弘（東北大院農）、松坂ひまり（岩手大理工）、尾崎拓（岩手大農）、菅野江里子（岩手大農）、富田浩史（岩手大農）、清野透（佐々木研究所、国立がん研究センター）、徐遇安（順天堂大院医学）、河村和弘（順天堂大院医学）、仲川清隆（東北大院農）、福田智一（岩手大農）

【背景・目的】ウシの繁殖能力向上は畜産業の発展において重要な課題である。近年、多血小板血漿（PRP）が卵胞を活性化することが報告されており、採卵数の増加や卵子の質の向上が期待されている。しかし、PRP の有効性評価と作用機序解析が可能な系は未だ構築されていない。我々はこれまで、ヒト由来の変異型サイクリン依存性キナーゼ 4（CDK4<sup>R24C</sup>）、サイクリン D1、テロメア逆転写酵素（TERT）の 3 遺伝子を同時に発現させること（K4DT 法）によって、多種の哺乳類動物細胞の無限分裂に成功している。本研究では、PRP のウシ卵胞活性化能を簡便に評価可能な系を構築するため、K4DT 法を用いウシ顆粒層細胞の無限分裂化を実施した。

【材料・方法】ウシ顆粒層細胞の親株に対し、レンチウイルスを用いた K4DT 法および対照群としてレトロウイルスを用いた SV40 法による遺伝子導入を行った。また、得られた細胞からゲノム DNA および細胞溶液を調製し、導入遺伝子およびタンパク質の発現を確認した。さらに、

得られた細胞について、細胞周期パターン、継代培養による増殖能、テロメラーゼ活性、およびエストロゲン変換酵素であるアロマターゼの発現を解析・評価した。

【結果と考察】親株および SV40 導入細胞は、4 ～ 9 回の継代培養で増殖が停止した。一方、K4DT 導入細胞では、小型の細胞の増殖が維持された。得られた細胞では、各導入遺伝子およびそれらのタンパク質の発現が確認された。また、親株と比較して K4DT 導入細胞では細胞周期回転が促進され、G2/M 期の割合が上昇する傾向を示した。さらに、K4DT 導入細胞では強いテロメラーゼ活性が検出された。これらの細胞は 100 回以上の分裂増殖を継続し、無限分裂化に至ったと考えられる。加えて、K4DT 導入細胞ではアロマターゼの発現が保持されていた。以上の結果から、本研究により無限分裂化ウシ顆粒層細胞が樹立され、PRP の評価実験系の構築が期待される。

## **I-08 Establishment of three bovine leukemia virus (BLV) stably-infected human cell lines demonstrating viral latency and silencing**

○ Samy Metwally (Laboratory of Global Infectious Diseases Control Science, Grad. Sch. Agricul. Life Sci., Univ. Tokyo, Japan, Department of Infectious Diseases & Epidemics, Damanhour University, Egypt), Yoko Aida (Laboratory of Global Infectious Diseases Control Science, Grad. Sch. Agricul. Life Sci., Univ. Tokyo, Japan)

**【Objectives】** Bovine leukemia virus (BLV) is the causative agent of B-cell leukemia/lymphoma in cattle globally. Previous research suggests a potential zoonotic risk, associating BLV with human breast cancer cases and supporting its classification as a zoonotic pathogen. However, conflicting studies detected no BLV provirus in human specimens, including blood and breast cancer tissues. In a novel approach, we aim to establish and characterize BLV stably-infected human cell lines as in vitro models for the natural BLV infection in human.

**【Methods】** Human epithelial 293T, human cervical cancer HeLa and human breast cancer MCF 7 cells were infected via cell free infection with FLK-BLV supernatant for 24 hours, and passed every 3-4 days for 18 months. BLV provirus was detected by polymerase chain reactions (PCRs) of env gene and BLV-full length (≈ 8kb), while BLV integration sites were decided by inverse PCR. Expression and infection of BLV were tested by Western blotting, p24 capture enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and sensitive luminescence syncytium induction assay (LuSIA).

**【Results and Discussion】** Single clones of three infected cells were successfully screened every two weeks for existing BLV provirus and a single BLV proviral integration site in each clone was detected on Chr20, Chr2 and Chr18 in 293T, HeLa, and MCF 7, respectively, as analysis using UCSC Genome Browser. None of the three infected cell lines showed cellular expression of viral proteins (gp51 and p24), cell-to-cell infectivity, presence of virion-associated p24, and RNA release. A significant delay of doubling time of BLV-infected 293T and MCF7 growth and altered cellular morphology with detachment effects, were first observed between seven and eight months' post-infection but not in HeLa-infected clone. Our findings reported a BLV latency and silencing in human cells with morphological changes in two cell lines. In conclusion, the successfully established cell lines represent novel models for studying BLV infection in human body. Further studies on the mechanisms of BLV silencing and the host factors targeting the BLV in the three cell models are currently in progress.

## **II-01 Morphometric evaluation of indigenous naked neck, full feathered and frizzle chickens from Bangladesh**

○ Mohammad Aminul Islam (Department of Dairy and Poultry Science, Gazipur Agricultural University, Gazipur-1706, Bangladesh, Graduate School of Integrated Science for Life, Hiroshima University, 1-4-4 Kagamiyama, Higashi-hiroshima 739-8528, Japan), Masahide Nishibori (Graduate School of Integrated Science for Life, Hiroshima University, 1-4-4 Kagamiyama, Higashi-hiroshima 739-8528, Japan)

The present study was undertaken to evaluate the morphometric traits of indigenous naked neck brown, naked neck white, naked neck black, naked neck barred, full feathered (FF) and frizzle chickens from Bangladesh for the development of egg producing strains suited to the harsh tropical environment. A total of 54 male and female chickens (27 males+27 females), aged 14 weeks, collected from an ongoing research funded by the Research Management Wings (RMW), Gazipur Agricultural University, Gazipur, Bangladesh to investigate their morphometric traits. The morphometric traits of the base populations were measured, and the data were analyzed using the Statistix10 computer package program, and presented the findings briefly.

The genetic resources varied significantly for shank length, wattle length, and neck length, but not for body weight and body length ( $p>0.05$ ). The highest shank length was recorded in naked neck white, followed by full feathered, naked neck brown, naked neck barred, frizzle and naked neck black, respectively. However, naked neck brown exhibited the highest wattle length, followed by naked neck white, full feathered, naked neck black, frizzle and naked neck barred chickens, respectively. Longer neck was observed in naked neck barred, black and white compared to full feathered, frizzle and naked neck brown. Body weight and body length in naked neck brown and full feathered chickens were almost similar among the genetic resources. Nevertheless, body weight tended to be higher in naked neck brown and

full feathered chickens. In terms of sex, male and female birds differed significantly for all traits except body length. It was also observed that males were superior to females for all recorded traits. No interaction effect between genetic resource and sex was observed for the traits ( $p>0.05$ ).

In the case of morphological traits (type and color), irrespective of sex, genetic resources exhibited a single comb type. However, comb color was predominantly red in males across the genetic resources, whereas female mostly showed white comb color, except for the naked neck white type, in which naked neck white females had 100% red comb color. The skin color of the genetic resources was almost white in both sexes. There was a huge variation in beak color among genetic resources and also between sexes with color including brown, black, yellow, white, brown & white, brown & black. Specifically, male frizzle had brown beak color, while female frizzle had 100% black beak color. Males and females of the naked neck types exhibited predominantly white shank color. In contrast, full feathered male and female chickens showed black shank color and frizzle male showed 100% ash & white color, and frizzle female had 100% black shank color. The wattle color was red in both males and females across genetic resources. Various feather colors such as brown, red, white, red, black and white, black, brown and white were observed within and between the sexes of all genetic resources. No identical single feather color was observed in the chickens.chicken,

## II-02 Population Genetic Study for Unraveling Evolutionary History and Morphological Traits of Bangladesh Native Chicken

○ Md Altafur RAHMAN<sup>1</sup>, Masahide NISHIBORI (Graduate School of Innovation and Practice for Smart Society, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8529, Japan, Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan), Kazushi MASUDA (Graduate School of Innovation and Practice for Smart Society, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8529, Japan), Md Nazmul HAQUE (Department of Genetics and Animal Breeding, Sylhet Agricultural University, Sylhet-3100, Bangladesh), Mohammad Aminul ISLAM (Department of Dairy and Poultry Science, Gazipur Agricultural University, Gazipur-1706, Bangladesh), Jiaqi WU (Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan), Takahiro YONEZAWA (Graduate School of Integrated Sciences for Life, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima 739-8528, Japan)

The objective of this study was to investigate the genetic diversity and maternal lineage structure of Bangladeshi native chickens using mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop sequences and to integrate morphological trait analysis—including plumage color, shank color, and comb type—to explore the association between genetic variation and phenotypic diversity, thereby inferring their evolutionary history and domestication patterns. The morphological study included 212 samples from seven districts, whereas the molecular analysis used 161 samples from five districts of Bangladesh. Genomic DNA was extracted from blood using a phenol-chloroform protocol, and mtDNA was amplified by a two-step PCR approach combining LA-PCR (*Cytb-16SrRNA* region; ca. 5kb) and segmental PCR (D-loop region; ca. 1.3kb). Edited and aligned sequences were analyzed for diversity indices, neutrality tests, and mismatch distribution in DnaSP; AMOVA was performed in Arlequin, phylogenetic trees were reconstructed using IQ-TREE with 1,000 bootstraps, and demographic history was inferred via Bayesian Skyline Plot (BSP) in BEAST. Morphological analyses revealed the absence of homozygous white plumage across all districts, with

colored feather genes predominating. Yellow/white shank color and single comb type were the dominant phenotypes. Mean heterozygosity (0.219) and G<sub>st</sub> (0.102) indicated low but present differentiation, and Neighbor-Joining clustering separated northern and southern populations, with Moulvibazar aligning with the southern group. Mitochondrial DNA analysis identified 66 haplotypes ( $H_d = 0.958$ ;  $\pi = 0.00674$ ). Shariatpur exhibited the highest nucleotide diversity ( $\pi = 0.00881$ ), while Chattagram showed the lowest ( $\pi = 0.00547$ ). Negative Tajima's D (−1.89) and Fu's  $F_s$  (−3.09) supported recent population expansion. AMOVA indicated moderate yet significant structure (10.08% variance among populations). Clade analysis revealed predominance of Clade D (Southeast Asian origin) in Sylhet and Moulvibazar and Clade E (Indian subcontinent) in Chattagram and Shariatpur. BSP results indicated demographic stability through the late Pleistocene–early Holocene, followed by a sharp  $N_e$  increase in recent times, reflecting domestication-related expansion and the persistence of multiple maternal lineages in Bangladesh's native chicken populations.

## II-03 Genetic characterization of Mongolian native horse using the Myostatin (*MSTN*) gene

○ Rentsenkhand Jargalsaikhan (Mongolian University of Life Sciences), Liushiqi Borjigin (Okayama University of Science), Okuda Yu (Okayama University of Science), Shimura Yusuke (Okayama University of Science), Onontuul Ganbaatar (Okayama University, Mongolian University of Life Sciences), Saipolda Togtorbay (Mongolian University of Life Sciences), Enkhmanlai Ganbaatar (Mongolian University of Life Sciences), Badamsuren Batsukh (Mongolian University of Life Sciences), Khosbagana Tumurbaatar (Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Nurmammed Burshahbay (Research Institute of Animal Husbandry, Mongolia), Urjin Battulga (Mongolian University of Life Sciences), Sanjdorj Khishigt (Mongolian University of Life Sciences), Tetsuo Kunieda (Okayama University)

[Objectives] Mongolia has approximately 4.8 million horses, accounting for about 8.0% of the world's horse population. Seven major native horse breeds or strains—Darkhad, Tes, Galshar, Undurshil, Shankh, Myangad, and Mongol—are currently recognized. Long-distance horse racing is common in Mongolia, and improving the speed and endurance of native horses is one of the major breeding objectives. Recently, however, concerns have arisen in the racing community regarding possible unofficial mating with exotic breeds, including Thoroughbreds, which could compromise race fairness. Therefore, it has become important to examine potential genetic introgression from exotic breeds into Mongolian horse populations.

A 227-bp SINE insertion in the promoter region of the myostatin (*MSTN*) gene (Ins227bp) has been reported to influence racing distance aptitude. This mutation is common in Thoroughbreds and Quarter Horses but rare in most native horse populations worldwide. In addition, an intronic SNP (g.66493737T>C) showing strong linkage disequilibrium with Ins227bp has been identified. In this study, we investigated these *MSTN* variants in Mongolian native horses to evaluate possible introgression of exotic horse genes.

[Methods] Genomic DNA from 380 horses representing seven Mongolian native horse breeds or strains was used for genotyping the *MSTN* variants. Genotypes of Ins227bp and g.66493737T>C were determined by PCR and direct sequencing or gel electrophoresis.

[Results and Discussion] For g.66493737T>C, this SNP was polymorphic with 302 T/T, 71 T/C, and 7 C/C genotypes among the Mongolian horses. Allelic frequencies of the C allele are 0.11 in total, 0.11 in Darkhad, 0.14 in Tes, 0.14 in Myangad, 0.06 in Galshar, 0.11 in Undurshil, 0.15 in Shankh, and 0.09 in Mongol. The distributions of genotypes in these populations were in Hardy-Weinberg equilibrium ( $p > 0.05$ ), suggesting no evidence of strong selection for each allele. On the other hand, no Ins227bp were detected among the horses examined suggesting the absence of this allele in Mongolian native horse populations. These findings indicated low possibility of introgression of exotic Thoroughbreds and Quarter Horse into Mongolian native horses. Further investigation using additional genetic markers is necessary to comprehensively evaluate the possibility of introgression from exotic breeds.

## II-04 モンゴル在来馬の毛色に関する遺伝学的研究

○陸拾七（岡理大・獣医）奥田ゆう（岡理大・獣医）、村井将樹（岡理大・獣医）、Ganbaatar Onontuul（岡大院・環生、モンゴル生命科学大・畜産）、Togtorbay Saipolda（モンゴル生命科学大・畜産）、Jargalsaikhan Rentsenkhand（モンゴル生命科学大・畜産）、Ganbaatar Enkhmanlai（モンゴル生命科学大・畜産）、Batsukh Badamsuren（モンゴル生命科学大・畜産）、Tumurbaatar Khosbagana（モンゴル畜産研）、Burshakhbay Nurmuhammed（モンゴル畜産研）、Battulga Urjin（モンゴル生命科学大・獣医）、Khishigt Sanjdorj（モンゴル生命科学大・畜産）、国枝哲夫（岡大院・環生）

【背景・目的】モンゴルでは在来馬を中心に約 480 万頭が飼養され、それらは高い遺伝的多様性と環境適応性を有する。特に毛色の多様性が顕著であり、肩部の濃色網状模様を示す Bider はモンゴル在来馬特有の毛色標徴であり、類似例はモウコノウマのみで報告されている。一方、鰻線・肩部縞・脚横縞を伴う薄墨毛（Dun）標徴は、*TBX3* 遺伝子の一塩基多型と約 1.6 kb 欠失により制御され、その組み合わせで毛色の濃淡や標徴の有無が異なる。近年、Bider 部位での *TBX3* 高発現が報告され、本遺伝子の関与が示唆されている。本研究では、モンゴル在来馬の毛色分布を明らかにするとともに、Dun および Bider と *TBX3* との関連を解析した。

【材料・方法】モンゴル在来馬 8 品種・系統 381 頭の毛色多様性を調査した。さらに、Bider および Dun 表現型が異なる 4 群の 53 頭を用い、*TBX3* 遺伝子の変異領域

を PCR およびシーケンス解析により確認した。

【結果・考察】モンゴル在来馬では、主な毛色は栗毛（31%）、鹿毛（18%）、芦毛（18%）、河原毛（12%）であり、その他、月毛、青毛、スモーキーブラウン、薄墨毛および粕毛など多様な毛色が観察された。芦毛は Darkhad（57%）と Undurshil 種（31%）に偏在していた。Dun 標徴保有馬は全体の 24% を占め、薄墨毛、河原毛および月毛でその頻度が高かった。53 頭の *TBX3* 遺伝子変異解析の結果、表現型と遺伝子型が一致し、Dun 型 32 頭（G/del：27 頭、G/T：5 頭）、Non-dun1 型 3 頭（T/del）、Non-dun2 型 18 頭（del/del）が確認された。すべての Bider 個体の *TBX3* は Dun 型であり Bider と Dun との関連性が示唆された。また *TBX3* 遺伝子に新たな 3 SNP s、1 indel が確認されたが、Bider 個体に特異的な変異は同定されなかった。

## II-05 日本鶏 4 品種が示す従順性行動の多様性

○後藤達彦（帯畜大）、Prudence Nyirimana（帯畜大）、Dipson Gyawali（帯畜大）、佐々木凌玖（帯畜大）、Emmanuel Tope Ogunwale（帯畜大）

【背景および目的】数千年前に野生動物から家畜化されたニワトリは、その野生原種と比較して従順性が高いことが知られている。多様なニワトリ品種においても、従順性行動のバリエーションが報告されている。我々のグループで注目しているトサジドリ、チャボ、ミノヒキチャボおよびコシャモの日本鶏 4 品種は、形態形質、卵形質などの表現型の多様性を示すが、従順性行動に関しては十分な比較がなされていない。そこで本研究では、日本鶏 4 品種の従順性行動の表現型解析を行うことを目的とした。

【材料および方法】トサジドリ（TSJ; 雄 n = 47、雌 n = 42）、チャボ（CHB; 雄 n = 40、雌 n = 29）、ミノヒキチャボ（MHC; 雄 n = 13、雌 n = 26）およびコシャモ（KSM; 雄 n = 25、雌 n = 31）の成鶏（30 週齢）を対象とした。自発的従順性を評価する 40 秒および受動的従順性を評価する 20 秒からなる 1 分間のハンドリングテストによって、実験者の手に近づく方向に首を動かす行動 2 形質（active\_heading、passive\_heading）および手を

避ける方向に首を動かす行動 2 形質（active\_avoiding、passive\_avoiding）ならびに、活動量（step）の計 5 形質を測定した。二元配置分散分析により、品種および性別の効果を検定し、多重比較を行った。

【結果】全 5 形質において、品種の有意差が認められた。トサジドリの active\_heading および passive\_heading が有意に高く、チャボおよびミノヒキチャボの active\_avoiding が有意に高いことが明らかになった。また、チャボの Step および passive\_avoiding が有意に高いことから、チャボはハンドリングテスト下の避ける方向への活動量が高いことが示唆された。step、passive\_heading、passive\_avoiding の 3 形質において、性別の有意差が認められ、いずれの形質においても雄が雌よりも高い値を示した。このことから、雄は受動的従順性の評価時に、雌よりも有意に動くことが明らかになった。今後、ニワトリの従順性行動における多様性を制御する遺伝的基盤の解明を進めたい。

## II-06 北海道和種馬の毛色と関わる SNP のゲノムワイドな探索—とくに粕毛形質に着目して—

○田中陸（酪農大）、河合正人（北大 FSC）、白井興一（北海道和種馬保存協会）、天野朋子（酪農大）

【目的】北海道和種馬（HKD）は北海道に固有の在来馬品種であり、血統登録の観点から毛色の遺伝的制御を明らかにする必要がある。ウマ毛色に関わる遺伝子は他品種で既に報告があるが、HKD での検討は限られている。とくに HKD の代表的な毛色である粕毛には KIT が関係するとの報告があるが、関連には品種間差があり、詳細な調査が必要である。本研究ではゲノムワイド関連解析により、HKD の各毛色と関係する SNP を探索し、責任遺伝子を推測した。

【材料と方法】328 頭の HKD 群の常染色体上に 38,749 SNP を同定し、血統書から白色系群（佐目毛等）86 頭、芦毛群 20 頭、粕毛系群（栗粕毛、青粕毛等）183 頭、基本毛色系群（栗毛、青毛等）39 頭に分けた。他品種での報告では *MATP*(chr21)、*STX17*(chr25)、*KIT*(chr3)、*MC1R*(chr3)・*ASIP*(chr22) がそれぞれ白色系、芦毛、粕

毛系、基本色系に関連し、順に表形が優位になる。そのため、*MATP* の検出では白色系群とその他の群、*STX17* では芦毛群と白色系を除く群、*KIT* では粕毛系群と基本毛色系群、*MC1R* と *ASIP* では基本毛色系群を栗毛系群と鹿毛・青毛系群に分け、形質と SNP の関連を解析した。

【結果】*MATP*、*MC1R*、*ASIP*、*STX17* では既知の領域に有意 SNP が得られたが、粕毛の検討では *KIT* 近傍とともに、chr8 上にも有意 SNP が検出された。これらの SNP の関連を精査するため別群にて再検討したところ、*KIT* 近傍の SNP では粕毛と関連する A アレルの頻度は粕毛群（37 頭）で 77.0% となり基本毛色系群（10 頭）の 20.0% より有意に高かった（ $p < 0.05$ ）。一方で chr8 上の粕毛と関連する T アレルの頻度は粕毛群と基本毛色系群にて有意差はなく（97.3% vs 85.0%）、HKD の粕毛形質と *KIT* との関連が示唆された。

## II-07 対州馬集団を特徴づける SNP マーカーの同定に向けて

○石毛太郎（競走馬理化学研究所）、吉原知子（鹿児島大学共同獣医学部）、川手皓貴（競走馬理化学研究所）、菊地美緒（競走馬理化学研究所）、古川梨紗子（競走馬理化学研究所）、戸崎晃明（競走馬理化学研究所）、梶裕永（競走馬理化学研究所）

【背景と目的】対州馬は対馬島原産の日本在来馬で、大規模な遺伝的ボトルネックを経て現存数は約 50 頭と推定される。一部に由来不明の個体が存在するため、対州馬か否かを識別できる方法を確立することが望まれている。集団内で固定化された遺伝マーカーは、その集団を特徴づける指標となると考えられる。そこで、本研究では対州馬集団を対象として固定化 SNP マーカーの探索を行い、それらを用いた対州馬の遺伝的識別法の確立を目的とした。

【材料と方法】既報の 48 頭に関する Equine 80K SNP array データおよび新規の 5 頭の全ゲノムシーケンス（WGS）データを用いた。① SNP array からマイナーアレル頻度 0 のマーカーを抽出、② WGS 解析で全頭共通

の非同義置換とハプロタイプ領域を同定、③両者を統合して EquCab3.0 に対する非同義置換を抽出、④ PCR-RFLP に適用可能なものを選抜した。

【結果】SNP array 解析で固定化 SNP は 19,036 個、WGS 解析で非同義置換は 3,794 個検出され、そのうち 3,604 個はハプロタイプ領域内に存在した。最終的に、常染色体および X 染色体上で PCR-RFLP に適用可能な 72 個の候補を得た。

【結論】今回、対州馬集団において固定化されていると考えられる SNP 候補を探索した。今後は対州馬集団の全頭を対象に PCR-RFLP 法を適用し、固定化 SNP マーカーの同定を進める予定である。これにより、対州馬の遺伝的識別法の確立に寄与できると考えられる。

## II-08 ラオス在来牛における飢餓環境適応遺伝子の探索

○八木田颯汰（東農大院農）、高橋剛（東農大農）、高橋幸水（東農大農）、小林栄治（農研機構畜産）、天野卓（東農大）、野村こう（東農大農）

【目的】東南アジアの在来牛は熱帯環境に適応しており、なかでもラオス在来牛は1年のうち約半分が主要飼料である自然草地在激減する乾季、残りは自然草地在増大する雨季という環境に適応している。本研究では、SNP アレイによる全ゲノムのタイピングを行い、ラオス在来牛とその他のゼブー系牛と比較することでラオス在来牛の飢餓環境適応の要因となる遺伝子の探索を試みた。

【方法】ラオス在来牛 93 個体、ハリアナ種 15 個体、フィリアルオンゴール種 63 個体についてウシ SNP アレイ (LIAJ custom\_50v1) を用いて 50,019 か所の SNP における遺伝子型を決定した。ハリアナ種およびフィリアルオンゴール種はゼブー系集団としてラオス在来牛集団とゼブー系集団との間で GWAS を行い、カイ二乗検定による閾値、無補正の  $p$  値、Bonferroni 法による閾値を算出した。

【結果】Bonferroni 補正後の  $p$  値が有意水準 ( $p < 0.05$ ) を下回っている SNP は 1,471 個検出された。  $p$  値が低い 10 個の SNP について近傍遺伝子の検索を行った結

果、19 番染色体の 28,920,096 bp に位置する SNP が PIK3R6 という遺伝子上にあることがわかった。この SNP における集団ごとの遺伝子頻度はラオス在来牛集団では A アレルが 0.88、G アレルが 0.12、ハリアナ集団では A アレルが 0.33、G アレルが 0.67、フィリアルオンゴール集団では A アレルが 0.45、G アレルが 0.55 となり、ハリアナ集団とフィリアルオンゴール集団をまとめたゼブー系集団では A アレルが 0.46、G アレルが 0.54 となった。PIK3R6 は飼料資源が限られた環境で飼養されている、他の品種に比べ体が小さいとされるベナン共和国在来牛の体高に関連する候補遺伝子の一つとして報告されている (Vanvanhossou *et al.*, 2020)。ラオス在来牛はベナン共和国在来牛と同様に体高が 1 m ほどの小型のウシであり、ラオス在来牛において A アレルが高頻度だったことからこの遺伝子によって体の大きさを小さくし、飼料摂取量を減らすことにより飢餓環境に適応している可能性が考えられた。

## III-01 *BoLA-DRB3* Polymorphism Associated with Bovine Leukemia Virus Infection and Proviral Load in Cattle Breeds in Egypt

○Rania Hamada（東大院農、Damanhour 大学）、Samy Metwally（東大院農、Damanhour 大学）、松浦遼介（東大院農）、Liushiqi Borjigin（理研）、Chieh-Wen Lo（東大院農）、Alsagher Ali（South valley 大学）、Adel Elsayed（South valley 大学）、竹嶋伸之輔（十文字学園女子大）、和田智之（理研）、間陽子（東大院農）

### 【Background】

Bovine leukemia virus (BLV) is the etiological agent of enzootic bovine leukosis, the most prevalent neoplastic disease of cattle worldwide. BLV disease susceptibility and resistance in cattle are strongly correlated with the bovine leukocyte antigen (*BoLA*)-*DRB3* allelic polymorphism. BLV infection continues to spread in Egypt, in part because the relationships between BLV infection, proviral load (PVL), and *BoLA-DRB3* polymorphism in Egyptian cattle breeds are unknown. Therefore, investigating this association is the goal of this study.

### 【Material & Method】

Genomic DNA was extracted from whole blood of 343 cattle from six regions in Egypt: 121 Holstein, 28 Native Egyptian, and 194 Mixed cattle. BLV PVL was detected by CoCoMo-qPCR-2 assay and *BoLA-DRB3* were genotyped using (PCR-SBT) method. The association between the *BoLA-DRB3* allele and BLV infection and PVL was determined based on Fisher's exact test.

### 【Result & Discussion】

*BoLA-DRB3* polymorphism in Egyptian cattle showed a high degree of allelic diversity in Native (allele number (na) = 28,

expected heterozygosity (hE) > 0.95), Mixed (na = 61, hE > 0.96), and Holstein (na = 18, hE > 0.88) populations. *BoLA-DRB3\*002:01* (14.3%), *BoLA-DRB3\*001:01* (8.5%), and *BoLA-DRB3\*015:01* (20.2%) were the most frequent alleles in Native, Mixed, and Holstein cattle, respectively. By comparing BLV PVL, the Holstein breed demonstrated a higher PVL than those in the Mixed cattle breed ( $p < 0.0001$ ) and Native cattle ( $p < 0.0001$ ), indicating that the Holstein breed were ultimately proven the most important risks for BLV infection and PVL index. Therefore, *BoLA-DRB3* polymorphism in Holsteins was investigated for their influence on viral infection and PVL. *BoLA-DRB3\*0015:01* and *BoLA-DRB3\*0010:01* were identified as susceptible and resistant alleles, respectively, for BLV infection in the tested Holsteins. In addition, *BoLA-DRB3\*0012:01* was associated with HPVL as shown in previous reports but LPVL in Holstein cattle in Egypt. This study is the first to demonstrate that the *BoLA-DRB3* polymorphism confers resistance and susceptibility to PVL and infections of BLV in Holstein cattle in Egypt. Our results can be useful for the disease control and eradication of BLV through genetic selection in Egypt.

### III-02 精液およびその後代を用いた PVL 上昇関連 SNP による発症リスク評価

○包阿榮高娃（東大院農）、叶穎宝（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、永田文宏（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、松本安喜（東大院農）、庭野あゆは（川田獣医科医院）、川田隆作（川田獣医科医院）、間陽子（東大院農）

【背景と目的】牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) は全世界に蔓延し、大きな経済的損失をもたらしている。我々はこれまでに、市販凍結精液とその後代を用いた解析により、*BoLA-DRB3* 遺伝子型が BLV プロウイルス量 (PVL) 上昇に対する抵抗性・感受性の世代間伝達に関与し、これを指標とした抗病性牛群育成の可能性を示した。本研究では、先行研究で PVL 上昇との関連が報告されたウシ 23 番染色体の *BoLA* 領域に位置する 2 つの一塩基多型 (SNP<sub>T12</sub> と SNP<sub>T13</sub>) に着目し、黒毛和種における SNP 型と PVL との関連性を精液およびその後代を用いて解析した。

【材料と方法】黒毛和種市販精液 178 検体を対象に、リアルタイム PCR 法による SNP<sub>T12</sub> および SNP<sub>T13</sub> の新規ジェノタイピングを実施した。そのうち 36 検体を選抜し、それらの後代 199 検体の血液サンプルを収集し、SNP ジェノタイピングを行い、BLV-CoCoMo-qPCR 法に

より PVL を測定し、ELISA 法により抗体を検査した。

【結果】精液 178 検体の SNP<sub>T13</sub> ジェノタイピングでは、CC 型 18.0%、TT 型 34.8% であった。後代の平均 PVL 値は、CC 型が 5,746 コピー / 10<sup>5</sup> 細胞で最も低く、TT 型が 17,213 コピー / 10<sup>5</sup> 細胞で最も高く、TC 型が 12,715 コピー / 10<sup>5</sup> 細胞であった。また、SNP 型別に分類した後代群間の比較において、CC 型は他の 2 群に比べ有意に低い PVL 値を示した。

【考察】SNP<sub>T13</sub> ジェノタイピングにより、PVL 上昇に対して CC ホモ型が抵抗性に、TT ホモ型が感受性に作用することが明らかとなった。さらに、抵抗性 SNP 型を有する精液から生まれた後代においても PVL が低く抑えられており、抵抗性が世代を超えて受け継がれることが確認された。以上の結果は、SNP 多型を指標とした抗病性牛群の育成戦略の有効性を示唆するものである。

### III-03 品種に基づく牛伝染性リンパ腫ウイルスの感染状況と疾患感受性の全国調査

○松浦遼介（東大農院）、王靖源（東大農院）、福士法子（東大農院）、綿貫園子（東大農院）、Bao Aronggaowa（東大農院）、山田剛史（東大農院）、Rania Hamada（東大農院）、松本安喜（東大農院）、小原潤子（北海道立総合研究機構 畜産試験場）、鈴木康則（農工大農院）、前澤誠希（東大農院）、Bai Lanlan、（岩手大農院）、間陽子（東大農院）

【目的】牛伝染性リンパ腫 (EBL) は牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) によって惹起される致死的な血液がんであり、我が国の届出伝染病の 8 割を占める重要疾患である。我が国における BLV 感染率は 2009 年から 2011 年の全国調査において、乳用牛で 40.9%、肉用牛で 28.7% であることが報告されている。しかし、2011 年以降も EBL の発症数は増え続けており、現在ではより高い感染率であると考えられている。また、我が国の BLV 感染率を品種ごとに調べた研究は未だに行われていない。そこで、本研究では、全国規模で各品種における BLV 感染率と BLV プロウイルス量 (PVL) の高低の差を明らかにすることを目的とした。

【方法・結果】我が国の広範な地域から、ホルスタイン種 765 頭、ジャージー種 219 頭、ブラウンスイス種 67 頭、黒毛和種 710 頭、熊本系褐毛和種 51 頭、高知系褐毛和種 49 頭および日本短角種 280 頭の血液を収集し、血清分離及び DNA 抽出を行った。ELISA 法を用い、血清から

抗 BLV 抗体を検出し、CoCoMo-qPCR 法を用いて、DNA から PVL を定量した。その結果、BLV の個体感染率は、ホルスタイン種が 73% と乳用牛で最も高く、ジャージー種が 38%、ブラウンスイス種が 34% の順であった。肉用牛においては、日本短角種が 75% と最も高く、黒毛和種と熊本系褐毛和種が 38%、高知系褐毛和種が 3% の順であった。また、PVL においても、感染率が高いホルスタイン種と日本短角種において、他の品種と比較して有意に高く、次いで、黒毛和種が高いことが確認された。

【考察】本研究において、ウシの各品種における我が国の BLV 感染率が明らかとなった。同時に、先行研究と比較して、著しく高い感染率から、我が国における BLV 蔓延の危機的状況が示唆された。また、本研究では、特にホルスタイン種、日本短角種および黒毛和種が BLV に感受性である可能性が示唆されたため、今後は、感染実験や遺伝学的研究から、この疾患感受性の品種差の原因を明らかにする。

### III-04 BoLA 領域のターゲットリシーケンス法による牛伝染性リンパ腫のプロウイルス量を制御するマーカーの探索

○永田文宏（東大院農）、Chieh-wen Lo（東大院農）、斎藤督（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、松本安喜（東大院農）、細道一善（東京薬科大学）、佐々木慎二（琉球大学）、竹嶋伸之輔（十文字学園女子大学）、間陽子（東大院農）

【目的】牛伝染性リンパ腫ウイルス（BLV）は国内のウシの届出伝染病の 80%以上を占める牛伝染性リンパ腫（EBL）を惹起する。BLV は感染後、プロウイルスとして宿主細胞のゲノム DNA に組み込まれる。このプロウイルス量（PVL）は、病態進行および発症のマーカーになること、牛組織適合遺伝子複合体（BoLA）によって制御されることが明らかになっているが、詳細は不明である。本研究では、第 24 回および第 25 回本大会において我々が報告した BoLA 領域のターゲットリシーケンス法を用いて、BLV の PVL を制御する新しいマーカーの探索を行った。

【方法】ホルスタイン種（222 頭）および黒毛和種（57 頭）の末梢血からゲノム DNA を抽出し、BoLA2 プロンプを用いたターゲットリシーケンスを行った。次世代シーケンサー Miseq から得られた配列を参照配列（ARS-UCD1.2）にアライメントし、検出された変異（Variant）

についてクオリティコントロール（QC）を行った後、線形混合モデルを用いて相関解析を行った。

【結果・考察】ホルスタイン種では、BoLA 領域のターゲットリシーケンス法により検出された 2,648,118 個の Variant の QC により得られた 3,133 個について相関解析を行い、一つの有意な一塩基多型（SNP）が検出された。また、黒毛和種でも同様に検出された 2,410,800 個の Variant の QC 後に得られた 1,466 個について相関解析を行い、二つの有意な SNP が検出された。さらに、両方の品種において、上位 20 Variant に関連する遺伝子間ネットワーク解析を実施し、得られた候補遺伝子に関連する SNP を加えて相乗効果を解析したところ、それぞれで有意な 5 つの SNP の組み合わせを同定した。これらの結果をもとに、PVL を規定する遺伝子の機能解析や診断技術の開発へと繋がることが期待される。

### III-05 骨形成不全症が疑われる黒毛和種新生子牛について遺伝的変異検出の試み

○田原岳（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、宮崎義之（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、佐々木彩乃（北里大学獣医学部 付属動物病院）、前田洋佑（北里大学獣医学部 付属動物病院）、荻野敦（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）、塗本雅信（家畜改良事業団 家畜改良技術研究所）

骨形成不全症は、全身の骨脆弱性を特徴に易骨折性、骨変形、呼吸器不全等の症状を示し、ヒトでは約 2~3 万人に 1 人が発症するとされている先天性疾患であるが、ウシの症例報告は極めて少なく、原因遺伝子の同定も進んでいない。北里大学に搬入された骨形成不全症と疑われる黒毛和種の新生子牛について、ヒトの骨形成不全症の主な原因遺伝子である *COL1A1* および *COL1A2* 遺伝子について調査を実施した。その結果、*COL1A2* 遺伝子イントロン 17 スプライシング認識部位の 5' 末端に一塩基置換がヘテロ型で発見された。検出された変異はヘテロであるため、この変異が原因であるならば顕性遺伝様式と推察されるが、DNA 型による血縁関係確認済みの両親は発症していない。両親には変異が確認できないため、この一塩基置換はデノボ変異と考えられ、顕性遺伝様式であっても矛盾はなく、検出した変異が発症原因であると推察される。ヒトの骨形成不全症報告の多数は、コ

ラーゲン分子のヘリカル領域内のグリシン置換を原因としているが、スプライシング異常による骨形成不全症並びにコラーゲン異常症も報告されている。スプライシング認識部位の塩基置換の報告は、イントロンの箇所は異なるが、5' 末端の一塩基置換によって骨形成不全症または、コラーゲン異常症が引き起こされたとしている。また、スプライシング認識部位変異において終止コドンを含んでいる場合には、mRNA が安定せずに異常なコラーゲン鎖が生産されないため、軽度の骨形成不全症になる可能性が示唆されている。そのため、本症例において本牛の死亡が確認されたことから未成熟終止コドンではなく、エキソン 17 をスキップしたと考えられる。本研究は、ウシの骨形成不全症で *COL1A2* 遺伝子におけるスプライシング認識部位の変異を検出した数少ない報告であるため、重要な知見になると考えられる。



### III-06 改良型 BLV-proviral-capture sequencing 法を用いた解析により明らかとなった牛伝染性リンパ腫ウイルス実験感染牛における牛伝染性リンパ腫ウイルスゲノム配列の特徴

○福士法子（東大院農）、中土亜由美（東大院農）、綿貫園子（東大院農）、松浦遼介（東大院農）、包阿榮高娃（東大院農）、松本安喜（東大院農）、岩内陽子（東京薬科大）、細道一善（東京薬科大）、間陽子（東大院農）

【目的】牛伝染性リンパ腫を惹起する牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) は感染後、宿主ゲノムにプロウイルスとして組み込まれる。昨年の本大会において我々は、組み込み部位と BLV プロウイルスゲノム配列を同時に決定可能な改良型 Cap-seq 法を開発し、ウイルスゲノム配列の微小な変異も十分に検出可能なことを報告した。BLV は変異がほとんどないウイルスといわれているが、それを実証した研究はない。そこで本研究では、改良型 Cap-seq 法を用いて、BLV 感染初期での組み込み部位およびウイルスゲノム配列について解析した。

【方法】BLV 感染陽性牛（ドナー牛）の血液を 6 頭の BLV 非感染牛（レシピエント牛）に移入させることで BLV を実験感染させた。感染後 5 週目までは毎週、以降は隔週、最大 23 週まで計 79 の血液を採取した。血液からゲノム DNA を抽出し、改良型 Cap-seq 法を実施し、組み込み部位およびウイルスゲノム配列を解析した。

【結果・考察】ドナー牛における組み込み部位は多数で

あり、BLV ゲノム配列については 8720 塩基の内 3 箇所（5562、5270、7119 番目）に 2 種類の塩基が検出され、4 種類のウイルスパターンが予測された。レシピエント牛においては、感染後 2 週目から組み込み部位は検出されたがランダムであり、6 頭とも異なっていた。一方、BLV ゲノム配列はドナーと同じものが検出された。このことは、ドナー由来 BLV 感染細胞からレシピエントの細胞へ感染・拡大したことを示している。レシピエント牛において、Integrative Genomics Viewer 上で BLV プロウイルスゲノム配列構成を経時的に比較したところ、個体毎にほぼ同様であった。また TA クローニングによってレシピエント牛の 4、5、7、17 および 21 週目において、同一のウイルスが検出された。以上のように、BLV は感染初期から 21 週目まではゲノム配列に変化が認められなかったことから、高度に保存されたウイルスであることが実験的に確認された。

### III-07 牛伝染性リンパ腫ウイルス抵抗性・感受性牛を用いた感染実験の RNA-seq 解析による牛伝染性リンパ腫発症関連宿主因子の同定

○綿貫園子（東大院農）、中土亜由美（JA 全農）、包阿榮高娃（東大院農）、相馬順一（JA 全農）、大角貴幸（JA 全農）、松浦遼介（東大院農）、福田智一（岩手大学）、細道一善（東京薬科大学）、松本安喜（東大院農）、間陽子（東大院農）

【目的】牛伝染性リンパ腫 (EBL) は、牛伝染性リンパ腫ウイルス (BLV) によって惹起される悪性 B リンパ腫である。昨年度大会において我々は EBL 発症に関連する新規 6 個の発症関連遺伝子の同定を報告した。また、これまでに EBL 発症及びウイルス遺伝子量を抑制する牛主要組織適合抗原 (*BoLA*)-*DRB3* 抵抗性 (R) アレルと、上昇させる感受性 (S) アレルの存在も報告してきた。しかし、EBL は多因子性疾患であるため BLV による癌化の全容解明には至っていない。そこで本研究では、新規遺伝子の有効性を検証するために、R と S 牛群の BLV 感染初期における新規遺伝子の発現動態を解析した。

【方法】各 3 頭の R アレル (*BoLA-DRB3\*002:01* 及び *\*009:02*) 及び S アレル (*BoLA-DRB3\*015:01*) 保有牛に BLV を実験感染させ、約 5 カ月間経時的に採血を行い、BLV 感染後の時間経過に伴う RNA-seq 解析 (R パッケージ TCC) を実施した。

【結果・考察】BLV 感染後の各週における 2 群間比較 ( $p<0.01$ ) によって、90 個から最大で 450 個の発現変動遺伝子 (DEGs) を検出した。各群で高発現を示した遺伝子に絞り込み、遺伝子オントロジー (GO) 解析を行ったところ、両群において免疫応答関連などの GO タームが有意に濃縮されたが、濃縮に寄与する遺伝子は群ごとに異なっており、R 牛群と S 牛群の免疫応答の違いがみられた。そこで、これらの BLV 感染に関わる DEGs の中に新規発症関連遺伝子が含まれているか網羅的に解析したところ、新規 6 遺伝子のうち 1 遺伝子の発現量が感染後 9 週の S 牛群で有意に高く、2 遺伝子の発現量が感染後 13 週と 15 週の R 牛群で有意に高かった。したがって、新規遺伝子は EBL 発症だけでなく BLV 感染初期の疾患感受性にも関与している可能性が示され、発症機構の全容解明に大きく貢献できることが期待される。

### III-08 乳用牛の遺伝的不良形質「BLIRD」と表型成績間の関連

○馬場俊見（日ホ北支局）、後藤裕作（日ホ北支局）、川上純平（日ホ北支局）、岡太郎（日ホ協会）

【目的】わが国のホルスタインはゲノミック選抜により改良効率が大幅に向上しているが、他方で雌牛の繁殖性や子牛生存性など酪農家の経済性に影響を及ぼす遺伝的不良形質が多数発見されている。2023年に仏国で発見されたBLIRD(LR: Bovine Lymphocyte Intestinal Retention Defect)は、若齢時の生存性や乳生産性に影響する潜性遺伝的不良形質である。本研究では、わが国の雌牛集団におけるLR遺伝子の保因頻度を推定し、LR遺伝子型が初産時の表型成績等に与える影響を調査した。

【方法】(一社)日本ホルスタイン登録協会に蓄積された約21万頭のSNPデータを利用し、LR遺伝子型をハプロタイプにより推定した。その推定には血縁情報も利用し、SNPデータを有する当該個体の血縁上にLR原因遺伝子の保因種雄牛として特定されている「オービー マンフレッド ジャステイス E T (122358313USA)」が存在しないか条件付けした。表型成績とLR遺伝子型

間の関連調査は、初産時の305日乳量、分娩時月齢ならびにボディコンディションスコアに対してLR遺伝子型を母数効果に含む分散分析により行った。

【結果】2005年以降に誕生した雌牛171,800頭の内、LR遺伝子型が潜性ホモの個体が371頭(0.2%)、ヘテロの個体が16,031頭(9.3%)存在した。誕生年別の保因頻度では、2009年から増加し、2021年のピーク後(11.3%)にわずかに低下傾向を示した。LR遺伝子型と表型成績の関連調査の結果、潜性ホモの個体の乳量は正常ホモと比較して有意に低値であった(-1,429kg)。さらに、ボディコンディションスコアは潜性ホモの個体で低く、分娩時月齢も顕著に遅い(+1.4ヵ月齢)など、先行研究と同様の結果が得られた。本結果からLR遺伝子の保因雌牛はわが国でも比較的多く存在することが示唆され、その発症に考慮した交配を行う必要があると考えられた。

### IV-01 魚類の鱗や鱗様組織の形成機構の解析

○飯村九林（十文字学園女子大学）

【目的】硬骨魚類の鱗は骨組織であり、骨や歯のモデルとして利用されている。そのため、鱗を利用することで、骨格形成に関する知見を得ることができる。硬骨魚類には一般的な骨鱗の他に、ポリプテルス類のガノイン鱗や、コリドラス類の鱗板など、多様な鱗が存在する。これまでに、骨鱗が骨や歯と類似した機構で形成されることが明らかとなっている。しかし、ガノイン鱗や鱗板に関する知見はほとんどなく、鱗形成機構に関して不明な点はいまだ多い。そこで本研究では、鱗形成機構の解明を最終目標に、ガノイン鱗や鱗板におけるアルカリフォスファターゼ(ALP)の活性や、ヒアルロン酸の局在を解析した。

【方法】実験には、コリドラス(*Corydoras aeneus*)やポリプテルス(*Polypterus senegalus*)を用いた。これらから鱗を含む皮膚組織を採取したのち、樹脂切片を作製し、組織学的観察を行なった。この際、鱗におけるALP

活性の局在は、酵素組織学的手法により解析した。また、鱗におけるヒアルロン酸の局在は、ヒアルロン酸結合タンパク質を用いた免疫組織学的手法により解析した。

【結果・考察】ALP活性の局在を解析したところ、コリドラスにおいては、皮歯の象牙芽細胞や上皮においてALP活性が認められた。一方、ポリプテルスにおいては、鱗真皮側の鱗形成細胞や上皮においてALP活性が認められた。ヒアルロン酸の局在を解析したところ、コリドラスにおいては鱗板周辺の真皮にヒアルロン酸が局在していた。一方、ポリプテルスの鱗においては、鱗周囲の真皮だけでなく、鱗真皮側の鱗板形成細胞においてもヒアルロン酸が認められた。これらのことから、コリドラスの鱗板とポリプテルスのガノイン鱗では、ALPやヒアルロン酸の局在が異なることが明らかとなった。そのため、これらの形成機構が大きく異なることが推測された。

## IV-02 局所 PCA を利用した魚介類の性決定領域の検出

大森識照（東京大学水産実験所）、喜納泰斗（東京大学水産実験所）、平瀬祥太郎（東京大学水産実験所）、細谷将（東京大学水産実験所）、○菊池潔（東京大学水産実験所）

水産魚介類の性は典型的な有用形質であり、これまで遺伝的雌雄判別マーカーの開発が積極的に進められてきた。しかし、哺乳類や鳥類の場合とは異なり、魚介類では近縁種であっても性決定領域が異なることが多く、性決定領域が未同定な有用種が多数のこされている。

近年、公共データベース上には、魚介類でも全ゲノムリシーケンスデータが蓄積されつつある。これらのデータを再利用できれば性判別マーカーの開発にかかるコストの削減が期待できる。しかし、多くの場合、雌雄情報が付随しておらず、性決定領域探索の定石である GWAS や FST 解析などを適用することは困難である。これに対し、集団ゲノミクスにおいて、ゲノム上の局所的な構造変異を検出する手法として近年よく使われている局所 PCA は、構造変異をもつ分集団をあらかじめ区別して解析する必要はない。本研究では、雌雄情報が付随しない

サンプルの将来的な活用を見据え、局所 PCA を用いた性決定領域の探索をおこなった。

まず、性決定領域が既知であるメガイアワビの全ゲノムリシーケンスデータ（雌雄それぞれ 10 個体）を雌雄の区別なく一集団として扱い、局所 PCA に供した。その結果、18 番染色体上の約 2Mb にわたる領域に局所的な集団構造が認められた。この領域は既報の性決定領域と一致しており、局所 PCA が、性比の極端な偏りが無い集団において、性決定領域の同定に有用なことが示された。ただし、性決定領域以外の領域においても局所的な集団構造が検出されており、その原因として、逆位配列などの種内多型の存在がうたがわれた。現在、性決定領域が未知で、かつ、リファレンスゲノム配列が未報告のクロアワビについて、局所 PCA による性決定領域同定の有効性を検討している。

## IV-03 アユの縄張り形成性における遺伝的パラメータの季節変化

佐藤渉（東北大院農）、山田学（福島内水試）、○中嶋正道（東北大院農）

【目的】アユは淡水生息時に縄張りを形成する。この性質を利用した釣獲法が友釣りである。友釣りは人気のある釣獲法で、内水面漁業における貴重な収入源の一つとなっている。しかし、人口種苗による放流アユは縄張りを形成せず、群れる傾向が強いとされている。そのため縄張り形成性の強い人工種苗の作成が望まれ、そのための親魚選抜手法の開発が望まれている。一方で縄張り形成性に関する解析は飼育環境下での様々な手法が試みられてきたが、明確な遺伝的傾向性は観察されていない。近年、SNP 等の多くの遺伝マーカーを用いた個体間の遺伝的類似度から遺伝的パラメータを推定する手法が開発され、自然集団にも応用されている。本研究ではアユにおける縄張り形成性の遺伝的パラメータを季節ごとに求め、親魚採集の最適時期の推定を目的とした。

【材料と方法】材料として用いたのは福島県栽培協会が 2019 年から 2024 年にかけて生産され、放流されたアユで、秋田県阿仁川と鹿児島県鶴田ダムを起源とする計

862 尾である。これらのアユを試験放流河川である福島県阿賀川水系荒海川と桧沢川に 5 月に放流し、その後 6 月、7 月、8 月、9 月に採集を行った。また、友釣りで捕獲されたアユを「縄張りアユ」、淵で群れているアユを投網で捕獲し、これらを「群れアユ」とした。遺伝的パラメータは GCTA1.9 を用いて算出し、各パラメータは採集月ごとに求め、比較した。

【結果と考察】得られた縄張り形成性の遺伝率は 6 月と 7 月で高く 8 月と 9 月で低かった。また、縄張り形成性の育種価も同様で、6 月と 7 月で高く、8 月と 9 月で低かった。これらの結果は縄張り形成性の強い個体が 6 月と 7 月で釣獲されてしまうことで 8 月や 9 月には縄張り形成性がさほど高くない個体でも縄張りを形成できることを示している。このことから縄張り形成性の強い種苗を生産するためには放流後早い時期、6 月あるいは 7 月に親魚候補個体を得る必要があることを示している。

#### IV-04 *Foxe3* ハイボモルフにおける白内障を修飾する複数の遺伝子

○石田有輝（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、高橋 諒（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、古郡真宗（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、吉川欣亮（東京都医学総合研究所・先端基礎医科学研究分野）、和田健太（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）

SJL/J (SJL) 系統から自然発症により単離された Rinshoken cataract マウス (SJL-*rct*) は、Forkhead box E3 (*Foxe3*) のハイボモルフ変異 (*Foxe3<sup>ct</sup>*) により 2 ヶ月齢までに白内障を発症する。その一方で、*Foxe3<sup>ct</sup>* を C3H/HeN (C3H) 導入したコンジェニック系統 (C3H-*rct*) の白内障の発症は 4 ヶ月齢まで遅延する。本研究は、SJL-*rct* のゲノムが残存するセミコンジェニック系統 (C3H-*rct-sc*) と、その白内障発症時期と交配実験について報告する。

白内障発症はミドリン P の点眼によって診断した。C3H-*rct-sc* の染色体置換率は、全染色体に配置したマイクロサテライトマーカー（約 14.5-Mb 間隔）のハプロタイプにより推定した。

SJL-*rct* および C3H-*rct* は、それぞれ 2 ヶ月齢および 4 ヶ月齢までに白内障を発症するのに対して、C3H-*rct-*

sc は生後 1 ヶ月齢において全個体に水晶体混濁が認められた。マイクロサテライトマーカーに基づくハプロタイプは、約 33% の SJL 由来のゲノム領域が C3H-*rct-sc* に残存することを示唆した。これらの結果は、*Foxe3<sup>ct</sup>* の白内障を重篤化させる修飾遺伝子が C3H-*rct-sc* の SJL 由来ゲノムに存在することを示唆した。C3H-*rct-sc* と C3H-*rct* との F1 は、C3H-*rct* よりも早期となる 3 ヶ月齢までに全個体が白内障を発症した。また、F1 を C3H-*rct* に戻し交配して得られた N2 の、1 ヶ月齢、2 ヶ月齢、および 3 ヶ月齢以降における発症個体は連続的に観察され、それぞれ 2 個体 (10%)、7 個体 (33%)、および 10 個体 (67%) であった。これらの結果は、*Foxe3<sup>ct</sup>* の白内障を重篤化させる複数の遺伝子が SJL のゲノムに存在し、その一部は顕性遺伝することを示唆した。

#### IV-05 無眼球ラット、NAK の低体重遺伝子座と病態特性

○落合弘光（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、原 菜摘（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）、和田健太（東京農業大学大学院・生物産業学研究科）

ヒト小眼球症は先天性の眼球疾患であり、症候群の一部の病態として観察される例も少なくない。Nodai Aphakia (NAK) は、Crl:CD (SD) 系統から単離された無眼球ラットであり、低体重および過期産を示す。我々は、NAK における無眼球症の原因が第 16 番および 2 番染色体に、低体重が第 13 番染色体に存在することを明らかにした。しかしながら、これらの原因遺伝子変異、ならびに無眼球以外の特性については不明である。本研究は、NAK における低体重の原因遺伝子座のファインマッピングと、血液生化学検査による病態のスクリーニングを試みた。

ファインマッピングは、低体重の原因遺伝子座を第 13 番染色体の約 37.3-Mb (*D13Rat20*) から約 51.0-Mb (*D13Rat126*) の約 13.7-Mb に同定した。したがって、NAK の低体重は小眼球症とは異なる遺伝子により引き起

こされることを示唆した。NAK (野生型; SD) の血清クレアチニン値は  $0.23 \pm 0.01$  mg/dL ( $0.17 \pm 0.01$  mg/dL)、無機リンは  $12.43 \pm 0.78$  mg/dL ( $11.57 \pm 0.09$  mg/dL)、および ALT は  $30.17 \pm 1.68$  IU/L ( $19.33 \pm 2.81$  IU/L) であり、SD に比べて有意に高い値を示した ( $p < 0.05$ )。一方、NAK (SD) の尿素窒素は  $12.54 \pm 1.56$  mg/dL ( $23.85 \pm 2.50$  mg/dL) および総コレステロールは  $86.50 \pm 23.13$  mg/dL ( $145.75 \pm 25.22$  mg/dL) であり SD に比べて有意に低い値を示した ( $p < 0.01$ )。これらの結果は、NAK と SD において腎および肝臓機能に差異があることを示唆した。前大会において、我々は NAK が SD に比べて腎臓重量の低下と肝臓重量の増加を示すことを報告した。したがって、NAK は腎および肝臓において何らかの病態を有することが期待された。

#### IV-06 セイヨウミツバチの衛生行動関連遺伝子座の探索

○端崎 開(東農大院農)、大前 恵吾(東農大院農)、高橋 幸水(東農大農)、  
高橋 剛(東農大農)、小林 栄治(農研機構畜産部門)、野村 こう(東農大農)

【目的】セイヨウミツバチでは、ミツバチヘギイタダニの増殖によってコロニーに大きな被害を受ける。一方、ハチの衛生行動によってダニを防除するものも存在する。本研究では、衛生行動により被害の少ない群のハチと、被害の多い群のハチのゲノムを比較し、セイヨウミツバチの衛生行動関連遺伝子座を推定した。

【方法】神奈川県横須賀市の養蜂場にて、Freeze Killed Brood assay (FKB) によって作出されたダニ抵抗性群 24 個体、感受性群 20 個体の DNA から 2 群の DNA プールを作成後、全ゲノムシーケンスを行った。得られたデータから、染色体ごとに両群間の  $\Delta$  SNP-index 値を算出した。 $\Delta$  SNP-index 値を元に、各 SNP のアリル頻度に統計的有意差のある領域をスライディングウィンドウ解析にて検出し、GO エンリッチメント解析にて衛生行動に関連性が高い候補遺伝子を絞り込み、その中でも検出された SNP の数が多い遺伝子を抽出した。

【結果】スライディングウィンドウ解析の結果、ダニ抵抗性群でアリル頻度に有意差のある SNP を持つ遺伝子座は 1、2、5、7、11、12、14 番染色体で計 166 個検出された。これらの遺伝子に対する GO エンリッチメント解析の結果、27 個の有意な GO タームが関連付けられた。また、SNP 数は 1 および 12 番染色体の遺伝子群に集中しており、これらの遺伝子群は神経発生・嗅覚受容体・遺伝子発現制御に関連していた。働きバチの衛生行動は、寄生された幼虫の匂いにより惹起されるという報告があり、今回の結果と合わせて関連が示唆された。一方、ダニ感受性群ではアリル頻度に有意差のある SNP を持つ遺伝子座が、10 および 13 番染色体で計 45 個検出された。これらの遺伝子に対する GO エンリッチメント解析の結果、9 個の有意な GO タームが関連付けられた。一方で、SNP 数は 13 番染色体の特定の遺伝子に集中していた。

#### IV-07 西中国山地個体群ツキノワグマの DNA 個体識別および親子鑑定による生態モニタリング

○増田 和志(広島大学大学院スマートソサイエティ実践科学研究院)、廣瀬 雅恵(広島大学大学院統合生命科学研究科)、呉 佳斎(広島大学大学院統合生命科学研究科)、米澤 隆弘(広島大学大学院統合生命科学研究科)、畑瀬 淳(広島市安佐動物公園)、野田亜矢子(広島市安佐動物公園)、西堀 正英(広島大学大学院スマートソサイエティ実践科学研究院、広島大学大学院統合生命科学研究科)

日本各地におけるクマ類による人身被害や市街地への出没は深刻な社会問題となりつつある。島根県、広島県および山口県の西中国山地に分布するツキノワグマは、これまで絶滅のおそれのある地域個体群に指定されてきたが、2024 年から新たに指定管理鳥獣に指定され、計画的な個体数管理が推進されている。広島県内においても里山や市街地への出没は近年増加傾向にあるものの、詳細な出没背景および生息個体数は明らかでない。そこで本研究では、特に広島県西部におけるツキノワグマの生息個体数および個体間の血縁関係を明らかにすることを目的に、非侵襲的な分子生態学的モニタリングを行った。

2021 年から 2025 年にかけて、広島県西部で採取された動物糞および有害駆除されたツキノワグマ組織を用いて、ゲノム DNA 抽出、分子種判別、分子性判別、マイクロサテライト遺伝子型判定による DNA 個体識別およびミトコンドリア配列に基づく分子系統解析を行っ

た。さらに遺伝子型のデータを用いた母系の片親検定を行なった。

結果として 76 個体が識別され、そのうち性判別可能であった 73 個体はオス 43 頭、メス 30 頭であった。複数の糞から同一遺伝子型が検出された個体も多く、最大で 11 地点から採取されており、移動経路や行動圏の一部が推定された。さらに、ミトコンドリアハプロタイプおよびマイクロサテライトマーカーから、親子と推定される組み合わせが複数確認され、世代をまたいだ行動圏の重なりが示唆された。この結果は、ツキノワグマの母子関係における行動圏の類似傾向と整合的である。糞を用いた本手法は、ツキノワグマと直接遭遇することなく個体識別と親子関係の推定が行えることから、生息密度の推定や出没個体の特定など、個体数管理を図るうえで有効なモニタリング手法である。今後はより広域的な調査へと進展させることで、遺伝的多様性や行動パターンの長期的な変化も評価できると期待される。