

日本短角種におけるウシ筋肉肥大(Double muscling) 原因遺伝子の同定と産肉性への影響

鈴木暁之・太田原健二¹⁾・杉本喜憲²⁾・田中修一³⁾・小松繁樹・吉川恵郷

摘要

ウシ筋肉肥大(Double muscling; DM, 通称豚尻)は、欧州の肉用品種では劣性遺伝様式をとる産肉性に優れた形質として注目され、原因遺伝子としてミオスタチン遺伝子が同定された。一方、日本ではDMは不良形質として扱われてきたため、1990年代以降確認されることがなくなっていた。ところが1998年、岩手県内において、日本短角種の子牛にDMと類似する体型の個体が確認された。そこで、我々はミオスタチン遺伝子の塩基配列を解析し、欧州の品種で報告されているnt821(del11)欠損変異を見出したため、この子牛をDMと診断し、この欠損領域を簡易に検出できる遺伝子診断法を確立した。この方法により日本短角種の種雄牛247頭のうち30頭が欠損変異をヘテロで保因していることが判明した。また保因牛産子61頭の調査では、32頭がヘテロ型であり、体型異常とされた4頭が欠損のホモ型であった。産肉性調査の結果、DM牛3頭は非保因牛6頭に比べ肥育終了時の体重は小さかったものの枝肉歩留が高く、枝肉中に占める筋肉重量割合は約20%大きくなつたが、格付成績は全頭A-1であった。また、間接検定牛202頭の調査では、ヘテロ型を示した13頭は非保因牛189頭に比べロース芯面積が有意に大きく、ヘテロ個体であっても産肉性の向上が期待できることがわかった。生産農家の収益性を考えると、DMは現在の一般流通には向かないと判断されたが、赤肉生産を進める場合には貴重な遺伝資源となる可能性が示唆された。

キーワード：日本短角種、筋肉肥大、ミオスタチン遺伝子、産肉性

緒言

日本短角種は、北東北の在来種であった南部牛に明治以降ショートホーン種を交配して肉用牛として改良、昭和32年に固定品種として認定された品種である。

その最大の特徴は増体及び泌乳能力に優れ放牧に適していることであるが、黒毛和種に比べると脂肪交雑の面で劣るため、牛肉輸入自由化以降子牛価格が下落し、飼養頭数はここ10年で半分以下にまで減少している。そのため、増体能力は低下させずに肉質を向上させるような改良方策がとられてきたが、1998年、豚尻と呼ばれ古くから淘汰の対象となっていた筋肉肥大(以下DM)の子牛が岩手県内で確認された。

Double muscling (DM) は、筋肉肥大による産肉量の増大および筋線維の過形成と結合組織の脆弱化による肉のやわらかさを特徴とし、欧州ではベルジアンブルー種やピエモンテーゼ種など多くの肉用品種で重要な選抜

形質となっている¹⁾。一方、国内においては、DMはその特徴的な体型から豚尻と呼ばれ、体型のみならず肉質についても劣り、遺伝性の不良形質として排除されてきた^{6, 8-10)}。

Georgesらは、ベルジアンブルー種の実験家系について解析し、DMの候補遺伝子をウシ2番染色体上のセントロメア付近にマップした²⁾。一方、McPherronらは、ミオスタチン遺伝子のノックアウトマウスは筋肉肥大を示すことを報告した⁷⁾。Georgesらのグループは、ミオスタチン遺伝子はウシ2番染色体上のセントロメア付近に存在し、DMと強く連鎖する変異が存在することから、DMの原因遺伝子であることを証明した³⁾。その後、多くの品種でこの遺伝子の解析が行われた結果、エクソン領域で7ヶ所、インtron領域で4ヶ所、合計11ヶ所の変異がこれまでに報告されている⁴⁾。

1998年、岩手県内において日本短角種子牛に、肩及び腿に明らかな筋肉肥大を呈し尻の形状が丸みを帯びるいわゆる豚尻体型を示すDMに類似した個体の発生があつ

1) 岩手県農林水産部畜産課、2) (社)畜産技術協会附属動物遺伝研究所、3) 岩手県県南家畜保健衛生所

た。我々は、日本短角種におけるDMの原因遺伝子とその変異を明らかにし、保因牛を簡易かつ正確に遺伝子診断する方法を確立するとともに、DMの産肉性についても調査を行い、育種資源としての可能性について検討したので報告する。

材料および方法

1 DM原因遺伝子の解析

1998年に確認された日本短角種のDM子牛1頭と、正常な体型の半きょうだい子牛1頭の血液を供した。ゲノムDNAは、常法によりヘパリン全血から白血球を分離した後、QIAamp Blood Kit(QIAGEN社製)により抽出した。PCRプライマーは、ミオスタチン遺伝子の全エクソン領域と、インtron領域のうちこれまで報告された4ヶ所の変異をカバーできるものを用い⁴⁾、3つのDNA断片を増幅した(図1、表1)。PCRは、DNAを20ng, Primerを各1.6pmol, 10×PCR Bufferを1.5μl, AmpliTaq Goldを0.375U加え、合計15μlになるよう反応液を調製し、94°Cで9分間、94°Cで1分間と55°Cで2分間を35サイクル、72°Cで10分間のプログラムを行った。増幅した断片について、13種のプライマーを用いてDye Terminator Cycle Sequencing法によりシーケンス反応を行った(図1)。反応液は、上記PCR反応後のサンプルを1μl、プライマーを3.2pmol、5×Sequencing Bufferを4μl、dNTP mixを1μl、Dye Deoxy Terminatorsを各0.5μl、AmpliTaq FSを1μlを加え、20μlになるよう調製し、96°Cで9分間加熱後、96°Cで

10秒間、50°Cで5秒間、60°Cで4分間を25サイクル、72°Cで10分間のプログラムで行った。シークエンスにはABI 373S Sequencer (PE Applied Biosystems社製)を用い、ABI Sequencing Analysis (PE Applied Biosystems社製)で塩基配列を解読後Genetyx(ソフトウェア開発社製)で塩基配列の比較を行った。

2 DM遺伝子診断法の検討

候補種雄牛である直接検定牛を含む日本短角種雄牛247頭と、保因牛である日本短角種雄牛の子牛61頭を供試した。ゲノムDNAの調製は、遺伝子解析と同様の方法で行った。PCRには、欠損変異nt821(del11)が正常で187bp、欠損で176bpの断片長になるPCRプライマー³⁾を用いた(図2)。その塩基配列は、5'-TCTAGG AGAGATTGTTGGGCTT-3' 及び 5'-GATGGGTATGA

表1. PCRとシークエンスに供したプライマー

No.	Name	Sequence
1	E1-5	5'- TTCACTGGTGCGCAAGTTGTCTCTCAGA -3'
2	E1-3	5'- CC CTCCTCCTTACATACAAGCCAGCAG -3'
3	E2-5	5'- GTTCATAGATTGATATGGAGGTGTTCG -3'
4	E2-3	5'- ATAAGCACAGGAAACTGGTAGTTATT -3'
5	E3-5	5'- GAAATGTGACATAAGCAAATGATTAG -3'
6	E3-3	5'- ATACTCWAGGCCCTAYAGC CTGTGGT -3'
7	E1-S1	5'- TTGAGGATGTAGTGTGTTTCC -3'
8	E1-S2	5'- GCCATAAAAATC CAAATC CTCAG -3'
9	E2-S1	5'- CATTATAGCTGATCTTCTAAC GCAAG -3'
10	E2-S2	5'- TGTCGCAGGAGTCTGACAGGCCCTCAG -3'
11	E2-S3	5'- GTACAAGGTATACTGGAATCCGATCTC -3'
12	E3-S1	5'- AGCAGGGGCCGGCTGAACCTCTGGG -3'
13	E3-S2	5'- C CCCAGAGGTTTCAGCCGCCCTGC -3'

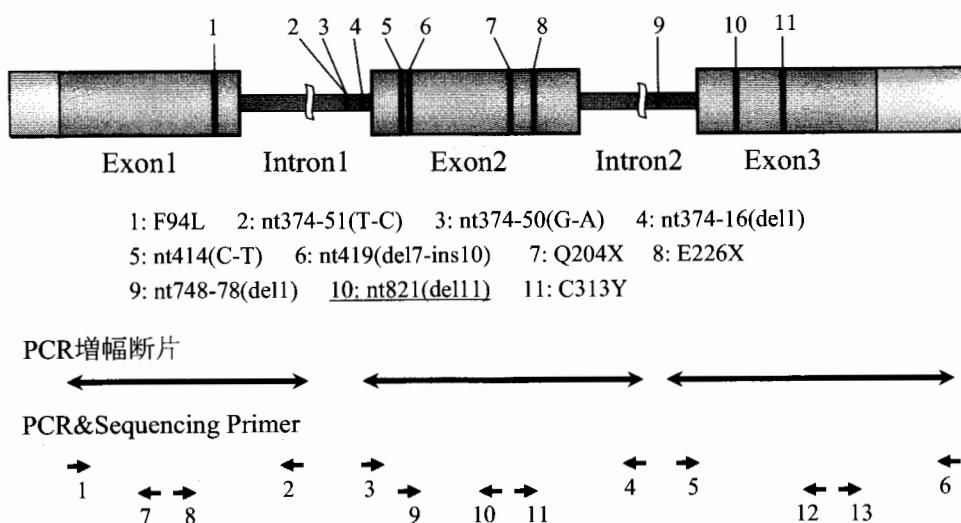


図1 これまで報告されたミオスタチン遺伝子の変異と各種プライマーの設定

GGATACCTTGC-3'であり、後者のプライマーは蛍光標識(6-FAM)でラベルした。PCRは遺伝子解析と同様に反応液を調製し、94°Cで9分間、94°Cで1分間と60°Cで2分間を35サイクル、72°Cで10分間のプログラムを行った。PCRにより増幅された生成物をABI 373S Sequencerにより電気泳動し、GenescanとGenotyper(いずれもPE Applied Biosystems社製)によりその断片長を解析した。

3 DM牛の産肉性調査

生後約7ヶ月齢のDM子牛3頭を供試した。3頭は遺伝子診断によりいずれも原因遺伝子をホモ型で持つ個体であることを確認した。また、対照牛として同月齢の非保因子牛6頭を供試した。肥育開始は生後8～9ヶ月齢、肥育期間は14ヶ月間とした。飼料は、配合飼料(産肉能力検定用飼料)、大麦圧片、デントコーンサイレージ、稻ワラを用い、表2の条件で給与した。肥育期間中は2週

間ごとに体重を測定し、肥育開始時、中間時及び終了時には各部位の測定も行った。また、枝肉については、社団法人日本食肉格付協会の格付に加え、体長、胸幅、腿幅などの各部位についても測定した。DM区および対照区からそれぞれ2頭ずつの枝肉半丸を供し、部位毎に筋肉分離を行い、各部位の筋肉および脂肪重量割合を調査した。さらに、全頭からリブロースを採材し、水分及び脂肪重量割合を測定するとともに、テンシプレッサーTTP-508BX(TAKETOMO社製)によりやわらかさを測定し、食肉としてのやわらかさ、多汁性及び風味についての官能試験も行った。

また、1995年から2002年に終了した間接検定牛のうち、DNAを保管していた202頭について、DM遺伝子型と検定成績との関連を解析し、ヘテロ型個体の産肉性についても検討した。

なお、DM区と対照区の有意差検定は、最小二乗分散分析法により行った。解析にはLSMLMW⁵⁾を用い、危険率5%未満を統計的に有意とした。

結 果

1 DM原因遺伝子の解析

解析に供したDM子牛は、生時体重が約60kgと大きく分娩介助を要した。外貌上の主な特徴は、体高より十字部高がかなり高く前のめりに見えること、肩及び腿の筋肉が隆起し前躯から後躯への移行がゆるやかでないこと、尻が丸みを帯びていることなどであった(図3)。

ミオスタチン遺伝子の塩基配列を解析した結果、DM子牛ではエクソン3に存在するnt821(del11)という11塩基の欠損変異が認められた(図4)。しかし、その他の塩基配列には変異は認められなかった。

2 DM遺伝子診断法の確立

診断の結果、247頭の種雄牛のうち30頭が176/187bpのヘテロ型を示し、原因遺伝子を保因していた。また、保因牛を父にもつ61頭の子牛を判定したところ、32頭がヘテロ型を示し、体型からDMと思われた子牛4頭は

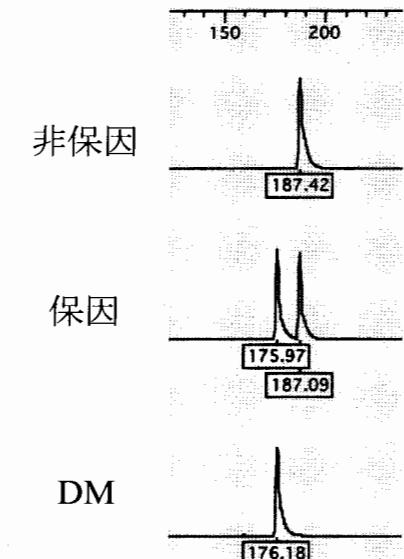


図2 PCR-電気泳動法によるDouble muscled(DM)原因遺伝子の診断

表2 肥育期間中の給与飼料量

飼 料	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	(単位: kg/日) 月齢
配合飼料	2.0	3.0	3.5	4.0	4.5	5.0	5.0	5.5	6.5	7.0	7.5	7.5	7.5	7.5	7.5	
大麦圧片								1.0	1.1	1.3	1.4	1.5	1.5	1.5	1.5	
稻ワラ											2.0	2.0	2.0	2.0	2.0	
デントコーン サイレージ	13.0	13.0	13.0	13.0	13.0	13.0	11.0	10.0	8.0							



図3 解析に供したDM子牛の外貌

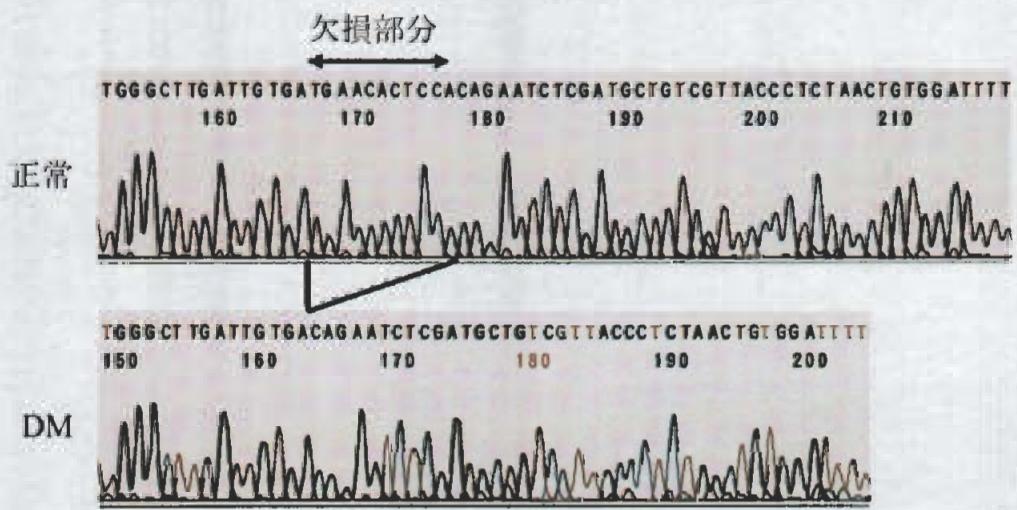


図4 nt821(del11)におけるシークエンス結果

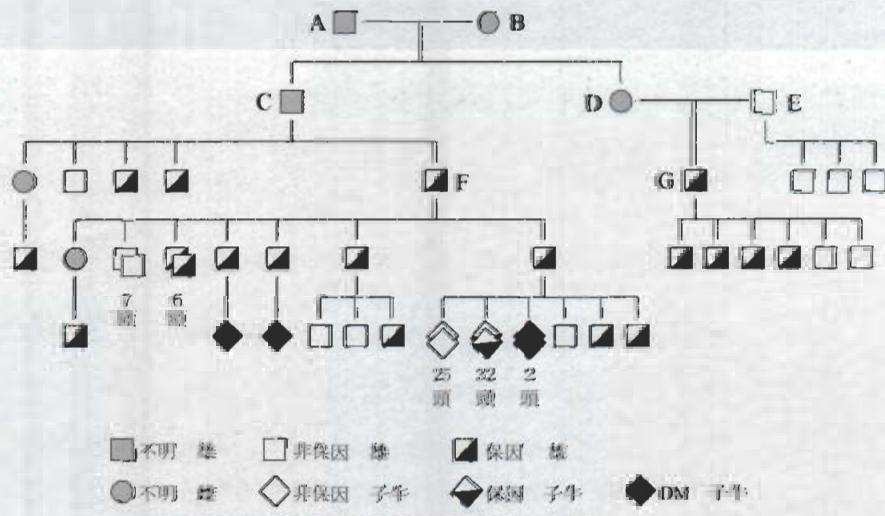


図5 DM遺伝子を保因する日本短角種の家系図

表3 肥育期間中の体重、日増体量及び各部位測定値

項目	開始時			終了時		
	DM区	対照区	差	DM区	対照区	差
体重 (kg)	279.8±10.6 ¹⁾	254.8±22.3	NS	686.8±22.2	696.1±22.6	NS
日増体量 (kg)				0.99±0.03	1.08±0.04	*
体高 (cm)	107.7±1.2	107.3±1.2	NS	131.4±1.5	135.0±1.6	*
十字部高 (cm)	112.5±1.8	110.9±1.8	NS	133.9±0.9	135.2±2.7	NS
体長 (cm)	122.5±2.8	115.2±3.3	*	158.9±3.0	159.4±3.2	NS
胸深 (cm)	51.9±0.8	51.3±1.4	NS	69.7±1.3	73.3±1.9	*
胸幅 (cm)	35.7±0.6	29.2±2.1	**	57.3±1.2	55.7±1.3	NS
尻長 (cm)	40.7±1.7	39.0±1.0	NS	56.3±1.9	56.0±0.8	NS
腰角幅 (cm)	35.0±0.8	34.5±1.0	NS	50.0±0.0	52.5±1.1	*
かん幅 (cm)	37.3±0.5	35.3±1.5	NS	53.3±0.9	51.8±0.7	*
座骨幅 (cm)	23.3±0.5	20.5±1.3	*	38.0±1.4	34.3±1.3	**
胸開 (cm)	149.3±1.7	135.2±3.6	**	208.7±2.9	213.5±4.1	NS
管囲 (cm)	16.0±0.0	15.2±0.9	NS	20.7±0.9	20.7±0.8	NS

1)平均値±標準偏差

NS:有意差なし, *P<0.05, **P<0.01

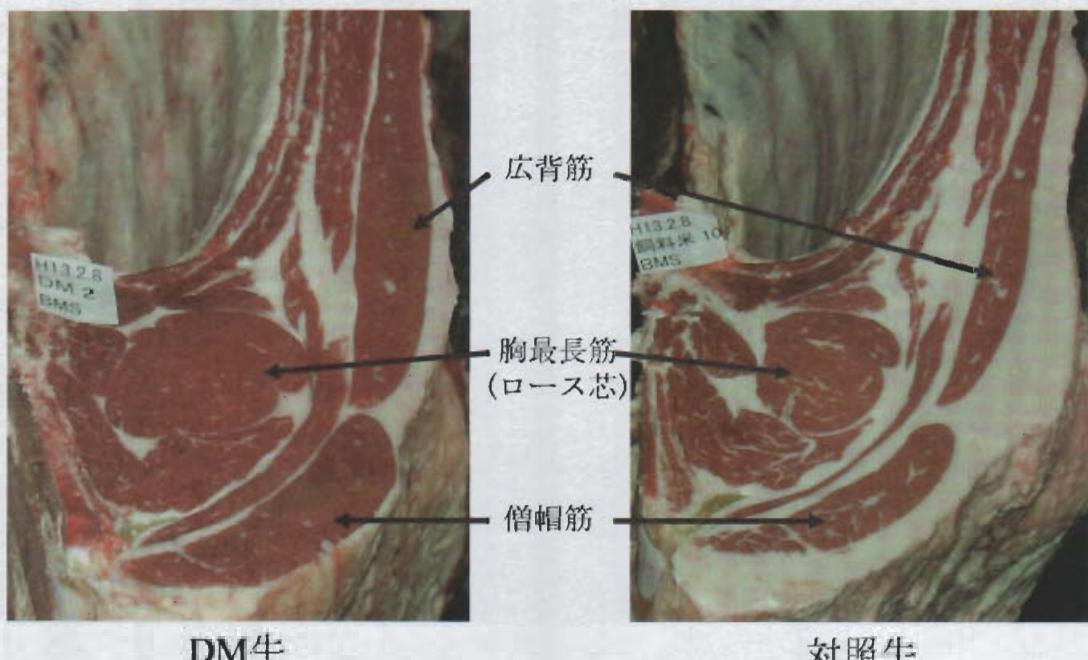


図6 第6-7肋骨間の枝肉切断面

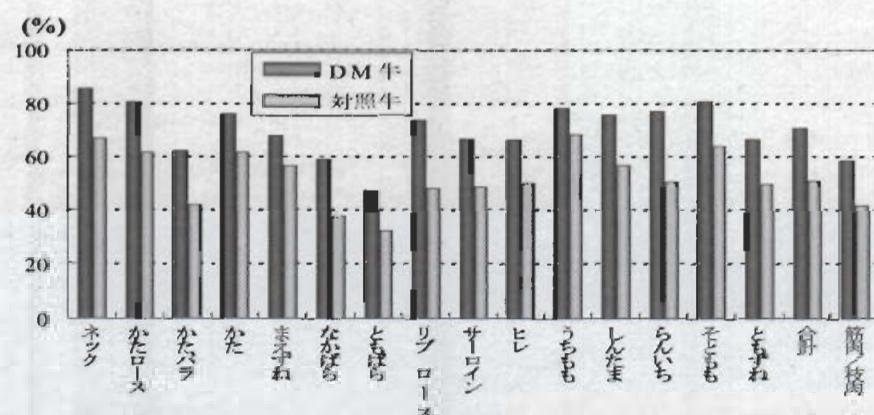


図7 各部位の筋肉重量割合 (部分肉中)

表4 肥育期間中の採食量と飼料要求量 単位:kg

	DM区	対照区	差
採食量			
配合飼料	2,430±135	2,684±70	*
大麦圧片	350±17	362±8	NS
稻ワラ	162±64	199±31	NS
デントコーンサイレージ	2,163±90	2,588±105	**
1kg増体当たり飼料要求量			
TDN	6.07±0.22	6.25±0.37	NS
DCP	0.72±0.03	0.74±0.04	NS

NS:有意差なし, *:P<0.05, **:P<0.01

表5 日本食肉格付協会による枝肉格付結果

	DM区	対照区	差
枝肉重量 (kg)	438.7±10.6	417.0±18.5	NS
ロース芯面積(cm ²)	72.7±3.7	47.7±4.3	**
バラ厚 (cm)	7.8±0.2	6.8±0.4	*
皮下脂肪厚 (cm)	1.2±0.3	3.1±0.4	**
歩留基準値	77.5±0.2	72.2±1.0	**
BMS No.	2.0	2.0	
BCS No.	4.7	3.5	
光沢	2.0	3.5	
しまり	1.0	2.0	
きめ	1.0	2.7	
BFS No.	3.0	3.0	
光沢と質	4.0	4.0	
等級	A-1(3頭)	A-2(6頭)	

$$\text{歩留基準値} = 69.419 + 0.130 \times \text{ロース芯断面積(cm)} \\ + 0.667 \times \text{バラ厚(cm)} \\ - 0.025 \times \text{枝肉半丸重量(kg)} \\ - 0.896 \times \text{皮下脂肪厚(cm)}$$

BMS:牛脂肪交雑基準, BCS:牛肉色基準, BFS:牛脂肪色基準
NS:有意差なし, *:P<0.05, **:P<0.01

表6 枝肉における各部位測定値 単位:cm

	DM区	対照区	差
全長	243.3±0.9	244.5±3.9	NS
屠体長	151.3±0.5	152.3±2.2	NS
腿長	72.0±0.8	71.8±1.7	NS
仙長	26.0±1.4	28.3±1.4	NS
腰長	38.3±0.5	38.3±0.9	NS
背長	76.7±1.7	76.3±1.9	NS
頸長	41.3±1.7	41.8±1.3	NS
腿囲	133.3±3.8	126.0±3.2	*
腰囲	126.3±3.1	127.5±1.5	NS
胸囲	164.0±1.4	165.3±8.5	NS
腿幅	46.2±1.1	44.7±1.3	NS
腰幅	46.7±1.0	47.2±1.7	NS
胸幅	69.1±2.0	70.2±2.5	NS
腿厚	29.5±0.4	28.4±0.9	NS
腰厚	29.5±1.0	28.9±1.1	NS
胸厚	24.4±1.2	23.0±0.9	NS

NS:有意差なし, *:P<0.05

全て176bpのホモ型を示した。

この結果と血統の分析から、保因種雄牛30頭のうち18頭が種雄牛Cの子孫、5頭が種雄牛Eの子孫であり、これら23頭が二つの家系に属していた。また、4頭のDM子牛は全て種雄牛Fの子孫であった。種雄牛Fの父Cは保因牛の可能性が高いと考えられたが、種雄牛Gの父Eは非保因牛であり、Gの母DとCは全きょうだいの関係にあることからDが保因しているものと推察された
(図5)。

3 DM牛の産肉性調査

供試した3頭のDM牛は、遺伝子解析を行った1頭のDM子牛と同様の特徴を示し、いずれも難産のため分娩介助を要した。

肥育期間中の体重及び各部位測定値を表3に示した。開始時の平均体重は、DM区279.8kg、対照区254.8kgとDM区の方が大きかったが、肥育末期に逆転し、終了時の平均体重はDM区686.8kg、対照区696.1kgと対照区の方がやや大きくなった。これに伴い、肥育期間中の日増体量もDM区0.99kg、対照区1.08kgとなりDM区の発育が劣った。各部位測定値は、開始時には体長、胸幅、座骨幅、胸囲においてDM区の方が有意に大きかったが、終了時にはかん幅と座骨幅のみが有意に大きい値であった。肥育期間中の採食量は、表4のとおりDM区が少ない成績となり、1kg増体当たりの必要TDN量はDM区6.07kg、対照区6.25kg、必要DCP量はDM区0.72kg、対照区0.74kgとDM区の飼料効率がやや優れていたが、両区の間にはいずれも有意差は認められなかった。

一方枝肉の測定値を表5に示した。枝肉重量はDM区438.7kg、対照区417.0kgとDM区の方が大きかった。第6-7肋骨間の枝肉切断面は両区で大きく異なり、ロース芯断面積はDM区72.7cm²、対照区47.7cm²とDM区の方が明らかに大きく、僧帽筋や広背筋などの各筋肉も肥大していることが確認された(図6)。枝肉各部位の測定値では、表6のとおり腿囲において対照区よりもDM区の方が有意に大きい値となった。

日本食肉格付協会の枝肉格付では、脂肪交雑は両区とも全頭が牛脂肪交雫基準ナンバー2であったが、全体的にみるとDM区の方が明らかに脂肪が少なかった。また、DM区はきめ・しまりで1等級に格付されたことから、DM区は3頭全てがA-1、対照区は6頭全てがA-2に格付された(表5)。持ち帰った各区2頭ずつの枝肉半丸を各部位ごとに筋肉分離したところ、図7のとおり全ての部位においてDM区の筋肉量が多く、肉量全体ではDM区132kg、対照区82kg、枝肉重量に占める筋肉重量割合は、

DM区59%，対照区42%とDM区の方が多かった。また、リブロースの脂肪含量はDM区3.7%，対照区9.7%とDM区が少なく、水分含量はDM区73%，対照区69%とDM区が多く多かった。

テンシプレッサーによる測定成績では、Tenderness（やわらかさ）がDM区69.6kgw/cm²，対照区60.7kgw/cm²とDM区の方が大きい値を示し、ややかたいという数値になった。しかし、測定時にサンプルの筋線維に対して垂直方向からの力がかかった際、筋線維同士の繋がりが弱いため肉がやや型くずれを起こすのが観察され、DM区の方がやわらかいと思われた。したがって、DM牛

表7 食味に関する官能試験結果と評価基準

	DM区	対照区
やわらかさ	4.88±1.13	4.74±0.49
多汁性	4.88±0.76	5.00±0.86
風味	4.53±1.14	4.82±0.77
全体評価	4.47±0.98	4.88±0.72
スコア	評価基準	
8	これ以上良いものはない	
7	非常に良い	
6	良い	
5	やや良い	
4	やや悪い	
3	悪い	
2	非常に悪い	
1	これ以上悪いものはない	

被検者は所内職員17人。区名非公表で実施。

表8 ヘテロ型個体と正常個体との検定成績の比較

	ヘテロ区	対照区	差
n	13	189	
開始時日齢(日)	258.6±18.3	264.7±25.5	
開始時体重(kg)	293.3±24.8	292.3±39.2	NS
終了時体重(kg)	663.0±27.5	656.6±57.6	NS
日増体量(kg)	1.20±0.08	1.18±0.12	NS
枝肉重量(kg)	408.9±21.1	394.2±48.1	NS
ロース芯面積(cm ²) ¹⁾	52.2±3.0	46.6±5.2	**
補正ロース(cm ²) ¹⁾	52.5±4.2	46.5±7.2	**
バラ厚(cm)	6.5±0.6	6.4±0.9	NS
皮下脂肪厚(cm)	2.3±0.5	2.6±0.7	NS
歩留基準値	73.4±0.8	72.4±1.1	*
BMS	2.1±0.1	2.9±0.9	**

1) 種雄牛と年次の効果を補正した値

NS:有意差なし, *: P<0.05, **: P<0.01

の肉のやわらかさを評価する場合には別の評価方法を検討する必要がある。

また、食味に関する官能試験では、各項目とも両区の評価結果には明らかな差は認められなかったが、やわらかさにおいては8段階評価の平均がDM区4.9、対照区4.7とDM区の方がやわらかいという傾向がみられたものの、全体評価では対照区の評価が高い傾向であった（表7）。今回は、試験に供したサンプルに限りがあったため、被験者数を限定して行ったが、より正確な評価ができる方法を検討する必要がある。

間接検定牛の遺伝子型を解析したところ、ヘテロ型個体は13頭、非保因（対照）個体は189頭であった。両区の検定成績は、ロース芯面積はヘテロ区52cm²、対照区47cm²とヘテロ区の方が大きかったが、BMS No.はヘテロ区2.1、対照区2.9とヘテロ区の方がやや劣る結果となった（表8）。

考 察

Georgesらは、ウシに発生するDMは2番染色体上に位置するミオスタチン遺伝子の変異が原因となることを明らかにした³⁾。これまで報告された11カ所の変異には1塩基置換などの変異が多数存在するため⁴⁾、その診断にはシーケンシングによる塩基配列の解読など煩雑な過程が必要であった。今回、著者らは岩手県内で発生した豚尻体型を示した日本短角種子牛が、諸外国で報告されているDMに類似した症例と推察し、解析したところnt821(del11)のみが欠損し、ホモ化していることを明らかにした。この欠損領域をPCR法で增幅し断片長を解析する簡易な手法で遺伝子診断することができ、大量のサンプルを迅速に判定できるようになった。

種雄牛の調査では、247頭中30頭が保因牛であり、うち5頭は1988年から1990年に、残りの25頭は1993年以降にそれぞれ生産された。特に1996年生まれの種雄牛は9頭であった。これは、1990年以前に生産された2頭の保因種雄牛が産肉能力検定において優れた成績を残したことから、その後継種雄牛及び繁殖雌牛が積極的に選抜・保留され、このことが急速に原因遺伝子を広げDM発生につながったものと推察された。また、日本短角種は明治以降肉用牛として改良されてきた中で、ショートホーン種が種畜造成に寄与した一方で、発生した豚尻が不良形質として扱われてきたが⁵⁾、今回の血統調査からは原因遺伝子がショートホーン種由来と断定することはできなかった。なお、岩手県では1999年から種雄牛選抜時にはこの診断方法により保因牛を除外した

ため、現在のところ新たな種雄牛の産子においてはDMの発生は確認されていない。

産肉性調査から、子牛時は体重が大きいもののその発育は劣る結果となったが、各部位における筋肉量の増大により枝肉中の筋肉割合が約20%大きくなるなど、これまで報告された欧州の品種¹⁾と同様の結果となった。DMは劣性遺伝であるため、原因遺伝子がホモ化することで特徴的な体型と肉質になるが、海外ではヘテロであっても多少産肉性の向上がみられるとの報告もある^{1,2,7)}。日本短角種においても、ヘテロ型個体の方が、腿の肉付き等が良い傾向にあり、種雄牛候補の集合選抜において体型的に優れていると判断されたこともあった。DMホモ個体は、ロース部位だけでなく各部位の筋肉量が増大していたことから、ヘテロ型であってもロース芯面積の差にみられるように産肉性の向上が期待できることがわかった。

DM牛は、現在の枝肉取引基準における脂肪交雑ときめ・しまりの評価では最低ランクになり、生産農家にとって有利な形質とはいえないため、遺伝子診断により種雄牛選抜時に保因牛を除外している現状である。今後欧米諸国のように食生活での脂肪摂取過多が問題とされたり、消費者志向が変化すると、低脂肪の牛肉が注目されることも十分考えられる。その場合には、この方法で保因牛を選抜し効率的にDMを生産することも可能である。また、赤肉生産を進める場合には貴重な遺伝資源となる可能性があるため、保因種雄牛の精液やDM牛の細胞などを凍結保存する必要がある。

今後の課題としては、生産面では繁殖能力や難産防止技術、肉質面では筋肉組織及び食肉としての評価、流通面では一般消費者からの食味評価などの面で、まだ不明な点や解決すべき問題が残された。

謝 辞

本研究を進めるにあたり、DM子牛の発生状況調査とDM子牛の提供に快くご協力いただいた岩手県内の農協および生産農家の方々、並びに枝肉の調査にご協力いただいた（株）岩手畜産流通センターの方々に深く感謝いたします。

引用文献

- 1) Arthur PF(1995). Double muscling in cattle:a review. Aust. J. Agric. Res., 46:1493-1515.
- 2) Charlier C, Coppieters W, Farnir F, Grobet L, Leroy PL, Michaux C, Mni M, Schwers A, Vanmanshoven P, Hanset R, Georges M(1995). The *mh* gene causing double-muscling in cattle maps to bovine Chromosome 2. Mamm.Genome, 6:788-792.
- 3) Grobet L, Royo Martin LJ, Poncelet D, Pirottin D, Brouwers B, Riquet J, Schoeberlein A, Dunner S, Ménissier F, Massabanda J, Fries R, Hanset R, Georges M(1997). A deletion in the Bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. Nature Genet., 17:71-74.
- 4) Grobet L, Poncelet D, Royo LJ, Brouwers B, Pirottin D, Michaux C, Ménissier F, Zanotti M, Dunner S, Georges M(1998). Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. Mamm.Genome, 9:210-213.
- 5) Harvey WR(1990). Users' guide for LSMLMW computer program. Ohio State Univ. Columbus. 1-18.
- 6) 石原盛衛(1962). 肉牛肥育法. 第6版. 養賢堂. 東京. 60-61.
- 7) McPherron AC, Lawler AM, Lee SJ(1997). Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF- β superfamily member. Nature, 387:83-90.
- 8) 水間豊(1980). 日本短角種=短角を上手に飼うためには=. 社団法人日本短角種登録協会. 青森. 286-295.
- 9) 社団法人全国和牛登録協会編(1993). 和牛登録事務必携. 平成5年度版. 社団法人全国和牛登録協会. 京都. 56-58.
- 10) 其田三夫(1987). 主要症状を基礎にした牛の臨床. 改訂増補第4版. デーリィマン社. 札幌. 382-384.

Identification of Deletion Mutation in Myostatin Gene Associated with Double muscling in Japanese Shorthorn Cattle Breed and Its Effect on Meat Productive Traits

Toshiyuki SUZUKI, Kenji OHTAWARA¹, Yoshikazu SUGIMOTO²,
Shuichi TANAKA³, Shigeki KOMATSU and Yoshisato YOSHIKAWA

Muscular hypertrophy in cattle (double muscling, DM) has been selected as a superior phenotype in meat production in Europe, on the other hand, DM had not been found on and after the 1990s since it referred as pig-hips had been excluded due to its association with lower meat quality in Japan. We found a Japanese shorthorn calf exhibiting DM in Iwate in 1998. In order to control DM in the population we analyzed the causative gene, myostatin, in the calf, and identified 11-bp deletion of the gene which is widely distributed among European cattle population.

Using a DNA test detecting the 11-bp deletion, we found that 30 sires of which 247 of Japanese shorthorn heterozygously harbored the deletion mutation. We further surveyed the deletion mutation in 61 offspring of the heterozygous sires, and found one mutant allele in 32 offspring and two mutant alleles in four, the latter which were diagnosed to be DM. In addition, we investigated meat productive traits in three DM cattle fattened. The three DM cattle were not superior in growth competence to six normal cattle, but increased in muscle mass of approximately 20%.

The grading results of all DM cattle were A-1, indicating that DM cattle may not be recommended to beef farmers. However, a DM phenotype could become precious genetic resource for production of lean beef in the near future.

Key words: Japanese Shorthorn, double muscling, myostatin gene, meat productive traits

¹Shirakawa Institute of Animal Genetics,

²Central Livestock Hygiene Service Center