

ランドレース種とデュロック種交雑家系における 経済形質とDNAマーカーとの関連

鈴木暁之・藤原哲雄・田中修一・小野寺勉・菅原東一¹⁾・美川 智²⁾
楠本宏司³⁾・和田康彦⁴⁾・小林栄治²⁾・峰澤 満⁵⁾・安江 博²⁾

はじめに

近年、分子生物学の飛躍的な進歩により、これまで困難とされてきた多くの課題が解決されるようになってきている。中でもゲノム解析は、PCR法の開発により極微量の試料からでも解析できるようになったことから、個体識別⁷⁾及び品種鑑別¹⁰⁾などがすでに実用化されている。また、発育や肉質などのように複数の遺伝子が関係しているといわれる量的形質にかかる研究は、国際的な競争になっており、QTL (Quantitative Trait Loci; 量的形質遺伝子座) 解析が進められている。

このような中、筆者らは、1994年から農林水産省畜産試験場(農水省畜試)の委託研究「DNAマーカーを用いた新育種技術の開発」に取り組み、DNAマーカーによる新しい選抜技術を開発するため豚の経済形質と関連するDNAマーカーの解析を共同で行ってきた^{5,9)}。

DNAマーカーとは、染色体上の位置が特定され、個体によって構造や形態が少し異なる(多型性のある)DNAの領域である。DNAマーカーの中でも、シトシン(C)及びアデニン(A)からなる(CA)_nという単純な繰り返し塩基配列であるマイクロサテライト(MS)は、染色体上のいたるところに存在する。このMSは、遺伝子としての機能はもたないといわれているが、CA塩基の繰り返し回数に個体差があらわれやすいことからマーカーとしての主流になっており、現在、米国農務省(USDA)のWeb上に公開されているものだけでも1,500以上にのぼる。

DNAマーカーと目的とする未知の遺伝子が同じ染色体上の近接したところであれば、親から子へは遺伝子とDNAマーカーと一緒に遺伝する確率が高くなる。この原理を利用して、形質とDNAマーカーとの関連を解析し、未知遺伝子の領域を特定するのが連鎖解析である。

豚の経済形質の中でも、枝肉の赤肉と脂肪の構成割合は、枝肉価格形成上重要な要素となっており、赤肉割合を高めることは、豚の育種改良の主要な目標の1つとなっている。

本研究では、ランドレース種とデュロック種との交雑家系を造成し、枝肉の赤肉割合を中心とした豚肉の品質に関連するDNAマーカーについて連鎖解析した結果、いくつかの形質においてQTL候補が検出されたので報告する。

試験方法

1. 交雑家系の造成

(1) 品種

ランドレース種(L)雌3頭及びデュロック種(D)雄2頭を供試した。

L種は当所の系統造成途中豚(1世代)、D種は岩手県経済農業協同組合連合会種豚センターで飼養されている系統豚サクラ201である。

(2) 交配

L×Dの交配により交雑家系第1世代(F1)を生産した。次に、F1の兄弟交配により交雑家系第2世代(F2)を生産し、産肉形質等の調査を行った。

1) 県立農業大学校, 2) 農林水産省畜産試験場, 3) (社) 農林水産先端技術産業振興センター (STAFF) 農林水産先端技術研究所, 4) 現 佐賀大学, 5) 現 農林水産省生物資源研究所

2. 形質の測定

体重 30 ~ 90kg において、豚産肉能力検定飼料の不断給餌，自由飲水により産肉能力検定を行った。検定終了後，県内食肉処理場において屠殺し，当所へ左半丸の枝肉を持ち帰り，冷屠体重，屠体長，屠体幅，背脂肪厚，ロース断面積，椎骨数，ロース肉色，脂肪色，枝肉比重などの枝肉形質を測定した。枝肉の赤肉割合は，水中比重法¹⁴⁾を用いて推定した。また，併せて毛色，皮膚色等の質的形質の調査も行った。

3. DNA マーカーの解析

(1) マイクロサテライト (MS) マーカー

多型解析に供した MS マーカーは，農林水産先端技術産業振興センター農林水産先端技術研究所 (STAFF 研) から供給され，そのマーカー数は 1994 年 99，1995 年 64 であった。また，1996 年からはシーケンサーでの解析に対応するため，蛍光標識されたマーカーを用い，1996 年 51 及び 1997 年 79 を多型解析に供した。さらに，1998 年には必要な領域のマーカーをさらに 9 追加した (図 1)。

連鎖解析には，全て蛍光標識されたマーカーの結果を用いた。

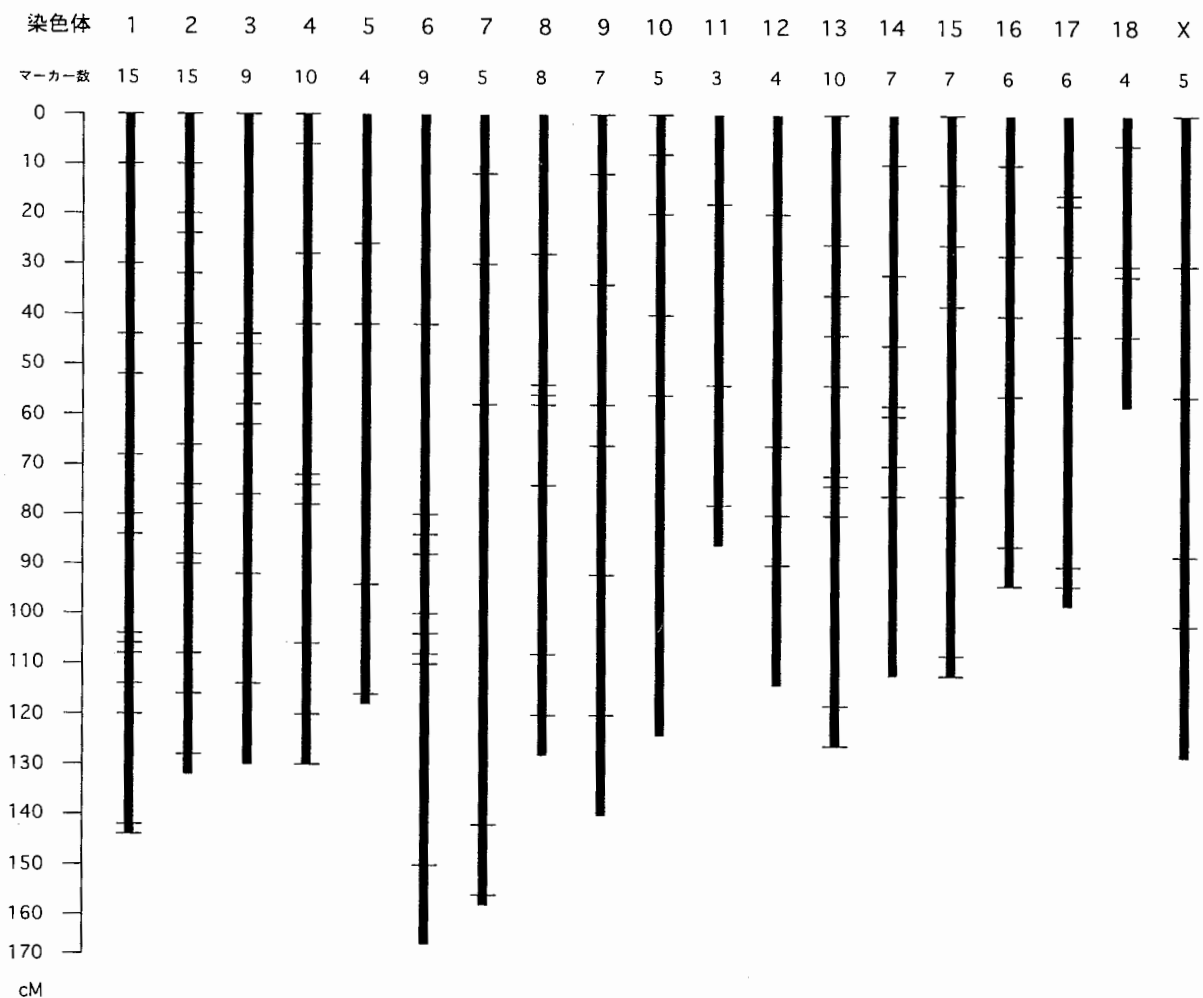


図 1 供試マーカーの連鎖地図

(2) ゲノム DNA の調製

ゲノム DNA の調製には、血液又は耳翼組織を用い、次の方法で調製した。

① 血液からのゲノム DNA の調製

- a. ヘパリン全血 10m ℓ に 0.3%NaCl+1mM EDTA 溶液を 40m ℓ 加え軽く転倒混和し、2,000rpm で 10min 遠心分離する。
- b. 上清を捨て、同溶液を 20m ℓ 加えボルテックスし、同様に 2,000rpm で 10min 遠心分離する。
- c. 上清を捨て 0.9%NaCl+1mM EDTA 溶液を 2m ℓ 加え、混和した後、3本のマイクロチューブに分注する。
- d. これを 8,000rpm で 5min 遠心分離し、上清をきれいに吸い取って捨て、1本を DNA 調製に用い、2本は凍結保存する。
- e. 上記方法で抽出した白血球に PBS200 μ ℓ を加え、QIAamp Blood Kit(QIAGEN)により調製する。

② 耳翼組織からのゲノム DNA の調製

- a. 10mm 角程度の組織をマイクロチューブに入れ NP-40 buffer を加え、眼科用ハサミで細切する。
- b. SDS buffer を 500 μ ℓ 加える。
- c. Proteinase K(10 μ g/m ℓ)を 10 μ ℓ 加え、転倒混和する。
- d. 55°C におき、一晩おく。
- e. RNase(0.1 μ g/m ℓ)を 4 μ ℓ 加え、37°C に 2h おく。
- f. 3M の酢酸ナトリウムを 30 μ ℓ 加える。
- g. フェノールを 300 μ ℓ 加えボルテックスし、12,000rpm、5°C で 5min 遠心分離する。
- h. 上清を冷エタノール 1,200 μ ℓ に加え、15,000rpm、5°C で 15min 遠心分離する。
- i. 上清をきれいに吸い取って捨て、沈殿物を乾燥させた後、500m ℓ の水で溶解させる。

(3) PCR

PCR 反応液は、15 μ ℓ の反応液中に、ゲノム DNA 20ng、プライマーセット 0.4pM、AmpliTaq Gold 0.375 Unit、dNTP 200nM、10 × PCR Buffer 1.5 μ ℓ になるよう調製した。

PCR は、ABI GeneAmp 9600 及び TaKaRa Thermal Cycler MP を用いて、94°C 9min、(94°C 1min、60°C 2min) × 35cycle、72°C 10min. のプログラムで行った。

(4) 電気泳動

蛍光標識されていないマーカーについては、8% ポリアクリルアミドゲルを用いてスラブ型又はサブマリン型電気泳動装置で行った。

蛍光標識されたマーカーについては、6% ポリアクリルアミドゲルを用いて ABI 373S Sequencer により電気泳動を行った。

(5) 多型の解析

蛍光標識されていないマーカーについては、エチジウムブロマイドで染色した後、紫外線照射装置を用いて写真撮影し、多型を判定した。

蛍光標識されたマーカーについては、GeneScan 及び Genotyper ソフトウェアを用いて多型の有無と allele サイズを解析した。

(6) 連鎖解析

それぞれの形質データと allele サイズ (マーカー型) との関連を調べるため、インターバルマッピング法を用いて連鎖解析した。

試験結果

1. 交雑家系の造成

D 種を交配した L 種雌豚 3 頭のうち、受胎したのは 1 頭で、その産子より雄 1 頭雌 5 頭を選抜して F1 世代とした。

作出に用いた F1 世代の雌豚は平均 3.5 産で、ほぼ 5 年間を要して F2 世代 186 頭を生産した。そのうち 150 頭について産肉能力検定を開始し、133 頭について検定を終了した。

2. F2 世代の産肉成績

F2 世代の産肉能力検定成績における主な形質の平均値は、生時体重 1.62kg ± 0.36, 検定中 DG (30-90kg) 664.39g ± 112.38, 枝肉重量 59.93kg ± 3.14, 屠体長 93.93cm ± 3.28, 背脂肪厚 (体長 1/2) 1.65cm ± 0.40, 枝肉全体比重 1051.33g/l ± 8.59, 肉色 (ロース L 値) 51.08 ± 3.03 であった。これらを含む産肉成績の結果を表 1 に示した。

表 1 F2 世代の産肉能力検定結果

形 質 名	データ数	平均値	最小値	最大値	標準偏差	変動係数
1) 質的形質						
乳頭数 (右)	111	6.47	5.00	8.00	0.67	10.34
乳頭数 (左)	111	6.45	5.00	8.00	0.71	10.96
生時体重 (kg)	152	1.62	0.80	3.00	0.36	21.98
2) 発育形質						
検定開始時体重 (kg)	139	33.50	19.40	51.60	6.19	18.47
検定終了時体重 (kg)	133	90.55	76.20	98.00	2.93	3.24
検定中の DG (30 - 90kg) (g/日)	133	664.39	405.83	977.78	112.38	16.92
検定中の DG (30 - 70kg) (g/日)	130	668.47	345.76	983.33	138.13	20.66
3) 屠体形質						
屠殺時体重 (kg)	77	91.67	76.20	118.00	5.04	5.50
冷屠体重 (kg)	128	59.93	49.58	74.40	3.14	5.25
枝肉歩留 (%)	62	65.28	61.56	72.95	1.94	2.97
カタ重量 (kg)	128	19.41	15.52	23.56	0.57	5.91
ロース・バラ重量 (kg)	128	21.38	17.50	26.26	0.76	7.12
ハム重量 (kg)	128	19.14	15.96	24.84	0.67	6.98
屠体長 (cm)	128	93.93	86.00	103.50	3.28	3.49
背腰長 I (cm)	128	78.50	71.50	87.00	2.67	3.40
背腰長 II (cm)	126	69.34	63.00	76.00	2.64	3.81
背腰長 III (cm)	127	51.47	46.50	57.00	2.19	4.26
屠体幅 (cm)	127	31.65	29.00	35.50	1.25	3.96
背脂肪厚 (肩) (cm)	128	3.13	2.00	4.42	0.48	15.19
背脂肪厚 (背) (cm)	128	1.47	0.42	2.35	0.38	25.64
背脂肪厚 (腰) (cm)	128	2.62	0.93	3.77	0.48	18.49
背脂肪厚 (体長 1/2) (cm)	125	1.65	0.70	2.80	0.40	24.18
椎骨数	127	21.67	21.00	22.00	0.47	2.17
胸椎数	127	15.98	15.00	17.00	0.56	3.51
腰椎数	127	5.69	4.00	7.00	0.62	10.91
ロース断面積 (5 - 6 胸椎間) (cm ²)	115	20.39	14.30	30.40	3.31	16.24
カタ比重 (g/l)	125	1059.36	1040.02	1079.23	7.56	0.71
ロース・バラ比重 (g/l)	126	1035.94	1012.86	1069.36	11.19	1.08
ハム比重 (g/l)	126	1061.76	1045.74	1075.10	6.47	0.61
枝肉全体比重 (g/l)	127	1051.33	1032.63	1072.94	8.59	0.82
赤肉割合 (%)	31	56.32	46.65	66.86	4.74	8.41
脂肪割合 (%)	31	32.44	21.73	41.72	4.99	15.39
推定赤肉割合 (%)	127	57.72	48.09	68.64	4.16	7.20
推定脂肪割合 (%)	127	30.40	17.84	40.52	4.66	15.33
推定骨割合 (%)	127	11.87	9.15	13.88	0.72	6.08
ロース色 (PCS)	127	3.74	2.50	5.00	0.50	13.30
肉色 (ロース L 値)	124	51.08	43.84	61.72	3.03	5.92
肉色 (ロース a 値)	120	9.49	4.64	15.38	1.77	18.68
肉色 (ロース b 値)	124	5.21	1.59	14.47	1.94	37.20
脂肪色 (背脂肪外層 L 値)	25	80.34	75.60	85.59	2.35	2.93
脂肪色 (背脂肪外層 a 値)	25	2.92	1.92	4.33	0.62	21.17
脂肪色 (背脂肪外層 b 値)	25	4.31	2.73	7.49	1.06	24.66
脂肪色 (背脂肪内層 L 値)	25	80.53	77.98	83.75	1.31	1.63
脂肪色 (背脂肪内層 a 値)	25	2.88	1.42	5.70	0.87	30.34
脂肪色 (背脂肪内層 b 値)	25	4.28	2.77	5.78	0.82	19.19

赤肉、脂肪、骨の割合については、枝肉の筋肉分離測定値と比重を用いて計算した下記の推定式を用いた。

$$\text{推定赤肉割合 (\%)} = 0.6826 \times \text{枝肉全体比重} - 659.2$$

$$(R^2=0.86, Rse=2.49, n=31)$$

$$\text{推定脂肪割合 (\%)} = -0.5700 \times \text{枝肉全体比重} - 623.0$$

$$(R^2=0.89, Rse=2.37, n=31)$$

3. DNA マーカーの解析

(1) 多型解析

蛍光標識されていない 163 の MS マーカーについて、F1 世代での多型性を解析した結果、多型が認められたマーカーは 72(44%)、多型が認められなかったマーカーが 70(43%)、不明であったものが 21(13%)であった。

また、蛍光標識された 130 の MS マーカーは、農水省畜試及び STAFF 研で多型が確認されたものであったが、PCR 反応が不良または判定が困難であったものを連鎖解析の対象から除外したため、82 マーカーを連鎖解析に用いた。

さらに、連鎖解析の結果から必要と思われた特定の染色体の 23 マーカーを追加し、多型が確認できた 9 マーカーの結果も連鎖解析に用いた。

多型のタイプは、P 世代である L 及び D の allele の数により 1～4 に、またこれに判定不明を加えた 5 つに分けられ、各タイプのマーカー数は表 2 の通りであった。

(2) 連鎖解析

①はじめに連鎖解析に用いた 82 マーカーで 64 頭の F2 について連鎖解析を行った結果、危険率 1% 水準で連鎖が認められた形質とその染色体は、枝肉全体比重 (chr2)、推定赤肉割合 (chr2)、推定脂肪割合 (chr2)、DG(chr8)、ローズ芯面積 (chr2)、毛色 (chr8)、ローズ肉色 L 値 (chr16) であった。

②次に、133 頭全ての解析終了後に、同様のマーカーで連鎖解析した結果、ほぼ同様の結果が得られたが、新たに毛色 (chr2) に 1% 水準で連鎖が認められた (表 3)。

③この中で、当研究の主要な目的であった赤肉割合について有意差が認められたため、2 番染色体全体をカバーするようマーカーを追加した。また、他のほとんどの共同研究機関で 1 番染色体と椎骨数とに高い連鎖が認められたため、1 番染色体についてもマーカーを追加し、再度連鎖解析した。

その結果、2 番染色体上に枝肉比重、推定赤肉割合及び推定脂肪割合のいずれも 24cM に存在するマーカー Swr783 付近に 1% 水準以下の高い連鎖が認められた¹¹⁾ (図 2)。一方、1 番染色体には有意差は認められなかった。

表 2 MS マーカーの多型解決結果

allele	1		2		3		4	不明	合計
タイプ	AA × AA	AA × AB	AA × BB	AB × AB	AA × BC	AB × AC	AB × CD		
マーカー数	7	21	15	1	35	11	10	38	138
割合 (%)	5	15	11	1	25	8	7	28	100

表 3 連鎖解析結果

	n	AVG ± STD	染色体	尤度比	lod score	マーカー数	F2 頭数	尤度比検定
ロース肉色 b 値	124	5.2 ± 1.94	1	14.3	3.1	9	77	*
枝肉全体比重	127	1051.3 ± 8.59	2	15.8	3.4	13	82	*
推定赤肉割合	127	57.7 ± 4.16	2	16.1	3.5	13	82	*
推定脂肪割合	127	30.4 ± 4.66	2	17.4	3.8	13	82	**
推定骨割合	127	11.9 ± 0.72	2	23.0	5.0	13	82	***
毛色	120		2	17.0	3.7	13	63	**
屠体長	128	93.9 ± 3.28	6	13.9	3.0	4	50	*
DG (30 - 90kg)	133	664.4 ± 112.4	8	18.8	4.1	3	55	**
DG (30 - 70kg)	130	668.5 ± 138.1	8	15.4	3.3	3	49	*
毛色 (優性白)	120		8	32.7	7.1	3	51	***
DG (30 - 70kg)	130	668.5 ± 138.1	9	12.6	2.7	3	49	*
背腰長	128	78.5 ± 2.67	13	12.7	2.8	4	50	*
乳頭数	111	6.5 ± 0.67	14	12.8	2.8	5	51	*
DG (30 - 90kg)	133	664.4 ± 112.4	15	15.5	3.4	6	55	*
DG (30 - 70kg)	130	668.5 ± 138.1	15	14.2	3.1	6	49	*
ロースバラ比重	126	1035.9 ± 11.19	15	19.1	4.1	6	29	*
胸椎数	127	16.0 ± 0.56	15	11.8	2.6	6	54	*
腰椎数	127	5.7 ± 0.62	15	11.7	2.5	6	54	*
カタ重量	128	9.7 ± 0.57	16	12.2	2.6	3	50	*
ハム比重	126	1061.8 ± 6.47	16	19.6	4.3	3	29	**
ロース肉色 L 値	124	51.1 ± 3.03	16	12.8	2.8	3	54	**
背脂肪厚(体長 1/2)	125	1.7 ± 0.40	16	12.0	2.6	3	51	*
背腰長 1	128	78.5 ± 2.67	17	11.6	2.5	3	50	*

尤度比

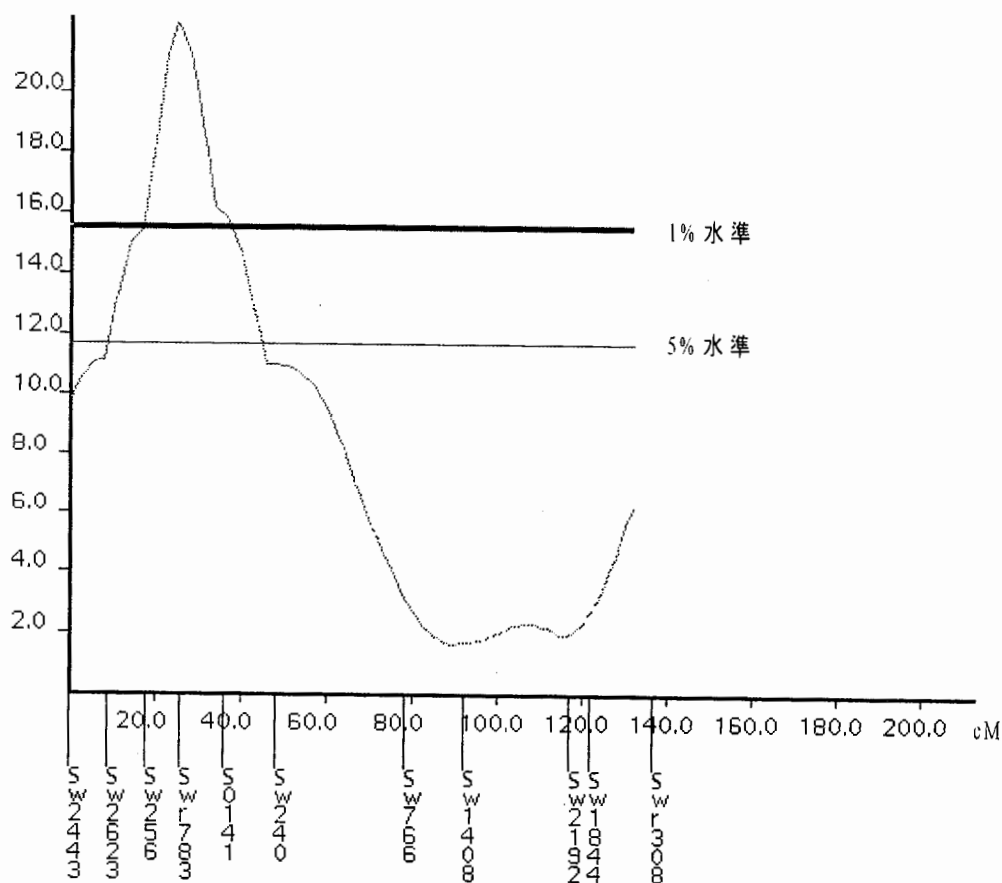


図 2 赤肉割合の連鎖解析結果 (2 番染色体)

考 察

1. 家系の造成

当初、120頭のF2世代を4年間で生産する予定であったが、計画より1年ほど生産が遅れた。

これは、5頭選抜していた雌のうちの1頭不受胎であったことと、予定より1産あたりの分娩頭数が少なかったためである。

共同研究を行った他の機関においても、家系の造成は計画に対して遅れる傾向になっており、今後、家系造成を行う上では検討を要する点である。

2. DNA マーカーの解析

(1) 多型解析

交雑家系に用いた2品種間で解析に利用可能であったMSマーカーの割合は44%で、遺伝的にかき離れた品種（梅山豚×ゲッチングミニ：農水省畜試⁶⁾¹²⁾、パークシャー×クラウンミニ：鹿児島県畜産試験場³⁾、ランドレース×イノシシ：群馬県畜産試験場⁴⁾、大ヨークシャー×金華豚：静岡県畜産試験場⁸⁾）を利用した他公所が70～80%であったのに比較して低かった。これは、交雑家系に用いたランドレース種及びデュロック種は産肉性について改良された品種であり、産肉能力にも極端な差は見られなく、産肉形質に関する優良な遺伝子がホモ化されていることによるものと考えられた。

(2) 連鎖解析

利用可能であった91マーカーで連鎖地図を作成した結果、マーカー数が少なく連鎖解析ができなかった染色体は、3番、5番、7番及び12番であった。このように、MSマーカーの利用可能割合が低いことは、QTL検出のための連鎖解析において今後も問題になるものと考えられる。しかしながら、今回のように遺伝的にかき離れていない品種を用いて連鎖解析を実施したにもかかわらず、19形質において23のQTL候補を検出できたことは、産肉性において改良された品種でもまだ多くの遺伝的変異を持ち合わせており、それがMSマーカーを用いた連鎖解析で検出可能であることを示したと考えられる。

連鎖解析により検出されたQTLから遺伝子を同定する上において、染色体上にマッピングされたMSマーカーの数を増やし、目的の領域を絞ることが必要となるが、今回1番及び2番染色体において、MSマーカーを新規に検索して解析した結果、赤肉割合等に関する形質と連鎖する遺伝子の領域を絞ることもできた。2番染色体には、最近IGF2遺伝子と産肉性との関連が報告されており¹²⁾、当所の結果との関連には今後興味もたれる。

一方、1番染色体には共同研究機関のほとんどの家系において、椎骨数と強い連鎖がみられたが³⁾⁴⁾⁶⁾⁸⁾¹²⁾、当所の家系における椎骨数は最小21、最大22と変異がほとんどなく、連鎖解析においても有意差は認められなかった。これは、産肉能力の改良において、体長の長いものが選抜されてきた結果、利用した2品種間においてはこの遺伝子はすでにホモ化され固定されているためと考えられる。

MSマーカーを利用した新しい選抜技術の実用化を検討するためには、実際の選抜にMSマーカーを利用し、そのQTL効果を実証することが必要になる¹³⁾。

今後、今回のQTL効果を実証するため、マーカーアシスト選抜(MAS)やマーカーアシスト導入(MAI)を検討していく予定である。

摘 要

農水省畜試の委託研究「DNAマーカーを用いた新育種技術の開発」において、豚の経済形質と関連するDNAマーカーの検索を目的として1994年より共同研究を行った。当所で作出したランドレース種とデュロック種による実験家系において、DNAマーカーと測定形質との連鎖解析を行った結果、枝肉の赤肉割合等いくつかの形質についてQTL候補を検出した。

引用文献

- 1) Carine Nezer, Laurence mareau, Benoit Brouwers, Wouter Coppieters, Johann Detilleux, Roger Hanset, Latifa Karim, Alex Kvasz, Pascal Leroy and Michel Georges. An imprinted QTL with major effect on muscle mass and fat deposition maps to the IGF2 locus in pigs. 1999. nature gene..21.155-156
- 2) Jin-Tae Jeon, Orjan Carlborg, Anna Tornsten, Elisabetta Giuffra, Valerie Amarger, Patrick Chardon, Lena Andersson-Eklund, Kjell Andersson, Ingemar Hansson, Kerstin Lundstrom and Lief Andersson. A paternally expressed QTL affecting skeletal and cardiac muscle mass in pigs maps to the IGF2 locus. 1999. nature gene..21.157-158
- 3) 加治佐修・犬童政昭・三宅正志・小林栄治・和田康彦・美川智・峰澤満・安江博. バークシャー種とクラウンミニブタ交雑家系のDNA マーカーを用いた連鎖解析. 1998. 第69回日豚大会講要
- 4) 松原英二・湊和之・稲毛優子・楠本宏司・美川智・和田康彦・小林栄治・栗田崇・安江博. イノブタ実験家系における経済形質とマイクロサテライトマーカーとの連鎖解析. 1999. 第70回日豚大会講要.
- 5) 三上仁志・安江博・小畑太郎・小松正憲・小林栄治. 1995. 豚における表現型質とDNA マーカーとの連鎖解析 -全体計画-. 第90回日畜大会講要.
- 6) 三上仁志・美川智・小林栄治・和田康彦・秋田富士・伊藤嘉保・柳井智・島貫伸一・杉山千秋・内田陽子・久松紀子・三宅正志・楠本宏司・古川力・小松正憲・峰澤満・安江博. 海山豚とゲッチングミニ豚交雑家系を用いたマーカー地図の作成と形質関連遺伝子のマッピング. 1997. 第92回日豚大会講要
- 7) 湊和之・渋谷立人・鈴木保・杉山千秋・小林栄治・美川智・峰澤満. 混合精液による産子のDNA マーカーを用いた父子判定. 1997. 日豚大会講要
- 8) 室伏淳一・河原崎達雄・堀内篤・久松紀子・楠本宏司・美川智・和田康彦・峰澤満・安江博. 金華豚・大ヨークシャー種交雑実験家系における産肉性, 肉質とDNA マーカーとの連鎖解析. 1998. 第69回日豚大会講要.
- 9) 大石孝雄・安江博・峰澤満・和田康彦・伊藤嘉保・小林栄治・美川智・古川力・秋田富士・三上仁志・川端習太郎・楠本宏司・三宅正志・久松紀子・内田陽子・稲毛優子・山田渥・田中修一・鈴木啓一・渋谷立人・堀内篤・鈴木治夫・黒木政博・犬童政昭. 豚におけるDNA マーカーを用いた新育種技術の開発について. 1998. 第69回日豚大会講要
- 10) 奥村直彦・中島恵美子・福島仁司・両角岳哉・鈴木秀昭・濱島紀之・三橋忠由. 毛色関連の遺伝子を用いた豚の品種推定法. 1999. 第96回日畜大会講要. 71
- 11) 鈴木暁之・藤原哲雄・田中修一・小野寺勉・菅原東一・美川智・楠本宏司・和田康彦・小林栄治・峰澤満・安江博. ランドレース種とデュロック種交雑家系における赤肉割合とDNA マーカーとの関連性について. 1999. 第96回日畜大会講要. 56
- 12) 和田康彦・秋田富士・古川力・久松紀子・稲毛優子・石井和雄・伊藤嘉保・小林栄治・楠本宏司・三上仁志・美川智・峰澤満・三宅正志・大石孝雄・島貫伸一・杉山千秋・内田陽子・柳井智・安江博. 海山豚とゲッチングミニブタ交雑家系におけるQTLの解析(第2報). 1998. 第94回日豚大会講要
- 13) 和田康彦. 畜産試験場におけるF2交雑家系のQTL解析と今後の展開. 1999. J.Anim.Genet., 27(2)71-79
- 14) 吉田力・佐藤直人. 肉豚の生体重70, 108kg時における枝肉比重による枝肉構成成分の推定. 1993. 日豚会誌. 30(3). 199-206