

中国 揚州大学で ブタゲノムワイド関連解析に関する共同研究

2018年9月16日から15日間、研究拠点形成事業の中国研究拠点校である揚州大学のBao教授を訪問しました。Bao教授とは、共同研究に関する研究打ち合わせおよびそのデータセットの確認、ならびに今後の研究計画についての打ち合わせを主に行いました。

Bao教授の研究室では、ブタゲノムに関する分子遺伝学的研究を主に行い、同時に、民間種豚会社の育種改良を目的とした研究についても行ってまいります。そのため、種豚会社から得られる経済形質の記録やそのDNA情報についても蓄積しておりました。特に、高密度一塩基多型(SNP)チップを用いてSNP遺伝子型判定された多数のブタ個体を有しておりました。しかし、このような多数の個体を用いた統計解析法について十分な経験を有していなかったことから、ゲノムワイドで量的形質遺伝子座(QTL)を検出する手法(ゲノムワイド関連解析)を詳細に行っておりませんでした。一方、動物遺伝育種学分野では、これまでに大規模データを用いた統計遺伝学的解析法の開発等を中心に研究を行ってきており、ゲノムワイド関連解析についても十分な経験を有しています。そのため、両研究室の長所を生かして、Bao教授の下で得られたブタ集団を対象として、動物遺伝育種学分野にてゲノムワイド関連解析を行い、QTLの検出を試みることを目的に共同研究を実施することとなりました。今回の共同研究における対象集団は、日本でも飼養されている西洋品種です。しかし中国では、西洋品種だけでなく中国在来品種についても育種改良を行えるだけの集団規模を有しており、これら遺伝資源の異なる品種を対象にQTLの探索を行うことで、これまでに報告されていない新規QTLが得られる可能性が考えられます。そのため、中国在来種集団を対象とした今後の研究計画を提案し、収集すべき集団組成・測定記録などの打ち合わせについても行いました。今後、記録が得られた後、動物遺伝育種学分野にて統計解析を実施することになります。

揚州大学には量的遺伝学を専門とした教員が在籍していないことから、大学院生を対象に量的遺伝学の講義を実施しました。今回、初めての揚州大学への訪問であり、これら研究打ち合わせおよび講義を通じ、様々な揚州大学の教員および大学院生との交流を深めることができ、大変有意義な派遣となりました。

(文：東北大学大学院農学研究科動物遺伝育種学分野准教授 上本吉伸)



Bao教授と大学院生たち



大学院生を対象に量的遺伝学について講義を実施