

## 健康でおいしい豚肉と牛肉の開発研究 豚肉と牛肉の開発研究

鈴木 啓一\*

東北大学大学院農学研究科  
宮城県仙台市青葉区堤通雨宮町 1-1 〒 981-8555

TEL&FAX022-717-8636, k1suzuki@bios.tohoku.ac.jp

### Developmental research for healthy, delicious pork and beef Developmental research on pork and beef

Keiichi SUZUKI

Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University  
1-1 Tsutsumidori-amemiya-machi, Sendai, Miyagi

**Keyword:** beef, pork, selection, QTL

2015年4月13日受付, 2015年5月1日受理

#### はじめに

家畜生産の目標の1つは家畜が健康に育つこと、人にとって安全でおいしい畜産物を生産することである。1980年以降、牛、豚、ニワトリの生産効率は育種改良により劇的に変化してきている。統計遺伝学的手法の改善により従来は困難であった肉質や繁殖形質の遺伝的改良も可能となってきており、今後は改良の対象となる選抜形質の選択が重要となってきている。一方、効率的生産を目指した多頭化飼育により、家畜が飼育される環境条件は必ずしも万全とは言えない。出荷された豚の内蔵廃棄率の高さがこのことを示している。こうした状況に対応するため家畜自身の抗病性能力の遺伝的改良や、給

与する飼料への添加物により免疫能を高め健康な家畜を生産する課題も生じた。さらに、ゲノム科学の進展により量的形質に関連する遺伝子を特定し、遺伝的改良を効率的に進める手法の開発も新たな課題となってきている。そこで、肉質と抗病性に関する遺伝的改良とゲノム情報の有用性に関する試験、ワカメ残渣物などの未利用資源給与による免疫能改善試験、さらに、おいしい牛肉の指標探索研究について取り組んだ成果を紹介する。

#### 1. 肉質と抗病性を選抜形質とした豚の選抜試験とゲノム情報の有用性に関する研究

##### 1) 産肉・肉質を選抜形質とした選抜試験と肉質に関する QTL 解析

###### (1) デュロック種選抜試験

おいしい豚肉の指標として、肉の柔らかさ、多汁性、適度な脂肪交雑があげられる。しかし、多汁性、肉の柔

\* 連絡者: 鈴木 啓一 (すずき けいいち)  
(東北大学大学院農学研究科)  
〒 981-8555 宮城県仙台市青葉区堤通雨宮町 1-1  
Tel & Fax 022-717-8636  
E-mail: k1suzuki@bios.tohoku.ac.jp

らかさは遺伝率の情報が少ない。そこで、デュロック種について発育能力、皮下脂肪厚、ロース断面積に加えて、既に育種改良の情報がある筋肉内脂肪を選抜形質とした7世代の選抜を実施し、選抜形質である筋肉内脂肪と相関形質である肉の柔らかさを改良することに成功した。この選抜試験では、一日平均増体量 (DG), ロース断面積 (EM), 背脂肪厚 (BF) および筋肉内脂肪含量 (IMF) の四つの形質の総合育種価を直接の選抜形質とし、肉の軟らかさ (TENDER) も改良形質として測定し、7世代の選抜を実施した (Suzuki ら, 2005a)。選抜反応は図1に示したように DG と同時に IMF が順調に改良された。また、BF と IMF の遺伝率は 0.72, 0.46 と比較的高い値が推定された (表1)。このほかに、枝肉の横切断面脂肪面積割合 (Suzuki ら, 2009) や各脂肪組織の

脂肪酸組成の遺伝率推定値は 0.53 ~ 0.71 や 0.26 ~ 0.44 と比較的高いが、各部位により異なる推定値が得られた (Suzuki ら, 2006)。

## (2) 産肉, 肉質形質に関する QTL 解析

純粋種の改良にゲノム情報を活用するためには、純粋種で QTL 解析を行う必要があるが、国内外とも純粋種の QTL 解析の実績は少ない。そこで、デュロック種系統造成集団を対象とした QTL 解析を行った。対象形質は選抜形質のほかに体尺測定形質、枝肉形質、肉質形質、生理的形質とした。このうち、肉質形質は調査豚のみで、基礎豚から第7世代の計8世代の家系構造からなる1,004頭の集団を QTL 解析に用いた。常染色体上の多型性のある120のマイクロサテライトマーカーおよび新規に作

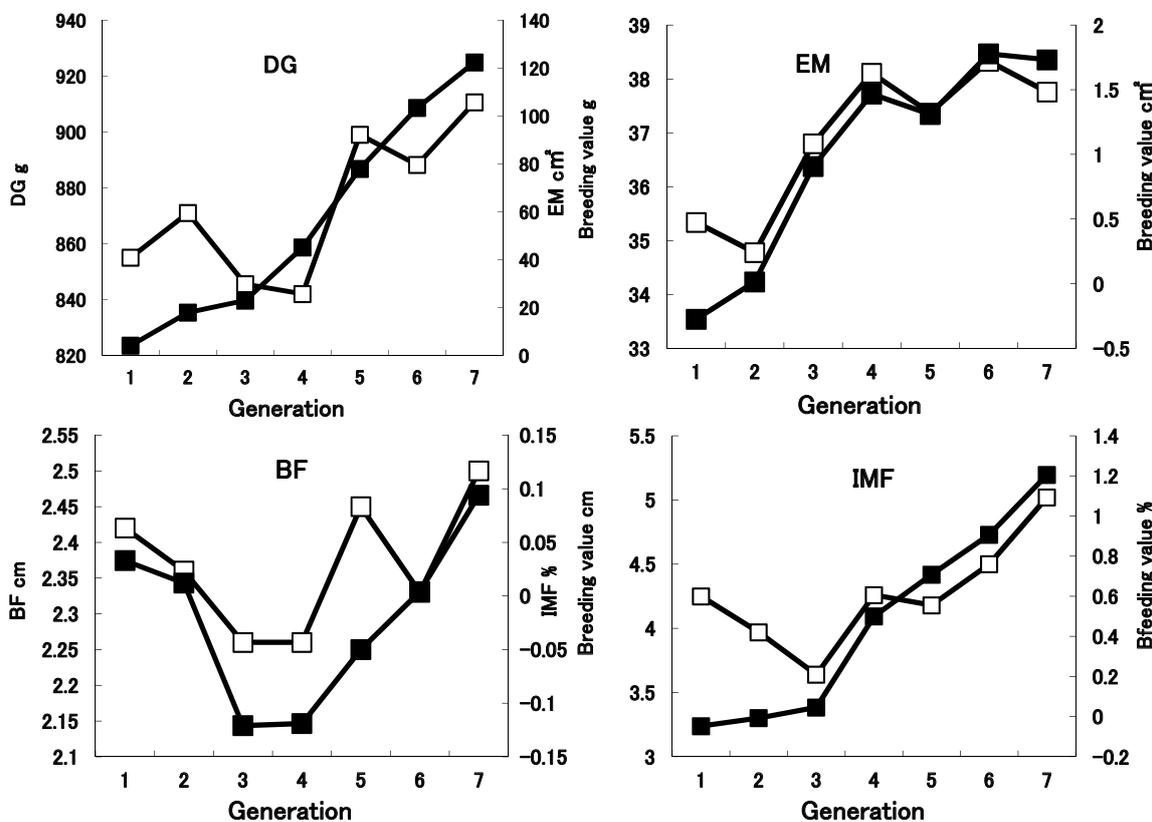


図1. デュロック豚の選抜形質 (一日平均増体量: DG, ロース断面積: EM, 背脂肪厚: BF、筋肉内脂肪: IMF) の表型値(-□-)と育種価 (-■-)の選抜に伴う変化

表1. デュロック豚の遺伝的パラメータ推定結果

形質	N	Mean	SD	$h^2 \pm SE$	$c^2 \pm SE$
一日平均増体量, g/day	1,642	873.6	109.3	$0.48 \pm 0.02$	$0.04 \pm 0.01$
ロース断面積, cm <sup>2</sup>	1,639	37	4.05	$0.45 \pm 0.03$	$0.02 \pm 0.01$
背脂肪厚, cm	1,642	2.37	0.43	$0.72 \pm 0.03$	$0.01 \pm 0.01$
筋肉内脂肪, %	543	4.25	1.46	$0.46 \pm 0.03$	$0.06 \pm 0.02$
Tenderness, kgf/cm <sup>2</sup>	544	72.51	12.71	$0.45 \pm 0.04$	$0.06 \pm 0.02$
飼料要求率	379	2.65	0.17	$0.34 \pm 0.04$	$0.19 \pm 0.03$
一日当飼料摂取量, kg/day	379	2.62	0.23	$0.52 \pm 0.03$	$0.06 \pm 0.01$

成した9マーカーの計129マーカーを用いて全個体で遺伝子型判定を行った。IBD係数を予めMCMC法を用いるLOKIプログラムで、選抜世代と性の母数効果をVCEプログラムで推定して補正した上でSOLARプログラムにより1cMごとにLODスコアを計算した。その結果、12個のSignificant QTLsおよび51個のSuggestive QTLsを検出した(Uemotoら, 2008, Somaら, 2011)。特に、各部位での皮下脂肪面積割合および全脂肪面積割合については、第6番染色体上の同様の領域でQTLが検出された(Uemotoら, 2012a, 図2)。この領域にはレプチン受容体(LEPR)遺伝子があり、背脂肪厚、皮下脂肪面積割合、全脂肪面積割合、および血中レプチン濃度について強い有意性を示し効果があることが示唆された(表2)。LEPR遺伝子上の第4および14エキソン領域内にアミノ酸置換を伴う一塩基多型(SNP)が4つ検出され、第14エキソン上に存在するc.2002C>T

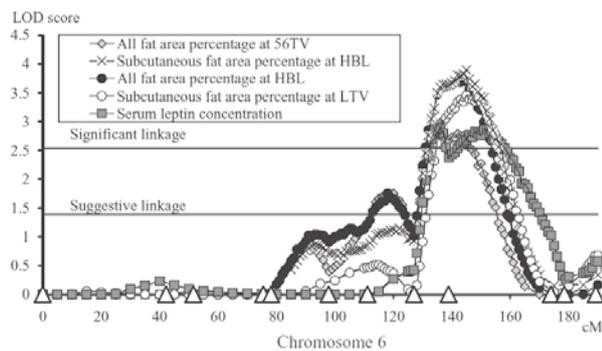


図2. デュロック豚の第6番染色体上に検出された豚の皮下脂肪面積割合、全脂肪面積割合、レプチン濃度に関するQTL解析結果。

表2. レプチン受容体(LEPR)遺伝子のSNPが異なる脂肪蓄積部位の脂肪面積割合に及ぼす効果

形質	相加的效果		優性効果		分散割合 <sup>1</sup> %
	平均	SE	平均	SE	
8週齢背脂肪厚	0.61	0.14	-0.62	0.15	23.60
105kg背脂肪厚	0.15	0.03	-0.13	0.03	22.70
第5-6胸椎部位					
皮下脂肪面積割合	0.61	0.36	-0.29	0.40	10.60
筋肉間脂肪面積割合	0.79	0.29	-0.45	0.33	21.30
全脂肪面積割合	1.40	0.47	-1.75	0.52	22.60
体長1/2部位					
皮下脂肪面積割合	1.66	0.35	-0.54	0.39	27.60
筋肉間脂肪面積割合	0.69	0.28	-0.15	0.32	11.80
腹部脂肪面積割合	0.70	0.25	-0.03	0.28	15.40
全脂肪面積割合	3.01	0.53	-0.75	0.58	39.30
最後胸椎部位					
皮下脂肪面積割合	1.71	0.40	-0.66	0.45	23.40
筋肉間脂肪面積割合	0.65	0.25	-0.07	0.28	20.80
腹部脂肪面積割合	0.62	0.25	-0.30	0.28	11.00
全脂肪面積割合	2.94	0.58	-1.09	0.64	39.00
血漿レプチン濃度	1.28	0.66	-1.02	0.70	38.70

1 全遺伝分散に対するレプチン遺伝子SNP分散の割合

SNPが強い有意性を示した(Uemotoら, 2012b)。さらに、脂肪酸組成および脂肪融点のQTL解析を行った結果、第14番染色体上の領域でQTLが検出された(Uemotoら, 2012c, 図3)。この領域には脂肪酸不飽和化酵素(SCD)遺伝子が候補遺伝子として存在していた。このSNPは、品種間交雑集団を用いたファインマッピングによりその有意性が報告されている。SCD遺伝子上のプロモーター領域に2つのSNP(g-353C>Tおよびg-233T>C)が検出され多型性があり効果があることが示唆され、全遺伝分散に占めるSNPの効果( $V_{SNP}/V_a$ )は、C18:1に対して9%~30.5%の寄与率であることが示された(Uemotoら, 2012d, 表3)。第7番染色体に、胸椎数に関して高度に有意(LODスコア27)なQTLを検出している(Uemotoら, 2008)。このQTL領域には胸椎数の変異に関与するVRTN遺伝子が特定されている(Mikawaら, 2011)。そこで、VNTR遺伝子の原因

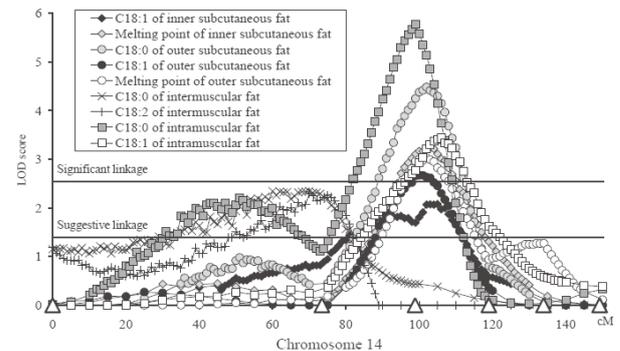


図3. デュロック豚の第14番染色体上に検出された皮下脂肪、筋間、筋肉内脂肪の脂肪酸組成に関するQTL解析結果

表3. デュロック豚の異なる脂肪部位の脂肪酸組成に及ぼすSCD遺伝子SNPの効果

形質	相加的效果		優性効果		分散割合 %
	平均	SE	平均	SE	
皮下脂肪内層					
C16:0	0.37	0.13	0.08	0.16	5.5
C18:0	0.54	0.14	-0.11	0.18	9.9
C18:1	-0.77	0.18	0.01	0.22	17.0
融点	1.34	0.20	-0.05	0.25	22.3
皮下脂肪外層					
C18:0	0.80	0.12	0.11	0.14	22.1
C18:1	-0.90	0.16	-0.15	0.20	24.1
融点	1.22	0.20	-0.10	0.25	27.1
筋肉間脂肪					
C18:0	0.43	0.14	-0.07	0.18	6.1
C18:1	-0.70	0.19	0.11	0.24	9.0
筋肉内脂肪					
C16:0	0.12	0.11	-0.19	0.14	3.5
C16:1	-0.18	0.07	0.02	0.08	5.1
C18:0	0.69	0.10	-0.16	0.12	31.4
C18:1	-0.78	0.16	0.21	0.19	30.5

SNP の効果について検討した結果、胸椎数に関しては、全遺伝分散の 95.3% を説明する極めて大きな効果の遺伝子であることを確認した (Nakano ら, 2015, 表 4)。

## 2) 豚の MPS 抵抗性, 免疫能選抜試験と QTL 解析

### (1) ランドレース種のマイコプラズマ性肺炎病変選抜試験

我が国の出荷豚の内臓廃棄率の主たる原因疾病はマイコプラズマ性肺炎病変 (MPS) である。これを減らすためランドレース種について 5 世代の選抜試験を宮城県畜産試験場との共同研究として取り組んだ。5 世代の選抜により MPS 病変が有意に少ない集団の造成に成功した。この選抜試験では、種雄豚 15 頭と種雌豚 50 頭のランドレース種を基礎集団として、各選抜世代で育成候補の雄豚 50 頭、雌豚 110 頭と、MPS 病変を調査するための調査豚 120 頭の能力検定を 5 世代行った。羊赤血球 (SRBC) を異物として二度接種し、二次接種 1 週間後に末梢血を採材し、免疫能を測定した。一日平均増体量、

表 4. 豚の胸椎数に及ぼす VRTN 遺伝子の効果

形質	相加的効果		優性効果		分散割合 %
	平均	SE	平均	SE	
一日平均増体量	3.24	4.57	-5.38	5.12	0.002
ロース断面積	-0.45	0.22	-0.09	0.24	0.015
皮下脂肪厚	-0.01	0.02	-0.03	0.02	0.000
筋肉内脂肪	0.19	0.10	0.01	0.13	0.022
枝肉重量	0.02	0.18	0.29	0.22	0.000
と体長	0.78	0.17	0.21	0.21	0.112
背腰長 1	0.87	0.13	0.18	0.16	0.213
背腰長 2	1.00	0.14	0.37	0.17	0.247
ロース長	1.17	0.14	0.44	0.17	0.353
屠体幅	0.12	0.10	0.14	0.13	0.008
胸椎数	0.57	0.03	0.13	0.04	0.953
腰椎数	-0.03	0.02	0.01	0.03	0.015
胸腰椎数	0.53	0.03	0.14	0.04	0.856

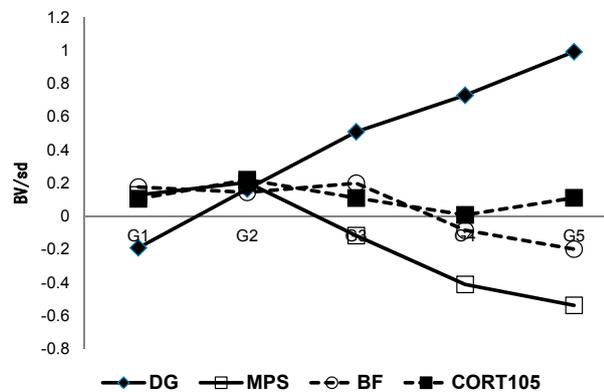


図 4. ランドレース種のマイコプラズマ性肺炎病変に関する選抜形質の遺伝的趨勢

一日平均増体量: DG、MPS 病変割合: MPS、背脂肪厚: BF、コルチゾール濃度 (CRT105)

背脂肪厚, MPS 病変と末梢血コルチゾール濃度の 4 形質を選抜形質として多型質 BLUP 法により育種価を計算し総合育種価による選抜を行った。5 世代の選抜により、一日平均増体量は有意に増加し、MPS 病変は有意に減少した (Kadowaki ら, 2012, 図 4)。

末梢血免疫能の総白血球数, 食細胞活性, 補体別経路活性, 顆粒球・リンパ球比率, SRBC に対する特異的 IgG 産生量を調べた結果, 5 世代の選抜により食細胞活性と顆粒球・リンパ球比率は有意に増加し, IgG 産生量は有意に減少した (図 5)。さらに, 末梢血 IL-17 と IFN- $\gamma$  濃度は有意に増加し, TNF- $\alpha$  は有意に減少した (Sato ら, 2015, 図 6)。MPS 選抜ランドレース種の免疫特性をさらに詳細に調べるため, 一般のランドレース種を対象とし, これに MPS ワクチンを接種したサイン免疫応答を調べた。その結果, MPS 病変が有意に少ないこと (Borjigin ら, 2015), MPS ワクチン接種後の末梢血免疫担当細胞の B 細胞割合が少なくミエロイド細胞割合が高いこと (Shimazu ら, 2013), サイトカインの IFN- $\gamma$  濃度や遺伝子発現も高いこと (Shimazu ら, 2014) などが明らかとなった。これらの結果から, MPS 病変の選抜に伴う自然免疫, 細胞性免疫能の活性化と液性免疫能の抑制が示唆された。さらに, このランドレース種を交雑した交雑 F<sub>1</sub> (LW), 三元交雑豚 (LWD)

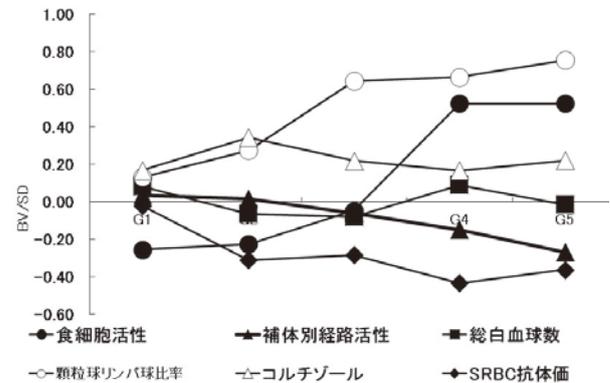


図 5. MPS 選抜ランドレース種の免疫形質の相関反応

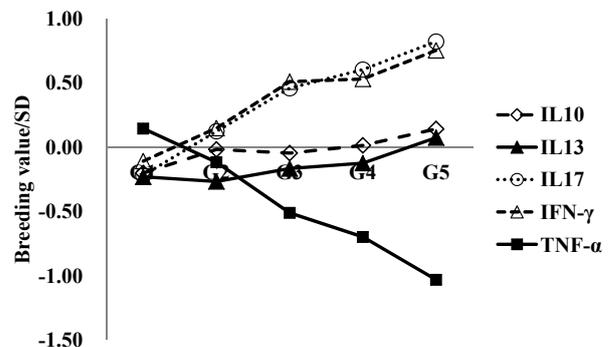


図 6. MPS 選抜ランドレース種の血清サイトカイン濃度の遺伝的趨勢

のMPS病変が一般のLW, LWD豚と比較しても少ないことが明らかとなっており、一般農場での普及利用が期待されている。

(2) QTL解析

MPS病変を選抜形質として改良したランドレース種についてMPS病変や各種免疫能に関するQTL解析のため、約1,300頭の全個体の耳刻片からDNAを抽出し、各染色体上に配置されたマイクロサテライトマーカー119個を用いたQTL解析を実施した。その結果、MPS病変に関して第二番染色体上に有意な領域が検出された。MPS病変の遺伝率は0.23と低いが、相加的遺伝分散に占めるQTLの分散は約80%と非常に高く(表5)、大きい効果の遺伝子の存在が示唆されたのでファインマッピングを行ったが有意な領域での候補遺伝子の特定までは至らなかった(Okamuraら, 2012)。

(3) 免疫能選抜試験

各種の感染症に対して生体の防御機構として免疫能が重要な役割を果たしている。そこで、大ヨークシャー種の種雄豚10頭、種雌豚50頭を基礎集団として、育成雄50頭、育成雌120頭について9週齢で豚丹毒ワクチンを接種後、二週間以内に採血を行い、末梢血食細胞活性、補体別経路活性、豚丹毒ワクチン特異的IgG量を測定し、3形質の育種価の標準偏差で重み付けして合計した総合育種価に基づく6世代の選抜を日本ハム中央研究所との共同研究で取り組んだ。その結果、6世代で育種価の1標準偏差以上の選抜反応が認められ、自然免疫と液性免疫能の高い大ヨークシャー種集団を造成することができた(図7)。

(4) SNP 相関解析

遺伝的に免疫能に関して改良された大ヨークシャー種の免疫能に関する遺伝子特定のため、選抜第3世

代から第6世代までの600頭のDNAを用い、末梢血食細胞活性、補体別経路活性、豚丹毒ワクチン特異的IgGに関する遺伝子特定のためイルミナ社のSNPチップを使い三形質の育種価+誤差を対象としたゲノムワイド相関解析を行った。その結果、各形質ともに有意なマーカーが検出されたが候補遺伝子の特定までは至らなかった。

2. 未利用資源を活用した家畜の抗病性に関する研究

飼料への様々な物質の添加により、動物の免疫機能が強化されることが知られている。海藻は免疫機能を強化する有用な食品添加物として利用されている。豚の飼料への海藻添加により、抗原特異的IgG産生が上昇することをこれまで報告してきた(小野寺ら, 2008, 鈴木ら, 2009)。一方、甘草は古くから中国で炎症抑制のため生薬として使用されてきた。甘草の代表的な作用として、抗ストレス、肝臓における解毒作用の強化、抗炎症などの作用が知られている。甘草による様々な免疫能への影響も報告されている。これらの報告から、飼料への海藻および甘草の飼料添加により豚の免疫機能が強化

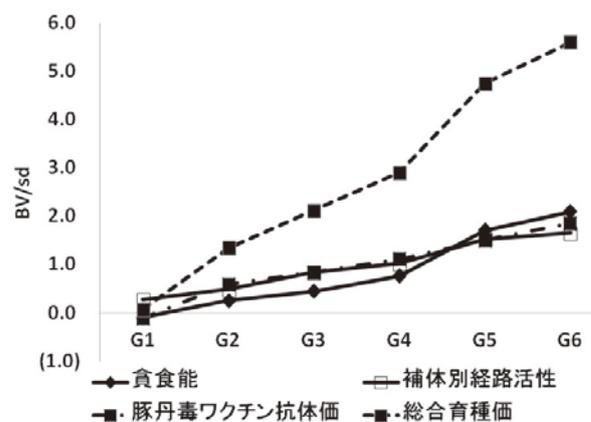


図7 大ヨークシャー種の免疫形質の遺伝的趨勢

表5 MPS選抜ランドレース種の病変に関するQTL解析結果

	SSC <sup>b</sup>	cM <sup>c</sup>	LOD <sup>d</sup>	$h_p^2$ <sup>e</sup>	$h_q^2$ <sup>f</sup>	$h_r^2$ <sup>g</sup>	Marker range
Log-MPS score	2	31	3.36 **	0.23	0.20	0.00	SW1650 SW240
	12	77	1.44 *		0.11	0.12	SWR1802 S0106
AR score	3	99	1.52 *	0.29	0.09	0.17	SW314 SW349
	4	0	1.64 *		0.09	0.24	SW489
	6	99	1.59 *		0.10	0.20	SW1129 SW1823
	13	52	1.56 *		0.08	0.18	S0068 SW129
	14	17	1.47 *		0.07	0.23	SW1631 SW1125

<sup>a</sup>MPS病変、AR病変スコア、<sup>b</sup>SSC、染色体No.; <sup>c</sup>cM、染色体位置cM (Haldane)、<sup>d</sup>LODスコアの有意性  
 \*\*有意な連鎖(>2.51); \*サジェスティブ連鎖(>1.35)、<sup>e</sup> $h_p^2$ 、ポリジーン遺伝率、<sup>f</sup> $h_q^2$ 、QTL相加的遺伝率、  
<sup>g</sup> $h_r^2$ 、残差ポリジーン遺伝率

され、抗菌性添加剤の使用量の低減につながると考えた。そこで、甘草と海藻のアスコフィラムノドサムを豚に飼料添加給与し、抗原としてSRBCを接種して免疫能を調査した。その結果、粘膜免疫の指標となる唾液中IgA濃度が甘草添加区、海藻添加区とも無添加区と比較し有意に上昇した。また、SRBC接種1週間後に海藻区の特異的IgG量が有意に上昇した。さらに、甘草区ではSRBC接種後に炎症性サイトカイン(IL-1 $\beta$ , IL-6, TNF- $\alpha$ )遺伝子発現が有意に抑制された一方で、海藻添加区ではIL-4, IL-2の遺伝子発現が有意に高められた(Katayamaら, 2011)。海藻を飼料に添加給与すると腸内微生物叢の調整、飼料効率の改善、免疫能の活性化が知られている。そこで、アスコフィラムノドサムを飼料に添加給与した結果、粘膜免疫のIgAやSRBC特異的IgG濃度が高まる現象が再確認された(水間ら, 2013)。さらに、腸内微生物叢の変化が見られ、大腸菌などの割合が減少し、豚の免疫能を高める上で海藻が有効な飼料添加物であることが確認できた(未公表)。宮城県は養殖ワカメの生産量が岩手県に次いで全国2位と多いが、茎や根の部分(約2,000t以上)が大量に廃棄されている。ワカメもアスコフィラムノドサムと同じ褐藻類であり、フコイダンやアルギン酸、ラミナリンの多糖類や無機成分が多く含まれている。廃棄されるワカメ残渣物の含水率は90%もあり、飼料添加物として利用するためには海藻の乾燥方法が課題である。また、これらを飼料添加物として有効利用することで腸内微生物叢の調整と消化率の向上、粘膜免疫から全身免疫の活性化がどの程度なのか明かでない、そこで、低コスト省力的な乾燥粉碎法の開発と豚飼料への添加給与による飼料効率の改善効果、腸内微生物叢や粘膜免疫、全身免疫への影響を調べるため、現在研究を進めている。

### 3. 黒毛和種牛肉の美味しさに関わる指標の探索研究

黒毛和種牛肉の肉質、とりわけ脂肪交雑はこの30年間の間に遺伝的能力が劇的に改良された。肉質等級4以上のロース肉の脂肪割合は30%を超える一方で、脂肪交雑に代わる牛肉のおいしさに関する指標の探索が課題となった。そこで、仙台市食肉市場に出荷された牛肉1,656頭のロース部位から脂肪を採材して脂肪酸組成を測定し、遺伝的パラメータの推定と主要な種雄牛の育種価を推定した。モノ不飽和脂肪酸のオレイン酸に関する遺伝率は0.54と推定された(横田ら, 2011)。また、種雄牛の育種価推定値は約7.5%の遺伝的変異のあることが明らかとなった。そこで、次に、モノ不飽和脂肪酸割合を支配するSCD, FASN遺伝子のSNP多型効果の検

討を行った。その結果、オレイン酸濃度の相対的遺伝分散に対するSCD, FASN遺伝子多型の寄与率は宮城の集団で7.61%と5.85%、山形の集団で9.54%と6.75%と推定されこれらの遺伝子の効果は大きいものの、これらの遺伝子だけに支配されているのではないことが明らかとなった(Yokotaら, 2012)。

オレイン酸濃度の遺伝率が高く改良が可能であることが明らかとなったので、オレイン酸などのモノ不飽和脂肪酸(MUFA)がどの程度食味に関連しているかを明らかにするためBMSNo. (4, 7, 9)と性(去勢,

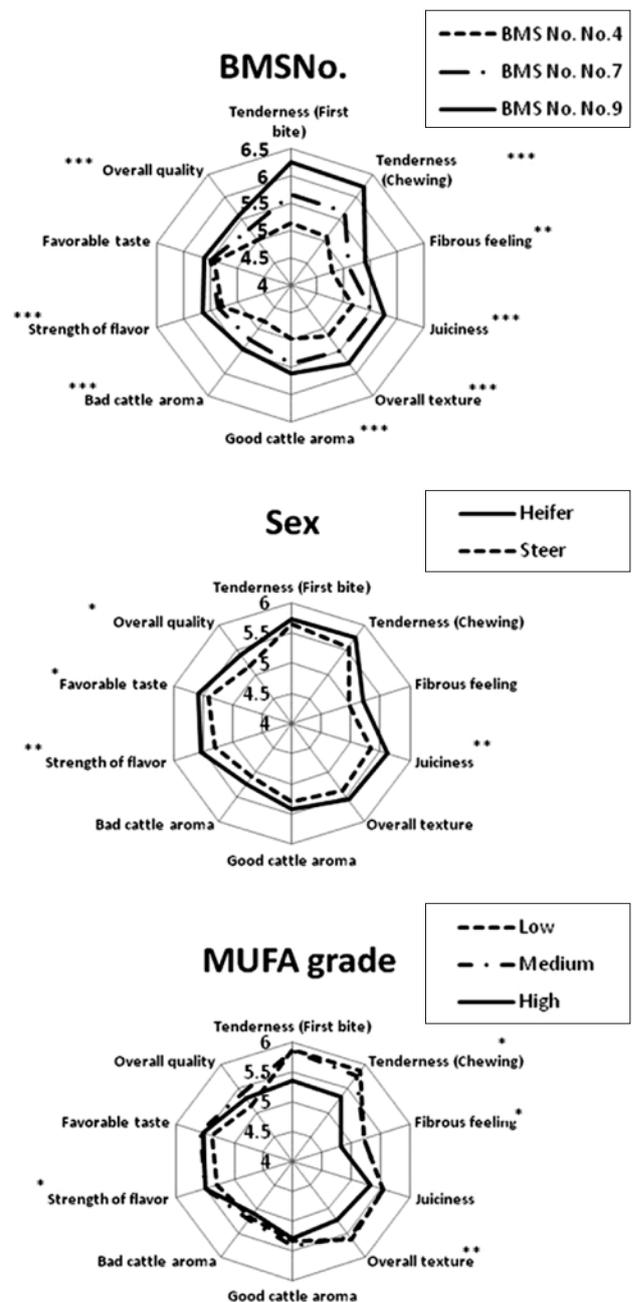


図8. 牛肉のパネルテストに及ぼすBMSNo.、性およびMUFAの影響

雌) 別に 10 頭ずつのサーロイン牛肉 60 頭分を購入し、これらをさらに MUFA の高中低に分類して 3 頭ずつのサンプルを選び、分析型パネルによる 10 項目 8 段階判定のパネルテストを行った。BMS No. の高い方が好ましいうま味以外の全ての項目で有意に高く、食感、風味、うま味、総合評価では牝が去勢より高い評価を受けた。MUFA については、食感、風味、うま味に影響するが、高い方が良いとは限らないことが明らかとなり、MUFA の食味指標に関する限界が示唆された(鈴木ら, 2013, 図 8)。さらに、全国の 6 銘柄牛で肉質等級 4 以上の牝牛の 6 銘柄牛のサーロイン牛肉について、同様にパネルテストとアミノ酸、ATP 関連物質、脂肪酸組成などを比較した。悪い牛臭さと好ましい味に関して銘柄牛間でパネルテストの有意な差が得られ、好ましい味に関連する化学成分としていくつかの有意な物質が特定され、今後の肉用牛の肉質改良の指標として重要であることが示唆された(鈴木ら, 2014)。

以上、健康で美味しい豚肉、牛肉の生産に係わる研究について、従来の統計遺伝学的手法と分子遺伝学的手法による遺伝子探索研究を紹介したが、無限遺伝子座モデルを想定した量的遺伝学に基づく手法は正確であり、遺伝率の高い形質はもちろん病変や免疫形質などのような遺伝率の低い形質でも遺伝的改良は可能であることが実証できた。一方で、分子生物学的手法による遺伝子特定研究は、比較的遺伝率の高い形質については相対的に寄与率の高い遺伝子特定は可能だが、遺伝率の低い形質に関しては困難であることが示唆された。今後は、牛肉の美味しさに係わる成分などのような新たな形質の探索と遺伝的改良と、遺伝率が低く栄養環境などの支配を受ける抗病性や免疫や繁殖形質などに対しては家畜に給与する飼料添加物などによる改善効果を検証する研究が必要と考える。

## 引用文献

- Borjigin L, Shimazu T, Katayama Y, Li M, Satoh T, Watanabe K, Kitazawa H, Roh S, Aso H, Kazuo K, Uchida T, Suda Y, Sakuma A, Nakajoh M, Suzuki K. Immunogenic properties of Landrace pigs selected for resistance 1 to mycoplasma pneumonia of swin. *Anim. Sci. J.*, In press. 2015.
- Kadowaki H, Suzuki E, Kojima-Shibata C, Suzuki K, Okamura T, Onodera W, Shibata T, Kano H. Selection for resistance to swine mycoplasma pneumonia over 5 generations in Landrace pigs. *Livest. Sci.*, **147**:20-26.2012.
- Katayama M, Fukuda T, Okamura T, Suzuki e, Tamura K, Shimizu Y, Suda Y, Suzuki K. Effect of dietary addition of seaweed and licorice on the immune performance of pigs. *Anim. Sci. J.*, **82**:274-281.2011.
- Mikawa S, Sato S, Nii M, Morozumi T, Yoshioka G, Imaeda N, Yamaguchi T, Hayashi T, Awata T. Identification of a second gene associated with variation in vertebral number in domestic pigs. *BMC Genetics*, **12**:5. 2011.
- 水間恵, 岡村俊宏, 鈴木英作, 須田義人, 平山琢二, 小川智子, 鈴木啓一. 海藻・海苔の飼料添加給与がブタの免疫能に及ぼす効果. *日畜会報*, **84**:51-58. 2013.
- Nakano H, Sato S, Uemoto Y, Kikuchi T, Shibata T, Kadowaki H, Kobayashi E, Suzuki K. Effect of VRTN gene polymorphism on Duroc pig production and carcass traits, and their genetic relationships selected for meat production and meat quality traits. *Anim.Sci. J.*, **86**:125-131. 2015.
- Okamura T, Onodera W, Tayama T, Kadowaki H, Kojima-Shibata C, Suzuki E, Uemoto Y, Mikawa S, Hayashi T, Awata T, Fujishima-Kanaya N, Mikawa A, Uenishi H, Suzuki K. A genome-wide scan for quantitative trait loci affecting respiratory disease and immune capacity in Landrace pigs. *Anim. Genet.*, **43**:721-729. 2012.
- 小野寺渉, 加地拓己, 清水ゆう子, 吉野淳良, 小林仁, 須田義人, 鈴木啓一.  $\beta$ - グルカンおよび海藻添加飼料給与が離乳子豚の発育と免疫能に及ぼす影響. *日畜会報*, **79**: 377-383. 2008.
- Sato T, Okamura T, Kojima-Shibata C, Uenishi H, Suzuki K. Correlated response of peripheral blood cytokines with selection for reduced *Mycoplasma pneumonia* of swine lesions in Landrace pigs. *Anim. Sci. J.*, In press. 2015.
- Shimazu T, Borjigin L, Katayama Y, Li M, Satoh T, Watanabe K, Kitazawa H, Roh S, Aso H, Kazuo K, Suda Y, Sakuma A, Nakajoh M, Suzuki K. Immunological characteristics of peripheral blood leukocytes using vaccine for mycoplasma pneumonia of swine (MPS) in swine line selected for resistance to MPS. *Anim. Sci. J.*, **84**:683-692. 2013.
- Shimazu T, Borjigin L, Katayama Y, Li M, Satoh T, Watanabe K, Kitazawa H, Roh S, Aso H, Kazuo K, Suda Y, Sakuma A, Nakajoh M, Suzuki K. Genetic selection for resistance to mycoplasma pneumonia of swine (MPS) in the Landrace line influences the expression of soluble factors in blood after MPS vaccine sensitization. *Anim. Sci. J.*, **85**:365-373. 2014.
- Soma Y, Uemoto Y, Sato S, Sibata T, Kadowaki H, Koayashi E, Suzuki K. Genome-wide mapping and identification of new quantitative trait loci affecting meat production, meat quality, and carcass traits within a Duroc purebred population. *J. Anim. Sci.*, **89**: 601-608. 2011.

- Suzuki K, Kadowaki H, Shibata T, Uchida H, Nishida A. Selection for daily gain, loin-eye area, backfat thickness and intramuscular fat based on desired gains over seven generations of Duroc pigs. *Livest. Prod. Sci.*, **97**:193-202. 2005.
- Suzuki K, Ishida M, Kadowaki H, Shibata T, Uchida H, Nishida A. Genetic correlation between fatty acid compositions in different sites of fat tissues, meat production and meat quality traits in Duroc pigs. *J. Anim. Sci.*, **84**:2026-2034. 2006.
- Suzuki K, Inomata K, Katoh K, Kadowaki H, Shibata T. Genetic correlations between fat accumulations estimated from dressed carcass fat area ratios and production traits, intramuscular fat and serum leptin concentration. *J. Anim. Sci.*, **87**: 2209-2215. 2009.
- 鈴木啓一, 小野寺渉, 熊谷佳子, 加地拓己, 清水ゆう子, 吉野淳良, 須田義人, 小林仁. 海藻,  $\beta$ -グルカン, 酵母の飼料添加給与が育成豚の発育, 免疫能に及ぼす影響. *日畜会報*., **80**:27-34.2009.
- 鈴木啓一, 横田祥子, 塩浦宏陽, 島津朋之, 飯田文子. 試食パネルによる黒毛和種牛肉の食味性に及ぼす肉質等級, 性と脂肪酸組成の影響の評価. *日畜会報*., **84**: 375-381. 2013.
- 鈴木啓一, 塩浦宏陽, 飯田文子, 山田信一, 佐久間弘典. 黒毛和種銘柄牛肉の試食パネルと理化学的成分分析による美味しさに係わる指標の探索. 公益財団法人伊藤記念財団平 24 年度食肉に関する助成研究調査成果報告書., **31**:49-57. 2014.
- Uemoto Y, Nagamine Y, Kobayashi E, Sato S, Tayama T, Suda Y, Shibata T, Suzuki K. Quantitative trait loci analysis on Sus Scrofa chromosome 7 for meat production, meat quality and carcass traits within a Duroc purebred population. *J. Anim. Sci.*, **86**: 2833-2839. 2008.
- Uemoto Y, Soma Y, Sato S, Shibata T, Kadowaki H, Katoh K, Kobayashi E, Suzuki K. Mapping QTL for fat area ratios and serum leptin concentration in a Duroc purebred population. *Anim. Sci. J.*, **83**:187-193. 2012a.
- Uemoto Y, Kikuchi T, Nakano H, Sato S, Shibata T, Kadowaki H, Katoh K, Kobayashi E, Suzuki K. Effects of porcine leptin receptor gene on backfat thickness, fat area ratios by image analysis and serum leptin concentrations in a Duroc purebred population. *Anim. Sci. J.*, **83**:375-385. 2012b.
- Uemoto Y, Soma Y, Sato Y, Ishida M, Shibata T, Kadowaki H, Kobayashi E, Suzuki K. Genome-wide mapping for fatty acid composition and melting point of fat in a Duroc purebred population. *Anim. Genet.*, **43**:27-34. 2012c.
- Uemoto Y, Nakano H, Kikuchi T, Sato S, Ishida M, Shibata T, Kadowaki H, Kobayashi E, Suzuki K. Fine mapping of porcine chromosome 14 QTL and SCD effects on fatty acid composition and melting point of fat in a Duroc purebred population. *Anim. Genet.*, **43**:225-228. 2012d.
- 横田祥子, 杉田春奈, 大友良彦, 須田義人, 鈴木啓一. 黒毛和種牛肉における脂肪酸組成と枝肉形質および肉質形質との遺伝的關係. *東畜会報*., **60**:80-85. 2011.
- Yokota S, Sugita H, Ardiyanti A, Shoji N, Nakajima H, Ootomo Y, Suda Y, Katoh K, Suzuki K. Contributions of FASN and SCD gene polymorphisms on fatty acid composition in muscle from Japanese Black cattle. *Anim. Genet.*, **43**:790-792. 2012.