ランドレース豚の免疫形質と慢性疾病病変に関する 品種内 QTL 解析

田山智規・鈴木啓一・美川 智*・栗田 崇*・上西博英*・
林 武司*・前田高輝・加地拓己・上本吉伸・鹿野裕志**・
柴田知也**・児嶋千尋**・西田 朗

東北大学農学部農学研究科, 宮城県仙台市青葉区堤通雨宮町 1-1, 981-8555

* (独)農業生物資源研究所, 茨城県つくば市観音台 2-1-2, 305-8602

** 宮城県畜産試験場, 宮城県玉造郡岩出山町南沢字樋渡 1, 989-6445

(2006 年 2 月 17 日受付, 2006 年 7 月 28 日受理)

要 約 抗病性に関与する遺伝子を特定するために, ランドレース種について, 免疫形質と慢性疾病病変に関する品種内 QTL 解析を行った。用いた集団は, 慢性疾病病変を選抜形質としたランドレース種系統造成の選抜第 2 世代までの育成豚と調査豚 519 頭 (基礎世代 44 頭, 第一世代 205 頭, 第二世代 310 頭) である。7 週齢時と体重 105kg 時で採血し, 補体別経路活性, 貪食能, 顆粒球・リンパ球比, 総白血球数, 羊赤血球に対する抗体産生能などの免疫形質を測定した (抗体産生能は 105 kg 時のみ)。また, 各世代の調査豚 267 頭についてブタ萎縮性鼻炎 (AR) と肺の病変を測定し, スコア化した。常染色体 18 本に合計 107 個の DNA マイクロサテライトマーカーを配置し, それらの多型判定は, 353 頭 (基礎世代の雌の一部 25 頭と第 1 世代 204 頭, 第 2 世代調査豚 124 頭) について行った。解析には Identical-by-decent (IBD) 行列を利用した分散成分分析法を用いた。まず, IBD 行列を LOKI プログラムにて推定した。分散成分分析法は SOLAR プログラムを用いて行った。解析の結果, 総白血球数と貪食能, そして肺の病変に関する有意な QTL が検出された。

緒 言

豚における呼吸器病をはじめとした慢性疾病は, 発育遅延や飼料効率の低下による生産性の低下, 肉質の悪化, 繁殖障害, 二次感染の併発によ

る疾病症状の悪化とそれに伴う治療・投薬コストの増加など, 経済的な被害が大きい。慢性疾病病変による被害額は, 内臓廃棄損失額と発育遅延による余分な飼料費などを合計すると約 50 億円前後と試算される。こうした疾病に対して, 抗生物

Identification of Quantitative Trait Loci for Immune Traits in Landrace Purebred Swine
T. TAYAMA, K. SUZUKI, S. MIKAWA*, T. AWATA*, H. UENISHI*, T. HAYASHI*, K. MAEDA, T. KACHI,
Y. UEMOTO, H. KANO**, T. SHIBATA**, C. KOJIMA** and A. NISHIDA

Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University, 1-1 Tsutsumidori Amamiya-machi, Aoba-ku, Sendai, Miyagi Prefecture 981-8555, Japan

* Genome Research Department, National Institute of Agrobiological Science, 2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki Prefecture 305-8602, Japan

** Miyagi Prefecture Animal Industry Experiment Station, Hiwatashi 1, Iwadeyama-cho, Tamatsukuri-gun, Miyagi Prefecture 989-6445, Japan

質の利用は耐性菌の出現や抗生剤の豚肉への残留などの問題から、その利用を中止することが検討されてきている。一方、抗病性育種により慢性疾病に罹患しにくい個体群を作出することが豚の慢性疾患対策として考えられる。宮城県畜産試験場では、ランドレース種について慢性疾病の病変を選抜指標とした 5 世代にわたる選抜試験を平成 16 年度より開始した。この試験では、と殺する調査豚について慢性疾病の病変調査を行い、調査豚と育成豚については、疾病との関連を検討するために各種免疫形質を測定している。従来、豚の QTL 解析では、遺伝的に離れた品種間の交雑による F_2 集団の形質と DNA マーカーを利用した QTL 解析がなされ、多くの QTL 領域が報告されてきた。しかし、病変を含む免疫形質に関する QTL の報告は少なく、また多世代に渡る品種内 QTL 解析の報告はない。そこで、本研究では、このランドレース純粋種の第 1 世代、第 2 世代調査豚について多型を示し、利用可能な DNA マイクロサテライトマーカーの選定結果と、これらのマーカーを用いた免疫形質と病変形質に関する予備的な QTL 解析を行った結果について報告する。

材料および方法

1. 供試動物

宮城県畜産試験場で 2004 年より開始された慢性病に対する抵抗性の改良を目標とする系統造成集団であるランドレース純粋種の基礎世代 44 頭（雄 12 頭、雌 32 頭）、第 1 世代 205 頭（雄 116 頭、雌 89 頭）、そして第 2 世代 310 頭（雄 143 頭、雌 167 頭）の合計 519 頭を用いた。

2. 免疫形質

採血液をヘパリン入り試験管に取り、5℃での保存が 2 時間以内の全血中の食細胞が異物を貪食する際の生物化学発光量を貪食能として測定した。測定にはマイクロプレート用ミノメーター MicroLumatLB96P (Berthold 社製) を用いた。全血を 1,000 倍に希釈し、白色のマイクロプレートに 100 μ l/well 入れ、静置した。ルミノールを 10 μ l/well 添加し、10 分間発光量を測定した。測定後、さらにザイモザンを 10 μ l/well 添加し、約 2 時間、経時的に発光量 (RLU/sec) を測定し、そ

の積分値を発光総量 (RLU) として計算し、ケミルミネッセンスによる貪食能の強さ (CL) として評価した。新鮮血を用い総白血球数と顆粒球・リンパ球比を測定した。まず、血液に溶血ヘモグロビン試薬ヘモライナックを添加し、総白血球数を自動血球計数により測定した。さらに、スライドガラス上に約 3 μ l の血液を薄く引いて塗抹標本作製し、ディフクイック染色を行い、顕微鏡にて観察しながらリンパ球、好中球、好酸球、好塩基球を計 100 個カウントし、比率を計算した。残りの血液を 2,000 rpm で 10 分間遠心し、血漿を -80℃ で分析まで保存した。補体別経路活性の測定のため、EGTA-GVB を試験管に 300 μ l ずつ入れ、サンプル血漿を 100 μ l、ウサギ赤血球浮遊液を 150 μ l 加え、37℃ で 40 分間インキュベートした。インキュベート後、氷冷された EGTA-GVB を 4.05 ml 加えた。2,000 rpm 10 分間遠心分離し、波長 413 nm の吸光度を測定した。抗体産生能は次の方法で測定した。体重が 70 kg に達した豚の耳根部に羊赤血球 (SRBC) を 10^8 個筋肉注射し、さらに 1 ヶ月後にもう一度 SRBC を筋肉注射し、その 1 週間後に採血した。血漿中の抗 SRBC 抗体を ELISA 法で測定し、各サンプルの吸光度がスタンダード血漿の何倍希釈に相当するかを検量線から求めた。さらに、その値の逆数を取り、10,000 倍した値を抗体産生能とした。

3. 病変形質

病変形質としてブタ萎縮性鼻炎 (AR) と肺の病変の程度を調べた。調査豚の一部は宮城県畜産試験場の簡易と場でを行い、鼻と肺の病変を調べた。他は全て食肉市場に出荷、と殺後鼻の病変については食肉市場内で、肺の病変については食肉衛生検査所の施設内で調べた。AR は調査豚をと殺後、鼻を犬歯と第一臼歯の間で口蓋面に垂直に切断し、鼻甲介断面の萎縮の程度を、鼻甲介が正常で全く萎縮の見られないもの (± 0) から、鼻甲介が完全に萎縮し空洞化しているもの (+4) まで 0.5 刻み 9 段階で評価した。ブタの肺病変は主にマイコプラズマ性肺炎 (MPS) とブタ胸膜肺炎 (App) により誘発される。本研究ではこれら二つの疾病病変を対象とした。MPS は前葉、中葉、後葉、副葉からなるブタの肺において特に前葉、中

葉の前縁に左右対称に形成されることが多い。これに基づき、MPS の病変については、前葉、中葉には 10 点、後葉、副葉には 5 点を配分し、それぞれの肺葉の肉眼所見による病変面積 (%) を 0 から 5 点で表し、それぞれの点数を合計し、全体 (55 点) の割合で示した。また、明確な App 病変を有する個体は MPS 病変と App 病変を加えたものを肺の病変として評価した。

4. マーカー情報

分娩した時点で子豚の耳刻片を採取し、一時凍結保存後、DNA を抽出した。試験には濃度を 2 ng/ μ l に調整したものをを用いた。DNA マイクロサテライトマーカーは、アメリカ農務省 (USDA : United States Department of Agriculture) で開発されたマーカー¹⁾のうち、独立行政法人農業生物資源研究所家畜ゲノムチームから提供されたものをを使用した。PCR で用いるマイクロサテライトのプライマーに三つの蛍光ラベル (FAM, HEX, NED) をつけた。DNA 8.5 μ l, プライマー 2.0 μ l, buffer 1.5 μ l, 2 mM dNTP 1.5 μ l, AmpliTaqGold DNA polymerase 0.075 μ l, 純水 1.4925 μ l, 計 15 μ l の条件で PCR を行った。PCR 反応は、94°C 9 分, 40 サイクル (94°C 30 秒, 55°C 30 秒, 72°C 30 秒), 72°C 5 分で行った。PCR 産物を、DNA シーケンサー ABI PRISM 3100 (Applied Biosystems 社製) を用いて分析し、Genescan ソフトウェアと Genotyper ソフトウェアを用いて解析を行った。最初に 802 個の DNA マイクロサテライトマーカーを用い、それらの多型の有無を調べ、利用可能なマーカーの選定を行った。3 つ以上の多型が見られ、平均 20 cM 間隔となるようにマイクロサテライトマーカーを選定した。その結果、常染色体 18 本の染色体に 107 個のマーカーを選定・配

置できた。マーカーの選定・配置には基礎豚のうち DNA を採材できた 25 頭の DNA を混合したものを使用した。その後、基礎世代の雌のうち DNA を採取できた 25 頭 (雄は人工授精のため DNA 採取は不可能) と第 1 世代 204 頭、第 2 世代調査豚 124 頭について、107 個のマーカーの多型をマーカー選択時と同様にして調査した。そして、第 1 世代について 107 個のマーカーを用いて集団の遺伝的多様性を評価する尺度であるヘテロ接合率 (H) を求めた。ある遺伝子座について、ヘテロ接合体が全個体に対して占める割合をヘテロ接合率とした。n 個のアリルがあり、i 番目のアリルの頻度が p_i で、集団がハーディー・ワインベルグ平衡に達しているなら、H は以下のような計算式より求めることができる。

$$H = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

染色体別の平均ヘテロ接合率について表 1 に示した。解析に用いたマーカー間の遺伝的距離は、アメリカ農務省 (USDA) の Swine Genome Mapping Project の Marker List (http://www.marc.usda.gov/genome/swine/marker_list.html) に記載されている値を用いた。

5. 統計解析

まず、本研究で用いた免疫形質と病変形質についての基本統計量を SAS プログラム²⁾を用いて計算した。分散成分分析法による QTL 解析で用いた SOLAR プログラムはモデルに母性効果を取り入れることができないので、QTL 解析を行う前に各形質の最良線形不偏推定量 (BLUE) を求め、それを用いて各形質のデータを補正する必要がある。そこで基礎世代 44 頭 (雄 12 頭、雌 32 頭)、第 1 世代 205 頭 (雄 116 頭、雌 89 頭)、そし

表 1. 染色体別の平均ヘテロ接合率

Table 1. Average heterozygosity (Avg H) in each chromosome

SSC	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Avg H	0.672	0.668	0.700	0.739	0.676	0.722	0.736	0.728	0.676
SSC	10	11	12	13	14	15	16	17	18
Avg H	0.634	0.642	0.733	0.747	0.672	0.677	0.687	0.700	0.753

て第2世代調査豚310頭(雄143頭, 雌167頭)の合計519頭の血統データと形質データを用いて, 各形質の遺伝率とBLUEを制限付き最尤法(REML法)により推定した。推定にはVCE 4.25プログラム³⁾を用いた。以下のような単一形質アニマルモデルを用いて推定した。

$$Y_{ijklm} = \mu + G_i + S_j + D_k + P_l + a_m + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm} : 表型値

μ : 総平均

G_i : i 世代の母数効果

S_j : j 番目の性別の母数効果

D_k : k 番目の腹の共通環境効果

P_l : l 番目の飼養環境の母数効果

a_m : m 番目の個体の相加的遺伝子効果

e_{ijklm} : Y_{ijklm} に特有な誤差

推定されたBLUEを用いて各形質のデータを補正した。次に, DNAマーカーからIBDの推定を行った。IBD行列はLOKIプログラム⁴⁾を用い, Markov Chain Monte Carlo (MCMC)法により推定した。MCMC法は複雑な家系構造の場合や, マーカー遺伝子型が未知の個体が存在する場合にも正確なIBD行列を推定することができる。さらに, SOLARプログラム⁵⁾を用いて分散成分分析法によるQTL解析を行った。この方法は, 形質に与える効果のうち, 遺伝的効果をQTL効果とポリジーン効果に分け, QTL効果はIBD行列を用いて, ポリジーン効果は分子血縁行列を用いてLODスコアを計算することでQTL領域を推定する方法である。LODスコアは以下のような仮説検定を行うことで求めることができる。

帰無仮説 H_0 : QTLの相加的遺伝分散がゼロ, すなわちQTLが連鎖していない。このとき最大となる尤度を L_0 とする。

対立仮説 H_1 : QTLの相加的遺伝分散がゼロではない, すなわちQTLが連鎖している。このとき最大となる尤度を L_1 とする。

$$LOD = -\log \frac{L_0}{L_1}$$

また, LODスコアは尤度比検定統計量に変換することで, 近似的な分布をあてはめることができる。LR検定統計量は以下のように定義されてい

る。

$$LR = 4.605 LOD$$

LR検定統計量は, 自由度0の χ^2 分布と自由度1の χ^2 分布の割合が1:1の混合分布に近似的に従う。また, XuとATCHLEY⁶⁾は経験的なLR検定統計量の分布が自由度2の χ^2 分布に近似することを示している。そこで本研究では, 自由度1の χ^2 分布でp値が0.01を超えたものに関して自由度2の χ^2 分布で検定を行った。

結果および考察

BLUEで表型値を補正する前の免疫能と病変形質の基本統計量を表2に示した。QTL解析の結果, 複数の形質について有意なQTL領域が検出された(表3, 図1)。イノシンとスウェディッシュ・ヨークシャー種との F_2 集団を用いた解析において第1染色体に有意なWBCに関するQTL領域が検出されたという報告がある⁷⁾。本研究ではWBCに関して第6染色体と第10染色体に有意なQTL領域が検出された。検出領域の違いは, 解析対象とする集団が異なることや, 血液採取の時期(F_2 集団では三ヶ月齢で採取)が異なるということが原因として考えられる。肺の病変に関するQTLが第1染色体と第14染色体で検出された。第1染色体で検出された領域の近傍にはToll-like receptor (TLR) 4が位置していた⁸⁾。今後, 解析に用いる頭数を増やすことで, より正確な領域が検出された場合, その検出領域内にTLR4遺伝子が位置する可能性がある。TLRはPAMPs (pathogen-associated microbial patterns) と呼ばれる微生物病原体により唯一発現される構造モチーフを認識し, 炎症性サイトカイン遺伝子やI型インターフェロン遺伝子の発現を促進することが知られており, TLR4はPAMPsの中でもリポポリサッカライド (LPS) を認識する。今回測定した肺病変の疾患はブタマイコプラズマ性肺炎 (MPS) とブタ胸膜肺炎 (App) である。MPSの病原菌である *Mycoplasma hyopneumoniae* はLPSを持たないマイコプラズマの1種であることから, TLR4はこの菌の認識には関与しないものと考えられる。また, *Mycoplasma hyopneumoniae*

表 2. 免疫形質と病変形質の基本統計量

Table 2. Means and SD for immune traits and morbidity changes

Traits	N	Means	SD	Min	Max
PA ^{a)} (7 week), RLU	501	5948.8	3959.3	530.3	22789.3
PA (105 kg), RLU	460	5240.0	3440.4	670.8	19798.5
CAPA ^{b)} (7 week)	496	0.448	0.154	0.054	0.834
CAPA (105 kg)	483	0.556	0.164	0.043	1.327
IG ^{c)} (105 kg)	491	90.2	107.2	1.0	1016.7
RGL ^{d)} (7 week), %	501	0.742	0.302	0.193	2.337
RGL (105 kg), %	196	1.757	0.684	0.461	3.715
WBC ^{e)} (7 week)					
×1000/ml	484	1.964	0.500	0.870	4.070
WBC (105 kg)					
×1000/ml	488	1.921	0.384	0.435	3.4152
AR ^{f)}	225	0.90	0.81	0.00	3.50
LUNG ^{g)} , %	222	5.24	7.06	0.00	75.70

a) PA : phagocyte activity. b) CAPA : complement alternative pathway activity. c) IG : antibody production. d) RGL : the ratio of granulocytes to lymphocytes. e) WBC : the number of white blood cells. f) AR : the morbidity change of AR. g) LUNG : the morbidity change of MPS and App.

表 3. 免疫形質と病変形質の QTL 解析結果

Table 3. QTL analysis results for immune traits and morbidity changes and performance of meat production

Traits	Chromosome No.	Location	Max Likelihood ratio
WBC ^{a)} (7 week)	6	127	6.70*
	10	15	8.41*
PA ^{b)} (7 week)	6	100	17.9**
LUNG ^{c)}	1	83	10.75**
	14	79	6.96*

a) WBC : the number of white blood cells. b) PA : phagocyte activity.

c) LUNG : the morbidity change of MPS and App.

* and ** : significant at 1% with one- and two-degree-of-freedom chi-square tests.

の認識には TLR2 と TLR6 が関与しているという報告がある⁹⁾。しかし, App の病原菌である *Actinobacillus pleuropneumoniae* はグラム陰性菌であり, 菌の産生する毒素および LPS が肺病変を形成する。したがって App の認識には TLR4 が関

与している可能性がある。以上のことより, 肺病変と TLR4 に何らかの関係がある可能性が高い。ヒトの TLR4 の多型が感染症に対する抵抗性と関連があるという報告¹⁰⁾があることから, 今後より正確な領域を検出していくことが必要と思われる

WBC: the number of white blood cells PA: phagocyte activity.
LUNG: the morbidity change of MPS and App.

図 1. 免疫形質と病変に関する QTL 解析結果

Fig. 1. The results of QTL analysis for immune traits and the morbit changes. Thin and thick lines denote significant levels at 1% with one- and two-degree-of-freedom chi-square tests.

る。

ブタにおける免疫学的形質とゲノム領域との関連についての解析は、他の経済形質と比較して少なく、近年における報告では Reiner らによるものなど数報¹¹⁻¹³⁾に留まっている。これらの報告は全て F_2 家系による QTL 解析である。QTL の品種内の育種改良への利用を考えた場合、 F_2 家系を用いた解析により検出された QTL は、品種間差に強く影響を与える QTL であるため有用とはいえない。したがって実際の育種改良に QTL を利用するためには、各品種内で有用な QTL を見つ

ける必要がある。近年、豚の純粋種を用いた品種内 QTL 解析が行われ^{14,15)}、純粋種内でも QTL が分離していることが明らかになっている。本研究の結果は抗病性に関する初めての品種内 QTL 解析である。しかし、本研究では基礎世代、第 1 世代、そして第 2 世代調査豚、計 355 頭の解析結果であるため、あくまで予報的な結果と考えている。また、抗病性形質には正規分布を仮定することが難しい形質が存在することや、極端に大きな値をとる個体がいるなど、より正確な解析を行う上で検討すべき課題がある。したがって今後の選

抜による世代を重ねてデータを増やし、解析法も検討することで、より正確な領域を検出すべきであると考えている。

謝 辞

本研究は、独立行政法人農業生物資源研究所、畜産ゲノム研究の加速化プロジェクトの受託試験として行われた。また、本試験の鼻および肺病変の調査に協力いただいた宮城県食肉衛生研究所の職員の方々に深謝する。

文 献

- 1) ROHRER, G.A., ALEXANDER, L.J., KEEKE, J. W., SMITH, T.P. and BEATTIE, C.W. : A microsatellite linkage map of the porcine genome, *Genome Res.*, **6**, 371-391, 1994.
- 2) SAS Institute Inc., SAS/STAT Software : Release 8.2, SAS Institute Inc., Cary, NC, 2003.
- 3) NEUMAIER, A. and GROENEVELD, E. : Restricted maximum likelihood estimation of covariance in sparse linear models, *Genet. Gel. Evol.*, **30**, 3-26, 1998.
- 4) HEATH, S.C. : Markov chain Monte Carlo segregation and linkage analysis for oligogenic models, *Am. J. Hum. Genet.*, **61**, 748-760, 1997.
- 5) ALMASY, L. and BLANGERO, J. : Multipoint quantitative-trait linkage analysis in general pedigrees, *Am. J. Hum. Genet.*, **62**, 1198-1211, 1998.
- 6) XU, S. and ATCHLEY, W.R. : A random model approach to interval mapping of quantitative trait loci, *Genetics*, **141**, 1189-1197, 1995.
- 7) EDFORS-LILJA, I., WATTRANG, E., MARKLUND, L., MOLLER, L., ANDERSSON-EKLUND, L., ANDERSSON, L. and FOSSUM, C. : Mapping Quantitative Trait Loci for Immune Capacity in the Pig, *J. Immunol.*, **160**, 829-835, 1998.
- 8) FRANCESCHI, A., CASSINI, P., SCALABRINI, D., BOTTI, S., BANDI, C.M. and GIUFFRA, E. : Radiation hybrid mapping of two members of the tool-like receptor gene family in pigs, *Anim. Genet.*, **35**, 351-352, 2004.
- 9) MUNETA, Y., UENISHI, H., KIMURA, R., YOSHIMURA, K., SHIMOJI, Y., YAMAMOTO, R., HAMASHIMA, N., YOKOMIZO, Y. and MORI, Y. : Porcine TLR2 and TLR6 identification and their involvement in *Mycoplasma hyopneumoniae* infection, *J. Interferon Cytokine Res.*, **23**, 583-590, 2003.
- 10) NETEA, M.G., van der GRAAF, C., Van der MEER, J.W.M. and KULLBERG, B.J. : Tool-like receptors and the host defense against microbial pathogens : bringing specificity to the innate-immune system, *J. Leukoc. Biol.*, **75**, 749-755, 2004.
- 11) REINER, G., MELCHINGER, E., KRAMAROVA, M., PFAFF, E., BÜTTNER, M., SAALMÜLLER, A. and GELDERMANN, H. : Detection of quantitative trait loci for resistance/susceptibility to pseudorabies virus in swine, *J. Gen. Virol.*, **83**, 167-172, 2002.
- 12) JØRGENSEN, CB., CIRERA, S., ANDERSON, SI., ARCHIBALD, AL., RAUDSEPP, T., CHOWDHARY, B., EDFORS-LILJA, I., ANDERSSON, L. and FREDHOLM, M. : Linkage and comparative mapping of the locus controlling susceptibility towards E.Coli F4ab/ac diarrhoea in pigs, *Cytogen. Genome Res.*, **102**, 157-162, 2003.
- 13) WATTRANG, E., ALMQVIST, M., JOHANSSON, A., FOSSUM, C., WALLGREN, P., PIELBERG, G., ANDERSSON, L. and EDFORS-LILJA, I. : Confirmation of QTL on porcine chromosome 1 and 8 influencing leukocyte numbers, haematological parameters and leukocyte, *Anim. Genet.*, **36**, 337-345, 2005.
- 14) EVANS, G.J., GIUFFRA, E., SANCHEZ, A., KERJE, S., DAVALOS, G., VIDAL, O., ILLAN, S., NOGUERA, J.L., VELANDER, I., SOUTHWOOD, O.I., de KONING, D.J., HALEY, C.S., PLASTOW, G.S. and ANDERSSON, L. : Identification of quantitative trait loci for production traits in commercial pig populations, *Genetics*, **164**, 621-627, 2003.
- 15) NAGAMINE, Y., HALEY, C.S., SEWALEM, A. and VISSCHER, P.M. : QTL detection and allelic effects for growth and fat traits in outbred pig populations, *Genetics*, **164**, 629-635, 2003.

Identification of Quantitative Trait Loci for Immune Traits in Landrace Purebred Swine

Tomonori TAYAMA, Keiichi SUZUKI, Satoshi MIKAWA*, Takashi AWATA*,
Hirohide UENISHI*, Takeshi HAYASHI*, Koki MAEDA, Takumi KACHI,
Yoshinobu UEMOTO, Hiroshi KANO**, Tomoya SHIBATA**, Chihiro KOJIMA**
and Akira NISHIDA

Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University, 1-1 Tsutsumidori
Amamiyamachi, Aoba-ku, Sendai, Miyagi Prefecture 981-8555, Japan

* Genome Research Department, National Institute of Agrobiological Science,
2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki Prefecture 305-8602, Japan

** Miyagi Prefecture Animal Industry Experiment Station, Hiwatashi 1, Iwadeyama-cho,
Tamatsukuri-gun, Miyagi Prefecture 989-6445, Japan

We identified the quantitative trait loci (QTL) for immune traits in a population of Landrace purebred swine. QTL analysis was carried out in order to identify genes for immune traits within a breed. Various immune traits (phagocyte activity, complement alternative pathway activity, white blood cell count, ratio of granulocyte to lymphocyte, antibody production) were measured from peripheral blood collected from 518 animals at age 7 weeks with body weight 105 kg. Three hundred and fifty-five animals were typed for 107 microsatellite markers covering all autosomes. We analyzed the data from the population using identical-by-descent scores obtained from the Markov chain Monte Carlo method, as implemented with LOKI software, and formulated a putative QTL in a mixed animal model. Results of the genome scan showed evidence of significant QTL for white blood cell numbers and phagocyte activity.

Jpn. J. Swine Science, **43**, 4 : 187-194

Key words : immune traits, quantitative trait loci, variance component analysis, identical-by-descent, Markov chain Monte Carlo