

(3) 豚改良の過去から未来へ

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
生物機能利用研究部門 生物素材開発研究領域 領域長 美川 智

1. はじめに

家畜の育種改良とは、いかに望むべき形質を発現する次世代を生産するかである。そのために種畜となる個体を選抜するが、過去では対象個体の見た目が重視された。しかしながら環境が変われば成績も変わるので、遺伝的能力のみを評価することが求められ、家畜育種学が発展した。遺伝的能力を育種価として表すことで選抜指数法が1940年代に導入され、さらに1963年にはHendersonにより表現型値と血統情報を用いるBLUP法が開発された。BLUP法が日本で普及するのはコンピューターの能力が向上した1980年代であった。

一方で、DNAの二重らせんの発見は1953年であり、DNAがタンパク質の設計図であるというセントラルドグマは1958年に提唱されている。1975年にはサンガー法によるDNA配列の解析が可能となり、次々と遺伝子の配列が解読された。この流れの中で、人類の共通財産として全遺伝子情報を解明しようとするヒトゲノムプロジェクトが始まった。一方、家畜では遺伝的能力は遺伝子配列の違いに起因するという考えから、育種改良への遺伝子情報の利用可能性が検討された。今回は、この遺伝子情報を用いた豚の育種改良法の開発について紹介する。

2. 欧米での家畜ゲノム解析研究の創成期

1991年、ヒトゲノムプロジェクトが開始されたまさにその頃、欧米諸国において家畜ゲノム解析研究の急速な展開が見られるようになり、日本でもその対応が求められた。当時の日本では、閉鎖群育種による系統豚が造成されていたが、手法としては、選抜指数法から制限付きBLUP法への移行期であり、育種の効率化が推進されていた。しかしながら、ヒトで様々な遺伝子の配列が明らかになるにつれて、豚を含む家畜の育種改良でも遺伝子

情報を利用することが期待された。

欧米では、DNAマーカーを用いた連鎖地図の作成と、量的形質遺伝子座(QTL)のマッピングが始まっていた。これらはF2家系を用いるが、豚では120頭以上のF2個体が必要であった。また連鎖地図上の位置を示すマーカーを200個以上開発する必要もあり、マイクロサテライトマーカーの開発が進められていた。

欧米は先行してQTLマッピングを進めていたが、1994年に、スウェーデンのAndersson博士のグループが、ヨーロッパ猪と家畜豚とのF2家系を用いて、家畜豚の早い成長と少な

い脂肪蓄積量に大きな影響を持つ遺伝子が第4染色体に集中していることを報告した。これにより家畜豚の生産性に影響を持つQTLを特定しようという流れが世界的に加速した。

3. 日本で家畜ゲノム解析研究の開始

欧米から約5年遅れたものの、日本中央競馬会（JRA）の特別振興基金「平成3年度農林水産ゲノム解析研究事業助成金」により、日本での豚を対象とした家畜ゲノム解析研究が開始された。そのためにSTAFF研究所が設立され、家畜衛生試験場、畜産試験場との間で、交流共同研究「家畜ゲノム解析研究」が立ち上げられた。

1993年には、STAFF研究所、家畜衛生試験場、畜産試験場の三者で、「家畜ゲノム研究チーム」が構成され、①遺伝子地図作成（染色体地図）、②遺伝子利用技術開発、③遺伝子機能開発の3つの課題に取り組むことになった。家畜ゲノム国際ワークショップも開催され、EUの豚遺伝子地図作成グループのリーダーであるArchibald博士が来日した。その後、毎年開催されることとなり、海外の最新情報に触れることができるようになった。

4. 連鎖地図の作成とQTLマッピング

1994年からJRA助成による「家畜ゲノム解析研究」は第2期となったが、畜産試験場でF2家系の作出と連鎖地図の作成が開始された。マイクロサテライトマーカーは日本で開発したもの以外に、USDA、EUで開発したものを共同利用することができた。

畜産試験場で作成したF2家系は、1頭の雄ゲッチングミニ豚と2頭の雌梅山豚からなり、F1個体は雄が2頭、雌が18頭であった。

143頭のF2個体を含む166頭を用いて、243個のマイクロサテライトマーカーからなるほぼ全染色体領域をカバーする連鎖地図を作成した。これはUSDA、北欧グループに次ぐ3つ目の地図であり、相互に補完しあうことによって解析を進展することができた。

この連鎖地図を用いてQTL解析を行うために、表現型のデータ収集も開始した。またQTL解析を正確なものにするためには高密度のマイクロサテライトマーカーを開発する必要があった。そのためには特定領域のゲノムDNAが必要となるため、大腸菌人工染色体（BAC）を用いたゲノムDNAライブラリーを作成した。BACライブラリーはQTLマッピングとともに、後の豚ゲノムプロジェクトにも貢献することとなった。

5. 生産形質を支配するQTLの単離

1998年から「家畜ゲノム解析研究」は第3期となり、畜産試験場のF2家系については、F2個体を増産した。F1個体は白色、中型で枝肉成績もほぼ均一であったが、F2個体は毛色や体格がバラエティに富んでおり、枝肉形質や繁殖形質などできる限りのデータを収集した。このF2家系を用いて解析した結果（F2：265頭）、10ヶ所に有意（ $P < 0.01$ ）な効果を有するQTLが検出された。その後、第1染色体の椎骨数、第4染色体の1日平均増体量、第7染色体の背脂肪厚に関するQTLに注目し、BACライブラリーを用いて近傍領域に新たなマーカーを開発し、QTLのファインマッピングを進めた。

同時期に、農林水産省の委託研究（1994～1998）において、畜産試験場以外にも8つの公設試において、それぞれ異なる品種の組合せによるF2家系が作出されており（表1）、

(表1) 日本で作出された豚のF2家系

	P 世代		F1		F2
	雌 (頭数)	雄 (頭数)	雌	雄	
畜試	梅山豚 (2)	ゲッチングンミニ豚 (1)	18	2	265
岩手	ランドレース (1)	デュロック (1)	4	1	158
静岡	金華豚 (1)	大ヨークシャー (1)	4	1	122
群馬	ランドレース (2)	日本猪 (1)	5	2	127
鹿児島	バークシャー (1)	クラウンミニ豚 (1)	6	2	119
北海道	梅山豚 (2)	ランドレース (1)	7	1	138
宮崎 ¹	大ヨークシャー (6)	ランドレース (2)	戻し交配家系 (雄 199 頭)		
宮城	ランドレース (1)	梅山豚 (1)	7	1	246
愛知	梅山豚 (1)	ランドレース (1)	7	2	243
3 県 ²	金華豚 (5)	デュロック (1)	21	6	528
徳島	大ヨークシャー (3)	日本猪 (1)	7	3	353

¹ 宮崎県は、先天性奇形（陰嚢ヘルニア）について戻し交配家系を用いて解析した。

² 静岡県、千葉県、神奈川県で 1 つの家系を作出した。

オールジャパン体制でQTLマッピングが開始された。

6. QTLに位置する遺伝子の単離

2001年からの「家畜ゲノム解析研究」（第4期）では、それまでのQTLのファインマッピングをもとに原因遺伝子の単離に取り組み、産肉性に関連する有用遺伝子として、椎骨数と背脂肪厚をターゲットとした。当時、遺伝病では原因遺伝子が解明された例はあったが、量的形質の遺伝子単離に成功した例はほとんどなかった。

椎骨数のQTLは第1染色体に検出されており、日本国内で作出された複数のF2家系を統合的に解析した結果、約2.5Mbの範囲を候補領域としてBAC整列地図を作成した。BACクローンから詳細にマイクロサテライトマーカーを開発した際に、300kbにわたって椎骨数の多い西洋品種豚で多型マーカーが存在しない固定された領域を見出した。これ

は椎骨数を増やす対立遺伝子が人為的に選抜されたことを示唆しており、その後の分子生物学的な解析によって、NR6A1遺伝子が椎骨数QTLの責任遺伝子であることが証明された。

7. 肉質に関するQTLの単離とDNAマーカー育種

日本では欧米と異なり豚肉をテーブルミートとして食することからも、産肉性に加えて肉質が重要視されていた。しかしながら、枝肉形質とは異なり、環境要因が多く関与するため肉質のQTLは検出が困難であった。そこで農林水産省の委託研究では、1999年からより大規模なF2家系を作出した（表1）。

静岡県、千葉県、神奈川県で 3 県は合同で、金華豚とデュロック種からなる約500頭のF2個体を含むF2家系を作出しており、肉質関連形質では、特に効果の大きいものとしてクッキングロス、シェアバリュー（肉の柔らかさ）、筋肉内脂肪含量、遊離アスパラギン

酸に関するQTLを検出した。徳島県では、日本猪と大ヨークシャーを用いた353頭のF2を含むF2家系を作出し、肉質をターゲットとして解析した結果、肉色、pH、筋繊維タイプ、筋肉内脂肪含量、皮下脂肪の脂肪酸組成に関連するQTLを検出した。また岐阜県では、遺伝的に高い筋肉内脂肪含量を示すデュロック種雄豚を用いて実験家系を作出し、筋肉内脂肪含量に関する2つのQTLを検出した。

2002年からは検出されたQTL情報を用いて実際に豚を選抜しており、金華豚とデュロック種のF2家系では、と体長、筋肉内脂肪含量、シェアバリューについて、DNAマーカーを用いた選抜でF3個体での効果を実証した。さらには商用集団作出のためにデュロック種と金華豚のF1個体をデュロック種に戻し交配し、金華豚由来の肉の柔らかさに関するQTL（第6染色体）を持つ個体を選抜した。3世代にわたって戻し交配を続け、最終的には家系内交配により基礎集団とした。これはフジキンカと命名され、金華豚の肉の柔らかさと特徴的な脂肪の風味に特徴がある（2010年）。同様に、徳島県では、日本猪に由来する肉色（第6染色体）、保水性（第15染色体）に関連するQTLをデュロック種に導入した阿波とん豚が作出された（2013年）。岐阜県では、デュロック種内で筋肉内脂肪含量に関連する2つQTL（第7、第14染色体）を選抜したポーノブラウンが作出され、通常の約2倍の6%という値を示している（2010年）。

8. 豚の抗病性育種に向けた研究

2004年からは、JRA畜産振興事業「家畜抗病性ゲノム解析研究」によって、豚の免疫関

連遺伝子の解析が始まった。これまでは、豚等の家畜の育種目標は、繁殖性や産肉性のような、直接生産性に影響する形質の改良が重視され、一定の成果を収めてきた。一方で、家畜の生産性に影響する要因として、細菌、ウイルス等に対する感染抵抗性、すなわち抗病性があげられる。実際には、肺炎や下痢等の日和見感染症が最大のものと考えられており、飼養中の斃死による損失のみならず、抗菌剤等の防疫費も大きなコストとなっている。

抗病性については、病原体の認識、サイトカイン等によるシグナル伝達等の差異が影響しており、集団内にある程度の多様性を維持して、様々な疾病に対応していると考えられている。そこでまず、豚の主要組織適合抗原複合体であるSLA領域の塩基配列解析を行い、多型性の高い領域をハプロタイプとして分類し、各種免疫学的指標との関連解析を行った。

SLAの全領域は、セントロメアを挟んで2.35Mbの大きさであった。複数の個体を比較すると、含まれる遺伝子の数（重複数）が異なり、また発現している遺伝子にも違いがあった。異なるSLA領域（ハプロタイプ）を区別するために、SLA領域全体に64個のマイクロサテライトマーカーを配置して、その多型を解析することによって集団内でのハプロタイプの判別法を開発した。静岡県と協力して飼養集団内でのSLAハプロタイプを調べたところ、デュロック種では6種、大ヨークシャー種では7種、金華豚では11種のハプロタイプがあった。それらとワクチン接種時の抗体価上昇との関係を解析した結果、それぞれの集団において特定のハプロタイプをヘテロで持つことで抗体価の上昇に効果があった。興味深いことに、これらの上昇効果を持つ多くのハプロタイプも、ホモ化した場合に

はその効果は抑制された。これらのことから、豚においてもSLA領域は、抗病性に大きく関与していることが示唆され、抗病性育種の可能性が示唆された。

免疫形質についての遺伝解析では、総白血球数や貪食能について有意なQTLを検出しており、またマイコプラズマ性肺炎については、病変をスコア化することによってQTL解析を行い、2009年にはファインマッピングにより肺炎抵抗性に関与するゲノム領域を第2染色体上に特定した。さらに日和見感染に重要となる自然免疫系の遺伝子多型の解析を進めた結果、Toll様受容体（Toll-like receptor; TLR）ファミリーに属する遺伝子について、下痢や肺炎、またワクチン接種後の抗体価に関連する遺伝子多型を明らかにしている。一早く豚の抗病性に取り組んだこれらの成果は、現在、商用集団での抗病性向上のための技術として大きな注目を浴びている。

9. 豚ゲノム解読

この間、2000年にはヒトではゲノム概要解読が終わり、2003年には完全解読が宣言された。のべ15年間で費やされ、その費用も30億ドルと莫大なものであった。しかしながらその間の技術革新はめざましいものであり、多くの生物種のゲノムプロジェクトがすでに始まっていた。

家畜の中では牛が最初の解読対象となり、豚は遅れて2003年9月に国際コンソーシアムが設立された。ヒト、マウス、牛のゲノム解析研究が進行する間に、哺乳類では種によって染色体の数やゲノム構造が異なるが、ゲノム全体で見ると遺伝子の並びが似ている領域がモザイク状に組み合わさって位置していた。そこでヒトと豚との比較遺伝子地図が作

成された。そのために用いられたのがRHマッピング法で、日本においても2000年までにRHパネルを開発し、ヒトと豚の遺伝子の共通領域を増幅するPCRプライマーを用いて、比較遺伝子地図の作成を進めた。

国際協力によって、豚の連鎖地図やヒトとの比較遺伝子地図の情報から、各染色体上に位置するBACクローンを単離して整列させ、塩基配列解読の材料とした。日本は染色体ごとに整列されたBACクローンの塩基配列解読を分担し、イギリスのサンガー研究所が情報処理により全ゲノム配列として公開した。2009年11月に概要解読完了の報告がされた。

豚のゲノム配列は4つの塩基（A、G、C、T）の並びであって、それだけではどこが遺伝子かはわからない。ゲノムDNA解読が目されるが、遺伝子がどこに位置するかという情報があって始めて利用が可能となる。そこで農業生物資源研究所とSTAFF研究所は、遺伝子から転写されたmRNAを解析した。様々な組織からmRNAを調製して全長をDNAに変換し（完全長cDNA）、網羅的な解読を行った。その結果をゲノムDNA配列と照合することにより、遺伝子が位置する場所と、エクソン・イントロン構造が明らかになった。日本の解析により19,000個以上の遺伝子配列が明らかとなった。

10. ゲノム情報を利用した育種改良 ～遺伝子多型の蓄積～

2007年度からは、JRA畜産振興事業「ゲノム解析技術を活用した家畜等育種強化事業（豚の高精度育種マーカー実用化研究事業）」が開始された。豚のゲノム解読が国際コンソーシアムによって進められ、また日本による完全長cDNA（発現遺伝子）解読により、豚の遺伝子の配列が次々と明らかになった。

畜産においては、経済形質に関連する遺伝子多型を育種改良に用いることが目的であり、詳細な多型解析が次の目標となった。ゲノム配列はそのほとんどが遺伝子と遺伝子の間の領域であり、また遺伝子の中にもタンパク質をコードしないイントロンが多くを占める。

日本は世界に先駆けて、完全長cDNAを用いることにより、タンパク質をコードする領域を発現遺伝子として解読を進めてきた。よって肉質等の生産形質と密接な関連を有する遺伝子群について詳細なSNP(一塩基多型)探索を行い、生産形質との関連性解析により高精度DNAマーカーを開発することとした。

日本国内で飼養される代表的な品種(ランドレース、大ヨークシャー、デュロック、バークシャー)、およびハンプシャー、梅山豚、金華豚を用いて、脂質代謝・合成に関連する遺伝子、および免疫に関連する遺伝子について、SNPを開発した。脂質代謝・合成系遺伝子では168個、免疫関連遺伝子では150個についてデータベース化することにより、大学等での候補遺伝子解析に貢献した。

11. ゲノム情報を利用した育種改良 ～網羅的なSNP情報の蓄積～

豚のゲノムDNA解読の進行とともに、個体間の一塩基多型(SNP)の開発が同時に進められた。SNPはゲノム上での数が多く、マイクロサテライトマーカーより型判定(ジェノタイピング)を自動化しやすいため、形質との関連性解析に用いるDNAマーカーとして国際的に期待された。2008年には約8,500のSNPがデータベースに登録されていたが、次世代シーケンサーによるSNP開発が急速に進展し、2010年には50万以上と増大した。SNPのジェノタイピング法の開発も進められ、ヒト、マウスに続いて、家畜においても

一度に6万ヶ所のSNPをジェノタイピングできるSNPアレイが販売され、一般的に使用可能となった。これによりゲノム上に均等に配置したSNPをマーカーとして用いて、多くの個体の形質データとの関連性を解析することにより、経済形質に影響を有するゲノム領域を特定するゲノムワイド関連性解析(GWAS)が可能となった。QTLの単離はF2家系での連鎖解析から集団内での関連性解析へと移行し、解析対象は商用集団となり統計育種によって改良が進められている育種集団そのものとなった。

12. ゲノムワイド関連解析を用いた 遺伝子マーカーの開発

日本においてもSNPの解析系を整え、2010年からのJRA畜産振興事業「豚ゲノム育種手法高度化事業」においてデータ取得を開始した。系統造成でのデュロック種集団を解析対象とし、13の形質データを用いて、1,000頭規模の解析を行った。その結果、背脂肪厚、1日平均増体量、胸囲、管囲、体長に関連するSNPが検出されており、これらSNPの近傍にある遺伝子についてさらに多型解析を進めて遺伝子マーカーを開発した。

注目されるものとしては、レプチン受容体遺伝子の多型が、背脂肪厚、1日平均増体量、胸囲に関連性があった。FIT2遺伝子の多型は筋肉内脂肪含量、BMP2遺伝子の多型は1日平均増体量、生時体重に、CCBE1遺伝子の多型は1日平均増体量、CADM2遺伝子の多型は90kg検定時体重(日齢補正)、その他に、体長に関連するSNP(MARC0092223)、1日平均増体量に関連するSNP(ALGA0049421)が検出されている。これらについては「形質との関連解析により開発した、豚の6形質に関連するDNAマーカーとその判別系」とし

(表2) 豚の6形質に関連するDNAマーカー

遺伝子	染色体	形質
LEPR	SSC6	背脂肪厚、胸囲、1日平均増体量
FIT2	SSC17	筋肉内脂肪割合
CCBE1	SSC1	1日平均増体量
CADM2	SSC13	90kg検定時体重(日齢補正)
BMP2	SSC17	1日平均増体量
MARC0092223	未決定	体長
ALGA0049421	SSC8	1日平均増体量

特許第 6424027 号より

て特許登録(第6424027号)されている(表2)。

13. 相関解析に有用な 遺伝子多型の開発

2013年からはJRA畜産振興事業「遺伝子解析等を活用した生産性向上・育種改良推進事業(豚経済効果関連遺伝子の多型開発・解析事業)」において、1日平均増体量を中心に商用の西洋品種でのGWASに取り組んだ。SNPアレイには、西洋品種とアジア系品種の間で認められるSNPも搭載されていたが、品種内での遺伝的多様性を検出するには、それらは不向きであった。よって主要品種内において、エクソン領域に位置するSNPを開発して利用することにより、効率的な解析を目指した。1日平均増体量への関与が示唆される約3,000の遺伝子について、アミノ酸置換やスプライシング異常を引き起こす合計6,000のSNPを開発して解析に利用した。1日平均増体量の他にも成長形質、枝肉形質のデータを用いて関連性解析を行った結果、体長、管囲、背脂肪厚、体高などで有意なSNPが検出されており、目的とした1日平均増体量に関しては、第1染色体の2つの遺伝子、第15染色体の1つの遺伝子がDNAマーカーとして利用できることが判明した。

14. 氾濫するQTL情報 ～霜降りの改良に利用可能な QTLはどれか～

世界的に育種改良が加速化した結果、産肉性や繁殖性の成績が急速に向上した。その結果、国産豚肉は輸入豚肉との価格競争にさらされ、多様化する消費者ニーズに対応するために、高い品質と安全性に加えて高付加価値を持つ国産豚肉が必要という考えにいたった。そこで2015年・2016年に実施したJRA畜産振興事業「ゲノム情報活用育種改良推進事業(豚改良へのゲノム情報の活用高度化事業)」では止め雄となるデュロック種での筋肉内脂肪含量の改良に取り組んだ。

2015年には豚で登録されているSNPは8,200万に及んでいた。世界的に解析が進められたQTL情報はデータベース(Animal QTL database, QTLdb)にまとめられ、1万3千が登録されていた。ただしQTLが検出された集団(品種、交雑家系の組合せ)は様々であり、目的とするデュロック種で利用可能かどうかは不明であった。つまりQTL情報は膨大にあるが、対象とする集団が変わると育種に利用可能なものは異なるということであった。

世界的に蓄積されたQTL情報をいかに迅

速に有効利用するかであるが、実際には対象とする集団での効果の検証が第一歩となる。QTLdbには筋肉内脂肪含量に関連した255のQTLが登録されており、論文等で示されている実験系を精査した結果、デュロック種での利用可能性が示唆されたのは119であった。これらQTLの近傍の遺伝子情報、SNP情報を収集し、国内のデュロック種での多様性を解析し、最終的に10の領域の60のSNPを用いて3つのデュロック種集団で関連性解析を行った。その結果、第6染色体の2ヶ所、第12染色体の1ヶ所に有効なSNPマーカーが開発された。

15. SNP情報の大規模収集 ～ゲノミックセレクションの 可能性～

農林水産省の委託研究においても、繁殖性、飼料利用性などについてGWASが実施された。その結果としては、メジャーなQTLとともに効果の小さな多数のSNPが検出されている。これらは統計育種においてポリジーン効果として扱われているものに近いものと考えられる。実際に、メジャーなQTLが占める遺伝分散は小さく、それ以外の多数の小さな効果を見逃すことはできない。

GWASで検出されたSNPのほとんどは、表現型を支配する原因SNPと連鎖不平衡にあるものである。連鎖不平衡が認められる領域は集団によって異なるが45kb～200kbとも言われており、マーカーとしたSNPと原因SNPとの関係から集団によっては効果が逆転することもある。理想的にはマーカーSNPの近傍を詳細に解析して原因SNPを特定すればよいが、数が多いだけに現実的ではない。

我々がQTLマッピングを進めている頃、Meuwissenらが高密度遺伝子マーカーの存在を仮定したゲノミックセレクションの理論

を提唱している（2001年）。当時は大きな効果を有するQTLをいかに発見するかに興味もたれ、ゲノム全体に位置する効果の小さなQTLに注目した研究者は少なかった。しかしながら、ゲノム全体の高密度SNPのジェノタイピングが可能になってからは、遺伝的能力の大部分は効果の小さな多数の遺伝子に支配されていることが明らかになり、ゲノミックセレクションが実用的な手法として利用できるかが検討されるようになった。

家畜でのゲノミックセレクションでは、SNPアレイに登載された個々のSNPについて訓練群を用いて表現型に対する効果を与えることが基本となる。実際には様々な改良が加えられているが、ゲノミックセレクションが有用であることは、乳牛においてまず示された。よって論理的には豚でも利用できることになるが、世代間隔の短さ、種畜の多さが課題となる。これらは連鎖不平衡を示す領域の大きさに影響するので、個々のSNPの効果が集団を超えて共通とは言えない。豚でのゲノミックセレクションには、乳牛以上に高密度なSNPアレイが必要となり、また世代間隔が短い再検証する時期も早くなると考えられる。

16. これからのゲノム情報を用いた 豚の育種改良

当初の家畜ゲノム解析研究は経済形質に関連するQTLを検出し、それを利用して育種改良を加速化することを目的とした。しかしながらより多くのゲノム情報を得ることができるようになった結果、それだけでは不十分であり、多数の遺伝子の効果を取り入れることが必要と判断されるようになった。実際にSNPアレイが利用できるようになり、その方向は確かなものとなったが、当初の方向性と

はまったく異なるものである。

DNA情報を利用する分子遺伝学にとっては複雑な統計処理を加えることが必要となったのだが、統計遺伝学から見ると従来の手法にSNP情報を加えるという応用的な研究であった。その点で、これまで別々に進んでいた2つの研究分野が統合されることになった。唯一の課題はSNPアレイのコストであるが、世界的に普及するにつれて大幅に低下している。

現在では、育種改良にSNP情報を利用することは認知されるようになりgenomic BLUP (GBLUP) 法として実用研究が進められている。ただしSNP情報を加えた育種価をゲノム育種価と呼んでいるが、その正確度を見てもまだ改良すべきところは多い。SNPに相加的効果の他に優性効果も与える他、エピスタシス効果も考慮することも必要である。またゲノムインプリンティングを示す遺伝子も多数存在することからこれらもモデルに組み込む必要がある。

もっとも日本の豚育種改良で検討が必要なことは表現型のデータ収集であり、これは以前から変わらない。日本のように多数の系統が存在し、それぞれに育種目標が異なると、全体的な解析は不可能となり、コストが大きくなる。このような状況では訓練群を用いないsingle-step genomic BLUP (ssGBLUP) が有利になると考えられる。

ようやく豚育種改良へのゲノム情報の利用が現実的になったところだが、あくまで純粋種での話である。実際の肉用豚は三元交雑で生産されており、その理由は雑種強勢を利用するためである。様々なゲノム解析のための手法が揃った今、雑種強勢の解明への取り組みも世界に先んじて着手すべきではないだろうか。

