

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公表特許公報(A)

(11) 特許出願公表番号

特表2009-525734

(P2009-525734A)

(43) 公表日 平成21年7月16日(2009.7.16)

(51) Int.Cl.	F I	テーマコード (参考)
<b>C 1 2 Q 1/68 (2006.01)</b>	C 1 2 Q 1/68 Z N A A	2 G O 4 5
<b>C 1 2 N 15/09 (2006.01)</b>	C 1 2 N 15/00 A	4 B O 2 4
<b>G O 1 N 33/50 (2006.01)</b>	G O 1 N 33/50 P	4 B O 6 3
	G O 1 N 33/50 J	

審査請求 未請求 予備審査請求 未請求 (全 167 頁)

(21) 出願番号	特願2008-553617 (P2008-553617)	(71) 出願人	508238358
(86) (22) 出願日	平成19年2月6日 (2007.2.6)		オーフス ユニバーシティ
(85) 翻訳文提出日	平成20年9月10日 (2008.9.10)		AARHUS UNIVERSITET
(86) 国際出願番号	PCT/DK2007/000060		デンマーク ディーケー-8000 オー
(87) 国際公開番号	W02007/090401		フス シー, ノードレ リンゲイド 1
(87) 国際公開日	平成19年8月16日 (2007.8.16)	(71) 出願人	508238370
(31) 優先権主張番号	PA200600181		クヴァガヴルスフォアニンゲン ダンジール
(32) 優先日	平成18年2月8日 (2006.2.8)		KVAEGAVLSFORENINGEN
(33) 優先権主張国	デンマーク (DK)		DANSIRE
(31) 優先権主張番号	PA200700165		デンマーク ディーケー-8900 ラン
(32) 優先日	平成19年1月31日 (2007.1.31)		ダース, イベルトフヴェグ 16
(33) 優先権主張国	デンマーク (DK)	(74) 代理人	110000774
			特許業務法人 もえぎ特許事務所

最終頁に続く

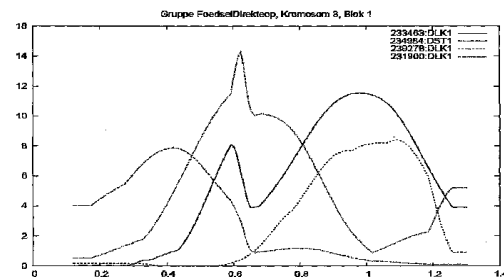
(54) 【発明の名称】 出産特性

## (57) 【要約】

本発明は、ウシ被験体における出産特性を確定する方法であって、出産特性が出産時の死産、難産及び仔ウシサイズ（これらはすべて、経済的重要因子である）を包含する、ウシ被験体における出産特性を確定する方法に関する。特に本発明の方法は、ウシ被験体における出産特性の確定のための遺伝的マーカー及び/又は量的形質遺伝子座（QTL）の同

定を包含する。出産特性の確定は、特定のマイクロサテライト状態の解消を包含する。さらに本発明は、出産特性に関連した遺伝的マーカーの検出のための診断キットに関する。本発明の方法及びキットは、育種目的のためのウシ被験体の選択に適用され得る。したがって本発明は、出産時の死産、難産及び望ましくない仔ウシサイズの傾向が低い雌ウシを生産する出産特性を有するウシ被験体を遺伝的に選択する方法を提供する。

【選択図】 図1



## 【特許請求の範囲】

## 【請求項 1】

ウシ被験体における出産特性を確定する方法であって、死産の危険増大及び／又は難産の危険増大及び／又は望ましくない仔ウシサイズの危険増大を示す少なくとも1つの形質と結び付けられる少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在又は非存在を前記ウシ被験体からの試料中で検出することを包含し、該少なくとも1つの遺伝的マーカーが、多型マイクロサテライトマーカー INRA006及びBM7225により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS1788及びMGTG4Bにより隣接され且つそれらを含む領域のBTA4、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS1095及びBM2830により隣接され且つそれらを含む領域のBTA5、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM7160及びBL1043により隣接され且つそれらを含む領域のBTA7、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 11及びBMS836により隣接され且つそれらを含む領域のBTA8、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS2151及びBMS1967により隣接され且つそれらを含む領域のBTA9、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーDIK2658及びBMS2614により隣接され且つそれらを含む領域のBTA10、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM716及びHEL13により隣接され且つそれらを含む領域のBTA11、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS410及びBMS2724により隣接され且つそれらを含む領域のBTA12、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBR3510及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のBTA15、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 31及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のBTA18、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM9202及びBMS601により隣接され且つそれらを含む領域のBTA19、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM3517及びUWCA26により隣接され且つそれらを含む領域のBTA20、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーDIK5182及びIDVGA - 30により隣接され且つそれらを含む領域のBTA21、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーCSSM26及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のBTA22、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS917及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のBTA24、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーILSTS102及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のBTA25、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS651及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のBTA26、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMC6020及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のBTA28

上に位置し、前記少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在が前記ウシ被験体及び／又はそれらの出生児の出産特性を示す、ウシ被験体における出産特性を確定する方法。

## 【請求項 2】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約17.1～101.8cMの領域、又は遺伝的マーカー INRA006及びBM7225間の領域の前記ウシ染色体BTA3の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

10

20

30

40

50

**【請求項 3】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約12.5～112.8cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S1788及びMGTG4B間の領域の前記ウシ染色体BTA4の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 4】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～116.9cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS 1095及びBM2830間の領域の前記ウシ染色体BTA5の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 5】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～135.6cMの領域、又は遺伝的マーカーBM7 160及びBL1043間の領域の前記ウシ染色体BTA7の領域に位置する、請求項1に記載の方法。 10

**【請求項 6】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約11.3～122.9cMの領域、又は遺伝的マーカーID VGA - 11及びBMS836間の領域の前記ウシ染色体BTA8の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 7】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約8.49～109.3cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S2151及びBMS1967間の領域の前記ウシ染色体BTA9の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 8】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約2.7～109.4cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK 2658及びBMS2614間の領域の前記ウシ染色体BTA10の領域に位置する、請求項1に記載の方法。 20

**【請求項 9】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約19.4～122.4cMの領域、又は遺伝的マーカーBM 716及びHEL13間の領域の前記ウシ染色体BTA11の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 10】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～109.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS 410及びBMS2724間の領域の前記ウシ染色体BTA12の領域に位置する、請求項1に記載の方法。 30

**【請求項 11】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約9.4～109.8cMの領域、又は遺伝的マーカーBR3 510及びBMS429間の領域の前記ウシ染色体BTA15の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 12】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～84.4cMの領域、又は遺伝的マーカーIDVG A - 31及びDIK4013間の領域の前記ウシ染色体BTA18の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 13】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～108.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBM9 202及びBMS601間の領域の前記ウシ染色体BTA19の領域に位置する、請求項1に記載の方法。 40

**【請求項 14】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～77.1cMの領域、又は遺伝的マーカーBM35 17及びUWCA26間の領域の前記ウシ染色体BTA20の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 15】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約5.5～76.8cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK5 182及びIDVGA - 30間の領域の前記ウシ染色体BTA21の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

**【請求項 16】**

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約0.0～82.9cMの領域、又は遺伝的マーカーCSSM26及びBM4102間の領域の前記ウシ染色体BTA22の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項17】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約6.2～65.9cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS917及びBMS3024間の領域の前記ウシ染色体BTA24の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項18】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約7.2～61.7cMの領域、又は遺伝的マーカーILSTS102及びAF5間の領域の前記ウシ染色体BTA25の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項19】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約2.8～66.8cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS651及びBM7237間の領域の前記ウシ染色体BTA26の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項20】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約8.0～59.6cMの領域、又は遺伝的マーカーBMC6020及びBMC2208間の領域の前記ウシ染色体BTA28の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項21】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約32.6～59.4cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK4403及びINRA003間の領域の前記ウシ染色体BTA3の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項22】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約77.6～101.8cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK2702及びBM7225間の領域の前記ウシ染色体BTA3の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項23】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約43.2～91.2cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS2646及びBMS648間の領域の前記ウシ染色体BTA4の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項24】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約52.5～73.4cMの領域、又は遺伝的マーカーTGLA116及びBM8233間の領域の前記ウシ染色体BTA4の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項25】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約18.3～56.3cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK4747及びBMS1617間の領域の前記ウシ染色体BTA5の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項26】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約45.5～82.9cMの領域、又は遺伝的マーカーCSSM034及びBMS1248間の領域の前記ウシ染色体BTA5の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項27】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約30.2～55.3cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK5412及びDIK4606間の領域の前記ウシ染色体BTA7の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項28】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約77.2～116.6cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS2258及びILSTS006間の領域の前記ウシ染色体BTA7の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項29】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約41.6～66.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS

10

20

30

40

50



678及びBMS2072間の領域の前記ウシ染色体BTA8の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項30】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約71.1～122.9cMの領域、又は遺伝的マーカーMC M64及びBMS836間の領域の前記ウシ染色体BTA8の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項31】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約12.8～64.9cMの領域、又は遺伝的マーカーETH 225及びBMS1290間の領域の前記ウシ染色体BTA9の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項32】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約50.0～79.2cMの領域、又は遺伝的マーカーUWC A9及びbms2753間の領域の前記ウシ染色体BTA9の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項33】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約11.0～37.5cMの領域、又は遺伝的マーカーCSS M38及びDIK2000間の領域の前記ウシ染色体BTA10の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項34】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約44.3～74.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS 2742及びTGLA433間の領域の前記ウシ染色体BTA10の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項35】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約87.5～109.4cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S2641及びBMS2614間の領域の前記ウシ染色体BTA10の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項36】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約19.4～50.3cMの領域、又は遺伝的マーカーBM7 16及びBM7169間の領域の前記ウシ染色体BTA11の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項37】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約61.6～92.2cMの領域、又は遺伝的マーカーBM6 445及びBMS989間の領域の前記ウシ染色体BTA11の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項38】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約50.4～109.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBM 860及びBMS2724間の領域の前記ウシ染色体BTA12の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項39】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約63.8～102.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S975及びBMS1316間の領域の前記ウシ染色体BTA12の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項40】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約91.8～105.0cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S2076及びBMS927間の領域の前記ウシ染色体BTA15の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項41】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約98.2～109.8cMの領域、又は遺伝的マーカーBM S820及びBMS429間の領域の前記ウシ染色体BTA15の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項42】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約30.2～61.2cMの領域、又は遺伝的マーカーINR A121及びDIK4232間の領域の前記ウシ染色体BTA18の領域に位置する、請求項1に記載の方

10

20

30

40

50

法。

【請求項 4 3】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約61.2～84.4cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK4232及びDIK4013間の領域の前記ウシ染色体BTA18の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 4 4】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約16.0～45.9cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS745及びBP20間の領域の前記ウシ染色体BTA19の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 4 5】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約47.0～90.0cMの領域、又は遺伝的マーカーIDVGA - 46及びETH3間の領域の前記ウシ染色体BTA19の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

10

【請求項 4 6】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約19.1～55.1cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS1282及びAGLA29間の領域の前記ウシ染色体BTA20の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 4 7】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約55.1～77.1cMの領域、又は遺伝的マーカーAGLA29及びUWCA26間の領域の前記ウシ染色体BTA20の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

20

【請求項 4 8】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約18.3～30.0cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK2492及びDIK4001間の領域の前記ウシ染色体BTA21の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 4 9】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約30.0～47.8cMの領域、又は遺伝的マーカーDIK4001及びDIK3036間の領域の前記ウシ染色体BTA21の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 5 0】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約2.9～47.1cMの領域、又は遺伝的マーカーINRA026及びBM3628間の領域の前記ウシ染色体BTA22の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

30

【請求項 5 1】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約47.1～82.9cMの領域、又は遺伝的マーカーBM3628及びBM4102間の領域の前記ウシ染色体BTA22の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 5 2】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約8.2～35.5cMの領域、又は遺伝的マーカーBM7151及びBMS1862間の領域の前記ウシ染色体BTA24の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

40

【請求項 5 3】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約35.5～65.9cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS1862及びBMS3024間の領域の前記ウシ染色体BTA24の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 5 4】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約7.2～31.6cMの領域、又は遺伝的マーカーILSTS102及びBM737間の領域の前記ウシ染色体BTA25の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項 5 5】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約46.4～61.7cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS

50

1353及びAF5間の領域の前記ウシ染色体BTA25の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項56】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約2.8～37.6cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS651及びRM026間の領域の前記ウシ染色体BTA26の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項57】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約43.2～66.8cMの領域、又は遺伝的マーカーRME40及びBM7237間の領域の前記ウシ染色体BTA26の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項58】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約24.8～50.5cMの領域、又は遺伝的マーカーBL25及びDOK5056間の領域の前記ウシ染色体BTA28の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項59】

前記少なくとも1つの遺伝的マーカーが約43.0～59.6cMの領域、又は遺伝的マーカーBMS2658及びBMS2208間の領域の前記ウシ染色体BTA28の領域に位置する、請求項1に記載の方法。

【請求項60】

前記少なくとも1つのマーカーが遺伝的マーカーの一組合せである、請求項1に記載の方法。

【請求項61】

染色体別有意水準が少なくとも5%である、請求項1に記載の方法。

【請求項62】

ウシ出産特性に関連した少なくとも1つの遺伝的マーカーのウシ被験体における存在又は非存在を検出する際に用いる診断キットであって、少なくとも1つのオリゴヌクレオチド配列を包含し、該ヌクレオチド配列が配列番号1～配列番号558のいずれか、及び/又はそれらの任意の組合せから選択される、ウシ出産特性に関連した少なくとも1つの遺伝的マーカーのウシ被験体における存在又は非存在を検出する際に用いる診断キット。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、ウシ被験体における出産特性に関する。特に本発明は、ウシ被験体における出産特性の確定のための遺伝的マーカー、及び出産特性に関連した遺伝的マーカーの検出のための診断キットに関する。

【背景技術】

【0002】

出産時の死産、難産(calving difficulty)及び仔ウシサイズは経済的に重要な出産形質であり、これらは、デンマーク乳牛育種プログラム(Pedersen et al., 2003)に含まれている。ホルスタイン牛に関する死産の発生率は、最近20年間、いくつかのホルスタイン集団において増大している(Hansen et al., 2004)。死産の発生率増大は、乳牛群中の更新用未経産牛の潜在数を低減し、そして倫理学的問題に関連する。

【0003】

直系及び母系性の遺伝要素はともに、出産形質に関連する。デンマークホルスタイン種では、直接雄親効果( $h^2 = 0.05 \sim 0.19$ )として測定される出産形質の遺伝率( $h^2$ )推定値は、母系性祖父効果( $h^2 = 0.04 \sim 0.06$ )として測定される出産形質の遺伝率推定値より高い。直接雄親効果( $0.69 \sim 0.93$ )として測定される出産形質間の遺伝的相関(genetic correlation)は、母系性祖父効果( $0.01 \sim 0.62$ )として測定される出産形質間の遺伝的相関より顕著に高い。出産形質に関連した遺伝要素は、1つ又は複数の量的形質遺伝子座(quantitative trait loci)(QTL)の分離(segregation)によるものであり得る。

【0004】

量的形質遺伝子座(quantitative trait locus)(QTL)は、特定形質(例えば疾患又は出産特性)に関連したDNAの一領域である。QTLは必ずしもそれ自体が遺伝子である必要はなく、むしろ問題の形質の基礎を成す遺伝子と密接に関連するDNA領域である。おそら

10

20

30

40

50

くQTLは、一集団全体で継続的に変化する量的形質 (quantitative trait) を集合的にコードする一組の遺伝子である。したがってQTLのアレルバリエーション (allelic variation) は、量的形質におけるバリエーションに関連する。QTLの存在は、QTLの遺伝子位置が既知の遺伝的マーカーに対して確定される、遺伝子マッピングから推測される。

#### 【 0 0 0 5 】

特定の表現型 (phenotype)、例えば出産形質や遺伝性疾患、と結び付けられる遺伝的マーカーの同定は、多型マーカー (polymorphic markers) の供給源としてのマイクロサテライトマーカー及び特定の表現型を引き起こしている変異と結び付けられる一塩基多型 (single nucleotide polymorphisms) の発見により促進されてきた。変異と結び付けられるマーカー又は興味の対象となる特定の表現型を生じている変異自体は、系統 (pedigrees) における遺伝学的解析 (genetic analysis) の使用により、そして集団を考える場合は連鎖不平衡 (linkage disequilibrium) (LD) を利用することによっても、局在化される。

#### 【 0 0 0 6 】

連鎖不平衡は、歴史を遡る組換え事象 (recombination events) を反映し、そしてファミリー内のLDマッピングの使用は、マッピングの分解能を増大する。一集団中で観察されたハプロタイプが、各ハプロタイプにおける個々の遺伝的マーカーの頻度を一緒に掛け算することにより予測されるハプロタイプ頻度と一致しない場合、LDが存在する。この点で、ハロタイプという用語は、一緒に遺伝される傾向がある一染色体上に存在する一組の密接に関連した遺伝的マーカーを意味する。LDマッピングが効率的であるためには、遺伝的マーカーの密度は、LDが所与の集団中に広がる距離と適合する必要がある。多数の遺伝的マーカー (284個の常染色体マイクロサテライトマーカー) を用いる乳牛集団中のLDの試験において、LDは、染色体内 (intrachromosomal) マーカーに関して数十センチモルガン (centimorgans) に渡って広がるということが実証された (Farnir et al., 2000)。同様に、家畜 (livestock) における特定の表現型と結び付けられる遺伝的マーカーの位置が、典型的には、20~30cMの信頼区間 (confidence interval) (おそらく500~1000遺伝子に対応する) を有するということを、Georges, M (2000)は報告した (Georges, M, 2000)。高い信頼度で興味の対象となる特定領域のマッピングを使用するために、連鎖不平衡の存在が考慮される。

#### 【 0 0 0 7 】

他のホルスタイン種集団中の出産形質に関して、いくつかのQTLが検出されている (例えばKuehn et al., 2003; Schrooten et al., 2000; Elo et al., 1999)。QTLによっては2つ以上の形質に影響を及ぼし得るし、そしてQTLによっては異なる形質に関して同一染色体位置に限局されることさえあり得る。QTLが多形質に影響を及ぼす場合には (例えば選択目的のために) それが形質に影響を及ぼす多面発現性 (pleiotropic) QTLであるのか、又は、連鎖QTLであるのかを試験することが重要である。

#### 【 0 0 0 8 】

出産形質、例えば死産、難産及び仔ウシサイズは、容易に予測されない。遺伝学的解析及び遺伝的選択の使用は、これらの出産形質の予測のための考え得る方法であると思われる。一旦マッピングされれば、QTLはマーカー利用選抜 (marker assisted selection) に便利に適用することができる。

#### 【 発明の開示 】

#### 【 発明が解決しようとする課題 】

#### 【 0 0 0 9 】

ウシゲノムにおける多型 (polymorphisms) のマーカー利用選抜のための適用方法であって、多型が、出産形質特性、例えば死産、難産及び仔ウシサイズに関連する方法を提供すること; 及び/又はこのような方法に用いるための遺伝的マーカーを提供すること、及び/又は本発明の方法を用いて選択される動物を提供することが、本発明の一目的である。

#### 【 課題を解決するための手段 】

## 【 0 0 1 0 】

本発明の一態様は、ウシ被験体における出産特性を確定する方法であって、死産の危険増大及び／又は難産の危険増大及び／又は望ましくない仔ウシサイズの危険増大を示す少なくとも1つの形質と結び付けられる少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在又は非存在を上記ウシ被験体からの試料中で検出することを包含し、当該少なくとも1つの遺伝的マーカーが、多型マイクロサテライトマーカーINRA006及びBM7225により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS1788及びMGTG4Bにより隣接され且つそれらを含む領域のBTA4、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS1095及びBM2830により隣接され且つそれらを含む領域のBTA5、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM7160及びBL1043により隣接され且つそれらを含む領域のBTA7、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 11及びBMS836により隣接され且つそれらを含む領域のBTA8、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS2151及びBMS1967により隣接され且つそれらを含む領域のBTA9、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーDIK2658及びBMS2614により隣接され且つそれらを含む領域のBTA10、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM716及びHEL13により隣接され且つそれらを含む領域のBTA11、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS410及びBMS2724により隣接され且つそれらを含む領域のBTA12、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBR3510及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のBTA15、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 31及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のBTA18、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM9202及びBMS601により隣接され且つそれらを含む領域のBTA19、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBM3517及びUWCA26により隣接され且つそれらを含む領域のBTA20、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーDIK5182及びIDVGA - 30により隣接され且つそれらを含む領域のBTA21、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーCSSM26及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のBTA22、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS917及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のBTA24、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーILSTS102及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のBTA25、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMS651及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のBTA26、及び／又は

多型マイクロサテライトマーカーBMC6020及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のBTA28

上に位置し、上記少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在が上記ウシ被験体及び／又はそれらの出生児の出産特性を示す、ウシ被験体における出産特性を確定する方法に関する。

## 【 0 0 1 1 】

本発明の第2の態様は、ウシ出産特性に関連した少なくとも1つの遺伝的マーカーのウシ被験体における存在又は非存在を検出する際に用いる診断キットであって、少なくとも1つのオリゴヌクレオチド配列を包含し、ヌクレオチド配列が配列番号1～配列番号558のいずれか、及び／又はそれらの任意の組合せから選択される、ウシ出産特性に関連した少な

10

20

30

40

50

くとも1つの遺伝的マーカーのウシ被験体における存在又は非存在を検出する際に用いる診断キットに関する。

【発明を実施するための最良の形態】

【0012】

本発明は、乳牛における出産特性の遺伝的決定因子 (genetic determinants) に関する。出産形質、例えば難産、死産及び仔ウシサイズは、乳製品産業における経済的に重要な因子である。したがって、特定の出産特性に関する遺伝的素因 (genetic predisposition) を有するウシ被験体を同定することは、経済的な関心事である。出産特性に関する遺伝的素因を有するウシ被験体は出産を難しくする望ましくない形質のキャリア (carriers) であり、それらの出生児に伝達されるおそれがある。

10

【0013】

「ウシ被験体」という用語は任意の品種のウシを指し、そして成体、又は新生動物にかかわらず、雌ウシ (cows) 及び雄ウシ (bulls) の両方を含むように意図される。この用語により特定の年齢の動物が示されることはない。ウシ被験体の一例は、ホルスタイン品種のひとつである。一実施形態では、ウシ被験体は、ホルスタイン・フリージアンウシ集団のひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、ホルスタイン・シュワルトボント (Swartbont) ウシのひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、ドイツ・ホルスタイン・シュワルツブントウシ集団のひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、米国・ホルスタインウシ集団のひとつである。一実施形態では、ウシ被験体は、レッド及びホワイト・ホルスタイン品種のひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、ドイツ・ホルスタイン・シュワルツブントウシ集団のひとつである。一実施形態では、ウシ被験体は、ホルスタイン品種の成員を含む任意のファミリーのひとつである。一実施形態では、ウシ被験体は、デンマーク・レッド集団のひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、フィニッシュ・エアシャー集団のひとつである。さらに別の実施形態では、ウシ被験体は、スウェーデン・レッド (Swedish Red) 集団のひとつである。さらなる実施形態では、ウシ被験体は、デンマーク・ホルスタイン集団のひとつである。別の実施形態では、ウシ被験体は、スウェーデン・レッド及びホワイト集団のひとつである。さらに別の実施形態では、ウシ被験体は、ノルディック・レッド (Nordic Red) 集団のひとつである。

20

【0014】

本発明の一実施形態では、ウシ被験体は、スウェーデン・レッド及びホワイト、デンマーク・レッド、フィニッシュ・エアシャー、ホルスタイン・フリージアン、デンマーク・ホルスタイン及びノルディック・レッドから成る群から選択される。本発明の別の実施形態では、ウシ被験体は、フィニッシュ・エアシャー及びスウェーデン・レッドウシからなる群から選択される。本発明の別の実施形態では、ウシ被験体は、フィニッシュ・エアシャー及びスウェーデン・レッドウシからなる群から選択される。

30

【0015】

一実施形態では、ウシ被験体は、表1aに示された品種の群から選択される。

【0016】

## 【表 1 a】

Table 1a

品種名及びICAR (International Committee for Animal Recording)によって割り当てられた  
品種コード

品種	品種 コード	国内品種名付録 (National Breed Names Annex)
Abundance アボンダンス	AB	-
Tyrol Grey チロル・グレー	AL	2.2
Angus アンガス	AN	2.1
Aubrac オブラック	AU	
Ayrshire エアシャー	AY	2.1
Belgian Blue ベルジャン・ブルー	BB	
Blonde d'Aquitaine ブロンド・タキテーヌ	BD	
Beefmaster ビーフマスター	BM	
Braford ブラッドフォード	BO	
Brahman ブラーマン	BR	
Brangus ブランガス	BN	
Brown Swiss ブラウンスイス	BS	2.1
Chianina キアニナ	CA	
Charolais シャロレー	CH	
Dexter デクスター	DR	
Galloway ギャロウェイ	GA	2.2
Guernsey ガーンジー	GU	
Gelbvieh ゲルブフィー	GV	
Hereford, horned ヘレフォード・有角	HH	
Hereford, polled ヘレフォード・無角	HP	
Highland Cattle ハイランド・キャトル	HI	
Holstein ホルスタイン	HO	2.2
Jersey ジャージー	JE	
Limousin リムジン	LM	
Maine-Anjou メーヌ・アンジョー	MA	
Murray-Grey マレー・グレー	MG	
Montbéliard モンベリアルド	MO	
Marchigiana マルキジアーナ	MR	
Normandy ノルマンディー	NO**	
Piedmont ピエモンテ	PI	2.2
Pinzgau ピンズガウ	PZ	
European Red Dairy Breed ヨーロピアン・レッド乳用種	[RE]*	2.1, 2.2
ロマニヨーラ	RN	
Holstein, Red and White ホルスタイン、レッド及びホワイト	RW***	2.2
Salers サレール	SL**	
Santa Gertrudis サンタ・ガートルーディス	SG	
South Devon サウス・デボン	SD	
Shorthorn ショートホーン	[SH]*	2.2
Simmental シンメンタール	SM	2.2
Sahiwal サヒワール	SW	
Tarentaise タランテーズ	TA	
Welsh Black ウェルシュ・ブラック	WB	
Buffalo (Bubalis bubalis) バッファロー	BF	
* 新品種コード		
** フランスにおける現行コードにより以前のコードから変更		
*** 米国案		

10

20

30

40

## 【0017】

一実施形態では、ウシ被験体は、表1bに示された品種の群から選択される品種のひとつである。

## 【0018】

【表 1 b】

Table 1b

## 品種名

国内品種名		
英語名	国別名称	
<b>Angus</b> アンガス	Including 例えば	Aberdeen Angus アバディーン・アンガス Canadian Angus カナダ・アンガス American Angus アメリカ・アンガス German Angus ドイツ・アンガス
<b>Ayrshire</b> エアシャー	Including 例えば	Ayrshire in 以下の国におけるエアシャー： オーストラリア カナダ コロンビア チェコ共和国 フィンランド ケニア ニュージーランド ノルウェー（NRF） ロシア 南アフリカ スウェーデン（SRB）及びSAB 英国 米国 ジンバブエ
<b>Belgian Blue</b> ベルジャン・ブルー	フランス： フランドル：	Blanc-bleu Belge Witblauw Ras van Belgie
<b>Brown Swiss</b> ブラウン・スイス	ドイツ： イタリア： フランス： スペイン： セルビア・クロアチア： チェコ： ルーマニア： ロシア： ブルガリア：	Braunvieh Razza Bruna Brune Bruna, Parda Alpina Slovenacko belo Hnedy Karpatsky Shivitskaja Bruna B'ljarska kafyava
<b>European Red Dairy Breed</b> ヨーロピアン・レッド乳牛種	Including 例えば	Danish Red デンマーク・レッド Angeln アンゲルン Swedish Red and White スウェーデン・レッド及びホワイ Norwegian Red and White ノルウェー・レッド及びホワイ Estonian Red エストニア・レッド Latvian Brown ラトビア・ブラウン Lithuanian Red リトアニア・レッド Byeloruss Red ベラルーシ・レッド Polish Red Lowland ポーランド・レッド・ロウランド

10

20

30

40

【0019】

一実施形態では、ウシ被験体は、表1cに示された品種の群から選択される品種のひとつである。

【0020】



【表 1 c】

Table 1c

## 品種名

国内品種名		
英語名	国別名称	
<i>European Red Dairy Breed</i> (continued) ヨーロピアン・レッド乳牛種 (続き)	Ukrainian Polish Red ウクライナ・ポーランド・レッド (French Rouge Flamande?) (フランス・ルージュ・フラマン?) (Belgian Flamande Rouge?) (ベルギー・フラマン・ルージュ?)	
<b>Galloway:</b> ギャロウェイ	Including 例えば	Black and Dun ブラックアンドダン Galloway ギャロウェイ Belted Galloway ベルテッドギャロウェイ Red Galloway レッドギャロウェイ White Galloway ホワイトギャロウェイ
<b>Holstein, Black and White:</b> ホルスタイン、ブラック 及びホワイ	オランダ: ドイツ: デンマーク: 英国: スウェーデン: フランス: イタリア: スペイン:	Holstein Swartbunt Deutsche Holstein, schwarzbunt Sortbroget Dansk Malkekvaeg Holstein Friesian Svensk Låglands Boskaap Prim Holstein Holstein Frisona Holstein Frisona
<b>Holstein, Red and White</b> ホルスタイン、レッド 及びホワイ	オランダ: ドイツ: デンマーク:	Holstein, roodbunt Holstein, rotbunt Roedbroget Dansk Malkekvaeg
<b>Piedmont</b> ピエモンテ	イタリア:	Piemontese
<b>Shorthorn</b> ショートホーン	Including 例えば	Dairy Shorthorn ショートホーン乳牛 Beef Shorthorn ショートホーン肉牛 Polled Shorthorn 角なしショートホーン
<b>Simmental</b> シンメンタル	Including dual purpose and beef use 例えば二重目的及び牛肉用 ドイツ: フランス: イタリア: チェコ: スロバキア: ルーマニア: ロシア:	Fleckvieh Simmental Française Razza Pezzata Rossa Český strakatý Slovenský strakatý Baltata românească Simmentalskaja
<b>Tyrol Grey</b> チロル・グレー	ドイツ: イタリア:	Tiroler Grauvieh Oberinntaler Grauvieh Rätisches Grauvieh Razza Grigia Alpina

10

20

30

## 【0021】

「遺伝的マーカー」という用語は、ウシ染色体上のDNAの可変ヌクレオチド配列 (variable nucleotide sequence) (多型) を指す。可変ヌクレオチド配列は、例えば増幅法 (amplification method)、及び/又はハイブリダイゼーション技法、及び/又はサイズ差を観察する場合において特異的なオリゴヌクレオチドを用いることにより、当業者に既知の方法により同定することができる。しかしながら、可変ヌクレオチド配列は、シーケンシングにより、又は例えば制限断片長多型 (restriction fragment length polymorphism) 分析によっても検出され得る。可変ヌクレオチド配列は、欠失、挿入、反復及び/又は点変異 (point mutation) により表わされ得る。したがって遺伝的マーカーは、可変数の多型アレルを含む。

40

## 【0022】

遺伝的マーカーの一型は、量的形質遺伝子座に連鎖するマイクロサテライトマーカーである。マイクロサテライトマーカーは、相互に反復される短い配列を指す。短い配列には、例えば1ヌクレオチド、例えば2ヌクレオチド、例えば3ヌクレオチド、例えば4ヌクレオ

50

チド、例えば5ヌクレオチド、例えば6ヌクレオチド、例えば7ヌクレオチド、例えば8ヌクレオチド、例えば9ヌクレオチド、例えば10ヌクレオチドがある。しかしながら変化が起こることもあり、反復の数は増大又は減少し得る。多型マイクロサテライトマーカーの個別の定義及び遺伝子座は、USDA遺伝子地図 (genetic map) に見出され得る (Kappes et al. 1997; 又は米国食肉動物研究所 (U.S. Meat Animal Research Center) へのリンクに従うことにより (<http://www.marc.usda.gov/>))。

#### 【0023】

本発明の一実施形態では、特異的なマーカーアレル (marker alleles) は、出産特性に影響を及ぼす量的形質遺伝子座に連鎖する。

さらに、本発明の遺伝的マーカーのヌクレオチド配列は、ウシ被験体における出産に関する形質と遺伝的に連鎖した (genetically linked) と理解される。その結果として、本発明の方法に従って、遺伝的マーカーにより隣接されそしてそれらを含むDNA領域のヌクレオチド配列から、多数の遺伝的マーカーが生成され得ることも理解される。

10

#### 【0024】

##### 出産形質特性

ウシ被験体における出産は、多数の特性により影響を及ぼされる。本発明に従って出産に影響を及ぼす形質は、例えば死産 (SB) の発生、難産 (CD) 及び出産時の仔ウシのサイズ (CS) である。形質は、仔ウシにおける雄親の直接効果 (D) により評価される。しかしながら形質は、仔ウシの母親の雄親の母系性効果 (maternal effect) (M) としても評価される。出産特性という用語は、ウシ被験体における出産又はその出生児に影響を及ぼす形質を意味する。したがって雄ウシの出産特性は、その出生児 (雌及び雄の両方) により身体的に形質発現される。

20

#### 【0025】

本発明において、出産特性は、形質SB、CD及びCSを包含し、これらは以下の特性を指す：

SB：死産を意味する

CS：出生児のサイズ

CD：難産。これは、出産が如何に困難であったかが主観的に記入される農場主からの記録に基づいている。難産は、以下の4つの部類からなる：

30

1：手助けなしで容易

2：補助を用いて容易

3：困難であるが、獣医学的補助なし

4：獣医学的補助を用いても困難。

#### 【0026】

本発明の一実施形態では、本明細書中に記載される方法及びキットは、死産、ここで分類されたような難産、及び/又は仔ウシサイズに関する。本発明の一実施形態では、本明細書中に記載される方法及びキットは、死産に関する。別の実施形態では、本発明の方法及びキットは、例えば上記の難産分類により検出されるような難産に関する。さらに別の実施形態では、本発明の方法及びキットは、出生児のサイズに関する。本発明の別の実施形態では、本明細書中に記載される方法及びキットは、死産、難産及び/又は出生児のサイズの任意の組合せに関する。

40

#### 【0027】

##### グランドドーターデザイン (granddaughter design)

グランドドーターデザインは、育種において広範に用いられてきた祖父に関する、そしてその息子が出生児を成した場合は祖父の息子に関する、DNAを基礎とするマーカーからのデータを分析することを包含する。DNA-マーカーデータと一緒に用いられるべき表現型データは、息子の娘から得られる。このような表現型データは、例えば牛乳産生特徴、出産に関する特徴、肉質又は疾患であり得る。娘の一群は、父親から一方のアレルを受け継ぐが、一方、第二群の娘は、父親から他方のアレルを受け継ぐ。2つの群のデータを比較

50

することにより、特定の染色体の断片が対象の形質に影響を及ぼす1つ又は複数の遺伝子を保有しているか否かの情報が与えられ得る。QTLが染色体のこの断片内に存在するか否かが判断され得る。

#### 【0028】

グランドオーターデザインを実施するための前提条件は、詳細な表現型データが利用可能であることである。本発明において、このようなデータは、入手可能であった (<http://www.lr.dk/kvaeg/diverse/principles.pdf>)。

これに対して、一方又は両方の親及びそれらの出生児に関して、ある染色体上で多数のDNAマーカーが確定されている場合、親から1頭又は複数頭のその出生児に伝えられる形質の情報を得るために、DNAマーカーが直接用いられ得る。DNAマーカーと連鎖する染色体の遺伝的履歴 (genetic history) を算定するために、マーカーが用いられ得る。

10

#### 【0029】

##### 組換え頻度

組換え頻度は、組換え事象が2つの遺伝子又は2つのマーカーの間で起こる尤度である。組換え頻度は、2つの遺伝子又は2つのマーカー間の遺伝的距離 (genetic distance) として算定され得る。遺伝的距離は、センチモルガン (cM) の単位で測定される。1センチモルガンは、一世代の交叉 (crossing over) によって、ある遺伝子座のマーカーが第二の遺伝子座のマーカーから分離される1%の機会と等しい。1センチモルガンは、平均で、100万塩基対と等価である。

20

#### 【0030】

##### 染色体領域及びマーカー

BTAは、ウシ常染色体 (Bos Taurus autosome) の略称である。

本発明の一態様は、ウシ被験体における出産特性を確定する方法であって、死産の危険増大及び/又は難産の危険増大及び/又は望ましくない仔ウシサイズの危険増大を示す少なくとも1つの形質と結び付けられる少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在又は非存在を上記ウシ被験体からの試料中で検出することを包含し、上記少なくとも1つの遺伝的マーカーが、多型マイクロサテライトマーカーINRA006及びBM7225により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS1788及びMGTG4Bにより隣接され且つそれらを含む領域のBTA4、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS1095及びBM2830により隣接され且つそれらを含む領域のBTA5、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBM7160及びBL1043により隣接され且つそれらを含む領域のBTA7、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 11及びBMS836により隣接され且つそれらを含む領域のBTA8、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS2151及びBMS1967により隣接され且つそれらを含む領域のBTA9、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーDIK2658及びBMS2614により隣接され且つそれらを含む領域のBTA10、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBM716及びHEL13により隣接され且つそれらを含む領域のBTA11、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS410及びBMS2724により隣接され且つそれらを含む領域のBTA12、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBR3510及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のBTA15、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーIDVGA - 31及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のBTA18、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBM9202及びBMS601により隣接され且つそれらを含む領域のBTA19、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBM3517及びUWCA26により隣接され且つそれらを含む領域のBTA20、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーDIK5182及びIDVGA - 30により隣接され且つそれらを含む領域のBTA21、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーCSSM26及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のBTA22、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS917及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のBTA24、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーILSTS102及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のBTA25、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMS651及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のBTA26、及び/又は多型マイクロサテライトマーカーBMC6020及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のBTA28、上に位

30

40

50

置し、上記少なくとも1つの遺伝的マーカーの存在が上記ウシ被験体及び／又はそれらの出生児の出産特性を示す、ウシ被験体における出産特性を確定する方法に関する。

【0031】

少なくとも1つの遺伝的マーカーが、多型マイクロサテライトマーカーにより隣接され且つそれを含む領域のウシ染色体上に位置する、ウシ被験体における出産特性を確定するために、2つ以上の遺伝的マーカーが本発明において用いられ得ると理解される。例えば少なくとも1つの遺伝的マーカーは、精度が増大され得るように、少なくとも2つ以上の遺伝的マーカー、例えば少なくとも3つの遺伝的マーカー、例えば4つの遺伝的マーカー、例えば少なくとも5つの遺伝的マーカー、例えば6つの遺伝的マーカー、例えば少なくとも7つの遺伝的マーカー、例えば8つの遺伝的マーカー、例えば少なくとも9つの遺伝的マーカー、例えば10個の遺伝的マーカーの組合せであり得る。

10

【0032】

少なくとも1つの遺伝的マーカーが、少なくとも1つのウシ染色体、例えば2つの染色体、例えば3つの染色体、例えば4つの染色体、例えば5つの染色体、及び／又は例えば6つの染色体の上に位置し得る。

【0033】

好ましい実施形態では、少なくとも1つのマーカーが、本明細書中に示される表の個々のマーカーのいずれかから選択される。

【0034】

20

BTA3

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA3上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA3上の約17.1cM～約101.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA006及びBM7225により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び／又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2aに示されるマーカーの群から選択される：

30

【0035】

【表 2 a】

Table 2a

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA006	17.1
UWCA7	17.4
ILSTS096	27.4
DIK4403	32.5
RME23	32.5
BMS963	32.9
BMS819	33.5
FCGR1	34.6
BL41	43.3
DIK4353	52.5
INRA003	59.4
BMS2790	62.4
ILSTS029	64.9
BM220	66.3
INRA123	66.3
BMS862	67.4
HUJ246	68.0
BMS937	68.0
DIK4664	68.3
DIK2702	77.6
HUJ1177	87.3
DIK2686	95.5
BM7225	101.8

10

20

30

40

## 【0036】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約34.6cM～約87.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーFCGR1及びHUJ1177により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2bに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 0 3 7 】

【 表 2 b 】

Table 2b

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
FCGR1	34.6
BL41	43.3
DIK4353	52.5
INRA003	59.4
BMS2790	62.4
ILSTS029	64.9
BM220	66.3
INRA123	66.3
BMS862	67.4
HUJ246	68.0
BMS937	68.0
DIK4664	68.3
DIK2702	77.6
HUJII77	87.3

10

20

30

【 0 0 3 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約32.5cM～約59.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK4403及びINRA003により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2cに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 3 9 】

40

【表 2 c】

Table 2c

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK4403	32.5
RME23	32.5
BMS963	32.9
BMS819	33.5
FCGR1	34.6
BL41	43.3
DIK4353	52.5
INRA003	59.4

10

20

## 【0040】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約77.6cM～約101.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2702及びBM7225により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0041】

【表 2 d】

Table 2d

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2702	77.6
HUJII77	87.3
DIK2686	95.5
BM7225	101.8

30

40

## 【0042】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約52.5cM～約68.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK4353及びDIK4664により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2eに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 0 4 3 】

【 表 2 e 】

Table 2e

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK4353	52.5
INRA003	59.4
BMS2790	62.4
ILSTS029	64.9
BM220	66.3
INRA123	66.3
BMS862	67.4
HUJ246	68.0
BMS937	68.0
DIK4664	68.3

10

20

【 0 0 4 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約59.4cM～約66.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA003及びINRA123により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2fに示されるマーカーの群から選択される：

30

【 0 0 4 5 】

【 表 2 f 】

Table 2f

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA003	59.4
BMS2790	62.4
ILSTS029	64.9
BM220	66.3
INRA123	66.3

40

50



## 【 0 0 4 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約32.5cM～約52.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK4403及びDIK4353により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 0 4 7 】

## 【表 2 g】

Table 2g

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK4403	32.5
RME23	32.5
BMS963	32.9
BMS819	33.5
FCGR1	34.6
BL41	43.3
DIK4353	52.5

10

20

## 【 0 0 4 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA3上の約77.6cM～約101.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーFCGR1及びHUJII77により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA3上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表2hに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【 0 0 4 9 】

## 【表 2 h】

Table 2h

BTA3上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2702	77.6
HUJII77	87.3
DIK2686	95.5
BM7225	101.8

40

## 【 0 0 5 0 】

50

## BTA4

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA4上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA4上の約12.5cM～約112.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1788及びMGTG4Bにより隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3aに示されるマーカーの群から選択される：

10

【 0 0 5 1 】

【 表 3 a 】

Table 3a

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1788	12.5
BMS2646	43.2
TGLA116	52.5
INRA072	63.0
BM8233	73.4
BMS648	91.2
BR6303	104.9
MGTG4B	112.8

20

30

【 0 0 5 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA4上の約12.5cM～約91.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1788及びBMS648により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3bに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 5 3 】

40

【表 3 b】

Table 3b

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1788	12.5
BMS2646	43.2
TGLA116	52.5
INRA072	63.0
BM8233	73.4
BMS648	91.2

10

## 【 0 0 5 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 4上の約43.2cM～約91.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2646及びBMS648により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3cに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 0 5 5 】

【表 3 c】

Table 3c

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2646	43.2
TGLA116	52.5
INRA072	63.0
BM8233	73.4
BMS648	91.2

30

40

## 【 0 0 5 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 4上の約43.2cM～約63.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2646及びINRA072により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 0 5 7 】

【表 3 d】

Table 3d

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2646	43.2
TGLA116	52.5
INRA072	63.0

10

## 【0058】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 4上の約52.2cM～約73.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーTGLA116及びBM8233により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0059】

20

【表 3 e】

Table 3e

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
TGLA116	52.5
INRA072	63.0
BM8233	73.4

30

## 【0060】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 4上の約63.0cM～約91.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA072及びBMS648により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3fに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0061】

40

【表 3 f】

Table 3f

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA072	63.0
BM8233	73.4
BMS648	91.2

10

## 【0062】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA4上の約63.0cM～約73.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA072及びBM8233により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA4上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表3gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0063】

20

【表 3 g】

Table 3g

BTA4上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA072	63.0
BM8233	73.4

30

## 【0064】

## BTA5

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA5上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA5上の約0.0cM～約116.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1095及びBM2830により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4aに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0065】

【表 4 a】

Table 4a

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1095	0.0
BM6026	6.0
MNB-33	7.4
BMS610	12.0
BP1	17.3
DIK4747	18.3
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7
DIK4759	40.3
BMC1009	41.7
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9
BMS1248	90.8
BM315	103.2
BMS1658	105.7
BM2830	116.9

10

20

30

40

## 【0066】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約0.0cM～約103.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1095及びBM315により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4bに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 0 6 7 】

【 表 4 b 】

Table 4b

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1095	0.0
BM6026	6.0
MNB-33	7.4
BMS610	12.0
BP1	17.3
DIK4747	18.3
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7
DIK4759	40.3
BMC1009	41.7
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9
BMS1248	90.8
BM315	103.2

10

20

30

40

【 0 0 6 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約30.1cM～約103.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2718及びBM315により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4cに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 0 6 9 】

【 表 4 c 】

Table 4c

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7
DIK4759	40.3
BMC1009	41.7
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9
BMS1248	90.8
BM315	103.2

10

20

30

【 0 0 7 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約30.1cM～約78.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2718及びBMS1216により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4dに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 7 1 】

40



【表 4 d】

Table 4d

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7
DIK4759	40.3
BMC1009	41.7
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2

10

20

## 【0072】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 5上の約18.3cM～約56.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK4747及びRM500により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4eに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【0073】

【表 4 e】

Table 4e

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK4747	18.3
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7
DIK4759	40.3
BMC1009	41.7
CSSM034	45.5
RM500	56.3

10

20

## 【 0 0 7 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約17.3cM～約33.7cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBP1及びDIK5002により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4fに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 0 7 5 】

【表 4 f】

Table 4f

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BP1	17.3
DIK4747	18.3
DIK2718	30.1
AGLA293	32.3
DIK5002	33.7

30

40

## 【 0 0 7 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約45.5cM～約82.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーCSSM034及びDIK2943により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4gに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 0 7 7 】

【 表 4 g 】

Table 4g

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9

10

20

【 0 0 7 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 5上の約45.5cM～約66.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーCSSM034及びDIK5046により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4hに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 7 9 】

【 表 4 h 】

Table 4h

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
CSSM034	45.5
RM500	56.3
BMS1617	56.3
DIK5046	66.2

30

40

【 0 0 8 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 5上の約66.2cM～約82.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5046及びDIK2943により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4iに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 8 1 】

50

【表 4 i】

Table 4i

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5046	66.2
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9

10

## 【0082】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA5上の約71.8cM～約90.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーETH10及びBMS1248により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA5上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表4jに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0083】

【表 4 j】

Table 4j

BTA5上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ETH10	71.8
CSSM022	74.2
BMS1216	78.2
DIK2943	82.9
BMS1248	90.8

30

## 【0084】

## BTA7

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA7上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA7上の約0.0cM～約135.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM7160及びBL1043により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5aに示されるマ

40

50

ーカーの群から選択される：

【 0 0 8 5 】

【 表 5 a 】

Table 5a

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM7160	0.0
BL1067	14.7
BMS713	16.8
DIK5321	22.3
DIK4421	22.7
DIK2207	26.7
DIK5412	30.2
IL4	32.0
BM6105	37.9
TGLA303	39.3
DIK2819	47.9
DIK4606	55.3
BM7247	57.3
UWCA20	58.6
BM6117	62.2
BMS2840	65.3
DIK2915	76.2
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9
DIK2895	103.1
ILSTS006	116.6
BL1043	135.6

10

20

30

40

【 0 0 8 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 7上の約30.2cM～約95.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5412及びOARAE129により隣接され

50

且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5bに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 8 7 】

【 表 5 b 】

Table 5b

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5412	30.2
IL4	32.0
BM6105	37.9
TGLA303	39.3
DIK2819	47.9
DIK4606	55.3
BM7247	57.3
UWCA20	58.6
BM6117	62.2
BMS2840	65.3
DIK2915	76.2
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9

10

20

30

【 0 0 8 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA7上の約30.2cM～約55.3cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5412及びDIK4606により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5cに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 0 8 9 】

【表 5 c】

Table 5c

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5412	30.2
IL4	32.0
BM6105	37.9
TGLA303	39.3
DIK2819	47.9
DIK4606	55.3

10

## 【0090】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA7上の約58.6cM～約95.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーUWCA20及びOARAE129により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5dに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0091】

【表 5 d】

Table 5d

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
UWCA20	58.6
BM6117	62.2
BMS2840	65.3
DIK2915	76.2
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9

30

40

## 【0092】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA7上の約77.2cM～約135.6cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2258及びBL1043により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0093】

50

【表 5 e】

Table 5e

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9
DIK2895	103.1
ILSTS006	116.6
BL1043	135.6

10

## 【0094】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA7上の約77.2cM～約116.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2258及びILSTS006により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5fに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0095】

【表 5 f】

Table 5f

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9
DIK2895	103.1
ILSTS006	116.6

30

## 【0096】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA7上の約77.2cM～約95.5cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2258及びOARAE129により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA7上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表5gに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0097】



【表 5 g】

Table 5g

BTA7上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2258	77.2
OARAE129	95.9

10

## 【 0 0 9 8 】

## BTA8

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA8上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA8上の約11.3cM～約122.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA - 11及びBMS836により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA8上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表6aに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 0 9 9 】

## 【表 6 a】

Table 6a

BTA8上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-11	11.3
BMS1591	31.4
BMS678	41.6
INRA129	54.6
BMS2072	66.0
BMS887	68.5
URB037	69.0
MCM64	71.1
CSSM047	118.7
BMS836	122.9

30

40

## 【 0 1 0 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA

50

8上の約11.3cM～約71.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA-11及びMCM64により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA8上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表6bに示されるマーカーの群から選択される：

【0101】

【表6b】

Table 6b

BTA8上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-11	11.3
BMS1591	31.4
BMS678	41.6
INRA129	54.6
BMS2072	66.0
BMS887	68.5
URB037	69.0
MCM64	71.1

10

20

【0102】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA8上の約41.6cM～約66.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS678及びBMS2072により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA8上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表6cに示されるマーカーの群から選択される：

30

【0103】

【表6c】

Table 6c

BTA8上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS678	41.6
INRA129	54.6
BMS2072	66.0

40

【0104】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA8上の約71.1cM～約122.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーMCM64及びBMS836により隣接され且

50

つそれらを含む領域のウシ染色体BTA8上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表6dに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 0 5 】

【表 6 d】

Table 6d

BTA8上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
MCM64	71.1
CSSM047	118.7
BMS836	122.9

10

【 0 1 0 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA8上の約11.3cM～約41.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA - 11及びBMS678により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA8上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表6eに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 0 7 】

【表 6 e】

Table 6e

BTA8上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-11	11.3
BMS1591	31.4
BMS678	41.6

30

【 0 1 0 8 】

BTA9

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA9上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA9上の約8.49cM～約109.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2151及びBMS1967により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び／又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7aに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 1 0 9 】

【表 7 a】

Table 7a

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2151	8.49
ETH225	12.8
ILSTS037	26.3
BM2504	30.9
DIK2892	30.9
DIK3003	36.5
DIK3002	36.5
BMS1267	38.7
DIK5142	43.8
BMS555	43.8
DIK5364	45.7
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9
DIK2816	68.1
BM6436	77.6
BMS2753	79.2
BM4208	90.7
BMS2819	91.0
BMS2295	98.6
BMS1967	109.3

10

20

30

40

## 【 0 1 1 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 9上の約12.8cM～約90.7cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーETH225及びBM4208により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7bに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 1 1 】

50

【表 7 b】

Table 7b

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ETH225	12.8
ILSTS037	26.3
BM2504	30.9
DIK2892	30.9
DIK3003	36.5
DIK3002	36.5
BMS1267	38.7
DIK5142	43.8
BMS555	43.8
DIK5364	45.7
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9
DIK2816	68.1
BM6436	77.6
BMS2753	79.2
BM4208	90.7

10

20

30

## 【 0 1 1 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA9上の約12.8cM～約64.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーETH225及びBMS1290により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7cに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 1 1 3 】

【表 7 c】

Table 7c

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ETH225	12.8
ILSTS037	26.3
BM2504	30.9
DIK2892	30.9
DIK3003	36.5
DIK3002	36.5
BMS1267	38.7
DIK5142	43.8
BMS555	43.8
DIK5364	45.7
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9

10

20

## 【 0 1 1 4 】

30

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA9上の約50.0cM～約91.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーUWCA9及びBMS2819により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 1 5 】

【表 7 d】

Table 7d

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9
DIK2816	68.1
BM6436	77.6
BMS2753	79.2
BM4208	90.7
BMS2819	91.0

10

20

## 【0116】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA9上の約50.0cM～約79.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーUWCA9及びBMS2753により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0117】

【表 7 e】

Table 7e

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9
DIK2816	68.1
BM6436	77.6
BMS2753	79.2

30

40

## 【0118】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA9上の約45.7cM～約68.1cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5364及びDIK2816により隣接され

50

且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7fに示されるマーカーの群から選択される：

【0119】

【表7f】

Table 7f

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5364	45.7
UWCA9	50.0
DIK4720	54.0
BMS1290	64.9
DIK2816	68.1

10

【0120】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA9上の約12.8cM～約43.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーETH225及びDIK5142により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA9上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表7gに示されるマーカーの群から選択される：

【0121】

【表7g】

Table 7g

BTA9上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ETH225	12.8
ILSTS037	26.3
BM2504	30.9
DIK2892	30.9
DIK3003	36.5
DIK3002	36.5
BMS1267	38.7
DIK5142	43.8

30

40

【0122】

BTA10

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA10上に位

50



置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA10上の約2.7cM～約104.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2658及びBMS2614により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8aに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 2 3 】

【表 8 a】

Table 8a

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2658	2.7
DIK2503	9.0
CSSM38	11.0
BMS528	24.0
BM1237	24.7
MB077	35.1
DIK2000	37.5
BMS2742	44.3
BMS529	55.6
DIK2361	56.5
BM888	60.0
TGLA433	74.0
INRA037	79.0
BMS1620	80.4
ILSTS070	81.4
BMS2641	87.5
BMS614	100.0
BMS2614	109.4

【 0 1 2 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA

10

20

30

40

50

10上の約9.0cM～約35.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2503及びMB077により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8bに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 2 5 】

【 表 8 b 】

Table 8b

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2503	9.0
CSSM38	11.0
BMS528	24.0
BM1237	24.7
MB077	35.1

10

20

【 0 1 2 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約11.0cM～約37.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーCSSM38及びDIK2000により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8cに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 2 7 】

【 表 8 c 】

Table 8c

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
CSSM38	11.0
BMS528	24.0
BM1237	24.7
MB077	35.1
DIK2000	37.5

30

40

【 0 1 2 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約24.0cM～約35.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS528及びMB077により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8dに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 1 2 9 】

【 表 8 d 】

Table 8d

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS528	24.0
BM1237	24.7
MB077	35.1

10

【 0 1 3 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約37.5cM～約80.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2000及びBMS1620により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8eに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 3 1 】

【 表 8 e 】

Table 8e

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2000	37.5
BMS2742	44.3
BMS529	55.6
DIK2361	56.5
BM888	60.0
TGLA433	74.0
INRA037	79.0
BMS1620	80.4

30

40

【 0 1 3 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約44.3cM～約74.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2742及びTGLA433により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8fに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 3 3 】

【表 8 f】

Table 8f

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2742	44.3
BMS529	55.6
DIK2361	56.5
BM888	60.0
TGLA433	74.0

10

## 【 0 1 3 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約56.5cM～約74.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2361及びTGLA433により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8gに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 1 3 5 】

【表 8 g】

Table 8g

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2361	56.5
BM888	60.0
TGLA433	74.0

30

## 【 0 1 3 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約74.0cM～約87.5cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーTGLA433及びBMS2641により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8hに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 1 3 7 】

【表 8 h】

Table 8h

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
TGLA433	74.0
INRA037	79.0
BMS1620	80.4
ILSTS070	81.4
BMS2641	87.5

10

## 【 0 1 3 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA10上の約87.5cM～約109.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2641及びBMS2614により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA10上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表8iに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 1 3 9 】

【表 8 i】

Table 8i

BTA10上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2641	87.5
BMS614	100.0
BMS2614	109.4

30

## 【 0 1 4 0 】

## BTA11

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA11上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA11上の約19.4cM～約122.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM716及びHEL13により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9aに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 1 4 1 】

【表 9 a】

Table 9a

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM716	19.4
BMS2569	21.1
BM2818	30.0
INRA177-2	34.8
INRA177	34.8
RM096	40.5
INRA131	47.3
BM7169	50.3
BM6445	61.6
ILSTS036	61.6
BMS1822	65.9
TGLA58	73.1
BMS2047	78.5
HUJV174	92.2
BMS989	92.2
TGLA436	105.2
BMS460	109.4
ILSTS045	114.2
DIK4819	115.0
HEL13	122.4

10

20

30

40

## 【 0 1 4 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約19.4cM～約92.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM716及びBMS989により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9bに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 4 3 】

【表 9 b】

Table 9b

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM716	19.4
BMS2569	21.1
BM2818	30.0
INRA177-2	34.8
INRA177	34.8
RM096	40.5
INRA131	47.3
BM7169	50.3
BM6445	61.6
ILSTS036	61.6
BMS1822	65.9
TGLA58	73.1
BMS2047	78.5
HUJV174	92.2
BMS989	92.2

10

20

30

## 【 0 1 4 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約19.4cM～約50.3cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM716及びBM7169により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 4 5 】

【表 9 c】

Table 9c

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM716	19.4
BMS2569	21.1
BM2818	30.0
INRA177-2	34.8
INRA177	34.8
RM096	40.5
INRA131	47.3
BM7169	50.3

10

20

## 【0146】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約30.0cM～約50.3cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM2818及びBM7169により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0147】

【表 9 d】

Table 9d

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM2818	30.0
INRA177-2	34.8
INRA177	34.8
RM096	40.5
INRA131	47.3
BM7169	50.3

30

40

## 【0148】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約34.8cM～約47.3cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA177-2及びINRA131により隣接

50



され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9eに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 4 9 】

【 表 9 e 】

Table 9e

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA177-2	34.8
INRA177	34.8
RM096	40.5
INRA131	47.3

10

【 0 1 5 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約50.3cM～約92.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM7169及びBMS989により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9fに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 5 1 】

【 表 9 f 】

Table 9f

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM7169	50.3
BM6445	61.6
ILSTS036	61.6
BMS1822	65.9
TGLA58	73.1
BMS2047	78.5
HUJV174	92.2
BMS989	92.2

30

40

【 0 1 5 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約61.6cM～約92.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM6445及びBMS989により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカー

50

は、表9gに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 5 3 】

【 表 9 g 】

Table 9g

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM6445	61.6
ILSTS036	61.6
BMS1822	65.9
TGLA58	73.1
BMS2047	78.5
HUJV174	92.2
BMS989	92.2

10

20

【 0 1 5 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約73.3cM～約92.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーTGLA58及びBMS989により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9hに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 5 5 】

【 表 9 h 】

Table 9h

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
TGLA58	73.1
BMS2047	78.5
HUJV174	92.2
BMS989	92.2

30

40

【 0 1 5 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA11上の約92.2cM～約109.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーHUJV174及びBMS460により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA11上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表9iに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 5 7 】

【表 9 i】

Table 9i

BTA11上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
HUJV174	92.2
BMS989	92.2
TGLA436	105.2
BMS460	109.4

10

## 【 0 1 5 8 】

## BTA12

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA12上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA12上の約0.0cM～約109.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS410及びBMS2724により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA12上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表10aに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 1 5 9 】

## 【表 1 0 a】

Table 10a

BTA12上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS410	0.0
BM6108	15.1
BM860	50.4
BMS975	63.8
BMS1316	102.0
BMS2724	109.0

30

40

## 【 0 1 6 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA12上の約50.4cM～約109.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM860及びBMS2724により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA12上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカー

50

は、表10bに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 6 1 】

【 表 1 0 b 】

Table 10b

BTA12上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM860	50.4
BMS975	63.8
BMS1316	102.0
BMS2724	109.0

10

【 0 1 6 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA12上の約50.4cM～約102.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM860及びBMS1316により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA12上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表10cに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 6 3 】

【 表 1 0 c 】

Table 10c

BTA12上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM860	50.4
BMS975	63.8
BMS1316	102.0

30

【 0 1 6 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA12上の約63.8cM～約102.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS975及びBMS1316により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA12上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表10dに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 1 6 5 】

【表 1 0 d】

Table 10d

BTA12上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS975	63.8
BMS1316	102.0

10

## 【 0 1 6 6 】

BTA15

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA15上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA15上の約9.4cM～約109.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBR3510及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び／又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11aに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 1 6 7 】

【表 1 1 a】

Table 11a

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BR3510	9.4
BMS2533	13.9
INRA050	31.1
JAB8	31.2
BMS2684	48.2
DIK1106	51.9
INRA145	67.8
IDVGA-10	67.8
DIK4850	74.1
DIK2768	77.9
ILSTS027	83.4
BMS812	84.9
BMS2076	91.8
BL1095	94.8
BMS820	98.2
BMS927	105.0
BMS429	109.8

10

20

30

40

## 【 0 1 6 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約48.2cM～約109.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2684及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11bに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 6 9 】

【表 1 1 b】

Table 11b

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2684	48.2
DIK1106	51.9
INRA145	67.8
IDVGA-10	67.8
DIK4850	74.1
DIK2768	77.9
ILSTS027	83.4
BMS812	84.9
BMS2076	91.8
BL1095	94.8
BMS820	98.2
BMS927	105.0
BMS429	109.8

10

20

## 【 0 1 7 0 】

30

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約48.2cM～約91.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2684及びBMS2076により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 7 1 】

【表 1 1 c】

Table 11c

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2684	48.2
DIK1106	51.9
INRA145	67.8
IDVGA-10	67.8
DIK4850	74.1
DIK2768	77.9
ILSTS027	83.4
BMS812	84.9
BMS2076	91.8

10

20

## 【0 1 7 2】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約77.9cM～約109.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカー77.9及び109.8により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0 1 7 3】

## 【表 1 1 d】

Table 11d

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2768	77.9
ILSTS027	83.4
BMS812	84.9
BMS2076	91.8
BL1095	94.8
BMS820	98.2
BMS927	105.0
BMS429	109.8

30

40

50



## 【 0 1 7 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約84.9cM～約109.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS812及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 1 7 5 】

## 【表 1 1 e】

Table 11e

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS812	84.9
BMS2076	91.8
BL1095	94.8
BMS820	98.2
BMS927	105.0
BMS429	109.8

10

20

## 【 0 1 7 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約84.9cM～約94.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS812及びBL1095により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11fに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【 0 1 7 7 】

## 【表 1 1 f】

Table 11f

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS812	84.9
BMS2076	91.8
BL1095	94.8

40

## 【 0 1 7 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約91.8cM～約105.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2076及びBMS927により隣接され

50

且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11gに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 7 9 】

【 表 1 1 g 】

Table 11g

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2076	91.8
BL1095	94.8
BMS820	98.2
BMS927	105.0

10

【 0 1 8 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約98.2cM～約109.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS820及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11hに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 8 1 】

【 表 1 1 h 】

Table 11h

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS820	98.2
BMS927	105.0
BMS429	109.8

30

【 0 1 8 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA15上の約105.0cM～約109.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS927及びBMS429により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA15上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表11iに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 1 8 3 】

【表 1 1 i】

Table 11i

BTA15上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS927	105.0
BMS429	109.8

10

## 【 0 1 8 4 】

## BTA18

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA18上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA18上の約0.0cM～約84.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA - 31及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12aに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 1 8 5 】

【表 1 2 a】

Table 12a

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-31	0.0
BMS1355	2.9
BMS1322	13.5
TEXAN-10	20.7
BMS2213	24.5
INRA121	30.2
BR4406	33.4
BMS2554	40.2
MNB-27	44.0
BM7109	47.0
INRA063	48.0
ILSTS002	54.7
BMS2639	55.5
DIK4960	56.3
DIK4849	57.0
BMON117	57.6
DIK4232	61.2
BMS2785	72.0
DIK4569	73.8
BM2078	76.8
BM6507	78.8
TGLA227	84.1
DIK4013	84.4

10

20

30

40

## 【0186】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約0.0cM～約13.5cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA-31及びBMS1322により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12bに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 1 8 7 】

【 表 1 2 b 】

Table 12b

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-31	0.0
BMS1355	2.9
BMS1322	13.5

10

【 0 1 8 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約2.9cM～約13.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1355及びBMS1322により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12cに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 1 8 9 】

【 表 1 2 c 】

Table 12c

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1355	2.9
BMS1322	13.5

30

【 0 1 9 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約30.2cM～約61.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA121及びDIK4232により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12dに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 1 9 1 】

【表 1 2 d】

Table 12d

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA121	30.2
BR4406	33.4
BMS2554	40.2
MNB-27	44.0
BM7109	47.0
INRA063	48.0
ILSTS002	54.7
BMS2639	55.5
DIK4960	56.3
DIK4849	57.0
BMON117	57.6
DIK4232	61.2

10

20

## 【0 1 9 2】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 18上の約33.4cM～約54.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBR4406及びILSTS002により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12eに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【0 1 9 3】

【表 1 2 e】

Table 12e

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BR4406	33.4
BMS2554	40.2
MNB-27	44.0
BM7109	47.0
INRA063	48.0
ILSTS002	54.7

10

## 【0 1 9 4】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 18上の約57.6cM～約84.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMON117及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12fに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0 1 9 5】

【表 1 2 f】

Table 12f

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMON117	57.6
DIK4232	61.2
BMS2785	72.0
DIK4569	73.8
BM2078	76.8
BM6507	78.8
TGLA227	84.1
DIK4013	84.4

30

40

## 【0 1 9 6】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 18上の約61.2cM～約84.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK4232及びDIK4013により隣接さ

50

れ且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12gに示されるマーカーの群から選択される：

【0197】

【表12g】

Table 12g

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK4232	61.2
BMS2785	72.0
DIK4569	73.8
BM2078	76.8
BM6507	78.8
TGLA227	84.1
DIK4013	84.4

10

20

【0198】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約72.0cM～約76.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2785及びBM2078により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12hに示されるマーカーの群から選択される：

【0199】

【表12h】

Table 12h

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2785	72.0
DIK4569	73.8
BM2078	76.8

30

40

【0200】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約76.8cM～約84.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM2078及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12iに示されるマーカーの群から選択される：

【0201】



【表 1 2 i】

Table 12i

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM2078	76.8
BM6507	78.8
TGLA227	84.1
DIK4013	84.4

10

## 【0 2 0 2】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約76.8cM～約78.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM2078及びBM6507により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12jに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0 2 0 3】

【表 1 2 j】

Table 12j

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM2078	76.8
BM6507	78.8

30

## 【0 2 0 4】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA18上の約78.8cM～約84.4cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM6507及びDIK4013により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA18上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表12kに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0 2 0 5】

【表 1 2 k】

Table 12k

BTA18上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM6507	78.8
TGLA227	84.1
DIK4013	84.4

40

50

## 【 0 2 0 6 】

## BTA19

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA19上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA19上の約0.0cM～約108.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM9202及びBMS601により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13aに示されるマーカーの群から選択される：

10

## 【 0 2 0 7 】

## 【表 1 3 a】

Table 13a

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM9202	0.0
BMS745	16.0
BP20	45.9
IDVGA-46	47.0
BMS2389	52.2
CSSM065	69.8
ETH3	90.0
BMS601	108.0

20

30

## 【 0 2 0 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約0.0cM～約90.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM9202及びETH3により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13bに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 2 0 9 】

【表 1 3 b】

Table 13b

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM9202	0.0
BMS745	16.0
BP20	45.9
IDVGA-46	47.0
BMS2389	52.2
CSSM065	69.8
ETH3	90.0

10

20

## 【 0 2 1 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約0.0cM～約45.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM9202及びBP20により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 1 1 】

【表 1 3 c】

Table 13c

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM9202	0.0
BMS745	16.0
BP20	45.9

30

40

## 【 0 2 1 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約16.0cM～約45.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS745及びBP20により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 1 3 】

50

【表 1 3 d】

Table 13d

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS745	16.0
BP20	45.9

10

## 【 0 2 1 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約47.0cM～約90.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA - 46及びETH3により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 1 5 】

【表 1 3 e】

Table 13e

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-46	47.0
BMS2389	52.2
CSSM065	69.8
ETH3	90.0

20

30

## 【 0 2 1 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約52.2cM～約108.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2389及びBMS601により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13fに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 2 1 7 】

【表 1 3 f】

Table 13f

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2389	52.2
CSSM065	69.8
ETH3	90.0
BMS601	108.0

10

## 【0 2 1 8】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA19上の約69.8cM～約90.0cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーCSSM065及びETH3により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA19上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表13gに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0 2 1 9】

【表 1 3 g】

Table 13g

BTA19上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
CSSM065	69.8
ETH3	90.0

30

## 【0 2 2 0】

## BTA20

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA20上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA20上の約0.0cM～約77.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM3517及びUWCA26により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14aに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0 2 2 1】

【表 1 4 a】

Table 14a

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM3517	0.0
HEL12	0.6
BMS1282	19.1
BMS1754	26.3
TGLA126	31.9
BMS2361	49.7
AGLA29	55.1
BMS703	60.1
BM5004	71.8
UWCA26	77.1

10

20

## 【 0 2 2 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 20上の約0.0cM～約71.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM3517及びBM5004により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14bに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【 0 2 2 3 】

【表 1 4 b】

Table 14b

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM3517	0.0
HEL12	0.6
BMS1282	19.1
BMS1754	26.3
TGLA126	31.9
BMS2361	49.7
AGLA29	55.1
BMS703	60.1
BM5004	71.8

10

20

## 【0 2 2 4】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA20上の約0.0cM～約26.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM3517及びBMS1754により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14cに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【0 2 2 5】

【表 1 4 c】

Table 14c

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM3517	0.0
HEL12	0.6
BMS1282	19.1
BMS1754	26.3

40

## 【0 2 2 6】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA20上の約0.6cM～約19.1cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーHEL12及びBMS1282により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14dに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 2 2 7 】

【 表 1 4 d 】

Table 14d

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
HEL12	0.6
BMS1282	19.1

10

【 0 2 2 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA20上の約19.1cM～約55.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1282及びAGLA29により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14eに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 2 2 9 】

【 表 1 4 e 】

Table 14e

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1282	19.1
BMS1754	26.3
TGLA126	31.9
BMS2361	49.7
AGLA29	55.1

20

30

【 0 2 3 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA20上の約31.9cM～約49.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーTGLA126及びBMS2361により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14fに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 2 3 1 】



【表 1 4 f】

Table 14f

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
TGLA126	31.9
BMS2361	49.7

10

## 【0 2 3 2】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 20上の約49.7cM～約55.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2361及びAGLA29により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0 2 3 3】

【表 1 4 g】

Table 14g

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2361	49.7
AGLA29	55.1

20

## 【0 2 3 4】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 20上の約55.1cM～約77.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーAGLA29及びUWCA26により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14hに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【0 2 3 5】

【表 1 4 h】

Table 14h

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
AGLA29	55.1
BMS703	60.1
BM5004	71.8
UWCA26	77.1

40

## 【0 2 3 6】

50

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA20上の約60.1cM～約71.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS703及びBM5004により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA20上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表14iに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 2 3 7 】

【 表 1 4 i 】

Table 14i

BTA20上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS703	60.1
BM5004	71.8

10

【 0 2 3 8 】

BTA21

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA21上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA21上の約5.6cM～約76.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5182及びIDVGA - 30により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び / 又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15aに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 2 3 9 】

20

30

【表 15 a】

Table 15a

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5182	5.5
BMS1117	11.0
RM151	12.6
DIK2492	18.3
AGLA233	21.2
ILSTS095	23.7
DIK4602	24.3
BM103	29.8
DIK4001	30.0
IDVGA-45	30.9
DIK2481	33.7
INRA103	35.9
BMS2815	41.7
DIK2842	41.7
DIK3036	47.8
DIK4391	52.1
DIK2913	57.1
BM846	61.2
TGLA122	62.7
ILSTS054	65.8
BMS743	75.3
IDVGA-30	76.8

10

20

30

40

## 【0240】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 21上の約11.0cM～約61.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1117及びBM846により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15bに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 2 4 1 】

【 表 1 5 b 】

Table 15b

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1117	11.0
RM151	12.6
DIK2492	18.3
AGLA233	21.2
ILSTS095	23.7
DIK4602	24.3
BM103	29.8
DIK4001	30.0
IDVGA-45	30.9
DIK2481	33.7
INRA103	35.9
BMS2815	41.7
DIK2842	41.7
DIK3036	47.8
DIK4391	52.1
DIK2913	57.1
BM846	61.2

10

20

30

【 0 2 4 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 21上の約18.3cM～約57.1cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2492及びDIK2913により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15c示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 2 4 3 】

【表 15 c】

Table 15c

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2492	18.3
AGLA233	21.2
ILSTS095	23.7
DIK4602	24.3
BM103	29.8
DIK4001	30.0
IDVGA-45	30.9
DIK2481	33.7
INRA103	35.9
BMS2815	41.7
DIK2842	41.7
DIK3036	47.8
DIK4391	52.1
DIK2913	57.1

10

20

30

## 【0244】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA21上の約18.3cM～約30.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2492及びDIK4001により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0245】

【表 1 5 d】

Table 15d

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2492	18.3
AGLA233	21.2
ILSTS095	23.7
DIK4602	24.3
BM103	29.8
DIK4001	30.0

10

## 【 0 2 4 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 21上の約30.9cM～約47.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA - 45及びDIK3036により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15eに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 2 4 7 】

【表 1 5 e】

Table 15e

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-45	30.9
DIK2481	33.7
INRA103	35.9
BMS2815	41.7
DIK2842	41.7
DIK3036	47.8

30

40

## 【 0 2 4 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 21上の約33.7cM～約41.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK248及びBMS2815により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15fに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 4 9 】

50

【表 1 5 f】

Table 15f

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2481	33.7
INRA103	35.9
BMS2815	41.7

10

## 【0 2 5 0】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA21上の約5.5cM～約61.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5182及びBM846により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA21上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表15gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0 2 5 1】

20

【表 1 5 g】

Table 15g

BTA21上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5182	5.5
DIK3036	47.8
DIK4391	52.1
DIK2913	57.1
BM846	61.2

30

## 【0 2 5 2】

## BTA22

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA22上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA22上の約0.0cM～約82.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーCSSM26及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16aに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0 2 5 3】

【表 1 6 a】

Table 16a

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
CSSM26	0.0
INRA026	2.9
BM1558	19.1
BM3628	47.1
BMS875	64.1
BM4102	82.9

10

## 【 0 2 5 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 22上の約2.9cM～約82.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA026及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16bに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 2 5 5 】

【表 1 6 b】

Table 16b

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA026	2.9
BM1558	19.1
BM3628	47.1
BMS875	64.1
BM4102	82.9

30

40

## 【 0 2 5 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 22上の約2.9cM～約47.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA026及びBM3628により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 5 7 】



【表 16 c】

Table 16c

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA026	2.9
BM1558	19.1
BM3628	47.1

10

## 【0258】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA22上の約19.1cM～約47.1cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM1558及びBM3628により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0259】

20

【表 16 d】

Table 16d

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM1558	19.1
BM3628	47.1

30

## 【0260】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA22上の約19.1cM～約82.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM1558及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16eに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0261】

【表 16 e】

Table 16e

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM1558	19.1
BM3628	47.1
BMS875	64.1
BM4102	82.9

40

50

## 【 0 2 6 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA22上の約47.1cM～約82.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM3628及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16fに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 6 3 】

## 【 表 1 6 f 】

Table 16f

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM3628	47.1
BMS875	64.1
BM4102	82.9

10

20

## 【 0 2 6 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA22上の約64.1cM～約82.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS875及びBM4102により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA22上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表16gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 6 5 】

## 【 表 1 6 g 】

Table 16g

BTA22上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS875	64.1
BM4102	82.9

30

40

## 【 0 2 6 6 】

## BTA24

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA24上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA24上の約6.2cM～約65.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS917及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組

50

合せて形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17aに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 2 6 7 】

【 表 1 7 a 】

Table 17a

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS917	6.2
BM7151	8.2
BM226	8.2
BMS2526	8.2
TGLA351	11.1
BM7228	19.3
CSSM23	20.6
BMS2270	23.7
ILSTS065	27.4
BMS1862	35.5
BMS466	48.8
INRA090	56.3
BMS1926	61.2
BMS3024	65.9

10

20

30

【 0 2 6 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA24上の約8.2cM～約65.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM7151及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17bに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 2 6 9 】

【表 17 b】

Table 17b

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM7151	8.2
BM226	8.2
BMS2526	8.2
TGLA351	11.1
BM7228	19.3
CSSM23	20.6
BMS2270	23.7
ILSTS065	27.4
BMS1862	35.5
BMS466	48.8
INRA090	56.3
BMS1926	61.2
BMS3024	65.9

10

20

## 【0270】

30

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA24上の約8.2cM～約35.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM7151及びBMS1862により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0271】

【表 17 c】

Table 17c

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM7151	8.2
BM226	8.2
BMS2526	8.2
TGLA351	11.1
BM7228	19.3
CSSM23	20.6
BMS2270	23.7
ILSTS065	27.4
BMS1862	35.5

10

20

## 【0272】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA24上の約11.1cM～約23.7cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーTGLA351及びBMS2270により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17dに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0273】

【表 17 d】

Table 17d

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
TGLA351	11.1
BM7228	19.3
CSSM23	20.6
BMS2270	23.7

30

40

## 【0274】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA24上の約35.5cM～約65.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1862及びBMS3024により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17eに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 2 7 5 】

【 表 1 7 e 】

Table 17e

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1862	35.5
BMS466	48.8
INRA090	56.3
BMS1926	61.2
BMS3024	65.9

10

【 0 2 7 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 24上の約48.8cM～約61.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS466及びBMS1926により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17fに示されるマーカーの群から選択される：

20

【 0 2 7 7 】

【 表 1 7 f 】

Table 17f

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS466	48.8
INRA090	56.3
BMS1926	61.2

30

【 0 2 7 8 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 24上の約48.8cM～約56.3cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS466及びINRA090により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17gに示されるマーカーの群から選択される：

40

【 0 2 7 9 】

【表 17 g】

Table 17g

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS466	48.8
INRA090	56.3

10

## 【0280】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA24上の約56.3cM～約61.2cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーINRA090及びBMS1926により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA24上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表17hに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0281】

【表 17 h】

Table 17h

BTA24上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
INRA090	56.3
BMS1926	61.2

20

## 【0282】

## BTA25

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA25上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA25上の約7.2cM～約61.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーILSTS102及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及びノ又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18aに示されるマーカーの群から選択される：

30

40

## 【0283】

【表 18 a】

Table 18a

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ILSTS102	7.2
BMS2843	22.6
BM737	31.6
ILSTS046	33.3
BMS1353	46.4
AF5	61.7

10

## 【0284】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 25上の約7.2cM～約31.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーILSTS102及びBM737により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18bに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0285】

【表 18 b】

Table 18b

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ILSTS102	7.2
BMS2843	22.6
BM737	31.6

30

## 【0286】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 25上の約7.2cM～約22.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーILSTS102及びBMS2843により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18cに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0287】



【表 18 c】

Table 18c

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ILSTS102	7.2
BMS2843	22.6

10

【0288】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA25上の約31.6cM～約61.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBM737及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18dに示されるマーカーの群から選択される：

【0289】

【表 18 d】

Table 18d

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BM737	31.6
ILSTS046	33.3
BMS1353	46.4
AF5	61.7

20

30

【0290】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA25上の約33.3cM～約46.4cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーILSTS046及びBMS1353により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18eに示されるマーカーの群から選択される：

【0291】

【表 18 e】

Table 18e

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ILSTS046	33.3
BMS1353	46.4

40

50

## 【 0 2 9 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA25上の約46.4cM～約61.7cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1353及びAF5により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA25上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表18fに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 2 9 3 】

## 【表 1 8 f】

Table 18f

BTA25上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1353	46.4
AF5	61.7

10

## 【 0 2 9 4 】

## BTA26

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA26上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA26上の約2.8cM～約66.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS651及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び / 又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19aに示されるマーカーの群から選択される：

20

30

## 【 0 2 9 5 】

【表 19 a】

Table 19a

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS651	2.8
HEL11	22.9
BMS332	31.7
RM026	37.6
BM9284	41.6
RME40	43.2
IDVGA-59	53.1
BMS882	53.5
BM804	60.5
BM7237	66.8

10

20

## 【 0 2 9 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 26上の約2.8cM～約60.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS651及びBM804により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19bに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【 0 2 9 7 】

【表 19b】

Table 19b

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS651	2.8
HEL11	22.9
BMS332	31.7
RM026	37.6
BM9284	41.6
RME40	43.2
IDVGA-59	53.1
BMS882	53.5
BM804	60.5

10

20

## 【0298】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA26上の約2.8cM～約37.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS651及びRM026により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19cに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0299】

30

【表 19c】

Table 19c

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS651	2.8
HEL11	22.9
BMS332	31.7
RM026	37.6

40

## 【0300】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA26上の約22.9cM～約31.7cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーHEL11及びBMS332により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19dに示されるマーカーの群から選択される：

50

【 0 3 0 1 】

【 表 1 9 d 】

Table 19d

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
HEL11	22.9
BMS332	31.7

10

【 0 3 0 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 26上の約31.7cM～約41.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS332及びBM9284により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19eに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 3 0 3 】

【 表 1 9 e 】

Table 19e

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS332	31.7
RM026	37.6
BM9284	41.6

20

30

【 0 3 0 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 26上の約37.6cM～約66.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーRM026及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19fに示されるマーカーの群から選択される：

【 0 3 0 5 】

【表 19 f】

Table 19f

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
RM026	37.6
BM9284	41.6
RME40	43.2
IDVGA-59	53.1
BMS882	53.5
BM804	60.5
BM7237	66.8

10

## 【0306】

20

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA26上の約37.6cM～約43.2cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーRM026及びRME40により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19gに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0307】

【表 19 g】

Table 19g

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
RM026	37.6
BM9284	41.6
RME40	43.2

30

## 【0308】

40

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA26上の約43.2cM～約66.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーRME40及びBM7237により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19hに示されるマーカーの群から選択される：

## 【0309】

【表 19 h】

Table 19h

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
RME40	43.2
IDVGA-59	53.1
BMS882	53.5
BM804	60.5
BM7237	66.8

10

## 【0310】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA26上の約53.1cM～約60.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーIDVGA-59及びBM804により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA26上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表19iに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【0311】

【表 19 i】

Table 19i

BTA26上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
IDVGA-59	53.1
BMS882	53.5
BM804	60.5

30

## 【0312】

BTA28

本発明の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA28上に位置する。本発明の特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、ウシ染色体BTA28上の約8.0cM～約59.6cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMC6020及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、出産形質SB、CD及び/又はCSに関して有意である。特定の一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、例えば形質SB、例えばCD、例えばCSに関して有意である。しかしながらさらなる一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、任意の組合せで形質に関して有意である。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20aに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【0313】

【表 2 0 a】

Table 20a

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMC6020	8.0
ETH1112	16.9
BL25	24.8
DIK2955	38.0
BMS2608	38.5
BMS2658	43.0
DIK713	45.9
BMS1714	49.4
DIK5056	50.5
DIK5323	55.9
DIK4862	59.6
BMC2208	59.6

10

20

## 【 0 3 1 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA 28上の約8.0cM～約24.8cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMC6020及びBL25により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20bに示されるマーカーの群から選択される：

30

## 【 0 3 1 5 】

【表 2 0 b】

Table 20b

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMC6020	8.0
ETH1112	16.9
BL25	24.8

40

## 【 0 3 1 6 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA

50



28上の約16.9cM～約24.8cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーETH1112及びBL25により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20cに示されるマーカーの群から選択される：

【0317】

【表20c】

Table 20c

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
ETH1112	16.9
BL25	24.8

10

【0318】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約24.8cM～約50.5cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBL25及びDIK5056により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20dに示されるマーカーの群から選択される：

20

【0319】

【表20d】

Table 20d

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BL25	24.8
DIK2955	38.0
BMS2608	38.5
BMS2658	43.0
DIK713	45.9
BMS1714	49.4
DIK5056	50.5

30

40

【0320】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約38.0cM～約45.9cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2955及びDIK713により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20eに示されるマーカーの群から選択される：

【0321】

【表 2 0 e】

Table 20e

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2955	38.0
BMS2608	38.5
BMS2658	43.0
DIK713	45.9

10

## 【 0 3 2 2 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約38.0cM～約43.0cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK2955及びBMS2658により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20fに示されるマーカーの群から選択される：

20

## 【 0 3 2 3 】

【表 2 0 f】

Table 20f

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK2955	38.0
BMS2608	38.5
BMS2658	43.0

30

## 【 0 3 2 4 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約43.0cM～約59.6cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS2658及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20gに示されるマーカーの群から選択される：

40

## 【 0 3 2 5 】

【表 2 0 g】

Table 20g

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS2658	43.0
DIK713	45.9
BMS1714	49.4
DIK5056	50.5
DIK5323	55.9
DIK4862	59.6
BMC2208	59.6

10

## 【 0 3 2 6 】

20

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約45.9cM～約55.9cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK713及びDIK5323により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20hに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 3 2 7 】

【表 2 0 h】

Table 20h

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK713	45.9
BMS1714	49.4
DIK5056	50.5
DIK5323	55.9

30

## 【 0 3 2 8 】

40

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約49.4cM～約50.5cMの領域（<http://www.marc.usda.gov/>）に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーBMS1714及びDIK5056により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20iに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 3 2 9 】

【表 2 0 i】

Table 20i

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
BMS1714	49.4
DIK5056	50.5

10

## 【 0 3 3 0 】

本発明の好ましい一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、ウシ染色体BTA28上の約55.9cM～約59.6cMの領域 (<http://www.marc.usda.gov/>) に位置する。一実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーが、マーカーDIK5323及びBMC2208により隣接され且つそれらを含む領域のウシ染色体BTA28上に位置する。少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20jに示されるマーカーの群から選択される：

## 【 0 3 3 1 】

【表 2 0 j】

Table 20j

BTA28上のマーカー	相対位置 (cM) <a href="http://www.marc.usda.gov/">http://www.marc.usda.gov/</a>
DIK5323	55.9
DIK4862	59.6
BMC2208	59.6

20

30

## 【 0 3 3 2 】

本発明の別の実施形態では、少なくとも1つの遺伝的マーカーは、表20k1～表20k19に示されるようなマーカーの組合せである。表20k1～表20k19中のBTA3、BTA4、BTA5、BTA7、BTA8、BTA9、BTA10、BTA11、BTA12、BTA15、BTA18、BTA19、BTA20、BTA21、BTA22、BTA24、BTA25、BTA26及びBTA28という用語は、本明細書中の他の箇所に記載されるように、それぞれウシ染色体上に位置する任意の領域及び遺伝的マーカーを含むように意図されると理解される。

## 【 0 3 3 3 】

表20k1～表20k19は異なる実施形態を示し、この場合、マーカーの組合せは多数のウシ染色体であり、ここで、各実施形態における特定染色体はXで示される。

40

## 【 0 3 3 4 】

【表 2 0 k 1】

Table 20k1.

実施形 態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1	X	X																	
2	X		X																
3	X			X															
4	X				X														
5	X					X													
6	X						X												
7	X							X											
8	X								X										
9	X									X									
10	X										X								
11	X											X							
12	X												X						
13	X													X					
14	X														X				
15	X															X			
16	X																X		
17	X																	X	
18	X																		X
19	X		X		X						X							X	
20	X		X		X						X								
21	X		X		X														
22	X		X								X								
23	X				X						X							X	
24	X										X							X	

【 0 3 3 5 】

10

20

【表 2 0 k 2】

Table 20k2.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1		X	X																
2		X		X															
3		X			X														
4		X				X													
5		X					X												
6		X						X											
7		X							X										
8		X								X									
9		X									X								
10		X										X							
11		X											X						
12		X												X					
13		X													X				
14		X														X			
15		X															X		
16		X																X	
17		X																	X
18		X			X			X					X				X		X
19		X	X		X						X							X	
20		X	X		X						X								
21		X	X		X														
22		X	X								X								
23		X			X						X							X	
24		X									X							X	

【 0 3 3 6 】

10

20

【表 2 0 k 3】

Table 20k3.

実施形 態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	1 0	1 1	1 2	1 5	1 8	1 9	2 0	2 1	2 2	2 4	2 5	2 6	2 8
1			X	X															
2			X		X														
3			X			X													
4			X				X												
5			X					X											
6			X						X										
7			X							X									
8			X								X								
9			X									X							
10			X										X						
11			X											X					
12			X												X				
13			X													X			
14			X														X		
15			X															X	
16			X																X
17			X			X		X			X		X		X		X	X	
18			X																
19			X		X						X							X	
20			X		X						X								
21			X		X														
22			X								X								
23			X		X						X							X	
24			X								X							X	

【 0 3 3 7 】

10

20

【表 2 0 k 4】

Table 20k4.

実施形態	BTA																			
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28	
1				X	X															
2				X		X														
3				X			X													
4				X				X												
5				X					X											
6				X						X										
7				X							X									
8				X								X								
9				X									X							
10				X										X						
11				X											X					
12				X												X				
13				X													X			
14				X														X		
15		X		X	X		X		X		X				X		X	X	X	
16			X	X		X	X	X		X		X		X		X	X			
17		X		X		X		X				X		X	X					
18				X		X		X		X		X				X		X	X	
19			X	X	X						X							X		
20			X	X	X						X									
21			X	X	X															
22			X	X							X									
23				X	X						X							X		
24				X							X							X		

【 0 3 3 8 】

10

20



【表 2 0 k 5】

Table 20k5.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1					X	X													
2					X		X												
3					X			X											
4					X				X										
5					X					X									
6					X						X								
7					X							X							
8					X								X						
9					X									X					
10					X										X				
11					X											X			
12					X												X		
13					X													X	
14					X														X
15		X		X	X		X		X		X				X		X	X	X
16			X	X	X	X	X	X		X		X		X		X	X		
17		X		X	X	X		X				X		X	X				
18				X	X	X		X		X		X				X		X	X
19			X		X						X						X		
20			X		X						X								
21			X		X														
22			X		X						X								
23					X						X							X	
24					X						X							X	

【 0 3 3 9 】

10

20

【表 2 0 k 6】

Table 20k6.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1						X	X												
2						X		X											
3						X			X										
4						X				X									
5						X					X								
6						X						X							
7						X							X						
8						X								X					
9						X									X				
10						X										X			
11						X											X		
12						X												X	
13						X													X
14		X		X	X	X	X		X		X				X		X	X	X
15			X	X	X	X	X	X		X		X		X		X	X		
16		X		X	X	X		X				X		X	X				
17				X	X	X		X		X		X				X		X	X
18		X				X			X		X			X					
19			X		X	X					X							X	
20			X		X	X					X								
21			X		X	X													
22			X			X					X								
23					X	X					X							X	
24						X					X							X	

【 0 3 4 0 】

10

20

【表 20 k 7】

Table 20k7.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1							X	X											
2							X		X										
3							X			X									
4							X				X								
5							X					X							
6							X						X						
7							X							X					
8							X								X				
9							X									X			
10							X										X		
11							X											X	
12							X												X
13		X		X	X	X	X		X		X				X		X	X	X
14			X	X		X	X	X		X		X		X		X	X		
15		X				X	X	X				X		X	X				
16				X	X	X	X	X		X		X				X		X	X
17		X				X	X		X		X			X					
18							X												
19			X		X		X				X							X	
20			X		X		X				X								
21			X		X		X												
22			X				X				X								
23					X		X				X							X	
24							X				X							X	

【 0 3 4 1 】

10

20

【表 2 0 k 8】

Table 20k8.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1								X	X										
2								X		X									
3								X			X								
4								X				X							
5								X					X						
6								X						X					
7								X							X				
8								X								X			
9								X									X		
10								X										X	
11								X											X
12		X		X	X	X	X	X	X		X				X		X	X	X
13			X	X		X	X	X		X		X		X		X	X		
14		X				X	X	X				X		X	X				
15				X	X	X	X	X		X		X				X		X	X
16		X				X	X	X	X		X			X					
17			X		X			X					X				X		
18				X	X		X	X		X			X		X		X		
19			X		X			X			X							X	
20			X		X			X			X								
21			X		X			X											
22			X					X			X								
23					X			X			X							X	
24								X			X							X	

【 0 3 4 2 】

10

20

【表 2 0 k 9】

Table 20k9.

実施形 態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1									X	X									
2									X		X								
3									X			X							
4									X				X						
5									X					X					
6									X						X				
7									X							X			
8									X								X		
9									X									X	
10									X										X
11					X		X		X	X		X			X		X		X
12		X	X			X		X	X	X	X			X		X		X	
13	X		X		X				X		X							X	
14	X		X		X				X		X								
15	X		X		X				X										
16	X		X						X		X								
17			X		X				X		X							X	
18			X						X										
19			X		X				X		X								
20			X		X				X									X	
21			X						X		X							X	
22			X						X									X	
23					X				X		X								
24	X								X		X							X	

【 0 3 4 3 】

10

20

【表 2 0 k 1 0】

Table 20k10.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1										X	X								
2										X		X							
3										X			X						
4										X				X					
5										X					X				
6										X						X			
7										X							X		
8										X								X	
9										X									X
10					X		X			X		X			X		X		X
11		X	X			X		X		X	X			X		X		X	
12	X		X		X					X	X							X	
13	X		X		X					X	X								
14	X		X		X					X									
15	X		X							X	X								
16			X		X					X	X							X	
17			X							X									
18			X		X					X	X								
19			X		X					X								X	
20			X							X	X							X	
21			X							X								X	
22					X					X	X								
23	X									X	X							X	
24	X									X	X							X	

【 0 3 4 4 】

10

20

【表 2 0 k 1 1】

Table 20k11.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1											X	X							
2											X		X						
3											X			X					
4											X				X				
5											X					X			
6											X						X		
7											X							X	
8											X								X
9		X			X			X		X	X		X		X	X		X	
10	X			X			X		X	X	X	X		X	X		X		
11			X				X		X	X	X		X						X
12		X	X			X		X		X	X			X		X		X	
13	X		X		X						X							X	
14	X		X		X						X								
15	X		X		X						X								
16	X		X								X								
17			X		X						X							X	
18			X								X								
19			X		X						X								
20			X		X						X							X	
21			X								X							X	
22			X								X							X	
23					X						X								
24	X										X							X	

【 0 3 4 5 】

10

20

【表 2 0 k 1 2】

Table 20k12.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1												X	X						
2												X		X					
3												X			X				
4												X				X			
5												X					X		
6												X						X	
7												X							X
8			X	X	X	X	X	X		X		X		X		X	X		
9		X		X	X	X		X				X		X	X				
10				X	X	X		X		X		X				X		X	X
11		X				X			X		X			X					
12			X		X	X					X							X	
13	X		X		X						X	X						X	
14	X		X		X						X	X							
15	X		X		X							X							
16	X		X								X	X							
17			X		X						X	X						X	
18			X									X							
19			X		X						X	X							
20			X		X							X						X	
21			X								X	X						X	
22			X									X						X	
23					X						X	X							
24	X										X	X						X	

【 0 3 4 6 】

10

20



【表 2 0 k 1 3】

Table 20k13.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1													X	X					
2													X		X				
3													X			X			
4													X				X		
5													X					X	
6													X						X
7		X			X			X		X			X		X	X		X	
8	X			X			X		X	X		X	X	X	X		X		
9			X				X		X	X	X		X						X
10		X	X			X		X		X			X	X		X		X	
11	X		X		X						X		X					X	
12	X		X		X						X		X						
13	X		X		X						X		X						
14	X		X								X		X						
15			X		X						X		X					X	
16			X								X		X						
17			X		X								X						
18			X		X								X					X	
19			X										X					X	
20			X								X		X					X	
21					X								X						
22	X										X		X					X	
23					X								X					X	
24													X					X	

【 0 3 4 7 】

10

20

【表 2 0 k 1 4】

Table 20k14.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1														X	X				
2														X		X			
3														X			X		
4														X				X	
5														X					X
6			X			X			X		X		X			X	X		X
7	X				X			X		X	X		X	X	X	X		X	
8				X				X		X	X	X	X						X
9						X		X					X		X	X		X	X
10			X	X			X		X			X			X		X		X
11	X			X		X						X			X			X	
12	X			X		X						X			X				
13	X			X		X									X				
14	X			X								X			X				
15				X		X						X			X				X
16				X											X				
17				X		X						X			X				
18				X		X									X				X
19				X								X			X				X
20				X											X				X
21						X						X			X				
22	X											X			X				X
23	X											X			X				X
24												X			X				X

【 0 3 4 8 】

10

20

【表 2 0 k 1 5】

Table 20k15.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1															X	X			
2															X		X		
3															X			X	
4															X				X
5		X			X			X		X			X		X	X		X	
6	X			X			X		X	X		X	X	X	X		X		
7			X				X		X	X	X		X		X				X
8					X		X					X			X		X		X
9		X	X			X		X			X				X	X		X	
10	X		X		X						X				X			X	
11	X		X		X						X				X				
12	X		X		X										X				
13	X		X								X				X				
14			X		X						X				X			X	
15			X												X				
16			X		X						X				X				
17			X		X										X			X	
18			X								X				X			X	
19			X												X			X	
20					X						X				X				
21	X										X				X			X	
22	X										X				X			X	
23											X				X			X	
24											X				X			X	

【 0 3 4 9 】

10

20

【表 2 0 k 1 6】

Table 20k16.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1																X	X		
2																X		X	
3																X			X
4		X			X			X		X			X			X		X	
5	X			X			X		X	X		X	X	X		X	X		
6			X				X		X	X	X		X			X			X
7					X		X					X				X	X		X
8		X	X			X		X			X					X		X	
9	X		X		X						X					X		X	
10	X		X		X						X					X			
11	X		X		X											X			
12	X		X								X					X			
13			X		X						X					X		X	
14			X													X			
15			X		X						X					X			
16			X		X											X		X	
17			X								X					X		X	
18			X													X		X	
19					X						X					X			
20	X										X					X		X	
21	X										X					X		X	
22											X					X		X	
23											X					X		X	
24											X					X		X	

【 0 3 5 0 】

10

20

【表 2 0 k 1 7】

Table 20k17.

実施形 態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	1 0	1 1	1 2	1 5	1 8	1 9	2 0	2 1	2 2	2 4	2 5	2 6	2 8
1																	X	X	
2																	X		X
3		X			X			X		X			X				X	X	
4	X			X			X		X	X		X	X	X			X		
5			X				X		X	X	X		X				X		X
6					X		X					X					X		X
7		X	X			X		X			X						X	X	
8	X		X		X						X						X	X	
9	X		X		X						X						X		
10	X		X		X												X		
11	X		X								X						X		
12			X		X						X			X			X	X	
13			X												X		X		
14			X		X						X			X			X		
15			X		X										X	X	X	X	
16			X								X						X	X	
17			X											X		X	X	X	
18					X						X						X		
19	X										X					X	X	X	
20	X										X						X	X	
21		X		X	X						X						X	X	
22							X				X			X			X	X	
23		X	X		X	X					X						X	X	
24	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

【 0 3 5 1 】

10

20

【表 20 k 1 8】

Table 20k18.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1																		X	X
2	X		X		X						X							X	
3	X		X		X						X							X	
4	X		X		X													X	
5	X		X								X							X	
6			X		X						X							X	
7			X		X													X	
8			X								X							X	
9			X		X													X	
10			X								X							X	
11			X															X	
12					X						X							X	
13	X										X							X	
14	X				X						X							X	
15	X		X		X			X		X	X		X		X		X	X	
16	X																	X	
17						X			X		X			X		X		X	
18		X		X			X			X		X			X	X	X	X	
19			X		X						X							X	
20			X		X						X							X	
21			X		X													X	
22			X								X							X	
23		X			X		X	X			X							X	
24							X				X		X		X			X	

【 0 3 5 2 】

10

20

【表 20 k 1 9】

Table 20k19.

実施形態	BTA																		
	3	4	5	7	8	9	10	11	12	15	18	19	20	21	22	24	25	26	28
1		X			X			X		X			X					X	X
2	X			X			X		X	X		X	X	X					X
3			X				X		X	X	X		X						X
4					X		X					X				X			X
5		X	X			X		X			X							X	X
6	X		X		X						X							X	X
7	X		X		X						X								X
8	X		X		X		X		X			X		X		X	X		X
9	X		X								X								X
10			X		X						X			X				X	X
11			X												X				X
12			X		X						X			X					X
13			X		X										X	X		X	X
14			X								X							X	X
15			X											X		X		X	X
16					X						X								X
17	X										X					X		X	X
18	X										X							X	X
19		X		X	X						X							X	X
20							X				X			X				X	X
21		X	X		X	X					X							X	X
22	X		X								X								X
23	X				X						X							X	
24	X										X							X	

10

20

## 【0353】

## 検出

本発明による遺伝的マーカーアレルの存在又は非存在の検出は、本発明に従って本明細書中の他の箇所で特定されるウシ染色体BTA3、BTA4、BTA5、BTA7、BTA8、BTA9、BTA10、BTA11、BTA12、BTA15、BTA18、BTA19、BTA20、BTA21、BTA22、BTA24、BTA25、BTA26及び/又はBTA28のDNA配列、或いは相補配列、並びにそれらの転写産物（mRNA）及び翻訳産物（ポリペプチド、タンパク質）において実行され得る。

30

## 【0354】

特定された領域内の本明細書中に記述される1つ又は複数の位置でのバリエーションヌクレオチドの存在又は非存在を検出するために用いられ得る多数の分析手法が存在するということは当業者に明らかである。特定された領域内の又はそれに隣接する（flanking）変異又は多型は、多数の技法を利用することにより検出され得る。任意の有核細胞からの核酸はこのようなアッセイ技法のための出発点として用いられ得るし、そして当業者に既知である標準核酸調製手法に従って単離され得る。概して、アレルバリエーションの検出は、変異判別技法を必要とし、場合によっては増幅反応（amplification reaction）及びシグナル発生系必要とする。

40

## 【0355】

多数の変異検出技法が、表21に列挙されている。表21に列挙される方法のいくつかは、ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）に基づいており、この場合、本発明による方法は、可変ヌクレオチド配列のヌクレオチド配列に基づいたプライマーの存在下での対象のヌクレオチド配列の増幅のための工程を包含する。この方法は多数のシグナル発生系と組合せて用いられ得るし、その選りすぐりが表22に列挙されてもいる。

## 【0356】

50

【表 2 1】

Table 21

一般技法	DNA シーケンシング、ハイブリダイゼーションによるシーケンシング、SNAP ショット
スキャニング技法	一本鎖立体配座多型分析、変性勾配ゲル電気泳動、温度勾配ゲル電気泳動、化学的ミスマッチ切断、切断、ヘテロ二本鎖分析、酵素的ミスマッチ切断
ハイブリダイゼーションベースの技法	固相ハイブリダイゼーション：ドットプロット、多アレルト異的診断アッセイ (MASDA)、逆ドットプロット、オリゴヌクレオチドアッセイ (DNA チップ)  溶液相ハイブリダイゼーション：Taqman — 米国特許第 5, 210, 015 号及び同第 5, 487, 972 号 (Hoffmann-La Roche)、分子ビーコン — Tyagi et al (1996), Nature Biotechnology, 14, 303 ; 国際公開第 W095/13399 号 (Public Health Inst., New York)、ライトサイクラー (任意に蛍光共鳴エネルギー移動 (FRET) と組合せる)
伸長ベースの技法	増幅困難な変異系 (Amplification refractory mutation system, ARMS)、増幅困難な変異系線形伸長 (Amplification refractory mutation system linear extension, ALEX) — 欧州特許第 EP332435 号 B1 (Zeneca Limited)、競合的オリゴヌクレオチドプライミング系 (COPS) — Gibbs et al (1989), Nucleic Acids Research, 17, 2347
組込ベースの技法	ミニシーケンシング、アレイド・プライマー伸長 (APEX)
制限酵素ベースの技法	制限断片長多型 (RFLP)、制限部位生成 PCR
ライゲーションベースの技法	オリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ (OLA)
その他	インベーター・アッセイ
種々のシグナル発生又は検出系	蛍光：蛍光共鳴エネルギー移動 (FRET)、蛍光クエンチング、蛍光偏光 — 英国特許第 2228998 号 (Zeneca Limited)
その他	化学発光、電気化学発光、ラマン、放射能、比色、ハイブリダイゼーション保護アッセイ、質量分光分析

10

20

30

40

## 【 0 3 5 7 】

さらなる増幅技法は、表2に列挙されている。アレルバリエーションの検出のための多数の現行方法は、Nollau et al., Clin. Chem. 43, 1114-1120, 1997により、そして、標準的教科書、例えば「変異検出のための実験プロトコル (Laboratory Protocols for Mutation Detection)」, Ed. by U. Landegren, Oxford University Press, 1996並びに「PCR」 2nd Edition by Newton & Graham, BIOS Scientific Publishers Limited, 1997において、レビューされている。

## 【 0 3 5 8 】

50



遺伝的マーカーの検出は、本発明の一実施形態のように、当業者に既知の多数の技法、例えばマイクロサテライト又はショートタンデムリピート（short tandem repeats）（STR）の類別、制限断片長多型（RFLP）、欠失又は挿入の検出、RAPD法（random amplified polymorphic DNA（RAPDs））、又は一塩基多型の類別（制限断片長ポリメラーゼ連鎖反応、アレルト異的オリゴマー（oligomer）ハイブリダイゼーション、オリゴマー特異的ライゲーションアッセイ（oligomer-specific ligation assays）、PNA或いはロックド核酸（locked nucleic acids（lna））（LNA）プローブとのハイブリダイゼーションのような方法による）により達成され得る。

【0359】

【表22】

Table 22

さらなる増幅技法	自律的複製（Self sustained replication, SSR）、核酸配列ベースの増幅（NASBA）、リガーゼ連鎖反応（LCR）、鎖置換増幅（Strand displacement amplification, SDA）
----------	--

10

20

【0360】

本発明のプライマーは、その基礎となる配列と十分に相補的で、且つ増幅されるように意図された核酸分子の対応する領域と選択的にハイブリッド形成するのに十分な長さを有する核酸分子である。プライマーは、上記の方法における意図された核酸分子の対応する領域の合成を開始させられる。同様に、本発明のプローブは、十分な長さを有し、そして高又は低ストリンジェント条件下で興味の対象となる核酸配列（nucleic acid sequence）と選択的に結合する、当該興味の対象となる核酸配列と十分に相補的な分子、例えば核酸分子、である。

【0361】

試料

本発明による方法はウシ被験体の試料を分析することを包含し、この場合、当該試料は、この方法に用いるためのウシ遺伝子材料を提供し得る任意の適切な試料であり得る。ウシ遺伝子材料は、例えば血液試料、組織試料（例えば脾臓（spleen）、頬側塗抹（buccal smears））、体表（body surface）（毛又は爪）のクリッピング、乳汁及び／又は精液（semen）から抽出、単離、及び必要な場合は精製され得る。試料は、生鮮であり得るし、又は凍結され得る。

30

【0362】

本発明の配列多型（sequence polymorphisms）は、少なくとも1つのヌクレオチド差、例えば少なくとも2つのヌクレオチド差、例えば少なくとも3つのヌクレオチド差、例えば少なくとも4つのヌクレオチド差、例えば少なくとも5つのヌクレオチド差、例えば少なくとも6つのヌクレオチド差、例えば少なくとも7つのヌクレオチド差、例えば少なくとも8つのヌクレオチド差、例えば少なくとも9つのヌクレオチド差、例えば10のヌクレオチド差を含む。ヌクレオチド差は、ヌクレオチド差、欠失及び／又は挿入、或いはそれらの任意の組合せを含む。

40

【0363】

プライマー

本発明に従って用いられ得るプライマーは、表22に示される。表22における特定プライマー対は、個別に、或いは表22の1つ又は複数のプライマー対と組合せて用いられ得る。

【0364】

このようなプライマー又はプローブの設計は、当該技術分野の分子生物学者には明らか

50

であろう。このようなプライマーは、任意の好都合な長さ、例えば上限50塩基まで、上限40塩基まで、さらに好都合には上限30塩基長まで、例えば8～25塩基長又は8～15塩基長を有する。概して、このようなプライマーは、領域内の対応する野生型又はバリエーション遺伝子座 (variant locus) と完全に相補的な塩基配列 (base sequences) を含む。しかしながら、必要な場合、オリゴヌクレオチドプローブの判別力 (discriminatory power) に過度の影響を及ぼさなければ、1つ又は複数のミスマッチ (mismatches) を導入してもよい。本発明のプライマー/プローブは、検出を容易にするための1つ又は複数の標識を担い得る。

#### 【0365】

一実施形態では、プライマー及び/又はプローブは、本明細書中に示されるようなマーカーにより描写される配列を含有する一塩基多型 (single nucleotide polymorphism) とハイブリッド形成しているサブシーケンス (subsequence) とハイブリッド形成するか及び/又はそれを増幅し得る。

#### 【0366】

本発明のプライマーヌクレオチド配列はさらに以下を含む：(a) 描写された領域 (単数又は複数) の核酸分子又はその相補配列又はRNA産物とハイブリッド形成する任意のヌクレオチド配列、ここでハイブリッド形成はストリンジェント条件下、例えば約45 での6X塩化ナトリウム/クエン酸ナトリウム (SSC) 中でのフィルター結合DNAとのハイブリダイゼーション及びその後の約50～65 での0.2X SSC / 0.1%ドデシル (Dodecyl) 硫酸ナトリウム (SDS) 中での1回若しくは複数回の洗浄、で行う、或いは(b) 高ストリンジェント条件下、例えば約45 での6X SSC中でのフィルター結合核酸とのハイブリダイゼーション及びその後の約68 での0.1X SSC / 0.2% SDS中での1回若しくは複数回の洗浄、で行う、又は当業者に明らかであるその他のハイブリダイゼーション条件下 (例えば、Ausubel F.M. et al., eds., 1989, 分子生物学の現行のプロトコル (Current Protocols in Molecular Biology), Vol. 1, Green Publishing Associates, Inc., and John Wiley & sons, Inc., New York, at pp. 6.3.1-6.3.6 and 2.10.3参照)、で行う。好ましくは、上記(a)及び(b)のヌクレオチド配列とハイブリッド形成する核酸分子は、領域s若しくは領域rの核酸分子のコンプレメント (complement)、又はその相補配列若しくはRNA産物を含むものである。好ましい実施形態では、(a)及び(b)のヌクレオチド配列を含む核酸分子は、RAIの核酸分子又はその相補配列又はRNA産物を含む。

#### 【0367】

高ストリンジェント条件又はストリンジェント条件下で、上記の核酸分子とハイブリッド形成するデオキシオリゴヌクレオチド (「オリゴ」) は本発明の核酸分子のうちのひとつである。概して、14～70ヌクレオチド長のプローブに関しては、融解温度 (melting temperature) (T<sub>m</sub>) は、式：

$$T_m ( ) = 81.5 + 16.6 ( \log [ \text{一価カチオン (monovalent cation) (モラー, molar) } ] ) + 0.41 ( \%G + C ) - ( 500 / N )$$

(式中、Nはプローブの長さである)を用いて算定される。ハイブリダイゼーションがホルムアミドを含有する溶液中で実行される場合、融解温度は、方程式  $T_m ( ) = 81.5 + 16.6 ( \log [ \text{一価カチオン (モラー, molar) } ] ) + 0.41 ( \%G + C ) - ( 0.61 \% \text{ホルムアミド} ) - ( 500 / N )$  (式中、Nはプローブの長さである)を用いて算定される。概して、ハイブリダイゼーションは、T<sub>m</sub>より約20～25 低い (DNA-DNAハイブリッドについて) 又はT<sub>m</sub>より10～15 低い (RNA-DNAハイブリッドについて) 温度で実行される。

#### 【0368】

例示的な高ストリンジェント条件は、例えば37 (約14塩基オリゴについて)、48 (約17塩基オリゴについて)、55 (約20塩基オリゴについて)、及び60 (約23塩基オリゴについて)で、6X SSC / 0.05%ピロリン酸 (pyrophosphate) ナトリウム中で洗浄することを指し得る。したがって本発明はさらに、本発明のr領域多型を検出するヌクレオチドプライマー又はプローブを提供する。評価 (assessment) は、少なくとも1つの核酸プライマー或いはプローブ、例えばDNA、RNA又はペプチド核酸 (peptide nucleic acid) (

PNA)若しくはロックド核酸(LNA)等の核酸アナログ(analogue)のプライマー或いはプローブにより、実行され得る。

【0369】

本発明の一態様によれば、各描写領域1中の1つ又は複数の位置での多型を検出し得るアレルト異的オリゴヌクレオチドプローブが提供される。

【0370】

アレルト異的オリゴヌクレオチドプローブは、好ましくは5~50ヌクレオチド、さらに好ましくは約5~35ヌクレオチド、さらに好ましくは約5~30ヌクレオチド、さらに好ましくは少なくとも9ヌクレオチドである。

【0371】

連鎖の決定

遺伝的マーカーが遺伝子材料中に存在するか否かを検出するために、当業者に既知の標準的方法が適用され得る(例えば核酸増幅の使用により)。遺伝的マーカーが出産形質と遺伝的に連鎖しているか否かを確定するために、回帰方法が用いられる場合には順列検定(permutation test)が適用され(Doerge and Churchill, 1996)得るし、あるいは、分散成分法が用いられる場合にはピエフォ法(Piepho-method)が適用され得る(Piepho, 2001)。順列検定の原理はDoerge and Churchill(1996)により十分に記載されており、一方、ピエフォ法は、Piepho(2001)により十分に記載されている。回帰法を用いるファミリー内分析における有意の連鎖では、1000の順列が順列検定を用いて作製された(Doerge and Churchill, 1996)。染色体全体(chromosome-wide)レベル5%閾値は、遺伝的マーカーと出産形質との間の連鎖に関する有意の証拠であるとみなされた。さらに、QTLが、異なる雄親ファミリーで確認された。分散成分法を用いる交差ファミリー分析及び多形質解析(multi-trait analysis)に関しては、ピエフォ法(piepho method)を用いて、有意水準を確定した(Piepho, 2001)。染色体全体レベル5%閾値は、遺伝的マーカーと出産形質との間の連鎖に関する有意の証拠であるとみなされた。

【0372】

キット

本発明の別の態様は、少なくとも1つのオリゴヌクレオチド配列を包含し、ヌクレオチド配列が配列番号1~配列番号558のいずれか、及び/又はそれらの任意の組合せから選択される、ウシ出産特性に関連した少なくとも1つの遺伝的マーカーのウシ被験体における存在又は非存在を検出する際に用いる診断キットに関する。

【0373】

本発明によるウシ被験体に関する出産形質の遺伝的決定因子を確立するためのその被験体の遺伝子型同定(genotyping)は、本明細書中に記載されるような標準DNA抽出方法を用いて提供され得るゲノムDNA(genomic DNA)の分析に基づき得る。ゲノムDNAは、標準技法、例えば多型マーカー領域に対応する(相補的な)オリゴヌクレオチドプライマーを用いるポリメラーゼ連鎖反応を用いて、単離及び増幅され得る。増幅反応前にDNAを精製する付加的工程が包含され得る。したがって出産特性を確立する診断キットは、別個の包装中に、表23に示される配列の群から選択される少なくとも1つのオリゴヌクレオチド配列及びそれらの任意の組合せを含む。

[実施例]

【0374】

実験設計

デンマーク・ホルスタイン集団において、出産形質に影響を及ぼすQTLについての全ゲノムスキャン(total genome scan)を実行した。グランドドーターデザイン(Weller et al., 1990)に従って、マーカー及び表現型データを収集したが、これは、2042頭の後代検定された息子を持つ34頭の雄親を包含した。雄親当たりの息子の数は、20~106頭の範囲であった。マーカー情報に関して雄親及びそれらの息子の遺伝子型を同定し(genotyped)、一方、グランドドーター実績から表現型記録を取った。各息子の娘の数は、70~100頭の範囲であった。マーカーデータセットは、29すべてのウシ染色体(Bos Taurus chr

10

20

30

40

50

omosomes) を網羅する総数384個のマイクロサテライトを包含した。

【0375】

ゲノムDNAの精製

以下のプロトコルに従って、精液からゲノムDNAを精製した：

精液ストローを解凍後、ストローの両端を鋏で切り落とし、精液内容物を1.5ml容エッペン管に移した。1mlの0.9%NaClを用いて、ストローを洗い、管中に流し入れた。次に管を2000rpmで5分間遠心分離し、その後、上清(supernatant)を除去した。この洗浄工程を2回反復した。

【0376】

次に、300  $\mu$ lの緩衝液S(10mMのトリスHCl(pH8)、100mMのNaCl、10mMのEDTA(pH8) ; 0.5%SDS)、20  $\mu$ lの1M DTT及び20  $\mu$ lのプロナーゼ(20mg/ml)(Boehringer)を、管に入れる。混合後、管を、ゆっくり回転しながら一晩インキュベートし、180  $\mu$ lの飽和(saturated)NaClを付加した後、15秒間激しく攪拌する。管を11000rpmで15分間遠心分離する。0.4mlの上清を2ml容管に移し、1mlの96%エタノールを添加し、管をゆっくり回転することにより混合を達成する。次に管を、11000rpmで10分間遠心分離する。液体を注ぎ出すことにより上清を除去し、70%エタノール(0.2ml)でペレット(pellet)を洗浄し、再び11000rpmで10分間遠心分離する。エタノールを注ぎ出し、ペレットを乾燥して、55℃で30分間、0.5mlのTE緩衝液中に再懸濁する(resuspend)。

10

【0377】

増幅手順

TEMPアーゼ(GeneChoice)ポリメラーゼ並びに供給元(GeneChoice)により提供されるような反応緩衝液Iを用いて、8  $\mu$ lの容積中でPCR反応を実行した。通常、各多重PCR(multiplex PCR)中には、5つの異なるマーカが含まれる(1  $\mu$ lのDNA、0.1  $\mu$ lのTEMPアーゼ酵素、0.2mMのdNTP、1.2mMのMgCl<sub>2</sub>、0.3  $\mu$ Mの各プライマー)。

20

【0378】

PCR混合物を、94℃で15分間(TEMPアーゼについて)、初期変性に付した。その後、試料をタッチダウンしながら10回、サイクル処理し、即ち、温度を各サイクルで1℃下げて(94℃で30秒間変性、67℃で45秒間アニーリング、72℃で30秒間伸長(elongation))、その後、試料を標準PCR条件(94℃で30秒間変性、58℃で45秒間アニーリング、72℃で30秒間伸長)で20回、サイクル処理した。72℃で30分間1回でPCRサイクル処理を終結し、そして「ずっと(for “ever”)」4℃に試料を冷却するように、PCR機械をプログラムした。

30

【0379】

マーカを検出するために用いられるプライマーのヌクレオチド配列を、表23に示す。配列は、5'末端から記載する。

【0380】

## 【表 2 3 - 1】

Table 23 (1/18)

マーカー名	フォワードプライマー F リバースプライマー R	配列番号:
<b>BTA3:</b>		
INRA006	<b>F</b> AGGAATATCTGTATCAACCTCAGTC	配列番号: 1
	<b>R</b> CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA	配列番号: 2
UWCA7	<b>F</b> TGTAGCTCCCTGGAGGAGAA	配列番号: 3
	<b>R</b> GCAAATACAACCCAGTCTGGTG	配列番号: 4
ILSTS096	<b>F</b> GTGACCTGGAGAAGTTTTCC	配列番号: 5
	<b>R</b> ACCACGCTCTGACTTGTAGC	配列番号: 6
DIK4403	<b>F</b> CGTGCTGCAACTGAGAGTTC	配列番号: 7
	<b>R</b> GCTGTATAGCAAAGTGACCCAGT	配列番号: 8
RME23	<b>F</b> AGAACAAATGTGACACTCACA	配列番号: 9
	<b>R</b> GTGAGTACAGGCGCTTTCTG	配列番号: 10
BMS963	<b>F</b> GGAGGATGAAGGAGTCTTTGG	配列番号: 11
	<b>R</b> AATTTACCACAGTCCACCGC	配列番号: 12
BMS819	<b>F</b> AAAGAATTGGACCTGACTGAGC	配列番号: 13
	<b>R</b> GCTTTCACCTCTGCTGGCTT	配列番号: 14
FCGR1	<b>F</b> GGTCTTCATTGGTGTCTTTCTCC	配列番号: 15
	<b>R</b> GAGCTGCCCTAGATGAGGTG	配列番号: 16
BL41	<b>F</b> CCTCTGCCATCTTTATTCCG	配列番号: 17
	<b>R</b> AAGATCAACTTATTCCTCACAGTGG	配列番号: 18
DIK4353	<b>F</b> TGAACCTTTAGGGCAGCATGA	配列番号: 19
	<b>R</b> AAGACTGAGATGTGGGAAAA	配列番号: 20
INRA003	<b>F</b> CTGGAGGTGTGTGAGCCCCATTTA	配列番号: 21
	<b>R</b> CTAAGAGTCGAAGGTGTGACTAGG	配列番号: 22
BMS2790	<b>F</b> AAGACAAGGACTTTCAGCCC	配列番号: 23
	<b>R</b> AAAGAGTCGGACATTACTGAGC	配列番号: 24
ILSTS029	<b>F</b> TGTTTTGATGGAACACAGCC	配列番号: 25
	<b>R</b> TGGATTTAGACCAGGGTTGG	配列番号: 26
BM220	<b>F</b> TTTTCTACTGCCCAACAAAGTG	配列番号: 27
	<b>R</b> TAGGTACCATAGCCTAGCCAAG	配列番号: 28
INRA123	<b>F</b> TCTAGAGGATCCCCGCTGAC	配列番号: 29
	<b>R</b> AGAGAGCAACTCCACTGTGC	配列番号: 30

【 0 3 8 1 】

40

## 【表 2 3 - 2】

Table 23 (2/18)

BMS862	<b>F</b> TATAATGCCCTCTAGATCCACTCA	配列番号: 31	
	<b>R</b> ATGGAAAAATAAGATGTGGTATGTG	配列番号: 32	
HUJ246	<b>F</b> ACTCCAGTTTTCTTTCTGCTGGG	配列番号: 33	
	<b>R</b> TGCCATGTAGTAGCTGTGTGC	配列番号: 34	
BMS937	<b>F</b> GTAGCCATGGAGACTGGACTG	配列番号: 35	
	<b>R</b> CATTATCCCCTGTCACACACC	配列番号: 36	
DIK4664	<b>F</b> AACTGGCTCCAAGGTCAATG	配列番号: 37	10
	<b>R</b> TCCCCTGTCACACACCTGTA	配列番号: 38	
DIK2702	<b>F</b> TGCGATATTTAATGGATGTCT	配列番号: 39	
	<b>R</b> TTCCTTTCTCCGAAGTCTC	配列番号: 40	
HUJII77	<b>F</b> TCCATCAAGTATTTGAGTGCAA	配列番号: 41	
	<b>R</b> ATAGCCCTACCCACTGTTTCTG	配列番号: 42	
DIK2686	<b>F</b> ATGTTTTTTCAGGCCAATCCA	配列番号: 43	
	<b>R</b> TGCCCTGATTTCTCATACCC	配列番号: 44	
BM7225	<b>F</b> GGTGTTATGCATTCTCTAGGTGC	配列番号: 45	
	<b>R</b> AAGAGTTAGACATGACTGAGCACG	配列番号: 46	20
<b>BTA4:</b>			
BMS1788	<b>F</b> ACGTCCAGATTCAGATTTCTTG	配列番号: 47	
	<b>R</b> GGAGAGGAATCTTGCAAAGG	配列番号: 48	
BMS2646	<b>F</b> CAAAGCCATAAGAAGCAATTATG	配列番号: 49	
	<b>R</b> CCTTCTATAGTGTGGTGACTACCC	配列番号: 50	
TGLA116	<b>F</b> GCACAGTAATAAGAGTGATGGCAGA	配列番号: 51	
	<b>R</b> TGGAGAAGATTTGGCTGTGTACCCA	配列番号: 52	
INRA072	<b>F</b> CTTAACTCATTACCTCAACTG	配列番号: 53	
	<b>R</b> AGTGATTGAGCACATTGCGCAT	配列番号: 54	30
BM8233	<b>F</b> GCATTGGCAAGTGGATTCTT	配列番号: 55	
	<b>R</b> AAGGCAATTAACACATACATCACC	配列番号: 56	
BMS648	<b>F</b> ACTTCCCATCCATCCATCAG	配列番号: 57	
	<b>R</b> CTTCCATTCTCAGCCATCTAGC	配列番号: 58	
BR6303	<b>F</b> TGAGCCATAGAATTAAGATTCAAGC	配列番号: 59	
	<b>R</b> TTTGTTCTCTTTATTTCTTCTGC	配列番号: 60	
MG TG4B	<b>F</b> GAGCAGCTTCTTTCTTCTCATCTT	配列番号: 61	
	<b>R</b> GCTCTTGGAAGCTTATTGTATAAAG	配列番号: 62	
<b>BTA5:</b>			
			40

【 0 3 8 2 】

## 【表 2 3 - 3】

Table 23 (3/18)

BMS1095	<b>F</b> AGGGATTGGTTTATGCTCTCTC	配列番号: 63	
	<b>R</b> GTTGCAGAGTCGGACATGAC	配列番号: 64	
BM6026	<b>F</b> GCAACTAAGACCCAACCAAC	配列番号: 65	
	<b>R</b> ACTGATGTGCTCAGGTATGACG	配列番号: 66	
MNB-33	<b>F</b> GCTTTGGTACACCCTTTAAGC	配列番号: 67	
	<b>R</b> GAACAAATTCACAAGGGAAAAC	配列番号: 68	
BMS610	<b>F</b> TTTCACCTGTCATCTCCCTAGCA	配列番号: 69	10
	<b>R</b> ATGTATTCATGCACACCACACA	配列番号: 70	
BP1	<b>F</b> AAAATCCCTTCATAACAGTGCC	配列番号: 71	
	<b>R</b> CATCGTGAATTCCAGGGTTC	配列番号: 72	
DIK4747	<b>F</b> CCAAAAAATTCTGGCACCAAT	配列番号: 73	
	<b>R</b> CCTGGGCTTGTGACTAGCAT	配列番号: 74	
DIK2718	<b>F</b> AGGAAGGACAAGGACATTGC	配列番号: 75	
	<b>R</b> AGAGGGTCAAAGGCTTAATGG	配列番号: 76	
AGLA293	<b>F</b> GAAACTCAACCCAAGACAACCAAG	配列番号: 77	
	<b>R</b> ATGACTTTATTCTCCACCTAGCAGA	配列番号: 78	20
DIK5002	<b>F</b> TGTGCTGGAGGTGATAGCTG	配列番号: 79	
	<b>R</b> TGCAGGAATATGAGAGCTGAGA	配列番号: 80	
DIK4759	<b>F</b> AGTTGGACCTGCCATTGTTC	配列番号: 81	
	<b>R</b> ACTTATGTGCGTGCGTGCT	配列番号: 82	
BMC1009	<b>F</b> GCACCAGCAGAGAGGACATT	配列番号: 83	
	<b>R</b> ACCGGCTATTGTCCATCTTG	配列番号: 84	
CSSM034	<b>F</b> CCATAACTCTGGGACTTTTCCTCA	配列番号: 85	
	<b>R</b> ATGTTCCAGCCATCTCTCCTGGTCC	配列番号: 84	
RM500	<b>F</b> CAGACACGACTAAGCGACCA	配列番号: 85	30
	<b>R</b> CCTACAATAAAGCACGGGGA	配列番号: 86	
BMS1617	<b>F</b> GCCTGCATGTGTCTGTGG	配列番号: 87	
	<b>R</b> TCTGTGTCGGAATACCTCC	配列番号: 88	
DIK5046	<b>F</b> TGAATTGTTTCTGCTTCTTGGA	配列番号: 89	
	<b>R</b> TGCATGACTCCCCTCTCTCT	配列番号: 90	
ETH10	<b>F</b> GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA	配列番号: 91	
	<b>R</b> CCTCCAGCCCACTTTCTCTTCTC	配列番号: 92	
CSSM022	<b>F</b> TCTCTCTAATGGAGTTGGTTTTG	配列番号: 93	
	<b>R</b> ATATCCCACTGAGGATAAGAATTC	配列番号: 94	40

【 0 3 8 3 】

## 【表 2 3 - 4】

Table 23 (4/18)

BMS1216	F GAGTAGAACACAACACTGAGGACACA	配列番号: 95	
	R CAATGCTGTGGGTACTGAGG	配列番号: 96	
DIK2943	F GGTTTCCTCAGGACATGGTG	配列番号: 97	
	R CAGTCCATGAGGTTGCAGAA	配列番号: 98	
BMS1248	F GTAATGTAGCCTTTTGTGCCG	配列番号: 99	
	R TCACCAACATGAGATAGTGTGC	配列番号: 100	
BM315	F TGGTTTAGCAGAGAGCACATG	配列番号: 101	10
	R GCTCCTAGCCCTGCACAC	配列番号: 102	
BMS1658	F ATTGATGCTTTATGATCCTCATG	配列番号: 103	
	R CCCACTAAGAGAGGAGGAGG	配列番号: 104	
BM2830	F AATGGGCGTATAAACACAGATG	配列番号: 105	
	R TGAGTCCTGTCACCATCAGC	配列番号: 106	
<b>BTA7:</b>			
BM7160	F TGGATTTTTAAACACAGAATGTGG	配列番号: 107	
	R TCAGCTTCTCTTTAAATTTCTCTGG	配列番号: 108	
BL1067	F AGCCAGTTTCTTCAAATCAACC	配列番号: 109	20
	R ATGGTTCCGCAGAGAAACAG	配列番号: 110	
BMS713	F CCAAGGGAGGAAAAATAAGTTAA	配列番号: 111	
	R ACCAGCAGTAGGTTGAGGTAA	配列番号: 112	
DIK5321	F AACCTTCACAGGCTCCTTCC	配列番号: 113	
	R CCCATCTCTTGTGCCAAATC	配列番号: 114	
DIK4421	F CATCTGAATGGCCAGAATGA	配列番号: 115	
	R GTCCCCTGCATGTGTCTCTC	配列番号: 116	
DIK2207	F ACATTGGCTTACGCTCACACT	配列番号: 117	
	R CCTGTCTGGGTTTGTGCT	配列番号: 118	30
DIK5412	F ATGGACAGAACAGCCTGACA	配列番号: 119	
	R TGGTGAACCTCAGCCTCACTG	配列番号: 120	
IL4	F GTGCTGGACATCTGCAAGTG	配列番号: 121	
	R ACATTCAGGTCTGTGATCCATG	配列番号: 122	
BM6105	F ACTAATAAGAAATTCTGCATGTGTG	配列番号: 123	
	R CCACCATGACTCAGAAGTAGTTC	配列番号: 124	
TGLA303	F TAATCATAAGTCAAAGTAACAGTTT	配列番号: 125	
	R GATCTGGACATACAAAAGTATTAC	配列番号: 126	

【 0 3 8 4 】

40



## 【表 2 3 - 5】

Table 23 (5/18)

DIK2819	<b>F</b> TTACTTTTCGTGGGCCAGAG	配列番号:127
	<b>R</b> GGAAGTGTGCCACATAGCAA	配列番号:128
DIK4606	<b>F</b> TCTTGGAAGGGGAAAAAGC	配列番号:129
	<b>R</b> TGCTTCATAGCACTTATCTCTTCA	配列番号:130
BM7247	<b>F</b> AGTAAGGCCTGCAGTATTTATATCC	配列番号:131
	<b>R</b> AATCTTTCCCTAGAACTTACAAAGG	配列番号:132
UWCA20	<b>F</b> CTGAAACACTCTAAAAGGGTATGC	配列番号:133
	<b>R</b> ATCCCAACATCCACCCATTCC	配列番号:134
BM6117	<b>F</b> GTTCTGAGGTTTGTAAGCCC	配列番号:135
	<b>R</b> GGTGAGCTACAATCCATAGGG	配列番号:136
BMS2840	<b>F</b> AGGAACCCATAGGCAGACAC	配列番号:137
	<b>R</b> GCCTGGCAAAGAGAAAATTC	配列番号:138
DIK2915	<b>F</b> TCTCACCCCTCACATGGTTCA	配列番号:139
	<b>R</b> GTGGAGCCAAGGTGAAAGAA	配列番号:140
BMS2258	<b>F</b> CCAGCAGAAGAGAAAGATACTGA	配列番号:141
	<b>R</b> AGTGGTAGAACTTCCATCTCACA	配列番号:142
OARAE129	<b>F</b> AATCCAGTGTGTGAAAGACTAATCCAG	配列番号:143
	<b>R</b> GTAGATCAAGATATAGAATATTTTCAACACC	配列番号:144
DIK2895	<b>F</b> CTCAATGACGTTTGGCTTCA	配列番号:145
	<b>R</b> GGTGCCTGACTCCAATTGAT	配列番号:146
ILSTS006	<b>F</b> TGTCTGTATTTCTGCTGTGG	配列番号:147
	<b>R</b> ACACGGAAGCGATCTAAACG	配列番号:148
BL1043	<b>F</b> AGTGCCAAAAGGAAGCGC	配列番号:149
	<b>R</b> GACTTGACCGTTCCACCTG	配列番号:150
<b>BTA8:</b>		
IDVGA-11	<b>F</b> CCTCTGGGTCTATCCATGTTG	配列番号:151
	<b>R</b> TGGATGAATGAAGAAGATGCC	配列番号:152
BMS1591	<b>F</b> GACAAGATAGGCTTTGCATGA	配列番号:153
	<b>R</b> GATAGAAATATACCAGGAGCTCACA	配列番号:154
BMS678	<b>F</b> ACCATCTACTGTGCTATGGCTT	配列番号:155
	<b>R</b> GCAGAAACACAATACTCAGTGC	配列番号:156
INRA129	<b>F</b> GGGTAGCCTGTAAAATGCAG	配列番号:157
	<b>R</b> CAGTGCTGACCTCTGAAGTAAG	配列番号:158

10

20

30

40

【 0 3 8 5 】

## 【表 2 3 - 6】

Table 23 (6/18)

BMS2072	F TGTTTCAGTGCTTGTCTTAGCTG	配列番号:159	
	R TCTTCAAAGCCATCAATCATC	配列番号:160	
BMS887	F AAGCTAACTGATATTCTGCCACA	配列番号:161	
	R TTCCCTCTCTTCCCTCTCC	配列番号:162	
URB037	F ACTGGAGACGACTGAAGCAACC	配列番号:163	
	R GAGTGGCTGTTGCTAAATTTGG	配列番号:164	
MCM64	F TACAGTCCATGGGGTCACAAGAG	配列番号:165	10
	R TCTGAATCTACTCCCTCCTCAGAGC	配列番号:166	
CSSM047	F TCTCTGTCTCTATCACTATATGGC	配列番号:167	
	R CTGGGCACCTGAAACTATCATCAT	配列番号:168	
BMS836	F GAAACTCTTTTCACTCTGCGC	配列番号:169	
	R GCTCTTAGGGATTGCTTCACC	配列番号:170	
<b>BTA9:</b>			
BMS2151	F CCATTAAGAGGAAATTGTGTTCA	配列番号:171	
	R ATGGAGTCACTGAAAGGTACTGA	配列番号:172	
ETH225	F GATCACCTTGCCACTATTTCTCT	配列番号:173	20
	R ACATGACAGCCAGCTGCTACT	配列番号:174	
ILSTS037	F TAGGCTATGTACTGACCATGC	配列番号:175	
	R CTGAACTGAGATGACTTTGGC	配列番号:176	
BM2504	F CAGCTTTCCATCCCCTTTC	配列番号:177	
	R CTCCCATCCCAAACACAGAC	配列番号:178	
DIK2892	F TTGACCCTGAAAGATGTCCA	配列番号:179	
	R CACGGTTTATCAGCTTGGGTA	配列番号:180	
DIK3003	F ACTTTTCAGTTTTGGGCTGAC	配列番号:181	
	R TGTCACTAGGTAAATTGGTG	配列番号:182	30
DIK3002	F AAATGGAGGTAATGAAATAAAATA	配列番号:183	
	R CAAACCCATGGACTGTAACCT	配列番号:184	
BMS1267	F TTCTGAATTTGATTCCCAACA	配列番号:185	
	R ACTGTTTCCTTAAAAGCTTCCC	配列番号:186	
DIK5142	F TGGGTAAGTGGGAAAGGATG	配列番号:187	
	R CTCAGCCAGGTTGTCTCTC	配列番号:188	
BMS555	F GGAAAGAGTAGGTGATTCCCTG	配列番号:189	
	R ATTTAATTGTCATCCCAGGTGA	配列番号:190	

【 0 3 8 6 】

## 【表 2 3 - 7】

Table 23 (7/18)

DIK5364	F CCTCTGAAACCCAGACTTG	配列番号:191	
	R AAAAACCACAAACACACAA	配列番号:192	
UWCA9	F CCTTCTCTGAATTTTGTGAAAGC	配列番号:193	
	R GGACAGAAGTGAGTGAAGAGA	配列番号:194	
DIK4720	F CATGATATTTACCCTGTGTGTGC	配列番号:195	
	R GAGGAGCTGGAGGGCTAAAG	配列番号:196	
BMS1290	F TTGGCACTTACTACCTCATATGTT	配列番号:197	10
	R TTTTCTGGATGTTGAGCCTATT	配列番号:198	
DIK2816	F ACCTTGGAATCAAGGTCAT	配列番号:199	
	R CCCAGTAGTCCAGTGGCTCA	配列番号:200	
BM6436	F AAAGACTGCTTGCCTGAAGC	配列番号:201	
	R CAACCAGTGATGCTGTACTCTG	配列番号:202	
BMS2753	F TCAAAAAGTTGGACATGACTGA	配列番号:203	
	R AGGTTTTCAAATGAGAGACTTTTC	配列番号:204	
BM4208	F TCAGTACACTGGCCACCATG	配列番号:205	
	R CACTGCATGCTTTTCCAAAC	配列番号:206	20
BMS2819	F GCTCACAGGTTCTGAGGACTC	配列番号:207	
	R AACTTGAAGAAGGAATGCTGAG	配列番号:208	
BMS2295	F GCTCTGGTGACCCAGGTG	配列番号:209	
	R CTGGCAGGAGATGAGAGGAG	配列番号:210	
BMS1967	F GGGCAGATGTGAGTAATTTTCC	配列番号:211	
	R AACTGAGCTGTATGGTGGACG	配列番号:212	
<b>BTA10</b>			
DIK2658	F GCACATTGGGATCTCTCTCTG	配列番号:213	
	R AAAGTCCCATCCACAAATCA	配列番号:214	30
DIK2503	F TCCTTACAACACACCATGCAA	配列番号:215	
	R CACACCCAGGCATCCATAC	配列番号:216	
CSSM38	F TTCATATAAGCAGTTTATAAACGC	配列番号:217	
	R ATAGGATCTGGTAACCTACAGATG	配列番号:218	
BMS528	F CTCACCTCCACTGGGCTTCTC	配列番号:219	
	R TGTGTTCTCACCTCGACCAC	配列番号:220	
BM1237	F TCATCTTGGGCATAAGACAGG	配列番号:221	
	R ATTGTTCCCAGCATCTTAGAGG	配列番号:222	

【 0 3 8 7 】

40

## 【表 2 3 - 8】

Table 23 (8/18)

MB077	F CACCCGTACCCTCACTGC	配列番号:223	
	R TCACAACCCCTCTTCTCACCC	配列番号:224	
DIK2000	F TGGCTTGCAACACTGCAC	配列番号:225	
	R CCCACCTACGACTGGGACTTA	配列番号:226	
BMS2742	F GCTTCAGTTCTGCTTTTCACC	配列番号:227	
	R CTTCAGCATCTTGATTGTTGC	配列番号:228	
BMS529	F CTCCAGGTAAGACAGGCCAC	配列番号:229	10
	R CCCGATCTGTGTGTGGGT	配列番号:230	
DIK2361	F TGTGGGTTTGATCTCTGAGT	配列番号:231	
	R TGTGTCCTCCTTTGTGGTAGAA	配列番号:232	
BM888	F ACTAGGAGGCCATATAGGAGGC	配列番号:233	
	R GAGCTCAAAACGAGGGACAG	配列番号:234	
TGLA433	F ATTTCTATGAAGTAGTCTTCTGACT	配列番号:235	
	R ATTTTAAACTAGTCACGAGTGCCT	配列番号:236	
INRA037	F GATCCTGCTTATATTTAACCAC	配列番号:237	
	R AAAATTCCATGGAGAGAGAAAAC	配列番号:238	20
BMS1620	F TATGAACTCACATGGTTACCACA	配列番号:239	
	R TTGCCCAAAAATAGACCTTAAA	配列番号:240	
ILSTS070	F GGTATTTTGAGAAATGTGGGC	配列番号:241	
	R TCTTTGACCACTACCTATCC	配列番号:242	
BMS2641	F GTGCGGAAAGGAACAGAGTC	配列番号:243	
	R AAAGCCGGACTGGAGTGTC	配列番号:244	
BMS614	F AATGCGTGGGACTTGTTTT	配列番号:245	
	R CAATTGCTGAAGCAGTCACA	配列番号:246	
BMS2614	F ACTTTCTTTTCCTGTGGCTCG	配列番号:247	30
	R CAGAGCTGGCACCAGAGG	配列番号:248	
BTA11:			
BM716	F AGTACTTGCTTGCTTTGCTC	配列番号:249	
	R TTAAATTTCCATCTCACCCCTGG	配列番号:250	
BMS2569	F AGAGAGGCCAAAGCTGGG	配列番号:251	
	R TTTCTTGCGCTTCAGGAG	配列番号:252	
BM2818	F TTCTGTGGTTGAAGAGTGTTCC	配列番号:253	
	R CAATGGCTAAGAGGTCCAGTG	配列番号:254	

【 0 3 8 8 】

## 【表 2 3 - 9】

Table 23 (9/18)

INRA177-2	<b>F</b> TCCAAAAGTTTCGTGACATATTG	配列番号:255	
	<b>R</b> CACCAGGCTTCTCTGTTGAA	配列番号:256	
INRA177	<b>F</b> TCCAAAAGTTTCGTGACATATTG	配列番号:257	
	<b>R</b> CACCAGGCTTCTCTGTTGAA	配列番号:258	
RM096	<b>F</b> TCGCAAAAAGTTGGACAAGAC	配列番号:259	
	<b>R</b> TTAGCAGGGTGCCTGACACTT	配列番号:260	
INRA131	<b>F</b> GGTAAAATCCTGCAAAACACAG	配列番号:261	10
	<b>R</b> TGACTGTATAGACTGAAGCAAC	配列番号:262	
BM7169	<b>F</b> TGGTATGTAGTTACAGCAGCCC	配列番号:263	
	<b>R</b> CCATTGAAACAGACATGAATGC	配列番号:264	
BM6445	<b>F</b> GTGTCTGTCAAAAGATGAATGG	配列番号:265	
	<b>R</b> GACAACTGCTTCTCGTTGGG	配列番号:266	
ILSTS036	<b>F</b> GAGTATTATGCTTGGGAGGC	配列番号:267	
	<b>R</b> AGACAGGATGGGAAGTCACC	配列番号:268	
BMS1822	<b>F</b> AAAGGCTTCTATTTGTGGTGG	配列番号:269	
	<b>R</b> TTGATGCTTTATTGTTTTCTCT	配列番号:270	20
TGLA58	<b>F</b> TTCTACTCTCCAGCCTCCTCC	配列番号:271	
	<b>R</b> GTTGGCTCCAAGAGCAAGTC	配列番号:272	
BMS2047	<b>F</b> ACTATGGACATTTGGGGCAG	配列番号:273	
	<b>R</b> AGTAGGTGGAGATCAAGGATGC	配列番号:274	
HUJV174	<b>F</b> CAGACCAGTTTCTCAGACAAGC	配列番号:275	
	<b>R</b> TCATTCTGTGTCAATACAGCC	配列番号:276	
BMS989	<b>F</b> TTTGAGAACTTTTGTCTGAGC	配列番号:277	
	<b>R</b> TTATTTTGCTTTTCTGATTTGTG	配列番号:278	
TGLA436	<b>F</b> TGTATGGCTGAATGATATTCCATTT	配列番号:279	30
	<b>R</b> CTA CTGACAGATGATTAGATAAAGA	配列番号:280	
BMS460	<b>F</b> TGCCCCATAGTGTAGTGCTC	配列番号:281	
	<b>R</b> GCCAGCAGAGAATTGTAGCA	配列番号:282	
ILSTS045	<b>F</b> TTCTGGCAAATATTCCACC	配列番号:283	
	<b>R</b> CATGAAAGACACAGATGACC	配列番号:284	
DIK4819	<b>F</b> ATTTTCCCAGCGCCTCTC	配列番号:285	
	<b>R</b> AAACAGAAGACTCAGGAAGACGA	配列番号:286	
HEL13	<b>F</b> TAAGGACTTGAGATAAGGAG	配列番号:287	
	<b>R</b> CCATCTACCTCCATCTTAAC	配列番号:288	40

【 0 3 8 9 】

## 【表 2 3 - 1 0】

Table 23 (10/18)

**BTA12:**

BMS410	<b>F</b> GGCTGAAAAGCTGTGGTGTT	配列番号:289
	<b>R</b> TTGCCACATTTACCTTCTTTCA	配列番号:290
BM6108	<b>F</b> TTCTAATGTAGAGCAAAGTGATTGA	配列番号:291
	<b>R</b> TGTAGGAGGGACAGATTGGG	配列番号:292
BM860	<b>F</b> ACCAGATTGGTGGTAGTGGTG	配列番号:293
	<b>R</b> CATGCCGTGGCTAAGACC	配列番号:294
BMS975	<b>F</b> TGGAGCTAAATCAATGCGTG	配列番号:295
	<b>R</b> CCCAATGGCCAATTAAGTACC	配列番号:296
BMS1316	<b>F</b> CCTTCATGGAAGAAATTTGTG	配列番号:297
	<b>R</b> GGAGTTACAGTCCATGGGTTT	配列番号:298
BMS2724	<b>F</b> GGCTGATACACAGAGACATGC	配列番号:299
	<b>R</b> CCTCTCTGCCTTCTATCAGGT	配列番号:300

10

**BTA15:**

BR3510	<b>F</b> GCTGGTGGGTTGTTTACCAC	配列番号:301
	<b>R</b> ACCCGTGGACTGTAGTCTG	配列番号:302
BMS2533	<b>F</b> TGAAGTAAGTAAGCACACAAGCA	配列番号:303
	<b>R</b> TTGATCATCTTTAGGTCCATCC	配列番号:304
INRA050	<b>F</b> ACAGGCTACAGTCCATGGGGTT	配列番号:305
	<b>R</b> TATAGAACAGAAAAATGACTACACG	配列番号:306
JAB8	<b>F</b> CACGTCACCCGCTTTCTCTTG	配列番号:307
	<b>R</b> GGTGAGTGTAACACCTGTGTGCG	配列番号:308
BMS2684	<b>F</b> CCAAGGTCATTGTTGCAGC	配列番号:309
	<b>R</b> TGGGGATTTGCTTCTCAGTC	配列番号:310
DIK1106	<b>F</b> CAAGAGTCAGACATGACTTAGTGAC	配列番号:311
	<b>R</b> TCTACCTTTTGATAGCGTGAGC	配列番号:312
INRA145	<b>F</b> TAATAAACTGGTCCCTCTGGC	配列番号:313
	<b>R</b> TGCTGGCTCTCCAGTATGC	配列番号:314
IDVGA-10	<b>F</b> TCTCCTGGCTACAGGGCTAA	配列番号:315
	<b>R</b> CCCACTGGCCTAGAACCC	配列番号:316
DIK4850	<b>F</b> AGGGGCGAAGTGAGGATTA	配列番号:317
	<b>R</b> TTGCATGGTTCTGCAGATGT	配列番号:318
DIK2768	<b>F</b> AGCCTTCCCAGTACCTGTCA	配列番号:319
	<b>R</b> TAAGGGAGCTCAAAACCACA	配列番号:320

20

30

40

【 0 3 9 0 】

## 【表 2 3 - 1 1】

Table 23 (11/18)

ILSTS027	<b>F</b> GGTGTGTTGGTTAAGACTGG	配列番号:321	
	<b>R</b> GAATCATAGACCTGACTTCC	配列番号:322	
BMS812	<b>F</b> TGGACAGGACTGAGTATGCA	配列番号:323	
	<b>R</b> AGGTATCCAACAAACACAGCCA	配列番号:324	
BMS2076	<b>F</b> AGCACCTGTACCATCTGTTCC	配列番号:325	
	<b>R</b> TCCATAGGCTCACAAAGAGTTG	配列番号:326	
BL1095	<b>F</b> TCCCTCTACCATATATTTCCCC	配列番号:327	10
	<b>R</b> CATTAGCATGGAAAAACCTCTG	配列番号:328	
BMS820	<b>F</b> CCACTACTTGCCTCAGGGAG	配列番号:329	
	<b>R</b> ACAGGACTCTCAAGCATCAGC	配列番号:330	
BMS927	<b>F</b> GATGATCCACCATAACTACCAGA	配列番号:331	
	<b>R</b> TGGCTCTCAAAGGTCATTGT	配列番号:332	
BMS429	<b>F</b> TACATTAACCCCAAAATTAATGC	配列番号:333	
	<b>R</b> CCCTTGATTTCTCTCATGAGTATT	配列番号:334	
<b>BTA18:</b>			
IDVGA-31	<b>F</b> CCTTGAGATGAATGTTTGAGGATG	配列番号:335	20
	<b>R</b> AACGCAGCCAGCAGGGTCAGG	配列番号:336	
BMS1355	<b>F</b> TAAAACCCCAAAAAGAACCC	配列番号:337	
	<b>R</b> ATATTTGCGACATTGGATGAA	配列番号:338	
BMS1322	<b>F</b> TGATGCTGATTGATTTTGTGTG	配列番号:339	
	<b>R</b> TATCTTTGCTCACTCTTTCCCC	配列番号:340	
TEXAN-10	<b>F</b> TGTGGCTAGGTTCAAGCTCC	配列番号:341	
	<b>R</b> TCTCTTCTGGTGCATCCATTG	配列番号:342	
BMS2213	<b>F</b> ATGGGCAGCTTAGGGATTG	配列番号:343	
	<b>R</b> CTTCAAGAGCCTTCAGTGGG	配列番号:344	30
INRA121	<b>F</b> GGAAACCCATTGGAGGATTTG	配列番号:345	
	<b>R</b> CTTCACTATTCCCCACAAAGC	配列番号:346	
BR4406	<b>F</b> TACCTACCAGTTTTCCAGCACC	配列番号:347	
	<b>R</b> AGAAGAGCCTGGAGGGCTAC	配列番号:348	
BMS2554	<b>F</b> GGGCTGTAAAGAGTAGGACACA	配列番号:349	
	<b>R</b> ATCATCTGCTTCCAGTCACAG	配列番号:350	
MNB-27	<b>F</b> GAGTAAATAAAGCTGCATGATGTC	配列番号:351	
	<b>R</b> GGATCAGGAGATTTCAACACAG	配列番号:352	

【 0 3 9 1 】

## 【表 2 3 - 1 2】

Table 23 (12/18)

BM7109	F CAGGTAAAAGAGCGGCTTTG	配列番号:353	
	R CAGCTTCATGCCCTAGAAGG	配列番号:354	
INRA063	F ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC	配列番号:355	
	R AAACCACAGAAATGCTTGGAAG	配列番号:356	
ILSTS002	F TCTATACACATGTGCTGTGC	配列番号:357	
	R CTTAGGGGTGAAGTGACACG	配列番号:358	
BMS2639	F ATATCGTTTTTCAGATTTCTTTTGC	配列番号:359	10
	R GAGAGATAAATTGGGAGTTTGAGA	配列番号:360	
DIK4960	F CGCAACTTCCAAGTCCATCT	配列番号:361	
	R GGACACCTTCCTGTCTCAA	配列番号:362	
DIK4849	F CCATCTTCCCCATTGTGTA	配列番号:363	
	R CCCCTCTTCATCTCAAAACA	配列番号:364	
BMON117	F TAGGGCCGTGATACTGTGT	配列番号:365	
	R CTCTACCATCCAGCACCCCTAAT	配列番号:366	
DIK4232	F TTGTGAGGTAAAGGGACATGA	配列番号:367	
	R GCCAGATTTGCCAACTGTTT	配列番号:368	
BMS2785	F ACAAACCTGTGCGCCTTG	配列番号:369	20
	R GGCAATCAGTCGGACACAC	配列番号:370	
DIK4569	F TCCCCCTAAGGCTCAGAGTT	配列番号:371	
	R CTAACCTCCCCTTCGGAACC	配列番号:372	
BM2078	F CCCAAAAGAAGCCAGGAAG	配列番号:373	
	R TCAGAGTTTGGGGTCTCAG	配列番号:374	
BM6507	F ACTTAGCACAATGCCCTCTAGG	配列番号:375	
	R ATGTTATTCCATCAGGAGGAGC	配列番号:376	
TGLA227	F CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT	配列番号:377	30
	R ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	配列番号:378	
DIK4013	F GAAATTTGTGACCCCTGCAT	配列番号:379	
	R CTAAAGCTCTGCCTCCCAAG	配列番号:380	
BTA19:			
BM9202	F TCTATGAAGACTTTCAGGACCTTC	配列番号:381	
	R GCATCCCGGTCTCCTATG	配列番号:382	
BMS745	F TAGGGACTTGTTACCCGTGG	配列番号:383	
	R TGCAAGCTGTGAGGAGGAG	配列番号:384	

【 0 3 9 2 】



## 【表 2 3 - 1 3】

Table 23 (13/18)

BP20	F TCTGTGGGTGAACAAGCAAG	配列番号:385	
	R GGCTCCCTAAAGACCCACTC	配列番号:386	
IDVGA-46	F AAATCCTTTCAAGTATGTTTTCA	配列番号:387	
	R ACTCACTCCAGTATTCTTGTCTG	配列番号:388	
BMS2389	F AATGTTAGGTTTACATGCAGCC	配列番号:389	
	R AGGCAATAGGATCTCCACTAGC	配列番号:390	
CSSM065	F TTCCTGCTTGGTGAAACTTTGAAC	配列番号:391	10
	R CAACTCAAAGCTTCAACAGCAGCC	配列番号:392	
ETH3	F GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG	配列番号:393	
	R ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	配列番号:394	
BMS601	F CACTAGGACGATGCTCTCAGG	配列番号:395	
	R TCACAAGAGCAATGACGAGG	配列番号:396	
<b>BTA20:</b>			
BM3517	F GTGTGTTGGCATCTGGACTG	配列番号:397	
	R TGTCAAATTCTATGCAGGATGG	配列番号:398	
HEL12	F GCATTAGGTTCTCCAGAGAA	配列番号:399	20
	R CAGACTTGTGAGACTCCATA	配列番号:400	
BMS1282	F ACTCTTCCACAGTTGGCCTG	配列番号:401	
	R CCTCCTTCCTCCAGAGCC	配列番号:402	
BMS1754	F GCATTATTCTTTGTTCTTTGGG	配列番号:403	
	R GTTTCTGCTCCTGATCTCCTG	配列番号:404	
TGLA126	F CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT	配列番号:405	
	R TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	配列番号:406	
BMS2361	F ACACAACCCAAATGTTACCAA	配列番号:407	
	R ATTGTGCAGAGACCAAGTGC	配列番号:408	30
AGLA29	F AGGAAGCCGAGTGAGATATGTAAGC	配列番号:409	
	R TTACAGCCTGTGTGAATGTCCTCTA	配列番号:410	
BMS703	F CAATGAGCTCAGATTGTTGCA	配列番号:411	
	R ATACATGTAGTCAAAGGCTCATCC	配列番号:412	
BM5004	F TCTGGAGTGAATGTTTCTGAGG	配列番号:413	
	R TTGTGATGAGCACCTGAAGG	配列番号:414	
UWCA26	F TGGGGTCTAAAAGAGTCAGAG	配列番号:415	
	R TTCAAGTCTGCCTTTTGGTTTCGT	配列番号:416	
<b>BTA21:</b>			

40

【 0 3 9 3 】

【表 2 3 - 1 4】

Table 23 (14/18)

DIK5182	<b>F</b> CGATGTAAAGGGCAGGTTCT	配列番号:417	
	<b>R</b> CTCTTAGAATCCTGTTTTAGGG	配列番号:418	
BMS1117	<b>F</b> TGTGTGCTCTCTCACACATGC	配列番号:419	
	<b>R</b> AACCAAAGCAGGGATCAGG	配列番号:420	
RM151	<b>F</b> CCCAGAGGTGACAACATTTCCAG	配列番号:421	
	<b>R</b> GATCCACCAAAAACAGCTGGA	配列番号:422	
DIK2492	<b>F</b> AATCCATCCATTGAGCCTTC	配列番号:423	10
	<b>R</b> GAAATGACAGCCCACTCCAG	配列番号:424	
AGLA233	<b>F</b> TGCAAACATCCACGTAGCATAAATA	配列番号:425	
	<b>R</b> GCATGAACAGCCAATAGTGTCATC	配列番号:426	
ILSTS095	<b>F</b> GAAAGATGTTGCTAGTGGGG	配列番号:427	
	<b>R</b> ATTCTCCTGTGAACCTCTCC	配列番号:428	
DIK4602	<b>F</b> GACTGCGACCAGGTCTTTTC	配列番号:429	
	<b>R</b> AGGCCCATACGCATTTGTTA	配列番号:430	
BM103	<b>F</b> CTAGCTGCTGGCTACTTGGG	配列番号:431	
	<b>R</b> GGCTGCTCTGGGCTATTG	配列番号:432	20
DIK4001	<b>F</b> TTCTCCAACCCGTTATGC	配列番号:433	
	<b>R</b> CTGATTGGTCACTCCATCCA	配列番号:434	
IDVGA-45	<b>F</b> GTGGTGGCAAAGAGTCAGA	配列番号:435	
	<b>R</b> AACAGCCCTGATTTCCATA	配列番号:436	
DIK2481	<b>F</b> CCGTGTTTGTCTTCCTCTGA	配列番号:437	
	<b>R</b> TGACAGCAGCCAAGATATGG	配列番号:438	
INRA103	<b>F</b> TTGTCCAGCCCAGCATTTAGC	配列番号:439	
	<b>R</b> GGAGAAGACTTATGGGAGC	配列番号:440	
BMS2815	<b>F</b> TGATATTCAAACCTCAATGAACCC	配列番号:441	30
	<b>R</b> CTTGCATATGCTCATCATTATCA	配列番号:442	
DIK2842	<b>F</b> GGATTTTAGCTGCCATTGCT	配列番号:443	
	<b>R</b> AATCCCATGGACAGAAAAGC	配列番号:444	
DIK3036	<b>F</b> TGTGTGGCTTTAGCACAT	配列番号:445	
	<b>R</b> CAGAAAGGGAAATCACATCC	配列番号:446	
DIK4391	<b>F</b> CCCTTCCAATAGGCAAATCTC	配列番号:447	
	<b>R</b> TCCAACAAGCTTTTCCTTCC	配列番号:448	
DIK2913	<b>F</b> AACGTCCAGTCGCTTCAAAT	配列番号:449	
	<b>R</b> TCACACACCTGAACTCAAAGC	配列番号:450	40

【 0 3 9 4 】

## 【表 2 3 - 1 5】

Table 23 (15/18)

BM846	F GACCACTGGACCACCAGG	配列番号:451	
	R CTGGTAAAAAGCAATGATGCC	配列番号:452	
TGLA122	F CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC	配列番号:453	
	R AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	配列番号:454	
ILSTS054	F GAGGATCTTGATTTTGATGTCC	配列番号:455	
	R AGGGCCACTATGGTACTTCC	配列番号:456	
BMS743	F AGCTACCCTGGTATACAACACG	配列番号:457	10
	R GCTCTGAAATTCTGGCAGTG	配列番号:458	
IDVGA-30	F GCATCTGGGAGCCTCGTATCTC	配列番号:459	
	R TTGTAAAACCTCGGGGCATAAGCA	配列番号:460	
BTA22:			
CSSM26	F GACTTCTGCTTGTGGTTTCCAAGT	配列番号:461	
	R TTTTCCCATTATGGTTTATCCCAG	配列番号:462	
INRA026	F TAGTTCCAATGAGACACGAACA	配列番号:463	
	R TAGGAGCACGGAGGTAAAACA	配列番号:464	
BM1558	F TGAGGAAAGCCTTGGCAG	配列番号:465	20
	R ACTGGGCCTAGCTCCTTCTC	配列番号:466	
BM3628	F CTGAGATGGACTCAGGGAGG	配列番号:467	
	R GTTGGATTGGAAGGTTAGGC	配列番号:468	
BMS875	F TCCAGCTTGAATCCCTTCC	配列番号:469	
	R AAGCAAAGGCTGGGAACAC	配列番号:470	
BM4102	F CCAAATTCCAAGTGTGCTGC	配列番号:471	
	R GAGCGGCCTATCAACCCTAC	配列番号:472	
BTA24:			
BMS917	F TAATGCCTCTGGAAGGTTGA	配列番号:473	30
	R CAAGCTGGTTGTTCTTTTGC	配列番号:474	
BM7151	F AAATGTCCACTGCTCAAAGATG	配列番号:475	
	R ACTTGGAGATAGAACTGGCAGG	配列番号:476	
BM226	F ATTGCCTTGTCCGTGTATCC	配列番号:477	
	R CCGGCTGAATTGCTATAAGC	配列番号:478	
BMS2526	F CAGGCTCCATGTTGGACAC	配列番号:479	
	R CATCAGGTTGGCAGAGTCG	配列番号:480	
TGLA351	F GCACATCTGGTGGCCACATCAG	配列番号:481	
	R CTCTAGGGGATTTCACTCTCAGT	配列番号:482	40

## 【 0 3 9 5 】

## 【表 2 3 - 1 6】

Table 23 (16/18)

BM7228	F TTAAATCCTCAAGTAAAGGAAGGC	配列番号:483	
	R GCAAACCTAAGAATCCTCATTTT	配列番号:484	
CSSM23	F CACTGGAGTGGGTTGCCATTGTCT	配列番号:485	
	R GTTCGCAATATGATCTCTGATTTG	配列番号:486	
BMS2270	F CTGCGTTAACACCCACC	配列番号:487	
	R GCAGGAAGGCTGATGCAC	配列番号:488	
ILSTS065	F GCTGCAAAGAGTTGAACACC	配列番号:489	10
	R AACTATTACAGGAGGCTCCC	配列番号:490	
BMS1862	F GCACATGCAATCTTGAAAGG	配列番号:491	
	R ACCAGAGATGATGAAGAATCCC	配列番号:492	
BMS466	F AGCAGAGGGCAAATGTTATG	配列番号:493	
	R GGATGTAAGAGGATGCAGACC	配列番号:494	
INRA090	F GGTCAATTTCCATTATGACAGCAG	配列番号:495	
	R GGTGTTACCTTTTTTAGTCTCC	配列番号:496	
BMS1926	F CAACTAGCTTCTCAATGCCTTT	配列番号:497	
	R TTCTCCCAATCTGTAAGTCA	配列番号:498	20
BMS3024	F CCAAACCAAGTGACTGACA	配列番号:499	
	R TTGCTCATTTAACTTCATTACAACA	配列番号:500	
BTA25:			
ILSTS102	F CAGGACTGAGTAACTAAGGC	配列番号:501	
	R AGGAGACAGCTACAAACCCC	配列番号:502	
BMS2843	F ATCCAAGGAGGTCCCAGG	配列番号:503	
	R TCCTCCAGTGGGAAATATGG	配列番号:504	
BM737	F TGGGATAGACCACATTGGAA	配列番号:505	
	R GAATGCTGTTTGGGAGGGTA	配列番号:506	30
ILSTS046	F TAAAGTCCTGCAAGAGAAGG	配列番号:507	
	R TTTCTGTCTTGAGTCTCTCC	配列番号:508	
BMS1353	F TTTCAGGACTAATAGGGCATGG	配列番号:509	
	R ATTCAGACCTGCCTGGTGAC	配列番号:510	
AF5	F GCAGAAGGAAAAAGCAATGG	配列番号:511	
	R GATCCTGCGAGCCACAAG	配列番号:512	
BTA26:			
BMS651	F AATATGTGAAAACAAGTCAAAGCA	配列番号:513	
	R CCTGGCAAGCAACAGTTAAT	配列番号:514	40

【 0 3 9 6 】

## 【表 2 3 - 1 7】

Table 23 (17/18)

HEL11	<b>F</b> CTTTGTGGAAGGCTAAGATG	配列番号:515	
	<b>R</b> TCCCACATGATCTATGGTGC	配列番号:516	
BMS332	<b>F</b> GACAAAACCCTTTTAGCACAGG	配列番号:517	
	<b>R</b> AATTGCATGGAAAGTTCTCAGC	配列番号:518	
RM026	<b>F</b> TTGTACATTTCTGTCAATGCCTT	配列番号:519	
	<b>R</b> ACAATGTCATTGGTCAATTCATT	配列番号:520	
BM9284	<b>F</b> AGGTGCTGGAATGGCAAC	配列番号:521	10
	<b>R</b> TGTGATTTTGGTCTTCCTTGC	配列番号:522	
RME40	<b>F</b> TCTGTGAGCATGTGCAGAAT	配列番号:523	
	<b>R</b> CTCACAGGTAAATTTGGGTGAT	配列番号:524	
IDVGA-59	<b>F</b> AACCCAAATATCCATCAATAG	配列番号:525	
	<b>R</b> CAGTCCCTCAACCCTCTTTTC	配列番号:526	
BMS882	<b>F</b> TAGTGTCCACCAGAGACCCC	配列番号:527	
	<b>R</b> CCAAAGACACAGTTTAAAGGGC	配列番号:528	
BM804	<b>F</b> CCAGCATCAACTGTCAGAGC	配列番号:529	
	<b>R</b> GGCAGATTCTTTGCCTTCTG	配列番号:530	20
BM7237	<b>F</b> CCAGCATCAACTGTCAGAGC	配列番号:531	
	<b>R</b> GGCAGATTCTTTGCCTTCTG	配列番号:532	
<b>BTA28:</b>			
BMC6020	<b>F</b> ATTGCATGTAGCTCTTGGGG	配列番号:533	
	<b>R</b> AAGTGGGTGGCTTCAACACT	配列番号:534	
ETH1112	<b>F</b> AGTGGATCCTGCATGTTATGCCG	配列番号:535	
	<b>R</b> CCAGACGGACCTTTGTGGGCAA	配列番号:536	
BL25	<b>F</b> AACAGTGGCAATGGAAGTGG	配列番号:537	
	<b>R</b> AGTCAGGATCTAGTGGGTGAGTG	配列番号:538	30
DIK2955	<b>F</b> CATTGAACACTGAAAGGAAAGC	配列番号:539	
	<b>R</b> TCACAAGGGCTTTGAAGTGA	配列番号:540	
BMS2608	<b>F</b> GACTAAGCATATGAACCTGGGC	配列番号:541	
	<b>R</b> CTGCCCCCTTGTCTCTCATC	配列番号:542	
BMS2658	<b>F</b> TCCCTGGACTTCTTGACAGAG	配列番号:543	
	<b>R</b> CTGGCCCCAGACACAATC	配列番号:544	
DIK713	<b>F</b> CACTTTGCTGTGGACCTGAA	配列番号:545	
	<b>R</b> ACCCAGGAAGTGAACCCAT	配列番号:546	
【 0 3 9 7 】			40

## 【表 23 - 18】

Table 23 (18/18)

BMS1714	F TTTATCCCAAGAGGTTCCACC	配列番号:547
	R AGGTGCTTGCAGTGAATCTG	配列番号:548
DIK5056	F CCACCAGGCTAATGGGTAAA	配列番号:549
	R TGGTGTTCATCTGCATTCT	配列番号:550
DIK5323	F CTGGGAAGCCTTTTGATCTG	配列番号:551
	R ATGGACCAGATGGTGGAAAT	配列番号:552
DIK4862	F CTTTCCCATCCTTTCACCAA	配列番号:553
	R AAGTAGGGTGTGTGGGGGTA	配列番号:554
BMC2208	F GTTGAGCAGGGGGTAACAAG	配列番号:555
	R ACGAGTCCCTGCTGCTCTAC	配列番号:556

10

## 【0398】

0.5  $\mu$ l の PCR 産物を 9.5  $\mu$ l の ホルムアミドに添加し、ABI - 3730XL シーケンシング機器 (Applied Biosystems Inc.) で分析した。

## 【0399】

20

## 表現型データ

考慮された出産形質は、死産 (SB)、難産 (CD)、及び第一出産後の出産時の仔ウシのサイズ (CS) であった。形質は、仔ウシにおける雄親の「直接」効果 (D) として、そして仔ウシの母親の雄親の「母系性」効果 (M) としても評価し、合計 6 つの形質を QTL 分析のために示した。各形質に関する育種値 (breeding values) は、デンマーク農業指導局 (Danish Agricultural Advisory Service) データベースから得た。相関する形質からの情報及び系統情報を無視したことを除いて、ルーチンの育種値推定手順から育種値を得た。

## 【0400】

30

## 統計学的分析

Haley & Knott (1992) の線形回帰マッピング手法を用いて、出産形質を分析した。Churchill & Doerge (1994) により開発された順列検定 (permutation test) を用いることにより、有意の QTL を見出した。この手法では、形質及び染色体を別個に分析し、そして特定形質に影響を及ぼす単一 QTL の存在に関して試験した。試験が、(1) 5% 染色体別 (chromosome-wise) 有意性閾値 (significance threshold) を超え、そして (2) QTL 領域が 2 又はそれより多くの形質に影響を及ぼす場合には、QTL はさらなる特徴づけのために保持 (retain) される。分散成分 QTL マッピングアプローチを用いて、それが 2 つの形質に影響を及ぼす単一多面発現性 QTL であるか、又は異なる形質に影響を及ぼす 2 つの連結 QTL であるかを試験した。多遺伝子的及び全体的形質平均に関して調整する二変量線形混合モデルにおける無作為効果として、QTL はモデル化される。最もそれらしい雄親におけるマーカー連鎖フェーズに従って、再帰アルゴリズムを用いて、IBD 行列をコンピューター計算した (Sorensen et al., 2003, Wang et al., 1995)。染色体に沿って 2cM 毎に IBD 行列をコンピューター計算し、その後の分散成分推定手順に用いた。

40

## 【0401】

ベイズ情報規準 (Bayesian information criterion, BIC) と QTL との間の相関 ( $r_q$ ) を用いて、多面発現性及び連鎖モデルを比較した。

## 【実施例 1】

## 【0402】

染色体別回帰検定 (表 24) は、17 個の異なる染色体に関する最初の乳汁分泌 (first lactation) における出産形質に関する総数 27 個の有意 QTL を示した。15 個の QTL が直系安産

50

に関連し、そして12個のQTLが母系性効果に関連した。

【 0 4 0 3 】

祖父ファミリー当たりの情報価値のあるマーカーの平均数は、染色体当たり3.0 ( BTA25 ) から8.5 ( BTA3 ) 個であった。

【 0 4 0 4 】

【 表 2 4 】

Table 24

第一出産後の出産形質に関するファミリー全体での染色体別回帰分析。5%染色体別閾値レベルを超える形質に関して、QTLを示す。各形質及び染色体に関して、分離ファミリーの数を、括弧内に示す。

BTA	情報価値 レベル	D_CD	D_SB	D_CS	M_CD	M_SB	M_CS
BTA3	8.5 <sup>a</sup> (34) <sup>b</sup>		0.010 <sup>c</sup> (5) <sup>d</sup>				
BTA4	5.0 (19)	0.023 (3)					
<b>BTA7</b>	6.4 (34)		0.003 (6)	0.042 (5)			
<b>BTA8</b>	3.6 (34)	0.042 (2)				0.030 (3)	
BTA9	6.0 (19)						0.027 (3)
BTA10	6.1 (34)				0.035 (3)		
<b>BTA12</b>	5.1 (19)		0.031 (1)			0.028 (2)	
BTA15	6.5 (34)			0.02 (3)			
<b>BTA18</b>	7.0 (34)	0.010 (5)	0.026 (4)	0 (4)		0.015 (7)	
BTA19	5.2 (19)			0.007 (3)			
BTA20	3.5 (19)			0.005 (5)			
BTA21	5.3 (34)				0.044 (2)		
<b>BTA22</b>	4.1 (19)			0.010 (2)			0.029 (3)
BTA24	4.6 (19)					0.041 (2)	
<b>BTA25</b>	3.0 (19)	0.006 (2)		0.002 (4)			
<b>BTA26</b>	4.7 (34)		0.021 (3)			0.00 (7)	
<b>BTA28</b>	3.5 (33)				0.025 (3)	0.045 (0)	

D\_CD: 直系難産, D\_SB: 直系死産, D\_CS: 直系仔ウシサイズ, M\_CD: 母系性難産, M\_SB: 母系性死産, M\_CS: 母系性仔ウシサイズ。

<sup>a</sup>: 情報価値のあるマーカーの数, <sup>b</sup>: 分析された祖父の数, <sup>c</sup>: p値

【 0 4 0 5 】

ファミリー内分析で試験を実施した場合、各QTLは、0~7個のホルスタインファミリーで有意に検出された。BTA28はM\_SBに関して有意なファミリーを示さなかったが、4つのファミリーが有意性への候補であった ( $p < 0.10$ )。

7つの染色体が、同一領域において一つより多くの有意なQTLを示し、そして多面発現性又は連鎖QTLの存在に関してさらに検査された。BTA18だけは、3つ以上の有意なQTLを示した。

【 実施例 2 】

【 0 4 0 6 】

表25は、多面発現性QTLと連鎖QTLとを区別するための試験の結果を示す。2つの領域 ( BTA12、BTA25 ) は、形質間の強い相関 ( ほぼ1又は - 1 ) を伴う多面発現効果 ( pleiotropic effects ) を有するQTLを示す。BTA7及びBTA26に関しては、連鎖モデルが好都合であり、相関は0に近くかつBIC値は高い。BTA22及びBTA28に関する分析は、それが連鎖QTLであるか多面発現性QTLであるかを明らかにし得ない。BTA8は、尤度が最大値へ収束しなかった

ため、有用な結果を与えなかった。BTA18においては、すべての直系出産形質に及ぼす多面発現性QTLが多分存在し、そしておそらくは、1つのQTLは母系性死産（M\_SB）に影響を及ぼす。

【 0 4 0 7 】

【表 2 5】

Table 25

最初の乳汁分泌における2つ以上の出産形質に関してQTLを同定し

た、BTA7、8、12、18、22、25、26及び28における出産形質についての多面発現性及び連鎖QTLモデルを用いた多形質解析。

BTA		$r_q$	距離 (cM)	マーカー数 <sup>a</sup>	ベイズ因子 <sup>b</sup>
BTA7	D_SB, D_CS	0.35	26	1.15	0.3
BTA8	D_CD, M_SB	NC	38	1.12	NC
BTA12	D_SB, M_SB	0.99	4	0	27
BTA18	D_CD, D_SB	0.87	0	0	27
	D_CD, D_CS	0.93	0	0	109848
	D_CD, M_SB	0.71	14	1.15	0.7
	D_SB, D_CS	0.95	0	0	1806411
	D_SB, M_SB	NC	14	1.15	NC
	D_CS, M_SB	0.49	14	1.15	0.7
BTA22	D_CS, M_SB	0.72	14	0.68	3.7
BTA25	D_CD, D_CS	1.00	0	0	548
BTA26	D_SB, M_SB	0.1	10	0.32	0.13
BTA28	M_CD, M_SB	0.78	10	0.39	3.7

10

20

D\_CD: 直系難産, D\_SB: 直系死産, D\_CS: 直系仔ウシサイズ, M\_CD: 母系性難産, M\_SB: 母系性死産, M\_CS: 母系性仔ウシサイズ。

<sup>a</sup>: QTL間の情報価値のあるマーカーの平均数, <sup>b</sup>: 連鎖モデルを越える多面発現性モデルの確率

30

【 0 4 0 8 】

直系及び母系性出産形質に影響を及ぼすいくつかのQTLが同定された。BTA8上のD\_CDに関するQTLは、Ashwell等（2003）における結果を確認し、そしてBTA7及びBTA18上の直系及び母系性死産に関するQTLはKuehn等（2003）における結果を確認した。多形質及び多QTL分散成分アプローチは、直系出産サイズ及び難産の両方に影響を及ぼす2つの多面発現性QTL、並びに直系及び母系性死産の両方に影響を及ぼす2つの多面発現性QTLを検出した。同定されたQTLは、複合選抜指標（combined selection index）における相対的に高い経済的重要性のため、デンマーク・ホルスタイン育種計画にとって重要な暗示を有し得る。特に、仔ウシサイズに影響を及ぼすことなく生存及び死産に影響を及ぼすQTLは、出産形質に関する遺伝的進歩を改善するための効率的な方法であろう。有効な選択目的のためにそれが用いられ得る前に、QTLのより精確な特徴づけを行うためにはより多くのマーカー情報が必要とされる。

40

【図面の簡単な説明】

【 0 4 0 9 】

【図 1】出産特性に関するBTA3のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書（herdbook）番号」及び出産パラメーター（calving parameter）を指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる

50



位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0410】

【図2】出産特性に関するBTA4のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

10

【0411】

【図3】出産特性に関するBTA7のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0412】

【図4】出産特性に関するBTA7のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

20

【0413】

【図5】出産特性に関するBTA8のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

30

【0414】

【図6】出産特性に関するBTA8のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

40

【0415】

【図7】出産特性に関するBTA9のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

50

## 【 0 4 1 6 】

【図 8】 出産特性に関するBTA10のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

## 【 0 4 1 7 】

【図 9】 出産特性に関するBTA12のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

10

## 【 0 4 1 8 】

【図 10】 出産特性に関するBTA12のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

20

## 【 0 4 1 9 】

【図 11】 出産特性に関するBTA15のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

30

## 【 0 4 2 0 】

【図 12】 出産特性に関するBTA18のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

40

## 【 0 4 2 1 】

【図 13】 出産特性に関するBTA18のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということを意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

## 【 0 4 2 2 】

【図 14】 出産特性に関するBTA18のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ

50

、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0423】

【図15】出産特性に関するBTA18のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

10

【0424】

【図16】出産特性に関するBTA19のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

20

【0425】

【図17】出産特性に関するBTA20のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

30

【0426】

【図18】出産特性に関するBTA21のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0427】

【図19】出産特性に関するBTA22のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

40

【0428】

【図20】出産特性に関するBTA22のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウ

50

シサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0429】

【図21】出産特性に関するBTA24のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

10

【0430】

【図22】出産特性に関するBTA25のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

20

【0431】

【図23】出産特性に関するBTA25のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0432】

【図24】出産特性に関するBTA26のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

30

【0433】

【図25】出産特性に関するBTA26のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

40

【0434】

【図26】出産特性に関するBTA26のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされ

50

る染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0435】

【図27】出産特性に関するBTA28のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。出産パラメーターは、D：直接効果、M：母系性効果により示され、一方、LKは死産に対応し、FLは難産に対応し、そしてSTは仔ウシサイズに対応する。出産パラメーターにおける数1は、データが第一出産から得られるということの意味する。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

10

【0436】

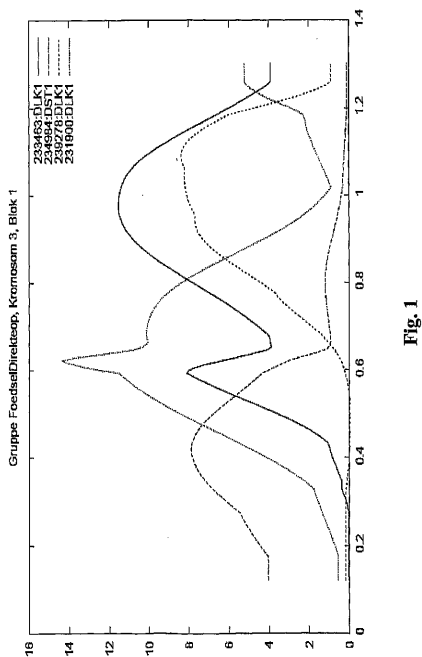
【図28】出産特性に関するBTA5のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

【0437】

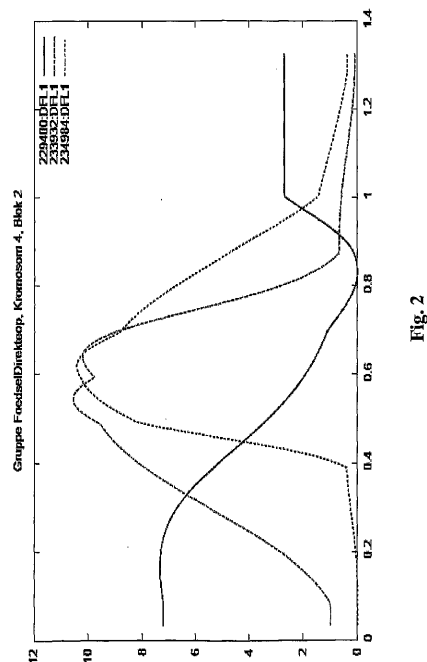
【図29】出産特性に関するBTA11のゲノムスキャンを示す図である。数字は、それぞれ、「血統書番号」及び出産パラメーターを指す。X軸は、この分析に用いられる位置に従ってモルガンで表わされる染色体の距離を示す。Y軸は、F値で表わされるQTL分析の検定統計を示す。高いF値は、調べられた出産形質に影響を及ぼす遺伝子を示す。

20

【図1】



【図2】



【 図 3 】

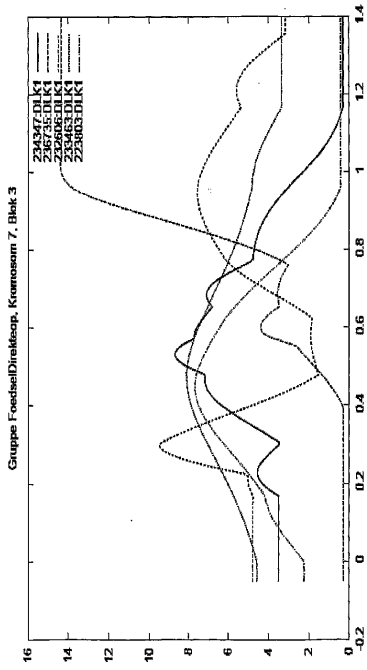


Fig. 3

【 図 4 】

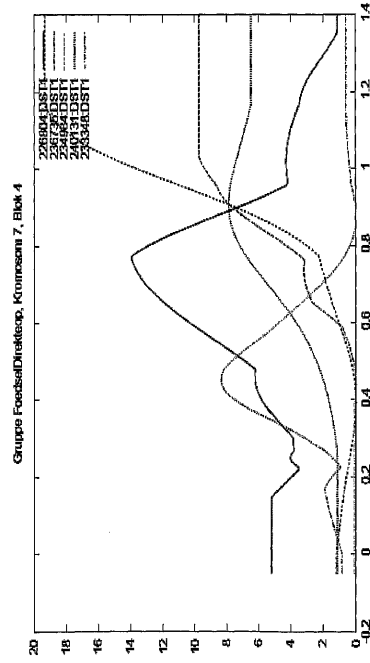


Fig. 4

【 図 5 】

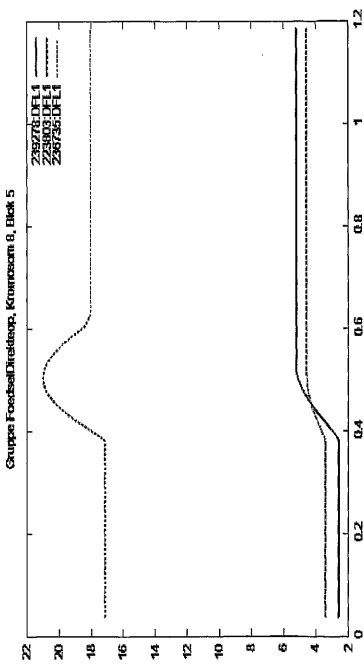


Fig. 5

【 図 6 】

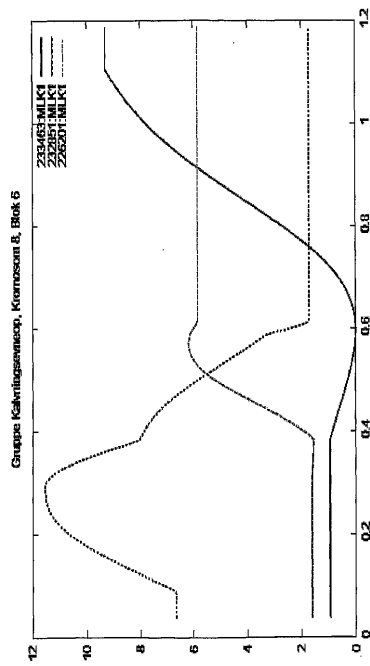


Fig. 6

【 図 7 】

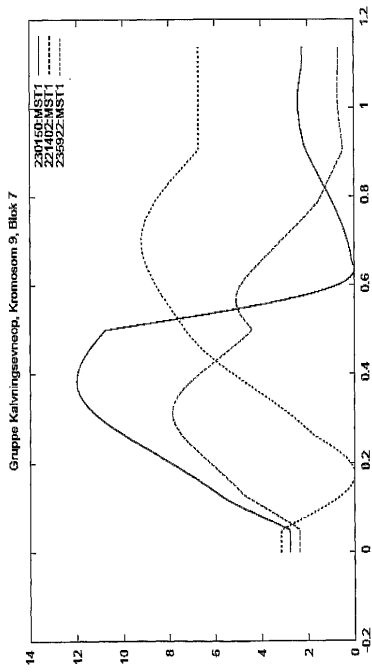


Fig. 7

【 図 8 】

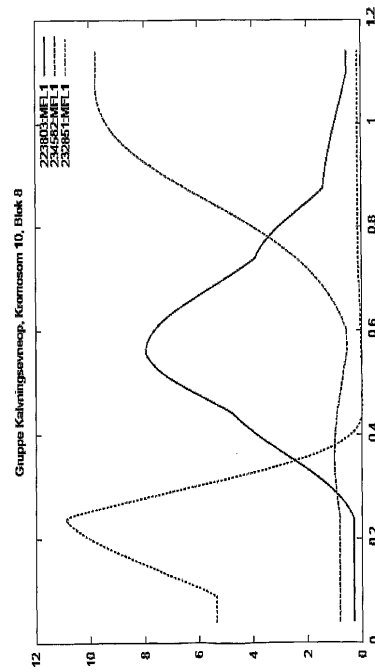


Fig. 8

【 図 9 】

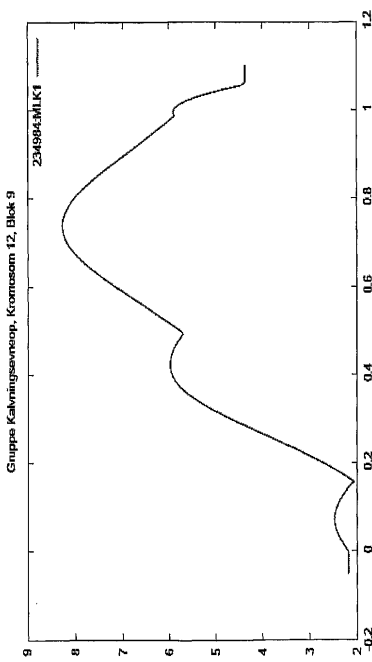


Fig. 9

【 図 10 】

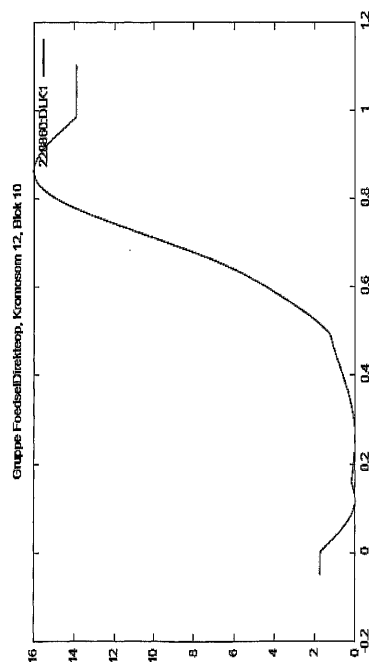


Fig. 10

【 1 1 】

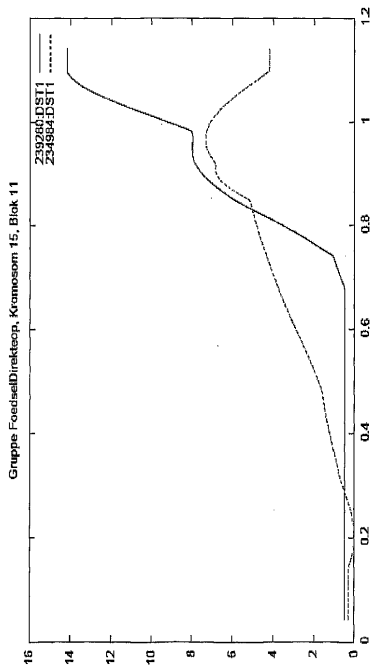


Fig. 11

【 1 2 】

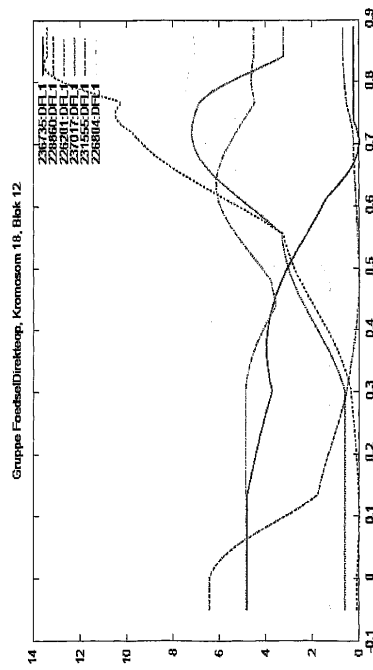


Fig. 12

【 1 3 】

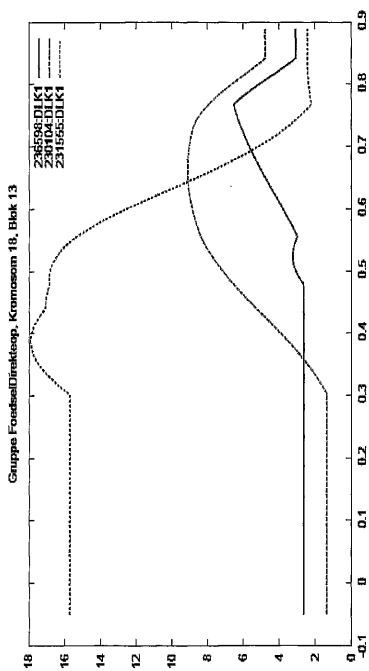


Fig. 13

【 1 4 】

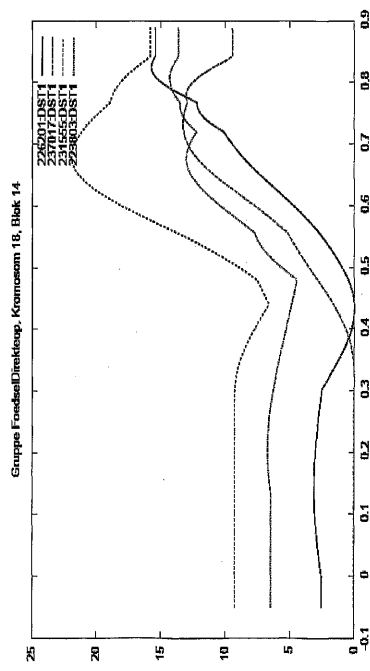


Fig. 14



【 15 】

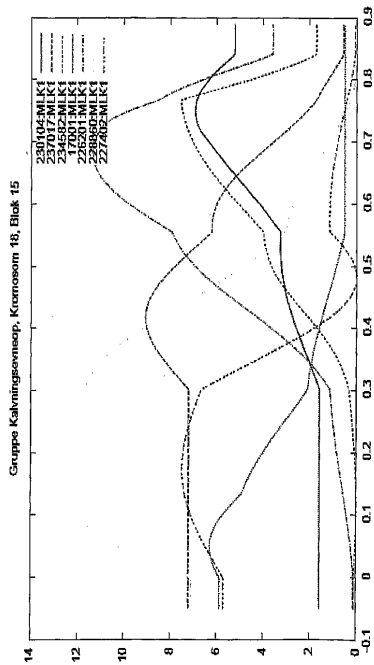


Fig. 15

【 16 】

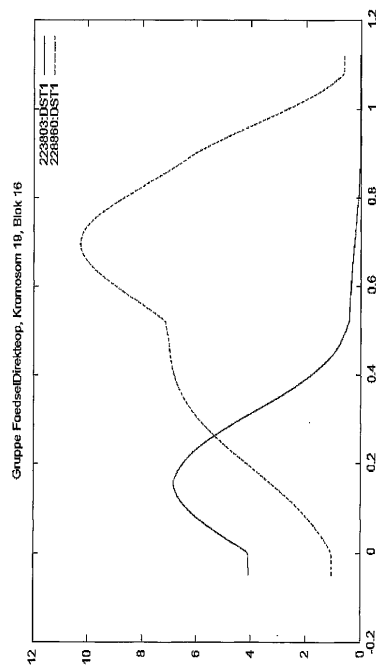


Fig. 16

【 17 】

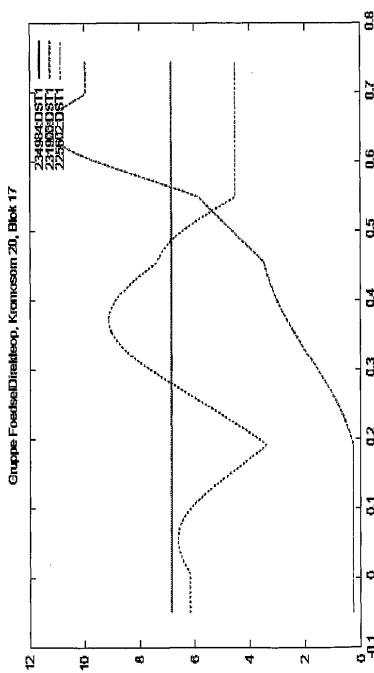


Fig. 17

【 18 】

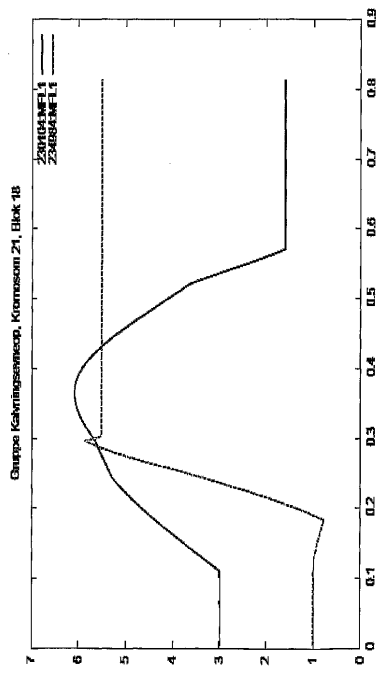


Fig. 18

【 図 19 】

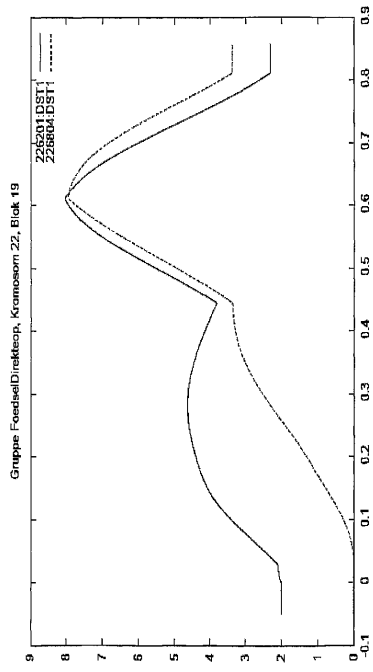


Fig. 19

【 図 20 】

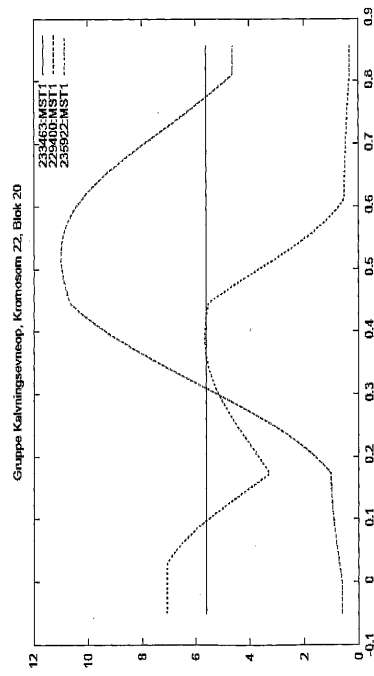


Fig. 20

【 図 21 】

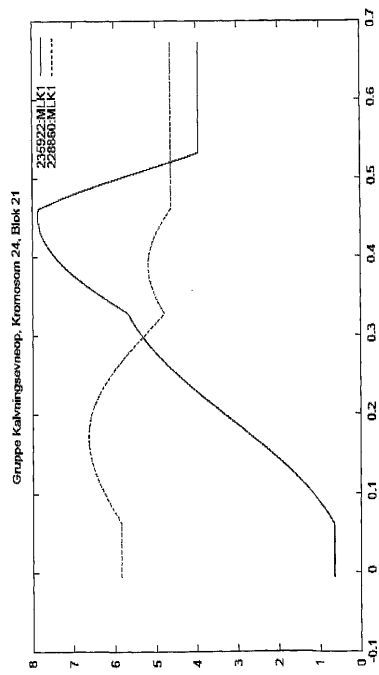


Fig. 21

【 図 22 】

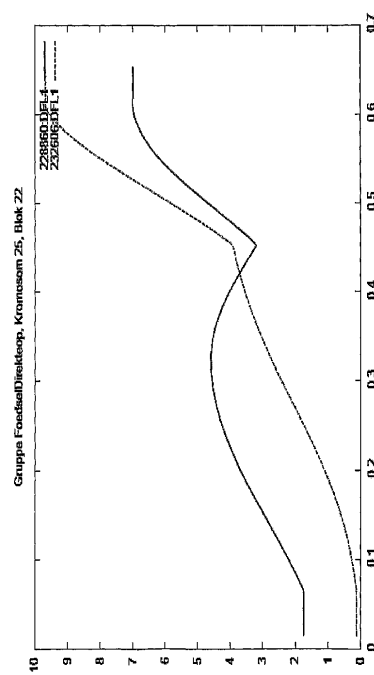


Fig. 22

【 2 3 】

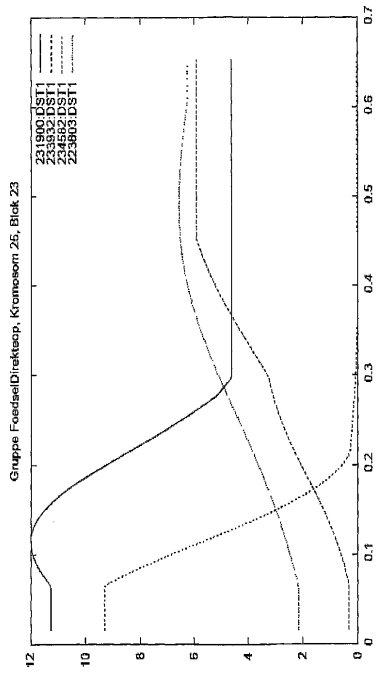


Fig. 23

【 2 4 】

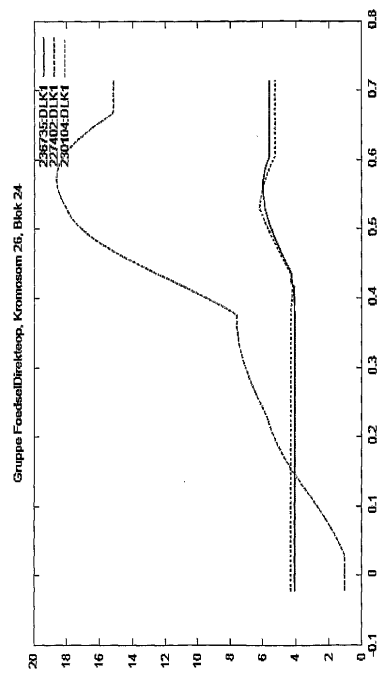


Fig. 24

【 2 5 】

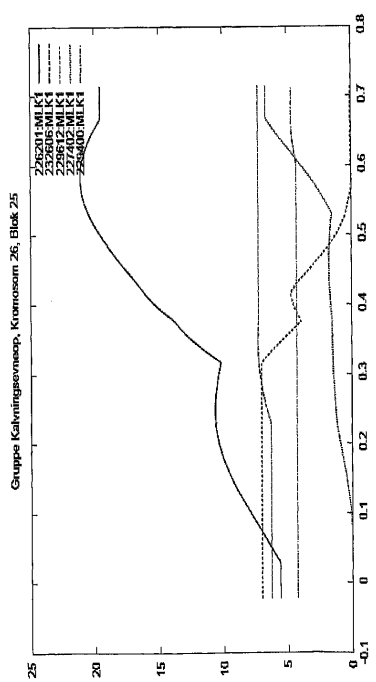


Fig. 25

【 2 6 】

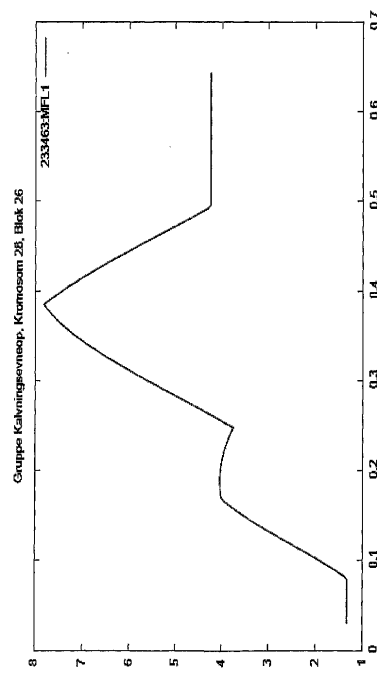


Fig. 26

【 2 7 】

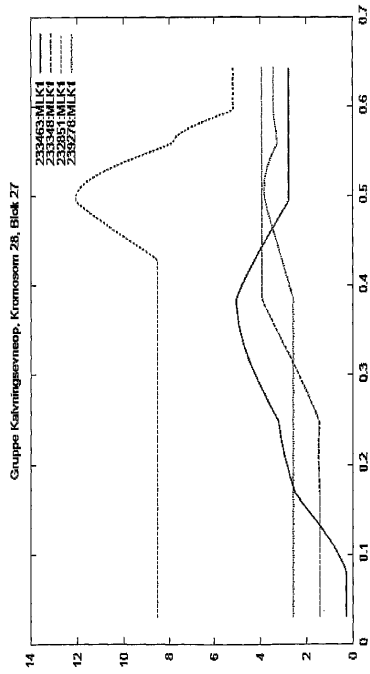


Fig. 27

【 2 8 】

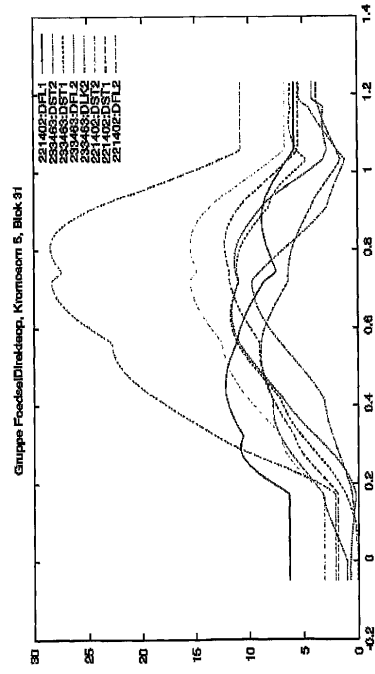


Fig. 28

【 2 9 】

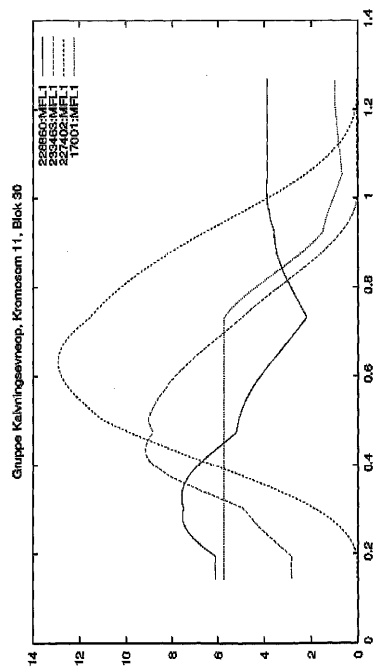


Fig. 29

## 【国際調査報告】

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No  
PCT/DK2007/000060

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
INV. C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, EMBL, BIOSIS, EMBASE, WPI Data, CHEM ABS Data

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	SCHROOTEN C ET AL: "Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle." JOURNAL OF DAIRY SCIENCE APR 2000, vol. 83, no. 4, April 2000 (2000-04), pages 795-806, XP002431324 ISSN: 0022-0302 abstract  ----- -/--	1,2,61

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☒ See patent family annex.

## \* Special categories of cited documents:

\*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

\*E\* earlier document but published on or after the international filing date

\*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

\*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

\*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

\*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

\*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

\*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

\*Z\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

30 July 2007

Date of mailing of the international search report

21/09/2007

Name and mailing address of the ISA/

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel: (+31-70) 340-2040, Tx: 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Celler, Jakub

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No

PCT/DK2007/000060

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	ASHWELL M S ET AL: "Detection of quantitative trait loci influencing conformation traits and calving ease in Holstein-Friesian cattle." JOURNAL OF DAIRY SCIENCE NOV 2005, vol. 88, no. 11, November 2005 (2005-11), pages 4111-4119, XP002431325 ISSN: 1525-3198 abstract	1,2,61
A	GRUPE SVEN ET AL: "Identification of loci with significant effects on stillbirth and calving difficulties in Holstein cattle" ARCHIV FUER TIERZUCHT, FORSCHUNGSINSTITUT FUER DIE BIOLOGIE LANDWIRTSCHAFTLICHER, DE, vol. 41, no. 1-2, 1998, pages 151-158, XP009087187 ISSN: 0003-9438 abstract	1,2,61
P,A	CALVO J H ET AL: "Fine mapping of genes on sheep chromosome 1 and their association with milk traits." ANIMAL GENETICS JUN 2006, vol. 37, no. 3, June 2006 (2006-06), pages 205-210, XP002431326 ISSN: 0268-9146 abstract	1,2,61
X	DATABASE EMBL [Online] EBI; SEQUENCE TAGGED SITE 13 March 1996 (1996-03-13), STONE: "bm7225" XP002431329 retrieved from EMBL Database accession no. G18790 the whole document	61
X	DATABASE EMBL [Online] EBI; b. TAURUS DNA MICROSATELITE 21 April 1993 (1993-04-21), VAIMAN: "GENOMIC DNA" XP002431330 retrieved from EMBL Database accession no. x63795 the whole document	61
X	DATABASE EMBL [Online] EBI; BMS1788 13 March 1996 (1996-03-13), SRONE: "Bos Taurus STS genomic" XP002444779 retrieved from EMBL Database accession no. G18700 the whole document	61
	-/-	

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No  
PCT/DK2007/000060

C(Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 92/13102 A (GENMARK [US]) 6 August 1992 (1992-08-06) abstract sequences 747, 748	61

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.  
PCT/DK2007/000060**Box II Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of Item 2 of first sheet)**

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box III Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 3 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see additional sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.
  
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
  
3. ☒ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:  
1, 2, 61
  
4. ☐ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

**Remark on Protest**

- ☒ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.



International Application No. PCT/DK2007 /000060

**FURTHER INFORMATION CONTINUED FROM PCT/ISA/ 210**

This International Searching Authority found multiple (groups of) inventions in this international application, as follows:

**Invention 1 (claims 1,61(partly))**

A method of independent claim 1 further characterised by microsatellite markers of the dependent claim 1 (INRA006 and BM7225) and a diagnostic kit characterised by SEQ ID NOs of the above microsatellite markers (SEQ ID NO:1,2 and 45,46, respectively).  
---

**Inventions 2-58**

A method of independent claim 1 further characterised by microsatellite markers of the dependent claim 2-58 and a diagnostic kit characterised by SEQ ID NOs of the above microsatellite markers of the dependent claims, respectively.  
---

**Invention 59 (claims 1,59)**

A method of independent claim 1 as further characterised by dependent claim 59.  
---

**Invention 60 (claims 1 and 60)**

A method of independent claim 1 as further characterised by dependent claim 60.  
---

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

Information on patent family members

International application No

PCT/DK2007/000060

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9213102	A	06-08-1992	AU 1375292 A	27-08-1992
			CA 2100583 A1	16-07-1992
			EP 0570496 A1	24-11-1993
			JP 6507309 T	25-08-1994

## フロントページの続き

(81)指定国 AP(BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), EP(AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, LY, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RS, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, SV, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW

(72)発明者 モーゲンス サンド, ルンド

デンマーク ディーケイ - 8 8 3 0 テール, オルム ヴェスターゲイド 7

(72)発明者 クリスチャン, ベンディクセン

デンマーク ディーケイ - 8 8 6 0 ウルストルップ, アムストルップヴェグ 7

(72)発明者 ヘール, ジェンセン

デンマーク ディーケイ - 8 8 0 0 ヴィボルグ, ミッドグショーヴェグ 3 8 , 1

(72)発明者 ボー, トムセン

デンマーク ディーケイ - 8 2 1 0 オーフス ブイ, ライヘーベン 4 9

(72)発明者 ピーター, ソレンセン

デンマーク ディーケイ - 8 8 0 0 ヴィボルグ, ボルダースヴェグ 1 3

(72)発明者 ソーレン, スヴェンセン

デンマーク ディーケイ - 8 9 0 0 ランダーズ, リンズヴェグ 1 3 , エステイー . ティーブイ

(72)発明者 ジョン リンド, トマセン

デンマーク ディーケイ - 7 5 0 0 ホルステブロ, ヴァム ノール ヴァンヴェグ 2

(72)発明者 ヴィヴィ ハニック, ニールセン

デンマーク ディーケイ - 8 8 3 0 テール, オルム ヴェルズパーケン 7 2

(72)発明者 ベンテ フルーゲル, マグレン

デンマーク ディーケイ - 9 5 0 0 ホプロ, ホーピイ スラエンヴェグ 1 0

(72)発明者 パート, ガルドブランドセン

デンマーク ディーケイ - 8 2 1 0 オーフス ブイ, フジャルデヴァンゲ 1 2 4 , 1 . ティー  
エイチ .

F ターム(参考) 2G045 DA12 DA13 DA14

4B024 AA01 AA11 CA01 HA14

4B063 QA13 QA18 QQ03 QQ42 QQ60 QR32 QR55 QR62 QR72 QS25

QS34