

遺伝的多様性の確保による東京うこっけいの安定的な系統維持

【背景と目的】

「東京うこっけい」は開発以来、閉鎖群で20年以上維持されており、遺伝的多様性の低下による不良形質の発現が危惧されている。そこで、集団規模の拡大や凍結精液の利用による遺伝的多様性の低下抑制効果を検証する。また、集団内で発現した不良形質については原因を解明し、不良因子を保有する個体を排除することで安定的な系統維持を図る。

【研究概要】

- (1) ISAG/FAO が推奨するマイクロサテライト (MS) マーカー30 領域の評価により、東京うこっけい維持群の遺伝的多様性は一般的に報告されている鶏集団と比較して低下していることを示した。
- (2) 維持群において高多型の MS を検出し、32 領域の遺伝子型を評価できるマーカーを開発した。これらの MS から評価した集団の遺伝的多様性について、集団の維持条件を変化させたときの多様性の推移をシミュレーションにより検証したところ、維持群の各グループにおける雄の選抜羽数を2羽から5羽に増加し、毎世代120羽以上の選抜羽数を確保することで、多様性の低下を抑制できることを示した。
- (3) 凍結精液による多様性の復元効果をシミュレーションにより検証したところ、交配するグループの組み合わせが一順する世代ごとに利用することで、多様性の長期的な維持や近交退化のリスク低減が期待できることを示した。
- (4) 維持群で発生した初生ヒナの頸曲がり疾患は、Z染色体上の SLC1A3 遺伝子ナンセンス変異や当該遺伝子の発現異常が原因である可能性が高いと示唆された。PCR-RFLP 法によるキャリア判別法を確立し、集団内におけるキャリア個体を特定・淘汰した。