

遺传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

【研究概要】

東京うこっけい維持群において、新たに多様性が高いマイクロサテライト (MS) 32 個を検出し、多様性の推移をシミュレーションにより検証することで、雄の選抜羽数の増加による多様性維持効果を明らかにした。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 羽に増加することで、遺传的多様性の指標が設定した基準値 (対立遺伝子数 = 3、ヘテロ接合度 = 0.5) を下回るまでに 12 世代長く維持できることが示唆された。また、東京うこっけい維持群で発生した頸曲がり疾患は、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。