

口頭発表 | 2. 育種・遺伝

育種・遺伝2

Chairperson: Masaaki TANIGUCHI, Akira Ishikawa(Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University), Shinji Sasazaki, Norihide Yokoi, Tomokazu Fukuda(Iwate University), Youko Aida

Fri. Sep 16, 2022 1:30 PM - 4:40 PM Zoom会場2 (オンライン)

II-16-19~II-16-22 : 谷口 雅章

II-16-23~II-16-25 : 石川 明

II-16-26~II-16-28 : 笹崎 晋史

II-16-29~II-16-31 : 横井 伯英

II-16-32~II-16-34 : 福田 智一

II-16-35~II-16-37 : 間 陽子

4:00 PM - 4:10 PM

[II-16-34]ミトコンドリア DNAおよびマイクロサテライトマーカに基づく国内エミュー (*Dromaius novaehollandiae*) 飼育集団の遺伝的関係

*Yuichi Koshiishi¹, Michiko Okubo², Yuichi Kameyama², Kousaku Souma², Hiroki Hirayama², Kenta Wada² (1. NODAI genome research center, 2. Tokyo University of Agriculture)

エミューは、肉、卵および脂肪を得られる新規家禽として期待されている。その一方で、我々は日本で飼育される集団が近交化の傾向にあることを示唆してきた。日本におけるエミュー産業の持続的な発展において、各牧場集団の遺伝的多様性を保持することは重要な課題であると考えた。そこで本研究は、国内6か所のエミュー集団を対象とした mtDNAおよび SSRマーカに基づく遺伝的構造の推測を行った。157個体の D-loop領域において4か所の塩基置換および4種類のハプロタイプが検出された。AMOVA解析では、検出された変異のうち44%は「among population」であり、 F_{ST} は0.44 (PH_E) および実測値 (H_O) が、それぞれ0.530-0.637 および 0.436-0.595の範囲であることを示し、STRUCTURE解析は6か所の集団が3つの遺伝的構造の異なる集団に分化することを示唆した。これらの結果から、国内エミュー集団は、それぞれの集団の遺伝的多様度を回復させる遺伝的リソースとなることが示唆された。