

学位論文要旨	
氏名	スレリーモン
題目	ミャンマー在来鶏の遺伝的多様性に関する研究 Study on genetic diversity of Myanmar indigenous chickens
<p><b>[背景]</b> ミャンマー在来鶏は国民の食生活に重要な役割を果たしており、近年、人口増加に伴い、食肉生産用の中小地鶏農場が急速に発展している。しかし、ミャンマー在来鶏の遺伝的情報は限定的である。本研究では、それらの遺伝的特徴を明らかにした。</p> <p><b>[材料および方法]</b> 合計 235 羽のミャンマー在来鶏（雄 120 羽、雌 115 羽）の血液サンプルと 7 種類の体尺測定値を収集した。調査は 2019 年 4～5 月に在来鶏改良センター、マンダレー、ザガイン、ラーショー、ネピドーとヤンゴンで行った。研究 1 では、ミャンマー在来鶏の肉用鶏 4 集団と闘鶏用 2 集団の体尺形質の特徴を調べるために、それらの体尺測定値を分散分析 (ANOVA) により比較した。併せて、体尺形質間の相関も解析した。研究 2 には、ミャンマー在来鶏の遺伝的多様性と系統関係を明らかにするために 176 個体の完全なミトコンドリア D-ループ配列 (1,232bp) を分析した。得られた結果から DnaSP ソフトを利用してヌクレオチドおよびハプロタイプの多様性を計算し、Network ソフトウェアを利用して MJ network を作成した。研究 3 では、ニワトリ 20 集団(326 羽)とセキショクヤケイ(17 羽)を ddRAD-Seq で解析しミャンマー在来鶏のゲノムワイドな遺伝的多様性と集団構造を明らかにし、さらに、アジアの在来鶏集団や改良種との関連性も評価した。それらの遺伝的多様性は PLINK ソフトを、主成分分析は SNPRelate R package、Admixture 解析は ADMIXTURE v1.3.0 を利用した。主成分分析により同定されたニワトリ集団間で、Differentially Selected Regions (DSRs) および Gene Ontology (GO) 解析を行った。</p> <p><b>[結果]</b> 研究 1 の結果、ヤンゴンの在来鶏集団の体重が最も大きく (<math>p &lt; 0.05</math>)、この集団で商業用のブロイラー飼料を給餌している影響かもしれない。7 種類の体尺測定値間の相関係数は 0.24 から 0.80 であり (<math>p &lt; 0.01</math>)。体重と身体測定形質との相関が最も高かった (<math>R = 0.73</math>, <math>p &lt; 0.01</math>)。研究 2 では 64 種類のハプロタイプを同定し、それらは 7 種のハプログループに分類され、その大多数がハプログループ F (HF) に位置づけられた。さらに、これまでに同定された 242 個の HF 配列 (ミャンマー 79、アジア諸国・地域の寄託配列 163) を解析した結果、ミャンマーで最も高い遺伝的多様性が得られた。また、星状の MJ network 図の中心にミャンマー在来鶏とセキショクヤケイのハプロタイプが位置づけられたことから、ミャンマー在来鶏が重要な家禽遺伝資源であることを明らかにした。研究 3 では平均ヘテロ接合度からミャンマー在来鶏集団は高い遺伝的多様性を示し、集団構造解析によりミャンマー在来鶏は遺伝的に 3 集団に分けられることを明らかにした。さらに、ミャンマー闘鶏とミャンマー在来鶏間 (比較-1) で 71 か所の有意に異なる選択領域 (DSRs)、ミャンマー闘鶏とアジア在来鶏との間 (比較-2) で 152 か所の DSRs、ミャンマー在来鶏とアジア在来鶏との間 (比較-3) で 46 か所の DSRs を同定した。GO 解析の結果、比較-2 と比較-3 の DSRs で有意な GO タームが得られた。以上の結果から、ミャンマー在来鶏とその他のアジア諸国の在来鶏との間には、様々なゲノム領域で遺伝的差異が存在することを明らかにした。</p>	