

ニワトリおよびウズラにおける遺伝育種学的研究の100年

都築政起¹・後藤直樹^{1,2}¹ 広島大学大学院生物圏科学研究科, 東広島市鏡山 739-8528² (株)後藤卵場研究開発本部, 可児市下切 509-0246

キーワード: ニワトリ, ウズラ, 遺伝育種, 養鶏産業, 100年史

はじめに

1900年にメンデルの法則が再発見されて以来100有余年が経過した。この間、あらゆる生物種を対象に遺伝学的研究が大きく進展して来た。また、家畜や栽培植物に対しては育種学的研究も大きく発展してきた。本稿では、このおよそ100年間における、ニワトリおよびウズラに関する遺伝育種学的研究の変遷について概観してみたいと思う。尚、表1には、ニワトリおよびウズラの遺伝育種学研究分野において、この間に起こった主な出来事をまとめてある。

質的形質の遺伝育種学

ニワトリにおいては、メンデルの法則の再発見(1900年)から程なく、1902年には既に、“white skin”の遺伝様式が報告されている(Bateson, 1902)。また、Bateson (1902)は、同時に、“pea comb”および“rose comb”の遺伝様式についても報告している。これらの他に、1900年代の最初の10年間には、“walnut comb”(Bateson and Punnett, 1905a, 1906, 1908)、“duplex comb”(Hurst, 1905; Bateson and Punnett, 1905b, 1908)、ならびに“breda comb”(Bateson and Punnett, 1908)の遺伝様式の報告がある。この後、1910年代以降、羽装色突然変異などの形態学的突然変異をはじめ、数多くの突然変異の発見、ならびにその特性および遺伝様式に関する研究がなされて来た(Hutt, 1949; Crawford, 1990)。この種の突然変異研究は、1970年代にはまだ盛んであったが、1980年代より漸減し、1990年代および2000年代になってからはほとんどみられなくなった。

一方、ウズラに関しては、世界で初めて突然変異の報告がなされたのはニワトリよりも約40年遅く、1940年のことであった。日本人研究者による羽装突然変異「斑入り白」の報告であった(島倉, 1940)。ウズラにおいて第二の突然変異が報告されたのは第一の報告に遅れること約20年の1963年のことであり(Hill *et al.*, 1963)、この頃より、実質上のウズラ突然変異研究が始まった

と言える(Cheng and Kimura, 1990)。その後、1990年代まではウズラ突然変異の発見および研究は盛んになされたが、2000年代になるとほとんどみられなくなった(都築, 2008; Tsudzuki, 2008)。

このように、21世紀になると、ニワトリおよびウズラともに、突然変異に関する従来型の研究はほとんどみられなくなったが、1990年代後半以降、特に2000年代になると、かつて発見された突然変異の原因遺伝子そのものを分子遺伝学的に同定する研究が行われるようになった。現在、ニワトリおよびウズラ共に、Extension (MC1R) locusをはじめ数種の突然変異について、その原因遺伝子が同定されている。(村山, 2007; 都築, 2008; Tsudzuki, 2008; 織部ら, 2009)。

形態学的突然変異などの研究に加え、1960年代以降、電気泳動法の普及により、ニワトリおよびウズラの両者において、血液型、各種臓器におけるタンパク質多型、酵素多型などの生化学的形質に対する遺伝分析が多く行われるようになり、1970年代にはその最盛期を迎えた(Cheng and Kimura, 1990; Grunder, 1990; Lamont and Dietert, 1990)。この種の研究は、1980年代にはまだみられたが、1980年代後半からはその数が少なくなり、1990年代以降はほとんどみられなくなっている。尚、各種の突然変異形質ならびに生化学的変異に着目して、ニワトリおよびウズラの双方において、これまでに多くの研究用ライン・系統が造成されている(Somes, 1988; Mizutani, 2002)。

生化学的形質の多型解析が1960年代以降進んだことを受けて、1970年代後半から1990年代の始めにかけては、これらの多型に基づいて、ニワトリ品種の遺伝的変異性や遺伝的類縁関係を明らかにしようとする集団遺伝学的研究が展開されたが、1990年代を最後にその後はみられなくなった(岡林ら, 1998)。生化学的形質の多型解析にとって替わったのが、マイクロサテライトDNAの多型解析である。1990年代中期以降、マイクロサテライトDNA多型に基づいた集団遺伝学的解析が行われるようになったが、2000年代に入ってから、その数は漸増している(Osman *et al.*, 2006; Tadano *et al.*, 2008)。また、マイクロサテライトDNAの多型利用と並行して、ミトコンドリアDNAの塩基配列多型を利用した集団遺伝学的解析も行われている(Oka *et al.*, 2007; Silva *et al.*, 2009)。

2008年11月4日受付, 2009年2月18日受理

連絡者: 都築政起

〒739-8528 東広島市鏡山1-4-4

広島大学大学院生物圏科学研究科

Tel/Fax: 082-424-7950

E-mail: tsudzuki@hiroshima-u.ac.jp

表 1. ニワトリおよびウズラの遺伝育種 100 年年表

年代	事 項
1900	メンデルの法則の再発見
1902	ニワトリ突然変異の最初の報告 (Bateson, 1902)
1918	この頃, 集団遺伝学理論が登場 (Crow, 1987)
1925	肛門鑑別理論発表 (増井, 1975)
1940	ウズラ突然変異の最初の報告 (島倉, 1940)
1943	選抜指数式理論発表 (Hazel, 1943)
1948	遺伝率推定方法開発 (Lush, 1948)
1960	制限選抜指数式理論発表 (Kempthorne and Nordskog, 1960)
	1960 年代より生化学的形質の遺伝分析が盛んになる ^{1,2}
1962	初生雛輸入解禁; 日本のニワトリ育種産業の衰退が始まる
1964	世界初汎用コンピュータ発売 (IBM 社) ³
1969	羽色鑑別可能なコマーシャル鶏 (プロイラー) 登場 (Kemsley, 2008)
1973	BLUP 法総括論文発表 (Henderson, 1973)
1975	羽色鑑別可能なコマーシャル鶏 (レイヤー) 登場 (Kemsley, 2008)
1981	PC 仕様の基準となる DOS 搭載 PC 発売 (IBM 社) ³
1984	アニマルモデル理論発表 (Henderson, 1984)
	この頃より, DNA マーカー登場
1989	MA-BLUP 法理論発表 (Fernando and Grossman, 1989)
	この頃, QTL 解析法登場 (Lander and Botstein, 1989; 他)
	また, MAS の概念登場 (Lande and Thompson, 1990)
1998	ニワトリ初の QTL 論文発表 (Vallejo <i>et al.</i> , 1998; 他)
2000	ニワトリ遺伝子と染色体に関する最初の報告書がまとめられる ⁴
2004	ニワトリ (セキショクヤケイ) のゲノム塩基配列解読 ⁵

¹Cheng and Kimura, 1990.²Grunder, 1990.³IBM 社ホームページ (URL: <http://www-03.ibm.com/ibm/history/>).⁴Schmid *et al.*, 2000.⁵International Chicken Genome Sequencing Consortium, 2004.

量的形質の遺伝育種学

過去の育種法の歴史をざっと総覧してみると, 以下のようになるが, 特に, 最近のおよそ 30 年間に於いて, 特筆すべき出来事が 2 つあると思われる。1 つは, 1970 年代後半以降, Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) 法が広く認知され, その使用が広まったことであり, 他の 1 つは 1990 年代以降, マイクロサテライト DNA マーカーの開発がなされ, Quantitative Trait Locus (QTL) 解析が可能になったことである。

第一次世界大戦終結 (1918 年) 以降, Haldane, Fisher, Wright の 3 大巨人と呼ばれる研究者により, 集団遺伝学理論が発展した (Crow, 1987)。この時期において, 個体あるいは集団ごと, 形質ごとの能力を統計的に比較して選抜育種が行われ始めたが, これは選抜精度に欠けるものであった。遺伝率の高い形質 (例: 卵重) については選抜の正確度は 50% を超えるが, 遺伝率の低い形質 (例: 産卵率) に対しては 30% 程度と低い値であった (van Sambeek and Visscher, 2001)。もっとも, この時期に遺伝率の概念はなく, この概念が登場するのは, Lush (1948) がその推定方法を述べてより後のことである。また, この時期の選抜は各種の量的形質が総合的に判断されるものではなかった。

これに対し, 1940 年代になると, 各種の量的形質を総合的に評価しようとする動きが出始めた。まず, Hazel (1943) が家畜育種のための選抜指数理論を発表し, 複数の形質を総合的に評価・改良することを可能にした。この時の選抜指数式は, 指数式に盛り込んだ特定形質を一定方向に導くだけのものであったが, 後に Kempthorne and Nordskog (1960) により, 特定形質を指数式に組み込みながらも改良度を制限できる制限選抜指数式が開発された。しかし, 当時は選抜指数式の計算を手計算で行うしかなかったために, その計算には多大な労力を要していた。ところが, 1960 年代後半になるとコンピュータが登場し, 指数式の計算がそれまでよりも容易になり, 1970 年代には指数式を用いる育種法が普及した。選抜指数式による選抜の正確度は, 遺伝率の高い形質については 70% 程度, 遺伝率の低い形質に対しては 60% 程度である (van Sambeek and Visscher, 2001)。

Henderson (1973) が BLUP 法の総括を行ったのを契機に, 1970 年代後半には, 育種価予測に BLUP 法を用いることに対し関心が高まった。しかし, BLUP 法は複雑な計算を必要とするため, 当時のコンピュータを用いてもその計算 (プログラミング) には多大な労力を要した。その後, 1980 年代に入り, コンピュータ技術が飛躍的進化を遂げる一方で, BLUP 法にもいろいろと改

良がなされた。BLUP 法のなかでも、特にアニマルモデル（個体モデル）（Henderson, 1984）は、対象個体自身が記録をもっている場合の個体自身の育種価予測を可能とした。このモデルの発展により、BLUP 法がニワトリの育種改良にも受け入れられるようになり、1990 年代には各育種会社が BLUP 法を採用するようになった。また、この頃にはパーソナルコンピュータが普及し、多大な投資をしなくとも BLUP 法を導入できる環境も整っていた。それでも、BLUP 法による選抜の正確度は、遺伝率の高い形質で 80% 程度、遺伝率の低い形質においては 70% 程度であった（van Sambeek and Visscher, 2001）。

この選抜正確度の値を 90% 以上にすべく、1990 年前後に QTL 解析法が登場した（Lander and Botstein, 1989; Haley and Knott, 1992）。ニワトリで最初の QTL 解析に関する論文報告がなされたのは 1998 年のことである（Vallejo *et al.*, 1998; van Kaam *et al.*, 1998）。QTL 解析法は、DNA マーカーを用いることにより、目的とする有用遺伝子座の染色体上の位置を知る方法であるが、本法が可能になったのは、主にマイクロサテライト DNA マーカーの開発、統計理論の発展、そしてコンピュータの飛躍的発達に依っていることは言うまでもない。現在までに、ニワトリでは、約 200 の形質に關与する約 1200 の QTL が知られている（Burt, 2007）。また、ニワトリのみならず、ウズラにおいても、1990 年代末以降、マイクロサテライト DNA マーカーあるいは Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP) マーカーが開発され、それらを用いた QTL 解析の報告が 2, 3 なされている（Beaumont *et al.*, 2005; Minvielle *et al.*, 2006）。尚、これまでの QTL 解析では、マーカーの主役はマイクロサテライト DNA であったが、今後は、Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) マーカーを用いた、より詳細な解析が行われるようになると推測される。

QTL 解析を行うことにより、マーカー情報を利用した正確で効率的なマーカーアシスティッド育種（Marker Assisted Selection: MAS）が可能になる（Lande and Thompson, 1990; de Koning and Hocking, 2007）。図 1 に QTL 解析の手順を、図 2 には QTL の検出例を、また図 3 にはマーカーアシスティッド育種の例を示した。さらに、将来は、単なる QTL 解析やマーカーアシスティッド育種ばかりでなく、マーカー情報と BLUP 法を融合させた育種法（Marker Assisted Best Linear Unbiased Prediction: MA-BLUP）（Fernando and Grossman, 1989）、あるいは、QTL の染色体上の位置情報と全ゲノムシーケンシング情報に基づいた Quantitative Trait Gene (QTG) そのものの同定、ならびにその多型情報を利用した育種法などが展開されるようになるものと予測される。

性鑑別における遺伝学的应用

上述のような育種法そのものとは別に、養鶏産業においては、経済的効率追求の必要上から、初生雛における性判別が必須である。この性判別において、1930 年代以来、日本人が開発した特殊技術である「肛門鑑別法」（増井, 1975; 上野, 2003）が世界を席巻して来た。しかしながら、特殊技術であるが故に、技術者（鑑別士）の育成は容易ではなく、その雇用費は雛生産コスト上昇の

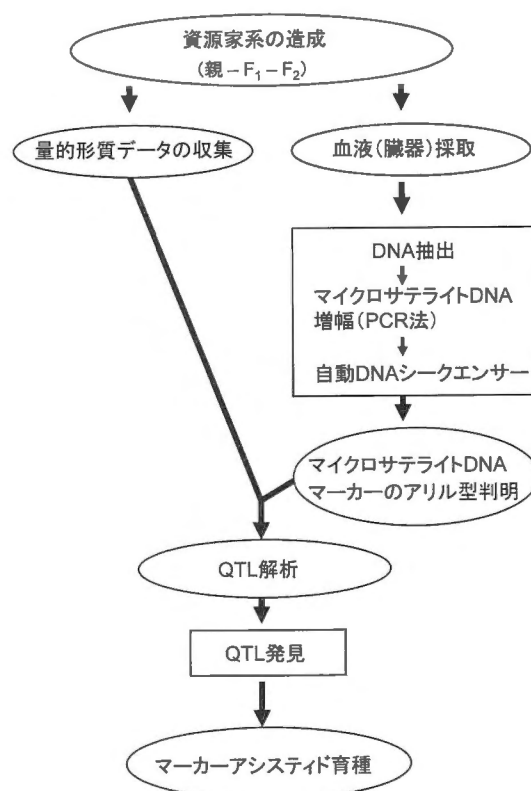


図 1. QTL 解析からマーカーアシスティッド育種へ

QTL 解析を行うためには、まず、解析用の「資源家系」が必要である。資源家系とは、親世代、 F_1 世代ならびに F_2 世代もしくは戻し交配世代から構成される 1 セットのことである。親世代の雌雄には、異なる品種もしくは同一品種内の異なる系統を用いる。品種にせよ系統にせよ、両者の遺伝的構成に出来る限り大きな差異があることが望ましい。遺伝的な差異が小さい場合には、QTL 解析が十分に行えない可能性があるためである。

資源家系の各世代の各個体から、体重や産卵率など、目的とする量的形質データを採取する（親- F_1 - F_2 世代の一連の形質データは、その形質の遺伝率を算出するために使用する。この遺伝率を用いて、検出された QTL の遺伝分散に対する寄与率を求めることができる）。また同時に、同じ個体の血液などから DNA を抽出し、PCR 法により、マイクロサテライト DNA の増幅を行う。増幅されたマイクロサテライト DNA を用い、自動 DNA シーケンサーにより、各座位のマイクロサテライト DNA のアリル型判定を行う。

量的形質データならびにマイクロサテライト DNA マーカーのアリル型データが揃えば、親世代- F_1 世代- F_2 世代が示すアリル型に矛盾がないことを確認した後、 F_2 個体の量的形質データとマイクロサテライト DNA マーカーのアリル型データをコンピュータに入力し、QTL Cartographer, Map Manager QTX など適当な QTL 解析用ソフトウェアを用いて QTL 解析を遂行する。この解析を遂行することにより、量的形質を支配している遺伝子座（すなわち QTL）の染色体上の位置を同定することができる。これは、表現を換えれば、目的とする遺伝子座（QTL）の近傍に存在するマイクロサテライト DNA マーカーを発見することができるということである。このマーカーが発見できれば、次にマーカーアシスティッド育種が可能となる。

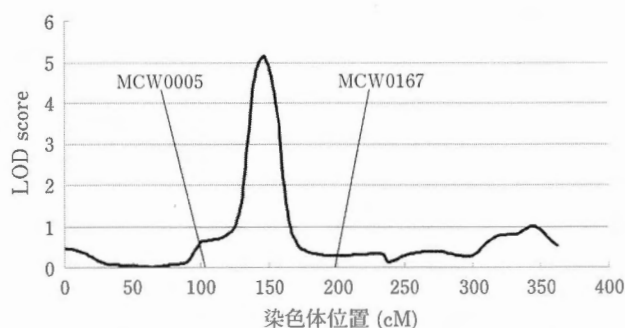


図 2. QTL 解析用ソフトウェアを用いての QTL 検出例
この図の横軸は染色体を意味する。数字は基準点からの距離を表す。縦軸は統計値である。MCW0005 および MCW0167 はマイクロサテライト DNA マーカーの名称である。波形図のピークの真下 (矢印で示した位置: 約 150 cM の位置) に QTL が存在する。換言すれば、この QTL の近くにマイクロサテライト DNA マーカー MCW0005 (約 100 cM の位置) および MCW0167 (約 200 cM の位置) が存在する。実際のマーカーアシスティッド育種を行うためには、QTL の位置にさらに近接したマーカーを発見する必要がある。

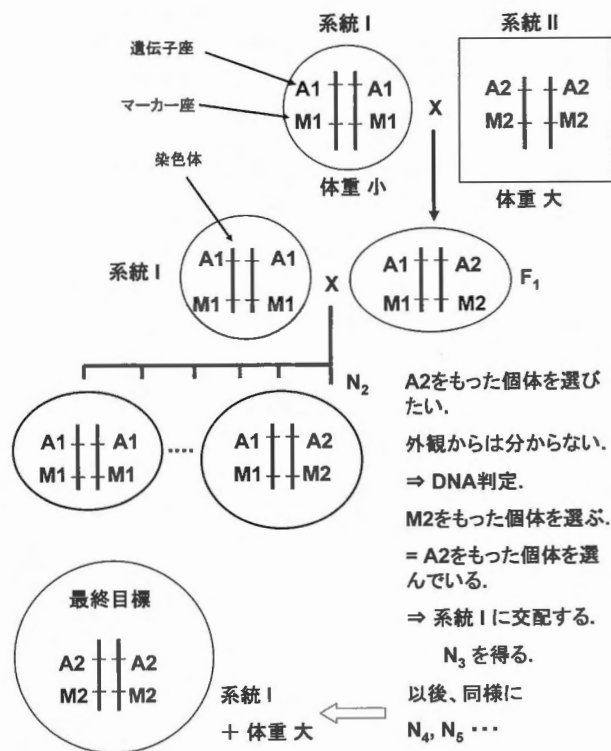


図 3. マーカーアシスティッド育種の例

QTL 解析では、目的とする遺伝子そのものの構造や一次的機能は分からないが、目的とする遺伝子 (QTL) の近傍に位置するマイクロサテライト DNA マーカー座を検出できる。マーカーアシスティッド育種では、このマーカー座をニアリーコール遺伝子座とみなし、このマーカー座に着目 (依存) して選抜育種を行う。よって、マーカーアシスティッド育種 (選抜) の名がある。図は、マーカーアシスティッド育種の

一例であるマーカーアシスティッドイントログレーション法 (有用遺伝子導入法) を示したものである。今、ニワトリの系統に I と II があったと仮定する。系統 I は、体重は小さいが、その他の形質については優れた性能をもっていると仮定する。この場合に、系統 I の体重以外の優れた形質 (性能) はそのまま保持し、かつ体重も大きい新系統を造成したい場合にどうするか、について述べる。今、系統 I の他にもう 1 つ存在する系統 II は、体重の大きな系統であったと仮定する。体重を支配している遺伝子座を A, その遺伝子座に存在する体重を小さくする遺伝子を A1, 体重を大きくする遺伝子を A2 と呼ぶことにする。また、この体重を支配している遺伝子座の極めて近傍に存在するマイクロサテライト DNA マーカー座を M と表すこととする。そして、系統 I のアレル型は M1, 系統 II のアレル型は M2 であったと仮定する。こう仮定すると、系統 I と II がもつアレル型は、それぞれ、(A1/A1, M1/M1), (A2/A2, M2/M2) ということになる。図では A 座と M 座は便宜上離して描いてあるが、実際は両者は近接しているものである。また、図をなるべく簡明にするために本図では省略してあるが、マーカーアシスティッド育種をより正確に遂行するためには、マイクロサテライト DNA マーカー座は、目的とする遺伝子座 (この図の場合は A) の両側に存在することが望ましい。その両マーカー座について、以下に述べる方法を用いてマーカーアシスティッド育種 (選抜) を行うのであるが、やはり簡明化のため、ここでは片側のマーカーについてのみ記述する。

まず、系統 I と II を交配して F₁ を得る。F₁ は両親のどちらとも異なる遺伝子構成をもち、その形質も異なってくる。A および M 座については A1/A2, M1/M2 の型をもつ。また、単純に考えた場合、F₁ 動物における A 遺伝子座以外の遺伝的背景の 50% は系統 I と同じである。この F₁ を系統 I に戻し交配し N₂ 世代を得る (一回目の戻し交配で得られた次世代を N₂ 世代と呼ぶ)。N₂ 世代動物における A 遺伝子座以外の遺伝的背景の 75% は系統 I と同じになっている。A および M 座については、A1/A1, M1/M1 の型をもった個体と A1/A2, M1/M2 の型をもった個体が分離してくる。次に行うことは、N₂ を再び系統 I へ戻し交配して N₃ 世代を得ることである。今、体重を大きくする方向へ選抜を行いたいのであるから、系統 I への戻し交配に使用する N₂ 個体は A2 遺伝子をもったものでなければならない。A1 遺伝子座は必要ない。どのような方法で A2 遺伝子をもった N₂ 個体を選ぶか。肉眼では A1 遺伝子をもっているのか A2 遺伝子をもっているのか分からない。ここでマーカーに依存する。マイクロサテライト DNA マーカーのアレル型は、PCR 法および自動 DNA シークエンサーを用いることで容易に判定できる。A2 遺伝子をもった個体を選びたいと思えば M2 アレルをもった個体を選べばよいわけである。A2 と M2 は近接しているので、M2 を選べば A2 を選んだことになる。すなわち、M2 マーカーに依存して A2 を選ぶわけである。

このようにして選んだ N₂ 個体を系統 I へ戻し交配し N₃ 世代を得る。N₃ 世代個体の A 遺伝子座以外の遺伝的背景は 87.5% が系統 I と同じになっている。また、A および M 座については N₂ 世代同様、A1/A1, M1/M1 の型をもつものと A1/A2, M1/M2 の型をもつものとが分離している。N₂ の場合と同様にして M2 (A2) をもつ N₃ 個体を選び、再び系統 I へ戻し交配を行う。得られた N₄ 個体では、A 遺伝子座以外の遺伝的背景の 93.75% が系統 I と同じになっている。A および M 座については N₂ および N₃ 世代と同様であるため、上記と同様の作業を行って N₅ 世代を得る。以後、同様にして N₆, N₇ ... 世代と得て行く。

戻し交配の回数が増えるに従って、その世代の遺伝的背景は元の系統 I の遺伝子構成に近づいて行く。A 遺伝子座については、元の系統 I とは異なる A2 遺伝子をもち続けている。換言すれば、「もともとはもっていなかった体重を大きくする遺伝子をもちながら、その他の形質（性能）はもとの系統 I のものと同じになってくる」。しかし、戻し交配を続けている限りは、A 遺伝子座の遺伝子型は A1/A2 とヘテロ型のままである。遺伝的背景が十分整ったと判断できた時点でヘテロ型個体同士の交配を行えば A2/A2 のホモ型をもった個体を得ることができる。ヘテロ型、ホモ型の判定も PCR 法および自動 DNA シークエンサーを用いることで容易にできる。このようにして、新系統造成の完成をみることができる。

上では、記述の便宜上、体重を支配している遺伝子座を 1 つと仮定して説明してきたが、体重は量的形質であるので、実際には複数の遺伝子座によって支配されている。従って、実際のマーカーアシスティッド選抜を行う場合には複数の遺伝子座（マーカー座）に同時に着目しつつ、上記の方法を遂行する必要があると考えられる。また、1 つの形質のみでなく複数の形質を支配している複数の遺伝子に関してもマーカーアシスティッド選抜を行うことも可能であると考えられる。

マーカーアシスティッドイントログレーションを行う場合、厳密に言えば、核の遺伝子の他にミトコンドリアの遺伝子も考慮に入れなければならない。また、核の中でも W 染色体については他の染色体（常染色体および Z 染色体）とは別個に考える必要がある。ミトコンドリアの遺伝子も W 染色体も全て元の系統のものと同じになった時、初めて遺伝的背景が元の系統と同じになったと言える。ミトコンドリアと W 染色体の両者を考慮に入れた、遺伝的背景の整え方についての記述は、ここでは割愛する。

以上に述べたマーカーアシスティッドイントログレーション法とは別に、次のようなマーカーアシスティッド選抜（育種）法も考えられる。今、ある程度良い性能を備えた鶏群が存在したと仮定する。しかし、体重には個体間にバラツキがあるので、大きい体重をもつ方向に鶏群全体の改良を行いたいと仮定する。体重に関与する遺伝子座、その近傍の DNA マーカー座、ならびにそれぞれがもつアリル型を、上記と同様に、A（A1 および A2 アリルが存在）、M（M1 および M2 アリルが存在）と仮定する。この場合、PCR 法および自動 DNA シークエンサーにより、M2 アリルをもつ個体を選抜（自動的に A2 アリルをもつ個体を選抜）し、選抜された個体同士を交配することにより、より大きな体重を示す鶏群を造成することができると考えられる。実際には複数の遺伝子座に対し選抜を行う必要があると考えられる点は、イントログレーション法の場合と同様である。

要因にもなった。このため、1980 年代より各育種会社は伴性遺伝子を利用した羽毛鑑別法の開発を急いだ。羽毛鑑別法には、初生時の主翼羽の長さに着目する羽性鑑別（主に白色羽装鶏とその交配種に利用）と、初生綿毛色に着目する羽色鑑別（主に褐色羽装鶏に利用）とがある。前者は遅羽性遺伝子（K）を利用し、後者では横斑遺伝子（B）もしくは銀色遺伝子（S）を利用している。2008 年現在、一部の例外を除き、レイヤーおよびブロイラーともに、コマーシャル雛の性判別には羽毛鑑別法が用いられている。

羽毛による雌雄鑑別が可能なコマーシャル雛の作成においては、その両親となる種鶏において、羽性あるいは羽色の遺伝子型が固定されていなければならない。多元交配が主流となっている産業の現場では、種鶏より更に上流に位置する原種・原々種系統鶏で既に遺伝子型の固定が図られている。近年、羽毛鑑別の精度は向上し、特に羽性鑑別法においては 99% 以上の正確度で鑑別が可能となっている（Kemsley, 2008）。しかしながら、原種・原々種系統において羽毛関連遺伝子の固定を図る場合、表現型から遺伝子型を推測するため、遺伝子型の判定には人為的な誤りが入り込む余地がある。この誤りは、コマーシャル雛における鑑別精度を下げる原因となる。

この人為的誤りを取り除き、鑑別精度を 100% とするために、育種会社では DNA 解析技術を導入しようと試みている（Greaves, 2007）。現在、遅羽性遺伝子（K）の塩基配列がほぼ明らかとなり、雄個体のもつ遅羽性遺伝子型において、ホモ型（K/K）であるかヘテロ型（K/k⁺）であるかの判定がほぼ確実に可能であるとの報告がなされている（Elferink *et al.*, 2008）。

ブランド保護・品質管理における遺伝学の応用

1962 年の初生雛輸入解禁を境に、レイヤー、ブロイラー共に海外資本由来のニワトリが漸次普及し、現在では日本市場を席巻している。その一方で、1980 年代後半からは、より美味しい卵肉を求めて、日本在来鶏を利用したニワトリづくりが各県で行われ始め、現在「特殊 JAS 地鶏」として約 70 種のもの（主に肉用鶏）が販売されている（日本食鳥協会, 2007）。その市場におけるシェアは 1% 程度と少ないが（斎藤, 2005）、一部で人気を博している。また、「特殊 JAS 地鶏」の他に、ブロイラーに対し特殊な飼養法を施した「銘柄鶏」も流通している。

特殊 JAS 地鶏におけるブランド保護あるいはブランド力向上のために、マイクロサテライト DNA マーカーを用いることにより偽ブランドの入り込みを阻止し、消費者の信頼を高めようとする動きが見られる。この DNA マーカーによる識別は、名古屋コーチンや比内地鶏において既に開始されている。しかし、識別の為に DNA マーカー探索に用いられた鶏群の偏りによる識別方法の適用範囲制限が残っている（農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所, 2005, 2006）。

一方、品質管理の側面から、採卵鶏育種会社において自社系統鶏における DNA プロファイル作成の動きが見られる（van Sambeek and Visscher, 2001 ; Fulton, 2008 ; 後藤ら, 2008）。育種会社における純系統群は長年にわたり閉鎖鶏群となっている場合が多く、各系統群は各々異なった DNA マーカーの組み合わせパターンを保持している。コマーシャル鶏は純系統群の多元交配から成り

立っているため、各ブランド商業鶏のマーカーパターンも異なる。純系統群の DNA プロファイリングが完成していれば、仮に誤った系統鶏の使用や混入が原々種・原種・種鶏の各生産ステージで起きたとしても、どの系統が誤って使用・混入されたのかトレースが可能となる (Fulton, 2008)。

また、DNA プロファイリングの精度が増すことによって、純系統鶏間のヘテロシス効果予測が可能となり、組合せ交配実験の効率化が図れる。結果、現在の数倍の速度で、新たな商業系統の作出が可能となるかもしれない。

おわりに

家禽の遺伝育種学に関し、近い過去を振り返ると、大きく言えば 1990 年代に、より細かく言えば、1995 年前後に大きなブレイクスルーがあり、その後、2000 年代に入って、各分野の研究が、新しい手法を用いて飛躍的に発展しつつあると感ぜられてならない。

謝 辞

本稿を執筆するに当たり、神戸大学大学院農学研究科・向井文雄教授 (現 社団法人全国和牛登録協会会長) ならびに京都産業大学大学院工学研究科・野村哲郎教授に多くのご教示を戴いた。また、雌雄鑑別士・砂橋 猛氏にも多くのご助言を戴いた。ここに記して感謝の意を表する。

引用文献

- Bateson W. Experiments with poultry. Reports of the Evolution Committee of the Royal Society of London, I : 87-124. 1902.
- Bateson W and Punnett RC. A suggestion as to the nature of the "walnut" bomb in fowls. Proceedings of the Cambridge Philosophy Society, 13 : 165-168. 1905a.
- Bateson W and Punnett RC. Experimental studies in the physiology of heredity. Poultry. Reports of the Evolution Committee of the Royal Society of London, II : 99-119. 1905b.
- Bateson W and Punnett RC. Experimental studies in the physiology of heredity. Poultry. Reports of the Evolution Committee of the Royal Society of London, III : 11-30. 1906.
- Bateson W and Punnett RC. Experimental studies in the physiology of heredity. Poultry. Reports of the Evolution Committee of the Royal Society of London, IV : 18-35. 1908.
- Beaumont C, Roussot O, Feve K, Vignoles F, Leroux S, Pitel F, Faure JM, Mills AD, Guemene D, Sellier N, Mignon-Grasteau S, Le Roy P and Vignal A. A genome scan with AFLP markers to detect fearfulness-related QTLs in Japanese quail. Animal Genetics, 36 : 401-407. 2005.
- Burt DW. Emergence of the chicken as a model organism : implications for agriculture and biology. Poultry Science, 86 : 1460-1471. 2007.
- Cheng KM and Kimura M. Mutations and major variants in Japanese quail. In : Poultry Breeding and Genetics (Crawford RD ed.). pp.333-362. Elsevier. Amsterdam. 1990.
- Crawford RD. Poultry Breeding and Genetics. Elsevier. Amsterdam. 1990.

- Crow JF. Population genetics history : A personal view. Annual Reviews Genetics 21 : 1-22. 1987.
- de Koning D-J and Hocking PM. Marker-assisted selection in poultry. In : Marker-Assisted Selection (Guimarães EP, Ruane J, Scherf BD, Sonnino A and Dargie JD eds.). pp. 186-198. FAO of the UN. Rome. 2007.
- Elferink M, Vallee A, Jungerius A, Crooijmans R, and Groenen M. Partial duplication of the *PRLR* and *SPEF2* genes at the late feathering locus in chicken. BMC Genomics, 9 : 391. 2008.
- Fernando RL and Grossman M. Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. Genetics Selection Evolution, 21 : 467-477. 1989.
- Fulton J. Molecular genetics in a modern poultry breeding organization. World's Poultry Science Journal, 64 : 171-176. 2008.
- 後藤直樹・只野 亮・都築政起. 実用採卵鶏 QTL 解析用家系の親世代における遺伝的変異性ならびに遺伝的類縁度. 日本家禽学会誌, 45 (秋季大会号) : 3. 2008.
- Greaves J. ハイライン鶏育種改良の方向—高度な採卵鶏遺伝子の先導. 鶏鳴新聞, 3 月 25 日号. 2008.
- Grunder AA. Genetics of biochemical variants in chickens. In : Poultry Breeding and Genetics (Crawford RD ed.). pp. 239-255. Elsevier. Amsterdam. 1990.
- Haley CS and Knott SA. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. Heredity, 69 : 315-324. 1992.
- Hazel LN. The genetic basis for constructing selection index. Genetics, 28 : 476-490. 1943.
- Henderson CR. Sire evaluation and genetic trends. In : Proceedings of Animal Breeding and Genetics Symposium. pp. 10-41. American Society of Animal Science and American Dairy Science Association. Champaign, Illinois. 1973.
- Henderson CR. Application of Liner Models in Animal Breeding. University of Guelph Press. Guelph, Ontario. 1984.
- Hill WG, Lloyd GL and Abplanalp H. Micromelia in Japanese quail : an embryonic lethal mutant. The Journal of Heredity, 54 : 188-190. 1963.
- Hurst CC. Experiments with poultry. Reports of the Evolution Committee of the Royal Society of London, II : 131-154. 1905.
- Hutt FB. Genetics of the Fowl. Norton Creek Press. Blodgett, Oregon. 1949.
- International Chicken genome Sequencing Consortium. Sequence and Comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. Nature, 432 : 695-716. 2004.
- Kempthorne O and Nordskog AW. Restricted selection indices. Biometrics, 15 : 10-19. 1960.
- Kemsley M. Chicken sexing. The State of Queensland (Department of Primary Industries and Fisheries). URL : http://www.dpi.qld.gov.au/cps/rde/dpi/hs.xml/27_2712_ENA_HTML.htm (Last reviewed : 01 December 2008.)
- Lamont SJ and Dietert RR. Immunogenetics. In : Poultry Breeding and Genetics (Crawford RD ed.). pp. 497-541. Elsevier. Amsterdam. 1990.
- Lande R and Thompson R. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. Genetics, 124 : 743-756. 1990.

- Lander ES and Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative trait using RFLP linkage maps. *Genetics*, 121 : 185-199. 1989.
- Lush JL. *The Genetics of Population*. Department of Animal Science, Iowa State University. Ames, Iowa. 1948.
- 増井 清. 鶏の性と雌雄鑑別の研究. 日本中央競馬会弘済会. 東京. 1975.
- Minvielle F, Kayang BB, Inoue-Murayama M, Miwa M, Vignal A, Gourichon D, Neau A, Monvoisin J-L and Ito S. Search for QTL affecting the shape of the egg laying curve of the Japanese quail. *BMC Genetics*, 7 : 26. 2006.
- Mizutani M. Establishment of inbred strains of chicken and Japanese quail and their potential as animal models. *Experimental Animals*, 51 : 417-429. 2002.
- 村山美穂. 鳥類の羽毛色を制御する遺伝子. *動物遺伝育種研究*, 35 : 77-82. 2007.
- 日本食鳥協会. 国産銘柄鶏ガイドブック. 全国食鳥新聞社. 東京. 2007.
- 農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所. 名古屋コーチンの DNA 識別法の開発に成功. In : 農林水産研究情報総合案内 (2005). URL : http://www.affrc.go.jp/ja/news_event/press/2005/060324
- 農林水産省農林水産技術会議事務局筑波事務所. 比内地鶏の DNA 識別方法. In : 農林水産研究情報総合案内 (2006). URL : http://www.affrc.go.jp/ja/research/seika/data_nilgs/h18/ch06008
- Oka T, Ino Y, Nomura K, Kawashima S, Kuwayama T, Hanada H, Amano T, Takada M, Takahata N, Hayashi Y and Akishinonomiya F. Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. *Animal Genetics*, 38 : 287-293. 2007.
- 岡林寿人・神谷信一郎・田名部雄一. 血液タンパク質多型に基づく日本鶏品種間の類縁関係. *日本家禽学会誌*, 35 : 173-181. 1998.
- 織部恵莉・吉原千尋・高橋純夫・竹内 栄. 鳥類におけるメラニンを用いた体色発現システムの分子機構. *比較生理生化学*, 26 : 3-11. 2009.
- Osman SAM, Sekino M, Nishihata A, Kobayashi Y, Takenaka W, Kinoshita K, Kuwayama T, Nishibori M, Yamamoto Y and Tsudzuki M. The genetic variability and relationships of Japanese and foreign chickens assessed by microsatellite DNA profiling. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 19 : 1369-1378. 2006.
- 斎藤 修. 地鶏をめぐるブランド化と管理の課題. 平成 16 年度ビジネス・サポート事業報告書①. 76-88 頁. 社団法人日本アグリビジネスセンター. 東京. 2005.
- Schmid M, Nanda I, Guttenbach M, Steinlein C, Hoehn H *et al*. First report on chicken genes and chromosomes 2000. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 90 : 169-218. 2000.
- Silva P, Guan X, Ho-Shing O, Jones J, Xu J, Hui D, Notter D and Smith E. Mitochondrial DNA-based analysis of genetic variation and relatedness among Sri Lankan indigenous chickens and the Ceylon junglefowl (*Gallus lafayetti*). *Animal Genetics*, 40 : 1-9. 2009.
- 島倉亨次郎. ウズラの遺伝研究 I. 羽装の単純メンデル式常染色体性劣性形質「斑入り白」. *遺伝学雑誌*, 16 : 106-112. 1940.
- Somes RG, Jr. *International Registry of Poultry Genetic Stocks*. Storrs Agricultural Experiment Station, The University of Connecticut. Storrs, Connecticut. 1988.
- Tadano R, Nishibori M, Imamura Y, Matsuzaki M, Kinoshita K, Mizutani M, Namikawa T and Tsudzuki M. High genetic divergence in miniature breeds of Japanese native chickens compared to Red Junglefowl, as revealed by microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 39 : 71-78. 2008.
- Tsudzuki M. Mutations of Japanese quail (*Coturnix japonica*) and recent advances of molecular genetics for this species. *The Journal of Poultry Science*, 45 : 159-179. 2008.
- 都築政起. ウズラ (*Coturnix japonica*) の突然変異研究 70 年. *動物遺伝育種研究*, 36 : 137-155. 2008.
- 上野樺男. 初生雛雌雄鑑別技術発達史. 畜産技術協会. 東京. 2003.
- Vallejo RL, Bacon LD, Liu H-C, Witter RL, Groenen MAM and Hillel J, Cheng HH. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting susceptibility to Marek's disease virus induced tumors in F₂ intercross chickens. *Genetics*, 148 : 349-360. 1998.
- van Kaam JBCHM, van Arendonk JAM, Groenen MAM, Bovenhuis H, Vereijken ALJ, Crooijmans RPMA, van der Poel JJ and Veenendaal A. Whole genome scan for quantitative trait loci affecting body weight in chickens using a three generation design. *Livestock Production Science*, 54 : 133-150. 1998.
- van Sambeek F and Visscher J. HPB Breeding Program 2001 ver. 010401. Hendrix Poultry Breeders BV. Boxmeer, Netherlands. 2001.