

論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称	博 士 (学 術)	氏名	MOHAMMAD IBRAHIM HAQANI
学位授与の要件	学位規則第4条第①・2項該当		
論 文 題 目 Identification of Quantitative Trait Loci (QTL) for Production Traits in Japanese Quail (<i>Coturnix japonica</i>) 「ウズラ(<i>Coturnix japonica</i>)の生産形質に関する量的形質遺伝子座の同定」			
論文審査担当者			
主 査	教 授	都築 政起	
審査委員	教 授	吉村 幸則	
審査委員	教 授	西堀 正英	
審査委員	准教授	河上 眞一	
審査委員	助 教	中村 隼明	
〔論文審査の要旨〕			
<p>本論文は、ウズラの大型 (LS) 系統と通常サイズ (NS) 系統を用いて、その成長関連形質 (体重および成長曲線) ならびに卵関連形質 (初生日齢、卵重・卵サイズなどの卵外部形質、および卵黄重・卵黄色などの卵内部形質) の調査を行うと共に、両形質に関し quantitative trait loci (QTL)解析を行って、両形質の発現に関与している遺伝子座を検出したものである。</p> <p>第1章では、研究界および産業界双方におけるウズラの有用性、近年の次世代 DNA シークエンサーを用いた DNA 解析技術の進歩、ならびにこれらを踏まえた、本研究を行うに至った背景が述べられていた。</p> <p>第2章では、LS、NS および両者の正逆 F₁ を用いて生後 16 週齢までの体重が測定され、これをもとに各種成長曲線の適合度の試験がなされていた。その結果、ウズラの体重成長を説明するためには、Gompertz および Richards モデルが最適であることが明らかにされていた。さらに、親世代および正逆 F₁ 世代の体重成長を比較することにより、F₁ 世代の体重成長は親世代の雄から遺伝的影響を受けることも示唆されていた。ウズラの成長曲線に関し、正逆 F₁ 世代を用いて親世代との比較を行った研究は初の試みであり、高く評価できる。</p>			

第3章では、LSおよびNSのF₂世代を用いて体重および成長曲線パラメーターに関するQTL解析を遂行し、19の形質に関与する11の主効果QTLならびに2つの相互作用QTLを発見していた。特に、成長曲線パラメーター(a、IP_TおよびIP_W)に関与するQTLの発見はウズラにおいて初のものであり、高く評価できる。さらに、本解析には、restriction-site associated sequencing (RAD-seq)によって開発された single nucleotide polymorphism (SNP)マーカーが使用されていたが、この点も斬新であり高く評価できる。

第4章では、第3章と同じ手法により、11の卵関連形質(初産日齢、卵重量、卵サイズ、卵黄重量、卵黄色、卵白重量など)に関与する11の主効果QTLを発見していた。ウズラの卵関連形質に関するQTL解析において、RAD-seqに基づくSNPマーカーを用いたのは本研究が初と思われ、斬新であるため、多くのQTLを発見し得たことと併せ、やはり高く評価できる。

第5章と6章は、それぞれ総合考察と総合要約であり、本研究結果が今後のウズラの研究界および産業界双方の発展に寄与できることが結論付けられていた。

以上、審査の結果、本論文の著者は博士(学術)の学位を授与される資格があるものと認められる。