

## ● 原著論文 ●

## ニホンウズラ *Mhc* (*Coja*) 領域における 多型マーカーの設定

細道 一善<sup>1)</sup>, 椎名 隆<sup>2)</sup>, 清水 佐良子<sup>2)</sup>, 原 ひろみ<sup>1)</sup>, 吉田 豊<sup>1)</sup>, 猪子 英俊<sup>2)</sup>, 半澤 恵<sup>1)</sup>

- 
- 1) 東京農業大学農学部家畜生理学研究室
  - 2) 東海大学医学部基礎医学系分子生命科学

(平成 16 年 10 月 20 日受付)

**要約:** 本研究では、まず血漿 IgG 濃度の高低両選抜系統 (HTUA 系および LTUA 系) から任意に選抜した計 6 個体を供試して、ニホンウズラ *Mhc* (*Coja*) 領域に位置する 3 箇所の繰り返し多型ならびに *Coja-DMB2* と *Coja-B1* に計 3 箇所の SNP 多型を同定し、次いでこれら 6 箇所の多型マーカーについて、両系統、計 39 個体を用いて多型解析ならびにハプロタイプ解析をおこなった。その結果、11 種類の *Coja* ハプロタイプが推定され、そのうちの *Coja* ハプロタイプ 2, 3 および 10 の多型頻度は両系統間にて有意差はないが差異は認められた。

**キーワード:** ニホンウズラ *Mhc*, 多型マーカー, ハプロタイプ

## Development of polymorphic Genetic Markers in the Quail *Mhc (Coja)* Region

Kazuyoshi Hosomichi<sup>1)</sup>, Takashi Shiina<sup>2)</sup>, Sayako Shimizu<sup>2)</sup>, Hiromi Hara<sup>1)</sup>, Yutaka Yoshida<sup>1)</sup>, Hidetoshi Inoko<sup>2)</sup> and Kei Hanzawa<sup>1,3)</sup>

- 1) Laboratory of Animal Physiology, Faculty of Agriculture, Tokyo University of Agriculture, 1737 Funako, Atsugi, Kanagawa 243-0034, Japan
- 2) Department of Genetic Information, Division of Molecular Life Science, Tokai University School of Medicine, Bohseidai, Isehara, Kanagawa 259-1193, Japan
- 3) Corresponding author: Kei Hanzawa (Phone +81 462 70 6567, Fax +81 462 70 6569, E-mail: khanzawa@nodai.ac.jp)

**Abstract:** In this research, three polymorphic repetitive sequences and three SNPs in the *Coja-DMB2* and *Coja-B* genes were identified in the quail *Mhc (Coja)* region using a total of six quails derived from two lines (HTUA and LTUA lines), which were selected by plasma IgG concentration. Subsequently, polymorphism and haplotype analyses were performed on these five polymorphic markers using 39 individuals of both lines. As a result, 11 kind of *Coja* haplotypes were predicted. Especially, from the frequencies of *Coja* haplotypes the haplotype 2, 3 and 10 have difference ( $P = 0.028$ ) between both lines.

**Keywords:** Quail *Mhc*, SNPs, polymorphic repetitive sequence, haplotype