

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		生体保全に向けたニホンザルの遺伝学的背景の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Population genetic study of Japanese macaques by polymorphic DNA makers			
研究氏 代表名 者	カナ CC	姓)オウミ	名)トシノリ	研究期間 B	2008 ~ 2009 年
	漢字 CB	近江	俊徳	報告年度 YR	2010 年
	ローマ字 CZ	OMI	TOSHINORI	研究機関名	日本獣医生命科学大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		日本獣医生命科学大学 獣医学部 獣医保健看護学科 准教授			
<p>概要 EA</p> <p>本研究課題は現在の森林環境における野生動物の保護や管理、あるいはニホンザル集団の多様性など野生動物を取りまく環境研究の新たなアプローチとして分子遺伝学的手法により地域特異的なニホンザル集団の遺伝学的背景を解明することを目指している。今回我々は 1)ニホンザルゲノムバンク構築、2)DNA 性別判定、3)mtDNA コントロール領域のハプロタイプ解析(母系解析)、4)新規 Y 染色体特異的 STR 遺伝子座の同定(父系解析)などを実施した。その結果、1)日本獣医生命科学大学野生動物教育研究機構と福島市および新福島農業協同組合の研究協力協定に基づき、2008 年 5 月より 2010 年 4 月までに収集した 460 個体の組織標本を基に地域特異的なニホンザルゲノムバンクを構築した(2010 年 9 月現在 290 検体)。2)DNA 試料の検定として Morrill ら (Am J Primatol 2008) の方法に準じアメロゲニン遺伝子による DNA 性別判定法を実施した結果、遺伝子の増幅が確認されかつ性別は剖検および外貌データと一致した(解析検体 290 個体)。3)Kawamoto ら (Primate 2007) の方法に準じ、シークエンス解析を行い mtDNA コントロール領域のハプロタイプ解析を行った。その結果、これまで 16 地域で捕獲された 286 個体の解析が終了し、そのうち 284 例は JN01 型が検出され、mtDNA ハプロタイプ解析の多様性は極めて小さいことが明らかになった(1.4%) (近江ら、DNA 多型 Vol 18、2010 年 5 月)。また、福島市の集団としては初めて JN03 型(雄 1 個体)および JN04 型(雌 1 個体)が検出された。4)ヒト Y-STR 座位 80 種類を用いて、ニホンザルにおける雄特異的マーカー探索を行った結果、Y 染色体の多様性解析に利用可能な Y-STR 2 座位を同定した。現在まで 2 座位によるハプロタイプ解析法を開発し、本集団には少なくとも 7 つ以上の異なる Y 染色体 DNA 多型が存在する事を明らかとした(近江ら、第 150 回日本獣医学会学術集会、2010 年 9 月 16 日)。以上の結果は、今後ニホンザル集団の形成・維持・分裂過程などを理解する上において重要な知見と考える。</p>					
キーワード FA	ニホンザル	DNA 多型	生態保全	遺伝的モニタリング	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}	日本 DNA 多型学会編 共著 近江俊徳 他							
	書名 ^{HC}	DNA 多型 Vol.18 (分担) 福島市に生息するニホンザルのmtDNA ハプロタイプ解析							
	出版者 ^{HB}	東洋書店	発行年 ^{HD}	2	0	0	8	総ページ ^{HE}	305 (pp44-46)
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

To elucidate genetic characterization of Japanese macaques (*Macaca fuscata*), we investigated a mother-line ancestry marker of the 412-bp partial mtDNA control region sequence and also developed a new a father-line ancestry genetic marker of Y chromosomal short tandem repeat loci. We collected liver tissues and/or muscle tissue from 460 individuals in wild population originated from Fukushima city. These samples were collected based on the research agreement between Center for Wild Conservation and Management in Nippon Veterinary and Life Science University and New Fukushima Japan Agricultural Cooperatives. 1) Genomic DNA was extracted by the conventional phenol-chloroform method from 290 individuals as of September, 2009. 2) DNA samples were determined the sex by PCR analysis using Amelogenin gene. 3) A total of 284 DNA sample were sequenced the 412-bp partial mtDNA control region. JN01 haploype was observed in 284 individuals. Two haplotypes (JN03 and JN04) was only found in two individuals. The genetic diversity rate was 1.4%, which suggested that the present population was formed with very low genetic diversity. 4) The species specificity of 80 human Y chromosome short tandem repeat loci was examined in Japanese macaques. Five different loci only yielded an amplification product from male sample (N=5). Sequence analysis showed that 2 loci were revealed as a Y-STR and polymorphic genetic marker. New method using Y-STR haplotype analysis from 2 loci divided 7 haplotypes in 21 male samples. These data showed that the Y-STR haplotype analysis presented here was useful for father-line ancestry genetic markers.