

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		分子遺伝学的手法による琉球イノシシ集団の家畜豚移入識別マーカーの開発と多様性評価			
研究テーマ (欧文) AZ		Development of discriminating markers of genetic introgressions from domestic pigs to Ryukyu wild boar population and evaluation of genetic diversities in these populations using molecular genetic techniques			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓)ミゾグチ	名)ヤスシ	研究期間 B	2012 ~ 2013 年
	漢字 CB	溝口	康	報告年度 YR	2014 年
	ローマ字 CZ	Mizoguchi	Yasushi	研究機関名	明治大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		溝口 康 明治大学 専任講師			
<p>概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)</p> <p>リュウキュウイノシシ (RWB) は、琉球列島に属する西表島・石垣島・沖縄本島・徳之島・奄美群島に生息している。本研究は、RWB が生息している全島を対象とし、1)家畜豚移入識別マーカーの開発を目指して、毛色や増体に関連しているメラノコルチン受容体 4 遺伝子 (MC4R) 多型 (c.1426 G>A) 解析と、2)各島嶼集団における遺伝的多様性評価を実施した。解析対象 RWB は、西表島 (130 頭)・石垣島 (20 頭)・沖縄本島 (47 頭)・徳之島 (36 頭)・奄美群島 (66 頭) を、比較対照は九州地方のニホンイノシシ (21 頭)・家畜豚 (114 頭) を用いた。MC4R 多型解析により遺伝子型頻度を算出した。ミトコンドリア DNA D-loop 領域 (596bp) 多型を用いて系統樹を作成し、マイクロサテライト (MS) 23 種を用いた多型解析により、遺伝的多様性の指標の算出及び STRUCTURE 解析を実施した。MC4R 多型解析の結果、5.4%の西表島 RWB 個体が A アリルを保持しており、これらの個体は家畜豚からの遺伝的移入を示唆した。系統樹解析の結果、西表島 6 種・石垣島 2 種・沖縄本島 4 種・徳之島 5 種・奄美群島 3 種のハプロタイプ (HT) で構成されていた。西表島 2 種・沖縄本島 1 種の HT は家畜豚 HT と、徳之島 1 種は本州のニホンイノシシ HT と同一であったことから、これらの島内において交雑が起こっていたことを示唆した。それ以外の HT は各島間で共通しなかったことから、各島嶼集団の遺伝特性は異なると考察した。MS を用いた HWE 検定の結果、全島で HWE からの逸脱がみられ (P<0.05)、Fis 値は全島で正の値を示したことから、近親交配が進行していると考察した。Fst 値は、西表島-石垣島間 (0.241) で最も低く、石垣島-奄美群島間 (0.614) で最も高かった。STRUCTURE 解析の結果、各島間で独立したクラスターを形成した。以上のことから、各島間の RWB 集団は遺伝子流動が少なく、各島で独自に分化してきたと考察した。</p>					
キーワード FA	マイクロサテライトマーカー	ミトコンドリア DNA	メラノコルチン受容体4遺伝子	リュウキュウイノシシ	

(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}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
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

We investigated the genetic diversity of the Ryukyu wild boar (RWB) population on the Ryukyu Archipelago using a combination of mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region (596 bp) polymorphisms and 23 microsatellite (MS) markers. And also, we aimed to develop a new genetic marker to identify crossbreeding between domestic pigs to wild boars. To achieve this we examined melanocortin-4 receptor (MC4R) gene variations (c.1426 G>A). RWBs (n = 299) were collected from five islands on the Ryukyu Archipelago and compared with reference samples of 21 Japanese wild boar (JWB) inhabiting the Kyusyu area and 114 domestic pigs. The frequency of the A allele of MC4R c.1426 G>A on Iriomote populations had 0.031. The phylogenetic tree had two main branches: the wild boar group and domestic lineage. We used 23 microsatellite marker polymorphisms to elucidate the genetic diversity, differentiation, and structures of the RWB populations and domestic pig populations. The heterozygosity values of each RWB groups were lower than those of the JWB and European domestic groups. The RWB population on Ishigaki had a lower heterozygous deficiency index ($F_{IS} = 0.196$) than the other populations, indicating that this population was more inbred. There was a large genetic distance ($F_{ST} = 0.56$) between RWB populations on Ishigaki and Amami. Structure analysis using the 23 MS markers revealed that several RWBs had an admixture pattern between RWB and domesticated pig breeds, which was similar to the results by mtDNA analysis.