

氏名	田原 岳
学位(専攻分野の名称)	博士(畜産学)
学位記番号	甲第797号
学位授与の日付	令和2年3月21日
学位論文題目	合成系統豚トウキョウ X の遺伝学的研究
論文審査委員	主査 教授・農学博士 野村 こう 教授・博士(農学) 半澤 恵 准教授・博士(理学) 米澤 隆 弘 博士(農学) 小林 栄 治* 農学博士 古川 力**

論文内容の要旨

トウキョウ X はデュロック種、鹿児島バークシャー種、英国バークシャー種、北京黒豚の4品種・系統を基礎豚として系統造成された日本初の合成系統豚である。系統造成された集団において、血統管理による遺伝的斉一性を高めつつある反面、小規模集団による閉鎖群育種を行っているために、遺伝的多様性の低下による近交退化が懸念される。現在、血統管理による系統の維持が行われているが、血統情報からは遺伝的浮動を評価することができないことから、DNA レベルでの調査が必要である。

本研究ではまずトウキョウ X の遺伝的多様性および集団構造を評価した。次に、トウキョウ X において基礎豚として北京黒豚が用いられているが、中国豚がトウキョウ X のゲノムにどの程度寄与したのかを明らかにした。さらに、トウキョウ X の遺伝的多様性および遺伝的構成の年次推移を DNA レベルで推定することで、血統情報に基づく統計遺伝学的解析の効率性を評価した。これらの調査により、トウキョウ X の遺伝学的な基礎情報を解明することで、他品種・系統との遺伝的類縁関係や遺伝学的構成を明らかにした。

まず、トウキョウ X の系統的な位置づけと遺伝的多様性、集団構造を明らかにすることを目的として、マイクロサテライト DNA に基づく解析を行った。品種・系統間の遺伝的関係および遺伝的集団構造の解析のいずれにおいても、トウキョウ X はヨーロッパ系群の一つの集団を構成し、中国系群とは遺伝的に離れていること、ヨーロッパ系群のなかではデュロック種およびバークシャー種の影響を強く受けていることが示された。トウキョウ X における遺伝的多様性指標は、ヨーロッパ系豚と同程度の値を示し、中国系豚よりも高い水準であった。また、トウキョウ X 集団内における F_{IS} 値はほぼ 0 であり、トウキョウ X は分集団化が回避されていることが示唆された。更に、血統情報をもとに推定した基礎豚の遺伝的寄与率でも遺伝的斉一性が向上していることが示唆されている。

*農研機構畜産研究部門 有用遺伝子ユニット長

**ヤマザキ動物看護大学 教授

前述したように、トウキョウ X は系統遺伝学的解析からヨーロッパ系群に含まれており、ヨーロッパ系群のなかでもデュロック種およびパークシャー種の影響を強く受けていることが示された。系統遺伝学的解析では、中国豚からの痕跡を発見することが出来なかったが、トウキョウ X の基礎集団には北京黒豚が使用されており、中国在来豚のゲノムが寄与していると考えられた。そこで、トウキョウ X に寄与した中国在来豚のゲノムを探索すべく、常染色体、Y 染色体およびミトコンドリアの DNA マーカーを用いて DIYABC による集団遺伝学的解析を行った。その結果、トウキョウ X はヨーロッパ系豚、特にデュロック種およびパークシャー種に由来することが明らかになった。また、トウキョウ X において中国在来豚からの遺伝的貢献を示した証拠は検出されなかった。このことは、トウキョウ X が造成された繁殖歴と矛盾するよう見えるが、北京黒豚の造成にパークシャー種が深く関わっており、北京黒豚が何世代にも渡って改良されることにより、北京黒豚のゲノムがヨーロッパ系豚のゲノム、特にパークシャー種によってほぼ完全に置き換えられていた可能性が考えられる。一方では、毛色の多様性を制御している *MC1R* 遺伝子において中国在来豚からトウキョウ X への直接的な遺伝的寄与を示唆する進化シナリオを支持する結果となった。これは、北京黒豚の改良過程でアジアのプロタイプである黒の毛色を固定するために積極的に選抜された可能性が考えられる。

トウキョウ X は 22 年間維持されており、認定集団から遺伝的多様性および遺伝的構成が変化している可能性が考えられる。これまで、血統情報に基づく統計遺伝学的解析が行われてきたが、遺伝的浮動の影響を考慮していないために正確な遺伝的多様性および遺伝的構成が世代を通して閉鎖群小集団においてどのように変化するかを評価することは困難である。そこで、トウキョウ X の遺伝的多様性および遺伝的構成の年次推移をゲノムから推定し、血統情報に基づく統計移転学的解析の効率性を評価した。マイクロサテライト DNA を用いて年次ごとに遺伝的多様性指標を算出したところ、維持に移行してからも遺伝的多様性を維持していることが確認された。次に、遺伝的構成の推移を評価するために系統遺伝学的解析を行ったところ、年次順にコホートが一方に推移していることが確認され、遺伝的構成が年々、徐々にではあるが変化してきていることが示された。また、このような遺伝的分化がどの程度、どのように推移しているのかを年次別のコホートによって評価したところ、遺伝的分化は初期段階で大きく進行し、その後緩やかではあるが、確実に認定集団から分化していることが示された。また、これらの結果と血統情報に基づく基礎豚の遺伝的寄与率変動係数を比較したところ、有意に相関があることが示された。このことから、血統情報が利用可能である場合には、小規模の閉鎖群集団の遺伝的分化を評価する際には、遺伝的寄与率変動係数が有効な手段であることが示された。また、トウキョウ X の維持において起こった淘汰・選抜を検出するために遺伝的分化を算出した。その結果、マイクロサテライト 30 座位の内、2 つの遺伝子座において他の遺伝子座より有意に大きい値が算出され、これら 2 つは

共に6番染色体上に位置することが確認された。トウキョウ X では、6番染色体上に存在する *RYR1* 遺伝子において過去に淘汰を行っており、そのことによる影響の可能性は十分に考えられる。また、今回マイクロサテライトにおいて特定の遺伝子座で大きな差異が確認されたのに対して、ミトコンドリア DNA および *MC1R* 遺伝子において遺伝的分化は小さい値を示した。毛色において、トウキョウ X は選抜や固定を行っていないとされている。仮に、選抜や固定を行っていないならば遺伝的分化においてバラツキが生じ、遺伝的分化は高い値を示すと考えられるが、今回検出された遺伝的分化は小さな値で維持されていることから無意識での人為的な選抜が行われていた可能性が示された。また、ミトコンドリア DNA における全ての遺伝子座の中で最も小さな値を示したことから、トウキョウ X は遺伝的多様性の維持と近交係数の抑制という方針のもとで交配が行われてきた努力によって、世代を通してミトコンドリア DNA の遺伝的分化は小さくなっている可能性が考えられる。

これらのことにより、合成系統豚トウキョウ X において行われている近交係数の上昇を抑制する組み合わせで実施している交配様式が有効に機能していると言えるが、系統造成や系統維持のために年々遺伝的多様性が減少し、集団内の構成の変化は避けられないと考えられる。従って、将来的には維持集団の遺伝的多様性の変化や認定集団からの構成の逸脱を抑制するために、現在行われている血統情報だけでなく DNA マーカーの情報も考慮して交配計画を立てていく必要があると提言する。

審査報告概要

家畜において小規模集団で閉鎖群育種を行う場合、血統情報をもとに遺伝的浮動の影響を評価することは困難である。本研究では血統情報で管理されている小規模閉鎖育種集団であるトウキョウ X について DNA レベルで遺伝的構成や多様性を明らかにし、遺伝的特性の再評価を行った。トウキョウ X は血統情報によればデュロック種、パークシャー種および北京黒豚を基礎豚とした合成系統豚であるが、DNA 情報からは中国豚の遺伝的貢献は検出されなかった。また系統造成後 20 年以上遺伝的多様性を維持しているが、認定集団から遺伝的に分化しており、この結果は血統情報に基づく基礎豚の遺伝的寄与率変動係数と有意な相関を示した。すなわち血統情報をもとに近交係数の上昇を抑制する交配様式はトウキョウ X において有効に機能しているが、遺伝的浮動による遺伝的構成や多様性の変化を抑制するために DNA 情報を考慮する必要性が示唆された。審査員一同はこれらの知見を学術的に価値あるものと認め、博士(畜産学)の学位を授与するに値すると判断した。