

要旨

学 位 論 文 要 旨	
氏 名	MOE LWIN
題 目	STUDY ON GENETIC DIVERSITY OF MYANMAR CATTLE BREEDS ミャンマー在来牛における遺伝的多様性に関する研究
<p>本研究では、d-loopの塩基配列、高密度SNPアレイを用いた常染色体SNPやY染色体上のSNP解析、次世代シーケンサーを用いたRad-seq解析といった3つの分子遺伝学的手法を用いて、ミャンマーで一般的な4種の地方種（Pya、Shw、ShaとNgw）の遺伝的多様性や集団構造やそれらの関係を明らかにした。また、体型測定値を品種間や交雑種と比較し、形質と有意に関連するSNPsの頻度も明らかにした。</p> <p>4地方種とヨーロッパウシ（<i>Bos taurus</i>）との交雑集団との間で体尺測定値（体長・体高・胸囲）を比較した。成体雌で比較した結果、平均体尺測定値（cm）は、Shan Ngwar Puの105.67 ±4.12, 100.33 ±4.97, 126.11 ±6.09から交雑集団の128.38 ±8.29, 126.85 ±5.64, 173.30 ±8.55までに及び、交雑牛が地方種よりも有意に大きく、体の大きな改良種の利用の効果が認められた。また、4地方種の中ではShan Ngwar Puが有意に小さいことも分かった。</p> <p>次に、私はいくつかの分子遺伝学的手法を使って、4地方種の遺伝的多様性と関係を調査した。d-loopの塩基配列を決定した結果、26の多型座位と27種類のハプロタイプが得られた。ハプロタイプはすべてインドウシ（<i>Bos indicus</i>）由来であり、母方祖先でのヨーロッパウシの遺伝子流入はなかった。また、1種類のハプロタイプが全体の68%を占め、Shan Ngwar Pu以外の集団が近縁であることが示された。高密度SNPアレイによる常染色体上SNPsの遺伝子型の解析では、4地方種（各30頭）と近隣4か国の在来牛集団（各20頭）を用いた。解析の結果、21,918座位の遺伝子型を利用でき、平均ヘテロ接合体から彼らの遺伝的多様性がほぼ同程度と示された。また、品種間の遺伝的分化は有意であり、Shan Ngwar Puがその他と離れて位置した。集団構造解析では、4地方種は3集団に区別され、近隣諸国の遺伝的影響だけでなく、ミャンマー独自の遺伝的クラスターも示唆された。Y染色体のSNP解析は、高密度SNPアレイに搭載され、ヨーロッパウシとインドウシとを識別できる6座位を4地方種の68頭の雄ウシで調査した。その結果、1座位で結果が得られなかったが、5座位で得られるハプロタイプは2種類あり、65頭でインドウシのみで観察されるハプロタイプ1（H1）、3頭はH1と1塩基異なる新規のハプロタイプとなった。MJネットワークからこれらハプロタイプがインドウシ由来であり、父方祖先でもヨーロッパウシの遺伝子流入がないことを確認した。経済形質と有意に関連するSNPsの分布は、これまでのゲノムワイド相関解析の論文を基に高密度SNPアレイに搭載された204の座位について調査した。その結果、地方種では124座位が多型的で、各品種の多型座位の割合（Ppoly）は0.78から0.93となった。Rad-seqの解析は、ウシでの利用例が少なく、インドウシ由来のミャンマー在来牛（8頭）とラオス在来牛（7頭）、ヨーロッパウシ由来の和牛16頭で予備的に行った。その結果、ラオス在来牛の1頭を除く30頭から合計10,793 SNP座位の遺伝子型が得られ、その由来により集団が区別できた。遺伝的多様性は、H_oでミャンマーの0.227 から無角和種の0.383、H_Eでミャンマーの0.325 から無角和種の0.352となった。</p> <p>以上の知見は、ミャンマー在来品種の遺伝資源としての重要性だけでなく、今後の育種や保存に有益な情報を提供するものと考えた。</p>	