

学位論文審査結果の要旨

| | | | | |
|-------------|--|--|--|--|
| 学位申請者 氏名 | Moe Lwin | | | |
| | 主査 鹿児島大学 准教授 下桐 猛 | | | |
| | 副査 鹿児島大学 教授 岡本 新 | | | |
| 審査委員 | 副査 佐賀大学 准教授 永野 幸生 | | | |
| | 副査 琉球大学 教授 及川 卓郎 | | | |
| | 副査 鹿児島大学 教授 三好 和睦 | | | |
| 審査協力者 | | | | |
| 題目 | <p style="text-align: center;">STUDY ON GENETIC DIVERSITY OF MYANMAR CATTLE BREEDS</p> <p>(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> | | | |
| | <p>ミャンマーはウシの飼養頭数が東南アジアで最も多い国である。ウシの多くはインドウシ (<i>Bos indicus</i>) タイプの在来牛を基礎として作られた地方種で、使役用として環境適応性に優れるが、乳肉の生産性に劣る。そこで、生産能力改良の目的で、ホルスタインなどのヨーロッパウシ (<i>Bos taurus</i>) と在来牛との雑種が増えている。本研究は、ミャンマーで一般的に飼育される4種の地方種 (Pya、Shw、Sha、Ngw) の各30頭と乳用ホルスタインと在来牛との交雑集団 (Cro) の20頭について、体尺測定値といくつかの分子遺伝学的手法によりそれらの遺伝的な特徴や関係を明らかにしたものである。</p> <p>まず、4地方種と交雑集団との間で体尺測定値（体長・体高・胸囲）をTukeyのHSD法で比較した。成体メスの平均体尺測定値 (cm) は、交雑牛が地方種よりも有意に大きく、体の大きなホルスタインの交雑の効果が認められた。また、4地方種の中ではSha種が有意に小格であるが、それ以外の3種では有意な差が認められなかった。</p> <p>次に、母系遺伝し、かつヨーロッパウシとインドウシとが識別できるミトコンドリアD-loopのハプロタイプから4地方種と交雫集団を調査した。その結果、27種類のハプロタイプが得られ、すべてインドウシ由来であることが確認された。つまり、母方祖先でのヨーロッパウシ</p> | | | |

の遺伝子流入は認められなかった。また、彼らの集団間の遺伝的分化は小さく、Sha種以外の集団が近縁であることが示唆されたが、これは1種類のハプロタイプが全体の68%を占めたからではないかと考えた。

次に、高密度SNPアレイによる常染色体上SNPsの遺伝子型解析から遺伝的多様性や類縁関係を評価した。ここでは、4地方種に加えて近隣4か国の在来牛集団も用いた。まず、遺伝的多様性の評価については各集団の11,741～20,111種類のSNP座位の遺伝子型を利用して、4地方種の遺伝的多様性がほぼ同程度であると示した。次に、類縁関係の評価は21,918座位を利用した。その結果、地方種間の遺伝的分化は有意であり、Sha種がその他と離れて位置した。また、主成分分析では、4地方種は遺伝的に3集団に区別され、1つは近隣諸国の遺伝的影響がみられ、2つはミャンマー独自の遺伝的な集団であった。独自の2つはSha種だけが属するものと残り3種が属するものに分かれた。

高密度SNPアレイの情報をさらに活用するために①Y染色体のSNP解析と②経済形質と有意に関連するSNPsの分布を調査した。①Y染色体のSNP解析は、ヨーロッパウシとインドウシとを識別できる5座位を4地方種の68頭の雄ウシで調査した。その結果、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(H5)となつた。ヨーロッパウシ由来のハプロタイプ (H2～H4) は見られなかつた。また、MJネットワークからH5がインドウシ由来であることが推察されたことから、地方種では父方祖先でもヨーロッパウシの遺伝子流入がないことが示唆された。②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關解析の19編の論文を基に246座位について調査した。その結果、各集団の多型座位の割合は0.81 (Ngw種) から0.92 (Pya種) となり、経済形質に関連するSNPsにも変異があることが示唆された。

RAD-Seqの解析はウシでの利用例がほとんどなく、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黒毛和種(8頭)、無角和種(4頭)、口之島野生化牛(4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、描かれたNJ系統樹はその遺伝的背景により集団を明瞭に区別した。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となり、RAD-Seqがウシの遺伝的多様性や類縁関係を調べる上で有益な手法であることを確認できた。

以上の知見は、ミャンマー地方種の遺伝資源としての重要性だけでなく、今後の育種改良や保存に有益な情報を提供するものであり、審査委員会は本論文を博士（農学）の学位として十分な価値を有するものと判定した。