
優秀発表賞応募講演 | 優秀発表賞応募講演

優秀発表 2

座長：井上 慶一（家畜改良セ）、大山 憲二（神戸大学）、下桐 猛（鹿大農）、谷口 幸雄（京大院農）

2021年3月28日(日) 09:00 ~ 10:45 ライブ配信

視聴はこちら（Zoom）

パスコード：328988

IIYS-01~IIYS-04：井上 慶一、大山 憲二

IIYS-05~IIYS-07：下桐 猛、谷口 幸雄

10:30 ~ 10:45

[IIYS-07]父母系および高密度 SNP マーカーを用いたフィリピン在来ヤギの 遺伝構造と伝播の推定

○AYIN AYIN¹、田端 里彩¹、笹崎 晋史¹、川口 芙岐¹、小林 栄治²、山本 義雄⁶、米澤 隆弘³、呉 佳齊⁴
、Masangkay JS⁵、万年 英之¹ (1.神戸大院農、2.農研機構畜産、3.東農大農、4.東工大生命理工、5.フィリピン大
UPLB、6.広島大院統合生命)

【目的】本研究ではフィリピン在来ヤギ（PG）に対し父母系および高密度 SNP マーカーによる解析を行い、遺伝構造と伝播経路の推定を目的とした。【方法と結果】フィリピン全土6地域7島から合計206個体を供試した。mtDNA解析：206個体に対し D-loop超可変領域（481bp）の塩基配列決定を行った。結果、ハプログループ Bは大陸から離れるほど高頻度になり、アジア東南部へ向かい頻度が高くなった。SRY解析：雄133個体に対し3' UTR領域（543bp）の配列決定を行いハプロタイプに分類した。PGでは東南アジア大陸部とは異なる Y1Bと Y2Aハプロタイプが確認された。高密度 SNP解析：PG77個体に対して GoatSNP50 chipを用いた分析を行い、ヤギ12集団データを加え、Structure解析を実施した。その結果、 $K \geq 5$ では東南アジア集団間で類似した構造を示す一方、PG集団のみでアフリカとヨーロッパ集団からの比較的高い割合の遺伝的混在が認められた。【考察】本研究の結果、1)東南アジア在来ヤギは西アジアとは異なる起源を持つ、2)PG集団は他の東南アジアとは異なる地域からの遺伝的影響を受けた、3)その理由として、フィリピンは長い間スペインの領有下で国際貿易が盛んであり、その航海路地域から持ち込まれた家畜ヤギの遺伝子流入の影響を受けた、ことが推察された。