

## 2. 遺伝・育種

データ閲覧・コメント入力可能期間：2021年3月28日0時～4月3日24時（予定）

### [P2-24]全ゲノムシーケンスを用いた関東甲信3県のニホンイノシシ集団の遺伝的多様性の比較

○小宮山 歩夢<sup>1</sup>、高橋 幸水<sup>1</sup>、古川 カ<sup>3</sup>、天野 卓<sup>3</sup>、小林 栄治<sup>4</sup>、野村 こう<sup>2</sup> (1.東農大院農、2.東農大農、3.ヤマザキ動物看護大看護、4.農研機構畜産部門)

#### 【目的】

ニホンイノシシの全塩基配列を解読し、変異箇所をリストアップすること、県による遺伝的構造の違いを見出すことを目的とした。

#### 【方法】

ニホンイノシシ耳片から DNAを抽出し、群馬、茨城、長野の県ごとに雄12～14個体をプールし、それぞれ全塩基配列を解読した。解析データから、ブタの全ゲノムデータ(Sscrofa11.1)をリファレンス配列としてニホンイノシシの変異箇所を抽出し、各県の変異箇所数を比較した。

#### 【結果】

各県ともゲノムサイズの30倍程度の塩基配列データが得られ、群馬で20,149,180箇所、長野で19,538,733箇所、茨城で18,332,304箇所の変異が確認された。このうち SNPは群馬で17,146,873個、茨城で15,492,412個、長野で16,554,947個であった。次に、他の県で変異型のみが観察され、その県のみでリファレンス配列と同じ型が観察された SNPを確認したところ、群馬が1,335,752個、長野が457,004個、茨城が206,233個であった。これら結果から、ニホンイノシシの変異箇所が把握されるとともに、地域ごとに異なる遺伝的特徴があり、群馬のサンプルは他の2県と大きく異なる遺伝的構造をしていることが示唆された。