

口頭発表 | 2. 育種・遺伝

## 育種・遺伝2

Chairperson: Masaaki TANIGUCHI, Akira Ishikawa(Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University), Shinji Sasazaki, Norihide Yokoi, Tomokazu Fukuda(Iwate University), Youko Aida

Fri. Sep 16, 2022 1:30 PM - 4:40 PM Zoom会場2 (オンライン)

II-16-19～II-16-22 : 谷口 雅章

II-16-23～II-16-25 : 石川 明

II-16-26～II-16-28 : 笹崎 晋史

II-16-29～II-16-31 : 横井 伯英

II-16-32～II-16-34 : 福田 智一

II-16-35～II-16-37 : 間 陽子

4:20 PM - 4:30 PM

### [II-16-36]日本コウノトリ始祖集団の MHC クラス II 領域の多様性の解析

\*Takuro Atsumi<sup>1</sup>, Yukio Taniguchi<sup>1</sup>, Kazuaki Naito<sup>2</sup>, Norihide Yokoi<sup>1</sup> (1. Kyoto Univ., 2. Univ. of Hyogo)

【目的】希少動物のコウノトリの保全には、生息環境の保護や個体数増加の施策に加え、集団内の遺伝的多様性を維持することも重要である。MHCクラスII領域の多様性については、日本コウノトリ集団の始祖個体6羽から、10種類のハプロタイプが同定されている(Tsuji et al. 2017)。本研究では、日本集団のMHCクラスIIの多様性を把握するために、始祖個体やその後代個体25羽を対象として、始祖集団のクラスIIハプロタイプの特性を試みた。【方法】解析個体のゲノムDNAから、クラスII全域を増幅し、産物鎖長からMHC-IIA/IIB遺伝子ペア数を推定した。2ペア/2ペアの個体では、増幅産物をクローニングし、1個体につき少なくとも8クローンに対して、2つのIIB遺伝子座のエキソン2のシーケンス解析を実施した。2ペア/1ペアの個体では、各IIB遺伝子座を独立に増幅後、ダイレクトシーケンスにより、3遺伝子座のエキソン2の配列を決定した。【結果】今回11種類の新規ハプロタイプが検出され、合計21種類となり、比較的高い多様性を持つことが示唆された。いくつかのエキソン2は1塩基のみの非同義置換が見られた。この結果を基に、始祖集団のクラスIIハプロタイプを推定した結果、始祖個体26羽の計52個のハプロタイプのうち、41個のハプロタイプが特定された。