

日本のトキ個体群の遺伝的多様性および昨年導入された新規ファウンダーにおける MHC 領域のゲノム配列 新たな種類のハプロタイプの存在を発見

希少動物であるトキやコウノトリの保全においては、個体群の遺伝的多様性の把握と維持・増大が重要な課題の一つとなっています。本学佐渡自然共生科学センター（里山領域）の祝前博明特任教授・本学農学部山田宜永教授、京都大学農学研究科動物遺伝育種学分野、佐渡トキ保護センターの研究グループは、家系図情報による日本のトキ個体群の遺伝的多様性の分析を推進するとともに、特に、極めて多型性が高く、鳥インフルエンザなどの感染症に対する抵抗性や様々な環境への適応性において重要な働きをしている主要組織適合遺伝子複合体（MHC）領域などについて、トキおよびコウノトリにおけるゲノム構造とそれぞれの日本個体群のファウンダー（始祖個体）における遺伝的多様性を明らかにしてきました。

この度、1) 日本のトキ個体群の遺伝的多様性の「概要」の現状評価を行うとともに、2) 昨秋に中国から新たに導入された2羽のファウンダーのMHC領域のゲノム配列を解析した結果、これまで未知であった新たな種類のハプロタイプを保有していることが明らかになりました。今回の発見は、日本のトキ個体群のMHC領域の遺伝的多様性を維持していく上で好都合の重要な新知見となるものです。

【本研究成果のポイント】

- 日本の個体群における遺伝的多様性は、中国集団の遺伝的多様性の80%強以下と推定された。日本の個体群に、長期にわたる年月の後に中国集団の遺伝的多様性の90%を保持させるためには、**今後も新規のファウンダーの継続的な導入が必要**と示唆された。遺伝的多様性の維持・増大は、短期的な観点（繁殖適応度の維持・増加）においても、長期的な観点（適応進化可能性の維持・増大）においても重要である。
- 先に、日本のトキの主要組織適合遺伝子複合体（MHC）の主な領域のゲノム構造を明らかにし、昨年までの日本の個体群のファウンダーである5羽のMHC領域の多型を解析して、3種類のハプロタイプのみが存在することを明らかにしていた。今回、**昨秋に新規に中国から導入されたファウンダー（関関）には、4種類目の新たなハプロタイプが存在していることを発見**した。



真の強さを学ぶ。

新潟大学

NIIGATA UNIVERSITY

本件に関するお問い合わせ先

新潟大学

佐渡自然共生科学センター

特任教授 祝前 博明（いわいさき ひろあき）

Tel：025-262-7851

農学部教授 山田 宜永（やまだ たかひさ）

Tel：025-262-6614
