

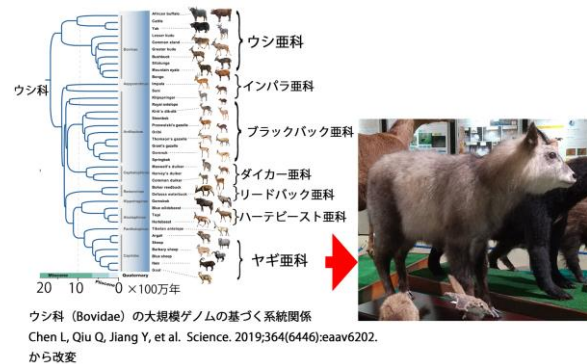


# NGSデータを活用したニホンカモシカのY染色体STRマーカの開発

麻布大学・田中和明, 群馬県・姉崎智子, ROIS-DS・野口英樹

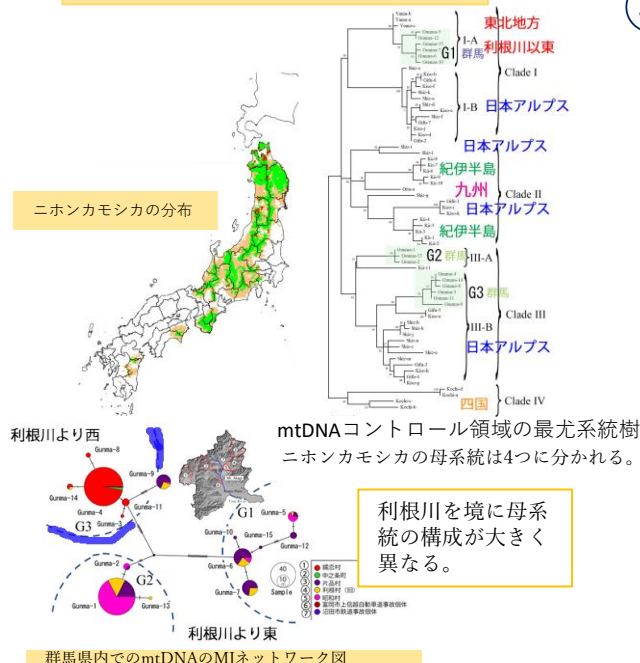
ROIS-DS-JOINT 011RP2023  
044RP2022  
基盤研究(C) 22K0569

## ① ニホンカモシカとは



ニホンカモシカ (*Capricornis crispus*) はウシ科ヤギ亜科カモシカ属の草食動物であり、本州、四国、九州の山地・亜高山帯に分布している。

## ② mtDNAに基づいた地域集団



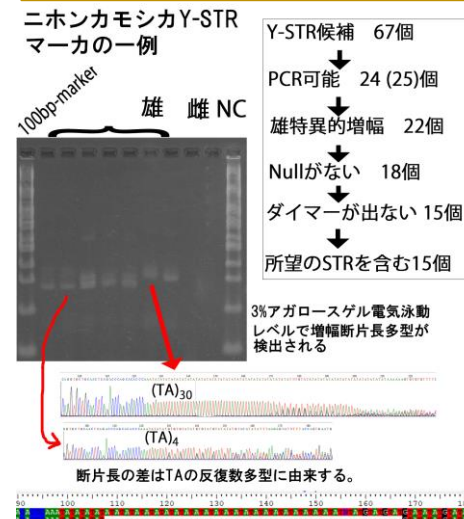
## ③ 野生動物の集団調査に使われる遺伝子マーカ

マーカの種類	特徴とニホンカモシカでの現状
mtDNA	母系遺伝：広く用いられている。雌の分散距離が短い動物では地域集団の特徴をよく反映する。浸透交雑など雄を介した遺伝的交流を検出できない。
A-STR (Short Tandem Repeats)	常染色体：性に影響を受けない調査ができる。家畜ウシのマーカの一部が流用可能。
Y-STR	Y染色体：父系統を介した遺伝的交流を検出できる。ニホンカモシカでは <b>存在しない</b> 。 <b>ROIS-DS-JOINTで開発</b> 。

## ④ ROIS-DS-JOINTでの研究概要

2021年~	群馬県・雄1個体350 bp insert PE150で360.5Gの配列取得。リファレンスゲノムが存在しない状態からROIS-DSにおいてヤギ・ゲノムを参照してアセンブリを実施
2022年~ 044RP2022	群馬県雄25個体（利根川の東側11個体・西側14個体）について550 bp insert PE150でMultiplex解読(総960 Gb)。ROIS-DSにおいて多型抽出
2023年~ 011RP2023	Y染色体scaffolds内で検出されたSTR構造を持つ多型を対象にプライマー設計、PCR、sanger sequencingを実施

## ⑤ ニホンカモシカY-STRマーカ



## ⑥ 研究成果

ニホンカモシカY-STRマーカを**15遺伝子座開発できた**<sup>[世界初]</sup>。マーカを組み合わせY-STRハプロタイプを構築することで、父系統が解析可能となった。

マーカの有効性を検証する目的で九州から青森県まで全国規模で試料を収集して多様性を測定する。