

令和 2 年 5 月 1 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2017～2019

課題番号：17H04643

研究課題名(和文) フィリピン・インドネシア島嶼におけるマメヤギの遺伝学的調査研究

研究課題名(英文) Field and genetic research of native goats in Philippines and Indonesia Islands

研究代表者

万年 英之 (Mannen, Hideyuki)

神戸大学・農学研究科・教授

研究者番号：20263395

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,200,000円

研究成果の概要(和文)：東南アジアでは気候・環境に適応した在来マメヤギが飼育され、大陸の在来家畜とは一線を画す遺伝的多様性・構造を有すると考えられる。本研究では、フィリピンとインドネシアの諸島で飼育されている在来ヤギの形態・遺伝学的調査を目的とした。フィリピンでは6島、インドネシアでは在来ヤギが残っているスラウエシ島における調査を実施し、フィリピン全土から206頭、インドネシア・スラウエシ島から71頭の血液・DNA試料を得た。mtDNAとSry遺伝子解析から、両国の在来ヤギは古来に伝播したヤギの遺伝子構成が色濃く残り、それは大陸から離れるほど顕著であった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

東南アジアで飼育されているマメヤギは、他の地域とは異なり、比較的小型で森林地帯に適応したヤギである。しかし近年、インドやヨーロッパ品種の導入により、その遺伝資源的保護が重要であると代表者は訴えてきた。その遺伝的特性を明らかにするために、フィリピン・インドネシアの7島から300頭近いDNA試料の収集を行った。そのDNA解析からマメヤギは東南アジアでのみ見られる独特な遺伝構造を有し、その起源や伝播経路も異なることが示唆できた。これは農学的新知見であるばかりではなく、家畜を通じた人類の伝播と文化を考える上で重要な知見となる。

研究成果の概要(英文)：In Southeast Asia, farmers raised native goats, called Kambing Katjang, which are adapted their environment well. The native goats may have different origin and/or propagation route, based on our previous studies. In this study, therefore, we collected blood samples and information of phenotypic traits from Philippines and Indonesia. We obtained DNA samples of 206 individuals from Philippines and 71 individuals from Indonesia. DNA analyses by mtDNA and Sry gene reveals that they have unique genetic structure, and the genetic tendency is more distinct as apart from Asian continent.

研究分野：動物遺伝育種学

キーワード：ヤギ マメヤギ フィリピン インドネシア 遺伝的多様性 起源 伝播 遺伝資源

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

## 1. 研究開始当初の背景

ヤギは最も古く家畜化された反芻動物の一つであり、その優れた強健性から世界のほとんどの地域で飼育されている。日本での飼育頭数は少ないが、世界人口の約 65% がヤギの肉乳を利用しており、人類にとって最も重要な家畜の一つとしてヤギは位置付けられる。この遺伝子資源を保全し継承することは人類にとって極めて重要である。しかし、ヤギは発展途上国で多く飼育されており、他の家畜種と比較して遺伝学的解析が進んでいない。アジア在来ヤギは、西洋品種とは分岐した遺伝的特徴をもつ貴重な集団であるが、その詳細な遺伝的解析は進んでいない。

家畜ヤギは頭部の特徴から大きく2つのタイプに分類できる。

1) ヌビアン型：顔面は凸隆し長い垂耳を有する(図 1a)、2) ベゾアール型：顔面は凹型で直耳を持つ(図 1b)。申請者らはアジア在来ヤギの現地調査研究を、形態学的・遺伝学的観点から長年精力的に進め、その成果として、アジア在来ヤギの形態的な分布について次のような興味深い知見を得た。これら 2 型の世界分布調査の結果、北東アジアではベゾアール型を示し、南・東南アジアでは顔面が凸型を示すヌビアン型かその交雑型が大多数を占める(図 1a,c)。しかし、地域別詳細を見ると、東南アジアの平野部や交通路が発達している所ではヌビアン・交雑型が 90~100% であるのに対し、交通路が整備されていない山岳地域では顔面が凹型であるベゾアール型(図 1b)が 75~95% を示す。加えて、カンボジアのアンコール遺跡群の Bayon 寺院(12~13 世紀)のレリーフを調査した所、顔面が凹型で直耳である家畜ヤギが明瞭に示されていた(図 1d)。この結果は、東南アジア古来の在来ヤギが顔面凹のベゾアール型であったことを示唆している。

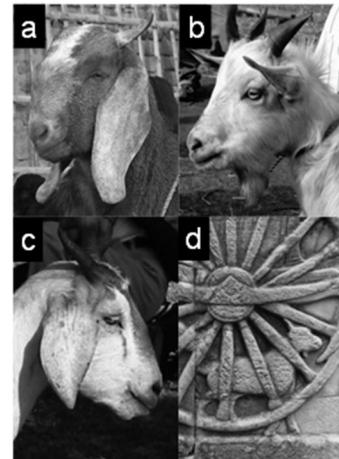


図1 家畜ヤギの顔面形態

さらに分子遺伝学的手法を用いて、我々は東南アジア特異的な mtDNA-B 系統を発見し、大陸東部ほどその頻度が高まる傾向を見出した(図 2)。またカンボジアで系統地理学的研究を進めた所、平野部では mtDNA-A 系統、山間部では mtDNA-B 系統が優勢になることを明らかにした。加えて、Y 染色体由来 SRY 遺伝子解析により、東南アジア特異的 SRY-Y2B 系統を発見し、この遺伝子型も mtDNA 系統解析と同様、平野・山岳地域差があることを見出した。この結果は、形態学的特徴と遺伝子型の分布が良く一致することを示している。

これらの研究から、東南アジア在来ヤギの起源と伝播についての仮説を立てた。東南アジアでは古来、顔面凹型のベゾアール型が優勢であったが、近年、体格や泌乳量に優れた凸型ヌビアン型ヤギの遺伝子流入が起こり、その結果、東南アジアでは顔面凸型の交雑個体が優勢になった(図 1c)。山岳地域でベゾアール型の個体が優性なのは、交通の不便さから顔面凸型個体からの遺伝子流入が稀であるためと考えられる。また、mtDNA-B 系統と SRY-Y2B 系統は、東南アジア古来のベゾアール型ヤギに由来すると仮説立てた。



図2 家畜ヤギのmtDNA系統分布

## 2. 研究の目的

上述したように、東南アジアにはマレー語で Kambing Katjang (マメヤギ) と呼ばれるベゾアール型の家畜ヤギが飼育されている。我々は、このマメヤギが東南アジア山岳地域に残された顔面凹型の古来系統の家畜ヤギであると推測している。しかし、現在東南アジア大陸部では顔面凸型をしたヌビアン交雑型が主流となっているが、現在東南アジア大陸部では顔面凸型をした

ヌピアン交雑型が主流となっている。一方、フィリピンやインドネシアは地理的に大陸から隔離されており、両国とも多数の島々からなるため、大陸各国における在来家畜とは一線を画す遺伝的多様性・構造を有すると考えられる。

純粋なマメヤギは東南アジアの気候・環境に良く適応した貴重な遺伝資源である。フィリピン・インドネシア島弧における在来ヤギ、特にマメヤギの遺伝学的特性を明らかにすることは、世界における在来ヤギの遺伝的多様性と遺伝子資源の保全に貢献し、その遺伝情報を利用したマメヤギの利活用に加え、ヤギの起源・伝播に新仮説を提起できる。そこで本研究では、マメヤギの遺伝的保全、起源・伝播の新仮説を提起すべく、フィリピンとインドネシアに対して遺伝学的調査を実施する。

### 3. 研究の方法

本研究課題の目的を達成するため、以下の項目に沿った研究を遂行した。

- (1) 両国におけるマメヤギを含む在来ヤギの飼育形態、利用目的等の調査
- (2) 外部形態の測定と統計解析
- (3) 血液採取と DNA 抽出を実施し、分子遺伝学解析試料を得る
- (4) mtDNA と SRY 遺伝子多型解析
- (5) これらデータを用いた包括的な統計解析を行うことにより、マメヤギとインド品種系統との交雑程度の推定、両国における在来ヤギ・マメヤギの保全状態の調査と、遺伝学的位置づけを明らかにする。

### 4. 研究成果

以下に本研究課題実施期間を通して得られた研究成果についてまとめる。

- (1) 2017 年度と 2018 年度にフィリピンの Leyte, Samar, Panay, Mindanao, Parawan の在来ヤギを調査し、予備調査で得られていた試料と合わせて 6 島 206 頭の DNA 試料、形態情報の収集に成功した。2018 年度と 2019 年度には、インドネシアのスラウエシ島（トラジャを含む）から 71 頭の形態情報と DNA 試料を得た。得た在来ヤギの形態情報と試料収集情報の例を図 3 に示す。

Sampling data sheet for domestic animals in Indonesia														*、-で記入												
Species: Goat																										
No.	Date	Place	Sex	Age	Coat Color								Eye (瞳色)	Horn	Warts (肉瘤)	Beard (鬚)	Keratinized horn (角化角)	Horn color (角色)	Long-tailed (長尾)	Inner-ear (内耳)	Withers (背高)	Blood tube No.	Photo No.	Remarks	Remarks2	UNHIS Original No.
					白	T	黒	茶	赤	S	R															
G22	2019/9/22	Lakoro,Pinrang	M	2w			✓					やや黒れ	+	-	-	-	-			G22	103-0880	KC	S.03.32.59			
G23	2019/9/22	同上	M	1w	✓		✓	✓				黒れ	-	-	-	-	-			G23	881	KC	同上			
G24	2019/9/22	同上	M	6m	✓		✓	✓				やや黒れ	+	-	-	-	-			G24	882	KC	同上			
G25	2019/9/22	同上	M	8m	✓		✓	✓				水牛	+	-	-	-	-			G25	883,884	KC	同上			
G26	2019/9/24	Ahikunt,Sidrap	M	1y	✓		✓			✓		水牛	+	-	-	+	-	63.9	G26	970	KC	S.03.58.23				
G27	2019/9/24	同上	M	10m	✓		✓	✓				水牛	+	-	-	+	-	56.1	G27	971	KC	同上				
G28	2019/9/24	同上	M	7m	✓		✓			✓		黒れ	+	-	-	-	-		G28	972	KC	同上				
G29	2019/9/24	Takelasi,Sidrap	M	6m			✓	✓				やや黒	+	-	-	-	-	45.3	G29	975,976	MC	S.03.58.27				
G30	2019/9/24	同上	M	1y		✓				✓		やや黒れ	+	-	-	+	-	57.1	G30	977	KC	同上				
G31	2019/9/24	同上	M	1y		✓						やや黒れ	+	+	-	+	-	59.2	G31	978	KC	同上				
G32	2019/9/24	同上	F	8y		✓						水牛	+	-	-	+	-	68.7	G32	985-996	KC(複製)	同上				
G33	2019/9/24	同上	M	4m	✓		✓					黒れ	+	-	-	+	-	47.8	G33	997	KC	同上				
G34	2019/9/24	同上	M	1.5y	✓	✓				✓		やや黒れ	+	やや+	-	-	-	68.2	G34	1003,1004	KC	同上				
G35	2019/9/24	同上	M	7m		✓				✓		黒れ	+	-	-	-	-	49.1	G35	1005	KC	同上				
G36	2019/9/24	同上	M	6m			✓					やや黒れ	+	-	-	-	-	54.3	G36	1006	KC	同上				

図 3 インドネシアにおけるマメヤギの試料情報例

- (2) 2017-2019 年度に採取した DNA 試料に加え、2016 年以前に収集した試料に対しても解析を実施した。その合計頭数は 206 頭（雄 133 頭、雌 73 頭）である。mtDNA 解析では D-loop 領域の塩基配列決定により、フィリピン諸島を 6 地域（ルソン島、ミンドロ島、サマール・レイテ島、パナイ島、パラワン島、ミンダナオ島）に区分して解析を実施した。いずれの地域においても東南アジア特有のハプログループ B が高頻度で観察された。それに加えて、大陸部から離れるに従い、このグループの頻度が高くなる傾向があった。Y 染色体由来 SRY 遺伝子解析では、東南アジアで観察される Y1A と Y2B ハプロタイプに加え、東南アジアでは初めて Y2A と Y1B

ハプロタイプが観察された。これらの結果は、フィリピン諸島が在来マメヤギ品種の遺伝的構成が大きいことを示しているのに加えて、スペイン植民地時代におけるヤギ品種の流入を示していると考察された。これらの結果は、フィリピンの在来ヤギはマメヤギの血を濃く残しており、遺伝資源の保存の観点から重要な国であることを示唆していた。

### (3) まとめ

東南アジアで飼育されているマメヤギは、小型の山岳地帯に適応したヤギであり、重要な遺伝資源である。その遺伝的特性を明らかにするために、フィリピン・インドネシアの7島から300頭近いDNA試料の収集を行った。そのDNA解析からマメヤギは東南アジアでのみ見られる独特な遺伝構造を有し、その起源や伝播経路も異なることが示唆できた。これは農学的新知見であるばかりではなく、家畜を通じた人類の伝播と文化を考える上で重要な知見となる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件／うち国際共著 1件／うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Tabata R, Kawaguchi F, Sasazaki S, Yamamoto Y, Bakhtin M, Kazymbet P, Meldevekob A, Suleimenov MZ, Nishibori M, and Mannen H	4. 巻 90
2. 論文標題 The Eurasian Steppe is an important goat propagation route: a phylogeographic analysis using mitochondrial DNA and Y-chromosome sequences of Kazakhstani goats	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Anim Sci J	6. 最初と最後の頁 317-322
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/asj.13144	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Tabata R, Kawaguchi F, Sasazaki S, Yamamoto Y, Rakotondraparany F, Ratsavina FM, Yonezawa T, and Mannen H	4. 巻 36
2. 論文標題 Phylogeographic analysis of Madagascan goats using mtDNA control region and SRY gene sequences	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Zoological Science	6. 最初と最後の頁 294-298
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.2108/zs180184	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計3件（うち招待講演 0件／うち国際学会 3件）

1. 発表者名 Tabata R, Sasazaki S, Bakhtin M, Kazymbet P, Alyan M, Suleimenov M, Nishibori M, Mannen H
2. 発表標題 Phylogenetic analysis of Kazakhstani goats using mtDNA HV1 and SRY gene sequences
3. 学会等名 36th International Society for Animal Genetics Conference（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Iso K; Sasazaki S; Kawaguchi F; Yonezawa T; Wu J; Nomura K; Takahashi Y; Kobayashi E; Shah M; Faruque O; Masangkay JS; Bakhtin M; Kazymbet P; Dorji T; Mannen H
2. 発表標題 Genetic diversity and structure in 11 native Asian goat populations analyzed by high density SNP array
3. 学会等名 37th International Society for Animal Genetics Conference（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nomura Y;Kunieda T;Shah M;Kawaguchi F;Sasazaki S;Mannen H
2. 発表標題 Phylogenetic analysis of Nepalese goats using mtDNA D-loop region and SRY gene sequences
3. 学会等名 37th International Society for Animal Genetics Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	山縣 高宏 (Yamagata Takahiro)  (50242847)	名古屋大学・生命農学研究科・助教  (13901)	
研究分担者	高橋 幸水 (Hakahashi Yukimizu)  (50408663)	東京農業大学・農学部・助教  (32658)	
研究分担者	笹崎 晋史 (Sasazaki Shinji)  (50457115)	神戸大学・農学研究科・准教授  (14501)	
研究分担者	野村 こう (Nomura Koh)  (60277241)	東京農業大学・農学部・教授  (32658)	
研究分担者	西堀 正英 (Nisibori Masahide)  (80237718)	広島大学・生物圏科学研究科・准教授  (15401)	