

平成21年 3月31日現在

研究種目：基盤研究（B）
研究期間：2006～2009
課題番号：18405034
研究課題名（和文） インドネシアが分子進化上の起源地と推測される東アジアの
イノシシ属の遺伝子調査
研究課題名（英文） Genetic Study on the Evolutional Origin of East-Asian *Sus scrofa*
in Indonesia
研究代表者
石黒 直隆（ISHIGURO NAOTAKA）
岐阜大学・応用生物科学部・教授
研究者番号：00109521

研究分野：農学

科研費の分科・細目：応用動物科学

キーワード：獣医学、イノシシ、ブタ、分子進化、遺伝子、DNA

1. 研究計画の概要

本研究の目的は、インドネシアのイノシシ属の起源種と家畜化に関して分子遺伝学的に明らかにすることである。東アジアのイノシシ属の起源地は、インドネシアであることをミトコンドリアDNA（mtDNA）の多型解析と形態計測から解明する。

（1）インドネシアの各島に生息するイノシシについて形態と遺伝子から総合的に解析する。

（2）生物地理的観点から東アジアのイノシシの起源種を突き止め家畜化の系譜を調べる。

2. 研究の進捗状況

2006年～2008年（3年間）本研究を実施し、以下の成果を得ると共に、インドネシアのボゴール農業大学とガジャマダ大学の若手教員を毎年2名ずつ本学に招聘し本共同研究を実施すると共に、分子遺伝学的を指導した。

（1）ジャワ島とスマトラ島の調査で採取した43サンプルのmtDNA解析を実施した。その結果43サンプルのmtDNAは20ハプロタイプに分類された。これにより両島でのイノシシ属の遺伝的分布が明らかとなった（2006年調査）。

（2）ジャワ島、スマトラ島、スンバラ島、テイモール島、フローレス島、ロンボク島で採取した82サンプルのmtDNA解析を実施した。82サンプルから10ハプロタイプを得た。インドネシアのイノシシは多型性に富むと共に、ヒトの移動による持込の可能性が示唆された（2007年調査）

（3）インドネシアの島でもっとも生物多様性に富むシュラベシ島を調査し50サンプルを採取した。mtDNAは19ハプロタイプに分類され、他の島とは異なったハプロタイプが多く出現した。*Sus scrofa*とは異なる*Sus celebensis*の存在を形態的特長と遺伝的解析から確認した。

（4）3年間のインドネシアのイノシシ属の遺伝子調査により、インドネシアのイノシシが分子系統的に東アジアのイノシシ（*Sus Scrofa*）の起源に最も近いことを明らかにした。

（5）インドネシアの生物相はフローレンスラインにより大きく2分されるが、このラインの東に位置するシュラベシ島のイノシシ属は*Sus celebensis*である。ラインの東に位置する島での*Sus scrofa*の生息が確認されているが、これらはヒトが持ち込んだイノシシ属である可能性が高いことが明らかとなった。

（6）本調査によりほぼインドネシアに生息するイノシシ属の遺伝的背景が明らかとなった。2009年度は、さらに上記結論を確信する目的で、シュラベシ島を含む東の島での調査を実施する予定である。

3. 現在までの達成度

②おおむね順調に進展している。

理由：調査したインドネシアの島（ジャワ島、スマトラ島、スンバラ島、ティモール島、フローレス島、ロンボク島、シュラベシ島）は当初に計画した島数より多く、この3年間で解析したイノシシ数も175サンプルと多いことから学術調査は順調である。解析したmtDNAの系統樹においても、インドネシアと東アジアのイノシシ属の遺伝的な違いや関係が明らかとなっている。

4. 今後の研究の推進方策

遺伝的調査には、多くのサンプルと解析が求められることから、2009年も引き続いて調査地を広げると共に解析サンプル数を増やす計画である。特に以下の点に注意する。

- (1) 生物相を2分するフローレンスラインの東側に位置する島での解析に力をいれる。
- (2) ヒトの移動に伴うイノシシの移動に関して歴史的な事象を加味しながら解析する島のサンプル数を調整する。
- (3) 形態的な計測から家畜化事象を検証する。

5. 代表的な研究成果

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 4件)

① 石黒直隆 イノシシ、ブタの進化について
LABIO 21 16-20, 2009, 査読有り

② Ishiguro, N., Inoshima, Y., Suzuki, K., Miyoshi, T., and Tanaka, T. :Construction of three-year genetic profile of Japanese wild boars in Wakayama prefecture, to estimate gene flow from crossbred Inobuta into wild boar populations. *Mammal study* 33: 43-49, 2008, 査読有り

③ Ishiguro, N., Sasaki, M., Iwasa, M., Shigehara, N., Hongo, H., Anezaki, T., Long, V.T., Lan D.T.B. and Long, P.T. :mtDNA variation in Vietnamese pigs, with particular emphasis on the genetic relationship between wild boars from Vietnam and the Ryukyu Islands. *Mammal study* 33:51-58, 2008, 査読有り

④ Ishiguro, N., Sasaki, M., Iwasa, M., Shigehara, N., Hongo, H., Anezaki, T., Long, V.T., Hao, P.X., Trach, H.X., Nam, N.H. and Thanh, V.N. :Morphological and

genetic analysis of Vietnamese *Sus scrofa* bones for evidence of pig domestication. *Animal Science Journal* 79:655-664, 2008, 査読有り

[学会発表] (計 1件)

① Wahono Esthi Prasetyaningtyas, Woro Danur Wendo, Nicholory Yosephin Paula, Teguh Budipitojo, Ita Djuwita, Srihadi Agungpriyono, Yasuo Inoshima, Naotaka Ishiguro: Mitochondrial DNA variation of Indonesia wild boar. Joint Meeting of the 3rd International Meeting on Asian Zoo/Wildlife Medicine and Conservation (AZWMC 2008) 19-20 August 2008 Indonesia.