

平成 26 年 6 月 20 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2011～2013

課題番号：23380165

研究課題名(和文)国際標準SNPシステムの構築に基づくアジア在来家畜集団の遺伝的多様性解析と保全策

研究課題名(英文)Genetic diversity and conservation of Asian native livestock based on development of international standard SNP system

研究代表者

万年 英之(Mannen, Hideyuki)

神戸大学・(連合)農学研究科(研究院)・教授

研究者番号：20263395

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,300,000円、(間接経費) 4,290,000円

研究成果の概要(和文)：本課題では、国際標準となりうるSNPシステムをウシ、ブタ、ニワトリおよびヤギにおいて構築し、アジア在来家畜に対する遺伝的多様性解析を目的とした。最終的に、ウシでは121SNP、ブタでは101SNP、ニワトリでは76SNP、ヤギでは58SNPからなるSNPシステムを構築した。このSNPシステムを用いてアジア在来4家畜種の遺伝的多様性解析を行った結果、品種や地域分岐、遺伝的混在程度を明らかにし、アジア在来家畜の遺伝的多様性維持には、本研究で示したような遺伝的指標を用いて評価される地域・希少系統を保持することが重要であるとの結論を得た。

研究成果の概要(英文)：The aim of this study was to develop SNP system and estimate genetic diversity of Asian cattle, pig, chicken and goat. We developed the SNP system consisting of 121 SNPs in cattle, 101 SNPs in pig, 76 SNPs in chicken and 58 SNPs in goat. Using these SNP systems, we revealed genetic divergence of the breeds and populations, and degree of genetic admixture among breeds/populations. In order to conserve the genetic diversity of Asian native livestock, regional and scarcity lineage, breed and populations should be maintained by using genetic indices obtained from genetic markers, such as SNP system developed in this study.

研究分野：畜産学・獣医学

科研費の分科・細目：応用動物科学

キーワード：アジア 在来家畜 SNP ゲノム 遺伝的多様性

1. 研究開始当初の背景

(1) アジア在来家畜研究の意義：在来家畜は、祖先となった野生種と近代品種の間に位置する地域の自然環境や文化に適応した多様な家畜群で、近代的諸品種を派生させた母体（遺伝子プール）である。特にアジアは、ウシ、ブタ、ニワトリなど重要な経済家畜の野生原種が現在も生息し、野生原種から近代品種に至る家畜化スペクトラムの全容がみられる世界的にも稀有な地域である。したがって、アジア在来家畜は多様性に富み、未来を見据えた人類の遺伝資源プールとして極めて貴重である。一方、アジア地域においては近代品種による寡占化により遺伝的均一化が進み、その多様性評価の実施と保全策の策定が急務である。

(2) 一塩基多型 (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) の適用と国際標準 SNP システム構築：SNP は全ゲノム解析や検出技術開発にともない、DNA マーカーの主流になりつつある。しかし、現在流通している DNA チップやアレイは、ヒトの疾病や家畜の経済形質を解析するゲノムワイド相関解析等を対象とした高密度 SNP アレイであり、コストや必要機器の面から必ずしも多様性解析に適しているものではない。また、多様性解析の SNP は分析する対象段階（種、品種、集団）によって適した SNP が選出される必要がある。特に既存の SNP アレイは欧米品種の家畜に対して十分な多型が得られることを前提としているため、アジア在来家畜の分析には偏った遺伝子頻度を有する SNP が多く含まれている。しかし、アジア在来家畜を含んだ検討に基づく、低コストな国際標準 SNP システムの構築はされていない。

加えて今後、形質に関連した遺伝子多型による情報も多様性を理解する上で重要となってくると思われるが、このような観点を持った SNP システムはこれまで存在しない。

(3) 多様性解析と保全策戦略：以上のような背景から、アジア在来家畜の多様性を理解し、その遺伝資源としての保全策を策定することは重要かつ急務である。アジア数十カ国の在来家畜に対する SNP 分析の結果は、かつて得られなかったゲノム情報による地域家畜集団相互間の遺伝的分化と類縁関係を明らかにでき、また重要形質に対する多型の分析によりアジア全域の在来家畜集団に対して先駆的な遺伝情報を示すことが可能となる。

2. 研究の目的

本課題では、遺伝的多様性解析に恒久的な利用が可能で国際標準となる汎用性の高い SNP システムをウシ、ブタ、ニワトリにおいて構築する。この SNP システムを用いることにより、数十カ国のアジア在来家畜に対し集団内外の遺伝的多様性解析を行い、地域家畜集団相互間の遺伝的分化と類縁関係、遺伝的

構造を明らかにする。また、この SNP システムには家畜の重要形質に関連する SNP も含め、アジアレベルでの遺伝子多型分布についても調査する。最終的に、この SNP 情報から各集団における遺伝構造解析を行い、アジア在来家畜の遺伝的多様性維持に必要な保全策を提唱することを目的とした。

3. 研究の方法

ウシ、ブタ、ニワトリそれぞれに対し、高密度 SNP アレイの情報をを用い候補 SNP を選出する。選出候補となる SNP は互いに連鎖関係を持たないこと、解析する集団に対して適度な遺伝子頻度を有することが重要となる。このような観点から 300 程度の候補 SNP を選出する。また、利用可能な家畜の重要形質に関連する SNP についても選出する。

この選出した候補 SNP から、DigiTag2 法を用いた国際標準 SNP システムを構築する。DigiTag2 法のシステムは 96 SNP の単位となっているため、 $96 \times 2 = 192$ SNP までの SNP パネルを構築する。

構築した国際標準 SNP システムを用い、アジア在来家畜集団の解析を行う。申請時は記述しなかったが、アジア在来ヤギの重要性を鑑み、ヤギの SNP システム構築についても取り組んだ。得た SNP 情報から、各種の遺伝解析を実施し、地域集団間の類縁関係や集団内での多様性、集団間でのゲノム交雑度を推定する。さらに、SNP 情報から各集団におけるヘテロ接合度や集団間の遺伝距離指数解析を行い、多様性維持に必要な保全策を提唱する。

4. 研究成果

(1) ウシにおける SNP システム開発と遺伝的多様性解析：ウシにおける候補 SNP を検討した結果、ウシでは 192 SNP による DigiTag2 システムを構築した。さらに遺伝子頻度や検出精度を検討した結果、121 SNP が解析に適した SNP であることを示し、これを国際標準 SNP パネルと位置づけ、遺伝的多様性解析を試みた。

アジア在来ウシに対する解析では、黒毛和種、土佐褐毛和種、肥後褐毛和種、日本短角種、無角和種、韓牛、日本ホルスタイン、アングス、ヘレフォードの北方系牛品種に加え、インド系牛も含むモンゴル、ラオス、カンボジア、ミャンマー、ベトナム、ブータン、バングラデシュの在来牛、合計 16 品種・集団を各 30 個体研究に供した。構築した SNP パネルによる SNP 検出を行い、このデータから様々な遺伝的指数の算出や遺伝構造解析を実施した。

その結果、北方系牛はインド系牛と比較して遺伝的多様性が高いことが推測された。インド系牛の多様性の低さは、家畜化された時期が北方系牛と比べて新しく、家畜化起源が限定されていることが考えられた。遺伝構造解析では、北方系牛とインド系牛が明確に分

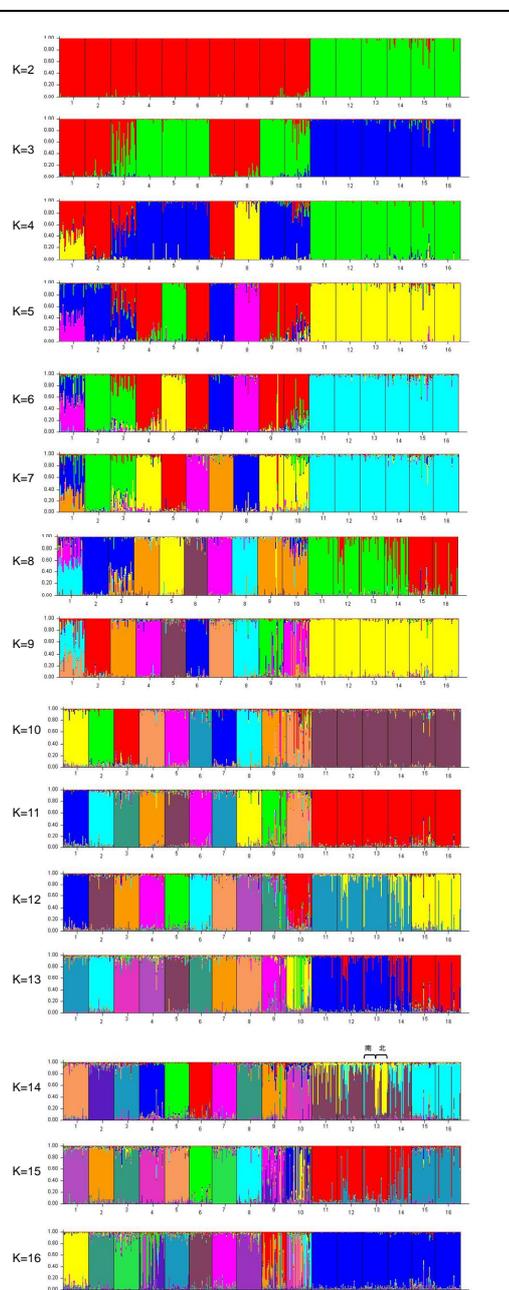
岐することが示された。北方系牛の 10 集団・品種は緩やかなクラスターを互いに形成しており、その中でもヨーロッパ品種とアジア集団が別々のクラスターを形成することが示された。しかし、日本短角種と無角和種はヨーロッパ品種とクラスターを形成し、この 2 品種はヨーロッパ品種から遺伝的影響を大きく受けていることが示唆された。

Structure による集団構造解析の結果、K 法の最適 K は K=2 であり、前述の解析と同様、北方系牛とインド系牛の明確な分岐が示された。K=3 の時、日本ホルスタインはヨーロッパ品種とアジア集団の遺伝的混在が示され、この品種の過去における日本在来牛の遺伝的貢献が示唆された。K=11 では、すべての北方系牛集団・品種は独立したクラスターを形成し、地域分化が進んでいることを示唆していた。K=13 では、モンゴル在来牛では異なる祖先起源による混在した遺伝的構造を示した。インド系牛はほとんどの場合において、すべての集団が一つのクラスターを形成し、東南アジア諸国におけるインド系牛の遺伝的斉一性が認められた (K=2-11, 16)。一方で K=8、12-15 では、ブータン在来牛とバングラデシュ在来牛がその他インド系牛の暗いスタート分岐し、やや異なる遺伝的関係を有していることが示された。同様に K=14 では、ベトナム在来牛が北部個体と南部個体で異なる遺伝的構造を示した。これはベトナム集団においては、南北で異なる品種の導入や飼育形態によることを示しているのかもしれない。

このように、和牛品種の遺伝的位置関係、東南アジア在来牛における遺伝的斉一性、モンゴルやベトナムでは遺伝的混在や地域分化の推定が可能であった。

現在の主たる改良目標でありウシの経済的価値に直接繋がる、肉形質と乳形質に関わるとされた遺伝子多型 14 個の遺伝子頻度を、11 集団 270 個体を用いて算出した。調査した遺伝子多型は、肉形質との関連が報告された 9 個の遺伝子多型 (EDG-1, AKIRIN2, GH, MC4R, RORC, FASN, SREBP-1, SCD, CAPN-1) と乳形質との関連が報告された 5 個の遺伝子多型 (OLR-1, DGAT1, GHR, Pit-1, ABCG2) を用いた。本研究では形質に好ましい影響があるとされる方のアリルを優良アリルとして頻度を算出した。その結果、肉形質に関わる多型と比較すると乳形質に関わる多型は概ね優良アリル頻度が高い傾向にあった。また、肉形質に関わるどの多型も優良アリルの方に固定されている集団は観察されなかった。これは、黒毛和種などの厳しい交配システムによる選抜がなされている集団においても、依然マーカーアシスト選抜の利用によって、さらなる改良の可能性が残されていることを示唆する結果となった。

このように、各国における形質関連遺伝子の基礎的情報を提示することにより、マーカーアシスト選抜に他集団の導入の必要性の



図ウシの SNP システムによる STRUCTURE 解析. 1: アンガス、2: ヘレフォード、3: ホルスタイン、4: 韓牛、5: 土佐褐毛和種、6: 肥後褐毛和種、7: 日本短角種、8: 無角和種、9: 黒毛和種、10: モンゴル、11: ラオス、12: カンボジア、13: ベトナム、14: ミャンマー、15: ブータン、16: バングラデシュ

有無、改良の余地の有無などの重要な情報が得られた。特に分子遺伝学的研究がほとんど行われていない集団のデータが得られたことは、世界中で共有する情報として重要な価値があると考えられた。

次いで、疾病との関連が報告された 6 遺伝子多型の遺伝子頻度を調査した。そこで黒毛和種集団で遺伝病の原因遺伝子として同定された 4 遺伝子多型 (F11 (F1115), LYST, CL-16, WFDC-1) とホルスタイン集団で遺伝病の原因遺伝子として同定された F11 遺伝子

多型 (F1176) と乳房炎抵抗性が報告された FEZL 遺伝子多型について調査した。黒毛和種集団で、他集団よりも遺伝病の原因となるアリルが比較的高頻度で観察された。また、韓牛やホルスタインで遺伝病の原因となるアリルが観察されたことや、ホルスタイン以外で FEZL の遺伝子多型の多様性が調査されたことは重要な情報であると考えられた。

(2) ブタにおける SNP システム開発と遺伝的多様性解析：ブタにおける候補 SNP を検討した結果、ブタでは 177 SNP による DigiTag2 システムを構築した。さらに遺伝子頻度や検出精度を検討した結果、101 SNP が解析に適した SNP であることを示し、これを国際標準 SNP パネルと位置づけ、遺伝的多様性解析を試みた。

アジア在来豚に対する解析では、5 品種 96 頭 (ランドレース、ラージホワイト、パークシャーおよびメイシャンは各々 19 頭、デュロック 20 頭)、奄美島豚 32 頭、ラオスとカンボジア在来豚 50 頭 (ラオス 24、カンボジア 26)、ニホンイノシシ 25 頭 (群馬で捕獲 4、島根 5、岐阜 4、広島 12) を研究に供した。

分子系統樹では、アジア系品種とヨーロッパ系品種にわかれた。標準 5 品種およびリュウキュウイノシシ、ニホンイノシシ、マンガリツツアは単独のクレイドを形成した。マンガリツツアはデュロックならびにパークシャー、ランドレースの近傍に位置した。リュウキュウイノシシは東南アジア在来豚ならびにニホンイノシシの中間部に位置した。東南アジア在来豚は単独のクレイドを形成せず、広範囲に散在した。ベトナム在来豚はラオスおよびカンボジア在来豚より比較的まとまって位置していた。またラオスおよびカンボジア在来豚はメコン川東岸に位置するカンボジア在来豚ならびにベトナム国境沿いの山岳部に分布しているラオス在来豚はクレイドを形成する傾向にあった。一方、メコン川西岸に分布するカンボジア在来豚ならびにラオス首都 (Vientiane) 近辺に生息するラオス在来豚は散在する傾向にあった。

主成分分析の結果、2 つの主成分の寄与率は 33.99% であった。欧米系品種および、リュウキュウイノシシ、メイシャンなどのアジア系集団・品種とに分かれ、分子系統樹の樹形を概ね支持する結果となった。メイシャンは他の品種と混在しておらず、リュウキュウイノシシおよび東南アジア在来豚、ニホンイノシシからも離れて位置していた。一方、リュウキュウイノシシは東南アジア在来豚と混在していた。ニホンイノシシは東南アジア在来豚ならびにリュウキュウイノシシとはわずかに離れて位置した。

Structure による集団構造解析を行った。

K 法では、最適 K は K=2 であった。これは本研究で用いたブタおよびイノシシ集団を遺伝子構成の異なる 2 つの集団に分けることができるということを示している。欧米系品

種 (ラージホワイト、ランドレース、デュロック、パークシャー、マンガリツツア) ならびに一部のアグーは緑色の要素、リュウキュウイノシシおよび東南アジア在来豚 (ラオス、カンボジア、ベトナム)、メイシャン、ニホンイノシシなどは赤色の要素から構成され、分子系統樹ならびに主成分分析と一致した。平均尤度法では、最適 K は K=6 となった。欧米系品種は緑色の要素から成り、概ね類似した集団構造であった。一方、アジア系集団・品種は多様な集団構造であった。リュウキュウイノシシは青色の要素から構成されていた。この要素はリュウキュウイノシシのみに見られ、独自の集団構造をとっていた。ニホンイノシシは赤色の要素、メイシャンは赤色ならびに茶色の要素から構成されていた。一方、東南アジア在来豚は均一な集団構造をとらず多様な遺伝子構成であった。

東南アジア在来豚が遺伝的に多様であることはこれまで多く報告されている。ベトナム在来豚にはピンク色の要素があり、これはラオスならびにカンボジア在来豚にはあまり存在しない要素であった。このことから、ベトナム在来豚の集団構造はラオスならびにカンボジア在来豚のそれと異なることを明らかにした。

リュウキュウイノシシおよび他のイノシシ、ブタのミトコンドリア DNA を解析した過去の報告では、リュウキュウイノシシはベトナム在来豚と同じクレイドに属していた。主成分分析においても、ベトナム在来豚とリュウキュウイノシシは混在しており、過去の報告と一致した。一方、分子系統樹ではリュウキュウイノシシならびにベトナム在来豚は同じクレイドに属しなかったこと、ならびに集団構造解析ではリュウキュウイノシシにはベトナム在来豚の要素は含んでおらず、独自の要素が構成されていることを明らかにした。このことからリュウキュウイノシシおよびベトナム在来豚は類似した遺伝子構成を持たないことが示唆された。リュウキュウイノシシの遺伝的な位置をより明らかにするため、今後は奄美大島および西表島などに生息するリュウキュウイノシシなども解析に加える予定である。

本分子系統解析システムの精度を測るため、総合同値確率を算出した。総合同値確率は 1.95×10^{-28} であった。これは少なくとも 10^{-27} 頭のブタならびにリュウキュウイノシシ、ニホンイノシシの個体識別が理論上可能な精度であることを示している。全世界で飼育されているブタは約 9.7×10^8 頭であり、本分子系統解析システムを用いれば個体識別が十分可能であり、本解析システムは非常に有用な分子系統解析法であるといえた。

(3) ニワトリにおける SNP システム開発と遺伝的多様性解析：ニワトリにおける候補 SNP を検討した結果、ニワトリでは 96 SNP による DigiTag2 システムを構築した。さらに遺

伝子頻度や検出精度を検討した結果、76 SNP が解析に適した SNP であることを示し、これを国際標準 SNP パネルと位置づけ、遺伝的多様性解析を試みた。

アジア在来鶏に対する解析では、10 集団(プロイラー、レイヤー、ロードアイランドレッド、インギー鶏、薩摩鶏、アローカナ、ライトサセックス、白色プリマスロック、小国、土佐地鶏)とヤケイ 4 集団(セキショクヤケイ、アオエリヤケイ、セイロンヤケイ、ハイロヤケイ)の合計 14 集団 240 個体を研究に供した。

本システムによる集団の遺伝的多様性を評価したところ、セキショクヤケイ、プロイラー、薩摩鶏、ロードアイランドレッドで遺伝的多様性が高く、アローカナ、インギー鶏、レイヤーで低く評価された。特にインギー鶏は、 F_{IS} も正の値を示していることから近親交配が少なからず進んでいることが考えられる。また、2 集団(小国、アローカナ)で集団内に明確に異なる 2 つの遺伝的要素が見られたこと、3 集団(薩摩鶏、土佐地鶏、セキショクヤケイ)で遺伝的に複雑な集団構造が観察され、Wahlund 効果も見られた。つまり、これら 5 集団は遺伝子頻度の異なる複数の分集団から構成されていると考えられた。薩摩鶏、土佐地鶏、小国、セキショクヤケイにおける分集団化は、採材の場所や系統・亜種などに起因するものと考えられた。また、アローカナの 2 つの分集団における遺伝的多様性は、正反対であることが分かった。他方、土佐地鶏は、いずれの解析結果からも他の集団と比較して遺伝子構成の異なる集団であると推察された。

次に、集団間の遺伝的類縁関係を検討した。pair-wise F_{ST} 値による系統樹からは、セキショクヤケイ、小国、土佐地鶏のクラスター、薩摩鶏、インギー鶏、ライトサセックスのクラスター、その他のコマーシャル鶏 5 集団のクラスターの 3 つに分けられた。さらに、コマーシャル鶏 5 集団のクラスター内で卵用品種のクラスター、卵肉兼用・肉用品種のクラスターに分かれた。小国と土佐地鶏がセキショクヤケイと同じクラスターに収束したことから、この 2 品種が、本研究で用いたニワトリの中でセキショクヤケイに近いことが示唆された。しかし、pair-wise F_{ST} 値から、小国と土佐地鶏は遺伝的に離れていると考えられた。また、薩摩鶏とインギー鶏が、コマーシャル鶏と同じクラスターに収束したことから、薩摩鶏とインギー鶏は、小国や土佐地鶏に比べて選抜が進んだ集団であることが推察された。

(4) ヤギにおける SNP システム開発と遺伝的多様性解析：ヤギについては、その他の家畜種のようなゲノム情報や SNP 情報は存在していなかった。したがって、家畜ヤギの新しい SNP マーカーを開発するため、ウシやヤギのゲノム情報を利用し、機能遺伝子のイントロ

ン中の多型を探索した。ヤギにおける候補 SNP を検討した結果、58 SNP によるパネルシステムを構築した。経費と時間の観点から DigiTag2 法によるシステム開発は行わず、通常の PCR-RFLP による遺伝的多様性解析を試みた。

これらのマーカーを用い、10 集団からなるアジア在来ヤギに対して遺伝学的分析を行った。系統樹や主成分分析による遺伝的類縁関係は、概ね地理学的な位置関係と一致することが明らかとなった。STRUCTURE 分析では、この 10 集団が 6 つのクラスターに分類できることが示され、またミャンマーとカンボジア集団においては、地域によって遺伝的な混在状態が見られた。これは近隣集団やインド改良品種からの遺伝的流入が原因であることが示された。家畜化起源からの距離と遺伝的多様性との相関を調べたところ、負の相関が認められた。この結果は、西アジアが家畜ヤギの主たる家畜化起源である仮説を支持していた。

(5) 総括：本研究では、国際的に使用可能な SNP システムを構築した。これらのシステムは、ウシでは 121 SNP、ブタでは 101 SNP、ニワトリでは 76 SNP、ヤギでは 58 の SNP から構築される。本システムを用いた遺伝構造解析の結果から、ウシ、ブタ、ニワトリ、ヤギのアジア在来家畜の品種や地域分岐、遺伝的混在程度を明らかにすることができた。

アジア在来家畜全体における遺伝的多様性維持のためには、本研究で示した遺伝的指標を用いて評価される地域系統や希少系統を保持することが重要であるとの結論を得た。

5 . 主な発表論文等

[雑誌論文](計 7 件)

Yamaji K, Hosokawa D, Ishii AI, Oyama K, Mannen H, Sasazaki S. Identification of quantitative trait loci affecting economic traits based on divergently selected regions between beef and dairy cattle. *Livestock Science*. 査読有、155: 180-185. 2013.

Doi: 10.1016/j.livsci.2013.05.017

Lin BZ, Kato T, Kaneda M, Matsumoto H, Sasazaki S, Mannen H. Genetic diversity and structure in Asian native goat analyzed by newly-developed SNP markers. *Anim. Sci. J.* 査読有、84(8):579-584. 2013.

Doi: 10.1111/asj.12039

Lin BZ, Odahara S, Ishida M, Kato T, Sasazaki S, Nozawa K, Mannen H. Molecular phylogeography and genetic diversity of East Asian goats. *Anim Genet*. 査読有、44(1):79-85. 2013.

Doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02358.x

Maw AA, T. Shimogiri, Riztyan, K. Kawabe, Y. Kawamoto, S. Okamoto. Genetic diversity of Myanmar and Indonesia native chickens together with two jungle fowl species by using 102 indels polymorphisms. Asian-Aust. J. Anim. Sci., 査読有、25 (7) : 927-934. 2012.

Doi: 10.5713/ajas.2011.11511

西堀正英, 澤田裕紀子, 庭田 悟, 下桐 猛, 安江 博. DigiTag2 法を用いたブタ SNPs 解析システムの構築とその分子系統解析への応用. DNA 多型、査読有、20: 17-20. 2012.

<http://dnapol.umin.jp/>

Kaneda M, Lin BZ, Sasazaki S, Oyama K, Mannen H. Allele Frequencies of gene polymorphisms related to economic trait in Bos taurus and Bos indicus cattle breeds. Anim. Sci. J. 査読有、82: 717-721. 2011.

Doi:10.1111/j.1740-0929.2011.00910.x

Sasazaki S, Hosokawa D, Ishihara R, Aihara H, Oyama K, Mannen H. Development of discrimination markers between Japanese domestic and imported beef. Anim. Sci. J. 査読有、82: 67-72. 2011.

Doi: 10.1111/j.1740-0929.2010.00820.x

[学会発表](計8件)

Yonesaka R, Sasazaki S, Yasue H, Niwata S, Mukai F, Mannen H. Genetic diversity and relationship among 16 Asian and European cattle populations using 121 autosomal SNPs genotypes by the DigiTag2 assay. 34th International Conference on Animal Genetics. 2014.7.28-8.1. Xian, China.

Waki A, Sasazaki S, Kobayashi E, Mannen H. Paternal genetic structure of Asian goats using SRY gene. 34th International Conference on Animal Genetics. 2014.7.28-8.1. Xian, China.

脇 愛生, 笹崎晋史, 万年 英之. SRY 遺伝子を用いたアジア在来家畜ヤギの多様性解析. 第116回日本畜産学会大会. 2013.3.30. 広島.

Mannen H, Lin BZ, Kato T, Kaneda M, Matsumoto M, Sasazaki S. Genetic diversity and structure in goat analyzed by newly-developed SNPs. 33rd International Conference on Animal Genetics. 2012.7.15-20. Cairns, Australia.

Kato T, H Matsumoto, S Sasazaki, T Akiyama, M Fukushima, E Yoshida, T Nomura, H Mannen. Evaluation of genetic diversity in Japanese Black cattle population using SNP-MaP strategy. 33rd International Conference on Animal Genetics. 2012.7.15-20. Cairns, Australia.

Yasue H, Shimogiri T, Niwata S, Nishibori M, Mannen H. Genotyping of genes responsible for 7 defective traits in Japanese Black by the DigiTag2 assay. 33rd International Conference on Animal Genetics. 2012.7.15-20. Cairns, Australia.

浜田秀一, 大西諒貴, 庭田悟, 下桐猛, 小林栄治, 安江博, 西堀正英. DigiTag2 法を用いたブタおよびイノシシの SNP 解析システムの構築とその分子系統解析. 日本動物遺伝育種学会, 2012.10.6. 東北大学.

梶山亮介, 原 和弘, 笹崎 晋史, 松本 大和, 安江博, 向井文雄, 万年英之. DigiTag2 アッセイを用いたウシ個体識別及び親子鑑定システムの確立. 第61回関西畜産学会大会. 2011.9.12. 岡山.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

万年 英之 (MANNEN, Hideyuki)

神戸大学・大学院農学研究科・教授

研究者番号: 20263395

(2) 研究分担者

笹崎 晋史 (SASAZAKI, Shinji)

神戸大学・大学院農学研究科・准教授

研究者番号: 50457115

(3) 研究分担者

西堀 正英 (NISHIBORI, Masahide)

広島大学・大学院生物圏科学研究科・准教授

研究者番号: 80237718

(4) 研究分担者

下桐 猛 (SHIMOGIRI, Takeshi)

鹿児島大学・農学部・准教授

研究者番号: 40315403

(5) 研究分担者

本多 健 (HONDA, Takeshi)

神戸大学・大学院農学研究科・助教

研究者番号: 10432551