

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 5 月 23 日現在

機関番号：15401

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26292139

研究課題名(和文) ゲノム情報に基づくニワトリ・ブタの家畜化・家畜化起源探索と遺伝的分化の解明

研究課題名(英文) Molecular phylogenetic study on domestic process and global gene migration of chicken and pigs

研究代表者

西堀 正英 (NISHIBORI, Masahide)

広島大学・生物圏科学研究科・准教授

研究者番号：80237718

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,500,000円

研究成果の概要(和文)：ニワトリ、ブタでミトコンドリアDNAやSNPsなどの遺伝マーカーによるグローバルかつ大規模に分子系統学的解析を行った。(1)イノシシ、ブタでは、その分子系統樹は集団毎に分岐、クレードアジアのイノシシと中国由来ブタ、欧米ブタ集団に大別。ニホンイノシシとリュウキュウイノシシ(RWB)は遺伝的に分離され、RWBは沖縄本島、奄美大島、徳之島、加計呂麻島、石垣島と西表島の大きく二分し、島毎に6つに分岐。RWBはブタやイノシシとは遺伝的に遠く、特異的な集団構造をとることが明らかになった。(2)ニワトリのグローバル解析でアフリカ在来鶏は地中海ルートとインド洋ルートで移動した可能性が示唆された。

研究成果の概要(英文)：Molecular phylogenetic study on domestic process and global gene migration of chickens and pigs were carried out using mitochondrial DNA and single nucleotide polymorphisms as molecular markers. In phylogenetic tree of wild boars and pigs using SNPs, (1) separated clades were formed for each breed, subspecies or population, (2) Japanese wild boar (JWB) and Ryukyu one (RWB) separated into two clades obviously, and especially RWB had formed five clades in each island. In molecular analysis of chickens using mitochondrial DNA, it suggested the dual origins of African native chickens. The first group was probably originated from South Asia, and then migrated to West Asia, and finally arrived to Africa thorough Egypt. The second group migrated from Pacific to East Africa via Indian Ocean probably by Austronesian people. Therefore, these obtained findings are important for the better understanding of the diversity and uniqueness of chickens (junglefowls) and pigs (wild boars).

研究分野：動物遺伝学

キーワード：ゲノム ニワトリ ヤケイ イノシシ ブタ ドメスティケーション 分子系統 遺伝子流動

1. 研究開始当初の背景

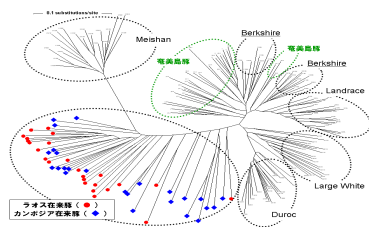
(1) 研究の社会的・学術的背景

ニワトリとブタはヤケイとイノシシが家禽化、家畜化されたものである(アジアの在来家畜, 在来家畜研究会編, 2009)。ニワトリは、東南アジア・南アジアでセキショクヤケイから、ブタはヨーロッパおよびアジアでイノシシから、ともに家禽化・家畜化の歴史は1万年程度とされている。さらに家禽化・家畜化され、ともに多くの在来品種、とくにアジア各国では多種多様な在来鶏および在来豚が生息している。一方では、ニワトリおよびブタともに品種改良された多くの改良品種および産業用品種が作出されている(世界家畜品種事典, 東洋書店, 2006)。ところが家禽家畜化から各品種成立までのプロセス、品種間の遺伝的類縁関係に関して多数の報告があるが、解析に用いる手法、対象の遺伝子あるいは塩基配列によって遺伝的類縁関係から作られる系統樹のトポロジーは異なっている。それぞれ作製された系統樹とこれまでに報告された系統樹とを比較し、議論が繰り返されてきた(Castresana, 2007)。さらにこの遺伝的類縁関係の解析には血液型、アイソザイム、マイクロサテライトDNA、ミトコンドリアゲノムなどの多型情報が用いられ、この問題は複雑化している。

ニワトリおよびブタの遺伝的類縁関係を明らかにするには、特定の形質を制御する遺伝子など遺伝的に偏った遺伝様式を示す遺伝子を用いず、より多くの遺伝子、とくに中立に進化する遺伝子をより多く対象としてその多型を検出することが重要である(Nei and Kumar, 2000)。このためにはここ数年、解析技術が飛躍的に進んだSingle Nucleotide Polymorphisms (SNPs)をゲノムDNAおよびミトゲノムDNAを対象にして解析することが最善である。最終的には、全ゲノム配列情報を用いた解析を行えば、必然的に真の類縁関係、系統関係が明らかになるものと思われる。そこで本申請課題では、ニワトリおよびブタについて我々のグループが構築してきたDigiTag2によるSNP解析システムを活用し、60年の歴史をもつ在来家畜研究会を中心に収集してきた1,000個体を超えるDNAおよびその表現型情報を用い、アジアを中心に大規模解析を行い、ニワトリ・ブタの家禽化・家畜化から品種分化、遺伝的類縁関係を明らかにする。

(2) 研究期間内に何をどこまで明らかにしようとするのか

これまでニワトリとブタのSNPs解析システムをDigiTag2法をベ



109 SNPs, ブタ 178 個体の分子系統樹

スに構築してきた。この手法を用いて一部 SNPs 解析を実施し、そのタイピング情報を基に分子系統樹を構築し、さらに集団解析を実施したとこ

る、解析システムの信頼性を示す数値・総合値確率は、ニワトリとブタでそれぞれ $P=2.70 \times 10^{-20}$ および $P=2.99 \times 10^{-28}$ であり、これは理論上少なくとも 10^{19} のニワトリとヤケイおよび 10^{27} 頭のブタとニホンイノシシを区別することができる精度である(西堀ら, 2010; Shimogiri *et al.*, 2012)。つまり、現在世界中で飼育されているニワトリが 1.7×10^{10} 羽、ブタが 9.6×10^8 頭であることから世界中全ての個体を識別できる精度を有している。このシステムを有効に活用して、60年の歴史をもつ在来家畜研究会を中心に収集してきた1,000個体を超えるDNAについてアジアを中心に大規模解析を実施する。加えて、SNPsによる分子系統樹で得られるトポロジーを比較的補完するとされているミトゲノムのSNPsによる分子系統樹と比較しながら、分子系統解析を実施する。この成果を纏め、ニワトリ・ブタの家禽化、家畜化の場所、時間の推定を行い、アジア在来集団および改良産業品種の遺伝的類縁関係の推定を実施する。

本申請課題では、(1)ニワトリとブタSNPs解析システム(DigiTag2)を用いて、ヤケイとニワトリ、イノシシとブタのSNPsタイピングを実施し、分子系統樹を構築する。(2)在来家畜研究会を中心に収集してきたニワトリおよびブタ各1,000個体以上(アジア在来鶏および在来豚を中心に、日本、沖縄(琉球列島)、ベトナム、カンボジア、ラオス、タイ、ミャンマー、バングラディッシュ、ブータン、インドネシア、フィリピン、台湾およびカザフスタン)を解析する。(3)ニワトリについて、我々のグループはヨーロッパおよびアメリカにおける改良産業品種のゲノムDNAを4,000個体以上収集し、これらを在来品種と比較するために解析する。(4)SNPs分子系統樹を保証するためのミトゲノム分子系統樹もあわせて構築する。(5)SNPsタイピング結果から、ヤケイ、ニワトリ、イノシシ、ブタの各集団解析(Structure, 主成分分析)を実施する。

本申請課題の成果により、(1)ニワトリとブタの家禽化、家畜化およびそれぞれの分化過程を明らかにすることができ、(2)個体ごとに形態および表現型情報の収集も行っており、表現型と遺伝子型の相関解析を行うことができ、(3)新品種作出あるいは疾病抵抗性品種の育種改良にも大きく寄与することができるものと期待される。

2. 研究の目的

ニワトリとブタはヤケイとイノシシがそれぞれ家禽化、家畜化されたものである。その結果、多くの品種が作出され、それらを基に育種改良されてきた。しかしどこで家禽化、家畜化され、どのようなプロセスで品種分化が進んだのか。その解析結果は解析の対象とした遺伝子によって異なっている。本申請課題では、ニワトリとブタの近縁野生種、アジア在来集団および改良産業品種を対象に、ミトコンドリアDNAおよび複数のSNPsを用いて大規模に分子系統学的解析を実施する。解析サンプルには60年の歴史をもつ在来家畜研究会を中心に収集してきた1,000個体を超えるDNAおよびその表現型情報を用い、

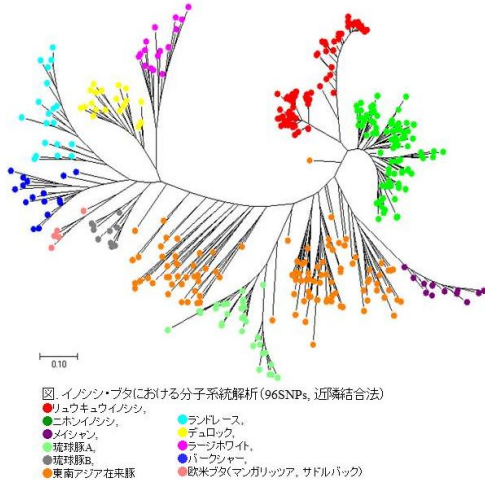
アジアを中心に大規模解析を行う。この成果によりニワトリとブタの家畜化、家畜化とそれぞれの分化過程を明らかにすることができ、新品種作出や疾病抵抗性品種の育種改良に寄与することができる。

3. 研究の方法

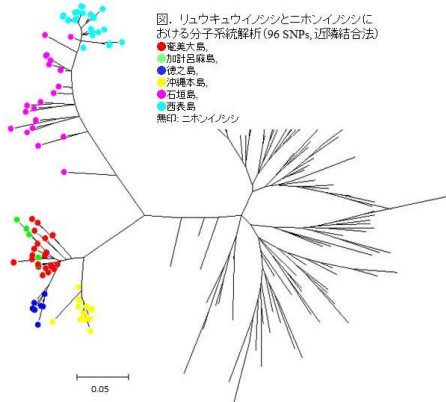
本申請課題では、(1)ニワトリとブタ SNPs 解析システム(DigiTag2)を用いて、ヤケイとニワトリ、イノシシとブタの SNPs タイピングを実施し、分子系統樹を構築する。(2)在来家畜研究会を中心に収集してきたニワトリおよびブタ各 1,000 個体以上を解析する。(3)ニワトリについて、我々のグループではヨーロッパおよびアメリカにおける改良産業品種のゲノム DNA を 4,000 個体以上収集し、これらを在来品種と比較するために解析する。(4)SNPs 分子系統樹を保証するためのミトゲノム分子系統樹もあわせて構築する。(5)SNPs タイピング結果から、ヤケイとニワトリ、イノシシとブタの各集団解析を実施する。

4. 研究成果

(1)イノシシ、ブタでは、その分子系統樹はそれぞれの集団毎に分岐、クレードを形成し、アジアのイノシシと中国由来のブタ、欧米のブタ集団に大別された。

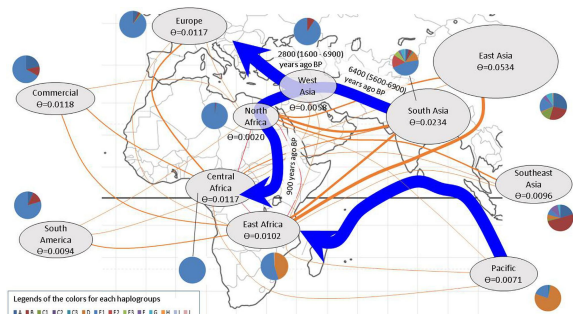


ニホンイノシシ(JWB)とリュウキュウイノシシ(RWB)は遺伝的に分離された。RWB は 沖縄本島、奄美大島、徳之島、加計呂麻島、石垣島と西表島の大きく二分し、さらに各島々毎に 6 つにも分岐した。しかし RWB はラオス・カンボジア・ブータンのイノシシと近縁ではなかつた。



た。さらに RWB は他のブタ・イノシシと遺伝的に遠く、特異的な集団構造をとることが明らかになった。

(2)ニワトリとヤケイの 600 個体以上のミトゲノム分子系統樹を構築し、61 ハプロタイプを見出した。これらからアフリカ大陸の在来鶏は北部地中海からと南部や中央アフリカを経由する 2 つのルートで移動した可能性が示唆された。



(3)タイでヤケイのドメスティケーションモデルを発見し、本遺伝マーカーシステムを使い、表現型ヤケイ個体の遺伝子型は、ヤケイ集団と在来鶏ハイブリット集団に分かれた。

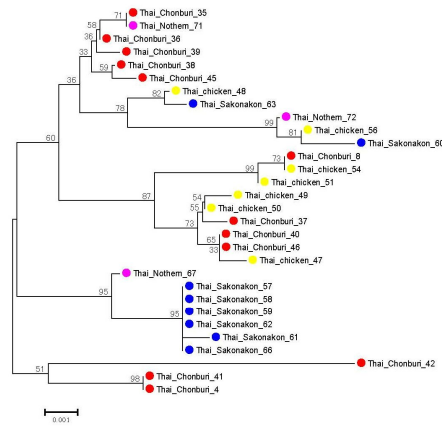


図. NJ 法を用いて作製した分子系統樹

タイで採取したセキショクヤケイおよび在来鶏、合わせて 30 個体を用いて mtDNA D-loop 全領域 (1,231bp) を基に作製した。

5. 主な発表論文等

(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 9 件)

1. Nishibori M, Ghanem ME, Osman SAM, Kazymbet P, Bakhtin M, Alykhan M, Suleimenov MZ, Kazhmrat AM, Taubaev U, Bibigul SB, Mannen H, and Yamamoto Y. Mitochondrial Genetic Diversity of *Saiga tatarica tatarica* (Saiga Antelope) in Kazakhstan. *Rep. Soc. Res. Native Livestock*, 28 : 27-35, 2017. (査読無)
2. Osman AMS, Yonezawa T, and Nishibori M. Origin and genetic diversity of Egyptian native chickens based on complete sequence of

- mitochondrial DNA D-loop region. *Poultry Science*, 95(6):1248-1256, 2016. (査読あり)
3. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. 生活圏に生息する動物種を対象とした分子種判別法の利活用に関する研究. *DNA 多型*, 24:87-89, 2016. (査読無)
 4. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. Multiplex PCR 法と簡易検出法を組み合わせた動物の分子種判別法に関する研究. *DNA 多型*, 23: 61-63, 2015. (査読無)
 5. 山本義雄・西堀正英. 2013 年タイ国におけるセキショクヤケイ調査概要. *在来家畜研究会報告*, 27: 19-22, 2015. (査読無)
 6. Yamamoto Y, Nishibori M, Wanghongsa S, and Tirawattanawanich. Genetic diversity and differentiation of Red Junglefowl in Thailand. *Rep. Soc. Res. Native Livestock*, 27: 23-33, 2015. (査読無)
 7. Hamada S, Kurosawa Y, and Nishibori M. How to collect samples during investigations of domestic animals and related wild species ~A model using the Ryukyu wild boar (*Sus scrofa riuluanus*) in the Ryukyu islands ~, *Rep. Soc. Res. Native Livestock*, 27: 23-33, 2015. (査読無)
 8. Osman AMS, and Nishibori M. Phylogenetic Analysis of South East Asian Countries Chickens Based on Mitochondrial DNA Variations. *Journal of Poultry Science*, 51(3): 248-261, 2014. (査読あり)
 9. Hamada S, Kurosawa Y, Takada M, Niwata S, Shimogiri T, Onishi R, Yasue H, and Nishibori M. Phylogenetic analysis among pigs and wild boars with SNPs information. *DNA polymorphism*, 22(1): 31-34, 2014. (査読無)

〔学会発表〕(計 35 件)

1. Ito M, Takeuchi K, Hamada S, Aratani T, Takada M, Niwata S, Shimogiri T, Yasue H, Yasuda K, Kurosawa Y, and Nishibori M. Molecular phylogenetic analysis and morphological features of Ryukyu wild boar in Japan. PAG in Asia 2017, May 29-31, 2017, Seoul, Korea.
2. Haneda M, Fukuda K, Kobayashi S, Tsuboi S, Ito M, Nakano H, Horiuchi H, and Nishibori M. Factors influence avian sex determination and differentiation. PAG in Asia 2017, May 29-31, 2017, Seoul, Korea.
3. Nishibori M, Ghanem ME, Osman SAM, Kazymbet P, Bakhtin M, Alykhan M, Suleimenov MZ, Kazhmrat AM, Taubaev U, Bibigul SB, Mannen H, and Yamamoto Y. Why Saiga antelope (*Saiga tatarica*) died unexpected and frequently in Kazakhstan? PAG in Asia 2017, May 29-31, 2017, Seoul, Korea.
4. Ito F, Onishi R, Yamashita H, Yasue H, and Nishibori M. DNA polymorphism on a tool for molecular discrimination in animal species. Plant and Animal Genome XXV, January 14-19, 2017,

San Diego, CA, USA.

5. Nishibori M, Osman SAM, Kazymbet P, Bakhtin M, Alyan M, Suleimenov MZ, Kazhmrat AM, Bibigul SB, and Yamamoto Y. Mitochondrial genetic diversity of *Saiga tatarica tatarica* (Saiga antelope) in Kazakhstan. Plant and Animal Genome XXV, January 14-19, 2017, San Diego, CA, USA.
6. Aratani T, Takeuchi K, Hamada S, Kurosawa Y, Niwata S, Shimogiri T, Yasue H, and Nishibori M. Origin of a porcine SNP of prolactin receptor gene. The 17th Asian-Australian Association of Animal Production Society Animal Science Congress, August 22-25, 2016, Hakata, Fukuoka, Japan.
7. Kurosawa Y, Osman SAM, Yamamoto Y, and Nishibori M. Study on domestication process of Asian Junglefowls. The 17th Asian-Australian Association of Animal Production Society Animal Science Congress, August 22-25, 2016, Hakata, Fukuoka, Japan.
8. Ito F, Onishi R, Yamashita H, Yasue H, Nishibori M. Study on molecular discrimination for animal species. The 17th Asian-Australian Association of Animal Production Society Animal Science Congress, August 22-25, 2016, Hakata, Fukuoka, Japan.
9. Takeuchi K, Hamada S, Aratani T, Ito M, Kurosawa Y, Takada M, Niwata S, Shimogiri T, Yasue H, Watanabe S, and Nishibori M. Morphological and molecular phylogenetic Analysis of Ryukyu Wild Boar. 17th AAAP Animal Science Congress, 22-25 August, 2016. Hakata, Fukuoka, Japan.
10. Sayed A.-M. Osman, Takahiro Yonezawa and Masahide Nishibori. Genetic structure and diversity of Egyptian native chicken as inferred from the complete mitochondrial DNA D-loop sequence and its played role on the origin and evolution of African native chickens. Plant and Animal Genome XXIV Conference, 10-14 January, 2016. San Diego, CA, USA.
11. 伊藤真穂・竹内佳子・濱田秀一・荒谷友美・安田喜禮・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英・黒澤弥悦. 日本におけるイノシシ(*Sus scrofa*)の遺伝的集団構造および分子系統解析. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.
12. 伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英. PAS による、より簡便な分子種判別技術. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.
13. 本間香帆・黒澤祐人・Sayed Osman・山本義雄・米澤隆弘・西堀正英. アフリカ大陸の在来鶏におけるミトコンドリア DNA を用いた遺伝子流動の推定. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.
14. 荒谷友美・竹内佳子・伊藤真穂・黒澤弥悦・庭田悟・安江博・奥田ゆう・国枝哲夫・

西堀正英. イノシシにおける RYR1 遺伝子変異 SNP と麻酔感受性について. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.

15. 西堀正英・伊藤文香・竹内佳子・大西諒貴・山本義雄・黒澤弥悦・木村李花子・高橋幸水・野村こう・角田健司・山縣高宏・国枝哲夫・万年英之・M.Zh.Suleimenov・

A.Meldelokov・A.Kazhmrar・S.B.Bibigul・M.Bakhtin・P.Kazymbet. カザフスタン在来家畜とその近縁野生種の遺伝資源学的国際協同調査研究. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.

16. Ghanem Mohamed Elshabraway・Masahide Nishibori. Detection and screening of the APAF1 gene mutation in aborted and mummified fetuses in Japanese dairy herds. 日本畜産学会第 122 回大会. 2017 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 神戸大学, 神戸市.

17. 黒澤祐人・山本義雄・Sayed AM. Osman・Khwanruan Srinui・Monchai Duangjinda・西堀正英. セキショクヤケイにおける家禽化の行動観察および分子遺伝学的解析. 日本家禽学会春季大会. 2017 年 3 月 31 日, 神戸大学, 神戸市.

18. 伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英. DNA 簡易検出法 (改良 PAS 法) を用いた分子種判別方法の効率的な利活用. 日本 DNA 多型学会第 25 回学術集会, 2016 年 12 月 1 日 ~ 2 日, 東京大学大気海洋研究所, 柏市, 千葉県.

19. 伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英. 陳旧試料に対する簡易検出 PAS 法を用いた分子種判別の構築. 日本動物遺伝育種学会第 17 回年次大会, 2016 年 11 月 5 日 ~ 6 日, 名古屋大学, 名古屋市.

20. 竹内佳子・濱田秀一・荒谷友美・伊藤真穂・安田喜禮・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英・黒澤弥悦. リュウキュウイノシシにおける上顎骨の形態にみとめられる地理的差異および分子系統解析. 日本哺乳類学会 2016 年度大会, 2016 年 9 月 23 日 ~ 26 日, 筑波大学, つくば市.

21. 伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英. 簡易検出法による分子種判別方法の検討およびその利活用. 日本畜産学会第 121 回大会, 2016 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

22. Sayed A.-M. Osman, Masahide Nishibori and Takahiro Yonezawa. Complete mitochondrial genome of Japanese native chicken breed Tosa-jidori *Gallus gallus* shed light on the origin and evolution of Japanese native chickens. 日本家禽学会春季大会, 2016 年 3 月 31 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

23. 黒澤祐人・Sayed A.-M. Osman・山本義雄・西堀正英. アジアにおけるヤケイの家禽化プロセス解析. 日本家禽学会春季大会, 2016 年 3 月 31 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

24. 竹内佳子, 濱田秀一, 荒谷友美, 黒澤弥

悦, 庭田悟, 下桐猛, 安江博, 西堀正英. リュウキュウイノシシにおける上顎骨の形態にみとめられる地理的変異および分子系統解析. 日本畜産学会第 121 回大会, 2016 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

25. 伊藤文香, 大西諒貴, 山下裕樹, 安江博, 西堀正英. 簡易検出方法による分子種判別方法の検討およびその利活用. 日本畜産学会第 121 回大会, 2016 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

26. 荒谷友美, 竹内佳子, 濱田秀一, 黒澤弥悦, 庭田悟, 下桐猛, 安江博, 西堀正英. ブタ PSE 肉関連 SNP における分子系統学的考察. 日本畜産学会第 121 回大会, 2016 年 3 月 27 日 ~ 30 日, 日本獣医生命科学大学, 武蔵野市.

27. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. 生活圏に生息する動物種を対象とした分子種判別法の利活用に関する研究. 日本 DNA 多型学会第 24 回学術集会. 2015 年 11 月 19 日 ~ 20 日, 岡山大学津島キャンパス「創立五十周年記念館」岡山市.

28. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. 生物圏に共存する動物を対象とした分子種判別法の検討およびその利活用. 日本動物遺伝育種学会第 16 回大会, 2015 年 11 月 6 日 ~ 8 日, 神戸大学大学院農学研究科, 神戸市.

29. 竹内佳子・濱田秀一・黒澤弥悦・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英. ミトゲノムと核ゲノムを用いたアジアのイノシシとブタとの遺伝的類縁関係. 日本動物遺伝育種学会第 16 回大会, 2015 年 11 月 6 日 ~ 8 日, 神戸大学大学院農学研究科, 神戸市.

30. 荒谷友美・竹内佳子・濱田秀一・黒澤弥悦・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英. イノシシおよびブタにおいて経済品質と関連が報告されている SNP の分子系統学的考察. 日本動物遺伝育種学会第 16 回大会, 2015 年 11 月 6 日 ~ 8 日, 神戸大学大学院農学研究科, 神戸市.

31. 浦崇明・野田亜矢子・南心司・安江博・西堀正英. PAS を用いた家禽の非侵襲的な分子性判別法の構築. 日本家禽学会 2015 年春季大会, 2015 年 3 月 30 日, 宇都宮大学, 宇都宮市.

32. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. Multiplex PCR 法と簡易検出法を組み合わせた分子種判別法の構築. 日本畜産学会, 2015 年 3 月 28 日 ~ 30 日. 第 119 回日本畜産学会大会, 宇都宮大学, 宇都宮市.

33. 伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英. Multiplex PCR 法と簡易検出法を組み合わせた動物の分子種判別法に関する研究. 日本 DNA 多型学会, 2014 年 11 月 26 日 ~ 27 日, 愛知県産業労働センターウインクあいち, 名古屋市.

34. 浦崇明・野田亜矢子・南心司・西堀正英. 鳥類の分子性判別技術に関する研究. 日本動物遺伝育種学会第 15 回大会, 2014 年 10 月 30 日 ~ 11 月 1 日, 独立行政法人理化学研究

所，和光市。

35. 大西諒貴・伊藤文香・川瀬三雄・丹羽孝介・安江博・西堀正英 .PAS(Printed-array-strip)を用いた新たな家畜種判別法の開発．日本動物遺伝育種学会第 15 回大会，2014 年 10 月 30 日～11 月 1 日，独立行政法人理化学研究所，和光市

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

○出願状況(計 0 件)

○取得状況(計 0 件)

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.rcas.hiroshima-u.ac.jp/index.html>

「日本型(発)畜産・酪農技術開発センター」(吉村幸則センター長(大学院生物圏科学研究科 教授))では、「安全で高い生産機能を発揮する先進畜産技術開発の教育研究」を目的とし、国内外の研究ネットワークを形成しながら、最新の基礎研究を活かしたイノベーションにより畜産・酪農を新産業化し、食料増産を介して世界(特にアジア地域)に貢献することを目指しています。

<http://home.hiroshima-u.ac.jp/gsbstop/interview/ja/nishibori.html>

大学院生物圏科学研究科における「教授に聞く(教授インタビュー)」において、研究成果の一部を公開しています。

優秀研究賞・発表賞受賞(計 5 件)

(1) 日本畜産学会優秀発表賞：伊藤真穂・竹内佳子・濱田秀一・荒谷友美・安田喜禮・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英・黒澤弥悦．日本におけるイノシシ(*Sus scrofa*)の遺伝的集団構造および分子系統解析．日本畜産学会第 122 回大会 2017 年 3 月 27 日～30 日，神戸大学，神戸市。

(2) 日本畜産学会優秀発表賞：伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英 .PAS による、より簡便な分子種判別技術．日本畜産学会第 122 回大会．2017 年 3 月 27 日～30 日，神戸大学，神戸市。

(3) 日本哺乳類学会優秀研究賞：竹内佳子・濱田秀一・荒谷友美・伊藤真穂・安田喜禮・庭田悟・下桐猛・安江博・西堀正英・黒澤弥悦．リュウキュウイノシシにおける上顎骨の形態にみとめられる地理的差異および分子系統解析．日本哺乳類学会 2016 年度大会，2016 年 9 月 23 日～26 日，筑波大学，つくば市。

(4) 日本畜産学会優秀発表賞：伊藤文香・大西諒貴・山下裕樹・安江博・西堀正英．簡易検出法による分子種判別方法の検討およびその利活用．日本畜産学会第 121 回大会，

2016 年 3 月 27 日～30 日，日本獣医生命科学大学，武蔵野市。

(5) 日本 DNA 多型学会優秀研究賞：伊藤文香・大西諒貴・安江博・西堀正英．生物圏に生息する動物を対象とした分子種判別法の利活用に関する研究．日本 DNA 多型学会，2015 年 11 月 19 日～20 日，岡山大学津島キャンパス「創立五十周年記念館」岡山市。

6. 研究組織

(1) 研究代表者

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

(2) 研究分担者

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

下桐 猛 (SHIMOGIRI Takeshi)

鹿児島大学農学部・准教授
研究者番号：40315403

山本 義雄 (YAMAMOTO Yoshio)

広島大学大学院生物圏科学研究科・名誉教授
研究者番号：10032103