

氏名	し 師	か 嘉
学位の種類	博士（農学）	
学位記番号	甲第343号	
学位授与年月日	平成16年 9月24日	
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当	
学位論文題目	ミトコンドリアDNA D-loop 多型解析による黒毛和種の遺伝的多様性とその起源に関する研究 (A Study on Genetic Diversity and Origin of Japanese Black Cattle Based on Analysis of Mitochondrial DNA D-loop Sequence Polymorphism)	
学位論文審査委員	(主査) 小澤 忍	
	(副査) 細井 栄嗣	一戸 俊義 藤原 勉
	菱沼 貢	

学位論文の内容の要旨

近代的畜産においては、高い生産効率が求められるため、能力の高い外来品種の導入やその在来品種との交配が行われている。しかしこれにより、家畜の遺伝的多様性が急速に狭められるとともに、優れた遺伝形質を保持している可能性のある在来種が失われつつある。本研究は、東北アジア(中国、韓牛、日本)における純粋在来牛と思われる個体から材料を選び、ミトコンドリアDNA (mtDNA) の D-loop 領域の塩基配列の多型から、その母系の多様性を調べ、在来牛の遺伝子保存の実態を明らかにするとともに、それぞれの系統樹を作成し黒毛和種と比較検討することで、アジアにおける家畜牛の移動ルートを探る上での基礎資料を提供する目的で行われた。

まず、和牛の起源を調べるための基礎資料となる、未改良和種として知られている見島牛の母系遺伝子型の変異とその多様性を調べた。見島牛母系は現在6系統しか残されておらず、辛うじて2つのハプロタイプが残されているに過ぎず、見島牛母系集団の遺伝子多様性は非常に小さかった。すなわち、見島牛母系には *Bos taurus* 系のみ存在し、*Bos indicus* 型はみられず、また *Bos taurus* 系でも、東アジア型とヨーロッパ型の二つの型のみが存在した。

つぎに、もっとも和牛に近縁といわれている韓牛の mtDNA の D-loop 領域の塩基配列の多型をもとに、黒毛和種との類縁関係を検討した。その結果、黒毛和種、韓牛ともに *Bos taurus* に属し、*Bos indicus* とは遺伝的距離は遠かった。しかも、両品種ともに非常にハプロタイプに富むことが

明らかになった。黒毛和種、韓牛ともに、*Bos taurus*にのなかでは、ヨーロッパ型および東アジア型の二つに分類され、アフリカ型は含まれておらず、さらに遺伝子型がまったく同じものも存在するなど、多くの共通点が見いだされた。しかし、黒毛和種においては東アジア型が高い割合を占めていたのに対して、韓牛においては、著しくヨーロッパ型の割合が高いという特徴がみられた。

さらに、アジアにおけるウシの移動経路では重要な位置を占める東チベットにおける在来青海黄牛の遺伝子型とその多様性を黒毛和種との関連で検討した。青海黄牛 27 頭の mtDNA の D-loop 領域には、23 のハプロタイプが存在し、これらは *Bos taurus* 型 21 頭、*Bos indicus* 型 2 頭、Yak 型 4 頭に分類された。このように青海黄牛の母系は、*Bos taurus* 型が多数を占めていたが、インド型も若干含まれ、また同じウシ科でもヤク属を母系にしているタイプもみられ、遺伝的多様性に富んでいた。また、青海黄牛の *Bos taurus* 型についてみると、ヨーロッパ型、東アジア型およびアフリカ型はそれぞれ 62%、33%、5%を占めていた。青海黄牛の東アジア型の中には、見島牛と黒毛和種とまったく同じハプロタイプを示したウシが見いだされた。

上の三つの試験結果を総括すると、青海黄牛、韓牛および黒毛和種におけるヨーロッパ型の割合は、それぞれ 62%、95%、35%を示し、一方東アジア型はそれぞれ 33%、5%、65%を占めた。これら 3 品種において、比率は異なるもののかなり高頻度でヨーロッパ型が含まれており、和牛におけるヨーロッパ型は、明治時代の西洋雑種の影響は否定できないものの、弥生人とともに日本にウシが移入された時期にすでに存在していたと考えられた。しかし、mtDNA のヨーロッパ型の比率は、韓牛でもっとも高く、黒毛和種でもっとも低く、青海黄牛はその中間的な値を示した。これら品種間の出現頻度の違い、青海黄牛にみられた東アジア型のなかに、黒毛和種や見島牛とまったく同じ型が見つかった原因についてのいくつかの仮説を以下に提唱した。

仮説 1：和牛の祖先は、朝鮮半島から移入されたウシであり、朝鮮在来牛におけるヨーロッパ型の比率は、歴史の進展とともに高くなってきたという仮説である。すなわち、日本へのウシの移入は古墳時代後期以降、明治時代までは、長期間にわたり遮断されており、その間に、中国大陸と陸続きであった朝鮮半島では、民族移動や支配者の変遷にともない継続的にウシの伝播が行われた可能性がある。これは、紀元前後当時の朝鮮半島における在来牛のヨーロッパ型と東アジア牛型の比率は、現在の日本における黒毛和種と同じ頻度であったことを意味する。黒毛和種と韓牛の間に、東アジア型とヨーロッパ型各 1 頭、計 2 頭でまったく同じハプロタイプを示したのは、この理由によるものであろう。また、このルートを通じて、和牛とチベットの青海黄牛の共通祖先も日本に到達したものであろう。その後、従来のヨーロッパ型とは異なる別のタイプのヨーロッパ型を主とするウシが中国東北地方、さらには朝鮮半島へ移動し、ヨーロッパ型が中心の現在の構成になったというものである。

仮説 2：韓牛にみられる高いヨーロッパ型の比率は、2 千年前から現在に至るまで不変であったという仮説である。この仮説の上に立てば、和牛の祖先には少なくとも二つの起源があることになる。すなわち、和牛の祖先はヨーロッパ型を主流とした朝鮮半島経由のものと、東アジア型を主とした他の地域からのものが、別々に日本で合流したとする二元説である。他の地域として

は、山東省が有力と考えられる。

仮説3：大陸から日本への稲作伝来の経路は、中国の山東半島付近から、朝鮮半島の中部に達し、やがて南下して朝鮮半島南部を経て北部九州に到達したとする説が有力である。これと同経路で牛も伝わった可能性もある。

以上、黒毛和種に存在するヨーロッパ型と東アジア型の二つの型の成立について、三つの仮説を提唱したが、これらを明らかにするために、今後、韓牛および中国黄牛とくに山東省牛を数多く収集・分析する必要がある。さらに、同じヨーロッパ型や東アジア型であっても、その遺伝子型構成内容について詳細に区分して検討する必要がある。

論文審査の結果の要旨

黒毛和種は日本を代表する和牛品種であり、その脂肪交雑に関する優れた形質は世界的な注目を浴びている。和牛は、弥生時代に朝鮮半島経由でわが国に伝来したといわれているが、確固たる証左はない。本研究は、日本を含むアジア家畜牛の母系遺伝子型とその多様性を調べ、アジアにおける家畜牛の移動ルートを探る上で基礎資料を提供する目的で行った。まず、未改良和種といわれる見島牛および黒毛和種における DNA D-loop 全領域の塩基配列から、その遺伝的多様性を調べた。さらに、朝鮮半島における韓牛および古来から東西交易ルートにあった中国青海省（東チベット）の青海黄牛についても同様な調査を行った。これら一連の研究で得られた成果は以下の通りである。

1. 見島牛母系の遺伝子型をはじめて明らかにした。見島牛母系は *Bos taurus* に属し、遺伝子変異は非常に小さく、東アジア型とヨーロッパ型の2つのハプロタイプのみが存在し、このうち東アジア型が84%を占めた。見島牛母系の遺伝的多様性が小さかった理由には、創始者効果やボトルネック効果が考えられた。

2. 供試した黒毛和種131頭から31のハプロタイプが検出された。これらはすべて *Bos taurus* に属し、さらに東アジア型が65%、ヨーロッパ型が35%を占めた。黒毛和種の東アジア型およびヨーロッパ型のなかには、見島牛とまったく同じ遺伝子型がそれぞれ40%、3%見いだされた。

3. 採材した韓牛20頭は、16のハプロタイプに分けられ、非常に遺伝的変異に富んでいた。これらは、いずれも *Bos taurus* に属し、ヨーロッパ型が95%を占めた。すなわち、黒毛和種と韓牛はともに *Bos taurus* に属するものの、その遺伝子型の構成には大きな違いがみられた。しかし、黒毛和種と韓牛の間には、ヨーロッパ型を示したウシの一部に、まったく同じ遺伝子型が2組検出された。

4. 青海黄牛27頭を分析した結果、23のハプロタイプが見られた。すなわち、青海黄牛の母系は *Bos taurus* (78%) を主としているものの、*Bos indicus* およびヤク属を母系としているものなど著しく多様性に富んでいた。また、*Bos taurus* のなかでは、ヨーロッパ型が76%と多

数を占めるものの東アジア型が 19%、アフリカ型が 5% を占め、遺伝的変異に富んでいた。

以上のように本論文は、在来和種といわれる見島牛、代表的和牛である黒毛和種、もっとも日本に近い朝鮮半島の韓牛および東西の交易路に位置する東チベットの青海黄牛のそれぞれのミトコンドリア DNA D-loop 領域における遺伝的多様性を調べるとともに、系統樹を作成し、これらの牛の類縁関係を検討したものである。これらの結果から、アジア大陸から日本に家畜牛が伝わったと考えられる 3 つの可能性について考察した。すなわち、朝鮮半島から日本へ家畜牛が渡来したことを裏付けるとともに、さらに従来朝鮮半島からの渡来一元説から多元説へと仮説を展開させた。

以上のように本研究では、ミトコンドリア DNA 解析という手法を用い、アジアにおける牛の移動に関して新しい知見を得ることができた。本研究は、肉用牛の育種・改良分野の研究進展に貢献すると期待されることから、博士（農学）の学位論文として十分な価値を有するものと、審査委員一同判定した。