

イノシシの遺伝子を探る

1. イノシシの遺伝的背景

日本に棲息するニホンイノシシとリュウキュウイノシシの遺伝的背景がミトコンドリアDNA(mtDNA)多型により解明され、アジアやヨーロッパの野生イノシシや家畜ブタとの遺伝的な違いが、分子系統樹上で明らかとなった。

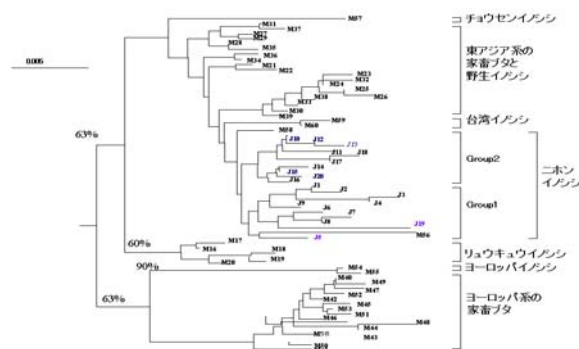


図1. イノシシ・ブタの mtDNA574bp の遺伝子系統樹 (NJ 法)

2. イノシシの遺伝子分布地図

mtDNA 多型の解析により、本州、四国、九州に棲息するニホンイノシシの遺伝的な違いが解明され、各地に棲息する地方集団の棲息域と範囲が地図上にマップされる。イノシシの地方集団の個体群の増減や棲息域の拡大等を知る指標となる。

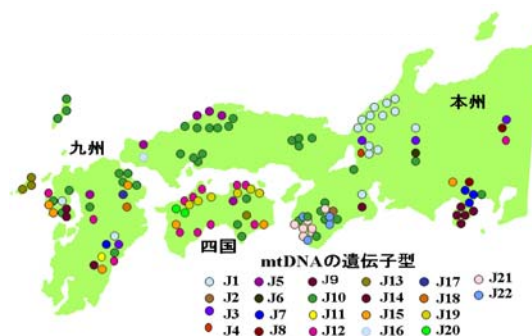


図2. mtDNA 多型からみたイノシシの遺伝子分布図

3. イノブタの検出

野生イノシシに家畜ブタ由来の遺伝子が導入されることにより、イノシシの繁殖力が増強されるのではないかと懸念されている。mtDNA と核 DNA (*GPII* 遺伝子) の多型解析により、イノシシ集団中からヨーロッパ系の家畜ブタ由来の遺伝子を有するイノブタが摘発され外来遺伝子の検出に有効となる。

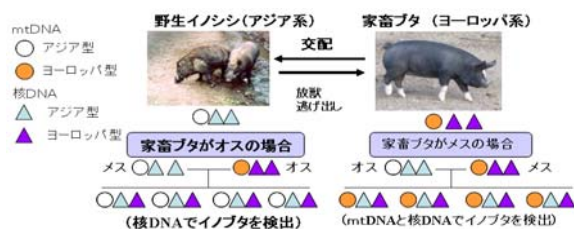


図3. イノブタの遺伝的検出法

被害対策のポイント

1. ミトコンドリアDNAは母系遺伝するので、繁殖力の旺盛なイノシシの分布を集団として把握でき、個体群管理に役立つ。
2. 日本各地に遺伝的に異なるイノシシの地方集団がいることが判明し、人為的な移動や放獣のトレースに有効となる。
3. 遺伝的な手法の開発により、家畜ブタとの交配暦が追跡でき、イノブタの検出に効果を発揮する。

<課題名> 遺伝子指標を用いた個体群管理手法の開発

<目的> 棲息するイノシシの個体数の増加から、中山間地域での農作物の被害が増加している。また、一部には家畜ブタとの交配種であるイノブタの増加も懸念されている。遺伝的な方法を用いて各地に棲息するイノシシ集団の遺伝的背景を分析し、地方集団の棲息域を明確化し、地方個体群の保護管理に役立てる。さらにイノブタとの区別を明確にする遺伝的指標の開発を行う。

<成果の問い合わせ先>

石黒 直隆（いしぐろ なおたか）

岐阜大学 応用生物科学部 獣医学課程 食品・環境衛生学教室

岐阜県岐阜市柳戸 1－1

電話 : 058-293-2864

メール : ishiguna@gifu-u.ac.jp