

報告番号  甲第 2347号

# 主論文の要旨

題名 牛の家畜化と系統分化に  
関する遺伝学的研究

氏名 並河 鷹夫

# 主論文の要旨

報告番号

※甲第

号

氏名

並河 鷹夫

東および東南アジア諸地域に広く分布している種々のタイプの家畜牛集団相互間における遺伝的分化の程度と遺伝的類縁関係をいくつかの方法によって明らかにした。そして、これらの家畜牛の系統分化の要因と成立過程について追求した。従来、東および東南アジア産家畜牛に関する系統学的研究には形態学的研究がいくつかあるが、これらの調査対象地域の範囲や調査例数は限られており、総合的であるいは詳細な系統関係は不明のままであった。本研究においては東および東南アジア産の多数の家畜牛集団を中心に、さらにいくつかのヨーロッパ系およびセブ系品種を加えて、比較分析された。またバリ牛の野生原種と想定されたバンテング(5~6個体)についても遺伝学的分析が実施された。

韓国、台湾、タイ国、マレーシア、フィリピンおよびインドネシアの諸地域で一般民家飼養の家畜牛集団において毛色変異を観察した結果、次の点が明らかにされた(「Ⅱ章」)。東アジア産在来牛における毛色変異は韓国在来牛に、特に済州島産在来牛に豊富に保持されていた。済州島においては特定の毛色に対する人為的淘汰あるいは品種化が起きたことがこの要因と考えられた。済州島産在来牛の毛色変異における特徴は、背線上に淡色被毛の帯を有する個体が17%も存在すること

にあり、これは原牛 (*Bos primigenius, aurochs*) の毛色パターンに酷似する。このような毛色パターンは東南アジア産在来牛においてほとんど発見されない。東南アジア産在来牛の毛色変異における特徴は、背線に沿った黒線、すなわち背線を有する個体が頻繁に発見されること、および Socks 状の四肢の白斑や臀部の白斑を有する個体も広い地域から発見されることにある。これらの毛色に関する特徴をすべて備えているのがバリ牛であり、バリ牛の毛色パターンはバンテングのそれと一致する。東南アジア産在来牛でしばしば発見される毛色変異は、文献によれば、インドのゼブ牛にも一部存在する。家畜牛の毛色変異についての遺伝様式は十分に分析されていない。しかし、広汎な毛色変異の観察結果から観ると、東アジアの在来牛が原牛系の牛に類似した家畜牛であるのに対して、東南アジア産在来牛は明らかに別の系統の牛の影響を受けている。すなわち東南アジア地域の家畜牛はむしろバリ牛やゼブ牛に近縁であることが示唆される。従って、家畜牛に発見される毛色変異の多様性は、一般に家畜牛と呼ばれている牛の系統学的研究が野生種における分化にまで遡って成されるべきことを示唆している。

以下、毛色変異の特徴から大別される東アジア産およびヨーロッパ系家畜牛集団と北方系集団、そして東南アジア産およびゼブ系家畜牛集団と南方系集団と呼ぶことにする。

家畜牛に存在する Hbb 型 (ヘモグロビンβ鎖) の電気泳動的変異として、Hbb-A, Hbb-B および Hbb-X が最も一般的に知られ、それぞれに

対応する共優性遺伝子,  $Hbb^A$ ,  $Hbb^B$  および  $Hbb^X$ , により支配されている。 $\beta^A(Hbb-A)$  と  $\beta^B(Hbb-B)$  については蛋白質の一次構造レベルでの差異が明らかにされ, 3個のアミノ酸残基置換の存在が報告されている。「血章」においてバリ牛に高頻度で出現する bovine hemoglobin  $\beta^{XBali}(Hbb-X)$  の蛋白質一次構造が解析され, 従来報告された牛  $\beta$ -鎖変異と比較された。 $\beta^{XBali}$  は  $\beta^A$  の18番目のアミノ酸残基であるリジンがヒスチジンに置換していることが明らかにされ, 他の残基における差異は発見されるなかった。 $\beta^{A18Lys \rightarrow His}$  は  $\beta^B$  にも存在し,  $\beta^{XBali}$  は  $\beta^A$  と  $\beta^B$  の中間型  $\beta$ -鎖であることが判明した。さらに,  $\beta^{XBali}$ ,  $\beta^A$ ,  $\beta^B$  の進化過程を近縁種の  $\beta$ -鎖とのホモロジーによって類推すると,  $\beta^{XBali}$  は  $\beta^A$  よりも  $\beta^B$  に近縁であり,  $\beta^{XBali}$  と  $\beta^B$  の共通祖先は,  $Lys \rightarrow His$  置換によって  $\beta^A$  から分化した後,  $\beta^{XBali}$  と  $\beta^B$  に分化したと考えられた。 $\beta^{XBali}$  が  $\beta^A$  から  $\beta^B$  への進化途上に移行的変異として存在し, それが一般家畜牛から別種とされるバリ牛に存在することは  $\beta^A$  と  $\beta^B$  の分化もまた古いことを意味する。従って,  $\beta^A(Hbb-A)$ ,  $\beta^B(Hbb-B)$  および  $\beta^{XBali}(Hbb-X)$  の集団中における頻度から, その集団の概略的な系統関係を推定することは十分に意義のあることと結論される。

バリ牛がバンテンの家畜化型であることはこれらの地理的分布や外部形態における一致から一般に認められている。しかし, 人為淘汰の対象となりにくい遺伝的形質の比較は従来ほとんど成されていない。上述の

β-鎖変異が家畜化された牛において起きた突然変異によるものではないことを証明することを主目的として、家畜牛としてのバリ牛と野生牛であるバンテングの遺伝学的比較と多数の蛋白・酵素の電気泳動的変異を用いて実施した。この比較分析にはインドネシア産の種々の家畜牛集団も遺伝学的比較の対照として加えられた(「Ⅳ章」)。Hbb-Xは調査された家畜牛集団の中で、バリ牛集団のみに common allele として出現し、6個体のバンテングにおいても同様に common allele であった。バリ牛とバンテングのHbb型遺伝子構成に有意な差は認められなかった。またバリ牛とバンテングに共通して分析された15遺伝子座の common alleles はすべて両者で一致し、バリ牛に存在した9遺伝子座(多型座位)の20種の変異の中にバンテングに発見された18種の変異がすべて含まれていた。バリ牛とバンテングの遺伝子構成の間に意味のある差異は発見されないもので、少なくとも、バリ牛の主要な野生原種はバンテングであると結論され、バリ牛で分析された  $\beta^{X\text{Bali}}$  とバンテングの Hbb-X が同一のものであると推定できた。一方、バリ牛(又はバンテング)とゼブ系品種(Ongole種)と比較すると、9多型遺伝子座のうち7遺伝子座で common alleles を異にしていた。またゼブ牛品種(Sumba島産Ongole種)にHbb-Xは発見されず、Hbb-AとHbb-Bによる高度の多型が存在した。ゼブ牛とバリ牛(又はバンテング)の間の遺伝的分化の大きいことは明らかであった。

「Ⅴ章」および「Ⅵ章」での分析結果はアジア産家畜牛に一般に

存在する3種のHbb型変異, Hbb-A, Hbb-B および Hbb-X, のそれぞれに対応する3種類の野生種の存在を強く示すと同時に, ゼブ系牛におけるHbb-AとHbb-Bによる高度の多型現象が雑種化の結果であることも示していた。

東および東南アジア諸地域の家畜牛集団におけるHbb型変異の分布からこれらの系統分化について分析した(「V章」)。一般に北方系牛(原牛型家畜牛)がHbb<sup>A</sup>, ゼブ牛がHbb<sup>A</sup>とHbb<sup>B</sup>の多型, さらにはバリ牛(又はバンテング)がHbb<sup>X</sup>を有することに基づき, これら3の典型牛種からのアジア産各家畜牛集団に対する遺伝的寄与率(それぞれ, P<sub>Nor</sub>, P<sub>Ind</sub> および P<sub>Bal</sub> とした。)を推定した。韓国および日本産在来牛や品種は一部の例外を除きP<sub>Nor</sub>が75~100%の範囲にあり, P<sub>Bal</sub>の値はいずれの集団でも無視できる値があるいはゼロであった。一方, 東南アジアの種々の家畜牛集団におけるPの値はさまざまであった。バリ牛を除く東南アジア産在来牛集団におけるP<sub>Bal</sub>の値は5~25%の範囲で地理的に広く分布し, 従来「黄牛」と総称された東南アジア産在来牛はバリ牛からの遺伝子を多少とも受け入れていると推定された。P<sub>Nor</sub> および P<sub>Ind</sub> もまた東南アジア産家畜牛集団に無視できない値で広く分布する。多数のHbb型に関する従来の報告をよとめてその地理的分布を図示すると, 東南アジアを除く世界各地の家畜牛はHbb<sup>A</sup>とHbb<sup>B</sup>の2型多型現象を示し, これらの家畜牛は北方系牛とゼブ牛の種々の混合とみなすこともできた。ただし, アフリカ南部に古く

分布した家畜牛には  $Hbb^A$  から突然変異によって生じた  $Hbb^C$  が低頻度であるが広く分布している。  $Hbb$  型変異の分布からみると、東南アジア産家畜牛は世界でと例のない程遺伝的変異性に富む集団から成っていると推定された。

毛色変異の地理的分布(「I章」)、牛ヘモグロビン $\beta$ -鎖の一次構造比較(「II章」)、バリ牛とバンテングの蛋白酵素の遺伝的多型の分析(「III章」)および  $Hbb$  型変異の地理的分布(「IV章」)の研究結果は、いずれも北方系集団と南方系集団の間の大きな系統分化の存在、および南方系集団における多様な遺伝的分化を示した。そこでこれら2グループの集団相互間における詳細な遺伝的関係を明らかにする目的で、東および東南アジア産在来牛集団を主とする27個の家畜集団間の遺伝的分化の程度を推定した。27集団に共通して調査された3種の蛋白多型遺伝子座と9血液型システム(24種の血液型因子が共通して分析されていた。)から得られた遺伝子頻度も基礎データとして、27集団を遺伝的距離測定法と主成分分析法によって分析した。その結果、両者の方法によって得られた結果に矛盾点はほとんどなかったが、主成分分析法においてはさらにいくつかの情報が得られた。北方系9集団と南方系18集団の間には一貫して大きな遺伝的分化の存在が示された。北方系集団は原牛型の牛に属すると考えられ、ゼブ牛や東南アジア産家畜牛からの遺伝的影響を強く受けたことはない結論された。一方、南方系集団相

互間における遺伝的分化は北方系集団内のそれよりも明らかに大きく、また多様であった。主成分分析法による結果によれば、このような南方系集団内における分化の要因が各種の遺伝子給源、すなわちゼブ牛、バリ牛、そしてさらにおそらく大陸部より移入したものの家畜牛から種々の程度の遺伝的寄与を受けたことにあると推定された。東および東南アジア諸地域の家畜牛集団間の遺伝的分化は集団の隔離機構によるものではなく、むしろ異なる遺伝子給源からの gene-flow の程度によると結論される。

調査されたヨーロッパ系品種、ゼブ系品種、東および東南アジア産家畜牛、合計27集団を遺伝的近縁度によって群別すると、(1)ヨーロッパ系品種、(2)韓国在来牛に代表される東アジア産家畜牛、(3)ゼブ系品種、(4)台湾およびフィリピン在来牛、(5)タイ国、マレーシアおよびインドネシア産在来牛又は地方品種、および(6)バリ牛に分る。これらの群からそれぞれ1集団を抽出すればアジア産家畜牛に存在する遺伝的変異性のほとんどが、また世界の家畜牛の遺伝的変異性の大部分が代表されると推定される。

以上、