

資料 5-2

日本のトキ集団の遺伝的多様性の現状
(トキ再発見 30 周年記念ワークショップ (H23.5.24) での講演概要)

- 日本のトキ集団の遺伝的構造と遺伝的多様性の現状について、血統情報および DNA 情報 (マイクロサテライトマーカー情報) に基づく種々のパラメータの評価結果を報告し、今後の課題について言及した。
- 血統分析では、現集団の 5 羽の始祖個体の遺伝的寄与率を概観し、始祖個体の寄与の不均衡の程度を示すとともに、遺伝子落下模擬実験の結果を踏まえて、始祖 5 個体の中国における祖先個体がもっていた遺伝子の一部が日本の集団では既に消失している可能性も否定できないことを指摘した。
- 始祖個体のゲノムに関する有効数の現状から、日本の現集団には、最大でも、互いに血縁関係の無い 2.7 羽の個体がもっている程度の低い遺伝的多様性しか存在しないことを報告した。
- マイクロサテライトマーカーによる解析結果として、アレル多様度、有効アレル数、ヘテロ接合率の期待値と観察値などの諸パラメータの様相を示し、例えばヘテロ接合率では、日本の集団は中国の集団の約 40%程度にまで低下している可能性に言及した。
- 血統情報および DNA 情報に基づいて評価した日本の集団の有効な大きさは、概算で 10~15 程度の値にすぎないことを示し、“相対的に短期間”での集団の維持に必要とされている集団の有効な大きさ (最小でも 50) に比べてはるかに低い値である現状について述べた。
- トキ主要組織適合遺伝子複合体 (MHC) クラス I およびクラス II 遺伝子領域のゲノム構造解析の現状と日本集団の始祖 5 個体のクラス II 遺伝子の多様性についても報告するとともに、繁殖適応度や発育性などに係る量的形質の遺伝的変異の評価課題について、具体的な解析手法を示して紹介した。
- 最後に、日本の現集団における遺伝的多様性は、中国の集団における (限られた) 遺伝的多様性から更に大きく低下しており、日本の集団は遺伝的構造の点で非常に脆弱かつ危機的な状況の範疇にあること、遺伝的多様性の回復を図るうえでの一刻も早い対応が緊要な課題であること、多様性を回復させる上での現実的で唯一の選択肢は新たな個体 (できる限り、現集団の個体とは遺伝的に遠い関係の個体) の導入であることを指摘し、本報告の纏めとした。