

● 総 説 ●

[シリーズ: MHC の比較ゲノム] アライグマ MHC の地理的分布

高田 雄三^{1,2)}, 的場 洋平³⁾, 浅川 満彦³⁾

- 1) 防衛医科大学校法医学講座
- 2) 東邦大学大学院理学研究科
- 3) 酪農学園大学獣医学部感染・病理部門

要約: 輸送技術の発展や生活の豊かさの向上などから移入し野生化した生物, すなわち移入種が近年問題となっている。移入種による経済被害や生態系の攪乱, 感染症媒介による健康被害への懸念が深刻化するなか, 全国レベルでの移入種問題に対する調査と対策が進められている。その一環としてアライグマの DNA 分析による捕獲個体調査が実施されている。現在まで 12 道府県で約 4,000 個体のサンプルからミトコンドリア DNA 多型を決定し, 母系の動態調査を行ってきた。さらに, 移入種の起源や詳細な動態調査を行うため MHC 遺伝子分析より得られた結果は, 遺伝的多様性, 個体群の遺伝的独立性や遺伝子流動の評価を可能とした。このことは MHC がアライグマの捕獲駆除や遺伝的保全, 生態系保全において有効利用できるアイテムであるといえる。

キーワード: アライグマ, *PrLA-DRB1*, MHC, ミトコンドリア DNA, 移入種