

## 第81回麻布獣医学会 一般演題8

## 日本ネコ及びイヌにおけるマイクロサテライトDNA多型を利用した個体識別の精度

八束 翔<sup>1</sup>, 榎本 敬司<sup>2</sup>, 杉山 和寿<sup>1,3</sup>, 村上 賢<sup>1</sup>

<sup>1</sup>麻布大学・分子生物学研究室, <sup>2</sup>榎本犬猫病院, <sup>3</sup>杉山獣医科

近年, ヒトを始めとする様々な動物種において, マイクロサテライトDNA多型 (STR ; short tandem repeat) を利用した個体識別や親子鑑定などのDNA鑑定法が確立されてきている。本研究では, ネコにおいてこれまでに知られている, 常染色体上に局在する互いに連鎖していないSTRのうち9座位を選出し, 国内で最も多い猫種である日本ネコ100頭以上を対象に, この個体識別の有用性を探った。また, イヌにおいては雑種を含む26品種171頭を対象に既存の8座位を選出し, 個体識別の可能性について調べた。

DNAサンプルは血液及び結膜から抽出した。各座位の増幅には, 蛍光プライマーを使ったマルチプレックスPCR (日本ネコ, イヌ共に3つのパネルを設定) を用い, 続いて ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) と GeneMapper v3.5 (Applied Biosystems) によってアリルの検出を行った。

その結果, 日本ネコでは各座位において6~30種類 (平均16.1種類) のアリルが検出され, ヘテロ接合度 (He ; heterozygosity) は9座位中7座位で0.86以上 (最低0.67以上, 平均0.85) で, M. Raymondらが28猫種において報告したものと同様に, それぞれ高い値を示した。また, 多型情報含有値 (PIC ; polymorphic information contents) は7座位で0.85以上

(最低0.62, 平均0.83), 総合排除率 (CPE ; combined power of exclusion) は0.9989であり, 偶然遺伝子型が一致する確率 (Pm ; probability of match) は, 全ての座位を合わせると $10^{-12}$ 以下となった。これらの値は, 本研究で用いたSTRにより, 日本ネコを高精度で個体識別できることを示している。

一方, イヌでは各座位において9~41種類 (平均18.4種類) のアリルが検出され, Heは最低0.79以上 (平均0.88), PICは6座位で0.8以上 (最低0.71, 平均0.85), CPEは0.999993で, Pm値は全ての座位を合わせると $10^{-11}$ 以下となり, 日本ネコと同様に非常に高精度で個体識別できることが分かった。

以上のことから, 本研究で用いた9種類のネコ用STRマーカー及び8種類のイヌ用STRマーカーは, それぞれ日本ネコとイヌにおける個体識別や親子鑑定に有用であると考えられた。

さらに我々は, これらのSTRマーカーを用いて微量組織DNAサンプル (例えば一本の体毛等) からの個体識別の可能性を検討している。サンプルによつては, アリルドロップアウト現象 (本来ヘテロである個体のアリルの片方が欠落する) や, 異常アリルの出現 (本来のものとは異なるアリルピークパターンを示す) が認められており, 現在改良検討中である。