



|                        |   |
|------------------------|---|
| Title                  | Molecular Evolutionary Studies on the Major Histocompatibility Complex of Japanese and Russian Raccoon Dogs, <i>Nyctereutes procyonoides</i> [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review] |
| Author(s)              | Bartocillo, Aye Mee Forro   |
| Citation               | 北海道大学. 博士(理学) 甲第14362号  |
| Issue Date             | 2021-03-25  |
| Doc URL                | <a href="http://hdl.handle.net/2115/81942">http://hdl.handle.net/2115/81942</a>   |
| Rights(URL)            | <a href="https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/">https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/</a>   |
| Type                   | theses (doctoral - abstract and summary of review)  |
| Additional Information | There are other files related to this item in HUSCAP. Check the above URL.  |
| File Information       | Aye_Mee_Bartocillo_review.pdf (審査の要旨)   |



[Instructions for use](#)

## 学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称 博士（理学）氏名 Aye Mee F. Bartocillo

|       |    |     |      |
|-------|----|-----|------|
| 審査担当者 | 主査 | 教授  | 増田隆一 |
|       | 副査 | 教授  | 高木昌興 |
|       | 副査 | 准教授 | 加藤徹  |

### 学位論文題名

Molecular Evolutionary Studies on the Major Histocompatibility Complex of Japanese and Russian Raccoon Dogs, *Nyctereutes procyonoides* (日本およびロシアにおけるタヌキ *Nyctereutes procyonoides* の主要組織適合遺伝子複合体に関する分子進化学的研究)

### 博士學位論文審査等の結果について（報告）

本学位論文では、東アジアに固有であるイヌ科動物のタヌキ *Nyctereutes procyonoides* について、免疫システムを担っている主要組織適合遺伝子複合体（MHC）のクラス I 遺伝子およびクラス II 遺伝子の分子進化学的解析と考察が行われた。タヌキは、イヌ科において系統進化的にも独自の位置を占めているが、その分子進化学的研究は他種と比較して立ち遅れている。さらに、野生哺乳類の分子進化学的・集団遺伝学的研究では、ミトコンドリア DNA およびマイクロサテライト DNA などの中立的に進化する遺伝子マーカーが従来分析されてきたが、本研究では免疫系の機能遺伝子である MHC に着目し、病原体への適応進化や保全生物学的視点から解析した点に新規性がある。本研究では、以下の新しい知見が得られた。

日本列島と大陸ロシアに生息するタヌキについて、MHC クラス I 遺伝子およびクラス II *DRB* 遺伝子の対立遺伝子を単離し、塩基配列の分子進化学的特徴を解析した。その地理的分布を調べると、生息地全域にわたって分布する対立遺伝子、および、特定地域のみ分布する対立遺伝子が検出された。得られた対立遺伝子における抗原結合部位の塩基配列について、同義置換に対する非同義置換の割合を算出すると、両クラスにおいて 1 より大きな値をとることが明らかとなった。これは、両クラスの遺伝子が、正の選択を受けて進化してきたことを示唆する。さらに、両クラスの遺伝的多様性は、相同染色体間の組換え、病原体駆動による正の選択、地理的障壁によって維持されてきたことが示された。

さらに、MHC クラス II *DRB* 遺伝子の分子系統では、種を超えた多型 (trans-species polymorphism) は見られず、イヌ科において単系統であった。これにより、タヌキの系統分岐が古く独自の進化を経てきたこと、および、タヌキに特異的な病原体による影響が強く関与しているものと考えられた。一方、クラス I においては、イヌとの間に種を超えた多型が見られ、長期にわたる平衡進化が起きていることが示唆された。

本論文のクラス II に関する研究成果は国際学術誌に公表済み、クラス I に関する成果は国際学術誌に投稿中であり、哺乳類の環境への適応進化および系統進化の研究に貢献するところ大なるものがある。

よって、著者が北海道大学博士（理学）の学位を授与される資格あるものと認める。