

論文審査の結果の要旨

報告番号	甲第 976 号	氏名	原山 雄太
論文審査担当者	主査 花岡 正幸 副査 中山 淳・野見山 哲生		
<p>(論文審査の結果の要旨)</p> <p>法医学実務では、腐敗・変性等の影響を受けた劣化 DNA 試料を扱うため、市販されている個人識別キットでは、解析が困難な場合が少なくない。加えて、検査できる DNA 量が微量であることもしばしばである。劣化 DNA とは、主として DNA の断片化であり、このような DNA を解析するためには、PCR 増幅産物のサイズを可能な限り短くすることが有効と考えられている。市販されている個人識別キットは、4 塩基程度の繰り返し配列の違いを見る Short Tandem Repeats (STR) 型多型解析が用いられているため、PCR 増幅産物の長さが大きくなる傾向にある。そこで、SNP による個人識別法に着目し可能な限り PCR 増幅産物の短鎖化を行い、Y 染色体上の SNP を解析することで、日本人に特異的なハプログループ分類を行った。更に、微量試料に対応するため、Y 染色体上の SNP を一度に解析するマルチプレックス PCR システムを構築し、日本人集団のハプログループ分類のデータ集積とともに法医学実務試料に対する解析の有効性について検討した。</p> <p>その結果、原山は次の結論を得た。</p> <ol style="list-style-type: none">1. 新たに構築したシステムで日本人集団を全 13 のハプログループに分類することができた。2. 本システムで日本人集団に多いとされるハプログループ D2 及び O2 の細分化を行い、D2 については細分化することが可能であった。また、日本人集団でハプログループ O2 に分類された殆どがハプログループ O2b に属することが判明した。3. 本システムは SNP に着目し、PCR 産物を可能な限り短鎖化することで、市販されている STR 型解析では分析が困難であった法医学実務試料でも解析可能であった。 <p>以上の結果より、今回新たに開発した Y 染色体上の SNP を用いて系統分類するシステムは、法医学実務で想定される断片化された DNA 解析にも有効な結果を得ることができ、同様に断片化した試料に対応可能なミトコンドリア DNA 等の SNP 解析と併用することで、法医学実務上の個人識別に極めて有用であると考えられる。よって、主査、副査は一致して本論文を学位論文として価値があるものと認めた。</p>			