

受験番号

英語

B 分子遺伝学

以下の英文の下線部①から④を和訳しなさい。解答用紙には①から④まで順に和訳を書ける欄が設けてあるので、そこに記入すること。

①Similar to that in Europe and the United States, the need for forensic DNA identification in dogs is increasing in Japan.
As few studies have used commercial genotyping kits, the effectiveness of the Canine Genotypes™ Panel 2.1 Kit for individual DNA identification in dogs bred in Japan was examined. ②We genotyped 150 unrelated dogs (50 Golden Retrievers, 50 Miniature Dachshunds, and 50 Shiba Inu) at 18 canine short tandem repeat loci by the Kit. The allele frequency, expected heterozygosity, observed heterozygosity, p-value, power of the discriminant, and of exclusion, polymorphic information content, and random matching probability were calculated for each marker. ③The random matching probability was subsequently estimated to be 4.394×10^{-22} in the 150 dogs of the three pure-bred groups based on 18 STR loci; 3.257×10^{-16} in the Golden Retriever, 3.933×10^{-18} in the Miniature Dachshund, and 2.107×10^{-18} in the Shiba Inu breeds. In addition, principal component analysis based on genotype data revealed the Golden Retrievers, Miniature Dachshunds, and Shiba Inus separated into three clusters. ④The results of the genotype analysis showed that the Canine Genotypes™ Panel 2.1 Kit could be useful for identity testing and tool of population study of canines in Japan.

出典: Leg Med (Tokyo). 2024 70:102472. (Kunita et.al.)

令和8年度日本獣医生命科学大学
大学院 獣医生命科学研究科

獣医保健看護学専攻博士後期課程
第1次学力試験

英 語
分 子 遺 伝 学

「解答例」

①ヨーロッパやアメリカと同じように、日本でもイヌのDNAによる法科学的な個体識別の必要性が高まっている。

②私たちは150頭の血縁関係のない犬(ゴールデン・レトリバー50頭、ミニチュア・ダックスフンド50頭、柴犬50頭)を対象に、キットを使って18か所のイヌSTR(短い反復配列)座位で遺伝子型を調べた。

③無作為に一致する確率は、18のSTR座位に基づき3犬種150頭の全体で 4.394×10^{-22} と推定された。内訳は、ゴールデン・レトリバーで 3.257×10^{-16} 、ミニチュア・ダックスフンドで 3.933×10^{-18} 、柴犬で 2.107×10^{-18} であった。

④遺伝子型解析の結果、Canine Genotypes™ Panel 2.1 Kit は、日本においてイヌの個体を識別したり、集団を調べたりするのに役立つことが示された。

令和8年度日本獣医生命科学大学
大学院 獣医生命科学研究科

獣医保健看護学専攻博士後期課程
第1次学力試験

英 子 遺 伝 語
分 子 遺 伝 学

「出題意図」

分子遺伝学の研究テーマとなりうる動物の DNA 個体識別について、研究目的、解析方法および統計学的評価に関する英文論文の読解力を問う。

【出典】

Fubuki Kunita, Chihiro Udagawa, Takeshi Inagaki, Hideto Suzuki, Makoto Bonkobara, Toshinori Omi,

Population genetics for 18 short tandem repeat loci (Canine Genotypes™ Panel 2.1 Kit) of 150 unrelated dogs from three pure-bred groups in Japan, Legal Medicine, Volume 70, 2024,102472, ISSN 1344-6223,

<https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2024.102472>.