

平成 22 年 5 月 31 日現在

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2007 ～ 2009

課題番号：19405042

研究課題名（和文）：東南アジアにおける赤色野鶏と在来鶏に関する系統遺伝学的・分子遺伝学的研究（2）

研究課題名（英文）：The Genetic Relationship among Jungle Fowl and Native Chicken in South-east Asia (2).

研究代表者

岡本 新 (OKAMOTO SHIN)

鹿児島大学・農学部・教授

研究者番号：70158814

研究成果の概要（和文）：

本研究課題は平成19年より平成21年までの3か年にわたり、ヤケイと在来鶏間にみられる遺伝的關係を分子遺伝学的手法と外皮形質を遺伝標識とした集団遺伝学的解析および生態学的調査によって明らかにし、東南アジアにおけるニワトリの家畜化センターを特定するために実施されるものである。なお現地調査および試料収集にあつてはカセサート大学(タイ)からの共同研究者の支援を頂いた。

タイにおける調査は南東部であるChantaburiおよびTrat県、北部であるNanおよびChiang Rai県でのセキョクヤケイの生息域および在来鶏との交流状況について調査した。いずれの地域においてもヤケイおよびヤケイと在来鶏との交雑種を確認し、形態計測および血液サンプルの採取を実施した。さらにKamphaeng Phet, AyutthayaおよびChachoengsao県に分布する史跡等を巡りニワトリに関する歴史的な資料も収集した。採取された血液サンプルについてはカセサート大学獣医学部にてDNA抽出を行い、解析しさらに今後の分析のため保存している。

また、上述の地域を調査する際には、タイに隣接するミャンマーおよびカンボジアにおけるヤケイおよび交雑種の情報を国境付近において収集し、今後の調査のための貴重な情報を得ることができた。

研究成果の概要（英文）：

The aim of this research is conducted to clarify the genetic relationship among junglefowl and native chicken and also to specify the actual situation as domestication center in Southeast Asian countries. Field survey was performed three times in Thailand in three years from 2007 to 2009 by using molecular genetic and morphological study approaches under the cooperation with Faculty of Veterinary Medicine, Kasetsart University. The field investigation was carried out in these two areas, southeastern area (Chantaburi and Trat provinces) and northern area (Nan and Chiang Rai provinces). In each area, we corrected morphological data and blood samples from junglefowl, native chicken and also their hybrid birds. We also assembled historical records interested in domestication of chicken from Kamphaeng Phet, Ayutthaya and Chachoengsao provinces. Moreover, we investigated the information related junglefowl and their hybrid population around the border among Thailand, Cambodia and Myanmar. These information seems to be very useful for the future.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005年度			
2006年度			
2007年度	3,200,000	960,000	4,160,000
2008年度	3,200,000	960,000	4,160,000
2009年度	3,200,000	960,000	4,160,000
総計	9,600,000	2,880,000	12,480,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：応用動物学

キーワード：ヤケイ，在来鶏，DNA多型，タイ，外皮形質，亜種，交雑種

1. 研究開始当初の背景

WestとZhou (1988)は考古学的資料を基にして、ニワトリは東南アジアで前6000年紀に家畜化され、アジアとヨーロッパに伝播したことを論証した。Akishinomiyaら(1994)はミトコンドリア(mt)DNAを標識にして、コーチシナ亜種がニワトリの成立に関わったと考えた。しかしながら最近MacHughら(1994～1997)は西アフリカ在来のダマ牛に対するゼブ牛遺伝子伝達ルートには、母系遺伝するmtDNA(伝達率ゼロ%)、父母双系遺伝するマイクロサテライトDNA(約50%)および父系遺伝するY染色体遺伝子(100%)の3つがあることを明らかにし、ダマ牛がもつトリパノゾーマ症耐性が、ゼブ牛からの遺伝子流入によって失われつつあると提唱した。一方、前項で述べたようにわが国の研究者も本題に多大の関心をもち、アジアのヤケイと在来鶏に関する研究成果を蓄積し、公表してきた(在来家畜研究会報告1～20号, 1964～2002)。

本研究はこれらの膨大な研究成果を基にし、方法論的にはMacHughらの哺乳類家畜の方式を考慮し、ニワトリゲノム上に散在する一塩基多型(SNP)および挿入欠失(indel)およびミトコンドリアDNAを分子レベルマーカーとし、さらに血液および卵に含まれるタンパク質を

標識として、ヤケイと在来鶏集団間の遺伝子交流(家畜化)の実体を究明しようとするもので、ニワトリ家畜化センターの特定が期待される。また副次的に解明されるアジアの在来鶏の遺伝子プールとしての学術的評価は、世界のニワトリの品種改良に価値のある資料を提供するであろう。

2. 研究の目的

東南アジアに生息するセキショクヤケイ(以下ヤケイ)が森林周辺の農村部に放飼されている在来鶏集団に進入し、在来鶏と交雑する。即ちニワトリの野生種と家畜種との間に今なお遺伝的連続性が保持されていることが形態学的方法(西田ら, 1974～1982)および遺伝生化学的方法(橋口ら, 1981)によって明らかにされた。一方、ヤケイの全5亜種が同定され、分布図が公表された(Nishida *et al.*, 1992)。さらに著者らはインドシナ半島におけるヤケイと在来鶏間の遺伝的交流地帯を確認している。

本研究はこれらの研究成果を基にして、ヤケイと在来鶏間にみられる遺伝的相関を、分子遺伝学的方法と外皮形質を遺伝標識とした集団遺伝学的解析によって証明し、東南アジア

アにおけるニワトリ家畜化センターを特定しようとするものである。

3. 研究の方法

1)の選定地域ではヤケイと在来鶏間の両方向の遺伝子交換について分析をする。

2)の島嶼群については在来鶏集団の存否によって島嶼群を二分し、その比較分析によって在来鶏からヤケイへの遺伝子交換の実態を解明する。

3)の自然交雑集団の親子関係を分子遺伝学的手法によって解明し、社会行動学的分析を行う。

4)の全3亜種の亜種間差を詳細に検討する。

5)新たにタイ北部と西部にみられる輪換栽培農耕（焼畑農耕）によって造成される二次林とその周辺農家におけるヤケイと在来鶏の相互関係（ヤケイの家畜化の原型）を分子遺伝学、生態学および形態学的方法によって明らかにする。

4. 研究成果

・羽色および脚色の色彩色差比較

ニワトリやヤケイの羽あるいは脚の色はメンデル形質として古くから知られている形質であるが、その調査は目視によって行われてきており、客観的な比較が難しかった。色彩色差分析は一般に主観によって定義比較される色を数値化して比較する分析法である。本研究ではCIE L*a*b*法によって測定し、得られた数値データを用いて多変量解析を実施し、ヤケイ亜種間の比較を試みている。その結果、インドネシアに生息する *G. g. bankiva* 亜種は明度(L*)において他の4亜種よりも暗い値を示していることなど亜種の特徴を捉えていることが示唆された。また、生息域の広い *G. g. gallus* 亜種において島嶼部のものと大陸部のものとで分別されることが明らかとなった。

・ SNP および indel マーカー

本研究で作出した SNP および indel マーカーは、ともにニワトリ染色体上に10Mbpの間隔で配置した。また、それぞれのマーカーには多型が存在し、集団解析に有効であることが示された。現在、両マーカーを用い、ヤケイ、交雑種、在来鶏および改良鶏集団に対して変異解析を継続中であり、集団毎の遺伝的特性が明らかになりつつある。

・ mtDNA の多型性

本研究における mtDNA を標識としたヤケイおよび在来鶏の分析は、D-loop 領域とともにチトクロム b 領域の二つの領域について各個体の塩基配列を比較することによって行った。その結果、多型性に富む D-loop 領域では生息地域に特異的なハプロタイプが存在していることが明らかとなった。また、チトクロム b 領域においては D-loop 領域に比して多型性は乏しいものの *G. g. gallus* 亜種と *G. g. spadiceus* 亜種といった二つのグループに各個体のハプロタイプが由来している様子が伺われた。

・ プロラクチンプロモータ領域の多型解析

プロラクチンはニワトリにおいて産卵形質に関係しているとされるホルモンである。プロラクチンは、その遺伝子のプロモータ領域の indel 多型によって産卵性が変化するという報告がある。本研究ではこのプロモータ領域の多型をヤケイ、在来鶏および改良鶏間で比較した。その結果、遺伝子頻度において産卵鶏などの改良鶏は非常に偏りが見られたが、ヤケイおよび東南アジア地域の在来鶏ではそれぞれの遺伝子型が万遍なくみられることおよび在来鶏においても地域によって傾向が異なっている様子が明らかとなった。

・ 脂質代謝制御遺伝子の多型解析

成長と密接に関係している脂質代謝の制御についてヤケイおよび在来鶏間で比較することを目的として avUCP(avian uncoupling

protein)遺伝子の多型性を比較した。その結果、ヤケイおよび東南アジア地域の在来鶏は多数の多型が検出されたのに対し、改良鶏においては特定のタイプに偏る傾向が認められた。また、在来鶏においても地域によって異なる傾向が観察されており、改良の進行との関係が示唆された。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計1件)

①Characteristic of seven Japanese native chicken breeds based on egg white protein polymorphisms. Myint, S.L., Shimogiri, T., Kawabe, K., Hashiguchi, T., Maeda, Y., Okamoto, S. Asian-Australasian Journal of Animal Science, (in press)

[学会発表] (計4件)

①Aye Aye Maw, Shimogiri, T., Yamamoto, K., Kawabe, K., Okamoto, S. Study of Insertion and Deletion (indel) Polymorphism as Genetic Markers in Myanmar Native Chicken. 日本暖地畜産学会第2回大会, 長崎大学, 2010

②山本尚代, 下桐 猛, AyeAye Maw, 河邊弘太郎, 岡本 新. InDel マーカーを用いたニワトリ3品種の多型解析. 日本暖地畜産学会第2回大会, 長崎大学, 2010

③村田修治郎, 河邊弘太郎, Worawut Rerkamnuaychoke, 下桐 猛, 田浦 悟, 前田芳實, 西田隆雄, 岡本 新. ニワトリにおける avUCP 遺伝子変異について(2). 日本畜産学会第111回大会 琉球大学 沖縄県那覇市. 2009

④村田修治郎, 河邊弘太郎, Worawut Rerkamnuaychoke, 下桐 猛, 田浦 悟, 前田芳實, 西田隆雄, 岡本 新. ニワトリにおける UCP 遺伝子変異について. 日本畜産学会第110回大会 日本大学 神奈川県藤沢市. 2009

6. 研究組織

(1) 研究代表者

岡本 新 (OKAMOTO SHIN)
鹿児島大学・農学部・教授
研究者番号: 70158814

(2) 研究分担者

河邊 弘太郎 (KAWABE KOUTAROU)
鹿児島大学・フロンティアサイエンス研究推進センター・助教
研究者番号: 70295278

下桐 猛 (SHIMOGIRI TAKESHI)
鹿児島大学・農学部・助教
研究者番号: 40315403