



希少動物であるトキ・コウノトリの保全および 鳥類の進化を探る上での重要な発見

—ニワトリ(キジ目)の MHC 領域のゲノム構造は鳥類の典型ではない—

希少動物であるトキ・コウノトリの保全においては、遺伝的多様性の把握と維持が重要な課題となっています。本学研究推進機構 朱鷺・自然再生学研究センターの祝前博明特任教授・本学農学部山田宜永教授らの研究グループは、極めて多型性が高く、鳥インフルエンザなどの感染症に対する抵抗性や様々な環境への適応性において、重要なはたらきをする主要組織適合遺伝子複合体領域のトキ・コウノトリにおけるゲノム構造と日本トキ・コウノトリ集団の始祖個体での多様性を明らかにしました。これらは、トキ・コウノトリの保全のみならず、鳥類の進化を探る上でも重要な知見となるものです。

【本研究成果のポイント】

- トキ主要組織適合遺伝子複合体領域の約 50kb の全塩基配列を決定し、当該領域のゲノム構造を明らかにした。
- コウノトリ主要組織適合遺伝子複合体領域の約 130kb の全塩基配列を決定し、当該領域のゲノム構造を明らかにした。
- 日本トキ集団の始祖個体となっている 5 羽について、主要組織適合遺伝子複合体領域の多型を解析し、3 種類のタイプが存在することを明らかにした。
- 日本コウノトリ集団の主要な始祖個体となっている 6 羽について、主要組織適合遺伝子複合体領域の多型を解析し、10 種類のタイプが存在することを明らかにした。
- 鳥類の主要組織適合遺伝子複合体領域のゲノム構造を比較し、同じ鳥類でもそのゲノム構造は大きく異なることを明らかにした。

トキに関する研究成果は、京都大学農学研究科動物遺伝育種学分野、佐渡トキ保護センター、山階鳥類研究所、本学農学部農業生産科学科および本学農学部フィールド科学教育研究センターの共同研究によるもので、PLOS ONE 誌（インパクトファクター3.234）に 2014 年 9 月 23 日に掲載されました。また、コウノトリに関する研究成果は、京都大学農学研究科動物遺伝育種学分野、兵庫県立大学地域資源マネジメント研究科、兵庫県立コウノトリの郷公園、本学農学部農業生産科学科および本学研究推進機構朱鷺・自然再生学研究センターの共同研究によるもので、Scientific Reports 誌（ネイチャー・パブリッシング・グループのオープンアクセスの電子ジャーナル：インパクトファクター5.228）に 2017 年 2 月 17 日（金）19 時に掲載されました。



I. 研究の背景

日本の特別天然記念物であり、希少動物であるトキ・コウノトリの保全が国家的プロジェクトとして進められています。このような個体数の極めて少ない希少動物集団の保全においては、集団内の遺伝的多様性を維持することが重要な課題となっています。主要組織適合遺伝子複合体(MHC)領域はゲノム内で最も多型性が高い領域として知られ、その機能として様々な感染症に対する抵抗性にも関与することから、希少動物の保全においてその多様性を把握し、維持することが求められています(スライド1)。

II. 研究の概要

トキ・コウノトリ MHC 領域の全塩基配列を決定し、トキ・コウノトリ MHC 領域のゲノム構造を決定しました(スライド2、4)。

さらに、日本トキ集団の始祖個体となっている5羽、日本コウノトリ集団の主要な始祖個体となっている6羽について、MHC クラス II 領域の塩基配列を決定し比較することで、多様性について検討しました(スライド3、5)。その結果、トキの5羽から3種類のタイプが、またコウノトリの6羽から10種類のタイプが検出された。こうしたことから、トキ集団に比べ、コウノトリ集団は MHC 領域の遺伝的多様性が高いことが示されました。

また、鳥類の MHC 領域のゲノム構造を比較し、トキ・コウノトリとキジ目の MHC 領域のゲノム構造は大きく異なることが明らかにされました(スライド6)。こうしたことから、ニワトリをはじめとするキジ目のゲノム構造が鳥類全体の構造を表すものではないことが示され、トキ・コウノトリの構造はキジ目よりも両生類や哺乳類に近い傾向を示したと考えられました(スライド7)。

III. 研究の成果

MHC 領域は遺伝子配列の多型だけでなく、重複などによる遺伝子コピー数多型も高頻度に検出されており、MHC 領域の多様性を正確に評価するためにはゲノム構造の情報が必須であると考えられます。本研究では、トキ・コウノトリ MHC 領域の全塩基配列が決定され、遺伝子の並びなど詳細なゲノム構造が明らかになりました。

さらに、トキ始祖個体5羽の MHC 領域の多様性については3種類のタイプが、コウノトリ始祖個体6羽のその多様性では10種類のタイプが存在することが示され、トキ集団に比べ、コウノトリ集団では遺伝的多様性が高いことが明らかにされました。

鳥類において詳細な MHC 領域のゲノム構造については、ニワトリを含むキジ目のみしか報告されていません。本研究により、トキ・コウノトリについても詳細な MHC 領域のゲノム構造の情報が得られ、鳥類の MHC 領域の進化を研究する上でも有用な情報になると考えられます。



IV. 今後の展開

今回の研究成果は、トキ・コウノトリ MHC 領域のタイプを簡便にタイピングするための手法を開発する、現在の日本トキ・コウノトリ集団においてどのタイプがどれくらいの頻度で存在するかといった遺伝的多様性の評価法を確立する、さらには鳥インフルエンザなどの感染症に対する感受性・抵抗性とタイプ型との関連を解析するといった研究への発展が期待されます。さらに、鳥類の MHC 領域の進化をより深く理解するために、キジ目、トキ、コウノトリ以外の鳥類の MHC 領域のゲノム構造を明らかにする研究への発展も期待されます。

V. 研究成果の公表

トキに関する研究成果は、平成 26 年 9 月 23 日の PLOS ONE 誌 (IMPACT FACTOR 3.234) に掲載されました。また、コウノトリに関する研究成果は、平成 29 年 2 月 17 日の Scientific Reports 誌 (IMPACT FACTOR 5.228) に掲載されました。

トキに関する論文

タイトル: Structure and polymorphisms of the major histocompatibility complex class II region in the Japanese crested ibis, *Nipponia nippon*

著者: Yukio Taniguchi¹, Keisuke Matsumoto¹, Hirokazu Matsuda¹, Takahisa Yamada², Toshie Sugiyama², Kosuke Homma³, Yoshinori Kaneko⁴, Satoshi Yamagishi⁵, & Hiroaki Iwaisaki¹

- 1) Laboratory of Animal Breeding and Genetics, Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Kyoto, Japan
- 2) Department of Agrobiological Science, Faculty of Agriculture, Niigata University, Niigata, Japan
- 3) Field Center for Sustainable Agriculture and Forestry, Niigata University, Niigata, Japan
- 4) Sado Japanese Crested Ibis Conservation Center, Sado, Japan
- 5) Yamashina Institute for Ornithology, Abiko, Japan

谷口幸雄¹、松本啓介¹、松田洋和¹、山田宜永²、杉山稔恵²、本間航介³、金子良則⁴、山岸哲⁵、祝前博明¹

- 1) 京都大学大学院農学研究科動物遺伝育種学分野
- 2) 新潟大学農学部農業生産科学科
- 3) 新潟大学農学部フィールド科学教育研究センター
- 4) 佐渡トキ保護センター
- 5) 山階鳥類研究所

コウノトリに関する論文

タイトル: Structure and polymorphisms of the major histocompatibility complex in the Oriental stork, *Ciconia boyciana*

著者: Hiroki Tsuji¹, Yukio Taniguchi¹, Shintaro Ishizuka¹, Hirokazu Matsuda¹, Takahisa Yamada², Kazuaki Naito^{3,4} & Hiroaki Iwaisaki^{1,5}

- 1) Laboratory of Animal Breeding and Genetics, Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Kyoto, Japan
- 2) Department of Agrobiological Science, Faculty of Agriculture, Niigata University, Niigata, Japan



- 3) Graduate School of Regional Resource Management, University of Hyogo, Toyooka, Japan
- 4) Hyogo Park of the Oriental White Stork, Toyooka, Japan
- 5) Institute for Research Promotion, Center for Toki and Ecological Restoration, Niigata University, Niigata, Japan

辻浩基¹、谷口幸雄¹、石塚真太郎¹、松田洋和¹、山田宜永²、内藤和明^{3,4}、祝前博明^{1,5}

- 1) 京都大学大学院農学研究科動物遺伝育種学分野
- 2) 新潟大学農学部農業生産科学科
- 3) 兵庫県立大学地域資源マネジメント研究科
- 4) 兵庫県立コウノトリの郷公園
- 5) 新潟大学研究推進機構朱鷺・自然再生学研究センター

本件に関するお問い合わせ先

新潟大学

研究推進機構朱鷺・自然再生学研究センター

特任教授 祝前 博明（いわいさき ひろあき）

E-mail: iwaisaki@cc.niigata-u.ac.jp

農学部教授 山田 宜永（やまだ たかひさ）

E-mail: tyamada@agr.niigata-u.ac.jp

主要組織適合遺伝子複合体 (Major Histocompatibility Complex : MHC)

- ✓ 免疫反応に関わる遺伝子を多く含むゲノム領域
- ✓ 鳥インフルエンザなどの病気に対する抵抗性を規定
- ✓ 様々な環境に対する適応性を規定
- ✓ 交配相手の選択に関与するとの説もある
- ✓ ゲノム内で最も多型性に富む領域

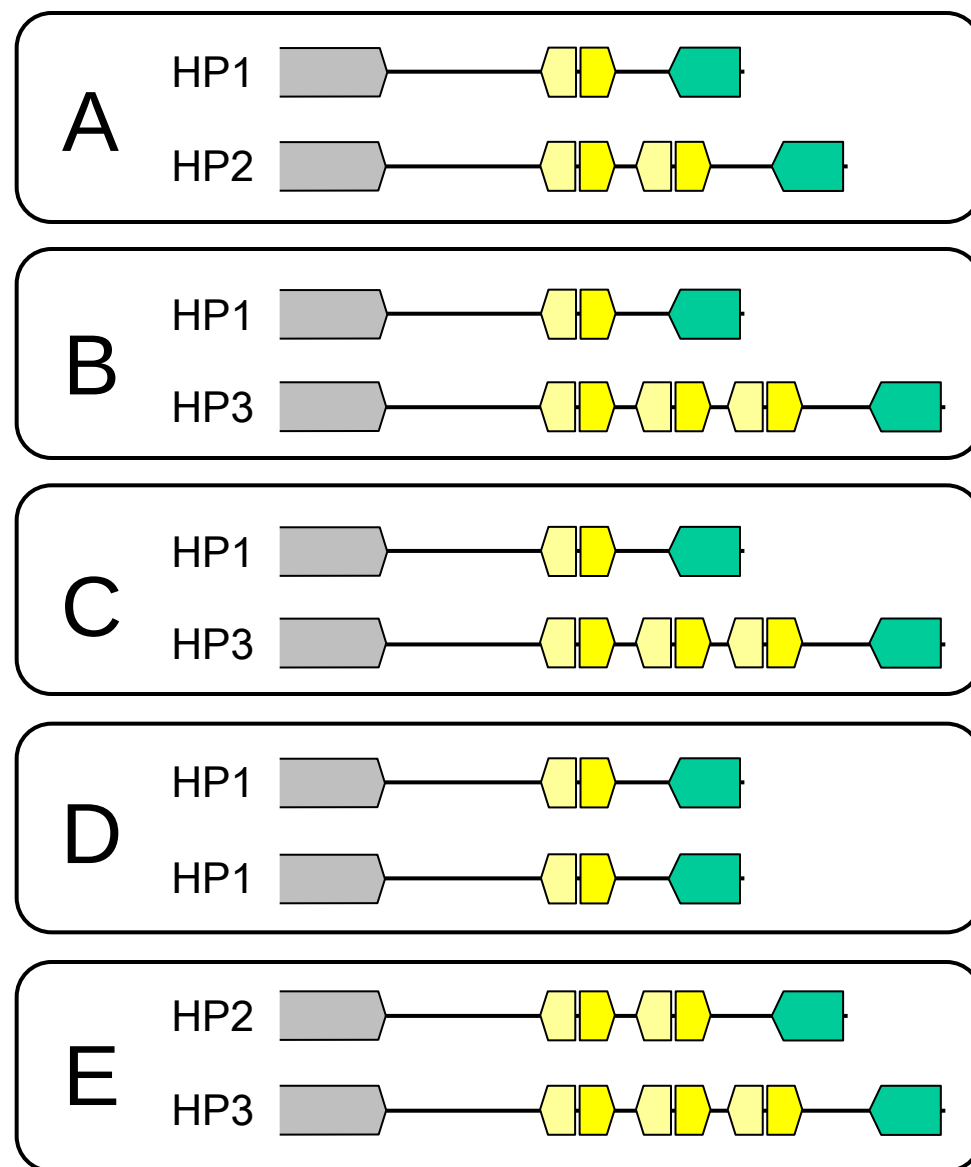
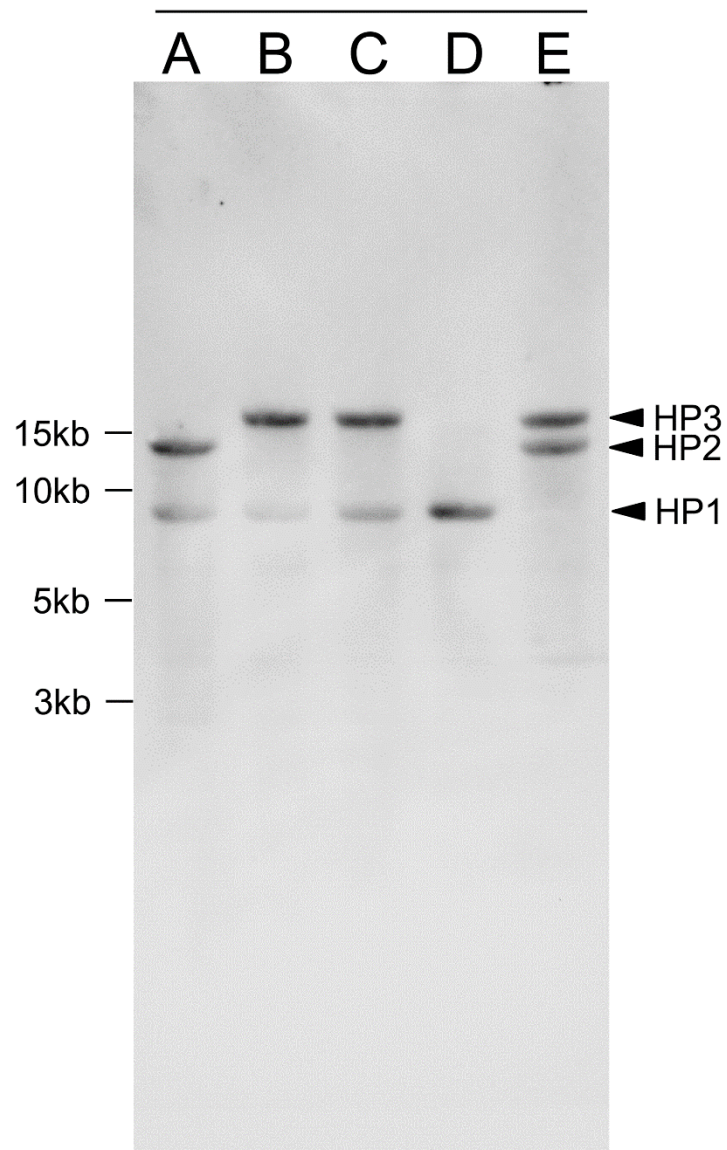
MHC遺伝子の主なものとして、MHCクラスI遺伝子とMHCクラスII遺伝子があり、クラスII遺伝子には、クラスII α 遺伝子とクラスII β 遺伝子がある

MHC遺伝子が存在するゲノム領域:MHC領域と呼ぶ

トキ始祖5個体におけるMHCクラスII領域の多型

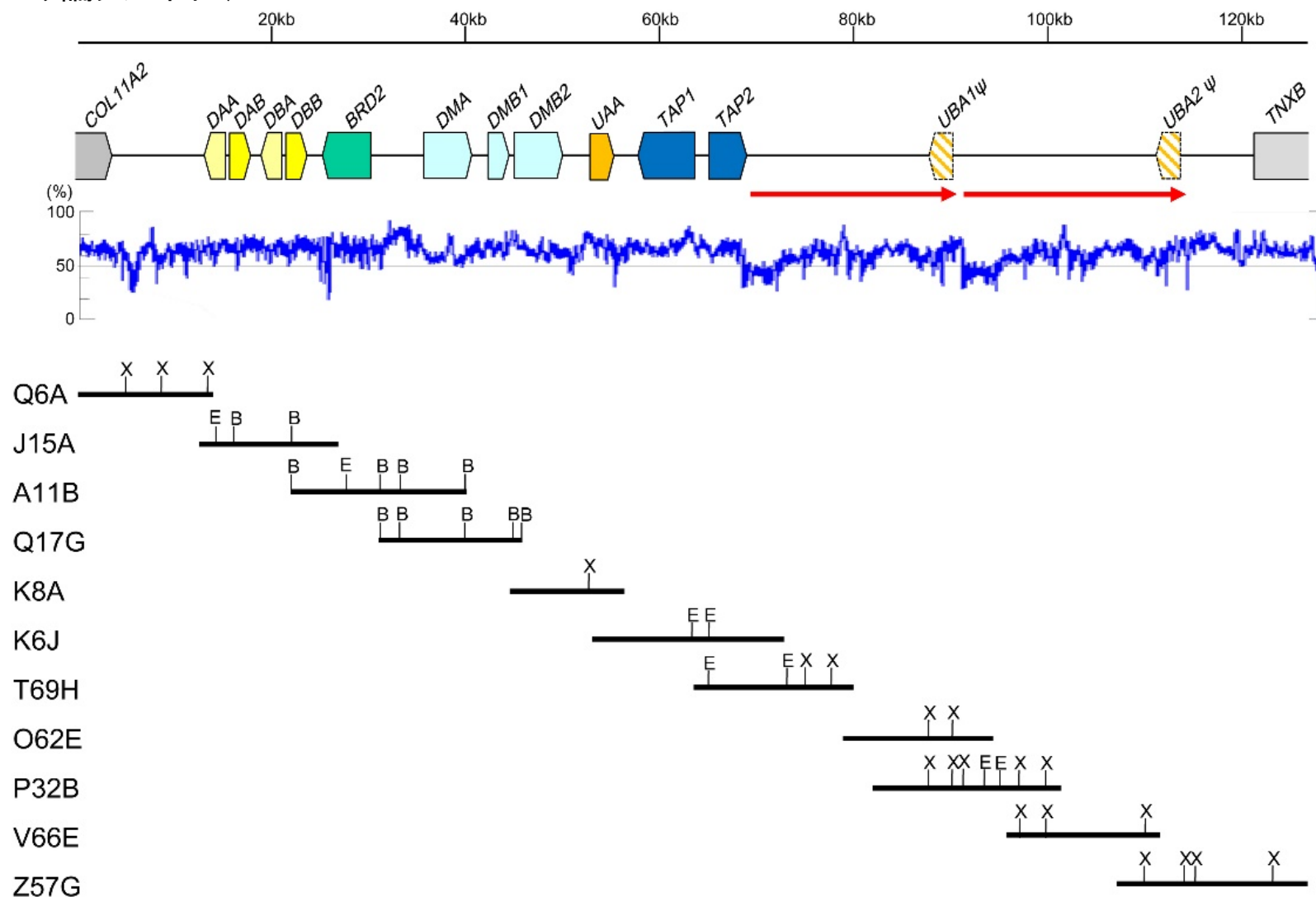
(トキ論文の図7) Founder

(補足図)



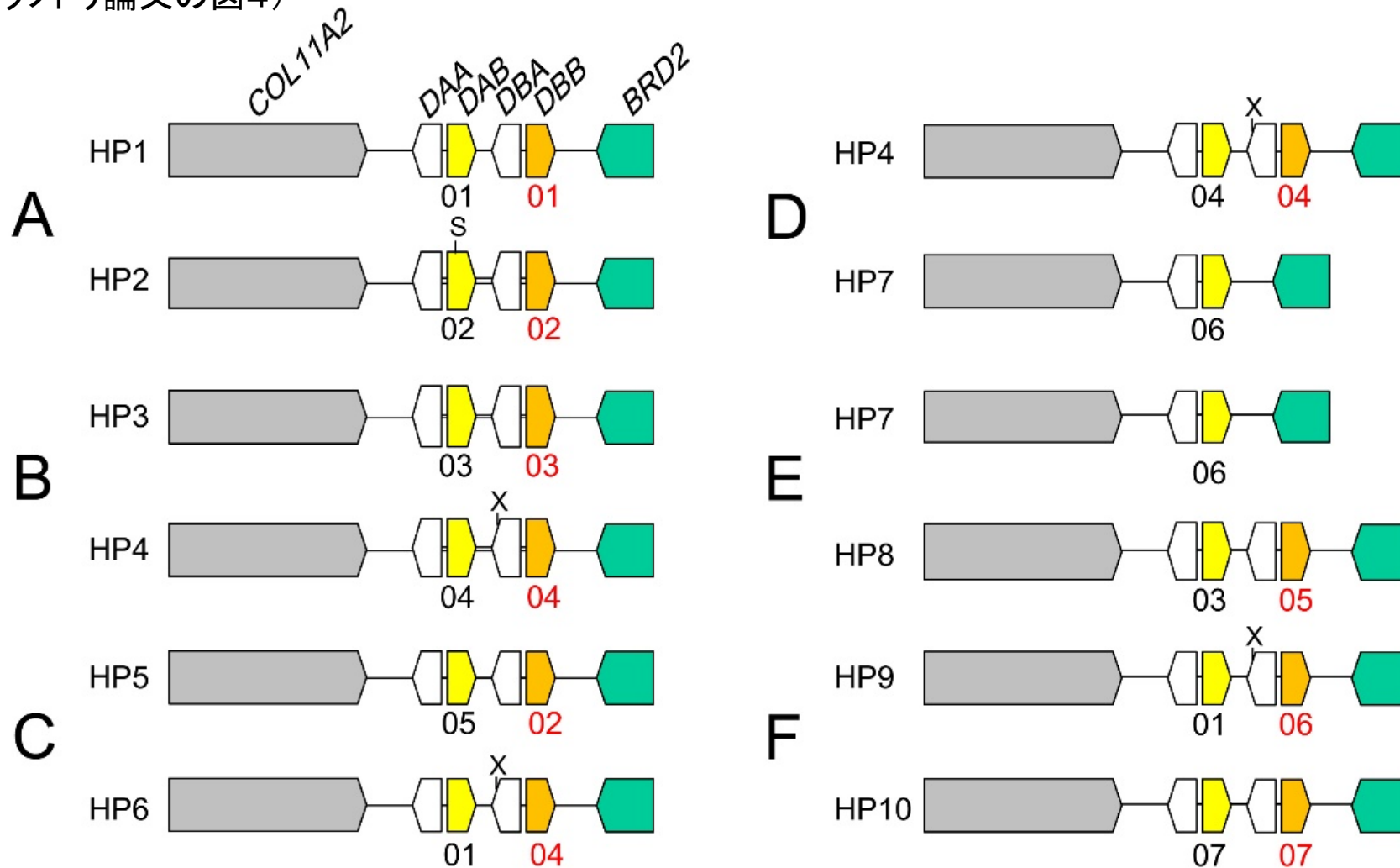
コウノトリMHC領域のゲノム構造

(コウノトリ論文の図1)



コウノトリ始祖6個体におけるMHCクラスII領域の多型

(コウノトリ論文の図4)



コウノトリ

トキ

ソウゲンライチョウ

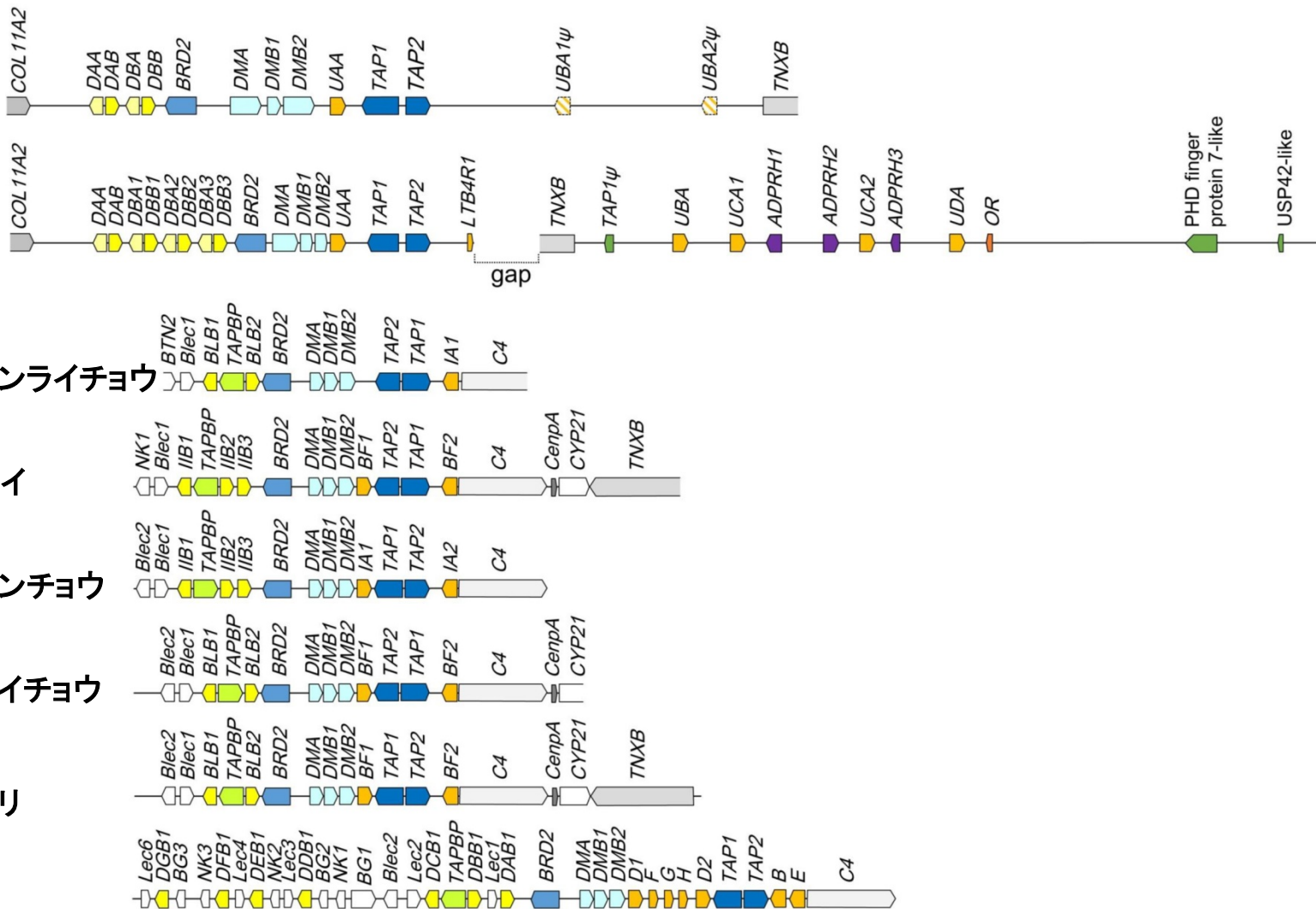
キンケイ

シチメンチョウ

クロライチョウ

ニワトリ

ウズラ



進化系統に沿ったMHC領域の構造比較

(補足図: Deakin JE, Marsupial genome sequences: providing insight into evolution and disease. Scientifica, 2012:543176, 2012の図を改変)

