

コリンウズラ集団における遺伝的変異性の評価

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2022-06-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 佐野, 晶子, 宇野, 由利子, 木村, 正雄 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12099/5526

コリンウズラ集団における遺伝的変異性の評価

佐野晶子*・宇野由利子・木村正雄

動物生産学講座
(1992年 7 月20日受理)

Genetic Variability in a Population of the Bobwhite *Colinus virginianus*.

Akiko SANO, Yuriko UNO and Masao KIMURA

Department of Animal Science and Technology
(Received July 20, 1992)

SUMMARY

To evaluate genetic variability in a bobwhite population, enzymes encoded by 28 presumed loci were examined by starch or agar gel electrophoresis. The most interesting fact observed is a possibility that the pancreatic amylase of the quail may be controlled genetically by 2 loci. Out of loci examined, only three (*Amy*-I, *Amy*-II and *Es*) were defined as polymorphic and 25 as monomorphic. The proportion of polymorphic loci and the expected average heterozygosity calculated for this population were 0.107 and 0.041, respectively. These two values were significantly lower than those estimated by Kimura and Fujii (1989) for the Japanese quail. The genetic distance between these two species calculated using the formula of Nei (1975) was 0.5229.

Res. Bull. Fac. Agr. Gifu Univ. (57) 65—70, 1992

要 約

コリンウズラ集団における遺伝的変異性の評価を行うために、28座位により支配される酵素をデンプンゲルあるいは寒天ゲル電気泳動法で分析した。特に注目された点は、膵臓アミラーゼが2つの座位による支配を受けると考えられたことである。調べた28座位中3座位のみが多型であり、25座位が単型であると判断された。多型座位の割合(Ppoly)と平均ヘテロ接合体率($\bar{H}$)はそれぞれ0.107と0.041であった。これらの値は木村と藤井(1989)により報告されたウズラのそれらに比べると明らかに低かった。Nei(1975)の式により計算したウズラとの間の遺伝距離は0.5229であった。

結 言

現在の急激な社会情勢の変遷、さらにそれに伴う自然環境の変化をみると、より多くの動物についての保存や利用の可能性を調査することが必要である。そのためにはまず家畜の成立過程やその帰納についての検討を行うことが急務である。この目的から、我々はウズラについてその家畜としての成立と系統分化に関しての遺伝育種学的な調査を行ってきたが、変異性の動態に関する調査の過程において、対照とするため、近縁の鳥類集団における遺伝的変異性を知ることが必要となった。即ち、何故日本ウズラだけが家禽化できたのか、遺伝子組成の点で他のウズラとは異なった特徴を持っているのかどうかを調べる必要が生じた。そこでウズラと近縁の各種の鳥についても調査の範囲を広げており、今回はコリンウズラを調査の対象とした。

* 聖徳学園女子短期大学・岐阜大学大学院連合農学研究科

ウズラといわれる鳥は、旧世界で95種、新世界で36種程が知られており、コリンウズラ *Colinus virginianus* は、新世界（北アメリカ南東部）に広く分布している。コリンウズラは、キジ科コリンウズラ属に分類され、体長は20cm位の赤褐色のずんぐりとした鳥で、雌雄は喉と眉斑のところが白かバラ色かで区別される。20位の亜種が存在するといわれている。深い森は避けて、未開発の原野、茂みに恵まれた低地、或いは疎林に棲んでいる。環境の変化に対する適応性が高く、狩猟目的のために飼養されており、また比較的に多産（年間80個位）で家禽に準ずるものとされている。捕獲された1羽がかつて9年間生きたことがある。選抜繁殖により白色、黄褐色や黒色のものが作られている¹⁾。

今回の調査ではコリンウズラ1集団における遺伝的変異性の調査、およびウズラとの比較についての結果を報告する。

材 料 と 方 法

日本大学農獣医学部で維持されているコリンウズラ21羽を調査に供した。筋肉、肝臓、心臓および脾臓

表1. ウズラおよびコリンウズラ集団における遺伝子頻度

対立遺伝子	ウズラ	コリンウズラ	対立遺伝子	ウズラ	コリンウズラ
<i>Acp</i> ^B	1.000	0	α - <i>Gpd</i> ^X	0	1.000
<i>Acp</i> ^X	0	1.000	<i>Mpi</i> -I ^B	1.000	1.000
<i>Adh</i> ^B	1.000	0	<i>Mpi</i> -II ^A	1.000	0
<i>Adh</i> ^X	0	1.000	<i>Mpi</i> -II ^X	0	1.000
<i>Es</i> -D ^B	1.000	0	<i>Icdh</i> -I ^A	1.000	0
<i>Es</i> -D ^X	0	1.000	<i>Icdh</i> -I ^X	0	1.000
<i>Es</i> ^B	1.000	0	<i>Icdh</i> -II ^A	1.000	0
<i>Es</i> ^X	0	0.692	<i>Icdh</i> -II ^X	0	1.000
<i>Es</i> ^Y	0	0.398	<i>Es</i> -III ^A	1.000	1.000
<i>Ct</i> ^B	1.000	0	<i>Amy</i> -I ^X		0.690
<i>Ct</i> ^X	0	1.000	<i>Amy</i> -I ^Y		0.310
<i>Lap</i> ^A	1.000	1.000	<i>Amy</i> ^A	1.000	0
<i>Sdh</i> ^B	1.000	0	<i>Amy</i> ^B (<i>Amy</i> -II ^X)	0	0.816
<i>Sdh</i> ^X	0	1.000	<i>Amy</i> -II ^Y	0	0.184
<i>Me</i> -I ^B	1.000	0	<i>Aat</i> -I ^A	1.000	0
<i>Me</i> ^X	0	1.000	<i>Aat</i> -I ^X	0	1.000
<i>Mdh</i> -I ^A	1.000	1.000	<i>Aat</i> -II ^A	1.000	1.000
<i>Mdh</i> -II ^A	1.000	1.000	<i>Ldh</i> -M ^A	1.000	1.000
<i>Pgm</i> ^A	1.000	0	<i>Ldh</i> -H ^B	1.000	0
<i>Pgm</i> ^X	0	1.000	<i>Ldh</i> -H ^X	0	1.000
<i>Pgi</i> ^B	1.000	0	<i>Ak</i> ^A	1.000	1.000
<i>Pgi</i> ^X	0	1.000	<i>Ck</i> -B ^A	1.000	0
<i>6Pgd</i> ^B	1.000	0	<i>Ck</i> -B ^X	0	1.000
<i>6Pgd</i> ^X	0	1.000	<i>Ck</i> -M ^A	1.000	0
α - <i>Gpd</i> ^A	1.000	0	<i>Ck</i> -M ^X	0	1.000

ウズラについては、野生型の遺伝子で固定されている1つのウズラ集団を仮定した。また、*Adh* および *Ct* は *B* を野生型とした。

コリンウズラについては、この表では、本来ならば *A* や *B* と遺伝子記号をつけるところを、仮にそれぞれ *X* や *Y* とつけている。

コリンウズラで検出された *Amy*-I 域の成分に該当するものがウズラではなかったため、*Nei* の遺伝距離 (*D*) の計算には *Amy*-I を除外した。

を採取し、分析した。比較としてのウズラに関する数値は、木村と藤井²⁾のデータを参考とした。

分析した酵素とその略号(遺伝子座位も意味する)、それに電気泳動に使用した緩衝液は次の通りであった。肝臓のエステラーゼ-D (Es-D), ロイシンアミノペプチダーゼ (Lap), ソルビン酸脱水素酵素 (Sdh), マーリックエンザイム (Me), リンゴ酸脱水素酵素 (Mdh-I, Mdh-II), ホスホグルコース・イソメラーゼ (Pgi), α -グリセロリン酸脱水素酵素 (α -Gpd) および骨格筋のマノース・ホスヘート・イソメラーゼ (Mpi-I, Mpi-II) はトリス緩衝液, pH7.0³⁾ で; 肝臓の酸性ホスファターゼ (Acp), ホスホグルコミターゼ (Pgm), 6 ホスホグルコン酸脱水素酵素 (6PgD), イソクエン酸脱水素酵素 (Icdh-I, Icdh-II), 骨格筋のアデニレート・キナーゼ (Ak), およびクレアチン・キナーゼ (Ck-M, Ck-B) はモルホリン緩衝液, pH6.1⁴⁾ で; 肝臓のアルコール脱水素酵素 (Adh) そしてエステラーゼ (Es) はリン酸緩衝液, pH7.2⁵⁾ で; 肝臓カタラーゼ (Ct) はトリス緩衝液, pH9.0⁶⁾ で; 肝臓のアミノ基転移酵素 (Aat-I, Aat-II) はトリス緩衝液, pH8.6⁷⁾ で; 乳酸脱水素酵素 (Ldh-M, Ldh-H) はトリス緩衝液, pH8.3⁸⁾ で; 骨格筋のエステラーゼ-III (Es-III) はトリス緩衝液, pH7.2⁹⁾ で; 肝臓アミラーゼ (Amy-I, Amy-II) はバルビタール緩衝液, pH8.6¹⁰⁾ でそれぞれ分析した。支持体としてはデンプンゲルを用いた。アミラーゼは例外で、寒天ゲルで分析した。酵素活性の検出は常法²⁾に従った。集団内の遺伝的変異性の程度は、多型を示す座位の割合 (Ppoly) と平均ヘテロ接合体率 ($\bar{H}$) で表わした。コリンウズラとウズラ間の遺伝的分化の程度については、Nei¹¹⁾ の遺伝距離 (D) を求めて評価した。

結 果 と 考 察

1. 電気泳動像

同一の反応条件下で検出され、異なる座位により支配されると考えられる酵素に対しては、数字をつけて区別した。同一座位に支配される酵素において易動度の差に基づく個体変異がみられた場合には、最も陽極側に検出される酵素の成分をAとして、以下順にアルファベットをつけて区別した。ただし、ウズラの膵臓アミラーゼは例外で、この酵素の個体変異は Watanabe & Wakasugi¹⁰⁾ により報告されているが、最も陰極側に検出される成分がA、それよりも陽極側に検出されるものがBと名付けられている。

1) 個体変異のみられた酵素

調べた酵素のうち、肝臓エステラーゼ (Es) と膵臓アミラーゼ (Amy-I, Amy-II) の電気泳動像において個体変異がみられた。

エステラーゼ (Es)

ウズラの場合¹²⁾と同様にコリンウズラの Es と名付けた酵素は陽極端の域にあり、分離がよくないので本数をはっきりしないが、複数の成分から成る。成分数にはどの個体も変わりはないが、全体の易動度にはっきりとした個体差が認められ、AとBの2型に分類された。この Es の個体変異はウズラの大脳エステラーゼ-II (Es-II)¹³⁾ やショウジョウバエのアミラーゼ¹⁴⁾ の場合と同様に、突然変異が起ると1群のアイソザイムの易動度が同時に変化する範疇のものと考えられる。今回の調査ではA型が19例で、B型が2例観察され、仮にB型を劣性形質と考えて遺伝子頻度を計算すると、 Es^A と Es^B はそれぞれ0.692と0.398となった。ウズラではこの域に3種類の Es 成分の存在が知られているが、それらのうちのBと名付けられた野生型の成分の易動度よりもコリンウズラのB成分の方が速かった。

アミラーゼ (Amy-I, Amy-II)

膵臓のアミラーゼは、ウズラとは異なった像が示された。ごく接近した2つの域 (Amy-I および Amy-II) に活性が検出された。いずれの域にも1または2成分が存在した。Amy-II域のA成分の易動度はウズラの野生型のB成分のそれと一致した。コリンウズラのB成分はウズラのBとその陰極側に位置するAの2つの成分の中間に位置した。膵臓アミラーゼの電気泳動像および膵臓アミラーゼは活性が強く写真では成分の分離が不明瞭なため、泳動像の模式図を図1に示した。

Amy-I と Amy-II域は、それぞれ異なる遺伝支配を受けると考えた。即ちコリンウズラの膵臓アミラーゼは Amy-I と Amy-IIの2つの座位により支配され、それぞれの座位に2つの共優性遺伝子が関与していると考えられた。Amy-I座位に関しては、A型、AB型そしてB型が、それぞれ9例、11例そして1例

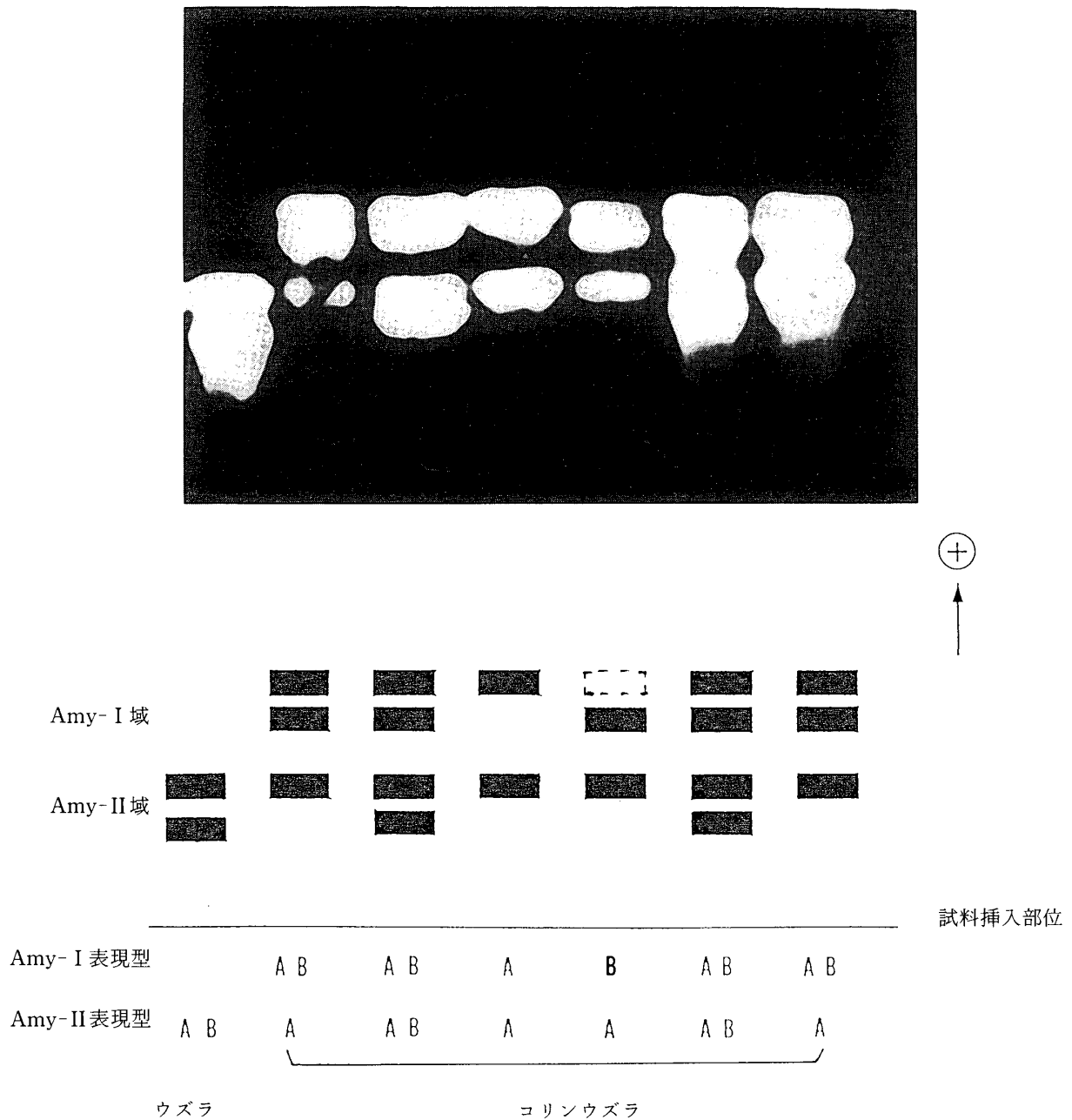


図 1. 膵臓アミラーゼ (Amy-I, Amy-II) の電気泳動像の写真および模式図.

あり, $Amy-I^A$ と $Amy-I^B$ の遺伝子頻度は, それぞれ 0.690 と 0.310 となった。また $Amy-II$ 座位については, A 型と AB 型がそれぞれ 14 例と 7 例あり, $Amy-II^A$ と $Amy-II^B$ の遺伝子頻度はそれぞれ 0.816 と 0.184 となった。

2) 個体変異のみられなかった酵素

ウズラの野生型の成分と易動度が一致した酵素としては, Mdh-I, Mdh-II, Mpi-I, Aat-II, Lap, Es-III, LdH-M そして Ak があった。ウズラの成分と易動度が明らかに一致しなかった酵素としては, Aat-I, Adh, 6Pgd, Pgi, Icdh-I, Icdh-II, Me, Sdh, α -Gpd, Pgm, Ct, Acp, Mpi-II, Ck-B および Ck-M があった。Es-D の易動度はウズラの AB ヘテロ個体が持つ 3 成分の内の雑種蛋白質のそれと一

致した。コリンウズラの Ldh-H は、ウズラの野生型の B 成分よりも易動度が大きかった。ウズラでは B よりも易動度の大きい A 成分が野生ウズラと捕獲された野生ウズラに由来する実験用ウズラ集団でそれぞれ 1 羽ずつ発見されているが、この A 成分とコリンウズラの Ldh-H 成分との易動度の関係は不明である。

2. 遺伝的変異性

合計 28 座位について調べたがそのうちの 3 座位 (*Es*, *Amy*-I および *Amy*-II) において対立遺伝子の存在が発見された。多型座位の割合 (*Ppoly*) および平均ヘテロ接合体率 ($\bar{H}$) の期待値はそれぞれ 0.107 と 0.041 であった。これらの値は各種の鳥類について一般にいわれているそれらよりはかなり低い。例えば、木村と藤井²⁾は各種野鳥集団における遺伝的変異性についてまとめているが、それによると 25 種についての *Ppoly* と 22 種についての $\bar{H}$ の平均と標準偏差はそれぞれ 0.273 ± 0.136 と 0.066 ± 0.033 とされている。このようにコリンウズラの *Ppoly* 値の特に低いことが注目される。参考のためにウズラとの間の遺伝的分化の程度を Nei¹⁾ の遺伝距離 (*D*) で評価してみた。この場合、野生型の遺伝子で固定されている 1 つのウズラ集団を仮定した。コリンウズラで調べた 28 座位の内、*Amy*-I についてはウズラには該当する座位はなかったので、これを除外して、残りの 27 座位を計算に用いた。*Amy*-II の *Amy*-II^A はウズラの野生型の *Amy*^B に相当するとした。また、両種のウズラの遺伝子に関して 8 座位で一致し、18 座位で不一致であったので、求められた *D* 値は 0.5229 となった。佐野ら¹⁵⁾は、ウズラと中国南東部、フィリピン、インドネシア、オーストラリアなどに分布しているヒメウズラとの間の *D* 値について 0.1621 と概算している。ウズラとコリンウズラの間の場合はその 3 倍余遠い距離になった。Nei¹⁾ のまとめを参考にすると、0.5229 という値は種間の距離としては妥当なものということになる。

コリンウズラは、約 60 年程前から実験に用いられている¹⁶⁾。またこの鳥はその肉が美味なことからゲームバードとしても重要な位置を占め、さらに愛玩用動物的存在が色濃い。コリンウズラの遺伝的変異性が低いということは、実験動物としての条件から考えると、合目的であるかもしれないが、家畜化あるいは改良という面から評価すると、少し不利な点ともいえる。

木村と藤井²⁾によれば日本ウズラの *Ppoly* と $\bar{H}$ の平均は家禽ウズラ集団ではそれぞれ 0.378 と 0.109 で、野生ウズラ集団ではそれぞれ 0.378 と 0.078 であることから、今回の調査においても、日本ウズラの遺伝的変異性は、他のウズラ類と比べるとやはり高いのではないかということが示された。コリンウズラを含む新世界ウズラは移動性がなく、一定の地域に定着している。渡りをするウズラが遺伝的変異性が高く、コリンウズラのそれが低いのは、そのような生態の違いを反映しているのかもしれない。

実験材料のコリンウズラは日本大学農獣医学部の今井清教授から御提供頂いた。御好意に感謝致します。

参 考 文 献

- 1) Grizimek, A. : Animal life encyclopedia. Van Nostrand Reinhold Company, New York • Cincinnati • Toronto • London • Melbourne, 1972.
- 2) 木村正雄・藤井貞雄：野生ウズラと家禽ウズラ集団における遺伝的変異性，家禽会誌，26 : 245-256, 1989.
- 3) Shaw, C. R. & Prasad, R. : Starch gel electrophoresis of enzymes-A compilation of recipes. Biochem. Genet., 4 : 297-320, 1970.
- 4) Clayton, J. W. & Tretiak, D. N. : Amine-citrate buffers for pH control in the starch gel electrophoresis. J. Fish. Res. Bd. Can., 29 : 1169-1172, 1972.
- 5) Bengtsson, S. & Sandberg, K. : A method for simultaneous electrophoresis of four horse red cell enzyme systems. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet., 4 : 83-87, 1973.
- 6) Cooper, C. D., Irwin, M. R. & Stone, H. : Inherited variation in the dehydrogenase of dove. I. Studies on 6-phosphogluconate dehydrogenase. Genetics, 62 : 597-606, 1969.
- 7) Gahne, B. : Studies of transferrins in serum and milk of Swedish cattle. Anim. Prod. 3 : 135-145, 1961.
- 8) Blanco, A., Zinkham, W. H. & Kupchik, L. : Genetic control and ontogeny of lactate dehydrogenase in pigeon testes. J. Exp. Zool., 156 : 137-152, 1964.
- 9) Hopkinson, D. A., M. A. Mestriner, J. Cortner & H. Harris : Esterase-D : a new human polymorphism. Ann. Hum. Genet., 37 : 119, 1973.

- 10) Watanabe, T. & Wakasugi, N. : Genetic variation of pancreatic α -Amylase in the Japanese quail. Jpn. J. Genet., **35** : 55-57, 1978.
- 11) Nei, M. : Molecular population genetics and evolution. North-Holland Publishing Company, Amsterdam-Oxford, 1975.
- 12) Hashiguchi, T. Yoshimitsu, Y. Maeda, Y. & Taketomi, M. : Genetical studies on liver esterase isozyme of the Japanese quail *Coturnix coturnix japonica*. Japan J. Breed., **28** : 329-335, 1978.
- 13) 江村正一・木村正雄・磯貝岩弘 : ウズラの大脳エステラーゼ・アイソザイム, 家禽会誌, **11** : 206-209, 1974.
- 14) Ogita, Z. : Genetico-biochemical analysis on the enzyme activities in the house fly by agar gel electrophoresis. Jpn. J. Genet., **37** : 518, 1962.
- 15) 佐野晶子・後藤みゆき・K.M.Cheng・木村正雄 : ヒメウズラ集団における遺伝的変異性の評価とウズラとの比較, 岐大農研報 (56) : 1-6, 1991.
- 16) Aiken, C. E. H. : A Bobwhite $\times$ California quail hybrid. Auk., **47** : 80-81, 1930.