

スズメの上海集団における遺伝的変異性

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2022-06-08 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 佐野, 晶子, 木村, 正雄 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12099/5539

スズメの上海集団における遺伝的変異性

佐野晶子*・木村正雄

動物生産学講座

(1993年7月20日受理)

Genetic Variability in a Shanghai Population of Tree sparrows.

Akiko SANO and Masao KIMURA

Department of Animal Science and Technology

(Received July 20, 1993)

SUMMARY

To evaluate genetic variability within and between populations of the tree sparrow (*Passer montanus*), 24 frozen sparrows imported from Shanghai, China, were purchased from a meat shop and enzymes encoded by 20 loci were examined by starch gel electrophoresis.

Six loci (*Acp*, *Es-D*, *Pgi*, *6Pgd*, *Mpi-I* and *Icdh-I*) were defined as polymorphic and 14 as monomorphic in the Shanghai population examined in this survey. A mutant gene was newly found in each of these polymorphic loci except *Mpi-I*. The proportion of polymorphic loci and the expected average heterozygosity per individual estimated for the population were 0.300 and 0.041, respectively. F_{IS} , the inbreeding coefficient of Wright (1965), was evaluated to be 0.098 in the Shanghai population. F_{ST} , a measure of the genetic differentiation, between the Shanghai population and the Japanese tree sparrow population examined by Kimura and Yamamoto (1983), was 0.054.

Res. Bull. Fac. Agr. Gifu Univ. (58) : 27-31, 1993

要 約

スズメ (*Passer montanus*) の集団における遺伝的変異性を評価するために、合計20座位により支配される、スズメの酵素をデンプンゲル電気泳動法で分析した。今回分析に供したスズメは、食肉業者より購入したもので、中国上海市から輸入され、仮に上海集団と呼ぶことにする。この集団では6座位(*Acp*, *Es-D*, *Pgi*, *6Pgd*, *Mpi-I* および *Icdh-I*) が多型を、他の14座位は単型を示した。*Mpi-I* を除いたこれらの多型座位にそれぞれ1つのこれ迄に報告されていない突然変異型の遺伝子が存在することが発見された。多型座位の割合および平均ヘテロ接合体率は、それぞれ0.300および0.041であった。また、Wright (1965) の近交係数、 F_{IS} 値は上海集団では0.098と、遺伝的分化の程度をあらわす固定指数、 F_{ST} 値は、上海集団と木村と山本 (1983) の報告した日本集団間では、0.054と評価された。

緒 言

スズメ (tree sparrow, *Passer montanus*) は、我々にとって、もっとも身近な日本の市街地の鳥である。スズメは、ユーラシア大陸の東西に広く分布しており、アジアでは完全な市街地の鳥として生活しているが、ヨーロッパの市街地はイエスズメ (house sparrow, *P. domesticus*) にとって替わられ、スズメはその英語名や学名の示す通り、山林の鳥として生活している。つまり、スズメという同じ種の鳥が、その分布域の東と西で異なった生活をしており、大変興味深い問題を提起している。このように、ヨーロッパでは

* 聖徳学園女子短期大学・岐阜大学大学院連合農学研究科

市街地にイエスズメ、山林にスズメが生息し、日本では、イエスズメは生息していないので、市街地にスズメ、山林にはヨーロッパでは生息していないニューナイスズメ (cinnamon sparrow, *P.rutilans*) が生息している。

イエスズメは、ヨーロッパの文明とともに、全世界に広がっている。最近では、イエスズメの分布域はシベリア開拓とともに、その分布は日本に近づいている。1990年8月には、佐野²⁾により北海道の利尻島でイエスズメが初めて観察された。つまり、今後日本には、3種のスズメが生息する可能性があり、スズメの遺伝的変異性を調査することは、急務であると考えられる。

今回の調査では、上海のスズメ集団の遺伝子頻度と遺伝的変異性について酵素を支配する遺伝子を利用して調べ、先に木村と山本²⁾の報告した日本の集団のそれらと比較した結果を報告する。

材 料 と 方 法

今回の調査では、上海から凍結状態で輸入されたスズメ24個体を業者より購入し、分析した。これらより、浅胸筋を採取し、常法³⁾に従って電気泳動用の試料を調製した。

14種の酵素をデンブングル電気泳動法を用いて分析した。分析した酵素とその略号 (遺伝子座位も意味する) および電気泳動に使用した緩衝液は、以下の通りであった。すなわち、酸性ホスファターゼ (*Acp*)、 α -グリセロリン酸脱水素酵素 (α -*Gpd*)、イソクエン酸脱水素酵素 (*Icdh-I, Icdh-II*)、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・クエン酸緩衝液システム, pH6.1⁴⁾を; エステラーゼ-D (*Es-D*)、およびエステラーゼ-III (*Es-III*) は、トリス緩衝液, pH7.2⁵⁾を; リンゴ酸脱水素酵素 (*Mdh-I, Mdh-II*)、ホスホグルコムターゼ (*Pgm-I, Pgm-II*)、ホスホグルコース・イソメラーゼ (*Pgi*)、6 ホスホグルコン酸脱水素酵素 (6-*Pgd*)、およびマンノース・ホスヘート・イソメラーゼ (*Mpi-I, Mpi-II*) はトリス緩衝液, pH7.0⁶⁾を; アミノ基転移酵素 (*Aat-I, Aat-II*) および乳酸脱水素酵素 (*Ldh-M*) はトリス緩衝液, pH8.3⁷⁾をそれぞれ用いた。酵素活性の検出は、常法³⁾に従った。

集団内の遺伝的変異性や集団間の遺伝的分化の程度は、多型座位の割合 (Ppoly), 平均ヘテロ接合体率 ($\bar{H}$) およびWright⁸⁾のF統計量 (F_{IS} および F_{ST} 値) を求めて評価した。

結 果 と 考 察

1. 電気泳動像

今回の電気泳動条件下では、酵素によっては検出される成分数や易動度に関しての個体変異がみられる場合もあったが、特に上海のスズメに特有なものと考えられる酵素成分は分離されなかった。すなわち、20座位によって支配される14種の酵素の全ての野生型の成分の易動度は、日本のスズメ²⁾のそれと一致した。

1) 個体変異の見られた酵素

・酸性ホスファターゼ (*Acp*)

試料付着点の陰極側に移動し、各個体は1成分をもった。易動度に関してA型とそれの陽極側に移動するB型の2通りの表現型が検出された。調べた24羽の内、A型が22例でB型が2例であった。このB型の成分は日本のスズメ²⁾では発見されていない。

一般に易動度が異なった2つの成分にアルファベット記号をつける場合には、陽極側をA、それよりも陰極側に位置するものをB型とするのが慣習である。しかし、木村と山本²⁾が既に日本のスズメの*Acp*がA型で固定されていると報告しているので、混乱を避けるためにこの場合は陽極側の成分をB型とした。

・エステラーゼ-D (*Es-D*)

試料付着点の陽極側に活性が検出された。3成分をもつもの (AB型) とAB型の3番目の成分と易動度が一致する1成分のみをもつもの (B型) の2つの表現型が観察された。3成分型は、ダイマー構成の酵素の場合にヘテロ個体が示す代表的な電気泳動像である。調べた24羽の内、AB型は4例でB型は20例であった。A型は検出されなかった。木村と山本²⁾は*Es-D*については調べていない。

・ホスホグルコース・イソメラーゼ (*Pgi*)

試料付着点の陰極側に活性が検出された。*Es-D*の場合と同様に3成分型と1成分型の、2通りの電気泳

動像が検出された。もっとも陰極寄りに位置する1成分をもつものをA型とし、3成分型をAB型とした。調べた24羽の内、A型は17例でAB型は7例であった。この場合も、成分の記号は木村と山本²⁾の命名に合わせた。3成分型は彼ら²⁾は発見していない。

・6 ホスホグルコン酸脱水素酵素 (6Pgd)

試料付着点より陰極方向へ移動した。1例を除き、全ての個体が1成分をもち、その易動度は木村と山本²⁾の調べた日本のスズメのA型のそれと一致した。例外の1羽は、この1成分に加えてその陽極側に2本の成分をもった。この酵素がダイマー構成のものであることからこの例外の電気泳動像をAB型とした。木村と山本²⁾は突然変異型のAB個体は日本のスズメでは発見していない。

・マンノース・ホスヘート・イソメラーゼ (Mpi)

Mpi は、試料付着点より陽極方向へ移動する域 (Mpi-I 域) と試料付着点から陰極方向へ移動する域 (Mpi-II 域) に存在した。Mpi-II には1本の成分が認められ、易動度や成分の本数に関して個体変異はみられなかったが、Mpi-I 域において、先に木村と山本²⁾が報告したのと同様な2つの表現型が検出された。すなわち、1成分をもつA型、この成分とそれよりは易動度の遅い成分の、計2成分をもつAB型である。予想されるB型の電気泳動像は発見されなかった。調べた24羽の内、A型は23例でAB型は1例であった。

・イソクエン酸脱水素酵素 (Icdh)

Icdh は、試料付着点より陰極方向へ移動する域 (Icdh-I) と、その陰極側のIcdh-II の2つの域に活性が検出された。Icdh-I域に個体変異がみられ、2つの表現型が検出された。3成分をもつものをAB型、この3成分型のもっとも陰極側に検出される3番目の成分と易動度の一致する1本の成分をもつものをB型とした。調べた24羽の内、AB型は5例でB型は19例であった。Icdh-II 域には全ての個体において、1成分が存在し、変異はなかった。尚、Icdhについては木村と山本²⁾は調査していない。

2) 個体変異のみられなかった酵素

Mdh-I, Mdh-II, Pgm-I, Pgm-II, α -Gpd, Mpi-II, Icdh-II, Es-III, Aat-I, Aat-II, Ldh-M, Ak, Ck-M および Ck-B については電気泳動像において個体変異はみられず、また日本のスズメ²⁾のそれらと易動度は一致した。これらの酵素を支配する座位に関しては、この集団でも野生型の遺伝子で固定されていると考えられる。

以上14の酵素を支配する20座位について、今回調べたスズメ集団における遺伝子頻度を計算して表1に示した。

2. 遺伝的変異性

今回調査したスズメ集団における遺伝的変異性の指標値と近交係数を表2に示した。集団内の遺伝的変異性の評価として用いられる多型座位の割合 (Ppoly) と平均ヘテロ接合体率 ($\bar{H}$) については、木村と藤井⁹⁾により評価されている各野鳥集団における平均値±標準偏差 (Ppoly=0.273±0.136, $\bar{H}$ =0.066±0.033) の範囲内にあった。木村と山本²⁾の報告したスズメの日本集団と比較すると、Ppoly には大差はなく、 $\bar{H}$ は日本集団の1/2程度であった。この種の数値を概算する場合に、問題になるのが遺伝標識として用いる座位数と座位の種類である。今回の調査では食用に調理された屠体を用いたので、血液と各種の臓器は分析できなかった。従って、ヘテロ接合体率の計算に際して、その数値の上昇に日本のスズメの場合に大きく影響している *Alb* と *Tf* 座位を計算に入れることができなかった (表1)。このことが上海集団の $\bar{H}$ 値を低くした一因かもしれない。しかし、*Pgm-I* 座位が日本のスズメ集団では複対立遺伝子を有し、遺伝子頻度もいづれも比較的が高く、 $\bar{H}$ 値の上昇に大きく影響している。一方、上海スズメ集団では、この座位は野生型の遺伝子 *B* で固定されていた。これは、明らかに上海スズメ集団の $\bar{H}$ 値を低くした原因である。その他の座位で、表1にみられるように、一方の集団で対立遺伝子の存在や不在の例もみられるが、そのほとんどの例で突然変異型の対立遺伝子が存在したとしても数%であり、*Alb*, *Tf* および *Pgm-I* に比べると $\bar{H}$ 値に与える影響はごく少ない。これらのことから、日本に比べて上海のスズメ集団の変異性は幾分低いものであろうと推測される。尚、イエスズメの $\bar{H}$ については、Manwell & Baker¹⁰⁾のオーストラリア集団の0.098, Cole & Parkin¹¹⁾のイギリス集団の0.15という報告があり、今回調べたスズメの $\bar{H}$ はイエスズメに比べると低かった。

表 1. スズメ 2 集団における遺伝子頻度

座 位	遺 伝 子	集 団	
		上 海	日 本 * *
<i>Hb-I</i>	A		1.000
<i>Hb-II</i>	A		1.000
<i>Hb-III</i>	A		1.000
<i>Alb</i>	A		0.450
<i>Alb</i>	B		0.550
<i>Tf</i>	A		0.250
<i>Tf</i>	B		0.750
<i>Acp</i>	A	0.917 $\pm$ 0.040	1.000
<i>Acp</i>	B *	0.083 $\pm$ 0.040	—
<i>Es-D</i>	A *	0.083 $\pm$ 0.040	
<i>Es-D</i>	B	0.917 $\pm$ 0.040	
<i>Mdh-I</i>	A	1.000	1.000
<i>Mdh-II</i>	A	1.000	1.000
<i>Sdh</i>	A		1.000
<i>Me-I</i>	A		0.890
<i>Me-I</i>	B		0.110
<i>Me-II</i>	A		1.000
<i>Pgm-I</i>	A	—	0.250
<i>Pgm-I</i>	B	1.000	0.670
<i>Pgm-I</i>	C	—	0.080
<i>Pgm-II</i>	A	1.000	1.000
<i>Pgi</i>	A	0.854 $\pm$ 0.051	1.000
<i>Pgi</i>	B *	0.146 $\pm$ 0.051	—
<i>6Pgd</i>	A	0.979 $\pm$ 0.021	1.000
<i>6Pgd</i>	B *	0.021 $\pm$ 0.021	—
<i>α-Gpd</i>	A	—	0.070
<i>α-Gpd</i>	B	1.000	0.930
<i>Mpi-I</i>	A	0.979 $\pm$ 0.021	0.980
<i>Mpi-I</i>	B	0.021 $\pm$ 0.021	0.020
<i>Mpi-II</i>	A	1.000	1.000
<i>Icdh-I</i>	A	0.896 $\pm$ 0.044	
<i>Icdh-I</i>	B *	0.104 $\pm$ 0.044	
<i>Icdh-II</i>	A	1.000	
<i>Es-III</i>	A	1.000	
<i>Aat-I</i>	A	1.000	
<i>Aat-II</i>	A	1.000	
<i>Ldh-M</i>	A	1.000	1.000
<i>Ldh-H</i>	A		1.000
<i>Ak</i>	A	1.000	
<i>Ck-B</i>	A	1.000	
<i>Ck-M</i>	A	1.000	
<i>Akp</i>	A		1.000

* : 今回新しく発見された突然変異型の遺伝子

* * : 木村と山本²⁾

表2. スズメ2集団における遺伝的変異性

集 団	n	Ppoly	$\bar{H}$	F_{IS}
上 海	24	6/20=0.300	0.041	0.098
日 本 *	18-22	6/22=0.273	0.078	0.215

$$F_{ST}=0.054$$

* : 木村と山本²⁾

集団内におけるハーディ・ワインベルグの法則からのずれを意味する F_{IS} 値は、上海の集団では0.098と評価され、これは日本の集団の0.215の1/2程度であった。これらの値は、上海集団ではそれほど近交が行なわれておらず、逆に日本集団では家畜の品種内に存在する系統程度のレベルで近交が行なわれていることを示している。

集団間の遺伝子頻度の分化の程度を固定指数 (F_{ST} 値) で求めたところ、上海と日本集団間では0.054が得られた。この値は、木村と藤井⁹⁾が報告している各野鳥集団の平均値±標準偏差 ($F_{ST}=0.029\pm0.025$) の範囲内にあり、特に野生ウズラ3集団の平均値である0.017の3倍程度大きいものであった。イエスズメについては、Parkin & Cole¹²⁾が4つの場所で調査している。イングランドの7集団 (集団間の平均距離は146.8km) については F_{ST} は0.0136、ヨーロッパ南東部の7集団 (256.2km) では0.0156、オーストラリアの3集団 (131.3km) では0.0240、ニュージーランドの4集団 (190.2km) では0.0177であった。また、Fleischer¹³⁾ はカンサス西部の12km内の5集団のイエスズメで0.0076の値を報告している。上海と日本では1000km以上離れているので、得られた F_{ST} 値0.054は妥当であると考えられる。

参 考 文 献

- 1) 佐野昌男：‘日本をめぐる3種のスズメスズメ、イエスズメ、ニュウナイスズメ’，上野俊一他監修“動物たちの地球34”東京・大阪・北九州・名古屋：朝日新聞社300-301,1992.
- 2) Kimura, M. & Yamamoto, S.: Electrophoretic variations of proteins in the tree sparrow, *Passer montanus*. *Animal Blood Groups Biochemical Genetics* **14** : 59-61, 1983.
- 3) Brewer, G.J.: An introduction to isozyme techniques. Academic Press, New York and London, 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) Hopkinson, D.A., M.A. Mestriner, J. Cortner & H. Harris: Esterase-D : a new human polymorphism. *Ann. Hum. Genet.*, **37** : 119, 1973.
- 6) Shaw, C.R. & Prasad, R.: Starch gel electrophoresis of enzymes - A compilation of recipes. *Biochem. Genet.*, **4** : 297-320, 1970.
- 7) Blanco, A., Zinkham, W.H. & Kupchik, L.: Genetic control and ontogeny of lactate dehydrogenase in pigeon testes. *J. Exp. Zool.*, **156** : 137-152, 1964.
- 8) Wright, S.: The interpretation of population structure with special regard to systems of mating. *Evolution* **19** : 395-420, 1965.
- 9) 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.
- 10) Manwell, C. & Baker, C.M. Ann : Molecular genetics of avian proteins XIII. Protein polymorphism in three species of Australian passerines. *Australian Journal of Biological Sciences* **28** : 545-557, 1975.
- 11) Cole, S.R. & Parkin, D.T.: Enzyme polymorphism in the house sparrow, *Passer domesticus*. *Biological Journal of the Linnean Society* **15** : 13-22, 1981. (Biological Abstracts **72** : 852, Ref.No8235, 1981.)
- 12) Parkin, D.T. & Cole, S.R.: Genetic differentiation and rates of evolution in some introduced populations of the house sparrow *Passer domesticus* in Australia and New Zealand. *Heredity* **54** : 15-23, 1984.
- 13) Fleischer, R.C.: A comparison of theoretical and electrophoretic assessments of genetic structure in populations of the house sparrow (*Passer domesticus*). *Evolution* **37** : 1001-1009, 1983.