

ニワトリにおけるカニバリズムの遺伝基盤の解明

東京農工大学大学院農学研究院・准教授 新村 毅

■ 目的

地鶏生産の現場において、ニワトリ同士のカニバリズム(羽毛つつき、共喰い)が多発することが問題となっている。この行動は不可逆的で、一度仲間を食べることを学習した個体は仲間を食べ続け、さらに他個体も学習することで集団内に伝播して行くため、死亡率が著しく増加する。この問題は、平飼いを主体とする地鶏生産のみならず、近年、アニマルウェルフェアの広まりから、日本においても導入が急増しているケージフリー、すなわち多数のニワトリを1つの空間で飼育するシステムにおいても大きな問題となっている。そこで、本研究では、我が国に現存する日本鶏を用い、次世代シーケンサーから得られる全ゲノムシーケンス情報をインフォマティクスにより解析することで、ニワトリのカニバリズムの原因遺伝子の候補を抽出することを目的とする。

■ 方法

本研究では、ゲノム解析(集団遺伝学的解析)と網羅的遺伝子発現解析(RNA-seq)という次世代シーケンサーを用いたゲノムワイドな解析の組み合わせにより共喰いの制御遺伝子の候補を抽出することとした。申請者は、日本で飼育されている闘鶏用の大軍鶏の中に、一般的な攻撃パターンを示す攻撃型と、異常な攻撃パターンを示す防御型という2つの集団が存在することを発見している。そこで、両集団より血液を採集し、全ゲノムリシーケンシングを行い、全ゲノムにわたる固定指数(F_{ST})の計算を中心とした集団ゲノム解析を行った。また、間脳を両集団から採集し、RNA-seqによる2集団間の脳内遺伝子発現量解析を行うと共に、エンリッチメント解析を行った。

■ 結果および考察

F_{ST} ≥ 0.3 の閾値設定により、選択的一掃を強く受けた6領域を抽出し、当該領域上に座位する14の候補遺伝子を抽出した。また、最も高いピークは12番染色体に存在し、当該領域に4遺伝子が座位することが明らかになった。また、遺伝子発現量の比較では、|log₂ fold-change| > 1.0、p value < 0.1 の閾値設定により、223遺伝子を抽出し、その中で線条体間接路において特異的に発現する遺伝子が、防御型で発現増加していた。

運動は、線条体内のドーパミン D1 受容体を介した興奮性の直接路により運動の開始が、ドーパミン D2 受容体を介した抑制性の間接路により運動の停止が生じ、その神経回路のバランスにより運動が制御されている。本研究の RNA-seq で抽出された遺伝子は、このドーパミン D2 受容体で特異的に発現しており、また、ゲノム解析で抽出された遺伝子は、当該ニューロンの分化発達に重要な役割を果たしている。間接路の異常亢進は視床の脱抑制を妨げ、パーキンソン病患者の凍結や剛性、運動の緩慢化といった代表的症状が生じるとされている。これらのことから、ゲノムの変異により、線条体間接路の興奮が増強されることで、運動の抑制が生じることで、防御型の攻撃パターンが現れることが示唆された。

■ 結語

防御型の攻撃パターンは、線条体間接路が著しく亢進されることにより現れ、したがって、攻撃パターンは運動の神経回路のバランスが破綻することにより制御されていることが示唆された。