

ニワトリの卵黄成分に関する遺伝的基盤の解明

帯広畜産大学グローバルアグロメディシン研究センター・助教 後藤 達彦

■ 目的

世界で9人に1人が飢餓という現状(Hunger Map 2019, WFP)を打開するためには、最も広く需要のある動物性タンパク源である鶏卵のさらなる増産および高品質化が求められる。鶏卵の生産性や品質には、遺伝および環境要因の双方が重要な役割を果たしており(Goto and Tsudzuki, 2017)、卵黄および卵白のアミノ酸含量(Mori et al., 2020; Goto et al., 2021a; Goto et al., 2021b)ならびに、卵黄および卵白の低分子代謝産物(Goto et al., 2019)に有意な遺伝的効果が認められている。しかしながら、卵黄の成分量の調節に関する遺伝子群は明らかにされていない。卵黄の成分の含量は、ゲノム領域のDNA配列の差異によって調節されていると考えられるが、様々な遺伝情報を備えた多様なニワトリ品種の全ゲノム配列の差異に関する知見は大きく不足している。そこで本研究では、様々なニワトリ品種を用いて、次世代シーケンサーによる全ゲノム配列のリシーケンスを行い、品種ごとのゲノム情報の違いを明らかにすることで、卵黄成分の遺伝的基盤の解明を進めることを目的とする。

■ 方法

ウコッケイという品種の10個体から血液サンプルを採取しDNAを抽出した。DNAの品質評価を行った後、受託会社が保有するillumina社の次世代シーケンサーHiSeq X tenを用いて、全ゲノムの約5倍のカバレッジの個体別の生データを取得した。その後の情報解析は、帯広畜産大学後藤研究室のLinux serverを用いて行った。ナゴヤという品種20個体の全ゲノム情報を、ウコッケイとの比較に用いた。GATKおよびPicard Toolsを用いて、ニワトリ参照ゲノム配列(GRCg6a)に対するマッピングを行うことによって、数百万カ所の一塩基多型(SNPs)を明らかにした。卵黄成分に影響するゲノム領域を探索するため、VCFtoolsを用いて、10億塩基の全ゲノムを2万塩基の単位に分割した総計約9万の領域を対象に集団遺伝学的解析を行った。遺伝的分化の程度を示すFst値を指標にして、卵黄成分に有意な差異のある品種間で大きく異なるゲノム領域を探索した。

■ 結果および考察

本助成により新規に全ゲノム解析を行った遺伝的に特徴のある日本鶏品種であるウコッケイ10個体を、ナゴヤ20個体の全ゲノム情報と比較した結果、Fst値が著しく高い($Z\text{-Fst} > 3$)、品種間で大きく異なるゲノム領域を発見することができた。それらは、第1、2、3、4、5および7染色体上の24箇所のゲノム領域であり、それらの領域の中央値は30KBであった。従来の卵形質に関する遺伝子座の解析結果(Goto and Tsudzuki, 2017)と比較すると、極めて高解像度に候補ゲノム領域が明らかにできた。そのため、今後の研究では、これらの品種を利用した交配実験を行うことによって、品種間で大きく異なるゲノム領域が、どのように後代に遺伝して、卵黄成分の含量に関わっているのかを明らかにしていきたい。

■ 結語

集団ゲノム解析によって、品種間で大きく異なるゲノム領域を高解像度に明らかにできた。今後、候補ゲノム領域が、どのように品種らしさに貢献しているのかを探索していきたい。