

Title	ハチクマ (タカ目タカ科) の羽毛色バリエーションに関与する遺伝子の研究
Sub Title	Study on genetic polymorphisms involved in feather color variation of oriental honey buzzard ( <i>Pernis ptilorhyncus</i> ).
Author	小野, 裕剛(Ono, Hirotake)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2020
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2019. )
JaLC DOI	
Abstract	<p>夏鳥として日本に渡来して繁殖するタカであるハチクマには、特に下面（胸・腹）において顕著な羽毛色多型が見られる。報告者らはこの多型の原因となる分子メカニズムを解明するために、著者らは色素型転換に関わるMc1r遺伝子の多型と羽毛色の関係を調べ、褐色型に特異的な遺伝子多型を見いだした。ハチクマのMc1r遺伝子多型が、褐色型（およびそこから派生したもの）と淡色型や横斑型のもの2型に分かれることから、日本に渡来するハチクマが2系統の祖先系統から形成されたのではないかと考えた。</p> <p>そこで、今年度の研究では35個体のハチクマのミトコンドリアDNAについて、進化速度が異なるとされるCytb遺伝子・ND2遺伝子・調節領域の塩基配列を決定して多型解析を行った。Cytb遺伝子については配列決定を行ったすべての個体で遺伝子多型は見られなかったが、ND2遺伝子については1箇所の遺伝子多型について、21:14に分かれることが判明した。調節領域については30箇所の遺伝子多型ポイントが見られた。これらの情報を元にハプロタイプネットワークを分析したところ、ミトコンドリア遺伝子多型についても2群に分けられることが判明した。</p> <p>このような解析結果から、日本に渡来するハチクマのミトコンドリアDNAは核遺伝子であるMc1rと同様に2系統の起源を持つと考えられる。その一方で、個体ごとに見たときにミトコンドリアDNAの多型とMc1rの多型は相関がないことから、日本に渡来するハチクマ個体群は2系統の祖先を持つにもかかわらず、現在は一つの個体群として交配が進んでいると考えられる。</p> <p>移動力のそれほど高くない陸上小動物を対象とした、地域個体群ごとの遺伝子多型の比較から種の成り立ちを推定する研究は多く行われているが、ハチクマのような長距離を移動する渡り鳥を使って起源系統を分析した研究成果は珍しいと考える。</p> <p>Oriental Honey Buzzard (OHB; <i>Pernis ptilorhyncus</i>) is a summer migrant raptor in Japan, and has a marked feather color polymorphism, especially on the ventral region. In order to elucidate the molecular mechanism responsible for this polymorphism, we examined the relationship between the feather color phenotypes and Mc1r gene polymorphism which involved in pigment type switching, and we identified a dark brown phenotype-specific gene polymorphism. The OHB Mc1r gene for dark brown phenotype (and its derivatives) clearly different from Mc1r for light-colored or barred-type. This result suggested that the OHBs breeds in Japan were formed from two ancestral lines.</p> <p>Therefore, in this research, we sequenced Cytb gene, ND2 gene, and the control region of mitochondrial DNA from 35 individuals. No genetic polymorphism was found in any of the individuals sequenced for the Cytb gene, but one was found in the ND2 gene and split 21:14. In the control region, we found 30 base substitutions in 33 haplotypes. Haplotype network analysis based on these sequences revealed that mitochondrial DNA polymorphisms could be divided into two groups and suggests the OHB breeding in Japan formed from two ancestral lines. This conclusion corresponds to the result of Mc1r gene analysis.</p> <p>On the other hand, there is no correlation between mitochondrial DNA haplotype and Mc1r haplotype in each individual. These results indicate that the two OHB ancestor populations had integrated in Japan.</p> <p>Many studies have been conducted to estimate the origin of species from comparisons of genetic polymorphisms for each regional population, targeting small animals with low mobility. On the other hand, our study is unique because we showed the origin of a specie using migratory birds that migrate long distances.</p>
Notes	
Genre	Research Paper
URL	<a href="https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2019000008-20190347">https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2019000008-20190347</a>

研究代表者	所属	法学部	職名	准教授	補助額	1,026	千円
	氏名	小野 裕剛	氏名（英語）	Hirotake Ono			
研究課題（日本語）							
ハチクマ(タカ目タカ科)の羽毛色バリエーションに関する遺伝子の研究							
研究課題（英訳）							
Study on genetic polymorphisms involved in feather color variation of Oriental Honey Buzzard ( <i>Pernis ptilorhyncus</i> ).							
研究組織							
氏名 Name		所属・学科・職名 Affiliation, department, and position					
小野裕剛 (Hirotake Ono)		法学部・准教授					
林良信 (Yoshinobu Hayashi)		法学部・専任講師					
吉川夏彦 (Natsuhiko Yoshikawa)		法学部・助教(有期)					
1. 研究成果実績の概要							
<p>夏鳥として日本に渡来して繁殖するタカであるハチクマには、特に下面(胸・腹)において顕著な羽毛色多型が見られる。報告者らはこの多型の原因となる分子メカニズムを解明するために、著者らは色素型転換に関わる <i>Mc1r</i> 遺伝子の多型と羽毛色の関係を調べ、褐色型に特異的な遺伝子多型を見いだした。ハチクマの <i>Mc1r</i> 遺伝子多型が、褐色型(およびそこから派生したもの)と淡色型や横斑型のもの2型に分かれることから、日本に渡来するハチクマが2系統の祖先系統から形成されたのではないかと考えた。</p> <p>そこで、今年度の研究では35個体のハチクマのミトコンドリアDNAについて、進化速度が異なるとされる <i>Cytb</i> 遺伝子・<i>ND2</i> 遺伝子・調節領域の塩基配列を決定して多型解析を行った。</p> <p><i>Cytb</i> 遺伝子については配列決定を行ったすべての個体で遺伝子多型は見られなかったが、<i>ND2</i> 遺伝子については1箇所の遺伝子多型について、21:14に分かれることが判明した。調節領域については30箇所の遺伝子多型ポイントが見られた。これらの情報を元にハプロタイプネットワークを分析したところ、ミトコンドリア遺伝子多型についても2群に分けられることが判明した。</p> <p>このような解析結果から、日本に渡来するハチクマのミトコンドリアDNAは核遺伝子である <i>Mc1r</i> と同様に2系統の起源を持つと考えられる。その一方で、個体ごとに見たときにミトコンドリアDNAの多型と <i>Mc1r</i> の多型は相関がないことから、日本に渡来するハチクマ個体群は2系統の祖先を持つにもかかわらず、現在は一つの個体群として交配が進んでいると考えられる。</p> <p>移動力のそれほど高くない陸上小動物を対象とした、地域個体群ごとの遺伝子多型の比較から種の成り立ちを推定する研究は多く行われているが、ハチクマのような長距離を移動する渡り鳥を使って起源系統を分析した研究成果は珍しいと考える。</p>							
2. 研究成果実績の概要（英訳）							
<p>Oriental Honey Buzzard (OHB; <i>Pernis ptilorhyncus</i>) is a summer migrant raptor in Japan, and has a marked feather color polymorphism, especially on the ventral region. In order to elucidate the molecular mechanism responsible for this polymorphism, we examined the relationship between the feather color phenotypes and <i>Mc1r</i> gene polymorphism which involved in pigment type switching, and we identified a dark brown phenotype-specific gene polymorphism. The OHB <i>Mc1r</i> gene for dark brown phenotype (and its derivatives) clearly different from <i>Mc1r</i> for light-colored or barred-type. This result suggested that the OHBs breeds in Japan were formed from two ancestral lines.</p> <p>Therefore, in this research, we sequenced <i>Cytb</i> gene, <i>ND2</i> gene, and the control region of mitochondrial DNA from 35 individuals. No genetic polymorphism was found in any of the individuals sequenced for the <i>Cytb</i> gene, but one was found in the <i>ND2</i> gene and split 21:14. In the control region, we found 30 base substitutions in 33 haplotypes. Haplotype network analysis based on these sequences revealed that mitochondrial DNA polymorphisms could be divided into two groups and suggests the OHB breeding in Japan formed from two ancestral lines. This conclusion corresponds to the result of <i>Mc1r</i> gene analysis.</p> <p>On the other hand, there is no correlation between mitochondrial DNA haplotype and <i>Mc1r</i> haplotype in each individual. These results indicate that the two OHB ancestor populations had integrated in Japan.</p> <p>Many studies have been conducted to estimate the origin of species from comparisons of genetic polymorphisms for each regional population, targeting small animals with low mobility. On the other hand, our study is unique because we showed the origin of a specie using migratory birds that migrate long distances.</p>							
3. 本研究課題に関する発表							
発表者氏名 (著者・講演者)		発表課題名 (著書名・演題)		発表学術誌名 (著書発行所・講演学会)		学術誌発行年月 (著書発行年月・講演年月)	