

Title	ハチクマ (タカ目タカ科) の腹側淡色化に関わるASIP遺伝子多型の研究
Sub Title	Study on the association between ASIP gene polymorphisms and ventral plumage color in oriental honey buzzard.
Author	小野, 裕剛(Ono, Hirotake)
Publisher	慶應義塾大学
Publication year	2023
Jtitle	学事振興資金研究成果実績報告書 (2022.)
JaLC DOI	
Abstract	<p>本研究ではハチクマの羽毛色多様性に着目し、そのゲノム解析から鳥類の羽毛色決定方式の一例を示すことを目的としている。加えて、この解析からハチクマの種分化についても示唆が得られると考えている。</p> <p>本年はASIP遺伝子のゲノム多型を中心に解析した。ASIPの機能はマウスでよく研究されており、腹側を中心とした部域特異的発現と毛周期に依拠した発現が組み合わさることで、複雑な野生型の体色を作り出している。家禽においてもASIP変異体が体色に影響を与えることが知られており、ハチクマにおいてもこの遺伝子多型が羽毛色、特に淡色型と中間型の差異および羽毛内パターン（白色横斑の有無）に関与していることが予想された。</p> <p>実験に当たってはこれまでの研究で得られていたハチクマゲノムドラフト配列に対し、ニワトリASIPゲノム領域を検索配列としてLocal blastを行い、ASIPゲノム領域に相当するcontigを選定した。その結果、少々のギャップを含むものの、8つのExonを含む約50kbに及ぶASIPゲノム領域の配列を入手することに成功した。これらの配列情報に基づいてExonの前後にプライマーを設計して、PCR法による遺伝子多型の解析を行った。</p> <p>32個体のゲノムDNAを解析したところ、すべてのハプロタイプがマイナーな変異を含む二つのグループに分かれることが明らかになった。これらのハプロタイプグループの間に数百のSNPが存在することは遺伝的に大きく離れている事を示している。さらに、二つのハプロタイプグループ間での遺伝子組み替えは現状では見つかっていない。二つのかけ離れたハプロタイプグループはMc1rでも見つかっていて、ハチクマという種がごく最近二つ以上の遺伝子プールの雑種形成から生じたことを示唆していると考えられ、大変興味深い。</p> <p>残念なことに、これらのハプロタイプと羽毛色には相関が見いだせなかった。ASIP遺伝子についてはマウスや家禽での研究で、大規模な欠失や挿入が表現型に影響を与えることが知られているので、今後は色調が異なる個体間でそのような差異が見られるかを検討したい。</p> <p>In this study, we focus on the plumage color diversity of Oriental Honey Buzzards (OHBs) and aim to provide an example of a plumage coloration scheme in birds based on genomic analysis of OHBs. In addition, we believe that this analysis will provide insight into the speciation of OHBs.</p> <p>In this year's study, we focused on genomic polymorphisms of the ASIP gene, whose function has been well studied in mice, where a combination of region-specific expression, mainly on the ventral side, and hair cycle-dependent expression produces the complex wild-type hair color. As ASIP mutants are known to affect plumage also in poultry, it was expected that this genetic polymorphism would be involved in plumage, especially the difference between pale and intermediate types and the intra-feather patterning (presence or absence of white barring pattern) in OHBs.</p> <p>Practically, we performed a local blast using the chicken ASIP genome region as a query sequence against the OHB draft genome sequence used in previous studies, and selected contigs that correspond to the ASIP genome region. As a result, we succeeded in obtaining a sequence of the ASIP genome region of about 50 kb, including 8 exons, although it contains a few gaps. Based on this sequence information, we designed primers to amplify the exons and analyzed the gene polymorphisms by PCR.</p> <p>Analysis of genomic DNA from 32 individuals revealed that all haplotypes were divided into two groups, each containing minor mutations. The presence of several hundred SNPs between these haplotype groups indicates that they are genetically very far apart. Furthermore, no genetic recombination between the two haplotype groups was found. It is interesting to note that two distant haplotype groups had been also found in Mc1r, suggesting that the OHB species is the result of a very recent hybridization of two or more genetic pools.</p> <p>Unfortunately, no correlation was found between these haplotypes and phenotypes. Since studies on the ASIP gene in mice and poultry have shown that large deletions and insertions can affect the phenotype, we would like to examine whether such differences can be observed among individuals of different coloration in the future.</p>
Notes	

Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=2022000010-20220024

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the KeiO Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

研究代表者	所属	法学部	職名	准教授	補助額	300 (A) 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)の腹側淡色化に関わる ASIP 遺伝子多型の研究						
研究課題 (英訳)						
Study on the association between ASIP gene polymorphisms and ventral plumage color in Oriental Honey Buzzard.						
1. 研究成果実績の概要						
<p>本研究ではハチクマの羽毛色多様性に着目し、そのゲノム解析から鳥類の羽毛色決定方式の一例を示すことを目的としている。加えて、この解析からハチクマの種分化についても示唆が得られると考えている。</p> <p>本年は ASIP 遺伝子のゲノム多型を中心に解析した。ASIP の機能はマウスでよく研究されており、腹側を中心とした部域特異的発現と毛周期に依拠した発現が組み合わさることで、複雑な野生型の体色を作り出している。家禽においても ASIP 変異体が体色に影響を与えることが知られており、ハチクマにおいてもこの遺伝子多型が羽毛色、特に淡色型と中間型の差異および羽毛内パターン(白色横斑の有無)に関与していることが予想された。</p> <p>実験に当たってはこれまでの研究で得られていたハチクマゲノムドラフト配列に対し、ニワトリ ASIP ゲノム領域を検索配列として Local blast を行い、ASIP ゲノム領域に相当する contig を選定した。その結果、少々のギャップを含むものの、8 つの Exon を含む約 50kb に及ぶ ASIP ゲノム領域の配列を入手することに成功した。これらの配列情報に基づいて Exon の前後にプライマーを設計して、PCR 法による遺伝子多型の解析を行った。</p> <p>32 個体のゲノム DNA を解析したところ、すべてのハプロタイプがマイナーな変異を含む二つのグループに分かれることが明らかになった。これらのハプロタイプグループの間に数百の SNP が存在することは遺伝的に大きく離れている事を示している。さらに、二つのハプロタイプグループ間での遺伝子組み替えは現状では見つからない。二つのかけ離れたハプロタイプグループは Mc1r でも見つかり、ハチクマという種がごく最近二つ以上の遺伝子プールの雑種形成から生じたことを示唆していると考えられ、大変興味深い。残念なことに、これらのハプロタイプと羽毛色には相関が見いだせなかった。ASIP 遺伝子についてはマウスや家禽での研究で、大規模な欠失や挿入が表現型に影響を与えることが知られているので、今後は色調が異なる個体間でそのような差異が見られるかを検討したい。</p>						
2. 研究成果実績の概要 (英訳)						
<p>In this study, we focus on the plumage color diversity of Oriental Honey Buzzards (OHBs) and aim to provide an example of a plumage coloration scheme in birds based on genomic analysis of OHBs. In addition, we believe that this analysis will provide insight into the speciation of OHBs.</p> <p>In this year's study, we focused on genomic polymorphisms of the ASIP gene, whose function has been well studied in mice, where a combination of region-specific expression, mainly on the ventral side, and hair cycle-dependent expression produces the complex wild-type hair color. As ASIP mutants are known to affect plumage also in poultry, it was expected that this genetic polymorphism would be involved in plumage, especially the difference between pale and intermediate types and the intra-feather patterning (presence or absence of white barring pattern) in OHBs.</p> <p>Practically, we performed a local blast using the chicken ASIP genome region as a query sequence against the OHB draft genome sequence used in previous studies, and selected contigs that correspond to the ASIP genome region. As a result, we succeeded in obtaining a sequence of the ASIP genome region of about 50 kb, including 8 exons, although it contains a few gaps. Based on this sequence information, we designed primers to amplify the exons and analyzed the gene polymorphisms by PCR.</p> <p>Analysis of genomic DNA from 32 individuals revealed that all haplotypes were divided into two groups, each containing minor mutations. The presence of several hundred SNPs between these haplotype groups indicates that they are genetically very far apart. Furthermore, no genetic recombination between the two haplotype groups was found. It is interesting to note that two distant haplotype groups had been also found in Mc1r, suggesting that the OHB species is the result of a very recent hybridization of two or more genetic pools.</p> <p>Unfortunately, no correlation was found between these haplotypes and phenotypes. Since studies on the ASIP gene in mice and poultry have shown that large deletions and insertions can affect the phenotype, we would like to examine whether such differences can be observed among individuals of different coloration in the future.</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)			