

別紙 1 - 1

## 論文審査の結果の要旨および担当者

報告番号	※	第	号
------	---	---	---

氏名 秦 彩乃

論文題目

Genetic diversity and characterization of Japanese indigenous chicken breeds and their molecular phylogenetic relationship with Thai indigenous chickens and red junglefowls

(育種と保全に向けたセキショクヤケイと比較する日本在来鶏、タイ在来鶏の遺伝的位置づけ)

論文審査担当者

主査 名古屋大学准教授 鈴木 孝幸

委員 名古屋大学教授 一柳 健司

委員 北海道大学教授 鈴木 仁

委員 名古屋大学教授 西島 謙一

委員 名古屋大学教授 本道 栄一

別紙 1 - 2

## 論文審査の結果の要旨

ニワトリ (*Gallus gallus domesticus*) は、世界で最も普及している家禽で、その利用方法は食料資源に留まらず、愛玩、闘鶏、儀礼など様々な用途に利用され、人の生活と深く関わってきた歴史を有している。現在のニワトリは、中国南から東南アジアに生息するセキショクヤケイ（赤色野鶏, *Gallus gallus*）を家禽化したことが始まりとされており、その後、アジアで家禽化されたニワトリは、装飾の材料、食糧、または娛樂を目的として、様々な地域に持ち込まれ世界中で広く飼育されるようになったものである。

これまで様々なニワトリ品種の全ゲノム解析が行われており、その比較対象として、現在のニワトリの野生原種であり、世界の全ニワトリ品種の遺伝的特性の原型を保有しているとされているセキショクヤケイが解析に用いられてきた。さらに、現在広く飼養されている肉用鶏・卵用鶏は、中国や東南アジアで古くから飼われていた在来鶏をもとに、19世紀以降に欧米で作出された品種である。つまり、家禽化の過程で起きたニワトリゲノム配列変化（人為選択による多様性の獲得や消失など）を調べるためにには、中国・東南アジアの在来鶏のゲノム情報が不可欠だと考えられる。しかしながら、これまでの研究では、ごく一部の地域の限られたセキショクヤケイのサンプルと、東南アジアの在来鶏のみを用いた遺伝学的解析しか行われていなかった。また、日本はユーラシア大陸における貿易網の東端に位置しており、ニワトリの移動の歴史を理解するために重要な位置を占めているが、先行研究においても、日本在来鶏の起源の一つである東南アジアの在来鶏の遺伝学的情報が不足しており、起源地や渡来のルートの詳細を解明するには至っていない。さらに、東南アジア諸国の経済発展に伴う商業鶏の導入と普及によって、東南アジアの在来鶏が減少し、彼らが持つ多様な遺伝資源の消失が懸念されている。加えて、在来鶏とセキショクヤケイの交雑も大きな問題となってしまっており、それぞれの遺伝的特性を明らかにすることは喫緊の課題である。そこで本論文では、タイのセキショクヤケイと在来鶏の遺伝的多様性とその関係を明らかにすることで、ニワトリの家禽化の地理的起源と家禽化過程におけるゲノム進化を理解することを目的とした。加えて、日本在来鶏と海外のニワトリ品種との遺伝的関係に着目し、アジアにおける人の移動とニワトリの分散の歴史を明らかにすることを目指した。

第1章では、ミトコンドリア DNA D-loop 配列と 28 個のマイクロサテライト DNA マーカーを用いて、タイに生息するセキショクヤケイ 2 亜種 (*G. g. gallus* と *G. g. spadiceus*) 12 集団とタイ在来鶏 10 品種 138 個体について大規模な集団遺伝学的解析を行った。本研究で得られた D-loop 配列並びにデータベースから取得した 5000 以上の配列を用いて、ベイズ法により系統樹を作成したところ、29 個の新たなハプロタイプが同定され、その内 17 のハプロタイプがセキショクヤケイから見出された。また、マイクロサテライト DNA マーカーを用いたクラスタリング解析からもセキショクヤケイ集団には高い遺伝的多様性があることが明らかとなった。更に、約 2000 年前に他のハプロタイプから分岐したと推定される、本研究で発

見されたハプロタイプが新たなハプログループのクレードを形成していることが判明した。この、他のハプロタイプから分岐したと推定されるハプロタイプは、セキショクヤケイから発見されたことから、セキショクヤケイにはニワトリの家禽化に関与しなかった集団が存在し、アジアの在来鶏にはまだ知られていない遺伝子プールが存在していることが示唆された。

第2章では、日本在来鶏38品種と海外品種との系統関係を第1章同様に、ミトコンドリアDNA D-loop配列を用いて評価を行った。また、日本在来鶏の品種間の遺伝的関係を明らかにするため、27個のマイクロサテライトDNAマーカーを用いてクラスタリング解析を行った。日本在来鶏のD-loop配列は、世界にみられる15のハプログループの内、5つの主要なハプログループ（ハプログループA～E）に分類され、このハプログループの構成比から日本在来鶏の多くは中国に由来し、一部が東南アジアに由来することが示唆された。クラスタリング解析からは、日本在来鶏は海外品種と遺伝的に区別ができる、これらの品種が独自の遺伝的特徴を保有していることが明らかとなった。これは日本在来鶏の各品種が、他品種と交雑されずに長年に渡り育種、飼育されてきた歴史を反映していると考えられる。

第3章では、タイのセキショクヤケイ、在来鶏、日本在来鶏を含む116個体の全ミトコンドリアゲノム配列の決定を行い、データベースに登録された163個の他のミトコンドリアゲノム配列と共に、より解像度の高い分子系統学的解析を行った。今回の結果からは日本とタイ間での直接の遺伝的関係は示されず、日本在来鶏は中国を経由してもたらされたことが強く示唆された。また、現在の日本在来鶏の多くが約2000年前に日本に持ち込まれたことが明らかとなった。更に、第1章で述べたように、現在のニワトリに至る家禽化の過程に含まれなかつたセキショクヤケイの集団がいることが、ミトコンドリアゲノム解析からも示唆された。また、世界のニワトリの集団サイズは約500年前から急激に拡大し、これはヨーロッパ諸国による大航海時代により物流がそれまでよりも活発になったことに起因すると考えられ、人とニワトリの歴史の密接な関係が示された。

以上の結果より、秦彩乃は、タイと日本の在来鶏の遺伝的多様性及び系統関係を調べることで、赤色野鶏の中には、ニワトリの家禽化の際に受け継がれなかつた遺伝的特徴を持つ集団がいることを初めて明らかにするとともに、日本の在来鶏の世界の品種の中における立ち位置を分子系統学的に明らかにした。本研究は、東南アジアにおけるセキショクヤケイ、在来鶏の遺伝資源としての価値を再認識させるものと考えられ、今後の耐熱性を保持するニワトリの探索など、応用科学における今後の展開が大きく期待される。したがって、審査委員会は本論文が博士（農学）の学位論文として十分な価値を有すると認め、論文審査に合格と判定した。