

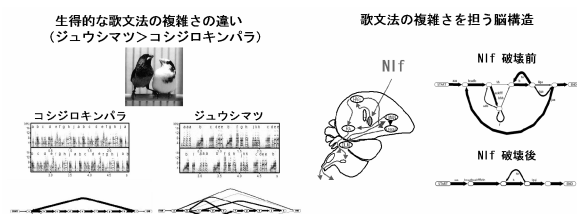
鳥の歌文法を司る遺伝子群の特定

●岡ノ谷 一夫¹⁾²⁾ ◆加藤 真樹²⁾ ◆高橋 美樹²⁾ ◆戸張 靖子²⁾³⁾

1) 千葉大学文学部 2) 独立行政法人理化学研究所生物言語研究チーム 3) 千葉大学自然科学研究科

＜研究の目的と進め方＞

ジュウシマツは、東南アジアに生息する野鳥であるコシジロキンバラを240年にわたり家畜化したものである。ジュウシマツの囀り（歌）は平均8つの歌要素を文法的なルールに乗せてうたったもので、複雑な時系列構造をもつ。コシジロキンバラの歌も約8つの歌要素からなるが、その配列は常に同じであり、単純で線形である(Honda & Okanoya, 1999)。鳥の歌は学習により成立するが、学習可能性は遺伝的に決定されていると考えられ、この遺伝的制約を解明するため、両亜種の比較を行っている。



これまでの研究で、1) コシジロキンバラのヒナはジュウシマツの歌を完全には学ぶことができない(Takahashi et al. in prep.)、2) ジュウシマツの大脳歌制御神経核の1つであるNifを破壊することで、ジュウシマツの複雑な歌はコシジロキンバラのように線形な歌に変わる(Hosino & Okanoya, 2000)、ことを見出している。

1. 何をどこまで明らかにするのか

以上の発見をもとに、ジュウシマツの歌の文法的な制御は、脳の構造的な違いにその源があると仮定し、コシジロキンバラとジュウシマツの脳で発現する遺伝子の量的・質的な違いを検出し、それが行動の違いにどうつながっているのを解明するのが本研究の目的である。

2. 当該研究の推進に貢献できる点

ジュウシマツとコシジロキンバラの脳神経核において発現する遺伝子を比較することで、鳥類の歌の文法的側面を可能にする遺伝子群を突き止めることができると考えられる。こうして同定した遺伝子群が、他の動物群ではどのような行動に関連しているのか、さらには、ヒトの言語行動にどう関連するのかを調べることで、言語の生物学的基盤を研究することが可能となる。

＜研究開始時の研究計画＞

1. ジュウシマツ歌神経核よりcDNAライブラリーを作成後、cDNAクローンの末端塩基配列を決定し、既存のデータベースとの比較により各cDNAクローンにアノテーション情報を付加し、ジュウシマツcDNAデータベースを構築する。
2. 作成したcDNAデータベースより代表クローンを選別し、重複度1の遺伝子セットを整備する。
3. cDNAをPCR法により増幅し、ガラス基板上に固定・整列化してcDNAマイクロアレイを作成する。
4. コシジロキンバラとジュウシマツの種々の脳領域より

RNAを抽出し、自作のマイクロアレイを用いて遺伝子発現解析を行い、歌文法関連候補遺伝子を探索する。

5. 歌文法関連候補遺伝子の脳における遺伝子発現パターンをin situ hybridization法により検討する。

6. 歌文法関連候補遺伝子の発現ベクターまたは候補遺伝子のsiRNAを生体脳の様々な領域に直接注入し、歌文法への影響を検討する。

＜研究期間の成果＞

1. ジュウシマツの脳・各種臓器よりcDNAライブラリーを作成し、約16000cloneの5'末端塩基配列を決定し、cDNAデータベースを構築した。

2. 作成したcDNAデータベースより代表クローンを選別し、既知遺伝子約4500種類、未知配列クローン約4500個を得ることが出来た。

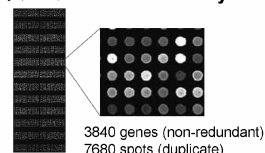
3. 既知遺伝子を搭載したジュウシマツcDNAマイクロアレイを作成した(3840スポット・重複無し)。

4. コシジロキンバラとジュウシマツのNifをLaser capture microdissection (LCM) 法により回収し、マイクロアレイ解析を行った。

5. マイクロアレイ解析で得られた候補遺伝子についてin situハイブリダイゼーションを行い、Nif周辺領域で2種間に差のあることを確認した。

6. 候補遺伝子と歌との関連については現在解析中である。

ジュウシマツ cDNA Microarray 3.8K



＜国内外での成果の位置づけ＞

鳥の歌の神経科学は、全世界で60もの研究室を擁するほど活発な分野である。Duke大学のJarvisや、イリノイ大学のClaytonはすでに、歌の可塑性と遺伝子の関連に着手し、キンカチョウの全ゲノム解析プロジェクトを始めている。申請者はJarvisと共同研究をしており、この分野の最先端の知見を得ることができる。このグループでも、コシジロキンバラとジュウシマツの比較研究は、注目を浴びている。

＜達成できなかったこと、予想外の困難、その理由＞

LCM法による神経核の回収において、染色法の問題から神経核の識別が難しく、場所を特定して回収するまでに時間がかかった。

＜今後の課題＞

- ・ マイクロアレイ解析によって得られた候補遺伝子の機能解析
- ・ 既知遺伝子10,000種類収集およびcDNAマイクロアレイの開発(10,000スポット～)

〈研究期間の全成果公表リスト〉

- 1.第28回 日本分子生物学会年会 福岡 2005年12月7日-10日 加藤真樹 高橋美樹 富澤伊織 岡ノ谷一夫「ジュウシマツの複雑な歌文法を司る分子基盤の探索」(ポスター)
- 2.特定領域研究「性分化機構の解明」主催 第1回「冬のワークショップ」 静岡 2006年2月27日-3月1日 加藤真樹 高橋美樹 富澤伊織 岡ノ谷一夫 「鳴禽類の複雑な歌文法を司る分子基盤の探索」(ポスター)