

チョウザメ科魚類を用いた分子生物学的手法による交雑個体検出法開発の試み

○野口俊輔・糸井史朗（日大生物資源）・稲野俊直（宮崎水試）
杉田治男（日大生物資源）

【目的】別種とされる生物種間の同定は、一般的に色や模様、形態などの外部の特徴に基づいて行われることが多い。しかし、これらの形質には個体差があるため、交雑個体の判定が困難な場合がある。そこで本研究では、人為的に作出した交雑魚を対象にゲノム上の遺伝子配列の比較を行うことで、簡便な交雑個体検出法を開発することを試みた。

【方法】オオチョウザメのメス、コチョウザメのオス、およびこれら2種の交雑により人為的に作出されたベステルを供試魚に使用した。試料よりフェノール/クロロフォルム法により全DNAを抽出し、核DNA中のATP合成酵素 β -サブユニット遺伝子の第1イントロン領域をはさむようにエクソン部分に設計したプライマーを用いてPCRを行い、当該領域を増幅した。増幅DNA断片をクローンライブラリー法に供し、複数クローンの塩基配列を決定した。決定された配列の多重整列を行い、種内および種間で比較した。

【結果】3試料とも20クローン以上の塩基配列を決定した。親魚であるオオチョウザメおよびコチョウザメで決定した塩基配列のうち、最も多く検出されたパターン塩基配列を種特異的配列とした。続いてベステルの塩基配列を比較したところ、オオチョウザメ（約1100 bp）およびコチョウザメ（約1300 bp）の種特異的配列とそれぞれ97%以上の高い相同性を示すクローンが1:1の割合で確認された。これは、両親魚より1セットずつの染色体を受け継いでいることを示唆する。すなわち、当該遺伝子領域を対象とする方法を用いることで、交雑個体の判定が可能であることが示唆された。