

SM/J と A/J 系統を起源とするマウス体系的遺伝解析系を用いた  
血中中性脂肪濃度を規定する遺伝子の解析

○大野民生<sup>1</sup>、平井佳奈<sup>2</sup>、前川智樹<sup>1</sup>、海野明広<sup>1</sup>、井原邦夫<sup>3</sup>、柴田哲秀<sup>4</sup>、  
大野欽司<sup>4</sup>、小林美里<sup>2</sup>、堀尾文彦<sup>2</sup> (1 名大院・医・実験動物、2 名大院  
・生命農・動物栄養、3 名大・遺伝子施設、4 名大院・医・神経遺伝情報)

我々はマウス SM/J と A/J 系統を起源としてリコンビナント近交系(SMXA  
・RI系統群)やコンソミック系統群(A/J-N<sup>SM</sup>)等の体系的遺伝解析系を樹立し、  
それらを用いて糖脂質代謝に関係する遺伝的要因の解析を行っている。今回は、  
血中中性脂肪(TG)濃度を規定する遺伝子の解析について報告する。

上述のコンソミック系統群の血中 TG 濃度を解析したところ、A/J-11<sup>SM</sup> 系  
統は A/J 系統や他のコンソミック系統に対して有意に高い血中 TG 濃度を示  
した。そこで、Chr.11 に存在する血中 TG 濃度に関与する遺伝子の位置と効  
果を検証するために、A/J-11<sup>SM</sup> 系統を起源として SM/J 由来の Chr.11 を断片  
化させたコンジェニック系統群を作出し、各系統の血中 TG 濃度を解析した。  
その結果、血中 TG 濃度を支配する遺伝子は D11Mit360(103Mb) ~  
D11Mit48(118Mb)に存在し、SM/J アレルが血中 TG 濃度を上昇させる事が判  
明した。これらの結果は、以前に我々が SMXA・RI 系統群や(SM/J×A/J)F2  
で行った血中 TG 濃度の QTL 解析の結果とよく一致していた。

一方、我々は SM/J と A/J 系統のゲノムのうちエキソン部分を市販のキッ  
トを用いて効率的に捕捉し、これを次世代シーケンサーで解読して両系統間  
のエキソン部分の変異を網羅的に解析した。このゲノム・データと上述の血  
中 TG 濃度の存在領域を照合させて候補遺伝子の抽出を試みると同時に、両  
系統間のゲノムの変異に基づいた新たな体系的遺伝解析系の利用方法につい  
ても検討している。