

Phodopus属ハムスター由来近交系PMIに導入した黄色被毛突然変異原因遺伝子の解析

○和田あづみ¹、大川清¹、都築政起²

(¹東京慈恵会医科大学総合医科学研究センター実験動物研究施設、²広島大学大学院生物圏科学)

Phodopus属とはユーラシア大陸の北寄りに原産する掌 蹠が毛で覆われた小型ハムスターであり、分類されている3種；*P. sungorus*、*P. campbelli* および*P. roborovskii* は愛玩用に普及している。

我々は、Phodopus属ハムスターの実験動物化を目的として、1994年6月に入手した*P. campbelli*と考えられる雌雄から、2001年12月に近交系PMIを確立した。さらに、我々はこの系統をもとに、1999年11月に入手した黄色被毛を示す変異体の原因遺伝子を導入したcongenic系統を育成し、同時にこの原因遺伝子の解析を行った。

この突然変異は眼球色素異常の認められない被毛黄色化という表現型を示し、変異型ホモ個体の出生前致死を伴う常染色体性優性遺伝子によって主導されると考えられた。黄色被毛個体では対照個体に比較して体重が重く（成雄において黄色54.3g 対照39.9g）、非絶食時血糖が600mg/dlを超える個体も観察された。これらの特徴（被毛色 遺伝様式 体重増加 高血糖傾向）を併せもつ事実から、このハムスター変異体はマウス*A'*変異体に相当する事が予想された。

そこで、正常PMIハムスターのagouti遺伝子の翻訳領域を含む部分塩基配列を決定し、その配列情報を用いて生後4日齢ハムスター皮膚のagouti遺伝子発現をRT-PCR法で観察したところ、黄色被毛個体において、微少ではあるが発現増加を確認した。

当研究において対象としている突然変異は、*P. sungorus*の特徴を示す個体群中に発見された。そこで、congenic系統から戻し交配第16世代目の黄色被毛個体と非黄色被毛個体を用い、それぞれのagouti遺伝子座のalleleを調査した。その結果、黄色被毛個体のみが原因遺伝子donorである黄色被毛 *P. sungorus*と同じalleleをもつ事を確認した。

以上の結果、この変異体がマウス*A'*変異体に相当する可能性は極めて高いと考えられた。