

*Phodopus campbelli*に発見された黒色被毛突然変異のattractin遺伝子塩基配列には欠失領域が存在した

○和田あづみ<sup>1</sup>、大川清<sup>1</sup>、都築政起<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 東京慈恵会医科大学・実験動物研究施設、<sup>2</sup> 広島大学・大学院生物圏科学)

*Phodopus*属ハムスターとはユーラシア大陸北東部周辺に原産する掌・蹠が毛で覆われた小型齧歯目である。このネズミはドワーフハムスターなどの呼称で愛玩動物として普及している為に、人工的な環境へは既に順化済みである上に、突然変異体の発見・保存が愛好家達によって積極的に行われており、実験動物候補として適している。我々は1994年6月に実験室導入した*P. campbelli*の雌雄を起源に2001年12月に近交系PMIを確立した上で、現在も継続して新たな突然変異個体の収集を行い、*Phodopus*属ハムスターの実験動物としての充実を図っている。

1998年4月に市販*P. campbelli*中に被毛が黒い変異個体を発見し、研究室に導入した。野生型の*P. campbelli*の背部被毛は、中央に一本の黒線をもつ黄色味を帯びたagouti被毛であり、腹部被毛は明色を示す。しかし、この黒色被毛変異ハムスターは背側と腹側がともに一様な黒褐色の被毛を示した。交配実験結果から、この黒色被毛形質は常染色体性単一劣性遺伝子によって主導されていると考えられた。常染色体性単一劣性遺伝様式を示す黒色被毛変異体は、マウスのnon-agoutiをはじめとして他の動物種においても広く知られている。そこで、マウスagouti locusの優性変異型に相当すると考えられる*P. sungorus*の優性黄色被毛突然変異体と、この黒色被毛変異体との間で同座性検定を行った結果、黄色被毛形質原因遺伝子と黒色被毛形質原因遺伝子は連鎖した別遺伝子であることが判明した。

マウスのagouti locusは2番染色体89.0 cMに存在するが、73.9 cMには暗色被毛をしめす突然変異mahoganyの原因遺伝子*Atrn<sup>mg</sup>* (attractin; mahogany)がマップされている。そこで、野生型と黒色変異型の*P. campbelli*それぞれのattractin遺伝子の塩基配列決定を試み、野生型の*P. campbelli*において、アミノ酸翻訳領域全長を含む3685bpのcDNA配列を決定した。黒色変異型の*P. campbelli*においては、アミノ酸翻訳領域内に234bpの塩基が欠失していた。

すなわち、この黒色被毛変異*P. campbelli*は、mahogany mouseやzitter rat、あるいはblack tremor Syrian hamster等の著名な疾患モデルと同様に、attractin遺伝子の突然変異であると考えられた。