



山口大学

秋吉台に生息する哺乳類の特徴とは

山口大学共同獣医学部 助教 今井 啓之

国内を代表する観光資源である秋吉台ですが、ヒト・モノの移動が盛んになればなるほど、動植物の外来種・群の流入のリスクが高くなることが予想されます。今回、日本固有種であるアカネズミに着目し、その遺伝学的特性を記述・記録することを目的に、染色体数、DNA配列の解析を行いました。

染色体数に関して、アカネズミは西日本と東日本で染色体数が異なる特徴的な遺伝特性を持っていることが知られています（図1）。また、DNA配列に関して、特に個体群の識別に用いられるミトコンドリアDNAに着目しました。

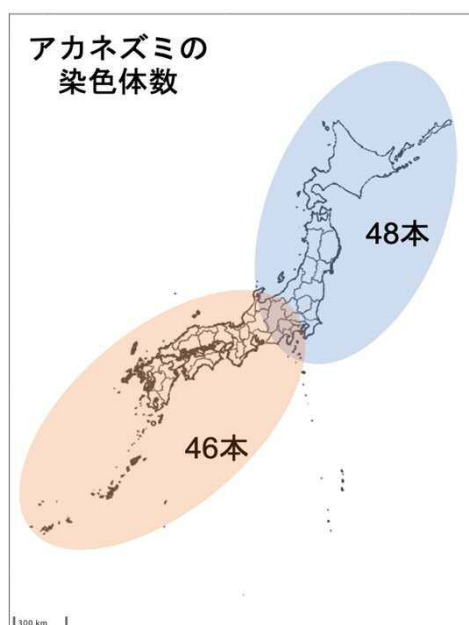


図1 アカネズミの染色体数の概略

染色体標本はギムザ染色により作成しました（図2a）。写真の中の、薄い紫色の円が細胞で、中に見える小さな濃い紫色の粒が染色体です。詳細は現在解析中です。

ミトコンドリアDNAについてPCR法により「チトクロームB」及び「D-loop領域」を標的とし、可視化しました（図2b）。写真で見える明るい線の箇所を切り抜き、サンガーシーケンス法によりDNA配列を決定しました。以下の番号（アクセッション番号）が今回の研究で明らかにし、データベースに登録したものです。

LC603619, LC603620, LC603621, LC603622, LC603623, LC603624, LC603625, LC603626
配列について個別に内容を見たい方は、インターネットで【DDBJ】と検索し、【DDBJセンター】→【検索・解析】→【getentry】→【ID:】と進んで、上記のアクセッション番号を検索してください。

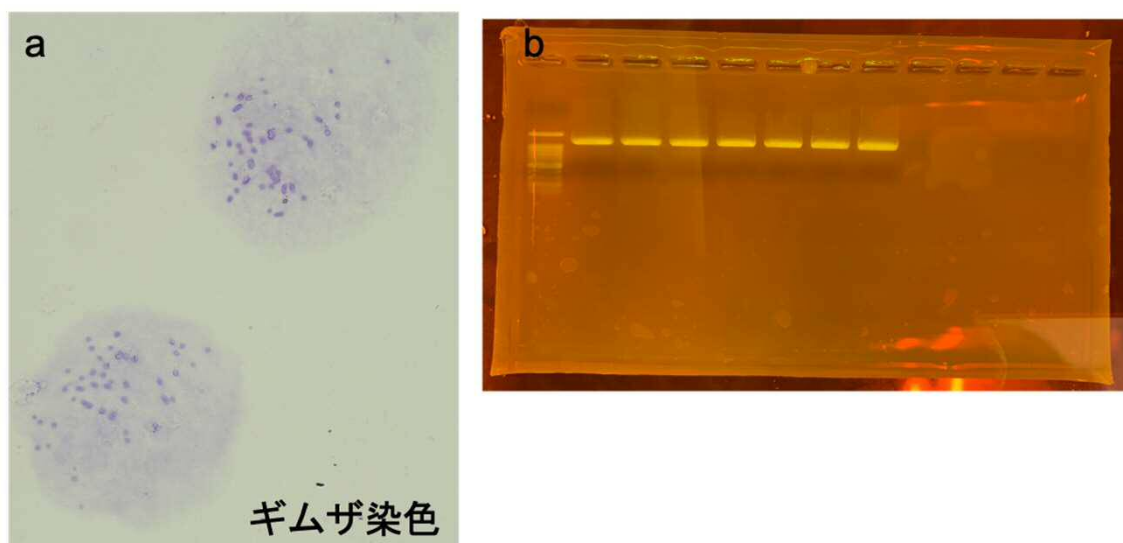


図2 本研究結果について

a) 染色体標本 b) PCR法による標的ゲノムの増幅