

イシイルカ(*Phocoenoides dalli*)およびミンククジラ(*Balaenoptera acutorostrata*)における AhR の cDNA クローニング:ダイオキシン感受性のバイオマーカー

林 沙織¹、金 恩英¹、岩田久人¹、田辺信介¹、藤瀬良弘²、宮崎信之³

1)愛媛大学沿岸環境科学研究センター、2)日本鯨類研究所、3)東京大学海洋研究所

2,3,7,8-Tetrachlorodibenzo-P-dioxin (TCDD)などの planar halogenated aromatic hydrocarbons (PHAHs)は広域拡散し、その汚染は外洋環境にまで及んでいる。これらの化合物は、arylhydrocarbon receptor (AhR)を介して免疫抑制、内分泌系の機能不全に関与するほか、酵素誘導・肝毒性・発生毒性などを引き起こす。海棲哺乳類は生態系の高次に位置しており、食物連鎖により PHAHs を高濃度に蓄積している。一方、ウイルス感染による海棲哺乳類の大量死が近年頻発しているが、これは慢性的な PHAHs 暴露による免疫力低下が間接的な原因ではないかと推測されている。このような状況下で、海棲哺乳類における PHAHs の毒性影響評価の必要性が指摘されているが、AhR を介した作用は種間で感受性が異なると考えられているため、実験動物から得られた知見で正確な影響評価ができるかどうかは依然として不明である。そこで本研究では、イシイルカおよびミンククジラの PHAHs に対する潜在的な感受性を解明するため、AhR cDNA をクローニングし、そのアミノ酸配列の特性について明らかにすることを試みた。AhR cDNA のクローニングは、イシイルカおよびミンククジラの肝臓から mRNA を抽出し、RT-PCR 法を用いて行なった。結果として、イシイルカおよびミンククジラから機能的ドメインを含む N-terminal 付近で 525bp の AhR cDNA 塩基配列を得た。イシイルカの AhR アミノ酸配列は、ヒト AhR、マウス AhR と 89%、85%の相同性を示し、この遺伝子の高い保存性が示された。他の海棲哺乳類の AhR と比較したところ、鯨類のベルーガと 99%、鰭脚類であるゼニガタアザラシと 88%の相同性を示した。また、ミンククジラのアミノ酸配列はイシイルカおよびベルーガと 86%の相同性を示した。系統解析の結果から、イシイルカおよびミンククジラの AhR アミノ酸配列は、最近いくつかの脊椎動物で報告された'AHR2 clade'より'AHR1 clade'に属していることがわかった。

cDNA cloning of an aryl hydrocarbon receptor as a biomarker of dioxin susceptibility in dall's porpoise (*Phocoenoides dalli*) and minke whale (*Balaenoptera acutorostrata*)

Saori Hayashi¹ Eun-Young Kim¹ Hisato Iwata¹, Shinsuke Tanabe¹, Yoshihiro Fujise² and Nobuyuki Miyazaki³

1) Center for Marine Environmental Studies, Ehime University, Japan

2) The Institute of Cetacean Research, Japan

3) Ocean Research Institute, The University of Tokyo, Japan

To investigate the potential sensitivity of PHAHs in marine mammals, the cDNAs encoding the aryl hydrocarbon receptor (AhR) were cloned and sequenced from the livers of dall's porpoise (*Phocoenoides dalli*) and minke whale (*Balaenoptera acutorostrata*). The partial AHR cDNA sequences (525-bp) from dall's porpoise and minke whale were obtained using RT-PCR method. The dall's porpoise AhR showed high identity with the human AhR (89%) and the mouse AhR (85%) in the amino acid sequence. Furthermore, the partial sequence of dall's porpoise AhR was most closely related to the beluga whale AhR (99%), and then to the harbor seal AhR (88%). The minke whale AhR shared 86% similarity with dall's porpoise AhR. Phylogenetic analyses demonstrate that amino acid sequences of the dall's porpoise and minke whale AhRs were belong to the 'AhR1 clade' rather than in the 'AhR2 clade' that was recently identified in some vertebrates.