

マウス精巣上体において優位に発現する遺伝子

小宮山政敏¹, 足達哲也^{1,2}, 高野海哉¹, 関 直彦³, 井口泰泉^{2,4}, 森 千里^{1,2}

¹千葉大学大学院医学研究院環境生命医学, ²科学技術振興事業団 CREST, ³ヘリックス研究所, ⁴岡崎国立共同研究機構 統合バイオサイエンスセンター

【目的】精巣上体は精子成熟が行われる器官であり、新生仔期内分泌攪乱物質曝露により大きな影響を受けることが知られている。現在われわれは、内分泌攪乱物質曝露により精巣上体でどのような遺伝子発現変化が起こるかを調べるために、マウス精巣上体の cDNA マイクロアレイを作製中である。本研究ではその予備実験として、既存の cDNA マイクロアレイを用いて精巣上体で特異的に発現あるいは他の臓器に比べて優位に発現している遺伝子を検索した。

【方法】ICR マウス(8 週齢、雄)の脳、心臓、肺、肝臓、脾臓、精巣、精巣上体より mRNA を調製し、マウス胎仔(14.5 日齢)の cDNA マイクロアレイ(ヘリックス研究所; 2304 遺伝子)を用いて、精巣上体 vs 他の臓器(脳、肝臓、精巣)の間で遺伝子発現の差を検索した。その後、いずれの組み合わせでも精巣上体で優位に発現している遺伝子について、RT-PCR 法により各種臓器間で発現レベルを比較した。

【結果と考察】cDNA マイクロアレイにより脳、肝臓、精巣に比べて精巣上体で 1.5 倍以上強く発現している遺伝子が、それぞれ 49 種、8 種、55 種見出された。それらの中で共通していた 4 種について RT-PCR で発現レベルを確認したところ、3 種の遺伝子(GenBank Accession No.M38337,X58251,U76253)は、脳、肝臓、精巣に比べて明らかに精巣上体で優位に発現していることが確認された。中でも M38337(Mouse milk fat membrane protein E8 mRNA)の発現レベルは、心臓、肺、脾臓と比較しても精巣上体において明らかに高く、これに由来する蛋白質は精巣上体における何らかの分泌活動と関連するのではないかと考えられた。現在これら 3 種の mRNA の精巣上体内における分布について、in situ hybridization 法により確認中である。

Genes dominantly expressed in epididymis of the mouse

Masatoshi Komiya¹, Tetsuya Adachi^{1,2}, Kaiya Takano¹, Naohiko Seki³, Taisen Iguchi^{2,4} and Chisato Mori^{1,2}

¹Department of Bioenvironmental Medicine, Graduate School of Medicine, Chiba University.

²Core Research for Evolutional Science of Technology, Japan Science and Technology Corporation.

³Biological Technology Laboratory, Helix Research Institute.

⁴Department of Bioenvironmental Research, Center for Integrative Bioscience, Okazaki National Research Institute.

In Order to find genes which are specifically or dominantly expressed in epididymis, gene expression profiles were compared between epididymis and other organs, i.e. brain, liver and testis, in adult male ICR mice using in-house cDNA microarrays (2304 clones from day 14.5 mouse fetus). There were 49, 8 and 55 genes whose expression was more than 1.5-fold in epididymis, as compared to brain, liver and testis, respectively. Out of them, 4 genes were common. RT-PCR analysis confirmed the higher expression levels of 3 of the 4 genes in epididymis. These 3 genes dominantly expressed in epididymis were genes for milk fat membrane protein E8 (GenBank Accession No. M38337), pro-alpha-2(I) collagen (X58251), and E25B protein (U76253). RT-PCR analysis also revealed that the expression level of the milk fat membrane protein E8 mRNA in epididymis was higher than those in heart, lung and spleen. Since epididymis is one of the organs sensitive to endocrine disruptors, this study is the first step to prepare in-house mouse epididymis cDNA microarray for the evaluation of endocrine disruptors in the male mouse reproductive system.