

水棲鳥類における AHR cDNA のクローニングとそのアミノ酸配列の特性

金 恩英¹⁾、安井知子²⁾、岩田久人²⁾、田辺信介²⁾

1) 愛媛県衛生環境研究所 2) 愛媛大学沿岸環境科学研究センター

2,3,7,8-tetrachlorodibenzo-*p*-dioxin などの planar halogenated aromatic hydrocarbons (PHAHs)は生態系高次の野生動物に高濃度蓄積する。水棲鳥類を含む多くの脊椎動物に対し、PHAHsは aryl hydrocarbon receptor (AHR)シグナル伝達経路を介して、様々な毒性を及ぼすと考えられている。一方、実験動物では PHAHs 曝露による毒性発現の感受性には種差・系統差があることから、感受性の差は野生動物種間にも存在すると予想される。しかしながら、野生動物における AHR の構造的・機能的解析はほとんどおこなわれていないのが現状である。野生動物種で PHAHs に対する感受性の種差を明らかにすることは、その生態リスクを評価するために重要である。水棲鳥類のなかでもクロアシアホウドリ (*Diomedea nigripes*)およびカワウ (*Phalacrocorax carbo*)は PHAHs を特に高濃縮しているが、感受性に関する情報が欠落しているため、リスク評価をすることが困難になっている。そこで本研究では、水棲鳥類の PHAHs に対する潜在的な感受性を明らかにするため、クロアシアホウドリおよびカワウの 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解析することを試みた。クローニングはこれら二種の肝臓から mRNA を抽出し、RT-PCR および RACE 法を用いておこなった。その結果、クロアシアホウドリおよびカワウから、それぞれ 862・860 残基からなる AHR cDNA の全長を得た。これら二種間では 96%の相同性を、またいずれもアジサシと 95%、ニワトリと 92%の相同性を示した。さらに、これら二種の AHR アミノ酸配列を用いて系統学的解析をおこなったところ、それらは AHR1-clade に属していることがわかった。

cDNA Cloning of The Aryl Hydrocarbon Receptors in Aquatic Birds and Characteristics of its Amino Acid Sequences

Eun-Young Kim¹⁾, Tomoko Yasui²⁾, Hisato Iwata²⁾, Shinsuke Tanabe²⁾

1) Ehime Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, Japan

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

2,3,7,8-Tetrachlorodibenzo-*p*-dioxin and its related planar halogenated aromatic hydrocarbons (PHAHs) are biomagnified in higher trophic wild animals. PHAHs pose various toxic effects to most vertebrate animals including aquatic birds through the aryl hydrocarbon receptor (AHR) signaling pathway. The intra-, and inter species differences in sensitivity to PHAHs exposure have been reported in experimental animals, and would be also expected in wild animals. However, there are only few reports on the structural and functional analysis of AHRs in wildlife. The species differences in sensitivity to PHAHs are a major limitation in assessing the ecological risk to wild animals. Although certain aquatic birds, such as black-footed albatross (*Diomedea nigripes*) and common cormorant (*Phalacrocorax carbo*) accumulate high levels of PHAHs, it is difficult to evaluate the ecological risk because of the lack of information on their sensitivity. To investigate the potential sensitivity of PHAHs in aquatic birds, AHR cDNA were initially cloned and sequenced from livers of black-footed albatross and common cormorant. Using RT-PCR and RACE methods, the full-length AHR cDNA sequences were obtained, composing of 862 and 860 amino acid residues in black-footed albatross and common cormorant, respectively. The overall amino acid sequences of AHRs in both species showed a high identity (96%), and identity with common tern AHR (95%) and with chicken AHR (92%). A phylogenetic analysis demonstrated that the AHRs from albatross and cormorant belong to 'AHR1 clade'.