

クロマグロのカルモジュリン遺伝子の特徴

○ 柳本 卓・張 成年・中村洋路・安池元重・斉藤憲治・(水産機構中央水研)・
鈴木伸明 (水産機構国際水研)

【目的】カルモジュリン (CAM) は多様なタンパク質の制御を行う重要なカルシウム結合タンパクである。脊椎動物では2から4種のカルモジュリン遺伝子 (*CaM*) が報告されている。クロマグロ (*Thunnus orientalis*) において検出した4種類の *CaM* 遺伝子配列を比較検討した。

【方法】クロマグロゲノムデータベースを用いて、メダカ (*Oryzias latipes*) で報告されている *CaM4* 種 (A-D) の cDNA データをプローブとして、*in silico* スクリーニングを行った。得られた配列中の未決定部分はその近傍にプライマーを設計し、PCR 産物をクローニング後、サンガー法にて配列を決定した。

【結果】クロマグロゲノムからメダカの4種の *CaM* に対応するスキヤホールドを特定することができた。クロマグロ *CaM4* 種 (LC183900-LC183903) の全長は3,083bp から 12,200bp であり、全て6個のエクソンと5個のイントロンより構成されていた。A-D間のイントロンには類似性は見られなかった。エクソン長は全て450bp であり、A-D間の塩基置換率は14.5-17.6%であった。メダカ、グッピー (*Poecilia*)、トラフグ (*Takifugu*)、トゲウオ (*Gasterosteus*)、イソアイナメ (*Notothenia*) の *CaM* cDNA データを用いて分子系統樹を作成したところマグロとメダカのA-Dに対応する4クレードに分かれた。クレード内各配列間の塩基置換率は6.8-12.9%、クレード間では14.9-20.1%であり、塩基置換は全て同義であった。クロマグロのエクソン配列間の塩基置換を利用してデザインしたプライマーにより、A-Dのイントロンを特異的に増幅することができ、かなり離れた分類群にも応用できることが示された。