

ミトコンドリアDNA中の 16S rRNA 遺伝子を用いたチリウニの判別

背景と目的

最近チリウニ (*Loxechinus albus*) 輸入の増加に伴い、原産地を偽って、国産ウニとして市場に出回る恐れがある。

そこで、ミトコンドリアのDNA (mtDNA) 中の 16S rRNA と呼ばれる遺伝子の領域を用いて、チリウニを国産ウニから確実に判別することを試みた。

成 果

1. チリウニを含む7種のウニについて、mtDNA の 16S rRNA 遺伝子の部分配列を決定し、国際DNAデータベースに登録した。
2. 系統樹によれば、各々のウニでの配列は互いに遺伝的に離れており、塩基配列の違いによってチリウニを判別できることがわかった。
3. チリウニに特異的な塩基配列に基づいて作られたプライマー、すなわち遺伝子増幅の起点となる配列を用いて、チリウニに選択的なDNA分子増幅法(PCR)により、チリウニDNAのみを増幅・確認することができた。

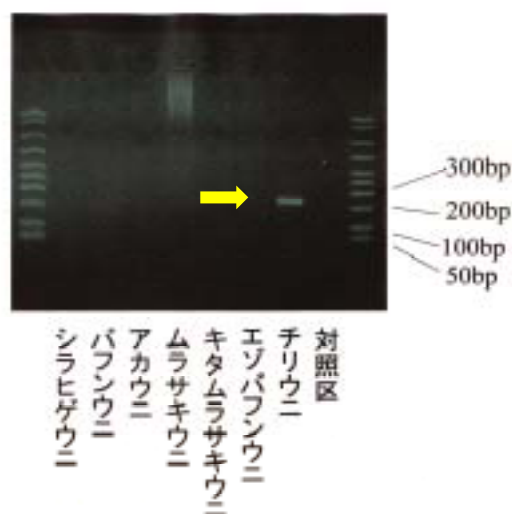


図 1. チリウニ選択的 PCR による DNA 産物
チリウニのみに約 250 塩基のバンドが観察される(矢印)。

波及効果

国産ウニに偽装されたチリウニを検出する技術として普及できる。