〔寄生虫学雑誌　第35巻　第2号　127-134頁，1986，4〕

大平肺吸虫 *Paragonimus ohirai* 3酵素 (GOT, LGG, PGM) アイソザイムの遺伝様式

吾　妻　　健[1)]　波　部　重　久[2)]

(昭和60年7月11日　受領)

Key words: Lung fluke, *Paragonimus ohirai*, electrophoresis, isozyme, cross experiment, genetic control

緒　　言

アイソザイムは Markert and Moller (1959) によれば，ゲル電気泳動法など何らかの方法で分離される同一種内の多分子型 (multiple molecular forms) を示す酵素と定義され，遺伝的要因で生じた同一反応を触媒する酵素変異体である．しかし電気泳動法等により検出される多分子型のすべてが遺伝的要因で生じたとは限らず，そのいずれであるかは究極的には交配実験によって証明することが望ましい．近年，電気泳動の発達に伴い，原虫類や蠕虫類の多くの種でアイソザイムが報告されてきた (Taylor and Muller, 1979; Chance and Walton, 1982)．しかし，一般には寄生虫は，生活史が複雑で，交配実験の困難な種が多く，アイソザイムの遺伝解析は，マラリア原虫やコクシジア等の原虫類を除いては，ほとんど行われていない (Wright and Southgate, 1976; Walliker, 1983)．

著者らは，最近，日本産肺吸虫類の自然集団を遺伝学的な観点から分析しているが，調べた種のほとんどすべての集団に多くの多型的酵素を見出した (Agatsuma 1981a, b, c; Agatsuma and Habe, 1985a, b)．そして，それらの種の中で比較的生活史の維持が容易な大平肺吸虫 *Paragonimus ohirai* の glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT) 及び tetrazolium oxidase (TO) のいくつかのアイソザイムに着目して，交配実験を行い，これらのアイソザイムが単純なメンデル式遺伝に従うことを明らかにした (Agatsuma and Habe, 1985c, d)．本研究では，さらに大平肺吸虫 *P. ohirai* における3つの酵素，glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT: EC 2.6.1.1)，leucylglycylglycine aminopeptidase (LGG: EC 3.4.1.3)，phosphoglucomutase (PGM: EC 2.7.5.1) のいくつかのアイソザイムについて交配実験を行い，子孫における表現型の分離を調べ，その遺伝様式を解析した．

材料及び方法

本研究に用いた大平肺吸虫のメタセルカリアは兵庫県の城崎および宮崎県の延岡で採集したクロベンケイ *Sesarma dehaani* から分離した．メタセルカリアは2個ずつアルビノラット (Wistar 系) の腹腔内に投与して，53日後に成虫を回収し，アイソザイムの遺伝解析には，pair mating している成虫のみを用いた．これらの虫体を，生理食塩水中で産卵させた後，アイソザイムパターンを調べた．各ペアから採取した虫卵は，28°C で28日間培養し，ミラシジウムを得た．次に孵化したミラシジウムをそれぞれ5匹ずつ非感染貝 *Angustassiminea parasitologica* (日向産) に試験管中で，5時間暴露させ，110日後に成熟セルカリアを得た．さらにそれぞれの貝から游出したセルカリアを貝別に非感染クロベンケイ (延岡産) に感染させ，90日後にメタセルカリアを回収した．これらの回収したメタセルカリアを最終的にカニ別に，ラットへ経口的に投与し，53日後に F_1 成虫を得た．これらの F_1 成虫は，個体ごとに 100 μl の 0.1 M phosphate buffer (pH 7.5) 中で磨砕し，3000 rpm，3分間遠心後，その上清を泳動に用いてアイソザイムパターンを調べた．電気泳動は，デンプンゲルを支持体とし，その泳動条件，泳動バッファーおよび，酵素発色法は，GOT については，Agatsuma and Habe (1985c)，PGM は，Agatsuma and Habe (1985b) の方法に従っ

1) 高知医科大学寄生虫学教室
2) 福岡大学医学部寄生虫学教室

た．LGG の泳動バッファーとしては，0.3 M ホウ酸および 0.06 M 水酸化ナトリウム（pH 8.2）を，またゲルバッファーとしては，0.076 M Tris および 0.005 M クエン酸（pH 8.7）を用い，250 V 定電圧，5時間の条件で泳動した．泳動後，ゲルを水平に2枚に切り，切り口を LGG 反応液（L-Leu-Gly-Gly 8 mg, L-amino acid oxidase 10 U, peroxidase 10 U, $MnCl_2$ 20 mg, dianisidine hydrochloride 2 mg）で被い，37°C 1時間，インキュベートした．

結　　果

1．GOT アイソザイムの遺伝的支配

大平肺吸虫の GOT は自然集団では3つのタイプ SS, FS, FF が観察された．SS と FF はそれぞれ移動度の異なった一本のバンドを，および FS は，3本のバンドを持っている（Fig. 1）．今回は，これらのバンドをマーカーとして3組の交配実験，1) FS×FF, 2) FS×FS, 3) SS×SS を行った．なお 1) 及び 3) は城崎産，2) は延岡産のものである．まず第1の交配 FS×FF において，FS の子孫を調べた結果，FS と FF のみがあらわれ SS タイプは検出できなかった．Table 1a は貝当り調べた子孫の数とそのアイソザイムのタイプを示したものである．調べた17個体の感染貝由来の子孫のうちで両方のタイプが現れた貝は7個体であり，これは

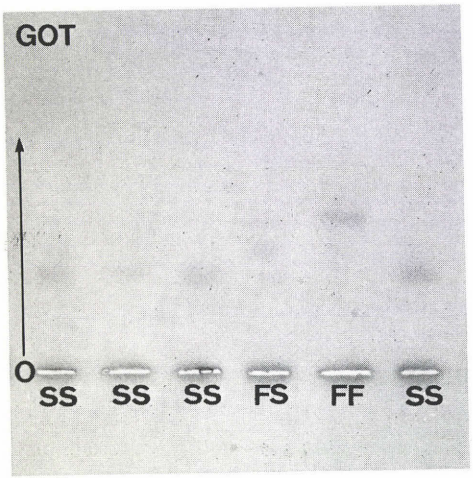

Fig. 1 Photograph of electrophoretic variant patterns of glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT) obtained by starch gel electrophoresis of *Paragonimus ohirai*. SS, FS and FF are electrophoretic variants, showing a slow-migrating band, triplet pattern and a fast-migrating band, respectively. O: origin.

Table 1a Segregation of the GOT phenotypes in the progeny produced by a parent (FS) in a cross FS×FF

N*	n**	GOT phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	—	5	—
2	5	—	—	5
3	5	—	2	3
4	3	—	—	3
5	5	—	5	—
6	5	—	3	2
7	5	—	4	1
8	5	—	4	1
9	3	—	1	2
10	5	—	5	—
11	5	—	4	1
12	4	—	—	4
13	4	—	1	3
14	5	—	5	—
15	5	—	5	—
16	5	—	5	—
17	5	—	5	—
Total number	79	0	54	25

*: N ; number of snails, each of which was infected with 5 miracidia.
**: n ; number of examined adults originating from each snails.

感染に用いた5個のミラシジウムが，それぞれの貝にランダムに複数感染していることを示している．調べた子孫は総計79匹で，そのうち FS タイプを示したものは54個体，FF タイプは25個体であった（Table 1a）．

FS×FS の交配では，親 FS の子孫のみを調べた．その結果，SS, FS, FF の3つのタイプがすべて検出され，Table 1b に示されるように13個体の感染貝由来のうち4個体に2種類のタイプが同時に検出された．調べた 52 個体のうち，SS, FS および FF の出現数は，それぞれ17，25および10であった（Table 1b）．

次に SS×SS 交配では，両親から由来した子孫をそれぞれ44および84匹調べ，そのすべてが親と同じ SS タイプであることを認めた（Table 4）．

2．LGG アイソザイムの遺伝的支配

大平肺吸虫の LGG は Fig. 2 に示したように，3つ

Table 1b Segregation of the GOT phenotypes in the progeny produced by a parent (FS) in a cross FS×FS

N	n	GOT phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	3	2	—
2	5	—	5	—
3	5	3	2	—
4	5	4	1	—
5	5	—	5	—
6	4	—	1	3
7	4	4	—	—
8	5	—	5	—
9	5	—	—	5
10	4	—	4	—
11	2	—	—	2
12	2	2	—	—
13	1	1	—	—
Total number	52	17	25	10

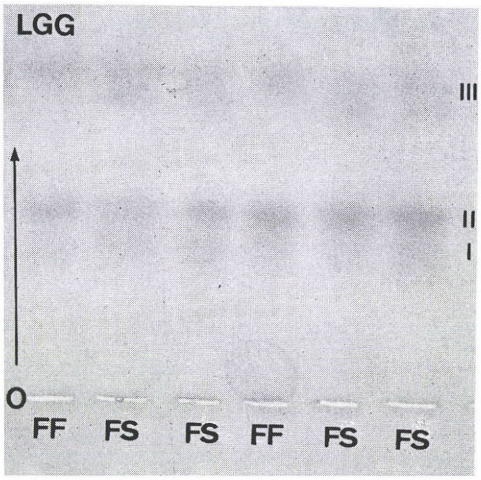

Fig. 2 Photograph of electrophoretic variant patterns of leucylglycylglycine aminopeptidase (LGG) obtained by starch gel electrophoresis of *P. ohirai*. Two different phenotypes are seen; a single fast-migrating band (FF) and a two-banded pattern (FS) at the third zone (*LGG-III*). O: origin.

のバンド活性帯から成り，それぞれが異なった基質特異性を持つことから (Agatsuma and Habe, 未発表)，独立した遺伝子座の支配を受けていると考えられる (Aga-

Table 2a Segregation of the LGG dhenotypes in the progeny produced by a parent (FS) in a cross FS×FS

N	n	LGG phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	—	2	3
2	5	—	1	4
3	5	—	3	2
4	5	—	4	1
5	5	—	5	—
6	5	—	2	3
7	5	1	2	2
8	5	1	4	—
9	3	—	—	3
10	5	1	3	1
11	5	—	1	4
12	4	—	3	1
13	4	—	4	—
14	5	—	1	4
15	5	1	1	3
16	5	—	5	—
17	5	—	4	1
Total number	81	4	45	32

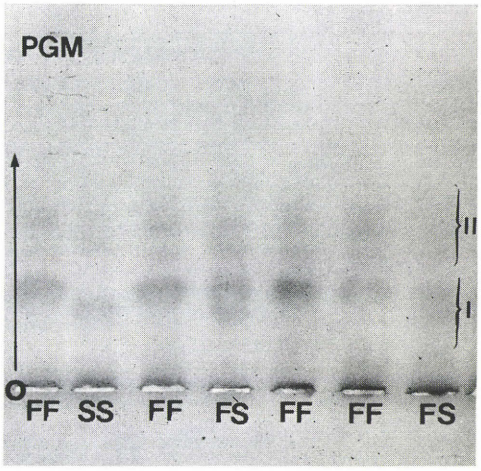

Fig. 3 Photograph of the variants of phosphoglucomutase (PGM) by starch gel electrophoresis of *P. ohirai*. Three different phenotypes, SS, FS and FF, are seen at the first zone; a slow band (SS), a two-banded pattern (FS), and a fast band (FF). O: origin.

Table 2b Segregation of the LGG phenotypes in the progeny produced by both parents in another cross of FS×FS

I) LGG phenotype segregation in the progeny from a parent (FS)

N	n	LGG phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	—	—	5
2	5	—	—	5
3	5	—	5	—
4	5	—	5	—
5	5	—	1	4
6	5	5	—	—
7	5	—	5	—
8	5	2	3	—
9	5	—	5	—
10	5	—	—	5
11	5	—	1	4
12	5	—	—	5
13	5	—	—	5
14	5	—	3	2
15	5	—	5	—
16	4	—	4	—
17	5	—	3	2
Total number	84	7	40	37

II) LGG phenotype segregation in the progeny from another parent (FS)

N	n	LGG phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	1	4	—
2	5	—	3	2
3	6	2	3	3
4	5	—	4	1
5	5	—	3	2
6	5	—	2	3
7	5	—	5	—
8	5	—	5	—
9	3	2	—	1
Total number	44	5	29	10

tsuma and Habe, 1985b). 今回の支配では，これらの3つの活性帯のうちで，最も陽極側に近い活性帯 *LGG-III* に着目した．自然集団では，この活性帯には3つのタイプ，SS，FS，FF があり，それらのバンド数は SS と FF が1本，FS は2本であるが，FS の2本はそれぞれ SS および FF と同じ移動度を持っている (Fig. 2)．本実験では3組の交配，4) FS×FS，5) FS×FS，6) FF×FF を行なった．なお 4) 及び 5) は城崎産，6)は延岡産のものである．まず FS×FS の交配 4) では片親のみの子孫を調べた．17感染貝から由来した計81匹の子孫を分析した結果，すべてのタイプ SS，FS，FF が現れた．また17の感染貝のうち3個体の貝にこれら3タイプが同時に出現した (Table 2a)．調べた81匹のうち FF と FS はそれぞれ32，45であったが，SS タイプは4匹のみであった (Table 2a)．

FS×FS交配5) では，両方の親由来の子孫をそれぞれ84，44匹分析した。まず，一方の親の子孫84匹では，分離比は，SS：FS：FF＝7：40：37 であった．また

Table 3 Segregation of the PGM phenotypes in the progeny produced by a parent (F) in a cross FS×FF

N	n	PGM phenotypes in the progeny		
		SS	FS	FF
1	5	—	5	—
2	5	—	5	—
3	5	—	—	5
4	5	—	5	—
5	5	—	1	4
6	5	—	2	3
7	5	—	—	5
8	5	—	4	1
9	3	—	2	1
10	5	—	4	1
11	5	—	4	1
12	4	—	4	—
13	4	—	—	4
14	5	—	—	5
15	5	—	1	4
16	5	—	5	—
17	5	—	1	4
Total number	81	0	43	38

他方の親 FS の子孫44匹でも，3つのタイプがすべて現れ，その出現数は SS : FS : FF = 5 : 29 : 10 であった (Table 2b).

次に FF×FF では片親Fの子孫52匹を調べ，すべて両親と同じ FF タイプであることを認めた.

3．PGM アイソザイムの遺伝的支配

大平肺吸虫の PGM は，Fig. 3 に示したように2つの活性帯からなる．今回は陰極側の活性帯 *PGM-I* に着目し，3組の交配実験，7) FS×FF (城崎産)，8) FF×FF (城崎産)，9) FF×FF (延岡産) を行なった．自然集団にみられる3つのタイプ (SS, FS, FF) は，LGG 同様，SS と FF は1本のバンド，FS は2本のバンドを有している．まず FS×FF の交配において，FF の子孫81匹を調べたところ，FS と FF のみが検出され，その分離比は FS : FF = 43 : 38 であった (Table 3).

次に FF×FF の交配 (8) では，両親のそれぞれの子孫84匹および44匹を調べた．その結果，調べた128匹の子孫はすべて両親と同じ FF タイプであった (Table 4). また，もう一方の交配 (FF×FF) (9) でも，片親の52匹の子孫を調べた結果，そのタイプはすべて FF タイプであった.

考　察

Markert らは，遺伝的要因で生じた同じ反応を触媒する酵素の多分子型をアイソザイムと称した (Markert and Moller, 1959; Markert, 1963). しかし，たとえば非特異的酵素であるエステラーゼの場合，α-ナフチル酢酸を用いて染色すると，多くの非特異的バンドが得られるが，この染色では，アリエステラーゼやアリルエステラーゼなど各種の酵素が同時に検出されるから，このような場合は真のアイソザイムではないことになる．また多分子型の生成要因には，酵素タンパク質の1次構造が形成された後で起こる種々の修飾（アミノ酸のアセチル化やシスチン残基のＳＨ基の酸化など）の程度や違いで生じる場合や，死後，試料を保存したり，分離精製したりする過程でも生じる場合もある (沼知, 1975) ので，このような場合の多分子型もアイソザイムに含めないのが適切であろう．アイソザイムに関するこのような混乱を防ぐためにも，さらにアイソザイムを利用して，自然集団の遺伝解析を行う場合でも，交配実験によって対象としているアイソザイムが，確実に同一酵素の遺伝的変異体であることを確認しておかなければならない.

我々は，近年大平肺吸虫の自然集団を遺伝学的観点か

Table 4 Inheritance of isozymes of three enzymes (GOT, LGG and PGM) in *Paragonimus ohirai*

Cross	Parent	Offspring			N*	X^2	P(df=1)
		SS	FS	FF			
1) GOT							
a) FS×FF	FS	0(0.0)	54(39.5)	25(39.5)**	79	10.65	0.001<P<0.01
b) FS×FS	FS	17(13.0)	25(26.0)	10(13.0)	52	1.35	0.2<P<0.3
c) SS×SS	SS	84(84.0)	0(0.0)	0(0.0)	84	—	—
	SS	44(44.0)	0(0.0)	0(0.0)	44	—	—
2) LGG							
a) FS×FS	FS	4(20.3)	45(40.4)	32(20.3)	81	20.36	P<0.001
b) FS×FS	FS	7(21.0)	40(42.0)	37(21.0)	84	18.62	P<0.001
	FS	5(11.0)	29(22.0)	10(11.0)	44	5.60	0.01<P<0.02
c) FF×FF	FF	0(0.0)	0(0.0)	52(52.0)	52	—	—
3) PGM							
a) FS×FF	FF	0(0.0)	43(40.5)	38(40.5)	81	0.31	0.5<P<0.7
b) FF×FF	FF	0(0.0)	0(0.0)	84(84.0)	84	—	—
	FF	0(0.0)	0(0.0)	44(44.0)	44	—	—
c) FF×FF	FF	0(0.0)	0(0.0)	52(52.0)	52	—	—

*: Total individual numbers examined. ** Figure in brackets gives number expected under Mendelian inheritance fashion.

ら調査しており，分析したほとんどすべての集団にアイソザイム多型を見出してきた（Agatsuma 1981a, b, c; Agatsuma and Habe, 1985a, b).

本研究では，自然集団の遺伝解析のための基礎的研究として，集団中に見られるいくつかの多型的酵素のうち，3種類の酵素，GOT, LGG, PGM のアイソザイムについて交配実験を行い，遺伝様式を解析した．その結果，試みた交配実験のうち GOT と PGM では，ほぼメンデル式遺伝に従うことを確認できた．すなわち Table 4 に示すように，GOT の FS×FF では，分離比の x^2 検定の結果，0.001<P<0.01 であり，1：1 の期待値から有意のずれがみられるが，FS×FS では，0.2<P<0.3 と有意の差はなかった．また PGM の FS×FF でも，0.5<P<0.7 であり，親“FF”がもう一方の親“FS”からS遺伝子を確実に受けとって子孫に伝えていることがわかる．さらに両酵素の同一タイプ同士の交配，FF×FF および SS×SS でも期待どうり，子孫では同じタイプのみが検出された．しかし，LGG では，FS×FS の2組の支配において，分離比がメンデル式遺伝の期待値から有意にずれていた．これは，どちらの交配でも SS タイプの頻度が低く FF タイプが高いことによるものであるが，このことが，もし単為生殖の関与によるものとすると，FS×FS の交配では，いずれの親からも，減数分裂を伴う場合は，FF と SS タイプのみ，減数分裂を伴わない場合は，FS タイプのみ産出されることになり，今回得られた分離比と一致しない。さらに FS×FF の場合，FF 親からは，FF タイプの子孫のみが得られることになり，GOT や PGM のデータと一致しない．また自家受精を行った場合を仮定してみると，GOT や PGM の FS×FF の交配で親 FF からは FF タイプのみがあらわれるはずであり，やはり，これも今回のデータと一致しない．LGG の分離比のずれは，むしろ子孫を得る過程で生じた様々な抽出誤差に起因するものと思われる．すなわちミラシジウムの感染は，貝当り5個であり，使用したミラシジウム数は，各親虫から実際に得たミラシジウムの数に比べて極めて少いものであった．さらに貝当り生じた数百から数千匹のセルカリアは，カニへの感染後，最終的にラットで数十匹の成虫に発育したが，本研究ではこれらの成虫から5匹ずつランダムに抽出し，そのアイソザイムを調べている．この最終的に選びだされた5匹の成虫が，そのアイソザイムの遺伝子頻度において，貝感染時の5個のミラシジウムでの頻度を正確には反映していないことは明らかであろう．従って，このような抽出誤差の蓄積により，実際の分離比が，親の産んだ多数の卵におけるアイソザイム遺伝子の分離比から有意にずれてきたものと考えられる．事実，貝当りミラシジウム一個体感染の大平肺吸虫の交配実験では，LGG (FS×FS) の分離比はメンデル式遺伝の期待値から有意の差のないデータが得られている（Agatsuma and Habe, 未発表)．また最近我々は，大平肺吸虫の GOT および TO アイソザイムの交配実験（いずれも貝当りミラシジウム1個体感染）を行い，子孫の分離比を調べた結果，その分離比は，単純メンデル式遺伝と一致し，他家受精を行なっていることを証明した（Agatsuma and Habe, 1985c, d).

Fig. 4 Schematic presentation of isozyme phenotypes of three enzymes (GOT, LGG and PGM) observed in a natural population of *Paragonimus ohirai*. For abbreviations see text and Fig. 1-3.

以上のことを考慮すると，今回得られた結果は，全体としては，単純なメンデル式遺伝に矛盾せず，大平肺吸虫の生殖方法は，他家受精であり自然集団中に観察される3酵素，GOT, LGG, PGM のアイソザイムは，遺伝的変異体であると結論できる (Fig. 4).

要　　約

本研究では，兵庫県城崎および宮崎県延岡から採集した *Paragonimus ohirai* を用いて交配実験 (pair mating) を行ない，3種類の酵素 glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT : EC 2.6.1.1), leucylglycylglycine aminopeptidase (LGG : EC 3.4.1.3), phosphoglucomutase (PGM : EC2.7.5.1) アイソザイムの遺伝的支配を調べた．交配実験は，GOT では 1) FS×FF, 2) FS×FS, 3) SS×SS, LGG においては，4) FS×FS, 5) FS×FS, 6) FF×FF, PGM では，7) FS×FF, 8) FF×FF, 9) FF×FF の各酵素3組ずつ計9交配である．まず GOT の FS×FF 交配において，FS 親の子孫を調べた結果，FS : FF＝54 : 25 で，SS タイプは，まったく得られなかった．FS×FS の交配では SS : FS : FF＝17 : 25 : 10 に分離した．また SS×SS では，子孫はすべて SS タイプであった．以上の GOT アイソザイムの結果は，メンデルの法則にほぼ一致し

た．次に LGG では，2組（4，5）FS×FS 交配のいずれにおいても SS タイプの頻度が有意に低く，SS：FS：FF がそれぞれ 4：45：32 及び 7：40：37 であった．しかし第2番目の交配（5）の片親では，SS：FS：FF＝5：29：10 とメンデル式遺伝とほぼ一致した．また FF×FF では，すべて FF タイプのみが検出された．PGM の FS×FF では，親 FF 由来の子孫匹 81 について調べたところ，FS：FF＝43：38 と期待値に一致した．また FF×FF の2組の交配では，子孫はすべて FF であった．以上，LGG の交配ではアイソザイムの分離比に有意の差が認められたが，基本的には，メンデルの法則に矛盾せず，大平肺吸虫の生殖様式が他家受精であり，自然集団中にみられた3酵素（GOT, LGG, PGM）のアイソザイムは，遺伝的変異体であると結論づけることができる．

謝　辞

稿を終えるにあたり，御校閲並びに有益な御助言をいただいた高知医科大学，寄生虫学教室，鈴木了司教授，橋口義久助教授に深謝いたします．

文　献

1) Agatsuma, T. (1981a): Electrophoretic studies on enzymes in *Paragonimus* spp. Ⅲ. Variation of glucosephosphate isomerase (GPI) in a natural population of *P. iloktsuenensis*. Jpn. J. Genet., 56, 73-77.
2) Agatsuma, T. (1981b): Electrophoretic studies on enzymes in *Paragonimus* spp. Ⅳ. Comparison of allelic frequencies of glucosephosphate isomerase isozymes in natural populations between *P. ohirai* and *P. sadoensis*. Jpn. J. Parasitol., 30, 235-240.
3) Agatsuma, T. (1981c): Electrophoretic demonstration of polymorphism of glucosephosphate isomerase in natural populations of *Paragonimus miyazakii*. J. Parasitol., 67, 452-454.
4) Agatsuma, T. and Habe, S. (1985a): Isozyme study of diploid and triploid *Paragonimus westermani* by starch gel electrophoresis. Parasitology, 91, 489-497.
5) Agatsuma, T. and Habe, S. (1985b): Genetic variability and differentiation of natural populations in three lung flukes, *Paragonimus ohirai*, *P. iloktsuenensis* and *P. sadoensis* (Digenea: Troglotrematidae). J. Parasitol., (in press)
6) Agatsuma, T. and Habe, S. (1985c): The inheritance of enzyme variants of glutamic-oxaloacetic transaminase in *Paragonimus ohirai*. Parasitology, 91, 483-488.
7) Agatsuma, T. and Habe, S. (1985d): *Paragonimus ohirai*: Genetic control of tetrazolium oxidase isozymes. Exp. Parasitol, 60, 309-313.
8) Chance, M.L. and Walton, B.C. (1982): Biochemical Characterization of Leishmania. Proceedings of a Workshop held at the Pan American Health Organization, UNDP/WORLD BANK/WHO, Washington, D.C., 280 pp.
9) Markert, C.L. (1963): Lactate dehydrogenase isozymes: Dissociation and recombination of subunits. Science, 140, 1329-1330.
10) Markert, C.L. and Moller, F. (1959): Multiple forms of enzymes: Tissue, ontogenetic, and species specific patterns. Proc. Nat. Acad. Sci., 45, 753-763.
11) 沼知健一（1975）：アイソザイム―分子構造と遺伝．魚類種族の生化学的判別，日本水産学会編，恒星社厚生閣，49-64.
12) Taylor, A.E.R. and Muller, R. (1979): Problems in the Identification of Parasites and their vectors. Blackwell Scientific Publications, Oxford, 221 pp.
13) Walliker, D. (1983): The Contribution of Genetics to the study of Parasitic Protozoa, Research Studies Press, England, 218 pp.
14) Wright, C.A. and Southgate, V. (1976): Hybridization of schistosomes and some of its implications. In Symposium of the British Society for Parasitology, Vol. 14, ed. by Taylor and Muller, Blackwell Scientific, Oxford, 55-86.

〔Jpn. J. Parasitol., Vol. 35, No. 2, 127-134, April, 1986〕

Abstract

THE MODE OF INHERITANCE OF THE ISOZYMES OF THREE ENZYMES (GOT, LGG, PGM) IN *PARAGONIMUS OHIRAI*

TAKESHI AGATSUMA[1] AND SHIGEHISA HABE[2]

([1])Department of Parasitology, Kochi Medical School, Nankoku 781-51;
[2])Department of Parasitology, School of Medicine, Fukuoka University, Fukuoka 814-01)

Using isozymes of three enzymes, glutamic-oxaloacetic transaminase (GOT: EC 2.6.1.1), leucyl-glycylglycine aminopeptidase (LGG: EC 3.4.1.3) and phosphoglucomutase (PGM: EC 2.7.5.1), in the lung fluke, *Paragonimus ohirai*, nine pair matings were carried out in order to examine their inheritance: 1) FS x FF, 2) FS x FS and 3) SS x SS, for GOT isozymes; 4) FS x FS, 5) FS x FS and 6) FF x FF, for LGG isozymes; 7) FS x FF, 8) FF x FF and 9) FF x FF, for PGM isozymes.

a) *The inheritance of the GOT isozymes*

In the first cross (1), FS x FF, one parent (FS) produced FS and FF in the ratio of 54:24 ($0.001 < P < 0.01$). In the second pair mating (2) of FS x FS, all of three isozyme types, SS, FS and FF, appeared in the proportion of 17, 25 and 10, respectively ($0.2 < P < 0.3$). The third corss (3), SS x SS, produced only SS type in the offspring.

b) *The inheritance of the LGG isozymes*

In both of two repetitive crosses of FS x FS (4 and 5), all three types, FF, FS and SS, were produced in the offspring, and the ratios were 4:45:32 ($P < 0.001$) from a parent of the fourth cross, and 7:40:37 ($P < 0.001$) and 5:29:10 ($0.01 < P < 0.02$) from the respective parents of the fifth cross. The sixth cross (6) of FF x FF showed only FF type in the offspring.

c) *The inheritance of the PGM isozymes*

In the cross of FS x FF (7), one parent (FF) produced 43 of FS and 38 FF in the offspring ($0.5 < P < 0.7$). In both crosses of FF x FF (8 and 9), only FF type appeared in the offspring.

The results obtained in this study showed that the mode of inheritance of the isozymes of the three enzymes are essentially based on the Mendelian fashion, and reproduction of the lung fluke is outbreeding, though there were several crosses with the significant differences on the segregation ratios of the isozymes in the offspring. The differences seem to be due to the effects of sampling errors which have been accumulated throughout passage form the snails to rats and due to the limited number of the examined offspring per snail.