

琉球大学学術リポジトリ

Cecropia-ITR-MLE および rDNAを指標とした中国産、韓国産、台湾産、日本産 クワコの比較による系統解析とクワコの由来

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2009-04-16 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 川西, 祐一, 鎌内, 悠, 屠, 振力, 前川, 秀彰, 中島, 裕美子 メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/9823

PG-17 *Cecropia*-ITR-MLE および rDNA を指標とした中国産、韓国産、台湾産、日本産クワコの比較による系統解析とクワコの由来
(Phylogenetic analysis by comparison among *Cecropia*-ITR-MLE and rDNA sequences of *Bombyx mandarina* China, Korea, Taiwan and Japan, and their evolutionary relationships)

川西祐一¹・鎌内 悠²・屠 振力¹・前川秀彰¹・中島裕美子¹
(Yuichi Kawanishi, Yu Kamauchi, Zhenli Tu, Hideaki Maekawa and Yumiko Nakajima)

¹琉球大学分子生命科学センター・²琉球大学理学部海洋自然科学科

東アジアに広く分布する野蚕であるクワコがどのように生息域を広げ、またそれぞれの地域のクワコがどのような系統関係にあるかについては十分に解析されていない。我々は転移因子 *mariner*-like element(MLE)の特定のタイプである *Cecropia*-ITR-MLE (CIM)の塩基配列およびrDNA クラスタにおける *EcoRI* サイトの変異の比較によって、日本産クワコが大陸のクワコから約 300 万年前に分岐し、独自に進化してきたと推論した。本研究では、東アジア各地に生息するクワコ集団の進化的な関係をより詳細に明らかにすることを目的とし、日本、韓国、中国および台湾に生息するクワコを対象に、ゲノム中の特定の領域 (*BmTNML* 座位相当領域)に挿入した CIM と rDNA の塩基配列を比較解析した。

BmTNML 座位相当領域の CIM の塩基配列比較に基づく系統樹では、比較的古い時期に分岐したタイプと比較的新しい時期に分岐したタイプに分かれることが示された。前者は中国産クワコのみから単離され、後者は全ての地域のクワコに見られた。これはクワコが中国を起源とし、その他の地域へ広がったことを反映した結果であると推測される。台湾産の CIM は中国産の CIM と同じクラスターとなるタイプと韓国産・日本産の CIM とクラスターを形成するタイプとに分かれた。これはクワコの移入ルートとして朝鮮半島から日本そして台湾を結ぶルートがあり、現在はクワコの生息が確認されていない南西諸島にかつてはクワコが生息していた可能性を示唆する。

EcoRI 部位をはさむ rDNA の領域の PCR 増幅産物を *EcoRI* で消化したところ、中国産、台湾産、韓国産クワコとカイコは全て *EcoRI* 部位のないタイプ (カイコ型) であり、*EcoRI* 部位のあるタイプ (日本産クワコ型) は日本産クワコ特異的であることが明示された。日本産クワコにはカイコ型も存在した。塩基配列比較でも両者は明確に区別できた。日本産クワコのカイコ型は系統樹上でひとつのクラスターとなることから、特定のカイコ系統からの染色体侵入に由来する可能性が示唆された。今後、より多くの中国産、韓国産、台湾産および日本産クワコを 2 つの分子マーカーを用いて比較解析する、というアプローチによりアジア地域でのクワコの地理的移動も含めた系統関係を明確にできると考えている。