

# 琉球大学学術リポジトリ

## 〔事業推進担当者研究概要〕 移転性配列を利用した 亜熱帯域生物の集団遺伝学的解析

|       |   |
|-------|---|
| メタデータ | 言語:<br>出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム<br>公開日: 2009-05-21<br>キーワード (Ja):<br>キーワード (En):<br>作成者: 中島, 裕美子, 前川, 秀彰, Nakajima, Yumiko,<br>Maekawa, Hideaki<br>メールアドレス:<br>所属: |
| URL   | <a href="http://hdl.handle.net/20.500.12000/10055">http://hdl.handle.net/20.500.12000/10055</a>   |

— 事業推進担当者研究概要 —

## 転移性配列を利用した亜熱帯域生物の集団遺伝学的解析

中島 裕美子・前川 秀彰(分子生命科学センター・准教授、教授)

### 1. はじめに

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(Nakajima *et al.*, 2003)。我々は転移因子 *mariner*-like element(MLE) が特定領域に挿入されたタイプである *Cecropia*-ITR-MLE (CIM) の塩基配列およびハウスキーピングなりボゾーマル RNA 遺伝子 (rDNA) クラスターの 5.8S と 28SRNA 領域の間にある *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(Maekawa *et al.*, 1988)。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(川西他、2008)。

### 2. *BmTNML* 座位相当領域に挿入された CIM を指標にしたクワコの系統解析

*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(Kawanishi *et al.*, 2007)。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(Kawanishi *et al.*, 2008a)。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(鎌内他、2009)。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(図1)。



図1. CIM 及び rDNA を進化的指標として利用した東アジアに生息するクワコの地理的移動の推定。

### 3. rDNA スペーサー領域の配列を利用したクワコの系統解析

rDNA の 5.8S と 28SRNA 間のスペーサー領域に存在する *EcoRI* 部位をはさむ部分の 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(Kawanishi *et al.*, 2008b)。日本産クワコにはカイコ型も存在した。

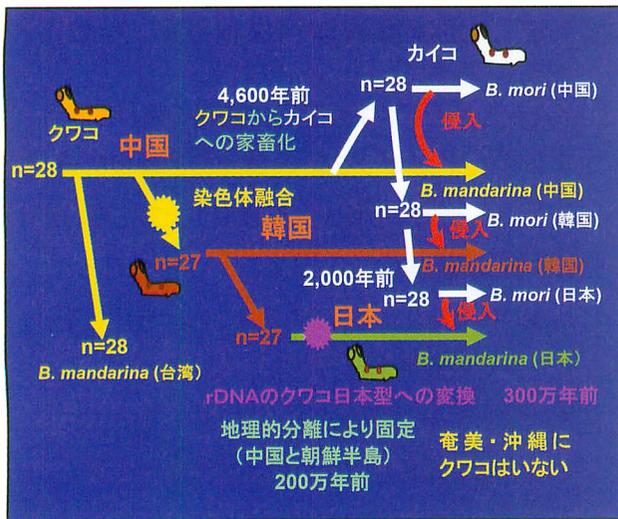


図2. rDNA を指標にした中国、韓国、日本に生息するクワコと日本に移入されたカイコの関係。カイコの 11 番染色体のクワコへの侵入が起こったと考えている。

このことから日本に移入されたカイコの染色体 (rDNA クラスターは 11 番染色体に局在している) が日本のクワコに侵入したと考えている (図2)。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 (Kawanishi *et al.*, in preparation)。

## 4. 今後の展望

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。さらに、他の遺伝子や配列の結果と比較することでより正確なクワコの由来を明らかに出来ると期待している。

## 5. 文献

- 鎌内 悠、川西祐一、矢後勝也、小田切顕一、上田恭一郎、伴野 豊、前川秀彰、Yu-Feng Hsu、黄勇平、日高道雄、中島裕美子。台湾産クワコからのマリナー様転移因子の単離とその系統解析。 *Entomotech* **33** (2009) (in press)
- Kawanishi, Y., Takaishi, R., Banno, Y., Fujimoto, H., Nho, S. -K., Maekawa, H. and Nakajima, Y. (2007) Sequence comparison of mariner-like elements among the populations of *Bombyx mandarina* inhabiting China, Korea and Japan. *Insect Biotech. Sericol.*, **76**, 79-87.
- Kawanishi, Y., Takaishi, R., Morimoto, M., Banno, Y., Nho, S. -K., Maekawa, H. and Nakajima, Y. (2008a) A novel *maT*-type transposable element, *BmmaT1*, in *Bombyx mandarina*, homologous to the *B. mori* mariner-like element *Bmmar6*. *Insect Biotech. Sericol.*, **77**, 45-52.
- Kawanishi, Y., Banno, Y., Fujimoto, H., Nho, S. -K., Tu, Z., Mita, K., Tsuchida, K., Takada, N., Maekawa, H. and Nakajima, Y. (2008b) Method for rapid distinction of *Bombyx mandarina* (Japan) from *B. mandarina* (China) based on rDNA sequence differences. *Insect Biotech. Sericol.*, **77**, 79-85.
- Maekawa, H., Takada, N.; Mikitani, K., Ogura, T., Miyajima, N., Fujiwara, H., Kobayashi, M. and Ninaki, O. (1988): Nucleolus organizers in the wild silkworm *Bombyx mandarina* and the domesticated silkworm *B. mori*. *Chromosoma*, **96**, 263-269.
- Nakajima, Y., Nakamura, T., Banno, Y., Fujimoto, H., Hashido, K., Tsuchida, K., Takasa, N. and Maekawa, H. (2003) Comparison of mariner-like elements among *Bombyx mandarina* individuals inhabiting east Asia in the light of the segregation of *B. mori* and *B. mandarina* genomes. *Int. J. Wild Silkmoth & Silk*, **8**, 57-64.