



Title	オキナワクワゾウムシのマリナー様因子の単離とその解析
Author(s)	川西, 祐一; 鎌内, 悠; 上原, 士門; 大西, 一志; 中島, 裕美子; 前川, 秀彰
Citation	琉球大学21世紀COEプログラム「サンゴ礁島嶼系の生物多様性の総合解析」平成20年度成果発表会
Issue Date	2009-03-14
URL	<a href="http://hdl.handle.net/20.500.12000/9824">http://hdl.handle.net/20.500.12000/9824</a>
Rights	

PG-18 オキナワクワゾウムシのマリナー様因子の単離とその解析  
(Isolation and phylogenetic analysis of *mariner*-like elements in *Episomus mori*)

川西祐一<sup>1</sup>・鎌内 悠<sup>2</sup>・上原士門<sup>3</sup>・大西一志<sup>4</sup>・中島裕美子<sup>1</sup>・前川秀彰<sup>1</sup>

(Yuichi Kawanishi, Yu Kamauchi, Shimon Uehara, Hitoshi Ohnishi,

Yumiko Nakajima and Hideaki Maekawa)

<sup>1</sup>琉球大学分子生命科学研究センター・<sup>2</sup>琉球大学理学部海洋自然科学科・

<sup>3</sup>開邦高校・<sup>4</sup>琉球大学農学部生産環境学科

マリナー様因子 (*mariner*-like element: MLE)は水平伝播によって様々な生物のゲノムに侵入したと考えられているが、その機構は分かっていない。本研究では、この機構を解明するアプローチのひとつとして、南西諸島に生息する生物相内での MLE の分布と移動を明らかにするために、その指標となる MLE の単離を、南西諸島固有の生物種であるオキナワクワゾウムシ *Episomus mori* のゲノムを対象として試みた。さらに同じタイプの MLE を沖縄固有種であるオオジョロウグモやオキナワアギトアリからも単離し、これらの塩基配列を比較解析した。

MLE の保存配列に基づいて設計された *degenerated* プライマーを用いた PCR により、オキナワクワゾウムシ、オオジョロウグモ、オキナワアギトアリのゲノム DNA から MLE のコンセンサス領域に相当する 500 bp の増幅産物が得られた。さらに MLE 全長を単離するため、*Myrmar1* および *Myrmar2*、セクロピアサン MLE、*Pmmar3*、*Bmmar6/BmamaT1* といった MLE の逆位末端繰り返し配列(ITR)を基に設計されたプライマーを用いた PCR を行ったところ、*Myrmar1* および *Myrmar2* について全長 MLE に相当する 1.3 kbp の増幅産物を得た。これらの塩基配列を決定し、既知の MLE と比較したところ、系統樹上でそれぞれ *Myrmar1* や *Myrmar2* のクラスターに分類されることが明示された。*Myrmar1* タイプ MLE の塩基配列を 3 種間で互いに比較すると、その一致度は 79~84%であった。これは保存性の高いことが知られている EF-1 $\alpha$  遺伝子のゾウムシ、クモ、アリ間の比較による一致度(75~78%)より高いことが明らかとなった。*Myrmar2* タイプではオキナワクワゾウムシとツヤオオズアリ間で 93%の一致度を示した。これらの相同性の高さは、*Myrmar1*・*Myrmar2* タイプの MLE が水平伝播したことを示唆する。従って、南西諸島を中心とした生物相内での MLE の分布や移動を解析するため指標として *Myrmar1*・*Myrmar2* タイプの MLE は有用であると考えられる。そして、これらの MLE を持つ生物種間の生態系での関係を調査することで、MLE の水平伝播機構を解明するための手がかりが得られると期待している。