

毛翅目昆虫におけるカイコ Z 染色体座乗遺伝子オルソログの検索

応用分子生物学分野 応用分子昆虫学講座

村上 麻理亜

(背景と目的)

昆虫における性染色体システムは雄ヘテロ型(雄 XY、雌 XX)が大部分を占め、鱗翅目昆虫と毛翅目昆虫のみが雌ヘテロ型の性染色体システム(雌 WZ、雄 ZZ)を持つ。このうち、鱗翅目昆虫と姉妹系統関係にある毛翅目昆虫ならびに原始的な鱗翅目昆虫における性染色体構成は W 染色体の存在しない雌 Z0、雄 ZZ である。鱗翅目昆虫の W 染色体は Tischeriidae と二門亜目の分岐以降に獲得されたと考えられるが、いかなる進化プロセスを経て形成されたのかについては未解明である。それは毛翅目昆虫と鱗翅目昆虫の大部分は分子遺伝学的研究基盤が乏しため、性染色体に座乗する遺伝子について解析することが非常に困難であったことによる。この難点を解消し、鱗翅目昆虫 W 染色体の進化プロセスの解明を目的として、本研究では毛翅目昆虫におけるカイコ Z 染色体座乗遺伝子のオルソログの特定を行った。さらに、PCR 多型解析法を用いて、その座位が Z 染色体であるか常染色体であるかを決定した。

(方法)

野外より採集したヒゲナガカワトビケラ (*Stenopsyche marmorata*) 成虫より個体毎に抽出したゲノム DNA を PCR のテンプレートとして用いた。ヒゲナガカワトビケラのカイコ Z 染色体座乗遺伝子のオルソログを DOP (Degenerate oligonucleotide primer)-PCR により増幅して、配列決定を行った。STS (single tagged site) primer は、決定した配列情報にもとづき作製した。上記ヒゲナガカワトビケラのゲノムをテンプレートにして PCR 増幅した産物の多型解析は MDE gel を用いた CSGE (Conformation sensitive gel electrophoresis) にて行った。

(結果)

カイコ Z 染色体座乗遺伝子 *SNF4/AMP-activated protein kinase gamma subunit* オルソログと *tyrosine hydroxylase* オルソログが毛翅目昆虫ヒゲナガカワトビケラの Z 染色体に座乗し、*trio* オルソログは常染色体に座乗することが判明した。

(考察及び結論)

以前の研究で Z 座乗が確定している *kettin* オルソログを含め、3 つのカイコ Z 染色体座乗遺伝子オルソログがヒゲナガカワトビケラの Z 染色体に座乗することから、カイコ Z 染色体の一部とヒゲナガカワトビケラ Z 染色体に進化的な対応関係が明白である。一方、*trio* 遺伝子のヒゲナガカワトビケラオルソログは常染色体に座乗することから、カイコ Z 染色体の一部は常染色体由来である可能性が示唆された。これらにより、Tischeriidae と二門亜目の共通祖先種において Z 染色体と *trio* オルソログが座乗する常染色体に染色体付着が起こり neo-Z 染色体が形成され、他方の相同染色体が W 染色体へと進化したことが鱗翅目昆虫 W 染色体の起源であると推測される。