

多包条虫 (円葉目; 条虫科) のミトコンドリア全塩基配列

中尾 稔*、横山紀子、左古康仁*、福長将仁、伊藤 亮*

Mitochondrion (2002), 1 (3): 497-509

The complete mitochondrial DNA sequence of the cestode *Echinococcus multilocularis* (Cyclophyllidea: Taeniidae)

Minoru Nakao, Noriko Yokoyama, Yasuhito Sako,
Masahito Fukunaga and Akira Ito

ABSTRACT : The 13,738 bp mitochondrial DNA from the cestode *Echinococcus multilocularis* has been sequenced. It contains two major noncoding regions and 36 genes (12 for proteins involved in oxidative phosphorylation, two for rRNAs and 22 for tRNAs) but a gene for ATPase subunit 8 is missing. All genes are transcribed in the same direction. Putative secondary structures of tRNAs indicate that most of them are conventional cloverleaves but the dihydrouridine arm is unpaired in tRNA^{Ser(AGN)}, tRNA^{Ser(UCN)}, tRNA^{Arg} and tRNA^{Cys}. The base composition at the wobble positions of fourfold degenerate codon families is highly biased toward U and against C.

抄録 多包条虫のミトコンドリア全塩基配列は、13,738bpであった。それは、2つの大きく何もコードされていない領域と36個の遺伝子(酸化的リン酸化に関わる12個のタンパク質、2個のrRNAと22個のtRNA)を含んでいるが、ATPaseサブユニット8は見つからなかった。すべての遺伝子は同方向で転写される。tRNAの推定2次構造は、そのほとんどはクローバー葉構造をとるが、ジヒドロウリジンアーム内にペアのできないtRNA^{Ser(AGN)}, tRNA^{Ser(UCN)}, tRNA^{Arg}, tRNA^{Cys}もある。4つの重複したコドンファミリーのゆらぎの位置における塩基構成は、Cに対してUに高度な偏りが見られる。

* Department of Parasitology, Asahikawa Medical College
旭川医科大学 寄生虫学講座