

フトゲツツガムシミトコンドリア遺伝子構成に見いだされた 遺伝子の複製、転座とこのことから推測される新規遺伝子 組み換え機構

Shao Renfu、三谷春美、Barker SC*、高橋 守**、福長将仁

Journal of Molecular Evolution, 60 (6), 764-773 (2005)

Novel mitochondrial gene content and gene arrangement indicate illegitimate inter-mtDNA recombination in the chigger mite, *Leptotrombidium pallidum*

Renfu Shao, Harumi Mitani, Stephen C. Barker*, Mamoru Takahashi**,
Masahito Fukunaga

ABSTRACT : To better understand the evolution of mitochondrial (mt) genomes in the Acari (mites and ticks), we sequenced the mt genome of the chigger mite, *Leptotrombidium pallidum* (Arthropoda: Acari: Acariformes). This genome is highly rearranged relative to that of the hypothetical ancestor of the arthropods and the other species of Acari studied. The mt genome of *L. pallidum* has two genes for large subunit rRNA, a pseudogene for small subunit rRNA, and four nearly identical large noncoding regions. Nineteen of the 22 tRNAs encoded by this genome apparently lack either a T-arm or a D-arm. Further, the mt genome of *L. pallidum* has two distantly separated sections with identical sequences but opposite orientations of transcription. This arrangement cannot be accounted for by homologous recombination or by previously known mechanisms of mt gene rearrangement. The most plausible explanation for the origin of this arrangement is illegitimate inter-mtDNA recombination, which has not been reported previously in animals. In light of the evidence from previous experiments on recombination in nuclear and mt genomes of animals, we propose a model of illegitimate inter-mtDNA recombination to account for the novel gene content and gene arrangement in the mt genome of *L. pallidum*.

抄録 ダニ類のミトコンドリアゲノム進化について理解するために、フトゲツツガムシミトコンドリアゲノムの塩基配列を決定した。このゲノムでは、節足動物の祖先型や既知の他のダニと比べて、大幅な遺伝子再編成が起こっていた。フトゲツツガムシミトコンドリアゲノムには2つのリボソームRNA遺伝子、ほぼ同一配列の4つの調節領域が存在する。このゲノムにコードされている22個のtRNAのうち19個にはT-armかD-armが欠落していた。さらにこのゲノムには離れたところに同一配列をもった箇所が2箇所存在するが、これらは互いに転写方向が逆で、この配列は類似の組換えや既知のミトコンドリア遺伝子

再編成によっては説明できない。最も真実味のある説明は、動物では報告されていない非正統的なミトコンドリアDNA間組換えである。以前からの動物の核およびミトコンドリアゲノムの組換えについての研究から、我々はフトゲツツガムシのミトコンドリアゲノムについての新規な遺伝子配列および遺伝子編成の説明に非正統的なミトコンドリア間組換えモデルを提案する。

* Department of Microbiology and Parasitology, University of Queensland, Australia

** Kawagoe Sogo senior high school