

オーストラリア産マダニミトコンドリアゲノム中の 重複調節領域の進化

Shao Renfu, Barker SC*, 三谷春美, 青木弥生, 福長将仁

Molecular Biology and Evolution, **22** (3), 620-629 (2005)

Evolution of duplicate control regions in the mitochondrial genomes of metazoa: a case study with Australasian *Ixodes* ticks.

Renfu Shao, Stephen C. Barker*, Harumi Mitani, Yayoi Aoki,
Masahito Fukunaga

ABSTRACT : To investigate the evolution pattern and phylogenetic utility of duplicate control regions (CRs) in mitochondrial (mt) genomes, we sequenced the entire mt genomes of three *Ixodes* species and part of the mt genomes of another 11 species. All the species from the Australasian lineage have duplicate CRs, whereas the other species have one CR. Sequence analyses indicate that the two CRs of the Australasian *Ixodes* ticks have evolved in concert in each species. In addition to the Australasian *Ixodes* ticks, species from seven other lineages of metazoa also have mt genomes with duplicate CRs. Accumulated mtDNA sequence data from these metazoans and two recent experiments on replication of mt genomes in human cell lines with duplicate CRs allowed us to re-examine four intriguing questions about the presence of duplicate CRs in the mt genomes of metazoa: (1) Why do some mt genomes, but not others, have duplicate CRs? (2) How did mt genomes with duplicate CRs evolve? (3) How could the nucleotide sequences of duplicate CRs remain identical or very similar over evolutionary time? (4) Are duplicate CRs phylogenetic markers? It appears that mt genomes with duplicate CRs have a selective advantage in replication over mt genomes with one CR. Tandem duplication followed by deletion of genes is the most plausible mechanism for the generation of mt genomes with duplicate CRs. Once duplicate CRs occur in an mt genome, they tend to evolve in concert, probably by gene conversion. However, there are lineages where gene conversion may not always occur, and, thus, the two CRs may evolve independently in these lineages. Duplicate CRs have much potential as phylogenetic markers at low taxonomic levels, such as within genera, within families, or among families, but not at high taxonomic levels, such as among orders.

抄録 ミトコンドリアゲノム上の重複した調節領域(CR)の進化パターンと系統学的有用性を調べるために、3種の *Ixodes* 属マダニのミトコンドリア全塩基配列、11種の部分配列を決定した。オーストラリアの全種類が2つのCRが存在したが、他方では他種は1つしかもたなかった。この塩基配列解析結果は、2つのCRを持つオーストラリア *Ixodes* 属

マダニが協調進化してきたことを示している。オーストラリア系統に加えて、他の7系統の metazoa のミトコンドリアゲノムにも重複したCRが存在する。これら metazoa のミトコンドリアDNA塩基配列データの蓄積と重複CRを伴ったヒト培養細胞株のミトコンドリアゲノムの2つの最近の複製研究から、metazoaのミトコンドリアゲノム上の重複CRの存在について4つの興味深い問題について再検討した。(1)なぜいくつかのミトコンドリアゲノムにだけCRが2つあるのか？(2)CRを2つ持ったミトコンドリアゲノムはどのように進化してきたか？(3)進化の過程上で、重複した塩基配列の同一あるいは高い相同性はどのように保たれてきたのか？(4)重複したCRは系統的なマーカーになるのか？

それは重複したCRをもつミトコンドリアゲノムは1つのCRをもつそれよりも複製の上で、選択的な優位性があることを示している。遺伝子欠失を伴うタンデムな重複は、2つのCRができる過程を一番よく説明できるメカニズムである。一度、ミトコンドリアゲノム上でCRの重複が起こり、そしてそれらはおそらく遺伝子組換えをしながら協調進化してきたと思われる。しかし遺伝子組換えが常におこらない系統もあるので、2つのCRは系統に依存せず独自に進化してきたと思われる。重複したCRは目のような高い分類学的レベルではなく、属あるいは科のような低い分類学レベルで比較するマーカーとして充分なりうる可能性は高い。

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