

パーメスリン抵抗性ネッタイイエカの 抵抗性機構に関する研究

筑波大学大学院 農学研究科 農林学専攻

葛西真治

目次

第1章 緒言	1
第2章 殺虫剤感受性、共力効果及び遺伝的特性	7
第1節 ピレスロイド剤及び各種殺虫剤に対する感受性	
材料及び方法	8
結果	10
考察	16
第2節 酵素阻害剤の共力効果	
材料及び方法	17
結果	20
考察	30
第3節 ピレスロイド剤抵抗性の遺伝的特性	
材料及び方法	31
結果	32
考察	32
做 a 差 D	20
弗 3 早 Permethrin 抵抗性と 時毎 時茶	36
第1前 カルホキシルエステノーとの宿住及のナキノリキムハターン	20
材料及び方法	20
和木	12
与宗	44
お名前 アドクロム1400 酸化時来水の足重及の体内方前 材料及び方注	44
約400万弦 結果	45
和示 老 <u>突</u>	45
	10
第4章 Permethrinの in vitro 代謝	51
第1節 内在性代謝阻害物質の存在	
材料及び方法	53
結果	54
考察	57
第2節 代謝活性と温度の関係	
材料及び方法	59
結果	59
考察	61
第3節 Permethrinの in vitro 代謝	
材料及び方法	62
結果	62
若祭	66

第4節 Permethrin 代謝の共力剤による阻害	
材料及び方法	68
結果	68
考察	70
第5章 チトクロム P450 の遺伝子解析	72
第1節 チトクロム P450 (CYP6E1) cDNA のクローニングと構造解析	
材料及び方法	74
結果	82
考察	88
第2節 その他の6族 P450 のクローニングと構造解析	
材料及び方法	91
結果	93
考察	100
第3節 CYP6F1の遺伝子発現とゲノム解析	
材料及び方法	106
結果	108
考察	111
第6章 総合考察	113
摘要	118
謝辞	120
引用文献	121

第1章 緒言

カは吸血にともなっていろいろな病気を人、家畜、あるいは自然界の動物に感染 させる媒介昆虫として広く知られている。病原体はウイルス、原虫、線虫などに属 し、代表的な人間の病気は、マラリア、フィラリア、デング熱、日本脳炎、黄熱病 である。マラリアはハマダラカ (Anopheles)亜科に属する力により原虫が運ばれ、 日本 脳炎 はコガタアカイエカ (Culex tritaeniorhynchus)、シナハマダラカ (Anopheles sinensis)によりウイルスが伝播される。黄熱病はネッタイシマカ (Aedes aegypti) により病原体が媒介され、象皮病ともいわれる糸状虫症(フィラ リア)はネッタイイエカ (Culex quinquefasciatus)、アカイエカ (Culex pipiens pallens)、トウゴウヤブカ (Aedes togoi)によって糸状虫が媒介される。これらの 疾病感染を防ぐためには媒介昆虫である力の防除が不可欠であり、その主要な防除 手段が殺虫剤の散布である。しかし、他の農業害虫と同様にこれら力の仲間をはじ めとする多くの衛生昆虫が殺虫剤に抵抗性を示し、防除が困難になっている。

近年開発されたいわゆる第二世代合成ピレスロイド剤は、光分解を受け易かった それまでのピレスロイド剤の欠点を克服し、しかも殺虫力が著しく強いため単位面 積当たりの散布薬量が少なくてすむという利点を持っている。一方で環境中への残 留性が低く、人畜毒性も非常に低いため理想的な殺虫剤といわれてきた。しかし、 その理想的な殺虫剤もこれまでの歴史の例にもれず、抵抗性を発達させた害虫が世 界中で発見されている。ピレスロイド剤をはじめとする多数の殺虫剤が実用上の価 値を失い、害虫防除上深刻な問題に直面するであろうということはすでに 1980 年 代に正野によって指摘され(正野、1984)、現在まさにそれが現実となりつつあ る。かつてピレスロイド剤は魚毒性の高さから水田や河川などカ幼虫の棲息地帯で は使用されなかった。それゆえピレスロイド剤に抵抗性を発達させた力は野外では 多く確認されていない。しかし有機リン剤やカーバメート剤の効力低下、そして低 魚毒性ピレスロイド剤の開発により、水域におけるピレスロイド剤の使用頻度が高 まりつつあることから、カ幼虫がピレスロイド剤に抵抗性を発達させることは容易 に想像される。

本研究に用いたネッタイイエカ(双翅目、カ科、イエカ属)は、世界中の熱帯及 び亜熱帯に棲息し、日本では奄美大島以南の琉球列島や小笠原諸島に分布する。ピ レスロイド剤抵抗性系統は、1981年にサウジアラビアで採集された個体群 (JPal 系)を、permethrin により室内で淘汰されてできた系統 (JPal-per系)である (Amin and Hemingway, 1989)。採集時の JPal 系統の permethrin 抵抗性レベルは僅か 1.8 倍であ り、12 世代の permethrin 淘汰により抵抗性比は 1,546 倍へと増大したが、その抵抗 性機構については未だに明らかにされていない。本系統の抵抗性機構を解明することは、衛生害虫に限らず農業害虫の殺虫剤抵抗性発達を回避する上でも重要な意味 を持つものと考えられる。

近年発見される抵抗性害虫の抵抗性機構の解明が困難なのは、その要因が単一で はなく、複数の要因が関与していることに起因するものと思われる。一般にピレス ロイド剤に対する昆虫の主要な抵抗性機構として、次の3つが挙げられる。

まず第1は、神経感受性の低下によるものである。ピレスロイド剤や有機塩素系 殺虫剤の DDTは、神経軸索の興奮膜を標的部位とし、興奮伝導時に一度開いたナ トリウムチャンネルの閉口を抑制することで神経の反復興奮を引き起こし、昆虫を 死に至らしめる。ところが、ある種の抵抗性昆虫では神経軸索の薬剤感受性が低下 して、殺虫剤の効果を軽減させる。この薬剤感受性軽減因子は kdr (knock down resistance)因子と呼ばれ、イエバエ (Musca domestica)から最初に見つかった (Busvine, 1951)。イエバエの kdr 因子は第3 染色体に存在する劣性遺伝子によっ て支配される形質である。最近、デンマークのイエバエで見いだされ、super-kdr と名付けられた、kdrよりさらに高い抵抗性形質も kdr の対立遺伝子により支配さ れている (Farnham et al., 1987)。これらの因子は単一で高い抵抗性を示し、この 因子をもつ昆虫はピレスロイド剤と共通の標的器官を持つ DDTに交差抵抗性を示 す。

合成ピレスロイド剤は中毒症状、作用機構などの相違から2つのタイプに分類され、化学構造上からはアルコール部分に α -cyano-3-phenoxybenzyl基を持つか持たないかでタイプII、タイプIと称される。一般に kdr、super-kdr型の抵抗性昆虫ではこれらのタイプに関わらず全てのピレスロイド剤に交差抵抗性を示すとされている(Shono, 1985)。これまでイエバエ以外からもSpodoptera litturalis(Gammon, 1980)、ヤガの一種、Heliothis virescens(Nicholson and Miller, 1985)、コナガ、Plutella xylostella (Hama et al., 1987)、チャバネゴキブリ、Blattella germanica (Umeda et al., 1988)、キイロショウジョウバエ、Drosophila melanogaster (Bloomquist et al., 1989)で同様な神経感受性低下によるピレスロイド剤抵抗性が認められ、カの仲間からも報告がある (Omer et al., 1980; Salgado

et al., 1983; Umeda *et al.*, 1990)。*kdr* に関する遺伝子解析もイエバエ、ゴキブリを 中心に進められており、ナトリウムチャンネルタンパクのアミノ酸レベルでの置換 が神経感受性の低下に関与していることが確認されている (Dong and Scott, 1994; Miyazaki *et al.*, 1996; Williamson *et al.*, 1996)。

ピレスロイド剤抵抗性に関わる第2の要因として、解毒酵素による代謝活性の増 大が挙げられる。主なものとしては、ピレスロイド剤中に存在するエステル基を加 水分解するカルボキシルエステラーゼと、酸化酵素の一種であるチトクロム P450 酸化酵素系による代謝が知られている。エステラーゼと殺虫剤抵抗性の関係は古く から知られており、特に有機リン系殺虫剤の代謝酵素として抵抗性との密接な関わ り合いが指摘され、研究が進められてきた。チトクロム P450 酸化酵素系は昆虫に 限らず地球上のほとんどの生物体内で存在が確認される酵素系で、各種ステロイド ホルモン、胆汁酸、脂肪酸といった生体物質の合成、分解反応の他に、薬物や体内 に取り込まれた環境汚染物質など外来性異物の酸化的解毒に必須の役割を果たし ていることが哺乳動物を中心に明らかにされている。ピレスロイド剤に限らず、有 機リン剤、カーバメート剤、有機塩素系殺虫剤、昆虫成長制御剤など様々な殺虫剤 の解毒に関与し、多くの昆虫で P450 酸化酵素系による解毒活性の増大が抵抗性の 要因になっていることが示されている (Casida, 1970; Tsukamoto, 1983; Wilkinson, 1983; Oppenoorth, 1985; Brattsten et al., 1986; Scott, 1991; Zhang et al., 1998)。また、解 毒として働くだけでなく、多くの有機リン剤では活性化に関与し、毒性を増大させ ることが知られている。Pyrethrin Iや allethrinのような第2級アルコールのピレス ロイド剤は、昆虫及び温血動物体内で加水分解を受け難く、主としてチトクロム P450酸化酵素系により菊酸部分のイソブテニル基が水酸化され、不活性化される。

ピレスロイド剤抵抗性に関わる第3の要因として、殺虫剤の皮膚透過性の低下が 挙げられる。殺虫剤は皮膚、気門、ロなどを通して体内に侵入するが、大部分は皮 膚から経皮的に侵入し、その透過性の低下が抵抗性の一要因となることがある。昆 虫の皮膚はキチン質を主構成要素とすることから、薬物の透過性も哺乳動物のそれ とは異なると考えられる。哺乳動物と昆虫の殺虫剤に対する選択毒性はこの皮膚透 過性の違いにあるとも言われている。逆に昆虫側としては、殺虫剤を透過しにくい 皮膚をもつことで毒性からの回避が可能となる。ヤガ科の一種、Heliothis virescens に処理した cypermethrin の 50%が体内に吸収されるのに、感受性系統で 11 時間、 抵抗性系統で 30 時間を要したことから、殺虫剤の皮膚透過性の低下が抵抗性の一 要因であることを指摘された例がある (Little et al., 1989)。

各種薬剤の淘汰により顕在化した抵抗性昆虫では単一の抵抗性機構によること はむしろ少なく、上述した機構のうち複数を利用しているのが一般的である。しか し、kdr、super-kdr型の抵抗性を有する昆虫の中にはそれだけでピレスロイド剤に 高度の抵抗性を示すような場合もあり、各抵抗性要因の抵抗性比に関与する程度は 昆虫の種類によって、また系統、厳密に言えば個体間でさえ異なる場合がある。

本研究においては解毒酵素阻害剤の共力効果、解毒酵素の定量、代謝試験を行う ことで JPal-per 系統の permethrin 抵抗性機構の解明を試みた。その結果、ピレスロ イド剤の標的部位である神経ナトリウムチャンネルの感受性低下をもたらす kdr 因子の存在とともに、チトクロム P450 酸化酵素系による解毒活性の増大が主要な 機構として働いていることが明らかにされた。従って次の段階として、チトクロム P450 遺伝子のクローニングを行うことで、殺虫剤抵抗性機構を分子レベルで解析 することを試みた。

解毒酵素についての分子レベルでの研究はカルボキシルエステラーゼ、グルタチ オン S-トランスフェラーゼ (GST)を中心に盛んに行われている。カルボキシルエ ステラーゼについては主にモモアカアブラムシ (Myzus persicae)、アカイエカ群 (Culex)の殺虫剤抵抗性系統を材料に研究が進んでいる。モモアカアブラムシでは、 いくつかのエステラーゼアイソザイムの中のたった一つのアイソザイム E4(及び このアロザイムである FE4)の活性が殺虫剤抵抗性のレベルと明瞭に関連づけられ、 これらの酵素タンパク量の増大が解毒活性に関わっていることが示されている (Devonshire, 1977; Field et al., 1989a, 1993, 1994; Field and Devonshire, 1997)。また、 それは構造遺伝子のコピー数の増大によりもたらされていること、そして遺伝子発 現がゲノムのメチル化によって制御されていることなどが明らかにされている (Field et al., 1989b, 1996; Devonshire and Field, 1991)。アカイエカ群ではAとBの2 つのグループに分けられたアイソザイムの一方、または両方が過剰発現することが 殺虫剤抵抗性の要因になっており、アブラムシ同様に構造遺伝子を含むアンプリコ ン(増幅単位)のコピー数の増加によりもたらされた現象であることが確認されて いる (Mouches et al., 1986)。GST はエステラーゼ同様、解毒酵素として殺虫剤抵抗 性に重要な働きを示し、様々な有機リン剤、有機塩素剤抵抗性害虫で活性の増大が 認められる酵素である (Motoyama and Dauterman, 1980; Balabaskaran et al., 1989; Reidy et al., 1990; Reed and Forgash, 1970; Tanaka et al., 1981)。アミノ酸の相同性や基

質特異性より、タイプ I と II に分類され、殺虫剤抵抗性には主にタイプ I GST が 関与しているとされている (Fournier et al., 1992)。キイロショウジョウバエ (Drosophila melanogaster)から昆虫で初めての GST 遺伝子がクローニングされ (Toung et al., 1990)、その遺伝子断片をプローブにイエバエからも GST 遺伝子がク ローニングされた (Fournier et al., 1992)。GST のアミノ酸配列に関する情報が増え るに従いその保存領域 (Wilce et al., 1995)が明らかにされ、それからデザインされ たプライマーを用いてハマダラカ (Anopheles ganbiae)よりタイプ I GST がクロー ニングされている (Ranson et al., 1997a)。クローニングされたカルボキシルエステ ラーゼや GST は構造解析され、すでにバキュロウイルス発現系や大腸菌を用いて タンパクを発現させ、その酵素機能に関する情報が蓄積しつつある (Newcomb et al., 1997; Ranson et al., 1997b)。一方、チトクロム P450 についての分子レベルでの研究 は殺虫剤抵抗性に関与するこれらの酵素の中では最も遅れている分野といえる。そ れはチトクロム P450 タンパクの精製が困難であったことが密接に関係し、その理 由として大きく3 つの要因が考えられる。

第1にチトクロム P450 が膜タンパクであることが挙げられる。P450 にはリン脂 質膜内の脂肪酸炭化水素鎖と相互作用する疎水性側鎖をもったアミノ酸からなる 配列が存在し、こうしたタンパク質を膜から取り出すには疎水結合で膜に係留して いる脂質を界面活性剤で除き、可溶化する必要がある。しかし可溶化され、精製さ れたチトクロム P450 を用いて酵素活性を測定する場合に、リン脂質二重層膜表面 の正しい側に結合していない膜タンパクは正常な触媒機能を示すことができない。 従って、一度精製された P450 アイソフォーム(分子種)を基質を使って酵素活性 を測定する際には再び膜タンパクとしての環境を人工的に整える必要がある。

第2の理由としてチトクロム P450 が、基質を酸化する際には電子が2個必要で あるため、チトクロム P450 還元酵素やチトクロム b₅などの電子供与酵素系の存在 が必須であることが挙げられる。そのため、単離、精製された P450 の酵素活性を 調べる際には P450 同様に精製されたこれらの電子供与体を人工的に添加する必要 がある。先に述べた二つの解毒酵素(カルボキシルエステラーゼ、GST)はともに 分泌タンパクで精製の際に可溶化の必要がない上に、単独で触媒活性を示すため再 構成系の構築が比較的容易である。

さらに、第3の要因として、ほとんどの生物体内には多数の P450 アイソフォームが存在し、それぞれが構造的に非常に類似しているため、単独に単離、精製する

ことが困難なことが挙げられる。これらの理由によりチトクロム P450 の分子レベルでの解析は他の酵素に比べ遅れてきた。しかし、哺乳動物を中心に P450 の精製に関する研究が進み、再構成系の構築法などが確立されることにより昆虫からも徐々に P450 遺伝子のクローニングがされるようになった。昆虫からは 1989 年にイエバエ (*Musca domestica*)で初めて P450 のクローニングがされて以来 (Feyereisen *et al.*, 1989)、現在までに 5 種類の昆虫より P450 タンパクが精製され、遺伝子の構造解析がなされた (Bradfield *et al.*, 1991; Cohen *et al.*, 1992; Waters *et al.*, 1992; Tomita and Scott, 1995; Bassett *et al.*, 1997)。

昆虫の P450 に関する知見が深まるに連れて、既知の P450 アミノ酸配列の保存 領域を用いて、タンパクを精製することなく遺伝子をクローニングすることが可能 になってきた。その結果、1997年現在10種類の昆虫から約60種のP450遺伝子(部 分配列を含む)が報告されるまでになった。その中には殺虫剤抵抗性と関連づけら れた報告も数例含まれる (Feyereisen et al., 1989; Waters et al., 1992; Scott et al., 1994、Wang and Hobbs, 1995; Tomita and Scott., 1995)。しかし、その中で 実際に殺虫剤解毒活性が確かめられているのは僅か一例にすぎない (Tomita and Scott, 1995)。CYP6D1 と名付けられた唯一の殺虫剤解毒性 P450 はピレスロイド 剤抵抗性イエバエ、LPR 系統より単離され、特異的抗体が deltamethrin 代謝を阻 害することで抵抗性に関与することが確かめられた (Wheelock and Scott, 1992)。 CYP6D1が単離、精製されやすかった一つの理由にこのタンパクが LPR 系統成虫 内に存在する P450 全体の約 8 割を占めていた事が挙げられる (Scott and Lee. 1993a)。しかし、抵抗性系統の体内で最も多く発現しているアイソフォームが必 ずしも抵抗性に関与しているとは限らず、有機リン剤抵抗性イエバエ Rutgers よ り精製された CYP6A1 は、CYP6D1 同様に体内で最も多く発現していることから 精製されたにも関わらず、実際には有機リン剤を代謝しない。このように数ある P450 より目的のアイソフォームを単離することは容易ではなく、それゆえ抵抗性 に関与する P450 の分子レベルでの解析も現在のところ発展途上にあるといえる。

本研究では RT-PCR の手法を用いて、最終的にピレスロイド剤抵抗性ネッタイ イエカより抵抗性に関与するチトクロム P450 の遺伝子をクローニング、構造解析 することで、解毒酵素と抵抗性の関わりを遺伝子レベルで解明し、抵抗性の回避に つながる新たな知見を得ることを目的として行った。 第2章 殺虫剤感受性、共力効果及び遺伝的特性

1981年にイギリス、熱帯病研究所のグル-プはサウジアラビアにて殺虫剤抵抗性 ネッタイイエカ (JPal 系統)を採集し、有機リン剤、ピレスロイド剤及び DDT に よって淘汰を重ね、おのおのの殺虫剤に対する抵抗性系統を確立した (Amin and Peiris, 1990)。すでに有機リン剤淘汰系統についてはカルボキシルエステラーゼに よる解毒活性の増大が、DDT 淘汰系統については転移酵素によるグルタチオン抱 合が抵抗性の主要因であることが報告されている (Amin and Hemingway, 1989; Amin and Peiris, 1990)。一方 JPal 系統はピレスロイド剤の一種、permethrin に よる淘汰を 12 世代重ねた結果、感受性系統と比べて 1,546 倍という高い抵抗性を 示したが、その抵抗性機構については現在までほとんど明らかにされていない (Amin and Hemingway, 1989)。

本章ではまず permethrin で淘汰された JPal 系統 (JPal-per 系統)の抵抗性メ カニズムを解明するために、ピレスロイド剤及びピレスロイド剤と作用部位を同じ くする DDT、そして作用機構の異なる各種殺虫剤に対する感受性を調べた(第1 節)。さらに共力剤(解毒酵素阻害剤)を処理することによる殺虫剤感受性の変化 を調べることで、抵抗性に対する解毒酵素の関わりを検討した(第2節)。第3 節では、抵抗性と感受性両系統を交配し、得られた F1 世代の permethrin、 cypermethrin 及び DDT に対する感受性を調べることで抵抗性の遺伝様式を検討 した。 第1節 ピレスロイド剤及び各種殺虫剤に対する感受性

JPal-per 系統の抵抗性スペクトルを調べる目的で、ピレスロイド剤、有機塩素 剤及び作用機構の異なる各種殺虫剤を用いて殺虫試験を行った。

材料及び方法

1. 供試昆虫

ピレスロイド剤感受性及び抵抗性ネッタイイエカ (Culex quinquefasciatus Say) として以下の2系統を用いた。

①感受性系統

この系統は 1968 年に小笠原父島にて採集されたもので、国立予防衛生研究所 (現在の国立感染症研究所)より譲り受け、筑波大学で継代飼育された。採集され てから実験に用いるまで殺虫剤に触れることなく飼育された。

②抵抗性系統 (JPal-per 系統)

1992年に住友化学工業(株)より譲り受けた。この系統は1981年に、イギリ ス熱帯病研究所のJ. Hemingway(現ウェールズ大学)がサウジアラビア、Jeddah 大学内の Palestine Street (21°30'N, 39°10'E)にて採集した個体群 (JPal系) を研究室内で permethrin により 60-75%の致死濃度にて 12 世代淘汰されたもの であり、JPal 系統の4 齢幼虫の permethrin 抵抗性は 1.8 倍であったと報告され ている (Amin and Hemingway, 1989)。

両系統とも飼育は 27 ± 1 ℃、湿度 60%、明期 16 時間、暗期 8 時間の飼育室に て行った。幼虫は汲み置き水道水を入れたバット(縦 $35\times$ 横 $27\times$ 深さ 6 cm)の中 で $300\sim400$ 頭ずつ飼育し、ラット、ハムスター用の MF 飼料(オリエンタル酵 母(株))を粉末にして与えた。成虫は $30\times20\times20$ cmの網ケージで約 500 頭ず つ飼育し、10%砂糖水を与えた。雌成虫の吸血にはマウスを用いた。

2. 供試薬剤

殺虫試験には以下の殺虫剤の原体を用いた(括弧内は純度及び購入先を示す)。

ピレスロイド系殺虫剤;

permethrin (91.2%、住友化学), ethofenprox (96.0%、三井東圧), phenothrin (94.0%、 住友化学), resmethrin (94.1%、住友化学), furamethrin (88.0%、住友化学), bifenthrin (90.4%、FMC), allethrin (91.1%、住友化学), tetramethrin (94.6%、住友化学), cyfluthrin (88.4%、日本バイエルアグロケム), deltamethrin (99.9%、Uclaf), cypermethrin (94.5%、 住友化学), cyphenothrin (94.3%、住友化学), fenvalerate (94.9%、住友化学) 有機塩素系殺虫剤;

p, p'-DDT (>90%、日本曹達)

有機リン系殺虫剤;

fenitrothion (99.9%、住友化学), profenofos (95.0%、Ciba Geigy), parathion (>90%、日本 バイエルアグロケム)

カーバメート系殺虫剤;

carbaryl (95.0%、日本バイエルアグロケム)

昆虫成長制御剤;

pyriproxyfen (0.5% 水溶性製剤、住友化学)

3. 殺虫試験

殺虫試験は WHO が示した標準検定法 (WHO, 1981)に従い浸漬法にて行い、殺虫 剤感受性レベルは LC₅₀ 値で示した。Pyriproxyfen は水溶性製剤を用いたため、その まま蒸留水で希釈して実験に用いた。また、DDT はアセトンに、それ以外の殺虫剤 はエタノールに溶解してアセトンもしくはエタノール原液とし、実験に用いた。プ ラスチックカップ(直径 7.5 cm、高さ 4.0 cm)に 49.5 mlの蒸留水を入れ、この中に 両系統4 齢初期の幼虫を 20-30 頭ずつ投入し、最終濃度の 100 倍の濃度の殺虫剤原液 0.5 mlを加えて全量を 50 mlとした。この場合アセトンもしくはエタノール量は全体 の 1%に当たるが、この条件では幼虫に対する毒性はないことを先に確認した。対照 試験区にはアセトンもしくはエタノールのみを加えた。各試験区とも 3 回以上の繰 り返しを行った。薬剤投与後 27±1℃の恒温室に 24 時間放置し、死虫数を数えた。 試験中に蛹化したものはデータから省いた。シャーレの底に沈み浮上できない個体 は死とみなした。また、pyriproxyfen については羽化阻害率を死虫率として計算した。 各濃度ごとに死虫率を算出し、対照区の死虫率をもとに補正しプロビット変換した 後、対数濃度との間の回帰直線から LC₅₀値を求めた (Finney, 1971)。 結果

Permethrin とその他各種ピレスロイド剤に対する感受性、抵抗性系統の死虫率薬量 回帰直線をFig.1とFig.2に、また、各種ピレスロイド剤に対する両系統のLC50値 及び LC₅₀ 値より計算した抵抗性比を Table 1 に示した。JPal-per 系統の permethrin に 対する抵抗性比は 2,500 倍であり、これは Amin らが報告した抵抗性比、1,546 倍に 近似な値であった (Amin and Hemingway, 1989)。JPal-per 系統は実験に用いた 13 種の ピレスロイド剤すべてに対して抵抗性を示したが、抵抗性比は 5.6~4,160 倍と大き な開きが認められた。ピレスロイド剤はその化学構造中に α-シアノ基を含むか否か によってタイプⅠ、タイプⅡの2種類に分類される。JPal-per 系統は 13種類のピレ スロイド剤のうち ethofenprox、 permethrin、 phenothrin そして resmethrin の 4 種に対 して高い抵抗性比を示した(抵抗性比はそれぞれ4,160、2,500、2,430、1,306倍)が、 これらはすべてα-シアノ基を持たないタイプ I に属する (Fig. 3)。さらにそのうち ethofenprox、permethrin、phenothrin の3種については構造中のアルコール部位に 3phenoxybenzyl 基を有している。一方、これとは対称的に5 種類のタイプⅡのピレス ロイド剤に対する抵抗性比は39~59倍と、一様に中間的なレベルであった。また、 3-phenoxybenzyl 基もα-シアノ基も持たないその他のピレスロイド剤 (resmethrin、 furamethrin、allethrin、tetramethrin、bifenthrin)については resmethrin 以外で比較的抵抗 性のレベルが低かった(5.6~63 倍)。Permethrin と cypermethrin、phenothrin と cyphenothrin は α 位のシアノ基の有無以外は構造上同じ化合物であるが、JPal-per 系 統の感受性は permethrin、phenothrin に対して著しく低下している (Fig. 2)。感受性低 下にシアノ基の存在が大きく関与しているといえる。

ピレスロイド剤以外の殺虫剤-有機塩素系、有機リン系、カーバメート系殺虫剤 及び昆虫成長制御剤に対する LC₅₀値及び抵抗性比を Table 2 に示した。DDT はピレス ロイド剤同様神経軸索のナトリウムチャネルを標的部位とするが、JPal-per 系統はこ の DDT に対して 300 倍の抵抗性を示した。3 種の有機リン剤及びカーバメート系殺 虫剤 carbaryl に対しては 4.6~6.4 倍の抵抗性を示し、昆虫成長制御剤である幼若ホル モン様物質の pyriproxyfen に対する抵抗性比は 1.8 倍であった。fenitrothion に対する 抵抗性比は 5.0 倍であったが、JPal 系統(JPal-per 系統が permethrin により淘汰され る前の系統)の fenitrothion に対する抵抗性比は 4 倍であったことが報告がされてお



Fig. 1. Susceptibility to permethrin in the susceptible and the resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*.



Fig. 2. Comparison of susceptibility to pyrethroids with and without α -cyno group in the susceptible (S) and resistant JPal-per (R) larvae of *Culex quinquefasciatus*. (**A**; permethrin and cypermethrin, **B**; phenothrin and cyphenothrin)

		Suscept	ible (S)						
Insecticide	n ^a	Slope ± SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope ± SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR ^b
(without α -cyano rad	ical)								
Permethrin	287	5.3 ± 0.02	0.0040	0.0030-0.0040	290	2.6 ± 0.33	10.0	8.4-12	2,500
Ethofenprox	439	6.7 ± 0.40	0.017	0.016-0.018	284	4.4 ± 0.41	70.8	64.3-76.8	4,160
Phenothrin	416	5.6 ± 0.37	0.016	0.015-0.017	257	2.8 ± 0.33	38.8	33.6-44.7	2,430
Resmethrin	590	7.4 ± 0.64	0.044	0.042-0.046	500	4.2 ± 0.83	57.5	46.9-69.6	1,306
Furamethrin	386	7.9 ± 1.00	0.0024	0.0023-0.0026	325	4.1 ± 1.20	0.15	0.12-0.18	63
Bifenthrin	592	3.8 ± 0.29	0.0050	0.0047-0.0055	266	3.3 ± 0.41	0.18	0.16-0.21	36
Allethrin	323	10.4 ± 1.17	0.10	0.096-0.11	318	8.6 ± 2.04	0.86	0.72-1.05	8.6
Tetramethrin	342	5.6 ± 0.61	0.13	0.10-0.15	379	11.4 ± 1.46	0.73	0.70-0.77	5.6
(with α-cyano radical	1)								
Cyfluthrin	595	3.5 ± 0.23	0.00085	0.00078-0.00093	542	3.8 ± 0.35	0.050	0.046-0.054	59
Deltamethrin	755	4.7 ± 0.41	0.00041	0.00039-0.00044	521	3.4 ± 0.28	0.023	0.021-0.026	56
Cypermethrin	561	4.3 ± 0.47	0.0021	0.0019-0.0024	286	3.3 ± 0.27	0.099	0.088-0.11	47
Cyphenothrin	239	3.8 ± 0.48	0.011	0.010-0.013	406	0.94 ± 0.10	0.45	0.34-0.68	41
Fenvalerate	749	5.0±0.29	0.038	0.036-0.041	286	1.1 ± 0.16	1.49	1.14-2.35	40

Table 1. Toxicities of pyrethroids with and without α -cyano radicals on *Culex quinquefasciatus* larvae

^a Total number of larvae used.

^b Resistance ratio = $LC_{50}(R) / LC_{50}(S)$.













Fig. 3. Chemical structure of alcohol moiety of pyrethroids. Resistance ratios are indicated in parenthesis. Pyrethroids lacking an α -cyano group but having a phenoxybenzyl group in their chemical structure showed the highest resistance ratios.

Insecticide		Susce	eptible (S)						
	n ^a	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR ^b
Organochloride									
DDT	504	4.2 ± 0.40	0.42	0.39-0.45	343	3.8 ± 0.81	124	94.0-159	300
Organophosphate									
Fenitrothion	389	11.5 ± 1.4	0.0048	0.0043-0.0054	575	7.3 ± 1.4	0.024	0.021-0.031	5.0
Profenofos	474	8.8 ± 2.0	0.0054	0.0048-0.0061	318	7.8 ± 0.22	0.026	0.025-0.028	4.8
Parathion	425	12.5 ± 0.66	0.0028	0.0026-0.0029	264	7.1 ± 2.2	0.013	0.011-0.019	4.6
Carbamate									
Carbaryl	632	3.5 ± 0.53	0.20	0.15-0.26	394	6.5 ± 0.97	1.27	1.09-1.53	6.4
IGR									
Pyriproxyfen	890	2.0 ± 0.28	0.083 ^c	0.063-0.12	895	2.7 ± 0.30	0.15 ^c	0.12-0.19	1.8

Table 2. Toxicities of various insecticides to the susceptible and the resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*

^a Total number of larvae used.

^bResistance ratio = LC_{50} (R) / LC_{50} (S).

^c Expressed as ng/ml.

り (Hemingway et al., 1990)、permethrin 淘汰によりピレスロイド剤に対する抵抗性は 高められたが、有機リン剤抵抗性は高められなかったことがうかがえる。

考察

JPal-per 系統は実験に用いた 13 種類のピレスロイド剤すべてに対し抵抗性を示し た。しかし、抵抗性比に 5.6 倍から 4,160 倍までの開きが認められた。これらのピレ スロイド剤をアルコール部分の化学構造に着目して 3 つのグループに分類すると、 抵抗性比との間にある相関が認められた。すなわち、 α -シアノ基を持たず、3phenoxybenzyl 基を有するグループ I に対しては 2,400 倍以上の高い抵抗性を、 α -シ アノ基と 3-phenoxybenzyl 基をともに有するグループ II に対しては 40~60 倍の一律 中間的な抵抗性を、そして α -シアノ基も 3-phenoxybenzyl 基も持たないグループ II に 対しては resmethrin を除いて比較的低い抵抗性を示した。特に α -シアノ基の有無に よる抵抗性レベルの違いは顕著であり、グループ I に対する抵抗性レベルの増大は α -シアノ基の有無に起因していることは明らかである。

過去の抵抗性研究より考察すると、この現象を説明する要因として主に 2 つの可 能性が挙げられる。第1は殺虫剤代謝酵素の基質特異性によるものの可能性である。 Halliday and Georghiou (1985)はイエバエにおいてα-シアノ基を有するタイプ I ピレ スロイド剤は加水分解酵素の一種、カルボキシルエステラーゼによる解毒分解を受 けにくいことを報告している。また、3-phenoxybenzyl 基はチトクロム P450 酸化酵素 の第一の標的となることが知られていることから (Shono *et al.*, 1979)、JPal-per 系統 のピレスロイド剤感受性の違いはチトクロム P450 酸化酵素の基質特異性によりも たらされている可能性が考えられる。第2の可能性として、ピレスロイド剤の標的 部位である神経軸索の感受性低下、すなわち knock down resistance (*kdr*) 因子の関与 が挙げられる。Amin and Hemingway (1989)は JPal-per 系統成虫を用いた電気生理学的 実験により、本系統のピレスロイド剤抵抗性に *kdr* 因子は関与していないと示唆した。 しかし、Amin らが実験に用いたのはタイプII ピレスロイドの cyhalothrin である。本 系統がタイプ I ピレスロイド剤に特異的な神経感受性の低下をもたらす *kdr* 因子を 有している事も考えられる。さらに JPal-per 系統はピレスロイド剤と標的部位を同じ くする DDT に対しても 300 倍という高い抵抗性を示した (Table 2)。これは *kdr* 因子 を獲得した害虫に特有な現象である (Plapp and Hoyer, 1967; Farnham, 1973, 1977; DeVries and Georghiou, 1980; Priester and Georghiou, 1980; Omer *et al.*, 1980; Scott and Matsumura, 1981)。

緒言でも述べたように JPal-per 系統はもともと野外で採集した JPal 系統を permethrin で淘汰して得られた個体群である。JPal 系統の permethrin 抵抗性はわずか 1.8 倍であったことから (Amin and Hemingway, 1989)、12 世代淘汰の過程で permethrin 抵抗性の因子を持っていた個体のみが生き残ったと言える。そして、permethrin 抵抗 性因子は全てのピレスロイド剤に一様に対抗できる手段ではなく、その傾向は化学 構造により 3 つのグループに分類された。JPal-per 系統の回帰直線において一部のピ レスロイド剤 (cyphenothrin、fenvalerate)に対する傾斜が小さくなるという現象が認め られた。このことは、JPal-per 系統の cyphenothrin、fenvalerate に対する抵抗性要因が 遺伝的に均一ではないことを意味し、またそれは permethrin による淘汰の過程では均 ー化され難 かったものであると考えられる。すなわちそれらの抵抗性要因は permethrin 抵抗性には深く関与しないもので、同じピレスロイド剤の中でも複数の共 有し難い抵抗性要因が存在していることを想像させる。

第2節 酵素阻害剤の共力効果

ピレスロイド剤抵抗性機構の一つである解毒酵素の関わりを調べる目的で各種酵素阻害剤を用いて permethrin 殺虫試験を行った。また、第1節で高い抵抗性が認められた DDT と、有機リン剤 fenitrothion に対する共力剤の影響についても調べた。

材料及び方法

1. 供試薬剤

殺虫剤は permethrin、*p*,*p*'-DDT、 fenitrothion を用いた。また、共力剤として以下の 薬剤を用いた(各共力剤の化学構造は Fig. 4 に示した)。

酸化酵素(チトクロム P450 酸化酵素)阻害剤;

PBO (piperonyl butoxide) (和光純薬工業(株))

PTPE (2-propynyl 2,3,6-trichlorophenyl ether)

エステラーゼ阻害剤;

DEF (S,S,S-tributyl phosphorotrithioate) 脱塩酸酵素阻害剤;

DMC (1,1-bis (*p*-chlorophenyl) ethanol) PTPE と DEF は日本バイエル(株)より、また DMC は日本曹達(株)より提供された。

2. 殺虫試験

基本的な方法、条件は第1節に準じて行った。ただし殺虫剤、共力剤の溶媒濃度 が1%を越えないように全体量を100 mlとし、溶媒によって最終濃度の1,000倍に調 整した殺虫剤及び共力剤をそれぞれ100 µl ずつ加えて行った。共力剤はすべてエタ ノールに溶解して用いた。共力剤を処理する方法は研究者によって異なることがあ り、そのひとつとして共力剤をあらかじめ殺虫剤原液に加えて殺虫剤、共力剤を同 時に希釈していく方法がある。しかしこの方法は殺虫剤濃度に従って共力剤の濃度 も変化し、酵素阻害効果が一定でなくなる恐れがある。また、共力剤自身にも毒性 があり、殺虫剤濃度が高くなれば共力剤自身の毒性も高くなり、これが死虫率に影 響を及ぼす可能性が生じる。従って本実験では殺虫剤の濃度に関わらず一定濃度の 共力剤を処理することでどの殺虫剤濃度においても幼虫体内の解毒酵素阻害度を一 定にした。また、殺虫剤抵抗性系統である JPal-per 系統は体内に侵入した共力剤を速 やかに解毒し、酵素阻害効果を軽減させる可能性が考えられたため、あらかじめ両 系統の幼虫に対し、処理後24時間以内に毒性を示さない最高濃度を検討した。その 結果、感受性(S)、JPal-per 両系統に対する各共力剤の最高濃度は以下に示す通りに なった。

PBO	S系統	$0.5 \ \mu g/ml$	JPal-per 系統	$5.0 \mu\text{g/ml}$
PTPE	S 系統	1.0 µg/ml	JPal-per 系統	4.0 μg/ml
DEF	S系統	1.0 µg/ml	JPal-per 系統	1.0 µg/ml
DMC	S系統	1.0 µg/ml	JPal-per 系統	1.0 µg/ml

各共力剤の最高濃度で permethrin、DDT 及び fenitrothion 毒性に対する各共力剤の効果 を測定した。なお、permethrin 毒性に対する共力試験についてのみ、これに加えて PBO (0.5、1.0 μg/ml)、PTPE (1.0 μg/ml) を JPal-per 系統に対して処理した。



DEF (*S*,*S*,*S*-tributyl phosphorotrithioate)



PBO (piperonyl butoxide)



PTPE (2-propynyl 2,3,6-trichlorophenyl ether)



DMC (1,1-bis (*p*-chlorophenyl) ethanol)

Fig. 4. Chemical structure of synergists.

Permethrin に対する DEF の共力効果を Fig. 5、Table 3 に示した。対照区と比較して DEF 処理時の死虫率薬量回帰直線は両系統で共に低濃度側へ移行し、カルボキシル エステラーゼが permethrin 毒性に対抗する手段として働いていることが示唆された。 しかし LC_{50} 値の変化の度合いは両系統で大きな差がなく、抵抗性比は無処理時に 1,650 倍、処理時に 1,260 倍であった。このことはカルボキシルエステラーゼが両系 統において解毒に多少は関与しているが、JPal-per 系統の抵抗性の主要因ではないこ

酸化酵素阻害剤 (PBO、PTPE)を用いて permethrin 殺虫試験を行った結果は PBO に ついては Fig. 6 と Table 4 に、PTPE については Fig. 7 と Table 5 に示した。JPal-per 系統の死虫率薬量回帰直線は PBO の濃度が 0.5、1.0、5.0 µg/ml と高くなるに連れて permethrin の低濃度側へ移行し、permethrin に対する感受性が高まった。無処理時に 2,500 倍あった抵抗性比も PBO 濃度が増大するに従って 550、180、43 倍へと減少し た (Table 4)。もう一つのチトクロム P450 酸化酵素阻害である PTPE (Casida, 1970; Fellig *et al.*, 1970; Brown *et al.*, 1996; Zhang *et al.*, 1997)についても PBO 同様に高い共力 効果が認められ、PTPE 濃度が 1.0、4.0 µg/ml と高くなるにつれて回帰直線は permethrin の低濃度側へ移行し (Fig. 7)、抵抗性比は共力剤の最高濃度時に 15 倍であ った (Table 5)。これらのことはチトクロム P450 酸化酵素が JPal-per 系統の permethrin 抵抗性に深く関与していることを示唆した。

Permethrin に加えて DDT と fenitrothion の毒性に対する共力剤の効果も調べた。死 虫率薬量回帰直線を Fig. 8 と Fig. 9 に、LC₅₀値と抵抗性比を Table 6 に示した。DDT については PBO と PTPE、そして脱塩酸酵素阻害剤の DMC を処理したが、いずれも 抵抗性比を大きく減少させることはなく、解毒酵素は DDT 抵抗性には関与していな いと考えられた。Fenitrothion に対する抵抗性比もカルボキシルエステラーゼ阻害剤 の DEF 処理下で減少することはなかった。しかし DEF を処理した場合、両系統で LC₅₀値が無処理時より 4~7 倍減少しており、抵抗性への関与は小さいものの、 fenitrothion に対する一つの防御手段としてカルボキシルエステラーゼによる解毒が 関与していることが考えられた。

結果

とを示唆していた。

20



Fig. 5. Synergistic effects of DEF on permethrin toxicity to the susceptible (S) and the resistant JPal-per (R) larvae of *Culex quinquefasciatus*.

Table 3.	Synergistic effects of DE	F on permethrin	toxicity to th	e susceptible and	d the resistant JPal-pe	er larvae of
Culex quir	nquefasciatus					

		Susa	ceptible (S	5)		JI	Pal-per		
Treatment	n ^a	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope ± SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR
Permethrin	674	8.1±0.43	0.0085	0.0082-0.0088	506	1.9±0.30	14	9.0-20	1,650
+DEF (1.0mg/ml)	767	5.0 ± 0.43	0.0031	0.0030-0.0033	540	1.0 ± 0.098	3.9	3.0-5.1	1,260

^a Total number of larvae used.

22

^bResistance ratio = LC50 (JPal-per) / LC50 (S).



Fig. 6. Dosage-mortality regression lines for permethrin alone and with PBO against susceptible (S) and resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*. (◆) S permethrin only, (◇) S +PBO 0.5µg/ml, (▼) JPal-per permethrin only, (▽) JPal-per +PBO 0.5µg/ml, (△) JPal-per +PBO 1.0µg/ml, (○) JPal-per +PBO 5.0µg/ml.

Table 4. Synergistic effects of PBO on permethrin toxicity to the susceptible and the resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*

		Susa	ceptible (S	S)	JPal-per				
Treatment	n ^a	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR ^b
Permethrin	287	5.3 ± 0.02	0.0040	0.0030-0.0040	290	2.6±0.33	10.0	8.4-12	2,500
+PBO (0.5µg/ml)	404	3.2 ± 0.72	0.00044	0.00024-0.00065	295	2.6±0.19	0.24	0.20-0.30	550
+PBO (1.0µg/ml)	_				333	2.7 ± 0.13	0.079	0.065-0.096	180 ^c
+PBO (5.0µg/ml)					508	3.2±0.11	0.019	0.017-0.023	43 ^c

^a Total number of larvae used.

^bResistance ratio = LC50 (JPal-per) / LC50 (S).

^c LC50 (JPal-per) / LC50 (S +PBO 0.5 μg/ml).





Table 5.	Synergistic effects of PTPE on permethrin toxicity to the susceptible and the resistant JPal-per larvae of
Culex qui	inquefasciatus

		Susc	ceptible (S	S)		JI	Pal-per		
Treatment	n ^a	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR ^b
Permethrin	339	5.8±0.48	0.012	0.010-0.016	535	2.0±0.23	7.6	5.7-10.0	633
+PTPE(1.0 μg/ml)	258	4.6±1.1	0.0046	0.0031-0.0051	397	1.7±0.18	0.55	0.45-0.70	120
+PTPE (4.0 μg/ml)	-				420	3.2 ± 0.17	0.071	0.064-0.080	15 ^c

^a Total number of larvae used.

^bResistance ratio = LC50 (JPal-per) / LC50 (S).

^c LC50 (JPal-per) / LC50 (S +PTPE 1.0 µg/ml).



Fig. 8. Dosage-mortality regression lines for DDT alone and with synergists against susceptible(S) and resistant JPal-per (R) larvae of *Culex quinquefasciatus*. (A; with PBO, B; with PTPE, C; with DMC)



Fenitrothion concentration (μ g/ml)

Fig. 9. Dosage-mortality regression lines for fenitrothion alone and with DEF against susceptible(S) and resistant JPal-per(R) larvae of *Culex quinquefasciatus*.

		Suscept	tible (S)		JPal-per (R)				
Insecticide	n ^a	Slope ± SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	n	Slope±SE	LC50 (µg/ml)	95% CL	RR ^b
DDT	504	4.2 ± 0.40	0.42	0.39-0.45	343	3.8 ± 0.81	124	94.0-159	300
DDT +PBO ^c	585	5.1 ± 0.60	0.44	0.39-0.50	390	2.9 ± 0.52	70.5	55.4-103	160
$DDT + PTPE^{d}$	514	4.2 ± 0.29	0.17	0.16-0.19	869	2.8 ± 0.28	141	122-158	830
DDT +DMC (1.0µg/ml)	438	7.4 ± 0.67	0.14	0.13-0.15	573	3.9 ± 0.42	86.9	79.7-94.7	620
Fenitrothion	389	11.5 ± 1.4	0.0048	0.0043-0.0054	575	7.3 ± 1.4	0.024	0.021-0.031	5.0
Fenitrothion +DEF	416	3.7 ± 0.09	0.0007	0.00063-0.00076	757	5.9 ± 1.0	0.0056	0.0052-0.0065	8.0

Table 6. Synergistic effects of PBO, PTPE and DMC on DDT and fenitrothion toxicity to the suscetpible and the resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*

^a Total number of larvae used.

^bResistance ratio = LC_{50} (R) / LC_{50} (S).

^cTreated 4.0 μ g/ml to R, 1.0 μ g/ml to S strain.

^dTreated 5.0 μ g/ml to R, 0.5 μ g/ml to S strain.

29

考察

PBO や PTPE を処理することで JPal-per 系統の permethrin に対する抵抗性比が大き く減少したことはチトクロム P450 酸化酵素が本系統の permethrin 抵抗性に主要な役 割を担っていることを示唆するものである。また、ある種の抵抗性害虫においては PBO もしくは PTPE のどちらかしか共力効果をもたらさない場合があるが (Brown *et al.*, 1996; Zhang *et al.*, 1997)、本系統においては permethrin の毒性が 2 種類の共力剤に よって高められた。また、共力剤の毒性を示さない最高濃度を処理してもなお 15~ 43 倍の抵抗性比が認められたため、チトクロム P450 酸化酵素系以外の抵抗性因子の 存在が示唆された。

PBO、PTPE や脱塩酸酵素阻害剤の DMC が DDT の毒性に殆ど影響を及ぼさなかっ たことは、JPal-per 系統の DDT 抵抗性には解毒酵素以外の抵抗性因子が関与してい ることを示唆する。ピレスロイド剤と DDT に交差抵抗性をもたらす因子として知ら れている kdr タイプの抵抗性機構が働いている可能性が高い (Farnham, 1977)。ピレ スロイド剤や DDT には昆虫に仰転落下(ノックダウン)させる作用があるが、kdr タイプの抵抗性を発達させた昆虫神経ではこの作用が遅延される (Oppenoorth and Welling, 1976; Plapp, 1976)。これまでにイエバエ (Musca domestica)、チャバネゴキブ リ (Blattella germanica)をはじめとしてさまざまな昆虫で神経感受性低下による抵抗 性の例が報告されている (Shono, 1985)。 JPal-per 系統成虫腹部神経索の permethrin に対する感受性が、感受性系統の10倍低いことが確かめられており(梅田、私信)、 本系統の幼虫が成虫同様に kdr 因子を持っている可能性は高い。kdr タイプのイエバ エ、ネッタイシマカ (Aedes aegypti)、コナガ (Plutella xylostella)では α-シアノ基の有 無に関わらず全てのピレスロイド剤に対して一様に抵抗性を示す事が知られている (Sawicki, 1978; DeVries and Georghiou, 1980; Priester and Georghiou, 1980; Liu et al., 1981)。ところが JPal-per 系統は、実験に用いた全てのピレスロイド剤に抵抗性を示 したが、その抵抗性比は 5.6~4,160 倍とかなりの開きがあった (第1節)。このこと は本系統の kdr 因子が一部のピレスロイド剤に特異的に感受性低下をもたらす、これ までにないタイプのものである可能性を示唆する。第1節の考察でも述べたように、 Amin and Hemingway (1989)は電気生理学実験により JPal-per 系統のピレスロイド剤 抵抗性に kdr 因子は関与していないと考察した。しかしながら彼女らが用いたのはタ イプIIに属する cyhalothrin であり、もし JPal-per 系統がタイプ I のピレスロイド剤に

特異的神経感受性低下をもたらす因子であったならばこの結果は本系統が kdr 因子 を有さないことの証拠とはならない。 また、タイプ II のピレスロイド剤はタイプ I とは標的部位が異なる事を示唆した Casida et al. (1983)の結果もこのことを強く裏付けている。

第3節 ピレスロイド剤抵抗性の遺伝的特性

これまでに kdr 因子は遺伝的に劣性であるとされている (Shono, 1985)。ネッタイイエカにおいても kdr タイプの系統は不完全劣性であるとの報告がある (Halliday and Georghiou, 1985)。したがって本節では JPal-per 系統と感受性系統の F₁世代について抵抗性遺伝子の優性度判定を行うことで、ピレスロイド剤抵抗性と kdr 因子の関わりについ検討した。

材料及び方法

1. 両系統の交配及び供試薬剤

感受性系統の未交尾雌と JPal-per 系統の雄を各々約 100 頭を同一ケージへ入れて 交配させ、 F_1 世代を得た。 F_1 の4 齢幼虫を用いて permethrin、cypermethrin、DDT に対 する感受性を調べた。

殺虫試験は第1節の方法に準じて行った。

2.優性度判定

優性度 (D)の算出法は Falconer の公式 (Falconer, 1964)による Stone 法 (Stone, 1968) に従った (以下に示す通り)。

$$D = (2X_2 - X_1 - X_3) / (X_1 - X_3)$$

 X_1, X_2, X_3 はそれぞれ抵抗性系統 (JPal-per)、 F_1 交雑系統、感受性系統の LC_{50} 値を示す。

JPal-per、 F_1 及び感受性系統の permethrin、cypermethrin、DDT に対する死虫率薬量 回帰直線を Fig. 10 に、 F_1 世代の抵抗性比及び優性度を Table 7 に示した。Permethrin、 cypermethrin、DDT に対する優性度はそれぞれ 0.012、0.333、-0.041 で permethrin と cypermethrin には不完全優性を、DDT には不完全劣性を示した。また F_1 世代の回帰直 線の傾きは JPal-per 系統、感受性系統のそれと比較して大きな違いは認められなかっ た。

考察

結果

本章第1、2節ではJPal-per系統のピレスロイド抵抗性にはkdr因子による神経感 受性の低下とチトクロム P450 酸化酵素による解毒代謝が関与していることが示唆 された。そこで本節では kdr 因子の抵抗性への関わりをさらに深く追究する目的で両 系統の F, 世代を用いて優性度判定を行った。イエバエ (Musca domestica)やチャバネ ゴキブリ (Blattella germanica)の kdr 因子は遺伝的に劣性であることが知られているが (Shono, 1985)、JPal-per 系統の DDT に対する遺伝様式は不完全劣性であった。このこ とから本系統が kdr 因子を抵抗性機構として備えている可能性がさらに高められた と言える。そして-0.041という劣性度は kdr 型イエバエほどは高くなく、極めて中間 的な遺伝形質であるとも言える。DDT に対して不完全劣性であったのに対し JPal-per 系統の permethrin や cypermethrin に対する抵抗性因子は不完全優性を示した。このこ とから permethrin や cypermethrin 抵抗性には kdr 因子以外の要因も関与しているのに 対し DDT 抵抗性に関しては kdr が抵抗性の唯一の要因であると推測される。それは permethrin の毒性が PBO や PTPE などの P450 酸化酵素阻害剤によって増大した一方、 DDT に対して解毒酵素阻害剤が共力効果を示さなかった事からも裏付けられる。ま た、前節までに抵抗性への関与が示唆されたチトクロム P450 酸化酵素の遺伝様式が 優性である可能性を示した。さらに permethrin と cypermethrin の間でも優性度に差が 認められた(優性度はそれぞれ 0.012 と 0.333)。Cypermethrin に対する優性度が permethrin よりも高かったことは permethrin 抵抗性には cypermethrin 抵抗性に関わる 因子に加えて劣性の抵抗性因子が関与している、もしくは cypermethrin 抵抗性に


Fig. 10. Resistance levels to permethrin, cypermethrin and DDT to the susceptible, resistant JPal-per and their F1 progenies of *Culex quinquefasciatus* larvae. (**A**; permethrin, **B**; cypermethrin, **C**; DDT)

Insecticide & strain	n ^a	Slope	±SE	LC ₅₀ (µg/m	l) 95%CL	RR ^b	D value ^c
Permethrin							
Susceptible (S)	287	5.3	0.020	0.0040	0.0030-0.0040	1	
JPal-per (R)	290	2.6	0.33	10.0	8.4-12	2,500	—
$F_1(S \stackrel{\circ}{+} \times R \stackrel{\circ}{\circ})$	465	3.0	0.40	0.21	0.19-0.25	53	0.012
Cypermethrin							
Susceptible (S)	561	4.3	0.47	0.0021	0.0019-0.0024	1	-
JPal-per (R)	286	3.3	0.27	0.099	0.088-0.11	47	-
$F_1(S \stackrel{?}{+} \times R \stackrel{?}{\rightarrow})$	436	5.2	0.85	0.019	0.017-0.023	9.1	0.333
DDT							
Susceptible (S)	504	4.2	0.40	0.42	0.39-0.45	1	
JPal-per (R)	343	3.8	0.81	124	94.0-159	298	
$F_1(S \stackrel{\frown}{+} \times R \stackrel{\frown}{\circ})$	509	3.0	0.68	6.4	4.9-7.7	15	-0.041

Table 7. Toxicity of permethrin, cypermethrin and DDT to the parental and their F₁ progenies of *Culex quinquefasciatus* larvae

^a Total number of larvae used.

^b Resistant ratio was calculated based on a value of 1.0 for susceptible strain.

^c Degree of dominance as indicated in the text.

permethrin 抵抗性に関わる因子以外の優性の抵抗性因子が関与していることを示唆 する。つまり、前節で仮定されたように本系統が持つであろう kdr 因子は特定のピレ スロイド剤にのみ神経感受性低下をもたらしている可能性が高い。

第3章 Permethrin 抵抗性と解毒酵素

皮膚を浸透して昆虫体内へ侵入した殺虫剤が標的器官へ到達する前に待ち受ける 次の障壁が、解毒酵素である。解毒に働く酵素にはカルボキシルエステラーゼ、チ トクロム P450 酸化酵素系、グルタチオン S-トランスフェラーゼなどがよく知られて おり、これらの酵素は餌に含まれたりして体内に取り込まれた化学的異物を分解、 解毒するために昆虫が持っているものと考えられる。これらの酵素の殺虫剤に対す る作用の強化が殺虫剤抵抗性発達の基本要因である。強化の手段としては該当酵素 タンパク質をコードする遺伝子数の増加もしくは転写活性の上昇により酵素をより 多く生産するもの、及び薬剤をより効率的に分解するように酵素の形態が変化する ものが挙げられる。カルボキシルエステラーゼと殺虫剤抵抗性との関わりは古くか ら指摘され、エステラーゼ活性の増大により抵抗性を発達させた例は数多くの昆虫 で報告されている(Yasutomi, 1983)。また、モモアカアブラムシ (Myzus persicae)、 ワタアブラムシ (Aphis gossypii)、ネッタイイエカ (Culex quinquefasciatus)を中心に殺 虫剤抵抗性に関わるエステラーゼ遺伝子の分子生物学的研究も進み、分子レベルで 抵抗性とエステラーゼの関係が徐々に明らかにされている (Mouches et al., 1990; Raymond et al., 1991; Field and Devonshire, 1992; Karunaratne et al., 1995; Vaughan and Hemingway, 1995; Vaughan et al., 1997) 。

そこで本章第1節では比色法により両系統のカルボキシルエステラーゼ活性を測定し、ポリアクリルアミド電気泳動法によりエステラーゼのアイソザイムパターンを調べた。また、前章までに JPal-per 系統の permethrin 抵抗性にチトクロム P450 酸化酵素系が関与していることが示唆されたためにチトクロム P450 酸化酵素系の定量を試みた。

チトクロム P450 酸化酵素系は各種ステロイドホルモン、胆汁酸、脂肪酸といった 生体物質の合成、分解反応の他に、薬物や体内に取り込まれた環境汚染物質など外 来性異物の酸化的解毒に重要な役割を果たしていることが哺乳類を中心に明らかに され、昆虫においてもホルモンやフェロモンの生合成、ピレスロイド剤をはじめと する殺虫剤など外来性毒物の解毒代謝に深く関与していることが示されてきた (Casida, 1970; Tsukamoto, 1983; Wilkinson, 1983; Oppenoorth, 1985; Brattsten *et al.*, 1986; Scott, 1991)。Permethrin 抵抗性イエバエ(抵抗性比は 1,450 倍)のチトクロム P450 量が 感受性系統の 2.5 倍であったという事例 (Scott and Georghiou, 1985; Lee and Scott, 1989)から、JPal-per 系統においてもチトクロム P450 量の増大がピレスロイド剤抵抗性に関与している可能性が考えられる。よって、第2節においてはチトクロム P450酸化酵素とこの酸化酵素系の構成要素であるチトクロム b₅を定量し、両系統間で比較することで permethrin 抵抗性への関与を検討した。

第1節 カルボキシルエステラーゼの活性及びアイソザイムパターン

本節では比色法によりカルボキシルエステラーゼ活性を測定し、電気泳動法によってアイソザイムパターンを感受性、抵抗性系統間で比較した。

材料及び方法

1. 供試薬剤

 α -および β -naphthyl acetate、 α -および β -naphthol、fast violet BB salt、fast blue RR salt、 Tris は Sigma 社より購入した。Sodium dodecyl sulfate、ショ糖、Triton X-100、Coomassie blliriant blue、牛血清は和光純薬(株)より購入した。

2. 比色法によるエステラーゼ活性の測定

エステラーゼ活性測定法は Asperen (1962)が行った Gomori (1953)の改良法を用いた。基質として α-および β-naphthyl acetate を用いた。ネッタイイエカ両系統の 4 齢 幼虫 5 頭を 0.01M Tris-HCl 緩衝液 (pH 8.0) 20ml 中で磨砕し、4℃、10,000 g で 15 分間遠心分離の後、上清 3ml を緩衝液 47ml で希釈して酵素液とした。

0.03 Mの naphthyl acetate 0.02ml 、酵素液 1.0 ml そして緩衝液 1.8ml を含む 3 ml の反応液を 30[°]Cの恒温振とう下でインキュベートし、発色剤である 1.0 %の fast violet BB salt と酵素阻害剤である 5.0 %の sodium dodecyl sulfate を 2:5 の割合で混合した溶液を 1.0 ml 加えて酵素活性を阻害し、代謝産物である naphthol を発色させた。反応は 0分から 20分まで 10分おきに 3 回反復行い、それぞれの反応液に阻害・発色剤を加えてから発色が安定する 20分後に分光光度計 (Shimazu UV-160A、島津製作所)を使用して吸光度を測定した。基質が分解して生成された α-および β-naphthol と発色剤の反応物は α-naphthol で 600 nm、β-naphthol で 550 nm に吸収極大を持つため、基質が α-naphthyl acetate の場合は 550 nm で測定した。酵素活性は酵素液の入っていない対照区によって非酵素的分解量を補正し、時間 - 酵素活性の回帰曲線から α-および β-naphthol の分解量を定量した。活性量は、幼虫一頭当たりが 1分間に分解した naphthyl acetate のモル数 (µmol / min / larva)と、タンパク 1mg 当たりが 1分間で分解した naphthyl acetate のモル数 (µmol / min / mg protein)で表示した。

3. ポリアクリルアミドゲル電気泳動法

ポリアクリルアミドゲル電気泳動法は昆虫実験法(一瀬ら、1980)に従った。ネ ッタイイエカ4 齢幼虫を両系統より2頭ずつ試料用緩衝液 (40%ショ糖液:0.5% Triton X-100 = 4:1) 200µl とともにガラス製の tefuron homogenizer を用いて磨砕した 後、4℃、3,000 rpm で15分間遠心分離した上清を酵素液とした。アクリルアミドゲ ルは濃縮用ゲルに 4.0%を、分離用ゲルに 7.5%を用いた。泳動は各レーンに 10 µl のサンプルを投入した後、4℃、50 mA で 90分間行った。泳動後は基質 (0.1 M αnaphthyl acetate) 2 ml の入った EST 緩衝液 (0.1 M NaH₂PO₄ · 2H₂O, 0.02 M Na₂HPO₄) 50 ml 中、37℃で5分間インキュベート後、発色剤 (EST 緩衝液に fast blue RR salt を 0.2% に溶解した後濾過)を加えてさらに 15分間インキュベートし、発色させた。

4. タンパク質の定量

タンパク質の定量は Bradford (1976)の方法に従い、coomassie brilliant blue を用いて 行った。タンパク質 - 吸光度標準回帰曲線を得るために、牛血清を標準タンパク質 として用いた。

結果

両系統におけるエステラーゼ活性を Table 8 に示した。JPal-per 系統では基質 naphthyl acetate が α 型 β 型に関わらずエステラーゼ活性の増大が認められた。基質が α -naphthyl acetate の場合、幼虫一頭当たりの活性量では感受性系統の 5.3 倍、タンパ ク当たりの活性量は 5.2 倍高い値を示した。基質が β -naphthyl acetate の場合も JPal-per 系統でそれぞれ 5.7 倍、5.6 倍活性が高かった。

電気泳動法によるエステラーゼパターンを Fig. 11 に示した。個体間変異を見るために各レーン 2 頭ずつ酵素液を調製したが、系統内での著しい変異は認められなかった。感受性系統ではほぼ等間隔に 6、7本のバンドが確認でき、naphthyl acetate を分解するアイソザイムが複数存在していることがうかがえるが、特に活性の強いアイソザイムは確認されなかった。一方 JPal-per 系統では分子量の違う 2本のバンドが確認され、どちらも感受性系統との比較において著しく活性が強かった。しかもこれらのアイソザイムは感受性系統では特に活性が強いわけではなく、特に JPal-per

Table 8.	Carboxylesterase activities in	the susceptible and the resistant JPal-per strains of Cu	ilex
quinquefa	sciatus larvae		

	µmol/min/m	$mg \pm SE$		µmol/min/n		
Substrate	Susceptible	JPal-per	Ratio	Susceptible	JPal-per	Ratio
α -naphthyl acetate	0.052 ± 0.001	0.274 ± 0.002	5.3	0.439 ± 0.009	2.30 ± 0.01	5.2
β -naphthyl acetate	0.035 ± 0.003	0.200 ± 0.007	5.7	0.300 ± 0.027	1.68 ± 0.06	5.6

All values are mean \pm SE of three replicates.



Fig. 11. Polyacrylamide gel electrophoresis patterns of carboxyl esterases in the susceptible and resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus* larvae. Carboxylesterase patterns were stained using α -naphthyl acetate as a substrate. All samples were prepared from individual larvae. (lane1-5; susceptible strain, lane 6-10; JPal-per strain) の2本のバンドの内、分子量の小さいアイソザイムは感受性系統では確認できなかった。

考察

JPal-per 系統は感受性系統と比較してエステラーゼ活性が約5倍高く、両系統の活 性の違いはおもに 2 つのアイソザイムの活性増大によりもたらされていることが電 気泳動法により明らかにされた。ナフチルエステルに対する活性の上昇が殺虫剤抵 抗性の要因になっていることがアカイエカ群で最初に確認されたのは1970年である (Yasutomi, 1970)。殺虫剤抵抗性に関与したエステラーゼアイソザイムは基質である α-と β-naphthyl acetate に対する分解特異性により便宜的に分類され、CEA、CEBと 呼ばれるが、2つのエステラーゼグループが関与した抵抗性系統を解析するうちに、 強い抵抗性系統に特徴的な遺伝子のハプロタイプが存在することも分かってきた。 カリフォルニアのネッタイイエカ集団では1970年代には高活性のB1が優性であっ たが (Pasteur et al., 1984)、1980年代の半ばには高活性の A2 と B2 をもつハプロタイ プの頻度が高くなり、現在では野外集団の90%の力がこれらの2つのハプロタイプ のいずれかを持っている (Raymond and Pasteur, 1989)。アフリカとアジアのネッタイ イエカからも高活性の A2 と B2 をもつハプロタイプが見つかっている。JPal-per 系統 の持つ活性の高い2つのアイソザイムは JPal-per 系統が pemethrin で淘汰される前の JPal 系統が有機リン剤で淘汰された系統で認められるエステラーゼ A2、B2 ではない かと考えられる(Amin and Peiris, 1990)。カリフォルニアのネッタイイエカ Tem-R系 統は感受性系統の 500 倍の CE B1 をもち、これは全虫体タンパク質の 6~12%に相 当するが (Mouches et al., 1987)、それから比較すると JPal-per 系統の 5 倍という活性 比から予想されるエステラーゼの抵抗性への貢献度は低いと言えるかもしれない。

第2章、第2節において JPal-per 系統はエステラーゼ阻害剤の DEF により抵抗性 比が有為に減少しなかったことから permethrin 抵抗性へのエステラーゼの関与は小 さいと考えられた。さらに fenitrothion に対しても DEF は共力効果をもたらさなかっ たことから、fenitrothion 抵抗性にも活性増大したエステラーゼは関与していないと考 えられる。しかし、 Hemingway *et al.* (1990)によれば JPal 系統の F₁世代の fenitrothion に対する抵抗性比は本研究の結果同様に 4 倍であったが、同じ有機リン剤の chlorpyrifos に対して 53 倍もの抵抗性を示している。このことは野外で JPal 系統が chlorpyrifos もしくはその他の有機リン剤散布により淘汰を受け、エステラーゼ活性 の強い個体が生き残った結果ある種の有機リン剤にのみ特異的に抵抗性を発達させ た、つまり、JPal-per系統の持つ高活性型エステラーゼはすべての有機リン剤に対応 できる抵抗性手段ではなく、基質特異性の高い酵素である可能性がある。このこと は Peiris and Hemingway (1990)の報告によっても裏付けられる。すなわち彼らはスリ ランカで採集された有機リン剤抵抗性ネッタイイエカ Pel RR 系統を temephos で 13 世代淘汰した結果、β-naphthyl acetate 分解活性が淘汰以前の5倍に増大し、temephos 抵抗性も3倍から29倍へと増大したが、permethrin抵抗性は淘汰前の2.8倍から0.75 倍へとむしろ減少したことを報告している。さらに Pel RR 系統は実験に用いた 8種 の有機リン剤に一様に抵抗性が高まったわけではなく、fenitrothion を初めとする 5 種類の有機リン剤に対しては抵抗性比の有為な増大は認められなかった。これらの 事実からも JPal-per 系統で活性増大した2つのアイソザイムは permethrin により室内 淘汰される以前に既に JPal 系統が保有していた遺伝的形質であり、それが現在に至 るまで体内で維持されてはいるもののピレスロイド剤抵抗性に貢献するものではな いと考察される。

モモアカアブラムシ (Myzus persicae)などのエステラーゼでは殺虫剤による選抜を やめると抵抗性レベルが下がり、これがエステラーゼタンパク量の減少に起因して いることが知られている (Sawicki et al., 1980; ffrench-Constant et al., 1988)。最近では エステラーゼ量の減少が増幅したエステラーゼ遺伝子の転写活性の低下により引き 起こされ、それが構造遺伝子 DNA のメチル化に密接に関わっていることまで示され ている (Field et al., 1989b)。Permethrin による淘汰をやめて 30 世代近く経過した JPal-per 系統のエステラーゼ活性が感受性系統の 5 倍以上維持されていることは、ネ ッタイイエカのエステラーゼ遺伝子の発現機構がモモアカアブラムシとは異なって いることを示唆している。 第2節 チトクロム P450 酸化酵素系の定量及び体内分布

第2章では酸化酵素阻害剤がJPal-per系統のpermethrinに対する感受性を著しく増大させた。したがって本節ではチトクロム P450酸化酵素系の構成要素であるチトクロム P450 とチトクロム b5の定量を行い、系統間で比較した。

材料及び方法

1. 供試薬剤

p-amidinophenyl)-methanesulfonyl fluoride hydrochloride (*p*-APMSF)、 dithiothreitol (DTT), 1mM 1-phenyl-2-thiourea (PTU)は和光純薬(株)より購入した。 EDTA は Sigma 社より購入した。また、sodium dithionite は日本バイエル(株)より供与された。

2. ミクロゾームの調製

供試昆虫は第2章、第1節に準じた。ネッタイイエカ4齢幼虫より中腸を抜き取り、中腸とそれ以外の組織に分けた。1 試験区につき約 500 頭分の中腸、それ以外の組織を 2-3 ml の 0.1 Mリン酸ナトリウム緩衝液 (pH 7.5, 1mM EDTA, 1mM *p*-APMSF, 0.1mM DTT, 1mM PTU (エタノールに溶解)を含む) (Ronis *et al.*, 1988)とともに磨砕した。磨砕液はガラスウールで濾過した後、10,000×g で 15 分間遠心分離し、上清をさらに 100,000×g で 1 時間超遠心分離した。超遠心分離後の沈殿物(ミクロゾーム画分)は、6 ml の 0.1 Mリン酸ナトリウム緩衝液 (pH7.5, 1mM EDTA, 0.1mM DTT, 1mM *p*-APMSF 含む)に懸濁し、酵素液とした。すべての作業は 4℃水冷下で行い、酵素液は実験当日に調製した。

3. チトクロム P450、b,の定量

チトクロム P450 及び b₅の定量法は Omura and Sato (1964)の方法に従った。チトク ロム b₅定量のためにテストサンプルに還元剤である sodium dithionite を少量加えて撹 拌した後、分光光度計 (Shimadzu UV-160A、島津製作所) にて 400-500 nm における 対照サンプルとの差スペクトルを得た。この後、チトクロム P450 定量のため、対照 サンプルに sodium dithionite を加えて撹拌後、テストサンプルに一酸化炭素を約 30 秒間ゆっくりと通気し、同様に 400-500 nm 間の差スペクトルを得た。チトクロム b₅ の濃度は差スペクトルの λ_{max} 値(ほぼ 425 nm)と 413 nm との吸光度差より吸光係数 185 / cm / mM を用いて算出した。チトクロム P450 の濃度は差スペクトルの λ_{max} 値(ほ ぼ 450 nm)と 490 nm との吸光度差より吸光係数 91 / cm / mM を用いて算出した (Ronis *et al.*, 1988)。

結果

チトクロム P450、b₅の差スペクトル及び定量結果を Fig. 12、Fig. 13、Table 9 に示 した。チトクロム P450 についてはタンパクが変性し、不活性型になったとき生じる 420 nm のピークが認められず、幼虫が保有する P450 タンパク量をほぼ完全な状態で 定量できたものと推定される。チトクロム P450 含量は中腸において感受性系統で 0.53 nmol/mg protein、JPal-per 系統で 1.44 nmol/mg protein で、JPal-per 系統で 2.72 倍 高く、中腸以外の組織においては感受性系統で 0.015 nmol/mg protein、JPal-per 系統で 0.042 nmol/mg protein で、JPal-per 系統で 2.80 倍高かった。また、タンパク当たりの 含量は中腸で高く、Table 9 より換算すると両系統共に 30 倍以上高い密度で存在して いることになる。

チトクロム b₅についても同様に JPal-per 系統で高い含量が認められ、その比は中 腸で 1.68 倍、それ以外の組織で 1.27 倍であった。また、タンパク当たりの密度も中 腸で高く、その比は両系統とも 20 倍以上であった。

考察

チトクロム P450 の含量は中腸、それ以外の組織で共に JPal-per 系統において 2.7 倍以上高かった。このことは permethrin に 6,000 倍の抵抗性を示すイエバエ (*Musca domestica*)、LPR 系統の P450 含量が感受性系統の 2.52 倍であったことに一致する (Lee and Scott, 1989)。また、これにともなって P450 が基質を酸化する際に電子を供 与するとされるチトクロム b₅の含量も高くなっており、P450 分子数の増大により電 子の需要が増大したことによるのではないかと推測される。第 2 章、第 3 節で酸化



Fig. 12. Reduced carbon monoxide difference spectrum of cytochrome P450 from susceptible (S) and resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*.

46



Fig. 13. Spectra of cytochrome b_5 from susceptible (S) and resistant JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*.

47

	Cytoch	nrome P450	Cytochrome b ₅		
Strain	Gut	Other parts	Gut	Other parts	
Susceptible	0.53 ^a (0.026)	0.015 (0.004)	0.31 (0.003)	0.015 (0.004)	
JPal-per	1.44 (0.17)	0.042 (0.007)	0.52 (0.093)	0.019 (0.009)	
Ratio	2.72	2.80	1.68	1.27	

Table 9. Contents of cytochrome P450 and b_5 in the gut and the other body parts of susceptible and JPal-per larvae of *Culex quinquefasciatus*

Results are expressed as nmol/mg protein. All values are mean of at least three replicates (\pm SE in parentheses).

酵素阻害剤が permethrin 毒性に多大なる共力効果をもたらしたこと、そして本章で JPal-per 系統のチトクロム P450 及び b₅ 含量が感受性より高かったことから本系統の permethrin 抵抗性にはチトクロム P450 による解毒が深く関与している可能性がさら に高くなった。

Table 9 をもとに幼虫一頭当たりの P450 含量を計算し、中腸に占める割合を算出した (Table 10)。両系統で有意な差は認められなかったものの、チトクロム P450、bs ともに中腸に約 80%が集中していた。これまで力の幼虫の P450 を定量した報告例はないが、同じ解毒酵素の一種であるカルボキシルエステラーゼ活性が力幼虫の中腸で最も高かったという報告に一致する (Whyard *et al.*, 1994)。ピレスロイド剤抵抗性イエバエ、LPR 系統成虫の P450 は脂肪体に最も多く分布し、全 P450 量の 36-38%を占める。次いで生殖器系 (32-39%)、中腸 (14-19%)の順に多い (Scott and Lee, 1993b)。カ幼虫で 8 割以上の P450 が中腸に分布しているのは、本種幼虫が水棲で、絶えず口器より水を吸入、排出しているため体外より有毒な異物が中腸内へ侵入する可能性が高く、生体防御機構として解毒酵素が中腸に多く存在するものと考察される。

チトクロム P450 は多様なアイソフォーム(分子種)より成る酵素群の総称である。 既にイエバエにおいては 8 種類のアイソフォームの存在が確認されている (Feyereisen *et al.*, 1989; Cohen and Feyereisen, 1995; Tomita and Scott, 1995)。CO 差スペク トルによる定量法では、ミクロゾームタンパクに存在する複数種類の総含量が算出 されるのみで、ネッタイイエカが何種類のアイソフォームをもち、そのうちのいず れが JPal-per 系統で過剰に発現しているのか知ることはできない。したがって、さら に個々のアイソフォームについて、特にピレスロイド剤代謝に関与するものの発現 量を求めることで 2.7 倍の内訳を明らかにする必要があると考えられた。

	Cytochron	ne P450	Cytochrome b ₅		
Tissue	Suscetpible	JPal-per	Susceptible	JPal-per	
Gut	87.9%	84.5%	81.0%	75.0%	
Other body par	ts 12.1%	15.5%	19.0%	25.0%	

Table 10. Distribution of cytochrome P450 and b_5 in the larval gut and the other body parts of *Culex quinquefasciatus* larvae

第4章 Permethrinの in vitro 代謝

殺虫剤抵抗性機構の中で解毒酵素の代謝活性の増大は標的器官の薬剤感受性低下 と共に最も重要であり、これに関して多くの研究がなされている。抵抗性に解毒酵 素が関与しているか否かを検討する方法としては、目的とする酵素の活性阻害剤を 殺虫剤とともに処理し、その共力効果を確認するのが一般的である。しかし、ほと んどの共力剤はそれ自体が毒性を有することから、共力効果により解毒酵素の関与 を判定することが困難な場合がある。それゆえ解毒酵素と抵抗性とのかかわりを殺 虫剤代謝試験により直接的に調べる手段がより確実と言える。代謝活性を測定する 方法としては比色法により非放射性化合物を基質として分光光学的に測定する場合 や、放射性同位元素標識化合物を基質として代謝産物をクロマトグラフィー等によ り定性、定量する場合がある。比色法は手法が簡便である反面、実際の基質とは異 なる疑似的化合物の代謝活性を測定する場合が多く、得られた結果が殺虫剤の代謝 活性をそのまま反映しないこともある。一方、後者は実際に殺虫剤を基質として活 性を測定するため、生体内で起こっている現象をより現実的に評価できる方法とい える。

ピレスロイド剤の代謝に関する研究は古くからなされており、解毒にエステラー ゼやチトクロム P450 酸化酵素が重要な働きをしていることは *in vivo* における代謝 試験で明らかにされている (Casida *et al.*, 1975; Miyamoto, 1976)。それはエステラーゼ 阻害剤の TEPP (tetraethyl pyrophosphate)がエステル基の加水分解を阻害することやチ トクロム P450 酸化酵素系の補酵素である NADPH の存在下でのみ酸化的代謝がなさ れることから確認された (Soderlund and Casida, 1977a,b)。またそのような阻害剤や補 酵素に関する研究の進歩により加水分解酵素であるエステラーゼと酸化酵素である であるチトクロム P450 酸化酵素系の働きを個々に調べることも可能になった。

天然ピレスリンの誘導体として合成された第一世代合成ピレスロイド剤 (allethrin, dimethrin, resmethrin, tetramethrin など)はイソブテニル置換基のメチル基が水酸化され 易く(Elliott et al., 1972)、また光分解を受けやすいという欠点から用途は家庭用、防疫 用に限られ、農業用としては使用されなかった。その後、酸化的に不安定なイソブ テニル基をジハロビニル基に、またアルコール部分をフェノキシベンジル基に置換 した、殺虫剤としての活性の高い化合物が開発された (Elliott, 1977; Itaya et al., 1977;

Ruzo and Casida, 1977)。Permethrin を含めたこれらの殺虫剤がいわゆる第二世代合成 ピレスロイド剤である。ところが解毒酵素の攻撃を受けにくく、光分解に安定で、 さらに非常に強い殺虫力を持つことから理想的な殺虫剤といわれたこれらの新規ピ レスロイド剤もそれまでの殺虫剤の例に漏れず抵抗性を示す昆虫が出現することと なった (Keiding, 1976; Ruscoe, 1977)。これら抵抗性害虫の出現にともないピレスロ イド剤の代謝試験も詳細に行われ、昆虫の permethrin 代謝経路は Shono *et al.* (1978, 1979)によってワモンゴキブリ (*Periplaneta americana* L.)、イエバエ (*Musca domestica* L.)、イラクサギンウワバ (*Trichoplusia ni* Hubner)を用いて明らかにされた。

前章までに、チトクロム P450 酸化酵素の阻害剤が強く共力効果を示したこと、そ して JPal-per 系統のチトクロム P450 量が感受性系統の 2.7 倍であったことから、 JPal-per 系統の permethrin 抵抗性にチトクロム P450 酸化酵素による解毒が関与して いることが示唆された。したがって本章では放射性同位体で標識された permethrin を用い、*in vitro* の代謝試験を行うことでそれらの関係を直接的に証明することを試 みた。

第1節 内在性代謝阻害物質の存在

JPal-per系統の4齢幼虫より酵素を調製し、in vitro代謝試験を試みたが、酸化酵素 由来の代謝活性は認められなかった。そこで本節では幼虫体内に存在すると考えら れた代謝阻害物質について検討した。

材料及び方法

1. 供試薬剤

代謝試験に用いた permethrin の化学構造、標識部位及び放射活性量を以下に示す。



[1RS, *trans*] Permethrin MW = 391 Specific Activity = 57 m Ci / m mol (*は標識部位を示す)

¹⁴C permethrin は実験前に TLC (thin layor chromatography) プレート (silica gel 60 F254, 20×20 cm、0.5 mm)にて展開し、ゲルを回収、ベンゼンにて抽出した後、窒素気流に て蒸発乾固し、精製した。精製後の permethrin はメタノールにて 11,000 dpm /µl (183 Bq/µl)の濃度に溶解し、実験に用いた。標準代謝物として用いた 4'-hydroxy- 3phenoxy-benzyl 3-(2, 2-dichlorovinyl)-2, 2-dimethylcyclopropane carboxylate (4'HOpermethrin)、3-phenoxy-benzyl alcohol (PB alcohol)、3-phenoxy-benzyl acid (PB acid)は住 友化学工業(株)より提供された。

2. In vitro 代謝試験

実験には JPal-per 系統の4 齢幼虫を用いた。In vitro の permethrin 代謝試験は Shono らの方法 (1979)を改良して行った。ミクロゾームの調製は第3章、第2節の方法に 準じた。0.8 ml リン酸ナトリウム緩衝液 (0.1 M)、1.0 ml ミクロゾーム (50 頭分)、10 µl [¹⁴C] permethrin (110,000 dpm 、0.34µg)を 10 ml ガラス試験管 (PYREX、岩城硝子) 中で混合し、25℃の恒温漕で5分間プレインキュベートした。0.2 mlの β-NADPH (10 mM)を添加することで反応を開始し、25℃で振とう下2時間インキュベートした後、 0.2 mlの1NHClと1.0gの(NH₄),SO₄を加えることで反応を終了した。反応物は4 ml のジエチルエーテルで3回抽出し、0.5gの無水 Na,SO4で-20℃下、一晩脱水した。 抽出物は窒素気流により乾燥後、メタノールにて 10,000 dpm / 10µl の濃度に調製し た。標識化合物の回収率はこの条件下でほぼ 90%以上であった。メタノールに溶解 した抽出物は 10 µl を TLC プレート(silica gel 60 F254、 20×20 cm、厚さ 0.25 mm、 Melck 社製) にスポットし、TEM 展開溶媒 (トルエン: 酢酸エチル: メタノール = 15:5:1)にて非標識代謝物とともに展開した。展開後のTLC プレートは BAS-IIIフジ イメージングプレート(フジフォトフィルム(株))にて12時間感光後、各代謝物 の放射活性を Bas 2000 バイオイメージアナライザー(フジフォトフィルム(株)) にて測定した。非標識の標準代謝物は共展開の後254 nmの紫外線下で観察し、その Rf 値より代謝物の同定を行った。なお、予備試験において全虫体より調製したミク ロゾームからは酸化酵素由来の代謝活性がほとんど認められなかったため、中腸か ら内容物を取り除いた組織より調製した酵素液についても同様に試験を行った。さ らに、中腸内容物 50 頭分を 0.1 M リン酸ナトリウム緩衝液中で磨砕し、10.000×g で遠心分離した上清を中腸以外の組織由来の酵素液に加えた場合についても同様に 行った。すべての実験は3回反復して行い、平均値をデータ解析に用いた。

結果

JPal-per 系統の全虫体、中腸及び中腸以外の組織のミクロゾームによる permethrin の代謝率と、各代謝物の回収放射活性に占める割合(%)、そして中腸内容物の代謝活性に及ぼす影響を Fig. 14、Table 11 に示した。全虫体由来の酵素液における代謝 率は 8.3% であり、2 時間のインキュベートで permethrin はほとんど代謝されなかっ



Fig. 14. Effects of gut contents on *in vitro* permethrin metabolism. All tests were done using JPal-per larvae under the presence of NADPH.

Metabolite	Whole body	Gut with contents	Clear gut	Other body parts	Other body parts with gut contents
Permethrin	91.7 (0.20)	89.6 (0.26)	38.0 (1.66)	53.8 (0.55)	85.3 (0.27)
Unknown 1	5.4 (0.15)	2.1 (0.09)	12.2 (0.30)	19.8 (0.15)	7.3 (0.09)
4'HO-permethrin	1.4 (0.06)	4.0 (0.43)	15.9 (0.45)	13.0 (0.25)	4.3 (0.12)
PB-alcohol	-	-	3.3 (0.03)	2.3	1.0 (0.03)
Unknown 2	1.1 (0.03)	_	2.8 (0.06)	1.7 (0.12)	0.5 (0.03)
PB-acid	0.4 (0.03)	2.7 (0.17)	8.9 (0.20)	2.5 (0.15)	0.9 (0.23)
Origin	-	1.6 (0.09)	18.9 (0.80)	6.9 (1.02)	0.7 (0.09)
% of total metabolites	8.3	10.4	62.0	46.2	14.7

Table 11. Inhibition of permethrin metabolism by gut contentsin microsomes of the resistant JPal-per larvae of Culexquinquefasciatus

Results are expressed as a percentage of the recovered dose. All values are mean of triplicated experiments (\pm SE in parentheses).

た。次に幼虫を中腸とそれ以外の組織に分け、さらに中腸の内容物を取り除いたも のと取り除かなかったものからそれぞれ酵素液を調製して実験を行ったところ、内 容物を含んだ中腸では代謝率が 10.4%であったのに対し、内容物を取り除いた中腸 では 62.0%であった。これにより代謝酵素の活性を阻害していた物質が中腸の内容 物中に存在していることが推測された。次に中腸より取り出した内容物を緩衝液中 で磨砕し、遠心分画で得られた上清を、中腸以外の組織より調製したミクロゾーム へ添加して活性を測定したところ、無添加条件で 46.2%の代謝活性であったのに対 し、添加下で 14.7%に減少した。このことから、中腸内容物中に代謝酵素活性阻害 物質が存在することが明らかにされた (Fig. 14)。また、代謝物の種類とその割合は、 permethrin の 3-phenoxybenzyl 基の 4' 位置が水酸化された 4' HO-permethrin が、内容 物を取り除いた中腸で 15.9%であったのに対し、全虫体、内容物入りの中腸ではそ れぞれ 1.4、4.0%と有意に少なかった。また、この傾向は中腸以外の組織と、それ に中腸内容物抽出液を添加した場合においても認められ、4' HO-permethrinの割合は それぞれ 13.0、4.3% であった (Table 11)。水酸化は酸化酵素チトクロム P450 に特有 な反応であるため、中腸内容物が阻害していた酵素はチトクロム P450 酸化酵素であ ることが明らかになった。

考察

第1節で述べたように、力幼虫を材料にした薬物の in vitro 代謝試験の報告は現在 まで一報あるのみである (Shrivastava et al., 1970)。この中で彼らはカーバメート剤抵 抗性 Culex pipiens fatigans (アカイエカ群の一種)において propoxur の hydroxy-及び *N*demethyl 代謝物への代謝活性が感受性系統よりも高かったことを報告している。共力 剤を用いた殺虫試験により、力のピレスロイド剤抵抗性にチトクロム P450 酸化酵素 系が関与していることを示唆した報告は古くから存在している (Priester and Georghiou, 1978; Kumar et al., 1991)。しかし、数多くの昆虫種でピレスロイド剤がチ トクロム P450 酸化酵素系により代謝されることが示されているにもかかわらず、力 に関するピレスロイド剤代謝の報告はない。このような事実は力を用いた代謝試験 が何らかの理由により困難であったことを推測させる。今回、幼虫を中腸とそれ以 外の組織にわけ、さらに中腸より内容物を取り除くことで permethrin 代謝活性の測定 が可能になった。中腸内の阻害物質の存在が力のチトクロム P450 に関する研究をこ れまで阻んできたものと思われる。またこの知見は今後力の殺虫剤抵抗性機構に関 する研究はもとより、抵抗性以外の内生ホルモン、フェロモンの生合成のようなチ トクロム P450 酸化酵素が関わっているとされる研究分野にも貢献しうると推察さ れる。

昆虫の全虫体より酵素液を調製したとき発生する内在性物質が in vitro 代謝を阻害 することは古くから指摘されていた(Wilkinson and Brattsten 1972; Brattsten and Wilkinson 1973)。チトクロム P450 酸化酵素系の構成因子であるチトクロム P450 還元 酵素の活性がある種のプロテアーゼに阻害されること(Krieger and Wilkinson, 1970; Orrenius et al., 1971; Krieger and Lee, 1973)、還元酵素は阻害せず P450 自身を阻害する 物質が中腸内に存在すること (Valles and Yu, 1996)、目の色素中に含まれる物質(キ サントマチン)が基質酸化の際に必要な電子の受け渡しを阻害すること(Schonbrod and Terriere, 1972; Wilson and Hodgson, 1972)(本研究においては頭部磨砕液に含まれ る目の色素は酸化酵素を阻害しないことを確かめている。データ未掲載)、さらに 中腸より抽出された核酸 (RNA)がミクロゾームの酸化を阻害することが報告されて いる (Gilbert and Wilkinson, 1975)(本研究では RNA の存在下でも代謝活性が認めら れたため、この可能性はない)。しかし力幼虫における阻害物質の構造、阻害機構 及びその本来の機能に関しては今のところ不明である。

カ幼虫において唯一の報告である、カーバメート剤代謝試験 (Shrivastava et al., 1970)で幼虫全体から調製したミクロゾーム画分より酸化的代謝物が得られた実験においても中腸内容物を取り除けばさらに大きな差が得られた可能性がある。哺乳動物、昆虫体内には数多くのチトクロム P450 アイソフォームが存在していることが知られており、それぞれに基質特異性があるとされている (Nelson et al., 1993; Cohen and Feyereisen, 1995; Dunkov et al., 1996)。カーバメート剤とピレスロイド剤の酸化的代謝が同一の P450 アイソフォームによるものではないとしたら、カーバメート剤代謝に関与するチトクロム P450 酸化酵素は中腸内容物により代謝阻害を受けなかったため、代謝試験が可能になったとも考えられる。

58

第2節 代謝活性と温度の関係

通常昆虫の in vitro 代謝試験は 30℃恒温下で行われるが、力幼虫における in vitro 代謝試験の唯一の報告 (Shrivastava et al., 1971)では、チトクロム P450 酸化酵素系の 活性は 30℃よりも 25℃で高かったとある。したがって本節では代謝試験を最適な温 度条件下で行うために、permethrin 代謝活性と温度の関係について検討した。

材料及び方法

材料はすべて JPal-per 系統の 4 齢幼虫を用いた。代謝試験の方法は第1節に準じた。 ただし、代謝反応は 25°、30°及び 37℃で行った。すべての温度条件には同じ酵素 液を用いた。ミクロゾーム画分は中腸以外の組織より調製し、100,000×g 上清画分 は中腸より調製した。ミクロゾーム画分の反応には NADPH を添加した。なお、上 清画分、ミクロゾーム画分共に一試験区当たり 50 頭当量の酵素液を用いた。実験は 3 回反復で行った。

結果

各画分の permethrin 代謝率と温度との関係を Table 12 に示した。ミクロゾーム画分では、反応温度が 25°、 30°、 37℃と上昇するに従い代謝率が 46.2、 29.0、 8.3%と減少し、25℃で最も代謝活性が高かった。この傾向は各代謝物すべてにおいて認められ、特にチトクロム P450 酸化酵素系によって代謝される 4'HO-permethrin は 25℃で 13.0%を占めていたのに対し 37℃では Bas 2000 バイオイメージアナライザーによって検出できないほど微量、もしくは全く生産されなかった。これに対し上清画分においては反応温度が 25°、 30°、 37℃と上昇するにしたがって総代謝率が 24.6、 33.1、 38.2%と増大し、代謝活性は 37℃で最も高かった。また、上清画分の代謝物のほとんどは、permethrin のエステル基が加水分解されて生じる PB alcohol とその二次的代謝によって生じる PB acid であった。

Othe	er body part	s (microsor	ne) +NADPH	Gut	(supernata	ant)	
Metabolite	25℃	30℃	37°C	25℃	30℃	37°C	
Permethrin	53.8 ^a (0.55)	71.0 (0.64)	91.7 (0.10)	75.4 (0.15)	66.9 (0.52)	61.8 (0.95)	
Unknown 1	19.8 (0.15)	15.4 (0.13)	4.8 (0.09)	-	-	-	
4'HO-Permethrin	13.0 (0.25)	8.5 (0.26)	-	-	-	-	
PB-alcohol	2.3 (0.00)	1.2 (0.06)	5.7 (0.07)	20.0 (0.12)	26.9 (1.25)	13.2 (0.09)	
Unknown 2	1.7 (0.12)	0.4 (0.09)	-	-	-	-	
PB acid	2.5 (0.15)	1.3 (0.28)	1.7 (0.00)	4.1 (0.07)	6.2 (0.86)	24.2 (0.97)	
Origin	6.9 (1.02)	2.2 (0.41)	1.1 (0.09)	0.5 (0.12)	-	0.8 (0.10)	
Total metabolites	46.2	29.0	8.3	24.6	33.1	38.2	

Table 12. Relationship between incubation temperature and permethrin metabolism in *Culex quinquefasciatus* larvae

^a Resultus are expressed as a percentage of the recovered dose. All values are mean of triplicated experiments (\pm SE in parentheses).

考察

本章では第3節以降で代謝試験を行う上での最適反応温度の検討を行った。一般的には代謝反応は哺乳動物で37℃、昆虫では30℃で行うのが通常である。しかし、反応温度を25°、30°、37℃で行ったところ、ミクロゾームによる酸化的代謝は25℃で最も高かった。これは力幼虫ミクロゾームの代謝に関する由一の報告例である *Culex*属のカーバメート代謝試験の結果と一致した (Shrivastava *et al.*, 1971)。この結果は本種幼虫が棲息する熱帯、亜熱帯の水温がおおよそ25℃であることに関係があるものと考察される。標準代謝物と一致しなかった代謝物 Unknown 1 は25℃で最も 多く検出されたことから4' HO-permethrin 同様にチトクロム P450 酸化酵素による代謝産物であると推定された。

チトクロム P450 酸化酵素の活性が 25℃で最も高かったのに対し、上清画分では 37℃で最も代謝率が高かった。上清画分には補酵素 NADPH を添加しておらず、得 られた代謝物が permethrin のエステル基が加水分解されることによって生じる PB alcohol と PB acid であったことから、これらの代謝物はエステラーゼの代謝産物であ ろう。 PB acid の割合が 37℃で 24.2%を占め、その他の反応条件に比べて最も高い 値を示したが、これは PB alcohol から PB acid への代謝が 37℃で高かったものと考察 される。温度の影響がチトクロム P450 酸化酵素とエステラーゼで違いが認められた 理由は不明である。

第3節 Permethrinの in vitro 代謝

前節までの実験で代謝活性を適切に測定する条件が整えられたため、本節では実際にミクロゾーム、上清両画分の permethrin 代謝活性を測定し、系統間で比較することで JPal-per 系統の permethrin 抵抗性に対するチトクロム P450 酸化酵素系の関わりを検討した。

材料及び方法

供試昆虫は第2章、第1節に準じた。In vitro 代謝試験は第1、2節の方法に準じて 行った。ただし、反応温度は第2節の結果より、25℃とした。また、本章では permethrin 抵抗性と代謝の関わりを調べる目的により、JPal-per、感受性両系統から酵素液を調 製し、実験に用いた。第1節において中腸内容物中に酸化的代謝を阻害する物質の 存在が示唆されたため、すべての中腸からは内容物を取り除いて酵素液を調製した。

結果

中腸ミクロゾーム画分における代謝産物の TLC の結果を Fig. 15 に示した。チトク ロム P450 酸化酵素系の補酵素である NADPH 無添加の条件では permethrin がほとん ど代謝されていないのに対し、NADPH 存在下では両系統で酸化的代謝物が検出され た。さらに、代謝物の割合は抵抗性 JPal-per 系統で高い傾向が認められた。この結果 をもとにそれぞれの代謝物を定量し、全放射活性に対する割合をまとめたのが Table 13 である。NADPH 非存在下では中腸、それ以外の組織で両系統ともに代謝率は6.0% 以下であった。それに対し、NADPH 存在下では抵抗性系統の中腸で 62.0%、それ以 外の組織で 46.2% と高い permethrin 代謝活性が認められた。それに対し、感受性系統 における代謝率は中腸で 12.1%、それ以外の組織ではわずかに 2.3% であり、系統間 で大きな違いが認められた。NADPH 存在下における系統間の代謝率の比は中腸で 5.1倍、中腸以外の組織で 20倍であり、特に JPal-per 系統では中腸以外のミクロゾー ム画分における代謝活性に著しい増大が認められた。また、NADPH 非存在下条件で 確認されなかった PB alcohol が JPal-per 系統における NADPH 存在下で確認された。

上清画分における代謝を Table 14 に示した。上清画分では中腸が高い代謝活性を 示し、代謝率は感受性、JPal-per 系統でそれぞれ 19.0、24.6%であった。しかし、中 腸以外の組織における代謝率は両系統ともに 4%以下であった。主要な代謝物は PB alcohol と PB acid で、これらの代謝物はエステラーゼにより加水分解された結果生じ たものであると考えられる。



Fig. 15. Thin layer chromatography of permethrin metabolited by gut microsomal fractions.

			Susceptible				JPal-per			
			Gut		Other bo	ody parts	G	ut	Other l	oody parts
Me	tabolite	NADPH	ı – 1	+	-	+	_	+	-	+
Per	methrin		98.1 (0.35)	87.9 (0.58)	99.1 (0.03)	97.7 (0.12)	94.0 (0.94)	38.0 (1.66)	98.7 (0.13)	53.8 (0.55)
Unk	known 1		-	3.5 (0.20)	-	-	-	$ \begin{array}{c} 12.2 \\ (0.30) \end{array} $	-	19.8 (0.15)
4'H	O-Permetl	nrin	-	4.9 (0.06)	-	1.8 (0.09)	-	15.9 (0.45)		13.0 (0.25)
PB	alcohol		-	-	-	-	-	3.3 (0.03)	-	2.3 (0.00)
Unk	known 2		-	-	-	-	-	2.8 (0.06)	-	$ \begin{array}{c} 1.7 \\ (0.12) \end{array} $
PB	acid		1.2 (0.15)	$ \begin{array}{c} 1.7 \\ (0.33) \end{array} $	0.9 (0.03)	0.5 (0.06)	2.9 (0.46)	8.9 (0.20)	_	2.5 (0.15)
Orig	gin		0.7 (0.20)	2.0 (0.43)	-	-	3.1 (0.52)	18.9 (0.80)	1.3 (0.13)	6.9 (1.02)
% o meta	f total abolites		1.9	12.1	0.9	2.3	8.9	62.0	1.3	46.2

Table 13. Metabolism of ¹⁴C- permethrin by microsomal fractions of the susceptible and the resistant JPal-per *Culex quinquefasciatus* larvae Table 13.

Results are expressed as a percentage of the recovered dose. All values are mean of triplicated experiments (\pm SE in parentheses).

	Su	sceptible	JPal-per		
Metabolite	Gut	Other body parts	Gut	Other body parts	
Permethrin	81.0	98.9	75.4	96.3	
Unknown 1	(0.90)	(0.00)	(0.15)	(0.12)	
4' HO-Permethrin	_	-	_	-	
PB alcohol	2.9	0.3	20.0	1.3	
Unknown 2	(0.23)	(0.03)	(0.12)	(0.22)	
PB acid	16.1 (0.66)	0.8 (0.00)	4.1 (0.07)	1.4 (0.22)	
Origin	-	-	0.5 (0.12)	$ \begin{array}{c} 1.0 \\ (0.18) \end{array} $	
% of total metabolites	19.0	1.1	24.6	3.7	

Table 14. Metabolism of ¹⁴ C-permethrin by supernatant fractions of the susceptible and resistant JPal-per *Culex quinquefasciatus* larvae

Results are expressed as a percentage of recovered radioactivity. All values are mean of triplicated experiments (\pm SE in parentheses).

考察

NADPH 非存在下で力幼虫のミクロゾーム画分にほとんど permethrin 代謝活性が認められなかったことは、本種幼虫のミクロゾーム画分にカルボキシルエステラーゼがほとんど存在しないことを意味する。このことはミクロゾーム中にもエステラーゼ活性が認められるイエバエ(*Musca domestica*)の例とは異なる (Shono *et al.*, 1979)。 また、unknown 1 や origin で認められる代謝物の大部分は NADPH 依存性であることから、これらもチトクロム P450 酸化酵素由来の代謝物であると考えられる。また、このことは、第2節においてこれらの代謝物の割合と反応温度に逆相関が認められたことによりチトクロム P450 酸化酵素由来の代謝物であろうという推測を支持する。

中腸以外の組織における代謝活性に系統間で 20 倍もの差が認められたことは、 JPal-per 系統が皮膚から浸入した殺虫剤が標的器官の神経軸索へ到達する前に速や かに解毒する機構を備えていることを意味する。代謝物の内訳をみると、感受性系 統でunknown 1 は検出限度以下、4'HO-permethrin は 1.8%であったのに対し JPal-per 系統ではそれぞれ 19.8、13.0%生成されており、本系統では permethrin からこれらの 物質への酸化が主要な代謝経路となっていることが推察される。また、主要なチト クロム P450 酸化酵素由来の unknown 1、4'HO-permethrin、origin 上の代謝物は感受性 系統との比が必ずしも一定ではないことから、それぞれは同一のチトクロム P450 ア イソフォームにより生成されたものではないことが示唆された。すなわち、本種幼 虫においても他の昆虫同様に複数のアイソフォームが存在している可能性が高いと 思われる (Cohen and Feyereisen, 1995; Dunkov *et al.*, 1996)。NADPH が添加されること で PB alcohol や PB acid の量が増加したことは、これらの代謝物がエステラーゼのみ ならず、チトクロム P450 酸化酵素系によっても生成されることを示唆している。

第2章、第2節の permethrin 殺虫試験でエステラーゼ阻害剤の DEF を処理した時 抵抗性比が 1,650 倍から 1,260 倍へと減少し、エステラーゼが僅かながら抵抗性に関 与していることが示唆されたが (Table 3)、実際に上清画分において抵抗性系統でや や高い代謝活性が認められたため、エステラーゼが主要な代謝酵素ではないものの 抵抗性の要因として多少の働きをしていることが示された。しかし、24.6%の代謝率 は決して少ないとは言えない。殺虫試験に用いた permethrin は異性体比(*rans*: *cis*)が 45:55 の混合物であるのに対して本実験に用いた¹⁴C-permethrin は *trans* 体である。 一般に trans 体は cis 体に比べてエステラーゼにより加水分解されやすいとされることから(Shono et al., 1978; Ishaaya and Casida, 1981)、trans 体と cis 体の混合物である permethrin 製剤ではエステラーゼにより代謝される割合はさらに低いと予想される。

第3章、第2節ではチトクロム P450 やチトクロム b₅の 80%以上は中腸に存在す ることが明らかにされたが (Table 10)、上清画分の加水分解活性も中腸でそれ以外の 組織の 7~19 倍活性が高かったことより、エステラーゼについてもその大部分が中 腸に分布していることが明らかとなった。このことは、同じイエカに属する *Culex tarsalis*の malathion 抵抗性系統の malathion 加水分解活性が中腸で最も高かったことに 一致する (Whyard *et al.*, 1994)。力幼虫において異物が外部から侵入する可能性が最 も高いのは中腸であり、ここに解毒酵素を備えておくことは幼虫の生存にとって最 も重要なことであると推定される。また、ミクロゾーム画分において、感受性系統 中腸の代謝活性はそれ以外の組織の約6倍高く、チトクロム P450 やチトクロム b₅ の体内分布の結果をよく反映していたが、JPal-per 系統における代謝率は中腸で 62.0%、それ以外の組織で 46.2%あり、感受性系統ほどの組織特異性は認められな かった。 このことは中腸以外の組織には代謝能が高く、質的に変化した分子種が存 在している可能性が考えられる。今後、複数存在すると思われる P450 アイソフォー ムから permethrin 代謝活性をもつアイソフォームを単離、精製し、その構造を系統間 で比較することが必要と考えられた。

イエバエ、ワモンゴキブリ、イラクサギンウワバの代謝では 4'位置が最も水酸化 されやすく、ついで trans 位、6 位の順に高い (Shono et al., 1978)。ネッタイイエカ においても 4'位が主要な標的部位となっており、これに次ぐ unknown 1 は trans-HO-permethrin もしくは 6 HO-permethrin である可能性が高い。緒言でも述べたように、 permethrin を初めとする第二世代合成ピレスロイド剤は、第一世代合成ピレスロイド 剤が酸化されやすいという欠点を克服するためにイソブテニル基のメチル基をハロ ゲンに置換して開発された殺虫剤である。ところが本章でも明らかにされたように JPal-per 系統は菊酸部分の代わりにアルコール部分を水酸化の標的にして permethrin を代謝する能力を発達させたといえる。 第4節 Permethrin 代謝の共力剤による阻害

第3節では JPal-per 系統のミクロゾーム画分において NADPH 依存性の著しい permethrin 代謝活性が認められた。得られた代謝物がチトクロム P450酸化酵素の働 きによるものであることを再確認するために、第2章の殺虫試験において共力効果 が認められた酸化酵素阻害剤を用いて代謝阻害試験を行った。

材料及び方法

材料にはすべて JPal-per 系統 4 齢幼虫中腸を用いた。代謝試験の方法は第 3 節に従った。阻害剤として用いた共力剤は、中腸ミクロゾーム画分にはチトクロム P450 酸化酵素系の阻害剤である PBO と PTPE、エステラーゼ阻害剤の paraoxon(>90%、日本バイエルアグロケム)を用いた。中腸上清画分には paraoxon と、同じくエステラーゼ阻害剤の DEF を添加した。共力剤は酵素を含む反応液とともに 5 分間プレインキュベートした後、基質である permethrin を加えることで反応を開始した。各共力剤はすべてエタノールに溶かし 10 μl を添加し、最終濃度が paraoxon で 0.01 mM、それ以外は 0.1 mM となるように添加した。

結果

ミクロゾーム、上清画分の permethrin 代謝に及ぼす各阻害剤の影響を Table 15 に示 した。ミクロゾーム画分においては対照区の代謝率が 62.0%であったのに対し、酸 化酵素阻害剤の PBO や PTPE 添加下ではそれぞれ 9.7、5.4%と大きく減少した。エ ステラーゼ阻害剤として用いた paraoxon 添加条件での代謝率は 45.5%で、僅かに代 謝阻害の傾向が認められた。各代謝物について見てみると、PBO、PTPE はミクロゾ ーム画分で得られた代謝物の割合を 90%程度減少させたが、unknown 1 についての み PBO よる阻害度は 45%にとどまった。

一方、上清画分においてはエステラーゼ阻害剤の DEF、paraoxon ともに permethrin 代謝を大きく阻害し、無添加条件で 24.6%あった代謝率はそれぞれ 3.0、2.2%に減
	G	ut (microso	me) +NAI	OPH	Gut (supernatant)		
Metabolite	Control	PBO	PTPE	Paraoxon	Control	DEF	Paraoxon
Permethrin	38.0 (1.66)	90.3 (0.74)	94.6 (0.87)	54.5 (0.42)	75.4 (0.15)	97.0 (0.12)	97.8 (0.12)
Unknown 1	$ \begin{array}{c} 12.2 \\ (0.30) \end{array} $	5.5 (0.49)	0.7 (0.06)	13.3 (0.18)	-	-	-
4' HO-Permethrin	15.9 (0.45)	$ \begin{array}{c} 1.2 \\ (0.12) \end{array} $	-	7.6 (0.09)	-	-	-
PB alcohol	3.3 (0.03)	-	-	2.0 (0.07)	20.0 (0.12)	0.4 (0.00)	$ \begin{array}{c} 0.3 \\ (0.03) \end{array} $
Unknown 2	2.8 (0.06)	-	-	2.6 (0.00)	-	-	_
PB acid	8.9 (0.20)	2.1 (0.13)	2.0 (0.03)	5.7 (0.41)	4.1 (0.07)	2.6 (0.10)	$ \begin{array}{c} 1.9 \\ (0.10) \end{array} $
Origin	18.9 (0.80)	0.9 (0.07)	2.7 (0.95)	14.3 (0.26)	0.5 (0.12)	-	-
% of total metabolites	62.0	9.7	5.4	45.5	24.6	3.0	2.2

Table 15. Effect of synergists on ¹⁴ C- permethrin metabolism in JPal-per strain of *Culex quinquefasciatus* larvae

Results are expressed as a percentage of radioactivity. All values are mean of triplicated experiments (\pm SE in parentheses).

少した。特に阻害度が高かった代謝物は PB alcohol で、共力剤無添加時の 20.0%が DEF、paraoxon 添加時にそれぞれ 0.4、0.3% へと大きく減少した。

考察

本節では、共力剤の代謝阻害度を調べることで、各代謝物がどの酵素に由来する かを検討した。Unknown 1、4'HO-permethrin、及び origin 上の代謝物は PBO、 PTPE によって大きく割合が減少したことから、第3節までに示唆されたようにこれらは チトクロム P450 酸化酵素系による代謝産物であることが明らかになった。また、PB alcohol、PB acid の割合も同様に減少したことから、permethrinのエステル基はエステ ラーゼのみならず、チトクロム P450 によっても代謝されることが示された (Fig. 16)。 溶媒で展開されず origin 上に残った代謝物は、その極性の高さからチトクロム P450 酸化酵素系により酸化的代謝をされた一次代謝物に糖やグルタチオンが抱合した二 次的代謝物である可能性が高い。PBOが4'HO-permethrinや origin 上代謝物への反応 を90%以上阻害したのに対し、unknown 1への阻害度が45%にとどまったことは、 permethrin 酸化に関わる P450 アイソフォームが少なくとも2 種類以上存在している ことを示唆する。イエバエ (Musca domestica) 幼虫における幼若ホルモン様殺虫剤、 pyriproxyfen の解毒代謝にもチトクロム P450 酸化酵素系が関与していることが Zhang et al. (1998)によって示されているが、JPal-per 系統幼虫は pyriproxyfen に全く抵 抗性を示さない (Table 2)。このことは、permethrin と pyriproxyfen の解毒にはともに チトクロム P450 が関与するが、それぞれに関わるアイソフォームは同一ではなく、 おのおの別の基質特異性を有していることを示唆する。

以上のことから、JPal-per系統の permethrin 抵抗性にはチトクロム P450 酸化酵素系 を中心とする解毒活性の増大が大きく関与しているものと結論される。



Fig. 16. Metabolic pathyway of permethrin from *Culex quinquefasciatus* larvae. EST and P450 indicate carboxylesterases and cytochrome P450 monooxygenases, respectively.

第5章 チトクロム P450 の遺伝子解析

チトクロム P450 酸化酵素系は各種ステロイドホルモン、胆汁酸、脂肪酸といっ た生体物質の合成、分解反応の他に、薬物や体内に取り込まれた環境汚染物質など 外来性異物の酸化的解毒に必須の役割を果たしていることが哺乳類を中心に明ら かにされてきた。 P450 は mixed function oxidase とも呼ばれ、その酸化酵素として の機能の多様性から、非常に基質特異性の低い酵素系であるとされてきた。しかし 最近では生体内に入った様々な異物の酸化は体内に存在する P450 の種類の多さに よってまかなわれており、その多くが互いに重なり合う基質特異性を持っていると 考えられている。前章までに酸化酵素阻害剤が permethrin 殺虫試験で強い共力効果 が認められたこと、チトクロム P450 量が JPal-per 系統の幼虫体内で感受性系統の 2.7 倍多く存在していたこと、代謝試験で NADPH 依存性の強い代謝活性が認めら れたことから、JPal-per 系統の permethrin 抵抗性にもチトクロム P450 の活性増大が 深く関与していることが明らかにされた (Kasai et al., 1998a)。そして本研究の最終 目標はピレスロイド剤抵抗性に関わる P450 アイソフォームを単離、精製し、その 機能を詳細に調査することである。ところが先にも述べたように生物体内にはほと んどの場合複数種のアイソフォームが存在し、それぞれが構造的に類似しているた め、単一のタンパクを精製することは困難であると考えられた。さらにチトクロム P450 は膜タンパクであるため、酵素活性を測定するためには可溶化された精製タ ンパクが小胞体膜に結合した環境を整える必要があること、そしてチトクロム P450 が基質を酸化するのにチトクロム P450 還元酵素やチトクロム bs といった電 子共与酵素系の存在が必須であることなどから、これらの条件が整った再構成系の 構築が非常に困難とされている。これらの理由により、本研究では既に報告された 昆虫 P450 のアミノ酸保存領域を参考にプライマーをデザインし、RT-PCR (Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction)の技法を用いることで P450 cDNA のクロー ニングを試みた。

P450 遺伝子は P450 遺伝子スーパーファミリーとして 220 以上の遺伝子配列が登録されており、これらはタンパク質配列の相同性により 36 のサブファミリーに分類されている (Nelson *et al.*, 1993)。現在のところ昆虫からは 4 族、 6 族及び 9 族に属する P450 サブファミリーが報告されており、 4 種類の殺虫剤抵抗性昆虫からチ

トクロム P450 遺伝子がクローニングされている (Feyereisen et al., 1989; Waters et al., 1992; Scott et al., 1994; Tomita and Scott, 1995; Wang and Hobbs, 1995)。しかしなが ら実際に殺虫剤抵抗性との関わりを直接的証拠により結びつけられたアイソフォ ームは Tomita and Scott (1995)が報告した CYP6D1 のみである。彼らはピレスロイド 剤抵抗性イエバエ (Musca domestica) LPR 系統より精製した CYP6D1 タンパクより 特異的抗体を作製し、これが in vitro で deltamethrin 代謝を阻害したことから CYP6D1 がピレスロイド剤抵抗性に深く関与していることを明らかにした (Tomita and Scott, 1995)。CYP6D1 の他にも有機リン剤抵抗性イエバエよりクローニングされた CYP6A1 (Feyereisen et al., 1989)、DDT、malathion 抵抗性キイロショウジョウバエ (Drosophila melanogaster)よりクローニングされた CYP6A2 (Waters et al., 1992)、そし て Helicoverpa armigera よりクローニングされた permethrin 誘導性の CYP6B2 (Wang and Hobbs, 1995)はすべて6族 P450に属することより、今回目的とするアイソフォ -ムは6族に属している可能性が最も高いと考えられた。したがってこれら6族 P450 のアミノ酸配列の保存領域を参考にプライマーをデザインし、ネッタイイエ カのチトクロム P450 cDNA のクローニングを行い、さらにその発現量を系統間で 比較することで permethrin 抵抗性に関与するチトクロム P450 の分子生物学的同定 を試みた。

第1節 チトクロム P450 (CYP6E1) cDNA のクローニングと構造解析

チトクロム P450 の遺伝子解析の足がかりとして、昆虫チトクロム P450 のアミノ酸配列を参考にプライマーをデザインし、RT-PCR を行った。増幅された PCR 産物をプローブとして完全鎖長の構造を明らかにした。

材料及び方法

1. Poly (A)+ RNA の精製

供試昆虫は第2章、第1節に準ずる。JPal-per 系統4齢幼虫50頭より中腸(内 容物は除去)を採集し、QuickPrep Micro mRNA Purification Kit (Pharmacia 社 製)を用いて poly (A)⁺ RNA を精製した。中腸を kit 添付の extraction buffer 0.3 ml とともにガラスホモジナイザーを用いて磨砕した。磨砕液に ellution buffer 0.6 ml を加えて撹拌し、これを試料とした。Oligo(dT)-cellulose 0.5 ml を 15,000×g で 1 分間遠心し、沈殿した oligo(dT)-cellulose を試料とともに 3 分間撹拌した。10,000 ×g で 10 秒間遠心分離後、得られた沈殿を high salt buffer 0.5 ml に懸濁して 5 回洗浄した。さらに low salt buffer 0.5 ml にて 2 回洗浄し、遠心分離後の沈殿物 を 0.2 ml の low salt buffer に懸濁し、MicroSpin column に充填した。12,000×g で 5 秒間遠心分離後、沈殿物を 0.25 ml の low salt buffer で 3 回洗浄した。最後 に 65℃の ellution buffer 0.1 ml にて 2 回懸濁、遠心分離を行い poly(A)⁺ RNA を 溶出した。

2. cDNA の合成

cDNA 合成は cDNA Synthesis Kit (Pharmacia 社製)を用いて行った。精製した poly (A)⁺ RNA 5 µg 相当量をエタノール沈殿により濃縮後、20 µl の diethyl pyrocarbonate 処理済みの蒸留水に溶解した。65℃で 10 分間加熱処理を行った後、 氷冷し、cDNA 合成の鋳型として用いた。変成済みの poly (A)⁺ RNA を cloned murine reverse transcriptase、oligo(dT)₁₂₋₁₈ プライマーを含む first-strand reaction mixes (kit)、1 µl DTT 溶液とともに撹拌し、37℃で 1 時間インキュベー トした。この混合液に、さらに大腸菌 RNase H と大腸菌 DNA polymerase I を含 む second-strand reaction mixes (kit)を加えて、12℃で 30 分間、つづいて 22℃ で1時間インキュベートした。第二鎖の合成終了後、1 μ lのKlenow fragmentを 加え、37℃で 30 分インキュベートすることで末端を平滑化した。試料と等量の TE 緩衝液 (10 mM Tris-HCl, pH 8.0、1 mM EDTA)飽和フェノール:クロロホル ム (1:1)を用いて撹拌後、1,500 g で 10 分間遠心分離し、タンパクを除去した。 上清を ligation buffer (66 mM Tris-HCl, pH 7.6、10 mM MgCl₂、1 mM spermidine、15 mM DTT、0.2 mg/ml BSA)を用いて平衡化した Sephacryl S-400 spun column (kit)の樹脂に染み入ませ、400×g で 2 分間の遠心分離を行うことに より、約 500 塩基対 (base pairs, bp)以上の cDNA を溶出した。

3. RT-PCR 法

合成した cDNA を鋳型として、RT-PCR を行った。これまでに報告された昆虫 6 族 P450 のアミノ酸配列で、保存性の高い 4 つの領域 (NO.1-4)を選択し、15 種 類のプライマーをデザインした (Fig. 17)。塩基配列の組合せ数が多くなれば、そ のプライマーが対象とする配列が多くなることにつながり、プライマーが鋳型にミ スアニールする確立が高くなる。また、Tm 値が低すぎたり GC 含量に偏りがあっ ても同様にプライマーの特異性が下がる。これらの理由により塩基配列の組み合わ せ、Tm 値、GC 含量 (%)より最終的に 2 つのプライマーを選択した。実際に PCR に用いたプライマーの配列及び標的アミノ酸配列は以下の通りである。

Foward primer: (NO.1-a)

アミノ酸配列: (N') ET (T/L) RKYP (C')

塩基配列: 5'-GA(A/G)AC(A/G/T/C)(A/C/T)(T/C)(A/G/T/C)(A/C) G(A/G/T/C)AA(A/G)TA(T/C)CC -3'

Reverse primer: (NO.3-a)

アミノ酸配列:	(N')	PFG (A/D	/E) GP	(C')
---------	------	----------	--------	------

塩基配列: 5'-GG(A/G/T/C)CC(A/G/T/C)(T/G)C(A/G/T/C)CC-

(A/G)AA -3'

それぞれのプライマーには 5'末端側に制限酵素 Eco RI サイト(CGGAATTC)を 付加し、Applied Biosystem 381A DNA Synthesizer を使用してフォスフォアミ ダイド法により合成した。

PCR 反応 (50 µl)には Promega 社製の Taq DNA polymelase (2.5unit)及び反応 buffer (最終濃度 10 mM Tris-HCl, pH9.0、50 mM KCl、0.1% Triton X-100) を

		NO. 1	NO. 2	NO. 3	NO. 4	
CYP6A1	362	ETLRKYP	FD PERF	LGFGDGPF	NCIGMRFG	451
CYP6A2	368	ETLRLYT	FD PERF	LPFGDGPH	NCIGMRFG	456
CYP6A3	362	ETLRLYP	YENPEEF	LPFGDGPH	SCIGMRFG	450
CYP6A4	368	ETLRFYP	YAEPERF	LPFGDGPH	RNCIGLRFG	456
CYP6A5	370	ETLRIYP	FR PSRF	LPFGDGPH	NCIGMRFG	458
CYP6B1	358	ETLRKYP	FD PERF	LPFSAGPE	NCLGMRFA	446
CYP6B2	363	ETLRMYS	FN PERF	LPFGLGQE	RNCIGMRFG	451
CYP6C1	354	ETLRKYP	FR PERF	LPFGAGPH	RICIAERFG	443
CYP6D1	377	ETTRKYP	YR PERF	MPFGEGPH	RHCIAQRMG	464
		ETLRKYP	FR PERF	LPFGDGPF	NCIGMRFG	
		Т	YD	M A	A	
				F		

Nucleotide sequences deduced from the amino acid sequences

NO. 1

a. ET (T/L) RKYP	5'- GA (A/G) ACN (A/C/T) (T/C) N (A/C) GNAA (A/G) TA (T/C) CC -3'	6,144 (50 °C , 25.0%)
b. ETTRKYP	5'- GA (A/G) ACNACN (A/C) GNAA (A/G) TA (T/C) CC -3'	1,024 (52℃, 30.0%)
c. ETLRKYP	5'- GA (A/G) ACN (T/C) TN (A/C) GNAA (A/G) TA (T/C) CC -3'	2,048 (50℃, 25.0%)
NO. 2		
a. (F/Y) (R/D) PERF	5'- T (A/T) (T/C) (A/G/C) (G/A) NCCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	6,144 (42°C, 23.5%)
b. F (D/R) PERF	5'- TT (T/C) (A/G/C) (G/A) NCCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	3,072 (42℃, 23.5%)
c. FRPERF	5'- TT (T/C) (A/C) GNCCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	1,024 (44°C, 29.4%)
d. FDPERF	5'-TT (T/C) GA (T/C) CCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	256 (44°C, 29.4%)
e. YRPERF	5'- TA (T/C) (A/C) GNCCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	1,024 (44°C, 29.4%)
f. YDPERF	5'- TA (T/C) GA (T/C) CCNGA (A/G) (A/C) GNTT -3'	256 (44°C, 29.4%)
NO. 3		
a. PFG (A/D/E) GP	5'- CCNT (T/C) GGNG (A/C) NGGNCC -3'	1,024 (52°C ,52.9%)
b. PFGEGP	5'- CCNTT (T/C) GGNGA (A/G) GGNCC -3'	256 (52°C, 52.9%)
c. PFGDGP	5'- CCNTT (T/C) GGNGA (T/C) GGNCC -3'	256 (52℃, 52.9%)
d. PFGAGP	5'- CCNTT (T/C) GGNGCNGGNCC -3'	512 (52℃, 52.9%)
NO. 4		
a. NCIGMRFG	5'- AA (T/C) TG (C/T) AT (T/C/A) GGNATG (A/C) GNTT (T/C)GG -3'	768 (62°C, 34.8%)
b. CIGMRFG	5'- TG (C/T) AT (T/C/A) GGNATG (A/C) GNTT (T/C) GG -3'	384 (56℃, 40.0%)

(N = A/G/T/C)

Combination (Tm, GC%)

Fig. 17. Conserved region of CYP6 amino acid sequences and design of degenerate primers. CYP6A1 (Feyereisen *et al.*, 1989), CYP6A3, CYP6A4, CYP6A5, CYP6C1 (Cohen and Feyereisen, 1995) and CYP6D1 (Tomita and Scott, 1995) were isolated from a housefly, *Musca domestica* and, CYP6A2 (Waters *et al.*, 1992) from a fruit fly, *Drosophila melanogaster* and, CYP6B1 (Cohen *et al.*, 1992) from a black swallowtail butterfly, *Papillio polyxenes* and, CYP6B2 (Wang and Hobbs, 1995) from a cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. 76 用いて行い、2.5 mM MgCl₂、10 mM dNTPs、cDNA 140 ng、1 nmol プライマー とともに反応させた。PCR 反応はサーマルサイクラー (PC-700、Astec 社製) に て行った。94℃、1 分で二本鎖 DNA を変性後、94℃ (30 秒)、45℃ (30 秒)、 72℃ (60 秒)を 30 サイクル行い、最後に 72℃ (5 分間)の伸長反応を行った。 反応後のサンプルは 10 µl を 2 µl の 10×loading solution (40% glycerine、0.25% bromophenol blue)とともに 4%低融点アガロース (NuSieve GTG、FMC 社製) ゲルにて電気泳動 (50 mV、40 分間)し、エチジウムブロマイドにて染色後 UV 照射下で PCR 産物の有無を確認した。その結果、予想される長さ (約 250 bp)の バンドが確認されたため、残りの反応液を用いて PCR 産物のクローニングを試み た。

4. PCR 産物のクローニング

PCR 産物をエタノール沈殿にて濃縮後、44 µlの蒸留水に溶解した。5 µlの10 ×buffer (One-Phor-All buffer PLUS、Pharmacia)と1µlの制限酵素 Eco RI (50 unit、Pharmacia)を加え、37℃で1時間インキュベートした。Eco RI 消化した PCR 産物を 4%低融点アガロースゲルにて電気泳動し、エチジウムブロマイドで 染色後、UV 照射下で 250 bp 付近のバンドを切り出した。切り出したゲルより Sephaglass BandPrep Kit (Pharmacia)を用いて PCR 産物を抽出後、20 µl の TE buffer に溶解し、ベクタープラスミドに組込んだ。ベクタープラスミド pUC118 (20 ng/µl)は Eco RI でクローニングサイトを切断した後 bacterial alkaline phosphatase (和光純薬(株)社製)処理により末端を脱リン酸化し、自己連結を 防止した。PCR 産物 (1 µl)、ベクター(1 µl)溶液を Takara 社製の DNA ligation kit Ver. 2、solution I (2 µl)と混和し、14℃で2時間インキュベートした。連結後の DNA 溶液を大腸菌 JM109 competent cell (Takara) 20 µl に形質転換した。DNA と混合した competent cell を氷上にて 30 分間放置した後 42℃で1 分間加熱処理 を行った。続いて 80 ml の SOC 培地 (2% Bacto-tryptone、 0.5% Bacto-yeast extract、0.05% NaCl、0.9% glucose)中で37℃30分間培養した。予め10 mgの isopropylthio-β-D-galactoside (IPTG) ≥ 1 mg O 5-bromo-4-chloro-3-indolyl-β-Dgalactoside (X-Gal)を染込ませた LB 寒天培地 (1.5% Bacto-agar、1% Bactotryptone、0.5% Bacto-yeast extract、1% NaCl、50 µg/ml のアンピシリンを含む) に、形質転換処理を行った大腸菌を播き、37℃で一晩培養した。

5. プラスミド精製

PCR 産物を含むプラスミドにより形質転換された大腸菌をカラーセレクション によって選抜した。3 ml の 2×YT 液体培地 (50 mg/ml のアンピシリンを含む)中 で一晩培養した大腸菌から以下の方法で精製したプラスミドを鋳型に塩基配列解 析を行った。大腸菌からプラスミドを精製する方法はアルカリ法 (Ish-Horowicz and Burke, 1981)を用いて行った。まず大腸菌をマイクロチューブに移し、4℃、 12,000 g にて 30 秒間遠心分離し、集菌した。大腸菌を 100 μ l の Sol I (25 mM Tris-HCl, pH 8.0、50 mM glucose、10 mM EDTA, pH 8.0)に懸濁後、200 μ l の Sol II (0.2 N NaOH、1% SDS)を加えて撹拌し、10 分間氷冷した。次に 150 μ l の Sol II (3 M CH₃COOK、pH4.8)を加え激しく撹拌後、さらに 15 分間氷冷した。生 じた沈殿を遠心分離によって除去し、上清に 10 μ g の RNase を加え 37℃1 時間イ ンキュベートした。つぎにフェノール抽出、エタノール沈殿により回収した核酸を 100 μ l の TE buffer に溶解し、60 μ l の PEG 溶液 (20% polyethylene glycol 6000、 2.5 M NaCl)を加え氷上 1 時間放置した。1,5000 g の遠心分離により得られた沈殿 を 70%エタノールで 2 回洗浄し、10 μ l の TE buffer に溶解した。

6. PCR 産物の塩基配列解析

塩基配列解析は Dye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit (Applied Biosystems)を用いて dideoxynucleotide chain termination 法 (Sanger and Coulson, 1975)により行った。反応液 10 µl あたり 4 µl の reaction mixure (kit)、10 pmol のユニバーサルプライマー (M13 (-21)、M13 RV)、350 ng のプラ スミドを含む。伸長反応はサーマルサイクラー (Gene Amp PCR System 2400、 Perkin Elmer 社製)を用いて行い、96℃10 秒、50℃5 秒、60℃4 分を 25 サイク ル行った。伸長鎖はエタノール沈殿後、4 µl の loading solution (3% blue dextran、 50 mM EDTA からなる dye solution と、脱イオン化ホルムアミドを 1:5 で混合 したもの)に溶解し、2 分間の煮沸処理後、氷冷し電気泳動した。電気泳動には 50% 尿素、1×TBE (90 mM Tris-HCl, pH8.0、90 mM boric acid、25 mM EDTA)を含 む 6%ポリアクリルアミドゲルを用い、DNA sequencer (ABI 373A)を用いて 40V 定電圧の条件で行った。泳動 buffer には 1×TBE buffer を用いた。得られた塩基 配列データの編集、解析、及び相同性検索はコンピューターソフト、GENETYXVer. 8.0 (Software Development)を用いて行った。その結果、解析を行った cDNA クロ ーンの塩基配列より予想されたアミノ酸配列は CYP6 族に相同性が高く、チトク ロム P450の部分配列であることが明らかとなった。したがって解析に用いた PCR 産物を *CYP6-1*と命名し、完全鎖長を得るための、cDNA ライブラリーのスクリー ニングにプローブとして用いることにした。

7. cDNA ライブラリーの作製

2.で合成した cDNA に、*Eco* RI/*Not* I adaptor を T4 DNA ligase を用いて連結し、 末端を T4 polynucleotide kinase による処理でリン酸化した。リン酸化反応液に、 上記フェノール:クロロホルムを等量加えて撹拌し、1,500 g 10 分間の遠心分離を 行って、cDNA を水層に抽出した。さらに Sephacryl S-400 spun column を用い て、連結されなかった adaptor を除去した。このカラムの溶出液中の cDNA 100 ng と入ファージベクター (Lambda gt 10/*Eco* RI/CIAP-Treated Vector Kit、 Stratagene) 1 µg をエタノール沈殿にて濃縮後、9 µl の ligation buffer に溶解した。 さらに 10 倍希釈した ATP solution 1 µl (kit)、1 µl の T4 DNA Ligase (kit)を加え 撹拌後、12℃で一晩インキュベートした。ファージ DNA の *in vitro* パッケージン グには GigaPack II Packaging Extract (Stratagene)を用いた。ライゲーション反 応液 1 µl を packaging extract に加え、すばやく撹拌後、22℃で 2 時間インキュ ベートした。その後 500 µl の SM buffer (50 mM Tris-HCl buffer, pH 7.5、0.1M NaCl、8 mM MgSO4、0.01% gelatin)、20 µl クロロホルムを加え撹拌し、4℃で 保存した。この条件で作製した cDNA ライブラリーのタイターは 3.9×106 pfu/ml であった。

8. プローブの作製

塩基配列解析によってチトクロム P450 cDNA の部分配列であると考えられた CYP6-1を鋳型としてプローブを合成した。プローブを標識する方法は PCR の反 応液中に DIG-conjugated dUTP (Boehringer Mannheim)を加え、PCR 産物中に DIG (digoxigenin)を取り込ませることによって行った。DIG システムは digoxigenin という抗体を核酸に標識し、抗体を用いてその抗体に標識した酵素の 発光反応で核酸を検出する方法である。PCR 法は基本的に本節の 3.に準じて行っ たが、dNTPs の代わりに dNTP 標識ミックス (1 mM dATP、1 mM dCTP、1 mM dGTP、0.65 mM dTTP、0.35 mM DIG-11-dUTP)を用い、*CYP6-1*をインサート として含むプラスミド pUC118 100 ng を鋳型とした。また、PCR 反応のアニー リング温度を 42℃とした。PCR 反応後の反応液はエタノール沈殿により核酸を精 製後、TE buffer に溶解し、プローブとして用いた。

9. cDNA ライブラリーのスクリーニング

cDNA ライブラリー3.9×10⁵個分のファージを、宿主大腸菌 100 μl (NM514、 0.4% maltose 含む LB 培地で一晩培養後、集菌し 2/5 量 10 mM MgSO4 に懸濁) とともに 37℃15 分間インキュベートし、50℃の 0.7%寒天 LB 培地 4 ml に撹拌し て、1.5%寒天 LB 培地に重層した。37℃で 12 時間培養後 4℃で約1時間冷却し、 培地上に現われたプラークをナイロンメンブレン (Gene Screen Plus, NEN)に転 写した。この後メンブレンをろ紙に染込ませたアルカリ変性液 (1.5 M NaCl、0.5 N NaOH)上で2分間変性後、同様に中和液 (0.5 M Tris-HCl, pH 7.5、1.5 M NaCl) で中和し、最後に 2×SSC (0.3 M NaCl、 0.03 M クエン酸ナトリウム)で表面に付 着したゲルを洗い落とした。Prehybridization solution (5×SSC、2% blocking reagent (Boehringer Mannheim), 0.1% N-laurylsarcosine, 50% formamide, 7% SDS) 中にて 40℃3 時間以上プレハイブリダイゼーションを行った。プローブを5 分間の煮沸により変性後、氷冷し、最終濃度 25 ng/ml になるよう加え、ハイブリ ダイゼーション(40℃、一晩)を行った。2×SSC、0.1% SDS、室温で 15 分間洗 浄後、さらに 0.2×SSC、0.1% SDS、65℃で 20 分間、2 回の洗浄を行った。 Boehringer社の手順に従い発光処理を行った後、化学発光用フィルム (Hyperfilm) ECL、Amersham)に感光させた。以上の操作により、3.9×10⁵個の組換え体から 3個の陽性クローンが得られた。

10. ファージ DNA の精製及び塩基配列解析

プラーク純化を4回繰り返して得られた陽性ファージをSM buffer に懸濁し、約 10⁵個のファージを大腸菌 NM514 に吸着させた後4 mlの 0.7%寒天 LB 培地と 混合してシャーレに固めた 1.5%寒天 LB 培地の表面に重層した。37℃で一晩イン キュベートし、全面溶菌を確認後、4 ml の SM buffer と 100 µl のクロロホルムを 加えて 4℃、一晩振とうした。ファージ抽出液からのファージ DNA の精製は QIAGEN Lambda Midi Kit (Qiagen)を用いて行った。ファージ抽出液 20 ml を 3,500×g、10 分間、2 回の遠心分離により大腸菌の破片を除去した。遠心分離で

得られた上清に 60 µl の buffer L1 (100 mM Tris-HCl, pH 7.5、300 mM NaCl、 10 mM EDTA、0.2 mg/ml BSA、20 mg/ml RNase A、6 mg/ml DNase I)を加え、 37℃、30分間インキュベートすることで大腸菌由来の染色体 DNA や RNA を分 解した。次に 4 ml の氷冷した buffer L2 (30% PEG、3M NaCl)を加え、氷上 30 分間インキュベートによりファージを沈殿させた。12,000×g、10分間の遠心分離 によりファージを回収し、2mlのbufferL3 (100mM Tris-HCl, pH 7.5、100mM NaCl、25 mM EDTA)に再懸濁し、さらに buffer L4 (4% SDS)を 2 ml 加え、70℃、 15 分間インキュベートすることで、ファージ殻タンパクを破壊、DNase、RNase を失活させた。氷冷後、2 mlの buffer L5 (3M CH₃COOK)を加えて撹拌し、4℃に おいて 15,000×g、30 分間遠心分離した。上清をさらに 15,000×g で 10 分間遠 心分離することより沈殿を除去した。4 ml の平衡 buffer (50 mM MOPS, pH 7.0、 750 mM NaCl、15% ethanol、0.15% Triton X-100)で平衡化したカラム (Quiagen-tip 100)に遠心分離後の上清を通した後、洗浄用 buffer (50 mM MOPS. pH 7.0、1 M NaCl、15% ethanol) 10 ml にて 2 回洗浄した。最後に溶出 buffer (50 mM Tris-HCl, pH 8.5、1.25 M NaCl、15% ethanol)を5 ml 通すことでファージ DNA を回収した。溶出後の DNA はイソプロパノール沈殿により精製した。ファ ージ DNA から Eco RI 処理によってインサートを切り出し、1%アガロースで電気 泳動をしてサイズを確認後、ゲルを切り出して DNA フラグメントを精製し、プラ スミド pUC118 にサブクローニングした。得られたリコンビナントプラスミドを 大腸菌 JM109 に形質転換し、本節の 5.で述べた方法でプラスミドを精製した。塩 基配列の同定は本節の 6.と同様にダイデオキシターミネーション法で行い、ユニバ ーサルプライマーによって読みとった配列に基づいて合成プライマーを作製し、さ らに先を解析する手法を用いた。

11. RT-PCR 法による CYP6E1 遺伝子の発現解析

cDNA ライブラリーのスクリーニングにより得られた P450 (CYP6E1)の発現を RT-PCR 法により解析した。Permethrin 感受性、抵抗性 (JPal-per) 両系統中腸 より cDNA を合成し、140 ng を鋳型として用いた。塩基配列解析に用いたシーク エンスプライマー P1F、P2R (Table 16、Fig. 20)を用いて PCR を行った。基本 的な方法は本節の 3.に準じた。PCR 反応は 94℃で 2 分反応後、94℃ (30 秒)、 50℃ (30 秒)、72℃ (60 秒)を 25 もしくは 35 サイクル行い、最後に 72℃ (5 分間)の伸長反応を行った。インターナルマーカーとして、ハマダラカ (Anopheles gambiae) (Salazar et al., 1994)、カイコ (Bombyx mori) (Mounier et al., 1987)、 キイロショウジョウバエ (Drosophila melanogaster) (accession no. K00667, K00668, K00669)のアクチン の保存領域よりデザインしたプローブ (act F: 5'-AGCAGGAGATGGCCACC-3'、 act R: 5'-TCCACATCTGCTGGAAGG-3')を用い てアクチン遺伝子を増幅した。

結果

既知の昆虫 6 族 P450 の保存領域をもとにプライマーをデザインし、JPal-per 系統 中腸の mRNA より合成した cDNA を鋳型として PCR を行ったところ、予 想される長さ (プライマー部分を含めて約 250 bp)の産物が得られた。従ってこの 産物をプラスミド pUC118 ヘサブクローニングし、塩基配列の解析を行った (Fig. 18)。塩基配列より予想される 67 個のアミノ酸配列は殺虫剤抵抗性昆虫からクロ ーニングされた 4 種の 6 族チトクロム P450 に相同性が高く、他の P450 で共通な PERF 配列も確認された (Fig. 19)。従ってこの PCR 産物は JPal-per 系統の幼虫 体内に存在するチトクロム P450 の部分配列であると考え、このクローンを *CYP6-1* と名付けた。

次にこの遺伝子の全長をクローニングする目的で JPal-per 系統中腸より cDNA ライブラリーを作製し、*CYP6-1*をプローブとしてスクリーニングを行った。その 結果 3.9×10^5 個の組換えファージより、3 個の陽性クローンを得た。これらのう ち約 1.6 kbp のインサートが含まれていた 2 つのクローンについて塩基配列解析 を行った (Table 16、Fig. 20)。その結果、2 つのクローンは全く同じ配列を有し ており、長い方のクローンは 499 個のアミノ酸 (推定分子量 57.5 KDa)をコードす る全長 1,566 bp の cDNA であり、3'下流域にはポリ(A)付加シグナルが認められた (Fig. 21)。塩基配列より予想されるアミノ酸配列は CYP6-1 に 100%一致していた が、二つの塩基で変異が認められた (1,149 番目と 1,224 番目の A が *CYP6-1* では それぞれ G と T に置換)。予想されるアミノ酸配列は 6 族 P450 に相同性が高か ったため、既知の昆虫 6 族 P450 (CYP6A1、CYP6B2、CYP6D1)との比較を行っ た (Fig. 22)。 102030405060CCGGTAGCAAATCTCTTCCGGGAGATCACAAAGAATTACAAGGTTCCAGAAACGGACATCPVANLFREITKNYKVPETDI

708090100110120ACCCTGGAGAAGGGGTACCGAGTAGTGATCCCAGTATACGGAATCCATCACGACCCGGATTLEKGYRVIPVYGIHHDD

130140150160170180ATCTACCCCAACCCAGAGGTCTTCAACCCTGAACGATTCATCCCGGAACTGTCAACCAATI Y P N P E V F N P E R F I P E L S T N

190 200 CGTCATCCAATGGCCTACCTG R H P M A Y L

Fig. 18. Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of a PCR product, CYP6-1.

CYP6-1	1	PVANLFREITKNYKVP-ETDITLEKGYRVVIPVYGIHHDP	39
CYP6A1 (Musca)	370	VGSALTRQTLNDYVVPHNPKYVLPKGTLVFIPVLGIHYDP	40
CYP6A2 (Drosophila)	376	LVPHLERKALNDYVVPGHEKLVIEKGTQVIIPACAYHRDE	40
CYP6B2 (Helicoverpa)	370	IVEPLQRKAIRDYKLP-GTDVVIEKDTVVLISPRGIHYDP	39
CYP6D1 (Musca)	387	GLPFLNRKCTQDFQVP-DTKLTIPKETGIIISLLGIHRDP	39
CYP6-1	40	DIYPNPEVFNPERFIPELSTNRHPMAYL 67	
CYP6A1 (Musca)	41	ELYPNPEEFDPERFSPEMVKQRDSVDW- 437	
CYP6A2 (Drosophila)	11	DI VONDETEDDEDECDEVIA ADECITIAT 1/3	
	41	DETERFEITDEERT SEENVAARESVEWE 445	
CYP6B2 (Helicoverpa)	40	KYYDNPKQFNPERFFAEEVGKRHPCAYL 436	

Fig. 19. Comparison of amino acid sequence of CYP6-1 to those of other insect CYP6 subfamilies. CYP6A1 (Feyereisen *et al.*, 1989) and CYP6D1 (Tomita and Scott, 1995) are derived from *M. domestica* and, CYP6A2 (Waters *et al.*, 1992) is from *D. melanogaster* and, CYP6B2 (Wang and Hobbs, 1995) is from *H. armigera*, respectively. Conserved amino acids are highlighted.

M13(-21)	5 ' - TGTAAAACGACGGCCATT - 3 '
M13 RV	5 '-CAGGAAACAGCTATGAC-3 '
P1F	5 '-CGGTGGAATCTACTCGT-3 '
PlR	5 ' - ACGAGTAGATTCCACCG-3 '
P2F	5 ' - TGCATCGGAGAGCGATT - 3 '
P2R	5 ' - AATCGCTCTCCGATGCA-3 '
P3F	5 ' - TAATGAGAGGGACGACC-3 '
P3R	5 '-GGTCGTCCCTCTCATTA-3 '
P4F	5 ' - ATCGCGGTTTGCAATGG-3 '
P4R	5'-CCATTGCAAACCGCGAT-3'
P5R	5 ' - TCTTTCTGGCCCTCTCCT-3 '
P6F	5 ' - TACGAGCTGGCACTGAA - 3 '

Table 16. Oligonucleotide primers used for the sequence analysis of *CYP6E1* cDNA



Fig. 20. Sequencing strategy and restriction map of *CYP6E1* cDNA. Numbers indicate the sequence positions of synthesized oligonucleotide primers.

85

T	M L L Y L V T I V T W L V Y V W	60
61	ATCAAGCGACGGTATTCCTACTGGAAGGATCGTGGCGTTCCATCTCTGAGAGTCTCCTTC I K R R Y S Y W K D R G V P S L R V S F	120
121	CCAGCTGGAAATCTCCAGGGAATCGGCCACCGTCACCTGGGACTCATCATGCAGGATTTG P A G N L Q G I G H R H L G L I M Q D L	180
181	TACGGCAAGTTGAAAGGCTCTGGGGCCAAGTTCGGTGGAATCTACTCGTTCCTCAAGCCG Y G K L K G S G A K F G G I Y S F L K P	240
241	ATGGTCATGGTGCTGGATCTGGACTTTGCCAAGGACGTGCTGGTGAGGGAGTTTCAGTAC M V M V L D L D F A K D V L V R E F Q Y	300
301	TTTCACGATCGTGGCATGTACTATAATGAGAGGGACGACCCGTTGTCGGCACATCTCGTC F H D R G M Y Y N E R D D P L S A H L V	360
361	AGCTTGGAAGGTGATAAGTGGAAGAGCTTGAGGACGAAGCTGACGCCGACGTTTACCTCC S L E G D K W K S L R T K L T P T F T S	420
421	GGGAAGATGAAGATGATGTTGGCACGATTGAGGGGGTTGTTGATCGGTTAGAGGGTTGC G K M K M M F G T I E E V V D R L E G C	480
481	ATCAGGGTTAGGGTGGAATCTGGTGAATGCATCGAGATCAGGGATATTATATCGCGGTTT I R V R V E S G E C I E I R D I I S R F	540
541	GCAATGGACGTTATTGGGAGTTGTGCCTTTGGGTTGGACTGTAACAGTTTGGTATTGTCG A M D V I G S C A F G L D C N S L V L S	600
601	GACCCTCCGTTCTGGAAGATGAGCCTGAAAGCTTCTACTAGCACGAAACTTCAATTCTTG D P P F W K M S L K A S T S T K L Q F L	660
661	ATATCACTTTTTGCTACAACCTATCGGAAGTTTTCCAACCAA	720
721	CCAAACGATGTGAGTGATTTCTACCTTGGAGCGGTTCGTGATACGATCAAGTTTCGGATG P N D V S D F Y L G A V R D T I K F R M	780
781	GACAACCAAGCGTCGCGAAAGGACTTTATGGATCTGTTGATCAAGCTGGAGGATAACTTT D N Q A S R K D F M D L L I K L E D N F	840
841	ACGTTCAACGAGATCGCTGCGCAAGCCTTCGTGTTCTTCCAGGCTGGTTACGAAACCTCT T F N E I A A Q A F V F F Q A G Y E T S	900
901	TCAATTACGATGACCTTCTGCCTGTACGAGCTGGCACTGAATCAGGAACTTCAGGAGAGG S I T M T F C L Y E L A L N Q E L Q E R	960
961	GCCAGAAAGAGCGTGGAGGATGTTCTGAAGAGGCACGGATCCTTCAGCTATGAAACCATT A R K S V E D V L K R H G S F S Y E T I	1020
1021	CAGGACATGGAGTTCCTCAACTGTTGTGTCAAA <mark>GAAACGCTTCGCAAGTATCC</mark> ACCGGTA Q D M E F L N C C V K E T L R K Y P P V	1080
1081	GCAAATCTCTTCCGGGAGATCACAAAGAATTACAAGGTTCCAGAAACGGACATCACCCTG A N L F R E I T K N Y K V P E T D I T L	1140
1141	GAGAAGGGATACCGAGTAGTGATCCCAGTATACGGAATCCATCACGACCCGGATATCTAC E K G Y R V V I P V Y G I H H D P D I Y	1200
1201	CCCAACCCAGAGGTCTTCAACCCAGAACGATTCATCCCGGAACTGTCAACCAATCGTCAT P N P E V F N P E R F I P E L S T N R H	1260
1261	CCAATGGCCTACCTG <mark>CCCTTCGGAGAAGGACC</mark> CGAACCTGCATCGGAGAGCGATTCGCC P M A Y L P F G E G P R T C I G E R F A	1320
1321	CTAATGGAGACCAAAATTGGCCTCAGTCGTTTGCTACAAAAGTTTCGCTTTAAACTAGCA L M E T K I G L S R L L Q K F R F K L A	1380
1381	CCTCAAACTTCCACAAGAATTGAGCTTAACAAAACCGGCGTATTCCTATCTAT	1440
1441	AATCTCTGGATGAAGGTTAAAAAAACCTGTCATAACCTCACCGTTGTCACTGAACCTGCC N L W M K V K K T C H N L T V V T E P A	1500
1501	GCAGAAAATTAAattttcataac aataaa aagagcgtcctcggctgtcgccaaactggt A E N *	156
1561	ataaaa	1566

Fig. 21. Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of *CYP6E1* cDNA clone. A poly A addition signal is shown with bold letters. Nucleotide sequence expressed with capital letters indicates the open reading frame. Star denotes translation stop codon. Boxes indicate the positions of primer used for amplifying the PCR products. Deduced amino acids are shown with single capitals under the nucleotide sequence.

CYP6E1	1:MLLYLVTIVTWLVYVWIKRRYSYWKDRGVPSLRVSFPAGN-LQGIGHR-HLGLIM	53
CYP6A1	1:MDFGSFLLYALGVLASLALYFVRWNFGYWKRRGIPHEEPHLVMGN-VKGLRSKYHIGEII	59
CYP6B2	1:MWIFYFPAVISVLIVTL-YFYFTRTFNYWKKRNVRGPEPVVFFGNLKDSALRKKNMGVVM	59
CYP6D1	1:MLLL-LLL-IVVTTL-YIFAKLHYTKWERLGFESDKATIPLGSMAKVFHKERPFGLVM	55
CYP6E1	54:QDLYGKLKGSGAKFGGIYSFLKPMVMVLDLDFAKDVLVREFQYFHDRGMYYNERDDPLSA	113
CYP6A1	60:ADYYRKFKGSGP-FAGIFLGHKPAAVVLDKELRKRVLIKDFSNFANRGLYYNEKDDPLTG	118
CYP6B2	60:EELYNMFPEEKVIGIYRMTSPCLLVRDLEVIKHIMIKDFEVFSDRGLEF-SK-EGLGQ	115
CYP6D1	56:SDIYDKCHEKVVGIYLFFKPALLVRDAELARQILTTDFNSFHDRGLYVDEKNDPMSA	112
CYP6E1	114:HLVSLEGDKWKSLRTKLTPTFTSGKMKMMFGTIEEVVDRLEGCIRVRVESGECIEIRD	171
CYP6A1	119:HLVMVEGEKWRSLRTKLSPTFTAGKMKYMYNTVLEVGQRLLEVMYEKLEVSSELDMRD	176
CYP6B2	116:NLFHADGDTWRTLRNRFTPIFTSGKLKNMFYLMNEGADNFIDHVS-KECEKH-QEFEIHT	173
CYP6D1	113:NLFVMEGQSWRTLRMKLAPSFSSGKLKGMFETVDDVADKLINHLNERLKDGQTHVLEIKS	172
CYP6E1	172:IISRFAMDVIGSCAFGLDCNSLVLSDPPFWKMSLKASTSTKLQFLISLFATTYRKFSNQI	231
CYP6A1	177:ILARFNTDVIGSVAFGIECNSLRNPHDRFLAMGRKSIEVPRHNALIMAFIDSFPELSRKL	236
CYP6B2	174:LLQTYTMSTISSCAFGVSYDTISDKLDTLAIVDKIISEPSYAIELD-MM-YPGLL-PKL-	229
CYP6D1	173:ILTTYAVDIIGSVIFGLEIDSFTHPDNEFRVLSDRLFNPKKSTMLERIRNLSTFMCPPLA	232
CYP6E1	232:G-ICVL-PNDVSDF-YLGAVRDTIKFRMDNQASRKDF-MDLLIK	271
CYP6A1	237:G-MRVL-PEDVHQF-FMSSIKETVDYREKNNIRRNDF-LDLVL-D-LKNN	280
CYP6B2	230:N-LSIF-PSVVHKF-FKNLVNTIVTQRNGKPSGRNDFMDLILELRQMGEITSNKYGNN	284
CYP6D1	233:KLLSRLGAKDPITYRLRDIVKRTIEFREEKGVVRKDLLQLFIQLRNTGKISDDNDKLWHD	292
CYP6E1	272:L-E-DNFTFNEIAAQAFVFFQAGYETSSITMTFCLYELALNQELQERARKSV-E-D	323
CYP6A1	281:PES-ISKLGGLTFNELAAQVFVFFLGGFETSSSTMGFALYELAQNQQLQDRLREEVNE	337
CYP6B2	285:M-STLE-ITE-SV-MCA-QAFVFYIAGYETSATTMAYLTYQLALNPDIQNKLIAEIDEAI	339
CYP6D1	293:VESTAENLKAMSIDMIASNSFLFYIAGSETTAATTSFTIYELAMYPEILKKAQSEVDECL	352
CYP6E1	324:VL-KRHGSFSYETIQDMEFLNCCVKETLRKYPPVANLFREITKNYKVP-ETDITLEKG	379
CYP6A1	338:VFDQF-KEDNISYDALMNIPYLDQVLNETLRKYPVGSALTRQTLNDYVVPHNPKYVLPKG	396
CYP6B2	340:KANGGKVTYDTVKDMKYLNKVFDETLRMYSIVEPLQRKAIRDYKLP-GTDVVIEKD	394
CYP6D1	353:QRHGLKPQGRLTYEAIQDMKYLDLCVMETTRKYPGLPFLNRKCTQDFQVP-DTKLTIPKE	411
CYP6E1	380: YRVVIPVYGIHHDPDIYPNPEVFNPERFIPELSTNRHPMAYLPFGEGPRTCIGERFALME	439
CYP6A1	397: TLVFIPVLGIHYDPELYPNPEEFDPERFSPEMVKQRDSVDWLGFGDGPRNCIGMRFGKMQ	456
CYP6B2	395: TVVLISPRGIHYDPKYYDNPKQFNPERFFAEEVGKRHPCAYLPFGLGQRNCIGMRFGRLQ	454
CYP6D1	412: TGIIISLLGIHRDPQYFPQPEDYRPERFADE-SKDYDPAAYMPFGEGPRHCIAQRMGVIN	470
CYP6E1	440:TKIGLSRLLQKFRFKLAPQTSTRIELNKTGVFLSIQGNLWMKVKKTCHNLTVVTEPAAEN	499
CYP6A1	457:SRLGLALVIRHFRFTVCSRTDIPMQINPESLAWTPKNNLYLNVQAIRKKIK	507
CYP6B2	455:SLLCITKLLSKFRLEPSKNTDRNLQVEPYRFIIGPKGGIRLNIVPRKDVS	504
CYP6D1	471:SKVALAKILANFNIQPMPRQEVEFKFHSAP-VLVPVNGLNVGLSKRW	516

Fig. 22. Comparison of amino acid sequence of CYP6E1 to those of three cytochrome P450s from insects. CYP6A1 (Feyereisen et al., 1989) and CYP6D1 (Tomita and Scott, 1995) isolated from a housefly, *Musca domestica* and CYP6B2 (Wang and Hobbs, 1995) from a cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. Conserved amino acids are expressed with bold letters. Gaps are introduced to maximize the homology.

CYP6A1 はイエバエ (*Musca domestica*)よりクローニングされ、シクロジエン 系殺虫剤を代謝することが確かめられている (Feyereisen *et al.*, 1989; Andersen *et al.*, 1994)。CYP6B2 は鱗翅目昆虫 (*Helicoverpa armigera*)より、CYP6D1 は イエバエよりクローニングされ、ともに殺虫剤抵抗性に関与するとされている (Wang and Hobbs, 1995; Tomita and Scott, 1995)。これらの 6 族 P450 に対する 相同性はそれぞれ 42.2、31.8、35.0%であった。また、配列間で共通に認められ る疎水性膜結合領域 (アミノ酸第 2-17 番目) や、還元酵素結合領域 (第 341-351 番目と第 399-407 番目)、さらにヘム鉄結合領域 (第 423-436 番目)が、今回クロ ーニングされた cDNA より予想されるアミノ酸配列でもよく保存されていた。従 って、今回クローニングされた cDNA はチトクロム P450 をコードする遺伝子で あることが判明した。このチトクロム P450 は国際 P450 命名委員会 (Nelson *et al.*, 1993)に委託し、CYP6E1 と命名された (Kasai *et al.*, 1998b)。本クローンは カより全長をクローニングされた由一の P450 cDNA である。

つぎに両系統の中腸由来の mRNA より合成した cDNA を鋳型として、RT-PCR を行った (Fig. 23)。140 ng の鋳型を用いて PCR 反応を行い、35 サイクル後に両 系統より目的とする長さ (約 1,100 bp)の産物が確認された。従って、CYP6E1 は JPal-per 系統に特異的なアイソフォームではなく、少なくとも今回用いた小笠原 産の感受性系統幼虫体内でも発現している P450 種であることが明らかとなった。

考察

前章までに JPal-per 系統中腸に占めるチトクロム P450 量は全体の 80%で、し かも P450 由来の permethrin 代謝活性も中腸で最も高かったため、本章では中腸 由来の cDNA ライブラリーから、チトクロム P450 cDNA のスクリーニングを行 った。その結果、499 個のアミノ酸をコードする 1,566 bp の cDNA がクローニン グされた。そして、この遺伝子から予想されるアミノ酸配列はチトクロム P450 の 特徴をいくつか兼ね備えていることから、新規チトクロム P450 (CYP6E1)である ことが判明した。これまで力の仲間ではハマダラカ (*Anopheles albimanus*)から 4 族 P450 14 種の部分配列が報告されている (Scott *et al.*, 1994)。CYP6E1 は P450 に特徴的な機能ドメインを有しているが、4 族 P450 に特徴的な



Fig. 23. Analysis of gene expression of CYP6E1. cDNA samples synthesized with mRNA isolated from susceptible (lanes 2, 4 and 6) or resistant JPal-per larvae (lanes 3, 5 and 7) were used for PCR. CYP6E1 specific primers were used for the gene expression (lanes 2-7). Twenty five (lanes 4 and 5) and 35 cycles (lanes 2, 3, 6 and 7) of PCR were carried out. As a control, actin gene expression was also analyzed using specific primers (lanes 2 and 3). Lanes 1 and 8 show molecular size markers (1kb ladder, Gibco). An arrowhead indicates the position of PCR products for CYP6E1 (1,104bp).

EVDTFMFEGHDTT 配列 (Bradfield *et al.*, 1991)を持たないことから、ハマダラカの4族 P450とは異なるグループに分類される。

CYP6E1はpermethrin抵抗性のJPal-per系統より同定されたチトクロムP450 である。これが JPal-per 系統固有のタンパクであるのかを確かめるために、両系 統中腸より調整した cDNA を鋳型とし、CYP6E1 に特異的なプライマーを用いて RT-PCR を行った。35 サイクル後の反応液中に予想された長さの産物が認められ たことより、このチトクロム P450 は感受性系統の中腸においても発現しているこ とが示唆された。また、インターナルマーカーとして増幅したアクチン遺伝子が両 系統でほぼ同量発現していたのに対し、CYP6E1遺伝子の増幅量は25、35両サイ クルにおいて JPal-per 系統で高い傾向が認められた。したがって CYP6E1 遺伝子 は JPal-per 系統で感受性系統より多く発現している可能性がある。しかし PCR 法は反応液中に存在する数少ない遺伝子を人工的に増幅させる手法であることか ら、遺伝子の発現量を正確に反映しない場合があり、実際には mRNA 発現量をノ ーザンブロッティング法により調査する必要があると考えられた。 前述したよう にチトクロム P450 は生物体内に数多くのアイソフォームが存在していることが 知られている (Nelson et al., 1993)。従って、本節で同定された CYP6E1 が permethrin 抵抗性に関与しているのかどうかはこの時点では明らかでない。今後 PCR で増幅されたその他のアイソフォームについてもクローニングし、代謝機能 を個々に調査することで permethrin 解毒性 P450 が特定されると思われる。

第2節 その他の6族 P450 のクローニングと構造解析

一般に一つの生物種内には複数のチトクロム P450 のアイソフォームが存在す ることが知られている。本節では CYP6E1 以外の P450 アイソフォームをクロー ニング、構造解析し、本種がもつ P450 の多様性、遺伝子発現量を感受性、抵抗性 系統で比較することにより、permethrin 解毒性アイソフォームの同定への足がか りとした。

材料及び方法

1. アイソフォームのクローニング及び構造解析

供試昆虫は前節に準ずる。第1節において degenerate primer を用いて増幅した 約 250 bp の PCR 産物をプラスミド pUC118 ヘサブクローニングし、大腸菌 JM109 ヘ形質転換し LB 寒天培地上にコロニーを形成させた。感受性系統中腸由 来の cDNA についても同様に行い、JPal-per 系統からは 29 個の、感受性系統か らは 35 個のコロニーを無作為に選抜し、それぞれを 3 ml LB 培地で一晩培養後、 プラスミドを精製した。第1節、6.の方法に従いインサート DNA の塩基配列を解 析し、アイソフォームの種類と割合を算出した。その結果、両系統ともに CYP6-2 と名付けられたアイソフォームが全体の約 60%を占めていたため、この遺伝子 の完全鎖長のクローニングを試みた。スクリーニング及び塩基配列解析は第1節の 方法に準じた。JPal-per 系統中腸由来の cDNA ライブラリーを DIG ラベルした *CYP6-2*遺伝子をプローブとしてスクリーニングした後、3 回のプラーク純化を経 て約 1.6 kbp のインサートをプラスミド pUC118 ヘサブクローニングした。M13 (-21)、M13 RV ユニバーサルプライマーによって解読した配列を基に合成プライ マーを作製し、さらに先の配列を解析した。

2. ノーザンブロッティング

① RNAの精製

両系統の4 齢幼虫約100 頭から、中腸を摘出し、すばやく液体窒素中に保存した。total RNA の精製は、ISOGEN (ニッポンジーン)を用いて行った。中腸を0.8 mlの ISOGEN とともにガラスホモジナイザーを用いて磨砕し、室温で5分間放置後0.2 mlのクロロホルムを加え30秒間激しく撹拌し、氷上5分間インキュベートした。12,000×gで15分間、4℃にて遠心分離して得られた上清を再び遠心分離して組織より分離した。フェノール:クロロホルム抽出を2回行うことにより上清中に混入したタンパクを除去し、0.8 mlのイソプロパノールを加えて30分間放置後4℃にて12,000×g、15分間遠心分離し、RNAを沈殿させた。さらに沈殿物を1 mlの70%エタノールで洗浄後、DEPC処理水50 µl に溶解した。溶液のRNA 濃度はOD 260nmの吸光度測定及び電気泳動後に検出される28S リボゾームRNA 保存した。

② RNA の電気泳動

Total RNA 6 µg を含む溶液 5.5 µl を変成溶液 (×10 MOPS buffer (0.4 M MOPS, pH 7.0、0.1 M CH₃COONa、0.01 M EDTA): 12.3 M ホルムアルデヒド: ホルムアミド = 5:9:25) 19.5 µl と混合し、75℃で 15 分間インキュベートした。 氷上で急冷した後、5 µl の loading buffer (1 mM EDTA, pH 8.0、0.25% bromo phenol blue、50% glycerol)を加えて試料とした。試料は、1×MOPS 当量、ホル ムアルデヒド (最終 2.2 M)を含む 1%アガロースゲル中で泳動した。電気泳動は 1 ×MOPS を泳動緩衝液として 20V、約 12 時間行った。電気泳動後のゲルはエチ ジウムブロマイドにより染色し、28S リボゾーム RNA を撮影後、DEPC 処理水に てホルムアルデヒドを除去し、20×SSC 溶液にて 45 分間浸透した。

③ ナイロンメンブレンへの転写

ナイロンメンブレンへの転写はキャピラリー法 (Thomas, 1980, 1983)を用いて 行った。ゲルと同じサイズに切った Gene Screen Plus ナイロンメンブレンを 20 ×SSC に浸し、ゲルに密着させ、20×SSC を媒体として、ゲル中の RNA をメン ブレンに転写した。

④ プローブの調製及びハイブリダイゼーション

ノーザンブロッティングのプローブには degenerate primer(第1節)を使って 両系統中腸由来の cDNA より増幅した約 250bp の PCR 産物を用いた。標識は第 1節の方法に準じ、PCR 反応液中に DIG conjugated dUTP を加え、PCR 反応中 に dTTP と置換させることにより行った。プレハイブリダイゼーション済みのメン ブレンと共に 50%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中にて、40℃ で一晩インキュベートした。cDNA ライブラリーのスクリーニングの場合と同様に 洗浄後、Boehringer 社のプロトコールに従い発光処理を行い化学発光用フィルム に感光させた。現像処理後のフィルムは Adobe photoshop™ LE (Adobe)によって 画像を取り込み、NIH Image ver. 1.55 により相対発光強度を測定した。 結果

両系統の幼虫体内に存在する P450 アイソフォームの数、割合を検討する目的で、 degenerate primer により増幅された PCR 産物をプラスミドベクターへサブクロ ーニングし、感受性系統より 35 個、抵抗性系統より 29 個について構造解析を行 った。その結果、感受性系統からは 4 種類の、JPal-per 系統からは 7 種類のアイ ソフォームの存在が確認された (Table 17)。これらのうち *CYP6E1 と CYP6F1*(国 際命名委員会により命名)の塩基配列にそれぞれ一つずつ系統間変異をもつクロー ンが認められたが、アミノ酸レベルでの変異は確認されなかった (Fig. 24、25)。 種間の相同性は塩基レベルで 51%~88%、アミノ酸レベルで 25%~79%であった (Table 18)。

個々のアイソフォームの PCR 産物中に占める割合を Table 19 に示した。感受 性系統からは CYP6E1、CYP6F1、CYP6-3、CYP6-4、の4種のアイソフォーム が確認され、JPal-per 系統からは感受性系統で確認された4種に加え、全部で7 種のアイソフォーム (CYP6E1、CYP6F1、CYP6-3、CYP6-4、CYP6-5、CYP6-6、CYP6-7)が確認された。両系統ともに CYP6F1 の割合が最も高く、全体の約 60%を占めていたことから、CYP6F1 は殺虫剤抵抗性に限らずネッタイイエカ幼 虫体内で何らかの重要な位置にあるアイソフォームであると考えられた (Table 19)。

PCR により増幅された産物をプローブとして行ったノーザンブロッティングの 結果を Fig. 26 に示した。インターナルマーカーであるリボゾーム RNA 量が両系 統で等しいのに対し、得られた P450 のシグナルは JPal-per 系統で強かった。NIH Image アナライザーにより定量した結果、今回増幅した P450 の mRNA 量は抵抗 性系統である JPal-per 系中腸において感受性系統の約 2.3 倍多く発現していた。 この数値を JPal-per 系統の各アイソフォームの割合に掛けた値と、感受性系統の 各アイソフォームの割合との比は、そのまま発現量の比に反映されると考えられ、 算出した (Table 19)。その結果 CYP6-3 と CYP6E1 ではそれぞれ 1.2 倍と 1.4 倍 となり、系統間で大きな差がなかったのに対し、CYP6F1 と CYP6-4 では JPal-per 系統でそれぞれ 2.4 倍と 8.2 倍多く発現していると予想された。これらのことから、 CYP6F1 はネッタイイエカ幼虫において主要なアイソフォームであり、しかも JPal-per 系統で過剰発現していることが予想された。従って次に CYP6F1 cDNA

Geme name	Strain	Nucleotide ^a changes	Amino acid ^a changes	DDBJ Accession No.
CYP6E1	S, R	1	0	AB001323
CYP6F1	S, R	1	0	AB001324
СҮР6-3	S, R	0	0	-
CYP6-4	S, R	0	0	
CYP6-5	R			
CYP6-6	R	-	-	-
CYP6-7	R	1.4.1		

Table 17. *CYP6* gene fragments cloned by PCR from the gut of permethrin-susceptible (S) and -resistant (R) JPal-per larvae of *C. quinquefasciatus*

^a Nucleotide or amino acid changes between susceptible and resistant strains.

	A V P F L N R E C S K D Y K I P G T D T	
61	ACCATCGAGAAAGGAACATCGTTAGTCATTCCAGTCCTCGGACTACACCGCGATCCCGAT T I E K G T S L V I P V L G L H R D P D	120
121	CACTACCCGGAACCGGACAGGTTCATTCCGGAACGGTTCAGCAACTTTGAAGATATTTCC H Y P E P D R F I P E R F S N F E D I S	180
181	ACCAAACCGTATCTT T K P Y L	194
вс	YP6-3	
1	GGATTGCCAATCCTCAACCGGGAGTGCACCCAGGACTTCCAGGTGCCACAGTCAAAGGTG G L P I L N R E C T Q D F Q V P Q S K V	60
61	GTCATCAAGAAGGGAACGCAGATCATCATTCCGATCTCCGCCTACGGCATGGACGAGCGA V I K K G T Q I I I P I S A Y G M D E R	120
121	TACTTCCCTGATCCGGACAGCTACATCCCGGAGCGGTTCTTCGAGGAAAGCAAGAACTAC Y F P D P D S Y I P E R F F E E S K N Y	180
181	GACGACAATGCGTACCAG D D N A Y Q	198
сс	YP6-4	
1	CCGGTTGACTATCTGATGCGTCGATCCAAGACTACCTACAACCACATTCCAGACGGAACG PVDYLMRRSKTTYNHIPDGT	60
61	CTGTTCATAGTTCCAACGTACGCGCTGCACCACGATCCTGACCACTATCCCGAGCCGGAA L F I V P T Y A L H H D P D H Y P E P E	120
121	AAGTTTGATCCAGAGCGATTTGCACCGAGCGCGGATCCGCAAAAGACATCCCTACAGTTTT K F D P E R F A P S A I R K R H P Y S F	180
181	CTA L	183
DC	YP6-5	
1	$\begin{array}{cccc} \mbox{GGATTGCCAATCCTCAACCGGGAGTGCCACGGAGTGCCACGGGAGTGCAAGGTG} \\ \mbox{G} \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \ \$	60
61	GTCATCAAGAAGGGAACGCAGATCATCATTCCGATCTCCGCCTACGGCATGGACGAGCGA V I K K G T Q I I I P I S A Y G M D E R	120
121	TACTTCCCTGATCCGGACAGGTTCATTCCGGAACGGTTCAGCAACTTTGAAGATATTTCC Y F P D P D R F I P E R F S N F E D I S	180
181	ACCAAACCGTATCTT T K P Y L	196
EC	YP6-6	
1	CCACTGGACAATACGTTCCGAACGAATGAAGTGGATTACGTAATACCTGGTACAAATTAC P L D N T F R T N E V D Y V I P G T N Y	60
61	ACCATTCCAGCTGGTACGTTCGTCCAGATTCCGATCTACGCCATCCAACGGGATCCGGAT T I P A G T F V Q I P I Y A I Q R D P D	120
121	AACTTCCCCGAACCGGACAAGTTCGACCCAGACCGATTCCTCCCGGAAGCCGTGAAAAGT N F P E P D K F D P D R F L P E A V K S	180
181	CGTCACCCGTACGCGTACATA R H P Y A Y I	201
FC	YP6-7	
1	TCGGTGGACTTTCTGATGAGGACGTCCAACAGCGATTTCCCCGTTCCCAACAGCGACCTC S V D F L M R T S N S D F P V P N S D L	60
61	ACGATCCCCAAGGGCACCTTCCTGATAGTACCAACCTACGCGCCGCAGCACGATCCCGAC T I P K G T F L I V P T Y A P Q H D P D	120
121	CACTACCCGGATCCGGACCGGTTCGATCCGGAGCGTTTCAACGAAACCAACC	180
181	CGCCACCCGTTCGTGTATCTG R H P F V Y L	201

A CYP6-2

CYP6E1	1	PVANLF R EITKNYKVPETDITLEK <mark>G</mark> YRVVIPVYGIHHDPDIYPNPEVFNPERFIPELSTNRHPMAYL	67
CYP6F1	1	AVPFLNRECSKDYKIPGTDTTIEKCTSLVIPVLGLHRDPDHYPEPDRFIPERF-SNF-EDISTKPYL	65
CYP6-3	1	GLPILNRECTQDFQVPQSKVVIKKCTQIIIPISAYGMDERYFPDPDSYIPERFFEESKNYDDNAYQ-	66
CYP6-4	1	PVDYLMRRSKTTYN-HIPDGTLFIVPTYALHHDPDHYPEPEKFDPERFAPSAIRKRHPYSFL	61
CYP6-5	1	GLPILNRECTQDFQVPQSKVVIKKCTQIIIPISAYGMDERYFPDPDRFIPER-FSNFEDISTKPYL-	65
CYP6-6	1	PLDNTFRTNEVDYVIPGTNYTIPACTFVQIPIYAIQRDPDNFPEPDKFDPDRFLPEAVKSRHPYAYI	67
CYP6-7	1	SVDFLMRTSNSDFPVPNSDLTIPKCTFLIVETYAPOHDPDHYPDPDRFDPERFNETNRASRHPFVYL	67

Fig. 25. Comparison of the amino acid sequence deduced from the sequence of the cloned CYP6 PCR products.

	CYP6E1	CYP6F1	CYP6-3	CYP6-4	CYP6-5	CYP6-6	CYP6-7
CYP6E1	-	47.8	32.8	43.3	31.3	44.8	41.8
CYP6F1	60.9	_	37.3	40.3	55.4	41.8	44.8
CYP6-3	58.1	60.2	-	25.0	78.8	34.3	37.3
CYP6-4	52.0	54.7	51.7		28.4	43.3	50.8
CYP6-5	56.9	71.6	87.4	51.2	_	34.3	43.3
CYP6-6	59.1	59.3	55.0	57.9	54.1	-	46.3
CYP6-7	53.7	56.2	52.5	63.6	53.4	55.5	-

Table 18. Percentage identity of the nucleotide and deduced amino acid sequences of the *CYP6* genes

Note. Figures in upper right (shadowed) and lower left columns are % identity of the deduced amino acid sequence and nucleotide sequence, respectively.

G	Susceptible						
Gene name	n ^a	%s	n ^a	%R	%R×2.3	%R×2.3 / %S	
CYP6F1	20	57.1	17	58.6	134.8	2.4	
CYP6-3	12	34.3	5	17.2	39.6	1.2	
CYP6-4	1	2.9	3	10.3	23.7	8.2	
CYP6E1	2	5.7	1	3.4	7.9	1.4	
CYP6-5	0	0	1	3.4	7.9	_	
CYP6-6	0	0	1	3.4	7.9	-	
СҮР6-7	0	0	1	3.4	7.9	-	
Total	35	100.0	29	99.7	229.7	1 4 -1	

Table 19.	Expression	of the CY	P6 genes	s in pe	ermethrin	-susceptible	and	-resistant
JPal-per la	arvae of C. q	quinquefas	ciatus					

^aNumber of cDNA clones identified.



Fig. 26. Northern blot analysis of total RNA isolated from guts of permethrin -susceptible (S) and -resistant JPal-per (R) larvae of *C. quinquefasciatus*. Mixed probes (250bps) were used.

の完全鎖長のスクリーニングと構造解析を試みた。

cDNA ライブラリーのスクリーニングの結果、6.2×104個の組換え体ファージよ り、11 個の陽性クローンを得た。これらのうち約 1.6 kbp のインサートについて サブクローニングし、ユニバーサルプライマーによって解読した配列を基に合成プ ライマーを作製し、完全鎖長の配列を解析した(Table 20、Fig. 27)。その結果、508 個のアミノ酸翻訳領域を含む 1,597 bp の cDNA 全長が明らかとなった (Fig. 28)。 CYP6F1 と名付けられたこのアイソフォームはチトクロム P450 に特徴的な領域 をいくつか含んでおり、疎水性膜結合領域 (3-20 番目)、還元酵素結合領域 (362-371、416-427 番目)、ヘム鉄結合領域 (441-450 番目)は他のチトクロム P450 と 同様によく保存されていた (Fig. 29)。また、系統学的に見ると CYP6F1 は CYP6E1 とともに他の 6 族 P450 に近縁で、特にイエバエより単離された CYP6C 亜族に最も近いグループであるが、既知の亜族に分類されるものではなかった (Fig. 30)。

考察

現在までのところ、殺虫剤抵抗性昆虫よりクローニングされ、その遺伝子発現に ついて報告されたアイソフォームはイエバエで 2 種 (CYP6A1、CYP6D1)、キイ ロショウジョウバエで 1 種 (CYP6A2)ある (Carino *et al.*, 1994; Tomita *et al.*, 1995; Waters *et al.*, 1992)。そして、これらをコードする遺伝子はいずれも抵抗性 系統で過剰発現しており、その結果タンパク質量の過剰生産が生じ、基質となる殺 虫剤の解毒活性の増大につながっていると推測されている。また、これらのアイソ フォームでは遺伝子そのものの増幅は認められず、発現因子により制御された現象 であるとされている (Taylor and Feyereisen, 1996)。構造遺伝子の質的な変異が チトクロム P450 の解毒活性の増大をもたらしている現象はまだ直接的証拠によ り確認されていないことから、JPal-per 系統における P450 酸化酵素系の活性増 大も遺伝子発現量の違いによりもたらされている可能性が高いと思われる。第 3 章において JPal-per 系統のチトクロム P450 量が感受性系統の 2.7 倍であったこ ともこの可能性を強く示唆するものである。

アイソフォームの多様性から考えて、もし一部のアイソフォームのみが

M13(-21)	5 '-TGTAAAACGACGGCCATT-3 '
M13 RV	5 '-CAGGAAACAGCTATGAC-3 '
Q1F	5 '-CAATGCTGGTGGTCAAC-3 '
Q2F	5 '-CAGTTCCGTTCCTGAAC-3 '
Q3R	5 ' - CCTTAGAACACTCACGG-3 '
Q5R	5 '-CCCCAAACGGAAGATAC-3 '
Q6F	5 '-CATGGGACATCGAAGTG-3 '
Q6R	5 '-CACTTCGATGTCCCATC-3 '
Q7R	5'-AAATCACGCACAAGCAC-3'
Q9R	5 '-ACGTTTCGCCACGTGATC-3 '
Q10F	5 '-CGGTTGGATTCGGAATC-3 '
Q11F	5 '-ATTCCAGTCCTCGGACTA-3 '

Table 20. Oligonucleotide primers used for the sequence analysis of *CYP6F1* cDNA



Fig. 27. Sequencing strategy and restriction map of *CYP6F1* cDNA. Numbers indicate the sequence positions of synthesized oligonucleotide primers. Probe 1, 2 and 3 were used for Northern or Southern blotting.

102

1	AATGTTTGCGTGGATAATCTGCGCTGCGGCAGCAGTTCCGCTGGTGTACTTCCTGATCGT M F A W I I C A A A A V P L V Y F L I V	60
61	GTACCAGTTCAGCTACTGGAAACGTCGTGGGATCACACAACTCACTC	120
121	TGGAGATCTTGGACCGTTCTTTCGGCAACGGTCCAGCCTCGGAGTGGTCTACGCCGATGT G D L G P F F R Q R S S L G V V Y A D V	180
181	GTACCGGCTGTGCAAGCGCCTACCCTTGTGGGGATCTACCTTTCCTTGCGGCCAATGCT Y R L C K R L P F V G I Y L S L R P M L	240
241	GGTGGTCAACGACCCCGAGTTGATTAAAAATGTGCTTGTGCGTGATTTTGACCACTTTCA V V N D P E L I K N V L V R D F D H F H	300
301	CGATCGTGGACTGTACGTGAACGAGGAGGAGGACCCACTCAGTGGGCATTTGTTTG	360
361	$\begin{array}{cccc} CGGTGGCGAACAGTGGCGCCATCATCGGTCCAAGCTAACGCCAACGTTCACCTCGGGAAG\\ \mathsf{G & G & E & Q & W & R & H & R & S & K & L & T & P & T & F & T & S & G & R \end{array}$	420
421	GTTGAAGGAGATGTTCACGAACTTGGTCCAAATTGGGCGTGTTCTCCAAGATCACGTGGC L K E M F T N L V Q I G R V L Q D H V A	480
481	GAAACGTGCTGGGGAGGACATCGAAATTCGGGACGTGATGGCGCGGTACACTACCGATAT K R A G E D I E I R D V M A R Y T T D I	540
541	CATIGCATCGGTTGGATTCGGAATCGAAAATGACTCCATCAACGAAAAGGGCAACATTTT I A S V G F G I E N D S I N E K G N I F	600
601	CAGGGAAATGGGAACGAAGGTGTTCTCTCCTGATCTTAAGACGATACTTCGATTGACGAG R E M G T K V F S P D L K T I L R L T S	660
661	CACATTTTTCACTCCAAAGCTGAACGCACTGTTTGGATTCAAATTTATCGCACAGGAGAT T F F T P K L N A L F G F K F I A Q E I	720
721	TGAAGACTTCATCATGAACGTTGTACGTGAAACCCTGGAGTACAGAGAAAGCAACAAAGT E D F I M N V V R E T L E Y R E S N K V	780
781	CGTCCGGAAGGATATGATGCAGCTGCTCATGCAGCTACGTAACTCCGGAACGGTTTCGAT V R K D M M Q L L M Q L R N S G T V S I	840
841	CGACGATCGATGGGACATCGAAGTGTCAACCAAGAAAAAAGCTGTCCCTGGAACAAGT D D R W D I E V S T N K K K L S L E Q V	900
901	CACAGCACACGCGTTCGTATTCTTCATAGCAGCATACGAACATCATCGACCACCATTTC T A H A F V F F I A A Y E T S S T T I S	960
961	GTTCTGCTTGTTCGAACTGGCACGCAATCCGGAGATTCAAAAGAAAG	1020
1021	TGACCAAGTTCTCGCAAGCCACAACGGCGAAATCACCTACGACAACATCAACGAAATGAA D Q V L A S H N G E I T Y D N I N E M K	1080
1081	ATACCTCGAAAACTGCATCGA <mark>CGAAACGCTCCGAAAGTATC</mark> CGGCAGTTCCGTTCCTGAA Y L E N C I D E T L R K Y P A V P F L N	1140
1141	$\begin{array}{c} CCGTGAGTGTTCTAAGGATTACAAAATCCCCGGAACAGACACCACCATCGAGAAAGGAAC\\ R \ E \ C \ S \ K \ D \ Y \ K \ I \ P \ G \ T \ D \ T \ T \ I \ E \ K \ G \ T \end{array}$	1200
1201	ATCGTTAGTCATTCCAGTCCTCGGACTACACCGCGATCCCGATCACTACCCGGAACCGGA S L V I P V L G L H R D P D H Y P E P D	1260
1261	CAGGTTCATTCCGGAACGGTTCAGCAACTTTGAAGATATTTCCACCAAACCGTATCT $\overline{\GammaCC}$ R F I P E R F S N F E D I S T K P Y L P	1320
1321	ETTTGGGGCAGGACCTCGCAACTGTATTGGACTGAGATTGGGCAAGCTGCAAACAAA	1380
1381	GGGACTGGTGATGATGCTGTCCAAGTTTAACGTGCGGCTTGCTGATGAAACTTACGCCAG G L V M M L S K F N V R L A D E T Y A S	1440
1441	CAAAGAGCTAGCGCTCGATGCGCGAAGTGTGGTTCTAATGCCGGTTGGAGGTATTAAGGT K E L A L D A R S V V L M P V G G I K V	1500
1501	GTCGATTTCGGAACGGAGGGCTTCGTAAtacaaattgaagtgactcgtaatataatactt S I S E R R A S $*$	1560
1561	aaatatcataataaatgatactaaaataaactattta	1597

Fig. 28. Nucleotide and deduced amino acid sequence of the *CYP6F1* cDNA clone. A poly A addition signal is shown with bold letters. Nucleotide sequence expressed with capital letters indicates the open reading frame. Star denotes translation stop codon. Boxes indicate the positions of primer used for amplifying the PCR products. Deduced amino acids are shown with single capitals under the nucleotide sequence.

CYP6E1	1 MLLYLV-TIVT-WLVYVWIKRRYSYMKDRGVPSLRVSFPAGNL-QG-IGHR-HLGLI	52
CYP6F1	1 MFAWIICAAAAVPLVYFLIVYQFSYMKRRGITQLTPSFPFGDL-GPFFRQRSSLGVV	56
CYP6A1	1 MDFGSFLLYALGVL-ASLALYFVRWNEGYMKRRGIPHEEPHLVMGNVKGLRSKYHIGEI	58
CYP6B2	1 M-WIFYFPAVISVLIVTLYFYFTR-TFNYMKKRNVRGPEPVVFFGNLKDSALRKK-NMGVV	58
CYP6D1	1 MLLLLLLIVVTTLYIFAKLHYTK-W-ERLGFESDKATIPLGSMAKVFHKERPFGLV	54
CYP6E1	53 MQDLYGKLKGSGAKFGGIYSFLKEMVMVLDLDFAKDVLVREFQYFHDRGMYYNERDDPLSA	113
CYP6F1	57 YADVY-RL-CKRLPFVGIYLSLREMLVVNDPELIKNVLVRDFDHFHDRGLYVNEEKDPLSG	115
CYP6A1	59 IADYYRKF-KGSGPFAGIFLGHKFAAVVLDKELRKRVLIKDFSNFANRGLYVNEKDDPL/TG	118
CYP6B2	59 MEELYNMF-PEEKVI-GIYRMTSFCLLVRDLEVIKHIMIKDFEVFSDRGLEFS-KEG-LGQ	115
CYP6D1	55 MSDIYDK-CHEKVVGIYLFFKFALLVRDAELARQILTTDFNSFHDRGLYVDEKNDPMSA	112
CYP6E1	114 HLVSLEGDKWKSLRTKLTFTFTSGKMKMMFGTIEEVVDRLEGCIRVRVESGECIEIRDI	172
CYP6F1	116 HLFALGGEQWRHHRSKLTFTFTSGRLKEMFTNLVQIGRVLQDHV-AK-RAGEDIEIRDV	172
CYP6A1	119 HLVMVEGEKWRSLRTKLSFTFTAGKMKYMYNTVLEVGQRLLEVMYEKLEVSSELDMRDI	177
CYP6B2	116 NLFHADGDTWRTLRNRFTEIFTSGKLKNMFYLMNEGADNFIDHVSKECEKHQEFEIHTL	174
CYP6D1	113 NLFVMEGQSWRTLRMKLAFSFSSGKLKGMFETVDDVAAKLLNHLNERLKDGQSHVLEIKSI	173
CYP6E1 CYP6F1 CYP6A1 CYP6B2 CYP6D1	 173 ISRFAMDVICSCAFGLDCNSLVLSDPPFWKMSLK-ASTSTKLQFLISLFATTY-RKFSNQI 173 MARYTTDIIASVGFGIENDSINEKGNIFREMGTK-V-FSPDLKTILRITSTFFTPKLNALF 178 LARFNTDVIGSVAFGIECNSLRNPHDRFLAMGRK-SIEVPRHNALIMAFIDSFPELSRKL 175 LQTYTMSTISSCAFGVSYDTISDKLDT-LAIVDK-IISEPSY-AIELDMM-YPGLLPKL 174 LTTYAVDIIGSVIFGLEIDSFTHPDNEFRVLSDRLFNPKKSTMLQRFRNLSNFICPPLAKL 	231 231 236 229 234
CYP6E1	232 GICVLPNDVSDF-YLGAVRDTIKFRMDNQASRKDFMDLLIKLEDNF	276
CYP6F1	232 GFKFIAQEIEDF-IMNVVRETLEYRESNKVVRKDMMQLLMQLRNSGTVSIDDRWDIEVS	289
CYP6A1	237 GMRVLPEDVHQF-FMSSIKETVDYREKNNIRRNDFLDLVLDLKNNPESISKLG-GL-	290
CYP6B2	230 NLSIFPSVVHKF-FKNLVNTIVTQRNGKPSGRNDFMDLILELRQMGEITSNKYGNNMS	286
CYP6D1	235 LSRLGAKDPITYRLRDIVKRTIEFREEKGVVRKDLLQLFIQLRNTGKISDDNDKLWHDVES	295
CYP6E1	<pre>277 TFN-EIAA-QAFVFFQAGYETSSITMTFCLYELALNQELQERARKSVEDVL</pre>	325
CYP6F1	290 TNKKKLSLE-QVTA-HAFVFFIAAYETSSTTISFCLFELARNPEIQKKVQQEIDQVL	344
CYP6A1	291 TFNELAA-QVFVFFLGGFETSSSTMGFALYELAQNQQLQ-DRLREEVNEVFD	340
CYP6B2	287 TLEITESVMCA-QAFVFYIAGYETSATTMAYLTYQLALNPDIQ-NKLIAEIDEAIK	340
CYP6D1	296 TAENLKAMSIDMIASNSFLFYIAGSETTAATTSFTIYELAMYPEILKKAQSEVDECLQRHG	356
CYP6E1	326 KRH-GSFSYETIQDMEELNCCVKETIRKYPPVANLFREITKNYKVP-ETDITLEKGYRVVI	384
CYP6F1	345 ASHNGEITYDNINEMKYLENCIDETLRKYPAVPFLNRECSKDYKIP-GTDTTIEKGTSLVI	404
CYP6A1	341 QFKEDNISYDALMNIPYLDQVLNETLRKYPVGSALTRQTLNDYVVPHNPKYVLPKGTLVFI	401
CYP6B2	341 A-NGGKVTYDTVKDMKYLNKVFDETLRMYSIVEPLQRKAIRDYKLP-GTDVVIBKDTVVLI	399
CYP6D1	357 LKPQGRLTYEAIQDMKYLDLCVMETTRKYPGLPFLNRKCTQDFQVPD-TKLTIPKETGIII	416
CYP6E1	385 PVYGIHHDPDIYPNPEVFNPERFIPELSTNRHPMAYLPFGEGPRICIGERFALMETKIGLS	445
CYP6F1	405 PVLGLHRDPDHYPEPDRFIPERF-SNF-EDISTKPYLPFGAGFRNCIGLRLGKLQTKAGLV	463
CYP6A1	402 PVLGIHYDPELYPNPEEFDPERFSPEMVKQRDSVDWLGFGDGPRNCIGMRFGKMQSRLGLA	462
CYP6B2	400 SPRCIHYDPKYYDNPKQFNPERFFABEVGKRHPCAYLPFGLGQRNCIGMRFGRLQSLLCIT	460
CYP6D1	417 SLLGIHRDPQYFPQPEDYRPERF-ADESKDYDPAAYMPFGEGFRHCIAQRMGVINSKVALA	476
CYP6E1	446 RLLQKFRFKLAPQTSTRIELNKTGVFLSIQGNLWMKVKKTCHNLTVVTEPAAEN	499
CYP6F1	464 MMLSKFNVRLADETYASKELA-LDA-RSV-V-L-MPV-GG-IKVS-ISERRAS	508
CYP6A1	463 LVIRHFRFTVCSRTDIPMQINPESLAWTPKNNLYLNVQAI-RKKIK	507
CYP6B2	461 KLLSKFRLEPSKNTDRNLQVEPYRFIIGPKGGIRLNIVPRKDVS	504
CYP6D1	477 KILANFNIQPMPRQEVEFKFHSAPVLVPVNGLNVGLSKRW	516

Fig. 29. Comparison of amino acid sequence of *Culex* P450s (CYP6E1, CYP6F1) to those of three cytochrome P450s from insects. CYP6A1 (Feyereisen *et al.*, 1989) and CYP6D1 (Tomita and Scott, 1995) isolated from a house fly, *Musca domestica* and CYP6B2 (Wang and Hobbs, 1995) from a cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. Conserved amino acids are highlighted.


Fig. 30. Dendrogram of cytochrome P450s from insect CYP6 families. Phylogenetic relationship of *Culex* P450s (CYP6E1, CYP6F1) to 14 cytochrome P450s isolated from insects were analyzed by computer-aided methods. Accession numbers of amino acid sequences of insect cytochrome P450s were the following; CYP6A1 (M25367), CYP6A2 (S51248), CYP6A3 (U09231), CYP6A4 (U092 32), CYP6A5 (U09343), CYP6A6 (U09344), CYP6A8 (L46859), CYP6B1 (Z29624), CYP6B2 (U18085), CYP6B3 (U25819), CYP6B4 (U47059), CYP6C1 (U09233), CYP6C2 (U09345) and CYP6D1 (U15168).

permethrin 解毒に関与しているならば、P450 全体での 2.7 倍は、アイソフォーム 単位の比較ではそれ以上であると予想される。今回用いた degenerate primer によ って増幅される6族 P450 全体では、JPal-per 系統で感受性系統の約 2.3 倍多く 発現していることが明らかとなった (Fig. 26)。この値は上記の全 P450 タンパク 質量の系統比 (2.7 倍)に一致している。この 2.3 という数値を JPal-per 系統より 確認された各アイソフォームの割合に掛け合わせて理論的な系統間の発現比を算 出した (Talbe 19)。その結果、両系統で確認された4種のアイソフォームの中で、 CYP6F1 と CYP6-4 についてのみ JPal-per 系統で過剰発現している可能性が示唆 された。このように算出された発現量比はサンプル数が十分ではなく、あくまでも 理論値に過ぎない。しかし、cDNA ライブラリーから拾われた陽性クローンの確率 (CYP6E1 は 3.9×10⁵より 3 個の陽性クローンが得られ、CYP6F1 は 6.2×10⁴ より11個の陽性クローンが得られた)からは、CYP6F1がCYP6E1より23倍多 く発現していると予想され、Table 19 に示された JPal-per 系統における両アイソ フォームの割合 (CYP6E1: 3.4%、CYP6F1: 58.6%) から算出される発現量の比は 17 倍であることから、Table 19 に示された各アイソフォームの割合はある程度の 信頼性があると考えられる。今後実際にそれぞれのアイソフォームに特異的なプロ ーブを作製し、ノーザンブロッティングを行うことで、個々のアイソフォームの発 現量を系統間で比較する必要性があると考えられた。

第3節 CYP6F1の遺伝子発現とゲノム解析

前節までに、本種幼虫体内には少なくとも7種類のチトクロム P450 アイソフォ ームが存在し、それらのうち CYP6F1 の遺伝子が JPal-per 系統で過剰発現してい る可能性が示唆された。したがって本節においては *CYP6F1* に特異的なプローブ を用いてノーザンブロッティングを行うことで遺伝子発現量を、ゲノミックサザン ブロッティングによって染色体 DNA の構造を系統間で比較した。

材料及び方法

1. ノーザンブロッティング

供試昆虫は前節に準ずる。第2節でクローニングされた CYP6F1 の部分配列 (CYP6-2)をプローブとしてノーザンブロッティングを行った。方法は前節に準じ て行った。また、中腸とともに、中腸以外の組織からも RNA を抽出し、中腸から は 3 µg の、それ以外の組織からは 10 µg の RNA を用いて CYP6F1 遺伝子の発現 量を系統間で比較した。

2. サザンブロッティング

① ゲノム DNA の抽出

ゲノム DNA の抽出法は Blin and Stafford (1976)の方法を改良して行った。4 齢幼虫より中腸及び頭部を取り除いた組織約 500 頭分を液体窒素中、乳鉢を用い て磨砕した。磨砕した組織を digestion buffer (10 mM Tris-HCl, pH 8.0、0.1 M NaCl、25 mM EDTA (pH 8.0)、0.5 % SDS、0.2 mg/ml protenase K) 10 ml に加 え、50℃で 3 時間インキュベートした。この液にフェノール抽出、フェノール・ クロロホルム抽出、クロロホルム抽出をそれぞれ 2 回づつ施した後、エタノール沈 殿により得られた DNA を 5 ml の TE に溶解した。さらに 50 µl の RNase (10 mg/ml)を加えて 37℃、1 時間インキュベートした後 250 µl の SDS (10 %)、50 µl の protenase K (10 mg/ml)を加え、37℃で 2 時間インキュベートした。エタノー ル沈殿後、5 ml の TE に溶解し、OD₂₆₀ の吸光度測定及び電気泳動的に DNA 濃度 を測定し、系統間での DNA 濃度を一定にした。

② ゲノム DNA の制限酵素処理

両系統より精製したゲノム DNA 30 µg をエタノール沈殿により回収後、440 µl の蒸留水に溶解した。50 µl の×10 reaction buffer H (ニッポンジーン) と 10 µl の制限酵素 *Eco* RI (10 unit/µl)もしくは *Eco* RV (12 unit/µl)を加え、37℃でインキュベートした。3 時間後さらに 10 µl の制限酵素を加えて一晩インキュベートし、DNA 断片をエタノール沈殿により回収した。20 µl の TE に撹拌した後 3 ml の loading dye を加え、電気泳動に用いた。

③ プローブの合成

サザンブロッティングには3種類のプローブを用いた。*CYP6F1* cDNA を鋳型 として PCR 法により合成し、cDNA ライブラリーのスクリーニング時に用いたプ ローブ合成同様に DIG-conjugated dUTP を用いて標識した。Probe 1 (244bp, 5' 上流より 7-251番)、Probe 2 (316bp, 549-865番) は *Eco* RI 消化した DNA の ハイブリダイゼーションに、Probe 3(195bp, Fig. 24 参照)は *Eco* RV 消化した DNA のハイブリダイゼーションに用いた (Fig. 27 参照)。

④ 電気泳動、メンブレンへの転写及びハイブリダイゼーション

1%アガロースゲル(TEに溶解)にサンプルを投与し、20 mA で約 10 時間電 気泳動した。サンプルと共に DIG-DNA marker Ⅱ(λ Hind Ⅲ相当、Boehringer) を2µl 泳動した。電気泳動終了後、ゲルをエチジウムブロマイドにより染色し、 写真撮影を行った。0.25 N HCl 中で 10 分間浸すことで高分子 DNA を断片化した 後、ゲルを蒸留水で3回洗い、さらに 0.4 N NaOH 中にて 20 分間振とうすること で2本鎖 DNA を変性した。0.4 N NaOH を媒体としてノーザンブロッティングの 時と同様にキャピラリー法で DNA をナイロンメンブレンに転写した。転写後のメ ンブレンは 2×SSC で 10 分間洗浄後、プレハイブリダイゼーションを行った。プ レハイブリダイゼーション及びハイブリダイゼーションは cDNA ライブラリーの スクリーニング時と同様の方法で行った。ただし、ともに反応温度は 50℃で行っ た。

結果

CYP6F1をプローブとして行ったノーザンブロッティングの結果をFig. 31 に示 した。中腸における CYP6F1 mRNA は JPal-per 系統で過剰発現しており、Image analyzer による定量の結果、感受性系統との比は約 2.4 倍であった。一方、中腸 以外の組織からは 10 µg(中腸の 3 倍以上)の RNA を用いたにも関わらず、今回 の条件下では mRNA の発現が全く確認されなかった。このことから、CYP6F1 は JPal-per 系統で過剰発現し、中腸で特異的に発現していることが示唆された。

ゲノミックサザンブロッティングの結果を Fig. 32 に示した。ゲノム遺伝子を Eco RI で消化し、CYP6F1の部分配列 probe 1 をプローブとしてハイブリダイズ させた場合、感受性系統からは約 5.7 kbp のバンドが、JPal-per 系統からは 5.3 kbp と 9.0 kbp の 2 本のバンドが検出された (Fig. 32 A)。次に、より 3'側より合成し たプローブを用いて同様な実験を行った。その結果、JPal-per 系統において 5.7 kbp のバンドが検出されず、9.0 kbp のバンドのみが現れた (Fig. 32 A)。また、 CYP6F1 cDNA 中に存在する Eco RV 消化したゲノムに対しては、両系統で1本



Fig. 31. Northern blot analysis of total RNA isolated from gut and fat body of permethrin-susceptible (S) and -resistant (R) JPal-per larvae of *C. quinquefasciauts*. Partial sequence of *CYP6F1 (CYP6-2)* was used as a probe. The amount of total RNA was indicated in parenthesis.



Fig. 32. Southern blot analysis with genomic DNA isolated from the suscepitble (S) and the JPal-per (R) larvae of *C. quinquefasciatus* using CYP6F1 cDNA fragments as probes. Genomic DNA was digested by *Eco* RI (\bf{A}) or *Eco* RV (\bf{B}).

ずつのバンドが確認されたが、断片長に違いが見られ、感受性系統では約4.5 kbp、 JPal-per系統では約3.0 kbp であった (Fig. 32 B)。以上のことから、JPal-per系 統の転写領域内 (7-251 bp 内)にはイントロンが存在している可能性が高いこと、 そして系統間で *CYP6F1* 領域付近のゲノム構造に変異があることが明らかとなっ た。

考察

前節ではネッタイイエカ幼虫よりクローニングされた 7 つのアイソフォームの うち、CYP6F1 が最も多く発現し、しかも JPal-per 系統で過剰発現していること が推測された。従って本節では CYP6F1 より合成したプローブを用いてその遺伝 子発現、及びゲノム解析を行った。ノーザンブロッティングの結果、CYP6F1 は JPal-per 系統において感受性系統の約 2.4 倍多く発現していることが明らかとな った。これは前節で示された理論的発現比 (2.4 倍、Table 19)の結果をよく反映し ている。イエバエ及びショウジョウバエよりクローニングされた3つのアイソフォ ーム (CYP6A1、CYP6A2、CYP6D1)は、すべてが殺虫剤抵抗性系統で過剰発現 することが知られている。CYP6F1の酵素機能は明らかにはなっていないが、こ のアイソフォームがpermethrin代謝機能を有しているならばタンパク量の増大が 抵抗性を導いている可能性は高い。「過剰発現 = 抵抗性に関与」という結論は必 ずしも正しいとは言えない。しかし、体内に存在するすべてのアイソフォームが過 剰発現するということは、ホルモン生合成など内在性物質の重大な生理現象に関わ る P450 量のバランスが崩れることにつながり、それは個体の生存に大きく影響す るであろう。このようなことから、JPal-per 系統幼虫が多くのアイソフォームの 発現量を無意味に増大させるということは考え難く、CYP6F1 が抵抗性に関わっ ている可能性は高いと言える。今後、クローニングされたその他のアイソフォーム について遺伝子発現量を解析することで更なる知見が得られるものと考える。

Eco RI 消化したゲノム断片に対するサザンブロッティングで、JPal-per 系統に おいて 2 本のバンドが検出された。この結果の説明として 2 つの原因が考えられ た。1 つめはイントロンの存在である。第 2 節で行った *CYP6F1* cDNA の構造解 析で probe 1 中には *Eco* RI 配列が存在しないことが確かめられている。にもかか わらず JPal-per 系統で 2 本のバンドが検出されたことは probe 1 中にイントロン が存在し、さらにそのイントロン中に含まれる Eco RI 配列が切断されることで probe 1 にハイブリダイズする断片が 2 本になったのではないかと予想される。2 つめに考えられる原因として CYP6F1 の遺伝子増幅が挙げられる。JPal-per 系統 の遺伝子中に CYP6F1 が 2 コピー存在し、それぞれの間に Eco RI 配列が存在すれ ば、バンドが 2 本になり得る。この仮説を確かめるべく、プローブを 3'側より合成 し、同様に実験を行った。今度は JPal-per 系統における 2 本のバンドのうち 5.7 kbp の断片が消失した。このことから、先に起こった現象は遺伝子増幅によるもの ではなく、probe 1 中にイントロンが存在することにより起きたものである可能性 が高いことが示唆された。しかし、系統間で消化断片の長さに違いが認められ、そ の現象は Eco RV で消化したときの系統間の違いにも現れた。CYP6F1 の位置する 領域付近でのゲノム構造が系統間で異なっていることは明らかであるが、これが単 なる種の地理的変異によるものなのか、遺伝子発現に関わり抵抗性の要因となって いるのかは不明である。今後実際に CYP6F1 付近のゲノム配列を解析することで これらの疑問を解決する新知見が得られるものと考える。

第6章 総合考察

これまでピレスロイド剤は魚毒性の高さから水田や河川などの水域で使用され ることはなかった。それゆえピレスロイド剤抵抗性の力が野外で確認された例もほ とんどない。しかし、有機リン剤やカーバメート剤の効力低下、そして低魚毒性ピ レスロイド剤の開発などの理由により、今後水田に用いられるピレスロイド剤の頻 度は増大すると予想される。必然的に力のピレスロイド剤に対する抵抗性の発達は 危惧され、力の防除をピレスロイド剤に大きく依存しているわが国で将来大きな問 題となる可能性も指摘されている(正野、1984)。すでに日本のコガタアカイエ カ (*Culex tritaeniorhynchus*)がピレスロイド剤に抵抗性を発達させていることが 報告されている (Yasutomi and Takahashi, 1987)。そこで今回室内淘汰によって 確立された強度のピレスロイド剤抵抗性ネッタイイエカについて抵抗性機構の解 明を行った。

サウジアラビア産ネッタイイエカ、JPal-per 系統について、permethrin 抵抗性 機構を調べた結果、チトクロム P450 酸化酵素系による解毒活性の増大が抵抗性発 達の主要因であり、kdr 因子による神経感受性の低下が補助的な機構として関わっ ていることが明らかになった。チトクロム P450 酸化酵素系の働きが抵抗性の主要 因であることを、酸化酵素阻害剤の共力効果やチトクロム P450 の定量結果のみな らず、permethrin の *in vitro* 代謝試験により実証した事は本研究の最大の成果と いえる。なぜなら、*Helicoverpa armigera* において酸化酵素阻害剤 PBO が著しい 共力効果をもたらしたにも関わらず、permethrin 代謝活性に感受性系統との間で 有為な差が認められなかった例 (Kennaugh *et al.*, 1993)や、permethrin 抵抗性チ ャバネゴキブリにおいてチトクロム P450 量が感受性系統の 2.6 倍であるにも関わ らず NADPH 依存性の代謝活性に差が認められなかったという例 (Mahmood *et al.*, 1993)が存在すること、そして何よりも現在までに力幼虫においてピレスロイ ド剤がチトクロム P450 酸化酵素系によって解毒代謝されることを直接的証拠に よって結びつけた報告例が全くなかったからである。

ネッタイイエカ幼虫ミクロゾームを用いた代謝活性の測定が可能になった最大 の理由は幼虫中腸より内容物を取り除いたところにある。推測ではあるが、上述し た2種の昆虫においても、酵素調製時に混入した阻害物質の影響により代謝活性が 適切に測定されていなかった可能性が考えられる。昆虫体内におけるチトクロム P450酸化酵素系の働きは、外来性異物の解毒と共に、内在性のホルモンやフェロ モンの生合成と多岐にわたる。その意味において本研究で用いた手法は殺虫剤抵抗 性におけるチトクロム P450酸化酵素系の機能解明のみならず、力に関する生理学 的研究分野の進展にも貢献しうる有効な手段であると思われる。

JPal-per系統の permethrin 抵抗性の主要因であるチトクロム P450 の cDNA のクローニング、構造解析、及びその発現について解析を行った。その結果、2 種 類の cDNA (*CYP6E1*、*CYP6F1*)の完全鎖長及び 5 種類のアイソフォームの部分配 列を明らかにした。さらに、これらのうち CYP6F1 遺伝子は抵抗性系統で過剰に 発現していることが判明した。このことから、JPal-per 系統の抵抗性については 特定のアイソフォーム遺伝子の過剰発現によって permethrin 解毒活性が増大して いる可能性が考えられた。今後の課題としては CYP6F1 が実際に permethrin 解 毒の能力を有しているかという疑問を明らかにすることと共に CYP6F1 遺伝子の 過剰な発現機構の解明にある。すでに哺乳動物においては、クローニングされた P450 遺伝子をバキュロウィルスを介して SF9、SF21 細胞や COS1 細胞といった 培養細胞中で発現させ、同遺伝子でコードされたタンパク質の機能を調べる方法が 確立されており (Lahde *et al.*, 1993; Patten and Koch, 1995; Biagini and Celier, 1996)、このような手法を用いることにより CYP6F1 の機能も明らかにできるであ ろう。

チトクロム P450 の発現制御機構についても哺乳動物を中心に盛んに行われて おり、現在この分野において世界的に最も注目されているテーマである。P450 遺 伝子の発現制御機構で有名なものとしては barbie box の存在が挙げられる。 Barbie box は、構造遺伝子上流域に存在する特定の配列のことで、この領域にリ プレッサータンパクが結合すると転写が抑制され、フェノバルビタールやペントバ ルビタールといったバルビタール系薬物の存在下でこのリプレッサーが解放され ることが知られている (Shaw and Fulco, 1992, 1993; Liang *et al.*, 1995)。Barbie box は *Bacillus megaterium* 菌の P450_{BM-3}遺伝子の転写調節領域で見つかった配 列であるが、フェノバルビタール処理により誘導がおきるラット P450 の遺伝子上 流にも存在し、フェノバルビタール処理により barbie box を含む DNA 配列への 転写因子の結合が促進されたという報告がある (Rangarajan and Pandmanaban, 1989)。さらに、いくつかの昆虫 P450 についてはフェノバルビタールの処理によ って P450 遺伝子の発現が誘導されることが確認されており (Feyereisen *et al.*, 1995; Brun *et al.*, 1996; Liu and Scott, 1997)、上述した *CYP6A1、CYP6A2* 遺伝 子の上流域には barbie box の存在が確認されている (Feyereisen *et al.*, 1995)。こ のことは、昆虫のチトクロム P450 においてもリプレッサータンパクによる発現抑 制が起きていることを示している。

イエバエよりクローニングされた CYP6D1は、これまでに報告された唯一のピレ スロイド剤解毒性アイソフォームであるが、構造遺伝子は第1染色体に存在してい ることが知られている(Liu et al., 1995)。そして、ピレスロイド剤抵抗性の LPR 系統では常時 CYP6D1 が過剰発現しており、それが第2染色体上の発現制御因子 によって制御されていることが劣性可視突然変異体を用いた連鎖群解析により明 らかにされている(Liu and Scott, 1997)。第2染色体由来の発現制御機構はフェ ノバルビタールによる誘導機構に非常に類似していることから、第2染色体由来の 因子はリプレッサータンパクと同等な働きを持つものであることが予想される。さ らに、感受性系統の構造遺伝子はフェノバルビタールによって過剰な転写促進を受 けないこと、第2染色体のみが感受性系統由来の突然変異体においても CYP6D1 遺伝子の過剰な発現が認められないことから、LPR 系統の持つこれら 2 つの遺伝 子はこの系統に特有なものであることが示された(Liu and Scott, 1997)。また、 *CYP6D1* 遺伝子は CS、aabys、ISK 系統といったピレスロイド剤感受性系統の体 内にも存在するが、発現量が微量であるために抵抗性の要因とはなっていない (Tomita et al., 1995)。

野外における殺虫剤淘汰の原理とは、殺虫剤が暴露された個体群の中でそれに対 する抵抗性遺伝子をもった個体のみが選抜され、数を増すことであると考えられて いる。この場合の抵抗性遺伝子とは解毒酵素に関して言えば、単にアミノ酸置換に 伴って活性増大した酵素タンパクをコードする構造遺伝子であるという考えが一 般的であった。しかし、上述のイエバエで示されたような現象より考察すれば、昆 虫の殺虫剤に対する抵抗性発達の柔軟性は、単に抵抗性系統がもつ構造遺伝子の多 様性のみによってもたらされるのではなく、淘汰圧をかける殺虫剤に応じて解毒酵 素遺伝子の発現量を増大させる遺伝子発現制御因子の適応性によるものが大きい のではないかと考えられる。CYP6F1 遺伝子の過剰発現が LPR 系統のように構造 遺伝子以外の因子によって制御されているか否かは現段階では不明である。そして イエバエのように劣性可視突然変異系統が確立されていないネッタイイエカでそ

115

れを検討するのは困難である。しかしイエバエ同様な遺伝子の発現制御機構が明らかにされ、1つの生物個体内に数あるチトクロム P450 アイソフォームとの相関が示されれば、今後の殺虫剤抵抗性機構の解明に大きな進展をもたらすだけでなく、新たな昆虫特異的作用部位を標的とするような新規殺虫剤の開発につながるものと思われる。

カは疾病媒介昆虫として重要害虫でありながら、これまでチトクロム P450 の分 子生物学的研究としては、ハマダラカで一例あるのみである(Scott and Feyereisen, 1994)。それは力の殺虫剤抵抗性機構の上でチトクロム P450 の重要性が見いださ れなかったことにも起因すると言える。しかし今後チトクロム P450 酸化酵素系の 活性増大に強く依存した抵抗性個体群は世界各地で出現することが予想され、その 分子機構解明の重要性も増すものと思われる。1980 年代後半より、酸化酵素阻害 剤の共力効果から P450 の活性増大をピレスロイド抵抗性と結び付けた文献が 徐々に紹介されていることもそれを強く示唆する (Malcolm, 1988; Kumar et al., 1991)。その意味において、今回ネッタイイエカの抵抗性研究に関して遺伝子レベ ルで機構解明の糸口を見い出したことは本研究の成果の一つとして挙げることが できる。

抵抗性に関する分子生物学的研究はその歴史がまだ浅く、現段階では応用面への 貢献度は決して高いとは言えない。しかし、さらに詳細な研究が進めば、天敵生物 や有用昆虫への抵抗性遺伝子の導入、微小昆虫の抵抗性機構の解明、フィールドで の抵抗性遺伝子の検出、作用点と薬剤の分子レベルでの相互作用解明による新規殺 虫剤の開発など、将来は応用面への利用の可能性があるものと思われる。近年、生 物的防除法の一環として各種の寄生性、捕食性天敵昆虫の有用性が見いだされ、欧 州では野菜や花卉栽培施設の害虫防除に天敵生物が農薬同様に使用されている。し かし薬剤に大きく依存しているわが国の農作物の栽培体系の中では、こうした生物 的防除資材は薬剤による影響を受けやすく農薬との併用が難しいため実用化が遅 れている(浜、1992)。今後、薬剤抵抗性遺伝子を天敵生物に導入した抵抗性系 統が育成されれば薬剤-生物複合的防除法の確立も可能になると思われる。すでに 植物の分野では哺乳動物のチトクロム P450 と酵母のチトクロム P450 還元酵素の 融合遺伝子をタバコに導入することで除草剤耐性品種の育成に成功している (Shiota et al., 1994, 1996)。

今後、発現制御機構を含めた抵抗性機構に関して分子レベルにまで細部に渡って

研究が行われれば、害虫防除を含めた農業生産に大きな貢献をするものと思われる。

摘要

本研究ではピレスロイド剤抵抗性ネッタイイエカ JPal-per 系統を用いて permethrin 抵抗性に関する研究を行い、以下の事柄が明らかとなった。

1. JPal-per系統は実験に用いたピレスロイド剤すべてに対し抵抗性を示したが、 抵抗性比は 5.6~4,160 倍とかなりの開きが認められた。

2. ピレスロイド剤抵抗性レベルと化学構造には相関が認められ、3phenoxybenzyl 基を持つタイプ I ピレスロイド剤に対する抵抗性比が最も大きか った。しかし、α-cyano 3-phenoxybenzyl 基を持つタイプ II ピレスロイド剤に対 する抵抗性レベルの極端な増大は認められなかった。

3. JPal-per 系統は DDT に対して交差抵抗性 (300 倍)を示し、この抵抗性には解 毒酵素が関与していないことから、抵抗性には kdr 因子が関与していることが示唆 された。

4. Permethrin 殺虫試験において、酸化酵素阻害剤が大きな共力効果を示したが、 カルボキシルエステラーゼ阻害剤の添加による抵抗性比の有意な減少は認められ なかった。

5. JPal-per 系統の naphthyl acetate に対する加水分解活性は感受性系統の約 5 倍であり、それは主にエステラーゼ A2、B2 の活性増大によりもたらされている ことを明らかにした。

6. JPal-per 系統幼虫体内では、チトクロム P450 及びチトクロム b5 が感受性系統の約 2.7 倍多く発現していることを明らかにした。

7. ネッタイイエカ幼虫のチトクロム P450 は約 80%が中腸内に分布していることを明らかにした。

8. ネッタイイエカ幼虫の中腸内容物にはチトクロム P450 酸化酵素系の阻害作用 があり、これを取り除くことで *in vitro* 代謝試験が可能になることを明らかにした。

9. JPal-per 系統の中腸及びそれ以外の組織ミクロゾーム分画における NADPH 依存性 permethrin 代謝活性は、感受性系統と比較してそれぞれ 5 倍及び 20 倍高 かった。

10. JPal-per 系統のカルボキシルエステラーゼによる permethrin 代謝活性は感 受性系統の約 1.3 倍であったことから、エステラーゼによる解毒は抵抗性の主要因 ではないことを明らかにした。

11. ミクロゾーム分画における permethrin 代謝は酸化酵素阻害剤の存在下で著 しく阻害されたことより、この分画での代謝はチトクロム P450 酸化酵素系に由来 していることが示唆され、この酵素系の活性増大が permethrin 抵抗性の主要因で あることを明らかにした。

12. ネッタイイエカ幼虫より 2 つの新規チトクロム P450 (CYP6E1、CYP6F1) の完全鎖長 cDNA がクローニング、構造解析された。これらはカより全長をクロ ーニングされた初めての例である。

13. CYP6E1、6F1 以外に 5 つの 6 族 P450 アイソフォームの部分配列がクロー ニングされ、構造解析された。

14. クローニングされた7つの P450 アイソフォームの発現量を両系統で比較したところ、CYP6F1 が JPal-per 系統で過剰発現していることを明らかにした。

15. *CYP6F1*をプローブとして行ったゲノミックサザンブロッティングより、この遺伝子が位置する領域の系統間における変異が認められた。

謝辞

本研究を行うにあたり、終始的確なご指導、ご鞭撻を賜りました筑波大学農林学 系応用動物研究室 正野俊夫教授に御礼申し上げます。また同教室 本田 洋 助教授、 戒能洋一講師、外国人教師 D. Taylor 博士、永田啓一講師には日頃から多大なご指 導を賜りましたことに対して御礼申し上げます。本研究における遺伝子解析は農林 水産省 蚕糸・昆虫農業技術研究所にて行ったものであり、生体防御研究室室長 山 川 稔博士には研究遂行にあたり懇篤なるご指示、ご教示賜り謹んで謝意を表しま す。本論文のとりまとめにあたり有益なご助言と校閲の労を賜りました筑波大学応 用生物化学系 臼井健二教授、農林水産省 農業環境技術研究所 浜 弘司博士に深く 感謝いたします。代謝試験において多大なるご助力をいただきましたスリランカ 昆虫医科学研究所 I.S. Weerashinghe 博士に深く感謝いたします。本研究を進めて いく過程でご助言賜りましたアメリカ Cornel 大学教授 J.G. Scott 博士、国立感染 症研究所 河野義明博士、富田 隆博士、日本バイエルアグロケム 曽根信三郎氏に 御礼申し上げます。住友化学工業株式会社及び元国立予防衛生研究所 主藤千枝子 女史、岩淵けい子博士には供試昆虫を、丸山 宏氏には力の飼育方法について有益 な助言を賜り御礼申し上げます。農林水産省 蚕糸・昆虫農業技術研究所 生体防御 研究室室員 谷合幹代子博士、石橋 純博士、松尾由紀子女史、楊峻博士、坂中寿子 博士、田中博光博士、中澤 裕博士、朝岡 愛女史、勾坂 晶女史、古川誠一氏、安 井理子女史、そして竹田 敏博士、新川 徹博士をはじめとする同研究所の皆さまに は最適な実験手法をご伝授いただき、本研究経過に対し労を惜しみなくご討論して 頂いたばかりでなく、精神的なご助力、ご協力を賜り深甚の敬意を表します。最後 になりましたが本研究は李 時雨博士、荒野多門氏、A. Banaag氏、杉野浩二郎氏、 岩永佳久氏をはじめとする先輩、後輩諸氏、及び張力氏をはじめとする筑波大学農 林学系応用動物研究室の皆さまによるご理解、ご協力があったからこそ遂行するこ とが出来ました。ここに厚く御礼申し上げます。

引用文献

- Amin, A.M. and J. Hemingway (1989) Preliminary investigation of the mechanisms of DDT and pyrethroid resistance in *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) from Saudi Arabia. *Bull. Ent. Res.* 79:361-366.
- Amin, A.M. and H.T.R. Peiris (1990) Detection and selection of organophosphate and carbamate resistance in *Culex quinquefasciatus* from Saudi Arabia. *Med. Vet. Entomol.* 4:269-273.
- Andersen, J.F., J.G.Utermohlen and R. Feyereisen (1994) Expression of house fly CYP6A1 and NADPH-cytochrome P450 reductase in *Escherichia coli* and reconstitution of an insecticide-metabolizing P450 system. *Biochemistry* 33:2171-2177.
- Asperen, K. van (1962) A study of housefly esterases by means of a sensitive colorimetric method. J. Insect Physiol. 8:401-416.
- Balabaskaran, S., S.S. Chuen and S. Muniandy (1989) Glutathione S-transferase from diamondback moth. *Insect Biochem.* **19**:435-443.
- Bassett, M.H., J.L. McCarthy, M.R. Waterman and T.J. Sliter (1997) Sequence and developmental expression of Cyp18, a member of a new cytochrome P450 family from *Drosophila*. *Mol. Cell. Endocrinol* 131:39-49.
- Biagini, C. and C. Celier (1996) cDNA-directed expression of two allelic variants of cytochrome P450 2C11 using COS1 and SF21 insect cells. Arch. Biochem. Biophys. 326 :298-305.
- Blin, N. and D.W. Stafford (1976) A general method for isolation of high molecular weight DNA from eukaryotes. Nucleic Acids Res. 3:2303-2308.
- Bloomquist, J.R., D.M. Soderlund and D.C. Knipple (1989) Knockdown resistance to DDT and pyrethroid insecticides in the napts mutant of *Drosophila melanogaster* is correlated with reduced neuronal sensitivity. Arch. Insect Biochem. Physiol. **10**:293-302.
- Bradfield, J., Y.-H. Lee and L.L. Keeley (1991) Cytochrome P450 family 4 in a cockroach: Molecular cloning and regulation by hypertrehalosemic hormone. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **88**:4558-4562.

- Bradford, M.M. (1976) A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Anal. Biochem.* **72**:248-254.
- Brattsten, L.B. and C.F. Wilkinson (1973) A microsomal enzyme inhibitor in he gut contents of the house cricket (Acheta domesticus). Comp. Biochem. Physiol. 45B :59-70.
- Brattsten, L.B., C.W. Holyoke, J.R. Leeper and K.F. Raffa (1986) Insecticide resistance: Challenge to pest management and basic research. *Science* **231**:1255-1260.
- Brown, T.M., P.K. Bryson and G.T. Payne (1996) Synergism by propynylaryl ethers in permethrin-resistant tobacco budworm larvae, *Heliothis* virescens. Pestic. Sci. 43:323-331.
- Brun, A., A. Cuany, T. L. Mouel, J. Berge and M. Amichot (1996) Inducibility of the Drosophila melanogaster cytochrome P450 gene, CYP6A2, by phenobarbital in insecticide susceptible or resistant strains. Insect Biochem. Molec. Biol. 26:697-703.
- Busvine, J.R. (1951) Mechanism of resistance to insecticide in houseflies. Nature 168 :193-195.
- Carino, F.A., J.F. Koener, F.W. Plapp Jr. and R. Feyereisen (1994) Constitutive overexpression of the cytochrome P450 gene CYP6A1 in a house fly strain with metabolic resistance to insecticides. Insect Biochem. Molec. Biol. 24:411-418.
- Casida, J.E. (1970) Mixed-function oxidase involvement in the biochemistry of insecticide synergists. J. Agric. Food Chem. 18:753-772.
- Casida, J.E., K. Ueda, L.C. Gaughan, L.T. Jao and D.M. Soderlund (1975) Structure-biodegradability relationships in pyrethroid insecticides. *Arch. Environ. Contam. Toxicol.* **3**:491-500.
- Casida, J.E., D.W. Gammon, A.H. Glickman and L.J. Lawrence (1983) Mechanisms of selective action of pyrethroid insecticides. Ann. Rev. Pharmacol. Toxicol. 23:413-438.
- Cohen, M.B., M.A. Schuler and M.R. Berenbaum (1992) A host-inducible cytochrome P450 from a host-specific caterpillar: Molecular cloning and evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:10920-10924.
- Cohen, M.B. and R. Feyereisen (1995) A cluster of cytochrome P450 genes of

the CYP6 family in the house fly. DNA Cell Biol. 14:73-82.

- Devonshire, A.L. (1977) The properties of a carboxylesterase from the peachpotato aphid, *Myzus persicae* (Sulz.), and its role in conferring insecticide resistance. *Biochem. J.* **167** :675-683.
- Devonshire, A.L. and L.M. Field (1991) Gene amplification and insecticide resistance. *Annu. Rev. Entomol.* **36**:1-23.
- DeVries, D.H. and G.P. Georghiou (1980) A wide spectrum of resistance to pyrethroid insecticides in *Musca domestica*. *Experientia* **36**:226-227.
- Dong, K. and J.G. Scott (1994) Linkage of *kdr*-type resistance and the *para*homologous sodium channel gene in German cockroaches (*Blattella germanica*). Insect Biochem. Molec. Biol. **24**:647-654.
- Dunkov, B.C., R. Rodriguez-Arnaiz B. Pittendrigh, R.H. ffrench-Constant and R. Feyereisen (1996) Cytochrome P450 gene clusters in Drosophila melanogaster. Mol. Gen. Genet. 251 :290-297.
- Elliott, M., N.F. Janes, E.C. Kimmel and J.E. Casida (1972) Metabolic fate of pyrethrin |, pyrethrin ||, and allethrin administered orally to rats. J. Agric. Food Chem. 20:300-313.
- Elliott, M. (1977) Synthetic pyrethroids. ACS Symp. Ser. 42:1-28.
- Falconer, D.S. (1964) Introduction to Quantitative Genetics. The Ronald Press Company, New York, p.365.
- Farnham, A.M. (1973) Genetics of resistance of pyrethroid-selected house flies, Musca domestica L. Pestic. Sci. 4:513-520.
- Farnham, A.M. (1977) Genetics of resistance of houseflies (Musca domesticaL.) to pyrethroids. | . Knock-down resistance. Pestic. Sci. 8:631-636.
- Farnham, A.M., A.W.A. Brown, R.M. Sawicki, I. Denhplm and J.C. White (1987) Characterization of the structure-activity relationship of kdr and two variants of super kdr to pyrethroids in the housefly. *Pestic. Sci.* 19:209-202.
- Fellig, J., J.R. Barnes, A.I. Rachlin, J.P. O'brien and A. Fogella (1970) Substituted phenyl 2-propynyl ethers as carbamate synergists. J. Agric. Food Chem. 18:78-80.
- Feyereisen, R., J.F. Koener, D.E. Farnsworth and D.W. Nebert (1989) Isolation and sequence of cDNA encoding a cytochrome P-450 from an insecticide-resistant strain of the house fly, *Musca domestica*.

Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86:1465-1469.

- Feyereisen, R., J.F. Andersen, F.A. Carino, M.B. Cohen and J.F. Koener (1995) Cytochrome P450 in the house fly: Structure, catalytic activity and regulation of expression of *CYP6A1* in an insecticide-resistant strain. *Pestic. Sci.* 43:233-239.
- ffrench-Constat, R.H., D.L. Devonshire and R.P. White (1988) Spontaneous loss and reselection of resistance in extremely resistant *Myzus persicae* (Sulzer). *Pestic. Biochem. Physiol.* **30**:1-10.
- Field, L.M., A.L. Devonshire and B.G. Forde (1989a) Molecular evidence that insecticide resistance in peach-poato aphids (*Myzus persicae* Sulz.) results from amplification of an esterase gene. *Biochem. J.* 251 :309-312.
- Field, L.M., A.L. Devonshire, R.H. ffrench-Constant and B.G. Forde (1989b) Changes in DNA methylation are associated with loss of insecticide resistance in the peach-potato aphid, *Myzus persicae* (Sulz.). *FEBS Letts.* 243 :323-327.
- Field, L.M. and A.L. Devonshire (1992) Esterase genes conferring insecticide resistance in Aphids. In: Molecular Mechanisms of Insecticide Resistance (Mullin C.A. and J.G. Scott eds.), Wahington, D.C., American Chemical Society, pp 209-217.
- Field, L.M., M.S. Williamson, G.D. Moores and A.L. Devonshire (1993) Cloning and analysis of the esterase genes conferring insecticide resistance in the peach-potato aphid, *Myzus persicae*. *Biochem. J.* **294** :569-574.
- Field, L.M., N. Javed, M.F. Stribley and A.L. Devonshire (1994) The peachpotato aphid Myzus persicae and the tobacco aphid Myzus nicotianae have the same esterase-based mechanism of insecticide resistance. Insect Mol. Biol. 3:143-148.
- Field, L.M., S.E. Crick and A.L. Devonshire (1996) Polymerase chain reactionbased identification of insecticide resistance genes and DNA methylation in the aphid *Myzus persicae* (Sulzer). *Insect Mol. Biol.* 5:197-202.
- Field, L.M. and A.L. Devonshire (1997) Structure and organization of amplicons containing the E4 esterase genes responsible for insecticide resistance in the aphid Myzus persicae (Sulzer). Biochem. J. 322 :867-

871.

Finney, D.J. (1971) Probit analysis, 3rd ed. Cambridge, Cambridge University Press.

Fournier, D., J.M. Bride, M. Poirie, J.-B. Berge and F.W. Plapp Jr. (1992) Insect glutathione S-transferases. J. Biol. Chem. **267** :1840-1845.

Gammon, D.W. (1980) Pyrethroid resistance in a strain of Spodoptera littoralis is correlated with decreased sensetivity of CNS in vitro. Pestic. Biochem. Physiol. 13:53-62.

Gilbert, M.D. and C.F. Wilkinson (1975) An inhibition of microsomal oxidation from gut tissues of the honey bee (Apis mellifera). Comp. Biochem. Physiol. 50B :613-619.

Gomori G. (1953) Human esterases. J. Lab. Clin. Med. 42:445-453.

- Halliday, W.R. and G.P. Georghiou (1985) Cross resistance and dominance relationships of pyrethroids in a permethrin-selected strain of *Culex quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae). J. Econ. Entomol. 78:1227-1232.
- Hama, H., Y. Sato and Y. Kono (1987) Decreased sensitivity of central nerve to fenvalerate in the pyrethroid-resistant diamondback moth, *Plutella xylostella Linne. Appl. Entomol. Zool.* **22**:176-180.

浜 弘司(1992) 害虫はなぜ農薬に強くなるか 農文協、p.p.27.

Hemingway, J., A. Callaghan and A.M. Amin (1990) Mechanisms of organophosphate and carbamate resistance in *Culex quinquefasciatus* from Saudi Arabia. *Med. Vet. Entomol.* 4:275-282.

- ー瀬太良、石原廉、松本義明、大羽滋、岡田益吉、斉藤哲夫、吉武成美(1980) 昆 虫実験法、材料・実習編 学会出版センター pp. 187-193.
- Ishaaya, I. and J.E. Casida (1981) Pyrethroid esterase(s) may contribute to natural pyrethroid tolerance of larvae of the common green lacewing. *Environ. Entomol.* **10**:681-684.
- Ish-Horowicz, D. and J.F. Burke (1981) Rapid and efficient cosmid cloning. *Nucl. Acids. Res.* **9**:2989-2998.
- Itaya, N., T. Matsumoto, N. Ohno, T. Matsunami, F. Fujita and H. Yoshida (1977) Recent progress in syntheses of the new and most potent pyrethroids. ACS Symp. Ser. 42:45-54.
- Karunaratne, S.H., J. Hemingway, K.G. Jayawardena, V. Dassanayaka and A. Vaughan (1995) Kinetic and molecular differences in the amplified and

non-amplified esterases from insecticide-resistant and susceptible Culex quinquefasciatus mosquitoes. J. Biol. Chem. 270:31124-31128.

Kasai, S., I.S. Weerashinghe and T. Shono (1998a) P450 monooxygenases are an important mechanism of permethrin resistance in *Culex quinquefasciatus* Say larvae. Arch. Insect Biochem. Physiol. 37:47-56.

- Kasai, S., T. Shono and M. Yamakawa (1998b) Molecular cloning and nucleotide sequence of a cytochrome P450 cDNA from a pyrethroid resistant mosquito, *Culex quinquefasciatus* Say. *Insect Mol. Biol.* (in press)
- Keiding, J. (1976) Development of resistance to pyrethroids in field populations of Danish houseflies. *Pestic. Sci.* 7:283-291.
- Kennaugh, L., D. Pearce, J.C. Daly and A.A. Hobbs (1993) A piperonyl butoxide synergizable resistance to permethrin in *Helicoverpa armigera* which is not due to increased detoxification by cytochrome P450. *Pestic. Biochem. Physiol.* 45:234-241.
- Krieger, R.I. and C.F. Wilkinson (1970) An endogenous inhibitor of microsomal mixed-function oxidases in homogenates of the southern armyworm (*Prodenia eridania*). Biochem. J. 116 :781-789.
- Krieger, R.I. and P.W. Lee (1973) Properties of the aldrin epoxidase system in the gut and fat body of a caddishfly larva. J. Econ. Entomol. 66:1-6.
- Kumar, S., A. Thomas and M.K.K. Pillai (1991) Involvement of monooxygenases as a major mechanism of deltamethrin-resistance in larvae of three species of mosquitoes. Ind. J. Exp. Biol. 29:379-384.
- Lahde, M., H. Raunio, O. Pelkonen, M. Krp and C. Oker-Blom (1993)
 Expression of human placental cytochrome P450 aromatase (CYP19)
 cDNA in insect cells using a luciferase based baculovirus vector.
 Biochem. Biophys. Res. Commun. 197 :1511-1517.
- Lee, S.S.T. and J.G. Scott (1989) Microsomal cytochrome P450 monooxygenases in the house fly (*Musca domestica* L.): Biochemical changes associated with pyrethroid resistance and phenobarbital induction. *Pestic. Biochem. Physiol.* **35**:1-10.
- Liang, Q., J.-S. He and A.J. Fulco (1995) The role of barbie box sequences as cis-acting elements involved in the barbiturate-mediated induction of cytochromes P450_{BM-1} and P450_{BM-3} in *Bacillus megaterium*. J. Biol.

Chem. 270:4438-4450.

- Little, E.J., A.R. McCaffery, C.H. Walker and T. Parker (1989) Evidence for an enhanced metabolism of cypermethrin by an monooxygenase in a pyrethroid-resistant strain of the tobacco budworm (*Heliothis virescens* F.). *Pestic. Biochem. Physiol.* 34:58-68.
- Liu, M.Y., Y.J. Tzeng and C.N. Sun (1981) Diamondback moth resistance to several synthetic pyrethroids. J. Econ. Entomol. 74:393-396.
- Liu, N., T. Tomita and J.G. Scott (1995) Allele-specific PCR reveals that CYP6D1 is on chromosome 1 in the house fly, *Musca domestica*. *Experientia* **51**:164-167.
- Liu, N. and J.G. Scott (1997) Phenobarbital induction of CYP6D1 is due to a trans acting factor on autosome 2 in house flies, Musca domestica. Insect Mol. Biol. 6:77-81.
- Mahmood, T., E. Funaki, H. Yano, Y. Kasai and N. Motoyama (1993) *In vitro* studies on the mechanism of pyrethroid resistance in the German cockroach. *J. Pestic. Sci.* **18**:253-261.
- Malcolm, C.A. (1988) Reduced susceptibility to permethrin and its relationship to DDT resistance in larvae of *Anopheles stephensi*. *Med. Vet. Entomol.* **2**:37-46.
- Miyamoto, J. (1976) Degradation, metabolism and toxicity of synthetic pyrethroids. *Environ.Health Perspect.***14**:15-28.
- Miyazaki, M., K. Ohyama, D.Y. Dunlap and F. Matsumura (1996) Cloning and sequencing of the para-type sodium channel gene from susceptible and kdr-resistant German cockroaches (Blattella germanica) and house fly (Musca domestica). Mol. Gen. Genet. 252 :61-68.
- Motoyama, N. and W.C. Dauterman (1980) Glutathione S-transferase. Their role in the metabolism of organophosphorus insecticides. *Rev. Biochem. Toxicol.* **2**:49-69.
- Mouches, C., N. Pasteur, J.B. Berge, O. Hyrien, M. Raymond, B. R. St. Vincent,
 M. Silvestri and G.P. Georghiou (1986) Amplification of an esterase
 gene is responsible for insecticide resistance in a California *Culex*mosquito. *Science* 233 :778-780.
- Mouches, C., M. Magnin, J.-M. Berge, Monique de Silvestri, V. Beyssat, N. Pasteur and G.P. Georghiou (1987) Overexpression of detoxifying

esterases in organophosphate resistance in the *Culex pipiens* L. complex. *Pestic. Biochem. Physiol.* **27**:211-217.

- Mouches, C., Y. Pauplin, M. Agarmal, L. Lemieux, M. Herzog, M. Abadon, V. Beyssat-Arnaouty, O. Hyrien, B. Bobert de Saint Vincent, G.P. Georghiou and N. Pasteur (1990) Characterization of amplification core and esterase B1 gene responsible for insecticide resistance in *Culex. Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87:2574-2578.
- Mounier, N., J. Gaillard and J.C. Prudhomme (1987) Nucleotide sequence of the coding region of two actin genes in *Bombyx mori. Nucl. Acid. Res.* 15:2781.
- Nelson, D.R., T. Kamataki, D.J. Waxman, F.P. Guengerich, R.W. Estabrook, R. Feyereisen, F.J. Gonzalez, M.J. Coon, I.C. Gunsalus, O. Gotoh, K. Okuda and D.W. Nebert (1993) The P450 superfamily: Update on new sequences, gene mapping, accession numbers, early trivial names of enzymes, and nomenclature. DNA Cell Biol. 12:1-51.
- Newcomb, R.D., P.M. Campbell, R.J. Russell and J.G. Oakeshott (1997) cDNA cloning, baculovirus-expression and kinetic properties of the esterase, E3, involved in organophosphorus resistance in *Lucilia cuprina*. Insect Biochem. Molec. Biol. 27:15-25.
- Nicholson, R.A. and T.A. Miller (1985) Multifactorial resistance to transpermethrin in field-collected strains of tobacco budworm *Heliothis* virescens F. Pestic. Sci. 16:561-570.
- Omer, S.M., G.P. Georghiou and S.N. Irving(1980) DDT/pyrethroid resistance inter-relationships in *Anopheles stephensi*. Mosq. News. **40**:200-209.
- Omura, T. and R. Sato (1964) The carbon monoxide-binding pigment of liver microsomes II: Solubilization, purification and properties. J. Biol. Chem. 239 :2379-2384.
- Oppenoorth, F.J. and W. Welling (1976) Biochemistry and physiology of resistance. In: Insecticide Biochemistry and Physiology (Wilkinson, C.F. ed.), Plenum Press, New York, p.507.
- Oppenoorth, F.J. (1985) Biochemistry and genetics of insecticide resistance. In : Comprehensive Insect Physiology, Biochemistry and Pharmacology (Kerkut, G.A. and L.I. Gilbert eds.), Oxford, Pregamon, vol 12, pp 731-774.

- Orrenius, S., M. Berggren, P. Moldeus and R.I. Krieger (1971) Mechanism of inhibition of microsomal mixed-function oxidation by the gut-contents inhibitor of the southern armyworm (*Prodenia eridania*). *Biochem. J.* **124**:427-430.
- Pasteur, N., G.P. Georghiou and A. Iseki (1984) Variation in organophosphate resistance and esterase activity in *Culex quinquefasciatus* Say from California. *Genet. Sel. Evol.* 16:271-284.
- Patten, C.J. and P. Koch (1995) Baculovirus expression of human P450 2E1 and cytochrome b₅: Spectral and catalytic properties and effect of b₅ on the stoichiometry of P450 2E1-catalyzed reactions. Arch. Biochem. Bioiphys. **317**:504-513.
- Peiris, H.T.R. and J. Hemingway (1990) Temephos resistance and the associated cross-resistance spectrum in a strain of *Culex quinquefasciatus* Say (Diptera: Culicidae) from Peliyagoda, Sri Lanka. *Bull. Entomol. Res.* 80:49-55.
- Plapp, F.W. and R.F. Hoyer (1967) Insecticide resistance in the house fly:
 Resistance spectra and preliminary genetics of resistance in eight strains. J. Econ. Entomol. 60:768-774.
- Plapp, F.W. (1976) Biochemical genetics of inseciticde resistance. Ann. Rev. Entomol. **21**:179-197.
- Priester, T.M. and G.P. Georghiou (1978) Induction of high resistance to permethrin in Culex pipiens quinquefasciatus. J. Econ. Entomol. 71:197-200.
- Priester T.M. and G.P. Georghiou (1980) Cross-resistance spectrum in pyrethroid-resistant *Culex quinquefasciatus*. *Pestic. Sci.* **11**:617-624.
- Rangarajan, P.N. and G. Pandmanaban (1989) Regulation of cytochrome P450b/e gene expression by an heme-abd phenobarbitone-modulated transcription factor. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **86**:3963-3967.
- Ranson, H., A.J. Cornel, D. Fournier, A. Vaughan, F.H. Collins and J.
 Hemingway (1997a) Cloning and localization of a glutathione
 S-transferase class I gene from Anopheles gambiae. J. Biol. Chem.
 272:5464-5468.
- Ranson, H., L. Prapanthadara and J. Hemingway (1997b) Cloning and characterization of two glutathione S-transferases from a DDT-

resistant strain of Anopheles gambiae. Biochem. J. 324:97-102.

- Raymond, M. and N. Pasteur (1989) The amplification of B1 esterase gene in the mosquito *Culex pipience* is present in gamates. *Nucleic Acid Res.* 17:7116.
- Raymond, M., A. Callaghan, P. Fort and N. Pasteur (1991) Worldwide migration of amplified insecticide resistance genes in mosquitoes. *Nature* **350** :151-153.
- Reed, W.T. and A.J. Forgash (1970) Metabolism of lindane to organic-soluble products by houseflies. J. Agric. Chem. 18:475-481.
- Reidy, G.F., H.A. Rose, S. Visetson and M. Murray (1990) Increased glutathione S-transferase activity and glutathione content in an insecticide-resistant strain of *Tribolium castaneum*. *Pestic. Biochem. Physiol.* 36:269-276.
- Ronis, M.J.J., E. Hodgson and W.C. Dauterman (1988) Characterization of multiple forms of cytochrome P450 from an insecticide resistant strain of house fly (*Musca domestica*). *Pestic Biochem. Physiol.* **32**:74-90.
- Ruscoe, C.N.E. (1977) The new NRDC pyrethroids as agricultural insecticides. *Pestic. Sci.* **8**:236-242.
- Ruzo, L.O. and J.E. Casida (1977) Metabolism and toxicology of pyrethroids with dihalovinyl substituents. *Environ. Health Perspect.* **21**:285-292.
- Salazar, C.E., D.M. Hamm, D.M. Wesson, C.B. Beard, V. Kumar and F.H. Collins (1994) A cytoskeletal actin gene in the mosquito, Anopheles gambiae. Insect Mol. Biol. 3:1-13.
- Salgado, V.L., S.N. Irvingand T.A. Miller (1983) Depolarization of motor nerve terminals by pyrethroids in susceptible and kdr-resistanct house flies. *Pestic Biochem. Physiol.* 20:100-114.
- Sanger, F. and A.R. Coulson (1975) A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. J. Mol. Biol. 94:441-448.
- Sawicki, R.M. (1978) Unusual response of DDT-resistant houseflies to carbinol analogues of DDT. *Nature* **275** :443-444.
- Sawicki, R.M., A.L. Devonshire, R.W. Payne and S.M. Petzing (1980) Stability of insecticide resistance in the peach-potato aphid, *Myzus persicae* (Sulzer). *Pestic. Sci.* **11**:33-42.

- Scott, J.G. and F. Matsumura (1981) Characteristics of a DDT-induced case of cross resistance to permethrin in *Blattella germanica*. *Pestic. Biochem. Physiol.* 16:21-27.
- Scott, J.G. and G.P. Georghiou (1985) Rapid development of high-level permethrin resistance in a field-collected strain of the house fly (Diptera: Muscidae) under laboratory selection. J. Econ. Entomol. 78:316-319.
- Scott, J.G. (1991) Insecticide resistance in insects. In: Hand Book of Pest Management (Pimentel, D. ed.), Boca Raton, Florida, CRC Press, vol. 2, pp 663-677.
- Scott, J.G. and S.S.T. Lee (1993a) Purification and characterization of a cytochrome P-450 from insecticide susceptible and resistant strains of housefly, *Musca domestica* L., before and after phenobarbital exposure. *Arch. Insect Biochem. Physiol.* 24:1-19.
- Scott, J.G. and S.S.T. Lee (1993b) Tissue distribution of microsomal cytochrome P-450 monooxygenases and their inducibility by phenobarbital in the insecticide resistant LPR strain of house fly, *Musca domestica* L. Insect Biochem. Mol. Biol. 23:729-738.
- Scott, J.A., F.K. Collins and R. Feyereisen (1994) Diversity of cytochrome P450 genes in the mosquito, Anopheles albimanus. Biochem. Biophys. Res. Commun. 205 :1452-1459.
- Schonbrod, R.D. and L.C. Terriere (1972) Inhibition of housefly microsomal oxidase by the eye pigment, xanthommatin. *Pestic. Biochem. Physiol.* 1:409-417.
- Shaw, G.-C. and A.J. Fulco (1992) Barbiturate-mediated regulation of expression of the cytochrome P450_{BM-3} genes of *Bacillus megaterium* by Bm3R1 protein. J. Biol. Chem. 267 :5515-5526.
- Shaw, G.-C. and A.J. Fulco (1993) Inhibition by barbiturates of the binding of Bm3R1 repressor to its operator site on the barbiturate-inducible cytochrome P450_{BM-3} gene of *Bacillus megaterium*. J. Biol. Chem. 268 :2997-3004.
- Shiota, N., A. Nagasawa, T. Sakaki, Y. Yabusaki and H. Ohkawa (1994) Herbicide-resistant tobacco plants expressing the fused enzyme between rat cytochrome P450 1A1 (CYP1A1) and yeast NADPH-

cytochrome P450 oxidoreductase. Plant Physiol. 106:17-23.

- Shiota, N., H. Inui and H. Ohkawa (1996) Metabolism of the herbicide chlortoluron in transgenic tobacco plants expressing the fused enzyme between rat cytochrome P450 1A1 and yeast NADPH-cytochrome P450 oxidoreductase. *Pestic. Biochem. Physiol.* 54:190-198.
- Shono, T., T. Unai and J.E. Casida (1978) Metabolism of permethrin isomers in American cockroach adults, house fly adults, and cabbage looper larvae. *Pestic. Biochem. Physiol.* 9:96-106.
- Shono, T., K. Osawa and G.P. Georghiou (1979) Metabolism of trans- and cispermethrin, trans- and cis-cypermethrin, and decamethrin by microsomal enzymes. J. Agric. Food Chem. 27:316-325.
- 正野俊夫 (1984) 合成ピレスロイド系殺虫剤と抵抗性問題 J. UOEH (産業医科 大学雑誌) 6:423-432.
- Shono, T. (1985) Pyrethroid resistance: Importance of the *kdr*-type mechanism. J. Pestic. Sci. 10:141-146.
- Shrivastava, S.P., G.P. Georghiou, R.L. Metcalf and T.R. Fukuto (1970)
 Carbamate resistance in mosquitos: The metabolism of propoxur by susceptible and resistant larvae of *Culex pipiens fatigans*. *Bull. WHO* 42:931-942.
- Shrivastava, S.P., G.P. Georghiou and T.R. Fukuto (1971) Metabolism of N-methylcarbamate insecticides by mosquito larval enzyme system requiring NADPH₂. Ent. Exp. Appl. 14:333-348.
- Soderlund, D.M. and J.E. Casida (1977a) Substrate specificity of mouse-liver microsomal enzymes in pyrethroid metabolism. ACS Symp. Ser.
 42:162-172.
- Soderlund, D.M. and J.E. Casida (1977b) Stereospecificity of pyrethroid metabolism in mammals. ACS Symp. Ser. 42:173-185.
- Stone, B.F. (1968) A formula for determining degree of dominance in cases of monofactorial resistance to chemicals. *Bull. WHO* **22**:587-590.
- Tanaka, K., M. Nakajima and N. Kurihara (1981) The mechanism of resistance to lindane and hexadeutrated lindane in the third Yumenoshima strain of house fly. *Pestic. Biochem. Physiol.* 16:149-157.
- Taylor, M. and R. Feyereisen (1996) Molecular biology and evolution of resistance to toxicants. Mol. Biol. Evol. 13:719-734.

- Thomas, P.S. (1980) Hybridization of denatured RNA and small DNA fragments transferred to nitrocellulose. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77:5201-5205.
- Thomas, P.S. (1983) Hybridization of denatured RNA transferred or dotted to nitrocellulose paper. *Methods Enzymol.* **100** :255-266.
- Tomita, T. and J.G. Scott (1995) cDNA and deduced protein sequence of CYP6D1: The putative gene for a cytochrome P450 responsible for pyrethroid resistance in house fly. *Insect Biochem. Molec. Biol.* 25:275-283.
- Tomita, T., N. Liu, F.F. Smith, P. Sridhar and J.G. Scott (1995) Molecular mechanisms involved in increased expression of a cytochrome P450 responsible for pyrethroid resistance in the housefly, *Musca domestica*. *Insect Mol. Biol.* 4:135-140.
- Toung, Y.P., T.S. Hsieh and C.P. Tu (1990) Drosophila glutathione
 S-transferase 1-1 shares a region of sequence homology with the maize glutathione S-transferase III. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:31-35.
- Tsukamoto, M. (1983) Methods of genetic analysis of insecticide resistance. In: Pest resistance to pesticides (Georghiou, G.P. and T. Saito eds.), Plenum Press, New York and London, pp 71-98.
- Umeda, K., T. Yano and M. Hirano (1988) Pyrethroid-resistance mechanism in German cockroach, *Blattella germanica*. *Appl. Entomol. Zool.* **23**:373-380.
- Umeda, K., T. Shono, M. Hirano and M. Takahashi (1990) Reduced nerve sensitivity as a resistant mechanism to a pyrethroid in *Culex tritaeniorhynchus* from Okinawa. J. Pestic. Sci. 15:599-601.
- Valles, S.M. and S.J. Yu (1996) Tissue localization, induction, and developmental expression of cytochrome P450 monoxygenases in the German cockroach. *Pestic. Biochem. Physiol.* 54:31-39.
- Vaughan, A. and J. Hemingway (1995) Mosquito carboxylesterase Est alpha 2(1) (A2). Cloning and sequence of the full-length cDNA for a major insecticide resistance gene worldwide in the mosquito Culex quinquefasciauts. J. Biol. Chem. 270 :17044-17049.
- Vaughan, A., N. Hawkes and J. Hemingway (1997) Co-amplification explains linkage disequilibrium of two mosquito esterase genes in insecticide-

resistant Culex quinquefasciatus. Biochem. J. 325:359-365.

Wang, X.-P. and A.A. Hobbs (1995) Isolation and sequence analysis of a cDNA clone for a pyrethroid inducible cytochrome P450 from *Helicoverpa* armigera. Insect Biochem. Molec. Biol. 25:1001-1009.

Waters, L.C., A.C. Zelhof, B.J. Shaw and L.-Y. Ch'ang (1992) Possible involvement of the long terminal repeat of transposable element 17.6 in regulating expression of an insecticide resistance-associated P450 gene in Drosophila. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:4855-4859.

Wheelock, G.D. and J.G. Scott (1992) The role of cytochrome P450_{lpr} in deltamethrin metabolism by pyrethroid resistant and susceptible strains of house flies. *Pestic. Biochem. Physiol.* **43**:67-77.

 WHO (1981) Instructions for determining the susceptibility or resistance of mosquito larvae to insecticides. Unpublished document WHO/VBC/81.
 807, World Organization, Geneva.

Whyard, S., A.E.R. Downe and V.K. Walker (1994) Isolation of an esterase conferring insecticide resistance in the mosquito *Culex tarsalis*. Insect Biochem. Molec. Biol. 24:819-827.

Wilce, M.C.J., P.G. Board, S.C. Feil and M.W. Parker (1995) Crystal structure of a theta-class glutathione transferase. *EMBO J.* **14**:2133-2143.

Wilkinson, C.F. and L.B. Brattsten (1972) Microsomal drug metabolizing enzymes in insects. *Drug Metabol. Rev.* 1:153-228.

Wilkinson, C.E. (1983) Role of mixed function oxidases in insecticide pest resistance. In: Pest Resistance to Pesticides (Georghiou, G.P. and T. Saito eds.), Plenum Press, New York and London, pp 175-228.

Williamson, M.S., D. Martinez-Torres, C.A. Hick and A.L. Devonshire (1996)
Identification of mutations in the housefly para-type sodium channel gene associated with knockdown resistance (kdr) to pyrethroid insecticides. Mol. Gen. Genet. 252:51-60.

Wilson, T.G. and E. Hodgson (1972) Mechanism of microsomal mixed-function oxidase inhibitor from the housefly Musca domestica L. Pestic. Biochem. Physiol. 2:64-71.

Yasutomi, K. (1970) Studies on organophosphate-resistance and esterase activity in the mosquitoes of the *Culex pipiens* group. Jpn. J. Sanit. Zool. **21**:41-45.

- Yasutomi, K. (1983) Role of detoxication esterases in insecticide resistance. In: Pest Resistance to Pesticides (Georghiou, G. P. and T. Saito eds.), Plenum Press, New York and London, pp 249-263.
- Yasutomi, K. and M. Takahashi (1987) Insecticidal resistance of *Culex tritaeniorhynchus* (Diptera: Culicidae) in Japan: A country-wide survey of resistance to insecticides. *J. Med Entomol.* **24**:604-608.
- Zhang, L., K. Harada and T. Shono (1997) Genetic analysis of pyriproxyfen resistance in the housefly, *Musca domestica* L. Appl. Entomol. Zool. 32:217-226.
- Zhang, L., S. Kasai and T. Shono (1998) In vitro metabolism of pyriproxyfen by microsomes from susceptible and resistant housefly larvae. Arch. Insect Biochem. Physiol. (in press)



