

台湾エンマコオロギ *Teleogryllus taiwanemma* のサブテロメア領域に存在する複雑な直列反復配列構造

Kojima KK, Kubo Y, and Fujiwara H. (小島健司、久保葉子、藤原晴彦)

Complex and tandem repeat structure of subtelomeric regions in the Taiwan cricket, *Teleogryllus taiwanemma*.

J. Mol. Evol., 2002; 54(4): 474-85

(日本語要旨)

多くの昆虫のテロメアは、テロメラーゼによって合成される TTAGG の 5 塩基の繰り返しから構成されている。しかし、キロショウジョウバエなどの双翅目昆虫では、TTAGG の反復配列はなく、テロメラーゼ活性も検出されていない。テロメアの構造は、双翅目や鱗翅目などでは調べられているが、原始的な昆虫(不完全変態昆虫)については、わずかな情報しか得られていない。昆虫におけるテロメアの機能や進化についての普遍的な知見を得るために、我々は、原始的な昆虫の一種である台湾エンマコオロギ (*Teleogryllus taiwanemma*) のテロメアとそのすぐ内側の領域、すなわちサブテロメア領域の構造を明らかにした。FISH (fluorescence in situ hybridization、蛍光標識した核酸を用いて染色体上の特定の配列を染色する手法) により、台湾エンマコオロギの染色体の最末端には TTAGG の反復配列が存在することが確認された。テロメア反復配列のすぐ内側の領域には、高度に保存された約 9 kb の配列 (Long Terminal Unit (LTU) と命名) が直列に反復していることが明らかとなった。LTU は 6 本の染色体中の 4 つに観察され、常染色体の 3 つの末端と X 染色体の 1 つの末端に存在している。LTU は台湾エンマコオロギのゲノムの 0.2% 程度を占めている。LTU 1 単位は、TTAGG の 8 回繰り返し配列に似た配列 (telomeric repeat-like sequence: TRLS) と、ST (short telomere associated)、J (joint)、SR (satellite sequence rich)、X、Y と命名した 5 つの保存された領域からなる。これらの領域の長さは、150 bp から 2.7 kb であり、ST-J-TRLS-SR-X-Y-X-Y-X の順に並んで LTU を構成している。LTU の大部分の領域は共通の祖先配列から由来すると考えられ、ST 領域に 6 つ、他の領域にも多数の相同性の高い配列が存在している。LTU に似た配列は最も近縁種な種であるエンマコオロギを含む他の 3 種類のコオロギでは観察されず、LTU が最近になって急速にサブテロメア領域に蓄積されたことがわかる。また、LTU の高度に保存された構造は、組換えにより伸長に寄与している可能性もある。