

R1 クレードに属する non-LTR レトロトランスポゾンの標的特異性の進化

Kojima KK, and Fujiwara H. (小島健司、藤原晴彦)

Evolution of target specificity in R1 clade non-LTR retrotransposons.

Mol. Biol. Evol., 2003; 20(3): 351-361

(日本語要旨)

ほとんどの non-LTR (非 LTR 型、non-long terminal repeat) レトロトランスポゾンは宿主のゲノムのあらゆるところに挿入されるが、R1 クレードに属する non-LTR 型レトロトランスポゾンの多くは標的配列の特定の位置に挿入される。R1 クレードに属する 4 つのファミリーはそれぞれ異なる標的特異性を持っている。R1 と RT は 28S リボソーム RNA 遺伝子中の特定の位置に挿入され、TRAS と SART はテロメア反復配列である TTAGG 反復配列の異なった位置に挿入される。R1 クレードのレトロトランスポゾンの標的配列特異性の進化的な歴史を探るために我々は、様々な昆虫からこのクレードに属する新規の因子をインシリコ (コンピュータ上で配列を検索する手法) と縮重プライマーを用いた PCR の 2 種類の方法を用いて、スクリーニングした。我々は、4 種類の新規な配列特異的レトロトランスポゾンを同定した。Waldo (WaldoAg1, 2, and WaldoFs1) は ACAY 反復配列に、Mino (MinoAg1) は AC 反復配列に、R6 は 28S リボソーム RNA 遺伝子中の R1 や RT とは異なった位置に、そして R7 は 18S リボソーム RNA 遺伝子中に挿入されていた。一方、いくつかのレトロトランスポゾン (HOPE, WISHBm1, HidaAg1, NotoAg1, KagaAg1, Ha1Fs1) は、標的配列特異性を喪失していた。ただし、ある程度標的に対して嗜好性を示すものもあった。逆転写酵素ドメインとエンドヌクレアーゼ (ここでは APE を示す) ドメインを用いた系統解析から、(1) 3 種類のリボソーム RNA 遺伝子を標的とする因子 (RT, R6, R7) は Waldo から派生したこと、(2) 類似した標的配列を持つ因子は系統的にも近縁であること、(3) R1 クレード内の標的配列特異性は一度だけ獲得され、その後多様化し、独立に幾度も失われたこと、が明らかとなった。以上のことから、R1 クレード内の標的配列特異性は進化の過程で変化し、これまで想像されていた以上に多様化していることが明らかとなった。