

## 2つのエンドヌクレアーゼをコードする特異なレトロトランスポゾンファミリー

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

An extraordinary retrotransposon family encoding dual endonucleases

Genome Res., 2005; 15 (8): 1106-1117.

(日本語要旨)

レトロトランスポズンは逆転写酵素を共通に持っているが、他の機能ドメインは様々である。新しいドメインの獲得はレトロトランスポズンの構造的多様性をもたらす主要な進化的要因である。Non-LTR (非 LTR 型、non-long terminal repeat) レトロトランスポズンはその構造から2つのグループに分類される。初期に分岐した non-LTR レトロトランスポズンは制限酵素に似たエンドヌクレアーゼ (RLE) をコードし、最近になってから分岐した non-LTR レトロトランスポズンは AP エンドヌクレアーゼ (DNA 修復の際に、塩基が失われた部位を切断する酵素) に似たエンドヌクレアーゼ (APE) をコードしている。この研究では、我々は、クラミドモナス (*Chlamydomonas reinhardtii*) (緑藻類) ゲノムから新規の non-LTR レトロトランスポゾンファミリー Dualen を発見したので報告する。Dualen は2つのエンドヌクレアーゼ RLE と APE をともにコードしており、他に逆転写酵素、RNase H (DNA/RNA ハイブリッド鎖の RNA を分解する酵素)、そしてシステインプロテアーゼ (システインが活性残基となる蛋白質分解酵素) をコードしている。逆転写酵素ドメインを用いた系統解析の結果では、Dualen は初期に分岐した RLE を持つグループと最近になって分岐した APE を持つグループの中間に位置した。APE の系統樹では、Dualen は I グループ (non-LTR レトロトランスポズンの大きな分類単位の一つ) と Jockey グループ (non-LTR レトロトランスポズンの大きな分類単位の一つ) よりも早くに分岐していた。また、Dualen の RNase H と他の non-LTR レトロトランスポズンの RNase H は単系統だった。これら3つのドメインの系統樹は Dualen ファミリーのメンバーが単系統であることを示していた。ドメイン構造とそれぞれの系統関係から、Dualen が non-LTR レトロトランスポズンが APE を獲得した直後のドメイン構造を保存していることを示唆している。これらの結果を踏まえて、non-LTR レトロトランスポズンのドメイン構造の進化について議論する。