

## 28S リボソーマル DNA 特異的なレトロトランスポゾン R2 の長期間にわたる垂直伝播

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

Long-term inheritance of 28S rDNA-specific retrotransposon R2

Mol. Biol. Evol., 2005; 22 (11): 2157-2165.

(日本語要旨)

R2は28S リボソーマルDNAに特異的に挿入される non-LTR(非 LTR 型、non-long terminal repeat) レトロトランスポゾンである。R2 はこれまで多くの節足動物の種と脊索動物の3種で同定されている。R2 はもっと幅広い動物に分布しており、その起源は動物の進化の初期にまで遡ることができるかもしれない。この研究で、我々は縮重プライマーを用いた PCR 法によって、R2 をメダカ、アカヒレ、クサガメ、ヌタウナギ、ウミユリ (具体的にはトリノアシ、棘皮動物)、そして何種類かの節足動物から同定した。また、公表されているマンソン住血吸虫 (*Schistosoma mansoni*) (扁形動物) のゲノム配列データベースから R2 を2種類同定した。住血吸虫から同定した2つの R2 の内、1つは N 末端に2つのジンクフィンガーモチーフを持っていた。これは、これまでに知られている R2 は1つないしは3つのジンクフィンガーモチーフを持っているのと異なっている。系統解析の結果からは、R2 の系統樹は 11 の部分 (サブクレード) に分かれ、それぞれの中でだけ R2 の系統樹と宿主の系統樹とが一致する。配列の保存度と宿主の分岐年代との関係の解析では、水平伝播の確かな証拠は見つからず、むしろ R2 が前口動物 (節足動物、軟体動物、環形動物、扁形動物など) と後口動物 (脊索動物、棘皮動物、半索動物) の分岐以前から垂直伝播 (親から子へと遺伝によって伝わること) してきたことが支持された。R2 の系統樹と宿主の系統樹の見目の不一致はパラログな系統 (宿主の分岐以前に分岐したレトロトランスポゾンの系統) が存在しているためである。N 末端のジンクフィンガーモチーフの数は R2 の古い分岐を反映しており、R2 の共通祖先は N 末端に3つのジンクフィンガーモチーフを持っていたと推測される。我々の解析により、R2 が長期間にわたって垂直伝播してきていること、そして R2 の配列特異性が非常に古い時代に獲得されたことを明らかになった。おそらくは、他の non-LTR レトロトランスポゾンも長期間にわたって垂直伝播してきており、配列特異的なレトロトランスポゾンの配列特異性の起源は非常に古いのだろう。