

刺胞動物のリボソーム DNA 特異的 non-LTR レトロトランスポゾンの同定

Kojima KK, Kuma K, Toh H, and Fujiwara H. (小島健司、隈啓一、藤博幸、藤原晴彦)

Identification of rDNA-specific non-LTR retrotransposons in Cnidaria

Mol. Biol. Evol., 2006; 23 (10): 1984-1993

(日本語要旨)

リボソーム RNA 遺伝子は真核生物に普遍的な反復配列である。リボソーム DNA(rDNA)には可動因子に由来する多数の配列が挿入されており、その中には non-LTR レトロトランスポゾンも含まれている。R2 は 28S rDNA に特異的な non-LTR レトロトランスポゾンのファミリーで、よく解析が行われており、少なくとも 4 つの門 (節足、脊索、棘皮、扁形) にまたがって分布している。R2 は同じ配列特異性を共有する巨大なファミリーで、N 末 (アミノ末端) 側のドメイン構造と系統によって 4 つのクレード (R2-A, -B, -C, -D) に分類されている。R2 の水平伝播は確認されていないので、R2 の起源は前口動物と後口動物の分岐以前に遡ることになる。今回、我々はインシリコ (コンピュータ上で) の解析によってイソギンチャク *Nematostella vectensis* から 1 種類の R2 を、ヒドラ *Hydra magnipapillata* から 2 種類の R2 に似たレトロトランスポゾンを同定した。イソギンチャクの R2 は他の R2 と同様に 28S rDNA に挿入されていたが、ヒドラの R2 に似たレトロトランスポゾンは 18S rDNA の良く保存された領域に特異的に挿入されていた。我々はヒドラの R2 に似たレトロトランスポゾンを R8 と命名した。R8 は別の 18S rDNA 特異的レトロトランスポゾンファミリーである R7 よりも 37 塩基上流に挿入される。R2 と R8 の標的配列の間には明瞭な類似性は認められなかった。これはおそらく R2 や R8 が長い DNA 配列を認識するためだろう。ドメイン構造と系統解析からはイソギンチャクの R2 は R2-D クレードの一員であり、ヒドラの R8 は配列特異性の違いにも関わらず、R2-A クレードに属することが示唆された。これらの結果は、R2 が刺胞動物と左右相称動物 (前口動物と後口動物から構成されるグループ) の分岐以前に誕生していたこと、そして、R8 が 28S から 18S へと標的配列を変更して生まれたレトロトランスポゾンファミリーであることを示している。