

Ingi に近縁な non-LTR retrotransposon ファミリー *Vingi* のハリネズミにおける最近の爆発的増殖

Kojima KK, Kapitonov VV, and Jurka J.

Recent expansion of a new *Ingi*-related clade of *Vingi* non-LTR retrotransposons in hedgehogs

Mol. Biol. Evol., 2010; 27 (): In press

(日本語要旨)

自律性の non-LTR retrotransposon とそれに由来する反復配列は哺乳類ゲノムの普遍的な構成要素である。最近我々は、2 種のハリネズミゲノム (ヨーロッパハリネズミ *Erinaceus europaeus* とヨツユビハリネズミ *Atelerix albiventris*) から non-LTR retrotransposon ファミリー *Ingi-1_AAI* と *Ingi-1_EE* を発見した。本論文では、これらを *Vingi-1_AAI* 及び *Vingi-1_EE* と改名し、*Ingi* (non-LTR retrotransposon のグループの一つでトリパノソーマから最初に見つかった) の姉妹群だが ribonuclease H (DNA-RNA 二重鎖の RNA を分解する酵素) を持たないという特徴を持つ新規の clade (non-LTR retrotransposon の高次分類単位、現時点で 30 個程度が提唱されている) となる *Vingi* を報告する。ヨーロッパハリネズミのゲノム中には *Vingi-1_EE* の内部欠失により生まれた 11 種類の非自律性ファミリーが見つかった。*Vingi* に近縁な retrotransposon はゲノムがほぼ完全に読まれた他の 33 種の哺乳類ゲノム中からは見つからなかった。一方、哺乳類以外からは *Vingi* と *Ingi* がいくつか見つかった。我々のデータは、垂直伝播も完全には否定できないものの、*Vingi* がハリネズミに水平伝播したことを示唆している。*Vingi* のコンパクトな構造と、非自律性の派生型トランスポゾン転移をさせる性質は *in vivo* 転移系の構築に有用であろう。