

non-LTR レトロトランスポゾン SART1 の転移と正確な逆転写の開始に必要な 3' 非翻訳領域における必須モチーフ

Osanai M, Takahashi H, Kojima KK, Hamada M, and Fujiwara H.

(長内美瑞子、高橋秀和、小島健司、濱田光浩、藤原晴彦)

Essential motifs in the 3' untranslated region required for retrotransposition and the precise start of reverse transcription in non-long-terminal-repeat retrotransposon SART1.

Mol. Cell. Biol., 2004; 24(18): 7902-7913.

(日本語要旨)

Non-LTR (非 LTR 型、non-long terminal repeat) レトロトランスポゾンは、自身の RNA を 3' 末端から逆転写することによって自身のコピーを増やす。しかし、逆転写の最初の段階は未だ明瞭ではない。我々は、カイコのテロメア特異的な non-LTR レトロトランスポゾンである SART1 の逆転写に 3' 非翻訳領域 (3' UTR) が必要なことを示した。また、*in vivo* での転移実験によって 3' UTR 内のいくつかのモチーフが正確で効率的な逆転写に関与していることを明らかにした。3' UTR の 461 塩基 (nt) の内、中央の領域 (163-295nt) は SART1 の転移に必須であった。3' UTR 内に想定される 5 つのステムループの内、2 番目のステムループ (159-221nt) がここには含まれている。3' UTR の最も 3' 側の領域 (296-461nt) とポリ A (多くの non-LTR レトロトランスポゾンでは、末端にポリ A があらかじめ (DNA 上に) コードされている) を削ると逆転写の効率は低下し、不正確になった。不正確な逆転写の多くでは、2 番目のステムループの直後の短いテロメア様配列 (GGUU) (テロメア反復配列 TTAGGTTAGG の中央の GGTT に相当する) から逆転写が始まっていた。これらの結果は 3' UTR の短いテロメア様配列がテロメア反復配列 (TTAGG) の下側の鎖 (CCTAA 鎖) に結合することを示唆している。また我々は、緑色蛍光タンパク質 (GFP) をコードする配列を SART1 の 3' UTR と繋ぎ、SART1 のタンパク質を他から供給することによって GFP の配列をテロメア反復配列に転移させることに成功した。