

# リピート配列を用いた遺伝子増幅傾向の解析

政策・メディア研究科 修士課程 2年 坪井 俊憲

---

## 要旨

遺伝子重複,及び遺伝子増幅(Gene Duplication and Amplification; GDA)は,DNA複製時の誤った 相同組み換え(non-equal homologous recombination)や,DNA切断によるローリングサークル型複製によってもたらされ,コピーされた遺伝子の存在意義を大きく変えてしまう現象として知られており,バクテリアの生存戦略やゲノム進化において重要な役割を果たしていると考えられている.我々は,特に non-equal homologous recombination によってもたらされるGDAを対象としており,これにゲノムの構造的要素である遺伝子の転写方向や複製方向の違いがGDA後のコピー数の偏りや,GDAの起きやすさに影響しているという仮説を立てた.この仮説を検証するために,テトラサイクリン耐性遺伝子(*tetL*)と2種類のレポーター遺伝子(*gfp*,*rfp*)を用いて,複製方向と転写方向の異なった遺伝子集積ユニット(a half of *tetL* - *gfp* - *tetL* - *rfp* - a half of *tetL*)を枯草菌ゲノムに挿入した株を使用した.この集積ユニットは*tetL*の遺伝子が相同領域として機能し,*gfp*,*rfp*のどちらかを含む領域が相同組換えによって増幅すると,*tetL*の遺伝子数も増える仕組みになっており,テトラサイクリンによって遺伝子増幅を起こした株を選択することが出来る.これを用いて GDAの傾向を解析した.結果,特にゲノムの複製方向と遺伝子の転写方向との関係性において,増えやすい領域に違いは見られなかったため,これらのゲノムの構造的要素はGDAに影響を及ぼしてはいないということが示唆された.また,本研究に用いた枯草菌株を取得する過程において,OGAB (Ordered Gene Assembly in *Bacillus subtilis*)法によるくり返し配列の集積は,目的の集積体を取得することが難しく,またそれは遺伝子の発現量によらないということも示唆された.