

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 れなかつたため,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.