

Thermus thermophilus HB8 における遺伝子間領域の発現解析

Expression analysis of the Intergenic Region in *Thermus thermophilus* HB8

○伊藤寛啓¹, 中川紀子^{2,3}, 倉光成紀^{2,3}, 三瓶巖一^{2,4}, 河合剛太^{1,2}

Nobuharu Ito¹, Noriko Nakagawa^{2,3},

Seiki Kuramitsu^{2,3}, Gen-ichi Sampei^{2,4} and Gota Kawai^{1,2}

(¹千葉工大・工, ²理研・播磨研, ³阪大・院理, ⁴電通大・量子物質工)

(¹Chiba Institute of Technology, ²RIKEN Harima Institute, ³Osaka University,

⁴University of Electro-Communications)

e-mail: sampei@pc.uec.ac.jp, gkawai@sea.it-chiba.ac.jp

近年, non-coding RNA がさまざまな生命現象に関与していることがつぎつぎと明らかになっており, 真正細菌においても, 6S RNA など新たな機能 RNA 分子が発見されている. 本研究では, 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 において新規機能 RNA を見出すことをめざし, DNA マイクロアレイ (タイリングアレイ) による発現プロファイルデータの解析を行っている

本研究において利用している DNA マイクロアレイには, ORF だけでなく, タンパク質をコードしていないと考えられる intergenic region (IG) についての情報も含まれている. この IG 領域についてのデータを解析することによって, (1)転写開始点, 終止点の解析, (2)オペロンの解析, および(3) non-coding RNA の解析ができると考えている. 高度好熱菌では, 多くの場合, ORF のアンチセンス鎖には遺伝子がコードされていないが, このような領域すべてのタイリングデータがあるため, アンチセンス RNA の発現についても検出できる可能性がある. なお, tRNA および rRNA の遺伝子領域については, マイクロアレイに含まれていない.

図 1 には, 増殖の初期と定常期での IG 領域の発現量変化が示してある. 有意な発現量を示す領域が数多く存在しているが, この多くは, ORF の 5'あるいは 3'-UTR であると考えられる. また, オペロンを形成する遺伝子と遺伝子の間の領域も含まれている. 一方, 図 1 には, 良く知られている RNA である RNase P RNA, SRP RNA および tmRNA のデータが示してある. これらはいずれも高い発現量を示しており, 本解析において, non-coding RNA の検出が可能であることを示している. さらに, 図 2 には, 例として SRP RNA 遺伝子周辺の構造と, その遺伝子が位置する IG 領域の発現量 (増殖初期) を示してある. タイリングアレイによる高発現領域と RNA 遺伝子の領域は正確に一致しており, このことから non-coding RNA の検出が可能であることがわかる.

本研究では, 増殖の初期段階のデータについて探査した結果, これまでに ORF と独立して高発現している領域を 9 カ所確認しており, 二次構造予測などにより, 新規 RNA 分子の可能性について検討を進めている.

今後は, 高度好熱菌から抽出された RNA 分画の分析, あるいは, RNA 遺伝子候補領域の破壊株の作成なども含め, 新規機能性 non-coding RNA の同定を行っていきたい.

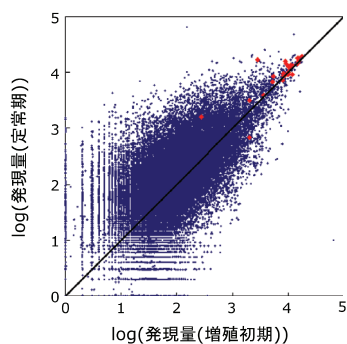


図 1 IG 領域の増殖の初期と定常期の発現量の変化
赤い点は, SRP RNA, tmRNA および RNase P RNA
の遺伝子の各プローブのシグナルを示している.

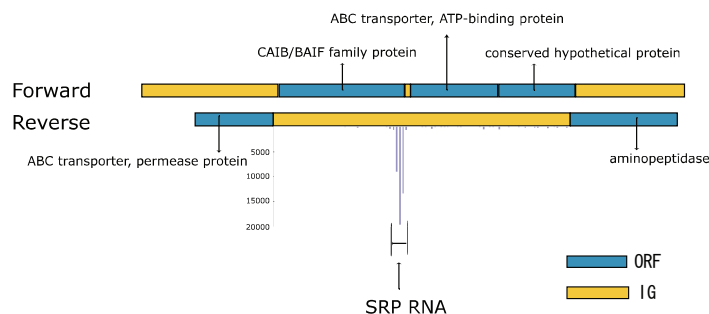


図 2 SRP RNA 遺伝子周辺の構造