

イントロン長の集計によるスプライシング機構多様性の推定

○嶋田 誠、原口 典子、前田 明

藤田保健衛生大学 総合医科学研究所 遺伝子発現機構学研究部門

スプライシング機構の多様性を探る目的で、データベースから、転写物数及び頻度をもとに確実なヒトのイントロンを選抜した。得られたイントロン数は塩基長が短くなるにつれ急激に減少し、65 塩基以下では散発的で、同一遺伝子座の転写産物数も低下した。例外的に 65 塩基以下であっても、複数の転写物の存在によって支持される 49 および 37 塩基長のイントロンを観察した。両者とも発現推定指数 CAI は高く、他の哺乳類でも保存されていた。以上から、ヒトの通常のスプライシング機構では適したイントロン長の限界が存在するが、極小イントロンを産出しうる別機構の存在が示唆された。

Estimation of splicing mechanism diversity using intron length distribution
Shimada, Makoto K.; Haraguchi, Noriko; Mayeda, Akila

Institute for Comprehensive Medical Science, Fujita Health University

A steep peak in intron length distribution around minimum is known in various model species. In human, continuous distribution to maximum length of intron, that is about 300k nt, is well known. While minimum length of intron is arbitrary, because of difficulty to define experimental errors and rare transcripts functionally unknown. To estimate diversity of splicing mechanism, we selected stable human transcripts from databases based on transcript quantity. Distribution of obtained intron length shows that number of intron decreases drastically in shorter than 65nt, where number of transcripts in each locus also decrease. However, 49nt and 37nt length of transcripts are observed, both shows high Codon Adaptation Index (CAI) and also observed orthologous transcripts in other mammals. These suggests that there is a limitation in minimum length to spliced out in general splicing mechanism of human, but also unknown mechanism may be exist to splice small intron exceeding the limitation.