



トランスファーRNAの遺伝子構造とプロセッシングからゲノム情報を読み解く

生体分子化学およびその関連分野
分子レベルから細胞レベルの生物学および
その関連分野



研究者所属・職名 : 園芸学研究院・講師

ふりがな そま あきこ

氏名 : 相馬 亜希子

主な採択課題 :

- [基盤研究\(C\)「オルガネラ由来NUPT/NUMT-tRNAによる新規の遺伝暗号解読戦略の解析」\(2022-2024\)](#)
- [基盤研究\(C\)「植物オルガネラの限定的なtRNA-アミノアシル化酵素セットによる翻訳機構の解明」\(2019-2021\)](#)
- [基盤研究\(C\)「逆転および分断化tRNA遺伝子の成立におけるイントロンスプライシング機構の役割」\(2013-2015\)](#)

分野 : 分子生物学関連、生物分子化学関連

キーワード : tRNA、RNAプロセッシング、タンパク質合成、遺伝暗号、微生物、オルガネラ

課題

● なぜこの研究をおこなったのか？ (研究の背景・目的)

トランスファーRNA (tRNA)は遺伝暗号の翻訳に必須の分子であり、一般に30-50種のtRNA遺伝子がゲノムにコードされている。しかし、一部の生物やオルガネラでは一揃いのtRNA遺伝子セットが検出されず、どのようにタンパク質が合成されているか不明である。2000年代に藻類や古細菌から逆転tRNAや非典型的スプライシングtRNAなど様々な分断化tRNAが発見されたことでRNAの遺伝子構造およびRNAプロセッシングの多様性が明らかになり、「tRNA遺伝子が見つからない」という問題は部分的に解決された。一方で、分断化tRNAの発現機構には不明な点が残されている。また、分断化tRNAを想定しても翻訳に必要なtRNAレパートリーが同定できないケースも数多くあり、tRNA遺伝子とその発現や機能についてさらなる情報収集や解析が必要である(図1)。tRNA遺伝子の情報がDNA配列としてどのように書き込まれ、それがどのように発現しているかを明らかにし、ゲノム情報を読み解くための原理や概念を理解することを目指している。

● 研究するにあたっての苦労や工夫 (研究の手法)

特殊なtRNA遺伝子の同定にあたり、既存のものとは異なる原理に基づく遺伝子検索ソフトウェアを用いた遺伝子検索と目視での配列解析を行った。また、RNAi技術が適用できない生物を材料とするため、tRNAスプライシングに基づく独自の遺伝子工学ツールを構築した。

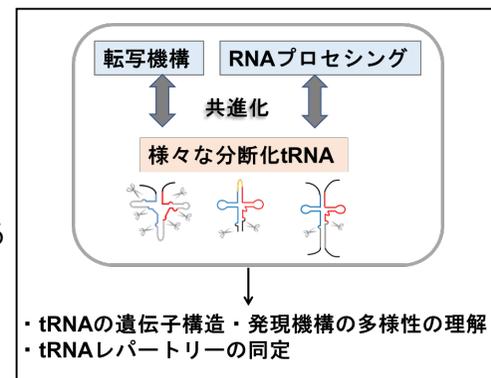


図1 分断化tRNAの解析とtRNA遺伝子の多様性の理解



トランスファーRNAの遺伝子構造とプロセッシングからゲノム情報を読み解く

生体分子化学およびその関連分野
分子レベルから細胞レベルの生物学およびその関連分野

研究成果

●どんな成果がでたか？どんな発見があったか？

(1) 分断化tRNAのプロセッシング経路

藻類の分断化tRNAの発現機構は完全には解明されていない。酵母やヒトの研究から得られた知見に基づけば、藻類の分断化tRNA遺伝子を酵母やヒトの細胞に導入しても発現しないと予想され、したがって藻類には他の真核生物とは異なる転写・プロセッシング機構が存在すると考えられる。この可能性を検討するため、私たちは藻類から抽出したtRNAの配列解析や関連するプロセッシング酵素の解析を行い、逆転tRNAや非典型的スプライシングtRNAのプロセッシング経路を同定した(図2)。藻類のtRNA発現機構やそのマシナリは酵母などのモデル真核生物とは異なる特性を示し、このようなtRNA発現機構の存在が、多様な分断化tRNA遺伝子群の成立に重要な役割を果たしたと考えられる。

(2) オルガネラtRNAのアンチコドン修飾による翻訳能の調節

オルガネラゲノムからも一揃いのtRNA遺伝子セットが見つからない場合が多いが、藻類のオルガネラゲノムには分断化tRNA遺伝子は見当たらない。RNA修飾に着目して藻類のオルガネラから抽出したtRNAのアンチコドン解析したところ、修飾されたものと未修飾のものが混在していることを見出した。即ち1つの遺伝子から2種類のtRNAが作り出されていることが明らかになった(図3)。このような戦略をとることで、限定的なtRNA遺伝子セットによる遺伝暗号の翻訳が可能になっていると予想される。

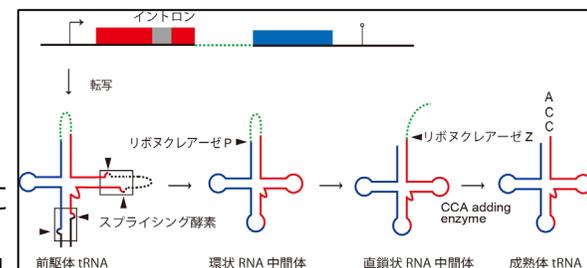


図2 藻類の逆転tRNAのプロセッシング経路
スプライシング酵素の働きにより生じた環状RNA
中間体は図のような順番で成熟体tRNAとなる。

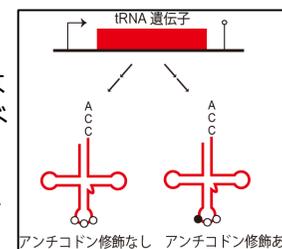


図3 藻類のオルガネラ
tRNAのアンチコドン修飾
1つの遺伝子から2種類の
tRNAが合成される。

今後の展望

●今後の展望・期待される効果

tRNAは古くから研究されている分子である一方で、その研究からは未知の現象や新規概念の発見が今も数多く報告されている。私たちはtRNAの遺伝子構造の多様性とRNAプロセッシング機構との共進化の解明、および環境適応やゲノム進化における分断化tRNAの生物学的意義の理解を目指している。また、翻訳反応は葉緑体の遺伝子発現の律速段階であるが、その分子機構に関する知見は限定的であり、翻訳システムを構成する因子群のラインナップすら同定されていない。植物オルガネラのtRNAレパートリーおよびRNAプロセッシングに関する解析は、ゲノムデータベースの整備に加えて、植物細胞の二酸化炭素固定能力やバイオマス生産性の向上にもつながると期待される。