

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		Pre-tRNA capping の関与する新規遺伝子発現制御機構の探索			
研究テーマ (欧文) AZ		Exploring the role of pre-tRNA capping in gene expression			
研究氏 代表 者	カナ CC	姓)オオヒラ	名)タカユキ	研究期間 B	2016 ~ 2017 年
	漢字 CB	大平	高之	報告年度 YR	2017 年
	ローマ字 CZ	OHIRA	TAKAYUKI	研究機関名	東京大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		東京大学 大学院工学系研究科 化学生命工学専攻 助教			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>tRNA はタンパク質合成時に遺伝暗号をアミノ酸に対応付けるアダプター分子である。真核生物において tRNA の一次転写産物は核内で転写された後に末端のプロセッシング、イントロン配列の除去、多種多様な転写後修飾の導入など加工処理を施されることで正確に機能する成熟体となる。本研究課題は、成熟過程の一部の tRNA 前駆体 (pre-tRNA) に見られるキャップ修飾 (pre-tRNA capping) の生物学的意義を見出すことを目指し、出芽酵母において pre-tRNA capping が tRNA の成熟化や遺伝子発現に及ぼす影響を調べるため、まずはキャップ修飾された pre-tRNA が相互作用しているタンパク質や、キャップ修飾される pre-tRNA をハイスループットシーケンス解析により網羅的に特定しその特徴を明らかにすることを試みる。現在、キャップ修飾された pre-tRNA から cDNA ライブラリを調製するため各ステップについて条件検討を行っている。また、キャップ修飾された pre-tRNA と相互作用するタンパク質に関しては、生化学的解析から遺伝子発現に関わるタンパク質と細胞内で相互作用していることが確認され、pre-tRNA capping が遺伝子発現を調節している可能性が示唆された。現在この相互作用の生理学的意義を明らかにするため、この複合体の細胞内局在やその他の構成因子を特定するためより詳細な解析を行っている。また、このタンパク質と相互作用していた pre-tRNA についてもハイスループットシーケンス解析により網羅的に特定する予定であり、その種類や成熟度といった特徴を明らかにすることを通じて、pre-tRNA capping と遺伝子発現との関係をより詳細に理解したいと考えている。</p>					
キーワード FA	tRNA	成熟化	キャップ修飾	遺伝子発現	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA									
研究機関番号 AC					シート番号									

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

tRNA is an adaptor molecule which deciphers the genetic code on mRNA during protein synthesis. In eukaryotes, primary transcripts of tRNAs are synthesized in nucleus and then subjected to several processing, such as end-maturation, splicing, and introduction of a variety of post-transcriptional modifications, to be mature forms having accuracy. In this study, we aimed to elucidate the biological role of 5' cap structures formed on tRNA precursors with 5' leader sequences (pre-tRNA capping) in gene expression and/or tRNA maturation in budding yeast. In order to achieve this purpose, it is important to reveal that which proteins interact with the pre-tRNAs and which pre-tRNAs are capped. Up to now, we have been optimizing the conditions of each step to prepare the cDNA library generated from 5' capped pre-tRNAs. While, we confirmed the *in vivo* interaction between 5' capped pre-tRNAs and protein which involved in gene expression. This result implied the possibility that pre-tRNA capping regulates gene expression. Therefore, we are now investigating the subcellular localization and other components of the complex to elucidate the biological significance of the interaction. Furthermore, we also plan to construct the cDNA library using the protein interacting pre-tRNAs as template. This analysis would provide information about the structural feature of the pre-tRNAs and help to understand the role of pre-tRNA capping in gene expression.