

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		piRNA と他の一本鎖 RNA とを区別する仕組みに関する研究			
研究テーマ (欧文) AZ		Elucidation of mechanisms that discriminate piRNAs from other single-stranded RNAs			
研究氏 代表名 者	カタカナ CC	姓) サイトウ	名) クニアキ	研究期間 B	2016 ~ 2017年
	漢字 CB	齋藤	都暁	報告年度 YR	2017 年
	ローマ字 CZ	Kuniaki	Saito	研究機関名	国立遺伝学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		情報・システム研究機構国立遺伝学研究所・教授			
<p>概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)</p> <p>piRNA はレトロトランスポゾンの脅威からゲノムを守る一本鎖 RNA であり、生殖細胞の発生と生命の次世代継承に必須な因子である。piRNA は長い前駆体として転写されプロセッシング反応によって断片化され成熟化する。本研究では、piRNA 生合成経路を転写レベル、転写後レベルで解析し、各段階で働く因子群の同定と機能解明によって piRNA と他の 1 本鎖 RNA とが細胞内で如何にして区別されるのか、その仕組みを明らかにする。</p> <p>我々はショウジョウバエ卵巣由来の培養細胞を確立し、OSC と命名した (Saito et al. Nature 2009)。OSC では piRNA や Piwi が発現し、非常にシンプルな実験系で機能解析ができる。さらに高効率 RNAi 法やトランスフェクションによる過剰発現系も確立した。OSC において Piwi をノックダウンすると、piRNA 量の減少と、レトロトランスポゾンの発現上昇 (脱抑制) が起こる。レトロトランスポゾン mRNA は RT-qPCR 法によって簡便かつ感度良く検出可能である。従って、この実験系を活用し、レトロトランスポゾンの発現抑制に重要な遺伝子の同定を試みた。その結果、新たに約 350kDa のタンパク質をコードする CG14438 遺伝子が OSC においてレトロトランスポゾンの抑制に重要であることを見いだした。現在、2017 年 4 月に立ち上げた自身の研究室においてこの遺伝子の機能解明を進めている。</p>					
キーワード FA	piRNA	PIWI	ショウジョウバエ	生合成	

(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

piRNA is a single-stranded RNA that protects the genome from the threat of retrotransposons and is an essential factor for the generation of germ cells and the production of the next generation of animals. piRNA is transcribed as a long precursor transcript, fragmented and matured by a processing reaction. In this study, we analyze the piRNA biogenesis pathway at the transcriptional level and the posttranscriptional level, and how the piRNA and other single-stranded RNA are distinguished by elucidating molecular functions of factors.

We established a cultured cell line, OSC from *Drosophila* ovary (Saito et al. Nature 2009). In OSC, both piRNA and Piwi are expressed. We also established a highly efficient RNAi method and an overexpression system by transfection. When Piwi is knocked down in OSC, a decrease of piRNA and an increase of retrotransposon are observed. Retrotransposon mRNA can be easily and sensitively detected by RT-qPCR method. Therefore, using this experimental system, we attempted to identify genes important for suppression of retrotransposon expression. As a result, we discovered that CG14438 gene encoding a protein of approximately 350 kDa is essential for repression of retrotransposon in OSC. Currently, we are engaged in elucidating the function of this gene in our laboratory, which was launched in April 2017.