

分子生物学科セミナーのご案内

「微生物をうごかす機能性 non-coding RNA」

相馬 亜希子 助教

(千葉大学園芸学研究科)

12月7日(水) 16:30~18:00 理学部 3号館 11番教室

近年のトランスクリプトーム解析により、ゲノムには tRNA や rRNA 以外にも多種多様な非翻訳型 RNA (non-coding RNA; ncRNA) 遺伝子が存在することが明らかされた。また、これら ncRNA は様々な方法でタンパク質遺伝子の発現を調節し、生命という精巧な分子機械の活動を巧妙に制御していることが分かってきた。バクテリアや単細胞真核生物など、一見シンプルな生物にも機能性 ncRNA 分子は数多く存在し、「環境変動への迅速な応答」という微生物の生存戦略に重要な役割を果たしている。バクテリアで機能が分かっている主な ncRNA としてアンチセンス RNA や CRISPR の crRNA が挙げられ、その作用機作の解析が精力的に行われている一方で、不明な点も残されている。我々はこれまでバクテリアや真核微生物を用いて機能性 ncRNA の同定と解析を行い、環境応答における ncRNA の役割について研究を進めてきた。本セミナーでは、特にバクテリアの機能性 RNA 研究の流れを概説するとともに、我々が取り組んでいる大腸菌の抗生物質耐性や宿主感染に関わる ncRNA についてこれまでに得られた知見を紹介する^(1, 2)。

多くの ncRNA は転写後に様々なプロセッシングを受けることで機能的な成熟体となる。たとえば、cis-splicing では余分な配列情報(イントロン)が「削除」され、trans-splicing では個別に転写された配列情報が「連結」される。editing や modification では RNA の塩基配列の文字そのものが「書き換え」られる。さらに我々の研究から、一部の微生物の逆転 tRNA の成熟化において RNA 断片の位置を「入れ替える」というプロセッシングが行われていることが分かった⁽³⁻⁵⁾。この発見をきっかけに既存のゲノムデータベースが再解析され、これまで意味がないと考えられていたゲノム領域から tRNA 遺伝子が多数発見された。このように ncRNA 遺伝子の情報はゲノム上に様々な形式で書き込まれている。生物はそこから色々なプロセッシング方法で必要な情報を正しく取り出し、また、加工することで多種多様な機能性 RNA 分子をつくり出している。生命の設計図である DNA にどのような情報がどのように書き込まれているかを理解することは、ポストゲノムにおける重要な課題である。特に多くのプロセッシングを受ける tRNA に着目し、近年明らかになってきた RNA プロセッシングの多様性と、微生物における生物学的意義についても紹介する。

1. N. Sudo, *et al.* A novel small regulatory RNA Esr41 accelerates cell motility in enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157. (2014) *J. General and Applied Microbiology*
2. A. Soma. Identification and functional analysis of non-coding RNA from hemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 sakai. (2011) *Inst. Ferment. Res. Comm.*
3. A. Soma *et al.* Identification of highly-disrupted tRNAs in nuclear genome of the red alga, *Cyanidioschyzon merolae* 10D. (2013) *Scientific Reports*.
4. A. Soma. Permuted tRNA genes expressed via a circular RNA intermediate in *Cyanidioschyzon merolae*. (2009) *J. Jpn. Soc. Extremophiles*
5. A. Soma, *et al.* Permuted tRNA genes expressed via a circular RNA intermediate in *Cyanidioschyzon merolae*. (2007) *Science*

問い合わせ先: 戸澤 譲(戦略研究部門・分子生物学科)