



Intergenomics

第 44 回

インターゲノミクス セミナー

神戸大学大学院・農学研究科
インターゲノミクス研究会 主催
(若手研究者育成支援経費)

日時：1月26日（金）16時00分より 場所：農B101

16:00 RNA polymerase II CTD codes によるヒストン修飾 (histone codes) の制御

梶谷 卓也 先生（北海道大学大学院理学研究院化学部門生物有機化学研究室）

要旨内容：RNA polymerase II (RNAPII) は mRNA や ncRNA を転写する生物学的に極めて重要なタンパク質複合体である。RNAPII の最大サブユニット Rpb1 の C 末端ドメイン (CTD) は Y1-S2-P3-T4-S5-P6-S7 の 7 アミノ酸が、分裂酵母では 29 回、ヒトでは 52 回反復する特徴的な構造を有する。転写中の CTD は高度にリン酸化されることが知られているほか、メチル化、グリコシル化、プロリン異性化を受け、一連の複雑な修飾状態は CTD code と呼ばれ、転写と共役した RNA processing や転写活性化ヒストン修飾を制御する情報だと考えられる。過去の CTD code の機能解析は Ser2, Ser5 リン酸化が中心で、Ser7 の機能はほとんど未知であった。我々は、分裂酵母において Ser7 がヘテロクロマチン形成に必要であることを見出した。Ser7 はセントロメア反復配列上のヘテロクロマチン特異的ヒストン修飾 (H3K9 メチル化) とこれを促進する反復配列由来 siRNA 合成に必要であった。その後の解析から、Ser7 はゲノム全域で転写のブレーキとして機能し、転写活性化ヒストン修飾を抑制すること、転写速度の低下は、セントロメア反復配列由来 siRNA の二次的増幅を活性化することを明らかにした。さらに、Ser7 はゲノム全体の核内クロマチン配置や RNA 核外輸送効率も制御しうる可能性を示唆する結果を得た。本セミナーでは CTD code による転写速度制御がヒストン修飾 (histone codes) を多面的に制御する分子基盤の一端について紹介したい。

～17:30 総合討論

参考：Kajitani, T. et al. "Ser7 of RNAPII-CTD facilitates heterochromatin formation by linking ncRNA to RNAi." *PNAS* 2017 114 (52) E11208-E11217; published ahead of print December 13, 2017, doi:10.1073/pnas.1714579115

世話人：金丸 研吾

お問い合わせ 藤本 龍（農学研究科 資源生命科学専攻 園芸植物繁殖学研究分野）
TEL: 078-803-5827 E-mail: leo@people.kobe-u.ac.jp