

別紙 4

報告番号	※ 甲 第 号
------	---------

主 論 文 の 要 旨

論文題目 植物オルガネラの新規 RNA 編集因子の同定と
編集機能領域の解明

氏 名 一瀬 瑞穂

論 文 内 容 の 要 旨

植物の葉緑体とミトコンドリアで mRNA 分子内の特定のシチジン(C)がウリジン(U)に変換される RNA 編集と呼ばれる現象が起こる。RNA 編集は葉緑体やミトコンドリアの機能発現に必須な反応であるにもかかわらず、その分子機構は未だ不明な点が多い。RNA 編集は植物が陸上化してから獲得したシステムであることから、基部陸上植物のヒメツリガネゴケには基盤となる RNA 編集装置の原型が存在することが期待される。

ヒメツリガネゴケのオルガネラに存在する 13カ所の RNA 編集部位のうち、9カ所の部位に作用する 6種の RNA 編集因子がこれまでに同定されていた。そこで、本研究では残り 4カ所の RNA 編集部位に働く編集因子を同定することにした。これまでにヒメツリガネゴケで同定された RNA 編集因子がすべて DYW クラスの pentatricopeptide repeat (PPR)タンパク質であったことから、機能不明の 3種の DYW クラス PPR タンパク質 (PpPPR_45、PpPPR_65、PpPPR_98)について遺伝子破壊株や発現抑制株を作製して RNA 編集への影響を調べた。その結果、PpPPR_65 がミトコンドリアの *ccmF_C* mRNA の RNA 編集に、PpPPR_98 がミトコンドリアの *atp9* mRNA の RNA 編集に、PpPPR_45 が葉緑体の *rps14* mRNA の RNA 編集に働く編集部位特異的因子であることを明らかにした。これにより、ヒメツリガネゴケに存在する全 13カ所の編集部位の RNA 編集に DYW クラスの PPR タンパク質が関与することが判明した。

次に、ヒメツリガネゴケすべての RNA 編集因子の C 末端に保存されている E/E+ドメインおよび DYW ドメインの RNA 編集における役割を明らかにするため、ミトコンドリアの RNA 編集が欠損した PpPPR 遺伝子破壊株を用いた相補実験を行った。それぞれのドメインを欠失させた変異 PPR タンパク質を発現させた相補株では RNA 編集が回復しなかったことから、RNA 編集には E/E+ドメインと DYW ドメイン両方が必要であることが示された。RNA 編集は C が脱アミノ化により U に変換されることから、RNA 編集酵素はシチジンデアミナーゼ活性を持つことが予想される。RNA 編集因子の DYW ドメインにはシチジンデアミナーゼ活性部位の類似アミノ酸残基 HxE(x)ⁿCxxC が保存さ

れており、このアミノ酸残基に変異を導入した PPR タンパク質は RNA 編集機能を喪失した。このことから、DYW ドメイン内の HxE(x)ⁿCxxC モチーフが RNA 編集の活性部位であることが示唆された。また、異なる RNA 編集因子の DYW ドメインとのスワッピング実験により、DYW ドメインは編集部位特異的に作用すること、DYW ドメインの編集部位認識は HxE(x)ⁿCxxC モチーフ周辺のアミノ酸領域が関与することを初めて明らかにした。以上の成果を踏まえて、植物オルガネラにおける RNA 編集装置のモデルを提唱した。