

## 主論文要約

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

論文提出者：一瀬 瑞穂

論文要旨：

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)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、先ず残り 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<sub>C</sub>* 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 編集に部位特異的に作用する編集因子であることを明らかにした。これにより、ヒメツリガネゴケの全ての RNA 編集部位に 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、ヒメツリガネゴケの RNA 編集欠損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、E/E+ドメインと DYW ドメイン両方が RNA 編集に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)<sup>n</sup>CxxC 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)<sup>n</sup>CxxC 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)<sup>n</sup>CxxC 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 編集装置のモデルについて考察した。