

第 113 回 システム自然科学研究科セミナー

望月 一史 先生

Group Leader

Institute of Molecular Biotechnology of the Austrian Academy of Sciences (IMBA), Vienna, Austria

日時: 11月28日(金)午後4:00より

場所: 4号館3階 大講義室

テトラヒメナの DNA 削減は small RNA 合成の連鎖反応により制御される

多くの真核生物において、短いノンコーデイング RNA(small RNA)がトランスポゾンの抑制に関与する。しかし、small RNA による自己とトランスポゾンの識別方法は多様である。テトラヒメナを含むいくつかの繊毛虫は、small RNA を用いた germline (小核)と soma (大核)のゲノムの比較により、小核にのみ存在し、大核に存在しない配列をトランスポゾン由来の配列と認識し、それらを小核から大核が形成される際に除去することが知られている。最近私たちは、この小核と大核の比較以外にも、トランスポゾン由来配列の重複性と新奇small RNA を用いた、未知のトランスポゾン由来配列の認識機構が存在することを見いだしたので紹介したい。

参考文献:

- 1) Chalker, D., Meyer, E., and Mochizuki, K. (2013). Epigenetics of Ciliates. *Cold Spring Harb Perspect Biol*, 5, pii: a017764.
- 2) Schoeberl, U. E., Kurth, H. M., Noto, T. and Mochizuki, K. (2012) Biased transcription and selective degradation of small RNAs shape the pattern of DNA elimination in Tetrahymena. *Genes Dev*, 26, 1729-1742.
- 3) Noto, T., Kurth H.M., Kataoka, K. Aronica, L., Desouza, L.V. Siu, K.W., Pearlman, R.E., Gorovsky, M.A., and Mochizuki, K. (2010) The Tetrahymena Argonaute-binding protein Giw1p directs a mature Argonaute-siRNA complex to the nucleus. *Cell*, 140, 692-703
- 4) Aronica, L., Bednenko, J., Noto, T., Desouza, L.V. Siu, K.W., Loidl, J., Pearlman, R.E., Gorovsky, M.A., and Mochizuki, K. (2008) Study of an RNA helicase implicates small RNA-noncoding RNA interactions in programmed DNA elimination in Tetrahymena. *Genes Dev*, 22, 2228-2241.

世話人:中山 潤一 (内線 5866, E-mail: jnakayam@nsc.nagoya-cu.ac.jp)