

転写とmRNAプロセシング過程を協調させている核内蛋白質間相互作用ネットワーク

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2021-10-15 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: Hirose, Yutaka メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24517/00060920

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



転写とmRNAプロセシング過程を協調させている核内蛋白質間相互作用ネットワーク

Research Project

All▼

Project/Area Number

13206024

Research Category

Grant-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas (C)

Allocation Type

Single-year Grants

Review Section

Biological Sciences

Research Institution

Kanazawa University

Principal Investigator

広瀬 豊 金沢大学, がん研究所, 助手 (00218851)

Project Period (FY)

2001

Project Status

Completed (Fiscal Year 2001)

Budget Amount *help

¥4,200,000 (Direct Cost: ¥4,200,000)
Fiscal Year 2001: ¥4,200,000 (Direct Cost: ¥4,200,000)

Keywords

RNAポリメラーゼII / 転写 / mRNAプロセシング / リン酸化 / WWドメイン / 相互作用ネットワーク / 遺伝子発現

Research Abstract

真核生物RNAポリメラーゼII(PolII)の最大サブユニットC-末端領域(CTD)は、保存された7アミノ酸配列の繰り返しからなり、種々のキナーゼによってリン酸化されることにより、mRNA転写及びプロセシングの制御と両者のカップリングに関与していることが明らかになりつつある。本研究は、mRNA転写とプロセシングがどのように相互に関連し制御されているのかを解明するために、リン酸化CTDを中心とする蛋白質間相互作用のネットワーク解析を行うことを目的としている。そのために、リン酸化CTDに結合する新規蛋白質の同定及び同定した蛋白質と更に相互作用する因子の検索を行っている。これまでに、ヒト新規核蛋白質(PCIF1)、細胞周期(Pin1)、mRNAスプライシング(FBP11)、及び蛋白質ユビキチン化(WWP1)に各々関与する因子が、これらの蛋白質中に共通して存在しているWWドメインを介してリン酸化CTDと特異的に結合することを見出している。今年度は以下のことを見い出した。(1)PCIF1の細胞内ターゲットを、酵母two-hybrid法、アフィニティー・タグ免疫沈降法及びGST-WW蛋白質を用いたpull-down法によって検索し、候補因子が得られたので検証中である。またPCIF1がリン酸化蛋白質を標的にし、更にPCIF1自身が細胞周期特異的なリン酸化を受けていることが示唆された。(2)CTD7アミノ酸配列中、2番目(Ser2)及び5番目(Ser5)のセリン残基が細胞内に於ける主なリン酸化部位であるが、PCIF1及びpin1のWWドメインが、どちらか一方のリン酸化を区別して認識出来るかを検討した。リン酸化部位の違うCTDペプチドを用いた結合実験に於いて、PCIF1のWWドメインが、Ser5リン酸化とSer2リン酸化に対し異なるアフィニティーを示したが、Pin1のWWドメインは両者を区別しなかった。

Report (1 results)

2001 Annual Research Report

URL: <https://kaken.nii.ac.jp/grant/KAKENHI-PROJECT-13206024/>

Published: 2001-03-31 Modified: 2018-03-28