

# 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<br>出版者:<br>公開日: 2022-06-30<br>キーワード (Ja):<br>キーワード (En):<br>作成者: Hirose, Yutaka<br>メールアドレス:<br>所属: |
| URL   | <a href="https://doi.org/10.24517/00066539">https://doi.org/10.24517/00066539</a>                          |

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

12206035

## 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)

2000

## Project Status

Completed (Fiscal Year 2000)

## Keywords

mRNAプロセシング / 転写

## Research Abstract

RNAポリメラーゼII最大サブユニットC-末端領域(CTD)が、リン酸化されることによって様々なmRNAプロセシング因子と特異的に相互作用出来ることが近年明らかになり、転写とmRNAプロセシングは、連携しながら進行している過程であると考えられるようになって来ている。本研究は、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通じ、転写及びmRNAプロセシング過程を協調させている核内分子機構解明にアプローチし、真核生物のゲノム進化と遺伝子発現制御機構の進化の関係を考察することを目的としている。

Far-western法及びGST-pull down法等によって、リン酸化CTDに結合する蛋白質として、ヒトの新規蛋白質PCIFI、既知のヒト蛋白質でペプチジルイソメラーゼ活性を有するPin1、mRNAスプライシング因子と考えられるFBP1I及びHECTドメインを有するWWPIを同定した。これらのリン酸化CTD結合蛋白質は共通して1個から4個までのWWドメインを有し、WWドメインがリン酸化CTDとの結合を担う責任領域であった。様々な蛋白質が持つWWドメインを集め、CTDに対する結

合能を検討した。リン酸化型又は非リン酸化型のCTDに対する結合能に従ってWWドメインがいくつかのグループに分けられることが判明した。PCIF1及びPin1のWWドメインは、リン酸化CTDに対する結合能及びアミノ酸一次配列が良く似ており、両蛋白質が細胞内で共通のターゲットを持っていることが予想される。現在これらリン酸化CTD結合蛋白質の細胞内機能の検索を行う一方で、PCIF1と更に相互作用する因子を、酵母two-hybrid法を用いたcDNAライブラリーのスクリーニング、及びエピトープ・タグを用いた免疫沈降法を行うことによって検索中である。

## Report (1 results)

---

2000 Annual Research Report

**URL:** <https://kaken.nii.ac.jp/grant/KAKENHI-PROJECT-12206035/>

Published: 2002-04-02 Modified: 2018-03-28