



## 植物 RNA 編集機構を立体構造から解明

～制御可能な遺伝子操作技術の開発へ新しい一歩

奈良先端科学技術大学院大学 先端科学技術研究科の藤間祥子准教授、京都大学大学院理学研究科の竹中瑞樹 准教授、東京大学大学院薬学系研究科の清水敏之 教授らの共同研究チームは、RNA 編集酵素 DYW1 の結晶構造を決定し、脱アミノ化ドメインを持たない PPR タンパク質が DYW1 に結合することにより機能が補われ活性を獲得することを明らかにしました。

本研究成果は 2022 年 11 月 7 日付で *The Plant Cell* に掲載されました。

雑誌名：The Plant Cell

論文タイトル：Structural insight into the activation of an Arabidopsis organellar C-to-U RNA editing enzyme by active site complementation

著者：Sachiko Toma-Fukai, Yuto Sawada, Ayako Maeda, Hikaru Shimizu, Toshiharu Shikanai, Mizuki Takenaka\* and Toshiyuki Shimizu\*

DOI 番号：10.1093/plcell/koac318

陸生植物のミトコンドリアや葉緑体では、RNA のシチジン (C) からウリジン(U)への編集がおきます。この RNA 編集は植物オルガネラゲノムにコードされた遺伝子が正常に機能するために必須の機構であり、これまで 100 を超える Pentatricopeptide repeat (PPR) タンパク質が RNA 編集因子として同定されています。これらの PPR タンパク質の約半数はシチジンからウリジンへの編集活性を持つ DYW 脱アミノ化ドメインを持ちますが、あとの半数はこれを持ちません。このような PPR タンパク質は、DYW ドメインのみを持つ DYW1 様タンパク質ファミリーのいずれかと複合体を形成して機能を発揮することが示唆されていましたが、その分子メカニズムは未解明でした。

研究チームはシロイナズナ DYW1 の原子分解能構造決定を試み、X 線結晶構造解析法を用いて分解能 1.8Å で構造を決定しました。DYW1 は基質結合部位が不完全にしか形成されておらず、単独では活性を持ちません。DYW1 は脱アミノ化ドメインを持たない PPR タンパク質との結合により基質認識に必要な PG ボックスやループが供与され活性を獲得することを明らかにしました。

本研究で得られた結果は、DYW1 の RNA 編集活性化制御を応用した機構が、制御可能な遺伝子編集ツールの 1 つになりうることを示しています。