

令和 6 年 5 月 24 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02398

研究課題名（和文）細胞内微細構造と新規RNAプロセシングが介在する翻訳の時空間制御システムの解明

研究課題名（英文）Analysis of temporal and spatial control of mRNA translation that is mediated by subcellular structures and novel RNA processing

研究代表者

小谷 友也（Kotani, Tomoya）

北海道大学・理学研究院・准教授

研究者番号：70419852

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,400,000円

研究成果の概要（和文）：卵母細胞は受精後の発生プロセスを進行させるため、翻訳を抑制した数千種類のmRNAを蓄積する。本研究は受精後にこれらmRNAがどのような仕組みで翻訳を開始するのか、その解明を目的とした。本研究で、3'末端配列の短縮というmRNAの新たなプロセシングを発見し、この分子機構が翻訳を制御することを示すに至った。さらに、mRNAが顆粒状構造を形成し、その内部構造と性質の変化によって翻訳が制御されることを見出した。その成果は、受精後の発生が今まで未知であったメカニズムによって進行することを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

翻訳による遺伝子機能制御は、生物のあらゆる組織・器官において重要な役割を持つと考えられるが、その研究は容易ではない。本研究における成果は、動物の卵が受精し、発生プロセスを進行させるために重要な翻訳制御機構の一端を解明したもので、個体形成の根源的な仕組みに迫るものと言える。その成果は基礎生物学的な研究に資するのみでなく、不妊の原因解明や生殖医療の発展、家畜動物の出産率向上など多くの分野に貢献することが期待される。

研究成果の概要（英文）：Oocytes of many animals accumulate thousands of mRNAs that are translationally repressed to direct embryonic development. This study aimed to clarify the molecular mechanisms that regulate the translation of these dormant mRNAs during oogenesis and embryogenesis. In this study, we identified a previously unknown RNA processing that shortens the 3' end sequences of mRNAs. We then demonstrated that this RNA processing promotes the translational activation of dormant mRNAs. We also found that the dormant mRNAs form granular structures during oogenesis and embryogenesis. The changes in internal structures and states of these RNA granules control the translation of assembled mRNAs. Our results revealed that the developmental processes after fertilization are directed by the previously unknown mechanisms.

研究分野：分子発生生物学

キーワード：卵母細胞 mRNA 翻訳制御 細胞内微細構造 RNAプロセシング

1. 研究開始当初の背景

(1) 遺伝子産物の機能は転写・翻訳・蛋白質の修飾で制御される。翻訳による遺伝子機能制御はごく一部の細胞、かつ、少数の限られた遺伝子でのみ働くと考えられてきた。しかし、最新の技術の進歩で細胞内の RNA 発現を高感度に検出することが可能となり、この技術を用いた網羅的な研究から、多くの生物の様々な細胞で mRNA が局在することが示されてきた。これは、生物のあらゆる組織・器官において翻訳による遺伝子機能制御が重要な役割を果たすことを示唆する。しかし、翻訳の分子機構を解析する方法は未だに限られており、翻訳制御の研究はその生物学的意義も含め未知の領域が多く残されている。

(2) 我々は RNA を高感度に検出する新規技術を用い、翻訳を抑制された *cyclin B1*, *mos*, *mad2*, *emi2* mRNA が卵母細胞において多数の顆粒を形成し局在することを見出してきた。これら mRNA の翻訳抑制は、卵母細胞が受精可能となる過程（卵成熟過程）でそれぞれに異なる時期に解除される。合成された蛋白質は、卵核胞崩壊、紡錘体形成、DNA 複製なしの減数第一・第二分裂移行を進行させ、最終的に卵母細胞を受精可能な成熟卵とする。翻訳抑制を受けない mRNA を微量注入した卵母細胞は、卵核胞崩壊後に正常な紡錘体を形成しない、あるいは成熟前に分裂を停止してしまう。すなわち、翻訳抑制を受けた mRNA が時期特異的に翻訳されることが受精可能な卵の形成に重要である。我々は、1) これら mRNA が形成する顆粒構造は翻訳抑制が解除される時期に消失し、この高次構造の変化が時期特異的な翻訳に重要であること、2) Pumilio1 蛋白質が *cyclin B1* と *mad2* mRNA に共通して結合し、蛋白質凝集体を形成、この凝集体の形成と拡散を介して標的 mRNA の翻訳時期を制御することを見出してきた (Takei et al., 2020)。すなわち、細胞内の微細構造の形成とその変化が mRNA の翻訳を制御し、時期特異的な翻訳を実現すると考えられる。その成果は、卵成熟過程における翻訳制御の分子機構に新たな局面をもたらした。

(3) 一方で、卵母細胞の多くの mRNA は受精後に翻訳を開始し、時空間特異的に蛋白質を合成することで発生を進行させる (図 1)。しかし、その制御機構はほとんどわかっていない。この時期の細胞は転写活性を持たないため、翻訳制御は極めて重要である。

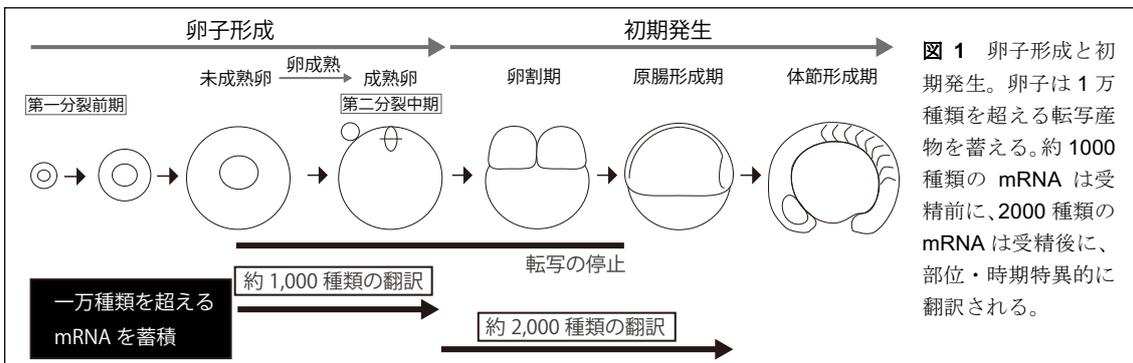


図 1 卵子形成と初期発生。卵子は 1 万種類を超える転写産物を蓄える。約 1000 種類の mRNA は受精前に、2000 種類の mRNA は受精後に、部位・時期特異的に翻訳される。

(4) ゼブラフィッシュの *pou5f3* 遺伝子とマウスの *Pou5f1* 遺伝子は卵子形成過程で転写され、mRNA は翻訳を抑制された状態で卵細胞質に蓄積される。その翻訳抑制は受精後に解除され、合成された蛋白質は接合体性遺伝子の転写開始、中胚葉誘導や原腸形成に重要な役割を持つ。*pou5f3* と *Pou5f1* mRNA の翻訳制御は生物の発生に極めて重要であるが、どのような機構で制御されるのか全くわかっていなかった。

(5) 我々は *pou5f3* と *Pou5f1* mRNA が卵成熟過程で翻訳される mRNA と同様に顆粒状構造をとること、また、その構造は卵成熟過程を通して維持されることを見出した。興味深いことに、顆粒構造は翻訳が活性化する卵割期においても維持された。さらに、翻訳が活発なポリソームの存在部位を最新技術の Ribopuromycylation 法で検出した結果、受精後の時間経過とともに *pou5f3* が形成する RNA 顆粒と部分的に重なるようになった。これらの結果から、*pou5f3* mRNA は胚発生過程で顆粒構造のまま翻訳されることが示唆された。卵成熟過程で翻訳される mRNA は、翻訳に先駆け 3'末端のポリ A 鎖を伸長する。卵割期における *pou5f3* mRNA の 3'末端の変化を解析した結果、卵成熟で翻訳される mRNA には見られない末端の約 70 塩基が削除されること、さらにその後ポリ A 鎖を伸長し蛋白質を合成することが明らかとなった。我々の成果は、受精後の翻訳が卵成熟の翻訳と大きく異なる未知のシステムで制御されることを示唆した。

2. 研究の目的

本研究は、翻訳の抑制と活性化を可能にする「mRNA 3'末端のプロセッシング」と「細胞内微

細構造の変化」を切り口に、発生プロセスに必須の翻訳制御システムの解明を目的とした。

3. 研究の方法

(1) 新規 RNA プロセッシングを介した翻訳制御システムの普遍性解明

我々は、mRNA の 3'末端の削除が *pou5f3* 遺伝子における特殊な現象ではなく、受精後に翻訳される *wnt8a* 遺伝子においても同様に約 100 塩基の削除が起こることを示した。さらに、この現象はマウス *Pou5f1* 遺伝子においても見られることを示した。

本研究では第一に、全 mRNA 3'末端の変化を次世代シーケンズで網羅的に解析した。具体的には、成熟卵と受精後 4 時間の胚から RNA を抽出し、3'end RNA-Seq 法を用いることで RNA 3'末端のみを cDNA ライブラリ化した。この、3'end RNA-Seq 法を用いることで、数十塩基の配列の変化とその変化の定量を可能にした。第二に、受精後に翻訳される mRNA の何%が翻訳時に 3'末端を削減するのかを解析した。受精後に翻訳される mRNA は、既存の RNA-seq データベース (Winata et al., 2018) を参照した。これらの解析によって、新規 RNA プロセッシングによる翻訳制御システムの普遍性の解明を目指した。

(2) Long と Short タイプの *Pou5f1* mRNA に結合する蛋白質の同定

我々は研究分担者の山本博士との共同研究で、*pou5f3* mRNA に結合しうる蛋白質を網羅的に解析した。具体的には、試験管で合成した Long と Short タイプの *pou5f3*、および、Long の Antisense 鎖の RNA を卵母細胞抽出液と反応させ、それぞれの RNA に結合した蛋白質を質量分析法で同定した。その結果、Long タイプの RNA に特異的に結合する蛋白質を 129 種類、Short タイプに特異的に結合する蛋白質を 191 種類、両方に共通して結合する蛋白質を 63 種類同定した。これは事前の予想に反する結果であり、Long から Short タイプに配列が削除されることで、結合する蛋白質が大規模に変化することを想定させた。

本研究では、卵母細胞において実際に *Pou5f1* mRNA と結合する蛋白質を次の方法で同定した。Long タイプの *pou5f3* に特異的に結合する hnRNPD と、Short タイプに特異的に結合する Gemin5 と Dhx9 のポリクローナル抗体を作成した。これら抗体で内在の蛋白質を免疫沈降し、RT-PCR 法で *Pou5f1* mRNA が共沈降するかを解析した。

(3) *pou5f3*mRNA の 3'末端削除の生理学的意義

これまでの我々の研究から、受精直後の *pou5f3* mRNA は受精前より短いポリ A 鎖となること、短縮した 3'末端には段階的な長さのものが存在することが示された。これは、エンドヌクレアーゼによって特定の配列が切断されるのではなく、エキソヌクレアーゼによって 3'末端から RNA が削られることを示唆する。

本研究では、遺伝子編集技術により *pou5f3* 遺伝子の 3'末端配列に変異を導入し、3'末端を持たない mRNA の翻訳制御を解析した。これら個体の卵母細胞および受精卵と初期胚において、*Pou5f3* 蛋白質の発現量の変化を解析した。また、卵形成および胚発生に及ぼす影響を形態学的、細胞生物学的に詳細に解析した。これらの解析によって、新規 RNA プロセッシングが持つ生理学的意義の解明を目指した。

(4) mRNA の高次構造、および、蛋白質・mRNA 複合体による細胞内微細構造の解析

我々は翻訳抑制状態の顆粒の微細構造を解析し、mRNA の 3'非翻訳領域 (UTR) が外縁部に、蛋白質コード領域が内部に位置することを明らかにした。さらに、蛍光光学顕微鏡の解析から、*pou5f3* mRNA の RNA 顆粒は受精後に体積を増加することが示されている。これは、抑制型の顆粒の高次構造が翻訳を活性化する構造に変化することを示唆する。

本研究では第一に、翻訳活性に働く顆粒の微細構造を次の方法で解析する。はじめに、*pou5f3* mRNA の蛋白質コード領域と 3'UTR のそれぞれに対するプローブを用い、受精前と受精後の RNA 顆粒を Fluorescence *in situ* hybridization (FISH) 法で染色した。超解像度顕微鏡を用い、RNA 顆粒の内部構造とその変化を 100 nm の分解能で解析した。

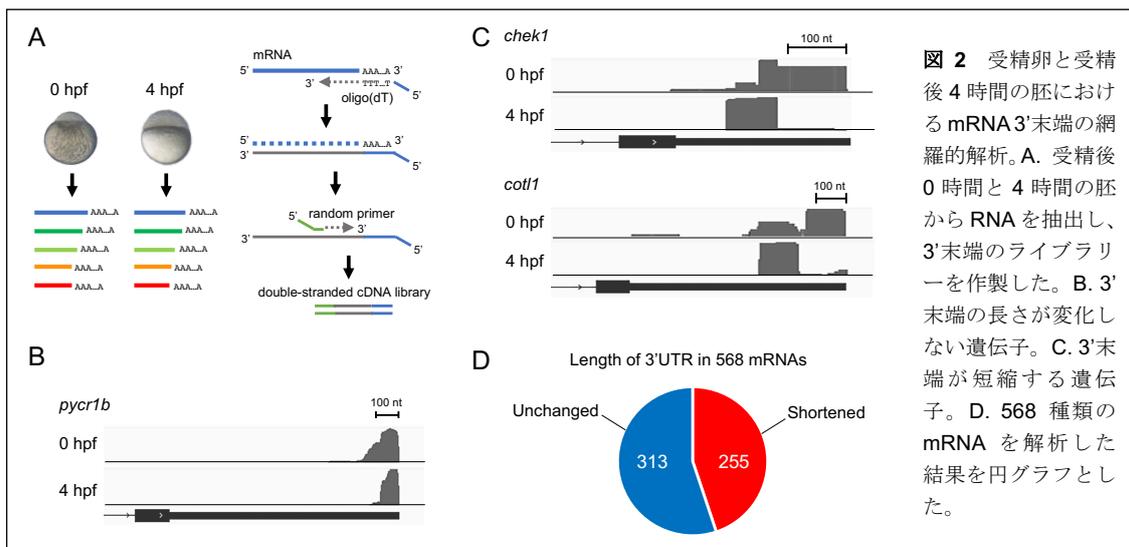
第二に、細胞内微細構造の変化と翻訳活性の変化を次の手法で解析した。我々は Ribopuromycylation 法を用い、受精前の *pou5f3* RNA 顆粒にポリソームが存在しないこと、受精後に RNA 顆粒の一部がポリソームと共局在することを示した。しかし、共局在部位における *Pou5f1* 蛋白質の合成は確認できていなかった。本研究では Ribopuromycylation 法を応用した Puro-PLA (Proximity ligation assay) 法を用い、*Pou5f1* 蛋白質が翻訳される部位を特定した。これらの解析によって、RNA 顆粒が構造変化を起こす原理の探求と、細胞内微細構造の変化が翻訳制御に果たす役割の解明を目指した。

4. 研究成果

(1) 我々が発見した「mRNA の 3'末端配列の短縮」が限られた mRNA のみで起こる現象

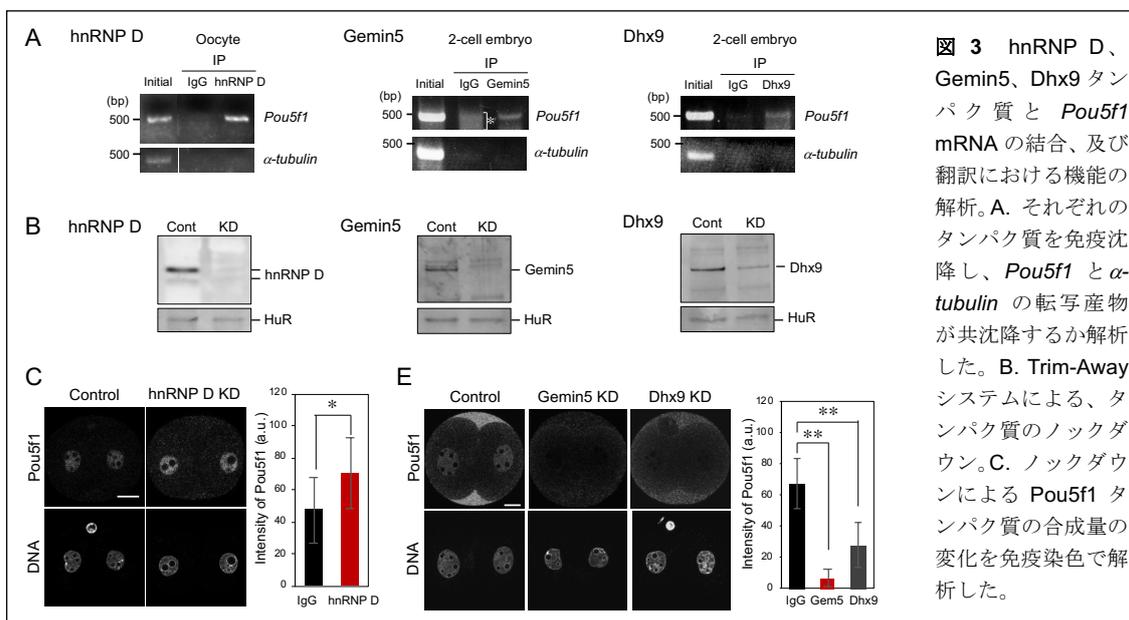
か、多くの mRNA で普遍的な現象かを解明するため、ゼブラフィッシュを用い受精直後の胚 (0 時間) と原腸胚初期の胚 (4 時間) から RNA を抽出、全 mRNA の 3'末端配列を増幅したライブラリを作製した (図 2A)。次世代シーケンサーによってこれらライブラリを解読し、ゼブラフィッシュ・ゲノムにマップした。初期胚で翻訳される mRNA のリスト (Winata et al., 2018) から約 600 種類の mRNA を抽出し、0 時間と 4 時間における 3'末端の変化を解析し

た結果、40%を超える mRNA において 3'末端配列が短縮することを見出した (図 2B-D)。これは、*pou5f3* と *Pou5f1* mRNA に見られた 3'末端の短縮が多くの mRNA に共通する普遍的な現象であることを示す。



(2) 質量分析で同定した hnRNP D、Gemin5、Dhx9 タンパク質に対する抗体を作製し、マウス卵母細胞と 2 細胞期における発現を解析した。ウェスタンブロットと免疫染色のどちらにおいても、これらタンパク質の発現を検出した。次に、UV-Crosslink 法により、試験管内でこれらタンパク質と *Pou5f1* mRNA との結合を解析した。質量分析の結果と同様に、hnRNP D は Long の 3'UTR に、Gemin5 と Dhx9 は Short の 3'UTR により強く結合した。この結果は、これらタンパク質が *Pou5f1* mRNA と直接結合することを示す。さらに、卵母細胞と 2 細胞期における *Pou5f1* mRNA との結合を免疫沈降により解析した。その結果、hnRNP D は卵母細胞において *Pou5f1* mRNA と結合し、Gemin5 と Dhx9 は 2 細胞期胚で *Pou5f1* mRNA と結合することが示された (図 3A)。従って、これらタンパク質が *Pou5f1* mRNA の翻訳に関係することが強く示唆された。

次に、これらタンパク質の機能を明らかにするため、Trim-Away システムによるノックダウンを試みた。抗 hnRNP D 抗体と Trim27 mRNA を微量注入した卵母細胞で、hnRNP D タンパク質が特異的に分解できることを確認した (図 3B)。Gemin5 と Dhx9 においても、同様の結果が得られた。興味深いことに、hnRNP D をノックダウンした卵母細胞では、*Pou5f1* タンパク質の発現量が上昇し、Gemin5 と Dhx9 をノックダウンした胚では *Pou5f1* タンパク質の発現量が減少した (図 3C)。これらの結果から、hnRNP D タンパク質は 3'末端が短縮する前の *Pou5f1* mRNA に結合し翻訳を阻害、Gemin5 と Dhx9 タンパク質は 3'末端が短縮した *Pou5f1* mRNA に結合し翻訳を活性化すると結論付けた。また、これらの結果は 3'末端の短縮が翻訳の抑制と活性化を切り替える分子スイッチとして働くことを示唆する。



(3) mRNA の 3'末端の短縮が胚発生でどのような意義を持つのか明らかにするため、ゲノム編集により *pou5f3* mRNA の 3'末端の配列に変異を導入した。興味深いことに、3'末端に 21 塩基、あるいは 7 塩基の配列が挿入されたゼブラフィッシュの両方で、受精卵においてすでに 3'末端の短縮が起こっており、Pou5f3 タンパク質の合成量が大幅に増加していた。従って、3'末端配列は *pou5f3* mRNA の翻訳抑制に必須であると考えられる。これらの胚は原腸形成期に入り覆い被せ運動に遅れを生じ、その後、泳ぐことができず胚致死となった。以上の結果から、3'末端の短縮を介した *pou5f3* mRNA の翻訳制御は、胚発生の正常な進行に極めて重要であることが明らかとなった。これらの成果をとりまとめ、2023 年に *Science Advances* 誌に論文を公表した。

(4) 我々は *pou5f3* mRNA が顆粒状の高次構造をとり、この構造が翻訳を抑制される時期から活性化時期まで維持されることを見出してきた。その内部構造が変化するかどうかを明らかにするため、コード領域と 3'UTR の配列に相補的な約 500 塩基の RNA プローブをそれぞれ合成し、*in situ hybridization* を行った。超解像度顕微鏡の観察から、翻訳を抑制された顆粒はコード領域を内側に、3'UTR を外側の数カ所で束ねていることが明らかとなった。一方、翻訳が活性化した顆粒ではコード領域と 3'UTR 配列がそれぞれ球の半分（半球）を形成することが明らかとなった。従って、*pou5f3* mRNA の顆粒は、翻訳状態によってその内部構造を大きく変えることが示された (図 4)。

さらに、顆粒内での翻訳を詳細に観察するため、Puro-PLA 法を用いリボソームで合成されている Pou5f3 タンパク質の検出を試みた。様々な実験条件から、抗 Pou5f3 抗体と抗 Puromycin 抗体を用いた PLA 法は合成途中の Pou5f3 タンパク質の検出を可能にすることが示された。さらに、*pou5f3* mRNA の *in situ hybridization* 法と同時に実施することで、顆粒内で Pou5f3 タンパク質が合成されることを示すに至った。この結果は、Ribopuromycylation 法に依存しない Rpl11-PLA 法でも再現された。さらに、液滴を拡散する Hexanediol で胚を処理すると、受精卵の *pou5f3* RNA 顆粒は変化せず、胞胚期の *pou5f3* RNA 顆粒は拡散することが示された。興味深いことに、Hexanediol 処理で *pou5f3* mRNA の翻訳活性は大幅に減少した。以上の結果から、*pou5f3* mRNA は翻訳抑制型の顆粒から翻訳活性化型の顆粒に内部構造と性質を変化させ、液滴の顆粒において翻訳を活性化させるという結論に至った (図 4)。これらの成果をとりまとめ、2022 年に *iScience* 誌に論文を公表した。

本研究は、「受精後の発生に備え卵母細胞がどのような翻訳システムを構築するのか」の一端を解明し、今までに知られていない未知のメカニズムによって発生プロセスが進行することを初めて示したものである。このメカニズムは特定の遺伝子に限られたものではなく、多くの遺伝子に共通の普遍的な仕組みであると予想される。今後の研究の発展により、動物の発生プロセスを進行させる根源的な仕組みが明らかになるものと期待される。

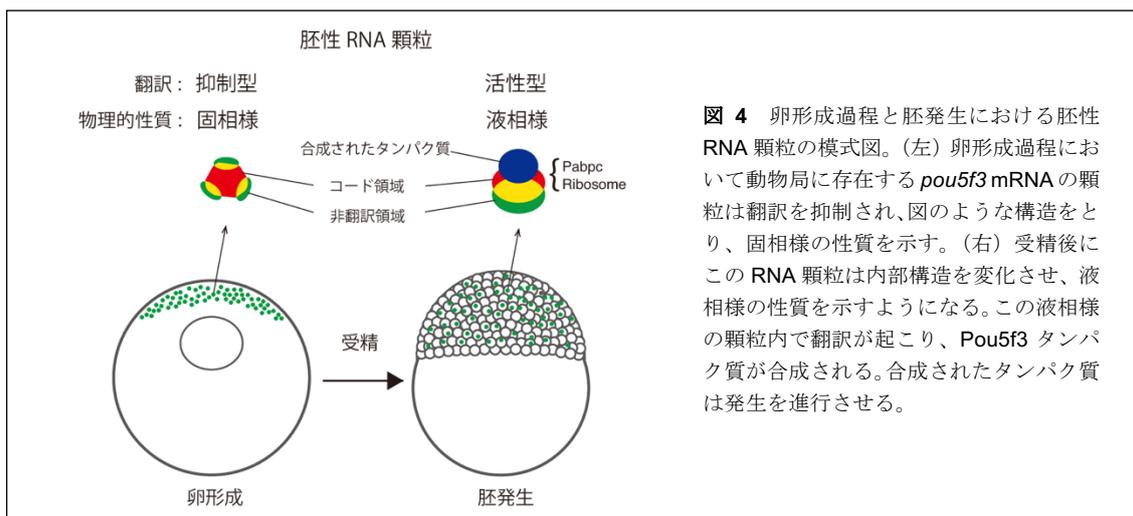


図 4 卵形成過程と胚発生における胚性 RNA 顆粒の模式図。(左) 卵形成過程において動物局に存在する *pou5f3* mRNA の顆粒は翻訳を抑制され、図のような構造をとり、固相様の性質を示す。(右) 受精後にこの RNA 顆粒は内部構造を変化させ、液相様の性質を示すようになる。この液相様の顆粒内で翻訳が起こり、Pou5f3 タンパク質が合成される。合成されたタンパク質は発生を進行させる。

参考文献

- ① Takei, N., Takada, Y., Kawamura, S., Sato, K., Saitoh, A., Bormann, J., Yuen, W.S., Carroll, J., Kotani, T. *Journal of Cell Science*, vol. 133, jcs249128, 2020.
- ② Winata, C.L., Lapinski, M., Prysycz, L., Vaz, C., Binlsmail, M.H., Nama, S., Hajan, H.S., Lee, S.G.P., Korzh, V., Sampath, P., et al. *Development*, vol. 145, dev159566, 2018.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Takada Yuki, Fierro Ludivine, Sato Keisuke, Sanada Takahiro, Ishii Anna, Yamamoto Takehiro, Kotani Tomoya	4. 巻 9
2. 論文標題 Mature mRNA processing that deletes 3' end sequences directs translational activation and embryonic development	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 1-18
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1126/sciadv.adg6532	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Sato Keisuke, Kotani Tomoya	4. 巻 5
2. 論文標題 Visualizing the translational activation of a particular mRNA in zebrafish embryos using in situ hybridization and proximity ligation assay	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 STAR Protocols	6. 最初と最後の頁 102951 ~ 102951
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.xpro.2024.102951	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Sato Keisuke, Sakai Moeko, Ishii Anna, Maehata Kaori, Takada Yuki, Yasuda Kyota, Kotani Tomoya	4. 巻 25
2. 論文標題 Identification of embryonic RNA granules that act as sites of mRNA translation after changing their physical properties	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 104344 ~ 104344
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.isci.2022.104344	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Takei Natsumi, Sato Keisuke, Takada Yuki, Iyyappan Rajan, Susor Andrej, Yamamoto Takehiro, Kotani Tomoya	4. 巻 2
2. 論文標題 Tdrd3 regulates the progression of meiosis II through translational control of Emi2 mRNA in mouse oocytes	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Current Research in Cell Biology	6. 最初と最後の頁 100009 ~ 100009
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.crcbio.2021.100009	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計18件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 眞田崇弘, 小谷友也
2. 発表標題 マウス卵母細胞内のRNA結合タンパク質の分布と卵成熟過程における変化
3. 学会等名 日本動物学会第94回山形大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 石井晏和, 佐藤圭祐, 小谷友也
2. 発表標題 ゼブラフィッシュ胚の初期発生と翻訳制御における3' UTR短縮の機能解析
3. 学会等名 日本動物学会第94回山形大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 眞田崇弘, 小谷友也
2. 発表標題 マウス卵母細胞内のmRNA-RNA結合タンパク質複合体の分布と卵成熟過程における変化
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐藤圭祐, 小谷友也
2. 発表標題 ゼブラフィッシュ初期発生の翻訳制御におけるmRNAの3' UTRの長さとのRNA結合タンパク質の機能解析
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 石井晏和, 佐藤圭祐, 小谷友也
2. 発表標題 3' 非翻訳領域 (UTR) の短縮による新規翻訳制御機構の解析
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Fierro Ludivine, 高田裕貴, 佐藤圭祐, 小谷友也
2. 発表標題 A novel molecular mechanism of zebrafish mRNA regulation in the early developmental stage
3. 学会等名 第46回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 高田裕貴, 山本雄広, 小谷友也
2. 発表標題 マウス初期発生における新規の母性mRNA転写後制御機構
3. 学会等名 日本発生生物学会第55回金沢大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐藤圭祐, 前畑香織, 安田恭大, 小谷友也
2. 発表標題 ゼブラフィッシュ初期発生におけるpou5f3 mRNA翻訳の時空間制御機構
3. 学会等名 日本発生生物学会第55回金沢大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ludivine FIERRO, Yuki TAKADA, Tomoya KOTANI
2. 発表標題 Translational control of pou5f3 mRNA through shortening the 3' -end sequences during early development in zebrafish
3. 学会等名 日本発生物学会第55回金沢大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐藤圭祐, 前畑香織, 安田恭大, 小谷友也
2. 発表標題 ゼブラフィッシュ初期発生におけるRNA顆粒構造の維持と相転移による翻訳制御機構
3. 学会等名 日本動物学会第93回早稲田大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 眞田崇弘, 高田裕貴, 小谷友也
2. 発表標題 マウス胚発生においてhnRNP DとPat 12は母性mRNAの翻訳を制御する
3. 学会等名 日本動物学会第93回早稲田大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ludivine FIERRO, Yuki TAKADA, Keisuke SATO, Tomoya KOTANI
2. 発表標題 Zebrafish pou5f3 mRNA shortening as a translational regulation process, but not clearance, in the early development
3. 学会等名 第3回フランス合同ミーティング (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 真田崇弘, 高田裕貴, 小谷友也
2. 発表標題 マウス初期発生におけるhnRNP DとPat 12による母性mRNAの翻訳制御
3. 学会等名 第45回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 高田裕貴, 小谷友也
2. 発表標題 3' 非翻訳領域末端の短縮による母性Pou5f1/Oct4 mRNA新規翻訳制御機構の解明
3. 学会等名 日本動物学会第92回米子大会 (web開催)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 佐藤圭祐, 小谷友也
2. 発表標題 ゼブラフィッシュ初期発生に重要なpou5f3 mRNA翻訳の時空間的制御機構
3. 学会等名 日本動物学会第92回米子大会 (web開催)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 武井夏海, 佐藤圭祐, 高田裕貴, Iyyappan Rajan, Susor Andrej, 山本雄広, 小谷友也
2. 発表標題 マウス卵母細胞におけるTdrd3を介したEmi2 mRNAの時期特異的な翻訳制御
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 高田裕貴, 山本雄広, 小谷友也
2. 発表標題 マウス卵形成および胚発生における母性mRNAの3'非翻訳領域の短縮を介した新規翻訳制御機構
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 佐藤圭祐, 前畑香織, 酒井萌子, 高田裕貴, 安田恭大, 小谷友也
2. 発表標題 脊椎動物の初期発生におけるmRNAの時空間翻訳制御機構
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>固相のRNA分子倉庫が液相のタンパク質合成工場に https://www.hokudai.ac.jp/news/2022/06/rna.html</p> <p>メッセンジャーRNAが短くなり動物が産まれる https://www.hokudai.ac.jp/news/2023/11/rna-2.html</p>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	山本 雄広 (Yamamoto Takehiro) (50383774)	慶應義塾大学・医学部(信濃町)・講師 (32612)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------