科学研究費助成事業 研究成果報告書



平成 26 年 6 月 12 日現在

機関番号: 8 2 6 2 6 研究種目: 基盤研究(C) 研究期間: 2011 ~ 2013

課題番号: 23510247

研究課題名(和文)核内構造体パラスペックル形成の分子機構・核内分布様式と生理機能

研究課題名(英文) Physiological function of paraspeckles: molecular mechanism of assembly and their nuclear distribution

研究代表者

佐々木 保典 (Sasaki, Yasunori)

独立行政法人産業技術総合研究所・バイオメディカル研究部門主任・研究員

研究者番号:30312242

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 4,100,000円、(間接経費) 1,230,000円

研究成果の概要(和文):核内構造体パラスペックル(PS)はRNA-蛋白質複合体であり、その形成・維持には機能性RNA(NEAT1 RNA)が必須である。本研究では、PS特有の形成機構と核内存在様式に焦点をあて、遺伝子発現制御におけるPS機能を解析した。

マウス細胞でヒトNEAT1 RNAを発現すると、内在性マウスPSに加えヒトNEAT1 RNAを核とするPSが独立に形成された。 プロテアソーム阻害剤を添加すると、マウスPSとヒトPSは個別に巨大化した。さらに通常核内で離れているマウスNeat 1座位とヒトNEAT1座位とが、しばしば近接した。この結果はPSにより遺伝子座位同士が核内で近傍に集積する可能性を示唆する。

研究成果の概要(英文): Paraspeckle (PS) is a large RNA-protein complex, consists of several ten RNA binding proteins and NEAT1, a noncoding RNA indispensable for the nuclear body assembly. The current study focuses on the molecular mechanism and nuclear distribution of PS to ellucidate paraspeckles' physiological function.

We established a mouse cell constitutively expressing human NEAT1 RNA so that exogenous 'human PS' can be formed in addition to endogenous 'mouse PS'. In this heterologous system, 'human PS', a chimeric sturacut re of human RNA and mouse proteins was assembled independent of 'mouse PS'. Upon administration of a prote asome inhibitor, both humanPS and mouse PS enlarged independently. Furthermore, we observed that Neat1 lo ci (endogenous) and NEAT1 loci (exogenous), encoded separate chromosomes relocated vicinity, suggesting PS could be a driving force to recruit attached loci to close proximity.

研究分野: ゲノム科学

科研費の分科・細目: システムゲノム科学

キーワード: 核内構造体 パラスペックル ノンコーディングRNA ゲノム

1.研究開始当初の背景

パラスペックル(PS)はヒトやマウス細胞に普遍的に存在する核内構造体である。PSは膜を持たない直径 0.5 μm ほどの顆粒で、構成成分の自己集合により形成されると考えられている。PS の構成成分として、NONO、SFPQ、PSPC1 などの RNA 結合蛋白質があり、これらは相互作用することが知られている。 他方、PS は RNase A 感受性であるため、構造の形成・維持に RNA が関与することが示唆されていた。

我々は核内構造体と同時に精製されるノンコーディング RNA の同定を行い、PS と共局在する機能未知のノンコーディング RNA NEAT1 を得た。次に、機能解析用に開発した「任意の核内 RNA を選択的かつ高効率で破壊する方法」を用いて NEAT1 のみを破壊すると、PS 構造だけが崩壊した。さらに、NEAT1 が PS 蛋白質と特異的に結合し、RNA-蛋白質相互作用を担うことを明らかにした。

この、「ノンコーディング RNA が核内構造構築のコアになる」という知見は、我々を含む3グループ(Hirose, Spector, Lawrence)によりほぼ同時に発表され、PS 機能解明の競争は一段と激化している。PS 機能としては、CTN等の mRNA を核内に一時的に繋留する「場」を提供し、転写後制御に関与するという報告がある。

果たして構造体としての PS 機能はそれだけだろうか。我々は、34個の新規 PS 蛋白質を同定・解析中である。これらの多くは RNA代謝の重要な制御因子であり、癌や神経変性症など様々な疾患の原因蛋白質である。このことから、我々は、NEAT1 がこれらの核内制御蛋白質を束ねて、蛋白質の核内分布と同所濃度を制御する「元締め」として PS の形成を行い、PS 制御蛋白質の標的 RNA 群の包括的制御ネットワークが機能する可能性を考えている。

2.研究の目的

(1)近年、多様な機能を持つ長鎖ノンコーデ ィング RNA の発見と機能解析が相次いでい る。その中でも NEAT1 は、「核内構造体パ ラスペックル(PS)の形成・維持に必須であ る architectural RNA」という明確な機能を 有する極めてユニークな存在である。PS が ノンコーディング RNA を内包することの生 物学的意義を知ることは、基礎・応用の両面 においてノンコーディング RNA 研究に資す ることが多い。なぜなら、PS 機能解析から 得られる知見は、核内構造体機能と核内プロ セスの全体像解明に役立つだけでなく、 RNA-蛋白質機能複合体形成の基盤原理構築 と RNA 二次構造予測法の精度向上に貢献し、 人工的な機能複合体設計を可能とするから である。

(2)核一個あたりの PS の数が少数であることを勘案すると、核内における PS の相対的位置に高い再現性がある場合、相互作用する遺伝子座位の良いランドマークとなることが考えられる。つまり、PS の位置情報は細胞活動に依存した遺伝子座位の核内座標を決定する上で有用な基準として活用できるのではないだろうか。新規 PS 蛋白質の多くが疾患関連遺伝子産物であることから、PS の生理機能解明はそれら疾患の病態理解と治療とに向けて大きく貢献することが期待される。

3.研究の方法

(1)転写と共役した PS 形成機構における RNA の生理的意義

予備実験では、Amaxa 社の nucleofector を 用いたエレクトロポレーションにより、マウ スNIH3T3細胞にヒトNEAT1遺伝子座位全 長を含む BAC (226kb)導入を試み、外来 NEAT1 RNA の発現と PS 様構造体形成に成 功した。海外の研究者の報告も加味し、 NEAT1 RNA だけで PS 形成に十分である と考え、外来性 RNA が内在性 RNA とは別 個に PS を形成できるかに焦点を当てて形成機構を解析した。

PS 形成の確認は、RNA-FISH 法と蛍光抗体 染色法とを組み合わせて(以下 FISH-IF 実験 という)、 NEAT1 RNA と PS 蛋白質の共 局在をみた。

同調培養した HeLa 細胞、NIH3T3 細胞等に対しパルスチェイス実験を行った。 Early G1 期の細胞を用い、RNA pol I 阻害下で、pol II 転写物のみをフロオロウリジン (FU)で標識し、抗 FU 抗体で標識 NEAT1 RNAが NEAT1 座位近傍の PS と共局在することを確認した後、経時変化を追った。

さらに、FU とエチニルウリジン(EU)との二重標識により、RNA 転写の時期を区別できるパルスチェイス実験を行い、PS 間における NEAT1 RNA の移動について検討した。

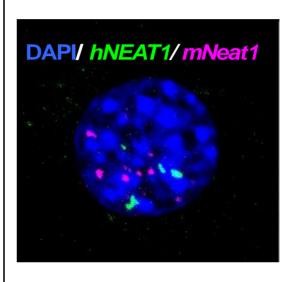
(2) PS の核内分布様式と標的の同定 PS が核内でどのような構造(体)と近接して いるかという位置情報を取得する。

NEAT1 座位といくつかの候補クローンについて、PS がそれらのクローンの遺伝子座位近傍に位置するかを、当該クローンをプローブとしたDNA-FISHで共局在を確認した。上記の方法で PS と遺伝子座位の共局在が低頻度であったので、PS が特定の遺伝子座位に占位しても一過性か、不特定の遺伝子座位と接触・離脱を繰り返している可能性が考える。そこで、細胞に飢餓ストレスなど NEAT1 RNA量が変動する刺激を与え PS 形成を促進し、特殊な生理条件下で特異的な PS 核内分布様式を示すかどうかを調べた。

4. 研究成果

(1)転写と共役した PS 形成機構における RNA の生理的意義

マウス NIH3T3 細胞にヒト NEAT1 遺伝子座 位全長を含む BAC 導入することにより、マ ウス細胞中でヒト NEAT1 RNA を異所発現し、内在性マウス PS に加えて、外来性 PS を形成するヘテロな系を構築した。この外来性 PS はヒト NEAT1 RNA を核として、マウス PS 蛋白質が集合したキメラ PS である。外来性ヒト PS も内在性マウス PS 同様に転写阻害剤を添加すると消失した。阻害剤を除くと、外来性ヒト PS は内在性マウス PS より若干早く回復して PS 形成を開始した。



興味深いことに、内在性マウス PS と外来性 ヒト PS は常に独立して存在し、マウス RNA とヒト RNA とは、PS 間でシャトルしないこ とが明らかになった。 そこで、この細胞を FU と EU とで二重標識する新しい RNA パ ルスラベル法を開発して、PS 間の RNA の移 動を観察したところ、内在性マウス PS 同士 においてさえ RNA のやり取りがみられず、 単一のパラスペックル顆粒内が FU ラベルさ れた区画と EU ラベルされた区画に分かれて いた。一方、FU と EU 同時ラベルの場合を 除き、二重標識された PS は観察されなかっ た。このことは転写と共役した PS 形成モデ ルを強く支持すると共に、新たに転写された RNA が既存の PS に供給されないこと意味す る。よって、この核内構造体の寿命が NEAT1 RNA で規定されているといえる。

(2)PSの核内分布様式と標的の同定

HeLa 細胞や LNCap 細胞を用い、PS 蛋白質遺伝子座位(NONO、SFPQ、PSPC1等)のDNA - FISH と PS 蛋白質の同時染色を行い、一定の頻度で PS 蛋白質遺伝子座位が PS と共局在することを見出した。また、男性ホルモン依存的に誘導される TMPRSS2 遺伝子座位は、LNCap 細胞において高頻度で PS と共局在するが、HeLa 細胞では極めて低頻度であった。さらに -actin や GAPDH のようなハウスキーピング遺伝子も PS と共局在することから、発現が活性化された遺伝子座位が PS に集約するか、そのような転写活性部位に PS が移動する可能性が浮上してきた。現在これらの点についてさらに検証中である

マウス PS が NEAT1 座位上で形成され ることを踏まえ、PS と相互作用する遺伝 子座位の核内分布様式を検討した。マウス NIH3T3 細胞内でヒトBAC 由来 PS を形成 するヘテロな系では、マウス Neat1 座位は 19 番染色体上にあり、ヒト NEAT1 は非 19番染色体上にある。プロテアソーム阻害 剤 MG132 添加により PS を巨大化した際 の、PS 形成および核内分布様式を調べる と、マウス PS とヒト PS が独自に巨大化 していた。さらに、添加前には核内で離れ ていたマウス Neat1 座位とヒト NEAT1 座 位とが、しばしば近接した。この現象は PS 巨大化を介したものと考えられる。現在、 PS に近接する他の遺伝子座位同士が PS の 仲立ちにより核内で近傍に集積する可能性 を検証中である。

5 . 主な発表論文等 (研究代表者、研究分担者及び連携研究者に は下線)

[雑誌論文](計 1 件)

Naganuma T, Nakagawa S, Tanigawa A, <u>Sasaki YF</u>, Goshima N, Hirose T., Alternative 3'-end processing of long noncoding RNA initiates construction of

nuclear paraspeckles. EMBO J., 查読有、31 巻、2012、4020-4034

[学会発表](計 2 件)

佐々木保典、小川朝子、谷川明恵、小沼泰子、伊藤弓弦、廣瀬哲郎、 ノンコーディング RNA NEAT 1の Xenopus オーソログ、日本 RNA 学会、2012 年 7 月、仙台

<u>佐々木保典</u>、他9名、ノンコーディング RNA NEAT1 の Xenopus オーソログ、 XCIJ 首都圏支部会、2014年3月、横浜

[図書](計 0 件)

[産業財産権]

出願状況(計 0 件)

名称: 発明者: 権利者: 種号: 番号: 田内外の別:

取得状況(計 0 件)

名称: 発明者: 権利者: 種類: 番号: 取得年月日: 国内外の別:

〔その他〕 ホームページ等

6. 研究組織

(1)研究代表者

佐々木 保典(SASAKI, Yasunori)

研究者番号: 30312242

(2)研究分担者

()

研究者番号:

(3)連携研究者

()

研究者番号: