

Non-LTR レトロトランスポゾン SART1 のバイシストロニック RNA 翻訳の際には UAAUG 終止—開始重複コドン上で翻訳共役が起こる

Kojima KK, Matsumoto T, and Fujiwara H. (小島健司、松本匠、藤原晴彦)

Eukaryotic translational coupling in UAAUG stop-start codons for the bicistronic RNA translation of non-LTR retrotransposon SART1

Mol. Cell. Biol., 2005; 25 (17): 7675-7686.

(日本語要旨)

真核生物の大半のメッセンジャーRNA はモノシストロニック (1つの蛋白質をコードする) であるが、多くのレトロウイルスや LTR (long terminal repeat) レトロトランスポゾンは 1つの RNA 転写産物上に複数の蛋白質をコードし、リボソーマルフレームシフトによって翻訳する。Non-LTR (非 LTR 型、non-long terminal repeat) レトロトランスポゾンは LTR レトロトランスポゾンやレトロウイルスの祖先であると考えられているが、そのバイシストロニック (2つの蛋白質をコードする) RNA 翻訳機構は不明である。我々はバキュロウイルス発現系 (昆虫に感染するバキュロウイルスと昆虫培養細胞を用いて蛋白質を大量合成するシステム) を用いてカイコの non-LTR レトロトランスポゾン的一种である SART1 のバイシストロニック RNA を大量に合成し、ウエスタンブロッティングによって後ろ側にコードされている蛋白質 (ORF2 蛋白質) (non-LTR レトロトランスポゾンでは逆転写酵素蛋白質) を検出することに成功した。ORF2 蛋白質は ORF1-ORF2 融合蛋白質 (LTR レトロトランスポゾンやレトロウイルスのリボソーマルフレームシフトの際に合成される) ではなく、単独の蛋白質として翻訳されていた。我々は変異実験によって終止コドンと開始コドンとが重複した UAAUG 配列とその下流の RNA 二次構造が ORF2 の効率的な翻訳に必須であることを明らかにした。また、ORF1 の終止コドンと ORF2 の開始コドンとの距離が大きくなるにつれて翻訳効率は低下した。これらの結果は、出芽酵母の GCN4 遺伝子に代表される真核生物の翻訳再開機構とは異なっている。真核生物の翻訳再開機構では、2つの ORF の間の距離が広くなるにつれて翻訳再開の頻度が高くなる。SART1 の ORF2 の翻訳機構は原核生物やウイルスなどで観察される翻訳共役 (translational coupling) に類似している。我々の結果は翻訳共役がバイシストロニック RNA 翻訳の普遍的な機構であることを示唆している。