

ことば

ホスファチジルグルコシド (phosphatidylglucoside : PtdGlc) : 飽和脂肪酸を含むホスファチジン酸 (sPA) にグルコースが β グリコシド結合した構造を有し、ヒト白血病細胞株 HL60 と臍帯血細胞で最初に検出された糖脂質。その発現は、細胞や組織特異性が高い。PtdGlc は、ホスホリパーゼ A2 により脱アシル化されリゾ体糖脂質 (LPG) に転換される。LPG は GPCR 受容体 GPR55 を極微量で活性化し、細胞移動を局所的に制御している。PtdGlc は、小胞体局在グルコース転移酵素 UGGT2 により合成される。低酸素ストレスにより産生される細胞傷害性リン脂質である sPA は、UGGT2 により PtdGlc に変換される。UGGT2 は、小胞体で合成される脂質のクオリティー (品質) を維持する分子装置の一端を担っていると考えられている。

(平林義雄 理化学研究所)

マイトソーム (mitosome) : ミトコンドリア関連オルガネラ (mitochondria-related organelles) の一種であり、その中でも極端に退化したミトコンドリアを指す。進化の過程でオルガネラ DNA や電子伝達系など失い、典型的なミトコンドリアにみられるクリステ構造もなく、ATP 産生能を消失している。赤痢アメーバ (*Entamoeba histolytica*)、ランブル鞭毛虫 (*Giardia intestinalis*)、クリプトスポリジウム (*Cryptosporidium parvum*) などで見いだされている。それぞれの生物種で独自に進化したため、保持している機能はそれぞれ異なる。たとえば、赤痢アメーバの場合は硫酸活性化が、ランブル鞭毛虫では鉄硫黄クラスター合成が主たる機能の一つとして報告されている。

(見市文香 長崎大学)

LINC 複合体 : 核膜を細胞骨格に連結させるタンパク質複合体。酵母からヒトまで真核生物で広く保存されている。LINC は linker of nucleoskeleton and cytoskeleton の略。核内膜の SUN タンパク質と、核外膜の KASH タンパク質 (脊椎動物では Nesprin と呼ばれる) から構成され、両者は核膜内腔において結合する。さらに、SUN タンパク質はラミンなどの他の核内膜タンパク質に結合し、KASH タンパク質がアクチンや微小管などの細胞骨格に結合する。LINC 複合体の主な機能として、細胞遊走時の核の細胞内移動、クロマチンの核膜への係留、細胞外からの物理的な力の核への伝播などがある。ヒトではある種の筋ジストロフィーが SUN や KASH 遺伝子の変異で起きることが知られているが、その細胞レベルでの発症メカニズムはほとんどわかっていない。

(李 尚憲 イェール大学)

両親媒性ヘリックス : 親水性と疎水性のアミノ酸残基が面の両側に相対して分布している α ヘリックスのこと。この両極性のため、脂質膜の表面に可逆的に結合する性質がある。結合の強度は膜の性質 (表面電荷や、脂質間の隙の大きさ、曲率)、およびヘリックスのアミノ酸残基の性状 (帯電の有無、側鎖の大きさ) に依存する。前者の性質のため、膜の脂質構成のセンサーとして機能することがある。また、結合によって膜の形状を変化させる (tubule の形成など) こともある。両親媒性ヘリックスの中でも有名なものとして、小胞輸送に関与する ArfGAP1 などみられる ALPS モチーフがある。なお、リシンなどの正電荷に帯電する残基に富んだ両親媒性ヘリックスは、ミトコンドリア外膜タンパク質に結合し、ミトコンドリア局在シグナルとして機能することもある。

(李 尚憲 イェール大学)

CAGE-seq (cap analysis of gene expression sequencing) : 生命現象を理解するには、転写された RNA 分子全体であるトランスクリプトームの解析が有用である。CAGE-seq は、RNA の転写開始点を網羅的に解析する手法であり、遺伝子の転写制御を解析する強力なツールである。RNA ポリメラーゼ II により転写された RNA の 5' 末端には、キャップ構造が付加されている。CAGE-seq では、このキャップ構造を特異的に捕捉し、RNA の 5' 末端を含む塩基配列情報を次世代シーケンサーで高深達度に解読する。CAGE-seq により、メッセージ RNA やエンハンサー RNA の転写開始点を網羅的に同定・定量できる。これによりプロモーターやエンハンサーの構造を明らかにし、これらの活性度を定量できる。さらに、新生鎖 RNA を用いて半減期の短いエンハンサー RNA をより高感度に同定できる NET-CAGE-seq も開発されている。

(村川泰裕 京都大学)

転写ハブ (transcriptional hub) : 転写に関連するさまざまな因子と RNA ポリメラーゼ II が局所的に濃縮し、標的 DNA 部位への結合を増強する核内コンパートメントの一つを示す。共焦点イメージングや超解像イメージングの進歩により、このような場では、さまざまな転写関連因子が活性化された遺伝子に集まってクラスターを形成していることが明らかになった。これらの複合体がエンハンサーやプロモーターなどの他のゲノム領域と共有されることでハブとして機能するモデルが考えられており、これまで転写ファクトリーと言われていた概念の中の一つとして位置づけられる。

(富松航佑, 原田哲仁 九州大学)