

令和元年6月12日現在

機関番号：34419

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2016～2018

課題番号：16H04745

研究課題名(和文) RNA結合蛋白質が細胞シグナルに応答して制御する翻訳とmRNA分解との連携機構

研究課題名(英文) The coupling mechanism of translation and mRNA degradation regulated by RNA binding protein in response to cell signals

研究代表者

藤原 俊伸 (FUJIWARA, Toshinobu)

近畿大学・薬学部・教授

研究者番号：80362804

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,300,000円

研究成果の概要(和文)：ARE結合タンパク質であるZFP36LやZFL36L1は、標的mRNA上にCCR4-NOT複合体をリクルートし、脱アデニル化を介したmRNA分解を惹起し、遺伝子発現を負に調節する。本研究では、AREを有するInterleukin-6 (IL-6) の3'-UTRを組み込んだレポーターmRNAとZFL36L1を過剰発現させた細胞抽出液を用いたin vitro実験系を構築し、解析を行なった。その結果、ZFL36L1がmiRISC同様に脱アデニル化非依存的に翻訳を抑制すること、さらにmiRISCと異なり翻訳開始複合体の形成は阻害せず翻訳を抑制することが明らかとなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

AREは炎症性サイトカインmRNAの3'非翻訳領域に存在し、mRNAの運命決定およびタンパク質合成量を厳密に制御する。これまでの知見では、AREはRNA結合タンパク質に認識され、多くの場合脱アデニル化複合体を介したpolyA鎖の分解を基点にmRNA分解が誘導される。一方、これらARE結合タンパク質による翻訳制御機構に関する知見はこれまで乏しかった。本研究課題の遂行により、ARE結合タンパク質による翻訳抑制はpolyA鎖の分解とは独立に起こること、そして、その分子機構には脱アデニル化複合体の構成因子が必要であることが明らかになった。

研究成果の概要(英文)：We show that ZFP36L1 represses translation initiation, and demonstrate that this effect is independent of deadenylation mediated by the ARE. Strikingly, ZFP36L1-mediated translation repression nevertheless requires interaction between ZFP36L1 and CNOT1. Moreover, the eIF4F complex remains bound to the mRNA even in the presence of ZFP36L1. These observations imply that ZFP36L1-mediated repression of translation initiation differs fundamentally from the mechanism used by miRISC. Moreover, we find that translational repression by ZFP36L1 is also independent of 4EHP, despite this being a key factor for regulation repression by ZFP36L. Collectively, our results highlight surprising diversity of regulatory mechanisms used by ARE-BPs and factors that interact with the CCR4/NOT co-factor complex.

研究分野：翻訳制御

キーワード：翻訳制御 mRNA分解

様式 C-19、F-19-1、Z-19、CK-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

DNA から mRNA として転写された遺伝情報の発現は、様々な RNA 結合タンパク質による複雑かつ巧妙な転写後調節機構により制御され、高次生命現象を規定する。そして、転写後調節遺伝子機構のうち、mRNA の適切な部位への輸送および局所における翻訳の制御は遺伝子の発現の時空間的に制御する機構として最適である。近年 mRNA 分解制御機構が、単に不要な mRNA の除去を目的としたものばかりではなく、翻訳制御機構と密に協調し、分化・発生などの高次生命現象を制御することが明らかになりつつある。そして、その中心的役割を果たすのが様々な RNA 結合タンパク質である。そして本研究開始当初は、RNA 結合タンパク質がどのように細胞シグナルの受け手として、翻訳と mRNA 分解とを協調させているのかと言う命題を解決する必要性が生じていた。

2. 研究の目的

分化・発生等の高次な細胞機能では、細胞内における時間空間的なタンパク質の合成制御および mRNA の分解制御が細胞の運命決定・特異的な機能発現に必須であり、これらの制御には様々な生体シグナルが関わる。そして、生体シグナルの伝達はタンパク質の合成と mRNA の分解とを連携させる重要なスイッチとしての役割を担っている。このようなシグナル伝達を介した翻訳と mRNA 分解の共役制御機構の素過程の解明は高次生命現象を理解する上で必須であるが素過程の詳細は不明である。そこで、本研究では、細胞の分化や機能発現、即ち細胞が極性を獲得する素過程を「mRNA 制御ネットワーク」という視点から解明することを最終目的とし、mRNA 分解制御機構と翻訳マシナリーとの共役制御機構を、RNA 結合タンパク質の機能を探り針として解析し、明らかにする。

3. 研究の方法

申請者がこれまでに構築した生化学実験系を駆使し RNA 結合タンパク質が mRNA 分解機構と翻訳制御機構とどのように協調あるいは拮抗して働くかの基本原理を、明らかにする。具体的な計画を以下に示す。

- 1) ARE 結合タンパク質が ARE と結合することで翻訳開始複合体が、どのような影響を与えるか、またそのシグナル標的分子が何であるかを、生化学的手法・細胞学的手法で明らかにする。
- 2) ARE 結合タンパク質による翻訳制御機構と miRNA による翻訳抑制との関係を翻訳開始反応に着目し、生化学的手法で明らかにする。また、miRNA による翻訳抑制の分子基盤を分担者と共同で詳細に解析を進める。
- 2) (1)および(2)の計画が順調に進んだ場合、ARE 結合タンパク質が関与する翻訳制御ネットワークの統合的解析を実施する。

4. 研究成果

mRNA に内包された制御情報のうち、AU-rich element (ARE) は、mRNA の安定性に関わる代表的なシス配列であり、急速な分解を受ける炎症性サイトカインや成長因子などの mRNA の 3' 非翻訳領域(UTR)に含まれている。ARE に結合特異性を有する RNA 結合タンパク質である ZFP36L や ZFL36L1 は、標的 mRNA 上に CCR4-NOT 複合体をリクルートし、脱アデニル化を介した mRNA 分解を惹起し、遺伝子発現を負に調節する。これまでに我々は、同様に CCR4-NOT 複合体を利用する miRISC が、脱アデニル化と独立して翻訳開始複合体の形成を標的とした「純粋」な翻訳抑制を行うことを証明してきた。このことから ZFL36L1 や ZFL36L においても、mRNA 分解を介さず直接的な翻訳抑制を行う可能性が示唆されていた。本研究では、miRISC による翻訳抑制を解析した実験系を応用し、ARE を有する Interleukin-6 (IL-6) の 3'-UTR を組み込んだレポーター mRNA と ZFL36L1 を過剰発現させた細胞抽出液を用いた *in vitro* 実験系を構築し、解析を行なった。その結果、ZFL36L1 が、miRISC 同様に脱アデニル化非依存的に翻訳を抑制すること、さらに miRISC と異なり翻訳開始複合体の形成は阻害せず翻訳を抑制することが明らかとなった。以上の結果は、現在論文投稿中である。また、秋田大学・久場敬司教授との共同研究により、ポリ A 鎖長、翻訳制御を介した心機能制御機構に関する知見を報告している。一方、分担者の三嶋は、ゼブラフィッシュを用いた遺伝生化学的アプローチを実施し、受精卵ではコドンが母親由来の mRNA の安定性を決める事を発見している。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 11 件)

- 1) Otsuka H., Fukao A., Funakami Y., Duncan KE., *Fujiwara T. : Emerging Evidence of Translational Control by AU-Rich Element-Binding Proteins *Frontiers in Genetics* **Frontiers in Genetics** 10, Article332 (2019)
doi: 10.3389/fgene.2019.00332 (査読有り)
- 2) Sadahiro A., Fukao A., Kosaka M., Funakami Y., Takizawa N., Takeuchi O., Duncan KE., *Fujiwara T. : Translation of Hepatitis A Virus IRES Is Upregulated by a Hepatic Cell-Specific Factor *Frontiers in Genetics* 9, Article307 (2018)
doi: 10.3389/fgene.2018.00307 (査読有り)
- 3) Fujino Y., Yamada K., Sugaya C., Ooka Y., Ovara H., Ban H., Akama K., Otosaka S., Kinoshita H., Yamasu K., Mishima Y., Kawamura A. : Deadenylation by the CCR4-NOT complex contributes to the turnover of hairy-related mRNAs in the zebrafish segmentation clock *FEBS Lett.* 592, 3388-3398 (2018).doi: 10.1002/1873-3468.13261.

(査読有り)

- 4) *Mishima Y. : PAINTing translation *Nat Chem Biol.* 14, 832-833 (2018)
doi: 10.1038/s41589-018-0102-8. (査読有り)
- 5) Kohno K., *Itoh S., Hanai A., Takii T., Fujiwara T., Onozaki K., Tsuji T., Hida S. : Identification of matrix metalloproteinase 9-interacting sequences in staphylococcal superantigen-like protein 5 *Biochemical and biophysical research communications* 497, 713-718 (2018) doi: 10.1016/j.bbrc.2018.02.138 (査読有り)
- 6) Yamaguchi T., Suzuki T., Sato T., Takahashi A., Watanabe H., Kadowaki A., Natsui M., Inagaki H., Arakawa S., Nakaoka S., Koizumi Y., Seki S., Adachi S., Fukao A., Fujiwara T., Natsume T., Kimura A., Komatsu M., Shimizu S., Ito H., Suzuki Y., Penninger JM., Yamamoto T., Imai Y., *Kuba K. The CCR4-NOT deadenylase complex controls Atg7-dependent cell death and heart function *Science signaling* 11, eaan3638 (2018) doi: 10.1126/scisignal.aan3638 (査読有り)
- 7) *Igarashi M., Sawa R., Yamasaki M., Hayashi C., Umekita M., Hatano M., Fujiwara T., Mizumoto K., Nomoto A. : Kribellosides, novel RNA 5'-triphosphatase inhibitors from the rare actinomycete Kribbella sp. MI481-42F6. *The Journal of antibiotics* 70, 582-589 (2017) doi: 10.1038/ja.2016.161. (査読有り)
- 8) Satoh R., Matsumura Y., Tanaka A., Takada M., Ito Y., Hagihara K., Inari M., Kita A., Fukao A., Fujiwara T., Hirai S., Tani T., *Sugiura R. : Spatial regulation of the KH domain RNA-binding protein Rnc1 mediated by a Crml-independent nuclear export system in *Schizosaccharomyces pombe* *Molecular Microbiology* 104, 428-448 (2017) doi: 10.1111/mmi.13636. (査読有り)
- 9) Fukao, A., and *Fujiwara, T. : The coupled and uncoupled mechanisms by which trans-acting factors regulate mRNA stability and translation *The Journal of Biochemistry* 161, 309-314 (2017) doi: 10.1093/jb/mvw086. (査読有り)
- 10) Aoyama T., Fukao A., *Fujiwara, T. : Translational regulation is mediated by the cross-talk between the miRNA pathway and RNA binding proteins *Nihon yakurigaku zasshi* 147, 346-350 (2016) doi: 10.1254/fpj.147.346. (査読有り)
- 11) *Mishima Y., Tomari Y. : Codon Usage and 3' UTR Length Determine Maternal mRNA Stability in Zebrafish *Mol Cell.* 61, 874-885 (2016)
doi: 10.1016/j.molcel.2016.02.027. (査読有り)

[学会発表] (計 57 件)

1. 藤原俊伸 : 細胞・組織特異性を規定するリボソーム結合因子を介した転写後制御機構.
第 41 回日本分子生物学会年会、2018 年
2. 坂村由梨佳, 友廣拓生, 大塚衆志, 深尾亜喜良, 船上仁範, 鈴木亨, 山本雅, 藤原俊伸 : 哺乳類における miRISC による翻訳抑制機構の解明.
第 41 回日本分子生物学会年会、2018 年
3. 石田一希, 貞廣暁利, 安達俊吾, 深尾亜喜良, 船上仁範, 夏目徹, 藤原俊伸 : ポリオウウイルス組織特異性を生み出す, IRES 依存的翻訳制御機構の解析.
第 41 回日本分子生物学会年会、2018 年
4. Yurika Sakamura, Takumi Tomohiro, Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Kent E Duncan, Toshinobu Fujiwara : New insights into CCR4-Not deadenylase complex function in microRNA-mediated gene silencing.
The complex life of RNA (Germany) 2018 年
5. Toshinobu Fujiwara : ARE binding protein ZFP36L1 represses translation via CCR4-NOT complex independently of RNA degradation machinery
ELAVENICE (Italy) 2018 年
6. Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Kent E Duncan, Toshinobu Fujiwara : ARE binding protein ZFP36L1 represses translation via CCR4-NOT complex independently of RNA degradation machinery.
Translational Control (U.S.A.) 2018 年
7. Akira Fukao, Takumi Tomohiro, Yurika Sakamura, Hiroshi Otsuka, Kent E Duncan, Yukihide Tomari, Toshinobu Fujiwara : New insights into CCR4-Not deadenylase complex function in microRNA-mediated gene silencing.
Translational Control (U.S.A.) 2018 年
8. 深尾亜喜良, 西阪皓理, 松木香菜子, 大塚衆志, 船上仁範, 藤原俊伸 : ARE 結合タンパク質 AUF1 による遺伝子発現制御機構の解析.
第 20 回日本 RNA 学会年会、2018 年
9. 坂村由梨佳, 友廣拓生, 大塚衆志, 深尾亜喜良, 船上仁範, 鈴木亨, 山本雅, 足立俊吾, 夏目徹, 藤原俊伸 : 哺乳類における miRISC による翻訳抑制機構の新たな知見.
第 20 回日本 RNA 学会年会、2018 年
10. 石田一希, 貞廣暁利, 安達俊吾, 深尾亜喜良, 船上仁範, 夏目徹, 藤原俊伸 : ポリオウ

イルス組織特異性を生み出す IRES 依存的翻訳制御機構の解析.

- 第 20 回日本 RNA 学会年会、2018 年
11. 貞廣 暁利, 深尾 亜喜良, 小坂 実央, 滝沢 直己, 船上 仁範, 竹内 理, Kent E Duncan, 藤原俊伸: A 型肝炎ウイルス IRES 依存的翻訳は肝臓特異的因子により活性化される.
- 第 20 回日本 RNA 学会年会、2018 年
12. Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Kent E Duncan, Toshinobu Fujiwara: ZFP36L1 represses translation initiation independently of deadenylation mediated by AU-Rich elements.
Post-transcriptional Control of Gene Expression: Mechanisms of RNA Decay (U. S. A.) 2018 年
13. Takumi Tomohiro, Yurika Sakamura, Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Kent E Duncan, Toshinobu Fujiwara: New insights into CCR4-Not deadenylase complex function in microRNA-mediated gene silencing.
Post-transcriptional Control of Gene Expression: Mechanisms of RNA Decay (U. S. A.) 2018 年
14. 藤原俊伸: 非典型的な翻訳開始機構から見えてきた巧妙なタンパク質合成制御機構.
第 6 回 CCR4-NOT 研究会、2018 年
15. 深尾 亜喜良, 大塚 衆志, 藤原俊伸: ARE 結合蛋白質 ZFP36L1 による脱アデニル化非依存的な翻訳抑制機構の解析
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
16. 貞廣 暁利, 深尾 亜喜良, 竹内 理, 藤原俊伸: Poliovirus の組織特異的増殖を生み出す IRES 依存的翻訳機構の解明
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
17. 武知 美和, 大塚 衆志, 深尾 亜喜良, 船上 仁範, 藤原俊伸: BRF1 による mRNA 分解と共役した翻訳抑制機構の解析
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
18. 貞廣 暁利, 小坂 実央, 深尾 亜喜良, 竹内 理, 藤原俊伸: A 型肝炎ウイルスの細胞種特異性を生み出す、IRES 依存的翻訳制御機構の解析
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
19. 佐藤 亮介, 萩原 加奈子, 深尾 亜喜良, 藤原俊伸, 平井 晋哉, 谷 時雄, 高崎 輝恒, 杉浦 麗子: RNA 結合タンパク質の MAPK 依存的なリン酸化の役割 -RNA 結合能と細胞内局在の二重制御-
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
20. 坂村 由梨佳, 友廣 拓生, 大塚 衆志, 深尾 亜喜良, 船上 仁範, 鈴木 亨, 山本 雅 雅, 藤原俊伸: 哺乳類における miRNA による翻訳抑制機構の解明
第 40 回日本分子生物学会年会 ConBio2017、2017 年
21. Toshinobu Fujiwara: ZFP36L1 represses translation initiation independently of deadenylation mediated by AU-Rich elements.
Cutting Edge Developments in RNA Biology for the Control of Gene Expression, 2017 年
22. Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Yoshinori Funakami, Toshinobu Fujiwara: Elucidation of elementary processes in which RNA-binding protein HuD stimulates the cap-poly(A)-dependent translation.
Cutting Edge Developments in RNA Biology for the Control of Gene Expression, 2017 年
23. Takumi Tomohiro, Akira Fukao, Yoshinori Funakami, Toshinobu Fujiwara: Mysterious eukaryotic translation initiation factor eIF4H.
Cutting Edge Developments in RNA Biology for the Control of Gene Expression, 2017 年
24. Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Yoshinori Funakami, Kent Duncan, Toshinobu Fujiwara: Elucidation of elementary processes in which RNA-binding protein HuD stimulates the cap-poly(A)-dependent translation.
Protein Synthesis and Translational Control (ドイツ) 2017 年
25. Akira Fukao, Hiroshi Otsuka, Yoshinori Funakami, Kent Duncan, Toshinobu Fujiwara: ZFP36L1 represses translation initiation independently of deadenylation mediated by AU-Rich elements.
Protein Synthesis and Translational Control (ドイツ) 2017 年
26. 坂村由梨佳, 友廣拓生, 大塚衆志, 深尾亜喜良, 船上仁範, 鈴木亨, 山本雅, 藤原俊伸: 哺乳類における miRISC による翻訳抑制機構の解明
第 19 回日本 RNA 学会年会、2017 年
27. 佐藤亮介, 萩原加奈子, 深尾亜喜良, 藤原俊伸, 平井晋哉, 谷時雄, 杉浦麗子: KH 型 RNA 結合タンパク質 Rnc1 の Rael 依存的な核外輸送を介した MAPK シグナル制御機構
第 19 回日本 RNA 学会年会、2017 年

28. 深尾亜喜良、友廣拓生、大塚衆志、青山智彦、船上仁範、足達 俊吾、夏目 徹、藤原俊伸：
in vitro 翻訳システムを用いた miRNA による翻訳制御分子機構の解析
第 19 回日本 RNA 学会年会、2017 年
29. 西阪皓理、松木香菜子、大塚衆志、深尾亜喜良、船上仁範、藤原俊伸：ARE 結合タンパク質 AUF1 による遺伝子発現制御機構の解析
第 19 回日本 RNA 学会年会、2017 年
30. 大塚衆志、武知美和、深尾亜喜良、船上仁範、藤原俊伸：BRF1 による mRNA 分解と共役した翻訳抑制機構の解析
第 19 回日本 RNA 学会年会、2017 年
31. Akitoshi Sadahiro, Akira Fukao, Kent Duncan, Osamu Takeuchi, Toshinobu Fujiwara：
Analyses of cell type specific translation from IRES mRNA derived from two different poliovirus strains.
The 22nd Annual Meeting of the RNA Society (チェコ) 2017 年
32. Tomohiko Aoyama, Akira Fukao, Nahum Sonenberg, Toshinobu Fujiwara：The novel function of PABP interacting protein 1 (Paip1) in translation initiation
The 22nd Annual Meeting of the RNA Society (チェコ) 2017 年
33. 藤原俊伸：in vitro 翻訳実験系で見えてきた哺乳類における翻訳制御の「妙」
第 2 回デザイン生命工学研究会大会、2017 年
34. 藤原俊伸：ARE 結合タンパク質による CCR4-NOT 複合体を介した翻訳制御機構
第 5 回 CCR4-NOT 研究会、2017 年
35. 藤原俊伸：AU-Rich Element (ARE) 結合タンパク質 BRF1 によって誘起される mRNA 分解非依存的な翻訳抑制
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
36. 武知美和、深尾亜喜良、船上仁範、藤原俊伸：RNA 結合タンパク質が仲介する mRNA 分解と翻訳との共役
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
37. 貞廣暁利、足達俊吾、深尾亜喜良、船上仁範、夏目徹、竹内理、藤原俊伸：ポリオウイルスの細胞種特異的な IRES 依存的翻訳の解析
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
38. 青山智彦、大塚衆志、船上仁範、深尾亜喜良、藤原俊伸：PABP interacting protein 1 (Paip1) による翻訳制御機構の解析
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
39. 友廣拓生、深尾亜喜良、船上仁範、藤原俊伸：cap 依存的翻訳における eIF4H の機能解析
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
40. 大塚衆志、深尾亜喜良、船上仁範、藤原俊伸：RNA 結合タンパク質 HuD による翻訳促進機構の素過程の解析
第 39 回日本分子生物学会年会、2016 年
41. Aoyama T, Fukao A, Sonenberg N, Fujiwara T：The novel function of PABP interacting protein 1 (Paip1) in translation initiation.
The Cold Spring Harbor Asia conference on RNA Biology (Suzhou, China)、2016 年
42. Toshinobu Fujiwara：Neural specific RNA-binding proteins grasp the translation regulatory networks
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
43. Akira Fukao , Toshinobu Fujiwara：The coupling mechanism between translation and mRNA degradation mediated by RNA-binding protein HuD
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
44. Akitoshi Sadahiro, Akira Fukao, Naoki Takizawa, Osamu Takeuchi, Toshinobu Fujiwara：Analyses of cell type specific translation from IRES mRNA derived from two different poliovirus strains.
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
45. Tomohiko Aoyama, Akira Fukao, Nahum Sonenberg, Akiko Yanagiya, Toshinobu Fujiwara：Analyses of the molecular function of PABP interacting protein 1 (PAIP1) in translational regulation.
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
46. Takumi Tomohiro, Akira Fukao , Toshinobu Fujiwara：Mysterious eukaryotic translation initiation factor eIF4H
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
47. Hiroshi Ohtsuka, Akira Fukao , Toshinobu Fujiwara：Elucidation of elementary processes in which RNA-binding protein HuD stimulates the cap- poly(A) dependent translation
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年
48. Hiroshi Ohtsuka, Akira Fukao , Toshinobu Fujiwara：薬剤師教育の問題点
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016 年

49. Miwa Takechi, Akira Fukao, Keizo Tomonaga, Toshinou Fujiwara: Butyrate response factor1 induces translation repression independently of ARE-mediated mRNA decay
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016年
50. Daisuke Ikeda, Akira Fukao, Toshinou Fujiwara: Effect of interaction between RNA binding protein HuD and SMN protein on protein synthesis
12th International Congress on Protein Phosphatase (ICPP12)、2016年
51. Miwa Takechi, Hiroshi Otsuka, Akira Fukao, Toshinobu Fujiwara: Butyrate response factor1 induces translation repression independently of ARE-mediated mRNA decay
EMBO|EMBL Symposium:The Complex Life of mRNA (Heidelberg, Germany)、2016年
52. Toshinobu Fujiwara: The coupling mechanism between translation and mRNA degradation mediated by RNA-binding protein HuD
第89回日本生化学会大会、2016年
53. Miwa Takechi, Akira Fukao, Toshinobu Fujiwara: The coupling mechanism between translation and mRNA degradation mediated by RNA-binding protein HuD
Translational Control 2016 (CSHL)、2016年
54. 貞廣曉利、足達俊吾、深尾亜喜良、夏目徹、竹内理、藤原俊伸: ポリオウイルスの細胞種特異的な IRES 依存的翻訳の解析
RNA フロンティアミーティング 2016、2016年
55. Miwa Takechi, Akira Fukao, Toshinobu Fujiwara: The coupling mechanism between translation and mRNA degradation mediated by RNA-binding protein HuD
RNA2016、2016年
56. Akitoshi Sadahiro, Akira Fukao, Naoki Takizawa, Osamu Takeuchi, Toshinobu Fujiwara: Analyses of cell type specific translation from IRES mRNA derived from two different poliovirus strains.
RNA2016、2016年
57. Tomohiko Aoyama, Akiko Yanagiya, Nahum Sonenberg, Akira Fukao, Toshinobu Fujiwara: Analyses of the molecular function of PABP interacting protein 1 (PAIP1) in translational regulation.
RNA2016、2016年

[図書] (計0件)

[産業財産権]

○出願状況 (計0件)

○取得状況 (計0件)

[その他]

ホームページ等

<http://www.phar.kindai.ac.jp/biochemistry/>

6. 研究組織

(1) 研究分担者

研究分担者氏名： 三嶋 雄一郎
ローマ字氏名： MISHIMA yuichiro
所属研究機関名： 京都産業大学
部局名： 総合生命科学部
職名： 准教授
研究者番号 (8桁)： 00557069

(2) 研究協力者

研究協力者氏名： 足達 俊吾
ローマ字氏名： ADACHI shungo