

令和 4 年 6 月 16 日現在

機関番号：82401

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H04998

研究課題名（和文）翻訳開始因子パラログによる選択的翻訳の網羅的解析

研究課題名（英文）Genome-wide analysis of mRNA-selective translation by initiation factor paralogs

研究代表者

岩崎 信太郎（Iwasaki, Shintaro）

国立研究開発法人理化学研究所・開拓研究本部・主任研究員

研究者番号：80611441

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 20,100,000円

研究成果の概要（和文）：翻訳開始因子であるeIF4AはDEAD-box型RNA結合タンパク質である。哺乳類のゲノムにはeIF4A1とeIF4A2の2つのパラログが存在する。本研究ではeIF4Aパラログの機能的差異を明らかにする目的で、種々の網羅的手法によって解析を行った。その結果、eIF4A1とeIF4A2には結合mRNAに選択性があること、それはeIF4A1に選択的に結合するRNA結合タンパク質LARP1に依存することが明らかになった。また、LARP1はmTORC1抑制時にTOP motifをもつmRNAに結合し、翻訳抑制する因子であるが、eIF4A1と相互作用することでその活性が高まることが明らかになった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これまでその高い相同性からeIF4A1とeIF4A2には機能的差異が無いと信じられてきたが、本研究によって、その機能には大きな違いがあることが明らかになった。また、eIF4Aは元来、翻訳を促進する因子であるが、本研究によってその前提とは全く逆の翻訳抑制させる機能があることが示された。特に、栄養飢餓などの特定の細胞状態時、特定のmRNAにその機能が発揮されると想定される。以上のような翻訳活性化因子が機能を逆転させる例は統合ストレス応答のeIF2alphaでもみられることから、他の翻訳因子についても同様の機能が備わっている可能性示唆され、学術的な展開が期待される。

研究成果の概要（英文）：Eukaryotic translation initiation factor (eIF) 4A, a DEAD-box RNA-binding protein, plays an essential role in translation initiation. Two mammalian eIF4A paralogs, eIF4A1 and eIF4A2, have been assumed to be redundant because of their high homology, and the difference in their functions has been poorly understood. Here, combining multiple genome-wide methods, we found that eIF4A paralogs have preferential mRNA binders and that the bias originates from RNA binding protein LARP1, which binds to eIF4A1 selectively. Moreover, we revealed that eIF4A1 enhances the affinity between TOP mRNAs and LARP1 and thus ensures stronger translation repression of TOP mRNAs upon mTORC1 inhibition.

研究分野：分子生物学

キーワード：eIF4A Ribosome profiling RIP-Seq LARP1 mTORC1

1. 研究開始当初の背景

1958年にノーベル賞科学者フランシス・クリックが提唱して以来、「分子生物学のセントラルドグマ」は最も基本的な生命原理であると考えられている。この原理では細胞内のRNA量がそのまま直接タンパク質量と相関する、ということが暗黙の内に想定されている。実際に、遺伝子の最終産物はタンパク質であるのに関わらず、多くの場合RNA量をマイクロアレイやRNA-Seqといった方法で計測し、「遺伝子発現の計測」とみなしている。しかしながら近年の網羅的かつ定量的な研究により、実は細胞内のRNA量とタンパク質量の相関は30%程度しかなく、細胞は「翻訳」の段階で多くの調節を行い、最終的に発現する遺伝子を制御していることが明らかになりつつある。また翻訳の調節が乱れることにより細胞ががん化するといったことが知られていることから、その重要性が示唆されている。以上のように「翻訳制御の理解」は単に生物の根本原理たるセントラルドグマの正確な理解に留まらず、疾患とその治療を含むより多くの高次生命現象につながる問題である。しかしながら、一体どのようなメカニズムで翻訳制御が行われ、それがどのように生命現象に寄与するのか、といったことは全く未知であり、新たな生物学的フロンティアである。

2. 研究の目的

これまでの翻訳の理解においては「翻訳因子はmRNAを区別することなく翻訳する」と暗黙の内に仮定されてきた。しかしながら、本当にこの仮定は正しいのであろうか？研究代表者はこれまで真核生物翻訳開始因子(eukaryotic translation initiation factor, eIF)の一つであるeIF4Aについて研究を行ってきた。ヒトのeIF4Aには2つのパラログ、eIF4A1とeIF4A2が存在するが、相同性が90%あるため、これまで機能的な差異は無いと考えられてきた。本研究ではeIF4Aパラログ間の機能的差を理解することで、翻訳因子が特定のmRNAを選択的に制御する可能性を探索した。

3. 研究の方法

eIF4Aパラログ、eIF4A1とeIF4A2がmRNA選択的に翻訳を制御するかという点を検証するために、RNA-immunoprecipitation sequencing (RIP-Seq)法により、eIF4A1およびeIF4A2に結合するmRNAの差を網羅的に解析した。また、eIF4Aパラログに選択的に結合するタンパク質を探索するために、それぞれのeIF4Aパラログを免疫沈降し、共沈するタンパク質をSILAC法による定量的質量分析法で解析した。また、eIF4Aパラログによる翻訳制御の違いを理解するために、ヒト培養細胞からCRISPR-Cas9法によってそれぞれの遺伝子をノックアウトした細胞を樹立した。これらの細胞にribosome profiling法を応用することによって、eIF4Aパラログそれぞれによって選択的に制御されるmRNAを解析した。リボソームプロファイリング法は、RNase処理によってリボソームが直接結合するmRNA部分は分解から免れるという性質を利用し、リボソームに保護されたmRNA断片を次世代シーケンサーで網羅的に解析する手法である(図1)。この手法により、どのmRNAのどの領域がどの程度翻訳されているかの俯瞰図を得ることができる。また、RNA-Seqを同時に行うことによって、mRNAの変化量を補正した「翻訳効率」の変化を定量的に理解することができる(図2)。

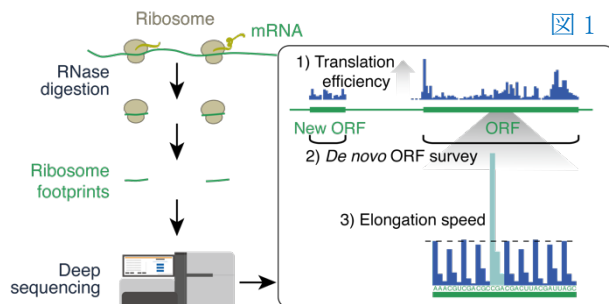


図 1

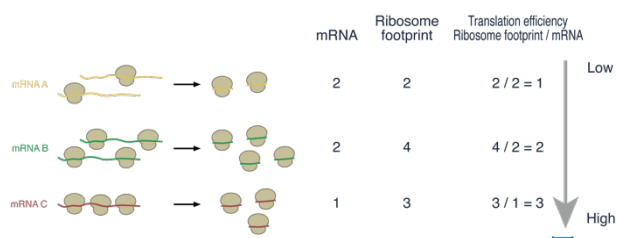


図 2

4. 研究成果

eIF4A1およびeIF4A2にSBPタグが付与されたタンパク質を安定的に発現するHEK293細胞を樹立し、SBPタグによってeIF4A1およびeIF4A2と結合mRNAを精製、RNA-Seqにより網羅解析した(図3A)。その結果、それぞれのパラログは一群のmRNAに選択的に結合することが明らかになった(図3B)。特にリボソームタンパク質をコードするmRNA群がeIF4A1により結合していることが分かってきた(図3C)。リボソームタンパク質コードするmRNAの多くはその5' UTR末

端にオリゴピリミジン配列 (terminal oligo-pyrimidine, TOP) をもつことが知られている。実際に 5' UTR の TOP 配列を持つ mRNA は eIF4A2 に比べ、eIF4A1 に強く結合することが RIP-Seq の解析から明らかになった (図 3D)。

eIF4A はその構造上、RNA のリン酸とリボース骨格には結合するものの、塩基には全く触れない。このことから TOP mRNA の配列選択性は eIF4A 自身によるものではないことが予想される。そこで TOP mRNA 結合性を説明する別の RNA 結合タンパク質があるだろうと、仮定した。この責任 RNA 結合タンパク質を探索するために、eIF4A1 および eIF4A2 に結合するタンパク質を探索した。ここでは SBP タグ付き eIF4A1 および eIF4A2 を免疫沈降し、SILAC 法を組み合わせ定量的質量分析によって結合タンパク質を解析した (図 4A)。実験の結果、LARP1 と呼ばれるタンパク質が eIF4A1 に選択的に結合することが明らかになった (図 4B)。LARP1 は TOP 配列に直接結合することが知られている RNA 結合タンパク質である。実際に、LARP1 が eIF4A1 と TOP mRNA との選択的結合を担っているかを検証するために、LARP1 を siRNA でノックダウンしたのちに、RIP-Seq を行った。その結果、予想されたとおり LARP1 のノックダウンによって eIF4A1 と TOP mRNA との結合が減弱することが示された (図 4C)。

LARP1 は TOP mRNA に結合すると、翻訳開始因子 eIF4E が mRNA の cap 構造に結合すること競合し、最終的に TOP mRNA の翻訳を抑える機能をもつ。通常の細胞増殖時には LARP1 は mTORC1 と呼ばれるキナーゼ複合体によってリン酸化を受け、不活性化し、TOP mRNA に結合できない状態にある。結果 TOP mRNA は活発に翻訳することができる。逆に、栄養飢餓などによって mTORC1 が不活性化すると、LARP1 のリン酸化が生じず脱リン酸化が促進されるので、LARP1 は活性化し、TOP mRNA は翻訳の抑制をうけるようになる。

以上の知見から、eIF4A1 は LARP1 の翻訳抑制能に影響を与えているのではないかと、という仮説を考えた。そこで、mTORC1 不活性化時の LARP1 による TOP mRNA の翻訳抑制をリボソームプロファイリング法で計測した。PP242 と呼ばれる mTORC1 阻害剤によって処理をすると、TOP mRNA の翻訳が大きく抑制される。この実験を eIF4A1 ノックアウト細胞および eIF4A2 ノックアウト細胞を使って同様に行った。すると、eIF4A1 ノックアウト細胞では TOP mRNA の翻訳抑制が減弱した (図 5A)。また、このような結果は TOP motif を持つ reporter でも再現することができる (図 5B)。mTORC1 を不活性化すると最終的に細胞増殖の抑制が生じるが、eIF4A1 ノックアウト細胞では PP242 による細胞増殖抑制が減弱されることも示された (図 5C)。

どのようなメカニズムで eIF4A1 が LARP1 の機能を促進しているのでしょうか？ LARP1 の機能は TOP 配列に単純に結合する

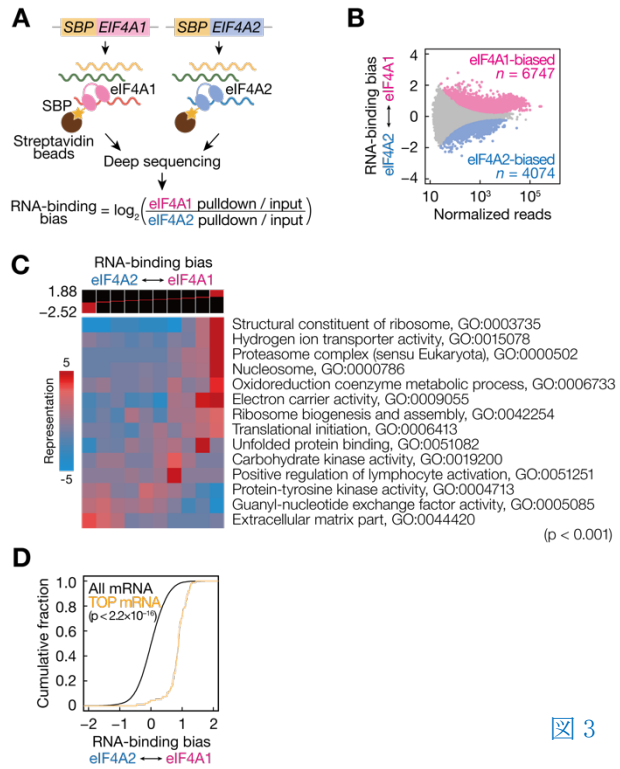


図 3

Figure 3 details: Panel A shows the workflow from immunoprecipitation to deep sequencing. Panel B's scatter plot has y-axis 'RNA-binding bias eIF4A2 → eIF4A1' and x-axis 'Normalized reads' on a log scale. Panel C lists GO terms such as 'Structural constituent of ribosome', 'Hydrogen ion transporter activity', 'Proteasome complex (sensu Eukaryota)', 'Nucleosome', 'Oxidoreduction coenzyme metabolic process', 'Electron carrier activity', 'Ribosome biogenesis and assembly', 'Translational initiation', 'Unfolded protein binding', 'Carbohydrate kinase activity', 'Positive regulation of lymphocyte activation', 'Protein-tyrosine kinase activity', 'Guanyl-nucleotide exchange factor activity', and 'Extracellular matrix part'. Panel D's plot shows 'Cumulative fraction' vs 'RNA-binding bias eIF4A2 → eIF4A1'.

図 4

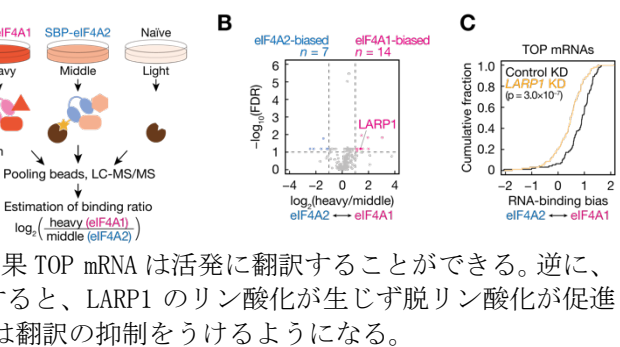


図 5

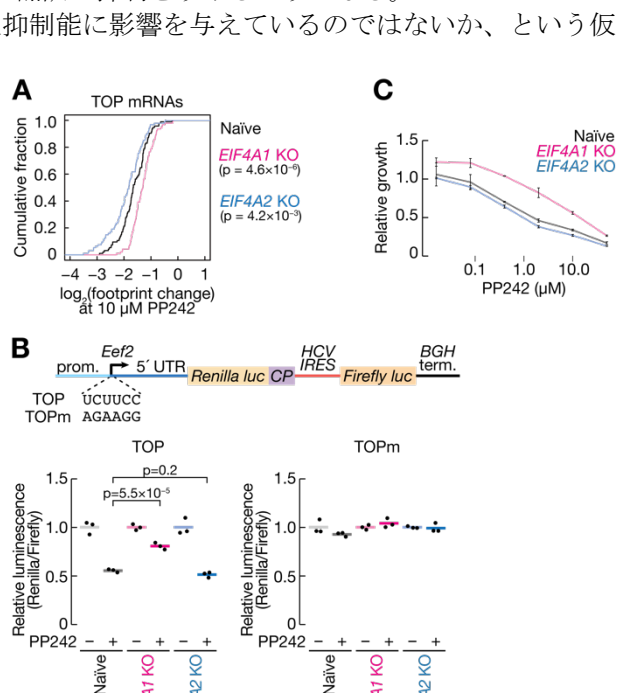


図 5

ことであるので、eIF4A1 が LARP1 に結合することで、LARP1-TOP 配列間の結合を促進しているのではないかと仮説を立てた。そこでこの説を検証するために、LARP1 と eIF4A1、eIF4A2 それぞれのリコンビナントタンパク質を準備し、放射性標識した TOP mRNA との UV 架橋実験を行った。その結果、LARP1 と TOP mRNA の結合は eIF4A1 がある場合により促進されることが明らかになった (図 6A)。

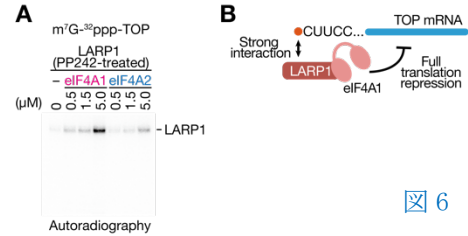


図 6

これまでその高い相同性から eIF4A1 と eIF4A2 には機能的差異がないと信じられてきたが、本研究によって、その機能には大きな違いがあることが明らかになった。また、eIF4A は元来、翻訳を促進する因子であるが、本研究によってその前提とは全く逆の翻訳抑制させる機能があることが示された (図 6B)。特に、栄養飢餓などの特定の細胞状態時、特定の mRNA にその機能が発揮されると想定される。以上のような翻訳活性化因子が機能を逆転させる例は統合ストレス応答の eIF2α でもみられることから、他の翻訳因子についても同様の機能が備わっている可能性があり、学術的な展開が期待される。

なお本研究で行ったリボソームプロファイリングを遂行するにあたって、種々の条件で条件検討する必要があった。その条件検討の一環としてリボソームプロファイリングを使った関連研究の成果を発表した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計16件（うち査読付論文 9件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Tsuboyama Kotaro, Osaki Tatsuya, Matsuura-Suzuki Eriko, Kozuka-Hata Hiroko, Okada Yuki, Oyama Masaaki, Ikeuchi Yoshiho, Iwasaki Shintaro, Tomari Yukihide	4. 巻 18
2. 論文標題 A widespread family of heat-resistant obscure (Hero) proteins protect against protein instability and aggregation	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 PLOS Biology	6. 最初と最後の頁 e3000632
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pbio.3000632	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 Kurihara Yukio, Makita Yuko, Shimohira Haruka, Fujita Tomoya, Iwasaki Shintaro, Matsui Minami	4. 巻 61
2. 論文標題 Translational Landscape of Protein-Coding and Non-Protein-Coding RNAs upon Light Exposure in Arabidopsis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Plant and Cell Physiology	6. 最初と最後の頁 536 ~ 545
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pcp/pcz219	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hia Fabian, Yang Sheng Fan, Shichino Yuichi, Yoshinaga Masanori, Murakawa Yasuhiro, Vandebon Alexis, Fukao Akira, Fujiwara Toshinobu, Landthaler Markus, Natsume Tohru, Adachi Shungo, Iwasaki Shintaro, Takeuchi Osamu	4. 巻 20
2. 論文標題 Codon bias confers stability to human mRNAs	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 EMBO reports	6. 最初と最後の頁 e48220
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.201948220	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Padron Alejandro, Iwasaki Shintaro, Ingolia Nicholas T.	4. 巻 75
2. 論文標題 Proximity RNA Labeling by APEX-Seq Reveals the Organization of Translation Initiation Complexes and Repressive RNA Granules	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Molecular Cell	6. 最初と最後の頁 875 ~ 887.e5
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.molcel.2019.07.030	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Hirayama Hiroto, Matsuda Tsugiyu, Tsuchiya Yae, Oka Ritsuko, Seino Junichi, Huang Chengcheng, Nakajima Kazuki, Noda Yoichi, Shichino Yuichi, Iwasaki Shintaro, Suzuki Tadashi	4. 巻 294
2. 論文標題 Free glycans derived from O-mannosylated glycoproteins suggest the presence of an O-glycoprotein degradation pathway in yeast	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Biological Chemistry	6. 最初と最後の頁 15900 ~ 15911
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1074/jbc.RA119.009491	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Fujita Tomoya, Kurihara Yukio, Iwasaki Shintaro	4. 巻 60
2. 論文標題 The Plant Translatome Surveyed by Ribosome Profiling	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Plant and Cell Physiology	6. 最初と最後の頁 1917 ~ 1926
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pcp/pcz059	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mito Mari, Kadota Mitsutaka, Nakagawa Shinichi, Iwasaki Shintaro	4. 巻 143
2. 論文標題 TChIP-Seq: Cell-Type-Specific Epigenome Profiling	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Visualized Experiments	6. 最初と最後の頁 e58298
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3791/58298	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Iwasaki Shintaro, Iwasaki Wakana, Takahashi Mari, Sakamoto Ayako, Watanabe Chiduru, Shichino Yuichi, Floor Stephen N., Fujiwara Koichi, Mito Mari, Dodo Kosuke, Sodeoka Mikiko, Imataka Hiroaki, Honma Teruki, Fukuzawa Kaori, Ito Takuhiro, Ingolia Nicholas T.	4. 巻 73
2. 論文標題 The Translation Inhibitor Rocaglamide Targets a Bimolecular Cavity between eIF4A and Polypurine RNA	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Molecular Cell	6. 最初と最後の頁 738 ~ 748.e9
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.molcel.2018.11.026	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Akichika Shinichiro, Hirano Seiichi, Shichino Yuichi, Suzuki Takeo, Nishimasu Hiroshi, Ishitani Ryuichiro, Sugita Ai, Hirose Yutaka, Iwasaki Shintaro, Nureki Osamu, Suzuki Tsutomu	4. 巻 363
2. 論文標題 Cap-specific terminal N6-methylation of RNA by an RNA polymerase II-associated methyltransferase	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Science	6. 最初と最後の頁 eaav0080
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/science.aav0080	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Iwasaki Shintaro, Ingolia Nicholas T.	4. 巻 42
2. 論文標題 The Growing Toolbox for Protein Synthesis Studies	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Trends in Biochemical Sciences	6. 最初と最後の頁 612 ~ 624
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.tibs.2017.05.004	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Matsuo Yoshitaka, Ikeuchi Ken, Saeki Yasushi, Iwasaki Shintaro, Schmidt Christian, Udagawa Tsuyoshi, Sato Fumiya, Tsuchiya Hikaru, Becker Thomas, Tanaka Keiji, Ingolia Nicholas T., Beckmann Roland, Inada Toshifumi	4. 巻 8
2. 論文標題 Ubiquitination of stalled ribosome triggers ribosome-associated quality control	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-017-00188-1	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Naruse Ken, Matsuura-Suzuki Eriko, Watanabe Mariko, Iwasaki Shintaro, Tomari Yukihide	4. 巻 24
2. 論文標題 In vitro reconstitution of chaperone-mediated human RISC assembly	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 RNA	6. 最初と最後の頁 6 ~ 11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1261/rna.063891.117	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Iwasaki Shintaro, Tomari Yukihide	4. 巻 -
2. 論文標題 Reconstitution of RNA Interference Machinery	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Methods Mol Biol.	6. 最初と最後の頁 131 ~ 143
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-1-4939-7339-2_9	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mito Mari, Kadota Mitsutaka, Tanaka Kaori, Furuta Yasuhide, Abe Kuniya, Iwasaki Shintaro, Nakagawa Shinichi	4. 巻 8
2. 論文標題 Cell Type-Specific Survey of Epigenetic Modifications by Tandem Chromatin Immunoprecipitation Sequencing	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-018-19494-9	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kurihara Yukio, Makita Yuko, Kawashima Mika, Fujita Tomoya, Iwasaki Shintaro, Matsui Minami	4. 巻 115
2. 論文標題 Transcripts from downstream alternative transcription start sites evade uORF-mediated inhibition of gene expression in Arabidopsis	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 7831 ~ 7836
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.1804971115	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Komatsu Taiwa, Yokoi Saori, Fujii Koichi, Mito Mari, Kimura Yusuke, Iwasaki Shintaro, Nakagawa Shinichi	4. 巻 24
2. 論文標題 UPA-seq: prediction of functional lncRNAs using differential sensitivity to UV crosslinking	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 RNA	6. 最初と最後の頁 1785 ~ 1802
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1261/rna.067611.118	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計13件（うち招待講演 10件 / うち国際学会 12件）

1. 発表者名 岩崎信太郎
2. 発表標題 Genome-wide survey of ribosome collision
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岩崎信太郎
2. 発表標題 Translational buffering upon splicing inhibition
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎信太郎
2. 発表標題 Ribosome conformational dynamics surveyed by ribosome profiling
3. 学会等名 2nd JAJ (Joint Australia-Japan/Japan-Australia Joint) RNA Meeting（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎信太郎
2. 発表標題 A translation inhibitor targets a bimolecular cavity between eIF4A and polypurine RNA
3. 学会等名 International Symposium on “Proteins; from the Cradle to the Grave” 2018年8月26日（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎信太郎
2. 発表標題 Structure and resistance of an mRNA-selective natural translation inhibitor from Aglaia plant
3. 学会等名 第59回日本植物生理学会年会（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Translational buffering upon splicing inhibition
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Ribosome conformational dynamics surveyed by ribosome profiling
3. 学会等名 2nd JAJ (Joint Australia-Japan/Japan-Australia Joint) RNA Meeting（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 A translation inhibitor targets a bimolecular cavity between eIF4A and polypurine RNA
3. 学会等名 International Symposium on “Proteins; from the Cradle to the Grave” 2018年8月26日（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Structure and resistance of an mRNA-selective natural translation inhibitor from Aglaia plant
3. 学会等名 第59回日本植物生理学会年会（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Mechanism of self-resistance to natural translation inhibitor in Aglaia
3. 学会等名 Consortium of Biological Sciences 2017（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Genomic and structural basis of self-resistance to natural translation inhibitor in Aglaia
3. 学会等名 Cutting Edge Developments in RNA Biology for the Control of Gene Expression（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 mRNA選択的翻訳阻害剤Rocaglamide Aの分子機構
3. 学会等名 第11回 日本ゲノム微生物学会 若手の会（招待講演）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 岩崎 信太郎
2. 発表標題 Co-evolution of translation initiation factor 4A and its natural inhibitor rocaglates in Aglaia
3. 学会等名 DFG-Forschergruppe 1805 Summer School 2017 on “Dynamics of translation” (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 木村悠介, 岩崎信太郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 3
3. 書名 実験医学2019年11月号 リボソームプロファイリングによる網羅的翻訳解析の最前線	

1. 著者名 七野 悠一、岩崎信太郎	4. 発行年 2017年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 6
3. 書名 実験医学 2017年7月号 35号 : 11 ページ : 1868-1873 (2017)	

〔出願〕 計1件

産業財産権の名称 非リボソームRNA含有試料の製造方法	発明者 Mari Mito, Shintaro Iwasaki	権利者 同左
産業財産権の種類、番号 特許、2019-211933	出願年 2019年	国内・外国の別 国内

〔取得〕 計0件

〔その他〕

光受容によるタンパク質の翻訳変化を解明 - 遺伝子の発現量調節への応用に期待 -
https://www.riken.jp/press/2020/20200316_1/index.html
 新しい糖鎖代謝機構の発見 - 未知の糖鎖分解酵素の同定への一歩 -
https://www.riken.jp/press/2019/20190711_1/
 植物由来抗がん剤の仕組み - 標的タンパク質にRNA配列特異性を与える小分子化合物 -
https://www.riken.jp/press/2018/20181228_1/
 メチルは端だが役に立つ? - mRNAのキャップ構造におけるm6A修飾酵素の同定 -
https://www.riken.jp/press/2018/20181127_1/

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
--	---------------------------	-----------------------	----

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		
米国	University of California, Berkeley		