

令和 4 年 6 月 14 日現在

機関番号：12401

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2021

課題番号：18K05407

研究課題名(和文)シアノバクテリアにおける新規で必須の分子シャペロン系の解明

研究課題名(英文) Novel and essential molecular chaperone systems in cyanobacteria

研究代表者

仲本 準 (Nakamoto, Hitoshi)

埼玉大学・理工学研究科・教授

研究者番号：30192678

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,500,000円

研究成果の概要(和文)：大腸菌とは異なり、*Synechococcus elongatus* PCC7942株を含むシアノバクテリアには、分子シャペロンGroELとClpBが複数種存在する。また、大腸菌と同様に3種類のDnaKが存在するが、大腸菌とは異なりシアノバクテリアの2種類は必須である。本研究の成果は、新規な必須DnaKシャペロン系を生化学的に確立し、これと必須ClpBの協調的シャペロン作用を明らかにしたことである。

研究成果の学術的意義や社会的意義

DnaKやClpBなどの分子シャペロン(系)の研究は、主に大腸菌の(非必須)分子シャペロンやコシャペロンに関して行われてきた。本研究では、大腸菌のホモログとは生理的機能や生化学的特性が異なる(今までに研究対象とはならなかった)ホモログ(パラログ)を解析することで独自性・新規性の高い研究を行うことができた。これらの成果は、高等植物などの独立栄養生物の分子シャペロン研究に資するものと考えられる。

研究成果の概要(英文)：In contrast to *E. coli*, cyanobacteria including *Synechococcus elongatus* PCC7942 contain multiple homologs (paralogs) of groEL and clpB. One of the clpB genes (clpB2) is the only example of clpB/hsp104 which is essential. *E. coli* has multiple dnaK genes which are not essential whereas some dnaK genes in the family are essential in cyanobacteria. DnaK functions as a central hub in the cellular molecular chaperone network. It cooperates with other molecular chaperones such as ClpB. In the present study, I focused upon unique chaperone paralogs and essential dnaK and clpB genes in *S. elongatus* PCC7942. As far as I know, there is no study on essential DnaK and ClpB. We established chaperone systems which consist of essential DnaK2, DnaJ1/DnaJ2, and ClpB2.

研究分野：生化学

キーワード：分子シャペロン 熱ショックタンパク質 シャペロンネットワーク シアノバクテリア ClpB DnaK GroEL DnaJ

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

分子シャペロンは、タンパク質の変性や(変性タンパク質が集合して形成される)凝集を抑制し、それが機能をもつ構造を形成するように助ける。機能的構造形成が不可能な場合には、その分解にも介在する。このように、分子シャペロンは細胞のタンパク質の恒常性の維持・管理に深く関与する。分子シャペロンは、低分子量 Hsp、Hsp60 (GroEL、以下()内に大腸菌やシアノバクテリアのメンバーの名称を記す) Hsp70 (DnaK)、Hsp90 (HtpG)、Hsp104 (ClpB) などのファミリーに分類される。これらの代表的分子シャペロンのどれについても、モデル従属栄養生物である大腸菌や酵母のメンバーに関する詳細な生化学的、分子生物学的、分子遺伝学的な解析が行われてきた。

独立栄養生物のシアノバクテリアのゲノムには、大腸菌とは異なり、複数種の *groEL* 遺伝子が存在する。我々は、これらの遺伝子発現調節、細胞機能(必須性等)や生化学的性質(構造や機能等)が異なることを明らかにしてきた。シアノバクテリアの複数の *groEL* 遺伝子は、遺伝子重複により生じたパラログであると報告されている。研究代表者は、遺伝子重複により増えた遺伝子の片方 (*groEL1*) がもともと担っていた機能を維持する一方で、もう片方の遺伝子 (*groEL2*) は、ストレス耐性等に必要とされる新規機能を獲得し、シアノバクテリアの環境適応や進化において重要な役割を果たしてきたという仮説を提唱した(Nakamoto & Kojima 2017, Nakamoto 2021)。

シアノバクテリアゲノムには ClpB をコードする遺伝子も複数種存在する(大腸菌には一種類しか存在しない)。Adrian K. Clarke らにより、*Synechococcus elongatus* PCC7942 株の ClpB1 は、大腸菌 ClpB と同様に、必須ではないが熱耐性の獲得に必要とされるのに対して、ClpB2 は必須であり、熱耐性には関与しないことが明らかにされた(Eriksson et al. 2001)。なお、酵母 Hsp104 も必須タンパク質ではなく、必須とされる ClpB の報告は ClpB2 以外にない。我々は 2 種類の ClpB の比較生化学的解析を行い、ClpB1 の構造や機能が大腸菌 ClpB や Hsp104 のそれらと類似しているが、ClpB2 は全く異なっていることを明らかにした(未発表)。これらの結果に基づき、*groEL* と同じように、遺伝子重複により生じた片方の遺伝子 (*clpB2*) に新規機能(増殖・生存に必須の機能)獲得が起こったのではないかと考えた。

上述のように、我々は、シアノバクテリアの GroEL と ClpB に関する生化学的解析を他に先駆けて行ってきたが、パラログ(ホモログ)間に一次構造上の高い相同性が見られるにもかかわらず、それらの高次構造や機能が顕著に異なることを見出し、生化学的解析の重要性を痛感した。これが、本研究において生化学的解析を重視した理由である。

本研究では、上記の分子シャペロンに加えて、DnaK とそのコシャペロン(補助因子)である DnaJ (Hsp40) に焦点を合わせた。DnaK (Hsp70) は、GroEL (Hsp60) とともに生物に普遍的に存在する、起源の古い分子シャペロンである。DnaK/DnaJ/GrpE シャペロン系は細胞におけるシャペロンネットワークのハブとして重要なはたらきをする。GroEL や ClpB、さらに我々が明らかにしたように HtpG も、DnaK/DnaJ/GrpE シャペロン系と協調的に作用するのである。シアノバクテリアは大腸菌と同様に 3 種類の DnaK ホモログ(パラログ)が存在するが、大腸菌ではすべてが必須ではないのに、2 種類が必須である(Nimura et al. 2001)。これらを考慮して、シアノバクテリアの「独立栄養的」進化の過程における選択圧が、新規機能を有する(*groEL* や *clpB* などの)パラログの誕生を促すとともに、DnaK の必須化を導いたのではないかと考えた。新規機能を獲得したパラログや必須機能を獲得した分子シャペロンの生化学的解析によって、シアノバクテリアの独立栄養的進化のなぞの解明につながるのではないかと考えた。

2. 研究の目的

上記の背景に基づき「シアノバクテリアの独立栄養的進化の過程で、複数種の分子シャペロン

のパラログが共進化して必須の新規機能を獲得し、大腸菌とは異なるシャペロン系を形成した」という作業仮説をたて、必須のパラログによって構成される分子シャペロン系と、その作用を解明することを目的とした。具体的には、ClpB と DnaK 及び (DnaK のコシャペロンである) J タンパク質が構成する必須シャペロン系を生化学的に解析した。

3. 研究の方法

本研究では、ゲノムサイズが小さく、ゲノムの全塩基配列が決定され、形質転換が容易であるシアノバクテリア *Synechococcus elongatus* PCC7942 株を用いた。PCC7942 株には、*clpB* は 2 種類、*dnaK* は 3 種類の遺伝子が存在する。DnaK (Hsp70) は、コシャペロンと呼ばれる DnaJ (Hsp40) と相互作用しないとタンパク質の折りたたみを介助できない。DnaJ (Hsp40) は、HPD モチーフを有する J ドメインを介して、DnaK (Hsp70) と相互作用する。PCC7942 株のゲノムには、J ドメインを有するタンパク質 (JDP) をコードする遺伝子が、10 個存在した (未発表)。他の生物種と同様に、JDP は、タイプ I、タイプ II 及びタイプ III の三つに分類された。なお、GrpE は 1 種のみ存在した。本研究では、2 種類の ClpB、3 種類の DnaK、(上記 10 種類のうち) 5 種類の JDP を用いて、生化学的解析を行った。

PCC7942 株の ClpB1、ClpB2、DnaK1、DnaK2、DnaK3、DnaJ1 (タイプ I)、DnaJ2 (2 種類のタイプ II の JDP の一つ)、DnaJ3 (7 種類のタイプ III のうち、DnaJ3A、DnaJ3B 及び DnaJ3C の 3 種)、GrpE を大量発現する大腸菌株を構築した。各タンパク質はポリヒスチジンタグを融合したもので、Ni を結合したアフィニティー担体 (Sepharose 6 Fast Flow) を用いて、高度に精製した。

変性タンパク質の再折りたたみ反応は、次のようにして解析した。即ち、熱変性失活したグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ、あるいは尿素で変性させた乳酸デヒドロゲナーゼを基質として、これに DnaK、JDP、GrpE を加えて、ATP に依存した再活性化 (折りたたみ) を測定した。

変性タンパク質凝集体の可溶化 (脱凝集) 反応においては、リンゴ酸デヒドロゲナーゼを熱処理し完全に不溶化させ、これに DnaK、JDP、GrpE 及び ClpB を加えて、ATP に依存した再活性化を測定した。

4. 研究成果

(1) DnaK ホモログの生化学的解析

我々は、DnaK2 が DnaJ2 (タイプ II) をコシャペロンとしてシャペロン系を形成することを既に明らかにした (Nakamoto et al. 2014)。DnaK2 と DnaJ2 は必須タンパク質である。熱変性あるいは尿素変性したタンパク質基質 (酵素) に、DnaK2、DnaJ2、GrpE (ヌクレオチド交換因子で、DnaK のコシャペロンとして、シャペロン活性を増大させる) を加えると、ATP に完全に依存して基質は折りたたみ、再活性化する。この DnaK2、DnaJ2、GrpE 系において、DnaK2 のみを DnaK3 に替えて変性タンパク質の折りたたみ反応の検出を試みたが不可能であった。DnaK3 の不安定性が原因の一つではないかと考えて、DnaK1 や DnaK2 には無くても DnaK3 のみが有する C 末端疎水性アミノ酸配列を除去した DnaK3 Δ C を発現するコンストラクトを作製した。さらに、DnaK1 を発現するコンストラクトも作製し、DnaK3 Δ C や DnaK1 を大腸菌で大量発現させ精製した。DnaK2 とは異なり、DnaK1、DnaK3 及び DnaK3 Δ C には、変性タンパク質の再折りたたみ反応を促進する活性は全く検出されなかった。

(2) JDP の生化学的解析

上に述べたように、*S. elongatus* のゲノムには、JDP をコードする遺伝子が、10 種類存在した。一方、大腸菌には JDP が 6 種類存在する。大腸菌のゲノムサイズは 4.6Mb であるのに対して、*S. elongatus* のそれは 2.7Mb であることを考えると、*S. elongatus* の JDP は大腸菌よりもはるかに

多様化していると言える。JDP の多様化が(独立栄養的進化に関係する)新規な分子シャペロン系の出現に関係したのではないかと考えて、10 種の内、5 種の JDP の各々について、コシャペロン活性を解析した。

まず、DnaK2、GrpE、各 JDP 存在下における、ATP 依存的な変性タンパク質の折りたたみ反応を解析した。その結果、DnaJ2 以外では、DnaJ1 (I 型) が、DnaK2 のコシャペロンとしてはたらくことを見出した。驚くべきことに、タイプ III に属する DnaJ3A、DnaJ3B 及び DnaJ3C のどれが存在しても、DnaK2 の折りたたみ活性は発現しなかった。これは、J ドメインだけではなく、それ以外の領域も DnaK2 のシャペロン作用に必須であることを示唆するものである。

上述したように、DnaJ2 共存下で、DnaK1 や DnaK3 (及び DnaK3ΔC) の折りたたみ反応は検出されなかった。そこで、これらの DnaK が、DnaJ2 以外の JDP と共同で、変性タンパク質の折りたたみ反応を ATP 依存的に促進するのかを調べた。DnaK1 と DnaK3 は、どの JDP の存在下でも、変性タンパク質の折りたたみを促進することはなかった。本研究の結果は、大腸菌 DnaK と最も高い相同性を示す DnaK2 のみが、大腸菌や酵母等で明らかにされてきたシャペロン活性をもつことを示唆した。DnaK1 と DnaK3 には、大腸菌や酵母等のモデル生物で明らかにされてきた「典型的」なシャペロン作用以外の機能があるのではないかと考えられるが、その解明は今後の課題である。

上記のように、DnaJ2 に加えて DnaJ1 も DnaK2 とシャペロン系を形成した。DnaJ1 はタイプ I の JDP である。大腸菌 DnaK や酵母 Hsp70 もタイプ I 及びタイプ II の JDP とシャペロン系を形成することが報告されている。ただし、大腸菌 DnaJ (タイプ I) や CbpA (タイプ II) とは異なり、DnaJ1 と DnaJ2 は必須タンパク質である。大腸菌や酵母とは異なり、シアノバクテリアでは、タイプ I とタイプ II が相互互換的にはたたらない。DnaK2/DnaJ1 系と DnaK2/DnaJ2 系のそれぞれの基質タンパク質のなかに、特有の必須タンパク質(群)が含まれるのかもしれない。

本研究において、(一定量の DnaK2 と GrpE 存在下で) DnaJ1 の方が DnaJ2 よりもはるかに少量で、同程度の折りたたみ反応速度(収率)が得られることを明らかにした。これは、DnaJ1 と DnaJ2 が機能的に異なることを示すものであるが、DnaJ2 に無く DnaJ1 には存在するシステインが豊富に存在する(zinc finger-like)領域が、この相違に関係するのかもしれない。一方、これらの JDP が(シャペロン作用に必要とされる) DnaK2 の ATPase 活性に及ぼす影響を調べたところ、同程度の ATPase 活性の増大が検出された。従って、DnaJ1 と DnaJ2 存在下における、折りたたみ反応速度(収率)の違いは、ATPase 活性促進効果の違いによるものではない。

大腸菌の DnaJ は変性(非天然構造)タンパク質と相互作用し、その凝集を抑制することが知られているので、シアノバクテリアの 5 種類の JDP の凝集阻止活性を調べた。大腸菌 DnaJ とは異なり、どの JDP も顕著な活性を示さなかった。

(3) ClpB2 のシャペロン機能の解析

大腸菌 ClpB は、DnaK/DnaJ (タイプ I の JDP) /GrpE 共存下で、ATP 依存的に変性タンパク質の凝集体を可溶化する。我々は、S. elongatus PCC7942 株の ClpB1 が、DnaK2/DnaJ2 (タイプ II の JDP) /GrpE 系と共同でタンパク質の凝集体を可溶化することを既に明らかにしていたので、同じ条件・方法を用いて、ClpB2 のシャペロン活性を調べた。ClpB1 とは異なり、ClpB2 には凝集体可溶化(脱凝集)活性は検出されなかった。脱凝集活性を示さない ClpB の報告はない。

上述のように、DnaJ2 に加えて DnaJ1 (タイプ I の JDP) が、DnaK2 のコシャペロンとして、変性タンパク質の折りたたみを促進することを見出した。ClpB1 は、この DnaK2/DnaJ1/GrpE 系とも協調して、変性タンパク質の凝集体を可溶化することを明らかにした。一方、ClpB2 は、DnaK2/DnaJ1/GrpE 系が共存しても、脱凝集活性を示さなかった。さらに、DnaJ1 や DnaJ2 とは

異なるタイプ III に属する DnaJ3A、DnaJ3B、DnaJ3C のどれが存在しても、ClpB1 と ClpB2 の脱凝集作用は全く観察されなかった。

大腸菌 ClpB は、他の代表的分子シャペロンとは異なり、(変性タンパク質の)凝集阻止活性をもたないと報告されている。大腸菌のそれとは異なり、*S. elongatus* PCC7942 株の ClpB1 と ClpB2 には、凝集阻止活性が検出された。酵母 Hsp104 もこの活性をもたないことが知られている。なお、ClpB1 よりも ClpB2 の方がはるかに高い凝集阻止活性を示した。ClpB2 に結合した変性タンパク質は、DnaK2/DnaJ2/GrpE 系が共存すると、再び活性を回復した(再生した)。これは、非天然構造のタンパク質基質が、ClpB2 から DnaK2 システムに受け渡されて折りたたむことを示唆するもので、必須 ClpB2 の新規で重要なシャペロン機能である。

STRING(<http://string-db.org/>)を用いて *in silico* のタンパク質間相互作用解析を行ったところ、ClpB2 は、必須の DnaK3 や DnaJ1 (タイプ I の JDP) と相互作用すると予測された。そこで、DnaK2 を DnaK3 に、DnaJ2 を DnaJ1 に変えてシャペロン系の構築を試みたが、脱凝集や折りたたみ活性は検出されなかった。

(4) pH による分子シャペロン機能の調節

S. elongatus の 2 種類の GroEL、Hsp90 (HtpG) 及び DnaK2 のシャペロン活性(変性タンパク質の凝集阻止活性、変性タンパク質の再折りたたみ、ATPase 活性等)に及ぼす pH の影響を調べた。その結果、pH8.5 における活性の方が、pH7.0 や 7.5 よりも高かった。*S. elongatus* の pH は、暗所下では 7.3、光照射に伴い 8.4 に上昇する。高等植物葉緑体(可溶性画分)の pH も同様にアルカリ側にシフトする。光合成(二酸化炭素固定反応)の最適 pH は ~8.1 であることから、上記の pH 変化が、明・暗に応じた光合成のオン/オフスイッチとしてはたらくと考えられている。光が光合成電子伝達系を駆動し ATP や NADPH を生成(供給)すると、これらを消費して光合成(二酸化炭素固定反応)が起こるが、この供給と消費のバランス等が適正でないとき、活性酸素等によるストレスが生じる。シアノバクテリアの分子シャペロンの活性化は、このようなストレス下での耐性を細胞に付与する上で重要であると考えられる。この pH 変化による迅速なシャペロン機能の調節に加えて、光と光合成電子伝達系を介して分子シャペロンの遺伝子発現が誘導されて、分子シャペロンの量(モル数)も増加することを我々は既に明らかにしている(Asadulghani et al 2003, Kojima & Nakamoto 2007)。以上の研究成果は、シアノバクテリアの分子シャペロン活性や量が、光合成活性と同調して制御され、光合成タンパク質の安定性・機能維持に分子シャペロンが関与することを示すものである。なお、Hsp90 (HtpG) 及び DnaK2 のシャペロン活性に及ぼす pH の影響を調べた論文(Akter & Nakamoto, 2021)は注目されて、その要旨を図示したものが、当該雑誌の表紙を飾った。

<引用文献>

- Nakamoto H, Kojima K. *Physiol Plant*. 161:296-310, 2017.
- Nakamoto H. *Ecophysiology and Biochemistry of Cyanobacteria* ed. R.P. Rastogi, pp. 181-207, Springer, 2021.
- Eriksson MJ et al. *J Bacteriol*. 183:7392-7396, 2001.
- Nimura K et al. *J Bacteriol*. 183:1320-1328, 2001.
- Nakamoto H et al. *J Biol Chem*. 289:6110-6119, 2014.
- Asadulghani, Suzuki Y, Nakamoto H. *Biochem Biophys Res Commun*. 306:872-879, 2003.
- Kojima K, Nakamoto H. *FEBS Lett*. 581:1871-1880, 2007.
- Akter T, Nakamoto H. *J Biochem*. 170:463-471, 2021.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 玉井真悟, 仲本準, 田中元雅	4. 巻 60
2. 論文標題 アミロイドの代謝制御と構造多型	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 生物物理	6. 最初と最後の頁 236-240
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2142/biophys.60.236	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 Masakazu Saito, Satoru Watanabe, Kaori Nimura-Matsune, Hirofumi Yoshikawa, Hitoshi Nakamoto	4. 巻 66
2. 論文標題 Regulation of the groESL1 transcription by the HrcA repressor and a novel transcription factor Orf7.5 in the cyanobacterium <i>Synechococcus elongatus</i> PCC7942	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 J. Gen. Appl. Microbiol.	6. 最初と最後の頁 85-92
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2323/jgam.2020.02.001	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 Rajesh P. Rastogi, Datta Madamwar, Hitoshi Nakamoto, Aran Incharoensakdi	4. 巻 43
2. 論文標題 Resilience and self-regulation processes of microalgae under UV radiation stress	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 J Photochem Photobiol C.	6. 最初と最後の頁 1-30
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jphotochemrev.2019.100322	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 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto	4. 巻 169
2. 論文標題 pH-mediated control of anti-aggregation activities of cyanobacterial and E.coli chaperonin GroELs	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 J. Biochem.	6. 最初と最後の頁 351-361
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jb/mvaa108	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 Hitoshi Nakamoto, Yuhei Yokoyama, Takahiro Suzuki, Yuri Miyamoto, Takashi Fujishiro, Masaaki Morikawa, Yoshihiko Miyata	4. 巻 170
2. 論文標題 A cyclic lipopeptide surfactin is a species-selective Hsp90 inhibitor that suppresses cyanobacterial growth	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 J. Biochem.	6. 最初と最後の頁 255-264
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jb/mvab037	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 仲本準	4. 巻 10
2. 論文標題 分子シャペロンに魅せられて	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 CACS FORUM	6. 最初と最後の頁 6-29
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
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 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto	4. 巻 170
2. 論文標題 pH-regulated chaperone function of cyanobacterial Hsp90 and Hsp70: implications for light/dark regulation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 J. Biochem.	6. 最初と最後の頁 463-471
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jb/mvab061	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 -

〔学会発表〕 計24件 (うち招待講演 7件 / うち国際学会 12件)

1. 発表者名 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 pH-dependent ATPase and chaperone activity of HtpG
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 pH-mediated control of the chaperonin GroEL function
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Diversification and specialization of molecular chaperones in cyanobacteria and adaptation/acclimation of cyanobacteria to abiotic stress
3. 学会等名 International e-Conference on Cyanobacterial and Algal Biotechnology (CAB-2020) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 光島豊、仲本準
2. 発表標題 シアノバクテリアにおける多様なHsp70 (DnaK) シャペロン系に関する生化学的解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Novel molecular chaperones in cyanobacteria: groEL and clpB paralogs
3. 学会等名 10th International Conference 'Photosynthesis and Hydrogen Energy Research for Sustainability-2019 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 佐藤友香, 石川凌, 松岡聡, 仲本準
2. 発表標題 Synechococcus elongatus PCC7942におけるHtpGとDnaJ2のin vivo及びin vitro相互作用解析
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Effect of different pH levels on chaperonin functions of cyanobacterial GroELs
3. 学会等名 第18回微生物研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Tahmina Akter, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 シアノバクテリアSynechococcus elongatus のGroEL1とGroEL2の機能はお互いに異なる
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Molecular evolution and diversification of cyanobacterial molecular chaperones.
3. 学会等名 International Symposium on Biodiversity, Biology & Biotechnology of Algae (ISBBBA-2020) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 仲本準, 平岡海
2. 発表標題 シアノバクテリアのDnaKとClpBの協調的シャペロン作用
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Paralogs in different families of molecular chaperones in the cyanobacterium <i>Synechococcus elongatus</i> : neofunctionalization of chaperone paralogs in photoautotrophic cyanobacteria.
3. 学会等名 Microbial Stress: from Systems to Molecules and Back (Ireland) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Neofunctionalization of chaperone paralogs in photoautotrophic cyanobacteria.
3. 学会等名 FASEB Science Research Conference: Protein Folding in the Cell (USA) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hayato Morita, Nagayuki Omiya, Natsuko Ishikawa, Naoki Tanaka, Hidenori Hayashi, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Solution structural analysis of novel small heat shock protein Orf7.5 from <i>Synechococcus elongatus</i> PCC7942.
3. 学会等名 The XXVIII International Conference on Magnetic Resonance in Biological Systems (Ireland) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 仲本 準, 山口 湧己
2. 発表標題 シアノバクテリアの分子シャペロンパラログの生化学的解析.
3. 学会等名 第70回日本生物工学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Naturally occurring small-molecules which target the molecular chaperone Hsp90.
3. 学会等名 Bioinformatics and systems biology (BIF) seminar, King Mongkut 's University of Technology Thonburi (Thailand) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Hsp90 is involved in degradation of the supramolecular assembly phycobilisome in cyanobacteria.
3. 学会等名 The 9th International Conference of the Hsp90 Chaperone Machine (Switzerland) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Yuka Satoh, Ryo Ishikawa, Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Interaction of DnaJ2 with HtpG in the cyanobacterium Synechococcus elongatus.
3. 学会等名 The 9th International Conference of the Hsp90 Chaperone Machine (Switzerland) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 玉井 真悟, 仲本 準
2. 発表標題 シアノバクテリアのClpB1とClpB2の比較生化学的解析; 高濃度の変性タンパク質存在下ではClpB1による凝集塊可溶化が顕在化する.
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Natural small molecules which target the molecular chaperone Hsp90.
3. 学会等名 The 2nd International Conference on Applied Microbiology (Taiwan) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Paralogs of molecular chaperones in photoautotrophic cyanobacteria: their non-classical structures and functions.
3. 学会等名 Seminar of Institut de Microbiologie de la Mediterranee (IMM), CNRS (France) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hitoshi Nakamoto
2. 発表標題 Paralogs of cyanobacterial molecular chaperones, A new paradigm in chaperone studies.
3. 学会等名 International Conference on Revealing a New Paradigm of Biology in the 21st Century: A Cellular and Molecular Approach. (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 仲本準, アクター・ターミナ
2. 発表標題 pHに依存した分子シャペロンHsp60 (GroEL)、Hsp70 (DnaK) 及びHsp90の機能調節 -光合成と分子シャペロンの同調的活性制御-
3. 学会等名 第94回日本生化学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 仲本準
2. 発表標題 シアノバクテリアの主要分子シャペロンHsp70の補助因子であるJタンパク質ホモログ間の機能分化
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 仲本準
2. 発表標題 シアノバクテリアの分子シャペロンパラログの新規機能獲得
3. 学会等名 日本農芸化学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計3件

1. 著者名 仲本準	4. 発行年 2019年
2. 出版社 コロナ社	5. 総ページ数 204
3. 書名 分子シャペロン-タンパク質に生涯寄り添い介助するタンパク質-	

1. 著者名 Hitoshi Nakamoto, Tahmina Akter	4. 発行年 2019年
2. 出版社 CRC Press	5. 総ページ数 974
3. 書名 Handbook of Plant and Crop Stress, Fourth Edition	

1. 著者名 Hitoshi Nakamoto	4. 発行年 2021年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 494
3. 書名 Ecophysiology and Biochemistry of Cyanobacteria	

〔産業財産権〕

〔その他〕

仲本研 http://park.saitama-u.ac.jp/~nakamoto/ 埼玉大学大学院理工学研究科分子生物学コース http://www.molbiol.saitama-u.ac.jp/group.html
--

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