

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 4 月 11 日現在

機関番号：34304

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2013～2015

課題番号：25291006

研究課題名(和文) タンパク質局在化をモニターする翻訳途上鎖の分子機構

研究課題名(英文) Studies of nascent chains that monitors protein localization machineries

研究代表者

千葉 志信 (CHIBA, Shinobu)

京都産業大学・総合生命科学部・准教授

研究者番号：20523517

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 7,500,000円

研究成果の概要(和文)：本研究課題では、枯草菌MifMや大腸菌SecMといった、翻訳の途上でリボソームに働きかけ、自身の合成を途中で一時停止(アレスト)することで、翻訳途上鎖の状態では生理機能を発揮する因子の分子機構の解明を目的とした。遺伝学・生化学・構造生物学的な手法を用い、MifMの翻訳アレストに重要な役割を果たす相互作用を詳細に解析したところ、リボソームのトンネル成分や活性中心付近の特定の残基とMifMとの相互作用が見出された。MifMの翻訳アレスト解除の分子機構を理解するために、翻訳アレスト解除に必要なタンパク質膜組込装置YidCの機能解析を行ったところ、YidCの機能に重要な領域や性質も幾つか見出された。

研究成果の概要(英文)：To understand the molecular mechanisms of how regulatory arrest peptides, such as *Bacillus subtilis* MifM or *Escherichia coli* SecM could regulate their own translation elongation, we studied interactions between nascent polypeptides and the ribosomes. Our genetic, biochemical or structural studies revealed several detail features of interactions between nascent chain and the ribosome in the exit tunnel as well as near the active center of the ribosome. We also studied YidC, a membrane protein insertase that is required for releasing elongation arrest of MifM, and found several biochemical properties of the YidC that are important for its functions.

研究分野：分子生物学

キーワード：翻訳アレスト 翻訳途上鎖 タンパク質局在化

### 1. 研究開始当初の背景

タンパク質は、一般的に、リボソームで成長が合成された後、しかるべき場所に輸送され、また、正しい立体構造を形成した後に活性を発揮する。ところが、我々は以前、翻訳の途上で自身の合成を一時停止（アレスト）することで、翻訳途上の状態で機能する因子 MifM を、枯草菌から見出した。また、連携研究者の伊藤らは、大腸菌細胞で、翻訳アレストを引き起こすことで機能する因子 SecM を見出していた。これらの因子は、アミノ酸配列に類似性は見られなかったが、C 末端付近にある特定のアミノ酸配列を介して自身を合成しているリボソームのペプチド鎖出口トンネル成分と相互作用することで翻訳アレストを引き起こすこと、また、N 末端にある特定の局在化シグナル（MifM は YidC 依存的な膜組込シグナル、SecM は、SecYEGA 依存的な膜透過シグナル）を介して膜透過や膜組込されることで、翻訳伸長を再開する（アレストが解除される）という共通の特徴を有することが分かっていた。しかしながら、翻訳アレストやその解除の詳細な分子機構は未解明のままであった。

### 2. 研究の目的

このような背景を受け、我々は、主に、枯草菌 MifM と大腸菌 SecM という 2 つの「翻訳アレスト因子」を中心に、以下に示す問題に焦点を絞り、翻訳途上鎖の機能や作用メカニズムを分子レベルで理解する事を目指した。

#### (1) 翻訳アレスト因子が翻訳を停止させるメカニズムの解明

翻訳アレストは、翻訳途上のアレスト因子とリボソームとの相互作用によって引き起こされる。この翻訳途上鎖-リボソーム相互作用の詳細を明らかにすることで、翻訳アレストの分子機構の解明を目指す。

#### (2) タンパク質膜透過・膜組込装置による翻訳アレスト解除の分子機構の解明

翻訳アレスト解除に必要な分子内領域の同定と、アレスト解除に必要な蛋白質局在化マシーナリーとの相互作用を明らかにすることで、翻訳アレスト解除機構を理解する。

### 3. 研究の方法

(1) 枯草菌や大腸菌を用いた変異解析を行うことで、アレスト因子自身や、アレスト解除に関わる蛋白質局在化装置の重要なエレメントを同定する。

(2) *in vitro* での精製再構成翻訳系と、toeprinting 法や中性ゲル電気泳動法、Western blotting、Northern blotting、パルスラベルなどを組み合わせた翻訳途上鎖の生化学的解析

(3) 超低温（クライオ）電子顕微鏡を用いた翻訳途上鎖-リボソーム複合体の構造解析（共同研究）

### 4. 研究成果

#### (1) 翻訳アレストの種特異性に関わるリボソーム成分の同定

枯草菌 MifM を大腸菌のリボソームで翻訳すると、枯草菌リボソームで翻訳させた場合に比べて、翻訳アレストの効率が著しく低下することを以前我々は見出していた（文献）。このことから、MifM の翻訳アレストには、リボソームとの種特異的な相互作用が関与していることが推定されていた。今回、遺伝学的な解析から、リボソーム大サブユニットの L22 の 90 番目の残基のアミノ酸の種類が、種特異的な相互作用を支える要因の 1 つであることが明らかとなった（文献）。

#### (2) MifM-リボソーム間相互作用の構造解析

ドイツ・ミュンヘン大学の Daniel Wilson 博士との共同研究により、MifM-リボソーム複合体の構造解析を行った。その結果、MifM とリボソームトンネルとの複数の相互作用が観察され、また、リボソームの活性中心付近では、MifM の特定の残基がリボソームの活性に重要な残基の構造変化を阻害することでリボソームの活性を阻害していることを示唆する結果が得られた（文献）。この結果は、MifM の翻訳アレスト機構を理解する上で重要な知見である。

#### (3) MifM の翻訳アレストの解除に必要な YidC によるタンパク質膜組込機構の解明

東大・濡木理教授、奈良先端大・塚崎智也准教授らとの共同研究により、*Bacillus halodurans* YidC2 の X 線結晶構造と、機能に重要と思われる YidC の性質がいくつか明らかとなった。構造解析から、YidC は、膜貫通領域で脂質二重層内に親水性残基に富んだ溝を形成していることが明らかとなった（文献）。また、枯草菌 YidC ホモログを材料にした生化学的解析からは、この溝が、実際に、生細胞中で親水的な環境を形成していることが示唆された（文献）。枯草菌を用いた遺伝学的解析からは、この溝の正電荷、および、親水性が、MifM の膜組込ならびに翻訳アレスト解除に重要な役割を果たしていることが示唆された（文献）。この一連の研究結果は、YidC が、これまで提唱されていたモデルとは異なり、タンパク質透過孔（チャンネル）に依存しないユニークなタンパク質膜挿入装置であることを示しているとともに、YidC は、チャンネルを使わずにどのようにしてタンパク質膜組込を行っているのかという新たな重要問題の提起へと繋がった。我々は、YidC の溝の親水性が、タンパク質膜挿入に伴うエネルギー的な障壁を低減させることに寄与することを提唱し（文献）、また、溝の正電荷が、基質の負電荷を

引っ張ることで膜挿入を駆動していることを提唱した(文献 )。MifM の膜挿入やそれに伴う翻訳アレスト解除には、MifM の膜貫通領域付近の負電荷が重要な役割を果たすことも同時に見出した(文献 )。

(4) MifM は、枯草菌の2つの YidC ホモログの両方を監視する。

枯草菌の2つの YidC ホモログである SpoIIJ と YidC2 のうち、SpoIIJ は恒常的に発現し、YidC2 は SpoIIJ の機能低下に呼応して発現が誘導される。この YidC2 のフィードバック発現制御は MifM の翻訳アレストと、MifM の SpoIIJ 依存的な膜挿入に伴うアレスト解除に依存している。もし仮に、YidC2 が MifM を膜挿入し、その結果 MifM の翻訳アレストが解除されるようであれば、MifM は、SpoIIJ だけでなく、YidC2 自身の活性をモニタリングしつつ、YidC2 の細胞内量をコントロール(自己フィードバック)していることになる。今回、遺伝学的な解析から、YidC2 が、MifM の翻訳アレストを介して自身の発現量を自己フィードバックしていることを示唆する結果が得られた(文献 )。すなわち、MifM は、枯草菌の2つの YidC ホモログによるトータルの膜組込活性を監視し、YidC2 の発現量を適切に調節していることが示唆された。MifM の翻訳アレスト解除の観点からは、SpoIIJ と YidC のどちらも MifM の翻訳アレストを解除する能力を持つことが明らかとなった。

(5) SecM の翻訳アレストの効率的な解除に必要な新規エレメントの同定

大腸菌 SecM は、C 末端の翻訳アレストエレメントと N 末端の膜透過シグナルからなる。今回、その両者の間に挟まれた特定の領域が、翻訳アレストの効率的な解除に必要なことが、大腸菌を用いた変異解析ならびに、*in vivo* の翻訳系を用いた解析から示唆された(文献 )。

(6) 新規翻訳アレスト因子 VemP の分子機構の解明

京大ウイルス研究所の森博幸准教授らは、海洋性ビブリオから、新規翻訳アレスト因子 VemP を同定した。VemP は、ビブリオ菌のタンパク質膜透過装置のリモデリングを媒介することで、ビブリオ菌が変動する塩濃度に適応することを助ける。その分子機構の解析から、森らは、VemP が、翻訳アレストを介した機構で膜透過装置のリモデリングを行っていることを明らかにした。我々は、*in vitro* の翻訳系と toeprinting、Northern blotting などを組み合わせた解析を行い、森らの結果と併せて、VemP が、リボソームのペプチジル転移活性を阻害することで翻訳アレストを引き起こしていることを示す結果を得た(文献 )。

(7) 大腸菌プロテオームの網羅的翻訳伸長プロファイリング解析

東工大・田口英樹教授らとの共同研究で、大腸菌遺伝子のおよそ 1/4 に相当する約 1,000 遺伝子の *in vivo* および *in vitro* における翻訳伸長のプロファイリング解析 (*in vivo/in vitro* integrated nascent chain profiling: iNP)を行った。その結果、解析を行った遺伝子群のうち、8割以上のものが、少なくとも1回、翻訳伸長をポーズさせることが明らかとなった。すなわち、一般的なタンパク質合成においても、翻訳伸長が一定速度で進行することはむしろまれであり、多くの場合、翻訳伸長速度の緩急を伴ってタンパク質合成が進行することが明らかとなった(文献 )。この網羅的な解析は、これまで見過ごされてきた翻訳伸長の真の姿を垣間見せることとなり、また、この翻訳伸長の緩急が、タンパク質の生合成にどのようなインパクトを与えるのかという新たな問題を投げかけた。

<引用文献>

Chiba et al., (2011) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 108, 6073-6078.

Sohmen et al., (2015) Nat. Commun. 6, 6941.

Kumazaki et al., (2014) Nature, 509, 516-520.

Shimokawa-Chiba et al., (2015) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 112, 5063-5068.

Chiba et al., (2015) J Bacteriol. 197, 99-107.

Nakamori et al., (2014) FEBS Lett. 588, 3098-3103.

Ishii et al., (2015) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 112, E5513-E5522.

Chadani et al., (2016) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 113, E829-E838.

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 8 件)

Chadani, Y., Niwa, T., Chiba, S., Taguchi, H. and Ito K. (2016) Integrated *in vivo* and *in vitro* nascent chain profiling reveals widespread translational pausing. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 113, E829-E838. doi: 10.1073/pnas.1520560113 (査読有)

Ishii, E., Chiba, S., Hashimoto, N., Kojima, S., Homma, M., Ito K., Akiyama, Y. and Mori, H. (2015) Nascent chain-monitored remodeling of the Sec machinery for salinity adaptation of

marine bacteria. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 112, E5513-E5522. doi: 10.1073/pnas.1513001112. (査読有)

Sohmen, D., Chiba, S., Shimokawa-Chiba, N., Innis, A., Berninghausen, O., Beckmann, R., Ito K. and Wilson, D. (2015) Structure of the Bacillus subtilis 70S ribosome reveals the basis for species-specific stalling. Nat. Commun. 6, 6941. doi: 10.1038/ncomms7941. (査読有)

Shimokawa-Chiba, N., Kumazaki, K., Tsukazaki, T., Nureki, O., Ito K. and Chiba, S. (2015) Hydrophilic microenvironment required for the channel-independent insertase function of YidC protein. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 112, 5063-5068. doi: 10.1073/pnas.1423817112. (査読有)

Chiba, S. and Ito K. (2015) MifM monitors total YidC activities of Bacillus subtilis including that of YidC2, the target of regulation. J Bacteriol. 197, 99-107. doi: 10.1128/JB.02074-14. (査読有)

Nakamori, K., Chiba, S. and Ito K. (2014) Identification of a SecM segment required for export-coupled release from elongation arrest. FEBS Lett. 588, 3098-3103. doi: 10.1016/j.febslet.2014.06.038. (査読有)

Kumazaki, K\*, Chiba, S.\*, Takemoto, M., Furukawa, A., Nishiyama, K.I., Sugano, Y., Mori, T., Dohmae, N., Hirata, K., Nakada-Nakura, Y., Maturana, A.D., Tanaka, Y., Mori, H., Sugita, Y., Arisaka, F., Ito K., Ishitani, R., Tsukazaki, T. and Nureki, O. (2014) Structural basis of Sec-independent membrane protein insertion by YidC. Nature, 509, 516-520. (\*同等貢献) doi: 10.1038/nature13167. (査読有)

Ito K. and Chiba, S. (2013) Arrest peptides: cis-acting modulators of translation. Annu. Rev. Biochem. 82, 171-202. doi: 10.1146/annurev-biochem-080211-105026. (査読有)

[学会発表](計 43 件)

伊藤維昭: 遺伝情報の翻訳に携わる分子の自律性 大阪府吹田市 大阪大学微生物病研究所・大集談会 2015, 12, 11 (招待

講演)

Mori, H., Ishii, E., Chiba, S., Hashimoto, N., Kojima, S., Homma, M., Ito, K. and Akiyama, Y.: Nascent chain-monitored remodeling of the Sec machinery for salinity adaptation of marine bacteria MBM2015 第38回日本分子生物学会年会、第88回日本生化学会大会 2015.12.1-4. 兵庫県神戸市 神戸ポートアイランド

石井英治、千葉志信、橋本成祐、小嶋誠司、本間道夫、伊藤維昭、秋山芳展、森博幸: ビブリオ属細菌の低食塩環境への適応: アレストペプチド VemP による SecDF 発現制御の役割 MBM2015 第38回日本分子生物学会年会、第88回日本生化学会大会 2015.12.1-4. 兵庫県神戸市 神戸ポートアイランド

Shinobu Chiba: Nascent chain-mediated monitoring of the membrane protein biogenesis pathway Nascent Chain Biology Meeting 2015 in Tokyo 2015, 10, 1 東京都文京区 東京大学 (招待講演)

Koreaki Ito: Arrest peptides illuminate molecular autonomy in execution of the central dogma 新学術領域「新生鎖の生物学」第2回若手ワークショップ 2015.9.28-30、山形県蔵王 2015 (招待講演)

千葉志信、Daniel Sohmen、千葉(下川)直美、伊藤維昭、Daniel Wilson: 枯草菌 MifM 翻訳途上鎖とリボソームとの相互作用様式の解明 2015 年度グラム陽性菌ゲノム機能会議 2015, 8, 27-28 滋賀県大津市

茶谷悠平、丹羽達也、千葉志信、伊藤維昭、田口英樹: 網羅解析により見出された翻訳アレストの普遍性とその生理学的意義 第15回日本蛋白質科学会年会 シンポジウム 2015, 6, 24-26, 徳島県徳島市・あわぎんホール

伊藤維昭、千葉志信: 新生鎖が経験するダイナミズムが翻訳伸長に影響することについて考える 第3回 RIBOSOME MEETING 2015, 3, 17-18, 宮崎県宮崎市

千葉志信、千葉(下川)直美、伊藤維昭: 枯草菌 MifM とリボソームトンネルとの種特異的な相互作用 第3回 RIBOSOME MEETING 2015, 3, 17-18, 宮崎県宮崎市  
Chadani, S., Chiba, K., Ito: General occurrence of pausing in translation of the E. coli proteome members as studied by direct detection of nascent polypeptides. The 2014 ASCB/IFCB meeting, Philadelphia, USA. 2014. 12. 6-10.

K. Ito: From membrane protein integrtrion to ribosome sensing of nascent chains. Arthur Johnson 教授退職記念シンポジウム、Philadelphia, USA. 2014. 12. 6.

- 千葉志信、熊崎薫、塚崎智也、濡木理、伊藤維昭：YidC によるタンパク質膜組込機構の解明 第 37 回日本分子生物学会年会 神奈川県横浜市 パシフィコ横浜 2014. 11. 25-27
- 石井英治、橋本成祐、千葉志信、小嶋誠司、本間道夫、伊藤維昭、秋山芳展、森博幸：Vibrio alginolyticus が持つ駆動力の異なるタンパク質分泌促進因子の生理的機能分担と発現制御機構 第 48 回腸炎ビブリオシンポジウム 北海道函館市 函館ヒストリープラザ 2014. 11. 13-14
- 塚崎智也、熊崎薫、千葉志信、武本瑞貴、古川新、伊藤維昭、石谷隆一郎、濡木理：タンパク質の膜への組み込みに関わる膜タンパク質 YidC の結晶構造と作業機序 平成 26 年度日本結晶学会年会・東京都文京区 東京大学 2014. 11. 3
- 千葉志信、熊崎薫、塚崎智也、濡木理、伊藤維昭：YidC によるチャンネルに依存しない蛋白質膜組込機構 第 87 回日本生化学会大会・京都府京都市 京都国際会館 2014. 10. 15-18 (招待講演)
- 千葉志信：蛋白質局在化装置の活性をモニターする新生鎖 新学術領域「新生鎖の生物学」公開キックオフミーティング・東京都港区 東京工業大学キャンパスイノベーションセンター 2014. 9. 30
- 伊藤維昭：新生鎖の生物学の始まり 新学術領域「新生鎖の生物学」公開キックオフミーティング・東京都港区 東京工業大学キャンパスイノベーションセンター 2014. 9. 30 (招待講演)
- 茶谷悠平、千葉志信、伊藤維昭：大腸菌タンパク質合成における伸長アレストの全体像解明に向けて 日本遺伝学会年会第 86 回大会・滋賀県長浜市 長浜バイオ大学 2014. 9. 17-19 (招待講演)
- 千葉志信、熊崎薫、塚崎智也、濡木理、伊藤維昭：チャンネルに依存しない蛋白質膜組込機構：アレスト因子 MifM を利用した YidC の機能解析 2014 年度グラム陽性菌ゲノム機能会議・山形県鶴岡市 2014. 9. 3-5
- 千葉志信：翻訳途上鎖が主役を演じる生命現象 シンポジウム「分子から生命へ」・京都府京都市 京都大学 2014. 7. 26
- ②①伊藤維昭：遺伝情報の翻訳とタンパク質の運命 シンポジウム「分子から生命へ」・京都府京都市 京都大学 2014. 7. 26 (招待講演)
- ②熊崎薫、千葉志信、武本瑞貴、古川新、菅野泰功、森貴治、田中良樹、杉田有治、伊藤維昭、石谷隆一郎、塚崎智也、濡木理：膜タンパク質 YidC によるタンパク質膜組み込み機構の構造基盤 第 14 回日本蛋白質科学会年会・神奈川県横浜市 ワークピア横浜 2014. 6. 25-27
- ②③千葉志信、熊崎薫、塚崎智也、濡木理、伊藤維昭：働く新生鎖 MifM を利用した蛋白質膜組込装置 YidC の機能解析 - Functional analysis of membrane protein insertase YidC using a regulatory nascent chain MifM. 第 14 回日本蛋白質科学会年会・神奈川県横浜市 ワークピア横浜 2014. 6. 25-27 (招待講演)
- ②④E. Ishii, N. Hashimoto, S. Chiba, S. Kojima, M. Homma, K. Ito, Y. Akiyama, H. Mori: The mode of expression and physiological roles of SecDF paralogs, protein translocation enhancing factors, in Vibrio alginolyticus. 第 9 回研究所ネットワーク国際シンポジウム・大阪府吹田市 大阪大学微生物病研究所 2014.6. 19-20
- ②⑤伊藤維昭：合成途上鎖から見てきた翻訳の自律性と機能発現 第 66 回日本細胞生物学会大会・奈良県奈良市 奈良県新公会堂 2014. 6. 11-13 (招待講演)
- ②⑥伊藤維昭：翻訳をシスに制御するアレストペプチド 第 11 回 21 世紀大腸菌研究会・岩手県盛岡市 2014. 6. 5-6
- ②⑦石井英治、橋本成祐、千葉志信、小嶋誠司、本間道夫、伊藤維昭、秋山芳展、森博幸：海洋性ビブリオ菌におけるタンパク質分泌不全時の救済機構 第 11 回 21 世紀大腸菌研究会・岩手県盛岡市 2014. 6. 5-6
- ②⑧伊藤維昭：Revisiting translation, the key process along the central dogma 京都産業大学総合生命科学部主催の国際シンポジウム「生命科学の最前線」・京都府京都市 京都産業大学むすびわざ館 2014. 5. 30-31 (招待講演)
- ②⑨千葉志信、熊崎薫、塚崎智也、濡木理、伊藤維昭：YidC によるタンパク質膜組込機構 第 61 回生化学会近畿支部例会・京都府京都市 京都産業大学 2014. 5. 17
- ③⑩Y. Chadani, S. Chiba, K. Ito: Revisiting translation, the key process along the central dogma. 国際会議 Microbial Genetics and Genomics VI- Beckwith Reunion 2014, フランス・パリ・パスツール研究所 2014. 4. 16-18
- ③⑪千葉志信：MifM 研究から見てきた翻訳伸長アレストの多様性 2013 年度国立遺伝学研究所研究会「単細胞システムの細胞構築・運動・増殖機構の研究」・静岡県三島市・国立遺伝研 2014. 3. 24-25 (招待講演)
- ③⑫伊藤維昭、茶谷悠平、千葉志信：翻訳再訪。分子遺伝学シンポジウム 2014 「新しい生命像を導いた大腸菌遺伝学の系譜」・京都府京都市・京都大学益川ホール、2014.3.1
- ③⑬茶谷悠平、千葉志信、伊藤維昭：大腸菌翻訳途上鎖の網羅的解析。日本遺伝学会第 85 回大会，神奈川県横浜市 慶應義塾大・日吉キャンパス，2013. 9. 19-21
- ③⑭千葉志信、伊藤維昭：翻訳アレストを介した枯草菌 MifM による蛋白質膜組込因子

- YidC の制御. グラム陽性菌ゲノム機能会議, 茨城県筑波市, 2013. 9. 7-9
- ③⑤ 千葉志信、伊藤維昭: 枯草菌 MifM は、ユニークな翻訳アレストを介して蛋白質膜組込因子の発現量を調節する. 第 7 回細菌学若手コロッセウム, 広島県三原市, 2013. 8. 7-9
- ③⑥ 茶谷悠平、千葉志信、伊藤維昭: 合成途上鎖の解析による翻訳伸長過程の全容解明に向けて. 第 7 回細菌学若手コロッセウム, 広島県三原市, 2013. 8. 7-9
- ③⑦ Chadani, Y., Chiba, S. and Ito, K. : Profiling polypeptidyl-tRNAs to reveal real pictures of translation elongation, Ribosomes Conference 2013. Napa Valley, California, USA, July 9-12, 2013, (招待講演)
- ③⑧ Chadani, Y., Ono, K., Ito, K., Kusukake, K. and Abo, T. : ArfA (YhdL)/RF2 and ArfB (YaeJ)-mediated alternative ribosome rescue systems in Escherichia coli, Ribosomes Conference 2013, Napa Valley, California, USA, July 9-12, 2013
- ③⑨ Chiba, S. and Ito, K. : MifM induces multisite ribosome stalling in monitoring membrane protein biogenesis, Ribosomes Conference 2013, Napa Valley, California, USA, July 9-12, 2013
- ④⑩ 千葉志信、伊藤維昭: 枯草菌 MifM によるユニークな翻訳アレストと蛋白質膜組込因子の制御, 第 10 回 21 世紀大腸菌研究会, 静岡県修善寺, 2013.6.20-21
- ④⑪ 茶谷悠平、千葉志信、伊藤維昭: 合成途上鎖の解析による翻訳伸長過程の全容解明に向けて, 第 10 回 21 世紀大腸菌研究会, 静岡県修善寺, 2013.6.20-21
- ④⑫ 三登 一八、町田 裕紀子、塚崎 智也、伊藤維昭、秋山 芳展、森 博幸: 部位特異的 in vivo 光架橋法によるタンパク質膜透過促進因子 SecDF の基質結合部位の探索, 第 10 回 21 世紀大腸菌研究会, 静岡県修善寺, 2013.6.20-21
- ④⑬ Ito, K. and Chiba, S. : Regulation of membrane translocation and integration systems by ribosome stalling, Biophysical Society Meeting "Membrane Protein Folding". Seoul, South Korea, May 19-22, 2013

〔図書〕(計 5 件)

伊藤維昭 (2015) アレストペプチドを通してみえてきた, セントラルドグマを奏でる分子の自律性. 生化学 87, 666-674

伊藤維昭 (2015) 遺伝情報の産物と言う側面に注目して蛋白質を観る. シリーズ「わが国の蛋白質科学研究発展の歴史」第 13 回. 日本蛋白質科学会 p81-88.

K. Ito, S. Chiba (2014) Biological significance of nascent polypeptides

that stall the ribosome. pp 3-20, Regulatory Nascent Polypeptides (Ed. Ito, K.), Springer

K. Ito (2014) Analyzing the nascentome (polypeptidyl-tRNAs), the dynamic hub of translation. pp 135-150, Regulatory Nascent Polypeptides (Ed. Ito, K.), Springer

S. Chiba (2014) MifM, a regulatory nascent chain that monitors membrane protein integration. pp 257-277, Regulatory Nascent Polypeptides (Ed. Ito, K.), Springer

〔その他〕

ホームページ等

千葉研究室 HP

<http://www.cc.kyoto-su.ac.jp/~k4563/index-j.html>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

千葉 志信 (CHIBA, Shinobu)

京都産業大学・総合生命科学部・准教授

研究者番号: 20523517

(3) 連携研究者

伊藤 維昭 (ITO, Koreaki)

京都産業大学・研究機構・シニアリサーチフ

エロー

研究者番号: 90027334