

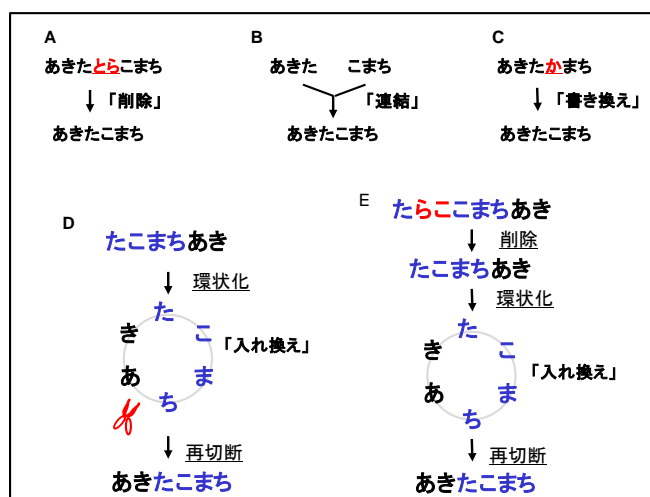


演題
逆転および高度分断化
tRNA 遺伝子の解析

相馬 亜希子 博士

千葉大学 園芸学研究科 助教

要旨: DNA には遺伝情報が様々な形式で書き込まれ、生物はそこから色々なプロセシング方法で必要な情報を取り出す。近年、逆転または分断化された新奇 tRNA 遺伝子が数多く発見され、その前駆体 tRNA の成熟化過程の解析や成立についての研究が活発に行われている^(1, 2)。本発表では、極限環境微生物で発見された circularly permuted tRNA genes および atypical intronic tRNA genes の発現機構と進化について概要を紹介する。



様々なRNA加工方法 A, cis-splicing; B, trans-splicing; C, editing; D, permutation; E, cis-splicing and permutation.

Ref. ⁽¹⁾ Soma, A. et al., (2007)

Science, ⁽²⁾ Soma, A. et al., (2013) Sci Rep.

日時: 2013年12月16日(月)

午後4時~5時

場所: 15号館1階 15102セミナー室

世話人: 生命システム学科 千葉志信 (075-705-3245)

共催: 京都産業大学総合生命科学部

科研費・基盤研究(B)・25291006

【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】