原著

P-ヒドロキシアセトフェノンの酵母増殖阻害回復機構の解明

根 來 宗 孝¹,湯 浅 正 洋²,澤 村 弘 美³,渡 邊 敏 明¹
 (¹⁾大阪青山大学健康科学部健康栄養学科^{*},²⁾ 神戸大学大学院人間発達環境学研究科^{**},
 ³美作大学生活科学部食物学科^{***})
 (受付 2023 年 8 月 30 日,受理 2023 年 10 月 5 日)

The clarified mechanism on regenerative effect of *p*-hydroxyacetophenone induced anti-fungal activity in *Saccharomyces cerevisiae*

Munetaka Negoro¹⁾, Masahiro Yuasa²⁾ Hiromi Sawamura³⁾, Toshiaki Watanabe¹⁾

¹⁾Department of Health and Nutrition, Faculty of Health Science, Osaka Aoyama University ²⁾Graduate School of Human Development and Environment, Kobe University

³Department of Food Science, Faculty of Human Life Sciences, Mimasaka University

Key words: p-hydroxyacetophenone, NADP⁺, regenerative effect, S. cerevisiae

Summary

Plants are an important source of anti-inflammatory and antioxidant compounds. The antifungal action of p-hydroxyacetophenone (p-HAP) was reported in the manuscript investigating the antifungal activity of 2'.6'-dihydroxy-4'-methoxyacetophenone isolated from Ezomurasaki azalea leaves and taken up as a related compound. Further, when producing bioethanol using yeast, p-HAP exhibits growth inhibitory effects due to the p-HAP contained in raw materials such as wheat, which reduces the amount of ethanol produced. However, the pharmacological action of p-HAP on yeast has not been clarified in detail, so we attempted to examine it in this study. We extracted and identified three proteins using *p*-HAP-sepharose affinity chromatography. Among these three, we focused on NADPH dehydrogenase in particular and examined the effect of supplementation of NADP⁺. As a result of this study, we found that NADP $^+$ was effective in restoring the growth of the yeast. Assuming that the 15mM p-HAP as the NADP+ non-addition group was 100%, the effects were 136% (2.5mM NADP+, 15mM p-HAP addition group), 107% (1.25mM NADP⁺, 15mM p-HAP addition group) and 102% (0.63 mM NADP⁺, 15 mM p-HAP added group) at 12 hours. At 25.5 hours, it was also elevated to 143% (2.5 mM NADP+, 15 mM p-HAP added group), 113% (1.25 mM NADP⁺, 15 mM p-HAP added group), and 104% (0.63 mM NADP⁺, 15 mM p-HAP added group) in a concentration dependent manner. Moreover, significant differences (p < 0.01 or p < 0.05) were confirmed in the 2.5 mM NADP⁺, 15 mM p-HAP addition group from the 15 mM p-HAP addition group at all measurement times. Therefore, it is expected that the supplementary addition of NADP+ would partially recover the growth of the p-HAP-added group in the yeast.

植物は、抗炎症化合物や抗酸化化合物の重要な供給源で ある。最近、マルバフジバカマ(Ageratina altissima)の 地上部から 3,5- ジプレニル 4- ヒドロキシアセトフェノン が単離され、抗炎症活性や抗酸化活性を有することが報告 されている¹⁾。また、サトウキビ(Saccharum officinarum L.)には、抗酸化活性や抗コリンエステラーゼを示す *p*-ヒドロキシアセトフェノン(*p*-HAP)が含まれる。この *p*-HAPを含むサトウキビ由来の非糖成分を拘束負荷マウスに経口投与すると、血清中へのコルチコステロン分泌と 血清および肝臓の抗酸化活性低下の双方を抑制することが 報告されている²⁾。他にもアセトフェノン類縁物質の研究 は現在も継続的に実施されており、エゾムラサキツツジ葉 から単離された 2,6-ジヒドロキシ-4-メトキシアセト フェノンとその関連化合物の抗真菌活性を調べた報告の中

^{*}所在地:大阪府箕面市新稲2-11-1 (〒562-8580)

^{**}所在地:神戸市灘区鶴甲3-11 (〒657-8501)

^{***}所在地:岡山県津山市北園町50 (〒708-8511)

連絡先: E-mail: m-negoro@osaka-aoyama.ac.jp(根來)

で *p*-HAP の抗真菌作用についても取り上げられている³⁾。 さらに *p*-HAP は,酵母を用いてバイオエタノールを生産 する際,原料となる麦などに *p*-HAP が含まれているため 増殖阻害効果を示し,エタノールの生産量を減少させるこ とが問題となっている⁴⁾。しかしながら,*p*-HAP の酵母 に及ぼす薬理作用については,詳細が明らかになっていな いため本研究において検討を試みた。

実験方法

1. 酵母および培養

酵母(やまぐち・桜酵母 S. cerevisiae 山口県産業技術 センター所有株)⁵⁾は栄養培地[1% peptone および10% glucose 含有 YM 培地(0.3% yeast extract, 0.3% malt extract)](以下 Y-1 培地と略)で培養した。*p*-ヒドロキシ アセトフェノン(富士フィルム和光純薬株式会社,東京) (*p*-HAP)は最終濃度が3.75 mM から30 mM の範囲で用 いた。NADP⁺(富士フィルム和光純薬株式会社,東京) は最終濃度が0.63 mM から2.5 mM の範囲で用いた。酵 母の増殖は、マイクロプレートリーダーのカイネッティク 測定プログラムを用いて室温で OD 600 nm の吸光度を経 時的に測定した。

2. p-HAP 親和性タンパク質の同定

Y-1 培地で24 時間培養した湿酵母615gを回収し、タ ンパク質の抽出を行った。回収した酵母を水で懸濁し1L に定容し、0.46g 2-Mercaptoethanol, 0.46g Sodium Azide, 及び 13.8 g Toluene を加え、25℃で1時間攪拌した。次に、 3.7 M Ammonium Sulfate を 150 mL 加 え, 6M の NaOH を用いて、pH 7.5 に調整し、さらに 25 ℃で 4 時間攪拌し た。その後, 10,000 g で 10 分間遠心分離を行い, 上澄み を回収後70%の硫安沈殿・10,000g×10分間遠心分離に より酵母由来タンパク質試料を得た。この試料に対し, ▶-HAP アフィニティーカラムを用いて親和性タンパク質 の精製を行った。*p*-HAP アフィニティーカラムは Epoxyactivated Sepharose 6 Bと*p*-HAP を反応させた*p*-HAP -Sepharose beads をカラム^{6,7)}に充填し作製した。アフィ ニティーカラムを 50 mM NaCl -20 mM リン酸緩衝液 (pH 7.4) で平衡化し、緩衝溶液に溶解した試料をカラム に導入した。その後、カラムの10倍容の緩衝溶液で洗浄 し、10 mM *p*-HAP を含む緩衝溶液 5 倍容 で*p*-HAP 親和 性タンパク質の溶出を行った。得られたタンパク質を遠心 濃縮し、p-HAP 親和性タンパク質を回収した。精製した *p*-HAP 親和性タンパク質を 12.5% SDS-PAGE によって分 離し、クマシーブリリアントブルーで染色した。その後、 PMF (Peptide Mass Fingerprinting) 法のサンプル調製 プロトコールに従い、切り出した染色済みのタンパク質を 含むゲルをリジルエンドペプチダーゼにより内部消化後ペ プチド断片を抽出・回収した。その試料を MALDI-TOF/ MS 法を用いて抽出ペプチド断片の質量を測定(マトリッ

クス支援イオン化 – 飛行時間型質量分析計 アプライドバ イオシステムズ社 Voyager-DE TM PRO V888630-UE1, 東京)後,その測定データをアミノ酸配列データベースと 照合し, *p*-HAP 親和性タンパク質の同定を行った⁸⁾。

3. 統計処理

コントロール培地を含め、測定0時間の吸光度の平均値 で補正を行った。これらの測定値の群間比較は、統計アプ リケーション(Statcel 4: オーエムエス出版、東京都)を 用いた、一元配置分散分析と、Scheffe による多重比較検 定により実施した。

結果と考察

p-HAP (Fig.1)の抗真菌作用については,エゾムラサ キツツジ葉から単離された 2,6⁻ ジヒドロキシ 4⁻ メトキ シアセトフェノンとその関連化合物の抗真菌活性を調べた 報告の中で取り上げられている。しかしながらその抗菌活 性と化学構造との相関について,共通するアセチル基の存 在は示されているものの,抗菌活性の発現メカニズムの詳 細はこれまでに解明されていない。そこで本研究では *p*-HAP に抗真菌作用を示す酵母を用いて,*p*-HAP 親和性 タンパク質を同定することにより抗真菌作用の作用点を明 らかにするための検討を行った。

電気泳動法により分離した酵母由来p-HAP 親和性タン パク質を図2 (Fig. 2, lane 2) に示す。レーン1は分子量 マーカーである。p-HAP 親和性タンパク質として 44kDa, 36kDa, 34kDa, 25kDa, 22kDa の5本のバンドが認めら れ, この中で明瞭な 44kDa, 25kDa, 22kDa の3種類につ いて PMF 法によるタンパク質の同定を試みたところ 44kDa は NADPH dehydrogenase (Table 1, Fig. 3), 25kDa は Heat shock protein 31 (HSP31) (Table 2, Fig. 4), 22kDa は Nicotinamidase (Table 3, Fig. 5) であ ることをそれぞれ確認した。Hsp31 は、シャペロン活性 を持つストレス誘導性ホモ二量体タンパク質であることが 報告されている⁹⁾。従って酵母にp-HAP を添加すると Hsp31 シャペロン活性による細胞保護効果に影響を与え る可能性が示唆された。出芽酵母において、ニコチンアミ ドを脱アミノ化する酵素である Nicotinamidase の発現増



Fig. 1. The chemical structure of *p*-hydroxyacetophenone.



Fig. 2. *p*-Hydroxyacetophenone-Sepharose affinity chromatography of the yeast extracted protein fraction.

加が,カロリー制限やストレスによる寿命延長効果がある¹⁰⁾ことも示されており,*p*-HAP 添加酵母の寿命に与え る影響について今後検討が必要となる。しかしながら本研 究では,この中で特に酵母の酸化ストレスとプログラム細 胞死を調節する役割を持つ FMN オキシドレダクターゼで ある NADPH dehydrogenase の存在¹¹⁾に着目し,*p*-HAP 添加培地に NADP⁺を補充することによる酵母増殖能に与 える影響を調べた。

まず *p*-HAP 添加による濃度依存的な酵母増殖抑制効果 が確認された(Fig. 6)。その効果は *p*-HAP 無添加群を 100%とすると,12時間では,40.7%(30mM *p*-HAP 添加 群),42.3%(15mM *p*-HAP 添加群),50.3%(7.5mM *p*-HAP 添加群),および75.2%(3.75mM *p*-HAP 添加群) であった。25.5時間において,36.7%(30mM *p*-HAP 添加 群),37.7%(15mM *p*-HAP 添加群),47.1%(7.5mM *p*-HAP 添加群),および89.4%(3.75mM*p*-HAP 添加群) であった。そこで*p*-HAP 添加による濃度依存的な酵母増 殖抑制効果は NADPH dehydrogenase が影響を受けるこ

 Table 1. Identified mass peaks and their alignments of amino acid sequences of the NADPH dehydorogenase.

1	PFVK <mark>DFKPG</mark>	ALGDTNLFKP	ALGDTNLFKP IKIGNNELLH		<u>RAVIPPLTR</u> m	<u>RAQHPGNIPN</u>
51	<u>RDWAVEYYA</u>	VEYYAQ <u>R</u> AQRPGTLII TEGTFPSPQS		PSPQS	GGYDNAPGIW	SEEQIKEWTK
101	IFKAIHENKS	5 FAWVQLWVLG	WAAFP	DTLAR	DGLRYDSASD	NVYMNAEQEE
151	151 KAKKANNPQH SITKDEIKQY		VKEYVQAAKN		SIAAGADGVE	IHSANGYLLN
201 QFLDPHSNNR		R TDEYGGSIEN	RARFTLEVVD		AVVDAIGPEK	VGLRLSPYGV
251 FNSMSGGAET		T GIVAQYAYVL	GELERRAKAG		KR <u>LAFVHLVE</u>	PR VTNPFLTE
301	GEGEYNGGSI	N KFAYSIWK <u>GP</u>	KFAYSIWKGP IIRAGNFALH		PEVVR EEVKD	PR <u>TLIGYGRF</u>
351	FISNPDLVDF	LEKGLPLNKY	DRDTFYKMSA		EGYIDYPTYE	EALK <u>LGWDK</u> N
Monsurament values		Theoretical values	Differences			
(Da)		(Da)	(Da)	(ppm)	Alignments of amino acid sequences	
1932.049		(1)(1)	(12)(4)		DFKPQALGDTNLFKPIK	
	1932.049	1932.059	-0.01	-4	DFKPQALGDTN	ILFKPIK
	1932.049 1322.689	<u>1932.059</u> 1322.674	-0.01 0.01	-4 11	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR	ILFKPIK
	1932.049 1322.689 1309.73	1932.059 1322.674 1309.701	-0.01 0.01 0.	-4 11 22	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV	NLFKPIK VR
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701	1932.059 1322.674 1309.701 1180.684	-0.01 0.01 0. 0.02	-4 11 22 14	DFKPQALGDTM FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV LAFVHLVEPR	NLFKPIK /R
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701 1103.589	1932.059 1322.674 1309.701 1180.684 1103.57	-0.01 0.01 0. 0.02 0.02	$ \begin{array}{r} -4 \\ -4 \\ 11 \\ 22 \\ 14 \\ 17 \\ \end{array} $	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV LAFVHLVEPR AQHPGNIPNR	NLFKPIK 7R
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701 1103.589 1065.609	1932.059 1322.674 1309.701 1180.684 1103.57 1065.58	-0.01 0.01 0. 0.02 0.02 0.03	$ \begin{array}{r} -4 \\ -4 \\ 11 \\ 22 \\ 14 \\ 17 \\ 27 \\ \end{array} $	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV LAFVHLVEPR AQHPGNIPNR IGNNELLHR	NLFKPIK 7R
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701 1103.589 1065.609 866.574	$\begin{array}{r} 1932.059 \\ 1322.674 \\ 1309.701 \\ 1180.684 \\ 1103.57 \\ 1065.58 \\ 866.546 \end{array}$	-0.01 0.01 0.02 0.02 0.03 0.03	$ \begin{array}{r} -4 \\ -4 \\ 11 \\ 22 \\ 14 \\ 17 \\ 27 \\ 32 \\ \end{array} $	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV LAFVHLVEPR AQHPGNIPNR IGNNELLHR AVIPPLTR	NLFKPIK /R
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701 1103.589 1065.609 866.574 779.469	$\begin{array}{r} 1932.059 \\ 1322.674 \\ 1309.701 \\ 1180.684 \\ 1103.57 \\ 1065.58 \\ 866.546 \\ 779.441 \end{array}$	$\begin{array}{c} -0.01 \\ 0.01 \\ 0.02 \\ 0.02 \\ 0.03 \\ 0.03 \\ 0.03 \\ 0.03 \end{array}$	$ \begin{array}{r} -4 \\ -11 \\ 22 \\ 14 \\ 17 \\ 27 \\ 32 \\ 36 \\ \end{array} $	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVY LAFVHLVEPR AQHPGNIPNR IGNNELLHR AVIPPLTR TLIGYGR	NLFKPIK 7R
	1932.049 1322.689 1309.73 1180.701 1103.589 1065.609 866.574 779.469 618.367	$\begin{array}{r} 1932.059\\ 1322.674\\ 1309.701\\ 1180.684\\ 1103.57\\ 1065.58\\ 866.546\\ 779.441\\ 618.325\\ \end{array}$	-0.01 0.01 0.02 0.02 0.03 0.03 0.03 0.04	$ \begin{array}{r} -4 \\ 11 \\ 22 \\ 14 \\ 17 \\ 27 \\ 32 \\ 36 \\ 68 \\ \end{array} $	DFKPQALGDTN FFISNPDLVDR AGNFALHPEVV LAFVHLVEPR AQHPGNIPNR IGNNELLHR AVIPPLTR TLIGYGR LGWDK	NLFKPIK 7R



Fig. 3. Digested mass peaks and identified peptide sequences of the 44 kDa protein.

	1	MAPKKVLLA	AL TSYNDVFYSD	GAK <u>TG</u>	VFVVE	<u>ALHPFNTFR</u> K	EGFEVDFVSE
	51	TGK <u>FGWDE</u>	IS LAKDFLNGQD	ETDFK	NKDSD	FNKTLAK <u>IKT</u>	<u>PK</u> EVNADDYQ
	101 IFFASAGHG		T LFDYPKAKDL	QDIASEIYAN		GGVVAAVCHG	PAIFDGLTDK
	151 KTGRPLIEG		K SITGFTDVGE	TILGVDSILK		AKNLATVEDV	AKKYGAK <u>yla</u>
	201 <u>PVGPWDDYS</u>		<u>SI TDGRLVTGVN</u>	PASAHSTAVR		<u>SIDALK</u> N	
i	Measurement values Theoretical values		Theoretical values	Difforences		Alignments of amino acid sequences	
	Measurement values		Theoretical values	Differences			
	(Da)		(Da)	(Da)	(ppm)	5	*
	574.354		574.338	0.02	28	MAPKK	
1834.036		1834.036	1833.965	0.07	39	TGVFVVEALHPFNTFR	
1189.643		1189.643	1189.564	0.08	66	FGWDEHSLAK	
	1428.742		1428.628	0.11	80	DFLNGQDETDFK	
	586.388		586.392	0	-6	ІКТРК	
	970.628		970.568	0.06	62	TGRPLIEGK	
1925.036		1925.036	1924.908	0.13	67	YLAPVGPWDDYSITDGR	
1579.943		1579.943	1579.855	0.09	56	LVTGVNPASAHSTAVR	
		646 303	646 377	0.02	24	SIDALK	

 Table 2. Identified mass peaks and their alignments of amino acid sequences of the heat shock protein 31.



Fig. 4. Digested mass peaks and identified peptide sequences of the 25 kDa protein.

 Table 3. Identified mass peaks and their alignments of amino acid sequences of the nicotinamidase.

1	MKTLIVVDM	IQ NDFISPLGSL	TVPKGEELIN		PISDLMQDAD	R <u>DWHRIVVTR</u>
51 <u>DWHPSRHIS</u>		<u>F</u> <u>AKNHK</u> DKEPY	STYTYHSPRP		GDDSTQEGIL	WPVHCVKNTW
101	GSQLVDQIM	LVDQIMD QWTKHIKIV DK <u>GFLTDR</u> EY		<u>FDR</u> EY	YSAFHDIWNF	HK <u>TDMNKYLE</u>
151	<u>K</u> HHTDEVYI	V GVALEYCVKA	TAISAAELGY		K <u>TTVLLDYTR</u>	PISDDPEVIN
201	<u>K</u> VK <u>EELK</u> AH	IN INVVDK				
Measurement values		Theoretical values	Differ	ences		
(Da)		(Da)	(Da)	(ppm)	Alignments of amino acid sequences	
613.271		613.284	-0.01	-20	DWHR	
587.4		587.388	0.01	22	IVVTR	
797.323		797.369	-0.05	-57	DWHPSR	
702.374		702.393	-0.02	-26	HISFAK	
1081.523		1081.59	-0.07	-61	HISFAKNHK	
708.336		708.368	-0.03	-43	GFLTDR	
608.274		608.271	0	6	TDMNK	
552.321		552.303	0.02	33	YLEK	
2288.937		2289.197	-0.26	-113	TTVLLDYTRPISDDPEVINK	

とが示唆されることから,NADP⁺の添加により酵母増殖 抑制効果を改善できないのか試みた。その結果15mM *p*-HAP 添 加 群 に2.5mM NADP⁺, 1.25mM NADP⁺, 0.63mM NADP⁺を補助的に添加することにより濃度依存 的に酵母増殖抑制から回復する効果を見出した (Fig.7)。 それらの効果は 15mM *p*-HAP 無添加群を 100%とすると, 12 時間では、136% (2.5mM NADP⁺、15mM *p*-HAP 添加 群)、107% (1.25mM NADP⁺、15mM *p*-HAP 添加群) お よび 102% (0.63mM NADP⁺、15mM *p*-HAP 添加群) で あった。25.5 時間においては、143% (2.5mM NADP⁺、



Fig. 5. Digested mass peaks and identified peptide sequences of the 22 kDa protein.



Fig. 6. Exponential growth curves for the S. cerevisiae. The cells were grown in Y-Imedia in the absence (×) and presence of four p-hydroxyacetophenone (p -HAP) concentrations (3.75mM- 30mM), respectively. Each point represents the mean of at three determinations. Error bars are SD.



Fig. 7. Exponential growth curves for *the S. cerevisiae*. The cells were grown in Y-1media in the absence (\bigcirc) and presence of three NADP⁺ concentrations (0.63mM- 2.5mM) containing 15 mM *p*-hydroxyacetophenone (*p*-HAP), respectively. Each point represents the mean of at three determinations. Error bars are SD. Significances (*p* < 0.01 and *p* < 0.05, Scheffe's F test) are expressed as two asterisks or one astersisk.

15mM *p*-HAP 添加群), 113% (1.25mM NADP⁺, 15mM *p*-HAP 添加群) および104% (0.63mM NADP⁺, 15mM *p*-HAP 添加群) であった。以上のことから2.5mM NADP⁺, 15mM *p*-HAP 添加群では全ての測定時間におい て15mM *p*-HAP 添加群に対する有意差 (*p* < 0.01 または *p* < 0.05) が確認できたため, NADP⁺の補助的添加による *p*-HAP 添加群酵母の部分的な増殖抑制回復効果が期待さ れる。

最後にさらなる *p*-HAP 添加酵母増殖抑制状態からの回 復のため, *p*-HAP 親和性タンパク質である HSP31 および Nicotinamidase にも焦点をあてることにより *p*-HAP 抗真 菌作用点について解明を進めたいと考えている。

利益相反

本論文の発表に関して、申告すべき COI 状態にはない。

文 献

- Rojas-Jiménez S, Pérez-Gutiérrez MS, Sánchez-Mendoza E, Martínez-Casares RM, Campos-Xolalpa N, Valladares-Cisneros MG, Salinas-Sánchez DO (2022) Anti-inflammatory activity of 3, 5-diprenyl-4-hydroxyacetophenone isolated from Ageratina pazcuarensis. Int J Mol Sci 23(23): 15012.
- 2) Kinjo Y, Takahashi M, Hirose N, Mizu M, Hou DX, Wada K (2019) Anti-stress and antioxidant effects of non centrifuged Cane Sugar, Kokuto, in restraint-stressed mice. J Oleo Sci 68(2): 183–191.
- 3) 青山政和,森満範,奥村真由己,土居修一,姉帯正樹 (1997) 2,6-ジヒドロキシ-4-メトキシアセトフェノン とその関連化合物の抗真菌活性.北海道立林産試験場 報11 (3):15-18.
- 4) Borole AP, Mielenz JR, Vishnivetskaya TA, Hamilton CY (2009) Controlling accumulation of fermen-

tation inhibitors in biorefinery recycle water using microbial fuel cells. Biotechnol Biofuels 2(1): 7.

- 5) 柏木 享 (2002) 桜の花から分離した酵母による清酒 の商品化.日本醸造協会誌 97 (1):2-6.
- 6) Ghenbot G, Weiner H (1992) Purification of liver aldehyde dehydrogenase by *p*-hydroxyacetophenone-sepharose affinity matrix and the coelution of chloramphenicol acetyl transferase from the same matrix with recombinantly expressed aldehyde dehydrogenase. Protein Expression and Purification 3: 470-478.
- Negoro M, Sawano M, Sawamura H, Ebara S, Watanabe T (2012) Analysis of glucose-protein interaction using *p*-hydroxyacetophenone-sepharose affinity resin. - Glucose decreases alcohol dehydrogenase activity in vitro -. J Electrophoresis 56: 19-26.
- 8) 田部 一史, 大塚 健三 (2004) MALDI-TOF-MS によ る Peptide Mass Fingerprint 解析法. 中部大学応用 生物学部紀要 3:1-3.
- 9) Tsai CJ, Aslam K, Drendel HM, Asiago JM, Goode KM, Paul LN, Rochet JC, Hazbun TR (2015) Hsp31 is a stress response chaperone that intervenes in the protein misfolding process. J Biol Chem 290(41): 24816-24834.
- 10) Anderson RM, Bitterman KJ, Wood JG, Medvedik O, Sinclair DA (2003) Nicotinamide and *PNC1* govern lifespan extension by calorie restriction in *Saccharomyces cerevisiae*. Nature 423(6936): 181–185.
- 11) Odat O, Matta S, Khalil H, Kampranis SC, Pfau R, Tsichlis PN, Makris AM (2007) Old yellow enzymes, highly homologous FMN oxidoreductases with modulating roles in oxidative stress and programmed cell death in yeast. J Biol Chem 282(49): 36010-36023.