

令和 2 年 6 月 9 日現在

機関番号：13901

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H05925

研究課題名(和文) 配向依存型FRETを利用した核酸構造解析法の開発

研究課題名(英文) Novel method for structural analyses of nucleic acids by using orientation dependent FRET system

研究代表者

榎田 啓 (Kashida, Hiromu)

名古屋大学・工学研究科・准教授

研究者番号：30452189

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 19,500,000円

研究成果の概要(和文)：本研究ではFRETの配向依存性を利用した核酸構造解析法の開発を目指した。まず、構造解析法に利用可能な蛍光色素の拡張を行い、より大きな複合体を構造解析可能な色素ペアの開発に成功した。また、同種色素間エネルギー移動が核酸構造解析に利用可能であることを明らかにした。本手法を利用することで、ギャップ構造などの損傷DNA、A-tract配列、更にRNAの構造解析に成功した。更に、FRETの配向依存性を利用することでDNAと小分子間の相互作用を解析可能であることを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

核酸結合タンパク質は核酸構造のわずかな違いを認識して結合することが知られている。従来、核酸構造の解析にはNMRやX線構造解析が利用されてきた。しかしながら、大量のサンプルが必要であり、またサンプル調製や解析が煩雑であるという問題点があった。本研究で開発した核酸構造解析法は少量のサンプルで解析が可能であり、また解析が簡便であるという利点がある。そのため、今後様々な核酸構造を網羅的に解析することによって、生物学や創薬科学に貢献することが期待できる。

研究成果の概要(英文)：In this study, we aimed to develop a versatile method to analyze double helical structures of nucleic acids by using orientation dependence of Forster resonance energy transfer (FRET). First, we developed another FRET pair for analyses of larger complexes of nucleic acids. We also found that energy transfer between identical chromophores can also be used for structural analyses. Damaged DNA like gapped DNA, A-tract and RNA structures were successfully analyzed by using the developed method. Furthermore, we succeeded in analyses of the interaction between DNA and small molecules by using orientation dependence of FRET.

研究分野：核酸化学

キーワード：核酸 エネルギー移動 構造解析 DNA

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

核酸結合タンパク質は遺伝子発現制御や損傷修復に密接に関連していることから、生物学や創薬における重要なターゲットである。これらの核酸結合タンパク質は核酸の構造や運動性の違いを認識していることが知られているが、その詳細は未だに解明されていない。従って、核酸の立体構造を簡便に解析する手法が開発できれば、生物学や創薬科学における重要なツールになると考えられる。

それに対し、我々は D-トレオニノールを介して DNA にドナー及びアクセプタ色素を導入することで蛍光共鳴エネルギー移動 (FRET) を観察することに成功した。また、非常に興味深いことに FRET 効率の配向依存性を観察することに成功した (図 1)。更に、この実験値は DNA の B 型二重鎖構造パラメータを使用して計算した理論曲線と極めてよく一致することが分かった。このことは FRET 効率を実験的に算出することで、核酸の構造パラメータを取得可能であることを示唆している。

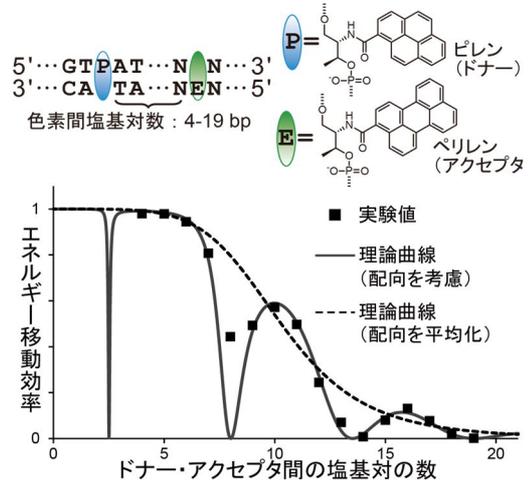


図 1. FRET の配向依存性

2. 研究の目的

そこで、本研究ではこの FRET の配向依存性を利用した核酸構造解析法の開発を目指した。核酸の構造解析には通常 X 線構造解析や NMR が利用されるが、大量のサンプルを必要とし、かつデータの取得や解析が煩雑であるという問題点があった。それに対し、本手法は蛍光を利用しているために感度がよく、必要なサンプル量が少ないという利点がある。また、溶液中での構造解析することが出来、また解析も簡便である。そのため、従来の手法と相補的な新たな核酸構造解析法として期待できると考えた。

3. 研究の方法

構造解析法の概略を図 2 に示す。未知の構造をはさむようにドナー及びアクセプタを導入する。更に、ドナー・アクセプタ間の塩基対数を変化させて FRET 効率を算出する。この FRET 効率は塩基対間距離やらせんピッチなどの構造パラメータを反映しているため、核酸の構造情報を取得することが可能である。また、円筒モデルからのずれを検出することで、柔軟性や二重鎖の屈曲といった情報を取得することも可能である。本研究ではこの構造解析法の確立及びそれを利用した種々の核酸構造解析を行った。

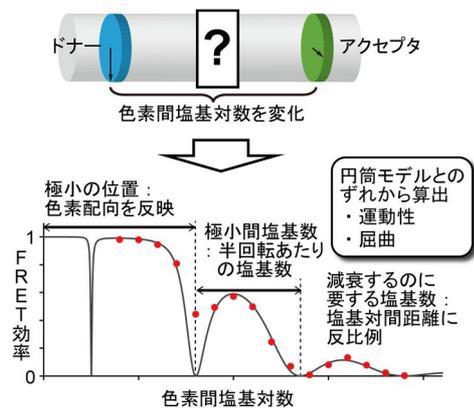


図 2. FRET の配向依存性を利用した核酸構造解析法の概略

4. 研究成果

(1) ニック及びギャップ含有 DNA の構造解析

DNA の切れ目であるニックやギャップを含有する DNA 二重鎖は DNA 修復系における重要な中間体である。しかしながら、これまで、このニックやギャップ含有 DNA 二重鎖の系統的な構造・柔軟性解析はほとんど行われていなかった。そこで、FRET の配向依存性を利用することでこれらの構造や運動性の違いを詳細に解析することを目指した。

DNA にニック (0 塩基ギャップ) を導入した際の結果を図 3 に示す。ニックを含まない二重鎖 (赤色) と比較して、ニック含有 DNA は同様の位置に極小・極大を示すことが分かった。このことは DNA 二重鎖にニックを導入しても、色素配向が変化していないことを示している。すなわち、ニック含有 DNA はニックを隔てた 2 つの二重鎖がスタッキング相互作用することによって、平均して B 形二重鎖構造を維持することが明らかとなった。一方、標準 DNA と比較してわずかに極大の減少、及び極小の増大が観察されることが分かった。このことはニックを導入することで、色素配向が若干平均化したことを示している。従って、二重鎖にニックを導入した結果、

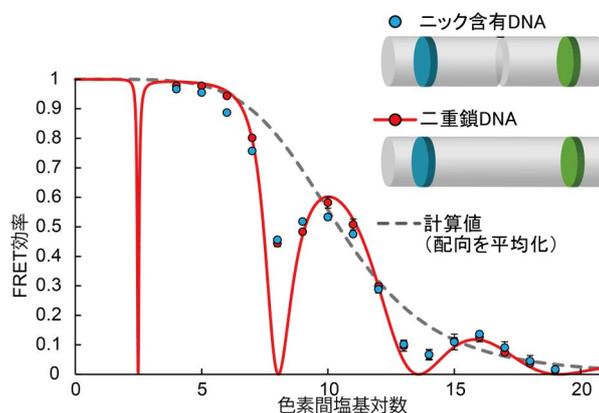


図 3. ニック含有 DNA の構造解析結果

二重鎖の柔軟性が増加したことが分かった。

一方、DNA に 1 塩基ギャップを導入した際には、極小の位置が変化することが分かった (data not shown)。このことはニックと異なり 1 塩基ギャップを導入した際には二重鎖が屈曲もしくは回転することで色素配向が変化したことを示している。更に、2 塩基ギャップ及び 3 塩基ギャップを導入した際の結果を図 4 に示す。

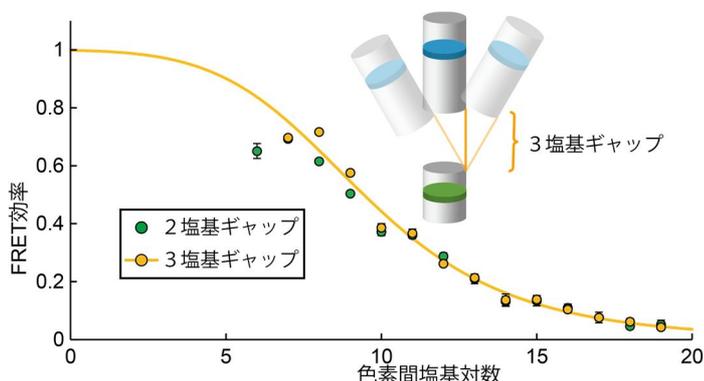


図 4 . 2 塩基及び 3 塩基ギャップ含有 DNA の構造解析結果

これらの二重鎖においては FRET の配向依存性がほとんど観察されないことが分かった。特に 3 塩基ギャップを導入した二重鎖では配向依存性がほぼ観察されず、平均化された配向を仮定した計算値と非常によく一致することが分かった。これらのことは 3 塩基ギャップを導入した場合、ギャップを隔てた二つの二重鎖はもはやスタックせず、自由に運動することを示している。

以上のように、FRET の配向依存性を利用することで、ニック・ギャップ含有 DNA の構造・運動性の違いを系統的に解明することに成功した。このような構造・運動性の解析は従来の手法では実現が困難であったことから、本系を通じて我々の FRET を利用した構造解析法の有用性を実証することが出来た。本研究成果は *Nucleic Acids Research* に掲載された。

(2) DNA - ヌクレオシド間の相互作用解析

近年核酸をターゲットとした小分子医薬が非常に注目されている。しかしながら、一般的に小分子が結合した際の核酸の構造変化は小さいため、その検出が困難であった。我々の FRET 系は距離の変化に加えて配向の変化を検出することが出来るため、核酸と小分子間の相互作用を解析できるのではないかと考えた。具体的には、ギャップ含有 DNA とヌクレオシド間の相互作用を解析することを試みた (図 5)。

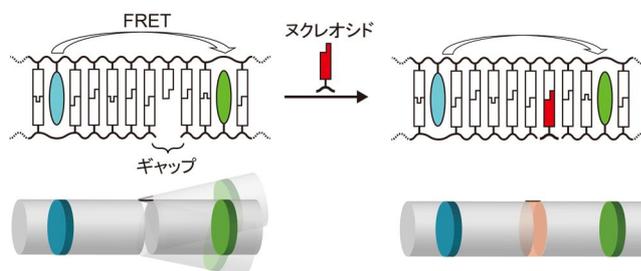


図 5 . ギャップ DNA - ヌクレオシド相互作用の解析

1 塩基ギャップ含有 DNA に対して、ヌクレオシドが結合した際にはニックと同様の二重鎖構造となると考えられる。図 3 に示したように、我々の系ではニック・ギャップ構造を識別することが可能である。従って、ギャップ含有 DNA とヌクレオシド間の結合を検出可能であると考えた。

図 6 にギャップ部位にチミンを持つギャップ DNA に対して種々ヌクレオシドを添加した際の蛍光測定結果を示す。チミンに相補的ではない、グアノシン、シチジン及びウリジンを添加した際にはドナー発光とアクセプタ発光の比が変化しないことが分かった。このことはこれらのヌクレオシドがギャップ部位に結合していないことを示している。それに対し、アデノシンを添加した際には蛍光強度比が大きく増加した。すなわち、ギャップ部位のチミンが Watson-Crick 塩基対に従って正確にヌクレオシドを認識することが分かった。更に、チミンギャップとアデノシンとの結合解離定数は 0.58 mM と算出することが出来た。ギャップ含有 DNA とヌクレオシド類縁体との結合は核酸の前生物学的合成の観点からこれまでも解析が行われてきた。しかしながら、NMR や ITC によって解析が行われていたために、大量のサンプルや複雑な解析が必要であった。それに対し、FRET を利用することで必要なサンプル量が少なく、かつ簡便に解析可能であることが分かった。

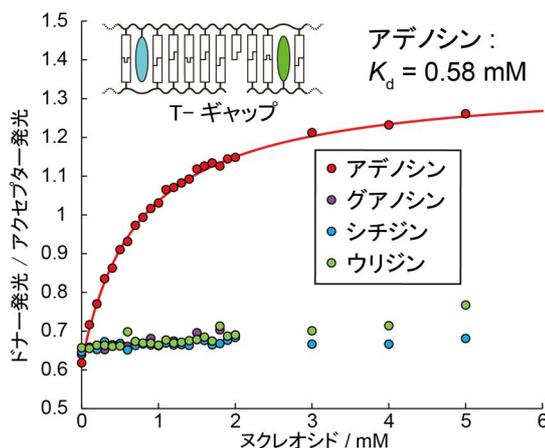


図 6 . チミンギャップ含有 DNA とヌクレオシドとの相互作用解析

更に、本系を利用することで 2 塩基ギャップとヌクレオシドとの結合を解析することにも成功した。解析の結果、2 塩基ギャップの場合はヌクレオシドが協同的に結合することが明らかとなった。このような解析は従来の手法では非常に困難であり、本手法を利用することで初めて明

らかにすることが出来た。これらの成果は、*Organic & Biomolecular Chemistry* 誌に掲載され、表紙に採用された。

(3) 同種の色素間のエネルギー移動解析

これまでの結果から明らかのように、異種色素間における FRET はドナー発光の減少、及びアクセプタ発光の増大を検出することで簡単に識別することが可能である。しかしながら、同種色素間 FRET (ホモ FRET) は、エネルギー移動の前後で蛍光強度や蛍光寿命が変化しないことからその解析が極めて困難であった。従って、ホモ FRET が Förster 理論に従うことをこれまでに実験的に証明した例はなかった。そこで、DNA 骨格を利用することで同種色素間エネルギー移動を詳細に解析することを試みた。

具体的な設計を図 7 に示す。蛍光色素 (ペリレン) を 2 分子 DNA に導入し、そのうち 1 分子の正面に消光色素 (アントラキノン) を導入した。これまでの結果からアントラキノンがペリレンの発光を効率的に消光することを明らかにしている。もし蛍光色素間でホモ FRET が起きた場合は、アントラキノンから離れた位置にあるペリレンの発光もホモ FRET を介して消光するのではないかと考えた。また、色素間の塩基対数を 2 ~ 13 塩基対と変化させて、ホモ FRET 効率の距離・配向依存性を検討した。

アントラキノンから離れた位置にあるペリレンの蛍光寿命の減少からホモ FRET 効率を算出した結果を図 8 に示す。図 1 の異種色素間 FRET と同様にホモ FRET の場合も、極小・極大が観察されたことから配向依存性を示すことが明らかとなった。また、配向を考慮して Förster 理論から計算した理論曲線と極めてよく一致することが明らかとなった。このように、ホモ FRET が Förster 理論に厳密に従うことを実験的に初めて明らかにすることに成功した。従って、これまで利用してきた異種色素間エネルギー移動だけではなく、同種色素間 FRET を利用した核酸構造解析が可能であることが分かった。これらの成果は *Communications Chemistry* 誌に掲載された。また、本結果を元に調製した光捕集アンテナの結果が *Angewandte Chemie International Edition* 誌に掲載された。

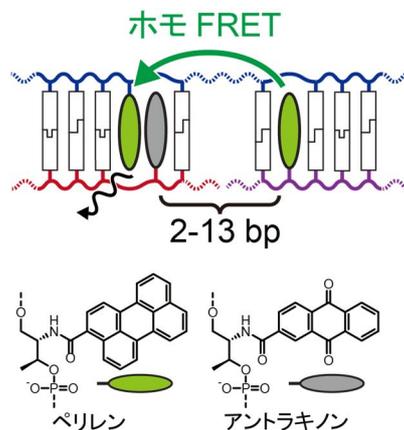


図 7 . 蛍光色素の消光を利用したホモ FRET 解析の模式図

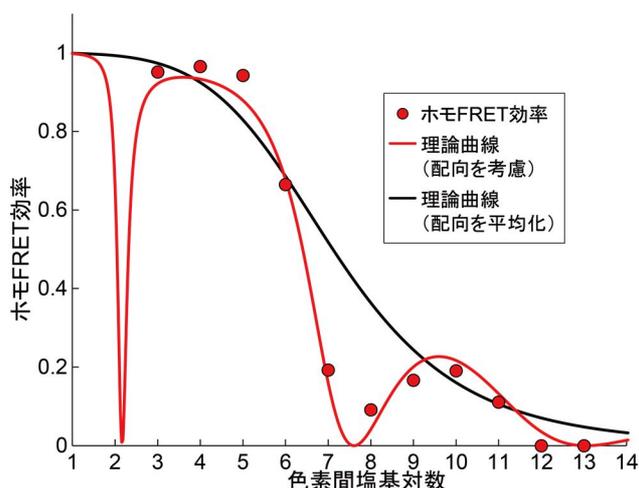


図 8 . ホモ FRET 効率の実験値及び理論曲線

(4) 構造解析に利用可能な蛍光色素の拡張

これまでではピレン、ペリレンをそれぞれドナー、アクセプタとして利用してきたが、他の色素ペアを利用した FRET 系の開発を試みた。具体的にはドナーとしてペリレンを、アクセプタとしては Cy3 を利用した。これらの色素を D-トレオニールを介して DNA に導入した。合成した配列について蛍光測定を行い、FRET 効率を算出したところ、ピレン ペリレンペアと同様にペリレン Cy3 ペアにおいても配向依存性が観察されることが分かった。すなわち、ペリレン Cy3 ペアを利用した核酸構造解析が可能であることが明らかとなった。更に、ピレン ペリレンペアと比較してペリレン Cy3 ペアは Förster 半径が長く、より長距離までエネルギー移動が可能であることが分かった。このことは、ペリレン Cy3 ペアを利用することでより大きな核酸複合体の構造解析が可能であることを示している。このように、核酸構造解析に利用可能な蛍光色素を拡張することに成功した。

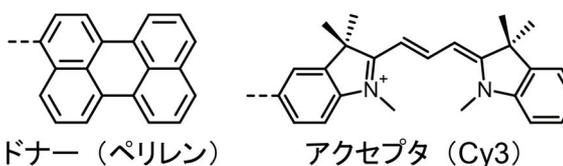


図 9 . 開発した FRET ペア

(5) その他の核酸構造解析

まず、FRET の配向依存性を利用した A-tract 配列の構造解析を行った。A-tract 配列とはポリ A - ポリ T 配列のことであり、ゲノム上に広く存在し、転写制御やクロマチン構造制御と密接に関連していることが知られている。A-tract は二重鎖を屈曲することが報告されているものの、その詳細な構造は未だ明らかになっていない。そこで、本 FRET 系を利用して A-tract 配列の構造解析を試みた。具体的には A-tract 配列を含む二重鎖にドナー及びアクセプタを導入し、FRET 効率算出することで構造解析を行った。

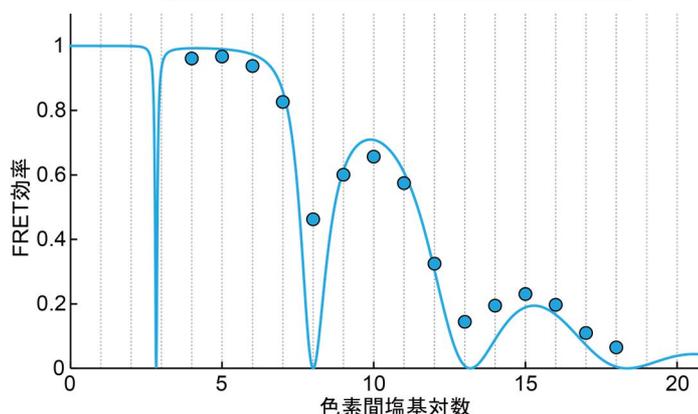


図 10 . A-tract の構造解析結果

その結果、図 10 に示すように理論曲線とのずれが観察されるこ

とが分かった。具体的には塩基対数の増加とともに理論曲線よりも FRET 効率が上昇する現象が確認された。このことは、A-tract 部分で二重鎖が屈曲し、円筒モデルよりも実際の色素間距離が短くなったことを示している。すなわち、FRET の配向依存性を利用することで A-tract による二重鎖の屈曲を観察することに成功した。

また、RNA にドナー・アクセプタを導入することで RNA の構造解析を行った。RNA は DNA とは大きく異なる A 型二重らせん構造を形成することが知られている。実際に、RNA の塩基対数を変化させて FRET 効率を算出し、円筒モデルと比較を行ったところ、円筒モデルから予想される理論値と実測値が大きく異なることが明らかとなった。このことは、RNA が B 型二重らせん構造と大きく異なる A 型二重らせん構造を形成していることを示している。このように、我々の FRET 系を利用することで、DNA と RNA の二重らせん構造の違いを検出できることが分かった。

以上のように、FRET の配向依存性を利用した核酸構造解析法の開発に成功した。蛍光色素の拡張により、より大きな複合体の解析が可能な手法を開発した。また、同種色素間のエネルギー移動が構造解析に利用可能であることを明らかにした。また、開発した FRET 系を利用することでギャップ含有 DNA などの損傷 DNA や A-tract、RNA などの様々な核酸構造を解析可能であることが分かった。更には、本手法を利用して DNA と小分子との相互作用を解析することにも成功した。本手法は、必要なサンプル量も少なく、解析が容易であるため汎用性の高い核酸構造解析法としての応用が期待できる。今後、様々な核酸 小分子間相互作用解析や、より複雑な核酸

タンパク質複合体などの構造解析へと応用することによって、生物学や創薬科学へ貢献することが期待できる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 9件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Kashida Hiromu, Hattori Yuhei, Tazoe Kaho, Inoue Tadashi, Nishikawa Keiji, Ishii Kentaro, Uchiyama Susumu, Yamashita Hayato, Abe Masayuki, Kamiya Yukiko, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 140
2. 論文標題 Bifacial Nucleobases for Hexaplex Formation in Aqueous Solution	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of the American Chemical Society	6. 最初と最後の頁 8456 ~ 8462
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/jacs.8b02807	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 Kashida Hiromu, Kawai Hayato, Maruyama Ryoko, Kokubo Yuta, Araki Yasuyuki, Wada Takehiko, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 1
2. 論文標題 Quantitative evaluation of energy migration between identical chromophores enabled by breaking symmetry	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Communications Chemistry	6. 最初と最後の頁 91
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42004-018-0093-0	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 Cheng Bohao, Kashida Hiromu, Shimada Naohiko, Maruyama Atsushi, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 55
2. 論文標題 Photo-regulatable DNA isothermal amplification by template-mediated ligation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Chemical Communications	6. 最初と最後の頁 1080 ~ 1083
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/C8CC09218D	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 Miyoshi Yuichi, Ohtsuki Takashi, Kashida Hiromu, Asanuma Hiroyuki, Watanabe Kazunori	4. 巻 14
2. 論文標題 In-stem molecular beacon targeted to a 5'-region of tRNA inclusive of the D arm that detects mature tRNA with high sensitivity	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0211505
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0211505	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 Asanuma Hiroyuki, Murayama Keiji, Kamiya Yukiko, Kashida Hiromu	4. 巻 91
2. 論文標題 The DNA Duplex as an Aqueous One-Dimensional Soft Crystal Scaffold for Photochemistry	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Bulletin of the Chemical Society of Japan	6. 最初と最後の頁 1739 ~ 1748
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1246/bcsj.20180278	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 Hiromu Kashida, Ayako Kurihara, Hayato Kawai, Hiroyuki Asanuma	4. 巻 印刷中
2. 論文標題 Orientation-dependent FRET system reveals differences in structures and flexibilities of nicked and gapped DNA duplexes	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 印刷中
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gkx200	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 Kashida Hiromu, Azuma Hidenori, Maruyama Ryoko, Araki Yasuyuki, Wada Takehiko, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 -
2. 論文標題 Efficient Light Harvesting Antennae Resulting from the Dense Organization of Dyes into DNA Junctions through d Threoninol	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Angewandte Chemie International Edition	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) 10.1002/anie.202004221	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 Chen Yanglingzhi, Murayama Keiji, Kashida Hiromu, Kamiya Yukiko, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 56
2. 論文標題 A triplex-forming linear probe for sequence-specific detection of duplex DNA with high sensitivity and affinity	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Chemical Communications	6. 最初と最後の頁 5358 ~ 5361
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/d0cc01865a	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 Kashida Hiromu, Kokubo Yuta, Makino Koki, Asanuma Hiroyuki	4. 巻 17
2. 論文標題 Selective binding of nucleosides to gapped DNA duplex revealed by orientation and distance dependence of FRET	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Organic & Biomolecular Chemistry	6. 最初と最後の頁 6786 ~ 6789
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1039/c9ob00946a	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29件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 6件)

1. 発表者名 小久保祐汰, 櫻田 啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 FRET を用いたギャップ DNA - ヌクレオシド間相互作用の解析
3. 学会等名 第49回 中部化学関係学協会支部連合秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小久保祐汰, 櫻田啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 FRET を用いたギャップ DNA - ヌクレオシド挿入反応の解析
3. 学会等名 第12回バイオ関連化学シンポジウム
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小久保祐汰, 櫻田啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 FRETを用いたギャップDNA - ヌクレオシド複合体の構造解析
3. 学会等名 第165回東海高分子研究会講演会 (夏期合宿)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hiromu Kashida
2. 発表標題 Observation of orientation dependence of FRET by using DNA scaffold
3. 学会等名 International Symposium on Photochemistry (27th PhotoIUPAC) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小久保祐汰、榎田啓、浅沼浩之
2. 発表標題 配向依存FRETを用いた1塩基Gap含有DNA - ヌクレオシド複合体の構造解析
3. 学会等名 第161回東海高分子研究会講演会 (夏期合宿)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 榎田啓、河合隼人、荒木保幸、和田健彦、浅沼浩之
2. 発表標題 DNA骨格を利用した同種色素間エネルギー移動の詳細な解析
3. 学会等名 2017年光化学討論会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 小久保祐汰、榎田啓、浅沼浩之
2. 発表標題 配向依存型FRETを利用したDNA-ヌクレオシド間の相互作用解析
3. 学会等名 第11回バイオ関連化学シンポジウム
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 檜田啓、河合隼人、荒木保幸、和田健彦、浅沼浩之
2. 発表標題 DNAを光反応場として利用した同種色素間エネルギー移動の解析
3. 学会等名 第11回バイオ関連化学シンポジウム
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Hiromu Kashida
2. 発表標題 Analysis of energy transfer between dyes by using DNA scaffold
3. 学会等名 第53回日本生物物理学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Hiromu Kashida, Hiroyuki Asanuma
2. 発表標題 Orientation Dependent FRET as a Tool to Analyze DNA Structures
3. 学会等名 INTERNATIONAL CONGRESS ON PURE & APPLIED CHEMISTRY 2018 (ICPAC2018) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Hiromu Kashida
2. 発表標題 Molecular design of pseudo base pairs for functionalization of DNA
3. 学会等名 Annual Spring Meeting of Polymer Society of Korea (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 河合隼人, 丸山諒子, 櫻田 啓, 荒木保幸, 和田健彦, 浅沼浩之
2. 発表標題 DNAを利用した同種色素間におけるエネルギー移動の検討
3. 学会等名 日本化学会第97春季年会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 小久保祐汰, 河合隼人, 櫻田 啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 配向依存型FRETを利用したA-tract含有DNAの構造解析
3. 学会等名 日本化学会第97春季年会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Hiromu Kashida, Ryoko Maruyama, Hayato Kawai, Yasuyuki Araki, Takehiko Wada and Hiroyuki Asanuma
2. 発表標題 Accumulation of dyes into DNA for efficient light-harvesting
3. 学会等名 The 11th SPSJ International Polymer Conference (IPC 2016) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Hayato Kawai, Tetsuya Doi, Hiromu Kashida and Hiroyuki Asanuma
2. 発表標題 Structural analysis of modified DNA by using FRET system
3. 学会等名 The 11th SPSJ International Polymer Conference (IPC 2016) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Hiromu Kashida, Ayako Kurihara, Hiroyuki Asanuma
2. 発表標題 Structural analyses of nicked and gapped DNA duplexes by using orientation dependence of FRET
3. 学会等名 The 43rd International Symposium on Nucleic Acid Chemistry (ISNAC2016) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 河合隼人、土居哲也、櫻田 啓、浅沼浩之
2. 発表標題 配向依存型FRETを用いたスチルベン導入型DNAの構造解析
3. 学会等名 第65回高分子討論会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 櫻田 啓、丸山諒子、河合隼人、荒木保幸、和田健彦、浅沼浩之
2. 発表標題 DNA骨格を利用したエネルギーマイグレーションの検討
3. 学会等名 2016年光化学討論会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 河合隼人、土居哲也、櫻田 啓、浅沼浩之
2. 発表標題 配向異存型FRETを利用したDNA二重鎖中におけるスチルベン会合体の構造解析
3. 学会等名 2016年光化学討論会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 河合隼人、土居哲也、櫻田 啓、浅沼浩之
2. 発表標題 FRETを利用したDNA二重鎖中における色素会合体の構造解析
3. 学会等名 第157回東海高分子研究会講演会(夏期合宿)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 櫻田 啓、栗原綾子、浅沼浩之
2. 発表標題 FRETの距離・配向依存性を利用した核酸構造解析法の開発
3. 学会等名 第26回バイオ・高分子シンポジウム
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 河合隼人、土居哲也、櫻田 啓、浅沼浩之
2. 発表標題 FRETの配向依存性を利用したスチルベン導入型DNAの構造解析
3. 学会等名 第26回バイオ・高分子シンポジウム
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 櫻田 啓、丸山 諒子、栗原 綾子、浅沼 浩之
2. 発表標題 高効率光捕集系の構築に向けた蛍光色素集積化DNAの調製
3. 学会等名 第65回高分子学会年次大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 東 秀憲, 榎田 啓, 丸山諒子, 浅沼浩之
2. 発表標題 多分岐DNAに多数の蛍光色素を集積した高効率光捕集系の開発
3. 学会等名 第13回バイオ関連化学シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 東 秀憲, 榎田 啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 DNA junctionに多数の蛍光色素を集積した高効率光捕集系の開発
3. 学会等名 第169回東海高分子研究会講演会(夏期合宿)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 東 秀憲, 榎田 啓, 浅沼浩之
2. 発表標題 DNA junctionを利用した高効率光捕集系の開発
3. 学会等名 第29回バイオ・高分子シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 東 秀憲, 榎田 啓, 丸山諒子, 浅沼浩之
2. 発表標題 蛍光色素多数導入 DNA を用いた高効率光捕集アンテナの開発
3. 学会等名 2019年光化学討論会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 榎田 啓
2. 発表標題 単純な構造を持つ核酸の開発及びその応用
3. 学会等名 第5回生体分子科学シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 東 秀憲, 榎田 啓, 荒木保幸, 和田健彦, 浅沼浩之
2. 発表標題 蛍光色素多数導入多分岐DNAを用いた光捕集アンテナの開発
3. 学会等名 日本化学会第100春季年会（開催中止）
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

http://www.nubio.nagoya-u.ac.jp/seigy01/index.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