

令和 2 年 6 月 5 日現在

機関番号：32660

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K19210

研究課題名(和文) RNA連結活性創出メカニズムを基盤にした逆翻訳系構築の試み

研究課題名(英文) Trial for constructing a reverse translation system based on the mechanism of RNA ligase ribozyme

研究代表者

田村 浩二 (Tamura, Koji)

東京理科大学・基礎工学部生物工学科・教授

研究者番号：30271547

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,900,000円

研究成果の概要(和文)：トランス系での縮小型R3Cリガーゼリボザイムの機能活性上昇に関係する kissing-loopを介した複合体の形成は、熱力学的支配のみならず、速度論的支配にも依存し、連結活性の創出に寄与していることが示唆された。また、タンパク質の情報を直接RNAの情報に変換する“逆翻訳”系構築への道筋を探っていく足がかりとして、tRNAと相互作用するタンパク質(TrbpやアミノアシルtRNA合成酵素)との反応を解析し、A. pernix Trbpとの結合に不可欠なRNAの構成要素は、3'末端の一本鎖CAヌクレオチドであることを明らかにし、N. equitansのAlaRS、GlyRSの構造と機能解析も行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これらの研究は、リガーゼリボザイムの起源と進化に迫るだけでなく、タンパク質合成系の進化への道筋にもつながっており、本研究で得られるRNA-RNA相互作用、RNA-アミノ酸相互作用などの医工学応用等も期待できる。また、本研究をさらに推進することによって、RNAの工学的可能性向上の重要な基盤研究となるだけでなく、従来の生物学の常識を覆す画期的な発見につながる可能性も秘めている。

研究成果の概要(英文)：The formation of the kissing-loop-mediated complex, which is involved in the increased functional activity of the reduced R3C ligase ribozyme in “trans” system, depends not only on thermodynamic control, but also on kinetic control, which could lead to the creation of ligase activity. In addition, as a stepping stone to find a way to construct a “reverse translation” system that directly converts protein information into RNA information, I analyzed the reaction with proteins that interact with tRNA (Trbp and aminoacyl-tRNA synthetase). It was revealed that the RNA component essential for binding to A. pernix Trbp is a single-stranded CA nucleotide at the 3'-end, and the structure and function of N. equitans AlaRS and GlyRS were also analyzed.

研究分野：生体物質化学

キーワード：RNA

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

RNAを連結するリガーゼリボザイムが、いかにして機能を獲得し、進化し、現在の生命に至ったのかは生命の起源と進化において、極めて重要な問題である。申請者は、モノマーで単独に機能する最小のR3Cリボザイム(73ヌクレオチド(nt))を50ntまで縮小させることに成功した。更なる縮小化によりリボザイムは活性を失ったが、ループ部分の相互作用を介し、2分子系としてトランスに働かせることによって、連結活性が著しく上昇する現象を発見した。しかしながら、この「トランス系での縮小型R3Cリボザイムの機能活性上昇」がいかにして成し遂げられているのかについてのメカニズムの解明はされていなかった。また、ここでトランスに働くRNAとして(原始)tRNAを用いることで、RNAワールドから現在のRNPワールドへ移行する際の進化過程や、生命系の情報伝達の起源の謎の解明にも重要な知見を与えることが期待されるものの、挑戦的研究としてのまだ手つかずのまま残されている状態であった。

2. 研究の目的

本研究では、この「トランス系での縮小型R3Cリボザイムの機能活性上昇メカニズムの解明」に本格的に取り組むことを主目的として、研究を推進した。また、「自己複製リボザイムへの発展と翻訳系とのカップリング創出」を目指すために、遺伝暗号の起源に関係したタンパク質とRNAとの相互作用、特に、tRNAと相互作用するタンパク質(TrbpやアミノアシルtRNA合成酵素)との反応を解析していくことによって、将来的に、「タンパク質の情報を直接RNAの情報に変換する“逆翻訳”系構築」への道筋を探っていくことを目指した。生物が太古に獲得し進化させてきた痕跡を抉り出す基礎科学への貢献は計り知れない。また、こうした基本的な分子メカニズムの解明に留まらず、本研究で得られるRNA-RNA相互作用、RNA-アミノ酸相互作用などの医工学応用等も期待できる。

3. 研究の方法

研究目的を達成するために、以下の方法を用いて研究を展開した。

(1) 実験に必要なサンプル等の調製について

R3Cリガーゼリボザイム、および、その変異体、さらには、各種のRNAに関しては、T7プロモーターを有するDNAを鋳型とした*in vitro*での転写を行い、変性ポリアクリルアミドゲル電気泳動によって、分離精製した。*In vitro* selectionに用いるRNAは30merのランダム領域を含む60merから構成されるN30Hを鋳型として作製した。また、蛍光ラベル等を有する修飾RNAに関しては、日本バイオサービスに合成を依頼した。タンパク質サンプルに関しては、pETベクター上に、目的となるDNA配列をクローニングした後、大腸菌BL21-Codon Plus(DE3)-RILに形質転換し、目的タンパク質を発現した。精製は、Ni-NTAアガロースカラムを用いて行った。

(2) 活性検出等について

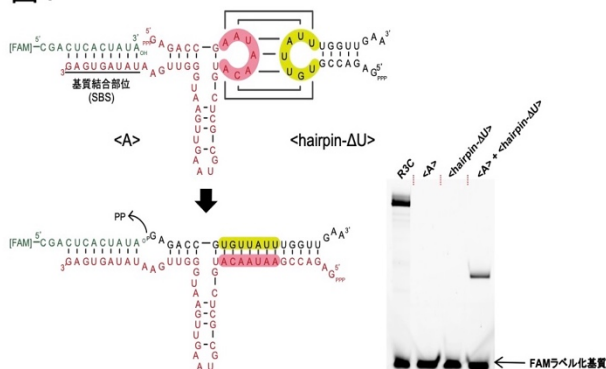
リガーゼリボザイムによる連結反応は、R3Cリガーゼリボザイム、あるいは、その変異体を5'-FAMラベルした基質RNAと混合して行った。生成産物は、変性ポリアクリルアミドゲル電気泳動によって分離した後、Typhoon FLA 7000 systemとImage Quant TL softwareを用いて定量した。古細菌*Aeropyrum pernix* Trbpとの結合活性の検出は、ニトロセルロースフィルターにTrbpを結合させておき、これに結合してくるRNAを選抜した。また、非変性ポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いたゲルシフトアッセイによって、TrbpとRNAとの結合検出も実施した。tRNAのアミノアシル化は、¹⁴Cラベルされたアミノ酸を使用し、ATPとRNAの存在下で、アミノアシルtRNA合成酵素を用い、最終的に得られた¹⁴CアミノアシルtRNAを液体シンチレーションカウンターによって、定量・検出した。X線結晶構造解析は、高エネルギー加速器研究機構の放射光施設を用いて、横浜市立大学の朴三用教授との共同研究で行った。分子シミュレーションは、AMBER 16 software packageを用いた。

4. 研究成果

(1) R3Cリガーゼリボザイムは、報告されているリガーゼリボザイムの中で最小のサイズ(73ヌクレオチド)を有し、基質分子を自身に連結するリガーゼ活性をもつ。R3Cリガーゼリボザイムを縮小した切断型変異体(48ヌクレオチド)を作製すると、大きな活性の低下が見られた。この変異体のループ配列を改変し、49ヌクレオチドの変異体<A>、および、<A>のループ部分と相補的な配列をもつ変異体を調製し、<A>と混合すると、連結効率は著しく上昇した。これらの結果は、これは2つの変異体の相補的な配列が、kissing-loopを介して複合体を形成することにより、活性に必要な構造変化によって引き起こされたと考えられた。

(2) そこで、互いに kissing-loop を有する 2 分子 RNA を用いることによって、連結活性が上昇するメカニズムを解明するために、<A> と kissing-loop を形成するループ配列をもち、基質結合部位を持たないヘアピン状の RNA である <hairpin-ΔU> を作製し、<A> と <hairpin-ΔU> を混合することによる連結活性の変化を測定した。その結果、基質結合部位がないにもかかわらず、基質の連結は<A>の側でなく、<hairpin-ΔU>の側に起こることが明らかになった(図1)。これは驚くべき結果である。

図1



(3) 次に、これらの kissing-loop 配列の一部を置換・欠損した変異体を用いて実験を行った。その結果、連結効率が低下したり、連結活性を示さないものも出現したりした(図2)。これらの解析をもとに、kissing-loop 形成の自由エネルギーの観点から考察を行った(図3)。そして、kissing-loop を介した複合体の形成は、熱力学的支配のみならず、速度論的支配にも依存し、これらが連結活性の創出に寄与していることが示唆された。

図2

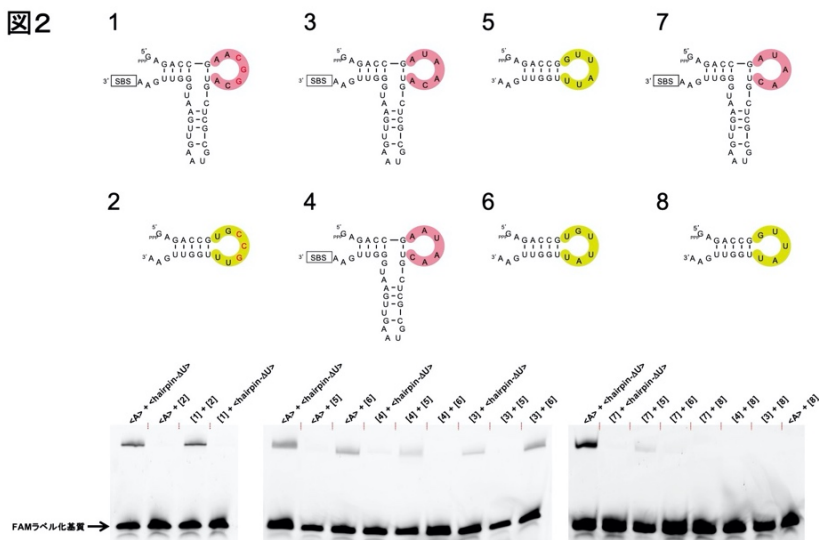
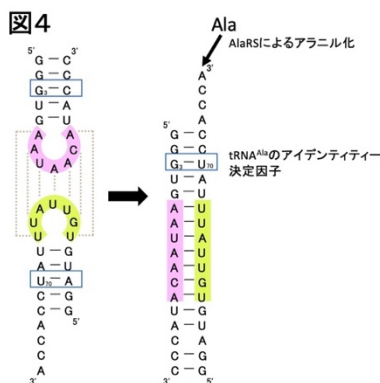


図3

組合せ	Kissing 相互作用	ΔG (kcal/mol)
<hairpin-ΔU>	5'-UGUUUUU-3'	-10.4
<A>	3'-ACAAUAA-5'	
[2]	5'-UGCCGUU-3'	-1.4
<A>	3'-ACAAUAA-5'	
[2]	5'-UGCCGUU-3'	-18.8
[1]	3'-ACGGCAA-5'	
<hairpin-ΔU>	5'-UGUUUUU-3'	-1.4
[1]	3'-ACGGCAA-5'	
[5]	5'-GUUUUUU-3'	-5.2
<A>	3'-ACAAUAA-5'	
[6]	5'-UGUUUUU-3'	-6.2
<A>	3'-ACAAUAA-5'	
<hairpin-ΔU>	5'-UGUUUUU-3'	-5.2
[4]	3'-CAUAUAA-5'	
[5]	5'-GUUUUUU-3'	-8.2
[4]	3'-CAUAUAA-5'	
[6]	5'-UGUUUUU-3'	-1.0
[4]	3'-CAUAUAA-5'	
<hairpin-ΔU>	5'-UGUUUUU-3'	-6.2
[3]	3'-ACAAUAA-5'	
[5]	5'-GUUUUUU-3'	-1.0
[3]	3'-ACAAUAA-5'	
[6]	5'-UGUUUUU-3'	-9.2
[3]	3'-ACAAUAA-5'	
<hairpin-ΔU>	5'-UGUUUUU-3'	-1.0
[7]	3'-CAUAUAA-5'	
[5]	5'-GUUUUUU-3'	-4.0
[7]	3'-CAUAUAA-5'	
[6]	5'-UGUUUUU-3'	-4.0
[7]	3'-CAUAUAA-5'	
[8]	5'-GUUUUUU-3'	-7.0
[7]	3'-CAUAUAA-5'	
[8]	5'-GUUUUUU-3'	-4.0
[4]	3'-CAUAUAA-5'	
[8]	5'-GUUUUUU-3'	-4.0
[3]	3'-ACAAUAA-5'	
[8]	5'-GUUUUUU-3'	-1.0
<A>	3'-ACAAUAA-5'	

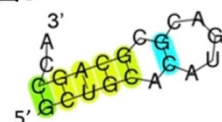
(4) これらの kissing-loop 配列を介した相互作用は、RNA の進化に対して、重要な意味を持ったことを証明する一環として、まったく独立した短い 2 本の RNA を用意し、これらを混合させ、kissing 相互作用を介した構造変化を引き起こさせることによって、初めて、アミノアシル tRNA 合成酵素によって認識され、アミノアシル化が起こることを明らかにした(図4)。

図4



(5) 翻訳系とのカップリング創出を目指すために、生物種を違えて保存されているタンパク質 (Trbp: tRNA binding protein) に結合する RNA はどのようなものであるかを明らかにする目的で、*A. pernix* Trbp に対する RNA アプターを分離した。それらの二次構造をもとに、構造の縮小化を行い、最終的に 21 ヌクレオチドから構成される短縮された配列が得られ、*A. pernix* Trbp との結合に不可欠なのは、3'末端の一本鎖 CA ヌクレオチドであることを明らかにした(図5)。

図5



(6) 将来的に、「タンパク質の情報を直接 RNA の情報に変換する“逆翻訳”系構築」への道筋を探っていくために、遺伝暗号の起源に関係するタンパク質との反応を解析した。最小のゲノムサイズを有する古細菌 *Nanoarchaeum equitans* の α と β という 2 本のポリペプチド鎖から構成されるアラニル tRNA 合成酵素 (AlaRS) は α 鎖のみの時は G3:U70 塩基対に依存しない tRNA^{Ala} へのアラニン結合活性があり、これに β 鎖が加わった時に初めて、G3:U70 塩基対に依存した活性を生み出すことを解明した (図 6)。また、*N. equitans* のグリシル tRNA 合成酵素 (GlyRS) の構造も明らかにした

(PDB ID:5Z5E) (図 7)。さらに、長年謎であった L-アミノ酸が選択的に選ばれる理由を、原始 tRNA (RNA ミニヘリックス) を用いた分子動力学シミュレーションにより指し示した (図 8)。

図 6

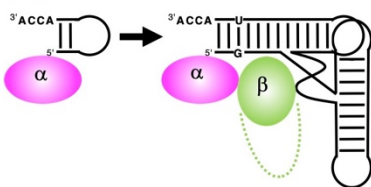
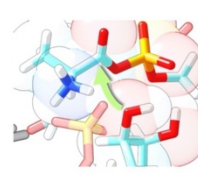


図 7



図 8



これらの研究は、リガーゼリボザイムの起源と進化に迫るだけでなく、タンパク質合成系の進化への道筋にもつながっており、RNA の工学的可能性向上の基盤研究となるだけでなく、従来の生物学の常識を覆す画期的な発見につながる可能性を秘めている。

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 2件／うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Senri Ohmori, Marina Wani, Saki Kitabatake, Yuka Nakatsugawa, Tadashi Ando, Takuya Umehara, Koji Tamura	4. 巻 10
2. 論文標題 RNA Aptamers for a tRNA-Binding Protein from <i>Aeropyrum pernix</i> with Homologous Counterparts Distributed Throughout Evolution	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Life	6. 最初と最後の頁 11
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/life10020011	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 Koji Tamura	4. 巻 87
2. 論文標題 Perspectives on the Origin of Biological Homochirality on Earth	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Molecular Evolution	6. 最初と最後の頁 143-146
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00239-019-09897-1	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 Alma Fujisawa, Risako Toki, Hideaki Miyake, Tomoko Shoji, Hiromi Doi, Hiromi Hayashi, Rina Hanabusa, Hiromi Mutsuro-Aoki, Takuya Umehara, Tadashi Ando, Hiroki Noguchi, Arnout Voet, Sam-Yong Park, Koji Tamura	4. 巻 511
2. 論文標題 Glycyl-tRNA synthetase from <i>Nanoarchaeum equitans</i> : The first crystal structure of archaeal GlyRS and analysis of its tRNA glycylation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Biochemical and Biophysical Research Communications	6. 最初と最後の頁 228-233
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.bbrc.2019.01.142	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 Kokoro Hamachi, Hiromi Mutsuro-Aoki, Kana Tanizawa, Ito Hirasawa, Takuya Umehara, Koji Tamura	4. 巻 177
2. 論文標題 Effects of complementary loop composition in truncated R3C ligase ribozymes on kiss switch activation	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 BioSystems	6. 最初と最後の頁 9-15
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.biosystems.2019.01.004	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 Tadashi Ando, Shunichi Takahashi, Koji Tamura	4. 巻 46
2. 論文標題 Principles of chemical geometry underlying chiral selectivity in RNA minihelix aminoacylation	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 11144-11152
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gky909	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 Takuya Umehara, Saori Kosono, Dieter Soll, Koji Tamura	4. 巻 9
2. 論文標題 Lysine acetylation regulates alanyl-tRNA synthetase activity in Escherichia coli	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Genes	6. 最初と最後の頁 473
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/genes9100473	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 該当する

1. 著者名 Kana Tanizawa, Sayuri Uchida, Eri Kurihara, Takuya Umehara, Koji Tamura	4. 巻 7
2. 論文標題 The Kiss Switch Brings Inactive R3C Ligase Ribozyme Back to Life	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Biology	6. 最初と最後の頁 7
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/biology7010007	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 Takumi Yokosawa, Ryota Enomoto, Sho Uchino, Ito Hirasawa, Takuya Umehara, Koji Tamura	4. 巻 162
2. 論文標題 A step into the RNA world: Conditional analysis of hydrogel formation of adenosine 5'	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 BioSystems	6. 最初と最後の頁 53-58
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.biosystems.2017.09.004	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 Hidemichi Suzuki, Akihiro Kaneko, Taro Yamamoto, Mahoko Nambo, Ito Hirasawa, Takuya Umehara, Hisashi Yoshida, Sam-Yong Park, Koji Tamura	4. 巻 84
2. 論文標題 Binding Properties of Split tRNA to the C-terminal Domain of Methionyl-tRNA Synthetase of Nanoarchaeum equitans	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Journal of Molecular Evolution	6. 最初と最後の頁 267-278
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00239-017-9796-6	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30件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 瀧地心、無津呂(青木)裕美、平澤以冬、谷澤佳奈、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 R3Cリガーゼリボザイムの再活性化に及ぼすkissing-loop組成の影響
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 英里奈、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 大腸菌アルギニルtRNAによるtRNA介在アミノ酸活性化メカニズムの解明
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 和田柊一、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 蛍光性RNAアプタマーの蛍光強度に与えるテトラループの影響
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 田村浩二、安藤格士、Paul Schimmel
2. 発表標題 地球生命のアミノ酸ホモキラリティーの起源に関する視点
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 重田愛奈、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 プロモーター非依存的RNAポリメラーゼの反応メカニズムの解析
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 高野悠、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 in silico によるアラニルtRNA合成酵素のアラニン活性化メカニズムの解明
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 川村優菜、乾大介、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 短い鋳型存在下におけるヌクレオチドの非酵素的重合
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 小野口真由、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 大腸菌アラニルトRNA合成酵素によるアラニン認識メカニズムの解明
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 安藤格士、田村浩二
2. 発表標題 tRNAのL-アミノ酸特異的アミノアシル化の起源と分子基盤
3. 学会等名 第92回 日本生化学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 栗原遼大、高橋弘樹、阿留多伎美沙、高野悠、安藤格士、榎原琢哉、無津呂(青木)裕美、田村浩二
2. 発表標題 ナノアーキアA1aRSによるRNAミニヘリックスの認識機能解析
3. 学会等名 東京理科大学 研究推進機構 総合研究院 アグリ・バイオ工学研究部門 公開シンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 瀧地 心、無津呂(青木)裕美、谷澤佳奈、平澤以冬、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 切断型R3Cリガーゼリボザイムにおけるkissing-loop組成の影響
3. 学会等名 生命の起原および進化学会第44回学術講演会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 安藤格士、田村浩二
2. 発表標題 tRNAのL-アミノ酸特異的アミノアシル化の起源と分子メカニズム
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 平澤以冬、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 tRNAに保存されたCCA配列の原始的な機能の解明
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 川瀬伸之、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 蛍光測定を利用したtRNAのアンチコドンとアミノ酸の相互作用解析
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 小野寺風葉、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 アミノアシルtRNA合成酵素の起源と分化に関する原始モデルの探索
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 加賀見光、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 Nanoarchaeum equitans由来のアラニルtRNA合成酵素の結晶化
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 高木未紗、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 ハンマーヘッドリボザイムのアミノ酸存在下での切断メカニズムの解明
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 瀧地心、無津呂（青木）裕美、平澤以冬、谷澤佳奈、内田小百合、栗原絵梨、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 Kissing-loopを用いたR3C ligase ribozyme変異体の高効率化
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 Tadashi Ando, Koji Tamura
2. 発表標題 Chiral selectivity mechanism on aminoacylation of an RNA minihelix examined by molecular dynamics simulations
3. 学会等名 日本生物物理学会第56回年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 和田稔一、菊地大輔、小寺彰吾、榎原琢哉、無津呂（青木）裕美、田村浩二
2. 発表標題 テトラグリシン結合性RNAアプタマーの創出と機能解析
3. 学会等名 東京理科大学 研究推進機構 総合研究院 アグリ・バイオ工学研究部門 「アグリ・バイオ公開シンポジウム」
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 安藤格士、田村浩二
2. 発表標題 分子シミュレーションによるRNAのアミノ酸鏡像異性体選択機構の解明
3. 学会等名 生命の起原および進化学会第43回学術講演会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 乾大介、田村浩二、榎原琢哉
2. 発表標題 古細菌型脂質を用いたヌクレオチドの非酵素的重合
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 谷澤佳奈、内田小百合、栗原絵梨、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 R3C ligase ribozymeの活性を制御するRNAの創製
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 南保茉帆子、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 原始RNAポリメラーゼ創製の試み
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 和仁茉李奈、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 Aeropyrum pernix由来tRNA結合タンパク質に結合する最小RNA構造の探求
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 相澤貴一、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 アミノ酸活性化リボザイムKK13の最小化
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 西千尋、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 大腸菌アラニルtRNA合成酵素に結合するRNAアプタマーの選択
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 高橋弘樹、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 Nanoarchaeum equitansアラニルtRNA合成酵素によるtRNAAlaのアミノアシル化解析
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 和田理志、榎原琢哉、田村浩二
2. 発表標題 グアニン四重鎖を足場とした原始アミノアシルtRNAによるペプチド形成の試み
3. 学会等名 2017年度生命科学系学会合同年次大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 鈴木英路、金子明弘、山本太郎、南保茉帆子、平澤以冬、榎原琢哉、吉田尚史、朴三用、田村浩二
2. 発表標題 Nanoarchaeum equitansメチオニルtRNA合成酵素による分断tRNAの結合
3. 学会等名 東京理科大学 研究推進機構 総合研究院 アグリ・バイオ工学研究部門 「アグリ・バイオ公開シンポジウム」
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Koji Tamura (Editor)	4. 発行年 2018年
2. 出版社 MDPI	5. 総ページ数 192
3. 書名 The Origin and Evolution of the Genetic Code: 100th Anniversary Year of the Birth of Francis Crick	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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