

令和 4 年 6 月 15 日現在

機関番号：34506

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K05723

研究課題名(和文)細胞内で機能するRNA構造スイッチの最適化および合理的設計技術の構築

研究課題名(英文)Construction of strategy for rational design of optimized RNA conformational switch

研究代表者

遠藤 玉樹 (Endoh, Tamaki)

甲南大学・先端生命工学研究所・准教授

研究者番号：90550236

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：本研究課題では、細胞内で効率良く機能するRNA構造スイッチを合理的に設計する技術基盤を確立することを目的とした。蛍光分子に結合してその蛍光シグナルを増強させるライトアップアプタマーを機能性RNAのモデルとし、合理的に設計したRNA構造スイッチで標的分子を蛍光イメージングにより検出することを試みた。研究成果として、RNAが固定化された微粒子群(R-CAMPs)を独自に開発し、ライトアップアプタマーおよびRNA構造スイッチの効率的な最適化を可能にした。さらに、最適化されたRNA配列を活用し、細胞内で機能するRNA構造スイッチの合理的な設計が可能であることを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究で構築したRNA構造スイッチを活用することで、標的分子の動態を細胞内でリアルタイムに解析するイメージング技術や、特定の外部刺激分子による遺伝子の発現制御技術などを合理的に設計できるようになる。それ故、本研究成果は、分析化学、遺伝子工学、細胞工学など幅広い基礎学術分野への貢献が可能である。加えて、特定の分子に反応した構造変化に基づいて薬理作用を発揮するといった、分子環境応答型の核酸医薬品の開発などにも本研究成果を活用できる。つまり本研究成果は、医工学分野への活用も期待され、その社会的意義は極めて大きい。

研究成果の概要(英文)：In this research project, rational designing of RNA conformational switches, which enable regulation of functional RNAs in response to a specific molecule, was demonstrated. Light-up aptamers, which bind fluorogens and enhance their fluorescence signals, were utilized as model functional RNAs and converted to the RNA conformational switches to detect the target molecule by the fluorescence signals. Construction of RNA-capturing microsphere particles (R-CAMPs) was first performed to obtain light-up aptamers and optimize the RNA conformational switches. Then, the RNA conformational switches were designed based on the optimized sequence and demonstrated to function in cells to detect the target molecules. The strategy to construct RNA conformational switches demonstrated in this study, can be utilized for regulating RNA functions by external stimulus molecule, contributing a wide range of basic academic RNA research.

研究分野：核酸化学

キーワード：RNA 構造変化 バイオセンサー セレクション 合理設計

1. 研究開始当初の背景

細胞内には、リボスイッチと呼ばれる遺伝子の発現調節を担う機能性の RNA が存在する。リボスイッチは、内部に存在するアプタマー領域が特定の代謝産物を認識し、その相互作用エネルギーに基づいて RNA の構造を変化させて遺伝子の発現を調節する。つまりリボスイッチは、特異的な分子認識と、分子間の相互作用エネルギーに応じた柔軟な構造変化という、RNA ならではの特性を巧みに活用した機能性分子 (RNA 構造スイッチ) である。リボスイッチの発見は、人工的に RNA 構造スイッチを設計することで、特定の分子に応答して RNA の機能が制御される生体分子材料を細胞内で構築できる可能性を示した。研究開始当初の背景として、研究代表者らは、アプタマーと標的分子の結合が別のアプタマーの機能 (標的ペプチドとの相互作用) に影響を及ぼす RNA 構造スイッチを構築し、ヒト細胞内での遺伝子発現制御や任意 RNA の検出への展開が可能であることを示していた。一方で、蛍光性の低分子化合物に結合し、その蛍光強度を劇的に増強させる RNA アプタマー (ライトアップアプタマー) が開発され、ライトアップアプタマーをユニット化した RNA 構造スイッチにより、標的分子の蛍光検出なども試みられていた。しかしながら、細胞内で RNA 構造スイッチを活用した研究例は少なく、細胞内で効率良く機能させるために RNA 構造スイッチを最適化、あるいは合理的に設計する技術の構築が重要な課題となっていた。

2. 研究の目的

本研究では、細胞内で効率良く機能する RNA 構造スイッチを合理的に設計する技術基盤を確立することを目的とした。そのために、

- (1) RNA 構造スイッチの簡便な最適化技術を【構築する】
- (2) 細胞内での RNA 構造スイッチの機能を【実証する】
- (3) RNA 構造スイッチの合理的な設計技術を【確立する】

という 3 つの研究課題を段階的に遂行した。蛍光分子に結合してその蛍光シグナルを増強させるライトアップアプタマーを機能性 RNA のモデルとし、合理的に設計した RNA 構造スイッチで標的分子を蛍光イメージングにより検出することを試みた。

3. 研究の方法

- (1) RNA 構造スイッチの簡便な最適化技術を【構築する】

本研究では、構築する RNA 構造スイッチを細胞内での標的分子の蛍光検出に活用してその機能を実証することを目指す。そのために、RNA に結合した化合物の蛍光シグナルに基づいて RNA を選別する新たな選別技術を構築する。構築した選別技術を活用し、ライトアップアプタマーの選別を行う。

- (2) 細胞内での RNA 構造スイッチの機能を【実証する】

細胞内の代謝産物を標的とした RNA 構造スイッチを最適化することで、本研究で構築する RNA 構造スイッチの最適化技術の有効性を実証する。ライトアップアプタマーをユニット化した RNA をライブラリ化し、検出対象となる分子の存在下でライトアップアプタマーの機能を発揮する RNA 構造スイッチの選別を行う。選別により得られた RNA 構造スイッチを細胞内に導入し、蛍光シグナルによる代謝産物の検出を実証する。

- (3) RNA 構造スイッチの合理的な設計技術を【確立する】

蛍光シグナルに基づいた RNA の選別技術を活用し、異なる色調を示す複数のライトアップアプタマーを取得する。複数種類のライトアップアプタマーを同一の手法でユニット化し、異なる標的分子を異なる蛍光シグナルとして同時に検出できる RNA 構造スイッチを設計、合成する。細胞内で複数種類の標的分子の検出を行い、合理的な設計に基づいて RNA 構造スイッチを細胞内で機能化できることを示す。

4. 研究成果

- (1) RNA 構造スイッチの簡便な最適化技術の構築

微粒子担体上へのクローン化された RNA の固定化技術の構築

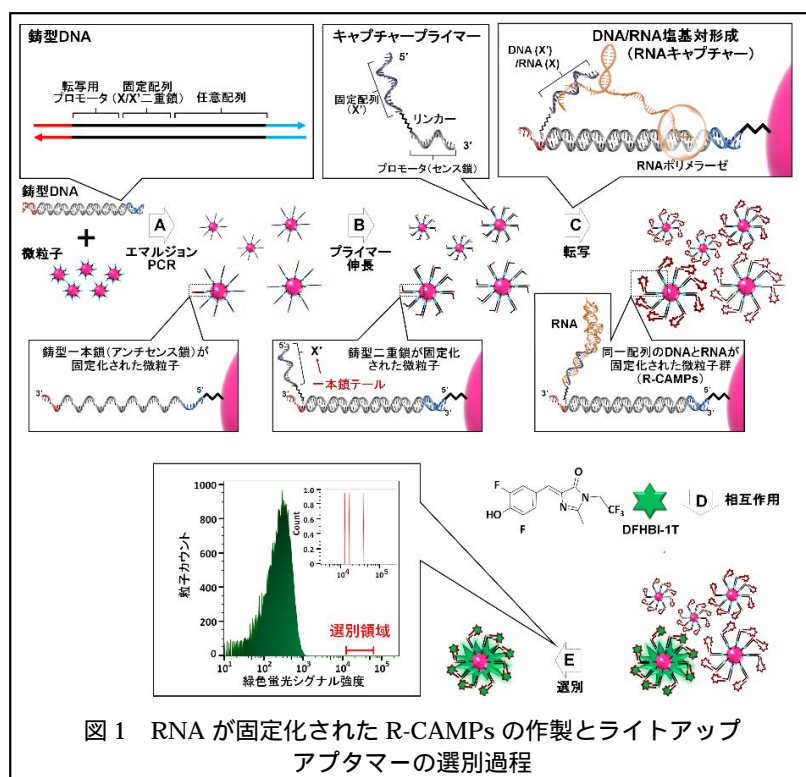
本研究では個別の微粒子担体に個別の RNA を固定化する新たな手法を考案し、固定化された RNA に結合した化合物が示す蛍光シグナルを基にライトアップアプタマーを選別する技術を構築した (図 1)。具体的には、次世代型シーケンサーなどにも用いられる微粒子担体上に無数の DNA クローンを固定化する技術を活用した。ライブラリ DNA を設計し、エマルジョン PCR を用いて個別の微粒子担体上に個別の一本鎖 DNA を固定化した (図 1、A)。次に、キャプチャープライマーを用いたプライマー伸長反応で、転写反応用の鋳型 DNA 二重鎖を微粒子上で合成した。その際、転写される RNA を補足するために、RNA の相補配列となる DNA 領域が一本鎖状態で残るようにキャプチャープライマーを設計した (図 1、B)。再合成した鋳型 DNA から RNA を転写合成しつつ、RNA 鎖を鋳型 DNA 上に残っている一本鎖 DNA 領域に塩基対形成させ、RNA の固定化を行った (図 1、C)。これにより、個別の微粒子上に同一配列を有する個別

の DNA と RNA が固定化されている微粒子群 (RNA キャプチャー微粒子群 (RNA-capturing microsphere particles: R-CAMPs)) を数百万粒子作製した。

蛍光シグナルに基づくライトアップアプタマーの選別

本研究では、既存のライトアップアプタマーの一種である Spinach の配列を部分的にランダム化したライブラリを設計し、R-CAMPs を作製した。その後、作製した R-CAMPs を、Spinach に結合して自身の蛍光シグナルを増強させる化合物 (DFHBI-1T) と混合した。DFHBI-1T と結合できる配列を有する微粒子は、DFHBI-1T の緑色蛍光を示すことになる (図 1、D)。この緑色蛍光に基づいて強い蛍光シグナルを示す微粒子を、セルソーターを用いて選別、回収した (図 1、E)。

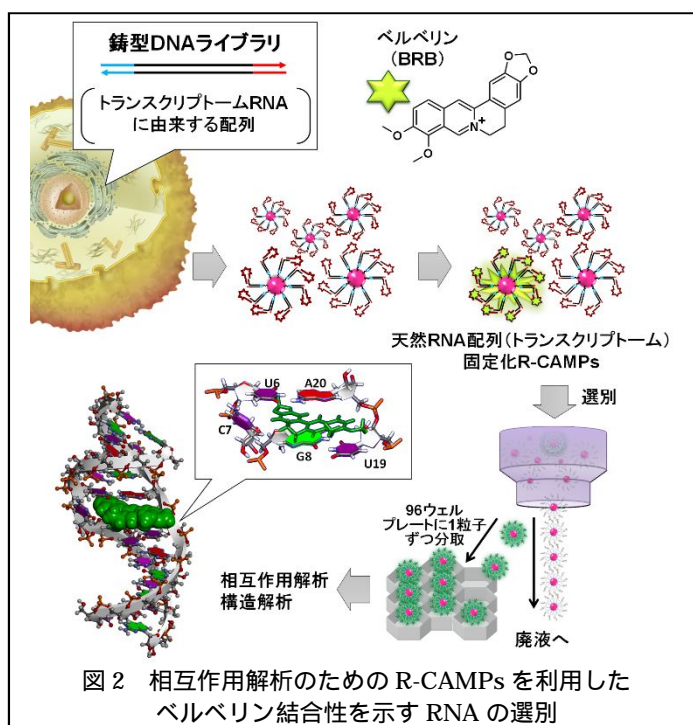
回収した微粒子群に固定化されている DNA を増幅させてその配列を解析した結果、ライブラリ化した元の Spinach と類似の配列を有するものが多数存在し、それらの配列が DFHBI-1T に結合して緑色蛍光を増強させることも示された。さらに、細胞内の分子環境を模倣した溶液中で選別を行ったところ、選別に用いた分子環境で DFHBI-1T への結合定数を増大させる RNA 配列を得ることも成功した。これらの研究成果により、蛍光シグナルに基づいた RNA 配列の最適化技術として R-CAMPs を用いた RNA の選別技術を構築できた (Small, 15, 1805062 (2019))。



植物由来の二次代謝産物に結合する RNA の取得

本研究では、R-CAMPs を用いた RNA の選別技術を構築したことにより、副次的な研究成果を得ることができた。具体的には、植物由来の二次代謝産物であり、抗菌活性や抗炎症作用などを示すことが知られるベルベリンに結合する RNA を見出した。ベルベリンは、核酸分子に相互作用することでベルベリン自身の蛍光シグナルが増強されることが知られている。そこで本研究では、ヒト細胞に由来する RNA をもとに断片化されたライブラリ (トランスクリプトームライブラリ) を作製し、トランスクリプトームライブラリが固定化された R-CAMPs を得た (図 2)。

その後、ベルベリンの蛍光シグナルに基づいて R-CAMPs の選別を行った。得られた微粒子上の DNA の配列を解析し、個別の RNA とベルベリンとの相互作用の解析、RNA 配列の最小化を行った結果、ベルベリンがシトシンのバルジを含む単純な RNA 二次構造に選択的に相互作用することが見出された。本研究では、国外の研究グループとの国際共同研究により、ベルベリンが結合した RNA 二次構造の複合体解析にも成功した (図 2)。この研究成果により、ベルベリンなどの植物由来の天然物が、RNA を標的にその生理活性を示している可能性を提唱することができた。加えて、近年注目されている RNA を標的とした創薬研究に対して、植物由来の化合物群が創薬のリード化合物として有効である可能性も示すことができた (Nucleic Acids Res., 49, 8449 (2021))。



(2) 細胞内での RNA 構造スイッチの機能実証

代謝産物に応答する RNA 構造スイッチの最適化

本研究では、上述の R-CAMPs を用いて RNA 構造スイッチの最適化を行い、その機能を細胞内で実証するための例として、代謝産物である *S*-アデノシルメチオニン (SAM) に応答する RNA 構造スイッチの構築を目指した。SAM に結合するリボスイッチ由来のアプタマドメイン、および DFHBI-1T の蛍光シグナルを増強する Spinach をユニット化し、それぞれの RNA をジャンクション配列としてランダムな配列で連結したライブラリを設計した。設計したライブラリを用いて R-CAMPs の調製を行い、SAM に応答して DFHBI-1T と結合し、緑色蛍光を示す RNA を固定化している微粒子の選別を行った。具体的には、SAM が存在しない環境でも DFHBI-1T と結合して蛍光を発してしまう RNA を排除するネガティブセレクション、SAM が存在する溶液に置き換えた際に DFHBI-1T と結合して蛍光を発する RNA を選別するポジティブセレクションを連続して行った (図 3)。その結果、1 サイクルのセレクションのみで、20 万種類程度の多様性を有する RNA の中から、SAM に応答して DFHBI-1T との結合定数を 17.6 倍上昇させる RNA 構造スイッチの獲得に成功した。具体的には、SAM の非存在下での DFHBI-1T との結合定数が $0.35 \times 10^5 \text{ M}^{-1}$ 、 $10 \mu\text{M}$ SAM 存在下での結合定数が $6.13 \times 10^5 \text{ M}^{-1}$ であった。

最適化された RNA 構造スイッチによる細胞内での代謝産物検出

最適化された RNA 構造スイッチを細胞内に導入し、SAM の検出を試みた。本研究では、SAM の合成阻害剤であるシクロロイシン (CL) を細胞に添加し、CL に応答した細胞内の SAM 濃度の減少を蛍光シグナルの減少として検出できるかどうかを検証した。細胞を CL の存在下で培養したのち、生体外で精製した RNA 構造スイッチを電圧ポレーションで導入した。その後、DFHBI-1T を添加して細胞が示す緑色蛍光シグナルを FACS により解析した。その結果、細胞に添加した CL の濃度に依存して、DFHBI-1T の蛍光強度が減少した。この研究成果により、R-CAMPs を用いて最適化した RNA 構造スイッチが細胞内でも機能し、標的分子 (SAM) を蛍光シグナルとして検出できることが実証された (*Anal. Chem.*, **92**, 7955 (2020))。

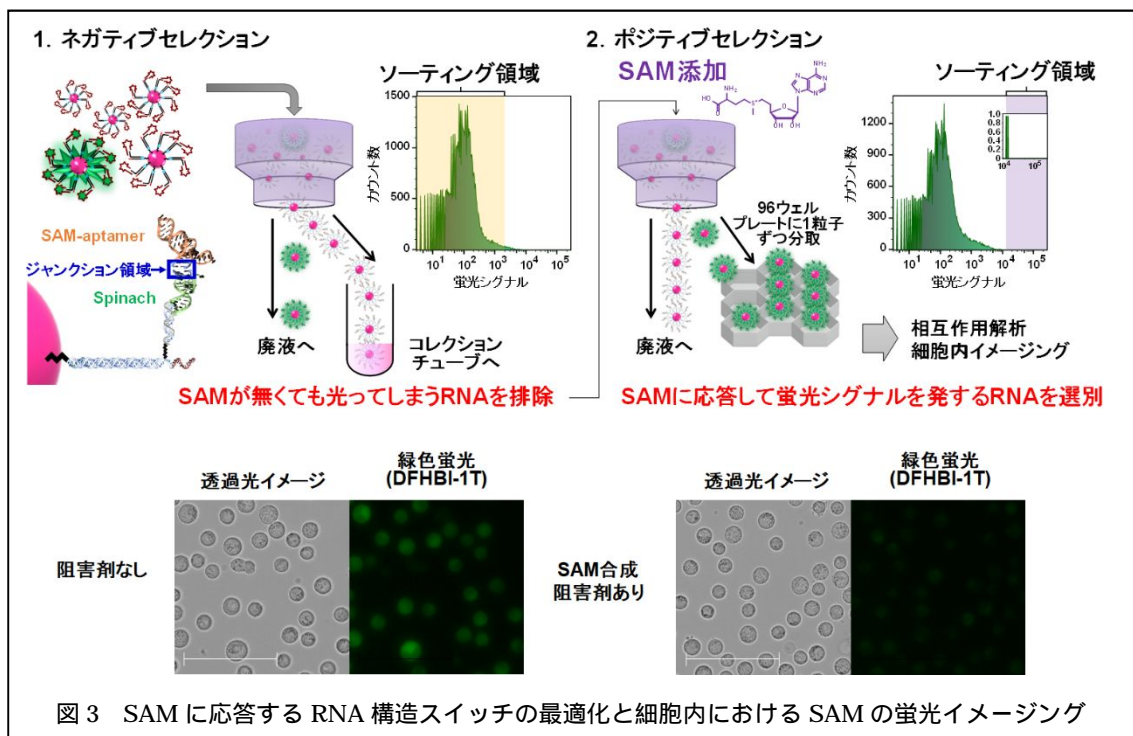


図 3 SAM に応答する RNA 構造スイッチの最適化と細胞内における SAM の蛍光イメージング

(3) RNA 構造スイッチの合理的な設計技術の確立

異なる色調を示すライトアップアプタマーの取得

本研究では、複数種類のライトアップアプタマーを同一の手法でユニット化し、異なる標的分子を異なる蛍光シグナルとして同時に検出できる RNA 構造スイッチの構築を試みた。具体的には、Spinach から派生したライトアップアプタマーである Broccoli の DFHBI-1T 結合サイトの周囲にランダムな変異を導入した RNA ライブラリ設計した。そして、異なる色調の蛍光シグナルを発する化合物群を直交的に識別する RNA (Orthogonal Light-up Aptamer: OLAp) R-CAMPs により獲得することを試みた (図 4)。Broccoli の DFHBI-1T 結合サイトには、4 つのグアニンが平面的に配置された G-カルテット構造が存在する。そのため、グアニン四重鎖構造に結合して青色蛍光を発する Isa-5a、同じくグアニン四重鎖構造に結合して赤色蛍光を発する ISCH-1、および緑色蛍光を発する DFHBI-1T を用いた。ライブラリ由来の RNA を固定化した R-CAMPs を調整し、Isa-5a、ISCH-1、DFHBI-1T の存在下で FACS による蛍光シグナルの解析を行った。ほとんどの微粒子は蛍光を示さなかったものの、ごく一部の微粒子が青色、赤色、

緑色の強い蛍光シグナルを発生した。それぞれの色調で強い蛍光シグナルを発生する微粒子群を FACS により選別し、得られた微粒子上の DNA 配列を解析したところ、それぞれの化合物ごとに特徴的な配列が存在していた。最終的に得られた 3 種類のライトアップアプタマーを精製し、Isa-5a、ISCH-1、DFHBI-1T を混合した溶液中での蛍光シグナルを観測した結果、青色、赤色、緑色の異なる色調を発生することが確認された。また、複数種の RNA と化合物群を今後した場合には、色調の混ざった色で蛍光シグナルが観測された (図 4)。つまり、同じ RNA を基にしたライブラリから、3 種類の異なる化合物を直交的に識別する

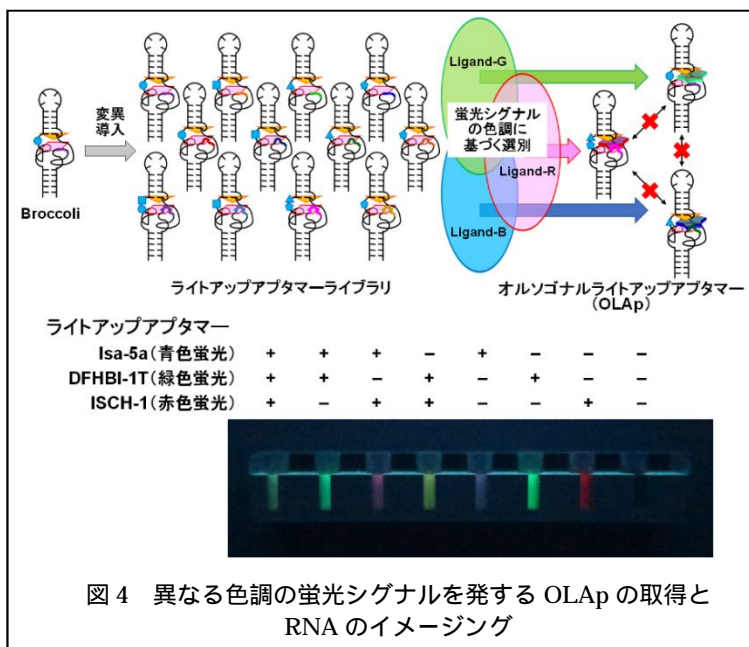


図 4 異なる色調の蛍光シグナルを発生する OLAp の取得と RNA のイメージング

OLAp (OLAp-Blue、OLAp-Green、および OLAp-Red) を獲得できた。このことは、抗体の様に基本骨格が同じでありつつも、周囲に配置されるモノマーユニットによって、異なる標的分子を特異的に認識できるようになることを示している。そのため、より特徴的な蛍光特性を示す化合物に対しても R-CAMPs を利用したアプタマーの獲得が可能であると考えられる。

細胞内における複数 RNA の蛍光イメージング

これまで、細胞内で複数種類の RNA を同時に蛍光シグナルでイメージングした研究例はほとんどない。そこで、RNA 構造スイッチへの展開を図る前に、本研究で取得した 3 種類のライトアップアプタマーの機能を細胞内で確認した。ここでは、プラスミド DNA を細胞内に導入し、各ライトアップアプタマーを細胞内で転写合成した。その結果、Isa-5a を認識する OLAp-Blue、および DFHBI-1T を認識する OLAp-Green の 2 種類が、細胞内でもそれぞれの化合物を認識して蛍光シグナル増強を示すことが確認された。ISCH-1 を認識する OLAp-Red は残念ながら細胞内では機能しなかった。そこで、赤色蛍光を発生するライトアップアプタマーとして、マラカイトグリーン (MG) に対する既存の RNA アプタマー (MGap) を代用し、青色、赤色、緑色の蛍光シグナルによる 3 種類の RNA の細胞内イメージングを試みた。その結果、同じ細胞内で 3 種類の RNA を同時、あるいは個別にイメージングできた。3 種類の RNA を異なる蛍光シグナルで同時に検出できたことから、本研究成果は、複数種類の RNA の動態を細胞内で解析するための新たな技術基盤になると期待される。

細胞内における複数標的分子の同時検出

本研究では、既に Spinach をユニット化した RNA 構造スイッチの最適化を行っている。そこで、細胞内での機能が確認された Isa-5a および DFHBI-1T を認識する OLAp を用いて、RNA 構造スイッチを合理的に設計した。具体的には、代謝産物である SAM、および薬剤化合物であるテオフィリンを標的分子のモデルとし、それぞれを認識して結合する RNA アプタマーと OLAp を、最適化された配列を用いて連結した。本研究では、SAM に応答して緑色蛍光を発生する RNA 構造スイッチとテオフィリンに応答して青色蛍光を発生する RNA 構造スイッチの組み合わせ、および SAM に応答して青色蛍光を発生する RNA 構造スイッチとテオフィリンに応答して緑色蛍光を発生する RNA 構造スイッチの組み合わせで、細胞内で RNA 構造スイッチを転写合成した。細胞に SAM の合成阻害を引き起こす CL、およびテオフィリンを添加して蛍光シグナルを評価した結果、上記のどちらの組み合わせでも、CL による細胞内 SAM 濃度の減少とテオフィリンそのものを蛍光シグナルの変化として検出できた (論文投稿中)。本研究成果により、同一の基本構造を有する OLAp を基に、異なる標的分子を異なる色調の蛍光シグナルで検出する RNA 構造スイッチを、同一の設計戦略に従って合理的に機能化できることが示された。さらに、OLAp が単に RNA のイメージングだけではなく、細胞内の様々な事象によって生じる化合物の検出技術の構築に有効であることも示された。

以上のように本研究では、RNA が固定化された微粒子群 (R-CAMPs) を独自に開発し、ライトアップアプタマーおよび RNA 構造スイッチの効率的な最適化を可能にした。さらに、最適化された RNA 配列を活用し、細胞内で機能する RNA 構造スイッチの合理的な設計が可能であることを実証した。本研究成果にもとづき、特定の標的分子との結合に伴う RNA の構造変化を介して RNA 機能の人為的な制御が可能になる。つまり、ライトアップアプタマー以外の RNA にも適用可能な汎用的な RNA 機能の制御手法となる。それ故、本研究成果は、特定の分子のイメージング技術だけではなく、遺伝子発現の制御技術や標的分子応答型の核酸医薬品の開発などにも有効に活用できると期待される。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計10件（うち査読付論文 10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 Endoh Tamaki, Brodyagin Nikita, Hnedzko Dziyana, Sugimoto Naoki, Rozners Eriks	4. 巻 16
2. 論文標題 Triple-Helical Binding of Peptide Nucleic Acid Inhibits Maturation of Endogenous MicroRNA-197	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 ACS Chemical Biology	6. 最初と最後の頁 1147 ~ 1151
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acscchembio.1c00133	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 Satpathi Sagar, Endoh Tamaki, Podbevsek Peter, Plavec Janez, Sugimoto Naoki	4. 巻 49
2. 論文標題 Transcriptome screening followed by integrated physicochemical and structural analyses for investigating RNA-mediated berberine activity	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nucleic Acids Research	6. 最初と最後の頁 8449 ~ 8461
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nar/gkab189	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 Endoh Tamaki, Sugimoto Naoki	4. 巻 92
2. 論文標題 Signaling Aptamer Optimization through Selection Using RNA-Capturing Microsphere Particles	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Analytical Chemistry	6. 最初と最後の頁 7955 ~ 7963
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.analchem.0c01338	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 Endoh Tamaki, Ohyama Tatsuya, Sugimoto Naoki	4. 巻 15
2. 論文標題 RNA Capturing Microsphere Particles (R CAMPs) for Optimization of Functional Aptamers	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Small	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/smll.201805062	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 Endoh Tamaki, Sugimoto Naoki	4. 巻 24
2. 論文標題 Conformational Dynamics of the RNA G-Quadruplex and its Effect on Translation Efficiency	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Molecules	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) 10.3390/molecules24081613	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 -

[学会発表] 計18件(うち招待講演 4件/うち国際学会 6件)

1. 発表者名 S. Satpathi, T. Endoh, Y. Chen, S. Matsumoto, T. Ohyama, P. Podbevsek, J. Plavec, K. Onizuka, F. Nagatsugi, N. Sugimoto
2. 発表標題 Nucleic Acids Chemistry beyond the Watson-Crick Double Helix (76) : Structure-based Derivatization of Berberine to Improve the Potency for Targeting RNA Structures
3. 学会等名 日本化学会第102回春季年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 T. Endoh, Jia-Heng Tan, Shuo-Bin Chen, N. Sugimoto
2. 発表標題 Nucleic Acids Chemistry beyond the Watson-Crick Double Helix (75): Development of RNA-ligand pairs for multicolor RNA imaging in cells
3. 学会等名 日本化学会第102回春季年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 遠藤 玉樹, SATPATHI Sagar, PODBEVSEK Peter, PLAVEC Janez, 杉本 直己
2. 発表標題 バルジを含むRNA二重鎖と天然アルカロイドとの相互作用解析
3. 学会等名 第14回バイオ関連化学シンポジウム
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 遠藤玉樹, SATPATHI Sagar, 大山達也, PODBEVSEK Peter, PLAVEC Janez, 杉本直己
2. 発表標題 脱ワトソン・クリックの核酸化学(65): ベルベリンによるRNAバルジ構造の認識および安定化の微視的解析
3. 学会等名 日本化学会第101回春季年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 T. Endoh
2. 発表標題 Interactions between Structured Nucleic Acids and π -conjugated Heterocyclic Chemicals
3. 学会等名 Fourteenth International Workshop on Supramolecular Nanoscience of Chemically Programmed Pigments (SNCPP19) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 遠藤玉樹、杉本直己
2. 発表標題 生理活性分子に結合する天然RNAの網羅的スクリーニング
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 T. Endoh and N. Sugimoto
2. 発表標題 RNA-capturing microsphere particles (R-CAMPs) for optimization of functional RNAs
3. 学会等名 10th RSC-CSJ Joint Symposium (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Endoh and N. Sugimoto
2. 発表標題 Conformational Dynamics of the RNA G-Quadruplex and its Effect on Gene Expressions
3. 学会等名 Advances in Noncanonical Nucleic Acids "ANNA2019" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Endoh, M. Kuwahara, Y. Kataoka, N. Sugimoto
2. 発表標題 Screening of transcriptomic RNAs that interact with thioflavin T derivative
3. 学会等名 第46回国際核酸化学シンポジウム (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 T. Endoh and N. Sugimoto
2. 発表標題 Sequence Optimization to Conditionally Regulate Functional RNAs for Biotechnological Applications
3. 学会等名 13th Anniversary International Symposium on Nanomedicine (ISNM2019) (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 遠藤玉樹、村瀬裕貴、鬼塚和光、永次史、杉本直己
2. 発表標題 Light-up型蛍光小分子に結合する核酸配列の最適化技術の確立と応用
3. 学会等名 第19回東北大学多元物質科学研究所研究発表会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 遠藤玉樹
2. 発表標題 同時かつ連続的な生体反応系における動的核酸構造変化の重要性
3. 学会等名 核酸化学懇話会2020 (北海道・東北地区セミナー) (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 T. Endoh, S. Satpathi, N. Sugimoto
2. 発表標題 Nucleic Acids Chemistry beyond the Watson-Crick Double Helix (60): Interaction analyses between natural alkaloids and RNAs with different structure motifs
3. 学会等名 日本化学会第100回春季年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 S. Satpathi, T. Endoh, N. Sugimoto
2. 発表標題 Nucleic Acids Chemistry beyond the Watson-Crick Double Helix (61): Effect of neighboring base pairs of cytosine bulge on berberine Induced RNA stabilization
3. 学会等名 日本化学会第100回春季年会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 遠藤玉樹	4. 発行年 2020年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 5
3. 書名 第11部 15. リボスイッチ (核酸科学ハンドブック、[監修] 日本核酸化学会、[編] 杉本直己)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

甲南大学先端生命工学研究所ホームページ
<http://www.konan-fiber.jp/index.php>
 甲南大学先端生命工学研究所
<http://www.konan-fiber.jp/index.php>

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

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関		
スロベニア	National Institute of Chemistry		