

令和 6 年 6 月 7 日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02438

研究課題名（和文）SARS-CoV2のタンパク質Nによる液滴とRNAタンパク質複合体の形成機構

研究課題名（英文）Mechanism of the ribonucleoprotein complex formation of SARS-CoV2 N protein

研究代表者

高橋 聡 (Takahashi, Satoshi)

東北大学・多元物質科学研究所・教授

研究者番号：30283641

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,500,000円

研究成果の概要（和文）： Nタンパク質を高度に精製する方法を確立し、ステムループ構造と一本鎖構造を持つRNA断片とNタンパク質の相互作用を調べた。その結果、Nタンパク質はRNAの二次構造に関係なく強く結合し、ふたつのRNAフラグメントを引き寄せることが明らかになった。この結果は、Nタンパク質の機能は3万塩基ものgRNAの二箇所を手繰り寄せて架橋することで、gRNAをコンパクトに保つことであることを示唆する。長鎖RNAの構造を調べるために、蛍光相関分光法や一分子蛍光分光法を用いる実験手法を確立した。600塩基や800塩基の長鎖RNA試料が、Nタンパク質との結合でコンパクトに変化することを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究を実施することで、コロナウイルスの複製に必須の働きをもつNタンパク質の機能をより正確に理解することが可能となった。さらには、gRNAとNタンパク質が結合することで、gRNAがフォールディングを起こしてRNPを形成するgRNAのフォールディング仮説を提案した。この仮説を今後証明できれば、ウイルスの成熟過程を阻害するための効果的な方法を提案できる可能性がある。

研究成果の概要（英文）： Interaction between N and RNA fragments with stem-loop and single-stranded structures was investigated. A method for the purification of the N protein was established. The single-molecule FRET spectroscopy and fluorescence correlation spectroscopy showed that N bind with RNA samples strongly irrespective of their secondary structures, and that N attracts two RNA fragments. The results suggest that the function of N is to bind and to attract two parts of the long gRNA and help its compaction. Experimental methods such as fluorescence correlation spectroscopy and single molecule fluorescence spectroscopy have been used to investigate the structure of long RNAs.

研究分野：生物物理

キーワード：SARS-Cov2 Nタンパク質 gRNA 一分子蛍光分光法 蛍光相関分光法

1. 研究開始当初の背景

新型コロナウイルス (SARS-CoV2) の N タンパク質は、SARS-CoV2 の構造タンパク質の一つであり、ウイルス複製において重要な役割を果たす。N は変異率が小さく、創薬の重要なターゲットである。また、糖鎖修飾が起きないために免疫反応を起こしやすく、N の抗体は SARS-CoV2 感染のマーカーとしても重要である。N は N 末端ドメイン、C 末端ドメインの二つの構造ドメインとそれらを繋ぐ天然変性領域から構成される。N は、ウイルス内においてウイルスの遺伝情報を担う gRNA と RNA-タンパク質複合体 (RNP) を形成する。N は RNP を作ることで 3 万塩基もの長さを持つ gRNA をウイルス内に閉じ込めるとともに、宿主細胞内にて gRNA を保護する。しかし、N の詳しい機能や RNA との複合体構造はほぼ未解明であった。

N と gRNA は対照的な特徴を持つ二つの集合状態を形成することが知られていた。第一は、上述した RNP である。RNP の構造として、二量体化した C 末端ドメインがロッド状に集積し、その周囲に gRNA が巻きつくモデルや、二量体化した N が円形に集合し gRNA が巻きつくことで、15nm 径の粒子構造を作るモデルも提案されている。第二は、柔らかく液体の性質を持つ液滴状態である。N を短い RNA と混合すると、流動性と融合性を持つ液滴が形成される。以上のように、N の構造や RNA との構造形成について、さまざまな観察がなされる状況にあった。

2. 研究の目的

(1) **N の高純度精製法の確立** N について矛盾するデータが報告されているが、これは、試料の RNA 除去が不完全だったことに起因した可能性がある。大腸菌に発現させた N について、RNA の徹底的な分解と N を変性させて精製する方法を確立し、試料純度を向上させる。

(2) **RNA との結合による N タンパク質の構造変化の解明** N に二つのシステインを導入した変異体を用いて作成し、変異体にドナー色素とアクセプター色素を導入した試料を作成する。これにより、RNA の結合に伴う N の構造変化の解明を目指した。

(3) **長鎖 RNA を光学基板に固定する実験の確立** 長鎖 RNA を光学基板に固定化し、イメージングにより構造変化を観察する実験を確立する。

(4) **異なる二次構造を持つ短い RNA 断片と N の相互作用の解明** ステムループ構造と一本鎖構造を持つ RNA を用いて、これらの RNA 断片と N タンパク質を混合することで、どのような構造変化が起きるかを解明する。

(5) **長鎖 RNA 断片と N の混合による RNP 形成機構の解明** *in vitro* 転写方法により gRNA のなかの 800 塩基部分に対応する長鎖 RNA を合成し、長鎖 RNA に N タンパク質が結合しコンパクトになる過程を解明する。

3. 研究の方法

N タンパク質とその変異体は、大腸菌を使うことで発現させ、精製を行った。

短い RNA 断片の構造変化を観察するために、RNA 断片の 5'末端と 3'末端にドナーとなる蛍光色素とアクセプターとなる蛍光色素をラベル化し、一分子蛍光分光法を用いてドナーとアクセプター間の距離を測定した。測定にはドナー色素とアクセプター色素を交互に励起する ALEX 測定装置を用いた。これにより、N タンパク質の結合による RNA の構造変化を観測できる。

In vitro 転写方法を用いて、数百塩基から 1000 塩基程度の長鎖 RNA の合成方法を確立した。さらに、長鎖 RNA の片末端を蛍光色素でラベル化した試料を用意し、蛍光相関分光法を用いて長鎖 RNA のコンパクト化を観測した。また、長鎖 RNA の両末端をドナー色素とアクセプター色素でラベル化を行うことで、一分子蛍光測定法による色素間の距離観測を行い、長鎖 RNA における構造形成を観測する実験を行った。

4. 研究成果

(1) 大腸菌を用いた N タンパク質の発現系と精製方法の構築

大腸菌に最適化した配列をプラスミドに組み込み、さらに大腸菌に導入することで、N タンパク質の発現系を作成した。N タンパク質は核酸不純物により簡単に凝集する。また、凝集体が混入した試料を用いると分光データの再現性が悪くなる。精製の過程で、大腸菌から回収した粗精製試料を核酸分解酵素で徹底的に洗浄し、さらに、8Mの尿素を含んだ溶液中に試料を溶解させ、変性状態においてニッケルカラムに結合させる精製方法を確立した。この手法を用いて精製した資料は、10mM 程度の高濃度であっても、単独では凝集せず、CD スペクトルや動的光散乱データを容易に観測することが可能となった。さらには、40 塩基長のポリアデニル酸と N の混合物の CD 観察も可能だった。これらの結果は、N と短い RNA との混合により液滴が形成されることの従来の観察の一部は、N に含まれた不純物により引き起こされた可能性があることを示唆する。また、一分子蛍光観察実験においても、本方法で精製した試料を用いることで、初めて再現性のよい結果を得ることが可能になった。

(2) RNA との結合による N タンパク質の構造変化の解明

N タンパク質の構造変化を調べることを目的に、N タンパク質への蛍光色素のラベル化を試みた。N タンパク質の N 末端と C 末端ドメインの直後にそれぞれシステインを導入した二つの変異体が大腸菌で発現させ、徹底的な不純物の除去により、ラベル化を可能とした。ドナー色素とアクセプター色素をそれぞれラベル化した試料を混合し、N タンパク質の二量体を形成させた状態ではエネルギー移動を確認した。しかし、希釈した試料を用いた一分子レベルのエネルギー移動信号は得られなかった。そのため、N の配列の二箇所にシステインを導入した変異体を作成し、モノマーに二重色素ラベル化を行うことを試みたが、十分に純度の高い試料を得ることができなかった。以上の経緯から、N タンパク質の蛍光色素のラベル化を断念した。しかし、この間の経験は、上記に説明した高純度の N タンパク質精製方法の確立に寄与した。

(3) 長鎖 RNA の片末端を光学基板に固定しイメージングする実験方法の確立

長鎖 RNA と N との結合によるヌクレオカプシッド形成を観察することを目的に、長鎖の RNA を光学基板に固定化することを試みた。平均塩基数が 2000 塩基のポリアデニル酸である rA₂₀₀₀ を用いた実験を繰り返したが、光学基板に RNA 試料を再現性よく固定化することはできなかった。検討の結果、固定化に必要な長鎖 RNA 末端のビオチン化が難しいことが判明した。このため、長鎖 RNA と N タンパク質の挙動をイメージングにより観察する実験を断念した。

(4) 異なる二次構造を持つ短い RNA 断片と N の相互作用の解明

gRNA の 5'末端部位に存在するステムループ構造 (SL4) や、一本鎖構造を持つ 40 塩基のポリアデニル酸 (rA₄₀) などの短鎖 RNA 試料を用意し、N タンパク質との相互作用を解析した。はじめに、RNA 配列の両末端をドナー蛍光色素とアクセプター蛍光色素で修飾した試料を作成し、二つの色素間の励起状態移動効率 (E) を一分子蛍光分光法により調べた (図 1A)。N タンパク質濃度を変化させて RNA の構造変化を追跡したところ、SL4 でも rA₄₀ でも 10~100nM という低濃度の N タンパク質と結合し、不均一な構造を形成した。N の結合は SL4 のステムループ構造を壊すことはなかったが、rA₄₀ では鎖の収縮が観察された。一分子蛍光測定におけるパーストの滞在時間や、蛍光相関分光法を用いた試料の拡散時間などの測定を行い、二量体の N タンパク質に対して、何分子の RNA が結合するのかを精密に検討した。その結果、二量体の N タンパク質にまず一分子の RNA が結合し、さらに、二分子の RNA が結合した成分が現れることが、SL4 と rA₄₀ の両方について確認された。さらに高次の会合体の形成も示唆された。以上の観察の一般性を確認するために、rA₃₀ や rA₂₀ など長さの異なる一本鎖 RNA 試料や、gRNA の別のステムループ構造である PS-SL1 や PS-SL2 などを用いた一分子蛍光測定と蛍光相関分光測定を行った。rA₃₀ や rA₂₀ では rA₄₀ とほぼ一致する結果が、また、PS-SL1 や PS-SL2 では SL4 とほ

ほぼ同じ結果が得られた。そのため、複数の RNA が N タンパク質と相互作用するという観察は、一般的なものであり、N タンパク質と gRNA による構造体の形成機構を理解する上で重要である。

(5) 長鎖 RNA 断片と N の混合による RNP 形成機構の解明

500 ベースを超える長鎖 RNA を *in vitro* 転写法により作成し、作成した試料の片末端、あるいは、両末端を蛍光色素にてラベル化する方法を開発した。この試料を用いることで、長鎖 RNA の蛍光相関分光法や一分子蛍光分光法による解析を可能とした。

gRNA の最初の 600 塩基 (gRNA₆₀₀) と 800 塩基 (gRNA₈₀₀) について、5'末端のみを蛍光色素でラベル化した試料を用いて、蛍光相関分光観察を行い、流体力学的半径 (R_H) を計測した (図 1B)。N を入れない状態の RNA 試料の R_H は、両試料とも 7~10nm 程度である。N を滴下すると R_H は一旦大きくなったが、N 濃度が 10 μ M の条件で再びコンパクトになった。収縮状態の R_H (7~8nm) は、gRNA が形成する球状構造 (直径 15nm) とほぼ一致した。

長鎖 RNA の 5'末端と 3'末端を蛍光色素でラベル化した。gRNA₆₀₀ と gRNA₈₀₀ について、ラベル化色素間の励起エネルギー移動が起きるかどうかを調べた (図 1C)。N タンパク質濃度が 100nM までの範囲では、エネルギー移動は観察されなかった。これはラベル化部位の距離が 100Å 以上であることを示すものである。

以上のように、長鎖 RNA の構造形成過程を観察するための強力な実験手法を確立できた。

(6) gRNA のフォールディング仮説の提唱

gRNA は N タンパク質と結合することで自らの塩基配列で定められる顆粒状の構造にコンパクトに折りたたまれるとする「gRNA のフォールディング仮説」を提唱した。この仮説はオリジナルなものであり、今後の研究の方向性を定めるものである。このように大変独自性の高い成果が得られた。

(7) 研究成果のまとめ

本研究において、N タンパク質を高度に精製するための方法を確立した。本研究で確立した純度の高い野生型の N タンパク質は、短鎖 RNA をマイクロモル濃度で混合しても液滴を形成することはなく、N タンパク質が容易に液滴を形成するとする従来の報告が、不純物に起因する可能性を示唆した。さらには、gRNA の RNP 形成が、液滴状態を中間体として起きるとする可能性も低いことが示された。

基礎的な二次構造を持つ RNA 断片と N タンパク質の相互作用がどのように起きるのかを詳細に調べた。その結果、N タンパク質は RNA の二次構造に関係なく

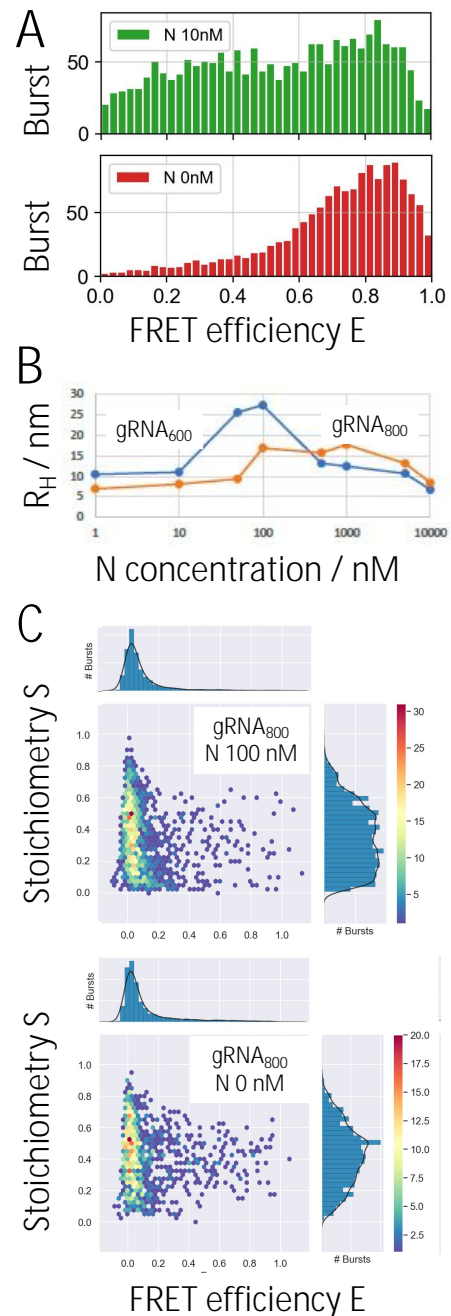


図 1 A:SL4 の両末端に蛍光色素ラベルした。N タンパク質 0nM では FRET 効率が良かったが、100nM では不均一な構造を示した。B: gRNA の最初の 600 塩基 (gRNA₆₀₀) と 800 塩基 (gRNA₈₀₀) について R_H を観測した。10nM にてコンパクトな構造に転移した。C: gRNA₈₀₀ の両末端を蛍光色素ラベルした。0nM と 100nM では両末端の接触は生じなかった。

ほぼ非特異的に結合し、ふたつの RNA フラグメントを引き寄せせる可能性があることが示された。この結果は、N タンパク質の機能は 3 万塩基もの gRNA の二箇所を手練り寄せて架橋することで、gRNA をコンパクトに保つことであることを示唆する。この結果から、gRNA と N タンパク質が結合することで、gRNA がフォールディングを起こして RNP を形成する gRNA のフォールディング仮説を提案した。

gRNA のフォールディング仮説を証明するために、長鎖 RNA の構造を調べるための数々の実験方法を試したが、最終的に長鎖 RNA を合成し、構造形成過程を蛍光相関分光法や一分子蛍光分光法を用いて調べる手法を確立した。今後、この実験をさらに展開することで、gRNA のフォールディング仮説の証明が可能になるとと思われる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Han Yibing, Tomita Takeshi, Kato Masayoshi, Ashihara Norihiro, Higuchi Yumiko, Matoba Hisanori, Wang Weiyi, Hayashi Hikaru, Itoh Yuji, Takahashi Satoshi, Kurita Hiroshi, Nakayama Jun, Okumura Nobuo, Hiratsuka Sachie	4. 巻 14
2. 論文標題 CitruUinated fibrinogen-SAAs complex causes vascular metastagenesis	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 4960
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-023-40371-1	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 Sano Yutaka, Itoh Yuji, Kamonprasertsuk Supawich, Suzuki Leo, Fukasawa Atsuhito, Oikawa Hiroyuki, Takahashi Satoshi	4. 巻 4
2. 論文標題 Simple and Efficient Detection Scheme of Two-Color Fluorescence Correlation Spectroscopy for Protein Dynamics Investigation from Nanoseconds to Milliseconds	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 ACS Physical Chemistry Au	6. 最初と最後の頁 85 ~ 93
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1021/acspchemau.3c00040	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 Mitra Shrutarshi, Oikawa Hiroyuki, Rajendran Divya, Kowada Toshiyuki, Mizukami Shin, Naganathan Athi N., Takahashi Satoshi	4. 巻 126
2. 論文標題 Flexible Target Recognition of the Intrinsically Disordered DNA-Binding Domain of CytR Monitored by Single-Molecule Fluorescence Spectroscopy	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 The Journal of Physical Chemistry B	6. 最初と最後の頁 6136 ~ 6147
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1021/acs.jpcc.2c02791	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 Suzuki Makoto, Tsuchiko Akira, Tanaka Yoshiyuki, Matubayasi Nobuyuki, Mogami George, Uozumi Nobuyuki, Takahashi Satoshi	4. 巻 127
2. 論文標題 Hyper-mobile Water and Raman 2900 cm ⁻¹ Peak Band of Water Observed around Backbone Phosphates of Double Stranded DNA by High-Resolution Spectroscopies and MD Structural Feature Analysis of Water	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 The Journal of Physical Chemistry B	6. 最初と最後の頁 285 ~ 299
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1021/acs.jpcc.2c06952	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 Rajendran Divya, Mitra Shrutarshi, Oikawa Hiroyuki, Madhurima Kulkarni, Sekhar Ashok, Takahashi Satoshi, Naganathan Athi N.	4. 巻 13
2. 論文標題 Quantification of Entropic Excluded Volume Effects Driving Crowding-Induced Collapse and Folding of a Disordered Protein	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 The Journal of Physical Chemistry Letters	6. 最初と最後の頁 3112 ~ 3120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.jpcllett.2c00316	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 Kamagata Kiyoto, Iwaki Nanako, Hazra Milan Kumar, Kanbayashi Saori, Banerjee Trishit, Chiba Rika, Sakomoto Seiji, Gaudon Virginie, Castaing Bertrand, Takahashi Hiroto, Kimura Michiko, Oikawa Hiroyuki, Takahashi Satoshi, Levy Yaakov	4. 巻 11
2. 論文標題 Molecular principles of recruitment and dynamics of guest proteins in liquid droplets	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 19323
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-98955-0	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 該当する

1. 著者名 Tomita Takeshi, Kato Masayoshi, Mishima Taishi, Matsunaga Yuta, Sanjo Hideki, Ito Ken-ichi, Minagawa Kentaro, Matsui Toshimitsu, Oikawa Hiroyuki, Takahashi Satoshi, Takao Toshifumi, Iwai Noriki, Mino Takashi, Takeuchi Osamu, Maru Yoshiro, Hiratsuka Sachie	4. 巻 12
2. 論文標題 Extracellular mRNA transported to the nucleus exerts translation-independent function	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 3655
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-021-23969-1	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 -

〔学会発表〕 計20件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 2件)

1. 発表者名 Shrutarshi Mitra, Takuya Katayama, Yuji Itoh, Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Conformational elucidation of SARS-CoV2 genomic RNA elements by single-molecule FRET measurements
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 伊藤 優志 , 片山 拓也 , 高橋 聡
2. 発表標題 ウイルスRNA構造の理解のためのRNA構造の測定と推定
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐野豊, 伊藤優志, 小井川浩之, 高橋聡
2. 発表標題 全光子記録方式による二色蛍光相関分光法: ナノ秒からミリ秒領域におけるタンパク質ダイナミクスの観測
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 森 大晟 , 伊藤 優志 , 鈴木 干城 , 橋口 隆生 , 高橋 聡
2. 発表標題 SARS-CoV-2スパイクタンパク質の二重蛍光ラベル化とラベル化試料の一分子蛍光分光法による構造ダイナミクスの解明
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 金田 直也 , 遠藤 隼 , 鈴木 怜和 , 伊藤 優志 , 小井川 浩之 , 高橋 聡
2. 発表標題 一分子蛍光測定を用いたSARS-CoV-2 Nタンパク質とRNAの結合様式の解明 第61回日本生物物理学会年会
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Single-molecule FRET and FCS investigation of the interaction between SARS-CoV2 N protein and RNA: Does the formation of ribonucleoprotein granule resemble protein folding?
3. 学会等名 8th Asian Spectroscopy Conference 2023 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Shrutarshi Mitra, Yuji Itoh, Takuya Katayama, Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Conformational elucidation of SARS-CoV2 genomic RNA elements by single-molecule FRET measurements
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 伊藤 優志 , 片山 拓也 , 高橋 聡
2. 発表標題 ウイルスRNA構造の理解のためのRNA構造の測定と推定
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐野豊, 伊藤優志, 小井川浩之, 高橋聡
2. 発表標題 全光子記録方式による二色蛍光相関分光法: ナノ秒からミリ秒領域におけるタンパク質ダイナミクスの観測
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 森 大晟, 伊藤 優志, 鈴木 干城, 橋口 隆生, 高橋 聡
2. 発表標題 SARS-CoV-2スパイクタンパク質の二重蛍光ラベル化とラベル化試料の一分子蛍光分光法による構造ダイナミクスの解明
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 金田 直也, 遠藤 隼, 鈴木 怜和, 伊藤 優志, 小井川 浩之, 高橋 聡
2. 発表標題 一分子蛍光測定を用いたSARS-CoV-2 Nタンパク質とRNAの結合様式の解明
3. 学会等名 第61回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Single-molecule FRET and FCS investigation of the interaction between SARS-CoV2 N protein and RNA: Does the formation of ribonucleoprotein granule resemble protein folding?
3. 学会等名 8th Asian Spectroscopy Conference 2023 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 高橋 聡
2. 発表標題 AlphaFold時代にこそ重要性を増すアンサンブルおよび一分子蛍光分光法の基礎
3. 学会等名 第22回日本蛋白質科学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐野豊, 伊藤優志, 小井川浩之, 高橋聡
2. 発表標題 タイムタグ光子測定方式によるナノ秒蛍光相関分光測定システムの開発
3. 学会等名 第60回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 遠藤隼, 伊藤優志, 小井川浩之, 高橋聡
2. 発表標題 一分子蛍光測定を目指した SARS-CoV2 の N 蛋白質の精製及びラベル化
3. 学会等名 第60回日本生物物理学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 高橋 聡
2. 発表標題 ポストAlphaFold時代のフォールディング研究
3. 学会等名 日本生物物理学会東北支部会 (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐野豊, 伊藤優志, 小井川浩之, 高橋聡
2. 発表標題 タイムタグ光子測定方式によるナノ秒蛍光相関分光測定システムの開発
3. 学会等名 日本生物物理学会東北支部会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Kanna Fujita, Michiko Kimura, Hiroto Takahashi, Satoshi Takahashi, Hiroyuki Oikawa
2. 発表標題 Single molecule fluorescence investigations on the structure transitions of LAF1- RGG upon the RNA binding and the droplet formation
3. 学会等名 The 59th Annual Meeting of the Biophysical Society
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Leo Suzuki, Hiroyuki Oikawa, Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Structural Characterization of RNA upon the binding with SARS-CoV-2 N Protein by Single Molecule Fluorescence Measurements
3. 学会等名 The 59th Annual Meeting of the Biophysical Society
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shrutarshi Mitra, Hiroyuki Oikawa, Divya Rajendran, Athi N.Naganathan, Satoshi Takahashi
2. 発表標題 Conformational dynamics of E. coil Cytidine Repressor DNA Binding domain studied by Single-molecule Fluorescence Spectroscopy
3. 学会等名 The 59th Annual Meeting of the Biophysical Society
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔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
研究協力者	伊藤 優志 (Itoh Yuji)	東北大学・多元物質科学研究所・助教 (11301)	

6. 研究組織（つづき）

	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
研究協力者	小井川 浩之 (Oikawa Hiroyuki)	東北大学・多元物質科学研究所・助教 (11301)	2021年度まで

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