



NPO 法人

mRNA ターゲット

創薬研究機構

2025 年度第 4 回講演会

「Tiling-MS による RNA 全長配列 のプロテオームマッピング

－ RNA 標的創薬基盤技術の構築に向けて －

演者 浜田 道昭 博士

早稲田大学 理工学術院

生命活動を支える遺伝子は DNA から RNA へ転写され、タンパク質に翻訳されることで機能を発揮する。近年、タンパク質をコードしない長鎖非コード RNA (lncRNA) が多数存在し、その数はタンパク質コード遺伝子を上回ることが明らかとなった。lncRNA は RNA 機能ドメインを介して多様なタンパク質と結合し、遺伝子発現調節などの重要な機能を担う。また、mRNA のイントロンや非翻訳領域にも多数の RNA 機能配列が存在し、スプライシング・翻訳調節など生命現象に必須の役割を果たす。しかし、これらの RNA 配列は種間保存性が低く明確な機能モチーフを欠くため、配列情報のみから機能ドメインや結合タンパク質を同定することは困難であった。我々はこの課題に対し、重複タイリング RNA プローブと質量分析を組み合わせた新規手法「Tiling-MS」を開発し、標的 RNA の全長にわたる結合タンパク質を複合体レベルで定量的・網羅的に解析することに成功した。本講演では Tiling-MS の概要と有用性を紹介するとともに、本手法の応用により RNA-タンパク質相互作用を標的とした創薬研究への展開可能性についても議論したい。

(早稲田大学 小野口真広主任研究員、国立がんセンター 足達俊吾部門長との共同研究)

日時: 2026年3月24日(火)15:40-17:00

場所: 早稲田大学 西早稲田キャンパス 55号館N棟1階 第一会議室(副都心線西早稲田駅直結)およびWebex会議室(ハイブリッドの予定)

<https://www.waseda.jp/top/access/nishiwaseda-campus>

参加資格: 正会員、学生会員、賛助会員 ※賛助会員(団体) 1口5名まで

参加登録: 必要、参加費:無料 (事前に年会費をお支払いください)

入会の情報はホームページで <http://www.mrna-target.org/>

参加登録およびお問い合わせ npo_support@mrna-target.org