

## セリノール核酸配列解析法の開発

(名大院工) ○香川 恵未莉・牧野 航海・東 秀憲・浅沼 浩之・檜田 啓

Development of a sequencing method for SNA

(Graduate School of Engineering, Nagoya University) ○Emiri Kagawa, Koki Makino, Hidenori Azuma, Hiroyuki Asanuma, Hiromu Kashida

Xeno nucleic acids (XNAs) have attracted considerable attention as nanomaterials owing to their high duplex stability and high nuclease resistance. However, there is no general method to analyze their sequences. In this study, we aimed to develop a new method to analyze sequences of serinol nucleic acid (SNA). Biotin-modified SNA was hybridized with DNA with randomized sequences, and immobilized on magnetic beads. Then, DNA strands forming duplexes with SNA were eluted and amplified by PCR. As a result, a DNA sequence complementary to the original SNA sequence was obtained via next-generation sequencing (NGS). Therefore, we succeeded to develop a new method to analyze SNA sequences. Since this method relies only on duplex formation with DNA, it could be used to analyze sequences of a wide variety of XNAs. In this presentation, we will also report the effects of base sequences and strand lengths on sequencing results.

**Keywords:** Artificial nucleic acid; Serinol nucleic acid; Sequencing

人工核酸は高い二重鎖安定性や酵素耐性を持つことから様々なナノマテリアルとして期待されている。しかしながら、従来の人工核酸配列解析法はその適用可能範囲に大幅な制限があるという問題があった。そこで、本研究では人工核酸の配列を解析する全く新しい手法の開発を目指した。具体的には当研究室が開発した人工核酸であるセリノール核酸 (SNA)<sup>1)</sup> をターゲットとし、SNA と DNA との二重鎖形成を利用することで、SNA の配列を解析することを試みた。これが実現できれば、SNA アプタマーの開発だけではなく、他の幅広い化学構造を持つ人工核酸の配列解析も期待できる。

末端をビオチン修飾した SNA とランダム配列を持つ DNA を二重鎖形成させ、磁気ビーズ上に固定化した。その後、二重鎖形成した DNA 配列のみを溶出し、PCR で増幅して次世代シーケンサーによって配列解析を行った。その結果、元の SNA 配列に相補的な DNA 配列が得られた。すなわち、本手法を利用することで SNA の配列解析が可能であることが分かった。本発表では塩基配列や鎖長が及ぼす影響についても報告する予定である。

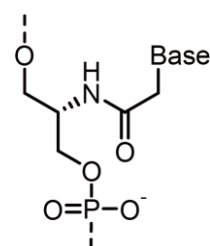


Fig. 1. Chemical structure of SNA.

1) H. Kashida *et al.*, *Angew. Chem. Int. Ed.*, **2011**, 50, 1285-1288.