

「統合 1 細胞解析のための革新的技術基盤」  
平成 27 年度採択研究代表者

H28 年度 実績報告書
-----------------

岡田 康志

理化学研究所生命システム研究センター  
チームリーダー

超解像 3 次元ライブイメージングによるゲノム DNA の構造、エピゲノム状態、転写因子  
動態の経時的計測と操作

## § 1. 研究実施体制

### (1) 岡田グループ

- ① 研究代表者: 岡田 康志 (理化学研究所生命システム研究センター、チームリーダー)
- ② 研究項目
  - ・SuperTALE プローブおよび超解像ライブイメージングの開発と応用

### (2) 前島グループ

- ① 研究代表者: 前島一博 ((共) 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所構造遺伝学研究センター、教授)
- ② 研究項目
  - ・ゲノム折り畳み・転写動態のイメージングと転写モデルの検証

### (3) 笹井グループ

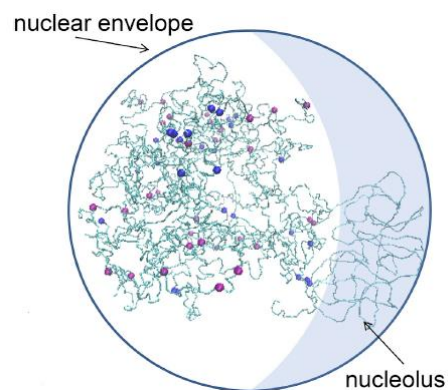
- ① 主たる共同研究者: 笹井 理生 (名古屋大学工学研究科、教授)
- ② 研究項目
  - ・ゲノム構造シミュレーションのための計算技術の開発

## § 2. 研究実施の概要

岡田グループでは、ゲノム構造の計測・操作のためのプローブ開発および顕微鏡の開発を引き続き行い、複数の新規プローブおよび新しい顕微鏡の構築に成功した。

前島グループは、以前同定したクロマチンドメインがどのような蛋白質因子によって形成されているのか？その形成メカニズムを解析した。転写因子動態の核内一分子イメージング用の顕微鏡システムを整備し、転写因子の超解像ライブイメージング系の確立をおこなった。

笹井グループは、出芽酵母のゲノム構造動態モデル化を作成し、ゲノム構造動態から遺伝子発現調節を予測するための仮説検証を行った。この方法をもとに、ヒトゲノム構造の動力学シミュレーションを行い、超解像イメージングの結果との比較対照に向けて理論、計算による方法を整備した。



出芽酵母のゲノム構造動態モデル

### 代表的な原著論文

1. Kazuhiro Maeshima, Ryan Rogge, Sachiko Tamura, Yasumasa Joti, Takaaki Hikima, Heather Szerlong, Christine Krause, Jake Herman, Jennifer DeLuca, Tetsuya Ishikawa, Jeffrey C. Hansen. Nucleosomal arrays self-assemble into supramolecular globular structures lacking 30-nm fibers. *EMBO J.* 35, 1115–1132. 2016
2. Asuka Sasaki, Satoru Ide, Yusuke Kawamoto, Toshikazu Bando, Yukinori Murata, Mari Shimura, Kazuhiko Yamada, Akiyoshi Hirata, Kiyoshi Nokihara, Tatsumi Hirata, Hiroshi Sugiyama, Kazuhiro Maeshima. Visualization in Tissue Sections Using Pyrrole-Imidazole Polyamide Probes. *Scientific Reports.* 6, 29261
3. Naoko Tokuda and Masaki Sasai, "Heterogeneous spatial distribution of transcriptional activity in budding yeast nucle", *Biophysical Journal*, vol.112, pp.491–504, 2017