

ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出  
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書
------------------

竹俣 直道

京都大学 大学院工学研究科／科学技術振興機構  
特定研究員／さきがけ研究者

アーキアゲノムの分配機構と染色体工学への応用

## § 1. 研究成果の概要

アーキアは真核生物の起源となった原核生物であり、真核生物がいかに誕生したかを解明するための鍵を握っている。また、アーキアは高い極限環境耐性や独自の代謝系をもち、産業面でも高い応用可能性を秘めている。しかし、アーキアでは染色体分配の起点となるセントロメアが同定されておらず、アーキアゲノムの継承機構やその染色体工学的応用は進んでいない。本研究は、アーキアのセントロメアを同定するため、「セントロメアが多くの生物種で特徴的な高次構造を形成する」という知見に基づいた一連の実験を行う。具体的には、アーキアでセントロメア様の構造を示す領域を超並列シーケンサーを利用した染色体構造解析法 (Hi-C) により探索し、同定されたセントロメア候補領域の機能を解析する。そして得られた知見を人工染色体の開発をはじめとする染色体工学的応用へ発展させることを目指す。

本年度は、Hi-C プロトコルの改良およびこれを用いた解析を超好熱性アーキアのパイロバキュラム・カリディフォンティスに対して行い、その染色体構造を最高 300 bp という高解像度で決定した。その結果、他ドメインのセントロメアに類似した構造をもつ約 6 kb の領域を同定した。また、近縁種であるパイロバキュラム・オグニエンスについても改良版 Hi-C を行い、DNA ライブラリの作製を完了した。次年度にこのライブラリをシーケンシングすることで、同定されたセントロメア様領域に保存された配列的特徴を探索する予定である。