

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

2021 年度 年次報告書

竹俣 直道

京都大学大学院工学研究科
助教

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、アーキア染色体の継承機構についての理解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(3C-seq)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。

本年度の成果の概要を以下に記す。高解像度 3C-seq を超好熱性アーキアであるパイロバキュラム・オグニエンスに対して行い、その結果を昨年度得られたパイロバキュラム・カリディフォンティスの 3C-seq データと比較した。その結果、両種で保存された約 6 kb の遺伝子クラスター領域で他の生物ドメインのセントロメアに類似した構造がみられた。興味深いことに、このセントロメア様構造は転写阻害剤処理によって大きく変形したが、翻訳阻害剤処理では変形がみられなかった。現在はこのメカニズムの解明に取り組むとともに、セントロメア様領域に結合するタンパク質を ePICH (end-targeting Proteomics of Isolated Chromatin fragment) という手法で同定するための条件検討を行っている。また、領域内共同研究としてコンデンシンと呼ばれる SMC (Structural Maintenance of Chromosomes) タンパク質複合体が原核生物染色体の構造化にどう寄与するかについての研究を進めた。