

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 年度採択研究代表者

2022 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

研究成果の概要

真核生物の起源となった原核生物ドメイン「アーキア」は、真核生物がいかに誕生したかを解明する鍵を握るとともに、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。本研究では、アーキアセントロメアの同定・解析を行うとともに、領域内共同研究として原核生物における SMC (Structural Maintenance of Chromosomes) タンパク質複合体の機能を研究する。以下に本年度の成果の概要を記す。

(1) アーキアセントロメアの研究

3C-seq を用いた解析により、超好熱性アーキアにおいてセントロメアの候補領域を同定した。また、DNA FISH によりこの領域が細胞極に局在することを見出した。興味深いことに、セントロメア候補領域の構造と局在は転写阻害剤処理によって大きく変化した。以上から、このセントロメア領域は転写依存的に細胞極に係留されることで染色体分配を駆動しているのではないかと現在考えている。

(2) SMC 複合体の研究

3C-seq 解析と遺伝学的解析により、ある種の超好熱性アーキアでは SMC 複合体が TAD (Topologically Associating Domain) と呼ばれる染色体構造を形成するのに必要であることを明らかにした。また、TAD のバウンダリーを規定する DNA 結合タンパク質の候補を同定した。真核生物では、SMC 複合体によるループ押し出しとそれを停止させる DNA 結合タンパク質によって TAD が形成される。今回の発見は、TAD の形成機構の雛形がアーキアと真核生物の分岐前に誕生したことを示唆している。