

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

炭竈 享司

金沢大学 ナノ生命科学研究所／科学技術振興機構
特任助教／さきがけ研究者

シミュレーションによる染色体の動態解明と実測との比較

研究成果の概要

2022年度の成果は、1. Hi-C 実験のデータからヘテロクロマチンとユークロマチンを高速に識別する手法を考案し、それによって得られたヘテロクロマチン・ユークロマチンの染色体構造に関する新知見についての論文を bioRxiv に登録した、2. ヘテロクロマチン・ユークロマチンと制限酵素認識部位の相関を調べた、3. 染色体の3次元原子間力顕微鏡像からヘテロクロマチンとユークロマチン領域を見分ける理論的手法を提案したことである。

本さきがけの最終目標の一つは確からしい染色体モデルの構築であり、そのためにはヘテロクロマチンのモデル化が必須である。染色体はビーズの集合としてシミュレーションされているため、ヘテロクロマチンのモデル化には、どのビーズをヘテロクロマチンとして扱うかを割り振る必要がある。この割り振りは、Hi-C 実験のデータに基づいて行う。しかし、従来の Hi-C のデータからヘテロクロマチンを識別する方法は、そもそも方法自体が明快ではなく、「識別できる」以上の情報は得られない。そこで、1.は Hi-C データにおける遺伝子座間のコンタクト数を足すだけで、従来の方法と遜色なく識別できることを見出したという報告である。提案する方法はコンタクト数を足すという単純なものであり、染色体間のコンタクト情報についての以下の知見を得ることが出来た。すなわち、ユークロマチンは平均以上のコンタクトを持ち、ヘテロクロマチンは平均以下である。この成果は bioRxiv に登録され、論文投稿中である。また、多数の学会・研究会で報告している。2と3については、現在論文を準備中であり、詳細は述べない。

【代表的な原著論文情報】

- 1) “Computed three-dimensional atomic force microscopy images of biopolymers using the Jarzynski equality”, *Journal of Physical Chemistry Letters*, vol. 13, No.23, pp.5365-5371, 2022.
- 2) “Intuitive interpretation of heterochromatin and euchromatin through rapid Hi-C analysis”, bioRxiv, 2022.