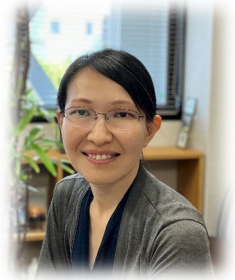


染色体構造構築における普遍的分子メカニズムの解明

西山 朋子（京都大学大学院 理学研究科）

染色体がどんな仕組みで形作られるかは、生命の設計図の起源を知るための重要な問いである。本研究では、ヒトと大腸菌という異なる生物に共通する「SMC複合体」と「II型トポイソメラーゼ」に注目し、これらがDNAを凝縮させる仕組みを解明する。顕微鏡やナノポア、一分子解析技術を使い、分子レベルでその構造を観察するとともに、進化的な観点から、両者の協力関係やその普遍性を調べ、染色体構造の新しい原理を提案する。



従来の染色体構造

ヌクレオソームの
規則的な階層構造

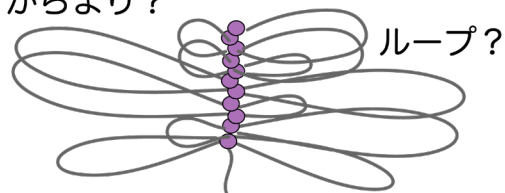


染色体

新しい染色体構造

ヌクレオソーム非依存性
おりたたみ構造

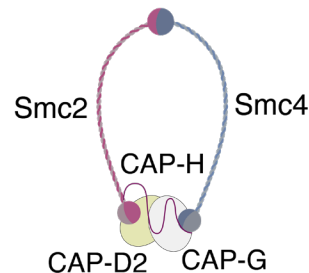
からまり？



協働的関係性 の進化？

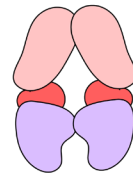
コンデンシン I

ヘテロ 5 量体

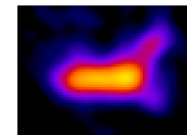


トポイソメラーゼ II α

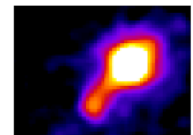
ホモ 2 量体



凝縮構造の可視化 (in vitro)

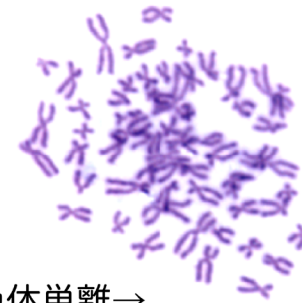


DNAループ構造



DNA凝縮構造

凝縮構造の検出 (培養細胞)



染色体単離→

次世代シーケンシング