

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： アーキアゲノムの分配機構と染色体工学への応用

2. 個人研究者名

竹俣 直道（京都大学大学院工学研究科 助教）

3. 事後評価結果

アーキアは真核生物の起源となった原核生物であるだけでなく、高い極限環境耐性や独自の代謝系をもつことから、基礎・応用の両面において重要な微生物である。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、染色体分配というゲノム機能の根幹部が未解明となっている。本研究では、超好熱性アーキア *Pyrobaculum calidifontis* においてセントロメアに似た高次構造を形成する領域を同定した。この領域（Secondary Diagonal Forming Region/SDFR）は約 15 kb の領域で、大きく折れ曲がっており、多くの細胞で転写依存的に極に局在することを明らかにした。さらに、「SDFR 領域にセントロメア配列が存在する」という仮説のもと、アーキアの染色体分配機構の解明とそれを応用したアーキア人工染色体の開発を目指した。

一方、SMC タンパク質は、真核生物において DNA ループを押し出すことで染色体ドメインの形成を引き起こすが、SMC タンパク質が原核生物において同様の機能を果たしているのかは十分に解明されていない。ゲノムの三次元構造を規定する原理の解明は、機能的なゲノムを人工的に設計する上で不可欠である。そこで本研究では、SMC 複合体がバクテリアとアーキアにおいて染色体ドメインの形成に関わるかを検証した。この研究は、さがけ第2期生の Andres Canela 博士およびさがけ第2期生の村山泰斗博士との領域内共同研究として実施し、染色体ドメインの形成に関して、バクテリアとアーキアの SMC 複合体では役割が大きく異なることを明らかにした。

本研究は、アーキアという比較的マイナーな生物を用いることでゲノム動態に関する予想外の研究成果が多数得られており、今後もさらに重要な発見が期待できる。本領域の代表的な成果事例である。