

環状 DNA 鎖における"曲げ"と"ねじれ"の効果

京都大学 大学院理学研究科 荒木 須美子

1. はじめに

DNA は生物学的に重要であるだけでなく、高分子物理や結び目理論の応用対象としても大変興味深い物質である[1]。近年、DNA の高次構造や物性が複製や転写などの遺伝子活性に重要であることが明らかになってきており、ますます興味深い研究対象となっている。

生物由来の DNA の多くは両端が閉じた環状構造である。さらに真核生物でみられる巨大な DNA が蛋白質との複合体(クロマチン)を形成し、高度に折りたたまれた状態から部分的にほどけてループとなっている部分もこれに属すると考えられる。環状構造はねじれによるストレスのかかる状態で、ねじれの回数(リンキング数 Lk)という量で特徴付けられる。この量は鎖が破断されない限り保存され、supercoil の程度を表す writhing (Wr)と鎖に沿ったねじれを表す twisting (Tw)に分割することができる。このような系で、ねじれ構造は分子鎖のコンパクト化に一役買っているという報告がなされている[2]。ねじれ構造は他の分子鎖の形態や機能にどのような効果を及ぼすのだろうか。本研究では蛍光顕微鏡と原子間力顕微鏡(AFM)を用いて得られた 106 キロ塩基対(約 36 μm)の環状 DNA の image をもとに、ねじれ構造が分子鎖の形態に及ぼす影響について議論したい。

2. 実験

環状 DNA を蛍光顕微鏡と AFM を用いて溶液中と基板上で観察した。実験に用いた環状 DNA は topo I というリンキング数を減少させる酵素を用いて relax させたものである。また、BstE II という酵素によって環状のある1点の特定の配列で切断し、線状にした DNA の観察も行った。

3. 結果及び考察

本研究では mica 基板上に吸着した環状 DNA 分子鎖を蛍光顕微鏡と AFM で同時に観察した(図1)。図1の AFM image から DNA 鎖の座標をとり、DNA 鎖に沿った座標 x 、接線方向の単位ベクトル $u(x)$ を各点に割り当てた。さらに分子鎖の交点の座標を決め、鎖の交差する座標2点(行きと帰り)について 0.5 ずつ交差数を割り当てた。

そしてある始点から終点までの分子鎖に沿った長さ(contour length)が 1000 nm の領域に区切り、分子鎖に沿った長さで 50 nm 離れた単位ベクトル間の内積の平均を計算した。それをその領域にある交差数を横軸にとってプロットしたものが図2である。

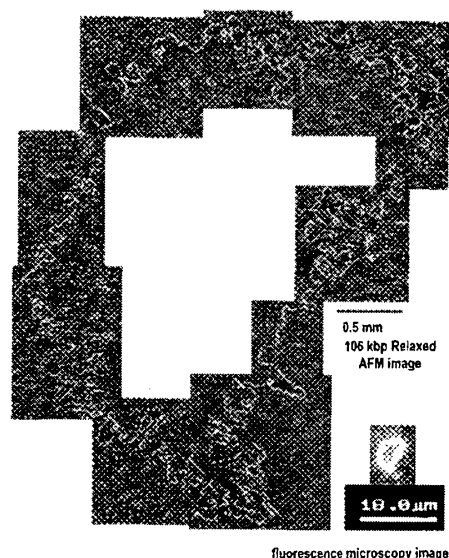


図1:環状 DNA の AFM 像と蛍光顕微鏡像(右下図)

同一分子について測定したもの

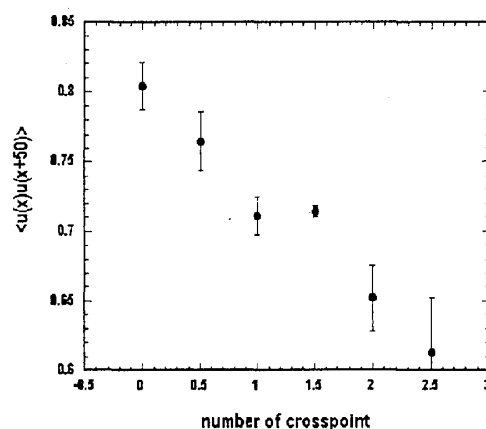


図2:交差頻度と角度相関

これによって交差数が多い領域のほうが鎖間の角度相関が低下することがわかった。本研究では表面に吸着した DNA について μm のオーダーの領域をとって局所的な linking number を考えることで、このような交差をすることによる持続長の減少を議論する予定である。また1分子鎖内での硬さ及びねじれのストレスの不均一性が分子鎖の形態と機能に役割を果たしている可能性についてもあわせて考察したい。

4. 謝辞

本研究は京都大学大学院生命科学研究科 竹安邦夫教授、日詰光治氏との共同研究です。

5. 参考文献

- [1] C.Bouchiat and M.Mézard, *Phys. Rev. Lett.* **80**,1556 (1998).
- [2] Yu.S. Velichko, K.Yoshikawa, and A.R. Khokhlov, *J. Chem. Phys.* **111**, 9424 (1999).