科学研究費補助金研究成果報告書

平成21年5月26日現在

研究種目:若手研究(B) 研究期間:2006~2008 課題番号:18770131 研究課題名(和文)再構成クロマチンファイバーと核内骨格との相互作用の解析

研究課題名(英文) Analyses of interaction between the reconstituted chromatin fiber and the nuclear matrix. 研究代表者 日詰 光治(Hizume Kohji) 京都大学・大学院生命科学研究科・助教

研究者番号:10378846

研究成果の概要:

遺伝情報を担う DNA 分子を含むクロマチンファイバーが、細胞核内部の骨格構造とどのように相互作用しているのかを明らかにするため、その構造を試験管内で人工的に再構築し、原子間力顕微鏡による観察を行った。その結果、核内骨格の構成因子である topo II タンパク質を加えることで、クロマチンファイバーがたぐり寄せられるように集合し、ループ状構造を形成することを明らかにした。また、クロマチンのアセチル化修飾を引き金に、クロマチンファイバーが弛緩して細くなり、更に、核内骨格から遊離し易い(自由度の高い)状態へと変化することを示唆する実験結果を得た。

交付額

(金額単位:円)

	直接経費	間接経費	合 計
2006年度	2, 300, 000	0	2, 300, 000
2007年度	700, 000	0	700, 000
2008年度	700, 000	210, 000	910, 000
年度			
年度			
総計	3, 700, 000	210, 000	3, 910, 000

研究分野:生物学

科研費の分科・細目:生物科学・生物物理学 キーワード:タンパク質・核酸の構造・動態・機能

1. 研究開始当初の背景

核内の染色体高次構造を理解するうえで、微 細構造の可視化解析は、欠かすことが出来な い直接的なアプローチである。研究開始当初 まで、電子顕微鏡や原子間力顕微鏡を用いた 研究で、"細胞核から単離した染色体"ある いは"再構成したヌクレオソーム"の構造解 析は行なわれてきた。しかし、高次な染色体 構造は単離・精製の過程で形を失いやすく、 再構成することも不可能であったため、その 構造的性質や構築メカニズムは、解明されて いなかった。

2. 研究の目的

間期核における染色体高次構造構築の原理 を明らかにすることを目指す。とりわけ、核 内骨格構造に着目し、マトリックスやラミナ とクロマチンとが相互作用して形成される 高次複合体の形成メカニズムを明らかにす る。

3. 研究の方法

(1)トポ II は、核内足場画分に含まれる ことが知られているが、染色体構造に対する 分子機能に関しては全く解明されていない。 ATP を加水分解する活性を有し、そのエネル ギーで DNA のトポロジーを変化させる酵素活 性を持つが、この活性が核内足場としての機 能に必要かどうかも不明である。よって以下 のような実験から、トポ IIークロマチンの相 互作用様式の解明を目指す。

- (a) 再構成クロマチンファイバーにトポ II を加え、原子間力顕微鏡観察からその 構造変化を明らかにする。(現在再構成 に成功している 30 nm fiber よりも高 次な構造の構築を目指す)
- (b) ATP 存在下/非存在下で、クロマチンと トポ II を混合し、その影響を調査する。
- (c)ゲノム高次構造再構成における DNA 配 列特異性を調査するため MAR 配列 (matrix attachment region)を含む DNA を用いた再構成実験をおこなう。

(2)クロマチンは、コアヒストンのテール 領域の転写後修飾(アセチル化・リン酸化・ メチル化)によっても、クロマチン高次構造 は影響を受けるとされている。よって、テー ルの除去やアセチル化などの修飾を施した クロマチンを用いてその高次構造を調査し、 さらに核内骨格を含めた高次構造への影響 を調査する。

(3) 再構成実験から得られた成果を評価す るため、細胞核内のクロマチン構造を原子間 力顕微鏡により観察する手段を確立する。と りわけ、核内骨格とクロマチンの接着メカニ ズムを解明する手法の開発を目指す。

4. 研究成果

(1) 再構成クロマチンに対して核局在タ ンパク質 PC4 を加えた実験(図1)から、PC4 がクロマチン凝集能を有することを示し、発 表論文①として発表した。PC4 は、転写活性 制御を行なう因子であることが既に示され ていたが、さらにクロマチンの凝集・非凝集 を制御する因子でもあることを示した。本研 究課題である、核内骨格とクロマチンの 凝集度に 応じてその相互作用が変化するか否かを調 査することは重要である。PC4 を用いて、転 写不活性型の凝集型クロマチンを人為的に 作成する実験系を確立したことは、本研究を 推進する上で意義深いと思われる。



図 1. 106-kb のプラスミド上に再構成したヌクレ オソームファイバー(左)と、PC4 の添加により 形成されたヌクレオソームの凝集(右)の原子間 力顕微鏡観察像

(2)核マトリクスタンパク質である SP120 を精製し、原子間力顕微鏡により観察した。 また、抗 SP120 抗体を先端に結合させた探針 を用いた原子間力顕微鏡観察を行ない、観察 された構造が SP120 であることを確認した。 更に、単離した細胞核を PML body を抗体染 色し、原子間力顕微鏡と蛍光顕微鏡同時観察 を行ない、その重ね合わせ画像の取得に成功 した。(発表論文③)

(3)試験管内再構成したクロマチンにトポ II を加え AFM で観察することにより、トポ II タンパク質にはクロマチンを凝縮させる 活性が有ることを示し、その活性は、ヒスト ン H1 依存的かつ ATP 非依存的であることを 明らかにした(発表論文②、図 2)。再構成さ れたヒストン H1 依存的30ナノメートルフ ァイバーが、トポ II の添加により、互いに 絡まり合うように結合し、"クロマチンファ イバーのループ状構造"が形成された。



図 2 26-kb のプラスミド上に再構成したヌクレ オソームファイバー(左上)およびH1 添加により 形成させた 30-nm ファイバー(左下)。トポ II タ ンパク質の添加に従い、30-nm ファイバーは凝集 を形成するが(中下・右下)、ヌクレオソームファ イバーは凝集を形成しない(中上・右上)

(4) テールを除去したテールレスヌクレオ ソームファイバーを試験管内再構成し、その ヌクレオソーム間の距離からヌクレオソー ム間相互作用の強度を調査した。その結果、 通常のヒストンよりもテールレスヒストン はヌクレオソーム間相互作用が比較的弱く

なっていることが検出された。

また、テールレスヒストンを用いた再構成 実験では、リンカーヒストン H1 を加えても 30 nm ファイバーが形成されなかった。(図 3 左上)これらの結果は、ヒストンテールの荷 電が直接的にクロマチン高次構造の形成に 影響を及ぼすことを示唆している。(発表論 文④)



図3. テールレスヒストン (左上)、アセチル化ヒ ストン (右上)、および通常のヒストンを用いて再 構成したヌクレオソームファイバーに H1 を添加 して再構成された構造の原子間力顕微鏡像。通常 のヒストン再構成では 30-nm 幅のファイバーが形 成されるが、アセチル化ヒストン再構成ではファ イバー幅が 20-nm になり、さらにテールを除去し た再構成ではファイバー構造は形成されなかった。 右下は、測定されたアセチル化クロマチンファイ バー (白棒)と通常のクロマチンファイバー (黒 棒)の幅のヒストグラム。

(5)クロマチンは核内に安定に"固定"されていること、および、ヒストンテールの過剰なアセチル化がその"固定"からクロマチンを解放することが示唆された。すなわち、高塩溶液による溶解処理後も細胞核内にクロマチンは強固に結合しているが、ヒストンテールの過剰なアセチル化を誘導した細胞 核からはクロマチンファイバーが容易に溶出しやすくなった。また、クロマチンファイ バーの幅がアセチル化により細くなる様子 も検出された。(投稿中)

5. 主な発表論文等 (研究代表者、研究分担者及び連携研究者に は下線)

〔雑誌論文〕(計4件)

 Das, C.*, <u>Hizume, K.*</u>, Batta, K., Kumar, B.R., Gadad, S.S., Ganguly, S., Lorain, S., Verreault, A., Sadhale, P.P., Takeyasu, K., et al. (2006). Transcriptional coactivator PC4, a chromatin-associated protein, induces chromatin condensation. Mol Cell Biol 26, 8303-8315. 査読有り (*は共同筆頭著者)

- ② Hirano, Y., Takahashi, H., Kumeta, M., <u>Hizume, K.</u>, Hirai, Y., Otsuka, S., Yoshimura, S.H., and Takeyasu, K. (2008). Nuclear architecture and chromatin dynamics revealed by atomic force microscopy in combination with biochemistry and cell biology. Pflugers Arch 456, 139-153. 査読有 り
- ③ <u>Hizume, K.</u>, Araki, S., Yoshikawa, K., and Takeyasu, K. (2007). Topoisomerase II, scaffold component, promotes chromatin compaction in vitro in a linker-histone H1-dependent manner. Nucleic Acids Res 35, 2787-2799. 査読有り
- (4)Hizume, K., Nakai, T., Araki, S., Prieto, E., Yoshikawa, К., and Takeyasu, K. (2009). Removal of histone tails from nucleosome dissects the physical mechanisms of salt-induced aggregation, linker histone H1-induced compaction and 30-nm fiber formation of the nucleosome array. Ultramicroscopy In Press,

doi:10.1016/j.ultramic.2009.1003.10 14. 査読有り

〔学会発表〕(計3件)

① <u>Hizume K</u>, Takeyasu K. Nucleosome dynamics in vitro studied by atomic force microscopy.

16th International Microscopy Congress at Sapporo (Sept. 2006) (シンポジウム口演)

②<u>Hizume K</u>, Araki S, Yoshikawa K, Takeyasu K and Yoshimura SH Nano-Scale Observation of Higher-Order Genome Structure Reconstituted from DNA and Chromosome Proteins.

2008 International Symposium on Micro-Nano Mechatronics and Human Science (Nov. 2008) (シンポジウム口演)

③<u>Hizume K</u>, Nakai T, Araki S, Prieto E, Yoshikawa K, Takeyasu K. An insight into nucleosome-packing mechamisms obtained from chromatin reconstitution and nano-technology.

The 48th annual meeting of the American Society for Cell Biology at San Francisco

(Dec. 2008) (ポスター発表)

〔図書〕(計3件)

①T.K Kundu. Dipak D 編 "Chromatin and Disease" Springer 社出版
(分担) Page 3-28. : "Structural organization of dynamic chromatin."
<u>Hizume K</u>, Yoshimura SH, Kumeta M, Takeyasu K.
(2007年4月)

② Fukui K, Ushiki T 編 "Chromosome Nano-science and Technology" CRC Pr I Llc 社出版 (分担) Page 117-134: "Mechanisms of high groups of properties folding revealed

higher-order chromatin folding revealed by AFM observation of in vitro reconstituted chromatin." <u>Hizume K</u>, Kobori T, Yoshimura S.H, Takeyasu K. $(2007 \oplus 10 \beta)$

③ Tamas S. Nemeth. 編 "Biopolymer Research Trends" Nova Science Publishers 社出版 (分担) Page107-135 : "Biochemical and

biophysical basis of genome folding mechanisms." Kobori T, <u>Hizume K</u>, Ohniwa R.L, Yoshimura S.H, Takeyasu K.

(2008年6月)

6. 研究組織

(1)研究代表者
 日詰 光治(HIZUME KOHJI)
 京都大学・大学院生命科学研究科・助教
 研究者番号:10378846

(2)研究分担者 なし

(3)連携研究者

なし