【基盤研究(S)】

超解像イメージングで明らかにするクロマチンドメインとその細胞機能制御



研究代表者

国立遺伝学研究所・遺伝メカニズム研究系・教授

前島 一博(まえしま かずひろ)

研究者番号:00392118

研究課題

課題番号:24H00061

研究期間:2024年度~2028年度

キーワード: ゲノム、クロマチン、生細胞観察、超解像顕微鏡

なぜこの研究を行おうと思ったのか(研究の背景・目的)

●研究の全体像

私たちの体は約40兆個の細胞から構成されており、細胞の核一つ一つには全長約2メートルのヒトゲノム DNAが収められている。DNAには、RNAやタンパク質の設計図である遺伝情報が書かれている。負の電荷を帯びた細いひもであるDNAは、正電荷を帯びたタンパク質であるヒストンに巻きつき、ヌクレオソームという構造体を作る(図1左)。ヌクレオソームに他のタンパク質やRNAが結合したものをクロマチンと呼ぶ。約2メートルのDNAで作られた長いヌクレオソームの連なりは、どのように小さな細胞の核に収納され、どのように振る舞うのだろうか?この問題はDNA構造の解明から70年が経過した現在でも、生物学の根本的な課題である。

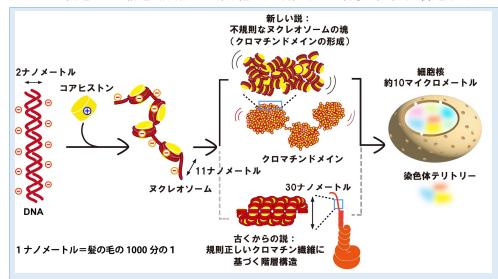


図1 DNA、ヌクレオソーム、クロマチンドメインの模式図。生きた細胞におけるクロマチン構造の新しい説は上段、古くからの説は下段に描かれている。図はIde et al., *BioEssays* 2023より改変。

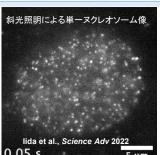
従来の説では、ヌクレオソームは規則正しく配置されて直径30ナノメートルの線維をつくり、さらにらせん状に折り 畳まれて階層構造を形成するとされていた(図1下段)。この説に従うと、あるタンパク質がゲノムDNAのある領域に結合したい場合、すべての階層構造をほどき直す必要がある。しかし、代表者前島らの研究成果によるととト細胞内のヌクレオソームの線維は、30ナノメートル線維をはじめとする規則正しい階層構造をつくらず、むしる不規則に折り畳まれていることが明らかになってきた(図1上段)(Maeshima et al., Curr Opin Cell Biol 2019)。この不規則な折り畳みから、ヌクレオソームは物理的にあまり束縛されておらず、流動的であると予想された。実際、単一の分子を観測できる一分子顕微鏡を用いて、生きた細胞内の個々のヌクレオソームの動きを追跡すると、ヌクレオソームはその場でダイナミックに揺らぎ、短い時間においては液体のように振る舞うことが判明している(Iida et al., Science Adv 2022; Nozaki et al., Science Adv 2023)。また、超解像顕微鏡により、細胞内のヌクレオソームの分布を高解像度で観察することで、これらが直径200ナノメートル程度のクロマチンドメインという塊を形成することも分かってきた(図1上段)(Nozaki et al., Mol Cell 2017; Miron et al., Science Adv 2020; Nozaki et al., Science Adv 2023)。 DNAの複製やRNAへの転写などは、クロマチンドメインを単位として進行すると考えられている。さらに、これらのプロセスに関わるタンパク質が、クロマチンドメイン内部のDNA領域を探索するとき、ヌクレオソームの揺らぎがクロマチンドメイン内部へのアクセスを助けていることも明らかになってきた (Hihara et al., Cell Rep 2012)。

本研究では、生きた細胞において、クロマチンドメインの実態、すなわち、その物理的な性質を解明すること、さらに、クロマチンドメインがDNAの複製、RNAへの転写などのゲノムの機能にどのように寄与するかを明らかにすることを目的とする。

この研究によって何をどこまで明らかにしようとしているのか

●新しい超解像顕微鏡システムの構築

生きた細胞のクロマチンドメインを可視化できる構造化照明顕微鏡と、一分子の動きを追跡できる顕微鏡を組み合わせ、新しい超解像顕微鏡システムを構築する(図2)。このシステムを用いて、生きたヒト細胞のクロマチンドメインの構造と、その内部や外部のヌクレオソーム、タンパク質分子の振る舞いを観察する。



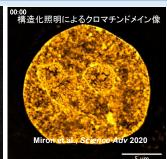


図2 左の一個一個のドットは単一のヌクレオソームをあらわしている。各ドットの中心を正確に決定することにより、ヌクレオソームの動きを10 ナノメートル以下の精度で測定できる。右は、構造化照明顕微鏡による超解像クロマチン像。クロマチンが塊(ドメイン)を形成している。

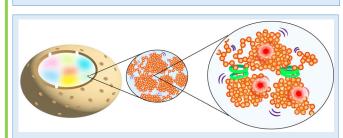


図3 生きた細胞のユークロマチン・ヘテロクロマチンのドメインの構造とその中の ヌクレオソームや他のタンパク質の動きを新規顕微鏡システムで観察する。

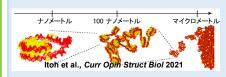


図4 マルチスケール クロマチンモデリング ヌクレオソームからクロマ チンドメインまで、ヌクレ オソームの振る舞いを 計算機で再現する。

●ユークロマチン・ヘテロクロマチンの 特異的な標識方法の開発

クロマチンには遺伝子が活発に転写されているユークロマチンと、遺伝子が少なく、ほとんど不活化されているヘテロクロマチンが存在する。両者のヒストン修飾の違いなど、生化学的な相違はよく分かっている一方で、クロマチンドメインの物理的な性質の違いはほとんど分かっていない。このため、生きた細胞で両者を特異的に蛍光標識する(目印を付ける)方法を開発し、以下の項目に用いる。

● 生細胞のユークロマチン・ヘテロクロ マチンドメインの実態の解明

生きた細胞のユークロマチン・ヘテロクロマチンドメインと、クロマチンドメインの内部や外部のヌクレオソーム、タンパク質分子の振る舞い(動きの軌跡)を、構造化照明と一分子顕微鏡(図2)を用いて測定する(図3)。各クロマチンドメインの物理的な性質と、クロマチンドメイン内部にタンパク質がどのようにアクセスするかを解析する。さらに、実験と計算機モデル(図4)を組み合わせ、クロマチンドメインの実態とその形成メカニズムを解明する。

● クロマチンドメインによる細胞機能 の制御の理解

クロマチンドメインの物理的な性質という側面から、転写制御などの細胞機能の理解、さらに、正常細胞、種々のがん細胞、老化細胞、疾患細胞を用い、クロマチンドメインの物理的な性質の変化を介した細胞機能不全・細胞分化のメカニズム解明を目指す。

研究室HP https://maeshima-lab.sakura.ne.jp Researchmap https://researchmap.jp/7000007143 Twitter X @kazu Maeshima

ホームページ等