

myTags® in situハイブリダイゼーション プローブを用いたゲノム組織の3D可視化・解析

核ゲノムの空間構成やクロマチンポロジ、染色体/クロマチン間の相互作用は、転写やエピジェネティックなゲノム機能制御に重要な役割を果たすことが知られています。Daicel Arbor Biosciences社のmyTags® in situハイブリダイゼーションプローブは、独自のプローブ設計プロセスにより、ターゲット領域に特異的にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドプローブセットです。蛍光in situハイブリダイゼーション (FISH) と3次元顕微鏡、画像再構成を組み合わせることで、高い解像度でゲノム組織を可視化することができます。

有糸分裂染色体の染色分体は、初期の細胞学的研究においてらせん状に巻かれることが示唆され、最近この仮定は染色体コンフォメーションキャプチャーシーケンシングによって支持されましたが、らせんモデルを確認するために、凝縮したクロマチン線維を直接差分可視化することはできていませんでした。ここでは、オオムギ中期染色体のHi-C解析、バイオポリマーモデリング、およびFISHによる大きな染色体セグメントの空間構造化照明顕微鏡での解析を組み合わせ、有糸分裂染色分体を形成する、らせん状に巻かれたクロマチン糸であるクロモネマ構造を明らかにしました。

Kubalová et al. (2023) Helical coiling of metaphase chromatids. *Nucleic Acids Res.* 51: 2641–2654

ポリコム群タンパク質(PcG)はクロマチンを化学的・物理的に修飾することで、遺伝子をサイレンシングします。PcGのターゲット領域は核内でコンパクトになることで遺伝子サイレンシングが起こると考えられていますが、詳細は分かっていません。DNA-FISHによるイメージングとHi-C解析を組み合わせることで、マウス胚性幹細胞の3Dゲノム構成の形成におけるポリコム複合体1 (PRC1) の役割を明らかにしました。

Boyle et al. (2020) A central role for canonical PRC1 in shaping the 3D nuclear landscape. *Genes & Dev.* 34: 931–949

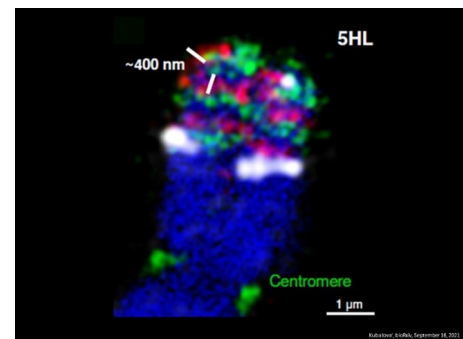


図1. 中期染色体でのFISH。らせん構造を可視化した。

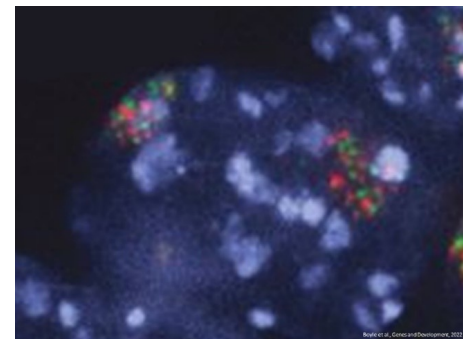


図2. PcGのターゲット領域(赤)と非ターゲット領域(緑)のクラスター度を3D FISHでイメージングした。

その他アプリケーション例

- Topologically associating domains (TAD)構造の検証
- 染色体テリトリーの定量



web www.arborbiosci.com
email info@arborbiosci.com
phone 1-734-998-0751
X(twitter) @ArborBio

Cytogenetics ISH
arborbiosci.com/products/cytogenetics-ish/



お問合せ：
プライムテック株式会社
www.primetech.co.jp

ライフサイエンス事業部 バイオ試薬ソリューション部
東京都文京区小石川1-3-25 小石川大国ビル 2F
Phone : 03-3816-0851 (代表) Fax : 03-3814-5080
E-mail : reagents@primetech.co.jp



www.primetech.co.jp/mytags