

ChIP-seq : ChIP-sequencing はクロマチン免疫沈降 (Chromatin immunoprecipitation) と大量シーケンシングを組み合わせた解析技術であり, 転写因子結合やヒストン修飾部位の同定など DNA とタンパクの相互作用の解析に用いられる。クロマチンとの複合体として免疫沈降された DNA の網羅的検出に従来はタイリングアレイ (ChIP-on-chip 法) が用いられたが, 次世代シーケンサーにより大量の配列を決定出来るようになったことからクロマチンの解析に不可欠な解析技術として普及している。ハイブリダイゼーション反応に伴うシグナルノイズやプローブデザイン等の問題点がなく, データ処理においてもアレイ解析に較べて単純であり, 再現性や感度に優れると考えられる。同様に ChIP のかわりに MeDIP (メチル化 DNA 免疫沈降), ChIA (クロマチン相互作用), RIP (RNA 免疫沈降) から得られた産物の解析にも用いられる。

(油谷浩幸 東京大学先端研)

脱窒 (denitrification) : 硝酸塩を電子受容体とする嫌気呼吸である異化的硝酸塩還元のうち, 窒素ガス, あるいは亜酸化窒素 (N_2O) ガスを最終産物とする反応を脱窒と呼ぶ。窒素サイクルの過程の一つとして, 環境中の無機窒素栄養塩を大気中へと再還元する重要な役割を担う。脱窒能はバクテリアに広く存在するが, アーキアや真核微生物である菌類にも報告されている。脱窒は, 四段階の連続する還元反応により進行し, 各反応はそれぞれ異なる還元酵素により触媒される。このうち一酸化窒素還元酵素は, 酸素呼吸の末端酵素であるシトクロム酸化酵素と構造・機能の両面で高い共通性を示し, 脱窒と酸素呼吸との進化的関係は興味深い。また, 脱窒の産物である N_2O は温室効果ガスであり, 土壌や海洋から放出される N_2O と脱窒との関係は議論の対象となっている。

(藤原健智 静岡大学大学院理学研究科生物科学)



X線小角散乱 (SAXS) : X線小角散乱とは非結晶の物質に X線を照射して得られる散乱の中でも散乱角が 10 度以下の散乱を用いる測定。それらのなかには, 入射光に対して円対称な散乱が得られる溶液散乱, 粉末回折のような膜系からの散乱, 配向したゲルや筋肉繊維からの回折等が含まれる。タンパク質を試料として用いる際には溶液状態で測定を行うことが一般的である。溶液状態で測定可能であることから, 構造の経時変化の測定や結晶化が困難なタンパク質の構造モデリングができることが特徴となる。測定結果から作成できる Guinier (ギニエ) プロットから分子の回転半径 (R_g ; ギニエ半径), 分子量を求めることが出来る。また, 動径分布関数 ($P(r)$ 関数) はタンパク質内のある一定の距離だけ離れた位置に粒子がどれだけ分布しているかを表し, 距離分布関数ともいわれる。 $P(r)$ 関数の 0 になる点から分子の最大長 (D_{max}) を求めることが出来る。

(郷田秀一郎 長崎大学工学部応用化学)

ab initio 法 : *ab initio* はラテン語で“初めから”の意。原子や分子の電子構造の計算において, 基底関数の組を仮定し, そのあとの計算には近似をできるだけ使わずに行う比較的規模の大きい非経験的な理論計算をいう。本稿ではタンパク質の三次構造を X線小角散乱の一次元散乱曲線から得る方法として用いた。複数の計算方法が知られているが Svergun らによって作成された, ある一定の大きさの球を詰めていき, 実験による散乱曲線と一致させるようにモデリングする方法 (DAMMIN : <http://www.embl-hamburg.de/ExternalInfo/Research/Sax/dammin.html>) を用いた。

(郷田秀一郎 長崎大学工学部応用化学)