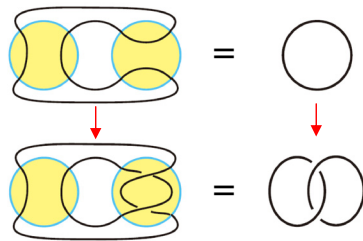


成果概要

- 大腸菌のDNA組み換え酵素 Xer システムによるDNA絡み目解消等の実験結果を、数学の「結び目理論」によって解明した。
- DNAやタンパク質が持つ結び目や絡み目の構造を特徴づけることのできる数学的なモデルを作り、構造に特有な長さを計算した。

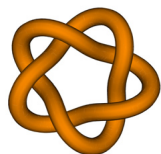
説明

1. DNAの組み換えをトポロジー変化のモデルに還元して「結び目理論」を適用。

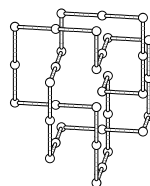


2. 結び目を立方格子内に置き、構造の特徴づけに成功した。

紐状の構造

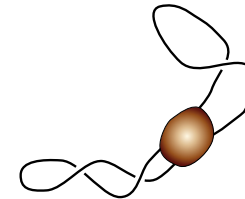


数学モデル



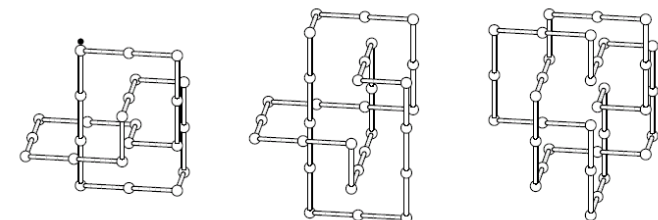
参考

- DNA組み換え酵素がどのようにDNAに作用するかは、観測することが出来ない。その目に見えない部分を、数学の幾何学の一分野である「結び目理論」を用いて解明している。DNA組み換え酵素はDNAのトポロジーを変えるものがある。作用前のDNAと作用後のDNAのトポロジーを観察することにより、結び目理論で得られた結果を用いて作用がどのように行われているかを解明することが出来る。この方法を用いてこれまでに、大腸菌のXerシステム等の作用を特徴付けている。



酵素に取り込まれているDNAの様子は見る事が出来ない

- DNAやタンパク質は紐状の構造を持つが、それが空間内で結び目を構成することがある。特に、酵素内での結び目の形状や、タンパク質の3次構造、4次構造での結び目の構造が重要な意味を持つことが最近知られている。我々の研究では、そのような紐状のものが結び目などの構造を持つときに、どれくらいの長さが必要かということ、結び目を立方格子の中で実現することにより理論的側面と計算的側面から研究している。



立体格子の中で実現された結び目

(knotplot (<http://www.knotplot.com>)を用いて作成)