

*News letter Vol. 3*

文部科学省科学研究費補助金 新学術領域研究

染色体オーケストレーションシステム



## 目次

計画班からひとこと	1
サイエンスカフェレポート	3
論文紹介	5
海外学会レポート	9
第1回サイエンスカフェ アンケート結果	11

## 計画班からひとこと

東京工業大学 生命理工学研究科  
伊藤武彦



本新学術領域のニュースレターの巻頭を書くようにと、白髭代表からご指名を受けた訳であるが、はて何を書いたものかと思案を重ねているうちにズルズルと締め切りをかなり過ぎてしまった。このニュースレターの発行が遅れていたとすれば、ひとえに私のせいである。引っ張るだけ引っ張っておきながら挙げ句の果てに、何か気の利いた文章の一つでも書ける訳でもない。考えても仕方がないので、私がこの領域以外でやっている研究の話を少し紹介することにしよう。

私は元々ヒトゲノムプロジェクトにおける日本チームの一員として、Sanger 法による階層的ショットガンシーケンスとそのアセンブルに従事していた。今から 20 年くらい前のことである。その前からバイオインフォマティクスをかじってはいたが、観測された実験データに「合う」数式やモデルを構築することにどうもじっくり来ていなかった。パラメータを増やせば合うし、また例外は多いし、なかなか真実に近づいている気がしない。その点、ゲノムは一意な訳で、その配列を明らかにすることはあたかもパズルを問いているかのように真実に近づいているようで、非常に楽しかった。しかもゴールがある。バクテリアのゲノムであれば環状につながれば完成だし、精度も定量的指標で評価できる。ヒトゲノムにおいても、どうしても埋まらないギャップをあの手この手で埋めることで、染色体再構築を着々と進めていた。もちろんそんなに単純なものではなく、テロメアやセントロメア、ヘテロクロマチン領域など制限酵素サイトがない箇所や、長い繰り返し配列領域など、どうしても解読できない／アセンブルできない箇所が最後まで残ってはしまった。それでも、解読可能な範囲を端から端まで決定するということは、非常に達成感のある研究であった。

しかし、ヒトゲノムの完成というゴール／正解のある研究をと思っていたものの、ヒトゲノムには SNPs を中心とした個人差があるということがわかって来た。プロジェクトで解読したヒトゲノムは多くの個人由来 DNA がモザイク状に組み合わせられたものだったのである。この後、安価な個人ゲノムの解読を実現するために、ショートリードタイプのいわゆる次世代シーケンサが開発されることとなる。この次世代シーケンサの活用により、本新学術でも活躍している、ChIP-seq, Hi-C 法などが開発されて来たのはご存知の通りである。

元来次世代シーケンサは、ヒトゲノムのように参照配列と呼ばれる完成したゲノム配列に、研究対象由来 DNA から得られたショートリードをマッピングし、その「差」を検出することで個々のゲノム配列を明らかにする目的で開発されたものである。しかし、DNA を読むことに変わりはない訳で、わずか 36bp 程度しか読めない頃から、そのランニングコストに目をつけ、新規ゲノム配列決定への応用が試みられて来た。近年では、次世代シーケンサのリード長が長くなって来たことも相まって、ほとんどの新規ゲノム配列決定には次世代シーケンサが用いられている。

このような時代になってくると、そのターゲットはモデル生物から非モデル生物へと移ってくる。容易に手をつけられる対象となってくるのである。ここで、非モデル生物(特に哺乳類以外)のゲノム

## 計画班からひとこと

配列を決定しようとする、今度は新たな敵が立ちはだかることとなって来た。相同染色体間の配列の差異、すなわちヘテロ接合性である。ヒトなどではわずか 0.1%とかのレベルで問題ないが、非モデル生物では 1~数%の差などざらである。しかも厄介なことに、挿入欠失まで存在する。しかし、これをなんとか克服する手法を研究開発した先で最近、思わぬことが見え始めて来た。相同染色体間での大規模な逆位や 20%以上にも配列が離れた箇所が数百 kb レベルで連続して存在し、表現系とリンクしているようなケースが散見されて来たのである。

このように一見ゴールが容易に見えると思ったゲノム解析も、個体差だったり相同染色体間の差だったり、はたまた細胞毎の差だったりとなかなか「真実」にはたどり着けず、手法の研究開発といちごっこを繰り返し、気づけば早 20 年も取っ組み合っている。近年では精度は低いものの、20kb とか読めるシーケンサも登場する時代である。昔には解読を諦めていたテロメアやセントロメアの再解析も含めて、まだまだ壮大なパズルのゴールは見えそうにもない。もしこのニュースレターの読者で、ゲノム決定したい新しいパズルをお持ちの方は是非声をかけていただければ幸いである。パズルの解読はいくらやっても楽しいものである。

# イベントレポート

## 第1回サイエンスカフェ「折りたたみの科学」に参加して

東京大学分子細胞生物学研究所

岡田由紀

アカデミック研究者のアウトリーチ活動としていまやすっかり定着したサイエンスカフェですが、若干のマナー感があることは否めません。そんな状況を打開すべく、白髭総括の肝入りで企画された染色体 OS の第1回サイエンスカフェは、なんと会場が六本木のクラブ。コンクリート打ちっぱなしの薄暗いフロアに設置されたステージには、コンデンシン研究の第一人者である平野達也班員と、形状モデリングとコンピューターグラフィックスよる折紙学の権威 三谷純教授(筑波大学)が登壇し、さらに日本美術ライター・解説でお馴染みの橋本麻里さんが司会として参加。染色体と紙という全く異なる素材の「折りたたみ」における共通点を見つけてその普遍的原理に迫るべく、2時間強にわたって熱いトークが繰り広げられました。

日本人なら誰も子供の頃から馴染み深い「折り紙」ですが、三谷先生によると折紙学の第一歩は「展開図」の理解、即ちいちど折られた紙を広げてその痕跡を辿り、その法則を他の作品に応用することだそうです(確かに私も子供の頃、祖母が折った折り鶴を広げて試行錯誤した記憶があります)。そう考えると我々の実験の大部分も、ある生命現象の痕跡を辿り、そのメカニズムを掘り下げる、あるいは再構成することです(が、この「現存する物の細部や仕組みを理解して法則性を見出す」ことは、折り紙と染色体に限ったことではなく、多くの探究活動に共通するので、「折りたたみの共通原理」と呼ぶには若干普遍的すぎるかもしれません)。

一方で両者の違いはというと、それこそ枚挙にいとまがないわけですが、身も蓋もない言い方をしてしまうとやはり「染色体は複雑すぎる」。もちろん折紙学が単純というわけではありませんが、折紙学はパーツ(紙)、設計図、完成図、設計上のルールなど既知の事項が大半を占め、そこに数式や法則を当てはめるのに対し(と私は理解したわけですが)、染色体の折りたたみ学は、兎にも角にも分からない要素が多すぎる(だから我々がメシが喰えるのですけれど)。そのパーツの数や種類さえ未だ十分に分かっていない上に、時間的要素や機能まで考慮して設計図を描こうなんて、何という無謀な試練に我々はチャレンジしようとしているのだろうか、今更ながら悲壮感に苛まれました。しかし幸い本会はワンドリンク付きということで、東京エールという名の地ビールが文字通り脳内にエールを送り、悲壮感を新たなチャレンジ精神に変換してくれましたが、特にアウトリーチ活動としてこの複雑で難解な染色体学を一般の方に馴染み深く知っていただくためには、相当の工夫が必要であると改めて痛感し

## イベントレポート

た次第です。

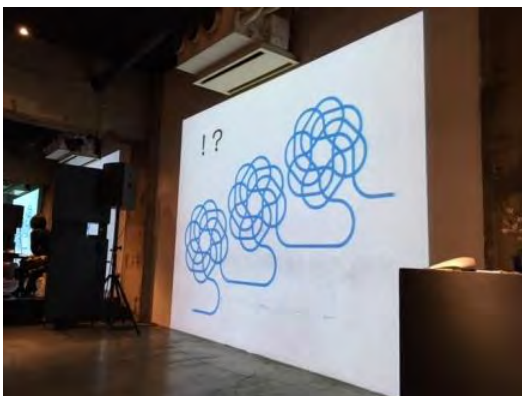
今回は会場だけでなくお客さんの顔ぶれも多様で、三谷先生や橋本さんの SNS 経由で来られた方が相当数おられたようですが、フロアからも活発に質問が飛び交い、終了後のアンケート結果も非常に好評でした(アンケート結果は巻末に掲載しています)。第2回は5月に予定しており、決まり次第染色体 OS のホームページで案内します。関東以外の皆様も含め、多くのご参加をお待ちしています。



左)クラブの雰囲気醸し出しつつも真剣な熱気に包まれた会場。



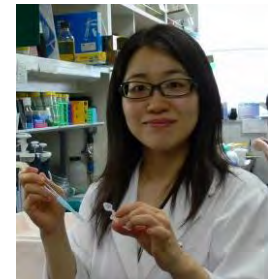
上)三谷作品が多数展示されました。



左上)「はい、ご質問どうぞ！」橋本さんとフロアとのやりとり。左下)プラレールを「折りたたんで」といってクロマチンに?! という三谷先生のスライド。ただしご本人曰く「電車は走れません。そこは僕にとってはどうでもよくて」。上)左から三谷、橋本、平野(敬称略)。先生方、大変お疲れ様でした!!!

### 「KIF4A によるコンデンシン I の制御メカニズム： 二つの ATPase が織りなす染色体の凝縮」

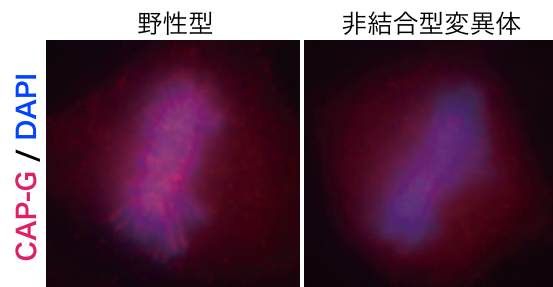
公益財団法人がん研究会がん研究所 実験病理部  
高橋元子



分裂期における染色体の形成は、ゲノムの継承を安全かつ正確に行ううえで基本的な細胞機能です。この染色体構築において主要な役割を果たすのがコンデンシン複合体です。コンデンシンはリング状の構造をとる複合体で、分子内に ATPase 活性を有し、ATP 存在下にクロマチンと結合することが知られていますが、どのようにしてクロマチンを折りたたむのか、そのメカニズムの解明が待たれています。

今回私たちは、キネシンの一つである KIF4A がコンデンシン I 複合体と相互作用することで、コンデンシン I の局在と機能を制御していることを見いだしました。KIF4A は ATPase 活性依存的に微小管上を移動しながら蛋白質の輸送を行うという従来のキネシンの機能に加えて、分裂期では染色体上に局在すること、KIF4A をノックダウンした細胞では染色体構造に変化が生じることが知られていました。

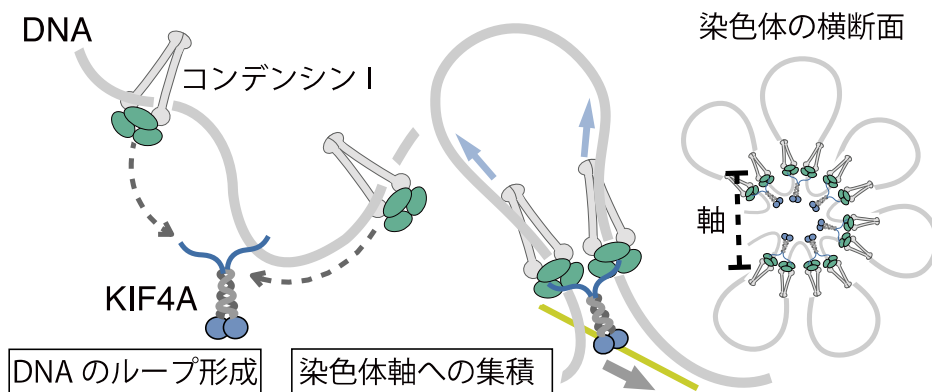
私たちはまず、KIF4A が分裂期にコンデンシン I と特異的に相互作用する(コンデンシン II とはしない)ことを見いだしました。その相互作用には、KIF4A のカルボキシル末端の約 50 アミノ酸の領域と、コンデンシン I の CAP-G サブユニットとが関与していることが分かりました。さらに詳しく調べると KIF4A の 1214 番目のロイシンが相互作用に必要であることが分かり、このアミノ酸に変異を加えて KIF4A の非結合型変異体を作成しました。この変異体を発現する細胞を観察すると、コンデンシン I が染色体の軸構造に集積していないことに気がつきました(上図)。そしてこれらの細胞では、セントロメア構造が脆弱になるといった表現型が見られ、コンデンシン I が十分に機能していないことが示唆されました。つまり、KIF4A は、コンデンシン I の局在や機能を制御するうえで不可欠なパートナーであることが分かりました。興味深いことに、KIF4A と CAP-G の結合が保たれた状態でも、KIF4A のモーター活性を阻害するとコンデンシン I の軸局在が不鮮明になったことから、このモーター活性もコンデンシン I の制御に関わっていると考えられます。



ところで、KIF4A は細胞内で二量体を形成することが知られています。つまり、KIF4A

## 論文紹介

1分子の中にはコンデンシンIとの結合部位が2カ所あることとなります。想像をたくましくすると、1分子の KIF4A に対してトポロジカルにクロマチンと結合したコンデンシンIが2分子結合することで DNA がループ状に折りたたまれ、さらに KIF4A のモーター活性によりコンデンシンIが染色体軸に運ばれ、染色体凝縮が進むのではないかと予想されます(下図)。このモデルを一つの作業仮説として、コンデンシン・リングがどのようにして染色体を折りたたんで行くのか、KIF4A という新たな役者を加えて、今後の解析を進めて行きたいと思っています。



### 発表論文

Takahashi, M., Wakai, T., and Hirota, T. (2016) Condensin I-mediated mitotic chromosome assembly requires association with chromokinesin KIF4A. *Genes & Development* 30: 1931-1936.

\*\*\*\*\*

### 「数理モデルから動的なクロマチンの構造を知る」

広島大学 クロマチン動態数理研究拠点  
新海創也



全長約 2 m のヒトの DNA は、わずか 10  $\mu\text{m}$  の細胞核の中に格納されています。近年、FISH (Fluorescence *In Situ* Hybridization) や 3C (Chromosome Conformation Capture) 派生技術の発展により、核内での階層的なゲノム構造が明らかになってきました。特に、遺伝子発現調節の基本構造ユニットとして、TAD (Topologically Associating Domain) と呼ばれるサブ Mb サイズのゲノム領域が注目を集めています。しかし、このドメインに関する知見は、細胞の固定化や、数億個の細胞から回収された DNA 断片のデータから得られたものであり、平均的で静的なも



## 論文紹介

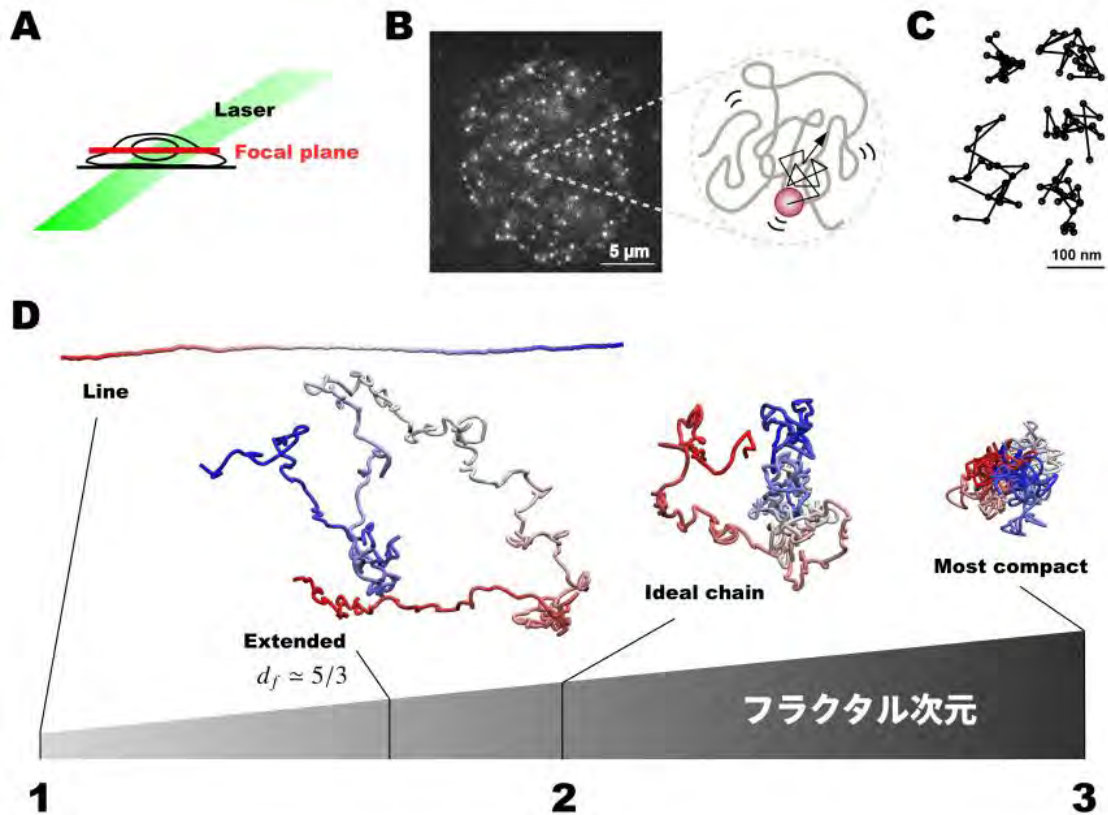
のであることに注意する必要があります。

一方、生細胞核内におけるクロマチンはダイナミックに動いています。共同研究者である前島一博教授、野崎慎研究員ら(国立遺伝学研究所)はこれまでに間期の一分子ヌクレオソーム動態観察に成功してきました(図 A・B 左)。数秒の観測時間の中で、ヌクレオソームはブラウン運動のように揺らいで動いています(図 C)。しかし、その動きはブラウン運動よりもずっと遅くて異常な動きを示します。

本研究で我々は、生細胞核内でドメイン構造とヌクレオソーム動態の間をつなぐことを目的とし(図 B 右)、ヌクレオソーム動態を表現する数理モデルを考案しました。モデルでは高分子理論を用いることで、ヌクレオソームファイバーによるドメイン構造の疎密度合いを“フラクタル次元”によって一元的に表現しました(図 D;ただし、ヌクレオソーム間相互作用の詳細に関しては不問にするという理論的近似を行ってます。)。そして、数理モデルの解析を進めることでヌクレオソーム動態を表現する理論式を導出しました。この理論式には、クロマチンドメインの大きさや、フラクタル次元といった、ドメインの構造を表すパラメータが含まれています。したがって、生きている細胞の中でのヌクレオソームの動きからクロマチンドメインの構造情報を理解できる道筋を理論的に明らかにすることができました。このことから、これまで観測されていた遅くて異常な動きの原因は、クロマチンドメインの構造からの拘束によるものであることがわかりました。実際に、理論式と実験データを比較することによって、クロマチンドメインの大きさとフラクタル次元といった構造情報を得ることに成功しました。

我々の数理モデルを通して、ヌクレオソーム動態という現象の時空間スケール(数秒、数百 nm)に対応する物理的なパラメータが、ある程度わかってきました。(まだまだ、数理モデルと実験データの間にはギャップはあり、その溝を埋めていく努力は必要ですが。)これは数理モデルに基づいた動態シミュレーションを展開する上で、どの時空間スケールの現象を考えるかにおいて重要になってきます。本新学術領域では、さらにエピゲノム情報をモデルに実装すること、また領域内共同研究の推進を目指し、数理的観点からエピゲノム制御機構の解明に貢献していくつもりです。

## 論文紹介



(A) 核内を一分子観察するために用いた斜光照明顕微鏡システムの模式図。(B) HeLa 細胞核内の H2B-PA-mCherry が自発的にランダムに光っている様子をとらえた顕微鏡画像(左)。モデル化に際し、最近の TADs の知見を踏まえて、画像の輝点はクロマチドメイン内の一つのヌクレオソームに対応すると考える(右)。見えないクロマチドメインの全貌とヌクレオソーム動態の間をつなぐこと目的とする。0.05 秒毎に画像を取得することで、その輝点が動いていることがわかった。(C) 約 1 秒間での典型的なヌクレオソームの 5 つの軌道。およそ 100 nm の範囲をランダムに動いている。(D) クロマチドメイン構造の疎密度合いは、高分子理論より、1~3 の間の値をもつフラクタル次元を使って特徴づけることができる:例えば、1 次元は線状、約 5/3 次元は排除体積相互作用をもつ拡がった形状、2 次元は“理想鎖”と呼ばれる形状、3 次元は最も密な形状に対応する。

### 発表論文

Shinkai S, Nozaki T, Maeshima K, Togashi Y. (2016) Dynamic Nucleosome Movement Provides Structural Information of Topological Chromatin Domains in Living Human Cells. *PLoS Comput Biol.* 2016 Oct 20;12(10): e1005136.

## 海外学会レポート

### IMB 会議「Epigenetics in Development」に参加して

東京大学 分子細胞生物学研究所

羽田政司

2016 年 10 月 20 日～22 日に、ドイツのマインツにある Institution of molecular biology 主催の国際会議「IMB conference; Epigenetics in Development」に参加してきました。

マインツは有名なサッカークラブがあるので名前を聞いたことがある方も多いかと思いますが、フランクフルトから電車で 45 分程の場所にある静かな街です。街の中心部にはドイツ屈指の大聖堂・マインツ大聖堂があり、かつて宗教都市であったころの名残が感じられます。また、マインツはライン川とメイン川の合流地点に位置しており、ライン川クルーズの始発駅としても有名です。次回観光で訪れた際には是非参加したいものです。

学会の会場となった IMB は中央駅をはさんで大聖堂とは反対側にあり、広大な敷地を有するマインツ大学の一部にあります。そもそも本会議を選んだ経緯としては、ボスの岡田先生から、「せっかく海外学会に参加するんだから、日本人が 1 人も参加していなそうな学会に行きなさい。」という指令によるものでした。その狙い通り、会場では他に日本人がおらず、英語から逃げ場のない素晴らしい環境でした。

今回は「Epigenetics in Development」という広めなテーマを掲げており、初期胚から生殖細胞、皮膚の幹細胞に至るまで多様な組織の研究者が集まっていました。個々のレベルは研究所主催の学会なので、こじんまりとしているのかなと思いきや全然そんなことは無く、Elaine Fuchs, Bradley Cairns, Azim Surani など、多くの著名な研究者が参加しており、そのレベルの高さに圧倒されました。特に印象的だった演題は、Keynote Lecture である Magdalena Zernicka-Goetz (University of Cambridge, UK) の発表です。彼女達が開発した受精後 13 日目まで胚を試験管培養する技術を用いて、これまでブラックボックスだった着床期における分子生物学的なデータを示していました。更にトークの最後には胚を構成する培養幹細胞を上述の方法で 3 次元培養することによって、生体に極めて近い胚様体を構築できたという結果を示しており、俄かには信じられないほど驚愕させられました。学術的な価値だけでなく、応用の可能性を秘めた大変興味深い内容でした。

ポスター発表は特に時間が定められているというわけではなく、3 日間のランチやコー

## 海外学会レポート

ヒールブレイクの時間に自由に討論してくれというフランクなものでした。私の発表には、今分野で最も勢いのある研究者の1人である Antoine HFM Peters に見てもらえ、私の拙い英語にも関わらず多くの助言を頂くことができました。これらの経験は現在の研究だけでなく、今後の研究人生の糧となる大変貴重なものだと確信しています。

最後に、本会議の参加費・渡航費用は本領域より援助していただきましたことに、深く感謝致します。

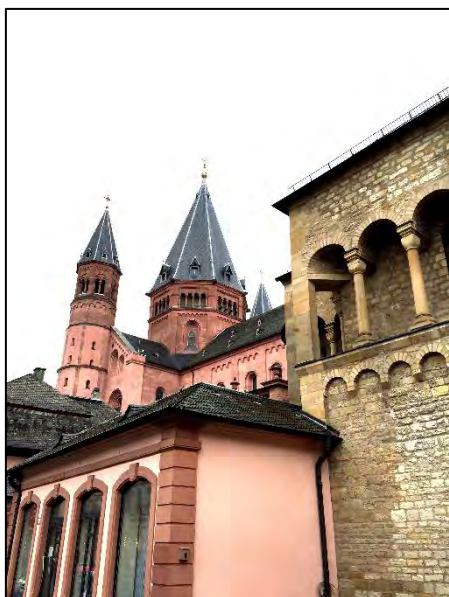


図 1, マインツ大聖堂。とても大きく、私のカメラでは一部しか撮影することができませんでした。

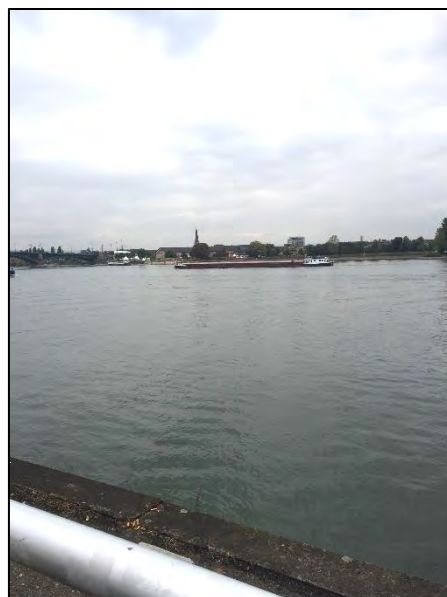


図 2, ライン川。

---

# アンケート集計結果

---

## 目次

アンケート集計結果 .....	1
参加目的について（自由回答） .....	5
感想（自由回答） .....	7
図 1 アンケートに関する男女比 .....	2
図 2 参加回数 .....	2
図 3 今回のサイエンスカフェの評価 .....	3
図 4 内容の難易度 .....	3
図 5 「科学技術」「理系科目」に対する興味 .....	4
図 6 次回の参加有無 .....	4

## アンケートに関する男女比

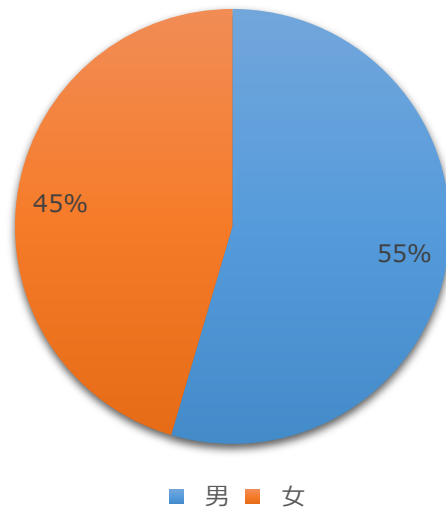


図 1 アンケートに関する男女比

## 参加回数

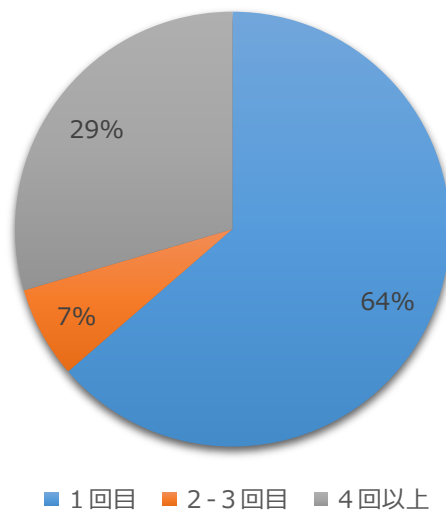


図 2 参加回数

### 今回のサイエンスカフェは 面白かったですか？

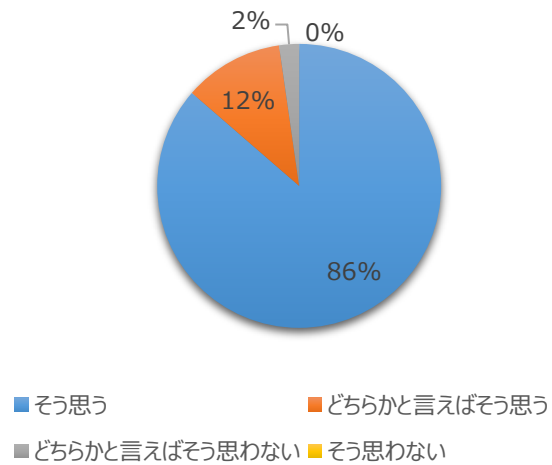


図 3 今回のサイエンスカフェの評価

### 今回の内容はわかりましたか？

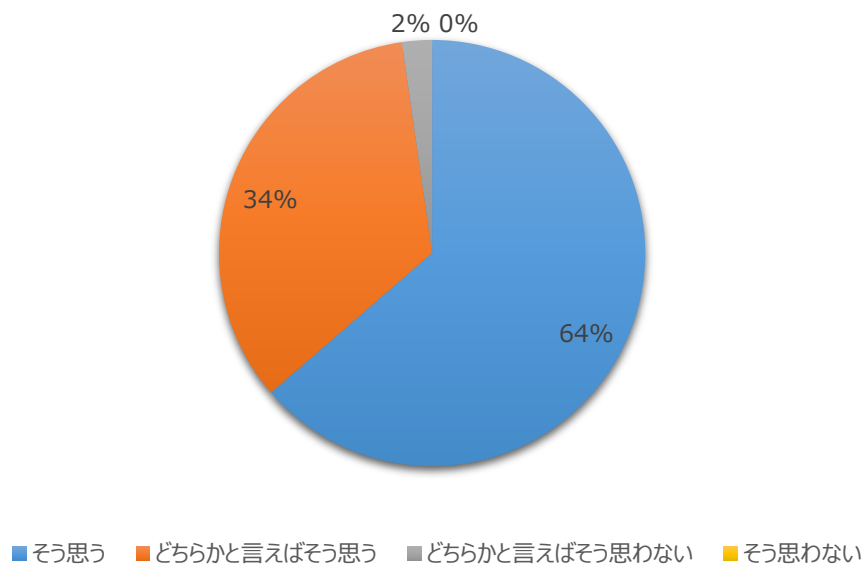


図 4 内容の難易度

今回のサイエンスカフェにより、  
「科学技術」や「理系科目」に興味・関心  
を持ちましたか。

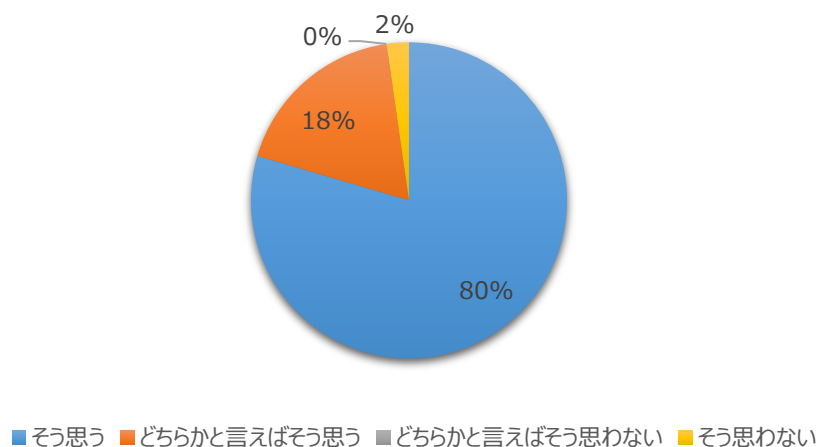


図 5 「科学技術」「理系科目」に対する興味

今回のようなサイエンスカフェがあったら  
また参加したいと思いますか？

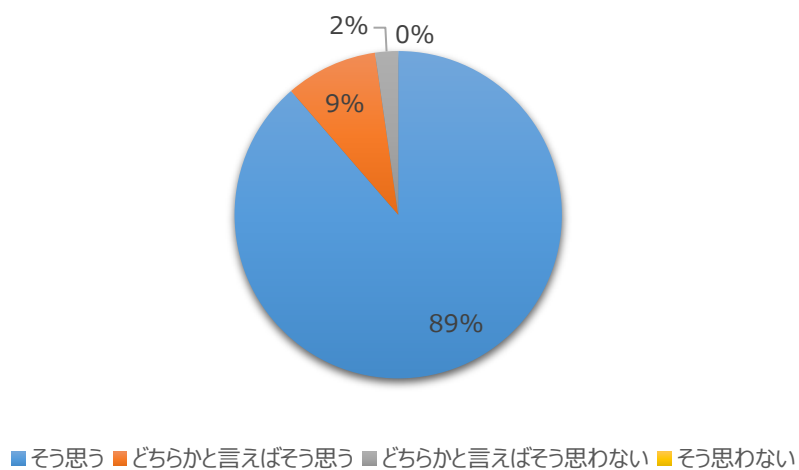


図 6 次回の参加有無



## 参加目的について（自由回答）

大学に貼ってあったポスターで興味を持った
白髭先生の紹介で
メンバーが面白そうだったので
奇抜な企画アイデアにひかれて
折り紙、プラレール、構造と機能に興味があるので
折り紙を学ぶ
一般向けの染色体の講演を聴いてみたかった
ホームページを見て
立体折り紙とサイエンスカフェに興味があったから
橋本さんのファンなので
「美学」というキャッチフレーズにひかれて
三谷先生の研究に興味があり、他のイベントにも参加しています。
DNA の折り畳みは不思議だと思ったから。またシンゴジラにも登場した折り紙にも興味があったので
折り紙も DNA も興味があるので面白い話を聞けそうだったから
折り紙と DNA の折り畳みがどう関係するのか知りたかったから
学会活動でお世話になる先生方がどういったサイエンスカフェを行われるのか興味があった
タイトルにひかれて
シンゴジラをみたので

先生のご紹介、数学と生物学の接点（原点）がみられるかと思いましたので
テーマが面白そうだったから
DNA の折りたたみに興味あり
面白そうだったので
科学が好きだから
紹介
一般向けの生物学の講演に興味があったから
紹介頂きました
折り紙、幾何学好きなので
「折りたたむ」というキーワードで異なる世界をつなごうとしているところが面白い と思ったため
おもしろそうなタイトルだったから
テーマに興味があった
DNA と折り紙のコラボレーションが面白かったから
遺伝子の Holding か折り紙とわかるか？
面白そうなテーマだったため
染色体と折り紙、生物と物理のコラボに興味があった
Twitter で見かけて興味を持った。シンゴジラの折り紙というワードに魅力があった
三谷先生のお話を聞きたくて
DNA の折り畳みについて興味があったので

目に見えないほど小さな細胞の世界と折りたたむイメージしやすい動作がつながっているかもしれないというテーマが面白そうだったと思ったため

三谷先生を知っていた。サイエンスカフェは初めてだった。橋本さんをTVで拝見

## 感想（自由回答）

生物系の勉強をしているのですが、折り紙の視点から生物を見ることができ、新鮮でした。楽しかったです！

大変面白かったです。日本美術の話もっと聞きたかったです

大変おもしろかったです！！

知らない考え方が出てきて面白かったです。

大変良い試みだったと思います。次回は白髭先生のお話を是非聴いてみたいです

もう少し参加者が話せる時間がほしかった

分野の異なる三名の各分野について興味、関心を引き起こされる内容であった。特に細胞分裂について基礎的な勉強をしたくなった。

知識のない分野でしたが、皆さん語り口がソフトでとっつきやすくて良かったです。難しく今一つわからないところもありましたが面白かった。会場が寒かった。

思いがけず、折り紙とDNAというテーマから様々な話を聴けてとても良かったです。DNAの折り畳み自体はあまりよく知らないので、もっと調べてみたいです。

2回目期待しています。

撮影OKだったのかが気になりました。この内容なら、インターミッションなしでそのままディスカッションでも行けました。（先生方のお話がわかりやすかったので）

アウトリーチ活動お疲れ様です。時代の流れもありますので必要なものであると感じております。

新しい発見は少なかったように思う

良く参加しているサイエンスカフェ（物理・数学系）に比べて、若い人（男性・女性とも）が多いので驚いた

堅苦しい雰囲気ではなく学べたりしれたりできてとても楽しい時間になりました。（このスペースLiveハウスみたいでいいですね）また日時があいましてら参加したいです。ありがとうございました

貴重なお話をありがとうございました。

スーパーデラックスではパフォーマンスライブでしか来たことがなかったので、今回のイベントに「！」でした。平野先生のプレゼン、とにかく面白くてもっと聞いていたいなと思いました。「それなりの知識」という大人向けのSCは重要だと思います。生命がその生態を維持すること自体が科学の営みです。学校教育のみならず「自分が生きていること」とはどのようなことかを知る機会として活動の継続を望みます。また三谷先生はご自身の研究が「役に立たない」と自虐的なギャグをもっておっしゃっていましたが本当に役に立たないのでしょうか？先生の研究で「わあ」と目を開き、新たな視点を得ることも多くあると思います。

質疑応答が興味深かった

とてもおもしろかったです。一見相いれない二つの分野がどのように折り合うのかハラハラしながら見ていました。

DNA と折り紙違う視点でのディスカッションは興味深かったです。

全く違う二つの分野の話がつながって、面白かった！

社会人にはせめて19時開始ぐらいが望ましいです。

PPTの資料をすべて配布してほしい。PDFでもOK

いろんな切り口でいろいろな発想を思うことができました。また是非開催していただきたいです。

折り紙の幾何学的な話をもう少し聞きたかった。多分ボリュームが増して難しくなるけど、染色体の分裂の過程で改めてわからない仕組みのところを気づき、話が聞けてとても面白かった。もっと聞きたい

一般参加者とのセッションをもう少し長くして下さると、もっと楽しいかと思った。

生物学も幾何学も専門外ですが、共通点（のように見える）がなんとなく感じられて面白かったです。他分野も今回のように取りつきやすいテーマがあれば参加したく思います。

大変楽しく拝見しました。ありがとうございました。DNAの46本が多少わかりました。ワクワクする展開も楽しみです。