# DNA 中のアデニンの STM によるシークエンシング

# Sequencing of adenine in DNA by STM

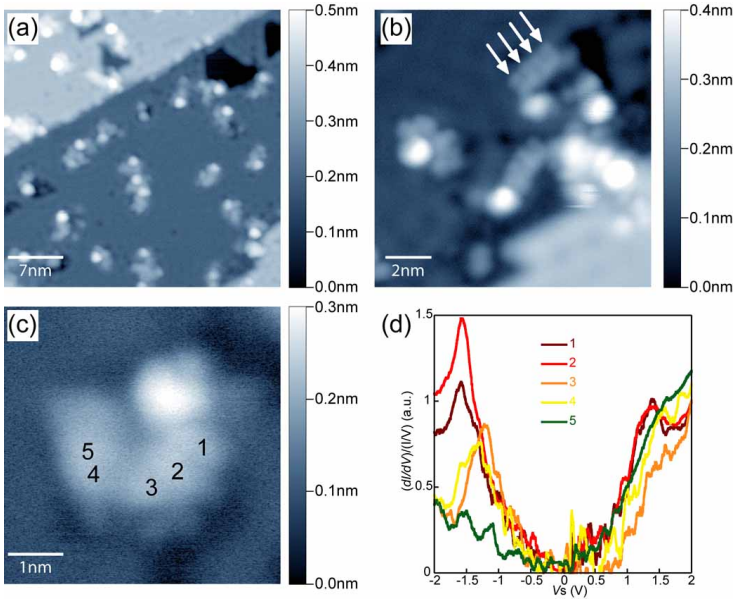
阪大産研 [1]，　○田中 裕行 [1]，谷口 正輝 [1]

Osaka Univ. [1], ○Hiroyuki Tanaka[1], Masateru Taniguchi[1]

E-mail: hrtanaka@sanken.osaka-u.ac.jp, taniguti@sanken.osaka-u.ac.jp

トンネル電流による DNA 塩基分子の読みとり技術の開発は、単一分子解析技術をベースとした次々世代シークエンサー技術の一つとして重要であり、絶縁体である塩基分子が STM で結像される機構を理解する観点からも興味深い。特に、Cu(111)表面に吸着した DNA のグアニン塩基（プリン塩基）には、*Vs*=-1.6 V に特徴的なピーク（分子指紋と呼ぶ）を持つことが *dI/dV* 測定や *dI/dV* マッピングによって明らかになっている[1]。

DNA のプリン塩基の一つであるグアニンだけでなくアデニンも識別できると、二重らせん DNA のそれぞれの 1 本鎖のプリン塩基すべてを読み取ることで、DNA 塩基対の相補性より元の二重らせんの DNA 塩基配列決定を行うことが可能である。従って、アデニンを読み取ることはシークエンシングの観点より重要である。そこで今回、アデニンのみで構成された合成 DNA オリゴマーおよびウイルス DNA を対象として、STM によるアデニンの識別を行ったので報告する。




TET-AAAAA という発色団が修飾されたオリゴマーが Cu(111)表面に吸着した STM 像を図(a)及び(b)に示す。発色団の TET と個々のアデニンが拡大像中に明瞭に観察される[図(b)白矢印]。このような直線的な配列構造をとっているヌクレオチド部分を含んだ分子を対象に *dI/dV* 測定を行った[同図(c)(d)]。測定部位は全てアデニンに対応するが、コンダクタンスで規格化された *dI/dV* スペクトルでは、スペクトル測定点ごとにピーク位置が大きくばらつくだけでなく、ピークそのものが測定されないものもあった。

一方、ウイルス DNA の場合は、分子が伸長固定されているため[1]、自由度の高いオリゴマーの場合よりも、より均一な吸着構造が観察された。さらに、*di/dv* マップ、STS や *dI/dV* 測定を行ってみると、アデニンのピークは、*Vs*=-1.6 V 前後であることが明らかになった。なお、この値は、グアニンのそれと同じである。吸着構造及び状態密度の由来を考察するため、伸長された DNA の DFT 計算結果と比較議論する。

文献 [1] H. Tanaka and T. Kawai. Nature Nanotechnology 4 518 (2009).

© 2017年 応用物理学会