
病毒DNA在受限空间中的多区域有序性研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9377.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

病毒，有着各种各样的形状和大小，既有极其微小的二十面体鼻病毒（如普通流感病毒），也有较大尺寸的砖型正痘病毒（如天花）。然而，DNA是以怎样的形态和方式堆积在病毒内部的，仍旧是一个具有争议的问题。最近，中国科学院物理研究所/北京凝聚态物理国家研究中心的研究人员在《物理评论快报》上发表了一篇文章，通过理论分析和数值模拟，解答了这一病毒DNA的堆积问题。

文章的作者把DNA在病毒内的堆积问题简化为一根被限制在球壳内的弹性细丝。这一模型中存在着三种互相竞争的作用：第一，细丝的弹性作用，使细丝倾向于保持直线；第二，体积排除作用，避免了细丝与自身发生重叠；第三，球壳对细丝的限制作用，与前两种作用相竞争。作者们发现，如此简单的模型却产生出惊人的复杂行为。当细丝的密度很高时，它在球壳内的最优结构是一种复杂排布的、可以被区分成多个区域的有序交织环（如图所示），而不是早前工作中提出的单个“甜甜圈”型结构。

染色质的结构也会出现多区域有序性，其中蛋白质与DNA之间复杂的相互作用能够驱动DNA的分离。目前这一工作表明即使在没有特定结构束缚的情况下，DNA的多区域有序性仍可以出现在更简单与更微小的系统中。当然，如果要精确地预测DNA在病毒中的堆积形态，则需要进一步考虑DNA与病毒外壳之间、以及DNA分子内部所具有的特定相互作用。这项研究成果为DNA在病毒内部的堆积形态提出了全新见解，有助于人们进一步揭示其中蕴含的重要物理机制。

该工作以Spontaneous Domain Formation in Spherically-Confined Elastic Filaments为题，发表在《物理评论快报》杂志上。物理所研究员Jure Dobnika为该论文的通讯作者。这项研究得到国家自然科学基金委的支持。

[文章链接](#)

研究团队单位：物理研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发