

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		次世代シーケンサーを用いた高等植物の高密度転写開始点解析			
研究テーマ (欧文) AZ		Analysis of Transcription Start Sites of Higher Plants Using Next Generation Sequencer			
研究氏 代表名 者	カナ CC	姓)ヤマモト	名)ヨシハル	研究期間 B	20 ~ 20 年
	漢字 CB	山本	義治	報告年度 YR	2011 年
	ローマ字 CZ	Yamamoto	Yoshiharu Y.	研究機関名	岐阜大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		応用生物科学部・准教授			
<p>概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)</p> <p>これまでの代表者らの研究により遺伝子のスイッチであるプロモーターの構造理解のためには転写開始点情報を実験的に取得することが必須であることが認識されており、2006 年には CT-MPSS 法を開発しシロイヌナズナに適用して 16 万の転写開始点タグを得た。これにより 30,000 弱あるシロイヌナズナ遺伝子のうち約 10,000 遺伝子について転写開始点 (プロモーターの位置) を同定することができた。</p> <p>今回の研究においては、超並列型シーケンサー (Solexa/ Illumina) を用いることで解析規模のスケールアップを狙った。組織や生育環境が異なる 6 つの独立したタグライブラリを調製し、Solexa シーケンサーによりランダムにシーケンシングすることで、高品質シロイヌナズナ転写開始点タグを計 3400 万クローン同定することができた。これらの転写開始点情報は約 25,000 遺伝子 (90%程度) をカバーしており、カバー率に関してはほぼ満足のいく結果が得られた。また、環境応答や組織により切り替えられる選択型プロモーターについて 1,043 ペア (=1,043 遺伝子) を同定した (未発表データ)。これらの知見により実験データに基づく世界で最も詳細なシロイヌナズナプロモーター情報が申請者により整備された (非公開データ)。</p> <p>また、選択型プロモーターの中でも生成タンパク質のアミノ酸配列を変える特殊な形のプロモータースイッチングを行うペアをバイオインフォマティクス解析により同定した。得られた結果から光合成組織ー非光合成組織による大規模な代謝経路のスイッチングが推定された。</p>					
キーワード FA	プロモーター	環境応答	植物ゲノム		

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入して下さい）									
雑誌	論文標題 GB	A common sequence motif involved in selection of transcription start sites of Arabidopsis and budding yeast tRNA genes							
	著者名 GA	Yukawa et al.	雑誌名 GC	Genomics					
	ページ GF	166~172	発行年 GE	2	0	1	1	巻号 GD	97
雑誌	論文標題 GB	Characteristics of core promoter types with respect to gene structure and expression in <i>Arabidopsis thaliana</i>							
	著者名 GA	Yamamoto et al.	雑誌名 GC	DNA Research					
	ページ GF	333~342	発行年 GE	2	0	1	1	巻号 GD	18
雑誌	論文標題 GB								
	著者名 GA		雑誌名 GC						
	ページ GF	~	発行年 GE					巻号 GD	
図書	著者名 HA								
	書名 HC								
	出版者 HB		発行年 HD					総ページ HE	
図書	著者名 HA								
	書名 HC								
	出版者 HB		発行年 HD					総ページ HE	

欧文概要EZ（ワープロ作成原稿の切り貼りで結構です。）

Yukawa et al:

The transcription start site (TSS) is useful to predict gene and to understand transcription initiation. Although vast data on mRNA TSSs are available, little is known about tRNA genes because of rapid processing. Using a tobacco in vitro transcription system under conditions of impaired 5' end processing, TSSs were determined for 64 Arabidopsis tRNA genes. This analysis revealed multiple TSSs distributed in a region from 10 to 2bp upstream of the mature tRNA coding sequence (-10 to -2). We also analyzed 31 *Saccharomyces cerevisiae* tRNA genes that showed a smaller number but a broader distribution (-13 to -1) of TSSs. In both cases, transcription was initiated preferentially at adenosine, and a common 'TCAACA' sequence was found spanning the TSSs. In plant, this motif caused multiple TSSs to converge at one site and enhanced transcription. The TATA-like sequence upstream of Arabidopsis tRNA genes also contributed to TSS selection.

Yamamoto et al:

It is now well known that vertebrates use multiple types of core promoter to accomplish differentiated tasks in Pol II-dependent transcription. Several transcriptional characteristics are known to be associated with core types, including distribution patterns of transcription start sites (TSSs) and selection between tissue-specific and constitutive expression profiles. However, their relationship to gene structure is poorly understood. In this report, we carried a comparative analysis of three Arabidopsis core types, TATA, GA, and Coreless, with regard to gene structure. Our genome-wide investigation was based on the peak TSS positions in promoters that had been identified in a large-scale experimental analysis. This analysis revealed that the types of core promoter are related with the room for promoters that is measured as the distance from the TSS to the end of the upstream gene, the distance from the TSS to the start position of the coding sequence (CDS), and the number and species of the cis-regulatory elements. Of these, it was found that the distance from the TSS to the CDS has a tight, inverse correlation to the expression level, and thus the observed relationship to the core type appears to be indirect. However, promoter length and preference of cis-elements are thought to be a direct reflection of core type-specific transcriptional initiation mechanisms.