

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		発生に伴い de novo メチル化を受ける配列の一塩基解像度でのゲノムワイド探索			
研究テーマ (欧文) AZ		Genome-wide searching for developmental stage-specific de novo DNA methylation at single-base-paire resolution			
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓)タルタニ	名)ヨシアキ	研究期間 B	2010 ~ 2011 年
	漢字 CB	樽谷	芳明	報告年度 YR	2012 年
	ローマ字 CZ	Tarutani	Yoshiaki	研究機関名	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所・助教			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>植物のゲノム DNA では、シトシン塩基の一部がメチル化を受けている。このような DNA のメチル化は遺伝子の発現抑制に深く関与すると考えられており、トランスポソンの不活性化や遺伝子発現の制御に重要な役割を果たすことが明らかになってきた。私は、これまでの研究で、アブラナ科自家不和合性対立遺伝子 SP11 にみられる優劣性現象が、劣性側 SP11 遺伝子のプロモーター領域が、優性側特異的な small RNA を介して、葯タペート組織において発生ステージ 2 から de novo メチル化され、劣性側 SP11 遺伝子の発現が特異的に抑制されることで起きることを見出した (Shiba et al., 2006, Tarutani et al., 2010)。植物における組織・発生時期特異的な de novo メチル化による遺伝子発現制御の事例は、これ以外には報告されていない。</p> <p>本研究では、このような組織・発生時期特異的な de novo メチル化による遺伝子発現制御が、植物においてどの程度一般的なものであるかを明らかにするため、全ゲノム DNA 情報が公開されているシロイヌナズナの発芽後 7 日目のロゼット葉、発芽後 14 日目の子葉およびロゼット葉を材料とし、ショットガンバイサルファイトシーケンス法によるシトシン塩基のメチル化状態を単一塩基レベルでの解析を行った。メチル化レベルが、発芽後 14 日目の子葉で 10% 以下かつロゼット葉で 20% 以上となった組織特異的な de novo メチル化はゲノム全体で約 345,000 ケ所、発芽後 7 日目のロゼット葉で 10% 以下かつ発芽後 14 日目のロゼット葉で 20% 以上となった発生時期特異的な de novo メチル化は約 170,000 ケ所、両方に共通な組織・発生時期特異的な de novo メチル化は約 70,000 ケ所であった。今後は、これらの de novo メチル化と近傍領域発現量の変化との関連を調べる予定である。</p>					
キーワード FA	シロイヌナズナ	DNA メチル化			

(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ください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 EZ

DNA methylation is an important epigenetic mark involved in diverse biological processes. In the previous study, I revealed that the dominance relationships in *Brassica* self-incompatibility are controlled by tissue and recessive allele specific DNA methylation triggered by dominant allele specific small RNA. This is the first report that tissue and developmental stage specific *de novo* DNA methylation is involved in the selective gene expression.

To check how this regulation of gene expression controlled by tissue and developmental stage specific *de novo* DNA methylation is general in plants, I applied whole-genome shotgun bisulfite sequencing method to *Arabidopsis thaliana*. Comparing the methylation levels in cotyledons and rosette leaves of 14 days after germination plants, I found about 350,000 cytosines showed tissue specific *de novo* methylation in rosette leaves of 14 days after germination plants. Comparing the methylation levels in rosette leaves of 7 and 14 days after germination plants, I found about 170,000 cytosines showed developmental stage specific *de novo* methylation in rosette leaves of 14 days after germination plants. Combined these data, I found that about 70,000 cytosines showed tissue and developmental stage specific *de novo* methylation in rosette leaves of 14 days after germination plants. Further analysis about the relationship between methylation levels and expression levels will be performed in the future.