

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		シロイヌナズナ生殖過程における DNA 脱メチル化を介したエピジェネティック制御			
研究テーマ (欧文) AZ		Epigenetic control during sexual reproduction in Arabidopsis thaliana			
研究氏 代表 者	カナ CC	姓) キノシタ	名) テツ	研究期間 B	2014 ~ 2015 年
	漢字 CB	木下	哲	報告年度 YR	2015 年
	ローマ字 CZ	Kinoshita	tetsu	研究機関名	横浜市立大学・木原生物学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		横浜市立大学・木原生物学研究所・国際総合科学群・教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>オス由来とメス由来のゲノム間でのせめぎ合いを代表するゲノムインプリンティングは、哺乳動物と被子植物において保存されており、エピジェネティックスのモデルとしても盛んに研究が行われてきている。シロイヌナズナにおいては、メス側の生殖細胞である中央細胞において DNA 脱メチル化がすでに完了していることが観察されているが、正確にはどのタイミングで DNA 脱メチル化によりインプリント遺伝子の活性化がエピジェネティックにプログラムされるのかは明らかではない。シロイヌナズナの中央細胞核は、雌性配偶体内の 2 つの極核が融合し、S 期を經由して G2 期で停止して、オス側の精核との受精を迎えることが知られている。この極核融合に引き続いて起こる DNA 複製時に維持型 DNA メチル化酵素の発現が見られないことから、一旦ヘミメチル化したゲノムを基質に DNA 脱メチル化酵素が作用しているモデルが提唱されている。そこで、このモデルを検証することを目的として、内性のインプリント遺伝子 FWA の発現をミミックする FWA-GFP リポーターラインの発現が、極核融合欠損変異体においてどのように振る舞うのかを解析した。その結果、極核融合とは同様の効率ではないものの、FWA-GFP の活性化には極核融合は必ずしも必須でないことが明らかとなった。平行して、FWA-GFP リポーターの活性化のおこらない一連の変異体を用いて、メチローム解析を行い、これらの変異体がインプリント遺伝子の FWA のみならず、様々な反復配列のゲノムワイドな DNA 脱メチル化制御に関与していることを明らかにした。</p>					
キーワード FA	インプリンティング	エピジェネティクス	DNA 脱メチル化	シロイヌナズナ	

(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

Genomic imprinting has been well documented as a model for epigenetic phenomena in mammals and plants. In *Arabidopsis thaliana*, epigenetic reprogramming by DNA demethylation thought to be completed in the central cell nucleus, although exact timing of DNA demethylation is not identified. During maturation process of the central cell in the female gametophyte, a series of events, fusion of the two polar nuclei, DNA replication and G2 arrest of the nucleus, have been observed before fertilization with the male sperm nuclei that is delivered by the male pollen tube. In this maturation process, maintenance DNA methyltransferase (MET1) is not expressed in the mature females gametes, therefore, the most of genomic region is likely hemimethylated in the central cell nucleus. To test this possibility, we conducted genetic analyses using transgenic plant harboring FWA-GFP reporter and the mutants defective in the polar nuclei fusion. As a result, activation of FWA-GFP can be observed without fusion events, although the efficiency of its activation is not identical to WT central cell. In addition, we conducted genome-wide DNA methylation analysis using mutants that show defect in FWA-GFP activation.