

科学研究費助成事業（基盤研究（S））研究進捗評価

課題番号	22228004	研究期間	平成22年度～平成26年度
研究課題名	次世代シーケンサーを用いた生殖系列のエピゲノム修飾とトランスクリプトーム解析	研究代表者 (所属・職) (平成27年3月現在)	河野 友宏 (東京農業大学・応用生物科学部・教授)

【平成25年度 研究進捗評価結果】

評価	評価基準
○ A+	当初目標を超える研究の進展があり、期待以上の成果が見込まれる
A	当初目標に向けて順調に研究が進展しており、期待どおりの成果が見込まれる
A-	当初目標に向けて概ね順調に研究が進展しており、一定の成果が見込まれるが、一部に遅れ等が認められるため、今後努力が必要である
B	当初目標に対して研究が遅れており、今後一層の努力が必要である
C	当初目標より研究が遅れ、研究成果が見込まれないため、研究経費の減額又は研究の中止が適当である

(意見等)

本研究は、生殖系列におけるエピゲノム情報のリプログラミング機構という発生生物学上の根本的な問題を、次世代シーケンサーを活用して全ゲノムレベルで解明しようとする研究である。微量サンプルを用いた DNA メチローム解析のために効率的な DNA ライブラリー調製法を開発し、既に当初の主要な目的である精子および卵子の DNA メチローム解析とトランスクリプトーム解析をほぼ終了し、研究成果は国際的学術誌に掲載されるとともに一部はデータベース上にも公開されている。今後、ヒストン修飾や 5-ヒドロキシメチル化シトシン等の解析を進めることにより、生殖細胞のエピゲノム修飾による機能獲得機構の抱括的な解明が期待される。

【平成27年度 検証結果】

検証結果	当初目標に対し、期待以上の成果があった。
A+	具体的には、次世代シーケンサーを用いてマウス生殖系列細胞の DNA メチローム解析及びトランスクリプトーム解析を行い、精子と卵子のメチロームマップを作成するとともに、mRNA 転写量と遺伝子メチル化に正の相関を見いだした。さらに、始原生殖細胞におけるメチル化状態の胎齢に伴う変化と雌雄間で発現の異なる遺伝子群を明らかにするなど、生殖系列における DNA メチロームの全貌及び遺伝子発現との関係を提示することに成功している。 これらの成果は、生殖系列におけるエピゲノム研究の基礎情報としても意義が大きく、一部の未発表の成果については、今後の論文発表による社会的な周知が期待される。