

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 14 日現在

機関番号：22701

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26291063

研究課題名(和文) DNA脱メチル化機構の包括的理解と生物・非生物ストレス応答への新展開

研究課題名(英文) Study on Fe-S cluster assembly genes in Arabidopsis thaliana

研究代表者

木下 哲 (Kinoshita, Tetsu)

横浜市立大学・木原生物学研究所・教授

研究者番号：60342630

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 11,200,000円

研究成果の概要(和文)：DNA脱メチル化に代表されるエピゲノム情報制御は、植物の発生や環境応答など様々な局面で重要であると理解されている。本研究では、ゲノムインプリンティングの制御機構の解析から見つかった鉄硫黄クラスターアセンブリー経路の構成因子が、生殖過程の中央細胞のインプリント遺伝子の制御のみならず、栄養組織において植物免疫系の遺伝子やストレス応答系の遺伝子の制御に関わっていることを明らかにした。

研究成果の概要(英文)：DNA demethylation plays important roles for many aspects of plant development and gene expression control related to environmental adaptation. In this study, we identified the cytosolic iron-sulfur cluster assembly (CIA) genes that are required for activation and DNA demethylation of the maternally expressed imprinted genes in the central cell of the female gametophyte in *A. thaliana*. Our detailed analysis using one of the mutation in the CIA components revealed that this pathway also controls genes for plant immunity and stress tolerance in vegetative tissues.

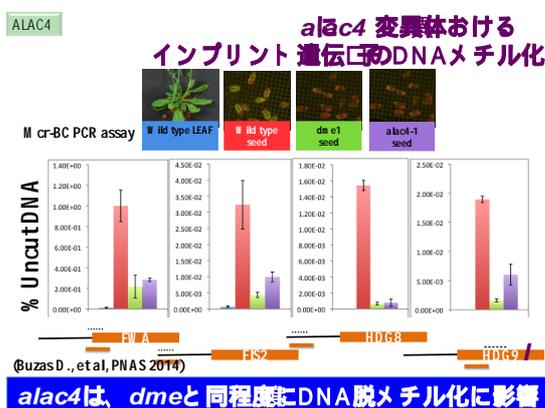
研究分野：植物分子遺伝学

キーワード：エピジェネティクス Fe-S cluster assembly インプリンティング

から見いだされてきた。

atdre2 変異体では、*FWA* を含め複数のインプリント遺伝子の活性化に影響が表れる。シトシン塩基がメチル化された領域を切断する McrBC 制限酵素と定量的 PCR を組み合わせた解析から、同変異体ではインプリント遺伝子の発現のみならず、様々なインプリント遺伝子の DNA 脱メチル化を受ける領域において、メチル化異常があることが明らかとなった (Buzas D, et al, PNAS 2014)。

また、*atdre2* 変異体の胚発生における致死性を相補した植物体を用いた実験により、同変異体は植物免疫系の遺伝子の異所発現がおきること、ストレス誘導性の遺伝子も異所発現することが明らかになった。また、自身の遺伝子発現も様々なストレスにより誘導されることがデータベース解析の結果明らかとなった。



さらには、DRE2 タンパク質の局在をリポーターにより明らかにしたが、核局在を示すこと、植物体にストレス条件に曝した際に核局在が増大することなどが明らかになった。ゲノムワイドメチル化解析に関しては、現在東京農大でのゲノムワイドパイサルファイト解析の読み取りを終え、どのような領域のメチル化が異常となるのか解析中である。また、現在上記知見をイネに展開するために、Crispr/Cas9 の系によりロックアウト植物の準備を進めている。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計 2 件)

1. Buzas DM, Nakamura M, and Kinoshita T. Epigenetic role for the conserved Fe-S cluster biogenesis protein AtDRE2 in *Arabidopsis thaliana*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111:13655-70 (2014)

2. Kinoshita T, Seki M.

Epigenetic Memory for Stress Response and Adaptation in plants. *Plant Cell Physiol.* 55: 1859-1863. (2014) *Editor-in-Chief's Choice*

〔学会発表〕(計 3 件)

1. Tetsu Kinoshita, FACT histone chaperon contributes to genome-wide DNA demethylation in Arabidopsis endosperm The 58th JSPF annual meeting, University of Kagoshima, Kagoshima 2017/3/17

2. Tetsu Kinoshita, Epigenetic control and reproductive barrier in endosperm. 24th International Congress on Sexual Plant Reproduction, University of Arizona, Arizona, USA, 2016/03/19. (招待講演)

3. 木下哲, シロイヌナズナにおける DNA 脱メチル化機構、日本遺伝学会第 86 回大会、長浜バイオ大学、滋賀県、2014 年 9 月 17 日

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況 (計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
出願年月日：
国内外の別：

取得状況 (計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
取得年月日：
国内外の別：

〔その他〕

ホームページ等

<http://epigenome.jp/>

6 . 研究組織

(1)研究代表者

木下 哲 (KINOSHITA Tetsu)
横浜市立大学・木原生物学研究所・教授
研究者番号：60342630

(2)研究分担者

川崎 努 (KAWASAKI Tsutomu)
近畿大学・農学部・教授
研究者番号：9028396