

課題番号：GS018
助成額：122百万円

植物におけるエピゲノムを介した優劣性発現制御機構の解明

グリーン・イノベーション

生物系

平成23年2月10日
～平成26年3月31日

専門分野
植物分子生物学

キーワード
エピゲノム／植物分子育種／植物ゲノム／植物ゲノム情報／
機能性RNA／DNAメチル化／オミクス解析

柴 博史 茨城大学理学部 准教授
Hiroshi Shiba



研究背景

有性生殖によって生み出される子孫は、両親の持つ性質のいずれか一方のみを受け継ぐ場合が多く知られているが、そのメカニズムは不明な点が多い。最近我々は、植物の受粉に関わる因子の研究を通じてゲノム塩基配列の変化を伴うことなく形質変異が生じることで優劣性を決定するという新しい優劣性決定機構を明らかにした。

研究目的

最新の全ゲノム解析技術を駆使して、植物におけるゲノム塩基配列の変化を伴わない優劣性発現制御の実態を明らかにするとともに、その分子機構解明を目指す。そしてこれらの解析で明らかとなる情報を基に、優劣性発現を人為的に改変する手法を開発し、有用ハイブリッド作物育種の可能性を提示する。

実績

代表論文：Development, Growth & Differentiation, 54,120-128, (2012)

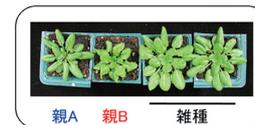
研究成果

SNPを利用したアレル特異的発現検出系の確立

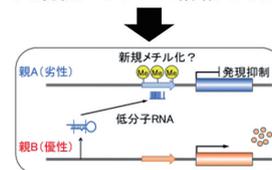
シロイヌナズナ種内系統間のSNP部位にマッピングされたRNAのシーケンスリードをカウントし、アレル毎の遺伝子発現、DNAメチル化を高効率に検出する方法を確立した。

優劣発現制御の実態解明とエピゲノムを介した優劣発現遺伝子制御の可能性提唱

上記アレル特異的発現検出系を用いて、両親では正常に発現しているが、それらを掛け合わせて得たF₁雑種では、片方の親由来の発現しか見られない遺伝子が複数存在する事を明らかにした。また上記優劣発現遺伝子が、トランス作用性の低分子RNAによって制御されていることを示唆するデータを得た。



シロイヌナズナ種内雑種を用いた大規模エピゲノム情報の収集



- ・片側アレル特異的に発現する遺伝子の網羅的定定
- ・低分子RNAを介した優劣性発現制御遺伝子の発見

エピゲノムを介した優劣性発現制御の実態解明

2030年の 応用展開

本研究成果を応用して雑種強勢の制御による有用ハイブリッド作物を作出することで、作物の生産機能向上やバイオマス改良につながる事が期待される。またエピゲノム情報を人

為的に改変することで、外来遺伝子を持たずに形質を変化させることができる新しい植物の育種法を提唱出来ると考えている。