

講演番号：2A15p01

講演日時、会場：3月28日 14:00～ A校舎15会場

DNAメチル化系の認識配列変換によるエピゲノム多様化：PacBioマシンによる全メチローム解読からの証拠

Epigenome diversification through changes in DNA sequence specificity of DNA methyltransferases

古田 芳一^{1,2}、南波 宏枝¹、柴田 朋子³、西山 智明⁴、重信 秀治^{3,5}、鈴木 穰¹、菅野 純夫¹、長谷部 光泰^{3,5}、○小林 一三^{1,2} (1東大・新領域・メディカルゲノム、2東大・医科研、3基生研、4金沢大学・学際科学実験センター、5総研大・生命科学・基礎生物学)

YOSHIKAZU FURUTA^{1,2}, HIROE NAMBA¹, TOMOKO SHIBATA³, TOMOAKI NISHIYAMA⁴, SHUJI SHIGENOBU^{3,5}, YUTAKA SUZUKI¹, SUMIO SUGANO¹, MITSUYASU HASEBE^{3,5}, ○ICHIZO KOBAYASHI^{1,2} (1Univ. of Tokyo, 2IMSUT, 3NIBB, 4Kanazawa Univ., 5SOKENDAI)

DNAのメチル化によるエピジェネティックな修飾は、細菌の様々な活動で重要な役割を果たしている。なかでもピロリ菌はメチル化酵素遺伝子の数が多く、種類も多様であり、株ごとに異なるエピゲノム状態を持っていることが推測される。私達は、「DNAメチル化系の変化が、多様なメチロームとそれらにともなう多様な遺伝子発現パターンと形質を実現し、それらメチローム（エピゲノム）状態が自然選択の単位となる」という、「エピジェネティクス駆動進化」仮説を提唱している。

本研究では、その検証を目的として、ごく近縁な株を含むピロリ菌5株について、PacBio社の第三世代シーケンサーの一分子リアルタイムシーケンシング技術によって、ゲノム全域でメチル化塩基を一塩基の分解能で検出した。

株によってメチル化の程度とパターンは大きく異なっていた。いずれの株でもRNAポリメラーゼ遺伝子など高メチル化が保存されている領域が見出され、新たな遺伝子発現制御機構が示唆された。逆に、トランスポゾン TnPZ ではメチル化が低かった。

メチル化塩基の周辺配列をモチーフ検索することで、メチル化モチーフを数多く検出した。それらと対応させて、多くのメチル化配列認識遺伝子の認識配列を明らかにした。私たちが提案した「遺伝子内の複数サイト間での標的DNA配列認識ドメインの移動(DoMo)」による認識配列変換のしくみが、機能していることを示した。さらに、トランスクリプトーム解析(RNA-seq)で、配列特異性遺伝子の欠損によって顕著に発現が変化した遺伝子が存在した。

これらの結果は、「エピジェネティクス駆動進化」仮説を支持し、それを応用した「エピゲノムエンジニアリング」による育種への道を開く。

(科研費および生研センター・イノベーション創出基礎的研究推進事業による支援を受けた。)

epigenome, methylation, methyltransferase