

植物rDNAの構造とその発芽過程におけるメチル化の解析

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2022-12-16 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: Yakura, Kimitaka メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24517/00067880

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



植物rDNAの構造とその発芽過程におけるメチル化の解析

Research Project

All

Project/Area Number

62622503

Research Category

Grant-in-Aid for Scientific Research on Priority Areas

Allocation Type

Single-year Grants

Research Institution

Kanazawa University

Principal Investigator

矢倉 君隆 金沢大学, 教育学部, 助教授 (50166485)

Project Period (FY)

1987

Project Status

Completed (Fiscal Year 1987)

Budget Amount *help

¥1,500,000 (Direct Cost: ¥1,500,000)

Fiscal Year 1987: ¥1,500,000 (Direct Cost: ¥1,500,000)

Keywords

植物rDNA / rDNAスパーサー / rDNAサブリピート / rRNA転写 / 開始点 / S1マッピング法

Research Abstract

本研究の当初の計画は、二種のソラマメ属植物(*Vicia faba*および*Vicia sativa*)のクローン化したrDNAを用いて以下の三点についての解析を行い、植物におけるrRNA遺伝子の発現調節のメカニズムを探ろうとするものであった。

1. rRNAの転写開始点を知るために、それぞれの種の植物から調製した全RNAと、末端を $\text{^}32\text{P}$ で標識した適当なrDNA断片をハイブリダイズさせS1ヌクレアーゼ処理後電気泳動で解析する。(S1マッピング)

2. rRNAの転写開始点を含むrDNAスパーサー領域の塩基配列をマキザムーギルバート法で決定する。

3. 種子の発芽および成長過程におけるrDNAのメチル化のパターンの経時的な変化を、isoschizomer等を用い、サザン・ハイブリダイズ法で解析する。

1.に関しては*Vicia faba*および*V. sativa*両種についてrRNAの転写開始点の大きな位置が明らかになった。現在は、更に厳密な塩基配列レベルでの転写開始点の同定を行っている。2.については、転写開始点周辺と、非転写スパーサー領域に存在する反復配列の一次構造を決定し両種間での比較を行っている。これら1., 2.の結果は、日本植物整理学会1988年度年会で発表する予定である。3.のメチル化パターンの解析については現在進行中であり未だ有意な結果を得ていない。

今後、さらにこれらの解析を押し進め、植物におけるrRNAの転写制御のメカニズムを明らかにして行く予定である。

Report (1 results)

1987 Annual Research Report

URL: <https://kaken.nii.ac.jp/grant/KAKENHI-PROJECT-62622503/>

Published: 1987-03-31 Modified: 2016-04-21