

SICORP 日本-アメリカ

「低炭素社会のためのメタボロミクス」分野 事後評価結果

1. 共同研究課題名

メタボロミクス：生理活性を持つ誘導性植物代謝物の同定

2. 日本-相手国研究代表者名

奥本 裕 (京都大学 大学院農学研究科・教授)

Georg Jander (Boyce Thompson Institute for Plant Research・Professor)

3. 研究実施概要

イネ・ダイズおよびトウモロコシにおいて、病害虫により誘導される防御応答性の代謝物を効率的に発見し、その生合成酵素遺伝子と遺伝子座までを迅速に同定する技術を開発することによって、植物の新しい育種基盤を提案、実証することを目指して研究を実施した。遺伝子を決定するために、イネの染色体断片置換系統ならびに組換え自殖系統を供試して QTL(量的形質遺伝子座)解析を行い、遺伝子が座乗する候補領域を絞り込むとともに、マイクロアレイを用いた網羅的な遺伝子発現解析を行った。これらの解析をもとに、公開されている全ゲノム情報データベースを活用して、誘導性の防御物質の蓄積の原因となる候補遺伝子を推定した。最後に、候補遺伝子を大腸菌やタバコ野生種などで異種発現させ、生化学的手法で機能を解析することによって、新たな防御関連遺伝子を同定することができた。

4. 事後評価結果

4-1. 研究の達成状況、得られた研究成果及び共同研究による相乗効果

(論文・口頭発表等の外部発表など)

イネやダイズ、トウモロコシがジャスモン酸 (JA) 処理や昆虫の食害、病気感染によって誘導する二次代謝物とその生合成酵素遺伝子や生理活性を明らかにした。イネ (日本晴など 3 栽培種) の葉に JA を処理して誘導される二次代謝物のうち、日本晴にだけ顕著に誘導された代謝物を単離して(3R)- β -チロシンと同定した。これは植物で β -チロシンを最初に発見した例である。量的遺伝子座 (QTL) 解析によって、日本晴 12 番染色体上の約 100 遺伝子群の中にチロシン 3 アミノ基転移酵素 (TAM1) の遺伝子を見出し、発見した TAM1 タンパク質が β -チロシン合成活性を有することを実験的に証明した。 β -チロシンは日本晴の根から分泌され、双子葉植物の根の伸長を抑制していた。さらにイネの日本晴とカサラス種間でサクラネチンの生合成比が異なることや、ダイズが食害を受けたときに誘導するイソフラボン類のいくつかを化学的に明らかにした。さらにトウモロコシは病気に感染すると death acids と呼ばれる二次代謝物を蓄積することを植物で初めて発見した。これらは生合成経路や生理活性がジャスモン酸類に似ているだけでなく、細胞死誘導活性を有していることも発見した。日米共同研究チームは専門とする研究領域が相補的で広範囲にわたり、実験試料を

日米間で何度も交換して研究を進めた。また日本チームがイネの染色体断片置換系統と組替え自殖系統を提供したので、遺伝子同定はきわめて効率的におこなわれた。

これらの成果は、論文 7 編、うち日米共同研究チームが共著となった論文 6 編、にまとめられた。このことから日米間で密接な共同実験がおこなわれ、相補的に研究が実施されたことがわかる。大学院生やポスドクの人事交流は、日本から米国へのほぼ一方通行であった。これは、米国チームが政府研究機関に所属していたために、大学院生や若手研究者の数が限られていたからである。

4-2. 研究成果の科学技術や社会へのインパクト、わが国の科学技術力強化への貢献

本研究課題は、そのタイトルだけから判断すれば、従来の天然物化学的な研究方法の域を出ない、陳腐な課題という印象を受けるかもしれない。しかし、そうではないことを本研究課題の研究成果は実証している。これまでのメタボロミクス研究の律速過程は、GC-MS や LC-MS/MS を用いた代謝物の分離と同定であった。この過程は、本 SICORP による他の 3 研究課題の研究成果によって、大きく改善された。次の律速過程は、メタボロミクスで同定された代謝物を生合成している酵素遺伝子を探索・同定し、ゲノム上の遺伝子座を速やかに決定する過程である。

本研究課題では、病害のモデル化合物である JA によって誘導された β -チロシンの蓄積量とその遺伝的多様性を、イネの 3 栽培種を用いて調べた。3 栽培種間で大きな遺伝的多様性が見られたので、その原因遺伝子を決定するため、染色体断片置換系統ならびに組換え自殖系統を供試して QTL(量的形質遺伝子座)解析を行い、原因遺伝子が座乗する候補領域を絞り込むとともに、マイクロアレイを用いた網羅的な遺伝子発現解析を行った。これらの解析をもとに、公開されているイネの全ゲノム情報データベースを活用して、誘導性の防御物質の蓄積の原因となる候補遺伝子を迅速に推定することができた。さらに、候補遺伝子を大腸菌やタバコ野生種などで異種発現させ、生化学的手法で機能を解析することによって、新たな病害虫に対する防御関連遺伝子を同定した。

このように大規模な knock-out 変異ライブラリーを使わずに、研究室レベルで、メタボロミクスから遺伝子の絞込みまでをハイスループットかつ短期間に実施した点で、今後、作物の新しい育種法となることが期待される。

この育種法を実用化するためには課題が残されている。植物を加害する病害虫の生物種は多様である。それらによる食害や感染の分子機構もまた多様であるので、植物の防御機構もまた多様であると容易に想像できる。すなわち、食害や感染によって誘導される二次代謝物の分子種とそれらの生理活性も、また多様であるにちがいない。これらの二次代謝物を、生理活性ごとにハイスループットに生物試験をおこなう実験系を開発・実用化することが、メタボロミクスを利用した作物育種を実現するために必須である。