

論文内容の要旨

申請者氏名 Liu Yuting

植物は、複雑な環境条件に適応するための戦略のひとつとして、様々な活性や機能を示す二次（特化）代謝物を産生する。基本骨格の化学構造などで大分類されるフラボノイド類やアルカロイド類などの特化代謝物グループについて、生物活性や生理学的の機能解析が長年行われてきたが、特化代謝物は基本的に複数の活性や機能を示す化合物群であることが示され、植物体内での生理機能の解明は非常に複雑であることが議論されている。一方、近年の研究では、植物種特異的、器官特異的およびストレス誘導特異的に修飾される基本骨格のメチル化、グリコシル化、フェニルアシル化がそれぞれの生理機能に重要である例が複数報告されている。抗酸化紫外線吸収物質であるフラボノイド類は、植物種特異的なフェニルアシル化による紫外線ストレス耐性強化や、器官特異的な *O*-メチル化による化学物性の変化や抗菌性の向上などが数例報告されているが、それぞれの植物種での修飾様式の機能の違いや、器官特異的な生理機能に関わる修飾酵素遺伝子についての知見は依然乏しく、解析手法も構築されていない。

本研究では、植物の組織特異的特化代謝物の構造修飾に関する代謝多様性と生合成遺伝子の機能分化の理解を目的として、アブラナ科植物の花序における特化代謝物、およびマメ科植物の組織特異的に発現する修飾酵素遺伝子の機能分化解析を行った。花序の解析では、20 種のアブラナ科植物を対象にメタボロミクス解析および多変量解析による評価を実施し、代謝物産生パターンがアブラナ科植物の自家和合性により分類されることや、これらのグループの判別に関わるフラボノイドやフェノールアミドなど合計 15 化合物を特定することができた。これらの化合物は、花粉媒介者の誘引や、花や花粉の紫外線防御に関与していると考えられる。一方マメ科植物の代謝解析では、土壌細菌との共生や、生物種間相互作用に重要となる揮発性向上に関わる低分子のメチル化に関わる *O*-メチルトランスフェラーゼ (OMT) に着目し、ダイズのオミクス統合解析を行った。解析は、低分子の *O*-メチル化遺伝子として知られている、クラス I *CCoAOMT* 遺伝子ファミリーおよびクラス II *COMT* 遺伝子ファミリーについて、ゲノムワイドな相同遺伝子群の配列種間比較解析、トランスクリプトーム解析、メタボロミクス解析を統合した解析を行い、12 つのクラス I 遺伝子がダイズのポリフェノール類の *O*-メチル化に関わる遺伝子群であることを推定した。また、これら 12 つの *OMT* 遺伝子について、大腸菌を用いた *in-vitro* 組換えタンパク質酵素活性試験、ダイズの毛状根を用いた *in-planta* 代謝物分析を行い、それぞれの *OMT* 遺伝子の機能を特定した。さらに、他のマメ科植物 5 種を含む比較ゲノム解析を行い、ダイズのポリフェノール *OMT* 群の機能分化とダイズゲノムの種内特異的遺伝子複製が、ダイズのメチル化ポリフェノール類の産生に重要であることを特定した。

やむを得ない事由[図書出版, 学術雑誌等への掲載, 特許・実用新案出願, 個人情報等の保護, その他 ()]により本要旨を非公表とする。

【※該当する事由に○印をすること】

論文審査結果の要旨

申請者氏名 Liu Yuting

本研究では、植物の組織特異的特化代謝物の構造修飾に関する生合成遺伝子の機能分化の解析法の構築を目指して、i) アブラナ科植物の花序における特化代謝物、および ii) マメ科植物の組織特異的に産生されるメチル化ポリフェノール類に着目し研究を計画した。アブラナ科植物の花序の解析では、20 種のアブラナ科植物を対象にメタボロミクス解析および主成分分析 (PCA) による評価を行った結果、代謝物産生パターンがアブラナ科植物の自家和合性 (和合性と不和合性) による分類と類似していることがわかった。さらに、得られた分類をもとに、判別分析である部分的最小二乗回帰法 (PLS-DA) 解析を行い、グループの判別に重要な代謝物として、フラボノイドやフェノールアミドなど合計 15 化合物を特定することができた。また、自和不和合性植物に特徴的な化合物が観察されたが、これらは花粉媒介者の誘引や、花序の紫外線防御に関与していると物質であると考えられる。

一方、マメ科植物の解析では、土壌細菌との共生や物質の揮発性向上に関わる低分子のメチル化に関わる *O*-メチルトランスフェラーゼ (OMT) に着目し、ダイズのオミクス統合解析を行った。最初に、植物で報告されているメチル化フラボノイド類について、文献検索や天然物データベースから化学構造情報を収集し、得られた 3423 化合物の化学構造情報から、メチル化の有無を植物科別に評価した。その結果、マメ科植物のイソフラボン類が最もメチル化体が多い群であることがわかった。さらに本研究では主要なマメ科作物であるダイズについて、低分子の *O*-メチル化酵素遺伝子である、クラス I *CCoAOMT* 遺伝子ファミリーおよびクラス II *COMT* 遺伝子ファミリーについて解析を行った。ゲノムワイドな相同遺伝子群の配列種間比較解析、トランスクリプトーム解析、メタボロミクス解析を統合した解析を行い、12 つのクラス I *CCoAOMT* ファミリー遺伝子がダイズのポリフェノール類の *O*-メチル化に関わる遺伝子群であることを推定した。また、これら 12 つの *OMT* 遺伝子について、大腸菌を用いた *in-vitro* 組換えタンパク質酵素活性試験、ダイズの毛状根を用いた *in-planta* 代謝物分析を行い、それぞれの *OMT* 遺伝子の機能を特定した。さらに、他のマメ科植物 5 種を含む比較ゲノム解析を行い、ダイズのポリフェノール *OMT* 群の遺伝子分化とダイズゲノムの種内特異的遺伝子複製がダイズのメチル化ポリフェノール類の産生に重要であることを特定した。

以上のように、本論文はポリフェノール類の修飾様式の生理機能の違いや修飾酵素遺伝子の分化過程を解析する方法を構築し、研究実例を示すことができたものであり、学術上、応用上貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は、本論文が博士 (バイオサイエンス) の学位論文として価値あるものと認めた。

やむを得ない事由 [図書出版, 学術雑誌等への掲載, 特許・実用新案出願, 個人情報等の保護, その他 ()] により本要旨を非公表とする。

【※該当する事由に○印をすること】