

テーマの概要

暗期誘導による茶葉白葉化要因及び成分変化特性について、光合成生産物、アミノ酸、カテキン類等の生合成・代謝反応を制御する酵素遺伝子の発現を包括的に解明するためにトランスクリプトーム（転写産物）解析技術を開発し活用する。

成果

次世代シーケンサー技術を茶の遺伝子解析に応用することで、茶品種「やぶきた」のカスタムアレイを独自にデザイン・開発した。世界に先駆けて茶葉を試料としたトランスクリプトーム解析技術を確立し、白葉化機構の一端を解明した。

研究内容

遮光による白葉化は、茶葉の光応答の一環であり、光合成に代わる糖分・エネルギー代謝を含め、植物体内の大きな変化を伴う。この機構の解明には、「やぶきた」遺伝子に対するトランスクリプトーム解析が必須であり、「やぶきた」葉の mRNA に由来する発現遺伝子 (EST) データベースを構築する必要があった。独自に構築した EST データベースは、平均鎖 460 塩基の 473,599 リードからなり、これは世界最多であった。さらに、この EST データを基に eArray システム (Agilent Technologies) を用いることにより、49,256 のコンティグ (網羅率 98%) について 60 塩基からなるプローブをデザインし、世界で初となる「やぶきた」カスタムアレイを完成させた。温度や湿度の影響を回避するために、圃場と同じように栽培したポット茶樹を一番茶収穫の時期に合わせて植物育成装置内で管理した。「処理前」、「通常光」、「弱光 (90%遮光に相当)」、「暗」の4条件にて10日間処理し、それぞれから「新葉」と「成葉」を採取した。これらの3反復のそれぞれについて、eArray 解析を行った。その結果、「暗」処理において「新葉」は白葉化した。この処理区においては、real-time RT-PCR の結果と同様、アルギナーゼ遺伝子の発現が低下しており、これが白葉化における高アルギニン蓄積の一因と考えられた。また、主成分分析 (統計分析) の結果、「新葉」と「成葉」において遺伝子発現は大きく異なっているが、「弱光」および「暗」処理により「新葉」と「成葉」の遺伝子発現が類似する傾向が認められた。このことは、遮光による白葉化において、「成葉」から「新葉」への成分輸送よりも、各茶葉内での代謝の変化がアミノ酸含量の増大に繋がっていることを物語っていると考えられる。シロイヌナズナ・モデル系との照合により、乾燥等の環境ストレスがアルギニンからポリアミン (ヒトにおいて抗加齢効果等が期待) への代謝を促進することが予測され、この種の処理条件の茶樹への活用が見込まれる。

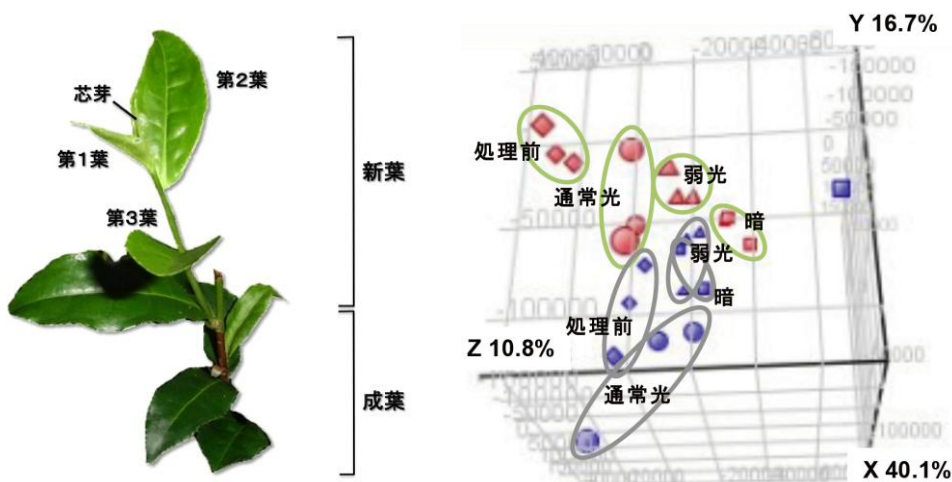


図 トランスクリプトーム解析の主成分分析

赤, 新葉; 紫, 成葉
 菱形, 丸, 三角, 四角:
 大きさは3次元における位置関係を反映

体制