

氏名： 作田 正明 (SAKUTA Masaaki)
所属： 人間文化創成科学研究科自然・応用科学系
職名： 准教授
学位： 理学博士 (1986 東北大学)
専門分野： 植物生理学 (特に二次代謝、環境応答)
URL： <http://www012.upp.so-net.ne.jp/sakuta-lab/>
E-mail： sakuta.masaaki@ocha.ac.jp

◆研究キーワード / Keywords

二次代謝／フラボノイド／アントシアニン／ベタシアニン／転写制御
Secondary metabolism / Flavonoid / Anthocyanin / Betacyanin / Transcriptional regulation

◆主要業績

総数 (15) 件

- Takahashi, K., Takamura, E. and Sakuta, M.
Comparative analysis of DOPA dioxygenases from *Phytolacca americana*. *Plant Biology* 2008 (2008)
- Yoshida, K., Iwasaka, R., Kaneko, T., Sato, S., Tabata S. and Sakuta, M.
Functional differentiation of *Lotus japonicus* TT2s, R2R3-Myb transcription factors comprising a multigene family. *Plant Cell Physiol.* 49:157-169 (2008)
- Yamagami, A., Nakazawa, M., Matsui, M., Tujimoto, M., Sakuta, M., Asami, T. and Nakano, T.
Chemical genetics reveal the novel transmembrane protein BIL4, which mediates plant cell elongation on brassinosteroid signaling. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 73:4
- Takahashi, K., Takamura, E. and Sakuta, M.
Isolation and expression analysis of two DOPA dioxygenases in *Phytolacca americana*. *Z. Naturforsch.* in press
- 作田正明 ナデシコ目はなぜアントシアニンを合成しないのか—アントシアニン生合成の進化— 植物の生長調節 印刷中

◆研究内容 / Research Pursuits

植物ゲノムの特徴の一つとして、遺伝子の多重性が挙げられる。マメ科植物ではフラボノイド合成に関与する酵素群は多重遺伝子族を形成しており、その背景には種々の要因に応答する複雑な転写制御ネットワークの存在が推察される。近年、種々の植物において、フラボノイド合成に関与する転写調節因子 (MYB, bHLH, WD40 タンパク質) が単離され、特性解析がなされている。当研究室では、これまでにマメ科モデル植物であるミヤコグサより、プロアントシアニジン合成に関与するとされるシロイヌナズナの MYB 型転写因子 TT2 のホモログ LjTT2-a、-b、-c を単離し、これらがゲノム上でタンデムに配列し多重遺伝子族を形成することを見出した。3つの LjTT2 はすべて、TT2 と同様にシロイヌナズナの BANYULS (BAN)、dihydroflavonol 4-reductase (DFR) のプロモーターを活性化するものの、器官の違いやストレスの負荷に応じた発現パターン、TT8、TTG1 との相互作用において三者の間で違いが見られることから 3つの LjTT2 はそれぞれ機能分化している可能性を示唆した。

Leguminous plants have many paralogous genes encoding enzymes in flavonoid biosynthetic pathway. Duplicated genes are predicted to contribute to production of various flavonoid compounds and creation of diversity of legumes. Here we identified the gene duplication occurred in transcription factors regulating flavonoid biosynthesis in the model legume *Lotus japonicus*. Three copies of homologues of *Arabidopsis thaliana* TT2, a MYB transcription factor that regulates the proanthocyanidin biosynthesis, were present in *L. japonicus* genome. Organ specificities and stress responsibilities differed among three *L. japonicus* TT2s, and correlations of proanthocyanidin accumulation and expression levels of all LjTT2s was observed during seedling development. Moreover, three LjTT2s functionally complemented AtTT2 in transient expression experiments in *A. thaliana* leaf cells. The different reporter activity caused by LjTT2a was consistent with the branching pattern of phylogenetic tree. These results suggest that LjTT2 factors diversify functions in their expressing tissues, and in particular, LjTT2a is predicted to evolve flexibility of interacting property to other transcription regulators in order to resist environmental stresses.

◆教育内容 / Educational Pursuits

2008年度は、大学院および学部において、それぞれ2つの授業を行った。授業の内容としては、植物生理学、植物生化学といった基礎生物学から代謝工学、遺伝子組換え植物といった応用生物学までの広い範囲を扱った。特に植物バイオテクノロジーに関しては、その背景となる基礎研究を解説し、理解させることにより、学生に基礎生物学研究の重要性を認識してもらうように努めた。授業では、学生にわかりやすく、受講者全員が授業内容を理解できるよう心掛けた。また研究室では、博士課程後期2名、博士課程前期3名、学部3名の学生の研究指導を行った。

In 2008, I conducted two classes each in undergraduate and graduate courses. The course contents include both basic biology such as plant physiology or plant biochemistry and applied biology for instance metabolic engineering, GMO (gene modified organisms). I have tried to make classroom coursework easier to understand and get my teaching across to all students attending. Two Ph.D., three master and three undergraduate students have worked in lab under my supervision.

◆研究計画

高等植物の特徴の一つに多様な二次代謝の存在が挙げられる。我々は、この二次代謝を指標として、植物の環境や分化に応答した遺伝子発現の制御機構、さらには植物の進化を遺伝子レベルで解析することを試みている。環境や分化に応答した二次代謝系遺伝子の発現の背景には、複雑かつ正確な転写ネットワークの存在が予測される。こういった種々の要因に応答した複雑な遺伝子発現ネットワークの実態を解明することは、生体の統合・制御機構を理解するうえで極めて重要であると考えられる。さらに応用面では、この研究は、遺伝子組換え植物の作出において、目的遺伝子を、好きな時に、好きな状況下で、好きな場所に発現させるための基礎技術に直結するものである。

◆メッセージ

私たちは、「花の色」を指標として、植物の分化や環境に応答した遺伝子発現の制御機構、さらには植物の進化を遺伝子レベルで解析するという研究を行っています。「花の色」に代表される植物色素は、紫外線や温度（低温による紅葉の誘導）により合成が促進され、生合成系の遺伝子群が誘導されることから、植物の環境応答の有効なモデル系です。また、深紅の花でも色素が合成・蓄積されるのは表皮の細胞一層のみで内部は白色（リンゴやサツマイモの切り口と一緒です。）であることから分化の指標として優れています。さらに、花の色は受粉を助ける昆虫や種を運ぶ鳥たちと共に進化してきたといわれており、花色の合成系の遺伝子解析により、植物の進化をうかがい知ることができます。このように、私たちの研究は、生物学のきわめて基礎的な部分に着目したのですが、見方を少し変えると最近話題の「青いバラ」に象徴される、植物バイオテクノロジーの基盤技術でもあります。