

環境ストレスに対するアスコルビン酸蓄積応答機構に関する研究

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 細胞工学研究室 十川 聡子

1. はじめに

アスコルビン酸 (AsA) は植物における重要な抗酸化物質である。低温、乾燥といったストレスを受けた植物ではストレスによって発生する活性酸素種を除去するため AsA 量が増加する。ナス科の植物では弱毒ウイルスに感染することでも AsA 量が増加することが報告されており、AsA は様々な環境ストレスに応答して蓄積される。また、植物では AsA の合成やリサイクルに複数の経路が関わっていることも近年明らかにされているが、植物が環境ストレスに遭遇した際にこれらの経路がどのように制御され AsA が蓄積されるのか不明な点が多い。機能性成分でもある AsA の環境ストレスに対する蓄積応答機構を明らかにすることは作物の栽培や育種上も重要であると考えられたことから、本研究では異なる環境ストレスに対し AsA 合成及びリサイクルに関わる遺伝子がどのように応答して AsA の蓄積を行うのか、AsA 高含量作物であるトウガラシ及びナス科のモデル植物 *Nicotiana benthamiana* を用いて解析した。

2. 材料及び方法

材料としてトウガラシ品種「伏見甘長」を用い、環境ストレスとしてキュウリモザイクウイルス (CMV) 感染、低温 (8°C, 7 日間) 及び乾燥 (灌水停止 4 日間) ストレスを与えた。CMV 系統は毒性の異なる 6 系統を用いた。ストレス処理後に葉をサンプリングし、同一葉を AsA の定量と遺伝子の発現解析に用いた。AsA の定量はヒドラジン法により行った。遺伝子の発現解析は、定量 RT-PCR 法により AsA の合成経路及び酸化・還元経路に関わる計 19 遺伝子について行った。

3. 結果及び考察

「伏見甘長」では、CMV 感染、低温あるいは乾燥いずれのストレスに対しても葉における AsA 量が増加した。AsA 量の蓄積が認められた葉における遺伝子の発現変化を解析した結果、いずれのストレスに対しても AsA の合成経路であるマンノース/ガラクトース経路、ガラクトツロン酸経路及び AsA のリサイクル経路の 1 つであるモノデヒドロアスコルビン酸 (MDHA) 還元経路上の遺伝子の発現が誘導されることが明らかとなった。しかし、同じ経路でもストレスによって発現が誘導される遺伝子は異なる場合が多く、同じ経路を活性化させるにもストレスによって異なるシグナルが関与している可能性が示唆された。ウイルス感染と低温ストレスに共通して強い発現応答が認められた遺伝子はマンノース/ガラクトース経路上の *GGP* 遺伝子であった。そこでナス科植物においてマンノース/ガラクトース経路が AsA の蓄積においてどの程度重要であるのか確かめるため、*N. benthamiana* を用いて *GGP* 遺伝子の VIGS を誘導し *GGP* の発現低下による影響を解析した。*N. benthamiana* では *GGP* 遺伝子の発現抑制により AsA がほとんど蓄積されなくなったことから、ナス科植物ではマンノース/ガラクトース経路がアスコルビン酸合成の主要経路として働いており、またストレスを受けたナス科植物における AsA の蓄積応答においてこの経路上にある *GGP* の発現誘導が重要であると考えられた。

4. まとめ

本研究の結果から、ナス科の植物では *GGP* 遺伝子の発現を制御することで AsA 含量を高められる可能性が示唆された。今後は、ウイルス感染や低温ストレスに対する発現応答を利用して、*GGP* 遺伝子の発現制御様式を明らかにしていくことが期待される。