

多重遺伝子族を形成するミヤコグサのプロアントシアニン生合成制御因子の比較解析

由田和津子

植物は環境からの刺激に対して独特の防御機構をそなえており、なかでも二次代謝は、様々な内的・外的環境刺激に応答して誘導される。フラボノイド合成は UV 照射や細菌感染、物理的傷害、発達段階や器官、組織の違いなどさまざまな要因によってその発現が制御されている。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、より精密な生合成制御が行われていることが考えられる。

紹介論文

- 1) Comparative analysis of the triplicate proanthocyanidin regulators in *Lotus japonicus*.
Yoshida, K., Wakui, E., Kume, N., Nakaya, Y., Yamagami, A., Nakano, T., and Sakuta M.
Plant and Cell Physiol. (2010) 51:912-922.
- 2) Functional differentiation of *Lotus japonicus* TT2s, R2R3-MYB transcription factors comprising a multigene family.
Yoshida, K., Iwasaka, R., Kaneko T., Sato S., Tabata, S. Sakuta, M.
Plant and Cell Physiol. (2008) 49:157-169.

要旨

植物のフラボノイド生合成経路の構造遺伝子は、MYB 型、bHLH 型転写因子および WDR(WD40repeat)タンパク質によって転写制御されている。この研究ではマメ科モデル植物であるミヤコグサより、プロアントシアニン生合成酵素遺伝子のプロモーターを活性化する MYB 型転写因子 LjTT2a、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。LjTT2a を植物体で過剰発現させると、プロアントシアニン、アントシアニン合成が誘導され、シロイヌナズナ TT2 (TRANSPARENT TESTA)。LjTT2 のアミノ酸配列は高い相同性を示すにもかかわらず、その活性の強さが異なっている。3 つの LjTT2 の N 末端側の R2R3-MYB ドメインと C 末端側の配列を入れ替えたキメラタンパク質を使った実験により、活性の違いは LjTT2 の R2R3-MYB ドメインに起因することが分かった。さらに R2R3-MYB ドメインの中で特に活性の低い LjTT2b 特有の 3 アミノ酸に変異を挿入した結果、LjTT2b の 3 アミノ酸をすべて LjTT2a のものに置換した変異タンパク質の活性が高くなったことから、これらの 3 アミノ酸が LjTT2 の活性において重要な役割を果たすことが示唆された。これらのアミノ酸の相違は、LjTT2 の bHLH 型転写因子との相互作用に影響を及ぼすことが考察され、タンパク質間相互作用がフラボノイド合成における転写制御に重要な役割を果たすことが示唆された。