

文部科学省補助事業「ダイバーシティ研究環境実現イニシアティブ（牽引型）」

2020年度 連携型共同研究 成果報告書

研究課題名	海洋性緑藻ミルの強光に対する馴化システムの分子メカニズムの解明
研究代表者	藤井 律子（大阪市立大学 人工光合成研究センター 准教授）
共同研究者	荒木 良一（和歌山大学 教育学部 准教授） 竹田 恵美（大阪府立大学 理学系研究科 准教授）
研究成果	<p>海洋性大型緑藻ミルは、自然環境において水深 20 m から 0 m までの幅広い場所に生育し、潮間帯に繁茂している。この環境では、潮汐により白色の強光から緑色の弱光まで顕著に光環境が変化するため、この種はこの範囲の光環境に適応して色素組成を変化させるのではないかと考えられていた。我々はミルを糸状の浮遊体で培養する技術を構築し、生育時の光条件を詳細に制御した系を用いて、光条件だけで集光性色素から消光性色素への組成変化が起こることを解明した。さらに、集光性カロテノイドであるシフォナキサンチンの生合成が青緑光により阻害され、その生合成前駆体が蓄積することを明らかにし、この新規色素の構造を同定した。またその光応答の作用スペクトルを測定することにより、青色受容体によって生合成遺伝子が制御されるという分子メカニズムが見えてきた(論文準備中)。本研究では、色素という二次代謝物ではなく、mRNA という一次代謝物がどのように変化しているのかを突き止め、集光から消光への切り替えの分子メカニズムを解明することを目的とした。今年度は、昨年度実施した赤色強光、青色強光、コントロールの3条件に7日間暴露したミル(n = 3)の RNA-seq の発現比較解析(DEG)を行ってターゲット遺伝子を絞り、リアルタイム PCR を実施する計画であった。しかしながら、データには原核生物由来の遺伝子が多数含まれており、解析が非常に困難であった。そこで抗生物質添加により細菌を抑えたコントロール試料の RNA-seq を実施したところ、緑藻由来の遺伝子が大多数となるデータを入手できた。現在これを基準として、これまでの RNA-seq で得られた contig をマッピングしたものをを用いることにより、コンタミの影響を抑えた精度高い解析を進めており、これらの光保護色素が結合するタンパク質の発現動体や光受容体についても変化を検出できると期待できる。</p>
研究業績	<p>1. Iha M., <b>Fujii R.</b> Production of Carotenoids from Cultivated Seaweed. In: Misawa N. (eds) Carotenoids: Biosynthetic and Biofunctional Approaches. Springer, Advances in Experimental Medicine and Biology, vol 1261. <a href="https://doi.org/10.1007/978-981-15-7360-6_3">https://doi.org/10.1007/978-981-15-7360-6_3</a></p> <p>2. 関莊一郎、山野由美子、<b>藤井律子</b>、「新規シフォナキサンチン生合成中間体の発見とその生理機能」、第62回日本植物生理学会年会（松江）（オンライン開催、口頭発表）, 2021.3.14-16</p> <p>3. Simona Streckaite, Manuel J. Llansola-Portoles, Andres A Pascal, Cristian Iliaoaia, Andrew Gall, Soichiro Seki, <b>Ritsuko Fujii</b>, Bruno Robert. Pigment structure in the light-harvesting protein of the siphonous green alga <i>Codium fragile</i>. <i>Biochim Biophys Acta</i> 1862(5), 2021, 148384. <a href="https://doi.org/10.1016/j.bbabi.2021.148384">https://doi.org/10.1016/j.bbabi.2021.148384</a></p>