

# 転写制御による白葉化茶葉の成分変化解析

## 目 標

「各種白葉化茶葉の酵素等発現の網羅的解析」および「モデル系を用いた白葉化機構の解明」を達成することにより、暗期誘導や白葉品種における白葉化の機構・要因を明らかにし、安定的で応用範囲の広い白葉化技術を確立する。

## 成 果

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・エネルギー源供給を含め、植物体内に大きな変化を伴う。この機構の解明は、オーム解析の中でも、取り分けトランスクリプトーム（転写産物）解析により遂行され得る。しかしながら、栽培茶樹のゲノム解析は、そのサイズがヒトより大きく、また多型に富むため、他の栽培植物に対して、大きく後塵を拝する。これを克服するため、品種「やぶきた」葉からRNAを調製し、平均鎖460塩基の473,599リード（世界最多）を達成し、発現遺伝子（EST）データベースを構築した。その中には新規なカテキン合成酵素遺伝子と考えられる配列も見いだされた。本データベースを活用し、49,256のコンティグ（網羅率98%）について60塩基のプロープとしてeArray（Agilent Technologies）に搭載した。また、茶業研究センターにて採取頂いた白葉化および対照茶葉から、アレイ解析に耐え得る高純度なRNAを調製した。その結果、白葉化茶葉における高アルギニン蓄積が、アルギナーゼ（ARG）遺伝子の低発現、およびユビキチン-プロテアソーム系の作動活性化による可能性を見いだした。

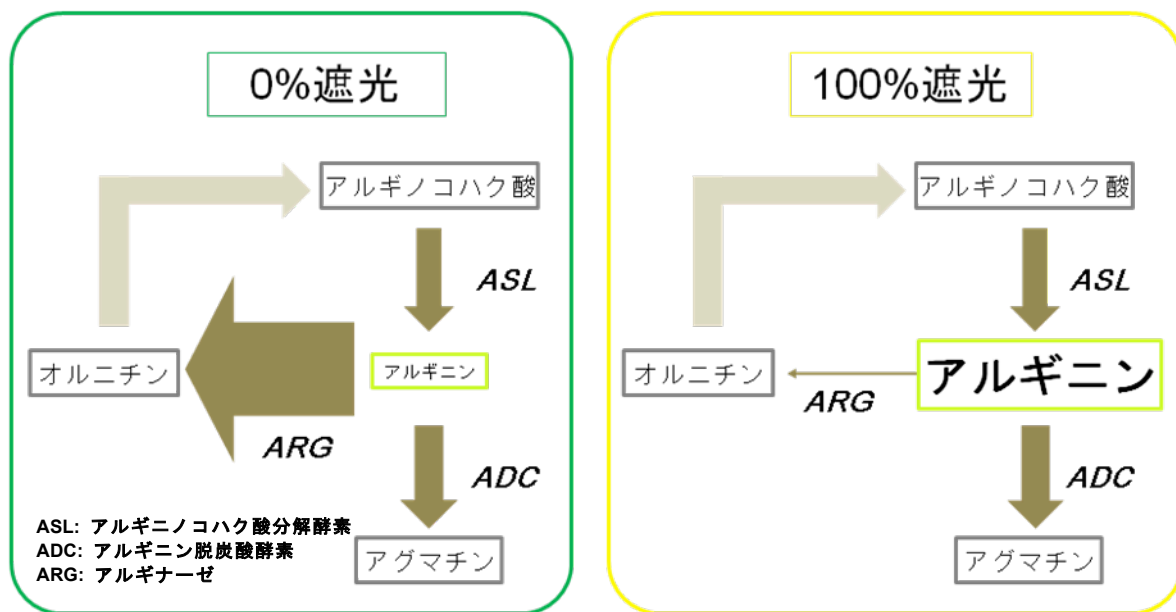


図 転写制御から見た100%遮光処理によるアルギニン蓄積メカニズム

## 展 望

トランスクリプトーム解析を活用し、遮光白葉化に伴うアミノ酸、機能性成分、香味成分等それぞれの代謝系の変動の機構を解明する。さらに、シロイヌナズナ等モデル系との照合により、乾燥等の環境ストレスによるポリアミン（ヒトにおいて抗加齢効果等が期待）の合成促進が予測されるため、これを茶樹において実証する。

トランスクリプトーム解析の活用により、茶樹の各種処理による付加価値成分増強の戦略を策定する。さらに、茶の研究において「世界一」を達成・維持することにより、「静岡茶」のクオリティを市場にアピールする。

## 体 制

[静岡県立大学食品栄養科学部] 小林裕和 丹羽康夫