

平成 30 年 5 月 10 日現在

機関番号：15401

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2017

課題番号：15K07394

研究課題名(和文) 熱帯果樹アセロラのアスコルビン酸大量生合成・集積の分子機構

研究課題名(英文) Molecular mechanism of abundant biosynthesis and accumulation of ascorbic acid in tropical plant acerola.

研究代表者

江坂 宗春 (Esaka, Muneharu)

広島大学・生物圏科学研究科・教授

研究者番号：70151975

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：アスコルビン酸は、植物に豊富に含まれる抗酸化物質で、植物にとって必要不可欠な物質である。植物では、アスコルビン酸の複数の生合成経路の存在が明らかになり、その調節機構に興味を持たれている。

熱帯植物であるアセロラは、アスコルビン酸を大量に含んでいる。しかし、アスコルビン酸の大量集積機構は不明であった。本研究で、アセロラにおけるアスコルビン酸生合成酵素遺伝子の発現が非常に高いことがわかった。また、アスコルビン酸生合成酵素遺伝子の高発現の分子機構が部分的に明らかになった。さらに、アセロラのアスコルビン酸大量集積機構を導入することにより、植物のアスコルビン酸を強化できる可能性が示された。

研究成果の概要(英文)：Ascorbic acid is an antioxidant, which is abundantly contained within the plant cell, and plays important roles in plants. Plants have some pathways for ascorbic acid biosynthesis. The mechanism for biosynthesis regulation of plant ascorbic acid attracts so much attention.

Acerola (*Malpighia glabra* L.) is one of the richest known natural sources of ascorbic acid (vitamin C). Thus, the gene expression of ascorbic acid-biosynthetic enzymes is markedly high in acerola. Molecular mechanism of the high expression of the ascorbic acid biosynthetic enzyme gene became clear partially. Acerola genes for ascorbic acid-biosynthetic enzymes were introduced and over-expressed to generate transgenic plants containing a large amount of ascorbic acid. Finally, this research will lead to generation of stress-resistant transgenic plants with high ascorbic acid contents.

研究分野：応用生物化学 酵素化学 植物分子生物学

キーワード：アスコルビン酸 アセロラ 遺伝子発現 遺伝子組換え ビタミンC プロモーター 転写調節

1. 研究開始当初の背景

動物にとって、アスコルビン酸は必須の栄養素である。ほとんどの動物はアスコルビン酸を生合成することができるが、我々人間はアスコルビン酸を生合成することができず、アスコルビン酸を野菜や果物などの植物から摂取しなければならぬ。アスコルビン酸は、もともと抗壊血病因子として発見され、ビタミン C として知られている。最近では、抗癌作用や抗ウイルス作用などの多彩な生理作用が認められ、健康生活をおくるためにはかなりの量のアスコルビン酸を摂取する必要がある。

アスコルビン酸は、植物に最も豊富に含まれる抗酸化物質で、一般に、光合成によって生じる過酸化水素の除去や外的環境による酸化ストレスの防御に利用されている。植物にとって、アスコルビン酸は、活性酸素種の除去や、ストレス耐性、細胞内レッドクス調節等、様々な生理機能を有する必要不可欠な物質である。実際に、アスコルビン酸含量が野生型の 30% しかないシロイヌナズナの突然変異体 *vtc1* は、オゾン傷害に対して感受性が高くなることが報告されている (Conklin et al. 1999 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 4198)。一方、アスコルビン酸は、それ自身が持つ抗酸化機能とともに、種々の酵素反応の補因子として機能することが知られており、生体内代謝に必須の化学物質である。アスコルビン酸は、可逆的な酸化還元系を介した電子供与体、あるいは受容体として、レッドクス制御にも関与していると考えられている。一方、植物のアスコルビン酸は細胞分裂促進機能を有することも知られている。

私たちも、タバコ細胞を用いた研究で、アスコルビン酸が細胞分裂、伸張を制御する因子である可能性を示した (Kato and Esaka 1999 Physiol. Plant. 105, 321)。さらに、アスコルビン酸を特異的に酸化する酵素であるアスコルビン酸酸化酵素の研究を進め (Esaka et al. 1992 Plant Physiol. 100, 231-237) 本酵素が細胞伸張に関わっていること (Kato and Esaka 1996 Plant Mol. Biol. 30, 833) そして、実際にアポプラストにおけるアスコルビン酸の特異的酸化が細胞を著しく膨張させることを明らかにした (Kato and Esaka 2000 Planta 210, 1018)。また、植物のアスコルビン酸は細胞分裂促進機能を有することも知られている。最近の研究からも、アスコルビン酸が植物の成長・生育に関わっていることが示された (Gallie 2013 J. Exp. Bot. 64:443)。

一方、植物におけるアスコルビン酸の生合成とその調節に関しては未だ明確になっていない。近年、植物のアスコルビン酸の生合成経路が提唱され、D-グルコースから D-マンノース、L-ガラクトースを経てアスコルビン酸が生合成される可能性が示された。この経路は、マンノース経路とも呼ばれ、アスコルビン酸生合成の主経路とされている。他方、

植物において、マンノース経路以外の複数のアスコルビン酸生合成経路 (ガラクトツロン酸経路、ミオイノシトール経路) の存在が示唆されている。すなわち、植物には複数のアスコルビン酸生合成経路が存在し、それらが植物の組織や周囲の環境により複雑に制御され (Bulley and Laing 2016 Current Opinion in Plant Biology 33: 15)、アスコルビン酸の生合成が調節されると考えられるようになり、その調節機構に興味を持たれている (Mellidou and Kanellis 2017 Front Chem. 5:50)。たとえば、イチゴの果実では、ペクチンの構成成分であるガラクトツロン酸からアスコルビン酸が合成可能 (ガラクトツロン酸経路) であることが示唆された (Agius et al. 2003 Nature Biotech. 21:177)。トマト果実でも、成熟に伴いガラクトツロン酸経路が発現することが示された (Badejo et al. 2012 J. Exp. Bot. 63:229)。

熱帯性植物であるアセロラ (*Malpighia glabra*) は、その果実に大量のアスコルビン酸を集積し、そのアスコルビン酸含量はレモン果実の約 40 倍、トマト果実の約 200 倍にもなる。アセロラでは、水分を除いた可溶性成分の半分以上がアスコルビン酸である。しかし、アセロラのアスコルビン酸大量集積機構に関する研究はなく、したがって、どのような機構で、アセロラ果実に大量のアスコルビン酸が集積するのかは全く明らかになっていなかった。

2. 研究の目的

ビタミン C として広く知られるアスコルビン酸は、植物において、抗酸化物質として、光や、環境ストレスにより発生する活性酸素種の除去や、ストレス耐性獲得にも関わっている重要な物質である。したがって、植物においてアスコルビン酸を強化するということは、高栄養価の植物の作出に繋がるだけでなく、環境ストレスに強い有用植物の作出にも繋がる。

アスコルビン酸を大量に含む植物の一つにアセロラが挙げられる。アセロラは、特に果実で、際立ってアスコルビン酸含量が高く、その含量は約 20mg/g 新鮮重で、レモン果実のアスコルビン酸含量の約 40 倍、トマト果実の 200 倍にも達し、水分を除いた可溶性成分の半分以上がアスコルビン酸である。しかし、アセロラ等のトロピカルフルーツのアスコルビン酸生合成・集積に関する分子細胞レベルの研究については全くない。

本研究では、アセロラのアスコルビン酸の生合成や代謝に関わる種々の酵素を解析するとともに、アスコルビン酸の大量生合成や集積に関わる酵素や因子を同定し、アセロラが、どうして、どのような機構で、大量のアスコルビン酸を生合成し、そのアスコルビン酸を果実に集積することができるのかを明らかにすることを目的とした。また、応用学的な観点から、アセロラのアスコルビン酸大

量集積機構を、アスコルビン酸含量の低い植物に移入し、アセロラのようなアスコルビン酸高含量植物の開発が可能かどうかを検討した。

ブラジル原産でアスコルビン酸含量が著しく低いアセロラ亜種 (FB 種) (通常のアセロラのアスコルビン酸含量の 3 分の 1) の存在が知られている。アセロラ亜種 (FB 種) を株式会社ニチレイから譲渡してもらった。一般のアスコルビン酸含量の高いアセロラのアスコルビン酸生合成酵素の遺伝子発現が、アスコルビン酸含量が低いアセロラ FB 種やトマトの該当酵素の遺伝子発現に比べ高いかどうかを評価する。具体的には、リアルタイム RT-PCR 法により mRNA の発現量を調べ、アセロラのアスコルビン酸生合成酵素の高い遺伝子発現が、アスコルビン酸含量の高い理由になりうるかどうかを評価した。アスコルビン酸含量の高い通常のアセロラのアスコルビン酸生合成酵素遺伝子のプロモーター活性が、アスコルビン酸含量が低いアセロラ亜種 FB 種やトマトの該当酵素遺伝子のプロモーター活性に比べ高いかどうかを評価した。

イチゴ果実では、ガラクトツロン酸からアスコルビン酸が生合成可能であることが示唆されている。したがって、この生合成系の主要な酵素である D-galacturonate reductase の遺伝子発現についても着目し、アスコルビン酸生合成に関わっているかどうかを調べた。アセロラの D-galacturonate reductase の遺伝子発現量、プロモーター活性を、上記同様、アスコルビン酸含量が低いアセロラ FB 種やトマトのもの、と比較評価した。

応用学的な観点から、アセロラのアスコルビン酸大量集積機構を、他の植物に導入し、アセロラのようなアスコルビン酸高含量植物の開発が可能かどうかを検討した。具体的には、トマトに、アセロラのアスコルビン酸高含量化に関わる複数のアスコルビン酸生合成酵素 cDNA や、果実での高発現に関わる転写因子 cDNA を導入、過剰発現させることにより、アスコルビン酸高含量トマトを作出できないかどうかを検討した。

本研究により、アスコルビン酸強化植物が作出できれば、その植物は、活性酸素の除去が効率的に行なわれ、老化や腐敗が防止され、種々の環境ストレスに抵抗性を有する可能性がある。すなわち、本研究は、アスコルビン酸に富む栄養価の高い植物を、さらに、ストレス抵抗性で、腐りにくい、枯れない「スーパー植物」を誕生させる可能性も秘めている。

アセロラ等のトロピカル植物において、その高いアスコルビン酸含量に着目した分子生物学的研究は、私たちの研究以外は全くない。また、農作物のアスコルビン酸を強化させるという実用的研究もなかなかうまくいっていない。したがって、本研究は、アセロラのアスコルビン酸生合成・大量集積機構の

解明という基礎的な研究としてだけでなく、農作物のアスコルビン酸含量を増やすという応用学的観点からも価値ある研究と考える。農作物のアスコルビン酸含量を増大させることができれば、今後の食生活の改善に大きく貢献しうる研究と確信する。

3. 研究の方法

材料として、沖縄より取り寄せた通常のアセロラ (OK 種) を植物用ガラス室で栽培したものを使用した。また、ブラジル原産でアスコルビン酸含量が著しく低いアセロラ亜種 (FB 種) (通常のアセロラのアスコルビン酸含量の 3 分の 1) は、株式会社ニチレイから譲渡されたものを用いた。

RNA 抽出は、hexadecyltrimethyl ammonium bromide (CTAB) 法、もしくは HotBorate 法により行った。

アスコルビン酸生合成酵素の cDNA は、RT-PCR 法、RACE 法によってクローニングした。PCR プライマーは、他植物でその cDNA がクローニングされている既存の酵素のアミノ酸配列から塩基配列を推定して作成した。

発現ベクター・コンストラクト構築・作成は、Gateway Recycl ing system により行った。

ノザンプロットティングは、DIG ラベリングシステムによりプローブを作製した。プローブのラベルは、DIG RNA Labeling Kit (Roche Diagnostics) により行い、発現解析を行った。

プロモーター領域の転写活性化能の評価には、ルシフェラーゼ遺伝子によるレポーターアッセイ系を用いた。遺伝子の上流のプロモーター領域の下流にルシフェラーゼ遺伝子を融合し、トランジェントアッセイ系により、ルシフェラーゼの発光を測定することによりプロモーター活性を評価した。

シロイヌナズナの葉を用いて 1%セルラーゼと 0.25%マセロザイムの酵素液でプロトプラストを単離し、得られたプロトプラストに PEG/Ca 法でそれぞれの遺伝子、または複数の遺伝子導入ベクターを導入し、プロトプラストのアスコルビン酸量を酵素法により測定した。

アグロインフィルトレーション法により、アセロラのマンノース経路関連遺伝子をトマト葉、タバコ葉に導入し、一過的に過剰発現させた。導入遺伝子の mRNA 発現を RT-PCR によって確認し、酵素法によってアスコルビン酸量を測定した。

4. 研究成果

(1) アセロラのアスコルビン酸生合成系・マンノース経路に関わる主要な酵素の cDNA クローニングと発現解析

アセロラのアスコルビン酸生合成系のマンノース経路に関わる主要な酵素の cDNA をアセロラ果実からクローニングし、ノーザンプロットティング解析により、それぞれの mRNA の発現量を調べた。GDP-D-mannose pyrophosphorylase 遺伝子はアセロラの全て

の組織で発現していたが、特に未熟の果実で高い発現を示し、果実の熟成に伴って、その発現は低下した。また、アセロラの各組織のアスコルビン酸含量は、GDP-D-mannose pyrophosphorylase の発現と高い相関を示した。

アセロラのアスコルビン酸生合成酵素 GDP-D-mannose pyrophosphorylase の mRNA 発現を、シロイヌナズナやトマトの発現と比較した結果、アセロラの GDP-D-mannose pyrophosphorylase の mRNA 発現はシロイヌナズナやトマトのものに比べ非常に高かった。

また、GDP-L-galactose phosphorylase の遺伝子をアセロラからクローニングし、発現様式を調べた。その結果、アセロラの GDP-L-galactose phosphorylase の発現は、シロイヌナズナやトマトの発現と比較した結果、非常に高く、その発現はアスコルビン酸含量と正の相関を示した。

phosphomannomutase は、アスコルビン酸生合成系・マンノース経路の中で mannose 6-phosphate から mannose 1-phosphate への変換を触媒する。phosphomannomutase cDNA についてもアセロラから単離し、その発現を調べた。その結果、アセロラの果実や葉の phosphomannomutase の mRNA 発現についても、シロイヌナズナやトマトの mRNA 発現に比べ、高い発現量を示し、アスコルビン酸含量との間に正の相関が示された。

最終的に、主要なアスコルビン酸合成系と考えられているマンノース経路の5つの酵素に着目し、全ての cDNA をクローニングして mRNA の発現を調べた。その結果、それらの酵素の mRNA 発現は、シロイヌナズナの該当酵素の発現の 50~200 倍高かった。また、GDP-D-mannose pyrophosphorylase 以外の酵素の mRNA 発現は、光応答性を示した。

最終的に、アセロラでは、アスコルビン酸生合成系の酵素群の遺伝子が、転写レベルで顕著に高い発現をし、結果的に、アスコルビン酸生合成系酵素群が大量に生合成され、アスコルビン酸含量も高くなることが示された。

(2) アセロラのアスコルビン酸生合成系・マンノース経路に関わる主要な酵素のゲノム遺伝子のクローニングとプロモーター活性

アセロラ GDP-D-mannose pyrophosphorylase のゲノム遺伝子をクローニングし、ルシフェラーゼ遺伝子によるレポーターアッセイ系を用いて、そのプロモーター活性を調べた。その結果、GDP-D-mannose pyrophosphorylase のプロモーター活性は、植物の高発現プロモーターとして知られている cauliflower mosaic virus 35S プロモーターやシロイヌナズナの GDP-D-mannose pyrophosphorylase 遺伝子のプロモーター活性より顕著に高かった。

マンノース経路のその他の酵素遺伝子についてもクローニングし、プロモーター活性を調べた結果、シロイヌナズナの該当酵素遺伝子のプロモーター活性に比べ、非常に高かった。

(3) アセロラのアスコルビン酸生合成酵素 GDP-D-mannose pyrophosphorylase のシス因子の解析

アセロラの GDP-D-mannose pyrophosphorylase 遺伝子について、その強発現のためのシス因子をルシフェラーゼ遺伝子によるレポーターアッセイ系を用いて、調べた結果、-1100 bp ~ -1080 bp にシス因子が存在することを示唆された。さらなる解析の結果、そのシス領域内に存在する abscisic acid response element (ABRE) 様配列 GAAGTT が、GDP-D-mannose pyrophosphorylase 遺伝子の高転写活性に関与している可能性が示唆された。

(4) 低アスコルビン酸含有アセロラ亜種 FB 種におけるアスコルビン酸生合成

アセロラはアスコルビン酸を豊富に含む品種が一般的であるが、ブラジルでは低アスコルビン酸含有品種 FB 種が栽培されている。低アスコルビン酸含有アセロラ品種 FB 種と一般の高アスコルビン酸含有アセロラのアスコルビン酸生合成と比較することにより、アセロラのアスコルビン酸高集積機構が明確になる可能性が期待される。すなわち、GDP-D-mannose pyrophosphorylase、GDP-D-mannose-3',5'-epimerase、および GDP-L-galactose phosphorylase の mRNA 発現が、低アスコルビン酸含有アセロラ品種 FB 種より、高アスコルビン酸含有品種で非常に高い可能性がある。そこで、これら3つの遺伝子の mRNA 発現を調べ、これらの遺伝子の高発現がアセロラにおけるアスコルビン酸高集積の要因であるかどうかを調べた。2品種のアセロラ果実は、収穫後すぐに液体窒素によって凍結し、-80 で保存されたものを用いた。アスコルビン酸含量の測定は、直前に粉砕し酵素法により行った。マンノース経路に関する6つの生合成酵素における mRNA 発現解析は Real-time PCR で測定し比較した。両品種のアセロラ果実において、緑色果実は赤色果実と比較してアスコルビン酸量とアスコルビン酸生合成酵素の mRNA 発現レベルは高かった。特にマンノース経路の上流で機能しているアスコルビン酸生合成酵素の GDP-D-mannose pyrophosphorylase、GDP-D-mannose-3',5'-epimerase、および GDP-L-galactose phosphorylase の発現が高かった。品種間についてみると、緑色果実では高アスコルビン酸品種と低アスコルビン酸品種でアスコルビン酸量に差が認められ、緑色果実において GDP-D-mannose-3',5'-epimerase や、GDP-L-galactose phosphorylase で、高アス

コルビン酸品種の方が低アスコルビン酸品種FB種よりも高い発現がみられた。

また、アスコルビン酸生合成の副経路であるガラクトン酸経路のキー酵素であるD-galacturonate reductaseの発現解析を行った。その結果、アセロラの未成熟果実でD-galacturonate reductase発現は高く、成熟が進むにつれて発現が低くなることが分かった。一方、葉においては果実よりもD-galacturonate reductaseの発現が高かった。アスコルビン酸量が異なる品種間でアセロラ果実におけるD-galacturonate reductaseの発現の比較を行ったところ、高アスコルビン酸品種でD-galacturonate reductaseの発現がみられた。

なお、D-galacturonate reductaseは、アルド-ケト還元酵素の一つである。今回、アルド-ケト還元酵素の発現様式を調べた結果、アルド-ケト還元酵素が、細胞の損傷により著しく誘導されることがわかった。そこで、D-galacturonate reductase遺伝子のプロモーター解析を行った。その結果、2つのG-box様配列(ACGT)が、ストレス応答的な遺伝子高発現に重要なシス因子であることが明らかになった。

(5) シロイヌナズナのプロトプラストにおけるアセロラアスコルビン酸生合成酵素遺伝子の過剰発現とアスコルビン酸強化

アセロラのマンノース経路における上流酵素のGDP-D-mannose pyrophosphorylase、GDP-D-mannose-3',5'-epimerase、およびGDP-L-galactose phosphorylase、副経路のガラクトン酸経路に関わるD-galacturonate reductaseのそれぞれの遺伝子をpMONT;35Sベクターにligation反応させて挿入し、目的の遺伝子をプロトプラスト内で恒常的に発現するベクターを作製した。シロイヌナズナの葉を用いて1%セルラーゼと0.25%マセロザイムの酵素液でプロトプラストを単離し、得られたプロトプラストにPEG/Ca²⁺法でそれぞれの遺伝子、または複数の遺伝子ベクターを導入し、プロトプラストのアスコルビン酸量を比色法によって測定した。その結果、それぞれの遺伝子の導入では、アスコルビン酸量はほとんど増加しなかったが、複数のアスコルビン酸生合成酵素遺伝子の導入によってアスコルビン酸量が増加する傾向がみられた。

さらに、アセロラから6つのマンノース経路関連酵素(MgEnzyme)のcDNAをクローニングした。植物体内で恒常的に発現するCaMV35Sプロモーター、MgEnzyme、Nosターミネーターから成る発現カセットを構築するため、pMONTベクターにSLICE法を用いて導入した。シロイヌナズナのプロトプラストに、pMONT-MgEnzymeをそれぞれ上流3遺伝子、下流3遺伝子をタンデムにつなげ導入した。今後は、6つのマンノース経路関連酵素遺伝子が同時に過剰発現可能かどうかを調べる

とともに、過剰発現プロトプラストのアスコルビン酸量が増加するかどうかを調べたい。

(6) タバコにおけるアセロラアスコルビン酸生合成酵素遺伝子の過剰発現とアスコルビン酸強化

アセロラのGDP-D-mannose pyrophosphorylase遺伝子をタバコに導入し、過剰発現させたところ、タバコのアスコルビン酸含量は野生植物の約2倍に増大した。

また、アセロラのGDP-L-galactose phosphorylase遺伝子をタバコに導入発現することにより、タバコのアスコルビン酸含量も増大する傾向を示した。

さらに、アセロラのphosphomannomutase遺伝子をタバコに導入発現することにより、タバコのアスコルビン酸含量が約2倍に増大した。

最終的に、アセロラのアスコルビン酸生合成酵素遺伝子を植物に導入発現することにより、植物のアスコルビン酸含量を増大させることが可能と考えた。

(7) トマトにおけるアセロラアスコルビン酸生合成酵素遺伝子の過剰発現とアスコルビン酸強化

アグロインフィルトレーションにより、トマトの葉に、アセロラのマンノース経路のアスコルビン酸生合成酵素遺伝子を導入し、トマト葉で一過的に過剰発現させることを試みたが、トマト植物体の状態により、遺伝子導入効率が大きく左右され、解析が困難であった。安定的にアセロラのマンノース経路のアスコルビン酸生合成酵素遺伝子を過剰発現させるには、どの生育段階の葉を用いるのが適切か等を調べるとともに、インキュベーション時間についても詳細に検討する必要があると考えられる。

今後は、実用化の観点から、アスコルビン酸生合成遺伝子をアグロバクテリウム法により、トマト植物体に導入し、アスコルビン酸高含量遺伝子組換えトマトが作成可能かどうかを調べ、総合的な評価・考察を行いたい。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計4件)

1 Kondo, T., Fujikawa, Y., Ueda, A., Nagaoka, T., Saneoka, H., Martínez, M., Calcaño, M., Martich, J.D.H., Esaka, M. (2015) Cloning and gene expression analysis of ascorbic acid biosynthesis enzymes in *Moringa oleifera*. African Journal of Agricultural Research, 査読有 10(22):2274-2285.

2. Suekawa M., Fujikawa Y., Inada S., Murano A., Esaka M. (2016) Gene expression and promoter analysis of a novel tomato aldo-keto reductase in response to environmental stresses. *J. Plant Physiol.* 査読有 200:35-44.

3. Kondo T., Fujikawa Y., Esaka M. (2017) A novel regulatory element responsible for high transcriptional expression of acerola GDP-D-mannose pyrophosphorylase gene. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 査読有 81(6):1194-1197.

4. Suekawa M., Fujikawa Y., Esaka M. (2018) Two G-box-like elements essential to high gene expression of SIAKR4B in tomato leaves. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 査読有 82(3):425-432.

〔学会発表〕(計8件)

1. 井上 明香里、近藤 隆之、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2016年02月04日) アセロラのアスコルビン酸大量集積機構の解明. 第30回バイオテクノロジー研究成果発表会 広島市まちづくり市民交流プラザ.

2. 末川 麻里奈、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2016年03月29日) トマトのアスコルビン酸生合成におけるガラクトロン酸レダクターゼの発現機構と生理機能. 日本農芸化学会 2016年度大会, 札幌コンベンションセンター.

3. 近藤 隆之、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2016年03月29日) アセロラのアスコルビン酸生合成酵素 GDP-D-mannose pyrophosphorylase の転写調節因子の探索. 日本農芸化学会 2016年度大会, 札幌コンベンションセンター.

4. 稲村 尚美、近藤 隆之、末川 麻里奈、井上 明香里、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2017年02月02日) 植物におけるアスコルビン酸生合成強化に関する研究. 第31回バイオテクノロジー研究成果発表会, 広島市まちづくり市民交流プラザ.

5. 末川 麻里奈、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2017年03月19日) トマトにおけるアルドケト還元酵素の遺伝子発現機構と機能解析. 日本農芸化学会 2017年度大会. 京都女子大学.

6. 末川 麻里奈、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2017年09月22日) トマトにおけるアルドケト還元酵素の遺伝子発現機構に関する研究. 日本農芸化学会 関西・中四国・西日本支部 2017年度合同大阪大会, 大阪府立大学.

7. Suekawa M., Fujikawa Y., Esaka M. (November 3-6, 2017) The analysis of gene expression mechanism and physiological function of aldo-keto reductase in tomato. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Academia Sinica, Taipei, Taiwan.

8. 末川 麻里奈、藤川 愉吉、江坂 宗春 (2018年02月05日) トマトにおけるアスコルビン酸生合成酵素ガラクトロン酸レダクターゼの遺伝子発現機構. 第32回バイオテクノロジー研究成果発表会, 合人社ウエンディひと・まちプラザ(広島市まちづくり市民交流プラザ).

〔図書〕(計2件)

1. Suekawa M., Kondo T., Fujikawa Y., Esaka M. (2017) Regulation of Ascorbic Acid Biosynthesis in Plants. In: Hossain M., Munné-Bosch S., Burritt D., Diaz-Vivancos P., Fujita M., Lorence A. (eds) *Ascorbic Acid in Plant Growth, Development and Stress Tolerance*. 査読有 pp 157-176 Springer.

2. Suekawa M., Fujikawa Y., Esaka M. (2017) Physiological role of ascorbic acid recycling enzymes in plants. In: Hossain M., Munné-Bosch S., Burritt D., Diaz-Vivancos P., Fujita M., Lorence A. (eds) *Ascorbic Acid in Plant Growth, Development and Stress Tolerance*. 査読有 pp 355-373 Springer.

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

取得状況(計0件)

〔その他〕

ホームページ等

江坂宗春教授/教授に聞く/広島大学

<http://home.hiroshima-u.ac.jp/gsbstop/interview/ja/esaka.html>

江坂 宗春 (大学院生物圏科学研究科)

<http://seeds.office.hiroshima-u.ac.jp/profile/ja.a3d4f760e9b22e0c520e17560c007669.html#dex.html>

6. 研究組織

(1)研究代表者

江坂 宗春 (ESAKA MUNEHARU)

広島大学・大学院生物圏科学研究科・教授

研究者番号: 7 0 1 5 1 9 7 5