

【基盤研究(S)】

大区分H



研究課題名 薬用資源植物の化学的多様性のゲノム起源

理化学研究所・環境資源科学研究センター・副センター長

さいとう かずき
齊藤 和季

研究課題番号：19H05652 研究者番号：00146705

キーワード：薬用植物、ゲノム、メタボローム

【研究の背景・目的】

医薬の源泉となる植物メタボロームの多様性は動物などを遙かに凌駕しているが、そのゲノム起源は未解明であり根源的な課題である。また、現在でも医師の9割が漢方を処方しており、さらに高齢化社会における健康寿命の延伸に向けて植物医薬への期待が大きい。生薬の多くが輸入に依存している中で、名古屋議定書により公正な利益配分を求めるようになったが、むしろ国内栽培されてきた薬用植物のゲノム解明と知財防衛への大きなチャンスである。加えて、2015年に国連で採択された「持続可能な開発目標」SDGs (Sustainable Development Goals)において、生物多様性資源の保全とその持続的利用は地球規模での焦点の課題である。また、技術的背景として、ゲノム科学関連技術の急速な進展がある。

そこで本研究では、薬用資源植物のゲノム、メタボロームを解読し、その化学的多様性の起源を明らかにするとともに、その知見を植物資源の持続的利用に応用する。

【研究の方法】

漢方処方に最も頻繁に用いられ、最大の生産量などからも、生薬として最も重要な甘草について、その主要有効成分であるグリチルリチンを含む植物種、含まない種の高品質ゲノム配列を決定し、さらに成分パターンの異なる変種系統をリシークエンスし、変異情報を得る。次に、トランスクリプトームやメタボロームデータも取得して、これらの共起性ネットワーク解析や、ゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS)によって、成分パターンを決めている遺伝子、ゲノム領域、変異を特定する。次に、これらの遺伝子の機能同定と共に、ゲノム編集・合成生物学などのバイオテクノロジーによって、甘草の分子育種や有効成分の生産に応用する。同時に、この基本的な手法を甘草以外の、重要な薬用植物のゲノム機能科学にも展開する。

【期待される成果と意義】

医薬学や医療分野において重要性が増加している薬用資源植物について、ゲノム、メタボロームを解読し、その化学的多様性の起源を明らかにすることができる。これにより、「持続可能な開発目標」SDGsにも貢献する植物資源の持続的利用に応用し、同時に人類の知の地平線を拡大することができる。さら

に、今後10~20年の薬用植物資源開発に新しい道を拓くことになる。

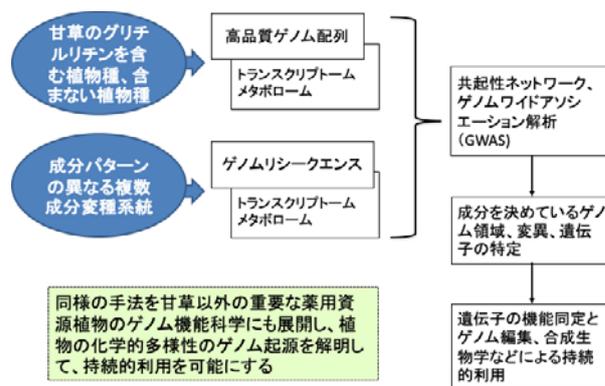


図1 本研究の概要

【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- Mochida, K., *et al.*: Draft genome assembly and annotation of *Glycyrrhiza uralensis*, a medicinal legume. *Plant J.*, **89**, 181–194, (2017)
- Rai, A., Saito, K., Yamazaki, M.: Integrated omics analysis of specialized metabolism in medicinal plants. *Plant J.*, **90**, 764–787 (2017)
- Knoch, E., *et al.*: The third DWF1 paralog in Solanaceae, sterol Δ^{24} -isomerase, branching withanolide biosynthesis from the general phytosterol pathway. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **115**, E8096–E8103 (2018)
- Tsugawa, H., Nakabayashi, R., *et al.*: A cheminformatics approach to characterize metabolomes in stable-isotope-labeled organisms. *Nature Methods*, **16**, 295–298 (2019)

【研究期間と研究経費】

令和元年度—令和5年度
154,600 千円

【ホームページ等】

<http://www.riken.jp/research/labs/csrs/metabolom/>
<http://metabolomics.riken.jp/>