

30E11-am06

EST 解析を基盤とするビベンジルカンナビノイド生合成遺伝子の探索

○田浦 太志¹, 兼目 裕充², 高橋 宏暢², 野路 征昭², 橋本 敏弘², 豊田 正夫², 浅川 義範²(¹九大院薬, ²徳島文理大薬)

【目的】オオケビラゴケ (*Radula perrottetii*) は大麻のカンナビノイドに構造が類似したビベンジルカンナビノイド perrottetinene を含有することが知られている。本研究は次世代シーケンサーを用いた EST 解析に基づき、perrottetinene 生合成経路の酵素遺伝子を明らかにすることを目的とする。

【方法・結果】オオケビラゴケより mRNA を抽出し、イルミナ社 Genome Analyzer IIx による mRNA ショットガンシーケンスを行った。次いで得られた配列データについて各種ソフトウェアを用いたアセンブルを行うことでコンティグを作製し、これらをデータベースとする BLAST 検索により、候補遺伝子を探索した。

即ち、perrottetinene が大麻のカンナビノイドと同様、ポリケタイド合成酵素 (I)、プレニル転移酵素 (II) 及び FAD 結合型オキシダーゼ (III) の三種の酵素が関与する経路 (下図) で生合成されると推測し、それぞれ既知酵素とホモロジーを示すコンティグを抽出した。

この結果、ポリケタイド合成酵素の候補遺伝子を 6 種、プレニル転移酵素の候補遺伝子を 8 種及び FAD 結合型オキシダーゼの候補遺伝子を 3 種同定し、現在全長のクローニングを試みており、これら結果についてあわせて報告する。

