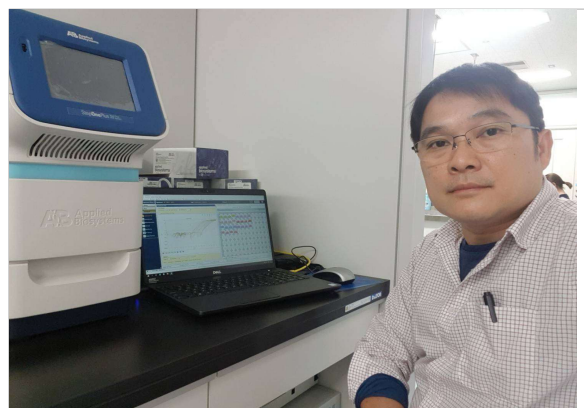


受入大学名	国立大学法人千葉大学		
Host University	Chiba University		
外国人研究者	ソムヌク ブンスパ		
Foreign Researcher	SOMNUK BUNSUPA		
受入研究者	山崎真巳	職名	教授
Research Advisor	Mami Yamazaki	Position	Professor
受入学部/研究科	大学院薬学研究院		
Faculty/Department	Graduate School of Pharmaceutical Sciences		

<外国人研究者プロフィール/Profile>

国籍	タイ
Nationality	Thailand
所属機関	マヒドン大学薬学部
Affiliation	Faculty of Pharmacy, Mahidol University
現在の職名	助教
Position	Assistant professor
研究期間	2023年12月20日～2024年3月18日(90日間)
Period of Stay	90 days (December 20, 2023 - March 18, 2024)
専攻分野	生薬学
Major Field	Pharmacognosy



Real-time PCR analysis

<外国人研究者からの報告/Foreign Researcher Report>

①研究課題 / Theme of Research
Integration of metabolomics and transcriptomics data for the development of Thai traditional medicine. Thai traditional medicine (TTM) is a holistic form of medicine that includes both methods and practices. TTM has remained a popular medical resource in Thailand; however, one major disadvantage of their use has been a lack of clinical evidence for which bioactive compounds they contain. Metabolomics can be used to identify chemical compositions in herbal medicines and to screen for potentially active compounds. This data will be combined with other omics types (genomics, transcriptomics, and proteomics) to gain a more comprehensive understanding of the biological systems under investigation.
②研究概要 / Outline of Research
Kaempferia parviflora (black ginger) is a Zingiberaceae family medicinal plant. For centuries, its rhizome has been used as a folk medicine. Many pharmacological studies on black ginger have claimed that it can help with a variety of ailments. The presence of flavonoids, methoxyflavones, phenolic glycosides, and terpenoids has been confirmed by phytochemical analysis of black ginger rhizome extracts. One of the challenges that can accelerate the development of this plant in several areas such as drug discovery and development and medical treatment is the elucidation of genes and enzymes in these pathways. The goal of this study is to identify genes involved in methoxyflavone biosynthesis in black ginger using transcriptomics and metabolomics data.
③研究成果 / Results of Research
Transcriptome analysis was conducted on black ginger rhizomes, mature leaves, and callus tissues. Candidate genes for methoxyflavone biosynthesis were predicted using fold change FPKM values and metabolite profiles. Real-time PCR analysis was performed to validate the transcriptome data, revealing seven O-methyltransferase candidate genes likely involved in methoxyflavone biosynthesis. Meanwhile, I visited the RIKEN Center for Sustainable Resource Science (CSRS), participated in a conference, engaged in discussions about our research with professors, and exchanged ideas with researchers. We explored the potential utilization of metabolomics for developing a Thai herbal medicine database and discussed potential collaborations for the future.
④今後の計画 / Further Research Plan
We aim to advance the ongoing project, focusing on cloning candidate genes for complete sequences to facilitate extensive functional characterization. Additionally, we intend to broaden our collaborative research on Thai traditional medicine, leveraging state-of-the-art omics technologies. Through this synergistic effort, Thailand and Japan can achieve notable progress in medicinal plant research, fostering scientific advancements, cultivating enduring partnerships, and facilitating the exchange of knowledge and skills.

< 受入研究者からの報告/Research Advisor Report >

①研究課題 / Theme of Research
<p>タイ伝統医薬資源開発を目指したのメタボロミクスとトランスクリプトミクスのデータの統合解析を行う。 タイ伝統医学 (TTM) は、伝統と経験に基づく総合的医療であり、現代でも一般的な医療である。しかしながら、これらに利用されている薬用植物に含有される生理活性物質に関する科学情報が不足している。そこで本研究ではTTM薬の化学組成を特定し、潜在的に活性化化合物候補をスクリーニングするためにメタボロミクス解析を展開する。これをさらに、薬用植物のゲノム、トランスクリプトム、プロテオーム情報との統合解析することにより調査対象の生物学的システムをより包括的に理解することを目指す。</p>
②研究指導概要 / Outline of Research
<p>タイ産薬用植物 <i>Kaempferia parviflora</i> (クロショウガ) はショウガ科の薬用植物で、その根茎は古くから民間薬として使用されてきた。クロショウガは滋養強壮、精力増進、体力回復、循環器系や消化器系の改善などに効果があるとして、伝統的な民間療法で用いられてきたが、有効成分は多様な構造のメトキシフラボンと推定されているが詳細はいまだに不明である。本研究では、クロショウガについてメタボロミクスにより成分プロファイリングを行い、トランスクリプトミクスと統合解析することによりクロショウガにおけるメトキシフラボン生合成に関与する遺伝子を同定することを試みた。</p>
③研究指導成果 / Results of Research
<p>クロショウガの根茎、成熟した葉、およびカルス組織について、LC-MS分析によるメタボローム解析ならびにRNA-seqによるトランスクリプトム解析が完了した。これらのデータを統合してメタボロームのパターンと同様に発現する遺伝子群としてメトキシフラボン生合成の候補遺伝子情報が得られた。その結果、有効成分であるメトキシフラボン類の生合成に関与している可能性がある7つのO-メチルトランスフェラーゼ候補遺伝子が明らかになった。</p>
④留学生交流事業の活動状況 / Activities of International Student Exchange Program
<p>本交流事業により、ブンスパ博士と受入研究者でアップデートされた情報を共有することができ、研究室での3ヶ月の実験により研究の進展をみた。また、関連研究期間である理化学研究所CSRSを訪問し、先方の研究者と統合オミクス解析に関する情報交換を行った。ブンスパ博士は受入研究室の主催するセミナーにて研究発表を行った。受入部局で開催された日韓泰三カ国セミナー、関連学会に参加し、国内の関連研究者と意見交換を行った。これらの活動は今後の共同研究展開に生かすことが期待される。</p>
⑤今後の計画 / Further Research Plan
<p>ブンスパ博士は帰国後、本研究の成果を基に完全長候補遺伝子をクローニングと組換えタンパク質の機能解析を行う予定で、最先端のオミクス技術を活用して、タイ伝統医学に関する共同研究を拡大する予定である。受入研究者は今後も継続的にブンスパ博士と情報交換を行うことにより相乗的に薬用植物研究を進展させる予定である。</p>



Seminar and Conference



Plasmid extraction, quantify and assess purity using microvolume