

平成21年 4月 1日現在

研究種目：基盤研究（A）
 研究期間：2005～2008
 課題番号：17208005
 研究課題名（和文）
 植物ミトコンドリア病の特異性決定分子機構の解明
 研究課題名（英文）
 Molecular Mechanism of Host-selectivity in Plant Mitochondrial Disease
 研究代表者
 秋光 和也（AKIMITSU KAZUYA）
 香川大学・農学部・教授
 研究者番号：80263888

研究成果の概要： ACR 毒素レセプター遺伝子 *ACRS* の mRNA 結合蛋白の遺伝子の解析・応用と、宿主特異的 ACR・ACT 毒素生合成遺伝子クラスターの配列構造・機能解析等を推進した。分子量 30 kD の *ACRS*mRNA 結合蛋白の諸性質を明らかにし、*ACRS*mRNA の修飾には複合体形成が重要であることを示した。また、ACR・ACT 毒素生合成遺伝子クラスターの座乗する dispensable 染色体を明らかにし、標的遺伝子破壊法と RNA サイレンシング法で、病原性・毒素生合成に関与する遺伝子群を明らかにした。

交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005年度	9,100,000	2,730,000	11,830,000
2006年度	8,200,000	2,460,000	10,660,000
2007年度	6,900,000	2,070,000	8,970,000
2008年度	6,700,000	2,010,000	8,710,000
年度			
総計	30,900,000	9,270,000	40,170,000

研究分野：植物病理学

科研費の分科・細目：農学／植物病理学

キーワード： 宿主特異的毒素、ACR 毒素、*Alternaria alternata*、ラフレモン、レセプター、ミトコンドリア、毒素生合成遺伝子、遺伝子クラスター

1. 研究開始当初の背景

世界的主要果樹の一つでありながら、カンキツは生化学・分子レベルでのストレス・防御応答に関わるシグナル伝達関連の基礎研究進展が十分とはいえない。樹木は研究材料として扱い難いという難点もあるが、カンキツは組織培養技術等が発展しており、ラフレモン品種等は非常に生育が旺盛で、当研究機関が所在する四国地方では年中核酸抽出が可能で若葉を入手できる事から、分子レベル

のストレス・防御応答研究も進展は可能であると考えた。

近年、植物病原糸状菌が植物感染時に発揮する宿主特異性に関する様々な分子メカニズムが明らかになってきた。宿主特異的な感染の誘導因子の一つとして、植物病原糸状菌が生産する宿主特異的毒素が知られている。宿主特異的毒素の多くはいくつかの特定の糸状菌の2次代謝産物であり、それぞれの宿主植物に対して 10^{-9} ～ 10^{-8} Mの低濃度で選択

的毒性を示し、菌の毒素生産性の有無と病原性の有無、さらに植物の毒素感受性と病害感受性が一致する。植物への感染場面で、宿主特異的毒素は菌の植物組織への侵入直前の孢子発芽・付着器形成時に生産・放出される。毒素という名称から、宿主特異的毒素生産菌は、毒素が宿主の細胞死を誘起し、死細胞に菌が感染するものと一般に考えられてきたが、宿主特異的毒素の作用には毒性とともに、宿主の抵抗反応の抑制作用も含まれると予想されてきた。

本研究対象である宿主特異的 ACR 毒素とそのレセプターは、植物病害の発生宿主特異性を説明できる可能性が極めて高いモデルである。ミトコンドリア膜に存在する ACR 毒素のレセプター蛋白は 4 量体を形成し、多くの膜貫入型レセプターと配列の類似性を示す。このレセプター遺伝子が大腸菌で発現させると通常毒素耐性の大腸菌が感受化し、酸素消費が停止して死に至る。本毒素とレセプター間の相互反応は、動物細胞のアポトーシスの重要なステップである Bax 蛋白とミトコンドリア膜の VDAC 蛋白の相互反応に類似しており、4 量体膜貫入型孔形成レセプターと毒素との反応によるミトコンドリア膜の孔形成により細胞死が誘起される。このように病原性因子 (ACR 毒素) とそのレセプターが明らかになっている研究例は、世界の分子植物・微生物相互反応研究分野で数例しかない。そこで、このモデルの機能解析は本分野で先駆的であり、また本研究結果で得られる毒素耐性植物はこれまでにない新しい形の病害耐性モデルとなると考えた。

今日までに、*Alternaria* 属、*Cochliobolus* 属を中心とした 19 種の宿主特異的毒素生産糸状菌が報告されており、この中の 7 種を含む *Alternaria* 属の宿主特異的毒素生産菌は病害発生当初はそれぞれ固有の別種として同定・分類されてきた。しかしながら、異なる毒素を生産する各菌の孢子形態が *A. alternata* と一致することから、これらの病原菌は異種ではなく、*A. alternata* の病原性に関する種内変異系統 (病原型、pathotype) であると考え、分子系統学的解析からもこの病原型説の正当性が確認されている。この 7 種の病原型は、それぞれ異なる宿主特異的毒素を生産し、その中の 6 毒素は化学構造も明らかにされている。また宿主特異的毒素生合成を支配する生合成遺伝子クラスターの存在がこの中の 6 種の病原型から明らかにされ、これらのクラスターのいずれも 2 Mb 以下の小型染色体に座乗していることも明らかになってきている。

そのため、*A. alternata* は本来自然界に広く分布する腐生的な糸状菌であったが、この腐生的 *A. alternata* がそれぞれ固有の宿主特異的毒素生合成遺伝子クラスターを獲得

することにより、宿主特異的毒素生産能を得て病原菌化し、また生産する宿主特異的毒素の種類により、異なる宿主植物にそれぞれ特異的に病原性を示す各病原型に分化したものと現在では考えられてきている。これらの *Alternaria* 病原型の中の 2 つがカンキツの病原菌であり、これら 2 菌の毒素生合成酵素遺伝子クラスターも dispensable な小型染色体に座乗し、腐生菌・毒素非生成菌はこの小型染色体自体を保持せず、このクラスター・小型染色体の配列構造・機能の解析は、菌の植物病原化への進化の過程を明らかにする格好のモデルとなると考え、他の *Alternaria* 属菌の病原機構との比較を試みた。

2. 研究の目的

本研究では、植物と病原菌の相互反応における宿主特異性の分子機構の一例を明らかにすることを目的としていた。これまでの研究で、特異性を決定する病原菌側の因子である宿主特異的毒素の生合成酵素遺伝子クラスターの部分領域と、宿主ミトコンドリアゲノムに座乗するその毒素のレセプター遺伝子の単離に成功した。これらの成果を基盤として、このレセプター遺伝子 mRNA の人為的な翻訳阻害により、宿主植物を毒素感受性 (=毒素生成菌に対する感受性) から抵抗性に変換できると確信し、レセプター遺伝子 mRNA の翻訳阻害機構 (プロセッシング機構) と毒素による防御機構の抑制機構の解明を目的とした。

また菌側の毒素生合成酵素遺伝子クラスターは dispensable な小型染色体に座乗し、腐生菌・毒素非生成菌はこの小型染色体を保持しないことから、糸状菌の植物病原化への進化の過程が明らかになると考え、ACR・ACT 毒素生産菌の毒素生合成クラスターの配列構造・機能の解析と、他の *Alternaria* 属菌の病原機構との比較を目的とした。

3. 研究の方法

(1) ACRSmRNA 結合蛋白遺伝子の感受性植物での発現に向けた ACRSmRNA 修飾機構の解明

本研究課題で用いるカンキツラフレモンと *Alternaria* leaf spot 病菌 (*A. alternata* rough lemon pathotype) のモデルでは宿主特異的 ACR 毒素が病原性の主因子であり、先にも述べたように ACR 毒素のレセプター遺伝子 ACRS をラフレモンミトコンドリアゲノムから既に単離している。これまでの研究で、本病への抵抗性はミトコンドリアでの ACRSmRNA のプロセッシングによるレセプター翻訳阻害に支配され、レセプターの不在が ACR 毒素耐性および本病原菌の感染に対する抵抗性につながっていることを明らかにしている。そこで、ACRSmRNA アフィニティーカ

ラムを用いて、毒素抵抗性カンキツ品種葉組織磨砕液の可溶性蛋白画分から分子量 30 kD の *ACRSmRNA* 結合蛋白の単離に成功し、N末と内部アミノ酸配列をもとにデザインしたプライマーによる RACE と RT-PCR で、この 30 kD 蛋白遺伝子の単離を試みた。

本研究では、アグロバクテリウム法を用いたラフレモンへの本 30kD 蛋白遺伝子の挿入も試みたが、研究の進展とともに *ACRSmRNA* プロセッシングは当初の予想以上に複雑な現象であることが明らかになり、この 30kD *ACRSmRNA* 結合蛋白の機能解析を詳細に進めた。さらに、これらの毒素作用とカンキツ防御機構抑制との関係を明らかにするための、各種防御関連遺伝子の単離と機能解析を進め、親和、不親和な関係にある品種・毒素によるこれらの防御関連遺伝子の発現挙動を明らかにした。

(2) ACR、ACT 毒素生合成遺伝子クラスターの座乗する 1.05Mb dispensable 染色体の配列構造・機能解析

ACR 毒素生合成遺伝子クラスターの座乗する 1.05Mb dispensable 染色体の異なる部分領域約 100 kb がそれぞれ挿入された 2 つの BAC クローン、ACT 毒素生合成遺伝子クラスターの座乗する 1.9Mb dispensable 染色体の部分配列の cosmid クローン等を保持し、平均冗長度を 5 としたショットガン法でそれぞれ 500-600 kb の配列決定を行った。

この配列結果は、アノテーション後平均冗長度が 5 のコンティグ領域をそれより低い領域で仮に結び、それぞれの継続配列をアイランドとして取得し、この解析情報をもとに、推定 ORF の検索をすべての領域で行い、800 bp 以上の推定 ORF 領域をリストアップした。同時に、相同解析により既存の遺伝子との配列類似性を検定し、両者のデータを合わせて、既存または未知の遺伝子をコードする推定 ORF 領域を導き出した。さらに、上記の推定 ORF 領域の内部領域でプライマーを設定し、RT-PCR により推定 ORF 領域の転写物が ACR 毒素生産状態で培養した菌体の mRNA 中に存在することを確認した。

上記の検定により ORF 領域を確認し、確認した ORF のゲノム内部領域でプローブを作製して、ゲノムサザンプロット解析によりこれらの遺伝子の分布を調査した。分布検定に用いる菌株は a) 米国カンキツ圃場で分離した *A. alternata* 菌株 40 菌株、b) 米国他世界 6 カ国のカンキツ圃場で分離した *A. alternata* 菌株 15 菌株、c) 宿主特異的毒素生産性の異なる病原型 *A. alternata* 菌株 15 菌株の合計 70 菌株を用いた。

これらの検定により、ORF の存在が毒素生産性と完全一致するかどうか、採取された地域によって遺伝子の保存性・コピー数に差があるかどうか、宿主特異的毒素の毒素化学構

造とその生合成遺伝子の分布に相関性はあるかどうかの 3 点を明らかにし、毒素生産性に関与しそうな ORF は、標的遺伝子破壊法、サイレンシング法で、毒素生産における役割と機能を検定し、さらに毒素生産欠損株の病原性、毒素非生産 *Alternaria* 属菌の病原性を検定することにより、病原性における宿主特異的毒素の役割を明らかにした。

4. 研究成果

カンキツにおける ACR 毒素感受性は *ACRS* 遺伝子の存在・不在では決定されていなかった。ミトコンドリアにおける本遺伝子の推定 ORF 領域の転写物への修飾を 3'RACE により解析した結果、推定する ORF のフルサイズの転写物は ACR 毒素感受性のラフレモンミトコンドリア RNA からのみ検出され、検定したすべての毒素抵抗性カンキツミトコンドリア RNA では、転写物が断片化し分解されていた。推定 ORF 中に含まれる植物ミトコンドリア遺伝子の processing モチーフと 3'RACE 産物から得た断片配列情報から、ACR 毒素抵抗性カンキツのミトコンドリアでは本遺伝子の転写物は processing モチーフの下流で切断されることが明らかとなった。一般に RNA 修飾・分解に関与する因子は、ターゲット RNA を認識するサブユニット、触媒サブユニット、基質結合サブユニット等からなる複合タンパクである例が多い。そこで *ACRSmRNA* 領域のアフィニティカラムを作製し、毒素耐性カンキツ品種の組織磨砕液から *ACRSmRNA* に結合する 30 kDa のタンパク質の単離に成功した。本タンパクの遺伝子 (*AmbP30*) を単離し、配列を決定したところ、RNA 結合ドメインを保有し、RPN 型の RNA 結合タンパクであることが明らかになった。しかしながら、研究の過程で本 30kDa タンパクは選択的に *ACRSmRNA* 領域に結合するが、RNA 切断・分解能は保有していないことが明らかになり、*ACRSmRNA* の認識サブユニットであると考え、酵母 2 ハイブリッド法を用いた相互反応する他のサブユニットの選抜等の複合体研究が全望の解明に不可欠であることが明らかになった。

植物病理学の分野では、古くから病原菌の感染認識により起動するプログラム細胞死 (過敏感反応死) が、強く抵抗性とリンクすることが示されてきた。それでは、ACR 毒素により誘導される細胞死も抵抗性誘導とリンクするかを検討した。ACR 毒素生産菌 *A. alternata* rough lemon pathotype を噴霧接種した後に各種遺伝子発現様式を検定した結果、本菌接種後 2 時間以内の極めて早い時点では各種抵抗性関連遺伝子の発現を非病原菌接種時と同様に誘起するが、これらの遺伝子発現はその後急激に抑制され、この防御機能のサプレッサー的抑制が感染の成立と宿主の罹病性の一端を担っていた。ここで

ACR 毒素のサプレッサー的機能の解析に用いたラフレモン抵抗性に役割をもつ遺伝子群は、ラフレモン葉に菌胞子を接種して、抵抗性を誘導させた葉から RNA を抽出し、無処理葉 RNA との subtractive PCR を行い、抵抗性誘導下で特異的に発現している遺伝子の探索により明らかにした。これらの遺伝子は先に単離した lipoxygenase 遺伝子 (*RlemLOX*)、hydroperoxide lyase 遺伝子 (*RlemHPL*)、epoxide hydrolase 遺伝子 (*RlemEH*)、allene oxide synthase 遺伝子、PGIP 遺伝子 (*RlemPGIP*)、キチナーゼ遺伝子 (*RlemAchi*) の他に、nonspecific lipid transfer protein 遺伝子 (*RlemLTP*)、14-3-3 遺伝子 (*Rlem14-3-3*)、UV resistant 遺伝子 (*RlemUVR*)、メタロチオネイン遺伝子 (*RlemMT*) 等を単離して研究を進めた。それらの結果、宿主特異的毒素はレセプターを持たない毒素非感受性植物を宿主として認識せず、サプレッサー的抵抗反応抑制や細胞死を誘起しないが、毒素非感受性植物にとっては分泌される毒素は異物であり、各種揮発性物質、細胞壁成分断片由来の一般的エリシター等による抵抗性誘導とともに、さらに付加的な誘導を促している可能性が示され、Pathogen-associated molecular patterns (PAMPs) としての機能を保持する物質であることが明らかになった。

宿主特異的毒素の生合成遺伝子解析と *Alternaria* 属菌の病原性を支配する遺伝子についても精力的に推進した。*Alternaria* brown spot 病菌の生産する ACT 毒素生合成遺伝子クラスターに関する研究については、部分的類似化学構造を持つ日本産のナシ黒斑病菌の AK 毒素生合成酵素遺伝子のホモログが、米国産の ACT 毒素生産菌ゲノムの 1.9Mb の染色体に座乗し、標的遺伝子破壊や RNA silencing 法でこれらの生合成遺伝子産物の機能が毒素生産に直結することを明らかにした。ACT 毒素生合成に関与する 10 遺伝子の全長配列とその機能を明らかにし、本毒素の生合成に関与する遺伝子のほぼ全容を明らかにした。また ACR 毒素の生合成に関与する遺伝子もいくつか機能解析を進め、ACR 毒素生合成遺伝子クラスターは 1.5Mb の染色体上に座乗することを明らかにした。さらに、ACR 毒素と ACT 毒素の 2 つの異なる宿主特異的毒素を生産し、ACR 毒素生合成遺伝子クラスターと ACT 毒素生合成酵素遺伝子クラスターの両方を保有する菌株を圃場から分離し、これらの毒素生合成酵素遺伝子クラスターは水平移行する可能性を示した。この 2 毒素を生産する dual 病原型菌株には、これら ACT 及び ACR 毒素クラスターの双方が座乗し、両クラスターの座乗する染色体の部分領域の双方が存在することを明らかにした。細胞壁分解酵素等が病原性の主因子である他の

Alternaria 属病原菌はこれらのクラスター (= 小型染色体) を持たない事から、宿主特異的毒素生産菌の病原性における毒素の役割が一層明らかになった。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 12 件)

1. Y. Miyamoto, Y. Ishii, A. Honda, A. Masunaka, T. Tsuge, M. Yamamoto, K. Ohtani, T. Fukumoto, K. Gomi, T. L. Peever, and K. Akimitsu, Function of Genes Encoding Acyl-CoA Synthetase and Enoyl-CoA Hydratase for Host-Selective ACT-Toxin Biosynthesis in the Tangerine Pathotype of *Alternaria alternata*, *Phytopathology*, 99, 369-377 (2009) 査読有
2. Y. Miyamoto, A. Masunaka, T. Tsuge, M. Yamamoto, K. Ohtani, T. Fukumoto, K. Gomi, T. L. Peever, and K. Akimitsu, Functional Analysis of a Multicopy Host-Selective ACT-Toxin Biosynthesis Gene in the Tangerine Pathotype of *Alternaria alternata* Using RNA Silencing, *Mol. Plant Microb Interac*, 21, 1591-1599, (2008) 査読有
3. S. Nishimura, S. Tatano, K. Gomi, K. Ohtani, T. Fukumoto, and K. Akimitsu, Chloroplast-localized nonspecific lipid transfer protein with anti-fungal activity from rough lemon, *Physiol. Mol. Plant Pathol.*, 72, 134-140 (2008) 査読有
4. Yamasaki, Y. and Akimitsu, K., *In situ* localization of gene transcriptions for monoterpene synthesis in irregular parenchymic cells surrounding the secretory cavities in rough lemon (*Citrus jambhiri*). *J. Plant Physiol.*, 164, 1436-1448 (2007) 査読有
5. Katoh, H., Nalumpang, S., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., Overexpression of citrus polygalacturonase-inhibiting protein in citrus black rot pathogen *Alternaria citri*. *J. Plant Physiol.*, 164, 527-535 (2007) 査読有
6. Katoh, H., Ohtani, K., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., Overexpression of a gene encoding a catabolite repression element in *Alternaria citri* causes severe symptoms of black rot in citrus fruit. *Phytopathology*, 97, 557-563 (2007) 査読有
7. Yamasaki, Y., Kunoh, H., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., Biological roles of monoterpene volatiles derived from rough lemon (*Citrus jambhiri* Lush) in citrus defense. *J. Gen. Plant Pathol.*, 73, 168-179 (2007) 査読有
8. Katoh, H., Isshiki, A., Masunaka, A., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., A virulence-reducing mutation in the postharvest citrus pathogen *Alternaria citri*. *Phytopathology*, 96, 934-940 (2006) 査読有

9. Tsukuda, S., Gomi, K., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., Characterization of cDNAs encoding two distinct miraculin-like proteins and stress-related modulation of the corresponding mRNAs in *Citrus jambhiri* Lush. *Plant Mol. Biol.*, 60, 125-136 (2006) 査読有
 10. Hatta, R., Shinjo, A., Ruswandi, S., Yamamoto, M., Akimitsu, K. and Tsuge, T., DNA transposon fossils unique to the conditionally dispensable chromosome controlling AF-toxin biosynthesis and pathogenicity of *Alternaria alternata*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 72, 210-219 (2006) 査読有
 11. Masunaka, A., Ohtani, K., Peever, T.L., Timmer, L.W., Tsuge, T., Yamamoto, M., Yamamoto, H. and Akimitsu, K., An isolate of *Alternaria alternata* that is pathogenic to both tangerines and rough lemon and produces two host-selective toxins, ACT- and ACR-toxins. *Phytopathology*, 95, 241-247 (2005) 査読有
 12. Ruswandi, S., Kitani, K., Akimitsu, K., Tsuge, T., Shiraiishi, T. and Yamamoto, M., Structural analysis of cosmid clone pcAFT-2 carrying *AFT10-1* encoding an acyl-CoA dehydrogenase involved in AF-toxin production in the strawberry pathotype of *Alternaria alternata*. *J. Gen. Plant Pathol.*, 71, 107-116 (2005) 査読有
- [学会発表] (計20件)
1. 安田晋輔・西村聡・三宅ちか子・多々納智・小野由希子・大谷耕平・五味劍二・秋光和也、*ACRS* mRNA結合タンパク(AmBP30)の機能解析、日本植物病理学会、2009.3.25-27、山形大学
 2. 神崎啓亮・國土-山崎祐末子・秋光和也・五味劍二、ラフレモンサビネン合成酵素の同定とサビネンの抗菌活性、日本植物病理学会、2009.3.25-27、山形大学
 3. 網代直哉・宮本蓉子・増中章・柘植尚志・山本幹博・五味劍二・秋光和也、標的遺伝子破壊及びRNAサイレンシングを用いた宿主特異的ACT毒素生合成遺伝子*ACTTS2*の機能解析、日本植物病理学会、2009.3.25-27、山形大学
 4. 柘植尚志・張 祐介・間瀬千晶・新城明久・八田理恵子・伊藤 芳・田中孝欣・播本佳明・赤木靖典・小松龍太・佐藤昭之・児玉基一朗・山本幹博・秋光和也・尾谷 浩、*Alternaria alternata*病原菌の病原性を決定するCD染色体の構造と機能、日本植物病理学会、2009.3.25-27、山形大学
 5. 宮本 蓉子、増中 章、柘植 尚志、山本 幹博、秋光 和也、ACT毒素生産菌が特異的に保持するpolyketide synthase遺伝子*ACTTS3*について、日本植物病理学会、2008.10.6-7、岐阜大学
 6. 竹橋 明香・福元 健志・多々納 智・秋光和也、カンキツラフレモンから単離した*RlemUVR*遺伝子の機能解析、日本植物病理学会、2008.10.6-7、岐阜大学
 7. Miyamoto, Y., Masunaka, A., Tsuge, T., Yamamoto, M., and Akimitsu, K., Gene Silencing of Host-selective ACT-toxin Biosynthesis in *Alternaria alternata* Tangerine Pathotype, XIII IC-MPMI, 2007.July21-27, Sorrento, Italy
 8. 宮本蓉子、増中 章、柘植尚志、山本幹博、秋光和也、RNAサイレンシングを用いた宿主特異的ACT毒素生合成遺伝子*ACTT2*の機能解析、日本植物病理学会、2007.3-28-30、宇都宮大学。
 9. 網代直哉、宮本蓉子、小川将興、増中 章、柘植尚志、山本幹博、秋光和也、宿主特異的ACT毒素のデカトリエン酸以外の構造の生合成を担う遺伝子群、日本植物病理学会、2007.3-28-30、宇都宮大学。
 10. 金奉圭、福元健志、多々納智、秋光和也、ラフレモンThaumatococcus-like protein遺伝子(*RlemTLP*)の単離とその機能解析、日本植物病理学会、2007.3-28-30、宇都宮大学
 11. 古閑篤史、秋光和也、ラフレモン ascorbate peroxidase遺伝子(*RlemAPX1*)の単離とその機能解析、日本植物病理学会、2007.3-28-30、宇都宮大学。
 12. 秋光和也、多々納 智、小野由希子、西村 聡、三宅ちか子、山本弘幸、宿主特異的毒素耐性化に向けたACR毒素感受性遺伝子*ACRS* mRNA binding proteinの単離、日本植物病理学会報、2006.6.3.-5、札幌コンベンションセンター
 13. 亀井絵里、宮本蓉子、増中 章、山本弘幸、秋光和也、*Alternaria* leaf spot病菌における宿主特異的ACR毒素生合成に関する遺伝子の解析、日本植物病理学会報、2006.6.3.-5、札幌コンベンションセンター
 14. 西村 聡、宮本蓉子、山本弘幸、秋光和也、*RlemMTI* 遺伝子を過剰発現させた *Alternaria* leaf spot病菌における宿主特異的ACR毒素の生産に関する研究、日本植物病理学会報、2006.6.3.-5、札幌コンベンションセンター
 15. 加藤 寛、山本弘幸、秋光和也、カンキツ黒腐病菌*Alternaria citri*におけるラフレモンPGIP過剰発現株の諸性質、日本植物病理学会報、2006.6.3.-5、札幌コンベンションセンター
 16. 加藤 寛、山本弘幸、秋光和也、カンキツ黒腐病菌*Alternaria citri*のPGIP過剰発現株について、日本植物病理学会、2005.9.17-18、名城大学
 17. 神吉厚志・大谷耕平・加藤 寛・山本弘幸・秋光和也、カンキツ黒腐病菌における

- pH制御因子PacCを介した endoPG遺伝子発現の制御機構について、日本植物病理学会、2005. 9. 17-18、名城大学
18. 宮本蓉子、亀井絵里、増中 章、山本弘幸、秋光和也、*Alternaria leaf spot*病菌HC1株の1.5 Mb染色体の部分領域を含むゲノムBACクローン3M8 各種ORFの解析、日本植物病理学会、2005. 9. 17-18、名城大学
 19. 西村 聡、塩谷 浩、山本弘幸、秋光和也、ラフレモン形質転換系の構築に向けた組織培養条件に関する研究、日本植物病理学会、2005. 9. 17-18、名城大学
 20. 新城明久、八田理恵子、播本佳明、山本幹博、秋光和也、柘植尚志、イチゴ黒斑病菌のAF毒素生成遺伝子クラスターの構造、日本植物病理学会、2005. 9. 17-18、名城大学
8. 秋光和也ら、日本植物病理学会、病原体の寄生戦略と植物の応答/糸状菌病の特異性決定における宿主特異的毒素の機能、(2006),1-10
 9. Akimitsu, K., Ohtani, K., Masunaka, A., Yamasaki, Y., Katoh, H. and Yamamoto, H., APS Press, A role of mitochondrial gene controlling specificity in plant disease • Genomic and Genetic Analysis of Plant Parasitism and Defense (Leach, J. et al. Eds), (2005), 258-269
 10. Yamamoto, H and Akimitsu, K.、日本植物病理学会、植物・病原体相互反応における特異性決定機構、(2005), pp. 151.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

秋光 和也 (AKIMITSU KAZUYA)
香川大学・農学部・教授
研究者番号：80263888

[図書] (計10件)

1. Ohtani, K., Fukumoto, T., Nishimura, S., Miyamoto, Y., Gomi, K. and Akimitsu, K., Global Science Book, Tree and Forestry Science and Biotechnology/*Alternaria* Pathosystems for Study of Citrus Diseases, 2009
2. Fukumoto, T., Ohtani, K., Nishimura, S., Miyamoto, Y., Gomi, K. and Akimitsu, K., Research Trends, Current Topics in Plant Biology/Molecular Approaches for Elucidation of Role of Host-selective Toxin in the Pathogenicity of Citrus *Alternaria* Diseases, (2009)
3. 秋光和也、文永堂出版、植物病理学/第6章 病原体の病原性発現機構、(2009)
4. 秋光和也、西村 聡、宮本 蓉子、大谷 耕平、福元 健志、五味 剣二、植物化学調節学会、植物の生長調節/ラフレモンにおける宿主特異的毒素の作用機構、(2008), 106~114
5. 秋光和也ら、日本植物病理学会、ゲノム情報を活用した植物感染生理学の展望/分子植物-病原体相互反応研究の動向、(2008), 1-10
6. 秋光和也、共立出版、蛋白質 核酸 酵素 増刊号 環境と生物ストレス応答/宿主特異的毒素とそのレセプター、(2007), 542-547
7. 秋光和也、日本植物病理学会、微生物の病原性と植物の防御応答/第3章毒素と病原性、(2007), 59-65