科学研究費助成事業 研究成果報告書



平成 26 年 6月18日現在

機関番号: 10101 研究種目: 挑戦的萌芽研究 研究期間: 2011~2013

課題番号: 23658038

研究課題名(和文)突然変異抑制型イネいもち病防除技術の開発~組換え修復をターゲットとして~

研究課題名(英文) Development of novel rice blast control system, which suppresses mutations in the pa

研究代表者

曾根 輝雄 (Sone, Teruo)

北海道大学・(連合)農学研究科(研究院)・准教授

研究者番号:00333633

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 2,900,000円、(間接経費) 870,000円

研究成果の概要(和文):いもち病はイネの最重要病害である.いもち病防除の重要な問題はイネ品種の抵抗性を打破するいもち病菌の突然変異である.いもち病の突然変異は主にDNAの組換えを介する.本研究の目的はいもち病菌のDNA組換えを担う遺伝子の働きを解明し,突然変異を抑えながら防除する方法を開発することである.本研究の結果,イネいもち病菌が病原性を発揮するためにはDNA修復タンパク複合体が重要な役割を果たしていることが明らかとなった.その複合体形成を阻害する薬剤をスクリーニングする系を構築することが出来た.本研究は突然変異も抑えられるいもち病の新たな防除法につながるものとなるだろう.

研究成果の概要(英文): Rice blast is the most important disease of rice. One of the big problem in rice b last control is the mutation of pathogen that enables pathogens to overcome rice blast resistance. Mutatio ns in rice blast fungus is mostly occur through DNA recombinations. This study aimed to develop a novel rice blast control strategy, which suppresses mutations in the pathogens, by studying the DNA recombination proteins in the pathogen. Results of this study indicated that DNA recombination is very important for the pathogen to cause the disease. DNA recombination proteins works as a complex will be a target for control ling the disease and suppressing the mutations. In this study, we also developed a screening system for in hibitors for protein-protein interaction.

研究分野: 農学

科研費の分科・細目: 農学・植物病理学

キーワード: イネ いもち病 DNA修復 複合体 突然変異 スクリーニング

1.研究開始当初の背景

いもち病は稲作の全被害の13%,病害の半分を占めるイネの最重要病害である.いもち病の防除には,抵抗性品種の有効活用と適切な薬剤による管理が有効とされ,現在の防除体系の根幹を成している.しかし,これらの利用には抵抗性イネ品種に感染可能な菌や,薬剤耐性菌などの突然変異菌発生のリスクを常に抱えている.突然変異菌の発生を抑制しつつ病害を防除する薬剤があれば,有効ないもち病対策となる.

イネいもち病菌の宿主特異性を決定する遺伝子である AVR 遺伝子の研究は,申請者や米の研究者らによって進められてきており,AVR遺伝子の変異,即ち病原性の変異には,DNA 組換えが関与する場合が多いことがわかってきた.特に申請者は,AVR-Pia遺伝子の自然突然変異は,同一染色体上に座乗する2コピーの反復配列間の相同組換えによる欠失であることを明らかにした.

細胞内の DNA 組換えは、DNA の 2 重鎖切断を修復する過程で行われる.その修復過程は,DNA の相同性に基づき行う相同組換え(HR)と,DNA の相同性を必要としない非相同末端結合(NHEJ)の 2 つがある.これらに関与するタンパク質遺伝子をいもち病菌からクローニングし,遺伝子破壊株を作成したところ,NHEJ の変異株は目立ったありたところ,NHEJ の変異株は目立った表別で変異株は,病斑数,病斑のサイズとも両方の経路に関わるタンパク質の遺伝子の変異株は,病斑数,病斑のサイズとも両方の経路に関与する因子である Rhm50 (酵母RAD50 のホモログ)の変異株は,全くの無病斑であった.

2.研究の目的

本研究では,このイネいもち病菌の Rhm50 遺伝子を題材として,DNA 組換え修復を阻害することにより,組換えによる突然変異の抑制といもち病の防除の両方を達成できる薬剤の探索を目的とする.

3.研究の方法

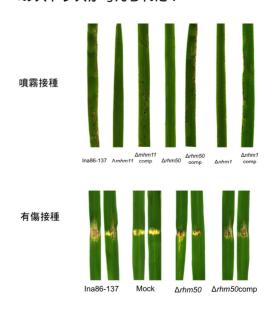
遺伝子の破壊は、DESTR (Abe et al., Curr. Microbiol., 52, 210-215 (2006))の系を用いて行った.生育の測定にはプルーンアガー培地を用い、適宜薬剤を添加して使用した.胞子形成はオートミールアガー培地を用いた.病原性は噴霧接種および葉鞘裏面接種法により調べた.タマネギ表皮細胞は電子レンジで加熱し、その後胞子懸濁液を滴下し侵入させた.

Yeast two hybrid 法は Matchmaker キットを 用いて行った .

4. 研究成果

いもち病菌 Magnaporthe oryzae のゲノム情 報から MRE11 及び XRS2 に相同性のある遺伝

子を検索した.その結果、MRE11 と相同性の ある Mhm11(MGG 09555)の存在を確かめた. XRS2 に相同性のある遺伝子は見つからなか ったため,分裂酵母の NBS1 と相同性のある 遺伝子を検索したところ , Nhm1(MGG 11757) が見つかった.これらの遺伝子の欠損株を得 るために遺伝子破壊用コンストラクト pBLASTR/Mhm11inv(ブラストサイジン耐性), pDESTR/Nhm1inv (ハイグロマイシン耐性)を 構築した.プロトプラスト-PEG法により形質 転換し,欠損株を得た.それぞれの欠損株の 諸性質を既に取得した rhm50 欠損株と比較し た.その結果,胞子形成数の低下,付着器形 成率の低下,生育の遅延,MMS への感受性の 増加が見られ,その程度も rhm50 欠損株と同 程度であった.また,それぞれの相補株も作 成し,得られた性質が遺伝子欠損によって引 き起こされている事を確かめた.さらに,噴 霧接種により病原性を調べたところ,両遺伝 子の欠損株はイネへの病原性を失っており、 rhm50 欠損株と同様であった以上のことから Mhm11, Nhm1 は Rhm50 と同じ DNA 修復経路で 機能していると考えられた(図).



それぞれのタンパク質の直接的な相互作用を確かめるために、Yeast two hybrid 法を

用いて Mhm11, Nhm1, Rhm50 の解析を行った. それぞれの全長を AD 及び BK ベクターにクローニングして接合を行い,相互作用を確認したところ, Mhm11 を BK にすると Mhm11AD, Nhm1AD, Rhm50AD と相互作用を確認することが出来た.

また,特異抗体作成,構造解析を目的として上記3種の組換えタンパク質の大腸菌を用いた発現を行った.それぞれの cDNA をクローニングし,発現用ベクターpET28 に挿入した.いずれのタンパクも発現が確認できたが,中でも Mhm11 は可溶性タンパクとして発現出来たので,精製を開始した.現在,His-tagによるアフィニティ精製を終了した.

また,新たないもち病防除法の開発に向け て、MRN complex のタンパク質間相互作用を 阻害する物質をスクリーニングする系の開 発を行った.レポーター遺伝子として CAN1 (Arginine permease)遺伝子を使用した Yeast two hybrid 法を用いることにより,相 互作用を阻害した場合に酵母が生育するタ ンパク質間相互作用阻害物質のポジティブ スクリーニング系として機能すると考えた. イネいもち病菌の MRN complex のうち,強固 な相互作用が確認された Mhm11 と Rhm50 を発 現する CAN1 レポーターを有する酵母はカナ バニン含有培地上では生育しなかった.現在, この酵母をカナバニン含有の培地に混釈し たプレート上に放線菌培養液を含むペーパ ーディスクを置き,酵母の生育ゾーンが確認 される物質を探索している.これまでに1000 種の放線菌代謝産物をスクリーニングした が,目的の活性を示す物質は見つかっていな L1.

以上,イネいもち病菌が病原性を発揮するためには MRN 複合体が重要な役割を果たしていることが明らかとなった. MRN 複合体からの組換え修復を行う分子であることからの組換を病菌において DNA の組換え修復を行う分子である。と修えを必ずである。分生であるとがである。分生では、おでの生りでである。 これは、おでのなりにはないにある。 知胞周期が正しく進まないたの要により細胞周期は付着器形成に非常に重っている。 ととなった.

また、MRN はいもち病菌においてもおそらく複合体を形成する.その複合体形成を阻害する薬剤をスクリーニングする系を構築することが出来た.本スクリーニング系は Yeast two hybrid 法を応用したものであり、どんなタンパク質複合体にも応用可能であり、今後の発展が見込まれる.

いもち病菌の突然変異で重要なのは DNA の 組換えによる非病原性遺伝子の欠失であり, これにより抵抗性の崩壊が引き起こされる. DNA の組換えを担っているタンパク質の代表 が MRN 複合体で有り,この複合体形成を阻害することで上記の様に病原性を抑えるだけでなく,遺伝子の突然変異も抑えられる可能性がある.本スクリーニング系により活性物質が発見できれば,いもち病の新たな防除法につながるものとなるだろう.

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1件)

Teruo Sone, Saori Takeuchi, Shinsuke Miki, Yuki Satoh, Keisuke Ohtsuka, Ayumi Abe, and Kozo Asano, Homologous recombination causes the spontaneous deletion of *AVR-Pia* in *Magnaporthe oryzae*, FEMS Microbiology Letters, 339, 102-109 (2013).

[学会発表](計7件)

船引麻衣,竹内紗央里,中馬いづみ,浅野行蔵,<u>曾根輝雄</u>,イネいもち病菌のAVR-Pik の変異機構の解析,日本植物病理学会平成 26 年度大会,2014 年 6月3日,札幌コンベンションセンター(札幌市)

中山 航,阿部 歩,浅野行蔵,曾根輝 雄、イネいもち病防除法の開発に向けた タンパク質間相互作用阻害物質のスク リーニング系の構築,日本植物病理学会 平成 26 年度大会, 2014 年 6 月 3 日, 札幌コンベンションセンター(札幌市) 阿部 歩,浅野行蔵,曾根輝雄,イネい もち病菌の DNA 修復遺伝子 Mhm11, Rhm50, Nhm1 の解析 ,日本植物病理学 会平成26年度大会2014年6月3日, 札幌コンベンションセンター(札幌市) 曾根輝雄 イネいもち病菌の病原性変異 に関する分子遺伝学的研究 ,日本農芸化 学会北海道支部講演会(招待講演)2013 年11月30日,北海道大学(札幌市) Funabiki M., Takeuchi S., Satoh Y., and Sone, T., Study on mutation mechanism of AVR-Pia and AVR-Pik in Magnaporthe oryzae, International Rice Blast Conference, 2013年8月 20 日, Ramada Plaza Jeju Hotel, Jejudo, South Korea

Teruo Sone, Strategy of the rice blast fungus to deal with blast resistant cultivars of rice, International Conference on Biosciences and Biotechnology, 2012年09月20日Udayana University, Bali (Indonesia)

田鹿 結、阿部 歩、<u>曾根輝雄</u>,イネいもち病菌の DNA 損傷シグナルトランスデューサーp53BP1 の解析,日本農芸化学会北海道支部夏期シンポジウム,2012

年 07 月 27 日 ,北海道大学水産学部講堂 (函館市)

[図書](計 0件)

〔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

6 . 研究組織

(1)研究代表者

曾根 輝雄(SONE, Teruo)

北海道大学・大学院農学研究院・准教授

研究者番号: 00333633

(2)研究分担者

なし

(3)連携研究者

なし