

科学研究費助成事業（基盤研究（S））研究進捗評価

課題番号	15H05779	研究期間	平成27(2015)年度 ～令和元(2019)年度
研究課題名	イネーいもち病相互作用の分子機構の解明	研究代表者 (所属・職) (令和2年3月現在)	寺内 良平 (京都大学・大学院農学研究科・教授)

【平成30(2018)年度 研究進捗評価結果】

評価	評価基準
A+	当初目標を超える研究の進展があり、期待以上の成果が見込まれる
○	A
A-	当初目標に向けて概ね順調に研究が進展しており、一定の成果が見込まれるが、一部に遅れ等が認められるため、今後努力が必要である
B	当初目標に対して研究が遅れており、今後一層の努力が必要である
C	当初目標より研究が遅れ、研究成果が見込まれないため、研究経費の減額又は研究の中止が適当である

(意見等)

本研究は、イネーいもち病菌相互作用の分子機構の解明を目的として、いもち病菌の非病原力エフェクター (AVR) とイネの抵抗性タンパク質の分子間相互作用解析、エフェクターと結合するイネ因子、対として機能する抵抗性遺伝子及びイネ罹病性遺伝子の同定とそれらの機能解析を実施している。

これまでに、エフェクターAVR-Pik の標的因子 sHMA (small Heavy Metal binding Associated domain-containing proteins) と抵抗性タンパク質 Pik における共通な結合ドメインの発見、エフェクターAVR-Pii と抵抗性タンパク質 Pii との分子間相互作用を介在するガードタンパク質の同定、2個の遺伝子が対として機能する抵抗性遺伝子の同定と機能解析など幾つかの重要な進展があった。

【令和2(2020)年度 検証結果】

検証結果	当初目標に対し、期待どおりの成果があった。
A	本研究では、イネの最重要病害であるイネいもち病を研究対象として、イネーいもち病菌相互作用の分子機構の解明を目的としている。3組のイネ抵抗性タンパク質といもち病菌非病原力因子の複合体結晶構造の解析による物理的結合様式の解明、2個の遺伝子が対として機能する抵抗性遺伝子の同定とそれらの機能解明、いもち病菌が分泌する病原力因子の機能解明など重要な研究成果が得られている。これらの研究成果は、イネいもち病抵抗性育種の新たな方法論に関する基盤情報を提供するとともに、植物-病原菌の共進化に関する研究モデルとなることが期待できる。