

平成27年度(基盤研究(S)) 研究概要(採択時)

【基盤研究(S)】

生物系(農学)



研究課題名 イネ-いもち病相互作用の分子機構の解明

(公財)岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部・部長 寺内 良平

研究課題番号: 15H05779 研究者番号: 50236981

研究分野: 遺伝育種

キーワード: 育種学、植物病理学、宿主、病原菌、共進化

【研究の背景・目的】

イネいもち病は、子囊菌イネいもち病菌 (*Magnaporthe oryzae*)によるイネの最重要病害であり、世界作物の7最重要病害の一つである(Pennisi, E. 2010, Science)。いもち病防除は、環境負荷およびコストを最小にする上で、抵抗性品種の育種と利用が最も効果的である。

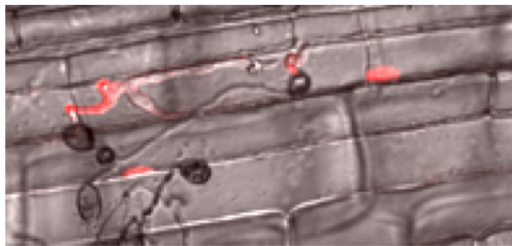


図1 イネに侵入しているいもち病菌

いもち病菌は、イネに侵入する際に、エフェクターと呼ばれる多種類のタンパク質を分泌して、イネの抵抗性反応や代謝をかく乱することにより、感染効率を上げると考えられている。しかし、いもち病菌エフェクターの種類や機能についてはよく分かっていない。いもち病菌エフェクターの一部は、イネの真性抵抗性タンパク質(R-protein)に認識されて、強い抵抗性を導く。R-proteinによって認識されるような病原菌エフェクターを、非病原力(avirulence)エフェクター(AVR)と呼ぶ。課題担当者らは、いもち病菌全ゲノムの関連解析により、3種類のAVR遺伝子、*AVR-Pia*、*AVR-Pii*、*AVR-Pik*の単離同定に成功した。さらにこれらのAVRを認識するイネ抵抗性タンパク質遺伝子(*R-gene*)、*Pia*、*Pii*の単離同定にも成功した。*Pik*は、Ashikawaらによって単離同定された(Ashikawa *et al.* 2008, Genetics)。3種類の*R-gene*は、各々強く連鎖した一対のNucleotide Binding Site-Leucine Rich Repeat 受容体タンパク質(NLR)の遺伝子(Paired *R-gene*)から構成されることも判明している。

本課題では、同定された3種類のいもち病菌エフェクターの構造と機能、エフェクターとイネ抵抗性タンパク質の相互作用、Paired *R-gene*の機能を分子レベルで解明し、イネのいもち病菌抵抗性育種に寄与することを目指す。

【研究の方法】

現在までに単離同定した3種類のいもち病菌エフェクターAVR-*Pia*、AVR-*Pii*、AVR-*Pik*の分子構造を明らかにする。さらにこれらのAVRが作用するイネの標的因子を同定して、エフェクター機能を明らかにする。イネの抵抗性タンパク質*Pik*によるAVR-*Pik*の認識機構、*Pia*によるAVR-*Pia*の認識機構、*Pii*によるAVR-*Pii*の認識機構を明らかにする。対になって働く抵抗性遺伝子(Paired *R-gene*)の機能を解明する。さらにいもち病菌およびイネのゲノム解析から、未同定のいもち病菌エフェクターの単離同定、エフェクターの作用するイネ標的因子の同定と機能解明を実施する。

【期待される成果と意義】

本研究により、いもち病菌の3種類のエフェクターとイネの3種類の真性抵抗性タンパク質の分子間相互作用が明らかとなり、その共通性が明らかとなる。いもち病菌エフェクターが作用するイネ標的因子が同定され、それらの分子間相互作用が明らかになることにより、エフェクターが効かないような因子を保有するイネを選抜し、抵抗性品種を育成する事が可能となる。病原菌エフェクター、宿主のエフェクター標的因子、R-protein 3者の分子間相互作用による病原菌-宿主共進化過程が明らかになる。

【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- Yoshida, K., Saitoh, H. *et al.* (2009) Association genetics reveals three novel avirulence genes from the rice blast fungal pathogen *Magnaporthe oryzae*. *Plant Cell* 21:1573-1591.
- Okuyama, Y., Kanzaki, H. *et al.* (2010) A multifaceted genomics approach allows the isolation of the rice *Pia*-blast resistance gene consisting of two adjacent NBS-LRR protein genes. *Plant J.* 66:467-479.

【研究期間と研究経費】

平成27年度-31年度 151,500千円

【ホームページ等】

<http://genome.ibrc.or.jp/home>