

令和 3 年 6 月 16 日現在

機関番号：15101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17K07666

研究課題名(和文) ネクロトロフ病原菌の二次代謝産物生産に依存した腐生・寄生・共生戦略の解明

研究課題名(英文) Studies on saprophytic, parasitic and symbiotic strategies depending on secondary metabolite production in necrotrophic plant pathogens

研究代表者

児玉 基一郎 (Kodama, Motoichiro)

鳥取大学・(連合)農学研究科(研究院)・教授

研究者番号：00183343

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：植物病原糸状菌は植物との共進化の結果として、多種多様な二次代謝産物生産能を発達させてきた。それら化合物は、菌における生存・発病ストラテジーのひとつとして、腐生菌(非病原菌)、共生菌および病原菌を分かつ要因となり、さらに病原菌においてはエフェクター分子として、病原性の分化に大きく寄与している。

これらライフスタイルの異なる各種糸状菌を用いた比較・系統ゲノミクス等の解析手法により、これら菌類の生存・発病戦略および多様性形成と進化の過程に、SM合成遺伝子クラスターが重要な役割を果たし、さらに、遺伝子クラスター・病原性染色体の水平移動が介在する可能性を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

*A. alternata*菌群は、腐生菌から共生菌、さらに高度に分化した寄生菌まで幅広く包含するユニークなグループであり、菌の腐生性および寄生性の全体像を理解するための特色ある対象生物である。この特性を最大限に活用し、糸状菌の特質でもある多彩なSM合成系をターゲットにして、菌の生存・発病戦略の分子機構、多様性および進化を包括的に解析することが可能となった。腐生生活においても重要である二次代謝系の分子機構が解明されれば、寄生菌コントロールの一環として、腐生生活環をターゲットにするという全く新規な応用研究分野が創出され、そのインパクトは大である。

研究成果の概要(英文)：As a result of coevolution with plants, phytopathogenic fungi have developed the ability to produce a wide variety of secondary metabolites (SM). These compounds contribute to the differentiation of pathogenicity as effector molecules in pathogenic fungi, and as survival and pathogenicity strategies in fungi, as well as in saprophytic (non-pathogenic), symbiotic and pathogenic fungi.

Through comparative and phylogenomic analyses using various filamentous fungi with different lifestyles, it has been shown that clusters of SM biosynthetic genes play an important role in the survival and pathogenicity strategies of necrotrophic pathogens, saprophytic fungi, and symbiotic fungi, as well as in the process of diversity formation and evolution. In addition, we revealed the possibility that horizontal transfer of gene clusters and pathogenic chromosomes may be involved.

研究分野：植物病理学

キーワード：植物病原菌 腐生菌 共生菌 二次代謝産物 ゲノミクス 遺伝子クラスター

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

植物毒素など多様な生理活性物質生産は、植物病原糸状菌の発病ストラテジーにおいて、極めて重要な位置を占める。そのため、一般的に病原菌は、腐生菌(非病原菌)と比較して多種多様な生理活性・化学構造を有する二次代謝産物(Secondary metabolite, SM)を生合成する。さらに SM は、宿主植物を加害するためだけでなく、宿主不在期間は、土壌中などにおける他者との競合と生存のため活用されている。また、エンドファイトでは、宿主との共生関係確立に SM が重要な役割を果たす。すなわち、SM は、腐生菌(非病原菌)、共生菌および病原菌を分かちつ要因のひとつとなり、さらに病原菌においてはエフェクター分子として病原性の分化に大きく寄与してきたと考えられる。

本計画では、糸状菌が生産する多様な SM に焦点を当てるが、特に毒素などの SM 生合成を菌の生存・発病ストラテジーの一つとしてとらえ、生合成の分子機構と多様性、また生合成系の進化について検討する。申請者らは、これまで、世界的にもメジャーなネクロトロフ(necrotroph)植物病原菌である *Alternaria alternata* を対象として、特に、*A. alternata* tomato pathotype(トマトアルターナリア茎枯病菌)が生産するポリケチド毒素である AAL 毒素生合成遺伝子クラスターを同定した。また、本菌を含む *A. alternata* 菌群におけるゲノミクス研究を通して、ポリケチド合成酵素(PKS)遺伝子、非リボソーム型ペプチド合成酵素(NRPS)遺伝子を含む SM 生合成遺伝子クラスターの網羅的解析を進めている。*Alternaria* 属菌は、病原菌のみならず、腐生菌およびエンドファイト(共生菌)も含んでおり、菌の多様なライフスタイルを決定する分子機構解明の優れたモデル糸状菌である。さらに、本菌における遺伝子機能解析手法のブラッシュアップに務め、複数コピー遺伝子の場合でも、ほぼ 100% の確立で遺伝子ノックアウトを可能にした。また、遺伝子導入に関しても、最近、毒素生合成遺伝子クラスターを構成する 10 以上の遺伝子の同時導入・発現系を確立した。

以上の学術的背景から、「ゲノム情報」+「遺伝子機能解析法」という強力な研究手法を組み合わせることにより、ネクロトロフ菌類における生存・発病ストラテジーの分子機構と進化を、多彩な SM (エフェクター) 生産をキーワードにして解明できる段階に到達している。

2. 研究の目的

本計画では、以下の 3 点を通して、SM 生合成が介在するネクロトロフ菌の生存・発病戦略、多様性形成および進化の分子機構を明らかにすることを目的とする。

(1) *Alternaria* 属の病原菌・腐生菌および共生菌間における比較・系統ゲノミクス

申請者らは、すでに数種の *A. alternata* 菌において、Illumina HiSeq、PacBio RS II 等 NGS によるドラフトゲノム解析データを取得している。計画では、さらにシーケンスデータの精度を向上させるとともに、*A. brassicae* など宿主を異にする他種病原菌、腐生・共生 *A. alternata* 系統のゲノムシーケンスを進め、比較ゲノミクスにより腐生菌、共生菌、寄生菌、また異なる寄生性の分化を示す菌系間における類似点、または相違点をゲノムレベルで明確にする。

(2) SM 生合成遺伝子クラスターの同定とカタログ化

ゲノムドラフトデータより、糸状菌 SM の主要化合物であるポリケチドおよび非リボソーム型ペプチド生合成に関わる遺伝子クラスター(中心は、PKS および NRPS 遺伝子)をカタログ化する。最終産物未同定のオーファンクラスターも含める。クラスターの数、種類、構成および構造を腐生菌-病原菌-共生菌間、また、病原性系統および種間で比較解析し、類似点と相違点を明確にする。対象には、グローバルレギュレーター *LaeA* など、SM 生合成制御遺伝子も含める。

(3) SM 生合成遺伝子群の網羅的機能解析、代謝産物の同定および進化・多様性形成過程の推定

異なるライフスタイルの菌株間(寄生 vs. 腐生、寄生 A vs. 寄生 B など)の比較により、候補遺伝子をピックアップし、順次、遺伝子 KO、異種内再構成(クラスターセットの異種菌内への導入・発現)、制御遺伝子改変によるクラスターのトータル発現制御などを組み合わせて、網羅的機能解析を達成する。さらに、エフェクター分子など実際のエンドプロダクトの同定を目指す。

以上の研究結果により、菌の SM 多様性創出システムの進化を基盤とした、腐生・寄生・共生生活を決定づける生存・感染戦略、また、腐生菌から寄生菌(あるいは逆)への進化過程、さらに寄生性の分化・多様性形成メカニズムの一端が明らかになる。

3. 研究の方法

(1) *Alternaria* 属病原菌・腐生菌・共生菌間における比較・系統ゲノミクス

ネクロトロフ菌 *Alternaria* の比較・系統ゲノミクス解析が本計画の基盤をなすが、予定通り進行しない場合、計画全体に大きくブレーキをかける可能性が予期される。そこで対応策として、菌類ゲノミクスおよび SM 生合成研究のパイオニアであり世界的リーダー研究者である米国コーネル大学 B. G. Turgeon 教授を研究協力者(外部アドバイザー)として、国際共同研究を行う。バイオインフォマティクス解析は、Turgeon 教授および共同研究グループである米国 Joint

Genome Institute (JGI) スタッフにより、菌類ゲノム DB リソースも活用して効率的に遂行予定であり、迅速に目的に到達する研究体制を本計画のために構築・準備した。

申請者らは、すでに、数種の *Alternaria* 菌においてドラフトゲノム解析データを取得している。このうち、トマト茎枯病菌 (*A. alternata* tomato pathotype) 1 菌株においては、454、HiSeq メイトペア法および PacBio データのハイブリッドアセンブルにより、scaffold 数 27 のほぼ完全なゲノムデータを得ることに成功し、本計画における基準 (リファレンス) データとして活用予定である。従来、解析対象となる機会の少ない腐生性 (非病原性) 系統についても十分な解析を行う点だが、本計画の強調すべきポイントのひとつである。腐生性 *A. alternata* ターゲット株の一つは、申請者らがペルー共和国のトマト野生種より分離した系統である。比較病原菌であるトマト茎枯病菌は宿主特異的 AAL 毒素生産菌であり、毒素生合成遺伝子 (*ALT*) クラスタは本菌が保有する 1 Mb の小型染色体 (CDC) に座乗している。本染色体の解析から、われわれは、宿主特異的毒素に依存する植物病原菌における病原性の進化と多様性形成過程に、CDC の水平移動 (伝播) が関与しているとの作業仮説 (染色体水平移動説) を提唱した。本染色体は病原性染色体と呼ぶにふさわしい。このような小型染色体は *A. alternata* 病原性系統に特徴的であり、従来、腐生性系統からは見出されず、その起源、由来は不明であった。最近、国内外の 200 菌株以上の腐生性菌株における PFGE スクリーニングの結果、ペルー産株で構造類似の小型染色体 (*ALT* クラスタを含まない) 保有腐生性系統を見出した。本菌はプロト病原性染色体を保有する、現在のトマト菌のプロト病原菌株である可能性が高く、病原性の進化を探る格好の遺伝資源である。

(2) SM 生合成遺伝子クラスタの同定とカタログ化

比較対象菌株において、ドラフトシーケンシング、*de novo* アセンブルおよび ORF 予測などが完了した後、すでに獲得している *A. alternata* 由来 PKS、NRPS 遺伝子等をクエリーにして、ローカル Blast 解析により、主要な SM 生合成遺伝子クラスタを網羅的に同定する。また、このような単一 SM 生合成遺伝子の検出によるクラスタの網羅的同定が困難であると予測される場合、本手順に加え、クラスタ予測に、SMURF、SM 生合成遺伝子データベースなどを活用する。これまでの経験から、クラスタ予測に際しては、菌類遺伝子クラスタの一般的構造に基づき、主要生合成遺伝子のみならず、周辺の制御遺伝子などをマーカーに活用することにより、精度の高い予測が可能になる。各種遺伝子クラスタにおいて、より多数のデータをカタログ化し、比較することにより、オーファンクラスタ (生合成産物が未同定のクラスタ) を含む、腐生菌・病原菌・共生菌に特徴的なクラスタをピックアップすることが可能である。

(3) SM 生合成遺伝子群の網羅的機能解析、代謝産物の同定および進化・多様性形成過程の推定

前項により、腐生菌-ネクロトロフ病原菌-共生菌間における進化、異なる宿主への寄生性の分化・適応過程解析のモデルとしての *A. alternata* 菌における、SM 生合成遺伝子クラスタの網羅的同定が完了する。その後、個々の SM クラスタをターゲットにした機能解析に基づく、菌の生存・発病戦略を決定する実行因子同定のステップを進める。

4. 研究成果

まず、*Alternaria* 属の病原菌および腐生菌間における比較ゲノミクスと SM 生合成遺伝子クラスタの同定・比較について検討した。

これまでに、トマト茎枯病菌 (*A. alternata* tomato pathotype) 1 菌株においては、ほぼ完全なゲノムデータを得ることに成功し、リファレンスデータとして活用した。さらに、従来、解析対象となる機会の少ない腐生性 (非病原性) 系統についても十分な解析を行う点だが、本計画のポイントのひとつである。腐生性 *A. alternata* ターゲット株の一つは、申請者らがペルー共和国のトマト野生種より分離した系統である。比較病原菌であるトマト茎枯病菌は AAL 毒素生産菌であり、毒素生合成遺伝子 (*ALT*) クラスタは本菌が保有する 1 Mb の conditionally dispensable chromosome (CDC) に座乗している。本染色体の解析から、宿主特異的毒素に依存する植物病原菌における病原性の進化と多様性形成過程に、CDC の水平移動が関与しているとの作業仮説 (染色体水平移動説) を提唱している。本小型染色体は *A. alternata* 病原性系統に特徴的であり、従来、腐生性系統からは見出されず、その起源、由来は不明であったが、スクリーニングの結果、ペルー産株で構造類似の小型染色体保有腐生性系統を見出した。本菌はプロト病原性染色体を保有する、現在のトマト菌のプロト病原菌株である可能性が高い。本菌株におけるゲノム解析の結果、病原菌株と同様に複数の SM クラスタを保有しているが、*ALT* クラスタを欠失していることが明らかとなった。以上の結果から、トマト菌の進化の過程において、腐生菌が保有するプロト病原性染色体上に、病原性を支配する SM クラスタが形成される過程が重要であること、さらその形成過程に、クラスタ単位の遺伝子水平移動が関与する可能性が示唆された。

引き続き、*Alternaria* 属病原菌・腐生菌に加え、*Corynespora* 属および *Cochliobolus* 属病原菌を用いて、比較ゲノミクスに基づく SM 生合成遺伝子クラスタと病原性の進化機構について検討した。HST を生産する *Alternaria* 属菌において、それぞれの HST 生合成遺伝子クラスタは、各病原型が保有する付加的な小型染色体に座乗している。これら染色体は、病原性染色体または CDC と呼称されている。一方、非病原性 *Alternaria* において CDC は見出されていなかったが、PFGE 解析等を通して、世界各地で分離した非病原性 *Alternaria* 株のうち一部の菌株が、小型染色体を保有することが示された。さらに、ペルー由来の小型染色体保有菌株が、トマト病原性

CDC と相同性を示す CDC 様染色体 (proto-CDC) を保有することが明らかとなった。本染色体上に AAL 毒素生成遺伝子クラスターは座乗していなかった。さらに、リンゴおよびイチゴ病原型 CDC と相同性を示す proto-CDC の保有株も見出された。これらの結果から、*Alternaria* 病原型の病原性染色体は、proto-CDC に由来する可能性が示唆された。以上の結果から、トマト菌の進化の過程において、腐生菌が保有する proto-CDC 上に、病原性を支配する SM クラスターが形成される過程が重要であること、さらのその形成過程に、クラスター単位の遺伝子水平移動が関与する可能性が示唆された。また、エンドファイト *Epichloe* 属菌が保有する SM 生成遺伝子クラスターの比較解析も進めた。

Alternaria 属病原菌・腐生菌に加え、*Corynespora* 属および *Cochliobolus* 属病原菌、さらに、共生菌である *Epichloe* 属エンドファイトを用いて検討を進めた結果、*C. cassicola* トマト菌およびキュウリ菌は、*C. heterostrophus* race T が生産する T-toxin の生成遺伝子 *PKS1* を含む T-toxin 生成遺伝子クラスターホモログを保有することを明らかにした。さらに *CcPKS10* 破壊株は、野生株と比較して病原力の低下が認められた。本クラスターは、遺伝子水平移動により異なる病原菌群に分布し、菌の病原力に関与している可能性を示唆した。一方、*Epichloe* 属菌は、イネ科植物に共生するエンドファイトである。国内各地から採集した *Elymus* 属植物から分離した *E. bromicola* は、SM である家畜毒性化合物および昆虫毒性化合物生成のための遺伝子クラスターを保有していることを明らかにした。

以上の研究成果として、*Alternaria* 属病原菌の病原性の進化と分化の過程に、SM 生成遺伝子クラスターおよびそれらが座乗する病原性染色体の水平移動が関与することを証明した。さらに、多種のネクロトロフ病原菌、腐生菌および共生菌の生存・発病戦略および多様性形成と進化の過程に、SM 生成遺伝子クラスターの形成とそれらの菌株間における水平移動が重要な役割を果たしている可能性を明らかにした。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件 / うち国際共著 5件 / うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Kodama Motoichiro	4. 巻 85
2. 論文標題 Evolution of pathogenicity in <i>Alternaria</i> plant pathogens	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of General Plant Pathology	6. 最初と最後の頁 471 ~ 474
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10327-019-00877-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 児玉基一朗	4. 巻 85
2. 論文標題 <i>Alternaria</i> 属菌の病原性進化に関する研究	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 日本植物病理学会報	6. 最初と最後の頁 175 ~ 178
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3186/jjphytopath.85.175	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Okada Ryo, Ichinose Shun, Takeshita Kana, Urayama Syun-ichi, Fukuhara Toshiyuki, Komatsu Ken, Arie Tsutomu, Ishihara Atsushi, Egusa Mayumi, Kodama Motoichiro, Moriyama Hiromitsu	4. 巻 519
2. 論文標題 Molecular characterization of a novel mycovirus in <i>Alternaria alternata</i> manifesting two-sided effects: Down-regulation of host growth and up-regulation of host plant pathogenicity	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Virology	6. 最初と最後の頁 23 ~ 32
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virol.2018.03.027	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Condon Bradford J., Elliott Candace, Gonzalez Jonathan B., Yun Sung Hwan, Akagi Yasunori, Wiesner-Hanks Tyr, Kodama Motochiro, Turgeon B. Gillian	4. 巻 31
2. 論文標題 Clues to an evolutionary mystery: the genes for T-Toxin, enabler of the devastating 1970 southern corn leaf Blight epidemic, are present in ancestral species, suggesting an ancient origin	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Molecular Plant-Microbe Interactions	6. 最初と最後の頁 1154 ~ 1165
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1094/MPMI-03-18-0070-R	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Ishihara Atsushi, Goto Noriko, Kikkawa Misa, Ube Naoki, Ushijima Shuji, Ueno Makoto, Ueno Kotomi, Osaki-Oka Kumiko	4. 巻 43
2. 論文標題 Identification of antifungal compounds in the spent mushroom substrate of <i>Lentinula edodes</i>	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of Pesticide Science	6. 最初と最後の頁 108 ~ 113
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1584/jpestics.D17-094	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ishihara Atsushi, Ashida Chisaki, Ube Naoki, Abe Masato, Hiyoshi Hidetaka, Umezu Kazuto, Endo Naoki, Sotome Kozue, Maekawa Nitara, Nakagiri Akira, Osaki-Oka Kumiko, Ichyanagi Tsuyoshi, Ueno Kotomi	4. 巻 44
2. 論文標題 Isolation of isolactarane sesquiterpenes from a <i>Phlebia tremellosa</i> culture filtrate and their growth promotion effects on lettuce roots	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Pesticide Science	6. 最初と最後の頁 9 ~ 14
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1584/jpestics.D18-056	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Narita Koji, Sato Hajime, Minami Atsushi, Kudo Kosei, Gao Lei, Liu Chengwei, Ozaki Taro, Kodama Motoichiro, Lei Xiaoguang, Taniguchi Tohru, Monde Kenji, Yamazaki Mami, Uchiyama Masanobu, Oikawa Hideaki	4. 巻 19
2. 論文標題 Focused genome mining of structurally related sesterterpenes: enzymatic formation of enantiomeric and diastereomeric products	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Organic Letters	6. 最初と最後の頁 6696 ~ 6699
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1021/acs.orglett.7b03418	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Rin Tsuzuki, Rosa Maria Cabrera Pintado, Liliana Maria Aragon Caballero, Medali Heidi Huarhua Zaquinaula, Ines Carolina Torres Arias, Joel Flores Ticona, Fatima Caceres de Baldarrago, Enrique Rodoriguez Perez, Takuo Hozum, Hiroki Saito, Shunsuke Kotera, Yasunori Akagi, Motoichiro Kodama, Ken Komatsu, Tsutomu Arie	4. 巻 10
2. 論文標題 Mutations found in the <i>Asc1</i> gene that confer susceptibility to the AAL-toxin in ancestral tomatoes from Peru and Mexico	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Plants	6. 最初と最後の頁 47
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/plants10010047	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計14件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・石原亨・児玉基一郎
2. 発表標題 日本各地のカモジグサ類 (Elymus) から分離されたEpichloe属エンドファイトの遺伝的多様性および二次代謝産物生合成能
3. 学会等名 令和2年度日本植物病理学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 都筑 麟・Medali Heidi Huarhua Zaquinaula・Liliana Maria Aragon Caballero・児玉 基一郎・小松 健・有江 力
2. 発表標題 AAL 毒素感受性を決定するAsc1 遺伝子の多様性解析に基づくトマト栽培化・進化に関する研究
3. 学会等名 令和3年度日本植物病理学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 児玉基一郎
2. 発表標題 Alternaria属菌の病原性進化に関する研究
3. 学会等名 平成31年度日本植物病理学会大会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・石原亨・児玉基一郎
2. 発表標題 鳥取県および北海道産カモジグサ類 (Elymus) と共生するEpichloe属エンドファイトの二次代謝産物生合成能
3. 学会等名 令和元年度日本植物病理学会関西支部会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名	Naori Izu, Hitoshi Tsujimoto, Wayne R. Simpson, Richard D. Johnson, Yasunori Akagi, Atsushi Ishihara, Motoichiro Kodama
2. 発表標題	Genetic diversity and secondary metabolite biosynthetic potential of Epichloeendophytes isolated from Elymus species in various parts of Japan
3. 学会等名	International Symposium on Agricultural, Food, Environmental, and Life Sciences in Asia, 2019 (AFELiSA 2019) (国際学会)
4. 発表年	2019年

1. 発表者名	伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・石原亨・児玉基一郎
2. 発表標題	日本各地のカモジグサ類 (Elymus) から分離されたEpichloe属エンドファイトの遺伝的多様性および二次代謝産物生合成能
3. 学会等名	令和2年度日本植物病理学会大会
4. 発表年	2020年

1. 発表者名	伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・児玉基一郎
2. 発表標題	鳥取県内のカモジグサ類 (Elymus) と共生するEpichloe属エンドファイトの遺伝的多様性
3. 学会等名	平成30年度植物微生物研究会、鳥取市
4. 発表年	2018年

1. 発表者名	伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・児玉基一郎
2. 発表標題	鳥取県内のカモジグサ類 (Elymus) と共生するEpichloe属エンドファイトの遺伝的多様性解析
3. 学会等名	平成30年度日本植物病理学会関西支部会、山口市
4. 発表年	2018年

1. 発表者名 児玉基一郎
2. 発表標題 “病原性染色体”が支配するAlternaria属植物病原菌の進化と多様性形成
3. 学会等名 第44回岡山植物病理セミナー「多賀シンポジウム」、岡山市（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 赤木靖典・柘植尚志・有江力・児玉基一郎
2. 発表標題 Alternaria alternataトマト病原型が保有する病原性染色体の起源
3. 学会等名 日本植物病理学会2019年度大会、つくば市
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 伊津奈織・辻本 壽・Wayne R. Simpson・Richard D. Johnson・赤木靖典・児玉基一郎
2. 発表標題 日本各地においてカモジグサ類 (Elymus) から分離されたEpichloe属エンドファイトの遺伝的多様性
3. 学会等名 日本植物病理学会2019年度大会、つくば市
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岡本 愛・福田晃平・赤木靖典・下元祥史・曳地康史・Gillian.B.Turgeon・児玉基一郎
2. 発表標題 Corynespora cassiicolaが保有するT-toxin生合成遺伝子クラスター
3. 学会等名 日本植物病理学会2019年度大会、つくば市
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 赤木靖典・新城 亮・三木淳一・柘植尚志・児玉基一朗
2. 発表標題 タバコ赤星病菌のテヌアゾン酸生成遺伝子AtNPS5は宿主タバコに対する病原力に関与する
3. 学会等名 平成29年度日本植物病理学会大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 赤木靖典・柘植尚志・児玉基一朗
2. 発表標題 トマトアルターナリア茎枯病菌におけるAAL毒素生成遺伝子クラスターの発現調節に関わる転写因子ALT13はALT1のスプライシングに関与する
3. 学会等名 平成29年度日本植物病理学会関西支部会
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	石原 亨 (Ishihara Atsushi) (80281103)	鳥取大学・農学部・教授 (15101)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	Turgeon Gillian (Turgeon Gillian, B.)	Cornell University・Dept. Plant Pathology・Professor	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
米国	Cornell University			
ニュージーランド	AgResearch			