

令和 6 年 6 月 28 日現在

機関番号：81202

研究種目：若手研究

研究期間：2021～2023

課題番号：21K14834

研究課題名（和文）イネNLR型抵抗性遺伝子の進化様式を利用した罹病性遺伝子の同定

研究課題名（英文）Identification of disease susceptibility genes using evolutionary patterns of rice NLR resistance genes.

研究代表者

清水 元樹（Shimizu, Motoki）

公益財団法人岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部・主任研究員

研究者番号：90734343

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,500,000円

研究成果の概要（和文）：イネのNLR型抵抗性遺伝子の中には、Integrate Domain（ID）を介していもち病菌の非病原力エフェクター（AVR）を認識するNLR-ID構造を持つ遺伝子が存在する。IDはNLRの進化過程で挿入された宿主の他の遺伝子産物、またはその一部と考えられる。IDは本来、病原菌エフェクターの標的として存在するが、NLR-IDにおいてはDecoy（囿）として機能していると推察される。そこで、Oryza属におけるIDの多様性を明らかにし、IDと相同性の高い配列を持つ宿主タンパク質の機能解析を行うことで、未知の多い病原菌の感受性誘導機構の解明に繋げるとともに、耐病性育種に大きく寄与する。

研究成果の学術的意義や社会的意義

Oryza属に含まれる種の167系統に対して、NLR-IDの一つであるPias-2の対立遺伝子産物が持つIDの種類と分布を調査した。その結果、Aゲノム種が持つIDとしてDUF761およびHMAが優占し、これらのドメインを有するイネタンパク質（HpsID: Host protein similar to ID）は病原菌エフェクターの重要なイネ標的因子（=罹病性遺伝子）になりうると考察した。これまでに、HpsID欠損イネにおいて、親和性いもち病菌に対して抵抗性が付与された系統が見られている。NLR-IDは、イネ以外の植物種にも存在することから、同様の手法により罹病性遺伝子の単離が可能である。

研究成果の概要（英文）：Some rice NLR-type resistance genes have an NLR-ID structure that recognizes pathogen avirulence effectors (AVR) by the Integrated Domain (ID). The ID is thought to be another host protein or part of a host protein inserted during the evolution of the NLR. IDs are originally present as targets of pathogenic effectors, but are supposed to function as decoys in NLR-IDs. Therefore, the characterization of the diversity of IDs in the genus Oryza and the analysis of the function of host proteins with sequences homologous to IDs lead to a new understanding of the mechanisms that induce susceptibility to unknown pathogens and contribute significantly to disease resistance breeding.

研究分野：遺伝育種

キーワード：NLR Integrate Domain 罹病性遺伝子

様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

イネの最重要病害であるいもち病の有効な防除法の一つに抵抗性遺伝子の利用がある。大多数のイネ抵抗性遺伝子は、Nucleotide-binding Leucine-Rich-Repeat (NLR) タンパク質をコードする。病原菌は、感染時に種々のエフェクターを分泌することで宿主の防御応答を妨害する。それに対して、宿主の NLR 型抵抗性遺伝子産物は特定の病原菌エフェクター (AVR: Avirulence) を認識することで非常に強い抵抗性を誘導する。

いもち病に対する抵抗性遺伝子として Pia が報告されている (Okuyama et al. 2011) Pia は、密に連鎖した 2 つの NLR 遺伝子 (Paired-NLR) が協調することで機能する (Pia=RGA4+RGA5)。RGA5 は “Sensor-NLR” と呼ばれ、AVR 認識に関わる。その一方で、RGA4 は抵抗性誘導に関わると考えられ “Helper-NLR” と呼ばれる。“Sensor-NLR” である RGA5 の特徴として NLR 以外に、Heavy Metal Associated (HMA) ドメインが存在する。このドメインは、進化過程で宿主の他のタンパク質が挿入されたと考えられ、Integrated Domain (ID) と総称される。さらに、ID-HMA ドメインが AVR-Pia の認識に必要であり、本ドメイン領域が病原菌エフェクターを認識するための decoy (囮) として機能している仕組みが明らかになっている (Cesari et al. 2013)。以下、ID を有する NLR を NLR-ID とする。科研費若手研究 (2017~2018 年度) の助成を受けて、新規のイネ Paired-NLR として Pias (Pias=Pias-1+Pias-2) を単離した。Pias は、Pia の対立遺伝子であり、RGA4 が Pias-1 に、RGA5 が Pias-2 にそれぞれ対応する。興味深いことに、“Sensor-NLR” である Pias-2 は、ID として機能未知のドメインである DUF (Domain of unknown function) 761 を有することで AVR-Pias を認識していると考えられる。これらのことから、Pia/Pias 対立遺伝子は異なる ID を組込むことにより、種々の病原菌に対する適応度を高めるように進化したと推察された。

2. 研究の目的

本研究の目的は、NLR-ID の進化様式に着目し、病原菌エフェクター標的因子 (=罹病性遺伝子) の同定およびその耐病性育種への利用、さらには未知の面が多い感受性誘導機構の解明を進めることにある。

3. 研究の方法

(1) *Oryza* 属 11 種 167 系統における Pia/Pias 対立遺伝子産物が持つ ID の多様性調査

公開データベース (NCBI) を利用して、*Oryza* 属 11 種 (*O. sativa* var. *indica*, *O. sativa* var. *japonica*, *O. rufipogon*, *O. barthii*, *O. glumaepatula*, *O. meridionalis*, *O. punctata*, *O. officinalis*, *O. australiensis*, *O. brachyantha*, *O. granulate*) に含まれるイネ系統のアセムブリ配列もしくはショートリード配列を収集した。ショートリード配列のみ公開されている系統に対しては、Masuruca (Zimin et al. 2013) による *De novo assembly* を実施した。その内、12 系統に対して RNA-seq を利用した遺伝子予測を実施し、Pia/Pias 対立遺伝子の構造を明らかにした。ID のドメイン予測は Hmmscan, CDD-search 等のドメイン予測ソフトを利用することで同定した。

(2) RGA5/Pias-2 の ID と相同性の高いイネタンパク質の検索

イネデータベースを対象にして、“Sensor-NLR” である RGA5/Pias-2 の対立遺伝子産物の ID 配列を Query として BLASTP 解析を行い、相同性の高い遺伝子群を HpsID (HpsID: Host protein similar to ID) として同定した。さらに、いもち病菌感染時のイネ葉の RNA-seq を実施することで、遺伝子発現が見られる HpsID の絞り込みを行った。

(3) HpsID 遺伝子欠損イネの作製

選抜した HpsID 遺伝子の CRISPR/Cas9 法を利用した遺伝子欠損イネ系統の作出を実施した。得られた系統を自殖し、ホモ型欠損系統を選抜した。これら系統を HpsID-KO ラインとした。

(4) HpsID 遺伝子欠損イネの親和性いもち病菌株に対する接種検定

得られた HpsID-KO ラインに対して、親和性を示すイネいもち病菌の接種試験を行い、抵抗性が增強するか調査した。

4. 研究成果

(1) *Oryza* 属 11 種 167 系統の内、12 系統 (WRC17 [*O. sativa indica*], Sasanishiki [*O. sativa japonica*], W1943 [*O. rufipogon*], IRGC105608 [*O. barthii*], GEN1233_2 [*O. glumaepatula*], W2184 [*O. glumaepatula*], W2112 [*O. meridionalis*], IRGC105690 [*O. punctata*], W1582 [*O. punctata*], W0002 [*O. officinalis*], W0008 [*O. australiensis*], IRGC101232 [*O. brachyantha*], W0655 [*O. brachyantha*], W0067B [*O. granulate*]) のゲノム配列に対して、RNAseq を利用した Pia/Pias 対立遺伝子の構造を決定した (図 1)。その結果、“Helper-NLR” である RGA4/Pias-1 対立遺伝子は、調査した全ての系統に存在し、また、近傍に “Sensor-NLR” である RGA5/Pias-2 対立遺伝子が存在した。

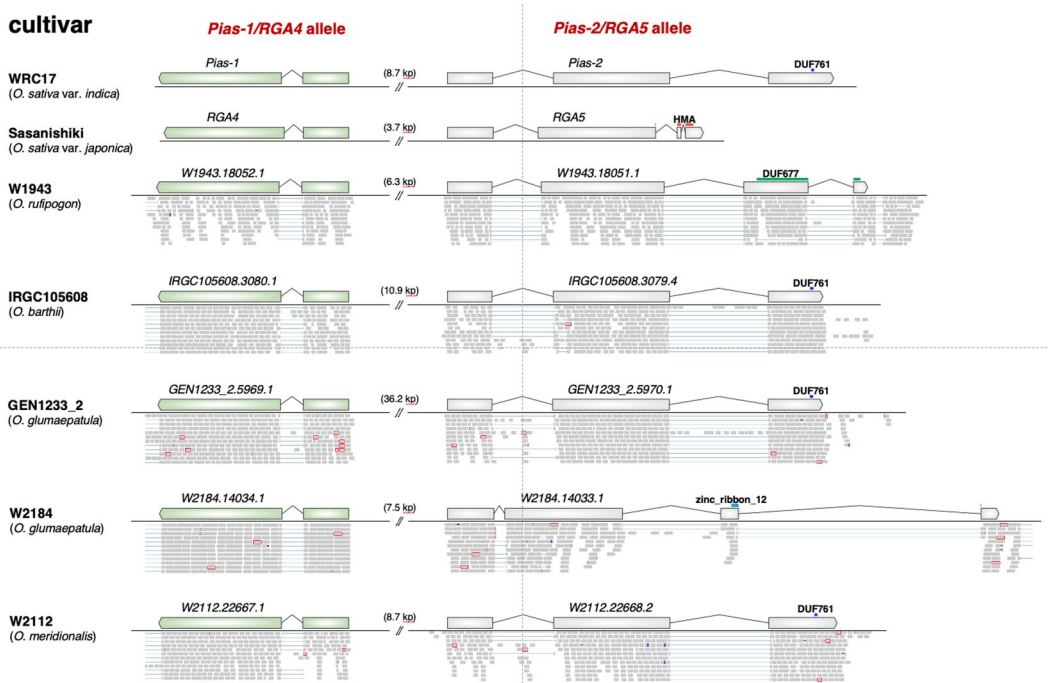


図1. RNAseq を利用した Pia/Pias 対立遺伝子の構造予測

RGA5/Pias-2 対立遺伝子産物には ID-HMA, ID-DUF761 ドメインの位置に DUF677 Zinc_ribbon_12, PKc_MAPKK が ID として存在していた。また, W0067B の ID 領域には特定のドメインが見られなかったが, LOC_0s02g47670.1 の一部と高い相同性が見られた。これらの ID は, それぞれに対応した病原菌の因子(または病原菌に改変されたイネ因子)を認識し抵抗性を誘導すると考えられる。また, LRR ドメインと ID の間に保存性の高い領域(図2)が存在していた。

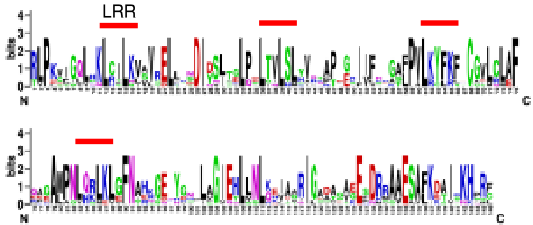


図2. LRR ドメインと ID 間に保存されているアミノ酸配列

(2) *Oryza* 属 11 種 167 系統における RGA5/Pias-2 対立遺伝子産物の ID の種類を集計したところ, 栽培種 *O. sativa* を含む A ゲノム種が持つ ID としては DUF761, HMA, DUF677 が優占する一方で, B, C, E, F ゲノム種においては, HMA, DUF677, PKc_MAPKK が優占していた(図3)。興味深いことに, DUF761 を ID として持つ RGA5/Pias-2 対立遺伝子産物は A ゲノム種のみに見られ, PKc_MAPKK を ID として持つものは *O. punctata* (B ゲノム種) および *O. brachyantha* (F ゲノム種) の系統に限られていた。また, Pia-2 を持つインディカイネ系統「WRC17」のゲノム情報を詳細に調べると, Pia-2 のごく近傍(50.9kb 下流)に *O. punctata* (B ゲノム種 W1582 系統) が持つ ID-PKc_MAPKK 領域と高い相同性の領域があることを見出した(図4)。これらの結果から, Pia-2 の進化過程において付加ドメインの着脱 (PKc_MAPKK から DUF761) が起きたことが推定された(図5)。

Oryza species							
A	B	C	E	F	G		
<i>O. sativa</i> subsp. <i>indica</i> (21) DUF761 (4) HMA (17)	<i>O. sativa</i> subsp. <i>japonica</i> (23) DUF761 (15) HMA (9)	<i>O. glumaepatula</i> (21) DUF761 (11) Zs_12 (16)	<i>O. punctata</i> (8) Zs_12 (2) PKc_M (6)	<i>O. officinalis</i> (12) DUF677 (12)	<i>O. australiensis</i> (8) HMA (8)	<i>O. brachyantha</i> (17) PKc_M (11) HMA (6)	<i>O. granulata</i> (4) W0067B ID (4)
<i>O. rufipogon</i> (13) DUF761 (4) HMA (9) DUF677 (2) PKc_M (1)	<i>O. barthii</i> (22) DUF761 (8) HMA (7) DUF677 (7)	<i>O. meridionalis</i> (18) DUF761 (19) HMA (5) DUF677 (8)					

図3. *Oryza* 属 11 種における ID の種類の分布

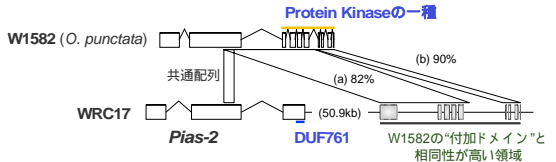


図4. *O. punctata* RGA5/Pias-2 対立遺伝子と「WRC17」の

(3) A ゲノム種において, DUF761 および HMA を ID として持つイネ系統が多く存在していた。そこで, ID-HMA および ID-DUF761 を Query として, イネデータベースを利用した BLASTP 検索を行ったところ, ID-HMA が 87 イネタンパク質と ID-DUF761 が 12 イネタンパク質との相同性を示した。さらに, いもち病感染時の RNAseq を実施し, 発現量を高い 5 個の HpsID 遺伝子について CRISPR/Cas9 法による遺伝子欠損イネの作出を実施した。これまでに, HpsID-20 欠損イネに対する親和性いもち菌株の接種試験を実施したところ, 野生株と比較して明らかな病斑面積の減少を示す結果を得た。

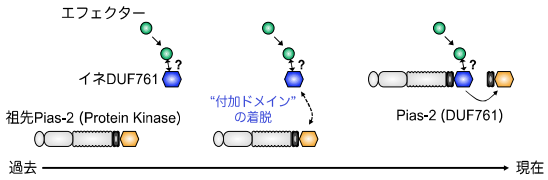


図5. Pia-2 が DUF761 を獲得した仕組み

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計15件（うち査読付論文 11件／うち国際共著 6件／うちオープンアクセス 9件）

1. 著者名 Shimizu M, Hirabuchi, Sugihara Y, Abe A, Takeda T, Kobayashi M, Hiraka Y, Kanzaki E, Oikawa K, Saitoh H, Langner T, Banfield MJ, Kamoun S, Terauchi R	4. 巻 119
2. 論文標題 A genetically linked pair of NLR immune receptors shows contrasting patterns of evolution	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 119:e2116896119
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1073/pnas.2116896119	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
1. 著者名 Sugihara Y, Abe Y, Takagi H, Abe A, Shimizu M, Ito K, Kanzaki E, Oikawa K, Kourelis J, Langner T, Win J, Bialas A, Ludke D, Contreras MP, Chuma I, Saitoh H, Kobayashi M, Zheng S, Tosa Y, Banfield MJ, Kamoun S, Terauchi R, Fujisaki K	4. 巻 21
2. 論文標題 Disentangling the complex gene interaction networks between rice and the blast fungus identifies a new pathogen effector	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PLOS Biology	6. 最初と最後の頁 21:e3001945
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1371/journal.pbio.3001945	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
1. 著者名 Kovi B, Sakai T, Abe A, Kanzaki E, Terauchi R, Shimizu M	4. 巻 97
2. 論文標題 Isolation of Pikps, an allele of Pik, from the aus rice cultivar Shoni	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Genes & Genetic Systems	6. 最初と最後の頁 229 ~ 235
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1266/ggs.22-00002	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 -
1. 著者名 Takeda T, Takahashi M, Shimizu M, Sugihara Y, Yamashita T, Saitoh H, Fujisaki K, Ishikawa K, Utsushi H, Kanzaki E, Sakamoto Y, Abe A, Terauchi R	4. 巻 18
2. 論文標題 Rice apoplast CBM1-interacting protein counters blast pathogen invasion by binding conserved carbohydrate binding module 1 motif of fungal proteins	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 PLOS Pathogens	6. 最初と最後の頁 18:e1010792
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1371/journal.ppat.1010792	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 -

1. 著者名 Yoshihisa A, Yoshimura S, Shimizu M, Sato S, Matsuno S, Mine A, Yamaguchi K, Kawasaki T	4. 巻 236
2. 論文標題 The rice OsERF101 transcription factor regulates the NLR Xa1-mediated immunity induced by perception of TAL effectors	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 New Phytologist	6. 最初と最後の頁 1441 ~ 1454
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/nph.18439	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 Brabham Helen J, Gomez De La Cruz Diana, Were Vincent, Shimizu Motoki, Saitoh Hiromasa, Hernandez-Pinzon Inmaculada, Green Phon, Lorang Jennifer, Fujisaki Koki, Sato Kazuhiro, Molnar Istvan, Simkova Hana, Dolezel Jaroslav, Russell James, Taylor Jodie, Smoker Matthew, Gupta Yogesh Kumar, Wolpert Tom, Talbot Nicholas J	4. 巻 36
2. 論文標題 Barley MLA3 recognizes the host-specificity effector Pw12 from <i>Magnaporthe oryzae</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 The Plant Cell	6. 最初と最後の頁 447 ~ 470
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/plcell/koad266	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

1. 著者名 Asuke Soichiro, Horie Akiko, Komatsu Kaori, Mori Ryota, Vy Trinh Thi Phuong, Inoue Yoshihiro, Jiang Yushan, Tatematsu Yuna, Shimizu Motoki, Tosa Yukio	4. 巻 36
2. 論文標題 Loss of <i>PWT7</i> , Located on a Supernumerary Chromosome, Is Associated with Parasitic Specialization of <i>Pyricularia oryzae</i> on Wheat	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Molecular Plant-Microbe Interactions?	6. 最初と最後の頁 716 ~ 725
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1094/MPMI-06-23-0078-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 -

1. 著者名 Maidment Josephine HR, Shimizu Motoki, Bentham Adam R, Vera Sham, Franceschetti Marina, Longya Apinya, Stevenson Clare EM, De la Concepcion Juan Carlos, Bialas Aleksandra, Kamoun Sophien, Terauchi Ryohei, Banfield Mark J	4. 巻 12
2. 論文標題 Effector target-guided engineering of an integrated domain expands the disease resistance profile of a rice NLR immune receptor	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 eLife	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7554/eLife.81123	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

1. 著者名 Ezeah Chukwunonso Sylvanus Austin, Shimazu Juichi, Kawanabe Takahiro, Shimizu Motoki, Kawashima Shinichi, Kaji Makoto, Ezinma Charles Onyemaechi, Nuruzzaman Md, Minato Nami, Fukai Eigo, Okazaki Keiichi	4. 巻 73
2. 論文標題 Quantitative trait locus (QTL) analysis and fine-mapping for <i>Fusarium oxysporum</i> disease resistance in <i>Raphanus sativus</i> using GRAS-Di	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 421 ~ 434
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.23032	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 Sugimura Yusaku, Oikawa Kaori, Sugihara Yu, Utsushi Hiroe, Kanzaki Eiko, Ito Kazue, Ogasawara Yumiko, Fujioka Tomoaki, Takagi Hiroki, Shimizu Motoki, Shimono Hiroyuki, Terauchi Ryohei, Abe Akira	4. 巻 -
2. 論文標題 Impact of rice<i>GENERAL REGULATORY FACTOR14</i> on low-temperature seed germination and its application to breeding	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2024.02.16.580620	査読の有無 無
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 Oikawa Kaori, Fujisaki Koki, Shimizu Motoki, Takeda Takumi, Nemoto Keiichiro, Saitoh Hiromasa, Hirabuchi Akiko, Hiraka Yukie, Miyaji Naomi, Bia?as Aleksandra, Langner Thorsten, Kellner Ronny, Bozkurt Tolga O, Cesari Stella, Kroj Thomas, Banfield Mark J, Kamoun Sophien, Terauchi Ryohei	4. 巻 -
2. 論文標題 The blast pathogen effector AVR-Pik binds and stabilizes rice heavy metal-associated (HMA) proteins to co-opt their function in immunity	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2020.12.01.406389	査読の有無 無
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 -

1. 著者名 Zdrzalek Rafal, Xi Yuxuan, Langner Thorsten, Bentham Adam R., Petit-Houdenot Yohann, De la Concepcion Juan Carlos, Harant Adeline, Shimizu Motoki, Were Vincent, Talbot Nicholas J, Terauchi Ryohei, Kamoun Sophien, Banfield Mark J	4. 巻 -
2. 論文標題 Bioengineering a plant NLR immune receptor with a robust binding interface towards a conserved fungal pathogen effector	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2024.01.20.576400	査読の有無 無
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 -

1. 著者名 Miyaji Naomi, Akter Mst. Arjina, Shimizu Motoki, Mehraj Hasan, Doullah Md Asad-Ud, Dennis Elizabeth S, Chuma Izumi, Fujimoto Ryo	4. 巻 13
2. 論文標題 Differences in the transcriptional immune response to Albugo candida between white rust resistant and susceptible cultivars in Brassica rapa L.	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-023-35205-5	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 -

1. 著者名 Shimizu Motoki, Matsuo Hiroki, Takano Yoshitaka, Adachi Hiroaki, Tosa Yukio, Terauchi Ryohei	4. 巻 -
2. 論文標題 "Pathogen" and "Host", "Plant pathology" and "Breeding science", new resistance breeding created by interaction	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Breeding Research	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbr.26.W03	査読の有無 無
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 Asuke Soichiro, Morita Kohei, Shimizu Motoki, Abe Fumitaka, Terauchi Ryohei, Nago Chika, Takahashi Yoshino, Shibata Mai, Yoshioka Motohiro, Iwakawa Mizuki, Kishi-Kaboshi Mitsuko, Su Zhuo, Nasuda Shuhei, Handa Hirokazu, Fujita Masaya, Tougou Makoto, Hatta Koichi, Mori Naoki, Matsuoka Yoshihiro, Kato Kenji, Tosa Yukio	4. 巻 -
2. 論文標題 Evolution of wheat blast resistance gene Rmg8 accompanied by differentiation of variants recognizing the powdery mildew fungus	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41477-024-01711-1	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 -

〔学会発表〕 計11件 (うち招待講演 3件 / うち国際学会 1件)

1. 発表者名 清水 元樹; 杉原 優; 宮路 直実; 阿部 陽; 寺内 良平
2. 発表標題 イネいもち病抵抗性遺伝子Piasと対応する非病原力遺伝子AVR-Piasの単離
3. 学会等名 日本育種学会第142回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Motoki Shimizu; Adam Bentham; Soichiro Asuke; Yukio Tosa; Sophien Kamoun; Mark Banfield; Ryohei Terauchi
2. 発表標題 Genomic exploration of host specificity determinants identifies wheat blast effectors that are recognized by rice NLR
3. 学会等名 International Helper-and Paired NLR Mini-Symposium 2023 (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水元樹, 足助聡一郎, 阿部陽, 土佐幸雄, 寺内良平, 寺内良平
2. 発表標題 コムギいもち病菌はイネに感染できない:その宿主特異性を決定している因子の単離
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 足助聡一郎, 森田耕平, 清水元樹, 安倍史高, 永合千佳, 高橋美乃, 柴田茉依, 吉岡資洋, 寺内良平, 土佐幸雄
2. 発表標題 コムギいもち病抵抗性遺伝子Rmg8の単離
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 宮路直実, 宮路直実, AKTERM., 清水元樹, 中馬いづみ, 藤本龍
2. 発表標題 アブラナ科野菜における白さび病抵抗性遺伝子座乗領域の詳細化
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 及川香梨, 清水元樹, 宮路直実, 竹田匠, 藤崎恒喜, 寺内良平, 寺内良平
2. 発表標題 イネのいもち病罹病性遺伝子OsHIPP20の同定
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 伊藤和江, 菅広和, 吉津祐貴, 阿部陽, 大里達朗, 寺内良平, 清水元樹
2. 発表標題 アワいもち病抵抗性遺伝子の同定
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水元樹
2. 発表標題 抵抗性遺伝子の新たな可能性
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水元樹
2. 発表標題 イネ抵抗性タンパク質が進化の過程で獲得した病原菌因子を見破るしくみ
3. 学会等名 R5年度RIBSバイオサイエンスシンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水元樹
2. 発表標題 イネ抵抗性遺伝子の機能と進化の解明
3. 学会等名 東北植物学会13回大会 公開シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 清水元樹
2. 発表標題 育種学から植物病理学へ イネいもち病抵抗性遺伝子Piasの発見から分かったこと
3. 学会等名 植物病理を紡ぐ会（招待講演）
4. 発表年 2024年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 清水 元樹; 寺内 良平	4. 発行年 2023年
2. 出版社 バイオサイエンスとインダストリー	5. 総ページ数 4
3. 書名 イネいもち病抵抗性タンパク質は付加ドメインを"擬似餌"として病原抵抗性を誘導する	

〔産業財産権〕

〔その他〕

イネのいもち病抵抗性機構の解明 https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2022-07-22-2
--

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
研究協力者	寺内 良平 (Terauchi Ryouhei) (50236981)	京都大学・農学研究科・教授 (14301)	
研究協力者	及川 香梨 (Oikawa Kaori)	岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部・研究助手 (81202)	
研究協力者	宮路 直実 (Miyaji Naomi) (60908383)	岩手生物工学研究センター・ゲノム育種研究部・研究員 (81202)	

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