

アルタナリア病原菌の植物寄生性を決定するCD染色体の比較ゲノミクス

柘植 尚志

(名古屋大学・大学院生命農学研究科・教授)

【研究の概要等】

*Alternaria alternata*は自然界に広く分布する本来腐生的な糸状菌であるが、本菌にはそれぞれ異なる作物に病気を引き起こす7つの病原性系統（病原型）が存在する。これら病原型の植物寄生性は、宿主植物にのみ毒性を示す菌の2次代謝産物（宿主特異的毒素）によって決定されている。したがって、7つの病原型は、腐生的*A. alternata*がそれぞれ固有の毒素生産能を獲得することによって病原菌化したものと考えられ、病害発生の根本現象である“腐生菌からの病原菌誕生（寄生性進化）”を研究するための好適なモデルである。当研究グループでは、5つの病原型から毒素生合成遺伝子クラスターを単離するとともに、それらクラスターが培地上での成育には必要でない小型（<2.0 Mb）のconditionally dispensable（CD）染色体にコードされていることを見出した。本研究では、それぞれ異なる毒素を生産する3つの病原型のCD染色体の構造を決定する。さらに、それらの構造と機能を植物病理学的、分子系統学的視点から比較解析し、*A. alternata*病原菌の寄生性を決定するCD染色体の構造、機能さらに起源の解明を目指す。

【当該研究から期待される成果】

CD染色体の存在が確認されている生物は、*A. alternata*とエンドウ根腐病菌（*Nectria haematococca*）の2種の糸状菌のみであり、ユニークな遺伝因子である。これまでの研究から、*A. alternata*のCD染色体が、毒素生合成遺伝子群だけでなく他の病原性関連遺伝子もコードする“病原性染色体”であることも予想される。したがって、本研究の成果は、糸状菌の植物寄生性の進化、さらに糸状菌におけるゲノム機能の多様性、ゲノム構造の可塑性などに関する画期的な新知見を提供することが期待される。

【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- Hatta, R., Ito, K., Hosaki, Y., Tanaka, T., Tanaka, A., Yamamoto, M., Akimitsu, K., and Tsuge, T. (2002). A conditionally dispensable chromosome controls host-specific pathogenicity in the fungal plant pathogen *Alternaria alternata*. *Genetics* 161: 59-70.
- Ito, K., Tanaka, T., Hatta, R., Yamamoto, M., Akimitsu, K., and Tsuge, T. (2004). Dissection of the host range of the fungal plant pathogen *Alternaria alternata* by modification of secondary metabolism. *Mol. Microbiol.* 52: 399-411.

【研究期間】 平成19年度－23年度

【研究経費】 23,900,000 円
(19年度直接経費)

【ホームページアドレス】

<http://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~papmpp/>