

# 【基盤研究(S)】 生物系(農学)



## 研究課題名 tRNA介在領域の分解能欠損による 植物ミトコンドリア病発生機構

香川大学・農学部・教授

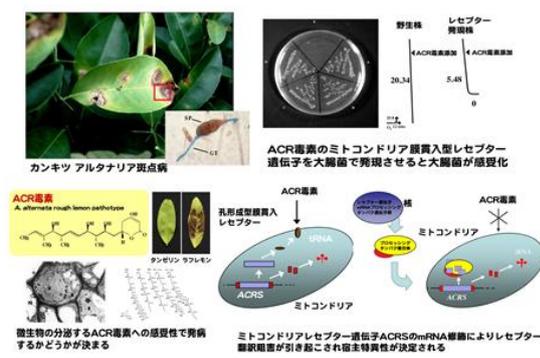
あきみつ かずや  
秋光 和也

研究分野： 植物病理学

キーワード： 遺伝子、植物、ミトコンドリア、宿主特異的毒素

### 【研究の背景・目的】

宿主特異的 ACR 毒素の作用機構と毒素レセプター研究で、ACR 毒素がラフレモン等の特定のカンキツ品種にのみ NAD<sup>+</sup>等のミトコンドリア補因子の漏出による TCA 回路の停止や酸化的リン酸化の脱共役を誘起し、ACR 毒素に対する感受性はミトコンドリアゲノムにコードされる毒素のレセプター遺伝子 *ACRS* で決定され、毒素への感受性/抵抗性は *ACRS*mRNA へのプロセッシングの有無により決定されることを明らかにした。



本研究では、*ACRS*mRNAプロセッシングに関与する30kDタンパクのプロモーター解析、本30kDタンパクを中心としたmRNAプロセッシング複合体全容の解明、ACR毒素・ACT毒素合成遺伝子クラスターの詳細解析と他の宿主特異的毒素合成遺伝子クラスターとの比較解析を中心に研究を進め、植物病原菌と宿主植物間における特異性決定機構を解明する。

### 【研究の方法】

本研究で単離した *ACRS*mRNA 結合 30kD タンパク遺伝子の転写様式を検討すると、本タンパク遺伝子は毒素抵抗性品種からは発現が確認されるが、感受性品種からは確認されない。そこで、毒素抵抗性・感受性品種からそれぞれ本遺伝子プロモーター領域を単離し機能解析を進める。

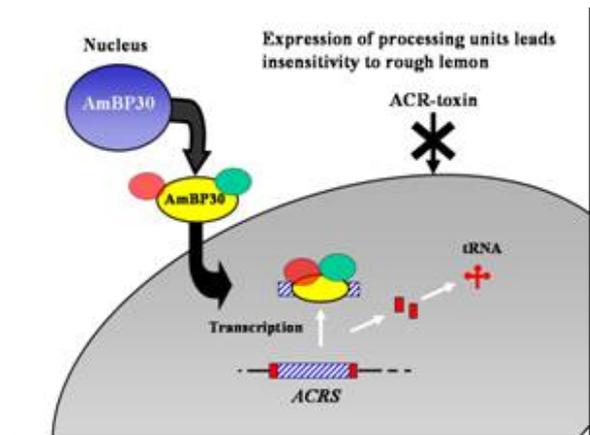
ACR 毒素レセプター遺伝子 *ACRS* の mRNA に特異的に結合する 30kD タンパクは、RNA 分解タンパク複合体の中のターゲット RNA 認識サブユニットと考えている。そこで複合体タンパク解析技法を用いて、RNA 分解タンパク複合体の全貌を解明する。

さらに、本研究では ACR・ACT 毒素合成遺伝子クラスターが座乗する小型染色体配列を決定してゲノム解析を行う。

### 【期待される成果と意義】

本研究は、カンキツミトコンドリアゲノムの tRNA-Ala の介在領域に座乗する、ACR 毒素レセプター遺伝子転写物の修飾による特異性決定機構と、リガンドである ACR 毒素合成遺伝子クラスターの解明を目指す研究目標である。

ミトコンドリア遺伝子転写物の修飾で発病の有無が決定される極めて興味深い研究例であり、植物ミトコンドリア病発症機構に関する画期的な新知見を提供することが期待される。欠損しているミトコンドリア遺伝子転写物の修飾因子の相補で、病害耐性となる可能性がある。



### 【当該研究課題と関連の深い論文・著書】

- Ohtani K, Yamamoto H, Akimitsu K. (2002) Sensitivity to *Alternaria alternata* toxin in citrus because of altered mitochondrial RNA processing. Proc Natl Acad Sci USA. 99:2439-2444.
- Miyamoto, Y., et al. (2008) Functional Analysis of a Multicopy Host-Selective ACT-Toxin Biosynthesis Gene in the Tangerine Pathotype of *Alternaria alternata* Using RNA Silencing. Mol Plant Microbe Interac 21:1591-1599.

### 【研究期間と研究経費】

平成21年度－25年度

82,200千円

ホームページ等

<http://www.ag.kagawa-u.ac.jp/plantpathology/index.html>