

科学研究費補助金（基盤研究（S））研究進捗評価

課題番号	19108001	研究期間	平成19年度～平成23年度
研究課題名	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	研究代表者 (所属・職)	柘植 尚志 (名古屋大学・大学院生命農学研究科・教授)

【平成22年度 研究進捗評価結果】

評価	評価基準
A+	当初目標を超える研究の進展があり、期待以上の成果が見込まれる
○	A
	A
	B
	B
	C
	C
(意見等)	
<p>本研究は、<i>Alternaria alternata</i> の植物寄生性を異にする病原性系統のうち、イチゴ黒斑病菌、リンゴ斑点落葉病菌、トマトアルターナリア茎枯病菌の3系統について、それらの病原性を決定している宿主特異的毒素遺伝子クラスター (<i>TOX</i>) が座乗している CD 染色体の構造を比較解析することによって、病原菌の寄生性進化のゲノムダイナミクスを実証しようとする研究である。既に、これまで各 CD 染色体のほぼ全長の塩基配列情報が得られ、各 CD 染色体の <i>TOX</i> 以外の領域は互いに類似していること、各 <i>TOX</i> は複数コピー重複して存在していることが明らかにされるなど幾つかの重要な進展があり、研究は概ね順調で期待どおりの成果が見込まれる。</p>	

【平成24年度 検証結果】

検証結果	<p>作物に感染する糸状菌の CD 染色体は、寄生などの生活環のみに必要な染色体であることから、三つの <i>Alternaria alternata</i> 病原菌（リンゴ菌、イチゴ菌、トマト菌）について、CD 染色体の構造と機能を比較解析した。その結果、三つの病原菌の CD 染色体が同一起源であることと、起源染色体に異なる <i>TOX</i> クラスターがそれぞれ組み込まれているという推定構造を提案した。また、プロトプラスト融合実験によって、CD 染色体が宿主特異的な植物寄生性を付与する遺伝子の実体であることを明らかにした。これら当初目標に対し期待どおりの研究成果が達成されたといえる。</p>
A	