


イネ - いもち病相互作用の分子機構の解明



研究者所属・職名：
大学院農学研究科・教授

ふりがな てらうち りょうへい

氏名： 寺内 良平

主な採択課題：

- [基盤研究\(S\)「イネ - いもち病相互作用の分子機構の解明」\(2015-2019\)](#)
- [基盤研究\(A\)「全ゲノム解析によるイネ量的遺伝子座の迅速単離」\(2012-2014\)](#)
- [新学術領域研究\(研究領域提案型\)「植物-病原菌相互作用の集団ゲノミクス解析」\(2011-2015\)](#)

分野：遺伝育種科学、植物病理学

キーワード：イネ、いもち病、共進化、抵抗性遺伝子、AVRエフェクター、食料安全

課題

- なぜこの研究をおこなったのか？（研究の背景・目的）

イネいもち病は、糸状菌いもち病菌によるイネの最重要病害であり、世界作物の七大重要病害の一つである。いもち病防除には、抵抗性品種の利用が最も効果的である。病原菌は、植物に感染する際に多くのタンパク質(エフェクター)を植物細胞内に注入して、植物の抵抗性や代謝を操作する。一方植物は、注入された病原菌タンパク質を抵抗性タンパク質により認識して強い抵抗性を示す。しかし、病原菌タンパク質のはたらきや、抵抗性タンパク質の機能はよくわかっていない。本課題では、いもち病に高度抵抗性を示すイネの育種を最終目標として、イネ-いもち病菌相互作用の分子機構を解明する。

- 研究するにあたっての苦労や工夫（研究の手法）

私たちは、いもち病菌から分泌される3種類のタンパク質(AVR-Pia, AVR-Pii, AVR-Pik)を単離した。これらの菌のタンパク質の機能を解明するとともに、それらを認識するイネ抵抗性タンパク質(Pia, Pii, Pik)がどのような仕組みで病原菌因子を認識するのか、その分子機構を解明する。さらに宿主イネといもち病菌が感染-抵抗性の関係でどのように共進化しているのかを明らかにし、抵抗性を活用して新規ないもち病抵抗性育種法を開発する。

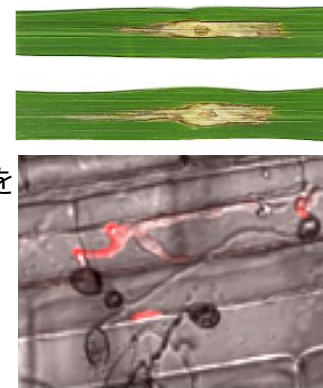


図1 いもち病に罹ったイネの葉(上)とイネ細胞内のいもち病菌(下)

イネ – いもち病相互作用の分子機構の解明

研究成果

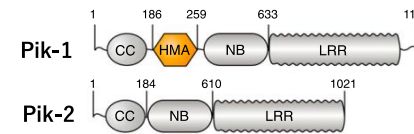
● どんな成果がでたか？ どんな発見があったか？

いもち病菌から分泌される3種類のタンパク質の機能と、それらを認識して抵抗性を導くイネ抵抗性タンパク質の機能が明らかとなった。

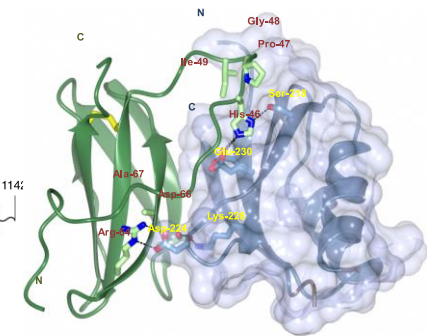
- (1) いもち病菌のAVR-Pikタンパク質は、イネの細胞内に注入されてイネのsHMAタンパク質に結合し、これを安定化させることが明らかとなった。
- (2) イネの進化の過程で、イネのsHMA断片が抵抗性タンパク質に取り込まれて、Pikタンパク質ができたと考えられる。
- (3) Pik-1に取り込まれたHMAドメインとAVR-Pikが結合すると高度抵抗性が誘導される。この結合複合体の結晶構造が明らかになり(右図)、結合部位のアミノ酸を換えることによりより多くの種類のいもち病菌因子を認識できる抵抗性タンパク質をつくった。
- (4) いもち病菌のAVR-Piaタンパク質は、Pia抵抗性タンパク質のHMAドメインに結合して認識される。
- (5) いもち病菌のAVR-Piiタンパク質は、イネの因子Exo70タンパク質を介して、Piiに認識される。
(本研究成果は、岩手生工研、英国Sainsbury研究所、John Innes Centreとの共同研究成果である)



いもち病菌因子 AVR-Pikの模式図



イネの抵抗性タンパク質Pik (Pik-1とPik-2からなる)の模式図



AVR-Pik Pik-1のHMAドメイン

図2 いもち病菌の分泌タンパク質 AVR-Pikおよびイネ抵抗性タンパク質 Pikの模式図 (左)とそれらの結合結晶構造 (右)

今後の展望

● 今後の展望・期待される効果

Pik-1とAVR-Pik相互作用の解析から、イネの抵抗性タンパク質がいもち病菌タンパク質に結合して抵抗性を誘導する仕組みがわかったので、今後さまざまな病原菌因子の宿主標的因子(右図X)を抵抗性タンパク質に導入して、より多くの病原菌を認識可能な人工抵抗タンパク質をエンジニアすることができる。さらに抵抗性タンパク質の機能を明らかにすることにより植物病害防除と食料安全に貢献する。

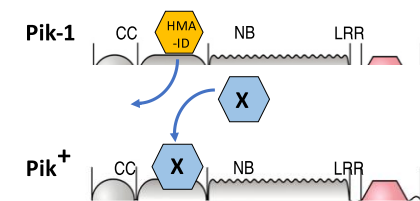


図3 Pik-1のHMAを病原菌の標的タンパク質 Xに交換した人工抵抗性タンパク質の創出