



筑波大学遺伝子実験センター
形質転換植物デザイン研究拠点
研究セミナー(3)



日時: 7月16日 11:10 - 11:50

場所: 遺伝子実験センター内セミナー室 (2階)

新説デュアル抵抗性遺伝子システムによる病原体認識機構 ～2つの抵抗性蛋白質による3種の病原体の攻撃の認識～

鳴坂真理

岡山県農林水産総合センター生物科学研究所 植物免疫研究グループ

植物の病原体の攻撃の認識から抵抗性発現にいたる一連の反応は、遺伝子対遺伝子説およびガード説により説明されている。遺伝子対遺伝子説は、植物の病原体による疾病が植物の抵抗性(*R*)遺伝子(病原体を認識する植物側の受容体)と対応する病原体の非病原力遺伝子(*Avr*-遺伝子)の組み合わせによって決定されるというものである。しかし、例えばモデル実験植物シロイヌナズナのゲノム上には約150の*R*-遺伝子しか存在せず、地球上に存在する10万種以上の多様な微生物に対する抵抗性はどのようなメカニズムによって発揮されているのかは不明である。

私たちはシロイヌナズナのゲノム上で隣接する異なる2つの*R*-遺伝子が、異なる3種の病原体の攻撃を認識して抵抗反応を起動することを発見し、“デュアル抵抗性遺伝子システム”を提唱した。natural variation 解析および逆遺伝学的解析により、アブラナ科野菜類炭疽病菌(*Colletotrichum higginsianum*)に対応する*R*-遺伝子として、トマト斑葉細菌病菌(*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*)に対するTIR-NBS-LRR型R蛋白質をコードする*RPS4*と、青枯病菌(*Ralstonia solanacearum*)に対するTIR-NBS-LRR型のR蛋白質をコードする*RRS1*の両方が必要であることを明らかにした。

本セミナーでは、2つの*R*-遺伝子が炭疽病菌に対する応答反応に必須であること、さらにトマト斑葉細菌病と青枯病の認識においても複数のR蛋白質が関わっていることについて紹介する。

参考文献:

Narusaka M. *et al. Plant Journal* 60, 218-226 (2009)

Birker D. *et al. Plant Journal* 60, 602-613 (2009)

世話人: 溝口 剛 (内線 6005, E-mail: mizoguchi@gene.tsukuba.ac.jp)