イネのいもち病に対する抵抗性の仕組みを解明

-イネ抵抗性タンパク質といもち病タンパク質の結合結晶構造の解明-

概要

いもち病菌は、イネの最も深刻な病害です。いもち病菌に強いイネを育成することは、日本および世界のコ メの安定生産にとって重要な課題です。私たちの研究グループでは、いもち病菌から分泌されるタンパク質と、 それを認識して抵抗性を誘導するイネの抵抗性タンパク質の相互作用の研究を進めています。イネの Pik 抵抗 性タンパク質は、いもち病菌の AVR-Pik タンパク質に直接結合して抵抗性を誘導します。Pik と AVR-Pik に はそれぞれ多くの種類があり、異なる Pik は異なる AVR-Pik を認識します。本研究では、Pik-p と Pik-m とい う2種類の抵抗性タンパク質が AVR-Pik-D, AVR-Pik-E, AVR-Pik-A, AVR-Pik-C にそれぞれ結合している様子 を、結合分子の結晶構造を解析することにより明らかにしました。わずか1アミノ酸の違いが、抵抗性と感受 性の違いを決めています。またイネの *Pik* といもち病菌の *AVR-Pik* 遺伝子が認識(イネ)と認識回避(いもち病 菌)の方向で共進化していることもわかりました。本研究成果は、英国ジョンイネス研究所の Mark Banfield 教授、同セインズベリー研究所の Sophien Kamoun 教授、(公財)岩手生物工学研究センター、東京農業大学 斉藤宏昌 教授、京都大学農学研究科 寺内良平 教授らの共同研究成果です。

本成果は、2018年7月10日に英国の国際学術誌「Nature Plants」 にオンライン掲載されます。

(3) AVR-D AV

イネの抵抗性タンパク質は、いもち病菌の非病原力因子というタンパク質を認識して 抵抗性反応を導きます。しかし、その認識の分子機構の詳細は未解明でした。

本研究では、英国のジョンイネス研究所、同セインズベリー研究所、(公財)岩手生物工学研究 センターと京都大学が共同で、非病原力因子(3:緑色)と抵抗性タンパク質の一部(3:灰色)の 結合結晶構造を比較し、後者の前者に対する認識特異性を原子レベルで解明しました(4)。 本成果は、作物の病害抵抗性機構を解明するための基礎的な知見として重要です。

1. 背景

世界のイネ栽培にとって、いもち病は最も重要な病害です。いもち病はカビの一種であるいもち病菌によっ てひきおこされます。いもち病の防除にとって最も有効な手段は、抵抗性のイネ品種を植えることです。いも ち病菌には、レースと呼ばれる異なる種類があって、イネは病原菌のレースに対応した異なる抵抗性遺伝子を もつことが知られていました。いもち病菌は、非病原力因子とよばれるタンパク質をイネ細胞に注入して感染 しますが、イネがこの非病原力因子を認識する抵抗性タンパク質をもっている時には抵抗性が発揮されます。 病原菌の非病原力因子をつくる遺伝子と植物の抵抗性タンパク質をつくる遺伝子がマッチした時に植物は抵抗性となり、それ以外の組み合わせでは感受性となるので、この関係は、植物病理学の分野では「遺伝子対遺伝子説」として古くより知られていました。しかしその分子レベルの詳細な仕組みについては未解明でした。 本プロジェクトは、いもち病菌の非病原力因子タンパク質 AVR-Pik をイネの抵抗性タンパク質 Pik が認識する仕組みを分子レベルで解明しました。

本プロジェクトは、京都大学農学研究科栽培植物起原学の寺内教授らが、(公財) 岩手生物工学研究センター、東京農業大学斉藤宏昌教授、英国ジョンイネス研究所 Mark Banfield 教授、同セインズベリー研究所 Sophien Kamoun 教授らと共同で取り組んできた病原菌-植物相互作用研究の成果です。

2. 研究手法・成果

イネの抵抗性タンパク質の Pikp と Pikm の2種類、いもち病菌の非病原力因子 AVR-Pik-D, AVR-Pik-E, AVR-Pik-A, AVR-Pik-C の5種類に注目し、これらの遺伝子を単離して、大腸菌でタンパク質を生産しました。 その後、生産されたタンパク質を用いて相互作用を解析しました。その結果、抵抗性タンパク質と非病原力因 子の間で、物理的に結合する強度が高いと抵抗性が誘導され、低いと感受性となることが示されました。さら に抵抗性タンパク質と非病原力因子の結合している様子を、結晶構造解析という手法をもちいて、原子レベル で解明することに成功しました。これにより、両者の結合にとって重要な分子が明らかになりました。

いもち病菌の非病原力因子のわずか1アミノ酸の違いにより、イネ抵抗性タンパク質と強く結合するかしな いかが決まります。強く結合するとイネは抵抗性になり、しないと感受性になります。いもち病菌の非病原力 因子はイネの抵抗性タンパク質からの結合を避ける方向に、イネの抵抗性タンパク質遺伝子はいもち病の非病 原力因子に結合する方向に進化が進み、これらは一方の進化が他方の進化を促す形の「共進化」を遂げている と考えられます。

3. 波及効果、今後の予定

いもち病菌の非病原力因子とイネの抵抗性タンパク質の結合結晶構造を詳細に調べることにより、どのよう なタイプの非病原力因子にも結合することが可能な抵抗性タンパク質を設計することが可能です。こうした抵 抗性タンパク質遺伝子を品種育成に利用できれば、いもち病抵抗性が長続きするイネ品種を育成することが可 能であると考えています。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、京都大学農学研究科、(公財) 岩手生物工学研究センター、東京農業大学、英国ジョンイネス研 究所、同セインズベリー研究所の共同研究成果です。京都大学における研究は、日本学術振興会科学研究費 助成金(研究代表者:寺内良平,基盤研究 S: 15H05779)の研究助成を受けて実施しました。

<論文タイトルと著者>

タイトル: Polymorphic residues in rice NLRs expand binding and response to effectors of the blast pathogen. (イネ NLR 型植物抵抗性タンパク質のアミノ酸の変更により、いもち病菌のエフェクターへの結合程度が変化して抵抗反応が変わる)

著者: JC De la Concepcion, M Franceschetti, A Maqbool, H Saitoh, R Terauchi, S. Kamoun, MJ Banfield. 掲載誌: Nature Plants DOI: ttps://doi.org/10.1038/s41477-018-0194-x いもち病は作物の世界5大最重要病害の1つ



図1. いもち病に罹病したイネ





• • •

いもち病菌は、イネの細胞内に様々な タンパク質(赤色で表示)を注入して 感染する。



いもち病菌から注入される因子のうち非病原力 因子(赤色で表示)と呼ばれるものは、 イネの細胞内の抵抗性タンパク質(緑色で表示) に認識されてイネに抵抗性反応が誘導される。

図2.

イネの抵抗性タンパク質Pik遺伝子の構造



いもち病菌の非病原力因子AVR-Pikの構造



図 3.



いもち病菌の非病原力因子(緑色)とイネ抵抗性タンパク質の一部(灰色)の 結合結晶構造。De la Conception et al. Nature Plants (2018) より

図4.



いもち病菌の非病原力因子(上) とイネ抵抗性タンパク質(下) の結合面の 原子間相互作用。異なる非病原力因子(AVR-D, AVR-E, AVR-A)と 異なる抵抗性タンパク質(pHMA, mHMA)の相互作用の様子。 De la Conception et al. Nature Plants (2018) より

図5.