

# ゲノム解読による植物病害抵抗性の解明

## —イネ-いもち病菌「遺伝子対遺伝子」の戦い

### 概要

いもち病は、イネの最重要病害の一つです。遺伝学とゲノム解読を駆使して、いもち病の発生を抑えるイネ抵抗性遺伝子を新たに発見しました。2種のイネを交雑して作った様々な遺伝子組成の子孫の集団と、2種のいもち病菌を交雑して作った様々な遺伝子組成の子孫の集団を用意してゲノム解読を行い、いもち病菌のイネへの感染試験を行い、イネの遺伝子といもち病の遺伝子(遺伝子対遺伝子)の特定の組合せによって抵抗性がおこる仕組みを調べました。結果、イネの **Piks** 抵抗性遺伝子といもち病菌の **AVR-Mgk1** 遺伝子を新たに発見しました。**Piks** タンパク質は、**AVR-Mgk1** タンパク質に直接結合して抵抗性を誘導します。ゲノム解読による「遺伝子対遺伝子」作用解明の手法は、様々な生物間相互作用を解明する上で有用な方法です。

本研究は、京都大学大学院農学研究科の杉原優博士課程学生、寺内良平教授、(公財)岩手生物工学研究センターの藤崎恒喜主任研究員ら、神戸大学、英国のセインズベリー研究所等の研究者の共同成果です。本成果は、2023年1月19日に国際学術誌「*PLOS Biology*」にオンライン掲載されました。



いもち病に罹ったイネ



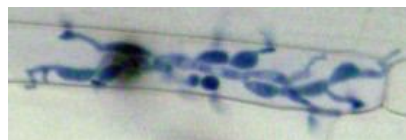
抵抗性イネの様子



感受性イネの様子

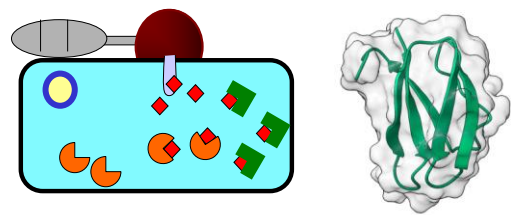


いもち病菌(カビ)の胞子

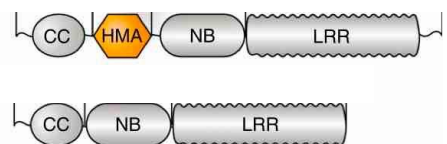


いもち病菌の菌糸がイネに侵入している様子

いもち病菌の分泌タンパク質(左)  
AVR-Mgk1タンパク質の予測構造(右)



結合して認識



イネ **Piks**タンパク質の模式図

## 1. 背景

いもち病は、いもち病菌というカビによって、様々な穀物に大きな被害を与えている世界 10 大作物病害の一つで、この病気により年間約 6 千万人分の食料が失われています。イネにおけるいもち病菌の感染の成否は様々なイネと菌との相互作用で決まっており、その相互作用の実態を明らかにし、制御することが、病気に強い農作物の作出につながるため、食料の安定供給に向けた非常に重要な課題となっています。

## 2. 研究成果

本研究ではいもち病を制御する植物と病原菌との相互作用を見つけるため、イネ品種の「ひとめぼれ」と「蒙古稲」を交配して得られた子孫(各子孫系統はゲノム解読済み)に対するいもち病菌 2 系統 (TH3o と O23) の感染性を調べました(図 1 : 上)。TH3o と O23 はともに「蒙古稲」には感染できませんが、「ひとめぼれ」には感染できません。これは、「ひとめぼれ」の *Pish* 遺伝子の機能によることがわかりました(図 1 : 交配系統#1、#3、#4)。本研究材料ではさらに、*Pish* を持たない子孫イネ系統だけを集めて調べ直すことが簡単にできます。その結果、TH3o は感染するものの、O23 は感染できない子孫(図 1 : 交配系統#2 と #6) があることがわかりました。そ

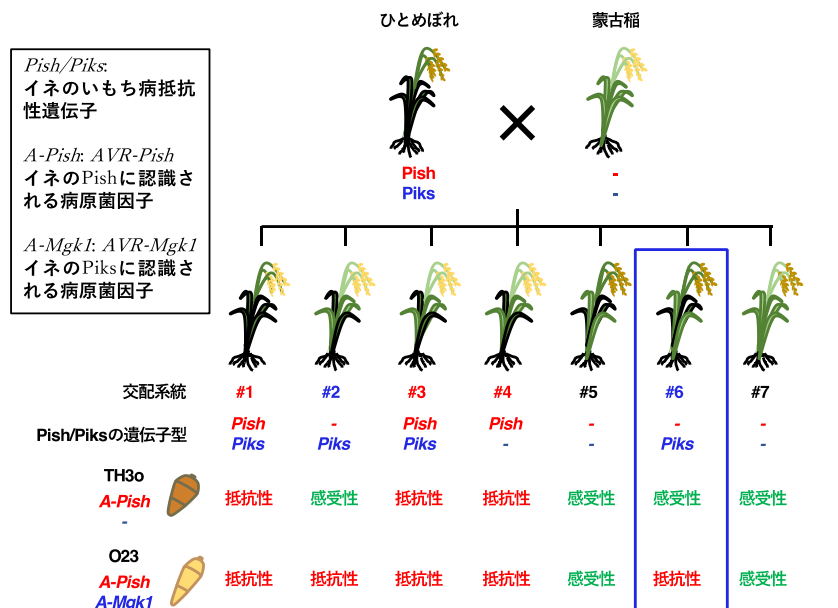
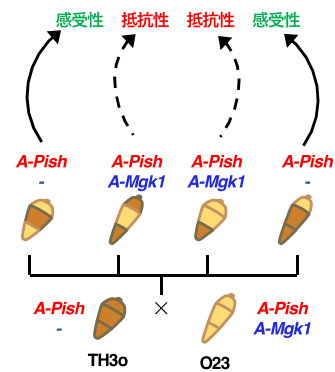


図 1 「ひとめぼれ」はいもち病抵抗性遺伝子 *Pish* と *Piks* を共にもつが、どちらも持たない「蒙古稲」と交配することで、子孫は両方持つもの、どちらか一方を持つもの、どちらも持たないもの等々に現れる(上)。ゲノム情報が整備されたイネの交配後代から *Pish* の影響を排除し、*Piks* だけを持つ子孫を選抜し(青枠)、同じくゲノム情報が整備された病原菌の交配系統と組み合わせることで(下)、抵抗性遺伝子の *Piks* とそれに認識される菌側の *AVR-Mgk1* の相互作用を迅速に同定できた。



ここで、この O23 だけに抵抗性を付与するイネ遺伝子を探索したところ、*Piks* という抵抗性遺伝子が見つかりました。イネの *Pik* 抵抗性タンパク質は、いもち病菌の *AVR-Pik* というタンパク質を認識して、イネに免疫反応を引き起こすことが知られています。しかし、*Pik* ファミリーのメンバーである *Piks* は、*AVR-Pik* に反応せず、何を認識するのかこれまでわかっていませんでした。そこで、イネと同様に、病原菌の方でも TH3o と O23 の間で交配を行い、その子孫をゲノム解読しました。この材料を使って、いもち病菌遺伝子を調べたところ(図 1 : 下)、*AVR-Mgk1* という、これまでの *AVR-Pik* とは異なる遺伝子がイネの *Piks* に認識されていることがわかりました(図 2)。この *AVR-Mgk1* の発見により、イネの *Pik* 遺伝子ファミリーの抵抗性タンパク質が多様ないもち病菌のタンパク質を認識している実態が明らかになりました。

### 3. 波及効果、今後の予定

近年、病原体の感染・発病の成否は、宿主と病原体との様々な相互作用により決まることがわかってきています。このため、植物と病原体との間の相互作用を見つけることは、取りも直さず、病原菌による作物病害を効率的にコントロールするための技術開発につながります。本研究では、各子孫系統についてゲノム配列を決定することで抵抗性につながる遺伝子の組み合わせを明らかにし、複雑な植物-病原菌間の「遺伝子対遺伝子」相互作用の1つ1つを丁寧に分けて解析しました。これにより、新しいイネとイもち病菌との相互作用を迅速に発見できたことから、こうした手法が今後、新しい遺伝子機能を見つけていく上で、有効であると考えられます。また、本研究で見つけたイネの Pik とイもち病菌の AVR-Mgk1 との相互作用は、Pik の多様な病原菌認識能力の一端を示すものであり、広範な病原菌因子を認識して免疫反応を引き起こす、より有用な抵抗性遺伝子を開発するための重要な基盤情報となります。本研究は、将来的に多種の作物の耐病性強化にも資する基礎研究であり、食料の安定供給に貢献します。

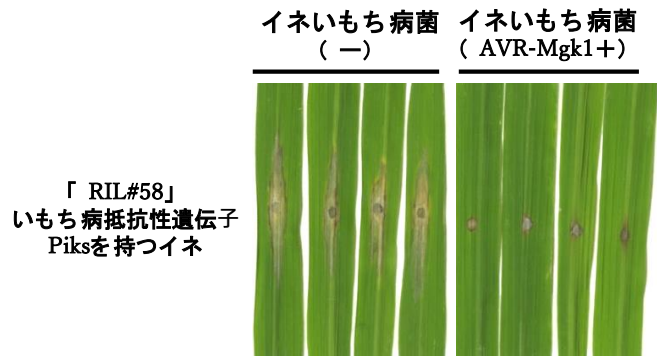


図2 イネイもち病菌にAVR-Mgk1を持たせると、Piksを持つイネに対して抵抗性となり、病斑が広がらなくなる。

#### <研究プロジェクト>

本研究は、(公財)岩手生物工学研究センター、京都大学、神戸大学、The Sainsbury Laboratory、John Innes Center の共同研究により遂行されました。また、本研究は、日本学術振興会科学研究費基盤研究(S)「イネ-イもち病相互作用の分子機構の解明」15H05779、基盤研究(S)「イネ NLR 抵抗性遺伝子の機能と進化の解明」20H05681、「日英共同研究」JPJSBP120215702 等の助成を受けて実施されました。

#### <用語解説>

**Pik**: イネがイもち病菌を認識するためのタンパク質(受容体)の1つ。AVR-Pikを持つイもち病菌の感染を認識して、イもち病の感染を抑える抵抗性反応を誘導する。そのため抵抗性タンパク質とも呼ばれる。同様の基本構造を持つ抵抗性タンパク質は様々な植物に存在する。

**Piks**: イネのイもち病抵抗性タンパク質である Pik ファミリーのメンバーの1つ。他の Pik ファミリーメンバーと非常に似た構造をもつが、他のメンバーと異なり、すでに知られている AVR-Pik を認識せず、本研究で AVR-Mgk1 を認識することが明らかとなった。

**AVR-Pik**: イもち病菌が植物への感染時に分泌するタンパク質の1つ。イネの抵抗性タンパク質 Pik に認識されると、免疫反応が誘導され、イもち病菌が感染できなくなる。

**AVR-Mgk1**: イもち病菌が植物への感染時に分泌するタンパク質の1つ。Piks を含めた様々な Pik ファミリーメンバーが AVR-Mgk1 を認識し、免疫反応を誘導することが本研究で明らかになった。

#### <研究者のコメント>

近年の生物学は、注目した遺伝子を破壊したり変更した時に生物にどのような影響が現れるかを調べる「逆遺伝学」が流行です。本研究は、かけ合わせ実験により生物の性質の違いがどのような遺伝変異に原因するのか

を調べる「順遺伝学」とゲノム解読を合体することにより、画期的な発見に至りました。相互作用している様々な生物種に対して今回用いた手法を適用することにより、今後さまざまな「遺伝子対遺伝子」相互作用を明らかにすることができると考えています（寺内良平）。

**<論文タイトルと著者>**

タイトル：Disentangling the complex gene interaction networks between rice and the blast fungus identifies a new pathogen effector. (イネといもち病菌の複雑な遺伝子相互作用ネットワークを解きほぐすことで、新しい病原体エフェクターを同定)

著者：Yu Sugihara, Yoshiko Abe, Hiroki Takagi, Akira Abe, Motoki Shimizu, Kazue Ito, Eiko Kanzaki, Kaori Oikawa, Jiorgos Kourelis, Thorsten Langner, Joe Win, Aleksandra Białas, Daniel Lüdke, Mauricio P. Contreras, Izumi Chuma, Hiromasa Saitoh, Michie Kobayashi, Shuan Zheng, Yukio Tosa, Mark J. Banfield, Sophien Kamoun, Ryohei Terauchi, Koki Fujisaki

掲載誌： *PLOS Biology*: 21(1): e3001945. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001945>