

環境とバイオテクノロジー
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書

熊倉 直祐

理化学研究所 環境資源科学研究センター
研究員

遺伝子多重破壊法を用いた感染メカニズムの網羅的解明

§ 1. 研究成果の概要

近年、植物に感染する糸状菌が数十個程度の二次代謝物生合成酵素遺伝子クラスターを持ち、それらの多くを感染時特異的に発現させることが分かってきた。この事実から、糸状菌は植物細胞に作用する二次代謝物を用いて感染を成立させると予想される。しかしながら、感染への影響が明らかになった糸状菌の二次代謝物は予想される数と比較するとごくわずかである。その理由として、病原性に寄与する因子の冗長性が挙げられる。感染に寄与する糸状菌の因子は多くの場合、単一の遺伝子破壊では表現型への影響が見られない。そこで、本課題ではモデル植物病害糸状菌である炭疽病菌において、新たに開発した多重遺伝子破壊法を用いて冗長性の問題を解決し、病原性に寄与する二次代謝物の網羅的同定を目的とした。

炭疽病菌ゲノムが持つ二次代謝物の骨格部分の合成を担う二次代謝物生合成鍵遺伝子 73 個の内、23 個の遺伝子の発現が感染時特異的に発現上昇する。これまでに、これらの 23 遺伝子の単独・多重変異体を計 28 株作出した。これらの表現型解析から、感染に寄与する複数の二次代謝物生合成鍵遺伝子を同定した。まず、感染初期に発現が上昇するポリケチド合成酵素が病原性に必須であることを明らかにした。この遺伝子の変異体は、培地上での菌の性状は野生型と差がないが、炭疽病の病徴が消失する。とりわけ、植物細胞への侵入効率が低下したことから、炭疽病菌が植物細胞へ侵入する際に必要な二次代謝物を合成することが示唆された。また多重変異体の表現型解析から、遺伝学的な冗長性を持つ二次代謝物生合成鍵遺伝子を同定した。この結果から、多重変異体を用いた病原性因子同定のアプローチが有効であることが示唆された。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Pamela Gan, Ryoko Hiroyama, Ayako Tsushima, Sachiko Masuda, Arisa Shibata, Akiko Ueno, **Naoyoshi Kumakura**, Mari Narusaka, Trinh Xuan Hoat, Yoshihiro Narusaka, Yoshitaka Takano, Ken Shirasu, Subtelomeric regions and a repeat-rich chromosome harbor multicopy effector gene clusters with variable conservation in multiple plant pathogenic *Colletotrichum* species, *Environmental Microbiology*, doi:10.1111/1462-2920.15490, 2021