研究課題別事後評価結果

１．研究課題名：　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

２．個人研究者名

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）

３．事後評価結果

本 ACT-X 研究では、有用作物を含め植物の重要な病原性糸状菌である炭疽病菌を対象に、独自の技術（多重遺伝子破壊技術等）を駆使してその感染にかかる分子メカニズムを解明しようとする、学術・産業の両面で重要な課題にチャレンジしたものである。実際に、本研究において、感染に関わる遺伝子を 4 つ同定することに成功するとともに、病原菌の付着器を介した植物細胞への侵入に関与する鍵因子を取得するなど大きな成果を挙げている。

さらに、在外研究において、新たな技術を習得・解析し、また ACT-X 内での共同研究（AFM イメージング技術等）を通じて、感染メカニズムに迫る重要な発見にも至っており、関連成果は国際誌において複数の論文（筆頭、共著論文）として結実させるなど、研究者として大きな飛躍を遂げている。今後、関連分野の国内外の研究を牽引する研究者としてさらなる飛躍が期待される。

（加速フェーズ）

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズの主要課題いずれも順調かつ着実に進展しており高く評価できる。特に、加速フェーズ前までの成果で絞り込んだ炭疽病菌の重要な 2 つの遺伝子の生産物の同定も、非常にチャレンジングな課題でありながら独創的なアイデアでその同定にほぼ至りつつあり、極めて高く評価できる。また 2 遺伝子由来のタンパク質の局在は完璧にイメージングできており、AFM による膨圧に関与し得る付着器細胞壁の孔のサイズの計測も世界初の取り組みであり、その成果が大いに期待できる。以上のように、炭疽病菌の感染関連遺伝子の同定、遺伝子産物の局在情報、ならびに AFM による表面構造の解析など多岐にわたり解析されており、加速フェーズで期待される成果を十分に挙げている。今後、社会実装への足がかりとして本成果の活用が大いに期待できる。