

「植物の機能と制御」

平成14年度採択研究代表者

川口 正代司

(新潟大学理学部 助教授)

「共生ネットワークの分子基盤」

1. 研究実施の概要

多くの陸上植物の根には菌根菌が共生しており、土壌中のリンなどの養分を効率よく植物体へ供給している。また個々の植物は、これら菌根菌の菌糸を介して「共生ネットワーク」を構成しており、種々のストレスに対する抵抗力を高めている。しかしながら菌根菌との共生系を成立させる因子あるいは宿主遺伝子に関してはほとんど明らかにされていない。本研究では、日本に自生するマメ科の草本ミヤコグサ (*Lotus japonicus*) を用い、菌根菌共生系に異常を示す共生変異体を系統的に単離・表現型解析を行うと共に、その原因遺伝子のクローニングより共生ネットワークの分子機構に迫ることを目的とする。また菌根系の成立に必要なとされる Branching factor と Myc factor の2つの因子に関するバイオアッセイ系を構築し、精製及び構造決定を試みる。本研究で得られた知見は、より高効率な共生能を植物に賦与し、生産性の向上に寄与するものと期待される。

2. 研究実施内容

川口グループ

研究分担グループ長：川口正代司（新潟大学理学部、助教授）

研究項目：菌根菌と根粒菌の共生効率を制御する HAR1 遺伝子産物の機能解析

秋山グループ

研究分担グループ長：秋山康紀（大阪府立大学大学院農学生命科学研究科、助手）

研究項目：菌根菌の菌糸の分枝を誘導する宿主因子 Branching Factor の精製

林グループ

研究分担グループ長：林誠：（大阪大学大学院工学研究科研究、助手）

研究項目：共生変異体の連鎖地図へのマッピングと詳細な表現型解析

梅原グループ

研究分担グループ長：梅原洋佐：（農業生物資源研究所生理機能研究、主任研究官）

研究項目：培養変異で単離した共生変異体の連鎖地図へのマッピング