

環境とバイオテクノロジー
2020 年度採択研究者

2021 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

植物病原糸状菌は植物免疫を打破する病原性因子を駆使することで感染を成立させる。しかしながら病原性因子の冗長性や破壊が困難な遺伝子の存在のため、従来の手法では病原性因子の同定が困難だった。本課題ではゲノム・トランスクリプトーム情報を完備した植物病原糸状菌の炭疽病菌において、マーカーリサイクリング法と CRISPR-Cas9 を組み合わせた高効率多重遺伝子破壊法を用いて病原性因子を同定し、その感染における機能を解明することを目的とした。

これまでに炭疽病菌・イネいもち病菌に保存され、いずれにおいても病原性に寄与するポリケタイド合成酵素を同定した。2021 年度はポリケタイド合成酵素が炭疽病菌感染の専門器官である付着器の機能に必要であることを明らかにした。さらに、新たに病原性に寄与する非リボソームペプチド合成酵素を同定した。また、従来用いていたマーカーリサイクリング法と比較して、より簡便・迅速な新たな多重遺伝子破壊法の開発に成功した。

【代表的な原著論文情報】

- 1) “Comparative transient expression analyses on two conserved effectors of *Colletotrichum orbiculare* reveal their distinct cell death-inducing activities between *Nicotiana benthamiana* and melon”, *Molecular Plant Pathology*, vol. 22, pp1006–1013, 2021
- 2) “The conserved *Colletotrichum* spp. effector candidate CEC3 induces nuclear expansion and cell death in plants”, *Frontiers in Microbiology*, 12:682155, 2021
- 3) “Guanosine-specific single-stranded ribonuclease effectors of a phytopathogenic fungus potentiate host immune responses”, *bioRxiv*, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.10.13.464185>, 2021