

2023 年度年次報告書

植物分子の機能と制御

2021 年度採択研究代表者

安達 広明

京都大学 大学院農学研究科／科学技術振興機構

特定助教／さがけ研究者

比較ゲノミクスを基盤とする免疫受容体ネットワークの解明とデザイン

研究成果の概要

植物は多様化した免疫受容体がつくる分子ネットワークを利用することで、多種多様な病原体を認識し、免疫応答を誘導する。本研究では、植物のゲノム情報から有用な免疫受容体遺伝子を発掘し、機能予測及び機能評価を進め、免疫受容体ネットワークの全容を解明することを目的とした。

NLR (nucleotide binding-leucine rich repeat protein) は、多種多様な病原体因子を認識する免疫受容体であり、植物の中で最も多様化した遺伝子ファミリーとして知られる。現在、NLR は役割に応じて、エフェクター認識に関わる“センサーNLR”、シグナル誘導に関わる“ヘルパーNLR”、免疫制御に関わる“モジュレーターNLR”の 3 種に大別される。複数の受容体が構成する植物 NLR 免疫系は、“NLR ネットワーク”と総称される。昨年度までに、トマト野生種・栽培種のゲノム情報から NLR 遺伝子を同定し、比較トランスクリプトミクスにより、葉と根で共に機能する NLR ネットワークをモデル化した。2023 年度は、トマト NLR 遺伝子のうち、ゲノム上で連鎖するセンサーNLR—ヘルパーNLR のペアの機能解析、モジュレーターNLR の生化学的解析を実施した。

NLR ペアのうち、ナス科を含むキク類植物種に広く保存されたヘルパーNLR として、*NRC0* を同定した。ゲノム上で近傍に位置するセンサーNLR が活性化すると、*NRC0* は高次複合体を形成し、細胞死応答を誘導することが分かった。また、モジュレーターNLR として報告した *NRCX* の生化学的解析を行ったところ、*NRCX* はセンサーNLR の活性化に関わらず、1,000 kDa 以上の高次複合体を形成すること、細胞膜画分で高蓄積することを見出した。今後、免疫受容体ネットワークモデルを基盤とし、ヘルパーNLR による免疫誘導機構、受容体ネットワーク制御機構のさらなる解明を目指す。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Adachi, H., Sakai, T., Kourelis, J., Pai, H., Gonzalez Hernandez, J.L., Utsumi, Y., Seki, M., Maqbool, A., Kamoun, S. Jurassic NLR: Conserved and dynamic evolutionary features of the atypically ancient immune receptor ZAR1, *Plant Cell*, **35**, 3662-3685, (2023).
- 2) Sakai, T., Contreras, M.P., Martinez-Anaya, C., Lüdke, D., Kamoun, S., Wu, C.H., Adachi, H. The *NRC0* gene cluster of sensor and helper NLR immune receptors is functionally conserved across asterid plants, *accepted in Plant Cell*, (2024).