

2023 年度年次報告書
植物分子の機能と制御
2022 年度採択研究代表者

加藤 大明

京都大学 大学院農学研究科／科学技術振興機構
特定研究員／さきがけ研究者

植物のストレス応答分子機構を利用した人工受容体の創出

研究成果の概要

植物は環境中において様々なストレスにさらされ、そのストレスに対応した適切な応答を行い、生存している。しかしながら、植物細胞がどの分子を、どのように認識しているか未解明な部分が多い。これまでに植物が病原菌由来のスフィンゴ脂質を細胞外セラミダーゼ NCER2 により切り出し、生成したスフィンゴイド塩基を細胞膜状の RDA2 受容体によって認識することを明らかにした。そこで本研究では、植物のスフィンゴイド塩基受容体 RDA2 がリガンドのスフィンゴイド塩基構造をどのように識別しているか、構造レベルで明らかにし、その認識機構を利用した人工受容体を創出することを目的とした。まず、RDA2 受容体の複合体構成因子の同定を免疫沈降法により試みるため、Strep タグを付加した融合 RDA2 を発現する RDA2-Strep 植物を作出した。今後、RDA2 相互作用タンパク質の検出および同定を進める。

植物のスフィンゴ脂質応答に関与する新奇因子を特定するため、スフィンゴ脂質応答を指標とした変異体のスクリーニングを実施した。約 40,000 種子の M2 集団から 500 系統程度の変異体を得た。今後、得られた変異体からスフィンゴ脂質特異的に応答が異常になる変異体を選抜し、Lumi-Map 法による原因遺伝子の特定を進める。

ジャガイモにおけるスフィンゴイド塩基受容体を特定するため、シロイヌナズナ RDA2 受容体と相同性の高い配列をジャガイモゲノムおよび近縁のトマトゲノムより検索した。昨年度評価した 3 つのジャガイモの受容体候補配列 (*StSRK78*、*StSRK79* および *StSRK80*) とは異なる候補遺伝子 (ジャガイモ 6 遺伝子、トマト 2 遺伝子) を得た。今後これらの候補遺伝子について、植物のスフィンゴ脂質認識における機能を遺伝子相補試験および遺伝子破壊試験により検討する。