

峯 彰

立命館大学生命科学部  
助教

植物－病原体－環境ネットワークの解明による  
気候変動対応型病害抵抗性の分子設計

§ 1. 研究成果の概要

病原体による農作物の減収は、世界的な農業の課題である。地球温暖化とそれに伴う降水量の増加は、農作地の高温化／高湿化を引き起こし、病原体による農作物への被害をさらに拡大すると予想されている。この原因として、高温／高湿度が病原体に対する植物の免疫を抑制する、あるいは、病原体の高病原性を引き起こす可能性が考えられるが、その仕組みに対する理解は乏しい。本研究では、高温／高湿度環境下において時間を追って変化する植物と病原体の両者のゲノムワイドな遺伝子発現パターンを解析することで、これらの環境要因が植物病害を助長する仕組みの解明を目指す。

本年度は、高温／高湿度環境下における病原細菌の遺伝子発現解析を進めた。その結果、高温／高湿度に応答して発現が変化する病原細菌の遺伝子群を明らかにした。共発現ネットワーク解析から、これらの遺伝子群の発現制御を担う転写因子を推定することにも成功した（図1）。今後は、これらの転写因子の機能を詳しく調べることで、高温／高湿度による細菌の高病原性のメカニズムを明らかにし、それを無効化する技術の開発を目指す。

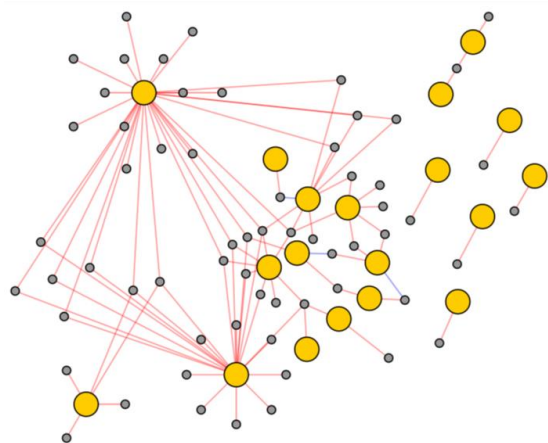


図1. 共発現ネットワーク解析による転写因子とその標的遺伝子群の子測。黄色ノードは共発現する遺伝子群を、灰色ノードは転写因子を表す。赤エッジと青エッジはそれぞれ正と負の相関関係を示す。転写因子はエッジで結ばれている遺伝子群を制御している可能性がある。