

植物分子の機能と制御
2021 年度採択研究代表者

2022 年度
年次報告書

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／さきがけ研究者

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、病害抵抗性を示す植物種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。

昨年度は、栽培種にはない病害抵抗性形質を示すトマト野生種のゲノム情報から免疫受容体遺伝子をアノテーションした。本年度は、植物組織別のトランスクリプトーム情報と比較ゲノミクスで得られた系統情報とを組み合わせることで、共に機能する免疫受容体ネットワークを予測した。さらに、免疫受容体ネットワークモデルを評価するため、トマト野生種の免疫受容体遺伝子をクローニングし、共に機能する組み合わせの評価を行っている。さらに、ナス科植物の免疫受容体機構の制御メカニズムを解明するため、生化学的解析およびライブセル解析を行った。今後、構築した免疫受容体ネットワークモデルを基盤とし、病原体分子の認識機構や、受容体ネットワーク制御機構のさらなる解明を目指す。そして、有用な免疫受容体の分子カタログの提供および免疫受容体ネットワーク活用型の新規抵抗性技術の開発に繋げる。

【代表的な原著論文情報】

1) Adachi, H.* , Sakai, S., Harant, A., Pai, H., Honda, K., Toghiani, A., Claeys, J., Duggan, C., Bozkurt, T.O., Wu, C.H., Kamoun, S. (2023) An atypical NLR protein modulates the NRC immune receptor network in *Nicotiana benthamiana*. PLOS Genet. 19: e1010500.