

イネいもち病菌の非病原性遺伝子 *AVR-Pik* の突然変異機構の解析

共生基盤学専攻 生物共生科学講座 植物圏微生物学 船引麻衣

1. 研究背景

イネいもち病はイネの最重要病害であり, その原因菌は子う菌の1種, イネいもち病菌 (*Magnaporthe oryzae*) である。イネいもち病菌に非病原性遺伝子 (AVR gene) が存在すると, その遺伝子に対応する抵抗性遺伝子 (R gene) を持つイネには感染できない。現在, いもち病の防除はこの宿主特異性を利用した抵抗性品種が用いられているが, いもち病菌のAVR geneの突然変異による抵抗性の崩壊が問題となっている。そこでいもち病菌AVR geneの変異機構を解明し, 変異を抑制することが新しい防除法につながる可能性がある。本研究では, イネのR gene *Pik*に対応するいもち病菌のAVR gene *AVR-Pik*について, 当研究室が保有する*AVR-Pik*の自然突然変異株Ina168m95-2~6株における変異機構を解明することを目的として行った。

2. 方法・結果

*AVR-Pik*の塩基配列情報を基に, PCRとサザンハイブリダイゼーションを行い, Ina168株とIna168m95-2~6株における*AVR-Pik*の存在を調べた。その結果, Ina168株には1コピーの*AVR-Pik*が存在しているがIna168m95-2~6株では欠失していることが分かった。これらの変異株において欠失した領域の末端を調べることで欠失したメカニズムが分かると考え, Ina168株の*AVR-Pik*の周辺領域を調べることにした。当研究室が保有するIna168株のコスミドライブラリーから*AVR-Pik*を含むコスミドクローンをスクリーニングし, 配列解析を行い, Ina168株と*AVR-Pik*を失ったIna168m95-2~6株のDNA配列の違いから変異機構の解析を試みた。*AVR-Pik*を含むコスミドクローンの解析の結果, Ina168株の*AVR-Pik*近傍には, *Pot2*と相同なトランスポゾン*Pot2-like*やレトロトランスポゾン*MGR583*, レトロトランスポゾンのLTR配列などの反復配列があることが分かった。一方, *Pot2-like*に隣接する低コピー領域u4はIna168m95-5株には存在しIna168m95-2, 3, 4, 6株では欠失していた。このことから, Ina168m95-5株ではu4領域より*AVR-Pik*側に, Ina168m95-2, 3, 4, 6株ではu4領域よりもさらに離れた場所に欠失領域の末端が存在するのではないかと予想された。そこで, Ina168株とIna168m95-5株に焦点を当て, さらなる配列解析を行った。Ina168株の*AVR-Pik*の3'末端側と低コピーu4領域との間には, レトロトランスポゾン*MGLR-3*のsolo-LTR, 互いに逆向きの2コピーの*MGR583*と, それに挟まれた1コピーの*MINE*とトランスポゾン*Pot2-like*があった。Ina168m95-5株では, u4相同領域u4^{m95-5}に隣接して, 1コピーの*MGR583*, *MINE*, *Pot2-like*が存在し, 上記の*AVR-Pik*の3'隣接領域との相同性を示し, 部分的に欠失及び保存されていることが分かった。以上のことから, Ina168m95-5株における*AVR-Pik*周辺領域が, 複雑な再編成を受けていることが示唆された。

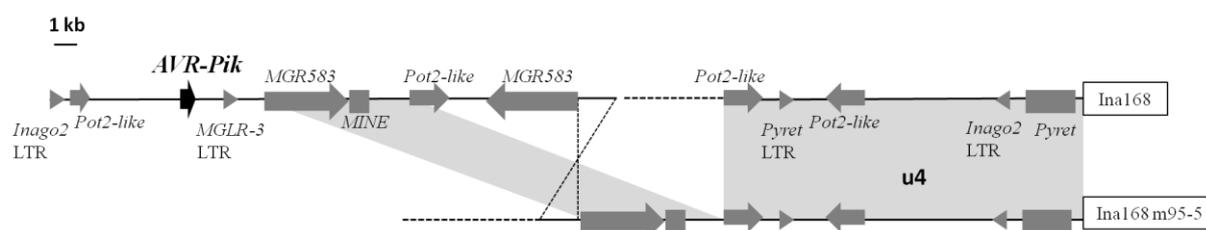


図. Ina168 の *AVR-Pik* 近傍の配列と Ina168m95-5 の相同領域