

平成 28 年 10 月 19 日  
愛 媛 大 学

## 世界初の取り組みでオオムギうどんこ病菌の病原性因子を発見！ ～うどんこ病抵抗性品種の育種研究に活路～

マックスプランク植物育種学研究所（ドイツ）の前川隆紀上級研究員と Paul Schulze-Lefert 教授、愛媛大学大学院農学研究科の八丈野孝准教授らの国際共同研究グループは、日本をはじめイギリス、ドイツ、デンマーク、スウェーデン、アメリカ、オーストラリアなど世界各地から収集したオオムギうどんこ病菌の遺伝子を比較解析し、遺伝子配列の違いと形質との関連を統計的に解析する手法によって、2つの病原性因子を新たに発見しました。

うどんこ病菌は、オオムギやコムギなどの麦類や様々な作物に感染して大幅な収量低下をもたらす病原菌です。この研究成果により、新たな品種の育種研究を効率的に展開でき、持続可能で安定した栽培を実現できるようになると期待されます。

なお、本研究成果は、米国科学アカデミー紀要『*Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America: PNAS*』のオンライン版（10月4日付け：日本時間10月5日）に掲載されました。

つきましては、取材くださいますよう、お願いいたします。

### 本件に関する問い合わせ先

愛媛大学大学院農学研究科食料生産学専攻  
植物病学研究室

准教授 八丈野 孝

TEL: 089-946-9813 Mail: yaeno@agr.ehime-u.ac.jp

マックスプランク植物育種学研究所

前川 隆紀 上級研究員

Mail: maekawa@mpipz.mpg.de

※ 送付資料 4 枚（本紙を含む）

## <研究の背景>

うどんこ病菌は植物病原糸状菌（カビ）の一種で、葉の表皮細胞に侵入すると吸器という構造を形成し、養分を吸い取って菌糸を伸ばしていきます。10日ほどで葉の表面に白い胞子が無数に形成され、風で拡散します。葉が粉を吹いたように見えることから「うどんこ病」と呼ばれています（図1）。麦類だけでなく様々な作物にもうどんこ病は発生し、殺菌剤で防除しなければ収量が30%以上も減ってしまうといわれています。

一般的に病原菌は、病原性因子を分泌して植物の防御を攪乱し感染することが知られています。それに対して抵抗性を持つ植物は、細胞に入ってきた病原性因子を感知して強力な免疫反応を引き起こすセンサータンパク質を持っています。オオムギの抵抗性品種も免疫センサータンパク質を持っており、品種間でその構造にバリエーションがあることがわかっています。そのため、構造が異なる免疫センサーがそれぞれ異なる病原性因子を感知すると考えられていますが、病原性因子自体がまだほとんど見つかっていないため、その仕組みはよくわかりません。

## <研究の内容>

オオムギうどんこ病菌は、胞子の寿命が24時間程度しかないため遠くに拡散しづらく、地域ごとに別々に適応していると考えられていました。共同研究グループはそこに着目し、日本をはじめイギリス、ドイツ、デンマーク、スウェーデン、アメリカ、オーストラリアなど世界中の異なる地域から17菌株のオオムギうどんこ病菌を収集しました。世界初となる大規模な菌株集団を用いて、ゲノムワイド関連解析法という、遺伝子の配列の違いと形質との関連を統計的に解析する新しい手法を駆使し、菌株間の遺伝子配列の違いを網羅的に比較解析することで2つの病原性因子タンパク質 AVR<sub>A1</sub> と AVR<sub>A13</sub> を新たに発見しました（図2）。さらに、これらの病原性因子が細胞内免疫センサータンパク質である MLA1 と MLA13 によって感知されることを明らかにしました（図3）。日本で採取された2つの菌株のうち、OU14株はヨーロッパ品種と日本品種との交配種であるビール麦「はるな二条」から2014年に採取されました。もうひとつの RACE1株は日本でヨーロッパ品種の栽培が盛んになる前の1950年代に採取され、日本古来のはだか麦「コビカタギ」に接種して研究室内で60年以上維持されてきました。今回の解析により、OU14株はヨーロッパの10菌株と遺伝的によく似ており、人間の活動に伴って近年ヨーロッパから運ばれてきた可能性が示されました。一方で RACE1株は、他の16菌株とは明らかに遺伝的に異なることが判明し、日本で独自に進化してきたことがわかりました。今回の研究結果からは、このような地理的要因及び栽培品種が病原菌の進化に与える影響についても興味深い知見を得ることができました。

## <今後の期待>

病原性因子を発見したことにより、病害発症メカニズムの解明が急速に進むと期待されます。それに加えて細胞内免疫センサーによる感知メカニズムが解明されると、病原性因子を作る遺伝子の突然変異に対応した細胞内免疫センサー遺伝子の分子育種研究を効率的かつ迅速に展開させることが可能になると考えられます。はだか麦生産日本一の愛媛県だけでなく、ビール麦などを生産する国や地域にとっても、農薬の使用を極力抑えた持続可能で安定した栽培の実現が期待されます。愛媛県にはヨーロッパ品種ではなく、はだか麦に適応した日本独自のうどんこ病菌が多く存在すると考えられます。これら

の菌株のゲノム情報はどのように病原菌が特定の栽培品種へ適応していくのかを知る上での重要な手掛かりになると考えられます。このような、うどんこ病菌を発見された方は愛媛大学当研究室までご一報ください。

### <論文情報>

掲載誌：Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America

題名：Allelic barley MLA immune receptors recognize sequence-unrelated avirulence effectors of the powdery mildew pathogen

著者：Xunli Lu<sup>1</sup>, Barbara Kracher<sup>1</sup>, Isabel Saur<sup>1</sup>, Saskia Bauer<sup>1</sup>, Simon R. Ellwood<sup>2</sup>, Roger Wise<sup>3</sup>, Takashi Yaeno<sup>4</sup>, Takaki Maekawa<sup>1</sup>, and Paul Schulze-Lefert<sup>1</sup>

1. Department of Plant-Microbe Interactions, Max Planck Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany, 2. Department of Environment and Agriculture, Curtin University, Perth, Australia, 3. Department of Plant Pathology and Microbiology, Center for Plant Responses to Environmental Stresses, Iowa State University, IA, USA, 4. Faculty of Agriculture, Ehime University, Ehime, Japan.

### <参考図>



図1. オオムギうどんこ病菌に感染した葉

葉の表面に白い胞子が無数に形成されて風で拡散するため、発生してしまうと防除が困難になる。

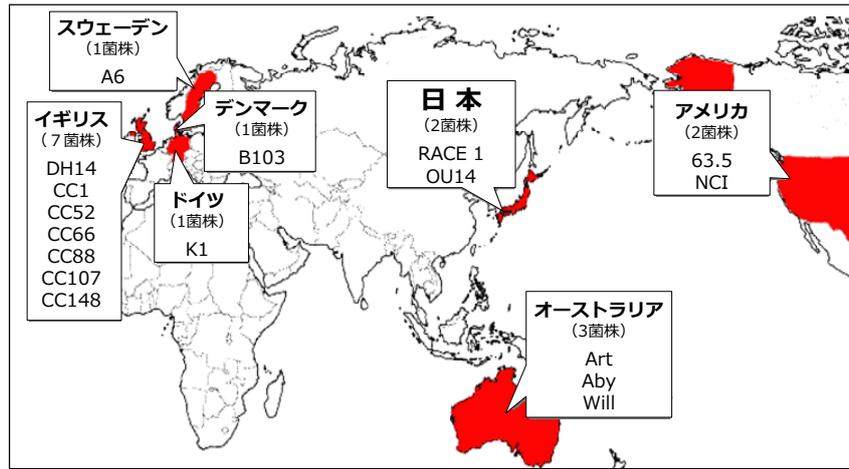


図2. 世界各地から収集したオオムギうどんこ病菌 17 菌株

ゲノムワイド関連解析法により 17 菌株の遺伝子配列を網羅的に比較解析し、 $AVR_{A1}$  と  $AVR_{A13}$  という新たな病原性因子タンパク質を発見した。

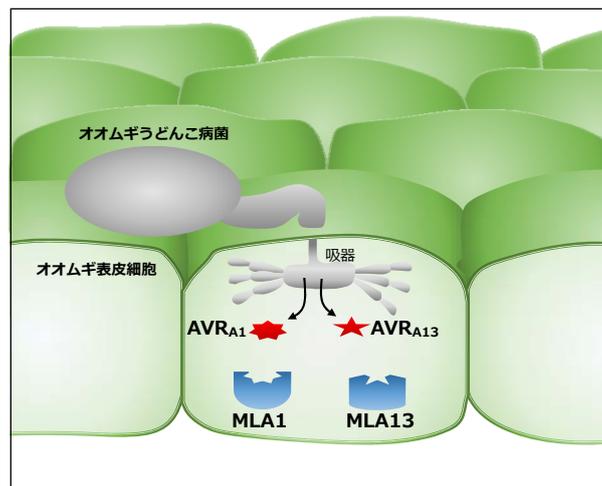


図3.  $AVR_{A1}$  および  $AVR_{A13}$  を感知するオオムギ細胞内免疫センサー MLA1 および MLA13

オオムギうどんこ病菌は吸器から病原性因子を分泌してオオムギ細胞へ送り込み、防御反応を攪乱して感染する。抵抗性品種では細胞内免疫センサータンパク質 MLA1 および MLA13 が、今回の研究で発見した  $AVR_{A1}$  および  $AVR_{A13}$  を感知し、強力な免疫反応を引き起こして抵抗性を示すことを明らかにした。