

キウイフルーツかいよう病菌 Psa3 系統の比較ゲノム解析と Psa3 系統の病原性因子の同定

試験研究計画名：野生種遺伝資源を利用したキウイフルーツ Psa3 系統耐病性付加による競争力強化戦略

地域戦略名：野生種遺伝資源を利用したキウイフルーツ Psa3 系統耐病性付加による競争力強化戦略

研究代表機関名：(国) 香川大学

地域の競争力強化に向けた技術開発のねらい：

キウイフルーツ生産地にとって近年世界的に問題となっているキウイフルーツかいよう病菌 Psa3 系統について、香川県内で分離された Psa3 系統 4 菌株のゲノム情報を解明し、これらの情報から本菌株の性状を明らかにすることで本菌に対する防除対策に用いることをねらいとしました。また、Psa3 系統の病原性に関わる因子を同定することで試験研究機関等での耐病性品種の育種などによる本菌の防除法の開発に利用することを目的としました。

開発技術の特性と効果：

香川県内で分離された Psa3 系統 4 菌株のドラフトゲノム情報を解析し、公開されたゲノム情報との比較ゲノム解析を行うことで、本菌株はニュージーランドで分離されたパンデミック株とゲノムレベルで同一菌株であることを明らかにしました。また、病原性試験に標準株として使用している FY-4 株については、完全長ゲノム配列を取得し(図1)、公共データベースに登録しました。これらの情報により病原菌と宿主との関係が遺伝子レベルで解析することが可能となり、耐病性品種の育種などに有用な情報を提供できるようになりました。Psa3 系統の病原性におけるエフェクターの重要性について解析し、エフェクター分泌に必須なⅢ型分泌装置がキウイフルーツ葉内での Psa3 系統菌株の増殖に必須であることを明らかにしました(図2)。これらの結果により Psa3 系統の病原性にエフェクターの重要性を明らかとし、本菌の防除法の開発に重要な病原菌側の標的分子を明確にしました。

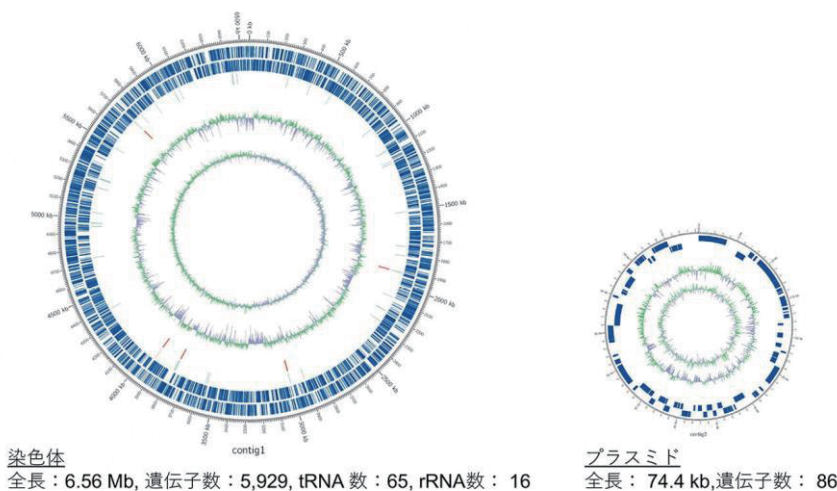


図 1. 香川県内で分離された Psa3 FY-4 株 (MAFF212211) の染色体 DNA およびプラスミド DNA の完全長ゲノム配列

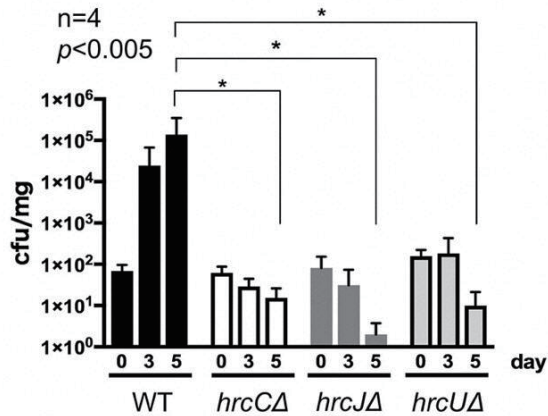


図2. III型分泌装置遺伝子破壊株 (*hrcC*Δ, *hrcJ*Δ, *hrcU*Δ)では野生株と比較したキウイフルーツ葉内での増殖が著しく低下した。

開発技術の経済性：

香川県内で分離された Psa3 系統比較ゲノム解析を行うことで、これら全ての菌株がニュージーランドで分離されたパンデミック株と同一であることが明らかになりました。本菌の由来が明確になったことで、花粉の汚染検査等の予防策を講じることの重要性が明確となり、被害の拡大を効果的に防ぐことが可能となり、キウイフルーツ農家における増産が期待できます。

こんな経営、こんな地域におすすめ：

キウイフルーツ生産者、試験研究機関および大学等研究機関。特にキウイフルーツかいよう病 Psa3 系統発生地域。

技術導入にあたっての留意点：

Psa3 系統 4 菌株のドラフトゲノム情報は既に公開されています (BioProject, Accession No. PRJDB6661) が、FY-4 株の完全長ゲノム配列については論文の公表とともに公開する予定です。Psa3 系統菌株の遺伝子破壊株の作製についてはある程度習熟した遺伝子組換え技術が必要となります。

研究担当機関名：国立大学法人香川大学、香川県農業革新支援センター

お問い合わせは：国立大学法人香川大学農学部 応用分子細胞生物学研究室

電話 087-891-3110(代表) E-mail mtabuchi@ag.kagawa-u.ac.jp

執筆分担 (香川大学農学部 田淵 光昭)