オーキシン集積を制御する白葉枯病圃場抵抗性遺伝子 *OsSAUR51*

国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 中央農業研究センター　青木秀之（あおきひでゆき）

はじめに

白葉枯病菌（*Xanthomonas oryzae*）は日本西南暖地および東南アジアでのイネの主要病原菌である。白葉枯病抵抗性には真性抵抗性と圃場抵抗性がある。真性抵抗性は単一の抵抗性遺伝子による特定の菌系への強い抵抗性であり，抵抗性を持たない菌系に対しては親和性となる。他方，圃場抵抗性は複数の菌系に対して感染はするが幅広い抵抗性を持ち，新しい菌系の出現による抵抗性の無効化が生じにくい。筆者らはいまだわかっていない白葉枯病圃場抵抗性のメカニズムを解明することが作物防疫上重要であると考え，既存品種および突然変異系統から圃場抵抗性遺伝子の単離に取り組んでいる（青木ら，2006；Aoki et al., 2016；青木・斎藤，2016）。本研究では圃場抵抗性遺伝子 *OsSAUR51* が白葉枯病抵抗性を誘発することと，病原菌に対するオーキシンを介した圃場抵抗性機構に関して論議したい（Aoki et al., 2016 a）。

Ⅰ　白葉枯病抵抗性遺伝子 *OsSAUR51* の同定

筆者らはイネの白葉枯病抵抗性遺伝子を探索するために，レトロトランスポゾン *Tos17* が挿入された‘日本晴’由来の突然変異系統群（Miyao et al., 2007）に白葉枯病菌（race ⅢA）を剪葉接種し，白葉枯病抵抗性が低下した突然変異個体（XC20）を選抜した（青木ら，2006）。原品種‘日本晴’およびXC20に5菌系（race Ⅰ, Ⅱ, ⅢA, Ⅳ, Ⅴ）の白葉枯病菌を接種すると，XC20はいずれの菌系に対しても白葉枯病抵抗性が低下していたことから，*Tos17* によって圃場抵抗性にかかわる遺伝子の機能が失われたと考えられる。

XC20からゲノムDNAを単離し，白葉枯病圃場抵抗性にかかわる *Tos17* の隣接配列をInverse PCRによって調査すると，第9染色体の *Tos17* 挿入部位9 bp下流にイネ *SAUR*（small auxin-up RNA）ファミリーの *OsSAUR51*（432 bp）が存在した。*SAUR* は *Aux/IAA*（auxin/indole acetic acid），*GH3*（Gretchen Hagen 3）とともにオーキシン早期反応遺伝子と定義されている（Hagen and Guilfoyle, 2002）。

‘日本晴’ゲノムには58個の *OsSAUR* ファミリーが存在するが（Jain et al., 2006），アミノ酸配列で相同性を比較するとOsSAUR51（144aa）は‘日本晴’のほかのOsSAURとは相同性が低く，OsSAUR40（78%），OsSAUR42（66%）だけが60%以上の相同性があった。OsSAUR51以外に病原菌の感染によって誘導されるSAURにはコショウupa5（Marois et al., 2002）があるが，OsSAUR51との相同性は36%しかなく特異的なドメインも存在しなかったことから，SAURは病原菌の感染を直接の発現シグナルとしていないと推測された。

Ⅱ　白葉枯病菌接種およびオーキシン処理による *OsSAUR51* の発現

筆者らはRT-PCRによって白葉枯病菌感染およびオーキシン処理（10 μM IAA）後の *OsSAUR51* mRNAの発現を調査した（図-1）。‘日本晴’では白葉枯病菌接種5～14日後およびオーキシン処理0.2～24時間後に *OsSAUR51* mRNAの発現が観察された。しかしXC20では *OsSAUR51* mRNAの発現はほとんど観察されなかったことから，開始コドン直前に挿入されていた *Tos17* が *OsSAUR51* の発現を妨げていると考えられた。これまでの研究から，病原菌が感染すると病原菌自身のオーキシ

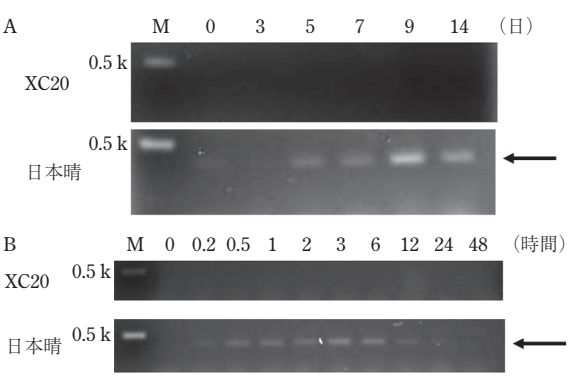

図-1　白葉枯病菌の接種（A）およびオーキシン処理（10 μM IAA）（B）による *OsSAUR51* mRNAの発現
M：マーカー，矢印：*OsSAUR51* mRNA.

The Rice *OsSAUR51* Gene Functions in the Auxin-related Field Resistance against Bacterial Blight Disease.　By Hideyuki Aoki

（キーワード：イネ，白葉枯病，圃場抵抗性，オーキシン，オーキシン早期反応遺伝子，SAUR）

植物防疫