

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		植物免疫の多様性を担保する超高頻度変異導入メカニズムの発見に関する萌芽的研究			
研究テーマ (欧文) AZ		Analysis of induction of hypermutation into plant resistance genes			
研究氏 代表名 者	カカナ CC	姓)ウチダ	名)ナオユキ	研究期間 B	2009 ~ 2011 年
	漢字 CB	打田	直行	報告年度 YR	2011 年
	ローマ字 CZ	Uchida	Naoyuki	研究機関名	奈良先端科学技術大学院大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科・助教			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>植物の免疫応答では、感染因子の認識を行い感染応答の起点となる R タンパク質と呼ばれるタンパク質ファミリーが知られている。Rタンパク質群をコードするR遺伝子群は、変異するスピードが速いと想定されており、この仕組みにより植物は、無限に多様な感染因子に対応するための多様性を担保することができるかと想定されている。しかし、このような「進化的タイムスパンで進行する現象」を実験的に解析することは困難であり、この事象を担う分子機構は全く解明されていない。</p> <p>本研究テーマでは、R 遺伝子群の変化を捉えるために、形態の変化を指標に R 遺伝子の1つである UNI 遺伝子の核酸配列の変化が検知できるというきわめて特異な性質を持つ uni-1D 変異体を用い、R 遺伝子が増殖する際に関わる機構に迫ることを目的とした。</p> <p>uni-1D 変異体では感染応答反応の1つであるサリチル酸経路が活性化している。そこで、この経路の活性化が、UNI 遺伝子の変化の頻度と関係があるのかを調べるために、uni-1D 変異体においてサリチル酸合成酵素遺伝子を破壊した状態を作り、UNI 遺伝子の変化の頻度を解析した。その結果、サリチル酸経路が活性化できない状況では、UNI 遺伝子の変化の頻度が低下することが明らかとなった。この結果から、感染応答反応の活性化が、その反応の起点である R 遺伝子自身の変化を促すという、新しい仮説が提唱できる。</p> <p>また、ゲノム中に存在する R 遺伝子群全て、あるいは、R 遺伝子群以外の遺伝子群においても、感染応答反応が活性化した際に核酸配列の変化が促されるのかを解析するために、次世代シーケンサーを用いた全ゲノム配列解析を行うための準備を行った。その結果、全ゲノム配列を解析する条件設定が完了し、植物体に新たに導入した変異を同定することにも成功した。</p> <p>以上の結果を踏まえ、ゲノム全体を対象にした解析を進めていく予定である。</p>					
キーワード FA	R 遺伝子	変異導入	植物免疫	次世代シーケンサー	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	Arabidopsis ERECTA-family Receptor Kinases Mediate Morphological Alterations Stimulated by Activation of NB-LRR-type UNI proteins.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Uchida N et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Plant and Cell Physiology					
	ページ <sup>GF</sup>	804 ~ 814	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	1	巻号 <sup>GD</sup>	52
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	Identification of EMS-induced Causal Mutations in a Non-Reference <i>Arabidopsis thaliana</i> Accession by Whole Genome Sequencing.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Uchida N et al.	雑誌名 <sup>GC</sup>	Plant and Cell Physiology					
	ページ <sup>GF</sup>	716 ~ 722	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	1	巻号 <sup>GD</sup>	52
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	~	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 EZ

In plant immunity, R proteins encoded by R genes function as immune receptors. R genes are assumed to evolve relatively quickly, and this assures the evolutionary diversity of R genes to respond to a broad range of pathogens. However the involved molecular mechanisms are unknown.

In this project, I focused on the Arabidopsis uni-1D mutant that harbors a unique characteristic to analyze changes of nucleotide sequences in the UNI gene, an R gene. It is possible to detect mutations in UNI genes by index of morphological alterations of uni-1D mutant plants. In uni-1D, salicylic acid (SA) pathway is specifically activated among immune responses. When the SA pathway was inactivated, the frequency of changes of the UNI gene was reduced, suggesting a novel possibility that activation of an immune response could stimulate the change of R genes.

I also started to use next generation sequencing technologies to detect genome-wide changes of nucleotide sequences to examine whether activation of immune responses can stimulate changes of all R genes or possibly also other genes in the genome. I have almost finished the set-up for the analysis, and I actually succeeded in the detection of newly introduced de novo mutations. Further analysis will be performed in the future using this system.