

近畿大学大学院農学研究科の博士後期課程・吉久采花氏、研究員・吉村智美氏、アグリ技術革新研究所・川崎努教授らのグループは先ごろ、岩手生物工学研究センター、京都大学との共同研究により、イネの白葉枯れ病菌の感染力の源となるタンパク質を検出し、強力な免疫反応を誘導する仕組みを明らかにした。病気に強い植物の開発につながるこれが期待されるという。

これまで、イネが持つ病原菌を発見するセンサーの役割を果たす「Xa1」という受容体がある病原菌の「TALエフェクター」というタンパク質を認識し、強い免疫反応を誘導することは知られていた。しかしそ

近畿大大学院教授らのグループ

イネの免疫誘導を解明 病気に強い植物開発へ

の分子メカニズムは不明だった。

今回、Xa1内の「BEDドメイン」という領域が特定の転写因子となるタンパク質を介してTALエフェクターと相互作用を起こすことで、Xa1がTALエフェクターとが期待されるという。

を認識することが分かった。この特定の転写因子が「OSERF101」であることを発見した。

今回の「BEDドメイン」という領域が特定の転写因子となるタンパク質を介してTALエフェクターと相互作用を起こすことで、Xa1がTALエフェクターとが期待されるという。

植物の青枯れ病も引き起こす。

Xa1による免疫システムを応用できれば、これら多くの病害に対して強力な免疫機能を誘導することが可能になり、病気に強く収量も安定した植物の開発につながるという。