

2019年4月19日

博士学位論文の要旨

ウリ類炭疽病菌におけるホメオボックス転写制御因子の機能解析

Functional analysis of homeobox transcription factors in *Colletotrichum orbiculare*

滋賀県立大学大学院博士後期課程

環境科学研究科環境動態学専攻

生物生産研究部門

平岩 綾

論文要旨の英文抄訳(150語程度)

In order to analyze the infection mechanism of *Colletotrichum orbiculare*, which is the causal agent of cucumber anthracnose, putative pathogenesis-related genes of *C. orbiculare* were obtained by AtMT (*Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation) method. One of the putative pathogenesis-related genes, the homeobox gene *CoHox1* was analyzed by gene disruption. As a result, *CoHox1* disruption mutants lost pathogenicity and the infection hyphae of *CoHox1* disruption mutants did not extend from the penetrated host cell into neighboring cells. Therefore, *CoHox1* has been suggested to be involved in morphogenesis of infection hyphae in host plants. The homeobox gene *CoHox3* also was analyzed by similar investigation. As a result, it was found that *CoHox3* is involved in morphogenesis of the appressorium. Thus, the homeobox transcription factors may be involved in various stages of infection processes in *C. orbiculare*.

論文の要旨(200字程度)

ウリ類炭疽病菌の感染メカニズムの解析のため、AtMT法を用いてウリ類炭疽病菌の推定病原性関連遺伝子を得た。そのうちの1つのホメオボックス遺伝子 *CoHox1* について、遺伝子破壊による解析を行った結果、*CoHox1* は宿主植物内での侵入菌糸の形態分化に関与することが示唆された。ホメオボックス転写因子 *CoHox3* についても同様に解析を行った結果、付着器の形成に関与することがわかった。よって、ホメオボックス転写因子はウリ類炭疽病菌の宿主への感染と病原性の発現に重要な因子である。