

らかとなっているので、感染における CCT 毒素の役割を調べた。トマトの切取り葉には病斑を形成しない各種 *C. cassiicola* 病原菌（キュウリ褐斑病菌、シソ斑点病菌）および *Alternaria alternata* 病原菌（ナシ黒斑病菌、リンゴ斑点落葉病菌など）の胞子に CCT 毒素を加えてトマト切取り葉に接種すると、*A. alternata* では感染が誘発されたが、*C. cassiicola* では感染誘発が見られなかった。トマトには抗菌性物質の α -トマチンが存在するので、各種 *C. cassiicola* 病原菌および *A. alternata* 病原菌の胞子発芽時の α -トマチン解毒能力を調べると、*A. alternata* ではすべての菌が α -トマチンを解毒したが、*C. cassiicola* ではトマト褐色輪紋病菌のみ α -トマチンを解毒した。以上の結果より、トマト褐色輪紋病菌のトマトへの感染には CCT 毒素生産以外に α -トマチンの解毒も重要であるように思われる。（鳥取大農）

(85) 塩見 寛・児玉基一朗*・尾谷 浩* 褐色輪紋病抵抗性および感受性トマトでの CCT 毒素感受性と褐色輪紋病菌の感染行動 Shiomi, H., Kodama, M. and Otani, H.: CCT-Toxin Sensitivity of Resistant and Susceptible Germplasms to *Corynespora* Target Spot of Tomato and Infection Behavior of the Pathogen on the Germplasms CCT 毒素感受性の違いによって、トマト野生種および品種は高度抵抗性、抵抗性、感受性、高度感受性に分けられる。Blis ら（1973）が本病抵抗性と報告した PI112215 (*L. pimpinellifolium*) および同じ野生種である LA1248 は高度抵抗性、耐病新交 1 号とスクラムは抵抗性、桃太郎やボンデローザなどの栽培品種の殆どは感受性、BF 興津101号と LS-89 は高度感受性である。これらの 4 タイプにおける褐色輪紋病菌の感染行動を観察したところ、高度抵抗性と抵抗性では侵入菌糸形成率が10%以下と低く、また侵入できても 1 細胞内にとどめられていた。両者では侵入菌糸形成率や伸展程度に違いがなく、また発病程度にも大きな違いは見られなかった。一方、感受性と高度感受性では侵入菌糸形成率が30%以上と高く、さらに隣接細胞にまで伸展していた。こちらも、両者での侵入菌糸形成率や伸展程度に違いが見られなかったが、発病程度には明確な差があり、それは CCT 毒素感受性の違いによるものと思われる。

（タキイ種苗・*鳥取大農）

(86) 朝倉万琴・奥野哲郎・高野義孝 ウリ類炭疽病菌のイソクエン酸リアーゼ遺伝子 *ICL1* の機能解 Asakura, M., Okuno, T. and Takano, Y.: Functional Analysis of Isocitrate Lyase Gene *ICL1* in *Colletotrichum lagenarium* 我々はペルオキシソーム関連遺伝子 *PEX6* の解析より、ウリ類炭疽病菌においてペルオキシソーム代謝機構が、付着器の成熟化に重要であることを明らかにしている。一方でペルオキシソ

ム内のどの代謝機構が付着器の成熟化に関与しているかについては明らかではない。今回、ペルオキシソーム代謝経路のうち、グリオキシル酸回路の役割を調べるため、その構成酵素であるイソクエン酸リアーゼをコードする遺伝子 *ICL1* を単離し、その機能解析を行った。*ICL1* 遺伝子破壊株を作出した結果、破壊株はジャガイモ・ブドウ糖寒天培地上で野生株と同等に生育した。しかし、脂肪酸を唯一の炭素源とする培地においては、顕著な生育低下を示し、*PEX6* 破壊株と共通の表現型を示した。一方、メラニン化やサイズの低下した未熟な付着器を形成する *PEX6* 破壊株とは異なり、*ICL1* 破壊株は形態的には野生株と同等の付着器を形成した。これらの結果より、ウリ類炭疽病菌においてグリオキシル酸回路は脂肪酸培地上での生育には必要であるのに対し、付着器の成熟化には必須ではないと推定された。（京大院農）

(87) 生駒卓也・須賀晴久*・鈴木 徹*・Kistler, H. C.**・景山幸二***・百町満朗 ムギ類赤かび病菌 *Fusarium graminearum* の発芽胞子におけるプロテオーム解析 Ikoma, T., Suga, H., Suzuki, T., Kistler, H. C., Kageyama, K. and Hyakumachi, M.: Proteome Analysis of Germed Conidiospores of *Fusarium graminearum* ムギ類赤かび病菌 *Fusarium graminearum* は2003年、36 Mbp のゲノムの全塩基配列が決定され、11,640個の遺伝子を持つことが推定されている。本研究では *F. graminearum* の発芽胞子を用い、タンパク質レベルでの遺伝子発現解析を試みた。*F. graminearum* PH1 株の発芽分生胞子から調整した総タンパク質を、一次元目に pI3-10 の等電点電気泳動、二次元目に12.5%ゲルの SDS-PAGE 供試して各タンパク質に分離した。ゲルをクマシーブリリアントブルー染色した場合は約250個、銀染色した場合は約410個のスポットが検出された。分離されたタンパク質をペプチドマスフィンガープリンティング法に供試し、*F. graminearum* の遺伝子データベースを対象にしたマスコットサーチにかけた。その結果、292個のタンパク質スポットに対する79遺伝子が同定された。ここでは同一の遺伝子と同定された複数のタンパク質スポットが35組あった。本研究により、*F. graminearum* では少なくともこれらの遺伝子が発芽胞子において発現していることがタンパク質レベルで明らかとなった。

（岐阜大応生・*岐大生命セ・**University of Minnesota・

***岐阜大流域研セ）

(88) 有本 裕・森 翔吾*・堂前 直・根岸寛光*・吉田隆延**・寺岡 徹***・有江 力*** キャベツ萎黄病菌 *Cong:1-1* およびその病原性欠損変異株 *REMI10* 由来のタンパク質の二次元電気泳動による比較 Arimoto,