

イネの葉いもち発病抑制に対する量的抵抗性遺伝子の組合せ効果

—量的抵抗性遺伝子の集積利用を目指して—

国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 中央農業総合研究センター **やす だ のぶ こ**
安 田 伸 子

はじめに

品種抵抗性を利用した病害防除技術は、食の安全・安心や環境負荷軽減に通じる減農薬を実現し、防除の省力化や低コスト化に貢献するものとして期待されている。イネの重要病害であるいもち病の防除においても、罹病性病斑の形成をほぼ完全に抑制する質的抵抗性遺伝子を持つ品種が利用されてきた。しかし、品種の普及3~4年後には、これを侵すいもち病菌レースが出現し、抵抗性が無効となってきた。近年は、いもち病菌の感染は許すがその増殖を抑制し、広範囲ないもち病菌レースに効果があるとされる量的抵抗性遺伝子の育種利用が進められている。

これまでに、外国のイネや陸稲品種のいもち病抵抗性の遺伝解析が行われ、*pi21* (FUKUOKA et al., 2009), *Pi34* (ZENBAYASHI-SAWATA et al., 2007), *Pi35* (FUKUOKA et al., 2014), *Pi39* (TERASHIMA et al., 2008), *Pi63* (XU et al., 2014) および *Pb1* (HAYASHI et al., 2010) 等の量的抵抗性遺伝子が同定されてきた。量的抵抗性遺伝子を単独で利用すると、冷害年など環境条件によっては発病が増加する。そこで、一つの品種に複数の遺伝子を集積して利用することが望まれるが、集積効果の詳細な研究事例は少ない。

筆者らは、遺伝解析の進んでいる3個の抵抗性遺伝子 *pi21*, *Pi34*, *Pi35* に着目し、遺伝子を単独あるいは2個ずつ保有する‘コシヒカリ’の戻し交雑系統を用いて、葉いもち感染の各段階における発病抑制効果ならびに遺伝子の集積効果を検討した (YASUDA et al., 2015)。

I 量的抵抗性遺伝子の単独保有系統の特徴

量的抵抗性遺伝子 *pi21* は、陸稲品種‘オワリハタモチ’の第4染色体に位置する劣性遺伝子で、量的抵抗性遺伝子としては世界で初めて単離された (FUKUOKA et al.,

2009)。遺伝子がコードしているのは、金属と結合する部位とプロリンというアミノ酸に富む領域が結合しているユニークな構造のタンパク質であることが明らかにされている。*Pi34* は陸稲品種‘戦捷’に由来する優性遺伝子で、第11染色体に座乗することが明らかとなっているが、単離はされていない (ZENBAYASHI-SAWATA et al., 2007)。*Pi35* は、中国のイネ品種‘荔支江’に由来する優性遺伝子で、第1染色体に位置し、Nucleotide-Binding Site-Leucine-Rich Repeat (NBS-LRR) と呼ばれる植物の病害抵抗性遺伝子に多く見られる構造を持っている (NGUYEN et al., 2006; FUKUOKA et al., 2014)。これらの遺伝子をそれぞれ単独で保有するイネ系統にいもち病菌を接種し、いもち病による病斑面積率を比較してみると、‘コシヒカリ’の病斑面積率は60%程度なのに対して、*pi21*, *Pi34*, *Pi35* を単独で保有する系統の病斑面積率は、それぞれ、29%, 52%, 15%で、発病抑制程度は、遺伝子により異なることが明らかとなった (図-1)。いもち病菌の感染過程ごとの遺伝子の効果を感染開始時から順を追って見てみると、どの抵抗性遺伝子も、いもち病菌がイネ細胞に侵入する頻度 (侵入率) には影響を及ぼさ

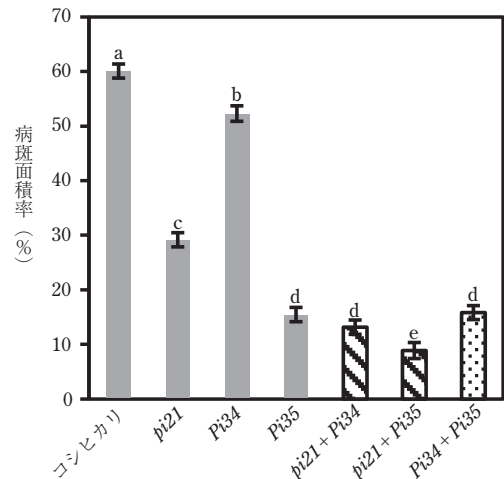


図-1 イネ系統の病斑面積率
斜線バーは集積効果あり、ドットバーは集積効果なし。図中の縦線は標準誤差。アルファベット小文字が異なる場合は有意差あり。5.8葉期のイネに接種。

Gene Combination is the Key to the Effective Control of Blast by Pyramiding Quantitative Resistance Genes of Rice. By Nobuko YASUDA

(キーワード: イネ, いもち病, 量的抵抗性遺伝子, 集積効果)