

[成果情報名] イネごま葉枯病高度抵抗性品種「IR58」に由来する抵抗性 QTL

[要約] 「IR58」由来のごま葉枯病抵抗性 QTL (量的形質遺伝子座) を第 2、第 11、第 12 染色体上に検出した。これら QTL は罹病性品種「みえのゆめ」遺伝的背景で抵抗性を発現し、特に第 11 染色体の QTL は強度で実用的な抵抗性を示す。

[キーワード] イネごま葉枯病、抵抗性 QTL、IR58

[担当] 三重県農業研究所・農産研究課、伊賀農業研究室

[分類] 研究

[背景・ねらい]

「IR58」は既往の研究においてイネごま葉枯病 (以下、ごま葉枯病) に対して最も強い抵抗性を示した (松本ら 2017)。そこで、「IR58」が持つ抵抗性 QTL (量的形質遺伝子座) を検出するとともに、検出された QTL をごま葉枯病罹病性品種「みえのゆめ」遺伝的背景に導入し、QTL の効果および遺伝様式を検証する。

[成果の内容・特徴]

1. 「IR58」と「みえのゆめ」の組換え自殖系統を用いた QTL 解析の結果、「IR58」に由来する QTL が第 2 染色体 (*qBSR2*)、第 11 染色体 (*qBSR11*)、第 12 染色体 (*qBSR12*) に検出され、*qBSR11* の寄与率が最も高い (表 1)。
2. *qBSR2*、*qBSR11*、*qBSR12* を罹病性品種「みえのゆめ」遺伝的背景へそれぞれ単独で導入した系統群 (BC_3F_2) は「みえのゆめ」よりもごま葉枯病発病程度が低く、これら QTL は抵抗性に作用する (表 2)。
3. *qBSR11* を「みえのゆめ」遺伝的背景へ導入した系統群は特に強い抵抗性を示し (表 2)、表現型調査に基づく実用的な抵抗性個体と罹病性個体の分離比が 1:3 に適合したことから、*qBSR11* の抵抗性は劣性の 1 遺伝子に支配されると示唆される (図 1)。

[成果の活用面・留意点]

1. *qBSR2* と *qBSR12* は今回初めて検出された QTL で、単独での実用的な抵抗性付与の効果は低いですが、他の QTL と集積させることで抵抗性を高める効果が期待される。
2. *qBSR11* は座乗位置から判断して、これまでに報告されている「Tadukan」由来の *qBSR11* (Sato ら 2015)、「CH45」由来の *qBSR11-kc* (Matsumoto ら 2017) と同じ QTL であると推察される。
3. 今回育成した「みえのゆめ」遺伝的背景へ QTL を導入した系統群の中で「IR58」と同程度に高度な抵抗性を有する個体はなく、今回検出した QTL 以外に「IR58」が持つ QTL が存在する可能性がある。

[具体的データ]

表1. ごま葉枯病に関するQTL

試験年次	QTL	染色体	マーカー区間	LOD	寄与率(%)	相加効果	閾値
2018	<i>qBSR2</i>	2	FA0837- FA0846 (28.2-31.5Mbp)	3.3	7.3	-0.5	2.8
	<i>qBSR6</i>	6	FA2081- FA3055 (19.6-24.2Mbp)	3.5	10.6	0.6	2.8
	<i>qBSR11</i>	11	FA4265- FA4369 (18.9-23.4Mbp)	13.0	41.3	-1.2	2.8
	<i>qBSR12</i>	12	FA1749 -FA3531 (20.8-24.2Mbp)	3.9	12.7	-0.7	2.8
2019	<i>qBSR2</i>	2	FA0846 -FA0863 (31.5-35.9Mbp)	4.0	7.2	-0.4	2.7
	<i>qBSR9</i>	9	FA0545- FA0554 (14.8-18.5Mbp)	5.5	10.5	0.4	2.7
	<i>qBSR11</i>	11	FA4265- FA4369 (18.9-23.4Mbp)	14.9	36.6	-0.8	2.7
	<i>qBSR12</i>	12	FA1749 -FA3531 (20.8-24.2Mbp)	2.8	6.3	-0.3	2.7

マーカー区間の下線は最近接マーカーを示す。相加効果のマイナス符号は「IR58」型で値を低下させることを示す。

表2. 各系統群 (BC₃F₂)の遺伝子型と発病程度

系統群 および 品種名	遺伝子型			個体数	発病程度 (0-9)
	chr.2 <i>qBSR2</i>	chr.11 <i>qBSR11</i>	chr.12 <i>qBSR12</i>		
34-A	A	B	B	24	5.0±0.4 ***
	B	B	B	19	5.4±0.5
30-1	B	B	A	15	5.2±0.8 *
	B	B	B	26	5.9±0.6
19-A	B	A	B	6	3.7±0.4 ***
	B	B	B	2	5.0±0.0
(比) みえのゆめ	B	B	B	11	5.9±0.3
(参) IR58	A	A	A	5	1.0±0.0

発病程度調査は松本ら (2016) の方法に準拠し、「病斑型」と「葉身の病斑面積率」に基づく10段階で評価 (0-9)。

発病程度は平均値±標準偏差を示す。

AはIR58型、Bはみえのゆめ型を示す。

***は0.1%水準、**は1%水準、*は5%水準で「みえのゆめ」と比較して有意差があることを示す (ダネット検定)。

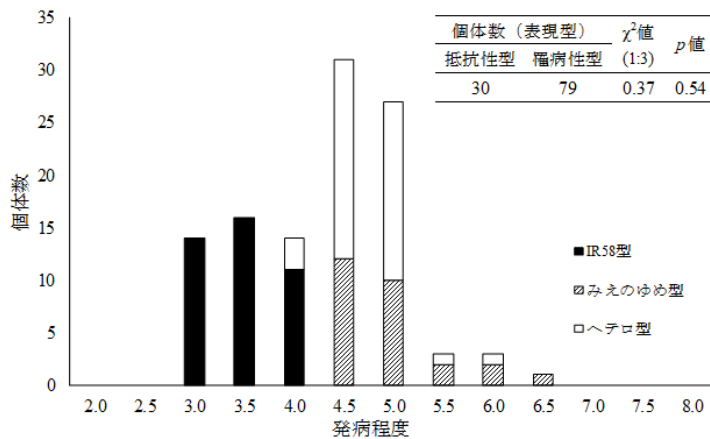


図1. *qBSR11*を持つ系統群「19-A」の表現型に基づく抵抗性の分離比と発病程度頻度分布
発病程度 3.5以下の個体を表現型に基づく抵抗性型とした。頻度分布の網掛部分は *qBSR11* 領域の遺伝子型を示す。

(本多雄登)

[その他]

研究課題名：新規のイネ遺伝資源に由来するイネごま葉枯病抵抗性遺伝子座の解析

予算区分：委託プロ (温暖化適応)、岡三加藤文化振興財団助成金

研究期間：2018～2022年度

研究担当者：本多雄登、太田雄也、松本憲悟、大橋里美、中山幸則、
溝淵律子 (農研機構)、佐藤宏之 (農研機構)