

[成果情報名] 海外イネ品種「Naba」「Tupa121-3」に由来するごま葉枯病抵抗性 QTL の検出

[要約] イネごま葉枯病抵抗性品種である「Naba」と「Tupa121-3」が保有する抵抗性 QTL を明らかにした。また、その中の 2 つの抵抗性 QTL については交配実験によって作用力が大きいことを確認済みである。

[キーワード] イネごま葉枯病抵抗性、染色体断片置換系統、QTL 解析

[担当] 三重県農業研究所・伊賀農業研究室、農産研究課

[分類] 研究

[背景・ねらい]

環境に配慮した減農薬栽培に関心が持たれる近年において、抵抗性品種の活用は有効な手段である。県内で発生が増加傾向にあるイネごま葉枯病については抵抗性 QTL (量的形質遺伝子座) に関する情報は限られており、抵抗性品種の開発につながる情報の蓄積が不可欠である。そこで、抵抗性品種「Naba」と「Tupa121-3」に着目し、罹病性品種「コシヒカリ」を遺伝背景とした染色体断片置換系統群 (CSSL) を用いてごま葉枯病抵抗性 QTL を明らかにする。

[成果の内容・特徴]

1. Naba CSSL の中で発病程度が小さかったのは SL3210、SL3224 および SL3237 である (図 1A)。「コシヒカリ」と比較して、SL3210 と SL3224 はそれぞれ到穂日数が 27 日、14 日長くなっており、発病程度と到穂日数との間に負の相関 ($r=-0.585$, $***p<0.001$) が認められたことから、晩生化によって発病程度が低下した可能性がある。
2. Tupa121-3 CSSL の中で発病程度が小さかったのは SL2501、SL2510 および SL2524 である (図 1B)。「コシヒカリ」と比較して、SL2501 は到穂日数が 25 日長くなっており、晩生化によって発病程度が低下した可能性がある。
3. 到穂日数が「コシヒカリ」に近く、発病程度の低下が顕著であった SL3237 (Naba) と SL2524 (Tupa121-3) に着目し、「コシヒカリ」を片親とした交雑後代 (F₂) を用いた QTL 解析では、RM2191-1 および RM6359 の近傍に抵抗性 QTL が確認できる (図 2)。
4. Naba 由来の抵抗性 QTL の領域には既知の QTL である *qBSFR11* (Tadukan 由来)、*qBSR11-1c* (CH45 由来) が含まれ、「Tupa121-3」の抵抗性 QTL 領域には既知の QTL である *qBSR6-1kd* (Dawn 由来) が含まれる。

[成果の活用面・留意点]

1. QTL 近傍の DNA マーカーは、ごま葉枯病抵抗性の選抜に活用できる。
2. 本研究で検出した抵抗性 QTL はごま葉枯病圃場抵抗性検定 (松本ら 2016) の結果に基づくものである。
3. ごま葉枯病抵抗性イネ品種「Naba (WRC5)」「Tupa121-3 (WRC32)」は世界イネコアコレクションに含まれ、(国研) 農業・食品産業技術総合研究機構 (農研機構) 農業生物資源ジーンバンクへの分譲依頼により入手可能である。

[具体的データ]

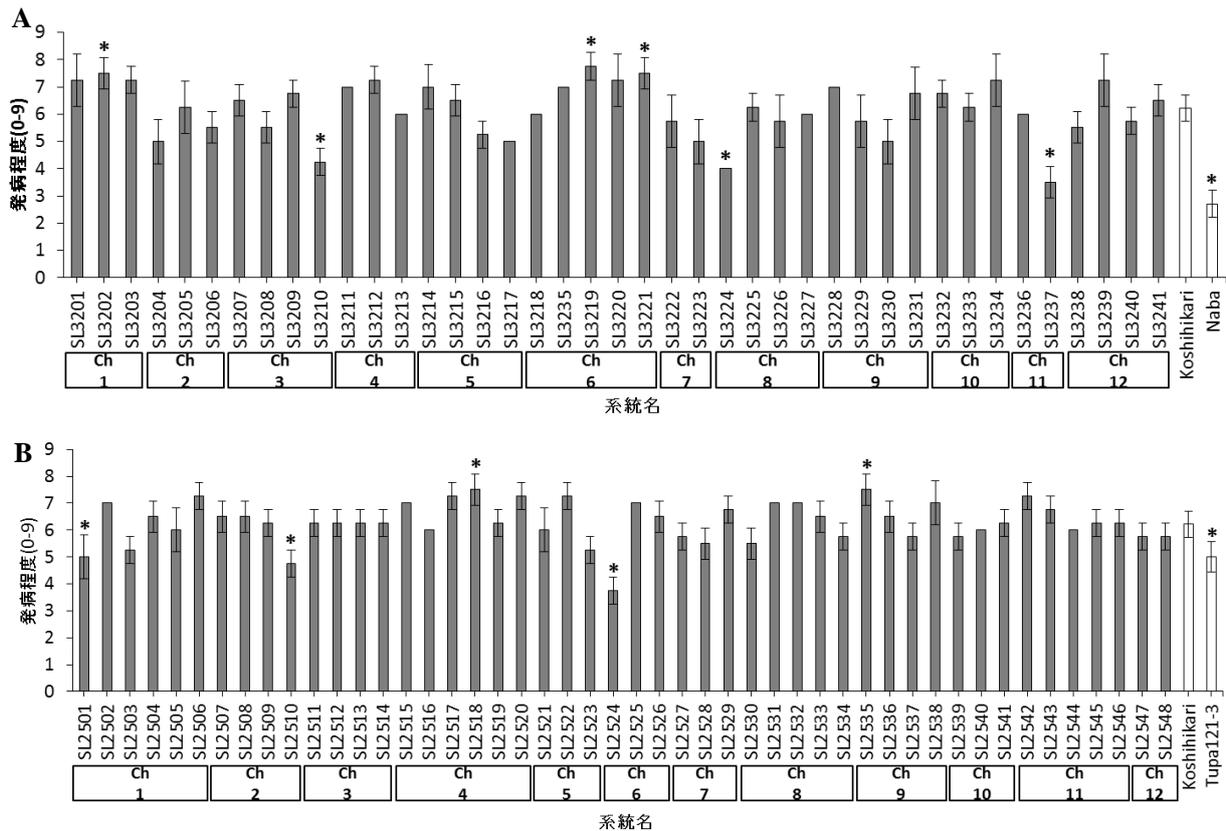


図 1. CSSL (A: Naba、B: Tupa121-3) および親系統の発病程度

注) 4 反復試験の平均値±標準偏差。「*」は Dunnett 検定によりコシヒカリとの間で、5% 水準で有意差があることを示す。横軸の Ch1~Ch12 は各系統が保有する Naba (A) または Tupa121-3 (B) の染色体断片を示す。

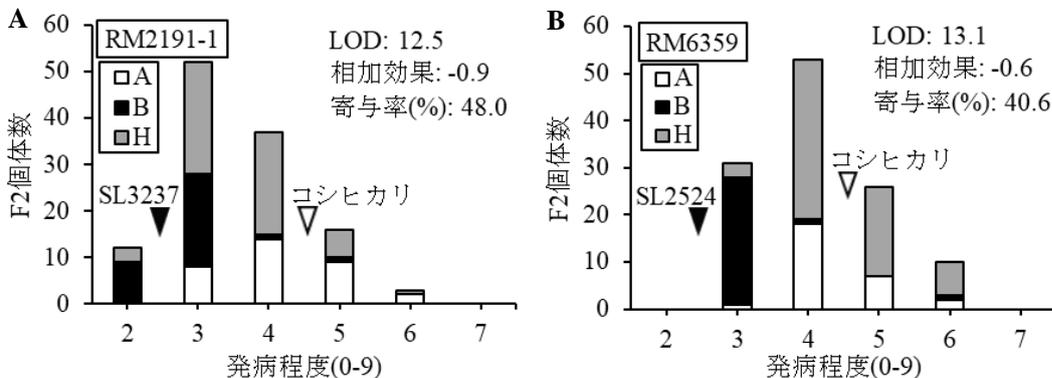


図 2. コシヒカリと抵抗性 CSSL (A: SL3237、B: SL2524) の交雑後代 F2 を用いた QTL 解析
注) SL3237 と SL2524 はそれぞれ Naba または Tupa121-3 の抵抗性 QTL を保有する系統。

それぞれ 120 個体からなる F2 集団を解析に用いた。抵抗性 QTL 近傍のマーカーの遺伝子型は A: コシヒカリ型、B: SL3237 型または SL2524 型、H: ヘテロを示す。

(太田雄也)

研究課題名: 温暖化の進行に伴い発生が助長するごま葉枯病に対する抵抗性品種・系統の開発
予算区分: 競争的資金 (気候変動対策プロ) 研究期間: 2015~2020 年度

研究担当者: 太田雄也、松本憲悟、中山幸則、山川智大、大野鉄平、本多雄登、溝淵律子
(農研機構)、佐藤宏之(農研機構) 発表論文等: 太田ら(2019) 育種学研究 21(別