

# リアルタイム PCR を利用したコムギ赤かび病抵抗性に 関わる QTL の評価

作物生産生物講座  
植物病理学研究室  
井上 紗葉璃

【背景と目的】コムギ赤かび病は *Fusarium* 属菌によって引き起こされる重要病害の一つである。開花期にコムギの穂に感染し、収量や品質の低下をもたらす。特に *Fusarium graminearum* においては、人畜に被害のある毒素デオキシニバレノール (DON) を生成し、日本では DON の暫定基準を 1.1ppm と定めており、この数値を超えると甚大な被害となる。北見農業試験場ではコムギ赤かび病低減を目指し、コムギ品種「はるきらり」を反復親としてコムギ赤かび病抵抗性品種「蘇麦 3 号」由来の QTL を組み合わせ導入した準同質遺伝子系統が作られており、本研究ではその QTL 遺伝子の組み合わせを、病徴調査、菌体量、*Tri5* 遺伝子発現量によって評価することを目的として研究を行った。

【方法】本研究ではポイント注入接種法を用いて行った。コムギの開花期に合わせて接種を行い、一つの穂節に対し、毒素産生型 3ADON, *Fusarium graminearum* s. str. S0401 菌株の大型分生子 ( $5 \times 10^4$  conidia/ml)  $10 \mu\text{l}$  を接種した。

①病徴調査・菌体量測定：接種 21 日後に穂軸節ごとの種子発病率、菌体量% [=100 × 赤かび病菌 DNA 濃度 / (赤かび病菌 DNA 濃度 + コムギ DNA 濃度)] を調べた。なお、各 DNA 濃度は Trichodiene synthase gene, wheat translation elongation factor gene を指標に算出した。

② *Tri5* 発現量測定：接種からそれぞれ 12h、24h、48h、96h、192h 後に収穫し EF-1 発現量との比較を行った。

【結果】今回の試験から Real-time PCR により子実内の菌体量を定量することを可能にした。さらに 3BS, 5AS, 6BS の 3 領域が揃っている系統 (A1, A2) では発病%と菌体量 (DNA%) が低かった (図 1)。 *Tri5* 遺伝子発現量と QTL との関連性は見られなかった。

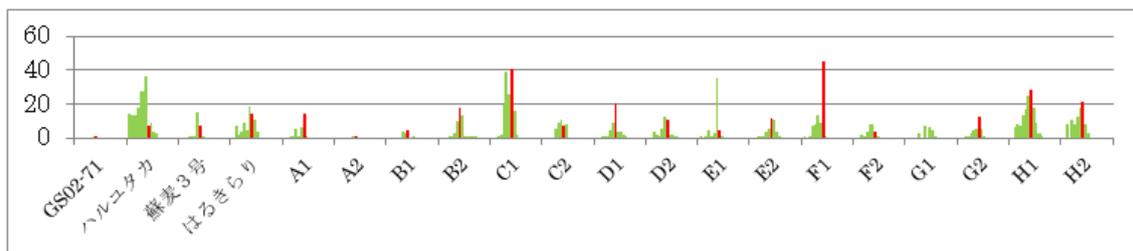


図 1 コムギ赤かび病菌菌体量 (DNA%)