

陸稲品種 Moroberekan 由来のいもち病圃場抵抗性 QTL の同定と特性解析

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 細胞工学分野 長嶋沙希

1. はじめに

イネの重要病害であるいもち病 (*Magnaporthe oryzae*) の防除においては抵抗性品種の利用が最も効率的であり, レース非特異的に働く圃場抵抗性遺伝子の集積はいもち病抵抗性育種の方法の一つとなっている。本研究では, 西アフリカ原産のジャポニカ型陸稲品種 Moroberekan が示す高度な圃場抵抗性に着目し, その一端を明らかにする目的で Moroberekan 由来の圃場抵抗性遺伝子をもつ MC276 について解析を行い, その遺伝子のクローニングに向けた fine mapping を進めると共に表現型レベルでの特性解析を行った。

2. 材料及び方法

いもち病安定抵抗性品種 Moroberekan と罹病性品種 C039 との交雑組合せに由来する recombinant inbred lines (RILs) の中から, 圃場抵抗性を示し遺伝的背景が C039 に近い MC276 が選抜された (Inukai et al. 1996)。本研究では, さらにこの MC276 と C039 の交雑を行って RILs100 系統を養成, MC276 の圃場抵抗性に関する QTL 解析に用いた。また, RILs の中からこの QTL に関して準同質遺伝子系統に相当する RIL66 をマーカー型や表現型に基づいて選抜し QTL の特性解析に用いた。さらに, C039 と RIL66 の F₂ 集団を養成し QTL の fine mapping に用いた。

3. 結果及び考察

RILs100 系統の抵抗性スコアの頻度分布は親系統 MC276 と C039 の値に頂点をもつ 2 頂分布を示し, 分布の谷の部分で集団を 2 つに分けると約 1:1 となったことから, MC276 の圃場抵抗性には作用力の大きい 1 個の QTL が関与していると推定された。準同質遺伝子系統に相当する RIL66 を用いてこの QTL に関する特性を解析したところ, この QTL はいもち病菌侵入後の菌糸伸展を抑制する働きをもち, 葉令, 組織あるいはいもち病菌のレースに関わらず安定した抵抗性を示すことが明らかとなった。C039 と RIL66 の F₂ 集団を用いた fine mapping の結果より, この QTL はイネ染色体 6 上の約 110 kb の領域内に座乗していると推定された。この領域内には 5 遺伝子がアノテーションされており, そのいずれかが目的の QTL であると考えられた。

4. おわりに

本研究で同定された MC276 のいもち病圃場抵抗性遺伝子は, Moroberekan の染色体 6 上に検出された短腕側から 2 番目のいもち病圃場抵抗性 QTL という意味で, *qBRM6-2* (QTL for Blast Resistance in Moroberekan 6-2) と命名した。今後, 候補遺伝子のアミノ酸配列や発現量を C039 と RIL66 の間で比較することで, *qBRM6-2* の候補をさらに絞りこんでいく予定である。