

祖先野生種を用いたダイズのクローバ葉脈黄化ウイルスに対する非宿主 抵抗性の遺伝学的解析およびクローバ葉脈黄化ウイルスの P3N-ALT タンパ ク質の検出

生物資源科学専攻 植物育種科学講座 植物病原学 阿部 純也

1. はじめに

クローバ葉脈黄化ウイルス (*Clover yellow vein virus*, C1YV) は多くのマメ科植物に感染する *Potyvirus* 属のウイルスである。しかし, C1YV-No. 30 分離株が全身感染するダイズ (*Glycine max*) 品種はこれまで見つかっていない。本研究で, ダイズの祖先野生種である多数のツルマメ (*Glycine soja*) 系統に C1YV-No. 30-GFP を汁液接種したところ, 容易に全身感染し, 系統によっては上葉で多様な病徴を示すことを新たに見出した。また, C1YV の他の 2 分離株 (90-1, I89-1) を用いた接種試験で, ダイズはいずれの C1YV に対しても抵抗性を示し, C1YV に対して非宿主抵抗性を示すと結論した。そこで, ダイズとツルマメの交雑に由来する組み換え自殖系統 (RILs) を用いて, C1YV に対するダイズの非宿主抵抗性に関与する遺伝子の探索を試みた。また, C1YV の P3 領域から発現する新規タンパク質である P3N-ALT を, C1YV 感染植物組織からウエスタンブロット法により検出することができた。

2. 方法

GFP で標識された C1YV-No. 30-GFP をダイズ TK780 とツルマメ B01167 の交雑に由来する RILs に汁液接種し, 病徴および GFP 蛍光から表現型を点数化し, QTL 解析を行なった。メジャーな QTL の得られた染色体領域に関して単純繰り返し配列 (SSR) を利用し詳細な多型解析を行ない, 候補遺伝子の絞り込みを行なった。ダイズとツルマメを交雑し, 得られた F1 雑種世代を接種試験に用いて遺伝子の優劣を決定した。また C1YV に感染したエンドウの葉, 茎および花卉, ソラマメの茎をサンプルに用いて抗 P3N 抗体を用いてウエスタンブロットを行ない, P3N-ALT を検出した。

3. 結果と考察, 今後について

QTL 解析の結果, C1YV に対するダイズの非宿主抵抗性はダイズの D1b 連鎖群に座する一つの大きな QTL によって支配されていることがわかり, 詳細な多型解析の結果, 抵抗性に関わる遺伝子座は 2 つに分かれた。またダイズとツルマメの交雑に由来する F1 雑種はすべて C1YV に対して全身感染したことから, 本遺伝子は劣性の抵抗性遺伝子であると結論し, このダイズの C1YV に対する非宿主抵抗性遺伝子を *domestication-related resistance to systemic infection with Clover yellow vein virus 1 (d-rscv1)* と命名した。P3N-ALT は C1YV に感染したエンドウの茎と花卉, ソラマメの茎で最も明瞭に検出され, 感染葉からはわずかながら検出された。本研究ではダイズの非宿主抵抗性遺伝子の特定まではたどり着けなかったが, ダイズとツルマメの交雑に由来する, 集団規模の大きい F2 世代が改めて得られた。本 F2 集団を含め別の集団を解析に用いることにより, ダイズの栽培化に関連したこの抵抗性遺伝子の正体を明らかにできると考えられる。