

イネごま葉枯病高度抵抗性品種「IR58」に由来する抵抗性 QTL

利用対象：研究機関、指導機関

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「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染色体上に検出しました。第2、第12染色体上の抵抗性 QTL は今回初めて検出した抵抗性 QTL です。これら QTL は罹病性品種「みえのゆめ」遺伝的背景で抵抗性に作用することが確認されました。

- ・「IR58」に由来する抵抗性 QTL を第2染色体 (*qBSR2*)、第11染色体 (*qBSR11*)、第12染色体 (*qBSR12*) に検出しました。3つの抵抗性 QTL のうち、*qBSR11* が最も高い寄与率を示しました (表1)。
- ・*qBSR2*、*qBSR11*、*qBSR12* をそれぞれ単独で導入した系統群 (BC₃F₂) は「みえのゆめ」よりもごま葉枯病発病程度が有意に低く、抵抗性に作用することがわかりました (表2)。
- ・*qBSR11* は特に強く作用し (表2)、実用的な抵抗性を示しました。しかし、今回初めて検出された *qBSR2*、*qBSR12* は単独での抵抗性付与の効果は低く、実用的な抵抗性 QTL ではありませんでした。

表1. ごま葉枯病抵抗性に関するQTL

試験年次	QTL	染色体	マーカー区間	寄与率(%)	相加効果
2018	<i>qBSR2</i>	2	FA0837- FA0846 (28.2-31.5)	7.3	-0.5
	<i>qBSR11</i>	11	FA4265- FA4369 (18.9-23.4)	41.3	-1.2
	<i>qBSR12</i>	12	FA1749 -FA3531 (20.8-24.2)	12.7	-0.7
2019	<i>qBSR2</i>	2	FA0846 -FA0863 (31.5-35.9)	7.2	-0.4
	<i>qBSR11</i>	11	FA4265- FA4369 (18.9-23.4)	36.6	-0.8
	<i>qBSR12</i>	12	FA1749 -FA3531 (20.8-24.2)	6.3	-0.3

各染色体上において「IR58」由来の抵抗性QTLが検出された領域を「*qBSR* ○○」と命名した。マーカー区間の下線は最近接マーカーを、括弧内は各染色体上での物理距離(Mbp)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>		
系統群①	A	B	B	24	5.0±0.4 ***
	B	B	B	19	5.4±0.5
系統群②	B	B	A	15	5.2±0.8 *
	B	B	B	26	5.9±0.6
系統群③	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。***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)。

活用面および留意点：今回育成した系統群の中で「IR58」と同程度に高度な抵抗性を有する個体はありませんでした。検出された抵抗性 QTL の単独での効果は確認されたため、集積させることで抵抗性を高める効果が期待されます。

お問い合わせ先	生産技術研究室 農産研究課 本多雄登 電話 0598-42-6359
参考になる資料	https://www.pref.mie.lg.jp/nougi/hp/74882027005.htm (三重農研HP)