

令和 3 年 5 月 31 日現在

機関番号：17201

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2017～2020

課題番号：17K07606

研究課題名（和文）スリランカ原産のトビロウンカ抵抗性品種の遺伝的多様性の解明

研究課題名（英文）Genetic diversity for brown planthopper resistance in Sri Lanka rice

研究代表者

藤田 大輔 (Fujita, Daisuke)

佐賀大学・農学部・准教授

研究者番号：80721274

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,700,000円

研究成果の概要（和文）：インド・スリランカ原産の在来イネ品種は、トビロウンカ抵抗性を保有する割合が高いことが知られている。本研究では、以下の3つに関して明らかにした。（1）スリランカ原産の品種が保有するトビロウンカ抵抗性の遺伝的多様性、（2）スリランカ原産の品種を用いて、既報の遺伝子座に関する対立遺伝子間の差異、（3）広域的な抵抗性品種PTB33やRathu Heenatiが保有する一部の遺伝要因を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

スリランカ在来品種におけるトビロウンカ抵抗性を保有する品種や効果的な抵抗性遺伝子の情報が集約した。対立遺伝子間の抵抗性への効果の差異を明確にし、抵抗性を示す対立遺伝子を識別するDNAマーカーを開発することが可能となった。また、マーカー選抜育種により、広域的な地域においてトビロウンカ強度抵抗性を示す栽培品種を作出するための基盤的な情報が得られた。トビロウンカ広域抵抗性の遺伝要因を解明することで、将来的なアジア地域の生産の安定性に寄与する。

研究成果の概要（英文）：Local rice varieties from India and Sri Lanka are known to have a high proportion of brown planthopper resistance. In this study, we conducted the following three topics. (1) Genetic diversity of brown planthopper resistant among Sri Lanka varieties, (2) Differences between alleles related to previously reported BPH resistance loci among Sri Lanka rice varieties, (3) Characterization of a part of genetic factors from broad spectrum resistant cultivars PTB33 and Rathu Heenati.

研究分野：植物育種学

キーワード：イネ トビロウンカ 害虫抵抗性

## 1. 研究開始当初の背景

コメは、世界の半数以上の人々が主食としている重要な穀物の1つであり、世界人口の増加に伴い、2035年までに、26%のコメ生産量を増加する必要がある。2008年以降、熱帯・亜熱帯アジア地域では、中国、タイ、ベトナム、インドネシアを中心に、イネの重要害虫であるトビイロウンカの吸汁被害が深刻化している。トビイロウンカは、イネから直接吸汁し枯死させ、ツボ枯れを引き起こす昆虫として知られている。これらの害虫は、主に、熱帯・亜熱帯アジア地域の水田において被害が報告されているが、温帯地域である日本へも飛来し、稲作における重大な脅威となっている。

トビイロウンカの被害を軽減する方法として、1970年代からトビイロウンカ抵抗性品種がイネの育種において利用されており、これまでに、38個以上のトビイロウンカ抵抗性遺伝子が報告されているが、多くの遺伝子が染色体3, 4, 6, 12の同じ領域に位置付けられている。また、広範囲な地域のトビイロウンカに対して強度抵抗性を保有する品種として、PTB33やRathu Heenatiが知られており、これらの品種は、東南アジアから南アジアの異なる地域のトビイロウンカに対して広域的に強度抵抗性を示す。さらに、これらの広域的な抵抗性品種は少なくとも2つの抵抗性遺伝子を保有することが報告されており、PTB33は*bph2*と*Bph3*を、Rathu Heenatiは*Bph17*と*Bph3*を保有することが報告されている。広域的に強度抵抗性を示す品種PTB33、Rathu Heenatiの遺伝的要因に関しても、部分的にしか明らかにされておらず、広域的な抵抗性に関わる遺伝子座は不明瞭である。

## 2. 研究の目的

イネのトビイロウンカ抵抗性は、インド・スリランカ原産の在来品種が保有していることが知られている。地域ごとのトビイロウンカに対して、品種の抵抗性は異なるが、近年、アジア全域のトビイロウンカに対して、広域的な抵抗性を示す品種PTB33やRathu Heenatiが存在することが明らかになった。しかしながら、在来品種の遺伝因子に関する網羅的な解析は行われておらず、広域的な抵抗性を保有する品種の遺伝因子に関しても部分的にしか解明されていない。本研究では、インド・スリランカ原産の在来品種が保有するトビイロウンカ抵抗性遺伝子座を網羅的に解析するため、多様性解析を行う。広域的な抵抗性品種の遺伝因子を解明することで、アジア地域のトビイロウンカ被害を軽減するための育種情報の基盤を作出する。

## 3. 研究の方法

本研究では、以下の3つの内容に関して、研究をすすめる。(1)スリランカ原産のトビイロウンカ抵抗性品種の網羅的解析(2)既報のトビイロウンカ抵抗性遺伝子座に関する多様性解析(3)広域的な抵抗性品種が保有する遺伝的要因の解明を行う。具体的には、スリランカ地域の在来品種を用いて、トビイロウンカ抵抗性に関する多様性解析を行う。そして、3000品種のゲノム情報を用いて、既報のトビイロウンカ抵抗性遺伝子座に関する多様性解析を行い、スリランカ地域の在来品種がもつ遺伝的多様性と比較する。さらに、広域的な抵抗性品種PTB33とRathu HeenatiとNILを交雑した雑種集団を用いて、抵抗性に関する遺伝因子を特定する。

## 4. 研究成果

インド・スリランカ原産の在来イネ品種は、トビイロウンカ抵抗性を保有する割合が高いことが

知られている。近年、アジア全域のトビイロウンカに対して、広域的な抵抗性を示す品種 PTB33 や Rathu Heenati が存在することが明らかになった。本研究では、研究期間内に、以下の3つに関して明らかにする。(1)スリランカ原産のトビイロウンカ抵抗性品種が保有する遺伝子座を網羅的に特定する、(2)スリランカ原産の品種を用いて、既報の遺伝子座に関する対立遺伝子間の差異を推定、(3)広域的な抵抗性品種 PTB33 や Rathu Heenati が保有する遺伝要因の解明を行っている。

(1)として、異なる地域・国由来のトビイロウンカ集団をもちいて、多様性解析を行うことで、スリランカ地域の在来品種(約150品種)が保有するトビイロウンカ抵抗性を網羅的に把握する。集団内の強度抵抗性品種の割合が少なかったため、ゲノムワイド関連解析だけでは、抵抗性遺伝子座を特定できない可能性が高い。そのため、F<sub>2</sub>集団(感受性品種/強度抵抗性品種)を作成した。

(2)として、既報の5つの抵抗性遺伝子に関して、抵抗性遺伝子の塩基配列を解読するためのプライマーを設計し、対象となる遺伝子の塩基配列の解読を行った。また、BPH17に関して、抵抗性遺伝子の有無を判別できるマーカーを用いて解析した。トビイロウンカ抵抗性を示した半数以上の品種では、BPH17を保有している可能性がある。

(3)として、広域抵抗性品種 Rathu Heenati のトビイロウンカ抵抗性に関して理解するために、単一の抵抗性遺伝子を保有する系統と集積系統のトビイロウンカ抵抗性を比較した(図1)。BPH3-NIL、BPH17-NIL、とBPH3+BPH17-PYLは、遺伝的背景がT65になっており、T65よりも強い抵抗性を示した。一方で、BPH3+BPH17-PYLとRathu Heenatiの間には、優位に抵抗性強度が異なっており、他の抵抗性に関わる遺伝的要因を保有することが示唆された。そのため、F<sub>2</sub>集団(BPH2+BPH3-PYL/PTB33とBPH3+BPH17-PYL/Rathu Heenati由来)を育成し、近年飛来してきたトビイロウンカ集団に対して抵抗性評価を行った。しかしながら、トビイロウンカの加害力が強すぎるため、トビイロウンカ抵抗性遺伝子座を検出できなかった。

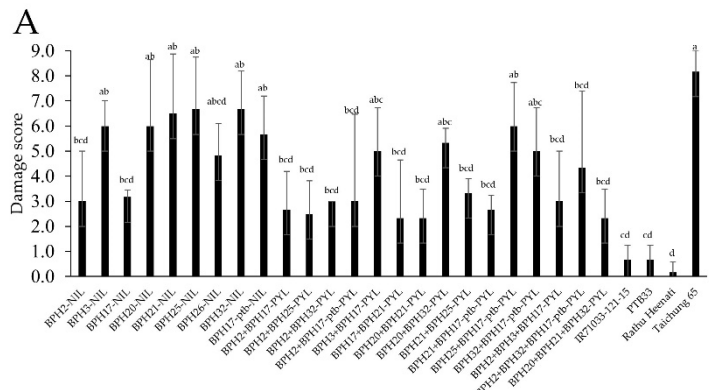


図1. トビイロウンカ抵抗性遺伝子導入系統における抵抗性評価

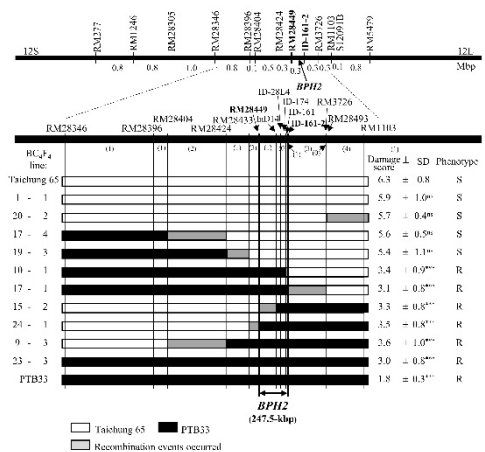


図2. 染色体12上におけるBPH2の座乗位置

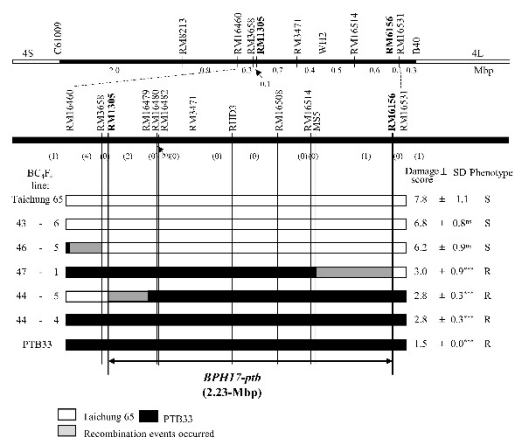


図3. 染色体4上におけるBPH17-ptbの座乗位置

同様に、広域抵抗性品種 PTB33 のトピロウンカ抵抗性を理解するために、単一の抵抗性遺伝子を保有する系統と集積系統のトピロウンカ抵抗性を比較した (図 1)。 *BPH2*-NIL、 *BPH17-ptb*-NIL、 *BPH32*-NIL は、遺伝的背景が T65 になっており、T65 よりも強い抵抗性を示した。しかしながら、それらの集積系統 *BPH2*+*BPH17-ptb*+*BPH32*-PYL において、PTB33 ほどの抵抗性強度は見られなかったため、他の抵抗性に関わる遺伝的要因を保有することが示唆された。また、それぞれの遺伝子座に関して置換マッピングを行い、抵抗性遺伝子の有無を確認した。 *BPH2* に関しては、染色体 12 の RM28449 と ID161 の間 (247.5 kbp) に位置付けられた (図 2)。 *BPH17-ptb* に関しては、染色体 4 の RM1305 と RM6156 の間 (2.23 Mbp) に位置付けられた (図 3)。 *BPH32* に関しては、染色体 6 の RM508 と RM19341 の間 (1.32 Mbp) に位置付けられた (図 4)。 また、各抵抗性遺伝子の抵抗性機構を解明したところ、 *BPH2* に関しては抗生作用と好寄生性を示し、 *BPH32* に関しては耐性を示した (図 5)。 *BPH17-ptb* に関しては、抗生作用、好寄生性、耐性のすべてを示した。

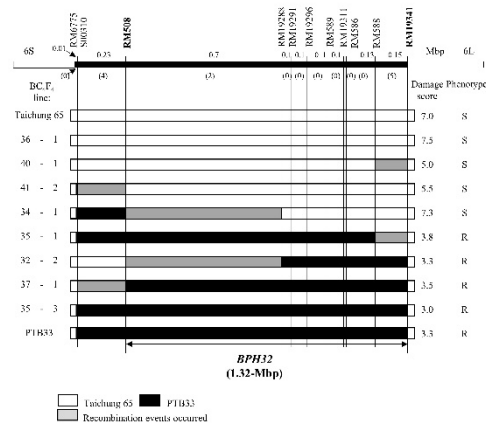


図 4. 染色体 6 上における *BPH32* の座乗位置

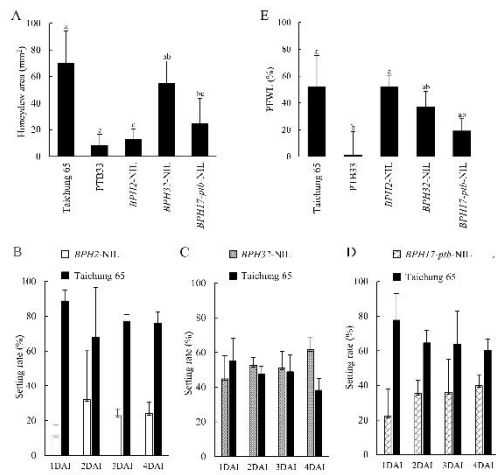


図 5. *BPH2*, *BPH17-ptb*, *BPH32* の異なる抵抗性評価

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 C. D. Nguyen, H. Verdeprado, D. Zita, S. Sanada-Morimura, M. Matsumura, P. S. Virk, D. S. Brar, F. G. Horgan, H. Yasui, D. Fujita	4. 巻 8
2. 論文標題 The development and characterization of near-Isogenic and pyramided lines carrying resistance genes to brown planthopper with the genetic background of Japonica rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Plants	6. 最初と最後の頁 498
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/plants8110498	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計3件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 Nguyen Dinh Cuong
2. 発表標題 Detection of QTLs for BPH resistance from Sri Lanka rice landrace Rathu Heenati
3. 学会等名 第137回日本育種学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 藤田大輔、Nguyen Dinh Cuong、條島真紀子、真田幸代、松村正哉、安井 秀
2. 発表標題 日本型水稲品種へのトビイロウンカ抵抗性の導入
3. 学会等名 日本育種学会九州地区談話会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nguyen Dinh Cuong
2. 発表標題 Characterization of brown planthopper resistance using near-isogenic and pyramided lines carrying resistance gene in rice.
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	松村 正哉  (Matsumura Masaya)  (00370619)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター・グループ長   (82111)	
研究 分担者	真田 幸代  (Sanada Sachiyo)  (80533140)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター・グループ長   (82111)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------