

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 1 月 29 日現在

機関番号：17102

研究種目：基盤研究(C)

研究期間：2011～2013

課題番号：23580009

研究課題名(和文) 日印両品種をそれぞれ遺伝的背景とするウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発

研究課題名(英文) Development of pyramiding lines for genes conferring multiple resistance to planthop per species in rice.

研究代表者

安井 秀 (Yasui, Hideshi)

九州大学・(連合)農学研究科(研究院)・准教授

研究者番号：70220142

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,100,000円、(間接経費) 1,230,000円

研究成果の概要(和文)：日本型ならびにインド型水稻それぞれの遺伝的背景において、複数の抵抗性遺伝子を集積したピラミッドライン(PYL)を育成し、ウンカに対する増殖抑制効果を検証することにより、3種のウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発を推進した。まず、ウンカ・ヨコバイ類に対する抵抗性遺伝子に関するNIL群の交雑を行い、抵抗性遺伝子のマーカー選抜と世代促進を実施して2遺伝子が集積されたPYL群を育成し、これらPYL群のトビイロウンカに対する増殖抑制効果を検証した。

育成したNILとPYLをもちいて、トビイロウンカ地域個体群の加害性を検証し、ウンカ染色体上のBPH26に対する加害性因子の座乗位置を推定した。

研究成果の概要(英文)：The brown planthopper, the whitebacked planthopper, and small planthopper are destructive insect pests in Asia. Two genes conferring resistance to insect pests, derived from GRH- and BPH-resistant rice cultivars have been transferred to both Japonica and Indica genetic backgrounds through marker-assisted selection. These pyramided lines (PYLs) carry both GRH- and BPH-resistance genes in a BPH-susceptible japonica cultivar, Taichung 65 and an Indica cultivar, IR24. In antibiosis testing, the rates of surviving insects and of females with swollen abdomens were lower on the PYLs than on Taichung 65.

Virulence-associated QTLs against resistance gene BPH26, were analyzed using the F2 population derived from an avirulent and a virulent strains of BPH. The virulence-associated QTLs were detected on two independent linkage groups. This study constitutes a gateway for future genetic analyses of virulence in BPH.

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・育種学

キーワード：イネ ウンカ ヨコバイ 昆虫抵抗性遺伝子 DNAマーカー 近似同質遺伝子系統(NIL) 複合抵抗性加害性

1. 研究開始当初の背景

ウンカ類は東アジア稲作地帯の重要害虫であり、ウンカ類による被害は古くから稲作における最も大きな収量低減要因であった。東アジアの稲作重要害虫であるウンカ類には3種が知られており、このうちトビイロウンカ (*Nilaparvata lugens* Stål) とセジロウンカ (*Sogatella furcifera* Horváth) は、日本では越冬できず、毎年中国大陸より飛来する。一方、ヒメトビウンカ (*Laodelphax striatellus* Fallen) は日本で越冬可能であり土着性が強いとされている。有効な農業薬剤の普及や防除体系の確立によって沈静化していたウンカ類の被害が、これらウンカ類の飛来源である中国の稲作事情の変化に伴って、1990年代以降顕在化した。すなわち、ウンカ感受性のハイブリッドイネの普及に伴う中国におけるセジロウンカの大発生(寒川 1992, 植物防疫 46: 183-186)、選択性の低い農業薬剤の大量使用による薬剤抵抗性ウンカや抵抗性品種加害性の強いウンカの出現、さらには、植物病原性ウイルス保毒虫の飛来によるウンカ類媒介性新規ウイルス病の発生である。

ウンカ類に対するイネの抵抗性については、以前より組織的な抵抗性品種の探索がなされ、抵抗性遺伝子の同定や利用が進んでいた。これまでに26のトビイロウンカ抵抗性遺伝子座、6つのセジロウンカ抵抗性遺伝子座、1つのヒメトビウンカ抵抗性遺伝子座が同定されている。研究代表者らは、いくつかのトビイロウンカ抵抗性遺伝子が耐虫性品種に共通して存在すること、ウンカ類に対する強度抵抗性品種には複数の関与遺伝子座が存在することを明らかにした(基盤研究 C 17580007)。一方、これらの抵抗性遺伝子を加害する新たなトビイロウンカ個体群(バイオタイプ)の出現により、抵抗性品種の有効性が容易に消失した。新たなバイオタイプの出現による品種崩壊を克服するためには、抵抗性遺伝子に対するウンカ地

域個体群の加害性因子の特定と加害性の定期的な把握が急務である。研究代表者らは、ウンカ類に対する抵抗性遺伝子に関する国際判別近似同質遺伝子系統(NIL)群を開発して、東アジアウンカ地域個体群のウンカ抵抗性遺伝子に対する加害性を明らかにするとともに、新たな抵抗性遺伝子に関するNIL群の開発を継続してきた(基盤研究 C 20580007)。

本課題では、日本型ならびにインド型水稻それぞれの遺伝的背景において、異なるタイプの抵抗性遺伝子を集積したピラミッドライン(PYL)を育成し、3種のウンカに対する増殖抑制効果を検証することにより、ウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発を計画した。あわせて、ウンカの抵抗性遺伝子加害性因子の特定を目指した。

2. 研究の目的

日印両水稻品種をそれぞれ遺伝的背景とするウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発をおこなう。すなわち、これまでに育成したウンカ・ヨコバイ類抵抗性遺伝子に関する近似同質遺伝子系統(NIL)を交配親として、世代促進とDNAマーカー選抜を組み合わせ、ウンカ類に対する抵抗性機構の異なるイネ遺伝子群の集積系統(PYL)を育成する。育成したPYLにおける3種のイネウンカ類の増殖抑制効果を検証し、ウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発をめざす。

研究期間中の具体的な到達目標については、まず、(1)ウンカ・ヨコバイ類に対する抵抗性遺伝子に関するNIL群の交雑と世代促進によるPYL群の育成、ならびに、(2)抵抗性遺伝子選抜用DNAマーカーのデザイン化を推進する。次に(3)育成されたPYL群におけるウンカ増殖抑制効果の検証を通して、3種のウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統を開発する。また、育成したNILを利用してウンカの抵抗性遺伝子加害性因子の特定を目

指す。

3. 研究の方法

1. ウンカ・ヨコバイ類抵抗性 NIL 群間の交雑と世代促進

2. ウンカ・ヨコバイ類抵抗性遺伝子のマーカーデザイン

3. ウンカ類に対する複合抵抗性系統の開発と耐虫性評価

本研究は、九州大学ならびに九州沖縄農業研究センターでそれぞれ実施したが、PYL 群に対するウンカ個体群の加害性検定の一部はベトナム国立植物保護研究所 (PPRI) との連携のもとで、研究代表者もしくは研究分担者 (松村正哉) が出張して実施した。研究代表者は、NIL 群の交雑後代の戻し交雑と対象抵抗性遺伝子のマーカー選抜を実施して、PYL 群を育成した。研究分担者は、複合抵抗性系統群を用いて、日本に飛来したウンカ個体群の加害性検定を実施するとともに、ベトナム国立植物保護研究所の協力のもと、複合抵抗性系統群に対するベトナム紅河地域ウンカ個体群の加害性を調査した。

1. ウンカ・ヨコバイ類抵抗性 NIL 群間の交雑と世代促進

ウンカ類に対する耐虫性を保有する NIL とヨコバイ抵抗性 NIL について、T65 ならびに IR24 を戻し交雑した後代を育成し、マーカー選抜により QTL 領域を含む PYL 候補個体を取得した。冬期に世代促進することにより、B3F1 種子を取得した。

2. ウンカ・ヨコバイ類抵抗性遺伝子のマーカーデザイン化

Ovc, *bph25*, *Bph26*, *Grh2*, *Grh4* に関する遺伝子マッピングの結果に基づいて開発した抵抗性遺伝子座近傍の DNA マーカーをデザインした。

3. ウンカ類に対する耐虫性評価と複合抵抗性系統の開発

強度抵抗性品種 ADR52, DV85 に由来する上記の抵抗性遺伝子に関する PYL 群 (IR24, T65 を遺伝的背景) を供試し、個別抗生作用検定法 (Tanaka and Matsumura

2000) を用いたウンカ類加害性の評価を実施した。

4. 研究成果

日印両水稻品種をそれぞれ遺伝的背景とするウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統の開発をおこなった。すなわち、(1) ウンカ・ヨコバイ類に対する抵抗性遺伝子に関する NIL 群の交雑と世代促進による PYL 群の育成、ならびに、(2) 抵抗性遺伝子選抜用 DNA マーカーのデザイン化を推進した。次に、(3) 育成された PYL 群におけるウンカ増殖抑制効果の検証を通して、3種のウンカ類に対する複合抵抗性イネ系統を開発した。まず、ウンカ類に対する耐虫性を保有する NIL とヨコバイ抵抗性 NIL について、NIL 間の交雑 F1 植物に戻し交雑を行い、B2F1 世代の世代促進を実施した。つぎに、開発された *OVC*, *BPH25*, *BPH26*, *GRH2*, *GRH4* 抵抗性遺伝子座近傍の DNA マーカーを利用したマーカー選抜により、抵抗性遺伝子を保有する系統を選抜した。

海外共同研究者 (Dinh Van Thanh, PPRI, Vietnam) の協力のもとに、*BPH25*, *BPH26* に関する国際判別 NIL 群を供試して、日本に飛来するウンカ類の越冬地である北部ベトナム BPH 個体群 (ベトナム紅河デルタ-現地試験-) の抵抗性遺伝子加害性をモニタリングした。その結果、トビイロウンカ抵抗性遺伝子 *BPH26* は、北部ベトナム BPH 個体群に対する抵抗性を消失していた。そこで、*BPH26* に対するトビイロウンカの加害性の遺伝的要因を解明するために、トビイロウンカ遺伝地図を構築し、*BPH26* に対するトビイロウンカの加害性因子のウンカゲノム上の位置を推測した。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 2 件)

1) Vu, Q, R. Quintana, D. Fujita, C. C. Bernall, H. Yasui, C. D. Medina and F. G. Horgan

(2014) Responses and adaptation by *Nephotettix virescens* to monogenic and pyramided rice lines with Grh-resistance genes. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 150: 179–190. DOI: 10.1111/eea.12149

- 2) Jairin J., T. Kobayashi, Y. Yamagata, S. Sanada-Morimura, K. Mori, K. Tashiro, S. Kuhara, S. Kuwazaki, M. Urio, Y. Suetsugu, K. Yamamoto, M. Matsumura, and H. Yasui (2013) A Simple Sequence Repeat- and Single-Nucleotide Polymorphism-Based Genetic Linkage Map of the Brown Planthopper, *Nilaparvata lugens*. *DNA Research* 20(1): 17-30 doi: 10.1093/dnares/dss030,

[学会発表] (計 9 件)

- 1) Hideshi Yasui, Daisuke Fujita, Jirapong Jairin, Atsushi Yoshimura and Masaya Matsumura (2013) Recent advances in leafhopper and planthopper resistance in rice, 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013-11-07 Manila, Philippines, <http://rice-genetics.com/>
- 2) Mai Van Tan, Atsushi Yoshimura and Hideshi Yasui (2013) Molecular mapping of a major gene conferring resistance to green rice leafhopper, *Nephotettix cincticeps* Uhler, derived from an indica rice cultivar ASD7 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013-11-06 Manila, Philippines, <http://rice-genetics.com/>
- 3) Jirapong Jairin, Tetsuya Kobayashi and Hideshi Yasui (2013) A first generation microsatellite- and SNP-based linkage map of brown planthopper, 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013-11-07 Manila, Philippines, <http://rice-genetics.com/>

- 4) Jirapong Jairin, Tetsuya Kobayashi, Yoshiyuki Yamagata, Sachiyo Sanada- Morimura, Kimiko Yamamoto, Masaya Matsumura and Hideshi Yasui (2012) Mapping of virulence-associated gene in the brown planthopper Intl. Symp. Rice Functional Genomics, 2012.11.26. Chiang Mai, Thailand

- 5) Jirapong JAIRIN, Masaya MATSUMURA and Hideshi YASUI (2012) Genetics and breeding of rice conferring resistance to planthoppers and leafhoppers Intl. Congress of Entomology, 2012.8.19. Daegu, Korea

- 6) 松村正哉 (2012) トビイロウンカの抵抗性品種加害性の現状と抵抗性品種利用に向けた今後の課題, 2012-09-14. 京都産業大学 京都市

- 7) Moe Moe Hlaing, M. Matsumura, A. Yoshimura and H. Yasui トビイロウンカ抵抗性遺伝子 *BPH25* と *BPH26* に関する近似同質遺伝子系統ならびに遺伝子集積系統の日本採集トビイロウンカ系統に対する抵抗性反応 日本育種学会第121回講演会 2012. 3. 31 宇都宮大学・宇都宮市

- 8) 安井 秀, 藤田大輔, 屋良朝紀, 吉村 淳 インド型品種 ADR52 に由来するトビイロウンカ抵抗性遺伝子 *BPH25* と *BPH26* に関する遺伝子集積系統 の育成 日本育種学会第121回講演会 2012. 3. 31 宇都宮大学・宇都宮市

- 9) Jirapong Jairin, Sachiyo Sanada-Morimura, Masaya Matsumura, Masami Takagi and Hideshi Yasui, (2012) Virulence of brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in Asia to near-isogenic and pyramided lines of rice carrying BPH-resistance genes, *BPH25* and *BPH26* 日本動物昆虫学会 2012-03-28 近畿大学 奈良市

[図書] (計 0 件)

〔産業財産権〕

○出願状況（計 0 件）

○取得状況（計 0 件）

〔その他〕

プレスリリース

安井 秀ほか 「トビイロウンカの遺伝地図
の作製に成功」. (独) 農業生物資源研究所.

平成 25 年 2 月 28 日.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

安井 秀 (YASUI HIDESHI)

九州大学・大学院農学研究院・准教授

研究者番号:70220142

(2) 研究分担者

松村 正哉 (MATSUMURA MASAYA)

(独) 農研機構・九州沖縄農業研究センター
・ 難防除害虫研究チーム・チーム長

研究者番号:00370619