

Genetic studies on resistance to green rice leafhopper (*Nephotettix cincticeps* Uhler) and brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) in landraces of rice (*Oryza sativa* L.)

マイ, ヴァン タン

<https://hdl.handle.net/2324/1560546>

出版情報：九州大学, 2015, 博士（農学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：やむを得ない事由により本文ファイル非公開（2）

氏 名 : マイ ヴァン タン

論文題名 : Genetic studies on resistance to green rice leafhopper (*Nephotettix cincticeps* Uhler) and brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) in landraces of rice (*Oryza sativa* L.)
(イネ在来種のツマグロヨコバイならびにトビイロウンカ抵抗性に関する遺伝学的研究)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

まず、イネ害虫トビイロウンカ (BPH) とツマグロヨコバイ (GRH) に複合抵抗性をしめすインド在来イネ品種 ASD7 のトビイロウンカならびにツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を明らかにした。材料には、ASD7 と昆虫感受性の台中 65 号 (T65) の F₂ 集団と戻し交雑第二世代の分離集団を供試した。供試虫には、1966 年に採集し感受性品種上で累代飼育した BPH 個体群、ならびに 1991 年に採集し感受性品種上で累代飼育した GRH 個体群を用いた。F₂ 集団をもちいたトビイロウンカ抵抗性の QTL 解析により、染色体 12 の長腕上と染色体 6 の短腕末端に QTL を検出し、それぞれ qBPH12、qBPH6 と命名した。ゲノムワイドな遺伝子座間相互作用検索の結果、qBPH6 と qBPH12 の間では強い相互作用 ($P > 0.01$) が検出され、qBPH12 の ASD7 アリルの存在下において qBPH6 の ASD7 アリルを保有する個体は BPH に対して強い抗生作用を示した。次に、戻し交雑第二世代を用いて 2 つの QTL に関する 4 種類のホモ接合体の抗生作用を比較した結果、ASD7 のトビイロウンカ抵抗性には、qBPH12 のみならず qBPH6 との相互作用が重要であった。また、ツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝分析により、ASD7 のツマグロヨコバイ抵抗性は *GRH1* 遺伝子により支配されていた。以上の結果から、イネ在来品種 ASD7 のトビイロウンカならびにツマグロヨコバイに対する複合抵抗性は独立した 3 遺伝子座によって支配されていることが明らかになった。

次に、イネ在来品種が保有する昆虫抵抗性を探索するために、ツマグロヨコバイ抵抗性を指標として在来イネ品種のコアコレクション (系統数 61) を評価した。このコアコレクションをツマグロヨコバイに対する抗生作用の強さによって分類すると、強度抵抗性系統が 20 系統、中度抵抗性系統が 8 系統、弱度抵抗性もしくは感受性系統が 33 系統であった。そこで、これらの中から、強度抵抗性系統 8 系統 (ASD7, Bei Khe, VaryFutsi, Keiboba, Qingyu, Calotoc, Pinulupot1, ARC5955) と中度抵抗性系統 1 系統 (Jhona2) を選び、T65 との F₂ 集団を供試して既報のツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子の近傍 SSR マーカーを用いて、ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子 (*GRH1*, *GRH2*, *GRH3*, *GRH4*, *GRH5*, *GRH6*, *qGRH4*) を保有するかどうか診断した。その結果、ASD7 と Qingyu が *GRH1* を、VaryFutsi と ARC5955 と Jhona2 が *GRH2* を、Calotoc と Pinulupot1 が *GRH3* を、Bei Khe が *GRH6* を、Keiboba が *GRH1* と *GRH3* を保有することが推察された。

最後に、在来品種のコアコレクション (系統数 64) を用いてツマグロヨコバイ抵抗性に関してゲノムワイド相関解析 (GWAS) を行った。全ゲノムに分布する一塩基多型 (SNP) を用いた GWAS 解析の結果、ツマグロヨコバイに対する抗生作用と相関の見られる SNP が 154 個検出された ($P > 0.001$)。

これら SNP について、ツマグロヨコバイ感受性の日本晴との詳細な配列比較を行った結果、ツマグロヨコバイ抵抗性に関わるゲノム領域は、既報の 7 遺伝子座を含む 44 ヶ所であることが推察された。

以上のことから、本研究では、イネ在来品種が保有するトビイロウンカとツマグロヨコバイに対する複合抵抗性の遺伝的基盤を明らかにするとともに、イネ在来品種群を用いた詳細な抵抗性評価と SNP マーカーによるゲノムワイドな相関解析の結果、イネ在来品種が保有する新規のツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子座探索のモデルを提唱した。