

Genetic studies of resistance to green rice leafhopper (*Nephotettix cincticeps* Uhler) in the relative species of rice (*Oryza sativa* L.)

ニン, ワー, テイン

<https://hdl.handle.net/2324/2534490>

出版情報：九州大学, 2019, 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	ニンワーテイン			
論文名	Genetic studies of resistance to green rice leafhopper (<i>Nephotettix cincticeps</i> Uhler) in the relative species of rice (<i>Oryza sativa</i> L.) (イネの近縁種が保有するツマグロヨコバイ抵抗性に関する遺伝学的研究)			
論文調査委員	主査	九州大学	教授	安井 秀
	副査	九州大学	教授	熊丸 敏博
	副査	九州大学	准教授	久保 貴彦

論文審査の結果の要旨

本論文は、イネ (*Oryza sativa*) の7種の近縁種のうち、2つの種 *Oryza longistaminata* および *O. glaberrima* のツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝学的研究をとりまとめたものである。まず、65系統の *O. longistaminata* を供試し、分けつ期の葉身を採取して試験管内にツマグロヨコバイ幼虫とともに封入する切葉検定法によりツマグロヨコバイ抵抗性を評価した。65系統のうち、ツマグロヨコバイ感受性であった6系統を除く59系統がツマグロヨコバイに対して中度から高度の抵抗性を示し、これらの系統はツマグロヨコバイ抵抗性に関する新規の遺伝資源であることが示された。つぎに142系統の *O. glaberrima* を供試し、幼苗検定法によりツマグロヨコバイ抵抗性を評価した。142系統のうち、137系統がツマグロヨコバイに対して中度から高度の抵抗性を示し、これらの系統はツマグロヨコバイ抵抗性に関する新規の遺伝資源であることが示された。一方、残りの5系統の昆虫放飼7日目の幼虫死亡率は18.3~34.9%であったが、感受性対照区の水稲品種「台中65号」に比べると昆虫の成育抑制効果が明瞭であった。このように供試した142系統の *O. glaberrima* では全ての系統がツマグロヨコバイの成育抑制効果を示したことから、イネの近縁種の中で *O. glaberrima* はツマグロヨコバイに対する特異的な耐虫性機構を備えていると推察された。

O. longistaminata が保有するツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝解析のために、高度抵抗性の「W1413」系統と感受性のある水稲品種「日本晴」を交雑した。得られた雑种植物に「日本晴」を戻し交雑し対象領域のマーカー選抜を実施することにより、28系統の染色体断片導入(イントログレッション)系統(IL)を育成した。得られた28系統のIL集団(BC₃F₃)のツマグロヨコバイ抵抗性を評価した結果、4系統において中度から高度の抵抗性個体が分離した。残りの24系統のILはツマグロヨコバイ感受性であった。IL集団(BC₃F₃)を用いた量的形質遺伝子座(QTL)解析により、3個の主働QTLと1個の微働QTLが検出された。すなわち、主働QTLとして染色体4の短腕上の *qGRH4* (Nip./W1413)、染色体5の長腕上の *qGRH5* (Nip./W1413)、染色体11の長腕上の *qGRH11* (Nip./W1413) が、微働QTLとして染色体2の長腕上の *qGRH2* (Nip./W1413) が検出され、いずれも *O. longistaminata* のアレルがツマグロヨコバイ抵抗性に貢献していた。検出された *qGRH4* (Nip./W1413)、*qGRH5* (Nip./W1413)、*qGRH11* (Nip./W1413) の染色体上の位置は、既報のツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子座 *GRH6*、*GRH1*、*GRH2* の座位とそれぞれ一致していた。さらに、各々のQTLの *O. longistaminata* 由来アレルを導入した4種類の近似同質遺伝子系統(NIL)、2個のQTLを集積した3種類の遺伝子集積系統(PYL)、および4個全てのQTLを集積したPYLのツマグロヨコバイ抵抗性を評価した。そ

の結果、4個全ての QTL を集積した PYL の抵抗性レベルは、親である「W1413」と同程度であった。これらの結果から、*O. longistaminata* のツマグロヨコバイに対する高度抵抗性については、少なくとも4個の QTL による遺伝的支配を受けると考察した。

O. glaberrima が保有するツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝解析のために、高度抵抗性を示した「IRGC103777」系統と感受性の「台中 65 号」の交雑を行った。得られた雑種植物に「IRGC103777」を戻し交雑した BC₁F₁ 集団の QTL 解析を行った結果、5 個の QTL が検出された。そのうち、染色体 9 の長腕上の QTL である *qGRH9* (T65/IRGC103777) の効果が最も大きく、BC₃F₄ 集団を用いた精密な遺伝分析の結果、*qGRH9* (T65/IRGC103777) を染色体 9 上の 1.7 cM の領域内に絞り込んだ。また、BC₃F₄ ならびに BC₃F₅ 集団を用いた遺伝分析の結果、新たに染色体 2 上に *qGRH2* (T65/IRGC103777) が同定された。

以上要するに、本論文はイネの近縁種 *O. longistaminata* および *O. glaberrima* のツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を明らかにしたものであり、植物育種学の発展に寄与する価値ある業績と認める。

よって、本研究者は博士（農学）の学位を得る資格を有するものと認める。