

コムギいもち病抵抗性遺伝子の探索と抵抗性育種

研究期間：2010～2024年

研究背景・目的

新型コロナウイルスにより「パンデミック」という用語は、誰もが知る言葉となったが、植物にも、今パンデミック病害になろうとしているものがある。コムギいもち病である。本病は、1985年、ブラジルで突如発生した。その病原菌を調べたところ、イネいもち病の病原菌*Pyricularia oryzae*と同種であることが判明した。ところが、コムギから分離した菌をイネに接種しても全く病原性を示さない。宿主範囲の解析・系統解析の結果、コムギのみに寄生性を有する新菌群*P. oryzae Triticum pathotype* (以下コムギ菌)が、進化・出現したことが明らかとなった。コムギ菌は、その後周辺諸国に広がり、南米におけるコムギ最重要病害の1つとなった。さらに、2016年バングラデシュに、2018年にはザンビアに伝播して、コムギいもち病のアウトブレイクを引き起こした。現在、これらの国々における本菌汚染地域は年々拡大しており、アジア、アフリカ周辺諸国への伝播が警戒されている。この病害に対抗するためには、抵抗性遺伝子が必要である。本研究では、抵抗性遺伝子を探索するとともに、それらを用いて抵抗性育種を試みた。

実験概要

まず、普通系コムギ (AABBDD) ならびに二粒系コムギ (AABB) ・タルホコムギ (DD) 系統のスクリーニングを行った。さらに、身近な他の栽培植物ーエンバクーの抵抗性遺伝子の利用を試みた。

結果と考察

世界中から収集された約530の普通系コムギ系統をスクリーニングした結果、18のコムギいもち病抵抗性系統を見出した。これらはすべて同一の抵抗性遺伝子を持っていた。この遺伝子を*Rmg8*と命名した。*Rmg8*は、バングラデシュ・ザンビアで拡散しているコムギ菌系統に強い抵抗性を示したことから、アジア・アフリカにおけるコムギいもち病抵抗性育種に極めて有効であると結論した。現在、CIMMYT (国際トウモロコシ・コムギ改良センター) と共同で、*Rmg8*を世界各国の品種に導入する事業を行っている。一方、今のところコムギ菌は日本には侵入してきていないが、侵入してから育種を開始するのでは手遅れである。そこで、我々は*Rmg8*を予め日本品種に導入する「予防的育種」に着手した。日本の西南暖地の気温は本病の発病適温に合致する。そこで、西南暖地の代表的品種「チクゴイズミ」に連続戻し交雑により*Rmg8*を導入し、コムギいもち病抵抗性系統を作出した(図1)。これにより、コムギ菌の日本への侵入に対する一応の備えができたと考えた。

しかし、抵抗性遺伝子が、いずれそれを侵す病原菌の新系統により侵されてしまうことは、抵抗性育種の歴史が教えるところであり、さらなる抵抗性遺伝子が必要である。そこで、タルホコムギ (普通系コムギのDゲノム供与種) 約200系統をスクリーニングしたところ、12の抵抗性系統を見出すことができた。これらと二粒系コムギを交雑して合成コムギにすると、ほとんどのタルホコムギの抵抗性は抑制されたが、1系統、合成コムギでも抵抗性を示すものを見出した。このタルホコムギ系統の持つ抵抗性遺伝子を*Rmg10*と命名した。CIMMYTのコムギいもち病常発圃場における現地試験により、この遺伝子は圃場においても有効であることが確認された。

さらに、二粒系コムギ系統をスクリーニングしたところ、高温で強い抵抗性を示す系統 (St19) を見出した。分離分析の結果、この抵抗性は1遺伝子支配であることが判明した。現在この遺伝子のマッピングを進めている。コムギいもち病は高温で激しく発生するので、この遺伝子のもつ高温耐性という性質は有用であると考えられる。

さらに、エンバクの抵抗性遺伝子の利用を試みた。菌群分化機構の解析結果から、エンバクのエンバク菌に対する抵抗性遺伝子は、基本的にコムギ菌にも作用すると予測し、エンバク30品種をエンバク菌でスクリーニングしたところ、抵抗性を示す品種を2つ見出した。これらの品種の抵抗性は異なる1遺伝子に支配されていることが判明し、それらを *Rbl1*, *Rbl2* と命名した。コムギ菌の *PAT1* (エンバクに対する非病原性を支配する遺伝子) 破壊株を用いた解析の結果、これらの抵抗性遺伝子は、コムギ菌にも作用することが確認された。これらの抵抗性遺伝子をクローニングしてコムギに導入すれば、得られた形質転換コムギは、バングラデシュ等GMOに寛容な国においては、社会実装できるものと期待される。

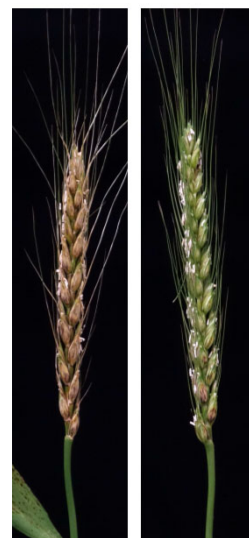


図1. コムギ品種チクゴイズミ(左)と*Rmg8*導入系統(右)のコムギ菌に対する反応。

発表論文

1. Chuma, I., Isobe, C., Hotta, Y., Ibaragi, K., Futamata, N., Kusaba, M., Yoshida, K., Terauchi, R., Fujita, Y., Nakayashiki, H., Valent, B., and Tosa, Y. (2011) Multiple translocation of the *AVR-Pita* effector gene among chromosomes of the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae* and related species. **PLoS Pathogens** 7: e1002147.
2. Nga, N.T.T., Inoue, Y., Chuma, I., Hyon, G-S., Okada, K., Vy, T.T.P., Kusaba, M., and Tosa, Y. (2012) Identification of a novel locus *Rmo2* conditioning resistance in barley to host-specific subgroups of *Magnaporthe oryzae*. *Phytopathology* 102: 674-682.
3. Tagle, A.G., Chuma, I., and Tosa, Y. (2015) *Rmg7*, a new gene for resistance to *Triticum* isolates of *Pyricularia oryzae* identified in tetraploid wheat. **Phytopathology** 105: 495-499.
4. Anh, V. L., Anh, N.T., Tagle, A.G., Vy, T.T.P., Inoue, Y., Takumi, S., Chuma, I., and Tosa, Y. (2015) *Rmg8*, a new gene for resistance to *Triticum* isolates of *Pyricularia oryzae* in hexaploid wheat. **Phytopathology** 105:1568-1572.
5. Inoue, Y., Vy, T.T.P., Yoshida, K., Asano, H., Mitsuoka, C., Asuke, S., Anh, V.L., Cumagun, C.J.R., Chuma, I., Terauchi, R., Kato, K., Mitchell, T., Valent, B., Farman, M., and Tosa, Y. (2017) Evolution of the wheat blast fungus through functional losses in a host specificity determinant. **Science** 357: 80-83.
6. Anh, V. L., Inoue, Y., Asuke, S., Vy, T.T.P., Anh, N.T., Wang, S., Chuma, I., and Tosa, Y. (2018) *Rmg8* and *Rmg7*, wheat genes for resistance to the wheat blast fungus, recognize the same avirulence gene *AVR-Rmg8*. **Mol. Plant Pathol.** 19:1252-1256.
7. Wang, S., Asuke, S., Vy, T.T. P., Inoue, Y., Chuma, I., Win, J., Kato, K., and Tosa, Y. (2018) A new resistance gene in combination with *Rmg8* confers strong resistance against *Triticum* isolates of *Pyricularia oryzae* in a common wheat landrace. **Phytopathology** 108:1299-1306.
8. Asuke, S., Tanaka, M., Hyon, G.S., Inoue, Y., Vy, T.T.P., Niwamoto, D., Nakayashiki, H., Tosa, Y. (2020) Evolution of an *Eleusine*-specific subgroup of *Pyricularia oryzae* through a gain of an avirulence gene. **Mol. Plant- Microbe Interact.** 33:153-165.
9. Asuke, S., Nishimi S., Tosa, Y. (2020) At least five major genes are involved in the avirulence of an *Eleusine* isolate of *Pyricularia oryzae* on common wheat. **Phytopathology** 110:465-471.
10. Horo, J.T., Asuke, S., Vy, T.T.P., and Tosa, Y. (2020) Effectiveness of the wheat blast resistance gene *Rmg8* in Bangladesh suggested by distribution of an *AVR-Rmg8* allele in the *Pyricularia oryzae* population. **Phytopathology** 110:1802-1807.
11. Inoue, Y., Vy, T.T.P., Tani, D., and Tosa, Y. (2021) Suppression of wheat blast resistance by an effector of *Pyricularia oryzae* is counteracted by a host specificity resistance gene in wheat. **New Phytol.** 229:488-500.
12. Asuke, S., Magculia, N. J., Inoue, Y., Vy, T. T. P., and Tosa, Y. (2021) Correlation of genomic compartments with contrastive modes of functional losses of host specificity determinants during pathotype differentiation in *Pyricularia oryzae*. **Mol. Plant-Microbe Interact.** 34:680-690.
13. Asuke, S., Umehara, Y., Inoue, Y., Vy, T. T. P., Iwakawa, M., Matsuoka, Y., Kato, K., and Tosa, Y. (2021) Origin and dynamics of *Rwt6*, a wheat gene for resistance to non-adapted pathotypes of *Pyricularia oryzae*. **Phytopathology** 111:2023-2029.
14. Asuke, S., Horie, A., Komatsu, K., Mori, R., Vy, T.T.P., Inoue, Y., Jiang, Y., Tatematsu, Y., Shimizu, M., and Tosa, Y. (2023) Loss of *PWT7* located on a supernumerary chromosome is associated with parasitic specialization of *Pyricularia oryzae* on wheat. **Mol. Plant-Microbe Interact.** (in press)
15. Yoshioka, M., Shibata, M., Morita, K., Fujita, M., Hatta, K., Tougou, M., Tosa, Y., and Asuke, S. (2023) Breeding of a near-isogenic wheat line resistant to wheat blast at both seedling and heading stages through incorporation of *Rmg8*. **bioRxiv.** <https://doi.org/10.1101/2023.07.12.546477>

共同研究先

農研機構、岩手生物学研究センター、京都大学、京都府立大学、
兵庫県農林水産技術総合センター、CIMMYT（メキシコ）、John Innes Centre（イギリス）