

PRESS RELEASE (2024/08/27)

ミャンマーの在来品種からイネ害虫に対する新たな抵抗性遺伝子を発見 ～虫に強いイネの品種改良が加速化～

ポイント

- ① 近い将来、加害力が強いイネ害虫が進化してくることで、従来の品種では太刀打ちできなくなると予想されています。そのため新規の抵抗性遺伝子を特定し、新しい品種に導入する必要があります。
- ② 今回、ミャンマー原産のイネ在来品種群を用いた分析からツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子 *GRH6* の塩基配列を世界で初めて特定しました。*GRH6* 遺伝子はツマグロヨコバイが篩管液を吸汁する行動を抑制する効果を持つことを明らかにしました。
- ③ ミャンマー国とその近隣諸国にて、在来品種を用いた新たな抵抗性品種の育成が加速化することが期待されます。

概要

気候変動により洪水や干ばつ、病虫害の被害がさらに頻発すると予想されています。持続的な農業生産を行うため、在来品種などの未利用の遺伝資源から有用遺伝子を特定し、それらの遺伝子を導入した新しい品種の育成が期待されています。

今回、ミャンマー原産のイネ在来品種群を用いた分析から、イネ重要害虫であるツマグロヨコバイ (*Nephotettix cincticeps* Uhler) に対する抵抗性遺伝子 *GRH6* の塩基配列を世界で初めて特定しました。*GRH6* 遺伝子はツマグロヨコバイによる篩管液の吸汁を抑制する効果を持つことを明らかにしました。

研究グループはまずミャンマー国ジーンバンクから選んだ250系統のインドイネ型在来品種の全ゲノム配列を解読し、「多様性パネル (※1)」と呼ばれる集団を作成しました(Furuta et al. 2024)。

九州大学大学院農学研究院の吉村名誉教授、安井教授、山形准教授、および生物資源環境科学府博士課程3年ミャンマー国出身のNang Moe Khamらの研究グループは、ゲノムワイド関連解析研究 (GWAS) の手法を用いて、ツマグロヨコバイ抵抗性に関係しているゲノム領域を調べました。染色体4番の関連領域は既報の *GRH6* 座と同じと考えられましたが、原因遺伝子は未解明でした。生物資源研究所(現農研機構)の松本博士らのグループが解読した塩基配列をもとに、九大のグループが遺伝子単離を行ったところ、*GRH6* は植物の病虫害抵抗性遺伝子において広範にみられるNBS-LRR遺伝子をコードし、ツマグロヨコバイの吸汁により発現が誘導されることを初めて見出しました。ミャンマー在来品種には *GRH6* 座には7つのハプロタイプが存在し、そのうちミャンマー南部沿岸地域に分布する Hap*GRH6A* が抵抗性に強く関連することを明らかにしました。

これらの発見は在来品種を用いた新たな品種育成の計画に重要な情報を与えるものと考えられます。

本研究成果は日本育種学会の英文誌「Breeding Science」に2024年8月23日(金)(日本時間)に掲載されました。

【研究の背景と経緯】

ツマグロヨコバイ *Nephotettix cincticeps* Uhler (Green rice leafhopper, GRH) はカメムシ目の昆虫であり、アジア温帯地域におけるイネの重要害虫です。これまで多くの抵抗性品種が育成されてきましたが、従来の抵抗性品種を冒すイネ害虫が出現してきており、これまで用いられてきた抵抗性遺伝子が枯渇することが予想されています。そのため新規の抵抗性遺伝子を特定し、新しい品種に導入するための中間母本(※2)を育成する必要がありました。

遺伝子銀行(ジーンバンク)には国内および世界各地から収集された遺伝資源が保存されており、新品種を生む出すエンジンであるといえます。現在ではほとんど利用されていない在来品種であっても、高い環境適応力や病害抵抗性に関連する遺伝子を迅速に同定し、交配に用いて新たな品種を育成することが求められています。

ミャンマー国ジーンバンクには長い稲作の歴史の中で培われた在来品種が数多く保存されています。遺伝資源としての価値を再発見し、最新のゲノム解読技術を活用した新たな手法にて、迅速に遺伝子を同定し、ミャンマー国独自の新品種を育成する基盤の構築が必要とされてきました。

そこで本研究グループではミャンマーのインディカ在来品種を 250 系統選択し、そのゲノム解読を行い、「多様性パネル」とよばれる研究基盤を構築しました(Furuta et al. 2024)。この研究基盤を用いて本研究は行われたものです。

【研究の内容と成果】

ミャンマーのインディカ在来品種におけるツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を解明するため、国内の多様な地域から収集した多様性パネルを用いてゲノムワイド関連研究 (GWAS) (※3)を行いました(図 1)。その結果、ツマグロヨコバイ抵抗性には、染色体 4、5、11 に位置する *GRH6*、*GRH1*、*qGRH11* の少なくとも 3 つの遺伝子座/QTL によってツマグロヨコバイ抵抗性が支配されていることがわかりました。

次に、*GRH6* の遺伝子単離を行いました。野生種 *Oryza rufipogon* の W1962 系統における *GRH6* 近傍のゲノム配列を決定したところ、野生種 W1962 では、植物の病虫害抵抗性遺伝子において広範にみられる Nucleotide-Binding Site Leucine-Rich Repeat (NBS-LRR) タンパク質(※4)をコードしていました。W1962 に由来する NBS-LRR 遺伝子を T65 に導入した形質転換体はツマグロヨコバイに対する抵抗性を示しました。*GRH6* を導入したイネではツマグロヨコバイの放飼によって、*GRH6* が高度に発現誘導され、篩管(※5)液の吸汁阻害を引き起こすことで抵抗性が付与されることが明らかになりました(図 2)。

さらに、*GRH6* 座には 7 つの主要ハプロタイプ(Hap*GRH6A*-H)が存在し(図 3)、Hap*GRH6A* がミャンマー在来品種群のツマグロヨコバイ抵抗性と関連していました(図 4)。さらに興味深いことに、本研究で見つけた抵抗性ハプロタイプを持たないのにも関わらず、イネ害虫に対する抵抗性を示す在来品種がまだまだ数多く存在していました(図 5)。これらの在来品種はさらなる抵抗性遺伝子を潜在している可能性があり、これからの研究の展開が期待されています。

【今後の展開】

今回の研究結果により、ミャンマー在来品種が保有する主要なツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子とそのハプロタイプが明らかとなりました。ツマグロヨコバイは東アジアに限定して分布する種ですが、近縁種であるタイワンツマグロヨコバイやウンカ類が東南アジアや南アジアにて主要な害虫として猛威を振るっています。今回単離した *GRH6* 遺伝子はタイワンツマグロヨコバイやウンカ類にも抵抗性を示す可能性があり、この遺伝子の重要性はさらに高まることが期待されます。本研究にて用いたミャンマー在来品種群はミャンマー国ジーンバンクに保管され、標準材料移転契約(SMTA)と呼ばれる仕

組みにより、世界共通の財産として共有されています。本研究により得られたハプロタイプ情報を活用して、世界各地での抵抗性品種の育成が加速化すると考えられます。

【参考図】

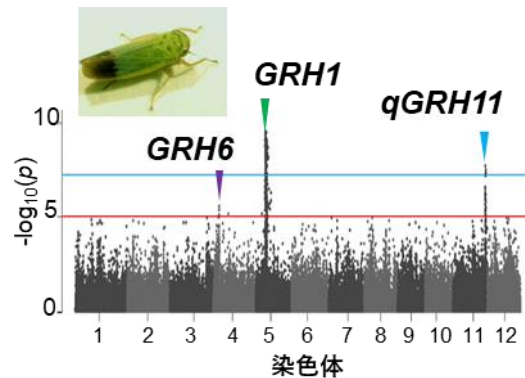


図1 ツマグロヨコバイ抵抗性に関するゲノムワイド関連研究

ミャンマー在来品種群では *GRH6*, *GRH1*, *qGRH11* の三つが主要なツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子座でした。いずれの領域も原因遺伝子はこれまでわかっていませんでした。本研究では *GRH6* に着目して研究を進めていきました。

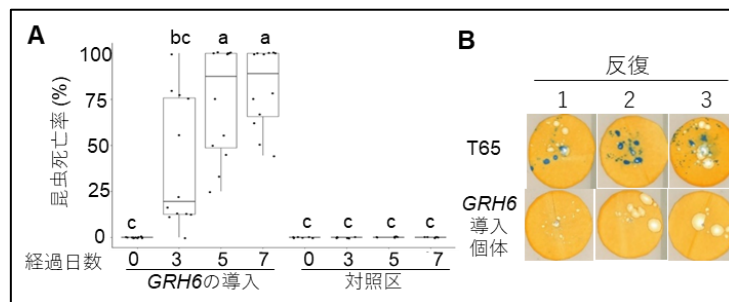


図2 *GRH6* 遺伝子の導入実験

(A) これまで私たちは *GRH6* を約 31200 塩基対のゲノム領域にマッピングしており、GWAS の結果(図 1)と一致していました。そのうち、NBS-LRR ドメインを保有する遺伝子を受容性の対照区である台中 65 号 (T65) に導入したところ、昆虫を放飼後の経過日数(横軸)に伴い、昆虫死亡率(縦軸)の上昇がみられました。(B) 感受性品種の T65 ではツマグロヨコバイがイネ篩管液を吸汁することで放出する甘露液を放出し、青色の染色スポットが観察されました(図中青色)。一方、*GRH6* 導入個体では青色のスポットは観察されませんでした。これは *GRH6* 抵抗性遺伝子がツマグロヨコバイによる篩管液の吸汁抑制効果を持つことを示しています。

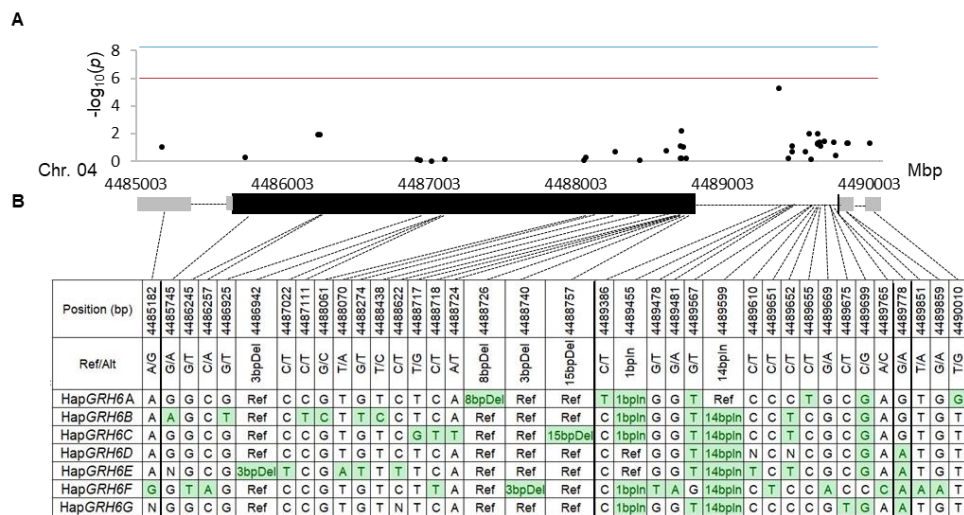


図3 GRH6座において見いだされた7つの主要ハプロタイプ

ミャンマー在来品種群において *GRH6* 遺伝子領域に観察された一塩基多型や挿入欠失多型を調査したところ、7つの主要ハプロタイプに分類できることがわかりました。

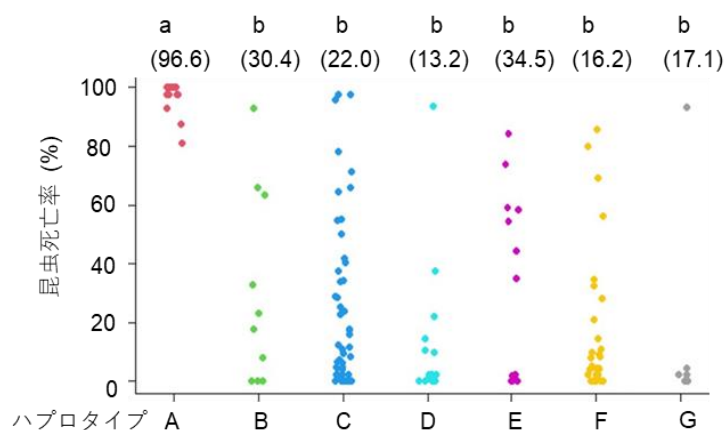


図4 GRH6ハプロタイプ別の昆虫死亡率の分布

ミャンマー在来品種群を *GRH6* ハプロタイプごとに分類して昆虫死亡率を図示したものがこちらになります。Hap*GRH6A* を保有するほとんどの在来品種が高い昆虫死亡率を示し、抵抗性でした。一方その他のハプロタイプを保有する在来品種の昆虫死亡率はすべて 35%以下の感受性でした。このことから Hap*GRH6A* は抵抗性に関与する未同定の変異を有すると推察されます。

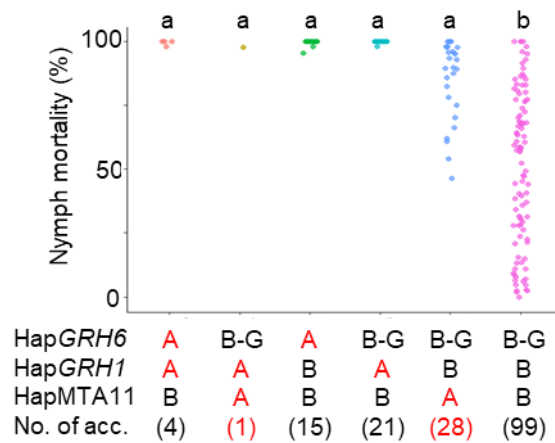


図5 抵抗性ハプロタイプ組合せと昆虫死亡率の関連

GRH6 座ハプロタイプとして7つ(Hap*GRH6A*~G)、*GRH1* 座の Hap*GRH1A*(抵抗性)と Hap*GRH1B*(感受性)ハプロタイプ、MTA11 座の HapMTA11A(抵抗性)と HapMTA11B(感受性)ハプロタイプの組み合わせを調査したところ、少なくとも一つ抵抗性ハプロタイプを保有する系統群は高度抵抗性を示しました。抵抗性ハプロタイプを持たない系統群は0~100%までの幅広い昆虫死亡率を示しました。今後、このグループを詳細に探索すれば、新規抵抗性遺伝子にたどり着ける可能性が高いといえます。

【研究者からひとこと】

世界規模で起こる気候環境の変化や病原菌や昆虫の出現に対応し、安定した食料生産を実現するためには、国境を越えて遺伝資源を共有し、協働で品種育成の土台を作ることが重要です。遺伝資源の重要性を幅広くご理解いただくとともに、有用遺伝子を導入した新品種の育成に多くの方々と協力してつなげていきたいです。

【用語解説】

(※1) 多様性パネル

特定の遺伝的なグループを代表する個体や系統群で構成された集団であり、集団を構成するメンバーが持つ一塩基多型や挿入欠失多型などの遺伝子型情報が網羅的に解読され、データベース化されたもの。

(※2) 中間母本

有用な形質や特性を支配する遺伝子を持っていても、在来品種や野生種の場合はしばしば栽培や品質に不利な遺伝子を保有している場合があり、それらを直接交配に用いることが困難となる場合がある。そこで、在来品種や野生種のもつ有用遺伝子のみを、優良品種の遺伝的背景にあらかじめ導入しておき、品種育成の交配に用いるために育成した系統のこと。

(※3) ゲノムワイド関連研究

多様性パネルを用いて、全ゲノム領域にわたって分布する一塩基多型や挿入欠失多型などの遺伝子型情報と表現型値を比較することで、表現型値に影響を与えるゲノム領域を統計的に推定する研究手法のこと。

(※4) NBS-LRR タンパク質

植物の免疫応答に関与するタンパク質ファミリーのひとつ。病原体の認識に重要な役割を果たすこ

とが知られています

(※5) 篩管

植物の維管束のうち、葉で作られた同化産物を流す通路のこと。ツマグロヨコバイは篩管液を吸汁することでイネを加害する。

【謝辞】

本研究は農水省イネゲノムプロジェクト新農業展開ゲノムプロジェクト(QTL-2001)、地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム(JPMJSA1706)の支援を受けたものです。

【論文情報】

掲載誌：Breeding Science

タイトル：Resistance haplotypes to green rice leafhopper (*Nephotettix cincticeps* Uhler) estimated in genome-wide association study in Myanmar Indica rice landraces

著者名：Nang Moe Kham, Hiroyuki Kanamori, Jianzhong Wu, Takashi Matsumoto, Daisuke Fujita, Hideshi Yasui, Atsushi Yoshimura, Yoshiyuki Yamagata

D O I : 10.1270/jsbbs.23067

【お問合せ先】

<研究に関すること>

九州大学大学院 農学研究院 准教授 山形 悦透（ヤマガタ ヨシユキ）

TEL：092-802-4553 FAX：092-802-4551

Mail：yoshiyuk@agr.kyushu-u.ac.jp

<報道に関すること>

九州大学 広報課

TEL：092-802-2130 FAX：092-802-2139

Mail：koho@jimu.kyushu-u.ac.jp