



マツ材線虫病に対する抵抗性の遺伝領域解明

林木育種センター：平尾 知士
(公財)かずさDNA研究所：白澤 健太

林木育種センター九州育種場：松永 孝治

私たちは、松林の再生と健全化を目指して、マツ材線虫病に対する抵抗性品種の開発と抵抗性メカニズムの解明を進めています。これまでに抵抗性品種における抵抗性の遺伝領域に関する情報は非常に限定的でした。しかし、今回、クロマツの抵抗性品種の中でも抵抗性が特に強い品種「波方ク-73号」において、マツ材線虫病抵抗性に関わる遺伝領域を明らかにしました。この成果をもとに、今後さらに研究を進めることで、抵抗性メカニズムの解明やより強い抵抗性品種の開発につながります。

■ より強い抵抗性品種を開発するために

マツ材線虫病によるマツ枯れは、依然として我が国最大級の森林病虫害です。このマツ材線虫病に対し、我が国では1978年から、被害を受けたマツ林に残存している抵抗性候補木を選抜し、苗畑で複数回の接種検定を実施して、抵抗性品種の開発を進めてきました。2023年3月末までにクロマツで276品種、アカマツで314品種が開発されています。今後、ゲノム情報も活用したより強い抵抗性品種の開発を進めていくためには、クロマツのゲノム上にあるより多くの遺伝的な変異を探索し、抵抗性形質と関連する遺伝領域の数や位置を明らかにしていくことが、とても重要です。今回、大規模なゲノム分析技術を適用することで、クロマツの抵抗性品種の中でも抵抗性が特に強い品種「波方ク-73号」の抵抗性遺伝領域を明らかにしました。

■ 抵抗性遺伝領域の解明に迫る

抵抗性に関わる遺伝領域を特定するためにはゲノム中の遺伝的な変異を検出し、表現形質（抵抗性形質）との関連性を調べていく必要があります。しかし、クロマツのゲノムサイズは240億塩基対（イネのゲノムサイズの約62倍の大きさ）ととても巨大であるため、その遺伝的な変異を網羅的に収集することが困難でした。今回、次世代シーケンサーという先進的なゲノム分析技術を適用することで、「波方ク-73号」の連鎖地図（遺伝子地図）を作成し、さらにマツノザイセンチュウを接種してそれぞれの苗木の抵抗性を評価する（図1）ことによって、抵抗性形質に関わる遺伝領域を探索しました。分析の結果、第3連鎖群（染色体）上に抵抗性に関わる遺伝領域が存在することが分かりました（図2）。今回の研究の成果（Hirao et al. 2022）と先行研究の成果（Hirao et al. 2019）を比較した結果、「波方ク-73号」は抵抗性品種の中でも抵抗性が比較的弱い品種「田辺ク-54号」と同じ領域に抵抗性の遺伝領域を持っていることが分かりました。なぜ抵抗性の遺伝領域が強い品種と弱い品種で同じなのか？という遺伝的なメカニズムについては、依然として明確ではありません。しかし、今後、研究をさらに進め、この遺伝領域の詳細を明らかにすることで、抵抗性を決定する原因遺伝子の特定や抵抗性の遺伝メカニズム、さらにDNAマーカーを使った抵抗性に関する

ゲノム育種の実現につながります。

■ 多様でより強い品種目指し遺伝領域探索へ

多様かつより強い抵抗性品種を今後さらに作出していくためには、これまでに開発された抵抗性品種の抵抗性遺伝領域を一つ一つ明らかにしていく必要があります。今回適用した先進的なゲノム分析技術を駆使し、多数の抵抗性品種を対象として抵抗性遺伝領域の探索を進めていく予定です。

研究資金

- ・林野庁委託事業「マツノザイセンチュウ抵抗性品種開発技術高度化事業」
- ・科研費 (JP16K07792)「次世代シーケンサーを用いたクロマツにおけるマツノザイセンチュウ感受性遺伝子の探索」
- ・本研究の実施課題「高速育種のためのDNAマーカー等の開発」

参考文献・サイト

- Hirao, T. et al. (2019) Construction of genetic linkage map and identification of a novel major locus for resistance to pine wood nematode in Japanese black pine (*Pinus thunbergii*) BMC Plant Biol. 19 (1): 424.
- Hirao, T. et al. (2022) Quantitative Trait Loci Analysis Based on High-Density Mapping of Single-Nucleotide Polymorphisms by Genotyping-by-Sequencing Against Pine Wilt Disease in Japanese Black Pine (*Pinus thunbergii*) Front. Plant Sci. 13:850660.

専門用語

ゲノム: DNAの文字列に表される遺伝情報です。

次世代シーケンサー: 数千から数百万ものDNAの塩基配列を同時に決定できる先進的な技術です。

ゲノム育種: ゲノムを解読し、有用な遺伝形質を持つ個体や系統を選抜する育種法のことです。



図1 抵抗性形質の遺伝性評価

波方ク-73号の自殖交配(雌親と雄親が同一の個体で人工交配したもの)によって得られた実生個体に対してマツノザイセンチュウを接種し、10週後の実生個体の様子。苗木によって、枯死個体(赤みを帯びた個体)と抵抗性個体(緑が残る個体)の違いがみられます。

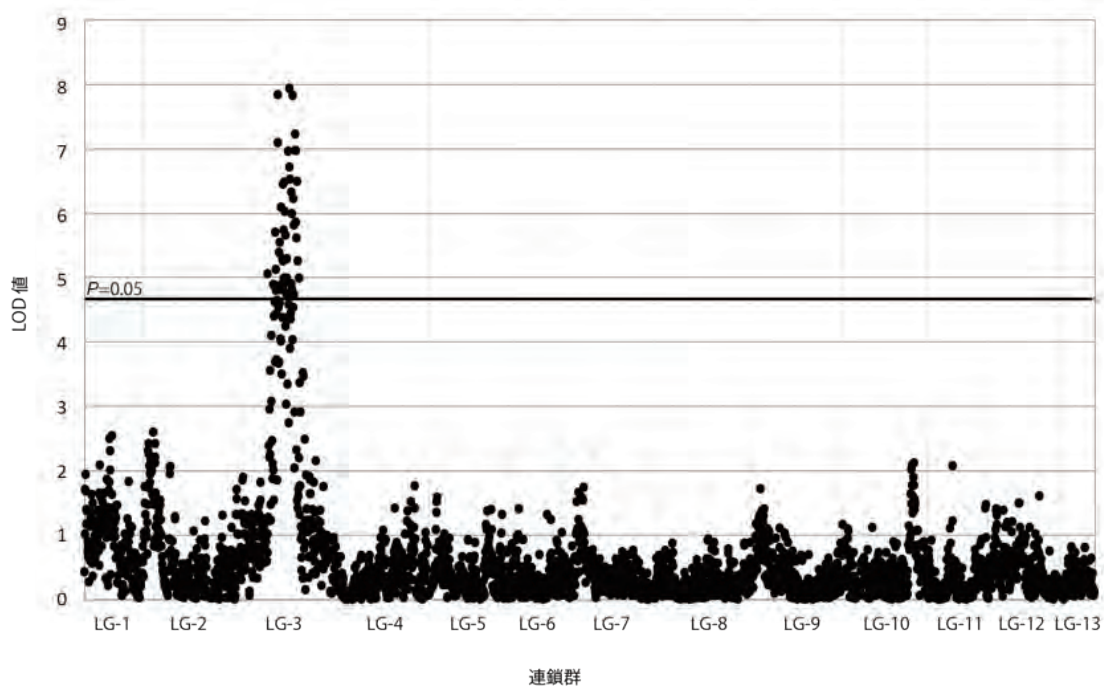


図2 マツ材線虫病抵抗性形質に関わる遺伝領域の検出

形質情報と遺伝変異の情報を利用して解析した結果、今回用いた人工交配家系では、第3連鎖群(LG-3)に抵抗性の領域が検出されました。LOD値は統計的なものさしの一つで、値が高ければ高いほど抵抗性に関わる領域が存在する確率が高いことを示します。(Hirao et al. 2022)