

日本のイネいもち病菌レースと品種の抵抗性変異との相互関係

Co-differentiation of blast races and rice varieties in Japan

日本のイネいもち病菌レースは地域により異なるタイプが分布している。これはその地域で栽培されてきたイネ品種の抵抗性遺伝子との関係で説明できる。

JIRCASは、アジアおよびアフリカを対象に、国際的なイネいもち病に関するネットワーク研究を進めてきた。この中で、各地域のいもち病菌レースの多様性やイネ遺伝資源の抵抗性変異を解明するとともに、それらの関係を明らかにしてきた。

これらの情報は、菌レースとイネ品種の関係を明らかにしただけでなく、防除技術開発のための基礎的知見として利用できる。今後、各地域の解析データをもとに、菌レースとイネ品種の世界的変異を解明していく。

The “Blast Research Network for Stable Rice Production” by JIRCAS has clarified the diversity of blast (*Pyricularia oryzae* Cavara) races and the genetic variation of resistance in rice (*Oryza sativa* L.) cultivars of Asia and Africa.

The diversities of blast races and the variations of resistance in rice cultivars are important for understanding and defining the relationships between the races and rice cultivars in order to provide basic information.

In Japan, we found multiple evidence of co-differentiation of blast races and rice cultivars as well as their unique variations in each region.

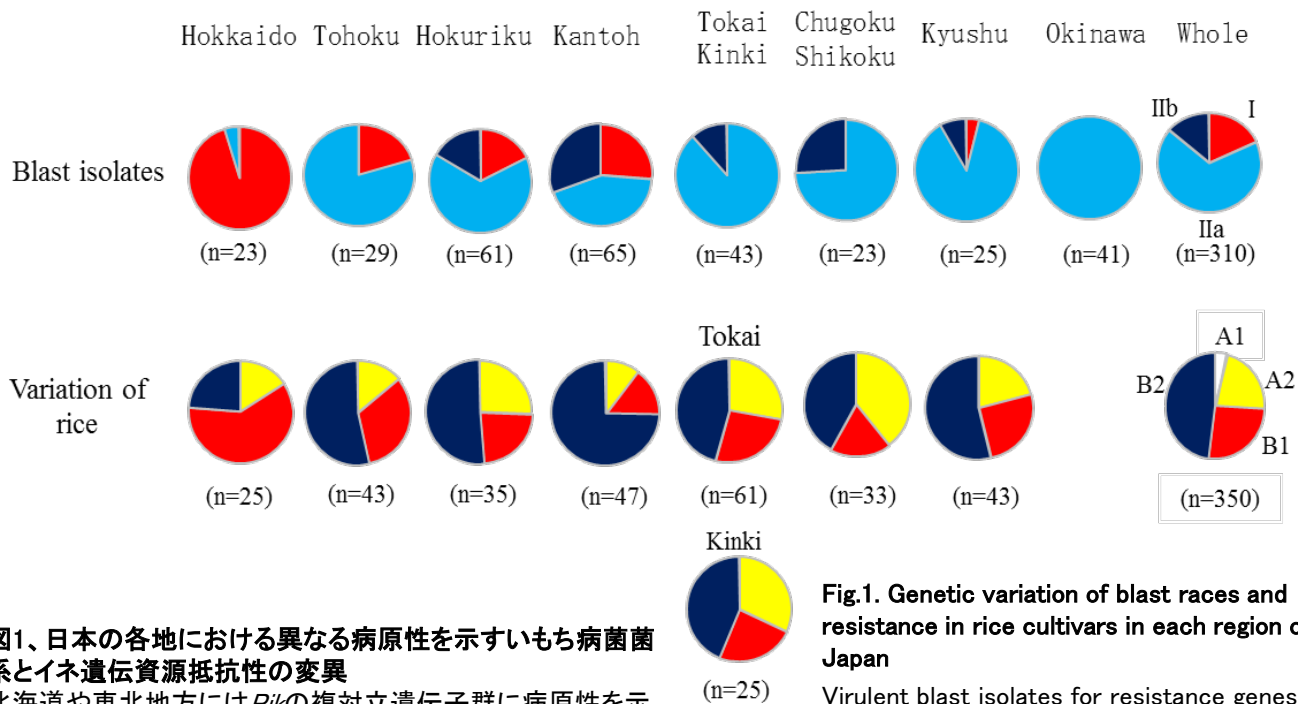


図1、日本の各地における異なる病原性を示すいもち病菌菌系とイネ遺伝資源抵抗性の変異

北海道や東北地方には*Pik*の複対立遺伝子群に病原性を示す菌レース(I)が多く分布するが、この地域にはこれらの遺伝子を有する品種(B1)が広く栽培されている。菌レースの分布がイネ品種の抵抗性遺伝子に対応している。

These data on blast races and rice accessions were modified from Kawasaki-Tanaka et al. (2016, Plant Disease 100: 816-823) and Kawasaki-Tanaka and Fukuta (2014, Breeding Science 64: 183-192), respectively.

Fig.1. Genetic variation of blast races and resistance in rice cultivars in each region of Japan

Virulent blast isolates for resistance genes of *Pik* alleles, which were classified into cluster group I (red color), were dominant in Hokkaido and Tohoku regions. These *Pik* alleles' genes were included mainly in the rice cultivar's group blast isolates (BI), and higher frequencies were shown in Hokkaido and Tohoku compared with the other regions.

