

オオムギ縞萎縮病Ⅲ型抵抗性に関わる *rym3* 近傍マーカーの開発

青木 秀之<sup>1</sup>, 中野 友貴<sup>1</sup>, 関 昌子<sup>1</sup>, 中田 克<sup>2</sup>, 石川 吾郎<sup>3</sup>, 長嶺 敬<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 農研機構・中日本農研, <sup>2</sup> 農研機構・九州沖縄農研, <sup>3</sup> 農研機構・作物研)

Development of a marker near the *rym3* gene for resistance to the strain III of the barley yellow mosaic virus.

Hideyuki Aoki<sup>1</sup>, Yuuki Nakano<sup>1</sup>, Masako Seki<sup>1</sup>, Masaru Nakata<sup>2</sup>, Goro Ishikawa<sup>3</sup>, Takashi Nagamine<sup>1</sup>(<sup>1</sup>INARC, NARO, <sup>2</sup>KARC, NARO, <sup>3</sup>CARC, NARO)

縞萎縮病は国内オオムギの重要病害であり、レース I~III 型に抵抗性を持つ *rym3* 抵抗性遺伝子の同定とマーカー開発が求められている。これまでの研究から *rym3* 遺伝子は第 5 染色体の約 250Mb(k09554-AvaI)から約 328Mb(TBr3-2-EcoRV)の間に存在することが分かっている(遺伝子領域は IPK の Morex v2.0 (Monat *et al.* 2019)に準ずる)。

本研究では、*rym3* 保有品種「スカイゴールデン」と *rym3* 非保有品種「ファイバースノウ」、「ミノムギ」、「ゆきはな六条」からゲノムシーケンスを行い、*rym3* 近傍領域(250~328Mb)に存在する遺伝子の中から「スカイゴールデン」に特有の変異アレルを探索した。その結果、アミノ酸変異を伴う SNP が 7 個存在し、その中から約 275Mb の SNP を判別する CAPS マーカー(*rym3*-HinfI)を設計した(図1)。このマーカーで判別した 49 品種・系統の遺伝子型と、それぞれの品種・系統で公表されている III 型抵抗性を比較した結果、「スカイゴールデン型」と判別された品種・系統と III 型抵抗性は強く連鎖し、これまで公表されている k09554-AvaI, TBr3-2-EcoRV および TBr3-2-TaqI マーカー(青木ら 2020)よりも高い判別精度を持っていた(図 2)。しかし、本マーカーで「スカイゴールデン型」と判別されなかったが III 型抵抗性を持つ個体が四国の裸麦品種・系統を中心に存在した。品種系譜からそれらは *rym3* 以外の新たな III 型抵抗性遺伝子であることが推測されるため、今後は更なる III 型抵抗性マーカーの開発が必要である。九州・沖縄農研で開発された ICSB1209, 1211 と共に、本マーカーは *rym3* に由来するオオムギ縞萎縮病 III 型抵抗性を判別できる優れたマーカーであり、III 型抵抗性品種の開発に貢献できることが期待される。

本研究は、農林水産省委託プロジェクト「民間事業者等の種苗開発を支える「スマート育種システム」の開発」(BAC2003)および NARO プロ 4(スマート作物育種)の予算によって行われた。

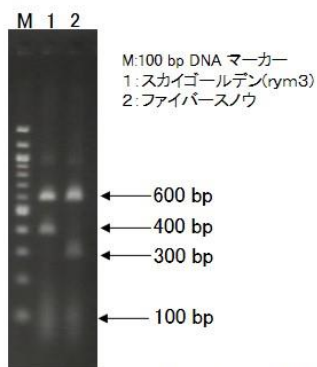


図1. *rym3*-HinfIマーカーの電気泳動図

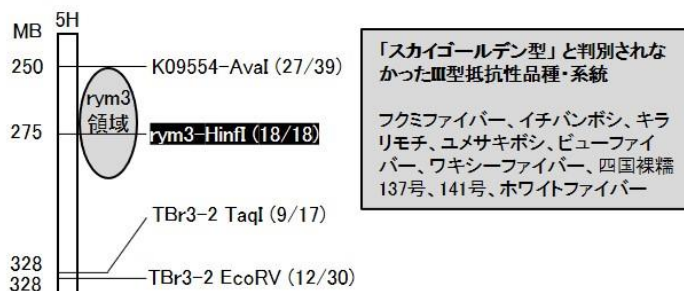


図2. *rym3*遺伝子領域と既知マーカーの精度  
各マーカーの精度は(III型抵抗性品種・系統数/「スカイゴールデン型」と判別された数)で示す。