

イネいもち病菌の病原性変異における最近の研究

野口 雅子

Masako NOGUCHI:

Recent studies on pathogenicity variation in rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*

いもち病の低コスト・環境保全型の防除方法として、異なる真性抵抗性遺伝子をもつ同質遺伝子系統を混合栽培するマルチラインが育成・利用されている¹⁾。北陸では、新潟県、富山県、福井県でコシヒカリ同質遺伝子系統が育成されている。

マルチラインによるいもち病発病抑制効果としては、1. いもち病菌が親和性系統上でしか増殖できないため増殖量が減少する（バリアー効果）、2. 複数の抵抗性遺伝子系統の混植によってレースの種類が増え、病原性の幅のひろいレースが抑制される（レースの安定化選択）、3. 非病原性レースに感染したイネでは抵抗性が誘導され、病原性レースの感染が抑制される（誘導抵抗性）の3つが考えられる。しかし、マルチラインにおいては、イネいもち病菌が病原性変異を起こし、混合栽培に用いる全ての抵抗性系統を侵すことのできる病原性の幅のひろい変異菌が出現することにより、防除効果が失われる危険性が指摘されている。

いもち病菌の病原性変異要因として、有性生殖交配による遺伝的組換え、菌糸融合（準有性的組換え）、自然突然変異等が考えられる。このうち日本産菌株同士による完全世代形成は未発見であることから、有性生殖による変異菌出現の可能性は低いと考えられる。

菌糸融合による病原性変異菌の出現の可能性は多くの研究者が指摘しており^{2,3)}、MGRフィンガープリントを用いてインドのヒマラヤ地方産いもち病菌株で菌糸融合の可能性が示された報告もある⁴⁾。日本においても、菌糸融合による病原性変異菌出現の可能性はかなり高いと考えられるが、現在のところ野外における菌糸融合が確認されておらず、今後の研究が待たれる。

突然変異率はおおむね 10^{-4} ~ 10^{-5} 程度とされているが、抵抗性遺伝子の種類や供試菌株によって異なり、 10^{-2} ~ 10^{-3} と比較的高率に起こるといふ報告⁵⁾もある。また、日本産いもち病菌株についてMGR586を用いてフィンガープリントを行ったところ、レースは多種多様にも関わらず供試した多くの菌株がほぼ同一のリネージに属

したことから⁷⁾、突然変異が日本の野外における主要な変異要因とする指摘もある。突然変異のメカニズムについては、核型多型やトランスポゾン等が考えられる。

1984年に酵母の核型解析に、パルスフィールドゲル電気泳動法が用いられて以来、菌類の核型解析が進んだ。植物病原菌においては、1988年にトウモロコシ黒穂病菌で最初のパルスフィールドゲル電気泳動法による核型が報告された。いもち病菌においても、この技術を用いた核型解析がおこなわれ、いもち病菌の染色体は6~7本のバンドとして分離され、ゲノムサイズは34Mbと報告された。このことは、核学的研究からいもち病菌の染色体数は $n=6$ とする報告と一致している。アメリカ合衆国および中国産いもち病菌を用いて核型を調べた結果、核型多型が見られ、変異を引き起こす欠失、転座や染色体の再編成に関することが指摘されている⁸⁾。染色体の欠失等の核型多型が生じる要因として体細胞分裂、減数分裂や熱ショックなどがあげられる。糸状菌において完全世代を形成する菌より、不完全菌の方がより核型多型があるという報告⁹⁾があり、いもち病菌は無性的に胞子で増殖することから、核型多型が多く見られる可能性が考えられる。日本産いもち病菌にも核型多型がみられ、2Mb以下のミニクロモソームの存在も確認され、染色体の再編成による病原性変異が示唆されている。

また、糸状菌はトランスポゾンを持つことが知られており、トランスポゾンは原核生物から真核生物にいたるまで様々な生物に分布し、一定の構造を保ちながらゲノム内や異なるゲノム間を転移することにより、特定遺伝子の変異やゲノムの再構築等、生物における遺伝的多様性の獲得に深く関与していることが明らかにされてきた。糸状菌で初めて発見されたトランスポゾンは *Neurospora crassa* の *Tad1* で、この遺伝子はほ乳類のLINE様レトロトランスポゾンと類似の遺伝子であった。植物病原菌においても解析が進み、*Cladosporium fulvum* より *CIT-1* が、*Fusarium oxysporum* からは *FoT* がクローニングされた。いもち病菌においてはレトロトラ

ンスポゾンとしては, MGR1⁶, MGR583, MAGGY, *fosbury*, Mg-SINE 等が報告され, DNAトランスポゾンとしては, MGR586, Pot2 等が報告された。

病原性変異のメカニズムは, 数多くの非病原性遺伝子が単離され, 今後さらに, 研究が進むと考えられる。

引用文献

- 1) Mundt, C. C. (1994) Rice blast disease. 293-308, Cab International and IRRI, Cambridge.
- 2) Namai, T. and Yamanaka, S. (1982) Studies on variation in virulence of rice blast fungus, *Pyricularia oryzae* Cavara I. Variant formation by pairing-cultivation and inoculation of two different pathogenic isolates. Ann. Phytopath. Soc. Japan 48 : 466-470.
- 3) Kistler, H. C. and Miao, V. P. W. (1992) New modes of genetic change in filamentous fungi. Annu. Rev. Phytopathol. 30 : 131-152.
- 4) 清沢茂久 (1966). いもち病菌の病原性の自然突然変異について. 植物防疫 20 : 159-162.
- 5) 斉藤初雄・平野哲司・内藤秀樹 (1989) イネ体上におけるいもち病菌の無性的交雑とレース生成機構. 愛知県農総研報 21 : 99-105.
- 6) Sone, T., Suto, M. and Tomita, F. (1993) Host species-specific repetitive DNA sequence in the genome of *Magnaporthe grisea* the rice blast fungus. Biosci. Biotech. Biochem. 57 : 1228-1230.
- 7) Sone, T. and Tomita, F. (2000) Advances in rice blast research. 221 - 233, Kluwer Academic Publishers., Netherlands.
- 8) Talbot, N. J, Salch, Y. P., Ma, M. and Hamer, J. E. (1993) Karyotypic variation within clonal lineages of the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. Appl. Environ. Microbiol. 59 : 585-593.
- 9) Yamazaki, Y. and Niizeki, H. (1965) Studies on variation of the rice blast fungus *Pyricularia oryzae* Cav. I. Karyological and genetical studies on variation. Bull. Nat. Inst. Agric. Sci. Ser. D (Jpn.) 13 : 231-274.
- 10) Zeigler, R. S., Scott, R. P., Leung, H., Bordeos, A. A., Kumar, J., and Nelson, R. J. (1997) Evidence of parasexual exchange of DNA in the rice blast fungus challenges its exclusive clonality. Phytopathology 87 : 284-297.