

# 背景

サツマイモネコブセンチュウは広い宿主域を持つことが知られ、根に寄生して根系にダメージを与えることで、あらゆる農作物の生産に被害を及ぼす。防御手段としては、植物側の抵抗性因子の導入が有効であるが、打破線虫系統の出現が避けられないのが現状である。新しい抵抗性品種の探索と育成には長い年月を要することから、決して効率的ではない。このような状況の原因の一端は、線虫の感染メカニズムが解明されていないことにある。

異なる線虫系統の感染形質の違いは認識されているものの、ゲノム比較によって体系的に調べられた例はない。本学では、国際的にも有数のサツマイモネコブセンチュウ系統数を維持している。この遺伝資源を使って、線虫のゲノム多型解析と感染性の表現型解析を並行して進めることが可能である。

# 目的

植物寄生性線虫の一種であるサツマイモネコブセンチュウは、異なるサツマイモ品種に対する感染形質によって5つのレースに分類できる。本研究では、線虫系統の遺伝子型と感染形質との関連を探ることを目的とする。



サツマイモネコブセンチュウ J2 幼虫。体長 400 μm ほど。



サツマイモを用いたレース検定の様子。

## 1. サツマイモ5品種を用いたレース検定

サツマイモネコブセンチュウは、サツマイモ5品種（農林1号、農林2号、種子島紫7、エレガントサマー、ジェイレッド）に対して異なる感染形質を示すことが知られており、SPレースとして分類されている (Sano & Iwahori, 2005)。

本研究では、国内42ヶ所 (図1) で採集されたサツマイモネコブセンチュウ系統数について、SPレース検定を実施し、これまでに表1の31系統について結果を得た。

表1 レース検定結果

	SP1	SP2	SP3	SP4	SP6
感受性を示すサツマイモ品種	農林1号	農林1号 農林2号	農林1号 種子島紫7	農林1号 農林2号 種子島紫7 エレガントサマー	農林1号 種子島紫7 エレガントサマー
検定結果 (線虫系統数)	14	8	1	3	5

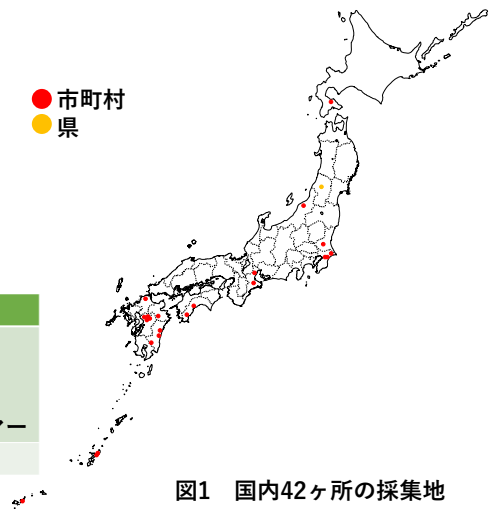


図1 国内42ヶ所の採集地

## 2. 遺伝子型による国内線虫系統の分類

国内線虫42系統および、SPレース標準系統のゲノムを解読し、サツマイモネコブセンチュウ *Meloidogyne incognita* 'Morelos' のゲノム配列 (Abad et al., 2008) に対してマッピングした。その結果、参照配列に対するカバー率が90%に達した25系統について、多型に基づく分類を行った。

表2 国内25系統と国際標準系統 'Morelos' との間で検出された系統ごとの多型の数

	SNP/homo	SNP/hetero	INDEL/homo	INDEL/hetero
最小値	53,991	274,427	8,365	15,701
最大値	105,372	517,572	13,849	37,810
平均	75,843	437,053	9,983	29,495

今後は、解析対象系統数を増やすことでより精度の高い分類を行い、遺伝子型-感染形質の関連解析を進める計画である。

本研究は、九州沖縄農業研究センターの田淵宏朗さんからSPレース標準系統の提供、かずさDNA研究所の白澤健太さん、平川英樹さんによるゲノム解読のご協力により遂行しました。心より感謝申し上げます。