

オオムギの野生種 (*Hordeum spontaneum* C. Koch) と在来種 におけるうどんこ病抵抗性の比較

福山利範*・部田英雄・佐藤和広・武田和義

Comparison of Resistance to Powdery Mildew between
Wild Barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch)
and the Local Cultivars

Toshinori FUKUYAMA, Hideo HETA, Kazuhiro SATO
and Kazuyoshi TAKEDA

A total of 162 strains of wild barley, *Hordeum spontaneum* C. Koch originating from Iran, Iraq, Turkey and Central Asia, were tested for resistance to powdery mildew. Then, the variation of resistance was compared with that of 145 local varieties of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) originating from the same region of the wild barley collection. Ten different isolates of the parasite with Japanese origin were separately inoculated onto the first leaves of the host plants. The infection types were classified into the following: i, immunelike; R, highly resistant; M, moderately resistant; and S, highly susceptible.

Resistant strains with i, R or M infection type were more frequent among wild barleys as compared with the cultivated forms. It is noteworthy that among these three resistant reactions, the M type was most frequent in the wild barley. To compare the degree of resistance to a total of 10 isolates, the resistance score was calculated in each of the wild and cultivated strains as the following: Scores 1, 2, 3 and 4 were given to the infection types of i, R, M and S, respectively, and the mean score for 10 isolates was calculated. Wild barley showed significantly low resistance scores as compared with those of cultivated barley. This was also con-

firmed by the cluster analysis; the cluster with more resistance to 10 isolates consisted of many strains of wild barley.

Next, the resistance of wild barley was characterized by their broader effective ranges to different isolates. According to the χ^2 test for independence of reactions to two different isolates, the resistant factor(s) involved in wild barley was confirmed to be rather non-specific to the parasite.

It was concluded that *H. spontaneum* may be useful genetic resources for the breeding of resistance to powdery mildew as well as local varieties.

Key words: *Hordeum spontaneum*, Barley, Powdery mildew, Resistance

緒 言

うどんこ病 (*Erysiphe graminis* DC. ex Merat f. sp. *hordei* Em. Marchal) は栽培オオムギ (*Hordeum vulgare* L.) の重要病害であり、世界各地でその発生が報告されている。本病を制御する最も有効な手段は抵抗性品種の育成である。その抵抗性遺伝子源として、これまでに栽培品種を中心として13の遺伝子座に24の遺伝子が同定されており (Jorgensen 1992)、抵抗性品種育成のために利用されている。しかし、これらの抵抗性主働遺伝子は病原菌の菌系に対して特異的であり、病原性遺伝子の変異により育成された品種が短命である例が多い。さらに、こうした菌系に特異的で高度な抵抗性遺伝子を利用した品種育成においては圃場抵抗性を支配する多数の微働遺伝子の作用が被覆される結果として、これらを選抜の過程で失う危険性のあることも指摘されている (Jorgensen 1992)。そこで永続性のある抵抗性品種を育成するために、菌系に非特異的な圃場抵抗性の利用、複数の抵抗性遺伝子の集積、あるいは数種の抵抗性遺伝子をもつ多系品種の育成などが提案されてきた。しかし、圃場抵抗性についてはその遺伝子源および選抜方法、抵抗性遺伝子の集積については遺伝子の連鎖の打破、また多系品種については抵抗性遺伝子以外の遺伝子構成を均質にした同質遺伝子系統である必要性など、その実用化には多くの問題点が残されている。

中近東を発祥地として、地中海沿岸や中央アジアに広く自生している野生オオムギの *Hordeum spontaneum* C. Koch は病原菌との長期間の共進化の過程を経てきていることから、耐病性の遺伝子源として注目されている (Nevo 1992)。これまでに、イスラエルに自生する *H. spontaneum* を中心として、そのうどんこ病に対する抵抗性について極めて多様な遺伝子の存在が明らかにされてきた (Fischbeck *et al.* 1976, Moseman and Craddock 1976, Moseman *et al.* 1983)。しかしながら、これらの多様な遺伝子が栽培種の遺伝子とどのように異なるのかについては、まだ明らかではない。本研究では様々な地域から導入された *H. spontaneum* 系統およびそれらと同じ地域から導入された在来品種に多数の菌株を接種することによって両種間の抵抗性を比較し、*H. spontaneum* の抵抗性育種素材としての可能性を検討した。

材料および方法

うどんこ病抵抗性の検定に供試した系統、ならびにその原産地を Table 1 に示す。 *H. spontaneum* (以下、野生種と呼ぶ) は合計162系統で、これらの中、旧ソ連邦産のものは、大部分がカスピ海周辺地域で採取されたものである。一方、うどんこ病に対する反応を野生種と比較するために、ほぼ同じ地域から導入された合計145の在来種を供試した。これらの野生種と在来種は岡山大学大麦系統保存施設の保存系統である。

Table 1. Materials tested and their geographical origins

Origin	Number of strains	
	<i>H. spontaneum</i>	<i>H. vulgare</i>
Afghanistan	17	18
Cyprus	2	0
Iran	11	36
Iraq	67	4
Jordan	1	0
N. India & Pakistan	2	33
Russia	49	29
Syria	1	5
Turkey	7	20
Unknown	5	0
Total	162	145

野生種は1系統10粒、在来種は5粒を催芽し、育苗箱(50×35×10cm)に野生種は20系統、在来種は40系統を栽植して隔離温室で育成した。

なお、各育苗箱には発病状態を確認するために、上述の10菌株に抵抗性を示さない「黒麦148号」を3～5個体栽植した。接種には第1葉が完全展開した時に植物の上からうどんこ病菌の胞子をふりかけた。用いた菌株は10種類で、その中3菌株は日本の主要レースであるH1, h4およびh9(日浦・部田 1954)である。他の7菌株は、より広い変異の病原菌で抵抗性を調べるために、菌株h9と日本の菌株H14を人為的に交雑し、その雑種後代から任意に単胞子分離を行なって得られたもので、以下菌株S-1～S-7と呼ぶ。なお、H14は複数の判別品種に対する抵抗性と罹病性の反応がh9とは全て逆の菌系である(部田, 未発表)。

接種後の材料は自然日長下で18～21℃に制御されたガラス室に搬入して病気の伸展を待ち、約10日後に第1葉の病斑型によって次の4型に分類した。

- 1) i 反応; 免疫的抵抗性。感染が全く認められない。
- 2) R 反応; 高度抵抗性。褐斑を生じるが、菌糸を形成しない。
- 3) M 反応; 中度抵抗性。菌糸と胞子を少量形成するが、褐斑や黄斑を伴う。
- 4) S 反応; 罹病性。豊富な菌糸と多量の胞子を形成し、褐斑や黄斑を生じない。

これらの接種試験は1985年に岡山大学農業生物研究所(現在資源生物科学研究所)の隔離温室で実施した。

供試10菌株全体に対する抵抗性の程度を野生種と在来種との間で比較するために、4種の

感染型 i, R, M および S にそれぞれ 1, 2, 3 および 4 のスコアを与え, 10 菌株に対するこれらのスコアの平均値を系統毎に算出した. なお, 系統内で個体によって異なる感染型を示した系統では, それらの平均のスコアを用いて抵抗性スコアを求めた.

また, 野生種と在来種のうどんこ病抵抗性の群別, ならびに接種に用いた 10 菌株の病原性の群別のために, 標準ユークリッド距離を用いた群平均法でクラスター分析を行なった. 計算には SAS システムリリース 6.07 UNIX 版を用いた.

結 果

野生種及び在来種がそれぞれの菌株に対して示した 4 種類の反応 (i, R, M 及び S) の頻度を Table 2 に示す. 野生種では病徴の認められない i 反応の出現頻度が菌株によって 3.1% から 14.2% まで変異し, 菌株 H1 と S-2 に対しては 10% 以上の系統が i 反応を示した. 一方, 在来種では 0.7% から 27.6% の変異が認められ, とくに菌株 S-2 と S-3 で高かった. 両種間で比較すると, 供試した 10 菌株中 7 菌株で野生種の方が在来種よりも i 反応を示す系統の

Table 2. Frequencies of 4 different reactions of *H. spontaneum* and *H. vulgare* to infection with 10 isolates of *E. graminis hordei*

Isolate	W or C*	Infection type				
		i	R	M	S	Mixed**
H1	W	12.4%	32.7%	34.6%	16.7%	3.7%
	C	9.7	26.9	22.1	40.0	1.4
h4	W	6.8	17.9	35.8	35.8	3.7
	C	2.8	11.7	37.2	47.6	0.7
h9	W	4.3	18.5	54.9	16.7	5.6
	C	0.7	17.9	26.2	54.5	0.7
S-1	W	5.6	29.6	51.2	11.1	2.5
	C	13.8	20.0	38.6	26.9	0.7
S-2	W	14.2	31.5	44.4	8.0	1.9
	C	27.6	20.7	37.2	12.4	2.1
S-3	W	8.6	21.6	37.0	17.9	14.8
	C	26.2	10.3	25.5	33.1	4.8
S-4	W	3.1	12.4	53.7	28.4	2.5
	C	1.4	6.9	68.3	20.7	2.8
S-5	W	4.9	11.1	25.3	20.4	38.3
	C	2.8	4.8	31.0	60.7	0.7
S-6	W	6.2	2.5	24.1	54.9	12.4
	C	4.1	6.9	11.7	74.5	2.8
S-7	W	5.6	7.4	37.7	44.4	4.9
	C	4.1	0.7	31.7	58.6	4.8
Average	W	7.2	18.5	39.9	25.4	9.0
	C	9.3	12.7	32.9	42.9	2.2

* : W and C refer to *H. spontaneum* and *H. vulgare*, respectively

** : Strains showing different infection types within a line

割合が高かった。つぎに、R反応についてみると、野生種は2.5%から32.7%の変異を示し、菌株 H1, S-1 および S-2 で頻度が高かった。在来種では0.7%から26.9%の変異がみられた。両種間で比較すると10菌株中9菌株で野生種の方が在来種よりもR反応を示す系統の割合が高かった。中度抵抗性であるM反応についてみると、野生種は24.1%から54.9%の頻度を示したのに対して、在来種は11.7%から68.3%であった。この場合も、10菌株中、7菌株で野生種の方が頻度が高かった。一方、S反応については、菌株 S-2 についてのみ野生種が28.4%と、在来種(20.7%)よりも多く、残りの9菌株では在来種の方が頻度が高かった。

以上の結果から、野生種は在来種に比べて、供試菌株に対して抵抗性、とくに中度抵抗性を示す系統の多いことが判る。

なお、野生種、在来種ともに、個体によって明らかに異なる反応を示す系統(混系統)がみられた。野生種では菌株により、1.9%から38.3%の混系統が出現し、1系統あたりの調査個体数が10個体と在来種の2倍であったことを考慮しても、なおこの混系統の割合は在来種(0.7~4.8%)に比べて高かった。

つぎに、供試10菌株のすべてに対する平均的な抵抗性の程度を野生種と在来種の抵抗性スコアの平均値で比較した。Fig. 1に明らかなように、野生種の方が平均スコアの小さい系統が多く、全菌株に対する抵抗性の程度の高いことが判る。スコアの平均値は野生種が2.9、在来種が3.1であり、その差は0.1%水準で有意であった。また、Table 3には野生種と在来種の抵抗性スコアの平均値を産地別に示した。イラン、イラク、トルコの野生種は他の地域の野生種あるいは同地域の在来種に比べて、いずれもスコアが小さく、抵抗性程度

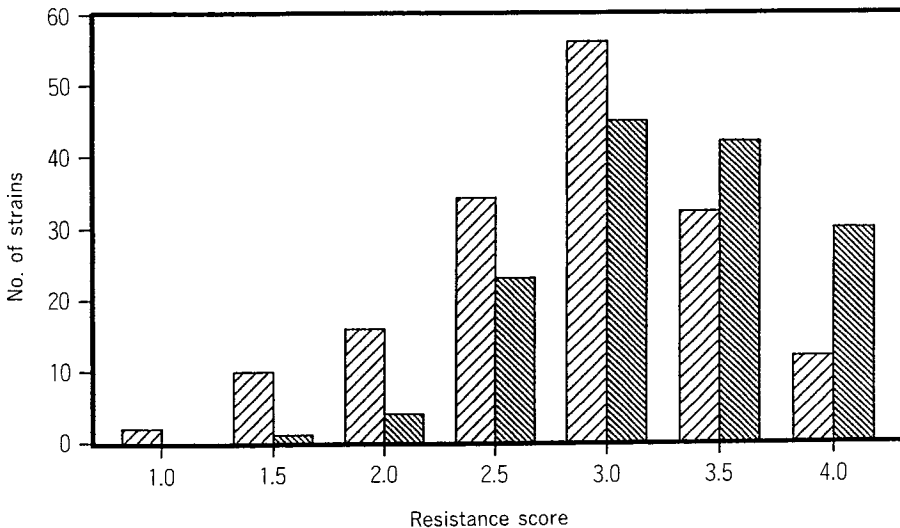


Fig. 1. Distribution of resistance score in *H. spontaneum* (left) and *H. vulgare* (right) with infection of 10 isolates of *E. graminis hordei*.

Table 3. Resistance score of *H. spontaneum* and *H. vulgare* to infection with 10 isolates of *E. graminis hordei*

Origin	Mean of resistance score*	
	<i>H. spontaneum</i>	<i>H. vulgare</i>
Afghanistan	3.2	3.1
Cyprus	2.8	—
Iran	2.8	3.2
Iraq	2.8	2.9
Jordan	1.8	—
N. India & Pakistan	2.9	3.2
Russia	3.1	3.1
Syria	1.8	2.7
Turkey	2.6	3.0
Unknown	2.1	—
Grand mean	2.9	3.1

* : Mean of scores for 10 isolates when 4 infection types of i, R, M and S are assumed to be 1, 2, 3 and 4, respectively

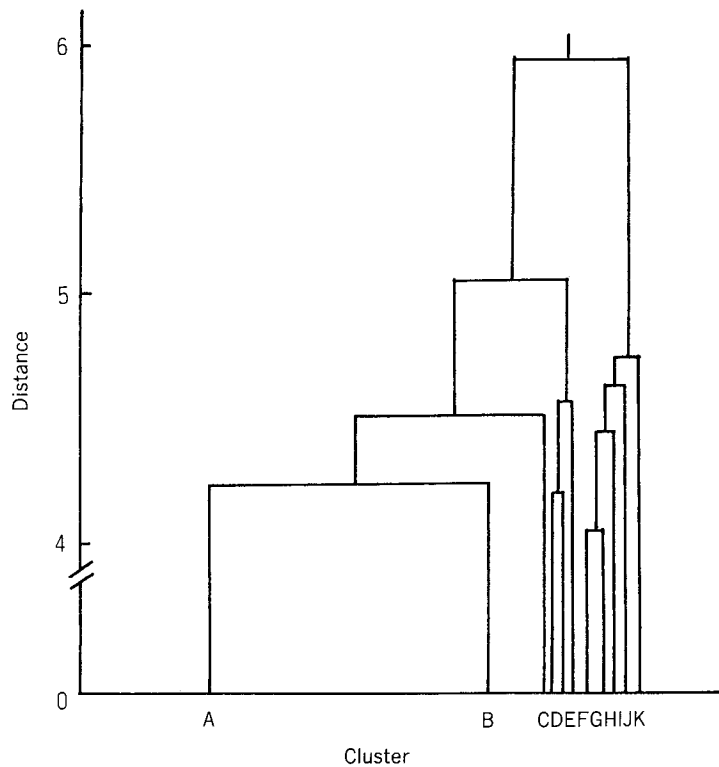


Fig. 2. Dendrogram showing relatedness for resistance to 10 isolates of *E. graminis hordei*. among 162 strains of *H. spontaneum* and 145 strains of *H. vulgare*. See Table 4 for 11 clusters (A~K).

が高かった。一方、残りの地域（アフガニスタン、北インド・パキスタン、ロシア）では野生種と在来種の間抵抗性スコアの差はほとんど認められなかった。なお、ヨルダンとシリア産の野生種はスコアが1.8と最も低い値を示したが、これらはいずれも1系統だけで、他と比較することは困難であった。

上述の10菌株に対する抵抗性の程度を野生種と在来種の間でさらに詳しく比較するためにクラスター分析を試みた。野生種と在来種、合計307系統の10菌株に対する反応を罹病性(S)とその他(i, R, Mおよび混反応)とに分けてクラスター分析を行い、得られたデンドログラムをFig. 2に、またFig. 2の距離4.0で分類された11のクラスターを構成する系統の数とその抵抗性スコアの平均値をTable 4に示した。

Table 4. Cluster analysis of a total of 307 lines of *H. spontaneum* and *H. vulgare* for the reaction to 10 isolates of *E. graminis hordei* and the mean of resistance score

Cluster	No. of lines included			Resistance score($\bar{x} \pm S.D.$)	
	<i>H. spontaneum</i>	<i>H. vulgare</i>	Total	<i>H. spontaneum</i>	<i>H. vulgare</i>
A	125	57	182	2.7±0.5	2.8±0.4
B	9	40	49	3.3±0.4	3.0±0.4
C	0	4	4	—	3.2±0.1
D	5	3	8	3.6±0.1	3.5±0.3
E	0	2	2	—	3.0±0.1
F	8	21	29	3.7±0.1	3.6±0.2
G	5	14	19	3.8±0.1	3.9±0.1
H	3	2	5	3.8±0.1	3.8±0.1
I	1	1	2	3.7	3.5
J	5	1	6	3.7±0.1	3.5
K	1	0	1	3.4	—

最大のクラスターAには、合計で182系統が含まれ、その中、野生種は125系統（野生種の77%）、栽培種は57系統（在来種の39%）であった。このクラスターは他のクラスターに比べて10菌株のそれぞれに対して抵抗性反応を示す系統が多いのが特徴で、Table 4に示す抵抗性スコアの平均値は他のクラスターより小さい値であった。次に大きいクラスターBは49系統から成り、この中には在来種の方が多く含まれていた。このクラスターは菌株 h9, S-5 および S-7 に罹病性で、S-4 にM反応の系統が多いという特徴を持っていた。クラスターCとEには、在来種のみが含まれ、Cを構成する4系統は菌株 S-2 と S-4 にM反応を、Eを構成する2系統は H1 と S-2 に i 反応を示した。これら二つの系統群は在来種の中ではクラスターAおよびBについて抵抗性程度が強かった。クラスターDは野生種5系統と在来種3系統から成り、いずれも菌株 S-1, S-2 にM反応を示した。クラスターFとGには、それぞれ29および19と比較的多くの系統が含まれ、いずれも在来種の方が多かった。Fに属する系統は菌株 S-2 にM反応、Gに属する系統は S-4 にM反応を示す特徴が見られた。クラスターHには5系統が含まれ、上述のクラスターFおよびGとともに最も抵抗性程度の低い系統で構成されていた。クラスターI, JおよびKには、それぞれ2, 6および1系統が含まれていた。これらの中、クラスターJの野生種5系統は菌株 H1にM反応を示すのが特徴であった。なお、上述のクラスター分析による群別と系統の産地との間には特に関連は認められなかった。

Fig. 2 および Table 4 に示されるクラスター分析のイメージをより具体的に示すために、反応を罹病性 (s) とそれ以外 (r) に分けて、10菌株に対する反応のスペクトラム、すなわち、 s_1, s_2, \dots, s_{10} から r_1, r_2, \dots, r_{10} までの1024パターン (2^{10}) のうち、いくつかのパターンが実在したかをみると、野生種には60パターン、在来種には90パターンが存在した。供試系統数はそれぞれ162系統と145系統であるから、菌株に対する反応のスペクトラムは在来種の方が多様であるといえる。すなわち、祖先型の野生種から様々の環境に適応しながら分化してきた各地の在来品種は多様な遺伝変異を含んでいることがわかる。

一方、接種に用いた10菌株の病原性の変異の様相を知るために行なったクラスター分析の結果を Fig. 3 に示した。このデンドログラムによれば、供試された10菌株はいずれも相互に20前後の距離をもってクラスターを形成しており、特定の病原性をもつ菌株が偏在する傾向は認められなかった。従って、供試10菌株はオオムギのうどんこ病抵抗性を評価するうえで偏りのない、適切な菌株であったといえる。

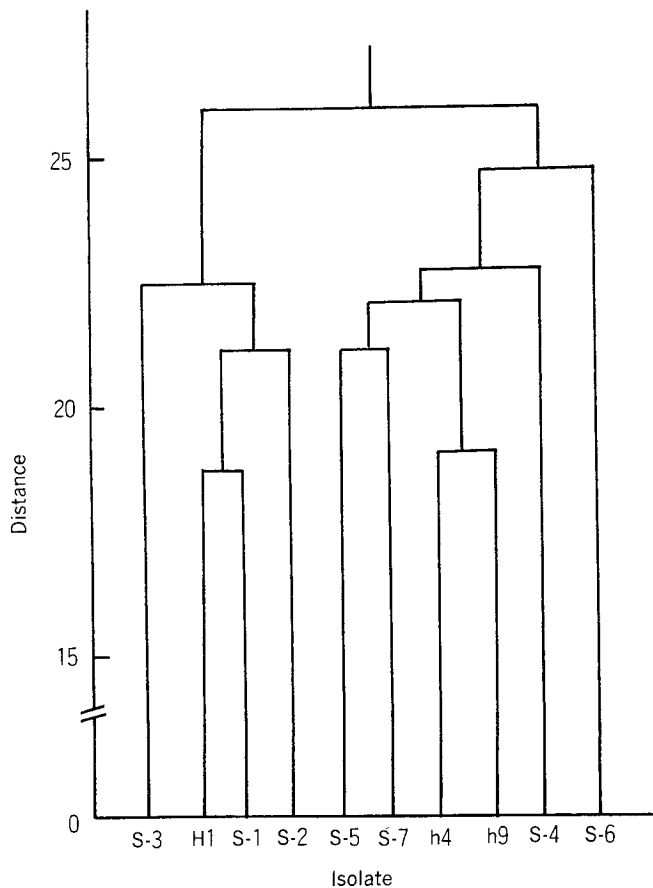


Fig. 3. Dendrogram showing pathogenic relatedness among 10 isolates of *E. graminis hordei*.

つぎに、野生種および在来種における3種の抵抗性反応（i, RおよびM）が、接種した10菌株の中、いくつの菌株に及ぶかを検討した。Table 5によると、iおよびR反応については両種間で明らかな差異が認められた。すなわち、在来種ではi反応が5菌株まで及ぶものが2系統あったのみで、残りの系統のi反応の及ぶ範囲はいずれも4菌株以下であった。一方、野生種では10菌株全てにi反応を示した1系統を含め、7菌株以上に有効な系統が8系統も見られた。しかしながら、i反応の及ぶ菌株数（有効範囲）の平均値をみると、野生種が0.72と在来種の0.93よりも少なかった。これはいずれの菌株にもi反応を示さない系統が野生種で79.6%と在来種の60.0%よりも多かったことによる。R反応についても在来種では7菌株以上に及ぶ系統は無かったのに対して、野生種では9菌株に及ぶものが見られた。この場合はR反応の及ぶ平均菌株数は野生種が1.85と在来種の1.27よりも多かった。中度抵抗性については在来種の1系統が供試全菌株にM反応を示したが、野生種に比べると多菌株にM反応である系統は少なく、有効菌株数の平均値は3.30と、野生種（3.99）よりも少なかった。なお、罹病性のS反応の範囲をみると、在来種の平均値は4.28と、野生種の2.54より明らかに広がった。

Table 5. Frequency and the mean of effective ranges in 4 different infection types of *H. spontaneum* and *H. vulgare* with infection of 10 isolates of *E. graminis hordei*

Infection type		Effective range (number of isolates)										Mean of the range	
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		10
i	W	129 (79.6%)	12 (7.4)	4 (2.5)	5 (3.1)	2 (1.2)	2 (1.2)	0	4 (2.5)	2 (1.2)	1 (0.6)	1 (0.6)	0.72
	C	87 (60.0)	18 (12.4)	15 (10.3)	15 (10.3)	8 (5.5)	2 (1.4)	0	0	0	0	0	0.93
R	W	64 (39.5)	27 (16.7)	24 (14.8)	17 (10.5)	5 (3.1)	9 (5.6)	7 (4.3)	6 (3.7)	2 (1.2)	1 (0.6)	0	1.85
	C	68 (46.9)	25 (17.2)	23 (15.9)	12 (8.3)	10 (6.9)	5 (3.5)	2 (1.4)	0	0	0	0	1.27
M	W	11 (6.8)	14 (8.6)	21 (13.0)	27 (16.7)	22 (13.6)	17 (10.5)	26 (16.1)	15 (9.3)	6 (3.7)	3 (1.9)	0	3.99
	C	14 (9.7)	17 (11.7)	29 (20.0)	20 (13.8)	25 (17.2)	17 (11.7)	11 (7.6)	7 (4.8)	2 (1.4)	2 (1.4)	1 (0.7)	3.30
S	W	38 (23.5)	32 (19.8)	31 (19.1)	18 (11.1)	8 (4.9)	10 (6.2)	9 (5.6)	5 (3.1)	7 (4.3)	3 (1.9)	1 (0.6)	2.54
	C	9 (6.2)	9 (6.2)	19 (13.1)	23 (15.9)	22 (15.2)	19 (13.1)	14 (9.7)	13 (9.0)	10 (6.9)	3 (2.1)	4 (2.8)	4.28

W and C: *H. spontaneum* and *H. vulgare*, respectively

上述の結果から、野生種のもつ抵抗性要因（遺伝子）は多数の菌株に対して作用する傾向があるとみられたので、このことを定量的に示すために、抵抗性反応を高度抵抗性（i + R）、中度抵抗性（M）及び罹病性（S）に3群別し、異なる2つの菌株に対する反応の独立性の有無についてカイ二乗検定を行なった。もし、カイ二乗値（自由度4）が有意でなけれ

ば(9.49以下), 2菌株に対して独立の要因が関与しており, 抵抗性はそれぞれの菌株に特異的であるといえる. 逆に, カイ二乗値が有意であれば(9.49以上), 2菌株に対して共通の要因が関与しているといえる.

供試菌株数が10であるので, 異なる2菌株の組合せは45種類ある. 野生種, 在来種別にこれらの45組合せにおけるカイ二乗値を求め, その頻度分布を Fig. 4 に示した. これによれば, 独立性に関するカイ二乗値は明らかに野生種において大きかった. 野生種で独立である組合せは, S-3とS-4の1組合せのみであった. 一方, 在来種では, 独立である組合せが9であった. 以上の結果から, 野生種の持つ抵抗性要因は在来種と比較したとき, 複数の菌株に対して共通に作用するものが多いことが判る.

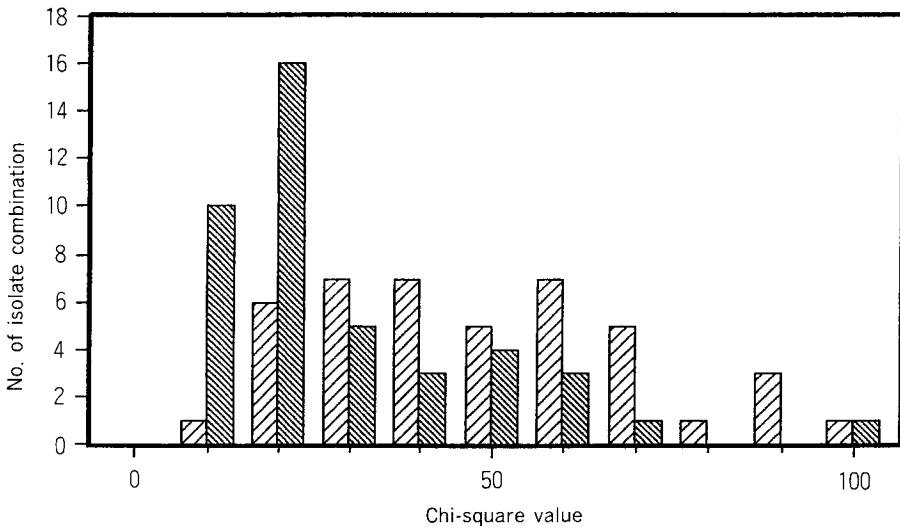


Fig. 4. Distribution of chi-square values for independence of the resistance to two different isolates of *E. graminis hordei*. A total of isolate combination was 45. Left: *H. spontaneum*. Right: *H. vulgare*.

考 察

栽培オオムギの祖先種である *H. spontaneum* は生理・生態形質について豊富な遺伝変異を有しており, 栽培種との間に生殖的隔離もないことから, 品種育成における有用な遺伝子源として注目されている (Nevo 1986, 1987, 1992, Zohary 1970).

本研究では日本産うどんこ病菌の10菌株を用いて162系統の *H. spontaneum* の抵抗性を調べ, これらの野生種とほぼ同じ地域から導入された145系統の在来種との比較を行なった. 日本産の菌を用いた理由は *H. spontaneum* が長期間自生していた地域には存在しない菌株を接種することにより, この野生種の持つ抵抗性が共進化の関係にない, 任意の菌株に対する抵抗性育種の遺伝子源としてどの程度有効かを知るためである. Fischbeck *et al.* (1976) は, イスラエル産の *H. spontaneum* がイスラエルの菌に対しては中度抵抗性 (slow mildew-ing) を示すが, ドイツの菌に対しては菌株に特異的な高度抵抗性や高度罹病性を示すことを

報告している。したがって、病原菌との長期間の共進化の過程で獲得されてきた *H. spontaneum* の抵抗性の評価にあたっては多様な菌株による検討が必要であろう。

クラスター分析の結果によると、本研究に用いた10菌株の病原性が特定のものに偏る傾向は認められなかった。この理由としては、10菌株中7菌株が日本産の h9 と H14 との交雑後代であることが挙げられよう。すなわち、交雑親の h9 と H14 は複数の判別品種に対する反応が全て異なっており(部田 未発表)、その後代にはかなり広い病原性の変異が現れ、それらが任意に抽出されたものと思われる。この菌株の雑種後代を接種源として用いる方法は宿主植物の抵抗性を幅広い病原性変異の下で検討する場合に有効であろう。本実験では抵抗性の検定に日本産の菌株同士の雑種後代を用いたが、今後外国産の菌株も含めた検討も必要と思われる。

本研究の結果から、うどんこ病抵抗性に関する野生種と在来種の特徴を整理してみると、野生種では混系統の割合が在来種の平均4倍あり、これは野生種において他殖率がやや高いことを反映していると思われる。野生種の抵抗性スコアの平均値は在来種よりも低く(Table 3)、これは在来種の頻度分布のモードがS(罹病性)にあるのに対して野生種ではM(中程度抵抗性)にあることによる。また、野生種のうどんこ病抵抗性は在来種の場合よりも多数の菌株に及ぶものが多く(Table 5)、これは野生種の系統が在来種よりも多数の抵抗性遺伝子を持っているか、野生種の抵抗性遺伝子が在来種の場合よりも多数の菌株に対して有効であることを示している。

抵抗性指数によって系統をクラスター分析してみると、多くの菌株に対して中程度以上の抵抗性を示すクラスターAに野生種の162系統中125系統(77%)、在来種の145系統中57系統(39%)が含まれた。また、菌株に対する反応を罹病性(s)とそれ以外(r)で二値化して各系統の反応を示すと、供試10菌株に対する反応のスペクトラムは1024(2^{10})パターンのうち、野生種では60パターン、在来種では90パターンが実在した。これらの事実は、野生種の多くは複数の菌株に対して中程度以上の抵抗性を示す比較的均質な集団からなる反面、在来種は特定の菌株に対して罹病性または抵抗性を示す様々なタイプのサブグループからなっていることを示している。すなわち、自然淘汰によって、多くの菌株に中程度以上の抵抗性を示す系統の多い野生種の集団から、それぞれの地域に分布する特定の菌株群と共進化する形で在来品種が分化してきたプロセスをうかがうことができる。

一方、特定の優良品種が大規模に普及することによって、いわゆる遺伝的浸食(genetic erosion)を受ける改良品種では遺伝的多様性が失われるので、野生種や在来品種が耐病性育種の遺伝資源として重要であることが理解される。

摘 要

病原菌の変異による抵抗性品種の罹病化は耐病性育種の大きな問題である。永続性のある抵抗性品種を育成するための遺伝資源を得る目的で、病原菌と長期間共進化してきた野生オオムギ(*Hordeum spontaneum*)と在来種のうどんこ病抵抗性を評価した。材料は *H. spontaneum* 162系統ならびにこれらと産地を同じくする在来品種145系統である。接種には日本のうどんこ病菌 H1, h4, h9 の他に人為的交雑によって育成した7菌株を加えた10菌株を用いた。第1葉の反応を免疫的抵抗性(i)、高度抵抗性(R)、中度抵抗性(M)および罹病性

(S) に分類した。その結果、以下のことが明らかとなった。

- 1) 抵抗性 (i, R, M) を示す系統の頻度は大部分の菌株において野生種の方が高かった。
- 2) 野生種の抵抗性は在来種よりも多数の菌株に対して有効であった。
- 3) クラスタ分析の結果、野生種の大部分が同一のグループに属し、在来品種は多くのサブグループに属することが明らかにされた。
- 4) これらの事実から、オオムギの野生種はうどんこ病抵抗性育種の遺伝資源として在来種と同等あるいはそれ以上に有用であるとみられた。

キーワード：*Hordeum spontaneum*, オオムギ, うどんこ病, 抵抗性

引 用 文 献

- Fischbeck, G., Schwarzbach, E., Sobel, Z. and Wahl, I. 1976. Types of protection against barley powdery mildew in Germany and Israel selected from *Hordeum spontaneum*. In "Barley Genetics III" (Gaul, H., ed.), 412-417. Verlag Karl Thiemig, München.
- 日浦運治・部田英雄. 1954. オオムギの耐病性に関する研究. 第5報. 1953年に採集されたウドンコ病菌の生理品種および10生理品種に対する抵抗性の品種間差異. 農学研究41: 145-156.
- Jorgensen, J. H. 1992. Sources and genetics of resistance to fungal pathogens. In "Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology" (Shewry, P. R., ed.), 441-457. Alden Press, Oxford.
- Moseman, J. G. and Craddock, J. C. 1976. Genetic basis for barley germplasm conservation. In "Barley Genetics III" (Gaul, H. ed.), 51-57. Verlag Karl Thiemig, München.
- Moseman, J. G., Nevo, E. and Zohary, D. 1983. Resistance of *Hordeum spontaneum* collected in Israel to infection with *Erysiphe graminis hordei*. Crop Sci. 23: 1115-1119.
- Nevo, E. 1986. Genetic resources of wild cereals and crop improvement: Israel, a natural laboratory. Israel J. Bot. 35: 255-278.
- Nevo, E. 1987. Plant genetic resources: Prediction by isozyme markers and ecology. In "Isozymes: Current Topics in Biological and Medical Research. Vol. 16, Agriculture, Physiology, and Medicine" (Rattazzi, M. C., Scandalios, J. G. and Whitt, G. S., eds.), 247-267. Alan R. Liss, New York.
- Nevo, E. 1992. Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the fertile crescent. In "Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology" (Shewry, P. R., ed.), 19-43. Alden Press, Oxford.
- Zohary, D. 1970. Centers of diversity and centers of origin. In "Genetic Resources in Plants — Their Exploration and Conservation" (Frankel, O. H. and Bennett, E., eds.), 33-42. Blackwell, Oxford.