

Erysiphe graminis の formae speciales と それらの宿主との相互関係の遺伝

日 浦 運 治 ・ 部 田 英 雄

緒 言

Flor (1955) によれば、ある作物の品種と病原菌の race が抵抗関係にあるときは、品種には抵抗性遺伝子があり、race にはその抵抗性遺伝子に対応した特異的非病原性遺伝子がある。ところで、カモジグサのうどんこ病菌 (*E. graminis* f. sp. *agropyri* 以下 *agropyri* と略す) はカモジグサ属を侵すがコムギを侵さない。コムギのうどんこ病菌 (*E. graminis* f. sp. *tritici* 以下 *tritici* と略す) はコムギ属を侵すがカモジグサを侵さない。こうした formae speciales とその宿主の属との特異関係はどんな仕組になっているのであろうか。もし、formae speciales とそれらの宿主との関係にも Flor の遺伝子対遺伝子説が当てはまるならば、formae speciales の非病原性の遺伝の仕方から、それに対応した宿主の抵抗性遺伝子を推定できるであろう。この研究の目的は、うどんこ病菌の *agropyri* と *tritici* が容易に交雑できることを利用し (日浦と部田 1968)、これらの formae speciales のカモジグサおよびコムギに対する病原性の遺伝を明らかにし、それによって、formae speciales とそれらの宿主との特異関係の仕組を推察することである。

日浦と部田 (1973) はこの研究の一環として、*agropyri* × *tritici* の雑種菌系をコムギ品種に接種した結果を報告した。今回は前回に使ったと全く同じ雑種菌系をカモジグサ 17 系統に接種した結果を報告し、コムギとカモジグサに対する接種結果から formae speciales とそれらの宿主との相互関係の仕組について考察する。

遺伝子対遺伝子説によれば、*agropyri* のコムギに対する非病原性遺伝子によって、コムギの *agropyri* に対する抵抗性遺伝子を推察できる。しかし、*agropyri* はコムギを侵さないから *agropyri* なのではない。我々が知りたいのは、*agropyri* がなぜ特異的にカモジグサ属を侵すかということである。遺伝子対遺伝子説ではつぎの 3 つの組み合わせ、すなわち、抵抗性：病原性、罹病性：病原性、および罹病性：非病原性の場合病気が起こる。進化の立場からすれば、病原菌は非病原性であるが、たまたま宿主が罹病性であるため生き残ってきたとは考えられない。宿主はいろんな抵抗性を持ち、絶えず進化しているが、病原菌はそんな宿主上で生き残れるように適応してきたと考えるのが順当であろう。Favret (1971) は遺伝子対遺伝子説の新しい説明を提案した。すなわち、罹病性は常に病原菌の病原性遺伝子の働きの結果として起こる。宿主の抵抗性遺伝子は病原菌が対応した病原性遺伝子を持っているときは不活性であり、病原菌が対応した非病原性遺伝子を持っているときは活性である。本報告では、Flor の遺伝子対遺伝子説を Favret の解釈に従って適用

した。また、病原性 (virulence) あるいは非病原性 (avirulence) は、病原菌がある品種あるいは系統を特異的に侵すあるいは侵さない性質を意味し、病原力 (aggressiveness) は病原菌がそれぞれの品種あるいは系統を侵す程度を表わすために使った (Plank 1969)。

本研究に使用したカモジグサ系統の収集に当り、貴重なカモジグサの種および系統を分譲していただいた京都大学植物生殖質研究施設の阪本寧男博士に深甚の謝意を表します。また、荒木隆男 (北海道農試)、高橋 壯 (岩手大学)、但見明俊 (草地試験場)、天野幸治 (元新潟大学)、久能 均 (三重大学)、尾添 茂 (島根農試) および松本省平 (九州農試) の各博士から、それぞれの地域のカモジグサ株をお送りいただいた。厚くお礼申し上げます。

実験材料および方法

うどんこ病菌は活物寄生菌であるから、培養宿主 (最初に子のう胞子を接種し、そこにできた培養を保存するために使用する宿主) によって、雑種集団は決定的選択をうける。前報告 (日浦と部田 1973) では *agropyri* の菌系 A_1 と *tritici* の菌系 t_2 を交雑し、できた雑種の子のう胞子をカモジグサ葉上で単胞子分離した A-培養、およびコムギ葉上で単胞子分離した W-培養の 2 つの培養集団を使用した。今回も前回とまったく同じ 2 つの培養集団を使った。

接種に使用したカモジグサ属はカモジグサ (*Agropyron tsukushiense* var. *transiens* Ohwi 以下 *Ag. t.* と略す) 13 系統およびアオカモジグサ (*Agropyron ciliare* Franchet 以下 *Ag. c.* と略す) 4 系統である。これら 17 のカモジグサ系統は、日本の各地から収集したカモジグサ 40 株の中、*tritici* の菌系 t_2 には抵抗性であるが *agropyri* の菌系 A_1 に感染型 3 以上に感染し、菌系 $A_1 \times$ 菌系 t_2 の雑種に対して、互に異なった抵抗性を示した系統である。これらの系統は採集地名を系統名とした (第 1 表)。なお、本文中単にカモジグサといった場合は、アオカモジグサも含まれている。

実験方法は前報告 (日浦と部田 1973) と同じである。

実験結果と考察

E. graminis f. sp. *tritici* のカモジグサに対する非病原性の遺伝

A-培養 96 菌系および W-培養 94 菌系をカモジグサ 17 系統に接種した結果は第 1 表の通りである。感染型 3-4 および 4 を病原性とし、感染型 3 以下をなんらかの非病原性遺伝子が関与しているとすると、どのカモジグサ系統に対する非病原性にもいくつかの非病原性遺伝子が関与していることになる。しかも、17 系統は互に異なった抵抗性を示しているから、17 系統全体に関与する非病原性遺伝子はかなりの数となり、カモジグサ系統にはそれに対応した多くの抵抗性遺伝子が予想される。しかし、第 1 表では考察を容易にするため、感染型 0-1 以下を非病原性、感染型 1 以上を病原性とした。そうすると、W-培養は 3 系統上で非病原性：病原性が 1:1 となり、A-培養は 9 系統上で 1:1 の分離を示した。17 の系統はそれぞれ異なった抵抗性を示している。系統三島を培養宿主とした

第1表 *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* 菌系 A₁ と *E. graminis* f. sp. *tritici* 菌系 t₂ との雑種をカモジグサ 17 系統に接種したときの非病原性の分離

| カモジグサ 系 統 名 | 種 名 | 親菌系の反応 | | A-培養 ¹⁾ 観察菌系数 | | | | W-培養 ²⁾ 観察菌系数 | | | |
|----------------|-----------------------------|----------------|----------------|--------------------------|----|---|---------|--------------------------|----|---|---------|
| | | A ₁ | t ₂ | A ³⁾ | I | V | A:(I+V) | A | I | V | A:(I+V) |
| 西那須野 | <i>Ag. t.</i> ⁴⁾ | 3 | 0 | 71 | 25 | 0 | 3:1 | 76 | 18 | 0 | 3:1 |
| 新 潟 1 | " | 3-4 | 0 | 47 | 47 | 2 | 1:1 | 45 | 49 | 0 | 1:1 |
| 新 潟 2 | " | 3-4 | 0 | 75 | 21 | 0 | 3:1 | 79 | 15 | 0 | 3:1 |
| 山 梨 | " | 4 | 0 | 67 | 29 | 0 | 3:1 | 68 | 24 | 2 | 3:1 |
| 羽 島 | " | 3-4 | 0-(1) | 46 | 49 | 1 | 1:1 | 70 | 22 | 2 | 3:1 |
| 倉 敷 2 | " | 3 | 0 | 71 | 24 | 1 | 3:1 | 74 | 20 | 0 | 3:1 |
| 倉 敷 3 | " | 3 | 0 | 79 | 17 | 0 | 3:1 | 73 | 21 | 0 | 3:1 |
| 倉 敷 4 | " | 3 | 0-(1) | 75 | 19 | 2 | 3:1 | 62 | 31 | 1 | 3:1 |
| 農 研 3 | " | 3-1 | 0-1 | 51 | 15 | 0 | 1:1 | 41 | 52 | 1 | 1:1 |
| 農 研 4 | " | 4 | 0 | 39 | 56 | 1 | 1:1 | 71 | 19 | 4 | 3:1 |
| 北 房 | " | 3 | 0-(1) | 68 | 28 | 0 | 3:1 | 39 | 47 | 8 | 1:1 |
| 程 原 | " | 3-4 | 0-(1) | 71 | 22 | 3 | 3:1 | 73 | 18 | 3 | 3:1 |
| 由 良 | " | 3 | 0-(1) | 47 | 49 | 0 | 1:1 | 69 | 25 | 0 | 3:1 |
| 岐 阜 1 | <i>Ag. c.</i> ⁵⁾ | 4 | 0-(1) | 47 | 47 | 2 | 1:1 | 68 | 25 | 1 | 3:1 |
| 芦 屋 | " | 3-4 | 0-(1) | 52 | 43 | 1 | 1:1 | 71 | 22 | 1 | 3:1 |
| 岡 山 1 | " | 3-4 | 0-1 | 52 | 40 | 4 | 1:1 | 75 | 17 | 2 | 3:1 |
| 匹 見 | " | 4 | 0-(1) | 47 | 47 | 2 | 1:1 | 63 | 25 | 6 | 3:1 |

- 1) A-培養=A₁×t₂ 雑種をカモジグサ *Agropyron tsukushiense* var. *transiens* Ohwi 系統三島葉上で単胞子培養した 96 菌系
- 2) W-培養=A₁×t₂ 雑種をコムギ農林 4 号葉上で単胞子培養した 94 菌系
- 3) A=非病原性, I=中間性, V=病原性
- 4) *Ag. t.*=*Agropyron tsukushiense* var. *transiens* Ohwi.
- 5) *Ag. c.*=*Agropyron ciliare* Franchet

A-培養がなぜ抵抗性の異なった系統にもよく感染するのであろうか。第1表では7つの系統がW-培養よりA-培養に明らかによく感染している。これら7系統と系統三島(A-培養の培養宿主)に対するW-培養の非病原性の関係は第2表の通りである。

第2表 W-培養のカモジグサ系統三島に対する非病原性と他の7系統に対する非病原性との相互関係

| カモジグサ系統 | | それぞれの病原型を示した観察菌系数 | | | | 3:1:3:1に 対する P |
|----------------------|----------------------|--------------------|------|------|--------------------|-------------------|
| x(1:1) ¹⁾ | y(3:1) ²⁾ | AxAy ³⁾ | AxVy | VxAy | VxVy ⁴⁾ | |
| 三 島 | 羽 島 | 45 | 4 | 25 | 20 | 極 小 |
| " | 農 研 4 | 45 | 4 | 26 | 19 | 極 小 |
| " | 山 梨 | 45 | 4 | 24 | 21 | 極 小 |
| " | 岐 阜 1 | 39 | 10 | 29 | 16 | .5 ~ .3 |
| " | 芦 屋 | 41 | 8 | 30 | 15 | .3 ~ .2 |
| " | 岡 山 1 | 42 | 7 | 33 | 12 | .5 ~ .3 |
| " | 匹 見 | 35 | 14 | 28 | 17 | .3 ~ .2 |
| Chancellor | Asosan × Cc 8 | 52 | 2 | 24 | 16 | 極 小 |

- 1) x(1:1)=x 系統上において, W-培養の非病原性は 1:1 の分離をする
- 2) y(3:1)=y 系統上において, W-培養の非病原性は 3:1 の分離をする
- 3) AxAy=系統 x, 系統 y に非病原性
- 4) VxVy=系統 x, 系統 y に病原性

W-培養の非病原性：病原性は三島上で1:1, 羽島上で3:1であった。もし、三島と羽島に対する非病原性遺伝子がすべて異なっているとすると、非病原性に関する4つの表現型は3:1:3:1になるはずである。第2表の観察結果はこの期待値に適合していない。もし、羽島に対する2つの非病原性遺伝子の中1つは三島に対する遺伝子と共通であるとすると、両系統に非病原性：羽島だけに非病原性：両系統に病原性が2:1:1となり、三島だけに非病原性はないはずである。しかし、実験結果では、わずかではあるが観察されている。これは、感染型1以上を病原性としたため、三島に対する非病原性の分離が1:1に見えたのであって、実際には三島には羽島にない抵抗性遺伝子があると考えなければならないようであるが、分離した4菌系を無視すると2:1:1の期待値によく適合している。第2表の一番下に示した Asosan×Cc 8 は Briggie (1969) によって、コムギ品種 Chancellor に Asosan の抵抗性遺伝子が導入された near-isogenic line である。それゆえ、Asosan×Cc 8 は Chancellor と共通の抵抗性遺伝子を持っているはずであるが、Chancellor と Asosan×Cc 8 に対する W-培養の分離状況は三島と羽島のそれに極めてよく似ている。これらの結果から、三島と羽島は1つは共通の抵抗性遺伝子をもっているといえよう。系統農研4および系統由良もまったく同様である。

A-培養は系統三島によって篩い分けられた菌系群、すなわち、三島の抵抗性遺伝子に対する病原性遺伝子を持った菌系群である。系統三島と共通の抵抗性遺伝子を持った羽島、農研4および由良がW-培養よりA-培養によく感染するのはそのためである。

系統岐阜1, 芦屋, 岡山1および匹見に対する非病原性と三島に対するそれとは独立の分離を示している。しかし、三島だけに非病原性の菌系が少ない傾向がある。やはり、こ

第3表 カモジグサ9系統に対するA-培養の非病原性の相互関係(9系統上において、A-培養の非病原性は単性雑種の分離をする)

| カモジグサ系統 | | | | それぞれの病原型を示した観察菌系数 | | | | 1:1:1:1に対するP |
|------------|-------------|-----|---|-------------------|------|------|------|--------------|
| x | y | | | AxAy | AxVy | VxAy | VxVy | |
| 農 研 3 | 新 潟 | 1 | | 26 | 19 | 23 | 28 | .7 ~ .5 |
| | " 羽 島 | | | 28 | 17 | 22 | 29 | .3 ~ .2 |
| | " 農 研 4 | 4 | | 41 | 4 | 16 | 35 | 極 小 |
| | " 由 良 | | | 25 | 20 | 24 | 27 | .8 ~ .7 |
| | " 岐 阜 1 | 1 | | 22 | 23 | 27 | 24 | .9 ~ .8 |
| | " 芦 屋 | | | 20 | 25 | 24 | 27 | .8 ~ .7 |
| | " 岡 山 1 | 1 | | 16 | 29 | 28 | 23 | .3 ~ .2 |
| | " 匹 見 | | | 23 | 22 | 26 | 25 | .99 ~ .9 |
| | 芦 屋 | 新 潟 | 1 | | 24 | 20 | 25 | 27 |
| " 羽 島 | | | | 22 | 22 | 28 | 24 | .9 ~ .8 |
| " 農 研 4 | | 4 | | 26 | 28 | 31 | 21 | .3 ~ .2 |
| " 由 良 | | | | 24 | 20 | 25 | 27 | .8 ~ .7 |
| " 岐 阜 1 | | 1 | | 43 | 1 | 6 | 46 | 極 小 |
| " 岡 山 1 | | 1 | | 34 | 10 | 10 | 42 | 極 小 |
| " 匹 見 | | | | 44 | 0 | 5 | 47 | 極 小 |
| Chancellor | Chul×Cc 8 | | | 48 | 6 | 8 | 32 | 極 小 |
| " | Sonora×Cc 8 | | | 50 | 4 | 5 | 35 | 極 小 |

これらの系統も三島と共通の抵抗性遺伝子を持っているが、感染型1以上を病原性としたため、検出できなかったのかも知れない。

つぎに、A-培養は9系統上で1:1の分離をした。これら9系統に対するA-培養の非病原性の相互関係は第3表の通りである。4つの組み合わせにおいて顕著な遺伝的関連が認められる。分離状況から連鎖が予想される。しかし、つぎにあげる理由によって、第3表の顕著な遺伝的関連が主働遺伝子の連鎖だけによるものか、あるいは共通の非病原性遺伝子などの影響によるものか明らかでない。まず、1) これらの系統上で非病原性が1:1の分離を示すのは、感染型1以上を病原性としたからであって、実際はいくつかの微働非病原性遺伝子が関与していると考えられる。2) 関連が認められるのは同一種内である。すなわち、農研3と農研4は *stukushiense* である。また、芦屋、岐阜1、岡山1および四見は *ciliare* である。*stukushiense* の系統と *ciliare* の系統間には関連は認められない。3) 関連が認められる *ciliare* の4系統をどのように組合せてもよく似た分離状況を示す。4) コムギ品種に対する非病原性間にも関連が認められるが、コムギとカモジグサに対する非病原性間には関連は認められない。これについては次回の報告で述べる。5) Chu1×Cc8 および Sonora×Cc8 は Chancellor と near-isogenic lines であるから、共通の抵抗性遺伝子を持っていると考えられるが、カモジグサ系統間の連鎖らしい分離状況と極めてよく似た分離を示している。6) *E. graminis* の染色体は2本といわれている (Kimber and Wolfe 1966) が、Hiura (1964) および Moseman (1966) によれば、連鎖が認められた例は非常に少ない。

以上第1、2および3表に示した結果をまとめると、菌系 t_2 のカモジグサに対する非病原性にはかなり多くの非病原性遺伝子が関与し、これら非病原性遺伝子にはいくつかのカモジグサ系統に対し共通のもの、あるいは連鎖したものがある。カモジグサにはそれら非病原性遺伝子に対応した抵抗性遺伝子があり、多くの系統間に共通の抵抗性遺伝子が予想される。菌系 A_1 にはこれらの抵抗性遺伝子に対応した病原性遺伝子がある。

菌系 A_1 × 菌系 t_2 雑種のカモジグサおよびコムギに対する病原性の範囲と感染型との関係

A-培養およびW-培養は17のカモジグサに対する病原性によって、それぞれ86および77の病原型に分けられる。病原型は病原性の範囲の問題である。他方、第1表を見ればわかるように、病原性といっても、感染型4よりもいろんな程度の中間性が多い。活物寄生菌では感染型すなわち病原力と考えてよいから、雑種の病原性の範囲とその感染型は、それらの雑種がある宿主上で生き残れるかどうかに関係する問題である。

第4表は菌系 A_1 × 菌系 t_2 雑種のカモジグサ17系統 (第1表) およびコムギ30品種 (日浦と部田 1973) に対する病原性の範囲と感染型との関係をまとめたものである。カモジグサ17系統に接種した場合は、病原性の範囲を非病原性、狭病原性 (1~5系統に病原性) および広病原性 (6系統以上に病原性) の3階級に分けた。感染型は低感染型 (感染型1~1-2)、中感染型 (感染型2~3) および高感染型 (感染型3-4~4) の3階級に分けた。そうすると、W-培養を接種した場合、病原性の範囲が狭い菌系は低感染型といえる。その他の場合は、そうした傾向はあるが、有意な差は認められなかった。

コムギ30品種に接種した場合は、病原性の範囲を非病原性、狭病原性 (1~6品種に

病原性), 中病原性(7~14品種に病原性)および広病原性(15品種以上に病原性)の4階級に分けた。この場合は病原性の範囲と感染型には顕著な平行性が認められた。すなわち, 狭病原性菌系には低感染型が多く, 広病原性菌系には高感染型が多い。

第4表 菌系 $A_1 \times$ 菌系 t_2 雑種をカモジグサ 17 系統およびコムギ 30 品種に接種したときの病原性の範囲と感染型との関係

| 接種された 植物 | 菌系 | 病原性の範囲 (侵した 品種数) | 観 察 菌系数 | 感 染 総数 | それぞれの感染型の頻度 (%) | | |
|-------------|-------|------------------------|------------|-----------|-----------------|------------|--------------|
| | | | | | 感染型 1~1-2 | 感染型 2~3 | 感染型 3-4~4 |
| カモジグサ 17系統 | A-培養 | 0 | 3 | 0 | | | |
| | | 1~5 | 41 | 150 | 55.3 | 42.7 | 2.0 |
| | W-培養 | 6~17 | 52 | 477 | 47.0 | 49.7 | 3.3 |
| | | 0 | 4 | 0 | | | |
| コムギ 30品種 | A-培養 | 1~5 | 45 | 113 | 55.8* | 40.7 | 3.5 |
| | | 6~13 | 45 | 368 | 43.5* | 49.2 | 7.3 |
| | A-培養 | 0 | 24 | 0 | | | |
| | | 1~6 | 49 | 113 | 70.8** | 29.2 | 0.0** |
| 7~14 | | 18 | 178 | 47.8 | 49.4 | 2.8 | |
| W-培養 | 15~29 | 5 | 95 | 44.2** | 46.3 | 9.5** | |
| | 0 | 5 | 0 | | | | |
| | 1~6 | 29 | 107 | 62.6** | 27.1 | 10.3** | |
| | 7~14 | 31 | 325 | 43.7** | 34.8 | 21.5** | |
| | | 15~30 | 29 | 544 | 33.1** | 34.0 | 32.9** |

* 5%で病原性の範囲間に有意差あり, ** 1%で病原性の範囲間に有意差あり。

コムギ品種に対してはこのような顕著な傾向が認められるのに, カモジグサに対しては有意差が認められないのはなにゆえであろうか。まず第1に, 第1表に示したように, 供試カモジグサ系統は菌系 A_1 に対して感染型4を示すものが少なく, ほとんどが感染型3あるいは3-4である。しかも菌系 t_2 に完全な抵抗性でなく, 感染型0-(1)あるいは0-1のものが多く, このため, $A_1 \times t_2$ 雑種の感染型に幅がなく, 感染型の識別が困難であった。コムギ30品種はほとんどが菌系 A_1 に感染型0, 菌系 t_2 に感染型4であった。第2に, カモジグサでは播種から接種までの期間が長く, 供試苗の感受性が環境の影響を受けやすい。また幅2~3mmの第1葉上での感染型の判定はかなり困難である。以上のような理由で, カモジグサではコムギの場合のような顕著な傾向は認められなかったと思われるが, 実験材料および方法を選べば, コムギの場合と同様の現象が認められると考える。

formae speciales とそれらの宿主との相互関係の仕組

カモジグサの17の系統および系統三島に対し, *agropyri* の菌系 A_1 は病原性であるが, *tritici* の菌系 t_2 は非病原性である。もし, 菌系 A_1 と菌系 t_2 の差がただ1つの主働遺伝子の働きであれば, 系統三島を培養宿主としたA-培養96菌系は17系統すべてにも病原性でなければならない。実験結果は17系統すべてに非病原性から17系統すべてに病原性までいろいろである。このことは, すでに述べたように, カモジグサは菌系 t_2 に対していろんな抵抗性遺伝子を持っているが, 菌系 A_1 はそれらに対応した病原性遺伝子を持っていると考えられる。

Cotter と Roberts (1963) は *Puccinia graminis avenae* と *P. graminis agrostidis* との雑種菌系を使って、従来黒さび病に罹病性と考えられていた多くのエンバク品種から抵抗性遺伝子を検出した。Sanghi と Luig (1971) も異常な非病原性遺伝子を持った *P. graminis* の菌系 (*P. graminis* f. sp. *tritici* と f. sp. *secalis* の雑種) を使って、コムギ品種 Mentana から5つ、Yalta から4つの黒さび病抵抗性遺伝子を報告している。筆者らも菌系 $A_1 \times$ 菌系 t_2 の雑種を使って、うどんこ病に罹病性のコムギ品種中に、菌系 t_2 には罹病性であるが菌系 A_1 には抵抗性の遺伝子が多数あることを確認している(未発表)。これらの事実から、罹病性といわれている品種にも他の *formae speciales* に対してはいくつもの抵抗性遺伝子があることがわかる。

この実験に使用した17のカモジグサ系統のうどんこ病に対する抵抗性遺伝子については、宿主の交配による直接的分析は行なっていないが、これまでに述べた実験結果から、つぎの作業仮説が導き出される。1) *formae speciales* 間の差は病原性に関与する多くの遺伝子の差の集積である。2) 罹病性といわれる宿主もうどんこ病に対するいろんな抵抗性遺伝子を持っており、これらの抵抗性遺伝子は同一の種あるいは属の系統中に共通して存在する有りふれたものである。3) それぞれの抵抗性遺伝子の作用力は弱い、それぞれ特異性があり、うどんこ病菌の非病原性遺伝子との間に Flor の遺伝子対遺伝子説が成立する。4) 宿主のすべての抵抗性遺伝子に対応した病原性遺伝子があるとき感染型4となり、抵抗性遺伝子に対応した非病原性遺伝子の組み合わせが多いほど病原性の範囲は狭く、低感染型となる。

この作業仮説に基づいて、宿主と *formae speciales* の雑種との関係を示すと第5表のようになる。

第5表 宿主の抵抗性遺伝子型と *formae speciales* 間雑種の非病原性遺伝子型との関係

| 宿主の遺伝子型 | $V_1V_2V_3 \times A_1A_2A_3$ における雑種の遺伝子型 | | | | | | | |
|------------------------|--|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| | $V_1V_2V_3$ | $V_1V_2A_3$ | $V_1A_2V_3$ | $V_1A_2A_3$ | $A_1V_2V_3$ | $A_1V_2A_3$ | $A_1A_2V_3$ | $A_1A_2A_3$ |
| $R_1R_1 R_2R_2$ | V | V | I | I | I | I | A | A |
| $R_1R_1 R_3R_3$ | V | I | V | I | I | A | I | A |
| $R_2R_2 R_3R_3$ | V | I | I | A | V | I | I | A |
| $R_1R_1 R_2R_2 R_3R_3$ | V | I | I | A | I | A | A | AA |

R_n = 抵抗性遺伝子, V_n = 病原性遺伝子, A_n = 非病原性遺伝子, V = 病原性, I = 中間性, A = 非病原性, AA = 高度非病原性

第5表は最も単純な例として、宿主に3種類の抵抗性遺伝子 R_1 , R_2 および R_3 がある場合のモデルである。それぞれの宿主は少なくとも2つ以上の抵抗性遺伝子を持っているとすると、宿主の抵抗性遺伝子型は4種類となる。非病原性の *forma specialis* の遺伝子型は $A_1A_2A_3$ であり、病原性の *forma specialis* の遺伝子型は $V_1V_2V_3$ である。そうすると2つの *formae speciales* の雑種の遺伝子型は第5表のように8種類となる。1つの抵抗性遺伝子とそれに対応した非病原性遺伝子の組み合わせ R-A があると中間性(感染型1, 2あるいは3)となり、2組の R-A があると非病原性(感染型0-1), 3組以上の R-A があると高度非病原性(感染型0)となり、すべての組み合わせが R-V のとき病原性(感染型3-4あるいは4)となる。そうすると、第5表の病原性: 中間性・非病原

第6表 モデルにおける感染型の頻度と接種実験で得た感染型の頻度との比較

| モデルおよび実験の種類 | それぞれの感染型の頻度 (%) | | | |
|---------------------------|-----------------|-----|------|--------|
| | 病原性 | 中間性 | 非病原性 | 高度非病原性 |
| 宿主の抵抗性遺伝子が3種類としたモデル | 22 | 47 | 28 | 3 |
| 宿主の抵抗性遺伝子が4種類としたモデル | 19 | 43 | 31 | 7 |
| 宿主の抵抗性遺伝子が5種類としたモデル | 16 | 39 | 32 | 13 |
| カモジグサ17系統にA-培養96菌系を接種した場合 | 1 | 37 | 40 | 22 |
| カモジグサ17系統にW-培養94菌系を接種した場合 | 2 | 28 | 59 | 11 |
| コムギ30品種にA-培養96菌系を接種した場合 | 0.5 | 13 | 18 | 68.5 |
| コムギ30品種にW-培養94菌系を接種した場合 | 9 | 26 | 52 | 13 |

性：高度非病原性は22：47：28：3となる。もし抵抗性遺伝子を4あるいは5種類と想定すると、第6表に示したように、17のカモジグサあるいは30のコムギ品種に菌系 A₁ × 菌系 t₂ の雑種を接種した結果にある程度近づいてくる。第5表では抵抗性遺伝子の種類に関係なく、すべてのR-A組合わせの作用力を均一に扱った。実際には抵抗性遺伝子の種類によってR-Aの作用力はそれぞれ異なっているであろうし、非病原性遺伝子間に連鎖もある。また、第5表は、同一の属の宿主は一方の forma specialis にはすべて抵抗性であるが他方の forma specialis にはすべて罹病性という最も単純な場合のモデルである。実際には、各地から収集したカモジグサは同じ *tsukushiense* でも菌系 A₁ に抵抗性の系統がかなりあった。また *tsukushiense* および *ciliare* 以外の *Agropyron* 9種にも菌系 A₁ を接種したがすべて抵抗性であった。それゆえ宿主の属とその forma specialis との関係はより複雑である。

摘 要

カモジグサのうどんこ病菌 *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* の菌系 A₁ とコムギのうどんこ病菌 *E. graminis* f. sp. *tritici* の菌系 t₂ との雑種をカモジグサ17系統に接種した結果を報告した。この接種結果から、カモジグサのうどんこ病菌 *agropyri* に罹病性のカモジグサ系統にもコムギのうどんこ病菌に対しては、いくつもの抵抗性遺伝子があり、大抵のカモジグサ系統は共通の抵抗性遺伝子を持っていることが推察された。また、供試雑種菌系のカモジグサあるいはコムギに対する病原性の範囲と感染型との間に平行の関係が認められた。すなわち、病原性の範囲が狭い菌系ほど低感染型（感染型1あるいは1-2）を示すことが多かった。これらの事実から、formae speciales とそれらの宿主との相互関係の仕組について作業仮説を提出した。

文 献

- Briggle, L. W. 1969. Near-isogenic lines of wheat with genes for resistance to *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*. *Crop Sci.* 9: 70-72.
 Cotter, R. U. and Roberts, B. J. 1963. A synthetic hybrid of two varieties of *Puccinia graminis*. *Phytopathology* 53: 344-346.

- Favret, E. A. 1971. The host-pathogen system and its genetic relationships. *Barley Genetics* II : 457-471.
- Flor, H. H. 1955. Host-parasite interaction in flax rust: its genetics and other implications. *Phytopathology* 45 : 680-685.
- Hiura, U. 1964. Genetics of host-parasite interaction in barley mildew. *Ber. Ohara Inst. landw. Biol. Okayama Univ.* 12 : 121-129.
- 日浦運治・部田英雄. 1968. *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici* × *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* 雑種のコムギ品種に対する病原性. 坂本教授還暦記念論文集 199-204.
- 日浦運治・部田英雄. 1973. コムギのカモジグサうどんこ病菌に対する抵抗性の仕組み. 平塚直秀博士古稀記念論文集 505-510.
- Kimber, G. and Wolfe, M. S. 1966. Chromosome number of *Erysiphe graminis*. *Nature* 212 : 318-319.
- Moseman, J. G. 1966. Genetics of powdery mildews. *Ann. Rev. Phytopath.* 4 : 269-290.
- Plank, J. E. van der 1969. Pathogenic races, host resistance and an analysis of pathogenicity. *Neth. J. Pl. Path.* 75 : 45-52.
- Sanghi, A. K. and Luig, N. H. 1971. Resistance in wheat to formae speciales *tritici* and *secalis* of *Puccinia graminis*. *Can. J. Genet. Cytol.* 13 : 119-127.