

Erysiphe graminis f. sp. *agropyri* のコムギに 対する非病原性の遺伝

那 須 英 夫*・日 浦 運 治**

Marchal¹⁾ は, *Erysiphe graminis* DC. の病原性は分化しており, 特定の属の植物に限られていることから, *E. graminis* DC. を寄主範囲によって7つの *formae speciales* に類別した. それらのうち, *Triticum* 属に寄生するものを *E. graminis* DC. f. sp. *tritici* Em. Marchal, *Agropyron* 属に寄生するものを *E. graminis* DC. f. sp. *agropyri* Em. Marchal とした. Cherewick¹⁾ も同様な報告をしているが, Hardison²⁾ は種々のイネ科植物から分離したうどんこ病菌を広範囲のイネ科植物に接種した結果, 供試した多くの菌株は2つあるいはそれ以上の属の植物に病原性をもっていることを報告している.

Hiura^{3,5)} はコムギうどんこ病菌 (*E. graminis* f. sp. *tritici*) とカモジグサうどんこ病菌 (*E. graminis* f. sp. *agropyri*) とを交雑すると, コムギとカモジグサの両方に病原性をもった新しい菌系ができることを発見した. 実験的には *E. graminis* f. sp. *tritici* と *E. graminis* f. sp. *agropyri* との交雑が, コムギ葉上でもカモジグサ葉上でも, 容易に出来る³⁾ ことから, 自然界でもそのような交雑がおこっていると想像された. それ故, 両植物に病原性のある *formae speciales* が存在すると考えられる. また, このような *formae speciales* は限られた属だけに病原性をもつものよりも生存に都合がよいと考えられた. それにもかかわらず, 実際に戸外で採集された *E. graminis* DC. の病原性はほとんどの場合, それが分離された植物の属に限られている^{1,11)}. また, 日浦らの報告^{7,8,9)} によると, *E. graminis* f. sp. *tritici* と *E. graminis* f. sp. *agropyri* の雑種集団をコムギ農林4号上およびカモジグサ上で, 何代もくり返し継代培養すると, 農林4号上では, 農林4号をよく侵す雑種が増加した. これらの雑種集団は他のコムギ品種もよく侵したが, カモジグサは侵さなかった. 他方, カモジグサ上では, その逆でカモジグサをよく侵す雑種集団が残り, これらはコムギは侵さなかった. それぞれの植物上で継代培養した雑種集団がなぜこのような病原性を示すのかを明らかにすることは *formae speciales* の分化の起原を解明するための重要な手掛りが得られるものと考えられる.

本報告は *formae speciales* の分化を知るための基礎研究として, *E. graminis* f. sp. *tritici* と *E. graminis* f. sp. *agropyri* の雑種菌系を使って, f. sp. *agropyri* のコムギ品種に対する非病原性の遺伝についての結果をとりまとめたものである.

本実験を行うにあたり, 御協力頂いた当研究所植物病理部門部田英雄助手, 宇野英雄技官に深謝の意を表す.

昭和60年12月28日受理

*岡山県立農業試験場病虫部

**岡山大学名誉教授

実験材料および方法

供試菌株 親菌株には、*E. graminis* DC. f. sp. *tritici* Em. Marchal の菌系 t_2 と *E. graminis* DC. f. sp. *agropyri* Em. Marchal の菌系 A_1 を用いた。菌系 A_1 および t_2 は 1962 年、岡山大学農業生物研究所の圃場で採集し、単孢子分離培養して、試験管内のコムギあるいはカモジグサ苗上で、それぞれ継代培養してきたものであり、互いに相対した交配型である。

雑種菌系は A_1 と t_2 をカモジグサ上で交雑し⁶⁾、形成された子のう胞子を農林 4 号に接種し、そこに形成された分生胞子を試験管内の農林 4 号上で単孢子培養した 92 菌系および、同様の方法でコムギ品種 Seneca 上で単孢子培養した 61 菌系を供試した。

供試コムギ品種およびカモジグサ系統 コムギ品種は農林 4 号、Turkey Red など 52 品種、カモジグサ (*Agropyron tsukushiense* var. *transiens* OHWI) は生態型 Ag. 1, 3, 4 の 3 系統を供試した。

病原性の検定 コムギ品種、カモジグサに対する A_1 , t_2 および雑種菌系の病原性試験の方法は次の通りである。30×2 cm の試験管に 7 cm の深さに畑土を入れ、コムギあるいはカモジグサの種子を播種した。第 2 葉が出始めた時、第 1 葉に供試菌株の分生胞子を細い筆で接種し、10—11 日後にそれぞれの植物の反応を調査し、それをうどんこ病菌の感染型 (病原性の程度)⁶⁾ とした。感染型の基準は 0—4 と、それらの中間型の 10 段階とした。病原力はそれぞれの感染型に点数を与えて算出した。すなわち、感染型 4 には 4 点、3—4 には 3.5、3 には 3、2—3 には 2.5、2 には 2、1—2 には 1.5、1 には 1、0—1 には 0.5、0—(1) には 0.2、0 には 0 の点数を与えた。そして、1 以上の感染型を病原性、0—1 未満の感染型を非病原性とした。

供試コムギ品種およびカモジグサを検定するときには、環境条件の発病程度に及ぼす影響を少なくするために、コムギに対して感染型 1 の病徴を示す雑種菌系をコントロールとして用い、この菌系が感染型 1 程度の病徴を示したときに調査した。

実験は、日中 (7—19 時) は 22—25°C、夜間 (19—7 時) は 10—15°C に調節した温室で行った。

実験結果

1. 親菌株 A_1 および t_2

交雑の親として供試した *E. graminis* f. sp. *agropyri* の菌系 A_1 と *E. graminis* f. sp. *tritici* の菌系 t_2 のコムギ 52 品種とカモジグサの 3 系統に対する感染型を調べた。 A_1 はコムギ 52 品種には病原性を示さなかった (感染型 0) が、カモジグサをひどく侵した (感染型 3—4 あるいは 4)。 t_2 は A_1 と逆に、コムギ 52 品種に強い病原性を示したが、カモジグサ Ag. 3 および 4 には病原性がなく、Ag. 1 に 0—1 程度の感染型を示した。

2. 農林 4 号上の雑種菌系の病原性

農林 4 号上で単孢子培養した雑種 92 菌系をコムギ 24 品種に接種したところ、感染型 4 を示す菌系は非常に少なく、 A_1 と t_2 の中間の反応を示すものが多かった。供試したコムギ品種のうち、病原性と非病原性との分離比が、1:1 あるいは 1:3 になったものを

Table 1. Classification of 92 haploid progeny cultures from cross of culture A_1 of *E. graminis* f. sp. *agropyri* and culture t_2 of *E. graminis* f. sp. *tritici* according to their pathogenicity on 6 wheat varieties when the progeny cultures were isolated and grown on wheat cv. Norin No. 4

Wheat variety	Observed number of progeny cultures		Value of p for 1:1 ratio (upper half) 1:3 ratio (lower half)
	Virulent	Avirulent	
Turkey Red	45	47	.9-.8
Mayo 64	43	49	.7-.5
Swan 86	48	44	.7-.5
Seneca	43	49	.7-.5
Taichu 2	46	46	1.
Chancellor	51	41	.3-.2
Champion White	28	64	.3-.2
Transfer	19	73	.5-.3
Kenya Farmer	22	70	.9-.8
Titan	21	71	.7-.5
Sadabozu	21	71	.7-.5
Norin No. 12	23	69	1.

a) Virulent: infection type 0 and 0-1 (sub-infection).

b) Avirulent: infection type 1-4.

Table 1 に示した. なお, 分離比が 1:1 あるいは 1:3 の期待値に適合しなかったものや, 雑種菌系に対する反応が不安定であったものは Table 1 から除外した.

Table 1 において 1:1 の分離比を示した品種の場合には, A_1 のもつ 1 つの非病原性遺伝子が, 1:3 の場合, 2 つの非病原性遺伝子が関与していることを示している.

3. Seneca 上の雑種菌系の病原性

コムギ品種 Seneca 上で単孢子培養した雑種 61 菌系をコムギ 52 品種に接種したところ, 病原性と非病原性の割合が, 1:1 に分離したコムギ品種を Table 2 に示した. なお, Table 1 において 1:1 の分離比を示したが, Seneca 上の雑種菌系では 1:3 の分離比を

Table 2. Classification of 61 haploid progeny cultures from cross of cultures $A_1 \times t_2$ according to their pathogenicity on wheat varieties when progeny cultures were isolated and grown on wheat cv. Seneca

Wheat variety	Observed number of progeny cultures		Value of p for 1:1 ratio (upper half) 1:3 ratio (lower half)
	Virulent	Avirulent	
Norin No. 4	30	31	.9
Turkey Red	34	27	.5-.3
Champion White	23	38	.1-.05
Mayo 64	18	43	.5-.3
Swan 86	14	47	.8-.7
Taichu 2	19	42	.8-.7
Chancellor	16	46	.9-.8

示したコムギ品種も Table 2 に示した。Table 1, 2 より, A₁ の Turkey Red に対する非病原性遺伝子は農林 4 号上の雑種菌系および Seneca 上の雑種菌系のいずれにおいても 1 遺伝子だけが関与していた。Mayo 64, Swan 86, Taichu 2 および Chancellor の場合は, 農林 4 号上の雑種菌系では 1 遺伝子, Seneca 上の雑種菌系では 2 遺伝子が関与していた。Champion White の場合は, 農林 4 号上の雑種菌系では 2 遺伝子, Seneca 上の雑種菌系では 1 遺伝子が関与していることがわかった。

4. Seneca 上の雑種菌系の病原力

日浦らの報告^{7,8,9)}によると, 農林 4 号上の雑種菌系においては, 農林 4 号をよく侵す雑種菌系は他のコムギにも強い病原性を示すが, カモジグサに対する病原性は弱かった。そこで Seneca 上の雑種菌系においても同様のことがいえるかどうかを検討した。

Seneca 上の雑種菌系をコムギ 52 品種およびカモジグサに接種し, それぞれの菌系の総病原力 (total pathogenic force) を算出した。総病原力というのは, それぞれの雑種菌系のコムギあるいはカモジグサに対する感染型を点数に直して, それらの点数を合計したものである。

雑種菌系がかなり侵したコムギ 40 品種の中から, 任意に 20 品種ずつ選び, それぞれ A グループと B グループとした。そして, Seneca 上の雑種菌系の A グループに対する総病原力と B グループに対するそれとの関係を Fig. 1 に示した。

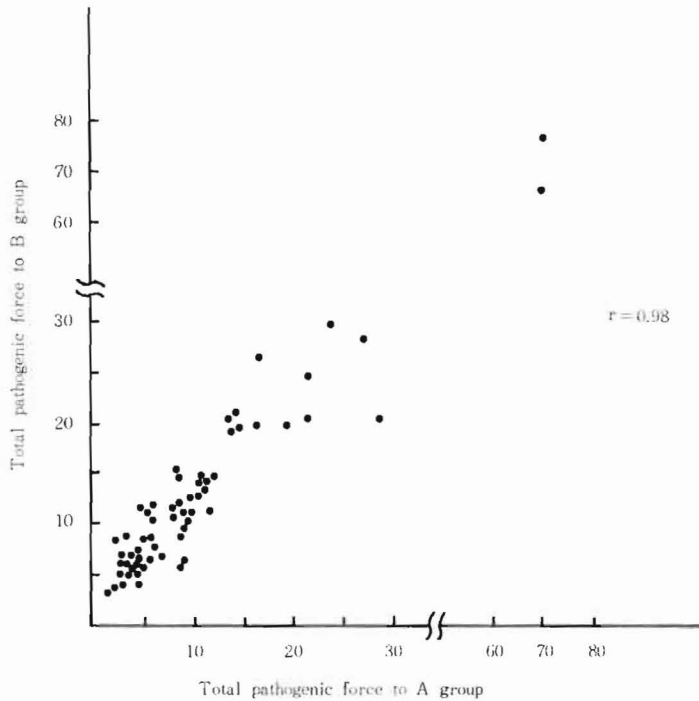


Fig. 1. Relationship between total pathogenic forces of 61 progeny cultures to each group of 20 wheat varieties (A and B groups) when progeny cultures were isolated and grown on Seneca.

Fig. 1 よりそれぞれの雑種菌系のAグループおよびBグループに対する総病原力の間には $r=0.98$ という高い相関があった。すなわち、あるコムギ品種に強い病原性をもつものは他のコムギ品種に対しても強い病原性をもっていた。また、Seneca 上の雑種菌系の中で、Seneca に対して高い感染型（2以上）を示す菌系および低い感染型（1以上2未満）を示す菌系のコムギ40品種（AグループおよびBグループの品種）に対する1菌系当りの総病原力を算出すると、Seneca に対して高い感染型を示す菌系の総病原力の平均は54.7、低い感染型を示す菌系は18.4となり、コムギ40品種に対する病原力の差は顕著であった。このことから Seneca に対して高い感染型を示す菌系は、他のコムギ品種に対しても高い病原性をもっていることが明らかになった。

それぞれの雑種菌系のコムギ40品種に対する総病原力とカモジグサ3系統に対するそれとの関係を Fig. 2 に示した。これらの関係は $r=-0.23$ という負の値となり、有意差が見られなかった。しかし、コムギ40品種に対する総病原力とカモジグサ3系統に対するそれとの間には負の相関があるようであった。

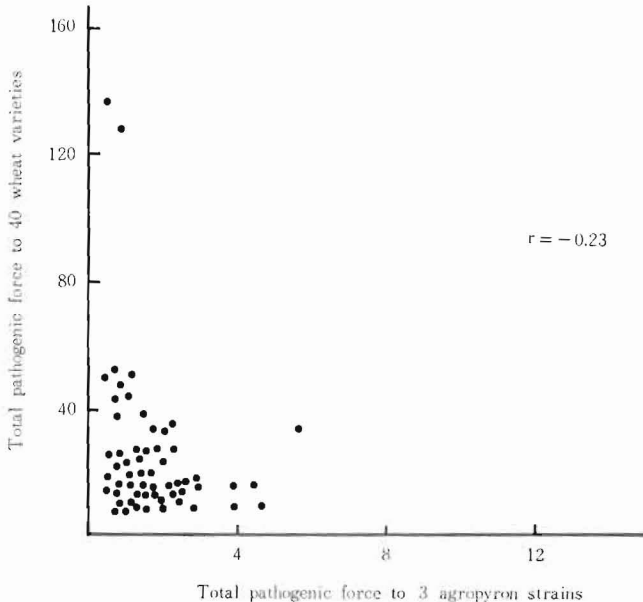


Fig. 2. Relationship between total pathogenic forces of 61 progeny cultures to 40 wheat varieties and 3 *Agropyron* strains when progeny cultures were isolated and grown on Seneca.

以上述べたように、あるコムギ品種に強い病原性を示す菌系は他の品種に対しても強い病原性をもっており、逆に、それらのカモジグサに対する病原性は弱い傾向を示した。すなわち、農林4号上の雑種菌系におけると同様のことが Seneca 上の雑種菌系についても言えた。

これらのことから、 A_1 のコムギ品種に対する非病原性遺伝子間に共通遺伝子⁶⁾か、あるいは連鎖があると考えられた。

5. A₁ のコムギ品種に対する非病原性遺伝子の連鎖

(1) 農林4号上の雑種菌系 雑種92菌系をそれぞれのコムギ品種に接種した場合、病原性と非病原性が1:1の分離比を示した品種は Turkey Red, Mayo 64, Swan 86, Seneca, Taichu 2 および Chancellor であった (Table 1). それぞれの品種上において2つずつ組合わせた結果を Table 3 に示した. それぞれの品種に対する非病原性遺伝子が独立に作用するとすれば, 両方の品種を侵す菌系, 一方だけを侵す菌系, 他方だけを侵す菌系および両方を侵さない菌系がそれぞれ1:1:1:1の割合で分離することが期待される. Turkey Red と Swan 86 や Turkey Red と Chancellor の組合わせでは, 分離比が1:1:1:1となり上記の期待値に適合していた. このことから, それぞれの組合わせにおいて, 両品種に対する非病原性遺伝子はそれぞれ独立に作用していると考えられた. 一方, Turkey Red と Seneca, Turkey Red と Taichu 2 などの組合わせでは, 上記の期待値に適合していないことから, 両品種に対する非病原性遺伝子間に連鎖があると考えられた.

Table 3. Relationship of genes conditioning pathogenicity of 92 progeny cultures on 6 wheat varieties when the progeny cultures were isolated and grown on wheat cv. Norin No. 4

Wheat variety		Observed number of progeny culture				Value of p for 1:1:1:1 ratio
x	y	VxVy ^{a)}	VxAy	AxVy	AxAy	
Turkey Red	Mayo 64	29	16	14	33	.01-.001
Turkey Red	Swan 86	27	18	21	26	.5-.3
Turkey Red	Seneca	36	9	7	40	small
Turkey Red	Taichu 2	35	10	11	36	small
Turkey Red	Chancellor	28	17	23	24	.5-.3
Mayo 64	Swan 86	22	21	26	23	.9
Mayo 64	Seneca	29	14	14	35	.01-.001
Mayo 64	Taichu 2	29	14	17	32	.02-.01
Mayo 64	Chancellor	21	22	30	19	.5-.3
Swan 86	Seneca	25	23	18	26	.7-.5
Swan 86	Taichu 2	25	23	21	23	.9
Swan 86	Chancellor	36	12	15	29	small
Seneca	Taichu 2	33	10	13	26	small
Seneca	Chancellor	26	17	25	24	.5-.3
Taichu 2	Chancellor	16	30	5	41	.1-.05

a) Vx and Ax indicate the pathogenicity of cultures on wheat cv. x.
 Vy and Ay indicate the pathogenicity of cultures on wheat cv. y.
 V = virulent, A = avirulent

このように考えると, Turkey Red-Mayo 64-Seneca-Taichu 2 に対する非病原性遺伝子は相互に連鎖しており, また, Swan 86-Chancellor に対する非病原性遺伝子も連鎖していると考えられた. なお, Turkey Red グループに対する非病原性遺伝子群と Swan 86グループに対する非病原性遺伝子群間には, 連鎖は認められなかった. これらの遺伝子

Table 4. Linkage relationship of A_1 avirulence genes conditioning pathogenicity of 92 progeny cultures on 6 wheat varieties when the progeny cultures were isolated and grown on wheat cv. Norin No. 4.

Wheat variety	Mayo 64	Turkey Red	Seneca	Taichu 2	Chancellor
Swan 86	×	×	×	×	●
Chancellor	×	×	×	×	
Taichu 2	●	●	●		
Seneca	●	●			
Turkey Red	●				

● : Linkage, × : Independent.

間の関係を Table 4 に示した。

つぎに、病原性と非病原性とか1:3の分離比を示した Champion White などの5品種における結果と、Turkey Red などの品種(分離比が1:1のもの)での結果を、それぞれ組合わせて検討したが、それぞれの品種に対する非病原性遺伝子間の関係は明確にならなかった。このことは用いた雑種菌系の数が少なかったことや品種の反応が不安定であったことによるものと考えられた。

(2) **Seneca 上の雑種菌系** 前項と同様の方法で、Table 2 において1:1および1:3の分離比を示した品種上で得られた結果を2つずつ組合わせることにより、それらに対する A_1 の非病原性遺伝子間の連鎖関係を検討した。

Seneca 上の雑種菌系においても、 A_1 のコムギ7品種(農林4号, Turkey Red, Taichu 2, Mayo 64, Chancellor, Swan 86 および Champion White) に対する非病原性遺伝子間に連鎖が認められた。それらの関係を Table 5 に示した。

Table 5. Linkage relationship of A_1 avirulence genes conditioning pathogenicity of 61 progeny cultures on 7 wheat varieties when the progeny cultures were isolated and grown on wheat cv. Seneca

Wheat variety	Champion White	Chancellor	Swan 86	Taichu 2	Mayo 64	Turkey Red
Norin No. 4	▲	▲	▲	●	●	×
Turkey Red	×	×	×	▲	×	
Mayo 64	●	▲	●	●		
Taichu 2	▲	▲	▲			
Swan 86	▲	●				
Chancellor	▲					

● : Linkage, ▲ : $p=0.05-0.001$, × : Independent.

Table 4 および Table 5 に示した一連の結果を総合することによって、それぞれの品種に対する非病原性遺伝子の数およびそれら間の連鎖関係を推定した。農林4号上あるいは Seneca 上で単孢子培養した雑種菌系は、Seneca あるいは農林4号において病原性と非病原性とか1:1の割合で分離したことから、見かけ上は1遺伝子が関与している

うに考えられた。しかし、それらの菌系が農林4号上あるいは Seneca 上で選抜されたことを考え合わせると、 A_1 の農林4号および Seneca に対する非病原性遺伝子は2つ存在すると考えられる。そこで、農林4号に対する遺伝子を $An_1 An_2$, Seneca に対するそれらを $As_1 As_2$ とすると、 An_1 と As_1 とは密接に連鎖していると考えられる。

同じ考え方で、他のコムギ5品種 (Mayo 64, Swan 86, Taichu 2, Chancellor および Turkey Red) に対する A_1 の非病原性遺伝子を Table 6 に示すように、それぞれ

Table 6. Postulated genotypes and number of A_1 avirulence genes on 7 wheat varieties

Wheat variety	Genotype of A_1	Number of avirulence gene	
		Progeny cultures grown on Norin No. 4	Progeny cultures grown on Seneca
Norin No. 4	$An_1 An_2$		1
Seneca	$As_1 As_2$	1	
Mayo 64	$Ama_1 Ama_2 Ama_3$	1	2
Swan 86	$Asw_1 Asw_2$	1	2
Taichu 2	$Ata_1 Ata_2 Ata_3$	1	2
Chancellor	$Ach_1 Ach_2$	1	2
Turkdy Red	$Atr_1 Atr_2$	1	1

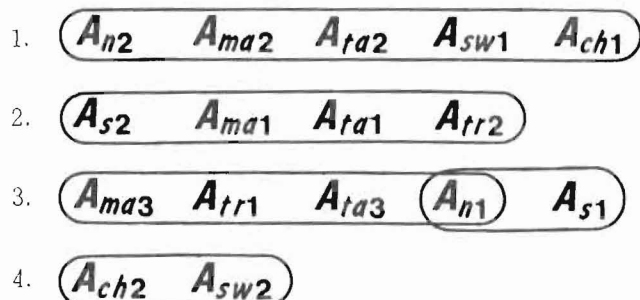


Fig. 3. Four linkage groups of A_1 avirulence genes to 7 wheat varieties. Linkage groups are surrounded by ellipses.

$Ama_1 Ama_2 Ama_3$, $Asw_1 Asw_2$, $Ata_1 Ata_2 Ata_3$, $Ach_1 Ach_2$ および $Atr_1 Atr_2$ とした。なお、それらの間には Fig. 3 に示すように、4つの連鎖群が存在すると考えた。すなわち、第1群に $An_2-Ama_2-Ata_2-Asw_1-Ach_1$, 第2群に $As_2-Ama_1-Ata_1-Atr_2$, 第3群に $Ama_3-Atr_1-Ata_3-An_1-As_1$, 第4群に Ach_2-Asw_2 の連鎖群を考えた。ただし、第3群においては、 As_1 と $Ama_3-Atr_1-Ata_3$ の間は、距離の隔たりのため見かけ上連鎖がないと考えた。なお、農林4号上での雑種菌系の試験で、Champion White の連鎖関係は明らかでなかったのを除外した。

このように考えると、コムギ7品種に対する農林4号上の雑種菌系および Seneca 上の雑種菌系における A_1 の非病原性遺伝子の数と非病原性遺伝子間の連鎖関係は、一部を除いて大部分説明できた。たとえば、Seneca 上の雑種菌系の農林4号に対する非病原性に

は An_1An_2 の 2 遺伝子が関与しているため、分離比は 3:1 になるはずである。しかし、 An_1 と As_1 が密接に連鎖しているため、 An_1 をもつすべての雑種菌系はすでに Seneca 上で選抜されている。従って、農林 4 号に対しては、 An_2 のみが関与するため、1:1 の分離比を示したと考えられる。また、農林 4 号に対する非病原性遺伝子との連鎖関係には An_2 が関与していると考えてよい。また農林 4 号上の雑種菌系では、 A_1 の Swan 86 に対する非病原性遺伝子 (Asw_1Asw_2) のうち、 Asw_1 は An_2 と密接に連鎖しているため、農林 4 号上の雑種菌系はすでに Asw_1 を持っていない。従ってこれらの菌系は Asw_2 が関与するので、Swan 86 では 1:1 の分離比を示した。

Seneca の雑種菌系では、 A_1 の Swan 86 に対する 2 つの非病原性遺伝子は、 As_1 および As_2 のいずれとも連鎖していないので 2 遺伝子の分離を示し 3:1 となった。

考 察

日浦ら^{7,8)} はカモジグサのうどんこ病菌とコムギのうどんこ病菌の雑種において、農林 4 号に強い病原性をもつ雑種菌系は他のコムギ品種にも強い病原性を示すが、カモジグサに対しては逆に弱い病原性しか示さないことを報告した。本実験でも Seneca 上の雑種菌系において上記と同様の結果が得られた。このことは、カモジグサのうどんこ病菌とコムギのうどんこ病菌の寄生性の分化に深い関係がありそうに考えられた。これらの点をさらに解明するために、カモジグサのうどんこ病菌 A_1 のコムギ 7 品種に対する非病原性遺伝子間の連鎖関係を検討した。

カモジグサのうどんこ病菌 A_1 とコムギのうどんこ病菌 t_2 を交雑し、形成された子のう胞子を農林 4 号に接種し、さらに、農林 4 号上で単胞子分離した雑種 92 菌系と同様にして Seneca 上で単胞子分離した雑種 61 菌系をそれぞれコムギ 7 品種に接種すると、それぞれの品種に対する非病原性遺伝子の数およびそれらの間の非病原性遺伝子間の連鎖関係が大きく異なっていることが認められた。そこで、コムギ 7 品種、すなわち、農林 4 号、Seneca, Mayo 64, Swan 86, Taichu 2, Chancellor および Turkey Red に対するカモジグサのうどんこ病菌 A_1 の非病原性遺伝子をそれぞれ、 An_1An_2 , As_1As_2 , Ama_1Ama_2 , Ama_3 , Asw_1Asw_2 , $Ata_1Ata_2Ata_3$, Ach_1Ach_2 および Atr_1Atr_2 とした。さらに、これらの非病原性遺伝子間に Fig. 3 に示す 4 つの連鎖群があると仮定すると、農林 4 号上の雑種菌系および Seneca 上の雑種菌系における A_1 の非病原性遺伝子の数と連鎖関係は一部を除いて、大部分説明できた。

仮定された連鎖関係は、実験結果とよく一致するから、これらの仮定は妥当であると考えられた。そうすると、ある品種に対する非病原性遺伝子のどれかが他の品種に対する非病原性遺伝子と連鎖していることになり、かなりの品種に対する非病原性遺伝子は、なんらかの形で互いに連鎖していると考えられた。それ故、ある品種に対する非病原性遺伝子をもたない菌系、すなわち、病原性の菌系は、その品種だけでなく、他の品種にも病原性であることが多いと考えられた。

一方、Seneca に強い病原性を示す菌系は、Seneca に弱い病原性の菌系よりも、他のコムギ 40 品種に対する総病原力が非常に強かった。逆に考えると、総病原力が非常に強いということは、コムギ 40 品種の中の多くのコムギ品種に病原性であり、多くのコムギ品

種に病原性があるということは多くの病原性遺伝子を持っているということである。多くの病原性を持った菌系がコムギの1品種 Seneca に対しても強い病原性を示すということ、およびこれら多くの病原性遺伝子（あるいは非病原性遺伝子）が相互に連鎖しているということは、コムギのうどんこ病菌 t_2 のように、多くの病原性遺伝子を持った系統が自然界に生き残っているという事実と深い関連があると考えられた。

Hiura¹¹⁾ はオオムギのうどんこ病菌の race 間同士 (race 9×race 14) を交雑して病原性の遺伝を研究し病原性遺伝子の連鎖を調べた結果、Hanna と Russian 12 に対する病原性遺伝子間に連鎖があることを報告した。Moseman¹²⁾ は、オオムギのうどんこ病菌において Black Russian と Ricardo および Hanna と Atlas に対する病原性遺伝子間の連鎖を報告しているが、Black Russian と Ricardo に対する病原性遺伝子が異なっているという確かな証拠はない。また、Atlas に対する病原性遺伝子は Hiura が報告した Russian 12 に対する病原性遺伝子と同じであることが推定されている。このように *E. graminis* DC においては、病原性（あるいは非病原性）遺伝子間の連鎖はほとんど報告されていない。本研究では、非病原性遺伝子（あるいは病原性遺伝子）間に、かなりの連鎖関係が認められた。*E. graminis* DC の染色体は 2¹⁰⁾ あるいは 8—9 本¹³⁾ といわれているが、何故、病原性遺伝子（あるいは非病原性遺伝子）間に、本報告以外では連鎖関係が発見されなかったのかは今後の研究課題である。

摘 要

日浦らは *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici* (t_2) × *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* (A_1) の雑種菌系をコムギ農林4号上で数代培養をくり返すと、残存した菌系は農林4号をよく侵すばかりでなく他のコムギ品種も侵すが、逆にカモジグサに対する病原性は弱くなるということを報告している^{7,8)}。そこで、本実験ではこれらの現象を解明する目的で A_1 のコムギ品種に対する非病原性遺伝子間の関係を研究した。

コムギ品種 Seneca 上での雑種菌系のうち、Seneca に対して強い病原性を示す菌系は、他のコムギ品種にも強い病原性を示したが、逆にカモジグサに対する病原性は弱くなる傾向を示した。

Seneca 上の雑種菌系と農林4号上の雑種菌系において A_1 のコムギ7品種に対する非病原性遺伝子の数と非病原性遺伝子間の連鎖は次のように考えると、一部を除いて大部分説明できた。すなわち、カモジグサのうどんこ病菌 A_1 のコムギ7品種、農林4号、Seneca, Mayo 64, Swan 86, Taichu 2, Chancellor および Turkey Red に対する非病原性遺伝子をそれぞれ、 $An_1 An_2, As_1 As_2, Ama_1 Ama_2 Ama_3, Asw_1 Asw_2, Ata_1 Ata_2 Ata_3, Ach_1 Ach_2$ および $Atr_1 Atr_2$ とすると、 $An_2-Ama_2-Ata_2-Asw_1-Ach_1, As_2-Ama_1-Ata_1-Atr_2, Ama_3-Atr_1-Ata_3-An_1-As_1$ および Ach_2-Asw_2 の4つの連鎖群が考えられた (Fig. 3)。ただし、3番目の連鎖群においては、 $Ama_3-Atr_1-Ata_3$ と As_1 の間は距離が隔たっているため連鎖がないと考えた。

A_1 のコムギ品種に対する非病原性遺伝子（または病原性遺伝子）間にかかなりの連鎖があるということが、直ちに、コムギに強い病原性を示す雑種菌系はカモジグサに対して弱い病原性しか示さないということの説明にはならないが、なんらかの関連があろうことを

考察した.

文 献

1. Cherewick, W. J. 1944. Studies on the biology of *Erysiphe graminis* DC. *Canad. J. Res.* 22: 52-86.
2. Hardison, J. R. 1944. Specialization of pathogenicity in *Erysiphe graminis* on wild and cultivated grasses. *Phytopathology* 34: 1-20.
3. Hiura, U. 1962. Hybridization between varieties of *Erysiphe graminis*. *Phytopathology* 52: 664-666.
4. Hiura, U. 1964. Genetics of host-parasite in barley mildew. *Ber. Ohara Inst. landw. Biol. Okayama Univ.* 12: 121-129.
5. Hiura, U. 1964. Pathogenicity of the haploid progeny cultures from crosses between cultures of *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri*. *Ber. Ohara Inst. landw. Biol. Okayama Univ.* 12: 131-132.
6. 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.
7. 日浦運治・部田英雄 1972. カモジグサうどんこ病菌とコムギうどんこ病菌との雑種集団における残存後代培養の病原型 (1) 日植病報 38: 179.
8. 日浦運治・部田英雄 1972. カモジグサうどんこ病菌とコムギうどんこ病菌との雑種集団における残存後代培養の病原型 (2) 日植病報 38: 179-180.
9. 日浦運治・部田英雄 1973. カモジグサのウドンコ菌と小麦ウドンコ菌との雑種をカモジグサに累代培養したときの残存系統の病原性. 日植病報 39: 157.
10. Kimber, G. and Wolf, M. S. 1966. Chromosome number of *Erysiphe graminis*. *Nature* 212: 318-319.
11. Marchal, Em. 1902. De la specialisation du parasitisme chez 1 *Erysiphe graminis*. *Compt. Rend. Acad. Sci.* 135: 210-212.
12. Moseman, J. G. 1963. Relationship of genes conditioning pathogenicity of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* on barley. *Phytopathology* 53: 1326-1330.
13. 吉村美由紀・巖 在烈・藤井 溥 1982. *Erysiphe graminis* DC の子のう胞子形成過程における核及び染色体の行動. 日植病報 48: 385.

Genetics of Avirulence of *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* to Wheat

Hideo NASHI Unji HIURA

Summary

The number and linkage relationship of avirulence genes of *Erysiphe graminis* f. sp. *agropyri* for seven wheat cultivars were examined.

On the basis of genetic analysis of the hybrid cultures (*E. graminis* f. sp. *tritici* × *E. graminis* f. sp. *agropyri*) on wheat cultivars Norin No. 4 and seneca, avirulence genes

for Norin No. 4, Seneca, Turkey Red, Taichu 2, Swan 86, Chancellor and Mayo 64, which had been derived from *E. graminis* f. sp. *agropyri* and named An_1 , An_2 , As_1 , As_2 , Atr_1 , Atr_2 , Ata_1 , Ata_2 , Ata_3 , Asw_1 , Asw_2 , Ach_1 , Ach_2 and Ama_1 , Ama_2 , Ama_3 , respectively, were separated into 4 linkage groups, namely, An_2 - Ama_2 - Ata_2 - Asw_1 - Ach_1 , As_2 - Ama_1 - Ata_1 - Atr_2 , Ama_3 - Atr_1 - Ata_3 - An_1 - As_1 and Asw_2 - Ach_2 . In the third linkage group, Ama_3 - Atr_1 - Ata_3 was far remote from As_1 , suggesting that there is no linkage relationship between these genes.

In view of the tight linkage among avirulence genes for wheat derived from *Agropyron* A₁, hybrid cultures which remained virulent to one wheat cultivar were considered to have no A₁ genes, hence being capable of infecting other wheat cultivars.