

第4章 チャ輪斑病抵抗性の遺伝様式の解明とその育種への利用

わが国の主要品種である‘やぶきた’は *P.longiseta* によって起こる輪斑病に罹病性である。また、‘やぶきた’を育種母本として育成されたわが国の緑茶用品種は、この輪斑病に対して罹病性である場合が多く、全茶園面積の約 80 %、品種茶園に限れば 90 % が罹病性品種で占められている（日本茶業中央会 1999）。このため輪斑病抵抗性品種の育種はわが国の重要な育種目標である。

病害抵抗性育種では、母本の抵抗性に関する遺伝子型を確実に推定することが育種を効率的に進める上で重要である。イネのいもち病に対する真性抵抗性の遺伝子型は、多数のいもち病菌レースを巧みに使いわけ、それに対する反応型により推定している。これによっていもち病抵抗性育種の母本選定とその後の選抜操作の効率化が図られている（鳥山ら 1983）。

チャの病害抵抗性育種は、これまでは抵抗性品種を母本とした分離集団を作り、その中で偶然に出現する抵抗性個体を選抜する方法をとってきた。しかし、この方法では抵抗性の遺伝様式が明らかにされていないため、母本の選択、育種規模、選抜強度などは育種家の経験に依るところが大きかった。

一方、*P.longiseta* によって起こるチャ輪斑病に対する抵抗性（表現型）は、第2章第3節で変種間および変種内系統間で著しい差異があることを明らかにした。また、正確な検定法を確立したことから本病に対する抵抗性の遺伝様式の解析が可能になった。

そこで、本章では *P.longiseta* によって起こるチャ輪斑病に対する抵抗性の遺伝様式を解明し、チャ遺伝資源の本病に対する遺伝子型を解析してチャ輪斑病抵抗性育種法を確立する。

また、わが国の主要な品種について輪斑病抵抗性に対する表現型と遺伝子型を明らかにし、今後の育種母本としての利用を図るとともに、交雑によって育成された品種について輪斑病抵抗性の遺伝子型から親子関係を検討した。

第1節 輪斑病抵抗性の遺伝様式の解明

P.longiseta に対するチャの輪斑病抵抗性には明瞭な品種間差異が認められ、交雑 F₁ 世代では 2 山型あるいは 3 山型の分離をすることから本病に対する抵抗性遺伝子は少数であることが予想された (池田ら 1986; 武田 1987a)。

そこで本節では抵抗性の異なる 5 品種の相反交雑の F₁ 個体について交配親の表現型と F₁ 個体の表現型の分離比から輪斑病抵抗性の遺伝様式について解析を行った。

a 材料および方法

抵抗性の異なる 5 品種, 'やぶきた' (罹病性), 'ふじみどり' (中度抵抗性), 'さやまかおり', 'やまとみどり', 'Z 1' (以上高度抵抗性), の相反交雑個体 (30 個体/組合せ) を用い, ほ場において *P.longiseta* の分生子を接種して検定を行った。接種後 15 ~ 17 日目に病斑の大きさを測定し, 病斑の形, 色等も参考にして高度抵抗性, 中度抵抗性, 罹病性の 3 つの表現型で判定した。また, 交配親の抵抗性と F₁ 個体の表現型の分離比から輪斑病抵抗性の遺伝様式を解析し, 親の遺伝子型を推定した。

b 結果

交配親として供試した 5 品種の病斑直径とそれを基にして判定した抵抗性を表 38 に示した。

高度抵抗性品種 'さやまかおり', 'やまとみどり', 'Z 1' の 3 品種は接種後病斑はほとんど拡大せず, 5 mm 以下に止まっていた。中度抵抗性品種 'ふじみどり' では, 接種後 16 日目の病斑は約 8 mm 前後に達していたが, これ以上の拡大は起こらず病斑の拡大が停止していた。罹病性品種の 'やぶきた' は病斑の大きさが 13mm 以上に達しており, 接種後 20 日を過ぎると病斑は葉縁にまで達して落葉し始めた。

相反交雑ではどちらを種子親にしても相反交雑間で表現型の分離結果に差異は

表 38 交配親に使用した品種の輪斑病に対する表現型

品 種	表現型	個体数	平均病斑直径
			mm
やぶきた	S	45	13.07 ± 1.66
ふじみどり	M	36	8.17 ± 1.38
さやまかおり	R	44	4.36 ± 0.75
やまとみどり	R	45	3.22 ± 0.52
Z 1	R	46	4.17 ± 1.14

注：表現型 R（高度抵抗性），M（中度抵抗性），S（罹病性）。

認められなかった (図 22)。このため相反交雑間の F₁ 個体をまとめ、その表現型の分離結果を表 39 に示した。

罹病性品種 (S) と高度抵抗性品種 (R) の組合せをみると、‘やぶきた’ × ‘やまとみどり’、‘やぶきた’ × ‘さやまかおり’ の場合、R と S がそれぞれ 29 : 31, 32 : 28 に分離したが、‘やぶきた’ × ‘Z 1’ では R と M が 33 : 27 に分離した。

罹病性品種 (S) と中度抵抗性品種 (M) の組合せである ‘やぶきた’ × ‘ふじみどり’ の組合せでは、M と S が 35 : 25 に分離した。

中度抵抗性品種と高度抵抗性品種の組合せである ‘ふじみどり’ × ‘やまとみどり’ および ‘ふじみどり’ × ‘さやまかおり’ では、R, M, S の分離比が前者では 25 : 20 : 15, 後者では 30 : 15 : 15 であった。また、‘ふじみどり’ × ‘Z 1’ の組合せでは、R と M が 34 : 26 に分離した。

高度抵抗性同士の組合せである ‘Z 1’ × ‘やまとみどり’ と ‘Z 1’ × ‘さやまかおり’ では、R と M がそれぞれ 46 : 14 と 43 : 17 に分離したが、‘さやまかおり’ × ‘やまとみどり’ では、R と S が 50 : 10 に分離した。

上記の分離結果を見ると、‘やまとみどり’ と ‘さやまかおり’ は F₁ での表現型の分離では全く同じ傾向を示したことからこの両品種の遺伝子型は同じである可能性が高い。

また、中度抵抗性品種と高度抵抗性品種の組合せである ‘ふじみどり’ (中度抵抗性) と ‘やまとみどり’ (高度抵抗性)、‘ふじみどり’ と ‘さやまかおり’ (高度抵抗性) および高度抵抗性同士の組合せである ‘さやまかおり’ と ‘やまとみどり’ からも F₁ で罹病性個体が分離することから ‘ふじみどり’、‘さやまかおり’、‘やまとみどり’ はいずれも抵抗性遺伝子をホモではなく、ヘテロで持っている可能性が高い。一方、‘Z 1’ を親とする場合には、その F₁ からは罹病性個体が出現しない。従って、この品種は罹病性遺伝子を持たないか、何らかの形でマスクされている可能性が高い。また、高度抵抗性品種を親にした場合、F₁ は高度抵抗性個体が必ず一定の割合で出現することから高度抵抗性遺伝子は

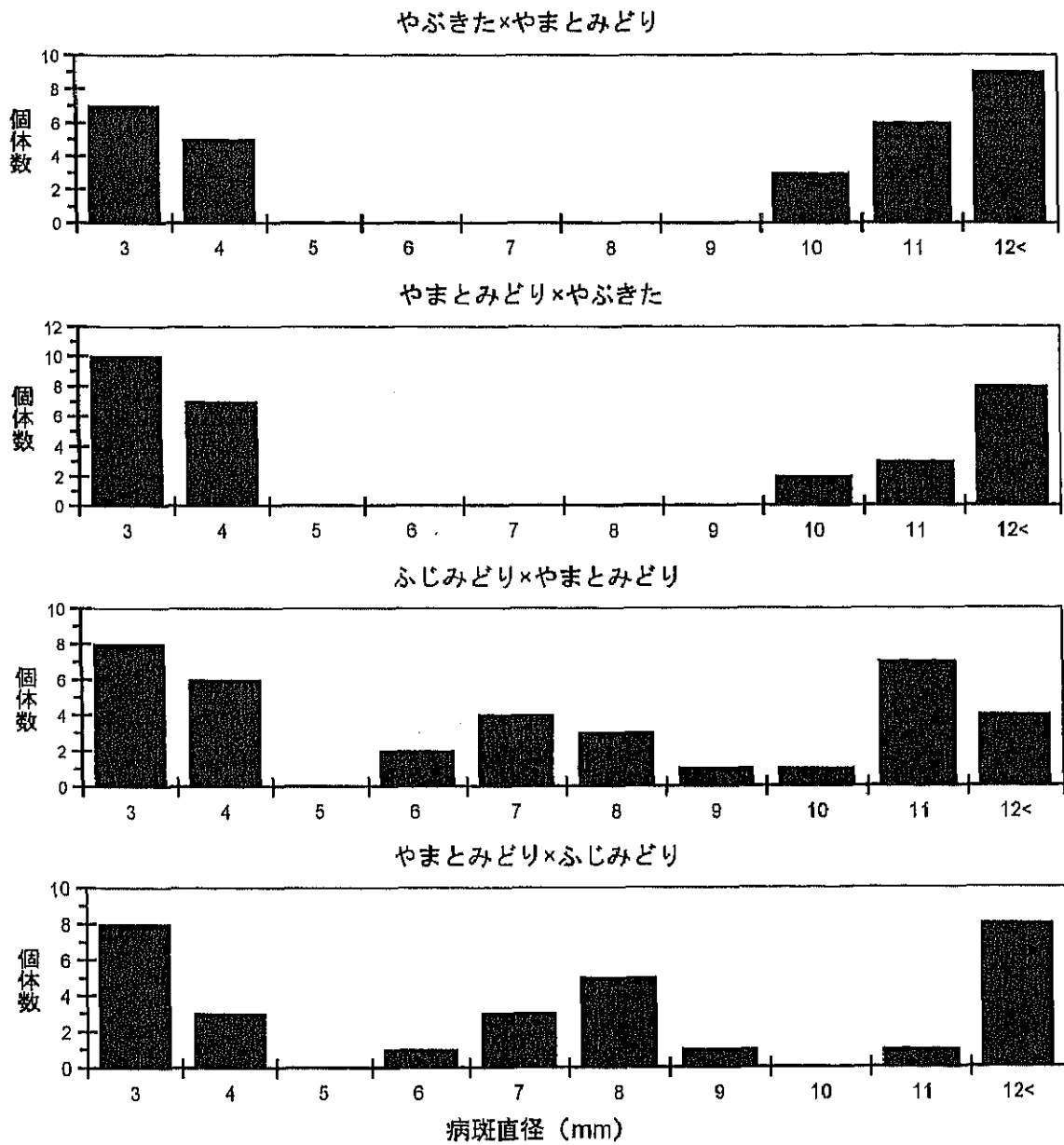


図 22 相反交雑組合せF₁における輪斑病の病斑の大きさの分布

表 39 抵抗性の異なる交配組合せのF₁個体の輪斑病に対する表現型の分離

交配組合せ	観 察 値			期 待 比			χ^2	P
	R	M	S	R	M	S		
やぶきた×やまとみどり	29	31		1	1		0.067	0.9<P
やぶきた×さやまかおり	32	28		1	1		0.267	0.8<P<0.9
やぶきた×Z1	33	27		1	1		0.600	0.7<P<0.8
やぶきた×ふじみどり		35	25		1	1	1.667	0.4<P<0.5
ふじみどり×やまとみどり	25	20	15	2	1	1	2.500	0.2<P<0.3
ふじみどり×さやまかおり	30	15	15	2	1	1	0.000	—
ふじみどり×Z1	34	26		1	1		1.067	0.5<P<0.6
Z1×やまとみどり	46	14		3	1		0.088	0.9<P
Z1×さやまかおり	43	17		3	1		0.356	0.8<P<0.9
さやまかおり×やまとみどり	50		10	3		1	1.112	0.5<P<0.6

注：各交配組合せは相反交雑を行い，1組合せ30個体，1組の相反交雑を60個体とした。
R, M, Sは病斑直径により分類した。R (< 5mm), M (6～9mm), S (> 10mm).
観察値が期待比に適合した場合は適合度の検定を行わなかった。

優性遺伝子であることが推定された。

以上の結果から輪斑病抵抗性は少数の遺伝子によって支配されている可能性が考えらる。ここでは1遺伝子で支配されている場合、2遺伝子で支配されている場合について検討した結果、2つの優性な抵抗性遺伝子が関与し、それらの間に働きあいがあることが想定された。この2種類の抵抗性遺伝子はそれぞれ独立した優性の抵抗性遺伝子（高度抵抗性遺伝子 Pl_1 と中度抵抗性遺伝子 Pl_2 ）であり、高度抵抗性遺伝子 Pl_1 は中度抵抗性遺伝子 Pl_2 に対して上位とすることによってよく説明できることがわかった。この場合、罹病性品種は2種の抵抗性遺伝子をいずれも持たないため、遺伝子型は $pl_1pl_1pl_2pl_2$ と仮定した。

これにより罹病性品種の‘やぶきた’は $pl_1pl_1pl_2pl_2$ の遺伝子型が推定された。中度抵抗性品種の‘ふじみどり’は、高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を欠き、罹病性品種の‘やぶきた’との組合せにより罹病性個体が分離することから中度抵抗性遺伝子（ Pl_2 ）だけをヘテロに持つ遺伝子型、 $pl_1pl_1Pl_2pl_2$ が推定された。高度抵抗性品種では、‘さやまかおり’と‘やまとみどり’は高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をヘテロに持ち、‘さやまかおり’×‘やまとみどり’の組合せから中度抵抗性個体が分離してこないことから中度抵抗性遺伝子を持たない遺伝子型、 $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ が推定された。

‘Z1’は同じく高度抵抗性品種の‘やまとみどり’、あるいは‘さやまかおり’との組合せで高度抵抗性個体と中度抵抗性個体が分離することから、高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をヘテロに、中度抵抗性遺伝子 Pl_2 をホモに持つ遺伝子型、 $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$ が推定された。

以上の結果から相反交雑試験の親として使用した品種の推定遺伝子型を表 40 に示した。

次に、ここで推定された5品種の遺伝子型から理論的に求められるF₁個体の表現型の分離比を求め、表 39 に示したすべての組合せについて観察値の適合度を χ^2 検定した。

罹病性品種（S）と高度抵抗性品種（R）の組合せでは、‘やぶきた’×‘やまとみどり’、‘やぶきた’×‘さやまかおり’の場合、上記で推定された遺伝

表 40 供試品種の *P.longiseta* によって発病する輪斑病に対する遺伝子型

品 種 名	表現型	推定される遺伝子型
やぶきた	S	$pl_1pl_1pl_2pl_2$
ふじみどり	M	$pl_1pl_1Pl_2pl_2$
さやまかおり	R	$Pl_1pl_1pl_2pl_2$
やまとみどり	R	$Pl_1pl_1pl_2pl_2$
Z 1	R	$Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$

注： Pl_1 は高度抵抗性遺伝子，中度抵抗性遺伝子 (Pl_2) に対して上位。
 Pl_2 は中度抵抗性遺伝子，高度抵抗性遺伝子 (Pl_1) に対して下位。

子型とすればRとSが1：1に分離し，‘やぶきた’×‘Z1’ではRとMが1：1に分離することになる。 χ^2 検定による適合度の検定では，いずれも $P > 0.7$ となり，理論比通りの分離と見なしてよいことが分かった（表39）。

罹病性品種（S）と中度抵抗性品種（M）の組合せである‘やぶきた’×‘ふじみどり’の組合せでは，両品種の推定遺伝子型からMとSが1：1に分離することになる。 χ^2 検定による適合度は， $P > 0.4$ であったことからMとSが1：1に分離すると見なしてよいことが分かった。

中度抵抗性品種と高度抵抗性品種の組合せである‘ふじみどり’×‘やまとみどり’，‘ふじみどり’×‘さやまかおり’では，推定された両親の遺伝子型から理論的にはR，M，Sの分離比が2：1：1に，‘ふじみどり’×‘Z1’ではRとMが1：1に分離することになる。上記と同様に適合度を χ^2 検定した結果，‘ふじみどり’×‘やまとみどり’の組合せの適合度は $0.2 < P < 0.3$ とやや低かったが，いずれの組合せでも $P > 0.2$ であったことから理論比通りの分離であると見なして良いことがわかった。

高度抵抗性同士の組合せの場合，推定された遺伝子型から‘Z1’×‘さやまかおり’，‘Z1’×‘やまとみどり’では，RとMが3：1に分離し，‘さやまかおり’×‘やまとみどり’ではRとSが3：1に分離することになる。これらの組合せについて χ^2 検定を行い適合度を求めた結果，適合度はいずれも $P > 0.5$ であったことから理論比に良く適合することが分かった。

以上の結果からここで仮定した *P.longisetia* によるチャ輪斑病抵抗性の遺伝様式は実際の分離集団で良く適合することが明らかになった。

c 考 察

チャは木本性の永年生作物であるため遺伝解析が困難とされており，これまでにコーロ，白葉（鳥屋尾 1979），花卉のアントシアニン（武田・根角 1996）など特定の形質についてのみ遺伝解析が行われてきたが，耐病性のような実用性の高い形質で解析できた例はこれまでにない。本試験において相反交雑におけるF₁

の表現型の分離をみると、交雑の向き、すなわちどちらを種子親にしても相反交雑間で違いが認められなかったことから輪斑病抵抗性は細胞質の影響を受けない核内遺伝子によるものと考えられた。また、 F_1 個体が明瞭な2山型あるいは3山型を示したことから、1~2個の少数の遺伝子支配が推察された。1つの対立遺伝子間 ($A - a$) の働きあいの場合、高度抵抗性、中度抵抗性、罹病性が分離するためには抵抗性遺伝子 A は不完全優性で、中度抵抗性は Aa で発現することが想定される。しかしながら、‘やぶきた’ × ‘さやまかおり’ などの罹病性 (S) × 高度抵抗性 (R) の組合せから中度抵抗性 (M) が分離していないことからこの推察は矛盾する。

2つの対立遺伝子 ($A - a$, $B - b$) の場合、非対立遺伝子間の働きあいにより様々な遺伝様式が想定される (Hartl and Maruyama 1968, ; Neuman and Rice 1992)。この場合、2つの A , B 遺伝子が補足的に働いて高度抵抗性を示す場合や2つの A , B 遺伝子が同じ方向に働いて、優性遺伝子間に累積効果のない重複遺伝子などを仮定すると、中度抵抗性を示す表現型が分離しないことになり説明できない。また、 A と B が抵抗性に関与し、同義遺伝子として相加的に働くような場合を仮定すると、二つあるいは三つの山を持つ単純な分布を示さないことからここでは適合しない。このようなことから抵抗性の異なる2つの抵抗性遺伝子、すなわち高度抵抗性遺伝子 (Pl_1) と中度抵抗性遺伝子 (Pl_2) を想定し、 Pl_1 は Pl_2 に対して上位であるとする概念を導入することでよく説明できることがわかった。

2つの遺伝子の遺伝子間の働きあいによる遺伝様式には多くのモデルが示されている。本試験で得られた遺伝様式と同様の例として犬の体色の例があげられているが (Hartl and Maruyama 1968), このような遺伝様式が耐病性の遺伝様式として明解に解析された例は他に見当たらなかった。

輪斑病抵抗性がここで提唱された遺伝様式をとると、想定される全部の遺伝子型は9種類で、表現型は3種類となる。そして、‘やぶきた’ など罹病性品種に9種類の遺伝子型を交配すると、その F_1 の抵抗性 (表現型) は高度抵抗性遺伝子 Pl_1 と中度抵抗性遺伝子 Pl_2 の相互作用によりそれぞれ特有の分離比を示す (図

23)。従って、罹病性の‘やぶきた’に遺伝子型が未知の品種を交配し、そのF₁の分離比を検定すれば、逆に遺伝子型が推定できる。

そこで、次節では遺伝子型の異なる組合せにおいてここで提唱した遺伝様式に矛盾がないか検証する。

第2節 交雑後代における輪斑病抵抗性の遺伝様式の検定

前節で明らかにした *P.longiseta* に対するチャの輪斑病抵抗性の遺伝様式を種々の遺伝子型をもった品種について検証するため育種事業の中で実施している交配実生群を使って試験を行った。

a 材料および方法

罹病性品種‘やぶきた’あるいは‘あさつゆ’に12の品種あるいは系統を交配し、そのF₁個体に輪斑病分生子の人為接種検定を行って表現型の分離比から交配親に用いた片親の品種・系統の輪斑病抵抗性の遺伝子型を解析した。

更に、ここで遺伝子型を明らかにした品種・系統を供試し、15の抵抗性の異なる交配組合せについてF₁の輪斑病抵抗性検定を行い、その分離比を χ^2 検定して各組合せの適合度から先に推定した品種・系統の遺伝子型の妥当性を検証した。

b 結果

12組合せについてF₁の表現型の分離比を図23で示した分離比のモデルに当てはめ、期待される分離比を求めた。そして実際の表現型の分離比について χ^2 検定を行い、期待される分離比への適合度を検定した。得られた12品種／系統の輪斑病抵抗性の遺伝子型を表41に示した。

‘F₁10115’×‘あさつゆ’の組合せなど一部適合度の低い組合せも認められたが、いずれも $P > 0.05$ 以上であったことから、観察値は期待される分離比に適合していると思なしてよいことが分かった。これによりR : M = 1 : 1に分離した

	遺伝子型 (表現型)		F ₁ の分離比		
	<i>PlPl</i> — —	————→	R	M	S
	(高度抵抗性)	←-----	1	0	0
	<i>Plpl₁Pl₂Pl₂</i>	————→	1	1	0
	(高度抵抗性)	←-----			
	<i>Plpl₁Pl₂pl₂</i>	————→	2	1	1
	(高度抵抗性)	←-----			
やぶきた ×	<i>Plpl₁pl₂pl₂</i>	————→	1	0	1
<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>	(高度抵抗性)	←-----			
	<i>pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>	————→	0	1	0
	(中度抵抗性)	←-----			
	<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>	————→	0	1	1
	(中度抵抗性)	←-----			
	<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>	————→	0	0	1
	(罹病性)	←-----			

図 23 輪斑病抵抗性の遺伝子型とそれに対応する表現型
 実線は F₁の表現型の理論的分離比。
 波線は F₁の理論的分離比から推定される遺伝子型。

表 41 輪斑病抵抗性検定に用いた交配親の表現型と遺伝子型

品 種 名 (推定遺伝子型)	検定した組合せ	観察値			期待分離比			P (χ^2 値)
		R	M	S	R	M	S	
べにたちわせ (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	やぶきた×べにたちわせ (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	43	30		1	1		0.3<P<0.4 (2.315)
さつまべに (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	やぶきた×さつまべに (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	8	8		1	1		— (0)
ひめみどり (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	やぶきた×ひめみどり (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	20	17		1	1		0.8<P<0.9 (0.243)
S 6 (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	やぶきた×S 6 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	12	9	6	2	1	1	0.6<P<0.7 (0.935)
枕在 81-8 (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	やぶきた×枕在 81-8 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	21	12		1	1		0.2<P<0.3 (2.455)
さえみどり (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	やぶきた×さえみどり (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)			71			1	— (0)
F ₁ 10115 (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	F ₁ 10115×あさつゆ (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	28	7	7	2	1	1	0.05<P<0.1 (4.667)
静在 16 (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	やぶきた×静在 16 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	14		13	1		1	P>0.95 (0.037)
枕崎 13号 (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	やぶきた×枕崎 13号 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	62		85	1		1	0.1<P<0.2 (3.598)
あさつゆ (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	やぶきた×あさつゆ (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)			57			1	— (0)
枕系 29-5 (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	やぶきた×枕 29-5 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	27	11	13	2	1	1	0.7<P<0.8 (0.568)
めいりよく (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	やぶきた×めいりよく (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)		15	13		1	1	0.4<P<0.5 (0.143)

注： χ^2 値が 0 の場合は適合していることは明白なため検定は行わなかった。

‘べにたちわせ’，‘さつまべに’ および，‘ひめみどり’ の遺伝子型は $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$ と推定された。次に， $R : M : S = 2 : 1 : 1$ に分離した ‘S 6’，‘F₁10115’ および ‘枕系 29-5’ の遺伝子型は $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$ と推定された。また， $R : M = 1 : 1$ に分離した ‘枕在 81-8’ の遺伝子型は $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$ ， $R : S = 1 : 1$ に分離した ‘静在 16’ および ‘枕崎 13 号’ の遺伝子型は $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ ， $M : S = 1 : 1$ に分離した ‘めいりよく’ の遺伝子型は $pl_1pl_1Pl_2pl_2$ ，そしてすべて罹病性になった ‘さえみどり’ と ‘あさつゆ’ の遺伝子型は $pl_1pl_1pl_2pl_2$ と推定された。

次に，遺伝子型の組合せが異なる 15 組の F₁ における輪斑病抵抗性の検定では，期待される表現型の分離比は両親の遺伝子型が明らかになっているため容易に求められる。このようにして求められた分離比に対する F₁ の表現型の分離比は， χ^2 検定で適合度が最も低い ‘ゆたかみどり’ × ‘枕系 29-5’ の組合せでも $P > 0.2$ であったことから，ここで供試した 15 組合せはいずれも観察値が理論値によく適合することが確かめられた (表 42)。

これにより表 36 で推定された品種・系統の輪斑病抵抗性の遺伝子型は矛盾がないことが検証できた。

以上の結果からチャ輪斑病抵抗性は 2 種の優性な抵抗性遺伝子である高度抵抗性遺伝子 (Pl_1) と中度抵抗性遺伝子 (Pl_2) によって支配されており， Pl_1 は Pl_2 に対して上位であるとする仮説をよく説明できることが明らかになった。

c 考 察

P. longiseta に対するチャの輪斑病抵抗性の遺伝様式は抵抗性の異なる 2 つの優性遺伝子によって説明できることを明らかにした。ここで用いた抵抗性の遺伝子記号は *Peatalotiopsis longiseta* にちなんで命名したものである。

2 つの優性で抵抗性の異なる遺伝子 Pl_1 ， Pl_2 の相互作用により支配されているチャの輪斑病抵抗性の表現型は高度抵抗性，中度抵抗性，罹病性の 3 種類だけであるが，対応する遺伝子型は 9 種類ある。すなわち，① $Pl_1Pl_1Pl_2Pl_2$ ，② $Pl_1Pl_1Pl_2pl_2$ ，③ $Pl_1Pl_1pl_2pl_2$ ，④ $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$ ，⑤ $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$ ，⑥ $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ (以上は表現型で高度抵抗性

表 42 輪斑病抵抗性の遺伝子型が異なる品種組合せF₁における表現型の分離比の検定

交配組合せ (遺伝子型)	観 察 数			期待される分離比			P (χ^2 値)
	R	M	S	R	M	S	
べにたちわせ×さやまかおり (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	27	13		3	1		0.5<P<0.6 (1.200)
やまとみどり×さつまべに (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	29	14		3	1		0.5<P<0.6 (1.311)
ひめみどり × S 6 (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	14	5		3	1		0.95<P (0.017)
ゆたかみどり×枕在 81-8 (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)	8	2		3	1		0.9<P<0.95 (0.133)
Z 1 × さえみどり (<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	77	75		1	1		0.95<P (0.026)
かなやみどり×F ₁ 10115 (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	40	7	7	6	1	1	0.95<P (0.025)
枕系 29-20 × あさつゆ (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	26	13	15	2	1	1	0.8<P<0.9 (0.223)
ゆたかみどり×枕系 29-5 (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	31	19	12	4	3	1	0.2<P<0.3 (3.108)
やまとみどり×めいりよく (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)	21	10	12	2	1	1	0.9<P<0.95 (0.209)
静在 16 × 枕崎 13 号 (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	69		21	3		1	0.9<P<0.95 (0.133)
さやまかおり×枕崎 13 号 (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)	79		24	3	1		0.9<P<0.95 (0.159)
さえみどり × 枕系 37-18 (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>)		75			1		P>0.99 (0)
ゆたかみどり×ゆたかみどり (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>)		6	2		3	1	— (0)
ゆたかみどり×さえみどり (<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)		27	28		1	1	P>0.95 (0.009)
やぶきた × あさつゆ (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>) (<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>)			57			1	— (0)

注：‘さやまかおり’，‘Z 1’，‘かなやみどり’，‘やまとみどり’の遺伝子型は表 40 参照。

を示す), ⑦ $plplPlPl$, ⑧ $plplPlpl$ (以上は表現型で中度抵抗性), ⑨ $plplplpl$ (表現型は罹病性) である。これら 9 種類の遺伝子型による組合せ数は交配の向き, すなわちどちらを種子親にしても同じとして数えると, 45 通りあるが, Pl 遺伝子をホモにもつ組合せを除くと 21 通りの組合せとなる。ここではそのうちの 15 通りの組合せについて実際の品種育成途上の材料を使って検討した結果, いずれもの組合せも F_1 分離比と理論比がよく適合したことから, 前節で示した抵抗性の遺伝様式が矛盾なく説明できることが確かめられた。これにより仮説としてたてた遺伝様式の正当性がほぼ証明されたものと思われる。

耐病性を支配する遺伝子で上位性が関与している例として春小麦 (Mornhinweg *et al.* 1995) の例があるが, 耐病性においてここで示したような 2 つの優性遺伝子間の上位, 下位性による遺伝様式を世代を重ねて明解に証明できた例はほとんど見当たらず貴重な事例ではないかと思われる。

第 3 節 チャ遺伝資源の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型の検証

チャ遺伝資源として保存しているアッサム種, 中国種を対象に *P.longiseta* によって起こるチャの輪斑病抵抗性について遺伝子型を解析し, 変種間および導入地域による違いを検討した。また, わが国の主要な育成品種について輪斑病抵抗性の遺伝子型を解析し, これまで育種で主に用いられてきた母本との関係について検討した。

a 材料および方法

インド, バングラディシュ, 中国, 台湾, 日本などの国および地域から種子で収集し, 育成した 394 系統, 日本在来種から直接あるいは交雑によって育成された育成品種 43 品種およびアッサム種と日本在来種との変種間交雑種 (アッサム雑種) 51 系統を, 主に 'やぶきた' に交配して分離集団を育成し, この F_1 個体に *P.longiseta* の分生子を接種して F_1 世代の輪斑病に対する表現型の分離比と両親の表現型から親となった品種・系統の遺伝子型を推定した。

優性の高度抵抗性遺伝子 (Pl_1) をホモに持つ系統 (遺伝子型は $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$, $Pl_1Pl_1Pl_1pl_1$, $Pl_1Pl_1pl_1pl_1$) は 'やぶきた' などの罹病性品種と交配してもその F_1 はすべて高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を1つ持つために表現型は必ず高度抵抗性を示し, F_1 では表現型の分離が起こらない。このためこのような品種では罹病性品種と交配しても F_1 世代では $Pl_1 - pl_1$ の遺伝子構成が解析できない。そこでこれらの遺伝子型をここでは一括して $Pl_1Pl_1_ _$ と表記した。

b 結果

チャ遺伝資源の輪斑病抵抗性の遺伝子型を表 43 に示した。

日本在来種および中国導入種などの中国種 (*var.sinensis*) は7種類すべての遺伝子型に対応していたが, インドその他の国から導入したアッサム種 (*var.assamica*) は非常に限られた遺伝子型だけが認められた。アッサム種では, 高度抵抗性を示した系統のうち, その72%が高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をホモに持っていた。これに対し中国導入種は, 第2章第3節で明らかにしたように, 表現型はアッサム種と同様に98%が高度抵抗性を示したが, Pl_1 をホモに持つ割合は51%と低かった。また, 日本在来種は表現型で高度抵抗性を示す系統が62あったが, Pl_1 遺伝子をホモに持つ系統は12 (17.6%) と少数であった。このため日本在来種では80%以上の系統は Pl_1 遺伝子を1つ (ヘテロ) 持つことによって高度抵抗性を発現していた。

形態的には小葉系で中国種に分類されるインドのダージリンの Cd 系統群は, 供試したすべての系統が輪斑病に対して表現型では高度抵抗性を示し, その遺伝子型では Pl_1 をホモに持つものが多かった。このことから Cd 系統はアッサム種の影響をかなり強く受けている雑種と考えられた。

台湾ヤマチャの系統はすべて Pl_1 遺伝子をホモに持っており, 非常に斉一な集団であった。

中国種の中で育成品種として分類したグループはすべて日本在来種を中心に育成された煎茶用品種である。43の育成品種のうち11品種 (25.6%) が罹病性で

表 43 チャ遺伝資源の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型

種 類	高度抵抗性				中度抵抗性		罹病性	合 計
	<i>Pl₁Pl₁</i>	<i>Pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>	<i>Pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>	<i>Pl₁pl₁pl₂pl₂</i>	<i>pl₁pl₁Pl₂Pl₂</i>	<i>pl₁pl₁Pl₂pl₂</i>	<i>pl₁pl₁pl₂pl₂</i>	
【アッサム種】								
アッサム系導入種	96	28	1	4				129
台湾ヤマチャ	11							11
【中国種】								
インド小葉種	23	6						29
中国導入種	42	30	2	9	1	5	1	90
日本在来種	12	29	17	4	8	8	1	79
育成品種	3	11	3	9		6	11	43
【アッサム雑種】	6	18	3	9	4	6	5	51

注：アッサム系導入種；Ai, Ak, IND (以上インド), PKS (バングラディッシュ), SRL (スリランカ), BUM (ミャンマー), Boh (マレーシア).

インド小葉種；Cd (インド, ダージリン).

中国導入種；Ch, Ck, Cm, Cn, Cp (中国).

日本在来種；日本在来種・ヤマチャ.

育成品種；日本在来種由来の煎茶用育成品種および系統.

アッサム雑種；アッサム種と日本在来種の交雑種.

あり，日本在来種の平均である 16 % と比べるとその比率が高かった。

アッサム雑種は交雑育種により日本在来種とアッサム種から人為的に作られた集団であるが，7つの遺伝子型すべてに対応していた。各遺伝子型に対する頻度分布では，アッサム種と日本在来種の中間の分布を示した。また，表現型で高度抵抗性を示した系統は大部分が Pl_1 遺伝子を 1 つ（ヘテロ）に持つことによって高度抵抗性を発現していた。

c 考 察

チャ遺伝資源の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型の解析を行った。輪斑病抵抗性に対する各遺伝子型の頻度分布では，日本在来種および中国からの導入種の変異が大きく，7つの遺伝子型すべてに対応していた。アッサム種は遺伝子型の変異が極めて小さく（武田 1997, 1998, 1999），第 2 章第 3 節でみたように 98 % 以上の系統が表現型で高度抵抗性を示した。また，その遺伝子型は多くの場合，高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をホモに持っていることが明らかになった。一方，中国からの導入種は表現型ではアッサム種と同様に 98 % が高度抵抗性を示したが，遺伝子型では Pl_1 遺伝子をホモに持つ系統が 50 % 程度に低下し，遺伝子型の面からみるとアッサム種と大きな違いが認められた。インドのダージリンの Cd 系統群は新葉の毛茸特性（武田ら 1993）や成葉の色（武田ら 1992），花器形態（鳥屋尾・武田 1999）などでアッサム種の影響が認められているが，輪斑病抵抗性に対する遺伝子型でもアッサム種の影響が強く認められた。

わが国の育成品種はその大部分が煎茶用品種であり，日本在来種からの直接選抜あるいは日本在来種同士の交雑によって育成されたものである（淵之上 1986）。供試した 43 品種中 26 品種が高度抵抗性を示し，罹病性品種は 11 品種であった。しかし，罹病性品種の中には「やぶきた」，「あさつゆ」，「おくゆたか」，「さえみどり」，「ふくみどり」，「とよか」などの主要品種が含まれており，わが国の栽培面積の 80 % 以上，実生の在来種茶園を除けば約 90 % の品種茶園はこのような罹病性品種で占められていることになる（日本茶業中央会 1999）。このような

ことから輪斑病に抵抗性のある優良品種の育成が望まれている。

これまでわが国の緑茶用品種の育種では、品質が優良な‘やぶきた’あるいは‘あさつゆ’など輪斑病に罹病性の品種が多く交配母本に用いられてきた（古野1996）。このため育成された優良品種の多くが罹病性を示すことになったが、最近では‘やぶきた’以外の品種が交配母本として用いられることが多くなり、輪斑病抵抗性育種を意識したものではなかったが結果として抵抗性品種が育成されるようになってきた。

育成アッサム雑種はアッサム種と日本在来種のF₁であるが、遺伝子型の変異が大きく、罹病性品種も認められている。特に、*Pl₁* 遺伝子をホモに持つ系統の割合はアッサム種よりもかなり低く、高度抵抗性系統の大部分は *Pl₁* 遺伝子を1つ持つような遺伝子型であった。

高度抵抗性遺伝子 *Pl₁* の出現頻度は変種間で大きく異なり、アッサム種、中国導入種、日本在来種の順に低くなる一種の形質傾斜が認められた。アッサム種の高度抵抗性系統は大部分が *Pl₁* 遺伝子をホモに持っていたが、日本在来種ではその多くが *Pl₁* 遺伝子をヘテロに持つことによって高度抵抗性を発現しており、遺伝子構成が異なっていた。

第4節 輪斑病高度抵抗性遺伝子 *Pl₁* をホモに持つ遺伝子型の検定

チャの品種の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型は、罹病性品種（‘やぶきた’など、遺伝子型；*pl₁pl₁pl₁pl₁*）と交配し、そのF₁世代の表現型の分離から交配親の遺伝子型が推定できる。しかし、既述したように高度抵抗性遺伝子 *Pl₁* をホモに持つ品種ではどのような遺伝子型を持つ品種を交配してもF₁世代はすべて *Pl₁* 遺伝子を1つ以上持つことになりすべてのF₁個体の表現型は常に高度抵抗性を示し、*Pl₁ - pl₂* 遺伝子の構成が解析できない。高度抵抗性遺伝子（*Pl₁*）と中度抵抗性遺伝子（*Pl₂*）の組合せによって構成される遺伝子型は9種類あるが、上記のような理由から高度抵抗性遺伝子 *Pl₁* をホモに持つ遺伝子型（*Pl₁Pl₁Pl₁Pl₁*, *Pl₁Pl₁Pl₁pl₂*,

PlPl₁pl₁pl₁) に対応する品種がこれまで明らかにされていない。このため本章第1節で提唱した輪斑病抵抗性の遺伝様式の妥当性が完全には説明されているとは言い難い。

そこで、本節では高度抵抗性遺伝子をホモに持つ3つの遺伝子型を解析し、対応する品種の検索を行った。

a 材料および方法

高度抵抗性の表現型で遺伝子型が *PlPl* _ _ を示す7品種（べにひかり，三叉枝蘭，PKS292，Ace37，Abo27，IRN17，IND75）を供試し，次の手順で輪斑病抵抗性に関する遺伝子型を解析した（図24）。

（1）‘やぶきた’に7品種を交配し，それぞれの組合せでF₁個体を養成する。

（2）各組合せで得られたF₁個体を更に‘やぶきた’に戻し交雑し，戻し交雑第1代（BC₁）を養成する。

（3）BC₁世代の各個体について輪斑病抵抗性の検定を行い，親となったF₁個体ごとにBC₁世代の表現型の分離比を検討してそれぞれのF₁個体の遺伝子型を決定する。

（4）F₁世代の各個体の遺伝子型の分離比から親（P）として用いた品種・系統の遺伝子型を推定する。

b 結果

代表的な3品種（べにひかり，Ace37，Abo27）の解析結果について図25に示した。

‘やぶきた’×‘べにひかり’ではF₁で21個体を養成し輪斑病抵抗性の検定を行うとともに，それぞれのF₁個体を‘やぶきた’に戻し交雑（‘やぶきた’×各F₁個体）を行った。そして，それぞれの組合せでBC₁世代を15～50個体得た（データ省略）。BC₁世代の輪斑病抵抗性の検定結果から，すべての組合

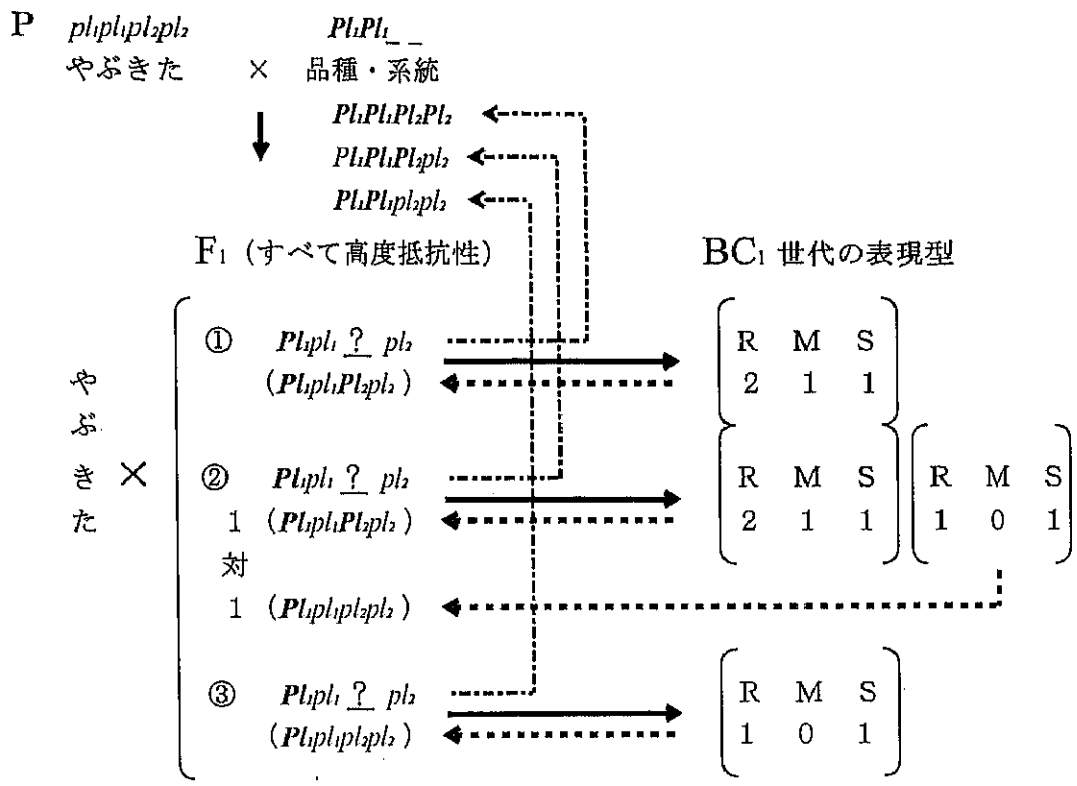


図 24 輪斑病高度抵抗性遺伝子 (Pl_1) をホモに持つ品種の遺伝子型の解析モデル
 実線は観察結果, 破線は推定結果を示す.

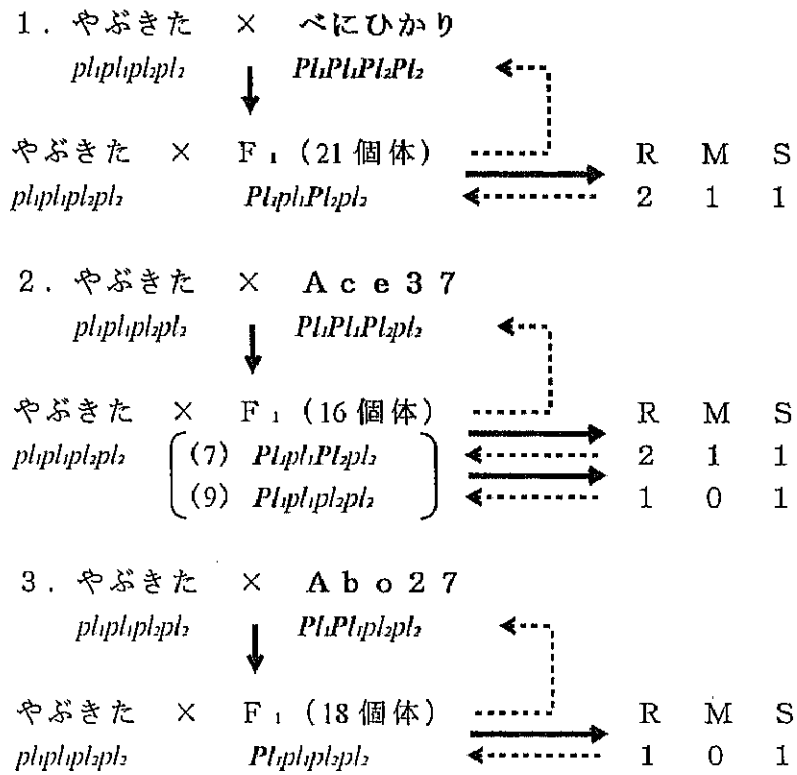


図 25 輪斑病高度抵抗性遺伝子 (PL) をホモに持つ品種の遺伝子型の解析

せで表現型の分離比が $R : M : S = 2 : 1 : 1$ と見なして良い分離結果が得られた。このため F_1 世代の各個体の遺伝子型はすべて同じであり、図 23 からわかるように F_1 個体はすべて $PlphPlph_2$ の遺伝子型であることが推定された。 F_1 個体がすべてこのような遺伝子型をとるためには‘べにひかり’の遺伝子型は中度抵抗性遺伝子 Pl_2 をホモに持つ遺伝子型、 $Pl_2Pl_2Pl_2Pl_2$ が推定された。

‘やぶきた’ × ‘Ace37’ の組合せでは、16 個体の F_1 世代を養成し、‘べにひかり’の場合と同様に‘やぶきた’に戻し交雑を行って BC_1 世代で各組合せとも 19 ~ 30 個体を得た（データ省略）。 BC_1 世代の輪斑病抵抗性の検定結果から、 BC_1 世代の親となった F_1 個体を検討すると、 $R : M : S = 2 : 1 : 1$ の分離と見なして良い個体と、 $R : M : S = 1 : 0 : 1$ の分離と見なして良い個体が観察され、その比は 7 : 9 であった。前者の分離結果を示す F_1 個体の遺伝子型は図 23 のモデルから $PlphPlph_2$ 、後者の遺伝子型を示す遺伝子型は $Plphplph$ と推定された。 F_1 世代の各個体の遺伝子型がこのような 2 種類の遺伝子型に分かれるのは、親 (P) として用いた ‘Ace37’ の遺伝子型が $Pl_2Pl_2Pl_2Pl_2$ の場合だけである。そこで、P 世代の遺伝子型を $Pl_2Pl_2Pl_2Pl_2$ と仮定すると、‘やぶきた’と交配した F_1 世代では 2 つの遺伝子型、 $PlphPlph_2$ 、 $Plphplph$ が 1 : 1 に分離するはずである。実際の観察では 7 : 9 に分離し、ほぼ 1 : 1 の分離と見なしてよい結果が得られた ($p > 0.8$)。この結果、‘Ace37’ の遺伝子型は $Pl_2Pl_2Pl_2Pl_2$ であることで矛盾なく説明ができた。

‘やぶきた’ × ‘Abo27’ の組合せでは、18 個体の F_1 個体を得られ、それぞれの F_1 個体を‘やぶきた’に戻し交雑して各組合せの BC_1 世代において 20 ~ 35 個体得た（データ省略）。 BC_1 世代の輪斑病抵抗性の検定では、すべての組合せで表現型の分離が $R : M : S = 1 : 0 : 1$ と見なして良い結果が得られた。これにより 18 個体の F_1 個体はすべて同一の遺伝子型であり、 $Plphplph$ が推定された。 F_1 個体がすべてこのような遺伝子型をとるためには親 (P) の ‘Abo27’ の遺伝子型は $Pl_2Pl_2pl_2pl_2$ と推定された。

同様の方法で残りの 4 品種・系統を解析した結果、‘三叉枝蘭’、‘PKS292’ の

遺伝子型は‘べにひかり’と同じ $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$ と推定された。‘IRN17’，‘IND75’は‘Abo27’と同様の遺伝子型 $Pl_1Pl_1pl_1pl_1$ であった。

以上の結果から Pl_1 遺伝子をホモに持つ3種の遺伝子型に対応する品種・系統を表44にまとめた。

これによりチャの輪斑病抵抗性に関する9種の遺伝子型について対応する品種をすべて解析することができた。

以上の結果から本章第1節で提唱した *P.longiseta* による輪斑病に対する抵抗性の遺伝様式をすべて矛盾なく説明することができた。

c 考 察

高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をホモに持つ品種（遺伝子型 $Pl_1Pl_1_ _$ ）はどのような遺伝子型の品種を交配しても F_1 世代ではすべて高度抵抗性を示すことから、チャの実際の輪斑病抵抗性育種を行う上ではこれで十分対応できる（武田ら 1996）。しかしながら、前章で提案した輪斑病抵抗性の遺伝様式は、高度抵抗性遺伝子 Pl_1 と中度抵抗性遺伝子 Pl_2 の組合せによって構成されるため遺伝子型は全部で9種類想定される。そのうち Pl_1 遺伝子をホモに持つ次の3つの遺伝子型、 $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$ 、 $Pl_1Pl_1Pl_1pl_1$ 、 $Pl_1Pl_1pl_1pl_1$ が実際に存在し、それに対応する品種があるかどうかを明らかにすることは本章第1節で提唱した輪斑病抵抗性の遺伝様式を完全に証明する上で不可欠なことである。

ここで解析した Pl_1 遺伝子をホモに持つ7品種のうち、人為的な交雑によって育成され、両親が明らかなのは‘べにひかり’だけである。この品種は‘べにかおり’×‘Cn1’の組合せから育成されたものであるが（安間ら 1970）,’べにかおり’の遺伝子型が $Pl_1pl_1Pl_1Pl_1$ であり,’Cn1’の遺伝子型が $Pl_1pl_1Pl_1pl_1$ であることから（武田ら 1996）,’ Pl_1 、 Pl_2 遺伝子をそれぞれ両親から1つずつ受け継いで $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$ の遺伝子構成になった。

ここでは Pl_1 遺伝子をホモに持つ被検定品種を罹病性の‘やぶきた’と交配し F_1 個体を得た。罹病性品種‘やぶきた’と交配することで F_1 個体はいずれも Pl_1

表 44 *Pl* 遺伝子をホモに持つ品種の遺伝子型

遺 伝 子 型	対応する品種・系統
<i>PlPlPl₂Pl₂</i>	べにひかり, 三叉枝蘭, PKS 292
<i>PlPlPl₂pl₂</i>	Ace 37
<i>PlPlpl₂pl₂</i>	Ab o 27, IRN 17, IND 75

遺伝子をホモに持つことはなくなる。そこで、これらのF₁個体をもう一度‘やぶきた’に戻し交雑をしてBC₁世代を獲得し抵抗性の検定を行えば、BC₁世代は輪斑病抵抗性の検定で分離が生じることからその分離比によりF₁世代各個体の遺伝子型を推定できる。次に、F₁個体の遺伝子型の分離結果から被検定親(P)の遺伝子型が推定できる。戻し交雑の手法はイネのいもち病の各レースに対する遺伝子型の推定でも用いられるなど遺伝子型の解析には有力な手段である(鳥山ら 1983)。遺伝解析を行うためには、各組合せの個体数を解析可能な数量確保する必要がある。チャ輪斑病抵抗性の場合、‘やぶきた’に各種の遺伝子型を交配して一つの表現型が出る最小の確率は1/4である。従って、このような表現型を5個体期待するためには最低20個体以上が必要になる。このためPl₁遺伝子をホモに持つ品種をここで行ったような戻し交雑法で解析するためには2世代、8年以上の年月と最低でも400個体以上を必要とする。

そこで、本試験では7品種の解析に留まったが、Pl₁遺伝子をホモに持つ3つの遺伝子型に対応する品種が確認されたことでこれまでの輪斑病抵抗性に関する遺伝様式は支持された。これらのデータは今後輪斑病抵抗性をDNAレベルで解析を行う上でも非常に有益な情報を提供するものと思われる。

第5節 主要品種の輪斑病抵抗性に関する表現型と遺伝子型

P.longiseta に対するチャの輪斑病抵抗性の品種間差異は明瞭であり、遺伝子型も罹病性品種と交配し、そのF₁個体の表現型の分離比を検定することで解析できる。遺伝子型がわかれば、輪斑病抵抗性育種を計画的に進めることが可能となり育種的大幅な効率化が図られる。ここでは交配母本として使用されている主要な品種・系統について輪斑病抵抗性に対する表現型と遺伝子型を解析した。

a 材料および方法

主要な88品種・系統について輪斑病抵抗性に対する遺伝子型を解析するために罹病性品種(遺伝子型; *pl₁pl₁pl₁pl₁*)に交配し、F₁個体に*P.longiseta* 菌の分生子

を接種して、病斑の大きさから高度抵抗性 (R), 中度抵抗性 (M), 罹病性 (S) に分け、それら表現型の分離比から親の遺伝子型を解析した。

b 結 果

チャの主要品種・系統 88 のうちすでに遺伝子型を明らかにした 21 を除いた 67 について罹病性品種に交配して得られた分離集団の輪斑病抵抗性検定の結果を表 45 に示した。

表 45 の分離結果より推定された主要品種および系統の遺伝子型とこれに対応する表現型を表 46 に示した。

高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を 2 つ (ホモ) 持つ遺伝子型の品種は、 F_1 世代では常に Pl_1 遺伝子を 1 つ以上持つことから表現型は必ず高度抵抗性を示す。このため中度抵抗性に関与する遺伝子 ($Pl_2 - pl_2$) の働きが表現型に反映されないため解析できない。そこで、そのような品種の遺伝子型を $Pl_1Pl_1 _ _$ と表示した。このため $Pl_1Pl_1 _ _$ 遺伝子型は $Pl_1Pl_1Pl_2Pl_2$, $Pl_1Pl_1Pl_2pl_2$, $Pl_1Pl_1pl_2pl_2$ の 3 つの遺伝子型を包含している。表現型で高度抵抗性を示す遺伝子型は高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を 1 つ以上持つことが必要であり、 $Pl_1Pl_1 _ _$, $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$, $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$, $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ の 4 つ遺伝子型が対応する。表現型で中度抵抗性を示す場合、 Pl_1 遺伝子を持たないで、中度抵抗性遺伝子 Pl_2 遺伝子をホモあるいはヘテロで持つ場合である。表現型で罹病性を示す場合は 2 種の抵抗性遺伝子 Pl_1 , Pl_2 を持たない遺伝子型が対応する。

遺伝子型 $Pl_1Pl_1 _ _$ を持つ品種は 'べにほまれ', 'べにひかり', 'べにふうき', 'いんど', 'べにふじ', '印雑 131', 'ただにしき' などの紅茶用品種として育成されたアッサム雑種と '大葉烏龍', '三叉枝蘭', '青心大ばん', '黄柑' などの台湾のウーロン茶用品種および 'ふうしゅん', 'みなみさやか', 'くりたわせ' などの緑茶用品種が含まれていた。この中で日本在来種だけに由来する品種は 'ふうしゅん' と 'くりたわせ' だけであり、この遺伝子型に含まれる品種は海外遺伝子を導入した品種が中心であった (表 46)。

表現型が抵抗性で、 $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$ の遺伝子型を持つ品種は 'やぶきた' のような

表 45 罹病性品種との交雑F₁における主要品種および系統の輪斑病抵抗性の表現型の分離

組 合 せ (抵抗性)				観 察 値			理論度数			χ^2
				R	M	S	R	M	S	
やぶきた	(S)	べにほまれ	(R)	59			1	0	0	0
やぶきた	(S)	べにふうき	(R)	14			1	0	0	0
やぶきた	(S)	いんど	(R)	19			1	0	0	0
やぶきた	(S)	印雑131	(R)	31			1	0	0	0
やぶきた	(S)	べにふじ	(R)	25			1	0	0	0
やぶきた	(S)	ただにしき	(R)	24			1	0	0	0
さえみどり	(S)	ふうしゅん	(R)	192			1	0	0	0
やぶきた	(S)	くりたわせ	(R)	9			1	0	0	0
やぶきた	(S)	みなみさやか	(R)	9			1	0	0	0
やぶきた	(S)	からべに	(R)	9			1	0	0	0
やぶきた	(S)	大葉烏龍	(R)	29			1	0	0	0
やぶきた	(S)	三叉枝蘭	(R)	123			1	0	0	0
やぶきた	(S)	青心大ぼん	(R)	10			1	0	0	0
やぶきた	(S)	黄柑	(R)	16			1	0	0	0
やぶきた	(S)	あかね	(R)	51	50		1	1	0	0.01
やぶきた	(S)	ほうりよく	(R)	27	30		1	1	0	0.16
やぶきた	(S)	べにかおり	(R)	42	44		1	1	0	0.05
やぶきた	(S)	やえほ	(R)	20	13		1	1	0	1.48
やぶきた	(S)	みよし	(R)	6	7		1	1	0	0.08
やぶきた	(S)	いずみ	(R)	24	20		1	1	0	0.36
やぶきた	(S)	たかちほ	(R)	15	21		1	1	0	1.00
やぶきた	(S)	うんかい	(R)	17	29		1	1	0	3.13
やぶきた	(S)	たまみどり	(R)	14	13		1	1	0	0.04
やぶきた	(S)	あさぎり	(R)	11	14		1	1	0	0.36
やぶきた	(S)	ひめみどり	(R)	20	17		1	1	0	0.24
やぶきた	(S)	やまなみ	(R)	13	11		1	1	0	0.17
やぶきた	(S)	こまかげ	(R)	8	5		1	1	0	0.69
やぶきた	(S)	おくひかり	(R)	8	10		1	1	0	0.22
やぶきた	(S)	星野緑	(R)	21	18		1	1	0	0.23
やぶきた	(S)	金谷15号	(R)	32	15		1	1	0	3.92
やぶきた	(S)	枕崎4号	(R)	8	6		1	1	0	0.29
やぶきた	(S)	枕崎5号	(R)	6	10		1	1	0	1.00
やぶきた	(S)	はつもみじ	(R)	35	13	10	2	1	1	4.18
やぶきた	(S)	ろくろう	(R)	42	18	18	2	1	1	0.46
やぶきた	(S)	こやにし	(R)	39	28	20	2	1	1	2.40
やぶきた	(S)	しゅんめい	(R)	13	7	8	2	1	1	0.21
やぶきた	(S)	枕崎7号	(R)	33	15	20	2	1	1	2.79
やぶきた	(S)	枕崎8号	(R)	16	11	5	2	1	1	2.25
やぶきた	(S)	ME52	(R)	29	15	19	2	1	1	0.91
やぶきた	(S)	Nka-O-3	(R)	28	13	16	2	1	1	0.33

注: $\chi^2(2, 0.90) = 0.21$, $\chi^2(2, 0.50) = 1.39$, $\chi^2(2, 0.10) = 4.61$

表 45 罹病性品種との交雑F₁における主要品種および系統の輪斑病抵抗性の表現型の分離 (続き)

組 合 せ (抵抗性)				観 察 値			理論度数			χ^2
				R	M	S	R	M	S	
やぶきた	(S)	するがわせ	(R)	60		42	1	0	1	3.17
やぶきた	(S)	みなみかおり	(R)	14		14	1	0	1	0
やぶきた	(S)	さとうわせ	(R)	27		22	1	0	1	0.51
やぶきた	(S)	おおいわせ	(R)	3		5	1	0	1	0.50
おくみどり	(R)	おくゆたか	(S)	60		43	1	0	1	2.81
やぶきた	(S)	あさのか	(R)	6		9	1	0	1	0.60
やぶきた	(S)	金谷7号	(R)	37		29	1	0	1	0.97
やぶきた	(S)	埼玉9号	(R)	45		42	1	0	1	0.10
やぶきた	(S)	宮系2号	(R)	30		33	1	0	1	0.14
やぶきた	(S)	枕崎11号	(R)	30		20	1	0	1	2.00
やぶきた	(S)	枕崎16号	(R)	23		26	1	0	1	0.18
やぶきた	(S)	NN27	(R)	14		7	1	0	1	2.33
やぶきた	(S)	牧園大茶樹	(M)		10		0	1	0	0
やぶきた	(S)	枕崎1号	(M)		57		0	1	0	0
やぶきた	(S)	長崎2号	(M)		10		0	1	0	0
やぶきた	(S)	みねかおり	(M)		7	6	0	1	1	0.08
やぶきた	(S)	くらさわ	(M)		20	29	0	1	1	1.65
やぶきた	(S)	やまかい	(M)		12	5	0	1	1	2.88
やぶきた	(S)	雲竜茶	(M)		10	6	0	1	1	1.00
やぶきた	(S)	Nka-O-278	(M)		17	14	0	1	1	0.29
やぶきた	(S)	枕崎18号	(M)		32	18	0	1	1	3.92
やぶきた	(S)	枕崎23号	(M)		37	37	0	1	1	0
やぶきた	(S)	とよか	(S)			21	0	0	1	0
やぶきた	(S)	おくむさし	(S)			17	0	0	1	0
さやまみどり	(S)	なつみどり	(S)			16	0	0	1	0
やぶきた	(S)	三重260号	(S)			12	0	0	1	0
やぶきた	(S)	金谷5号	(S)			21	0	0	1	0

表 46 主要品種および系統の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型

表現型	遺伝子型	品 種 ・ 系 統 名
高度 抵抗性 (R)	$Pl_1Pl_1_ _$	べにほまれ べにひかり べにふうき いんど べにふじ 印雑 131 ただにしき ふうしゅん くりたわせ みなみさやか からべに 大葉烏龍 三叉枝蘭 青心大ばん 黄柑
	$Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$	べにたちわせ あかね ほうりよく さつまべに べにかおり やえほ みよし いずみ たかちほ うんかい たまみどり あさぎり ひめみどり やまなみ こまかげ おくひかり Z 1 星野緑 金谷 15号 枕崎 4号 枕崎 5号
	$Pl_1pl_1Pl_1pl_2$	はつもみじ ろくろう こやにし しゅんめい S 6 枕崎 7号 枕崎 8号 ME 52 Nka-O-3
	$Pl_1pl_1pl_1pl_2$	さやまかおり やまとみどり するがわせ おくみどり NN27 みなみかおり さとうわせ かなやみどり あさのか 静在 16 おおいわせ 埼玉 9号 金谷 7号 宮系 2号 枕崎 11号 枕崎 13号 枕崎 16号
中度 抵抗性 (M)	$pl_1pl_1Pl_2Pl_2$	牧園大茶樹 枕崎 1号 長崎 2号
	$pl_1pl_1Pl_2pl_2$	ゆたかみどり めいりよく ふじみどり みねかおり 雲竜茶 くらさわ やまかい Nka-O-278 枕崎 18号 枕崎 23号
罹病性 (S)	$pl_1pl_1pl_1pl_2$	やぶきた あさつゆ さえみどり とよか さやまみどり おくゆたか おくむさし なつみどり ほくめい ふくみどり はるみどり 三重 260号 金谷 5号

罹病性品種と交配するとそのF₁は高度抵抗性と中度抵抗性が1:1に分離する。この遺伝子型には‘べにたちわせ’, ‘あかね’, ‘ほうりよく’, ‘さつまべに’, ‘べにかおり’, ‘いずみ’, ‘うんかい’などのアッサム雑種, ‘たかちほ’, ‘ひめみどり’, ‘たまみどり’, ‘Z1’などの日本在来種および‘やまなみ’の中国導入種後代からの選抜品種が含まれ, *Pl₁* 遺伝子をホモに持つ遺伝子型と同様, 海外導入種との交雑品種が多く含まれた。

表現型が抵抗性で, *Pl₁Pl₁Pl₂Pl₂* の遺伝子型を持つ品種は‘やぶきた’など罹病性品種と交配した場合, そのF₁は高度抵抗性, 中度抵抗性および罹病性が2:1:1に分離する。この遺伝子型を持つ品種/系統は‘はつもみじ’, ‘しゅんめい’, ‘こやにし’, ‘ろくろう’, ‘枕崎7号’, ‘枕崎8号’, ‘ME52’, ‘S6’などで, ‘はつもみじ’を除けばすべて日本の在来種由来の品種である。

表現型が高度抵抗性で, *Pl₁pl₁pl₂pl₂* の遺伝子型を持つ品種は, 罹病性品種との交配によりそのF₁は高度抵抗性と罹病性が1:1に分離する。この遺伝子型には‘さやまかおり’, ‘やまとみどり’, ‘するがわせ’, ‘おくみどり’, ‘かなやみどり’など日本在来種から育成された代表的な高度抵抗性の煎茶用品種が含まれた。

中度抵抗性を示す遺伝子型は, 高度抵抗性遺伝子 *Pl₁* を持たないため *pl₁pl₁Pl₂Pl₂* あるいは *pl₁pl₁pl₂pl₂* のどちらかの遺伝子型である。中度抵抗性遺伝子 *Pl₂* を2つ持つ遺伝子型, すなわち *pl₁pl₁Pl₂Pl₂* は, ‘やぶきた’などの罹病性品種と交配すると, 次代はすべて中度抵抗性を示す。この遺伝子型を持つ品種・系統は少なく, ‘牧園大茶樹’, ‘枕崎1号’, ‘長崎2号’などが該当した。

表現型が中度抵抗性で遺伝子型が *pl₁pl₁Pl₂pl₂* の品種は‘ゆたかみどり’, ‘めいりよく’, ‘ふじみどり’, ‘みねかおり’, ‘くらさわ’など多収性の品種が多くこの遺伝子型に含まれた。この遺伝子型は‘やぶきた’などの罹病性品種との交配によりF₁は中度抵抗性と罹病性が1:1に分離する。

罹病性品種は2種類の優性な抵抗性遺伝子, *Pl₁*, *Pl₂* を持たないため遺伝子型はすべて *pl₁pl₁pl₂pl₂* となる。この遺伝子型には‘やぶきた’, ‘あさつゆ’, ‘さえ

みどり', 'さやまみどり', 'ほくめい', 'おくゆたか', 'はるみどり' など多くの優良な煎茶用品種が含まれた。

c 考 察

わが国で育成された主要な緑茶（煎茶，かまいり茶）および紅茶用品種／系統の輪斑病抵抗性に関する表現型と遺伝子型について明らかにした。病害抵抗性に関与する遺伝子型は選抜指標として重要であり，イネではいもち病（清沢 1974；八重樫ら 1983；；Nomura and Kiyosawa 1992），オオムギでは縞萎縮病（早乙女ら 1990）などの選抜に利用されている。

チャ輪斑病高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をホモに持つ品種の中で 'べにほまれ'，'べにひかり'，'べにふうき'，'いんど'，'べにふじ' などは紅茶用品種として開発されたアッサム雑種であり，いずれも海外から導入した遺伝資源が利用されている。この中で 'べにひかり' は前節で示したとおり Pl_1 遺伝子に関してホモであり，遺伝子型は $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$ である。緑茶用品種の 'みなみさやか' もわずかながら海外導入種の遺伝子を含んでいる（古野ら 1997）。 Pl_1 遺伝子をホモに持つグループの中で日本在来種から育成された品種は 'ふうしゅん' と 'くりたわせ' だけである。これはアッサム種の多くが輪斑病に対して表現型で高度抵抗性を示し，遺伝子型でも高度抵抗性遺伝子 Pl_1 をホモに持つものが 3 / 4 を占めることから，これらを親として育成された品種は日本在来種同士の組合せよりも Pl_1 遺伝子をホモに持つ機会が大きい結果と思われる。 Pl_1 遺伝子をホモに持つ遺伝子型の品種では，交雑後代は必ず高度抵抗性を示すことから選抜時に輪斑病抵抗性の検定が省略できるためその他の対象形質に絞って選抜できることから大幅な効率化が可能となる。

Pl_1 遺伝子をホモに持つ遺伝子型あるいは Pl_1 遺伝子をヘテロに持ち，かつ Pl_1 遺伝子をホモ持つ遺伝子型にはアッサム種や中国（台湾を含む）からの海外導入種が関与している品種が多い。そして Pl_1 遺伝子あるいは Pl_2 遺伝子など優性の遺伝子が脱落していく遺伝子型になるに従って日本の在来種由来の品種の割合が増

えていくのが認められた。このことからわが国の輪斑病抵抗性育種における海外遺伝子の役割が大きいことがわかる。

‘やぶきた’、‘あさつゆ’、‘さえみどり’、‘ふくみどり’、‘おくゆたか’などわが国の主要な煎茶用品種には罹病性の品種が多い。これは、わが国の煎茶用品種はこれまで品質優良な‘やぶきた’あるいは‘あさつゆ’を母本として育種を行ってきた結果である（古野 1996）。罹病性品種の中で‘やぶきた’の血を引くものとして、‘さえみどり’、‘とよか’、‘ふくみどり’、‘ほくめい’、‘はるみどり’などがある。一方、‘あさつゆ’の血を引くものとして‘おくゆたか’がある（淵之上 1986）。

主要な煎茶用品種で表現型が高度抵抗性を示す品種は、‘さやまかおり’、‘おくみどり’、‘かなやみどり’、‘やまとみどり’、‘おおいわせ’などがあるが、これらはすべて高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を1つ持つことによって高度抵抗性を発現していた。

輪斑病抵抗性育種を行う上からは、罹病性品種を片親とした場合、必ず一方の親には抵抗性品種、できれば Pl_1 遺伝子をホモに持つ品種を選択することが望ましい。この場合、特に煎茶用品種の育種では渋味が強いのはマイナス要因となることからアッサム種などよりもカテキン含量の低い日本在来種の中からこのような抵抗性品種を選択するほうが煎茶品質の上からは有利である。このため日本在来種からこのような Pl_1 遺伝子をホモにもつ優良な遺伝資源を発掘することが重要となる。

第6節 育成品種の輪斑病抵抗性による親子検定

チャの品種の中には来歴に疑問の持たれている品種がある。品種育成では多くの個体を扱い、チャのような永年生木本作物では育種に特に長い年月を必要とするためこの間に異品種の混入などが起こることは十分考えられる。一方、チャは葉の大小、雌ずいの形態などを除くと比較的形態的な特徴に乏しいため品種の識別が困難な場合が多い（山口ら 1996）。

そこで、本節では来歴に疑問の持たれているいくつかの品種および類似品種について輪斑病抵抗性の表現型と遺伝子型に基づいて解析を行った。

a 材料および方法

交雑育成品種の‘ゆたかみどり’、‘めいりよく’、‘しゅんめい’、‘おくゆたか’について輪斑病抵抗性の表現型と遺伝子型から見た親子関係について検討した。

また、類似品種として‘かなやみどり’と‘NN12’、‘ろくろう’と‘こやし’、‘ひめみどり’と‘S6’について表現型と遺伝子型の比較を行った。

b 結果

‘ゆたかみどり’、‘おくゆたか’、‘しゅんめい’、‘めいりよく’、‘かなやみどり’および‘NN12’の育成系統図を図26に示した。

‘ゆたかみどり’は‘あさつゆ’の自殖によって育成された品種とされている。‘ゆたかみどり’の表現型は中度抵抗性で、遺伝子型は表46にみられるように $pl_1pl_1Pl_2pl_2$ である。一方、親となった‘あさつゆ’は罹病性のため遺伝子型は $pl_1pl_1pl_1pl_2$ である。このため‘ゆたかみどり’が‘あさつゆ’の自殖とすると‘ゆたかみどり’の Pl_2 遺伝子の由来が説明できないことから、‘あさつゆ’の自殖には疑問がもたれる。

‘おくゆたか’と‘しゅんめい’はともに‘ゆたかみどり’×‘NN8’の組合せによって育成された兄弟品種である。‘NN8’の輪斑病抵抗性は中度抵抗性であることが遺伝資源の抵抗性の評価で確認されているので遺伝子型は $pl_1pl_1PaPl_2$ あるいは $pl_1pl_1Pl_2pl_2$ のいずれかである。一方、‘おくゆたか’は罹病性のため遺伝子型は表46にみられるように $pl_1pl_1pl_1pl_2$ である。‘しゅんめい’は表現型は高度抵抗性を示し、遺伝子型は $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$ である。両品種の親となった品種の遺伝子型を考慮すると、‘NN8’の遺伝子型を $pl_1pl_1Pl_2pl_2$ と仮定すると‘おくゆたか’が生じることは可能であるが、‘しゅんめい’の場合、‘NN8’の遺伝子型を $pl_1pl_1Pl_2Pl_2$

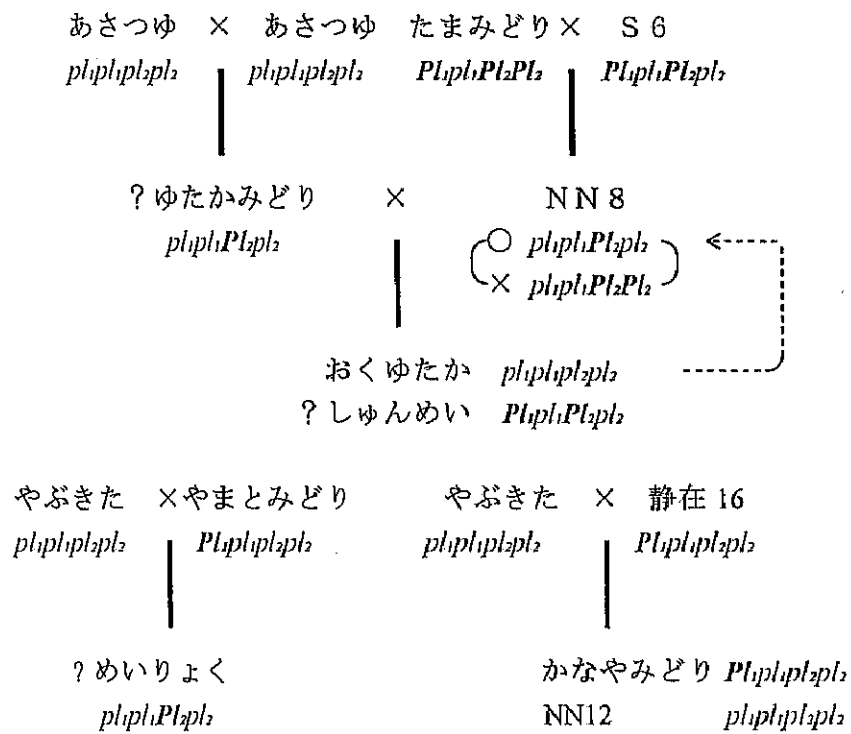


図 26 輪斑病抵抗性の表現型と遺伝子型による親子検定
 ○は後代の遺伝子型から推定された遺伝子型。
 ×は棄却された遺伝子型。
 ?は親子関係に疑問のある品種。

あるいは $pl_1pl_1Pl_1pl_2$ のどちらを仮定しても ‘しゅんめい’ の高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を説明できない。このことから少なくとも ‘しゅんめい’ についてはその来歴が疑われた。

‘めいりよく’ は ‘やぶきた’ (遺伝子型 $pl_1pl_1pl_2pl_2$) と ‘やまとみどり’ ($Pl_1pl_1pl_2pl_2$) の交配によって育成された品種である。‘めいりよく’ の遺伝子型は表 46 に見られるように $pl_1pl_1Pl_1pl_2$ であることから ‘やぶきた’ と ‘やまとみどり’ の組合せでは ‘めいりよく’ の中度抵抗性遺伝子 Pl_2 を説明することができない。

類似品種として ‘かなやみどり’ と ‘NN12’, ‘ひめみどり’ と S 6, ‘こやし’ と ‘ろくろう’ がある。‘かなやみどり’ と ‘NN12’ はともに ‘やぶきた’ × ‘静在 16’ の組合せによって育成された兄弟品種である。‘静在 16’ は輪斑病に高度抵抗性を示し、遺伝子型は $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ である。‘かなやみどり’ の遺伝子型は花粉親の ‘静在 16’ から高度抵抗性遺伝子 Pl_1 を受け継ぎ、 $Pl_1pl_1pl_2pl_2$ の遺伝子型で、表現型は高度抵抗性を示した。一方、‘NN12’ は ‘静在 16’ から pl_1 遺伝子を受け継ぎ、遺伝子型は $pl_1pl_1pl_2pl_2$ 、表現型は罹病性となった。従って、同じ交配組合せから高度抵抗性の ‘かなやみどり’ と罹病性の ‘NN12’ が育成されても矛盾はなく、両品種の識別は輪斑病の表現型で容易に可能である。

‘ひめみどり’ と ‘S 6’ は日本在来種 of 自然交雑種である。遺伝子型は表 46 に見られるように ‘ひめみどり’ が $Pl_1pl_1Pl_2Pl_2$, ‘S 6’ は $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$ であり遺伝子型が異なるため識別可能であるが、表現型はともに高度抵抗性を示すことから輪斑病菌の分生子接種による表現型の検定では識別できない。

‘こやし’ と ‘ろくろう’ はともに遺伝子型が $Pl_1pl_1Pl_2pl_2$ で同じであり、表現型も高度抵抗性を示すことから輪斑病抵抗性では識別できなかった。

c 考 察

来歴に疑問が持たれている交雑育成品種 ‘ゆたかみどり’, ‘しゅんめい’ および ‘めいりよく’ について輪斑病抵抗性の表現型と遺伝子型の面から親子関係を検討した。また、識別が極めて困難な類似品種についても識別を試みた。

‘ゆたかみどり’は早生で多収、強健の品種として南九州の暖地を中心に栽培され、‘やぶきた’に次ぐ品種である（日本茶業中央会 1999）。中度抵抗性品種の‘ゆたかみどり’は表 46 に見られるとおりの遺伝子型は $plplPlpl_2$ である。従って Pl_2 遺伝子は‘あさつゆ’ ($plplplpl_2$) の自殖では説明が出来ないことから花粉親は Pl_2 遺伝子を 1 つ以上持つ次の 4 つの遺伝子型、 $PlplPl_2Pl_2$ 、 $PlplPlpl_2$ 、 $plplPl_2Pl_2$ 、 $plplPlpl_2$ のいずれかを持つ品種が推定される。‘ゆたかみどり’は新葉の毛茸密度が「中」でその長さも日本の在来種よりもやや短いことからアッサム種の影響が認められる。また、フラボノイド成分による分類でもアッサム種に共通の成分が認められている（武田 1983）。このようなことから花粉親はアッサム雑種が有力であり、その遺伝子型は $PlplPl_2Pl_2$ あるいは $PlplPlpl_2$ などの遺伝子型が考えられる。

‘めいりよく’は輪斑病に対する表現型が中度抵抗性を示し、遺伝子型は $plplPlpl_2$ である。‘やぶきた’、‘やまとみどり’の組合せでは中度抵抗性遺伝子 Pl_2 が説明できない。この品種は葉形などの形態が高度抵抗性品種‘Z1’と非常によく似ている。‘Z1’の遺伝子型は表 46 に見られるように $PlplPl_2Pl_2$ であることから‘やぶきた’と‘Z1’の組合せから‘めいりよく’と同じ遺伝子型が得られる確率は $1/2$ であり、十分可能性がある。交配記録をみると、‘めいりよく’の交配が行われた 1959 年には‘やぶきた’×‘やまとみどり’の交配の他に‘やぶきた’×‘Z1’の組合せも実施されており、どこかで取り違えが起こった可能性が考えられる。

‘ゆたかみどり’と‘NN8’の組合せから‘おくゆたか’と‘しゅんめい’が育成されている。この場合、‘しゅんめい’は親となった‘NN8’の表現型が中度抵抗性のため‘ゆたかみどり’との組合せでは高度抵抗性個体は生じない。育種の過程で‘おくゆたか’と‘しゅんめい’を同時に間違える確率は非常に低いことを考慮すると、‘NN8’の遺伝子型は $plplPlpl_2$ と推定することができる。

上記のようにある品種の遺伝子型が分からなくても、表現型と両親の遺伝子型から推定できる場合がある。‘ふうしゅん’は‘Z1’×‘かなやみどり’の組

合せによって育成された品種である。‘ふうしゅん’の遺伝子型は $PlPl_{-}$ のため、 F_1 世代では $Pl - pl$ 遺伝子の構成が解析できない。これを戻し交雑を行って検定するには大変な労力と時間を要するが、‘Z 1’の遺伝子型が $PlplPlPl$ であり、‘かなやみどり’の遺伝子型が $Plplplpl$ であることを利用すると‘ふうしゅん’の $Pl - pl$ の遺伝子構成は一元的に決まり、遺伝子型は $PlPlPlpl$ であることがわかる (図 27)。

最近、田中・山口 (1996) は DNA 分析の結果に基づき‘ゆたかみどり’、‘めいりよく’の来歴について検討した結果、‘ゆたかみどり’は‘あさつゆ’の自殖とは異なること、また、‘めいりよく’の花粉親は‘やまとみどり’では説明できないが、‘Z 1’では矛盾がないことを明らかにした。これらについては今後さらに検討する必要がある。

以上のように、わが国の主要品種および系統の輪斑病に対する遺伝子型の分類を行った結果、抵抗性育種に果たした海外導入種の役割が非常に大きいことが明らかになった。また、輪斑病抵抗性の遺伝子型から類似品種の識別あるいは親子鑑定が可能であり、今後識別の手段としても利用できることが明らかになった。

第 4 章の要約

P. longiseta に対するチャの輪斑病抵抗性は抵抗性の異なる 2 つの独立した優性遺伝子 Pl_1 (高度抵抗性遺伝子) と Pl_2 (中度抵抗性遺伝子) によって支配されており、 Pl_1 は Pl_2 に対して上位の関係にあった。これにより種々の遺伝子型をもった品種の交配組合せを検定した結果、すべての組合せで上記の遺伝様式が矛盾なく説明できることを明らかにした。

抵抗性の遺伝様式の解明により、輪斑病抵抗性品種育成の基礎となる個々の品種の抵抗性に関する遺伝子型の解析が可能となった。

アッサム種と中国種の変種間および中国種の変種内の輪斑病抵抗性に関する遺伝子型の分化を検討した。チャの輪斑病抵抗性に関する遺伝子型はアッサム種 (*var. assamica*) と中国種 (*var. sinensis*) で大きな違いが認められた。中国種の中で

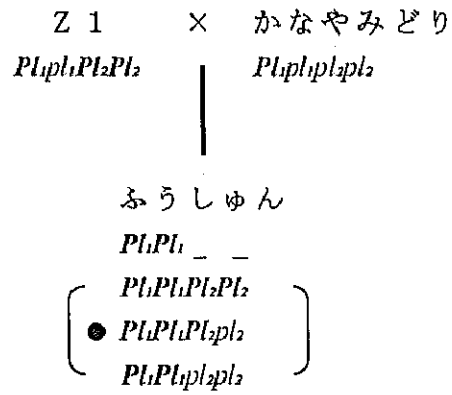


図 27 両親の遺伝子型から推定した
 ‘ふうしゅん’の遺伝子型
 ●は両親の遺伝子型から推定さ
 れた遺伝子型

も中国からの導入種と日本の在来種では表現型および遺伝子型の構成に大きな違いが認められた。中国導入種は、表現型では高度抵抗性が 98 % を占めアッサム種と明瞭な差異は認められなかった。しかし、遺伝子型では高度抵抗性遺伝子 Pl をホモに持つ系統の割合が、アッサム種の 72 % に対し、中国導入種は 51 % と低く、また、7 種の遺伝子型すべてに対応する系統が認められるなど遺伝子型ではアッサム種よりもはるかに大きな変異が認められた。中国種の中では、日本在来種の遺伝子型の多型が顕著であり、導入中国種よりもさらに大きな変異が認められた。日本在来種の場合、高度抵抗性系統はその 83 % が高度抵抗性遺伝子を 1 つもつことによって高度抵抗性を発現していた。また、中国種に分類しているインドのダージリン原産の Cd 系統群は、遺伝子型の変異が小さく、アッサム種に近い遺伝子型を示した。

高度抵抗性遺伝子 Pl をホモに持つ系統では、‘べにひかり’、‘三叉枝蘭’ および ‘PKS292’ が $Pl_1Pl_1Pl_1Pl_1$ 、‘Ace37’ が $Pl_1Pl_1Pl_1pl_2$ 、‘Abo27’、‘IRN17’ および ‘IND75’ が $Pl_1Pl_1pl_1pl_2$ の遺伝子型であることを明らかにした。これにより高度抵抗性遺伝子 Pl_1 と中度抵抗性遺伝子 Pl_2 によって構成されるチャの輪斑病抵抗性の 9 種類の遺伝子型が全部確認され、それに対応する品種が明らかになった。

わが国の主要な品種および系統 88 について遺伝子型とそれに対応する表現型を明らかにした。輪斑病に対して高度抵抗性品種の多くは海外導入種が関与しており、海外遺伝資源が輪斑病抵抗性育種に大きな役割を果たしていた。煎茶用の品種では、罹病性の割合が高かったが、これは罹病性品種の‘やぶきた’を交配母本として多用してきた結果と思われる。

チャ輪斑病抵抗性に関する表現型と遺伝子型により、親子関係の検定および類似品種の識別を行った。その結果、‘めいりよく’、‘ゆたかみどり’ および ‘しゅんめい’ の来歴に疑問がもたれた。類似品種では、‘ひめみどり’ と ‘S 6’、‘かなやみどり’ と ‘NN12’ は遺伝子型に違いが認められ識別可能であった。特に、‘かなやみどり’ と ‘NN12’ は表現型も高度抵抗性と罹病性で異なっており接種検定で容易に識別可能であった。‘ろくろう’ と ‘こやにし’ は表現型お

よび遺伝子型が全く同一であり識別できなかった。

高度抵抗性遺伝子 *Pl* の出現頻度はアッサム種で高く日本在来種で最も低かった。また、中国本土の材料はアッサム種と日本在来種を両極とした中間に位置したことから、アッサム種の分布するインド、ミャンマー、ベトナムから中国本土、日本への地理的傾斜が認められた。

輪斑病抵抗性に関する遺伝子型の解析は、抵抗性育種に対して理論的な裏付けを可能とし、今後展開されるチャの輪斑病抵抗性の DNA レベルでの研究にも貴重な知見を提供するものと思われる。