

<お願い>

(独)農業生物資源研究所の省略形としては「生物研」を使用願います。

プレスリリース



平成25年 2月28日  
独立行政法人農業生物資源研究所  
国立大学法人九州大学

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 九州沖縄農業研究センター

## トビイロウンカの遺伝地図の作製に成功

ーイネ害虫で世界初、イネへの被害拡大をもたらす原因遺伝子の特定が加速化ー

### ポイント

- ・イネの主要な害虫であるトビイロウンカの遺伝地図を作製しました。
- ・今回の成果により、農業害虫であるウンカ類の殺虫剤抵抗性に関わる遺伝子や、ウンカ類抵抗性を持つイネ品種の抵抗性を打ち破る働きを持つ遺伝子の特定が加速化されると期待されます。
- ・それによって、害虫への効果が持続する殺虫剤の開発や、害虫抵抗性を持つ品種の作出が期待されます。

### 概要

1. 独立行政法人農業生物資源研究所（生物研）は、九州大学、(独)農業・食品産業技術総合研究機構と共同で、イネの主要な害虫である「トビイロウンカ」の遺伝子の目印となる518個の**DNA マーカー<sup>1)</sup>**を開発し、これらDNAマーカーの染色体上の位置を明らかにすることで、**遺伝地図<sup>2)</sup>**を作製しました。
2. 害虫の様々な形質に関わる遺伝子を探し出すには、遺伝地図が不可欠です。今回、トビイロウンカについては遺伝地図を作製したことで、**DNA マーカーの染色体<sup>3)</sup>**上の位置を手がかりに遺伝子を見つけ出すことが可能になります。これにより、トビイロウンカの殺虫剤抵抗性に関わる遺伝子やウンカ類抵抗性品種への加害に関わる遺伝子の特定が加速化し、その結果、害虫への効果が持続する殺虫剤や、抵抗性作物品種の開発につながると期待されます。
3. この成果は、英文専門誌DNAリサーチ誌2月号に発表されました。

予算：運営費交付金、日本学術振興会「イネ耐虫性遺伝子のクローニングと加害性に関わるトビイロウンカゲノム領域の特定」（平成22年-24年）」

### 問い合わせ先など

研究代表者： (独)農業生物資源研究所 理事長 石毛 光雄  
研究推進責任者：九州大学農学部 准教授 安井 秀  
研究担当者： (独)農業生物資源研究所 昆虫科学研究領域  
加害・耐虫機構研究ユニット 主任研究員 小林 徹也  
電話：029-838-6085 E-mail：ttkoba@affrc.go.jp  
日本学術振興会外国人特別研究員（タイ・九州大学）

JAIRIN Jirapong

(独)農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター  
昆虫ゲノム研究ユニット長 山本 公子  
(独)農業生物資源研究所 昆虫科学研究領域  
加害・耐虫機構研究ユニット長 朝岡 潔  
広報担当者： (独)農業生物資源研究所 広報室長 井濃内 順  
電話：029-838-8469

本資料は筑波研究学園都市記者会、農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブに配付  
しています。

## 害虫防除における遺伝子研究の背景

---

ウンカ類はイネの栄養を吸って枯らしたり、イネのウイルス病を媒介するアジア地域での主要なイネの害虫です。ウンカ類によるイネの被害は日本だけでも毎年約 40 億円になります。こうしたウンカ類の防除のため、殺虫剤による駆除やウンカに抵抗性を持つイネ品種の導入が行われています。しかし、殺虫剤に対する抵抗性を獲得した集団や、ウンカ抵抗性イネ品種を加害できるように変化した集団が各地で出現して大きな問題になっています。このような害虫集団の変化は、殺虫剤などの圧力にさらされた害虫が対抗する能力を遺伝的に獲得し、その能力が集団内に広まることで生じます。こうした問題を解決するためには、変化の原因となる遺伝子を探し出し、遺伝子の機能を解明する必要があります。

## 遺伝地図の必要性

---

トビイロウンカは、ウンカ類の中でも特にイネの主要害虫として知られています。トビイロウンカのゲノムは、ヒトの 1/3 ほどのサイズの約 12 億個の塩基からなり、ゲノム中には数万個の遺伝子が存在していると推定されています。この中から目的の形質に関わる遺伝子を探し出すのは大変困難な作業です。ただし、ひとつひとつの遺伝子は染色体の決まった位置に配置されているため、探したい遺伝子が染色体上のどこにあるかがわかれば、それを手掛かりに特定することができます。

膨大な情報を持つ染色体から特定の位置の情報を取り出すためには、DNA マーカーと遺伝地図が不可欠です。しかし、農業害虫においては、DNA マーカーの開発はほとんど進んでいませんでした。そこで、トビイロウンカの DNA マーカーの開発と、各マーカーの染色体上の位置関係を示す遺伝地図の作製に取り組んだ結果、イネ害虫で初めて遺伝地図の作製に成功しました。

## (研究の) 内容・意義

---

1. 日本の各地由来のトビイロウンカのゲノム情報をもとに、518 個の DNA マーカーを開発し、それぞれの染色体上の位置を示す遺伝地図を作製しました (図 2)。DNA マーカーは染色体を広くカバーしていました。
2. 今回の解析では、518 個の DNA マーカーは 17 の「同じ染色体上に存在し、互いに連鎖<sup>4)</sup>するグループ (連鎖群)」に分類されました。トビイロウンカの染色体は 15 本なので、連鎖群はほぼ染色体に対応しています。(今後 DNA マーカーを追加して、連鎖群と染色体の数を一致させる予定です。)
3. 今回の遺伝地図の作製により、トビイロウンカにおいて DNA マーカーの染色体上の位置を手がかりに遺伝子を見つける「ポジショナルクローニング」が可能になりました。これにより、トビイロウンカの害虫として重要な形質に関わる遺伝子の特定が容易になります。
4. トビイロウンカの遺伝地図を用いて得られる情報を利用することで、ウンカ類を含めた害虫種全般において、殺虫剤抵抗性や、害虫抵抗性を持つ作物品種に対する加害性の発達のメカニズム解明が大幅に加速することが期待されます。

## 今後の予定・期待

---

農業技術の発達に伴い、新たな防除法の開発と害虫による克服の競争が激しくなっています。害虫の変化に対応していくには、問題の原因となる遺伝子を迅速に見つけて解析し、対策を立てる必要があります。今回の成果により、トビイロウンカの重要な遺伝子の特定が大幅に加速されると期待されます。また、トビイロウンカで得られた知見は他の害虫にも応用可能であり、効果が安定して持続する殺虫剤の開発や、抵抗性作物品種の作出に貢献します。

## 発表論文

---

Jairin J, Kobayashi T, Yamagata Y, Sanada-Morimura S, Mori K, Tashiro K, Kuhara S, Kuwazaki S, Urio M, Suetsugu Y, Yamamoto K, Matsumura M, Yasui H (2013) **A Simple Sequence Repeat- and Single-Nucleotide Polymorphism-Based genetic linkage map of the Brown Planthopper, *Nilaparvata lugens***. DNA Research 20, 17-30.

## 用語の解説

---

- 1) DNA マーカー  
個体ごとにわずかな違い（多型）のあるゲノム上の短い DNA 配列。DNA マーカーを目印にして、目的の遺伝子を探すことができる。
- 2) 遺伝地図  
個々の DNA マーカーについて、染色体上における相対的な位置関係を図示したもの。
- 3) 染色体  
生物の遺伝情報である DNA が折り畳まれた構造体。細胞の核内にある。
- 4) 連鎖  
同じ染色体上に存在する DNA マーカーや遺伝子が一緒に親から子に遺伝すること。染色体上での距離が近い同士は特に連鎖しやすい。



図1. イネを吸汁するトビイロウンカ

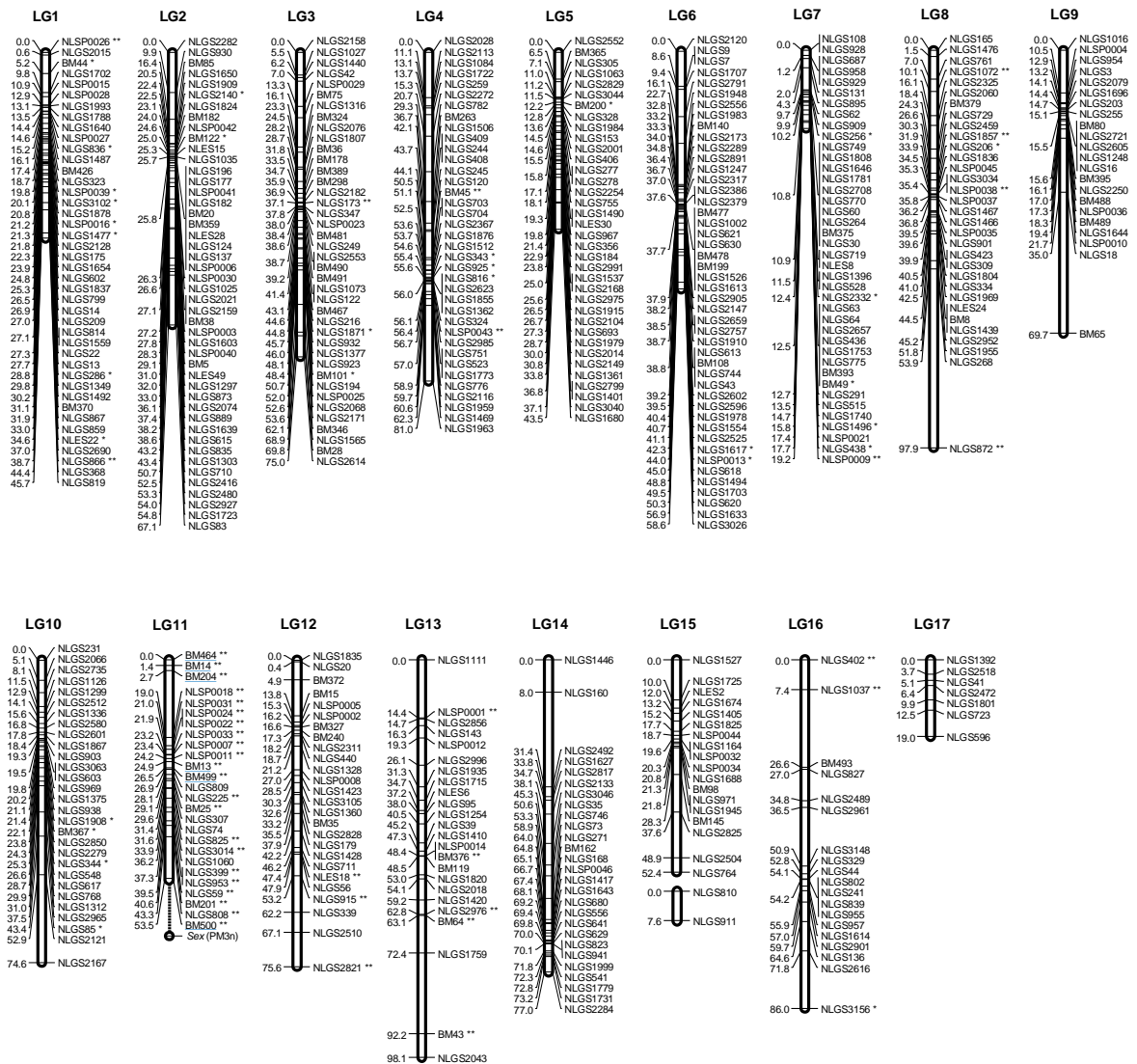


図2. 作製したトビイロウンカの遺伝地図

LGは、各染色体上に対応するDNAマーカーのグループ(連鎖群)を表す。連鎖群ごとにDNAマーカーの位置(右側にマーカーの名前、左側に染色体上の位置)を示している。