農研機構
NARO 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構

マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制機構とシミュレーションモデルによるその解析

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2019-03-22 キーワード (Ja): キーワード (En): Rice blast, Pyricularia grisea, Multiline, Complete resistance, Race, Autoinfection ratio, Simulation model, Induced resistance, Mutation, Stabilizing selection, Vertical distribution 作成者: 芦澤, 武人 メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24514/00001210

マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制機構とシミュレーションモデルによるその解析

芦　澤　武　人*1)

抄　録：イネいもち病は、日本で最も重要な病害である。本病を防除するために、新たな真性抵抗性を導入したイネ品種が1960年代に育成・普及されたが、それら抵抗性を侵害するいもち病菌レースが出現・蔓延して罹病化し問題となった。この欠点を克服する方法として、異なる真性抵抗性を個々に持つ同質遺伝子系統を混合栽培するマルチラインが1995年に普及した。しかし、効果的にいもち病を防除するための、マルチラインの利用法は十分明らかでなかった。本研究は、マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制機構の解明と得られた疫学データを利用してシミュレーションモデルを開発し、その抑制機構を解析した。その結果、罹病性系統の葉身上に生じた病斑から同じ罹病性系統の別の葉身へ感染する自己感染比率が発病程度に影響することを明らかにした。これをパラメータとして導入してシミュレーションすると、葉いもち発病推移をよく模擬した。また、発病抑制に関与する誘導抵抗性、突然変異率、安定化淘汰等の要因を解析できた。その他、マルチラインにおけるいもち病菌レースの動態を明らかにし、レース検定の効率化法も開発した。

キーワード：イネいもち病、*Pyricularia grisea*、マルチライン、真性抵抗性、レース、自己感染率、シミュレーションモデル、誘導抵抗性、突然変異、安定化淘汰、垂直分布

Studies on Mechanisms of Suppression of Rice Blast Disease in Multilines and Their Analyses Using a Simulation Model : Taketo ASHIZAWA*1)

Abstract : Rice blast caused by *Pyricularia grisea* is the most destructive disease in rice production in Japan. To control this, rice varieties with new complete resistance genes were bred and released. However, the resistances were broken down within a few years because of the emergence of compatible blast races. To prevent the breakdown, a mixture of near-isogenic lines with different complete resistance genes to blast was first introduced for multilines in 1995 in Japan. For effective control of blast, the author aimed to clarify the degree of blast suppression using multilines.

This study was conducted to investigate the mechanisms of blast suppression and was developed as a simulation model for forecasting leaf blast epidemics to analyze the degree of leaf blast suppression in multilines. The autoinfection ratio was a major factor influencing the degree of leaf blast suppression in multilines. A simulation model for rice blast epidemics in multilines was developed, and the parameter of autoinfection was introduced in the model. The calculated data using the model fit well with the observed data of leaf blast development. Parameters of induced resistance, mutation rate and stabilizing selection were also introduced to clarify the mechanisms of leaf blast suppression. In addition, distribution of blast races in multilines was clarified, and a high-throughput method for race differentiation was developed.

Key Words : Rice blast, *Pyricularia grisea*, Multiline, Complete resistance, Race, Autoinfection ratio, Simulation model, Induced resistance, Mutation, Stabilizing selection, Vertical distribution

---

＊1）現・中央農業総合研究センター（National Agricultural Research Center, Tsukuba, Ibaraki 305-8666, Japan）
2007年５月28日受付、2007年11月29日受理

目　次

Ⅰ　緒　言 ……3
Ⅱ　マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制機構 ……4
1．抵抗性同質遺伝子系統の混植が病勢進展に及ぼす影響 ……4
1）「ササニシキ」同質遺伝子系統の混植圃場における葉いもちの病勢進展 ……4
〔材料と方法〕 ……4
〔結　果〕 ……5
〔考　察〕 ……6
2）抵抗性同質遺伝子系統の混植が葉いもち病勢の垂直進展に及ぼす影響 ……7
〔材料と方法〕 ……8
〔結　果〕 ……8
〔考　察〕 ……9
2．同質遺伝子系統における誘導抵抗性の発現 ……10
1）葉身における非親和性イネいもち病菌による葉いもちの発病抑制 ……10
〔材料と方法〕 ……11
（1）非親和性イネいもち病菌の前接種が親和性菌による病斑伸展に及ぼす影響 ……11
（2）前接種した非親和性菌の胞子濃度が親和性菌による病斑伸展に及ぼす影響 ……11
（3）非親和性菌を接種した葉身の近接部位での親和性菌の病斑伸展への影響 ……11
（4）非親和性菌の前接種が葉身表皮細胞の侵入部位における親和性菌の菌糸伸展に及ぼす影響……12
（5）葉身表皮細胞の侵入部位における反応 ……12
（6）統計処理 ……12
〔結　果〕 ……12
（1）非親和性菌の前接種による親和性菌の病斑伸展抑制程度の系統間差 ……12
（2）非親和性菌の前接種する胞子濃度と親和性菌の病斑伸展抑制程度との関係 ……13
（3）非親和性菌の前接種部位が親和性菌の病斑伸展に及ぼす影響 ……13
（4）非親和性菌の前接種が葉身表皮細胞における親和性菌の菌糸伸展に及ぼす影響 ……13
（5）葉身表皮細胞における細胞反応の差異 ……13
〔考　察〕 ……14
2）非親和性菌による穂いもちの発病抑制 ……15
〔材料と方法〕 ……15
（1）供試植物と栽培 ……15
（2）供試イネいもち病菌 ……15
（3）非親和性菌の接種による「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂いもち発病 ……15
（4）前接種した非親和性菌の接種濃度の違いが後接種した親和性菌による発病に及ぼす影響……16
（5）非親和性菌を高濃度で前接種し親和性菌を後接種した場合の穂いもち発病 ……16
〔結　果〕 ……16
（1）非親和性菌による「ササニシキ」同質遺伝子系統間の穂いもち発病の差異 ……16
（2）前接種した非親和性菌の接種濃度の違いが後接種した親和性菌による発病に及ぼす影響……17
（3）非親和性菌を高濃度で前接種し親和性菌を後接種した場合の穂いもち発病 ……17
〔考　察〕 ……17
3．圃場における同質遺伝子系統の発病と抵抗性発現 ……18
1）宮城県の「ササニシキ」マルチライン栽培圃場におけるイネいもち病菌のレース分布と混植系統の発病との関係 ……18
〔材料と方法〕 ……18
〔結　果〕 ……19
〔考　察〕 ……20
2）多発試験圃場における同質遺伝子系統の葉いもちおよび穂いもち抵抗性 ……20
〔材料と方法〕 ……21
〔結　果〕 ……21
〔考　察〕 ……22
4．いもち病菌レース検定の効率化のための改良 ……23
〔材料と方法〕 ……23
〔結　果〕 ……23
〔考　察〕 ……24
Ⅲ　マルチライン用葉いもちシミュレーションモデルの開発とその解析 ……26
〔材料と方法〕 ……26
（1）モデルの構造 ……26
（2）自己感染と他己感染のパラメータ値の推定 ……27
（3）モデルの解析法 ……27
〔結　果〕 ……28
（1）自己感染と他己感染のパラメータ値の推定とモデルへの導入 ……28
（2）モデルの妥当性 ……28
〔考　察〕 ……29
Ⅳ　マルチラインの発病抑制に及ぼす各種要因のパラメータ設定と感度分析 ……31
1．誘導抵抗性パラメータの設定と感度分析 ……31
〔材料と方法〕 ……31
〔結　果〕 ……32
〔考　察〕 ……32
2．安定化淘汰パラメータの設定と感度分析 ……32
〔材料と方法〕 ……33
〔結　果〕 ……33
〔考　察〕 ……33
3．病原性突然変異パラメータの設定と変異菌出現頻度の推定 ……34
〔材料と方法〕 ……34
〔結　果〕 ……34
〔考　察〕 ……34
Ⅴ　マルチラインにおける混植系統数と発病抑制程度との関係の解析 ……36
〔材料と方法〕 ……36
〔結　果〕 ……37
〔考　察〕 ……37
Ⅵ　総合考察 ……37
Ⅶ　摘　要 ……39
引用文献 ……40
Summary ……45

I　緒　　言

いもち病は、日本の稲作で最も重要な病害であり、本病を防除するために多くの化学農薬が使用されている。これは、我が国では現在、本病に対する圃場抵抗性が弱い「コシヒカリ」や「ひとめぼれ」のようなイネ品種が多く栽培されているためである[18,80]。しかし、近年、環境保全型農業や安全・安心な農産物に対する消費者・生産者の関心が高まり、イネでは農薬の使用を減らすことができる品種抵抗性を利用した本病の防除が注目されている。

イネのいもち病に対する真性抵抗性は、1960年代に「クサブエ」、「ユーカラ」、「テイネ」、「ウゴニシキ」、「ふ系69号」等の品種に各々導入されたが、それらを侵害できるレースのいもち病菌が出現・増殖して数年のうちに本抵抗性が崩壊し、罹病化することが明らかにされている[36]。

このいもち病真性抵抗性イネ品種の罹病化への対策として、ムギ類のさび病などで実用化されていたマルチライン（多系品種）の利用の可能性が示されてきた[58、79、84]。マルチラインとは、ある特定の病原に対する抵抗性遺伝子のみが個々に異なり、他の諸形質が同一な同質遺伝子系統を数種類混合して栽培する方法である。イネのいもち病に対するマルチラインの育成は、台湾において世界で初めて行われ、本病の多発条件においても親品種の２～３倍の収量が得られることが報告された[15、16]。その後日本でも、真性抵抗性遺伝子型が異なる異品種を混合栽培した試験事例が報告され[4、67、69、70]、圃場に分布するレースに対し抵抗性品種の混合割合が大きいほど、いもち病の発病が抑制されることが明らかにされた[41]。

一方、1995年になって、宮城県で「ササニシキ」から育成されたいもち病に対する真性抵抗性の異なる同質遺伝子系統の混合栽培（品種名：ササニシキBL）が一般圃場で行われ、日本で初めてのマルチラインとして普及された。その後の研究で、マルチラインにおけるいもち病の発病抑制に関与する要因として、抵抗性系統の混植比率[42]、誘導抵抗性[56]等が示され、「ササニシキBL」栽培圃場でのイネいもち病菌レースの動態も報告された[7、59、76]。しかし、マルチラインにおいて、これらの要因を考慮したイネいもち病の発病抑制効果を評価する手法は開発されていないだけでなく、誘導抵抗性の発現機構についても十分明らかにされてこなかった。

マルチラインにおいて空気伝染性の病原菌の拡散[23]を演算するためのコンピュータシミュレーションモデルとして、EPIMUL[31、52－54]がある。本モデルは、マルチラインにおける病害発生に関与する要因を解析するために開発され、とくに伝染源からの病原菌の密度分布を演算するために利用されている。しかし、圃場内で病原菌が世代を重ねることにより、病原菌の分布の中心が不明瞭になって圃場全体に比較的むらなく分布するよう増殖する現象を模擬するようには作成されていない。よって、EPIMULは病害発生初期における伝染源からの病原菌の拡散程度を評価するのに適しているものの、現実の病勢進展の予測には適していないと考えられる。

一方、イネのマルチラインでは、同質遺伝子系統の混植における病勢進展の抑制程度を正確に予測できる現実的なモデルを作成する必要があると考えた。そこで、著者は、マルチラインを利用したイネいもち病の効果的防除のために、マルチラインにおける葉いもちの発病抑制機構を明らかにし、その知見をもとにシミュレーションモデルを作成することで、発病抑制程度を評価する方法を開発しようとした。さらに、同質遺伝子系統の葉および穂において誘導抵抗性が発病程度に及ぼす影響を解明して、シミュレーションによる解析を行うとともに、病原性変異、安定化淘汰の影響についても同様に解析を試みた。これらの結果は、一部すでに報告した[8-12]が、ここに未発表のデータを加え、全体をとりまとめた。

この研究は、1996年から2004年までの９年間に東北農業研究センター大仙研究拠点（旧東北農業試験場水田利用部、秋田県大仙市）で実施したものである。この論文を草するに当たり、東北農業研究センター東北水田輪作研究チーム長小泉信三博士には、ご懇切なご指導とご校閲を賜った。ここに衷心より感謝の意を表する。本研究の遂行にあたって、中央農業総合研究センター旧病害防除部病害防除システム研究室齊藤初雄博士、石川県立大学農学部教授古賀博則博士からは、ご助言とご指導を賜った。東北農業研究センター病害抵抗性研究チーム善林　薫氏、野菜茶業研究所茶IPM研究チーム長園田亮一氏をはじめ諸氏からは研究遂行上終始ご協力をいただいた。また、本論文を取りまとめるにあたり、宇都宮大学農学部植物病理学研究室奥田誠一教授には多大なるご助言とご校閲を賜った。さらに、東京農工大学農学部植物病理学研究室寺岡　徹教授、茨城

大学農学部生物生産科学科阿久津克己教授、宇都宮大学農学部植物病理学研究室夏秋知英教授ならびに東京農工大学農学部植物病理学研究室有江　力准教授にはご懇切なご校閲を賜った。ここに心から感謝の意を表する。

なお、本報告は著者が東京農工大学へ提出し、受領された学位論文を一部修正、加筆したものである。

Ⅱ　マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制機構

マルチラインによるイネいもち病の発病抑制は、抵抗性系統の混合比率に依存していることが明らかにされている[41, 42]。しかし、その抑制程度の量的な評価や、自然発病条件下における発病抑制機構に関して、同質遺伝子系統を用いたマルチラインの詳細な研究はまだ行われていない。

そこで本章では、「ササニシキ」同質遺伝子系統を用い、罹病性系統に対する抵抗性系統の混合割合が病勢進展に及ぼす影響、混合栽培による発病抑制に関わるイネ群落内での病斑の垂直分布、非親和性菌による誘導抵抗性および圃場における真性抵抗性の発現程度の差異を明らかにするとともに、レース検定の効率化手法を開発し、マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制を量的に把握し、その機構を解析した。

1．抵抗性同質遺伝子系統の混植が病勢進展に及ぼす影響

1）「ササニシキ」同質遺伝子系統の混植圃場における葉いもちの病勢進展

1994年に宮城県でイネ品種「ササニシキ」の同質遺伝子系統が4種類育成され、1995年に日本で初めてマルチライン（品種名：ササニシキBL）が県内に普及した[66]。Table 1に示したように、2001年までに合計8系統が育成された。

ササニシキ同質遺伝子系統の混植による発病抑制に関する研究は、東北農試でNakajima *et al.* [55]によって始められ、罹病性系統の単植より罹病性系統と抵抗性系統の混植で発病程度が低いことが明らかにされた。育成を行った宮城県でも、辻・加藤[75]によって1992年に始められた。彼らの「ササニシキBL 1号」（真性抵抗性遺伝子*Pik*を保有）、「BL 2号」（同*Pik-m*）および「BL 3号」（同*Piz*）を混合栽培した試験では、葉いもちは予防粒剤による薬剤防除より発病抑制効果が高く、穂いもちも葉いもちほどではないが同様に抑制された。一方、小泉・谷[42]は、マルチラインによるいもち病の発病抑制効果を薬剤散布あるいは圃場抵抗性の強い品種との比較を行うことで評価しようとした。その結果、「ササニシキ」と9種類の同質遺伝子系統を等量で種子混合したマルチラインでは、葉いもちでは薬剤散布および圃場抵抗性強品種と同程度、穂いもちでは圃場抵抗性強品種より効果が高く、薬剤散布より低かった。また、「ササニシキ」の抵抗性同質遺伝子系統の*Piz-t*系統を2分の1の割合で混植すると、葉いもちでは薬剤散布並み、4分の3の割合で混植すると穂いもちは薬剤散布並みに発病が抑制された。

これらのように、マルチラインによる発病抑制効果を比較した調査は行われているが、病勢進展の過程を継時的に調査し、発病抑制に関与する要因を解析した研究はほとんど行われていない。そこで、本章では、抵抗性系統の混植比率が病勢進展に及ぼす影響を明らかにしようとした。

Table 1　Sasanishiki near-isogenic lines (NIL) developed at the Miyagi Furukawa Agricultural Experiment Station

NIL	Complete resistance gene	Year
Sasanishiki BL1	*Pia*　*Pik*	1994
Sasanishiki BL2	*Pia*　*Pik-m*	1994
Sasanishiki BL3	*Pia*　*Piz*	1994
Sasanishiki BL4	*Pia*　*Piz-t*	1994
Sasanishiki BL5	*Pia*　*Pita-2*	1997
Sasanishiki BL6	*Pia*　*Pita*	1998
Sasanishiki BL7	*Pia*　*Pib*	2001
Sasanishiki BL8	*Pia*　*Pii*	– a)

a) not released.

〔材料と方法〕

1998～2001年に東北農業研究センター大仙研究拠点（旧東北農業試験場水田利用部、秋田県大仙市）の水田圃場で本試験を行った。供試イネ品種・系統は、「ササニシキ」（真性抵抗性遺伝子*Pia*を保有）とその抵抗性同質遺伝子系統の「ササニシキBL 4号」（同*Piz-t*、1998年試験）あるいは「ササニシキBL 7号」（同*Pib*、1999～2001年試験）を用いた。試験区は、「ササニシキ」の単植区、「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統を1:1および1:3の割合で混植した区を設けた。なお、1998年試験には、1:3の割合で混植した区を設けなかった。また、

混植区では、いずれの年次も各品種・系統の乾籾を種子重量比で所定の割合に均一になるよう混合したものを播種に用いた。種子は、ペフラゾエート水和剤の200倍希釈液に24時間浸漬して種子消毒を行い、その後４日間浸種を行った。そして、28℃の接種箱内で24時間催芽を行った。

播種は、1998年４月14日、1999年４月13日、2000年４月11日および2001年４月10日にそれぞれ行い、育苗箱に１箱当たり催芽籾で70gを手で播種し、ビニルハウス内でイネ苗を育成した。移植は、手で行い、株当たり４本の割合でそれぞれを各年５月20日、５月20日、５月18日および５月16日に移植した。１区当たりの面積は、10m×10mとし、栽植密度は、条間を22.5cm、株間を22.5cmとした。基肥は、N、P_2O_5、K_2Oをそれぞれ13%含有した化成肥料を10a当たり60kgの割合でいずれの年次も３月末に施用した。追肥は、硫酸アンモニウムを窒素成分で10a当たり１kgの割合で、1998年は６月26日と７月３日、1999年は６月25日と７月２日、2000年は６月26日と７月３日、2001年は６月25日と７月２日に施用した。試験は、３反復（1998年のみ２反復）の乱塊法で行った。いもち病の発病は、すべて一般圃場から飛散したと考えられる自然感染によった。なお、試験圃場に分布したイネいもち病菌のレース[6]は、そのほとんどが真性抵抗性遺伝子*Pik-s*、*Pia*および*Pii*を持つ品種・系統に対し親和性で、*Piz-t*および*Pib*を持つものに非親和性であった。

調査は、葉いもちの初発から７月末の葉いもちの盛期まで、３～４日おきに５mm以上の大きさの病斑[40]の数を、１区当たり10～60株について数えた。微気象データの収集は、試験圃場内の畦畔上に気象ロボット（E-T11A5、北東衡器社製）を設置し、気温、風速、降水量、日照時間および結露時間を記録して行った。

試験データの解析は、下記の方法で行い、病勢進展の解析は第Ⅲ章に記載した。Vanderplank[77]は、マルチラインはその集団内において伝染源初期値を減少させる効果があるとしている。伝染源初期値は、罹病性系統のみが栽培されている圃場での値を１とすると、罹病性系統と抵抗性系統が１:１あるいは１:３の割合で混植されているマルチライン圃場では、それぞれ0.5、0.25であることが期待される。このため、単年度内に圃場ではじめて葉いもちの発病が認められた日の伝染源初期値を推定し、これらを比較した。さらに、混植による発病抑制程度が最も高い時期を推定する目的で、調査日ごとに単植区の病斑数に対する混植区の病斑数（病斑数比R_l）を次式により比較した。

$R_l = L_m / L_s$

ここで、L_mは罹病性系統と抵抗性系統の混植区における罹病性病斑数、L_sは罹病性系統の単植区における罹病性病斑数を示す。

さらに、マルチラインにおける発病抑制程度を簡便に表す指標を得るために、得られたR_lの値と混植に占める罹病性系統の混植率比との関係を回帰分析した。なお、全ての統計処理は、統計処理ソフトのStatistical Analysis Software（SAS Institute, Cary, NC, release 6. 11）を用いて行った。

〔結　果〕

葉いもちは、1998年は多発生、1999年は中発生、2000年少発生、2001年は甚発生であった（Fig. 1）。「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統を１:１および１:３の割合で混植した区における伝染源初期値の実測値は、いずれの年次でも予測値と同程度であった（Table 2）。この予測値と実測値が1桁以上異なった区はなかったが、1999年の１:３混植区で予測値と実測値の差が若干大きかった。また、1998年は、「ササニシキ」単植区より１:１混植区の方が、病斑数の実測値が大きかった。４年間の試験で得られたこれらすべての病斑数の実測値と予測値を使い、相関係数（R^2）を求めたところ、１:１および１:３混植区でそれぞれ0.94と0.77で相関が高かった。1998年、2000年および2001年における残差平方和（RSS）は、１:１および１:３の混植で低かったが（いずれも0.002以下）、1999年の１:１および１:３混植におけるRSSは、それぞれ0.07と0.02であり、他の年次より値が若干高かった。

病斑数比R_lの値をFig. 2に示した。「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統を１:１の割合で混植した区では、R_lの平均値が0.29（標準偏差SD = 0.07）であったのに対し、１:３の割合で混植した区では、0.09（SD = 0.05）であった。各調査日でその値は異なり、１:１混植区では0.13～0.4、１:３混植区では0.03～0.24までの範囲であった。これらの値は、調査時期や年次間で大きな変動はなかった。R_l（y）の値と混植に占める罹病性系統の混植率比（x）との関係は、次の多項式で表された（Fig. 3）。

$y = 0.8436x^2 + 0.1571x - 0.0005$（$R^2 = 1$）

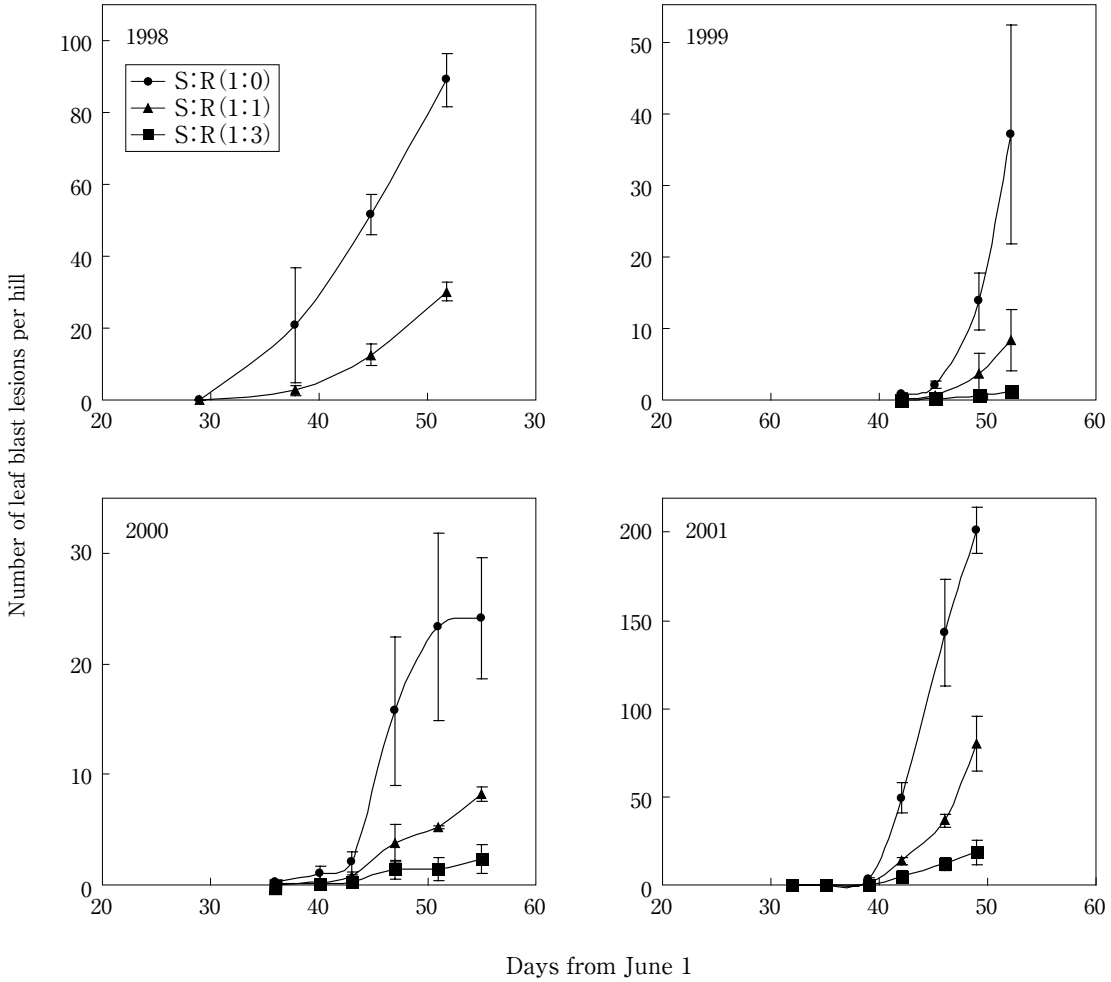

Fig. 1　Number of observed leaf blast lesions in pure stands of rice cv. Sasanishiki and in 1:1 and 1:3 mixtures of Sasanishiki and its resistant near-isogenic line, either Sasanishiki BL4 or BL7 during the 4-year survey（1998－2001）.

Table 2　Number of observed and expected leaf blast lesions at time of first lesions were observed in fields in mixtures of Sasanishiki and its resistant near-isogenic line

Plot		Date			
		June 29, 1998	July 12, 1999	July 6, 2000	July 2, 2001
S:R（1:0）a)					
	Observed	0.00625b)	0.839	0.261	0.139
S:R（1:1）					
	Observed	0.00825	0.15	0.0889	0.0487
	Expected	0.00313	0.419	0.1306	0.0693
S:R（1:3）					
	Observed	－c)	0.044	0.0222	0.0333
	Expected	－	0.21	0.0653	0.0347

a）S, susceptible Sasanishiki; R, resistant near isogenic line, either Sasanishiki BL4 or BL7. Ratios in parentheses indicate mixture ratios.
b）Values indicate number of lesions per hill.
c）Not tested.

〔考　察〕

小林[40]は、葉いもちの初期の発生がある時期に地域全般に起こる現象を、「全般発生」と定義している。東北農試水田利用部内の圃場でも、6月下旬から7月上旬に全般発生に起因すると考えられる初発が一般に認められる。圃場内で観察される初発の病斑数（伝染源初期値）は、混植される抵抗性系統の比率によって変動すると考えられる。よって、抵抗性系統の混植比率が増加するのに比例して、伝染源初期値は小さくなると考えられる。4年間の試験結果では、伝染源初期値の実測値は予測値より低い傾向があったものの、ほぼ同程度の値が得られた。1999年の1:3混植区のように実測値と予測値が比較的差がある原因は不明であるが、伝染源を設置せず自然感染に依存したことでバラツキが大きい区があった可能性が考えられた。以上から、抵抗性系統

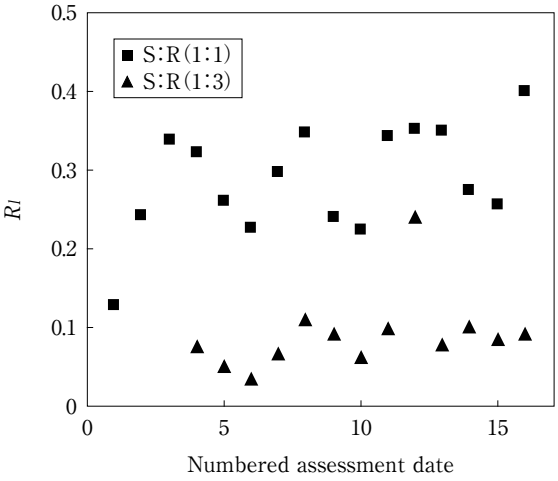

Fig. 2 Ratios of the number of leaf blast lesions (lesion number ratio; R_l) on the components in mixtures of susceptible Sasanishiki (S) and its resistant near isogenic line (R), either Sasanishiki BL4 or BL7, at the ratios (S:R) of 1:1 and 1:3 to the number in pure stands of Sasanishiki from 1998 to 2001. Numbered assessment date (year): 1-3(1998); 4-6(1999); 7-11(2000); 12-16 (2001).

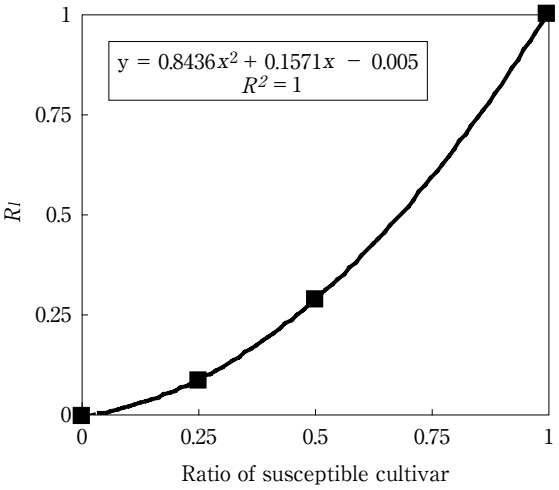

Fig. 3 Relationship between ratio of lesion numbers on the components in the mixtures (R_l) to the proportion of susceptible Sasanishiki in the 1:1 and 1:3 mixtures of susceptible Sasanishiki and its resistant near-isogenic line, either Sasanishiki BL4 or BL7.

の混植比率が初期伝染源として圃場に出現する病斑数に影響することが明らかとなった。

マルチラインにおける葉いもちの発病抑制程度を表す病斑数比R_lの値は、4年間の圃場試験において葉いもち病斑数の増加推移を調査することで明らかにできた。得られた1:1および1:3混植の発病抑制程度の値を用いて多項式が得られた（Fig. 3）。本式は、罹病性系統単植に対して罹病性系統と抵抗性系統の混植で、どの程度病斑数が減るかを簡便に計算するために利用できると考えられた。なお、葉いもちの病勢進展に関する詳細な発病抑制要因の解析については、第Ⅳおよび Ⅴ章に記述した。

2）抵抗性同質遺伝子系統の混植が葉いもち病勢の垂直進展に及ぼす影響

マルチラインの発病抑制に関与する直接的な要因は、抵抗性系統の混合割合であるが、間接的な要因も報告されている。Chin and Wolfe[14] は、感受性植物の密度減少が親和性菌による病勢進展を抑制する現象を、「胞子の希釈効果（dilution effect）」と呼び、その影響が大きいとしている。また、非親和性菌が宿主に感染を試みたあとに親和性菌が感染しても、その後の親和性菌による病気の発生が抑制される現象を、「誘導抵抗性（induced resistance）」と呼んでいる[48, 56]。これらの要因も圃場での病勢進展の抑制に影響することが期待される。

Kiyosawa and Shiyomi[35] は、病害防除のためのマルチラインの効果を知るために、抵抗性品種の混合が病勢進展に及ぼす影響を理論的に研究し、病勢進展の抑制程度は伝染源からの飛散勾配に影響を受けることを示した。また、実際の圃場では、外部からの胞子の移入や伝染世代の増加等で重複感染が起こることにより、伝染源からの飛散勾配は平坦化するとしている。Koizumi and Kato[41] は、罹病性と抵抗性のイネ品種を混植し、伝染源からの水平方向への病勢の進展を調査した結果、抵抗性系統の混合比率が高いほど伝染源からの水平方向への減少勾配が急になることを明らかにした。このように、伝染源からの水平方向への病勢進展に関する研究が行われてきた。しかし、マルチラインにおいて抵抗性同質遺伝子系統の混合比率が、イネ群落内における葉いもち病勢の垂直方向への進展に及ぼす影響については明らかでない。

そこで、マルチラインにおける葉いもちの病勢の垂直方向への進展過程を明らかにしようとした。

〔材料と方法〕

供試イネ品種は、「ササニシキ」（真性抵抗性遺伝子*Pia*保有）と「ササニシキBL７号」（同*Pib*）を用いた。「ササニシキ」は、試験圃場に分布したレース（007.0がほとんどで037.1がわずかに分布）に対して罹病性で、「ササニシキBL７号」は抵抗性である。試験は、東北農業試験場水田利用部内の圃場で1999年、2000年、2002年および2004年に行った。「ササニシキ」と「ササニシキBL７号」の乾籾の種子は、それぞれ１:１と１:３の重量比で均一になるよう混合したものと、「ササニシキ」単独のものを用いた。種子消毒および催芽法は、第Ⅱ章１）と同様の方法で行った。これらの催芽籾は、1999年４月13日、2000年４月11日、2002年４月９日および2004年４月13日に育苗箱に播種し、ビニルハウス内で育苗した。移植は、1999年５月20日、2000年５月18日、2002年５月16日および2004年５月19日に、育苗した苗４本を１株当たり22.5cm×22.5cmの栽植密度で、手植えで行った。なお、１区当たりの面積は、10m×10mとした。基肥は、N、P_2O_5、K_2Oをそれぞれ13%含有した化成肥料を10a当たり60kgの割合でいずれの年次も３月末に施用した。追肥は、硫酸アンモニウムを窒素成分で10a当たり１kgの割合で、1999年は６月25日と７月２日、2000年は６月26日と７月３日、2002年は６月24日、2004年は６月24日に施用した。試験は、４カ年とも完全無作為化法により３反復で行った。

葉いもちの発生は、自然感染によった。発病調査は、葉いもちの病斑が圃場ではじめて観察された日から３～４日の間隔で行い、１区当たり20～60株について株当たりで５mm以上の長さの罹病性病斑数[40]を調査した。イネ群落内における葉いもち病斑の垂直分布を調べるため、１区当たり２～11株を対象に地表面から葉身上の葉いもちの病斑までの高さを物差しで測った。そして、各年の最終調査日に測定した草丈に対する各調査日における地表面からの葉いもち病斑の平均の高さの割合（以下、PADと略す）を計算し、試験区間の病斑の高さの比較に用いた。1999年と2000年のPADは、葉いもち病斑がはじめて圃場で認められた日から出穂直前の最終調査日まで記録した。2002年と2004年は、最終調査日のみPADを記録した。

統計処理は次の手順で行った。データは分散分析を行い、*F*値が統計的に有意（$P<0.05$）であると判断された場合、Tukey法を用いて平均値間での比較を行った。全ての統計処理は、統計処理ソフトのStatistical Analysis Software（SAS Institute, Cary, NC, release 9. 1）を用いて行った。

〔結　果〕

自然感染による葉いもちの発病程度は、1999年は中発生、2000年と2004年は少発生、2002年は極少発生であった（Table 3）。葉いもち病斑が試験圃場内ではじめて観察された日は、1999年では７月12日、2000年は７月６日、2002年は７月11日、2004年は６月25日であった。４ヵ年の病勢進展は、いずれの年次でも「ササニシキ」単植区で早かったのに対し、「ササニシキ」と「ササニシキBL７号」の１:１混植区で中程度、１:３混植区で遅かった（Table 3）。

Table 3　Leaf blast development in 1:0, 1:1 and 1:3 mixtures of susceptible Sasanishiki and resistant near-isogenic line, Sasanishiki BL7

Year	Date	Number of leaf blast lesions per hill (standard deviation)		
		S:R(1:0)[a]	S:R(1:1)	S:R(1:3)
1999	12 July	0.84(0.09)a[b]	0.15(0.12)b	0.04(0.03)b
	15 July	2.13(0.52)a	0.68(0.24)b	0.16(0.06)b
	19 July	13.83(3.97)a	3.61(2.86)b	0.71(0.35)b
	22 July	37.20(15.4)a	8.43(4.26)b	1.28(0.59)b
2000	6 July	0.26(0.15)a	0.09(0.04)ab	0.02(0.01)b
	10 July	0.99(0.64)a	0.29(0.13)a	0.07(0.03)a
	13 July	2.12(0.90)a	0.73(0.13)b	0.23(0.14)b
	17 July	15.76(6.70)a	3.79(1.68)b	1.43(0.86)b
	21 July	23.36(8.48)a	5.23(0.14)b	1.43(1.05)b
	25 July	24.15(5.47)a	8.25(0.64)b	2.38(1.31)b
2002	11 July	0.06(0.03)a	0.04(0.03)a	0.02(0.01)a
	15 July	0.73(0.53)a	0.6 (0.64)a	0.13(0.03)a
	18 July	1.11(1.29)a	0.59(0.38)a	0.1 (0.03)a
	22 July	3.38(2.48)a	1.76(1.06)a	0.43(0.25)a
	1 August	3.95(0.62)a	1.87(0.95)a	0.43(0.18)b
2004	25 June	0.12(0.11)a	0.01(0.01)a	0.01(0.01)a
	28 June	0.4 (0.56)a	0.06(0.06)a	0.01(0.01)a
	1 July	0.62(0.91)a	0.04(0.03)a	0.01(0.01)a
	5 July	2.82(1.2)a	0.34(0.13)b	0.03(0.03)b
	8 July	7.64(1.84)a	1.09(0.09)b	0.14(0.05)b
	12 July	7.52(2.07)a	1.31(0.33)b	0.22(0.11)b
	15 July	134.48(51.6)a	22.62(3.4)b	4.58(3.08)b
	22 July	70.06(39.5)a	16.43(0.81)ab	5.04(1.57)b
	29 July	23.09(8.75)a	6.18(0.96)b	2.16(0.46)b

a) S, susceptible Sasanishiki; R, resistant near-isogenic line Sasanishiki BL7.
b) Numbers followed by the same letters in a row do not differ significantly according to Tukey's test ($P<0.05$).

1:1および1:3混植における株当たり病斑数は、単植と比較して1999年7月12日、15日、19日および22日、2000年13日、17日、21日および25日、2004年5日、8日、12日、15日および29日において有意に少なかった。2002年では、1:3混植における株当たり病斑数は、8月1日のみに単植と比較して有意差が認められた。このように、抵抗性系統の混植比率が高いほど病斑数の増加程度が低かった。

1999年の単植におけるPADは、7月22日においてのみ1:1および1:3混植より有意に高かった（Fig. 4）。2000年の単植におけるPADは、7月13日、17日、21日および25日において1:3混植のそれより有意に高かった（Fig. 4）。2002年と2004年の単植におけるPADは、それぞれ8月1日、7月29日において1:3混植のそれより有意に高かった（Fig. 5）。このように、葉いもちの発生量に関係なく、PADは葉いもち最盛期（穂ばらみ期）において1:3混植で抑制された。

〔考　察〕

本章では、葉いもちの病斑数の推移と地表からの病斑の垂直分布を調査することで、マルチラインにおけるいもち病発病抑制機構を明らかにしようとした。

混植における葉いもち病斑は、葉いもち最盛期において、イネ群落内の下層により多く分布した。イネの出穂は、1999年は7月28日、2000年は7月29日、2002年は8月3日、2004年は8月1日に圃場内ではじめて認められた。出穂日から約1週間の出穂期間中に、混植において葉いもち病斑は下層での分布割

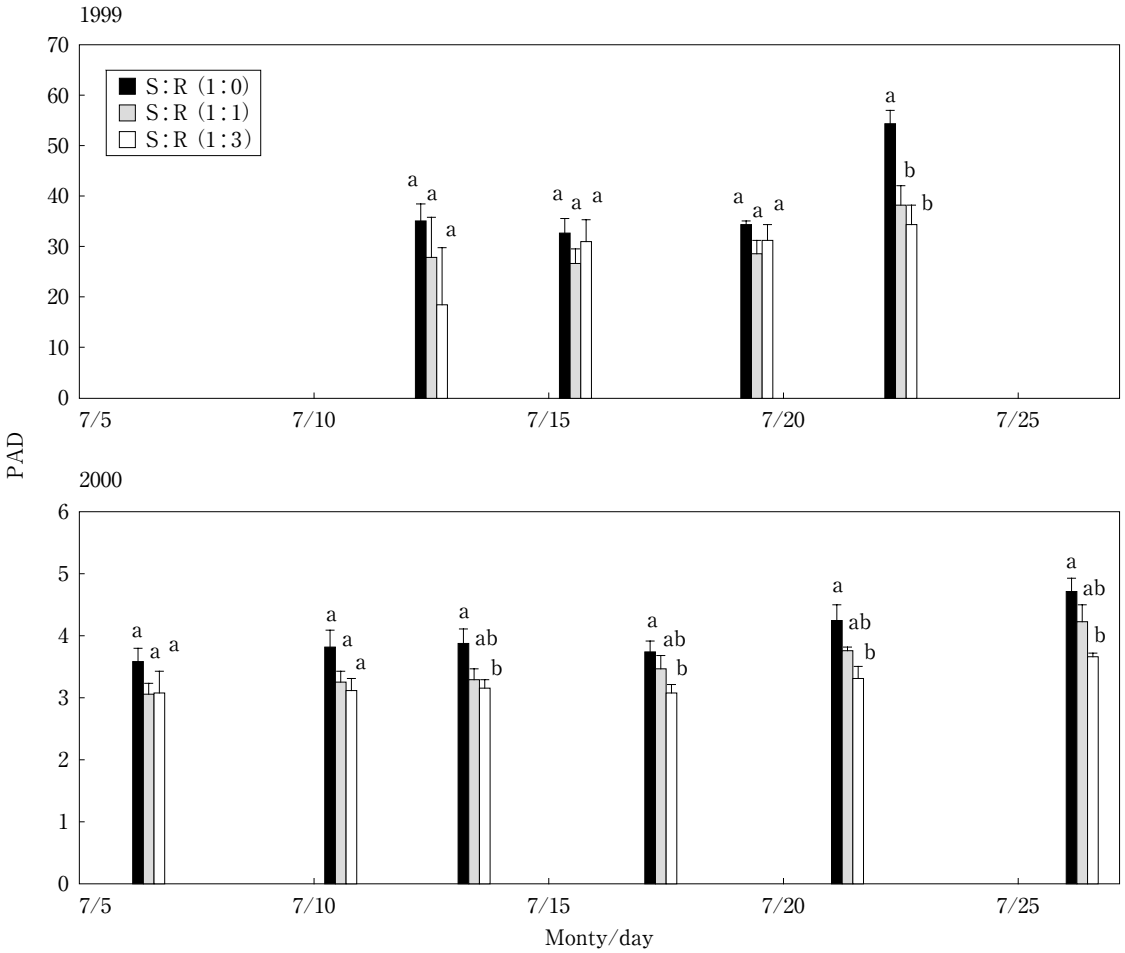

Fig. 4 The percentage of average distance of leaf blast lesions on leaves from the ground at each assessment date to the average plant height at the last assessment date (PAD) in pure stands of susceptible Sasanishiki (S:R = 1:0), 1:1 mixture of Sasanishiki and resistant near-isogenic line, Sasanishiki BL7 (S:R = 1:1) and 1:3 mixture (S:R = 1:3) during leaf blast epidemics in 1999 and 2000. Same letters are not significantly different according to Tukey's test ($P < 0.05$). Vertical bars indicate standard deviations.

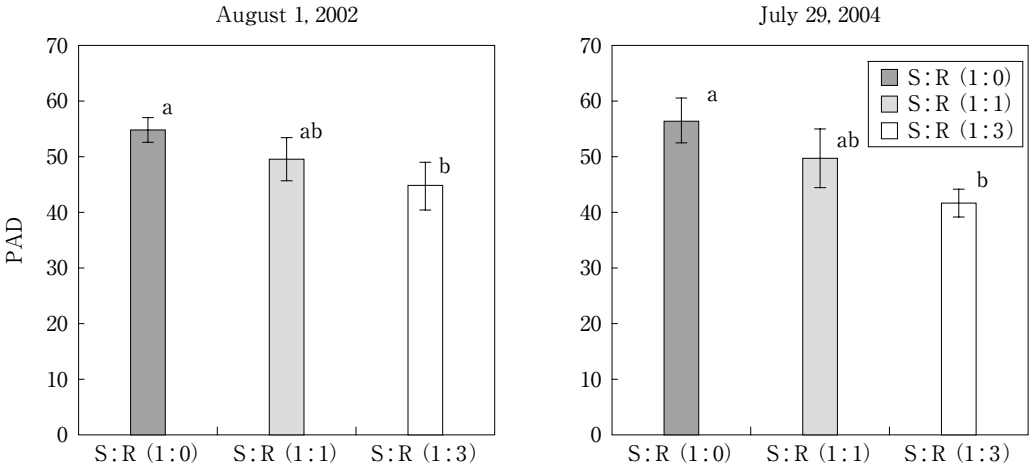

Fig. 5　The percentage of average distance of leaf blast lesions on leaves from the ground at each assessment date to the average plant height at the last assessment date (PAD) in pure stands of susceptible Sasanishiki (S:R = 1:0), 1:1 mixture of Sasanishiki and Sasanishiki BL7 (S:R = 1:1) and 1:3 mixture (S:R = 1:3) on 1 August 2002 and 29 July 2004. Same letters are not significantly different according to Tukey's test ($P < 0.05$). Vertical bars indicate standard deviations.

合が高いと考えられる。加藤・佐々木[32]は、罹病性系統単植において、上層と中層に分布する葉いもち病斑が穂いもちの発病に関与する可能性は、それぞれ下層のそれより4倍と2倍あることを報告している。同様に、混植においてもこのような可能性が考えられる。特に、混植で葉いもち病斑が下層に多く分布することにより、穂いもちの発生への影響度がより小さくなると考えられ、マルチラインにおける穂いもちの発生量に葉いもち病斑の垂直分布が影響する可能性が示唆された。一方、葉いもちの発生量の多少に関係なく、単植より混植において葉いもち病斑が下層に多く分布した。これは、抵抗性系統の混植によって2次伝染以降の病勢進展が抑制されたことのみが原因ではなく、垂直進展を抑制する別の要因が関与している可能性が考えられた。この要因は不明であるが、病斑数の増加に伴うイネ体の感受性の変化が単植と混植で違うか否か等を解明する必要があると考えられた。

2．同質遺伝子系統における誘導抵抗性の発現

1）葉身における非親和性イネいもち病菌による葉いもちの発病抑制

非親和性イネいもち病菌を前接種されたイネは、抵抗性を発現し過敏感反応により非親和性菌の侵入を抑制する。その後、親和性イネいもち病菌を後接種すると、親和性イネいもち病菌の感染行動が抑制される。これは、非親和性菌による誘導抵抗性[48、56]と呼ばれている。

マルチラインの発病抑制機構の一つには、この誘導抵抗性が関与するとされている。藤田ら[20]は、異なる病斑型を形成する非親和性イネいもち病菌を用いて、葉いもちの発病抑制程度を比較した。その結果、葉身上にbg型の停止型小病斑を形成する非親和性菌を前接種した場合に、後接種した親和性菌の病斑数の減少率が最も高く、非親和性菌を接種しても無病徴（HR型）である場合にはこの率が低いことを報告している。このため、病斑型によって発病抑制程度が異なることを示している。また、岩野[28]は、胞子濃度の違いが発病抑制に及ぼす影響についても検討し、高濃度であるほど病斑数と病斑面積を減少させる効果が高いことを報告している。

このように、誘導抵抗性による病斑形成の抑制効果は報告されているが、マルチラインを構成する同質遺伝子系統を用いたイネ葉身の組織・細胞レベルでの反応の差異については明らかでない。イネ葉身では、親和性菌および非親和性菌の接種による細胞反応の差異は、6種の型に分類されている[44、45]。同質遺伝子系統では、真性抵抗性以外の形質が戻し交配された親品種と同質であるため、抵抗性遺伝子間の真性抵抗性発現の差異を葉身レベルで比較する材料として適している。さらに、真性抵抗性遺伝子型

の違いが非親和性菌による発病抑制程度に影響すると考えられる。このことから、同質遺伝子系統を用い、葉身表皮細胞における非親和性菌の前接種による発病抑制の違いを明らかにすることは、マルチラインにおける発病抑制機構を解明するためにも重要である。また、発病抑制の及ぶ範囲は、葉鞘裏面にいもち病菌を接種して顕微鏡で観察する方法[2、74]がこれまで用いられてきたが、葉身でその範囲を詳細に調査した報告はない。そこで、非親和性菌の葉身への接種による発病抑制程度について、「ササニシキ」同質遺伝子系統間で差異が認められるかどうかを明らかにしようとした。

〔材料と方法〕

供試材料は、８種類の「ササニシキ」同質遺伝子系統と４種類のイネいもち病菌を用いた（Table 4）。供試いもち病菌株に対する同質遺伝子系統の反応は、Table 4に示した。滅菌した育苗用山土に、N、P_2O_5およびK_2Oをそれぞれ13％含有した化成肥料を、2.5g/kgの割合で均質に混和した。これをシードリングケース（長さ15cm×幅５cm×深さ10cm）当たり５粒２列で合計10粒を播種し、第７葉が完全展開するまで温室内（22～32℃）で育苗した。

いもち病菌の接種は、相対湿度30％で形成した成熟胞子を対象に、培地表面に少量ずつ滅菌水を加えながら浮遊したものを集めた以外は常法に従った。

Table 4　Sasanishiki near-isogenic lines and their reactions to races of *Pyricularia grisea*

Near-isogenic line	Complete resistance gene	Isolate（Race）			
		TH68-141 (003.0)	Ai74-134 (477.1)	Ina85-182 (303.0)	Ina86T-02 (303.2)
Sasanishiki BL1	*Pia* *Pik*	R[a]	S	R	R
Sasanishiki BL2	*Pia* *Pik-m*	R	S	R	R
Sasanishiki BL3	*Pia* *Piz*	R	S	R	R
Sasanishiki BL4	*Pia* *Piz-t*	R	S	R	R
Sasanishiki BL5	*Pia* *Pita-2*	R	R	S	S
Sasanishiki BL6	*Pia* *Pita*	R	R	S	S
Sasanishiki BL7	*Pia* *Pib*	R	R	R	S
Sasanishiki BL8	*Pia* *Pii*	R	S	R	R

a）R, resistant; S, susceptible.

（１）非親和性イネいもち病菌の前接種が親和性菌による病斑伸展に及ぼす影響

８種類の「ササニシキ」同質遺伝子系統の完全展開した第７葉の葉身（以下、葉身）に、10^5個/mlに調製した非親和性イネいもち病菌株TH68-141（レース003.0）の胞子懸濁液（0.02％のTween 20を含む）を１個体当たり８ml噴霧（前接種）した。対照には、0.02％のTween 20を含む滅菌水を同様に噴霧した。これらのイネは、相対湿度100％で暗黒下に20時間、24±１℃の範囲で調節した接種箱中に静置した。その後、温室に移し、7000～8000 lxでメタルハライドランプによる照明を16時間補光して25℃に保ち、８時間は無照明で20℃に保った。前接種から72時間後に、病菌移植パンチ（藤原製作所社製）を用いて直径２mmの大きさに付傷した葉身に、8×10^5個/mlに胞子濃度を調製し、カルボキシルメチルセルロース（CMC）を１g/mlの濃度になるよう添加して粘性を高くした接種菌液をのせた[50]。そして、この接種は、葉身の主脈をはさんでいずれか一方の葉身を対象に、葉先から葉の付け根までの距離の中央の位置で行った。接種イネは、再び接種箱内に20時間静置し、その後温室へ戻した。前接種から13日後に、デジタルマイクロメータ（ミツトヨ製）を用いて病斑長を測定した。なお、親和性イネいもち病菌として、「ササニシキBL１号」、「２号」、「３号」、「４号」および「８号」に対し愛74-134菌株（レース477.1）、同「５号」および「６号」に対し稲85-101菌株（レース303.0）、同「７号」に対し稲86T-02（レース303.2）をそれぞれ供試した（Table 4）。

（２）前接種した非親和性菌の胞子濃度が親和性菌による病斑伸展に及ぼす影響

「ササニシキBL４号」と「８号」の葉身に、10^5、5×10^5、10^6個/mlの濃度にそれぞれ調製した非親和性菌株TH68-141の胞子懸濁液を８mlずつ噴霧接種した。親和性菌には愛74-134菌株を用い、接種法や病斑長の測定は上述の方法に従った。

（３）非親和性菌を接種した葉身の近接部位での親和性菌の病斑伸展への影響

「ササニシキBL４号」と「８号」の葉身を25cm×35cmのアルミニウム板上に静置させ、内径８mm、外径10mm、厚さ５mmのシリコンリングを葉身中央部から前後１cmの距離に１個ずつ（合計２個）置き、それらの中に1.5×10^5個/mlに調製した非親和性菌株TH68-141の胞子懸濁液を前接種した。接種は、接種箱内で行い、その後接種苗を温室へ移した。前接種から72時間後に２つのリングの間で主脈を避けた葉身に上述の方法で親和性菌株愛74-134を接種した。前接種から12日後に、リング間の葉身上に生じた病斑の長さを測定した。

（４）非親和性菌の前接種が葉身表皮細胞の侵入部位における親和性菌の菌糸伸展に及ぼす影響

「ササニシキBL４号」と「８号」の葉身に、非親和性菌株TH68-141の胞子を1.5×10^5個/mlの濃度に調製したものを噴霧して前接種した。前接種から72時間後に親和性菌株愛74-134の胞子を1.5×10^5個/mlの濃度に調製したものを噴霧（後接種）した。前接種から７日後に葉身を１cmの長さに切断し、葉身透明化法[43]により透明化し、クリスタルバイオレット（Merck Co.）で染色して光学顕微鏡で観察した。葉身表皮細胞における菌糸伸展は、菌糸伸展度[72、73]によって分類した。

（５）葉身表皮細胞の侵入部位における反応

「ササニシキBL４号」と「８号」の葉身表皮細胞における細胞反応の違いを明らかにするために、（４）と同様の方法で非親和性菌を前接種し親和性菌を後接種してから、葉身透明化法を用いて光学顕微鏡で観察した。細胞反応は６種類の感染型[44、45]に分類した。

（６）統計処理

上記試験は８個体以上のイネを供試し、試験は少なくとも３回繰り返して行った。菌糸伸展と細胞反応は、侵入部位数でそれぞれ30および100カ所を観察し、平均値を算出した。得られたデータは、分散分析を行い、F値が有意であったとき、Studentの t 検定で処理間の比較を行った。また、前接種する非親和性菌の胞子濃度の差の影響を評価するために、Tukey法で多重比較を行った。ノンパラメトリックなデータである菌糸伸展のデータには、Wilcoxon's rank-sum testを適用した。

「ササニシキBL４号」と「８号」の葉身表皮細胞の反応型の出現頻度を比較するために、Fisher's exact testを用いた。また、ここでは、「ササニシキBL８号」に特異的に生じる葉身表皮細胞の褐変が親和性菌による侵入を抑制するかどうかを明らかにするために、次式を用いて検証を試みた。すなわち、褐変細胞（B）の予測出現頻度（P）は、次式で表される。

$$P(B) = (TAVV(AV/TAV + V/TV)/2)$$

ここで、AVは非親和性菌の前接種によって誘導される褐変細胞の出現頻度、Vは親和性菌の接種によって誘導される褐変細胞の出現頻度、TAVは非親和性菌の接種によって誘導される感染型の総数、TVは親和性菌の接種によって誘導される感染型の総数、$TAVV$は非親和性菌の前接種後に親和性菌を接種することで誘導される感染型の総数を示す。本式を用いて、非親和性菌の前接種が細胞質の顆粒化反応を生じさせこれが親和性菌の侵入を抑制するか否かについても比較した。これらの仮説は、５％の有意水準で検定した。得られたすべてのデータの解析は、Statistical Analysis Software（SAS Institute, Cary, NC, release 6. 11）を用いて統計処理を行った。

〔結　果〕

（１）非親和性菌の前接種による親和性菌の病斑伸展抑制程度の系統間差

非親和性菌（10^5個/ml）を前接種した８種類の同質遺伝子系統の親和性菌による病斑長の違いをFig. 6に示した。病斑長の抑制程度は、「ササニシキBL１号」～「８号」において、それぞれ0.98mm、1.4mm、1.4mm、0.97mm、1.7mm、1.6mm、

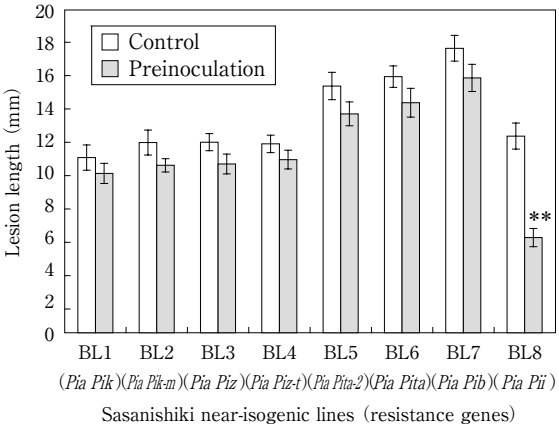

Fig. 6　Effect of preinoculation with an incompatible isolate TH68-141 (race 003.0) of *Pyricularia grisea* on lesion length after punch inoculation with one of three compatible isolates (Ai74-134, race 477.1; Ina85-101, race 303.0; Ina86T-02, race 303.2) in eight Sasanishiki near-isogenic rice lines. BL number indicates Sasanishiki BL number. Reactions of Sasanishiki near-isogenic lines to the races were shown in Table 4. Values with an asterisk are significantly different from those of the control according to Student's t-test (**, $P<0.01$). Vertical bars represent standard errors.

1.8mm、6.3mmであった。これらのなかで、「ササニシキBL 8 号」のみで非親和性菌の前接種により有意に親和性菌による病斑長が抑制された。他の 7 系統は、抑制程度が低く、有意差が認められなかった。「ササニシキBL 8 号」では、非親和性菌の接種により褐点型の病斑が観察されたが、他の 7 系統では認められなかった。この褐点型病斑は、前接種から96時間後に観察された。

（2）非親和性菌の前接種する胞子濃度と親和性菌の病斑伸展抑制程度との関係

「ササニシキBL 4 号」と「 8 号」に対する非親和性菌の前接種胞子濃度が後接種した親和性菌による病斑の伸展抑制に及ぼす影響を調べた結果、「ササニシキBL 4 号」では 5 ×10^5と10^6個/ml、「ササニシキBL 8 号」では10^5、5×10^5と10^6個/mlの胞子濃度で有意に病斑伸展が抑制された。また、非親和性菌の胞子濃度が高まるほどその抑制程度が大きかった（Table 5）。

Table 5 Effect of spore concentration in preinoculation spray of an incompatible isolate TH 68-141 (race 003.0) of *Pyricularia* grisea on subsequent development of leaf blast lesions after challenge inoculation with a compatible isolate Ai74-134 (race 477.1) on Sasanishiki BL4 and BL8

Avirulent spore concentration (conidia/ml)	Lesion length (mm) on	
	Sasanishiki BL4 (*Pia Piz-t*)[a]	Sasanishiki BL8 (*Pia Pii*)
0 (Control)	20.9 ± 1.06 a[b]	13.8 ± 0.94 a
1×10^5	19.1 ± 0.92 ab	8.03 ± 0.5 b
5×10^5	16.3 ± 0.76 bc	6.04 ± 0.86 bc
1×10^6	14.9 ± 0.87 cd	4.75 ± 0.65 c

a) Blast resistance gene.
b) Values indicate means ± standard errors. Values followed by the same letters in a column do not differ significantly according to Tukey's test (P < 0.05).

（3）非親和性菌の前接種部位が親和性菌の病斑伸展に及ぼす範囲

前接種から96時間後では、「ササニシキBL 4 号」の葉身には、病斑が観察されなかったが、「ササニシキBL 8 号」ではリングの内径と同じ大きさの範囲に褐点が認められた。両系統ともに、非親和性菌の前接種部位まで病斑は伸展しなかったが、対照では通常の病斑伸展が認められた（Fig. 7）。

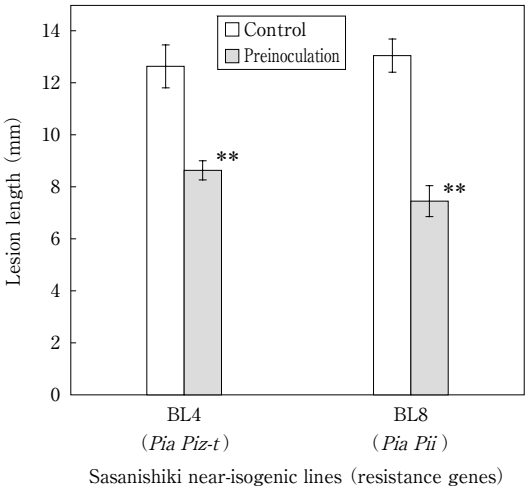

Fig. 7 Effect of preinoculation with incompatible isolate TH68-141 (race 003.0) of *Pyricularia grisea* on lesion expansion after challenge inoculation with compatible isolate Ai74-134 (race 477.1) at noninoculated areas with a distance of 1cm between the two preinoculation sites on leaf blades. BL number indicates Sasanishiki BL number. Values with asterisks are significantly different from those of the controls according to Student's *t*-test (**, P<0.01). Vertical bars represent standard errors.

（4）非親和性菌の前接種が葉身表皮細胞における親和性菌の菌糸伸展に及ぼす影響

非親和性菌を前接種した葉身表皮細胞の菌糸伸展度の平均値は、「ササニシキBL 4 号」で2.76および「ササニシキBL 8 号」で1.96であり、対照の3.89および5.15より低かった。菌糸伸展度の中央値を比較すると、「ササニシキBL 4 号」でP < 0.05、「ササニシキBL 8 号」でP < 0.01の水準で有意に菌糸伸展が抑制されていた（Fig. 8）。

（5）葉身表皮細胞における細胞反応の差異

非親和性菌の前接種により、「ササニシキBL 4 号」の葉身表皮細胞では、無反応か細胞質の顆粒化を生じたが、わずかに菌糸伸展が観察されるものもあった。一方、「ササニシキBL 8 号」では、付着器直下の細胞とそれに隣接する 2 ～ 5 個の表皮細胞の褐変が観察された。そして、親和性菌を接種した「ササニシキBL 4 号」と「 8 号」ともに菌糸伸展が認められ、侵入部位では細胞内容物の顆粒化と無反応のものが観察された。

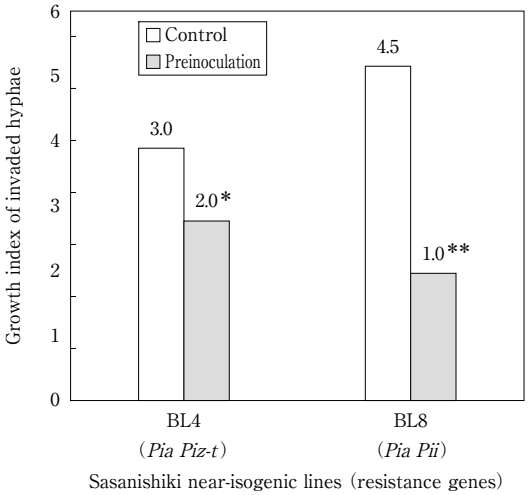

Fig. 8　Growth of invading hyphae of *Pyricularia grisea* in leaf epidermal cells challenge inoculated with compatible isolate Ai74-134 (race 477.1) on Sasanishiki BL4 and BL8 after preinoculation with incompatible isolate TH68-141 (race 003.0). Invaded hyphae in the epidermal cells were classified according to the hyphal growth index of Takahashi (1956). Bars with values indicate medians. The values with asterisk are significantly different from those of the controls according to Wilcoxon's rank-sum test (*, $P < 0.05$; **, $P < 0.01$).

「ササニシキBL 8 号」では、表皮細胞の褐変化が高い頻度で有意に認められ（$P < 0.05$）、侵入菌糸の出現頻度も低かった。しかし、「ササニシキBL 4 号」ではこのような差は認められなかった（Table 6）。

〔考　察〕

本章では、「ササニシキ」同質遺伝子系統間で葉身に対する非親和性菌の前接種によって誘導される抵抗性の機構を明らかにするために行った。病斑の伸展は、非親和性菌を接種すると褐点が生じた場合に抑制された。藤田ら[20]は、非親和性菌を前接種することで、葉身上に生じる停止型小病斑（bg型）が、病斑の認められない過敏感反応型（HR型）よりも葉いもちの病斑伸展を抑制する効果が高いことを示している。このように、非親和性菌の前接種によって生じる病斑型によって、葉いもちの発病抑制程度が異なる。山崎・清沢[83]は、真性抵抗性遺伝子*Pii*を持つイネ品種「石狩白毛」に非親和性菌を噴霧接種すると褐点（R型）の病斑が生じることを報告している。この反応は、本試験で使用した「ササニシキBL 8 号」と同様であったと考えられる。一方、葉身上での発病抑制の範囲も、非親和性菌の前接種胞子濃度により変化すると考えられる。岩野[28]は、非親和性菌の前接種胞子濃度が高いほど、親和性菌による病斑の数と大きさに影響を及ぼすことを報告している。本試験でも、過去のこれらの報告と同様の結果であったのに加えて、系統間で発病抑制程度に差があることが明らかとなった。

既往の報告では、葉身における誘導抵抗性が局在的か全身的かについては明らかになっていない。そ

Table 6　Infection types of Sasanishiki BL4 and BL8 observed in epidermal cells of leaf blades preinoculated with either distilled water (control) or a spore suspension of an incompatible isolate of *Pyricularia grisea* with or without preinoculation challenge with a compatible blast isolate

Infection type	Sasanishiki BL4 (*Pia Piz-t*) a)			Sasanishiki BL8 (*Pia Pii*)		
	AV b)	V	Pre-AV + V	AV	V	Pre-AV + V
Unsuccessful penetration with no host reaction	231 c)	56	108	231 c)	74	189 (195)
Unsuccessful penetration with host cytoplasmic granules	125	14	18	125	16	41 (37)
Poorly developed invading hyphae with host cytoplasmic granules	3	2	0	3	6	4 (8)
Well-developed invading hyphae without host cytoplasmic granules	0	34	0	0	22	23 (28)
Well-developed invading hyphae with host cytoplasmic granules	0	1	0	0	2	0 (2)
Unsuccessful penetration with host cell browning	0	0	36	0	0	47 (34) *

a) NIL carrying complete resistance genes in parentheses.
b) AV, an incompatible isolate TH68-141 (race 003.0); V, a compatible isolate Ai74-134 (race 477.1); Pre-AV + V, inoculation with V after preinoculation with AV. V was inoculated 96 h after preinoculation with distilled water (control) or AV.
c) Sum of all infection types.
d) Predicted sum of all infection types.
* Value significantly differs from the predicted value according to Fisher's exact test ($P < 0.05$).

こで、本試験では、シリコンリングによる局在接種とパンチ接種を組み合わせることにより、非親和性菌の前接種部位の近接部位では、非接種部位まで病斑の伸展を抑制する効果があることを示した。その抑制程度は、非親和性菌を接種した部位から「ササニシキBL 4 号」で 2 mm、「ササニシキBL 8 号」で2.5mmに及ぶことが明らかになった。Park and Kim[62]は、非親和性菌の前接種はその接種を行った部位から 3 cm離れた部位まで病斑の大きさを減少させる効果があることを報告している。しかし、彼らが用いた胞子濃度は我々の試験より高い。非親和性菌の胞子濃度と病斑伸展の抑制との関係については、抑制の範囲をより明確にする必要がある。

菌糸侵入と細胞内での菌糸伸展の抑制は、イネに寄生性のない非病原性いもち病菌株をイネの剥離葉鞘に前接種して光学顕微鏡で観察する試みがなされている[2]。しかし、葉身では、誘導抵抗性による感染抑制機構を組織・細胞学的に明らかにした報告はないため、「ササニシキ」同質遺伝子系統を使って発病抑制の範囲を明らかにする必要があると考えた。非親和性菌の前接種によって生じたｂ型病斑は、無病徴（HR型）の葉身表皮細胞よりも菌糸伸展を抑制した。これは、細胞反応の型が異なると発病抑制の範囲が異なることを示している。また、「ササニシキBL 4 号」では表皮細胞の褐変は全く認められず、「ササニシキBL 8 号」のみにこの褐変が特異的に認められた。さらに、細胞質の顆粒化反応はいずれの系統でも認められたことから、非親和性菌による顆粒化反応は、親和性菌による菌糸侵入を抑制する効果が低いと考えられた。菌糸の侵入を抑制する範囲は、「ササニシキBL 4 号」の方が「ササニシキBL 8 号」より小さいと考えられた。

以上の結果から、マルチラインにおいて非親和性イネいもち病菌による誘導抵抗性は、葉いもちの発病抑制の 1 要因になる可能性があると考えられる。

2）非親和性菌による穂いもちの発病抑制

マルチラインを利用していもち病を効果的に防除するためには、葉いもちだけでなく穂いもちについても十分な知見を得る必要がある。岩野[28]は、圃場でイネの穂に非親和性イネいもち病菌を噴霧接種し、発病初期には発病抑制効果が高いが後期に劣ることを報告している。また、Manandhar *et al.*[49]は、非親和性イネいもち病菌を圃場のイネ葉に噴霧接種し、首いもちの発生程度が減少したことを報告している。しかし、これら以外に、穂における誘導抵抗性に関する報告はない。そこで、穂に非親和性イネいもち病菌を接種した場合の「ササニシキ」同質遺伝子系統の発病程度と、本系統の穂における発病抑制を検討した。

〔材料と方法〕

（1）供試植物と栽培

供試イネは、「ササニシキ」（真性抵抗性遺伝子*Pia*を保有）、「ササニシキBL」 8 種（Table 4）および「東北IL1号」（*Pik-s*）を用いた[66]。育苗用山土を用い、これを1/5000aのワグネルポットに詰め、N、P_2O_5およびK_2Oをそれぞれ13%含有した化成肥料をポット当たり 6 gとなるよう元肥として施用した。これに催芽籾を円形20粒法[65]で播種し、無加温のガラス室で3.5葉期まで育苗した。その後は、これらを簡易水槽内に移して管理した。また、主茎のみを生育させ出穂期をそろえた。接種・調査には、接種日を含めて 3 日以内に穂首が抽出した全ての穂（1 ポット当たり12～18穂）を供試した。なお、多肥条件を維持するため、出穂前に追肥として硫酸アンモニウムの水溶液を、窒素成分でポット当たり0.2gの割合で 2 回に分けて施用した。さらに、穂いもちの発病を促すため、接種箱から温室へ搬入した日にポット当たり窒素成分で0.2gの硫酸アンモニウムをそれぞれ追肥した。

（2）供試イネいもち病菌

東北農業研究センター水田利用部保存のイネいもち病菌株Kyu89-246（レース003.0）、稲85-182（同003.0）、GFOS8-1-1（同303.0）および愛74-134（同477.1）を用いた。

（3）非親和性菌の接種による「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂いもち発病

非親和性菌株の接種による「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂における発病の系統間差異を明らかにするために、次の試験を行った。「ササニシキBL 1 号」～「 8 号」の穂（各 3 ポット）に非親和性菌株Kyu89-246および稲85-182をそれぞれ10^5個/mlに調製した胞子懸濁液を 1 穂当たり 2 ml、ガラス製噴霧器で接種し、これらを25℃で相対湿度100%の接種箱内に20時間静置した。その後、これらを昼間25℃、夜間20℃（平均22℃）の温室に搬入して管理した。発病調査は接種から20日後に行い、浅賀の穂いもち調査基準[3]の階級値を0.5刻みで21段階に細分

化して、１穂ごとに各階級値に対応した被害籾率を算出した。なお、比較のため供試菌株に罹病性の「ササニシキ」および「東北IL１号」を用い、同様の方法で接種した。

（４）前接種した非親和性菌の接種濃度の違いが後接種した親和性菌による発病に及ぼす影響

前接種菌の胞子濃度の違いが後接種菌の発病抑制に及ぼす影響を明らかにする目的で行った。すなわち、上述の方法で出穂期をそろえた「ササニシキBL４号」の穂（各８ポット）に非親和性菌株Kyu89-246を10^5、５×10^5および2.5×10^6個/mlの濃度に調製した胞子懸濁液を前項と同一の方法で噴霧により前接種した。その72時間後に親和性菌株愛74-134を10^6個/mlの濃度に調製した胞子懸濁液を噴霧により後接種し、前接種から22日後に被害籾率を調査した。なお、非親和性および親和性菌株のみを接種した「ササニシキBL４号」の穂（各７ポット）についても同様の調査を行い比較した。温室内での管理は、前項の方法に準じた。

（５）非親和性菌を高濃度で前接種し親和性菌を後接種した場合の穂いもち発病

非親和性菌株の高濃度前接種の影響が同質遺伝子系統間で異なるかどうかを明らかにするため本試験を行った。出穂期をそろえた「ササニシキBL３号」、「４号」および「６号」の穂（各３ポット）にそれぞれ非親和性菌株のKyu89-246を2.5×10^6個/mlの濃度に調製した胞子懸濁液を噴霧接種した。前接種から72時間後に「ササニシキBL３号」および「４号」には親和性菌株愛74-134を、「ササニシキBL６号」には同GFOS8-1-1をそれぞれ10^6個/mlの濃度に調製した胞子懸濁液を噴霧接種して、前接種から24日後に発病程度を調査した。なお、各系統に親和性菌株のみを接種した穂を比較のために用いた。温室内での管理は上述の方法に準じた。

〔結　果〕

（１）非親和性菌による「ササニシキ」同質遺伝子系統間の穂いもち発病程度の差異

本試験結果をFig. 9に示した。非親和性菌の胞子懸濁液（10^5個/ml）を接種した結果、全ての系統

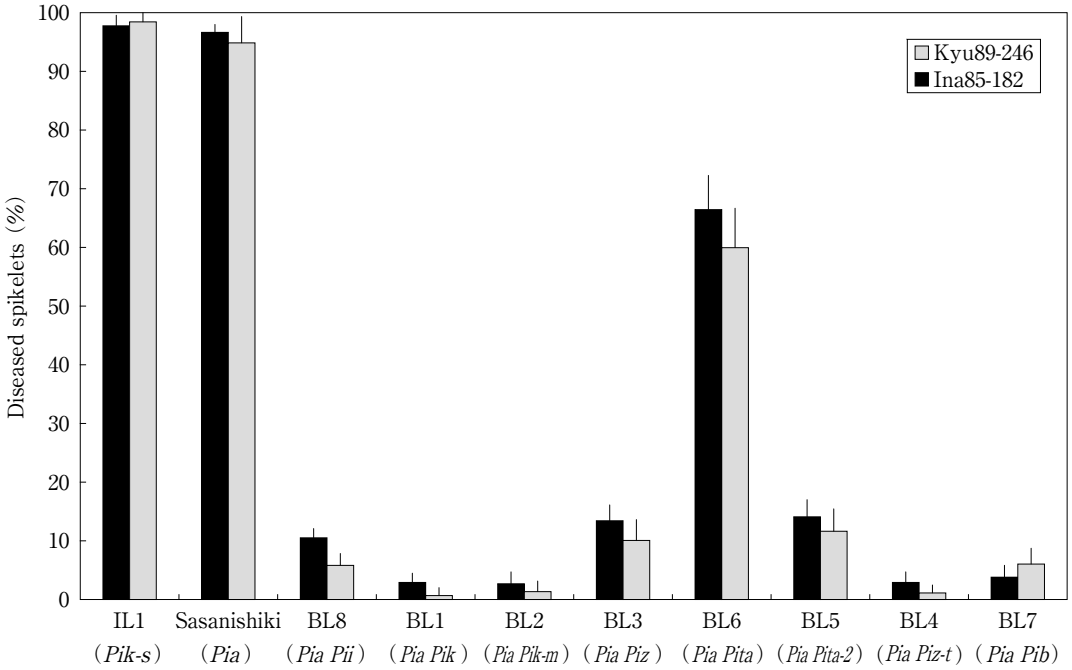

Fig. 9 Panicle blast severity of Sasanishiki near-isogenic lines after simultaneous inoculation with one of two blast isolates (Kyu89-246 and Ina85-182, race 003.0, 10^5 spores/ml). IL1, Tohoku IL1; BL8, Sasanishiki BL8; BL1, Sasanishiki BL1; BL2, Sasanishiki BL2; BL3, Sasanishiki BL3; BL6, Sasanishiki BL6; BL5, Sasanishiki BL5; BL4, Sasanishiki BL4 and BL7, Sasanishiki BL7. Tohoku IL1 and Sasanishiki are susceptible to race 003.0. The other eight lines are incompatible combinations with race 003.0. Bars on columns represent standard deviations.

が発病した。被害籾率は「ササニシキBL 6 号」が２菌株とも60%前後と最も高く、「ササニシキBL 3 号」、「５号」および「８号」が10%前後で、「ササニシキBL 1 号」、「２号」、「４号」および「７号」は５%以下と最も低かった。一方、親和性菌を接種した「ササニシキ」と「東北IL 1 号」の被害籾率は、いずれも95%以上ときわめて高かった。

（２）前接種した非親和性菌の接種濃度の違いが後接種した親和性菌による発病に及ぼす影響

本試験結果をFig. 10に示した。非親和性菌のみを10^5個/mlおよび５×10^5個/mlの濃度で接種した穂では被害籾率が低かった。しかし、同菌を2.5×10^6個/mlの高濃度で接種した穂では被害籾率がわずかに高くなった。一方、非親和性菌を前接種し親和性菌を後接種した穂では、前接種した菌株の胞子濃度が10^5個/mlと低い場合には非親和性菌の効果が認められなかったが、接種濃度が５×10^5個/ml、2.5×10^6個/mlと高くなるにつれ、親和性菌のみを接種した穂より統計的に有意に被害籾率が低くなった。

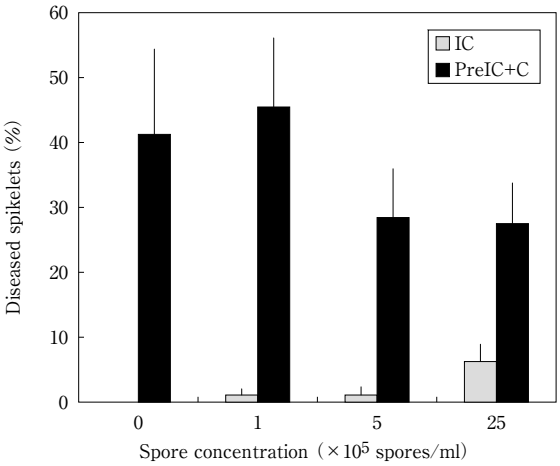

Fig.10 Effect of pre-inoculum spore concentration of incompatible blast isolate Kyu89-246 (race 003.0) on panicle blast severity caused by compatible isolate Ai74-134 (race 477.1) on Sasanishiki BL4 (blast resistance gene, *Pia* and *Piz-t*). IC, inoculated with the incompatible isolate; PreIC, pre-inoculated with the incompatible isolate; C, inoculated with the compatible isolate after pre-inoculation. Bars on columns represent standard deviations.

（３）非親和性菌を高濃度で前接種し親和性菌を後接種した場合の穂いもち発病

本試験結果をFig. 11およびFig. 12に示した。非親和性菌のみを接種した穂の被害籾率は、「ササニシキBL 6 号」、「３号」、「４号」の順に高く、特に「ササニシキBL 6 号」では非親和性菌の接種であるにもかかわらず、穂全体が枯死するものもあった。一方、親和性菌のみを接種した穂と非親和性菌を高濃度で前接種し親和性菌を後接種した穂の被害籾率を比較したところ、「ササニシキBL 3 号」および「６号」では、非親和性菌を前接種した穂は親和性菌のみの接種と同程度の被害籾率で、非親和性菌前接種による発病抑制効果がほとんど認められなかったが、「ササニシキBL 4 号」では非親和性菌の前接種により有意に被害籾率が低くなった。

〔考　察〕

非親和性菌の接種によってすべての同質遺伝子系統の穂が発病し、系統間で被害籾率に差が認められた。これは、穂では葉より真性抵抗性が明瞭に発現しにくく、罹病性に偏った反応を示す[68]ことが影響しているとともに、系統間で抵抗性程度に差があることを示唆している。一方、宮城県の農家圃場で実際に栽培されている「ササニシキBL」でも、非親

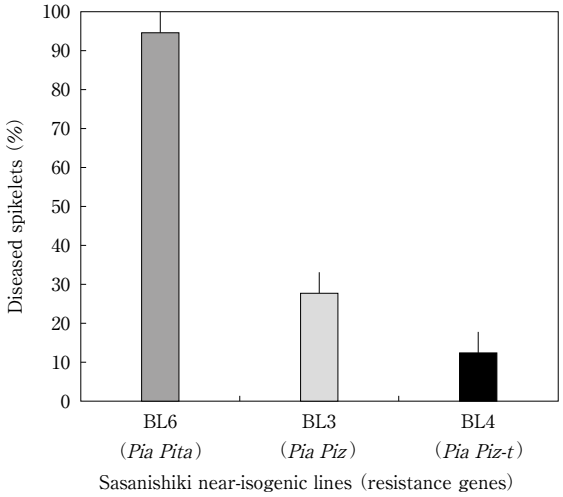

Fig.11 Severity of panicle blast on three Sasanishiki near-isogenic lines inoculated with a high spore concentration (2.5×10^6 spores/ml) of incompatible isolate Kyu89-246 (race 003.0). Sasanishiki near-isogenic lines are shown in Table 1. Bars on columns represent standard deviations.

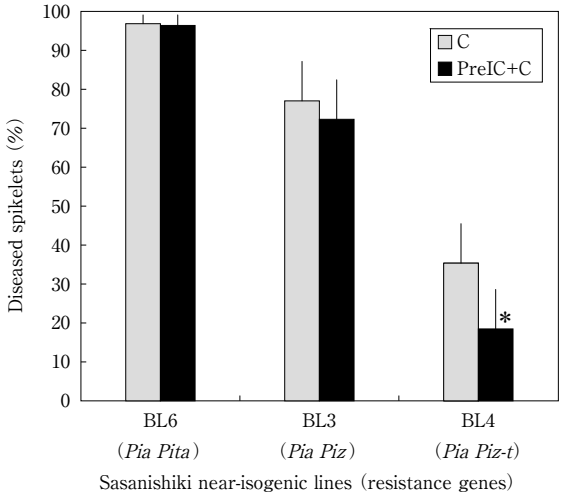

Fig.12 Effect of pre-inoculation with a high spore concentration（2.5×10^6 spores/ml）of incompatible isolate Kyu89-246（race 003.0）on panicle blast severity caused by compatible isolates on three Sasanishiki near-isogenic lines. Sasanishiki near-isogenic lines are shown in Table 1. C, inoculated with compatible isolate Ai74-134（race 477.1）to Sasanishiki BL3 and BL4, and an isolate GFOS8-1-1（race 303.0）to Sasanishiki BL6; PreIC, pre-inoculated with incompatible isolate. Bars on columns represent standard deviations. Value with an asterisk is significantly different from that of the control using *t*-test at 5% level.

和性菌によって「ササニシキBL」を構成する４系統すべての穂で発病することが確認されている[7]。これらのことから、「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂は葉身と異なり、非親和性菌の接種によっても発病するのが一般的であることが明らかとなった。

前接種する非親和性菌の胞子濃度が高いほど、「ササニシキBL４号」の穂では、後接種する親和性菌による発病が抑制された。この抑制機構は現在不明であるが、葉身では非親和性菌の接種胞子濃度が高いほど親和性菌による発病を抑制する[28、68]ことから、穂でも同様のことが抵抗性発現に関与しているのではないかと考えられた。

「ササニシキBL３号」、「４号」および「６号」の穂に高胞子濃度で非親和性菌を前接種し、親和性菌を後接種した結果、「ササニシキBL４号」のみで有意に発病が抑制された。これは、ササニシキ同質遺伝子系統のなかには、非親和性菌による発病抑制効果が認められる系統と認められない系統があることを示唆している。なお、「ササニシキBL１号」、「２号」および「７号」は、「ササニシキBL４号」と同様の発病抑制効果を示す可能性がある。

以上のように、「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂では、非親和性菌の接種により全ての系統が発病し、その発病程度に系統間差があること、非親和性菌による発病抑制は、接種濃度が高く、かつ、特定の系統のみに認められることが明らかとなった。よって、マルチラインの実際の栽培圃場で誘導抵抗性が働く条件は、非親和性のいもち病菌によって本病が多発しており、かつ、非親和性菌の感染による発病程度が低い系統が混植されている場合に限られると推察される。圃場での非親和性菌による穂いもち発病抑制は、単植した品種「ハマアサヒ」（*Pia Pib Pii Pik*）で発病初期に効果があり、後期では劣ったとされる報告のみであることから[28]、実際の混植圃場での発病抑制の有無については検討の余地が残されている。

３．圃場における同質遺伝子系統の発病と抵抗性発現

１）宮城県の「ササニシキ」マルチライン栽培圃場におけるイネいもち病菌のレース分布と混植系統の発病との関係

宮城県では1995年から「ササニシキBL」が普及したが、自家採種を行わないように指導されており、必ず採種圃産の種子由来のササニシキBLが作付けされている。ところが、作付け初年目に一部の栽培圃場で同品種を構成する一部の同質遺伝子系統が罹病化[76]したため問題となった。そこで、これらの系統を侵害するレースの分離頻度と罹病した系統の真性抵抗性遺伝子型の関係を調べるとともに、「ササニシキBL」を侵害するレースの伝染源が採種圃産の種子である可能性も考えられたので、「ササニシキBL」の採種圃場とその周辺圃場および「ササニシキBL」の一般栽培圃場を対象に調査を行った。

〔材料と方法〕

1996年および1997年には宮城県内各地の「ササニシキBL」栽培圃場、1998～2000年にかけては「ササニシキBL」栽培圃場と周辺圃場（1998年のみ）の穂いもち発病を調査し、栽培圃場全体をくまなく歩きながら罹病穂を採集し、これらからいもち病菌を単胞子分離して、常法に従いレースを同定した[6、38、81]。

また、採集した罹病穂の種子の一部を、常法で種子消毒してからシードリングケース（長さ15cm×幅５cm×深さ10cm）に５～10粒播種して20～25℃の温室で４葉期まで育苗した。これら幼苗に、東北農業試験場水田利用部保存のイネいもち病菌株新83-34（レース001.0、以下レース省略）、Kyu89-246（003.0）、稲86-137（007.0）、Kyu92-22（017.1）、24-2-1-1（037.1）、Kyu9439013（047.0）、笹森121（077.1）、愛74-134（477.1）の胞子を常法によりそれぞれ噴霧接種して、採集したイネの有する真性抵抗性遺伝子を推定した[5]。なお、「ササニシキBL」を構成する同質遺伝子系統は、1996年が「ササニシキBL１号」:「２号」:「３号」を３:３:４、1997～2000年が「ササニシキBL１号」:「２号」:「３号」:「４号」を１:１:４:４の比率で種子混合したものであった。また、調査した圃場に間違いなく「ササニシキBL」が作付けされていることや周辺の作付け品種を事前に確認しておいた。

〔結　果〕

1996～2000年は、1998年を除いていずれもいもち病の少発年であったこと、「ササニシキBL」栽培予定地域に分布するレースに対し抵抗性の同質遺伝子系統で「ササニシキBL」を構成したこともあり、調査した圃場のほとんどが0.1%以下の発病株率で、１穂当たりの被害籾率が１%程度の籾いもちがほとんどであった。しかし、1998年の採種圃場における被害籾率は「ササニシキBL」が0.2～7.5%、「ひとめぼれ」は9.8%であった。

Table 7　Pathogenic races of *Pyricularia grisea* isolated from Sasanishiki BL cultivated in Miyagi Prefecture from 1996 to 2000 and complete resistance genes in the rice infected by the races

Year Location	Race 003.0	007.0							037.1				Number of total isolates
	Pia[c]	*Pik-s*	*Pia*	*Pii*	*Pik*	*Pik-m*	*Piz*	*Piz-t*	*Pia*	*Pii*	*Pik*	*Pik-m*	
1996													
Kannari, Harada												100(2)	2
Kannari, Arikabe			100(2)										2
Shiwahime												100(3)	3
Wakayanagi												100(2)	2
Kurikoma			66.7(4)									33.3(2)	6
Marumori A[a]		100(2)											2
Marumori B											50.0(1)	50.0(1)	2
1997													
Naruse	100(1)[d]												1
Nakaniida							83.5(5)	16.7(1)					6
Sendai, Izumi			8.3(1)			8.3(1)	41.7(5)	41.7(5)					12
1998													
Furukawa A							50.0(1)				50.0(1)		2
Furukawa B			82.8(29)[e]				8.6(3)		8.6(3)				35
Furukawa C			91.7(11)					8.3(1)					12
Furukawa D[b]				76.9(10)						23.1(3)			13
Furukawa E							66.7(2)	33.3(1)					3
Semine A				95.2(20)	4.8(1)								21
Semine B				80.0(16)	15.0(3)	5.0(1)							20
1999													
Furukawa F							100(1)						1
Furukawa G							100(1)						1
Furukawa H								−(1)					1
2000													
Onoda						−(1)[f]							1

a) Location with alphabetical characters are different sampling points at same locations.
b) Samples were isolated from rice cultivar Hitomebore. The field Furukawa D was adjacent to Furukawa A, B and C.
c) Complete resistance gene identified using spray inoculation method.
d) Percentage of identified complete resistance gene in each location (number of isolated *P. grisea*).
e) Samples in Furukawa and Onoda from 1998 to 2000 (in **bold face**) collected are from seed production fields.
f) Not identified races.

「ササニシキBL」栽培圃場および採種圃場の罹病イネが有していると推定された主な真性抵抗性遺伝子は、各個体とも１遺伝子ずつで、*Pik-s*、*Pia*、*Pii*、*Pik*、*Pik-m*、*Piz*、*Piz-t* の７種類であった（Table 7）。

1996年と1997年に「ササニシキBL」の一般圃場から分離されたいもち病菌のレース構成は、003.0、007.0、037.1の３種類と単純であった（Table 7）。このうち、「ササニシキBL」の全構成系統に対して非親和性のレース007.0は、「ササニシキBL」を構成する多くの系統から分離された。また、1996年には「ササニシキBL1号」と「2号」のいずれにも非親和性のレース007.0が分離された。

〔考　察〕

「ササニシキBL」の構成系統は、*Pik-s*、*Pia*および*Pii*を保有しておらず、これらの遺伝子を有していた個体が「ササニシキBL」の栽培圃場内で認められたのは、種子の混ざりや前作のこぼれ種等に由来すると考えられる。このため、今回のような調査を行う場合、分離源のイネの真性抵抗性遺伝子型を調査する必要があるほか、移植した以外のイネ品種が株間で生育していないか等に注意する必要がある。

1996年と1997年の実態調査から、「ササニシキBL」栽培圃場に分布するレースには大きな年次変動が認められた。この変動要因の一つに、親和性のレースが採種圃場ですでに発生している年次があり、これが種子伝染の経路により伝染源となる可能性が考えられた。そこで、これを検討する目的で1998～2000年にかけて、「ササニシキBL」の採種圃場とその周辺圃場および「ササニシキBL」の一般栽培圃場におけるレース分布状況を調査した。つまり、ある年次に「ササニシキBL」の採種圃場で分離された侵害レースの種類と頻度が次年度に「ササニシキBL」の一般栽培圃場で分離された侵害レースのものとよく類似していれば、その種子が伝染源であった可能性が強く示唆されると考えた。しかし、本試験結果では、1998年の採種圃場の「ササニシキBL」とその隣接した「ひとめぼれ」（*Pii*）の採種圃場からレース007.0と037.1が分離された。これらのうち、「ササニシキBL」を侵害できるのはレース037.1のみであったが、次年度以降の「ササニシキBL」栽培圃場でレース037.1が分離されることはなかった。宮城県では、1998年の「ササニシキBL」採種圃場の種子は次年度の伝染源になる可能性が指摘されたため、1999年の作付けには使用されなかった（宮城県、長田　茂氏、私信）。このため、1999年に作付けされた「ササニシキBL」の種子には1997年産のものが使用された可能性が高い。

本調査の結果からは、採種圃産種子からの種子伝染の可能性は明らかにできなかった。しかし、少なくとも1998～2000年には「ササニシキBL」を侵害するいもち病菌レースが種子伝染する頻度は低かったと考えられる。

辻ら[76]や大場ら[59]の報告では、「ササニシキBL」を作付けしてから2年以内に構成系統を侵害するレースが分離されている。これらの由来は、周辺圃場からの飛び込みか「ササニシキBL」の栽培圃場内で出現したものか明らかでない。

なお、今回の試験結果から、「ササニシキBL」を構成するすべての系統の穂はそれぞれに対して非親和性のいもち病菌レース007.0により感染することが明らかとなった。今回の試験結果では採集標本数が少ないため、明確な結論は出せないが、「ササニシキBL」のなかで特定の系統がこの地域の優勢レース007.0に侵害されやすいという傾向は認められなかった。これは、各系統の穂上におけるいもち病菌レース間の適応度には大きな差がない可能性があることを示唆している。

２）多発試験圃場における同質遺伝子系統の葉いもちおよび穂いもち抵抗性

マルチラインでは、圃場に分布するいもち病菌レースに対し、混植された抵抗性同質遺伝子系統で真性抵抗性が発現することにより発病が抑制される。しかし、レース・判別品種体系[81, 82]で想定される反応と同様に、いずれの同質遺伝子系統においても、葉および穂で真性抵抗性が発現していることが必ずしも確認されているわけではない。

真性抵抗性を保有したイネ品種の葉に非親和性のいもち病菌を接種すると、真性抵抗性が発現し、一般に罹病性病斑は形成されない。しかし、真性抵抗性遺伝子*Pita*を持つ品種では、非親和性菌を噴霧接種するとRS型（弱度罹病型）の反応を示し、罹病性病斑に類似した病斑を形成することがある[82]。また、イネの穂では、一般に真性抵抗性の発現程度が葉よりも弱くて若干の発病がみられ、また、保有する真性抵抗性遺伝子が異なると、その発病程度に差があるとされている[68]。さらに、円形20粒播種法で育成した「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂に非親

和性いもち病菌を噴霧接種すると、穂いもちの発病程度に系統間で差があるとともに、接種する胞子濃度が高くなるほど穂いもちの発病程度が高まることが報告されている[8]。

これらのようなことが、一般の栽培圃場で混植される抵抗性同質遺伝子系統でも起こるとすれば、マルチラインにおける発病抑制効果が低くなり、本病が多発して被害が大きくなる可能性がある。そこで、本章では、東北農業研究センター水田利用部内の圃場で「ササニシキ」および「ひとめぼれ」の同質遺伝子系統を栽培し、多発条件下における各系統の葉および穂の被害程度を明らかにしようとした。

〔材料と方法〕

東北農業研究センター水田利用部内の圃場で、「ササニシキ」とその同質遺伝子８系統および「東北IL１号」は３反復、「ひとめぼれ」とその同質遺伝子５系統は２反復のそれぞれ乱塊法により圃場試験を行った。試験区は、条間22.5cm、株間22.5cm、条長20m、３条で１区とし、2001年５月16日に１株１本植えの栽植密度で、育苗した各系統の苗を手植えした。各試験区には、圃場全体のいもち病の発生量を多くするため、圃場抵抗性の弱い「ササニシキ」を１条ずつ、同様の栽植密度で手植えし、伝染源も設置した。すなわち、2000年に水田利用部内の圃場で採集した「ササニシキ」の罹病穂を長さ1.5mの園芸用支柱に３穂ずつ木綿のひもで結んで地表面から高さ60cmとなるようにし、これらを６月25日に試験圃場内に２m×４m間隔で設置した。基肥は、N、P_2O_5、K_2Oをそれぞれ13%含有した化成肥料を10a当たり60kgの割合で３月末に施用した。追肥は、硫酸アンモニウムを窒素成分で10a当たり１kgの割合で、６月28日と７月10日に施用した。

発病程度は、浅賀の基準[3]により評価（通常の11段階で達観による評価）し、葉いもちは７月23日に、穂いもちは９月３日にそれぞれ１区１系統当たり10株ずつ調査した。なお、褐点型病斑のデータも得るため、罹病性病斑に相当する病斑面積の褐点が生じている場合にはそれらも調査に加えた。

〔結　果〕

試験圃場では、葉・穂いもちともに多発した。本病の初発確認は７月２日で、これは６月26日の感染好適日に生じた感染によるものと考えられた。葉いもち初発時の病斑密度は、一般圃場より高かった。この後も感染好適日が多く出現したため（データ省略）、病勢の進展が著しく、葉いもちでズリコミ症状となる株もみられた。なお、７月23日に無作為に選んで回収した伝染源10穂のうち８穂で本菌の胞子形成が認められた。このことから、この伝染源は長期間機能していたものと推察される。

「ササニシキ」とその同質遺伝子系統の葉いもちの発病程度は、「東北IL１号」（真性抵抗性遺伝子*Pik-s*）、「ササニシキ」（*Pia*）および「ササニシキBL８号」（*Pii*）で高かったが、「ササニシキBL１号」（*Pik*）および「２号」（*Pik-m*）ではわずかに罹病性病斑が認められたのみで発病程度は低かった。「ササニシキBL３号」（*Piz*）、「５号」（*Pita-2*）、「６号」（*Pita*）、「７号」（*Pib*）では褐点型の病斑のみが認められ、「ササニシキBL４号」（*Piz-t*）では、病斑が全く認められなかった（Table 8）。

「ササニシキ」とその同質遺伝子系統の穂いもちの発病程度は、「東北IL１号」、「ササニシキ」および「ササニシキBL８号」できわめて高く、その他はいずれも低いが、「ササニシキBL３号」、「５号」および「６号」は、「ササニシキBL４号」および「７号」よりも発病程度が高かった（Table 8）。

「ひとめぼれ」とその同質遺伝子系統の葉いもちの発病程度は、「ひとめぼれ」（*Pii*）では罹病性病斑が認められたのに対し、他の系統では罹病性病斑は認められず、*Pik-m*および*Pita*系統では、褐点の抵抗性病斑のみがみられ、*Piz*、*Pia-2*および*Piz-t*系統では、全く病斑が認められなかった（Table 9）。

Table 8　Difference of blast severity among rice cultivar Sasanishiki and its near-isogenic lines

Near-isogenic line (Complete resistance gene)	Diseased leaf area (%) a)	Diseased spikelets (%)
Tohoku IL1（*Pik-s*）	20.3 b	81.5 a
Sasanishiki（*Pia*）	31.9 ab	79.5 ab
Sasanishiki BL1（*Pia Pik*）	0.09 c	4.2 def
Sasanishiki BL2（*Pia Pik-m*）	0.09 c	2.5 efg
Sasanishiki BL3（*Pia Piz*）	0.002 c	5.3 cde
Sasanishiki BL4（*Pia Piz-t*）	0 c	1.1 g
Sasanishiki BL5（*Pia Pita-2*）	0.005 c	5.8 cd
Sasanishiki BL6（*Pia Pita*）	0.01 c	8.7 c
Sasanishiki BL7（*Pia Pib*）	0.002 c	1.5 fg
Sasanishiki BL8（*Pia Pii*）	39.6 a	72.5 b

a) Values of log (X+1) transformed diseased leaf area and arcsine transformed diseased spikelets within the same column followed by different letters are significantly different according to Tukey's test (P = 0.05).

Table 9　Difference of blast severity among rice cultivar Hitomebore and its near-isogenic lines

Near-isogenic line (Complete resistance gene)	Diseased leaf area (%) a)	Diseased spikelets (%)
Hitomebore（*Pii*）	10.3	55.3 a
Pik-m line（*Pii Pik-m*）	0.003	1.4 c
Piz line（*Pii Piz*）	0	4.4 bc
Pita line（*Pii Pita*）	0.01	8.3 b
Pita-2 line（*Pii Pita-2*）	0	4.1 bc
Piz-t line（*Pii Piz-t*）	0	2 c

a) Multiple comparisons did not used for data of diseased leaf area according to nonhomoscedasticity. Values of arcsine transformed diseased spikelets within the same column followed by different letters are significantly different according to Tukey's test（$P = 0.05$）.

「ひとめぼれ」とその同質遺伝子系統の穂いもちの発病程度は、「ひとめぼれ」できわめて高かったが、その他はいずれも低く、*Pita*よりも*Pik-m*および*Piz-t*系統の発病程度が低かった（Table 9）。

〔考　察〕

本試験圃場に分布したいもち病菌のレース調査は行わなかった。しかし、葉いもちでは一般にいもち病菌レースに対する真性抵抗性遺伝子の反応が明確であるので、それを前提に各系統の発病程度から推定すると、たとえば、「ササニシキ」同質遺伝子系統の発病程度は「東北IL１号」、「ササニシキ」および「ササニシキBL８号」のみで高いことから、試験圃場で優勢なレースは007.0であった可能性が強く、さらに、「ササニシキBL１号」および「２号」ではわずかに罹病性病斑がみられたことから、レース037.1がわずかに分布した可能性もある。そのため、ここではレース007.0と037.1が分布していたものと仮定し以下の考察を行った。

Yamada *et al.* [81] の判別品種体系では、いもち病菌レースに対する真性抵抗性遺伝子の反応は抵抗性と罹病性に区別される。しかし、実際には判別品種の「ヤシロモチ」（*Pita*）では、非親和性いもち病菌を噴霧接種すると罹病性病斑にきわめて類似した葉いもち病斑を形成することがある[82]。今回供試した真性抵抗性遺伝子*Pita*を持つ系統でも圃場に分布すると考えられた非親和性菌の２レースに対し同様の反応を示す可能性があったが、本調査では、褐点型以外の葉いもち病斑は認められなかった。このため、供試系統の葉いもちの抵抗性反応は圃場条件でも本体系と一致していると考えられた。

本試験を行った圃場で分布していたと推定されるレースに対する抵抗性系統の穂いもちの発病程度は、「ササニシキ」同質遺伝子系統、「ひとめぼれ」同質遺伝子系統の両群系統ともに群内の系統間に差が認められた。すなわち、いずれも*Pita*、*Piz*および*Pita-2*を持つ系統の発病程度がやや高く、*Piz-t*および*Pib*（「ササニシキBL７号」のみ）をもつ系統の発病程度が比較的低かった。なお、「ササニシキBL１号」および「２号」では、「ササニシキBL７号」と同程度の発病程度であったが、罹病性の葉いもち病斑が認められたため、これら２系統の穂いもち発病には、非親和性菌以外に親和性菌も関与した可能性が考えられる。

温室内で生育をそろえた「ササニシキ」同質遺伝子系統の穂へ非親和性菌を接種した結果[8] と、本試験で示された「ササニシキ」同質遺伝子系統の発病の系統間差はほぼ同様の傾向が認められた。また、「ひとめぼれ」の同質遺伝子系統間でも、発病程度に「ササニシキ」同質遺伝子系統と同様の傾向が認められた。このことから、それぞれの系統が保有する真性抵抗性遺伝子と非親和性レースによる穂いもち発病程度には一定の関係があると推察される。

著者ら[7] は、宮城県で1996～2000年に抵抗性「ササニシキ」同質遺伝子系統のみを混合栽培した「ササニシキBL」の一般栽培圃場から採集した罹病穂からいもち病菌を分離して、レース検定を行った結果、各罹病穂に対して本来非親和性の菌が多く分離され、その頻度は、そのマルチラインを構成する同質遺伝子系統の混植比率と密接な関係がある可能性を指摘した。しかし、そのときの調査では、混植に用いた各系統のうち、圃場に分布すると推定されるレースに対して非親和性の反応を示すと考えられる系統の発病程度は、籾いもちがみられる程度と低くとどまり、非親和性菌による穂いもち発病の系統間差の有無は明らかでなかった。そのため、レース頻度に及ぼす非親和性系統の役割が十分解明できなかった。一方、水田利用部内圃場で行った本試験は、本病の多発条件下であったため、圃場に分布すると考えられるいもち病菌レースに対して非親和性の「ササニシキ」同質遺伝子系統間で穂いもち発病程度に系統間差が認められた。これは、実際の圃場でいもち病が多発したときには、その圃場に分布するいもち病菌のレースに対して非親和性の「ササニシ

キ」同質遺伝子系統でも、穂いもちの発病がみられ、その程度に差が生じてくることを示唆している。

4．いもち病菌レース検定の効率化のための改良

マルチラインでは、混植に用いた抵抗性同質遺伝子系統の多くに対して親和性を示すレースが蔓延すると、混植による発病抑制効果がなくなる。このため、マルチラインを導入する前には、その地域のレース分布を調査し、構成する同質遺伝子系統に対して、どの程度の侵害レースが分布するかを明らかにする必要がある[27]。レース分布の調査は、罹病標本から菌を分離し、判別品種に噴霧接種後、レース判別を行う過程を経る[22、37、81]。しかし、温室内での育苗施設の面積や接種箱数の制限があるため、著者らが通常レース判別を行うときでも、一度に接種できる菌株数は1接種箱当たり4～6個体で、効率的に試験を行えないのが現状である。そこで、一度に多数のいもち病菌のレース判別を行える方法に変えることを目的に、従来法の改良を試みた。

〔材料と方法〕

野菜育苗用のセルトレイ（12×24列、ヤンマー農機）を、3×4列（1セルトレイ当たり12穴、以下セルトレイと略す）に切断（縦6.5cm×横9cm×高さ4.5cm）し、これらにN、P_2O_5、K_2Oをそれぞれ13%含有した化成肥料を粉末にして、育苗培土に2.5g/kgの割合で均等に混和したものを詰めた。12種類の判別品種の催芽籾は、1穴当たり1品種3粒ずつ並べて播種・覆土し、植物生育調節剤（ウニコナゾールP液剤）の100倍希釈液（2.5μg/ml）をジョウロで1セルトレイ当たり10mlを潅注した。28℃で2日間出芽させた後、23～32℃の温室内で5葉期まで2週間育苗した（Fig. 13）。また、従来法として、シードリングケース（長さ15cm×幅5cm×深さ10cm）に育苗用山土と粒状の上述の化成肥料を1ケース当たり3gとなるよう混和して詰め、1品種当たり5粒を2列で10粒ずつ、1ケース当たり4品種で合計40粒を播種し、3ケース1組として育苗した。これらを、生育調査あるいは接種試験に供した。一方、異なるイネいもち病菌株を接種したイネ体相互の接触による汚染を防ぐため、仕切り用の箱（9cm×10cm×18cm、6面のなかで連続する9cm×10cmと9cm×18cmの各1面ずつ、合計2面のみをあける）をアクリル板で作成した（Fig. 14）。

判別品種の育苗方法の違いが生育に及ぼす影響を調べるために、判別品種が軟弱に生育しやすい時期である2003年11月に生育調査を実施した。上述の方法でセルトレイおよびシードリングケースに育苗した判別品種を、セルトレイでは1品種当たり3本で1セルトレイ当たり36本、シードリングケースでは1列5本を選び1シードリングケース当たり20本で計60本を、3反復で調査した。調査項目は、草丈、葉齢およびセルトレイあるいはシードリングケースを含む判別品種の占める空間占有体積とした。調査は、シードリングケースで育苗した「K60」を除く11種の判別品種が達観で第5葉がほぼそろって完全展開したと判断した時点で行い、これと同時にセルトレイの判別品種についても調査を行った。なお、空間占有体積は、判別品種を生育させたセルトレイあるいはシードリングケースを水平に置き、葉身を垂らした状態で、最長の縦×横×高さを測定して算出した体積とした。

接種試験に供試したイネいもち病菌は、2003年に東北農業研究センター水田利用部内の自然発病圃場から葉いもち病斑を採集し、単胞子分離した12菌株A～L（いずれもレース007.0、以下レース省略）、山形大学農学部生井恒雄教授から分譲を受けた5菌株N101～N106（いずれも037.1）および東北農業研究センター水田利用部保存菌株の6菌株、Kyu89-246（003.0）、稲86-137（007.0）、Mu-95（001.2）、24-22-1-1（037.1）、稲85-101（303.0）および愛74-134（477.1）の合計23菌株とした。これらを常法により胞子形成させた。胞子懸濁液の濃度は、1.5×10^5個/mlに調製し、0.02%の濃度になるようTween 20を添加した。胞子懸濁液は、セルトレイに育苗した判別品種に対して1セルトレイ当たり10ml、シードリングケースのものに対して3ケース1組当たり80mlずつを噴霧接種した。なお、セルトレイの接種イネは、接種箱に搬入後仕切り用の箱でそれぞれ覆い、縦80cm×横90cm（接種箱内の大きさは、縦80cm×横160cm×高さ140cm）に収まるように詰めて並べた。そして、25℃で相対湿度100%の接種箱に20時間静置後、25℃の温室へ移し発病まで管理した。試験は1セルトレイ当たり1菌株として23菌株を3反復で行うとともに、3シードリングケース1組当たり1菌株として23菌株を同時に接種に供した。レース判別は、接種から7日後に行った。なお、試験は、2003年8月、10月および12月の合計3回行った。

〔結　果〕

セルトレイで育苗した判別品種は、矮化用の植物

成長調節剤の効果で、草丈がシードリングケースのものと比較して著しく低くなった（Fig. 13-14）。5葉期の草丈は、対照が25～30cmであったのに対し、セルトレイの判別品種では5～6cm程度であり、1/5程度に抑制された（t 検定、$P < 0.01$）。この生育の抑制程度は、岩野ら[29]の育成した矮性系統の草丈5～6cmと同程度であった。葉齢は、試験区間で有意差が認められず（t 検定、$P < 0.01$）、葉齢の進展が極端に遅い品種はなかった（Fig. 15）。詳細をみると、第5葉が完全展開するまでの期間は、シードリングケースのものと比較してセルトレイの方が達観で1～2日間程度早かった（データ省略）。また、接種時に必要なセルトレイを含む5葉期の判別品種の占める空間占有体積は、シードリングケースのものと比較すると1/63程度であった。

供試したいもち病菌の判別品種に対する病原性を調査した結果、セルトレイで育苗した判別品種では、シードリングケースのものと同様に罹病性あるいは抵抗性が明確に区別でき、いずれの時期においても従来法と同様にレース判別が可能であった（Fig. 16）。ところで、非親和性レースのいもち病菌を接種すると、「石狩白毛」では抵抗型（R型）の褐点を形成したり、葉身の一次支脈を超えない弱度罹病型（RS型）の小さな病斑を形成することが病害虫発生予察特別報告[57]で明らかにされている。また、「ヤシロモチ」では、抵抗性と罹病性の中間型（M型）の病斑を生じることがある[34]。同様のこれらの病斑は、セルトレイあるいはシードリングケースのものでも観察されたが、レースを判別するときに病斑型の類別を困難にすることはなかった。

〔考　察〕

3×4列のセルトレイと高濃度の植物生育調節剤処理を組み合わせることで、シードリングケースを使う従来法[22]と比較して、より小型の判別品種を育成することができた。また、作成した仕切り用の箱を用いることで、接種箱内で異なる菌株を接種した判別品種相互の接触や、結露した水滴の落下が葉上の胞子懸濁液を飛散させることによる他菌株の汚染の可能性を排除できた。これを利用することで、本試験結果から、100菌株程度あるいはそれ以上の供試菌株をそれぞれ接種したセルトレイの判別品種を、1接種箱内（80cm×160cm×140cm）に搬入可能であると考えられた。接種箱の大きさは機種により異なるため、他の規格では接種可能な菌株数が変わるものの、本法により一度に多数のいもち病菌株を接種に供することができると考えられた。

Fig.13 Seedlings at the five-leaf stage of the 12 differential rice varieties used to identify Japanese races of rice blast fungus in a multi-cell tray. Three seeds of each variety were sown in a cell and treated immediately after sowing with uniconazole, a plant growth regulator. The bar represents 1cm.

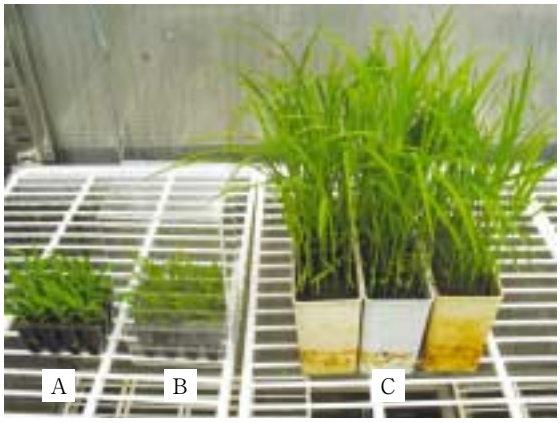

Fig.14 Seedlings at the five-leaf stage of the 12 differential rice varieties at 14 days after sowing for differentiating Japanese races of rice blast fungus. A: dwarf uniconazole treated-seedlings grown in a multi-cell tray; B: uniconazole treated-seedlings grown in a multi-cell tray covered with a plastic case; C: control seedlings grown in conventional three seedling cases according to the method of Goto and Yamanaka（1968）.

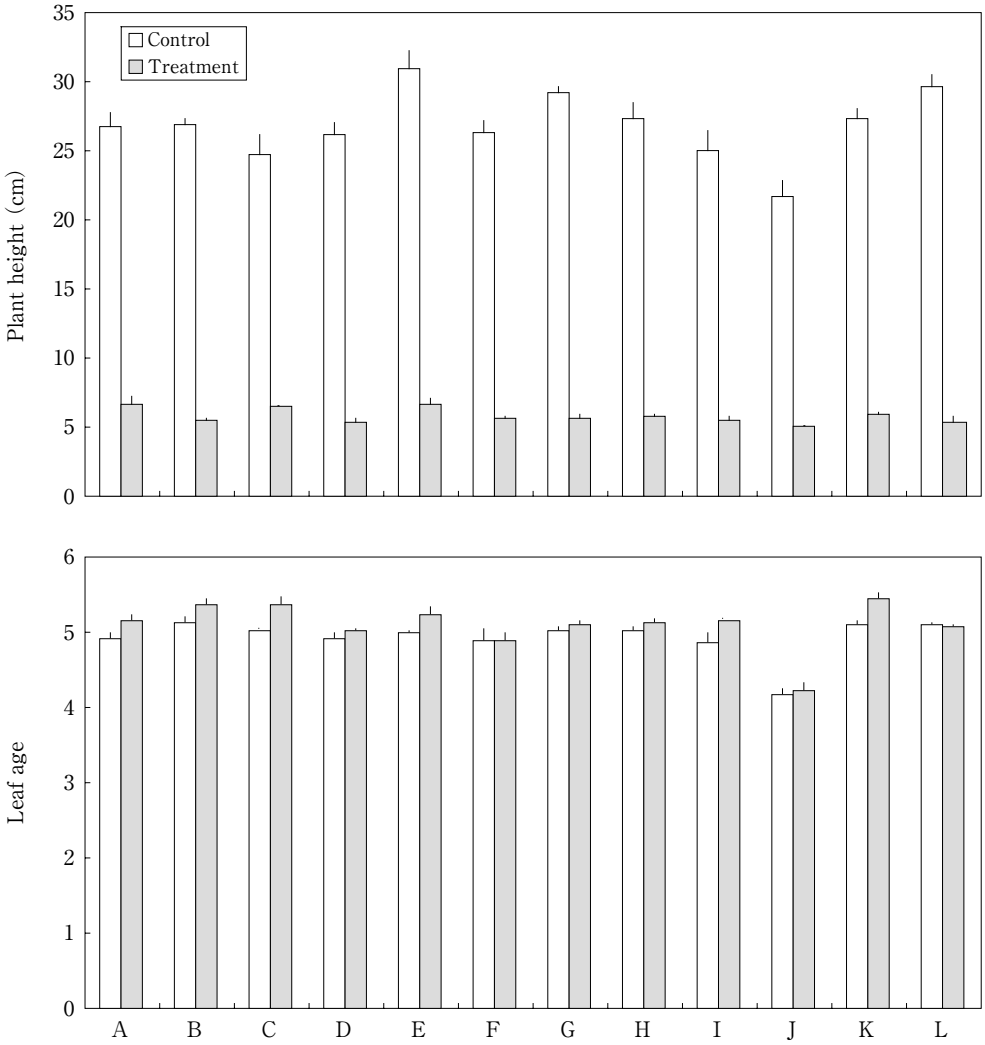

Fig.15 Comparison of height and leaf age between control and uniconazole treated-seedlings for 12 differential rice varieties at 14 days after sowing. A～L are differential rice varieties with the blast resistance gene in parentheses. A: Shin2 (*Pik-s*); B: Aichiasahi (*Pia*); C: Ishikarisiroke (*Pii*); D: Kanto51 (*Pik*); E: Tsuyuake (*Pik-m*); F: Fukunishiki (*Piz*); G: Yashiromochi (*Pita*); H: PiNo. 4 (*Pita-2*); I: Toride1 (*Piz-t*); J: K60 (*Pik-p*); K: BL1 (*Pib*); L: K59 (*Pit*). Vertical bars represent the standard errors.

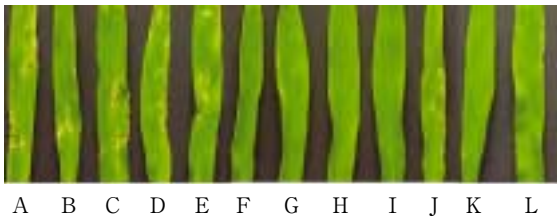

Fig.16 Reactions on leaves of uniconazole-treated 12 differential rice varieties to rice blast isolate N104 (race 037.1). The varieties (A～L) are shown in Fig. 15. A～E and J: susceptible-type lesions; F, H, I, K and L: no visible lesions; G: resistant-type lesions. The bar represents 1cm.

なお、本試験では、この仕切り用の箱を用いなくても、30菌株程度は接種したセルトレイの判別品種を1接種箱内に搬入可能であった（データ省略）。

冬期に判別品種が徒長して倒伏するしたり、本来抵抗性と判断される品種でも罹病性に近いybg型病斑[1]を形成することがある問題点を克服するために、大場[60]はウニコナゾールＰ液剤の750倍希釈液をシードリングケースに播種した後潅注処理することで、草丈を15cm程度に抑制し、レース判別に適した判別品種を育成できるとしている。これに対し、本試験では、草丈を５～６cmに抑制したことと、セルトレイを用いることで、倒伏の心配がな

いだけでなく、小型化することもできた。一方、供試菌株を接種した判別品種上に生じたＳ型の罹病性病斑[57]は、大場[60]の報告と異なり、通常観察される紡錘型と比較してやや楕円形に近い病斑となった(Fig. 16)。この理由については不明であるが、ウニコナゾールＰの潅注の有無にかかわらず、イネ組織内におけるいもち病菌の進展程度が同程度であっても、ウニコナゾールＰを潅注した場合ではイネ細胞が小型化することで病斑の伸展程度が見かけ上低いように観察される可能性が考えられた。しかし、罹病性と抵抗性を区別することは容易であり、病斑形状の違いがレース判別に及ぼす影響はほとんどないと考えられた。

以上のことから、従来法より効率的にレース判別が行えることが示され、レース判別を行う試験研究機関においても利用可能であると考えられた。

Ⅲ　マルチライン用葉いもちシミュレーションモデルの開発とその解析

橋本ら[24]は、葉いもち病勢進展シミュレーションモデルBLASTLを開発し、本モデルとリアルタイムの気象データを使って、葉いもちの流行を予測するために利用した。このモデルは、いもち病に罹病性の品種のみが栽培されている場合に有効であるが、マルチライン用には開発されていない。そこで、福島県をはじめ多くの県で活用されているこのBLASTLを、マルチライン用に改良することを試みた。

本章では、マルチラインにおける同質遺伝子系統の混植の効果を明らかにするための道具として、マルチライン用の葉いもち病勢進展シミュレーションモデルを開発するとともに、開発したモデルを用い、様々な気象条件下における発病程度の違いを比較・解析した。

〔材料と方法〕

（１）モデルの構造

マルチライン用の葉いもち病勢進展モデルを作成するために、まず、葉いもち病勢進展モデルBLASTLを改良した。BLASTLでは、１株内で病斑の生じている葉身からそれ以外の葉身への胞子の飛散と付着は次式で表される。

$$S_n = K \times L_n / A \times Z^{-|d|} \times S_m$$

ここで、S_nは第n葉における付着胞子数、Kは胞子付着の効果の定数、L_nは第n葉の葉面積、Aはイネ１株の占有面積、Zは葉位間隔の距離定数、dは胞子の離脱葉位と付着葉位との差、S_mは第m葉からの飛散胞子数を表す。

BLASTLは、１株内での自己感染型のモデルであるので、混植における病勢進展を模擬するためには、少なくとも２株間の胞子飛散をモデル化し、病斑の生じたイネ株からその病斑のあるイネ株へ感染する「自己感染」（autoinfection）と、その病斑のない他のイネ株への感染（ここでは「他己感染」と定義する）（alloinfection）をパラメータ化し、それらの値を求める必要がある[54]。

これを解決するために、葉位間の胞子飛散と付着のモデルを改良し、自己感染と他己感染のパラメータを設定して、株間を胞子が行き来するようにプログラミングを行った。この２つのパラメータの関係は、分配の法則を利用した次式で表すことができる。

$$D = a(b + c)$$

ここで、Dは１株内での葉身における付着胞子の比率、aは胞子分配の定数、bは自己の株に自己感染する比率、cは他の株に他己感染する比率を表す。それぞれの株内で集計する胞子数の合計は、それぞれ自己感染と他己感染による胞子の総数として計算される。この自己感染と他己感染の胞子の分配のために、葉身への胞子の付着数は、次式のように表す。

$$S_{np} = bS_n + cS_n$$

ここで、S_{np}は１株当たりの第n葉上の付着胞子数の合計、bS_nは自己感染のために第n葉上に付着する胞子数、cS_nは他己感染のために第n葉上に付着する胞子数を表す。マルチライン用のモデルでは、イネの２つの株を模擬させており、それぞれの株は個々の同質遺伝子系統を表す。このように、２つの株が、BLASTLが２つ結合したように相互に胞子が行き来するように作動する。すなわち、ある一方の株（同質遺伝子系統）から胞子が飛散すると、その株に受け渡される（自己感染）とともに、一部の胞子はもう一方の同質遺伝子系統に受け渡される(他己感染)。マルチライン用のモデルでは、葉いもちの病勢進展の解析のために、「ササニシキ」が罹病性の同質遺伝子系統で、「ササニシキBL４号」と「７号」が抵抗性の同質遺伝子系統と設定して利用した。演算に使用したレース003.0は、「ササニシキ」に親和性で「ササニシキBL４号」と「７号」に非親和性である。このため、自己感染と他己感染のパ

ラメータは罹病性系統の株のみで機能し、抵抗性系統の株ではいもち病菌は増殖できないので本試験では機能しない。しかし、両系統に親和性のレースも設定し、演算できるようプログラミングも行った。

本モデルでは、同質遺伝子系統の真性抵抗性遺伝子といもち病菌のレースとの関係は、真性抵抗性遺伝子に対応するレースのコード番号として処理している[38、81]。レース番号は、個々の遺伝子に対する親和性と非親和性の反応に基づいている。それぞれの遺伝子のためのコード番号の総数が、それぞれの親和性のレースの番号を表す。もし、この10進法のコードとレース番号を演算に使用すると、葉いもちの病勢進展を計算するのに多大な時間を要するためモデルの演算に適さない。特に、レースの種類と真性抵抗性遺伝子の数が多くなると顕著となる。そこで、演算時間を節約するために、レースの親和性と非親和性に対する個々の真性抵抗性遺伝子をもつ同質遺伝子系統の反応は、2進法を用いて処理することにした。さらに、BLASTLはFORTRAN言語で構築されたが、その後N88BASICを経てVisual BasicあるいはTurbo Pascalに書き換えられているものの、より使いやすいインターフェイスにするために、本試験ではObject Pascal言語を使ってプログラミングを行った。

マルチライン用のモデルを使って葉いもちの病勢進展をシミュレートするために、各演算には第Ⅱ章で得られた発病調査結果を利用し、「ササニシキ」の単植圃場で初めて病斑が観察された日をもとに1週間さかのぼって感染日を設定した。なお、「ササニシキ」単植圃場以外の混植圃場で病斑が認められなくてもこの日を感染日とした。潜伏期間は、BLASTL中にすでにプログラムされているのでそれを用いた。初期病斑数は、単植区が1個、「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統の1:1および1:3混植区がそれぞれ0.5および0.25個と設定した（第Ⅱ章参照）。このように、初期病斑数は、罹病性同質遺伝子系統に対する抵抗性同質遺伝子系統の比率として計算により求めた。気象データは圃場調査を行った年次のものを用いてBLASTLと同様の形式で入力するとともに、イネの生育のパラメータも本モデルの既定値を用いた。

（2）自己感染と他己感染のパラメータ値の推定

自己感染と他己感染のパラメータは、モデルの中でマルチラインにおける葉いもちの発病推移に最も影響を及ぼす1要因であると考えられる。そこで、第Ⅱ章で得られた圃場試験による葉いもちの発病推移の結果をもとに他己感染に対する自己感染の比の推定を試みた。

各調査日（はじめて圃場で病斑が確認された日を除く）において、罹病性系統単植区（単植）における病斑数と、罹病性系統と抵抗性系統を1:1および1:3の割合で混植した区（混植）の病斑数との関係の仮説は、次式として示される。

$$L_{em} = L_{es} \times R_s \times R_{em}$$

ここで、L_{em}とL_{es}はそれぞれ混植、単植における病斑数の期待値、R_sは混植に占める罹病性系統の率比、R_{em}は単植の病斑数の期待値に対する混植における病斑数の期待値の比を表す。たとえば、罹病性「ササニシキ」と抵抗性同質遺伝子系統を1:1および1:3の比率で混合栽培したとき、罹病性系統の比率が1/2、1/4となるため、R_sの値はそれぞれ0.5と0.25になる[64]。一方、この比率の減少によって感染の場がそれぞれ1/2、1/4減少するため、R_{em}の値はそれぞれ0.5と0.25となる。これらのために、単植の病斑数の期待値をnとすると1:1および1:3混植における病斑数の期待値は、それぞれ0.25nと0.0625nとなる。上式によれば、単植におけるL_{es}の病斑数はn、1:1および1:3混植におけるL_{em}の病斑数は、それぞれ0.25nと0.0625nと表される。しかし、いもち病菌は自己感染型の病原菌であるので、これを考慮する必要がある。つまり、各調査日における他己感染率に対する自己感染率の比（autoinfection/alloinfection ratio）[21、54、64]は、仮説として次式で示される。

$$A_m = L_{om} / (L_{os} \times R_s \times R_{em})$$

ここで、A_mは混植において抵抗性系統への感染（他己感染）に対する罹病性系統への感染（自己感染）の率比（autoinfection/alloinfection ratio）、L_{os}とL_{om}は、それぞれ単植と混植における病斑数の実測値を表す。R_sとR_{em}は上述と同様である。また、A_mの値は、1:1と1:3混植の間で差がある可能性が考えられたので、これを検討するためにStatistical Analysis Software（SAS Institute, Cary, NC, release 9.1.3）を用いて統計処理を行った。

（3）モデルの解析法

シミュレーションモデルによる葉いもち発生推移の予測値と実測値の関係を明らかにするために、回帰分析を行い、モデルの妥当性を評価した。一方、

病斑が最も多い時期あるいは調査した全ての日の病斑のいずれかが、葉いもちを抑制する同質遺伝子系統の効果を評価する最もよい予測の判断材料となるかを決定するために、全ての調査日と最終調査日の病斑数の実測値と予測値を用いて回帰分析を行った。これらの統計処理は、Statistical Analysis Software (SAS Institute, Cary, NC, release 9.1.3) を用いて行った。

〔結　果〕

（1）自己感染と他己感染のパラメータ値の推定とモデルへの導入

自己感染率比 (autoinfection/alloinfection ratio) を計算した結果、その値の平均値が1:1混植では1.3（標準偏差SD = 0.27)、1:3混植では1.4 (SD = 0.35) であった (Fig. 17)。これらの値は、1:1混植より1:3混植の方が大きかったものの、試験区間で統計的な有意差は認められなかった（t 検定、$P < 0.05$)。

一方、モデルに導入する自己感染と他己感染のパラメータは、上述の式の胞子付着に関する係数のb（自己感染)、c（他己感染）である。上述のように、1:1と1:3混植では数値間で有意差が認められないため、ここでは自己感染率比として1.3の値を利用して、bとcのパラメータ値を決定した。すなわち、付着胞子数の分配の比を1とすると、b = 0.65、c = 0.35として以下のシミュレーションを行った。

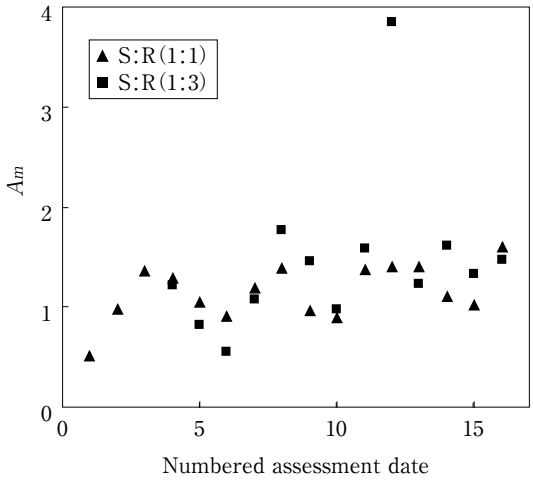

Fig.17 The ratio of autoinfection to alloinfection (A_m) in mixtures of susceptible Sasanishiki (S) and its resistant near-isogenic line (R), either Sasanishiki BL4 or BL7, at the ratios (S:R) of 1:1 and 1:3 to the number in pure stands of Sasanishiki from 1998 to 2001. Numbered assessment date (year): 1－3(1998); 4－6(1999); 7－11 (2000); 12－16 (2001).

（2）モデルの妥当性

葉いもち病斑数の実測値の推移は、全ての試験年で7月の最終週まで増加した（Fig. 18)。最終調査日のあと、病斑のある下位葉が枯れあがり、病斑数が減少した（データ省略)。通常、圃場内のササニシキの単植区で初めて観察される病斑の数は、株当たり平均で1.0個よりも少なく、これは、自然感染に依存しているためである（Fig. 18)。これに対し、モデルにおける初期伝染源の病斑数は、罹病性ササニシキの単植では1.0個とし、罹病性ササニシキとその抵抗性同質遺伝子系統を1:1および1:3の混植では、それぞれ0.5個と0.25個とする理論値を用いた。これらの理論値は、混植された抵抗性同質遺伝子系統の混植比率によって変わる。シミュレーションで計算される初期病斑数の予測値は、初期病斑数の実測値より多かった。4年間の調査において、圃場およびシミュレーションの最終調査日の病斑数は、それぞれササニシキの単植で14～143個と16～181個、1:1の混植で5.2～36個と2.6～39個、1:3の混植で1～12個と1～5.4個であった。調査期間内におけるいもち病菌の侵入率比[85]の総数は、1998年は5.32、1999年は1.83、2000年は3.67、2001年は13.8であった。これらの比の総数は、直接いもち病の発生量を説明することはできないが、流行の傾向を示しうる。葉いもちの発生量は、4年間の試験で異なる気象条件の影響を受け、2001年が最も発病程度が高く、1998年と1999年は中程度で、2000年は低く、なかでも発生量の多い年では、侵入率比の総数が多い傾向があった。

シミュレーションモデルによって演算された予測値と1998～2001年に圃場試験により得られた実測値を回帰分析した結果、ササニシキ単植区で、相関係数（R^2）[17]の値はそれぞれの年次で0.89、0.59、0.98および0.95、1:1混植区で0.96、0.55、0.98および0.95、1:3混植区で0.58、0.99および0.96と1999年の相関係数の値が低かった。この年は、1998、2000、2001年と比較して約1週間初発が圃場で確認されるのが遅かった。残差の二乗和は発病初期でそれらの値の差が大きい傾向があった（データ省略)。

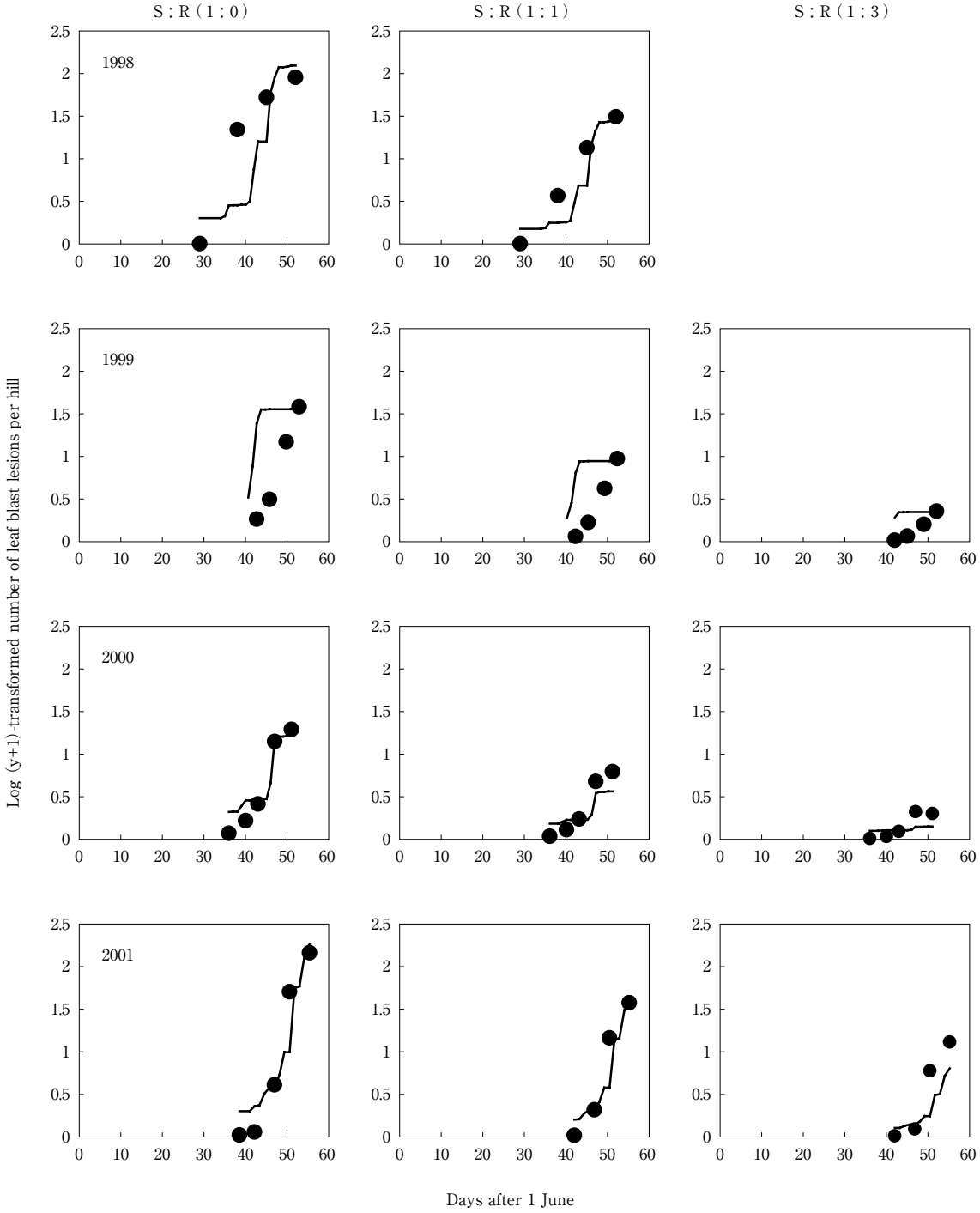

Fig.18 Observed (dots) and simulated (solid line) curves of rice leaf blast epidemics, caused by *Pyricularia grisea*, in mixtures of susceptible (S) cv. Sasanishiki and its resistant (R) near-isogenic line, Sasanishiki BL4 or BL8, at the proportions (S:R) of 1:0, 1:1 and 1:3 from 1998 to 2001.

一方、病斑が最も多い時期（調査最終日）の病斑数と調査した全ての日の病斑数についてそれぞれ回帰分析をした結果、相関係数（R^2）はそれぞれ0.99と0.91であった。残差の二乗和も調査最終日の病斑数の方が小さい範囲に収まった（データ省略）。

〔考　察〕

病原菌の増殖過程を表す疫学モデル[13, 30]は、システムモデルとしてトマト輪紋病の発生条件を検討す

るため、Waggoner and Horsfall[78] によってはじめて報告された。その後、イネいもち病においても、BLASTCAST[61]、FOSSBI[71]、BLASTL[24] 等のモデルが発表された。システムモデルを改良する場合、モデルに組み込んだ予測式をより適合性の高いものに置き換えることが基本となる[77]。葉いもちの病勢進展を予測するシミュレーションモデルBLASTLは、植物病原菌の流行に関与する多くの機能（イネの生育、潜伏期間、胞子形成、侵入、感染好適条件等）をモデルに導入し、相互に関連させるよう構築されている。また、本モデルでは、気象データを用いて計算されるいもち病菌の侵入率比[85] が病勢進展に影響する主要因になっている。

マルチライン用のシミュレーションモデルには既にEPIMULがあり、病原菌の拡散程度の解析や、Genotype Unit Area（GUA：マルチラインを構成する同質遺伝子系統の各遺伝子型が占める面積）の影響を解析したりすることによる改良が進められている。しかし、主にこれらは第１回目の伝染源からの拡散程度を予測するもので、実用的なマルチライン用のシミュレーションモデルではない[51-54]。そこで本章では、マルチラインにおいて実際の葉いもちの病勢進展を予測し、葉いもちを効果的に防除する方法の検討を目的として、BLASTLの改良を試みた。

今回作成したシミュレーションモデル（BLASTMULと呼称する。BLASTとMULtilineの造語）は、罹病性ササニシキとその抵抗性同質遺伝子系統の混植における病斑数の増加程度を演算する。また、BLASTLと同様に罹病性系統の単植においても演算が可能なモデルを構築した。BLASTLでは、一般に初期病斑数を設定後、６月１日を起点として演算を開始する。一方、BLASTMULでは、混植による発病抑制程度をより現実的に評価するために、初発の病斑が圃場で観察された日を１週間さかのぼった日を感染日として設定し、シミュレーションを行えるようにした。

次に、罹病性イネ株と抵抗性イネ株の各葉身へ付着する胞子の量（各株への分配程度）の差（自己感染/他己感染の比）[54] を推定し、これを自己感染と他己感染のパラメータの値（それぞれ0.65と0.35）としてBLASTMULに導入した。

そして、このパラメータ値を導入したBLASTMULを用いて、罹病性系統の単植、罹病性系統と抵抗性系統の１:１混植および１:３混植における各シミュレーションによる病斑数の出力結果（予測値）と、1998～2001年に得られた自然感染による病斑数の実測値を比較した。回帰分析の結果、1999年は相関係数の値が低かったが、1998年、2000年および2001年はその値が高く、本モデルの適合性は高いと考えられた。一方、1999年は他の年次より葉いもちの発生時期が約１週間遅かった原因は不明であるが、モデルにおける葉いもちの病勢進展に影響した可能性があり、これがモデルの適合性が低くなった要因の一つであると考えられた。また、第６～10本葉より上位の葉（第11～13本葉）の葉位別感受性は1/100低く設定されているため、発生時期が遅延することにより、上位葉における病斑がモデルでは増加しにくかったとも考えられた。このように、マルチラインにおける葉いもちの病勢進展の予測に利用するためには、本モデルの適合性がより高まるよう今後改良する必要があると考えられる。石黒[26] は、BLASTLを用いて農薬散布適期を決定するためにより正確なモデルへ改良し、その検証を行ったが、同様に、今後はBLASTMULに用いられているパラメータを詳細に解析する必要があると考えられた。

これに対し、回帰分析の結果、調査最終日における病斑数の予測値は、実測値とよく一致した。最も病斑数の多い時期が、単年度内における混植の効果を最もよく表しており、特に、「ササニシキ」の単植における病斑数を算出基礎として、混植における発病抑制程度を評価するために利用できると考えられた。「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統を１:１あるいは１:３の割合で混植した圃場における最大病斑数（最も病斑数が多い時期の値）に対する「ササニシキ」を単植した圃場における最大病斑数の比は、１:１混植では0.17～0.4、１:３混植では0.03～0.24であった。これらの比が、ほかの地域や異なる品種でも同様であるかについては、今後検証する必要がある。

本章では、罹病性系統と抵抗性系統の混植の圃場試験結果とBLASTMULによる病勢進展の予測結果を解析し、BLASTMULに自己感染と他己感染のパラメータが必要であることを明らかにした。そして、自己感染の割合が他己感染のそれより高いことが明らかになるとともに、これらのパラメータが混植による発病抑制効果に影響することを示した。しかし、発病抑制のメカニズムについては十分に検討しなかった。一般には、EPIMULと同様に、胞

子の拡散程度を解析した結果もとにモデルを構築する接近法が有用である。しかし、本モデルでは、現実的な発病予測モデルを作る目的で、同質遺伝子系統を種子混合し、自然感染下での発病による病勢進展結果を用いて自己感染と他己感染のパラメータ値を決定したが、EPIMULのような解析法も検討する必要がある。

Mundt and Brophy[54] は、さび病の感染の比率が、genotype unit area（GUA）によって影響を受けることを示し、0.56～0.0025m^{2}までGUAの値を変化させてシミュレーションを行ったところ、病気の拡散はGUAがより小さい方が効果の高いことを示している。イネではGUAが小さいため、発病抑制効果が現れやすいと考えられる。今後は、栽培面積と発病抑制程度との関係についても検討する必要があり、これらにはEPIMULと同様に格子モデルの利用が有用であろうと考えられた。

本章では、イネのマルチライン用葉いもち病勢進展シミュレーションモデルBLASTMULを開発し、抵抗性系統の混植による発病抑制効果を評価した。これらの解析結果は、いもち病を効果的に防除するために、葉いもち流行期間内においていもち病防除剤を使用しないマルチラインの最もよい混合比率を決定するための手段としても利用可能であろうと考えられた。

Ⅳ　マルチラインの発病抑制に及ぼす各種要因のパラメータ設定と感度分析

マルチラインでは、圃場に分布するいもち病菌レースに対する抵抗性系統が混植されることで発病が抑制される。これ以外のマルチラインにおける発病抑制の要因として、非親和性菌による誘導抵抗性（第Ⅱ章）、いもち病菌の適応度に及ぼす安定化淘汰が考えられる。さらに、これら以外に、抵抗性系統を侵害する病原性突然変異菌が出現・蔓延することにより、マルチラインの発病抑制効果が無効になる可能性があり、突然変異菌の出現頻度も明らかにする必要がある。そこで、本章ではBLASTMULを用いて、これらについて検討を行った。

1．誘導抵抗性パラメータの設定と感度分析

第Ⅱ章において、ササニシキ同質遺伝子系統の非親和性菌による発病抑制（誘導抵抗性）の効果を、イネ葉身を用いて組織・細胞レベルで明らかにした。しかし、マルチラインにおいて圃場のイネにおける組織・細胞レベルで起こる誘導抵抗性を評価しつつ、圃場での葉いもちの発病抑制程度を検証することは難しい。そこで、得られた知見をもとに、BLASTMULに誘導抵抗性のパラメータを導入して、シミュレーション手法による誘導抵抗性の効果を推定することを試みた。

〔材料と方法〕

非親和性菌による誘導抵抗性は、大きく分けて、①防御面積、②防御の持続期間、③防御の強さ（レベル）がパラメータとして考えられる[46]。また、感染から発病までの潜伏期間（Latent Period: *LP*）もパラメータとして重要である。BLASTMULに誘導抵抗性のパラメータを導入するために、これらの中から誘導抵抗性の発現面積（Area of Induced Resistance: *AIR*）、誘導抵抗性の持続期間（Days after Induced Resistance: *DIR*）をBLASTMULに導入した。また、*LP*はBLASTLにすでにプログラムされているのでそれを利用した。

BLASTMULのプログラムに誘導抵抗性のパラメータを組み込む場合、葉面積を制御するパラメータとの関係を決める必要がある。とくに、葉身上に胞子が落下する位置を確率的に決める方法が適しているが、BLASTMULは分析モデルであるので、直接これを導入することができない。そこで、演算部の感染可能葉面積（Leaf Area Without Lesions: *LAWL*）から誘導抵抗性が生じる面積を引いた残存葉面積（Remained Leaf Area: *RLA*）を次式で表した。

$$RLA = LAWL - AIR$$

ここで、残存葉面積が演算部で演算される期間は、誘導抵抗性の持続期間に依存し、設定したこの持続期間が終了した後は、感染可能葉面積として復帰し、演算に用いられるようにした。

誘導抵抗性のパラメータが、BLASTMULで病勢進展にどのような影響を及ぼすかを明らかにするために、2001年（多発年）の東北農業研究センター水田利用部内で収集した微気象データを用いて、シミュレーションを試みた。演算に用いた設定値は、誘導面積50mm^2、誘導日数*DIR*を10日間とした。シミュレーションを行うために、2種類の同質遺伝子系統を1:1の比率で混植した条件下で、片系統のみを侵害するレースが50%と両系統を侵害するレースが50%の割合で分布するとして演算を行った。誘導

抵抗性が病勢進展に及ぼす影響を評価するために、対照として誘導抵抗性パラメータを用いずに演算を行った。

感度分析は、次式により評価を行った[25]。

$R = (\partial Z / z) / (\partial Xi / Xi)$

ここで、Rは相対的感度、Zはモデル全体の取る値、Xiはある過程のパラメータの値を示す。この式の右辺の分母はある過程のパラメータXiをε%変化させた場合の変化率であり、次式で表される。そのときのモデル全体の取る値の変化率が分子に相当する。

$\partial Xi / Xi = \varepsilon / 100$

ここでは、病勢進展の著しい時期である７月10日、12日、14日、16日について相対感度を算出した。

〔結　果〕

相対感度は、７月10日では0.00008、12日では0.00015、14日では0.01014、16日では0.10123であり、発病初期と比較して後期の方で相対感度が高かった。これらのなかで、７月10日と７月16日の病斑数をみると、誘導抵抗性パラメータを設定した場合は3.92個と99個、作動させなかった場合は3.93個と110個であり、発病初期には誘導抵抗性の効果が小さいが、後期で発病抑制効果が認められた（Fig. 19）。

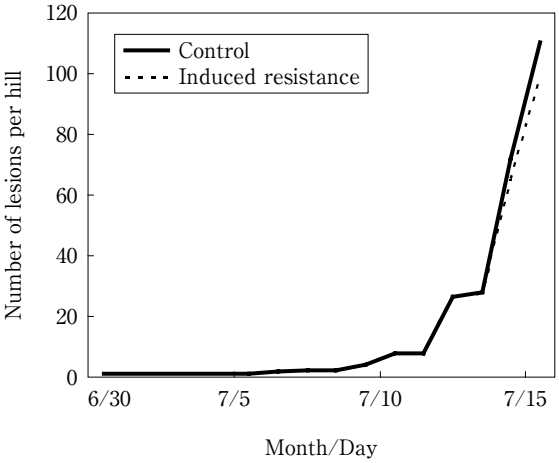

Fig.19 Effect of parameter of induced resistance on compatible blast race to two near-isogenic lines in 1:1 mixture with two near-isogenic lines. The race, compatible with the both lines, and the other race (an inducer), compatible with the line and incompatible with the other line, were set in the 1:1 mixture. Meteorological data was used for simulations collected in an experimental field at National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Omagari, Akita Prefecture in 2001. Two parameters of induced resistance, Area Induced Resistance (*AIR* = 50 mm^2) and Days Induced Resistance (*DIR* = 10 days), were used to compare between control and induced resistance simulations.

〔考　察〕

Lannou *et al.* [46] は、誘導抵抗性のパラメータをシミュレーションモデルEPIMULに導入してその影響を評価し、最大で20%程度の発病抑制効果があるとしている。BLASTMULによるシミュレーションの結果では、葉いもちの発生後期（葉いもちの最も多い時期）に最大で10%程度の抑制効果があると演算された。しかし、株当たり病斑数で100個程度に達していることから、多発条件下での最大の抑制効果がこれに相当すると考えられた。一方、葉いもちの発生初期では、混植された２系統のうち一方の系統に親和性を示すいもち病菌の病斑数が少なく、感染可能な葉面積も大きい。このため、非親和性菌が抵抗性系統に誘導抵抗性を発現させても、感染可能葉面積を減少させる効果がほとんどないと考えられた。一方、親和性菌と非親和性菌を混合接種した場合は、非親和性菌を前接種し親和性菌を後接種した場合より、発病抑制効果が劣ることが噴霧接種試験により示されている[28]。このため、発生初期では親和性菌と非親和性菌が同時に増殖するが、それらの病斑数は少ないので、誘導抵抗性が発現する葉面積も小さいが、発生後期では非親和性菌の病斑数が多く、誘導抵抗性が発現する面積も大きくなると考えられる。これにより、発生後期になって発病抑制効果が大きく現れるものと推察された。

２．安定化淘汰パラメータの設定と感度分析

安定化淘汰（Stabilizing Selection: *SS*）は、複雑な遺伝子型をもつレースは単純な遺伝子型の品種上では生存に適さず、生存に必要でない遺伝子を多く持てば、それだけ生存に不利になるというVanderplank[77] によって唱えられた説である。いもち病菌でも、多くの真性抵抗性遺伝子を侵害するレースは適応度（fitness）が低くなり、マルチラインにおいてもより増殖しにくくなる可能性が考えられる。マルチラインにおいてもこれを検証する必要があるが、本試験では、シミュレーションによりfitnessの低下が増殖程度に及ぼす影響を評価することを目的として試験を行った。

〔材料と方法〕

突然変異によって新たに出現したいもち病菌の適応度が低下（fitness cost）する安定化淘汰をパラメータ化するには、モデルの演算部のなかで胞子形成、病斑形成、病斑数等で算出される値を変動させるように設定する必要がある。いずれの演算部も改良が可能であるが、ここでは、胞子形成を対象とし、胞子形成数を調節できるようBLASTMULのパラメータを改良した。すなわち、１日間に形成される胞子数である分生胞子形成数の総数（Sum of SPOres: *SSPO*）は、個別の病斑上に形成される個別病斑分生胞子形成数の総数（SPOres: *SPO*）に安定化淘汰係数（Stabilizing Selection: *SS*）を乗じた値として求めることとし、次の式で表した。

$SSPO = SS \times SPO$

なお、*SS*の取る値の範囲は、０～１とした。

安定化淘汰のパラメータが、病勢進展にどのような影響を及ぼすかを明らかにするために、BLASTMULによるシミュレーションを試みた。設定したパラメータ値は、1、0.99、0.9、0.75、0.5とした。その他の条件は2000年の微気象データを利用した以外は、すべて誘導抵抗性パラメータの項と同様とし、感度分析も同様に行った。

〔結　果〕

相対感度は、パラメータ値が１、0.99、0.9、0.75、0.5のとき、それぞれ0.015、0.15、0.34、0.58であった（Fig. 20）。このように、安定化淘汰パラメータの値が小さくなるほど病勢進展程度が低くなった。

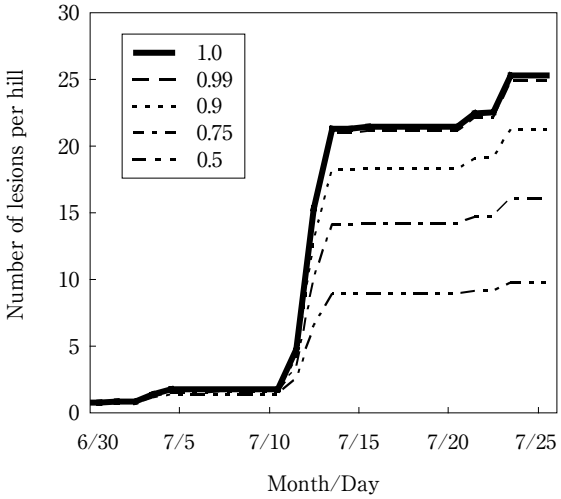

Fig. 20 Effect of parameter of stabilizing selection on development of compatible blast race to two near-isogenic lines in 1:1 mixture with two near-isogenic lines. The race, compatible with the both lines, and the other race (an inducer), compatible with the line and incompatible with the other line, were set in the 1:1 mixture. Values of the parameter of stabilizing selection for simulations were set at 0.5, 0.75, 0.9, 0.99 and 1, respectively. Meteorological data was used for their simulations collected in an experimental field at National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Omagari, Akita Prefecture in 2000.

〔考　察〕

Kiyosawa[39] は、イネいもち病菌のレース頻度と品種の真性抵抗性遺伝子型別の栽培面積から、安定化淘汰が存在する可能性を示唆している。これは、Vanderplank[77] の安定化淘汰説をもとに、４つの抵抗性・罹病性遺伝子対とそれに対応する４つの非病原性・病原性遺伝子対の頻度の変化を予測するモデルを構築しており、安定化淘汰が前提条件として成り立つようモデル化されている。しかし、著者ら[6] が行った東北地域のレース分布調査結果では、レース007.0が寡占状態にあるにもかかわらず、栽培品種は真性抵抗性遺伝子が*Pii*型以外に*Pia*型の品種も多く栽培されており、安定化淘汰説に合致しない事例もある。一方、Parlevliet[63] は、本説を十分に実証した報告がないことから、安定化淘汰が存在しない可能性を指摘しており、導入された抵抗性遺伝子に対して病原菌は完全に適応するとしている。一方、Leach *et al.*[47] は、病害の永続的な抵抗性を予測するために、安定化淘汰に関与する適応度や病原菌の適応度が低下した後に補償作用が働き病原力が回復する可能性について論じているが、圃場試験で明らかにされた報告は皆無である。これに対し、藤田ら[19] は、従来その地域に分布するレースと新たに発生したレースのいもち病菌の病原力の比較はしていないが、イネ品種「やまてにしき」に対して親和性のレース047が、一般圃場において発生２年目までは病斑形成と胞子形成能が低いが、３年目に増加することを明らかにしている。このように、病原力の差として適応度の低下があるとすると、突然変異菌の増殖に影響する可能性がある。同様に、マルチラインでも、抵抗性系統に病原性を獲得したレースの病原力が弱い場合に、レース間での増殖速度の違いによ

って、より病原性の幅の広い菌が増殖しにくい可能性があり、これがマルチラインの真性抵抗性の永続性に影響を与えると考えられる。本試験では、シミュレーションにより病原性の幅の広い菌の安定化淘汰パラメータの値を変動させてその影響を評価した。その結果、パラメータの値が低いほど病勢進展が抑制されることが明らかとなった。なお、本パラメータの値は相対感度と比例して変動することから、気象条件が異なってもこの関係に一定の傾向があった。今後は、このような事象がマルチラインの栽培圃場に発生するいもち病菌でも起こっているかを検証する必要がある。

3．病原性突然変異パラメータの設定と変異菌出現頻度の推定

マルチラインを構成する抵抗性系統に対して病原性を獲得した突然変異菌が出現・蔓延すると、発病抑制効果が低下することが懸念される。このため、突然変異菌の出現頻度を明らかにし、変異菌の定着を抑制する必要があると考えられる。突然変異菌の出現率については、清沢[33]が接種試験により突然変異胞子率の測定を試みているものの、マルチラインの栽培圃場における突然変異率を調査した報告はない。また、突然変異菌がどの程度の頻度で出現するかは、いもち病の発生量によっても影響を受ける可能性がある。そこで、BLASTMULに突然変異のパラメータを導入し、いもち病の発生量の異なる気象データを用いて、突然変異菌の出現頻度の推定を試みた。

〔材料と方法〕

病原性突然変異のパラメータが、突然変異菌の出現頻度に及ぼす影響を明らかにするために、BLASTMULに病原性突然変異パラメータを導入した。BLASTMULのなかで突然変異菌の出現数は、抵抗性系統上で１日間当たりに生じる突然変異菌の病斑数として演算した。このため、cS_n（第Ⅲ章中の抵抗性系統への胞子の分配）で演算される出力結果は、抵抗性系統上に病斑として生じないので、この結果は仮想の病斑数としてプールされる。そこで、この抵抗性系統上に生じる仮想の病斑数に、突然変異率を乗じるように設定した。すなわち、突然変異菌の出現数（病斑数）（Number of Mutated Lesions: *NML*）、cS_n、突然変異率（Mutation Rate: *MR*）の関係は、次式により表される。

$$NML = cS_n \times MR$$

ここで、突然変異菌として出現する病斑数は、各演算日における出現頻度を示すので、それらが病斑として出現し増殖する過程を示すのではなく、出力結果は１日間当たりの出現頻度を表す。

1998～2001年に東北農業試験場水田利用部内で収集した微気象データ（いもち病甚～少発年）を用いて、病原性突然変異頻度が突然変異菌の出現に及ぼす影響を解析した。BLASTMULには、抵抗性系統を75％と罹病性系統を25％混植した条件を設定し、伝染源初期値として罹病性系統のみに病原性を示すレースのいもち病菌の病斑数を0.25個とした。抵抗性系統に対する突然変異率は10^{-5}として演算した。一方、演算される突然変異菌の出現数はきわめて小さな値であることが予想されたので、株間15cm×条間30cmを栽植密度とした面積10aのマルチライン栽培圃場を想定し、10ａ当たりの同出現数を計算した。同時に、突然変異率を10^{-2}～10^{-9}まで変動させての計算も試みた。

〔結　果〕

抵抗性系統上に突然変異により生じる日別の株当たり病斑数は、発病程度に年次間差があっても発病初期には少なかった。その後は、罹病性系統に生じる病斑数が増加するにつれ、突然変異菌の病斑数値の高い日が多く出現し、その傾向はいもち病の多発年の方が高かった。突然変異菌の日別の株当たり罹病性病斑数は、1.25×10^{-5}～9.54×10^{-11}までの変動幅があった（Fig. 21）。

抵抗性系統上に突然変異により生じる日別の株当たり罹病性病斑数は、0.409×10^{0}～1.78×10^{-5}まで変動した（Fig. 22）。この出現数が1個以上に達する日は認められなかった。一方、10^{-2}～10^{-7}まで変動させたときの、抵抗性系統上に生じる罹病性病斑数のとる値の範囲は、株当たりで1.25×10^{-3}～9.54×10^{-13}、10a当たりで4.09×10^{2}～1.78×10^{-9}であると計算された。

〔考　察〕

清沢[33]は、いもち病突然変異菌の出現程度を測定する方法として、突然変異率を定義し、噴霧接種や注射接種による突然変異菌の出現率を推定している。標準菌株を用いたこの実験では、10^{-2}～10^{-3}という高い値を示した。一方、岩野らは、ササニシキ同質遺伝子系統と野外分離株を用いて接種試験を行い、その値は10^{-5}～10^{-6}であったとしており（未発表）、報告間で値にばらつきがある。突然変異率が

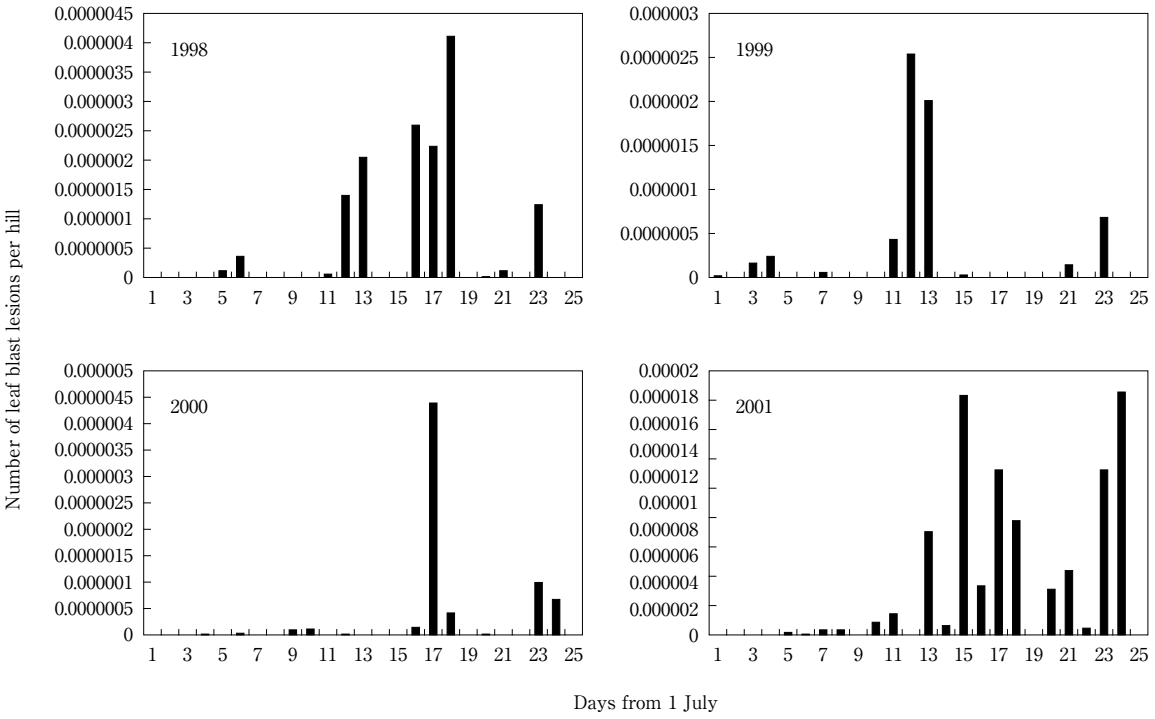

Fig. 21 Simulated number of mutated leaf blast lesions formed on resistant near-isogenic line in a hill per day in 1:3 mixture of susceptible and resistant near-isogenic line from 1998 to 2001. Mutation rate was set as 10^{-5} for simulation using BLASTMUL.

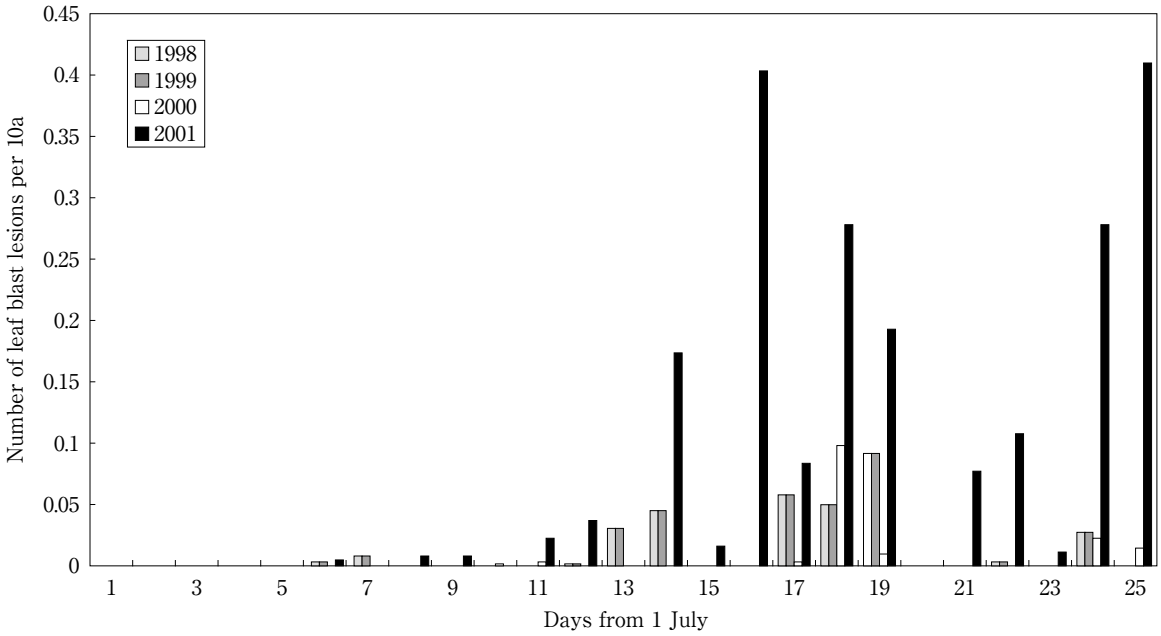

Fig. 22 Simulated number of mutated leaf blast lesions on resistant near-isogenic lines per day in 1:3 mixture of susceptible and resistant near-isogenic line cultivated in a 10a field (approximately including 20,000 hills) from 1998 to 2001. Mutation rate was set as 10^{-5} for simulation using BLASTMUL.

圃場に分布するいもち病菌においてどの程度の値であるかの推定を行う場合、シミュレーション手法は有効である。本試験では、BLASTMULに突然変異パラメータを導入し、突然変異率の値を変化させた場合の、突然変異菌の出現の有無を推定した。その結果、葉いもちの発生量がきわめて多い条件下であっても、株当たりでは出現する可能性はほとんどないと考えられた。そこで、面積10a当たりの出現数を求めたところ、突然変異率が10^{-5}では最多でも病斑数は0.4個程度と１個に満たなかった。さらに、突然変異率の値を変動させて演算を行った結果、10a当たりで10^{-2}の突然変異率の場合、4.09×10^{2}個の突然変異菌が出現すると演算された。本条件は通常推定される突然変異率（ここでは、一般的な１塩基置換の生じる頻度10^{-8}～10^{-9}）より高い値であるが、その他の値として突然変異率が10^{-4}であるとすると4.09個の突然変異菌が出現すると演算された。実際の圃場で突然変異菌を出現させ、その率を調査した報告はないので、明確にはいえないが、圃場では一般に突然変異菌が採集されることがあり[59]、その数は多くないことから、現段階では10^{-4}～10^{-5}程度がより現実に近い突然変異率の値であると考えられる。このことから、今後はより正確な突然変異率を圃場試験で得ることが必要である。

Ⅴ　マルチラインにおける混植系統数と発病抑制程度の関係の解析

マルチラインにおける葉いもちは、伝染源初期値（初期伝染源）の病斑数を出発点として自己感染と他己感染により混植される系統に胞子を分配しながら新たな病斑を形成し、病勢が進展すると考えられる。一方、小泉・谷[42]は、抵抗性系統を75%、罹病性系統を25%混植するといもち病の発病が慣行による薬剤防除並に抑制できることを報告している。つまり、マルチラインにおいて葉いもちを安定的に防除するためには、抵抗性系統を3/4混合することが必要であると考えられる。しかし、突然変異菌が出現・増殖した場合には、あらたな抵抗性系統へ交代する必要があるだけでなく、侵害レースの出現により抵抗性系統の混植比率が減少する場合には薬剤防除の有無も判断する必要性がでてくる。このため、突然変異菌の出現に対応した混植する系統数を明らかにしておく必要があると考えた。

一般に、突然変異菌の出現方法は、１系統を侵害できるレースから２系統を侵害できるレースに変異すると考えられる。そこで、本章では効果的で安定的に葉いもちの発病を抑制する指標を上述の小泉・谷[42]による「慣行防除並」を基準として、混合系統数と２系統侵害レースによる葉いもちの発病程度との関係を明らかにするための新しいモデルの作成を試みた。

〔材料と方法〕

「慣行防除並」の抵抗性系統を75%と罹病性系統を25%の割合で混植した場合の発病抑制程度と、２系統を侵害するレースのいもち病菌が出現・蔓延した場合の発病抑制程度とが、同程度となる等量混合系統数を計算するモデルを作成した。

まず、計算に必要な初期伝染源の病斑数Iを初期伝染源病斑数（個）として設定した。ここでは、Iは一般圃場で自然発生により認められる初発の病斑数（これを第１世代とする）を表す（第Ⅱ章参照）。Iのとる値の範囲は、０～１とした。罹病性系統単植と２系統混植でのIの値は、いずれも１とした。一方、３～10系統の各等量混植でのIの値は、2/3～2/10とした。

つぎに、罹病性系統単植（単植、ここでは２系統混植も含む）における第２世代以降の病斑数の増加は、次式で表される。

$$Ls_i = Ls_{i-1} \times P$$

ここで、Ls_iは単植におけるi世代の株当たり病斑数、Ls_{i-1}は単植における$i-1$世代の株当たり病斑数、Pは１世代当たりの病斑数の増加倍数を表す。

一方、２系統侵害レースが100%分布する条件において、３～10系統の各等量混植（混植）における第２世代以降の２系統侵害レースの病斑数の増加は、次式で表される。

$$Lm_i = Lm_{i-1} \times P \times A$$

ここで、Lm_iは各混植におけるi世代の株当たり病斑数、Lm_{i-1}は各混植における$i-1$世代の株当たり病斑数、Aは自己感染率比の0.65（他己感染率比は0.35、罹病性系統単植と上述の２系統混植では自己と他己の区別がないので1.0）を表す。

計算は、世代数が４世代、Pが10としてそれぞれの混植の条件で行った。これらの計算結果をもとに、単植における病斑数Ls_iに対する各等量混植における病斑数Lm_iを計算し、病斑数比（R_l）を算出した。

〔結　果〕

Fig. 23に示すように、単植に対する混植の病斑数比（R_l）の値は、混植する系統数が増加するほど低下した。抵抗性系統を75%混植し、罹病性系統を25%混植したときの発病程度は、この病斑数比で表すと、その値は0.07であった。また、混植された系統のなかで、２種類の同質遺伝子系統に病原性を示すレースは、８系統を等量混植（これらの系統のうち２種類が侵害される）したときに、病斑数比の値が0.07であった。

〔考　察〕

本章は、安定してマルチラインを利用するための一つの指標として、等量混植する系統数と、２系統侵害レースによる葉いもち発病程度との関係を明らかにした。その結果、２系統侵害レースが100%分布する条件では、８系統の等量混植が、抵抗性系統を75%と罹病性系統を25%混植した場合と同程度の発病抑制程度であると判断された（Fig. 23）。

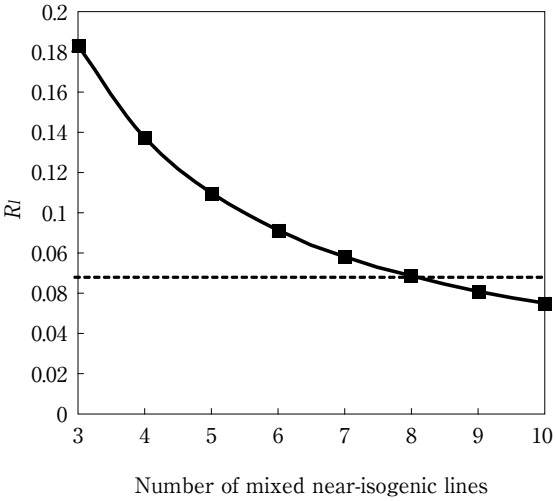

Fig. 23 Effect of increasing number of near-isogenic lines on two-line compatible race increased in mixture. The equal amount of near-isogenic lines mixed was used for respective calculations. A value (0.07, dotted line) indicates lesion number ratio for one-line compatible race increased in a 1:3 mixture of susceptible and resistant near-isogenic line. R_l: ratios of lesion numbers on the components in the mixture of susceptible and resistant near-isogenic lines at the respective ratios to the number in pure stand of susceptible near-isogenic line.

本モデルは、病勢進展にはイネの出葉する枚数が影響を及ぼすこと、通常病勢進展はロジスティック曲線を示し、７月末までには葉いもちの流行期間が終了することを十分に考慮しなかった。しかし、BLASTMULで得られた葉いもち流行期間内における病勢進展の結果を利用した単純な新たなモデルを作成し、演算結果を比較することで、突然変異菌が蔓延した場合における発病抑制程度を評価できた。これらの結果から、２系統を侵害するレースが100%分布する場合でも、葉いもちを効果的に抑制できる混合系統数は、日本で真性抵抗性遺伝資源（主に、*Pia*、*Pii*、*Pik*、*Piz*、*Pita*、*Pita-2*、*Piz-t*、*Pib*の各遺伝子）として利用できるほぼ最大数であることが明らかとなった。このため、マルチラインを安定的に利用するためには、今後有用な遺伝資源を探索することも必要であると考えられた。

Ⅵ　総合考察

イネのマルチラインは、イネいもち病の防除を目的に、1995年から「ササニシキBL」が日本で初めて宮城県で普及された。「ササニシキBL」は、同年に「ササニシキBL１号」、「２号」、「３号」を4:3:3の比率で作付けされたが、このうち「ササニシキBL１号」、「２号」を侵害するレース037.1の発生により、1996年には３:３:４に、1997年からは「ササニシキBL４号」を新たに加え、１号、２号、３号、４号を１:１:４:４の比率に変更され、2006年時点で継続してこの混合比率で栽培されている。

このような状況のもとで、本病を防除するための効果的な混植比率を明らかにするためにマルチライン用シミュレーションモデルを開発することが必要であると考え、本モデルの構築に向けて研究を開始した。

本論文は、1996年から2004年にかけて行った研究によって得られた知見をとりまとめたものであり、モデルの作成のための研究以外に、誘導抵抗性およびレース検定の効率化のための改良等についても併せてとりまとめたものであり、その概略は以下の通りである。

東北農業研究センター（旧東北農業試験場）水田利用部（秋田県大曲市）において、イネいもち病の自然発病条件下で、ササニシキとその抵抗性同質遺伝

子系統を混合栽培し、葉いもちの発病推移を1998～2001年の４カ年調査した。その結果、抵抗性系統の混合比率から推定される初期病斑数は、予測値と実測値で大きな違いが認められないことが明らかとなった。さらに、初発後の病勢進展には、抵抗性系統の混植比率と初期伝染源量の差だけでなく、自己感染率比が大きく影響することが明らかとなった。

このような病勢進展の抑制として、Koizumi and Kato[41]は、異品種を混合栽培することで、伝染源からの水平方向への葉いもちの病勢進展が抑制されることを報告しているが、垂直方向への病勢進展に関する知見がなかった。そこで、葉いもち病斑の垂直方向への進展に及ぼす影響を調べた結果、抵抗性系統の混植比率が高まるほど、病斑の垂直方向への進展が抑制されることが明らかとなった。このような垂直方向への進展抑制は、その後の穂いもち発生量にも影響を及ぼす可能性が高いと考えられた[32]。

非親和性イネいもち病菌による葉身における誘導抵抗性は、マルチラインにおける発病抑制機構の一つであると考えられたので、「ササニシキ」とその同質遺伝子系統を用いて組織・細胞学的な観察を行った。その結果、非親和性菌による発病抑制は、系統間で発現程度に差異があること、非親和性菌の接種濃度が高いほど発病抑制効果が高いこと、非接種部位まで病斑伸展を抑制する効果が及ぶこと、非親和性菌により褐点型病斑を形成する「ササニシキBL８号」では無反応型の「ササニシキBL４号」と比較して菌糸侵入や伸展を抑制する効果が高いことを明らかにした。このような発病抑制の効果は、実際の圃場でも認められる可能性があるが[48, 49]、十分解明するまでには至っていない。

穂における誘導抵抗性は、非親和性菌接種による発病程度が低いほど、親和性菌による発病程度が低く、「ササニシキ」同質遺伝子系統間で発病抑制程度に差異があることを明らかにした。一方、いもち病の多発圃場における同系統の発病程度は、葉・穂いもちともに接種試験結果と同様の傾向が認められ、宮城県の栽培圃場でも同様に発病程度の差が生じる可能性があると考えられた。しかし、1996～2000年に宮城県の「ササニシキBL」栽培地帯を対象に行った発病調査では、レース007.0のいもち病菌がいずれの構成系統からも分離され、系統間で発病程度に大きな差がなかった。これは、多発年に本マルチラインが遭遇する機会がほとんどなく、発病差を認められないことが一因であるとも考えられる。

一方、マルチラインを導入する前には、地域のレース分布を把握し、これに有効な抵抗性系統を混合する方策を立てる必要がある。しかし、後藤・山中[22]の方法は、一度に多個体のいもち病菌のレースを検定することができず多大な労力がかかる。そこで、本レース検定法の改良を試みた。その結果、３行×４列のセルトレイと植物生育調節剤（ウニコナゾールP液剤）の100倍希釈液（2.5 μg/ml）をジョウロで１セルトレイ当たり10mlを潅注することで、判別品種を小型化することに成功し、接種箱内での空間占有体積を減少できることが明らかとなった。本法は、汎用性が高く、独法や公立の試験研究機関での利用が可能であろうと考えられた。

以上のように、本研究で得られた結果の一部を利用して、マルチライン用の葉いもちシミュレーションモデル（BLASTMUL）を構築した。

マルチライン用のシミュレーションモデルは、Kampmeijer and Zadoks[31]が作成したEPIMUL以外に報告がなかった。このモデルは、伝染源からの病原菌の拡散を模擬することができるが、実際の圃場における病気の進展をシミュレートするには不適であると考えた。このため、本論文では、まず福島県をはじめいくつかの県で発生予察に利用されている橋本ら[24]が作成した葉いもち病勢進展モデルBLASTLをマルチライン用に改良することにした。BLASTLは、株モデルであるので、BLASTMUL用に、まず系統（株）間の胞子の行き来をモデル化し、自己感染と他己感染のパラメータを設定した。これらの値は、1998～2001年の圃場試験結果からそれぞれ0.65と0.35の値が与えられ、マルチラインでは自己感染の割合が高いことを明らかにした。このようにして構築したBLASTMULは、1998～2001年の自然発病推移と同様の発病推移を模擬し、特に葉いもち発生後期での適合性が高いことを明らかにした。

一方、その他の発病抑制要因として、誘導抵抗性、安定化淘汰のパラメータを設定するとともに、病原性変異菌の出現頻度を推定するために病原性突然変異のパラメータを設定し、BLASTMULに導入した。その結果、誘導抵抗性パラメータの相対感度は低く、発病抑制に大きな影響を及ぼさないことを明らかにした。これは、病勢進展に必要な葉身の葉面積が十分量存在することと、片系統侵害レースと両

系統侵害レースが混在しても、それぞれは同時に増殖するため、片系統侵害レースが抵抗性系統に誘導抵抗性を発現させても、実際に感染可能葉面積を減少させる影響が現れるのは、病勢がある程度進展した葉いもちの発生後期にあたるためと考えられた。これに対し、安定化淘汰パラメータの感度は高く、この値が低いほど顕著に病勢進展が抑制されることを明らかにした。いもち病菌が新たに病原性を獲得することにより、適応度が下がるという理論がVanderplank[77]により提唱されているが、これがマルチラインの栽培圃場において分布するいもち病菌においても起こるかについては、今後検討の余地が残されている。

一方、病原性突然変異パラメータは、突然変異率を変動させると抵抗性系統に付着する突然変異菌の胞子量に影響することが明らかにされた。突然変異菌は、株当たり病斑数が100個に達する条件下でも株単位では発生する可能性はほとんどないが、同様な発病条件で10a単位の面積規模があり、かつ突然変異率が高い値であると発生する可能性があることを明らかにした。これについても、同様に圃場試験で実証する必要があるが、元菌から変異菌が発生したことをDNAマーカー等で証明するだけでなく、今後その出現率も明らかにしていくことが重要であると考えられた。

マルチライン用の葉いもち病勢進展シミュレーションモデルBLASTMULは、このように、マルチラインに関与する様々な要因を詳細に解析するのに利用できることが示された。そこで、これらから得られた知見をもとに、より永続的な混合系統数を求めるモデルを新たに作成した。そして、マルチラインの構成系統のうち１系統を侵害するレースが突然変異して２系統を侵害するようになった場合でも、慣行の薬剤防除並みに発病を抑制できる等量混合の系統数を求めた。その結果、８系統が目的の混合系統数であることが明らかにされた。今後は、別途格子モデル等でいもち病菌の越冬を考慮した数10年単位のいもち病菌レースの動態を解析することが必要であると考えられる。したがって、このモデルは、単年度内において安定してマルチラインを利用する場合に必要な系統数を判断するのに用いるのが妥当であろうと考えられる。

Ⅶ　摘　　要

マルチラインにおけるイネいもち病の発病抑制要因の解明と、それらの疫学データを利用してマルチライン用の葉いもち病勢進展シミュレーションモデルを開発し、モデルによる各種要因の解析を行った。

１．「ササニシキ」とその抵抗性同質遺伝子系統を試験圃場で混合栽培した結果、抵抗性系統の混合比率が高くなるほど自然感染による初期伝染源量は少なくなった。その後の病勢進展は、抵抗性系統の混合比率から推定される値より低く推移し、これ以外の要因として自己感染率比が発病抑制に関与していると推察された。

２．抵抗性同質遺伝子系統の混植は、葉いもち病斑の垂直方向への進展を抑制する効果があり、抵抗性同質遺伝子系統の混合比率が高いほど上位葉への病勢進展が抑制された。

３．葉身における非親和性イネいもち病菌による発病抑制には、「ササニシキ」同質遺伝子系統間で差異があり、褐点型の病斑を形成するものが無反応型のものより発病抑制効果が高かった。この発病抑制効果は、非親和性菌の胞子濃度が高まるほど高くなり、また、非接種部位まで及んだ。さらに、褐点型の病斑を形成する系統では菌糸侵入も抑制する効果があった。

４．穂における非親和性イネいもち病菌による発病抑制にも系統間で差異があり、被害籾率の低い系統ほど、親和性菌による発病が抑制された。この発病抑制効果は、胞子濃度の影響を受け、高濃度ほど発病抑制効果が顕著に表れた。

５．1996～2000年にかけて、宮城県の「ササニシキBL」栽培圃場と採種圃場におけるイネいもち病菌のレース分布を調べた結果、構成系統に非親和性のレース007.0が高頻度に分離された。構成系統の「ササニシキBL１号」、「２号」に対し親和性のレース037.1は低頻度に分離されたが、県内で優勢することはなかった。いもち病菌が分離されたイネ系統の真性抵抗性遺伝子型の推定結果から、いずれの系統からもレース007.0が分離された。このため、ある特定の系統に感染しやすいという傾向は認められなかった。

６．レース007.0のいもち病菌が優勢すると考えられる多発試験圃場で、「ササニシキ」と「ひとめぼれ」の同質遺伝子系統を栽培した結果、非親和性

菌を接種した温室内試験の発病程度と同様の傾向を示した。このため、実際の同質遺伝子系統を混合栽培した圃場でも、いもち病の発生量が多いと、系統間で被害籾率に差異がある可能性が考えられた。

7．マルチライン用の葉いもち病勢進展シミュレーションモデルBLASTMULを開発した。本モデルの葉いもち発病の予測値は、自然発生条件下における実測値によく適合した。このことから、系統間の胞子の行き来をモデル化した自己感染と他己感染のパラメータ値は妥当であると判断された。本モデルの演算結果から、葉いもちの発生量が最も多い時期における、罹病性系統単植における病斑数に対する罹病性系統と抵抗性系統の混植における病斑数の比が、発病抑制程度を最もよく説明する指標であることが明らかとなった。

8．誘導抵抗性のパラメータをBLASTMULに導入して感度分析を行った結果、相対感度は低く、本パラメータは発病抑制に大きく影響を及ぼさない可能性が高いと考えられた。これは、病斑数の少ない発病初期には葉面積が多く存在すること、発病後期の葉いもちの病斑数が増加しないと発病抑制効果が現れにくいことが影響していると考えられた。

9．安定化淘汰のパラメータを同様に感度分析した結果、相対感度は高く、本パラメータの値が低いほど、病勢進展が抑制された。このため、安定化淘汰が存在する場合には、混植圃場において発病抑制が認められる可能性が高いと考えられた。

10．病原性突然変異のパラメータを設定し、突然変異菌の出現頻度をシミュレーションにより解析した結果、株当たりでは出現する可能性はほとんどないと演算されるが、10a当たりに面積規模を拡大すると、演算に使用する突然変異率の値が高いほど出現する突然変異菌の病斑数が多くなることが示された。

11．BLASTMULにより示された演算結果から、自己感染と他己感染のパラメータ値を利用して、1系統侵害レースが突然変異により2系統侵害レースとなりマルチライン栽培圃場に蔓延しても、慣行の薬剤防除並みと同等に発病が抑制される等量混合系統数を計算した。その結果、8系統が必要な数であることが明らかとなった。

引 用 文 献

1）鐙谷大節．1955．葉稲熱病の感染型について．栃内・福士両教授還暦記念論文集．北海道大学．札幌市．p.197-201.

2）Arase, S.; Fujita, K. 1992. Induction of inaccessibility to *Pyricularia oryzae* by preinoculation of *P. grisea* in rice leaf-sheath cells. J. Phytopathol. 134：97-102.

3）浅賀宏一．1981．イネ品種のいもち病に対する圃場抵抗性の検定法に関する研究．農事試研報 35：51-138.

4）浅賀宏一，進藤敬助，八重樫博志，岩野正敬．1983．フクニシキおよび奥羽244号ととりで1号の混植によるいもち病抑制効果（講演要旨）．北日本病虫研報　49：89-90.

5）浅賀宏一．1987．稲いもち病．山口富夫，山中達編．養賢堂．東京．p.229-234.

6）芦澤武人，園田亮一，齊藤初雄，古賀博則．1994年に北海道および東北地方に分布したイネいもち病菌のレース．北日本病虫研報　48：30-32.

7）芦澤武人，善林　薫，小泉信三．2001．1996～2000年に宮城県のササニシキ多系品種栽培圃場から分離されたイネいもち病菌のレースとそれらの由来．北日本病虫研報　52：14-16.

8）芦澤武人，善林　薫，小泉信三．2002．ササニシキ同質遺伝子系統の非病原性イネいもち病菌接種による穂いもち発病と同菌株の前接種による穂いもち発病抑制．日植病報　68：305-308.

9）芦澤武人，善林　薫．2005．セルトレイと植物生育調節剤を利用したイネいもち病菌レース判別試験の効率化．日植病報　71：11-15.

10）Ashizawa, T.; Zenbayashi, S. K.; Sonoda, R. 2005. Effects of preinoculation with an avirulent isolate of *Pyricularia grisea* on infection and development of leaf blast lesions caused by virulent isolates on near-isogenic lines of Sasanishiki rice. J. Gen. Plant Pathol. 71：345-350.

11）Ashizawa, T.; Zenbayashi, K.; Koizumi, S. 2007. Vertical distribution of leaf blast lesions in mixtures of rice cultivar Sasanishiki and its resistant near-isogenic line. J. Gen. Plant Pathol. 73：129-132.

12）Ashizawa, T.; Sasahara, M.; Ohba, A.; Hori,

T.; Ishikawa, K.; Sasaki, Y.; Kuroda, T.; Harasawa, R.; Zenbayashi, K.; Koizumi, S. 2007. Lesion-based analysis of leaf blast suppression in mixtures of rice cultivar Sasanishiki and a resistant near-isogenic line. J. Gen. Plant Pathol. 73：15-21.

13) Berger, R. D. 1989. Description and application of some general models for plant disease epidemics. (Leonard, K. J.; Fry, W. E. eds., Plant Disease Epidemiology. Vol.2 Genetics, Resistance, and Management). New York. McGraw-Hill. p.125-149.

14) Chin, K. M.; Wolfe, M. S. 1984. The spread of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* in mixtures of barley varieties. Plant Pathol. 33：89-100.

15) Chiu, S. H.; Teng, Y. C. 1975. Yield and resistance of rice blast resistant composite varieties. J. Agric. Research (Taiwan) 24：1-10.

16) Chiu, S. H.; Teng, Y. C. 1976. Studies on disease resistance, yielding capacity and grain quality of blast resistant multiline and composite varieties of rice. J. Agric. Research (Taiwan) 25：249-258.

17) Cornell, J. A.; Berger, R. D. 1987. Factors that influence the value of the coefficient of determination in simple linear and nonlinear regression models. Phytopathology 77：930-935.

18) 藤井　潔, 早野由里子, 荒川　誠. 2005. イネ病害虫複合抵抗性品種の育成とその普及. 植物防疫　59：226-230.

19) 藤田佳克, 鈴木穂積. 1982. イネいもち病菌レース047の発生後の年次経過と病原力の増大. 日植病報　48：290-294.

20) 藤田佳克, 園田亮一, 八重樫博志. 1990. 病斑型を異にする非親和性いもち病菌の前接種による葉いもち発病抑制. 日植病報　56：273-275.

21) Garrett, K. A.; Mundt, C. C. 1999. Epidemiology in mixed host populations. Phytopathology 89：984-990.

22) 後藤和夫, 山中　達. 1968. イモチ病菌のRaceに関する研究. 宇都宮大学農学報. 7(2)：27-71.

23) Gregory, P. H. 1968. Interpreting plant disease gradients. Annu. Rev. Phytopathol. 6：189-212.

24) 橋本　晃, 平野喜代人, 松本和夫. 1984. シミュレーションによる葉いもちの発生予察に関する研究. 福島農試特研報　2：1-104.

25) 石黒　潔, 橋本　晃. 1990. 穂いもちシミュレーションモデルの開発　第2報モデルの検証と感度分析. 福島農試研報　29：15-71.

26) 石黒　潔. 2001. シミュレーション・モデルを用いたイネいもち病（葉いもち）防除法の改善. 東北農試研報　99：1-110.

27) 石川浩司, 黒田智久, 堀　武志. 2004. 2003年に新潟県のコシヒカリ同質遺伝子系統現地試作ほから分離されたイネいもち病菌レース. 日植病報　70：195（講演要旨）.

28) 岩野正敬. 1987. 非親和性いもち病菌の接種によるいもち病の発病抑制. 東北農試研報　75：27-39.

29) 岩野正敬, 井上正勝, 春原嘉弘. 2002. イネいもち病菌レース判別品種用矮性系統の育成とそれを用いたレースの簡易検定法. 関東病虫研報　49：13-15.

30) Jeger, M. J. 1986. The potential of analytic compared with simulation approaches to modeling in plant disease epidemiology. (Leonard, K. J.; Fry, W. E. eds., Plant Disease Epidemiology. Vol. 1 Population Dynamics and Management). New York. Macmillan Publishing Co. p.255-281.

31) Kampmeijer, P.; Zadoks, J. C. 1977. EPIMUL, a simulator of foci and epidemics in mixtures of resistant and susceptible plants, mosaics, and multilines. Centre for Agricultural Publishing and Documentation, Wageningen, Netherlands.

32) 加藤　肇, 佐々木次雄. 1974. イネいもち病の疫学的研究―とくにイネ体上におけるいもち病菌の増殖過程と穂いもち発生量の数値予測―. 農技研報　C28：281-61.

33) 清沢茂久. 1966. いもち病菌の病原性の自然突然変異について. 植物防疫　20：159-162.

34) 清沢茂久. 1969. 水稲品種ヤシロモチのいもち病抵抗性の遺伝分析. 農及園　44：407-408.

35) Kiyosawa, S.; Shiyomi, M. 1972. A theoretical evaluation of the effect of mixing resistant variety with susceptible variety for control-

ling plant diseases. Ann. Phytopathol. Soc. Japan 38：41-51.

36）清沢茂久，櫛淵欽也，渡辺進二．1975．いもち病抵抗性育種および育種研究の現状と問題点〔1〕．農及園 50：25-30.

37）清沢茂久．1979．作物の病害抵抗性育種とその基礎研究．農及園 54：1427-1432.

38）Kiyosawa, S. 1981. Gene analysis for blast resistance. Oryza 18：196-203.

39）Kiyosawa, S. 1986. Estimation of stabilizing selection of virulence genes in the rice blast fungus population in prefectures in Japan. Bull. Natl. Agrobiol. Resour. 2：61-96.

40）小林次郎．1984．発生初期における葉いもちの疫学的研究．秋田農試研報 26：1-84.

41）Koizumi, S.; Kato, H. 1987. Effect of mixed plantings of susceptible and resistant rice cultivars on leaf blast development. Ann. Phytopathol. Soc. Japan 53：28-38.

42）小泉信三，谷 俊男．1996．イネいもち病の発病抑制効果におけるササニシキ多系品種とほ場抵抗性強品種及び薬剤散布の比較．愛知農総試研報 28：53-68.

43）Koga, H.; Kobayashi, T. 1980. A whole-leaf clearing and staining technique to observe the invaded hyphae of blast fungus and host responses in rice leaves. Ann. Phytopath. Soc. Japan 46：679-681.

44）古賀博則，小林尚志．1982．親和性および不親和性イネ・いもち病菌組合せにおける葉身での初期感染過程の比較．日植病報 48：506-513.

45）古賀博則，小林尚志．1982．不親和性いもち病菌レースに対するイネ品種とりで1号の葉身の細胞反応．北陸病虫研報 30：12-18.

46）Lannou, C.; Vallavieille-Pope, C. D.; Goyeau, H. 1995. Induced resistance in host mixtures and its effect on disease control in computer-simulated epidemics. Plant Pathol. 44：478-489.

47）Leach, J. E.; Vera Cruz, C. M.; Bai, J.; Leung, H. 2001. Pathogen fitness penarty as a predictor of durability of disease resistance genes. Annu. Rev. Phytopathol. 39：187-224.

48）Manandhar, H. K. 1996. Rice Blast Disease: Seed Transmission and Induced Resistance, ph. D. Thesis, The Royal Veterinary and Agricultural University, Copenhagen, Denmark. 110p.

49）Manandhar, H. K.; Jφrgensen, H. J. L.; Mathur, S. B.; Smedegaard-Petersen, V. 1998. Suppression of rice blast by preinoculation with avirulent *Pyricularia oryzae* and the nonrice pathogen *Bipolaris sorokiniana*. Phytopathology 88：735-739.

50）三沢正生．1959．いもち病菌接種法についての考察．植物防疫 13：15-16.

51）Mundt, C. C.; Leonard, K. J. 1985. A modification of Gregory's model for describing plant disease gradients. Phytopathology 75：930-935.

52）Mundt, C. C.; Leonard, K. J.; Thal, W. M.; Fulton, J. H. 1986. Computerized simulation of crown rust epidemics in mixtures of immune and susceptible oat plants with different genotype unit areas and spatial distributions of initial disease. Phytopathology 76：590-598.

53）Mundt, C. C.; Leonard, K. J. 1986. Analysis of factors affecting disease increase and spread in mixtures of immune and susceptible plants in computer-simulated epidemics. Phytopathology 76：832-840.

54）Mundt, C. C.; Brophy, L. S. 1988. Influence of number of host genotype units on the effectiveness of host mixtures for disease control: A modeling approach. Phytopathology 78：1087-1094.

55）Nakajima, T.; Sonoda, R.; Yaegashi, H. 1996. Effect of a multiline of rice cultivar Sasanishiki and its isogenic lines on suppressing rice blast disease. Ann. Phytopathol. Soc. Japan 62：227-233.

56）Nakajima, T.; Sonoda, R.; Yaegashi, H.; Saito, H. 1996. Factors related to suppression of leaf blast disease with a multiline of rice cultivar Sasanishiki and its isogenic lines. Ann. Phytopathol. Soc. Japan 62：360-364.

57）農林水産省振興局植物防疫課編．1961．病害虫発生予察特別報告第5号．p. 5-6.

58）岡部四郎．1967．多系混合方式による耐病性の育種．育種学最近の進歩 8：88-100.

59）大場淳司，辻　英明，笹原剛志．1999．1998年に宮城県のササニシキBL栽培圃場から分離された同品種を侵害するイネいもち病菌レース．北日本病虫研報　50：12-15.

60）大場淳司．2002．植物成長調節剤（矮化剤）で処理したイネいもち病菌レース判別品種の宮城県における適合性．北日本病虫研報　53：37-40.

61）太田恵二．1982．シミュレーションによるイネいもち病の発生予察法．青森県．今月の農薬．26：12-19.

62）Park, S. K.; Kim, K. C. 1983. Effects of mixing and reciprocal inoculation with compatible and incompatible races of *Pyricularia oryzae* on the enlargement of disease lesions of rice blast. Korean J. Plant Plot. 22：300-306.

63）Parleviet, J. E. 1981. Stabilizing selection in crop pathosystems: An empty concept or reality?. Euphytica 30：259-269.

64）Robinson, R. A. 1976. Plant Pathosystems, New York. Springer-Verlag. 184p.

65）佐竹徹夫．1972．イネポット栽培の改良法－生育時期のそろった穂を得るために－．日作紀 41：361-362.

66）佐々木武彦，阿部眞三，松永和久，岡本栄治，永野邦明，丹野耕一，千葉芳則，狩野　篤，植松克彦，滝沢浩幸，早坂浩志，涌井　茂，黒田倫子，薄木茂樹，千葉文弥，菅野法近，佐々木都彦，遠藤貴司．2002．ササニシキの多系品種「ササニシキBL」について．宮城古川農試報　3：1-35.

67）進藤敬助．1977．抵抗性主働遺伝子型が異なる品種の混合栽培がいもち病の発生に及ぼす影響．北日本病虫研報　28：55（講演要旨）.

68）進藤敬助，浅賀宏一．1989．イネ品種の穂いもち抵抗性検定に関する研究．東北農試研報　80：1-51.

69）東海林久雄，竹田富一，木村和夫，鈴木穂積，藤田佳克．1982．いもち病常発地帯における発病抑制法としての主働抵抗性遺伝子型を異にするイネ品種の混合栽培とその問題点．山形農試報 17：59-69.

70）鈴木穂積，藤田佳克．1980．主働抵抗性因子型を異にするイネ品種の混植による葉いもちの発病抑制とその要因（講演要旨）．日植病報　46：364-365.

71）高井　昭，金井克巳．1982．シミュレーションによるイネいもち病の発生予察法．福岡県．今月の農業．26：86-93.

72）高橋喜夫．1951．稲熱病抵抗性の検定に関する植物病理學的並に育種學的研究．北海道立農試報　3：1-56.

73）高橋喜夫．1956．稲熱病抵抗性の機作（Ⅱ）稲熱病抵抗に伴う寄主細胞の形体的変質．山形大学紀要（農学）2：83-97.

74）富田啓文，山中　達．1983．イネいもち病における抵抗反応に関する研究　Ⅰ．感染初期細胞の病態変化．日植病報　49：514-521.

75）辻　英明，加藤清一．1997．ササニシキいもち病真性抵抗性同質遺伝子系統の混合栽培（ササニシキBL）におけるいもち病発生状況（講演要旨）．北日本病虫研報　48：214.

76）辻　英明，笹原剛志，菅野博英，大場淳司，神名川真三郎．1999．ササニシキBL栽培圃場におけるいもち病菌レースの年次変動．北日本病虫研報　50：16-20.

77）Vanderplank, J. E. 1963. Plant Diseases. Epidemics and Control. New York. Academic Press.

78）Waggoner, P. E.; Horsfall. 1969. EPIDEM, a simulator of plant disease written in computer. Conne. Agric. Exp. Stn. Bull. 698：1-80.

79）Wolfe, M. S.; Barrett, J. A.; Jenkins, J. E. E. 1981. The use of cultivar mixtures for disease control.（Jenkyn, J. F.; Plumb, R. T. eds., Strategies for the Control Cereal Disease）. Oxford. Blackwell. p.73-80.

80）八重樫博志．1991．水稲良食味品種の作付け拡大といもち病．植物防疫　45：456-458.

81）Yamada, M.; Kiyosawa, S.; Yamaguchi, T.; Hirano, T.; Kobayashi, T.; Kushibuchi, K.; Watanabe, S. 1976. Proposal of a new method for differentiating races of *Pyricularia oryzae* Cavara in Japan. Ann. Phytopathol. Soc. Japan 42：216-219.

82）山中　達．1987．稲いもち病．山口富夫・山中達編．養賢堂．東京．pp.241-242.

83）山崎義人，清沢茂久．1966．イネのいもち病抵抗性の遺伝に関する研究　第Ⅰ報　いもち病菌の数種の系統に対する日本稲品種の抵抗性の遺

伝．農技研報　D14：39-69.
84）横尾政雄．1974．作物の病害防除のための多系品種．育雑　24：104-111.
85）吉野嶺一．1979．いもち病菌の侵入に関する生態学的研究．北陸農試報　22：163-221.

Studies on Mechanisms of Suppression of Rice Blast Disease in Multilines and Their Analyses Using a Simulation Model

Taketo ASHIZAWA

Summary

Rice blast is the most destructive disease for rice production in Japan. To control this disease, fungicides were applied, because elite rice cultivars with high eating quality, such as Koshihikari, Hitomebore and Sasanishiki, which have low levels of partial resistance, are cultivated in large areas in Japan. However, recent concerns about food safety and environmental awareness on the part of consumers and producers has produced a desire to control rice blast by using resistant rice cultivars.

Rice cv. Kusabue, which has a complete blast resistance gene, *Pik*, was introduced in farm fields in 1960. However, the cultivar resistance was broken down by the emergence of new virulent blast races in 1963. Similarly, newly released cultivars having complete resistance genes, *Piz*, *Pita*, *Pita-2* and *Pib*, have also become diseased by the increase in virulent races within a few years.

To prevent the breakdown in resistance, the concept of a multiline was introduced to control blast. A rice multiline was first bred in Taiwan, and the suppression of blast using the multiline was higher than that in the recurrent parent rice cultivar for the multiline under a severe blast condition.

In Japan, a multiline known as Sasanishiki BL was first introduced and cultivated in farm fields in 1995 in Miyagi Prefecture. Using the multiline, researchers have studied the mechanisms of blast suppression, the ratio of resistant near-isogenic lines in mixtures and the induced resistance. Simultaneously, the distribution of pathogenic races of blast fungus in Sasanishiki BL has been investigated in farm and seed production fields. However, evaluation of the effectiveness of blast suppression in the multiline has not yet been analyzed, and the mechanism of induced resistance in the multiline has not been clarified.

The present studies were conducted to clarify the mechanisms of suppression of rice blast in the Sasanishiki BL multiline and to report their analyses using a simulation model. An summary of the results is as follows:

1. Field experiments were conducted to clarify the difference in number of initial lesions among pure stands of susceptible Sasanishiki, 1:1 and 1:3 mixtures of Sasanishiki and its resistant near-isogenic line, Sasanishiki BL4 or BL8, from 1998 to 2001. The number of blast lesions was high in pure stands of Sasanishiki, moderate in the 1:1 mixtures, and low in the 1:3 mixtures. In addition, leaf blast development in the mixtures was slower than that expected from the rates of the resistant near-isogenic line in the mixture.

2. Vertical development of leaf blast lesions was suppressed in the 1:1 and 1:3 mixtures of Sasanishiki and its resistant near-isogenic line compared to a pure stand of Sasanishiki.

3. The degree of suppression of blast on leaf blades preinoculated with an incompatible isolate was different among Sasanishiki near-isogenic lines. The suppression on Sasanishiki BL7 with the b-type lesions preinoculated with an incompatible isolate was greater than that on Sasanishiki BL4 with the HR (hypersensitive reaction) type (cytological granules) lesions. The suppression was affected by spore

concentration of the incompatible isolate, and by extended uninoculated areas of leaf blades. In addition, leaf blades with b-type lesions also suppressed invasion hyphae.

4 . The degree of blast suppression on panicles preinoculated with an incompatible isolate was different among Sasanishiki near-isogenic lines. Panicle blast severity of the near-isogenic lines with low severity was less suppressed by a compatible isolate compared with that of higher severity. The panicle blast severity by a compatible isolate was suppressed by preinoculation with high spore concentrations of an incompatible isolate.

5 . Distribution of pathogenic races in farm and seed production fields of Sasanishiki BL cultivated in Miyagi Prefecture from 1996 to 2000 was investigated. Blast fungus of race 007.0, which is incompatible with Sasanishiki BL lines, was frequently isolated from the lines. The compatible fungus of race 037.1 was also isolated from Sasanishiki BL1, having the *Pik* gene, and BL2, having the *Pik-m* gene, but the race did not become predominant in the prefecture. A complete resistance genotype was identified using infected panicles of Sasanishiki BL, which indicated that specific lines constituting Sasanishiki BL did not tend to be infectious to the race 007.0.

6 . To clarify the effect of incompatible blast fungus of race 007.0 in multilines on blast severity in paddy field conditions, Sasanishiki and Hitomebore near-isogenic lines were cultivated in an experimental field in a severe blast epidemic in 2001. A difference of blast severity among the lines was observed, and the difference was similar to that found in an inoculation test using incompatible isolates.

7 . A simulation model, named BLASTMUL, was developed to clarify leaf blast development in multilines. Simulated numbers of leaf blast lesions fit well with observed numbers. Parameters of autoinfection and alloinfection, whose values are 0.65 and 0.35, respectively, functioned well in the model. The model showed that the highest number of blast lesions within a year is a good predictor to clarify the effectiveness of leaf blast suppression in multilines.

8 . A parameter of induced resistance was introduced, and then sensitivity analysis was done to evaluate the effect of suppression by an incompatible blast fungus. The model of relative sensitivity was low. This indicated that the parameter was not sufficient to affect leaf blast development, regardless of severe blast occurrence.

9 . A parameter of stabilizing selection was also introduced, and sensitivity analysis was done to evaluate the effect of leaf blast suppression. The model of relative sensitivity was high. The result indicated that leaf blast suppression might occur when the stabilizing selection is effective in a population of blast fungus in multilines.

10. A parameter of mutation was introduced, and sensitivity analysis was done to evaluate the frequency of emergence of mutated blast fungus. Simulation results revealed that the mutated fungus did not emerge within a representative hill（a small area）, but it did emerge within an area of 1,000m^2（including approximately 20,000 hills）in accordance with a higher mutation rate.

11. A new model was developed using BLASTMUL to clarify the number of mixed lines for effective control of two-line compatible races. A parameter set of autoinfection and alloinfection was used to calculate the number. The model indicated that an 8-line mixture was effective to control leaf blast similar to conventional application of blasticides.