

令和 5 年 5 月 25 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19K05984

研究課題名(和文) 新規の穀粒構成成分の改変による良食味炊飯米を実現する量的遺伝子座の単離

研究課題名(英文) Identification of QTLs affecting good eating quality of cooked rice by improvement in novel grain components.

研究代表者

堀 清純 (Hori, Kiyosumi)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究部門・グループ長

研究者番号：50442827

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)： 水稻187品種の全ゲノムSNPデータと炊飯米食味形質・細胞壁分解酵素量等の評価データを用いたGWASとGSにより、900カ所以上のQTLを検出して形質予測モデルを構築した。水稻品種の分離集団(合計435系統)を作出して、アミロースやタンパク質含有率に影響を受けない良食味QTLを検出した。多収品種タカナリの遺伝解析集団において第1、2、3、4、5、11番染色体上に、新規の食味QTLを検出した。これらのQTLは、アミロースやタンパク質含有率とは異なるメカニズムで食味改変が可能な遺伝子座と考えられる。該当する領域を他品種の染色体断片に置換した系統群において、各QTLの遺伝効果を確認できた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

近年のゲノム解析技術の発達により、イネの収量性を制御する複数の重要遺伝子が同定されている。しかしながら、もう一方の最重要な育種選抜形質である米の品質、特に炊飯米の食味や食感を制御する遺伝要因(遺伝子)のほとんどは明らかとなっていない。これまでに、最近の良食味品種は胚乳中の細胞壁分解酵素活性が低い傾向を示すことが明らかとなった。そこで、細胞壁などの新規の穀粒成分を改変することにより、炊飯米の物性を変化させて新しい食感を付与することが可能であると考えられた。本研究では、炊飯米の食感や食味を向上させる胚乳の細胞壁成分に着目して、新規の遺伝要因の解明を目指した。

研究成果の概要(英文)： We collected whole genome single nucleotide polymorphisms (SNPs) and evaluated eating quality traits and endosperm enzyme activities for cell wall degradation in 187 Japanese rice germplasm accessions. By using both the SNPs genotype and phenotype data, genome-wide association analysis (GWAS) detected more than 900 genetic loci (QTLs) for the eating quality traits and endosperm enzyme activities, and genomic selection (GS) procedure constructed prediction models for each trait. Additional genetic analysis in a total of 435 recombinant inbred lines confirmed presences of several QTLs and their genetic effects that were detected by the GWAS, and confirmed accuracy of the trait prediction models by the GS. For examples, we found novel QTLs for eating quality traits on chromosomes 1, 2, 3, 4, 5 and 11 in Koshihikari/Takanari populations. These QTLs were controlled eating quality regardless of amylose and protein contents in rice grains.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：イネ 食味 炊飯米 QTL

## 1. 研究開始当初の背景

近年のゲノム解析技術の発達により、イネの収量性を制御する複数の重要遺伝子が同定され、その単離遺伝子を利用した育種素材の作出が進められている (Yano *et al.* 2016. *Nat. Genet.* など)。しかしながら、もう一方の最重要な育種選抜形質である米の品質や食味、特に炊飯米の食味や食感を制御する遺伝要因 (遺伝子) のほとんどは明らかとなっていない。

米の需要が年々減少する中で、外食産業で使用される業務用米や弁当やおにぎり製造に使用される中食用米の需要は急増している。実際、国内の米消費における外食・中食の割合は、1985年当時は15.2%であったが2016年には31.1%と約2倍に増加している (米穀安定供給確保支援機構 2018「米の消費動向調査」)。このような食生活の変化に対応するために、外食・中食に使いやすい加工適性を備えた従来とは異なる食味特性を持つ水稻新品種が求められている。また、30代以下の若年層では粒感があり食べ応えのある米飯が好まれているという調査結果から炊飯米の嗜好に変化が生じていると考えられ、コシヒカリやこれまでの主食用品種のような強い粘りを持つ米飯とは異なる食味特性を持った品種の開発や制御遺伝子の同定が必須である。

## 2. 研究の目的

一般的に、白米中の直鎖状澱粉 (アミロース) やタンパク質の含有率が低いと炊飯米の食味が良くなり、脂肪酸などの脂質は古米臭の原因となることが知られている。しかしながら、それ以外の穀粒成分が炊飯米の食味にどのような影響を与えているかについては不明な点が多い。申請者らはこれまでに、米胚乳の細胞壁組成を改変することで、炊飯米の粘りや硬さ (食感) を変化させて、結果としてごはんの食味を向上させる効果を付与できることを明らかにした (Iijima *et al.* 2019. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* など)。そこで本研究では、日本水稻品種が保持する炊飯米の食感を制御する QTL をさらに見出して、米胚乳の細胞壁組成を変化させる遺伝子を明らかにするとともに、新規穀粒成分の改変による食味の改良効果を科学的に検証する。

## 3. 研究の方法

日本水稻品種群のゲノム遺伝子型を収集するとともに、米胚乳中の細胞壁分解酵素活性量や炊飯米の食味関連形質を評価する。ゲノム遺伝子型情報と形質の表現型情報を合わせてゲノムワイド連関解析 (GWAS) により新規 QTL を検出するとともに、ゲノム予測解析 (GS) により形質予測モデルを構築する。

日本水稻品種同士の交配に由来する **Recombinant Inbred lines (RILs)** を作出して栽培し、炊飯米の食味関連形質を評価して、構築した形質予測モデルの有効性を調査する。

タンパク質やアミロース含有率はほぼ同等であるが炊飯米の食味が大きく異なる多収品種タカナリと良食味品種コシヒカリ等の交配に由来する遺伝解析集団について、炊飯米の物性測定や食味評価を行い、新規穀粒成分に関する新規 QTLs を検出する。

## 4. 研究成果

日本在来イネ・コアコレクションおよび日本水稻育成品種パネルの合計 150 品種を 3 年間にわたり、茨城県つくば市の試験圃場で栽培した。胚乳の細胞壁分解酵素等の活性量、アミロース含有率、タンパク質含有率、アミロペクチン鎖長分布、粒形、炊飯特性、炊飯食味値、炊飯米物性値、糊化粘度特性等を測定して、200 形質以上の表現型データを収集した。また、各品種の全ゲノム配列から 70 万個以上の SNPs を抽出した。ゲノムワイド連関解析 (GWAS) により、500 個以上の QTL を検出した (図 1)。細胞壁分解酵素活性量、粒形、アミロペクチン鎖長分布、炊飯食味計の測定値、テンシプレッサーによる炊飯米物性値等においては、3 年間で共通した QTL を検出できた。これらの QTL 領域には、既知の遺伝子が報告されているものも含まれていた。また、検出した QTL はイネの全ての染色体上に分布しており、細胞壁分解酵素活性量や炊飯米食味に関する形質が、多数の遺伝子によって制御されていると考えられた。

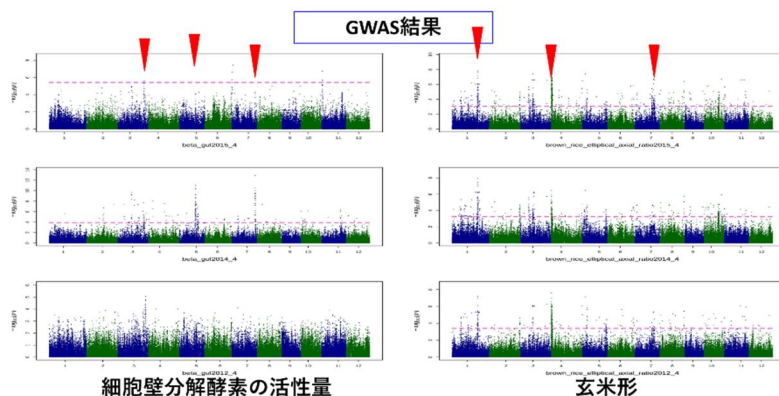


図 1 . GWAS の解析結果の一例 .

全ゲノム SNP 情報と形質の表現型データを用いて形質予測モデルを構築して、炊飯米表層の粘りが少なく硬いが食味値が優れる等の、良食味多収米（業務用米）に適した炊飯米特性を示す後代個体が発見される交配組み合わせを選定した。この交配組み合わせに由来する 4 つの遺伝解析集団（RILs）を作成した。RILs の炊飯米物性や胚乳酵素活性量を評価して、解析集団における表現型分離を調査したところ、炊飯食味計の食味値とテンシプレッサーによる炊飯米表層の粘り値（実測値）の分布が、ゲノミック予測による予測値の分布と類似していた（図 2）。遺伝子型データと表現型データを利用することで、炊飯米の食味形質においても遺伝子座検出や後代集団における形質予測が可能になったと考えられる。

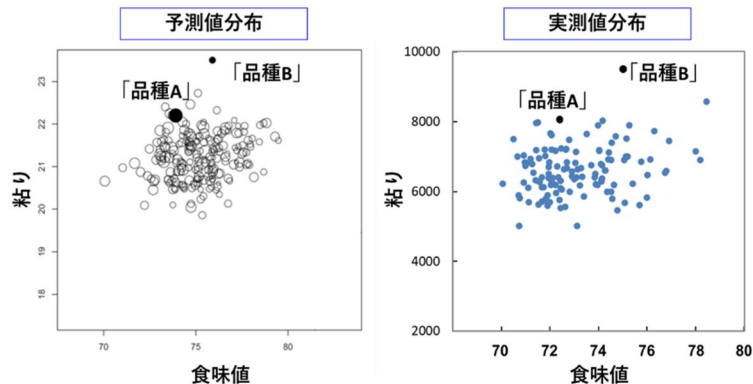


図 2 . 日本水稲品種同士の交配に由来する RILs における予測値と実測値の分布 .

白米中のアミロースやタンパク質含有率がほぼコシヒカリと同等であるが、炊飯米は粘りが少なく硬い品種である多収品種タカナリの遺伝解析集団において、炊飯米の食味関連形質を調査して QTL 検出を試みた。第 1 染色体長腕、第 2 染色体長腕、第 3 染色体短腕、第 4 染色体長腕、第 5 染色体長腕、第 11 染色体長腕上に、炊飯米の白さや粘りや硬さに関する新規の食味 QTL を検出した（図 3、Hori et al. 2021. RICE）。これらの QTL の一部は、アミロースやタンパク質含有量とは異なるメカニズムで食味改変が可能な遺伝子座であると考えられる。また、これらの染色体領域を他のインディカ品種の染色体断片に置換した系統群においても、これらの QTL の効果を確認できたことから、検出した QTL は多収インディカ品種に由来する良食味多収米（業務用米）の食味向上に利用可能である。

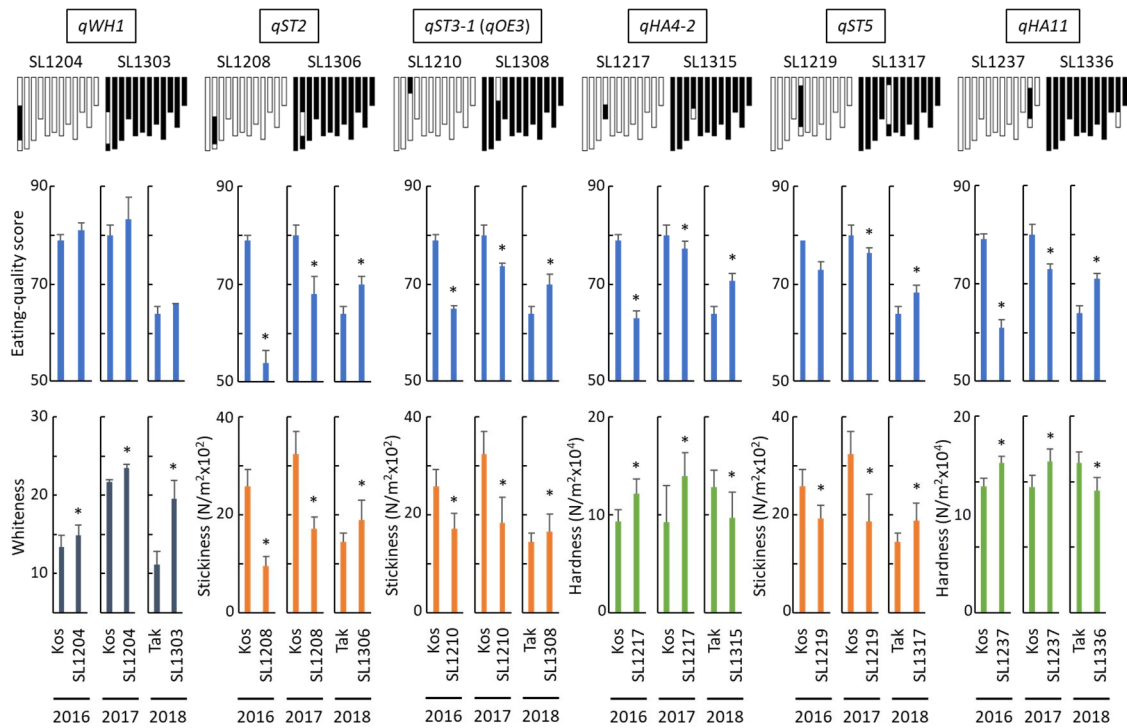


図3. コシヒカリ/タカナリの染色体断片置換系統群における食味関連形質の QTL 領域 (Hori *et al.* 2021) .

< 引用文献 >

- 1) Yano K, Yamamoto E, Aya K, Takeuchi H, Lo P, Hu L, Yamasaki M, Yoshida S, Kitano H, Hirano K, Matsuoka M (2016) Genome-wide association study using whole-genome sequencing rapidly identifies new genes influencing agronomic traits in rice. *Nature Genetics* 48: 927–934.
- 2) 米穀安定供給確保支援機構 (2018) 米の消費動向調査 . (<https://www.komenet.jp/data/jishuchousa/doko/>).
- 3) Iijima K, Suzuki K, Hori K, Ebana K, Kimura K, Tsujii Y, Takano K (2019) Endosperm enzyme activity is responsible for texture and eating quality of cooked rice grains in Japanese cultivars. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry* 83:502–510.
- 4) Hori K, Suzuki K, Ishikawa H, Nonoue Y, Nagata K, Fukuoka S, Tanaka J (2021) Genomic regions involved in differences in eating and cooking quality other than *Wx* and *Alk* genes between *indica* and *japonica* rice cultivars. *Rice (N Y)* 14:8.

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 堀清純	4. 巻 1
2. 論文標題 稲の重要農業形質の遺伝解析	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 米の機能性食品化と新規利用技術・高度加工技術の開発	6. 最初と最後の頁 613-622
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Hori Kiyosumi, Suzuki Keitaro, Ishikawa Haruka, Nonoue Yasunori, Nagata Kazufumi, Fukuoka Shuichi, Tanaka Junichi	4. 巻 14
2. 論文標題 Genomic Regions Involved in Differences in Eating and Cooking Quality Other than Wx and Alk Genes between indica and japonica Rice Cultivars	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Rice	6. 最初と最後の頁 8
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s12284-020-00447-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Hori Kiyosumi, Sun Jian	4. 巻 15
2. 論文標題 Rice Grain Size and Quality	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Rice	6. 最初と最後の頁 33
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s12284-022-00579-z	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計9件（うち招待講演 3件/うち国際学会 1件）

1. 発表者名 堀清純, 望月賢太, 辻井良政, 飯島健, 朱紅加, 鈴木啓太郎, 矢部志央里
2. 発表標題 炊飯米食味形質のゲノムワイド連関解析と形質予測モデルの検証
3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 早川 稜太、堀清純、辻井良政
2. 発表標題 コシヒカリ交雑体91系統の米飯物性特性の検討
3. 学会等名 日本農芸化学会2021年度大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 早川 稜太、堀清純、辻井良政
2. 発表標題 コシヒカリ交雑体を用いた米飯物性の比較検討
3. 学会等名 日本食品保蔵学会第69回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Kiyosumi Hori
2. 発表標題 Genome regions associated with difference of eating quality between indica and japonica rice cultivars.
3. 学会等名 上海市農業科学院作物育種栽培研究所セミナー（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kiyosumi Hori
2. 発表標題 Deciphering genetic basis of responses to climate temperature fluctuations in rice.
3. 学会等名 Plant and Animal Genome Conference VVXIII（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 望月 賢太, 辻井 良政, 堀 清純, 高野 克己
2. 発表標題 用途の異なる水稻品種の理化学特性に影響する遺伝子座の探索.
3. 学会等名 日本食品科学工学会第66回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 望月賢太, 辻井 良政, 堀 清純, 高野 克己
2. 発表標題 米飯の理化学的特性に影響をおよぼす遺伝子座を利用した用途予測の検討
3. 学会等名 日本農芸化学会2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 齋藤彰宏, 江南和歩, 木村圭一, 飯島健, 大山卓爾, 樋口恭子, 辻井良政, 高野克己, 堀清純
2. 発表標題 登熟中のコシヒカリ胚乳で発現する、良食味形質に関わる遺伝子の探索
3. 学会等名 第61回日本植物生理学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 堀清純
2. 発表標題 炊飯米食味を決める遺伝子の単離と育種利用への取り組み
3. 学会等名 ActiveFridayセミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	辻井 良政  (Tsujii Yoshimasa)  (70607671)	東京農業大学・応用生物科学部・教授   (32658)	
研究分担者	田中 淳一  (Tanaka Junichi)  (30370571)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究部門・上級研究員   (82111)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------