

令和 6 年 6 月 8 日現在

機関番号：87110

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2021～2023

課題番号：21K05554

研究課題名(和文)高温登熟における玄米品質を飛躍的に向上させた日本型イネの高温耐性メカニズムとは

研究課題名(英文)High temperature resistance mechanism of Japonica rice that dramatically improve the quality of brown rice under high temperature ripening

研究代表者

宮原 克典 (Miyahara, Katsunori)

福岡県農林業総合試験場・豊前分場・研究員

研究者番号：80557033

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,200,000円

研究成果の概要(和文)：地球温暖化が問題となる中、高温による米の品質低下が問題となっている。本研究では、米の品質低下をもたらす遺伝的要因を明らかにすることを目的として実施された。

本研究で用いた、高温で品質が低下しやすい品種と、高温でも品質が低下しにくい品種を比較すると、イネのゲノムに品質低下の要因となる領域が検出された。また、その領域で遺伝子の発現量が異なる遺伝子を複数見出した。これらの遺伝子には、植物ホルモンの代謝やDNAの転写に関与する遺伝子が含まれており、これらの遺伝子が米の品質低下に関与することが推察される。

研究成果の学術的意義や社会的意義

温暖化によりイネの生育期間が高温で経過することが常態化している現在、高温耐性はイネに求められる欠かせない形質であるとともに、高温による玄米品質の低下をいかにして抑えるかは重要な課題である。本研究は、玄米の品質に関わる遺伝領域を明らかにしたとともに、高温耐性をもたらした遺伝子やその機能の推定を行った。このことは、今後の品種改良や高温条件下における品質低下回避技術の開発に寄与することにつながるものと考えられる。

研究成果の概要(英文)：As global warming has been a problem, the quality of rice deteriorates due to high temperatures are also a problem. This study was conducted with the aim of clarifying the genetic factors that lead to the decline in rice quality.

When comparing the varieties used in this study that tend to deteriorate in quality under high temperatures with those that do not easily deteriorate in quality even under high temperatures, regions that cause quality deterioration were detected in the rice genome. They also found multiple genes with different expression levels in that region. These genes include genes involved in plant hormone metabolism and DNA transcription, and are thought to be involved in the deterioration of rice quality.

研究分野：水稻玄米品質

キーワード：水稻 高温 玄米品質 遺伝 育種 品種改良 遺伝子発現 ゲノム

1. 研究開始当初の背景

水稲では高温登熟がもたらす未熟粒による品質低下が問題となっている。そのため、これまでに多くの高温耐性品種が育成され、数多くの高温耐性に関する研究が行われてきた。しかしながら、育種がもたらしてきた高温耐性獲得の仕組みについては未だ明らかにされていない。高温耐性品種である「元気つくし」の交配親の一方は、高温で未熟粒が多発する「つくしろまん」であることから、両品種の遺伝的差異に高温耐性に重要な要素が含まれると考えられる。研究担当者らはこれまでに、「元気つくし」型の第8染色体上にその遺伝的要素が存在することを見出しており、「つくしろまん」を遺伝的背景とし、「元気つくし」型の第8染色体領域を有する準同質遺伝子系統を養成した。これまで明らかにされていない、高温耐性の仕組みを明らかにすることは、今後の高温耐性品種の育成や、高温による障害を回避する技術の開発に重要な役割を果たすことが期待されている。

2. 研究の目的

本研究では、「つくしろまん」を遺伝的背景とし、「元気つくし」型の第8染色体領域を有する準同質遺伝子系統「GT-NIL」を材料に、生育や収量などの農業形質や・玄米外観品質を調査するとともに、「GT-NIL」のゲノム遺伝子型や遺伝子発現を調査することにより、高温耐性をもたらす遺伝的要因を明らかにすることを目的とした。

3. 研究の方法

(1) 通常条件での「GT-NIL」の生育や玄米外観品質などの農業形質調査

供試品種および系統 「つくしろまん」、「元気つくし」、「GT-NIL01」、「GT-NIL05」

「GT-NIL01」、「GT-NIL05」は第8染色体上のQTLを「元気つくし」型で有する「つくしろまん」を遺伝的背景とした戻し交配系統（BC4）

栽培様式 6月24日移植、1株4本植 22.2株/m²、N施肥5.0+2.0+1.5kg/10a

試験規模 1区15m²×2反復

調査項目 草丈、茎数、葉色（最高分げつ期）、収量調査（籾数、玄米重、登熟歩合、千粒重）、品質調査（未熟粒率、検査等級） 未熟粒率は穀粒判別機による。

(2) 高温条件での「GT-NIL」の生育や玄米外観品質

実施場所 九州大学農学部ファイトロン

供試品種および系統 「つくしろまん」、「元気つくし」、「GT-NIL01」、「GT-NIL05」

栽培様式 6月16日移植、1穂×10個体/ワグネ鉢[®]（1/5000a）、N施肥1.05kg/10a

試験規模 1区1鉢×3反復

高温処理 ファイトロンで開花2日後から終日30℃で処理した（対照区25℃）

調査項目 未熟粒率（背白粒、心白粒、腹白粒、整粒） 未熟粒率は目視による

(3) 「GT-NIL」のゲノム解析および遺伝子発現解析

供試品種および系統 上記(2)と同一処理のサンプル

解析材料 ゲノム解析（次世代ゲノムシーケンス）は、発芽後7日の葉身からCTAB法で抽出したDNAを用いた。遺伝子発現解析（RNA-seq、Real-time PCR）には、出穂後7、14日の子実（3反復）を供試した。

4. 研究成果

(1) 「GT-NIL」のゲノム遺伝子型

高温でも玄米品質が低下しにくい「元気つくし」と高温で品質低下が起こりやすい「つくしろまん」、第8染色体のDNAマーカーで選抜を繰り返しながら、「元気つくし」に「つくしろまん」を4回戻し交配して作成した「GT-NIL01」、「GT-NIL05」のゲノム遺伝子型を調査したところ、2系統の「GT-NIL」では、第8染色体のマーカー領域は「元気つくし」型を有しており、その他の領域は僅かな断片が「元気つくし」型で残された他は、「つくしろまん」型となっていた（未発表のためデータ略）。

(2) 「GT-NIL」の生育や玄米品質などの農業形質

「GT-NIL」の生育は、出穂期や稈長を見ると、反復親である「つくしろまん」型に近い表現型を示していた。一方、玄米外観品質は「つくしろまん」と「元気つくし」の中間的な値を示しており、「つくしろまん」に比べて向上したと言える。「GT-NIL」は「つくしろまん」が「元気つくし」型の第8染色体領域を取り込んだことにより、生育特性では「つくしろまん」型を有しながら、玄米外観品質は「元気つくし」型に近づき向上したと考えられた（未発表のためデータ略）。

(3) 遺伝子発現解析

「元気つくし」、「つくしろまん」および2系統の「GT-NIL」の登熟中の子実を開花後7日、14日に採取して得られたRNAを用いて、RNA-seqによる遺伝子発現解析を行ったところ、「元気つくし」、「GT-NIL01」および「GT-NIL05」で共通して、「つくしろまん」に比較して遺伝子発現量が有意に多い遺伝子が、第8染色体上から5つ検出された（未発表のためデータ略）。また、第8染色体以外からは一つも検出されなかった。検出された5つの遺伝子を発現量をReal-Time PCRにより確認したところ、いずれも「つくしろまん」における発現量は少なかった（図1）。なお、「元気つくし」と「GT-NIL」で、開花7日、14日後に共通して「つくしろまん」よりも発現量の少なかった遺伝子の一つも検出されなかった。

今回、「元気つくし」や「GT-NIL」で子実での発現量が多い遺伝子として検出された5つの遺伝子は、植物ホルモンの代謝やRNAポリメラーゼに関わる遺伝子と推定される遺伝子であった。これらの遺伝子の働きが、高温登熟条件下における玄米の外観品質向上をもたらしている可能性が示唆された。

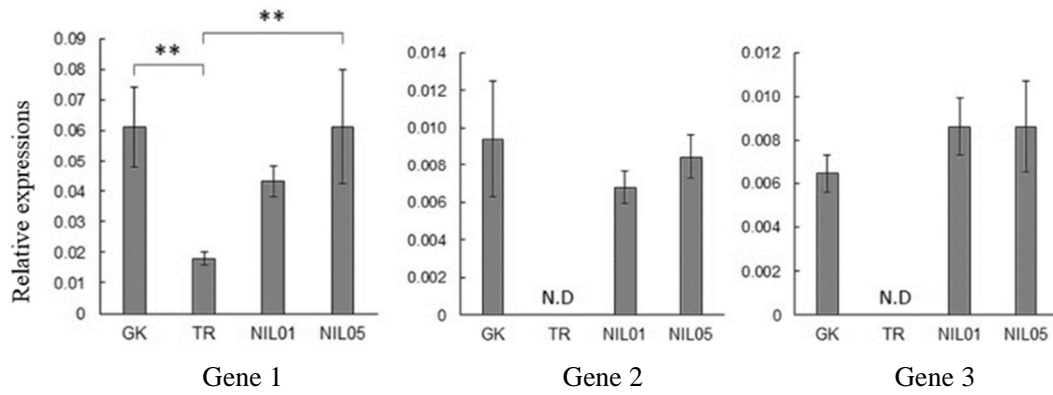


図2 「元気つくし(GK)」「つくしろまん(TR)」「GT-NIL01(NIL01)」「GT-NIL02(NIL02)」での開花21日(高温処理区)における遺伝子発現量(一部抜粋)

Gene1-3 はいずれも第8染色体上の遺伝子。Relative expressionsはActinに対する相対量。**は「つくしろまん」との間に1%水準での有意差があることを示し、N.Dは検出なしを示す。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Katsunori Miyahara , Takuya Wada , Shuichi Fukuoka , Masayuki Miyazaki , Osamu Yamaguchi , Masafumi Ishibashi , Motohiko Kondo , Norimitsu Hamaoka & Yushi Ishibashi	4. 巻 26
2. 論文標題 Identification of chromosome regions for high-temperature tolerance in the japonica rice cultivar 'Genkitsukushi' (Oryza sativa L.)	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Plant Production Science	6. 最初と最後の頁 88-99
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1080/1343943X.2022.2155669	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 -

〔学会発表〕 計0件

〔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	石橋 勇志 (Ishibashi Yushi) (50611571)	九州大学・農学研究院・教授 (17102)	
研究分担者	内川 修 (Uchikawa Osamu) (50502465)	福岡県農林業総合試験場・農産部・チーム長 (87110)	

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
---------	---------