

**科学研究費助成事業 研究成果報告書**

平成 27 年 6 月 15 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(C)

研究期間：2012～2014

課題番号：24580030

研究課題名(和文) イネの高温登熟耐性遺伝子・QTLの特定

研究課題名(英文) Identification of the genes/QTLs for the high-temperature tolerance at ripening stage in rice

研究代表者

寺尾 富夫(Terao, Tomio)

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター作物開発研究領域・首席研究員

研究者番号：80355578

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,200,000円

研究成果の概要(和文)：登熟時の高温による白未熟粒の発生に強い品種育成のため、ハバタキ・ササニシキ染色体断片置換系統を用いて、高温耐性に関与する遺伝子座の解明を行った。この高温耐性QTLは、第3染色体に座乗しており、その存在範囲を絞り込んだ。このQTLがハバタキ型の場合には、登熟時の気温の上昇幅が同じでも、白未熟粒の増加割合がササニシキより小さいことから、真の登熟期高温耐性である。このQTLの近傍に、整粒割合を増加させるQTLも見出した。この2つのQTLは、共にハバタキ型で整粒割合を増加させる方向に働くため、これらのQTLを含む領域を導入することにより、日本型イネの整粒割合増加と白未熟粒減少方向に改良可能となる。

研究成果の概要(英文)：Quantitative trait loci (QTLs) for the apparent quality of brown rice under high temperatures during ripening were analyzed using chromosomal segment substitution lines. The chromosomal segments of indica-type cultivar, Habataki, were substituted into a japonica-type cultivar Sasanishiki background. Two putative QTLs, qRG3-2, for the percentage of regular grains, and qTW3-2, for the percentage of TWI grains were identified on chromosome 3. The Habataki-allele at qTW3-2, which was located near a marker, RM14702, mainly reduced the TWI grains, while qRG3-2, which was located near RM3766, increased the regular grains. The effects of these QTLs were more obvious under high-temperature ripening conditions; hence, they are considered to be high-temperature-tolerant QTLs. Incorporation of the Habataki region, including qRG3-2 and qTW3-2 into Japonica-type cultivars is recommended to improve high-temperature tolerance and to increase grain quality.

研究分野：イネの収量・品質に関する遺伝子・QTLの解析

キーワード：高温登熟 QTL 白未熟粒 イネ(Oryza sativa L.)

1. 研究開始当初の背景

(1) 現在、地球温暖化の影響と言われているが、夏期の気温が高温である年が増加している。その影響は水稻の栽培にも深刻であり、登熟期の高温の影響で、胚乳が白く濁るいわゆる白未熟粒の発生が頻発している。これにより、出荷米の等級落ちや収量減少、食味の低下等が起こっており、改善が求められている。

(2) そのために、栽培法の改善や栽培時期の移動等の耕種的開発と並んで、高温に強い系統の作出等の育種的解決法が必要であり、高温登熟耐性に関与した遺伝子・QTL の特定が求められる。

2. 研究の目的

(1) 高温での登熟に強く白未熟粒の発生が少ないインド型品種のハバタキが持つ高温耐性 QTL をハバタキ-ササニシキの染色体置換系統を用いて明らかにする。

(2) 今までにも、多くの高温耐性 QTL が報告されてきた (Kobayashi et al 2013、Shirasawa et al 2013、Murata et al 2014)。しかし、その多くは白未熟粒発生に関する QTL と考えた方がよいものであり、平温時でも高温時でも共に白未熟粒発生が少ないものが多く、温度上昇に対する白未熟粒発生の関係を調べたものは少ない。平温時にも白未熟粒発生率が低く、高温になってもその低い白未熟粒発生率を同じ割合で保持しているものは、高温耐性 QTL というよりも、白未熟粒発生が低い QTL と考えられる。真に高温耐性の QTL であれば、平温時には白未熟粒発生率が同等だったものが、高温になった場合に、非耐性系統では白未熟粒発生が激増し耐性系統では微増に止まる現象が予測される。

(3) 詳しく調べられていないが、既知 QTL の中でも、高温耐性の QTL が含まれている可能性はある。しかし、現実に必要とされているのは、この両 QTL を同時に導入して、平温でも白未熟粒発生が少なく、高温になっても増加しにくい品種・系統を作ることである。そのためにも、既に多くが報告されている白未熟粒発生 QTL ではなく、あまり解析されていない真の高温耐性 QTL を重点的に探し出して特定することが必要と考えられる。

(4) そこで、この真の高温耐性 QTL を見つけ出すために、高温条件で登熟しても、白未熟粒発生率の増加が少ない系統を探して、その中から温度反応性が異なる QTL を探し出すことを行う。

3. 研究の方法

(1) 日本型イネ品種ササニシキ、インド型イネ品種ハバタキ、およびササニシキの染色体

中にハバタキの染色体の一部が挿入された染色体部分置換系統(Ando et al 2008)を用いて、登熟時の高温に対する耐性を評価した。

(2) 北陸研究センター(37°7'N, 138°16'E)の圃場において、上記品種・系統およびその戻し交配系統を栽培した。高温処理は、圃場に穂首より上をビニルで覆ったビニルハウスを設置し、処理をしていない平温栽培と比較した。

(3) 温度反応を詳しくみる場合には、グロースチャンパー(小糸工業、農業気象実験施設、製造番号 K31-6389)において温度制御を行い、メタルハライドランプによる人工光により栽培した。

(4) 収穫後、玄米の外観品質を、静岡製機 ES-1000 穀粒判別器により測定した。乳白粒、背腹白粒、基部未熟粒、死米を合計したものを総白未熟粒とした。

(5) QTL 解析は、QTL Cartographer 2.5 (Wang et al 2012)により行った。t-test による統計解析は、農林水産研究情報総合センターのシステムを利用して SAS Ver.9.2 により行った。

4. 研究成果

(1) 親品種ハバタキとササニシキの高温耐性親品種であるインド型イネのハバタキと日本型イネのササニシキの高温耐性をグロースチャンパーで栽培し、白未熟粒発生割合を調査した。その結果、昼温 32 /夜温 27 で登熟させたササニシキの白未熟粒割合は約 80%と、27 /22 で育てた場合の約 12%に比べて著しく増加したが、ハバタキの場合には、8%から 22%へとわずかの増加に止まった。

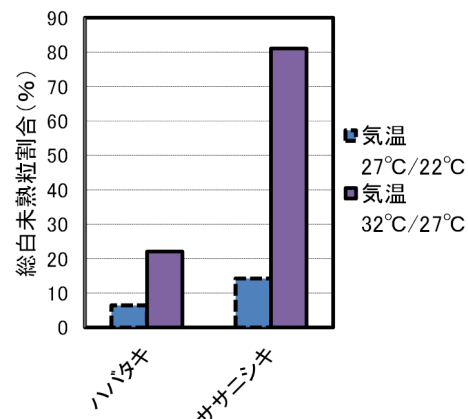


図1: ハバタキとササニシキを、グロースチャンパー内で平温条件(昼温 27 / 夜温 22 )と高温条件(昼温 32 /夜温 27 )で育てた場合の総白未熟粒発生率。

(2) そこで、ササニシキの染色体中にハバタキの染色体の一部が挿入された染色体部分

置換系統を圃場に植えて、出穂期以降上部を覆い側面を空けたビニルハウスにて高温処理区と何もしない外気区に分けて栽培し、玄米品質を調査した。その結果、SL418,SL436,SL439の3系統が外気区での白未熟粒割合が低く、高温処理区でも増加幅がハバタキと同程度に小さかった。このうち、SL436は出穂期が遅く、登熟期の高温を逃れており、SL439は不稔粒が多いために稔実粒の登熟が良くなったと考えられるため、これらを除いてSL418について詳しく解析した。

(3) SL418には第5染色体の部分置換系統であるが、ほかに第3染色体と第9染色体にもハバタキ型に置換された領域がある。予備的な解析で、第9染色体の領域は高温条件で白未熟粒発生が増える傾向を示したため、それ以外の第3染色体と第5染色体にハバタキ型の領域を持つ系統と、どこにもハバタキ型領域を含まないササニシキ型の系統を用いて、高温登熟の影響を調査した。その結果、平温ではどの系統も白未熟粒の発生はほぼ同程度で5%以下であったが、高温では、第3染色体にハバタキ型を含む系統のみは6%程度に止まったが、他の2系統の白未熟粒発生率は20%以上に上昇した。このことからSL418が含む第3染色体のハバタキ領域に高温登熟に強いQTLが座乗していると考えられる。

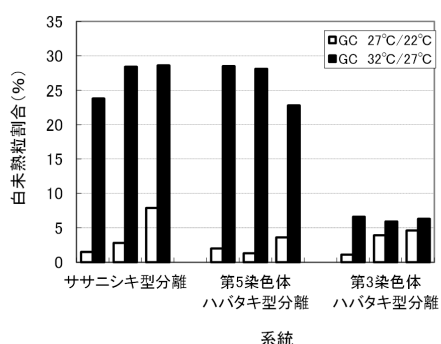


図2：SL418のうち、第5染色体と第3染色体にのみハバタキ領域を残した系統を、高温および平温で育てたときの総白未熟粒発生率。

(4) そこで、この第3染色体にのみハバタキ領域を持つ系統をササニシキに戻し交配した後、染色体相互乗り換え系統を探索して、QTL解析を行った。その結果、約1.26MbpにあるRM14314近辺にハバタキ型で総白未熟粒発生を増やすQTL( $qTW3-1$ )が、また約8.6MbpにあるRM14702近辺にハバタキ型で総白未熟粒発生を減少させるQTL( $qTW3-2$ )が見出された。このうち、 $qTW3-1$ は、高温処理を行ってもLOD値に変化は無かったが、 $qTW3-2$ は高温処理によりLOD値が4から7に上昇し、相加効果もよりマイナスになった。この実験では、平温

処理と高温処理で使用した系統とその個体数が同じであることから、LOD値と相加効果の値は効果の大きさと比例する。したがって、 $qTW3-2$ のLOD値が高温で上昇し、相加効果が減少することは、 $qTW3-2$ がハバタキ型の系統の方が、ササニシキ型の系統より総白未熟粒の発生が少ない傾向が高温でより顕著になることを示している。これはもちろん、 $qTW3-2$ がハバタキ型の系統の総白未熟粒発生が高温で減少することを示しているわけではない。ハバタキ型の系統でも高温では総白未熟粒発生が増えるが、ササニシキ型系統の総白未熟粒の増加に比べてその増加程度が小さいために、相対的に総白未熟粒発生が少なくなるためである。

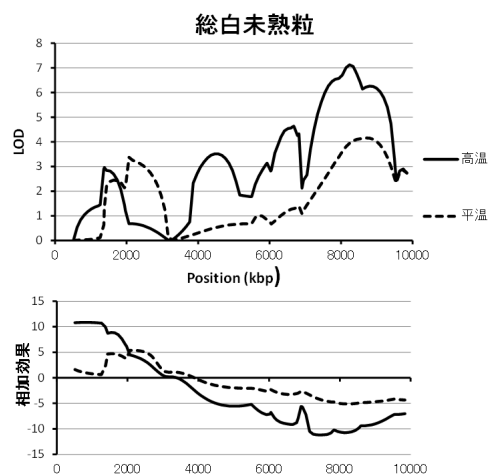


図3：インターバルマッピングで解析した、高温および平温で育てた場合の、第3染色体の総白未熟粒発生のLOD値と相加効果。

(5) また、この総白未熟粒のQTL( $qTW3-2$ )とほぼ同じ位置に、やせ粒のQTL( $qNG3$ )が見つかった。この2つのQTLは、領域を狭めていっても分離できないことから相互に関連している可能性が高い。実際にどの程度粒が細くなっているのかを実測した結果、ハバタキ型の系統ではササニシキ型の系統に比べて、0.09mm長く、0.07mm細くなっていた。この差は目視で判別するには、熟練者でなければ困難な程度である。

表1： $qNG3$ がハバタキ型とササニシキ型に分離した系統の粒の長さとお幅。

	n	粒長 (mm)	粒幅 (mm)	長幅比 粒長/粒幅
ササニシキ		5.07	2.93	0.58
ハバタキ		5.37	2.55	0.47
高温登熟耐性QTLササニシキ型	18	5.01	2.93	0.58
高温登熟耐性QTLハバタキ型	11	5.1	2.86	0.56
有意差		**	**	***

(6) 整粒割合についても同様にQTL解析を行うと、 $qTW3-1$ と同位置にハバタキ型で整粒割合を減少させるQTL( $qRG3-1$ )が見つかり、また、約6.9MbpのRM3766近辺にハバ

タキ型で整粒割合を増加させる QTL(*qRG3-2*)が見つかった。*qRG3-1*は温度処理で LOD 値に変化は無かったが、*qRG3-2*は高温で LOD 値が上昇し、相加効果も上昇した。*qTW3-2*と*qRG3-2*の位置は少しずつれているようである。

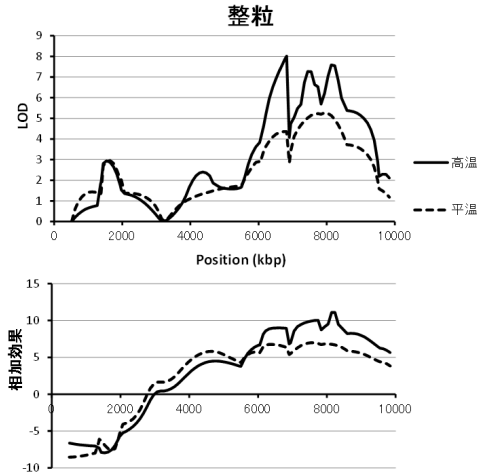


図4：インターバルマッピングで解析した、高温および平温で育てた場合の、第3染色体の整粒割合の LOD 値と相加効果。

(7) この *qTW3-2* と *qRG3-2* の位置を絞り込むために、準同質遺伝子系統を作成して、その整粒割合、総白未熟粒発生割合、やせ粒割合、同割れ粒割合を調べたところ、*qTW3-2* が位置した RM14702 をハバタキ型で持つ系統で総白未熟粒割合が低く、やせ粒の割合が高いことが確認された。したがって、総白未熟粒割合の QTL である *qTW3-2* も、やせ粒の QTL である *qNG3* も、ともに RM14702 近辺に座乗すると考えられる。しかし、総白未熟粒割合が低いにもかかわらず、整粒割合の増加は有意にならなかった。整粒割合は、*qRG3-2* が座乗すると考えられる RM3766 を含む系統で有意に高かった。また、これらの系統で整粒割合が高いのは、同割れ粒割合が

表2：準同質遺伝子系統を用いた整粒、総白未熟粒、やせ粒、胴割れ粒の発生頻度。A，ササニシキ型；B，ハバタキ型。

系統	RM 41	RM 46	RM 53	RM 54	RM 57	RM 58	RM 61	RM 62	RM 63	RM 64	RM 65	RM 66	RM 67	RM 68	RM 69	RM 70	RM 71	整粒	総白未熟粒	やせ粒	胴割れ粒
12F7SL18SaH34-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	40.90	12.30	0.00	24.20
12F7SL18SaH34-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	56.88	14.42	1.99	9.15
有差																		ns	ns	ns	ns
12F7SL18SaH77-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	46.80	16.70	1.60	19.50
12F7SL18SaH77-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	60.94	13.09	1.90	9.32
有差																		***	ns	ns	***
12F7SL18SaH15-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	57.55	13.10	1.05	10.50
12F7SL18SaH15-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	45.59	8.33	8.25	11.85
有差																		ns	ns	**	ns
12F7SL18SaH19-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	48.90	16.70	0.75	9.00
12F7SL18SaH19-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	51.01	8.89	5.01	7.97
有差																		ns	**	***	ns
12F7SL18SaH20-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	40.60	23.25	1.10	11.25
12F7SL18SaH20-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	48.51	8.11	5.27	13.88
有差																		ns	ns	**	ns
12F7SL18SaH86-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	44.11	14.03	1.58	21.18
12F7SL18SaH86-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	48.63	8.90	3.53	18.19
有差																		ns	ns	**	ns
12F7SL18SaH40-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	46.71	15.54	1.13	16.78
12F7SL18SaH40-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	52.21	9.90	2.51	15.92
有差																		+	***	***	ns
12F7SL18SaH33-ササニシキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	42.53	16.83	2.18	13.95
12F7SL18SaH33-ハバタキ	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	43.81	9.56	4.80	15.39
有差																		ns	**	**	ns

低いことが影響していると考えられる。

(8) 以上の結果から、総白未熟粒割合の QTL である *qTW3-2* は、第3染色体の、8,545kbp にあるマーカー RM14702 の近辺に存在し、また、整粒割合の QTL である *qRG3-2* はこれとは少しずつれたマーカー RM3766 の近辺に存在することが分かった。いずれの QTL もハバタキ型で米粒の品質を向上する方向に作用し、その効果は高温で高まることが明らかとなった。このことは、今後高温に強いイネを育成する場合に有用な知見となる。特に、高温での抑制効果が大いことから、既知の白未熟粒発生が少ないことが知られている QTL と組み合わせることにより、もともとの白未熟粒発生が少なく、高温になっても増加しにくい系統の作出が期待される。

(9) 本研究と平行して、ハバタキ-ササニシキの戻し交配自殖系統を用いて、玄米のタンパク質含量に関する QTL の原因遺伝子について解析した。その結果、第1染色体のマーカー C86 近辺にハバタキ型でタンパク質含量を増加させる QTL が見出された。その原因遺伝子を特定したところ、短稈遺伝子として知られている *Semidwarf1* 遺伝子であり、短稈になる劣性のハバタキ型でタンパク質含量が増加した。この遺伝子は変異部分によりいくつかのアレルがあり、低脚烏尖由来であるハバタキの場合も、Calrose76 由来の場合も劣性遺伝子でタンパク質含量が増加したが、レイメイ由来の劣性遺伝子ではタンパク質含量は増加しなかった。レイメイの遺伝子の突然変異部位は ORF の最後の部分のアミノ酸置換であるために、多少の機能を保持したタンパク質が合成されている可能性があり、そのために短稈化の効果も、低脚烏尖や Calrose76 由来に比べて小さく、同時にタンパク質含量増加効果も小さい可能性がある。この知見は、今後、米のタンパク質含量を遺伝的に調節する場合に有用と考えられる。

<引用文献>

Ando T, Yamamoto T, Shimizu T, Ma XF, Shomura A, Takeuchi Y, Lin SY, Yano M, Genetic dissection and pyramiding of quantitative traits for panicle architecture by using chromosomal segment substitution lines in rice. Theor. Appl. Genet., 2008, Vol.116, pp.81-890

Kobayashi A, Sonoda J, Sugimoto K, Kondo M, Iwasawa N, Hayashi T, Tomita K, Yano M, Shimizu T, Detection and verification of QTLs associated with heat-induced quality decline of rice (*Oryza sativa* L.) using recombinant inbred lines and near-isogenic lines. Breed. Sci., 2013,

Vol.63、 pp.339-346

Murata K, Iyama Y, Yamaguchi T, Ozaki H, Kidani Y, Ebitani T, Identification of a novel gene (Apq1) from the indica rice cultivar 'Habataki' that improves the quality of grains produced under high temperature stress. *Breed. Sci.*, 2014, Vol.64, pp.273-281

Shirasawa K, Sekii T, Ogihara Y, Yamada T, Shirasawa S, Kishitani S, Sasaki K, Nishimura M, Nagano K, Nishio T, Identification of the chromosomal region responsible for high-temperature stress tolerance during the grain-filling period in rice. *Mol. Breeding*, 2013, Vol.32, pp.223-232

Wang S, Basten CJ, Zeng Z-B, *Windows QTL Cartographer 2.5*. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC., 2012, <http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>.

## 5 . 主な発表論文等

[雑誌論文](計13件)

Chiba M, Terao T, Improvement in high-temperature treatments using solar radiation for heat tolerance screening under unstable wind condition, *Plant Prod. Sci.*、査読有、2015、印刷中

Tsukahara K, Sawada H, Kohno Y, Takakazu M, Mori IC, Terao T, Ioki M, Tamaoki T, Ozone-induced rice grain yield loss is triggered via a change in panicle morphology that is controlled by ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 1 gene. *PLOS ONE*、査読有、2015、  
doi:10.1371/journal.pone.0123308

Terao T, Hirose T, Control of grain protein contents through SEMIDWARF1 mutant alleles: sd1 increases the grain protein content in Dee-geo-woo-gen but not in Reimei. *Mol. Genet. Genom.*、査読有、2014、Vol.290、pp.939-954、  
doi:10.1007/s00438-014-0965-7

Liang C, Hirose T, Okamura M,

Tanimoto R, Miyao A, Hirochika H, Terao T, Li T, Ohsugi R, Aoki N, Phenotypic analyses of rice lse2 and lse3 mutants that exhibit hyperaccumulation of starch in the leaf blades. *Rice*、査読有、2014、Vol.7、No.32、  
<http://www.thericejournal.com/content/7/1/32>、  
doi:10.1186/s12284-014-0032-3

Fukuda A, Terao T, QTLs for Shoot Length and Chlorophyll Content of Rice Seedlings Grown under Low-Temperature Conditions, using a Cross between Indica and Japonica Cultivars. *Plant Prod. Sci.*、査読有、2014、Vol.18、pp.128-136、  
<http://doi.org/10.1626/pp.18.128>

Hirose T, Hashida Y, Aoki N, Okamura M, Yonekura M, Ohto C, Terao T, Ohsugi R, Analysis of gene-disruption mutants of a sucrose phosphate synthase gene in rice, OsSPS1, shows the importance of sucrose synthesis in pollen germination. *Plant Sci.*、査読有、2014、Vol.225、pp.102-106、  
doi:10.1016/j.plantsci.2014.05.018

Chiba M, Terao T, Open-top Chambers with Solar-heated air introduction Tunnels for the High-temperature Treatment of Paddy Fields. *Plant Production Sci.*、査読有、2014、Vol.17、pp.152-165、  
<http://dx.doi.org/10.1626/pp.17.152>

千葉雅大、松村修、渡辺肇、高橋能彦、寺尾富夫、水稻深水栽培は茎のソース機能をたかめることにより2次枝梗韌が増加しても白未熟粒発生を抑える。日作紀、査読有、2013、Vol.82、No.3、pp.223-232、  
<http://doi.org/10.1626/jcs.82.223>

福田あかり、白土宏之、山口弘道、大平陽一、寺尾富夫、温湯処理による水稻種子の発芽促進効果。北陸作物学会報、査読有、2013、Vol.48、pp.8-10

Hirose T, Aoki N, Harada Y, Okamura M, Hashida Y, Ohsugi R, Miyao A, Hirochika H, Terao T, Disruption of a rice gene for a-glucan water dikinase, OsGWD1, leads to hyperaccumulation of starch in leaves but exhibits limited effects on growth. *Frontiers Plant Sci.*、査読有、2013、Vol.4、No.147、doi:10.3389/fpls.



2013.00147

Fukuda A, Shiratsuchi H, Fukushima A, Yamaguchi H, Mochida H, Terao T, Ogiwara H, Detection of Chromosomal Regions Affecting Iron Concentration in Rice Shoots Subjected to Excess Ferrous Iron Using Chromosomal Segment Substitution Lines between Japonica and Indica. *Plant Prod. Sci.*、査読有、2012、Vol.15、No.3、pp.183-191、doi: 10.1626/pps.15.183

Hirose T, Mizutani R, Mitsui T, Terao T, A Chemically Inducible Gene Expression System and Its Application to Inducible Gene Suppression in Rice. *Plant Prod. Sci.*、査読有、2012、Vol.15、No.2、pp.73-78、doi: 10.1626/pps.15.73

千葉雅大、松村修、寺尾富夫、渡邊肇、高橋能彦、深水栽培による高品質米生産技術 - 深水処理の水深と期間および植付深が水稻の収量・品質に及ぼす影響 - 日作紀、査読有、2012、Vol.80、pp.312-325、doi: 10.1626/jcs.80.312

〔学会発表〕(計9件)

福田あかり、寺尾富夫、"インド型稲 IR64 を遺伝背景とする水稻の発芽率・苗の初期生育量を高めるコシヒカリ由来の第7染色体上遺伝子座、日本作物学会、2013年3月27-28日、日本大学生物資源学部湘南キャンパス(神奈川県・藤沢市)

福田あかり、寺尾富夫、コシヒカリを遺伝背景とする水稻の低温発芽率・初期生育量を高めるインド型稲品種 Kasalath 由来の第11染色体上遺伝子座、日本作物学会、2014年9月9-10日、愛媛大学城北キャンパス(愛媛県・松山市)

Chenggang Liang、青木直大、廣瀬竜郎、岡村昌樹、宮尾安藝雄、廣近洋彦、寺尾富夫、Tian Li、大杉立、Characterization of leaf starch excess2 mutant of rice、日本作物学会、2014年9月9-10日、愛媛大学城北キャンパス(愛媛県・松山市)

寺尾富夫、千葉雅大、全風向に対応した圃場高温処理用の温風導入型オープントップチャンバー、日本作物学会、2014年3月29-30日、千葉大学西千葉キャンパス(千葉県・千葉市)

青木直大、Chenggang Liang、岡村昌樹、宮尾安藝雄、廣近洋彦、寺尾富夫、山岸

徹、大杉立、Tian Li、廣瀬竜郎、Distinct Phenotypes of Rice 'Leaf Starch Excess' Mutants that exhibit Hyperaccumulation of Starch in Leaves、7th International Rice Genetics Symposium、2013年11月5-8日、Manila(Philippines)

福田あかり、寺尾富夫、コシヒカリと IR64 の正逆染色体断片置換系統群を用いた水稻苗の低温下葉緑素濃度に関する遺伝子座の検出、日本作物学会、2013年9月10-11日、鹿児島大学郡元キャンパス(鹿児島県・鹿児島市)

寺尾富夫、廣瀬竜郎、インド型イネ品種ハバタキが持つ高温登熟耐性と整粒割合に關与する染色体領域、日本作物学会、2013年3月28-29日、明治大学生田キャンパス(神奈川県・川崎市)

廣瀬竜郎、寺尾富夫、イネ組織における遺伝子発現解析のための RNA 増幅手法の検討、日本作物学会、2013年3月28-29日、明治大学生田キャンパス(神奈川県・川崎市)

福田あかり、寺尾富夫、ハバタキ/Arroz da Terra 交配系統を用いての水稻苗の低温下苗丈、葉緑素濃度に関する QTL 解析、日本作物学会、2013年3月28-29日、明治大学生田キャンパス(神奈川県・川崎市)

〔産業財産権〕  
出願状況(計 0件)

取得状況(計 0件)

〔その他〕

6. 研究組織

(1)研究代表者

寺尾 富夫 (TERAO, Tomio)

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター作物開発研究領域・上席研究員

研究者番号：80355578