

**科学研究費助成事業 研究成果報告書**

平成 27 年 6 月 8 日現在

機関番号：12605

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2012～2014

課題番号：24380008

研究課題名(和文) 倒伏に強い水稻多収品種開発のための強稈・多収遺伝子の生理機能の解明

研究課題名(英文) Physiological function of the strong-culm and high-yielding genes for developing a superior lodging resistant rice varieties

研究代表者

大川 泰一郎(OOKAWA, Taiichiro)

東京農工大学・(連合)農学研究科(研究院)・准教授

研究者番号：80213643

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,400,000円

研究成果の概要(和文)：倒伏しやすいコシヒカリなどの水稻品種の倒伏抵抗性を改良するために、強稈の中国117号とコシヒカリの戻し交雑自殖系統を用いて、稈の太さの量的形質遺伝子座QTLおよび原因遺伝子の特定を行った。稈の太さのQTLは第2, 3染色体に検出され、第3染色体の強稈遺伝子SCM3を特定した。準同質遺伝子系統NIL-SCM3はコシヒカリより稈が太く、強稈性をもち、さらに籾数を増加させる多面発現の効果をもつことを確認した。NIL-SCM3と第2染色体のNIL-SCM4とを交雑した結果、集積系統はさらに稈が太くなり強稈性を増したことから、強稈遺伝子の利用により倒伏抵抗性の改良が可能であることを提案した。

研究成果の概要(英文)：To improve the lodging resistance in rice using superior allele of strong culm genes in natural variants, the QTLs and causal genes for strong culm were identified using the backcross inbred lines (BILs) derived from Chugoku117 with a strong culms and Koshihikari. QTLs for the culm thickness were detected on chromosomes 2 and 3. We isolated responsible gene of SCM3 by positional cloning. SCM3 was narrowed down, and only one candidate gene was found. To evaluate the effect of SCM3 and the another strong culm gene SCM4 on lodging resistance, NIL-SCM3 and NIL-SCM4 were developed. These NILs showed enhanced culm strength and increased spikelet number due to the pleiotropic effects of the gene. These results demonstrate the importance of identifying superior alleles of strong culm genes in natural variants and pyramiding these genes for improving high yielding varieties with a superior lodging resistance.

研究分野：作物学

キーワード：水稻 倒伏抵抗性 QTL 強稈遺伝子

### 1. 研究開始当初の背景

水稻収量の向上は、半矮性遺伝子を利用した短稈化により倒伏抵抗性を高め、収穫指数を増大させることにより行われてきた。単位面積当たり収量の増加は、収穫指数の増加だけでは限界があり、バイオマス生産量の増加により収量増加を達成しなければならない。今後の水稻の品種改良の方向のひとつとして、バイオマス生産能力を低下させる半矮性遺伝子を利用した品種改良の方向だけでなく、長稈品種等を利用し、強稈化により倒伏抵抗性を高め、収量の高い品種を育成することが重要となる。しかしながら、国内外において長稈品種は倒伏しやすいため、短稈化する方向で育種されてきた。その結果、強稈化する方向での多収性長稈品種の改良は、国内外においてイネではほとんど行われてこなかった。

強稈性関連遺伝子では、これまで稈の太さや稈質に関わる突然変異体が見つかり、細稈遺伝子(*fine culm1* など) (Minakuchi et al., *Plant Cell Physiol.*, 2010) が報告されているが、実用的な太稈遺伝子の報告はない。また、もろい稈の遺伝子(*brittle culm1* など) は報告されているが (Iwata et al., *Japan J. Breed.*, 1985) 折れにくさ、曲げ強さに関係する遺伝子はみつかっていない。強稈性は複数の遺伝子が関与する量的形質であり (大川ら 1997)、関与する遺伝子の特定が困難であったが、最近では、イネゲノム情報を利用した農業重要形質の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析が進み、染色体上の QTL が特定できるようになり、個々の遺伝子座の NIL を作出して生理機能を解析することにより、強稈性に関わる形態形成の分子機構、遺伝子の同定が可能となった。多収性関連遺伝子では、イネの穎花数を増加する遺伝子座とともに、NIL を用いた QTL の生理機能の解析から穎花数を制御する遺伝子 (*Gn1*, *APO1*, *WFP* など) がいくつか同定されている (Miura et al., *Nature Genetics*, 2010)。

### 2. 研究の目的

食用、飼料用、バイオエネルギー用など多用途の水稻多収品種を開発するためには、収量の向上と同時に強稈性の付与による倒伏抵抗性の向上が不可欠となる。強稈性は稈の太さ、強稈質によってもたらされ、稈、穂の形成過程の細胞分裂は、太稈、強稈化とともに籾数増加をもたらす。強稈、多収関連遺伝子や 1 つの遺伝子で太稈化、籾数増など多面的に発現する遺伝子が解明されれば、これらを集積する新しいアプローチによって効率的に収量ポテンシャルと倒伏抵抗性の飛躍的な向上が可能となる。そこで本研究では、強稈性と多収性に関わる遺伝子座および原因遺伝子の特定とその生理機能を解明し、その集積により強稈性、多収性を改良することを目的とする。

### 3. 研究の方法

染色体断片置換系統を用いて、強稈性を太稈性、強稈質の 2 つの要因に分けて、それぞれの QTL の候補領域を絞り込む。原因遺伝子を特定するとともに、その生理機能を稈の形成過程の細胞分裂等に注目し、NIL を用いて解析する。多収性に関わる 1 穂穎花数の QTL も同時にマッピングし、太稈と穎花数増加の両方に効果のある多面発現性の QTL を特定する。強稈質では、強稈質と密接に関係する皮層繊維組織の発達等に注目し、強稈質遺伝子座の染色体領域をもつ NIL を用いて、強稈質遺伝子座の生理機構と関連遺伝子を解明する。特定された太稈 QTL と強稈質 QTL の集積系統、強稈性と多収性の多面発現性 QTL の集積系統を作出し、それらの強稈性と収量性を評価する。

### 4. 研究成果

(1) 強稈質品種コシヒカリと太稈品種タカナリの CSSLs を用いた両形質の QTL の推定  
コシヒカリ背景のタカナリ CSSLs の強稈関連形質をコシヒカリと比較した結果、稈の挫折時モーメントは SKT-1,2 (Chr.1)、SKT-19,20 (Chr.5)、SKT-24 (Chr.6)、SKT-31 (Chr.8)、SKT-41 (Chr.12) がタカナリ型にそれぞれ置換することによって有意に大きく、SKT-8 (Chr.2) で有意に小さかった。断面係数では SKT-10 (Chr.3) と SKT-13 (Chr.3)、SKT-19,20 (Chr.5)、SKT-23,24 (Chr.6) がタカナリ型に置換することによって有意に大きく、SKT-5 (Chr.1)、SKT-8 (Chr.2)、SKT-22 (Chr.6)、SKT-37 (Chr.11)、SKT-39 (Chr.12) で有意に小さかった。曲げ応力では SKT-8 (Chr.2)、SKT-22 (Chr.6)、SKT-37 (Chr.11) がタカナリ型に置換することによって有意に大きかった。また、皮層繊維組織の厚さは SKT-27 (Chr.7) がタカナリ型に置換することによって有意に大きく、SKT-8 (Chr.2)、SKT-32 (Chr.9) で有意に小さくなった。皮層繊維組織の厚さの QTL が推定された第 2,9 染色体について、タカナリ背景コシヒカリ CSSLs の SKT-6,7 (Chr.2)、SKT-29,30,31 (Chr.9) ではタカナリと比較して皮層繊維組織の厚さが有意に大きくなった。

これらの結果から、断面係数の QTL を第 1,5,6 染色体で、皮層繊維組織の厚さを第 2,9 染色体で正逆に重なりあう領域を確認した。

(2) 太稈品種中国 117 号のもつ第 3 染色体の QTL 原因遺伝子の特定

コシヒカリと中国 117 号の QTL 解析より第 2,3 染色体に中国 117 号の対立遺伝子が稈を太くする QTL が検出され、第 3 染色体の SCM3 の原因遺伝子の特定と NIL-SCM3 の強稈性の評価を行った。SCM3 の原因遺伝子は分げつ制御に関わる *FC1* であった。NIL-SCM3 とコシヒカリの第 V 節間の強稈関連形質を比較した結果、NIL-SCM3 はコシヒカリと比べ断面

係数が有意に大きくなり、一方で曲げ応力には相違がなかった。結果として、断面係数が大きくなったことにより NIL-SCM3 の稈の挫折時モーメントはコシヒカリと比べ有意に大きくなった。NIL-SCM3 とコシヒカリの第 V 節間の横断面を比較した結果、NIL-SCM3 は断面係数を構成する外長径と外短径がコシヒカリと比べ有意に大きかった。一方で、断面係数を構成するもう一つの要素である稈壁の厚さと皮層繊維組織及び柔組織細胞の厚さに相違はなかった。第 V 節間の稈横断面の組織の形態を比較した結果、NIL-SCM3 はコシヒカリと比較し柔組織細胞一個当たりの面積と稈横断面全体の柔組織細胞数の有意な増加がみられた。また、茎頂分裂組織のサイズが大きいことが確認された。

### (3) 強稈遺伝子の集積効果

中国 117 号に由来する強稈遺伝子 *SCM3* と *SCM4* をもつコシヒカリの準同質遺伝子系統 NIL-SCM3、NIL-SCM4 を作出し、SCM3 × SCM4 の組合せで交配し育成した集積系統 NIL-SCM3+SCM4 を用いて、強度に関連する形質を比較した。

NIL-SCM3+4 は親 NIL より外長径が大きく、断面積が NIL-SCM3、NIL-SCM4 よりも大きかった。そのため、断面係数は親 NIL よりも有意に大きかった。強稈性のパラメーターについて比較した結果、稈基部節間の挫折抵抗を表す稈の挫折時モーメントは集積系統が親 NIL より大きくなった。

以上の結果から、中国 117 号に由来する断面係数を高める対立遺伝子を集積した NIL-SCM3+SCM4 は、断面係数とそれに関わる外長径が NIL-SCM3、NIL-SCM4 より大きくなり稈強度が増加し集積効果があることから、強稈遺伝子の集積によって倒伏抵抗性を向上することが可能であることが明らかとなった。

## 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 6 件)

1. Yano, K, T.Ookawa, K.Aya, Y.Ochiai, T.Hirasawa, T.Ebitani, T.Takarada, M.Yano, T.Yamamoto, S.Fukuoka, J. Wu, T.Ando, R. L. Ordonio, K. Hirano, and M.Matsuoka, Isolation of a novel lodging resistance QTL gene involved in strigolactone signaling and its pyramiding with a QTL gene involved in another mechanism. 査読有 *Molecular Plant*, Vol.8,2015, pp303-314.  
doi: 10.1016/j.molp.2014.10.009
2. T.Ookawa, K.Inoue, M.Matsuoka, T.Ebitani, T.Takarada, T.Yamamoto, T.Ueda, T.Yokoyama, C.Sugiyama, S. Nakaba, R.Funada, H.Kato, M. Kanekatsu, K.Toyoda, T.Motobayashi, M.

Vazirzanjani, S.Tojo and T.Hirasawa, Increased lodging resistance in long-culm, low-lignin *gh2* rice for improved feed and bioenergy production, 査読有, *Scientific Reports*,Vol.4, 2014, pp6567

doi: 10.1038/srep06567

3. Adachi, S., L. Z. Baptista, T. Sueyoshi, K. Murata, T. Yamamoto, T. Ebitani, T. Ookawa, T.Hirasawa, Introgression of two chromosome regions for leaf photosynthesis from an indica rice into the genetic background of a japonica rice, 査読有, *Journal of Experimental Botany*, Vol.65, 2014, pp2049-2056.  
doi:10.1093/jxb/eru047
4. Adachi, S., T.Nakae, M.Uchida, K. Soda, T.Takai, T.Oi, T.Yamamoto, T. Ookawa, H.Miyake, M.Yano and T.Hirasawa, The mesophyll anatomy enhancing CO2 diffusion is a key trait for improving rice photosynthesis. *Journal of Experimental Botany*. 査読有, Vol. 64, No.4, 2013, pp1061 - 1072  
doi:10.1093/jxb/ers382
5. Takai, T., S.Adachi, F.Taguchi-Shiobara, Y.Sanoh-Arai, N. Iwasawa, S. Yoshinaga, S.Hirose, Y.Taniguchi, U. Yamanouchi, J. Wu, T. Matsumoto, K.Sugimoto, K.Kondo, T. Ikka, T.Ando, I.Kono, S.Ito, A. Shomura, T.Ookawa, T.Hirasawa, M.Yano, Motohiko Kondo and T.Yamamoto, A natural variant of *NAL1*, selected in high-yield rice breeding programs, pleiotropically increases photosynthesis rate, *Scientific Reports*, 査読有 Vol.3, 2013,pp2149  
doi: 10.1038/srep02149

[学会発表](計 15 件)

1. 小林俊也・山本敏央・平沢正・大川泰一郎、水稻における半矮性遺伝子 *sd1* が強稈性および収量に及ぼす影響 - タカナリとコシヒカリの正逆 NILs-SD1 を用いて - , 日本作物学会第 238 回講演会, 2015 年 3 月 27 日, 日本大学(神奈川県藤沢市)
2. 鈴木浩貴・松木美紗・山本敏央・上田忠正・平沢正・大川泰一郎、水稻の強稈性に関与する太稈、強稈質関連形質の量的形質遺伝子座解析 - リーフスターとコシヒカリの組換え自殖系統を用いて - , 日本作物学会第 238 回講演会, 2015 年 3 月 27 日, 日本大学(神奈川県藤沢市)
3. 山本一洋・山本敏央・上田忠正・平沢正・大川泰一郎、水稻における強稈関連形質の量的形質遺伝子座の特定とその作用機作, 日本作物学会第 238 回講演会, 2015 年 3 月 27 日, 日本大学(神奈川県藤沢市)
4. Kobayashi, T., R.Aoba, T.Yamamoto, T.

- Takai, C. Sugiyama, K.Yamamoto, T. Hattori, M.Vaziranzjani, T.Hirasawa, T. Ookawa, Analysis of QTLs for strong culm traits using reciprocal chromosome segment substitution lines derived from a cross between rice varieties Koshihikari and Takanari. 8th Asian Crop Science Association Conference, Hanoi, Vietnam, 23-25 September, 2014.
5. K.Yamamoto, T.Yamamoto, C.Sugiyama, T. Hirasawa, T.Ookawa, T.Kobayashi, T. Ebitani, T.Yamamoto, T.Hirasawa, Estimation of quantitative trait loci associated with lodging resistance using a set of reciprocal chromosome segment substitution lines derived from crosses between rice varieties Koshihikari and Takanari. 8th Asian Crop Science Association Conference, Hanoi, Vietnam, 23-25 September, 2014.
  6. T.Ookawa, New approach for improving the lodging resistance in rice using superior alleles of strong culm genes in natural variants. 8th Asian Crop Science Association Conference, Hanoi, Vietnam 23-25 September, 2014.
  7. 青羽遼・山本敏央・平沢正・大川泰一郎, コシヒカリ/タカナリ染色体断片置換系統群を用いた水稻の強稈性に関する量的形質遺伝子座の推定, 日本作物学会第 237 回講演会, 2014 年 03 月 29 日, 千葉大学 (千葉県千葉市)
  8. 古田 岳・伊山幸秀・蛭谷武志・丸山甲晃・平沢 正・大川 泰一郎, 水稻における倒伏抵抗性に関する第 3 染色体の強稈形質遺伝子座の機能, 日本作物学会第 237 回講演会, 2014 年 03 月 29 日, 千葉大学 (千葉県千葉市)
  9. Yamamoto, K., T.Yamamoto, C. Sugiyama, T.Hirasawa and T.Ookawa, Estimation of the locus for the traits associated with a strong culm, using reciprocal chromosome segment substitution lines derived from the cross between rice varieties, Koshihikari and Takanari. The 7th Rice Genetics Symposium. Manilla, Phillipines, 5-7 November, 2013.
  10. 山本一洋・山本敏央・上田忠正・杉山知里・岡庭侑香・平沢正・大川泰一郎, 水稻の倒伏抵抗性を高める強稈関連形質の遺伝子座の推定 コシヒカリとタカナリの正逆染色体断片置換系統群を用いて, 日本作物学会第 236 回講演会, 2013 年 9 月 10 日, 鹿児島大学( 鹿児島県鹿児島市)
  11. 丸山甲晃・伊山幸秀・蛭谷武志・小林俊也・平沢正・大川泰一郎, 水稻品種コシヒカリを遺伝背景とする強稈関連量的形質遺伝子座の集積, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013 年 10 月 13 日, 鹿児島大学 ( 鹿児島県鹿児島市)
  12. 杉山知里・半 智史・望月俊宏・加藤 浩・船田 良・平沢 正・大川泰一郎, 水稻品種リーフスターとリーフスター/タカナリ交雑後代における強稈性に関する稈の構造的特性, 日本作物学会第 236 回講演会, 2013 年 03 月 28 日, 東京農工大学 ( 東京都府中市)
  13. 岡庭侑香・山本敏央・平沢 正・大川泰一郎, 水稻における倒伏抵抗性に関する強稈遺伝子座の推定 コシヒカリとタカナリの染色体断片置換系統および組換え固定系統を用いて, 日本作物学会第 236 回講演会, 2013 年 03 月 28 日, 東京農工大学 ( 東京都府中市)
  14. 杉山知里・山本敏央・高井俊之・平沢正・大川泰一郎, タカナリ/コシヒカリ染色体断片置換系統群を用いた水稻の強稈性関連形質の遺伝子座の推定, 日本作物学会第 234 回講演会, 2012 年 9 月 10 日, 東北大学 ( 宮城県仙台市)
  15. 杉山知里・山本敏央・高井俊之・平沢正・大川泰一郎 2012 タカナリ/コシヒカリ染色体断片置換系統群を用いた水稻の強稈性関連形質の遺伝子座の推定 日本作物学会第 234 回講演会、2012 年 9 月 10 日, 東北大学 ( 宮城県仙台市)
- 〔その他〕  
ホームページ等  
<http://www.tuat.ac.jp/~crop/>
6. 研究組織
- (1) 研究代表者  
大川 泰一郎 (OOKAWA TAIICHIRO)  
東京農工大学・大学院農学研究院・准教授  
研究者番号：80213643
- (2) 研究分担者  
平沢 正 (HIRASAWA TADASHI)  
東京農工大学・大学院農学研究院・教授  
研究者番号：30015119