

平成 21 年 5 月 27 日現在

研究種目：基盤研究 (C)
 研究期間：2006～2008
 課題番号：18580007
 研究課題名 (和文) 収量増加効果を有する稲遺伝子 *Ur1* のマッピング、遺伝子内分子構造と変異性の解析
 研究課題名 (英文) Mapping and molecular analysis of rice *Ur1* gene with effect of enhancing yield ability.
 研究代表者 村井 正之 (MURAI MASAYUKI)
 高知大学・教育研究部自然科学系・教授
 研究者番号：00166240

研究成果の概要：

第6染色体に座乗する *Ur1* は、2次枝梗数と2次枝梗数当り穎花数の増加によって1穂穎花数を増加し、収量性を向上することができる。4種の同質遺伝子系統、ならびに、 F_2 、 F_3 の分離集団を用いて、*Ur1*のマッピングを行った。*Ur1*座の候補領域を、*up85938*と*SSR26*の間の661 kbにまで狭めることができた。*Ur1*座近傍に連鎖する*SSR12*と*SSR17*は、*Ur1*を有する個体または系統を選抜するための有望なDNAマーカーであった。

交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	1,400,000	0	1,400,000
2007年度	1,200,000	360,000	1,560,000
2008年度	700,000	210,000	910,000
年度			
年度			
総計	3,300,000	570,000	3,870,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・育種学

キーワード：(1)植物育種学 (2)遺伝子 (3)マッピング (4)収量 (5)自然突然変異
 (6)同質遺伝子系統

1. 研究開始当初の背景

第6染色体に座乗する *Ur1* 遺伝子は、DNAマーカーによる詳細なマッピングが、実施されていなかった。*Ur1* の分子地図上の正確な位置を明らかにすることは、遺伝子のクローニングや生理的機能の解析のためのみならず、*Ur1* を用いた多収育種を効率的にする選抜マーカーを作成するために必要であった。すでに遺伝的背景の異なる4種の同質遺伝子系統が育成されていたので、それらをマッピングに利用することができた。

2. 研究の目的

Ur1 (*Undulated rachis-1*) は、第6染色体に座乗する不完全優性遺伝子であり、1, 2次枝梗の下部の彎曲によって特徴づけられる。*Ur1* は、2次枝梗数と2次枝梗数当りの穎花数の増加によって1穂穎花数を増加し、それによってシンクサイズを増加することができる。しかし、穂数、登熟歩合および千粒重を低下させる傾向があり、稈長と穂重の増加によって倒伏を助長する作用も有している。これらの作用は、極早生で栄養生長期の短い北海道品種の遺伝的背景において顕著であり、また、内穎が欠損した畸形穎花が生じ、不受精穎花が増加するため、穎花数の増加が、多収にむすびつかない。しかし、西南暖地の早生から極晩生の遺伝的背景においては、畸形穎花の発生はみられず、*Ur1* は有意な収量増加効果を発現し、特に‘ニシヒカリ’の遺伝的背景では、受精歩合の低下がなく、玄米重750 g/m²以上の多収を可能にせしめた。さらに、*Ur1* ヘテロ型としての収量増加効果によって、F₁ 品種（ハイブリッドライス）の収量増加に貢献できる。北海道品種の遺伝的背景では *Ur1* ホモ型における1, 2次枝梗下部の彎曲が顕著であるが、暖地品種の遺伝的背景では枝梗彎曲は顕著でない場合が多く、特に *Ur1* ニシヒカリ同質遺伝子系統には殆ど枝梗彎曲がみられない。加えて、インド型稲品種は、一般に、日本型稲品種より大穂であるため、インド型稲品種の遺伝的背景においては、*Ur1* の2次枝梗数増加による大穂化の作用は発現が不明瞭であり、表現型による *Ur1* ホモ型の判別が不確実である。そのため、暖地稲やインド型稲において、*Ur1* ホモ型の個体や系統を判定して効率的に選抜するためには、*Ur1* と密接に連鎖するDNAマーカーが必要である。*Ur1* は第6染色体に座乗していることが知られているが、分子地図上にはマッピングされていない。本研究では、*Ur1* の座乗する領域を特定し、さらに、

Ur1 を用いた効率的な育種のために、MAS (Marker Assisted Selection) に利用可能なDNAマーカーを作出することを試みた。

3. 研究の方法

SSR (simple sequence repeat) は、他のRFLPやAFLPなどのDNAマーカーより、日本型稲品種の間で多型の頻度が高いことが知られている。本研究では、第6染色体長腕に位置するSSRマーカーおよびINDELマーカーを用いた。台中65号、‘しおかり’、‘ニシヒカリ’およびIR36の4品種を遺伝的背景とする4種の *Ur1* 同質遺伝子系統を供試した。それぞれの同質遺伝子系統、その戻し交雑親 (Recurrent parent) および遺伝子供与親 (Donor) の相互間でマーカーの多型調査を行い、戻し交雑親によって置換された領域、ならびに、*Ur1* の供与親に由来する未置換領域の推定を行った。

この未置換領域内の *Ur1* の候補遺伝子群に対して塩基配列の解析を行い、*Ur1* の変異の遺伝的原因を明らかにすることを試みた。

Ur1 を有さない系統 × 台中65号 *Ur1* 同質遺伝子系統のF₂ およびF₃ を育成し、*Ur1* とSSR12およびSSR17の間の連鎖分析を行った。

Ur1 座近傍の10種のSSRマーカーに関して、A32 (‘風連坊主’) などの *Ur1* を有する系統および上記の *Ur1* 同質遺伝子系統、インド型の21品種・系統および日本型の27品種・系統の間での多型を比較して、*Ur1* の選抜マーカーを作成することを試みた。

4. 研究成果

‘ニシヒカリ’における *Ur1* 同質遺伝子系統において未置換領域の推定を行ったところ、*Ur1* はup85938とSSR26に挟まれる661 kb内に存在することが示唆された。他の日本型の2種の同質遺伝子系統において推定された *Ur1* の候補領域 (未置換領域) はこの661 kbを包含していた。

この領域およびその周辺において86個のSSRマーカーならびに52個のINDELマーカーを設定し (平均マーカー間距離 = 4.790 kb)、インド型のIR36とその *Ur1* 同質遺伝子系統および遺伝子供与親N55の相互間で多型の比較を行った。全てのマーカーにおいて、IR36とその *Ur1* 同質遺伝子系統の間で、多型は検出されなかった。したがって、この同質遺伝子系統において未置換領域を特定することはできなかった。

SSR12とSSR14の間における4つ想定された遺伝子 *myb-like*, *hyp1*, *LEM3-like* および *Dreg2-like* において、塩基配列の解読を行った。これらの想定された遺伝子において、IR36とその *Ur1* 同質遺伝子系統の間（または台中65号とその *Ur1* 同質遺伝子系統の間）で、塩基配列の差異は検出されなかった。今後、他の領域においても塩基配列の解読を実施し、*Ur1* の原因となる遺伝変異を明らかにする必要がある。

SSR12とSSR17は、*Ur1*座との間に、それぞれ、組換え価1.79%と6.78%で連鎖していた。A32と他の *Ur1* 系統、および、台中65号とコシヒカリの *Ur1* 同質遺伝子系統は、*SSR17-2* を有していた。これに対して、日本型の27品種・系統は全て *SSR17-1* を有していた。したがって、日本型稲の育種に *Ur1* を用いる場合、SSR17は選抜マーカーとして有用と考えられる。他方、SSR12に関しては、*Ur1* 系統や同質遺伝子系統は、全て *SSR12-3* を有していた。インド型の21品種・系統のうち63%は *SSR12-2* または *SSR12-1* を有していた。したがって、インド型稲の育種に *Ur1* を用いる場合、SSR12は選抜マーカーとして利用可能と考えられる。

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 5件)

- ① 今井克則・千葉悠貴・田村優佳・竹谷敦子・村井正之・佐藤洋一郎・石川隆二 (2008) イネ在来系統‘赤毛’から生じた新規変異体の遺伝解析. 育種学研究 10: 135-143. 査読有
- ② Yasuno, N., Y. Yasui, I. Takamura and K. Kato (2007) Genetic interaction between 2 tillering genes, reduced culm number 1 (*rcn1*) and tillering dwarf gene *d3*, in rice. *Journal of Heredity* 98: 169-172. 査読有
- ③ 村井正之・遠藤雄士 (2006) ‘コシヒカリ’に短稈性と早生性を導入した水稻新品種‘ヒカリッコ’. 育種学研究 8: 183-189. 査読有
- ④ Hagiwara, W. E., K. Onishi, I. Takamura and Y. Sano (2006) Transgressive segregation due to linked QTLs for grain characteristics of

rice. *Euphytica* 150: 27-35. 査読有

- ⑤ Ishikawa, R., S. Yamanaka, Y. Fukuta, S. Chitrakon, C. Bounphanousay, K. Kanyavong, L-H. Tang, I. Nakamura, T. Sato and Y-I. Sato (2006) Genetic erosion from modern varieties into traditional upland rice cultivars (*Oryza sativa* L.) in northern Thailand. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53: 245-252. 査読有

[学会発表] (計 9件)

- ① 千葉あや乃・長野宏則・佐野芳雄・高牟禮逸朗. イネ *dp1*(内穎発育不全-1)座の候補遺伝子の探索. 日本育種学会 第115回講演会. 2009年3月28日. つくば国際会議場
- ② 高牟禮逸朗・千葉あや乃・中居練・石川隆二. イネ小穂の形態形成に関わる突然変異遺伝子の相互作用 -*epd(t)*(*OsMADS6*)と *egl*(過剰穎-1)-. 日本育種学会 第114回講演会. 2008年10月11日. 滋賀県立大学
- ③ 千葉あや乃・長野宏則・佐野芳雄・高牟禮逸朗. イネ *dp1* 座(内穎発育不全1)の複対立遺伝子の表現型から示唆される内穎の由来. 日本育種学会 第114回講演会. 2008年10月11日. 滋賀県立大学
- ④ 今井克則・本多剛志・石川隆二. イネにおけるアソシエーションマッピングで特定したインド型-日本型分化領域の特性解析. 日本育種学会 第114回講演会. 2008年10月11日. 滋賀県立大学
- ⑤ 早川宗志・M. T. Barnor・H. B. KC・井芹真也・堂崎敦志・竹村泰雄・浦部光治・村井正之. *indica* イネの遺伝的背景において *Ur1* 遺伝子が収量性に及ぼす作用. 日本育種学 第113回講演会. 2008年3月29日. 明治大学農学部
- ⑥ Barnor, M. T., H. Hayakawa, H. B. KC, S. Iseri, A. Dousaki, Y. Takemura, M. Urabe and M. Murai. Yield-increasing effect of *Ur1* gene on F₁ hybrid in *indica* rice. 日本育種学 第113回講演会. 2008年3月29日. 明治大学農学部
- ⑦ 高牟禮逸朗・千葉あや乃・佐野芳雄. イネ葉化穎不稔(*Ihs*)型に誘発された小穂が

シュート状を示す突然変異体の遺伝解析.
日本育種学 第 113 回講演会. 2008 年 3
月 28 日. 明治大学農学部

- ⑧ 石川隆二・今井克則・竹村敦子・田村優佳. 赤毛自殖後代から生じる矮性変異体 (d1-like, das) の形質解析. 日本育種学 第 113 回講演会. 2008 年 3 月 28 日. 明治大学農学部
- ⑨ 石川隆二・今井克則・田村優佳・竹村敦子・永井啓介. 赤毛自殖系統の突然変異から生じた新たな半矮性遺伝資源: 葉耳退化型・半矮性変異体 (d a s) の解析. 日本育種学会 第 112 回講演会. 2007 年 9 月 22 日. 山形大学農学部

[図書] (計 1 件)

石川隆二 (2007) 1. モンスーン農耕圏の入びとと植物. 「ユーラシア農耕」 (佐藤洋一郎監修), 臨川書店. pp. 274.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

村井 正之 (MURAI MASAYUKI)
高知大学・教育研究部自然科学系・教授
研究者番号: 00166240

(2) 研究分担者

高牟禮 逸朗 (TAKAMURE ITSURO)
北海道大学・大学院農学研究院・助教
研究者番号: 90179557

石川 隆二 (ISHIKAWA RYUJI)
弘前大学・農学生命科学部・教授
研究者番号: 90202978

(3) 連携研究者

なし