

令和 3 年 6 月 24 日現在

機関番号：24201

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05577

研究課題名(和文) 低肥料環境の収量性限界突破に寄与するイネ遺伝子座および座間相互作用の解析

研究課題名(英文) Study of rice genetic loci and their interactions, which contributes to the breakthrough of the limit of yield at low-fertilizer environment.

研究代表者

清水 顕史 (Shimizu, Akifumi)

滋賀県立大学・環境科学部・准教授

研究者番号：40409082

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)：イネの北海道品種ユーカラは連続無施肥水田で多穂性を示す特異な品種で、コシヒカリとユーカラのRILsを用いたQTL解析により多穂性に関する遺伝子座領域は染色体7に検出されていた。この染色体7のQTLは、qPNLF7(Panicle number at Low fertilizerに関する染色体7のQTL)と名付けた。本研究では、ユーカラ型のqPNLF7を持つRILとコシヒカリとの交雑後代の連続無施肥水田での栽培と遺伝子型調査による絞り込みを行った。その結果、qPNLF7は3カ年に渡り無施肥水田での穂数の増加に寄与することが分かった。また遺伝子単離に使えるマーカー組み換え系統を選抜できた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

染色体7遺伝領域に見出したイネ品種ユーカラ由来の多穂性形質は、複数年の連続無施肥水田で再現性を確認することができたため、世界的に重要な低投入持続型農業の実現に寄与しうる形質といえた。この多穂性形質は、低栄養ストレス耐性イネ遺伝資源への導入を進めており、2021年に採択された課題で本研究で得られた知見を継続的に利用することができる。

研究成果の概要(英文)：A Hokkaido rice variety, "Yukara" showed more panicle number at unfertilized paddy field and a QTL on chromosome 7 was detected by using RILs derived from the cross between "Koshihikari" (less panicle number) and "Yukara" (more panicle number). This QTL is named as qPNLF7 (a QTL of panicle number at low fertilizer on chromosome 7) and we studied the reproducibility of qPNLF7 at unfertilized paddy field and conducted narrowing down of qPNLF7. We revealed an effect of qPNLF7 derived from Yukara by triple-year cultivation. And we could select marker recombinant progenies for gene-isolation.

研究分野：育種学

キーワード：栄養ストレス耐性

1. 研究開始当初の背景

イネの収量増加に関する遺伝育種学研究は、収量構成要素に着目したものが行われてきた。特に光合成産物(ソース)の種子(シンク)への分配の観点から、株当たりの穂数と穂重(一穂粒数)という形質間には拮抗関係が認められており、品種改良の現場では穂重が重視されてきた。最近のイネゲノム研究でも、粒数増加に寄与する遺伝子が幾つも見出されている。本研究では、研究代表者がこれまで行ってきた連続無施肥水田での日本のイネ品種群および染色体断片置換系統群のスクリーニングにより見出した穂数や穂重に関する遺伝子座情報を利用して研究を進めることにした。

2. 研究の目的

滋賀県立大学内の実験圃場にある連続無施肥水田を用いた複数年の栽培実験により、イネ品種ユーカラは栄養ストレス条件で相対的に穂数の多い品種であることが明らかになり、コシヒカリとユーカラの組換え自殖系統(RILs)を用いた QTL 解析で染色体 7 の遺伝子座領域が検出できていた。本研究の目的は、この染色体 7 の遺伝子座領域を明らかにすることである。一般に、穂数と穂重(または一穂粒数)は拮抗関係にある形質で、コシヒカリ×ユーカラ RILs でもこの関係はみられたが、穂数は多いが穂重は低下しない RIL45 を見つけることができた。そこでコシヒカリ×RIL45 の交雑後代をもちいて染色体 7 の QTL 領域の確認と、低肥料イネ生産での収量性限界を突破するかもしれない遺伝子座および座間の作用を multiple-QTL 解析によりモデリングすることにした。

3. 研究の方法

コシヒカリ×RIL45 の交雑後代を用いて連続無施肥水田での栽培と DNA マーカーを用いた染色体領域の絞り込みを行った。また、穂数が多い RIL45 と、一穂粒数が多い RIL84 およびコシヒカリとユーカラの 4 系統は、連続無施肥水田での坪狩り収量調査を 3 年行った。

コシヒカリと日本晴の CSSLs を用いた先行研究で見出した、無施肥水田で穂重の増加に寄与する染色体 1 の QTL の後代検定と、有意な穂数の増加が観られる染色体 12 の置換系統との交配自殖集団を用いた QTL 解析も行った。

4. 研究成果

コシヒカリ×RIL45 の F₂ および F₃ 集団を用いて多穂性に関わる遺伝子座 *qPNLF7* の絞り込みを進めることができた(図 1)。3 年間の坪刈り収量調査によっても RIL45 は多穂性を示したが、稔実率が悪く穂重は低くなった。一方でコシヒカリ並みの穂重を示す RIL84 は、3 年に渡り RIL45 よりも高い収量性を示した。現在は RIL45 と RIL84 の交配による穂数と穂重の両形質の増加を試みている。

コシヒカリと日本晴の CSSLs を用いた研究では、染色体 1 の穂重増加に寄与する QTL についてはコシヒカリ×SL602 の F₃ 集団を用いて遺伝子座の効果が確認でき、精密マッピングに使えるマーカー組換え系統が選抜できた。一方で、染色体 12 の穂数に関する遺伝子座については再現性がとれなかった。

以上の連続無施肥水田で穂数または穂重を高める遺伝子座については、現在調査中の低肥料ストレス条件でのバイオマス増加を高めるイネ遺伝子座の研究材料との交配を計画しており、引き続き低肥料イネ生産での収量性限界を突破するかもしれない遺伝子座および座間の作用を行う。

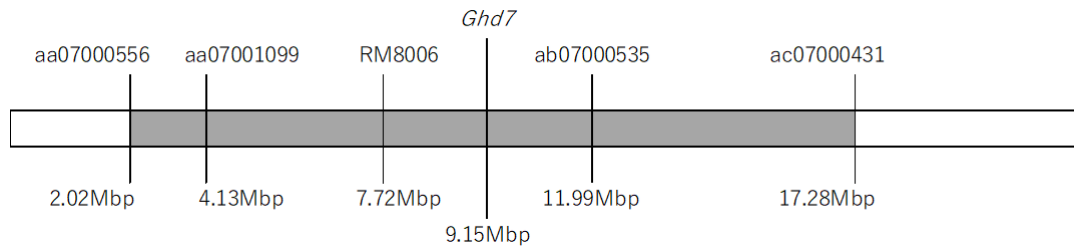


図1 *qPNLF7* の絞り込みに用いた DNA マーカー。*qPNLF7* はユーカラに特異な形質で、最初はお穂遺伝子 *Ghd7* との関連が想定されたが、領域の絞り込みによりマーカー組み換え個体が選抜できた（要確認）。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 橋本康史, 山崎将紀, 清水顕史
2. 発表標題 リン無施肥水田で栽培したイネの、収量関連形質のゲノム解析
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2019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
---------------------------	-----------------------	----

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