

令和 4 年 6 月 15 日現在

機関番号：82104

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2021

課題番号：18K05586

研究課題名(和文)環境安定型新規イネ多収系統の遺伝育種学的多収要因解明

研究課題名(英文)Genetic dissection of stable high-yielding under various environment sin rice breeding lines

研究代表者

小林 伸哉 (Kobayashi, Nobuya)

国立研究開発法人国際農林水産業研究センター・熱帯・島嶼研究拠点・主任研究員

研究者番号：70252799

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)：熱帯各地や日本での栽培試験で、イネ系統YTH183は広く普及している原品種IR64よりも安定して多収である。その遺伝的要因の一つとして籾粒重を増加させる量的遺伝子座qGW5の座上する染色体領域を特定し、またその効果の特徴づけを行った。多収化遺伝子として見出しているSPIKEをDNAマーカー選抜育種により日本の多収品種に導入し、収量性の向上することを確認した。またそれらの多収要因を集積した育種素材の開発を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

近代育種によりイネの収量性の遺伝的改良が進められてきたが、ここ数十年は増加が頭打ちとなっていた。近年の分子生物学の発展により、収量性に関わる遺伝子の特定も進められ、担当者らは多収化遺伝子としてSPIKEを単離していた。本研究では、この遺伝子の有効活用が図られた。また、熱帯で広く普及している品種IR64を改良したYTH183が複数の国で安定的に多収となることを見出していた。本研究では、その遺伝的要因の解明を進めた。ここで得られた遺伝情報や育種素材は更なる品種改良に活用できる。

研究成果の概要(英文)：A rice breeding line, YTH183 had showed higher grain yield than the original variety, IR64 which is popular in the tropical countries, in the multilocation trials in several countries. High yielding of YTH183 was genetically dissected and found that a quantitative trait locus, qGW5 was one of the genetic factors. Chromosomal location of qGW5 was identified and its effect of increasing individual grain weight was confirmed. A gene, SPIKE which was identified to increase grain yield of rice, was introduced into Japanese high-yielding rice varieties through DNA marker selection. Rice breeding lines for yield enhancement has been developed by utilizing these genetic factors.

研究分野：作物育種

キーワード：イネ QTL 多収

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

イネは世界的に重要な作物で、特に熱帯に位置する発展途上国においてはその生産性のさらなる向上が求められている。イネの収量性の遺伝的改良は重要な育種目標であり、品種改良により収量は漸増してきたが、近年は伸び悩んでおり、さらなる増加が喫緊の課題となっている。遺伝解析の手法が進み、収量構成要素などにかかわる量的遺伝子座 (QTL) が多く検出され、*Gn1* (Ashikari et al. 2005) や *WFP* (Miura et al. 2010) などが籾数の増加に関わる遺伝子座として単離されている。しかし、それらは、植物個体レベルの収量増加を示したものがほとんどで、圃場レベルで実用品種の収量増加の検証や、その有効活用が望まれる。

研究担当者らの発見した多収化遺伝子 *SPIKE* の特定された染色体領域には、一穂籾数の他、葉身幅や根系などの形質に関わる QTL が多数報告されている (Fujita et al. 2012、Fujita et al. 2013、Yonemaru et al. 2010)。特に *SPIKE* と同座では、日本型品種の日本晴由来の *LSCHL4* がインド型品種 93-11 の収量を約 20% 増加させることが報告されている (Zhang et al. 2014)。一方、Takai et al は、*SPIKE* と同座のインド型品種タカナリ由来の *GPS* が日本型品種コシヒカリの遺伝的背景で光合成能力を高めることを報告している (2013)。このように、*SPIKE* 遺伝子座は多様であることが推察されているが、その詳細は不明である。

多収系統について、異なる環境において安定して多収を示す系統の報告はほとんど見られない。我々の見出した系統 YTH183 は、栽培時期や場所、土壌水分条件などの異なる環境において安定して多収であったが、その遺伝的要因は不明である (Kato et al. 2011、Kobayashi 2011、Bueno et al. 2010)。このように、ゲノム解析と表現型の調査の組み合わせにより、育種素材として有望な系統が見出されており、それらの有効活用を目指した多収要因解明が重要と考えられた。

2. 研究の目的

研究担当者らは国際稲研究所においてイネの多収に関わる育種素材約 300 系統を開発しており、その中で熱帯アジアで広く普及している品種の収量を 13~36% 増加させる遺伝子 *SPIKE* を発見していた (Fujita et al. 2013)。その多収化遺伝子 *SPIKE* の詳細を解明することにより、さらなる有効活用を可能とすることを目的とする。

また担当者らは、上記の育種素材約 300 系統の中から、様々な地域および多様な栽培条件下で安定して多収となる系統 YTH183 を選抜している。日本での栽培試験でも、収量は原品種の IR64 よりも数十% 高く 800kg/10a 以上の多収となり、このような系統はこれまで報告されていない。本研究では、その多収となる遺伝的要因の解析を行うとともに、その要因を活用した新たな育種素材系統の開発を行う。

これらの安定的多収の要因を集積した系統を開発することにより、停滞している収量性の遺伝的改良のブレークスルーとなることを目指す。

3. 研究の方法

(1) イネ多収化遺伝子 *SPIKE* の対立遺伝子の多様性の解明

IR64 を遺伝的背景とし、日本型品種 (日本晴) と熱帯日本型品種 (インドネシア在来品種に由来する NPT5 品種) の染色体断片を *SPIKE* の座上する染色体領域に導入した NIL6 系統を育成していた。これらの NIL に加えコシヒカリの染色体断片が挿入された系統を用いて、農業形質を評価するとともに、穂相の調査を行った。

(2) 異なる環境条件下で安定して多収となる系統 YTH183 の遺伝的要因の解明

YTH183 は、これまでの解析で根系が深く分布していることや、根の機能が優れることがわかってきたが、多収に関わる詳細な要因は不明であった。また、YTH183 は、SSR マーカーによる遺伝子型の解析により、IR64 の背景に NPT 由来の染色体断片に複数箇所置換されていることが確認されていた (Fujita et al. 2009)。これまでの解析で玄米千粒重を増加させる QTL (*qGW5*) と根の伸長に関わる QTL (*qRL6*) を保有することがわかってきたが、それら単独では収量増加効果が見られず、YTH183 の安定多収には複数の遺伝的要因が関わっていると推察されていた (Fujita et al. 2009、Fujita et al. 2010、Obara et al. 2014)。その中で本研究では *qGW5* に注目し、異なる NPT 品種に由来し IR64 の籾重増加に関する遺伝解析を行った。

(3) 多収遺伝子の他の品種への導入や集積系統育成による安定的超多収系統の開発

日本の超多収イネ品種である「北陸 193 号」「タカナリ」「もちだわら」を対象として、戻し交雑法とマーカー補助選抜により多収化遺伝子 *SPIKE* を導入し、多収系統を開発した。育成された系統について、試験圃場において栽培試験を行い、収量構成要素などの農業形質を評価するとともに、生育特性や群落での収量特性を明らかにした。また、環境安定的に多収となる YTH183 の多

収要因を、日本の最多収品種のひとつである「北陸 193 号」に導入するために交配し、さらに「北陸 193 号」で戻し交配した後代集団を養成した。BC1F6 分離集団から農業形質の優れた個体を選抜し、環境安定的超多収系統の開発を進めた。

4. 研究成果

(1) イネ多収化遺伝子 *SPIKE* の対立遺伝子の多様性の解明

熱帯の普及品種 IR64 を遺伝的背景として、国際稲研究所で育成された熱帯日本型品種に由来する New Plant Type (NPT) 稲 5 品種の *SPIKE* の座乗する染色体断片を導入した NIL 5 系統に加え、温帯日本型 (日本晴、コシヒカリ) 由来の染色体断片を導入した系統も評価したところ、いずれも籾数は増えるものの、遺伝子供与親の違いにより二次枝梗数の増加程度や三次枝梗の有無に差異が見られた。

(2) 異なる環境条件下で安定して多収となる系統 YTH183 の遺伝的要因の解明

YTH183 は、IR64 を遺伝的背景とし NPT を 1 回親として 3 回連続戻し交雑の後代から選抜された系統である。国外いくらかの地域や多様な栽培条件下での試験において、安定して IR64 よりも多収となっていたが、国内 (つくば) でも複数年の試験から多収となっていた。NPT 由来の粒重増加に関わる QTL (*qGW5*) が、YTH183 の環境安定的多収に関わる遺伝的要因のひとつと考えられ、その遺伝解析を進めた。

YTH183 の遺伝子供与親である NPT 品種の YP5 に加え、IR64 に NPT 品種の YP1 あるいは YP10 の第 5 染色体の断片が導入された系統で籾千粒重の増加が見られていた。そこで、それらの NPT3 品種と IR64 の交雑後代集団を用いて解析を進めたところ、いずれも第 5 染色体上の同様の領域に QTL が検出された (図 1)。さらに置換マッピングにより染色体上の領域を特定した。

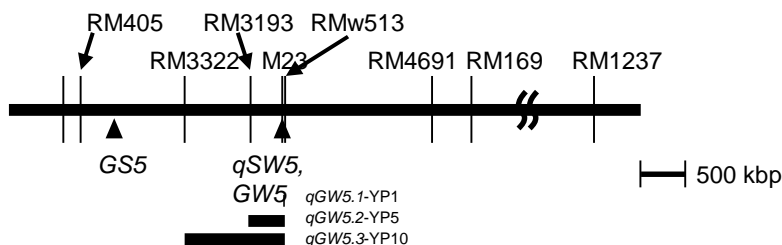


図 1 . 第 5 染色体上における、NPT 品種 YP1、YP5 および YP10 に由来し IR64 の籾千粒重を増加させる QTL (*qGW5.1-YP1*、*qGW5.2-YP5* および *qGW5.3-YP10*) と既報の QTL (*GS5*、*qSW5*、*GW5*) の比較

さらに、IR64 を背景とし NPT3 品種を遺伝子供与親とする NIL3 系統を育成し、*qGW5* による籾重増加の効果を確認した。(Fujita et al. 2022)

(3) 多収遺伝子の他の品種への導入や集積系統育成による安定的超多収系統の開発

マーカー補助選抜による、多収化遺伝子 *SPIKE* の日本の多収品種への導入：日本の多収品種である「北陸 193 号」「タカナリ」「もちだわら」の遺伝的背景に *SPIKE* 遺伝子を導入し、BC4 の自殖後代系統から NIL 候補系統を選抜した。育成した系統について、収量特性などを評価したところ、いずれの NIL も原品種に比べ一穂籾数が増加していた。特に「北陸 193 号」の NIL において収量の増加が見られた。

多収要因の集積系統育成：YTH183 と「北陸 193 号」の戻し交雑後代集団を養成した。約 2000 個体の BC1F6 分離集団から草型や稔性など農業形質の優れた個体を選抜し、BC1F7 世代となる集積候補系統 35 系統を育成した。

< 引用文献 >

- Ashikari M, Sakakibara H, Lin S, Yamamoto T, Takashi T, Nishimura A, Angeles ER, Qian Q, Kitano H, Matsuoka M. Cytokinin oxidase regulates rice grain production. *Science*. 2005 Jul 29;309(5735):741-5.
- Miura, K., Ikeda, M., Matsubara, A. et al. OsSPL14 promotes panicle branching and higher grain productivity in rice. *Nat Genet* 42, 545–549 (2010).
- D. Fujita, A. G. Tagle, L. A. Ebron, Y. Fukuta and N. Kobayashi. Characterization of near-isogenic lines carrying QTL for high spikelet number with the genetic background of an indica rice variety IR64 (*Oryza sativa* L.). *Breed. Sci.*62:18-26
- D. Fujita, K. R. Trijatmiko, A. G. Tagle, M. V. Sapasap, Y. Koide, K. Sasaki, et al. 2013. NAL1 allele from a rice landrace greatly increases yield in modern indica cultivars, PNAS

110:20431-20436

Yonemaru, T. et al. Q-TARO: QTL annotation rice online database. *Rice*, 2010, 3, 194-20.

Zhang et al. LSCHL4 from Japonica Cultivar, Which Is Allelic to NAL1, Increases Yield of Indica Super Rice 93-11 2014 *Mol Plant* 7, 1350–1364

T. Takai, S. Adachi, F. Taguchi-Shiobara, Y. Sanoh-Arai, N. Iwasawa, S. Yoshinaga, et al. A natural variant of NAL1, selected in high-yield rice breeding programs, pleiotropically increases photosynthesis rate. *Sci Rep* 2013 Vol. 3 Pages 2149

Y. Kato, A. Henry, D. Fujita, K. Katsura, R. Serraj, N. Kobayashi 2011, Physiological characterization of advanced backcross lines derived from an indica rice variety IR64 adapted to water-saving agriculture. *Field Crops Res.* 123: 130-138.

N. Kobayashi. Development of introgression lines of IR64 and preliminary characterization for tolerance to mild drought. *JIRCAS Working Report* 70. 2011

Bueno, C.S., M. Bucourt, N. Kobayashi, et al. Crop productivity of contrasting rice genotypes grown under water-saving conditions and investigation of plant traits for adaptation. *Agricul. Water Mgt.* 2010. 98:241-250.

D. Fujita, et al. Development of introgression lines of an Indica-type rice variety, IR64 for unique agronomic traits and detection of the responsible chromosomal regions. *Field Crops Research* 2009. 114: 244-254.

Fujita, D. et al. Characterization of introgression lines for yield-related traits with Indica-type rice variety IR64 genetic background. *JARQ* 2010. 44: 277-290.

M. Obara, T. Ishimaru, T. Abiko, D. Fujita, N. Kobayashi, et al. Identification and characterization of quantitative trait loci for root elongation by using introgression lines with genetic background of Indica-type rice variety IR64, *Plant Biotechnology Reports* 2014. 8:267-277

Fujita et al. Characterization of QTLs for grain weight from New Plant Type rice cultivars through the development of near-isogenic lines with an IR 64 background. 2022 *Euphytica*.

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 1件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Fujita Daisuke, Tagle Analiza G., Koide Yohei, Simon Eliza V., Fukuta Yoshimichi, Ishimaru Tsutomu, Kobayashi Nobuya	4. 巻 218
2. 論文標題 Characterization of QTLs for grain weight from New Plant Type rice cultivars through the development of near-isogenic lines with an IR 64 background	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Euphytica	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s10681-022-03008-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔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	藤田 大輔 (Fujita Daisuke) (80721274)	佐賀大学・農学部・准教授 (17201)	

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