

委託プロジェクト研究
「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発」
平成29年度 最終年度報告書

13405915

イネのDNAマーカー育種の利用推進

研究実施期間	平成25年度～平成29年度（5年間）
代表機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 次世代作物開発研究センター
研究開発責任者	山本 敏央
共同研究機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（次世代作物開発研究センター、農業環境変動研究センター、九州沖縄農業研究センター、遺伝資源センター）
	地方独立行政法人 北海道立総合研究機構 上川農業試験場
	地方独立行政法人 青森県産業技術センター農林総合研究所
	茨城県農業総合センター
	栃木県農業試験場
	三重県農業研究所
	秋田県農業試験場
	福岡県農業総合試験場
	山形県農業総合研究センター
	長野県農業試験場
	愛知県農業総合試験場
	宮城県古川農業試験場
	富山県農林水産総合技術センター
	滋賀県農業技術振興センター
	公立大学法人 福井県立大学
	国立大学法人 名古屋大学
国立大学法人 東京農工大学	
東洋大学	
ホクレン農業総合研究所	
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7006 FAX : 029-838-7408 E-mail : yamamo101040@affrc.go.jp

<別紙様式3. 最終年度報告書>

I - 1. 年次計画

RBS1001

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速1							
(1) 各公設試育成途中材料のゲノム選抜による耐病性遺伝子高速導入の支援	←					次世代作物開発研究センター	育種法開発ユニット
(2) フルゲノムマーカーを用いた「きたゆきもち」背景へのpi21の高速導入	←			→		北海道立総合研究機構上川農業試験場	水稲グループ
(3) pi21が導入された「きたゆきもち」の系統選抜と特性の把握				←	→	北海道立総合研究機構上川農業試験場	水稲グループ
(4) フルゲノムマーカーを用いた「ほっかりん」背景へのPi35の高速導入	←			→		青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部
(5) Pi35が導入された「ほっかりん」の系統選抜と特性の把握				←	→	青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部
(6) フルゲノムマーカーを用いた「ふくまる」背景へのStvb-iの高速導入	←			→		茨城県農業総合センター	生物工学研究所普通作育種研究室
(7) Stvb-iが導入された「ふくまる」の系統選抜と特性の把握				←	→	茨城県農業総合センター	生物工学研究所普通作育種研究室
(8) フルゲノムマーカーを用いた「なすひかり」背景へのStvb-iの高速導入	←			→		栃木県農業試験場	水稲研究室
(9) Stvb-iが導入された「なすひかり」の系統選抜と特性の把握				←	→	栃木県農業試験場	水稲研究室
(10) フルゲノムマーカーを用いた「三重23号」背景へのpi21の高速導入	←			→		三重県農業研究所	農産研究課
(11) pi21が導入された「三重23号」の系統選抜と特性の把握				←	→	三重県農業研究所	農産研究課

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
課題1. いもち病抵抗性・縞葉枯病抵抗性・カドミウム低吸収性遺伝子を導入したちくし89号の育成							
①SNP解析による個体選抜	←				→	農研機構	次世代作物研究センター
②戻し交配	←			→		福岡県農林業総合試験場	農産部
③単独系統選抜				↔		福岡県農林業総合試験場	農産部
④生産力検定試験				←	→	福岡県農林業総合試験場	農産部
⑤カドミウムの定量解析					↔	農研機構	農業環境変動研究センター
課題2. いもち病抵抗性・カドミウム低吸収性遺伝子を導入した秋田106号の育成							
①SNP解析による個体選抜	←				→	農研機構	次世代作物研究センター
②戻し交配	←			→		秋田県農業試験場	作物部
③栽培特性の評価					↔	秋田県農業試験場	作物部
④カドミウムの定量解析			←		→	農研機構	農業環境変動研究センター

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. ゲノム選抜育種による 出穂期改良品種開発の加速1							
(1) 出穂期遺伝子アレル 構成およびSNP遺伝子型 調査	←					農研機構 次世代 作物開発研究セン ター	稲形質評価ユ ニット
(2) 「つや姫」の早生型 の準同質遺伝子系統の作 出	←					山形県農業総合研 究センター 水田 農業試験場	水稻部
(3) 「信交538号」の早 生型の準同質遺伝子系統 の作出	←					長野県農業試験場	育種部
(4) 「あいちのかおり SBL」の早生型の準同質 遺伝子系統の作出	←					愛知県農業総合試 験場	作物開発部

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
<p>1. ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速2</p> <p>(1) 全ゲノムSNP遺伝子型調査</p> <p>①多型マーカーの作成および出穂期遺伝子型の調査</p> <p>②選抜系統の対象遺伝子近傍および全ゲノムの背景調査</p>						農研機構	稲形質評価ユニット
	←→						
			←→		→		
<p>(2) 「東北206号」の晩生型の準同質遺伝子系統の作出</p> <p>①全ゲノムSNP遺伝子型調査を用いた「東北206号」の晩生型の準同質遺伝子系統の選抜</p> <p>②作出した準同質遺伝子系統の形質評価</p>						宮城県古川農業試験場	作物育種部
	←→						
			←→		→		
<p>(3) 「てんたかく」の早生型の準同質遺伝子系統の作出</p> <p>①全ゲノムSNP遺伝子型調査を用いた「てんたかく」の早生型の準同質遺伝子系統の選抜</p> <p>②作出した準同質遺伝子系統の形質評価</p>						富山県農林水産総合技術センター	育種課
	←→						
			←→		→		
<p>(4) 「みずかがみ」の晩生型の準同質遺伝子系統の作出</p> <p>①全ゲノムSNP遺伝子型調査を用いた「みずかがみ」の晩生型の準同質遺伝子系統の選抜</p> <p>②作出した準同質遺伝子系統の形質評価</p>						滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部
	←→						
			←→		→		

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 種子形制御遺伝子の利用を起点としたイネの多収化戦略							
(1) コシヒカリ背景大粒変異体の生産性評価	←→					福井県立大学	生物資源開発研究センター分子生物学
(2) コシヒカリ背景大粒変異体の原因遺伝子単離	←→					福井県立大学	生物資源学部分子生物学
(3) 極大粒系統の有す売る種子サイズQTLの単離及びNIL化による有用性の評価	←→					福井県立大学	生物資源開発研究センター分子生物学
(4) 種子形制御遺伝子と、その他の有用遺伝子の集積による生産性の評価	←→					福井県立大学	生物資源学部分子生物学

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. イネの登熟最適化を実現する理想的穂型の構築と超多収育種への応用							
(1) 穂形を制御する有用遺伝子の単離・同定	←				→	名古屋大学	生物機能開発利用研究センター
(2) 日本型品種, 既存の多収品種/系統へ導入		←			→	名古屋大学	生物機能開発利用研究センター
(3) 効果の検証と問題点の解明			←		→	名古屋大学	生物機能開発利用研究センター
(4) 理想的穂形のデザイン				←	→	名古屋大学	生物機能開発利用研究センター
(5) 超多収を実現する供給親の育成					←	→	名古屋大学 生物機能開発利用研究センター

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. イネの強稈性に関与する有用遺伝子の単離とその集積							
(1) 強稈性に関与する有用形質の QTL のマッピング	←		→			東京農工大学	植物生産科学講座
(2) 強稈性に関与する有用形質の QTL の特定	←		→			名古屋大学	植物分子育種分野
(3) 強稈QTLの原因遺伝子の単離と機能解明			←		→	名古屋大学	植物分子育種分野
(4) 同定した遺伝子を利用した強稈遺伝子をもつ同質遺伝子系統の開発	←		→			富山県農林水産総合技術センター	作物課
(5) 強稈遺伝子の集積系統の開発			←		→	東京農工大学 富山県農林水産総合技術センター	植物生産科学講座 作物課

RBS2004

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. シンク及びソースに関 わる遺伝子の有用性評価 (1) TGW6の評価	←	→				農業生物資源研究所	植物生産生理機 能研究ユニット
(2) TGW6の持つ高温 登熟障害耐性の評価	←	→				東洋大学	植物ゲノム科学 研究室

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. インディカ多収品種の 収量性向上に向けた遺 伝解析と育種的							
(1) 個葉光合成QTLの単 離	←→					農研機構作物研究 所	稲生理分野 稲遺伝子分野
(2) 穂数QTLのマッピン グ	←→					農研機構作物研 究所	稲生理分野 稲遺伝子分野
(3) 新規収量性関連QTL の探索	←→					農研機構作物研 究所	稲生理分野

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
(1) 個葉光合成速度および葉身傾斜角度に関するQTLの詳細なマッピング	←→					農研機構次世代作物開発研究センター 東京農工大	稲形質評価ユニット
(2) 葉面温度に関するQTL単離のための詳細なマッピング	←→			→		農研機構次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット 畑作物形質評価ユニット
(3) 個葉光合成速度および葉身傾斜角度に関するQTLの候補遺伝子の特定		←→		→		農研機構次世代作物開発研究センター 東京農工大	稲形質評価ユニット
(4) 葉面温度に関するQTLの候補遺伝子の特定				←	→	(計画変更につき中止)	
(5) 個葉光合成速度および葉身傾斜角度に関するQTLの育種素材としての価値評価				←→		農研機構次世代作物開発研究センター 東京農工大	稲形質評価ユニット

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 低温土中出芽性に寄与する遺伝子の単離 (1) 低温土中出芽性に関するQTLのマッピングおよび単離 ①qESS11の単離 ②qESS4のマッピング (2) 低温土中出芽性と穂発芽耐性を集積した中間母本の育成 (3) 低温土中出芽性遺伝子の集積 ①qESS11およびqESS4の集積効果 ②qESS11およびqESS4のsd1との集積効果						富山県農林水産総合技術センター・農業研究所	育種課・農業バイオセンター

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. <i>qSES11</i> および <i>qSES7-1</i> の効果検証（「ほしのゆめ」背景）							
(1) NILおよび集積系統の育成	←→					ホクレン	農業総合研究所
(2) 各QTL単独での苗立ち性向上効果の検証 NILの苗立ち性を評価する		←→				道総研上川農試 ホクレン	水稲グループ 農業総合研究所
(3) 他形質への影響評価 NILの農業形質を評価する			←→			道総研上川農試	水稲グループ
(4) 集積効果の検証 集積系統の苗立ち性を評価する			←→			道総研上川農試 ホクレン	水稲グループ 農業総合研究所
2. マッピング 効果が期待されるQTLの候補領域を絞り込む	←→					ホクレン 道総研上川農試	農業総合研究所 水稲グループ
3. 育種素材の開発							
(1) 「ほしまる」背景のNIL育成		←→				ホクレン	農業総合研究所
(2) NILの苗立ち性評価							
(3) NILの農業形質評価					←→	道総研上川農試	水稲グループ
					←→	道総研上川農試	水稲グループ

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
(1) 深根性遺伝子の導入による多収性および耐倒伏性の向上 ①候補遺伝子の検出 ②候補遺伝子絞り込み ③選抜DNAマーカー化 ④準同質遺伝子系統の作製 ⑤収量性および耐倒伏性の評価						農業生物資源研究所	イネゲノム育種研究ユニット
(2) 深根性遺伝子の導入による干ばつ耐性の向上 ①候補遺伝子絞り込み ②機能解析 ③選抜DNAマーカー化 ④準同質遺伝子系統の作製 ⑤干ばつ耐性の評価						農業生物資源研究所	イネゲノム育種研究ユニット

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 粗放栽培への適応を目指した育種素材の作出 (1) 幅広い分げつ性を与える野生イネ遺伝子の同定	←	→				農業生物資源研究所	植物生産生理機能研究ユニット
(2) 上記遺伝子を導入したコシヒカリの疎植適性の検討	←	→				農業生物資源研究所	植物生産生理機能研究ユニット
(3) 上記遺伝子を導入したコシヒカリの準同質遺伝子系統の構築	←	→				農業生物資源研究所	植物生産生理機能研究ユニット

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 良食味関連遺伝子の単離と機能解析							
(1) コシヒカリの持つ良食味遺伝子の解析	←				→	農研機構 九州沖縄農業研究センター	稲育種グループ
(2) 空育162号の持つ良食味遺伝子の解析	←				→	農研機構 次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット 米品質ユニット
(3) 北海PL9号の持つ良食味遺伝子の解析	←	→					稲育種ユニット

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 育種素材における遺伝子型調査支援(系1)	←				→	全て農研機構 次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
2. マッピング、遺伝子単離のための支援(系2)	←				→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
(1) タイピング支援	←				→	次世代作物開発研究センター	育種法開発ユニット
(2) マーカー開発	←				→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
(3) BACライブラリー作成	←				→	次世代作物開発研究センター	育種素材開発ユニット
(4) コンストラクトおよび形質転換体作成	←				→	次世代作物開発研究センター	ト
3. 塩基配列解析とSNPアレイの開発						次世代作物開発研究センター	育種法開発ユニット
(1) SNP情報の抽出	←				→	次世代作物開発研究センター	植物多様性活用チーム
(2) SNPマーカーの設定とカスタム化	←	→				遺伝資源センター	ム
(3) SNPバリデーション	←				→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
4. 塩基配列解析とSNPアレイの開発						次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
(1) 有用遺伝子選抜マーカーセットの開発	←				→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
(2) 有用遺伝子選抜マーカーのバリデーション	←				→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
5. 塩基配列解析とSNPアレイの開発						遺伝資源センター	植物多様性活用チーム
(1) 解析集団の養成と形質評価			←		→	次世代作物開発研究センター	稲形質評価ユニット
(2) 解析集団のタイピング			←		→	次世代作物開発研究センター	植物多様性活用チーム
(3) 集団構造の解析			←		→	遺伝資源センター	ム

I-2. 実施体制

課題 番号	研究項目	担当研究機関・研究室			研究担当者
		機関		研究室	
RBS 1001	研究開発責任者	農研機構 次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	◎ 山本 敏央
	ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速1	作物研究所	稲研究領域	稲育種研究分野	○ 田中 淳一 (H25~H27)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	基盤研究領域	育種法開発ユニット	○ 米丸 淳一 (H28~H29)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		須藤 充 (H28~H29)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		今 智穂美 (H25~H26)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		森山 茂治 (H25~H29)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		小林 渡 (H25)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		清藤 文仁 (H26~H27)
		(地独) 青森県産業技術センター農林総合研究所	藤坂稲作部		落合 祐介 (H27~H29)
		茨城県農業総合センター	生物工学研究所	普通作育種研究室	深沢 芳隆 (H25~H29)
茨城県農業総合センター	生物工学研究所	普通作育種研究室	川又 快 (H25~H28)		
茨城県農業総合センター	生物工学研究所	普通作育種研究室	秋田 和則 (H29)		

	茨城県農業総合センター	生物工学研究所	普通作育種研究室	岡本 和之 (H25～H29)
	三重県農業研究所	伊賀農業研究室	伊賀農業研究課	太田 千尋 (H25)
	三重県農業研究所	伊賀農業研究室	伊賀農業研究課	瀬田 聡美 (H26～H27)
	三重県農業研究所	伊賀農業研究室	伊賀農業研究課	太田 雄也 (H28～H29)
	三重県農業研究所	生産技術研究室	農産研究課	大野 鉄平 (H29)
	三重県農業研究所	生産技術研究室	農産研究課	山川 智大 (H25～H26、H29)
	三重県農業研究所	農産研究課		松本 憲悟 (H25～H28)
	三重県農業研究所	生産技術研究室	農産研究課	高橋 武志 (H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	佐藤 毅 (H25～H28)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	平山 裕治 (H25～H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	前川 利彦 (H25～H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	佐藤 博一 (H25)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	木内 均 (H25～H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	藤田 正平 (H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	西村 努 (H25～H29)
	北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	道満 剛平 (H26～H29)

RBS 1002	ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速2	栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	若林（星） 一好 (H25～H27)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	青沼 伸一 (H25～H26)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	伊澤 由行 (H25～H29)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	木村 守 (H27～H29)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	菅谷 和音 (H27～H28)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	竹内 菜央子 (H28～H29)
		栃木県農業試験場	研究開発部	水稲研究室	吉田 彩花 (H29)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲育種ユニット	石井 卓朗 (H27～H29)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	基盤研究領域	育種素材開発ユニット	○ 宇賀 優作 (H25～H29)
		秋田県農業試験場	作物部	水稲育種担当	川本 朋彦 (H25～H29)
		秋田県農業試験場	作物部	水稲育種担当	佐藤 健介 (H25～H26)
		秋田県農業試験場	作物部	水稲育種担当	高橋 竜一 (H25～H29)
		秋田県農業試験場	作物部	水稲育種担当	柴田 智 (H27～H29)
		秋田県農業試験場	作物部水稲育種担当		加藤 和直 (H25～H29)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	上田 忠正 (H27～H29)
農研機構 農業環境変動研究センター	有害化学物質研究領域	作物リスク低減ユニット	石川 覚 (H25～H29)		
福岡県農業総合試験場	農産部	水稲育種チーム	和田 卓也 (H25)		

RBS 1003	ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速1	福岡県農林業総合試験場	農産部	水稻育種チーム	宮原 克典 (H26～H29)
		福岡県農林業総合試験場	農産部	水稻育種チーム	山口 修 (H26～H29)
		福岡県農林業総合試験場	農産部	水稻育種チーム	石橋 正文 (H26～H29)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	○ 堀 清純 (H25～H29)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	伊藤 晃 (H25～H26)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	野々山 利博 (H25～H26)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	加藤 満 (H25～H29)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	杉浦 和彦 (H25～H29)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	濱頭 葵 (H27～H29)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	井手 康人 (H27～H29)
		愛知県農業総合試験場	作物研究部	作物研究室	荒川 みずほ (H28～H29)
		山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	中場 勝 (H25～H28)
		山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	後藤 元 (H25)
		山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	渡部 貴美子 (H26～H29)
山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	阿部 洋平 (H26～H29)		
山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	鈴木 隆由輝 (H26～H28)		

RBS 1004	ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速2	山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	本間 猛俊 (H26~H29)
		山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	中場 理恵子 (H29)
		山形県農業総合研究センター	水田農業試験場	水稻部	石塚 和 (H29)
		長野県農業試験場	育種部		牛山 智彦 (H25)
		長野県農業試験場	育種部		高松 光生 (H25~H29)
		長野県農業試験場	育種部		細井 淳 (H25~H29)
		長野県農業試験場	育種部		矢ヶ崎 和弘 (H26)
		長野県農業試験場	育種部		吉田 清志 (H27)
		長野県農業試験場	育種部		酒井 長雄 (H28~H29)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	イネゲノム育種研究ユニット	田口 文緒 (H25)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	イネゲノム育種研究ユニット	○ 田口 文緒 (H25)
		農研機構 次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	○ 溝淵 律子 (H26~H29)
		宮城県古川農業試験場	作物育種部		遠藤 貴司 (H25~H29)
		宮城県古川農業試験場	作物育種部		佐伯 研一 (H25~H27)
宮城県古川農業試験場	作物育種部		中込 佑介 (H26~H29)		
宮城県古川農業試験場	作物育種部	育種班	佐藤 浩子 (H26~H29)		

	宮城県古川農業試験場	作物育種部	育種班	石森 裕貴 (H28～H29)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部		山田 善彦 (H25～H27)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部		谷口 真一 (H28～H29)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種・原種担当	宮村 弘明 (H25～H27)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種・原種担当	西谷 清彦 (H26～H27)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種・原種担当	椎木 咲帆 (H28～H29)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種係	日野 耕作 (H25～H29)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種係	森 茂之 (H25～H28)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種係	吉田 貴宏 (H25～H29)
	滋賀県農業技術振興センター	栽培研究部	水稲育種係	西村 卓真 (H29)
	富山県農林水産総合センター	農業研究所	農業バイオセンター	村田 和優 (H25～H29)
	富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	池田 博一 (H26)
	富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	蛭谷 武志 (H25～H28)
	富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	山口 琢也 (H25～H29)

		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	伊山 幸秀 (H25～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	稲原 誠 (H26)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	小島 洋一朗 (H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	尾崎 秀宣 (H27～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	藤田 健司 (H25～H26)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	廣川 智子 (H25)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	金田 宏 (H27～H28)
RBS 2001	種子形制御遺伝子の利用を起点としたイネの多収化戦略	福井県立大学	生物資源学部	分子生物学研究領域	○ 岩崎 行玄 (H25～H26)
		福井県立大学	生物資源開発研究センター	分子生物学研究領域	三浦 孝太郎 (H25～H26)
RBS 2002	イネの登熟最適化を実現する理想的穂型の構築と超多収育種への応用	名古屋大学	生物機能開発利用研究センター	有用農業形質保存分野	○ 北野 英己 (H25～H29)
		名古屋大学	生物機能開発利用研究センター	高次生体分子機能研究分野	芦荻 基行 (H25～H29)
RBS 2003	イネの強稈性に関与する有用遺伝子の単離とその集積	東京農工大学	大学院農学府	植物生産科学	○ 大川 泰一郎 (H25～H29)
		東京農工大学	大学院農学府	植物生産科学講座	金勝 一樹 (H25～H29)
		富山県農林水産総合センター	農業研究所	農業バイオセンター	村田 和優 (H25～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	池田 博一 (H26)

		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	蛭谷 武志 (H25～H28)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	山口 琢也 (H25～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	伊山 幸秀 (H25～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	稲原 誠 (H26)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	小島 洋一朗 (H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	尾崎 秀宣 (H27～H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	藤田 健司 (H25～H26)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	廣川 智子 (H25)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	金田 宏 (H27～H28)
		名古屋大学	生物機能開発利用研究センター	植物分子育種分野	松岡 信 (H25～H29)
RBS 2004	シンク及びソースに関わる遺伝子の機能解析と有用性評価	農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物生産生理機能研究ユニット	○ 石丸 健 (H25～H26)
		東洋大学	生命科学部生命科学科	植物ゲノム科学研究室	廣津 直樹 (H25～H26)
RBS 2005	インディカ多収品種の収量性向上に向けた遺伝解析と育種の利用	作物研究所	稲研究領域	稲生理分野	○ 高井 俊之 (H25～H26)
		作物研究所	稲研究領域		谷口 洋二郎 (H25～H26)
		作物研究所	稲研究領域	稲育種研究分野	田中 淳一 (H25)

RBS 2006	光合成効率を高める QTLの単離と集積	作物研究所	稲研究領域	稲研究分野	加藤 浩 (H25)
		作物研究所	稲研究領域	稲生理分野・ 水稻多収生理 プロジェクト	近藤 始彦 (H25~H26)
		農研機構 次 世代作物開発 研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユ ニット	○ 山本 敏央 (H25~H29)
		東京農工大学			平沢 正 (H25~H29)
		東京農工大学	グローバルイ ノベーション 研究院		安達 俊輔 (H27~H29)
		農研機構 次 世代作物開発 研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユ ニット	上田 忠正 (H25~H29)
		農研機構 次 世代作物開発 研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユ ニット	山内 歌子 (H25~H29)
RBS 2007	低温土中出芽性に寄 与する遺伝子の単離	農研機構 次 世代作物開発 研究センター	畑作物研究領 域	畑作物形質評 価ユニット	福田 篤徳 (H25~H28)
		富山県農林水 産総合技術セ ンター	農業研究所	育種課	○ 山口 琢也 (H25~H29)
		富山県農林水 産総合センタ ー	農業研究所	農業バイオセ ンター	村田 和優 (H25~H29)
		富山県農林水 産総合技術セ ンター	農業研究所	育種課	池田 博一 (H26)
		富山県農林水 産総合技術セ ンター	農業研究所	育種課	蛭谷 武志 (H25~H28)
		富山県農林水 産総合技術セ ンター	農業研究所	育種課	伊山 幸秀 (H25~H29)
		富山県農林水 産総合技術セ ンター	農業研究所	育種課	稲原 誠 (H26)

RBS 2008	寒地におけるイネ圃場 苗立ち性に関するQTL のマッピングと集積	富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	育種課	小島 洋一朗 (H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	尾崎 秀宣 (H27~H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	荘司 和明 (H25~H29)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター	藤田 健司 (H25~H26)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	廣川 智子 (H25)
		富山県農林水産総合技術センター	農業研究所	農業バイオセンター・育種課	金田 宏 (H27~H28)
		ホクレン農業総合研究所	作物生産研究部	畑作物開発課	○ 岩田 夏子 (H25~H29)
		ホクレン農業総合研究所	作物機能開発課		山田 ちなつ (H25)
		ホクレン農業総合研究所	作物機能開発課		忠村 一毅 (H26)
		ホクレン農業総合研究所	作物生産研究部	畑作物開発課	帛田 淳史 (H25~H29)
		北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	佐藤 毅 (H25~H28)
		北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	平山 裕治 (H25~H29)
		北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	前川 利彦 (H25~H29)
北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	佐藤 博一 (H25)		
北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	木内 均 (H25~H29)		

		北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	西村 努 (H25~H29)
		北海道立総合研究機構 上川農業試験場	研究部	水稲グループ	道満 剛平 (H26~H29)
RBS 2009	生産性向上をめざしたイネ根系形態遺伝子の解析	農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	イネゲノム育種研究ユニット	○ 宇賀 優作 (H25~H26)
RBS 2010	粗放栽培への適応を目指した育種素材の作出	農業生物資源研究所	植物科学研究領域	植物生産生理機能研究ユニット	○ 稲垣 言要 (H25~H26)
RBS 2011	良食味関連遺伝子の単離と機能解析	農研機構九州沖縄農業研究センター	水田作研究領域	稲育種グループ	○ 竹内 善信 (H25~H29)
		農研機構次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲育種ユニット	黒木 慎 (H28~H29)
		農研機構次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	堀 清純 (H25~H29)
		農研機構次世代作物開発研究センター	稲研究領域	米品質ユニット	鈴木 啓太郎 (H25~H29)
RBS 3001	ゲノム選抜育種に必要な基盤技術の開発	農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	イネゲノム育種研究ユニット	○ 福岡 修一 (H25~H27)
		農研機構次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	○ 山内 歌子 (H28~H29)
		農業生物資源研究所	農業生物先端ゲノム研究センター	イネゲノム育種研究ユニット	山内 歌子 (H27)
		農研機構遺伝資源センター	植物多様性活用チーム		江花 薫子 (H25~H29)
		農研機構次世代作物開発研究センター	稲研究領域	稲形質評価ユニット	山本 敏央 (H25~H29)
		農研機構次世代作物開発研究センター	基盤研究領域	育種素材開発ユニット	杉本 和彦 (H25~H29)

		農研機構 次世代作物開発研究センター	基盤研究領域	育種法開発ユニット	米丸 淳一 (H25~H29)
--	--	--------------------	--------	-----------	--------------------

(注1) 研究開発責任者には◎、小課題責任者には○、実行課題責任者には△を付すこと。

中課題番号	13405915	研究期間	平成25～29年度
大課題名	ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発		
中課題名	イネのDNAマーカー育種の利用推進		
代表機関・研究開発責任者名	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 次世代作物開発 研究センター 稲研究領域 稲形質評価ユニット・ユニット長・ 山本 敏央		

I-1. 研究目的

分子生物学の進歩とゲノム情報の蓄積によって、イネの農業形質を司る多くの遺伝子が明らかとなり、これらを活用して従来よりも育成期間が短縮した実用品種が開発されている。しかしながらこのような取り組みは一部の育種機関で実施されているのみで、多くの公設試や企業が取り組みやすいイネ品種開発加速のための仕組みづくりが求められている。

このため、本研究では、

1. ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速1
2. ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速 2
3. ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速 1
4. ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速 2
5. 種子形制御遺伝子の利用を起点としたイネの多収化戦略 (H26 年度に終了)
6. イネの登熟最適化を実現する理想的穂型の構築と超多収育種への応用
7. イネの強稈性に関与する有用遺伝子の単離とその集積
8. シンク及びソースに関わる遺伝子の機能解析と有用性評価 (H26 年度に終了)
9. インディカ多収品種の収量性向上に向けた遺伝解析と育種利用 (H26 年度に終了)
10. 光合成効率を高める QTL の単離と集積
11. 低温土中出芽性に寄与する遺伝子の単離
12. 寒地におけるイネ圃場苗立ち性に関する QTL のマッピングと集積
13. 生産性向上をめざしたイネ根系形態遺伝子の解析 (H26 年度に終了)
14. 粗放栽培への適応を目指した育種素材の作出 (H26 年度に終了)
15. 良食味関連遺伝子の単離と機能解析
16. ゲノム選抜育種に必要な基盤技術の開発

により、ゲノム選抜育種に有用な交配用イネ育種素材を提供するとともに、ゲノム育種支援を活用した水稻品種開発の全国的な加速を目標とする。

その結果、

1. 地域のニーズに合った優良な水稻品種の短期間での開発
2. 水稻育種に対する企業等の新規参入による活性化
が期待される。

I-2. 研究結果

本中課題では上記 I-1 に掲げた課題群を大きく3つの系に分けて研究を推進した。系1（育種支援システムの開発）では公設試の既存品種（系統）に病害抵抗性遺伝子または出穂期遺伝子を付与した準同質遺伝子系統を遺伝背景選抜と並行して行うことで加速する。系2（育種素材の開発）では種子形、穂長、強稈性、止め葉面積、個葉光合成速度、葉身傾斜角度、低温土中出芽（直播適性）、根系、良食味に関する原因遺伝子を単離同定し準同質遺伝子系統（NILs）を作出する。系3（ゲノム育種基盤技術の開発）では、中核機関が開発した既存SNPタイプピングアレイを用いて系1のタイプピング支援を行うとともに、並行して、これまでに蓄積した日本型在来種および栽培種のSNP情報を精査し、日本の栽培イネ品種群を精度高く識別する2000カ所のSNP情報からなる新タイプピングアレイを開発する

系1では、茨城県および栃木県において縞葉枯病抵抗性を付与した「ひたちIL3号」（図1）および「栃木IL31号」が完成した。三重県においていもち病圃場抵抗性を付与した「三重33号」（図2）が完成した。これらについては複数年の奨励品種決定調査が継続中である。山形県および宮城県では出穂期を早生化または晩生化した「山形144号」および「東北229号」が完成し、秋田県および福岡県では低カドミ吸収といもち病抵抗性を両立させる系統を選抜した。これらについては終了年次翌年度より奨励品種決定調査に進む。富山県では早生化による粒厚減少を補償するQTLを検出して併せて集積した系統を選抜した。北海道、青森県および愛知県については導入遺伝子の特性は確認できたが、生産力検定試験による形質の同質程度の確認が残されている。長野県および滋賀県では目標とする遺伝子型系統は選抜できたが、想定された早晩性の変化が得られず目的とした育成系統が得られていない。

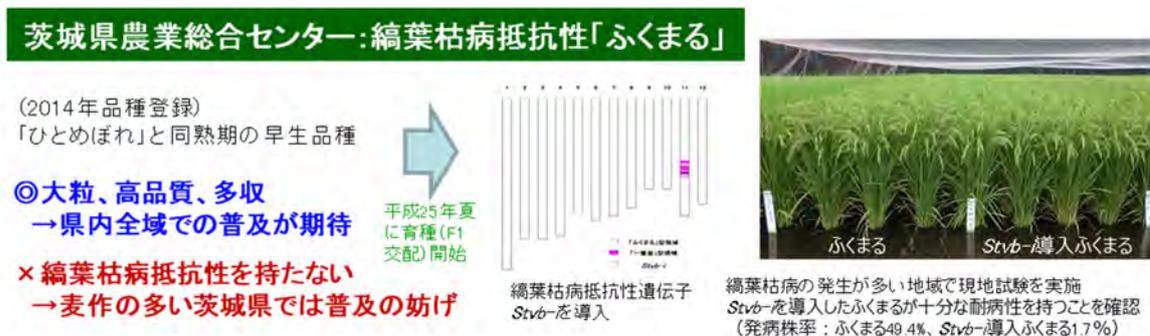


図1. 茨城県で育成した縞葉枯病抵抗性系統「ひたちIL3号」（ふくまるの準同質遺伝子系統）



図2. 三重県で育成したいもち病抵抗性系統「三重33号」（三重23号の準同質遺伝子系統）

系2では、新規のシंकサイズ関連遺伝子座として穂軸長 (qPRL5)、二次枝梗数 (qSRN2)、既知の遺伝子座のアリルとして先端分枝 (qSRN7)、一次枝梗長 (qPBL6) を単離同定した。また新規の登熟関連遺伝子座として心白率 (WCR3) および完全粒割合 (NGR1) の存在を明らかにした。稈の強度に関わる遺伝子 (SCM2, SCM3, SCM4) を単離同定し (図3)、4つのQTLの集積系統について挫折型およびたわみ型の倒伏抵抗性が強化されていることを示した。また相対的に耐倒伏性が劣る日本型栽培品種においても稈強度に貢献する皮層繊維組織の厚さに関わるQTLが存在することを明らかにした。気孔伝導度を高めることによって乾物増加に貢献するQTLを明らかにした。インド型品種と比較して相対的に光合成能力に劣る日本型品種にも個葉光合成速度を高めるQTLが存在することを明らかにした。光合成速度には集積効果があることを明らかにした。この他、水稻の乾物生産に間接的に貢献する形質として種子形、止め葉面積、群落葉面温度、葉身傾斜角度、水伝導度、葉色低下抑制に関わるQTLを明らかにして育種選抜用DNAマーカーが開発された。

発芽能力の高い在来水稻品種から低温土中出芽性に関する遺伝子 (qESS11) を同定し、穂発芽耐性遺伝子との集積によって直播適性と穂発芽耐性を両立する系統を作出した (図4)。北海道品種の苗立ち率を改善するQTL (qSES11) が既知の北海道の直播適性品種の更なる苗立ち率向上に貢献することを明らかにした。コシヒカリの良食味を決定する遺伝子および北海道米の食味向上に貢献した遺伝子を同定し、いずれもアミロスの発現制御に関わっていることを明らかにした。この他、ストレス環境下での生産性に貢献する形質として、根系、分けつ可塑性に関するQTLを明らかにして育種選抜用DNAマーカーが開発された。

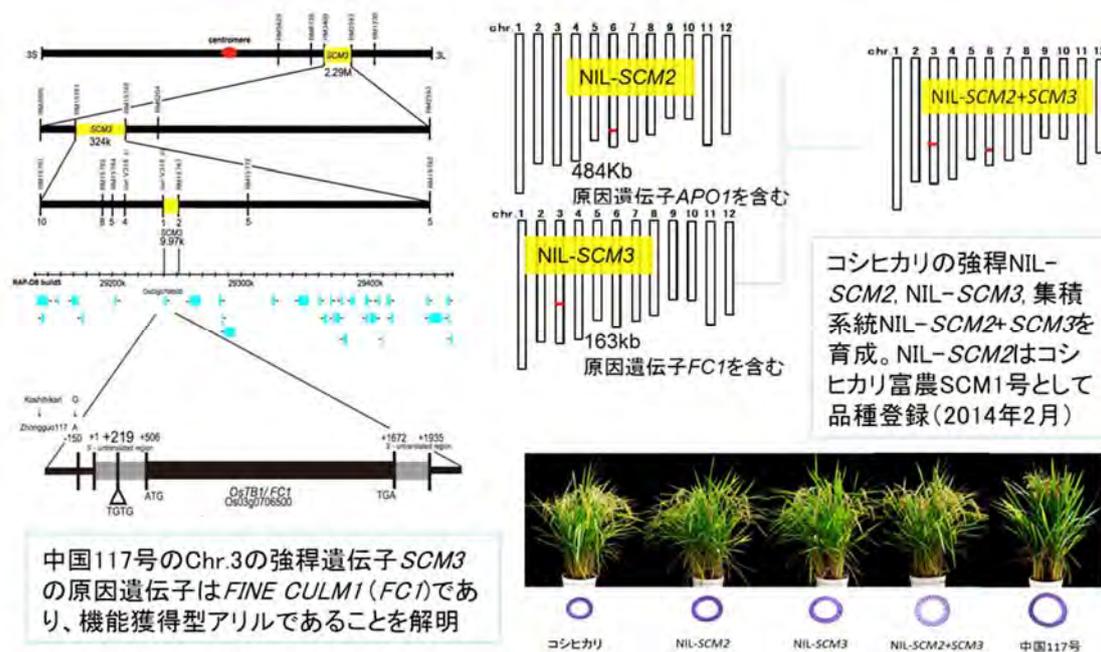
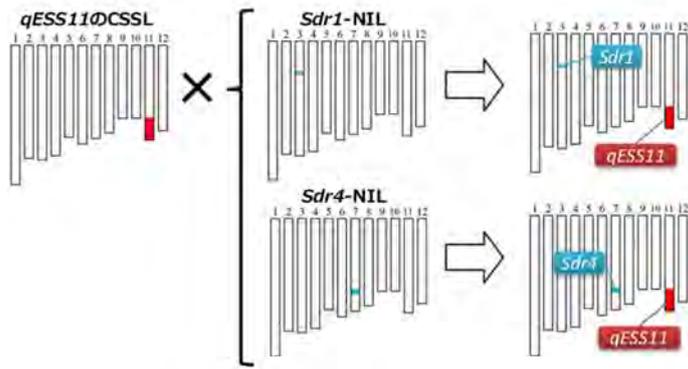
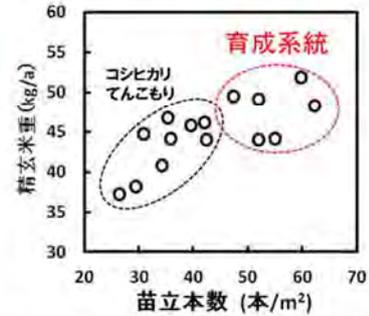


図3. 強稈遺伝子の単離と集積による耐倒伏性向上コシヒカリ系統の育成 (東京農工大学)
左は強稈性遺伝子SCM3の単離の様子を、右上は集積系統のグラフ遺伝子型を、右下はその草型と稈径を示す。



*qESS11*と*Sdr1*または*Sdr4*を集積することによって、穂発芽性の多面発現を抑制し、なおかつ、直播栽培において優れた苗立ち性を発揮できる。さらに、直播における収量の安定化に寄与できる(左図および左下表)。



苗立本数が40本/m²以下に低下すると、収量が低下する。低年でも苗立ちが確保できた本研究の育成系統は、収量が低下しなかった(上図)。

	苗立本数 (本/m ²)	2014年 収量			特性検定 穂発芽率 (%)
		粗玄米重 (kg/a)	精玄米重 (kg/a)	対比増加比	
(比) コシヒカリ	35.1	48.5	43.8	100	27
<i>qESS11</i>	57.2	51.1	48.1	110	72
<i>qESS11</i> + <i>Sdr1</i>	56.9	50.8	46.2	106	28
<i>qESS11</i> + <i>Sdr4</i>	49.5	55.3	49.3	113	43
(比) てんこもり	34.7	50.5	41.9	96	26

図4. 苗立ちと穂発芽耐性を両立した実用性の高い育種素材の開発 (富山県農林水産総合技術センター)
苗立ちを向上させるQTL (*qESS11*) に穂発芽耐性を向上させるQTL (*Sdr1*または*Sdr4*)を組み合わせた集積系統の苗立ちと収量性の関係

系3では、国内品種および有用な育種母本の塩基配列情報をもとに5000カ所以上のSNP情報を獲得し、その中から913カ所の識別精度の高いSNPを選定し、日本の主要な栽培稲品種192種でゲノムワイドSNP遺伝子型を明らかにした。また今後のアジア栽培品種からの有用遺伝子導入を目的としたゲノム育種の効率化のためにこれらの遺伝子型を効率的に識別する汎用SNPセットを選定した。またイネゲノム中の10カ所のいもち病抵抗性遺伝子座に存在する23の対立遺伝子を同時に識別するSNPアレイの実効性を系1の参画機関の育成系統を用いて検証した。

プロジェクト期間中の5年間で系1の支援メニュー290件と系2の支援メニュー117件を遅滞なく遂行するとともに、次世代ゲノム基盤プロの他のコンソーシアムの課題についても積極的に支援を行うことでプロジェクト全体に大きく貢献した。

I-3. 今後の課題

系1については完成系統の農業特性の評価による同質性および安定性の確認が残されている。また一部系統では期待した表現型効果が得られなかったものもあったことから、遺伝子と遺伝背景(遺伝子間相互作用)および環境(地域や年次間相互作用)との関連については体系的に明らかにし、将来に渡って育種ビッグデータとして活用していく取り組みが必要である。

系2についても、成果をそのまま育種に組み入れることが可能な遺伝子もいくつか得られたが、単離同定した新規の遺伝子の多面発現や相互作用などを明らかにしながら育種的価値を判断する必要がある。

系3については、遺伝背景選抜の期間やコストの削減については技術の進歩に併せて適宜改善や修正が必要である。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS1001

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速 1

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・基盤研究領域・育種法開発ユニット・米丸淳一

1) 研究目的

病虫害抵抗性は多くの場合、作用力が大きい少数の遺伝子が効果を示すことから、これらの遺伝子を導入対象にした Marker-assisted Selection (MAS) が効果的である。近年、道府県に設置されている公設試で育成した各地域に適した水稻基幹品種が広く普及しているが、それらの中には食味は優れたものの病虫害抵抗性に課題がみられる品種は多い。一方、最近では、SNP アレイ等の技術開発により、迅速なゲノムワイドジェノタイピングが可能となってきた。そこで、最新のジェノタイピング技術を用い、効率的な連続戻し交配と MAS によって、公設試で育成された水稻基幹品種に病虫害抵抗性を付与した品種候補を迅速に育成することを目的としたイネの DNA マーカー選抜育種における有効な支援システムを構築する。

2) 研究成果

【方法】

各公設試(5 道県)の基幹品種と有用な病害抵抗性遺伝子を保有するドナー品種を交配し、ゲノムワイドジェノタイピングを用いて遺伝背景を確認すると同時に、導入対象領域について近傍領域の遺伝子型による「削り込み」を実施し、候補系統の育成を行った。育成された候補系統については、各公設試において、系統選抜、増殖、生産力検定試験を行い、基幹品種との比較を行い特性を評価した。また、必要に応じ、遺伝子ピラミディングのための交配を実施するとともに、遺伝子ピラミディングのための交配後代からゲノム選抜によりピラミディング系統を選抜することを行った。各公設試において最終的に得られた系統の特性の精査により、イネの DNA マーカー選抜育種における支援システムの有効性の検証を行った。

【結果】

1) 北海道

「きたゆきもち」を連続親に、「ともほなみ」を供与親にした連続戻し交配とゲノム選抜を実施した。2 年間合計 3 回の戻し交配という少ない交配回数で、いもち病抵抗性遺伝子 *pi21* および近傍領域が「ともほなみ」型に固定、それ以外の領域が「きたゆきもち」型に固定した個体を得た。生産力検定試験および特性検定試験の結果から、育成系統の葉いもち圃場抵抗性は「きたゆきもち」より 2 ランク程度強化された。育成系統の農業特性は「きたゆきもち」とほぼ同等であった(表 1、写真 1)。

表 1. 育成系統の主要特性 (平成 29 年度、生産力検定試験)

品種名 または 系統名	出 穂 期	成 熟 期	稈 長 (cm)	穂 長 (cm)	穂 数 (本/m ²)	一穂 粒数	精玄 米重 (kg/a)	同左 比率 (%)	千粒 重 (g)	玄米 品質	おこわ 食味 総合	葉いもち 圃場 抵抗性
上系糯17501R	7.25	9.14	71	17.1	679	59.8	63.9	104	22.6	上下	0.07	強
上系糯17502R	7.24	9.14	71	16.8	658	59.9	65.4	106	21.9	上下	0.21	強
上系糯17503R	7.25	9.14	71	17.3	650	62.3	64.1	104	21.6	上下	0.07	やや強
きたゆきもち	7.24	9.14	69	17.5	614	55.6	61.7	100	22.6	上下	0.00	中

注1)「きたゆきもち」の葉いもち圃場抵抗性の従来判定は「やや弱」



写真 1. 育成系統 (右 3 系統) における葉いもち圃場抵抗性

2) 青森県

「ほっかりん」に *Pi35* を導入した同質遺伝子系統の育成を目的として、平成 29 年度に 6 系統について生産力検定及び特性検定を実施した。供試系統は、全ていもち病抵抗性が葉いもち、穂いもちともに「ほっかりん」よりも明らかに強かった (写真 2、表 3)。また、供試系統のうち、「相 1222」は、生育特性、収量性、品質などの特性が最も「ほっかりん」に類似していたことから、「ふ系 IL15 号」の地方番号を付名した (表 2、表 3)。



写真 2. 葉いもち圃場抵抗性検定 左: *Pi35* 導入系統、右: ほっかりん

表 2. 「ふ系 IL15 号」の生育・収量調査結果

系統名	出穂期 (月・日)	成熟期生育調査			収量調査							
		穂長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/㎡)	全重 (kg/a)	精玄米重 (kg/a)	同左 標準比	屑米重 (kg/a)	千粒重 g	品質 (1-9)	検査 等級	
標 肥	ふ系IL15号	7.26	79.3	17.7	450	137	54.8	98	4.4	24.3	4.5	1下
	ほっかりん	7.27	79.7	17.8	482	143	56.0	(100)	4.6	24.4	4.5	2中
多 肥	ふ系IL15号	7.27	89.2	18.1	574	164	57.4	99	7.1	23.5	5.8	-
	ほっかりん	7.28	87.6	18.8	566	161	58.2	(100)	6.5	23.4	5.3	-

表 3. 「ふ系 IL15 号」の特性検定結果

系統名	いもち病抵抗性検定				耐冷性検定		白米成分分析			食味 試験 総合 評価
	葉いもち		穂いもち		不稔 歩合 (%)	判 定 (新基準)*	タンパク 質含有 率 (%)	アミ ロース 含有率 (%)	味 度	
	発病 程度 (0-10)	判 定 (新基準)*	発病 程度 (0-10)	判 定 (新基準)*						
ふ系IL15号	1.5	極強	1.7	極強	89.2	強	7.7	19.1	70	-0.04
ほっかりん	7.0	やや強	5.5	やや強	88.5	強	7.7	19.4	68	基準

注1. いもち病抵抗性検定及び耐冷性検定の判定における「新基準」とは、2015年に改訂された品種登録新基準である。
 注2. 食味試験総合評価は、「ほっかりん」を基準品種として実施した食味官能試験の調査結果で、3回実施した平均値である。

3) 栃木県

「なすひかり」に縞葉枯病抵抗性遺伝子 *Stvb-i* を導入した準同質遺伝子系統「栃木 IL31 号」を育成した(写真 3)。平成 29 年度は、奨励品種決定調査(標肥、多肥、普通植)での比較を行ったところ、穂長、穂長がやや長いものの、出穂期、成熟期ともほぼ同じで生育期間中の差は無く、収量も同等であった(表 4)。諸特性についても、平成 29 年度は夏季の天候不順の影響があったと思われるが、「なすひかり」とほぼ同等であることを確認できた。縞葉枯病抵抗性について、現地試験で確認を行ったところ、「なすひかり」が 38.6%の発病株率に対し、「栃木 IL31 号」での発病は認められなかった。また、玄米重は「なすひかり」に対し 108%であった(表 5)。



写真 3. 平成 29 年 8 月 21 日撮影 奨励品種決定調査

表 4. 奨励品種決定調査における生育・収量調査結果（平成 29 年度）

品種系統名	移植日 (月・日)	出穂期 (月・日)	成熟期 (月・日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m ²)	玄米重 (kg/a)	千粒重 (g)	
標準栽培	栃木IL31号	5.10	7.26	9.09	91.8	20.1	440	57.8	23.5
	なすひかり	5.10	7.25	9.07	88.5	19.3	444	55.3	23.2
多肥栽培	栃木IL31号	5.10	7.25	9.09	97.3	20.5	488	57.1	23.1
	なすひかり	5.10	7.25	9.08	95.7	20.1	504	56.9	22.4
普通植栽培	栃木IL31号	6.14	8.18	10.05	101.2	21.2	340	56.2	23.7
	なすひかり	6.14	8.18	10.06	100.6	20.5	360	56.1	23.9

注) 4本/株手植、基肥N=0.4kg/a、多肥は基肥N=0.6kg/a、追肥は出穂20日前に1回N=0.3kg/a(NK-202)。

表 5. 現地試験成績（平成 29 年度、真岡市）

品種系統名	縞葉枯病 発病株率(%) (出穂期)	縞葉枯病 発病株率(%) (成熟期)	全重 (kg/a)	精籾重 (kg/a)	玄米重 (kg/a)	同 比率 (%)
栃木IL31号	0	0	139.1	74.1	58.8	108
なすひかり	17.0	38.6	137.0	69.6	54.2	100

4) 茨城県

「ふくまる」に縞葉枯病抵抗性遺伝子 *Stvb-i* を導入した準同質遺伝子系統「ひたち IL3 号」を育成した（写真 4）。「ひたち IL3 号」は「ふくまる」と比べて、出穂期、成熟期、倒伏やいもち被害程度、稈長、穂長、玄米品質は差がなかった。玄米重の標準比率は 100 % であり、玄米千粒重は 0.3g 重かった（表 6）。また、食味官能評価は「ふくまる」と同等であった。縞葉枯病が発生する現地圃場における縞葉枯病発病程度は、「ふくまる」が発病株率で 97.5 %、発病茎率で 43 % の被害が認められたのに対して、「ひたち IL3 号」の発病は株率で 4.2 %、茎率で 0.1 % にとどまり、罹病株の発病も軽微であった（図 1）。縞葉枯病の影響により玄米重の標準比率は 285 % となり、「ひたち IL3 号」の縞葉枯病抵抗性が確認された。



写真 4. 「ひたち IL3 号」の草姿（左：ふくまる、右：ひたち IL3 号）

表 6. 「ひたち IL3 号」の生産力検定試験結果 (平成 29 年度)

品種系統名	出穂期 (月/日)	成熟期 (月/日)	被害			稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/㎡)	玄米 重 (kg/a)	対標準 比率 (%)	玄米 千粒重 (g)	玄米 品質
			倒伏	葉 いもち	穂 いもち							
ひたちIL3号	7/19	9/1	0.5	0.3	0.4	83	19.0	390	61.5	100	23.9	4.8
ふくまる	7/19	8/31	0.3	0.4	0.7	83	18.5	425	61.7	100	23.6	4.7

被害は0:無～5:甚の6段階評価 玄米品質は1:上上～9:下下の9段階評価

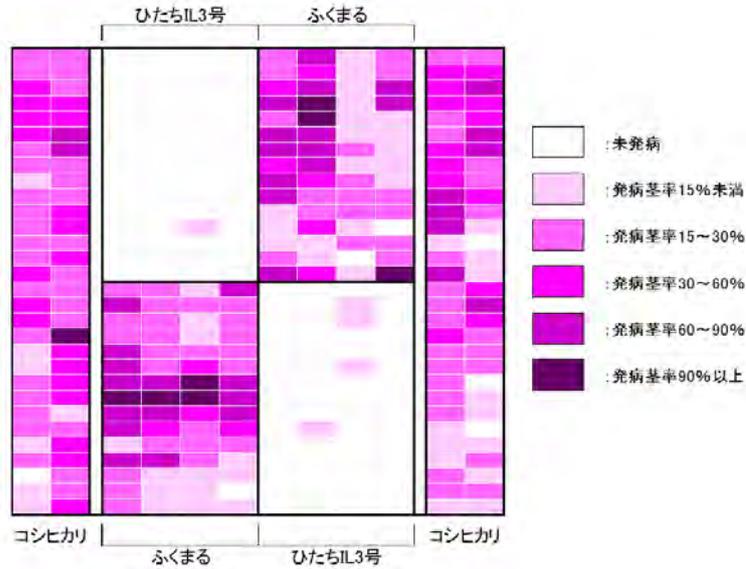


図 1. イネ縞葉枯病発生圃場における株ごとの発病程度 (平成 29 年度)

5) 三重県

pi21 を導入した「三重 23 号」の同質遺伝子系統の中から、昨年度の各種試験結果から絞り込んだ 1 系統に地方系統番号「三重 33 号」を付与し、奨励品種決定試験本調査に供試して、特性調査を行った (写真 5)。また松阪市と伊賀市の県内 2 か所で、現地適応性試験を実施した。供試した系統は、松阪市の試験で千粒重がやや小さくなるものの、収量はほぼ同程度で、出穂期や稈長、穂長などその他の生育特性も、連続戻し交配親である「三重 23 号」とほぼ同等であることを確認した (表 7、表 8)。またコシヒカリを基準とした食味官能評価でも「三重 23 号」と食味評価に差はみられなかった (表 7)。



写真 5. 「三重 33 号」の草姿 (左上：分けつ期、右上：成熟期、下：伊賀市圃場)

表 7. 「三重 33 号」の奨励品種決定調査試験結果 (平成 29 年度)

試験地	品種系統名	移植日 (月.日)	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m ²)	精 玄米重 (kg/a)	収量 比較 (%)	玄米 千粒重 (g)	整粒 歩合 (%)	葉 いもち (0-5)	蛋白 含有率 (%)	食味 (基準: コシヒカリ)
松阪市	三重33号	4.24	7.12	8.11	80	20.4	452	59.4	104	23.6	75.5	0	6.7	-
	(比)三重23号		7.11	8.09	77	19.7	448	57.3	100	24.3	81.1	0	6.6	-
伊賀市	三重33号	5.10	7.22	8.27	78	19.8	425	56.6	98	24.0	92.4	0	6.9	-0.10
	(比)三重23号		7.22	8.26	76	19.1	459	57.6	100	24.0	92.5	0	7.0	-0.30

表 8. 「三重 33 号」のの現地試験調査結果 (平成 29 年度)

試験地	品種系統名	移植日	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m ²)	精 玄米重 (kg/a)	収量 比較 (%)	玄米 千粒重 (g)	整粒 歩合 (%)	蛋白 含有率 (%)
松阪市	三重33号	4.28	7.14	8.16	78	19.0	563	65.4	99	23.7	78.5	6.7
	(比)三重23号		7.14	8.16	79	19.9	584	66.3	100	24.0	83.2	7.1
伊賀市	三重33号	5.14	7.26	8.29	82	20.3	405	55.5	93	24.5	89.7	6.7
	(比)三重23号		7.25	8.29	82	20.1	455	59.7	100	25.1	90.6	6.9

【考察】

ゲノムワイドジェノタイピングを用いた戻し交雑を 2 ないし 3 回行うことで遺伝背景がほぼ戻し交雑親と同一の準同質遺伝子系統の育成が可能であったことから、本研究で用いた育種支援システムは、基幹品種に有用な病害抵抗性遺伝子を迅速に導入するために有用であると考えられた。

3) 成果活用における留意点

- 1) 各公設試の基幹品種を遺伝背景にした準同質遺伝子系統 (品種候補) が育成され、必要に応じた領域の削込みと、育成した系統の特性把握が行われたことから、地方系統番号や奨励品種決定試験供試等を経て、将来の品種および育種母材としての活用が期待できる。
- 2) 栽培環境によっては、戻し交雑親と異なった表現型を示す可能性を完全に排除できないことから、複数環境および複数年にわたる評価を行うことが望ましい。

4) 今後の課題

- 1) *Pi35* および *pi21* の導入過程において、千粒重がやや小さくなるほか食味を低下させるなどの影響がみられた。基幹品種の遺伝背景との相互作用、導入領域もしくは導入過程で残存する島状の領域などの影響など種々の可能性が考えられるが、栽培環境条件によっても変動していることから、今後それらの可能性を検討する必要がある。
- 2) 冬期の世代促進により迅速な固定作業を行っているが、圃場における形質評価を伴わない過程においては今以上の世代促進が可能であることから、さらなる世代促進技術の利用が求められる。
- 3) 複数の遺伝子領域を迅速に導入する方法の効率化については今後検討が必要である。

「イネのDNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネのDNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS1002

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: ゲノム選抜育種による病害抵抗性品種開発の加速 2

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・基盤研究領域・育種素材開発ユニット・宇賀優作

1) 研究目的

「ちくし 89 号」は福岡県農林業総合試験場が育成した中生・多収で高温耐性に優れる有望系統である。福岡県農林業総合試験場では、効率的な連続戻し交雑と DNA マーカー選抜によって、「ちくし 89 号」を遺伝的背景とし、いもち病抵抗性と縞葉枯病抵抗性ならびに低カドミ吸収性を有する水稻品種の育成をめざす。

「秋田 106 号」は秋田県で育成された系統で食味も優れるが、カドミウム高濃度圃場での栽培では汚染米が生産される可能性があり、いもち病抵抗性にも課題が残っている。そこで、秋田県農業試験場では、効率的な連続戻し交雑と DNA マーカー選抜によって、「秋田 106 号」を遺伝的背景とし、いもち病抵抗性ならびに低カドミ吸収性を有する水稻品種の育成をめざす。

2) 研究成果

課題 1. 福岡県育成系統「ちくし 89 号」に、いもち病抵抗性遺伝子 *Pb1* および縞葉枯病抵抗性遺伝子 *Stvb-i*、カドミウム低吸収性遺伝子 *osnramp5-2* を導入した品種候補を育成する

「ちくし 89 号」を戻し交雑親とし、いもち病抵抗性遺伝子 *Pb1* および縞葉枯病抵抗性遺伝子 *Stvb-i* の供与親に「つやおとめ」、カドミウム低吸収性遺伝子 *osnramp5-2* の供与親に農環研育成の「lcd-kmt2」(後の「コシヒカリ環 1 号」)を用いた(図 1)。各交配毎に MAS および SNP マーカーによる背景調査を実施することで、BC3F1 でそれぞれ遺伝子の置換率 (SNP 数・平均値) が 80.4%、88.8% の系統を得た。さらに、3 遺伝子を集積する BC3F1 同士の交配時にも SNP 情報を活用することで、最終的に 98.3 % が「ちくし 89 号」型となった系統 (F4 時点) を得た (図 2)。4 年目より生産力検定試験を実施し、得られた系統の栽培特性が「ちくし 89 号」と同等に中生・多収で高温耐性を有することを確認。また、特性検定により、穂いもち抵抗性、縞葉枯病抵抗性、カドミウム低吸収性を確認した (表 1、図 3)。

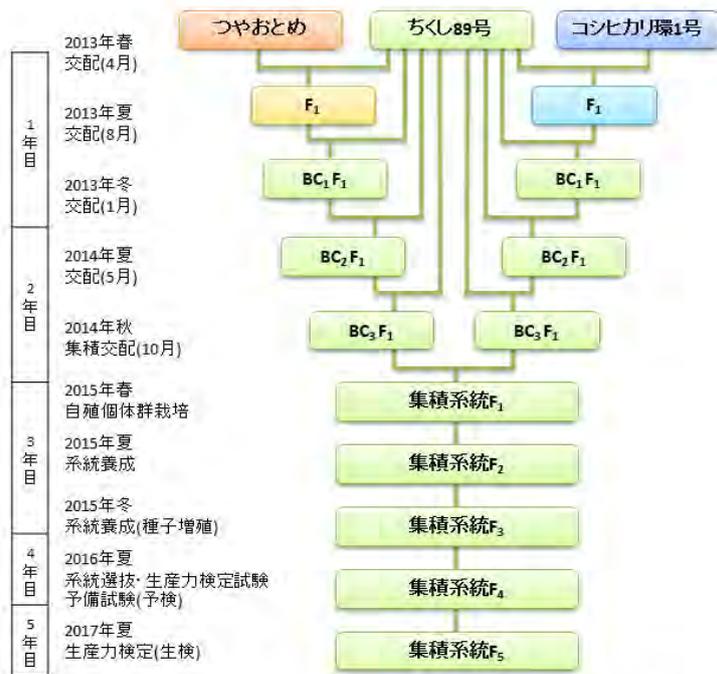


図1. *Pb1*, *Stvb-i*, *osnramp5-2*導入「ちくし89号NIL(仮称)」育成経過

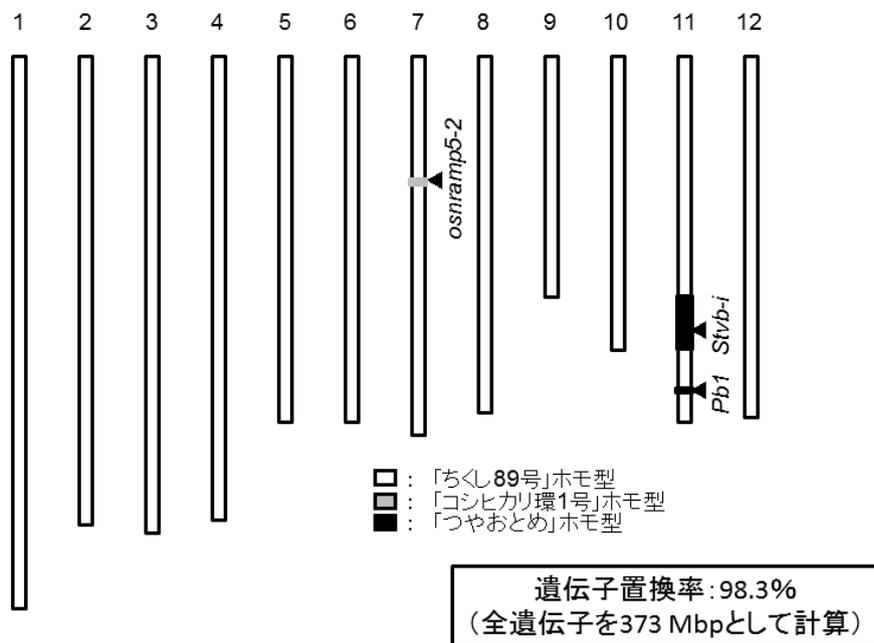


図2. 「ちくし89号」背景の集積系統(F₄)のグラフィカルジェノタイプ

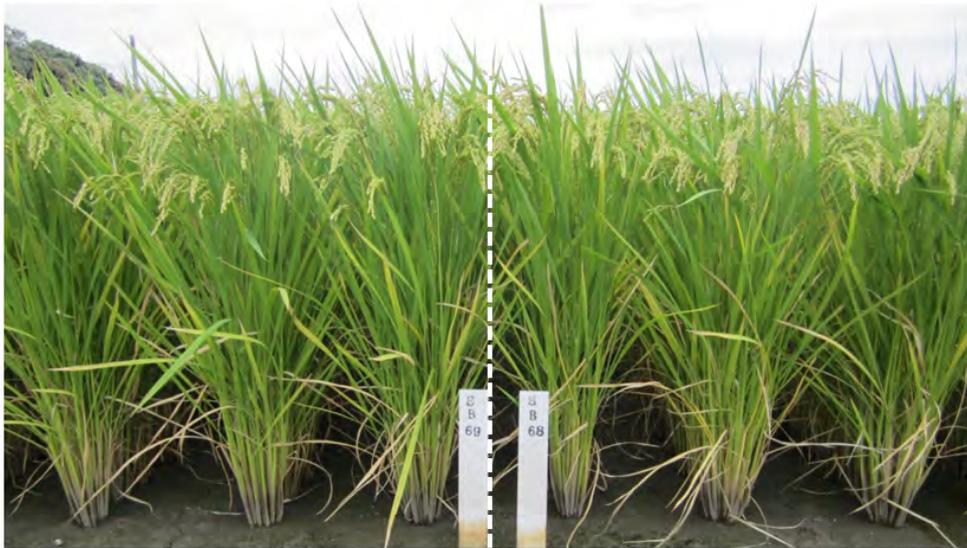


図3. *Pb1, Stvb-i, osnramp5-2* 保有ちくし89号(左)とちくし89号(右)の草姿(糊熟期)比較

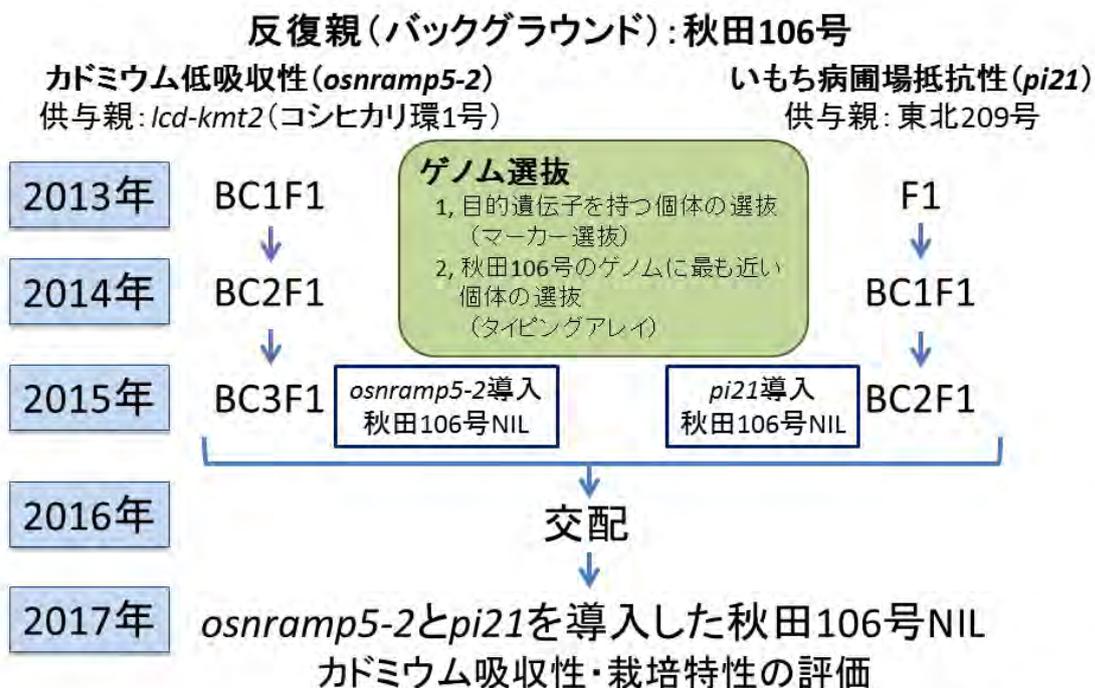
表1. 「ちくし89号NIL(仮称)」の生産力検定試験および特性検定試験結果

品種 系統名	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂数 (本/m ²)	高温 耐性	精玄 米重 (kg/a)	同 対 照 比	千粒 重 (g)	穂いもち 抵抗性	縞葉枯病 抵抗性	玄米中 Cd濃度 (mg/kg)
(2016年度、筑紫野市)											
ちくし89号NIL	8.26	10.05	74	324	-	41.5	77	24.1	-	R	0.02
ちくし89号(対照)	8.24	10.01	74	298	やや弱	54.1 (100)	25.4	-	-	S	1.33
ヒノヒカリ(参考)	8.23	9.30	75	291	弱	44.7	83	23.2	-	-	2.74
(2017年度、筑紫野市)											
ちくし89号NIL	8.25	9.30	77	292	やや強	58.3	100	24.8	強	-	0.02
ちくし89号(対照)	8.25	9.30	78	303	強	58.5 (100)	25.3	やや強	-	-	2.00
ヒノヒカリ(参考)	8.23	9.28	82	332	やや弱	58.6	100	24.0	-	-	2.66
(2017年度、大木町)											
ちくし89号NIL	8.28	10.09	79	361	-	67.6	119	23.3	-	-	-
ヒノヒカリ(対照)	8.25	10.07	86	395	-	56.7 (100)	22.2	-	-	-	-

※高温耐性は高温耐性評価施設(筑紫野市)における評価
 縞葉枯病抵抗性は保毒虫接種による幼苗検定 (R: 抵抗性、S: 罹病性)
 玄米中Cd濃度は汚染土壌を充填したpotを用いた栽培試験における分析値

課題2. 秋田県育成系統「秋田106号」に、いもち病抵抗性遺伝子 *pi21* およびカドミウム低吸収性遺伝子 *osnramp5-2* を導入した品種候補を育成する

いもち病抵抗性NILの育成は、*pi21* を持つ「東北209号」と交配した後、「秋田106号」を2回戻し交配して、遺伝的背景が「秋田106号」に近い個体を選抜した(図4)。遺伝的背景が最も「秋田106号」に近い個体はヘテロ率が11%(多型数/全SNP数=9/79)で組み替え箇所は2箇所残っていると考えられた。カドミウム低吸収性NILの育成は、*osnramp5-2* を持つ「コシヒカリ環1号」と交配した後、「秋田106号」を3回戻し交配して、遺伝的背景がほぼ「秋田106号」となった個体(多型数/全SNP数=0/89)を得た(図4)。いもち病抵抗性NILを母親、カドミウム低吸収性NILを父親として交配を行い、98粒のF1種子を得た。さらにマーカー選抜及びゲノム選抜を行い、*pi21* と *osnramp5-2* をホモで持つ「秋田106号NIL」最終個体(F2)を14個体得た。「秋田106号NIL」はいずれも導入遺伝子の周辺以外は遺伝的背景が全て「秋田106号」に置き換わっていた(図5)。「秋田106号NIL」の栽培特性を調べたところ、稈長は「秋田106号」よりやや短かったが、出穂期や穂長、穂数はほぼ同等だった。また、カドミウム低吸収性NILを秋田県内現地圃場で栽培してカドミウム吸収性を調べたところ、茎葉、玄米ともに「秋田106号」よりも低い結果が得られた。



マーカー選抜、ゲノム選抜; 次世代作物開発研、カドミウム吸収性評価; 農環研

図4 プロジェクト全体の研究計画

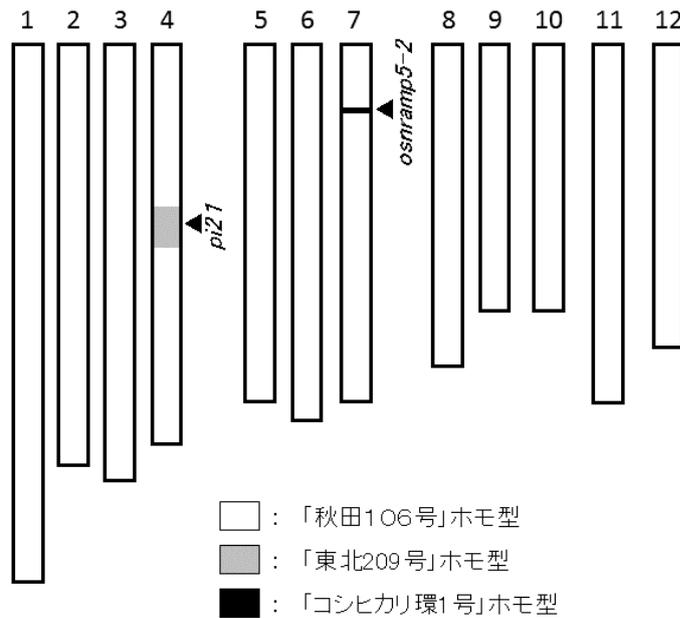


図5 最終個体のグラフィカルジェノタイプ

3) 成果活用における留意点

課題 1 .

現在、地方系統番号の付与および、次年度の奨励品種決定調査への供試に向け関係機関と協議中である（2018年1月時点）。

課題 2 .

最終系統については世代を進めて系統展開し、生育調査や収量調査結果がまとまった時点で品種登録を目指す。中間母本として育成した「カドミウム低吸収性 NIL」は交配母本としても利用できる。

4) 今後の課題

課題 1 .

品種化に向け、引き続き系統適応性試験等に供試し、栽培適性や特性検定の評価を見極める必要がある。

課題 2 .

pi21 と *osnramp5-2* をホモで持つ「秋田106号 NIL」の育成は F3 種子を得て個体選抜まで進んだ。今後も引き続き生育調査や収量調査等を行い、品種登録に向けてデータを蓄積する必要がある。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25～29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS1003

研究期間: 平成 25～29 年度

小課題名: ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速 1

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・稲研究領域・稲形質評価ユニット・堀清純

1) 研究目的

イネの開花時期(出穂期)は品種の地域適応性を決定する重要な農業形質である。近年のイネゲノム研究の成果により、イネの主要な出穂期(開花時期)を制御する遺伝子がいくつも単離され、育種に利用可能な有用アリル(変異)が複数同定されている。そこで、イネゲノム研究成果の育種現場への普及促進をはかるために、これまでの知見を利用して出穂期を改変した品種開発が加速する実例を積極的に作り出すことを目指す。本研究では、山形県、長野県および愛知県が育成した主要水稻品種や有望系統について、栽培地域の拡大や作期分散を可能にするため、連続戻し交配と世代促進を実施して特定のイネ出穂期遺伝子だけを導入して出穂期を改変した準同質遺伝子系統を作出する。選抜過程で SNP ジェノタイピングアレイ等の技術を用いて遺伝的背景を明らかにし、品種候補系統の育成を最速で行う。このことを通じて参画機関の山形県、長野県および愛知県にゲノム選抜育種技術の浸透を図り、イネの DNA マーカー選抜育種における有効な支援システムを構築する。

2) 研究成果

(1) 出穂期遺伝子アリル構成および全ゲノム SNP 遺伝子型の調査

山形県、長野県および愛知県の複数の育成系統や奨励品種について出穂期遺伝子のアリル構成を調査して、導入する出穂期遺伝子および連続戻し交配に用いる系統・品種(遺伝子供与親と戻し交配反復親)を選定した。その後、山形県、長野県および愛知県で作出した戻し交配後代集団について、出穂期遺伝子のアリル構成と全ゲノム SNP ジェノタイピングアレイによる遺伝背景を調査した。取得した遺伝子型調査の結果を各県に返送して、戻し交配や自殖を行う個体を選抜した。

(2) 「つや姫」の早生型の準同質遺伝子系統の作出

山形県育成の「つや姫」と「森多早生(Hd17 供与親)」の F1 個体に「つや姫」を連続戻し交配した後代集団の中から、出穂期遺伝子 Hd17 がヘテロ接合体型でそれ以外のゲノム領域が「つや姫」に大きく置換した個体を選抜した。選抜個体の自殖後代集団の出穂期を調査したところ、「森多早生」型の Hd17 を持つ個体が平均して 3～5 日程度早くなっており、目的の出穂時期の早生系統が作出可能であると考えられた。さらに連続戻し交配後の選抜個体の自殖種子を採取して、出穂期遺伝子 Hd17 が「森多早生」型でそれ以外のゲノム領域が「つや姫」に置換した個体を選抜した。作出した BC4F5 世代および BC5F5 世代の準同質遺伝子系統の 5 系統について、Hd17 極近傍の SNP マーカーを用いた遺伝子型調査を行い、選抜系統が約 139 kbp の導入断片を持つことを明らかにした(図 1)。

平成 28～29 年に生産力検定試験に供試し、生育、収量、玄米品質、食味特性等について調査を行った。準同質遺伝子系統は、出穂期が「つや姫」と比較していずれも 4～5 日早まり、稈長は 3～6cm 短くなった。収量性については、いずれの系統でも精玄米重は「つや姫」並であったが、全重が少なくなった(表 1)。玄米品質については、いずれの系統も「つや姫」並～やや劣った(表 2)。食味官能試験では、系統間で差が見られた。そのうち 2 系統(庄 5537、庄 5538)の食味評価が特に良好であった。

5 系統のうち、庄 5537 に地方系統番号を付し、「山形 144 号」として選抜した。

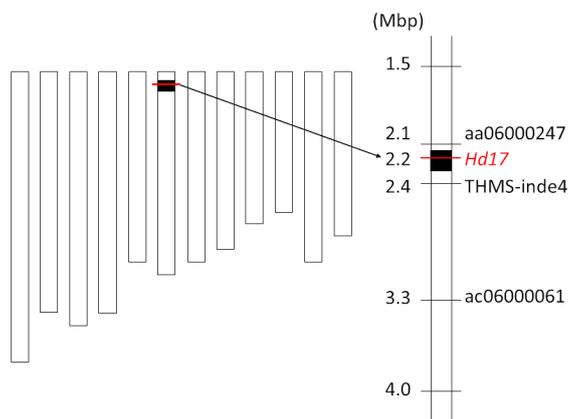


図1.「森多早生」型のHd17を導入した「つや姫」の準同質遺伝子系統のグラフィカルジェノタイプ(白がつや姫型、黒が森多早生型のゲノム領域).

表1 生育特性および収量の試験成績 (育成地 平成28～29年)

品種 系統名	世代	出穂期	成熟期	成熟期		全重 (kg/a)	わら重 (kg/a)	精 米重 (kg/a)	比較 比率	玄米 千粒重 (g)	
		(月, 日)	(月, 日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)						穂数 (本/m ²)
庄5537	BC4F5	8.05	9.15	70	17.1	496	155	73.2	61.1	100	21.7
庄5538	BC4F5	8.05	9.15	68	16.8	528	157	73.3	62.4	102	21.9
庄5541	BC4F5	8.05	9.15	70	16.6	542	162	78.3	62.5	102	21.6
庄5545	BC5F5	8.06	9.17	68	17.4	555	152	70.6	61.3	101	21.6
庄5547	BC5F5	8.05	9.16	67	17.5	531	153	72.2	61.1	100	21.9
つや姫		8.10	9.22	73	16.7	556	170	86.1	61.0	100	21.7

表2 玄米品質および食味特性の試験成績 (育成地 平成28～29年)

品種 系統名	玄米品質					食味官能試験							
	品質 (1～9)	背腹白 (0～5)	乳心白 (0～5)	粗タンパク (%)	アミロース (%)	総合	光沢	外観	白さ	香り	味	粘り	硬さ
庄5537	3.5	1.3	1.5	6.5	21.6	0.47	0.38	0.53	0.94	0.13	0.41	0.09	0.06
庄5538	4.3	0.8	2.5	6.6	21.7	0.47	0.16	0.38	0.88	0.03	0.34	0.34	0.19
庄5541	3.8	1.0	1.8	6.7	21.3	0.25	0.38	0.44	0.69	0.03	0.09	0.09	0.22
庄5545	3.8	1.0	1.0	6.4	21.5	0.25	0.16	0.25	0.59	0.00	0.19	0.03	0.00
庄5547	4.3	0.8	1.8	6.4	21.9	0.38	0.11	0.18	0.83	0.14	0.26	0.14	-0.23
つや姫	3.0	0.5	1.0	6.3	21.3	0.34	0.38	0.47	0.78	-0.03	0.19	0.22	-0.34

注1) 玄米品質 1良-9不良 背腹白・乳心白 0.1-5 無,微-甚

注2) 食味官能試験 基準米:水田農業試験場産「はえぬき」 パネラー16～24名

(3) 「信交 538 号」の早生型の準同質遺伝子系統の作出

長野県育成の「信交 538 号」と「信交 534 号 (Ghd7 供与親)」の後代個体に「コシヒカリ BL3-2 (Hd16 供与親)」を交配した 3 系 F1 個体に「信交 538 号」を連続戻し交配した後代集団の中から、出穂期遺伝子 Ghd7 または Hd16 がヘテロ接合体型でそれ以外のゲノム領域が「信交 538 号」に大きく置換した個体を選抜した。選抜個体の自殖後代集団の出穂期を調査したところ、「信交 534 号」型の Ghd7 を持つ個体が平均 6 日、「コシヒカリ BL3-2」型の Hd16 を持つ個体が平均 10 日の早生になっ

ており、これらの出穂期遺伝子の導入により目的の出穂時期の早生系統が作出可能であると考えられた。さらに連続戻し交配後の選抜個体の自殖種子を採取して、出穂期遺伝子 Ghd7 が「信交 534 号」型または Hd16 が「コシヒカリ BL3-2」型でそれ以外のゲノム領域が「信交 538 号」に置換した個体を選抜した。作出した BC4F3 世代の準同質遺伝子系統の 6 系統について、Ghd7 および Hd16 極近傍の SNP マーカーを用いた遺伝子型調査を行い、選抜系統が約 1.5 Mbp または約 1.7 Mbp の導入断片を持つことを明らかにした（図 2）。作出した準同質遺伝子系統について、県内 2 か所の試験圃場（須坂市標高 340m、原村標高 1020m）において出穂日および他の農業形質を調査した。「信交 534 号」型の Ghd7 を持つ系統は「信交 538 号」と比較して、須坂市の試験栽培圃場では約 10 日の早生となり約 9cm 稈長が短く穂数は多く、玄米重は少なかった（表 3）。原村試験地圃場では約 10 日の早生および約 15cm の短稈となり、収量性はやや少ないが千粒重が大きかった。「コシヒカリ BL3-2」型の Hd16 を持つ系統は、「信交 538 号」と比較して、須坂市の試験栽培圃場では 1 日の早生で稈長は同程度、玄米重、千粒重とも同程度であった。原村試験地圃場では出穂期および稈長は同程度、収量性と千粒重は同程度であった。

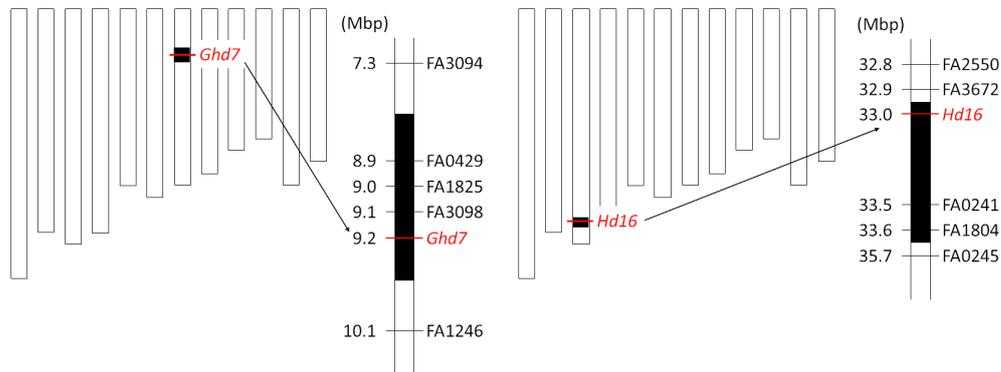


図2.「信交534号」型のGhd7または「コシヒカリBL3-2」型のHd16を導入した「信交538号」の選抜系統のグラフィカルジェノタイプ（白が信交538号型、黒色が信交534号またはコシヒカリBL3-2型のゲノム領域）。

表3. 長野県における出穂期および農業形質の調査結果

場所	品種系統	出穂期	成熟期	稈長	穂長	穂数	玄米重	千粒重
須坂	G3	7/14	8/20	70.0	17.1	28.0	59.5	22.4
	G4	7/15	8/20	71.0	16.9	28.2	59.2	22.9
	G24	7/14	8/20	71.0	17.1	27.5	58.7	20.8
	H11	7/23	8/27	81.0	17.5	23.8	65.4	23.9
	H26	7/23	8/28	81.0	17.5	22.9	64.3	24.2
	H29	7/23	8/27	80.0	17.5	21.1	62.6	23.9
	信交538号	7/24	8/29	79.0	17.2	24.4	64.2	23.9
	信交534号	7/25	8/29	80.0	17.0	23.3	61.3	22.9
原村	コシBL3-2	7/25	8/29	85.0	17.8	26.7	62.9	21.8
	G3	7/29	9/10	63.0	16.1	24.0	65.3	25.0
	G4	7/29	9/10	62.0	16.1	20.9	62.4	25.8
	G24	7/29	9/10	67.0	16.9	25.5	65.9	24.5
	H11	8/9	10/5	82.0	18.5	25.1	79.3	24.2
	H26	8/8	10/3	76.0	18.7	22.9	78.3	25.0
	H29	8/8	10/2	77.0	17.8	22.5	71.1	24.3
	信交538号	8/9	10/3	80.0	18.1	26.0	78.8	24.0
信交534号	8/9	10/5	73.0	17.8	20.9	75.8	22.6	
コシBL3-2	8/8	9/25	76.0	18.3	23.6	65.1	21.1	

移植 須坂(340m) 5/10 3本植え
原村(1020m) 5/25 3本植え

(4) 「あいちのかおりSBL」の早生型の準同質遺伝子系統の作出

愛知県育成の「あいちのかおりSBL」と「あ系883(Hd1、Hd17、Hd18 供与親)」、「コシヒカリ(Hd1、Hd16、Hd18 供与親)」、「あ系873(Hd1、Hd17 供与親)」を連続戻し交配した後代集団の中から、出穂期遺伝子がヘテロ接合体でそれ以外のゲノム領域が「あいちのかおりSBL」に大きく置換した個体を選抜した。選抜個体の自殖後代集団の出穂期を調査したところ、全ての出穂期遺伝子組み合わせの中で供与親型のHd1およびHd17を持つ個体が平均10日の早生になっており、これら2つの出穂期遺伝子の導入により目的の出穂時期の早生系統が作出可能であると考えられた。さらに連続戻し交配後の選抜個体の自殖種子を採取して、出穂期遺伝子Hd1およびHd17が「あ系873」型でそれ以外のゲノム領域が「あいちのかおりSBL」に置換した個体を選抜した。作出したBC3F4世代の準同質遺伝子系統の2系統について、Hd1およびHd17極近傍のSNPマーカーを用いた遺伝子型調査を行い、選抜系統が約1.2 Mbpまたは約1.1 Mbpの導入断片を持つことを明らかにした(図3)。圃場栽培により農業形質を確認した結果、作出した準同質遺伝子系統の出穂期は「あいちのかおりSBL」と比較して約8日~10日早生化しており、目標の早生熟期であった(表4)。準同質遺伝子系統の穂数は「あいちのかおりSBL」と比較しやや少なく、精玄米重はやや減少しており、玄米の粒大は「あいちのかおりSBL」とほぼ同等であった。

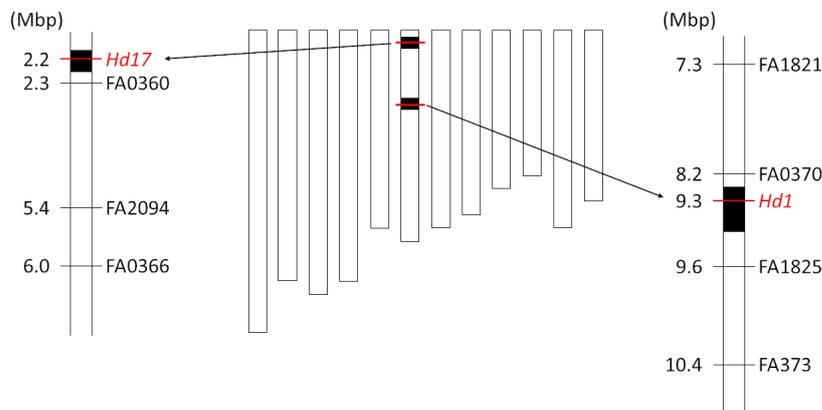


図3. 「あ系873」型のHd1およびHd17を導入した「あいちのかおりSBL」の選抜系統のグラフィカルジェノタイプ(白があいちのかおりSBL型、黒があ系873型のゲノム領域).

表4. 愛知県における栽培試験の結果

品種・系統名	熟期区分	出穂期	成熟期	稈長 cm	穂長 cm	穂数 本/m ²	精玄米重 kg/a	あいちのか おりSBL比 %	千粒重 g	整粒歩合 %
		月.日	月.日							
育2335(G-15-008)	早生	8.08	9.18	78	20.1	347	57.8	95.8	24.5	75.2
育2337(G-16-007)	早生	8.10	9.18	77	20.0	380	54.1	89.6	24.0	71.6
(対)ゆめまつり	早生	8.14	9.21	74	21.0	422	53.3	—	23.1	77.9
(参)あさひの夢	早生	8.10	9.17	72	20.0	411	63.8	—	23.0	70.9
(対)あいちのかおりSBL	中生	8.18	10.01	80	20.5	458	60.3	—	24.7	75.1

3) 成果活用における留意点

山形県、長野県および愛知県において、出穂期遺伝子だけを導入した準同質遺伝子系統を短期間で

作出し、各系統の出穂期改変効果および栽培特性を評価した。最終年度までに品種候補系統としての適性を評価できたことから、ゲノム選抜育種技術の浸透を図りイネのDNA マーカー選抜育種における有効な支援システムを構築するという課題目標を達成できたと考えている。しかしながら、異なる遺伝背景における出穂期遺伝子の効果の違いや他の農業形質への多面発現的な影響が明らかとなった事例があり、そのような場合は作出系統を交配母本として利用する等さらなる育種選抜が必要である。

4) 今後の課題

これまでの基礎的な研究成果により出穂期を制御する遺伝子が多数単離されているが、上記のように異なる遺伝背景における出穂期遺伝子の効果の違いや他の農業形質への多面発現的な影響はまだ完全に解明されていない。遺伝子情報にもとづく出穂期のデザイン育種をさらに推進するためには、本研究課題も含めた育種選抜の事例を蓄積して成果情報を積極的に公表していくことが重要である。

「イネのDNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25～29 年度

中課題名: イネのDNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS1004

研究期間: 平成 25～29 年度

小課題名: ゲノム選抜育種による出穂期改良品種開発の加速 2

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・稲研究領域・稲形質評価ユニット・溝淵律子

1) 研究目的

イネの開花時期(出穂期)は品種の地域適応性を決定する重要な農業形質である。近年のイネゲノム研究の成果により、イネの主要な出穂期(開花時期)を制御する遺伝子がいくつも単離され、育種に利用可能な有用アリル(変異)が複数同定されている。そこで、イネゲノム研究成果の育種現場への普及促進をはかるために、これまでの知見を利用して出穂期を改変した品種開発が加速する実例を積極的に作り出すことを目指す。本研究では、宮城県、富山県及び滋賀県が育成した主要水稻品種や有望系統の栽培地域を拡大するため、連続戻し交配と世代促進を実施して特定のイネ出穂期遺伝子だけを導入した準同質遺伝子系統を作出する。選抜過程で SNP ジェノタイピングアレイ等の技術を用いて遺伝的背景を明らかにし、品種候補系統の育成を最速で行う。このことを通じて参画機関の宮城県、富山県及び滋賀県にゲノム選抜育種技術の浸透を図り、イネのDNA マーカー選抜育種における有効な支援システムを構築する。

2) 研究成果

【宮城県古川農業試験場】

Hd1, Hd16, Hd18 の全てがコシヒカリ型で遺伝背景が東北 206 号型に置換した 2 系統を選抜した。Hd1, Hd16, Hd18 の全てをコシヒカリ型で導入することで、目的熟期(「東北 206 号」より 7 から 10 日出穂が遅い)になることが明らかとなり、選抜した 2 系統(「東北 229 号」, 「東 1672」)の遺伝子型が出穂期遺伝子近傍以外は、ほぼ東北 206 号型に置換され、表現型も晩生化した以外は、ほぼ同等であった。「東北 229 号」, 「東 1672」の出穂期、生産力、高温登熟耐性等の各種特性の評価が 2 カ年で大きく変わらないことを確認した。

表 生育・収量および特性

系統名 または 品種名	年次	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	倒伏 ^{注1)} 程度	稈長 (cm)	穂数 (本/m ²)	玄米重 (kg/a)	同左		玄米 ^{注2)} 品質	耐冷性 ^{注3)}		高温登熟耐性 ^{注4)}		
								標準	玄米 千粒重 (g)		室内達 観 不穏歩 合 評価	機器判定	達観評価	白未熟粒 白未熟粒 評価	白未熟粒 白未熟粒 評価
東北229号	2017年	8.17	9.28	2.0	87	463	52.6	99	23.3	2.5	38	強	13	5.5	強
東北206号		8.07	9.23	2.0	83	538	53.3	100	23.3	2.0	35	強	8	6.0	強
コシヒカリ		8.15	10.06	2.5	97	404	46.3	87	22.6	2.3	35	強	16	12.0	中
東北229号	2016年	8.17	9.26	0.3	87	519	59.9	117	23.4	1.5	28	強	38	8.5	やや強
東北206号		8.08	9.16	2.5	81	505	60.8	119	22.1	2.3	23	強	27	7.0	やや強
コシヒカリ		8.15	9.25	2.5	94	452	51.3	100	21.8	2.3	23	強	57	11.3	中

注1) 倒伏程度は(無)～4(甚)。

注2) 玄米品質は良(1)～不良(9)の9段階評価

注3) 耐冷性は、恒温深水法による検定。設定処理水温19℃。

注4) 高温耐性は、ガラス室による検定。目標温度28℃とし、換気と暖房で調節。

達観評価の白未熟粒発生程度は、乳白粒、基白粒、腹白粒、白死米粒の発生程度を1(無)～9(甚)で評価した合計値。

【富山県農林水産総合技術センター】

「てんたかく」を2~3日極早生化したNIL候補系統については、完成系統を選抜し、目標を達成した。また、極早生化にともない、稈長が短くなり、蛋白含量が増加して食味が低下する問題点が生じたが、厚粒化遺伝子を集積することによって、これらの問題点を克服した改良系統を育成することに成功した。

【滋賀県農業技術振興センター】

出穂期遺伝子について *Hd1* のみを導入した7系統を生産力検定試験および高温登熟性検定に供し、形質の評価を行ったところ、いずれの系統も当初の目的熟期（「みずかがみ」より10日から2週間出穂が遅い）より遅かったが（「みずかがみ」より24 - 26日遅い）、生産力検定試験（奨励品種決定調査）で特性が優良と判断された「大育3301」（*Hd1* のみを導入）、「大育3304」（*Hd1* と同時に *Pb1*、*Stvb-i* を導入）にそれぞれ地方系統番号「滋賀80号」、「滋賀81号」を付した。

表1 *Hd1* 導入系統および比較品種の生産力検定結果

品種・系統	導入遺伝子	出穂期	成熟期	稈長 cm	穂長 cm	穂数 本/m ²	倒伏程度 0-5	わら重 kg/a	精玄米重 kg/a	肩米重歩合 %	千粒重 g
		月/日	月/日								
大育3301	<i>Hd1</i>	8/16	9/23	97.0	20.4	380	0.4	125.0	48.1	13.9	20.5
大育3304	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i> ・ <i>Stvb-i</i>	8/16	9/23	94.1	20.6	365	0.6	113.8	54.8	10.3	19.8
大育3310	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i> ・ <i>Stvb-i</i>	8/15	9/23	96.8	20.6	379	0.4	120.9	53.0	11.3	19.9
大育3312	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i> ・ <i>Stvb-i</i>	8/17	9/26	93.2	20.0	364	4.0	125.4	54.7	10.4	19.7
大育3496*	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i>	8/14	9/21	97.5	20.4	332	0.5	130.3	53.7	12.7	20.4
大育3497*	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i>	8/15	9/23	97.2	20.7	349	0.3	128.7	49.9	14.1	20.1
大育3498*	<i>Hd1</i> ・ <i>Pb1</i>	8/13	9/21	96.7	19.7	332	0.3	132.6	52.1	10.4	19.9
みずかがみ	-	7/22	8/24	84.7	19.7	430	2.0	72.5	54.9	7.6	20.6
ヒノヒカリ	-	8/17	9/26	88.4	19.3	444	0.0	126.8	48.1	12.3	21.1

2016、2017年度に行った生産力検定結果の平均値。ただし、*印の系統は、2017年度のみ結果。

表2 *Hd1* 導入系統および比較品種の高温登熟性検定結果

品種・系統	整粒歩合	白未熟粒率	判定
	%	%	
大育3301	71.7	5.7	やや強～強
大育3304	52.7	11.6	中～やや強
大育3310	56.7	14.1	中～やや強
大育3312	53.5	13.2	中～やや強
大育3496*	64.8	16.2	やや強
大育3497*	52.3	23.5	中
大育3498*	55.5	21.0	中
みずかがみ	68.3	8.6	やや強～強
ヒノヒカリ	42.0	30.9	やや弱

2016、2017年度に行った生産力検定結果の平均値。ただし、

*印の系統は、2017年度のみ結果。

検定は、出穂後20日間の日平均気温が28℃以上の条件で行った。

3) 成果活用における留意点

【宮城県古川農業試験場】

昨年度選抜した「東北229号」、「東1672」の2系統を生産力検定試験、各種特性検定試験に供試し、昨年度の評価を確認した。残された問題はない。

【富山県農林水産総合技術センター】

これまでに、「てんたかく」の遺伝的背景をもち、*Hd16* を含む141kbp および208kbp の領域のみが「コシヒカリ」型に置換された *Hd16* - NIL を2系統（と系1630、富山90号）育成し、今年度は生産力検定の2年目を行った。また、「てんたかく」の遺伝的背景をもち、粒厚を厚くする *qGTH3* を含む1.4Mbp の領域が「コシヒカリ」型に置換された *qGTH3* - NIL を2系統（と系1632、と系

1643) 育成し、生産力検定の2年目を行った。さらに、*Hd16* - NILと*qGTH3* - NILの交配後代から、両者を「コシヒカリ」型で有し、その他の領域がすべて「てんたかく」型に置換された集積系統(PYL)を8系統育成し、今年度は生産力検定を行った。その結果、2系統(と系1647、と系1648)で、出穂期が早く、特に収量および品質、食味が優れていたことから、有望と考えられた。今後は系統の固定化を進め、複数年の形質評価を行う必要がある。

【滋賀県農業技術振興センター】

出穂期遺伝子について*Hd1*のみを導入した7系統を生産力検定試験および高温登熟性検定に供し、形質の評価を行ったところ、当初の目的熟期より遅かったため、*Hd16*による早生化を期待して集積系統を作出して評価した。*Hd1*、*Hd16*を導入した15系統(*Pb1*、*Stvb-i*を同時に導入)は、過年度の結果から「みずかがみ」より1週間程度の晩生化が予想されたが平成29年度の結果はそれとは異なり、出穂期が年次間で大きく異なったため、選抜を行わなかった。

4) 今後の課題

【宮城県古川農業試験場】

目的の出穂期遺伝子を持ち、それ以外の遺伝背景と表現型が「東北206号」と同一性が高い「東北229号」が得られたことから、最終目標を達成した。「東北229号」を奨励品種決定調査に供試する。

【富山県農林水産総合技術センター】

目的領域以外にノイズのない*Hd16*と*qGTH3*のピラミディング系統を8系統選抜できており、最終目標を達成できている。このうちの4系統を有望系統として、次年度以降も奨励品種決定調査に供試することとしている。

【滋賀県農業技術振興センター】

滋賀県農業技術振興センターでは、H29年度生産力検定試験(奨励品種決定調査)で特性が優良と判断した*Hd1*のみを導入した「大育3301」、*Hd1*、*Pb1*、*Stvb-i*を導入した「大育3304」にそれぞれ地方系統番号「滋賀80号」、「滋賀81号」を付し、次年度以降、詳細な特性を把握するために、引き続き生産力検定試験に供する。

「イネのDNAマーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号：13405915

研究期間：平成25～29年度

中課題名：イネのDNAマーカー育種の利用推進(RBS)

小課題番号：RBS2001

研究期間：平成25～26年度

小課題名：種子形制御遺伝子の利用を起点としたイネの多収化戦略

小課題代表研究機関・研究室・研究者名：福井県立大学・生物資源学部・分子生物学研究領域・岩崎行玄

1) 研究目的

種子形は、イネの収量性を決定づける一要因であると共に、イネの農産物としての品質・規格に係わる重要な形質である。本研究課題では、実用性を見込める新奇種子形制御遺伝子の単離と機能解析を行い、種子のかたち作りの理解を深めるとともに、種子以外の有用遺伝子を集積し、多収化の可能性を探る

これらの目的を達成するために、以下の研究開発を実施する。

- (1) コシヒカリ背景大粒変異体の生産現場での利用可能性を評価し、有望な変異体の品種化を目指す。
- (2) コシヒカリ背景大粒変異体の下に二電子を単離するための雑種集団を作成し、遺伝子マッピングを行う事で、種子形成に係わる遺伝子の理解を深める。
- (3) QTL 解析により、極大粒系統の保有する種子を大きくする遺伝子を同定し、NIL 化を行い、育種利用の可能性を検討する。
- (4) コシヒカリ大粒変異体及び大粒遺伝子の NIL に、矮性 (sd1)、種子数 (Gn1a)、強稈 (SCM2)、枝梗数 (WFP) などを制御する遺伝子を集積し、その生産性を評価する。

2) 研究成果

1 コシヒカリ大粒変異体を用いた研究

コシヒカリ背景大粒変異体の栽培試験を行い、収穫した玄米を1.9mmのふるいで選別することで市場価値のある玄米の収量(精玄米重)を比較する事でその有用性を評価した。その結果、種子が大型化し、玄米が大型化することで単位面積当たり精玄米重がコシヒカリよりも増加する2系統を見出すことに成功した(図1)。これら2系統の内、1系統については次世代シーケンサーを用いた遺伝子マッピングにより、候補となる遺伝子変異を見出す事に成功した。

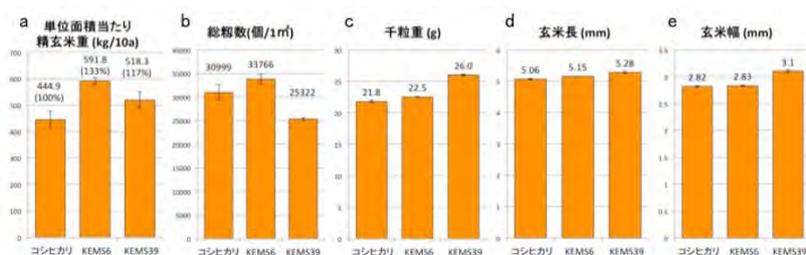


図1 コシヒカリ大粒変異体KEMS6とKEMS39の栽培試験結果

- 単位面積当たり精玄米重 (kg/10a)
- 単位面積当たり総粒数 (個/m²)
- 千粒重 (g)
- 玄米長 (mm)
- 玄米幅 (mm)

2 極大粒系統を用いたQTL解析

コシヒカリや日本晴といった標準的な品種と比べて著しく大きな種子を形成する極大粒系統・BG23とLG10と、これらの染色体上に設計したPCRマーカー(図2)を用いて種子形に関するQTL解析を行った。BG23とLG10を交配したF2集団を用いて種子形に関するQTL解析を行ったところ、新奇と考えられる種子長に関するQTLを4箇所、種子幅に関するQTLを2箇所検出する事が出来た(図3)。

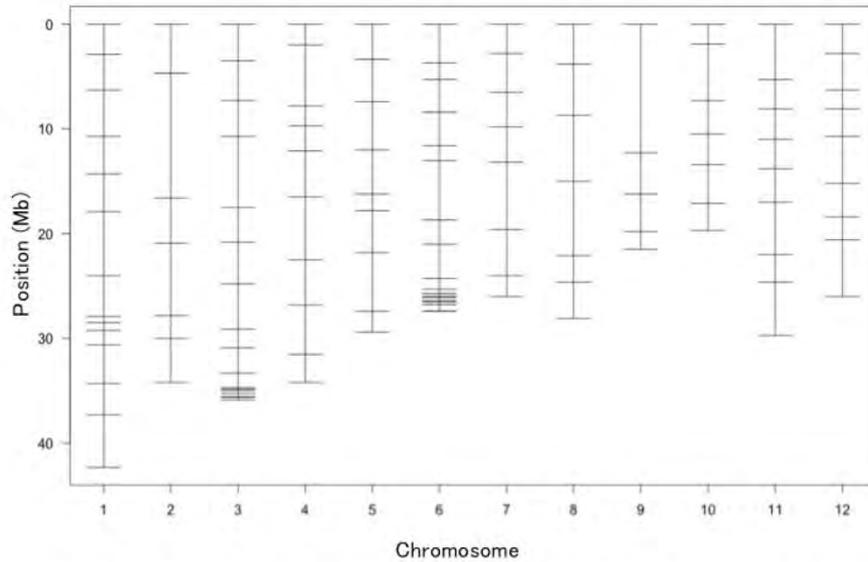


図2 極大粒系統BG23とLG10の交配後代を用いた種子形のQTL解析に用いたマーカー

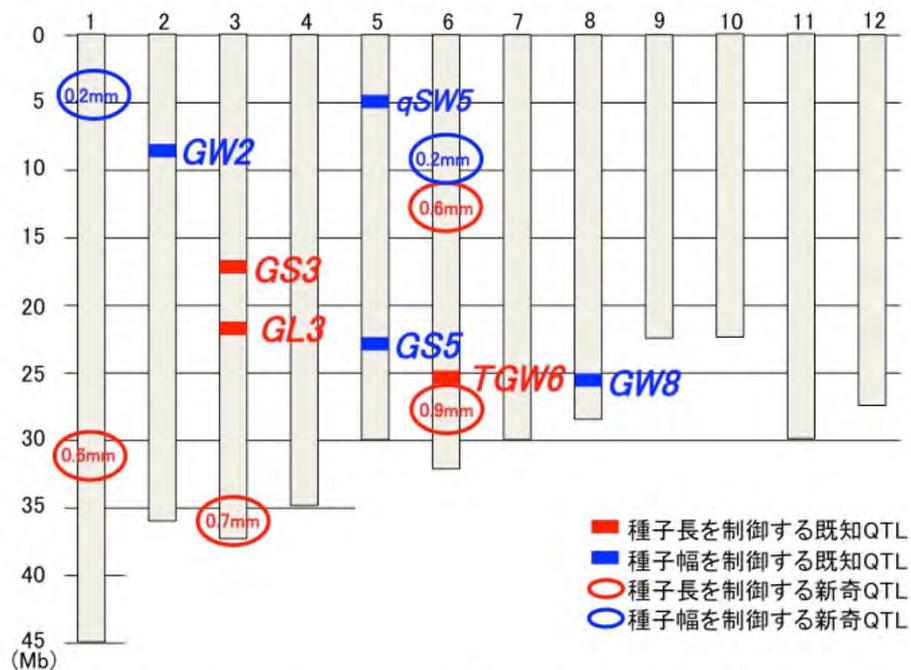


図3 極大粒系統BG23とLG10の交配後代を用いた種子形を制御するQTL解析結果

研究成果の公表実績

(研究論文)

1. Segami S., Yamamoto T., Oki K., Noda T., Kanamori H., Sasaki H., Mori S., Ashikari M., Kitano H., Katayose Y., Iwasaki Y*, Miura K*.
Detection of Novel QTLs Regulating Grain Size in Extra-Large Grain Rice (*Oryza sativa* L.) Lines.

(学会発表)

1. 瀬上修平、山本竜也、隠岐勝幸、野田智紀、金森裕介、佐々木晴美、森聡美、芦苺基行、北野英己、片寄裕一、岩崎行玄、三浦孝太郎
イネ極大粒系統が有する種子形を制御する新奇QTLの検出
日本育種学会 第128会講演会2016 (新潟大学 2015年9月11-12日)
2. 中村麻由美、山本竜也、堀川実穂、林猛、中岡史裕、小林麻子、富田桂、三浦孝太郎、岩崎行玄
コシヒカリの米粒を大きくする事で収量増加を狙う突然変異育種
コシヒカリー族サミット(福井県国際交流会館 2014年11月21日),

3) 成果活用における留意点

本研究で得られたコシヒカリ大粒変異体の遺伝子変異は、大粒化に必要な遺伝子マーカーとして利用可能である。

本研究で得られたコシヒカリ背景大粒変異体は、これまでに全国で作出されたコシヒカリ背景の有用遺伝子NIL系統と交配する事で、容易に集積系統化することが可能である。

4) 今後の課題

コシヒカリ大粒系統は有用性が確認されたので、品種登録を行う。原因遺伝子が特定出来ていない1系統については、今後遺伝子単離を目指して試験をする必要がある。

極大粒系統のQTL解析については、今後遺伝子単離を目指して試験を継続する必要がある。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2002

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: イネの登熟最適化を実現する理想的穂型の構築と超多収育種への応用

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 名古屋大学・生物機能開発利用研究センター・有用農業形質保存分野・北野英己

1) 研究目的

イネのシンクサイズ(穎果の数と種子の大きさ・重さ)を遺伝的に制御する有用遺伝子が多数存在することが既往の研究成果により明らかにされてきた。そのため、シンクサイズを遺伝的に改良することは比較的容易であり、本研究課題で取り上げた実験系統を用いて1穂に千粒を着生する系統も育成可能であることを実験的に明らかにした。また、穂軸および1次枝梗のサイズを独自に制御する遺伝子も見出し、稈長に関わりなく種子数の増加に合わせて穂長が40cmを越える巨大穂系統を育成することも可能であることを明らかにした。これらの結果から、これまでに同定した穂の着粒数の増減に関わる遺伝子の個々の作用力の特異性を生かして穂の着粒密度や穎果の空間配置を人為的に制御することが可能となることが示唆された。

しかし、シンクサイズとソース能のバランスを考慮し、特定の遺伝的背景のもとでシンクサイズ(着粒数)を増大させることが実際の収量増大に何処まで寄与するかについては解明に至っていない。また、穂の大きさは幼穂分化後のメリステムの分化能力とその後の形態形成によってもたらされることから、穂の大小は形成過程に要する時間と開花後のシンクへの養分転流に要する時間および穂のエイジングの進行に大きく影響すると予想された。従ってこれらの事象における最適なバランスが問題となると考えられた。

そこで、本小課題では、先の小課題(QTL-1001)に続いて穂形に特徴を示す系統群を用いてシンクサイズの制御に関わる未知の有用遺伝子の単離・同定を行うとともに、これらの遺伝子領域をコシヒカりに導入したNIL系統群を育成して、先に多収品種のハバタキに見出されたシンクサイズを増大する3種類のQTL領域をコシヒカリの遺伝的背景に導入したNIL系統群とともに、穎果数の増減およびそれらの空間分布と穂の登熟力との関係を実験的に明らかし、超多収を実現する理想的な穂型構造を明らかにすることを最終目標に据えて研究を推進することとした。

2) 研究成果

期間全体にわたる研究方法

本小課題では、まず穂形に顕著な特徴を有するインド型、熱帯ジャポニカ系統を片親に、コシヒカリなどの代表的な日本稲との雑種分離集団を用いてQTL解析により穂形および種子の着粒数(シンクサイズ)に関わる未知の有用遺伝子の単離・同定を行った。

また、これまでに同定した穂のシンクサイズ増大に関わる有用遺伝子に加え、新規に同定した遺伝子を導入した育種素材(NIL系統群)を開発し、それらを用いて穂の穎果数の増減、およびそれらの空間分布と穂の登熟力との関係を実験的に明らかにすることを目標にした。なお、穂形や登熟能に関わる遺伝子の同定には、在来品種群を用いたGWAS解析も試みた。これらの解析から得られた結果をもとに、超多収を実現する理想的な穂型構造を明らかにすることを最終目標に研究を推進した。

期間全体を通じて得られた研究成果

(1) 穂形およびシンクサイズ増大に関わる新規有用遺伝子の単離

イネの在来品種には多様な穂形変異が存在しており、穂の着粒数についても系統間に大きな変異が存在することが知られている(図1)。本小課題では、穂形と着粒数に注目して長穂性に特徴を有する日印交雑系統のST-1、特異的な穂の高次分枝を示すNTP型のST-5、および、極多粒の巨大穂を有

する印度型の VT-101 を母本にコシヒカリとの交雑後代を用いて QTL 解析による穂形および新規のシंक増大遺伝子の単離を試みた。

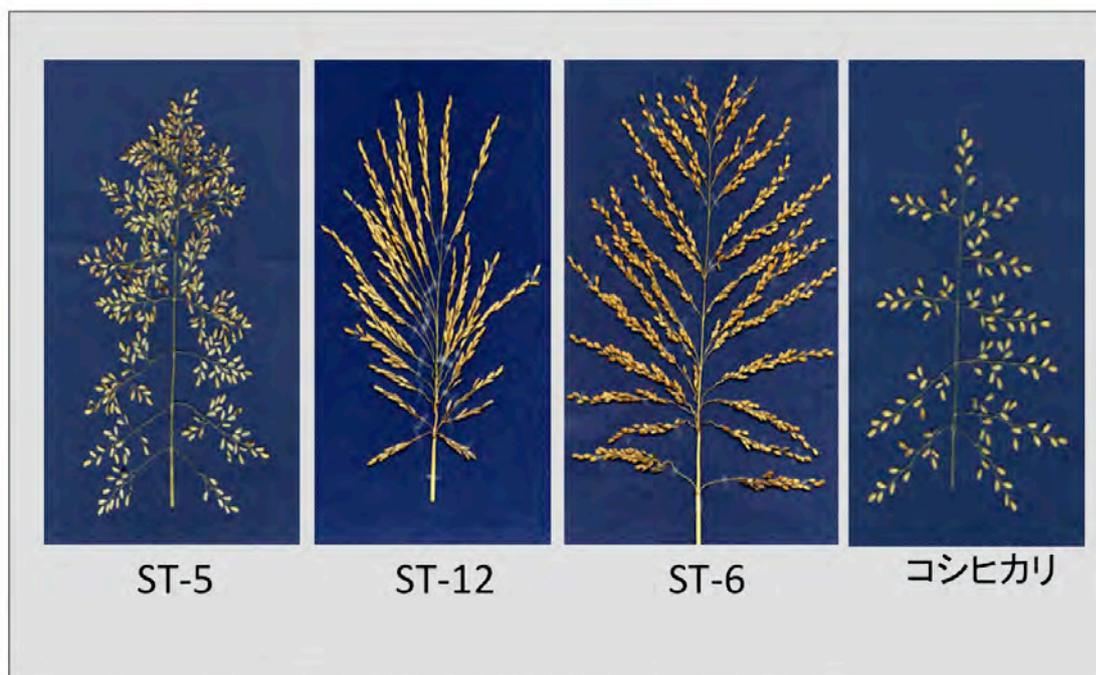


図1. イネの穂型に見られる多様性の一例

本小課題の期間全体を通じて、コシヒカリ/ST-1 の組合せからは、主として穂軸長に關与する *qPRL5* と 1 次枝梗長に關与する *qPbl6* の原因遺伝子を単離した。*qPRL5* は GA の合成酵素の 1 つである第 1 染色体上の *Sd1* とは異なる第 5 染色体上の GA20 oxidase をコードする同祖遺伝子変異であった。一方、*qPbl6* は八バタキの第 6 染色体上にある *Apo1* と同一の変異遺伝子であった。さらに、*Apo1* 座にはこれとは若干作用力の異なる自然変異 (アリル) が存在することを見出した。つぎに、コシヒカリ/ST-5 の組合せを用いて検出された *qSrn7* の遺伝子単離を進めた結果、穂の高次分枝を促進する本 QTL は、第 7 染色体上に存在する既知の *Fzp* 座の変異に由来していることが判明した。この *Fzp* は穂で無数に分枝を繰り返す奇形的な突然変異 (ヌルアリル) として同定されていたが、ST-5 の *qSrn7* は同座の部分的機能を有する弱いアリルであると推定された。この ST-5 のアリルをコシヒカリに導入した NIL では、2 次枝梗数が有意に増加して 1 穂粒数も増えたが、ST-5 のような奇形的な穂形は示さなかった。さらに、*qSrn7/Fzp* の配列情報をもとに世界のコアコレクションの中から 30 系統をランダムに選定し同座の遺伝子型を調査したところ、カサラスを含む約 30 % にあたる 13 系統が ST-5 型のアリルを有していることが判明した。

一方、コシヒカリ/VT-101 の組合せで検出された多粒性を示す 2 カ所の QTL について遺伝子単離を進めた結果、第 1 染色体上の QTL は既知の八バタキの *Gn1* と同一変異を有していたが、第 2 染色体上に検出された *qSrn2* は、*Gn1* と同様サイトカイニンの合成経路で機能する酵素をコードする遺伝子変異に起因することが判明した。*Gn1* はサイトカイニンの合成経路で活性型のサイトカイニンを分解する酵素 (CKX) をコードしており、*qSrn2* もサイトカイニンの合成経路で活性型のサイトカイニンを不活型に変換する酵素をコードする遺伝子変異に起因することを確認した。

(2) GWASによる登熟能に関わる遺伝子の単離

数年にわたって170~200系統の在来品種を用いて行った種子の登熟性に関わる調査形質を用いたGWAS解析から、第8(*Wcr3*:心白率)と第11染色体(*Ngr1*:完全粒の割合)上の2カ所に極めて再現性のあるQTLが検出された。この内、登熟性を向上させる可能性のある*Ngr1*に着目してLD解析を進め、座乗する原因遺伝子の候補領域を292kb内に絞り込んだ。この候補領域について変異ブラウザを作成してアミノ酸置換を伴う遺伝子を探索したところ、条件に合致する遺伝子が1つのみ見出された。そこでこの候補遺伝子の機能を調べるため、CRISPRにより機能欠損系統を作成し、胚乳の登熟過程を昼温35度、夜温30度の高温で生育させた結果、対照とした日本晴のすべての玄米が白濁したのに対して、遺伝子破壊株は白濁程度が明らかに軽減していた。さらに胚乳の登熟温度を昼温28度、夜温23度下でこの遺伝子が破壊されたアレルを有するどんとこいに、日本晴の機能型ゲノムや胚乳で特異的に発現するグロブリンプロモーターで本遺伝子を強発現させると、すべての胚乳が白濁することが確認された(図2)。これらの結果から、*Ngr1*の候補遺伝子は胚乳の白濁を誘導する機能を持つことが確認され、この機能を抑制することで正常な登熟を誘導する機能を付与することができる遺伝子の有力候補と考えられた。



図2. *Ngr1*の機能改変形質転換体の玄米における表現型の解析結果

(3) NIL系統群を用いたシンクサイズの増大と登熟能に関する解析

イネの穂に着生する種子の着粒数増加に寄与する既知の有用遺伝子として、*Gn1*、*Apo1*、*Wfp*、*Dep1*などが単離・同定されてきた。このうち八バタキから見出された*Gn1*は、コシヒカリに導入することで約30%の着粒数を増加させるが、八バタキの平均的な穂はコシヒカリの2倍以上の着粒数を示すことから、本遺伝子のみで八バタキの多粒性を説明することはできない。そこで、コシヒカリ/八バタキの交雑後代からさらにシンク増大に関わるQTLの探索を試みたところ、第1染色体上の*Gn1*以外に第2、6、8染色体上の3領域に着粒数増加に寄与する新たなQTLが見出された(QTL-1001)。本小課題では、八バタキから見出された第1(*Gn1*)、第6(*Apo1*)、第8(*Wfp*)の3領域を単独、あるいは複数領域をピラミディングしたコシヒカリの遺伝的背景を有する7種類のNIL系統を育成し(図3)、着粒数の増加効果を確認するとともに着粒数と登熟能の関係を検討した(図4)。

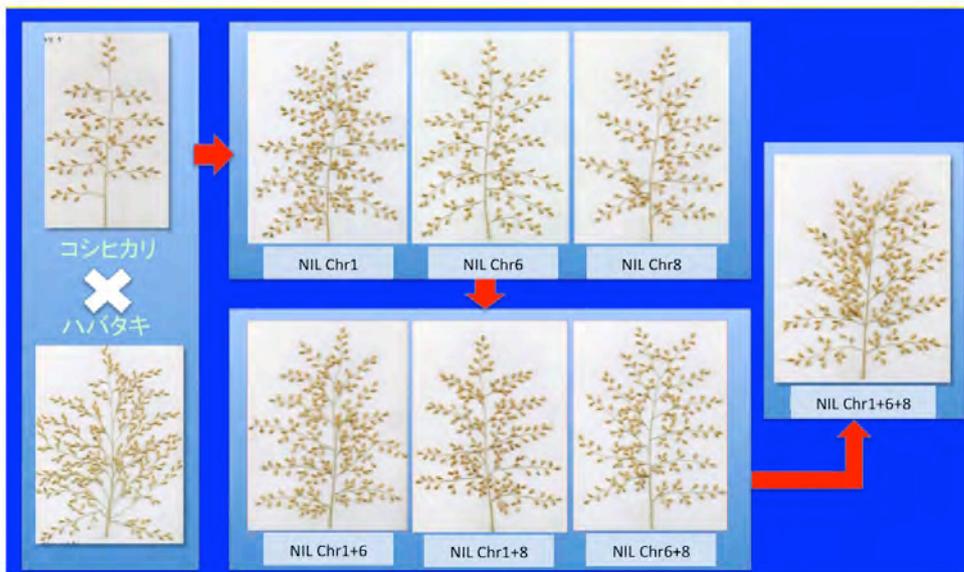


図3. ハバタキ由来の多粒性を示す3つのQTL領域を導入したコシヒカリNIL系統

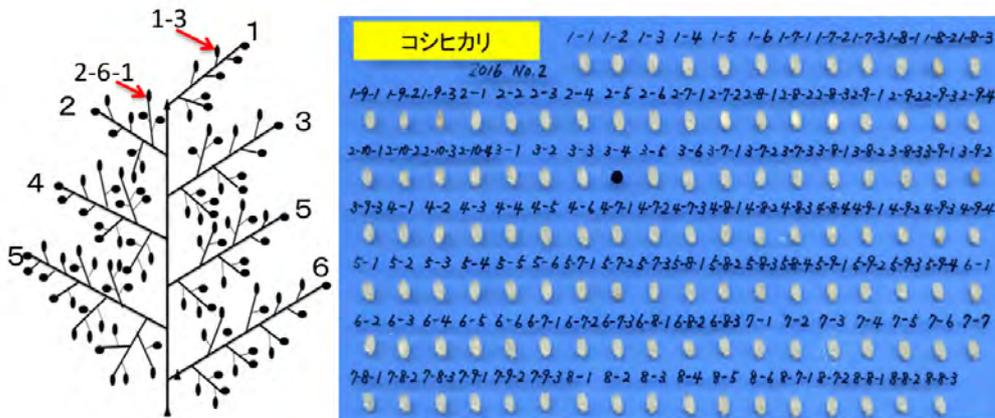


図4. 穂上の着粒位置別玄米標本作成例

調査対象としたピラミディング系統の1穂粒数は、コシヒカリの平均150粒に対して1穂粒数が300粒を超える系統が含まれていたが、これらの系統間では、1次枝梗数については顕著な有意差は認められなかった。また、先端から基部までの各1次枝梗上の2次分枝数は、基部と先端の4本から中央部の12本の範囲で異なっていたが、系統間には明瞭な差異は見られなかった。そのため、1穂粒数の違いは主に2次枝梗上の種子数の違いによるものであった。玄米を枝梗上の着生位置別に配置した標本を用いて玄米の外観品質を調査した結果、登熟不良を呈した玄米は、一般に弱勢穎果と呼ば

れる枝梗先端次位の位置に多く出現していたが、この傾向は比較した系統間で共通していた。このような不完全粒の発生頻度は、他の着生位置で見られた玄米も含めて7~15%の範囲に分布していた。このような不完全粒や乳白粒などの出現頻度には、系統間では顕著な差異は認められなかった。このことは、コシヒカリのような日本型のイネの遺伝的背景においても2倍程度のシンク増大による多収性の実現が可能性の1つとして成立することを示唆しているが、実際の現場で安定栽培を可能とする品種育成においては、このようなシンクの改変とともに稈形質や草型、ソース能の改変と合わせて検討する必要がある。

本小課題で新規に見出されたシンク増大に寄与する *qSrn2* や、*qPrl5* などの穂形改良に有効と思われる遺伝子のNIL化についても順次作業を進め、これらの系統群を用いて穂形と登熟能との関係を実証的に検討することで理想的な穂形構造を提案することを最終目標にしてきたが、多数の標本を効率的に解析する手法と技術の開発が進まなかったため未達成に終わったことは反省点として残った。

3) 成果活用における留意点

本小課題で取り上げた穂形改変やシンクサイズ増大に寄与すると考えられる遺伝子の単離過程や機能解析の詳細については、学術論文その他を通じて順次公開する予定である。また、解析に用いた新規の遺伝子を保有する系統や、複数の有用遺伝子を集積したNIL系統群についてもオリジナリティを担保できる範囲で育種素材として利用できるよう対応を進めていく予定である。

4) 今後の課題

当初計画した穂形の改変およびシンクサイズ増大に効果を示すQTLに関しては、目標としてかかげた4つのQTL座 (*qPrl5*, *qPbl6*, *qSrn7*, *qSrn2*) における原因遺伝子の単離を全て達成することができた。しかし、これらの遺伝子を導入したNIL系統群を用いた穂形構造と登熟性の関係解明に関する課題については、系統育成に時間を要したことや多数の標本を用いた定量的な計測技術を確立することができなかったことから一部の解析に留まることとなった。そのため、期間内に達成できなかった課題については、今後も多収を実現する理想的な穂形構造の解明に繋がる成果をあげることを最優先の課題として継続して取り組んでいく予定である。一方、在来品種を用いたGWAS解析からも期間内に種子の登熟性の向上に寄与すると考えられる遺伝子座 (*Ngr1*) の単離・同定に成功した。

全期間を通じて得られた研究成果の詳細に関しては論文等で順次公開していくとともに、これらの成果を実践的な育種に利用可能とするリソース(中間母本)として整備充実に向けた作業を進めている。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2003

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: イネの強稈性に関する有用遺伝子の単離とその集積

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 東京農工大学・大学院農学府・植物生産科学・大川泰一郎

1) 研究目的

イネの耐倒伏性には地上部の重さ、長さ、稈の強度などが関与し、従来の育種法では比較的選抜が容易な *sd1* などの半矮性遺伝子を利用し改良されてきた。しかしながら、超多収達成を考えると稈自体の強度を高める必要があるが、強稈遺伝子についてはほとんど研究されていない。強稈性に関する複数の要素形質に分けて、優良なアレルをもつ複数の強稈品種から QTL とその原因遺伝子を特定し、DNA マーカー選抜育種を活用し、それらの遺伝子領域を個々にもつ系統を開発しひとつの品種に集積することによって、耐倒伏性に優れる品種の効率的な育成が可能となる。本研究では、強稈質のコシヒカリ、リーフスターと稈の太いタカナリ、八バタキ、中国 117 号などの組合せを用いて、それぞれの品種のもつ稈の太さおよび強稈質とそれらに関わる稈の構造に関する QTL を特定し、QTL の原因遺伝子を単離し、それらを用いた強稈遺伝子利用による分子育種を目指す。

2) 研究成果

研究方法

挫折型およびたわみ型の耐倒伏性に関わる稈基部伸長節間の挫折荷重を出穂後 15 日に精密材料試験機 (テンシロン, エーアンドディ社製) を用いて測定し、稈の挫折時モーメント、及びヤング率を測定した。測定後、節間中央部の横断面の稈の長径、短径、中空楕円の長径、短径を測定し、断面係数、及び断面 2 次モーメントを求めた。曲げ応力は稈の挫折時モーメント = 断面係数 × 曲げ応力、曲げ剛性は曲げ剛性 = 断面 2 次モーメント × ヤング率の式より算出した。節間中央部の徒手切片を作成し、皮層繊維組織に局在するリグニンをフロログルシン塩酸で染色後、薄片をデジタル生物顕微鏡で観察・撮影し、画像計測ソフトを用いて皮層繊維組織の厚さを測定した。また、走査型電子顕微鏡を用いて、皮層繊維組織細胞数の計測を行った。リーフスターとコシヒカリの RILs 94 系統の遺伝子型の解析には SNP マーカーを用い、QTL cartographer ver.2.5 により QTL の検出を行った。

研究結果

(1) 強稈関連形質の QTL のマッピング

1) タカナリ背景のコシヒカリ断片をもつ染色体断片置換系統 (CSSLs) とタカナリとの比較から推定した結果、コシヒカリ型で小さくなる領域は断面係数では第 5, 6, 8 染色体であった。逆にコシヒカリ型で大きくなる領域は、稈の挫折時モーメントでは第 1, 11 染色体、断面係数では第 1 染色体、曲げ応力では第 6, 8, 11 染色体であった (図 1A)。コシヒカリ背景のタカナリ断片 CSSLs とコシヒカリとの比較から強稈関連形質の QTL を推定した結果、タカナリ型で大きくなる領域は稈の挫折時モーメントでは第 1, 5, 6, 8, 12 染色体、断面係数では第 3, 5, 6 染色体、曲げ応力では第 2, 6, 11 染色体であった (図 1B)。これらの解析から、断面係数の QTL を第 1, 5, 6 染色体に、曲げ応力では第 11 染色体に正逆で重なりあう領域を確認した。同じくコシヒカリとタカナリの正逆 CSSLs を用いて、強稈質に関わる皮層繊維組織の厚さの QTL の推定を行った。タカナリ背景コシヒカリ CSSLs から、第 1, 2, 3, 7, 8, 9, 11 染色体にコシヒカリの対立遺伝子が皮層繊維組織を厚くする QTL が推定された (図 2, 3)。一方、コシヒカリ背景タカナリ CSSLs から、第 2, 9 染色体にタカナリの対立遺伝子が皮層繊維組織を薄くする QTL が推定された。2 か年にわたり第 2, 9 染色体に皮層繊維組織に効果のある領域を正逆 CSSLs で推定した。

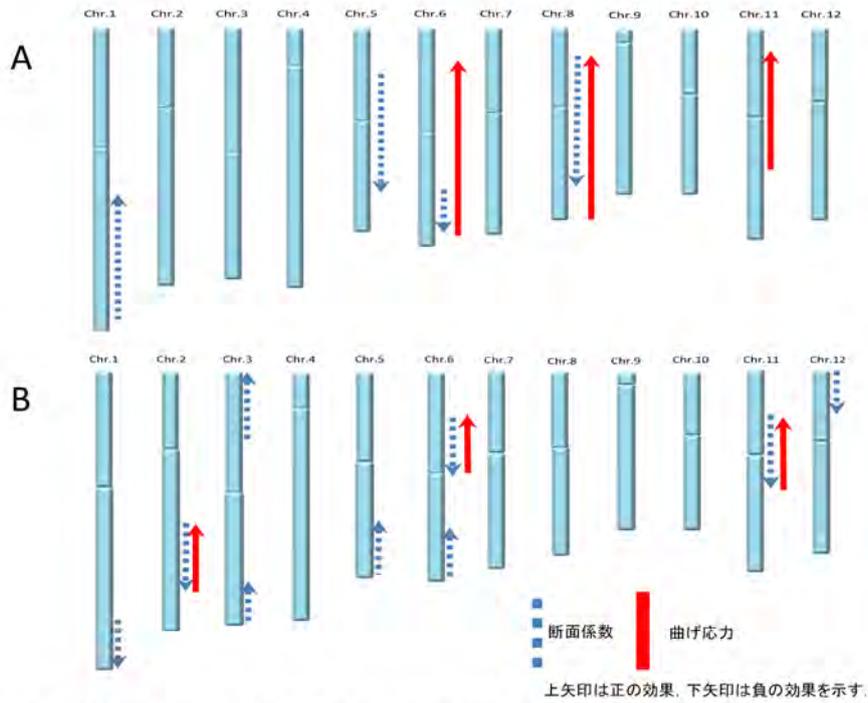


図1 タカナリとコシヒカリの正逆CSSLsにより推定した強稈関連形質のQTL (A) タカナリ背景のコシヒカリCSSLs、(B) コシヒカリ背景のタカナリCSSLs

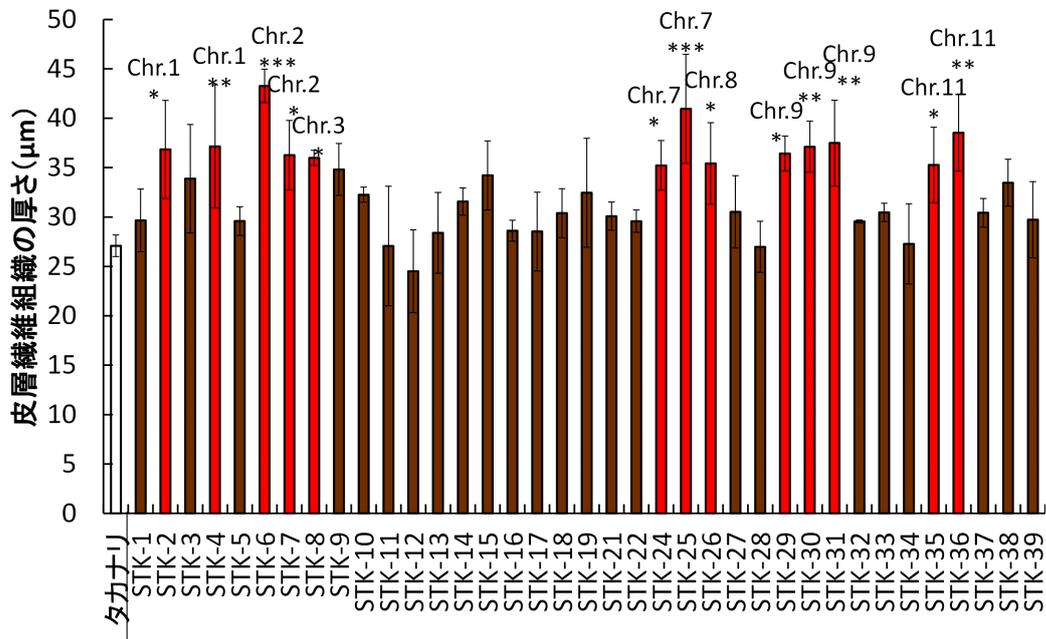


図2 タカナリ背景コシヒカリCSSLsの皮膚繊維組織の厚さの比較

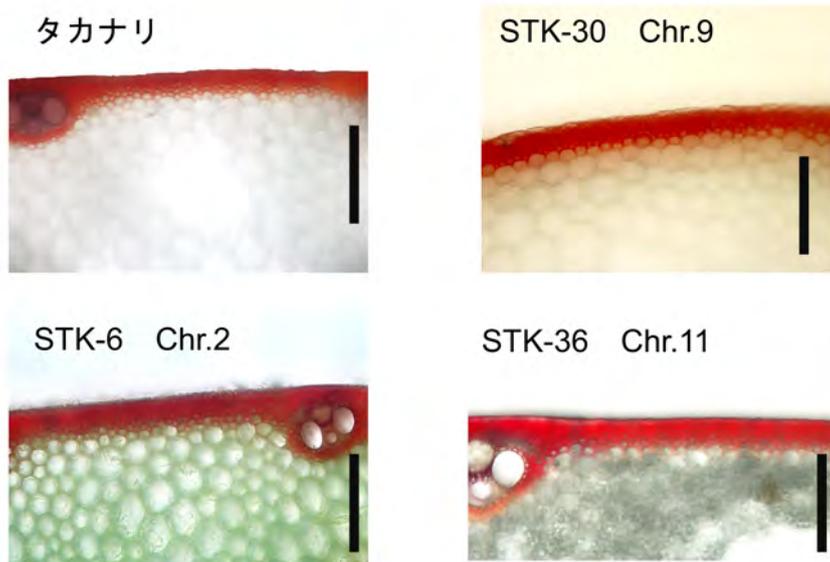


図3 タカナリ背景コシヒカリCSSLsの皮層繊維組織
赤はリグニンのフロログルシン染色

2) 極強稈品種リーフスターとコシヒカリより作出した組換え自殖系統群 (RILs) を用いて、リーフスターのもつ極強稈性に関与する太稈及び強稈質関連形質の QTL の検出を行った。リーフスターの対立遺伝子が稈の挫折時モーメントを高める QTL を第 3 染色体、断面係数では第 2, 3, 5 染色体に検出した (表 1)。また、強稈質に関わる稈の細胞壁成分のセルロース、ヘミセルロース含有率および密度について、第 5 染色体の短腕と長腕に 2 か所、リーフスターの対立遺伝子がセルロース含有率、ヘミセルロース含有率および密度を高める QTL を検出した (表 2)。

表1 稈の挫折時モーメント, 断面係数に関するQTLs

形質	染色体	近傍マーカー	LOD値	相加効果*	寄与率(%)
稈の挫折時モーメント(gf・cm)					
	3	aa03002391	4.6	170.4	16.9
	5	aa05001022	2.5	-126.9	9.5
断面係数(mm ³)					
	2	aa02000978	4.3	1.4	11.4
	3	ac03000493	3.6	1.3	9.4
	3	aa03002391	5.9	1.7	17.1
	5	ab05000280	2.6	1.1	6.2
	11	aa11003079	3.2	-1.2	8.6

*リーフスターの相加効果を示す.

表2 強稈質に関わるセルロース, ヘミセルロース含有率および密度のQTL

形質	染色体	近傍マーカー	LOD値*	相加効果**	寄与率(%)
ホロセルロース含有率(%)					
	5	ab05000064	4.1	2.47	16.2
	5	aa05000991	6.07	2.75	19.1
ホロセルロース密度(μg/mm ³)					
	5	aa05000340	3.81	18.3	12.7
	5	ac05000360	4.48	23.4	21.5
セルロース含有率(%)					
	5	ab05000064	3.98	-1.93	14.8
	5	aa05000991	3.15	-1.64	10.5
ヘミセルロース含有率(%)					
	5	ab05000064	4.88	4.2	17
	5	ac05000298	7.03	5.11	25.2
ヘミセルロース密度					
	5	ab05000064	3.4	15.3	11.7
	5	ac05000360	2.9	16.4	13
	11	ab11000829	2.48	14.0	9.7

(2) 強稈遺伝子の単離と機能解析

強稈品種リーフスターの親のコシヒカリと中国 117 号の戻し交雑自殖系統 (BILs) を用いた解析から検出されている第 2,3 染色体の太稈 QTL のうち、効果の大きい第 3 染色体長腕の QTL の絞り込みを行い、BC₅F₄ 組換え固定系統を用いたファインマッピングより太稈 QTL を 9.97kb (SNPV318_03 ~ RM15767 間) の領域に特定し、*STRONG CULM3 (SCM3)* と名付けた (図 4)。

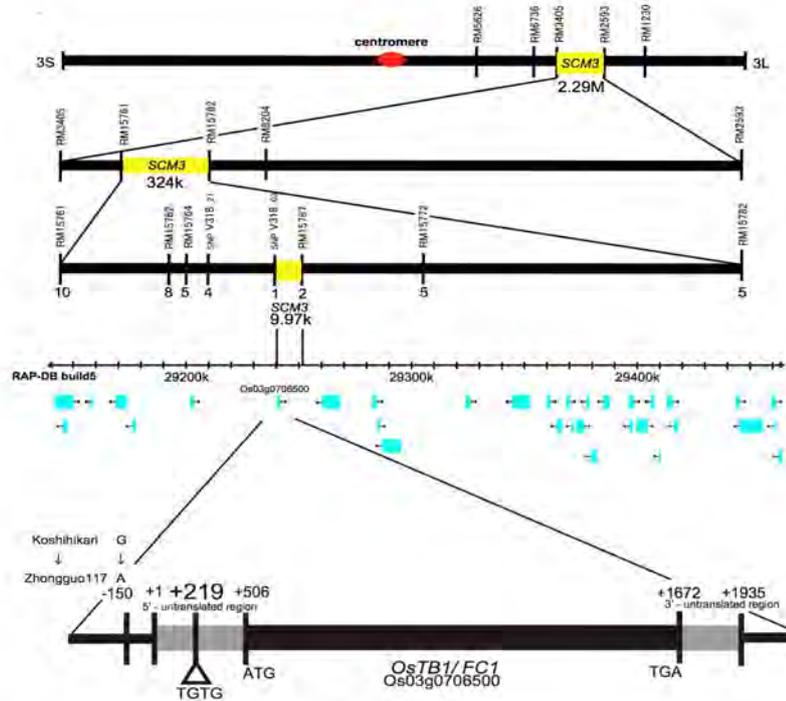


図4 *SCM3*の原因遺伝子の単離

ファインマッピングによって特定された領域内に、単一の *FINE CULM1 (FC1)* が座乗することを見出し、この遺伝子の機能解析を行った。稈基部節間が形成される時期の *FC1* の発現は、枝梗分化期の茎頂分裂組織で特異的に発現するとともに、コシヒカリに比較して中国 117 号型のアリルで発現量が高かった (図 5)。中国 117 号とコシヒカリの *FC1* ゲノムを日本晴に導入したところ、コシヒカリ *FC1* ゲノム導入個体はベクターコントロール導入個体と同様の断面係数を示したが、中国 117 号 *FC1* ゲノムを導入した個体の断面係数は有意に上昇した (図 6)。さらに、*FC1* cDNA を過剰発現させた形質転換個体も同様に、断面係数は有意に上昇した (図 6)。これらの結果から、*SCM3* の原因遺伝子は *FC1* であり、中国 117 号は機能獲得型のアリルと結論した。

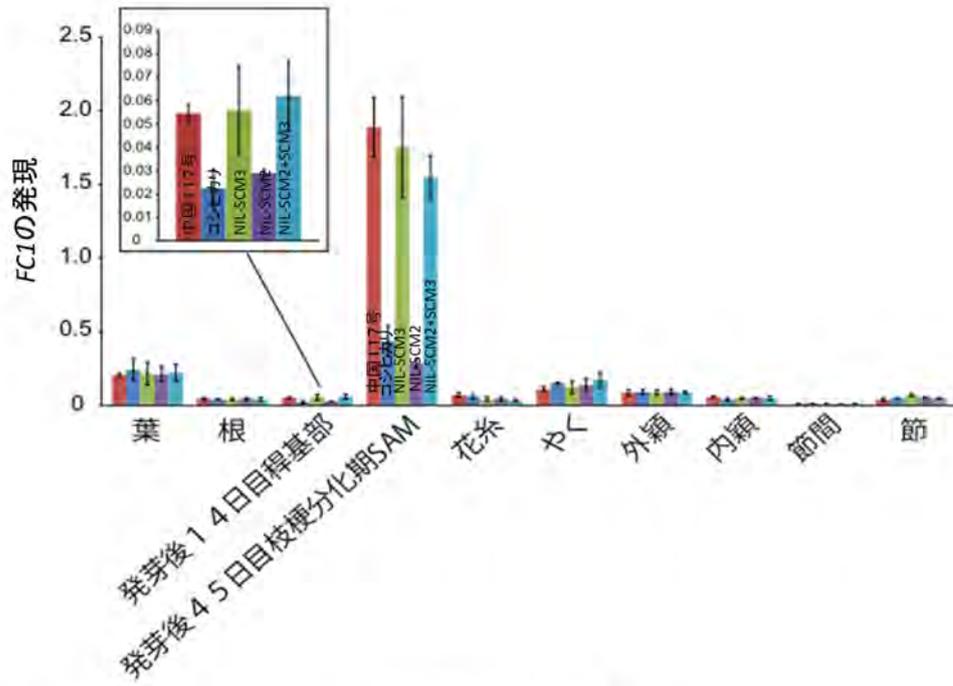


図5 第1枝梗分化期における各器官のFC1の発現

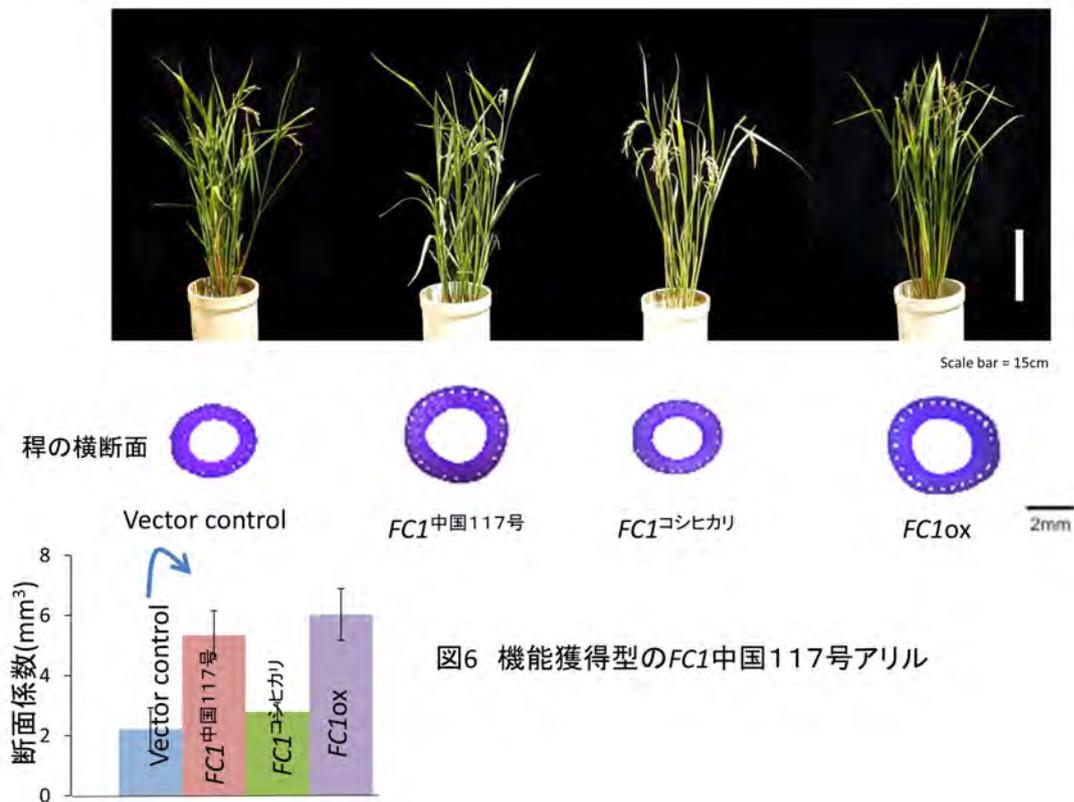


図6 機能獲得型のFC1中国117号アレル

(3) 強稈 NIL, 集積系統の育成と評価

強稈品種リーフスターの親のコシヒカリと中国 117 号の戻し交雑自殖系統 (BILs) を用いた解析から検出されている第 2, 3 染色体の太稈 QTL の NIL を育成した。第 3 染色体の *FC1* を含む 163kb の中国 117 号型の断片をもつコシヒカリ背景の NIL-*SCM3* (BC₆F₄) を育成した。また、第 2 染色体に 2.09Mb の中国 117 号の断片をもつコシヒカリ背景の NIL-*SCM4* (BC₆F₇) を育成した。また、コシヒカリとハバタキと CSSLs から特定した第 1,6 染色体の太稈 QTL について、第 6 染色体の *APO1* を含む 484kb のハバタキ型の断片をもつ NIL-*SCM2* を育成し、「コシヒカリ富農 SCM1 号」として品種登録を行った。さらに、第 1 染色体の *Gn1* を含む 3.57Mb のハバタキ型の断片をもつ NIL-SCM1 を育成した。

ハバタキの *SCM1*、*SCM2* と中国 117 号の *SCM3*、*SCM4* を組み合わせ、稈を太くする集積効果の高い組み合わせを検討するため、すでに育成した 2 つの太稈 QTL の集積系統を選抜・育成し、3 つの太稈 QTL の集積 NIL-SCM1+SCM2+SCM3、NIL-SCM1+SCM2+SCM4、NIL-SCM1+SCM3+SCM4、NIL-SCM2+SCM3+SCM4 (以下、SCM1+2+3, SCM1+2+4, SCM1+3+4, SCM2+3+4 とする) さらに 4 つの太稈 QTL の集積 NIL-SCM1+SCM2+SCM3+SCM4 (以下、SCM1+2+3+4) を選抜・育成し (図 7)、挫折型およびたわみ型倒伏抵抗性の評価を行った。

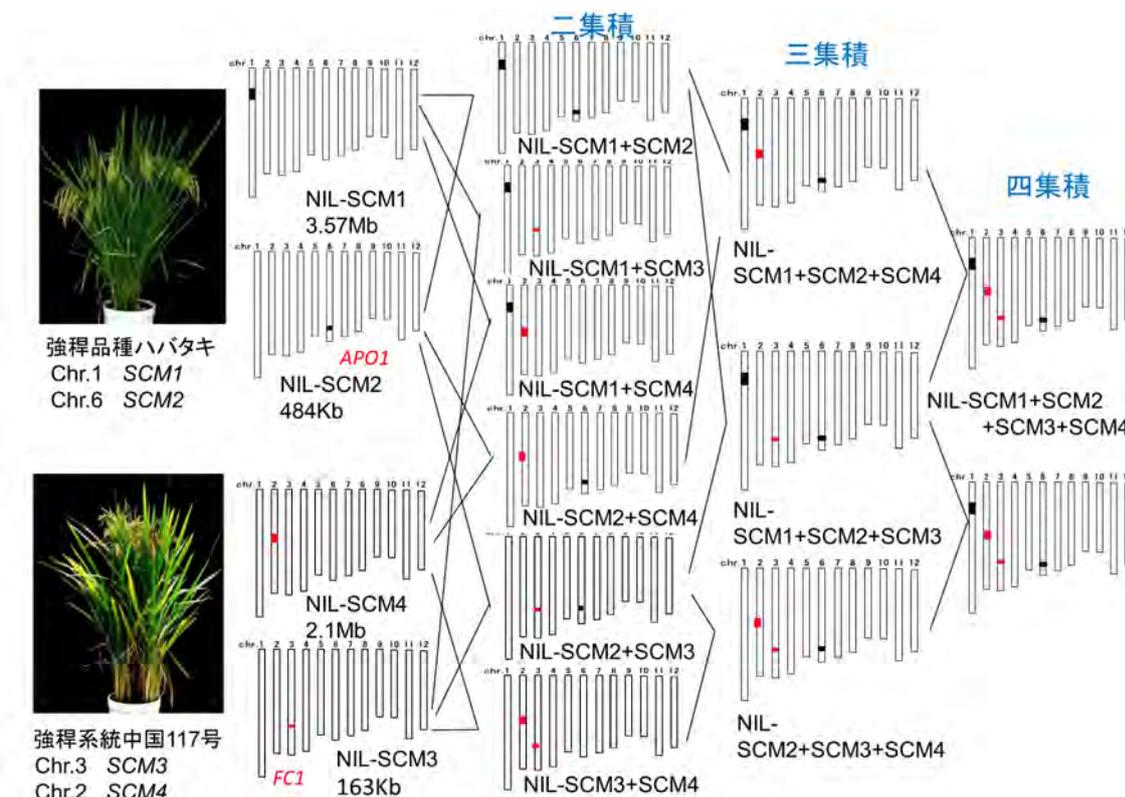


図7 ハバタキと中国117号の太稈QTLの二～四集積系統の育成

挫折型倒伏抵抗性に関わる断面係数は四集積系統、三集積系統、二集積系統、単独 NIL、コシヒカリの順で大きく、集積の効果が認められた (表 3, 図 8)。四集積系統の SCM1+2+3+4 の断面係数はコシヒカリの約 1.8 倍に増加した。曲げ応力は集積により減少し、その結果、断面係数と曲げ応力の積である稈の挫折時モーメントは集積により増加し、SCM1+2+3+4 はコシヒカリに比べて約 1.3 倍に増加した。

表3 集積系統における挫折型およびたわみ型倒伏抵抗性に関わる強稈関連形質

	挫折型			たわみ型		
	断面係数 (mm ³)	曲げ応力 (gf/mm ²)	挫折時モーメント (gf·cm)	断面二次モーメント (mm ⁴)	ヤング率 (gf/mm ²)	曲げ剛性 (gf·mm ²)
コシヒカリ	9.48 (100)	1554.3 (100)	1460.2 (100)	22.75 (100)	14.62 (100)	339.8 (100)
SCM1	11.88 (125)	1398.7 (90)*	1655.9 (113)	31.10 (137)	16.89 (116)	537.0 (158)
SCM2	11.47 (121)	1278.4 (82)***	1457.7 (100)	29.55 (130)	14.91 (102)	447.0 (132)
SCM3	11.13 (117)	1341.3 (86)***	1487.5 (102)	28.01 (123)	14.78 (101)	424.5 (125)
SCM4	11.58 (122)	1218.2 (78)***	1392.5 (95)	30.14 (132)	13.39 (92)	408.6 (120)
SCM1+2	13.05 (138)**	1340.0 (86)***	1728.2 (118)*	36.12 (159)**	16.87 (115)	620.7 (183)*
SCM1+3	14.07 (148)***	1416.2 (91)	1986.5 (136)***	38.93 (171)***	19.54 (134)***	776.0 (228)***
SCM1+4	11.77 (124)	1318.8 (85)***	1543.2 (106)	30.06 (132)	15.16 (104)	456.0 (134)
SCM2+3	12.02 (127)*	1389.6 (89)*	1649.2 (113)	31.25 (137)	16.32 (112)	520.2 (153)
SCM2+4	12.28 (129)*	1121.4 (72)***	1367.8 (94)	32.01 (141)	13.62 (93)	441.0 (130)
SCM3+4	11.70 (123)	1389.4 (89)*	1615.2 (111)	29.99 (132)	16.68 (114)	504.8 (149)
SCM1+2+3	15.13 (160)***	1280.7 (82)***	1922.7 (132)***	42.89 (189)***	18.52 (127)***	806.3 (237)***
SCM1+2+4	15.80 (167)***	1137.6 (73)***	1792.2 (123)**	45.32 (199)***	17.11 (117)*	786.8 (232)***
SCM1+3+4	14.10 (149)***	1326.0 (85)***	1863.2 (128)***	38.81 (171)***	18.71 (128)***	731.1 (215)***
SCM2+3+4	14.27 (150)***	1122.9 (72)***	1586.6 (109)	39.54 (174)***	15.43 (106)	616.9 (182)*
SCM1+2+3+4	17.10 (180)***	1121.3 (72)***	1908.9 (131)***	50.27 (221)***	18.14 (124)**	923.6 (272)***
ハバタキ	23.88 (252)***	733.2 (47)***	1747.9 (120)*	77.48 (341)***	16.01 (110)	1253.5 (369)***
中国117号	31.64 (334)***	741.6 (48)***	2338.6 (160)***	115.89 (509)***	18.68 (128)***	2178.0 (641)***

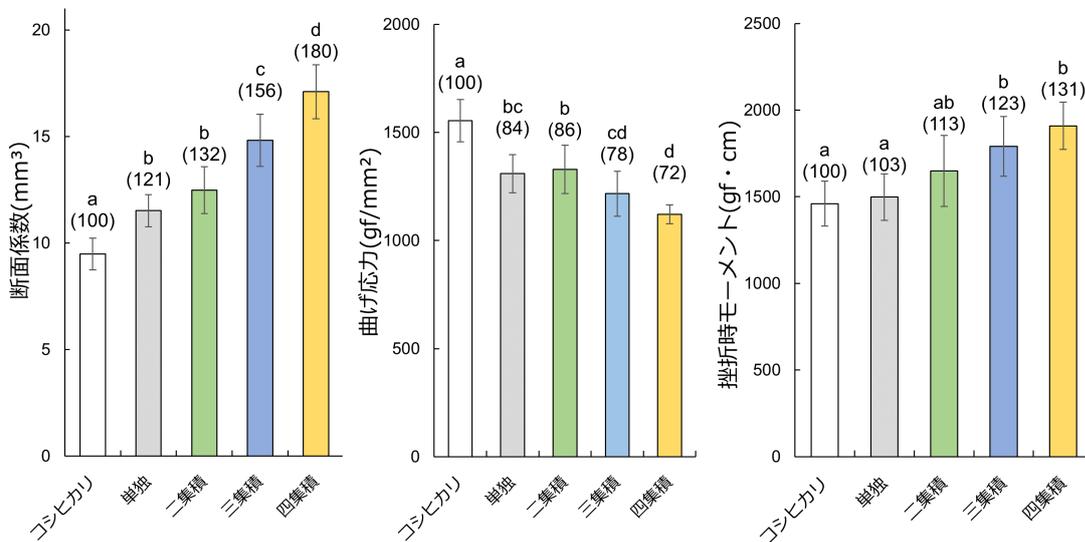


図8 強稈QTL集積系統の挫折型倒伏抵抗性に関わる断面係数、曲げ応力、稈の挫折時モーメントの比較

異なるアルファベットは系統間に5%水準で有意差があることを示す(Tukey法). 数値は各集積数ごとの平均値. 集積括弧内の値はコシヒカリを100としたときの相対値.

たわみ型倒伏抵抗性に関わる断面2次モーメントは四集積系統、三集積系統、二集積系統、単独NIL、コシヒカリの順で大きく、集積効果がありSCM1+2+3+4はコシヒカリの約2.2倍と著しく増加した(表3、図9、図10)。ヤング率は集積により増加し、その結果、断面2次モーメントとヤング率の積である曲げ剛性は集積により著しく増加し、SCM1+2+3+4はコシヒカリに比べて約2.7倍に増加した。

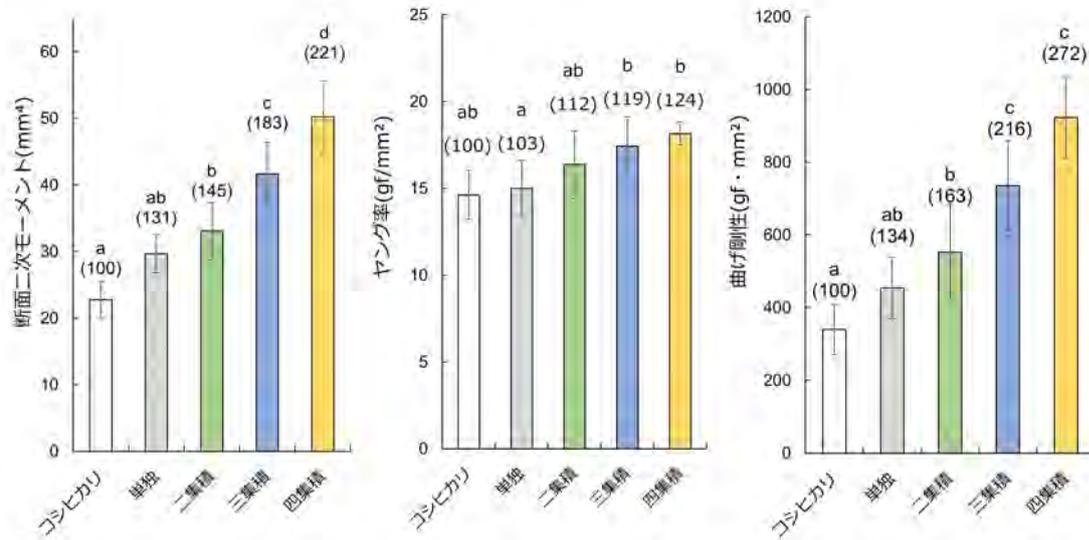


図9 強稈QTL集積系統のたわみ型倒伏抵抗性に関わる断面2次モーメント、ヤング率、曲げ剛性の比較

異なるアルファベットは系統間に5%水準で有意差があることを示す(Tukey法)。数値は各集積数ごとの平均値。集積括弧内の値はコシヒカリを100としたときの相対値。



図10 三集積系統SCM-1+2+3+4とコシヒカリの主稈基部第V節間

ハバタキ由来の *SCM1*、*SCM2* に中国 117 号の *SCM3*、あるいは *SCM4* を集積すると、断面係数は増加し、両方を集積するとさらに断面係数は増加した (図 11A)。一方、中国 117 号由来の *SCM3*、*SCM4* にハバタキの *SCM1*、あるいは *SCM2* を集積しても断面係数は増加し、両方を集積するとさらに増加し (図 11B)、断面 2 次モーメントにも同様の集積効果があり、他品種に由来する QTL を多く集積することにより、断面係数、断面 2 次モーメントが増加することを確認した。

台風ジェネレーターによる倒伏抵抗性の評価から、四集積系統はコシヒカリより挫折型、たわみ型倒伏抵抗性が強化されていることを確認した (図 12)。

以上、強稈品種ハバタキおよび中国 117 号に由来する *SCM1* ~ *SCM4* の 4 つの QTL のすべての組み合わせを用いて断面係数、断面 2 次モーメントへの集積効果と倒伏抵抗性への効果を検討した結果、多く集積するほど断面係数および断面 2 次モーメントは増加し、ヤング率への多面的効果によって曲げ剛性が増加し、挫折型倒伏抵抗性、とくにたわみ型倒伏抵抗性が強化させることが明らかとなった。

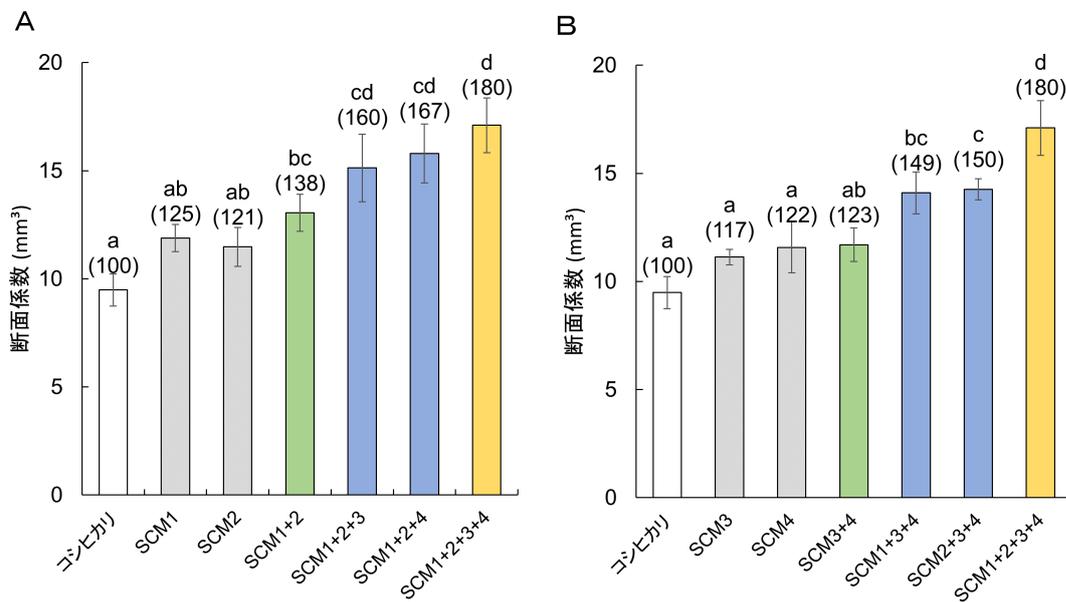


図11 ハバタキ由来の *SCM1*、*SCM2* に中国 117 号の QTL を集積した系統 (A)、および中国 117 号由来の *SCM3*、*SCM4* にハバタキの QTL を集積した系統 (B) における集積効果

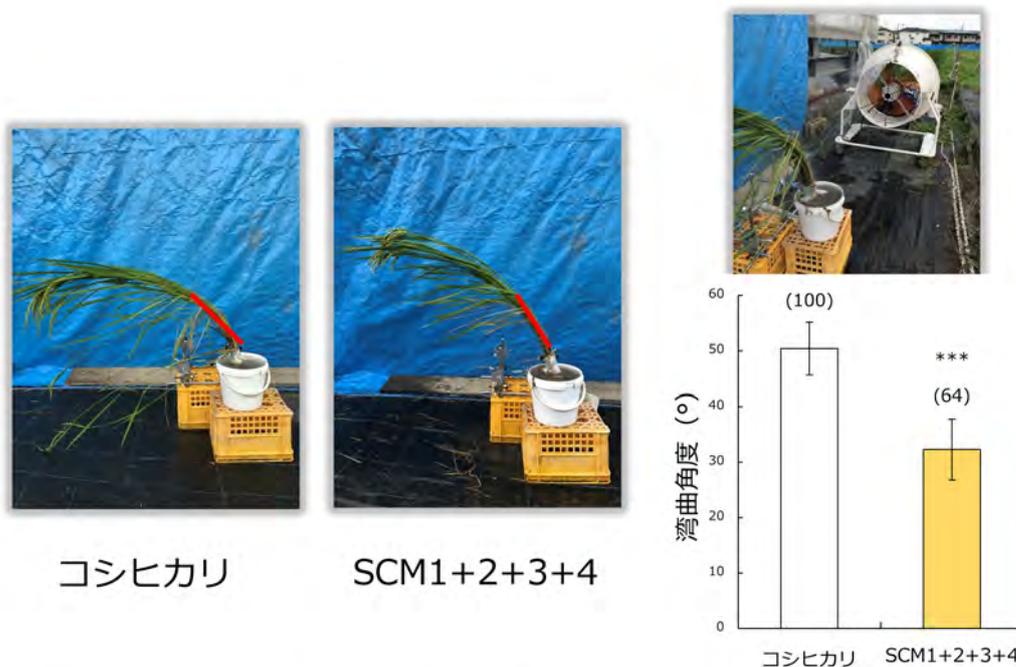


図12 台風ジェネレーターによる集積系統の挫折型およびたわみ型倒伏抵抗性の評価

3) 成果活用における留意点

育成した強稈 NIL-SCM1 ~ SCM4 とそれらの集積系統を育種素材として活用し、共同研究の育種機関などと共同で育成品種の育成者権を取得することを検討する。

4) 今後の課題

強稈品種はそれぞれ異なる原因遺伝子によって太稈、強稈質となっており、さらに複数のドナー親から QTL とその原因遺伝子を特定し、太稈 QTL と強稈 QTL との集積を行うことにより、倒伏抵抗性の向上が期待できる。本研究課題では、主に太稈 QTL の原因遺伝子の単離と NIL 育成およびそれらの集積系統の育成を行ったが、今後、強稈質に関わる細胞壁成分のセルロース、ヘミセルロース、リグニンに関連する QTL の特定と原因遺伝子の単離、それらの NIL 育成と集積効果の検討を行う必要がある。その上で、複数の太稈 QTL と強稈質 QTL の集積を行い、倒伏抵抗性を強化した集積系統の育成し、良食味品種や多収品種の改良に適用することが今後の課題である。

「イネのDNAマーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号：13405915

研究期間：平成25～29年度

中課題名：イネのDNAマーカー育種の利用推進(RBS)

小課題番号：RBS2004

研究期間：平成25～26年度

小課題名：シンク及びソースに関わる遺伝子の機能解析と有用性評価

小課題代表研究機関・研究室・研究者名：農業生物資源研究所・植物科学研究領域・植物生産生理機能研究ユニット・石丸健

1) 研究目的

イネの生産性を飛躍的に高めるには、シンクサイズとソース能の両方を向上させていく必要がある。シンクサイズの主要な決定要因である粒形に関わる複数の遺伝子が単離されてきている。一方、ソース能は多くの形質が複雑に関連し決定されることに加え、関与する形質が互いに影響を及ぼし合うため、ソース能の改変に繋がる有効な情報は極めて少ない。本研究は、粒形に関わるアレルの導入によるシンクサイズ並びにソース能を改変した育種素材の開発・評価を目的とする。

2) 研究成果

(1) TGW6 の評価

TGW6 は、カサラスから見出された粒長及び粒重に関与する QTL の原因遺伝子である (Ishimaru et al., Nature Genet. 2013)。*TGW6* は、シンクでは胚乳細胞の数を増加させ粒長を伸ばし同時にソース能も向上させることにより、一遺伝子で粒長のみならず粒重をも増加させる。米の食味評価に実績のある穀物検定協会に依頼し、専門パネラーによる食味官能試験を実施した。なお、食味評価には検定協会の指示に基づき整粒を用いた。食味評価の結果、NIL*TGW633*の「総合評価」、「味」、「粘り」に関してはコシヒカリと同等であったが、「外観」と「香り」についてはコシヒカリに比べ%レベルで差があり良いという結果であった。

NIL*TGW633* はコシヒカリと比較して、1.8mm でふるったお米、整粒とも「粘り」に関わるアミロース含量には有意な差が見られなかったが、玄米タンパク質含有量は減少した。タンパク質は水を通さないためお米の吸水を阻害するため、タンパク質が少ないお米は吸水が良く炊き上がりがふっくらとなるとされている。したがって、NIL*TGW633*はコシヒカリと比較して粘りは変わらないが、ふっくらとしていると考えられた。

(2) 高温登熟障害に対する *TGW6* の被害軽減能の評価

近年の気温上昇に伴い、イネの登熟過程が障害を受け整粒比率が低下する高温登熟障害が各地で問題となっている。昨年度は、登熟期間の気温が最も高い地域のひとつである群馬県館林市に隣接する板倉町において栽培し、*TGW6* の導入により整粒比率が有意に増加することを確認した。2年間同様の栽培を行い、栽培年次の違いによる環境変化の影響を調べた。その結果、コシヒカリの整粒比率 7.8%に対して NIL*TGW633* は 14.7%と整粒比率の有意な増加を確認することができた。

3) 成果活用における留意点

2年間でTGW6の特性を明らかにできた。広く使ってもらえるよう、他の多収品種に導入し同様の効果得られることを確認する必要がある。

4) 今後の課題

TGW6に関する研究成果は既に特許出願している。成果をどのように社会実装に繋げるかが課題となる。

「イネのDNAマーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号：13405915

研究期間：平成25～29年度

中課題名：イネのDNAマーカー育種の利用推進(RBS)

小課題番号：RBS2005

研究期間：平成25～26年度

小課題名：インディカ多収品種の収量性向上に向けた遺伝解析と育種の利用

小課題代表研究機関・研究室・研究者名：作物研究所・稲研究領域・稲生理分野・高井俊之

1) 研究目的

近年のイネゲノム研究の進捗により、複雑形質である収量性に関しても遺伝研究が進んできている。しかしながら、これまでの研究は主に多収品種が有する遺伝要因の探索・解明を中心に行われてきており、多収品種の収量性向上を目指した遺伝研究は非常に限られている。本研究課題は、既存のインド型多収品種の更なる収量増加に関与すると考えられるQTLsの探索・単離同定に加え、それらQTLsの集積を通して増収効果を検討し、増収メカニズムの解明と多収育種素材の開発に資することとする。

2) 研究成果

I. 研究方法

(ア) シンク・ソース能QTLのマッピング

著者らはこれまでに、インド型多収品種タカナリと日本型品種コシヒカリ交雑集団を作出し(Takai et al., 2014)、タカナリを遺伝背景にもつ遺伝解析材料を用いて第7染色体上にコシヒカリ型が個葉光合成能を高めるQTL-*GPS7*、第3染色体上にコシヒカリ型が穂数を増やすQTL-*MP3*をそれぞれ検出した。

a *GPS7*

*GPS7*を有するCSSL およびタカナリについて、生育期間を通して光合成速度の推移を調査した。また、候補領域の組み換え固定系統7系統を用いて、穂ぞろい期の止葉の光合成速度を測定しマッピングを進めた。

b *MP3*

*MP3*を有するCSSL およびタカナリについて、移植～出穂期までの分けつ数の推移を複数の栽培条件で調査した。さらに、候補領域の組み換え固定系統9系統を用いて、穂ぞろい期に穂数を調査しマッピングを進めた。絞り込んだ候補遺伝子についてタカナリとコシヒカリ間で配列解析を行った。

(イ) CSSLsの多肥条件下での収量試験

タカナリ背景CSSLsのうち弱勢や極晩生系統を除く35系統およびタカナリを各系統22.2株 m⁻²、6条×20株、3反復で栽培した。N施肥は基肥として緩効性肥料LP40(4gN m⁻²)とLP100(8gN m⁻²)を、穂肥としてLP40(6gN m⁻²)を施用した(合計18gN m⁻²)。成熟期に各試験区内部の40株(4条×10株)を刈りし、収量および収量構成要素を調査した。

II. 研究結果

(ア) シンク・ソース能QTLのマッピング

a *GPS7*

*GPS7*を有するCSSL(SL-*GPS7*)およびタカナリの生育期間中の光合成速度を調査した結果、移植後1ヶ月では両者に差が無いものの、最高分けつ期頃からSL-*GPS7*の光合成速度がタカナリより高く

なり、登熟中期頃までその差が観察された(図1)。穂ぞろい期の止葉の光合成速度について組み換え固定系統を用いて置換マッピングを進めた結果、*GPS7*の候補領域をID07_38からID07_57の154kbまで狭めた(図1)

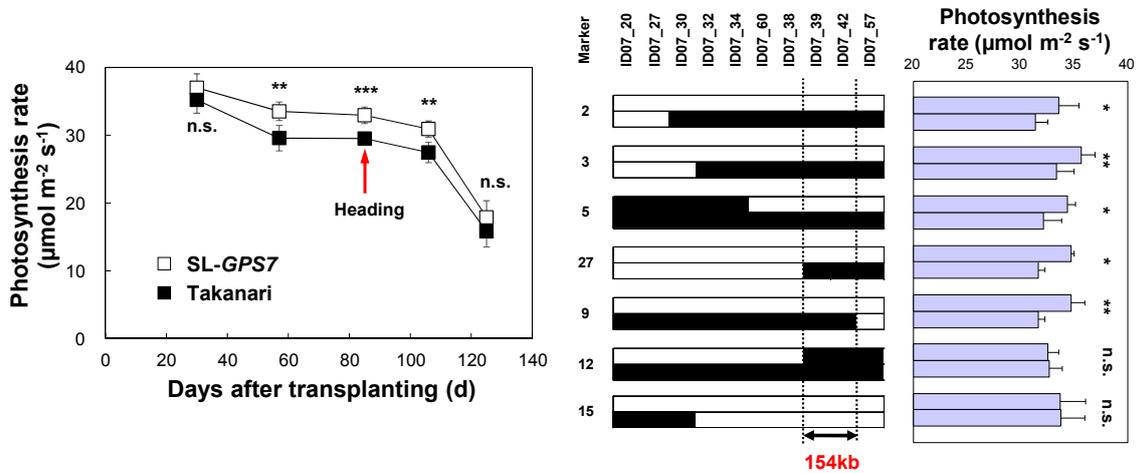


図1 第7染色体の個葉光合成QTL-*GPS7*の特性とマッピング

- 1) ***, **, *はそれぞれ0.1%, 1%, 5%水準で有意差があることを示す。
- 2) 図右の白抜きはコシヒカリ型、黒塗りはタカナリ型の領域をそれぞれ示す。

b *MP3*

*MP3*を有するCSSL(SL-*MP3*)およびタカナリの移植～出穂期までの分けつ数の推移を調査した結果、標準栽培では、移植後18日目でSL-*MP3*の分けつ数がタカナリよりも多くなり、最高分けつ数および最終的な出穂期の有効分けつ数(穂数)も多く推移した(図2)。疎植栽培でも同様の推移が観察されたが、多肥栽培では生育初期には差は見られず、最高分けつ期以降でSL-*MP3*の分けつ数がタカナリよりも多く推移した。穂ぞろい期の穂数について組み換え固定系統を用いて置換マッピングを進めた結果、*MP3*の候補領域をID03_8からID03_16の899kbまで狭めた(図2)。

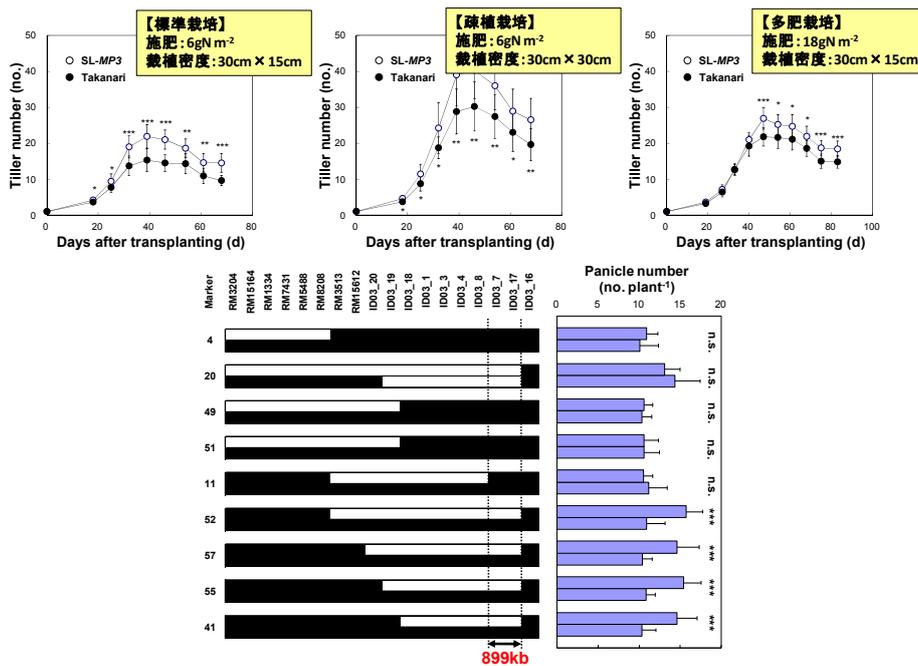


図2 第3染色体の穂数QTL-*MP3*の特性とマッピング

(イ) CSSLsの多肥条件下での収量試験

多肥条件下でタカナリ背景CSSLsを栽培した結果、タカナリの玄米収量が 1kg m^{-2} を超える高収量水準での試験となった(図3)。収量構成要素の1つである穂数に関しては、第3染色体の一部がコシヒカリ型に置換されたSTK10がタカナリに対して有意に多くなったが、これはMP3の効果であると考えられた。一穂粒数についてはタカナリに比較して有意に増加するCSSLは見られなかった。一方で、登熟歩合と1000粒重においては、タカナリに対して有意に増加する系統が複数観察されたが、これらは一穂粒数の減少を伴っていることが多く、結果として多肥条件下においてタカナリの玄米収量を有意に上回るCSSLsは確認できなかった。

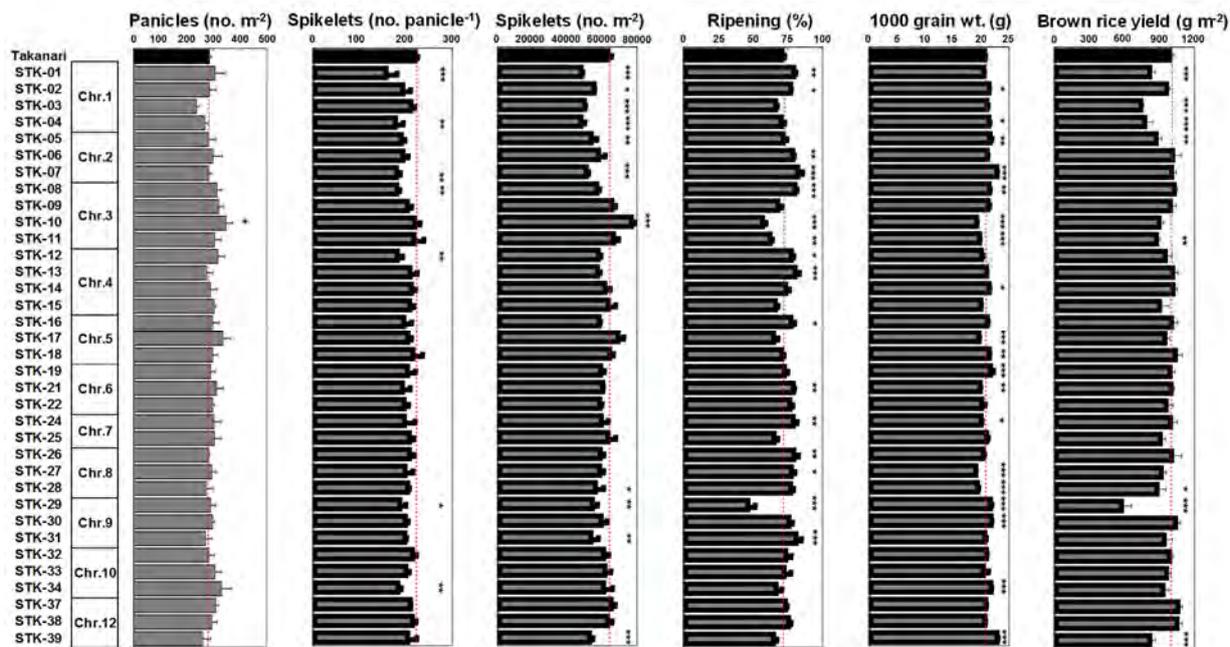


図3 タカナリ背景CSSLsの多肥条件下での収量および収量構成要素の比較

1) ***, **, *は Dunnett 検定でそれぞれ 0.1%、1%、5%水準でタカナリとの間に有意差があることを示す。

3) 成果活用における留意点

残念ながら多肥条件下の収量試験では、タカナリの収量を有意に上回るCSSLsが認められなかったため、新規のQTL検出はできなかった。今後はGPS7とMP3に絞って研究を進めることになるが、各々のNILの作成に加えて両QTLの集積系統を作成し、その収量評価をすることが重要であると考えている

4) 今後の課題

GPS7およびMP3の候補遺伝子を絞り込むためには更にマッピングを進める必要がある。現在大規模選抜により、候補領域内で組換えを起こした個体由来の組換え固定系統を作出している。これら固定系統を用いた高精度連鎖解析により候補遺伝子の絞込みを目指す。同時に、NILの作出も進め、GPS7およびMP3の収量への寄与を収量試験により検証する。

「イネのDNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2006

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: 光合成効率を高める QTL の単離と集積

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・稲研究領域・稲形質評価ユニット・山本敏央

1) 研究目的

収量性の中でも特にソース能と呼ばれる光合成効率 (炭酸同化効率) に関わる諸形質は極めて解析困難な量的形質である。このような形質の遺伝的基礎を明らかにするためには環境や他のゲノム領域の影響を極力排除した実験系を作って解析を行う必要がある。本研究では、ソース能に関わる諸形質のうち、1) 個体として備えるべき重要な要因である個葉光合成速度、また光合成速度を高める要因として期待される蒸散および吸水に関わる諸形質、2) 群落として備えるべき重要な要因である葉身傾斜角度、に注目し、それらに関係する QTL の単離同定を行う。また QTL 領域を限定した準同質遺伝子系統を作出し、育種素材としての価値を検討すると同時に遺伝子の機能を解明する。

2) 研究成果

多収で個葉光合成速度の高いインド型品種タカナリやハバタキと日本型品種コシヒカリの交雑後代から作出した正逆の染色体断片置換系統群および戻し交雑固定系統群等を用いて、個葉光合成速度、葉面温度、葉身傾斜角度に関する QTL 解析を行った。また登熟期間中の光合成活性に優れた多収品種アケノホシとコシヒカリの交雑後代から作成した組み換え自殖固定系統群を用いて出液速度および葉色低下に関する QTL 解析を行った。検出された QTL の連鎖解析による候補遺伝子の絞り込みを行うとともに、QTL を含む準同質遺伝子系統の栽培試験によってこれら QTL の作物生産に対する貢献を明らかにした。

(1) タカナリ対立遺伝子が個葉光合成速度を高める QTL

第 10 染色体の長腕に位置し、気孔伝導度を高めることで個葉光合成速度を増加させる QTL の候補領域を 450kb に絞り込んだ (図 1)。この QTL を含む 2.7Mb のタカナリゲノム断片を持つコシヒカリ準同質遺伝子系統は個葉光合成速度が高いことに加えて、出穂期以降の地上部乾物重の増加を示した (図 2)。

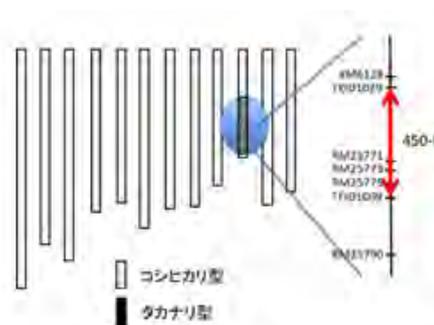


図1 第10染色体の個葉光合成速度に関する QTL に関する準同質遺伝子系統のグラフ遺伝子型および遺伝子の位置

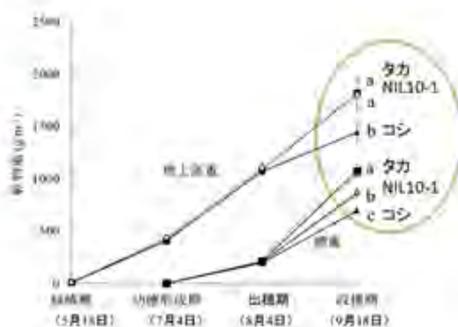


図2 NILの地上部乾物重および穂重の推移

(2) ハバタキ対立遺伝子が個葉光合成速度を高める QTL

ハバタキ対立遺伝子が光合成速度を高める QTL, *qCAR8* を同定した。さらにファインマッピングによって *CAR8* がコードするタンパク質が CCAAT-box-binding 転写因子である *OsHAP3H* であり、これは開花時期の制御に関わる遺伝子 *DTH8/Ghd8/LHD1* と同じであることを明らかにした (図 3)。NIL(*CAR8*) の高い光合成速度には、葉の窒素含量が高いことによって RuBP 再生速度が大きいこと、根からの水輸送能力が大きく気孔伝導度が大きいことが関与していた。

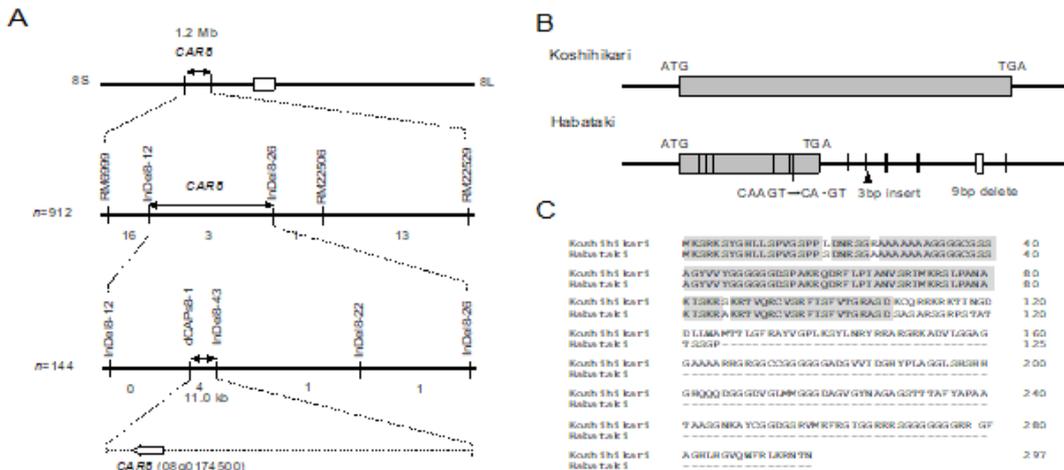


図 3 ハバタキ対立遺伝子が光合成速度を高める QTL, *qCAR8* のマップベースクローニング(A)、遺伝子構造(B)およびアミノ酸配列の比較(C)

(3) コシヒカリ対立遺伝子が個葉光合成速度を高める QTL

タカナリ背景の戻し交雑固定系統群において、タカナリを上回る個葉光合成速度を示す系統が複数得られたことから、個葉光合成速度を高めるコシヒカリ対立遺伝子が存在することが示された (図 4)。これら高光合成系統はタカナリ同様に葉が厚いことに加えて、コシヒカリと同様に小さく内部突起が発達した葉肉細胞形態を示し、その結果として葉肉コンダクタンスが高まり個葉光合成速度の増加に繋がると考えられた。戻し交配集団の QTL によって関与する QTL は第 1 染色体短腕、長腕、第 3 染色体、第 7 染色体などに推定された (図 5)。

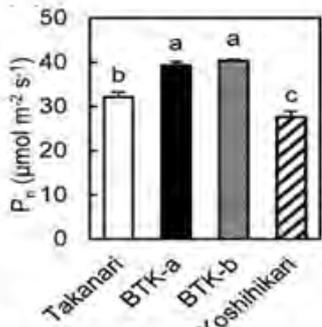


図 4 タカナリ背景の戻し交雑固定系統群から得られた高光合成速度系統 (BTK-a および BTK-b)

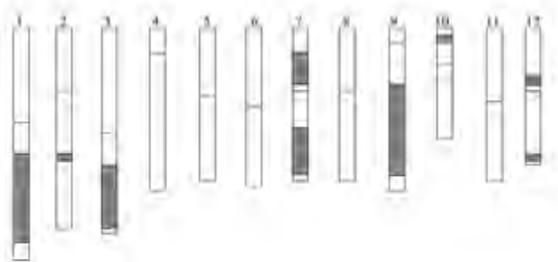


図 5 高光合成系統のグラフ遺伝子型。白がタカナリゲノム、黒がコシヒカリゲノムを表す

(4) タカナリ対立遺伝子が葉面温度を低下させる QTL

戻し交雑固定系統群について最高分けつ期から出穂期にかけて赤外線サーモグラフィーで熱画像を

撮影し、タカナリ対立遺伝子が群落の葉面温度を約 0.5 度下げる QTL を第 11 染色体に見出した。このゲノム領域をタカナリ型で有するコシヒカリ準同質遺伝子系統は葉温を低下させるとともに個葉光合成速度を上げる効果を有していた (図 6)。

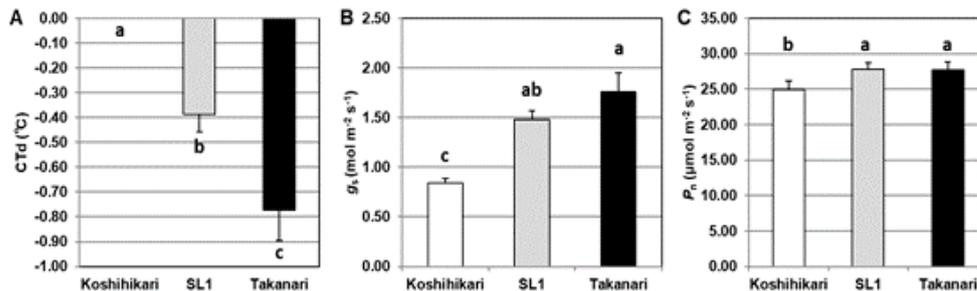


図6 葉面温度を低下させるQTLを導入した準同質遺伝子系統SL1の特性。(A)葉面温度差(対コシヒカリ)、(B)気孔コンダクタンス、および(C)光合成速度

(5) タカナリ対立遺伝子が葉身傾斜角度を高める QTL

スマートフォンの加速度センサーを用いた角度測定ソフトを利用して、タカナリ型対立遺伝子が葉身傾斜角度を高める QTL を第 3 染色体に見出した。このゲノム領域 (約 3Mb) をタカナリ型で有するコシヒカリ準同質遺伝子系統 (NIL3) はコシヒカリよりも群落における受光態勢に優れ (図 7)、また高い地上部乾物重を示した (図 8)。

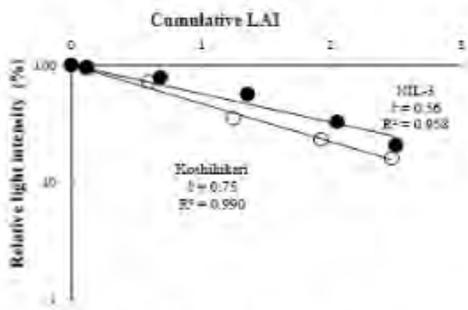


図7 タカナリ型で葉身傾斜角度を高めるQTLを導入したコシヒカリ背景の準同質遺伝子系統の積算葉面積指数、相対照度および吸収係数

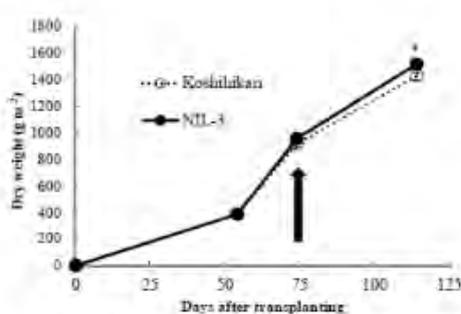


図8 タカナリ型で葉身傾斜角度を高めるQTLを導入したコシヒカリ背景の準同質遺伝子系統の地上部乾物重の推移

(6) アケノホシ対立遺伝子が水伝導度を高める QTL および葉色低下を抑制する QTL

アケノホシ型対立遺伝子で出液速度を高める QTL を第 2 染色体長腕に検出した (図 9)。同 QTL を含むコシヒカリ遺伝背景の染色体断片置換系統は登熟期間中の光合成速度が高い傾向が見られた。アケノホシ型対立遺伝子で出穂期以降の葉色低下を抑制する QTL を第 3 染色体に検出した (図 10)。同 QTL を含むコシヒカリ遺伝背景の染色体断片置換系統は登熟期間中の窒素の蓄積を高める傾向が見出された。

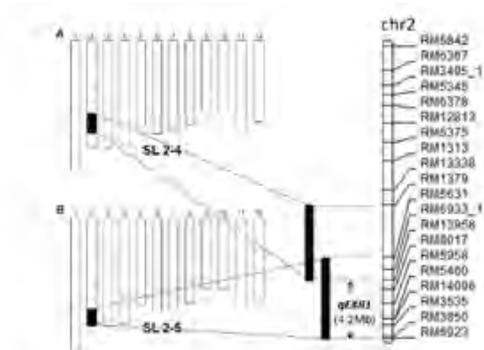


図9 アケノホシに由来する出液速度に関するQTL (*qEXR1*) の候補ゲノム領域とそれを保有するコシヒカリ背景の染色体断片置換系統 (SL2-5)

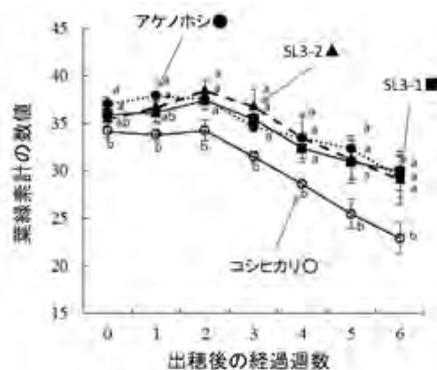


図10 葉色低下に関するQTLを持つ染色体断片置換系統SL3-1・SL3-2の出穂期以降の葉色低下の推移

3) 成果活用における留意点

タカナリは現在でも国内で最多収の水稲品種の一つである。また最近では業務用多収品種などの育成に外国稲(インド型) 遺伝資源の利用が進む。このような背景から本成果である QTL 情報、選抜用 DNA マーカーおよび準同質遺伝子系統は、多収性に関わるゲノム育種選抜に利用可能である。しかしタカナリを母本とした既存品種については既に本課題で明らかにした QTL が備わっている可能性があり事前の確認が必要である。

4) 今後の課題

本課題で対象としたソース能関連形質は総じて環境影響を受けやすく、また単一個体やヘテロ接合個体での評価が極めて困難な複雑形質である。このため見出した QTL の存在は確実と考えられるものの 5 年間では遺伝子の特定には至らないものも多かった。特に個葉光合成速度や葉面温度は 7 月から 8 月の天候に左右されることもあり、評価法については今後とも周辺技術の進歩に合わせて改善される必要がある。乾物生産の増加が確認された個葉光合成速度や葉身傾斜角度についても年次変動や環境影響を考慮して形質発現の安定性については引き続き確認を続ける必要がある、また子実生産に貢献するかどうかも引き続き検討が必要である。

「イネのDNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2007

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: 低温土中出芽性に寄与する遺伝子の単離

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 富山県農林水産総合技術センター・農業研究所・育種課・山口琢也

1) 研究目的

直播は、水稲における主要な低コスト化技術のひとつであるが、苗立の不安定性などの理由から、全国的な普及率は極めて小さい。本研究では、苗立性を決定する主因子として「低温土中出芽性」に着目し、「阿波赤米」等に由来する低温土中出芽性に寄与する遺伝子の単離を行う。また、本州以南での水稲育種に活用可能な、「コシヒカリ」を遺伝背景とする低温土中出芽性の準同質遺伝子系統 (NIL) の開発を行う。従来から行われてきた単交配による育種では、苗立性と穂発芽性の連鎖を切った系統は育成できず、有用な中間母本を得るに至らなかった。そこで、本研究では、遺伝背景を「コシヒカリ」に統一し、ピンポイントで低温土中出芽性を改良した系統と、穂発芽耐性を改良した系統をそれぞれ交配し、これらの集積を行うことにより、実用性が極めて高い育種素材の作出を試みる。

2) 研究成果

研究方法

(1) 形質評価方法

低温土中出芽性は、種子を休眠打破・消毒後、15 × 3 日間の浸種を行い、20 粒 6 反復で播種を行った。播種深度は深さ 1cm とし、代掻き土壌を覆土した。播種後は、落水条件、15 × 一定で、30 日間静置し土中出芽率を調査した。低温伸長性は、種子を休眠打破し、種子消毒および 15 × 3 日間の浸種を行い、30 × で催芽を行った後、鳩胸種子を湿らせたペーパータオル上に 20 粒ずつ播種した。15 × で 7 日間、暗黒下で静置後の芽長を測定した。低温発芽性は、種子 100 粒をろ紙を敷いたシャーレに入れて加水し、15 × で 7 日間静置した後、3 反復で発芽率を調査した。穂発芽性は、出穂後 40 ~ 45 日目にサンプリングした穂を 48 時間以内に脱粒し、100 粒を湿度 100%・28 × の条件に 7 日間置いた後、3 反復で発芽率を調査した。圃場での機械播種実験は、I 社条播機で、無催芽・カルパー無コーティングとして行い、乾籾換算で 4.0kg/10a の播種量とした。播種後は落水出芽法により出芽促進させ、30 日後に苗立調査を行った。

(2) 材料養成

コシヒカリ背景で、阿波赤米型で低温土中出芽性を高める QTL (qESS11、qESS4) について、BC4 または BC5 を用いた CSSLs を養成し、組み換え自殖固定系統の選抜を行い、候補領域を絞り込む材料の養成を行った。また、それぞれについて準同質遺伝子系統 (NILs) の作出を行い、最終的に qESS11 と qESS4 の集積系統 (PYLs) の育成を行った。qESS11 については、穂発芽性を促進する多面発現があったため、コシヒカリ背景で穂発芽耐性を向上させる Kasalath 由来の Sdr1、Sdr4 および八バタキ由来の Sdr7 との PYLs を養成した。また、直播試験にあたり、コシヒカリは倒伏が問題となることから、qESS11、qESS4、sd1 の集積系統を養成した。

(3) qESS11 の単離

qESS11 に関しては、160kbp の候補領域の BAC クローンの解読を行い、候補遺伝子の絞り込みを行った。さらに、BAC クローンをカバー領域が段階的に異なるサブクローンへ分割し、再分化効率に優れた「SL201」(「コシヒカリ」を遺伝背景として第 1 染色体短腕を Kasalath 型で有する染色体断片置換系統) へ候補領域を導入した形質転換体を作成した。収穫した T1 種子により出芽特性の形

質評価を行い、候補領域を狭小化し、絞り込まれた候補遺伝子については、過剰発現体を作成するとともに、CRISPR/Cas9 系による「阿波赤米」型遺伝子のノックアウトを行った。

研究結果

(1) qESS11 の NIL 育成および穂発芽耐性遺伝子の集積

QTL 解析において最も寄与率の高い遺伝子であった qESS11 に関して、組み換え点の異なる 22 種類の組み換え自殖固定系統群によるマッピングを行った結果、「日本晴」ベースで 81kbp まで絞り込みを行う事ができた(図 1)。これらの情報を用い、阿波赤米型の断片長が 210k, 236k, 455kbp の 3 種類の qESS11 - NIL 作出を行ったところ(図 2)、低温土中出芽性に優れるほかは、収量性及び品質、食味がコシヒカリと同等であることが確認できた。

しかしながら、qESS11-NIL には穂発芽しやすいという多面発現が存在したため、穂発芽耐性遺伝子との集積実験を試みた(図 3)。その結果、穂発芽耐性遺伝子と qESS11 を共存させることにより、多面発現を抑制し、高い苗立ち性を得ることができると分かった(図 4)。

さらに、これらの系統について、4 月中旬の低温条件において直播試験を行った結果、育成系統は高い苗立ち性を示し、直播における収量性の安定に寄与できることが示唆された(図 5)。

(2) qESS4 の NIL 育成および qESS11 との集積

QTL 解析において低温伸長性の改善効果を有する qESS4 に関して、組み換え点の異なる 14 種類の組み換え自殖固定系統群によるマッピングを行った結果、約 500kbp まで絞り込みを行う事ができた(図 6)。そこで、阿波赤米型の断片長が 750kbp の qESS4 - NIL を作出したところ、低温土中出芽性に優れるほかは、収量性及び品質、食味がコシヒカリと同等であることが確認できた。そこで、前述の主導遺伝子 qESS11 と、qESS4 の集積系統の作出を行ったところ、ふたつの QTL を組み合わせることにより、より高い低温伸長性を得ることができた(図 7)。また、コシヒカリは直播で倒伏しやすいため、短稈化を行うことで倒伏の軽減を図れるが、sd1 で短稈化すると、低温伸長性が劣る問題があった。そこで、qESS4、qESS11、sd1 の集積実験を行ったところ、阿波赤米由来の土中出芽性遺伝子が存在すれば、sd1 の負の効果がキャンセルされ、高い低温伸長性を得ることが可能であった。

(3) qESS11 の単離

組み換え自殖系統によるマッピングを行った結果、qESS11 の候補領域は「日本晴」ベースで 81kbp であったが、BAC クローンの塩基配列の解読を行ったところ、「阿波赤米」ではゲノム構造が大きく異なり、当該領域が 160kbp とほぼ 2 倍の長さになっていた。また、NCBI のデータベース検索では、「阿波赤米」の当該領域には、「日本晴」に存在しない複数の遺伝子が座乗していることが明らかになった。そこで、BAC クローンを 10~40kbp のサブクローンへ分割し、160kbp 全体をカバーする 10 個のサブクローンとして形質転換体を作成したところ、Sbc-6 のみで、浸種後 7 日目の発芽率が「コシヒカリ」よりも高まることが明らかになった(図 8)。また、Sbc-6 は、14 日目までの伸長性も優れていたため、qESS11 の候補領域は、3.4kbp に狭小化された。これにより、「阿波赤米」配列上の候補遺伝子は 1 つになったため、過剰発現体の作成を行ったところ、阿波赤米型で出芽が促進されることが確認できた。さらに、準同質遺伝子系統(と系 1528)を材料としたゲノム編集によるターゲット遺伝子のノックアウトを行ったところ、qESS11 が破壊されることにより、低温発芽性および低温伸長性が低下することが確認できた。

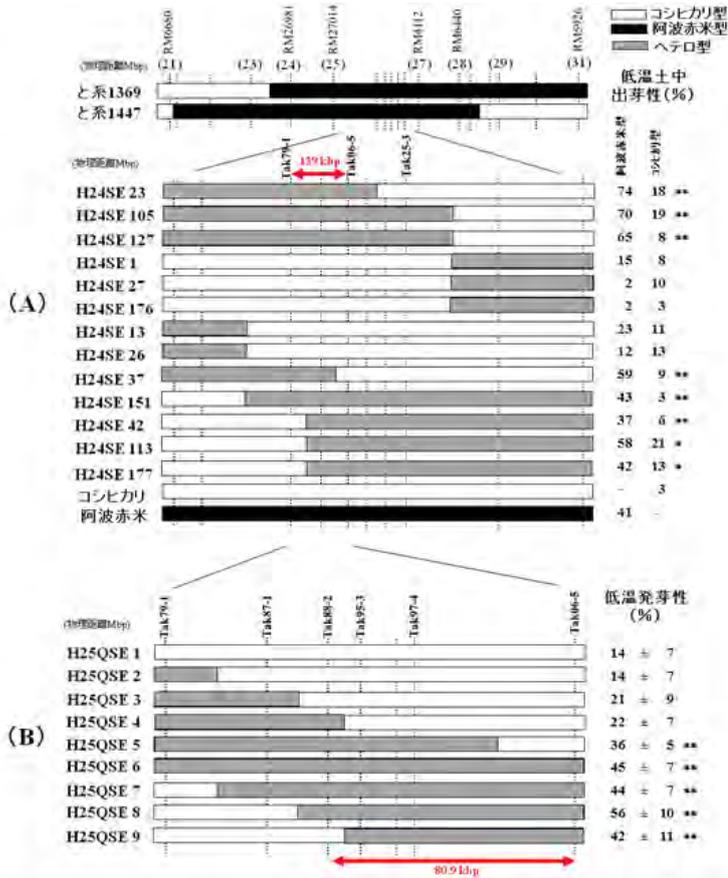


図1. qESS11の組み換え自殖固定系統群によるマッピング

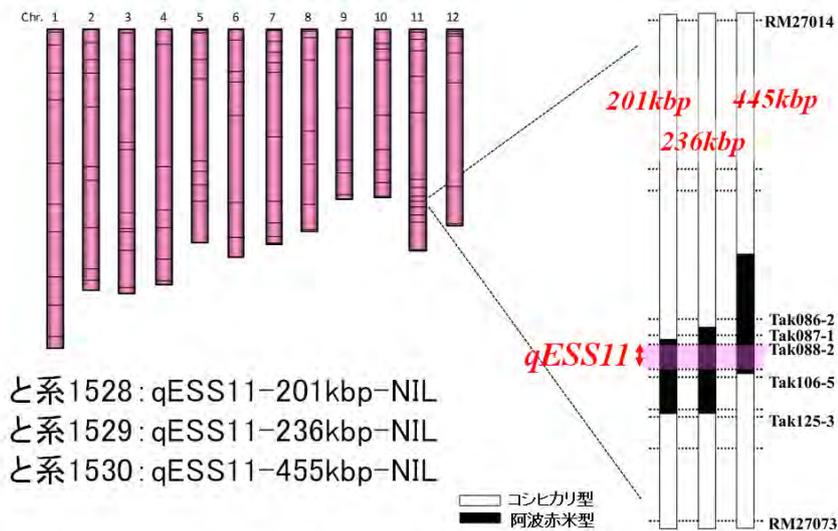


図2. qESS11のNILsのグラフ遺伝子型

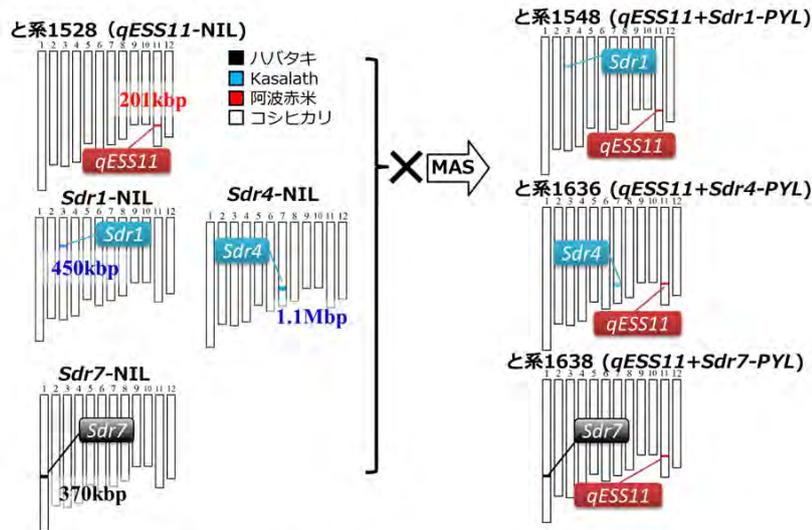


図3. *qESS11*と穂発芽耐性遺伝子のPYLs育成

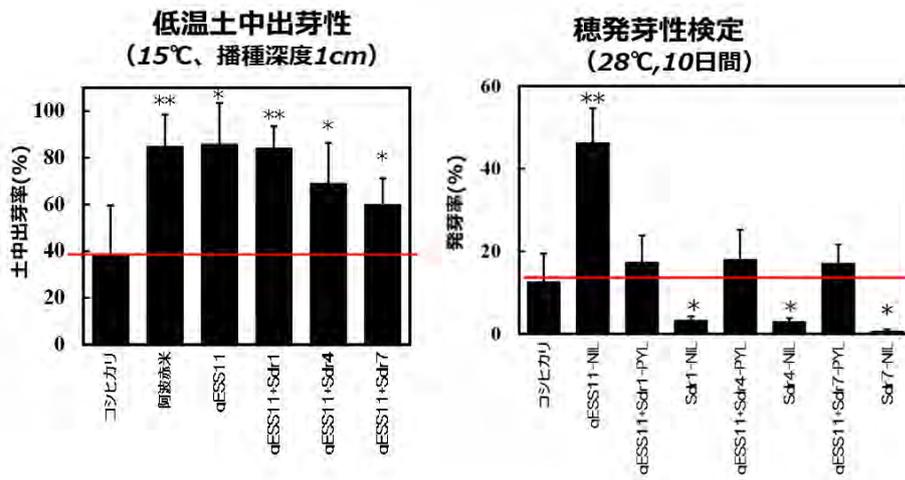


図4. *qESS11*と穂発芽耐性PYLsの出芽特性

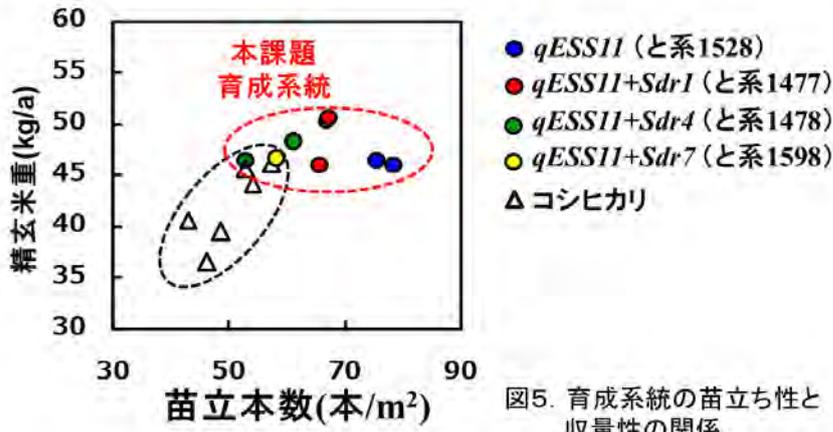


図5. 育成系統の苗立ち性と収量性の関係

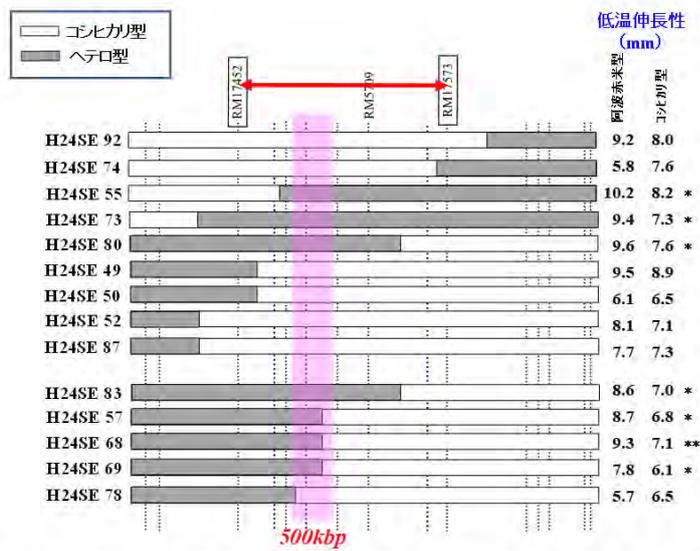


図6. *qESS11*の組み換え自殖固定系統群によるマッピング

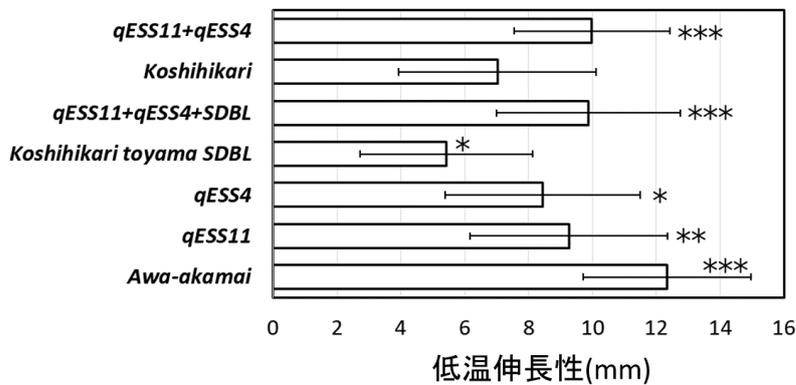
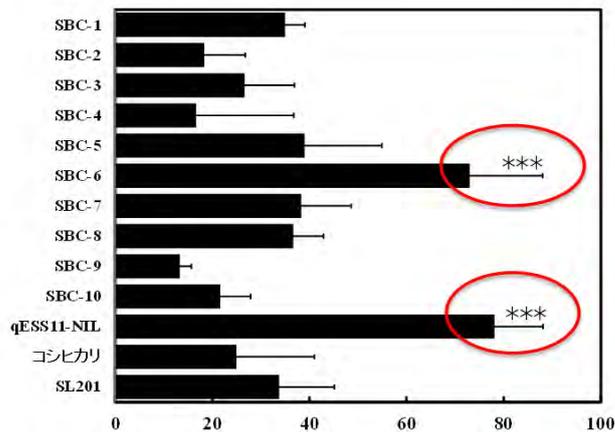


図7. *qESS4*と*qESS11*のPYLsの低温伸長性



14°C, 7日間処理における発芽率 (%)

***は、SL-201に対して有意に発芽率が高いことを示す。



15°C, 14日間処理における伸長性

図8. qESS11の候補領域の形質転換体の作出

3) 成果活用における留意点

qESS11は、単独では穂発芽性の多面発現があるため、Sdr1などの穂発芽耐性遺伝子と集積することで、実用化をはかる事ができる。

育成したqESS11およびqESS4のNILsおよびそれらの集積系統については、育種素材として活用し、共同研究機関などと共同で、品種の育成者権を取得することを検討する。

4) 今後の課題

低温土中出芽性に関しては、阿波赤米の遺伝解析により、原因遺伝子を特定することができたが、今後は、出芽後の初期伸長性を高める新たな遺伝子資源の発掘を行い、本研究で育成したNILsとの集積により、直播での苗立ち性がより安定した母本の育成を行っていく必要がある。

また、qESS11と相互作用して低温土中出芽性を決定している遺伝子が明らかになれば、種子発芽の制御メカニズムが明らかになり、ゲノム編集や突然変異体の作出によって、さらに苗立ち性に優れた遺伝子資源の作出を行うことができると考えられる。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2008

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: 寒地におけるイネ圃場苗立ち性に関する QTL のマッピングと集積

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: ホクレン農業総合研究所・作物生産研究部・畑作物開発課・岩田夏子

1) 研究目的

水稻直播栽培は稲作の規模拡大および省力化に不可欠な栽培技術である。寒地である北海道で直播栽培を普及させるためには、高度苗立ち性 (seedling establishment) を有する早生の直播栽培向け品種の開発が必要である。苗立ち性は年次変動が大きいため安定した選抜が重要であり、苗立ち性に関する選抜技術 (DNA マーカー) の開発および利用が有効であると考えられる。我々はこれまでに、苗立ち性が優れるポルトガル由来の水稻品種「Arroz Da Terra」(ADT) と苗立ち性が劣る北海道の栽培品種「ほしのゆめ」の間で遺伝解析を行い、「ADT」由来の苗立ち性および低温発芽性を向上させる複数の量的形質遺伝子座 (QTL)、*qSES11*、*qSES7-1* 等を見出した。本課題では、これらの QTL を対象として、(1) 単独および集積効果の検証、(2) 有望な QTL のマッピング、(3) 高度苗立ち性を有する準同質遺伝子系統 (NIL) の育成を行い、選抜 DNA マーカーおよび育種素材を開発する。

2) 研究成果

(1) 研究方法

ア．苗立ち性 QTL の効果検証とマッピング

「ほしのゆめ」の遺伝背景において、「ADT」由来の *qSES11* および *qSES7-1* の苗立ち性に対する単独および集積効果、他形質への影響評価を行い、2 つの QTL の育種利用の方針を検討した。*qSES11* については組み換え固定系統群を作出し、候補領域の絞り込みを行った。

圃場での苗立ち性検定 (圃場苗立ち性検定) は、シーダーテープで加工した 1 系統 50 粒の種籾 (催芽処理なし) を、試験用木枠 (底面は金網) に固定し、播種深度が 1cm となるよう水田土壌を覆土後、圃場に設置した。湛水下で約 30 日間養成し、本葉が展開した個体を苗立ち個体として苗立ち率を調査した。

イ．QTL の農業形質への影響評価

「ほしのゆめ」背景の NIL を移植栽培により栽培し、移植 1 か月後 (移植栽培) の茎数および草丈、出穂期、成熟期、成熟期の稈長、穂長、穂数、倒伏程度、精玄米重、精玄米千粒重、籾数、耐冷性 (冷水かけ流し検定)、葉いもち病抵抗性、玄米の粒形 (粒厚、粒幅、粒長) および品質を調査した。

ウ．育種素材の開発

北海道の直播栽培用品種「ほしまる」(苗立ち性弱)へ苗立ち性 QTL を導入した NIL を育成し、苗立ち性および農業形質を評価した。苗立ち性は上記アと同様に、農業形質は上記イと同様に、移植栽培と直播栽培により評価した。

(2) 研究結果

ア．苗立ち性 QTL の効果検証とマッピング

(ア)NIL および集積系統の育成 (平成 25 年 ~ 26 年)

北海道の栽培品種「ほしのゆめ」を反復親、*qSES11* および *qSES7-1* 領域がそれぞれ「ADT」型の戻し交雑自殖系統 (ほしのゆめ/ADT//ほしのゆめ BC₁F₆) を 1 回親として戻し交雑を行った。BC₃ 世代において、「ほしのゆめ」と「ADT」の間で多型を示す全染色体に分布する 189 個の SNP マーカーおよび 74 個の SSR マーカーを用いた遺伝子型判定を行い、対象領域以外の SNP および SSR マーカーが全て「ほしのゆめ」型に置換した個体を選抜した。BC₄ 世代において、*qSES11* 領域を含む 7

Mbp が「ADT」型に固定した系統 (S11A-HS)、*qSES7-1* 候補領域を含む 10 Mbp が「ADT」型に固定した系統 (S7-HS)、2 領域がともに「ADT」型に固定した集積系統を育成した (図 1)。

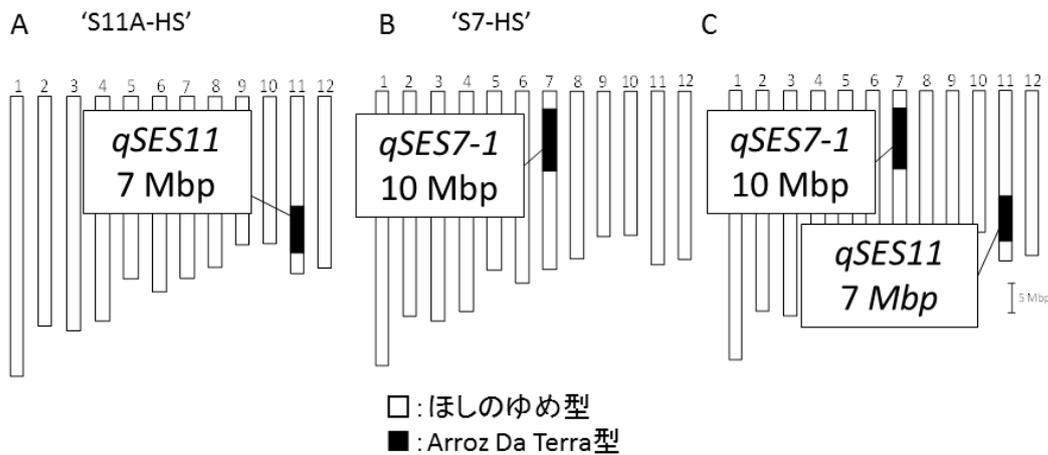


図1. 「ほしのゆめ」を遺伝背景とする*qSES11*(A) および*qSES7-1*(B)に関するNILおよび集積系統(C)のグラフ遺伝子型図
SNPおよびSSRマーカー計263個による判定

(イ) 各 QTL 単独での効果検証 (平成 26 ~ 27 年) およびマッピング (平成 26 年 ~ 28 年) 2 年 (平成 26 年 ~ 27 年) の圃場苗立ち性検定の結果、*qSES11* と *qSES7-1* の各 QTL 領域が単独で「ADT」型の系統の苗立ち率は、同領域が「ほしのゆめ」型の系統より、*qSES11* では 8.4 ~ 13.7 %、*qSES7-1* では 11.2 ~ 14.5% 有意に高く、各 QTL の単独での苗立ち率向上効果が認められた (図 2)。 *qSES11* の候補領域の絞り込みを行い、選抜 DNA マーカーを開発した。

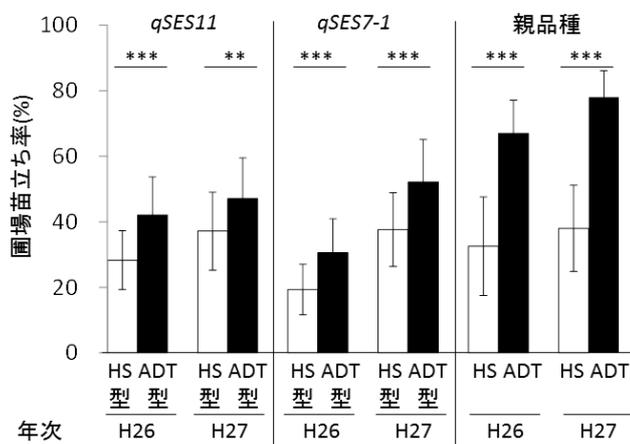


図2. 「ほしのゆめ」背景のNILを用いた*qSES11*および*qSES7-1*の苗立ち性向上効果の検証 (平成26~27年)
□: 「ほしのゆめ」(HS)、■: 「Arroz Da Terra」(ADT)
各12~20反復の平均値を示す。
, *: 各遺伝子型の間で1%および0.1%水準の有意差があることを示す (検定)。

(ウ) QTL の集積効果の検証 (平成 27 ~ 28 年) *qSES11* および *qSES7-1* の 2 領域が「ADT」型の集積系統の苗立ち率は、1 領域ずつが「ADT」型の NIL よりもやや高い傾向が認められたものの、有意な差は認められず、2 年 (平成 27 年 ~ 28 年)

を通じて明瞭な集積効果は検出されなかった（図3）。

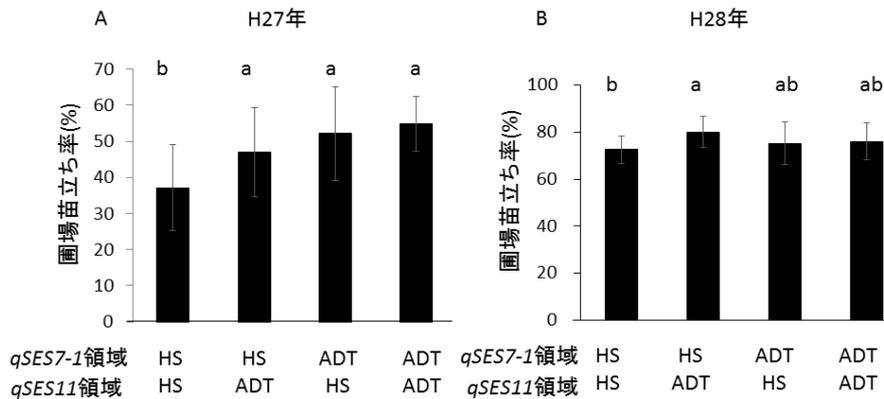


図3.「ほしのゆめ」背景における*qSES7-1*と*qSES11*領域に関する集積系統の苗立ち率 (A:平成27年、B:平成28年)
 HS:「ほしのゆめ」型、ADT:「Arroz Da Terra」型
 各12~20反復の平均値を示す。
 異なるアルファベット文字はTukey-HSD検定で5%水準の有意差があることを示す。

イ. QTL の農業形質への影響の評価（平成27年～28年）

qSES11 および *qSES7-1* 領域を「ADT」型に置換した場合の農業形質への影響を検討するため、NILと遺伝背景に用いた「ほしのゆめ」との農業形質の比較を行った。2か年の評価を通して、*qSES11* 領域を含む7 Mbpが「ADT」型に置換されると、「ほしのゆめ」と比べて、初期生育茎数（移植1か月後の茎数）と成熟期の穂数が増加し、玄米粒厚の減少が認められたが、精玄米重の減少は認められなかった（表1）。なお、出穂期、成熟期、耐冷性、稈長、穂長、粒長、葉いもち病抵抗性については3か年を通じて*qSES11* 領域の影響は認められなかった。一方で、*qSES7-1* 領域が「ADT」型の系統（S7-HS）は、「ほしのゆめ」と比較して、早生および短稈化、精玄米重の減少、玄米の着色などの違いが認められた（表2）。よって、本研究課題における育種素材の開発に際しては、2種のQTLのうち農業形質への影響がより少ない*qSES11*を優先することとした。

表1.「ほしのゆめ」背景に「ADT」型*qSES11*が導入されたNILの農業形質（平成27～28年、移植栽培）

年次	品種系統名	初期生育 茎数 (本/m ²)	到穂 日数 (日)	成熟期 稈長 (cm)	成熟期 穂長 (cm)	成熟期 穂数 (本/m ²)	精玄米 重 (kg/a)	精玄米 干粒重 (g)	粒長 (mm)	粒幅 (mm)	粒厚 (mm)
H27	S11A-HS	206 **	100 ns	66.0 ns	15.6 ns	602 *	55.7 ns	21.6 ***	5.15 ns	2.81 ***	1.97 **
	ほしのゆめ	173	100	64.5	15.4	537	52.7	22.4	5.17	2.86	2.00
H28	S11A-HS	188 *	99 ns	72.3 ns	16.2 ns	655 *	64.5 ns	22.7 ns	5.27 ns	2.76 ns	1.96 *
	ほしのゆめ	173	99	73.0	16.6	614	66.2	23.1	5.31	2.75	2.00

注1: *, **, ***: 5%, 1%, 0.1%水準で「ほしのゆめ」に対する有意差あり(t検定)

注2: 粒長、粒幅、粒厚は、SATAKE穀粒判別器RGQI10Bを用いた玄米各1000粒の平均値を示す。

表2.「ほしのゆめ」背景に「ADT」型*qSES7-1*が導入されたNILの農業形質（平成27年、移植栽培）

品種系統名	初期生育 茎数 (本/m ²)	到穂 日数 (月.日)	成熟期 稈長 (cm)	成熟期 穂長 (cm)	成熟期 穂数 (本/m ²)	精玄米重 (kg/a)	精玄米 干粒重 (g)	玄米 色
S7-HS	171 ns	97 ***	60.7 ***	15.0 ns	523 ns	48.6 *	22.3 ns	淡褐
ほしのゆめ	173	100	64.5	15.4	537	52.7	22.4	白

注: *, ***, 5%および0.1%水準で「ほしのゆめ」に対する有意差あり(t検定)

ウ．育種素材の開発

より直播適性の高い育種素材を開発するため、「ほしまる」背景のNIL (S11A-HS) を1回親、北海道の直播栽培向け品種「ほしまる」を反復親とした戻し交雑を行い、「ほしまる」への「ADT」型 *qSES11* の導入を進めた。BC₄F₁ 世代において全ゲノムのSNP タイピングを行い、対象領域以外のSNP マーカーが全て「ほしまる」型に固定し、*qSES11* 領域がヘテロ型の1個体を選抜した。BC₄F₃ 世代においてヘテロの領域が固定した個体を選抜し、「ADT」型 *qSES11* 領域がホモ型に固定したNIL を作出した。作出したNIL の苗立ち性および農業形質を評価した（平成29年）。

平成29年度は高温で推移したため、全体的に生育が早く、例年の調査時期（播種30日後）には親品種間の苗立ち率の差が小さかった。よって、平成29年度は、例年より早い播種後11日目の出芽率を指標として供試系統を評価した。その結果、「ほしまる」背景のNIL の出芽率は、「ほしまる」より有意に高く、*qSES11* は「ほしまる」背景においても有意な効果を示すことが確認された（図4）。

農業形質については、NIL では「ほしまる」と比較して、成熟期の穂長、千粒重、粒長および粒幅の減少が認められたものの、直播栽培と移植栽培のいずれにおいても精玄米重の減少は認められなかった（表3）。初期生育茎数、出穂期、成熟期、成熟期の稈長、穂数、1穂粒数、倒伏程度、葉いもち病抵抗性、穂ばらみ期耐冷性については、NIL と「ほしまる」との間に差は認められなかった（表3 抜粋して記載）。以上の評価を通じて、「ほしまる」背景に「ADT」由来の *qSES11* が導入されたNIL は、苗立ち性が向上し、「ほしまる」との同質性が高まったことが確認された。

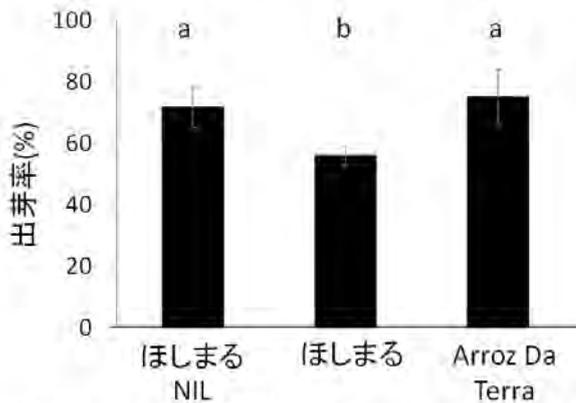


図4.「ほしまる」背景に「ADT」型 *qSES11* が導入されたNIL の圃場における出芽率(平成29年度)

各反復の平均値
異なるアルファベット文字はTukey-HSD検定で5%水準の有意差があることを示す。

表3.「ほしまる」背景に「ADT」型 *qSES11* が導入されたNILの農業形質(平成29年、直播および移植栽培)

栽培法	系統名	初期生育 茎数 (本/m ²)	到穂日数 (日)	成熟期 稈長 (cm)	成熟期 穂長 (cm)	成熟期 穂数 (本/m ²)	一穂粒数 (粒/穂)	精玄米重 (kg/a)	精玄米 千粒重 (g)	粒長 (mm)	粒幅 (mm)	粒厚 (mm)
直	NIL	698 ^{ns}	79 ^{ns}	72.1 ^{ns}	14.4 ^{ns}	850 ^{ns}	50.0 ^{ns}	67.2 ^{ns}	23.0 ^{ns}	5.19 ^{***}	2.86 [*]	2.03 ^{ns}
播	ほしまる	698	79	73.7	14.5	840	47.3	70.5	24.2	5.28	2.93	2.04
移	NIL	249 ^{ns}	87 ^{ns}	65.1 ^{ns}	17.1 ^{****}	641 ^{ns}	44.9 ^{ns}	63.1 ^{ns}	24.3 [*]	5.15 [*]	2.90 ^{***}	2.12 ^{ns}
植	ほしまる	240	87	68.5	18.4	587	44.6	64.2	25.2	5.22	2.96	2.15

注1: 移植栽培は各3反復、直播栽培は各2反復

注2: *, **, ****は、「ほしまる」との間に5%、1%、0.1%水準のt検定で有意差があることを示す。

注3: 粒長、粒幅、粒厚は、SATAKE穀粒判別器RGQ110Bを用いた玄米各1000粒の平均値を示す。

3) 成果活用における留意点

qSES11 の 1 領域では、「Arroz Da Terra」の苗立ち性には到達しない。より高い苗立ち性の付与を目標とする場合には、*qSES11* を保持する個体を DNA マーカー選抜した上で、表現型に基づいて高度苗立ち性系統を選抜する等が必要と考えられる。

4) 今後の課題

より高度な苗立ち性の付与のためには、新たな苗立ち性因子の探索および *qSES11* との集積利用が必要と考えられる。

「イネのDNAマーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号：13405915

研究期間：平成25～29年度

中課題名：イネのDNAマーカー育種の利用推進(RBS)

小課題番号：RBS2009

研究期間：平成25～26年度

小課題名：生産性向上をめざしたイネ根系形態遺伝子の解析

小課題代表研究機関・研究室・研究者名：農業生物資源研究所・農業生物先端ゲノム研究センター・イネゲノム育種研究ユニット・宇賀優作

1) 研究目的

近年の地球規模での環境変動や人口増加に対し、国内外における稲生産を安定・増産させることは重要な育種課題である。根系は土壌からの養水分の吸収にとって必須の器官であり、とくに、深根性（根が深く張ること）は収量や耐倒伏、干ばつ耐性などに関わる重要な農業形質である。しかし、形質評価の困難さのためにこれまで育種対象とならなかった。本研究課題では、イネの生産性向上をめざし、深根性に関与する量的形質遺伝子座(QTL)を1つ以上単離・同定し、その準同質遺伝子系統(NIL)を育成する。さらに、深根性遺伝子を導入した品種について収量性、耐倒伏性ならびに耐乾性への効果を検証し、品種育成につなげる。本課題は以下の2つからなる。

課題1：深根性遺伝子の導入による多収性および耐倒伏性の向上

これまでに、浅根型品種(IR64)と同品種に深根性遺伝子*DRO1*を導入した系統を比較栽培した結果、*DRO1*を導入した系統で登熟性や耐倒伏性が改善し、収量が10%向上することが分かった。国産飼料イネの中には、根が浅く登熟の悪い品種がみられることから、深根化により登熟性を改善し収穫量を上げることをめざす。そこで、飼料イネと深根型品種Kinandang Patong (KP)との交配より得た解析集団から深根性に関与するQTLを新たに同定する。さらに、準同質遺伝子系統を作製し、収量および倒伏性への効果を明らかにする。

課題2：深根性遺伝子の導入による干ばつ耐性の向上

浅根性品種の干ばつ耐性を強化することを目標に、これまでに遺伝効果の大きい深根性遺伝子を第4染色体に発見した(*DRO2*)。本研究では、*DRO2*の単離ならびに同定を行う。さらに、NILを作製し、干ばつ試験を行うことで、*DRO2*の耐乾性への効果を明らかにする。また、*DRO1*単独では十分な深根化には至っていないことから、更なる深根化をめざして、*DRO1*に相加的に働く新奇な深根性QTLの検出を試みる。

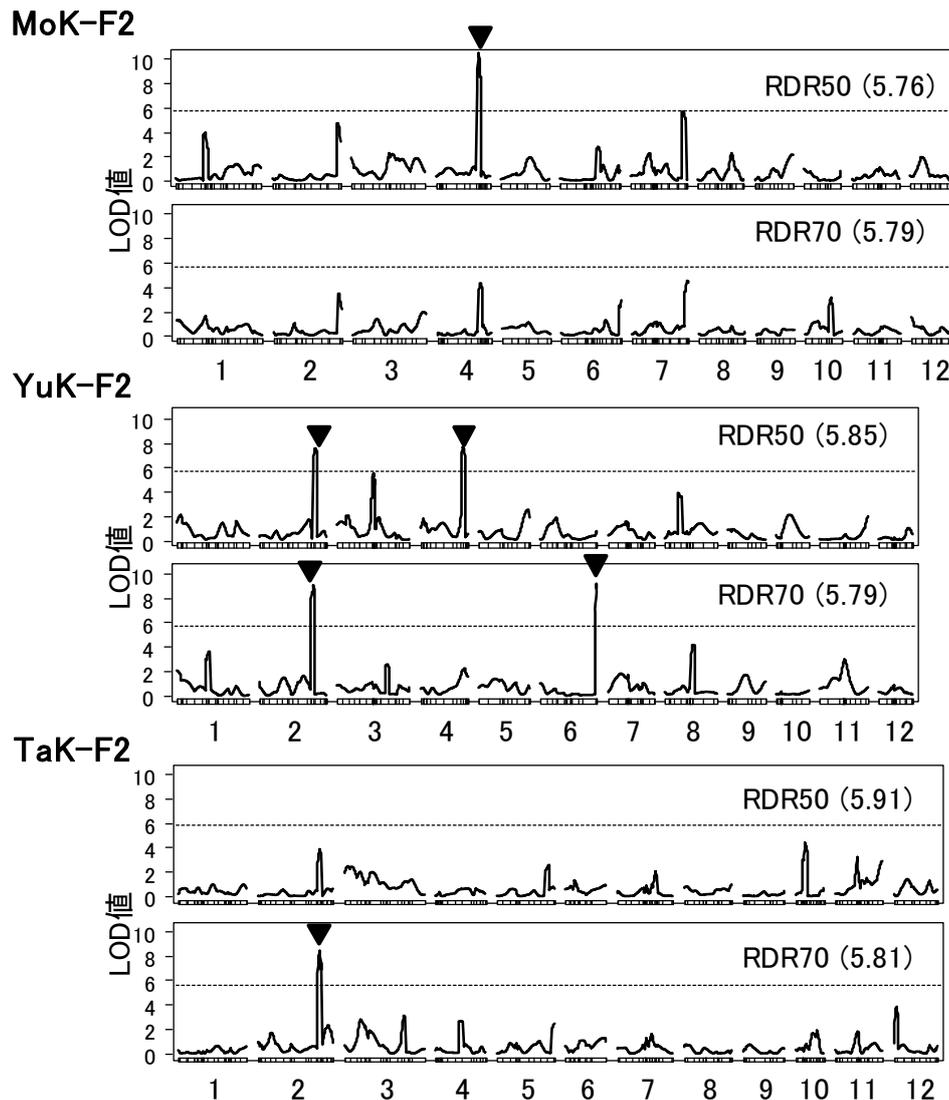
2) 研究成果

課題1：深根性遺伝子の導入による多収性および耐倒伏性の向上

飼料イネ3品種(モミロマン、夢あおば、タチスガタ)とKPの交配から作製した3つのF₂集団について、バスケット法を用いて深根率を求めた。また、SNPおよびSSRマーカーを用いて連鎖地図を作製し、QTL解析を行った。QTL解析の結果、統計的に有意なQTLsが各解析集団から見つかった(図1)。モミロマンとKPのF₂集団(MoK-F₂、127系統)からは、第4染色体に深根率(50°)に関与するQTLを1つ見出した。このQTLは連鎖地図上での位置関係から既報の*DRO2*に対応すると考えられた。夢あおばとKPのF₂集団(YuK-F₂、129系統)からは、第2および第4染色体に深根率(50°)に関与するQTLsを見出した。また第2および第6染色体に深根率(70°)に関与するQTLsを見出した。タチスガタとKPのF₂集団(TaK-F₂、125系統)からは、深根率(50°)ではQTLを検出できなかったが、深根率(70°)

では、第2染色体上に見出した。本QTLはYuK-F2で検出した第2染色体上のQTLと同じ可能性がある。これらの解析は、これまで我々が報告した深根性QTL以外に、第2および第6染色体に新規な深根性QTLが存在することを示している。よって、第2および第6染色体のQTLsをDRO4およびDRO5と名付けた。

図1 飼料イネ3品種と深根品種Kinandang Patong (KP) のF2集団における深根率QTLsの染色体上の位置



MoK-F2:モミロマン x KP由来のF2、YuK-F2:夢あおば x KP由来のF2、TaK-F2:タチスガタ x KP由来のF2。RDR50：深根率（50°）、RDR70:深根率（70°）。矢頭は統計的に有意なQTLのピークを指す。破線とカッコ内の数字はLODの閾値を表す。各集団の図下に染色体番号を示す。

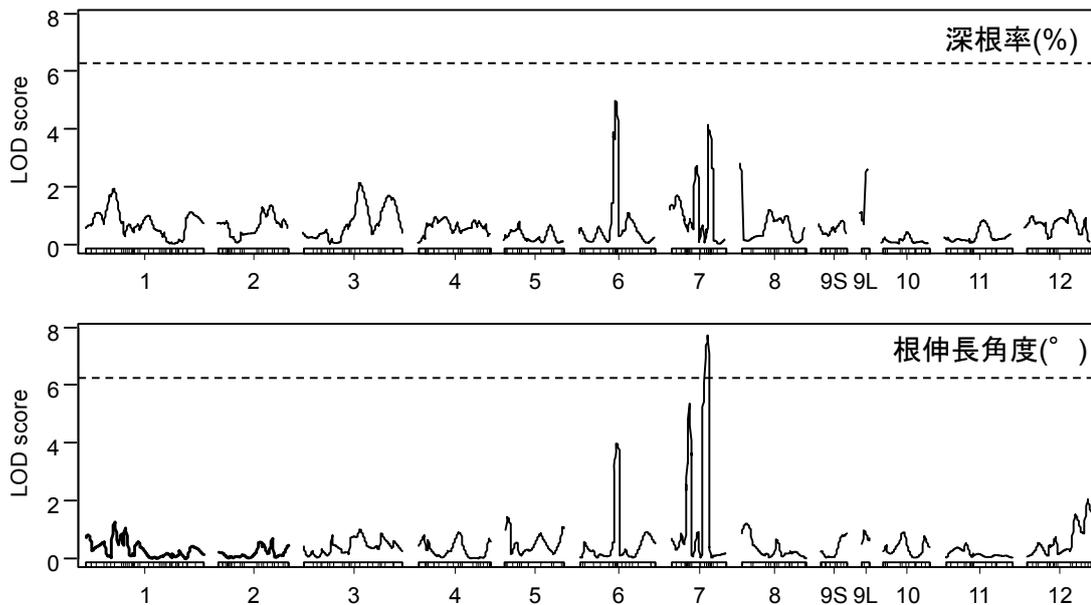
課題2：深根性遺伝子の導入による干ばつ耐性の向上

浅根型品種ARC5955 とKPのF2 集団より見出したDRO2について、ファインマッピングのための組換え自殖固定系統（BC2F4） を選抜した。DRO2 の候補遺伝子領域を絞り込む

ため、これら組換え自殖固定系統を用いて*DRO2* のファインマッピングを行い、候補領域を数Mbpまで絞り込んだ。

更なる深根化をめざして、*DRO1*に相加的に働く新奇な深根性QTLの検出を試みるため、Dro1-NIL (IR64背景にKP由来の機能型*DRO1*を導入した準同質遺伝子系統) とKPを交配し自殖させたF2集団を作製した。バスケット法により8週間栽培したイネ個体について深根率を調査するとともに、バスケットから根を洗い出し、根伸長角度を調査した。さらに、得られた表現型データとSNPマーカーの遺伝子型データを用いてQTL解析を行った。深根率では、LODの閾値を超えるQTLは検出されなかった。一方、根伸長角度では、LODの閾値を超えた有意なQTLが第7染色体に1つ検出された(図2)。本QTLはIR64とKPから作製した組換え近交系統群やCSSLsからは見出せていないことから、機能型の*DRO1* を持った遺伝背景でのみ検出できるQTL であると推察された。また、本QTLは新奇であったことから、*DRO3*と命名した。

図2 Dro1-NILとKPのF2集団 (n=122) における深根率および根伸長角度のQTLの位置
破線はLODの閾値を表す。



3) 成果活用における留意点

課題1の成果として新たに*DRO4*と*DRO5*を見出すことができたが、このうち、*DRO4*はKP型で深根にすることから、飼料イネの深根化に有効なアレルであると推察される。また、モミロマンの浅根性には*DRO2*が関与していることがわかった。モミロマンにKP型の*DRO2*を導入することで登熟性が向上するかどうかを明らかにすることは、飼料イネ品種の多収化にとって重要な知見をもたらすと考える。*DRO5*はKP型で浅根となるため、深根化には利用することが難しいと考える。課題2において見出した*DRO3*は機能型*DRO1*を遺伝背景に持つ品種において機能を発揮すると推察される。非機能型の*DRO1*を持った品種では深根化しないことが推察されるため、育種素材としての利用には注意が必要である。

4) 今後の課題

課題1では、*DRO2*および*DRO4*の深根型アリルを飼料イネにマーカー選抜法により導入し、元品種に対して多収となるかどうかを明らかにする必要がある。課題2では、*DRO2*および*DRO3*の単離・同定を進めるとともに、NILを作製し、干ばつ条件下で耐性を示すかどうかを明らかにする必要がある。

「イネのDNAマーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号：13405915

研究期間：平成25～29年度

中課題名：イネのDNAマーカー育種の利用推進(RBS)

小課題番号：RBS2010

研究期間：平成25～26年度

小課題名：粗放栽培への適応を目指した育種素材の作出

小課題代表研究機関・研究室・研究者名：農業生物資源研究所・植物科学研究領域・植物生産生理機能研究ユニット・稲垣言要

1) 研究目的

現代の農業経営環境においては、生産物の高収量、高品質化に加えて、農作業の低コスト化、省力化が求められている。イネ栽培では、疎植による低コスト化や、直播による省力化が実際に行われている。本研究は、この二つの栽培法の利点を考慮し、低コストで低労力な栽培法に適したイネ品種を生み出す元となる育種素材を作出することを目的とする。具体的には、栽植密度を大きく低下させた疎植で低コスト化を行ったとしても、十分な収量を与える効果を持つ遺伝子を野生イネ遺伝子資源から探索・同定し、その遺伝子を活用するための基盤知識を得ることが本研究の目的である。この目的の達成のために本研究では、野生イネの染色体上に存在する、栽培イネより「幅広い分けつ性」を与える領域に着目する。この染色体領域は、特に疎植では、栽培イネを大きく上回る穂数を与え、栽培イネを上回る収量を与える可能性があるため、この領域を持つ系統を疎植で栽培し、その農業形質を解析して、疎植に対する適性、特に収量性を検討する。加えて、この形質に関わる染色体領域を絞り込み、原因遺伝子を同定するとともに、同定された遺伝子領域だけを持つ準同質遺伝子系統を確立させる。

2) 研究成果

1) 幅広い分けつ性を与える野生イネ染色体領域の遺伝学的絞り込み

KR ILs 系統群（旧農研機構・作物研、現農研機構・次世代作物開発研究センター：コシヒカリ / *O. rufipogon* (タイ原産) IRGC-ACC104814 染色体断片導入系統群 http://www.naro.affrc.go.jp/nics-neo/contents/ine_idensi/kr_ils/index.html) には、疎植の時の穂数が栽培イネより大きく増える系統、いわゆる、幅広い分けつ性を示す系統が含まれていた。

そこで、この形質を与える野生イネ由来の染色体領域を遺伝学的に同定するため、幅広い分けつ性を示す KR IL 系統 (BC₄F₅) を出発材料にコシヒカリによってさらに1回戻し交配して BC₅F₂ を得て、その世代の個体の表現型タイプと遺伝型タイプを行った。その結果、幅広い分けつ性を与える遺伝子は7番染色体に座乗していることが判明した。7番染色体についてコシヒカリ / *O. rufipogon* ヘテロの株の BC₅F₃ 世代を750個体、BC₅F₄ 世代を300個体圃場展開し、それらについて表現型タイプ

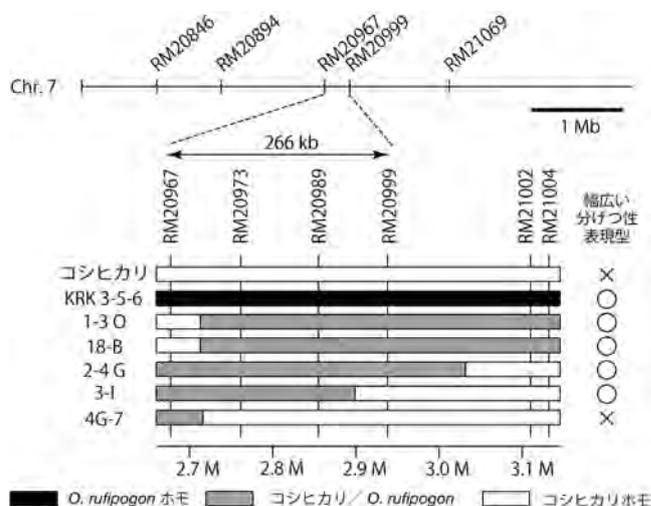


図1 幅広い分けつ性を示す野生イネ染色体領域の遺伝学的絞り込み

を行うと共に遺伝型タイピングを行った。その解析により、栽培イネに幅広い分けつ性を与えている野生イネの染色体領域は短腕側末端近傍 266 kbp 内に存在することが明らかになった (図 1)。

2) 形質転換イネを用いた幅広い分けつ性を与えている遺伝子の同定の試み

遺伝学的な絞り込みの結果、幅広い分けつ性を与えている野生イネ由来の遺伝子は、7番染色体上の 266 kbp 内に存在することが示された。絞り込まれた領域には、イネアノテーションデータベース (RAP-DB) によると 27 遺伝子の存在が予想された。この遺伝子群の中には草型制御に関わることが知られている *Prostrate growth 1 (Prog1)* 遺伝子が存在していた。Jin ら (Nature Genetics 2008 40:1365-1369) は、野生イネ型の *Prog1* 遺伝子は分けつ数を増やすことを示唆しており、幅広い分けつ性を与える遺伝子の候補として有望と考えられたため、野生イネ *Prog1* 遺伝子についてコシヒカリに形質転換して、その表現型の解析を行った。その結果、野生イネ *Prog1* 遺伝子の導入によって、イネの分けつは傾き、それと相関して、分けつ数が増加する傾向が示され、幅広い分けつ性を与えている遺伝子は *Prog1* である可能性が高まった (図 2)。

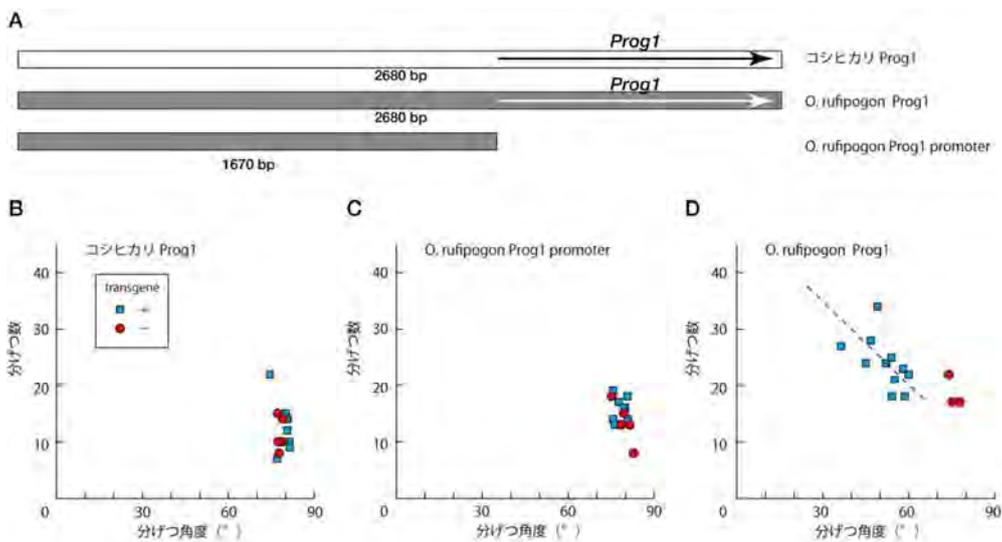


図 2 A) コシヒカリに形質転換した遺伝子領域。 B) コシヒカリ *Prog1* 遺伝子をコシヒカリに形質転換した場合の分けつ角度と分けつ数の相関。 □は形質転換遺伝子を含む個体。○は形質転換遺伝子を含まない個体 (コントロール)。 C) *O. rufipogon Prog1* 遺伝子プロモーター領域のみを形質転換した場合の分けつ角度と分けつ数の相関。 D) *O. rufipogon Prog1* 遺伝子を形質転換した場合の分けつ角度と分けつ数の相関。

3) 各種栽培法における幅広い分けつ性を保持するイネの農業特性の検討

コシヒカリ/*O. rufipogon* 染色体断片置換系統群中に見いだされた幅広い分けつ性を持つ系統をコシヒカリで 1 回戻し交配した系統の後代 (BC₅F₄世代) から 7 番染色体短腕以外の領域が全てコシヒカリ染色体に戻った系統を単離し、この系統を **KRK 3-5-6** と名付けた。KRK 3-5-6 系統ならびに自殖後代を疎植で圃場において夏作し、農業形質の測定を行った。

【草姿】

コシヒカリは、栄養生長期も生殖生長期も分けつはほぼ直立状態であった (図 3 A)。一

方、KRK 3-5-6 系統の分げつは著しく傾き、開帳した。しかし、栄養生長期に開帳する KRK 3-5-6 系統は生殖生長期に入ると一転して直立してくるため、コンバインなどの機械刈り適性は失わないことが明らかになった (図 3 A)。疎植は土壤面に光が入り込みやすく、これは雑草の繁茂につながる。幅広い分げつ性を付与する遺伝子を持つイネが栄養生長期に分げつを開帳させる性質は、多分げつと相まって土壤面に光を入りにくくし、雑草の繁茂を抑える働きがある (図 3 BC)。

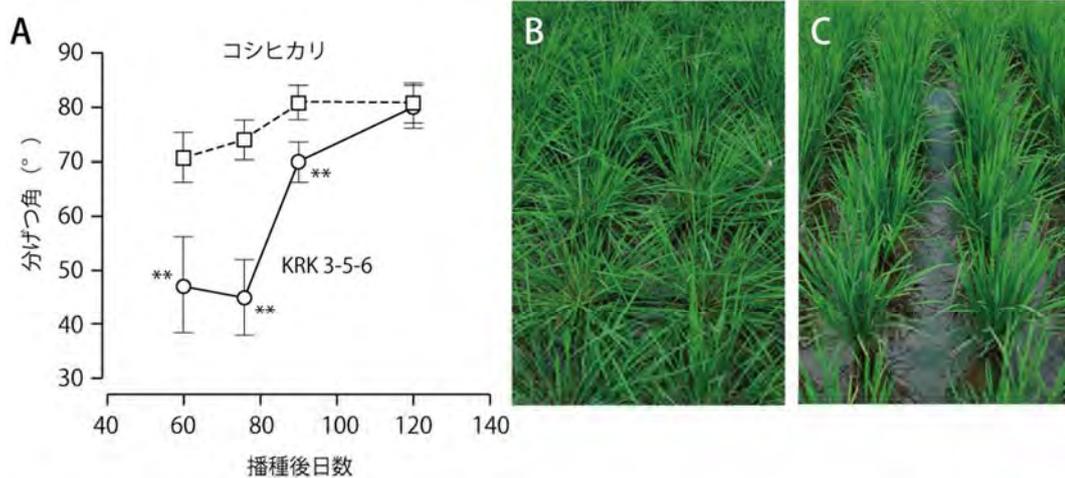


図3 A) 分げつ角の播種後日数による推移。 B) KRK 3-5-6 の栄養生長期における開帳した草型。疎植でも地表面が露出しておらず、日光が差し込まないことから、雑草の発生を抑制できる。 C) コシヒカリの栄養生長期における直立した草型。疎植では地表面が露出する。

【分げつ数、穂数、草丈】

株間 36 cm の疎植の場合、KRK 3-5-6 系統は、コシヒカリの 1.5 倍程度の穂数を示し、株間 54 cm の場合、KRK 3-5-6 系統は、コシヒカリの 2 倍程度の穂数を示した (図 4)。

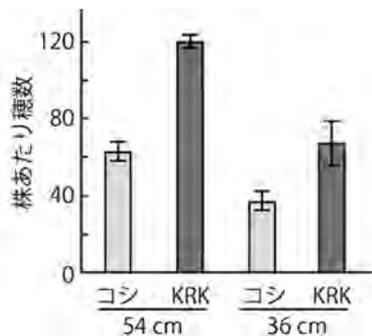


図4 株間 54 cm と 36 cm におけるコシヒカリ (コシ) と KRK 3-5-6 (KRK) の株あたり穂数。

分げつ数の推移を播種後日数でプロットしたところ、密植 (株間 18 cm) では、コシヒカリ、KRK 3-5-6 系統ともに、播種後 55 日目で分げつ数の増加が頭打ちになるが、疎植 (株間 54 cm) では、播種後 88 日目まで分げつ数の増加が見られた (図 5)。KRK 3-5-6 系統は、疎植では常にコシヒカリの倍の分げつ数を示すところに特徴がある。コシヒカリに比べ、KRK 3-5-6 系統では無効分げつが多く出現する傾向が見られ、この点については改良の余地がある (図 5)。

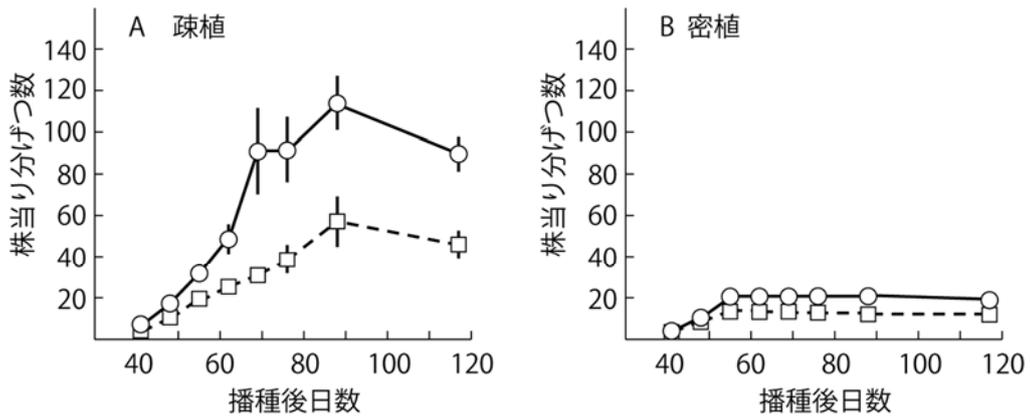


図5 圃場でのコシヒカリ (□) と KRK 3-5-6 (○) の分けつ数の推移

A) 疎植 (株間 54 cm) B) 密植 (株間 18 cm) 各実験区 6 株の代表株の平均値 ±SD

分けつが増える系統は、一般的に矮性化する傾向を示すことが多い。しかし、KRK 3-5-6 系統は、多分けつにもかかわらず、コシヒカリとほぼ同様の草丈を示した (図 6 A)。

【百粒重、収量性】

KRK 3-5-6 系統の籾の百粒重は、コシヒカリと同等であった (図 6 B)。また、株間 54 cm の疎植においては、KRK 3-5-6 系統はコシヒカリより 10% 程度増収の傾向を与えた。このことから KRK 3-5-6 系統は収量性において疎植適性を持っている (図 6 C)。

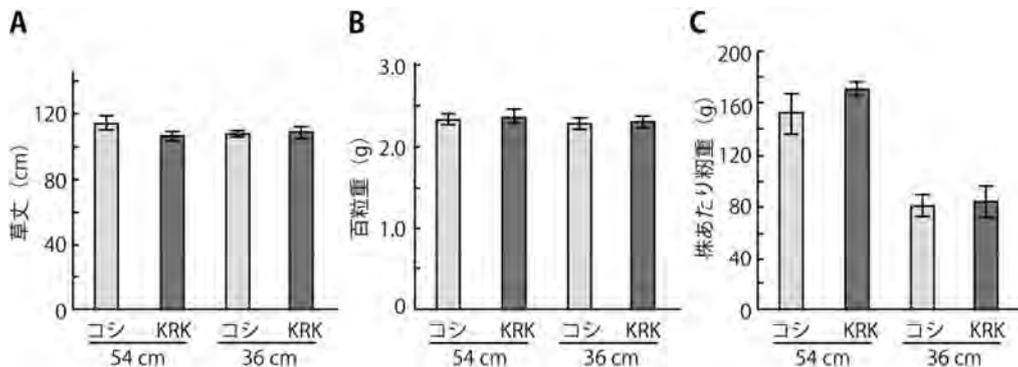


図6 株間 36 cm と 54 cm におけるコシヒカリ (コシ) と KRK 3-5-6 (KRK) の草丈 (A)、籾の百粒重 (B)、株あたり籾重 (C) の比較

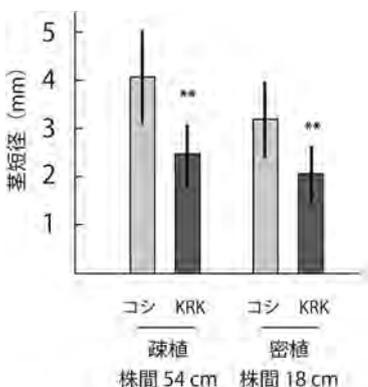


図7 地際から 10 cm の位置の茎短径の平均値 ±SD。

【倒伏性】

疎植においては、コシヒカリがほとんど倒伏しないのに対し、KRK 3-5-6 系統は、なびき型倒伏した個体が出現する。そこで倒伏性に影響するファクターとして、地際から 10cm の位置の茎の短径を測定した (図 7)。疎植においてコシヒカリが 4 mm の平均値を示す一方、KRK 3-5-6 系統の短径の平均値は 2.5 mm で、コシヒカリより 63% 小さく、この値は、密植のコシヒカリの短径より小さい。KRK 3-5-6 系統は、稔実率はコシヒカリ並みに高いこともあり、穂数増のトレードオフとして茎径が小さくなったことで登

熟した穂を支えきれなくなって倒伏傾向を示すと考えられた。

4) 準同質遺伝子系統の構築

幅広い分げつ性を与える野生イネ由来の遺伝子を持つ準同質遺伝子系統を得るため、KR ILs 系統群の一系統 (BC₄F₅) を出発材料にコシヒカリによってさらに3回戻し交配してBC₇F₄ を得た。

これらから、表現型タイピングと遺伝型タイピングを行い、野生イネ由来の染色体領域が7番染色体短腕 358 kb 以下にまでに絞り込まれた準同質遺伝子系統を得た。

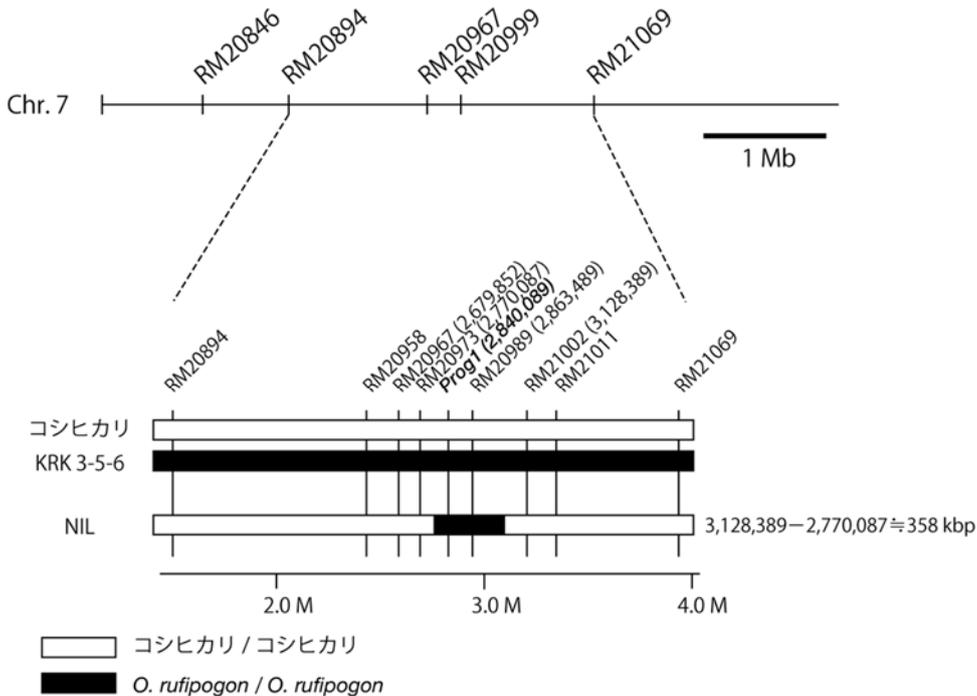


図8 準同質遺伝子系統の7番染色体の構成

3) 成果活用における留意点

1) 栽培イネに幅広い分げつ性を与えている野生イネ由来の遺伝子は、効果が大きすぎる傾向がある。穂数の倍化が、茎径の著しい減少につながり倒伏耐性が低下している。このため、穂数増加についてよりマイルドな表現型を与えるアリル (スーパーアリル) を探索する必要があると考えている。

2) 本系統は、もともと倒伏し易いコシヒカリを背景にしていることに加え、上に述べたように新たに導入された形質のトレードオフで倒伏耐性がさらに低下した。そこで少数の遺伝子で強稈形質を獲得している品種との交配を行って、倒伏耐性を向上させる試みが必要である。

4) 今後の課題

1) これまでの農業特性の検討には BC₅F₄ 世代を用いており、準同質遺伝子系統が使われていない。準同質遺伝子系統による農業特性の検討が必要である。

2) 今回構築した準同質遺伝子系統も、倒伏耐性は低いと想定される。強稈の準同質遺伝子系統との交配による遺伝子集積で、幅広い分げつ性と耐倒伏性を併せ持つ系統の構築

が必要と考えられる。

3) 本研究では、疎植適性を判断するのに株間 54 cm という過疎植状態で研究を行っている。反収を密植並みに維持でき、コスト低下につながる、最大の株間を確定するなど、本形質を持つイネを現場で活用するための最適な疎植栽培条件を確定していく必要がある。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS2011

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: 良食味関連遺伝子の単離と機能解析

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 九州沖縄農業研究センター・水田作研究領域・稲育種グループ・竹内善信

1) 研究目的

水稻の主要な育種目標である良食味の選抜は食味官能試験により行われており、多くのサンプルと時間・労力が必要である。選抜の効率化を進めるため、良食味水稻品種コシヒカリと、近年注目されているゆめぴりか、おぼろづきの育種素材である空育 162 号と北海 PL9 の持つ良食味の遺伝的要因の解明とその DNA マーカーを作成する。既に、予備的な QTL 解析が終了しており、コシヒカリの良食味に関連する QTL を第 3 染色体の短腕末端上に、空育 162 号と北海 PL9 の良食味に関連する QTL を各々第 2 および第 9 染色体上にマッピングしている。本研究課題では、マップベースクローニング法と TILLING 法等を使って良食味に関連する遺伝子を単離・同定する。さらに準同質遺伝子系統を用いた生理的および物理的・化学的な解析により、デンプンや低分子糖などの糖質やアミノ酸などを含めた食味関連物質の生合成経路における目的遺伝子の機能を明らかにする。

2) 研究成果

(1) コシヒカリの持つ良食味遺伝子の解析

コシヒカリの良食味に関連する第 3 染色体短腕上の QTL については、候補領域内で組換えを起こした 115 個の固定系統の食味官能試験により候補領域の絞り込みを行った (Takeuchi *et al.* 2008)。また、候補領域内の遺伝子についての突然変異体を評価するとともに準同質遺伝子系統を用いて目的遺伝子の機能を明らかにした。

(2) 空育 162 号の持つ良食味遺伝子の解析

空育 162 号のアミロース含有率に関連する第 2 染色体上の QTL については、候補領域内を 74.9kb に絞り込むことができた (Takemoto-Kuno *et al.* 2015) (図 1A)。いただきを遺伝的背景にした空育 162 号の有するアミロース含有率を持つ準同質遺伝子系統 (NIL110) は、いただきよりもアミロース含有率が 1 ポイント程度低下し、アミロース含有率の低減効果があった (図 1B)。また、この系統の炊飯米の表層の粘りは少し強くなることを明らかにした (図 1C)。

(3) 北海 PL9 号の持つ良食味遺伝子の解析

北海 PL9 の持つアミロース含有率に関連する第 9 染色体上の QTL は、QTL 近傍の組換え系統を作成し、候補領域の絞り込みを進めた (Ando *et al.* 2010)。

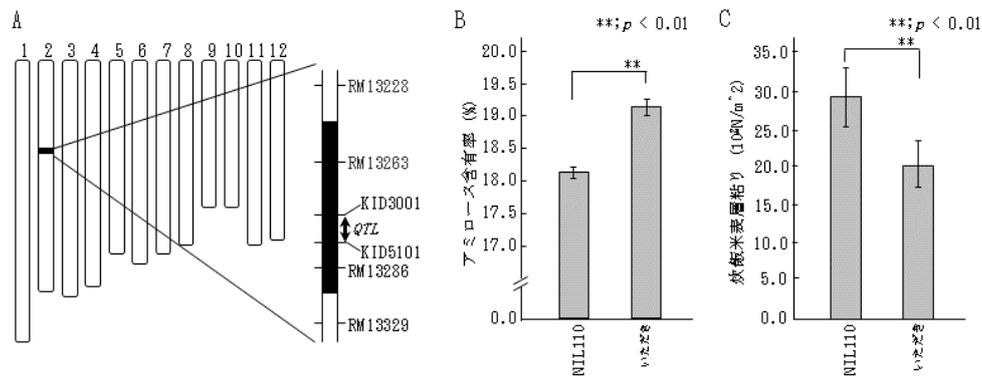


図1. いただきを遺伝的背景にした準同質遺伝子系統 (NIL110) の (A) グラフ遺伝子型、 (B) アミロース含有率と (C) 炊飯米物性

A; 白と黒の領域は、各々いただきホモ型と空育162号ホモ型の染色体領域を示す。B, C; 各系統のアミロース含有率とテンシプレッサーによる炊飯米の表層粘り値は、5反復区の平均値と標準偏差値を示す。

3) 成果活用における留意点

コシヒカリの良食味に關与する第3染色体短腕上のQTLは、食味が劣る系統・品種の食味を向上させるための素材として活用できる。

空育162号の第2染色体上のQTL情報は、空育162号を供与親とした育種材料からアミロース含有率がやや低い系統をDNAマーカー選抜するために利用できる。本研究のアミロース含有率は、いただきに対して空育162号の第2染色体上の遺伝子を導入した準同質遺伝子系統を次世代作物開発研究センターの圃場で栽培して得られた結果であり、検出されたアミロース低減効果は地域および導入系統毎に確認する必要がある。

4) 今後の課題

コシヒカリ、空育162号および北海PL9の良食味QTLを各々第3、第2および第9染色体上に見出し、候補領域の絞り込みを進めたものの、遺伝子の単離・同定はできていない。遺伝子を単離・同定するとともに、機能の解析を進めることにより、食味を解明するための新しい知見が得られると考えている。また、得られた情報を活用することにより種々食味特性を持つ良食味品種の育成が可能になると考えている。得られた情報は、広く公開し、実際の品種育成などの現場で活用できる体制を整えたいと考えている。

「イネの DNA マーカー育種の利用推進」最終年度報告書

中課題番号: 13405915

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

中課題名: イネの DNA マーカー育種の利用推進 (RBS)

小課題番号: RBS3001

研究期間: 平成 25 ~ 29 年度

小課題名: ゲノム選抜育種に必要な基盤技術の開発

小課題代表研究機関・研究室・研究者名: 農研機構 次世代作物開発研究センター・稲研究領域・稲形質評価ユニット・山内歌子

1) 研究目的

本研究では品種育種機関で必要とする DNA マーカー解析の支援を行うとともに、日本で広く使われるイネ品種および育種母本のゲノムワイドな 1 塩基多型 (SNP) 情報およびハプロタイプ情報を収集し、広く利活用できる体制を整える。具体的には、日本のイネ育種集団において効率的な遺伝子型の調査を可能とする多数の SNP マーカーを開発し、活用しやすいようにカスタム化し、日本稲コアコレクションや基幹品種パネル等の遺伝子型情報や日本稲雑種集団での形質遺伝子座情報を追加し、SNP 解析基盤を整備する。さらに、本課題で取り扱う有用遺伝子のドナー品種および反復親品種等のゲノム解読を行い、品種特異的な SNP 情報を含めた選抜手法を確立する。これらの研究資源を活用して、本プロジェクトで開発する育種素材の遺伝子型を雑種集団の初期段階から調査し、効率的なゲノム選抜を行うことで品種育成を加速する。

2) 研究成果

(1) 品種開発/育種素材開発選抜支援の実施

品種育成を行う課題群 (系 1) で取り扱う育種素材を対象に、各世代での選抜に必要な DNA マーカーの設計およびそれらを用いた解析を行った。育種を行う上で有用な遺伝子を同定し、育種素材の開発を行う課題群 (系 2) に対する支援では、精密連鎖解析のための遺伝子型調査、マーカー作成、BAC ライブラリーの作成、遺伝子組換え個体の作成、スクリーニング等を行った (IVG3003 との連携支援)。全研究期間において、のべ 440 件の支援を実施し、課題全体の進捗に大きく貢献した。

(2) SNP 情報の収集及び検証

育種支援に活用できるマーカーを整備するため、公的配列データベース、取得済みの NGS 及び新たに解読した 42 品種の NGS 情報を利用して、SNP 情報の収集・整理を行った。これにより、様々な日本水稻品種の育種集団において遺伝背景の選抜に十分な SNP 情報を収集できた。収集した SNP のうち、5144 個についてバリデーション (実験による DNA マーカーとしての利用可能性の検証) を行い、4530 個が利用可能となった。

(3) SNP アレイの開発

整備したマーカーを SNP アレイ解析ステムで活用するため、実験条件を検討し作業工程を確立した。当初は Illumina 社 GoldenGate システム (768 SNP アレイ) を想定し、768 個の汎用性の高いマーカーを選定する予定であったが、同システムのサポート中止に伴い、Fluidigm 社 EP1 システム (96 SNP) の解析系に変更した。EP1 システムを用い、事前の情報に基づき任意の解析集団の交配組み合わせで多型となるマーカーのみを利用した場合、192 個程度のマーカーによって、GoldenGate の 768 SNP アレイに匹敵する解析精度を得ることができる。このシステムを活用して、遺伝子型情報を収集し、様々な遺伝資源で利用可能なマーカーセットを作成できることを確認した。また、いもち病圃場抵抗性遺伝子、出穂期遺伝子、縞葉枯抵抗性遺伝子などの有用遺伝子の選抜に有効なマーカーを設定した。以上の取り組みから、品種開発の目的に応じたマーカーセット (SNP アレイ) を用いることで、育種選抜の初期段階で、最良の遺伝子型の個体を選抜することが可能となった。

(4) 形質情報の整備・集団構造の解析

RBS3001

交配組合せの決定などの育種戦略を立てる上で役立つ基礎データを得るため、日本品種を交雑した19集団についてマーカー情報を整備し、基本形質（到花日数、稈長、穂長、穂数、粒型）に関する遺伝子座を検出した。片親をコシヒカリに統一し、各集団において、各々85～200個のマーカーを用いて解析したところ、ほぼすべての集団/形質の組合せでQTLを検出できた。出穂では、多くの集団でHd1、Hd3a、Hd6/Hd16遺伝子座近傍にQTLを検出し、多くの日本品種がこれらの遺伝子座でコシヒカリとは異なる遺伝子を持つことが示唆された。一方、限られた品種のみで検出される遺伝子座があり、在来品種や各地域の品種などに特徴的な集団構造の存在も示唆された。以上のことから、在来品種や各地域の品種の体系的な解析によって、新たな遺伝子の発掘とその分布を整理することが可能であり、育種戦略の策定に役立つものと考えられた。

3) 成果活用における留意点

当プロジェクトを通じて、様々な交配組み合わせの育種集団を、育種の初期から効率よく選抜できるDNAマーカー育種の基盤を構築した。NGSデータの積極的な活用とFluidigm社EP1システムの導入により、課題ごと、育成の段階ごとに最適なマーカーセットを用いた低コストで迅速な支援を実現した。これにより、年間100件程度の支援を実施し、当プロジェクトの目標達成の推進に貢献した。その一方で、取り扱うデータ量が増加し、作業内容が高度化した。したがって、今後の技術更新への対応も含めて、それに携わる人材の能力維持は、基盤の管理上極めて重要である。

4) 今後の課題

NGSデータから得られるSNP情報をもとに、DNAマーカー育種を行う時代となった。NGS解析では、膨大なデータが得られる一方で、一定量含まれる誤りなどを避け、必要なデータを効率的に取り出すことが必要であり、データ処理技術の向上が求められる。構築した基盤を幅広く活用し、さらに多くの品種育成課題に対応するためには、自動化できる工程を増やすなどの改善が必要である。例えば、Fluidigm社EP1システムでの解析は、ユーザーの要望に応じたきめ細やかなマーカー選定が特長であるが、マーカーの選定に多くの時間を費やしているため、この工程を自動化するプログラムの開発が必要である。また、Illumina社GoldenGateシステム廃止の例は、機器サポート面でのリスク回避の重要性を提示した。低コストで運用でき、かつ自動化に適した新たな遺伝子型解析システムの導入を検討し続ける必要がある。

成果等の集計数

課題番号	学術論文		学会等発表(口頭またはポスター)		出版図書	国内特許権等		国際特許権等		報道件数	普及する成果	発表会の主催(シンポジウム・セミナー)	アウトリーチ活動
	和文	欧文	国内	国際		出願	取得	出願	取得				
13405915	4	28	110	31	7	0	0	0	0	14	4	2	1

(1)学術論文

区分: ①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	機関名	タイトル	著者	掲載誌	巻(号)	掲載ページ	発行年	発行月
1	①	農業生物資源研究所, 東京農工大学	The mesophyll anatomy enhancing CO2 diffusion is a key trait for improving rice photosynthesis	S. Adachi, T. Nakae, M. Uchida, K. Soda, T. Takai, T. Oi, T. Yamamoto, T. Ookawa, H. Miyake, M. Yano, T. Hirasawa	J Exp Bot	64(4)	1061 - 1072	2013	2
2	②	農業生物資源研究所, 東洋大学	インドール酢酸-グルコース加水分解酵素の欠失はイネの粒重と収量を増加させる	石丸健, 廣津直樹	FIRSTAUTHOR's			2013	5
3	①	農業生物資源研究所, 東洋大学	Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield	K. Ishimaru, N. Hirotsu, Y. Madoka, N. Murakami, N. Hara, H. Onodera, T. Kashiwagi, K. Ujiie, B. Shimizu, A. Onishi, H. Miyagawa, E. Katoh	Nat Genet	45(6)	707-711	2013	6
4	①	作物研究所、農業生物資源研究所、東京農工大学	A natural variant of NAL1, selected in high-yield rice breeding programs, pleiotropically increases photosynthesis rate	T. Takai, 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, M. Kondo, T. Yamamoto	Sci Rep	3	2149	2013	8

5	②	農業生物資源研究所	深根性遺伝子による根系の形態の制御は干ばつのもとでのイネの増収を可能にする	宇賀優作	ライフサイエンス 新着論文レビュー			2013	8
6	①	農業生物資源研究所	Control of root system architecture by DEEPER ROOTING 1 increases rice yield under drought conditions	Y. Uga, K. Sugimoto, S. Ogawa, J. Rane, M. Ishitani, N. Hara, Y. Kitomi, Y. Inukai, K. Ono, N. Kanno, H. Inoue, H. Takehisa, R. Motoyama, Y. Nagamura, J. Wu, T. Matsumoto, T. Takai, K. Okuno, M. Yano	Nat Genet	45(9)	1097 - 1102	2013	9
7	①	農業生物資源研究所	A major QTL controlling deep rooting on rice chromosome 4	Y. Uga, E. Yamamoto, N. Kanno, S. Kawai, T. Mizubayashi, S. Fukuoka	Sci Rep	3	3040	2013	10
8	②	農業生物資源研究所	Genomics-assisted allele mining and its integration into rice breeding	Yamamoto T, Uga Y, Yano M	Genomics of Plant Genetic Resources	2(10)	251- 265	2013	12
9	②	農業生物資源研究所	イネ深根性遺伝子による耐乾性の遺伝的改良	宇賀優作	根の研究	22(4)	131- 139	2013	12
10	①	農業生物資源研究所	Alleles Affecting 30 Traits for Productivity in Two Japonica Rice Varieties, Koshihikari and Nipponbare (<i>Oryza sativa</i> L.)	Kazuhiro Ujiie, Ken Ishimaru	Plant Prod Sci	17(1)	47- 65	2014	1
11	①	名古屋大学	A novel AP2-type transcription factor, SMALL ORGAN SIZE1, controls organ size downstream of an auxin signaling pathway	K. Aya, T. Hobo, K. Sato-Izawa, M. Ueguchi-Tanaka, H. Kitano, M. Matsuoka	Plant Cell Physiol	55(5)	897- 912	2014	5
12	①	農業生物資源研究所、他	Deep rooting conferred by DEEPER ROOTING 1 enhances rice yield in paddy fields	Y. Arai-Sanoh, T. Takai, S. Yoshinaga, H. Nakano, M. Kojima, H. Sakakibara, M. Kondo, Y. Uga	Sci Rep	4	5563	2014	7

13	①	名古屋大学	Utilization of stiff culm trait of rice smos1 mutant for increased lodging resistance	K. Hirano, A. Okuno, T. Hobo, R. Ordonio, Y. Shinozaki, K. Asano, H. Kitano, M. Matsuoka	PLoS One	9(7)	e96009	2014	7
14	①	東京農工大学、名古屋大学、富山県農林水産総合技術センター、他	Increased lodging resistance in long-culm, low-lignin gh2 rice for improved feed and bioenergy production	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. Toyota, T. Motobayashi, M. Vazirzanjani, S. Tojo, T. Hirasawa	Sci Rep	4	6567	2014	10
15	①	農業生物資源研究所、作物研究所	Genetic mechanisms underlying yield potential in the rice high-yielding cultivar Takanari, based on reciprocal chromosome segment substitution lines	T. Takai, T. Ikka, K. Kondo, Y. Nonoue, N. Ono, Y. Arai-Sanoh, S. Yoshinaga, H. Nakano, M. Yano, M. Kondo, T. Yamamoto	BMC Plant Biol	14	295	2014	11
16	②	農業生物資源研究所	イネの粒形制御に関わる遺伝子の単離とその作用	石丸 健, 氏家 和広	日本作物学会紀事	83(4)	299-304	2014	11
17	②	農業生物資源研究所	The roots of future rice harvests	Ahmadi N., Audebert A., Bennett M.J., Bishopp A., de Oliveira A. C., Courtois B., Diedhiou A., Dievart A., Gantet P., Ghesquiere A., Guiderdoni E., Henry A., Inukai Y., Kochian L., Laplaze L., Lucas M., Luu D.T., Manneh B., Mo X., Muthuraian R., Perin C.,	Rice	7	29	2014	12
18	①	名古屋大学、東京農工大学、富山県農林水産総合技術セン	Isolation of a novel lodging resistance QTL gene involved in strigolactone signaling and its pyramiding with a QTL gene involved in another mechanism	K. Yano, 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, M. Matsuoka	Mol Plant	8(2)	303-314	2015	2

19	①	作物研究所	qAC2, a novel QTL that interacts with Wx and controls the low amylose content in rice (<i>Oryza sativa</i> L.)	Yoko Takemoto-Kuno, Hiroki Mitsueda, Keitaro Suzuki, Hideyuki Hirabayashi, Osamu Ideta, Noriaki Aoki, Takayuki Umemoto, Takuro Ishii, Ikuo Ando, Hiroshi Kato, Hiroshi Nemoto, Tokio Imbe, Yoshinobu Takeuchi	Theor Appl Genet.	128(4)	563-573	2015	4
20	②	農業生物資源研究所	Genetic improvement for root growth angle to enhance crop production	Uga Y., Kitomi Y., Ishikawa S., Yano M.	Breed. Sci.	65(2)	111-119	2015	4
21	①	農業生物資源研究所、東京農工大学、他	Detection of QTL for exudation rate at ripening stage in rice and its contribution to hydraulic conductance	T. Yamamoto, T. Suzuki, K. Suzuki, S. Adachi, J. Sun, M. Yano, T. Ookawa, T. Hirasawa	Plant Sci	242	270-277	2016	1
22	①	次世代作物開発研究センター、農業生物資源研究所、作物研究所	Variation in cooking and eating quality traits in Japanese rice germplasm accessions	Kiyosumi Hori, Keitaro Suzuki, Ken Iijima, Kaworu Ebana	Breed. Sci.	66(2)	309-318	2016	4
23	①	農研機構 次世代作物開発研究センター	Hd18, encoding histone acetylase related to Arabidopsis FLOWERING LOCUS D, is involved in the control of flowering time in rice.	Shibaya T, Hori K, Ogiso-Tanaka E, Yamanouchi U, Shu K, Kitazawa N, Shomura A, Ando T, Ebana K, Wu J, Yamazaki T, Yano M	Plant Cell Physiol	57(9)	1828-1838	2016	6
24	①	東京農工大学、農業生物資源研究所、他	Precise estimation of genomic regions controlling lodging resistance using a set of reciprocal chromosome segment substitution lines in rice	Ookawa T, Aoba K, Yamamoto T, Ueda T, Takai T, Fukuoka S, Ando T, Adachi S, Matsuoka M, Ebitani T, Kato Y, Mulsanti IW, Kishii M, Reynolds M, Pinera F, Kotake T, Kawasaki S, Motobayashi T, Hirasawa T	Sci Rep.	6(30572)	1-12	2016	7

25	①	次世代作物開発研究センター	ゲノム情報を活用した日本水稻の品質や食味を制御する遺伝子の探索	堀清純	日本食品科学工学 会誌	63(10)	484-487	2016	11
26	①	農研機構 次世代作物開発研究センター、東京農工大学	Fine Mapping of Carbon Assimilation Rate 8, a Quantitative Trait Locus for Flag Leaf Nitrogen Content, Stomatal Conductance and Photosynthesis in Rice	Adachi S, Yoshikawa K, Yamanouchi U, Tanabata T, Sun J, Ookawa T, Yamamoto T, Sage RF, Hirasawa T, Yonemaru J.	Front Plant Sci	8	60	2017	1
27	①	東京農工大学、農研機構	Characterization of a genomic region that maintains chlorophyll and nitrogen contents during ripening in a high-yielding stay-green rice cultivar	Yamamoto, T., Suzuki, T., Suzuki, K., Adachi, S., Sun, J., Yano, M., Ookawa, T., Hirasawa, T.	Field Crops Research	206	54	2017	3
28	①	東京農工大学、農研機構	A quick determination of root resistance to water transport in paddy rice.	Adachi, S., Ookawa, T., Hirasawa, T.	Plant Production Science	20(3)	273	2017	4
29	①	東京農工大学	Leaf photosynthetic rate and mesophyll cell anatomy changes during ontogenesis in backcrossed indica x japonica rice inbred lines	He W, Adachi S, Sage RF, Ookawa T, Hirasawa T	Photosynth Res	134(1)	27-38	2017	10
30	②	農研機構 次世代作物開発センター	Genetic dissection of agronomically important traits in closely related temperate japonica rice cultivars.	Kiyosumi Hori, Toshio Yamamoto, Masahiro Yano	Breeding Science	67(5)	427	2017	11
31	②	農研機構 次世代作物開発センター	A novel QTL associated with rice canopy temperature difference affects stomatal conductance and leaf photosynthesis	Fukuda A, Kondo K, Ikka T, Takai T, Tanabata T, Yamamoto T	Breeding Science		in press	2018	
32	②	農研機構 次世代作物開発センター	A near-isogenic rice line carrying a QTL for larger leaf inclination angle yields heavier biomass and grain	San NS, Ootsuki Y, Adachi S, Yamamoto T, Ueda T, Tanabata T, Motobayashi T, Ookawa T, Hirasawa T	Field Crops Research		in press	2018	

(2)学会等発表(口頭またはポスター)

整理番号	タイトル	発表者名	機関名	学会等名	発行年	発行月
1	多収イネ品種タカナリの持つ個葉光合成速度を増加させるQTLの単離	山本敏央, 高井俊之, 安達俊輔, 田口文緒, 荒井裕見子, 岩澤紀生, 吉永悟志, 廣瀬咲子, 谷口洋二郎, 山内歌子, 呉健忠, 松本隆, 杉本和彦, 近藤勝彦, 一家崇志, 安藤露, 河野いづみ, 伊藤幸恵, 正村純彦, 大川泰一郎, 平沢正, 矢野昌裕, 近藤始彦	農業生物資源研究所, 作物研究所, 東京農工大学	育種学研究	2013	1
2	Identification and pyramiding of quantitative trait loci for the rate of leaf photosynthesis in rice	Adachi S, Baptista L, Murata K, Yamamoto T, Ebitani T, Ookawa T, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	Plant Genetics and Breeding Technologies	2013	2
3	Identification of chromosomal regions controlling leaf photosynthetic rate in rice through the use of progeny of elite japonica and high-yielding indica cultivars	Yamashita M, Takai T, Yamamoto T, Ookawa T, Yano M, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	Plant Genetics and Breeding Technologies	2013	2
4	Molecular breeding of root system architectures for enhancing drought avoidance in rice	宇賀優作	農業生物資源研究所	Annual workshop for TARI-NTU-IRRI collaboration	2013	2
5	イネの深根性の根型育種と耐乾性	宇賀優作	農業生物資源研究所	日本作物学会春季講演会 講演要旨集 日本作物学会紀事	2013	3

6	イネの登熟期の葉の緑色程度の減少を抑制する量的形質遺伝子座の検討 —コシヒカリとアケノホシの組換え固定系統群における出穂期の等しい系統を用いて—	鈴木惟史, 山本敏央, 鈴木健司, 安達俊輔, 大川泰一郎, 矢野昌裕, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2013	3
7	タカナリを遺伝背景とするコシヒカリ染色体断片置換系統群を用いて推定した光合成速度を高める量的形質遺伝子座の作用機構	市原直登, 中江徹, 山本敏央, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 大学院農学府	日本作物学会紀事	2013	3
8	タカナリ対立遺伝子がコシヒカリ遺伝背景の水稻の葉身傾斜角度を高める量的形質遺伝子座	大槻洋介, 山下雅大, 山本敏央, 七夕高也, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2013	3
9	水稻における倒伏抵抗性に関与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—	岡庭侑香, 山本敏央, 平沢正, 大川泰一郎	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2013	3
10	染色体断片置換系統を用いた白色不透明部を有する米粒の発生回避機構の解析	細谷啓太, 新田洋司, 浅木直美, 塩津文隆, 氏家和広, 石丸健	農業生物資源研究所	日本作物学会第235回講演会要旨集	2013	3
11	第1染色体長腕のコシヒカリの対立遺伝子がタカナリを遺伝背景とする水稻の光合成速度を高める量的形質遺伝子座のマッピングと作用機構	中江徹, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 矢野昌裕, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2013	3
12	第2染色体長腕のアケノホシ対立遺伝子はコシヒカリ背景のイネの水伝導度を高める	鈴木惟史, 山本敏央, 鈴木健司, 安達俊輔, 大川泰一郎, 矢野昌裕, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2013	3
13	深根性遺伝子を活用した耐乾性イネ育種の可能性	宇賀優作	農業生物資源研究所	第89回作物研究所セミナー	2013	7

14	DRO1, quantitative trait locus controlling root system architecture, enhances drought avoidance in rice	Uga Y, K. Sugimoto, S. Ogawa, J. Rane, M. Ishitani, N. Hara, Y. Kitomi, Y. Inukai, K. Ono, N. Kanno, H. Inoue, J. Wu, T. Matsumoto, T. Takai, K. Okuno, M. Yano	農業生物資源研究所	InterDrought4	2013	9
15	オーキシンにより制御される深根性QTLはイネの耐乾性を高める	宇賀優作	農業生物資源研究所	第86回日本生化学会大会	2013	9
16	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—	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	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会第236回講演会要旨・資料集	2013	9
17	染色体断片置換系統を用いた白色不透明部を有する米粒の発生回避機構の解析 白色不透明部におけるデンプン蓄積構造の品種・系統間差異	細谷啓太, 新田洋司, 浅木直美, 塩津文隆, 小久保敏明, 氏家和広, 石丸健	農業生物資源研究所	日本作物学会第236回講演会要旨集	2013	9
18	イネにおける分げつ次位・節位と子実生産力の関連性に関わる遺伝学的研究	國島 健, 藤城 靖子, 中野 利哉, 武田 泰実, 石原 亮太, 保浦 徳昇, 北野 英己	名古屋大学	日本育種学会第124回講演会講演要旨集 育種学研究	2013	10
19	イネの耐乾性向上をめざした国際連携によるゲノム育種	宇賀優作	農業生物資源研究所	日本育種学会秋季講演会 講演要旨集 育種学研究	2013	10
20	イネの長穂性を制御するqPr15 の解析	保浦徳昇, 安藤考紀, 藤城靖子, 池田真由子, 松岡 信, 土井一行, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会第124回講演会講演要旨集 育種学研究	2013	10
21	イネの穂における維管束の数と横断面積の品種間差異	太田自由, 保浦徳昇, 池田真由子, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会中部地区談話会第21回講演会	2013	10

22	イネ第4染色体に見出した新規な深根性QTL、DRO2	宇賀優作, 山本英司, 菅野徳子, 河合佐和子, 水林達実, 福岡修一	農業生物資源研究所, 野菜茶業研究所	日本育種学会秋季講演会 講演要旨集 育種学研究	2013	10
23	コシヒカリ突然変異体における収量関連形質の変異	當山恒顕, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会第124回講演会講演要旨集 育種学研究	2013	10
24	新しい育種素材の開発に向けたイネゲノム情報の利用	山本敏央	農業生物資源研究所	農業生物資源研究所創立30周年記念シンポジウム 最新アグリバイオテクノロジーが開く新しい世界—期待される食・農・新産業への貢献—	2013	10
25	水稲苗立ちにおける低温耐性を高める「阿波赤米」由来の‘qESS11b’のファインマッピング	山口琢也, 表野元保, 伊山幸秀, 森川真紀子, 蛭谷武志	富山県農林水産総合技術センター	日本育種学会第124回講演会	2013	10
26	水稲品種「つや姫」の全ゲノムシーケンスと有用遺伝子近傍領域の由来	後藤元, 堀清純, 米丸淳一, 山本敏央, 西村真紀子, 西尾剛, 中場勝	山形県農業総合研究センター, 農業生物資源研究所	日本育種学会第124回講演会 講演要旨集 育種学研究	2013	10
27	水稲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	丸山甲晃, 伊山幸秀, 蛭谷武志, 小林俊也, 平沢正, 大川泰一郎	富山県農林水産総合技術センター, 東京農工大学	日本育種学会第124回講演会要旨集	2013	10
28	超多粒性イネを用いた穂の高次分枝を制御するqSRN7 のファインマッピング	藤城靖子, 保浦 徳昇, 石原 亮太, 武田 泰実, 國島 健, 池田 真由子, 経塚 淳子, 北野 英己	名古屋大学, 他	日本育種学会第124回講演会講演要旨集 育種学研究	2013	10

29	日本イネ在来品種と育成品種における食味関連形質および品種間差異	堀清純, 鈴木啓太郎, 江花薫子, 矢野昌裕	農業生物資源研究所, 作物研究所	日本育種学会第123回講演会 講演要旨集 育種学研究	2013	10
30	DRO2, quantitative trait locus controlling deep rooting on chromosome 4 detected in three rice mapping populations	Uga Y, E. Yamamoto, N. Kanno, S. Kawai, T. Mizubayashi, S. Fukuoka	農業生物資源研究所	7th International Rice Genetics Symposium	2013	11
31	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	Kazuhiro Yamamoto, Toshio Yamamoto, Chisato Sugiyama, Tadashi Hirasawa, Taichiro Ookawa	東京農工大学	The 7th Rice Genetics Symposium Abstract	2013	11
32	Genetic improvement of root system architectures to enhance drought avoidance in rice	宇賀優作	農業生物資源研究所	7th International Rice Genetics Symposium	2013	11
33	Identification and characterization of QTL involving rate of photosynthesis in high yielding rice	Toshiyuki Takai	作物研究所	7th International Rice Genetics Symposium, Book of Abstracts	2013	11
34	QTL analysis for higher order branching of panicle in rice increasing grain number.	Yasuko Fujishiro, Hobo Tokunori, Mayuko Ikeda, Hidemi Kitano	名古屋大学	7th International Rice Genetics Symposium, Final program and abstract book	2013	11
35	アケノホシの染色体断片をコシヒカリ遺伝背景イネの第2染色体に置換した系統の水伝導度と気孔伝導度	鈴木惟史, 山本敏央, 安達俊輔, 大川泰一郎, 矢野昌裕, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会第102回関東支部講演会	2013	12

36	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倒伏抵抗性に関する形質のQTLの推定	青羽遼, 山本敏央, 平沢正, 大川泰一郎	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会関東支部会報	2013	12
37	タカナリの染色体断片をコシヒカリ遺伝背景イネの第10染色体に置換した系統の光合成速度と乾物生産	山下雅大, 山本敏央, 上田忠正, 七夕高也, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 理化学研究所, 東京農工大学	日本作物学会第102回関東支部会	2013	12
38	深根性遺伝子を活用した耐乾性作物の開発	宇賀優作	農業生物資源研究所	2013植物科学シンポジウム	2013	12
39	水稻の光合成速度を高める第10染色体に座上する量的形質遺伝子座(QTL)の作用機構—コシヒカリとタカナリの組換え固定系統を用いて—	山下雅大, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会第102回関東支部講演会	2013	12
40	Cloning of a QTL increasing leaf photosynthesis rate in rice	Toshiyuki Takai, Toshio Yamamoto, Tadashi Hirasawa	作物研究所	Plant and Animal Genome XXII Conference, Book of Abstracts	2014	1
41	‘qESS11b’ に穂発芽耐性遺伝子を集積することによって低温苗立性と穂発芽耐性は両立できる	山口 琢也, 伊山 幸秀, 杉本 和彦, 表野 元保, 藤田 健司, 村田 和優, 蛭谷 武志	富山県農林水産総合技術センター, 農業生物資源研究所	日本育種学会第125回講演会 講演要旨集 育種学研究	2014	3
42	イネの穂を走行する維管束の横断面積と着粒数との関係	北野英己	名古屋大学	日本育種学会第125回講演会	2014	3
43	コシヒカリ/Oryza rufipogon染色体断片置換系統群から単離された疎植条件下で多分けつ化する系統の解析	稲垣言要	農業生物資源研究所	日本育種学会第125回講演会 講演要旨集 育種学研究	2014	3
44	Genetic improvement of root growth angle has a positive impact for drought avoidance in rice	Uga Y.	農業生物資源研究所	GRiSP workshop ‘Roots for the future’	2014	5

45	Prospects of breeding by design for root system architectures in crops	Uga Y.	農業生物資源研究所	Rhizopolis lecture	2014	5
46	「外国稲由来の圃場苗立ち性に関する遺伝解析」	岩田夏子	ホクレン農業総合研究所	第3回北海道イネ研究会	2014	7
47	根系形態の遺伝的制御による干ばつ耐性イネ品種の開発	宇賀優作	農業生物資源研究所	2014イネ分子遺伝学ワークショップ	2014	7
48	Analysis of QTLs for strong culm traits, using reciprocal chromosome segment substitution lines derived from the cross between rice varieties, Koshihikari and Takanari	K. Yamamoto, T. Yamamoto, C. Sugiyama, T. Hirasawa, T. Ookawa	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2014	9
49	DRO3、DEEPER ROOTING 1の遺伝経路上に見出されたイネ第7染色体の根伸長角度QTL	木富悠花, 山本英司, 菅野徳子, 河合佐和子, 水林達実, 福岡修一, 宇賀優作	農業生物資源研究所	第126回講演会 日本育種学会 育種学研究 16(別2)	2014	9
50	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	T. Kobayashi, R. Aoba, T. Yamamoto, T. Takai, C. Sugiyama, K. Yamamoto, T. Hattori, M. Vazirzanjani, T. Hirasawa, T. Ookawa	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2014	9
51	New approach for improving the lodging resistance in rice using superior alleles of strong culm genes in natural variants.	T. Ookawa, T. Kobayashi, T. Ebitani, T. Yamamoto, T. Hirasawa	東京農工大学, 富山県農林水産総合技術センター	The 9th Asian Crop Science Conference	2014	9
52	イネの粒厚を高め収量性に寄与するQTLのマッピング	山口 琢也, 表野元保, 田口文緒, 伊山幸秀, 藤田健司, 蛸谷 武志	富山県農林水産総合技術センター	日本育種学会第126回講演会	2014	9

53	インド型多粒イネ「VT-101」を用いた穂の分枝構造に関するQTL解析	北野英己	名古屋大学	日本育種学会第126回講演会	2014	9
54	コシヒカリ、IR64の収量性に対するsd-1及びGS3の影響	氏家和広, 石丸健	農業生物資源研究所	日本作物学会第38回講演会 講演要旨集日本作物学会紀事	2014	9
55	コシヒカリ/Oryza rufipogon染色体断片置換系統群から単離された疎植条件下で多分げつ化する系統の解析(2)	稲垣言要	農業生物資源研究所	日本育種学会第126回講演会 講演要旨集 育種学研究	2014	9
56	異なる根伸長角度を示すイネ3品種から見出された深根性QTLs	河合佐和子, 木富悠花, 菅野徳子, 水林達実, 福岡修一, 宇賀優作	農業生物資源研究所	第126回講演会 日本育種学会 育種学研究 16(別2):	2014	9
57	超多粒性イネの穂における高次分枝を制御するqSRN7の解析	北野英己	名古屋大学	日本育種学会第126回講演会	2014	9
58	米の食味、成分、品質に関する遺伝子の単離と機能解析	堀 清純	農業生物資源研究所	第41回食品の物性に関するシンポジウム	2014	9
59	Genetic control of root system architecture improves drought avoidance in rice	Uga Y.	農業生物資源研究所	International Workshop on Plant Water Stress Responses and Water-Use Efficiency	2014	11
60	ゲノム育種による環境オンデマンドな根系改良	宇賀優作	農業生物資源研究所	インターゲノミクスセミナー	2014	11
61	コシヒカリの米粒を大きくする事で収量増加を狙う突然変異育種	中村麻由美, 山本竜也, 堀川実穂, 林猛, 中岡史裕, 小林麻子, 富田桂, 三浦孝太郎, 岩崎行玄	福井県立大学	コシヒカリー族サミット	2014	11

62	水稲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—	鈴木浩貴, 松木美紗, 山本敏央, 上田忠正, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学, 他	日本作物学会関東支部第103回講演会	2014	12
63	水稲の倒伏抵抗性に関わる強稈質関連形質の量的形質遺伝子座の推定 —コシヒカリとタカナリの組換え固定系統を用いて—	服部智宏, 山本敏央, 青羽遼, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学, 他	日本作物学会関東支部第103回講演会	2014	12
64	粒形遺伝子TGW6の導入によるコシヒカリ特性改良の試み	氏家和広, 石丸健	農業生物資源研究所	日本作物学会関東支部会報	2014	12
65	A Takanari (indica) genome segment on chromosome 3 increases dry matter production and grain yield as well as leaf inclination angle in rice with a Koshihikari (japonica) genetic background	Nan Su San, Otsuki Y, Yamamoto T, Ueda T, Tanabata T, Ookawa, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	第8回アジア作物学会議	2014	9
66	A Takanari (indica) genome segment which increases dry matter production and grain yield as well as the rate of leaf photosynthesis in rice with a Koshihikari (japonica) genetic background	Hirasawa T, Yamashita M, Yamamoto T, Ueda T, Otsuka C, Ookawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	第8回アジア作物学会議	2014	9
67	A Takanari genome segment on chromosome 4 increases leaf inclination angle, dry matter production and grain yield of rice with a Koshihikari genetic background	Nan S.S, Otsuki Y, Yamamoto T, Ueda T, Tanabata T, Ookawa T, Hirasawa	東京農工大学, 農業生物資源研究所	日本作物学会第238回講演会	2014	9
68	Characterization of a Koshihikari (japonica) allele located on chromosome 1 that increases the leaf photosynthesis rate of rice with a Takanari (indica) genetic background	Atobe M, Nakae T, Yamamoto T, Ueda T, Adachi S, Ookawa T, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	第8回アジア作物学会議	2014	9

69	Estimation and characterization of quantitative trait loci that increase the rate of leaf photosynthesis of a rice cultivar that has been known as rice having the highest recorded rate of photosynthesis	Ochiai T, Adachi S, Yamamoto T, Ueda T, Ookawa T, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	第8回アジア作物学会議	2014	9
70	イネの葉面温度QTLの染色体断片置換システムを用いたポット試験による特性評価	福田篤徳, 近藤勝彦, 七夕高也, 安達俊輔, 矢野昌裕, 山本敏央	農業生物資源研究所, 他	日本育種学会第125回講演会	2014	3
71	コシヒカリ遺伝背景イネの老化過程における光合成速度の低下を抑制する第3染色体短腕のアケノホシ染色体断片の作用機構	鈴木惟史, 山本敏央, 安達俊輔, 大川泰一郎, 矢野昌裕, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会第237回講演会	2014	3
72	登熟期に高い光合成能力を示す水稻品種アケノホシが持つ水伝導度と葉色維持に関わるQTLの特性	山本敏央, 鈴木惟史, 鈴木健司, 安達俊輔, 大川泰一郎, 平沢正, 矢野昌裕	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本育種学会第126回講演会	2014	9
73	葉の光合成速度を高めるタカナリ対立遺伝子を第10染色体に持つコシヒカリ遺伝背景イネの乾物生産と収量	山下雅大, 山本敏央, 上田忠正, 大塚千夏子, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会第237回講演会	2014	3
74	Optimization of Seed Germinability for Direct Seeding By Stacking QTLs in Rice	Takuya Yamaguchi, Yukihide Iyama, Kazuhiko Sugimoto, Motoyasu Omoteno, Kenji Fujita, Kazumasa Murata, Takeshi Ebitani	富山県農林水産総合技術センター	Plant and Animal Genome XXIII Conference, Book of Abstracts	2015	1
75	Research to dramatically improve rice leaf photosynthesis with marker assisted selection	Adachi S, Ochiai T, Ao R, Takai T, Kondo M, Yamamoto T, Hirasawa T	東京農工大学, 農業生物資源研究所	Plant & Animal Genome XXIII Conference	2015	1

76	qLTG3-1を持つ準同質遺伝子系統を用いた低温条件下で吸水させた種子のプロテオーム的解析	水鳥 希洋人, 山口 琢也, 山田 哲也, 金勝 一樹	富山県農林水産総合技術センター, 東京農工大学	第56回日本植物生理学会	2015	3
77	コシヒカリ対立遺伝子がタカナリ遺伝背景イネの光合成速度を高めるQTLの推定と作用機構	落合隆行, 安達俊輔, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会紀事	2015	3
78	光合成速度を高める量的形質遺伝子座(QTL)を集積した水稻の葉の光合成速度および子実・乾物生産特性—日本型品種コシヒカリ染色体断片をインド型品種タカナリの第1染色体と第7染色体に置換した水稻を用いて—	跡部雅史, 安達俊輔, 青莉紗子, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学, 農業生物資源研究所	日本作物学会紀事	2015	3
79	光合成速度を高める量的形質遺伝子座(QTL)を集積した水稻の葉の光合成速度と子実・乾物生産特性—日本型品種コシヒカリ染色体断片をインド型品種タカナリの第7染色体の短腕側と長腕側に置換した水稻を用いて—	青莉紗子, 跡部雅史, 安達俊輔, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学, 農業生物資源研究所	日本作物学会紀事	2015	3
80	ゲノム情報を活用した日本水稻の品質や食味を制御する遺伝子の探索.	堀清純	農業生物資源研究所	日本食品科学工学会第62回大会	2015	8
81	イネの着粒数に関わるqSRN7による着粒構造制御の解析	保浦徳昇, 藤城靖子, 石原亮太, 太田自由, 國島健, 縣歩, 池田真由子, 経塚淳子, 北野英己	名古屋大学, 他	日本育種学会第128回講演会 講演要旨集 育種学研究	2015	9
82	インド型多粒イネ「VT-101」の穂形質を特徴付けるQTLの同定	太田自由, 保浦徳昇, 當山恒顕, 安藤考紀, 縣歩美, Tran Dang Xuan, Tran Dang Khanh, Le Hung Linh, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会 第128回講演会 講演要旨集 育種学研究	2015	9

83	Characterization of a quantitative trait locus for increasing hydraulic conductance of rice	Tadashi Hirasawa, Chikako Otsuka, Masahiro Yamashita, Toshio Yamamoto, Tadamasa Ueda, Taichiro Ookawa	東京農工大学, 農業生物資源研究所	International Society of Root Research, 9th International Symposium	2015	10
84	インド型水稻品種タカナリと日本型品種コシヒカリの個葉光合成特性の解析—特に葉内のCO2拡散に注目して—	中西愛, 青莉紗子, 小島安裕, 古川航大, 大塚千夏子, 大川泰一郎, 平沢正, 安達俊輔	東京農工大学	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
85	インド型水稻品種タカナリの第10染色体領域を日本型水稻品種コシヒカりに置換した系統の光合成速度が高くなる要因	大塚千夏子, 安達俊輔, Owusu-Ansah Beatrice-Joy, 青莉紗子, 小島安裕, 中西愛, 古川航大, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
86	水稻における強稈関連形質の量的形質遺伝子座の集積効果	吉村大, 蛭谷武志, 伊山幸秀, 平沢正, 安達俊輔, 大川泰一郎	富山県農林水産総合技術センター, 東京農工大学	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
87	水稻の強稈性に関わる皮層繊維組織を厚くする量的形質遺伝子座の特定—タカナリを遺伝背景とするコシヒカリ第2, 9染色体の組換え固定系統を用いて—	神山遼, 山本敏央, 上田忠正, 福岡修一, 安藤露, 平沢正, 安達俊輔, 大川泰一郎	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12

88	多収性インド型水稲品種タカナリの個葉光合成速度の向上に関わる日本型品種コシヒカリに由来する5つのQTL領域の作用機構	青莉紗子, 安達俊輔, 落合隆行, 跡部雅史, 大塚千夏子, 児玉明日香, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学, 農業生物資源研究所	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
89	第一染色体長腕側に葉身傾斜角度に関わるQTLをもつ染色体断片置換系統の成長と乾物生産	鈴木佳純, 安達俊輔, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	農業生物資源研究所, 東京農工大学	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
90	登熟期の葉の老化を抑制する遺伝子座の推定, コシヒカリ, アケノホシに由来する染色体断片置換系統群(GSSLs)を用いて	村本奈美, 安達俊輔, 鈴木惟史, 鈴木健司, 近藤勝彦, 山本敏央, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学, 農業生物資源研究所	日本作物学会関東支部第104回講演会	2015	12
91	「コシヒカリ」型のqGTH3は収量性の向上に貢献する	山口琢也, 溝淵律子, 福岡修一, 田口(塩原)文緒, 北澤則之, 伊山幸秀, 藤田健司, 蛭谷武志	富山県農林水産総合技術センター, 農研機構	日本育種学会第129回講演会 講演要旨集	2016	3
92	イネのアミロース含有率に関与するqAC2の登熟温度に対する効果	竹本陽子, 平林秀介, 石井卓朗, 山口誠之, 竹内善信	次世代作物開発研究センター	日本育種学会第129回講演会	2016	3
93	コシヒカリ対立遺伝子が光合成速度を高める量的形質遺伝子座(QTL)を集積したタカナリを遺伝背景とする水稲の光合成速度と乾物および子実生産	青莉紗子, 中西愛, 小島安裕, 安達俊輔, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学, 農研機構	日本作物学会第241回講演会	2016	3

94	シロイヌナズナFLDのイネ相同遺伝子Hd18の単離と開花時期制御への関与	柴谷多恵子, 堀清純, 小木曾映里, 山内歌子, 朱紅加, 北澤則之, 正村純彦, 安藤露, 江花薫子, 呉健忠, 山崎俊正, 矢野昌裕	農研機構 次世代作物開発研究センター	日本育種学会第129回講演会 育種学研究	2016	3
95	宮城県と山形県におけるイネ出穂期遺伝子Hd1, Hd16, Hd18の出穂特性評価	佐伯研一, 遠藤貴司, 中込佑介, 阿部洋平, 溝淵律子, 水林達実, 福岡修一	宮城県古川農業試験場、山形県農業総合研究センター、農研機構	日本育種学会第129回講演会 講演要旨集	2016	3
96	水稻の個葉光合成速度に関わるタカナリ型GPSアレルを有するコシヒカリ準同質遺伝子系統の光合成特性	古川航大, 青莉紗子, 大塚千夏子, 中西愛, 小島安裕, 高井俊之, 大川泰一郎, 平沢正, 安達俊輔	東京農工大学	日本作物学会第241回講演会	2016	3
97	水稻の個葉光合成速度に関わる自然変異遺伝子CAR8の生理学的作用機構の解析	吉川和萌, 安達俊輔, 七夕高也, 大川泰一郎, 米丸淳一, 平沢正	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第241回講演会	2016	3
98	第10染色体長腕にコシヒカリの光合成速度を高めるタカナリ対立遺伝子を有する準同質遺伝子系統の水分生理特性	大塚千夏子, 安達俊輔, 吉川和萌, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎, 平沢正	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第241回講演会	2016	3
99	Map-based cloning of Carbon Assimilation Rate 8 that increases CO2 assimilation rate in rice	安達俊輔, 吉川和萌, 山内歌子, 七夕高也, Jian Sun, 山本敏央, Rowan Sage, 平沢正, 米丸淳一	東京農工大学、農研機構	European Networks Conference on Algal and Plant Photosynthesis	2016	4

100	ごはんの「おいしさ」の違いをCE-TOFMS解析で探る	堀清純	次世代作物開発研究センター	日本食品科学工学会第63回大会	2016	8
101	イネの量的形質の選抜マーカーの開発の現状について	山本敏央	農研機構	園芸学会平成28年度秋季大会公開シンポジウム	2016	9
102	寒地におけるイネ圃場苗立ち性に関するQTLの効果検証	岩田夏子, 西村努, 平山裕治, 佐藤毅, 席田淳史	ホクレン、道総研上川農試	日本育種学会第130回講演会 講演要旨集 育種学研究	2016	9
103	非破壊的な手法を用いたイネの穂の形質評価の試み	保浦徳昇, 太田自由, 縣歩美, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会第130回講演会講演要旨集 育種学研究	2016	9
104	イネの穂構造を制御するAPO1アレルの探索	太田自由, 保浦徳昇, 安藤考紀, 石原亮太, 縣歩美, 池田真由子, 土井一行, 北野英己	名古屋大学	日本育種学会中部地区談話会第24回講演会	2016	11
105	コシヒカリ対立遺伝子が多収インド型品種タカナリに対して光合成速度を高める第3染色体QTLの光合成関連形質の解析	小島安裕, 青莉紗子, 大塚千夏子, 寺崎千鶴, 上田忠正, 山本敏央, 大川泰一郎, 平沢正, 安達俊輔	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第105回関東支部講演会	2016	12
106	異なる水稻品種に由来する強稈遺伝子の組合せが強稈関連形質の集積効果に及ぼす影響	釜洞瑛里, 蛭谷武志, 伊山幸秀, 安達俊輔, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学、富山県農林水産総合技術センター	日本作物学会関東支部第105回講演会	2016	12

107	水稻の強稈性に関連する皮層繊維組織の厚さに関わる量的形質遺伝子座の同定—タカナリを遺伝背景にもつコシヒカリ第2, 9染色体の組換え固定系統を用いて—	川辺裕也, 山本敏央, 上田忠正, 安達俊輔, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学、次世代作物開発研究センター	日本作物学会関東支部第105回講演会	2016	12
108	水稻の倒伏抵抗性に関与する極強稈関連形質の量的遺伝子座解析—高バイオマス長稈系統TAT-26とタカナリのF2分離集団を用いて—	田原佳奈子, 山本敏央, 上田忠正, 安達俊輔, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学、次世代作物開発研究センター	日本作物学会関東支部第105回講演会	2016	12
109	多収水稻品種タカナリの個葉光合成速度を高める第1染色体コシヒカリ染色体領域の生理学的作用	寺崎千鶴, 青莉紗子, 大塚千夏子, 小島安裕, 上田忠正, 山本敏央, 大川泰一郎, 平沢正, 安達俊輔	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第105回関東支部講演会	2016	12
110	Quantitative Trait Loci for Enhancing Photosynthesis in Progeny of Rice 'Takanari' × Koshihikari' and Effects of Their Pyramiding	Tadashi Hirasawa, Takayuki Ochiai, Risako Ao, Yasuhiro Kojima, Ai Nakanishi, Toshio Yamamoto, Tamamasa Ueda, Taiichiro Ookawa, Shunsuke Adachi	東京農工大学、農研機構	14th International Symposium on Rice Functional Genomics	2016	9
111	早生遺伝子を導入した「あいちのかおりSBL」準同質遺伝子系統の育成と形質評価	井手康人、堀清純、伊藤晃、杉浦和彦、濱頭葵、加藤満、野々山利博、中嶋泰則	愛知県農業総合試験場、農研機構次世代作物開発研究センター	日本育種学会第131回講演会	2017	3
112	イネの穂の1次枝梗長制御遺伝子qPBL6における準同質遺伝子系統を用いた機能解析	太田自由・保浦徳昇・安藤考紀・石原亮太・縣歩美・池田真由子・土井一行 1・北野英己	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	日本育種学会第131回講演会 講演要旨集 育種学研究	2017	3

113	水稲品種コシヒカリの対立遺伝子がタカナリに対して光合成速度を高めるQTLの集積効果の解析—15個のQTLを有する系統を用いて—	青莉紗子・中野瑠璃・安達俊輔・岩田洋佳・山本敏央・大川泰一郎・平沢正	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第243回講演会.	2017	3
114	水稲品種コシヒカリの対立遺伝子がタカナリに対して光合成速度を高めるQTL集積系統の乾物重、収量と収量構成要素の解析.	中野瑠璃・青莉紗子・安達俊輔・山本敏央・大川泰一郎・平沢正	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第243回講演会.	2017	3
115	水稲品種コシヒカリの個葉光合成速度を高める第4および第10染色体のタカナリ対立遺伝子を集積した系統の光合成特性.	大塚千夏子・安達俊輔・小島安裕・寺崎千鶴・山本敏央・上田忠正・大川泰一郎・平沢正	東京農工大学、農研機構	日本作物学会第243回講演会	2017	3
116	日本水稲遺伝資源における炊飯米の食味関連形質のゲノムワイドアソシエーション解析.	堀清純, 米丸淳一, 鈴木啓太郎, 飯島健, 辻井良政, 小俣衣央梨, 仁木沙都美, 木村圭一, 朱紅加, 山崎将紀, 江花薫子, 高野克己	農研機構 次世代作物開発センター	日本育種学会	2017	3
117	異なる水稲品種に由来する強稈遺伝子の組合せが強稈関連形質の集積効果に及ぼす影響	釜洞瑛里, 蛭谷武志, 伊山幸秀, 松岡信, 矢野憲司, 安達俊輔, 平沢正, 大川泰一郎	東京農工大学、名古屋大学、富山県農林水産総合技術センター	日本作物学会第243回講演会.	2017	3
118	QTL analysis and gene pyramiding for improvement of rice photosynthesis	安達俊輔、平沢正、山本敏央、上田忠正、大川泰一郎	東京農工大学、農研機構	Gordon Research Conference CO2 Assimilation in Plants from Genome to Biome	2017	5
119	ゲノムワイド・ジェノタイプングを用いたMASによるPb1、Stvb-iおよびosnramp5-2の効率的な導入	石橋正文、宮原克典、山口修、和田卓也、宮崎真行、宇賀優作、福岡修一、石川覚	福岡県農林業総合試験場、福岡県農林水産部、次世代作物開発研究センター、農業環境変動研究センター	次世代作物開発研究センター主催シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用と連携」	2017	6

120	秋田106号のいもち病抵抗性およびカドミウム低吸収性の同時改良	高橋竜一、川本朋彦、柴田智、加藤和直、石川覚、福岡修一、宇賀優作	秋田県農業試験場、農業環境変動研究センター、次世代作物開発研究センター	次世代作物開発研究センター主催シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用と連携」	2017	6
121	良食味品種「つや姫」の早生化の試み	阿部洋平、本間猛俊、渡部貴美子、中場勝、鈴木隆由輝、中場理恵子、石塚和、後藤元、齋藤寛、堀清純、山本敏央	山形県農業総合研究センター、農研機構次世代作物開発研究センター	農研機構シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用と連携」	2017	6
122	複数の出穂期遺伝子を導入した耐冷性と高温耐性を有する系統の育成	高松光生、細井淳、酒井長雄、堀清純	長野県農業試験場、農研機構次世代作物開発研究センター	農研機構シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用と連携」	2017	6
123	早生化遺伝子を導入した「あいちのかおりSBL」準同質遺伝子系統の育成	井手康人、伊藤晃、杉浦和彦、濱頭葵、加藤満、堀清純	愛知県農業総合試験場、農研機構次世代作物開発研究センター	農研機構シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用と連携」	2017	6
124	Analysis on the quantitative trait loci for the strong-culm and yield associated traits in rice, using F2 populations derived from a cross between the super thick-culm and super grain-bearing line LTAT-29 and Takanari	Nomura, T., Yamamoto, T., Ueda, T., Yonemaru, J., Abe, A., Adachi, S., Hirasawa, T. and Ookawa, T.	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2017	6
125	Estimation of the Quantitative trait loci Associated with Breaking and Bending Types Lodging Resistance in Rice Using Chromosome Segment Substitution Lines Derived from a Cross between Takanari and Koshihikari	Mulsanti, I., Yamamoto, T., Ueda, T., Samadi, A., Adachi, S., Hirasawa, T. and Ookawa, T.	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2017	6
126	Identification of the quantitative trait loci for breaking and bending types lodging resistance in rice, using recombinant inbred lines derived from Koshihikari and a Strong culm variety, Leaf Star	Samadi, A., Yamamoto, T., Ueda, T., Adachi, S., Hirasawa, T. and Ookawa, T.	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2017	6

127	Development of the pyramiding lines with strong culm genes derived from crosses among the SCM near isogenic lines in rice	Ookawa, T., Kamahora, E., Ebitani, T., Yamaguchi, T., Murata, K., Iyama, Y., Ozaki, H. and Adachi, S.	東京農工大学	The 9th Asian Crop Science Conference	2017	6
128	Dry matter and grain production of a near-isogenic line carrying a 'Takanari' (high yielding, indica) allele for increased leaf inclination angle in rice with the 'Koshihikari' (japonica) genetic background	平沢正, 安達俊輔, 山本敏央, 上田忠正, 大川泰一郎	東京農工大学、農研機構	第9回アジア作物学会議	2017	6
129	低温土中出芽性と穂発芽耐性の集積による直播栽培向けコシヒカリ系統の育成 ~ デザイン育種によってコシヒカリの直播適性を向上させる ~	山口 琢也, 伊山 幸秀, 杉本 和彦, 池田 博一, 蛭谷 武志	富山県農林水産総合技術センター, 農研機構	農研機構主催シンポジウム「競争力の高い水稲品種開発に向けたDNAマーカー技術の活用」	2017	6
130	ゲノム育種の加速に向けた育種基盤および技術開発	福岡修一, 山内歌子, 江花薫子	農研機構	農研機構「次世代作物開発研究センター」主催シンポジウム「競争力の高	2017	6
131	イネ縞葉枯病抵抗性を付与した「なすひかり」栃木IL31号の育成について	伊澤由行	栃木県農業試験場	栃木県育種懇話会	2017	8
132	ゲノムワイド・ジェノタイプングを用いたMASによるPb1、Stvb-iおよびosnramp5-2の効率的な導入	石橋正文, 宮原克典, 山口修, 和田卓也, 宮崎真行, 宇賀優作, 福岡修一, 石川覚	福岡県農林業総合試験場, 福岡県農林水産部, 次世代作物開発研究センター, 農業環境変動研究センター	第80回九州農業研究発表会(作物部会)	2017	9
133	出穂期遺伝子Hd16、Hd18が福岡県における水稲の出穂期におよぼす影響	石橋正文, 宮原克典, 山口修	福岡県農林業総合試験場	日本育種学会 第132回講演会	2017	10
134	出穂期遺伝子Hd1, Hd16, Hd18をコシヒカリ型で保有する晩生系統「東北229号」の育成	石森裕貴・佐伯研一・遠藤貴司・佐藤浩子・中込佑介・溝淵律子・田口文緒・福岡修一・山内歌子・安藤露	宮城県古川農業試験場, 宮城県庁, 農研機構次世代作物開発研究センター	日本育種学会第132回講演会 育種学研究	2017	10

135	ゲノム選抜育種により水稻早生品種「みずかがみ」へ出穂期遺伝子及び病害抵抗性遺伝子を導入した準同質遺伝子系統群の形質評価	西村卓真・吉田貴宏・森 茂之・椎木咲帆・日野耕作・山田善彦・正村純彦・福岡修一・山内歌子・田口文緒・溝淵律子	滋賀県農業技術振興センター・滋賀県庁農政水産部農業経営課・	日本育種学会第132回講演会 育種学研究	2017	10
136	印度型多収イネ「VT-101」の着粒数に関するQTLの組み合わせ効果	太田自由・保浦徳昇・縣歩美・當山恒顕・Dang Xuan Tran、Dang Khanh Tran、Hung Linh Le、北野英己	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	日本育種学会第132回講演会 講演要旨集 育種学研究	2017	10
137	水稻の収量および倒伏抵抗性関連形質の量的形質遺伝子座解析—極多着粒・極強稈系統LTAT-29とタカナリのF2分離集団を用いて—	野村知宏・山本敏央・上田忠正・米丸淳一・阿部陽・高木宏樹・安達俊輔・平沢正・大川泰一郎	東京農工大学	日本育種学会第132回講演会要旨集 育種学研究	2017	10
138	阿波赤米に由来する低温土中出芽性遺伝子は障害型耐冷性を向上させる	山口琢也、川原善浩、仲條眞介、遠藤貴司、石森裕貴、伊山幸秀、荘司和明	富山県農林水産総合技術センター、農研機構、岩手県農業研究センター、宮城県古川農業試験場	日本育種学会第132回講演会	2017	10
139	ゲノム選抜による北海道水稻品種へのいもち病抵抗性遺伝子pi21の高速導入と準同質遺伝子系統の評価	道満剛平、佐藤博一、平山裕治、佐藤毅、藤田正平、福岡修一、山内歌子、田中淳一、米丸淳一	道総研上川農試	日本育種学会第133回講演会 講演要旨集 育種学研究	2018	3
140	ゲノム選抜育種により水稻早生品種「みずかがみ」へ出穂期遺伝子及び病害抵抗性遺伝子を導入した「滋賀80号」「滋賀81号」の育成	帆・吉田貴宏・森茂之・山田善彦・日野耕作 正村純彦4・福岡修一4・山内歌子4・田口文緒4・溝淵律子	滋賀県農業技術振興センター・滋賀県庁農政水産部農業経営課・	日本育種学会第133回講演会 講演要旨集 育種学研究	2018	3
141	イネ圃場苗立ち性遺伝子座qSES11を導入した準同質遺伝子系統の評価	岩田夏子、西村努、平山裕治、席田淳史	ホクレン、道総研上川農試	日本育種学会第133回講演会 講演要旨集 育種学研究	2018	3

(3) 出版図書

区分：①出版著書、②雑誌(注)(1)学術論文に記載したものを除く、重複記載をしない。)、③年報、④広報誌、⑤その他

整理番号	区分	著書名(タイトル)	著者名	機関名	出版社	発行年	発行月
1	②	JATAFFジャーナル(ごく限られた品種しか持っていないイネ有用遺伝子TGW6の単離と利用)	石丸健	農業生物資源研究所	公益社団法人農林水産・食品産業技術振興協会	2013	9
2	②	進研ゼミ高校講座・受験エンカレッジ生物10月号(干ばつに強いイネをつくり発展途上国の農業に貢献)	宇賀優作	農業生物資源研究所	ベネッセコーポレーション	2013	10
3	②	明日の食品産業(多収イネの光合成能力に貢献する遺伝子の特定)	山本敏央, 高井俊之	農業生物資源研究所, 作物研究所	食品産業センター	2014	7
4	②	ニューカントリー(多収稲の光合成能力に貢献するGPS遺伝子を発見)	山本敏央	農業生物資源研究所	北海道協同組合通信社	2014	8
5	②	光合成研究と産業応用最前線(作物の光合成速度を向上させる自然変異遺伝子の解明)	安達俊輔, 山本敏央	農研機構 作物研究所, 農業生物資源研究所	株式会社エヌ・ティー・エス	2014	12
6	②	BIO INDUSTRY(大型台風に負けない強稈性をもつ耐倒伏性イネの開発)	大川泰一郎	東京農工大学	シーエムシー出版	2015	12
7	①	作物生産生理学の基礎(倒伏とそのメカニズム、作物生産生理学の基礎)	大川泰一郎	東京農工大学	農文教	2016	10

(4) 国内特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日
	「該当無し」							

(5) 国際特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日	出願国
	「該当無し」								

(6) 報道等

区分: ①プレスリリース、②新聞記事、③テレビ放映、④その他

区分	記事等の名称	掲載紙・放送社名等	掲載年	掲載月	掲載日	機関名	備考
②	米の粒を長く重くするカサラスTGW6遺伝子を発見	食品産業新聞	2013	4	22	農業生物資源研究所	
②	米粒長く重くする遺伝子インディカで特定	日本農業新聞	2013	4	16	農業生物資源研究所	
④	米粒の長さ、重さに関係新規遺伝子を発見	化学工業日報	2013	4	16	農業生物資源研究所	
②	高収量期待のイネ遺伝子特定	毎日新聞	2013	5	9	農業生物資源研究所	
②	収量高める育種に可能性	農業共済新聞	2013	5	15	農業生物資源研究所	
①	世界初、イネの干ばつ耐性を高める深根性遺伝子を発見- 干ばつに強い作物の開発に新たな道を開く-		2013	8	2	農業生物資源研究所、他	
②	世界初、イネの干ばつ耐性を高める深根性遺伝子を発見	日本経済新聞、日経産業新聞、日本農業新聞、化学工業日報、日刊工業新聞、茨城新聞、毎日新聞、農業共済新聞、朝日新聞	2013	8	5	農業生物資源研究所	
①	倒れにくいコシヒカリをつくる- 茎を太くする遺伝子の集積によるイネ品種の改良-		2013	10	7	日本育種学会	
②	遺伝情報: ゲノムの解読で進むイネ改良	毎日新聞	2014	8	7	農業生物資源研究所	
①	大型台風能耐える最強のイネの謎を解明~ 強稈性と低リグニン性の両立により食用、飼料、バイオマスエネルギー用新品種開発に道を開く~		2014	10	10	東京農工大学	
③	Episode 5 The Technology: Japan's Innovative Breakthroughs, Tackling Climate Change	NHK World	2014	12	12	農業生物資源研究所	

④	特A品種「とちぎの星」の話を中心に水稲研究室の業務、現在取り組んでいる有望系統(なすひかり準同質系統含む)について	地方ラジオ「CRT栃木放送」の番組「NOSAIのひろば」	2016	4	3	栃木県農業試験場	
①	イネの茎を強くし倒れにくくするゲノム領域を高精度に特定～スーパー台風に負けないイネ品種の開発に道を開く～		2016	7	27	東京農工大学、農研機構次世代作物開発研究センター	
②	倒伏に強い領域 稲ゲノムで特定	日本農業新聞	2016	7	29	東京農工大学、農研機構	

(7) 普及に移しうる成果

区分:①普及に移されたもの、製品化して普及できるもの、②普及のめどがたったもの、製品化して普及のめどがたったもの、③主要成果として外部評価を受けたもの

区分	成果の名称	機関名	普及(製品化) 年月		主な利用場面	普及状況
③	平成24年度日本育種学会奨励賞(イネの根の形態と構造に関する遺伝解析と耐乾性育種への展開)	農業生物資源研究所	2013	3		
③	日本作物学会第236回講演会優秀発表賞(水稲の倒伏抵抗性を高める強稈関連形質の遺伝子座の推定ー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ー)	東京農工大学	2013	10		
③	第126回講演会日本育種学会優秀発表賞(DRO3、DEEPER ROOTING 1の遺伝経路上に見出されたイネ第7染色体の根伸長角度QTL)	農業生物資源研究所	2014	11		
③	第13回日本農学進歩賞(イネ深根性遺伝子の同定と機能解析および耐乾生育種への応用)	農業生物資源研究所	2014	11		

(8) 発表会の主催の状況
(シンポジウム・セミナー等を記載する。)

整理番号	発表会の名称	年月日			開催場所	参加者数	機関名	備考
1	気候変動適応技術の開発・連携促進セミナー(水稲いもち病抵抗性育種における圃場抵抗性の利用 ～ゲノム研究と育種フロントラインの連携～)	2015	10	20	北海道農業研究センター	30	農業生物資源研究所	
1	農林水産省委託プロジェクト 研究「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト」シンポジウム(地域との連携による作物ゲノム育種推進体制の構築と実践ゲノム情報活用時代における作物育種の進展と将来展望)	2015	11	11	つくば国際会議場	200	農業生物資源研究所	

(9) アウトリーチ活動の状況

当事業の研究課題におけるアウトリーチ活動の内容は以下のとおり。

- 区分; ①一般市民向けのシンポジウム、講演会及び公開講座、サイエンスカフェ等、 ②展示会及びフェアへの出展、大学及び研究所等の一般公開への参画、
③その他(子供向け出前授業等)

整理番号	区分	アウトリーチ活動	年月日			開催場所	参加者数	主な参加者	機関名	備考
1	①	「にいがた夢農業・人づくり事業」共通講座シンポジウム(新潟大学農学部主催)にて山本敏央が基調講演および学生との意見交換	2016	10	28	新潟大学中央図書館ライブラリーホール	250	新潟大学生、県農業大学校生、新潟農業・バイオ専門学校生、教職員、県内農業研究・普及機関等	農研機構	