

水稲の収量等の重要形質遺伝子間並びに遺伝子-環境間相互作用の解明とゲノム育種による超多収系統の育成

27007AB

分野

農業-水稲

適応地域

東北

【研究グループ】

(公財)岩手生物工学研究センター、京都大学、岩手県農業研究センター、福島県農業総合センター(地独)青森県産業技術センター農林総合研究所

【研究統括者】

(公財)岩手生物工学研究センター 阿部 陽

【研究期間】

平成30年~令和2年(3年間)

キーワード 水稲、ゲノム育種、遺伝子間相互作用、超多収、ひとめぼれ

1 研究の目的・終了時の達成目標

日本の食料供給基地である東北地方の水稲栽培を振興するため、現行の主力品種「ひとめぼれ」に代わる超多収良食味品種の早期育成が求められている。このため、収量等の農業形質に関与する遺伝子間相互作用並びに遺伝子と環境要因との相互作用(GxE)を解明する。また、収量性に関与する遺伝子領域の「ひとめぼれ」への導入効果を確認するとともに、複数の遺伝子領域を導入することにより、玄米収量800kg/10a以上の超多収系統を育成する。

2 研究の主要な成果

- ① エピスタシスを検出する解析プログラム「RILStEp」を開発し、高い精度でのエピスタシス検出を可能にした(Sakai *et al.* 2021)。GxE検出プログラムも開発し、一穂籾数でGxEを示すSNPを検出した。
- ② 一穂籾数と葉身幅におけるエピスタシス分子基盤をそれぞれ解明した(一穂籾数:DNA-タンパク質間相互作用、葉身幅:タンパク質-タンパク質間相互作用)。イネゲノム育種に寄与する新たな知見を得た。
- ③ 一穂籾数では、2遺伝子間のエピスタシスに加えて第3の因子qGN6を同定し、これらの組合せにより、一穂籾数レベルの段階的改変を圃場で実証した。葉身幅では、外国イネ型NRL2遺伝子と、ひとめぼれ型RL14遺伝子の組合せのときに幅が最大となるエピスタシスを圃場で実証した。
- ④ 収量性に関係する多数の遺伝子領域を単独あるいは複数保有する「ひとめぼれ準同質遺伝子系統」を多数作出した。負の形質(病害、不稔)をもたらす不要なゲノム領域を特定した。

公表した主な特許・論文

- ① T. Sakai, A. Abe, M. Shimizu, R. Terauchi. RIL-StEp: epistasis analysis of rice recombinant inbred lines (RILs) reveals interacting genomic regions that control seed hull color and leaf chlorophyll content. G3, in press (2021).

3 今後の展開方向

- ① 育成した「ひとめぼれ準同質遺伝子系統」を利用したゲノム育種による遺伝子集積によって、低コスト生産可能な玄米収量800kg/10a以上の超多収良食味品種を育成する。
- ② 育成した超多収良食味品種の生産力検定試験、特性検定試験、現地実証試験を実施して品種登録を行い、奨励品種の認定を受け、普及を図る。

【今後の開発・普及目標】

- ① 5年後(2025年度)は、玄米収量800kg/10a以上の超多収良食味品種を育成し、品種登録出願、奨励品種認定試験を開始する。
- ② 5年後(2025年度)は、玄米収量1トン/10a以上の超多収良食味系統を育成する。
- ③ 最終的には、育成した品種を東北地方の主力品種として6万haの普及を図る(目標)。

4 開発した技術・成果の実用化により見込まれる波及効果及び国民生活への貢献

- ① 生産コストの40%低減により、業務仕向けや輸出の拡大など新たなビジネスモデルを展開し、生産者の収益向上と持続可能な水稲生産に貢献できる。
- ② 稲作の高生産性と高収益性の達成は、米の国際競争力を高め、持続的な水稲生産とそれを中核とした安定的な水田農業を実現し、良質で安定的な国民の主食料の継続的な確保に貢献できる。

