

イネの分子育種を用いた食料問題緩和へのチャレンジ

芦荻基行*

〔キーワード〕：分子育種，冠水適応，浮イネ，遺伝子同定，収量増加

1. 始めに

我々人類が日々食する作物は、もともと地球上に存在していたわけではなく、その祖先野生種に自然発生した突然変異の中から、人類に都合の良い形質を選抜し続け栽培化したものである。人類はその後人も人為的に突然変異を誘発したり、交配によって遺伝変異をミックスしたりするなど、様々な品種を生み出した。すなわち、人類は DNA の変異を利用して作物の改良を行ってきたわけであり、有用な農業形質を導く遺伝変異を明らかにして、その分子メカニズムを理解することは、今後の作物育種の可能性を広げるものとなる。本講演では、イネの有用農業形質を制御する遺伝子の同定とそれを利用した分子育種について紹介する。

2. 定期的な洪水に適応した作物

植物は一般的に着生した場所で一生を過ごすため、生育場所が過酷な環境に変化しても受け入れなければならない。植物は多種多様な環境に合わせた形態的、生理的な適応を行い、地球各地の様々な地域に生息している。河川や池、湖周辺の

どの水辺に生育している陸上植物は、生物の生存に不可欠な水分の摂取に関してメリットがある一方、過度の降雨による洪水の影響によって冠水し溺死してしまうリスクを負っている。これは水中における気体の拡散速度が大気中に比べて約 10,000 倍小さく、また水中に溶存する酸素、二酸化炭素の量が空气中に比べ少ないため、呼吸や光合成のために必要な酸素や二酸化炭素などの気体の摂取が大きく制限されることに起因している。このように、冠水ストレスは植物の生育に深刻な影響を与える。南、東南アジアでは、雨季の長期間の降雨によって、時に水深が数 m にも及ぶような洪水が 3~4 ヶ月続く。このような洪水環境では作物栽培は困難である。しかし、このような定期的に洪水が発生する地域に適応した作物があり、それが浮イネである。浮イネは水位の上昇とともに節間(茎)を急速に伸長させ葉先を水面から出すことにより、大気から酸素を摂取して水面下の組織へ送り届け、洪水発生地帯でも生育することができる(図 1)。

3. 浮イネの冠水依存的な節間伸長の分子機構

浮イネと一般的な栽培イネの交雑集団を用いて、冠水依存的な節間伸長を司る 4 つの主要な遺伝子

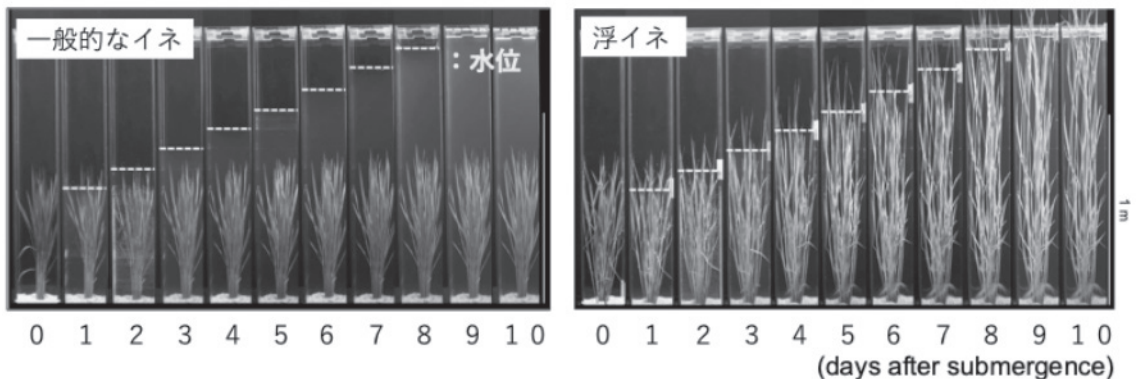


図 1 浮イネの冠水依存的な茎伸長

座を検出した(Hattori et al. 2007)(図 2)。その後、分子遺伝学的手法を用いて、これらの遺伝子を 1 つ 1 つ同定し、それぞれの機能解析を進めたところ、ACE1(Accelerator of Internode Elongation1)は機能未知の短いタンパク質をコードしており、茎伸長を促進する因子であることが明らかになった。調査した約 600 系統の日本型イネ全てで ACE1 に 1bp の挿入が存在し、日本型イネは ACE1 を機能喪失していることが明らかになり、日本のイネは機能型の ACE1 を保持していないことが判明した。一方、DEC1(Decelerator of Internode Elongation1)は C2H2 ジンクフィンガー型転写因子をコードし、節間伸長を抑制していることが明らかになり、冠水依存的に遺伝子発現が減少することで、節間伸長が促進されることが判明した(Nagai et al. 2020)。GA20 酸化酵素 2(GA20ox2)は GA 生合成経路のうち GA53 から GA20 または GA12 から GA9 を触媒する酵素遺伝子であり、冠水依存的に発現上昇することで活性型 GA の生産を行う(Kuroha et al. 2020)。SK1, SK2 は AP2 型の転写因子をコードしており、冠水依存的に節間での遺伝子発現が上昇し、節間伸長を促進することが判明した(Hattori et al. 2009, Nagai et al. 2022)。このように、浮イネの

冠水依存的な節間伸長を制御する遺伝子が同定できると、これらの遺伝子を用いて、一般的なイネを浮イネに改良することが可能となる。

4. 浮イネの遺伝子を用いた分子育種の可能性

遺伝子が同定できると、交配と DNA マーカーを用いたマーカー選抜育種が可能となる。浮イネと日本型品種(T65)を交雑後、DNA マーカー選抜と戻し交雑を用いて、遺伝子領域を 1 つ T65 に置換した系統、2 つの遺伝子領域を置換した系統、3 つの遺伝子領域を置換した系統を作出した(図 3, Hattori et al. 2009 より引用)。このとき、第 12 染色体に座乗している DEC1 と SK 遺伝子を切り離すことが困難で、2 つの遺伝子領域をセットで置換した。その結果、遺伝子を集積すればするほど冠水依存的な節間伸長をすることが判明した(図 3)。これらの結果は、遺伝子の集積パターンによって、冠水依存的な節間伸長の程度を調整できることを示している。現在、この研究成果を基にした浮イネの品種育成プロジェクトがバングラデシュで始まろうとしている。

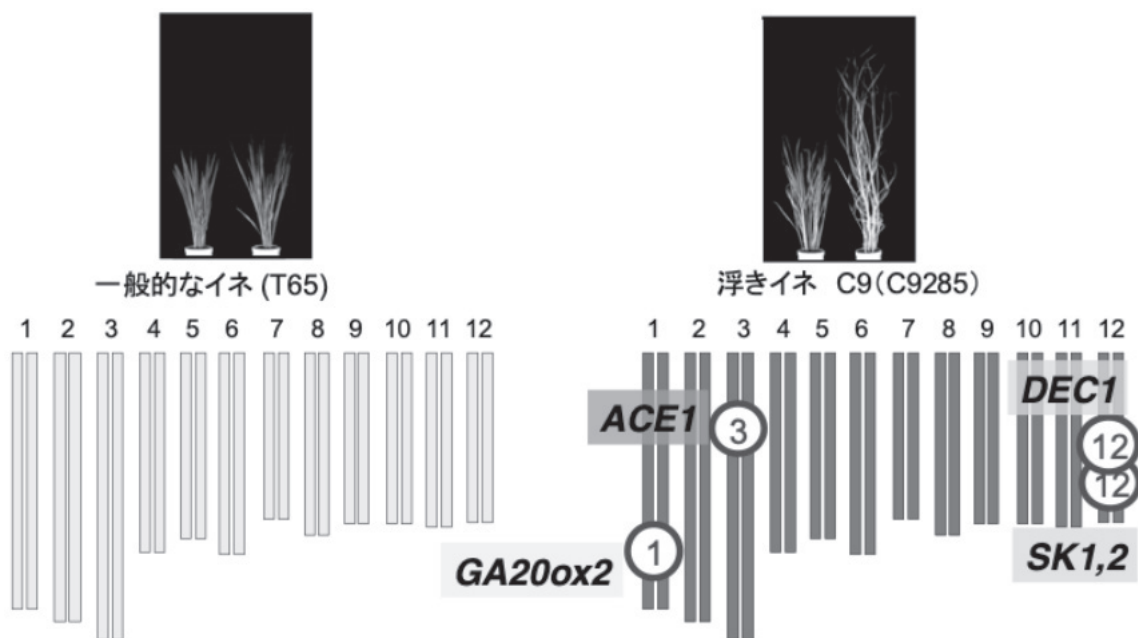


図2 浮イネの冠水依存的な茎伸長を制御する主要遺伝子

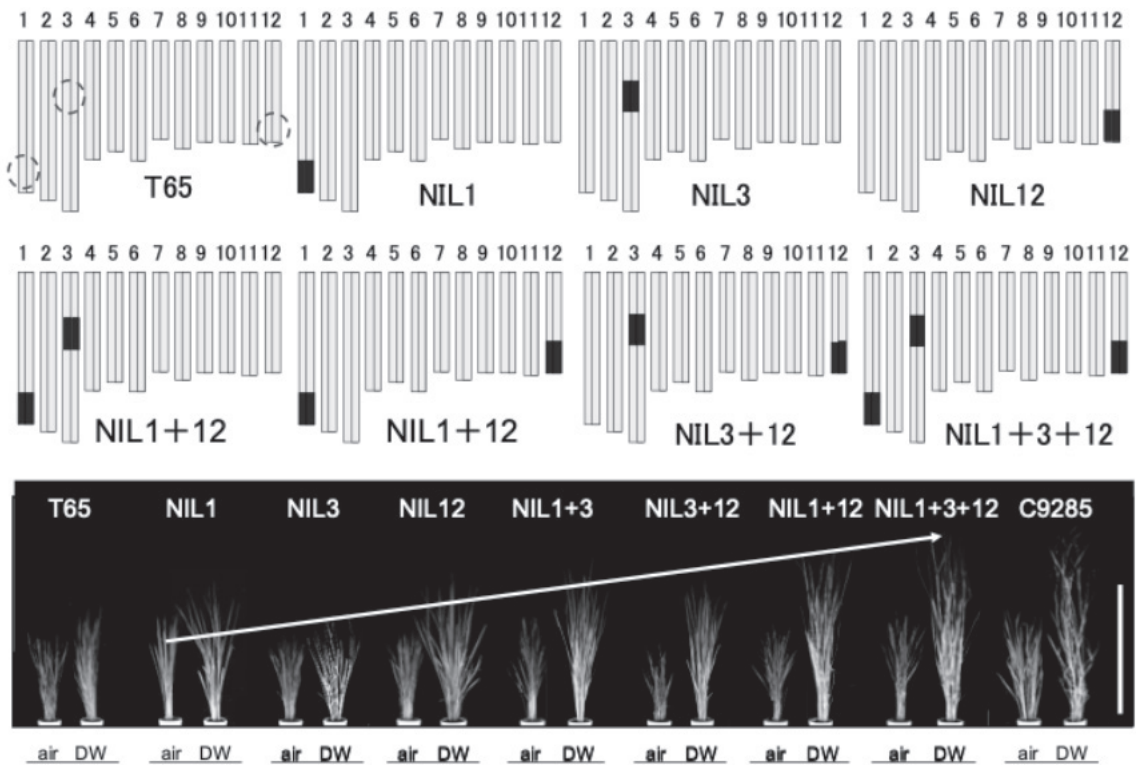


図3 浮イネの遺伝子を利用した分子育種

5. イネの種子数に関わる遺伝子の探索

イネの収量性に関わる遺伝子の探索に、日本晴とST12の2品種を供試した。両者の1穂粒数を比較すると、日本晴では約150粒の種子が、ST12では487粒の種子が着生する。また1次枝梗数も大きく異なり、日本晴の1次枝梗数は約11本なのに対して、ST12は約28本である。これらの形質を制御する遺伝子座の探索を行ったところ、第1染色体に*Gn1a*遺伝子と第8染色体に*WFP*遺伝子を見いだした(図4)。その後、それぞれの遺伝子の同定を行ったところ、*Gn1a*はサイトカイニンの分解酵素をコードしており、この遺伝子が機能喪失するとサイトカニンが蓄積する(Ashikari et al. 2005)。WFPはSPL14と呼ばれる転写因子をコードし、花序で発現しており、発現量が高くなると1次枝梗数を促進することが明らかになった(Miura et al. 2020)。

6. 浮イネの遺伝子を用いた分子育種の可能性

イネの着粒数に関する遺伝子が同定されたのをきっかけに、これらの遺伝子を利用した分子育種に挑戦を始めた。近年、アフリカでのコメ需要の高まりもあり、アフリカで普及しているNERICA米をテストケースとして用いることとした。NERICA1号にST12を交配したのち、NERICA1号を戻し交雑し、分子マーカーを用いてNERICA1号の遺伝的背景にST12が保持する*Gn1a*遺伝子と*WFP*遺伝子を導入した。その結果、元々のNERICA1号に比べ、*Gn1a*遺伝子と*WFP*遺伝子をそれぞれ導入した系統は、着粒数が増加した(図5)(Kikuta et al. 2023)。また両方の遺伝子を導入した系統はさらに増加した。続いて、これらの系統をケニアの圃場で生育し、収量調査を行ったところ、NERICA1号に比べ収量が増加した。本講演では、農業形質を制御する遺伝子の同定と分子育種の可能性について紹介する。

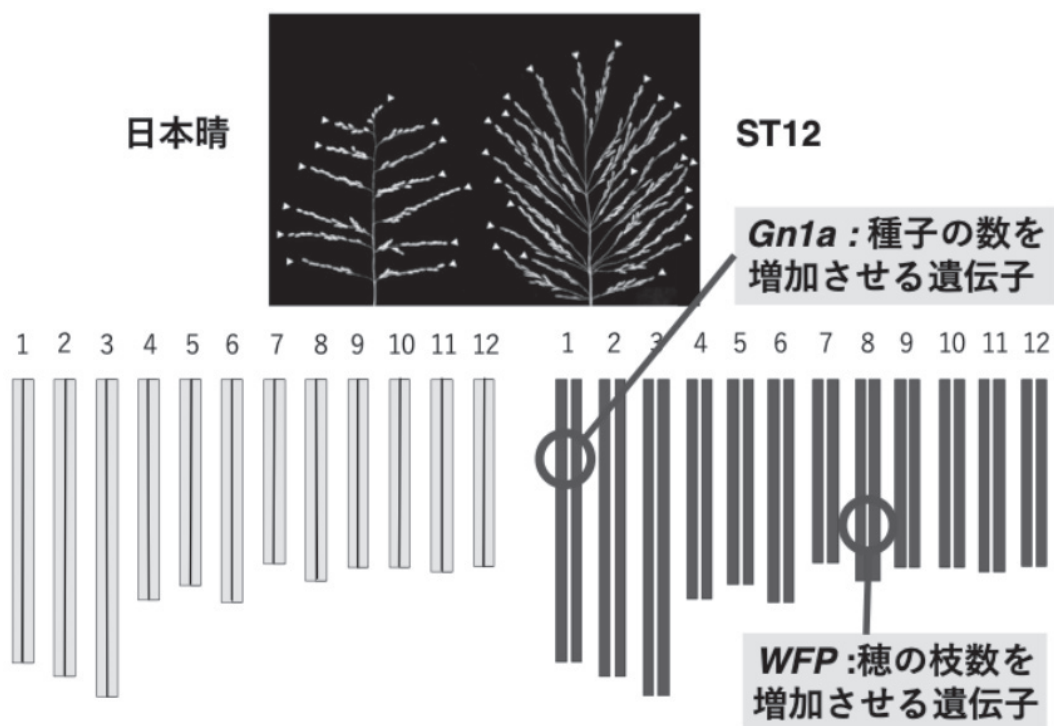


図4 着粒数を制御する遺伝子の同定

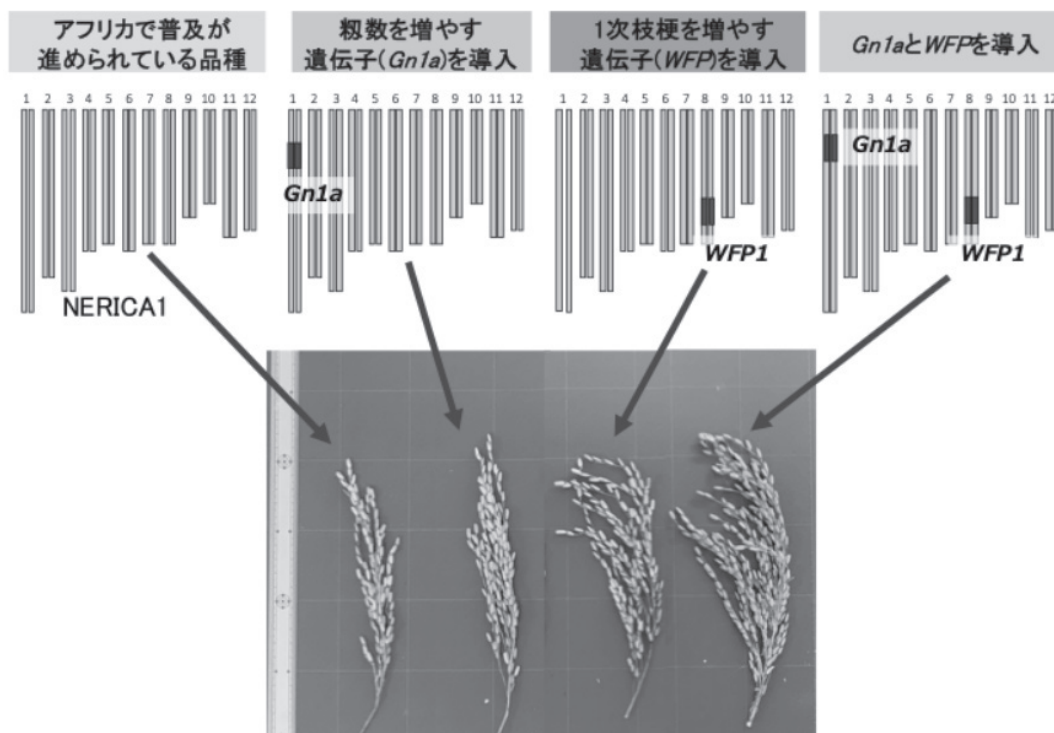


図5 着粒数を制御する遺伝子を利用した分子育種

【引用文献】

- Ashikari M., Sakakibara H., Lin S., Yamamoto T., Takashi T., Nishimura A., Angeles E. R., Qian Q., Kitano H. and Matsuoka M. 2005, Cytokinin oxidase regulates rice grain production. *Science* 309, 741-745.
- Hattori Y., Miura K., Asano K., Yamamoto E., Mori H., Kitano H., Matsuoka M. and Ashikari M. 2007, A Major QTL Confers Rapid Internode Elongation in Response to Water Rise in Deepwater Rice. *Breeding Science* 57, 305-314.
- Hattori Y., Nagai K., Furukawa S., Song X., Kawano R., Sakakibara H., Wu J., Matsumoto T., Yoshimura A., Kitano H., Matsuoka M., Mori H., and Ashikari M. 2009, The ethylene response factors SNORKEL1 and SNORKEL2 allow rice to adapt to deep water. *Nature* 460, 1026-1030.
- Kikuta M., Menge D. M., Gichuhi E. W., Tomita R., Kimani J. M., Musila R. N., Doi K., Ashikari M., Angeles-Shim R., Jena K. K., Makihara D. (2023). Contribution of genes related to grain number (Gn1a and WFP) introgressed into NERICA 1 to grain yield under tropical highland conditions in central Kenya. *PLANT PRODUCTION SCIENCE*, Pages 309-319.
- Kuroha T., Nagai K., Gamuyao R., Wang D., Furuta T., Nakamori M., Kataoka T., Adachi K., Minami M., Mori Y., Seto Y., Mashiguchi k., Yamaguchi S., Kojima M., Sakakibara H., Wu J., Ebana K., Mitsuda N., Ohme-Takagi M., Yanagisawa S., Yamasaki M., Yokoyama R., Nishitani K., Mochizuki T., Tamiya G., McCouch S., and Ashikari M. 2018, Ethylene-Gibberellin Signaling Underlies Adaptation of Rice to Periodic Flooding. *Science*. 361, 181-186.
- Miura K., Ikeda M., Matsubara A., Song X. J., Ito M, Asano K., Matsuoka M., Kitano H. and Ashikari M. 2010, OsSPL14 promotes panicle branching and higher grain productivity in rice. *Nature Genetics* 42, (6) 545-9.
- Nagai K., Mori Y., Ishikawa S., Furuta T., Gamuyao R., Niimi Y., Hobo T., Fukuda M., Kojima M., Takebayashi Y., Fukushima A., Himuro Y., Kobayashi M., Ackley W., Hisano H., Sato K., Yoshida A., Wu J., Sakakibara H., Sato Y., Tsuji H., Akagi T. and Ashikari M. 2020, Antagonistic regulation of the gibberellic acid response during stem growth in rice. *Nature*, 584: 109-114.