

栄養ストレス強靱化に寄与する野生イネ遺伝資源の探索

関連するSDGsの国際目標



環境科学部 生物資源管理学科 准教授 清水 顕史

研究分野 : 育種学

研究室HP : <http://www.eonet.ne.jp/~vor-dem-gesetz/>

近縁野生種の染色体断片置換系統群(Introgression lines, ILs) など未利用のイネ遺伝資源を利用して、栽培イネの栄養ストレス耐性強化に役立つ遺伝子を探索している。これらイネの強靱化に役立つ遺伝子のカタログ化を進めることで、デジタル作物デザイン技術の確立を目指すプロジェクト(MS型研究開発事業)の推進に協力でき、迅速な品種開発技術の実現に貢献する。

■野生イネの持つリン欠乏ストレス耐性遺伝子の単離

イネのILs集団を、水耕、土耕（例えば図1）および低リン水田で栽培し、リン欠乏ストレス耐性を示すILは反復親などと交配し、形質マッピングを進めている。そのうち、栽培品種コシヒカリを反復親とし*Oryza rufipogon* (IRGC104814) の断片を持つKRILsと、栽培品種いただきを反復親とし、*O. barthii* (IRGC101243) の断片を持つIBILsにおいて、低リン耐性遺伝子座領域を見出しており、これらのマップベース・クローニングを進めている。

■熱帯ジャポニカ品種KHAO NOKの示す低栄養ストレス耐性

世界のイネコアコレクションなど栽培イネ遺伝資源を調べたところ、KHAONOKという品種は40倍希釈した水耕液のような栄養が非常に少ない環境で、相対的なバイオマス生産量が高い性質を持つことが分かった。KHAO NOK(低栄養耐性)と日本晴(標準品種)の交雑F₃集団を用いてQTLseq法による耐性形質に関与する遺伝領域の推定を行うと図2に示すように染色体9と11に有意な領域を検出することができた。そこでこれら交雑後代を用いて遺伝子の単離を進める予定である(科研費基盤C、2021-2023)。

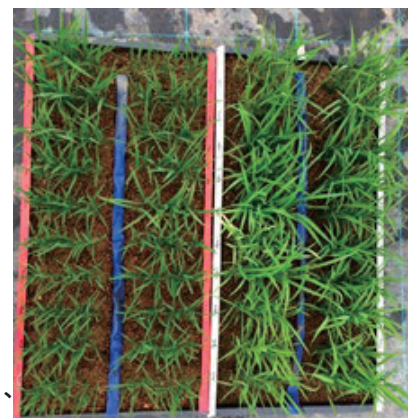


図1 土耕栽培の様子
(左:リン欠乏区、右:標準区)

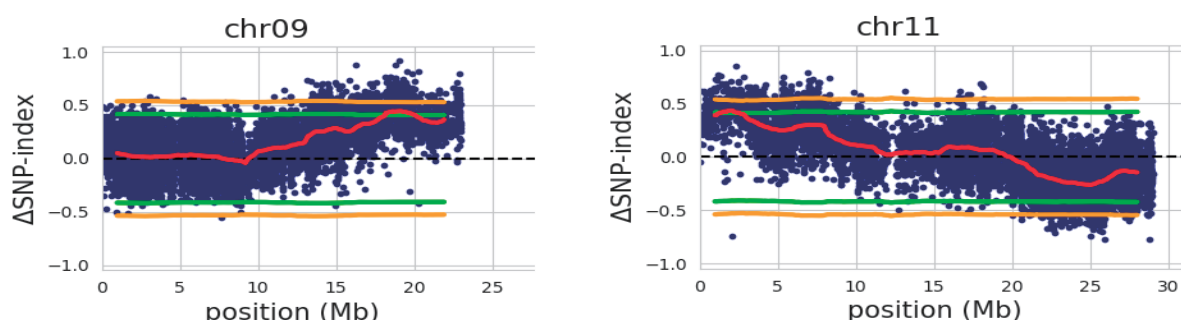


図2 日本晴×KHAO NOKF₃集団のQTLseqで見出された低栄養ストレス耐性遺伝。

<共同研究>

・ムーンショット(MS)型農林水産研究開発事業(2020-2029)(東京大学植物栄養学研究室との共同研究)

<特許>

・「発現プロファイル解析システム及びそのプログラム」特願2009-063273・特許第5286594号
(発明者) 矢野健太郎、清水顕史 (出願人) 学校法人明治大学