

最先端・次世代研究開発支援プログラム  
事後評価書

研究課題名	イネの生産性の飛躍的向上を可能にする有用遺伝子の単離と分子育種的手法による効果の検証
研究機関・部局・職名	公立大学法人福井県立大学・生物資源学部・講師
氏名	三浦 孝太郎

## 【研究目的】

現在、世界人口は 67 億人に達し、さらに 2050 年には 1.5 倍に増加することが予想されている。また、カーボンニュートラルの観点から食糧としての作物生産と並んでバイオエタノール生産の原料としての作物生産の需要が高まっている。本研究では、イネを用いて生産性向上に寄与する遺伝資源の探索及び遺伝子単離、機能解析を行い、さらに複数の有用遺伝資源の集積による超多収イネの作出を目標とする。これまでに、我々はイネの穂の枝分かれを促進することで穂当たりの種子数を増加させる *WFP* 遺伝子を単離し、この *WFP* 遺伝子の高発現アレルでは穂当たりの種子数が 50% 以上増加することを示した (Miura et al. Nature Genetics 2010)。さらにこの *WFP* 遺伝子を有する遺伝的背景に、種子数を増加させる遺伝子 *Gn1a* を集積させることにより穂当たりの種子数を 75% 増加することを明らかにした (Miura et al. Nature Genetics 2010)。そこで、*WFP* と *Gn1a* 遺伝子をより効率よく利用するために、増大したシンクに見合う栄養分を供給するソース能を付与する有用遺伝子と、種子サイズを大型化するシンク能を強化する有用遺伝子の単離及び機能解析を行う。また、*WFP* 遺伝子は、栄養生長期に高発現すると栄養生長期の枝分かれにも影響を与えることから、シンク能のみならず、ソース能の制御にも大きな影響を与えることが明らかになっている (Miura et al. 2010)。そして *WFP* 遺伝子が転写因子をコードすることから、*WFP* 遺伝子によって直接制御される下流の遺伝子及び *WFP* 遺伝子を制御する因子を特定し、枝分かれのメカニズムを解明することは作物育種におけるシンク・ソースバランスの制御に応用できると考えられる。そこで、本研究では *WFP* 遺伝子が制御する枝分かれのシグナル伝達経路に関与する遺伝子を同定し、その機能解析を通じて枝分かれのメカニズムを応用することでシンク・ソースのバランスの取れた超多収イネの実現を目指す。

## 【総合評価】

	特に優れた成果が得られている
	優れた成果が得られている
○	一定の成果が得られている
	十分な成果が得られていない

<p><b>【所見】</b></p>
<p>① 総合所見</p>
<p>研究代表者らが発見したイネの穂の分枝を制御する遺伝子 WFP を基礎に、種子サイズを大型化する遺伝子など貯蔵組織（シンク）の増強に関与する遺伝子と、シンクに送り込む光合成産物を生産する組織（ソース）の能力を増強する遺伝子を特定し、生産能力の高いイネを育種的に作成する基盤を構築することを目的とした基礎研究で、重要な課題であり、日本および世界の社会的要請に合致する。4つの小課題を設定して研究を進めている。シンクを大型化する遺伝子およびソースを大型化する遺伝子の双方について、遺伝子の単離には至っていないものの、QTL 解析により遺伝子候補領域を特定している。遺伝子の機能を検証するための形質転換体や、準同質遺伝子系統などの作成を進め、材料が整った段階にあり、極めて近い将来遺伝子の単離と特定に至ると期待される。イネの穂の枝分れ促進遺伝子 WFP が制御する情報伝達系の解明も本研究における重要な課題であり、有望な表現型の復帰突然変異体を同定することに成功している。また、遺伝子発現解析から候補となる遺伝子を絞り込むことにも成功しているが、WFP が制御する情報伝達系の全容を明らかにするには至っていない。有用遺伝子の組み合わせによる増収効果を期待した生産性の評価については、</p> <p>ピラミディング系統の中間系統を準備し、これらの系統を用いて収量調査を行って、各遺伝子の組み合わせによる生産性の評価を行い、玄米収量を 10%増加する有効な遺伝子の組み合わせを見出している。</p> <p>上述のように達成目標に掲げた項目により、達成度の凹凸が大きい印象であるが、研究の遅れは、主に実験材料であるイネの生育速度に関連するものであり、採択時期の遅れにより温室建設が大幅に遅れたために交配実験が予定通り進まなかったことが大きく影響していると考えられ、この点が残念である。</p> <p>イネ多収性研究は、世界の食料供給の安全にとって重要性が極めて高い。一方、イネを含めた作物は、世代時間が長いため、遺伝子機能解明が困難である。本研究は、重要な課題に取り組んでいる。研究進捗に遅れは見られるが、大きな成果が得られる可能性が期待されるので、本支援事業終了後も精力的に研究を展開することを望む。</p>

<p>② 目的の達成状況</p>
<p>・所期の目的が  <input type="checkbox"/>全て達成された ・ <input checked="" type="checkbox"/>一部達成された ・ <input type="checkbox"/>達成されなかった</p>
<p>イネの生産性の向上を目指した、(1) ソース能を増強する遺伝子の単離、(2) 種子を大型化し、シンク能を強化する遺伝子の単離、(3) イネの穂の枝分れ促進遺伝子 WFP が制御する情報伝達系の解明、(4) これらの有用遺伝子のピラミディングによる生産性の評価を研究目的・目標とした。</p> <p>(1) および (2) については、d1-Large の交雑 F1 の大型化が、DI 遺伝子の欠損によるらしいとの新知見を得た。また、植物を大型化する新規遺伝子座および種子を大型化する新規遺伝子座を同定し、QTL 解析により遺伝子候補領域を特定できて、これらの遺伝子単離の材料も整ったことから、近い将来遺伝子の単離できる段階である。現時点では、目標の達成は部分的なものに留まっている。</p> <p>(3) については、遺伝子発現解析のための準同質遺伝子系統化、復帰突然変異体スクリーニングの為の変異原処理、クロマチン免疫沈降の為の形質転換体作出が全て完了した。これまでに、有望な表現型の復帰突然変異体を同定することに成功している。</p>

また、遺伝子発現解析から候補となる遺伝子を絞り込むことにも成功しているが、WFPが制御する情報伝達系の解明には至っていない。目標の部分的な達成に留まっている。

(4)については、ピラミディング系統の中間系統が準備できた。これらの系統を用いて収量調査を行った。これにより、各遺伝子の組み合わせによる生産性の評価を行い、有効な遺伝子の組み合わせを見出し、この組み合わせで玄米収量を10%増加する事を示した。目標をおおむね達成した。

本研究で見出した新奇遺伝子座の遺伝子単離と、これら遺伝子を利用した品種育成に取り組み、新奇の有用遺伝資源としてリリースする事、また、これら新奇遺伝子の分子メカニズムの解明の為に、遺伝学的・生化学的な解析を推進し、関連遺伝子の同定が今後に残された目標と課題である。

### ③ 研究の成果

・これまでの研究成果により判明した事実や開発した技術等に先進性・優位性が  
(ある ・ ない)

・ブレークスルーと呼べるような特筆すべき研究成果が  
(創出された ・ 創出されなかった)

・当初の目的の他に得られた成果が (ある ・ ない)

本研究の目的・達成目標として掲げた4項目について得られた成果下記に要約する。

#### (1) ソース能を増強する遺伝子の単離

d1-Largeの交雑F1の大型化が、DI遺伝子の欠損による可能性を示した。さらに、ソース増大につながる植物を大型化する新規遺伝子座を特定し、QTL解析により遺伝子候補領域を特定するとともに、これらの遺伝子単離の材料を整えた。

#### (2) 種子を大型化し、シンク能を強化する遺伝子の単離

種子を大型化する新規遺伝子座を特定し、QTL解析により遺伝子候補領域を特定するとともに、これらの遺伝子単離の材料を整えた。

(3) イネの穂の枝分れ促進遺伝子 WFPが制御する情報伝達系の解明、遺伝子発現解析のための準同質遺伝子系統化、復帰突然変異体スクリーニングの為の変異原処理、クロマチン免疫沈降の為の形質転換体作出が全て完了した。さらに、有望な表現型の復帰突然変異体を同定することに成功した。また、遺伝子発現解析から WFPにより制御される候補となる遺伝子を絞り込んだ。

(4) (1)～(3)で得られた有用遺伝子のピラミディングによる生産性の評価ピラミディング系統の中間系統を整え、収量調査を行った。各遺伝子の組み合わせによる生産性の評価を行い、有効な遺伝子の組み合わせを見出し、この組み合わせで玄米収量を10%増加する事を示した。

本研究課題では、新規遺伝子のクローニングなどの所期の目的を果たし、増収効果など期待通りの成果が確認できた場合には、技術の先進性、優位性が認められることになると考えられるが、まだ、所期の目的達成からは、かなりの距離があるという状況にあり、先進性、優位性があるとは言い難く、本分野におけるブレークスルーといえる成果も上がってはいない。また、当初の目的のほかに得られた成果は認められない。

**④ 研究成果の効果**

・研究成果は、関連する研究分野への波及効果が  
(見込まれる ・ 見込まれない)

・社会的・経済的な課題の解決への波及効果が  
(見込まれる ・ 見込まれない)

本研究課題では、未同定の新奇遺伝子座を複数見出しており、これらの遺伝子を単離する材料育成も既に整っている。研究をさらに推し進め、本研究課題で掲げられた研究目的が達成された暁には、将来的に下記の様々な波及効果、グリーンイノベーションへの貢献が期待できるが、現段階では、ごく一部の可能性が示されているに過ぎず、さらにデータを蓄積した成果を待たなければならない。

①新しい遺伝資源の供給。

②シンク・ソース機能の向上による作物の生産性の向上は、イネばかりでなく他の作物にも応用可能であり、関連する研究分野の進展に大いに寄与するものと期待される。

③多収性育種に大いに貢献できる。シグナル伝達経路の解明についても形態形成分野の遺伝子研究に貢献できる。多収性のイネ育種におおいに貢献が見込まれる。

④雑種強勢による作物の生産性の向上は、食料増産に結びつくばかりでなく、バイオマスの増大に寄与する。社会的・経済的解決への貢献が期待される。

**⑤ 研究実施マネジメントの状況**

・適切なマネジメントが (行われた ・ 行われなかった)

研究の進捗については、当初計画からかなり遅れているが、課題採択時期の遅れが大きく影響しており、課題担当者のマネジメントの問題ではない。研究計画、実施体制、研究遂行のマネジメントは適切に行われたと判断できる。

助成金の有効な利活用にも問題は認められない。

研究の成果公表については、下記のとおりで、学術誌への発表がやや低調であると言わざるを得ないが、他については一般企業による技術情報展示会へ積極的に参加など適切に発信している。

雑誌論文 : 合計 9 件 (査読あり 7 件、査読なし 2 件 全て掲載済み)

会議発表 : 合計 2 3 件

知的財産権 : 0 件

新聞掲載 : 合計 4 件

国民との科学・技術対話 : 合計 7 件

その他の公表 :

ラジオ放送 : 合計 2 件

研究室ホームページ (<http://biotech.fpu.ac.jp/5f/riceteam.html>) を公開した。