

# イネ深根性遺伝子の同定と機能解析および耐乾性育種への応用

宇賀優作（農業生物資源研究所）

yuga@affrc.go.jp

イネは人類のカロリー供給源として最も重要な作物の1つである。将来の人口増加に伴う食糧不足を回避するうえで、干ばつ地域におけるコメの増産は非常に重要な課題である。本研究では、品種改良を通して干ばつ地域での安定した稲生産に貢献することをめざし、イネで耐乾性に関わる深根性遺伝子を同定した。ゲノム育種により深根性を付与した品種は耐乾性が向上したことから、根系形態の改良は干ばつ地域における食糧増産に寄与することが今後期待できる。

## はじめに

干ばつは、発展途上国における飢餓の主要な原因の1つである。2025年には27億人が深刻な水不足に直面すると国連は予測している。将来の人口増加と水不足が懸念される中、国際水管理研究所は2025年までに干ばつ地域における作物生産を40%増産することが必要であると訴えている。日本では灌漑水田で栽培されるイネであるが、海外では灌漑設備のない干ばつ地域でも広く栽培されている。世界中で干ばつの影響下にある水田面積はおよそ2300万ヘクタールあり、日本の作付面積の約14倍になる。これらの地域でイネの増産をするためには、干ばつに強いイネの品種改良が不可欠である。

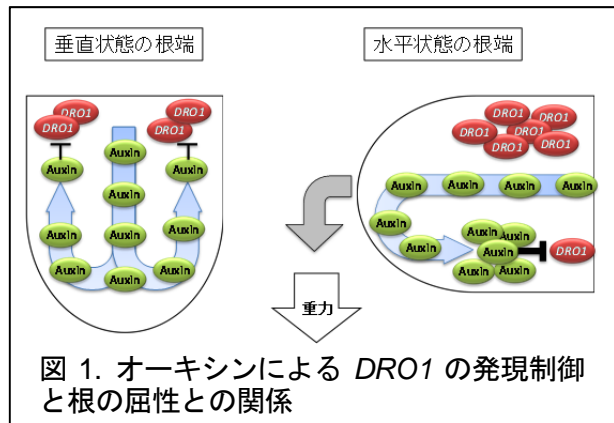
水田で栽培される「水稲」は、畑作物に比べると根の張り方が浅く、干ばつに弱い傾向にある。一方、焼畑や天水田などの比較的乾燥した土地で栽培される「陸稲」は、根が深くまで張り、干ばつ時にも土壌深層の水を吸収できるため、水稲より干ばつに強いと考えられる。ただし、陸稲は一般に低収量のため、世界的に見ても広く栽培されていない。これまで、陸稲の持つ深根性遺伝子を水稲に導入することができれば、干ばつに強い水稲が作れるのではないかと考えられてきた。しかし、深根性に関与する量的形質遺伝子座（QTL）はこれまで同定されていない。

本研究では、干ばつに弱く浅根の水稲品種「IR64」と干ばつに強く深根の陸稲品種「Kinandang Patong」由来の遺伝解析集団から深根性に関与するQTLを新たに見出し、遺伝子の同定および機能解析を進めるとともに、耐乾性育種への応用を試みた。

## 深根性遺伝子の同定および機能解析

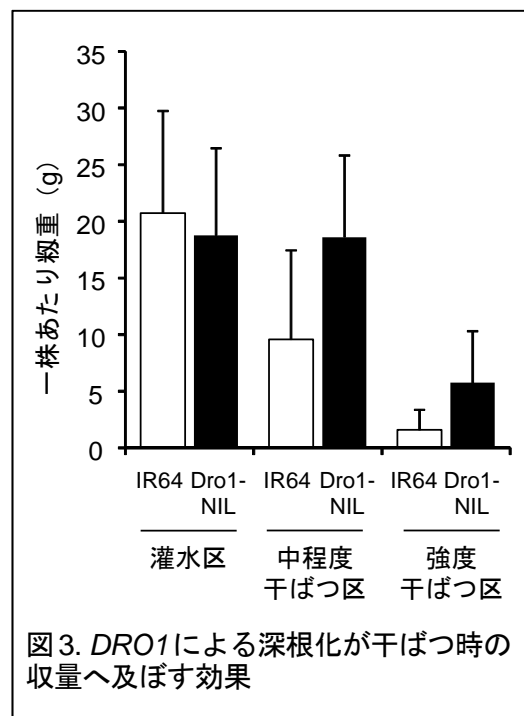
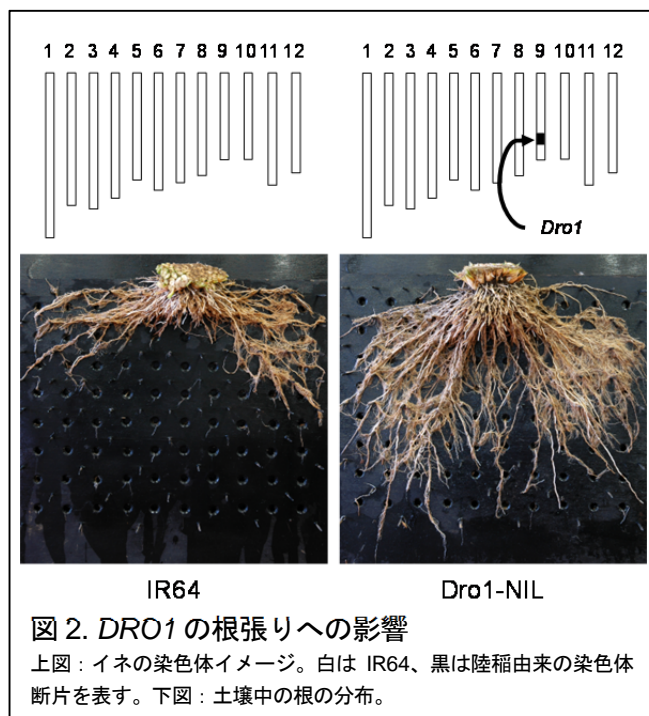
深根性に関するQTL解析を行ったところ、第9染色体に遺伝効果の大きいQTLを1つ見出した。本QTLを*DROI*（*DEEPER ROOTING 1*）と名付けた。Kinandang Patong型（機能型）の*DROI*は根伸長角度を大きくし根をより下に向けたが、IR64型（非機能型）の*DROI*は根伸長角度が小さいままであった。ただし、*DROI*は他の根系や地上部形態にはほとんど影響しなかった。遺伝子の機能を明らかにするため、マップベースクローニング法により*DROI*の単離を行った。候補遺伝子を1つに絞り、相補性検定を行った結果、*DROI*は機能未知タンパクをコードする新規の遺伝子であった。*DROI*は根端特異的に発現し、重力屈性に関与することが分かった。根の重力屈性には植物ホルモンの一種であるオーキシンが重要な役割を果たす。オーキシンの存在下では、根端部の*DROI*の転写産物量は短時間で減少した。また、*DROI*のプロモーター領域に存

在したオーキシン・レスポンス・エレメントがオーキシン・レスポンス・ファクターと結合することが分かった。オーキシン・レスポンス・ファクターが結合する遺伝子はオーキシンによりダイレクトに遺伝子発現を制御されることから、*DRO1* はオーキシン早期応答遺伝子であると考えられた。これまでの結果から、根端部における *DRO1* の発現様式が、根の偏差伸長、さらに、伸長角度に影響していることが推察された (図 1)。今後、*DRO1* がどのように根の細胞伸長を制御しているのか明らかにしていく必要がある。



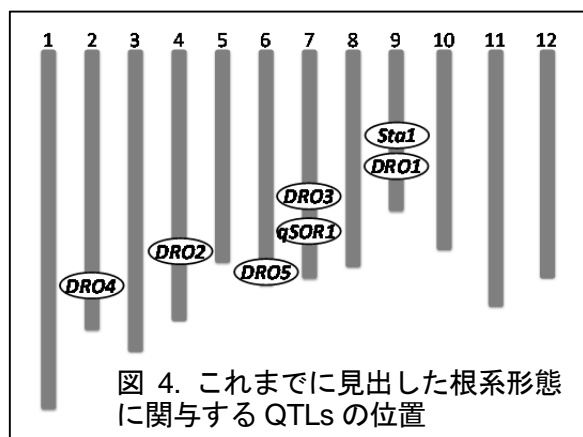
### 深根性遺伝子は耐乾性を向上できるか？

圃場レベルで *DRO1* が浅根品種を深根にするのか確認するため、Kinandang Patong 由来の *DRO1* を含む染色体断片を IR64 に導入した準同質遺伝子系統 (*Dro1*-NIL) を DNA マーカー選抜育種法により育成し、*Dro1*-NIL と IR64 の土壌中の根張りを調査した。畑圃場において、IR64 は地面から約 20cm までしか根が張らなかったが、*Dro1*-NIL では IR64 の 2 倍以上深く根が張った (図 2)。つぎに、*DRO1* の耐乾性への効果を明らかにするため、国際熱帯農業センター内の耐乾性検定圃場で IR64 と *Dro1*-NIL の収量調査を行った (図 3)。灌水区では両系統の収量はほぼ同等であった。一方、中程度の干ばつ処理区では、IR64 の収量は灌水区に対して半分以下に減少したが、*Dro1*-NIL の収量はほとんど減少しなかった。灌水を完全に停止した強度の干ばつ処理区では、IR64 の収量は灌水区の 7.7% まで低下したが、*Dro1*-NIL は灌水区に対して 30% 以上の収量が得られた。以上の結果から、*DRO1* は根を深くレイネを干ばつから回避できることが証明された。



## 今後の展開

今回の成果を干ばつが問題となっている現場で生かすことを考えた。IR64 は熱帯アジアで広く栽培されている品種の 1 つである。そこで、フィリピンにある国際稲研究所およびインドネシア稲研究センターと共同で、Dro1-NIL がアジアの天水田で実際に役立つか、評価を進めている。また、南米のコロンビアでは、国際熱帯農業センターとコロンビアの農業団体と共同で、DRO1 を含む複数の根系関連遺伝子をコロンビア品種に導入し、水資源の少ない稲作地域でも高い生産性を発揮できる品種開発を行っている。根は地中にあるためこれまでほとんど育種の対象とならなかった。しかし、地球規模の環境変動に伴う農地の劣化が進む中、養水分の獲得に必須の器官である根の改良に対する期待は大きい。干ばつや塩害、地力の低下などの栽培環境の変化に対応できる品種を開発するために、根系形態に対する遺伝メカニズムの解明をさらに進めていく必要がある。そこで、新たな根系形態に關与する QTLs の同定を進めている (図 4)。



## 謝辞

本研究は、おもに農業生物資源研究所で行われたものであり、試験の実施にあたり多くの方々のご指導ならびにご協力を賜りました。とくに、農業生物資源研究所の矢野昌裕博士 (現 作物研究所所長)・杉本和彦博士、筑波大学の奥野員敏先生、国際熱帯農業センターの石谷学博士、名古屋大学の犬飼義明先生、作物研究所の高井俊之博士には記して深く謝意を表します。また、農学進歩賞に御推薦いただいた農業生物資源研究所の関係者の皆様に心より感謝申し上げます。

## 主な研究業績

1. **Uga Y.**, Kitomi Y., Ishikawa S., Yano M. (In press) Genetic improvement for root growth angle to enhance crop production. *Breeding Science*
2. Arai-Sanoh Y., Takai T., Yoshinaga S., Nakano H., Kojima M., Sakakibara H., Kondo M., **Uga Y.** (2014) Deep rooting conferred by *DEEPER ROOTING 1* enhances rice yield in paddy fields. *Scientific Reports* 4: 5563
3. Yamamoto T., **Uga Y.**, Yano M. (2014) Genomics-Assisted Allele Mining and its Integration Into Rice Breeding, in *Genomics of Plant Genetic Resources* (eds. R. Tuberosa et al.): 251-265 (Springer, Germany)
4. Hanzawa E., Sasaki K., Nagai S., Obara M., Fukuta Y., **Uga Y.**, Miyao A., Hirochika H., Higashitani A., Maekawa M., Sato T. (2013) Isolation of a novel mutant gene for soil-surface rooting in rice (*Oryza sativa* L.). *Rice* 6: 30
5. 宇賀優作 (2013) イネ深根性遺伝子による耐乾性の遺伝的改良. *根の研究* 22 (4): 131-139
6. **Uga Y.**, Yamamoto E., Kanno N., Kawai S., Mizubayashi T., Fukuoka S. (2013) A major QTL controlling deep rooting on rice chromosome 4. *Scientific Reports* 3: 3040
7. **Uga Y.**, Sugimoto K., Ogawa S., Rane J., Ishitani M., Hara N., Kitomi Y., Inukai Y., Ono K., Kanno N.,

- Inoue H., Takehisa H., Motoyama R., Nagamura Y., Wu J., Matsumoto T., Takai T., Okuno K., M. Yano (2013) Control of root system architecture by *DEEPER ROOTING 1* increases rice yield under drought conditions. *Nature Genetics* 45: 1097-1102
8. **Uga Y.**, Hanzawa E., Nagai S., Sasaki K., Yano M., Sato T. (2012) Identification of *qSOR1*, a major rice QTL involved in soil-surface rooting in paddy fields. *Theoretical and Applied Genetics* 124:75-86
  9. **Uga Y.** (2012) Quantitative measurement of root growth angle by using the basket method. in Methodologies for root drought studies in rice (eds. H. E. Shashidhar, A. Henry, and B. Hardy): 22-26 (IRRI, Philippines)
  10. **Uga Y.**, Okuno K., Yano M. (2011) *Dro1*, a major QTL involved in deep rooting of rice under upland field conditions. *Journal of Experimental Botany* 62: 2485-2494
  11. 宇賀優作 (2010) 国際特許出願、植物の深根性を制御する遺伝子 *Dro1* とその利用、PCT/JP2010/73288
  12. **Uga Y.**, Okuno K., Yano M. (2010) Fine mapping of *Sta1*, a quantitative trait locus determining stele transversal area, on rice chromosome 9. *Molecular Breeding* 26: 533-538
  13. 宇賀優作 (2009) 国内特許出願、植物の深根性を制御する遺伝子 *Dro1* とその利用、特願 2009-292524
  14. **Uga Y.**, Ebana K., Abe J., Morita S., Okuno K., Yano M. (2009) Variation in root morphology and anatomy among accessions of cultivated rice (*Oryza sativa* L.) with different genetic backgrounds. *Breeding Science* 59: 87-93
  15. **Uga Y.**, Okuno K., Yano M. (2008) QTLs underlying natural variation in stele and xylem structures of rice root. *Breeding Science* 58: 7-14
- (下線: Corresponding author)

Isolation and functional analysis of deep-rooting gene and its application for breeding of drought resistance  
in rice

Yusaku Uga (National Institute of Agrobiological Sciences)

yuga@affrc.go.jp