

地球規模課題対応国際科学技術協力（SATREPS）

分野・領域

（生物資源分野「生物資源の持続可能な生産・
利用に資する研究」領域）

課題・案件名

「ベトナム北部中山間地域に適応した作物品種
開発」

（相手国：ベトナム）

終了報告書

期間 平成22年12月～平成27年12月

代表者氏名：吉村 淳

（九州大学大学院農学研究院、教授）

§ 1 プロジェクト実施の概要

本課題では、ベトナム国立農業大学 (Vietnam National University of Agriculture: VNUA, 2014年にハノイ農業大学 (Hanoi University of Agriculture: HUA) から大学名を変更、以下、VNUAと記す) をプロジェクトサイトとして、九州大学と名古屋大学が提供する有用遺伝子とそのDNAマーカー情報をもとに、戻し交雑法、DNAマーカー選抜法、世代促進法を正確かつ素早く実施することにより、有用農業形質 (短期生育・高収量・病虫害抵抗性) を単独または複数保有する有望イネ系統を効率的に開発することを主たる目的としている (付図1参照)。本課題は平成22年 (2010年) 度に採択され、2010年10月27日にはRDの締結、同年12月3日にはJCCの開催を行い、2011年1月には、JICA業務調整員がベトナムに赴任し、本プロジェクトは本格的実施に至った。

本課題は以下の3つの主要活動項目からなる。

1. 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発
2. 対象地域の環境に適した短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群の開発
3. イネ有望系統群の生理生態学的特性の解明

活動項目1では、有用遺伝子資源の導入・探索、大容量・高速ジェノタイピングのためのDNAマーカーデザイン、世代促進法の適用を行い、効率的な育種法を確立することとした。

有用遺伝子の導入と探索においては、IR24を遺伝的背景とし日本型イネおよび野生イネをドナーとする染色体部分置換系統をベトナムに導入し、現地適応性の検定を行い、早生および低温耐性等の変異を見いだした。また、活動項目2で育種目標にする高収量 (GN1a、WFP1) ならびに病虫害抵抗性 (XA7, XA21, BPH25, BPH26, OVC, qOXA1-3, qOXA5-1, 2) に関する有用遺伝子保持系統をベトナムに導入し (表1)、活動項目2の交配に供した (なお、遺伝子記号はイタリックで記すべきであるが、本稿では標準体で記す)。

一方、大容量・高速ジェノタイピングのためのDNAマーカーデザインおよびジェノタイピングシステムの確立では、平成24年度までにSNPの同定とDNAマーカーデザインについてはほぼ終了し、イルミナビーズアレイ用のパネルの設計もほぼ終了した。平成25年度には、高速ジェノタイピングシステムが実際のどの程度の精度と歩留まりで稼働するのか、ベトナム圃場で育成した系統を用いて実際に作業を進めシステムの検証を行った。また、VNUAの研究員や学生に対して高速ジェノタイピングシステムの使用について実施研修を行った。平成26年度は、より正確により多くの遺伝子型判定ができるよう、高速ジェノタイピングシステムの改良を試み、受容親2品種 (IR24およびKD18) の遺伝的背景で対象の16遺伝子 (表2参照) 近傍のSNPパターンを解析し、各遺伝子の前後にSNPマーカーを選抜した。なお、イルミナビーズアレイについては、イルミナ社が2017年に試薬の販売等のサービスを中止することになったので (2013年決定)、プロジェクト期間中にはビーズアレイを使用するものの、蓄積されたSNP情報をもとに次世代シーケンサーを用いたジェノタイピングシステムに移行することとした。こうした大容量・高速ジェノタイピングシステムの導入に先立って、活動項目2において対象遺伝子領域のみを保有する個体を確実に迅速に選抜することが必要であったので、既存のSSRマーカーによるDNAマーカー選抜の基盤強化・加速化を行った。プロジェクト前半に高収量遺伝子、病害抵抗性遺伝子、耐虫性遺伝子に関して、受容親 (IR24ならびにKD18) と有用遺伝子供与系統との間のSSRマーカーの探索および開発を行ない、これらを用いたDNAマーカー選抜育種を活動項目2において実施した。

さらに、活動項目2における世代促進法を安定的に進めるために、2011年には、ベトナム国立農業大学 (VNUA、IHUA) とソクチャン省の協力により、ソクチャン支場が完成した。ソクチャン稲試験支場 (以下、ソクチャン支場) を使用した世代促進は、円滑に実施され、2013年から2014年にかけては、1年に3回の本格的栽培を可能とし、活動項目2の育種活動に大きな貢献を果たした。

活動項目2では、受容親2品種（IR24およびKD18）の遺伝的背景として、対象とした有用遺伝子を単独（Near-Isogenic Lines: NILs）あるいは複数（Pyramided Lines: PYLs）を保有する有望系統群の作出の評価を行った。有用遺伝子を受容親に導入するため、2011年春作（VNUA）、2011年秋作（VNUA）、2011-12年冬作（ソクチャン支場）、2012年秋作（VNUA）、2012-13年冬作（ソクチャン支場）、2013年春作（VNUA）、2013春夏作（ソクチャン支場）、2013年秋作（ソクチャン支場、VNUA）、2013-14年冬作（ソクチャン支場）、2014年春作（VNUA）、2014年秋作（VNUA）、2014-15年冬作（ソクチャン支場）、2015年春作（VNUA）、2015年秋作（VNUA）、の計14回の作付けを行い、戻し交雑とピラミディングのための交配およびマーカー選抜を進めた。その結果、KD18を遺伝的背景とするNILsを11系統、IR24を遺伝的背景とするNILsを計9系統、計20系統を作出した。一方、PYLsは、KD18を遺伝的背景とするPYLsを17系統、IR24を遺伝的背景とするPYLsを15系統、計32系統を作出した（表3参照）。これらの52の有望系統は、2015年11月17日を最後にすべてVNUAに移管された。

作出した有望系統群については、収量関連形質の形質調査に供するとともに、有望系統群の一部または作出途中の材料は随時活動項目3（ベトナム側）に移され、品種化に向けた選抜と評価がなされた。また、作出過程における交配のノウハウやDNAマーカー選抜法は、現地の育種活動と研修等において技術移転がなされた。特に懸案であったDNAマーカー選抜の実際は、2013年までは日本側で行われたが、2014年以降はプロジェクトサイトで行われるようになった。

活動項目3では、現地適応型品種IR24とKD18を遺伝的背景とするイネ有望系統群の生理生態学的特性を解明して、有望系統の作出と栽培法の適正化に資することとした。本活動項目は、生理生態学的特性検定、環境適応性試験、推奨栽培法の作成に分けられ、以下の実験を展開した。

生理生態学的特性検定においては、活動項目1において導入された系統群（IR24を遺伝的背景とする日本型イネ染色体部分置換系統群ならびに野生イネ染色体断片部分置換系統群）から短期生育型系統として選出した系統（DCG19を含む）について、光合成特性（CO₂交換速度、気孔伝導度、葉面積、SPAD値等）、生育特性、収量性、肥料反応性を明らかにした。同時に、低温耐性系統（DCG66を含む）も見出し、光合成特性、生育特性、収量性、肥料反応性を明らかにした。また、活動項目2からのKD18を遺伝的背景とするGN1（一穂粒数増加遺伝子）導入系統およびWFP1（一次枝梗数増加遺伝子）導入系統（DCG31、DCG32、DCG33）に関して生理生態学的特性を検定した結果、これらの系統は登熟歩合と千粒重が低くなり、収量はKD18と同等で、出穂後の葉の老化程度がKD18よりも早いので、登熟期のソース能が低下したと考えられた。

環境適応性試験においては、北部ベトナム中山間地域における有望遺伝子資源の評価試験を行った。具体的には、北部ベトナム中山間地域に2カ所の試験サイト（Thai Nguyen、Lao Cai）を設けて、収量性、早晚性を中心とした遺伝資源の探索と同定から着手した。まず、IR24を遺伝的背景とする日本型イネ染色体部分置換系統群ならびに野生イネ染色体断片部分置換系統群を用いて、生育期間ならびに収量性の調査を実施した。得られた有望系統については種子増殖ならびに受容親優良品種との交雑を行った。選ばれた系統（後のDCG19を含む）は両試験サイトでKD18より5～10日生育期間が短く、収量関連形質においてもKD18と同等の性能を示すことを明らかにした。また、本試験で見いだされた低温耐性系統（後のDCG66）についても同様の調査を実施した。

平成24年にKD18とTSC3の交配に由来し、短期生育型を示した系統（BC2F3）を活動項目2から3に早期導入した。その後自殖を進めつつ、短期生育型有望系統の選抜を行い、DCG72およびDCG74を確立した。両系統は、3サイトで生育期間が短く、KD18と遜色ない収量を示した。平成25年に項目2から3に移管した収量性有望系統群（DCG31～DCG36）に関して、3サイトで環境適応性試験を実施した結果、生理生態学的特性検定結果と同様に、登熟期のソース不足が指摘された。現在、WFP1導入系統群に着目して、窒素施肥によるシンクソースバランス改善を目的として、窒素投入量と出穂期の窒素追肥（実肥）が収量や

生理生態的特性に及ぼす影響を圃場条件下で検討した。その結果、実肥による収量増加が確認され、WFP1 導入系統群の春作における多収性が確認された。

推奨栽培法の作成においては、平成24年度より、「有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報のとりまとめ」の試験研究に着手した。DCG19（早生系統）はLao Caiを、DCG66（低温耐性系統）はThai Nguyenを品種登録候補地として、農家圃場における大規模な試作と農家研修会の実施を継続するとともに、栽培法に関するガイドラインの作成を進めた。特に DGG66 については、品種登録申請が完了し、秋作期から品種登録のための栽培試験が実施された。有望系統群の品種化に向けた取り組みについて、表4を参照されたい。

§ 2. プロジェクト構想（および構想計画に対する達成状況）

（1）当初のプロジェクト構想

我が国のイネ科学は基幹作物の育成と実験植物としての利用に貢献してきたが、学術的な成果が必ずしも国際的な実用場面に活かされていないのが現状であった。本課題では、多様な社会・自然環境を有するベトナム北部中山間地域（食糧自給率は60%に過ぎず、単位面積当たりイネ収量は、3.4-4.3 t/haと低く、将来的には、単収を15-20%増加することにより、同地域の食糧自給率90%を実現する必要がある）を対象地域として、効率的育種法の確立と早生・高収量・病虫害抵抗性イネ有望系統群の開発を行い、これらの適応性と生産力の検定等を実施して、当該地域の栽培技術体系の確立と食糧自給率向上に資するとともに、先端育種技術のベトナムへの波及を目指した国際共同研究を行なった。

本課題では、九州大学と名古屋大学が提供する有用遺伝子とそのDNAマーカー情報をもとに、有用農業形質を保有する有望イネ系統を迅速に育成し、単独もしくは複数の有用遺伝子を保有する短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ有望系統群を開発することを主たる目的とした。

本課題は、九州大学グループ、名古屋大学グループ、ベトナム国立農業大学グループで構成され、有機的に連携しながら、以下の3つの主要活動項目を実施する（付図2参照）。また、現地では、遺伝資源、イネ育種、植物生産生理の3ユニットが組織化され、活動してきた。以下、それらの研究計画・進め方の概要を記す。

【1】大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発

有用遺伝子資源の探索、大容量・高速ジェノタイピングのためのDNAマーカーデザイン、世代促進法の適用を行い、効率的な育種法を確立する。九州大学グループは短期生育関連遺伝子（早生遺伝子）、イネ白葉枯病抵抗性遺伝子、トビイロウンカ（Brown Plant Hopper: BPH）抵抗性遺伝子、ウンカ類殺卵遺伝子に着目して、有用遺伝子資源の探索とDNAマーカーデザインを行う。名古屋大学グループは、収量関連遺伝子の同定と特性評価ならびに大容量・高速ジェノタイピング法の開発を行う。世代促進法に関しては、ソクチャン支場を現地側と協力して立ち上げ、世代促進を実施する。

【2】対象地域の環境に適した短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群の開発

ベトナム北部中山間地域に適したイネ有望系統群を開発する。九州大学グループは、短期生育遺伝子、BLB抵抗性遺伝子、BPH抵抗性遺伝子をIR24ならびにKD18の遺伝的背景に導入し、マーカー選抜と世代促進法を駆使した効率的なイネ育種法により有望系統を選抜する。さらに、名古屋大学グループと共同して、有望系統間の交雑による遺伝子集積と大容量・高速ジェノタイピングによる効率的イネ育種法により、IR24ならびにKD18を遺伝的背景とするベトナム北部中山間地域に適した有用遺伝子集積型有望系統群を開発する。名古屋大学グループは、特に収量性遺伝子をIR24ならびにKD18の遺伝的背景に導入し、マーカー

一選抜と世代促進法を駆使した効率的なイネ育種法により有望系統を選抜する。

【3】イネ有望系統群の生理生態学的特性の解明

インド型イネ品種 IR24 ならびに現地適応型品種 KD18 を遺伝的背景とするイネ有望系統群の生理生態学的特性を解明する。主としてベトナム国立農業大学が本活動項目を担当し、既存のイネ系統群ならびに開発された有望系統群を用いて、実験室レベルにおける生理的特性検定、ベトナム北部中山間地域 (Thai Nguyen、Lao Cai) において現地環境適応性試験を実施する。また、それらを総合して、イネ有望系統群について推奨される栽培方法に関する情報をとりまとめて、ベトナム北部中山間地域におけるイネ有望系統群の栽培技術指針を作成する。手法は様々であるが、作物生産生理学的特性を評価、解明し、有望系統の作出と栽培法の適正化に資する。

(2) 新たに追加・修正など変更したプロジェクト構想

平成25年のJSTの中間評価およびJICAの中間レビューにおいてプロジェクトの進捗が良好であるので、成果指標の上方修正を中心にPDMの変更が検討され、平成25年12月4日に行われたJCC4において修正PDMが承認された。以下に修正PDMに基づき作成された「成果目標シート」を示す(変更箇所を赤文字で記載している)(付表5を参照)。

(3) 活動実施スケジュール (実績)

項目	H22年度 (5ヶ月)	H23年度	H24年度	H25年度	H26年度	H27年度 (12ヶ月)
1. 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発。 (遺伝・育種グループ)。 1-1 有用遺伝子源の探索・同定。 1-2 DNAマーカー選抜の最適化*。 1-3 メコンデルタの高温環境を利用した効率的世代促進。						
2. 対象地域の環境に適した短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群の開発。 (遺伝・育種グループ)。 2-1 短期生育・高収量・病虫害抵抗性に関与する遺伝子を有する有望系統群の開発。 2-2 有望系統群を利用したピラミディング育種。 2-3 有望系統群の形質調査。						
3. イネ有望系統群の生理生態学的特性の解明。 (作物生産生理グループ)。 3-1 有望系統群の生理的特性検定。 3-2 有望系統群の環境適応性試験。 3-3 有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報のとりまとめ。						

*DNA マーカー選抜は3年次以降が本格的となるため1-3の立ち上げに集中して、1-2を1年延長した。

§ 3 プロジェクト実施体制・投入実績

非公開

§ 4 プロジェクト実施内容及び成果

4.0 プロジェクト全体

(1) グループを統合した全体の成果

本プロジェクトのアウトラインを付図1に、体制を付図2した。また、付表1A、B、Cに各活動項目における進捗状況をPDMに掲げた目標値に向けた進捗度として表しているの、参考にしていただきたい。以下に活動項目ごとに実施内容および成果を記す。

1. 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発

本活動項目では、有用遺伝子資源の導入・探索、大容量・高速ジェノタイピングのためのDNAマーカーデザインと適用、世代促進法の適用を行い、効率的な育種法を確立することとした。

有用遺伝子の導入と探索においては、IR24を遺伝的背景とし日本型イネおよび野生イネをドナーする染色体部分置換系統（野生イネの場合は染色体導入系統としているが染色体部分置換系統と同義）をベトナムに導入し（表1）、活動項目3の現地適応性検定に供して、短期生育および低温耐性等の変異を見いだした。この中から後のDCG19およびDCG66が育成された。また、活動項目2で育種目標にする高収量（GN1、WFP1）ならびに病虫害抵抗性（XA7、XA21、BPH25、BPH26、OVC、qOXA1-3、qOXA5-1,2）に関する有用遺伝子保持系統をベトナムに導入し（表1）、活動項目2の交配に供した。さらに、雌蕊長制御遺伝子（GS3）、トビイロウンカ抵抗性遺伝子（BPH25、BPH26）、低温耐性関連QTL（qLTCHL3、qLTCHL6）、葉毛制御遺伝子（BKL）、穂の開閉制御遺伝子（LG1）、芒長制御遺伝子（AWN1、AWN2）、種子サイズ及びバイオマスの制御遺伝子（GW6a）の遺伝解析を行った。これまで、有用遺伝子探索同定のために、VNUAに日本側および活動項目2から移管された系統（逆に言うと、VNUAが収集する系統）は、期間中の目標値200系統のうち、119%にあたる238系統となった（表1）。

表1. ベトナム農業大学に導入、移管した系統

遺伝資源	系統名	系統の来歴(交配組合せ)	給源機関	系統数	'11	'12	'13	'14	'15	Remark
日本型染色体部分置換系統群	IAS	IR24/Asominori///IR24	KU	70	70	-	-	-	-	MTA
野生イネ染色体導入系統群	Ruf-ILs	IR24/O.rufipogon///IR24	KU	43	43	-	-	-	-	MTA
収量性遺伝子準同質遺伝子系統	NIL for HY		NU	3	3	-	-	-	-	MTA
イネ白葉枯病抵抗性遺伝子準同質遺伝子系統	NIL for BLB resistance	IR24/Donor///IR24	KU	30	30	-	-	-	-	MTA
トビイロウンカ抵抗性遺伝子準同質遺伝子系統	NIL for BPH resistance	T65/ADR52///T65	KU	22	22	-	-	-	-	MTA
セジロウンカ抵抗性遺伝子準同質遺伝子系統	NIL for WBPH resistance	IR24/Asominori///IR24	KU	15	15	-	-	-	-	MTA
その他	品種	-	KU	3	3	-	-	-	-	MTA
有用遺伝子準同質遺伝子系統 (DCGV活動3-1で育成)	NILs		DCG	20	-	2	2	-	16	
有用遺伝子集積系統 (DCGV活動3-2で育成)	PYLs		DCG	32	-	-	-	-	32	
総数				238	186	2	2	0	48	

大容量・高速ジェノタイピングのためのDNAマーカーデザインと適用においては、平成22～24年に、ビーズアレイを用いた大容量・高速ジェノタイピングによるイネ全ゲノムマーカー選抜育種法を開発の準備を進めた。大容量・高速ジェノタイピングシステムでは、一塩基多型（SNP）情報をもとにしたDNAマーカーデザインが必須であるので、平成2

3年から、名古屋大学において、アフィメトリックス社の 44,000SNP アレイを利用して、本プロジェクトにおいて使用する品種の SNP の同定を進めた。平成 24 年は SNP の同定と DNA マーカーデザインについてはほぼ終了し、イルミナビーズアレイ用のパネルの設計も終了した (Version1)。

平成 25 年からは名古屋大学、九州大学、VNUA の三者でジェノタイプ情報を共有して、ジェノタイプングの実施を開始した。平成 25 年 6 月には、VNUA でイルミナビーズアレイの試運転を行い、実施可能な状況となった。なお、JICA 短期研修生および九州大学大学院修士学生 (本プロジェクトメンバー) に対して、SNP の同定法の研修を行った。

平成 25 年度には、高速ジェノタイプングシステムが実際どの程度の精度と歩留まりで稼働するのか、ベトナム圃場で育成した系統を用いて実際に作業を進めシステムの検証を行った。また、VNUA の研究員や学生に対して高速ジェノタイプングシステムの使用について実施研修を行った。なお、イルミナビーズアレイについては、イルミナ社が 2017 年に試薬の販売等のサービスを中止することになったので (2013 年決定)、プロジェクト期間中にはビーズアレイを使用するものの、蓄積された SNP 情報をもとに次世代シーケンサーを用いたジェノタイプングシステムに移行することとした。

表2. SNP情報を得た有用遺伝子とその近傍に設定したSNPの数

形質	遺伝子	近傍のSNP の数 (Ver.1)	近傍のSNP の数 (Ver.2)	各遺伝子の特性
収量	<i>APO1</i>	14	10	籾数制御
虫害抵抗性	<i>BPH25</i>	-	22	トビイロウンカ抵抗性
虫害抵抗性	<i>BPH26</i>	-	13	トビイロウンカ抵抗性
収量	<i>GN1a</i>	17	12	籾数制御
虫害抵抗性	<i>GRH2</i>	12	9	ツマグロヨコバイ抵抗性
虫害抵抗性	<i>GRH4</i>	11	10	ツマグロヨコバイ抵抗性
虫害抵抗性	<i>GRH6</i>	12	10	ツマグロヨコバイ抵抗性
収量	<i>GS3</i>	1	1	種子サイズ制御
収量	<i>GW2</i>	-	2	種子サイズ制御
収量	<i>GW5</i>	-	10	種子サイズ制御
虫害抵抗性	<i>OVC</i>	-	10	ウンカ類殺卵作用
病害抵抗性	<i>pi21</i>	3	1	いもち病抵抗性
収量	<i>WFP</i>	15	10	枝梗数制御
病害抵抗性	<i>XA4</i>	-	8	イネ白葉枯病抵抗性
病害抵抗性	<i>XA7</i>	-	7	イネ白葉枯病抵抗性
病害抵抗性	<i>XA21</i>	11	9	イネ白葉枯病抵抗性
総数		96	144	

平成 26 年度は、より正確により多くの遺伝子判定ができるよう、高速ジェノタイプングシステムの改良を試み (Version2)、IR24 および KD18 の遺伝的背景で対象の 16 遺伝子近傍の SNP パターンを解析し、各遺伝子の前後に SNP マーカーを選抜した。これまでに、高収量性や病虫害抵抗性に関する対象の 16 遺伝子 (*APO1*、*BPH25*、*BPH26*、*GN1*、*GRH2*、*GRH4*、*GRH6*、*GS3*、*GW2*、*GW5*、*OVC*、*Pi21*、*WFP1*、*XA4*、*XA7*、*XA21*) について、2 つの遺伝的背景に対応する DNA マーカー選抜 (MAS) の最適化が完了した (表 2)。さらに、IR24 に多収量性遺伝子 *GN1* や *WFP1* を積み込む為の交配を進めてきた集団を用いて、改良した高速ジェノタイプングシステム (Version2) が稼働するかチェックを行い、より IR24 の染色体背景に

なるよう IR24 の戻し交雑を行った。

こうした大容量・高速ジェノタイピングシステムの導入に先立って、ピラミディング育種に利用する有望系統の育成には、対象遺伝子領域のみを保有する個体を確実に迅速に選抜することが必要であり、既存の SSR マーカーによる DNA マーカー選抜の基盤強化・加速化が不可欠であった。そこで、平成 24 年度までにこれまでに遺伝子単離が完了しているか、あるいは詳細な位置情報が明らかとなっている高収量遺伝子、病害抵抗性遺伝子、耐虫性遺伝子に関して、受容親（IR24 ならびに KD18）と有用遺伝子供与系統との間の SSR マーカーの探索および開発を行ない（図 1）、これらを用いて活動項目 2 の DNA マーカー選抜を実施した。

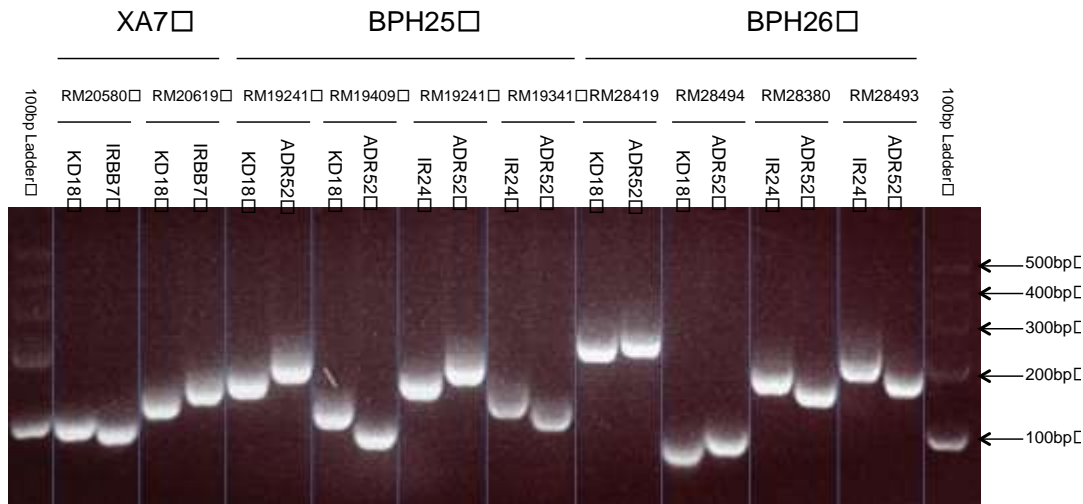


図 1. 有用遺伝子保持系統と反復親（KD18 と IR24）との間の SSR マーカー多型

一方、効率的育種法の開発には各世代の育種材料を安定的に育成して、戻し交雑を進めることが肝要となる。北ベトナムの春作は低温に見舞われることが多く、冬から春にかけての材料育成には、世代促進を安定的に進めることができる南ベトナムのブランチステーションが必要であった。そこで、平成 23 年には、VNUA およびソクチャン省の協力で南ベトナムのソクチャンにイネ試験支場を設置した（図 2 参照）。ソクチャン支場では、2011-12 年冬作（ソクチャン支場）、2012-13 年冬作（ソクチャン支場）、2013 春夏作（ソクチャン支場）、2013 年秋作（ソクチャン支場）、2013-14 年冬作（ソクチャン支場）、2014-15 年冬作（ソクチャン支場）に、本格的作付けを計 6 回行い、世代促進を迅速かつ安定的に進めた。

（成果の位置づけや類似プロジェクトとの比較）

ベトナム国立農業大学に導入した染色体部分置換系統群や有用遺伝子保持系統は九州大学および名古屋大学の作出系統が多く含まれ、その質と量は生物資源研究所の材料を除けば、質量ともに非常に優位性がある。また、本活動項目で名古屋大学が開発した高速ジェノタイピングシステムは、2017 年イルミナ社ビーズアレイ関連試薬販売中止という予期せぬ事態に見舞われたものの、蓄積した SNP 情報は次世代シーケンサーによるジェノタイピングに活かされることから、今後、次世代シーケンサーによるジェノタイピングを牽引する素地を与えることになった。また、世代促進は受容親の生育期間や大量交配システム能力に依存することになるが、ソクチャン支場で行った世代促進は、1 年間に 3 回の本格的作付けと本格的交配が可能であることを証左した事例で、他（国際稲研究所、九州大学等の大量交配を行う研究グループ）と比較しても、類をみないスピードであったと言える。また、育種システム（大量交配技術、マーカー選抜技術）ならびにイネ育種システム構築のノウハウに関して、良い見本を示すことができた。有用遺伝子が同定済みである

ことが前提条件だが、2013年にソクチャンで実施した3回の戻し交配とマーカー選抜は、時には愚直にみられていた戻し交配とマーカー選抜の併用が、世代促進を円滑に行える場所で行えば、3世代進めることを示したのは、イネ育種の大きな進歩と思料する。

Soc Tran イネ試験支場□



図 2. ソクチャン稲試験支場の様子

2. 対象地域の環境に適した短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群の開発

活動項目2では、対象とした有用遺伝子を単独 (Near-Isogenic Lines: NILs) あるいは複数 (Pyramided Lines: PYLs) を有する有望系統群の作出と評価を行った。

平成22年度から、九州大学ならびに名古屋大学においては、受容親系統 (IR24) と有用遺伝子保有系統の交雑を行い、すでに雑種が得られている組み合わせについては、戻し交雑初期世代における有用遺伝子の選抜を進めた。また、2011年春作から Angeles 氏 (九州大学採用ポスドク) を VNUA に派遣し、世代促進と DNA マーカー選抜を組み合わせた効率的育種法を進めた (図3参照)。有望系統の対象遺伝子は、高収量性に関する有望遺伝子 GN1、WFP1、白葉枯病抵抗性遺伝子 XA21、XA7、トピイロウンカ抵抗性遺伝子 BPH25、BPH26、ウンカ類殺卵遺伝子 OVC、qOVA1-3、qOVA5-1.2 である。戻し交雑世代は対象遺伝子によりまちまちであるが、2011年春作からこれらを VNUA に持ち込み、平成23年度から、さらなる戻し交雑 (準同質遺伝子系統作成のため) と対象遺伝子間の交配 (ピラミディングのため) を開始した。2011年秋作 (7月~11月) も同様に、戻し交雑を進めた。また、Khang Dang 18 (KD18) を受容親 (反復親) とする有望系統群の開発は、有用遺伝子保有系統との交雑を開始し、戻し交雑を進めた。前述したように、2012年冬作 (2011年11月から2012年3月) はソクチャン支場に主要育種材料を育成し、戻し交雑とマーカー選抜を実施した。平成24年度は、育種材料の一部を2012春夏作 (2012年3月から2012年6月、ソクチャン支場) に作付けを行い、主要育種材料は、2012秋作 (2012年5月から2012年10月、VNUA) と2013年冬作 (2012年10月から2013年2月、ソクチャン支場) の作付けを行い、ソクチャン支場を有効に利用した世代促進を迅速かつ安定的に進めることができた。以上のように、ソクチャン支場を有効に活用できたことから、年間3回の本格的作付けが実施でき、戻し交

雑とマーカー選抜は予想以上の早さで進行した。対象有用遺伝子の準同質遺伝子系統（Nearly Isogenic Lines: NILs）および集積系統（Pyramided Lines: PYLs）の作出においては、平成24年6月の時点で、IR24の遺伝的背景においてはBC3F1世代以上の世代に達し、KD18の遺伝的背景においては多くがBC3F1世代に達した。



図 3. 有望系統群作出の基本プロセス

その後、平成26年度までに、戻し交雑とマーカー選抜を滞りなく進めた。有望系統（NILs およびPYLs）の作出に関しては、IR24およびKD18のいずれの遺伝的背景においても、現時点でBC3F3世代以降に達した。IR24およびKD18いずれの遺伝的背景をにおいても、GN1、WFP1、XA7、XA21、BPH25、BPH26、OVC、qOAV1-3、qOAV5-1.2の単一遺伝子導入系統の作出をほぼ完了した（表3参照）。KD18の遺伝的背景では、異なる生育期間の短期生育型有望系統が、KD18/TSC9の組合せから2系統得られ、KD18では計11系統、IR24では計9系統のホモ接合体有望系統（NILs）を作出した。一方、PYLsは、KD18を遺伝的背景とするPYLsを17系統、IR24を遺伝的背景とするPYLsを15系統、計32系統を作出した（表3参照）。これらの52の有望系統は、2015年11月17日を最後にすべてVNUAに移管された。

高収量遺伝子（GN1、WFP1）と白葉枯病抵抗性遺伝子（XA7、XA21）をKD18に導入した有望系統は、既にベトナム側に正式に移管し、これらの系統は活動項目3で有効に用いられた。また、残りの有望系統については、表3の黒字で示した系統は2015年6月に移管し、さらに、赤字で記した有望系統については、2015年11月に移管した（表3および付表2-1, 2参照）。

表3. DCVG プロジェクト (2011-2015)で育成された有望系統群

準同質遺伝子系統 (NIL): 20 系統

KD18の遺伝的背景 (11 NILs)

1. *GN1*
2. *WFP1*
3. *XA7*
4. *XA21*
5. *BPH25*
6. *BPH26*
7. *OVC*
8. *qOVA 1-3*
9. *qOVA 5-1, 5-2*
10. EML1 ^{1/} (85-90 days maturity)
11. EML2 ^{1/} (95-100 days maturity)

IR24の遺伝的背景 (9 NILs)

1. *WFP1*
2. *XA7*
3. *XA21*
4. *BPH25*
5. *BPH26*
6. *OVC*
7. *qOVA 1-3*
8. *qOVA 5-1, 5-2*
9. *BKL*

有用遺伝子集積系統 (PYLs): 32 系統

KD18の遺伝的背景 (17 PYLs)

1. *GN1 + WFP1*
2. *GN1 + XA7*
3. *GN1 + XA21*
4. *GN1 + BPH25*
5. *GN1 + OVC*
6. *WFP1 + XA7*
7. *WFP1 + XA21*
8. *XA7 + XA21*
9. *XA7 + BPH25*
10. *XA7 + OVC*
11. *XA21 + OVC*
12. *BPH25 + OVC*
13. *OVC + qOVA 5-1, 5-2*
14. *EML1 + GN1*
15. *EML1 + XA7*
16. *EML2 + GN1*
17. *EML2 + XA21*

IR24の遺伝的背景 (15 PYLs)

1. *XA7 + WFP1*
2. *XA7 + XA21*
3. *XA7 + BPH25*
4. *XA7 + BPH26*
5. *XA7 + OVC*
6. *XA21 + WFP1*
7. *XA21 + BPH25*
8. *XA21 + BPH26*
9. *XA21 + OVC*
10. *XA21 + qOVA 5-1, 5-2*
11. *XA21 + OVC + qOVA 5-1, 5-2*
12. *BPH25 + BPH26*
13. *BPH25 + OVC*
14. *GN1+WFP1+XA21*
15. *XA21+OVC+BPH25*

^{1/} - 短期生育型系統(生育期間90-95日)

^{2/} - 短期生育型系統(生育期間95-100日)

(注) 青字で示された系統は2013年8月13日に VNUAIに移管
 緑字で示された系統は2014年6月18日に VNUAIに移管
 黒字で示された系統は2015年6月18日に VNUAIに移管
 赤字で示された系統は2015年11月17日に VNUAIに移管

平成24年度まで、DNA マーカー選抜は、イネ葉を日本に輸入して、ジェノタイプングを行った後にその情報を現地プロジェクトに送り、マーカー選抜による効率的戻し交雑を実

践した。これらの日本側で行われたジェノタイピングの一部は、短期研修員の技術習得の一環として執り行われた。平成25年以降は、プロジェクトサイトにおいてジェノタイピングを行ってきた。

作出過程における交配のノウハウや DNA マーカー選抜法は、現地の育種活動と研修等において技術移転がなされた。特に懸案であった DNA マーカー選抜の実際は、2013 年までは日本側で行われたが、2014 年以降はプロジェクトサイトで行われるようになった。

有望系統群の評価は、早晚性、各種収量構成要素、収量、イネ白葉枯病抵抗性、トビイロウンカ抵抗性、ウンカ類に対する殺卵作用によって生じる液浸化の計測および観察を行った。多くのデータが蓄積され、現在、データの取りまとめを行っているが、プロジェクト目標に掲げられた、短期生育、高収量、病虫害抵抗性の付与に関して以下に記す。

<短期生育>

KD18 を遺伝的背景とする短期生育型系統 (DCG72) について、下記のように、秋作で 11～14 日、春作で 10～15 日、生育期間が短縮された。これにより、「生育期間を 10 日程度短縮する」というプロジェクト目標の数値指標が達成された。

表 4. 育成した短期生育型イネ (DCG72) の生育期間

		ハノイ	タイゲン省	ラオカイ省
秋作	KD18	101	105	105
	DCG72	90	91	91
	短縮日数	11	14	14
春作	KD18	128	119	113
	DCG72	113	108	103
	短縮日数	15	11	10

<収量性>

2014 年秋作において、高収量性遺伝子 (GN1、WFP1) を導入した系統の形質調査を行ったところ、種子数の増加は見られたものの、収量は増加しなかった。そこで、2015 年春作において、WFP1 遺伝子導入系統を用い、施肥方法の改善等による効果を検証した。その結果、WFP1 遺伝子導入系統の出穂期に窒素肥料を与える (実肥) と同系統のソース能に改善が見られ、結果として収量は増加した (活動 3 の成果)。

<イネ白葉枯病抵抗性>

KD18 と IR24 それぞれの遺伝的背景に、XA7 と XA21 の両遺伝子を単独で導入し、それぞれ 3 系統、計 6 系統を開発した。KD18 の背景の 3 系統について、ベトナム農大において採取したイネ白葉枯病菌を用いて接種試験 (2015 年春作) を行った結果、KD18 が 16～18 cm の病班長を示すのに対し、XA7 導入系統は 0.3～0.5 cm、XA21 導入系統は 6～14 cm、両遺伝子導入系統は 0.2～0.5 cm の病班長を示した。これらのことから、XA7 は高度の抵抗性を、XA21 は中度抵抗性を示すことが確認され、抵抗性遺伝子の導入を確認できた。

<トビイロウンカ抵抗性>

2015 年 9 月から 11 月にかけて、BPH25 と BPH26 を KD18 と IR24 の遺伝的背景に導入した 5 系統と 8 系統を供試して、北部ベトナムで採集したトビイロウンカに対する抵抗性の検定を行った結果、BPH25 を保有する系統は抵抗性を示し、BPH26 を保有する系統は感受性であった。

<ウシカ類に対する殺卵作用（液浸化）>

OVC および OVC 関連遺伝子を導入した有望系統では、圃場においてウシカ類の産卵痕に生じる液浸化が観察された。

有望系統群はそれぞれの系統のアイデンティティを明確にするために、全ゲノム遺伝子型情報を得ておくことが望ましい。本プロジェクトでは、イルミナ社ビーズアレイ関連試薬販売中止に伴い、次世代シーケンサーによる遺伝子型決定（Genotyping by sequencing: GBS）による全ゲノム遺伝子型情報の取得を模索してきた結果、最近になって GBS が稼働するようになった。そこで、有望系統の一部については、GBS による全ゲノム遺伝子型情報を取得した。全ゲノム遺伝子型情報の取得は、今後本プロジェクトで開発した系統は品種化に向けて各地で適応性試験に供試されることになるが、その際の種子の混入や系統の純度等を保証する重要な情報となる。

（成果の位置づけや類似プロジェクトとの比較）

本項目では、有用遺伝子 9 個と短期生育性を対象として、戻し交雑育種法、DNA マーカー選抜、世代促進を適用して、迅速かつ正確に有望系統群の育種を進めた。成果の最もわかりやすい説明としては、有望系統のどのくらいが品種あるいは中間母本として実を結ぶかにあるが、それについては活動項目 3 の成果を見ていただきたい。現在、NILs を 20 系統、PYLs を 32 系統作出したが、作出途中の 2 遺伝子集積、3 遺伝子集積の育成途中系統が大量に存在する。これらは、次の育種素材として非常に有用である。本プロジェクトにおいて、VNUA は、イネ育種研究において非常に重要な育種システム（大量交配技術、マーカー選抜技術）とともに大量育種素材を手に入れたことから、育種センターとして今後の発展が大いに期待できる。

3. イネ有望系統群の生理生態学的特性の解明

活動項目 3 においては、プロジェクト期間全体を通じて、現地適応型インド型品種 IR24 ならびに KD18 を遺伝的背景とするイネ有望系統群の生理生態学的特性を解明して、有望系統の作出と栽培に資することになる。本活動項目は、生理生態的特性検定、環境適応性試験、推奨栽培法の作成に分けられ、以下の実験を展開した。

生理生態的特性検定においては、既存のイネ系統群ならびに開発された有望系統群を用いて、実験室レベルにおける供与機材を用いた生理的特性検定の具体案の策定を行い、実施に移した。2011 年ハノイ秋作および 2012 年ハノイ春作において、活動 1 において導入された系統群（IR24 を遺伝的背景とする日本型イネ染色体部分置換系統群ならびに野生イネ染色体断片部分置換系統群）から短期生育型系統として選出した系統（DCG19 を含む）2 系統を供試してポット試験を行い、分ゲツ期、出穂期、糊熟期に、光合成特性（CO₂ 交換速度、気孔伝導度、葉面積、SPAD 値）と乾物重を調査した。その結果、短期生育型系統 2 系統は分ゲツ期成長速度が高く、出穂期から糊熟期にかけての穂の成長速度が高いことを明らかにした。また同時期に、ハノイでの圃場試験を実施し、これら短期生育型系統の生育期間は KD18 よりも 7~8 日短いながらも、収量については遜色ないことを明らかにするとともに、分ゲツ期の葉面積指数と糊熟期の穂重増加速度が高いことを見出した。さらに、短期生育型系統は、窒素施肥が十分に行われた条件において高い窒素利用効率を示すことを明らかにした。同時に、低温耐性系統（DCG66 を含む）も見出し、光合成特性、生育特性、収量性、肥料反応性を明らかにした。

また、活動 2 においても記述したが、活動 2 からの KD18 を遺伝的背景とする GN1（一穂粒数増加遺伝子）導入系統および WFP1（一次枝梗数増加遺伝子）導入系統（DCG31、DCG32、DCG33）に関して生理生態学的特性を検定した結果、これらの系統は登熟歩合と千粒重が低くなり、収量は KD18 と同等で、出穂後の葉の老化程度が KD18 よりも早いので、登熟期のソース能が低下したと考えられた。さらに、平成 25 年度は、IR24 を遺伝的背景とするイネ

系統群について、耐旱性および低温発芽性を調査し、有望系統の選抜を行った。

環境適応性試験においては、北部ベトナム中山間地域における有望遺伝子資源の評価試験を行った。具体的には、北部ベトナム中山間地域に2カ所の試験サイト（Thai Nguyen、Lao Cai）を設けて、収量性、早晩性を中心とした遺伝資源の探索と同定から着手した。まず、IR24を遺伝的背景とする日本型イネ染色体部分置換系統群ならびに野生イネ染色体断片部分置換系統群を用いて、生育期間ならびに収量性の調査を実施した。得られた有望系統については種子増殖ならびに受容親優良品種との交雑を行った。選ばれた系統（後のDCG19を含む）は両試験サイトでKD18より5～10日生育期間が短く、収量関連形質においてもKD18と同等の性能を示すことが明らかにした。また、本試験で見いだされた低温耐性を有する系統（後のDCG66）についても同様の調査を実施した。

平成24年にKD18とTSC3の交配に由来し、短期生育型を示した系統（BC2F3）を活動項目2から3に早期導入した。その後自殖を進めつつ、短期生育型有望系統の選抜を行い、DCG72およびDCG74を確立した。両系統は、3サイトで生育期間が短く、KD18と遜色ない収量を示した。平成25年に項目2から3に移管した収量性有望系統群（DCG31～DCG36）に関して、3サイトで環境適応性試験を実施した結果、生理生態的特性検定結果と同様に、登熟期のソース不足が指摘された。現在、WFP1導入系統群に着目して、窒素施肥によるシンクソースバランス改善を目的として、窒素投入量と実肥が収量や生理生態的特性に及ぼす影響を圃場条件下で検討する必要があった。そこで、2015年春作において、WFP1遺伝子導入系統を用いて、施肥方法の改善等による効果を検証した。その結果、WFP1遺伝子導入系統の出穂期に窒素肥料を与える（実肥）と同系統のソース能に改善が見られ、結果として収量は増加した。

推奨栽培指針の作成においては、平成24年度より、「有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報のとりまとめ」の試験研究に着手した。DCG19（早生系統）はLao Caiを、DCG66（低温耐性系統）はThai Nguyenを普及対象地として、農家圃場における大規模な試作と農家研修会の実施を継続するとともに、栽培法に関するガイドラインの作成を進めた。結果、表5の6つの指針を完成普及させた。

表5. 栽培法に関するガイドラインの作成状況

有望系統名	春作用ガイドライン	秋作用ガイドライン
DCG19（IR24/短期生育）		完成・普及
DCG31（KD18/高収量性）		完成・普及
DCG66（IR24/低温耐性）	完成・普及	完成・普及
DCG72（KD18/短期生育）	完成・普及	完成・普及

（成果の位置づけや類似プロジェクトとの比較）

活動項目3では、VNUAが独自に品種化に向けて有望系統の栽培特性や生理生態学的特性の調査を行い、結果、DCG66とDCG72について、2014年11月に国家品種登録申請が完了し、2015年春作から品種登録のための栽培試験が開始された。この品種化へのプロセスは、科学的な根拠はもとより、行政、農民、種子供給者等を巻き込んだより大きな事業となり、その機能および実力を農大が以前から有していたことはもちろんであるが、本プロジェクトに関連した活動を通じ、大きく飛躍したのではと料する。また、これに関連するインパクトとしては、普及が行われたタイグエン省の農家のうち、生産量のほぼ全量を自家消費する家庭を見ると、高収量系統や病虫害耐性系統による収量の確保は、食糧の安定自給に直結するものであったし、また、短期生育系統による稲作期間の短縮は、冬場の換金作物生産期間を拡大させ、より多様な多毛作を可能にし、農家の生計向上ならびに持続的農村開発に大きく寄与するものであった。更に、収穫期の台風被害で毎年常に「オール・オア・ナッシング」のリスクに直面するゲアン省などの農家に至っては、短期生育系統がも

たらしたインパクトは文字通り決定的であり、同省の農業行政にも大きな影響をもたらすこととなった

(2) 今後期待される効果

活動項目3では、品種化に向けて有望系統の栽培特性や生理生態学的特性の調査を行い、一部の系統では品種化もしくは品種化の見込みの段階に達した。活動項目3における試験研究はVNUAが独自に展開したもので、育種素材の提供ならびに人的および資金的な援助があつて育種システムが構築できれば、品種化という社会実装に向けた試験は、VNUAが独自に展開できることを示すものである。VNUAでは、SATREPSで構築された育種システムと波及活動を維持・発展するために、VNUA直下のセンター構想が現実のものとなりつつある。今後、このセンターからベトナム国内外に普及する「優秀な品種」が生み出される素地ができたと考えられる。

4. 1 サブテーマ名1 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発

(九州大学グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

1. 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発

本研究項目において、九州大学（九大）は、主として有用遺伝子資源の探索、世代促進法の適用に関して活動を行うとともに、全体の取りまとめを行う。

1-1 有用遺伝子資源の探索・同定

(材料の譲渡)

平成23年度までに、有用遺伝子探索同定に向けた期間中の目標値200系統のうち、95%にあたる190系統の遺伝資源をVNUAに導入した(表1)。このうち、日本から持ち込んだ186系統の内訳は以下のとおりである。

- 日本型染色体部分置換系統(IAS) : 遺伝的背景 IR24 として、日本型イネあそみのりの染色体部分で置換した系統群で、70系統からなる。日本型に普遍的に存在するであろう遺伝子の役割をシステムティックに検出できる。
- 野生イネ染色体導入系統群(RUF-ILs) : 遺伝的背景 IR24 として、野生イネ (*Oryza rufipogon* (アクセッション番号: IRGC105715)) の染色体を網羅的に導入した系統群で、43系統からなる。染色体導入系統群は基本的には染色体部分置換系統群と同様のもので、IRGC105715 が有する遺伝子の役割をシステムティックに検出できる。
- 収量性遺伝子のドナー: 名古屋大学が単離同定した GN1 と WFP1 のドナー系統で3系統を分譲。
- イネ白葉枯抵抗遺伝子のドナー: IRRI および九州大学で育成した、イネ白葉枯抵抗遺伝子を保持する系統群で、30系統を分譲。
- トビイロウンカ抵抗性遺伝子のドナー: 九州大学で育成したトビイロウンカ抵抗性遺伝子を有する系統で、22系統を分譲。
- ウンカ類殺卵遺伝子のドナー: 九州大学で育成したウンカ類殺卵遺伝子を保有する系統で、15系統を分譲。
- その他、3品種を導入。

これらの系統の多くは、MTA (材料譲渡契約) をベトナム側に譲渡した。

(有用遺伝子の探索と解析)

種子長制御遺伝子 GS3 は、機能型が短粒、機能喪失型が長粒となる。機能喪失型変異体

は雌蕊の長さが長くなり、閉花ご雌蕊が花の外に露出する度合いが高いことを見いだした。

2011年春作(VNUA)の気候は非常に寒冷であったので、日本から導入したIR24を遺伝的背景とする部分置換系統群であるIASおよびRUF-ILsは、幼苗期および移植後の寒さのために、大部分は低温クロロシスを起こし被害を受けたが、中に耐性の系統が、IASにおいて3系統、RUF-ILsにおいて1系統、見出された。これらは幼苗期における低温耐性(cold tolerance)の遺伝子資源として有用であると考えられた。

また、2012年5月、6月にソクチャン支場で育成した一部の実験材料において、いもち病が発生して育成系統に被害が及んだ。KD18やIR24を遺伝的背景とする育成系統が被害を受ける中、TSC3とIR24の交雑由来系統の中に耐性個体が見出された。これらはいもち病抵抗性の遺伝子資源として有用であると考えられた。

さらに、日本型とインド型イネ品種の組換え自殖系統群(RICs)を用いて、低温傷害の一つである低温クロロシスに関するQTL解析を実施し、低温クロロシスQTLを染色体6上に推定した。本QTLは低温感受性に関する有用な選抜指標になると考えられた。また、染色体断片置換系統群(TDCSSL)を用いて、低温クロロシス系統の選抜を実施するとともに、選抜された系統について表現型(SPAD値)の温度反応特性を検討した。

加えて、野生イネ染色体部分置換系統群(RUF-ILs)から葉身に毛性を示す系統を見出した。葉毛性系統とIR24のF₂分離集団を用いて連鎖解析を実施し、染色体6上に葉毛性遺伝子(BKL1:BLANKET LEAF 1)をマッピングした。また、葉毛の形態的特性を評価するとともに、葉毛により蒸散が抑制されることで光合成水利用効率と葉温が高まることを実証した。葉毛性系統の光合成特性を調査し、葉毛性は個葉の水利用効率を向上させる有用な形質であることを明らかにした(論文準備中)。

1-2 DNAマーカー選抜の最適化

平成22年度に大容量・高速ジェノタイプピングシステムに使用するイルミナ社製の高性能ビーズアレイ(附属機器(イルミナ)VC-101-1000J)を九州大学に導入して、試運転および研修を行った(名古屋大学には既設)。平成24年には、ビーズアレイ(附属機器(イルミナ)VC-101-1000J)を実験に3回供試し、運用可能であることを確認するとともに、技術を習得することができた。また、平成25年からは名古屋大学、九州大学、VNUAの三者でジェノタイプ情報を共有して、ジェノタイプピングの実施を開始するので、JICA短期研修生および九州大学大学院修士学生(本プロジェクトメンバー)に対して、SNPの同定法の研修を行った。

大容量・高速ジェノタイプピングシステムの導入に先立って、ピラミディング育種に利用する有望系統の育成には、対象遺伝子領域のみを保有する個体を確実にかつ迅速に選抜することが必要であり、既存のSSRマーカーによるDNAマーカー選抜の基盤強化・加速化が不可欠であった。そこで、平成22~23年に、これまでに遺伝子単離が完了しているか、あるいは詳細な位置情報が明らかとなっている高収量遺伝子(GN1、WFP1)、病害抵抗性遺伝子(XA7、XA21)、耐虫性遺伝子(BPH25、BPH26、OVC、qOVA1-3、qOVA5-1,2)に関して、ベトナム北部中山間地域に適応した受容親(IR24ならびにKD18)と有用遺伝子供与系統との間のSSRマーカーの探索および開発を行ない(付表3)、これらを用いて活動項目2のDNAマーカー選抜育種を実施した。平成24年からは、活動項目2においてDNAマーカー選抜育種を本格化したので、名古屋大学と協力して、ベトナムで育成した戻し交雑用材料を対象に、ベトナムから日本にイネ生葉を持ち帰り、有用遺伝子保有の有無を確認して、その情報をベトナムに送り、その結果に基づいて戻し交雑を行うシステムを確立した。平成25年以降も、確立したSSRマーカーによるマーカー選抜は順調に行われ、短期研修員への技術移転、現地における適用も実施され、平成26年からマーカー選抜の大部分は現地主体で行うようにし、技術移転もほぼ完了した。

1-3 メコンデルタの高温環境を利用した効率的世代促進

本プロジェクトで行う効率的育種法の開発には、各世代の育種材料を安定的に育成して、

戻し交雑を進めることが肝要となる。北ベトナムの春作は低温に見舞われることが多く、冬から春にかけての材料育成には、世代促進を安定的に進めることができる南ベトナム（メコンデルタ）に試験支場が必要であった。平成23年、VNUA およびソクチャン省の絶大な協力で南ベトナムのソクチャンにイネ試験支場を設置した。支場では、2011年11月から本格的な作付けを行い、世代促進を安定的に進めることができた。なお、ソクチャン試験支場の土地貸借契約はVNUAによって進められ、整備費はプロジェクト現地業務費に計上された。平成24年度以降、ソクチャン支場では、2012年冬作（2012年10月播種、2013年1月戻し交雑、2013年2月）、2013年3月から2013年6月、2013年8月から2013年12月に、2013年12月から2014年3月、2014年12月から2015年3月、計6回の本格的な作付け（30個体／系統、総計144系統）を行うことができ、育種効率が格段に向上した。

(2) 研究成果の今後期待される効果

九州大学グループは、DNAマーカーが出現した1990年代から当グループが国際イネ研究所やVNUAと展開してきた。その経験を生かして本活動項目で構築した育種技術（大量交配、戻し交配、DNAマーカー選抜、世代促進）はコンパクトにまとまっており、機動性の高いイネ育種システムといえる。今後、このコンパクトなイネ育種システムは、ベトナム国やASEAN諸国の稲作ニーズに沿ったイネ育種に利用できるものと期待でき、ASEAN諸国の先駆けとしてラオスでの有望系統の適応性試験を計画している。

（名古屋大学グループ）

(1) 研究実施内容及び成果

1. 大容量・高速ジェノタイピングによる効率的なイネ育種法の開発

本活動項目1において、名古屋大学（名大）は、主として、有用遺伝子の探索・同定・単離ならびに大容量・高速ジェノタイピングの確立に取り組んだ。以下のその活動を記す。

1-1 有用遺伝子資源の探索・同定

イネの分子マーカー育種を行う上で、遺伝子の同定は必須である。本プロジェクトでは、基本的に、これまでに同定された有用農業形質遺伝子を対象としてマーカー育種を進めたが、今後のイネ分子育種を念頭に、新規な有用農業形質遺伝子の同定と機能解析を試みた。まず始めにコメのサイズ（種子サイズ）を制御する遺伝子の探索を行った。日本型イネの日本晴とインド型イネのKasalathと雑種集団を用いてQTL解析を行い、イネ第6染色体に種子のサイズ及びバイオマスの増大を制御する遺伝子（GW6a）を検出し、ポジショナルクローニング法を用いて、GW6aを同定した。分子生物学的手法や生化学的手法を用いてGW6aの機能解析を進め、当該遺伝子はヒストンの修飾を行うエピジェネティック遺伝子であることが明らかとなった。Kasalathでは日本晴に比べGW6aの発現量が多く、カサラスのGW6a遺伝子を日本晴に導入すると種子サイズが増大した。またこの遺伝子を過剰発現しても種子サイズが増大した。また、この遺伝子を双子葉のモデル植物のシロイヌナズに導入しても種子サイズが大きくなったことから、イネのみならず他作物においても種子のサイズを制御する遺伝子であることが明らかになった。（PNAS 2015年掲載）。続いて、また、イネの穂のサイズを制御しているQTLをイネ第5染色体に検出した後、ポジショナルクローニングを進め、候補遺伝子を見いだした。現在、形質転換体を作出し遺伝子の同定を進めている。さらに、穂の開帳性を制御する遺伝子（LG1）をイネ第4染色体に見いだし、をポジショナルクローニングにて同定した。LG1は穂の1次枝梗の基部で発現し、瘤状の形態を作ることから、穂の主軸から1次枝梗が開性すること明らかになった。また、LG1遺伝子による穂開帳性は種子の脱粒性を促進することも明らかになった（Nature Genetics 2013年掲載）。

続いて、イネの「芒（のげ）」遺伝子の同定を進めた、イネの外穎の先端にある「芒」は種子の拡散や食害防御としての機能を保持するが、現在の栽培イネではこの形質が不要になっている。しかし、野生イネやいくつかの品種では、「のげ」を保持しており、これらの遺伝子資源を利用する場合、芒性を排除するように育種しなければならない。「のげ」形質を制御する2つの遺伝子(AWN1、AWN2)の同定に成功し、分子生物学的手法を用いてその機能を明らかにした（1報論文投稿中、1報論文準備中）。

1-2 DNAマーカー選抜の最適化

これまで、遺伝子の選抜にはSSRマーカーが利用されてきたが、近年SSRマーカーに代替するSNPマーカーの開発が進められてきた。SNPは真核生物のゲノムDNA上に最も多量に存在するDNA多型であり、イネゲノム上に平均して9.32 SNP/kbの頻度で存在することが報告されている。SNPマーカーの利点の一つに、遺伝子の活性を変化させ表現型に影響を与える塩基置換をマーカーに利用できる点が挙げられる。すなわち、ある表現型を引き起こした遺伝子変異はコーディング領域内のSNPであることが多く、そのSNPを表現型選抜の指標として利用できる。また、2遺伝子型でありゲノム中に遍く多数散在していることを生かして、複数箇所のSNPを組み合わせることで、 2^N の指数関数的にパターン分けを行うことができる。本研究では、DNAマーカー選抜にSNP情報を利用した大容量・高速genotypingシステムの開発を進めた。

高速ジェノタイピングに向けて、供試系統（ST12およびST6を含む33品種（付表4）の全ゲノムのSNP情報を得るためアフィメトリックス44,000SNPアレイをスクリーニングし、10個の有用遺伝子（3つの収量性遺伝子：GN1、AP01、WFP1、1つの病害抵抗性遺伝子：XA21、3つの虫害抵抗性遺伝子：GRH2a、GRH2b、GRH4、GRH6）（付表5）近傍のSNPパターンを解析し、それぞれの遺伝子の前後に4~5個のSNPマーカーが配置されるように選抜し、最終的に計96個のSNPをカスタムアレイ用に選抜した。その後、10個の遺伝子を96個のSNPを用いて選抜する高速ジェノタイピングシステム用のカスタムアレイを作製した（Ver1）。この結果、有用遺伝子を保持する系統とベトナムにて導入を進めているIR24およびKD18系統の両方において、すべての遺伝子パターンが区別できるようになった。また、同時に対象遺伝子を選抜することができるSSRマーカーの開発も同時に進めた（付表3）。

平成24年度は活動項目2においてDNAマーカー選抜育種を本格化したので、ベトナムで育成した戻し交雑用材料を対象に、ベトナムから日本にイネ生葉を持ち帰り、有用遺伝子保有の有無を確認して、その情報をベトナムに送り、その結果に基づいて戻し交雑を行った。具体的には、名古屋大学は、遺伝子単離が完了している収量性遺伝子GN1およびWFP1に関して、受容親（IR24ならびにKD18）と有用遺伝子供与系統との間のSSRマーカーの探索および開発を行ない、これらを用いたDNAマーカー選抜育種を実施した。

さらに、平成24年度以降に、カスタムアレイのバージョンアップを進め、対象遺伝子を新たに7つ加え（2つの収量性遺伝子：GW2、GW5/qSW5、2つの病害抵抗性遺伝子：XA4、XA7、3つの虫害抵抗性遺伝子：Ovc、GRH25、GRH26）、それぞれの遺伝子の前後に4~5個のSNPマーカーを選抜し、計17遺伝子（付表5）を144個のSNPマーカーにより選抜する解析能の高いカスタムアレイ（Ver2）を作成した（付表6）。

大容量・高速ジェノタイピングシステムの確立は、平成24年度までにほぼ終了したので、平成25年度には、高速ジェノタイピングシステムが実際どの程度の精度と歩留まりで稼働するのか、ベトナム圃場で育成した系統を用いて実際に作業を進めシステムの検証を行った。また、VNUAの研究者や学生に対して高速ジェノタイピングシステムの使用について実施研修を行った。平成26年度は、より正確により多くの遺伝子判定ができるよう、高速ジェノタイピングシステムの改良を試み、IR24およびKD18の遺伝的背景で対象の16遺伝子（設計したカスタムアレイの対象遺伝子17個中、Grh2aとGrh2bの区別が困難であることが判明し、対象遺伝子を16個と変更した）近傍のSNPパターンを解析し、各遺伝子の前後にSNPマーカーを選抜した（表3）。さらに、IR24に多収量性遺伝子GN1やWFPを積み込む為の交配を進めてきた集団を用いて、改良した高速ジェノタイピングシステムが稼

働するかチェックを行い、より IR24 の染色体背景になるよう IR24 を戻し交雑を行った。

(2) 研究成果の今後期待される効果

これまでのマーカー選抜では、親品種毎にまた遺伝子毎に選抜マーカーを設計する必要があり、一度に多数の品種における複数の遺伝子型を判定するには労力と時間を要していた。本研究では、多数の親品種の中から、複数の遺伝子の遺伝子型を一度に判定するカスタムアレイを作成し、実際の育種に利用できることを示した。この成果は、実際の育種において SSR マーカーをベースとした選抜システムから、SNP マーカー選抜への移行の可能性、具体的にはより簡便により高速にマーカー選抜が出来ることを実証した例となった。しかし、ゲノム解析システムの進歩により、より低コストで、高速に遺伝子の塩基配列を決定する次世代シーケンスシステムが開発され、ビーズアレイの試薬を供給するイルミナ社がビーズアレイシステムの供給を停止すると発表があり、本研究で開発した高速遺伝子判定システムの利用が将来的に困難になった。次世代シーケンスシステムはあくまで塩基配列を決定するシステムであり、次世代シーケンスシステムのみでは、遺伝子型選抜は行えず、このシステムに合致した遺伝子型判定選抜システムを改めて開発する必要があり、直ぐに遺伝子選抜に利用できる訳ではない。今回我々が選抜した SNP マーカーの情報は次世代シーケンスシステムを利用した選抜システムに利用できるため、本研究と次世代シーケンスシステムを融合した新たな遺伝子選抜システムの開発が望まれた。そこで、最終年度には、次世代シーケンスシステムを利用した遺伝子型決定法 (Genotyping By Sequencing: GBS) の適用が可能となり、活動 2 において開発した有望系統群の GBS を現在行っている。

2. 対象地域の環境に適した短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群の開発

(九州大学グループ)

活動項目 2 において、九州大学は、主として短期生育関連遺伝子および病虫害抵抗性遺伝子を担当するとともに、全体の取りまとめを行った。

(1) 研究実施内容及び成果

2-1 短期生育・高収量・病虫害抵抗性に関与する遺伝子を有する有望系統群の開発

平成 22 年度から、九州大学ならびに名古屋大学においては、ベトナム北部中山間地域に適応した受容親有望系統 (IR24) と有用遺伝子保有系統の交雑を行い、すでに雑種が得られている組合せについては、戻し交雑初期世代における有用遺伝子の選抜を進めた。2011 春作から、Ric Angeles (九州大学採用ポストク) を VNUA に派遣し、世代促進とマーカー選抜を組み合わせた効率的育種法を開始した。有望系統作出の対象遺伝子は、高収量性に関する有望遺伝子 GN1 と WFP1 (名古屋大学)、イネ白葉枯病抵抗性遺伝子 XA21、XA7、トビイロウンカ抵抗性遺伝子 BPH25、BPH26 (後に、類殺卵遺伝子 OVC、qOXA1-3、qOXA5-1, 2 を加え、計 9 遺伝子となる) である。戻し交雑世代は対象遺伝子によりまちまちであるが、2011 年春作からこれらを VNUA に持ち込み、同年 5 月にさらなる戻し交雑 (準同質遺伝子系統作成のため) と対象遺伝子間の交配 (ピラミディングのため) を開始した。2011 年夏秋作 (7 月～11 月) も同様に、戻し交雑を進めた。2012 年冬作はソクチャン支場が整備されたので、世代促進のため主要育種材料を同支場に移し、作付けを行った。主要育種材料の育成は順調に推移し、DNA マーカー選抜の一連の行程は、ソクチャンでサンプリングを行い、日本で DNA 分析を行い、情報をソクチャンに送ることより達成し、その情報に基づいて戻し交配を行った (表 1 参照)。平成 24 年度は、3 作の作付けを行うことができ、戻し交雑育種とマーカー選抜は軌道に乗った。また、KD18 を受容親 (反復親) とする有望系統群の開発は、世代は異なるが IR24 と同様の方法で、有用遺伝子保有系統との交雑を開始して戻し交雑を進めた。

前述したように、2012 冬作はソクチャン試験支場に主要育種材料を育成し、戻し交雑とマーカー選抜を実施した。マーカー選抜には、イネ葉を日本に輸入して、ジェノタイピングを行った後にその情報を現地プロジェクトに送り、DNA マーカー選抜による効率的戻し交雑を実践した。これらの日本側で行われたジェノタイピングの一部は、短期研修員の技術習得の一環として実施された。

平成 24 年度以降も、前年度までと同様、E. Angeles 博士（九州大学採用ポスドク）を VNUA に派遣し、世代促進とマーカー選抜を組み合わせた効率的育種法を展開した。2012 年秋作（VNUA）、2012-13 年冬作（ソクチャン支場）、2013 春夏作（ソクチャン支場、VNUA）、2013 年秋作（ソクチャン支場、VNUA）、2013-14 年冬作（ソクチャン支場）、2014 年春作（VNUA）、2014 年秋作（VNUA）、2014-15 年冬作（ソクチャン支場）、2015 年春作（VNUA）、2015 年秋作（VNUA）と計 13 回の本格的な作付けを行い、準同質遺伝子系統作出のための戻し交雑とマーカー選抜を進めた。主要育種材料の育成は順調に推移し、DNA マーカー選抜の一連の行程は、ハノイおよびソクチャンで葉のサンプリングを行い、日本で DNA 分析を行い、情報をベトナムに送ることより達成し、その情報に基づいて戻し交配を実施した。マーカー選抜は、イネ葉を日本に輸入して、ジェノタイピングを行った後にその情報を現地プロジェクトに送り、DNA マーカー選抜による効率的戻し交雑を実践してきた。これらの日本側で行われたジェノタイピングの一部は、短期研修員の技術習得の一環として実施した。

この間、KD18 と TSC3 の交雑後代において、短期成育型個体が分離したので、短期成育型遺伝子保持個体として、戻し交雑を行い、表現型による選抜を行った。また、短期成育型は本プロジェクトの主要育種目標であったので、BC2F3 種子（後の DCG72 と DCG74）を活動項目 3 に移行して、品種化に向けて選抜と評価を行うこととした。また、2013 年 6 月に高収量遺伝子（GN1、WFP1）を KD18 に導入作出した有望系統をベトナム側に正式に移管した（表 3 参照）。同様に、2014 年 6 月に、イネ白葉枯病抵抗性遺伝子 XA7 と XA21 を KD18 に導入作出した有望系統をベトナム側に正式に移管した（表 3 参照）。これらの系統は活動項目 3 で有効に用いられる予定である。

現時点で、単独の有用遺伝子を KD18 に導入した系統は計 10 系統、IR24 に導入した系統は計 9 系統であるが（表 3 参照）、2015 年 6 月に本報告を行なって時点では、GN1 単独で IR24 に導入した NILs を表中に掲げていたが、導入されていないことが判明したので、活動項目 1 で同定した野生イネ由来の葉毛遺伝子 BKL を導入した系統をくわえている。なお、GN1 を IR24 に導入した系統作出は PYLs に開発で実現している。また、KD18 に導入した短期生育型 2 系統については、関与する遺伝子が明確でない（現在、分析中）、表現型が異なる系統 EML1 と EML2 と表記して区別している。これまで正式移管した上述の 4 系統以外の 16 系統については、2015 年 6 月と 11 月に正式移管を行った（付表 2 参照）。

2-2 有望系統群を利用したピラミディング育種

有用遺伝子の集積系統（Pyramided Lines: PYLs）の作出に関しては、基本的には単独有用遺伝子を有する有望系統作出（活動項目 2-1）と同様に、戻し交配とマーカー選抜を行ったが、できるだけ単一遺伝子だけ（1 因子分離）の選抜になるように反復親の選択には留意した。平成 23 年度に初期交配を開始し、2012 年秋作は VNUA において、2013 年冬作はソクチャン支場において、有望系統間の F1 を作出してピラミディング育種を開始した。KD18 および IR24 のいずれの遺伝的背景においても、平成 25 年度までに育成材料の多くは BC3F3 世代に達した。平成 26 年度までに、育成した複数の有用遺伝子を集積した有望系統は、KD18 の遺伝的背景で 17 系統、IR24 の遺伝的背景で 15 系統に及んだ（表 3 参照）。その他、集積途中の材料が多数存在し、遺伝的背景はすでに均一になっているので、将来マーカー選抜を粛々に行えばその数は増加する見込である。

2-3 有望系統群の形質調査

イネ白葉枯病抵抗性遺伝子をマーカー選抜で導入した有望系統群のバイオアッセイ（イネ白葉枯病に対する抵抗性）を行うために、2013 年 9 月から 10 月にかけて、ハノイ周辺、

Thai Nguyen および Lao Cai においてイネ白葉枯病罹病用のサンプリングを行い、病原菌の分離を行った。その結果、約 100 菌株を分離した。さらに、本プロジェクトで有望系統作出に用いたイネ白葉枯病抵抗性遺伝子は XA7 および XA21 であるので、Thai Nguyen および Lao Cai から収集された菌株を用いて、両抵抗性遺伝子の効果を見るため、接種試験を実施した。その結果、XA7 および XA21 は有効であることが実証された。また、ウンカ類抵抗性遺伝子 (BPH25、BPH26、OVC) の準同質遺伝子系統 (8 系統) については、北部ベトナムの昆虫個体群に対する抵抗性評価を実施し、BPH25 および OVC は有効であること確認した。

VNUA の 2014 年秋作において、前年度に活動項目 2-1 で作出した NILs 計 19 の有望系統 (対象有用遺伝子 GN1、WFP1、XA7、XA21 を導入した系統) について、収量、千粒重、稈長、穂数、穂長、稔実歩合等の収量関連形質調査を行った。2014 年秋作にはイネ白葉枯病は発生したため、抵抗性遺伝子 XA7、XA21 を有する有望系統では収量低下がみられなかった。

(2) 研究成果の今後期待される効果

DNA マーカーが出現した 1990 年代から当グループが国際イネ研究所や VNUA と展開してきた、コンパクトな育種技術 (大量交配、戻し交配、DNA マーカー選抜、世代促進) を VNUA に導入・集結して育種システムを構築すれば、活動項目 2 に成果にあるように多数の有望系統とその候補を作出できることが明らかとなった。これらの有望系統は、ベトナム国内はもちろんこと、ASEAN 諸国においても使用可能だと思われることから、その意義は大きいものとする。

(名古屋大学グループ)

活動項目 2 において、名古屋大学は、主として高収量性遺伝子を担当した。

(1) 研究実施内容及び成果

2-1 短期生育・高収量・病虫害抵抗性に関与する遺伝子を有する有望系統群の開発

ベトナム北部中山間地域に適応した受容親有望系統 (IR24) と高収量性保有系統の交雑を行うとともに、すでに雑種が得られている組み合わせについては、戻し交雑初期世代における WFP1 と GN1 遺伝子の選抜と戻し交雑を進めた (表 1、2 参照) (H23 年度実施報告)。九州大学グループと共同で、ベトナム北部中山間地域に適応した受容親有望系統 (IR24) と KD18 に有用遺伝子保有系統の交雑を行い、すでに雑種が得られている組合せについては、戻し交雑初期世代における有用遺伝子の選抜を進め、DNA マーカーによる選抜を行ってきた。

また、名古屋大学の圃場においても、本プロジェクトで使用する IRBB4/5/12/21 (IRB) に多収量性遺伝子 GN1 や WFP を積み込む為の交配を進めてきた。また、本プロジェクトで作成した、遺伝子選抜カスタムアレイが実際の遺伝子選抜に利用できるか検証するために IRBB4/5/12/21 (IRB) に高収量性品種 ST12 の GN1、WFP 遺伝子を導入した戻し交配 BC2F2 を材料に、SSR マーカーおよびカスタムアレイ選抜による収量性向上性を調査した。SSR マーカーとカスタムアレイ判定を用いて、GN1、WFP 遺伝子の遺伝子型別に BC2F2 株の集団を [GN1/IRB、WFP/IRB]、[GN1/IRB、WFP/ST12]、[GN1/ST12、WFP/IRB]、[GN1/ST12、WFP/ST12] の 4 種類に区分した。収量調査の結果、IRB 由来の GN1 と WFP 遺伝子を持つと判定された BC2F2 株 [GN1/IRB、WFP/IRB] では、1 穂に 13.4 本の 1 次枝梗と着粒 262 粒を持ち、1 株に 2,919 粒結実した (図 B、C、D)。一方で、両遺伝子が ST12 由来であると判定された BC2F2 株 [GN1/ST12、WFP/ST12] では、1 穂に 21.5 本の 1 次枝梗と着粒 366 粒を持ち、1 株に 3,389 粒を結実させたことが観察された本調査では、ST12 由来の GN1 の効果は殆ど見られなかったが、WFP 遺伝子に関して、WFP/ST12 を IRB に導入することによる収量性形質への影響として、1 次枝梗数が 8.1 本 (+60.4%) 増加し、一穂の着粒数では 104 粒 (+39.7%) 増加したこと

が確認され、選抜システムの有効性と遺伝子の有用性が確認された。一方、穂数は低下し、収量のトレードオフが観察された。今後、実際の圃場では、2本植えや3本植えにすることで、穂数の低下を抑制することで収量の増加を期待したい。

(2) 研究成果の今後期待される効果

本課題では、IRB 遺伝的背景に収量性遺伝子(GN1 及び WFP)を導入した系統を実際の圃場にて、収量性評価を行った。収量性遺伝子を同定した系統では、明らかに1穂当たりの収量性が向上し、遺伝子の効果が見られた。これまで、収量性に関わる遺伝子の同定が行われてきたが、実際の使用されている品種に導入された場合、圃場でどれだけの効果があるのか殆ど解析されてこなかった。今回実際の圃場試験において、収量性の効果が明らかになり、今後のイネ育種に収量性遺伝子の導入が期待される。しかし、収量性遺伝子の導入による穂数低下などの負の要因も観察され、作付けなどの工夫が必要であることが明らかになった。

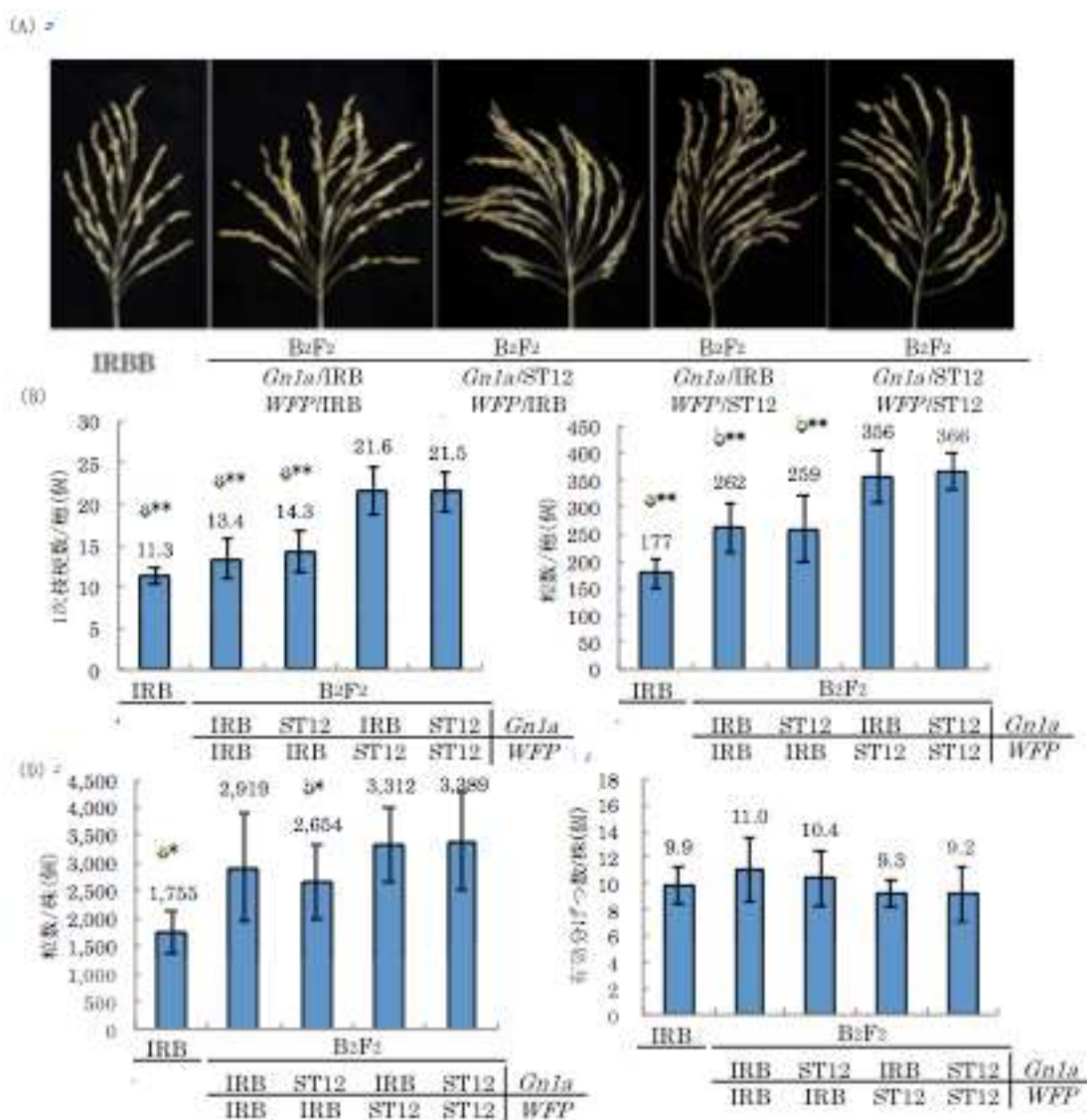


図4. [IRBB4/5/12/21×ST12] B_2F_2 集団の穂の表現型

(A). 交配親 IRBB と B_2F_2 集団の穂の表現型

(B). B_2F_2 集団の遺伝子型4種類における1穂に含まれる1次枝梗数の比較

- (C). B₂F₂集団の遺伝子型 4 種類における 1 穂に含まれる粒数の比較
 - (D). B₂F₂集団の遺伝子型 4 種類における植物体 1 株あたりの粒数の比較
 - (E). B₂F₂集団の遺伝子型 4 種類における植物体 1 株有効分けつ数の比較
- B-E の値: 平均値、Error Bar: 標準誤差を示す(n=15)。(有意差*は p<0.05、**は p<0.01、Tukey による多重比較検定)

2-2 有望系統群を利用したピラミディング育種

本項目において、名古屋大学は九州大学と協力して、GN1 および WFP1 に関するマーカー選抜に関与した。詳細は九州大学研究グループを参照されたい。

(2) 研究成果の今後期待される効果

作出した有望系統は、ベトナム国内はもちろんこと、ASEAN 諸国においても使用可能だとと思われることから、その意義は大きいものとする。

3. イネ有望系統群の生理生態学的特性の解明

(ベトナム国立農業大学グループ)

3-1 有望系統群の生理的特性検定

本項目においては、平成 24 年までは、九州大学作出の染色体断片置換系統群である IAS (IR24 を遺伝的背景にあそみのりの染色体断片が部分的に導入) および RUF-ILs (IR24 を遺伝的背景に 0. rufipogon 系統 [IRGC105710] の染色体断片が部分的に導入) (表 1) から選出した系統を用いて、試験を展開した。平成 25 年からは、KD18 と TSC 3 の交雑後代から系統化した早生系統、および GN1 (一穂粒数増加遺伝子) 有望系統および WFP (一次枝梗数増加遺伝子) 有望系統 (BC3F3) を用いて、生理学的特性の解明を行った。

まず、IR24 を遺伝的背景とする IAS および RUF-ILs から選出された有望候補系統を用いて、実験室レベルにおける生理的特性検定の具体案の策定を行い、実施に移した。具体的には、短期生育型系統として選ばれた数系統を用いて、光合成特性、収量関連特性の調査を行った。合わせて、窒素肥料の肥料試験も実施した。平成 23 年ハノイ秋作および平成 24 年ハノイ春作において、短期生育型系統として選ばれた 2 系統を供試してポット試験を行い、分げつ期、出穂期、糊熟期に、光合成特性 (CO₂ 交換速度、気孔伝導度、葉面積、SPAD 値) と乾物重を調査した。その結果、短期生育型系統 2 系統は分げつ期成長速度が高く、出穂期から糊熟期にかけての穂の成長速度が高いことを明らかにした。また、同時期に Hanoi で圃場試験を実施し、これら短期生育型系統の生育期間は KD18 よりも 7-8 日短いながらも、収量については遜色ないことを明らかにするとともに、分げつ期の葉面積指数と糊熟期の穂重増加速度が高いことを見出した。さらに短期生育型系統は、窒素施肥が十分に行われた条件において高い窒素利用効率を示すことを明らかにした。

平成 25 年には、IR24 を遺伝的背景とする IAS と RUF-ILs を用いて、耐旱性および低温発芽性を調査し、有望系統の選抜も行った。

また、平成 25 年に活動項目 2 から 3 に移管した GN1 (一穂粒数増加遺伝子) 有望系統および WFP (一次枝梗数増加遺伝子) 有望系統 (BC3F3) を用いて、自殖 (Soc Trang 圃場) を進め、それぞれの遺伝子に関する収量性有望系統として、GN1 については DCG31、DCG32、DCG33 の 3 系統 (BC3F4)、WFP1 については DCG34、DCG35、DCG36 の 3 系統 (BC3F4) を確立し、平成 26 年からは、それら収量性有望系統群を用いた生理生態学的特性の解析に着手した。春・秋作期に有望系統群をポット栽培し、収量および光合成・転流特性等の生理特性検定を実施した。GN1 および WFP1 導入系統 (DCG31、DCG36) の一穂粒数は KD18 よりも高かったが (DCG31: 13%増、DCG36: 52%増)、登熟歩合と千粒重が低く、収量は KD18 と同等であった。また、両系統ともに光合成速度からみた出穂後の葉の老化程度が KD18 よりも早く、登熟期のソース能が低いと考えられた。

3-2. 有望系統群（既存及び新たに開発された系統）の環境適応性試験

平成23年度の環境適応性試験としては、北部ベトナム中山間地域における有望遺伝子資源の評価試験を行った。具体的には、北部ベトナム中山間地域に2カ所の調査圃場を設けて、収量性、早晩性を中心とした遺伝資源の探索と同定に着手した。まず、IR24を遺伝的背景とするIASおよびRUF-ILsを用いて、生育期間ならびに収量性の調査を実施した。得られた有望系統については種子増殖ならびに受容親優良品種との交雑を行った。

平成24年春作においては、北部ベトナム中山間地域に2カ所の調査圃場（Thai Nguyen、Lao Cai）を設けて、IASおよびRUF-ILsに由来する短期生育型系統として選ばれた7系統を供試して、収量性、早晩性を中心とした有望系統の評価を行った。その結果、すべての供試系統はKD18より5～10日生育期間が短く、収量関連形質においてもKD18と同等の性能を示すことが明らかにされ、有望系統として2系統が選出された。

平成23年秋作と平成24年春作に、HanoiとThai Nguyenの調査圃場において短期生育型系統5系統の収量性評価を行った。短期生育型系統の生育期間に対する平均収量は、秋作において、Hanoiで5.9 g/m²/day、Thai Nguyenで7.1 g/m²/dayであり、春作においては、Hanoiで6.2 g/m²/day、Thai Nguyenで6.7 g/m²/dayであった。短期生育型系統の収量には、作期と試験サイトに関わらず乾物生産量と穂数が密接に関わることを明らかにするとともに、その他の収量構成要素についても、秋作では一穂粒数が、春作期では登熟歩合が収量と密接に関わることを見出した。また、平成25年春作および秋作では、短期生育型系統3系統を2カ所の調査圃場（Thai Nguyen、Lao Cai）にて供試し、肥料試験および栽植密度試験を実施した。これまでのHanoi、Thai NguyenおよびLao Caiでの圃場試験の結果を踏まえ、北部ベトナムにおける短期生育型有望系統の栽培法として、栽植密度は40～50 hills/m²であること、また窒素施肥量は60～80 kgN/haが最適であることを明らかにした。これらは活動項目3-3の情報として用いることが可能である。

IASおよびRUF-ILs（表1参照）を九州大学からVNUAに導入した後、VNUA側で早生性および幼苗低温耐性に関する有望系統の選抜を行い、早生系統としてDCG19（RUF-IL 19）、低温耐性としてDCG66（IAS66）をそれぞれ見出した（表4）。

また、平成24年にKD18とTSC3の交配に由来するBC2F3種子を研究題目2から3に移管した。その後自殖を進めつつ、早生有望系統の選抜を行い、早生系統としてDCG72およびDCG72を見出した。平成26年度は春・秋作期に光合成特性等の生理特性検定を行うとともに、Hanoi、Thai Nguyen、Lao Caiの3サイトにおいて、春作期に慣行栽培条件での圃場収量試験を実施した（3-2、VNUA）。その結果、早生有望系統は3サイトすべてで生育期間が短いことが確認されるとともに、収量はKD18と遜色ないことが明らかとなった。また、DCG72については、秋作期に栽植密度および窒素施肥量に関する収量の適正試験を実施し、それぞれのサイトで適した栽培法（栽植密度・窒素施肥量）を検討した。

平成26年秋作期に、収量性有望系統群（6系統、DCG31～DCG36）に関して、3サイトで環境適応性試験を実施した。栽培条件は北部ベトナムの慣行にしたがった（窒素施肥量：90kg/ha、栽植密度：33.3 hill/m²、1株：2本植え）。HanoiおよびLao Caiにおける籾収量はKD18と比較してGN1保有系統群で10%、WFP保有系統群で25%程度低かった。特に、WFP保有系統群の登熟歩合はKD18よりも20%程度低く、登熟期のソース不足が予想された。これらの結果に基づき、H27年春作では特にWFP1導入系統群に着目し、最適な窒素施肥によるシンクソースバランス改善を目的として、圃場条件下における窒素投入量の違いと出穂期の窒素追肥（実肥）の有無がWFP1導入系統の収量および生理生態的特性に及ぼす影響をKD18との比較により検討した。その結果、WFP1導入系統では窒素実肥による収量増加が確認され、このことには止葉の光合成速度の高い維持によるソース能の改善が関わることを実証した。以上から、春作におけるWFP1導入系統の栽培には実肥の実施が有効であり、これが本系統の多収性を引き出す栽培指針の鍵となると考えられた。

3-3 有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報のとりまとめ

平成24年度より、「有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報のとりまとめ」の試験研究に着手した。短期生育型系統として選ばれた2系統を供試して、VNUA春作にお

いて肥料試験および栽植密度試験を行い、栽培法に関する初期情報を得た。また、活動項目 3-2 において、短期生育型有望系統の栽培法に関する栽培法に関する初期情報を得た。

DCG19（早生系統）と DGG66（低温耐性系統）の 2 系統については、平成 26 年度までに研究項目 3 のすべての過程が完了したため、平成 26 年度は、DCG 19 は Lao Cai を、DCG66 は Thai Nguyen を品種登録候補地として、農家圃場における大規模な試作と農家研修会の実施を継続するとともに、栽培法に関するガイドラインの作成を進めた。特に DCG66 については、品種登録申請が完了し、秋作期から品種登録のための栽培試験が実施された。

(2) 研究成果の今後期待される効果

品種化に向けて有望系統の栽培特性や生理生態学的特性の調査を行い、一部の系統では品種化および品種化の見込みがたち始めた。この品種化へのプロセスは科学的な根拠ばかりではなく、行政、農民、種子供給者等を巻き込んだより大きな事業である。SATREPS 事業で、VNUA はこの育種事業展開能力を拡大したので、今後はこれを利用して、国内はもちろんこと海外との交流も行い、イネ育種国際ネットワークの中心としての活躍が期待できる。

§ 5 成果発表等

(1) 原著論文発表（国内（和文）誌 28 件、国際（欧文）誌 17 件

1. 著者、論文タイトル、掲載誌 巻、号、発行年

1. Takano-Kai, N., K. Doi and A. Yoshimura, *GS3* participates in stigma exertion as well as seed length in rice. *Breed. Sci.* 61(3): 244-250, 2011.
2. Asano, K., M. Yamasaki, S. Takuno, K. Miura, S. Katagiri, T. Ito, K. Doi, J. Wu, K. Ebana, T. Matsumoto, H. Innan, H. Kitano, M. Ashikari and M. Matsuoka, Artificial selection for a green revolution gene during japonica rice domestication. *PNAS*. 108 (27): 11034-11039, 2011.
3. Tang Thi Hanh, Duong Thi Hong Mai, Tran Van Luyen, Pham Van Cuong, Le Kha Tuong and Phan Thi Nga, The saline tolerance of rice resources maintained in the national crop gene bank. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 18: 8-12, 2011. (In Vietnamese with English summary)
4. Duong Thi Hong Mai, Le Kha Tuong, Phan Thi Nga, Tran Van Luyen and Pham Van Cuong, Effect of nitrogen fertilizer and planting density on grain yield of sticky rice *NepOc* under salinity condition. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 1: 28-33, 2012. (In Vietnamese with English summary)
5. Pham Van Cuong, Tang Thi Hanh, Phan Thi Hong Nhung and Hoang Thai Hoa, Photosynthetic and agro-biological characteristics of local rice cultivar at the tillering stage under salt treatment. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 7: 21-26, 2012. (In Vietnamese with English summary)
6. Vu Thi Thu Hien and Pham Van Cuong, Analysis of Genetic Diversity in Rainfed rice accessions by SSR Markers. *Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture*. 10 (1): 15-24, 2012. (In Vietnamese with English summary)
7. Tang Thi Hanh, Pham Van Cuong, Phan Thi Hong Nhung, Nguyen Thi Trang and Le Thi Van, Heterosis for photosynthesis in flag leaf of a hybrid rice variety Vietlai 50 (*Oryza sativa* L.) during ripening stage. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 15: 25-29, 2012. (In Vietnamese with English summary)
8. Pham Van Cuong, Phan Thi Hong Nhung and Tang Thi Hanh, Photosynthesis in some salinity tolerance rice varieties at tillering stage under different levels of nitrogen. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development,*

Vietnam. 18: 19-23, 2012. (In Vietnamese with English summary)

9. Jairin, J., T. Kobayashi, Y. Yamagata, S. Sanada-Morimura, K. Mori, K. Tashiro, S. Kuhara, S. Kuwazaki, M. Urio, Y. Suetsugu, K. Yamamoto, M. Matsumura and H. Yasui. A simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism based genetic linkage map of the brown planthopper, *Nilaparvata lugens*. DNA Research, 20 (1): 17-30, 2013.
10. Hamaoka, N., Y. Uchida, M. Tomita, E. Kumagai, T. Araki and O. Ueno. Genetic variations in dry matter production, nitrogen uptake, and nitrogen use efficiency among the AA genome *Oryza* species grown under different nitrogen conditions. Plant Production Science, 16 (2): 107-116, 2013.
11. Ishii, T., K. Numaguchi, K. Miura, K. Yoshida, P. T. Thanh, T. M. Htun, M. Yamasaki, N. Komeda, T. Matsumoto, R. Terauchi, R. Ishikawa and M. Ashikari, OsLG1 regulates a closed panicle trait in domesticated rice, Nature Genetics, 45 (4): 462-465 (2013)
12. Do Thi Huong, Doan Cong Dien, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Photosynthesis characteristics and dry matter accumulation of new selected rice with short growth duration. Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture. 11 (2): 154-160, 2013. (In Vietnamese with English summary)
13. Tang Thi Hanh, Phan Thi Hong Nhung, Do Thi Huong and Pham Van Cuong, Takuya Araki, Nitrogen use efficiency and accumulation grain yield of some very short growth duration rice varieties. Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture. 14 (7): 9-17, 2013.
14. Nguyen Thanh Tung, Pham Van Cuong, Nguyen Thi Thinh, Nguyen Quoc Trung, Mai Van Tan, Nguyen Thi Mai Phuong and Nguyen Van Hoan, Evaluation on genetic diversity of rice germplasm. Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam. 20: 3-8, 2013. (In Vietnamese with English summary)
15. Nguyen Thi Thuy Hanh, Pham Van Cuong and Bertin Pierre, Rice Nitrogen use efficiency: Genetic dissection. Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture. 11 (6) 814-825, 2013.
16. Mai Van Tan, Do Thi Huong, Nguyen Thanh Tung, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Breeding of short growth duration lines derived from a cross between indica cultivar IR24 and *Oryza rufipogon* species. Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture. 11 (7) 945-950, 2013.
17. Phan Thi Hong Nhung, Tang Thi Hanh, Pham Van Cuong, Tran Thi Nhu Hang and Le Mai Huong, Affect of root fungies product on photosynthesis and agronomical traits of rice cultivar Khang Dan 18 under difference N condition. Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam. 10: 37-44, 2013. (In Vietnamese with English summary)
18. Ngo Thi Hong Tuoi, Doan Kieu Anh, Quyen Ngoc Dung, Pham Van Cuong and Nguyen Van Hoan, Relation between photosynthesis with invidual yield and quality of rice lines. Journal of Science and Development, Hanoi University of Agriculture. 11 (3) 293-303, 2013. (In Vietnamese with English summary)
19. Tamura, Y. M. Hattori, H. Yoshioka., M. Yoshioka., A. Takahashi, J. Wu, N. Sentoku and H. Yasui, Map-based cloning and characterization of a brown planthopper resistance gene BPH26 from *Oryza sativa* L. ssp. indica cultivar ADR52. Scientific Reports, 4: 5872, 2014.
20. 濱岡範光, 上野修. AAゲノムの野生イネ *Oryza nivara* の光合成特性に及ぼす窒素施肥量の影響 -日本型栽培イネ品種「日本晴」との比較-. 日本作物学会紀事, 83 (4): 333-340, 2014.

21. Sakata, M., Y. Yamagata, K. Doi and A. Yoshimura. Two linked genes on rice chromosome 2 for F₁ pollen sterility in a hybrid between *Oryza sativa* and *O. glumaepatula*. *Breeding Science*, 64 (4): 309-320, 2014
22. Vu, Q, R. Quintana, D. Fujita, C. C. Bernall, H. Yasui, C. D. Medina and F. G. Horgan, Responses and adaptation by *Nephotettix virescens* to monogenic and pyramided rice lines with Grh-resistance genes. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 150: 179-190, 2014.
23. Furuta, T., K. Uehara, R. B. Angeles-Shim, Jung-Hyun Shim, M. Ashikari and T. Takashi, Development and evaluation of chromosome segment substitution lines (CSSLs) carrying chromosome segments derived from *Oryza rufipogon* in the genetic background of *Oryza sativa* L. *Breed. Sci.* 63: 468-475, 2014.
24. Nagai K., Y. Kondo, T. Kitaoka, T. Noda, T. Kuroha, R. A. Shim, H. Yasui, A. Yoshimura and M. Ashikari, QTL analysis of internode elongation in response to gibberellin in deepwater rice. *AOB plant* 6: 1-12, 2014
25. Do Thi Huong, Nguyen Thanh Tung, Mai Van Tan, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Environmental responsibility of newly developed rice lines with short-growth duration in Hanoi and Thai Nguyen. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 12 (1) 17-25, 2014. (In Vietnamese with English summary)
26. Pham Van Cuong, Hoang Viet Cuong, Tang Thi Hanh, Duong Thi Thu Hang, T. Araki, T. Mochizuki and A. Yoshimura, Heterosis for photosynthesis and dry matter accumulation in F₁ hybrid rice (*Oryza sativa* L.) produced from thermo-sensitive male sterile line under drought stress at heading stage. *Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University*. 59 (2): 221-238, 2014.
27. Pham Van Cuong, Duong Thi Thu Hang, Tang Thi Hanh, T. Araki, A. Yoshimura and T. Mochizuki, Photosynthesis and panicle growth responses to drought stress in F₁ hybrid rice (*Oryza sativa* L.) from a cross between thermo-sensitive genic male sterile (TGMS) line 103S and upland rice IR17525. *Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University*. 59 (2): 273-277, 2014.
28. Vu Hong Quang, Vu Thi Thu Hien, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Estimation of Agronomical characters of DCG66 Line selected from Chromosome segment substitution lines (CSSLs) of genetic background IR24 (*Indica*) and Asominori (*Japonica*). *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 14 (245): 3-7, 2014. (In Vietnamese with English summary)
29. Nguyen Van Khoa, Doan Thi Thuy Linh, Nguyen Quoc Trung, Nguyen Thi Kim Thanh and Pham Van Cuong, Genetic diversity of upland rice collected from North-West region of Vietnam. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 1: 68-76, 2014. (In Vietnamese with English summary)
30. Tang Thi Hanh, Nguyen Thi Hien, Doan Cong Dien, Do Thi Huong, Vu Hong Quang and Pham Van Cuong, Photosynthesis, Dry matter accumulation and grain yield of a short growth duration rice line DCG66 under different nitrogen levels and transplanting densities. *Journal of Science and Development, Hanoi university of Agriculture*. 12 (2): 146-158, 2014. (In Vietnamese with English summary)
31. Hanh Thi Thuy Nguyen, Cuong Van Pham and Pierre Bertin, The effect of nitrogen concentration on nitrogen use efficiency and related parameters in cultivated rices (*Oryza sativa* L. subsp. *indica* and *japonica* and *O. glaberrima* Steud.) in hydroponics. *Euphytica*. 198 (1): 137-151, 2014.
32. Ngo Thi Hong Tuoi, Pham Van Cuong and Nguyen Van Hoan, Analysis of Genetic Diversity in Black Rice by SSR Markers. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 12 (4): 485-494, 2014. (In Vietnamese with English summary)

33. Nguyen Van Loc, Tang Thi Hanh and Pham Van Cuong, Effect of Cold Stress at Germination Stage on the Growth of Selected Rice Lines Developed from the Cross between Indica IR24 and Japonica Asominori. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 12 (4): 477-484, 2014. (In Vietnamese with English summary)
34. Nguyen Quoc Trung, Le Van Trung, Nguyen Thi Trang, Nguyen Thi Thuy Duong, Nguyen Thanh Tung, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Evaluation of genetic diversity of early maturing rice varieties. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 12 (4): 461-467, 2014. (In Vietnamese with English summary)
35. Do Thi Huong, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Biomass accumulation of new developed rice line with short growth duration under different nitrogen applicatuion levels. *Science and Technology Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*. 18: 27-35, 2014. (In Vietnamese with English summary)
36. Do Thi Huong, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Responds of the flag leaf photosynthesis in rice line with short growth duration in ripen stage to different season and applied nitrogen levels. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 12 (8): 1157-1167, 2014. (In Vietnamese with English summary)
37. Do Thi Huong, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong, Non-structural cacborhydrates accumulation in stems of line with short - growth duration under different application nitrogen doses. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 12 (8): 1168-1176, 2014. (In Vietnamese with English summary)
38. 吉村 淳. ベトナムイネ育種現場との協働 —大学における熱帯農業研究—, 熱帯農業研究, 8 (1), 21-24, 2015.
39. Xian-Jun Song, T. Kuroha, M. Ayano, T. Furuta, K. Nagai, N. Komeda, S. Segami, K. Miura, D. Ogawa, T. Kamura, T. Suzuki, T. Higashiyama, M. Yamasaki, H. Mori, Y. Inukai, Jianzhong Wu, H. Kitano, H. Sakakibara, S. E. Jacobsen and M. Ashikari, Rare allele of a novel histone H4 acetyltransferase enhances grain weight, yield and plant biomass in rice. *PNAS*. 112 (1): 76-81, 2015.
40. Pham Van Cuong , Doan Cong Dien, Tran Anh Tuan and Tang Thi Hanh, Evaluation on Drought Tolerance of Rice Lines with Indica Genetic Background Carrying Chromosome Segment Substitution from Wild Rice (*Oryza rufipogon*) or Japonica. *Journal of Science and Development, Vietnam National University of Agriculture*. 13 (2): 166-172, 2015. (In Vietnamese with English summary)
41. Tang Thi Hanh, Phan Thi Hong Nhung, Nguyen Trung Duc and Pham Van Cuong, Evaluation the contribution of genes *Gn₁* and *WFP₁* to some traits of agro-physiology and grain yield in some newly developed rice lines from khang dan 18. *Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*, 2015 (in press) (In Vietnamese with English summary)
42. Pham Van Cuong, Nguyen Thanh Tung and Nguyen Van Hoan, Result in breeding a new improved promising line of khang dan 18 (DCG72) with short growth duration and low amylose content. *Journal of Agriculture and Rural Development, Vietnam*, 2015 (in press) (In Vietnamese with English summary)
43. Furuta, T., N. Komeda, K. Asano, K. Uehara, R. Gamuyao, R. B. Angeles-Shim, K. Nagai, K. Doi, D. R. Wang, H. Yasui, A. Yoshimura, Jianzhong Wu, S. R. McCouch, and M. Ashikari. Convergent loss of awn in two cultivated rice species *Oryza sativa* and *Oryza glaberrima* is caused by mutations in different loci. *Genes Genomes Genetics* 3 5(11): 2267-2274, 2015.

44. Kurokawa, Y., T. Noda, Y. Yamagata, R. B. Angeles-Shim, H. Sunohara, K. Uehara, T. Furuta, K. Nagai, K. K. Jena, H. Yasui, A. Yoshimura, M. Ashikari, and K. Doi. Construction of a versatile SNP array for pyramiding useful genes of rice. *Plant Science* 242: 131-139, 2016.
45. Tan Van Mai, D. Fijita, M. Matsumura, A. Yoshimura, and H. Yasui. Genetic basis of multiple resistance to the brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stal) and the green rice leafhopper (*Nephotettix cincticeps* Uhler) in the rice cultivar 'ASD7' (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Breed. Sci.* 65(5), (in press).

(2) 研修コースや開発されたマニュアル等

① 研修コース概要 (コース目的、対象、参加資格等)、研修実施数と修了者数

研修	目的	対象	参加資格	実施数	修了者数
農民研修 A	DCG66 栽培技術移転	タイゲン省農家	DCG66 栽培を承認	年 3 回 x 4 年	120 名
農民研修 B	DCG72 栽培技術移転	タイゲン省農家	DCG72 栽培を承認	年 3 回 x 4 年	120 名
農民研修 C	DCG19 栽培技術移転	ラオカイ省農家	DCG19 栽培を承認	年 3 回 x 4 年	120 名

① 開発したテキスト・マニュアル類

	タイゲン省向け	ラオカイ省向け
DCG19 栽培ガイドライン	—	○
DCG66 栽培ガイドライン	○	○
DCG72 栽培ガイドライン	○	

(3) その他の著作物 (総説、書籍など)

① 詳細情報 (著者名、タイトル、掲載誌もしくは書籍 (誌名、巻、号、発表年) などを発行日順に記載して下さい。)

1. 芦荻基行、「植物ゲノム研究で世界の食糧危機を救う」 宙舞 (公益社団法人 自動車技術協会中部支部報)、72 巻 P7-10 (2013)
2. 黒川裕介、上原奏子、芦荻基行、「植物科学の研究成果を利用するイネの育種プロジェクト」 植物の生長調節 48 巻、P169-171 (2013)

(4) 国際学会発表及び主要な国内学会発表

① 招待講演 11 件 (国内会議 9 件、国際会議 2 件)

1. 発表者 (所属)、タイトル、学会名、場所、月日
 1. 芦荻基行：植物科学研究を応用したイネの育種～アジア・アフリカの食糧問題軽減に向けて～. 第 2013 植物科学シンポ・持続可能資源の開発に向けた植物科学. 2013. 12. 東京品川コクヨホール.
 2. 芦荻基行：科学で食糧を増産できるか. 生命世界を問う. 2013. 12. 神戸国際会議場.
 3. 芦荻基行：植物科学を用いた穀物増産へのチャレンジ. 2014. 東京農業大学コメに関する国際シンポジウム. 2014. 1. 東京農業大学.
 4. 芦荻基行：バイオテクノロジーを用いた食糧増産へのチャレンジ. 第 2 回食糧

- 問題を考える. 2014. 1. 中部大学.
5. 山形悦透・河村享政・安井 秀・吉村 淳：イネ実験系統群の作出と利用に関する取り組み. 第 125 回日本森林学会大会テーマ別シンポジウム. 2014. 3. 29. 埼玉県大宮市ソニックシティ.
 6. Pham Van Cuong：第一回 ASEAN 大学アグリバイオテクノロジーに関するワークショップ（シンガポールで開催）にてハノイ農大農学部長クオン博士（本事業プロマネ）が講演（参加者 50 名程度）、2013 年 11 月
 7. Motoyuki Ashikari, Hideshi Yasui, Pham Van Cuong and Atsushi Yoshimura：Facing the challenges of food shortage: understanding agricultural traits and their application for breeding. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
 8. Pham Van Cuong：Current status of crop production in Vietnam and plant research at Vietnam National University of Agriculture. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
 9. 吉村 淳：ベトナムイネ育種現場との協働—大学における熱帯農業研究—。熱帯農業学会第 116 回講演会（九州大学, 福岡）。2014. 9.
 10. 芦荻基行：植物科学を用いた穀物増産へのチャレンジ. 第 56 回日本植物生理学会年会（東京）。2015. 3.
 11. 吉村 淳：ベトナムにおけるイネ育種現場との協働：大学による研究協力の現状と課題 第 15 回農国センターオープンフォーラム兼第 3 回 JICA・JISNAS フォーラム、「開発途上国における農業生産・流通・消費を結ぶ国際協力を目指して—売れる農産物の生産に向けた研究・協力のあり方」、2015 年 3 月 16 日
 12. 吉村 淳：ベトナムにおけるゲノム情報を駆使したイネ有望系統の開発 日本作物学会第 238 回公演会ミニシンポジウム「途上国の環境に適応した作物生産技術の改良を目指した国際共同研究の現状と課題—SATREPS プロジェクトを例にして」、2016 年 3 月 29 日

② 口頭発表 22 件（国内会議 6 件、国際会議 16 件）

1. 発表者（所属）、タイトル、学会名、場所、月日
 1. 芦荻基行. A challenge ～植物の基礎研究から応用へ～. 第 8 回北大若手研究者交流会. 2012. 7. 27. 北海道大学.
 2. 芦荻基行. スーパーライスの開発～植物の基礎研究を応用して世界の食料危機を救う～. 「植物の多様な生存戦略」東北に植物のチカラを. 植物科学シンポジウム. 2012. 8. 6. 東北大学.
 3. 吉村淳. イネのマップベースクローニングにおける形質評価—正確性の向上と迅速化—. TRS 研究会. 2013. 10. 11. 鹿児島市.
 4. Atsushi Yoshimura. Development of introgression lines from wild species and their utilization for breeding in rice. Expert consultation workshop on the use of rice wild relatives for rice improvement, Global Crop Diversity Trust Meeting. 2013. 10. 29. Shizuoka, Japan.
 5. Hideshi Yasui, Daisuke Fujita, Jirapong Jairin, Atsushi Yoshimura and Masaya Matsumura. Recent advances in leafhopper and planthopper resistance in rice. 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013. 11. 7. Manila, Philippines.
 6. Pham Van Cuong. ベトナム科学技術省主催の「日越科学技術協力の成果と展望セミナー」でポスター・プレゼンテーションを実施（参加者約 300 名）、2013 年 6 月
 7. Pham Van Cuong. ハノイ農大を訪問したニャン副首相、農業農村開発省・計

- 画投資省・教育訓練省の各副大臣他の関係者に事業進捗を報告、実験圃場、実験室を紹介（参加者数約 100 名）、2013 年 7 月
8. Pham Van Cuong. 九州大学グローバル人材育成事業参加学部生（日本人 10 名、ベトナム人 5 名）に事業を紹介・実験室を案内、2013 年 8 月
 9. Pham Van Cuong and Nguyen Van Hoan. Progress of rice genotype improvement and production in Vietnam、日本作物学会、2013 年 3 月
 10. Tang Thi Hanh, Dinh Mai Thuy Linh, Pham Van Cuong, Norimitsu Hamaoka and Takuya Araki. Evaluating the contribution of QTLs *GNI* and *WFP1* to the grain yield formation of a popular Vietnamese rice variety Khang Dan 18. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
 11. Nguyen Thi Thuy Hanh, Pham Van Cuong and Pierre Bertin. Identification of QTLs for photosynthesis under two nitrogen conditions in rice. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
 12. Toshihiro Mochizuki, Nguyen Thi Ai Nghia. Morphological, physiological and agronomical characteristics of rice (*Oryza sativa* L.) in response to aerobic conditions. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9
 13. Phan Thi Hong Nhung, Chiharu Shinya, Takuya Araki, Hideki Sugimoto, Mitsunori Oka and Toshihiro Mochizuki. Effect of rhizosphere temperature on the growth and root development of rice plants (*Oryza sativa* L.) grown by hydroponics with different nitrogen forms. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
 14. Mai Van Tan, 園田智広, 吉村 淳, 松村正哉, 安井 秀. インド型品種 ASD7 に由来するイネのトビイロウンカ抗生作用の遺伝的基盤. 日本育種学会第 126 回講演会（南九州大学, 宮崎）. 2014. 9.
 15. 黒川裕介, Phung Huan Danh, 瞿 黄祺, 永井啓祐, 戸田陽介, 下嶋美恵, 伊藤純一, Colmer T., Perderson O., Imran M. イネ耐水性機構の解明. 日本育種学会第 127 回講演会（玉川大学, 東京）. 2015. 3.
 16. 南杏鶴. 種子のサイズを制御する遺伝子の同定. イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2014, 東京, 2014. 7.
 17. 野田智紀. 新品種育成に向けたイネ DNA マーカー選抜システムの開発. イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2014, 東京, 2014. 7.
 18. 黒川裕介. 植物科学を利用したイネの分子育種. イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2014, 東京, 2014. 7.
 19. 芦荊基行. イネ野生種を用いた遺伝学的研究. 日本植物学会第 78 回大会, 東京, 2014. 9.
 20. 永井啓祐, 黒羽剛, 宋献軍, 綾野まどか, 南杏鶴, 芦荊基行. 新規ヒストン H4 アセチルトランスフェラーゼによる転写制御を介したイネ有用農業形質の制御機構の解明. 日本育種学会第 126 回講演会（南九州大学, 宮崎）. 2014. 9.
 21. 黒川裕介, 野田智紀, 土井一行, 芦荊基行. SNP 情報を用いた高速ジェノタイプシステムの開発. 日本育種学会第 126 回講演会（南九州大学, 宮崎）. 2014. 9.
 22. 上原奏子. 伸ばすか伸ばさないか？ 芒形態から考えるイネ科植物の環境適応について. EvoDevo 青年の会（静岡）. 2014. 10.

③ ポスター発表 28 件 (国内会議 10 件、国際会議 18 件)

1. 発表者 (所属)、タイトル、学会名、場所、月日

1. Pham Van Cuong, N. Iseri, A. Yoshimura, Nguyen Van Hoan, Tran Duc Vien, Project on the Development of Crop Genotypes for the Midlands and Mountain Areas of North Vietnam. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.27-28.
2. Phuong Tran Tan, Cua Ho Quang, Nhung Le Thi Kim, Nguyen Van Hoan, Pham Van Cuong, Initial results in breeding new aromatic rice cultivars from cooperation between Soc trang DARD and JICA - HUA - DCG project. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.37.
3. Vu Hong Quang, Nguyen Dinh Trung, Nguyen Van Hoan, Nguyen Thanh Tung, Creation of new TGMS line carrying wide - compatibility gene for inter - crossing between subspecies in genus *O. sativa* L. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.38.
4. Nguyen Thi Tram, Tran Van Quang, Vu Van Liet, Pham Thi Ngoc Yen, Nguyen Van Muoi, Tram Thi Minh Ngoc, Vu Binh Hai Result of breeding, demonstration and expanding three - line hybrid rice variety CT16. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.40.
5. Bui Ngoc Thanh, Nguyen Van Hoan, Trieu Hong Quan, Pham Van Cuong, Nguyen Tien Tu, Some Results of Cooperation in Rice Breeding Made in Thai Nguyen Seed Join Stock Company. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.41.
6. Do Thi Huong, Nguyen Ven Hoan, Nguyen Thanh Tung, Nguyen Thi Thinh, Doan Cong Dien, Pham Van Cuong, Comparision of agronomic characteristics of rice lines with short - growth duration between two defferent ecological regions in Thai Nguyen and Hanoi. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.43.
7. Nguyen Thi Thuy Hanh, Pham Van Cuong, Pierre Bertin, Effectiveness of nitrogen doses on agronomical and physiological parameters related to nitrogen use efficiency of rice plants in hydroponic culture. In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp.48.
8. Tang Thi Hanh, Pham Van Cuong, Phan Thi Hong Nhung, T. Araki, Duong Hong Mai, Affect of NaCl concentration on photosynthesis and growth of local rice cultivars (*Oryza sativa* L.). In Proceeding of workshop on “Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam”, October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam,

- pp. 52.
9. Phan Thi Hong Nhung, Tang Thi Hanh, Pham Van Cuong, T. Araki, Heterosis for photosynthesis in flag leaf during ripening stage of F1 hybrid rice - Vietlai 50 (*Oryza sativa* L.). In Proceeding of workshop on "Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam", October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp. 55.
 10. Nguyen Huu Cuong, Pham Van Cuong, Nguyen Thuy Giang, Study on heterosis for some anatomical characteristics related to drought tolerance in F1 hybrid rice crossed between upland rice and paddy thermo - sensitive gene male sterile line (TGMS). In Proceeding of workshop on "Sustainable agriculture development respond to climate change in Vietnam", October 11, 2012, Hanoi University of Agriculture, Vietnam, pp. 56.
 11. 安井 秀 イネのウンカ類昆虫に対する抵抗性の遺伝分析, 発表日 2011 年 11 月 24 日, 日本育種学会第 6 回九州育種談話会 南九州大学, 都城
 12. J. Jairin, S. Sanada-Morimura, M. Matsumura, M. Takagi and H. Yasui, Virulence of brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in Asia to near-isogenic and pyramided lines of rice carrying BPH-resistance genes, BPH25 and BPH26. 発表日 2012 年 3 月 28 日, 第 56 回日本応用動物昆虫学会、近畿大学, 奈良
 13. 安井 秀・藤田 大輔・屋良 朝紀・吉村 淳: インド型品種 ADR52 に由来するトビイロウンカ抵抗性遺伝子 BPH25 と BPH26 に関する遺伝子集積系統の育成, 日本育種学会第 121 回講演会講演要旨集 育種学研究 14(別 1):80, 2012 年 03 月 30 日, 宇都宮大学 (宇都宮市)
 14. Moe Moe Hlaing, M. Matsumura, A. Yoshimura and H. Yasui: トビイロウンカ抵抗性遺伝子 BPH25 と BPH26 に関する近似同質遺伝子系統ならびに遺伝子集積系統の日本採集トビイロウンカ系統に対する抵抗性反応, 日本育種学会第 121 回講演会講演要旨集 育種学研究 14(別 1):81, 2012 年 03 月 30 日, 宇都宮大学 (宇都宮市).
 15. Jairin, J., M. Matsumura and H. Yasui, Genetics and breeding of rice conferring resistance to planthoppers and leafhoppers. Intl. Congress of Entomology 19-25 August, 2012
 16. Jairin, J., T. Kobayashi, Y. Yamagata, S. Sanada-Morimura, K. Yamamoto, M. Matsumura and H. Yasui, Mapping of virulence-associated gene in the brown planthopper. Intl. Symp. Rice Functional Genomics ; 26-29 November, 2012.
 17. 末貞 辰朗・山形 悦透・吉村 淳・安井 秀. GRH2 によって賦与されるツマグロヨコバイ抵抗性には 2 つの NBS-LRR 遺伝子が必須である. 日本育種学会第 123 回講演会講演要旨集 育種学研究 15 (別 1) :115, 2013 年 03 月 28 日, 東京農業大学 (東京都).
 18. Ashikari Motoyuki. A Rice Breeding Program For World Food Security. 7th Intl. Rice Genet. Symp., 2013.11, Manila, Philippines.
 19. Mai Van Tan, Atsushi Yoshimura and Hideshi Yasui, Molecular mapping of a major gene conferring resistance to green rice leafhopper, *Nephotettix cincticeps* Uhler, derived from an indica rice cultivar ASD7. 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013.11.6. Manila, Philippines.

20. Jirapong Jairin, Tetsuya Kobayashi, Masaya Matsumura and Hideshi Yasui, A first generation microsatellite- and SNP-based linkage map of brown planthopper. 7th Intl. Rice Genet. Symp. 2013.11.7. Manila, Philippines.
21. 濱岡 範光・安井 秀・荒木 卓哉・上野 修・吉村 淳. イネ葉毛性遺伝子 H11 のマッピングおよび葉毛性系統の光合成特性. 日本育種学会大 125 回講演会要旨集 育種学研究 16 (別 1) : 247, 2014 年 3 月 22 日, 東北大学 (宮城県).
22. Nguyen Van Loc, Tang Thi Hanh and Pham Van Cuong. The effects of cold stress on the growth of different rice genotypes derived from backcross between IR24 x Asominori at germination stage. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
23. Do Thi Huong, Tang Thi Hanh, Nguyen Van Hoan and Pham Van Cuong. Biomass accumulation of new developed rice line with short growth duration under different nitrogen application levels. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
24. Phung Huan Danh, Yusuke Kurokawa, Qu Huangqi, Ashikari Motoyuki. Cloning and characterization of dripping rice synthesis gene in rice (*Oryza sativa*. L). 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
25. Nguyen Quoc Trung, Nguyen Ngoc Hoa, Nguyen Thi Mai Phuong, Nguyen Thanh Tung, and Enrique Angeles. Identification of *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* pathotypes in North Vietnam. 4th International Rice Congress (Bangkok, Thailand), 2014. 10.
26. 藤田 大輔, 松村 正哉, Tan Van Mai, 吉村 淳, 安井 秀. イネのウンカ・ヨコバイ抵抗性遺伝子に関する近似同質遺伝子系統群の利用. 日本育種学会第 127 回講演会 (玉川大学, 東京). 2015. 3.
27. Norimitsu Hamaoka, Hideshi Yasui, Takuya Araki, Osamu Ueno and Atushi Yoshimura. Mapping and physiological characterization of hairy leaf gene *BLANKET LEAF* in rice. 8th Asian Crop Science Association Conference (Hanoi, Vietnam), 2014. 9.
28. Giao Ngoc Nguyen, 山形 悦透, 重松 佑布子, 渡邊 美弥子, 宮崎 雄太, 土井一行, 伊藤 友子, 金森 裕之, 吳 健忠, 松本 隆, 吉村 淳. *Oryza sativa* と *O. rufipogon* 交雑後代にて見出された F1 花粉不稔の原因となる重複遺伝子座 DGS1 と DGS2 の単離. 日本育種学会第 127 回講演会 (玉川大学, 東京). 2015. 3.

(5) 知財出願
なし

(6) 受賞・報道等

① 受賞

1. 吉村 淳. 日本育種学会賞、120 回日本育種学会春期大会 (2012 年 3 月 29 日、宇都宮大学)
2. 芦荊基行. American Association for the Advancement of Science; アメリカ科学技術振興協会) science fellow 賞 2012

② マスコミ（新聞・TV等）報道

1. 芦荊基行等 多収量イネは「第2の緑の革命」を実現できるか（JBpress 2011. 5. 27）、
2. ゲノムで品種改良（信濃毎日新聞 2011. 6. 15）、
3. 芦荊基行等 品種改良にゲノムの力（中国新聞 2011. 6. 15）、途上国に合う品種作り（日本経済新聞 2012. 9. 27）、
4. 芦荊基行等 次世代の緑の革命（National Geographic 日本版 web、2014. 10. 8）、
芦荊基行等 コメ粒を大きくする遺伝子（朝日新聞、読売新聞、中日新聞、日本経済新聞、西日本新聞、2014. 12. 23）、
5. 芦荊基行等 イネの未来と遺伝子組換え技術（RISA 中日新聞別紙 2015. 2）、最先端科学（中日新聞 2015. 4. 7）
6. 安井 秀等 2013年2月28日 「トビイロウンカの遺伝地図の作製に成功 -イネ害虫で世界初、イネへの被害拡大をもたらす原因遺伝子の特定が加速化-」（独）農業生物資源研究所プレスリリース（<http://www.nias.affrc.go.jp/press/20130228/>）. 【概要】プロジェクトに利用している耐虫性遺伝子、BPH25やBPH26を加害するウンカゲノム中の遺伝子同定のための基盤が構築された。【ポイント】イネの主要な害虫であるトビイロウンカの遺伝地図を作製した。今回の成果により、農業害虫であるウンカ類の殺虫剤抵抗性に関わる遺伝子や、ウンカ類抵抗性を持つイネ品種の抵抗性を打ち破る働きを持つ遺伝子の特定が加速化されると期待される。それによって、害虫への効果が持続する殺虫剤の開発や、害虫抵抗性を持つ品種の作出が期待される。この成果は、英文専門誌 DNA リサーチ誌 2月号に発表されました。
7. 安井 秀等 2013年3月1日 日本農業新聞 「トビイロウンカの遺伝地図作製 イネ害虫では世界初」
8. 安井 秀等 2014年10月29日 「トビイロウンカに幅広い抵抗性を有するイネの作出に弾み -トビイロウンカを餓死させる遺伝子の特定に成功-」（独）農業生物資源研究所・（国）九州大学・（国）名古屋大学プレスリリース（<http://www.nias.affrc.go.jp/press/2014/20141029/>）. 【概要】プロジェクトに利用している耐虫性遺伝子のうちの BPH26の機能タンパク質が特定された。【ポイント】栽培イネのトビイロウンカに対する抵抗性遺伝子 BPH26（ビー・ピー・エイチ・ニジュウロク）を世界で初めて特定し、DNA マーカーを開発した。BPH26 とともに存在すると、トビイロウンカに幅広い抵抗性を発揮する遺伝子 BPH25 の DNA マーカーも、今後 2-3 年の間に開発の見込みである。この二つの遺伝子の DNA マーカーを利用することにより、日本に飛来するトビイロウンカに抵抗性を発揮する国内水稻品種の作出を飛躍的に短縮できる。この成果は、英文専門誌 Scientific Reports 誌に発表された。
9. 安井 秀等 2014年11月4日 朝日新聞 「トビイロウンカに幅広い抵抗性を有するイネの作出に弾み」
10. 安井 秀等 2014年11月20日 産経新聞 「イネの大敵・ウンカ、九大など撃退遺伝子特定 品種改良に期待 昨年100億円の被害」

③ その他

1. 2011年8月、「JICA's World」誌 特集「世界の食糧問題に挑むー日本の農業技術で新品種の開発を」に事業が掲載
2. 2013年6月、ベトナム国立放送 VTV (Vietnam Television) の日越国交樹立 40周年記念番組 (The Documentary film on Vietnam-Japan Cooperation milestones) にてベトナム農大で実験指導中の芦荊教授 (名古屋大) をインタビュー、その模様が放映された。
3. 2015年4月10日、沖縄琉球放送の番組名:「万国津梁」にて、琉球大博士課程卒

のクオン博士(ベトナム農大副学長でSATREPS 事業プロジェクト・マネージャー)をインタビュー、SATREPS 事業紹介の様子が放映された。

(7) 成果展開事例

① 実用化に向けての展開

タイグエン省とラオカイ省向け DCG66 と DCG72 の品種登録の目途が立つ

本事業の社会実装対象地であるタイグエン省とラオカイ省においては、2012 年から 2014 年にかけて、ベトナム農大が独自に、DCG66 (IR24+高収量遺伝子+低温耐性形質) と DCG72 (KD18+短期生育遺伝子) のモデル栽培ならびにオン・サイト試験を通じた農民研修を実施してきたが、その成果は現地農業農村開発局の認めるところとなり、ベトナム農大は両系統について登録申請を行い、2015 年 1 月より、農業農村開発省作物生産局による VCU 試験が開始された (2015 年春作、夏作、2016 年の春作の計 3 作実施予定)。これにより、2016 年中の品種登録の目途が立った。

① 社会実装 (研究成果の社会還元) への展開活動

ゲアン省 DCG72 導入のインパクト

本事業で開発される有望系統は、当面の社会実装対象地である北部ベトナムの中山間地域のみならず、広くベトナム全域に適応可能である。その実効性は、2014 年夏秋作に、北部沿岸省のひとつで季節的な台風・洪水・高温被害に苦しむゲアン (Nghe An) 省で実施されたベトナム農大の取り組みで実証された。即ち、ベトナム農大は、SATREPS 事業で開発した DCG72 (KD18+短期生育遺伝子) を同省に導入し、北部中山間地域とは全く異なる気象条件下での有望系統の作出に成功。同省ではこれまで、夏秋作期のイネ収量減要因 (洪水・台風) を克服できないばかりか、春作イネの播種を優先させた結果、冬場の換金作物栽培を諦めるなどの悪循環に陥っていたが、短期生育系統の登場により、この悪循環解決の道が開け、コメ、メイズ、大豆、サツマイモなど、バラエティに富む多毛作物生産が可能となり、農業農村開発局の省内行政に大きなインパクトをもたらした。省内の作物生産地図を一変させる有望系統の登場は、農業農村開発局の作物開発に対する姿勢をも一変させ、新品種の大規模栽培に向けた種子増殖経費をすべて省予算でまかなうなど、これまでになく積極投資が誘導され、有望系統の大規模面積による普及準備が着々と整い、夏秋作期のイネ収量減要因 (洪水・台風) 打破のメリットを、省内の広域に波及させる道筋ができた (これは、ベトナム農大にとってみれば、地方政府出資による省内作物開発の成功モデルが、盤石の緒に就いたことを意味する)。

§ 6 プロジェクト期間中の主なワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ等の活動

① “ワークショップ、シンポジウム、小中高での特別授業、地域での講演、研究機関の一般公開での講演、その他チーム内ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	概要
2011. 10. 11	ベトナムにおける気候変動の対応した持続的農業開発ワークショップ	ベトナム農大	約 200 名	ベトナム農業省、教育省、地方政府、研究機関関係者を集め、事業概要と成果報告
2014. 9. 23	第 8 回アジア作物学会会議における研究成果の紹介	ベトナム農大	約 200 名	基調講演 2 課題 (芦苜基行、Pham Van Cuong)、口頭発表 4 課題、ポスター・プレゼンテーション 4 課題

2014. 10. 27- 11. 1	第 4 回国際イネ会議に おけるポスタープレゼ ンテーション	タイ国バン コク	数百名	国際イネ研究所 IRRI 主催の 国際会議にて白葉枯病耐性 に関する研究結果をポスタ ープレゼンテーション
2014. 11.	第 8 回メコンデルタ経 済協力フォーラムに伴 うクア博士関連シンポ ジウムでの講演	ソクチャン 省	数百名	講演（業務調整員／井芹信 之）
2012 年、2013 年、2014 年、 2015 年	農民研修「ワークショッ プ・セミナー」	タイゲン 省、ラオカ イ省	30 人/回 x 3 回/年 = 累計 360 人	ベトナム農業大学が主体と なり、農家を対象に、短期 生育型イネの栽培法につい て概説、継続的に実地指導 を実施。具体的指導項目は、 育苗、移植、施肥、水管理、 害虫駆除、収穫の方法など。

① 合同調整委員会開催記録
(開催日、出席者、議題、協議概要等)

年月日	出席者	議題	概要
2010. 12. 3	ウエイン学長(プロジェクト・ディレクター)、クワン博士(プロジェクト・マネージャー)、教育訓練省担当部長、吉村教授(チーフ・アドバイザー)、緒方教授、サチ・アドバイザー、安井准教授、菅野教授、発 JST、清水次長、和田所員他	PDM、PO 確認	合同調整委員会開催予定の確認、事業のロゴマーク承認、物質移動合意書に添付する遺伝資源リストの用意につき合意、業務調整員の赴任予定を確認
2011. 12. 9	ウエイン学長、クワン博士、各チーム長、吉村教授(チーフ・アドバイザー)、緒方教授、アンヘルズ准教授、井芹業務調整、清水次長、管谷専門家、三浦所員、矢野 JST シンガポール他	投入実績確認、成果確認、PDM 指標、フレンズ・オブ SATREPS	PDM 指標の設定方法確認、フレンズ・オブ SATREPS 紹介
2012. 12. 7	ウエイン学長、クワン博士、各チーム長、吉村教授(チーフ・アドバイザー)、緒方教授、井芹業務調整、沖浦次長、三浦所員、高橋 JST 他	投入実績確認、成果確認、PDM 改定内容確認、中間レビュー	PDM 指標数値承認、中間レビューの日取りと実施要領を確認
2013. 12. 4	ウエイン学長、クワン博士、各チーム長、吉村教授(チーフ・アドバイザー)、井芹業務調整、沖浦次長、三浦所員、管谷専門家他	投入実績確認、成果確認、PDM 改定内容確認	来期は事業成果の全国波及への取り組みを始める点を確認
2014. 12. 3	クワン博士、計画投資省担当部長、各チーム長、吉村教授(チーフ・アドバイザー)、緒方教授、井芹業務調整、沖浦次長、三浦所員、内海専門家他	投入実績確認、成果確認、終了時評価	農大改編に関する説明を共有、育種・作物統合研究センター設立計画概要を共有、終了時評価の日程と実施要領を確認

2015. 8. 7	クハ博士、計画投資省 担当部長、農業農村 開発省国際協力局副 局長、終了時評価調 査団、ベトナム側終 了時	終了時評価内容の確認	終了時評価団より評価内 容を説明、評価報告書に日 越両評価団長が署名
2015. 11. 6	クハ博士、各チーム長、 吉村教授(チーフ・アドバ イザー)、井芹業務調 整、柿岡次長、内海 専門家他	プロジェクト成果確認	プロジェクト終了までの 課題への対応結果確認、プ ロジェクト終了後の活動 計画の確認など

§ 7 国際共同研究実施上の課題とそれを克服するための工夫、教訓など

(1) 共同研究全体

- プロジェクト全体の現状と課題、相手国側研究機関の状況と問題点、プロジェクト関連分野の現状と課題。

ベトナムでは、公務員である大学職員の給与が低く、内職を余儀なくされ、国際プロジェクトへの参加が、インセンティブにならないというより、副業への物理的障害となってしまう。従い、カウンターパートの事業参加には給与補てんが不可欠であり、これを可能にするのがベトナム側カウンターファンドである。ただし、同ファンドはプロジェクト承認後にしか申請できず、申請後も、5年間の総枠承認の後、改めて各年度の申請・承認手続きが必要であり、実際に現金を手に来るまでに約半年を要する。その結果、事業開始からの半年間は、プロジェクト・ダイレクター、プロジェクト・マネージャーを除くカウンターパートの参加は得られず、プロジェクトが雇用するリサーチ・アドバイザー（1名）、リサーチ・アシスタント（計3名）、フィールド・アシスタント（計6名）のみで活動を行うこととなったが、なんとか計画通りの進捗を実現した。

カウンターファンド獲得後は、活動実施に必要な人数のカウンターパートが確保されたが、彼らは大学から必須講義ノルマを課されているため、依然としてプロジェクトに割ける時間が限られている。そこで、特に主要なカウンターパートについては、修士課程、博士課程につかせることでこの課題に対応した。これらの課程につけば、スタッフは、大学の講義ノルマを減免され、自分の研究テーマに集中できるからである。また、研究テーマをプロジェクトの提供素材（遺伝資源）にリンクさせれば、国内で入手不可能な素材を使った高等研究が出来、国際的にも通用しうる研究成果を、修士論文、博士論文にできるというインセンティブが働いたことで、事業を推進する大きな原動力ともなった。

- 各種課題を踏まえ、研究プロジェクトの妥当性・有効性・効率性・自立発展性・インパクトを高めるために実際に行った工夫。

2014年4月、JICA ベトナム事務所による「ゲアン省農業振興プログラム」が開始され、ベトナムで展開する JICA 関連の農林観光プロジェクトに協力要請がなされた。対象地のゲアン省は北部沿岸地域にあり、プロジェクトのターゲットである北部中山間地域とはかなり気候条件が異なるが、プロジェクト成果をベトナム全土に波及させるための一里塚となるため、ベトナム農大には可能な限り積極的に協力してもらった。その結果、中山間地域用に開発された有望系統のひとつを沿岸地域に導入、同地に適応した系統の作出に成功し、プロジェクト成果の全国展開に向けたプロトタイプが見事に構築された。また、ゲアン省の取り組みは、隣接するティンホア省やハティン省

にも展開可能なことから、広範な同地域における作物開発モデルが出来たことにもなる。更には、この過程で、地元ゲアン省の農業局に開発資金を拠出させることにも成功したことで、今後、ベトナム農大が地方政府出資の商品開発を行う上での重要なプロトタイプともなった。

- ・プロジェクトの自立発展性向上のために、今後相手国（研究機関・研究者）が取り組む必要のある事項。
 - 育種実験室と作物実験室を統合させた「日越共同植物研究センター（仮称）」の設立（2015年8月設立予定）。二つの実験室機能が統合されることで、地方政府や民間の種子会社など、研究・商品開発上の出資者にとり、より効率的・効果的かつ信頼性の高い研究メニューをオファーできる。
 - ベトナム農大の研究者（特にその4割を占める36歳以下の若手研究者）は、今後、農業省傘下のVAASなどとの競合に打ち勝ち、研究資金を獲得していかなければならないが、これは至難の業である。理由は、これらの若手研究者が、これまで、教育省を相手とした教育関連の少額研究資金にしか応募の経験がなく、資金調達能力が著しく欠如しているからである。そこで、ベトナム農大としては、若手研究者が、①各ドナーのテイストやポリシーに合わせて、農業・農村開発上のニーズに即した研究テーマを設定し、②研究資金申請手続きのノウハウを習得し、③機関をまたいだ研究開発事業を推進・実施でき、かつ、④行政・研究機関・民間セクターと連携しつつ、⑤各種知的財産権やパテントを設定しうる能力向上を図らなければならない（同趣旨の内容を盛り込んだ技術協力を日本政府に申請中とのことである）。

§8 結び

植物科学分野において、これまで沢山の顕著な基礎研究成果が日本で生まれ、農業や環境問題への応用が期待されてきた。実際、研究者自身も研究成果が社会に役立つと歌ったものの、実社会に還元するプロセスまで移行したものは少ない。植物研究分野においては、基礎研究と応用研究はこれまでかけ離れており、研究成果が直ぐに実社会に結びつくことはそう簡単ではなかった。その中でも、本プロジェクトでは、これまでの植物の基礎研究成果をイネの育種という手法で、実社会に還元する試みであったとも言える。特に日本のイネの基礎研究成果が、世界でもっとも重要な作物のイネの育種に応用され、実際にその成果も見えつつあり、これまでの日本のイネの基礎科学成果の意味と可能性を実証したともいえる。世界に目を向ければ、深刻な食糧問題があり、この問題軽減にむけて、植物科学がもつポテンシャルは大きい。また、日本の科学技術を通じた社会問題解決は、持続的でソフトな外交手段として意味があるかもしれない。今後、さらに日本の植物科学の成果が世界の食糧問題や環境問題解決の糸口になると信じたい。また、基礎研究と応用研究を橋渡しする人材は少なく、この分野の人材育成とそのポジションの確保を期待したい。

＜メンバーの集合写真、実験室や作製した主な研究設備のスナップ写真＞



九州大学を訪問したベトナム農大、
ベトナム教育訓練省、計画投資省
関係者（2011年10月）



ベトナム農大育種実験室（DNA分析室）

ベトナム農大育種実験室に設置
されたイルミナ・ビーズアレイ



ベトナム農大作物実験室（1階一般分析室）



ベトナム農大作物実験室（2階精密分析室）



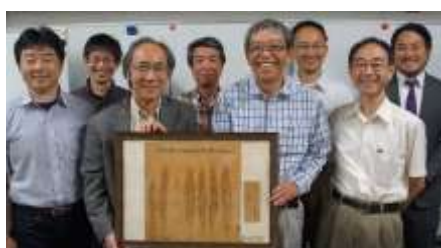
ベトナム農大に建設した育種交配室と網室



ベトナム農大に建設した作物研究用網室



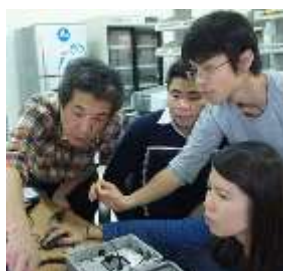
ソクチャン省に建設した育種支場



九大、名古屋大、愛媛大関係者集合写真
（2015年4月）



九州大学で短期研究中のベトナム農大研究員
（左端の2名）



ベトナム農大で実験機器稼働中の専門家
と農大研究員（2013年3月）



名古屋大学とベトナム農大研究員
@農大実験圃場（2013年6月）



ベトナム農大研究員に研修を施す
名古屋大学研究員（2013年6月）



名大研究員と共に実践研修する
ベトナム農大研究員（2013年6月）



九州大学育種学研究室スタッフ 従来種（右）と開発途上の有望系統（短期生育系統）
（2013年8月）



有望系統種子日本側からベトナム側に
正式移管（2013年8月）



ラオカイ省実験圃場で選抜作業をする
九大専門家（中央）（2014年5月）



ベトナム農大に貯蔵された膨大な遺伝資源



アジア作物学会会議（ベトナム農大開催）
で研究成果発表（2014年9月）



国際イネ会議でポスター発表する
ベトナム農大研究員（2014年11月）



開発した有望系統の栽培方法をラオカイ省の農家に
指導するベトナム農大スタッフ（2015年5月）



開発した有望系統を収穫するタイゲン省で農家
(2014年10月)

§9 PDMの変遷(該当する場合)

(当初PDMから終了までのすべての改訂PDMおよびPDM改訂経緯の解説)
M改訂経緯の解説)

表5A, B, Cに、当初PDM、改訂PDM (Version 1)、改訂PDM (Version 3)を示した。当初PDMからVersion1への変更は当初PDM作成時からの織り込み事項であり、2012年1月、プロジェクトが経過して1年が経ったので、オリジナル版では決まっていなかった数値目標を記入した。平成25年(2013年)のJST中間評価およびJICAの中間レビューにおいて、プロジェクトの進捗が良好であるので、成果指標の上方修正を中心にPDMの変更が検討され、平成25年12月4日に行われたJCC4において修正PDMが承認された(変更箇所を赤字で記載している)。

表5A. 当初PDM (Version 1)

上位目標	ベトナム北部中山間地域においてイネの新品種が普及され、食糧安全保障および持続的農村開発が促進される	
プロジェクト目標	ベトナム北部中山間地域の自然・社会経済環境に適した有望系統群開発のための、イネ育種システムが強化される	
	指標: 以下の形質を有したイネ新品種の有望系統の数(目標値: 少なくとも2つ~3つ)	
	a) 生育期間が XX日 短縮される(現在の平均的な生育期間は秋:100~110日間、春:115~125日間)	
	b) 収量が現在の生産量よりも XX% 増加する(実験圃場での測定値を比較する)	
成果1	c) 病虫害(白葉枯病とトビロウカ)に対する抵抗性を有している	
	大容量・高速ジェノタイピングによるイネ育種法が改善される	
	活動1	1-1 有用遺伝子の探索・同定を行う ⇒ 指標1-1: HUIAにおいて収集された遺伝資源の数(目標値: XX)
		1-2 大容量・高速ジェノタイピングを導入し、DNAマーカー選抜(MAS)の最適化を行う ⇒ 指標1-2: HUIAにおいて同定された有用遺伝子の数(目標値: XX)
1-3 メコンデルタ地域の高湿環境を利用して、効率的な世代促進を図る ⇒ 指標1-3: 大容量・高速ジェノタイピングに適用可能な遺伝子の数(目標値: XX)		
成果2	短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群が開発される	
	活動2	2-1 目標とする特性(短期生育・高収量・病虫害抵抗性)に関与する有用遺伝子を有する有望系統を開発する ⇒ 指標2-1: 開発されたイネ新品種育種のための有望系統群の数(目標値: XX個)
		2-2 有望系統に有用遺伝子を集積(ピラミディング)する ⇒ 指標2-2: ??
		2-3 有望系統群の形質調査を行う ⇒ 指標2-3: ??
成果3	イネ有望系統群の生理生態学的特性が明らかになる	
	活動3	3-1 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の生理的特性を検定する ⇒ 指標3-1: 実施された生理的特性の検定の数(目標値: XX)
		3-2 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の環境適応性試験を実施する ⇒ 指標3-2: 環境適応性試験が実施された有望系統の数(目標値: ??)
		3-3 有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報を取りまとめる ⇒ 指標3-3: 実施された栽培法の検定数(目標値: ??)、栽培指針づくり、教科書作り(ジャボニカ米の作り方?)

表 5B. 改訂 PDM (Version 2) 2012 年 1 月

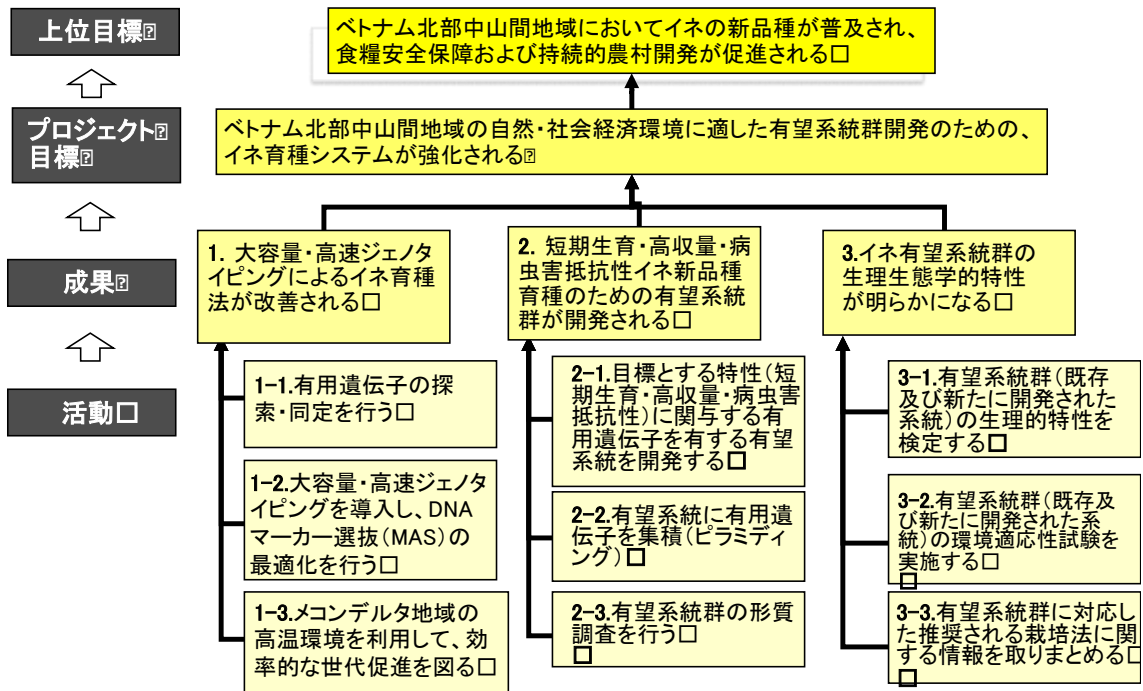
上位目標	ベトナム北部中山間地域においてイネの新品種が普及され、食糧安全保障および持続的農村開発が促進される	
プロジェクト目標	ベトナム北部中山間地域の自然・社会経済環境に適した有望系統群開発のための、イネ育種システムが強化される	
	指標: 以下の形質を有したイネ新品種の有望系統の数(目標値: 少なくとも2つ~3つ)	
	a) 生育期間が 10日 短縮される(現在の平均的な生育期間は秋:100~110日間、春:115~125日間) b) 収量がプロジェクト対象地(=中山間地域)の普及品種(チェック品種)よりも 5~10% 増加する ※実験農場での測定値を比較する c) 病虫害に対する抵抗性を有している(白葉枯病耐性 10系統 、トピロウシカ耐性 5系統)	
成果1	活動1	大容量・高速ジェノタイピングによるイネ育種法が改善される
		1-1 有用遺伝子の探索・同定を行う ⇒ 指標1-1: HUAにおいて収集された遺伝資源の数(目標値: 150個)
		1-2 大容量・高速ジェノタイピングを導入し、DNAマーカー選抜(MAS)の最適化を行う ⇒ 指標1-2: HUAにおいて検出された有用遺伝子の数(目標値: 20個)
		1-3 メコンデルタ地域の高温環境を利用して、効率的な世代促進を図る ⇒ 指標1-3: 大容量・高速ジェノタイピングに適用可能な遺伝子の数=世代促進回数(目標値: 年2~3回)及びメコンデルタにて栽培される植物体の数(目標値: 1,000個体/作期)
成果2	活動2	短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群が開発される
		2-1 目標とする特性(短期生育・高収量・病虫害抵抗性)に関与する有用遺伝子を有する有望系統を開発する ⇒ 指標2-1: 開発されたイネ新品種育種のための有望系統群の数(目標値: 単一有用遺伝子を有する系統で20系統)
		2-2 有望系統に有用遺伝子を集積(ピラミディング)する ⇒ 指標2-2: 集積された系統数(目標値: 30系統)
		2-3 有望系統群の形質調査を行う ⇒ 指標2-3: 被試験系統数(目標値: 100系統)
成果3	活動3	イネ有望系統群の生理生態学的特性が明らかになる
		3-1 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の生理的特性を検定する ⇒ 指標3-1: 生理的特性検定を実施した系統数(目標値: 10系統)
		3-2 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の環境適応性試験を実施する ⇒ 指標3-2: 環境適応性試験が実施された有望系統の数(目標値: 10系統)及び実施対象地の数(目標値: 3地域 =中山間地域並びに红河デルタ)
		3-3 有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報を取りまとめる ⇒ 指標3-3: 新たに開発された有望系統のために開発された栽培指針の数(目標値: 4種類)

表 5C. 改訂 PDM (Version 3) 2013 年 12 月

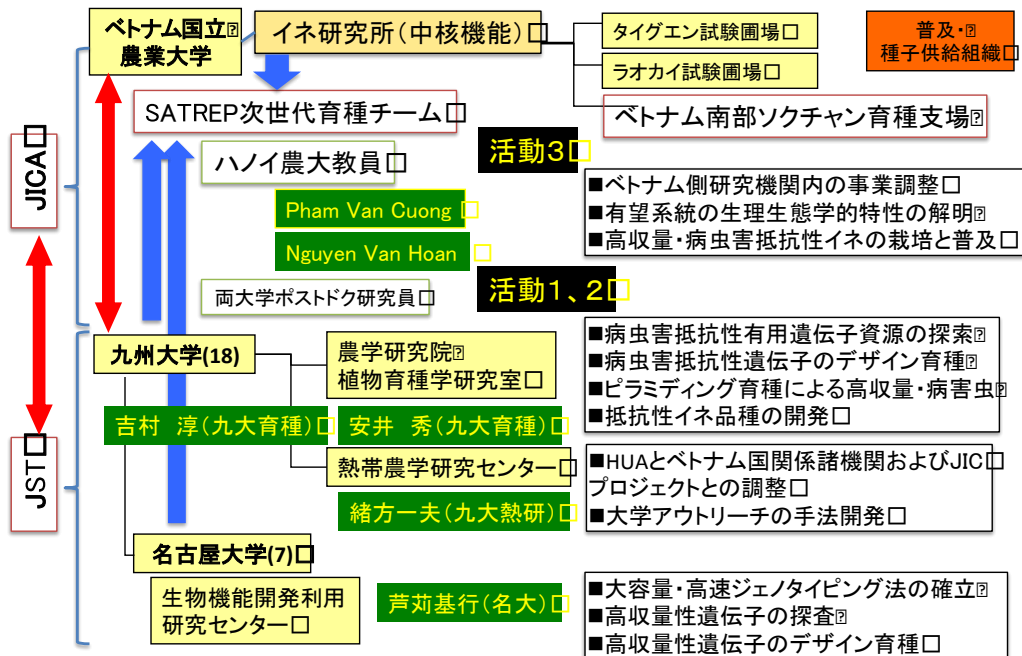
上位目標	ベトナム北部中山間地域においてイネの新品種が普及され、食糧安全保障および持続的農村開発が促進される	
プロジェクト目標	ベトナム北部中山間地域の自然・社会経済環境に適した有望系統群開発のための、イネ育種システムが強化される	
	指標: 以下の形質を有したイネ新品種の有望系統の数(目標値: 少なくとも2つ~3つ)	
	a) 生育期間が 10日 短縮される(現在の平均的な生育期間は秋:100~110日間、春:115~125日間) b) 収量がプロジェクト対象地(=中山間地域)の普及品種(チェック品種)よりも 5~10% 増加する ※実験農場での測定値を比較する c) 病虫害に対する抵抗性を有している(白葉枯病耐性10系統・トピロウシカ耐性5系統)	
成果1	活動1	大容量・高速ジェノタイピングによるイネ育種法が改善される
		1-1 有用遺伝子の探索・同定を行う ⇒ 指標1-1: HUAにおいて収集された遺伝資源の数(目標値: 160個 ⇒ 200系統)
		1-2 大容量・高速ジェノタイピングを導入し、DNAマーカー選抜(MAS)の最適化を行う ⇒ 指標1-2: HUAにおいて検出された有用遺伝子の数(目標値: 20個) ⇒ HUAにおいて検出された大容量・高速ジェノタイピングに適用可能な有用遺伝子の数 × 遺伝的背景(受容体)の数(目標値: 20個)
		1-3 メコンデルタ地域の高温環境を利用して、効率的な世代促進を図る (元の英文表現のみが誤解を与えるものだったので英文を訂正) ⇒ 指標1-3: 大容量・高速ジェノタイピングに適用可能な遺伝子の数=世代促進回数(目標値: 年2~3回)及びメコンデルタにて栽培される植物体の数(目標値: 1,000個体/作期) ⇒ 1-3-1: 世代促進した系統総数(960系統)、 1-3-2: ソクチャンにて栽培された系統総数(目標値: 96系統/年)
成果2	活動2	短期生育・高収量・病虫害抵抗性イネ新品種育種のための有望系統群が開発される
		2-1 目標とする特性(短期生育・高収量・病虫害抵抗性)に関与する有用遺伝子を有する有望系統を開発する ⇒ 指標2-1: 開発されたイネ新品種育種のための有望系統群の数(目標値: 単一有用遺伝子を有する系統で20系統) ⇒ 開発された単一有用遺伝子搭載有望系統数(目標値: 20系統)
		2-2 有望系統に有用遺伝子を集積(ピラミディング)する ⇒ 指標2-2: 集積された系統数(目標値: 30系統) ⇒ 開発された集積有用遺伝子搭載系統数(目標値: 30系統)
		2-3 有望系統群の形質調査を行う ⇒ 指標2-3: 被試験系統数(目標値: 100系統 ⇒ 180系統)
成果3	活動3	イネ有望系統群の生理生態学的特性が明らかになる
		3-1 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の生理的特性を検定する ⇒ 指標3-1: 生理的特性検定を実施した系統数 (目標値: 10系統) (元の英文表記を一部変更したのみ)
		3-2 有望系統群(既存及び新たに開発された系統)の環境適応性試験を実施する ⇒ 指標3-2: 環境適応性試験が実施された有望系統の数(目標値: 10系統)及び実施対象地の数(目標値: 3地域 =中山間地域並びに红河デルタ)
		3-3 有望系統群に対応した推奨される栽培法に関する情報を取りまとめる ⇒ 指標3-3: 新たに開発された有望系統のために開発された栽培指針の数(目標値: 4種類)

プロジェクトアウトライン

プロジェクト開始: 2011年1月



付図 1. 「ベトナム北部中山間地域に適応した作物品種開発」プロジェクト (Project for the Development of Crop Genotypes for the Midlands and Mountain Areas of North Vietnam: DCGV) のアウトライン



付図 2. DCGV の研究体制

付表 1A. 活動項目 1 における成果目標値の進捗

活動項目		期間全体の 目標値	期間全体の 目標値	H22 H23	H24	H25	H26	H27	累積数	期間全体の 目標値に対 する進捗度	年度計画に対 する進捗度(自 己評価)
活動1-1	有用遺伝子の探索・同定	HUAにおいて収集された 遺伝資源の系統数	150→200系統	186	2	2	-	48	238	119%	A
活動1-2	大容量・高速ジェノタイピング の導入とDNAマーカー選抜 (MAS)の最適化	大容量・高速ジェノタイ ピングに適用可能な有用遺 伝子の数(対象遺伝子数 ×遺伝的背景)	20遺伝子 (ハイスループ ットに限定)	0	18	7	7	-	32	>100%	S
活動1-3	メコンデルタ地域の高温環境 を利用した効率的な世代促進 の実施	年間に促進した世代数と 総系統数	960系統 (2回/年/5年間)	358	432	432	144	-	1366	>100%	S
		SocTranでの育成系統数	96系統/年	186	288	288	144	-	906	>100%	S

付表 1B. 活動項目 2 における成果目標値の進捗

活動項目		期間全体の目 標値	期間全体の目 標値	H22 H23	H24	H25	H26	H27	累積数	期間全体の 目標値に対 する進捗度	年度計画に対 する進捗度(自 己評価)
活動2-1	有用遺伝子(短期生育・高収 量・病虫害抵抗性)が単独で 導入された有望系統の開発	単一有用遺伝子 系統の数	20系統	0	0	17	3	-	20	100%	S
活動2-2	有望系統に有用遺伝子が集 積(ピラミディング)された有望 系統の開発	有用遺伝子集積 系統数	30系統	1	0	8	7	16	32	>100%	S
活動2-3	有望系統群の形質調査	検定系統数	100→160系統	113	8	0	19	22	162	>100%	A

付表 1C. 活動項目 3 における成果目標値の進捗

活動項目		期間全体の 目標値	期間全体の 目標値	H22 H23	H24	H25	H26	H27	累積数	期間全体の 目標値に対 する進捗度	年度計画に対 する進捗度(自 己評価)
活動3-1	有望系統群(既存及び新たに 開発された系統)の生理的特 性を検定する	実施された生理的 特性検定の系統数	10系統	3	3	5	6	-	17	170%	S
活動3-2	有望系統群(既存及び新たに 開発された系統)の環境適応 性試験を実施する	環境適応性試験が 実施された有望系 統の数と試験地の 数	10系統;3試験地	5	5	5	6	-	21	210%	S
活動3-3	有望系統群に対応した推奨さ れる栽培法に関する情報を取り まとめる	有望系統の栽培指 針の数	4編の栽培指針書(開 発した有望系統を用い て、対象地域2カ所にお いて栽培指針を作成)	-	-	-	4	-	2	150%	S

付表 2-1. VNUA に移管した有望系統
(KD18 の遺伝的背景)

	有用遺伝子	遺伝的背景	移管年
1	<i>Gn1</i>	KD18	2013
2	<i>Gn1</i>	KD18	2013
3	<i>Gn1</i>	KD18	2013
4	<i>WFP1</i>	KD18	2013
5	<i>WFP1</i>	KD18	2013
6	<i>WFP1</i>	KD18	2013
7	<i>Xa7</i>	KD18	2014
8	<i>Xa7</i>	KD18	2014
9	<i>Xa7</i>	KD18	2014
10	<i>Xa7</i>	KD18	2014
11	<i>Xa7</i>	KD18	2014
12	<i>Xa7</i>	KD18	2014
13	<i>Xa21</i>	KD18	2014
14	<i>Xa21</i>	KD18	2014
15	<i>Xa21</i>	KD18	2014
16	<i>Bph25</i>	KD18	2015
17	<i>Bph25</i>	KD18	2015
18	<i>Bph26</i>	KD18	2015
19	<i>Bph26</i>	KD18	2015
20	<i>Ovc</i>	KD18	2015
21	<i>Ovc</i>	KD18	2015
22	<i>qOVA 1-3</i>	KD18	2015
23	<i>qOVA 5-1, 5-2</i>	KD18	2015
24	<i>qOVA 5-1, 5-2</i>	KD18	2015
25	EML1-1	KD18	2015
26	EML1-2	KD18	2015
27	EML1-3	KD18	2015
28	EML2	KD18	2015
29	<i>Gn1 + Xa7</i>	KD18	2015
30	<i>Gn1 + Xa7</i>	KD18	2015
31	<i>Gn1 + Xa7</i>	KD18	2015
32	<i>Gn1 + Xa21</i>	KD18	2015
33	<i>Gn1 + Bph25</i>	KD18	2015
34	<i>Gn1 + Ovc</i>	KD18	2015
35	<i>WFP1 + Xa21</i>	KD18	2015
36	<i>WFP1 + Xa21</i>	KD18	2015
37	<i>Xa7 + Xa21</i>	KD18	2015
38	<i>Xa7 + Xa21</i>	KD18	2015
39	<i>Xa7 + Ovc</i>	KD18	2015
40	<i>Xa7 + Ovc</i>	KD18	2015
41	<i>Xa21 + Ovc</i>	KD18	2015
42	<i>Bph25 + Ovc</i>	KD18	2015
43	<i>Bph25 + Ovc</i>	KD18	2015
44	<i>Ovc + qOVA 5-1, 5-2</i>	KD18	2015
45	<i>Xa7 + Bph25</i>	KD18	2015
46	<i>Xa7 + Bph25</i>	KD18	2015
47	EML1 + <i>Xa7</i>	KD18	2015
48	EML1 + <i>Xa7</i>	KD18	2015
49	EML2 + <i>Gn1</i>	KD18	2015
50	EML2 + <i>Gn1</i>	KD18	2015
51	EML2 + <i>Gn1</i>	KD18	2015
52	EML2 + <i>Xa21</i>	KD18	2015
53	EML2 + <i>Xa21</i>	KD18	2015
54	EML2 + <i>Xa21</i>	KD18	2015
55	EML2 + <i>Xa21</i>	KD18	2015
56	<i>Gn1 + WFP1</i>	KD18	2015
57	<i>Gn1 + WFP1</i>	KD18	2015
58	EML1 + <i>Gn1</i>	KD18	2015
59	EML1 + <i>Gn1</i>	KD18	2015
60	EML1 + <i>Gn1</i>	KD18	2015

付表 2-2. VNUA に移管した有望系統
(IR24 の遺伝的背景)

	有用遺伝子	遺伝的背景	移管年
1	<i>WFP1</i>	IR24	2015
2	<i>Xa7</i>	IR24	2015
3	<i>Xa21</i>	IR24	2015
4	<i>Xa21</i>	IR24	2015
5	<i>Bph25</i>	IR24	2015
6	<i>Bph25</i>	IR24	2015
7	<i>Bph26</i>	IR24	2015
8	<i>Bph26</i>	IR24	2015
9	<i>Ovc</i>	IR24	2015
10	<i>Ovc</i>	IR24	2015
11	<i>qOVA 1-3</i>	IR24	2015
12	<i>qOVA 5-1, 5-2</i>	IR24	2015
13	<i>Bph25 + Bph26</i>	IR24	2015
14	<i>Bph25 + Bph26</i>	IR24	2015
15	<i>Bph25 + Ovc</i>	IR24	2015
16	<i>Xa7 + WFP1</i>	IR24	2015
17	<i>Xa7 + WFP1</i>	IR24	2015
18	<i>Xa7 + Xa21</i>	IR24	2015
19	<i>Xa7 + Xa21</i>	IR24	2015
20	<i>Xa7 + Bph25</i>	IR24	2015
21	<i>Xa7 + Bph26</i>	IR24	2015
22	<i>Xa7 + Bph26</i>	IR24	2015
23	<i>Xa7 + Ovc</i>	IR24	2015
24	<i>Xa21 + WFP1</i>	IR24	2015
25	<i>Xa21 + Bph25</i>	IR24	2015
26	<i>Xa21 + Bph25</i>	IR24	2015
27	<i>Xa21 + Bph26</i>	IR24	2015
28	<i>Xa21 + Ovc</i>	IR24	2015
29	<i>Xa21 + Ovc</i>	IR24	2015
30	<i>Xa21 + qOVA 5-1, 5-2</i>	IR24	2015
31	<i>Xa21 + qOVA 5-1, 5-2</i>	IR24	2015
32	<i>Xa21 + Ovc + qOVA 5-1, 5-2</i>	IR24	2015

付表 3. マーカー選抜に用いた SSR マーカーのプライマー情報

Gene	Recurrent parent polymorphic to donors	Locus_ID	Remark (Q_id)	forward (5'-3')	reverse (5'-3')
XA7	KD18	RM20580	Q789	CGTCACTTCACCAGCCTGTAGCC	GTCCATCAATGCCCATCCATCC
		RM20619	Q1677	TTGACAAGAGATCAAGGCGG	GTGAATGTTGAGCTGCATGG
XA21	KD18, IR24		MTXa21_1	CCGTTGTTTTTCTCTATCGCTTATG	GAAAGTTTTCAAATTTGACCTCAC
BPH25	KD18	RM19241	Q1601	CACTAGGGCTGCCAGATT	GGATTAACGCATATAACGTCAT
		RM19409	Q1614	TAGGGCAATTGTGCAAGTGG	TTGGGAATTGGGTAGGACAG
	IR24	Q1601	CACTAGGGCTGCCAGATT	GGATTAACGCATATAACGTCAT	
	RM19341	RM190	CTTTGTCTATCTCAAGACAC	TTGCAGATGTTCTTCCTGATG	
BPH26	KD18	RM28419	Q1989	GGCTAGCCAGGTCTTGGAGAGG	CACCATGAGCTCCTTGTAGTAGCC
		RM28494	Q834	ATCGTGAACACCTCCATGACAGC	ACCTACAAGGTCGCTCGCTACATCC
	IR24	RM28380	RM309	GTAGATCACGCACCTTTCTGG	AGAAGGCCTCCGGTGAAG
	RM28493	Q703	CTTACGGCAGAGGAATCCAAC	TAGCAAGACTGGAGGAGACGCC	
OVC	KD18, IR24	RM19494	Q157	CAGGTAATAGTCATACTCCT	GGAAACTAGATTAGCTCATA
		KD18, IR24	ssovc3	GTGCTACTCTCTCTCGAACA	CCCCAATAGTTCTTCCTCT
	KD18	RM19621	RM276	CTCAACGTTGACACCTCGTG	TCCTCCATCGAGCAGTATCA
qOVA1-3	KD18	RM19556	Q755	CTCAACGTTGACACCTCGTG	TCCTCCATCGAGCAGTATCA
		RM11928	Q854	TAAACCAGATCATGCCCTCATCC	AGCAGTAACGGTTGGTACTTGG
qOVA5-1,5-2	KD18	RM12275	Q1210	AAGTTGAAGCAGTCGCCAAC	GAATTGCGTGGGATATGGAC
		RM18405	Q861	GATCGAACCAGCGCCTTTATCC	GGTGGAGGAGGAAGCAACACC
	KD18	RM18598	Q1557	GTTTGGGAAGGAGGAATG	AAGTAGAAACGGCCAACAC
	KD18	RM18829	Q1568	GGCCACATGTCAGTTACAC	CCCACCAGCCTCACTTACTG
Gn1a	KD18	RM5423	-	TCCCCTTGACAGCTAGGTAGG	CACTGATCTGATGCAACTGTTGG
WFP	KD18, IR24	RM3634	-	TTTCCGGTCTCTCGCTAAGTTGC	AACCTCGTATCGGCCTGTAAGC
		RM5493	-	GCGGTAACAACCAACCAACC	AAAGCAGGACACAGTCACACAGG

付表 4. 44,000 SNP アレイスクリーニングに供した親品種のリスト

品種名	有用農業形質	有用農業遺伝子名
ADR52	虫害抵抗性: トビイロウンカ	<i>Bph25, Bph26, Xa7</i>
ARC10313	虫害抵抗性: ツマグロヨコバイ	
Asominori	虫害抵抗性: セジロウンカ	<i>Ovc</i>
ASU	耐冷性	
Azucena	乾燥抵抗性: イネ深根性	
Basmati217		
Basmati370IRRI		
Basmati370KN		
DV85	虫害抵抗性: ツマグロヨコバイ	<i>Grh2, Grh4</i>
Fukuhibiki		
IR24		
IRBB21	病害抵抗性: イネ白葉枯病	<i>Xa21</i>
IRBB451221	病害抵抗性: イネ白葉枯病	<i>Xa4, Xa5, Xa12, Xa21</i>
Kandang18		
KinandanPatong	乾燥抵抗性: イネ深根性	<i>Dro1</i>
Kinmaze		
Koshihikari		<i>GW5</i>
Kuchum	耐冷性	
LO1050		
Mizuhochikara		
Nipponbare		
PakheDhan	耐冷性	
Senshou	病害抵抗性: イネいもち病	<i>pi21</i>
Silewah	耐冷性	
ST1		
ST12	収量性向上	<i>WFP, Gn1a</i>
ST6	収量性向上	<i>Gn1a</i>
T65BPH2021	虫害抵抗性: トビイロウンカ	<i>Bph25, Bph26</i>
T65GRH246	虫害抵抗性: ツマグロヨコバイ	<i>Grh2, Grh4, Grh6</i>
Taichung 65		
TAL214		
TSC3		
V103S		

付表 5. 有用農業形質遺伝子リスト

No.	遺伝子名	遺伝子ID (IRGSP 1.0)	遺伝子の位置			引用論文
			Chr.	From	To	
1	<i>WFP</i>	Os08g0509600	8	25,274,541	25,278,696	Miura <i>et al.</i> (2010)
2	<i>Gn1a</i>	Os01g0197700	1	5,270,449	5,275,585	Ashikari <i>et al.</i> (2005)
3	<i>APO1</i>	Os06g0665400	6	27,480,082	27,481,450	Ikeda-Kawakatsu <i>et al.</i> (2009)
4	<i>Xa21</i>	Os11g0559200	11	20,802,978	20,806,262	Lee <i>et al.</i> (2009)、Song <i>et al.</i> (1995)
5	<i>pi21</i>	Os04g0401000	4	19,835,206	19,836,892	Fukuoka <i>et al.</i> (2009)
6	<i>GS3</i>	Os03t0407400	3	16,729,501	16,735,109	Fan <i>et al.</i> (2009)、Mao <i>et al.</i> (2010)
7	<i>Grh2a</i>	Os11g0606400	11	23,403,454	23,407,183	九州大学 (2007)
8	<i>Grh2b</i>	Os11g0606500	11	23,409,062	23,413,029	九州大学 (2007)
9	<i>Grh4</i>	Os03g0379801	3	15,016,948	15,023,305	Brar <i>et al.</i> (2009)
10	<i>Grh6</i>	Os04g0166000	4	4,485,000	4,490,101	Brar <i>et al.</i> (2009)
11	<i>GW2</i>	Os02g0244100	2	8,120,821	8,121,387	Song <i>et al.</i> (2007)
12	<i>GW5/qSW5</i>	Os05g0187500	5	5,360,574	5,360,727	Shomura <i>et al.</i> (2008)、Weng <i>et al.</i> (2008)
13	<i>Xa4</i>	QTL	11			Sun <i>et al.</i> (2003)
14	<i>Xa7</i>	QTL	6			Porter <i>et al.</i> (2003)、Zhang <i>et al.</i> (2009)
15	<i>Ovc</i>	QTL	6			Yamasaki <i>et al.</i> (2003)
16	<i>Bph25</i>	QTL	6			Myint <i>et al.</i> (2011)
17	<i>Bph26</i>	QTL	12			Myint <i>et al.</i> (2011)

2012 年においては WFP から Grh 6 までの 10 遺伝子を対象とした。

付表 6. 144 SNPs 選抜カスタム SNP アレイの SNP リスト

No.	SNP	Chr.	locus ¹⁾	5'-側配列	遺伝子型	3'-側配列	ADT Score
1	id1004143_Gn1a	1	5,101,767	TGATGATGATGATCA	[T/C]	GTCAGATTATTTCA	0.746
2	id1004146_Gn1a	1	5,112,154	CTCTCTCAACGAGGA	[T/C]	GGACGGCTAACAGCG	0.941
3	id1004157_Gn1a	1	5,130,286	CTTCTTGCATGACA	[T/C]	GGTAGTTACAACCTTA	0.841
4	id1004169_Gn1a	1	5,136,425	GTTTCATCCATCCGTT	[T/C]	CTTCGTTCCGTTCCCG	0.891
5	id1004195_Gn1a	1	5,219,850	GGAGATGAAGCGATC	[T/G]	GACAAAAATGAATGT	0.981
6	id1004198_Gn1a	1	5,220,589	TTCATGGCTTTATC	[A/G]	ATAAATTTGTAGCA	0.962
7	id1004220_Gn1a	1	5,264,642	AGTCAGATTGGCTGC	[T/C]	TAGCACAGTAGTATG	0.813
8	id1004223_Gn1a	1	5,290,075	CCTGTTGGGACAGCA	[C/G]	ATAAATCTGTTGAAGT	0.971
9	id1004230_Gn1a	1	5,317,048	CAAACCTAATTGTCTT	[A/C]	GAAAACAGTGCATAC	0.992
10	id1004280_Gn1a	1	5,415,191	ACTTGCACAATGTTG	[T/C]	ACATGCAAAATCTTT	0.861
11	id1004310_Gn1a	1	5,438,204	TTAGTAGGCCTTCCA	[A/G]	TTGCAATGGAGTCAA	0.820
12	id1004319_Gn1a	1	5,442,863	CGAGTCACTGCACCG	[A/C]	ACGGGCCTCGCTTC	0.663
13	id3007436_Grh4	3	14,904,428	TTTCTGAGTCCATTA	[A/G]	AGGAGCATAAAATTA	0.943
14	id3007478_Grh4	3	14,927,178	TGAGAAATGTAACAA	[A/C]	GATTGTAAAGAGAGAA	0.835
15	id3007491_Grh4	3	14,932,671	TACAGCGCCCAAAAT	[T/C]	TAATGGTCCAAACAA	0.952
16	id3007514_Grh4	3	14,939,223	TCTGGTGATGAATCT	[A/G]	ACATATTCATGGAA	0.923
17	id3007521_Grh4	3	14,990,404	TGCATTGTCATGTA	[C/G]	TCCTGCCAGATAAAG	0.935
18	id3007541_Grh4	3	15,001,183	GAAGGCATGCATACT	[A/G]	ACTGACACCACCCGG	0.848
19	id3007554_Grh4	3	15,021,478	CACTACCCTTGCACT	[T/C]	GGTTCTACTGGTAA	0.908
20	id3007590_Grh4	3	15,073,143	TGCCTTGAATCACAA	[T/C]	CATAGCCTTTGCCTT	0.774
21	id3007595_Grh4	3	15,074,046	GATAAGTGCATTGCA	[T/C]	GTCTTCGCCGGAAAG	0.968
22	id3007613_Grh4	3	15,106,953	TTTCTTCTCTTAAT	[A/C]	GGAGCCATTTTCGAGC	0.989
23	GS3_FNP	3	16,733,441	TGCTCCAGATGCTG	[A/C]	AGAGAGTAAGCCAGC	0.601
24	id4001743_Grh6	4	4,290,544	TCAGTTCAGCCCAAC	[A/T]	CCTGGATAACGTGAG	0.965
25	id4001782_Grh6	4	4,320,037	TTCTCCTTGGAGTAT	[C/G]	TCTCACATTCCTTGT	0.941
26	id4001836_Grh6	4	4,411,950	TTAACTGCATCGCTA	[T/C]	TGTGTGCTTTAGAAC	0.936
27	id4001850_Grh6	4	4,414,154	GATCACATACAGGTT	[T/G]	ACCACTGGTTGAATT	0.862
28	id4001882_Grh6	4	4,457,978	CAGTTAATTGAGTGC	[A/C]	ATTGTGCTACGCCAT	0.949
29	id4001924_Grh6	4	4,559,723	TATTCAGATCTAGAA	[A/C]	ATGCAAACCCCTGGCC	0.908
30	id4001925_Grh6	4	4,560,201	CTACCTAAGATCGCC	[A/G]	ATTGCTATCAACAGA	0.906
31	id4001932_Grh6	4	4,572,050	ATCTTGTGTTTCGC	[T/G]	AGCAAAAACATGTGTC	0.885
32	id4001943_Grh6	4	4,599,886	ACGGGCAAAATATCA	[A/G]	CTGTATGGCACCTGC	0.852
33	id4001961_Grh6	4	4,647,693	GACGAACCGTGGAGC	[A/G]	ACAGAAATTTGTTTT	0.935
34	pi21_21bp	4	19,836,044	GTCTGGCCGCCGCCG	— ²⁾	GCCGACGCCGCCGCC	0.275
35	id6015484_APO1	6	27,304,018	GTTTTGAGCGTCCAG	[A/G]	TGTTAGCCGATGACT	0.750
36	id6015493_APO1	6	27,326,725	GACATTGGTGACGAG	[T/C]	TCTAGACTAGTGTCT	0.671
37	id6015516_APO1	6	27,368,248	TTTCAGGAACCGTGA	[T/C]	TGCAAAATTCATAGA	0.975
38	id6015552_APO1	6	27,388,507	GATGCCACAAGTGT	[A/T]	ACTGGAATGCTGGAT	0.834
39	id6015583_APO1	6	27,430,065	CTCTCTCTCTTTCAG	[A/G]	TAGATGGTCAAGCTC	0.882
40	id6015600_APO1	6	27,438,624	TGGCACATCTCTTTC	[T/G]	CAAAGAATGATAAAT	0.904
41	APO1_CarG	6	27,484,571	CCTATACCTAGCTGC	[T/G]	CGCCCTCTTCTCTCA	0.978
No.	SNP	Chr.	locus ¹⁾	5'-側配列	遺伝子型	3'-側配列	ADT Score
42	id6015647_APO1	6	27,498,819	CGAGTAGCCTGCAGC	[T/C]	AGCTGTCTTGATATG	0.973
43	id6015657_APO1	6	27,526,542	TGATGATGATGATGATGA	[A/T]	CGAGCTGAAGTTAGG	0.937
44	id6015658_APO1	6	27,526,729	ATTTGGTTTGTTCAG	[T/C]	AGCTAAAACCTGGGA	0.885
45	id8006910_WFP	8	25,064,471	AACATGTAATAAAT	[A/T]	CCTCGCAATGAACA	0.903
46	id8006925_WFP	8	25,208,014	TTTTCAACAAGAATGTC	[A/G]	ATCCGGCGTAGGCT	0.928
47	id8006929_WFP	8	25,212,176	GGAGGATTAGGCGGA	[T/C]	ACGTCTGACTTTGAG	0.911
48	ud8001680_WFP	8	25,215,378	GATTTGAGAGCACCG	[T/G]	AGAAGTTGTTTGAAC	0.923
49	id8006932_WFP	8	25,250,624	TTCTCAGAGCTAACA	[A/C]	GTACAATGGCCACAT	0.985
50	id8006936_WFP	8	25,268,880	TCCTACGACAGGAAT	[A/G]	AGCGACACAGGCACA	0.887
51	id8006944_WFP	8	25,320,080	CATTCTCGGCCAAAA	[A/G]	TATTGCACATGTGAG	0.990
52	id8006950_WFP	8	25,343,868	CAAGAAATTTGTTAA	[A/C]	AAATACTAAAACACA	0.899
53	ud8001687_WFP	8	25,347,136	AGCAGCAGGTTTGT	[T/C]	GAAGGAACTTTGTAT	0.986
54	id8006960_WFP	8	25,402,234	GTAGACTGCATAGT	[A/G]	CTAACGTGCTGCAGT	0.958
55	id11007790_Xa21	11	20,651,397	CATCGTCGGCCTTCC	[A/G]	TCGATTTCCAAGCTG	0.645
56	id11007792_Xa21	11	20,673,987	CGAGTGATGCCTCCA	[A/G]	AAAGAGACTTCGAGA	0.933
57	id11007828_Xa21	11	20,750,201	ATCTTTGGAAATGCA	[A/G]	TGCTGAGCCAATCCG	0.743
58	id11007840_Xa21	11	20,777,287	TTGCAATCACTTGAC	[T/C]	TGTCAATGAACCGTA	0.953
59	ud11001154_Xa21	11	20,835,460	TTGGAGATGCTCTTA	[A/G]	CTTTACCAGTAGTGG	0.619
60	id11007859_Xa21	11	20,859,953	TTGCCGGGTGATCTC	[T/C]	GCGAAGCCCAAAGAT	0.789
61	id11007860_Xa21	11	20,860,748	GTTGAGAGCTTCTC	[A/G]	ATAGAAATTTGGGAGG	0.927
62	id11007864_Xa21	11	20,862,224	CCATCGCTCTTTTGC	[T/C]	TGAAACAGGTGCACT	0.917
63	id11007868_Xa21	11	20,895,902	GTCATTTTCGGTTAA	[A/T]	TCCAGTTCACATCAT	0.758
64	id11008998_Grh2	11	23,231,248	GCTGCTCGATGAGCC	[A/G]	ACCAATCACGTCGAT	0.613
65	id11009027_Grh2	11	23,293,979	GGTAGCAACCATGGT	[C/G]	GGTCAGCGGATCTGG	0.734
66	id11009037_Grh2	11	23,296,409	AGATCAACGTTGGAGG	[A/C]	TGATCTGGTAAACAC	0.966
67	ud11001387_Grh2	11	23,361,505	TTGCTGCACTGACCG	[A/T]	AAACGCAAGGGAGAA	0.684
68	id11009061_Grh2	11	23,423,678	AGCTGAAGCTACTGC	[A/G]	TTTTGCGGCACCTGT	0.969
69	id11009108_Grh2	11	23,556,480	CAACATGTTTGTCTC	[T/C]	TTCTGCAATCTTTG	0.933
70	id11009115_Grh2	11	23,557,428	CAACAAAATGGCTGA	[T/C]	AAGTTCAGATCAACA	0.993
71	id11009128_Grh2	11	23,560,913	GCTAAGTCTTTTTTA	[T/C]	GAGAAAAATCTCCAA	0.954
72	wd11003083_Grh2	11	23,607,373	CAGCGTCTGTTTGT	[T/G]	ATTTACCCGTAATTGG	0.942
73	id5002665_qSW5	5	5,241,736	TCAATGTTTTCTGAT	[T/C]	TTCAGGCTCAAGGAC	0.940
74	id5002706_qSW5	5	5,339,085	AGATTGCTGTGACA	[T/C]	TGATGTTGTGAATTT	0.872
75	id5002709_qSW5	5	5,341,385	TGTTGCTTGAATTC	[A/T]	CCTCTGCCACGGGA	0.899
76	id5002721_qSW5	5	5,364,311	ACACTGTCCTTTTTT	[T/G]	ATCGCTGCGTCCAAT	0.865
77	id5002751_qSW5	5	5,396,755	ATAACAGAAAGTGCA	[C/G]	TCATTTGTCGATTGAG	0.926
78	id5002758_qSW5	5	5,425,895	ATGCCAGAGGCTTGT	[A/G]	GATTATGCATCGAGA	0.989
79	id5002762_qSW5	5	5,427,770	TTTTAGCATTTTCCA	[C/G]	CATAATGGAATCATG	0.842
80	id5002776_qSW5	5	5,441,846	GAAGTTCAGAGCTTT	[T/C]	TCTCTCTGCTACAA	0.943
81	id5002786_qSW5	5	5,445,097	CAAATGTTTCTTGCC	[A/G]	AGGCACTACTTGT	0.937
82	id5002870_qSW5	5	5,537,852	GAGTTGAGTACGTTA	[T/C]	GAGCGCATGCGTTTT	0.923

(つづく)

No.	SNP	Chr.	locus ¹⁾	5'-側配列	遺伝子型	3'-側配列	ADT Score
83	id6003357_Ovc	6	4,737,177	GCAGGACAACAACCTT	[A/G]	TGCTACAGAGGAAGA	0.926
84	id6003359_Ovc	6	4,739,040	AGATGCCCTTTGTGAA	[T/G]	TACCATTGTGTATATG	0.857
85	id6003373_Ovc	6	4,757,948	GTTCTTTTTCTAGAT	[A/G]	CTCGAACTGGTTGAT	0.901
86	id6003378_Ovc	6	4,795,998	CGAGCTCTCGCTTAC	[A/T]	ACTGCTCTTGGATGG	0.952
87	id6003402_Ovc	6	4,870,556	TGCCGCCCTAGAGTG	[A/T]	TAGGAAACGCATTGTC	0.888
88	id6003408_Ovc	6	4,892,296	TTCTCTTCATGTTT	[A/G]	GCAAAACAAAGGATCA	0.987
89	id6003417_Ovc	6	4,926,766	CACTGCTGTAACAAC	[A/T]	GAGCATGGGTTTTGTC	0.981
90	id6003422_Ovc	6	4,930,358	ACTCAAGCAATCACC	[A/G]	TCGCAGCAAGCTCCT	0.903
91	id6003451_Ovc	6	5,018,433	CACAACCTGCGGTCC	[A/G]	TGTCGTTCGCCGGCA	0.515
92	id6003462_Ovc	6	5,036,025	TATTAGAAATGTTCA	[T/G]	CATCAATCATCAGCA	0.914
93	wd6003381_xa4	11	27,822,819	AAGCTAATACGAGTA	[T/C]	TGGATTTACAAGAAT	0.925
94	id6016097_xa4	11	27,823,925	GAAAGCGAGGAACC	[A/G]	GCAAAACATCTTAAG	0.878
95	id6016103_xa4	11	27,824,960	AAATTGACCTGTTTG	[T/C]	AGAGCTAAATCTACC	0.811
96	id6016114_xa4	11	27,995,372	TGGCATCTACCGTAC	[A/G]	TAAAGGACCGATGTC	0.951
97	id6016119_xa4	11	27,996,731	GACGCCATGTTGTAT	[A/T]	CGCCATTTTTGTGTA	0.938
98	id6016123_xa4	11	28,002,867	ACAGACTCTGATGTA	[T/C]	ACGGCCACTTGGCCA	0.908
99	id6016128_xa4	11	28,006,481	TCGACTACATCAACA	[A/G]	TTGGAAGTGACTTCC	0.905
100	id11011159_xa4	11	28,130,150	CGCGGTGTTCTCCG	[T/C]	ATGCTACCTTAAGAT	0.891
101	GW2_FNP	2	8,117,287	TGTCCATTCTGCAAA	[-/A]	CTCCAGTTTATGCTG	0.759
102	GW2_FNP2	2	8,146,287	AATACAAGCATCAAA	[-/A]	CAACATGAAAAACCA	0.786
103	id6000872_Bph25b	6	1,223,928	CTAAAAGAAGGAAAC	[A/G]	TCATCCCGTGAACCT	0.910
104	wd6000042_Bph25b	6	1,349,980	GCGAATCTTGACAGC	[A/T]	ATTCGGTGGCGATCT	0.849
105	id6000898_Bph25b	6	1,372,731	TGGAGAAGTTTGTA	[A/G]	TCACACGATACAATA	0.921
106	id6000911_Bph25b	6	1,378,891	ATGGAAGCAGAGTTT	[A/G]	GTCTGAAACCGAGAA	0.872
107	ud6000066_Bph25b	6	1,506,224	GCTGAAAAGGCCAAC	[T/C]	ATTTGGGCATTTTTG	0.720
108	id6001087_Bph25b	6	1,509,884	GAAACTGGAATGAA	[T/C]	AAGGCATTGTTGACT	0.989
109	id6001128_Bph25b	6	1,529,726	TTTTCGCATTTATCG	[T/C]	GCTTGATTTTATCT	0.823
110	id6001137_Bph25b	6	1,532,149	TTTTCTCGCTTAAGTG	[T/C]	CACAATTTTGGGCCA	0.939
111	id6001154_Bph25b	6	1,586,456	CCACGAGATCTTCAA	[A/G]	TTCAGTGAGACTTTG	0.838
112	id6001160_Bph25b	6	1,587,473	TGGAGGAAATATCGG	[C/G]	TTGCTTTCATCCTTG	0.905
113	id6001181_Bph25b	6	1,594,975	GTAATAATTTCTTGA	[A/T]	ACAAAAGTTCGCCCT	0.988
114	id6000221_Bph25a	6	382,564	TTTCATCCCGCAGAT	[A/G]	TTTGGCAGTGGTTAT	0.830
115	id6000253_Bph25a	6	395,890	CTGGAGCACCGTGTA	[C/G]	ATAGAGAGAACT	0.955
116	id6000261_Bph25a	6	404,442	ACAGGCGCAACATGA	[A/G]	GATCAGTTACTCCAG	0.995
117	id6000297_Bph25a	6	422,147	TGCATGACTTAAAGTT	[T/C]	TTTGAGGCAATTTCT	0.981
118	id6000302_Bph25a	6	454,048	GAAAATCATGTCCAC	[T/C]	ATTATTGCAATTAT	0.909
119	id6000375_Bph25a	6	632,264	AGAGAGCTGTAAAG	[T/C]	ATCTTCAGCAGCATC	0.950
120	id6000383_Bph25a	6	638,510	CACCTAGTTTCTCCC	[A/G]	TAATATTGTCTTCTT	0.723
121	id6000405_Bph25a	6	647,869	TCATGCACTTTGCT	[T/G]	CTGGTTCACTGTTTC	0.969
122	id6000439_Bph25a	6	662,221	GTCTGCCTTCTTCA	[T/C]	GCTGGTTCCATACAA	0.682
123	id6000450_Bph25a	6	678,983	AAATGATCGCACATG	[A/C]	ATGCTTCAAGTTTC	0.977
124	ud6000023_Bph25a	6	701,439	TGCAACCAGTGTTCC	[A/T]	GTCAGTGAAGACAAC	0.947
No.	SNP	Chr.	locus ¹⁾	5'-側配列	遺伝子型	3'-側配列	ADT Score
125	id6016394_Xa7	6	28,796,789	CGTAACAATTTGACA	[T/C]	AAGCAGTGAACCTAC	0.922
126	id6016397_Xa7	6	28,800,531	TTGCATCAACTCCCA	[A/G]	AAATTCGTTGCAAAA	0.921
127	id6016411_Xa7	6	28,871,380	CACGCAACTGTTTAG	[T/C]	GGTTATCCAGAAGAT	0.923
128	id6016413_Xa7	6	28,873,249	TAGGGATAGCTCCAG	[T/C]	AACGTTGTGTGCCA	0.903
129	id6016416_Xa7	6	28,879,041	GTTGACTTCTGGAGA	[T/G]	GGCAGCTAATTACGA	0.939
130	id6016451_Xa7	6	28,999,672	AGGAAGAAGAAGCTA	[A/G]	ATTGTGACGTTGGTT	0.892
131	ud6001214_Xa7	6	29,000,232	ATTTGATGGACGTT	[T/C]	GTATATGTACGTACT	0.874
132	id12007669_Bph26	12	22,607,871	TGGGCCTGGTGTAAT	[T/C]	GGGTTCCAAGAGGAC	0.823
133	id12007674_Bph26	12	22,608,992	TTGCCATAGTCGCAA	[T/C]	CATTGTGGCAGCTAA	0.894
134	id12007682_Bph26	12	22,657,878	TACATAACCACACGA	[A/G]	ATGGTGTCTGTAGT	0.969
135	id12007697_Bph26	12	22,731,762	CTTCATACACATATA	[C/G]	TGCAGGCATTTCTTT	0.812
136	id12007704_Bph26	12	22,770,407	TTTAGATGCCATTTT	[A/T]	ATTTCAAGCAGACAA	0.858
137	id12007923_Bph26	12	23,201,780	CCGCAATTTCTAGG	[A/T]	CAATGGCCACGCGTA	0.893
138	ud12001373_Bph26	12	23,236,850	AATTCTCCTACGACG	[A/G]	AGTCTACTCGTGTG	0.947
139	id12007944_Bph26	12	23,241,905	GCTACTACGATTCA	[A/G]	GTTCTCAACAGATAA	0.922
140	id12007948_Bph26	12	23,265,437	GAAATCATCATTTCT	[T/G]	GTGTATGTGCTTCTT	0.952
141	id12007974_Bph26	12	23,271,214	AAAACTCTGTGAGGA	[C/G]	AACAAGATTCTGTGAC	0.937
142	id12007996_Bph26	12	23,290,179	GACACGCTTCAACTG	[A/C]	AGTATGCTCAGTGAC	0.913
143	id12008013_Bph26	12	23,318,374	CAAGTACCAGGGCCT	[T/C]	GGGAACGACTTCATC	0.844
144	id12008041_Bph26	12	23,340,348	TATTGTAAAGCGAAT	[T/C]	CTGGCTAAGAAGAAT	0.773

- 1) 位置情報は IRGSP 1.0 に基づく
- 2) *pi2l_21bp* の遺伝子型 : [-/CTGCCGAGCCGCCGCCGCCG

研究課題名	ベトナム北部中山間地域に適応した作物品種開発プロジェクト
研究代表者名 (所属機関)	吉村 淳(九州大学大学院 農学研究院 教授)
研究期間	平成22年採択 (平成22年12月－27年3月)
相手国名/主要 研究機関	ベトナム /ベトナム国立農業大学

付随的成果

日本政府、社会、 産業への貢献	<ul style="list-style-type: none"> ■ゲノム情報を駆使し、農業資材低投入型イネ新品種への取り組みを示すことで、ベトナム等、東南アジアにおける日本のプレゼンス強化 ■アジアを中心とした他地域へのイネ新品種および育種技術の普及
科学技術の発展	<ul style="list-style-type: none"> ■本プロジェクトで進めたマーカー選抜育種はこれまで日本で度々提案されてきた育種技術であるが、日本国内において実際に品種育成に利用された例は殆ど無い。本プロジェクトでは、マーカー選抜育種が実施されて実際に品種が作出され、マーカー選抜が育種を推進するスタンダードな技術としてより発展させることができた。また、選抜技術をさらに改良していくことで、汎用性の高い技術を生み出すことにつながり、広く世界に認められものと期待される。
知財の獲得、国際 標準化の推進、生 物資源へのアクセ ス等	<ul style="list-style-type: none"> ■本プロジェクトで作出した有望系統群とその候補個体は、ベトナム側と共有する予定である。これらは、ベトナム国ばかりでなく、広くASEAN諸国やアフリカにおいても利用可能で、我が国が保有するイネのバイオリソースとして誇りうるものとなり得る。
世界で活躍できる 日本人人材の育 成	<ul style="list-style-type: none"> ■国際プロジェクトを実体験することで、日本人学生の英語力強化や国際性の醸成を図ることができた。具体的には、大学院生派遣(計7名、延べ11名)、専門家派遣(計13名、延べ103名)、が参画した。
技術及び人的ネット ワークの構築	<ul style="list-style-type: none"> ■両国の本プロジェクト関係者は協働を通して、人的ネットワークはさらに強化された。一例として、構築されたネットワークを基盤に、文科省グローバル人材育成事業の一環として、学部学生対象のインターンシップ型プログラムを作成、実施した。
成果物(提言書、 論文、プログラム 、マニュアル、デ ータなど)	<ul style="list-style-type: none"> ■科学論文、総計46編(国内28編、国外14編) ■ベトナム農民向けガイドライン栽培指針6編、ならびに各種マニュアルを作成した。

上位目標

ベトナム北部中山間地域においてイネの新品種が普及され、食糧安全保障及び持続的農村開発が促進される

プロジェクト目標

ベトナム北部中山間地域の自然・社会経済環境に適した有望系統開発のための、イネ育種システムが強化される
 指標: 以下の形質を有したイネ新品種の有望系統の数(目標値: 少なくとも2つ～3つ)
 a) 生育期間が10日程短縮される(現在の平均的な生育期間は秋: 100～110日間、春: 115～125日間)
 b) 収量が現在の生産量よりも5～10%増加する(タイグエンおよびラオカイの実験圃場での測定値を比較する)
 c) 病虫害(白葉枯病とトビイロウンカ)抵抗性を有する系統を育成する

