

国際科学技術共同研究推進事業
地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム (SATREPS)

研究領域「生物資源の持続可能な生産と利用に資する研究」

研究課題名「ミャンマーにおけるイネゲノム育種システム強化」

採択年度：平成 29 年度（2017 年）/研究期間：6 年/

相手国名：ミャンマー

終了報告書

国際共同研究期間^{*1}

平成 30 年 5 月 3 日から令和 6 年 5 月 2 日まで

JST 側研究期間^{*2}

平成 29 年 6 月 1 日から令和 6 年 3 月 31 日まで
(正式契約移行日 平成 30 (2018) 年 4 月 2 日)

*1 R/D に基づいた協力期間 (JICA ナレッジサイト等参照)

*2 開始日=暫定契約開始日、終了日=JST との正式契約に定めた年度末

研究代表者：吉村 淳

九州大学・特任教授

・国際共同研究の内容（公開）

1. 当初の研究計画に対する進捗状況（公開）

(1) 研究の主なスケジュール

研究題目・活動	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	2021年度	2022年度	2023年度
	(10ヶ月)					(12ヶ月)	(12ヶ月)
1. 研究題目[1]							
DNAマーカー利用による稲ゲノム育種システムの構築	← 緑矢印 →						
[1]-1: 戻し交配と大容量ジェノタイピング法の適用	← 黒矢印 → 効率的育種システムの確立						
[1]-2: 有用遺伝子の探索・同定・解析	← 緑矢印 → 育種情報の蓄積(結果を学術論文、報告書等で公表)						
[1]-3: ミャンマー遺伝資源の評価と利用	← 緑矢印 → 遺伝資源関連情報の蓄積(結果を学術論文、報告書等で公表)						
2. 研究題目[2]							
ミャンマーの自然・社会環境条件に適応した有望系統の開発と評価	← 黒矢印 → 各種交配組合せでBC2F2世代まで素早く育成して個体選抜を行い、次代から系統選抜を実施						
[2]-1: Rainfed lowlandに適応した有望系統の開発	← 黒矢印 → 同上						
[2]-2: Uplandに適応した有望系統の開発	← 黒矢印 → 同上						
[2]-3: 有望系統の評価	← 赤矢印 → 評価施設の設置、有望系統の選抜						
3. 研究題目[3]							
品種化に向けた有望系統群の現地適応性試験の新展開	← 黒矢印 →						
[3]-1: ミャンマー各地における作出有望系統の評価	← 赤矢印 → 4.5年目に品種登録を計画						
[3]-2: ミャンマー各地における現有有望系統の評価	← 青矢印 → 同上						

赤矢印：コロナ禍で研究活動[2]-3、[3]-1の活動開始が遅れた（2021年度年次実施計画書作成時）
 青矢印：コロナ禍に加え、政変により、研究活動[2]-3、[3]-1の活動開始が遅れた（2022年2月）。
 緑矢印：プロジェクトの1年延長により、研究活動期間を変更した（2022年7月）。

(2) 中間評価での指摘事項への対応

中間評価（2020年3月時点）で受けた主な指摘やプロジェクト後半における期待は以下のようなものであった。

1. ミャンマー稲作現場と一部の研究に乖離、課題解決型研究の要望
2. コロナ禍とクーデターに伴い、研究計画や運営体制の見直し

3. 体制の整備の改善
4. 品種化の実現
5. ASEAN への波及の期待

1 に関しては、2020 年 3 月以降、日緬間の移動が著しく制限されたので、ミャンマー稲作現場の問題点を解決する基礎研究は限られたものとなった。このような状況においても、プロジェクト後半には、関係者の努力で、4 名の留学生を九州大学、佐賀大学、名古屋大学に長期研修員として迎えることができた。これらの留学生は現地ニーズにあった研究を展開しており、帰国後日本で学んだことが活かされることが期待できる。

2 に関しては、本報告の「1. 当初の研究計画に対する進捗状況 (3) プロジェクト開始時の構想からの変更点」に詳述したので、そちらを参照いただきたい。

3 に関しては、中間評価時点で DAR の組織再編があり、「改善方向にある」と認識する一方、プロジェクト後半には、機会を見て育種体制の整備に対する進言等を行う予定であったが、政変下では不可能と考え、活動を断念した。なお、現在、プロジェクト参画メンバーと留学中のメンバーで形成される研究体制はプロジェクト終了直後には維持されると聞いている。

4 はプロジェクト後半に最も注力した点である。本報告の研究題目[2]と[3]を参照いただきたい。

5 に関しては、政変以降は渡航や移動の制限だけでなく、ミャンマーでは集会等の制限も生じたので、活動を断念した。

(3) プロジェクト開始時の構想からの変更点(該当する場合)

本プロジェクトは、開始から 2019 年度まで(コロナ禍前まで)は計画通り順調に経過した。2020 年 3 月(中間評価時点)からのコロナ禍においても、2020 年度は育種材料の育成を抑制するなどの対応を取り、当初計画の範囲内で進行した。

しかし、2021 年度は、コロナ禍に加えて 2021 年 2 月に起こった政変により、ミャンマーでのプロジェクト運営は困難を極めたため、2021 年モンスーン作の栽培を中止した。また、プロジェクトの 1 年延長について関係者と協議し、1 年延長の方向で結論を得た。2022 年度は、コロナ禍および政変により活動は影響を受けたものの、2022 年乾期およびモンスーン期の栽培は変更した計画に従って行われた。

コロナ禍において、人の移動や物資の流動には大きな制限を受けた。2020 年 3 月(中間評価時点)から日本とミャンマーとの間の渡航が制限された。2020 年 4 月には碓井調整員が帰国し、現地プロジェクトサイトには日本人専門家が欠員となった。この状態は 2022 年 7 月(吉村出張)まで 2 年以上続いた。

この間、ミャンマー国籍の九州大学ポスドク Khin Thanda Win 氏が現地に滞在し、現地スタッフと協力して育種活動を進めたが、その活動は制限された。コロナ禍に加えて 2021 年 2 月に起こった政変とそれに伴う社会混乱のため、現地スタッフの減少等もあり、活動は大幅に縮減され、所期の計画変更が余儀なくされた。一方、政変以降懸案となっていたプロジェクトの延長に関しても、2022 年 8 月にコロナ禍と政変による遅延を考慮して、本プロジェクトの 1 年延長が認められた。これを機に 1 年延長とミャンマー情勢を考慮して 2022 年度と 2023 年度の活動計画の大幅な見直しを行った。

ミャンマーにおける本プロジェクトの目標と成果は大きく以下の 4 項目がある。

品種登録に向けた試験がなされ、非灌漑地域に適応した有力系統が育成される。

有望遺伝子を保持する多数の有望系統(中間母本)が作出される。

本プロジェクトを通して、同国の将来のイネ育種を行う場の強化やそれを担うことができる人材育成が行われ、イネ育種システムが構築される。

本プロジェクトから得られる知識や経験が同国ばかりでなく、ASEAN 地域に波及される。

2021 年度に研究題目[2]において品種登録に向けた有力候補系統作出に注力して活動を進めることとしたので、2022 年度と 2023 年度にも、成果 に向けた活動に注力し、成果 については、所期の成果は期待できないと思料したが、臨機応変に対応することとした。

それぞれの研究項目に関して軌道修正と変更を行った。変更計画を以下に示す。

(変更計画)

研究題目[1]では、2020 年度初期にシークエンス情報が得られたので、各形質の評価/GWAS (Genome Wide Association Study) /遺伝解析の実験を続ける (Table 1)。ただし、不服従運動等で担当者に欠員が生じたので、いくつかの形質で継続を断念した。また、政情不安定な中で分断が生じてプロジェクトの活性が落ちることが予想されたので、臨機応変に対応することとした。日本側の研究はこれまで順調に推移したが、2022 年度以降はプロジェクト終了を見据えた研究を展開する。

研究題目[2]では、2021 年度乾期に、PSH(Paw Sam Hmwe)と IMY (Inn Ma Yebaw)を遺伝的背景として早生、GN1、WFP、sd1 を導入した系統を育成して、さらなる選抜を行った。これらを品種登録に向けた有力候補として、[2]-3 の活動を開始する (Table 2)。

研究題目[3]では、2020 年度から上記 BC2F4 を用いて地方農場で収量比較予備試験を開始する予定であったが、コロナ禍で中止した。2021 年度以降は、コロナ禍の状況を把握しながら、生産力予備試験および本試験を開始する。また、研究題目[3]では、本プロジェクトで蓄積される技術やノウハウの波及が計画されているので、この点に関しての活動を進める (Table 3)。

2 . 目標の達成状況 (公開)

(1) プロジェクト全体

■ プロジェクト目標の達成状況とインパクト

本課題は、以下の研究題目[1]～[3]に、それぞれ 2、3 の小項目を掲げて実施する。相手国機関はミャンマー連邦共和国農業畜産灌漑省 農業研究局 (Department of Agricultural Research (以下、DAR))である。3 年目以降は、研究項目[3]において、ASEAN 稲ゲノム育種ネットワークの形成に向けて、品種・系統のゲノム情報やマーカー情報などのゲノム情報を扱うノウハウの移築や、研修・ワークショップ等を通して、ミャンマーばかりでなく広く ASEAN 地域を対象に育種ネットワークの礎となる人材育成の活動を開始する。以下に研究題目とそれぞれに対応する研究項目を示す。()は主要な実施機関を示し、その順序は責任の重みを示す。

[1] DNA マーカー利用による稲ゲノム育種システムの構築

- 1. 戻し交配と大容量ジェノタイピング法の適用 (九州大学、名古屋大学、DAR)
- 2. 有用遺伝子の探索・同定・解析 (名古屋大学、九州大学、DAR)
- 3. ミャンマー遺伝資源の評価と利用 (九州大学、名古屋大学、DAR)

[2] ミャンマーの自然・社会環境条件に適応した有望系統の開発と評価

- 1. Rainfed lowland に適応した有望系統の開発(九州大学、DAR、名古屋大学)
- 2. Upland に適応した有望系統の開発(九州大学、DAR、名古屋大学)
- 3. 有望系統の評価(DAR、九州大学、名古屋大学)

[3] 品種化に向けた有望系統群の現地適応性試験の新展開

- 1. ミャンマー各地における作出有望系統の評価(DAR、九州大学、名古屋大学)
- 2. ミャンマー各地における現有有望系統の評価(DAR、九州大学、名古屋大学)

本プロジェクトは2018年5月に国際共同研究を開始した。2020年3月からコロナ禍での活動となったため、人の移動や物資の流動が制限されたことにより、国内外ともにプロジェクト運営が制限されることとなった。一方、本プロジェクトの相手国ミャンマーにおいては、2021年2月1日に政変が起こり、政情不安定の状況は増す一方であった(2022年4月)。このような状況の中で、2021年度(令和3年度)からは、「**実施中 ODA 案件は継続。**しかし日本政府として暫定政権を正式に承認していない状況なので、ミャンマー政府ハイレベルとの接触は行わない」との政府方針に従い、週1回のプロジェクト技術会議をオンライン形式で開催し、現地プロジェクト活動の指示・支援と進捗把握を行った。また、政情不安定な状況であることから、JST、JICA本部、JICAヤンゴン事務所と日本側プロジェクト参画者からなる合同会議を月1回開催して、情報共有に努めた。2022年からは、「1. 当初の研究計画に対する進捗状況 (3) プロジェクト開始時の構想からの変更点」に記した大幅な変更計画に沿って、**品種登録に向けた育種活動に注力して現地活動を行った。**2022年度(令和4年度)には、ミャンマーへの渡航が緩和されたので、本プロジェクトの吉村(研究代表)は3回、碓井(調整員)は短期専門家として1回、短期滞在した。また、碓井(調整員)は2023年1月から2024年5月まで長期専門家として現地に滞在した。

以下に各研究題目小項目について成果目標の達成状況とそのインパクトについて概要する。プロジェクト開始からの研究題目[1]、[2]、[3]の計画と進捗を、それぞれ Table 1、Table 2、Table 3 に示した。Table 1、Table 2、Table 3 における取り消し線は活動を中止したことを、水色のハイライトは変更した計画を示す。

研究題目[1]-1 では、ミャンマー品種に有用農業形質を導入するため、研究題目[2]-1、-2 における世代促進および戻し交配の実験環境整備と同時に DNA マーカー選抜の研究基盤を構築する。本項目の成果目標の達成状況を測る指標は、「研究題目[2]-1、-2 における世代の進行度ならびに各世代の育成系統数」である。本プロジェクトでは、当初から、暗室利用ならびに暗幕被覆により短日処理を実施して、戻し交雑を進め(Fig. 1 および下の写真参照)、2020年モンスーン期までに BC2F4 に達し、滞りなく世代促進および個体/系統選抜を進めた(Fig. 1)。これは、本項目で確立した育種システムが当初の予定どおり効率よく進行したことの証左であると考えられる。ミャンマー国内での迅速な遺伝子型選抜のプラットフォームの構築は2019年度にほぼ終了した。使用する水田圃場の整備については、本田のコンクリート畦畔の整備とコンクリート短冊水田の設置であったが、予定の半分を整備して中止とした。

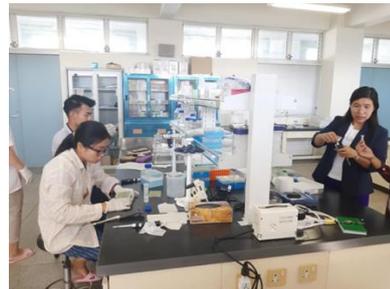
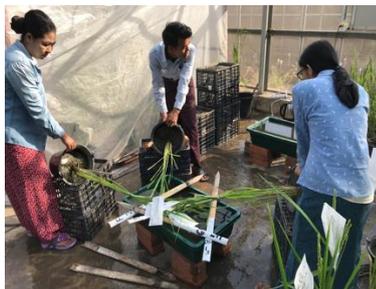


Table 1. Summary of activity and plan in Activity [1] in Myanmar.

Fiscal Year in Japan	Crop	Plant materials	Major activity / Plan	Remark
2018	2018MS	Core collection (CC), PSH, IMY and MSMKK etc.	> Uniformity check of CC > Trait evaluation of CC: HD > GBS of CC	
2019	2019DS1&2	CC	> Uniformity check > Trait evaluation of CC: HD > GBS of CC	
	2019MS	CC	> Uniformity check of CC > Sequencing of CC > Trait evaluation of CC: HD, AgT, SubT, SaIT	
2020	2020DS	CC & Others	> Sequencing of CC > Trait evaluation of CC: SubT, SaIT > Genetic analysis: HD	
	2020MS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: HD, AgT, SubT, SaIT, BBRes > Genetic analysis: HD > GWAS: HD	
2021	2021DS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: AgT, SubT, SaIT, BBRes > GWAS: AgT, SubT, SaIT, BBRes > Genetic analysis: HD, AgT, BBRes	> Writing papers
	2021MS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: SubT, SaIT, BBRes > GWAS: HD, AgT, SubT, SaIT, BBRes > Genetic analysis: HD, AgT, SubT, SaIT, BBRes	> Writing papers
2022	2022DS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: Other traits > GWAS: HD, AgT, SaIT, BBRes, other traits > Genetic analysis: HD	> Writing papers
	2022MS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: Other traits > GWAS: HD, AgT, SaIT, BBRes, other traits > Genetic analysis: HD	> Writing papers
2023	2023DS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: Other traits > GWAS: HD, AgT, SaIT, BBRes, other traits > Genetic analysis: HD	> Writing papers
	2023MS	CC & Others	> Trait evaluation of CC: Other traits > GWAS: HD, AgT, SaIT, BBRes, other traits > Genetic analysis: HD	> Writing papers

HD: Heading date
 AgT: Agronomical Traits
 SubT: Submergence Tolerance
 SaIT: Salinity Tolerance
 BBRes: Bacterial Leaf Bright Resistance

Table 2. Summary of breeding activity and plan in Activity [2].

Fiscal Year in Japan	Crop	Generation	Priority	Major activity / Plan
2018FY	2018DS	Original cross		> Original cross was done between 17 recipients and 20 donors having useful genes.
	2018MS	F1		> Backcross was done with two levels: Priority 1 for GN1 and WFP genes and Priority 2 (ordinary) for remaining genes.
2019FY	2019DS1&2	BC1F1	Priority 1	> 16 BC1F1 combinations were backcrossed again in March 2019 using recipients (RECP1, RECP14, RECP15 & RECP16) to obtain BC2F1 seeds. > The BC2F1 seeds were obtained in middle April 2019.
		BC1F1 / F1	Priority 2	> BC1F1 and F1 plants were backcrossed in May 2019 and the seeds were obtained in June 2019.
	2019DS3	BC2F1	Priority 1	> BC2F1 plants (RECP1, RECP14, RECP15 & RECP16 background) were grown in late April 2019 to generate BC2F2 seeds.
	2019MS	BC2F2 BC2F1	Priority 1	> BC2F2 plants were grown and the phenotypic selection and Bulk/MAS were done. > BC2F1 plants for RECP 1 were backcrossed again to obtain BC3F1 seeds.
		BC2F1 BC1F1 F1	Priority 2	> BC2F2 seeds were obtained. > BC1F1 and F1 plants were backcrossed and the backcrossed seeds were obtained.
2020FY	2020DS	BC2F3 BC3F1	Priority 1	> BC2F3 plants were grown and the phenotypic selection and MAS were done. > BC2F1 plants for RECP 1 were backcrossed again to obtain BC3F1 seeds.
		BC2F2 BC2F1 BC1F1 / F1	Priority 2	> Phenotypic selection and MAS were done in BC2F2. > BC2F2 seeds were obtained from BC2F1 plants in June 2020. > BC1F1 and F1 plants were backcrossed and the backcrossed seeds were obtained in May 2019.
	2020MS	BC3F4 / BC2F3 BC3F1	Priority 1	> BC2F4 and BC3F3 plants were grown and the phenotypic selection and MAS were done. > BC3F1 plants for RECP 1 were self-pollinated to obtain BC3F2 seeds.
		BC2F3 / BC2F2 etc.	Priority 2	> Phenotypic selection and MAS were done in BC2F3 and BC2F2.
2021FY	2021DS	BC2F5	Priority 1	> Candidate lines were evaluated in terms of their uniformity, fixation and yield and the most promising lines for varietal selection were decided. > For early eading lines which head in dry season were provided for preliminary yield trial.
	2021MS	BC2F6 BC3F2	Priority 1	> Candidate lines will be evaluated in terms of their uniformity, fixation and yield and the most promising lines for varietal selection will be decided. > Replicated yield trial of the most promising lines will be done.
		BC2F4 / BC2F3 etc.	Priority 2	> Phenotypic selection and MAS will be done in the segregating populations.
2022FY	2022DS	BC2F7	Priority 1	> The most promising lines for varietal registration were evaluated in line with the instruction of TSC.
	2022MS	BC2F8	Priority 1	> The most promising lines for varietal registration were evaluated in line with the instruction by TSC. > Various promissing lines were selected. > Replicated yield trial instructed by TSC will be done at DAR and Thegon. > Individual research activities were re-started.
2023FY	2023DS	BC2F9 / BC2F8	Priority 1	> Advanced yield trials instructed by TSC will be done at DAR, Myaungmya and Latpadan. > Various promissing lines will be continuously selected. > Individual research activities will be continued.
	2023MS	BC2F10 / BC2F9	Priority 1	> Advanced yield trials will be done at DAR, Myaungmya, Thegon and Latpadan. > Various promissing lines will be continuously selected. > Individual research activities will be continued. > Final documentation work will be done.

(Note) RECP1: Paw San Hmwe, RECP14: Inma Ye Baw (Thaegone), RECP15: Mote Soe Ma Kway Kyay (Aungban), RECP16: Mote Soe Ma Kway Kyay

PHS Phenotypic Selection
 MAS Marker Assisted Selection
 WGS Whole Genotype Selection
 PYT Preliminary Yield Trial
 RYT Replicated Yield Trial
 AYT Advanced Yield Trial

Table 3. Summary of activity and plan in Activity [3] in Myanmar side.

Fiscal Year in Japan	Crop	Plant materials	Major activity / Plan
2020	2020MS	Selected BC2F4 and BC2F3	
2021	2021DS	Progenies of the selected in 2020 MS	> PYT (Obsevation plots)
	2021MS	Progenies of the selected in 2020 MS	> PYT (Obsevation plots) > RYT (Obsevation plots)
2022	2022MS	Progenies of the selected in 2020 MS	> RYT (Obsevation plots)
2023	2023DS	Progenies of the selected in 2020 MS	> AYT (Obsevation plots)
	2023MS	Progenies of the selected in 2020 MS	> AYT (Obsevation plots)

PYT: Preliminary Yield Trial
 RYT: Replicated Yield Trial
 AYT: Advanced Yield Trial

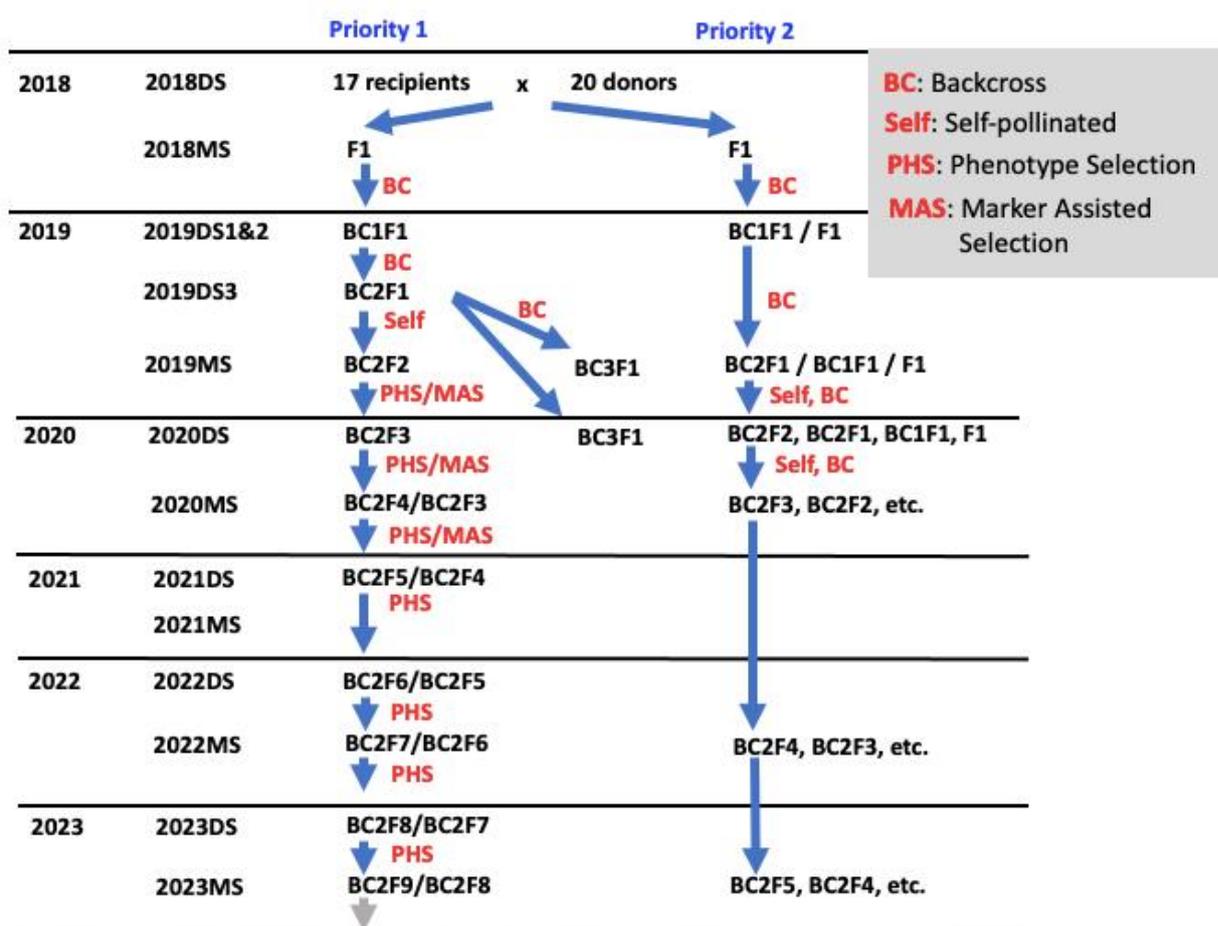


Fig. 1. Breeding scheme of the Project

[1]-2 では、品種開発の基盤となる知見ならびに新たな資源の開発のための基礎研究(遺伝解析、遺伝子

特性、機能解析等)を展開する。本項目の成果目標の達成状況を測る指標は、「論文、報告書等の数」である。名古屋大学および九州大学のメンバーは、これまでに計 41 件の原著論文を公表した(様式 2 参照)。特に、冠水耐性研究に関して、本研究で見いだした節間制御遺伝子 *ACE1* の成果は 2020 年 7 月に Nature 誌に掲載されるなど顕著な成果が得られた。2021 年度は、合計 7 報を公表し、日本側では着々と研究が進められた。ミャンマー側では、コロナ禍と政変により、育種活動に終始し、多くの研究活動を中止したことから進展はなかったが、日本留学中のメンバーが日本側との共同で 1 件公表、1 件投稿中、1 件投稿準備中の状況である(様式 2 参照)。

[1]-3 では、DAR の Seed Bank において、ミャンマーのイネコアコレクションとして選定されている約 500 品種(アクセッション)を対象に各種形質の調査を進めるとともに、全ゲノム解読と GWAS を行った。2019 年度までに、コアコレクションの均一性の検討と個体ごとの採種ならびに Genotyping By Sequencing (GBS) による DNA シークエンスを取得して、コアコレクションの分類を行った。その結果、ミャンマーのコアコレクションは、インディカ、アロマトイック、ジャポニカに相当する 3 つの分集団に分類された。この結果から、GWAS に供試する集団にはインディカに相当する分集団 (N=272) を対象とすることに定め、出穂期、農業・形態形質(粒大、千粒重、稈長、穂長等)、冠水耐性、耐塩性の評価を行った。2020 年度は、全ゲノム配列解読において、インディカ分集団 236 系統について日本晴ゲノムを参照配列としたゲノム解読が終了し、GWAS の解析基盤が整った。さらに、220 系統を対象に、DAR で行った形質調査結果と照合して、GWAS の予備的解析を行った。一方、インディカ分集団に属する在来品種 Inn Ma Yebaw (IMY) を参照配列とするため de novo 全ゲノム配列解読を進め、2020 年に IMY のアッセンブルがほぼ終了した。2021 年度、IMY のゲノム情報の利用を促進するために、アノテーション情報等の追加を行い、ウェブサイトを構築し、一般に公開されている。なお、de novo 全ゲノム配列解読の論文はこの 2023 年 5 月に投稿した。

2019 年から 2020 年までミャンマー側で行っていたプロジェクトメンバー(DAR 研究員)個々の個別研究については、2022 年度はモンスーン期に再開した(Table 1)。その内容は耐塩性(担当者: Aye Lae Lae Hlaing)、イネ白葉枯病抵抗性(担当者: Zin Thuzar Maung)、嫌気条件下での発芽性(担当者: San Marler)である。その他、出穂期(担当者: Moe Moe Hlaing (現在、九州大学博士課程に在籍))、メソコチルの伸長(担当者: Khin Thanda Win (現在、九州大学博士研究員))も個別研究を実施した。

以上、研究題目[1]-1 におけるミャンマーの研究基盤の整備はコロナ禍前にほぼ終了した。一方、研究題目[1]-2 および[1]-3 においては、2020 年以降は、コロナ禍と政変の影響を受けたが、2022 年にはミャンマー側においても個別研究を再開し、ミャンマーコアコレクションの形質評価とそれを基盤とした GWAS による解析を進めた。課題であったミャンマー側の論文公表については最終年度に論文投稿を進めた。日本側担当部分では、着々と研究を進められ、名古屋大学は世界的好評価の雑誌に掲載した。

研究題目[2]では、Rainfed lowland (天水水田作)を対象として選定した在来品種 Paw Sam Hmwe (PSH) と IMY ([2]-1)ならびに Upland を対象として選んだ Mote Soe Ma Kway Kyay (MSMKK) ([2]-2)を供試した。これらの 3 品種は、不良環境に適応し、食味等から人気が高い。そのため、本研究題目では、これらを受容親(遺伝的背景、戻し交雑反復親)として、研究題目[1]-1 で整備される戻し交雑法と DNA マーカー選抜を適用して、高収量性遺伝子や病害虫抵抗性遺伝子などの有用遺伝子を受容親に導入して有望系統群を作出する。これまでの本研究題目の活動概要と計画を Table 2 に示した。

2018 年 1 月から 2023 年 6 月まで、計 11 回の栽培を DAR で行った(Fig. 1)。2020 年度までは、研究題目[1]-1 で整備された世代促進法と戻し交雑を繰り返し、戻し交雑育種法を滞りなく進めた。戻し交雑第 1

代(BC1F1)種子を得るまで(2018年度)は多くの交配組合せを育成したが、2019年乾期作から行ったBC1F1植物の育成からは、育成材料をPriority 1とPriority 2に分けて戻し交雑を進めることとした(Fig. 1)。Priority 1の材料では、改良対象3品種(PSH、IMY、MSMKK)を受容親として、早生と高収量性を最優先の育種目標とした。早生は表現型により、高収量性はGN1とWFP遺伝子を表現型およびマーカーによる選抜を行った。一方、Priority 2では主としてMSMKKを受容親として他の有用遺伝子を導入対象とした。Priority 1の材料は、2019年4月までにBC2F1種子が得られ、同年4月～7月にBC2F1世代を養成して自殖種子(BC2F2種子)を採種した。2019年モンスーン期にBC2F2集団を育成して、マーカーによる対象遺伝子の遺伝子型調査や高収量性に着目した選抜を実施した。その結果、約200個体の個体選抜を行い、2020年乾期にBC2F3系統を育成した。なお、2020年乾期からPriority 1の材料については、育種材料の増加およびコロナ禍でのプロジェクトの規模縮減のため、PSHとIMYを受容親として早生と高収量性を育種目標とする育種材料を最優先とした。

2020年乾期では、PSHとIMYを受容親とするBC2F3系統において、早生、高収量性、半矮性等に関する有望系統・個体を選別した。これらの材料については、2020年乾期に示した形質を確認するために、2020年モンスーン期にもBC2F3系統を再度育成して選抜を進めた。また、2020年乾期に短日処理を行い、BC2F4種子を得た個体については、BC2F4系統を育成した。2020年モンスーン期(同年12月作付け終了)においては、品種登録に向かう有望系統素材を確立できた。また、病虫害抵抗性や冠水耐性等を育種目標とするPriority 2の材料については世代を進めた。

2021年度は、コロナ禍に加えて2021年2月1日に起こった政変により政情が不安定になり、その影響をDARも受けたので、育種対象を早生、高収量性、半矮性だけに絞り、乾期作のみに育種材料を栽培して、育種事業を展開した(Table 2)。2021年乾期作では、2020年モンスーン期作の選抜結果を基盤にして、育種材料を育成し、計144系統から59系統356個体を選抜した。その内訳は、PSH背景から31系統189個体、IMY背景から25系統167個体であった。これらのうち、PSH背景では23系統、IMY背景では15系統を対象に生産力予備試験と食味予備試験を実施した。最終的に選抜された有力候補系統は、PSHおよびIMYを遺伝的背景にした早生系統であり、それぞれ11系統と5系統を選別して、2022年乾期作に供試した。

2022年乾期作には(2022年2月2日播種)、2021年乾期作の成績をもとに、品種登録の対象になると思われるPSHおよびIMY背景の早生有望系統候補を、TSC(Technical Seed Committee)が求める調査項目に準拠した生産力検定試験を行った。その結果、早生有望系統候補は乾期における栽培が可能で、収量等の各種形質も育種目標を満たすものと確認した。2022年モンスーン期には(2022年7月20日播種)、2022年乾期作と同様の方針と結果をもとに、PSHおよびIMY背景の早生有望系統候補の生産力検定試験を行った。その結果、モンスーン期作に固定度や草型などの形質が不良の系統が観察されたので除外した。一方、選抜された系統には所期の育種目標を満たすものが含まれると判断した。

2023年乾期作には(2023年1月13日播種)、2022年乾期作とモンスーン期作の成績をもとに、品種登録対象の早生の有望系統をPSH背景から5系統とIMY背景から5系統選び、TSC(Technical Seed Committee)が求める調査項目に準拠した生産力検定本試験を兼ねた最終選抜を行った。YT2-10とIE27はRGBMの姉妹系統で、2022年モンスーン期作における性能が良かったので、それぞれRGBM106、RGBM107とし、生産力検定試験に加えた(Table 9)。供試したすべての系統は4月下旬から5月初旬に出穂し、系統内の揃いも良好であった。食味試験を含む前作までの成績と本作の成績から総合的に判断して、PSH背景からはRGBM5とRGBM7(半矮性)を、IMY背景からはRGBM106を品種登録の最有力候補とした。RGBM5は、反復親のPSHのような強感光性を持たないことを除いて、反復親と類似した農業形質を示した。RGBM7は有用遺伝子供与親由来の半矮性遺伝子(sd1)を有する系統で、非感光性で他の農業形質は反復親と類似していた。RGBM106は2022年モンスーン期作のYT2-10に由来し、非感光性で他の農業形質は反復親に似る(2022年モンスーン期

作)ことから最有力候補として選ばれた。

2023年モンスーン期作(2023年7月11日播種、8月2日移植)には、2023年乾期作に供試した系統にIMY背景の1系統(RGBM108)を加えて生産力検定本試験を実施した。供試系統すべてで、モンスーン期の早生は実現しており、各系統の固定度は充分であった。2023年は10月に強風に見舞われたため、供試系統の多くが倒伏した。PSH背景の候補系統(RGBM2、4、5、6、7)のうち、RGBM5と7を最有力系統としていたが、RGBM5は耐倒伏性が他に比べ弱いと判断されたため、**比較的倒伏の少なかったRGBM6をRGBM5に変えて最有力候補とすることにした**。なお、RGBM7は半矮性であることから、倒伏の害を受けなかったため、これまで通り最有力候補とした。一方、IMY背景における従来からの5系統(2022年モンスーン期作のRGBM101、104、105、106(22MS_YT2-10)、107(22MS_IE27))にRGBM108(22MS_IE18))を加えた6系統においては、早生は確認され、固定度も十分であった。RGBM106を最有力候補としていたが、耐倒伏性に難があったため、RGBM106に変えてRGBM105を最有力候補とした。全系統において、2023年モンスーン期作の収量は2022年モンスーン期作に比較すると低かった。

なお、品種登録の有力候補が絞られたので、系統のアイデンティティの確保のために各系統のGBS(Genotype by sequence)を行った。GBSには、2022年モンスーン期作に栽培したPSH背景8系統から60個体、IMY背景6系統から54個体の葉を採取して用いた。

以上、研究題目[2]では、2020年度以降コロナ禍と政情不安定であったため活動が制限されたが、最優先の育種対象を「PSHおよびIMYを遺伝的背景にした早生系統を作出する」として品種登録に向けた活動を行うことで対処した。2022年度は、コロナ禍も落ち着きを取り戻したので、乾期およびモンスーン期に有望候補系統の栽培が可能であった。候補系統は、「乾期およびモンスーン期に栽培が可能で、モンスーン期には栽培期間を短縮できる」を満し、「銘柄品種と同等の食味を有する系統を用いて二期作と多毛作の可能性を拓く」ことを期待できるものと判断した。これらの系統は2023年乾期から始まったTSCによる現地適応性試験に供試した。その結果、RGBM6、RGBM7、RGBM105の3有望系統を品種登録の対象とした。

研究題目[3]では、研究題目[2]で開発した有望系統群をミャンマーの様々な地点で現地適応性試験を行うとともに、SATREPS事業「ベトナム中山間地域に適応した作物品種開発(2011-2015年)」等で作出した既存の有望系統をミャンマーに持ち込み、現地適応性試験を実施する。

[3]-1では、[2]-1、[2]-2の有望系統候補を評価するので、2021年度まで実施しなかった。**2022年モンスーン期作には**、[2]-1、[2]-2で有望系統候補系統が最終段階に入ったので、モンスーン期にはテゴン地方農場にて、IMY背景の候補系統をTSCが求める調査項目に準拠した生産力検定試験を行った([3]-1の活動)。**IMY背景の候補系統は早生化により生育後期の乾燥を回避できたことから反復親のIMYより栽培安定性が高いことがわかった**。IMY有望系統の普及の地域として、テゴン地方農場はプロジェクト初期から地方農場として認定し、活動の場となっていたが、乾期における灌漑水不足や地方農場としての役割変更(稲作から野菜作へ)等に伴い、2023年からは現地適応性試験の試験地から除外された。

2023年乾期作および同年モンスーン期作において、TSCのガイドラインに沿った地方農場における現地適応性試験を実施した。TSCのガイドラインでは少なくとも2ヶ所以上の地方農場における適応性試験が義務付けられていることから、ミャウミヤ(Myauingmya)地方農場、ラパダン(Latpandan)地方農場、チャウセ(Kyaukse)地方農場の3ヶ所を選定した。いずれの地方農場においても有力候補系統は開花結実し、年に2回の作付けが可能であることが明らかになった。研究題目[2]の試験結果と3地方農場における乾期作および**モンスーン期作の試験成績を基にして**、2024年2月から4月に、**品種登録の是非がTSCおよびNSC(National Seed Committee)で諮られ**、RGBM6、RGBM7、RGBM105の**品種登録が認可された**。同時に、Plant Protection of a New Plant

Variety to Grant Plant Breeder's Right の会議において3品種の育成者権が認められた。

[3]-2 においては、2019 年度までに既存の有望系統を対象に、ミャンマー国内で現地適応性試験を実施し、2年分の出穂日、草丈、分けつ数、穂長、1穂粒数、1穂稔実粒、千粒重、プロット当収量等のデータを取得した。その結果、既存のベトナム SATREPS プロジェクトで育成した有望系統には対象品種を上回る系統は含まれなかった。

また、[3]-2 の枠組みで、本プロジェクトで使用する既存の系統や新たに作成する品種・系統のゲノム情報やマーカー情報、さらには本プロジェクトに関わる研修・ワークショップを計画していたが、**本プロジェクトに関わる研修・ワークショップ等については、2020 年以降コロナ禍と政変のため全面的に中止した。**

以上、研究題目[3]は 2019 年度までは予定通りに進行し、2020 年度以降は、コロナ禍の影響で活動が頓挫したが、2022 年度には研究題目[3]の活動を再開することができた。しかしながら、研修・ワークショップ等の波及活動はコロナ禍と政変で活動を行わなかった。2023 年度は報告書および実験マニュアルの作成を行った。最終年度には、品種登録に向けた活動が DAR ならびに 3 地方農場において実施され、RGBM6、RGBM7、RGBM105 の品種登録が完了した。

■ プロジェクト全体のねらい

我が国のイネ研究は基幹作物の育種と実験作物としての利用に大きく貢献してきたが、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おらず、かつ市場としてのアジアにおいても中国に席卷されつつある。しかしながら、例えば中国産のハイブリットイネは、アジア各地の固有の病虫害の変異には対応しておらず、しかも多量の窒素肥料の投入を必要とするなど、さまざまな問題を引き起こしている。ポストゲノム研究の進展とともに、高収量性ばかりでなく、病虫害抵抗性、環境適応性等の有用農業形質遺伝子が本プロジェクト関係者を含む研究者グループにおいて多数同定されており、ピラミディング(遺伝子集積)による育種素材の開発を目指した新たな安全で持続的なイネ育種事業展開が可能である。私達は、このような観点から、ベトナム等でピラミディング育種を展開してきた。成果は得られつつあるが、道半ばにあり、さらなる強化が必要である。

本プロジェクトの主対象国であるミャンマーでは多様な稲作が営なまれている。なかでも、本課題で主たる対象とする農業生態系は天水に頼りながら稲作を営む低地や畑地の非灌漑地域(ミャンマーのイネ作付面積の約 50%を占める)であり、ASEAN ばかりでなく世界各地に広く分布する農業生態系である。これまでは灌漑用水の整備された水田に適したイネの開発に終始した感があり、このような非灌漑地域に適したイネの開発は、手つかずの状態が残ったままである。本プロジェクトで対象とするミャンマー農村地域は、典型的なミャンマー地方農村部であり、そこに暮らす人々の生計向上を図ることはミャンマーにとっては喫緊の課題である。ミャンマーのように食料のほとんどを稲作に依存する地域では、イネ研究の成果が地域の安定と発展に直接に反映されうる。

以上の背景のもとで、本課題においては、北緯 9.5-28.5 度に位置し、大デルタ地帯や山岳地帯を有し、多様な稲作を営むミャンマーを「ASEAN のイネ育種の間」と位置づけ、その多様な農業生態系を利用して、様々な気候風土(自然・社会環境)に適したイネ品種・系統の開発とその環境適応性評価を展開するが、特に灌漑用水ではなく天水に依存する水田作と畑作に適したイネの開発を主目的とする。同時に、これまで日本で培われたゲノム育種技術を適用し、質の高い日本発の科学技術(品種・系統)の展開を図るのも目的の1つである。

■ 地球規模課題解決に資する重要性、科学技術・学術上の独創性・新規性

本プロジェクト申請時の 2017 年 10 月時点において、本プロジェクトで進めるマーカー選抜育種はこれまで日本ならびに世界で度々提案されてきた育種技術であるが、国内において実際に品種育成に利用された例は

少なかった。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開発され、マーカー選抜が育種を推進する一般的な技術としてより発展させる。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るものと期待した。

マーカー選抜法はゲノム配列解析を基盤とした方法を主として採用する。これは、まだ実際の育種においてはあまり採用されていない新しい方法であるので、科学技術の feasibility study としての意義は高い。

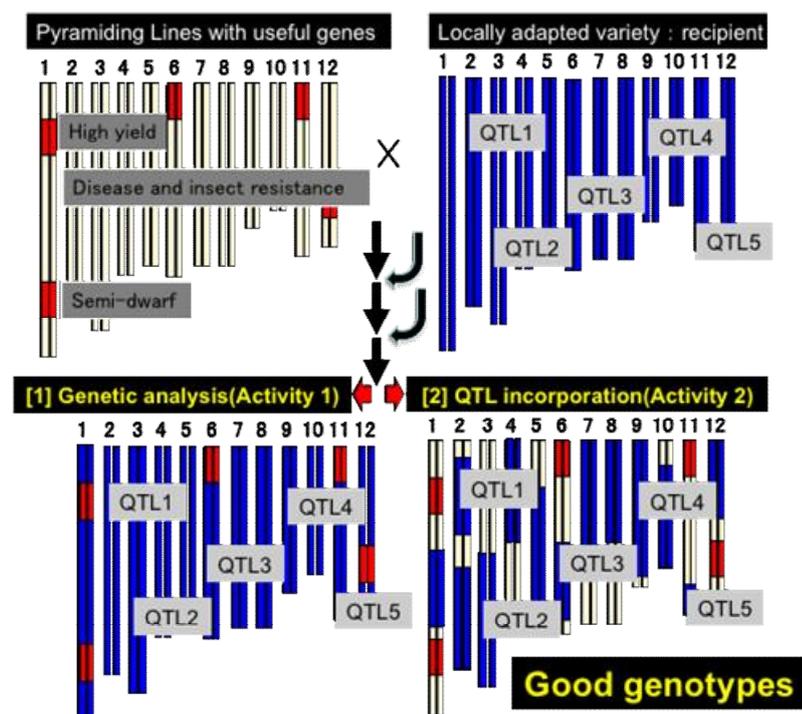


Fig. 2. Breeding strategy for defective environment.

さらに、従来の戻し交雑とマーカー選抜を併用した育種法は、Fig. 2 左上のグラフ遺伝子型のように、優秀な品種の遺伝的背景に有用遺伝子を付加することを迅速かつ効率的に行ってきたが、今回は研究題目[2]においてブラックボックスである不良環境適応性関連遺伝子や地域特異性の高い良食味関連遺伝子等については一時的にそのままにしておいて、これらの関連遺伝子群を残していく方法(Fig. 2 右下のグラフ遺伝子型)は独創性・新規性がある方法と考えている。同時に、研究題目[1] においては、研究題目[2]において作出される系統群を用いた解析が可能になる。

■ 研究運営体制、日本人人材の育成(若手、グローバル化対応)

日本側の研究運営体制

日本側は、九州大学の吉村、安井、山形、Khin Thanda Win、名古屋大学の芦苺、永井、古田(岡山大学へ転出)を中心にプロジェクトを実施している。プロジェクトに必要な専門的知識と経験が必要な場合には、適宜専門家を招聘している。2018年10月から、碓井哲郎氏がJICA業務調整員としてチームに参加し、ミャンマーのプロジェクト運営に尽力している。また、Enric Angeles氏(訪問研究員)は、定期的にミャンマーを訪れ、育種事業のアドバイスをを行った。

2020年度は、コロナ禍で碓井氏が4月に帰国した。吉村は2019年12月に長期滞在が終了し帰国したが、2020年3月まで3回渡緬したものの、2020年度はコロナ禍で渡緬できなかった。

2021年度は、引き続きコロナ禍におけるプロジェクト運営が強いられたが、2020年2月に起こった政変により、日本側プロジェクト関係者の移動が極端に制限された。

2022、2023年度も引き続きコロナ禍と政変下でのプロジェクト運営が強いられたが、ミャンマーへの渡航が緩和されたので、本プロジェクトの吉村(研究代表)は3回、碓井(調整員)は短期専門家として1回、短期滞在した。2023年1月からは碓井(調整員)が長期専門家として現地に滞在した。

ミャンマー側の研究運営体制

ミャンマー(DAR)における研究実施体制については、DAR局長 Dr. Naing Kyi Win (プロジェクトリーダー)の調整のもと、2018年1月から2021年1月までDAR内にRGBM(Rice Genomic Breeding in Myanmar)ユニットを整備し、総勢23名で試験・研究を行ってきた。この23名のうち、9名が3つのDAR支場(ミャウミャ地方農場、テゴン地方農場、アウンバン地方農場)から本プロジェクトに参画した。

2020年度は、2021年1月にDARが改組され、危惧していたプロジェクト終了後のイネ育種体制が整備されると喜んだものの、2月1日に起こったミャンマー国軍のクーデターとそれに対する市民の不服従運動(Civil Disobedience Movement: CDM)により政情が極めて不安定となったことから、RGBMの活動やメンバー構成等も大きな影響を受けた。2021年度も同様の事態が続いたが、2022年度には新たなメンバーが1名加わり、DAR内では、常時6名の研究員体制となった。

日本人人材の育成(若手、グローバル化対応)

2019年度は、九州大学大学院生1名および学部学生2名の研究教育活動に関して、計4回の派遣を実施した。このうち大学院生1名は「イネのトピロウカ抵抗性の遺伝解析」に関する研究成果を国内の関連集会で発表した。また2名の学部学生が本プロジェクトサイト(DAR)を訪問して研究題目[1]-1のマーカー選抜育種に参画したほか、このうち1名はベトナムにも派遣されて「イネの耐塩性に関する研究」を推進した。

2020年以降、コロナ禍に加え、政情不安定になったので、活動を停止した。

■ 人的支援の構築(留学生、研修等)

2020年から本SATREPSのJICA予算長期研修員枠や九州大学の留学生枠を利用して、日本の大学院への留学を開始した。2021年度以降、以下の5件を実施中である。

1. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである Ms. Moe Moe Hlaing が2019年10月より九州大学大学院博士後期課程(社会人枠)に在学中であるので、2021年度については遠隔通信により実験指導を行った。その後、2022年5月13日に来日し、九州大学博士後期課程にて「ミャンマー在来イネの出穂特性の遺伝解析」に関する博士論文研究に取り組んだ。これまでに大学院後期課程の中間発表会(2023年3月)を実施し、博士課程修了に必要な科目の単位修得をすすめた。また、日本育種学会第143回講演会(2023年3月18日)において、「季節変化に基づくミャンマー産イネ品種の日長応答性」の口頭発表を実施し、その成果について投稿論文の執筆を進めた。コロナ禍に起因した来日の遅れが原因となった対面、教育の損失期間に対応する履修期間の補充については九州大学の「長期履修制度」を適用し、博士課程における所定の履修期間(3年間)を確保し、2024年3月に博士課程を修了した。(九州大学の留学生枠)
2. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである Ms. Nang Moe Kham が2020年4月に九州大学大学院博士後期課程に入学し、11月17日より対面による実験指導に移行した。2021年度以降は、大学院後期課程にて、「ミャンマー在来イネのツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝解析」をテーマとして、博士論文研究に取り組んだ。これまでに大学院後期課程の中間発表会(2022年3月)を実施し、博士

課程修了に必要な科目の単位修得をすすめた。また、**日本育種学会第 143 回講演会（2023 年 3 月 18 日）**において、「**ミャンマーのインド型イネ品種を用いたツマグロヨコバイ抵抗性のゲノムワイドアソシエーション解析**」の**口頭発表**を実施し、その成果について原著論文を執筆して国際誌に投稿した。コロナ禍に起因した来日の遅れが原因となった対面教育の損失期間に対応する履修期間の補充については九州大学の「長期履修制度」を適用し、博士課程における所定の履修期間（3 年間）を確保し、2024 年 3 月に博士課程を修了した。（JICA 予算長期研修員枠）

3. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである **Mr. Saw Bo Day Shar** が、2020 年 4 月に鹿児島連合大学院博士後期課程（佐賀大学）に入学し、11 月 17 日より藤田大輔准教授の指導のもと、対面による実験指導に移行した。2021 年度以降は、大学院後期課程（佐賀大学）にて、「**イネのトビロウンカ抵抗性遺伝子に関する解析と育種利用**」をテーマとして、インド型イネ品種が保有するトビロウンカ抵抗性に関する遺伝・育種学的研究を通じて長期研修を実践した。これまでに大学院後期課程の中間発表会を 2 回（2021 年 2 月と 2021 年 12 月）実施し、博士課程修了に必要な科目の単位修得をすすめた。また、**日本育種学会第 16 回九州育種談話会（2021 年 11 月 27 日）**および**日本育種学会第 142 回講演会（2022 年 9 月 23 日）**において、「**日本型水稻品種「さがびより」の遺伝的背景をもつトビロウンカ抵抗性遺伝子に関する集積系統の育成と評価**」について**ポスターならびに口頭発表**を実施し、原著論文を執筆して国際誌（Breeding Science 誌）に投稿した。2023 年 6 月に掲載が決定して、2023 年 9 月に公表された（Saw Bo Day Shar *et al.*, 2023）。コロナ禍に起因した来日の遅れが原因となった対面教育の損失期間に対応する履修期間の補充を行った。2024 年 3 月に博士課程を修了した。（JICA 予算長期研修員枠）
4. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである **Mr. Thein Lin** は、2020 年 10 月に九州大学大学院修士課程へ入学した。コロナ禍で 1 ヶ月来日が遅れたが、11 月 17 日より久保貴彦准教授の指導のもと、対面による実験指導に移行した。Lin 氏は「**イネ胚乳デンプンの合成に関わる遺伝子の同定**」をテーマとして、食味形質の遺伝学的・生理学的研究を通じて長期研修を実践した。2021 年 12 月に中間発表を実施し、2022 年 9 月に修士課程を修了した。また、**日本育種学会第 16 回九州育種談話会（2021 年 11 月 27 日）**および**日本育種学会第 141 回講演会（2022 年 3 月 21 日）**において、「**Identification of a gene causing floury endosperm in rice（イネ粉質胚乳変異体の原因遺伝子の同定）**」に関するポスター発表を行った。（JICA 予算長期研修員枠）
5. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである **Ms. Moe Sander** は、2021 年 4 月に名古屋大学大学院修士課程へ入学したが、コロナ禍のため対面による実験指導ができなかったため、入学後直ちに休学措置をとった。その後、**2022 年 5 月 27 日**に来日し、「**Genetic analysis of internode pattern in rice *d1* mutant**」をテーマとして、2024 年 3 月には、**日本育種学会第 145 回講演会（2023 年 3 月 16～17 日）**において、「**Genetic analysis of internode patten in rice.**」の**口頭発表**を行い、**2024 年 3 月修士の学位を取得した。**（JICA 予算長期研修員枠）

ミャンマーにおける研修としては、2019 年 11 月に、九州大学から安井教授および山形准教授、名古屋大学からは芦苅教授と永井助教が来緬して、会議およびセミナーを開催した。2020 年 3 月に予定していたシークエンス解析の実際についての研修は、コロナ禍の影響で延期となった。2024 年 3 月に九州大学の山形准教授が渡航してミャンマーにおいて DNA 解析技術に関する研修を行った。

研究題目 1 : 「DNA マーカー利用による稲ゲノム育種の展開」

九州大学グループ(リーダー:吉村)、名古屋大学グループ(リーダー:芦苺)

DAR グループ(リーダー:Naing Kyi Win)

研究題目 1 の当初の計画(全体計画)に対する成果目標の達成状況とインパクト

研究題目 1 のカウンターパートへの技術移転の状況

研究題目 1 の当初計画では想定されていなかった新たな展開

研究題目 1 の研究のねらい(参考)

研究題目 1 の研究実施方法(参考)

研究題目 1 の当初の計画(全体計画)に対する成果目標の達成状況とインパクト

[1]-1: 戻し交配と大容量ジェノタイピング法の適用

[達成状況の指標: 研究題目[2]-1、2における世代の進行度、各世代の育成系統数]

本項目では、ゲノム育種のプラットフォーム(戻し交配法と世代促進法、DNA マーカー選抜等)を DAR で確立することを目指した。本項目は 2019 年度にほぼ終了した。2020 年度は、2019 年度に開始した本田の一部にコンクリート畦の設置が 2020 年度に終了した。2020 年以降は、技術やノウハウの波及を行う必要があったが、これは[3]-2で行うこととした。2020 年以降の活動としては、コロナ禍や政変による混乱のため、機器等の保守管理、種子の重複保存を行った。

[1]-2: 有用遺伝子の探索・同定・解析【論文、報告書等の数】

本プロジェクト研究活動[2]においては、ミャンマーの稲作面積の約 50%を占める非灌漑地域に適応したイネ品種の育成を目指している。ミャンマーの非灌漑地域には、深水地帯、塩害地帯(潮害地帯)、乾燥地帯が含まれ、非生物的ストレス耐性(深水耐性、耐塩性、乾燥耐性等)の育種基盤と育種の試みが期待されるものの、ミャンマーにおいてはその兆しもないのが現状である。一方、病虫害抵抗性等の生物的ストレス耐性においても、ミャンマーにおける研究は非常に断片的である。そこで、本小項目においては、上述したストレス耐性品種の開発の基盤となる知見ならびに新たな資源の開発のため基盤・基礎研究(遺伝解析、遺伝子同定、機能解析等)を日本側を中心に展開して、研究活動[2]に資する。以下に、非生物的ストレス耐性と生物的ストレス耐性に関わる各形質の研究の目的と進捗を形質ごとに記す。

<冠水耐性研究>(NU)

ミャンマーのエイヤラディ川デルタ地域では(ミャウミャ地方農場、テゴン地方農場もこのデルタに含まれる)、モンスーン期に長期(1~2ヶ月)の洪水・深水状態が常発する。この長期の洪水・深水状態に適応する形質として、短期(2週間)の冠水耐性と浮きイネ性が挙げられる。短期の冠水耐性に関しては、*Sub1A* 遺伝子を研究活動[2]に供試したので、本研究では、これまで浮きイネ性(冠水依存的な節間伸長性)の研究に集中してきた。浮きイネ性を制御する QTL が同定され、その分子メカニズムが明らかになれば、マーカー選抜育種による遺伝子導入や遺伝子改変によって優良品種の改良が期待できる。そこで、本研究課題では浮きイネ性 QTL の探索や同定、そして遺伝子機能について明らかにすることを目的とした。

これまでイネ冠水耐性の研究において、浮きイネの深水依存的な節間伸長を制御する遺伝子の連鎖解析を試み、第3および第12染色体に QTL が座乗していること見いだしていた。そこで、2つの QTL の高精度連鎖解析をすすめた。その結果、第3染色体 QTL を1つの機能未知遺伝子に特定することができ *ACE1* と命名した。

浮きイネ(C9285)と一般的なイネ(TC65)で *ACE1* の遺伝子の配列を比較すると、一般的なイネでは *ACE1* コーディング領域に1塩基の欠失が起こっていた。次に浮きイネ型の *ACE1* を一般的なイネに導入するとジベレリン(GA)依存的に節間伸長したことから、浮きイネが正常型の *ACE1* を保持し、一般的なイネは *ACE1* の機能を喪失していることが明らかになった。浮きイネでは深水依存的に *ACE1* が発現することで節間伸長が誘導されることが判明した。一般的なイネでは *ACE1* 遺伝子に突然変異が入っており、正常な *ACE1* タンパク質が作られないために若い時期にいくらジベレリンを加えても節間伸長をしないが、一般的なイネにおいても成熟期になると *ACE1* 遺伝子によく似た遺伝子である *ACE1-like1* 遺伝子の発現量が増加することで、植物内で合成されたジベレリンに対する応答性が上昇し、それに伴って介在分裂組織における細胞分裂が活性化されることにより節間伸長することが明らかとなった。また、浮きイネ型の *ACE1* 遺伝子をミナトカモジグサ、オオムギおよびサトウキビに過剰発現させると節間伸長したことから、*ACE1* 遺伝子は少なくともイネ科植物で機能を有することが明らかになった。続いて、第12染色体に座乗する QTL についても高精度連鎖解析を進め、1つの候補遺伝子を見だし *DEC1* と命名した。ゲノム編集で浮きイネの *DEC1* 遺伝子を破壊すると節間伸長すること、逆に *DEC1* を過剰発現すると矮化することから *DEC1* は節間伸長を抑制する機能を保持していることが明らかになった。浮きイネでは深水処理やジベレリン量の増加によって *DEC1* 遺伝子の発現が減少することで節間における細胞分裂が促進され伸長することが判明した。また、*DEC1* をオオムギで過剰発現させると矮化することから、イネ *DEC1* 遺伝子はイネ科植物で機能を保持している可能性が示唆された。以上の結果から、イネ科植物の節間伸長は、促進因子である *ACE1* と抑制因子である *DEC1* の相反する因子のバランスによって制御されていることが明らかになった。さらに、野生イネと栽培イネにおける *ACE1* と *DEC1* の分布を調査したところ、野生イネには野生型と変異型の *ACE1* と *DEC1* が存在し、栽培化される時に、洪水多発地帯ではより伸びるタイプの遺伝子型が選抜されたことが明らかとなった。この研究成果をまとめた論文は2020年7月に Nature 誌に掲載された。続いて *ACE1* や *DEC1* の機能を明らかにするために、以下の研究を進めた。*ACE1* 遺伝子に関しては、一般的なイネのゲノム中には *ACE1* に類似した遺伝子が計5個存在する(*ACL1-5*)。これらの遺伝子機能の重複を明らかにするため、5個の *ACE1* 類似遺伝子(*ACL1-5*)をイネで過剰発現させたところ、*ACL1* のみ植物ホルモンのジベレリン存在下で節間伸長した。この結果から、浮きイネでは *ACE1* と *ACL1* が節間伸長に寄与し、一般的なイネでは *ACL1* が節間伸長に寄与することが判明した。2023年度は *ACE1* および *ACL1-5* の立体構造解析を進め、*ACL1* が機能を発揮するのに必要なモチーフを見いだす予定である。また *DEC1* については、酵母 two-hybrid 法を用いて *DEC1* 相互作用因子をスクリーニングし、34個の相互作用候補因子を選抜した。また、転写因子と考えられる *DEC1* が直接制御する遺伝子を同定するために、誘導型 *DEC1* 発現個体の作出を行った。また *DEC1* の生体内相互作用因子を同定するために、*DEC1* 遺伝子に蛍光タンパク質の遺伝子を連結したプラスミドを構築しイネに導入した。さらに、*DEC1* 遺伝子は2つの転写抑制因モチーフ(EARモチーフ)を保持するが、このモチーフの機能を明らかにするために、EARモチーフに変異を導入した *DEC1* 遺伝子コンストラクトを作成しイネに導入した。現在、これらの研究材料を用いて、転写抑制因モチーフの機能解析や *DEC1* 遺伝子の相互作用因子の同定、制御因子の特定を進めている。これらの研究および今後の研究の発展により、これまで限定的に明らかになっている冠水依存的な節間伸長の分子機構がさらに明らかになる。

これまでに同定された冠水依存的な節間伸長遺伝子の同定は *O. sativa* を用いた研究から見いだされた。新たな冠水依存的な節間伸長遺伝子を同定するために、*O. glaberrima* のコアコレクションをスクリーニングして、冠水依存的に節間伸長する系統を見いだした。そこで冠水で節間伸長する1系統と、冠水で節間伸長しない4系統を交雑し4種の F1 の種子を得て、秋冬期間に温室内で F1 を育成し F2 種子を得た。2023年はこれら4つの F2 雑種集団(約527個体、160個体、161個体、148個体)を育成し、DNA抽出を行うとともに、冠水処理を行い、節間長を計測した。今後、遺伝型を決定し QTL 解析を行うことで、新たな冠水依存的な節間伸長 QTL

の同定が予想され、今後これらの研究が発展することで、浸水依存的な石棺伸長機構が明らかになる。

また、これまで浮きイネの深水依存的な節間伸長は葉先を水面に抽出し、水面上の葉から水面下の植物体に空気を運ぶことによって呼吸を確保していると説明されてきたが、根拠となる十分な証拠がなかった。そこで、酸素分圧測定装置を用いて完全冠水させた浮きイネと部分冠水させた浮きイネの節間内酸素濃度を測定したところ、完全冠水した個体では夜間に節間内が低酸素状態になるが、部分冠水した個体では節間内の酸素濃度は、完全冠水個体にくらべ高いことが明らかになった。また、RI ラベルした窒素の取り込み実験から、浮きイネの水面上の葉から水面下の植物体全体に窒素が浸透して行く様子が観察された。これらの研究から、浮きイネの節間伸長の意味(水面上の葉から水面下の植物体に空気を運ぶことによって呼吸を確保していること)を世界で初めて証明した。

以上の様に本研究により、冠水依存的な浮きイネの節間伸長の遺伝子の同定とその分子機構の一旦を明らかにすることに成功した。これらの遺伝子を分子マーカー育種で非浮きイネ性のイネに導入することで、冠水耐性イネの育成が可能になる。ミャンマー南部のみならず、バングラデシュやインドのベンガル地方では、雨季に長期洪水が起こるため、このような地域では冠水依存的な節間伸長を行う浮きイネの作付けが行われている。育種を行う上では、交配と観察による選抜が必要であるが、冠水依存的な節間伸長に関する遺伝子の DNA 多型を利用することで、育種の労力が軽減される。今度は、これらの地域の育種家と連携して、浮きイネの育種を支援していきたい。

< 芒形質 > (NU)

イネ初は芒があると、鳥類による食害防除を軽減でき、収穫、貯蔵ならびに播種の作業を煩雑化させる。ミャンマーでは鳥害は無視できない問題であり、有芒と無芒を混在させて栽培すると、有芒系統の鳥害は明らかに軽減される。ミャンマーの品種の中には有芒と無芒とがあるが、有芒と無芒品種の育成には芒を支配する QTL の情報が不可欠である。そこで本課題では、芒の QTL の探索と遺伝子同定を行うこととした。以下に、前年度までの進捗状況を記す。

イネの栽培化は、アジアとアフリカの 2 地域で起こり、アジアでは野生種 *Oryza rufipogon* から栽培種 *O. sativa*(アジアイネ)が、アフリカでは野生種 *O. barthii* から栽培種 *O. glaberrima*(アフリカイネ)がそれぞれ栽培化された。栽培化においては様々な形態的・生理的特徴が標的となってきたが、その1つに芒の喪失が挙げられ、アジアの栽培化およびアフリカの栽培化の両方で芒が喪失した。これまでにアジアのイネにおいて、*O. rufipogon* から *O. sativa* へと栽培化される過程で *Regulator of Awn Elongation 1* (*RAE1*)と *RAE2* の 2 つの遺伝子が機能を失うことにより芒を喪失した(もしくはとても短くなった)ことが明らかになっていたが、*O. glaberrima* は芒を失っているにも関わらず、*RAE1*と *RAE2* の 2 つの遺伝子を機能型で保持していることが事前調査で明らかになり、このことから、*O. glaberrima* の栽培化においては *RAE1*、*RAE2* とは別の遺伝子が選抜されることにより芒を失ったということが示唆された。そこで、*O. sativa* に *O. glaberrima* を戻し交配した系統を用いて、遺伝学的な解析を行い、*O. glaberrima* が芒を失う原因となった遺伝子 *RAE3* を同定した。*RAE3* 遺伝子はタンパク質をユビキチン化する機能をもつ複合体の一つの酵素である E3 ユビキチンリガーゼをコードし、酵母を用いた実験から、*RAE3* タンパク質が E1、E2 酵素と協調して基質タンパク質にユビキチンを付加する機能を持つことが明らかになった。また *RAE3* 遺伝子は幼穂や雄しべ特異的に高発現しており、芒を形成する時期に特異的に発現していることが判明した。さらに、アフリカの野生種 *O. barthii*、栽培種 *O. glaberrima* とアジアの栽培種 *O. sativa* の *RAE3* 遺伝子配列を比較したところ、*O. glaberrima* 特異的に 48 bp の塩基欠失が生じており、この塩基欠失は終止コドンを含んでいたため、*O. glaberrima* の *RAE3* タンパク質は *O. barthii* の *RAE3* タンパク質に比べて長くなっていることが明らかになった。E3 ユビキチンリガーゼの C 末端の配列は基質認識領域だと予想されていることから、*O. glaberrima* の *RAE3* 遺伝子ではこの領域に大幅な変異が入ることによって基質を認識できなくなり、基質のユ

ピキチン化ができなくなったと考えられた。さらに、*RAE1*、*RAE2* は芒伸長に対してそれぞれ独立に機能すること、また *RAE3* は単独では芒伸長に寄与せず *RAE1* または *RAE2* のどちらかと対になることで芒伸長を促進することが明らかとなり、同じシグナル経路上にある 3 つの遺伝子のうち、アジアでは *RAE1* と *RAE2*、アフリカでは *RAE3* という異なる遺伝子が選抜されることによって、芒を失うという同じ表現型を独立に獲得したことが明らかになった (Uehara et al. 2023,PNAS)。

さらに、*O. glumaepatula* の芒の形成に関わる遺伝子 *RAE5-1* を特定し、植物ホルモンのブラシノステロイド合成酵素をコードする遺伝子であることを見いだした (論文投稿準備中)。

以上の様に複数の芒形成遺伝子を特定することに成功し、今後これらの遺伝子のピラミディングでその長さを調整できることができる。また、浮きイネ系統には芒を形成するものがあるが、これらの芒遺伝子の遺伝子が特定されたことにより、育種の過程で芒を分子マーカーに寄って除去することができる。上記にも記述したが、今後は、ミャンマー、バングラデシュ、インドの浮きイネの育種を進めるグループのうちどこかと連携して、実際の育種でこれらの知見を活用したい。実際、2023 年度、インドやバングラデシュの浮きイネの研究者と浮きイネの育種に関して共同研究の可能性を話し合い、今後のプロジェクト化を検討中である。このように、本研究成果がミャンマーからさらに周辺国に育種を通して波及しつつある。

< 耐乾燥性関連形質の研究 側根形質 > (NU)

乾燥耐性は乾燥地帯でのイネの適応や栽培の実施において、重要な形質である。研究題目[2]において、陸稲品種の育種を目指したので、乾燥耐性の基礎的研究を企画した。研究題目[2]において、陸稲品種の育種は優先順位が低くなったことから、本小項目では、乾燥耐性の基盤研究も漸減的なものになったが、以下の成果が得られた。

イネには太くて長い L 型側根と細くて短い S 型側根が存在し、前者は後者に比べて直径が大きく、長く伸長し、さらに高次の側根を形成できるため、乾燥下での L 型側根形成の促進が耐乾性向上に重要である。2021 年までに、L 型側根形成を促す責任遺伝子 (L 型側根の本数を増やす遺伝子) は、植物特有の WOX ファミリー転写因子をコードする *OsWOX5* 遺伝子であることを特定した。また、本遺伝子の機能解析、および下流候補因子の同定を試みた結果、非乾燥下では *OsWOX5* が *OsWOX10* 遺伝子の発現を抑制することで L 型側根化を抑制するが、土壌乾燥に応答して *OsWOX10* 遺伝子の発現レベルが上昇し、L 型側根形成が促されることを明らかにした。2022 年度は、根の形成過程において中心的な役割を果たすオーキシンに注目し、*OsWOX10* 遺伝子の詳細な発現制御機構を解析した。その結果、L 型側根の発生時には、その原基基部側においてオーキシンが特異的に蓄積することが判明した。そこで、グルココルチコイド処理によって機能獲得型のオーキシニングナル抑制因子 (mIAA3) が誘導される mIAA3-GR システムを用いた解析を通して、オーキシニングナル伝達の抑制により L 型側根形成が著しく阻害されることを見出した。さらにゲルシフトアッセイにより、側根原基で発現する促進型の Auxin Response Factor (ARF) 転写因子である *OsARF19* が *OsWOX10* 上流配列に結合することが示された。以上より、側根原基、特にその基部におけるオーキシニングナルの上昇は *OsWOX10* の発現上昇を引き起こし、L 型側根を誘導することが判明し論文にまとめた (Kawai et al. 2022)。本研究を通して、*OsWOX5* と *OsARF19* による *OsWOX10* 遺伝子の詳細な発現制御機構が明らかとなった。今後はこれらの遺伝子の改変により側根形態の改良することで、耐乾燥性の品種育種が可能か調査する必要がある。

< 出穂期 > (KU)

出穂期の制御はイネの環境適応性に関わる最重要形質である。本小項目では、ミャンマーコアコレクションを用いて、GWAS ならびに遺伝解析を行い、出穂性の遺伝的基盤を明らかにするとともに研究題目[2]に資することとした。本項目における成果を以下に示した。

- ・ ミャンマーコアコレクション 274 系統の全ゲノム解読を行い、分子系統樹に基づいて 8 つの品種群に分類し、各品種群を代表する系統を数系統ずつ選定した。選定した系統を KD18 と交雑した F₂ 集団を 20 交配組み合わせ育成し、2020 年のモンスーン期における到穂日数を DAR にて調査した。本年度中に交雑 F₂ 集団のうち、12 集団の遺伝解析を完了予定である。
- ・ ミャンマー産のインド型イネ品種群の出穂性の遺伝的基盤を明らかにするために、モンスーンシーズンに DAR にて調査した 251 系統の到穂日数についてゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) を実施し、5 つの染色体 (染色体 1、染色体 3、染色体 6、染色体 7、染色体 11) 上に計 9 個の出穂期関連遺伝子座を見出し、それぞれ MTA1-1、MTA1-2、MTA3、MTA6-1、MTA6-2、MTA6-3、MTA7-1、MTA7-2、MTA11 と名付けた。
- ・ 選定した 20 系統のミャンマー品種のうち、3 系統のミャンマー品種 (Pegu Gyi, Kyauk Hnyin, Myaung Mya) を選定し、これらの品種とベトナム原産の KD18 と交雑した F₂ 集団を用いた GBS による全ゲノム遺伝型調査に基づく QTL 解析を実施した結果、染色体 3、染色体 6、染色体 8 上に計 9 つの出穂期関連 QTL を見出した。これらの QTL をそれぞれ qDTH3 (MTA3 に対応)、qDTH6-1、qDTH6-2 (MTA6-1 に対応)、qDTH6-3 (MTA6 に対応)、qDTH6-4 (MTA6-2 に対応)、qDTH6-5、qDTH6-6、qDTH8-1、qDTH8-2 と名付けた。

これらの 5 つの QTL うち、ミャンマー品種間の出穂性の変異に寄与する重要な遺伝子座は、qDTH3 (MTA3)、qDTH6-3 (MTA6)、qDTH6-4 であると推察され、それぞれ qDTH3 が *Hd6/PHYC* 遺伝子座に対応し、qDTH6-3 がこれまでに収穫期関連遺伝子が単離されていないゲノム領域に存在した。

< 耐塩性研究 > (KU)

アジア地域の大河のデルタ地帯では、乾季における海水遡上が水田地帯の稲作に及ぼす影響が深刻である。海水遡上の影響は河川水のみならず低地部の水田土壌にも及んでいる。ミャンマーにおいてもエイヤワディデルタに代表されるように海水の流入によって塩害が生じて耕作できなくなる土地が増加している。そのため本小項目では、東南アジアや南アジアの沿岸部に由来する品種を含むイネ遺伝資源 (バングラデシュならびにミャンマー) を利用して、これらの自然変異の中から耐塩性に関する有力な遺伝子資源を探索し遺伝解析することを目的とした。

- ・ 本実験ではイネの塩ストレス耐性の遺伝解析を実施することを目的として、高塩ストレス耐性に関する定量的評価法を検討した。まず耐塩性系統が多いと期待されるバングラデシュ産在来イネコレクション 135 系統を材料として、23.0 dS / m EC に希釈した海水にイネ植物体を浸漬し、塩ストレス症状として萎凋度 (DWL) を評価した上で、葉身の萎凋部位、葉鞘における元素蓄積について定量的な耐塩性評価を行った。その結果、両指標についてコレクション内で品種間差が認められ、大半の品種で葉身全体における萎凋部位の割合が漸進的に増大したのに対し、一部の極感受性品種では塩ストレス処理開始後短期間で急激に萎凋が進んだ (荒谷ら 2020)。本手法により判定した高塩ストレス耐性品種では葉鞘における Na、Mg、Ca 蓄積の抑制がみられ、加えて Na/Mg 比が高塩ストレス耐性の指標となることを示唆するデータが得られた (荒谷ら 2020)。本実験で適用した高塩ストレス耐性の定量的な評価法を用いて、各種イネコレクションの高塩ストレス耐性に関する詳細な遺伝解析が進展することが期待される。
- ・ つぎに、上記の手法を 446 系統のバングラデシュ産在来イネコレクションに拡大するとともに、2021 年度と 2022 年度には温度環境が制御されたファイトロン内で実験を推進した。その結果、446 系統のコレクション内の品種間差が明らかとなり、そのうち 54 系統については高塩ストレス耐性の遺伝解析の候補系統 (耐塩性選抜系統: 51 系統、感受性対照系統: 3 系統) と位置付けた。
- ・ バングラデシュ産在来イネコレクション 446 系統から選抜した耐塩性系統 (n=51) について、

Genotyping-by-sequencing (GBS) にて取得した多型情報に基づく分集団構造解析の結果、耐塩性系統はインディカ群には散在する一方でアウス群の一部のクレードに集中して存在しジャポニカ群にはみられなかった。

- 高塩ストレス耐性の遺伝的機作を調べるため、これら耐塩性系統 (n=51) と感受性系統 (Khan Dang 18) との F₁ を作出し、F₁ の高塩ストレス耐性を評価するとともに F₂ 種子を得た。引き続き、F₂ 集団を用いた QTL 解析を実施した結果、2つの集団でそれぞれユニークな QTL を検出した。すなわち、BR2 と KD18 の交雑に由来する F 集団では、高塩ストレス耐性に関する9つの評価指標のうち3つの指標において全ゲノム中にひとつだけ QTL が検出され、染色体1上のこの QTL を qSAL1b と名づけた。qSAL1b の BR2 アレルが高塩ストレス下における葉身の萎凋部位の割合を減少させる効果を示した。一方、Chandina と KD18 の交雑に由来する F 集団では、高塩ストレス耐性に関する9つの評価指標のうち8つの指標において、全ゲノム中に6つの QTL が検出され、それらの QTL を染色体3上の qSAL3a, qSAL3b, qSAL3c, 染色体5上の qSAL5a, qSAL5b, 染色体8上の qSAL8b と名づけた。このうち、qSAL5a と qSAL5b の Chandina アレルのみが高塩ストレス下における葉身の萎凋部位の割合を減少させる効果を示し、残りの4つの QTL では Chandina アレルが葉身の萎凋部位の割合を増加させる効果を示した。
- バングラデシュ産在来イネコレクションの耐塩性系統の遺伝的基盤を明らかにするために、2022 年度には、ミャンマー産のインド型イネ品種群 104 品種にバングラデシュ産在来イネコレクションのうち分集団 I (インド型イネ品種群) に属する 16 系統の耐塩性系統を加えた全 120 系統を用いて、高塩ストレス耐性に関するゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) を実施した。その結果、5本の染色体 (染色体1、染色体3、染色体4、染色体9、染色体11) 上に計6個の高塩ストレス耐性に関与する遺伝子座を見出し、それぞれ qSAL1a, qSAL3d, qSAL4b, qSAL9, qSAL11b, qSAL11c と名付けた。

< 耐虫性研究 > (KU)

南アジア原産のイネ在来品種は、トビイロウンカやセジロウンカなどのイネ重要害虫に対する抵抗性遺伝資源の宝庫と目されている。ミャンマーにおいて開発予定の高品質イネ品種の持続的な運用のために、害虫抵抗性に関する有用な遺伝子を導入した品種開発の一助とした。

ツマグロヨコバイ抵抗性

- アフリカ原産の野生イネ *Oryza longistaminata* が有するツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を解明して原著論文として公表した (Thein *et al.* 2019)。
- 2021 年度には、ミャンマー在来イネ 224 品種のツマグロヨコバイ抵抗性を評価した。抵抗性を示した品種について、以下に示す 4 つに分類される品種 (群) との交雑を行って F₁ 種子を得た。(1) 感受性品種台中 65 号、(2) ツマグロヨコバイ感受性を示したミャンマー在来イネ品種、(3) ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子 *Grh1* を保有する IR24、(4) ツマグロヨコバイ抵抗性を示し保有する抵抗性遺伝子が未知の Khang Dan18 の 4 種類である。2023 年度には、GWAS では遺伝的基盤が未解明であった 103 系統のツマグロヨコバイ抵抗性品種に由来する F₂ 集団に特化して、ツマグロヨコバイ抵抗性の QTL 解析を実施した。
- ミャンマー産のインド型イネ品種群が保有するツマグロヨコバイ (GRH: Green rice leafhopper) 抵抗性の遺伝的基盤を明らかにするために、2022 年度には、224 系統を用いたゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) を実施し、高度もしくは中度抵抗性を示した 189 系統のうち 81 系統のツマグロヨコバイ抵抗性品種において、ツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子座 *GRH1* と *GRH6* の抵抗性アレルが主要な抵抗性遺伝要因であることを明らかにした。加えて 5 系統の抵抗性品種については染色体 11 上に新規のツマグロヨコバイ抵抗性 QTL を保有することが推察された (未発表)。

イネウンカ類抵抗性

トビイロウンカ (Brown planthopper: BPH, *Nilaparvata lugens* Stål) はイネの深刻な吸汁性害虫であり、BPH 抵抗性品種の育成および利用が重要であるが、加害力の異なる BPH 個体群の出現により急速な抵抗性崩壊が生じている。インド型イネ品種「PTB33」は、南アジアや東南アジアに生息する加害力が異なる BPH 個体群に対して持続的な抵抗性を示したことから、この抵抗性の遺伝的基盤の解明を進めてきた。これまでに 4 個の抵抗性遺伝子座を同定し、それぞれの近似同質遺伝子系統(NIL)を作出した。過去に日本に飛来し加害力が異なる複数の BPH 個体群を用いてそれぞれの NIL の評価を行い、最近の抵抗性崩壊の原因となった抵抗性遺伝子座を明らかにした。

佐賀県農業総合試験場で育成された日本型水稻品種「さがびより」は高温登熟耐性を有する高品質米である。高温登熟下において胚乳の品質特性が良好である理由としては、茎葉の光合成産物を種子に転流させる能力が高いことに起因するが、一方で篩管部から吸汁する昆虫の吸汁量を増大させてしばしば収穫時期のイネに被害を引き起こす。そこで、日本型水稻品種「さがびより」の遺伝的背景にトビイロウンカ抵抗性遺伝子を導入した近似同質遺伝子系統や遺伝子集積系統の DNA マーカー選抜育種を行い、高品質米を遺伝的背景とするトビイロウンカ抵抗性の有望系統を育成した (Saw Bo Day Shar *et al.* 2023)。

2019 年から 2020 年までミャンマー側で行っていたプロジェクトメンバー (DAR 研究員) 個々の個別研究については、2022 年度はモンスーン期に再開した (Table 1)。その内容は耐塩性 (担当者: Aye Lae Lae Hlaing)、イネ白葉枯病抵抗性 (担当者: Zin Thuzar Maung)、嫌気条件下での発芽性 (担当者: San Marler) である。その他、出穂期 (担当者: Moe Moe Hlaing (現在、九州大学博士課程に在籍))、メソコチルの伸長 (担当者: Khin Thanda Win (現在、九州大学博士研究員)) も個別研究を実施中である。いずれも実験手法は IMY 分集団を利用した各形質の形質評価と GWAS であり、現在、DAR においてコンピューター解析が開始できるように準備を進めている。

[1]-3: ミャンマー遺伝資源の評価と利用 【論文、報告書等の数】

ミャンマーは野生イネおよび在来の栽培品種の宝庫であり、多様な変異が自国に存在する。これまで、JICA の技術協力プロジェクト「ミャンマーシードバンク計画(1997-2002 年)」で多くの在来イネ品種(アクセッション)が集められている。本小項目では Seed Bank に保存されているイネ遺伝資源から抽出されたコアコレクション(CC)を用いて各種形質の評価を行い、育種に利用可能な有用形質の探索および遺伝解析を行う。さらに、CC の全ゲノム解読および *de novo* アッセンブルによる新規参照配列の構築を行い、GWAS を進め、CC の各種形質に関する遺伝解析の基盤構築を行うこととしている。以下にその経過を述べる。

- ・ 2018 年度の解析により、CC は概ねアロマティック、インディカ、ジャポニカに対応する 3 つの分集団から構成され、インディカ分集団が主要な分類群であったことから、2019 年度は、インディカ分集団に対応するアクセッションの主成分分析を行い、その結果に基づき 311 品種を選定した。集団構造解析ではさらなる階層構造は支持されなかったが、311 品種の近隣結合樹(NJ tree)に基づき、インディカ分集団はさらに 8 種類の小集団(NJ1 ~ NJ8)に分類した。分類した小集団間には地域のおよび出穂特性に関する遺伝的な分化が存在することが示唆された。これら 8 小集団から 250 アクセッションを偏りなく選定し、全ゲノム塩基配列の解読に供試することとした (NU, KU)。同時に、CC 460 系統 (以下、2018 年に個体選抜を行い、アクセッション内の均一性を高めたアクセッションを系統と呼ぶ) を育成して、出穂期、農業・形態形質 (稈長、穂長等)、冠水耐性、耐塩性等の評価を行った (DAR)。
- ・ 2021 年度は、ミャンマー遺伝資源の評価と GWAS による関連遺伝子座の探索に関しては、2020 年度まで

に DAR にて収集した形質調査結果と照合して GWAS による関連遺伝子座の探索を進める予定であったが、ミャンマー側が本小項目の活動を休止したため進捗しなかった。2022 年度には、日本型イネ「日本晴」と「IMY」のゲノム情報を参照配列として検出した全ゲノムを網羅する遺伝子型情報を用いて、236 系統からなるインディカ分集団を用いた GWAS 解析の基盤を構築した。すなわち、稔先着色形質に関して連鎖不平衡が検出された 5 つのピークのうち 4 つにおいてアントシアニン色素の生成に関与する既知の遺伝子座 *OsCI* が検出された。このインディカ分集団が GWAS 解析のための基盤的遺伝資源であることが示されたので、中胚軸伸長性や出穂性などの環境応答性、冠水抵抗性にみられる非生物的ストレス耐性や耐虫性(ツマグロヨコバイ抵抗性)にみられる生物的ストレス耐性に関して、本インディカ分集団を用いた GWAS 解析を推進した(DAR, KU)。

2020 年度までに、コアコレクションのうち主要な分集団であるインディカ品種群の中から、ミャンマーにおける重要品種の一つである IMY を選び、de novo アセンブルによる参照配列の構築を行った。その結果、全長 354 Mb で 12 本の染色体からなる高品質ゲノム配列が得られた(OU, NU)。2021 年度は、得られたゲノム情報の利用を促進するため、遺伝子構造やリピート配列、トランスポゾン配列についてのアノテーションを付加し、ゲノムブラウザを実装したウェブサイト構築した。また、このウェブサイトには、ゲノム配列および遺伝子コード領域に対して BLAST 検索を行う機能と、配列情報やアノテーション情報をダウンロードする機能を併せて実装した。現在ウェブサイトは、プロジェクトメンバーのみに対して限定公開された(OU, NU)。

研究題目[1]-1 におけるミャンマーの基盤整備はコロナ禍前にほぼ終了した。研究題目[1]-1 の達成目標を図る指標とした「研究題目[2]-1, 2 における世代の進行度と各世代において育成系統数」については、2023 年乾期に世代は BC2F8 に達し、各世代において十分な育成系統数確保して育種事業を展開した。

一方、研究題目[1]-2 および[1]-3 においては、2020 年以降は、コロナ禍と政変の影響を受けたが、2022 年にはミャンマー側においても個別研究を再開し、ミャンマーコアコレクションの形質評価とそれを基盤とした GWAS による解析を進めている。課題であるミャンマー側の論文公表については最終年度の残る期間にできるだけ多くを公表したい。日本側担当部分では、着々と研究を進められ、名古屋大学から世界的な評価の雑誌への掲載も行われた。達成目標を図る指標とした論文・報告書数は、日本側では、原著論文 33 件、ミャンマー側との 6 件(本報告様式 2 参照)であるので、設定した日本側での目標値 15 件(JICA PDM)を遥かに上回った。ミャンマー側ではマニュアル等を含めて目標値 20 件を定めているが、2024 年 5 月現在で 8 件(本報告様式 2 参照: 原著 6 件、マニュアル 2 件)である。プロジェクト終了後も公表に努める。

研究題目 1 のカウンターパートへの技術移転の状況

国内におけるカウンターパートへの技術移転は、人的交流の構築(留学生、研修等)において述べたので、参照下さい。

研究題目 1 の当初計画では想定されていなかった新たな展開

本報告「1. 当初の研究計画に対する進捗状況 (3)プロジェクト開始時の構想からの変更点」に詳述したので参照いただきたい。

研究題目 2 : 「ミャンマーの自然・社会環境条件に適応した有望系統の開発」

九州大学グループ(リーダー:吉村)、名古屋大学グループ(リーダー:芦苜)、
DAR グループ(リーダー:Naing Kyi Win)

本研究題目では、Rainfed lowland (天水水田作)に適応した受容親(反復親)PSH および IMY を、Upland に適応した反復親として MSMKK を選定し、高収量性遺伝子、病害虫抵抗性遺伝子等をドナー系統から導入する。育種目標として最も優先順位の高い早生化に関する出穂関連遺伝子は、表現型で選抜を行う。研究題目[2]-1 と[2]-2 においては、2019 年モンスーン期(Monsoon Rice Season)の収穫時(12 月)までに、可能な限り多くの交配組合せと交配組合せ当たりの個体数を確保して、BC2F2 種子を得ることを目標として戻し交雑育種を進めることとした。さらに、2022 年度以降は「1.当初の研究計画に対する進捗状況 (3)プロジェクト開始時の構想からの変更点(本報告3ページ)」に示した変更計画に沿って育種事業を実施した。

本研究題目の有望系統の開発は、小項目[2]-1 と[2]-2 を分けることなく育種事業を展開してきたので、以下に記す前年度までの進捗は、[2]-1 と[2]-2 を同時に記述する。また、育種事業についてはその経過と現段階での主要成果を記述する。

[2]-1: Rainfed lowland に適応した有望系統の開発【世代の進行度、各世代の育成系統数】

[2]-2: Upland に適応した有望系統の開発【世代の進行度、各世代の育成系統数】

2018 年乾期作(2018 年 1 月から 2018 年 6 月)では、戻し交配の反復親となる PSH、IMY、MSMKK と九州大学および名古屋大学から持ち込んだ有用遺伝子供与親(ドナー系統)の交配を開始した。戻し交配において用いた反復親系統は 15 系統(PSH; 11, IMY;2, MSMKK;2)、有用遺伝子保持系統は 23 系統、有用遺伝子は 10 遺伝子(*GN1*, *WFP*, *XA5* (*xa5*), *XA13* (*xa13*), *XA21*, *BPH25*, *BPH26*, *OVC*, *PI21* (*pi21*), *Sub1A*)であった。乾期作の交配では短日処理を行い開花期の調整を行った。その結果、227 組合せで F1 種子を得た。2018 年モンスーン作(2018 年 7 月から 2018 年 12 月)では、乾期作で得た F1 を育成し、戻し交配に供試した。労力軽減および育種目標の重要性の観点から、2018 年モンスーン作では反復親の数を減らし、さらには PSH と IMY を反復親とし高収量性(*GN1*, *WFP*)関連の交配を Priority 1、主として MSMKK を反復親とし病虫害抵抗性遺伝子等を供与遺伝子とする交配組み合わせを Priority 2 として、戻し交雑を進めた(Fig. 1)。

2019 年乾期作(2018 年 12 月から 2019 年 6 月)では、2018 年モンスーン作で得た 16 組合せの BC1F1 を養成した。BC1F1 は、2019 年 3 月に戻し交雑を行い、同年 4 月に BC2F1 種子を得た。続いて、4 月下旬から 8 月まで BC2F1 世代を養成して、自殖種子(BC2F2 種子)を得た。この乾期の 2 回(19DS1 と 19DS3)の作付けで、戻し交雑世代を 2 世代進めることができた。しかしながら、PSH と MSMKK を用いた戻し交雑は予定の 8 月までに完了することができず、2019 年モンスーン作の BC2F2 の作付けが遅れることになった。一方、Priority 2 の材料に関しては、2019 年乾期作において一部の組合せで戻し交配を進め、BC2F1 種子を得た(Fig. 1)。

2019 年モンスーン期作(2019 年 7 月から 2019 年 12 月)では、2019 年乾期作で得られた Priority 1 の BC2F1 を自殖して得られた 8 種類の BC2F2 集団を養成した。各集団の系統数は 35~82 で、系統当たり 240 個体を育成した。各集団が当該遺伝子 *GN1* と *WFP* を有するかどうかは、各集団からバルク(10 個体)で葉をサンプリングして、両遺伝子を挟み込む DNA マーカーによってマーカー選抜を行った。また、表現型選抜においては、BC2F2 集団の集団としての優秀性や均一性の調査、出穂期の調査をもとに、収穫時期の立毛調査で有望個体を一次選抜した。一次選抜個体については、さらに、成熟期、稈長、穂長、一次枝梗数、一穂粒数、稔性等を測定して二次選抜を行った。その結果、PSH と *GN1* の交配組合せから 40 個体、PSH と *WFP* の交配組合せから 50 個体、

IMYとGN1の交配組合せから40個体、IMYとWFPの交配組合せから50個体を選抜して、次期2020年乾期作にBC2F3系統を育成することとした。PSHおよびIMYの集団で早生個体および半矮性個体の分離が観察されたので、早生個体および半矮性個体を選抜した。Priority 2の材料には、GN1とWFPを除く有用遺伝子XA5 (*xa5*)、XA13 (*xa13*)、XA21、BPH25、BPH26、OVC、PI21 (*pi21*)、Sub1A等の交配が含まれる。交配組合せにより、戻し交雑世代が異なるものの、有望系統群の作出を進めた(Fig. 1)。

2020年乾期作(2020年1月から6月)には、Priority 1の材料については、BC2F3世代を養成して、均一性、開花特性、収量関連形質等の調査と選抜を行った。IMYおよびPSHは感光性が高いため未出穂に終わる個体も多く出現した。BC2F3世代の調査結果をもとに、モンスーン期作では再度BC2F3世代を育成することとした。一方、BC2F4種子を得るために、5月中旬に本田栽培を打ち切り、1089個体の短日処理を行った。1,089個体のうち、439個体については当該遺伝子の遺伝子型をDNAマーカーにより決定した。Priority 2の材料についても、特性調査等を行い、可能な限り世代を進めた(Fig. 1)。

2020年モンスーン期作(2020年7月から12月)におけるPriority 1の育種材料については、PSHとIMYを受容親とするBC2F3を再度育成し、早生個体と半矮性個体を選抜した。また、BC2F3とBC2F4世代を対象に均一性、開花特性、収量関連形質等の調査を行い、主たる選抜対象を早生、半矮性遺伝子(*sd1*)、籾数増加遺伝子(GN1とWFP)として、合計11種類を選抜した。また、[2]-3で次期作から行う収量比較予備試験や食味予備検査に備えた採種を行った。Priority 2の育種材料については、2020年モンスーン作においては、各戻し交雑世代を育成して、当該遺伝子の選抜や戻し交雑を続けた(Fig. 1)。2020年モンスーン期作にはコロナ禍の影響で育種事業農業の規模縮小を強いられたものの、2020年モンスーン期作まではプロジェクト初期の順調な進行のおかげでおおむね初期の計画通り育種事業は進行した。

2021年乾期作(2021年2月から6月)においては、コロナ禍に加え、政変による政情混乱等で規模縮小をさらに強いられたので、**品種登録の対象になると思われる早生の有望系統(BC2F5、BC2F4世代)に焦点を当てて育種活動を継続した**(Fig. 1)。なお、プロジェクトメンバーが引き続き活動を継続することをDAR側と合意して、育種活動を進めた。同作期においては、生産力予備試験対象の144系統を育成し、59系統356個体を選抜した。その内訳は、PSH背景から31系統189個体、IMY: 25系統167個体である。PSH背景23系統とIMY背景15系統については生産力検定予備試験を行った。PSHおよびIMYは乾期作には出穂しないので、収量比較のための対照品種として改良品種シンツカ(Sinthuka)とマヌツカ(Manauthuka)を用いた。両対照品種に比べて、PSH背景およびIMY背景の育成系統の収量は明らかに劣るものの、PSH背景では1m²あたり16株植えて、400g/m²以上、IMY背景では500g/m²以上の収量を示す系統も見られた。さらに、生産力予備試験に用いた系統を用いて、食味予備試験を行った。計3回食味予備試験を実施して、食味試験方法の課題を抽出するとともに、次期作以降の生産力検定試験における候補系統選別の参考データとした。

本試験で得られた結果をもとに、次期作において反復を増やした生産力検定予備試験を行う予定であったが、2021年モンスーン期作は、政変による政情混乱の沈静化の兆しが見えないことから、作付けを中止した。また、政変以降、電力事情が悪化、DARにおいても停電が頻発し、種子の保存が危ぶまれた。そのため、重要な材料の種子を日本へ輸入して、九州大学に保存し、最悪の場合に備えることとした。2021年11月にKhin Thanda Win 博士研究員(JST経費雇用の九州大学ポスドク)が日本に帰国できたので、同氏がイネ種子1,386点を日本に携行した。

2022年乾期作には(2022年2月3日播種)、2021年乾期作の成績をもとに、品種登録の対象になると思われる早生の有望系統をPSH背景から11系統とIMY背景から5系統を選び、TSC(Technical Seed Committee)が求める調査項目に準拠した生産力検定試験を行った。品種登録の最有力候補として2023年乾期作に生産力検定に供した系統に準じた形で、これらの系統の一部の系譜をTable 4に示した。2022年乾期作に生産力検定に供したPSH背景8系統とIMY背景5系統について乾期の出穂期、収量等の農業関連形質、マーカー情

報を Table 5 に示した。原品種は PSH と IMY は乾期(2022 年 2 月 2 日播種)には出穂しないが、対象の有望候補系統は 5 月中旬までに出穂した。乾期の固定度をみるために主として系統内の均一性を指標としてさらに有望な系統を選抜した。また、対象の有望候補系統は、2021 年乾期作の収穫種子を用いた食味予備試験結果においても、PSH 背景では香りも具備し、全体的な食味評価も良好であった。

Table 4. Pedigree of 23MS RGBM lines.

23MS (7/11)*		23DS (1/15)*		22MS (7/20)*		22DS (1/23)*		21DS (2/2)*		20MS (7/7)*		20DS (1/31 & 2/7)*		19MS (7/23)*	
Line name	Generation	Line name	Generation	Line name	Plant number	Line name	Plant number	Line name	Plant number	Line name	Plant number	Line name	Plant number	Line name	Plant number
RGBM2	BC ₂ F ₉	RGBM2	BC ₂ F ₈	RGBM2 (R1)	8/23	AYT1-9 (R1)	4/2	PB35	4/9	BC ₂ F ₄ 2-14	4/4	BC ₂ F ₃ 2-45	2/11	BC ₂ F ₂ 2-19-5	18/7
RGBM4	BC ₂ F ₈	RGBM4	BC ₂ F ₇	RGBM4 (R1, R3)	4/25, 5/7	AYT1-4 (R2)	1/2	PB20	1/12	PE14	4/3			BC ₂ F ₂ 2-11-5	1/2
RGBM5	BC ₂ F ₈	RGBM5	BC ₂ F ₇	RGBM5 (R2)	2/1	AYT1-2 (R3)	6/8	PYT1-32 (R2)	1/9	PE23	1/4			BC ₂ F ₂ 2-19-5	2/2
RGBM6	BC ₂ F ₈	RGBM6	BC ₂ F ₇	RGBM6 (R3)	1/5	AYT1-5 (R1)	4/25	PB22	2/6	PE20	1/2			BC ₂ F ₂ 2-19-1	11/5
RGBM7	BC ₂ F ₉	RGBM7	BC ₂ F ₈	RGBM7 (R1)	5/10, 5/25	AYT1-3 (R1)	7/5	PYT1-41 (R1)	2/4	BC ₂ F ₄ 2-13	5/7	BC ₂ F ₃ 2-45	2/5	BC ₂ F ₂ 2-19-5	18/7
RGBM101	BC ₂ F ₉	RGBM101	BC ₂ F ₈	RGBM101 (R2)	2/10	AYT2-2 (R3)	3/23	PYT2-9 (R2)	3/3	BC ₂ F ₄ 11-11	3/1	BC ₂ F ₃ 11-29	5/4	BC ₂ F ₂ 11-14-2	6/6
RGBM104	BC ₂ F ₉	RGBM104	BC ₂ F ₈	RGBM104 (R1)	1/7, 3/16	AYT2-1 (R3)	6/16	PYT2-5 (R2)	2/3	IE58	4/1	IE84	1/5	BC ₂ F ₂ 11-18-2	12/2
RGBM105	BC ₂ F ₉	RGBM105	BC ₂ F ₈	RGBM105 (R3)	8/18	AYT2-3 (R3)	7/24	PYT2-18 (R2)	5/7	BC ₂ F ₄ 11-8	4/1	BC ₂ F ₃ 11-23	1/11	BC ₂ F ₂ 11-11-1	11/2
RGBM106	BC ₂ F ₉	RGBM106	BC ₂ F ₈	YT2-10	2/10	AYT2-4 (R1)	3/3	IB5	1/4	BC ₂ F ₄ 11-10	3/5	BC ₂ F ₃ 11-28	4/6	BC ₂ F ₂ 11-14-2	3/11
RGBM107	BC ₂ F ₈	RGBM107	BC ₂ F ₇	IE27	1/3			IB16	3/1	BC ₂ F ₄ 11-10	1/1	BC ₂ F ₃ 11-29	4/7	BC ₂ F ₂ 11-14-3	3/12
RGBM108	BC ₂ F ₇	IE18	BC ₂ F ₆	IE18	?			IB8	5/1	IE120	2/1	BC ₂ F ₂ 12-11-2	9/1		

* Sowing time was indicated in parenthesis.
 Selected for registration
 No planting in the crop season

Table 5. The selected lines for 22DS and their major characteristics.

Line name in 2022DS	Plant no.	Maturity (DAS)	50% Heading date	Agronomic Traits							Genotype*	
				Plant height (cm)	Effective tiller number	Panicle length (cm)	Primary branches /panicle	No. of grains /panicle	Sterility (%)	Size and Shape**	Left marker	Right marker
PSH background												
AYT1-2 (R3)	6/8	133	May-05	92.0	8	26.9	12.7	194.7	18.9	1	2	2
AYT1-3 (R1)	7/5	140	May-12	86.0	16	27.3	10.0	209.0	15.9	2 (slightly smaller)	2	2
AYT1-4 (R2)	1/2	134	May-06	110.5	17	29.1	12.0	210.3	12.8	1	?	?
AYT1-5 (R1)	4/25	140	May-12	107.0	14	28.2	9.3	128.3	15.1	1	2	1
AYT1-6 (R3)	7/8	143	May-13	111.0	12	28.3	19.0	291.7	29.3	4 (slightly longer)	2	1
AYT1-8 (R1)	2/10	139	May-11	107.0	7	27.1	14.3	229.3	21.7	2 (slightly smaller)	?	1
AYT1-9 (R1)	4/2	135	May-07	103.0	10	25.1	14.7	232.0	22.9	4 (slightly longer)	2	2
AYT1-10 (R2)	4/8	133	May-05	98.0	13	23.5	16.7	208.0	23.9	4 (slightly longer)	2	2
IMY background												
ATY2-1 (R3)	6/16	138	May-10	108.0	11	32.3	13.3	196.0	24.4	1	?	?
ATY2-2 (R3)	3/23	152	May-24	110.0	8	35.9	16.0	236.0	27.0	1	1	1
ATY2-3 (R3)	7/24	137	May-09	115.0	12	28.3	14.3	204.3	32.4	1	1	1
ATY2-4 (R3)	4/6	134	May-06	103.0	10	28.7	14.0	233.7	18.2	1	1	1
ATY2-5 (R1)	6/6	138	May-10	119.0	12	29.3	14.0	227.7	22.9	1	1	1

*: 1 for homozygous for recurrent parent and 2 for homozygous for donor parent.
 (Note) AYT1-2 - 1-10 come from the cross of RECP1 (PSH) / RGB44 (WFP donor).
 AYT2-1 - 2-5 come from the cross of RECP14 (IMY) / RGB27 (Gn1 donor).
 **Grain size and shape scores:
 1: Same as recurrent parent
 2: Slightly smaller than recurrent parent
 3: Smaller than recurrent parent
 4: Slightly bigger than recurrent parent
 5: Bigger than recurrent parent

2022 年モンスーン期作(播種:2022 年 7 月 20-22 日、移植:8 月 17 日)においては、直近の品種登録に関わる最有力候補系統(AYT と YT)を栽培した。さらに、2022 年モンスーン期作は 2020 年以来のモンスーン期作

であったので、Priority2 の育種対象である MSMKK 関連の育種素材、耐病虫性遺伝子等を含む育種素材、各種実験材料も栽培した (Table 6)。

Line name	Description	No. of Acc.	No. of rows/line	Purpose
RGB1~75 (selected)	Donor lines from VN and NU, IRBB lines	58	4	For maintenance
RECP1~21	Recurrent parents	44	4	For maintenance
PC1~150	BC ₂ F ₄ lines with PSH background	150	1	For CSSLs development
IC1~115	BC ₂ F ₄ lines with IMY background	115	1	
AYT1-1~ 1-8 with check	Lines with PSH background for AYT	12	8, 3 rep	Advanced yield trial according to TSC
AYT1-1~ 1-5 with check	Lines with IMY background for AYT	9	8, 3 rep	
YT1-1~1~36	Lines with PSH background	36	8	To check uniformity and yield performance
YT2-1~2-18	Lines with IMY background	18	8	To check uniformity and yield performance
BC ₂ F ₅ 1-1 ~ 1-34	Lines carrying Gn1 with PSH background	34	6	Selection and generation development for normal heading lines
BC ₂ F ₅ 2-1 ~ 1-33	Lines carrying WFP1 with PSH background	33	6	
BC ₂ F ₅ 11-1 ~ 11-38	Lines carrying Gn1 with IMY background	38	6	
BC ₂ F ₅ 12-1 ~ 12-32	Lines carrying WFP1 with IMY background	32	6	
PE1~41	Lines carrying Ehd with PSH background	41	6	To check uniformity and yield performance
IE1~28	Lines carrying Ehd with IMY background	28	6	To check uniformity and yield performance
PYLF ₂	F ₂ lines carrying Gn1 & WFP with PSH and IMY background	73	8	
BC ₂ F ₂ 41 & 42	BC ₂ F ₂ lines carrying priority 2 genes with RECP14 (IMY) background	20	8	For selection and generation development
BC ₂ F ₃ 13-1~13-19	Lines carrying Gn1 with RECP15 (MSMKK) background	19	8	For generation development and selection
BC ₂ F ₃ 14-1~14-24	Lines carrying WFP1 with RECP15 (MSMKK) background	24	8	
BC ₂ F ₃ 15-1~15-28	Lines carrying Gn1 with RECP16 (MSMKK) background	28	8	
BC ₂ F ₃ 16-1~16-38	Lines carrying WFP1 with RECP16 (MSMKK) background	38	8	
BC ₂ F ₄ & BC ₂ F ₃ 17~20, 28	BC ₂ F ₄ & BC ₂ F ₃ lines carrying priority 2 genes with RECP15 (MSMKK) background	83	4	For generation development and selection
BC ₂ F ₄ & BC ₂ F ₃ 21~22, 31	BC ₂ F ₄ & BC ₂ F ₃ lines carrying priority 2 genes with RECP16 (MSMKK) background	72	4	

TSC のガイドラインに沿った現地適応性試験 (DAR も含まれる) に供試するための RGBM 系統は、2022 乾期作の AYT に由来する品種化に向けた候補系統で (Table 4 参照)、PSH 背景の 8 系統 (RGBM1 ~ 8) と IMY 背景の 5 系統 (RGBM101 ~ 105) であった (Table 7)。PSH 背景の 8 系統は交配組合せ PSH/RGB44 (WFP 遺伝子を有する) に、IMY 背景の 5 系統は IMY / RGB27 (Gn1 遺伝子を有する) に由来する。これらの PSH 背景の 8 系統から葉の直立不良、穂の抽出不良、出穂の分離が観察されたので、PSH 背景では 3 系統を、IMY 背景では 1 系統を除外した。モンスーン期における供試候補系統の早生化については、PSH 背景では 1 ヶ月、IMY 背景では 2 週間ほど出穂が早かった。PSH 背景の候補系統は、PSH (RECP1) と比較すると、草丈はやや低く、収量はやや高い系統も見られた。なお、RGB7 は半矮性遺伝子 *sd1* を有する。IMY 背景の候補系統は、収量が IMY (RECP14) と比較するとやや低い傾向ではあったが、草丈は低く抑えられていた。

さらに、モンスーン期に選抜収穫した PSH 背景 5 系統 (RGBM2, 4, 5, 6, 7) と IMY 背景 3 系統 (RGBM101, 104, 105) について食味試験を行った。食味試験は、Oosato *et al.* (1998) に準じて行った。また、アロマのテストは Angelita *et al.* (2011) に準じた。食味試験の項目は以下の通りである: Overall eating quality (食味総合)、Aroma for PSH (香り)、Stickiness (粘り気)、Hardness (硬さ)、アミロース含量、ゲル粘性 (Gel consistency)、糊化温度、Elongation for PSH (米を炊いたときに米粒が縦方向に伸びる性質)、精米回収率。食味総合における評価では、PSH 背景では 5 系統すべてが PSH より高い評価を得た。また、IMY 背景では RGBM101 が IMY より高い評価を得た。このことから候補系統の中には食味が反復親並みの系統が含まれると考えられた (Table 8)。

Table 7. Yield and agronomic traits of RGBM lines for 2022MS.

Sowing: Jul 20, 2022												
Line name	50% Heading date	Grain Yield/plot (kg, 240 plants)	1000-grain weight (g)	Plant height (cm)	Tiller number	No. of primary branch	Total number of grains/panicle	Sterility %	Grain size and shape	Left* marker	Right* marker	Remarks
PSH background												
22MS RECP1	Nov-16	6.79	30.2	134.0	10.0	11.0	167.0	18.3	1	1	1	
22MS RGBM1	Oct-24	7.39	28.1	—	—	—	—	—	4	2	1	droopy leaf
22MS RGBM2	Oct-13	7.17	29.6	100.0	10.8	13.2	223.9	27.2	4	2	2	
22MS RGBM3	Oct-19	7.75	29.4	—	—	—	—	23.9	4	2	2	incomplete panicle exertion
22MS RGBM4	Oct-13	6.31	31.0	111.0	13.7	9.5	157.9	16.7	1	?	?	
22MS RGBM5	Oct-15	7.43	31.2	107.0	12.4	11.1	185.4	19.9	1	2	2	
22MS RGBM6	Oct-20	7.34	31.2	103.0	12.8	9.2	176.9	12.4	1	2	1	
22MS RGBM7	Oct-24	6.24	26.9	88.0	13.1	8.5	187.5	9.1	2	2	2	
22MS RGBM8	Oct-17	5.31	29.0	—	—	—	—	—	2	?	1	droopy leaf
IMY background												
22MS RECP14	Nov-06	7.71	33.3	120.7	9.0	13.0	149.6	22.7	1	1	1	
22MS RGBM101	Oct-28	7.45	32.9	112.7	9.7	15.5	200.1	16.4	1	1	1	
22MS RGBM102	Oct-16	7.09	29.8	—	—	—	—	—	1	1	1	droopy leaf
22MS RGBM103	seg.	6.87	32.0	103.0	9.0	13.2	168.6	20.3	1	1	1	heading date segregation
22MS RGBM104	Oct-21	6.67	35.5	107.0	13.7	13.4	203.6	28.5	1	?	?	
22MS RGBM105	Oct-26	5.37	32.6	111.0	10.3	15.4	197.7	20.8	1	1	1	
22MS YT2-10	Oct-18	5.53	32.3	110.5	12.6	13.9	240.5	19.1	1	1	1	will use instead of RGBM102
*: 1 for homozygous for recurrent parent and 2 for homozygous for donor parent												
The lines were excluded in the next adaptability test.												

Table 8. Cooking and eating qualities of 22MS RGBM lines.

Variety	Sensory test				Amylose content (%)	Gel consistency (mm)	Gelinization temperature (°C)	Transparency (%)	Elongation ratio	Milling recovery (%)
	Overall eating quality	Aroma	Stickness	Hardness						
PSH background lines										
PSH	0	0	0	0	21.3	31	75~79	0.7	2.3	59.3
RGBM2	0.72	0.25	0.24	-0.21	21.5	34	75~79	1.2	2.1	53.8
RGBM4	0.69	-0.11	-0.04	0.04	21.5	33	75~79	1.6	2.3	57.5
RGBM5	0.72	0.46	0.38	-0.51	22.7	30	75~79	1.2	2.3	55.7
RGBM6	0.85	0.42	0.89	-0.96	16.0	53	75~79	1.7	1.7	62.0
RGBM7	0.76	0.35	0.41	-0.10	22.0	30	75~79	1.0	2.0	60.1
IMY background lines										
IMY	0	-	0	0	17.9	35	55~69	2.9	1.6	59.1
RGBM101	0.95	-	1.05	-1.38	13.2	55	75~79	2.5	1.6	53.3
RGBM104	-0.53	-	-1.41	1.38	24.8	28	75~79	2.5	1.7	52.9
RGBM105	-0.95	-	-1.45	1.38	25.3	31	70~74	1.9	1.8	50.6
YT2-10	0.00	-	-1.27	1.04	25.6	28	70~74	2.0	1.6	53.4
Note)										
Scoring method for overall eating quality & Aroma, compared with reference variety (recurrent parent):										
-3: considerably poor, -2: poor, -1: slightly poor, 0: No difference, +1: good, +2: very good, +3: excellent										
Scoring method for stickness:										
-3: considerably weak, -2: weak, -1: slightly weak, 0: No difference, +1: slightly strong, +2: strong, +3: considerably strong										
Scoring method for Hardness										
-3: considerably soft, -2: soft, -1: slightly soft, 0: No difference, +1: slightly hard, +2: hard, +3: considerably hard										
Amylose content (%):										
1~2%: waxy, 2~9%: very low, 0~20%: low, 20~25%: intermediate, 25~30%: high										
Gel consistency (mm):										
<40mm: hard, 40~60mm: intermediate, >60mm: soft										
Gelinization temperature (°C):										
55~69: low, 70~74: intermediate, 75~79: high										
Transparency (%)										
1: No areas with chalkiness, 3: <10% of area with chalkiness, 5: 10~20% of area with chalkiness, 9: >20% of area with chalkiness										
- Hardness is measured by Hardness tester using pressing method.										
- Elongation ratio means Rice cooking length (mm).										
eg. Elongation ratio 2.30 means 2.3 times elongated after cooking compared with length of polished rice.										
- Milling recovery means percentage of milled rice (including broken) obtained from a sample of paddy.										

[2]-1 において品種登録に値する有望系統が確立したと判断されたため、2022 年 10 月に「Protection of a New Plant Variety to Grant Plant Breeder's Right :PVP」の申請ならびに現地適応性試験の TSC への申請を行った。現地適応性試験は 2023 年の乾期とモンスーン期に候補系統を栽培することで行われている。同試験は、DAR 本場および Myaungmya, Latpandan, Kyaukse の各地方農場で行われ、2023 年乾期作および同年モンスーン期作が行われた。これらの結果は、[2]-3 および[3]-1 において詳述する。

品種登録候補系統の最終選抜

2023 年乾期作には (2023 年 1 月 13 日播種)、2022 年乾期作とモンスーン期作の成績をもとに、品種登録の対象になるとと思われる早生の有望系統を PSH 背景から 5 系統 (2022 年モンスーン期作の RGBM2、4、5、6、7) と IMY 背景から 5 系統 (2022 年モンスーン期作の RGBM101、104、105、YT2-10、IE27) を選び、TSC (Technical Seed Committee) が求める調査項目に準拠した生産力検定本試験を兼ねた最終選抜を行った。YT2-10 と IE27 は RGBM の姉妹系統で、2022 年モンスーン期作における性能が良かったので、それぞれ RGBM106、RGBM107 とし、生産力検定試験に加えた (Table 9)。その結果、供試したすべての系統で 4 月下旬から 5 月初旬に出穂することを確認し、その系統内の揃いも確認した。食味試験を含む前作までの成績と本作の成績から総合的に判断して、PSH 背景からは RGBM5 と RGBM7 (半矮性) を、IMY 背景からは RGBM106 を品種登録の最有力候補とした。RGBM5 は、反復親の PSH のような強感光性を持たないことを除いて、反復親と類似した農業形質を示した。RGBM7 は有用遺伝子供与親由来の半矮性遺伝子 (*sd1*) を有する系統で、非感光性で他の農業形質は反復親と類似していた。RGBM106 は 2022 年モンスーン期作の YT2-10 に由来し、非感光性で他の農業形質は反復親に似る (2022 年モンスーン期作) ことから最有力候補として選ばれた。

Table 9. Yield and agronomic traits of RGBM lines (2023DS) at Yezin.

Line name		Days to maturity	50% Heading date	Grain Yield (kg/ha)	1000-grain weight (g)	Plant height (cm)	Tiller number	Panicle length (cm)	No. of primary branch	Total number of grains/panicle	Sterility (%)
PSH background											
23DS	RECP1										
23DS	RGBM2	129	Apr-24	6197.1	25.1	100.4	11.8	25.7	14.2	289.2	25.1
23DS	RGBM4	132	Apr-27	6024.1	27.2	115.4	11.5	25.8	9.6	155.6	18.4
23DS	RGBM5	131	Apr-26	6485.7	27.4	115.4	11.7	25.6	10.3	212.9	24.5
23DS	RGBM6	141	May-05	8078.2	28.5	102.8	13.8	25.5	12.6	154.3	21.1
23DS	RGBM7	144	May-08	6930.0	24.3	86.3	13.3	24.8	9.1	177.9	25.6
IMY background											
23DS	RECP14	123	Apr-18	only on main clum							
23DS	RGBM101	143	May-07	6281.6	29.7	120.9	8.8	29.3	12.5	189.5	35.8
23DS	RGBM104	132	Apr-27	5910.3	30.0	121.4	11.3	26.9	12.3	183.8	34.7
23DS	RGBM105	139	May-03	6690.1	27.7	120.1	11.5	26.2	14.9	203.5	28.3
23DS	RGBM106	132	Apr-27	6364.5	26.7	109.2	9.6	24.7	12.6	190.2	22.7
23DS	RGBM107	131	Apr-26	7423.3	26.1	115.2	10.4	24.4	14.0	191.5	24.6
Check varieties											
23DS	YLT	135	Apr-30	8658.4	25.5	83.9	12.3	29.8	11.1	203.3	23.5
23DS	STK	144	May-08	10043.6	19.7	93.2	12.8	25.4	12.8	252.2	24.8
23DS	THY	120	Apr-15	4997.0	21.0	61.3	13.4	23.5	8.7	180.9	23.1
Seed pregermination: 13 th January											
Seed sowing: 16 th January											
Transplanting: 10 February											

品種登録の有力候補が絞られてきたので、系統のアイデンティティの確保のために各系統の GBS を行った (2023 年 4 月)。GBS には、2022 年モンスーン期作に栽培した PSH 背景 8 系統から 60 個体、IMY 背景 6 系統から 54 個体の葉を採取して用いた。PSH と RGB44 の間では 12,338 の SNPs が、IMY と RGB27 の間では 5,304 の SNPs が検出され (Table 10)、遺伝子型組成を表すのに十分な SNPs が得られた。例として、2023 年モンスーン期に品種登録最有力候補にあげられている RGBM6、RGBM7、RGBM105 では、RGBM6 では 10 個体、RGBM7 では 10 個体、RGBM105 では 6 個体のグラフ遺伝子型を得たが、それぞれから 1 系統を選び、Fig. 3 に示した。RGBM6 のゲノムカバー率は 84.4%、RGBM7 では 71.9%、RGBM105 は 76.1%であった。残存するヘテロ接合体に着目して固定度 (ホモ化) をみてみると、RGBM6 では固定が進んでいたが、RGBM7 と RGBM105 で大きなヘテロ接合体領域が残っており、さらなる自殖による固定が必要である。現在、2023 年モンスーン期作においては GBS の結果を考慮に入れながら、各系統のホモ化を図ることとした。

Between PSH and RGB44		Between IMY and RGB27	
Chr	No. of SNPs	Chr	No. of SNPs
1	1,524	1	592
2	1,263	2	755
3	1,441	3	519
4	1,217	4	483
5	826	5	311
6	1,186	6	570
7	1,055	7	448
8	811	8	322
9	866	9	238
10	608	10	174
11	733	11	518
12	808	12	374
Total	12,338	Total	5,304

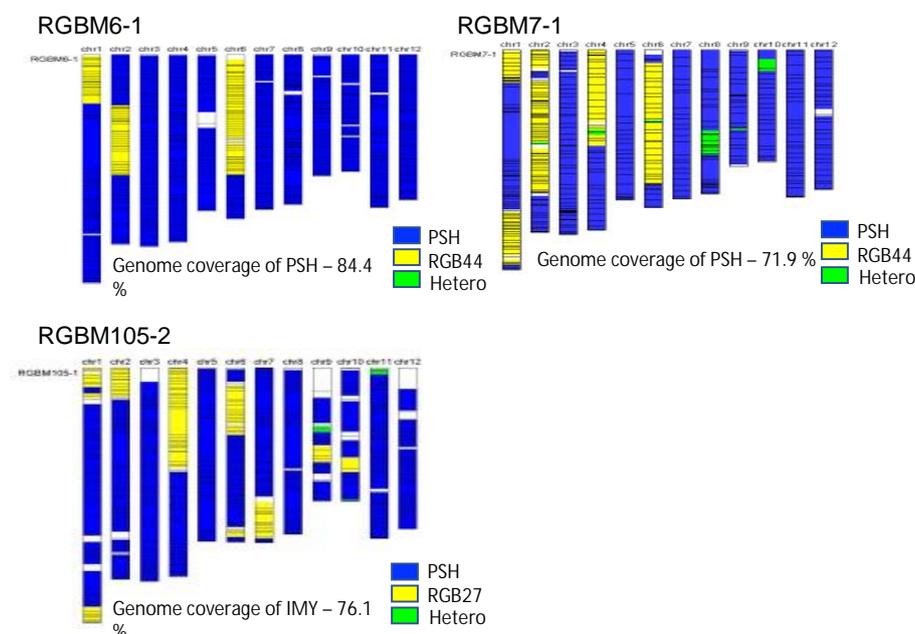


Fig. 3. Graphical genotypes of RGBM6, RGBM7 and RGBM105.

2023年モンスーン期作(2023年7月11日播種、8月2日移植)には、2023年乾期作に供試した系統にIMY背景の1系統(RGBM108)を加えて生産力検定本試験を実施した。その結果をTable 11に示した。現時点では反復親の収量と農業形質の結果が出ていないので、反復親との比較はできないが、供試系統すべてで、モンスーン期の早生化は実現しており、各系統の固定度は充分であった。今年は10月に強風に見舞われたため、供試系統の多くが倒伏した。PSH背景の候補系統(RGBM2、4、5、6、7)のうち、RGBM5と7を最有力系統としていたが、RGBM5は耐倒伏性が他に比べ弱いと判断されたため、**比較的倒伏の少なかったRGBM6をRGBM5に変えて最有力候補とすることにした**。なお、RGBM7は半矮性であることから、倒伏の害を受けなかったため、これまで通り最有力候補とした。一方、IMY背景から従来からの5系統(2022年モンスーン期作のRGBM101、104、105、106(22MS_YT2-10)、107(22MS_IE27))にRGBM108(22MS_IE18))を加えた6系統においては、早生化は確認され、固定度も十分であった。RGBM106を最有力候補としていたが、耐倒伏性に難があったため、RGBM106に変えてRGBM105を最有力候補とした(Table 15)。全系統において、2023年モンスーン期作の収量は2022年モンスーン期作に比較すると低かった。

Line name	Days to maturity	50% Heading date	Grain Yield (kg/ha)	1000-grain weight (g)	Culm Length (cm)	Tiller number	Panicle length (cm)	No. of primary branch	Total number of	Sterility %
PSH background										
23MS RECP1										
23MS RGBM2	122	Oct-11	4252.1	27.0	92.1	8.1	24.7	13.0	276.8	32.1
23MS RGBM4	122	Oct-11	4220.0	29.7	106.3	8.5	25.8	9.3	184.3	16.1
23MS RGBM5	122	Oct-11	4336.7	28.4	96.0	7.9	25.5	15.0	195.9	24.0
23MS RGBM6	127	Oct-16	4595.1	29.4	90.8	10.0	23.5	8.1	172.2	9.2
23MS RGBM7	134	Oct-23	4410.7	24.9	79.8	10.5	22.3	8.4	182.0	13.5
IMY background										
23MS RECP14										
23MS RGBM101	139	Oct-28	-	-	116.1	7.4	27.8	13.9	172.9	22.4
23MS RGBM104	131	Oct-20	5218.7	31.1	109.0	9.5	24.4	12.5	167.8	24.6
23MS RGBM105	135	Oct-24	5011.3	30.7	106.1	8.1	24.7	14.9	191.5	26.1
23MS RGBM106 (YT2-10)	127	Oct-16	5058.7	29.3	103.8	8.5	23.6	12.3	192.9	16.0
23MS RGBM107 (IE27)	128	Oct-17	4768.5	28.3	112.5	8.4	23.2	12.8	240.1	14.8
23MS RGBM108	132	Oct-21	4850.6	26.6	78.3	7.9	25.0	14.1	178.0	20.1
Check varieties										
23DS YLT	126	Oct-15	5668.3	26.8	78.3	11.3	27.3	9.0	149.1	15.8
23DS STK	140	Oct-29	6339.6	20.0	85.2	10.8	24.2	12.0	214.2	21.9
23DS THY	125	Oct-14	5001.0	22.7	66.8	11.9	24.1	9.3	184.8	24.4
Seed sowing: July 11										
Transplanting: August 2										

品種登録候補系統以外の選抜

一方、品種登録には間に合わないものの、日本から持ち込んだ有用遺伝子をPSH、IMY、MSMKKの背景に導入する有望系統群(Priority 2の材料)の作出に関しても2022年モンスーン期に再開した。これらの系統の

育種活動は、コロナ禍と政変による混乱のため、この期間の縮減対象となっていた。

強感光性の反復親 PSH および IMY の高収量化を育種目標とした材料 (Table 12) には、GN1、WFP、sd1 の導入を行った。これらは強感光性の反復親 PSH および IMY と同時期に出穂するので、後期世代の育成はモンスーン期に限られた。育種初期世代は 2020 年までに育成されたので、2022 年モンスーン期には BC₂F₅ 世代を育成し、系統内均一性を主たる指標として有望系統/個体の選抜を行った (Table 12)。これらの選抜材料の後代を 2023 年モンスーン期作に栽培し、再度同様の選抜を行った。その結果、PSH 背景の 4 系統、IMY 背景の 3 系統を選抜した (Table 14 の青字系統)。これらは品種化の候補系統や中間母本として有用であり、2024 年にミャンマー側に譲渡する予定である。

Line name	Total no. of lines planted	Selected for uniformity	
		Lines	Plants
BC ₂ F ₅ 1 (PSH -Gn1)	34	16	163
BC ₂ F ₅ 2 (PSH-WFP)	33	17	136
BC ₂ F ₅ 11 (IMY-Gn1)	38	18	139
BC ₂ F ₅ 12 (IMY-WFP)	32	20	178
Total	137	71	616

2022 年モンスーン期作には、MSMKK を背景とする育種材料についても、育種を再開した。MSMKK には全く異なる 2 種類のアクセッションが存在したので、RECP15 と RECP16 を反復親として用い、2020 年までに初期世代を育成した。2022 年モンスーン期には、BC₂F₃ 世代と BC₂F₄ 世代を栽培して、主として系統内均一性を指標とする選抜を行った。GN1 と WFP に関する育成材料と選抜結果を Table 13-1、病虫害抵抗性遺伝子に関する育成材料と選抜結果を Table 13-2 に示した。2022 年モンスーン期選抜材料の後代を 2023 年モンスーン期作に栽培した。その結果、Table 14 の緑字で示す個体・系統を選抜した。RECP15 を背景とする有用遺伝子系統を 7 系統、RECP16 を背景とする有用遺伝子系統を 6 系統である。これらも 2024 年にミャンマー側に譲渡する予定である。

Line name	Original cross combination	Total no. of lines planted	Selected for uniformity	
			Lines	Plants
BC ₂ F ₃ 13 (RECP15-Gn1)	RECP15 x RGB27	19	13	88
BC ₂ F ₃ 14 (RECP15-WFP)	RECP15 x RGB44	24	5	38
BC ₂ F ₃ 15 (RECP16-Gn1)	RECP16 x RGB27	28	14	79
BC ₂ F ₃ 16 (RECP16-WFP)	RECP16 x RGB44	38	19	135
Total		109	51	340

Table 13-2. Summary of MSMKK background lines carrying other genes in 2022MS.

Line name	Original cross combination	Total no. of lines planted	No. of lines selected
BC ₂ F ₄ 18 (RECP15 / OVC)	RECP15 x RGB35	18	4
BC ₂ F ₄ 19 (RECP15 / pi21)	RECP15 x RGB38	3	0
BC ₂ F ₄ 20 (RECP15 / xa5,Xa7)	RECP15 x RGB67	18	12
BC ₂ F ₃ 17 (RECP15 / BPH25)	RECP15 x RGB30	16	4
BC ₂ F ₃ 19 (RECP15 / pi21)	RECP15 x RGB38	16	2
BC ₂ F ₃ 28 (RECP15 / xa5,Xa7)	RECP15 x RGB67	8	2
BC ₂ F ₄ 21 (RECP16 / BPH26)	RECP16 x RGB34	18	13
BC ₂ F ₄ 22 (RECP16 / pi21)	RECP16 x RGB38	18	11
BC ₂ F ₄ 31 (RECP16 / Xa4/xa5/xa13/Xa21)	RECP16 x RGB72	36	12

Table 14. List of possible promising lines having useful genes except for the lines for varietal registration.

Line name	Recurrent parent	Current generation (2023MS)	Seed generation at end of project*
PSH (Ehd2)	PSH	BC ₂ F ₇	BC ₂ F ₈
PSH (Ehd+Gn1)		BC ₂ F ₇	BC ₂ F ₈
PSH (Gn1)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
PSH (WFP)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
PSH (WFP+sd1)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
PSH (Gn1+WFP)		PYLF ₃	PYLF ₄
IMY (Ehd+sd1)	IMY	BC ₂ F ₇	BC ₂ F ₈
IMY (Ehd+Gn1)		BC ₂ F ₇	BC ₂ F ₈
IMY (Ehd+Gn1+WFP)		PYLF ₄	PYLF ₅
IMY (Gn1)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
IMY (WFP)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
IMY (Gn1+WFP)		PYLF ₃	PYLF ₄
RECP15 (Gn1)	MSMKK (RECP15)	BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆
RECP15 (WFP)		BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆
RECP15 (OVC)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
RECP15 (Xa7)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
RECP15 (xa5)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
RECP15 (BPH25)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₆
RECP15 (pi21)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₆
RECP16 (Gn1)	MSMKK (RECP16)	BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆
RECP16 (WFP)		BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆
RECP16 (BPH26)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
RECP16 (pi21)		BC ₂ F ₆	BC ₂ F ₇
RECP16 (Xa21)		BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆
RECP16 (xa5/Xa21)		BC ₂ F ₅	BC ₂ F ₆

[2]-3:有望系統の評価【供試系統数】

本小項目では、[2]-1、[2]-2 で作出される有望系統候補について、固定度検定、収量試験、各種特性検定等を実施する。これらの試験は主として DAR 本場で実施する。

2020 年度までは、[2]-1、[2]-2 で有望系統候補を評価する予定であったので実施しなかった。2020 年モンスーン作の[2]-1、[2]-2の結果に応じて、2021 年から有望系統候補の評価を実施する予定であったが、2021 年は乾期作にしか試作ができなかった(Fig. 1)。**[2]-1、[2]-2 の選抜結果に示したように、プロジェクト期間中に品種登録のプロセスに入る有望系統候補は 2020 年モンスーン作に出揃った。その後、乾期作とモンスーン作いずれにおいても開花・結実する PSH および IMY を遺伝的背景とする早生の有力候補系統を対象にして、2022 年乾期作から生産力予備試験および生産力本試験を実施し(Table 5、Table 7、Table 9、Table 11)、 [2]-3 の対象とすることとした。なお、2022 年度に品種登録のプロセスである PVP への申請、TSC への申請を行った。**

Table 15 に各世代の生産力検定試験結果(Table 5、Table 7、Table 9、Table 11)、食味官能試験結果(Table 8)、候補系統の遺伝子型(Fig. 3 に一部を示した)の成績をまとめたものを示した。

PSH 背景の有力候補系統は、すべて乾期作に開花・結実し、モンスーン期作においては反復親 PSH より 3 ~ 4 週間の早生化を達成した。RGBM4を除く4系統は *GN1a* を有しており、有力候補系統は収量関連形質(単位面積当たり収量、穂数、一穂粒数、千粒重)においては、PSH 並かやや優れていた。PSH の特徴的な形質として、香り、食味、炊飯米の形状等(炊き肥え)があるが、これらの形質についても有力候補系統は PSH の特徴を保っていた。供試した 5 系統の食味は PSH 並みで、早生(年2回の作付けが可能)と高収量を実現していた。2023 年モンスーン期作まで最有力系統として選ばれていた RGBM5 は耐倒伏性に難があったので、RGBM6 を最有力候補として TSC にかける予定である。半矮性遺伝子(*sd1*)を有する RGBM7 も上記の特徴を具備しており、粒は少し小さいが、半矮性の最有力候補として TSC にかける予定である。固定度に関しては、2022 年モンスーン期作個体のグラフ遺伝子型(Fig. 3)から考慮すると、RGBM6 の固定度は問題がないが、RGBM7 の固定度については注意を払う必要がある。

一方、IMY 背景のすべての有力候補系統は、乾期作に開花・結実し、モンスーン期作においては反復親 IMY より 2 ~ 3 週間の早生化を達成した。稈長は IMY に比べて低い傾向にあるが、その他の形質は IMY と類似していた。2023 年モンスーン期作まで最有力候補として選ばれていた RGBM106 は、耐倒伏性に難があったため、やや耐倒伏性を有する RGBM105 を最有力候補として TSC にかける予定である。RGBM105 は、*GN1a* を有し、粒形がやや細長い傾向を示し、固定度に改善の余地が見られた(Fig. 3)。また、2023 年モンスーン期作においては、IMY 背景の半矮性系統も RGBM108 として有力候補系統に加えられた。世代の進行度は低いものの次の品種登録候補として期待できる。

固定度に関しては、最終産物である 2023 年モンスーン期作の個体を用いて、再度グラフ遺伝子型を取得する予定である。固定の進み具合については、2024 年3月には最終結果が示され、品種のアイデンティティ確保のデータとして活用されるものと期待している。

2023 年モンスーン期最有力候補であった RGBM5、RGBM7、RGBM106 は、デモンストレーション圃場における展示のための種子分譲依頼が政府筋からあった。そのため、2023 年7月10日に2023 年乾期作産の種子をプロジェクトから DAR に譲渡した(Table 16)。

Table 15. Summary of trait data in 23MS, 23DS, 22MS and 22DS.

Line name	Generation	Crop season	50% Heading date	Days to maturity	Yields and agronomical traits						Grain quality			Genotype of GN1a and WFP		
					Culm length (cm)	No. of primary branch	Grains/panicle	Grain yield (kg/ha)	1000 grain weight (g)	Sterility (%)	Size and shape (23DS)	Overall eating quality (22MS)	Aroma (22MS)	Left marker	Right marker	From GBS (23DS)
RGBM2	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-11	122	92.1	13.0	276.8	4252	27	32.1	2	0.72	0.3	2	2	GN1a, WFP
		23DS	Apr-24	129	100.4	14.2	289.2	6197	25.1	25.1						
		22MS	Oct-13	115	100.0	13.0	223.9	7240	29.6	27.2						
		22DS	May-7	135	103.0	14.7	232.0	-	-	22.9						
RGBM4	BC ₂ F ₇	23MS	Oct-11	122	106.3	9.3	184.3	4220	29.7	16.1	1	0.69	-0.1	1	1	-
		23DS	Apr-27	132	115.4	9.6	155.6	6024	27.2	18.4						
		22MS	Oct-13	115	111.0	9.0	157.9	6368	31.0	16.7						
		22DS	May-6	134	110.5	12.0	210.8	-	-	12.8						
RGBM5	BC ₂ F ₇	23MS	Oct-11	122	96.0	15.0	195.9	4337	28.4	24.0	2	0.72	0.5	2	2	GN1a, WFP
		23DS	Apr-26	131	115.4	10.3	212.9	6486	27.4	24.5						
		22MS	Oct-15	117	107.0	11.0	185.4	6696	31.2	19.9						
		22DS	May-5	133	92.0	12.7	194.7	-	-	18.9						
RGBM6	BC ₂ F ₇	23MS	Oct-16	127	90.8	8.1	172.2	4595	29.4	9.2	1	0.85	0.4	2	1	GN1a
		23DS	May-05	141	102.8	12.6	154.3	8078	28.5	21.1						
		22MS	Oct-20	122	103.0	9.0	176.9	7409	31.2	12.4						
		22DS	May-12	140	107.0	9.3	128.3	-	-	15.1						
RGBM7	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-23	134	79.8	8.4	182.0	4411	24.9	13.5	2	0.76	0.3	2	2	GN1a
		23DS	May-08	144	86.3	9.1	177.9	6930	24.3	25.6						
		22MS	Oct-24	126	88.0	8.0	187.5	6296	26.9	9.1						
		22DS	May-12	140	86.0	10.0	209.0	-	-	15.9						
RGBM101	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-28	139	116.1	13.9	172.9	-	-	22.4	1	0.95	-	1	1	-
		23DS	May-07	143	120.9	12.5	189.5	6282	29.7	35.8						
		22MS	Oct-22	124	112.7	15.0	200.1	7519	32.9	16.4						
		22DS	May-24	152	110.0	16.0	236.0	-	-	27.0						
RGBM104	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-20	131	109.0	12.5	167.8	5219	31.1	24.6	1/4	-0.53	-	1	1	-
		23DS	Apr-27	132	121.4	12.3	183.8	5910	30.0	34.7						
		22MS	Oct-21	123	107.0	13.0	203.6	6733	35.5	28.5						
		22DS	May-10	138	108.0	13.3	196.0	-	-	24.4						
RGBM105	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-24	135	106.1	14.9	191.5	5011	30.7	26.1	2	-0.95	-	2	1	GN1a
		23DS	May-03	139	120.1	14.9	203.5	6690	27.7	28.3						
		22MS	Oct-26	128	111.0	15.0	197.7	5416	32.6	20.8						
		22DS	May-9	137	115.0	14.3	204.3	-	-	22.4						
RGBM106 (22MS_YT2-10)	BC ₂ F ₈	23MS	Oct-16	127	103.8	12.3	192.9	5059	29.3	16.0	2	0.00	-	1	1	-
		23DS	Apr-27	132	109.2	12.6	190.2	6365	26.7	22.7						
		22MS	Oct-16	118	110.5	14.0	240.5	-	32.3	19.1						
		22DS	May-6	134	103.0	14.0	233.7	-	-	18.2						
RGBM107(22MS_IE27)	BC ₂ F ₇	23MS	Oct-17	128	112.5	12.8	240.1	4769	28.3	14.8	2	-0.28	-	1	1	-
		23DS	Apr-26	131	115.2	14.0	191.5	7423	26.1	24.6						
		22MS	Oct-16	118	-	-	-	-	-	-						
		22DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
RGBM108 (22MS_IE18)	BC ₂ F ₇	23MS	Oct-21	132	78.3	14.1	178.6	4851	26.6	20.1	2	-	-	-	-	-
		23DS	Apr-16	147	72.8	13.8	215.4	6560	26.6	21.4						
		22MS	Oct-20	122	80.5	14.3	190.0	-	-	17.6						
		22DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
RECP1 (PSH)		23MS	Nov-20	161	-	-	-	-	-	-	1	0	0	1	1	-
		23DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
		22MS	Nov-18	151	134.3	11.3	166.6	5882	30.2	18.2						
		22DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
RECP14 (IMY)		23MS	Nov-8	149	-	-	-	-	-	-	1	0	-	1	1	-
		23DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
		22MS	Nov-7	140	120.7	12.8	149.6	6358	33.3	22.7						
		22DS	-	-	-	-	-	-	-	-						
RGB27 (DP) Gn1		23MS	Oct-16	127	-	-	-	-	-	-	3	-	-	2	2	-
		23DS	Apr-20	125	85.0	11.9	177.8	-	-	6.4						
		22MS	Oct-14	116	84.0	12.0	201.3	5053	-	13.4						
		22DS	Apr-30	127	-	-	-	-	-	-						
RGB44 (DP) WFP		23MS	Oct-6	117	-	-	-	-	-	-	3	-	-	2	2	-
		23DS	Apr-10	115	60.6	18.3	273.3	-	-	19.1						
		22MS	Oct-06	108	57.3	15.0	218.0	4461	-	26.0						
		22DS	Apr-19	116	-	-	-	-	-	-						

Sowing time : 23MS, July 11; 23DS, Jan. 13; 22MS, July 20; 22DS, Jan. 23

Selected for registration

Line name	Cross combination	Generation	Seed source	Seed amount
<u>For demonstration plot</u>				
RGBM5	RECP1 x RGB44	BC2F8	23DS_bulk	~180g
RGBM7	RECP1 x RGB44	BC2F9	23DS_bulk	~180g
RGBM106	RECP14 x RGB27	BC2F9	23DS_bulk	~180g
<u>As nuclear seed</u>				
RGBM5	RECP1 x RGB44	BC2F8	23DS_RGBM5-R2 (3/8 & 3/15)	2 plants
RGBM7	RECP1 x RGB44	BC2F9	23DS_RGBM7-R3 (1/4 & 3/3)	2 plants
RGBM106	RECP14 x RGB27	BC2F9	23DS_RGBM106-R3 (2/14 & 3/17)	2 plants
<u>For seed increasement</u>				
RGBM5	RECP1 x RGB44	BC2F8	23DS_bulk	5.5kg (32 tin)
RGBM7	RECP1 x RGB44	BC2F9	23DS_bulk	5.5kg (32 tin)
RGBM106	RECP14 x RGB27	BC2F9	23DS_bulk	4.9kg (32 tin)
RECP1: Paw San Hmwe				
RECP14: Inn Ma Yebaw				

研究項目[2]-1, 2において定めた成果目標を達成状況の図る指標は「世代の進行度、各世代の育成系統数」については、2023年モンスーン期にBC2F9世代に達し、2021年モンスーン期に栽培を中止した以外は、早生化を目指す系統に関して、年に2世代(2019年は一部について3世代)を進めた(Fig. 1)。PSHとIMYは強感光性品種であるので年1回栽培しかできない中、初期世代は短日処理を駆使し、後期世代は乾期の水不足などに遭遇しながら最終的にBC2F8世代に達する事ができたのはメンバーの努力によるものであり、「世代の進行度の達成度は高い」と自己評価している。また、乾期作が困難である材料については労力の問題もあったが、「世代の進行が進まない」状況になった感は否めない。「各世代における育成系統数」に関しては現在データの整理を行っているが、各世代で目的にあった充分量の系統数を育成してきた。Priority 1の材料に関しては失敗を回避するために育種規模(個体数、スペース)は大きくして対処した。

研究項目[2]-3の指標は「供試系統数」であるが、生産力予備検定、生産力検定に供試したPriority 1の材料の系統数は十分であったと考えている。

所期の目標としては、「品種登録の実行段階に入る有望系統の開発」であったが、TSCに申請する最有力候補系統を3系統選定できた。2024年2月のTSC会議およびその後のNSC(National Seed Committee)会議において品種登録を達成したので想定以上の達成度であると自己評価している。

研究題目2のカウンターパートへの技術移転の状況

2020年以降、コロナ禍に加え、政情不安定も加わり、育種事業以外のDARにおける活動は停止した。

研究題目2のカウンターパートへの技術移転の状況

国内におけるカウンターパートへの技術移転は、人的交流の構築(留学生、研修等)において述べたので、参照下さい。

(4) 研究題目3 : 「ミャンマーの自然・社会環境条件に適応した有望系統の開発」
DAR グループ(リーダー: Naing Kyi Win)、九州大学グループ(リーダー: 吉村)、
名古屋大学グループ(リーダー: 芦苺)

本研究題目では、研究題目[2]で開発した有望系統群をミャンマーの様々な地点で現地適応性試験を行うとともに、SATREPS 事業「ベトナム中山間地域に適応した作物品種開発(2011-2015年)」等で作出した既存の有望系統をミャンマーに持ち込み、現地適応性試験を実施する。以下に、小項目[3]-1、2について記述する。

[3]-1: ミャンマー各地における作出有望系統の評価【供試系統数】

当初は、PSH 関連の有望系統はミャウミャ地方農場で、IMY 関連有望系統はテゴン地方農場で、MSMKK 関連系統はアウンバン地方農場で、現地適応性試験を実施する計画であった。[2]-1、[2]-2 の有望系統候補を評価する予定であるので、2020 年度までには実施していなかった。また、陸稲である MSMKK の現地適応性試験は陸稲であるが故の栽培不安定さのため、DAR における有望系統の作出にとどめ、現地適応性試験は実施しなかった。なお、2020 年度と 2021 年度は、コロナ禍と政変により、地方農場での活動は中止した。

2022 年度は、[2]-1、[2]-2 により、品種化候補の有望系統が作出されたので、テゴン地方農場において IMY 背景の候補系統 5 系統を供試して現地適応性試験を実施した。比較の品種として RECP14 (IMY の原系統) を用いたが、登熟期に灌漑水不足になり、大幅な減収となった。候補 5 系統は早生のため灌漑水不足を回避できたので、9.6m²あたり 4.66 - 5.98kg の収量を示した。

2023 年乾期作および同年モンスーン期作において、TSC のガイドラインに沿った地方農場における現地適応性試験を行った。乾期およびモンスーン期作のデータを集計した。2023 年乾期作におけるミャウミャ (Myaungmya) 地方農場、ラバダン (Latpadan) 地方農場、チャウセ (Kyaukse) 地方農場における試験成績を、それぞれ Table 17、18、19 に示した。いずれの地方農場においても有力候補系統は開花結実しており、年に 2 回の作付けが可能であることが伺われた。また、必ずしも収量や各種農業形質が対照品種に用いた高収量品種や地方有力品種より優れてはいないものの、PSH や IMY 並みの良食味系統の 2 期作を可能にすることは実証できた。モンスーン期作においても収量や各種農業形質においては同様のことが言えるが、収量は原品種に優る傾向にあり、生育期間は PSH で 40 日以上、IMY で 30 日程度早生化が実現した (Table 20)。

上述した成績は TSC 会議に提出され、審議された結果、RGBM6、RGBM7、RGBM105 の品種登録が承認された。引き続き引き続き、NSC でも承認された。

Line name	Days to maturity	50% Heading	Grain Yield (kg/ha)	1000-grain weight (g)	Plant height	Tiller number	Panicle length	No. of primary	Total number of grains/panicle	Sterility %
PSH background										
23DS RECP1										
23DS RGBM2	128	Mar-26	3778.7	24.5	88.1	11.0	22.1	10.2	155.4	48.3
23DS RGBM4	131	Mar-29	3110.9	26.2	94.7	13.8	23.0	8.6	112.2	30.0
23DS RGBM5	130	Mar-28	3388.8	25.7	84.3	13.2	22.6	9.4	148.5	35.9
23DS RGBM6	138	Apr-05	3139.4	27.3	85.2	12.3	24.6	7.5	113.8	27.5
23DS RGBM7	140	Apr-07	3606.1	24.5	64.2	18.3	21.0	6.5	88.7	24.5
IMY background										
23DS RECP14	132	Mar-30	only on mail clum							
23DS RGBM101	138	Apr-05	3598.8	28.8	115.8	9.3	29.4	12.6	170.6	55.0
23DS RGBM104	133	Mar-31	5921.8	30.9	105.9	13.2	27.0	10.4	150.1	37.5
23DS RGBM105	137	Apr-04	4874.6	27.7	107.0	9.7	27.5	13.4	189.0	33.4
23DS RGBM106	134	Apr-02	5397.3	26.9	106.2	10.7	26.1	11.8	167.3	31.8
23DS RGBM107	132	Mar-30	5755.1	25.9	104.2	9.6	25.9	12.0	174.0	29.2
Check varieties										
23DS YLT	143	Apr-08	6009.7	27.0	76.3	14.8	25.6	9.8	128.8	26.8
23DS STK	153	Apr-18	5745.5	18.7	77.7	14.7	23.8	10.8	188.1	34.6
23DS THY	131	Mar-27	5513.9	21.9	58.6	14.7	21.7	7.9	112.3	23.4
Seed pregermination: 17 th December, 2022										
Seed sowing: 19 th December, 2022										
Transplanting: 13 th January, 2023										

Line name	Days to maturity	50% Heading date	Grain Yield (kg/ha)	1000-grain weight (g)	Plant height (cm)	Tiller number	Panicle length (cm)	No. of primary branch	Total no. of grains /panicle	Sterility %
PSH background										
23DS RECP1	147	Apr-18	2687.4	26.9	95	6.75	28.9	9.2	135.1	23.10
23DS RGBM2	126	Mar-27	5595.5	24.4	91.2	8.5	24.5	14.0	233.7	11.2
23DS RGBM4	130	Apr-02	7471.4	28.0	99.3	10.0	25.4	9.4	151.8	14.4
23DS RGBM5	129	Mar-30	6033.2	25.4	92.9	8.6	25.3	14.4	218.7	15.4
23DS RGBM6	130	Apr-02	6081.0	27.6	97.2	9.6	25.2	8.6	163.5	8.5
23DS RGBM7	135	Apr-07	4314.1	23.8	70.9	10.7	23.7	7.8	135.1	10.7
IMY background										
23DS RECP14	133	Apr-05	5082.14	31.7	103.2	9.6	31.4	12.2	209.4	27.4
23DS RGBM101	136	Apr-08	7247.8	32.9	110.3	8.3	30.7	14.8	250.4	27.6
23DS RGBM104	130	Apr-02	7226.6	31.3	112.3	10.3	26.9	12.1	187.4	31.0
23DS RGBM105	130	Apr-02	7342.9	26.9	105.8	9.2	27.5	14.0	227.7	26.8
23DS RGBM106	132	Apr-04	7638.8	26.6	96.3	9.0	26.1	12.9	211.2	23.2
23DS RGBM107	134	Apr-06	7713.2	26.0	104.1	11.8	26.3	13.1	216.8	24.6
Check varieties										
23DS YLT	131	Apr-03	7305.7	26.5	71.4	11.3	27.0	10.5	152.5	14.9
23DS STK	145	Apr-16	7181.8	19.1	85.5	12.5	25.9	10.9	228.8	12.9
23DS THY	129	Mar-30	5813.6	22.5	59.4	12.1	22.8	8.7	141.4	18.8
Seed pregermination: 20 th December, 2022										
Seed sowing: 23 rd December, 2022										
Transplanting: 19 th January, 2023										

Table 19. Yield and agronomic traits of RGBM lines at Kyaukse Farm (2023DS).

Line name	Days to maturity	50% Heading date	Grain Yield (kg/ha)	1000-grain weight (g)	Plant height (cm)	Tiller number	Panicle length (cm)	No. of primary branch	Total number of grains/panicle	Sterility (%)
PSH background										
23DS RECP1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
23DS RGBM2	130	May-17	7857.4	25.9	85.7	12.8	23.3	12.4	182.2	32.2
23DS RGBM4	131	May-18	6700.5	28.4	93.6	13.4	24.6	8.5	126.3	15.8
23DS RGBM5	131	May-18	8052.2	27.5	88.4	14.4	24.4	10.9	161.2	17.9
23DS RGBM6	133	May-20	7861.3	28.1	94.3	13.2	23.9	7.9	138.3	15.5
23DS RGBM7	137	May-24	5736.5	23.8	73.4	16.2	22.3	7.7	123.7	14.8
IMY background										
23DS RECP14	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
23DS RGBM101	147	~Jun-04	5266.5	27.0	115.0	11.4	31.5	13.9	182.3	41.8
23DS RGBM104	134	May-21	7387.1	31.8	106.5	12.9	28.7	12.2	169.0	34.5
23DS RGBM105	137	May-24	7761.6	32.1	106.5	9.9	25.8	13.0	186.6	25.6
23DS RGBM106	136	May-23	7228.1	28.4	105.2	11.9	24.0	12.6	169.9	29.6
23DS RGBM107	137	May-24	7907.0	27.3	109.7	13.1	22.9	12.8	163.9	21.8
Check varieties										
23DS YLT	136	May-23	7984.1	25.5	81.3	11.8	29.1	10.7	175.3	29.7
23DS STK	146	~Jun-03	5280.4	18.6	88.0	13.8	24.3	12.0	183.4	25.0
23DS THY	122	May-09	7493.1	22.4	87.8	17.7	26.0	10.4	167.3	22.8
Seed Germination: 4-5 th February										
Seed sowing: 7 th February										
Transplanting: 2nd March										

Table 20. Days to maturity of the candidate line in dry and monsoon seasons in three local farms.

PSH background	Myaungmya		Latpdan		Kyause	
	23DS	23MS	23DS	23MS	23DS	23MS
RECP1	—	178	147	173	—	176
RGBM2	128	118	126	120	130	121
RGBM4	131	124	130	123	131	121
RGBM5	130	122	129	123	131	121
RGBM6	138	126	130	128	133	122
RGBM7	140	129	135	128	137	127
IMY background						
RECP14	132	169	133	166	—	165
RGBM101	138	131	136	140	147	131
RGBM104	133	129	130	127	134	122
RGBM105	137	132	130	131	137	128
RGBM106	134	132	132	129	136	123
RGBM107	132	128	134	129	137	125

[3]-2:ミャンマー各地における現有有望系統の評価【供試系統数、報告書等の数】

既存の有望系統を対象に、ミャンマー国内で現地適応性試験を実施する。また、本項目の枠組みで、本プロジェクトで使用する既存の系統や新たに作成する品種・系統のゲノム情報やマーカー情報、さらには本プロジェクトに関わる研修・ワークショップを行なう。

2018年から、SATREPS事業「ベトナム中山間地域に適応した作物品種開発(2011-2015年)」等で作出した既存の各種有用遺伝子を保有する有望系統をミャンマーに持ち込み、適応性試験と収量比較試験の予備試験を開始した。場所はDAR本場、ミャウミャ地方農場、テゴン地方農場の3ヶ所で実施した。2019年度も、2018年と同様に、既存の有望系統については、適応性試験と収量比較試験を行なった。現在、2年分の出穂期、草丈、分けつ数、穂長、1穂粒数、1穂稔実粒数、千粒重、プロット当収量等のデータが集積された。2020年度は、取りまとめが終了し、データ分析を行なったが、既存の有望系統が現地適応品種を凌駕して優秀性を示すものは見つからなかった。2020年度以降は、コロナ禍と政変のために圃場試験を実施しなかった。

また、コロナ禍のために2020年3月以降に計画していた研修・ワークショップはコロナ禍で実施することができなかった。2021年度は政変も加わり、以降、本小項目の活動は休止した。

2023年度は、実験マニュアルの準備を進め、「DNA Extraction Protocols」と「Sensory Evaluation of Cooked Rice」を作成した。「DNA Extraction Protocols」では、従来のイネ葉からのDNA抽出法に加え、GBSのためのDNA抽出法を記した。「Sensory Evaluation of Cooked Rice」においては、2023年12月8日2月に短期専門家として渡緬し、食味官能試験を実施した松江勇次博士の著作をもとに、英訳版を作成した。

研究項目[3]-1の目標達成状況を図る指標は「供試系統数」である。本格的な現地適応性試験は2023年に開始したばかりであるが、TSCのガイドラインに沿った現地適応性試験がDARと3ヶ所の地方農場で展開できたのは変更計画に沿ったもので、供試系統も十分であると思料する。

研究項目[3]-2の目標達成状況を図る指標は「供試系統数、報告書等の数」である。ミャンマーに持ち込み現地適応性試験を供試した系統数は十分であったと考えるが、適応した系統が見られなかったのは残念であった。報告書については、実験マニュアル(英語版)を作成した。

．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（公開）

- 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
 1. プロジェクト全体の現状はすでに述べた通りである。2019 年度までは所期の計画通りにプロジェクトは進行し、プロジェクト進行上の大きな問題点はなかった。コロナ禍の中で 2020 年モンスーン期を迎えたが、育種目標の優先度と活動効率をより明確にして、活動を進めた。すでに述べたように長期にわたるコロナ禍と2021年2月の政変により、ミャンマーにおけるプロジェクト運営は困難を極めた。**国際共同研究の成否の鍵となる有望系統群の作出とそれらの品種化への道筋**（研究項目[2]と[3]）に関しては、**2022年のモンスーン期における試験研究の再開とプロジェクトの1年延長により、所期の目的を達成できると期待できる。**
 2. 相手国側研究機関の現状と問題点に関しては、中間評価時点で以下の点を述べた。
 - ・ 直接の相手国側研究機関ではなくミャンマー国自体の社会構造上の体制や慣習に起因する問題が多いのが現実である。この点については、一朝一夕に解決できる問題ではなく、ましてや本プロジェクトや本プロジェクトが直接関与する相手国側研究機関 DAR で解決できる問題ではないとの認識である。
 - ・ しかしながら、本プロジェクトの社会実装の出口と考えている「品種登録への道筋の具現化」を図るには、DAR だけではなく、農業畜産灌漑省傘下の各関係局(DOA、イエジン農業大学、DOP 等)や地方事務所、種苗会社、JICA 農業関連プロジェクト等との密接な協力が必要と考えている。これまで、本プロジェクトは九州大学、名古屋大学、DAR の3者の限られた人数と閉じた枠組みで取り組んできた。閉じた枠組みで運営してきた大きな利用としては、作出過程にある種子および情報の流出を恐れていたことであるが、プロジェクト後半には、少し開放した系のもとでプロジェクト運営を行う必要があると認識している。プロジェクト後半は「より閉じた系」におけるプロジェクト運営となった。
 3. プロジェクト関連分野の現状と課題については、本プロジェクトのイネ科学の学術上の現状やミャンマー国にけるイネ育種の現状と課題は、課題提案時から大きな変更はないものと考えられる。その内容は、本報告「2-(1)．プロジェクト全体のねらい」に記載した。
- 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・インパクト・持続性を高めるために実際に行った工夫
 1. 本プロジェクトで開発する有望系統(Priority 1 の育種材料)のなかで、最初に品種登録の候補となる有望系統は、地方銘柄米である Paw San Hmwe と Inma Ye Baw に早生および高収量性を付加した系統になると考えている。これらの有望系統は深水等の不良環境に適応して、独特の食味を備えた原品種の特徴を維持し、早生および高収量性を備えた系統となる。これらの系統は、現場や行政のニーズの高い系統であるので、本プロジェクトの妥当性・有効性・効率性・インパクトは高く、**政府高官の DAR 訪問の際にも見学場所に指定されることが政変以降も多く、その期待感は伝わってくる。**作出系統自体の妥当性・有効性・効率性・インパクトに依存する部分が大であることから、妥当性・有効性・効率性・インパクトを高める特段の工夫は行ってこなかったが、**宣伝活動等については、政変以降は政変以前に比較すると控えるようにした。**
 2. 有望系統の開発以外に本プロジェクトの大きな目標の一つにイネ育種システムの構築がある。研究項目[1]や[2]で述べたように、短日処理による世代促進、戻し交配育種、DAN マーカー選抜、育種材料の展開と選抜、育種材料の種子の維持・管理、育種材料の文書化等のチーム内での技術移転は順調に推移し、イネ育種システムに対する国内の期待も大きいことから、本プロジェクトの妥当性・有効性・効率性・インパクトは、これまで行った育種活動によって高められたものと期待している。ただし、現在、Khin Thanda Win

氏(九大の JST 経費雇用者)が中心に行っている育種活動の全体把握や育種戦略や育種計画に資する人材に関しては、以下に述べる観点から不安感は否めない。

- ・上記イネ育種技術や経験を有する技術者がミャンマー国には非常に少ない。
- ・現段階では、本プロジェクトのチームメンバーも若くて未熟である。

このように、本プロジェクト終了後の持続性については、資金面だけではなく、人材面での不安材料も多い。

■ 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

中間評価時点では以下のような点を述べたが、政変によるミャンマーの社会混乱を考える現在ではプロジェクトで対処できる点は少ない。参考までに、中間評価で述べた内容を以下に記す。

1. 前述のように、本プロジェクト終了後の持続性について、人材面での不安感を指摘した。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としては、DARの中にイネ育種を推進する組織的な手当が必要であると思われる。現在、イネ育種の役割を担う小組織としてDAR内にRice Sectionが設置されているが、国外のドナーの適応性試験に終始している感がある。自らが自らの資源を利用して育種に取り組む組織が必要であると思われる。モデルとして、以下のような体制が考えられるかと思う。

モデル A: 以前の日本のイネ育種組織の部屋(研究室)制度のような体制を導入する。すなわち、50歳、40歳、30歳くらいの3名の研究者で1研究室が構成され、新たな遺伝子型創出に注力して育種事業を展開する。少なくとも、この研究室には10年以上在籍し、育種材料の展開と選抜、育種材料の種子の維持・管理、育種材料の文書化等について代々責任を持って行い、必要な経験を修得するとともに、研究室所属の技術員の教育も担当する。また、この研究室以外に、現地適応性試験や栽培技術の改良を行う栽培研究室、育種に資する方法論の適用や基礎的かつ基盤的な研究を展開できる育種法研究室も必須と思われる。

モデル B: 1980年代までのIRRIの育種体制のように、1人の優秀な研究室長のもとに、4,5人の担当研究員が育種事業を分担し(年齢構成はマチマチの方が良い)、各研究員の下に数名の技術員を置く。

2. 今後、ミャンマーの米が国際市場での競争力をつけるためには生産量の増加と量から質への転換が不可欠であり、国内の優良種子への需要は今後もさらに増加するものと思われる。そのため現在ある人材と施設を活用し、民間業者へのBS種子の販売と育種研修等を実施し、優良種子の配布体制を築くことから農家の裨益に直結するシードフロー体制が求められると思われる。この体制を構築することからDARの人材や資金等のキャパシティが確保されると思われる。
3. プロジェクトによる機材供与や人材育成により、ミャンマー国内でのDNAマーカーを利用した遺伝子型選抜のプラットフォームを構築することができた。この技術と人材と設備を活用し、外部からの分析等を請け負う体制を整備すると共に、同技術を活用した分析研修コースを民間や他の研究機関を対象に実施することから、技術レベルの維持と資金確保が模索できると思われる。
4. 多種多様な稲作を営むミャンマーを「ASEANのイネ育種の場」と位置づけ、ASEAN内の研究機関との共同研究案件を立上げ継続的な人材育成に取り組む。例えば地域的に酷似しているタイにおける稲関連研究機関との同系異種の稲等を対象にした研究プロジェクトを立上げ、学術面と技術面でのレベルアップを計画し資金調達面での多様化も模索する。
5. またベトナムなどの他のASEAN諸国との共同研究プランを策定し、研究者としての目的と役割を担うことから人的育成を継続する仕組みを作る。

- 諸手続の遅延や実施に関する交渉の難航など、進捗の遅れた事例があれば、その内容、解決プロセス、結果。
1. 長期研修員の日本での研修（博士後期課程と修士課程）については来日が遅れる事例があった。すなわち、入国が遅延したため具体的な研究を開始することができず、3年間の就学期間中に博士の学位を取得することができるか危惧された。九州大学では「長期研修制度」が設けられ、本制度を活用して来日後3年間の研究活動(長期研修)を保証することとなった。一方、鹿児島連合大学院博士後期課程(佐賀大学)では、九州大学の制度を参考に長期研修期間の確保を目指すこととした。これらの遅れは、プロジェクトの1年延長で解消された。
 2. 共同研究ならびに長期研修期間に利用するミャンマーイネのコアコレクションの輸入手続き・増殖が大幅に遅れた。コロナ禍での輸入であったので、郵送や携行等を模索した結果、長期研修員が2020年10月30日に来日するので、この機会を利用して、玄米種子を携行・輸入してもらうこととした。両国で輸入に必要な手続きを終え、長期研修員が10月30日に玄米種子を携行し、成田空港植物防疫カウンターに提出した。
 3. コロナ禍および政変という想定外の「外部条件の大幅な変更」によりミャンマーでのプロジェクト運営は困難を極めたため、諸手続の遅延や実施に関する交渉の難航に関する事例は多い。長期研修の手続き、プロジェクトメンバーの出入国の手続、プロジェクトの延長手続き、調整員の雇用、ミャンマーにおける運営費の使用等において、手続の遅延や交渉の難航が生じた。
 4. JST、JICA 本部、JICA ヤンゴン事務所、プロジェクトのメンバーからなる「合同会議」を2021年3月からオンラインで開催し、プロジェクト進捗の把握ならびに諸課題の共有と改善を行ってきた。なお、ミャンマーとの連絡は「プロジェクト技術会議」をほぼ毎週開催して、プロジェクト進捗の把握ならびに諸課題の共有と解決を図った。

・社会実装に向けた取り組み（研究成果の社会還元）（公開）

(1) 成果展開事例

特にない

(2) 社会実装に向けた取り組み

- 2019年10月22日にミャンマーテレビ放送局の取材を受けた。そのプログラム名、URL、簡単な内容を記す。

Information about TV News about our project

Program Name: Myanmar National TV (MNTV channel) interview

URL:<https://www.facebook.com/mntvnewsofficial/videos/410446609630762/UzpfSTeWMDAwODMzOTM4MTU4MDoyNTU0NzU0MzY4MTQ1ODUx/?id=100008339381580>

Broadcasting date: October 22, 2019

Brief Contents:

Collaboration with Kyushu University, Japan and Department of Agricultural Research, Rice Genomic Breeding Project is currently developing high yielding Paw San Hmwe and Inn Ma Yebaw which can grow any season using genomic technologies and backcrossing. Since Paw San Hmwe is quality rice with aroma, improved Paw San Hmwe variety should retain its original eating quality and fragrance. Breeding program and generation advancement using marker-assisted selection will continue until recovering its eating quality and fragrance. Moreover, insect and disease resistant PSH and IMY varieties are also developing. Improved varieties would be registered at the end of project.

・日本のプレゼンスの向上（公開）

特にない

・その他（非公開）

特にない

以上

・成果発表等

(1) 論文発表等 [研究開始～現在の全期間] (公開)

原著論文(相手国側研究チームとの共著)

年度	著者名,論文名,掲載誌名,出版年,巻数,号数,はじめ～おわりのページ	DOIコード	国内誌/ 国際誌の別	発表済 /in press /acceptedの別	特記事項(分野トップレベル雑誌への掲載など、特筆すべき論文の場合、ここに明記ください。)
2023	Saw Bo Day Shar, Cuong Dinh Nguyen, Sachiyo Sanada-Morimura, Hideshi Yasui, Shao-Hui Zheng and Daisuke Fujita. "Development and characterization of near-isogenic lines for brown planthopper resistance genes in the genetic background of japonica rice 'Sagabiyori'", <i>Breed. Sci.</i> (2023 Sep); 73(4):382-392.	10.1270/jsbbs.23017	国際誌	発表済	ウンカ増殖抑制に必須であるイネの抵抗性アレルを探索し、良食味(高品質)米の遺伝的背景に導入を行った。
2023	Moe Moe Hlaing, Yoshiyuki Yamagata, Tomoyuki Furutab, Khin Thanda Wina, Ohm Mar Sawc, Akinori Ozakid, Hideshi Yasuia and Atsushi Yoshimura. "Genetic variation in heading dates and phenological parameters of Myanmar rice", <i>PLANT PRODUCTION SCIENCE</i> , Volume 27, 2024 - Issue 2	https://doi.org/10.1080/1343943X.2024.2308336	国際誌	発表済	季節変化に基づくミャンマー産イネ品種の日長応答性を明らかにした。
2023	Tomoyuki Furuta, Ohm Mar Saw, Sandar Moe, Khin Thanda Win, Moe Moe Hlaing, Aye Lae Lae Hlaing, Min San Thein, Hideshi Yasui, Motoyuki Ashikari, Atsushi Yoshimura, Yoshiyuki Yamagata. "Development of genomic and genetic resources facilitating molecular genetic studies on untapped Myanmar rice germplasm", <i>Breeding Science</i> , 2024 Volume 74 Issue 2 Pages 124-137	10.1270/jsbbs.23077	国際誌	発表済	ミャンマーイネ遺伝資源の分子遺伝学的研究を促進するためのゲノム情報ならびに遺伝子情報を開拓した。
2023	Khin Thanda Win, Moe Moe Hlaing, Aye Lae Lae Hlaing, Zin Thu Zar Maung, Khaing Nwe Oo, Thinzar Nwe, Sandar Moe, Thein Lin, Ohm Mar Saw, Thado Aung, Mai Swe Swe, San Mar Lar, Ei Shwe Sin, Yoshiyuki Yamagata, Enrique R. Angeles, Yuji Matsue, Hideshi Yasui, Min San Thein, Naing Kyi Win, Motoyuki Ashikari and Atsushi Yoshimura. "Incorporation of Photoperiod Insensitivity and High-Yield Genes into an Indigenous Rice Variety from Myanmar, Paw San Hmwe", <i>Agronomy</i> 2024, 14(3), 632	10.3390/agronomy14030632	国際誌	発表済	ミャンマー-在来イネ品種Paw San Hmweへ日長非反応性および高収量遺伝子を導入する育種を実践した。

論文数 8 件
うち国内誌 0 件
うち国際誌 4 件
公開すべきでない論文 4 件

原著論文(上記 以外)

年度	著者名,論文名,掲載誌名,出版年,巻数,号数,はじめ～おわりのページ	DOIコード	国内誌/ 国際誌の別	発表済 /in press /acceptedの別	特記事項(分野トップレベル雑誌への掲載など、特筆すべき論文の場合、ここに明記ください。)
2017	Thu, T. T. P., Yasui, H., and Yamakawa, T., Effects of salt stress on plant growth characteristics and mineral content in diverse rice genotypes. <i>Soil Science and Plant Nutrition</i> , (2017), 63(3), 264-273.	10.1080/00380768.2017.1323672	国際誌	発表済	世界のイネ品種の耐塩性の評価を行い、塩ストレス下における植物体の部位別の陽イオン蓄積量を明らかにした。
2017	Bessho-Uehara K, Furuta T., Masuda K, Yamada S, Angeles-Shim R., Ashikari M., Takashi T. Construction of rice chromosome segment substitution lines harboring <i>Oryza barthii</i> genome and evaluation of yield-related traits. <i>Breeding Sci.</i> , (2017), 67(4): 408-415.	10.1270/jsbbs.17022	国際誌	発表済	アフリカのイネ野生種における染色体置換系統群の作出と有用農業形質遺伝子座の探索を行った。
2017	Kuroha T., Nagai K., Kurokawa Y., Nagamura Y., Kusano M., Yasui H., Ashikari M., Fukushima A. eQTLs regulating transcript variations associated with rapid internode elongation in deepwater rice. <i>Front. Plant Sci.</i> , (2017), 8: 1753.	10.3389/fpls.2017.01753	国際誌	発表済	イネ耐水性に寄与する遺伝子領域の推定を行った。
2017	Matsukawa, M., M. Tasaki, K. Doi, K. Ito, K. Kawakita and T. Tanaka (2017) Regional population differences of the brown planthopper (<i>Nilaparvata lugens</i> Stål) in Cambodia using genotyping-by-sequencing. <i>Bull. Entomol. Res.</i>	10.1017/S0007485317000992	国際誌	発表済	イネの主要害虫の一つであるトビイロウンカの集団構造をDNA配列から明らかにした
2018	Thu, T. T. P., Yasui, H., & Yamakawa, T. Allocation of macronutrients in roots, sheaths, and leaves determines salt tolerance in rice. <i>Amer. J. of Plant Sci.</i> , (2018), 9: 1051-1069	10.4236/ajps.2018.95081	国際誌	発表済	イネ栽培品種群の塩ストレス下における主要陽イオンの部位別の蓄積量と耐塩性反応の関連を明らかにした。
2018	Kurokawa Y., Nagai N., Hung P.D., Shimazaki K., Qu H., Mori Y., Toda Y., Kuroha K., Hayashi N., Aiga S., Itoh J., Yoshimura A., Sasaki-Sekimoto Y., Ohta H., Shimojima M., Malik A. I., Pedersen O., Colmer T. D. Ashikari M., Rice leaf hydrophobicity and gas films are conferred by a wax synthesis gene (LGF1) and contribute to flood tolerance. <i>New Phytologist</i> . (2018), 218:1558-1569.	10.1111/nph.15070	国際誌	発表済	イネの耐水・耐乾燥性に関わる遺伝子を同定するとともに、そのメカニズムを明らかにした。
2018	Minami A., Yano K., Gamuyao R., Nagai K., Kuroha T., Ayano M., Nakamori M., Koike M., Kondo Y., Niimi Y., Kuwata K., Suzuki T., Higashiyama T., Takebayashi Y., Kojima M., Sakakibara H., Toyoda A., Fujiyama A., Kurata N., Ashikari M., Reuscher S. Time-course transcriptomics analysis reveals key responses of submerged deepwater rice to flooding. <i>Plant Physiol.</i> (2018), 76(4): 3081-3102.	10.1104/pp.17.00858	国際誌	発表済	イネ耐水性と植物ホルモンの動態について明らかにした。
2018	Kuroha T., Nagai K., Gamuyao R., Wang D., Furuta T., Nakamori M., Kataoka T., Adachi K., Minami M., Mori Y., Seto Y., Mashiguchi K., Yamaguchi S., Kojima M., Sakakibara H., Wu J., Ebana K., Mitsuda N., Masaru Home-Takagi M., Yanagisawa S., Yamasaki M., Yokoyama R., Nishitani K., Mochizuki T., Tamiya G., McCouch S. and Ashikari M. Ethylene-gibberellin signaling underlies adaptation of rice to periodic flooding. <i>Science</i> . (2018), 361, Issue 6398: 181-186.	10.1126/science.aat1577	国際誌	発表済	浮きイネの主要QTLの1つがジベレリン合成酵素遺伝子であることを明らかにした。
2018	Yamagata, Y., A. Yoshimura, T. Anai, S. Watanabe, Selection criteria for SNP loci to maximize robustness of high-resolution melting analysis for plant breeding. <i>Breed. Sci.</i> , (2018), 68: 488-498.	10.1270/jsbbs.18048	国際誌	発表済	高精度熱融解曲線解析によるSNP遺伝子型判定の成功率を高める方法を提案した。
2018	Phung H.D., D. Sugiura, H. Sunohara, D. Makihara, M. Kondo, S. Nishiuchi and K. Doi (2019) QTL analysis for carbon assimilate translocation-related traits during maturity in rice (<i>Oryza sativa</i> L.). <i>Breed. Sci.</i> 69: 289-296.	10.1270/jsbbs.18203	国際誌	発表済	乾物重および非構造的炭水化物の動態からイネの登熟に関連するQTLを探索した
2019	Yamagata, Y., K. T. Win, Y. Miyazaki, C. Ogata, H. Yasui, and A. Yoshimura. Development of introgression lines of AA genome <i>Oryza</i> species, <i>O. glaberrima</i> , <i>O. rufipogon</i> , and <i>O. nivara</i> , in the genetic background of <i>O. sativa</i> L. cv. Taichung 65. <i>Breed. Sci.</i> , (2019), 69: 359-363.	10.1270/jsbbs.19002	国際誌	発表済	イネ野生種およびアフリカイネの染色体断片導入系統群を作成した。
2019	Phi, C. N., D. Fujita, Y. Yamagata, A. Yoshimura, H. Yasui. High-resolution mapping of GRH6, a gene from <i>Oryza nivara</i> Sharma et Shastry conferring resistance to green rice leafhopper (<i>Nephotettix cincticeps</i> Uhler) <i>Breed. Sci.</i> (2019), 69: 439-446.	10.1270/jsbbs.19029	国際誌	発表済	野生イネに由来するイネのツマグロヨコバイ抵抗性遺伝子座GRH6の詳細な連鎖地図を構築した。
2019	Thein, H. W., Y. Yamagata, T. V. Mai, and H. Yasui. Four resistance alleles derived from <i>Oryza longistaminata</i> (A. Chev. & Roehrich) against green rice leafhopper, <i>Nephotettix cincticeps</i> (Uhler) identified using novel introgression lines. <i>Breed. Sci.</i> (2019) 69: 573-584.	10.1270/jsbbs.19060	国際誌	発表済	アフリカ産野生イネの保有するツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤を解明した。
2019	Ogami, T., H. Yasui, A. Yoshimura, Y. Yamagata. Identification of anther length QTL and construction of chromosome segment substitution lines of <i>Oryza longistaminata</i> . <i>Plants</i> , (2019), 8: 388.	10.3390/plants8100388	国際誌	発表済	アフリカ産多年生野生イネに由来する他殖促進に関する遺伝子を栽培イネに導入した。

2019	Mori Y., Kurokawa Y., Koike M., Malik A.I., Colmer T.D., Ashikari M., Pedersen O., and Nagai K. Diel O ₂ dynamics in partially and completely submerged deepwater rice: leaf gas films enhance internodal O ₂ status, influence gene expression and accelerate stem elongation for 'snorkelling' during submergence. <i>Plant Cell Physiol.</i> (2019) 60: 973–985.	10.1093/pcp/pcz009.	国際誌	発表済	イネ部分冠水時および完全冠水時における体内の酸素動態を明らかにした。
2019	Shim R., Reyes V., Valle M., Lapis R., Shim J., Sunohara H., Jena K. K., Ashikari M., Doi K. (2020) Marker-assisted Introgression of the Quantitative Resistance Gene pi21 Confers Broad Spectrum Resistance to Rice Blast. <i>Rice Science</i> , 27(2): 113 - 123.	10.1016/j.rsci.2020.01.002	国際誌	発表済	分子マーカーを用いてもち病抵抗性遺伝子を導入し抵抗性度合いを評価した。
2020	Nagai K., Mori Y., Ishikawa S., Furuta T., Gamuyao R., Niimi Y., Hobo T., Fukuda M., Kojima M., Takebayashi Y., Fukushima A., Himuro Y., Kobayashi M., Ackley W., Hisano H., Sato K., Yoshida A., Wu J., Sakakibara H., Sato Y., Tsuji H., Akagi T., Ashikari M. (2020) Antagonistic regulation of gibberellin response during growth of rice stem. <i>Nature</i> . 584, pages 109–114.	10.1038/s41586-020-2501-8	国際誌	発表済	浮きイネの主要QTLの2つを同定し、それぞれが拮抗的に茎伸長を制御していることを明らかにした。
2020	荒谷 遙香, Bui Thi Thu Ngoc, 山形悦透, 尾崎彰則, 安井秀 (2020) バングラデシュ産在来イネコレクションをもちいた耐塩性評価方法の確立. 九大農芸誌 75(2), 21-36.	10.15017/4104132	国内誌	発表済	イネの葉身の萎凋度, 葉鞘におけるミネラル含量, 溢液を指標として定量的な耐塩性評価を行い, 塩ストレス耐性品種では葉鞘におけるNa, Mg, Ca 蓄積の抑制がみられ, 塩ストレス感受性品種では溢液の量が多い傾向を見出した。
2020	Fujii T, Y. Matsue, Y. Kunihiro, T. T. Myint, A. Chit, T. Win, H. L. Tun, K. Ogata, Y. Yamagata, Z. M. Aung, L. Z. Myo, W. S. Htay. (2020) Variation in agronomic traits of Myanmar's major rice cultivars in wet season and dry season. <i>J. Fac. Agr. Kyushu Univ.</i> 64: 237-245.	10.5109/2339114	国内誌	発表済	マンマー主要8品種について、日長と降水量が異なるマンマー国内地域において雨期作と乾期作における地域適応性の評価を行った。
2020	Yamada S., Kurokawa Y., Nagai K., Shim R., Yasui H., Furuya N., Yoshimura A., Doi K., Ashikari M., Sunohara H. (2020). Evaluation of backcrossed pyramiding lines of the yield-related gene and the bacterial leaf blight resistance genes. <i>J. Intl Cooper Agric</i> , 18: 18–28.		国際誌	発表済	分子マーカーを用いた白葉枯病抵抗性遺伝子ともみ数増加遺伝子の導入とその評価を行った。
2020	Fukushima A., Kuroha T., Nagai K., Hattori Y., Kobayashi M., Nishizawa T., Kojima M., Utsumi Y., Oikawa A., Seki M., Sakakibara H., Saito K., Ashikari M. and Kusano M. (2020) Metabolite and phytohormone profiling illustrates metabolic reprogramming as an escape strategy of deepwater rice during partially submerged stress. <i>Metabolites</i> 10(2): 68.	10.3390/metabo10020068	国際誌	発表済	浮きイネの冠水時のメタボロームの動態を明らかにした。
2020	Lucob-Agustin, N., Sugiura, D., Kano-Nakata, M., Hasegawa, T., Suralta, R. R. Niones, J. M., Inari-Ikeda, M., Yamauchi, A. and Inukai, Y. The promoted lateral root 1 (plr1) mutation is involved in reduced basal shoot starch accumulation and increased root sugars for enhanced lateral root growth in rice. <i>Plant Science</i> 301: 110667.	10.1016/j.plantsci.2020.110667	国際誌	発表済	光合成同化産物の根への分配能の向上により、根系発育が促されることを実証した。
2020	Lucob-Agustin, N., Kawai, T., Takahashi-Nosaka, M., Kano-Nakata, M., Wainaina, C. M., Hasegawa, T., Inari-Ikeda, M., Sato, M., Tsuji, H., Yamauchi, A. and Inukai, Y. WEG1, which encodes a cell wall hydroxyproline-rich glycoprotein, is essential for parental root elongation controlling lateral root formation in rice. <i>Physiologia Plantarum</i> 169: 214-227.	10.1111/pp1.13063	国際誌	発表済	主軸根の螺旋伸長を通して、側根発育を促す遺伝子座の同定に成功した。
2020	Reyes, V.P., R.B. Angeles-Shim, M.S. Mendiola, M.C.C. Manuel, R.S. Lapis, J. Shim, H. Sunohara, S. Nishiuchi, M. Kikuta, D. Makihara, K.K. Jena, M. Ashikari and K. Doi (2021) Marker-assisted introgression and stacking of major QTLs controlling grain number (Gn1a) and number of primary branching (WFP) to NERICA cultivars. <i>Plants (Basel)</i> 10: 844.	10.3390/plants10050844	国際誌	発表済	NERICAイネ品種群に1穂粒数を増加させるQTLアレルを導入し、その効果を確認した
2021	Yong-Gen Yin, Yoshinao Mori, Nobuo Suzui, Keisuke Kurita, Mitsutaka Yamaguchi, Yuta Miyoshi, Yuto Nagao, Motoyuki Ashikari, Keisuke Nagai, Naoki Kawachi. Noninvasive imaging of hollow structures and gas movement revealed the gas partial-pressure-gradient-driven long-distance gas movement in the aerenchyma along the leaf blade to submerged organs in rice <i>New Phytologist</i> , 232(5): 1974-1984. (2021)	10.1111/nph.17726.	国際誌	発表済	浮きイネの冠水時の空気を取り込みを証明した。
2021	Kitony, J.K., H. Sunohara, M. Tasaki, J.I. Mori, A. Shimazu, V.P. Reyes, H. Yasui, Y. Yamagata, A. Yoshimura, M. Yamasaki, S. Nishiuchi and K. Doi (2021) Development of an aus-derived nested association mapping (aus-NAM) population in rice. <i>Plants (Basel)</i> 10: 1255.	10.3390/plants10061255	国際誌	発表済	イネ nested association mapping 集団を作出した。
2021	Kanako Bessho-Uehara, Yoshiyuki Yamagata, Tomonori Takashi, Takashi Makino, Hideshi Yasui, Atsushi Yoshimura, Motoyuki Ashikari. Exploring the Loci Responsible for Awn Development in Rice through Comparative Analysis of All AA Genome Species. <i>Plants</i> , 10, 4: 725. (2021)	10.3390/plants10040725	国際誌	発表済	イネ野生種および栽培種の芒QTLを明らかにした。
2021	Hasegawa, T., Lucob-Agustin, N., Yasufuku, K., Kojima, T., Nishiuchi, S., Ogawa, A., Takahashi-Nosaka, M., Kano-Nakata, M., Inari-Ikeda, M., Sato, M., Tsuji, H., Wainaina, C. M., Yamauchi, A. and Inukai, Y. Mutation of OUR1/OsbZIP1, which encodes a member of the basic leucine zipper transcription factor family, promotes root development in rice through repressing auxin signaling. <i>Plant Science</i> 306: 110861.	10.1016/j.plantsci.2021.110861	国際誌	発表済	オーキシン信号伝達の制御を通して、側根発育を促す遺伝子座の同定に成功した。
2022	Kawai, T., Shibata, K., Akahoshi, R., Nishiuchi, S., Takahashi, H., Nakazono, M., Kojima, T., Nosaka-Takahashi, M., Sato, Y., Toyoda, A., Lucob-Agustin, N., Kano-Nakata, M., Suralta, R. R., Niones, J. M., Chen, Y., Siddique, K. H. M., Yamauchi, A. and Inukai, Y. WUSCHEL-related homeobox family genes in rice control lateral root primordium size. <i>PNAS</i> , 119: e2101846119.	10.1073/pnas.2101846119	国際誌	発表済	側根の発育制御に関して拮抗的に作用する二つの遺伝子を同定した。
2022	Kawai, T., Akahoshi, R., Shelley, I. J., Kojima, T., Sato, M., Tsuji, H. and Inukai, Y. Auxin distribution in lateral root primordium development affects its size and lateral root diameter in rice. <i>Frontiers in Plant Science</i>	10.3389/fpls.2022.834378	国際誌	発表済	側根原基基部でのオーキシンの蓄積により、側根の発育が促されることを明らかにした。
2022	Nagai, K., Kurokawa, Y., Mori, Y., Minami, A., Reuscher, S., Wu, J., Matsumoto, T., and Ashikari, M. SNORREL Genes Relating to Flood Tolerance Were Pseudogenized in Normal Cultivated Rice. <i>Plants</i> 2022, 11(3), 376	10.3390/plants11030376	国際誌	発表済	通常の栽培イネにおける浸水に応じて深水イネの節間伸長を制御するエチレン応答因子SNORREL1 (SK1) および SNORREL2 (SK2) の構造と機能を明らかにした。
2023	Bessho-Uehara, K., et al. 2023 Regulator of Awn Elongation 3, an E3 ubiquitin ligase, is responsible for loss of awns during African rice domestication. <i>PNAS</i> , 2023, 120: e2207105120	10.1073/pnas.2207105120	国際誌	発表済	アフリカの栽培化において、芒消失に関わった遺伝子を同定した。
2023	Ayumi Agata, Motoyuki Ashikari, Yutaka Sato, Hidemi Kitano, Tokunori Hobo. 2023 Designing rice panicle architecture via developmental regulatory genes. <i>Breeding Science</i> , 73(1): 86-94.	10.1270/jsbbs.22075	国際誌	発表済	イネの穂形質に関わる遺伝子の集積と収量に関わる表現型の関係について報告した。

論文数 33 件
うち国内誌 2 件
うち国際誌 31 件
公開すべきでない論文 0 件

その他の著作物(相手国側研究チームとの共著)(総説、書籍など)

年度	著者名,タイトル,掲載誌名,巻数,号数,頁,年	出版物の種類	発表済 /in press /acceptedの別	特記事項
著作物数			0 件	
公開すべきでない著作物			0 件	

その他の著作物(上記 以外)(総説、書籍など)

年度	著者名,論文名,掲載誌名,出版年,巻数,号数,はじめ - おわりのページ	出版物の種類	発表済 /in press /acceptedの別	特記事項
2017	吉村 淳, Feeding the world -イネの育種技術を生かした国際協力-, ARDEC, 2017, No.57, p2-6	一般財団法人日本水士総合研究所海外農業開発技術センター 刊行物	発表済	イネの育種技術を生かした国際協力に関して、ベトナムにおける吉村の長年の経験を概要し、その意義と可能性を言及した。
2018	Yoshimura, A., H. Yasui, P. V. Cuong, M. Ashikari, E. R. Angeles, N. V. Hoan, T. T. Phuong, Y. Yamagata, N. Hamaoka, K. Doi, T. T. Hanh, M. V. Tan, N. Q. Trung, N. Iseri, K. Ogata (2018) Development of rice promising lines using genomic technology and information in Vietnam. In: M. Kokubun, S. Asanuma (eds.) Crop Production under Stressful Conditions. Application of Cutting-edge Science and Technology in Developing Countries. Springer Nature, Singapore, Pp. 11-25.	国際誌	発表済	
2017	Nagai K., Hirano K., Angeles-Shim R.B., Ashikari M. (2018) Breeding applications and molecular basis of semi-dwarfism in rice. Rice Genomics, Genetics and Breeding : 155-176.	国際誌	発表済	
2017	Angeles-Shim R.B., Ashikari M. (2017) Advances in molecular breeding techniques for rice. Achieving sustainable cultivation of rice. Volume 1 P.27-49.	国際誌	発表済	
2020	黒羽 剛, 芦苺 基行 (2020) 洪水に適応する浮イネの急速な節間伸長機構、植物の生長調節 Vol. 55, No. 1, 2020.	総説	発表済	
2020	土井 一行, 芦苺 基行, 菊田 真由実, 横原 大悟 (2020) イネ収量関連遺伝子の同定と利用 -ケニアでの試み-, AGRICULTURAL BIOTECHNOLOGY Vol.4(7), 2020.	総説	発表済	
2020	Kuroha T., Ashikari M. (2020) Molecular mechanisms and future improvement of submergence tolerance in rice. Mol Breeding.	国際誌	発表済	
2021	芦苺基行, 永井啓祐 (2021) イネの茎伸長による洪水耐性機構の分子メカニズム、化学と生物 VOL.59, NO.12, Page.586-597.	総説	発表済	
2021	永井啓祐, 芦苺基行 (2021) イネの茎伸長を制御するアクセル因子とブレーキ因子の発見、バイオサイエンスとインダストリー VOL. 79 NO. 1.	総説	発表済	
2022	藤井智久, 安井秀 (2022) イネ判別品種に対するトビイロウンカ飛来個体群における加害性の長期モニタリング、植物防疫 第 76 巻第 8 号	総説	発表済	
2023	Keisuke Nagai, Motoyuki Ashikari. (2023) Molecular mechanism of internode elongation in rice. Breeding Science. Volume 73 Issue 2	総説	発表済	
著作物数			11 件	
公開すべきでない著作物			0 件	

研修コースや開発されたマニュアル等

年度	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	開発したテキスト・マニュアル類	特記事項
2023		DNA Extraction Protocols	プロジェクト期間中に実施したマーカー選抜およびGBSのためのDNA抽出法をマニュアル化した。
2023		Sesory Evaluation of Cooked Rice	松江氏が2023年2月に渡緬して実施した食味官能試験の内容をマニュアル化した。

成果発表等

(2) 学会発表(研究開始～現在の全期間)(公開)

学会発表(相手国側研究チームと連名)(国際会議発表及び主要な国内学会発表)

年度	国内/ 国際の別	発表者(所属)、タイトル、学会名、場所、月日等	招待講演 /口頭発表 /ポスター発表の別
2017	国内学会	吉村 淳(九州大学大学院農学研究院)、途上国のイネ育種をゲノム育種技術で迅速化できるか?、日本育種学会、岩手大学農学部、2017年10月7日	招待講演
2021	国内学会	Saw Bo Day Shar, Cuong Dinh Nguyen, Yushi Honda, Erina Nakashima, Daisuke Fujita, Development and characterization of near-isogenic lines (NILs) carrying brown planthopper resistance genes using japonica rice cultivar Sagabiyori、日本育種学会第16回九州育種談話会、オンライン開催、11月27日、2021年11月27日発表、ポスター発表	ポスター発表
2021	国内学会	Thein Lin, Nakamura Tetsuhiro, Kumamaru Toshihiro, Kubo Takahiko, Identification of a gene causing floury endosperm in rice(イネ粉質胚乳変異体の原因遺伝子の同定)、日本育種学会第141回講演会、オンライン開催、3月20-21日、2022年3月21日に発表	ポスター発表
2022	国内学会	Saw Bo Day Shar, Dinh Cuong Nguyen, 鄭 紹輝, 藤田 大輔, 日本型水稲品種「さがびより」の遺伝的背景をもつトイロウンカ抵抗性遺伝子に関する集積系統の育成と評価、日本育種学会第142回講演会、帯広畜産大学、9月23-24日、2022年9月23日に発表	口頭発表
2022	国内学会	Moe Moe Hlaing·Khin Thanda Win·Ohm Mar Saw·山形悦透·安井 秀·吉村 淳、季節変化に基づくミャンマー産イネ品種の日長応答性、日本育種学会143回講演会、静岡大学、3月17-18日、2023年3月18日発表	口頭発表
2022	国内学会	Nang Moe Kham·山形悦透·吉村 淳·安井 秀、Moe Kham Nang, ミャンマーのインド型イネ品種を用いたツマグロヨコバイ抵抗性のゲノムワイドアソシエーション解析、日本育種学会143回講演会、静岡大学、3月17-18日、2023年3月18日発表	口頭発表
2023	国内学会	Saw Bo Day Shar·Cuong Dinh Nguyen·Shao-Hui Zheng·Daisuke Fujita, Substitution mapping and characterization of brown planthopper resistance genes from traditional rice cultivar 'Rathu Heenati' (<i>Oryza sativa</i> L.)、日本育種学会第18回九州育種談話会、2023年12月14日、2023年12月14日発表	ポスター発表
2023	国内学会	Moe Sander, Quynh Ha, Koutaro Miura, Keusuke Nagai, Vincent Rays, Kazuyuki Doi and Motoyuki Ashikari, イネ矮小突然変異体d1を用いた節間伸長パターンを制御するQTLの検出(1)、日本育種学会145回講演会、東京大学、3月16-17日、2024年3月16日発表	口頭発表

招待講演 1件
口頭発表 4件
ポスター発表 3件

学会発表(上記 以外)(国際会議発表及び主要な国内学会発表)

年度	国内/ 国際の別	発表者(所属)、タイトル、学会名、場所、月日等	招待講演 /口頭発表 /ポスター発表の別
2017	国内学会	別所-上原奏子、山形悦透、増田健吾、吉村淳、芦荻基行(名大院) イネAAゲノム種における芒形成遺伝子の保存と芒表現型の調査、日本育種学会 第132回講演会、岩手、2017年10月	ポスター発表
2017	国内学会	永井 啓祐、黒羽 剛、芦荻 基行(名大院) イネが水田で生きるためには ~コンベイ糖状細胞の発見とガス交換の仕組み~、2017年度遺伝研研究会 イネ分子遺伝学の方向性、静岡、2017年11月	口頭発表
2017	国内学会	PHUNG Danh Huan, 春原英彦, 西内俊策, 土井一行 イネ転流関連形質のQTLマッピング 第25回日本育種学会中部地区談話会、静岡大学、2017年11月	ポスター発表
2017	国内学会	國枝真依、鈴木竜、田崎三香子、西内俊策、土井一行、春原英彦 台中65号と麗江新団黒谷の交雑で見出されたイネのF2弱勢 第25回日本育種学会中部地区談話会、静岡大学、2017年11月	ポスター発表
2017	国内学会	PHUNG Danh Huan, 春原英彦, 西内俊策, 土井一行 QTL analysis for temporal alteration of eah chlorophyll content during maturity sgate in rice 日本育種学会第133回講演会、九州大学、2018年3月	ポスター発表
2017	国内学会	國枝真依、鈴木竜、田崎三香子、西内俊策、土井一行、春原英彦 台中65号と麗江新団黒谷の交雑で見出されたイネのF2弱勢遺伝子hwj1とhwj2 日本育種学会第133回講演会、九州大学、2018年3月	ポスター発表
2018	国内学会	保浦徳昇、石原亮太、藤歩美、太田自由、黒羽剛、西谷和彦、北野英己、芦荻基行(名大院) イネ強稈化に関わる量的形質遺伝子座qGF1の機能解析、イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2018、静岡、2018年7月	ポスター発表
2018	国内学会	國枝真依、春原英彦、田崎三香子、西内俊策、土井一行 台中65号とausイネの交雑後代で見出された分離ゆがみの遺伝解析 日本育種学会第134回講演会、岡山大学、2018年9月	ポスター発表
2018	国内学会	永井 啓祐、芦荻 基行(名大院) イネの節間伸長における相転換、国立遺伝学研究所研究会「イネ分子遺伝学の飛躍」、静岡、2018年10月	口頭発表
2018	国内学会	Vincent P. Reyes, Rosalyn B. Angeles-Shim, Ruby S. Lapis, Junghyun Shim, 春原英彦, Kshirod K. Jena, 芦荻基行, 土井一行 イネ品種NERICA4におけるGn1aおよびWFP遺伝子の一穂粒数増加アレル導入の効果 日本育種学会中部地区談話会、愛知教育大学、2018年10月	ポスター発表
2018	国内学会	Than Kutay Soe, 國枝真依、春原英彦、田崎三香子、鈴木竜、西内俊策、土井一行 イネF2弱勢分離集団における水耕栽培を用いた根長のQTL解析 日本育種学会中部地区談話会、愛知教育大学、2018年10月	ポスター発表
2018	国内学会	森欣順、永井啓祐、Timothy Colmer, Ole Pedersen, 芦荻基行、冠水時における浮イネ植物節間内の酸素濃度および遺伝子発現変動の解析、第60回日本植物生理学会年会、愛知、2019年3月	口頭発表
2018	国内学会	セイン・ニン・ワー、山形悦透・マイ・ヴァン・タン、安井 秀(九大院農) アフリカ産野生イネ <i>Oryza longistaminata</i> のツマグロヨコバイ高度抵抗性は4つの抵抗性アレルの集積効果による、日本育種学会 第135回講演会、千葉、2019年3月	口頭発表
2018	国内学会	Nguyen Dinh, C., T. Okano, M. Matsumura, H. Yasui, D. Fujita (Fac. Agri., Saga Univ.) Characterization of brown planthopper resistance using near-isogenic and pyramided lines carrying resistance genes in rice, 日本育種学会 第135回講演会、千葉、2019年3月	ポスター発表
2019	国内学会	芦荻基行(名大院)、Activation of intercalary meristem for stem elongation in rice、第73回日本栄養・食糧学会大会、静岡、2019年5月	招待講演
2019	国際学会	芦荻基行:イネの基礎研究からグローバル展開へ、Principles of pluripotent stem cells underlying plant vitality、宮城、2019年5月	招待講演
2019	国際学会	永井 啓祐、石川慎、森欣順、新美陽子、芦荻基行:Antagonistic regulatory mechanism by accelerating and decelerating factors in internode elongation of rice for flooding adaptation.、The 13th International Society of Plant Anaerobiosis Conference, Taiwan, 2019年6月	口頭発表
2019	国際学会	森欣順, Timothy David Colmer, 芦荻基行, Ole Pedersen, 永井 啓祐:冠水時における浮イネ植物節間内の酸素濃度および遺伝子発現変動の解析、The 13th International Society of Plant Anaerobiosis Conference, Taiwan, 2019年6月	口頭発表

2019	国内学会	縣歩美、保浦徳昇、安藤考紀、太田自由、小嶋美紀子、竹林裕美子、竹原清日、土井一行、上口(田中)美弥子、鈴木孝征、榊原均、松岡信、芦苺基行、犬飼義明、北野英己: 2つの遺伝子がイネの穂型を制御する、日本育種学会第136回講演会、奈良、2019年9月	ポスター発表
2019	国内学会	芦苺基行: 野生イネ研究の扉を開けたかも?、国立遺伝学研究所研究会「イネ分子遺伝学の夢」、静岡、2019年11月	口頭発表
2019	国内学会	芦苺基行: 「何がわからないか」が、わかること。~様々な角度からみることで見えてくる自然の秘密~、農学中手の会第5回研究集会、滋賀、2019年12月	招待講演
2019	国内学会	永井啓祐、芦苺基行: イネ節間伸長における拮抗的制御機構、第61回日本植物生理学会年会、大阪、2020年3月	口頭発表
2019	国内学会	藤原 渉、井上 惇之、安井 秀、山形 悦透(九大院・農)、 <i>Oryza sativa</i> L. と <i>O. glaberrima</i> Steud. 間種間雑種後代の F ₁ 花粉不稔に關与する遺伝子座 S18 の遺伝解析、日本育種学会第136回講演会、奈良、2019年9月	口頭発表
2019	国内学会	田畑 周作、山形 悦透、藤田 大輔、真田 幸代、松村 正哉、安井 秀(九大院・農)、加害性が異なるトビロウカ個体群を用いたインド型イネ品種「PTB33」のトビロウカ高度抵抗性に関する QTL 解析、日本育種学会 第136回講演会、奈良、2019年9月	口頭発表
2019	国内学会	藤原渉、井上惇之、久保貴彦、安井秀、吉村淳、山形悦透(九大院・農)、 <i>Oryza sativa</i> L.と <i>O. glaberrima</i> Steud.間種間交雑に由来するF1花粉不稔遺伝子座S18の近似同質遺伝子系統におけるタベート崩壊の異常 第14回九州育種談話会、熊本、2019年11月	ポスター発表
2019	国内学会	窪田隆一、阪田光和、村上亮、宮崎雄太、安井秀、吉村淳、山形悦透(九大院・農)、F1花粉不稔遺伝子座S21における <i>Oryza nivara</i> Sharma et Shastryアレレルと <i>O. meridionalis</i> Ng.アレレル間相互作用の検証、第14回九州育種談話会、熊本、2019年11月	ポスター発表
2019	国内学会	Ngoc B.T.T., H. Aratani, Y. Yamagata, and H. Yasui, (Fac. Agr., Grad. Sch., Kyushu Univ.) Evaluation of salinity stress tolerance in the rice core collection, 第14回九州育種談話会、熊本、2019年11月	ポスター発表
2019	国内学会	Evaluation of promising lines for rice bran oil in Vietnam, P. V. Cuong, T. T. Hanh, N. V. Hoan, H. Yasui, A. Yoshimura, (Vietnam Natl. Univ. Agr., Fac. Agr. Grad. Sch. Kyushu Univ.) 第14回九州育種談話会、熊本、2019年11月	ポスター発表
2019	国内学会	イネ節間伸長における拮抗的制御機構、第61回日本植物生理学会年会、大阪、2019年3月	口頭発表
2020	国内学会	芦苺基行、森欣順、石川慎、Gamuyao Rico、新美陽子、保浦徳昇、福田萌莉、榊原均、古田智敬、久野裕、佐藤和広、赤木剛士、小嶋美紀子、竹林裕美子、福島敦史、氷室泰代、小林正智、呉健忠、アキリ亘、吉田綾、辻寛之、佐藤豊、永井啓祐: ACE1とDEC1によるイネ節間伸長の antagonistic制御1、第84回日本植物学会、2020年9月	口頭発表
2020	国内学会	永井啓祐、森欣順、石川慎、Gamuyao Rico、新美陽子、保浦徳昇、福田萌莉、榊原均、古田智敬、久野裕、佐藤和広、赤木剛士、小嶋美紀子、竹林裕美子、福島敦史、氷室泰代、小林正智、呉健忠、アキリ亘、吉田綾、辻寛之、佐藤豊、芦苺基行: ACE1とDEC1によるイネ節間伸長の antagonistic制御2、第84回日本植物学会、2020年9月	口頭発表
2020	国内学会	増田健吾、別所(上原)奏子、Diane R. Wang, Rosalyn A. Shim, 小原圭介、永井啓祐、村瀬李梨、青木振一郎、古田智敬、三浦孝太郎、呉健忠、山形悦透、吉村淳、嘉村巧、Susan R. McCouch、芦苺基行: アフリカイネ栽培化過程で選抜された芒伸長遺伝子RAE3の同定と機能解析、第84回日本植物学会、2020年9月	口頭発表
2020	国内学会	村瀬李梨、青木振一郎、別所(上原)奏子、山形悦透、増田健吾、高師智、吉村淳、芦苺基行: 複数の野生イネに保存された芒形成遺伝子RAE5の同定、第84回日本植物学会、2020年9月	口頭発表
2020	国内学会	永井啓祐、森欣順、石川慎、Gamuyao Rico、新美陽子、保浦徳昇、福田萌莉、榊原均、古田智敬、久野裕、佐藤和広、赤木剛士、小嶋美紀子、竹林裕美子、福島敦史、氷室泰代、小林正智、呉健忠、アキリ亘、吉田綾、辻寛之、佐藤豊、芦苺基行: イネ節間伸長の開始制御機構の解明、日本育種学会第138回講演会、2020年10月	口頭発表
2020	国内学会	縣歩美、安藤考紀、太田自由、小嶋美紀子、竹林裕美子、竹原清日、土井一行、上口(田中)美弥子、鈴木孝征、榊原均、松岡信、芦苺基行、犬飼義明、北野英己、保浦徳昇: イネの多様な穂形態はPrl5/GA20ox4とPbl6/APO1のアレルの組み合わせによって形成される、日本育種学会第138回講演会、2020年10月	口頭発表
2020	国内学会	長谷川友美、ルコブノナウ、安福航希、兒島孝明、西内俊策、高橋(野坂)美鈴、井成(池田)真由子、佐藤萌子、辻寛之、犬飼義明: イネ our1 変異体はオーキシン信号伝達の抑制を通して根系発育を促す、日本育種学会第138回講演会、2020年10月	ポスター発表
2020	国内学会	保浦徳昇、縣歩美、安藤考紀、太田自由、小嶋美紀子、竹林裕美子、竹原清日、土井一行、上口(田中)美弥子、鈴木孝征、榊原均、松岡信、芦苺基行、犬飼義明、北野英己: イネの多様な穂形態の形成に關する Prl5/GA20ox4とPbl6/APO1で制御される遺伝子群の解析 日本育種学会第138回講演会、オンライン、2020年10月	ポスター発表
2020	国際学会	ReyesVP, Angeles-Shim RB, Lapis RS, Shim JH, Sunohara H, Jena KK, Ashikari M, Doi K: Improvement of Asian rice cultivars through marker-assisted introgression of yield QTLs Grain Number 1a (Gn1a) and Wealthy Farmer's Panicle (WFP) 47th Philippine Society for Biochemistry and Molecular Biology Annual Convention, オンライン、2020年12月	口頭発表
2020	国内学会	別所(上原)奏子、芦苺基行: イネ栽培化過程で選抜された芒伸長遺伝子RAEsに關する機能解析、第10回東北植物学会、2020年12月	口頭発表
2020	国内学会	古田智敬、芦苺基行、山本敏央: アフリカイネ遺伝資源を利用した育種学研究をしていたらバイオフィーマティションになった話、第12回中国地域育種談話会、2020年12月	口頭発表
2020	国際学会	ReyesVP., Angeles-Shim RB., Lapis RS., Shim JH., Sunohara H., Jena KK., Ashikari M., Doi K.: Improvement of Asian rice cultivars through marker-assisted introgression of yield QTLs Grain Number 1a (Gn1a) and Wealthy Farmer's Panicle (WFP), 47th Philippine Society for Biochemistry and Molecular Biology Annual Convention, オンライン、2020年12月	口頭発表
2020	国内学会	永井啓祐、森欣順、石川慎、Gamuyao Rico、新美陽子、保浦徳昇、福田萌莉、榊原均、古田智敬、久野裕、佐藤和広、赤木剛士、小嶋美紀子、竹林裕美子、福島敦史、氷室泰代、小林正智、呉健忠、アキリ亘、吉田綾、辻寛之、佐藤豊、芦苺基行: The regulation of phase transition in rice internode, 第62回日本植物生理学会年会、2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	永井啓祐、森欣順、石川慎、Gamuyao Rico、新美陽子、保浦徳昇、福田萌莉、榊原均、古田智敬、久野裕、佐藤和広、赤木剛士、小嶋美紀子、竹林裕美子、福島敦史、氷室泰代、小林正智、呉健忠、アキリ亘、吉田綾、辻寛之、佐藤豊、芦苺基行: イネ節間におけるジベレリンに回答した拮抗的伸長制御機構、日本育種学会第139回講演会、2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	別所(上原)奏子、大守知樹、永井啓祐、小嶋美紀子、縣歩美、榊原均、芦苺基行、保浦徳昇: Spatiotemporal gibberellin biosynthesis underlying the optimal rhizome development in <i>Oryza longistaminata</i> 、第62回日本植物生理学会、2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	古田智敬、佐藤豊、芦苺基行: アフリカイネ <i>Oryza glaberrima</i> 品種群を用いたゲノム育種基盤構築、日本育種学会第139回講演会、2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	河合翼、赤星良輔、高橋(野坂)美鈴、高橋宏和、佐藤豊、中園 幹生、山内 章、犬飼 義明: イネにおける可塑的な側根メリステムサイズ制御機構の解析、日本育種学会第139回講演会、2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	赤星良輔、河合翼、井成(池田)真由子、佐藤萌子、辻寛之、高橋(野坂)美鈴、高橋宏和、佐藤豊、中園 幹生、山内 章、犬飼義明: イネにおけるオーキシン局在に回答した側根原基形成機構、日本育種学会第139回講演会、2021年3月	口頭発表

2020	国内学会	神野 恭輔, 河合 翼, 土井 一行, 犬飼義明: イネにおける根特異的発現性を示す遺伝子の発現量を制御するシス配列の探索, 日本育種学会第139回講演会, 2021年3月	口頭発表
2020	国内学会	Kitony J, Reyes V, Sunohara H, Tasaki M, Nishiuchi S, Doi K: Nested association mapping using aus-derived population of rice 日本育種学会第139回講演会, オンライン, 2021年3月	ポスター発表
2020	国内学会	Reyes VP., Angeles-Shim RB., Sunohara H., Kitony JK., Nishiuchi S., Jena KK., Ashikari M., Doi K.: Development and evaluation of <i>Gn1a</i> and <i>WFP</i> introgression lines in NERICA genetic background, 日本育種学会第139回講演会, 2021年3月	口頭発表
2021	国内学会	稲田那菜・山形悦透・安井秀, 耐塩性アリの探索に向けたバングラデシュ産イネ品種の集団構造解析, 日本育種学会第140回講演会, オンライン開催, 9月23-25日, 2021年9月23日発表	口頭発表
2021	国内学会	玉越友梨・大上貴之・安井秀・山形悦透, アフリカ産野生イネ <i>Oryza longistaminata</i> の葯長を支配する <i>qATL6.1</i> 領域は複数のQTL領域に分割された, 日本育種学会140回講演会, オンライン開催, 9月23-25日, 2021年9月25日発表	口頭発表
2021	国内学会	平尾愛喜・藤田大輔・石川亮・小出陽平・安井秀・山形悦透, アフリカイネ <i>Oryza glaberrima</i> Steud. パネルを用いた出穂性に関するゲノムワイド関連解析, 日本育種学会140回講演会, オンライン開催, 9月23-25日, 2021年9月25日発表	口頭発表
2021	国内学会	梅原彩・安井秀・山形悦透, 野生イネをFounder系統とする連続戻し交雑Nested Association Mapping集団を用いたF ₂ 花粉不稔の遺伝解析, 日本育種学会140回講演会, オンライン開催, 9月23-25日, 2021年9月25日発表	口頭発表
2021	国内学会	河田倫典・安井秀・山形悦透, 染色体11の染色体断片導入系統群において観察された <i>Oryza glumaepatula</i> の供と親により異なるF ₂ 花粉不稔性, 日本育種学会140回講演会, オンライン開催, 9月23-25日, 2021年9月25日発表	口頭発表
2021	国内学会	河合翼, 赤星良輔, 児島孝明, 高橋(野坂)実鈴, 佐藤豊, 高橋宏和, 中園幹生, 佐藤萌子, 辻寛之, 山内章, 犬飼義明: イネにおけるオーキシン局在に応答した側根原基サイズの制御機構, 日本育種学会第140回講演会, 2021年9月	口頭発表
2021	国際学会	Kawai, T., Nosaka-Takahashi, M., Sato, Y., Chen, Y., Siddique, K. H. M., Takahashi, H., Nakazono, M., Yamauchi, A., Inukai, Y.: Development and genetic analysis of compensatory growth of lateral roots in rice, 10th Asian Crop Science Association Conference, 2021年9月	ポスター発表
2021	国内学会	黒木隆一, V.P. Reyes, A.D. Mabreja, 西内俊策, 土井一行. パスマティイネの耐冷性改善のための遺伝解析. 日本育種学会中部地区談話会, オンライン, 2021年11月	口頭発表
2021	国内学会	松山恵美子, 黒木隆一, 西内俊策, 土井一行. 乾燥ストレスに対するイネの根の可塑性の遺伝解析. 日本育種学会中部地区談話会, オンライン, 2021年11月	口頭発表
2021	国内学会	稲田那菜・山形悦透・安井秀, 海水を用いた土耕栽培によるイネ耐塩性評価法の改善, 日本育種学会第16回九州育種談話会, オンライン開催, 11月27日, 2021年11月27日発表	ポスター発表
2021	国内学会	河田 倫典・安井 秀・山形 悦透, 染色体5に検出されたF ₂ 花粉不稔関連QTLにおける <i>Oryza glumaepatula</i> 種内の変異, 日本育種学会第16回九州育種談話会, オンライン開催, 11月27日, 2021年11月27日発表	ポスター発表
2021	国内学会	馬場海希・山形悦透・安井秀・鄭紹輝・藤田大輔, <i>O. glaberrima</i> 染色体部分置換系統群を用いたトピロウカ抵抗性遺伝子の推定, 日本育種学会第16回九州育種談話会, オンライン開催, 11月27日, 2021年11月27日発表	ポスター発表
2021	国内学会	玉越友梨・大上貴之・安井秀・山形悦透, アフリカ産野生イネ <i>Oryza longistaminata</i> A. Chev. & Roehrichに由来し葯長を支配するQTL <i>qATL9</i> の同定, 日本育種学会141回講演会, オンライン開催, 3月20-21日, 2022年3月21日発表	ポスター発表
2021	国内学会	平尾愛喜・安井秀・山形悦透, <i>Oryza glaberrima</i> Steud.間の雑種集団において推定された温帯地域での出穂に関連するゲノム領域, 日本育種学会141回講演会, オンライン開催, 3月20-21日, 2022年3月21日発表	ポスター発表
2021	国内学会	永井啓祐, 芦苺基行, 節間伸長促進因子 SNORKEL-LIKEs の偽遺伝子化による水田イネ短稈化機構の解明, 日本育種学会第141回講演会, 2022年3月	口頭発表
2021	国内学会	黒木隆一, V.P. Reyes, A.D. Mabreja, 西内俊策, 土井一行. パスマティイネの耐冷性改善のための遺伝解析. 日本育種学会第141回講演会, オンライン, 2022年3月	口頭発表
2021	国内学会	河合翼, 柴田恭佑, 佐藤萌子, 辻寛之, 高橋宏和, 中園幹生, 高橋(野坂)実鈴, 佐藤豊, 犬飼義明: イネ根系形成におけるQHB/OsWOX5 遺伝子の多面的発現, 日本育種学会第141回講演会, 2022年3月	口頭発表
2021	国内学会	古田智敬, 芦苺基行, 山本敏央: 他殖性作物の多系交雑集団にも対応した遺伝子型データエラー修正ツール「GBScleanR」の開発, 日本育種学会第141回講演会, 2022年3月	口頭発表
2022	国内学会	河田 倫典, 安井 秀, 山形 悦透, <i>Oryza sativa</i> L. と <i>O. glumaepatula</i> Steud. 間の種間交雑において花粉不稔と種子不稔を引き起こすQTL <i>qSG11</i> の同定, 日本育種学会第142回講演会, 2022年9月	口頭発表
2022	国内学会	稲田 那菜, 山形 悦透, 安井 秀, 組換え自殖系統群を用いて検出された日本型イネに由来する耐塩性QTLの探索, 日本育種学会第17回九州育種談話会, 2022年12月	口頭発表
2023	国内学会	松嶋章・安井秀・山形悦透, <i>Oryza glumaepatula</i> を供と親とする戻し交雑組換え自殖系統に見出された穂数関連QTL. 日本育種学会第18回九州育種談話会, 2023年12月	ポスター発表
2023	国内学会	藤井晶大・安井秀・山形悦透, <i>Oryza glaberrima</i> アフリカ栽培イネの育種の利用を促す高親和性系統の作出と出穂性の遺伝的基盤の解明. 日本育種学会第18回九州育種談話会, 2023年12月	ポスター発表
2023	国内学会	広中利貴・安井秀・山形悦透, <i>Oryza glaberrima</i> による連続戻し交雑集団を用いたツマグロヨコバイ抵抗QTLの探索. 日本育種学会第18回九州育種談話会, 2023年12月	ポスター発表

招待講演	3件
口頭発表	43件
ポスター発表	27件

成果発表等

(3)特許出願【研究開始～現在の全期間】(公開)

国内出願

	出願番号	出願日	発明の名称	出願人	知的財産権の種類、出願国等	相手国側研究メンバーの共同発明者への参加の有無	登録番号 (未登録は空欄)	登録日 (未登録は空欄)	出願特許の状況	関連する論文のDOI	発明者	発明者所属機関	関連する外国出願
No.1													
No.2													
No.3													

国内特許出願数 0 件

公開すべきでない特許出願数 0 件

外国出願

	出願番号	出願日	発明の名称	出願人	知的財産権の種類、出願国等	相手国側研究メンバーの共同発明者への参加の有無	登録番号 (未登録は空欄)	登録日 (未登録は空欄)	出願特許の状況	関連する論文のDOI	発明者	発明者所属機関	関連する国内出願
No.1													
No.2													
No.3													

外国特許出願数 0 件

公開すべきでない特許出願数 0 件

・成果発表等

(4) 受賞等 [研究開始～現在の全期間] (公開)

受賞

年度	受賞日	賞の名称	業績名等 (「 の関与」など)	受賞者	主催団体	プロジェクトとの関係 (選択)	特記事項
2019	2019/4/17	文部科学大臣表彰(科学技術賞(研究部門))	イネ重要農業形質遺伝子の同定と機能解析および育種学的研究	芦苜基行	文部科学省	2.主要部分が当課題研究の成果である	
2020	2020/12/4	Best poster presenter (3rd Place)	Improvement of Asian rice cultivars through marker-assisted introgression of yield QTLs Grain Number 1a (Gn1a) and Wealthy Farmer's Panicle (WFP)	Reyes et al.	フィリピン生化学・分子生物学学会	3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2020	2021/3/20	日本育種学会 奨励賞	重複遺伝子説によるイネ属の種間雑種不稔機構の解明と種分化に関する研究	山形 悦透	日本育種学会	3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2021	2021/4/28	第139回講演会日本育種学会優秀発表賞	イネにおける根特異的発現性を示す遺伝子の発現量を制御するシス配列の探索	神野恭輔	日本育種学会	3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2021	2021/4/28	第139回講演会日本育種学会優秀発表賞	イネにおける可塑的な側根メリステムサイズ制御機構の解析	河合 翼	日本育種学会	3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2021	2021/9/10	10th Asian Crop Science Association Conference, Presentation Award	Development and Genetic Analysis of Compensatory Growth of Lateral Roots in Rice	河合 翼	Asian Crop Science Association Conference	3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2021	2021/12/9	第17回 JICA 理事長賞	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	ベトナム国立農業大学・九州大学・名古屋大学	独立行政法人国際協力機構	その他 (以前に実施したSATREPS事業の成果である)	
2022	2022/3/20	日本育種学会 奨励賞	イネ節間伸長の分子機構解明	永井 啓祐	日本育種学会	2.主要部分が当課題研究の成果である	
2023	2023/11/24	日本農学進歩賞	イネ節間伸長による洪水耐性の分子機構の解明	永井啓祐	農学会	2.主要部分が当課題研究の成果である	
2023	2024/3/16	日本育種学会賞	イネの形態形質に関する分子遺伝学的研究および育種への応用	芦苜基行	日本育種学会	2.主要部分が当課題研究の成果である	

10 件

マスコミ(新聞・TV等)報道

年度	掲載日	掲載媒体名	タイトル/見出し等	掲載面	プロジェクトとの関係 (選択)	特記事項
2018	2018./7/13	日本経済新聞	イネの背丈伸ばす遺伝子		3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2018	2018/7/13	中日新聞	イネ伸ばす遺伝子発見		3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2018	2018/8/18	朝日新聞デジタル WEBRONZA	洪水とともに生きるイネの驚異的な能力		3.一部当課題研究の成果が含まれる	
2018	2019/1/24	朝日新聞	浮きイネの遺伝子 水没防ぐ変異		3.一部当課題研究の成果が含まれる	

4 件

・成果発表等

(5) ワークショップ・セミナー・シンポジウム・アウトリーチ等の活動[研究開始～現在の全期間] (公開)

ワークショップ・セミナー・シンポジウム・アウトリーチ等

年度	開催日	名称	場所 (開催国)	参加人数 (相手国からの招聘者数)	公開/ 非公開の別	概要
2018	8月5日	植物の成長の仕組	名古屋大学・生物機能開発利用研究センター	9名	公開	
2018	8月9日	オープンキャンパス	名古屋大学・生物機能開発利用研究センター	10名	公開	
2019	5月17日	第73回日本栄養・食糧学会大会	静岡市清水文化会館マリナート	600名	公開	
2019	11月6日	高等学校第2学年の生徒に対する農学に関する模擬講義	愛知県立瑞陵高等学校	40名	非公開	
2019	11月29日	国立遺伝学研究所 研究会「イネ分子遺伝学の夢」	国立遺伝学研究所	50名	非公開	

5 件

合同調整委員会(JCC)開催記録(開催日、議題、出席人数、協議概要等)

年度	開催日	議題	出席人数	概要
2018	2019. 3. 6.	The first Joint Coordination Committee Meeting	30	JICA RGBMにおける第1回JCC会議を開催して、ミャンマー側活動と日本側活動の報告と今後の計画についてプレゼンを実施した上で、参加者との質疑応答を行なった。 JCC1では、まず関係者挨拶の後、ミャンマー政府関係者、JICAミャンマー事務所次長を含む関係者による記念撮影を実施した。その後、プロジェクト代表者の吉村が本プロジェクト全体の計画、ミャンマーにおける活動実施状況、今後の活動計画について報告を行った。引き続き、安井が本プロジェクトの日本における活動(JST支援)と今後の活動計画について報告を行った。2名の研究活動実施報告の後に、ミャンマー政府ならびにJICA関係者による質疑応答の時間を設けた。準備したPDM(案)について、ミャンマー政府関係者の同意を求め、今後の修正を含めて参加者間で合意した。
2019	2019. 11. 20.	Seminar of research review, JICA RGBM, 20 November, 2019 Nawarart Hall, DAR, Yezin	146	セミナーを開催して、ミャンマー側活動と日本側活動の報告と今後の計画についてプレゼンを実施した上で、参加者との質疑応答を行なった。
2019	2020. 3. 5.	The second Joint Coordination Committee Meeting	39	JICA RGBMにおける第2回JCC会議を開催して、ミャンマー側活動と日本側活動の報告と今後の計画についてプレゼンを実施した上で、参加者との質疑応答を行なった。 JCC2では、プロジェクト代表者の吉村が本プロジェクト全体の計画、ミャンマーにおける活動実施状況、本プロジェクトの日本における活動(JST支援)、今後の活動計画について報告を行った。

3 件

成果目標シート

研究課題名	ミャンマーにおけるイネゲノム育種システム強化
研究代表者名 (所属機関)	吉村 淳(九州大学)
研究期間	2017年採択(2017年6月1日～2024年3月31日)
相手国名 / 主要相手国研究機関	農業畜産灌漑省農業研究局
関連するSDGs	目標2、13、15

成果の波及効果

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、ミャンマー等、ASEAN諸国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	本課題で進めるマーカー選抜育種はこれまで日本ならびに世界で度々提案されてきた育種技術であるが、国内において実際に品種育成に利用された例は少ない。本課題では、マーカー選抜育種が実施されて実際に品種が開発され、育種を推進するスタンダードな技術としてマーカー選抜育種をより発展させる。また、さらなる選抜技術の改良のよって、汎用性の高い育種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、遺伝資源へのアクセス等	本課題で開発する有望系統群は、ミャンマー側と共有する予定である。これらは、ミャンマーばかりでなく、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材の育成	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。具体的には、大学院生・若手専門家の派遣を行う。
技術及び人的ネットワークの構築	両国の関係者の協働を通して、人的ネットワークがさらに強化される。一例として、構築されるネットワークを基盤に、他のグローバル化推進の科学技術施策に容易に応じることが可能となる。
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"> ■科学論文の作成 ■ミャンマー農民向けガイドライン(栽培指針および各種マニュアル)の作成

上位目標

ミャンマーにおいてイネの新品種が普及され、農村地域の生計向上、ならびに持続的農村開発が促進される

作出される有望系統がイネ新品種として登録され、強化されたイネ育種システムに基づき新たな有望系統の開発が行われる

プロジェクト目標

ミャンマーの自然・社会経済環境に適した有望系統の開発のための、イネ育種システムが強化される

