

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関する研究」

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(2017年)度/研究期間：5年/

相手国名：ミャンマー

令和元(2019)年度実施報告書

国際共同研究期間<sup>\*1</sup>

2018年5月3日から2023年5月2日まで

JST 側研究期間<sup>\*2</sup>

2017年6月1日から2023年3月31日まで

(正式契約移行日 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



## 2. プロジェクト成果の達成状況とインパクト(公開)

### (1)プロジェクト全体

#### ● 成果目標の達成状況とインパクト等

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形成に向けて、①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技術移転や、②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の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小項目を示す。()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(KU)、名古屋大学(NU)、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)

本プロジェクトは開始から2年を経過した。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。

研究題目[1]小項目[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環境整備と同時に DNA マーカー選抜の基盤を構築することとしている。本小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、最も世代の進んだ育種材料は現在(2020 年乾季)BC2F3 に達し、滞りなく世代促進および個体/系統選抜を進めた(研究題目[2]を参照)。これは、本項目で確立した育種システムが満足できる進行を示している証左であると考えられる。一方、2019年4月に導入された供与機材も6月に試運転を行い、9月からは試験研究に使用している。このように、ミャンマー国内で初めて DNA マーカーを利用した遺伝子型選検出(マーカー選抜)のプラットフォームが構築された。マーカー選抜に関しては、カウンターパートへの技術移転も徐々に進められている。

[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)を展開することとしている。本小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。これまで、名古屋大学および九州大学のメンバーは計 17 報の原著論文を公表した(VI.成果報告書 参照)。特に、耐水性研究に関して、本研究で見いだした節間制御遺伝子 *ACE1* は現在特許出願中であ

【令和元年度実施報告書】【200630】

り、研究内容は 2020 年 6 月に Nature 誌に受理された。また、耐虫性研究に関して、アフリカ原産の野生イネ *Oryza longistaminata* のツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝的基盤の解明について原著論文として公表した。また、トビイロウンカ高度抵抗性の網羅的 QTL 解析に関する論文を現在取りまとめ中である。

[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 (Genome Wide Association Analysis)を行っている。2018 年度は、コアコレクションの均一性の検討と個体選抜ならびに Genotyping By Sequencing (GBS)による DNA シークエンスを取得して、約 3,000 個の SNPs の同定、遺伝子型の判定、主成分分析および系統樹解析を行い、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。2019 年度は、2018 年度の結果から、GWAS に供試する集団として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。全ゲノム配列解読においては、まず、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。現在、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ている。一方、インディカ分集団に属し、研究項目[2]の戻し交配の反復親である 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6月に IMY のアセンブルがほぼ終了した。

以上、研究題目[1]では、DAR において戻し交配とマーカー選抜法を確立し、有用遺伝子の探索・同定・解析においては質量ともに計画以上の成果を収めた。さらに、ミャンマー遺伝資源の評価と利用においては、GWAS が緒についた。当研究題目の達成状況は極めて良好と自己評価している。また、Nature 誌に受理された耐水性に関する研究結果は、特筆すべき成果と言える。

研究題目[2]では、Rainfed lowland を対象として選定した在来品種 Paw Sam Hmwe (PSH) と Inn Ma Yebaw (IMY) ([2]-1)ならびに Upland を対象として選んだ Mote Soe Ma Kay Kyay (MSMKK) ([2]-2)は、不良環境に適応し、食味等から人気の高い品種である。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。2018 年 1 月から 2020 年 6 月まで、計 6 回の作付けを DAR で行き、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(Table 1)。

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。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(詳細は後述)。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。

以上、研究題目[2]全体として、予定通りの進行しており、優先順位の高い交配組合せについては、予定よりも早く進行している。

| Fiscal Year in Japan | Crop      | Generation                      | Priority   | Major activity  |
|----------------------|-----------|---------------------------------|------------|---|
| 2017FY -2018FY       | 2018DS    | Original cross                  |            | > Original cross was done between 17 recipients and 20 donors having useful genes.  |
| 2018FY               | 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.<br>> The BC2F1 seeds were obtained in middle April 2019.  |
|                      |           | BC1F1 F1                        | Priority 2 | > BC1F1 and F1 plants were backcrossed in May 2019 and the backcrossed 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 in mid August to December 2019.<br>> Phenotypic selection and Bulk/MAS were done for selection in BC2F2 generation.<br>> BC2F1 plants for RECP 1 were backcrossed again to obtain BC3F1 seeds.                  |
|                      |           | BC2F1 BC1F1 F1                  | Priority 2 | > BC2F2 seeds were obtained from BC2F1 plants in November 2019.<br>> BC1F1 and F1 plants were backcrossed in October 2019 and the backcrossed seeds were obtained in November 2019.   |
| 2020FY               | 2020DS    | BC2F3 BC3F1                     | Priority 1 | > BC2F3 plants of Priority 1 were grown from February to June 2020.<br>> Phenotypic selection and MAS were done for selection to obtain candidate BC2F4 seeds.<br>> 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.<br>> BC2F2 seeds were obtained from BC2F1 plants in June 2020.<br>> BC1F1 and F1 plants were backcrossed in April 2019 and the backcrossed seeds were obtained in May 2019.            |
| (Note)               |           |                                 |            |   |
|                      | RECP1     | Paw San Hmwe                    |            |   |
|                      | RECP14    | Inma Ye Baw (Thaegone)          |            |   |
|                      | RECP15    | Mote Soe Ma Kway Kyay (Aungban) |            |   |
|                      | RECP16    | Mote Soe Ma Kway Kyay           |            |   |

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)」や WISH プロジェクト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予定であるので、実施していない。一方、[3]-2 においては、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過去 2 カ年実施した。現在、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が蓄積されたので、取り纏めと分析を行なっている。

【令和元年度実施報告書】【200630】

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・ワークショップを行なうこととしている。2019年11月には、名古屋大学から芦荻教授と永井助教が来緬して、QTL解析と耐水性のメカニズムに関する講演を行った。また、同時期に九州大学から安井教授および山形准教授も来緬し、安井教授は本プロジェクトの日本側の進捗報告を行い、山形准教授は芦荻教授とともにシーケンス解析からGWASに至る一連の解析手法について講演を行った。一方、2020年3月に予定していたゲノム配列解析の実際については、コロナ禍の影響で延期となった。

以上、研究題目[3]は予定通りに進行している。

### ● プロジェクト全体のねらい(これまでと異なる点について)

我が国のイネ科学は基幹作物の育成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、かつ日本産米の有力な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ドイネは、アジア各地の固有の病虫害の変異に対する抵抗性育種がなされておらず、しかも多量の窒素肥料の投入を必要とするなど、さまざまな問題を抱えている。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の展開が可能である。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要対象国であるミャンマーでは多様な稲作が営まれている。なかでも、本課題で主たる対象とする農業生態系の地域は天水に頼る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。これまでアジアでは灌漑用水の整備された水田に適したイネ品種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品種の開発は、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農村地域は、典型的なミャンマー地方の農村部であり、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、イネ科学の成果が地域の安定と経済の発展に直接に反映される。

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品種の開発を主目的とする。このため、これまで日本で培われたゲノム育種技術を適用し、日本発の優れた科学技術(品種・系統)の展開を図る。

### ● 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(これまでと異なる点について)

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い。本プロジェクトでは、マーカー選抜育種が実施されて実際に品種が開発され、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される。

今回用いる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。

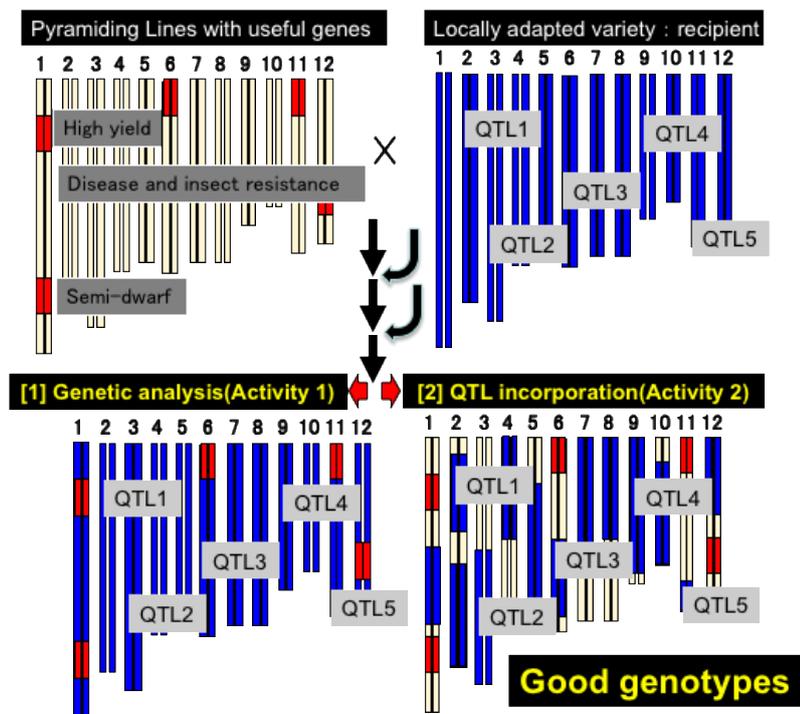


Fig. 1. Breeding strategy for defective environment.

さらには、Fig. 1 の右欄に示したように、従来の戻し交雑とマーカー選抜を併用した育種法は、右欄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は、一時的にそのままにしておいて、不良環境適応性の関連遺伝子群を Whole genome survey の結果を目安として残していく方法 (Fig. 1 右欄右下のグラフ遺伝子型) は独創性と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)、人的支援の構築(留学生、研修、若手の育成)等

日本側の研究運営体制

日本側は、九州大学は吉村、安井、山形、Khin Thanda Win、名古屋大学は芦荊、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してもらっている。

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 DAR 内に RGBM (Rice Genomic Breeding in Myanmar) ユニット を形成し、現在は総勢 23 名で試験・研究を行なっている。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ている。

#### 日本人材の育成(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「イネのトビ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。

#### 人的支援の構築(留学生、研修、若手の育成)等

2019 年は本 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の機会の模索と入学試験等の手続きを行った結果、以下の4件が実施あるいは内定した。

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)入学した。(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たが、コロナ禍で来日が遅れている。現在、受け入れ先指導教員によって 4 月よりオンライン授業にて教育を実施している。(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)に入学したが、コロナ禍で来日が遅れている。現在、受け入れ先指導教員によって 4 月よりオンライン授業にて教育を実施している。(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 が九州大学大学院修士課程入学が内定し、2020 年 10 月に来日予定である。

なお、九州大学修士課程に入学内定していたプロジェクト研究学生の留学は(2018 年度実施報告書に記載)はとりやめとなった。

日本への招聘と日本研修は 2019 年度には以下の 2 回行われた。

1. 2019 年 9 月 29 日から 10 月 6 日まで、Dr. Niang Kyi Win (DAR 局長)、Mr. Khin Soe (DAR Thegone 支場長)を招聘した。まず、九州大学理事(国際担当)ならびに農学研究院長を表敬訪問したのちに、九州大学におけるイネの遺伝育種学に関する研究内容、イネ遺伝子資源保存事業について説明した。また、国立開発法人農研機構九州沖縄農業研究センターを訪問し、日本におけるイネ育種事業についての講義を受講した上で、育種現場を視察した。合わせて福岡県・佐賀県をまたぐ筑後川水系の灌漑利水、圃場利用について視察した。
2. ミャンマー側のプロジェクトメンバーである Dr. Aye Lae Lae Hlaing、Ms. Khaing Nwe Oo、Mr. Thein Lin の 3 名が九州大学において研修を行った。研修内容は有望遺伝子 (*GNI* と *WFP*) のマーカー選抜であった。イネ生葉より DNA を調整し、SSR マーカーを用いて有望遺伝子 (*GNI* と *WFP*) を保有する個体を特定した。ミャンマーにおける研修としては、前述したように 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荻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ケ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。

【令和元年度実施報告書】【200630】

## (2) 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:芦荊)

DARグループ(リーダー:Naing Kyi Win)

### ① 研究題目1の当初の計画(全体計画)に対する当該年度の成果の達成状況とインパクト

研究題目[1]の各小項目について、2019年4月から現在(2020年6月)までの進捗状況(当該年度の成果の達成状況とインパクト)を中心に以下に述べる。また、カウンターパートへの技術移転の状況/想定されていたなかった新たな展開についても適宜記述する。

#### [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】

戻し交配法と世代促進法の導入と確立は、2018年1月(2018年乾期作)から育種ハウスの暗室利用による短日処理を開始し、2019年乾期作からは暗幕被覆法による短日処理も設置した。2020年6月まで6回の作付け(Table 1 参照)を行ったが、滞りなく短日処理を進め、試験材料に対する短日処理の効果に関するノウハウも蓄積された。戻し交配法も、現地プロジェクトサイトのメンバー約10人による温湯除雄と真空ポンプ除雄を併用した戻し交配も6作を通して安定的に実施された。なお、前述の短日装置の設置、育種ハウスの改修等(トイレの設置、ハウス内の居室の設置。周辺道路の舗装)については、2018年度中に完備した。コンクリート水田の新設は現在(2020年1月)工事中で2020年3月にほぼ完成した。

DNAマーカー選抜の基盤構築に関しては、2019年4月に日本からプロジェクトサイトに63品目の供与機材が導入され、同年6月に九州大学から山形特任助手(現准教授)が滞留して、供与機材のセットアップならびに試運転を行った。その後、薬品類の購入も進み、9月時点で供与機材は試験研究に使用できるようになった。現在では、Simple Sequence Repeats (SSR)マーカーによるマーカー選抜が可能になり、その関連技術(サンプル葉の粉砕、DNA抽出、PCR、電気泳動、遺伝子型の決定)の技術移転については、現地DARのメンバーを中心に技術習得を進めた。

本項目の達成状況を把握する指標とした「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」はいずれも達成判断の基準を持たしていると考えている。また、導入機材等を活用し、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も構築できたので、本小項目は2019年度内にほぼ終了する。今後は、技術やノウハウの波及を行う必要があり、これは[3]-2で行う。

#### [1]-2: 有用遺伝子の探索・同定・解析 【達成状況の指標:論文、報告書等の数】

本小項目では、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基盤・基礎研究(遺伝解析、遺伝子特性、機能解析等)を展開する。以下に、研究内容ごとの成果を述べる。

<耐水性研究>(NU)

【令和元年度実施報告書】【200630】

これまでイネ耐水性の研究において、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を見いだしていた。そこで、2019年度は2つのQTLの高精度連鎖解析をすすめた。その結果、第3染色体上の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す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す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6月にNatureに受理された。

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、完全冠水個体に比べ高いことが明らかになった(Mori et al. 2019)。

#### <栽培化関連形質 芒形質> (NU)

これまでに、鳥害の防除に係る芒遺伝子のマッピングを行い、第1、第4、第5、第6染色体に芒形成遺伝子が座乗していることを見いだしていた。そこで2019年度は第5染色体に座乗する芒形成遺伝子の高精度連鎖解析を行い責任遺伝子の座乗領域を66kbに特定した。また第6染色体に座乗する芒形成遺伝子候補を見いだした。アジアの栽培イネとアフリカの栽培イネ(*O. glaberrima*)のRAE3遺伝子配列を比較すると、アフリカ栽培イネの候補遺伝子のコーディング領域に塩基の欠損がみられた。そこで、アジアの栽培イネの候補遺伝子をアフリカ栽培イネの候補アレルを持った無芒系統に遺伝子導入すると芒が形成されたことから、芒遺伝子の

同定に成功し *RAE3* と命名した。また、グラベリマとその祖先野生種の *O. barthai* を用いた遺伝解析を進めており、*RAE3* がアフリカでのイネ栽培化に関与したか調査している。

#### <耐塩性研究> (KU)

イネの塩ストレス耐性のスクリーニングは、標準評価スコア (SES) を使用して実施されているが、2019 年度は、イネの塩ストレス耐性の QTL 解析や GWAS に向けて、定量的評価法を検討した。材料には、世界のコアコレクションのうち 26 系統について、23.0 dS / m EC に希釈した海水にイネ植物体を 9 日間浸漬し、塩ストレス症状として萎凋度 (DWL) を評価した。塩ストレス症状のもっとも重要な指標は、ストレス開始 9 日目の DWL であり、2 系統が極めて低い DWL を示した。引き続き、バングラデシュ産在来イネコレクションを材料として、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。両指標についてコレクション内で品種間差が認められ、葉身の萎凋部位については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。本手法により明らかとなった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た。本研究において見出された耐塩性の定量的な評価法をもちいて、各種イネコレクションの耐塩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。本成果は原著論文として公表予定である (荒谷ら 2020)。

#### <耐虫性研究> (KU)

イネのツマグロヨコバイ抵抗性の遺伝解析については、これまでにアフリカ原産の野生イネ *O. longistaminata* (W1413) が高度抵抗性を示すことが明らかになっていた。2019 年度は、IL 集団 (BC<sub>3</sub>F<sub>3</sub>) を用いた QTL 解析と後代集団を用いた遺伝解析により、3 個の主働 QTL と 1 個の微働 QTL を検出した。すなわち、主働 QTL として染色体 4 の短腕上の *qGRH4* (Nip./W1413)、染色体 5 の長腕上の *qGRH5* (Nip./W1413)、染色体 11 の長腕上の *qGRH11* (Nip./W1413) が、微働 QTL として染色体 2 の長腕上の *qGRH2* (Nip./W1413) が検出され、いずれも *O. longistaminata* のアレルがツマグロヨコバイ抵抗性に貢献していた。さらに、各々の QTL の *O. longistaminata* 由来アレルを導入した 4 種類の近似同質遺伝子系統 (NIL)、2 個の QTL を集積した 3 種類の遺伝子集積系統 (PYL)、および 4 個全ての QTL を集積した PYL のツマグロヨコバイ抵抗性を評価した結果、4 個全ての QTL を集積した PYL の抵抗性レベルは、親である「W1413」と同程度であった。これらの結果から、*Oryza longistaminata* のツマグロヨコバイに対する高度抵抗性については、少なくとも 4 個の QTL による遺伝的支配を受けることが明らかとなった。これらの結果は原著論文として公表した (Hnin et al. 2019)。

インド型イネ品種「PTB33」(*O. sativa* L. ssp. *indica*) は、南アジアや東南アジアに生息する加害力が異なるトビイロウンカ (Brown planthopper: BPH, *Nilaparvata lugens* Stål) 個体群に対して抵抗性を示すことが知られており、この抵抗性の遺伝的基盤を解明することが、本品種が保有するトビイロウンカ抵抗性遺伝子の育種利用を考察する上で極めて重要な基礎情報を提供する。2019 年度は、東アジアと東南アジアで採集された加害力が異なるトビイロウンカ個体群を用いた「PTB33」のトビイロウンカ高度抵抗性に関する QTL 解析結果を取りまとめた。その結果、「PTB33」のトビイロウンカ高度抵抗性は 8 個の抵抗性遺伝子座が関与していることが推察された。そのうち、4 個の抵抗性遺伝子座の遺伝効果が実証された。このトビイロウンカ高度抵抗性の網羅的 QTL 解析に関する論文については、現在取りまとめ中である。

本項目の達成状況を把握する指標を「論文、報告書等の数」とした。約 2 年半を経過して、日本側からこれまで 13 報の論文(原著論文)を公表した(VI.成果報告書 参照)。これまでの蓄積があったとは言え、本小項目の基盤・基礎研究の成果達成度は充分なものであったと考える。なかでも、2020 年 6 月に Nature 誌に受理された耐水性に関する論文は、2019 年度までの活動の結果得られた成果として特筆すべきものと言える。

### [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 アセンブルによる新規参照配列の構築を行い、GWAS(Genome-Wide Association Study)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。

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。集団構造解析では更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 小集団よから 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。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が高くしたアクセッションを系統と呼ぶ)を育成して、出穂、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)。

全ゲノム塩基配列の解読においては、まず、日本晴を参照配列としてインディカ分集団に属する CC 系統の全ゲノムの解読を行ってきた(NU, KU)。2020 年4月にはインディカ分集団 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、1400 万箇所程度の SNPs および 230 万箇所程度の挿入/欠失サイトが検出され、GWAS の解析基盤が整った。現在、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ている。対象形質は、稈先着色(Apiculus color)、葉身紫着色(Leaf blade color)、節紫着色(Node color)、節間紫着色(Internode color)、護穎紫着色(Sterile lemma color)等の着色系アントシアニン着色系形質や稈長(Culm length)、穂長(Panicle length)、出穂期(Heading date)等の農業形質である。一例として、SNP を利用した GWAS による稈先着色の予備的解析結果を述べる。従来の知見では、稈先着色は C(Chromogen for anthocyanin)と A(Anthocyanin activator)の2遺伝子の補足関係で説明され、C は染色体6に、A は染色体1に座乗する。GWAS の予備的解析では、染色体6GWAS の予備的解析では、染色体6 *OsCI* (*Os06g0205100*) 近傍に明確な陽性領域が推定され、*OsCI* 内には 10 塩基の欠失(5316058 bp, TACTGGAACAG:T)やスプライシングサイト変異(5315662bp G:T)が存在していた。このことから、用いたインディカ分集団による GWAS 解析が妥当であることがうかがい知ることができた。

さらに、インディカ分集団に属し、研究項目[2]の戻し交配の反復親である Inn Ma Yebaw (IMY) を参照配列とするため de novo 全ゲノム配列解読 と de novo アセンブルが進められ、全ゲノムの約 98%が解読され、これを参照配列としたインディカ分集団 SNPs の検出も終了した。今後は、すでに取得した対象形質の分析を IMY の参照配列を利用して GWAS 解析を進める。

### (3) 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)、DAR グループ(リーダー:Naing Kyi Win)、  
名古屋大学グループ(リーダー:芦荊)

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 を選定して、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。これまで、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いるので、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。

[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望遺伝子供与親の交配を開始した(Table 1 参照)。用いた反復親系統は 15 アクセッション(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(*GNI*, *WFP*, *XA5* (*xa5*), *XA13* (*xa13*), *XA21*, *BPH25*, *BPH26*, *OVC*, *PI21* (*pi21*), *Sub1A*)である。その結果、27 組合せの F1 種子を得られた。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、戻し交雑に供試した。労力軽減および育種目標の重要性の観点から、モンスーン作では反復親の数を 7 アクセッション(PSH; 5, IMY;1, MSMKK;1)に減らし、さらには高収量性(*GNI*, *WFP*)関連の交配を Priority 1、その他を Priority 2 として、戻し交雑を進めた。その結果、Priority 1 では合計 156 組み合わせで、Priority 2 では 108 組み合わせで BC1F1 種子を得た。

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 Priority 1 として養成した(Table 2, 19DS1 in Fig. 2)。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(BC2F1 種子)を得た(19DS3 in Fig. 2)。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み合わせで戻し交配を進め、BC2F1 種子を得た。

**Table 2. List of BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> (priority 1) generation in dry season 2019.**

| Name                                    | Cross combination        |   |              | Gene involved |
|---|--------------------------|---|--------------|---------------|
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 1  | 18WSF <sub>1</sub> 2-2   | × | 18WSRECP1-8  | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 2  | 18WSF <sub>1</sub> 13-3  | × | 18WSRECP1-6  | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 3  | 18WSF <sub>1</sub> 46-4  | × | 18WSRECP5-7  | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 4  | 18WSF <sub>1</sub> 56-2  | × | 18WSRECP5-5  | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 5  | 18WSF <sub>1</sub> 74-3  | × | 18WSRECP7-1  | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 6  | 18WSF <sub>1</sub> 86-2  | × | 18WSRECP7-3  | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 7  | 18WSF <sub>1</sub> 91-6  | × | 18WSRECP8-10 | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 8  | 18WSF <sub>1</sub> 100-1 | × | 18WSRECP8-8  | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 9  | 18WSF <sub>1</sub> 131-4 | × | 18WSRECP12-9 | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 10 | 18WSF <sub>1</sub> 139-2 | × | 18WSRECP12-4 | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 11 | 18WSF <sub>1</sub> 163-6 | × | 18WSRECP14-8 | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 12 | 18WSF <sub>1</sub> 174-1 | × | 18WSRECP14-2 | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 13 | 18WSF <sub>1</sub> 178-1 | × | 18WSRECP15-4 | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 14 | 18WSF <sub>1</sub> 187-1 | × | 18WSRECP15-1 | WFP_ST12      |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 15 | 18WSF <sub>1</sub> 191-1 | × | 18WSRECP16-5 | GN1           |
| 19DS1-BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> 16 | 18WSF <sub>1</sub> 198-1 | × | 18WSRECP16-2 | WFP_ST12      |

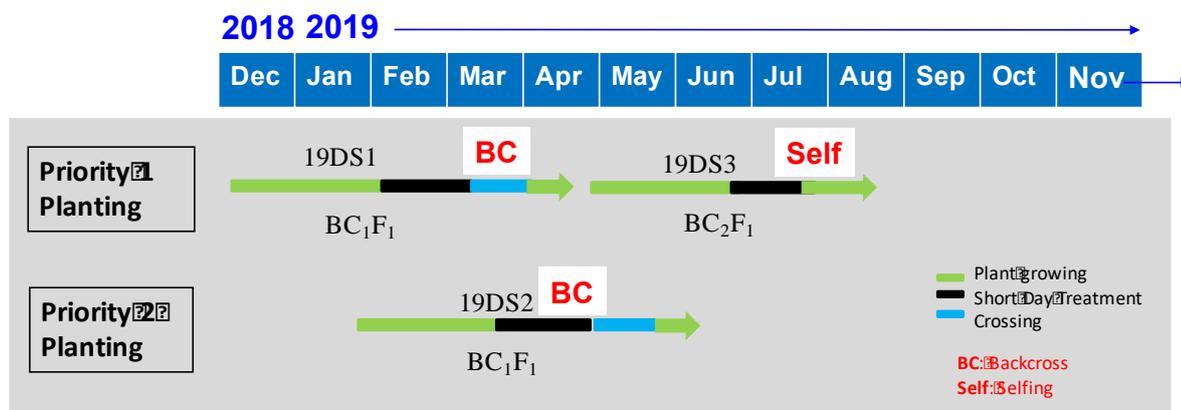


Fig. 2. Process of breeding work in 2019 Dry season.

2019年モンスーン作(2019年7月から2019年12月)では、2019乾季作で得られた Priority 1 の BC<sub>2</sub>F<sub>1</sub> を自殖して得られた8種類の BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 集団を養成した(Fig. 3, Table 2)。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 マーカーによって調べた。また、表現型選抜においては、BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 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、

IMY と *GN1* の交配組合せ (BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>\_11: IMY/RECP14(GN1)//IMY) から 40 個体、

PSH と *GN1* の交配組合せ (BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>\_1: PSH/RECP1(GN1)//PSH) から 40 個体、

【令和元年度実施報告書】【200630】

IMY と WFP の交配組合せ (BC2F2\_12: IMY/RECP14(WFP)//IMY) から 50 個体、PSH と WFP の交配組合せ (BC2F2\_2: PSH/RECP1(WFP)//PSH) から 50 個体、を選抜して、BC2F3 系統を育成した (Table 5 参照)。早生個体の選抜は、特に PSH の材料は播種時期が遅れたので、強感光性個体との区別が難しかったが、IMY の集団では、早く出穂した個体を選抜した。また、半矮性個体の分離が観察されたので、半矮性個体を選抜した。なお、MSMKK 関連の BC2F2 集団については、労力軽減の観点から、優先順位を下げ Priority 1-2 として今後は扱うこととした。

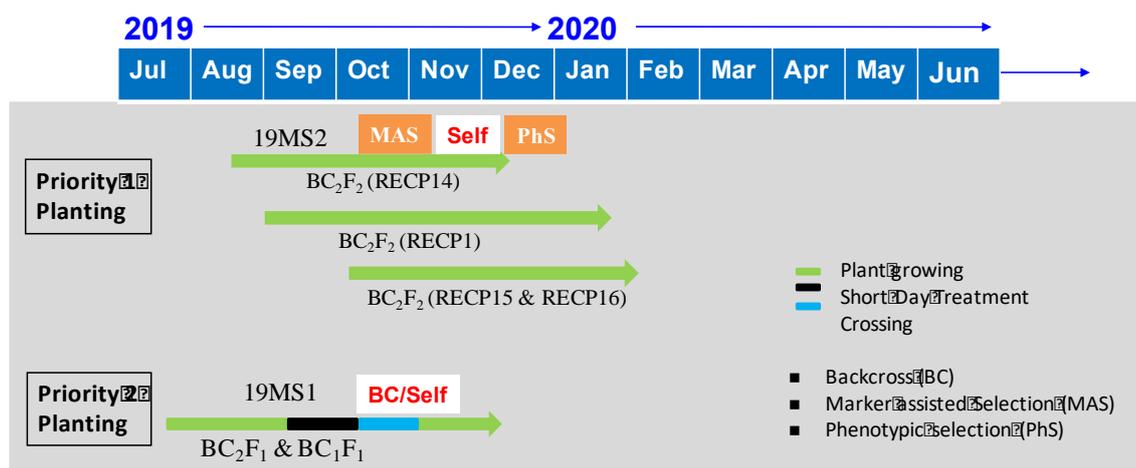


Fig. 3. Process of breeding work in 2019 Monsoon season.

また、Backcross Recombinant Inbred Lines (BRILs) 作出のため、上述した IMY を遺伝的背景とする BC2F2\_11 (72 集団) と BC2F2\_12 (43 集団)、ならびに PSH を遺伝的背景とする BC2F2\_1 (82 集団) と BC2F2\_2 (69 集団) について (Table 3)、各集団から任意に 5 個体を採種した。次期作からは、単粒系統法 (SSD: Single Seed Decent 法) により、ホモ化を図る予定である。

|   | Target gene | Recurrent parent | Sowing time |        | Transplanting time |         |
|---|-------------|------------------|-------------|--------|--------------------|---------|
|   |             |                  | 1st         | 2nd    | 1st                | 2nd     |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 11<br>(72 populations) | GN1         | RECP14<br>IMY    | 16-Aug      | 27-Aug | 10-Sep             | ~17-Sep |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 12<br>(43 populations) | WFP         |                  | 16-Aug      | 27-Aug | 10-Sep             | ~17-Sep |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 1<br>(82 populations)  | GN1         | RECP1<br>PSH     | 30-Aug      | -      | 25-Sep             |         |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 2<br>(69 populations)  | WFP         |                  | 30-Aug      | -      | 25-Sep             |         |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 13<br>(35 populations) | GN1         | RECP15<br>IMY    | 5-Oct       | -      | 25-Oct             |         |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 14<br>(43 populations) | WFP         |                  | 5-Oct       | -      | 25-Oct             |         |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 15<br>(65 populations) | GN1         | RECP16<br>MSMKK  | 5-Oct       | -      | 25-Oct             |         |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 16<br>(35 populations) | WFP         |                  | 5-Oct       | -      | 25-Oct             |         |

Priority 2 の材料には、*GNI*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、確実に有望系統群作出に向けて進めている (Table 4)。

**Table 4. Summary of present status of Priority 2 breeding materials.**

| Gene                        | RECP1                          | RECP14                         | RECP15                         | RECP16                         |
|-----------------------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| <i>BPH25</i>                | BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>1</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> | -                              |
| <i>BPH26</i>                | F <sub>1</sub>                 | F <sub>1</sub>                 | BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> |
| <i>OVC</i>                  | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> | F <sub>1</sub>                 | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> | F <sub>1</sub>                 |
| <i>pi21</i>                 | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> |
| <i>xa5, Xa7</i>             | F <sub>1</sub>                 | F <sub>1</sub>                 | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> | -                              |
| <i>Xa4, xa5, xa13, Xa21</i> | -                              | F <sub>1</sub>                 | F <sub>1</sub>                 | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> |
| <i>SUB1A</i>                | -                              | B <sub>1</sub> F <sub>1</sub>  | B <sub>1</sub> F <sub>1</sub>  | -                              |

最後に、現在作付けを行っている 2020 年乾期作(2020 年 1 月から 6 月)の育成経過を述べる。Table 5 に 2020 年乾期作に本田作付け材料の簡易リストを示した。その他、ガラスハウスおよび育種ハウスで短日処理を中心とした材料養成を行っている。材料は多岐にわたり、本小項目の育種材料だけではなく研究題目[1]の植物材料も含まれる。青色でハイライトした材料が本小項目の育種材料である。優先順位の高い作出途中の4組合せ (Priority 1) の材料については (Table 5 に青色でハイライトした材料)、現在、BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> 世代を養成し、均一性、開花特性、収量関連形質等の調査を行い、さらなる選抜を行っている。なお、IMY および PSH は感光性が高いため未出穂に終わる個体も出現した。BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> 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ている。1089 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。2020 年モンスーン作では、乾期作で得られる BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> を圃場栽培して、均一性、開花特性、収量関連形質等の調査を行ってさらなる選抜を行うとともに、収量比較予備試験や食味予備検査を実施する。

### [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。

[2]-1、[2]-2 の有望系統候補を評価する予定であるので、2019 年度は実施していない。

| Table 5. Brief list of materials for 2020 dry season (Field) |   |              |             |   |
|--|---|--------------|-------------|---|
| 1st main sowing (sown on Jan 31)                             |   |              |             |   |
| Line designation   | Line name   | No. of Lines | No. of rows | Purpose   |
| BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> 11-1~11-44                    | Lines carrying <i>Gn1</i> with IMY background                                     | 44           | 5           | For generation advancement and selection again  |
| BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> 12-1~12-46                    | Lines carrying <i>WFP1</i> with IMY background                                    | 46           | 5           | For generation advancement and selection again  |
| IC1-1~115-2  | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines with IMY background                          | 230          | 2           | For CSSL development                            |
| IE1~128  | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines showing earliness with IMY background        | 128          | 4/2         | For developing early maturity lines             |
| ID1~32   | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines showing semi-dwarf with IMY background       | 32           | 2           | For developing semi-dwarf lines                 |
| BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 17~27                         | BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> lines carrying other genes with various background | 192          | 2           | To check gene involved or not and for selection |
| BC <sub>2</sub> F <sub>1</sub> 1~12                          | BC <sub>2</sub> F <sub>1</sub> lines carrying other genes with various background | 12           | 1           | For generation advancement                      |
| RECP1~21   | Recurrent parents   | 20           | 2           | For maintenance                                 |
| RGB26~45   | Donor lines   | 20           | 2           | For maintenance                                 |
| CC F1 1~126  |   | 126          | 1           |   |
|  | <b>Total</b>  | 850          | 1948        | (need to add parental lines on each block)      |
| 2nd main sowing (sown on Feb 7)                              |   |              |             |   |
| Line designation   | Line name   | No. of Lines | No. of rows | Purpose   |
| BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> 1                             | Lines carrying <i>Gn1</i> with PSH background                                     | 50           | 10          | For generation advancement and selection again  |
| BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> 2                             | Lines carrying <i>WFP1</i> with PSH background                                    | 50           | 10          | For generation advancement and selection again  |
| PC1-1~150-2  | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines with PSH background                          | 300          | 2           | For CSSL development                            |
| PE1~   | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines showing earliness with PSH background        | ~184         | 4/2         | For developing early maturity lines             |
| PD1~   | BC <sub>2</sub> F <sub>3</sub> lines showing semi-dwarf with PSH background       | ~57          | 2           | For developing semi-dwarf lines                 |
| CC1~460  | Core collection   | 460          | 2           | For various phenotype observation               |
| KD18 & MNTK  |   | 2            | 15          | Pollen parent for CC lines                      |
|  | <b>Total</b>  | 862          | 3200        | (need to add parental lines on each block)      |

#### (4) 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」

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:芦荊)

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)」や WISH プロジェクト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】

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が、[2]-1、[2]-2 の有望系統候補を評価する予定であるので、実施していない。

##### [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。

プロジェクト全体の進捗で示したように、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)」や WISH プロジェクト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、適応性試験と比較収量試験を行なった。現在、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が集積された。現在、取りまとめが終了し、データ分析を一部行なったが、これまで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っていない。

## Ⅱ. 今後のプロジェクトの進め方、および成果達成の見通し(公開)

現段階において本プロジェクトは予定通りに進行しているため、今後のプロジェクトの進め方の基本方針に変更はなく、軌道修正の必要な点もない。ただし、コロナ禍でのプロジェクト進行の遅延に関しては、現在のところその影響は現れていないが、危惧はしている。

研究項目[1]では、育種システムの構築はほぼ終了し、基礎研究においても質・量ともに十分な成果が得られている。また、遺伝資源の高度化のための全ゲノム解読が終了して GWAS も緒についた。今後のさらなる成果が期待される。

研究項目[2]の成果達成の見通しは、2020 年モンスーン期の結果を見ないと言及しにくいですが、有望系統開発は順調に進められ、品種化に向けた有望系統の優先順位も見えてきた。

プロジェクトは 2 年を経過したばかりであるため、全体を通して、上位目標に向けての貢献や成果の社会的なインパクトの見通しは時期尚早であると思われる。

### Ⅲ. 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)

#### (1)プロジェクト全体

本実施報告書の「2. プロジェクト成果の達成状況とインパクト」で述べたように、本プロジェクトは、研究題目[1]～[3]に、それぞれ2、3の小項目を掲げて実施している。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 (DAR))で、日本側からは九州大学と名古屋大学が参画している。研究題目[1]～[3]は、JICA 技術協力プロジェクトの Project Design Matrix (PDM)に相応し、活動内容も Plan of Operation (PO)の Output 及び Activity に従っている。また、プロジェクト成果目標の達成状況の指標についても整合性をとっているため、「2. プロジェクト成果の達成状況とインパクト」記載内容を参照いただきたい。ここでは、以下の注意事項について概要する。

#### ■ 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り、所期の計画通りにプロジェクトは進行している。これまでプロジェクト進行上の大きな問題点はなかった。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、2020年のモンスーン期における試験研究結果を待つことになる。不幸にもコロナ禍の中で2020年モンスーン期を迎えることになるが、育種目標の優先度と活動効率をより明確にして、計画を進めたいと考えている。
2. 相手国側研究機関の現状と問題点に関しては、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のことであるが、プロジェクト後半には、少し開放した枠組み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。
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お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. プロジェクト成果の達成状況とインパクト」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

【令和元年度実施報告書】【200630】

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多く、その期待感は伝わってくる。これまで、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いないが、プロジェクト後半には宣伝活動等は必要であると認識している。

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考えている。ただし、現在は 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

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。

モデル A: 以前の日本のイネ育種研究室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、生産量の増加を図るとともに高品質な米生産への転換が不可欠であり、国内の優良品種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、民間業者への育種家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が重要である。すなわち、DAR の育種組織、DOA、地方事務所、種苗会社、JICA などミャンマーの稲作に関連するステークホルダーがすべて参画するシードフロー態勢を確立する

【令和元年度実施報告書】【200630】

ことが農家の裨益に直結するものと思われる。そして、この体制を構築することにより DAR における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ともに、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により、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間で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

特にない

### (2) 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:芦荊)

DAR グループ(リーダー:Naing Kyi Win)

個別課題に対して、「相手国側研究機関との共同研究実施状況と問題点、その問題点を克服するための工夫」や「今後への活用ならびに類似プロジェクト、類似分野への今後の協力実施にあたっての教訓、提言等」について言及すべき点は特にない。

### (3) 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)、DAR グループ(リーダー:Naing Kyi Win)、

名古屋大学グループ(リーダー:芦荊)

個別課題に対して、「相手国側研究機関との共同研究実施状況と問題点、その問題点を克服するための工夫」や「今後への活用ならびに類似プロジェクト、類似分野への今後の協力実施にあたっての教訓、提言等」について言及すべき点は特にない。

### (3) 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:芦荊)

【令和元年度実施報告書】【200630】

個別課題に対して、「相手国側研究機関との共同研究実施状況と問題点、その問題点を克服するための工夫」や「今後への活用ならびに類似プロジェクト、類似分野への今後の協力実施にあたっての教訓、提言等」について言及すべき点は特にない。

#### IV. 社会実装(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

特にない

#### V. 日本のプレゼンスの向上(公開)

特にない

#### VI. 成果発表等【研究開始～現在の全期間】(公開)

#### VII. 投入実績【研究開始～現在の全期間】(非公開)

#### VIII. その他(非公開)

以上





VI. 成果発表等

(2) 学会発表【研究開始～現在の全期間】(公開)

①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/<br>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<br>/口頭発表<br>/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                       |

招待講演 1 件  
口頭発表 0 件  
ポスター発表 0 件

②学会発表(上記①以外)(国際会議発表及び主要な国内学会発表)

| 年度   | 国内/<br>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<br>/口頭発表<br>/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、芦苺基行(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、芦苺 基行(名大院) イネが水田で生きるためには ~コンペイ糖状細胞の発見とガス交換の仕組み~、2017年度遺伝学研究会 イネ分子遺伝学の方向性、静岡、2017年11月  | 口頭発表                       |
| 2018 | 国内学会        | 保浦徳昇、石原亮太、縣歩美、太田自由、黒羽剛、西谷和彦、北野英己、芦苺基行(名大院) イネ強稈化に関わる量的形質遺伝子座 <i>qGF1</i> 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        | 永井 啓祐、芦苺 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        | 森欣順、永井啓祐、Timothy Colmer、Ole Pedersen、芦苺基行、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つの抵抗性アリ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        | 芦苺基行(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        | 芦苺基行: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、芦苺基行: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、芦苺基行、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、榎原均、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~、農学手会の会 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 <sub>1</sub> 花粉不稔に関与する遺伝子座 <i>S18</i> 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イロウンカ個体群を用いたインド型イネ品種「PTB33」のトビイロウン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F <sub>1</sub> 花粉不稔遺伝子座 <i>S18</i> 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S27における <i>Oryza nivara</i> Sharma et Shastryアレルと <i>O. meridionalis</i> Ng.ア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   |

|        |     |
|--------|-----|
| 招待講演   | 3件  |
| 口頭発表   | 10件 |
| ポスター発表 | 8件  |

VI. 成果発表等

(3) 特許出願【研究開始～現在の全期間】(公開)

①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<br>(未登録は空欄) | 登録日<br>(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 1 件

②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<br>(未登録は空欄) | 登録日<br>(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

VI. 成果発表等

(4) 受賞等【研究開始～現在の全期間】(公開)

①受賞

| 年度   | 受賞日       | 賞の名称                  | 業績名等<br>(「○○の開発」など)          | 受賞者  | 主催団体  | プロジェクトとの関係<br>(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 | 芦荻基行 | 文部科学省 | 2.主要部分が当課題研究の成果である |      |

1 件

②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<br>(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<br>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<br>水没防ぐ変異 |     | 3.一部当課題研究の成果が含まれる  |      |

4 件

VI. 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)

① 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<br>(開催国)          | 参加人数<br>(相手国からの招聘者数) | 公開/<br>非公開の別 | 概要 |
|------|--------|---------------------------|----------------------|----------------------|--------------|----|
| 2018 | 8月5日   | 植物の成長の仕組み                 | 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

② 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。<br>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。<br>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<br>(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～2023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                | <p>■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</p> <p>■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</p>   |
| 科学技術の発展                       | <p>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。</p> |
| 知財の獲得、国際標準化の推進、遺伝資源へのアクセス等    | <p>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。</p>   |
| 世界で活躍できる日本人人材の育成              | <p>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。</p>   |
| 技術及び人的ネットワークの構築               | <p>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。</p>   |
| 成果物(提言書、論文、プログラム、マニュアル、データなど) | <p>■科学論文の作成</p> <p>■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</p>   |

## 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

