

植物科学を利用した食糧生産増へのチャレンジ
- 遺伝子集積（遺伝子ピラミディング）を用いたイネの育種 -

芦荻基行（名古屋大学・生物機能開発利用研究センター）

食糧問題

人口の急激な増加により世界規模の食糧危機が懸念されており、食糧確保は重要な課題となっています。世界人口は過去50年で約25億から約60億と2倍以上に増加し、2050年には90億に達すると予想されています。国連世界食糧計画によると現在、飢餓やそれに関連する病気のため、世界中で毎日2万5千人が命を落としており、発展途上国を中心に9億人以上が栄養失調で苦しんでいます。現在、人口増加率（年1.4%）は食糧増加率（年1%）を超過しており、また世界の耕地面積は過度の開発・砂漠化で急激に減少していることから、今後ますます食糧不足が深刻な問題となると考えられています。今後、食糧の需要を満たすためには、2025年までに現在の50%の食糧増産が必要といわれています。

エネルギーベースで見たときに、農業生産の99%をわずか24種類の栽培植物が占めています。そのうち、イネ、コムギ、トウモロコシの3穀類は人間の摂取カロリーの50%を供給しており、人類にとってもっとも重要な作物となっています。この50%のカロリー供給には人間の食糧という直接的なエネルギー摂取だけでなく、家畜飼料としての間接的なエネルギー摂取も含まれています。牛肉、豚肉、鶏肉1Kgを生産するには、穀類がそれぞれ11kg, 7kg, 4kg必用とされており、肉食中心へと食文化が変化したことも食糧危機の原因の一つとなっています。この3つの作物のなかでもイネは23%のエネルギーを人類に供給しており（コムギ17%、トウモロコシ10%）、エネルギー供給源としての価値は計りしれません。

食糧問題は、その国の自然環境や社会的背景だけでなく、国際的な資源の争奪、宗教問題や民族紛争、さらには地球規模での気象変化などが複雑に絡みあっており、一筋縄では解決できないことは想像に難くありません。今後さらに深刻化すると予想される食料問題に対して、自然科学分野に携わる研究者は何が出来るのか？ここでは、イネの基礎研究と育種への応用について、1つの取り組みを紹介します。

食糧増産のためのストラテジー

食糧不足に対応するために、主要穀類の収量（生産力）増加につながる研究成果が求められています。イネはこれら穀類中でゲノムサイズ（染色体の大きさ）がもっとも小さく、形質転換技術も普及し、全ゲノム配列が解読されていることから、主要穀類であると同時に単子葉のモデル植物としても位置づけられています。さらに、イネは他の重要穀類である、トウモロコシ、コムギ、オオムギなどと同じ祖先のイネ科に属し、ゲノム構造上の類似性があり、同じ祖先から由来するこれらの穀類は、ほぼ同じ遺伝子セットを保持してい

ると考えられています。つまり、イネの研究成果は、イネのみならず他の穀類の育種にも応用することが可能なのです。これらの理由により、イネの生産性に関連した重要遺伝子を同定することは、人類の食糧安定供給への突破口になるものと期待されています。

穀類を増産させるにはどのような方法が考えられるでしょうか？ (1) 作物の能力を改変して収量を増加させる。たとえば、多収性や耐病性を付与して、安定的な収量を確保する。2) 耐塩性など、栽培が困難な不良耕地でも栽培が可能になるような新規栽培特性を付与し、栽培面積の拡大を図る。(3) 1年1回の栽培から周年栽培化できるように育種する。我々は収量性などの重要農業形質を支配する遺伝子を同定し、集積するピラミディング育種を試みています。この遺伝子ピラミディング育種を行う為には、まず目標形質を支配する遺伝子の染色体座乗位置の同定が不可欠です。

イネの収量に関わる遺伝子の同定

イネは穂に枝梗と呼ばれる多数の枝を着け、その先端に種子を稔実させます。日本のイネ品種「日本晴」の穂は、穂軸から出る最初の枝（1次枝梗）の数は約10本で、1つの穂に約150粒の種子を着けます。一方、名古屋大学・生物機能開発利用研究センターで保存しているイネ系統ST-12は、約30本の1次枝梗を出して1つの穂には500粒近い種子をつけます（図1）。両品種の収量（種子数）の差は1次枝梗数に大きく依存しています。このような表現型の特徴を示すST12は1次枝梗数を増加させる有用な遺伝子を保有すると考え、この遺伝子の同定を試みました。QTL解析と呼ばれる遺伝学的な解析を行った結果、イネの12本ある染色体の内、ST-12の第8染色体上に1次枝梗数を増加させる遺伝子が存在することが予測されました。さらに、ポジショナルクローニングと呼ばれる遺伝子を同定する



日本晴

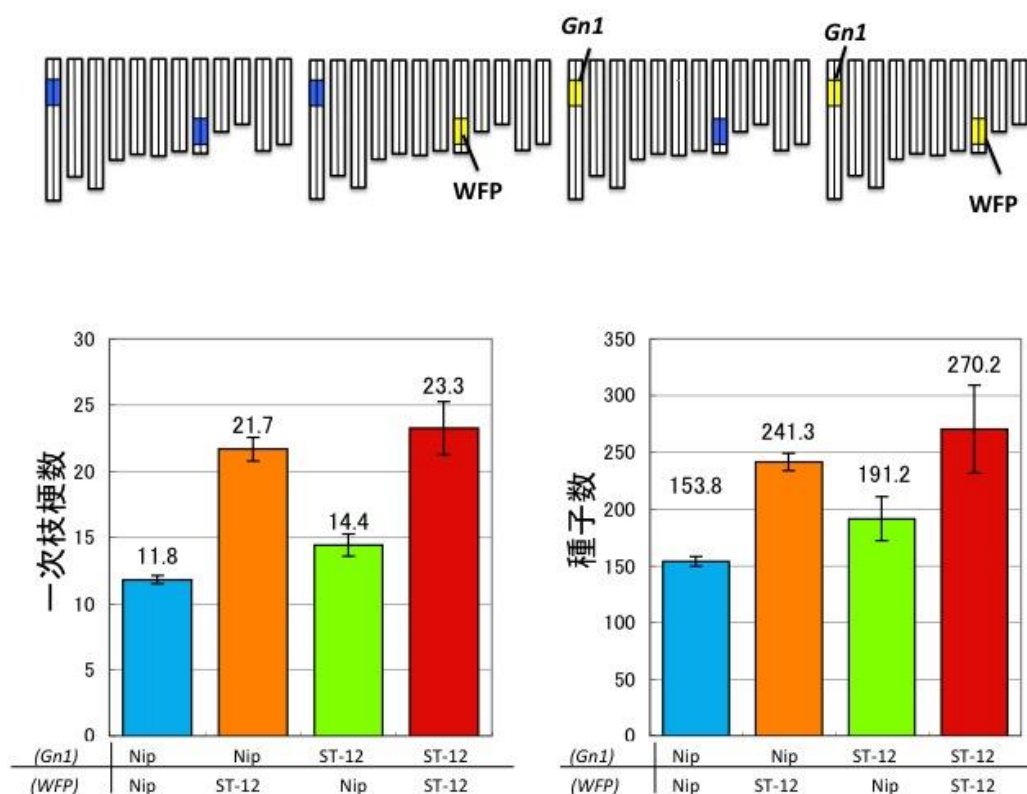
ST-12

分子生物学的手法を用いて、この遺伝子が転写因子(*OsSPL14*)をコードしていることを見だし、私達は、この1次枝梗数を増加させる遺伝子を世界の農家の人々が幸せになりますようにという願いを込め *WFP* (*Wealthy Farmer's Panicle*) と名づけました。この遺伝子は一般的などのイネ品種でも持っていますが、ST-12が保持する遺伝子型は、幼穂を形成する段階でこの *WFP* 遺伝子の発現量が日本晴に比べ約10倍上昇し、穂における1

次枝梗の形成を促進していることが明らかになりました。

また我々は同様の手法を用いてイネの着粒数を増加させる遺伝子 *Gn1* (*Grain Number 1*) も同定しています。そこで、これまでに私達が同定した *WFP* 遺伝子と *Gn1* 遺伝子の育種利用の可能性を調査するために、日本晴とST-12を交配し、*WFP* 遺伝子を持つ日本晴を育成しました。その結果、もとの日本晴の1次枝梗数は平均11.6本に対し、ST12の *WFP* 遺伝子を持つ日

本晴では1穂辺りの1次枝梗数が21.7本(種子数241粒)まで増加しました。また、1株当たりの種子数は日本晴が平均2232粒に対し、*WFP*遺伝子を持つ日本晴では平均3142粒へと41%増加しました。さらに、*WFP*遺伝子に*Gn1*遺伝子を組み合わせた場合は1穂当たりの1次枝梗数が23.8本(種子数270粒)、1株当たりの種子数が3396粒と約51%に種子数が増加しました。



今回行った私達の実験から、*Gn1*遺伝子と*WFP*遺伝子を組み合わせて利用することでイネの収量を増加させる可能性があることが明らかになりました。今回の様にイネから同定された農業形質を制御する遺伝子は、遺伝子組み換えによることなく、分子マーカーによる選抜を組み合わせた交配育種により正確かつ効率的にイネ品種に取り込むことができます。現在、私達は*Gn1*遺伝子と*WFP*遺伝子を交配によって導入した有用品種の育成に取り組んでいます。また、病害虫に強い遺伝子も同時に導入中であり、近い将来、これらの遺伝子を導入した品種を世界に配布し、食糧問題に貢献したいと考えています。

