

日本型イネ品種パネルを用いた個葉光合成速度のゲノムワイド関連解析  
—3 年間の検討—

今村歩夢<sup>1\*</sup>・本田爽太郎<sup>2D1</sup>・関佳彬<sup>2</sup>・大川泰一郎<sup>2</sup>・松岡信<sup>3</sup>・田中佑<sup>4</sup>・安達俊輔<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>茨城大学大学院農学研究科・<sup>2</sup>東京農工大学大学院農学府・

<sup>3</sup>名古屋大学生物機能開発利用研究センター・<sup>4</sup>京都大学大学院農学研究科)

Three-year experiments of genome-wide association study  
for leaf photosynthetic rate using japonica rice panel

Ayumu Imamura<sup>1\*</sup>, Sotaro Honda<sup>2D1</sup>, Yoshiaki Seki<sup>2</sup>, Taiichiro Ookawa<sup>2</sup>,

Makoto Matsuoka<sup>3</sup>, Yu Tanaka<sup>4</sup> and Shunsuke Adachi<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Graduate School of Agriculture, Ibaraki University, <sup>2</sup>Graduate School of Agriculture,  
Tokyo University of Agriculture and Technology, <sup>3</sup>Bioscience and Biotechnology Center,  
Nagoya University, <sup>4</sup>Graduate School of Agriculture, Kyoto University)

【緒言】 作物の葉の光合成速度などのソース能を遺伝的に改良することは、遺伝解析技術が発達した現在でも尚難しい。その理由の一つに光合成測定のスループットの低さが挙げられる。そこで筆者らは、一般に普及する開放型の光合成測定装置に比べ CO<sub>2</sub> 同化速度の測定時間を 1/15 以下に短縮した閉鎖型の迅速光合成測定装置 (MIC-100, マサイントナショナル社) を開発した (Tanaka et al. 2021)。本研究では日本のイネ品種パネル 169 品種の CO<sub>2</sub> 同化速度を 3 年間に渡り測定し、(1) 日本のイネ品種の光合成速度の多様性の特徴を明らかにすること、ならびに (2) ゲノムワイド関連解析 (GWAS) による光合成速度に関わるゲノム領域の同定を目的とした。

【材料と方法】 来歴やゲノム等の多様性を考慮して選んだ日本の温帯ジャポニカイネ 169 品種を実験に用いた (Yano et al. 2019)。実験は 2018 年から 2020 年の 3 年間に渡って実施し、東京農工大学農学部附属 FS センター水田 (多摩川沖積土壌) で栽培した。光合成速度の測定は、3 年間とも最高分けつ期にあたる 7 月上旬の晴天日に、3 台の MIC-100 を用いて測定した。主茎もしくは一次分けつの最上位展開完了葉を選び、各品種 6 個体を測定した。葉を同化箱内に封入したのち同化箱内 CO<sub>2</sub> 濃度が 10 ppm 低下するのに要する時間を計測し、葉面積で除して CO<sub>2</sub> 同化速度とした。なお測定中の光合活性低下を防ぐため、同化箱内に設置した LED 照明で 1,200  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$  の光を照射した。GWAS モデルには個別のマーカー効果を変量とするリッジ回帰 BLUP を採用し、偽陽性を防ぐために在来品種と育成品種における集団構造の違いを固定効果として考慮した。

【結果と考察】 供試した 169 品種の CO<sub>2</sub> 同化速度には 3 年間にわたり幅広い遺伝的変異 (45-53%) が認められた。年次間の CO<sub>2</sub> 同化速度の相関係数は 0.42-0.46 であった。育成品種の CO<sub>2</sub> 同化速度は在来品種に比較して 3 年間とも有意に高かった。一方育成品種における育成年次と CO<sub>2</sub> 同化速度との間に有意な相関関係は認められなかった。CO<sub>2</sub> 同化速度の上位 10 位以内に複数回入った品種には、あきたこまちやフクヒカリ、コシヒカリ、亀の尾が含まれていた。GWAS の結果、 $-\log_{10}(P)=4$  を上回ったピークは 2018 年に 2 箇所、2019 年に 2 箇所、2020 年に 3 箇所認められたが、いずれのピーク位置も異なっていた。そこで 3 年間の CO<sub>2</sub> 同化速度データに対して品種と年次を一般化線形モデルに当てはめ、品種の係数に基づいて GWAS を行ったところ、2018 年に見られた 2 箇所のピークに加え、新規のピークが 2 箇所認められた。以上のように MIC-100 を利用して日本のイネ品種の光合成変異を捉えることができ、かつ遺伝的差異に関わる有望なゲノム領域を得られた。ゲノム領域の確認のために現在 QTL 解析を実施している。

\* 本研究の一部は科学研究費補助金 (19H02939, 21K19104) の支援で得られた成果である。