

2026 年 7 月 13 日

報道機関 各位

国立大学法人東北大学

窒素量で変わるイネ収量遺伝子の協調的効果を発見 —低窒素でも実る品種設計へ新たな手がかり—

【発表のポイント】

- 日本の温帯ジャポニカイネ 120 品種を用いた解析により、収量に関わる 2 つの遺伝子 *NAL1* と *OsSPY* が、窒素条件に応じて互いの働きを変化させることを発見しました。
- 特に低窒素条件では、*NAL1* の着粒数増加効果が *OsSPY* の低活性型背景で大きく増幅されることを明らかにしました。
- 本研究は、従来の「遺伝子の足し算」では捉えにくかった「遺伝子×遺伝子×環境（G×G×E）」を示したものであり、少ない肥料でも高収量を実現する次世代ゲノム育種への応用が期待されます。

【概要】

イネは世界の主要作物の一つであり、少ない肥料でも高い生産性を発揮するイネ品種の開発は、環境負荷を抑えながら安定した食料生産を実現するうえで重要です。

東北大学大学院農学研究科の本田圭一大学院生、小島創一助教、福島大学の菅波真央特任講師、松岡信客員教授らの研究グループは、日本の温帯ジャポニカイネ 120 品種を低・中・高窒素条件で解析し、収量に関わる遺伝子 *NAL1* と *OsSPY* の協調効果が窒素量で変わることを明らかにしました。特に低窒素条件では、*OsSPY* 低活性型背景で *NAL1* の着粒数（穂につく粒の数）増加効果が増幅されました。本成果は、低肥料でも高収量を目指す次世代ゲノム育種に新たな手がかりを示すものです。

本研究成果は、2026 年 6 月 15 日に、科学誌 Rice Science に掲載されました。

【詳細な説明】

研究の背景

イネの収量を高めるうえで、窒素肥料は重要な役割を果たします。一方で、過剰な窒素施肥は、水質汚染や温室効果ガス排出など、環境負荷の増大につながる事が知られています。そのため、少ない肥料でも高収量を維持できる品種の開発は、持続可能な農業における重要課題となっています。

近年では、ゲノムワイド関連解析（GWAS：Genome-Wide Association Study）^{（注 1）}を用いて、収量関連遺伝子の探索が進められてきました。しかし、従来の GWAS では、各遺伝子の効果を独立したものとして評価することが多く、実際の圃場環境で生じる「遺伝子間相互作用」や「環境応答」を十分に反映できない場合があります。特に、作物の収量は、単一遺伝子の効果だけではなく、複数遺伝子間のネットワークや栽培環境との相互作用によって決定されると考えられています。しかし、「遺伝子×遺伝子×環境（G×G×E）」を実際の栽培条件下で統合的に解析した研究例は限られていました。

今回の取り組み

東北大学大学院農学研究科の本田圭一大学院生、小島創一助教、福島大学の菅波真央特任講師、松岡信客員教授らの研究グループは、日本各地に由来する温帯ジャポニカイネ 120 品種を用い、低窒素（LN）、通常窒素（MN）、高窒素（HN）の3条件で栽培されたデータを解析しました。解析対象として、穂につく粒の数（以下、着粒数）、穂数、穂長、一次枝梗数^{（注 2）}、二次枝梗数^{（注 3）}などの収量関連形質を評価しました。

環境ごとの GWAS を行った結果、着粒数に関わる主要遺伝子として、NAL1 と OsSPY が検出されました。通常窒素条件（MN）では、両遺伝子座が強いピークとして検出され、低窒素条件（LN）でも同様の傾向が確認されました。一方、高窒素条件（HN）では、NAL1 のピークは弱まり、OsSPY の効果が比較的維持される傾向が見られました。

さらに、研究グループは SNP-BLUP 法^{（注 4）}を用いて NAL1 と OsSPY の効果を解析したところ、両遺伝子とも通常窒素条件で効果量が最大であり、低窒素条件と高窒素条件では減少しました。しかし、NAL1 と OsSPY の遺伝子型ごとの着粒数応答を詳しく解析すると、両遺伝子は活性型の違いによって、窒素増加に対する着粒数応答パターンが異なっていました。このことから、遺伝子効果量の変動は、窒素環境に対する応答性の違いによって生じている可能性が示唆されました。

また、NAL1 と OsSPY の高活性型・低活性型の組み合わせ4通りを比較した結果、両遺伝子の効果は単純な加算モデルでは説明できないことが明らかになりました。特に低窒素条件では、OsSPY の低活性型背景において、NAL1 の着粒数増加効果が強く増幅されていました。

今後の展開

本研究では、遺伝型（G）と環境条件（E）の独立評価から出発し、遺伝型×環境（G×E）、遺伝型×遺伝型（G×G）、さらに遺伝型×遺伝型×環境（G×G×E）へと段階的に解析を拡張し、それらを統合的に評価することで、「環境応答する遺伝子間相互作用」を統計学的に解析しました。

従来の GWAS では、遺伝子効果を平均化して評価することが多く、環境条件によって変化する遺伝子ネットワークを十分に捉えられない場合があります。本研究は、遺伝子効果の方向性は維持されながらも、その効果量が環境条件や他遺伝子の影響によって変化することを示した点で、新しい解析視点を提示するものです。

また、本研究で示された考え方は、窒素応答だけでなく、乾燥ストレス、高温応答、塩害応答など、複雑な環境応答性形質の解析にも応用可能であると考えられます。

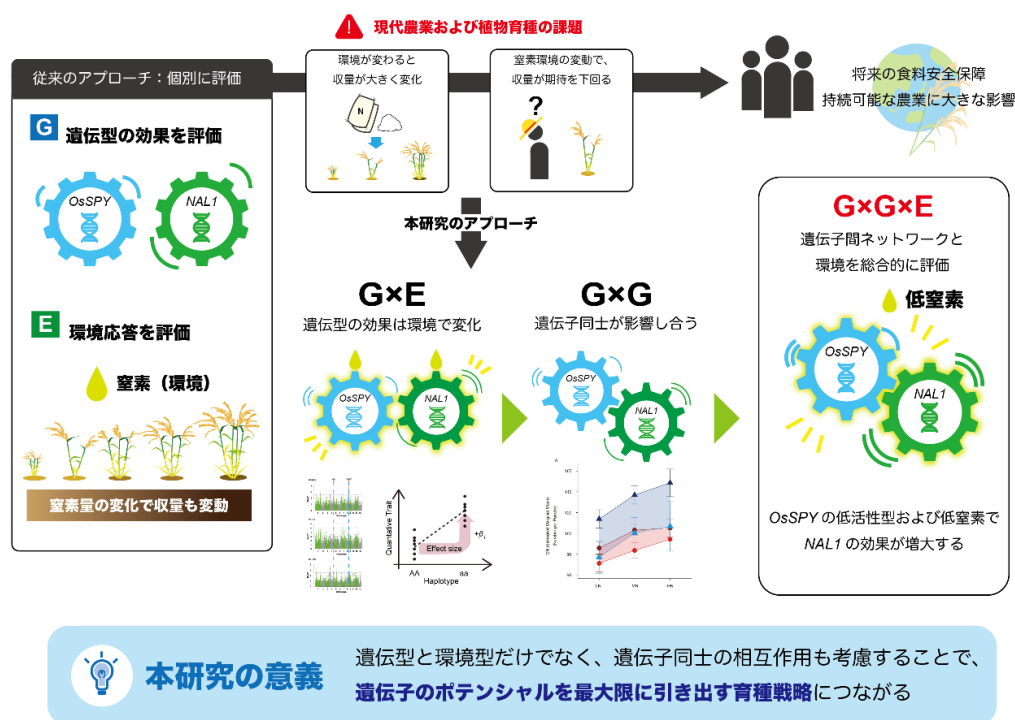


図 1. 研究の概要

【謝辞】

本研究は、福島国際研究教育機構（F-REI）委託事業（JPFR25030101 and JPFR25020105）、および JSPS 科研費（JP22H02294, JP25K18215, JP24H02257, JP21K15120, JP24K01886, and JP22K05365）の支援を受けて行われました。

【用語説明】

- 注1. ゲノムワイド関連解析 (GWAS : Genome-wide association study) : ゲノム全体に存在する DNA 配列のわずかな違い (SNP) と形質との関係を統計的に調べ、その形質に関わる遺伝子やゲノム領域を見つけ出す解析手法のこと。
- 注2. 一次枝梗 (しこう) : 稲穂の中心の軸から直接伸びる枝のこと。
- 注3. 二次枝梗 : 一次枝梗からさらに枝分かれして伸びる枝のこと。
- 注4. SNP-BLUP 法 : ゲノム全体にある DNA の違いをまとめて解析し、それぞれの違いが形質にどのくらい影響しているかを推定する統計解析手法のこと。

【論文情報】

タイトル : Interaction of *NAL1-OsSPY* modulated by nitrogen availability controls panicle architecture in rice

著者 : Keiichi Honda, Mao Suganami, Hideki Yoshida, Takashi Akagi, Makoto Matsuoka*, Soichi Kojima*

*責任著者 :

東北大学大学院農学研究科 助教 小島創一

福島大学食農学類附属発酵醸造研究所 客員教授 松岡信

掲載誌 : Rice Science

DOI : 10.1016/j.rsci.2026.06.001

URL : <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2026.06.001>

【問い合わせ先】

（研究に関すること）

東北大学大学院農学研究科

助教 小島 創一

TEL: 022-757-4278

Email: soichi.kojima.a2*tohoku.ac.jp

（*は@に置き換えてください）

福島大学食農学類附属発酵醸造研究所

特任講師 菅波 眞央

TEL: 024-504-2837

Email: mao.suganami*agri.fukushima-u.ac.jp

（*は@に置き換えてください）

（報道に関すること）

東北大学大学院農学研究科広報室

Email: agr-koho*grp.tohoku.ac.jp

（*は@に置き換えてください）

福島大学総務課広報・渉外室

Email: kouho*adb.fukushima-u.ac.jp

（*は@に置き換えてください）