

発表番号 26 (0516)

塩害水田耐性イネ品種の作出にむけた塩害耐性を支配する 遺伝子の特定と機能の解明

佐藤 雅志 (東北大学大学院生命科学研究科)

竹久 妃奈子 (東北大学大学院生命科学研究科)

塩害水田で成育の障害となる「葉身上に発症する褐色の斑点 (Bronzing)」に関わる遺伝子のマッピングと機能について解析した。DNA マーカーを用いた量的遺伝子座 (Quantitative Trait Loci; QTL) 解析の結果、第3および第11染色体上の合計2箇所 Bronzing の発生に関与する遺伝子 (*qLb-3* および *qLb-11*) の存在が検出された。さらに、第3および第11染色体にそれぞれ Kasalath の対立遺伝子と Nipponbare の対立遺伝子が存在すると Bronzing の発生が促進されることが示唆された。塩害水田で生育させた、Nipponbare を遺伝背景として *qLb-3* 領域に Kasalath の染色体が置換されている染色体部分置換系統 (Substitution Line; SL) を用いて、Bronzing の発症への *qLb-3* および *qLb-11* による発生制御機構を確認した (Fig.)。Bronzing の発生が認められなかった SL47 と発生が認められた SL61 の交配後代 F₂ 集団 94 系統を用いた解析の結果、Bronzing の発生は *qLb-3* に Kasalath のホモが、*qLb-11* に Nipponbare ホモが存在する場合に促進されることが明らかになった。以上の解析結果から、塩害水田で栽培した Nipponbare と Kasalath の交配後代に認められる Bronzing の発生は、第3染色体の *qLb-3* と第11染色体の *qLb-11* に制御されていることが示された。さらに、*qLb-3* の Kasalath 対立遺伝子と *qLb-11* の Nipponbare 対立遺伝子は、Bronzing の発生に関して相補的關係であることが考えられた。

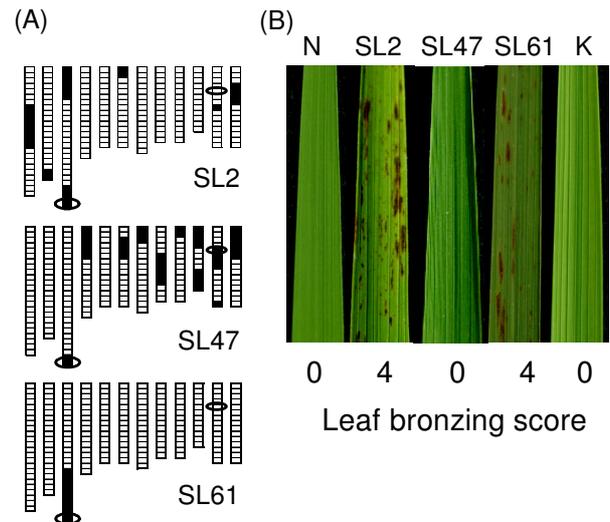


Fig. (A) Graphical genotypes of chromosomal segment substitution lines (SLs), SL2, SL47 and SL61.

White and black bars on each chromosome indicate respectively the Nipponbare and Kasalath segments. Ellipses indicate approximate positions of the QTLs identified in the backcross-inbred lines, that promote leaf bronzing.

(B) Leaves of Nipponbare (N), SL2, SL47, SL61 and Kasalath (K) grown in the saline paddy field.

These leaves were photographed 2 months after transplantation into the saline paddy field. The numbers indicate the assessed of leaf bronzing score for each line.

助成番号 0516

塩害水田耐性イネ品種の作出にむけた塩害耐性を支配する 遺伝子の特定と機能の解明

佐藤 雅志 (東北大学大学院生命科学研究科)
竹久 妃奈子 (東北大学大学院生命科学研究科)

1. 研究目的

作物は、遺伝変異の集積および組み換えを繰り返すことにより、環境ストレスへの耐性を獲得し、様々な環境下での栽培が可能な品種すなわち遺伝子型が形成されてきた。イネが進化および育種の過程において獲得してきた遺伝変異の集積および組み換えを明らかにすることは、様々な環境ストレスへの耐性の遺伝制御機構を解明する一つの手段である。

灌漑水の多用により乾燥地域に拡大された耕作地や、干拓により広がった沿岸地域の耕作地では、土壤中に過剰な Na^+ が集積し、作物の減収をもたらす「塩害」が広がっている。これまで、塩害水田において、収量を確保できるイネの作出を目指し、塩害水田における恒常性の維持すなわち耐性に関わる遺伝変異の検出、遺伝子の機能の解明が進められてきた (Flowers et al. 2000, Prasad et al. 2000, Koyama et al. 2001, Lin et al. 2004)。しかし、これらの研究において検出された遺伝変異および単離された遺伝子が、塩害水田におけるイネの生育の恒常性や耐性に関与しているのかは明らかにされていない。その理由としては、過剰な Na^+ に汚染された水田でのイネの生育には、直接的な影響だけでなく塩が水田に流入することによる土壌の変化も影響を及ぼし、カリやリン酸などの養分欠乏、二価鉄や二価マンガン過剰などに起因すると判断される生育障害が複合的に認められることがあげられる。したがって、塩害水田において一定の収量を確保できるイネ系統を作出するためには、塩水が流入した湛水生態系にみられる複合的な環境ストレス下において、恒常性を維持できるイネの遺伝子変異の集積および組み合わせを解明することが必要である。

我々は、塩害水田においてイネの育成における恒常性の確保に関わる遺伝子変異の集積モデル作成および各遺伝変異のデータベースの構築を目標とし、塩害水田において感受性を示す Kasalath (インド型イネ) と、耐性を示す日本晴 (日本型イネ) の戻し交雑後代を自殖させた Back Cross Inbred Line (BIL) 98 系統と数種の染色体部分置換系統を用い、過剰な Na^+ に汚染された塩害水田を作成し、イネの塩害耐性に関わる遺伝子の特定と

機能の解明をすすめてきた。それら BILs を塩害水田で生育させた結果、その草丈、茎数、地上部新鮮重、葉身の褐変化 (Bronzing) には、連続的な分離と超越分離が認められ、複数の遺伝子座が関係していることが示唆された。

上記の研究結果を踏まえ、本研究では第 3 染色体長腕に存在する葉身の Bronzing に関わる遺伝子のマッピングと遺伝的制御機構の解明を目的とした。

2. 材料および方法

2.1 試験に用いたイネ品種および系統とその栽培方法

Nipponbare と Kasalath の戻し交配から作成された戻し交雑自殖後代 (Backcross Inbred Lines; BILs)、染色体部分置換系統 (Substitution line; SL)、および SL 系統から作成した交配後代 94F₂ 集団を用いた。SL は、Nipponbare と Kasalath の染色体上に存在する 214 個の RFLP マーカーにより選抜された遺伝解析用材料であり、独立行政法人生物資源研究所から分譲していただいた。使用した SL 系統は、Bronzing に関わる 2 遺伝子座の一つである *qLb-3* 領域に Kasalath 染色体が置換している、SL2、SL47 および SL61 である。94F₂ 集団は、SL47 を花粉親とし SL61 との交配により得られた交配代第一世代 (F₁) の自殖後代からランダムに選抜したものである。94F₂ 集団は、2004 年の夏に東北大学大学院生命科学研究科の温室内で作出した。98BILs の各系統は試験区ごとに 3 個体ずつ、各 SLs (SL2、SL47 と SL61) は試験区ごとに 15 個体ずつ移植した。94F₂ 集団は塩水付加水田にのみ移植した。

2.2 塩水付加水田における湛水の塩濃度の設定方法

塩水付加区の湛水の Na^+ 濃度を 80~100 mM に維持するために、 Na^+ 濃度 120 mM の地下水 (今後塩水と呼ぶ) と 10 mM 以下の農業用水を用いて調整した。農業用水のみを流入させた水田を対照区とした。移植後 2 週間は全試験区に農業用水のみを湛水した。移植から 2 週間後、各塩濃度区に塩水と農業用水を流入し湛水の塩濃度を調節した。

2.3 98BILs の草丈、茎数および地上部新鮮重の計測と Bronzing の評価

塩水付加水田と対照区でそれぞれ生育させた 98BILs の Bronzing の発生を、移植日から約 1 ヶ月半後の 7 月中旬に評価した。Bronzing の発症程度は「Leaf bronzing score」に従い評価した (Takehisa et al. in press)。各系統の計測値および leaf Bronzing score は、反復個体の平均値から算出した。

2.4 98BILs を用いた QTL 解析

各形質に関与する遺伝子座の検出には QTL 解析用ソフトであるコンピュータープログラム QTL Cartographer version 2.0 (Basten et al. 2002) の Composite Interval Mapping (CIM) 解析法を採用した。QTL 解析に必要な 98BIL 用の遺伝子型は、イネの 12 本の染色体上に位置づけられている 245 個の RFLP マーカーにより決定されている (Lin et al. 1998)。また 98BILs の各系統における遺伝子型と、表現型 (各形質の計測値) を用いた QTL 解析では、model 6 (five background markers and window size of 10cM) を用いた。また、検出された各遺伝子座の寄与率を R^2 値で示した。また、各遺伝子座に原因遺伝子が座乗する可能性を Log-likelihood (LOD) 値で示した。LOD 値が 2.0 以上を示した領域を原因遺伝子座が存在する領域とし、各領域における LOD 値のうち最高値を示した位置を原因遺伝子座の存在推定位置とした。

2.5 94F₂ 集団を用いた QTL 解析

オリジナル遺伝解析用集団である 94F₂ 集団の遺伝子型を決定するため、それらの親系統である SL47 と SL61 の Kasalath 染色体置換部分、第 3, 4, 6, 7-12 染色体上の計 21 個の DNA マーカーを用いた。これらの DNA マーカーは、SL47 と SL61 の第 3, 4, 6, 7-12 染色体上に置換されている Kasalath 染色体部分に最低一箇所存在するように設計した (Fig. 13-B)。計 21 個の DNA マーカー中、6 個の Sequence tagged sites (STS) マーカーと 3 個の Cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) マーカーは、Rice Genome Research Program (<http://rgp.dna.affrc.go.jp/publicdata/caps/index.html>) から引用した。11 個の Simple sequence repeats (SSR) マーカーは、McCouch et al (2002) によるマーカー情報から引用した。第 10 染色体上の STS マーカーである 10-01 マーカーは、イネゲノムリサーチプログラム (Rice Genome Research Program) の一貫である Nipponbare のゲノムシーケンズ解析データベース (<http://rgp.dna.affrc.go.jp/publicdata/geneticmap2000/index.html>) を用いて作成した。これらの DNA マーカー情報は Table 5 に示した。これらのマーカーを用い、簡易抽

出法で抽出した 94 個体の F₂ 集団のゲノム DNA をテンプレートとし、PCR 反応によって増幅させた断片を、アガロースゲルを用いて電気泳動により分画させた。

これらの DNA マーカーを用いた遺伝子地図の作成には、MAPMAKER/EXP v.3.0 を用いた (Lincoln et al. 1993)。94F₂ 集団を用いた QTL 解析には、コンピュータープログラム QTL Cartographer v.2.5. (Wang et al. 2002) の single marker analysis を用いた。また、解析の結果検出された遺伝子座は、1%水準で有意に目的形質を担っていることを示している。また、各遺伝子座に原因遺伝子が座乗する可能性を Log-likelihood (LOD) 値で示した。

3. 研究結果

3.1 Bronzing の発症に関わる遺伝子座の検出

塩水付加水田に 98BILs を生育させた結果、98BILs 中 15 系統の葉身に Bronzing の発生に認められ、その両親品種である Nipponbare と Kasalath には認められなかった。98BILs の葉身に発症する Bronzing の多様性は、複数の遺伝子が関係することが示唆された。CIM 解析の結果、塩水付加水田における Bronzing に関わる遺伝子座領域は、2 箇所検出された。一つは第 3 染色体長腕末端の *R1925* マーカー近傍に、もう一つは第 11 染色体の単腕の *C1350* マーカーと *C477* マーカーの間に検出された (Table 1)。検出された遺伝子座をそれぞれ *qLb-3* および *qLb-11* と命名した。*qLb-3* に Kasalath の対立遺伝子、*qLb-11* に Nipponbare の対立遺伝子が存在すると Bronzing の発生は促進されることが示された。これらの結果から、98BILs とそれらの親品種 Nipponbare、および Kasalath における Bronzing の発生には、2 つの遺伝子座、*qLb-3* と *qLb-11* が関係していることが示唆された。

Table 1 Location and effect of QTLs for the leaf bronzing score of backcross inbred lines grown in the saline paddy field.

Chromosome	Marker ¹⁾	LOD ²⁾	R ^{2,3)}	Add ⁴⁾
3	<u><i>R1925</i></u>	31.7	0.83	-3.12
11	<u><i>C1350/C477</i></u>	3.5	0.08	0.76

¹⁾ Marker nearest to QTL is underlined

²⁾ LOD score (threshold >2.5)

³⁾ Proportion of the phenotypic variability explained

⁴⁾ Estimated effect of replacing Kasalath alleles by Nipponbare alleles

3.2 *qLb-3* と *qLb-11* による Bronzing の発生制御の解明

Bronzing の発症への *qLb-3* および *qLb-11* による発生

に関わる遺伝制御機構を明らかにするために、Nipponbare を遺伝背景として *qLb-3* 領域に Kasalath の染色体が置換されている SL2, SL47, SL61 を塩水付加水田で生育させた。SL2 と SL61 の *qLb-11* 領域には Nipponbare 染色体が存在し、SL47 の *qLb-11* 領域には Kasalath の染色体が置換されている (Fig. 1)。

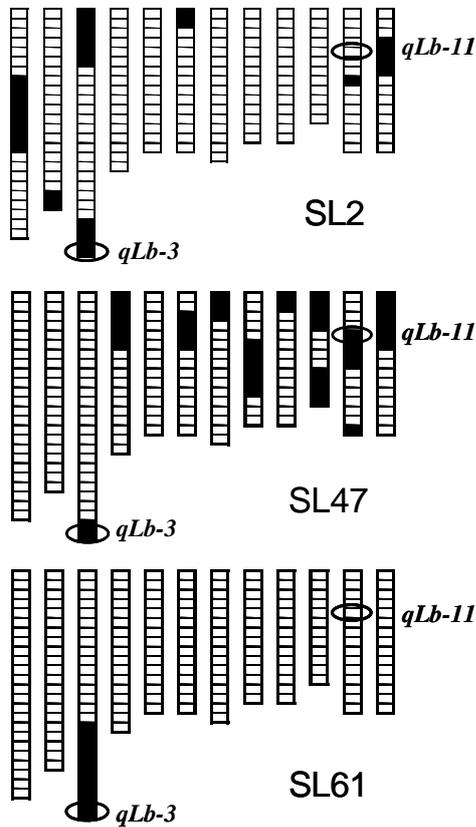


Fig. 1 Graphical genotypes of chromosomal segment substitution lines (SLs), SL2, SL47 and SL61. White and black bars on each chromosome indicate respectively the Nipponbare and Kasalath segments. Ellipses indicate approximate positions of the QTLs identified in the backcross-inbred lines, that promote leaf bronzing.

対照区においては、全試験系統に Bronzing の発生は認められなかった (Fig. 2A)。塩水付加区においては、SL2 と SL61 の葉身に Bronzing の発生は認められた (score 4) が、両親品種と SL47 には認められなかった (score 0) (Fig. 2B)。これらの結果から、SL2 および SL61 のように *qLb-3* に Kasalath の対立遺伝子が存在し、且つ *qLb-11* に Nipponbare の対立遺伝子が存在する系統 (*qLb-3*: K, *qLb-11*: N) は、その他の遺伝子型を示す SL47 (*qLb-3*: K, *qLb-11*: K)、Nipponbare (*qLb-3*: N, *qLb-11*: N)、および Kasalath (*qLb-3*: K, *qLb-11*: K) に比較して、Bronzing の発生が促進されることが示唆された。

98BILs の内、*qLb-3* に Kasalath の対立遺伝子が存在し、且つ *qLb-11* に Nipponbare の対立遺伝子が存在する系統は 15 系統であり、Bronzing が発生した系統と一致した。

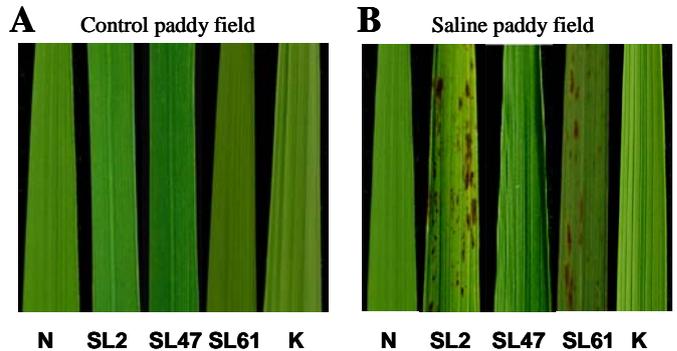


Fig. 2 Leaves of substitution lines (SLs) SL2, SL47, SL61 and their parents, Nipponbare (N) and Kasalath (K) grown in the control (A) and saline paddy field (B). These leaves were photographed one and a half months after transplantation in the control (left) and saline paddy field (right).

さらに本研究では、*qLb-3* と *qLb-11* による Bronzing の制御機構を確定するため、Bronzing の発生が認められなかった SL47 と発生が認められた SL61 の交配後代 F₂ 集団 94 系統を用い解析を行った。その結果、前試験と同様に SL47 には Bronzing の発生は認められず (score 0)、SL61 には認められた (score 4)。SL61 と SL47 との交雑後代 F₂ 集団 94 系統のうち、Bronzing が発生した系統は 85 系統であった。さらに、その 85 系統における leaf bronzing score (Bronzing の発生程度) には分離が認められた。次に、SL47、SL61、および 94F₂ 集団における Bronzing の発生を担う遺伝子座を検出するため、21 個の DNA マーカーで 94F₂ 集団の遺伝子型を決定し、各表現型を用いて Single marker analysis を行った。その結果、第 11 染色体上の *qLb-11* に最も近い S21074 マーカーに bronzing の発生に関わる遺伝子座が検出された (LOD 値 14.4) (Table 2)。94F₂ 集団のうち S21074 マーカー上の遺伝子型が Nipponbare ホモの個体の leaf bronzing scores は 1 以上を示し、Kasalath ホモの個体は 1 未満を示した (Fig. 3)。この結果は、94F₂ 集団における Bronzing は、S21074 マーカー上に Nipponbare の対立遺伝子が存在すると促進され、Kasalath の対立遺伝子が存在すると抑制されたことを示している。このことから、98BILs の Bronzing の発生を担う *qLb-3* に Kasalath のホモが存在するとき、*qLb-11* に Nipponbare ホモが存在する場合に、Bronzing の発生が促進されることが明らかになった。

Table 2 Location of *qLb-11* for leaf bronzing score of F₂ plants.

The F₂ plants were derived from crosses between SL47 and SL61 and grown in the saline paddy field.

Chr	Marker name	Type	Enzyme	LOD
3	RM8277	SSR		0.0
4	E2762	STS		0.2
	C61009	STS		0.0
	RM5687	SSR		0.4
	RM5688	SSR		0.1
6	RM7088	SSR		0.0
7	S11633	Caps	XhoI	0.9
	RM8264	SSR		0.3
8	S20234	STS		0.3
	RM5485	SSR		0.6
	C1232	Caps	HhaI	0.1
10	10-01	STS		0.8
	RM1374	SSR		0.8
11	E21117	STS		13.6
	S21074	STS		14.4
	S2137	Caps	HindIII	8.6
	RM5926	SSR		0.1
12	RM8214	SSR		0.3
	RM6296	SSR		0.1
	RM3455	SSR		0.2
	C60772	STS		0.2

^a Number of Chromosome

^b LOD=Log-likelihood

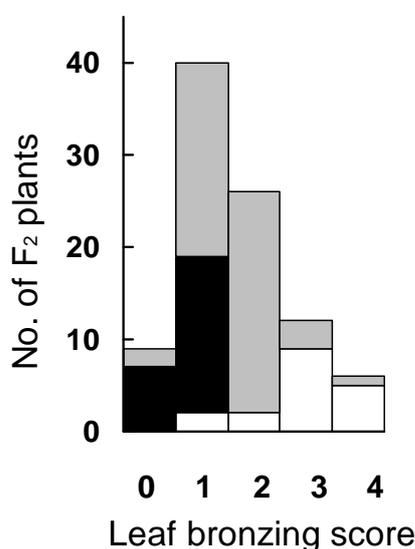


Fig. 3 Frequency distributions of leaf bronzing scores of F₂ plants of the three genotype classes for *S21074* on chromosome 11: homozygous for Nipponbare, homozygous of Kasalath, and heterozygous for Nipponbare and Kasalath.

The F₂ plants were derived from crosses between SL47 and SL61 and grown in the saline paddy field. White and black bars indicate respectively omozygosity for Nipponbare and Kasalath, the gray bar indicates heterozygosity.

4. 考 察

98BILs、SLs、94F₂ 集団を用いた解析により、塩水付加水田における Nipponbare と Kasalath の交配後代に認められる Bronzing の発生は、第 3 染色体の *qLb-3* と第 11 染色体の *qLb-11* に制御されていることが示された。さらに、*qLb-3* の Kasalath 対立遺伝子と *qLb-11* の Nipponbare 対立遺伝子は、Bronzing の発生に関して相補的關係であることが考えられた。

遺伝子座間の相互作用の解明には、各遺伝子座の機能を観察しやすい解析材料である染色体部分置換系統 (substitution line; SL) や準同質遺伝系統 (near isogenic line; NIL) を用いることが好ましい (Yano and Sasaki, 1997)。これまで報告されてきた、ある形質の多様性に対し相互作用を持つ複数の遺伝子座の検出は、F₂ 集団や BIL 集団のような連鎖解析用集団を用いた統計学的手法によるものが多い (Sripongpangkul et al. 2000, Wu et al. 2000, Nguyen et al. 2003, Zhang et al. 2005, Li et al. 2005)。本研究では、野外の環境ストレスに関与する遺伝子座間の相互作用を数種の SL 系統を用いて初めて解明した。

5. 今後の課題

本研究において SL47 と SL61 の交配後代 F₂ 集団の Bronzing 発生には分離が認められ、さらに、S21074 マーカー上に Nipponbare と Kasalath のヘテロを保持する F₂ 集団の leaf bronzing score は、0 から 4 までの値を示した (Fig. 3)。これまでの研究結果から、*qLb-3* および *qLb-11* が、それぞれ Bronzing の発生に関して優勢か劣勢かを断定することは難しい。今後は、*qLb-11* にヘテロが存在する場合、または *qLb-3* にヘテロが存在する場合の Bronzing の発生は、今後明らかにする必要がある

本研究で用いた 98BILs の葉身の Bronzing は、塩水を付加しない対照区においては認められず、塩水付加水田においてはその発生が認められた。イネ葉身の Bronzing の発生は根圏に過剰な二価鉄や二価マンガン等の金属イオンが存在することにより促進されることが明らかになっている (Inada 1965, Tanaka et al. 1966, Wang et al. 2002)。さらに、それらの過剰な金属イオンにより発生する Bronzing に関与する遺伝子座は、既に検出されてきている。二価鉄に関しては、Wu et al. (1997) が日本型イネ Azusena とインド型イネの IR64 の double haploid (DH) 集団 123 系統を用い、Bronzing の発生に関わる遺伝子座を第 1 染色体上に検出している。また、Wan et al. (2003) は、本研究と同様の材料を用いた解析により第 1 染色体に検出している。二価マンガンに関しては、Wang

et al. (2002)が、日本型イネ Azusena とインド型イネ IR1552 の recombinant inbred line (RIL)集団を用い、葉身のブラウンスポットに関わる遺伝子座を第3染色体のセントロメア付近と、第4、5、6、10 染色体に検出している。これらの研究の結果検出されている遺伝子座は、本研究で検出された遺伝子座と異なる領域に検出されている。これらの結果から、本研究で検出された *qLb-3* と *qLb-11* は、イネ葉身の Bronzing の発生に関わる新たな遺伝子座である可能性が考えられた。本研究によって検出された *qLb-3* と *qLb-11* の分子機構とそれらが機能する生理機構を明らかにすることができれば、Bronzing が発生する機構だけでなく、塩害を含む環境ストレスに対する耐性機構の一部を明らかにできる可能性がある。

文献等

- Basten CJ, Weir BS, Zeng ZB (2002) QTL Cartographer Version 1.16. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC
- Flowers TJ, Koyama ML, Flowers SA, Sudhakar C, Singh KP, Yeo AR (2000) QTL: their place in engineering tolerance of rice to salinity. *J Exp Bot* 51: 99-106
- Inada K (1965) Studies on bronzing disease of rice plant in Ceylon. 1. Effect of field treatments on bronzing occurrence, and changes in leaf respiration induced by the disease. *Proc Crop Sci Soc Japan* 33: 309-314
- Koyama, ML, Levesley A, Koebner RMD, Flowers TJ, Yeo AR (2001) Quantitative trait loci for component physiological traits determining salt tolerance in rice. *Plant Physiol* 125: 406-422
- Lincoln SE, Daly MJ, Lander ES (1993) Constructing genetic linkage maps with MAPMAKER/EXP version 3.0: a tutorial and reference manual. A Whitehead Institute for Biomedical Research Technical Report, Third edition.
- Lin HX, Zhu MZ, Yano M, Gao JP, Liang ZW, Su WA, Hu XH, Ren ZH, Chao DY (2004) QTLs for Na⁺ and K⁺ uptake of the shoots and roots controlling rice salt tolerance. *Theor Appl Genet* 108: 253-260
- Li Z, Mu P, Li C, Zhang H, Li Z, Gao Y, Wang X (2005) QTL mapping of root traits in a doubled haploid population from a cross between upland and lowland *japonica* rice in three environments. *Theor Appl Genet* 110: 1244-1252
- Nguyen BD, Brar DS, Bui BC, Nguyen TV, Pham LN, Nguyen, HT (2003) Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source, ORYZA RUFIOGON Griff., into indica rice (*Oryza sativa* L.) *Theor Appl Genet* 106: 583-593
- Prasad SR, Bagali PG, Hittalmani S, Shashidhar HE (2000) Molecular mapping of quantitative trait loci associated with seedling tolerance to salt stress in rice (*Oryza sativa* L.). *Curr Sci* 78: 162-164
- Sripongpankul K, Posa GBT, Senadhira DW, Brar D, Huang N, Khush GS, Li ZK (2000) Genes/QTLs affecting flood tolerance in rice. *Theor Appl Genet* 101: 1074-1081
- Takehisa, H, Ueda, T, Fukuta, Y, Obara, M, Abe, T, Yano, M, Yamaya, T, Kameya, T, Higashitani, A, Sato, T Epistatic interaction of QTLs controlling leaf bronzing in rice (*Oryza sativa* L.) grown in a saline paddy field. *Breeding Sci.* in press
- Tanaka A, Loe R, Navasero SA (1966) Some mechanisms involved in the development of iron toxicity symptoms in the rice plant. *Soil Sci Plant Nutr* 12: 32-38
- Wan JL, Zhai HQ, Wan JM, Ikehashi H (2003) Detection and analysis of QTLs for ferrous iron toxicity tolerance in rice, *Oryza sativa* L. *Euphytica* 131: 201-206
- Wang YX, Wu P, Wu YR, Yan XL (2002) Molecular marker analysis of manganese toxicity tolerance in rice under greenhouse conditions. *Plant Soil* 238: 227-233
- Wu P, Liao CY, Hu B, Vi KK, Jin WZ, Ni JJ, He C (2000) QTLs and epistasis for aluminum tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) at different seedling stages. *Theor Appl Genet* 100: 1295-1303
- Wu P, Luo A, Zhu J, Yang J, Huang N, Senadhira D (1997) Molecular markers linked to genes underlying seedling tolerance for ferrous iron toxicity. *Plant Soil* 196: 317-320
- Yano M, Sasaki T, (1997) Genetic and molecular dissection of quantitative traits in rice. *Plant Mol Biol* 35: 145-153
- Zhang ZH, Su L, Li W, Chen W, Zhu YG. (2005) A major QTL conferring cold tolerance at the early seedling stage using recombinant inbred lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Sci.* 168: 527-534

0516

Mapping and Characterization of genetic loci controlling salt-tolerance for breeding salt-tolerance rice in saline paddy field.

Tadashi Sato and Hinako Takehisa
Graduate School of Life Science, Tohoku University

Summary

We analyzed quantitative trait loci (QTLs) in rice (*Oryza sativa* L.) for leaf bronzing induced by growing plants in a saline paddy field. The mapping population comprised 98 backcross-inbred lines (BILs) derived from crosses between Nipponbare, the recurrent parent, and Kasalath varieties. Fifteen of the BILs showed obvious leaf bronzing, but the parent varieties did not. We identified two QTLs for leaf bronzing: one (*qLb-3*) on the long-arm of chromosome 3, the other (*qLb-11*) on the short-arm of chromosome 11. The Kasalath allele of *qLb-3* and the Nipponbare allele of *qLb-11* were found to promote leaf bronzing. Furthermore, we clarified the interaction between the two QTLs using F₂ Plants derived from crosses between SL47 and SL61. In the F₂ plants, segregants harboring both the Kasalath *qLb-3* allele and the Nipponbare *qLb-11* allele showed leaf bronzing. These results suggest that leaf bronzing was induced by an epistatic interaction of the Kasalath *qLb-3* allele on chromosome 3 and Nipponbare *qLb-11* allele on chromosome 11.