

未来社会創造事業 探索加速型
「地球規模課題である低炭素社会の実現」領域
年次報告書(探索研究期間)

令和3年度 研究開発年次報告書

平成30年度採択研究開発代表者

[研究開発代表者名：佐藤 和広]

[国立大学法人岡山大学資源植物科学研究所・教授]

[研究開発課題名：超開花性による高バイオマス雑種オオムギ育種法の開発]

実施期間：令和3年4月1日～令和4年3月31日

§1. 研究開発実施体制

(1)「岡山大」グループ(国立大学法人岡山大学)

① 研究開発代表者:佐藤 和広 (岡山大学資源植物科学研究所、教授)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子のアレル作出
- ・オオムギ遺伝資源における雑種強勢能力の評価
- ・雑種種子生産系統の育成

(2)「農研機構」グループ(国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構)

① 主たる共同研究者:大野 陽子 (作物研究部門、主任研究員)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子の単離と機能解明
- ・超開花性相同遺伝子の解析

(3)「鳥取大」グループ(国立大学法人鳥取大学)

① 主たる共同研究者:佐久間 俊 (鳥取大学農学部、助教)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子の単離と機能解明
- ・超開花性相同遺伝子の解析

(4)「産総研」グループ(国立研究開発法人産業技術総合研究所)

① 主たる共同研究者:坂本 真吾(産総研生物プロセス研究部門、主任研究員)

③ 研究項目

- ・オオムギバイオマスの質的評価

§2. 研究開発成果の概要

超開花性候補遺伝子の機能解明のため、小花の各組織の遺伝子発現部位を特定し、さらに同遺伝子の下流遺伝子候補の絞り込みをした。候補遺伝子についてゲノム編集による変異導入を実施し、8種類の独立したゲノム編集個体を得た。雑種強勢効果の解析親として用いる「はるな二条」および「OUH602」の染色体レベルのアセンブリを取得し論文公開した。野生オオムギおよび在来品種由来の雑種強勢効果を推定するため、染色体置換系統群と反復親の雑種を育成し、そのF₂ 分離集団で野生オオムギ由来の断片に強勢効果のある可能性を確認した。ゲノム配列を取得した「はるな二条」および「Golden Promise」に世界各地のオオムギを交雑した雑種および両親系統を圃場栽培し、雑種強勢効果を GWAS 解析したところ、複数の作用の小さな遺伝子座を確認した。さらに強勢効果の高い組合せの F₂ 集団を栽培したところ、全重に遺伝変異が認められ、QTL 解析の結果、複数の遺伝子座を検出した。戻し交雑によって、超開花変異体およびゲノム編集個体による変異を導入したところ、ゲノム編集導入系統において開花を促す効果がみられた。オオムギの超開花性遺伝子の塩基配列に基づいて、コムギにおける相同遺伝子の発現を解析した。また、相同遺伝子に変異を有する系統を導入して、コムギの倍数性変異導入系統を進めた。オオムギバイオマスを質的に評価するため、セルロース量とキシロース量に着目して、雑種強勢効果の確認に用いた両親および雑種の第二節間約 1400 サンプルについて成分分析した結果、一個体あたりのグルコース・キシロース収量が全親系統平均に対して 2 倍以上(最大 3 倍)糖収量が多い系統を 6 系統同定し、セルロース含有率が高い系統についても 1 系統同定した。さらに、F₁ 雑種における解析において糖収量の多い組合せも確認した。

【代表的な原著論文情報】

- Sakkour, A., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Lux, T., Spannagl, M., Stein, N., Kawamoto, S., Sato, K. 2022. Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics. *DNA Research* 29 (1) dsac001 <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac001>
- Sato, K., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Spannagl, M., Stein, N. 2021. Chromosome-scale assembly of wild barley accession 'OUH602'. *G3 Genes / Genomes / Genetics* 11: jkab244, <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab244>