

令和 6 年 6 月 26 日現在

機関番号：14301

研究種目：国際共同研究加速基金（国際共同研究強化(B)）

研究期間：2018～2023

課題番号：18KK0172

研究課題名（和文）中国雲南省の野生ソバ遺伝資源を活用した栽培化関連遺伝子の網羅的同定

研究課題名（英文）Extensive characterization of domestication-related genes in buckwheat by utilizing the genetic resource of Yunnan province, China

研究代表者

安井 康夫 (Yasui, Yasuo)

京都大学・農学研究科・助教

研究者番号：70293917

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,500,000円

研究成果の概要（和文）：本研究ではソバの栽培化遺伝子の同定を目的として、1）中国雲南省の野生ソバと栽培ソバの種子収集を行い、ゲノム配列を取得し、2）栽培ソバと野生ソバの集団間での変異量が極端に異なるゲノム領域（人為選抜領域）を検出した。この結果、チベット南東部の祖先野生種の集団が栽培種と最も近縁であることを確認した。さらに、栽培種の第一染色体の52-53 Mb領域には明瞭な人為選抜の痕跡がみられ、チベット南東部の祖先野生種の集団から選抜された特定の遺伝子型が世界中の栽培ソバに広がっていることが明らかになった。また、NGS-TILLING法をソバに応用し、変異導入システムを構築した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

主要作物と比較して、地域的・伝統的な重要性を持つ多くの作物では、商業価値が低いため育種学的な研究が進んでいない。これらの作物は孤児作物と呼ばれている。本研究では中国と英国の研究者との連携のもと、孤児作物の一つであるソバのゲノムを解読し、その栽培化に重要なゲノム領域の同定に成功した。また、組換え技術やゲノム編集技術を使わずに遺伝子を改変することにも成功した。今回の成果は、発展途上国を含めた世界中での孤児作物の育種に貢献する。さらに、各地域でよく根付いている孤児作物の改良は、農家の収入向上をもたらすとともに、食料問題の解決にも貢献する。（本成果は、Nature Plants誌に掲載された。）

研究成果の概要（英文）：In this study, we aimed to identify genes related to the domestication of buckwheat by conducting the following steps: 1) We collected germplasm from both wild and cultivated buckwheat in Yunnan Province, China, and sequenced their genomes; 2) We identified genomic regions that exhibited significant differences in genetic diversity between the wild and cultivated buckwheat populations, which we classified as artificially selected regions. We confirmed that the ancestral wild population from southeastern Tibet is the closest relative to the cultivated species. Notably, a signature of artificial selection was discovered within the 52-53 Mb interval on the 1st chromosome. This region contains a specific genotype that was selected from the ancestral wild population in southeastern Tibet and has now proliferated among cultivated buckwheat varieties globally. Additionally, we successfully applied the NGS-TILLING technique to buckwheat, establishing a robust system for introducing mutations.

研究分野：植物遺伝学

キーワード：栽培植物起原 ソバ 変異導入技術 ゲノム 遺伝資源

1. 研究開始当初の背景

毎日食卓で口にしている作物が、いつ、どこで栽培化されたのか？これは一般の人々にとっても共通する至極普遍的な問いである。そしてその起原地とその祖先野生種の探索は、人類の歴史の理解や、育種の際の有用遺伝子の同定につながる。

栽培ソバの起原に関しては、古くは A. de Candolle がその著書 “Origine des Plantes Cultivees (1883)” のなかで、シベリアあるいはアムール川流域をその起原地とした。しかし、当時はソバの野生種は世界のどこにも発見されておらず、その説の信憑性は低かった。1990年代によろやくソバの祖先野生種 (*Fagopyrum esculentum* ssp. *ancestrale*) が中国の雲南省とその周辺において発見され、本地域周辺が起原地であることが示された。さらに、少数の DNA マーカーの比較から得られた類縁度から、我々は雲南省北部からチベットを含む地域が栽培ソバの起原地であることを示唆した (図 1)。



図 1 雲南省周辺の野生ソバの分布域

しかし他殖性作物であるソバのように栽培種が伝播した先において当地の野生種との交配が生じる場合、DNA マーカーの類縁度から起原地を推定することは困難であった。このような状況で起原地を推定するためには栽培化とその後の品種分化に関与した遺伝子 (以降、栽培化関連遺伝子と記す) が、どこの野生種集団から生じたのかを集団遺伝学的に解析する必要があると考えられる。次に我々はゲノム配列が整備されたイネをモデルとして、栽培種においてのみ強い人為選抜がかかるゲノム領域では、野生種の種内変異量は変化せずに栽培種においてのみ変異量が極端に下がる genomic signature として検出されることを示した (図 2)。

すなわち栽培化の歴史の中でゲノムに刻まれた人為選抜領域を検出すれば、ソバの栽培化関連遺伝子群を同定できる。さらに野生種と栽培種の栽培化関連遺伝子群の塩基配列情報を比較することにより、栽培ソバがいつ、どこで起原したのかを高精度で推定できる。近年に我々は中国の雲南農業大学 (以降 YAU と表記) との共同研究で、ソバ属の野生種を用いた系統進化的研究を行ってきた。また 2016 年ごろから、英国ケンブリッジ大学のマクドナルド考古学研究所がソバの起原に関する研究を行っていた。そこで、本申請に先立ち、YAU において日本、中国、および英国の 3 者間での会合を行った。この会合で、YAU においてソバの遺伝資源を整備し、日本のゲノム科学的技術を用いて人為選抜領域を検出し、さらにこれら成果をケンブリッジ大学の考古学的データと統合し、栽培ソバの起原の総合的な解明を目的とした国際共同研究を開始した。

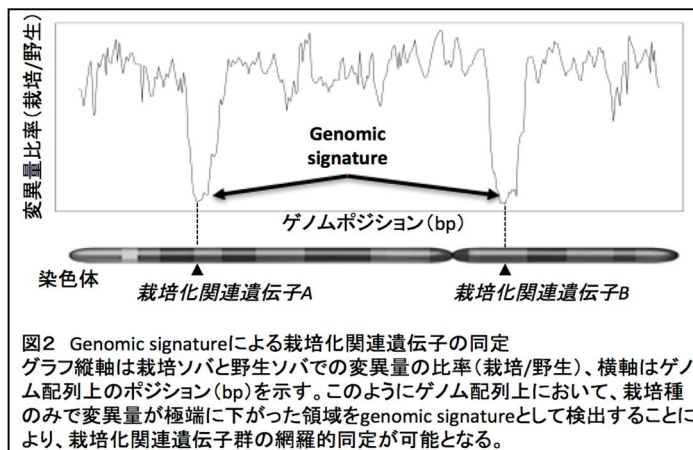


図 2 Genomic signature による栽培化関連遺伝子の同定
グラフ縦軸は栽培ソバと野生ソバでの変異量の比率(栽培/野生)、横軸はゲノム配列上のポジション(bp)を示す。このようにゲノム配列上において、栽培種のみで変異量が極端に下がった領域を genomic signature として検出することにより、栽培化関連遺伝子群の網羅的同定が可能となる。

2. 研究の目的

ソバの栽培化プロセスの解明には 3 つの問題があった。1 つ目の問題は人為選抜領域の検出を可能とするゲノム配列が構築されていなかったことである。我々は次世代シーケンシング (NGS) 技術を利用し、世界に先駆けてソバのドラフトゲノムを作成したが、人為選抜領域の検出を可能とするためには高精度ゲノム解読 (参照配列) が必要であった。2 つ目は遺伝資源の問題である。栽培ソバの祖先野生種は中国雲南省周辺にしか自生しないため、中国国内での遺伝資源の整備が必要であった。3 つ目は遺伝子機能解析に関する問題である。ソバでは同定された遺伝子の機能を確認するための安定した形質転換系やゲノム編集系が存在せず、目的遺伝子への新たな変異導入技術の構築が必要であった。このような背景のもと、以下を本申請の目的として掲げて研究を進めた。

1) ソバ遺伝資源の整備

中国雲南省の野生ソバと栽培ソバの種子収集を行い、ゲノム配列を取得する。

2) 人為選抜領域を利用した栽培化関連遺伝子群の同定

栽培ソバと野生ソバの集団間での変異量が極端に異なるゲノム領域を検出し、栽培化関連遺伝子を同定する。また、栽培種と野生種の交配により、各領域に存在する遺伝子が制御

する形質を確認する。

3) EMS を用いた変異導入

ソバのような孤児作物では未だ形質転換が困難であり、またゲノム編集技術も進んでいない。そこで、孤児作物においても簡便に遺伝子機能解析が可能な変異導入/選抜システムを開発する。

3. 研究の方法 (方法および結果の詳細は Fawcett et al 2023, Nature Plants を参照)

1) ソバゲノム参照配列の決定

ソバは 16 本の染色体 ($2n = 2x = 16$) を持ち、そのゲノムサイズは約 1.27 Gb である。我々はソバゲノムの参照配列を作成するため、松井らが作成した自殖性ソバ (PL4 号) を材料として、PacBio の HIFI リードによるロングコンティグの作成を行った。次にこれらを Ampliseq marker により得られた連鎖地図を用いてつなぎ、ソバの全染色体の塩基配列を解読した。染色体塩基配列が実際の染色体と一対一に対応することを確認するため、得られた染色体塩基配列をもとに蛍光標識オリゴ DNA を作成し、Fluorescent In Situ Hybridization (oligo FISH) を実施した。さらに、参照配列にコードされている遺伝子予測を実施するとともに、ソバゲノムに生じた過去の重複を明らかにするため、他の植物種のゲノム参照配列との collinearity を調査した。

2) 栽培ソバの起原の起原の解明

これまでに栽培ソバの祖先野生種が中国の雲南省、四川省、およびチベット自治区の境界周辺に自生していること、そして、チベット南東部の祖先野生種集団が栽培種と近縁であることが、大西等により明らかにされていた。我々は大西等の結果をゲノムレベルで確認し、さらにゲノムに刻まれた栽培化時の人為選抜領域の検出を実施した。まず雲南農業大学とソバ遺伝資源を構築し、さらに栽培ソバ (57 個体) と祖先野生種 (47 個体) のゲノムのショートリードを中国において解読した。これらを上記の参照配列にマッピングした後、ゲノムレベルでの系統進化的解析およびゲノム集団遺伝学的手法を用いて人為選抜領域を検出した。

3) 変異導入技術の構築

ソバは他の多くの孤児作物と同様、ゲノム編集技術の開発がまだ十分に進んでいない。この問題に対応するため、我々は、エチルメタンスルホン酸 (EMS) を用いることにより、5,801 個体からなるソバ (品種名 春の息吹) の変異誘導集団 (M_2 世代) を育成した。この集団から 16-24 個体をバルクし、DNA を抽出し、*FeGBSS1* などの標的遺伝子を PCR 増幅したのちに、NGS 解析で EMS により導入された変異を検出した (図 3)。

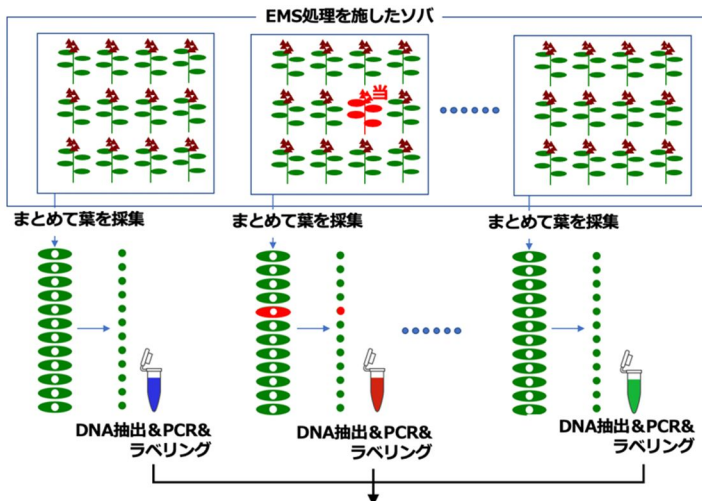


図 3 NGS-TILLING法による大規模変異検出システム
現在では、次世代シーケンシングの進歩により一度に8,000個体程度から変異を検出できる。

4. 研究成果

1) ソバゲノム参照配列の決定

ソバの基本染色体数 ($n=8$) と一致する染色体レベルの塩基配列を決定することができた。この配列はソバゲノム全体の約 96% をカバーしており、今後のソバの遺伝学的・育種学的研究のためのソバゲノムの参照配列と位置づけた。また oligo-FISH により、染色体の塩基配列が実際の染色体と一対一に対応することを確認できた (図 4)。また参照配列を解析した結果、合計 30,608 個の遺伝子を確認できた。次に、ソバゲノム中に相同性の高い遺伝子対が多く見られたことに着目し、他の植物種 10 種の全遺伝子データを加えた比較ゲノム・分子進化的解析を行った。その結果、ソバを含むタデ科植物の共通祖先において、約 7,100 万年前と 8,500 万年前の 2 回にわたり、全ゲノム重複が起きていたことが示された。この 2 回の全ゲノム重複の結果、約 7,100 万年たった現在でも、相同性の高い重複遺伝子対がゲノム中に見られると考えられた。ソバ以外にも多くの植物が、恐竜を含む生物の大量絶滅が生じた約 6,000-7,000 万年前に全ゲノム重複を経験しており、この時代に生じた全ゲノム重複が現在の植物の多様性に大きく貢献したと考えられる。

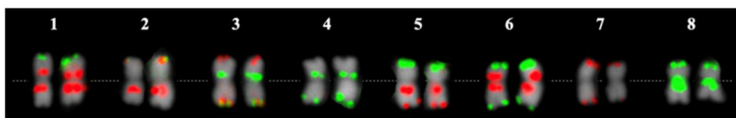


図 4 Oligo-FISHによる染色体同定
ソバの8本の染色体配列が実際の染色体と1対1に対応

2) 栽培ソバの起原

栽培ソバ(57 個体)と祖先野生種(4 集団, 47 個体, 図 5-a 参照)のゲノムのショートリードを解読し、これらを参照配列と比較した結果、チベット南東部の祖先野生種の集団が栽培種と最も近縁であることを確認した(図 5-b, c, d)。これにより全ゲノム情報を活用し、大西等の説が裏付けられた。さらに、栽培種の第一染色体の 52-53 Mb 領域には明瞭な人為選抜の痕跡がみられ、チベット南東部の祖先野生種の集団から選抜された特定の遺伝子型が世界中の栽培ソバに広がっていることが明らかになった(図 5-e, f)。これは、ただ単に栽培種とチベット南東部の祖先野生種集団のゲノム全体の塩基配列が似ているだけではなく、人為選抜の対象となった遺伝子型を持つ集団がチベット南東部に存在したことを示している。このため我々は、栽培ソバの起原としてチベット南東部の集団が関与したと結論づけた。ただし、興味深いことに考古学的データからは栽培ソバの起原は中国北部である可能性が示されている。このような考古学データとゲノム科学データの不一致は他の多くの作物でも見られており、「栽培起原地」と「その後の栽培種の集中的な利用地域」の違いを反映している可能性が示唆された。

また、参照配列を作成した自殖性野生ソバと PL4 号を交配し、約 100 個体の F₂ 個体を用いて連鎖解析を行った結果、第一染色体に脱粒性遺伝子が座乗することが分かった(未発表)。今後、1) F₂ 集団のサイズ拡張、および SNPs 増大による第一染色体上での座上位置の特定、2) 花柄の離層周辺組織の発現解析を実施することにより、脱粒性遺伝子が同定されると考えている。

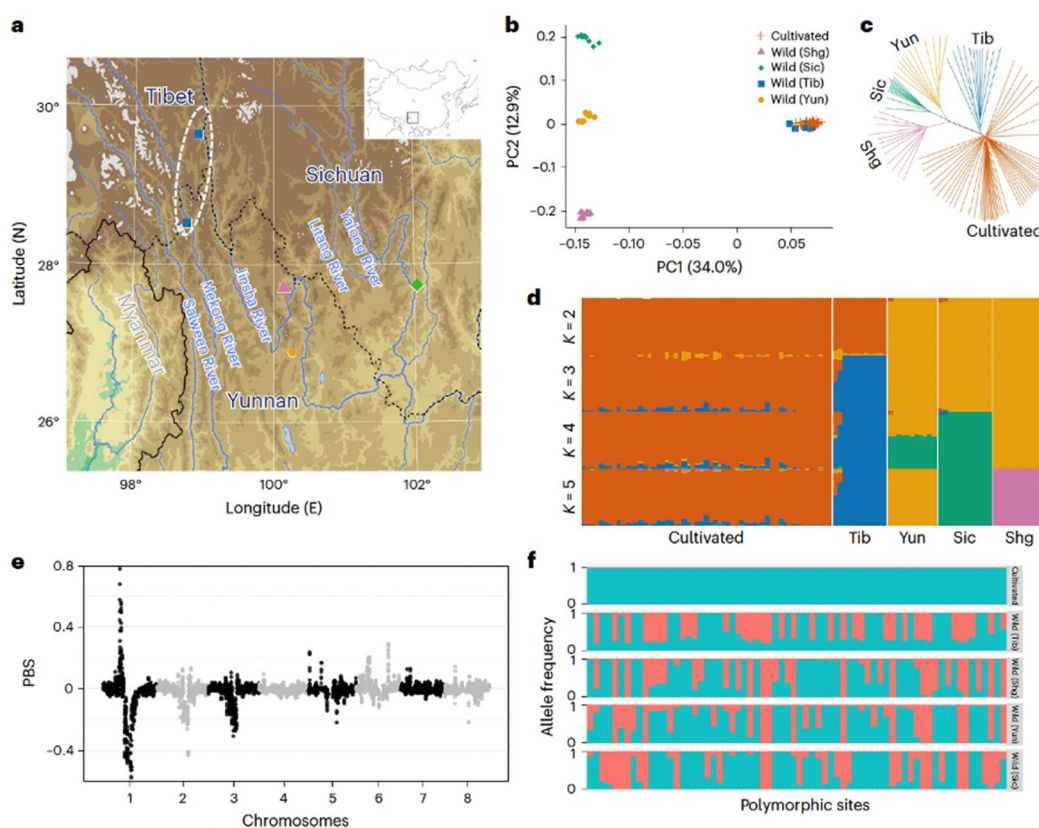


図5 栽培および野生ソバの集団構造。

a, 野生ソバサンプルの採取地点。各サイトのシンボルはbで示されたものと対応。b, PC1対PC2のPCAの結果。c, 隣接接合法を使用して構築された系統樹。枝の長さは遺伝距離を反映していない。d, K = 2-5のADMIXTURE分析の結果。PCA, 系統樹解析、およびADMIXTURE分析は、少なくとも5%のマイナーアليل頻度を持つ49,526個の無関連SNPを使用して実施された。e, 100 kbのステップで500 kbのウィンドウごとに計算されたPBSのマンハッタンプロット。f, 人為選抜領域と考えられるChr 1, 52.35-52.6 Mbのアليل頻度。薄青と赤のバーは遺伝子頻度を示す。薄青のバーで示されたアليلは栽培集団(最上段)の全サイトで固定されている。(マイナーアليل頻度が5%以上のバイアليلサイトのみを用いた。)

3) 変異導入技術の構築

EMS を利用して作成した 5,801 個体の M₂ 集団の有用性を確認するため、表現型が明瞭であるモチ性形質を制御する *Granule Bound Starch Synthase (GBSS)* 遺伝子のノックアウト変異の選抜を試みた。先に述べたようにソバのゲノムは過去に 2 度の重複を経験しており、*GBSS* に関しては 5 つの相同遺伝子が存在することが分かった。このうち、胚乳での発現が確認された *FeGBSS1*

と *FeGBSS2* の 2 つの遺伝子に誘導されたナンセンス変異を NGS-TILLING により検出することができた。さらに二重劣性ホモ個体間の交配で得られた種子の胚乳がモチ性を示すことが分かった (図 6)。これらの *FeGBSSs* 以外にも、ソバの自家不和合性遺伝子 (*S-ELF3*) のノックアウトによる自殖性ソバの作出にも成功しており、ソバにおける NGS-TILLING の有用性を示すことができた。上記 2) で記したように、今後に脱粒性遺伝子が同定されると考えられる。この遺伝子についても、NGS-TILLING を用い、ノックアウト変異体を検出できると考えている。

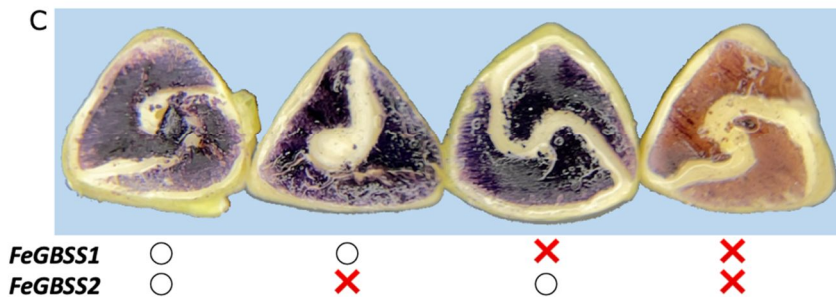
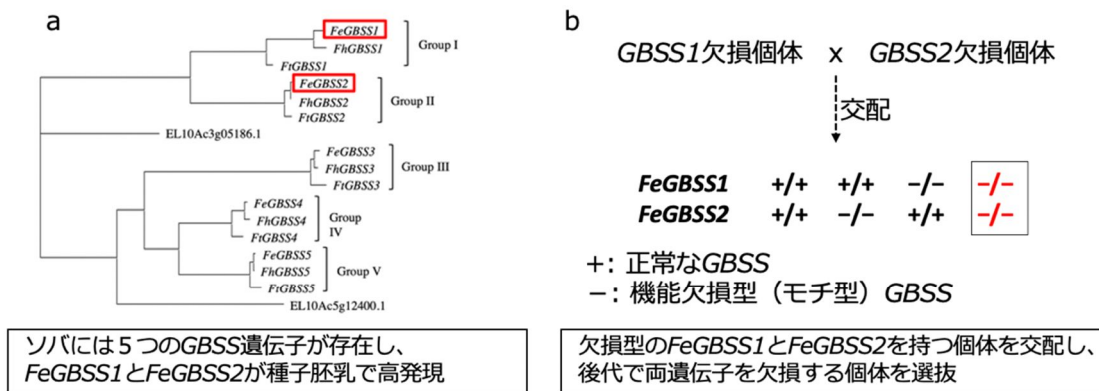


図6 EMS変異体を用いたモチ性ソバの作成

a, ソバに見つかった5つのGBSS遺伝子の系統関係。*FeGBSS1*と*FeGBSS2*が胚乳で高発現している。b,モチ性ソバ作成の交配図。c, *FeGBSS1*と*FeGBSS2*欠損変異体でのヨウ素デンプン反応。二重劣性ホモの場合のみモチ性 (赤茶色) となる。

4) 総括

本研究では雲南農業大学およびケンブリッジ大学との連携のもと、栽培ソバの起原と栽培化に関与した遺伝子同定を試みた。コロナパンデミックのため、2年の延長を強いられたものの、ソバゲノムの参照配列を整備し、中国のソバ遺伝資源の全ゲノム配列を取得し、さらにゲノム集団遺伝学手法による人為選抜領域 (第1染色体 52-53 Mb 領域) の検出に成功した。このため、本研究の表題である「中国雲南省の野生ソバ遺伝資源を活用した栽培化関連遺伝子の網羅的同定」を完了できたと考えている。さらに、誘導変異検出に利用した NGS-TILLING 法はソバ以外にも応用可能であり、形質転換系やゲノム編集系が整備されていない多くの孤児作物の育種を加速することが期待される。これらの成果は国際的に高い評価を得ており、2023年に *Nature Plants* 誌 (5-year Impact Factor = 18.6) に掲載されている。

第1染色体 52-53 Mb 領域に脱粒性遺伝子が存在すると推定されたが、この遺伝子同定に関しては今後には詳細な連鎖地図、発現解析、および変異体の作成などの遺伝学的研究が必要と考えている。これら作業は進行中であり、近年中に結果が得られる見込みである。最も重要な発見は、人為選抜が顕著に見られるゲノム領域が第1染色体 52-53 Mb 領域にしか見られなかったことにある。図5に示したように、野生種は栽培種よりも遺伝的に多様であり、育種素材として非常に魅力的である。これら野生種を利用する際、第1染色体 52-53 Mb 領域のみを栽培種型に置換することにより、野生種を効率的に育種プログラムに利用できると考えている。もちろん、第1染色体 52-53 Mb 領域以外にも、栽培化に関連する遺伝子は存在するはずである。二度のゲノム倍加によって高度に重複した相同遺伝子が表現型決定機構を複雑化しており、この複雑さが原因となり、人為選抜領域が第1染色体の 52-53 Mb 領域に限定されたのではないかと考えている。またもちろん、ソバの遺伝子の同定はその完全他殖性によって、いっそう困難となっている。今後、栽培ソバの特性を決定づける遺伝子の同定には、PL4号や本研究で得られた *S-ELF3* 変異体などの自殖性ソバと野生ソバを交配し、その後代の自殖個体を使った遺伝的解析が有効と考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計17件（うち査読付論文 16件 / うち国際共著 4件 / うちオープンアクセス 13件）

1. 著者名 Shirasawa Kenta, Hosokawa Munetaka, Yasui Yasuo, Toyoda Atsushi, Isobe Sachiko	4. 巻 30
2. 論文標題 Chromosome-scale genome assembly of a Japanese chili pepper landrace, <i>Capsicum annuum</i> 'Takanotsume'	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 dsac052
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsac052	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Kazama Yusuke, Kitoh Moe, Kobayashi Taiki, Ishii Kotaro, Krasovec Marc, Yasui Yasuo, Abe Tomoko, Kawano Shigeyuki, Filatov Dmitry A	4. 巻 39
2. 論文標題 A CLAVATA3-like Gene Acts as a Gynoecium Suppression Function in White Campion	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 msac195
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msac195	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Nishimura Kazusa, Kokaji Hiroyuki, Motoki Ko, Yamazaki Akira, Nagasaka Kyoka, Takisawa Rihito, Yasui Yasuo, Kawai Takashi, Ushijima Koichiro, Yamasaki Masanori, Saito Hiroki, Nakano Ryohei, Nakazaki Tetsuya	4. 巻 2022.08.25
2. 論文標題 Degenerate oligonucleotide primer MIG-seq: an effective PCR-based method for high-throughput genotyping	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 504752
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2022.08.25.504752	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Diway Bibian, Yasui Yasuo, Innan Hideki, Takeuchi Yayoi	4. 巻 30
2. 論文標題 New locality and bud growth of the world biggest flower, <i>Rafflesia tuan-mudae</i> , in Naha Jaley, Sarawak, Malaysia	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Tropics	6. 最初と最後の頁 71 ~ 82
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3759/tropics.ms21-14	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Nishimura Kazusa, Motoki Ko, Yamazaki Akira, Takisawa Rihito, Yasui Yasuo, Kawai Takashi, Ushijima Koichiro, Nakano Ryohei, Nakazaki Tetsuya	4. 巻 29
2. 論文標題 MIG-seq is an effective method for high-throughput genotyping in wheat (<i>Triticum</i> spp.)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 dsac011
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsac011	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 安井 康夫, ジェフリ フォーセット, 大迫 敬義	4. 巻 6
2. 論文標題 野生ソバの遺伝資源を求めて起原地へ, そしてゲノム育種へ	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 アグリバイオ	6. 最初と最後の頁 23-27
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takeshima Ryoma, Ogiso-Tanaka Eri, Yasui Yasuo, Matsui Katsuhiko	4. 巻 21
2. 論文標題 Targeted amplicon sequencing + next-generation sequencing-based bulked segregant analysis identified genetic loci associated with preharvest sprouting tolerance in common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>)	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Plant Biology	6. 最初と最後の頁 18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12870-020-02790-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mizuno Nobuyuki, Toyoshima Masami, Fujita Miki, Fukuda Shota, Kobayashi Yasufumi, Ueno Mariko, Tanaka Kojiro, Tanaka Tsutomu, Nishihara Eiji, Mizukoshi Hiroharu, Yasui Yasuo, Fujita Yasunari	4. 巻 27
2. 論文標題 The genotype-dependent phenotypic landscape of quinoa in salt tolerance and key growth traits	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 dsaa022
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsaa022	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Matsui Katsuhiko, Yasui Yasuo	4. 巻 133
2. 論文標題 Genetic and genomic research for the development of an efficient breeding system in heterostylous self-incompatible common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>)	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Theoretical and Applied Genetics	6. 最初と最後の頁 1641 ~ 1653
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00122-020-03572-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yasuo Yasui	4. 巻 70
2. 論文標題 History of the progressive development of genetic marker systems for common buckwheat	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 13-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.19075	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Katsuhiko Matsui, Yasuo Yasui	4. 巻 70
2. 論文標題 Buckwheat heteromorphic self-incompatibility: genetics, genomics and application to breeding	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 32-38
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.19083	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Takanori Ohsako, Chengyun Li	4. 巻 70
2. 論文標題 Classification and systematics of the <i>Fagopyrum</i> species	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 93-100
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.19028	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 N. Mizuno, Y. Yasui	4. 巻 19
2. 論文標題 Gene flow signature in the S-allele region of cultivated buckwheat	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 BMC Plant Biology	6. 最初と最後の頁 125
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12870-019-1730-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Nagatoshi Yukari, Ikazaki Kenta, Kobayashi Yasufumi, Mizuno Nobuyuki, Sugita Ryohei, Takebayashi Yumiko, Kojima Mikiko, Sakakibara Hitoshi, Kobayashi Natsuko I., Tanoi Keitaro, Fujii Kenichiro, Baba Junya, Ogiso-Tanaka Eri, Ishimoto Masao, Yasui Yasuo, Oya Tetsuji, Fujita Yasunari	4. 巻 14
2. 論文標題 Phosphate starvation response precedes abscisic acid response under progressive mild drought in plants	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 5047
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-023-40773-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fawcett Jeffrey A. et al.	4. 巻 9
2. 論文標題 Genome sequencing reveals the genetic architecture of heterostyly and domestication history of common buckwheat	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 1236 ~ 1251
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41477-023-01474-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Sugiyama Mari, Norizuki Miyu, Kikuchi Shinji, Yasui Yasuo, Matsui Katsuhiro	4. 巻 73
2. 論文標題 Development and chromosomal characterization of interspecific hybrids between common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>) and a related perennial species (<i>F. cymosum</i>)	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 230 ~ 236
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.22063	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Nishimura Kazusa, Kokaji Hiroyuki, Motoki Ko, Yamazaki Akira, Nagasaka Kyoka, Mori Takashi, Takisawa Rihito, Yasui Yasuo, Kawai Takashi, Ushijima Koichiro, Yamasaki Masanori, Saito Hiroki, Nakano Ryohei, Nakazaki Tetsuya	4. 巻 -
2. 論文標題 Degenerate oligonucleotide primer <sc>MIG</sc> seq: an effective <sc>PCR</sc> based method for high throughput genotyping	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 The Plant Journal	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/tpj.16708	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計15件 (うち招待講演 4件 / うち国際学会 1件)

1. 発表者名 大田竜也 FAWCETT Jeffrey A. 竹島亮馬 菊池真司 大迫敬義 白澤健太 法月美悠 松井勝弘 矢崎裕規 小木曾映里 藤井健一郎 原尚資 JONES Martin K. 平川英樹 LI Cheng-Yun 安井康夫
2. 発表標題 孤児作物のゲノム遺伝学およびその展望
3. 学会等名 日本進化学会大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 大田竜也 FAWCETT J. 竹島亮馬 菊池真司 大迫敬義 白澤健太 法月美悠 松井勝弘 矢崎裕規 木曾映里 藤井健一郎 原尚資 JONES Martin K. 平川英樹 LI Cheng-Yun 安井康夫
2. 発表標題 ソバ・ゲノム・プロジェクト-その概要と展望-
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 安井康夫 FAWCETT J. 田中朋之 西村和紗 西村和紗 中崎鉄也 岩橋優 齊藤大樹 竹内直子 上野まりこ 白澤健太 平川英樹 大田竜也
2. 発表標題 NGS-TILLINGを利用したモチ性フツウソバの開発
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 竹島亮馬 , FAWCETT J. , 松井勝弘 , 水野信之 , 松本大生 , 平川英樹 , 大田竜也 , 安井康夫
2. 発表標題 ソバの異形花型自家不和合性の分子機構とゲノム構造
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松井勝弘 , 大島良美 , 光田展隆 , 坂本真吾 , FAWCETT J. , 平川英樹 , 大田竜也 , 安井康夫
2. 発表標題 ソバゲノム解読から見えてきたフラボノイド合成制御系
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 安井康夫 , 竹島亮馬 , FAWCETT Jeffrey , 松井勝弘 , 水野信之 , 松本大生 , 平川英樹 , 白澤健太 , 大田竜也
2. 発表標題 ヘミサイガスなゲノム領域によるソバ二花柱性の制御-古典的なSuper geneモデルじゃなかったです-
3. 学会等名 日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 FAWCETT Jeffrey , 竹島亮馬 , 松井勝弘 , 水野信之 , 松本大生 , 平川英樹 , 大田竜也 , 安井康夫
2. 発表標題 ゲノムシーケンシングは普通ソバにおける異型花柱性の遺伝的構造を明らかにする
3. 学会等名 日本遺伝学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 久篠 沙耶子, 水野 信之, 西村 和紗, 上野 まりこ, 中崎 鉄矢, 小林 安文, 藤田 泰成, 白澤 健太, 平川 英樹, 安井 康夫, 桂 圭佑
2. 発表標題 De novoアセンブリとbulk segregant 解析を用いたキヌア本葉の赤色素生産に関わる遺伝子の同定
3. 学会等名 日本作物学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 原尚資, 佐藤里絵, 岡本薫, 圓山恭之進, 松井勝弘, 鈴木達郎, 石黒浩二, 大塚しおり, CHEN R., 手島玲子, 近藤康人, 安井康夫
2. 発表標題 ソバアナフィラキシーリスクマネジメントに向けた低アレルギー特性系統の探索と獲得
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 安井康夫
2. 発表標題 ソバ全染色体の塩基配列決定
3. 学会等名 育種学会 (2021.09.24) ランチタイムセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Yasuo Yasui
2. 発表標題 High genetic diversity within cultivated common buckwheat: implication of introgression from wild common buckwheat in China
3. 学会等名 2019年第1回西南四省(自治区)遺伝学学会連合会(中国)(招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 FAWCETT Jeffrey, 上野まりこ, 大澤良, 大田竜也, 齊藤大樹, 齊藤大樹, 白澤健太, 竹島亮馬, 中崎鉄也, 西村和紗, 原尚資, 原尚資, 平川英樹, 松井勝弘, 水野信之, 安井康夫
2. 発表標題 ソバ属植物におけるゲノムの進化
3. 学会等名 日本遺伝学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 大田竜也, 相井城太郎, 上野まりこ, 大澤良, 齊藤大樹, 齊藤大樹, 白澤健太, 竹島亮馬, 中崎鉄也, 西村和紗, 原尚資, 原尚資, 平川英樹, FAWCETT J, 松井勝弘, 水野信之, 安井康夫
2. 発表標題 ソバにおける異型花型自家不和合性遺伝子座のゲノム解析
3. 学会等名 日本育種学会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Y. Yasui, N. Mizuno, J. Aii and T. Ota
2. 発表標題 Identification of genes at the S-locus controlling heteromorphic self-incompatibility in buckwheat through genetic and genomic analyses
3. 学会等名 The Society for Molecular Biology & Evolution (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 安井康夫
2. 発表標題 研究者単位でのリファレンスゲノムの時代へ -DeNovoMAGIC を用いたソバのリファレンス配列の作成とその利用について-
3. 学会等名 アグリゲノム産業研究会 (招待講演) (招待講演)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	水野 信之 (Mizuno Nobuyuki) (30829180)	京都大学・農学研究科・特定研究員 (14301)	
研究分担者	F A W C E T T J E F F R E Y (Fawcett Jeffrey) (50727394)	国立研究開発法人理化学研究所・数理創造プログラム・上級研究員 (82401)	
研究分担者	大迫 敬義 (Ohsako Takanori) (80363969)	京都府立大学・生命環境科学研究科・講師 (24302)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------