

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 5 月 19 日現在

機関番号：15301

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2012～2013

課題番号：24780003

研究課題名(和文) 東アジアに局在する高度秋播性の分子進化と分子機構

研究課題名(英文) Molecular evolution and molecular mechanisms of higher degree of vernalization requirement in East Asian barley

研究代表者

最相 大輔 (Saisho, Daisuke)

岡山大学・その他部局等・助教

研究者番号：90325126

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円、(間接経費) 1,020,000円

研究成果の概要(和文)：栽培オオムギは、中近東から中央アジアにかけて自生する野生オオムギから約1万年前に栽培化され、現在では世界中に分布域を持つ。オオムギは、出穂を促進させるため一定期間の低温(春化)に曝される必要がある。中でもアジアに栽培域を拡大する過程では野生種よりもより長い「冬」を必要とする「高度秋播性」の獲得が各々の地域での適応性をもたらしたと考えられる。本研究では、世界中から収集したオオムギ品種を対象に、高度秋播性の進化的・分子的な実態の解明に取り組んだ。その結果、「高度秋播性」は、春播性遺伝子で見出された特定のハプロタイプ群と未知の春化応答遺伝子座とが複雑に相互作用して発現することが示唆された。

研究成果の概要(英文)：Cultivated barley has been domesticated about 10,000 years ago from the wild barley, which distributes across Near East to Central Asia. At present, the cultivation area of barley are spread across the world. Many temperate cereals including barley are necessary to be exposed low temperature for a certain period of time (vernalization) in order to promote flowering. Acquisition of higher degree of winter growth habit would be considered to adaptability in the process to expand the cultivation area to East Asia. I attempted to elucidate the actual evolutionary and molecular basis of higher degree of vernalization requirement. For the purpose of this study, large number of cultivated barley accessions collected from all over the world were used. As a result, the higher degree of vernalization requirement were expressed by the complex interactions of a particular haplotypes of VRN loci found in resequencing analysis and novel QTL corresponding to low temperature response.

研究分野：農学

科研費の分科・細目：育種学

キーワード：オオムギ 地域適応 栽培進化 春化要求性

1. 研究開始当初の背景

コムギやオオムギをはじめとする多くの冬作の温帯穀類は、花成を促進させるためには一定期間の低温(春化)に曝される必要がある。オオムギやコムギは広域適応性に優れた作物として知られるが、ユーラシア大陸全域に栽培地域を拡大する過程では、春化を必要としない「春播性」の獲得が広域適応性をもたらしたと考えられてきた(Bothmer *et al.* 2003)。

これまで岡山大学ではオオムギ遺伝資源の多様性評価の一環として、40年以上に亘って春・秋播性の分類に加えて、春化要求程度を評価しており、開花に要する春化処理の程度に応じて5段階(播性程度 I - V)に分類してきた。この分類によると、播性程度 I, II が春播性, III - V が秋播性である。

栽培オオムギは、野生オオムギが分布する近東を境にユーラシア大陸の東西で大きく遺伝的に分化した品種群(東亜型と西域型)が分布する(Saisho and Purugganan 2007)。播性程度の地理的分布パターンもまた地理的に大きく分化している。申請者らの最近の研究から、近東から西の地域では主として「春播性」が分布しているのに対して、東の地域には野生オオムギ(主に播性程度 III)よりも、より長期間の春化処理を必要とする高度秋播性(播性程度 IV 以上)が局在することが明らかとなった(Saisho *et al.* 2011)。

東アジア地域一帯には野生オオムギは分布しておらず、この地域に局在する高度秋播性は、栽培化の後分布域を拡大させる過程で、これらの地域での栽培に適応するために獲得した形質の一つである可能性がある。

2. 研究の目的

これまでのコムギ・オオムギにおける春播性遺伝子の研究は、その名が示す通り春

播性系統を中心に進められており、機能欠損型の春播性アリルが数多く報告されているものの(e.g. Hemming *et al.* 2009)、機能型である「秋播性」系統が持つアリル多様性や、「春播性」アリルの成立に関する系統解析は報告がない。

最近、申請者らは秋播性品種間で、播性程度に対して3つの春播性遺伝子に機能的な差があることを見出した(Saisho *et al.* 2011)。野生オオムギの主要なタイプである弱い秋播性(播性程度 III)を示す野生オオムギ'H602'と、東アジアに局在する高度秋播性(播性程度 IV)を示す日本の在来系統「早木曾2号」を両親とする組換え近交系統(RIL)集団を用いた遺伝解析から、集団全体が持つ播性程度の変異の1/3は3つの春播性遺伝子の対立遺伝子によって説明されることを明らかにした(Saisho *et al.* 2011)。

本研究では、

- (1) Saisho *et al.* (2011)で明らかになった播性程度の分布を網羅するように選抜したオオムギ遺伝資源を材料に、3つの春播性遺伝子座についてリシークエンスし、オオムギが持つアリル多様性の全体像を系統解析により明らかにし、**春播性アリルの成立起源を明らかにすると共に、高度秋播性を提供するアリルを同定する。**
- (2) 先述の RIL 集団の解析から、播性程度の変異の2/3は3つの春播性遺伝子の対立遺伝子以外の要因によって説明されることが示唆された。RIL 集団を用いた QTL 解析を実施すると共に、播性程度の異なる複数の系統の春化過程の遺伝子発現プロファイルを解析し、**秋播性程度の違いに関わる QTL と遺伝子発現多型を比較し、関わる遺伝子座を探索する。**

これらの解析を通して、東アジアに局在する高度秋播性の進化的な成立過程と、秋播性の程度を高める分子機構について理解を深め、オオムギ栽培の東アジアへ伝播の分子メカニズムに関する新たな知見の獲得を目指す。

3. 研究の方法

本研究では、東アジアに局在する高度秋播性の発現制御機構を分子的、進化的に理解するために、以下の2つのアプローチで解析する。

- (1) 春播性遺伝子のリシーケンスと系統解析
- (2) 秋播性程度を決める新規遺伝子座の探索

秋播性程度の変異全体の1/3は既知の3つの春播性遺伝子のアレルにより説明されることから、(1)の解析により得られる3つの遺伝子系図から、高度秋播性アレルの検出を試みる。(2)の解析では、先述のRIL集団を用いてQTL解析を実施すると共に、播性程度の異なる両親系統の、春化处理過程の遺伝子発現プロファイルを取得して発現多型を検出し、QTLとの対応関係の有無を調査する。

4. 研究成果

(1) 春播性遺伝子のリシーケンス

3つの春播性遺伝子座(VRN1/VRN2/VRN3)について、オオムギ標準品種から播性程度の変異を網羅するように選抜した野生オオムギを含む48系統を対象にリシーケンス解析を実施した。全体で約3kb(VRN1; 1237bp, VRN2-Ha; 1191bp, VRN3; 656bp)の領域について解析し、得られた多型情報を用いてアレル間の系統関係を実施した。近隣結合法(NJ法)を用いて遺伝子系図を作成し、見出されるハプロタイプと播性程度との関連を解析した。その結果、VRN1では3つの、VRN3では5つのクラスターが見

出された。一方、VRN2-Haでは多形成が高く明確なクラスターは形成されなかった。VRN1およびVRN3では、高度秋播性品種群が一つのクラスターに属しており、進化的に分化したハプロタイプを形成することが明らかとなった。

春播性遺伝子座のリシーケンス解析結果に基づき、栽培オオムギの標準品種群(n=274)を対象に高度秋播性品種群が属するハプロタイプ群の地理的分布を調査した。その結果、VRN1は特定のハプロタイプが、高度秋播性が分布する極東アジア地域に局在することが明らかとなった。一方VRN3では特定のハプロタイプ群が春播性が大部分を占める西域一帯に局在しており、栽培オオムギにおける春播性遺伝子の分布パターンが明らかとなった。

(2) 秋播性程度を決める新規遺伝子座の探索

秋播性程度に関与する遺伝子座を遺伝学的に検出する目的で、RIL集団を使ったQTL解析を実施した。全長約500cM程の部分的な連鎖地図を構築し、各系統の低温要求性を花成促進指数(Flowering Acceleration Index; FAI, Saisho et al. 2011)を用いて評価してQTL解析を実施した。その結果、4つのQTLを見出した。このうち3つのQTLは春播性遺伝子座近傍に位置づけられた(Nearest Marker; VRN1, LOD=6.76, PVE=15.5%, AE=5.07; Nearest Marker =VRN2, LOD=4.41, PVE=9.4%, AE=-3.88; Nearest Marker =VRN3, LOD=3.13, PVE=7.5%, AE=-3.33)。本研究では3つの春播性遺伝子座近傍に加えて、一つの新たなQTLを見いだした(Nearest Marker; Cnt2251, LOD=3.70, PVE=11.0%, AE=-7.55)。このQTLは高度秋播性品種が持つアレルが低温要求度を深くする効果を持つと推定される。一方、検出した秋播性程度に関わる

QTL 解析のうち，春播性遺伝子近傍に見出された QTL のうち，VRN1 近傍に見出された QTL では極東アジアに局在するアリルが低温要求度を低下させる効果を持つと推定された．また関連研究においてこれまで全く報告のない染色体領域に位置することから，オオムギ品種群が東アジアへの栽培域の拡大の過程で「適応的」に獲得した遺伝子座である可能性が示唆された．

以上の結果から，オオムギ品種群が東アジアへの栽培域の拡大の過程で獲得した高度秋播性は，春播性遺伝子で見出された一部のハプロタイプ群と未知の春化応答遺伝子座とが複雑に相互作用して発現することが示唆された．本研究で見出された新規春化応答遺伝子座の分子実体や進化動態を明らかにすることにより，将来的にオオムギ品種群が東アジアへの栽培域の拡大の過程で「適応的」に獲得した遺伝機構の実態に迫れると期待できる．

5．主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計 0 件)

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

名称：

発明者：

権利者：

種類：

番号：

出願年月日：

国内外の別：

取得状況(計 0 件)

名称：

発明者：

権利者：

種類：

番号：

取得年月日：

国内外の別：

〔その他〕

該当なし

6．研究組織

(1)研究代表者

最相 大輔 (SAISHO, DAISUKE)

研究者番号：90325126

(2)研究分担者

()

研究者番号：

(3)連携研究者

()

研究者番号：