

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 3 年 6 月 8 日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05574

研究課題名(和文)生産性向上を指向したオオムギ一穂粒数変化の遺伝基盤解明

研究課題名(英文)Elucidation of the genetic basis of the number of grains per spike toward barley productivity improvement

研究代表者

最相 大輔 (Saisho, Daisuke)

岡山大学・資源植物科学研究所・准教授

研究者番号：90325126

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,500,000円

研究成果の概要(和文)：農業生産の高品質、安定供給を将来にわたって実現するためには生産性の持続的成長が必要である。本研究では、国内産オオムギ醸造品種の一穂粒数変化に向けた一穂粒数を制御する遺伝基盤を明らかにすることを目的とした。「はるな二条」×「早木苜2号」の交配に由来する分離集団を使った一穂粒数のQTL解析の結果、醸造用品種の背景では微小な効果を持つ多数のQTLが集積して一穂粒数を増加させることが明らかになった。一穂粒数の遺伝率は高く(0.80-0.81)、国内産醸造品種「はるな二条」の一穂粒数の育種的な変化は可能であるが、従来型のピラミッド型育種に変わる育成手法の開発が必要である。

研究成果の学術的意義や社会的意義

農業生産の高品質、安定供給を将来にわたって実現するためには生産性の持続的成長が必要である。本研究では、国内産オオムギ醸造品種の一穂粒数変化に向けた一穂粒数を制御する遺伝基盤を明らかにすることを目的に研究に取り組んだ。国内産醸造品種「はるな二条」を使った一穂粒数の遺伝解析の結果、醸造用品種の背景では微小な効果を持つ多数の遺伝子が集積して一穂粒数を増加させることが明らかになった。一穂粒数の遺伝率は高く(0.80-0.81)、国内産醸造品種「はるな二条」の一穂粒数の育種的な変化は可能であるが、従来型のピラミッド型育種に変わる育成手法の開発が必要である。

研究成果の概要(英文)：Sustained improvement in productivity is necessary to achieve high quality and stable supply of agricultural production in the future. In this study, we aimed to identify the genetic basis for controlling the number of grains per spike for improving the yield in domestic malting barley varieties. QTL analysis of the number of grains per spike using segregating populations derived from a cross between 'Haruna Nijo' and 'Hayakiso 2' revealed that a large number of QTL with minor effects accumulate in the background of malting varieties to increase the number of grains per spike. The heritability of the number of grains per spike is relative high (0.80-0.81), and breeding of the number of grains per spike in the domestic malting variety 'Haruna Nijo' is possible, but it is necessary to develop an alternative breeding method to the conventional pyramidal breeding.

研究分野：遺伝育種学

キーワード：オオムギ 一穂粒数 QTL

## 1. 研究開始当初の背景

農業生産の高品質、安定供給を将来にわたって実現するためには生産性の持続的成長が必要である。明治期の西欧品種の導入育種に端を発する国内産醸造用オオムギ品種は、導入品種の早生化、短稈化により日本での作型や生産環境への適応を図り、生産拡大を実現した歴史を持つ。そのため、現在では矮小な遺伝的多様性の背景で育種が進められているのが現状である。本州・九州各地を産地を持つ我が国の醸造用オオムギ栽培は、過去10年近くにわたって単収の減少が続いており、収量性育種への関心が高まっている(図1)。本研究では、**国内産醸造品種の穂重型多収性育種の遺伝基盤の解明**に取り組む。醸造品種を片親に持つ遺伝解析では、出穂期、稈長および一穂粒数のQTLが同一染色体に座乗することが明らかになっており(Hori *et al.* 2005)、現代品種の一穂粒数改変のためには、**複数の育種形質の遺伝機構解明、特にQTLの多面発現効果の有無を検証する必要がある。一穂粒数(一穂穎花数)と早生、短稈といった育種形質との遺伝的関連性を明らかにする。一穂粒数QTLは既に報告があるものの、準同質遺伝子系統(Near Isogenic Line)化や収量の改変効果の検証、他の育種形質との関連等は殆ど明らかにされておらず、収量性改変に向けて取り組むべき課題は少なくない。**

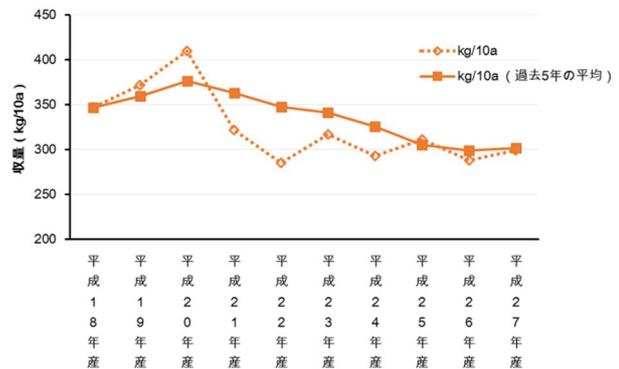


図1. 国内産二条オオムギ単収の推移

## 2. 研究の目的

本研究の目的は、**国内産オオムギ醸造品種の一穂粒数改変に向けた一穂粒数を制御する遺伝基盤の理解**である。一穂粒数を支配するQTLを検出し穂状花序の発生機構の理解を深化させると共に、主要な育種形質との多面発現の有無を明らかにして、国内産醸造用オオムギ品種の収量性改変のための道筋をつける。本研究では、醸造品種と在来品種の交配に由来する複数の分離集団を用いてこれらの精密マッピングおよびNIL化を実施し、育種的改変の基盤構築に取り組んだ。

## 3. 研究の方法

近交系統群(RILs)および染色体部分置換系統群(CSSLs)を使ったQTLの検出とNILの育成。研究開始前の時点で、「はるな二条」x「早木曾2号」の交配に由来するRIL集団の穂軸段数デー

データを2ヵ年分取得していた(図2)。さらに、同じ交配に由来し「はるな二条」を3回戻し交雑親に用いた CSSL 集団(B<sub>3</sub>F<sub>5</sub> 世代;n=180)を育成していた。本研究では、この RIL および CSSL 集団の遺伝子型データを GRAS-Di 解析によって取得し、QTL マッピングによって一穂粒数の遺伝構造を明らかにした。CSSL 集団からの穂軸段数 QTL の NILs の選抜や、「はるな二条」の遺伝背景での QTL

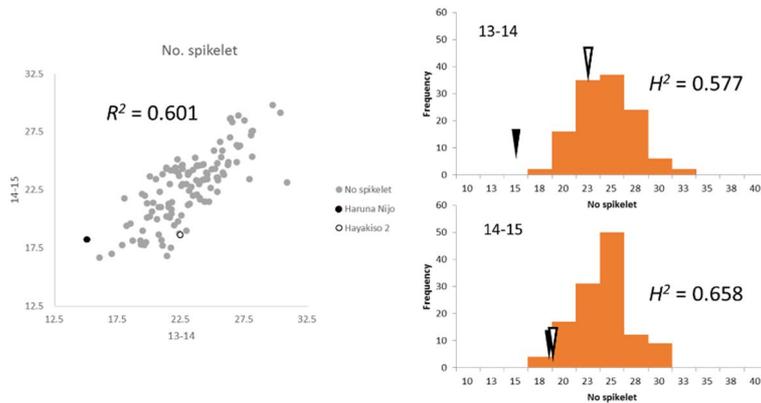


図 2. はるな二条x早木曾2号 RIL 集団の穂軸段数変異  
(左)穂軸段数の年次間相関 (右)穂軸段数のヒストグラム (はるな二条(黒塗), 早木曾2号(白抜), No. RIL = 124)

集積効果を検証した。

### NIL と戻し交雑親の交配に由来する F<sub>2</sub> 集団における一穂粒数の遺伝解析

CSSL 集団から選抜した2つの NILs (SL1-30.4, SL1-65.5)と戻し交雑親「はるな二条」の交雑に由来する F<sub>2</sub> 集団(47~49 個体)を育成し、一穂粒数の遺伝様式や他の農業形質との関連について調査した。

## 4. 研究成果

・「はるな二条」x「早木曾2号」の交配に由来する RIL 集団および B<sub>3</sub>F<sub>5</sub> 集団を使い一穂粒数 QTL のマッピングを実施したところ、条性の背景によって異なる QTL が発現し、特に二条性の背景では微小な効果を持つ多数の QTL が集積して一穂粒数を増加させることが明らかになった(図3, 4)。

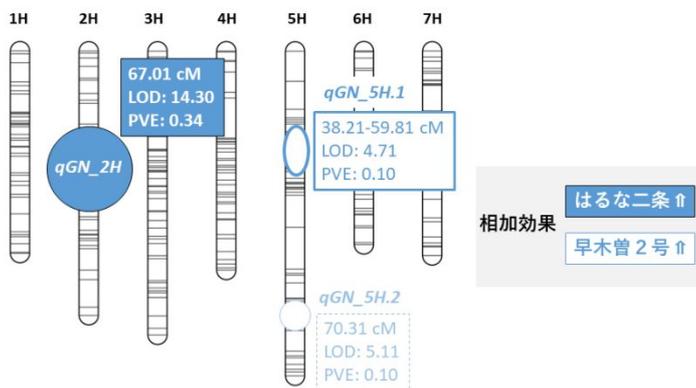


図 3. RIL 集団で検出された一穂粒数 QTL (qGN) の座乗位置。  
連鎖地図上の丸印は QTL の位置を表す。色の違いは正の相加効果を持つ親系統の違いを示している。qGN\_5H.2 は六条性の背景でのみ検出された。

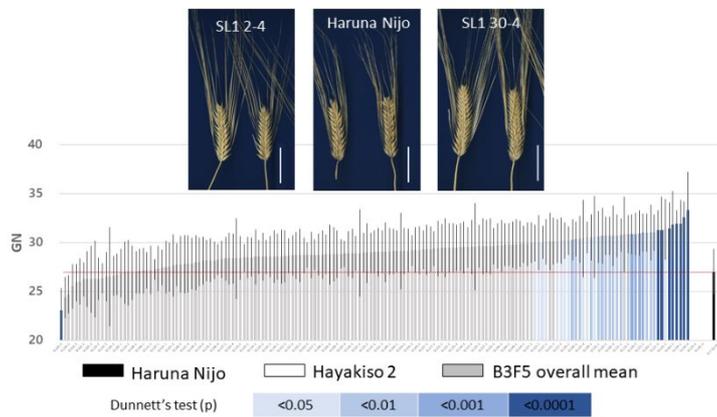


図 4. CSSL集団で見い出された一穂粒数の変異。  
 上：有意に一穂粒数が変化した代表的な系統（左右）と「はるな二条」（中央）の穂。Bar = 2.5cm。下：赤色の横線は「はるな二条」の値を示す。棒グラフの色の違いは有意差検定(Dunnett's test)の有意確率の違いを示している。

・同定した単離した NIL の一部は、穂軸節間長を制御する *cleistogamy1/HvAP2 (Cly1)* の多面発現により一穂粒数を改変することが確認された。

・「はるな二条」の遺伝背景では一穂粒数が多数の微小な効果を持つ QTL により制御されていることを、同定した各 NIL と「はるな二条」との F<sub>2</sub> 集団を使った分離解析で確認した。用いた NIL 系統 (n=2) は *Cly1* の対立遺伝子が異なることから、*Cly1* 以外の遺伝子効果についても注目して解析したところ、何れの集団でも一穂粒数の変異は連続分布することが明らかとなった(図 5)。用いた NILs は、RIL 集団で検出した 2 つの出穂期 QTL を保有しないことから、解析集団においては一穂粒数に対する出穂期 QTL の多面発現効果は小さいと推定された。

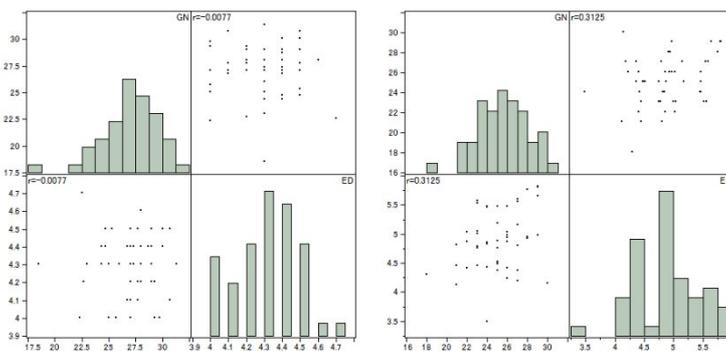


図 5. F<sub>2</sub> 集団における一穂粒数(GN)と穂軸節間長(ED)の関係。  
 右：SL1-30.4/はるな二条(n=47), 左：SL1-65.5/はるな二条(n=49)。

2 つの F<sub>2</sub> 集団における一穂粒数の遺伝率は  $H^2 = 0.80-0.81$  であったことから、国内向け醸造品種の中核である「はるな二条」の一穂粒数の育種的な改変は可能である。日本での栽培に育種によって適応的に改変された出穂期や短稈の遺伝背景においては、一穂粒数は微小な効果を持つ多数の QTL により制御されていることが明らかとなった。以上のことから、日本産醸造用オオムギ品種の一穂粒数改変のためには、従来型のピラミッド型育種に変わる育成手法の開発が必要である。

と考えられる.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Toda, Y., Okura, F., Ito, J. et al.	4. 巻 3
2. 論文標題 Training instance segmentation neural network with synthetic datasets for crop seed phenotyping.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Commun Biol	6. 最初と最後の頁 173
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s42003-020-0905-5	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1件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 最相大輔, 轟貴智, 原口雄飛, 甲斐浩臣, 半田裕一, 佐藤和広
2. 発表標題 醸造用オオムギの一穂粒数増大に向けた同質遺伝子系統の育成
3. 学会等名 日本育種学会第136回講演会
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
---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------