# 科学研究費補助金研究成果報告書

平成23年 5 月 17 日現在

機関番号: 15301 研究種目: 若手研究(B) 研究期間: 2009~2010 課題番号: 21780005

研究課題名(和文)東亜型オオムギ品種群の成立に関わる環境適応遺伝子座の検出

研究課題名(英文) Genetic analysis of adaptive loci associated with establishment for 'Oriental' barley varieties

## 研究代表者

最相 大輔 (SAISHOU DAISUKE) 岡山大学・資源植物科学研究所・助教

研究者番号: 90325126

## 研究成果の概要(和文):

ユーラシア大陸全域に亘って分布する栽培オオムギは、多様な品種群を分化させていることが古くから知られている。本研究では、東アジアに分布する'東亜型'オオムギが、東アジア特有の湿潤な環境というストレスに対して、進化的に獲得した適応メカニズムについて分子遺伝学的に解析した. 世界中の栽培オオムギ品種群について、発芽時耐水性を評価しその耐性程度とゲノム多型から推定される集団構造との関係を詳細に解析し、東アジアの中でも極東アジア(中国、朝鮮半島、日本)の品種群が、適応的に種子の耐水性を獲得した可能性を示した.

#### 研究成果の概要 (英文):

Barley, as well as hexaploid wheat, can adapt broadly and ecologically, which differentiates it from other cereals. It is widely known that the domesticated barley landraces were genetically divided into the Western group, including the Near East; Turkey; the Mediterranean and Transcaucasus; westward to Ethiopia and Europe; and the Eastern group, including Southwest Asia and eastward to the Himalayas, China, Korea, and Japan. Objective in this study is discovering the traits which would make it possible to expand the cultivation area into Asian region. We focused on pre-germination flooding tolerance, and relationship between the geographic distribution of extent of the sensitivity and population structure uncovering by molecular phylogenic analysis were comprehensively investigated. As the consequence, Far Eastern accessions would specifically acquired tolerance to the pre-germination flooding and might be adaptively evolved in order to expand the cultivation are in this regions.

## 交付決定額

(金額単位:円)

	直接経費	間接経費	合 計
2009 年度	1, 900, 000	570, 000	2, 470, 000
2010 年度	1, 600, 000	480, 000	2, 080, 000
年度			
年度			
年度			
総計	3, 500, 000	1, 050, 000	4, 550, 000

研究分野:農学

科研費の分科・細目:農学・育種学

キーワード:遺伝資源・系統分化・栽培化・適応分化

#### 1. 研究開始当初の背景

栽培オオムギは、中東から西南アジアにかけ て自生する野生オオムギを祖先親として,約1 万年前に栽培化されたと考えられている. その 後,世界中に栽培地域を拡大し、その分布は北 緯70°を超えるスカンジナビア半島や標高 3,000 m 超のヒマラヤ地帯を含む、北アフリカか らユーラシア大陸全域に亘る. 現在では, 新大 陸にも栽培地域を持ち、コムギと共に最も広範 な地域で栽培される作物である. ユーラシア大 陸全域に亘って分布する栽培オオムギは、多様 な品種群を分化させていることが古くから知られ ている. これまでに数多くの形態形質や生理形 質、アイソザイム・マーカー等について大規模に 栽培オオムギの品種変異について調べられ, 栽 培オオムギが起源地を含む西方('西域型')とヒ マラヤ以東の東方('東亜型')とに大きく分化し ていることが明らかにされてきた. 近年, 研究代 表者らは,染色体上に散在する複数の STS マ ーカーを用いてゲノムレベルで栽培オオムギの 遺伝的分化について解析し,6つの分集団に分 化していることを報告した(Saisho and Purugganan, 2007).

2. 研究の目的

作物の栽培化とその伝播は、農業生態系への適応進化と捉えることが出来る。栽培オオムギの場合、野生オオムギは乾燥又は半乾燥地域に分布しているのに対して、'東亜型'オオムギは、野生オオムギの分布域を越えて、温暖で湿潤な環境である東アジアに分布域を拡大した品種群である。言い換えると、'東亜型'オオムギとは、東アジア特有の気象条件や栽培条件、即ち湿潤な気候(ストレス)に適応するための遺伝形質を獲得した品種群という見方が出来る。本研究では、'東亜型'オオムギは、東アジア特有の湿潤な環境というストレスに対して、進化的に適応性を獲得した品種群という視点に立って、この適応メカニズムについて分子遺伝学的に理解を深め、広く作物の持続型農業を目指した育種

に貢献するような基礎的知見を得ることを目的とした.

本研究では,

- (1) ゲノムレベルで'西域', '東亜'の分化を明らかにしたコレクションを材料に、幾つかの非生物的ストレス耐性について再評価して、その地域分化を明らかにする、
- (2) '西域', '東亜'の遺伝的分化を考慮した 分離集団を用いて QTL 解析を実施することによ り, '東亜型'オオムギに特徴的な QTL の検出.
- (3) QTL 解析と同じ交配組合せに由来する染色体断片置換系統群(Recombinant chromosome substitution lines; RCSLs)を構築し、将来の QTL 単離において利活用できる材料や知見を整備・収集する.

### 3. 研究の方法

野生オオムギが分布する乾燥、半乾燥地帯と 比べて、東アジアに特徴的な栽培環境を考える とき、一つには水田裏作に代表されるような<u>発芽</u> 時の水環境が挙げられる。本研究では、これま で多数のオオムギ系統について品種間変異が 調べられている農業形質の中から、

- (1)発芽時の水環境に関わりのありそうな形質,
- (2) 品種変異の分布に地域的な偏りがある, という 2 つの要件を満たす形質として発芽時の 耐水性, 発芽時の耐塩性, 深播耐性の3つに着 目する.

## これらについて、

- (1) 複数のSTSマーカーの多型解析によってゲ ノムレベルで遺伝的分化の様相が明らかになっ ている系統群を材料に、品種変異の再評価と集 団構造との詳細な関係、
- (2) 地域集団を代表するように選抜した系統を両親に持つ組換え自殖系統(Recombinant Inbred line; RIL)およびRCSL系統群を用いた,OTL解析を行い,
- '東亜型'オオムギ品種群に特異的に見出される

遺伝子座のマッピングを計画した.

## 4. 研究成果 初年度は,

- (1) 野生オオムギを含めて世界中のオオムギの分布域をカバーするように選抜した在来品種群(約500系統)を用いて、発芽時の耐水性の評価と、
- (2) 5つのSTSマーカー座の塩基配列解析を 実施した.また,発芽に関わる農業形質のQTL 解析を実施するために,
- (3)複数のRIL集団及びRCSL系統群のジェノタイピングに用いるマーカー開発に取り組んだ.
  - (1)の結果, '東亜型'品種群では耐水性強(発芽率>90%)と判定される系統が一定頻度存在し,これらは'西域型'品種群からは殆ど見出されない.用いた在来品種群の発芽時の耐塩性(Mano et al. 1996)および深播き耐性(武田・高橋 1999)のスコアを抽出し,それらの地理的部分布を調査した結果,これらは,5,000系統以上の調査から明らかになった地理的分布傾向を再現しており,これらの形質に着目した適応分化の研究に適することを確認した.

次年度は、STS座の多型データを利用して集団解析を行った。また、オオムギ品種群の分化に深く関わったと考えられる穂形質(二・六条性)の多型解析を実施し、より詳細な分化過程を解析した。そして、それらと発芽関わる農業形質の形質データとを併せて種々の集団遺伝学解析、統計解析を実施し、集団構造と発芽に関わる農業形質との関係について詳細に検討した。同時に、(3)の連鎖地図構築に着手した。さらに、開発を進めているRCSL系統群のグラフィカル・ジェノタイピン

グにも着手し、導入染色体断片がゲノム全域 をカバーするように系統の選抜を進めた.

栽培オオムギの多様性を代表するように選

抜された標準品種(SV, n=274)を材料に, 種子 の耐水性(冠水処理後の発芽率)を調査し、 二・六条性遺伝子の系統解析により見出され た栽培オオムギの集団構造との関係について 解析した. 種子の耐水性評価はTakeda and Fukuyama (1987) に従った. SV全体における種 子の耐水性は、0-100%と広範囲に及び、平均 は50.5%であった.遺伝的な分化が明らかな東 西の品種間で比較したところ, 発芽率の平均 は、43.3% (西方) vs. 60.1% (東方) (t = 5.28, p<0.001 角変換値)で あった. 東アジアに分 布する耐水性強の系統群の地理的分布をより 詳細に明らかにする目的で、二・六条性遺伝 子の系統解析により見出された7つの分類群 (Saisho et al. 2009)毎に,発芽率を比較し た. 中国, 朝鮮半島, 日本を含む極東アジア には、このうち4つの分類群(A, D, E, G)が分 布する. これらの分類群毎の平均発芽率(%) はそれぞれ、36.6、50.6、70.8、54.1であっ た. 極東アジアの品種の46.8%は分類群Eに属 しており,他の分類群と比較して有意に発芽 率が高かった. このことから, 極東アジアの 品種群が, 適応的に種子の耐水性を獲得した 可能性が示唆された.

現在, 東亜型、品種と、西域型、品種の交雑に由来するRCSL系統群の作成を進めている. これらのグラフィカル・ジェノタイピングを進めて、導入染色体断片がゲノム全域をカバーするように系統を選抜し、今後QTL領域の検出と絞り込みを実施する.

## 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)

- 1 Daisuke Saisho, Makoto Ishii. Kiyosumi Hori and Kazuhiro Sato: Natural variation of barley vernalization requirements: Implication of quantitative variation of winter growth habit as an adaptive trait in East Asia. Plant Cell Physiol. 52(5): 775 - 784(2011)doi:10.1093/pcp/pcr046 査読有り
- ② Shin Taketa, Kanako Matsuki, Satoko Amano, <u>Daisuke Saisho</u>, Eiko Himi, Naoki Shitsukawa, Takahisa Yuo, Kazuhiko Noda and Kazuyoshi Takeda: Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in phenol reaction of spikes and grains. *J. Exp. Bot.* 61: 3983-3993, 2010. 查読
- ③ <u>Daisuke Saisho</u>, Mohammad
  Pourkheirandish, Hiroyuki Kanamori,
  Takashi Matsumoto and Takao
  Komatsuda: Allelic variation of row
  type gene *Vrs1* in barley and
  implication of the functional
  divergence. *Breed. Sci.* 59: 621-628,
  2009. 査読有り

〔学会発表〕(計2件)

- ① <u>最相大輔</u>・石井誠・佐藤和広・武田和義(岡大植物研) オオムギ種子の耐水性の 地理的分布. 育種学研究 13 (1), 2011. 2011 年 3月29日-30日 横浜
- ② <u>最相大輔 <sup>1</sup></u> Pourkheirandish M<sup>2</sup> 小松田隆夫 <sup>2</sup> (1. 岡大資生研, 2. 生物研) 栽培オオムギにおける六条性の進化過程. 育種学研究 11 (2), 2009. 2009 年 9 月 25 日 26 日. 札幌

(Saisho, D.<sup>1</sup>, M.
Pourkheirandish<sup>2</sup>, T. Komatsuda<sup>2</sup> (1. RIB, Okayama U., 2. NIAS) Evolutionary process of six-rowed spike in domesticated barley. Ikushugaku Kenkyu 11: Suppl. 2: 193, 2009)

- 6. 研究組織
- (1)研究代表者

最相 大輔 (SAISHOU DAISUKE) 岡山大学・資源植物科学研究所・助教 研究者番号:90325126

- (2)研究分担者 なし
- (3)連携研究者なし