

令和 5 年 9 月 13 日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19H00943

研究課題名(和文) ムギ類種子休眠性遺伝子の分子進化機構の解明と精密育種技術の開発

研究課題名(英文) Analysis of the molecular evolutionary mechanism of seed dormancy genes and development of precision breeding technology in barley and wheat

研究代表者

佐藤 和広 (Sato, Kazuhiro)

岡山大学・資源植物科学研究所・教授

研究者番号：60215770

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 34,900,000円

研究成果の概要(和文)：オオムギの種子休眠性遺伝子Qsd1およびQsd2のゲノム編集を実施して、各々Qsd1およびQsd2単独、および両方を変異導入した場合に休眠が延長されることを確認した。オオムギQsd1のコムギの同祖遺伝子であるTaQsd1のA、BおよびDゲノムの三重変異体をゲノム編集で作出し、明らかな種子休眠の延長効果を確認した。さらに、ゲノム編集に用いたコムギ品種「Fielder」の精密ゲノム解読を行い、外来遺伝子および目的外変異のないことを確認し、文部科学省に野外栽培試験を届出、種子休眠性試験を実施した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

種子休眠性遺伝子のゲノム編集およびその手法、オオムギおよびコムギのゲノム解読などの研究内容は、主要な国際雑誌に掲載され、その後海外からの種子分譲依頼、国際学会での講演依頼などがあり、国際的にも高く評価された。また、本研究でのオオムギおよびコムギのゲノム編集はいずれも国内初の実施例であり、一般向け書籍および商業誌の執筆依頼などがあり、すでに出版されている。また、コムギのゲノム編集個体の野外栽培は、農研機構で最初のゲノム編集の野外栽培例であり、育種への貢献が期待されている。

研究成果の概要(英文)：Genome editing of barley seed dormancy genes Qsd1 and Qsd2 was performed to confirm that dormancy was prolonged when Qsd1 and Qsd2 alone and both, respectively, were mutated. A triple mutant of TaQsd1, the wheat homoeologous gene of barley Qsd1, was generated by genome editing, and a clear prolongation of seed dormancy was confirmed. Furthermore, we performed high quality genome sequencing of the wheat cultivar "Fielder" used for genome editing, confirmed that there were no exogenous genes or off-target mutations, submitted a field cultivation test to the Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology, and conducted a seed dormancy test.

研究分野：遺伝育種科学

キーワード：ゲノム編集 遺伝解析 育種技術

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

申請者らは野生オオムギに存在する主要な種子休眠性に関わる *Qsd1* の DNA 配列を決定し、その機能および進化の過程を解析した。その結果、遺伝子の第 9 エクソン(E9)に位置するタンパク質の性質を変える塩基配列(以下 E9SNP)の違いと *Qsd1* の塩基配列の違いが完全に一致したので、この E9SNP が休眠性にかかわると断定した。一方、このほかにもタンパク質の変化を伴う塩基配列は 3 種類存在しており、数百品種の休眠性程度と、その違いを比較したところ、E9SNP 以外にも休眠性程度を変える可能性のある塩基配列が存在すると推測された。このような塩基配列の効果を明らかにするために、オオムギの形質転換体の作成を進め、さらに *Qsd1* に関するゲノム編集を開始した。また、これに先んじて、二倍体のオオムギの共通祖先を 3 種類もつ六倍体のコムギにおいて、3 つのゲノムの祖先を同一にする遺伝子全てを機能欠失させた変異体の創出を開始した。一方、形質転換およびゲノム編集に利用可能な品種はオオムギおよびコムギの両方で限定されており、いまのところ改変体を農業的に栽培することは難しいので、コムギの実用品種に変異原を処理して、変異集団を作成し、3 つのゲノムに存在する変異体をそれぞれ選抜することが有効である。3 種類すべてのサブゲノムに変異体が得られれば、交配によって、ゲノム編集と同じ三重変異体を得られる。さらに、休眠がほとんどないエチオピアの在来品種と我が国の醸造用品種の交配に由来する遺伝解析によって、休眠しないエチオピアの在来品種がもつ *Qsd1* が休眠型であることを確認した。さらに、Illumina 社製 Infinium50K システムでタイピングしたオオムギ約 250 系統を用いたゲノムワイドアソシエーション解析を実施して、新規の休眠性遺伝子座候補の確認を進めた。

植物の種子休眠に関する研究は植物生理学的な解析が進んでいるが、植物ホルモンを制御する遺伝子が中心であるのに対し、申請者らが単離した *Qsd1* はアラニンアミノ酸転移酵素によって休眠を制御するなどユニークな機能をもつ遺伝子である。また、申請者らを含む研究グループが単離した *Qsd2* および *MFT* など我が国の研究グループがムギ類における休眠性遺伝子の単離では世界をリードしており、遺伝学的な材料の作成も最も充実している。また、コムギのゲノム編集技術はアグロバクテリウムによる形質転換法が国産技術であるため海外の研究者の利用が難しいなど、研究を進めるうえで有利な立場にある。

2. 研究の目的

本研究ではムギ類における種子休眠性に関わる遺伝子について、祖先となる野生植物から栽培ムギ類が生まれ、さらにそれぞれの地域や用途に適した在来品種となる過程で、どのように変異して定着したのかを遺伝子進化的に解明する。はじめに、*Qsd1* および *Qsd2* の形質転換体およびゲノム編集個体を用いて、遺伝子配列の変異と種子休眠性への効果の相互関係を明らかにし、さらに、その遺伝子およびタンパク質による生体内での種子休眠制御の仕組みを解明する。続いて、その情報をオオムギと祖先を同じくするコムギの 3 つのサブゲノム(ABD)の遺伝子に応用してコムギの休眠性を制御する。最終的に、複数の遺伝子の自然変異および人為変異を組合せた場合の相互作用を確認して、ムギ類品種における休眠性の精密な制御技術を得ることを目的としている。

3. 研究の方法

1) *Qsd1* の解析と制御：*Qsd1* に存在する自然変異またはゲノム編集や変異源処理で得られる人為変異の休眠性への効果を明らかにし、植物体における *Qsd1* の機能を明らかにする。

a) 野生オオムギと栽培オオムギの *Qsd1* 配列では 4 つのアミノ酸置換が確認されている。このアレル別の過剰発現個体を作成中であり、分離世代での単独改変個体の選抜同定をして、変異を持つ各々の形質転換体の種子休眠性に対する効果を確認する。

b) オオムギ *Qsd1* のアラニンアミノ酸転移酵素はタンパク質の立体構造が判明している。その構造に基づき、例えば構造を保ったまま活性部位にアミノ酸置換を導入するなど、オオムギのゲノム編集によって未知の変異体を得られる可能性を検討する。また、得られた変異体と a) の形質転換個体との効果を比較解析する。

c) 既に確立しているコムギのゲノム編集技術を用いて、3 つのサブゲノムの *Qsd1* をそれぞれ改変し、効果的な休眠性の得られる変異体を作成する。

d) オオムギおよびコムギにおいて得られた自然および人為変異体のタンパク質がアラニンアミノ酸転移酵素であるかどうかを確認し、形質転換体やゲノム編集個体の種子を使ってタンパク質の活性と種子休眠の程度を解析する。

e) コムギの主要品種「春よ恋」と「きたほなみ」の人為突然変異集団から *Qsd1* 配列の変異体を TILLING 法で選抜し、サブゲノム変異体の効果を確認する。さらに変異体を交配して多重変異体を作成し、その休眠性の程度を確認する。また、変異体の実用性を判断するための圃場試験を実施する。

2) 他の遺伝子の解析と制御：*Qsd1* 以外の種子休眠性遺伝子に関する自然および人為変異の効果および *Qsd1* との制御関係を明らかにする。

a) ゲノム編集によるオオムギ *Qsd2* の改変によって、自然変異以外の変異体の作成と種子休眠性に対する効果を確認し、新規のアレルの有用性を確認する。さらに、個々の遺伝子およびタンパク質等の解析を行ってその機能を解析する。

b) イネを中心に、ムギ類以外の種子休眠性同祖遺伝子のオオムギおよびコムギのゲノム編集を

試み、休眠性への効果を確認し、交配によってムギ類遺伝子との相互作用を確認する。

3) 遺伝子進化相互作用解析: 遺伝子配列に基づくオオムギ種子休眠性の進化を推定し、*Qsd1* を中心とする遺伝子間相互作用を明らかにすることにより、精密に休眠性を制御するアリル組合せを得る。

a) 新規に Genotype by Sequence 法で作出する約 7 万のマーカーによってオオムギ約千系統についてのゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) を実施し、新規の休眠性遺伝子座を探索して、本研究で対象とする遺伝子座と比較し、系統の持つアレルを推定する。

b) 休眠型の *qsd1* を持っているにもかかわらず休眠しないエチオピア在来品種と「はるな二条」(休眠短)の交配、野生オオムギ(休眠長)と「はるな二条」の交配、野生オオムギとエチオピア品種の交配に由来する QTL を検出し、エチオピア品種固有の遺伝子の絞込みを行い、*Qsd1* など既知の遺伝子座との相互作用の分子メカニズムを解明する。

c) 世界各地から収集した栽培オオムギならびに野生オオムギの *Qsd1* および *Qsd2* の塩基配列を解析し、アレルの種子休眠性の効果を確認して、その成立過程を明らかにする。

4. 研究成果

本研究で予定した計画のうち、ゲノム編集による種子休眠性遺伝子のノックアウト作成とその評価については、予想より研究が進展し、コムギの三重変異体については文部科学省への届出も受理されて、野外栽培を実施した。一方で、形質転換体の評価、遺伝解析、遺伝子の機能については、成果のとりまとめあるいは研究を継続している。以下に主な成果について論文出版された内容を中心に記載する。

1) オオムギの種子休眠性遺伝子のゲノム編集とその効果

Qsd1 および *Qsd2* のゲノム編集の実施に当たっては、エキソンにゲノム編集の標的となる guide RNA を 2 カ所ずつ設計し CRISPR/Cas9 用のバイナリーベクターを用いて、オオムギ品種「Golden Promise」を形質転換した (Hisano et al. 2022)。*Qsd1* および *Qsd2* を標的とする T₀ 形質転換体はそれぞれ 62 および 112 個体得られた。それらの個体を PCR とシーケンス解析で変異の有無を確認した結果、標的遺伝子に変異導入されたのは、それぞれ 19 および 24 個体であった。変異の種類は、1 塩基挿入または欠失、3~17 塩基欠失など、多様であった。

Qsd1 および *Qsd2* の導入変異がホモ化した T₁ 世代の個体、非変異個体および非形質転換体を閉鎖型人工気象室内で栽培し表現型を調査した。調査には、*Qsd1* に 1 塩基挿入、1 塩基欠失および 3 塩基欠失が導入された個体、*Qsd2* に 1 塩基挿入、1 塩基欠失、6 塩基欠失および 17 塩基欠失が導入された個体をそれぞれ用いた。湿らせた濾紙の上に各個体 50 粒ずつ 3 反復で種子を置床して 25 °C で催芽し、7 日後の発芽率を調べたところ、対照はいずれも発芽率が 90% 以上であったが、*Qsd1* 変異体はフレームシフトの有無にかかわらず全く発芽しなかった。また、*Qsd2* の 6 塩基 (2 アミノ酸) 欠失変異体は発芽率が 90% 以上であったが、フレームシフト変異体は全く発芽しなかった。また、*Qsd1* および *Qsd2* の両方を変異導入した場合も発芽しなかった。

本研究内容は、植物バイオテクノロジーの主要な雑誌に掲載され (Hisano et al. 2022)、その後種子の分譲依頼や国際学会での講演依頼などがあり、国際的に高く評価された。さらに、これが我が国におけるオオムギのゲノム編集の初めての実施例であり、以降のオオムギのゲノム編集技術の利用に大きく貢献した。

2) コムギの種子休眠性遺伝子のゲノム編集とその効果

オオムギ *Qsd1* のコムギの同祖遺伝子である *TaQsd1* の A、B および D ゲノムで共通する領域にゲノム編集の標的となる guideRNA を設計して、CRISPR/Cas9 システムを含むベクターを構築し、アグロバクテリウム法により米国品種「Fielder」に形質転換して導入した (Abet et al. 2019)。342 個の未熟胚から 8 個体の形質転換体を作成し、そのうち 3 個体で変異が得られた。そのうち、A、B および D ゲノム全てに変異が導入された個体 (#1) と Fielder (WT) とを交配して、その F₁ 世代 158 個体のうち、11 個体は Cas9 が PCR 法で増幅されず、導入遺伝子が遺伝的に分離して除去されているとみられた。このうち 3 個体が各ゲノムの *TaQsd1* 遺伝子でヘテロ型 (*AaBbDd*) を示し、*AaBbDd* の自殖種子からは、非ゲノム編集型も含めた全 8 組合せのゲノム編集ホモ型 (*AABBDD*, *aaBBDD*, *AAbbDD*, *AABBdd*, *aabbDD*, *aaBBdd*, *Aabbdd*, *aabbdd*) を一度に複数個体ずつ選抜できた。アグロバクテリウムの変異導入から編集ホモ型系統の採種まではわずか 14 か月であった。

これらの作出した各編集ホモ型を、遺伝子組換え体を育成する閉鎖系の人工気象室内で栽培して、種子休眠性を評価した。生育中の草姿、草丈、開花日については、各編集ホモ型の 8 系統間で明確な差異は見られなかった。シャーレによる発芽試験を行ったところ、発芽率 50% に到達する日数が、三重変異体 (*aabbdd*) では 11 日であるのに対し、その他の遺伝子型は 5 日から 6 日と約半分の期間で三重変異体の種子休眠効果が見られた。さらに、穂に付いたままの穀粒の

発芽でも原品種と三重変異体には明確な差異が認められた(図1)

これらの成果は主要な国際誌に掲載され(Abe et al. 2019) その手法の詳細な内容も国際誌に出版された(Abe et al. 2020)。

一方、当初予定していたオオムギ *Qsd2* およびイネの種子休眠性遺伝子の変異体作成は思ったように進展せず、現在も条件検討を続けている。

3) コムギにおけるゲノム編集の精度と野外栽培

前述の通り、*Qsd1* のゲノム編集個体と「Fielder」を交配した後代から、遺伝的分離により導入遺伝子が除かれた変異固定系統(ヌルセグリガント)が得られた。このヌルセグリガントにおいて外来遺伝子の配列がないかどうかを、次世代シーケンサーによる全ゲノムショットガンシーケンシングによって確認した。「Fielder」(WT)、ヌルセグリガント(null)、 T_1 個体(#1-8)のゲノムDNAから、それぞれゲノム量の約33倍の配列データを解読した。解読配列を形質転換に用いた外来配列(ベクターのT-DNA配列)にマップしたところ、 T_1 個体の解読結果では外来遺伝子に由来するとみられる配列がT-DNA配列全体に分布していた。一方、WTとヌルセグリガントの解読結果では共通位置に配列がマップされる領域がみられるものの、1%水準で有意差が検出されたのは末端部の一部分のみであった。以上から、ヌルセグリガント個体ではベクターの部分断片もゲノム上に残存していないことが示された。このように、本研究のゲノム編集では標的部位以外の変化のない、高精度な変異導入ができた。

TaQsd1 を改変したゲノム編集コムギについては、文部科学省への情報提供を行い、受理されたのちに野外栽培試験を開始した(図2)。この中では、ゲノム編集技術により得られた生物の名称、使用等の内容、場所、宿主の名称と自然環境における生理・生態学的特性、使用したゲノム編集技術の種類・導入方法、細胞外で加工した核酸の移入・残存の有無、改変した遺伝子等、改変生物の形質の変化、生物多様性影響が生ずる可能性についての考察、緊急連絡先、緊急時の対応等を記載している。これらの情報は文部科学省ライフサイエンスの広場 web ページにおいて公開されている。

コムギのゲノム編集の実施例は世界中で報告されているが、本研究がわが国初の実施例である。その標的が種子休眠性遺伝子であること、きわめて短期間で実験できたこと、精度情報が充実していることなどから、本研究は国内外で高く評価されている。一方、ゲノム編集と同じ遺伝子をノックアウトした個体を変異集団から選抜して交配によって三重変異体を作成する試みは地味ではあるが、重要である。本研究でもこのための実験を進めたが、実施期間内に効率よく変異体を選抜することは困難であった。

4) オオムギおよびコムギにおけるゲノム配列解析とその応用

オオムギのゲノムは5Gbとされており、イネと比べると巨大であるが、国際コンソシアムによって2017年に基本システムの解析が完了し、2020年には20系統の高精度解析が公開された。この中にはオオムギのゲノム編集に用いる「Golden Promise」の染色体スケールのジェノムアセンブリが含まれている。

六倍体で15Gbの巨大で複雑なゲノムを持つ普通系コムギは2020年10品種の高精度なパンゲノム配列が公開された。米国品種「Fielder」はアグロバクテリウム法による形質転換に用いる「Fielder」世界中でゲノム編集に用いられているが、標的配列設定やオフターゲットの解析には参照ゲノムである「Chinese Spring」を用いていた。このため、より正確なゲノム編集技術の確立のために、最新のロングリード配列解析によって「Fielder」のゲノム解析を実施した(Sato



図1 コムギの穂発芽(右)と*TaQsd1*のゲノム編集による発芽抑制(左)



図2 *TaQsd1*ゲノム編集個体の野外栽培

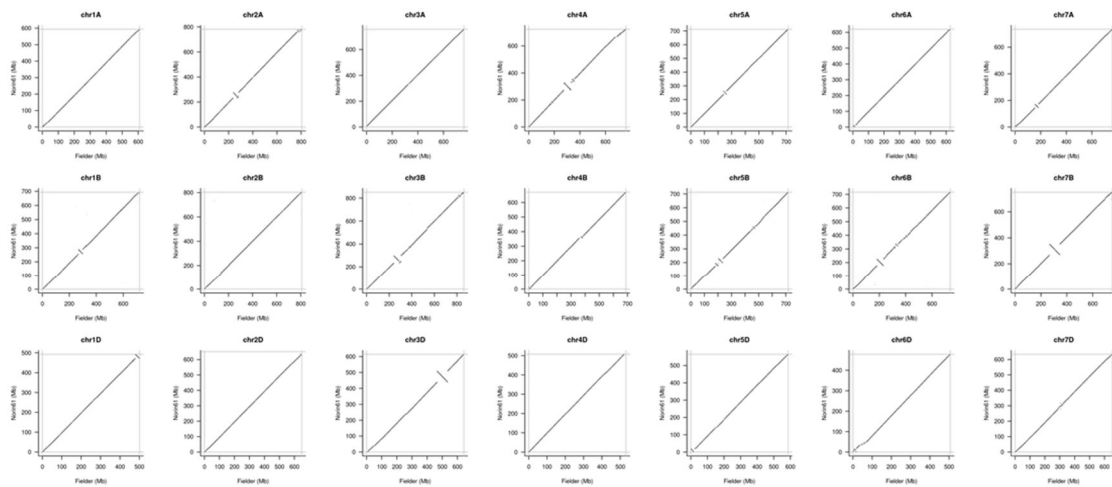


図3 コムギ品種「Fidler」の染色体単位の「農林61号」へのアラインメント

et al. 2021)。

Hifi リード 16 セルのアセンブリでコンティグ 5,200 が生成され、N50 は 20.7Mb を示した。Omini-C による染色体スケールの整列で 1,428 のコンティグを 21 本の染色体に位置付けたところ、全長は 14.7Gb で、染色体に位置付けられない 3,774 のコンティグは 0.3Gb となった。このアセンブリを「Julius」の配列に整列したところ、一つのコンティグが染色体 3B と 6B に位置付けられたので、正しく再配置した。修正したアセンブリをパンゲノム解析の「農林 61 号」と比較したところ、両者はよく一致しているものの、数か所で逆位が認められた(図 3)。パンゲノム解析と同一の gene projection および反復配列のアノテーション解析によって、タンパク質をコードする遺伝子は 116,480 と推定され、トランスポゾンの構成および割合(81%)と共に他の品種と類似した値を示した。また、BUSCO によって検出された単一コピーのオルソログ遺伝子は 97.1% で、他のパンゲノム解読品種と同様の値を示した。このゲノム配列に、形質転換した種子休眠性遺伝子 *TaQsd1* のゲノム編集個体(Abe et al. 2019)の解析配列をマップしたところ、4 か所の想定された位置にベクターが特定された。さらに、ガイド RNA 配列の検索によって、オフターゲットの候補が同定できた。

さらに、遺伝子のより精密なアノテーションを進めるためにオオムギ(Tanaka et al. 2019)およびコムギ(Nakayama et al. 2022)の転写産物解析技術を開発し、標的遺伝子変化に必要な詳細な遺伝子モデルの作成を進めた。

5) オオムギ種子休眠性の遺伝解析

本研究では種子休眠程度を調査済みの 4 千系統あまりのオオムギ保存系統について、genotype by sequencing 法を用いたゲノムの部分解読(フィンガープリンティング)を実施した。そのデータを「はるな二条」および「0UH602」の参照ゲノム配列上に整列して、塩基多型と種子休眠程度の関連を解析するジェノムワイド関連解析を実施する準備を進めた(Sato, Ma and Takeda 2021)。

一方、種子休眠性遺伝子座の交互作用の推定のために、種子休眠程度が異なるエチオピア在来品種「BCS352」、我が国の醸造用品種「はるな二条」および野生オオムギ系統「BCS392」を総当たりで交配し、それぞれ F₂ 集団を作成して休眠試験および QTL 解析を行った。その結果、はるな二条 × BCS352 では 3 つの QTL が検出された。はるな二条 × BCS392 は 2018 年および 2019 年に試験を行い、それぞれ 2 つおよび 1 つの QTL を検出した。BCS352 × BCS392 では 3 つの QTL を検出した。それらのうち、既知の種子休眠性 QTL である *Qsd1* および *Qsd2* の近傍に位置する QTL が存在した。また、7H に座乗する QTL が 2 つの集団で同様の位置に検出された。さらに、個々の QTL の効果を検証するため、Competitive Allele Specific (KASP) ジェノタイピングシステムを用いて選抜マーカーの開発を行った。*Qsd1*、*Qsd2* および 7H の QTL アレルを検出するマーカーを設計して雑種の遺伝子型と休眠を比較した。その結果、複数の遺伝子座が分離する集団において、それぞれの遺伝子型と休眠程度を比較することにより、遺伝子座の相互作用の推定が可能となった。以上の内容を総合して論文出版を準備しているが、共同研究先との genotype by sequencing 法による遺伝資源解析の論文出版を進めており、この論文の後に種子休眠性に関する遺伝子座の推定に関する論文を出版する予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 7件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 5件）

| | |
|--|-----------------------------|
| 1. 著者名 Hisano Hiroshi, HOFFIE Robert E., Abe Fumitaka, Munemori Hiromi, Matsuura Takakazu, Endo Masaki, Mikami Masafumi, Nakamura Shingo, Kumlehn Jochen, Sato Kazuhiro | 4. 巻 20 |
| 2. 論文標題 Regulation of germination by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley | 5. 発行年 2022年 |
| 3. 雑誌名 Plant Biotechnology Journal | 6. 最初と最後の頁 37～46 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/pbi.13692 | 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 該当する |
| 1. 著者名 Nakayama Rio, Safi Mohammad Taheb, Ahmadzai Waisuddin, Sato Kazuhiro, Kawaura Kanako | 4. 巻 12 |
| 2. 論文標題 Comparative transcriptome analysis of synthetic and common wheat in response to salt stress | 5. 発行年 2022年 |
| 3. 雑誌名 Scientific Reports | 6. 最初と最後の頁 11534 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-022-15733-2 | 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 Sato Kazuhiro, Abe Fumitaka, Mascher Martin, Haberer Georg, Gundlach Heidrun, Spannagl Manuel, Shirasawa Kenta, Isobe Sachiko | 4. 巻 28 |
| 2. 論文標題 Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar 'Fielder' | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 DNA Research | 6. 最初と最後の頁 dsab008 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/dnares/dsab008 | 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 Sato Kazuhiro, Takeda Kazuyoshi, Ma Jian Feng | 4. 巻 101 |
| 2. 論文標題 Germplasm evaluation for crop improvement: Analysis of grain quality and cadmium accumulation in barley | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Journal of Cereal Science | 6. 最初と最後の頁 103297～103297 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.jcs.2021.103297 | 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 Fumitaka Abe, Yuji Ishida, Hiroshi Hisano, Masaki Endo, Toshihiko Komari, Seiichi Toki, Kazuhiro Sato | 4. 巻 1 |
| 2. 論文標題 Protocol for Genome Editing to Produce Multiple Mutants in Wheat | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 STAR Protocols | 6. 最初と最後の頁 100053 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.xpro.2020.100053 | 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 Abe, F., Haque, E., Hisano, H., Tanaka, T., Kamiya, Y., Mikami, M., Kawaura, K., Endo, M., Onishi, K., Hayashi, T. and Sato, K. | 4. 巻 28 |
| 2. 論文標題 Genome-Edited Triple-Recessive Mutation Alters Seed Dormancy in Wheat. | 5. 発行年 2019年 |
| 3. 雑誌名 Cell Reports | 6. 最初と最後の頁 1362-1369 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.celrep.2019.06.090 | 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 Tanaka, T. Ishikawa, G., Ogiso-Tanaka, E., Yanagisawa, T. Sato, K. | 4. 巻 10 |
| 2. 論文標題 Development of Genome-Wide SNP Markers for Barley via Reference- Based RNA-Seq Analysis. | 5. 発行年 2019年 |
| 3. 雑誌名 Frontiers in Plant Sci. | 6. 最初と最後の頁 577 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fpls.2019.00577 | 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14件 (うち招待講演 1件/うち国際学会 1件)

| |
|--|
| 1. 発表者名 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・久野裕・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 ゲノム編集によるTaQsd1三重変異体の野外栽培での休眠性評価 |
| 3. 学会等名 第17回ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|-----------------------------------|
| 1. 発表者名 蝶野 真喜子・安倍史高・加星光子・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 ゲノム編集を利用したコムギの穂発芽耐性の向上 |
| 3. 学会等名 植物化学調節学会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野 裕・宗森 広美・佐藤 和広 |
| 2. 発表標題 種子休眠遺伝子に標的変異導入されたオオムギの遺伝子発現解析 |
| 3. 学会等名 日本育種学会第142回講演会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 加星光子・安倍史高・神谷容子・川浦香奈子・久野裕・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 コムギにおけるgRNA発現プロモーターと培養温度のゲノム編集効率への影響 |
| 3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 Hisano, H |
| 2. 発表標題 Enhanced tolerance to pre-harvest sprouting by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley. |
| 3. 学会等名 PAG ASIA 2022 (招待講演) (国際学会) |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上 雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤 和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽の制御 |
| 3. 学会等名 第38回日本バイオテクノロジー学会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上 雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤 和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽制御 |
| 3. 学会等名 育種学会第140回講演会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 佐藤和広・安倍史高・白澤健太・磯部祥子 |
| 2. 発表標題 コムギ品種「Fielder」の染色体スケールジェノムアッセムブリ |
| 3. 学会等名 育種学会第140回講演会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・森山力・田部井豊・久野裕・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 種子休眠性を改変したゲノム編集コムギの野外栽培実験の紹介 |
| 3. 学会等名 第14回穂発芽研究会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・森山力・田部井豊・久野裕・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 休眠性を改変したゲノム編集コムギの野外栽培試験 |
| 3. 学会等名 第16回ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野 裕・Robert Hoffie・山根 美樹・宗森 広美・Jochen Kumlehn・佐藤 和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠性遺伝子の標的ゲノム改変による発芽抑制 |
| 3. 学会等名 日本育種学会第137回講演会 |
| 4. 発表年 2020年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野裕・R. Hoffie・山根美樹・宗森広美・J. Kumlehn・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠性遺伝子Qsd1およびQsd2の二重変異体作成 |
| 3. 学会等名 第14回ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2019年 |

| |
|-------------------------------------|
| 1. 発表者名 文屋慧亮・久野裕・佐藤和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠性に関するQTL間相互作用の解析 |
| 3. 学会等名 第11回中国地域育種談話会 |
| 4. 発表年 2019年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 久野 裕・R. Hoffie・山根 美樹・宗森 広美・J. Kumlehn・佐藤 和広 |
| 2. 発表標題 オオムギ種子休眠性を制御するQsd1およびQsd2遺伝子の二重変異体の作出 |
| 3. 学会等名 第11回中国地域育種談話会 |
| 4. 発表年 2019年 |

〔図書〕 計3件

| | |
|---|-----------------|
| 1. 著者名 安倍史高・佐藤和広 | 4. 発行年 2021年 |
| 2. 出版社 NTS | 5. 総ページ数 325 |
| 3. 書名 ゲノム編集食品（穂発芽耐性コムギの開発(pp.175-183)） | |

| | |
|---|-----------------|
| 1. 著者名 加星光子・安倍史高・佐藤和広 | 4. 発行年 2022年 |
| 2. 出版社 化学同人 | 5. 総ページ数 168 |
| 3. 書名 植物バイオテクノロジーでめざすSDGs（第8章穂発芽しないコムギをめざして(pp.76-88)） | |

| | |
|---|-----------------|
| 1. 著者名 加星光子・安倍史高・久野裕・佐藤和広 | 4. 発行年 2023年 |
| 2. 出版社 情報機構 | 5. 総ページ数 315 |
| 3. 書名 ゲノム編集技術（第3節第3項「ゲノム編集によるムギ類種子休眠性の改良」(pp.183-192)） | |

〔出願〕 計0件

〔取得〕 計1件

| | | |
|--------------------------------|--------------|---------------|
| 産業財産権の名称 はるな二条Qsd1 | 発明者 佐藤和広 | 権利者 同左 |
| 産業財産権の種類、番号 特許、品種登録、第28938号 | 取得年 2022年 | 国内・外国の別 国内 |

〔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 | 安倍 史高 (Abe Fumitaka) (30370547) | 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究部門・主任研究員 (82111) | |
| 研究分担者 | 大西 一光 (Onishi Kazumitsu) (50526704) | 帯広畜産大学・畜産学部・准教授 (10105) | |
| 研究分担者 | 久野 裕 (Hisano Hiroshi) (70415454) | 岡山大学・資源植物科学研究所・准教授 (15301) | |

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 | | | |
|---------|------------------------|------|--|--|
| ドイツ | IPK | PGSB | | |
| ドイツ | IPK | | | |
| 英国 | James Hutton Institute | | | |
| ドイツ | IPK | | | |
| 英国 | James Hutton Institute | | | |