

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 2 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2013～2015

課題番号：25292008

研究課題名(和文)パンコムギの人為合成を阻害する雑種崩壊遺伝子の単離

研究課題名(英文)Cloning of hybrid incompatibility genes inhibiting artificial production of common wheat

研究代表者

宅見 薫雄 (Takumi, Shigeo)

神戸大学・(連合)農学研究科(研究院)・准教授

研究者番号：50249166

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,800,000円

研究成果の概要(和文)：育種において近縁種からの有用遺伝子の導入は、困難な育種目標を達成するために必要であるが、実際には種間の生殖隔離等の技術的問題から、必ずしも野生種という遺伝資源が有効に活用されていない。そこで、パンコムギの祖先野生種の1つであるタルホコムギの包括的遺伝子利用に向けて、二粒系コムギとタルホコムギの種間雑種でしばしば認められる雑種ネクロシスと雑種クロロシスを引き起こすタルホコムギ側原因遺伝子Net2とHch1を単離することを目指した。本研究を通して両遺伝子が座乗する染色体領域の詳細な地図情報を構築でき、周辺領域のDNA断片を不完全ながらも入手できた。本結果は今後の遺伝子単離に極めて有効である。

研究成果の概要(英文)：In crop breeding, efficient transmission of agriculturally important genes from wild relatives is necessary for overcoming difficult missions. However, technical problems such as reproductive isolation between crops and their relatives make it difficult to use comprehensively the genetic resources in wild relative populations. Towards complete use of a wild wheat relative *Aegilops tauschii* for bread wheat breeding, the goal of this research is set as map-based cloning of Net2 and Hch1, which are the D-genome causal genes for hybrid incompatibilities shown in interspecific hybrids from crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. Through this project, fine maps for Net2 on chromosome 2DS and Hch1 on chromosome 7DS were successfully constructed, and some BAC clones around the Net2 and Hch1 regions were selected. These progresses are important for further map-based cloning of Net2 and Hch1.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：育種学 生殖隔離 倍数性進化 コムギ

1. 研究開始当初の背景

高等植物では異質倍数性進化が、新たな種の成立において重要な原動力となっていることが知られ、異質倍数体の成立時に核内あるいは細胞内でどのようなゲノムやクロマチン構造の再編、遺伝子発現プロファイルの変化、概日リズムの変化等が生じるのかについて、近年急速に知見が蓄積してきている。育種における近縁種の利用でも、異質倍数体成立でも、2つの異なる近縁種間の雑種形成がそのスタートとして必須のプロセスであるが、植物でも受精前あるいは受精後の隔離障壁は存在し、雑種形成を阻害している。

これまで主要穀物であるパンコムギにおいては、非生物的ストレス(低温/凍結、乾燥など)に対する耐性能発揮に至るシグナル経路の解明や出穂開花時期を決める遺伝子の同定等が行われてきている。これらの知見を基にパンコムギの祖先野生種の1つでDゲノムの提供親となったタルホコムギの自然集団からパンコムギの育種に有用な対立遺伝子を同定し、4倍性コムギとの交雑F₁雑種の自然倍加により作出した合成パンコムギを介してタルホコムギの対立遺伝子をパンコムギに導入する研究も進められている。これらの研究を通して、タルホコムギ集団中にはパンコムギのいくつかの困難な育種目標を解決できる遺伝子も集団中に見いだせると考えられている。

しかし一方で、この合成パンコムギの育成過程で、4倍性コムギとタルホコムギとのF₁個体で雑種致死や雑種弱勢を示す交配組み合わせが比較的多く認められた。この生育不良には少なくとも4種類あり、そのうちtype3ネクロシスはパンコムギでもみられるtype1ネクロシスに似た表現型を示し、type2ネクロシスは低温下で植物体の成長が止まって後にネクロシスの症状を示す(Mizuno et al. 2010, 2011)。この他にも第3葉を展開してすぐに成長を止めてしまう雑種致死や、ハイブリッドクロロシスも認められ、祖先野生種であるにもかかわらずタルホコムギからパンコムギへの遺伝子の導入は、用いる交配組み合わせによって成否が決まってしまう。これらのタルホコムギ側の原因遺伝子(*Net2*と*Hch1*)は、2Dや7D染色体の短腕上に位置づけられている(Mizuno et al. 2010, 2011; Nakano et al. 2015)。これら*Net2*と*Hch1*遺伝子を単離することにより、二粒系コムギとタルホコムギ間の生殖隔離について理解を深めるとともに、密接連鎖マーカーの開発によってタルホコムギの遺伝資源をパンコムギ育種に包括利用する系を開発できると期待される。

2. 研究の目的

本研究では、特に受精後生殖隔離に焦点を当てることとした。すなわち、コムギ種間交雑でできた雑種第一代でしばしば認められる雑種致死と雑種弱勢を引き起こす遺伝因

子について、特にタルホコムギ側の2つの遺伝子(*Net2*と*Hch1*)の単離を目指し、将来的にこれらのアレルの機能的な変異部位を明らかにして、近縁種との交雑による包括的かつ効率的な有用遺伝子導入法の確立に寄与することを目的とした。そのために、*Net2*と*Hch1*について、F₂マッピング集団で密接に連鎖するSNPマーカーを複数同定し、タルホコムギコアコレクション中でのSNPの分布を明らかにすることと、選んだSNPマーカーをもとにタルホコムギBACクローンを選抜し、*Net2*と*Hch1*座の物理地図構築を目指すことを具体的な目的とした。

3. 研究の方法

(1) *Net2*座と*Hch1*座の高密度連鎖地図の作成
二粒系コムギとタルホコムギ間の雑種(ABDゲノム)におけるtype2ネクロシスもクロロシスも3倍体雑種で発現するが、生育が遅れるものの致死ではなく自殖種子を採種できる(Mizuno et al. 2010)。この自殖種子から育った植物はAABBDDゲノムを持つ合成パンコムギであり、type2ネクロシスを発現する合成パンコムギ系統と通常の表現型(WT)を示す合成パンコムギ系統の間のF₂集団と、ハイブリッドクロロシスを発現する合成パンコムギ系統とWTを示す合成パンコムギ系統の間のF₂集団をマップ集団として用いた。*Net2*と*Hch1*それぞれについて、まず2DSと7DS上の該当領域のSNPマーカーを選抜し、F₂集団を使って表現型調査(ネクロシスやクロロシスを示すかどうか)を行い、選抜したSNPを連鎖地図上に位置づけた。マーカーのジェノタイピングとマップ作成についてはHirao et al. (2015)により行った。

(2) タルホコムギ分子マーカーの作成

タルホコムギのドラフトゲノム情報(Jia et al. 2013, Luo et al. 2013)、及びオオムギの物理地図情報とドラフトゲノム情報(IBSC et al. 2012)を利用して、タルホコムギの葉と穂のRNA-seqデータ(Iehisa et al. 2012, 2014)から目的染色体領域の両親系統のSNPを抽出した。さらにタルホコムギのゲノム情報から*Net2*と*Hch1*周辺のタルホコムギ scaffoldをBlastNによって選抜し、その scaffold 配列内に存在するSSRをマーカーとして利用した。また、*Hch1*については7DSのsurvey sequence data(Berkman et al. 2011)も利用した。SSRの同定とマーカー化には、SciRoKo version 3.4ソフトウェア(Kofler et al. 2007)を用いた。

(3) アソシエーション解析

近傍マーカーの遺伝子型と表現型との関連をTASSEL Ver.4 (Bradbury et al. 2007)を用いてNishijima et al. (2014)により行った。Mixed linear modelを用いたQ+K法によってアソシエーション解析を行った。用いたタルホコムギ系統については169のDArTマーカーによるジェノタイピング情報(Matsuoka et al. 2013)を用いた。

(4) タルホコムギBACクローンの選抜

NBRP コムギを介して横浜市立大学木原生
物学研究所の保有するタルホコムギ BAC ラ
イブラリーのスクリーニングを行った。

(5) マイクロアレイ解析と遺伝子発現解析

type2 及び type3 ネクロシスと、パンコム
ギの type1 ネクロシス、野生一粒系コムギ
の type4 ネクロシスについて、NBRP コム
ギから入手した Agilent 社のコムギ 38K オリ
ゴ DNA マイクロアレイを用いて、比較解析
を行った。また、各雑種個体の発芽 3 日後の
幼植物体を 0.02 mM の $ZnCl_2$ を加えた水耕条
件で 10 日間生育させて、幾つかの遺伝子発
現を RT-PCR 解析によって比較した。

4. 研究成果

(1) *Hch1* の高密度連鎖地図の作成

F_2 集団 280 個体中、クローシスを示したの
は 211 個体、WT は 69 個体で、分離比は 3:1
に合致した ($P = 0.89$)。この *Hch1* 座周辺の高
密度化のため、まず F_2 集団 90 個体を用いて
ジェノタイプングを行った。7DS の配列から
は 28 の SSR マーカーが開発され、うち 10 個
が 7DS 上にマップされた。次に、7DS 上の
Hch1 近傍領域に座乗すると予想され、タルホ
コムギの物理地図上に位置づけられている
scaffold と、*in silico* 解析によりオオムギの同
祖な領域に位置づけたタルホコムギの
scaffold を選抜した。計 36 個の scaffold の塩
基配列情報から両親の合成パンコムギ間で
SSR 多型や SNP を見出してマーカー化し、マ
ップ集団のジェノタイプングを行った。その
結果、*Hch1* 近傍領域に計 17 個のマーカーが
位置づけられた。これら新規マーカー計 27
個のうち、特に *Hch1* 近傍に位置した 12 個に
ついて F_2 集団 280 個体へ展開したところ、8
マーカーが 0.5 cM 以内のきわめて近い位置
にマップされ、1 つは *Hch1* と完全に連鎖し
た。*Hch1* 周辺領域のマーカーの順序とタルホ
コムギおよびオオムギの物理地図情報との
間に矛盾はみられなかった。

(2) *Net2* の高密度連鎖地図の作成

2DS 上の *Net2* 近傍領域に座乗すると予想
され、タルホコムギの物理地図上に位置づけ
られている scaffold と、*in silico* 解析によりオ
オムギの同祖な領域に位置づけたタルホコ
ムギの scaffold を選抜した。計 24 個の scaffold
の塩基配列情報から両親の合成パンコムギ
間で SSR 多型や SNP を見出してマーカー化
し、マップ集団のジェノタイプングを行った。
その結果、*Net2* 近傍領域に計 21 個のマ
ーカーが位置づけられた。その中でも 3 つの
scaffold に由来するマーカーが 0.3 cM 以内の
きわめて近い位置にマップされ、これらのマ
ーカーによって *Net2* を挟み込むことが
できた。*Net2* 周辺領域のマーカーの順序はタルホ
コムギの物理地図情報と矛盾せず、オオムギ
ゲノムと比較すると一部の scaffold の順序に
ついて逆位が認められた。

(3) 連鎖マーカーのアソシエーション解析

Net2 に連鎖するマーカーについて、タルホ

コムギ 83 系統の遺伝子型と合成パンコムギ
にした時の type2 ネクロシス表現型の有無
に関してアソシエーション解析を行った。*Net2*
座近傍で有意な連鎖が見出され、特に *Net2*
に近い 3 マーカーについては極めて高い連鎖
が見られた。しかし、完全な連鎖ではなく
一部のタルホコムギ系統に矛盾が残った。こ
のことからもこれら 3 マーカーのごく近傍
に *Net2* が座乗していると考えられた。

(4) *Hch1* と *Net2* 座周辺の BAC クローンの選 抜

Hch1 と *Net2* の最も近傍に位置する scaffold
の両末端配列に基づいてプライマーをデザ
インし、PCR 法によって scaffold 間をつなぐ
タルホコムギ BAC クローンを選抜した。両
遺伝子について複数の BAC クローンが選抜
でき、一部選抜クローンについて末端塩基配
列を決定した。

(5) 他のコムギハイブリッドネクロシスとの 特性比較

マイクロアレイ解析の結果、野生一粒系コ
ムギ種間の type4 ネクロシスでは病害抵抗
性遺伝子の発現量の増加と光合成関連の遺
伝子の発現量の減少など、パンコムギ品種間
で見られる type1 ネクロシスや二粒系コム
ギとタルホコムギの雑種で見られる type3
ネクロシスとよく似た発現プロファイルを
示した。これらのネクロシスを示す雑種へ
の $ZnCl_2$ 処理は病害抵抗性遺伝子の発現上昇
には影響しないものの、活性酸素の発生と細
胞死の抑制効果が共通してみられた。一粒系
コムギのハイブリッドネクロシスは type1
ネクロシスや type3 ネクロシスと同様の
機構、すなわち autoimmune response による過
敏感反応様の細胞死によって引き起こされ
ると考えられた。また、 $ZnCl_2$ 処理によって
活性酸素の発生と細胞死の抑制がいずれの
ネクロシスにおいても確認されたことから、
ハイブリッドネクロシスに伴う活性酸素
の発生は autoimmune response が引き起こ
した結果であると考えられた。

(6) まとめと今後の展望

二粒系コムギとの雑種不全のタルホコム
ギ原因遺伝子 *Net2* と *Hch1* について、高密度
連鎖地図を作成することができ、両遺伝子に
対して極めて近傍に連鎖して存在する分子
マーカーを開発し、そのマーカーを含むタル
ホコムギ scaffold を同定することができた。
これにより、タルホコムギ BAC クローンを
選抜できたことから、*Net2* と *Hch1* 領域の物
理地図構築が可能であることが示された。特
に *Net2* についてはその雑種不全の表現型が
温度によって著しく変化することから
(Mizuno et al. 2011; Takumi and Mizuno 2011)、
従来の autoimmune response とは異なる機構
の関与が示唆されており、原因遺伝子を同定
する意義は大きいと思われる。また、これら
の雑種不全を有するタルホコムギ系統から
の有用遺伝子を、今回開発した連鎖マ
ーカーを活用して合成パンコムギを介したパンコ

ムギ育種への利用を加速化させる必要がある。近々には、*Net2* と *Hch1* 領域の物理地図を完成させ、遺伝子の実体を明らかにすることが必要である。そのために、高速シーケンサーを異質 6 倍体で有効に活用する実験系の構築が急務であろう。

5 . 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 18 件)

1. Kana Hirao, Ryo Nishijima, Kohei Sakaguchi and Shigeo Takumi. Fine mapping of *Hch1*, the causal D-genome gene for hybrid chlorosis in interspecific crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. *Genes and Genetic Systems*, 査読有, Vol. 90, 2015, pp. 283-291. DOI: 10.1266/ggs.15-00035
2. Shigeo Takumi and Ryoko Morimoto. Implications of an inverted duplication in the wheat *KN1*-type homeobox gene *Wknox1* for the origin of Persian wheat. *Genes and Genetic Systems*, 査読有, Vol. 90, 2015, pp. 115-120. DOI: 10.1266/ggs.90.115
3. Anh Tuan Nguyen, Ryo Nishijima, Tomonori Kajimura, Koji Murai and Shigeo Takumi. Quantitative trait locus analysis for flowering-related traits using two F₂ populations derived from crosses between Japanese common wheat cultivars and synthetic hexaploids. *Genes and Genetic Systems*, 査読有, Vol. 90, 2015, pp. 89-98. DOI: 10.1266/ggs.90.89
4. Kiyofumi Takamatsu, Julio Cesar Masaru Iehisa, Ryo Nishijima and Shigeo Takumi. Comparison of gene expression profiles and responses to zinc chloride among inter- and intraspecific hybrids with growth abnormalities in wheat and its relatives. *Plant Molecular Biology*, 査読有, Vol. 88, 2015, pp. 487-502. DOI: 10.1007/s11103-015-0338-6
5. Hirokazu Yokota, Julio Cesar Masaru Iehisa, Etsuo Shimosaka and Shigeo Takumi. Line differences in *Cor/Lea* and fructan biosynthesis-related gene transcript accumulation are related to distinct freezing tolerance levels in synthetic wheat hexaploids. *Journal of Plant Physiology*, 査読有, Vol. 176, 2015, pp. 78-88. DOI: 10.1016/j.jplph.2014.12.007
6. Ryoko Ohno and Shigeo Takumi. Extracellular trafficking of a wheat cold-responsive protein, WLT10. *Journal of Plant Physiology*, 査読有, Vol. 174, 2015, pp. 71-74. DOI: 10.1016/j.jplph.2014.10.004
7. Hiroki Nakano, Nobuyuki Mizuno, Yukio Tosa, Kentaro Yoshida, Pyoyun Park and Shigeo Takumi. Accelerated senescence and enhanced disease resistance in hybrid chlorosis lines derived from interspecific crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. *PLoS ONE*, 査読有, Vol. 10, 2015, e0121583. DOI: 10.1371/journal.pone.0121583
8. Ryo Nishijima, Julio Cesar Masaru Iehisa, Yoshihiro Matsuoka and Shigeo Takumi. The cuticular wax inhibitor locus *Iw2* in wild diploid wheat *Aegilops tauschii*: phenotypic survey, genetic analysis, and implications for the evolution of common wheat. *BMC Plant Biology*, 査読有, Vol. 14, 2014, 246. DOI: 10.1186/s12870-014-0246-y
9. Julio Cesar Masaru Iehisa, Ryoko Ohno, Tatsuro Kimura, Hiroyuki Enoki, Satoru Nishimura, Yuki Okamoto, Shuhei Nasuda and Shigeo Takumi. A high-density genetic map with array-based markers facilitates structural and quantitative trait locus analyses of the common wheat genome. *DNA Research*, 査読有, Vol. 21, 2014, pp. 555-567. DOI: 10.1093/dnares/dsu020
10. Julio Cesar Masaru Iehisa, Takakazu Matsuura, Izumi C. Mori, Hirokazu Yokota, Fuminori Kobayashi and Shigeo Takumi. Identification of quantitative trait loci for abscisic acid responsiveness in the D-genome of hexaploid wheat. *Journal of Plant Physiology*, 査読有, Vol. 171, 2014, pp. 830-841. DOI: 10.1016/j.jplph.2014.02.003
11. Julio Cesar Masaru Iehisa, Takakazu Matsuura, Izumi C. Mori and Shigeo Takumi. Identification of quantitative trait locus for abscisic acid responsiveness on chromosome 5A and association with dehydration tolerance in common wheat seedlings. *Journal of Plant Physiology*, 査読有, Vol. 171, 2014, pp. 25-34. DOI: 10.1016/j.jplph.2013.10.001
12. Julio Cesar Masaru Iehisa, Akifumi Shimizu, Kazuhiro Sato, Ryo Nishijima, Kohei Sakaguchi, Ryusuke Matsuda, Shuhei Nasuda and Shigeo Takumi. Genome-wide marker development for the wheat D genome based on single nucleotide polymorphisms identified from transcripts in the wild wheat progenitor *Aegilops tauschii*. *Theoretical and Applied Genetics*, 査読有, Vol. 127, 2014, pp. 261-271. DOI: 10.1007/s00122-013-2215-5
13. Shigeo Takumi, Yoichi Motomura, Julio Cesar Masaru Iehisa and Fuminori Kobayashi. Segregation distortion caused by weak hybrid necrosis in recombinant inbred lines of common wheat. *Genetica*, 査読有, Vol. 141, 2013, pp. 463-470. DOI: 10.1007/s10709-013-9745-2
14. Yuki Okamoto, Anh Tuan Nguyen, Motohiro Yoshioka, Julio Cesar Masaru Iehisa and Shigeo Takumi. Identification of quantitative trait loci controlling grain size and shape in the D genome of synthetic hexaploid wheat lines. *Breeding Science*, 査読有, Vol. 63, 2013, pp. 423-429. DOI: 10.1270/jsbbs.63.423

15. Anh Tuan Nguyen, Julio Cesar Masaru Iehisa, Nobuyuki Mizuno, Miyuki Nitta, Shuhei Nasuda and Shigeo Takumi. Differential contribution of two *Ppd-1* homoeoalleles to early-flowering phenotype in Nepalese and Japanese varieties of common wheat. *Breeding Science*, 査読有, Vol. 63, 2013, pp. 374-383. DOI: 10.1270/jsbbs.63.374
16. Yuki Okamoto and Shigeo Takumi. Pleiotropic effects of the elongated glume gene *Pl* on grain and spikelet shape-related traits in tetraploid wheat. *Euphytica*, 査読有, Vol. 194, 2013, pp. 207-218. DOI: 10.1007/s10681-013-0916-0
17. Anh Tuan Nguyen, Julio Cesar Masaru Iehisa, Tomonori Kajimura, Koji Murai and Shigeo Takumi. Identification of quantitative trait loci for flowering-related traits in the D genome of synthetic hexaploid wheat lines. *Euphytica*, 査読有, Vol. 192, 2013, pp. 401-412. DOI: 10.1007/s10681-013-0873-7
18. Yoichi Motomura, Fuminori Kobayashi, Julio Cesar Masaru Iehisa and Shigeo Takumi. A major quantitative trait locus for cold-responsive gene expression is linked to frost-resistance gene *Fr-A2* in common wheat. *Breeding Science*, 査読有, Vol. 63, 2013, pp. 58-67. DOI: 10.1270/jsbbs.63.58
- [学会発表](計39件)
1. 西嶋 遼, 坂口 晃平, 吉田 健太郎, 水野 信之, 那須田 周平, 佐藤 和宏, 宅見 薫雄. RNA-seq データに基づいた合成パンコムギ D ゲノム上の特定領域へのタルホコムギ scaffolds の補充. 日本育種学会, 2016.3.21, 横浜市立大学(神奈川)
2. 岡田 萌子, 吉田 健太郎, 西嶋 遼, 佐藤 和宏, 宅見 薫雄. RNA-seq 解析によるコムギ近縁 U ゲノム種 *Aegilops umbellulata* のゲノムワイドな多型検出. 日本育種学会, 2016.3.21, 横浜市立大学(神奈川)
3. 岡田 萌子, 吉田 健太郎, 宅見 薫雄. *Aegilops umbellulata* における *Puroindollin* 遺伝子の種内変異. ムギ類研究会, 2015.12.11, 伊勢市観光文化会館(三重)
4. 坂口 晃平, 宅見 薫雄. 低温誘導性雑種致死を誘発するタルホコムギ *Net2* の fine mapping. ムギ類研究会, 2015.12.11, 伊勢市観光文化会館(三重)
5. 久木 康伸, 大野 良子, 吉田 健太郎, 宅見 薫雄. 細胞死に関与するコムギ WRKY 転写因子を発現した形質転換シロイヌナズナの解析. ムギ類研究会, 2015.12.11, 伊勢市観光文化会館(三重)
6. 西嶋 遼, 吉田 健太郎, 佐藤 和宏, 宅見 薫雄. RNA-seq 解析によるタルホコムギゲノムワイドマーカーの検出. ムギ類研究会, 2015.12.11, 伊勢市観光文化会館(三重)
7. 宅見 薫雄. 野生一粒系コムギ雑種種子の発生異常. ムギ類研究会, 2015.12.11, 伊勢市観光文化会館(三重)
8. 宅見 薫雄. コムギ・エギロプス属のゲノム間隔離障壁と雑種不全. 木原セミナー, 2015.9.18, 横浜市立大学木原生物学研究所(神奈川)
9. 岡田 萌子, 吉田 健太郎, 宅見 薫雄. 2 倍体コムギ近縁種 *Aegilops umbellulata* の二粒系コムギとの交雑親和性に関する種内変異の解析. 日本育種学会, 2015.9.12, 新潟大学(新潟)
10. 宅見 薫雄, Iehisa Masaru, 岡田 萌子, 佐藤 和宏. タルホコムギの葉と幼穂の RNA-seq データに基づく選択的スライミング産物の検出. 日本育種学会, 2015.9.12, 新潟大学(新潟), 9月
11. 久木 康伸, 大野 良子, 吉田 健太郎, 宅見 薫雄. コムギ種間雑種における生育不全で発現量が増加する WRKY 転写因子の解析. 日本育種学会, 2015.9.12, 新潟大学(新潟), 9月
12. 西嶋 遼, 吉田 健太郎, 佐藤 和宏, 宅見 薫雄. タルホコムギ 10 系統の幼苗葉の RNA-seq データからの SNP の検出. 日本育種学会, 2015.9.12, 新潟大学(新潟), 9月
13. 宅見 薫雄. ゲノムの分化を越えられるか—コムギ・エギロプス属の人為種間交雑. 研究集会「コムギ遺伝資源の利活用に関する研究打ち合わせ: 乾燥地での栽培特性の向上をめざして」, 2015.9.2, 鳥取大学乾燥地研究センター(鳥取)
14. 高松 清史, 吉田 健太郎, 佐藤 和宏, 宅見 薫雄. 二倍体野生コムギ 2 種の種間交雑により生じる異常種子の RNAseq 解析. 日本育種学会, 2015.3.22, 玉川大学(東京)
15. 坂口 晃平, 西嶋 遼, Iehisa Masaru, 宅見 薫雄. 二粒系コムギとの雑種でタイプ 2 ネクロシスを誘導するタルホコムギ遺伝子 *Net2* の高密度連鎖地図の作成. 日本育種学会, 2015.3.22, 玉川大学(東京)
16. 平尾 佳奈, 西嶋 遼, 坂口 晃平, 宅見 薫雄. 二粒系コムギとの雑種でハイブリッドクロロシスを誘導するタルホコムギ遺伝子 *Hch1* の高密度連鎖地図の作成. 日本育種学会, 2015.3.22, 玉川大学(東京)
17. 宅見 薫雄, Anh Tuan Nguyen, 村井 耕二. タルホコムギが持つ早生遺伝子を日本のパンコムギへ導入できる可能性について. 日本育種学会, 2014.9.27, 南九州大学(宮崎)
18. 横田 浩一, Iehisa Masaru, 那須田 周平, 宅見 薫雄. パンコムギ幼苗の ABA 感受性に関する自然変異と種子休眠性への影響. 日本育種学会, 2014.9.27, 南九州大学(宮崎)
19. 西嶋 遼, 宅見 薫雄. タルホコムギの *anathera* 変種が持つ芒抑制遺伝子周辺領域の染色体構造. 日本育種学会, 2014.9.27, 南九州大学(宮崎)
20. 高松 清史, 池田 達哉, 宅見 薫雄. 野生一粒系コムギ 2 種の種間交雑によって形成

- される種子形態へのハイブリッドネクロシスの影響. 日本育種学会, 2014.9.27, 南九州大学(宮崎)
21. 宅見 薫雄, 西嶋 遼, 岡本 裕樹, Iehisa Masaru. コムギの穀粒の形を制御する遺伝子座の検出. グルテン研究会, 2014.5.10, 近畿中国四国農業研究センター(広島)
22. 宅見 薫雄. タルホコムギ多様性の育種利用に関する考察. ムギ類研究会 2014.4.19, 九州沖縄農業研究センター筑後研究拠点(福岡)
23. 西嶋 遼, Iehisa Masaru, 松岡 由浩, 宅見 薫雄. タルホコムギにおける帯白性の自然変異とパンコムギの起原. 日本育種学会, 2014.3.21, 東北大学(宮城)
24. 高松 清史, 宅見 薫雄. 野生一粒系コムギにおけるハイブリッドネクロシスの遺伝子発現解析. 日本育種学会, 2014.3.22, 東北大学(宮城)
25. 横田 浩一, Iehisa Masaru, 下坂 悦生, 宅見 薫雄. 合成パンコムギにおける凍結耐性とフルクタン合成関連遺伝子の発現量の関係. 日本育種学会, 2014.3.22, 東北大学(宮城)
26. 吉岡 資洋, 宅見 薫雄. NBRP 6 倍性コムギコアコレクションの芒長の品種間差異. ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
27. 久木 康伸, 大野 良子, 宅見 薫雄. 雑種ネクロシスで発現が上昇する WRKY 遺伝子の単離. 第 8 回 ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
28. 坂口 晃平, 宅見 薫雄. コムギ雑種ネクロシス遺伝子 *Net2* のマッピング. ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
29. 高松 清史, 宅見 薫雄. 野生一粒系コムギにおける雑種ネクロシスの解析. ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
30. 横田 浩一, 宅見 薫雄. NBRP 6 倍性コムギコアコレクションの ABA 感受性の品種間差異. ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
31. 西嶋 遼, 宅見 薫雄. コムギワックス抑制遺伝子 *Iw2* のマッピング. ムギ類研究会, 2013.12.6, 神戸大(兵庫)
32. 宅見 薫雄, 松田 龍典, Iehisa Masaru, 水野 信之. コムギ種間雑種にみられる低温誘導性ハイブリッドネクロシス. ワークショップ「育種におけるゲノム・遺伝子相関」, 日本育種学会, 2013.10.13, 鹿児島大(鹿児島)
33. Iehisa Masaru, 清水 顕史, 佐藤 和広, 西嶋 遼, 坂口 晃平, 那須田 周平, 宅見 薫雄. タルホコムギの葉と穂の RNA-seq 解析から同定された SNP の 6 倍体コムギ解析への利用. 日本育種学会, 2013.10.13, 鹿児島大(鹿児島)
34. Hirokazu Yokota, Julio C.M. Iehisa, Etsuo Shimosaka, Shigeo Takumi. Microarray analysis of gene expression profiles under long-term low temperature treatment in synthetic hexaploid wheat. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.12, パシフィコ横浜(神奈川)
35. Shigeo Takumi, Ryusuke Matsuda, Julio Cesar Masaru Iehisa. miR156 is associated with the grass clump phenotype in hybrids between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.11, パシフィコ横浜(神奈川)
36. Ryo Nishijima, Shigeo Takumi. Mapping of a dominant awnless gene in *Aegilops tauschii*. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.9, パシフィコ横浜(神奈川)
37. Julio Cesar Masaru Iehisa, Akifumi Shimizu, Ryo Nishijima, Kazuhiro Sato, Shuhei Nasuda, Shigeo Takumi. Application of SNPs derived from transcripts of two distinct *Aegilops tauschii* accessions to wheat genome analysis. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.9, パシフィコ横浜(神奈川)
38. Anh Tuan Nguyen, Julio Cesar Masaru Iehisa, Tomonori Kajimura, Koji Murai, Shigeo Takumi. QTL analysis of flowering-related traits in the D-genome of synthetic hexaploid wheat. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.9, パシフィコ横浜(神奈川)
39. Kiyofumi Takamatsu, Julio Cesar Masaru Iehisa, Shigeo Takumi. Comparison of gene expression profiles of hybrid necrosis in einkorn and common wheat. International Wheat Genetics Symposium, 2013.9.9, パシフィコ横浜(神奈川)
- 〔その他〕
ホームページ
<http://www.plantgenetics-kobeu.info>
<http://www.research.kobe-u.ac.jp/ans-intergenomics/index.html>
6. 研究組織
- (1) 研究代表者
宅見 薫雄 (TAKUMI, Shigeo)
神戸大学・大学院農学研究科・准教授
研究者番号: 50249166
- (2) 研究分担者
()
研究者番号:
- (3) 連携研究者
()
研究者番号: