

未来社会創造事業 探索加速型  
「地球規模課題である低炭素社会の実現」領域  
終了報告書(探索研究期間)

平成 30 年度採択研究開発代表者

[研究開発代表者名:佐藤 和広]

[岡山大学資源植物科学研究所・教授]

[研究開発課題名:超開花性による高バイオマス雑種オオムギ育種法の開発]

実施期間 : 平成 30 年 11 月 1 日～令和 5 年 3 月 31 日

## §1. 研究実施体制

(1)「岡山大」グループ(国立大学法人岡山大学)

① 研究開発代表者:佐藤 和広 (岡山大学資源植物科学研究所、教授)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子のアレル作出
- ・オオムギ遺伝資源における雑種強勢能力の評価
- ・雑種種子生産系統の育成

(2)「農研機構」グループ(国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構)

① 主たる共同研究者:大野 陽子 (作物研究部門、主任研究員)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子の単離と機能解明
- ・超開花性相同遺伝子の解析

(3)「鳥取大」グループ(国立大学法人鳥取大学)

① 主たる共同研究者:佐久間 俊 (鳥取大学農学部、助教)

② 研究項目

- ・超開花性遺伝子の単離と機能解明
- ・超開花性相同遺伝子の解析

(4)「産総研」グループ(国立研究開発法人産業技術総合研究所)

① 主たる共同研究者:坂本 真吾(産総研生物プロセス研究部門、主任研究員)

② 研究項目

- ・オオムギバイオマスの質的評価

## §2. 研究実施の概要

超開花性遺候補遺伝子を遺伝学的に絞り込み、変異体および野生型のゲノム配列を取得して、遺伝子内領域にある 22 塩基の欠失が超開花型特性の原因変異であることを突き止めた。この遺伝子の機能を証明するため、CRISPR/Cas9 システムを用いて遺伝子機能が欠損したオオムギ変異体を 8 イベント作成し、うち 2 イベントを採種して、表現型確認のために開花型品種と交配した。戻し交配によって、超開花変異体およびゲノム編集個体による変異を導入したところ、ゲノム編集導入系統において開花を促す効果がみられた。また、細胞質雄性不稔 3 系統の穂を開穎して対照の穂と並べて授粉し、開穎処理による顕著な受粉効果があることを確認した。高精度の染色体スケールジェノムアッセムブリ法を開発し、雑種強勢効果の解析親として用いる「はるな二条」および「OUH602」の染色体レベルのアッセムブリを取得し論文公開した。ゲノム配列を取得した「はるな二条」および「Golden Promise」に世界各地のオオムギを交配した雑種および両親系統を圃場栽培し、雑種強勢効果をジェノムワイド関連解析したところ、複数の作用の小さな遺伝子座を確認した。さらに強勢効果の高い組合せの F<sub>2</sub> 集団を栽培したところ、総重量に遺伝変異が認められ、量的形質座の遺伝解析の結果、複数の遺伝子座を検出した。オオムギの超開花性遺伝子の塩基配列に基づいて、コムギにおける相同遺伝子の発現を解析した。また、コムギの相同遺伝子に変異を有する系統を変異集団から選抜して、複数の相同遺伝子に変異を持つコムギ系統の育成を進めた。さらに、超開花型遺伝子のコムギオルソログ遺伝子の三重ノックアウト変異体を CRISPR/Cas9 システムによって作出した。細胞壁成分のセルロース量とキシロース量に着目して、雑種強勢効果の確認に用いた両親および雑種の第 2 節間約 1,400 サンプルについて成分分析した結果、1 個体あたりのグルコース・キシロース収量で 2 倍以上糖収量が多い系統を 6 系統同定し、セルロース含有率が高い系統についても 1 系統同定した。

### 【代表的な原著論文情報】

- Sakkour, A., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Lux, T., Spannagl, M., Stein, N., Kawamoto, S., Sato, K. 2022. Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics. *DNA Research* 29: dsac001, <https://doi.org/10.1093/dnares/dsac001>
- Sato, K., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Spannagl, M., Stein, N. 2021. Chromosome-scale assembly of wild barley accession 'OUH602'. *G3 Genes/Genomes/Genetics* 11: jkab244, <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab244>
- Jayakodi, M., Padmarasu, S., Haberer, G., Bonthala, V. S., Gundlach, H., Monat, C., Lux, T., Kamal, N., Lang, D., Himmelbach, A., Ens, J., Zhang, X. Q., Angessa, T. T., Zhou, G., Tan, C., Hill, C., Wang, P., Schreiber, M., Boston, L. B., Plott, C., Jenkins, J., Guo, Y., Fiebig, A., Budak, H., Xu, D., Zhang, J., Wang, C., Grimwood, J., Schmutz, J., Guo, G., Zhang, G., Mochida, K., Hirayama, T., Sato, K., Chalmers, K. J., Langridge, P., Waugh, R., Pozniak, C. J., Scholz, U., Mayer, K. F. X., Spannagl, M., Li, C., Mascher, M. and Stein, N. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature* 588: 284-289, <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>