

収集・保存系統（2002～2007、増殖中も含む）   \*:データベース登録

|                                   |         |
|-----------------------------------|---------|
| *CS monosomics                    | 21      |
| *N26 monosomics                   | 21      |
| *N61 monosomics                   | 21      |
| *CS nullisomic-tetrasomics        | 38      |
| *CS ditelosomics                  | 36      |
| *CS double-ditelosomics           | 21      |
| *CS deletion lines                | 350     |
| *Barley addition lines            | 18      |
| Langdon D-substitution lines      | 14      |
| Synthetic 6x monosomics           | 21      |
| Barley 7H fragment lines          | ca. 100 |
| Rye 1R fragment lines             | ca. 150 |
| CS cytoplasmic substitution lines | 47      |

寄託

Cytoplasmic substitution lines (complete) from Dr. K. Tsunewaki

Isogeneic lines (complete) from Dr. K. Tsunewaki

Langdon D-substitution lines (complete) from Dr. K. Tsunewaki

Avena lines (67 lines) from Dr. T. Morikawa

配布系統（2002～2006）

|    |      |        |
|----|------|--------|
| 国外 | 33 件 | 690 系統 |
| 国内 | 40 件 | 797 系統 |

今期N B R Pの最終年度までの予定

- Barley 7H fragment lines、Rye 1R fragment lines の整理
- データベースに未登録系統の登録
- 染色体画像の整備
- 保存系統の長期保存

今期N B R Pで収集・保存した系統の将来における保存・配布の展望

- 少なくとも 5 年間は配布を継続
- 10 年間は配布が可能な種子の増殖
- 20 年間は保存できる長期保存

## NRBP・コムギ 野生種・在来品種(京都大学)

### 1. 業務題目

コムギ近縁野生種・コムギ在来品種の収集・調査・保存

### 2. 業務担当者

河原太八(責任者), 安井康夫, 今井雄大(研究職員), 長谷川悦子・水口理明(技官), 他賃金職員1名

### 3. 平成17年度事業経過報告

#### ① 野生種・在来系統の種子更新。

合計 922 系統の栽培を行ない, 収穫後の燻蒸をすませ, 種子の調整中である。

#### ② 種子更新 (2005/2006) のための栽培。

|       |                            |              |
|-------|----------------------------|--------------|
| コムギ   | <i>Triticum araraticum</i> | 335 系統 (全系統) |
|       | その他                        | 33 系統        |
| エギロプス | <i>Ae. caudata</i>         | 274 系統 (全系統) |
|       | <i>Ae. triaristata</i>     | 80 系統        |
|       | その他                        | 33 系統        |

合計 755 系統を 10 月 25 日播種, 11 月 29 日圃場へ定植し栽培開始した。

#### ③ 種子の配布

国内 25 件 664 系統, 国外 7 件 205 系統。

④ 当研究室で保存している複二倍体について, 全系統を鳥取大学に送った。将来的に鳥取から種子を配布してもらうが, バックアップは継続する。

#### ⑤ タルホコムギコアコレクションの作成。

データ解析法について, 論文を発表。また収集地点がある程度詳細に記録されている約 450 系統のうち, 分析されていなかった約 230 系統について, 葉緑体 DNA のマイクロサテライト領域の配列を読み取った。現在, データの解析中(今井)。

#### ⑥ コムギおよび近縁野生種のジェノタイピング

葉緑体の配列情報が種内変異の解析にも有効であることを, *Ae. mutica* で確認した。

#### ⑥ 播性のスクリーニング

タルホコムギ 210 系統のスクリーニング, 二倍性コムギ約 150 系統再実験。いくつかの春播き系統については, 岡山大学の加藤さんに解析を依頼。また *Ae. umbellulata* 約170系統について, スクリーニングを開始。パンコムギの播性程度 I (鴻巣25号)より早い, 春播極早生系統3系統のほか, いくつかの春播の系統を確認した。

#### ⑦ 成果発表・情報交換

5th International Triticeae Symposium (チェコ・プラハ)で, コムギ・エギロプスの葉緑体の塩基配列を利用した系統解析の成果を発表。引き続きドイツ IPK (Gatersleben) のジーンバンクを訪問。同所とはこれまで長期にわたって交流があるが, 今後も協力を継続することを確認した。また, 他のいくつかのジーンバンクの状況について情報を収集した。なお IPK (Gatersleben) は所在地が旧東ドイツで, 北朝鮮・キューバ・旧ソ連に属していたトランスコーカサスや中央アジアの諸国とも密接なつながりがあり, 有用な情報が得られた。

#### 4. 平成18年度事業予定

- ① いくつかの野生種と、コムギの在来系統について種子更新する。  
更新数は、全体で800系統を目標とする。
- ② 整理できたパスポートデータを、NBRP に登録（合計で約1万系統、ただし山崎研にお願いする）。
- ③ コムギおよび近縁野生種のジェノタイピングについて方法論を確立し、問題点を整理する。  
二倍性および倍数性の種で、これまでに開発した手法で種を区別できない場合、配列を読み取る領域を増やすことにより、判別できるかどうか確認し、種レベルでの判別手法を確立する。
- ④ タルホコムギコアコレクションの作成と公表（*Tauschii* Core Collection Project）  
地理的分布と葉緑体塩基配列の変異に基づいて、約90系統のコアコレクションを作成し公表する。  
また形態や出穂日などの形質についても、あわせて公表する。
- ⑤ いくつかのエギロプス二倍性種で、播性のスクリーニングを行なう（200 系統前後）。
- ⑥ NBRP によって得られた様々なデータを整理し、公表する。

-----  
付録

国際コムギ遺伝学シンポジウムの開催地

- 1st (1958) Winnipeg, Canada
- 2nd (1963) Lund, Sweden
- 3rd (1968) Canberra, Australia
- 4th (1973) Colombia, USA
- 5th (1978) New Delhi, India
- 6th (1983) Kyoto, Japan
- 7th (1988) Cambridge, UK
- 8th (1993) Beijing, China
- 9th (1998) Saskatoon, Canada (2回目)
- 10th (2003) Paestum, Italy
- 11th (2008) Australia (2回目)
- 12th (2013) ? （南アフリカ, ブラジル, メキシコ, 日本）

## NRBP・コムギ 野生種・在来品種(京都大学) H14ーH17の成果

### 1. 収集と受入

H14 収集:コムギ近縁種76サンプル(トルコ・ギリシャ)

受入:タルホコムギ (*Aegilops tauschii*), 446 系統, IPK, USDA, ICARDA。

H15 受入:*Ae. mutica* 18 系統, ICARDA より。

H16 受入:コムギおよび近縁野生種, 996 系統(USDA)。

H17 受入:デュラムコムギ(*Triticum durum*), 19 系統(USDA)。

### 2. 種子の更新・保存

H14 899 系統(NRBP 以前からの分)

H15 719 系統

H16 740 系統

H17 887 系統

### 3. 種子の配布

H14 国内 7 件 593 系統, 国外 7 件 559 系統。

H15 国内 17 件 1024 系統, 国外 1 件 3 系統。

H16 国内 11 件 272 系統, 国外 1 件 42 系統

H17 国内 14 件 388 系統, 国外 5 件 152 系統(10 月末まで)

### 4. ジェノタイピング

マイクロサテライト領域を含む葉緑体の塩基配列情報が、種の同定に利用でき、一部の種では種内変異の解析にも有効であることを明らかにした。またその情報を利用した、コムギおよびその近縁種の系統解析の結果について論文を発表した。

### 5. タルホコムギコアコレクション

世界各国のジーンバンクの保有系統約 720 のうち、収集地点の明らかなタルホコムギ約 450 系統について、種子の増殖とDNA抽出を終えた。葉緑体のマイクロサテライト部位の変異を、約半数の 210 系統で明らかにした。残りの 240 系統についてもデータの収集を終え、解析を始めた。解析手法については確立しており、すでに論文を発表している。

### 6. 播性のスクリーニング(生理的形質の調査)

H15 - H16 *T. monococcum* 23 系統, *T. urartu* 16 系統, *T. boeoticum* 234 系統

H16 - H17 *Ae. tauschii* 210 系統

H17 *Ae. umbellulata* 約 170 系統(調査中)

### 7. 系統とパスポートデータの見直しを行い、カタログの改訂版を発行した(H16)。

### 8. 植物体の写真など、画像情報を整備した。

9. ドイツの IPK (Gatersleben) のジーンバンクを訪問。相互の協力を確認するとともに、その他のジーンバンクの状況について、情報収集を行った(H17)。

### H18 までの予定

資料の ① を参照してください。

### 保存・配布について将来の展望

種子については貯蔵庫を利用することにより、20-30 年の長期の保存に耐えるので、保存・配布については従来どりのやりかたで継続が可能である。

## NBRP コムギ系統保存事業

横浜市大・木原生研

2006 年 3 月 27 日

担当者 笹隈哲夫・笹沼恒男・宮崎羽奈子 ( NBRP 雇用賃金職員 )

協力者 木原生研遺伝進化部門メンバー ( 寺沢洋一、鶴岡恵美 )

### I. H17 年度保存計画

#### 1 . 系統保存

05/10/26 播種、11/11/14 圃場移植、特性調査、自家受粉種子(約 400 粒)採取予定

- |                                                   |        |
|---------------------------------------------------|--------|
| 1 ) monococcum 突然変異系統 ( Ymashita1950 )            | 53 系統  |
| 2 ) 6x 標準系統 ( macha, compactum, spelta )          | 59 系統  |
| ( spelta は Goncharov 収集系統を含む )                    |        |
| 3 ) aestivum 同質遺伝子系統、突然変異系統                       | 49 系統  |
| Vrn 同質遺伝子系統 ( TD )、辻本育成 NIL(CS)、播き性標準系統 ( I〜VII ) |        |
| 4 ) 合成種 ( 緊急増殖 )                                  | 59 系統  |
| 5 ) チベット在来品種                                      | 210 系統 |
| 6 ) 中国実用品種                                        | 121 系統 |

合計 551 系統

#### 2 . 特性調査

- 1 ) 上記系統の圃場育成による形態・生理特性調査 ( 15 パスポート形質 )
- 2 ) 遺伝的多型解析  
種子貯蔵蛋白質、塩反応性、DNA フィンガープリント多型解析により、アフガニスタン、イラン、パキスタン在来品種の遺伝的多型とその有用性について解析する。

#### 3 . 系統の配布

請求に応じて配布する。

#### 4 . データベース化

- 1 ) NBRP/KIBR 登録系統の形質データ記載
- 2 ) 新規系統 ( 育成、導入 ) の登録  
上記 1 )、2 )、3 ) の系統、形質情報の登録

## II. NBRP/KIBR の総括 ( H 1 4 〜 H 1 7 年度 )

### 1 . 成果

#### 1) 系統保存

KIBR 保存系統の 8 0 % は種子増殖・保存出来た ( 計約 2500 系統 )

特に、コムギ実験系統 ( 染色体置換系統、組換え近交系統、突然変異系統、同質遺伝子系統 ) と、アジアの在来品種 ( 6 x ) の保存が保証された。

( 未着手は細胞質置換系統等 )

#### 2) 系統育成・導入

- ・ 2 x ( A ゲノム ) の同質遺伝子系統が育成された。DNA マーカー分離データ、マップ情報と共に登録した。
- ・ 6 x RIL の世代更新をすすめ、近交組換え系統として確立した。DNA マーカー分離データ、マップ情報と共に登録した。
- ・ 岡山大学 ( 加藤博士 )、帯広畜産大学 ( 三浦博士 ) の協力により、出穂性、モチ性同質遺伝子系統の育成が進められ、保存系統として登録した ( する )。
- ・ 京都大学 ( 河原博士 ) の委託により、アフガニスタン在来品種系統の充実を図った。
- ・ ロシア・Gonncharov 氏からの分譲によりスペルタコムギ系統の充実を図った。

#### 3) 形質調査

- ・ 全ての圃場育成系統に関する 1 5 形質の調査を行い、パスポートデータとした。
- ・ アジア在来品種を中心に、塩ストレス耐性評価、貯蔵蛋白質多型調査、AFLP ゲノタイピングを行い、特性として記録した。

#### 4) 配布

H 1 4 〜 1 6 年度までに内外研究者・機関に下記の種子系統を配布した。これらは従来の KIBR/MTA に基づいて行った。

件数                      6 0 件 ( 海外 1 4 件 )

系統数                  1919 系統

種子数                  約 20000 粒

( ただし、小委員会メンバー・機関への研究用配布は除く : 本来、研究コミュニティでの活用を目的とするので、このようなカウントは適当でないと思われる )

#### 5) データベース化

保存・調査系統の一部データは NBRP コムギに登録した。期間中に全ての保存系統の情報データベース化を進める計画である。

## 2 . 事業による成果公表

### 論文発表

- 1) C. Shindo and T. Sasakuma: Segregation analysis of heading traits in hexaploid wheat utilizing recombinant inbred lines. *Heredity* 90:56-63. 2003.
- 2) Kishii, M., H. Tsujimoto & T. Sasakuma: Genus specific localization of Tail family tandem-repetitive sequences in either the centromeric or subtelomeric regions in Triticeae species and its evolution in wheat. *Chromosome Research* 45:946-955. 2002.
- 3) Kishii, M., H. Tsujimoto & T. Sasakuma: Genomic diversity between *Lymus mollis* and *L. racemosus* (Triticeae) and the production of *L. mollis* chromosome addition lines of common wheat. *Chromosome Research* 2003.
- 4) Sasakuma, T., & C. Shinndo : QTLs of heading traits in diploid and hexaploid wheat. *Proc.10th Internat. Wheat Genetics Symp.* 1047-1049.
- 5) Yasuno, N., Yamaguchi, T., Sasanuma, T., and Sasakuma, T. : Chromosomal location, expression and phylogeny of phytochrome genes in wheat. *Proc.10th Internat. Wheat Genetics Symp.* 1075-1077. 2003.
- 6) Konishi, S., Nemoto, Y., Sasanuma, T., and Sasakuma, T. : The structure and expression of a novel Mlo gene induced by salt stress in wheat. *Proc.10th Internat. Wheat Genetics Symp.* 1177-1179. 2003.
- 7) Kishii, M., T. Yamada, T. Sasakuma & H. Tsujimoto: Production of wheat-*Lymus racemosus* chromosome addition lines. *Theor. Appl. Genet.* 109:155-160. 2004.
- 8) 笹隈哲夫 : “歴史を創る植物遺伝資源” 「遺伝」 58:22-25 (2004)
- 9) 沼恒男 : “コムギ近縁野生種の進化と多様性” 「遺伝」 58:45-50 (2004)
- 10) Sato, K., Takehara, N., Nankaku1, N., Hori1, K., Sasakuma K., & Takeda, K. : "Mapping barley ESTs onto a diploid wheat mapping population Abstract of 10<sup>th</sup> International Congress of Plant and Animal Genome (2005)
- 11) Kadosumi, T. Kawahara and T. Sasanuma: Origin of U genome in two UM genome tetraploid *Aegilops* species, *Ae. columnaris* and *Ae. triaristata*, revealed based on the polymorphism of a genome-specific PCR fragment. *Gene and Genetic System* 80:105-111 (2005).
- 12) I. Ohonishi, A. Hongo, T. Sasakuma, K. Kawahara, K. Kato, & H. Miura: Variation and

segregation for rachis fragility in spelt wheat, *Triticum spelta* L. Genetic Resource and Crop Evolution (2006)

13) K. Hori, S. Takehara, N. Nankaku, K. Sato, Kazuhiro, T. Sasakuma & K. Takeda: Linkage map construction and QTL detection on A genome diploid wheat by barley EST markers TAG-2006-0228 (2006 submitted).

#### 口頭発表

1. 竹原小百合、南角奈美、元井由加、堀清純、佐藤和広、笹隈哲夫、武田和義：二倍体コムギマップ集団へのオオムギ EST マーカーの導入．日本育種学会第 105 回講演会〈東京〉2004 年 3 月、講演要旨集、p87
2. 廉隅紗代、笹沼恒男、河原太八、笹隈哲夫：U ゲノム特異的 CAPS マーカーから見たエギロプス属ポリアイデス節の種内および種間変異．日本育種学会第 105 回講演会（東京）、2004 年 3 月、講演要旨集、p190．
3. 笹沼恒男、井元知子、笹隈哲夫：ウイグル及びアフガニスタンのコムギ在来品種系統の遺伝的多様性に関する AFLP 分析．日本育種学会第 105 回講演会（東京）、2004 年 3 月、講演要旨集、p204．
4. 竹原小百合、南角奈美、元井由加、堀清純、佐藤和広、笹隈哲夫、武田和義：オオムギ EST マーカーを利用した二倍性コムギにおける第 4，第 5 同祖群の構造推定．日本育種学会第 106 回講演会（三重）、2004 年 9 月、講演要旨集、p51．
5. 廉隅紗代、笹沼恒男、河原太八、笹隈哲夫：DNA マーカーから見たエギロプス属ポリアイデス節における 4 倍性種の多起源性について．日本育種学会第 106 回講演会（三重）、2004 年 9 月、講演要旨集、p337．
6. 笹隈哲夫、笹沼恒男、井元知子、寺沢洋平、宮崎羽奈子、河原太八：ウイグル及びアフガニスタンのコムギ在来品種系統の遺伝的多様性．II．表現形質の多様性．日本育種学会第 106 回講演会（三重）、2004 年 9 月、講演要旨集、p341．
7. 寺沢洋平、笹隈哲夫、笹沼恒男、河原太八：ウイグル及びアフガニスタンのコムギ在来品種系統の遺伝的多様性．III．種子貯蔵タンパク HMGS の多様性．日本育種学会第 107 回講演会（つくば）、2005 年 8 月、講演要旨集、p341．

### III. 問題点・要望

- 1) 越年生物資源を扱う事業が会計年度と異なるので、事業計画、事業報告等の整合性に混乱が

起こる。複数年次で取りまとめるのが望ましい。

- 2) 会計経理が年度末に処理されて、不都合が生じる。年次を越えた経理処置が可能になるよう希望する。
- 3) 系統保存事業は継続性が不可欠だが、プロジェクト事業( 5 年 ) では見通しがきかない。継続性を一義的に、且つ流動性をもった事業とすることが望まれる。
- 4) 異なった機関の協力で行っている分散型保存事業では、遺伝資源の帰属に問題がある。特に大学が独立法人となり、生物遺伝資源が知的財産の所有の対照となっている中で、NBRP による保存系統がセンターのものか、担当機関(あるいは人)のものか、文科省のものか不明である。それぞれの生育・保存機関の所有を基本としてセンター(あるいは文科省)が共有するシステムが良いと考えられる。
- 5) 分散型の保存事業における協力機関(系統育成、系統提供)に対する経費援助が可能なシステムを検討して欲しい。
- 6) NBRP データベースにおける KOMUGI グループ全体での統一性が乏しい。改善が望まれる。

## 特記事項

国際機関 CYMMIT からの共同研究 共同保存が呼びかけられ 2005 年 4 月 2-6 日に CYMMIT 本部で開かれた検討会議出席した。国連 Generation Challenge Program による NBRP/KOMUGI の協力と日本におけるコムギ類系統保存の合意を得た。

平成18年3月27日

NBRP・コムギ運営委員会資料

鳥取大学農学部  
辻本壽

1. これまでにNBRPで収集・保存した系統の種類

| 分類             | 系統数 |
|----------------|-----|
| 異種染色体添加系統      | 173 |
| 異種染色体置換系統・転座系統 | 6   |
| 自殖性ライコムギ       | 41  |
| 複二倍体(ライコムギを含む) | 53  |
| 野生種(株保存を含む)    | 14  |
| その他            | 2   |
| 合計             | 289 |

2. これまでに配布した件数と系統数(国内外別)。

10件程度

3. 今期NBRPの最終年度までの予定。

複二倍体、人為同質倍数体、添加系統(生殖質研、常脇先生、辻本他) 130系統

4. 今期NBRPで収集・保存した系統の将来における保存・配布の展望。

系統によって、種子数が少ないものがあり、増殖が必要である。現在、ほとんど、系統の請求がない。データベースの「見せ方」の工夫や、多数の添加系統等を網羅的に調査する研究を提示することによって、請求が増えると思われる。今期NBRPで収集・保存した系統は、逐次、増殖し、多数の種子を配布できるようにしたい。イギリス、東欧、中国などで育成された系統については、ほとんど手をつけていない。絶滅することが懸念される。

5. 今後の課題

今期、取り扱った系統の維持・配布体制をどうするか？

今期、取り扱えなかった系統の収集

分子生物学研究に利用できる、系統の積極的育成

第8回 生物遺伝資源委員会 コムギ小委員会

DNAリソース部会

2006. 3. 27.

京都府立大学大学院農学研究科  
遺伝子工学研究室

荻原保成

川浦香奈子

持田恵一（理研 PSC）

1. これまでの事業経過報告

1) 収集DNAリソース

(1) EST シークエンスデータ

(a) コムギ EST シークエンス

累計 599,067 シークエンス（別表 1－1 参照）

(b) コムギ完全長 cDNA ライブラリシークエンスデータ：

24,056 シークエンス（幼穂由来完全長 cDNA ライブラリ）

39,936 シークエンス（7149 遺伝子クラスター）

・ EST データの整列化 → 6162 シークエンス完全解読

(2) 特定遺伝子領域を含むゲノミッククローン（55 TAC クローン）の収集

(3) パンコムギ染色体をマーキングする EST マーカーを開発した。

2) 保存 DNA リソース

(1) EST クローンの保存

(a) コムギ EST

約 30 万 cDNA クローンの保存

(b) コムギ完全長 cDNA クローン：

タイタープレート 44 枚

(2) EST シークエンスをデータベース化して国立遺伝学研究所生物遺伝資源データベース KOMUGI に登録中。

(3) 特定遺伝子領域を含むゲノミッククローン（TAC クローン）55 クローンの保存

(4) パンコムギ染色体をマーキングする EST マーカー情報を保存した。

パンコムギ用 842 SSR マーカーを開発・保存した（北海道グリーンバイオ（株）  
厩田氏との共同研究。

3) DNA クローンの送付

(1) EST クローン

国内：204 クローン 国外：143 クローン 合計 347 クローン

(2) TAC クローン

国内：55 クローン

4) 特記事項

(1) アジレント社との共同研究で、コムギ遺伝子発現パターンを体系的に

モニターできるコムギ 22K cDNA マイクロアレイを作成し、国内の研究者に分譲した。

- (2) アジレント社との共同研究で、22KcDNA マイクロアレイとは独立な 11K cDNA マイクロアレイを作成し、有効性を確認した。
- (3) 特定遺伝子を含むパンコムギの3種ゲノミック領域を数十kbpに渡ってシーケンスを決定し、データベースに登録した（都合11クローン、550kbp）。

5) 今期 NBRP の最終年度までの予定

(1) EST クローンの収集・保存

(a) コムギ EST

ストレス処理をしたライブラリ、約8ライブラリ、8万 EST シーケンスの収集とクローンの保存。

(c) コムギ完全長 cDNA クローン：

完全解読完全長 cDNA クローンを1万クローンまで増加。

- (2) 特定遺伝子領域を含むゲノミッククローン (TAC クローン) 10個遺伝子程度の選抜とクローンの保存
- (3) パンコムギ染色体をマーキングする EST マーカー情報の収集・保存。
- (4) コムギオリゴ DNA マイクロアレイ 44K 版の作成。

6) 今期 NBRP で収集・保存した系統の将来における保存・配布の展望

- (1) コムギ EST に関しては、危険分散させる目的で2箇所の研究機関（横浜市立大学木原生物学研究所、国立遺伝学研究所）で保存する。

コムギ完全長 cDNA クローンは2研究機関（横浜市立大学木原生物学研究所、理化学研究所）で保存する。

いずれも横浜市立大学木原生物学研究所から配布する。コムギ EST に関しては今後、これまでと同程度の配布状況が予想されるが、コムギ完全長 cDNA クローンのリクエストは飛躍的に増加するものと推測される。

- (2) TAC ライブラリは年10遺伝子相当のスクリーニングと予想している。

7) 今後以下の事業を計画している。

- (1) EST の充実：コムギの EST が充実してきた。コムギ遺伝子の～80%がカバーできたと推定している。しかし、育種上重要な Biotic, Abiotic ストレスで応答する遺伝子がまだ解析されていない。これらの EST を充実していく。

- (2) コムギ完全長 cDNA ライブラリーを充実させ、シーケンスを決定していく。

- (3) コムギ遺伝子発現パターンを体系的にモニターできるコムギ cDNA マイクロアレイを充実させる。

- (4) コムギ特定遺伝子を含む3種ゲノム領域のシーケンスを決定する。