

NBRP・コムギ 第5期 第5回 運営委員会

日時：2026年8月26日（水）13：00～15：00

場所：京都大学 農学研究科 農学専攻セミナー室1 及びオンライン回線

出席予定者：

（1）運営委員

松岡 由浩（委員長）、江花 薫子、川浦 香奈子、川勝 泰二、川本 祥子、佐久間 俊、佐藤 豊、辻本 壽、寺内 良平、土佐 幸雄、半田 裕一、久野 裕、森 直樹

（2）実施者

吉田 健太郎（課題管理者）、那須田 周平、堺 俊之、妹尾 哉汰、太田 敦士、新田 みゆき

（3）研究協力者

竹中 祥太郎、根本 和洋

（4）その他

文部科学省研究振興局ライフサイエンス課 生命科学研究係 係員 角田薫
LSI事務局 松村主査代理 事務局員1名
NBRP 広報室 室長 高祖 歩美

議長：松岡

書記：新田

議事

報告等：

- (1) 第 5 期 NBPR・コムギ 組織確認（松岡） 資料 1
- (2) 第 5 期 NBPR・コムギ 事業全体報告（吉田） ~~資料 2~~
- (3) 2025-2026/2026-2027 年事業計画等の報告
 - ・種子リソース増殖（太田、那須田、竹中） 資料 3-1
 - ・種子リソース配布（吉田、新田） 資料 3-2
 - ・寄託の状況について（吉田、新田） 資 料 3-3
 - SMTA による寄託について（吉田） 資料 3-4
 - ・学会等での活動（吉田、新田） 資料 3-5
 - ・論文発表等の成果について（吉田） 資料 3-6
- (4) NBRP 新たな技術開発・情報整備及びゲノム情報等整備プログラムの進捗について
 - ・2026 年度 コムギ NAM 集団のジェノタイピングの整備と形質転換・ゲノム編集技術の汎用性の拡大（那須田、吉田） 資料 4-1
 - ・2023 年度 Langdon ゲノム配列決定（太田、吉田） 資料 4-2
- (5) ゲノム解析の現状について（那須田） ~~資料 5~~
- (6) 系統収集関連資料のアーカイブ化について
 - ・木原均先生資料（新田、寺内） 資料 6-1
 - ・常脇恒一郎先生資料（吉田） 資料 6-2
- (7) 系統採集地の緯度経度情報整備について（太田、吉田） 資料 7
- (8) KOMUGI ウェブサイトの更新・利用状況等について（川本） 資料 8
- (9) その他

審議：

- (1) 2026 年度コムギ小委員会の開催について（吉田）
- (2) NBRP 第 6 期への申請について（吉田）
- (3) その他

その他：

- (1) Wheat Initiative、Wheat Congress 等に関する情報共有（辻本、半田、松岡）
- (2) 栽培植物起原学分野（物集女）施設の改修について（寺内、堺）

NBRP「コムギ」運営委員会名簿（更新：2026年4月）

◆ 運営委員

	氏名	所属
	江花 薫子	農業・食品産業技術総合研究機構 基盤技術研究本部 遺伝資源研究センター ジーンバンク事業技術室
	大田 正次	元 福井県立大学 生物資源学部（名誉教授）
バックアップ協力機関代表 アーカイブ化ワーキング長	川浦 香奈子	横浜市立大学 木原生物学研究所
	川勝 泰二	国立研究開発法人理化学研究所 バイオリソース研究センター 実験植物開発室
	川本 祥子	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 情報研究系
	佐久間 俊	鳥取大学 農学部
	佐藤 豊	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系
	辻本 壽	鳥取大学 国際乾燥地研究教育機構
	寺内 良平	京都大学 大学院農学研究科
	土佐 幸雄	神戸大学 大学院農学研究科
	半田 裕一	京都府立大学 大学院生命環境科学研究科
	久野 裕	岡山大学 資源植物科学研究所
委員長	松岡 由浩	神戸大学 大学院農学研究科
	森 直樹	神戸大学 大学院農学研究科

◆ 実施担当者

	氏名	所属
	太田 敦士	京都大学 大学院農学研究科
	堺 俊之	京都大学 大学院農学研究科
	妹尾 哉汰	京都大学 大学院農学研究科
	那須田 周平	京都大学 大学院農学研究科
	新田 みゆき	京都大学 大学院農学研究科
代表機関課題管理者	吉田 健太郎	京都大学 大学院農学研究科

◆ 研究協力者

	氏名	所属
	竹中 祥太郎	龍谷大学 農学部
	根本 和洋	信州大学 農学部

◆ NBRPコムギ事務局

	氏名	所属
	池本 和代	京都大学大学院 農学研究科
	新田 みゆき	京都大学大学院 農学研究科
	濱崎 好美	京都大学大学院 農学研究科

<https://nbrp.jp/committee/wheat/>

◆ 実施担当者 から 寺内 良平 を削除

2026 年 8 月

種子リソース増殖（第 5 期 5 年目）
系統保存

1. 業務題目

種子リソースの収集・調査・保存（主として種子更新など）。

2. 業務担当

吉田健太郎、那須田周平、堺俊之、妹尾哉汰、新田みゆき、太田敦士、技術補佐員数名

3. 2026 年度前半の報告

● 2024-25 年 系統保存

収穫した 663 系統の種むき作業を実施した。現在、入庫作業を進めている。

● 2025-26 年 系統保存

589 系統を播種・栽培し、472 系統を収穫した（表 1, 2）。

● 2026-27 年 系統保存

在庫情報をもとに、種子増殖・更新をおこなう 506 系統を選んだ（表 1, 2）。

以上に加え、NARO ジーンバンクから 1980 年代に採集されたネパールのパンコムギ 290 系統を導入し、系統化を開始した。1 年目の 2025-26 年には子葉鞘の着色の有無による分離を派生として区別した少なくとも 308 系統とそのほかの形質で派生として区別した系統（集計中）の自殖種子を得た。2 年目の 2026-27 年にはさらに自殖を進め、系統の固定を図る。

表 1 2025-26 年栽培系統と 2026-27 年栽培予定系統の概略。詳細な内訳は表 2 に記載している。

グループ †			2025-26 年		2026-27 年
			播種	収穫	予定
KU	在来品種・野生種	genus <i>Aegilops</i>	49	49	55
		genus <i>Triticum</i>	323	273	72
	実験系統		3	3	
KT	在来品種・野生種	-	79	12	316
	実験系統	-	73	73	45
RILWA	実験系統	-			1
TACBOW	実験系統	-			11
VL	実験系統	-			6
その他	在来品種・野生種	-	62	62	
	系統化		290	>308	>308
合計			879	>780	>814

† KOMUGI ホームページの NBRP group name の表記が野生種または栽培品種・品種であれば「在来品種・野生種」に分類し、それ以外は「実験系統」とした。

4. 2026 年度後半の予定

- 2024-25 年 系統保存
663 系統の種むきと入庫作業を完了する。
- 2025-26 年 系統保存
収穫した 472 系統の種むき作業を開始する（表 1, 2）。
- 2026-27 年 系統保存
選抜した 506 系統の播種・栽培をおこなう（表 1, 2）。

表 2 2025-26 年栽培系統と 2026-27 年播種予定系統の種別内訳。

Prefix	グループ		2025-26 年		2026-27 年
			播種	収穫	予定
KU	在来品種・野生種	genus <i>Aegilops</i>			
		section Sitopsis			
		<i>Ae. aucheri / speltoides</i>	5	5	
		section Vertebrata			
		<i>Ae. squarrosa</i>	44	44	55
		genus <i>Triticum</i>			
		Diploid species			
		<i>T. boeoticum</i>	44	44	68
		<i>T. monococcum</i>	1	0	1
		Tetraploid species			
		<i>T. araraticum</i>	3	3	1
		<i>T. dicoccoides</i>	2	2	
		<i>T. abyssinicum</i>	3	2	2
		<i>T. durum</i>	175	137	
		Hexaploid species			
		<i>T. aestivum</i>	95	85	
	実験系統		3	3	
KT	在来品種・野生種	-	79	12	316
	実験系統		73	73	45
RILWA	実験系統				1
TACBOW	実験系統				11
VL	実験系統				6
その他	在来品種・野生種	-	62	62	
	系統化		290	>308	>308
合計			589	>780	>814

Nested association mapping (NAM) 集団の作成 (第4期課題)

令和8年8月26日

京都大学大学院農学研究科 那須田 周平

概要

2018年にパンコムギ品種 Chinese Spring (以下、CS)の参照ゲノム配列が決定されたことにより、コムギ科学は新しい時代を迎えた。CSに続き、国際コムギ10+ゲノムプロジェクトの中で日本の農林61号(以下、N61)が解読され、ゲノム配列が公開されている(Walkowiak et al., 2020; Shimizu et al., 2021)。

NBRP第3期で作成した六倍体コムギのコアコレクション(Takenaka et al., 2018)から、遺伝的多様性と地理的分布を考慮して東アジア(日本～中国～ヒマラヤ地域)由来の24系統を選定し、N61を固定の花粉親として、東アジアに特化した4,892系統からなる大規模交配分離集団(NAM集団)を作成した(表1)。なお、同六倍体コムギのコアコレクションはGRAS-Di法でジェノタイプ情報を追加して公開した(Su et al., 2026)

第4期4年目(令和2年)12月24日にこれらの系統情報をNBRPコムギポータルサイトから公開し、令和3年度末からF₈種子の配布を開始した。

1. 事業担当者

新田みゆき(研究員)、竹中祥太郎(研究協力者)、那須田周平(責任者)

NAMワーキンググループ

那須田周平¹、太田敦士¹、竹中祥太郎²、寺内良平¹、新田みゆき¹、松岡由浩³、松中仁⁴、吉田健太郎¹ (1.京都大学、2.龍谷大学、3.神戸大学、4.農研機構・北農研)

2. 事業報告

ジェノタイピングの進捗

NAM集団全4,892系統のうち1,060系統(P群)について那須田と清水健太郎氏(チューリッヒ大学)が共同してGRAS-Diを用いたジェノタイピングを行った。また、P群以外の一部集団についても、佐久間俊氏(鳥取大学)と那須田が共同でGRAS-Diジェノタイプをつけていた。全系統のジェノタイピング情報の完備を目指し、現在、改良版GRAS-Di(白澤健太氏(かずさDNA研究所))を用いて解析中である(「令和7年度研究開発施設共用等促進費補助金ナショナルバイオリソースプロジェクト(中核的拠点整備プログラム(バイオリソースの価値創出に向けた新たな技術開発・情報整備))」、2年間)。解析プラットフォームが以前のものと異なるため、全系統を対象にゲノムワイドなマーカー情報を取得中。現時点で、4,892系統中143系統のリード数が極端に少ないことが判明しているので、これらに

については、2026 年度中にライブラリーの作成から再トライする。残りの系統については保存してあったライブラリーの再解読を行い、リードの厚みを確保する。SNP のコール、分集団のマップ作成、コンセンサスマップの作成に関するパイプラインは準備できているので、NGS データがまとまり次第、解析を進める。

なお、新田らの努力により、植物遺伝学研究室において、ジェノタイプ対象個体の放任受粉種子を得ており、F₉世代に更新したジェノタイプ個体の子孫の種子が確保できている。

配布状況

令和 2 年（2020 年）に公開前の F₆ を 1 件 196 系統、令和 4 年（2022 年）に 3 件 1,505 系統、令和 5 年（2023 年）に 1 件 160 系統、令和 7 年（2025 年）に 6 件 2,013 系統、令和 8 年（2026 年）に 1 件 157 系統、これまでに合計 4,191 系統を配布した（表 2）。

成果

京都大学、チューリッヒ大、CIMMYT が共同で GRAS-Di による高精度のゲノム情報と表現型データを用いて、アジアのコムギ交配系統の黄さび病抵抗性を解析し、特にヒマラヤ山脈南側の地域の在来品種のゲノムに黄さび病抵抗性を司る領域があることを解明した。成果は 2025 年 6 月 5 日に、国際科学誌「Theoretical and Applied Genetics」に掲載された。NAM の拡張を目指し、NBRP 所蔵のヒマラヤ南麓（ネパール、ブータン）のコムギ系統の遺伝的多様性を代表する 50 系統（Li et al., under revision）を種子親とし、農林 61 号を花粉親とする交配を行い、43 系統について F₁ 種子を得た。

2026 年 5 月 25 日から 29 日に開催された 4th International Wheat Congress（イタリアボローニャ市）において、那須田が NAM 育成に関する講演「Exploration of Asian wheat genetic diversity through NAM population」を行なった。

3. 今後の取り組み

令和 8 年度に改良版 GRAS-Di を用いた全 4,892 系統のジェノタイピングを完備する。データはできるだけ速やかに公開する。

表 1. 利用可能な NAM の内訳 (RILs)

RILs	Maternal P.	P	G	Total
N01	N10	100	22	122
N02	CN4	100	128	228
N03	FKK	50	119	169
N04	PK1	100	98	198
N05	PK2	0	211	211
N06	NP1	100	167	267
N07	NP2	50	37	87
N08	NP3	0	239	239
N09	NP4	100	157	257
N10	CN2	0	202	202
N11	CN1	50	150	200
N12	CN6	0	211	211
N13	CN7	0	188	188
N14	CN3	0	258	258
N15	CN5	160	16	176
N16	K107	0	216	216
N17	ZNK	50	205	255
N18	NBB	100	112	212
N19	MNM	0	225	225
N20	CGW	0	215	215
N21	CKG	0	245	245
N22	SRG	50	179	229
N23	SNY	50	84	134
N24	AKD	0	148	148
Total		1060	3832	4892

P は表現型データを取得し GRAS-Di を用いたジェノタイピングを行った。

表 2. NAM の配布実績

Request ID	Yr	# Strain	RILs	Generation
NA	2020	196	N15	F ₆
ID1260	2022	245	N21	F ₈
ID1282	2022	200	N06, N09	F ₈
ID1292	2022	1060	All of P	F ₈
ID1314	2023	160	N15	F ₈
ID1368	2025	591	N16, 19, 22	F ₈
ID1369	2025	360	N01, 06, 15	F ₈
ID1370	2025	260	N15, 18	F ₈
ID1377	2025	160	N15	F ₈
ID1383	2025	482	N01, 18, 24	F ₈
ID1386	2025	160	N15	F ₈
ID1421	2026	157	N09	F ₈
Total	-	4191	-	-

2026 年 8 月

四倍体コムギ大規模 RIL 集団

四倍体コムギの多様性を広くカバーし、将来の基礎研究および育種素材としての利用価値のある RIL 集団作りを目指す。

準備チーム（敬称略）

森・松岡（神大）、竹中（龍谷大）、寺内・那須田・吉田・新田・太田（京大）

育成中の集団：

集団サイズ：7 集団、約 3,000 系統。引き続き世代更新を進める。

集団	栽培世代と系統数
集団 1) <i>Triticum durum</i> × <i>T. durum</i> 'Kronos' KU-127 (4x066) × LPGKU2331 (4x002)	F ₇ 世代 382 系統程度 F ₆ 世代 73 系統程度
集団 2) <i>T. turgidum</i> × <i>T. abyssinicum</i> KU-149 (4x163) × KU-9541 (4x007)	F ₅ 世代 429 系統程度
集団 3) <i>T. pyramidale</i> × <i>T. durum</i> 'Langdon' KU-9982 × LPGKU2272 (4x001)	F ₃ 世代 385 系統程度
集団 4) <i>T. pyramidale</i> × <i>T. durum</i> 'Langdon' KU-146 (4x161) × LPGKU2272 (4x001)	F ₆ 世代 517 系統程度 F ₃ 世代 129 系統程度
集団 5) <i>T. dicoccum</i> × <i>T. polonicum</i> KU-1056 × KU-142 (4x155)	F ₅ 世代 320 系統程度
集団 6) <i>T. paleocolchicum</i> × <i>T. dicoccoides</i> KU-156 (4x152) × KU-8539 (4x020)	F ₅ 世代 398 系統程度
集団 7) <i>T. timopheevii</i> × <i>T. araraticum</i> KU-107-4 (4x192) × KU-15406 (4x186)	F ₅ 世代 364 系統程度

※ 括弧内は四倍体コアコレクションの番号 (Su and Takenaka et al., 2025)

2026 年 8 月

Aegilops tauschii 大規模 RIL 集団

Aegilops tauschii で遺伝子同定を狙える大規模な RIL 集団作りを目指す。

準備チーム（敬称略）

松岡（神大）、西嶋（福井県大）、寺内・吉田・新田・太田（京大）

Aegilops tauschii の種内リネージと分布

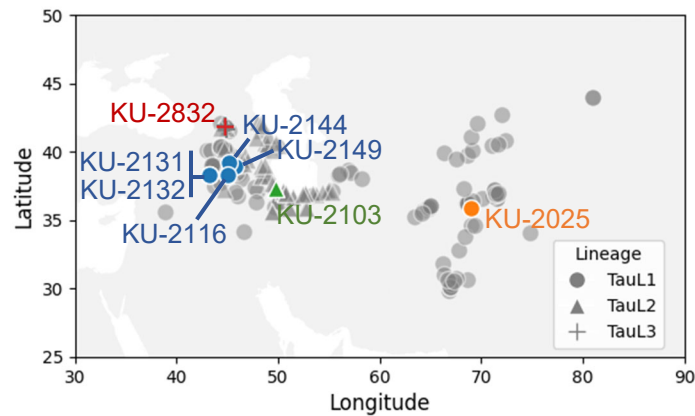


図1 *Aegilops tauschii* 系統の地理的分布。
種内には主要な 3 つのリネージがある
（Matsuoka et al., 2015）。RIL の育成に使用した系統をハイライトしている。

育成中の集団：

現行の集団: 7 集団、約 3,000 系統。引き続き世代更新を進める。

集団	栽培世代と系統数
集団 1)	F ₅ 世代 385 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2116 (TauL1)	
集団 2)	F ₄ 世代 171 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2131 (TauL1)	
	F ₃ 世代 176 系統程度
集団 3)	F ₅ 世代 206 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2132 (TauL1、葯長い)	
	F ₄ 世代 152 系統程度
集団 4)	F ₄ 世代 79 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2144 (TauL1、耐塩性低い)	
	F ₃ 世代 167 系統程度
集団 5)	F ₄ 世代 228 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2149 (TauL1)	
	F ₃ 世代 364 系統程度
集団 6)	F ₄ 世代 210 系統程度
KU-2025 (TauL1) × KU-2103 (TauL2)	
	F ₃ 世代 148 系統程度
集団 7)	F ₄ 世代 324 系統
KU-2025 (TauL1) × KU-2832 (TauL3)	
	F ₃ 世代 327 系統

バイオリソースの収集・寄託者・保存・提供・利用者の数値目標と実績

課題名：ライフサイエンス研究用コムギリソースの整備と高品質化

対象とする生物種等名：コムギ

代表機関：国立大学法人 京都大学

課題管理者：吉田健太郎

リソース形態（注1） リソース単位名（注1）		第5期NBRRP													
		R 4年度			R 5年度			R 6年度			R 7年度			R 8年度 （前半）	
		国内	国外	国内	国外	国内	国外	国内	国外	国内	国外	国内	国外	国内	国外
		数値	単位	数値	単位	数値	単位	数値	単位	数値	単位	数値	単位	数値	単位
収集数（注2）	目標	100	系統	100	系統	100	系統	100	系統	100	系統	100	系統	100	系統
	実績	167	系統	955	系統	1068	系統	898	系統	0	系統	0	系統	0	系統
寄託者数（注3）	目標（内訳）	167	系統	0	系統	955	系統	1068	系統	0	系統	898	系統	0	系統
	実績（内訳）	1	名	1	名	1	名	2	名	1	名	1	名	0	名
保存数（注4）	目標	2	名	0	名	1	名	2	名	0	名	1	名	0	名
	実績（内訳）	2	名	0	名	1	名	2	名	0	名	1	名	0	名
提供数（注5）	目標	130500	系統	131000	系統	131500	系統	132000	系統	132500	系統	132000	系統	132500	系統
	実績	130427	系統	130918	系統	131447	系統	132010	系統	132510	系統	132010	系統	132510	系統
利用者数（注6）	目標	1250	系統	1250	系統	1250	系統	1250	系統	1250	系統	1250	系統	1250	系統
	実績	3379	系統	1256	系統	1502	系統	1501	系統	1501	系統	1501	系統	373	系統
	目標（内訳）	3331	系統	48	系統	1202	系統	54	系統	1377	系統	125	系統	1485	系統
	実績（内訳）	35	名	35	名	35	名	35	名	35	名	35	名	35	名
	目標	22	名	20	名	20	名	20	名	20	名	15	名	7	名
	実績	15	名	17	名	16	名	16	名	16	名	13	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	1	名	1	名	1	名	0	名	1	名	0	名	0	名
	目標	16	名	19	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	16	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	1	名	1	名
	実績（内訳）	1	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	目標	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	実績	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	1	名	2	名
	目標	10	名	16	名	19	名	17	名	17	名	13	名	4	名
	実績	10	名	6	名	6	名	2	名	2	名	2	名	4	名
	目標（内訳）	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名	0	名
	実績（内訳）	0	名	0	名										

令和 8 年 8 月 26 日

第 5 期 NBRP・コムギ 令和 8 年度前半 事業報告 寄託の状況について

責任者 吉田 健太郎

1. 寄託の流れ（再掲）

- ① 寄託者が寄託システムを通じてアップロード



図 KOMUGI トップページの一部

- ② NBRP コムギに自動通知メール
 ③ 寄託受け入れの審査に入る旨を事務局が寄託者に通知
 ④ 那須田氏が窓口となり関係者とともに審査して受け入れ可否を決定
 ⑤ 受入れ可の場合、事務局が寄託者に材料移転契約書（「生物遺伝資源寄託同意書」）の PDF を送り、2 部作成して材料とともに事務局へ送るよう連絡。受入れ不可の場合は審査結果のみを連絡
 ⑥ 事務局が研究推進掛に 材料移転契約書の決済を依頼する
 ⑦ 材料受領後に事務局から寄託者へ契約書 1 部を送付

2. 寄託システムの整備状況

- ・国内からの寄託についてはすでに寄託システムを運用している。
- ・海外の研究者からは、日本のコムギジーンバンクは国際社会で安定してリソースを供給できる機関として期待されている。一方、現行の寄託システムは海外からの寄託には対応しておらず、現在は個別に対応しているものの、これまでに受け入れ実績はない。
- ・現在、サウジアラビアの KAUST からタルホコムギ・コレクションの寄託を希望する申し出を受けている。本件は SMTA の対象となるため、京都大学の知財部門と連携し、SMTA に対応した寄託受け入れの枠組みの整備を進めるとともに、受け入れ体制の構築を進めている。
- ・海外からの系統の受け入れについては、ABS への対応や、名古屋議定書発効以降（1993 年）に収集された系統の取り扱いなど、個別に検討すべき課題がある。これらの課題を踏まえつつ、配布の可否にかかわらず、遺伝資源として保存する必要があると認められるものについては、受け入れる方針である。

3. 寄託の受け入れ状況

- ・令和 6 年は、合計 4 件（寄託者は重複を除き 2 名）の寄託があり、異種染色体添加系統

などの実験系統、鳥取大学で開発されたタルホコムギの多様性を取り入れた系統群（MSD 系統）など合計 1060 系統を受け入れた。MSD 系統については、受け入れ時点で配布に十分な種子量が確保されていたため、ポータルサイトで公開した。

・令和 7 年は、広島県ジーンバンクの廃止に伴い、日本で保存されていた古い系統と考えられる 898 系統を、1 件の寄託として受け入れた。

表. 寄託の実績

		第 4 期						第 5 期									
		R1		R2		R3		R4		R5		R6		R7		R8	
		国 内	国 外	国 内	国 外	国 内	国 外	国 内	国 外	国 内	国 外	国内	国外	国内	国外	国内	国外
収集数 (寄託系 統数)	目標	-		100		100		100		100		100		100		100	
	実績	1		0		1		167		955		1068		898		0	
	実績 (内 訳)	1	0	0	0	1	0	167	0	955	0	1068	0	898	0	0	0
寄託者数 (重複無 し)	目標	-		-		-		1		1		1		1		1	
	実績	1		0		1		2		1		2		1		0	
	実績 (内 訳)	1	0	0	0	1	0	2	0	1	0	2	0	1	0	0	0

NBRP コムギにおける SMTA (Standard Material Transfer Agreement) 導入に関する経過と対応方針

SMTA 導入の必要性

- SMTA とは、「食料・農業植物遺伝資源条約 (ITPGRFA)」に基づき、国際的に統一された条件で遺伝資源を移動させるための標準契約様式
- 国際的な遺伝資源の利用や権利関係の透明性を担保する仕組みとして、海外の主要なビオリソースセンターや研究機関では標準的な手続きとして定着
- 海外の大学・研究機関等から貴重なコムギ遺伝資源の受託・寄託を受けるにあたり、相手方より SMTA の締結を求められるケースが増加
- 寄託が検討されているリソースの中には、すでに全ゲノム配列が決定されている種子など、学術的・産業的に極めて価値の高いものが含まれている。
- これらの国際的に重要な資源を確実に NBRP コムギへ受入れ、日本国内の研究者が広く自由に活用できる環境を整えることは、我が国の科学研究の推進において極めて重要

これまでの経緯

- 京都大知財担当から、二次配布可否や実績報告義務等のリスク・管理上の課題を指摘し、文科省への事前相談を提案される。
- 文科省からの回答を LSI 事務局を通じて得る。SMTA 導入や改変は機関の判断で確定して問題なく、手続き不要（導入後に要報告）との回答を得る。
- 京都大知財担当から、謝辞・手数料等については、付属書類（提供同意書）で運用の提案

現在、検討中の締結手続きの運用案

推奨案 (①案)： 提供同意書に SMTA を添付し、同意書への押印・署名をもって SMTA にも同意したものとみなす運用。

代替案 (②案)： 提供同意書と SMTA の 2 本立てで個別に締結する運用。

重複する署名作業を簡素化し、手続を効率化できる点から①案を軸に具体的な文書整備を進める方針。

Easy-SMTA (オンラインシステム) の運用について

- 申込者全員にユーザー登録を求めることは事業形態上難しいため、締結自体は従来の紙ベースで行う。
- 京大コムギ事務局側のみ登録を行い、定期的な実績報告用として利用する。

令和 8 年 8 月 26 日

**第 5 期 NBRP・コムギ 令和 8 年度前半 事業報告
学会等での活動**

責任者 吉田 健太郎

1. 前年度後半から今年度前半までの報告

(1) 広報活動

- ① 日本育種学会 第 148 回講演会での NBRP 展示および情報収集 (2025/9/10～11、札幌市)
- ② 第 77 回日本生物工学会 での NBRP 展示 (現地参加なし資料配置、2025/9/10～12、広島市)
- ③ BioJapan 2025 での NBRP 展示 (2025/10/8～10、横浜市)
- ④ 第 98 回 日本生化学会での NBRP 展示 (2025/11/3～5、京都市)
- ⑤ 第 20 回 ムギ類研究会での事業紹介と情報収集 (2025/11/15～16、福井県福井市)
- ⑥ 第 48 回 日本分子生物学会年会での NBRP 展示 (2025/12/3～5、横浜市)
- ⑦ NBRP オンラインワークショップ 2025 での成果発表 (太田) (2025/12/15)
- ⑧ 日本農芸化学会 2026 年度大会での NBRP 展示 (2026/3/9～12、京都市)
- ⑨ コムギ小委員会でのユーザーへの事業説明と要望収集 (2026/3/20、水戸市)
- ⑩ 日本育種学会 第 149 回講演会での成果発表および情報収集 (2026/3/21～22、水戸市)
- ⑪ 4rd International Wheat Congress での NBRP 展示 (新田・太田)、本講演 (那須田) と WS (吉田) での広報活動と情報収集 (2026/5/25～29、Bologna, Italy)

(2) 渉外活動

- ① 生物遺伝資源委員会委員 (寺内 (前年度まで)・吉田 (今年度から))
- ② WI (Wheat Initiative) の専門家作業部会のメンバー (那須田・吉田)
- ③ Wheat 10+ Genome Project のメンバー (那須田)
- ④ NBRP・イネと NBRP・オオムギの運営委員 (寺内 (前年度まで)・吉田 (今年度から))
- ⑤ NBRP 広報室主催の情報交換会「NBRP とバイオリソースのこれから:第 5 期総括と次期に向けて」に出席し、事業紹介 (吉田) と情報収集を行った (新田・太田) (2026/7/11～12、東京)

2. 今年度後半の予定

(1) 広報活動

- ① 第 21 回 ムギ類研究会での事業紹介と情報収集 (2026/8/29～30、岡山市)
- ② 第 43 回日本植物バイオテクノロジー学会での NBRP 展示 (2026/9/4～65、鳥取市)

- ③ 日本育種学会 第 150 回講演会での NBRP 展示および情報収集、ワークショップ：「遺伝資源とゲノム情報を活用した遺伝子単離と育種利用」の開催（吉田・那須田）（2026/9/17～18、福井市）
- ④ BioJapan 2026 での NBRP 展示（2026/10/7～9、横浜市）
- ⑤ 第 49 回日本分子生物学会年会・第 99 回日本生化学会大会合同大会での NBRP 展示（2025/12/1～4、横浜市）
- ⑥ 日本植物生理学会での NBRP 展示および情報収集（2027/3/6～8、京都市）
- ⑦ コムギ小委員会でのユーザーへの事業説明と要望収集（2027/3/22、東京）
- ⑧ 日本育種学会 第 151 回講演会での成果発表および情報収集（2026/3/23～24、東京）

(2) 渉外活動

- ① 生物遺伝資源委員会委員（吉田）
- ② WI の専門家作業部会のメンバー（那須田・吉田）
- ③ Wheat 10+ Genome Project のメンバー（那須田）
- ④ NBRP・イネと NBRP・オオムギの運営委員（吉田）

【1. 成果論文数一覧】（2017年4月～2026年3月末）

第4期プロジェクト開始後（2017年度以降）から2025年度のリソース提供先（配布先）が、本プロジェクトのリソースを利用した成果として発表した論文数を記入してください。

* 参加機関（中核機関・分担機関）自らがそのリソースを利用して発表した論文も含まれます。

* ただし、第4期NBRPに参加されていない場合、2022年度以降の状況を記入してください。

	総論文数	参加機関が含まれる論文数	参加機関以外の機関による論文数	第4期NBRP事後評価において報告済みの論文数
2017年度 (参考)	12	2	10	11
2018年度 (参考)	23	6	17	23
2019年度 (参考)	7	3	4	7
2020年度 (参考)	9	2	7	8
2021年度 (参考)	3	1	2	0
2022年度	8	1	2	
2023年度	7	3	4	
2024年度	12	2	10	
2025年度	13	6	7	
2026年度				
合計	94	26	63	49

【2. 令和7年度 成果全論文リスト】（2025年4月～2026年3月末）

リストに挙げる論文は、2025年4月～2026年3月末現在までに、査読のある学術誌・電子ジャーナルに掲載された論文（出版・web page公開前でも受理済みものは含まれる）（新しいものから100件程度まで）としてください。また、リストに挙げた論文については、とりまとめの上、**本成果シートの提出期限までに、NBRP 情報公開サイト（RRC : Research Resource Circulation）への登録をお願いいたします。**

・本プロジェクトを利用したことが論文中に明記されている（本文中のリソース名の記述や、プロジェクトへの謝辞、など）場合、リストの右欄に○をご記入下さい（逆に明示の無い場合、どのようにリソース利用を判断されたのか、簡潔にご記載下さい）

※記載欄は必要に応じて追加してください。

・主要な論文（リソースの利用成果として顕著な論文）については、数件～10件程度、マーク（★）をつけ、2-3行の内容紹介文をつけてください。※主要な論文については、新しいものから100件程度から外れていても記載可能です。

論文リスト （著者名、論文名、発表雑誌名、発表年、Pubmed IDまたはDOI、及び 主要な論文（10件程度、★マーク付き）の紹介文）	論文中にリソース利用の明示が有るか？ （○、または判断理由）
Gorafi, YSA., Tahir, ISA., Tsujimoto, H. A Multiple Synthetic Derivatives population for mining Aegilops tauschii traits and genes in a background of common wheat. J. Plant Regist. 2025;19:e20424. (Accepted: 6 January 2025) DOI: 10.1002/plr2.20424 ★コムギ近縁野生種の遺伝的多様性をパンコムギに導入したプレブリーディングの例。作成されたMSD集団は、環境ストレスに対する表現型が多様であり、高温や乾燥でも収量を維持できる系統も含まれていた。現在、MSD集団はコムギ育種に活用され、とくにスーダンのコムギ育種において重要な成果が出ている。	○
Nakamaru A, Kato K, Ikenaga S, Nakamura T, Hatakeyama K. Development and validation of a new co-dominant DNA marker for selecting the null allele of polyphenol oxidase gene Ppo-D1 in common wheat (Triticum aestivum L.). Breed Sci. 2025 Apr (Accepted November 25, 2024);75(2):102-110. doi: 10.1270/jsbbs.24071. Epub 2025 Apr 4. PMID: 40896501; PMCID: PMC12395200.	○
Koyama, Y., Tanaka, H., Sato, K., Tujimoto, H., Matsuoka, Y. Accessions of the genetically distinct TauL3 lineage of Aegilops tauschii Coss. from newly identified habitats in Armenia, Azerbaijan, and Iran. Genet Resour Crop Evol. 2025 Apr. 07; 72, 7665–7671. doi:10.1007/s10722-025-02438-4	○

4	Jung K, Akiyama R, Nie J, Nitta M, Hamaya NB, Qureshi N, Bhavani S, Wicker T, Keller B, Kishii M, Nasuda S, Shimizu KK. Unveiling yellow rust resistance in the near-Himalayan region: insights from a nested association mapping study. <i>Theor Appl Genet.</i> 2025 Jun 5;138(7):135. doi: 10.1007/s00122-025-04886-z. PMID: 40471307; PMCID: PMC12141412. ★NBRP・コムギで整備した六倍体コムギNAM集団を使用した研究。これまでに報告されていない新規さび病抵抗性遺伝子座を同定し、NAM集団の有用性を示した。	○
5	Koyama Y, Nasu M, Matsuoka Y. f4-statistics-based ancestry profiling and convolutional neural network phenotyping shed new light on the structure of genetic and spike shape diversity in <i>Aegilops tauschii</i> Coss. <i>Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci.</i> 2025 Jun 11;101(6):357-370. doi: 10.2183/pjab.101.023. Epub 2025 May 21. PMID: 40399064; PMCID: PMC12423502.	○
6	Komura S, Kishi-Kaboshi M, Abe F, Inoue Y, Yoshida K. Improvement of simultaneous genome editing of homoeologous loci in polyploid wheat using CRISPR/Cas9 applying tRNA processing system. <i>Plant Biotechnol (Tokyo).</i> 2025 Jun 25;42(2):167-172. doi: 10.5511/plantbiotechnology.25.0214b. PMID: 40636432; PMCID: PMC12235420. ★倍数体であるパンコムギで効率的な形質転換を示した論文。tRNAプロセッシングシステムによるCRISPR/Cas9は、一つのプロモーターで多数のsingle-guide RNAを発現し、パンコムギの同祖遺伝子を同時にノックアウトできることを示した。	○
7	Senoo K, Yoshioka S, Yamamori K, Nasuda S, Yoshikawa T. Juvenile-to-adult phase transition in a common wheat cultivar Norin 61, and accompanying changes in leaf transcriptome. <i>Plant Cell Physiol.</i> 2025 Jul 24;66(6):900-911. doi: 10.1093/pcp/pcaf034. PMID: 40358618.	○
8	Minami A, Onda Y, Shimizu M, Uehara-Yamaguchi Y, Kanatani A, Nakayama R, Toyama K, Takahagi K, Inoue K, Nozoye T, Suzuki M, Kouzai Y, Nomura T, Tanoi K, Endo M, Miki R, Kashiwara M, Taoka N, Mochida K. Chelation-based iron uptake mitigates the effects of prolonged high-temperature stress in cool-season grasses. <i>Nat Commun.</i> 2025 Aug 28;16(1):7709. doi: 10.1038/s41467-025-63005-0. PMID: 40877273; PMCID: PMC12394411.	○

9	Hyuga Y, Nakano T, Handa H. Regulation of nucleolar dominance through allopolyploidization of hexaploid wheat. Theor Appl Genet. 2025 Nov 6;138(12):291. doi: 10.1007/s00122-025-05093-6. PMID: 41196419.	○
10	Su Z, Takenaka S, Kakitani M, Nitta M, Gorafi YSA, Nasuda S. Genetic resource optimization: a core collection of tetraploid wheat from 2,254 NBRP-wheat accessions. BMC Plant Biol. 2025 Dec 19;26(1):130. doi: 10.1186/s12870-025-07944-2. PMID: 41419808; PMCID: PMC12831240. ★四倍体コムギコアコレクションの整備に関する論文。四倍体コムギコアコレクションにジェノタイプ情報を付与した。	○
11	Mizuno N, Fuminori K, Takumi S, Sato K, Handa H, Nasuda S. TaAGL6-B1 identified as a candidate gene for the dominant awn-inhibitor locus B2 in wheat. Theor Appl Genet. 2026 Feb 2;139(2):54. doi: 10.1007/s00122-026-05163-3. PMID: 41627446.	○
12	Adhikari L, Olivera PD, Raupp J, Sela H, Distelfeld A, Maccaferri M, Bozzoli M, Mazzucotelli E, Brandolini A, Tuberosa R, Özkan H, Wulff BBH, Steffenson BJ, Poland J. Dissecting the population structure, diversity and genetic architecture of rust resistance in wild emmer wheat (<i>Triticum turgidum</i> subsp. <i>dicoccoides</i>). BMC Genomics. 2026 Mar 16;27(1):284. doi: 10.1186/s12864-026-12751-6. PMID: 41840474; PMCID: PMC13003665. ★四倍体コムギの祖先野生種のリシーケンシングに関する論文。さび病抵抗性の新規遺伝子座を多数同定した。	○
13	Su Z, Sakuma S, Nitta M, Gorafi YSA, Nasuda S. Extensive phenotyping and genome-wide analysis of grain number-related traits in a diverse wheat core collection. Plant Genome. 2026 Mar;19(1):e70183. doi: 10.1002/tpg2.70183. PMID: 41543112. ★六倍体コムギコアコレクションを利用した研究例。3シーズンにわたり小穂関連形質の調査し、形質に関わる遺伝子の候補を同定した。	○

ナショナルバイオリソースプロジェクト

バイオリソースの価値創出に向けた新たな技術開発・情報整備

「コムギ NAM 集団のジェノタイピングの整備と形質転換・ゲノム編集技術の汎用性の拡大」

令和 8 年 8 月 26 日

京都大学大学院農学研究科 那須田 周平・吉田健太郎

概要

我々の育成したNAM集団は24交配に由来するF₈世代4,892系統から構成される。NAM集団の表現型—遺伝子型連関解析における有効性を実証するため、その一部である13交配組み合わせ1,060系統について、GRAS-Di法によるジェノタイピングとコンセンサスマップの作成、そして、コンセンサスマップを用いたQTL解析を進めてきた（Jung et al., TAG, 2025; Nie京都大学博士学位論文2025: Nie et al., in preparation）。その結果、この集団の個体が期待通り両親のゲノムをほぼ1:1の比で保持していること、ほぼホモ接合化していることを明らかにした。そして、共通親である農林61号のリファレンス配列を足がかりにすることでゲノム全体をカバーする1,660マーカーからなる全長3,699 cMのコンセンサスマップを得た（Nie京都大学博士学位論文2025）。リファレンスゲノムの代表する物理地図と遺伝学的地図との対応も良好であった。さらに、このコンセンサスマップを用いて、出穂日、圃場での黄サビ病抵抗性、遺伝的組換え頻度に関してQTL解析を行ったところ、既知の遺伝子だけでなく新規QTLを検出することに成功した（Jung et al., TAG, 2025; Nie京都大学博士学位論文2025: Nie et al., in preparation）。以上の結果は、我々のNAM集団のQTLマッピングにおける有効性を示すだけでなく、GRAS-Di法によるNGSのraw readからのSNPs検出、マーカーのクオリティーコントロール、コンセンサスマップの作成に関する一連のパイプラインが十全に機能していることを示している。

以上のパイロット実験の結果に基づき、NAM集団全体4,892系統のうち、いまだにジェノタイプの終わっていない系統についてジェノタイプ情報を付加し、コンセンサスマップを作成し、ユーザーの利便に資することが、リソース利用拡大を目指す上で重要である。

1. 事業担当者

新田みゆき(研究員)、那須田周平(責任者)、白澤健太 (かずさ DNA 研究所)、NAM ジェノタイピングチーム

2. 事業報告

【令和7年度の実施内容】

NAM 集団全 4,892 系統とコントロール系統の反復を合計した約 5,000 系統について、播種し、幼苗の葉をサンプリングした。サンプリングした葉を GRAS-Di 解析の委託先であるかずさ DNA 研究所に送り、DNA 抽出、品質チェック、定量後、濃度調整して、GRAS-Di 解析を実施した。GRAS-Di 解析の出力データである NGS raw data の QC チェックをし、農林 61 号ゲノムに BWM-mem と Samtools でマップして GATK で SNPs を検出した。NGS raw data の品質は高かったものの一部の系統のライブラリーの調整の成果リード数が極端に少ない系統

が 143 系統あった。

【令和8年度の計画】

解読結果のプレリミナリーな解析を行い、かずさ DNA 研究所と協議した。上述のリード数が極端に少ない 143 系統については、ゲノム DNA からシーケンシング用ライブラリーを再構築し直すことにした。残りの系統については、サンプルあたり 14.0 M リード程度得られるよう NGS で再解読し、リードの厚みを確保することとした。プレリミナリーな解析ではあるが、リファレンス配列へのマッピング結果は良好であり、SNP の検出も問題なくできている。NGS のリードが集まり次第、下流の解析を行う予定である。なお、共通父親系統である農林61号の最新のtelomere-to-telomereゲノム配列を参照しつつ、LPmergeでコンセンサスマップを作成する。

3. 今後の取り組み

令和 8 年度に改良版 GRAS-Di を用いた全 4,892 系統のジェノタイピングを完備する。データはできるだけ速やかに公開する。

表 1. 利用可能な NAM の内訳 (RILs) (資料 3-1-2 の表を再掲)

RILs	Maternal P.	P	G	Total
N01	N10	100	22	122
N02	CN4	100	128	228
N03	FKK	50	119	169
N04	PK1	100	98	198
N05	PK2	0	211	211
N06	NP1	100	167	267
N07	NP2	50	37	87
N08	NP3	0	239	239
N09	NP4	100	157	257
N10	CN2	0	202	202
N11	CN1	50	150	200
N12	CN6	0	211	211
N13	CN7	0	188	188
N14	CN3	0	258	258
N15	CN5	160	16	176
N16	K107	0	216	216
N17	ZNK	50	205	255
N18	NBB	100	112	212
N19	MNM	0	225	225
N20	CGW	0	215	215
N21	CKG	0	245	245
N22	SRG	50	179	229
N23	SNY	50	84	134
N24	AKD	0	148	148
Total		1060	3832	4892

P は表現型データを取得し GRAS-Di を用いたジェノタイピングを行った。

表 2. NAM の配布実績（資料 3-1-2 の表を再掲）

Request ID	Yr	# Strain	RILs	Generation
NA	2020	196	N15	F ₆
ID1260	2022	245	N21	F ₈
ID1282	2022	200	N06, N09	F ₈
ID1292	2022	1060	All of P	F ₈
ID1314	2023	160	N15	F ₈
ID1368	2025	591	N16, 19, 22	F ₈
ID1369	2025	360	N01, 06, 15	F ₈
ID1370	2025	260	N15, 18	F ₈
ID1377	2025	160	N15	F ₈
ID1383	2025	482	N01, 18, 24	F ₈
ID1386	2025	160	N15	F ₈
ID1421	2026	157	N09	F ₈
Total	-	4191	-	-

コムギのゲノム編集技術の汎用性の拡大

1. 概要

研究者コミュニティからの要望が高いと見込まれるNBRP第4期に整備したNAM集団の親である24系統、NBRP第5期に整備しているRILの集団の親である二粒系コムギ12系統、同じくRIL集団の親でありゲノムが解読されているタルホコムギ KU-2025とKU-2103を中心に形質転換技術とゲノム編集技術を確立する（表2）。特に、本課題では、利用可能な系統を拡大する上でボトルネックとなっている形質転換効率と再分化効率の向上を中心に以下の項目を実施する。

- ① アグロバクテリウム法によるコムギの形質転換は、未熟胚の質に依存するため、植物育成室における供試系統の最適な栽培条件を確立する。
- ② パンコムギ品種“Fieldier”においては、開花後13日から15日の未熟胚の大きさが形質転換に適している。供試系統について最適な未熟胚の時期を明らかにする。
- ③ 再分化を促進する遺伝子のプロモーターを検討する。現在、再分化を促進する遺伝子 *TaWox5* (Wang et al. 2022 Nature Plants) を35Sプロモーター下で発現させている。より強力なプロモーター（ユビキチンプロモーター等）を使用することにより、アグロバクテリウムの共培養時間を長くすることによる形質転換効率の向上と再分化効率の向上を実現する。共培養時間を長くすることは、アグロバクテリウムによる外来遺伝子の導入効率を向上させるが、未熟胚の感染によるダメージを増大させる。*TaWox5* の強発現によりその負の影響を相殺する。
- ④ Cre-loxPシステムによる *TaWox5* を取り除く系を確立する。*TaWox5* の導入は、コムギの葉幅の増大を招く。そのため、*TaWox5* を取り除くことで、*TaWox5* の発生に与える影響を最小限にする。
- ⑤ 野生種の中には、未熟胚ではなく、カルスにアグロバクテリウムを感染させた方が再分化個体を得るのに良いことを見出している。カルスへのアグロバクテリウム感染も検討する。
- ⑥ 課題申請機関では、*SpCas9* を使っているが、13個のイントロンを導入した *SpCas9* 遺伝子を利用することゲノム編集効率が向上することが知られている（Lawrenson et al. 2024 Plant Methods）。コムギのコドンに最適したイントロン入りの *SpCas9* 遺伝子を利用する。

以上の研究を実施し、2年間で、パンコムギのNAM親系統と二粒系コムギのRIL親系統、タルホコムギ系統2系統の形質転換効率を明らかにする。そして、形質転換効率の高いものを優先的にゲノム編集試験に供試し、形質転換とゲノム編集のプロトコルを確立する。

表2 NBRP・コムギで整備された大規模NAM集団と整備中の大規模RIL集団の内訳

対象種	手法	集団数 (系統数)	実施期	備考
パンコムギ	NAM	24 (4,673)	第4期	詳細は、表1参照
二粒系コムギ	RIL	6 (3,000)	第5期	整備中
タルホコムギ	RIL	7 (3,000)	第5期	整備中

2. 事業担当者

吉田健太郎(責任者)、京都大学植物遺伝学研究室スタッフ

3. 事業報告

【令和7年度の実施内容】

NAM 親系統 (24 系統)、NBRP 第 5 期整備の RIL 親系統 (二粒系コムギ 12 系統、タルホコムギ 2 系統) のうち、計 26 系統 (NAM 親系統 23 系統、二粒系コムギ 2 系統、タルホコムギ 1 系統) を対象に、再分化促進遺伝子ベクターを用いたアグロバクテリウム法による形質転換実験を実施した。コムギのコドンに最適化したイントロン入り *SpCas9* 遺伝子を導入した形質転換コムギを作出した。

【令和8年度の実施内容】

形質転換が困難な系統については、形質転換・脱分化・再分化効率の定量データを収集し、ボトルネックを特定するための詳細な検証を進めている。再分化を促進する遺伝子のプロモーターについては、現在の 35S プロモーター下で発現させることが十分であることが分かった。1 部の供試系統について最適な未熟胚の時期を明らかにした。

4. 今後の取り組み

引き続き、供試系統の形質転換効率を明らかにする。そして、形質転換効率の高いものを優先的にゲノム編集試験に供試し、形質転換とゲノム編集のプロトコルを確立する。

2026 年 8 月

***Triticum durum* cv. 'Langdon' のゲノム配列の整備**

2023-2024 年度 NBRP ゲノム情報等整備で、課題名「デュラムコムギ標準品種'Langdon' のゲノム情報整備」を実施している。

デュラムコムギ 'Langdon'

NBRP・コムギは、'Langdon'の高度に自殖維持された系統（LPGKU2272）と関連リソース（染色体置換系統: LPGKU2197-LPGKU2210）を維持している。また、現在、NBRP・コムギで'Langdon'を片親にした RIL 集団を育成している。加えて、日本のコムギ研究者コミュニティ内には、'Langdon'をベースにした合成倍数体が多数あり、'Langdon'は、四倍体コムギの研究用標準品種として多く用いられている（図 1）。

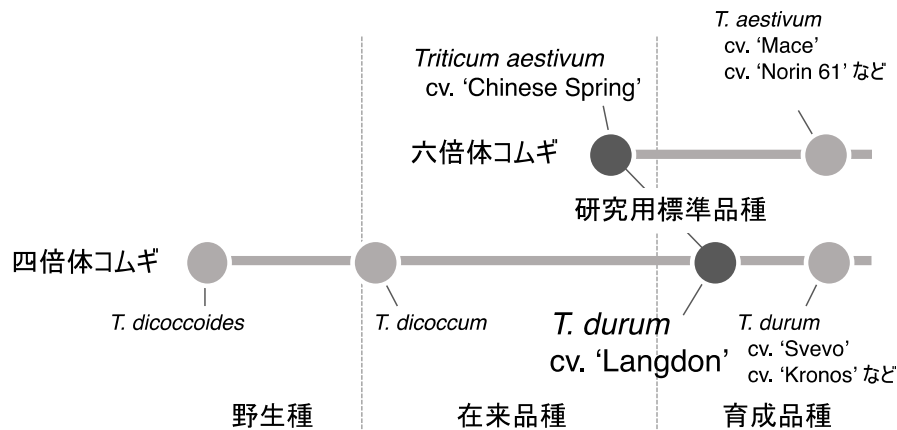


図 1 デュラムコムギ品種'Langdon' の位置付け。'Langdon'は、四倍体コムギの研究用標準品種として、六倍体コムギの'Chinese Spring'に相当する位置付けである。

2023-2024 年度 'Langdon'のゲノム配列整備

・ HiFi リードと Hi-C リードをアセンブリし、その後、スキヤッフオールディングした。

	Assembly	Scaffolds
Number of sequences	3,736	2,895
Number of sequences (> 500 Mb)	0	14
Sequence length (bp)		
N50	30,033,260	745,903,271
Average	2,808,816	3,624,811
Maximum	234,563,822	854,644,445
Total	10,493,736,011	10,493,828,111

・転写配列（RNA-seq）ベース、機械学習ベース、ホモロジーベースの遺伝子モデルをそれぞれ作成し、さらにそれらを統合した遺伝子モデルを作成した。

	Number of	
	Genes	Transcripts
Transcriptome-based gene model	48,294	55,809
Homology-based gene model		
Kronos v2.0	69,913	108,091
Svevo v1	63,463	187,839
ML-based gene model	65,282	66,492
Integrated gene model	82,572	198,090

'Langdon'ゲノムについての広報活動

- ・2024年12月21-22日 第19回ムギ類研究会、ポスター発表
- ・2025年3月20-21日 育種学会第147回講演会（春季大会）、ポスター発表
- ・2025年12月15日 NBRP オンラインワークショップ、口頭発表
- ・2026年3月21-22日 育種学会第149回講演会（春季大会）、ポスター発表

今後

最新版の'Langdon' LPGKU2272 のゲノム配列とその遺伝子モデルを公開するために、投稿論文の準備している。

令和 8 年 8 月 26 日

探検資料のアーカイブ化

新田 みゆき

木原均 KUSE 関連 学術資料**背景と経緯**

木原均博士はゲノム概念の確立などにより遺伝学研究の基盤を築いた研究者であり、京都大学のコムギ研究の創始者でもある。NBRP コムギのコレクションは、木原博士がコムギ研究に着手した際に世界の研究者から分譲を受けたコムギ品種と、自ら率いた学術調査隊による収集系統群、交配により作出された系統群が基盤を成しており、国内外の研究者に広く利用されている。これらコムギ系統群の種子管理簿、交配履歴、学術調査隊資料、遺伝学研究にかかわる資料は、NBRP コムギリソースの由来にかかわる重要な資料である。これら資料の多くは、横浜市の私邸に保管され、ご息女、木原ゆり子氏により管理されてきた。2021 年 2 月、これらの資料を京都大学大学院農学研究科に移管する契約が締結されたが、これに先んじて、ゆり子氏が北海道大学文書館に資料の移管を依頼していた経緯から、2024 年 12 月にゆり子氏、北大、京大（NBRP コムギ関係者）の間で協議がおこなわれ、KUSE 関連資料を含むコムギリソースに関わる資料を京大へ、それら以外を北大へ移管することで合意した。北大から KUSE 関連資料のデジタルコピー保有の希望が示されたため、京大はこれを了承し、2024 年度に北大においてデジタル化が実施され、その後資料はゆり子氏へ返却され、2025 年 9 月 18 日に KUSE 関連資料とコムギリソースに関わる資料一式が京大へ移送された。

契約の状況

資料移管に関する法的整理については、2025 年 10 月に京大学内において法務相談を実施し、以下の方針を確認した。

- (1) デジタルコピーされた資料の所有権は京大にあり、北大との新規契約は不要
- (2) 京大に資料を移管する 2021 年 2 月の契約を補足する形で下記 2 点が必要
 - 資料リストの整備
 - 木原ゆり子氏との所有権・著作権移転確認の覚書締結
- (3) 北大所有のデジタルコピーの利用については京大－北大間の覚書を締結

このうち(2)については、木原資料の総体を把握し科学技術史を専門とする総合研究大学院大学の飯田香穂里氏、木原資料の一部が保管されている横浜市立大学木原生物学研究所の川浦香奈子氏、木原資料を自身の研究に利用している神戸大学の松岡由浩氏の 3 氏の協力を得て、目録を完成させ、2025 年 12 月 2 日付で覚書の締結を行った。

(3)については、アーカイブ化の実施に関与する京大総合博物館、法務室との協議を経て、デジタルコピーの公衆送信（Web 公開等）を禁止する内容の覚書案を作成し、現在、北海道大学文書館と内容を調整中である。

アーカイブのマイルストーン

京都大学総合博物館の令和8年度研究資源化プロジェクトに採択された。

3年間（令和8～10）総額145万円

【令和8年度】年間経費：10万円

1. 資料詰め替え（作業用保存箱に資料入れ替え）
2. ガラス乾板データ確認
3. 外注分見積もり取得

【令和9年度】年間経費：68.5万円

4. 資料輸送（借用）
農学研究科 → 総合博物館
5. [整理作業1] 番号付け
6. [整理作業2] 一次目録（概要リスト）作成
7. [整理作業3] 二次目録（詳細リスト）作成

【令和10年度】年間経費：66.5万円

8. [デジタル化1] ノート表紙
9. [デジタル化2] ノート詳細（重要部分 or 代表的な箇所）
10. 資料輸送（返却）
総合博物館 → 農学研究科
11. DB登録

資料の保管

今後数年以内に京都府向日市（現、栽培植物起原学分野）に新設される予定の

「京都大学植物ゲノム研究施設（木原均－禹長春記念研究拠点）」に専用の保管場所を確保し、最終的な保管場所とする予定である。その完成まで、農学研究科植物遺伝学分野で保管する。

アーカイブ化WGメンバー

WG長：川浦香奈子(横浜市立大学)

松岡由浩(神戸大学)

那須田周平(京都大学)

太田敦士(京都大学)

寺内良平(京都大学)

元ナミ(京都大学文書館)（異動につき退任）

大田正次(元・福井県立大学生物資源学部)

新田みゆき(京都大学)



上段・下段左：電気が無い書庫での目録作りの様子。種子管理簿、交配履歴ほか貴重資料の一部。

下段右：木原ゆり子氏と京都大学大学院農学研究科との覚書締結（2025 年 12 月 2 日）。

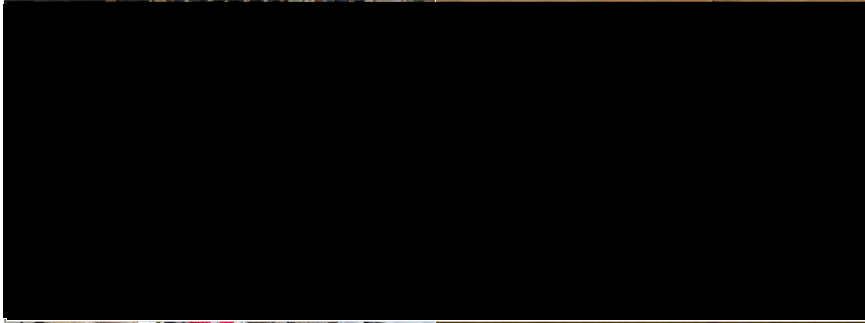
常脇恒一郎先生資料

2025 年 7 月 26 日 松岡（神戸大）、森（神戸大）、吉田（京大）で常脇先生宅訪問

2026 年 9 月に資料を常脇先生宅から京都大学へ移送する予定

資料保管場所 書棚（6 段、縦 200 cm x 横 170 cm）x 7、箱積みの資料、机の引き出し、棚

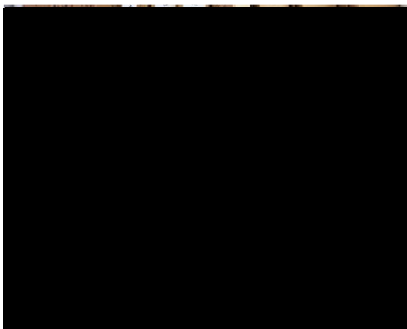
1. 播種ノート、交雑ノート



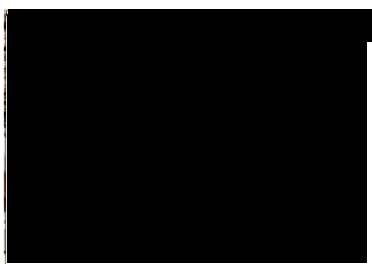
2. 種子稔性記録



3. 形質調査、細胞質置換系統形質調査



4. 学生の記録



2026 年 8 月

種子リソースの緯度経度情報の整備

1958 年に Kuckuck 博士がイランで収集したコムギ系統（KU-4201A～KU-4636B; 448 系統）のパスポートデータの整備を進めた。

現在の状況

- ・KOMUGI には、採集地点番号と思われる情報があるのみで、詳細な情報はない（図 1）。
- ・Kuckuck 博士から木原先生に送られたイラン学術探検の地図があり、採集地点が記載されている（図 2）。

系統 - 詳細

Strain	
Strain ID	KU-4424
Strain name	269
Availability	Available
NBRP Group name	バンコムギ
Taxonomy	
Genus	<i>Triticum</i>
Species	<i>aestivum</i> L.
Stock center	
Code	MOZUME
Name	京都大学農学研究科栽培植物起源学分野
Contact person	T. Kawahara
Strain Donor	
Locality	Collected in Iran by Dr. Kuckuck
Country	Iran
Person established collected	Kuckuck
Year established collected	1958
Remarks	

図 1 Kuckuck 博士がイランで収集したコムギ系統の例（KU-4424）。「Strain name」の項目に採集地点と思われる番号が記載されているのみで、詳細な地点情報はな



図 2 Kuckuck 博士から木原先生に送られたイラン学術探検の地図。採集地点に番号が振られている。

実施内容

- Google Map にプロットし、採集地点の緯度経度情報の取得を進めている（図3）。

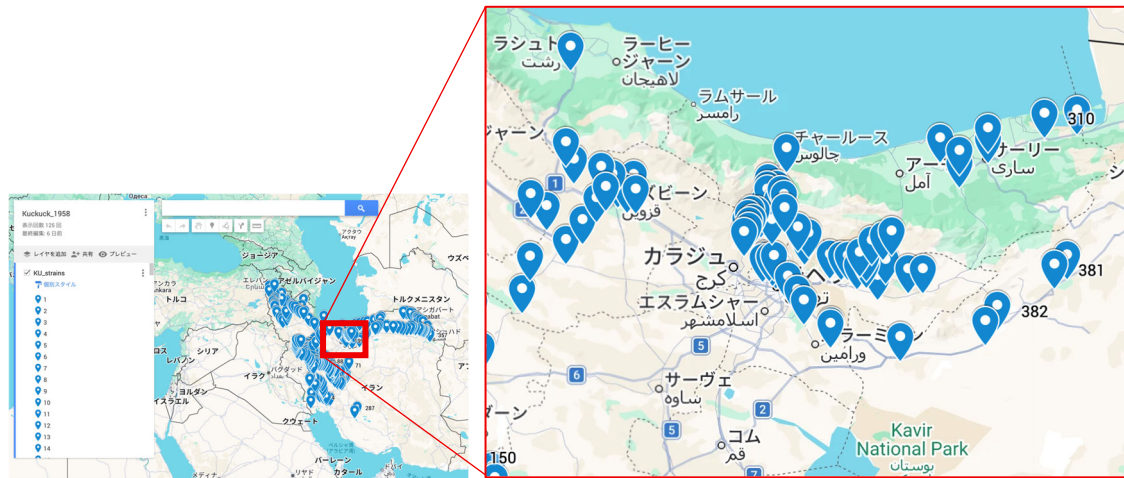


図3 Google Map へのプロット。

今後の予定

- プロットした地点を再確認しつつ、系統のリストに緯度経度情報を付与する。

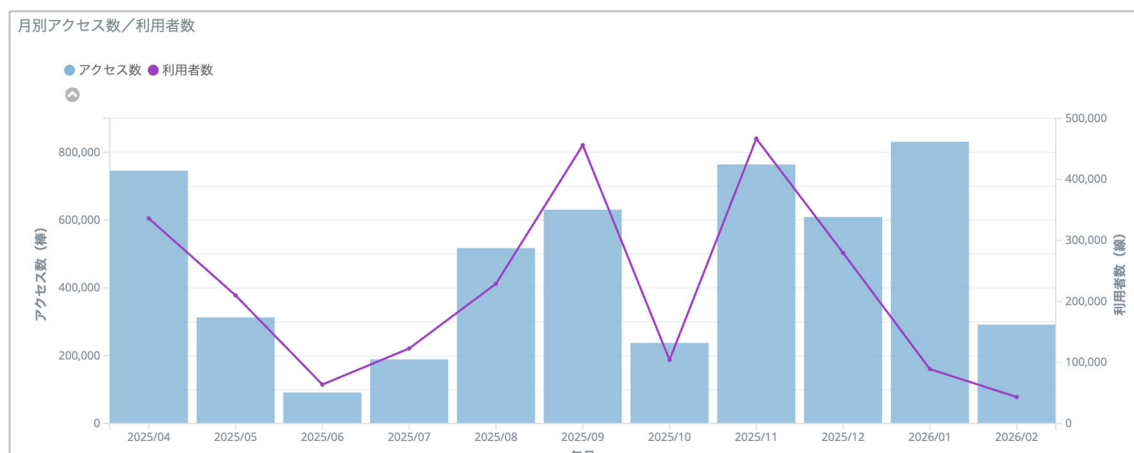
2026 年度 NBRP コムギ運営委員会 報告

NBRP 情報センター

国立遺伝学研究所・川本祥子

(1) KOMUGI アクセス数 報告

2025 年度



- 2025 年度は様々なリソースに対し大量のアクセスがあり、サーバーが応答不能になるなどの影響があった。IP アドレスが特定可能な場合はファイアウォールで遮断することもあるが、ほとんどはブロック不可能。2025 年は AI クローリングと思われるアクセスもありそう。
- 2026 年 1 月から利用可能なドメインについて海外からの迷惑アクセスに対し Cloudflare 社が提供するマネージドチャレンジを導入し効果をあげている
- マネージドチャレンジの導入には URL 変更が必要となる。

➤ <https://wheat.nbrp.jp>

(2) KOMUGI リニューアル

- R7 年度、情報センターサーバのクラウド化を実施した。
- リソース共通のデザインを適用して入れ替えを準備中

➤ テストサイト <https://rcshige4.nig.ac.jp/wheat/komugi/v5/>



- 今後の作業
 - 情報センターにて
 - ◇ クラウドサーバへのデプロイ
 - 中核機関、ワーキンググループにて
 - ◇ メニュー等の配置検討
 - ◇ 写真のご提供
 - ◇ バナーや、プロジェクトについてなどに使用する文章の作成

以上