

「オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究」

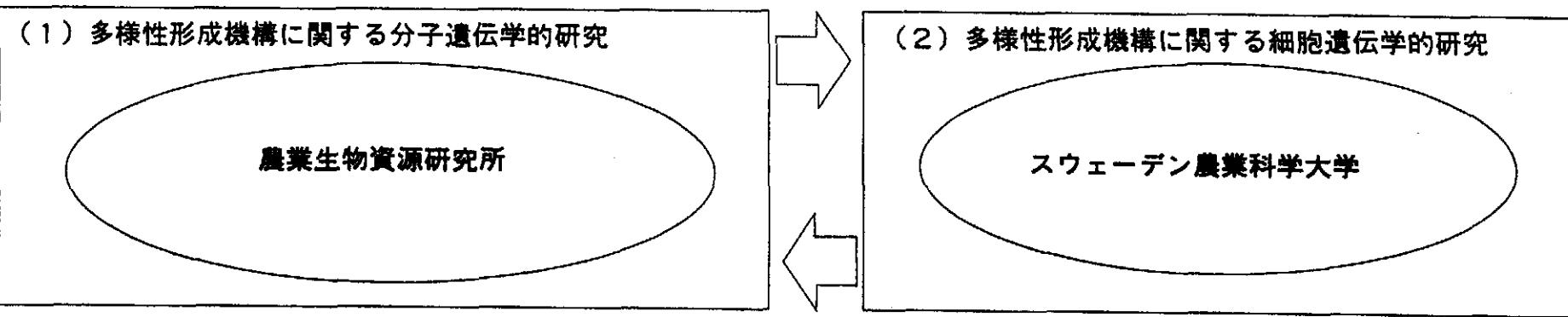
研究期間：平成12年度～平成13年度

研究代表者名：小松田 隆夫
(農業生物資源研究所) 他1機関

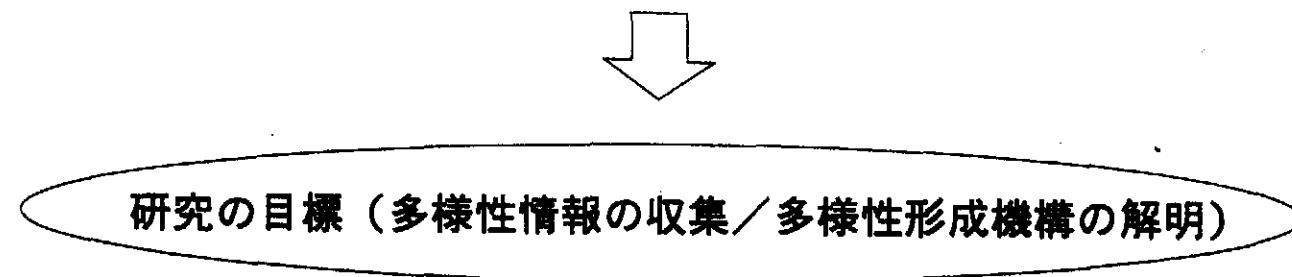
研究の概要・目標	諸外国等の現状	研究進展・成果がもたらす利点
<p>1. 何を目指しているのか</p> <p>1年後の目標：</p> <p>オオムギ属植物の多様性情報のさらなる収集、並びに分子・細胞遺伝学的に基づく遺伝系図と有用形質の統合</p> <p>2. 何を研究しているのか</p> <p>分子生物学的および細胞遺伝学的解析により、<u>オオムギ属植物の遺伝的多様性</u>の形成機構を解明するための研究を行っている。</p> <p>3. 何が新しいのか</p> <p>オオムギ進化上重要な形態形質に着目して解析を進めることは独創的である。このこれまでおこなってきたアプローチを主軸に、母性遺伝する細胞質や染色体高次構造の解析へと研究アプローチを広げ、従来明らかにされていない遺伝系図と有用形質を統合する点が新しい。</p>	<p>1. 現状</p> <p>オオムギ属植物の遺伝学や育種学はスウェーデンが、分類学や生態学はスウェーデンとデンマーク(協力関係)で活発である。特にスウェーデンにはオオムギの世界的コレクションがある。我が国は分子生物学研究が優れている。</p> <p>2. 我が国の水準</p> <p>これまでの制度の活用によるスウェーデンとの共同研究によって急速に発展し新分野を開拓しつつある。本課題は現時点では世界を一步リードして進んでおり、これら基盤成果をもとに、多様性形成機構の解明の集大成をめざし、世界先端研究を行うものである。</p> <p>それ以外の国でも類似の研究が実施されているが、概して断片的であり、研究のオリジナリティー、戦略、実験技術、研究成果等は本共同研究と比較できるものではない。国内に類似研究はない。</p>	<p>1. 世界の水準との関係</p> <p>これまでの共同研究による基盤成果をもとに、さらに材料を2倍体から4ないし6倍体まで広げ、手法も核ゲノム、細胞質ゲノム、染色体構造と様々な先端手法を用い、多様性形成機構の解明の集大成をめざし、世界先端研究を行う。</p> <p>2. 波及効果</p> <p>オオムギ属はムギ類の中で最も基本的・祖先的な形態形質を示し、ゲノム構成も基本的で、穀物の中で最も初期に栽培化された。従って、本研究で得られる知見は遺伝的多様地域の同定という基礎研究にとどまらず、遺伝的多様な地域期という特性に基づく効率的有用遺伝子(たとえば環境適応性、順応性など)の単離とその利活用に結びつくものである。</p>

「オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究」の研究体制

遺伝子解析データの提供、仮説の検証



野生種遺伝資源と染色体分析データの提供



平成13年度科学技術振興調整費課題「オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究」の実施体制及び所用経費

(千円)

研究項目	担当機関等	研究担当者	平成12年度 所用経費	平成13年度 所用経費
オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究	農林水産省 独立行政法人農業生物資源研究所(委託) スウェーデン農業科学大学	小松田 隆夫 門脇 光一 等 Oscar Diaz Christer Jansson Roland von Bothmer Bjoern Salomon	22,409	19,468

研究成果の概要<課題全体>

課題名（研究代表者）：オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究
(小松田 隆夫)

【研究成果の概要】

核ゲノムでは *H. marinum* の遺伝的分化と四倍体形成機構、*H. brachyantherum* の倍数性の進化、*H. murinum* の遺伝的分化と倍数体形成機構、および *Hordeum vulgare* の遺伝的分化と起源に関する解析で成果をあげた。特に *H. marinum* では精選されたスウェーデン側の実験材料を最新の日本側の手法で解析することにより、種内遺伝的分化と地理的分布との明瞭な関係を初めて明らかにし、さらにこれまで良くわかつていなかった四倍体の形成機構を明らかにすることことができた。またこの *H. marinum* は *H. brachyantherum* をはじめとする他の種の倍数性進化にも深く関わっていることを示す多くの証拠がえられた。これは、*H. marinum* が遺伝的分化機構とオオムギ属の倍数性進化機構の詳細な研究のための優れた研究材料であることを示すものである。

同じく核ゲノムでは *H. vulgare* (栽培種) の遺伝的分化と起源に関する研究をおこなった。六条オオムギの起源、小穂脱落性遺伝子、側列稔性遺伝子、細胞質雄性不稔に対する稔性回復遺伝子のマッピングをおこなった。特に六条オオムギの起源に関しては六条オオムギに2つの起源地があるという証拠がえられ、伝統的單一起源説論者との間で論議となつた。また栽培種に対して野生種の遺伝的多様性が極めて高いことを DNA 塩基配列データをもとに明らかにして、野生種の重要性を再認識した。

細胞質ゲノムではミトコンドリアゲノムの変異と系統解析、および葉緑体 DNA 塩基配列の変異と系統解析をおこない成果をあげた。特に葉緑体ゲノムの matK、atpB-rbcL、trnL-trnF の3領域の塩基配列を指標にオオムギ属の遺伝変異の解析と系統解析をおこなつた結果、*H. brachyantherum* 六倍体、*H. secalinum* 四倍体、*H. capense* 四倍体、そして *H. marinum* 自身の四倍体の葉緑体は *H. marinum* 二倍体と共通祖先を持つことが明らかになつた。したがつて、これらの倍数体形成に *H. marinum* が、おそらく母系として関わつたと考えられた。

細胞遺伝学的研究では、種間交雑とゲノム分析、および染色体染め分けによる解析をおこなつた。

H. brachyantherum の六倍体の起源を明らかにすることを目的に、種間交雫による複二倍体形成をおこない種子稔実率を調査すると共に、アイソザイム分析をおこなつた。その結果 *H. brachyantherum* 四倍体と *H. marinum* ssp. *gussoneanum* 二倍体が自然条件下で雑種を形成し、染色体倍加によって *H. brachyantherum* 六倍体が形成されたものと考えられた。

Hordeum 属の倍数性の染色体構成と祖先の解明を目的として、二つのリボゾーム DNA で染色体を蛍光標識して観察するフィジカルマッピングをおこなつた。その結果、従来の手法では検出することが出来なかつた中程度の大きさの 18S-25S rDNA や 5S rDNA を検出出来るようになり、二倍体のゲノム分化と各倍数体のゲノム構成から倍数体形成機構が明らかになつた。

研究成果公表等の状況<課題全体>

課題名（研究代表者）：オオムギ属植物の多様性形成機構解明に関する共同研究
 （小松田 隆夫）

【研究成果発表等】

	原著論文による発表	左記以外の誌上発表	口頭発表	合 計
国内	1 件	1 件	8 件	10 件
国外	9 (1) 件	2 件	13 件	24 (1) 件
合計	10 (1) 件	3 件	21 件	34 (1) 件

(注：投稿中の論文については括弧書きで記載)

【主要雑誌への研究成果発表】

Journal	Impact Factor	サブテーマ 1	サブテーマ 2	サブテーマ 3	合計
Genet Resour Crop Evol	0.6	2			1.2
Plant Syst Evol	1.4	2			2.8
Theor Appl Genet	2.4	3			7.2
Genome	1.6	2			3.2
Heredity	2.0		1		2.0
主要雑誌小計		9	1		16.4
発表論文合計		10	1		