

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金  
成果報告書

**I. 基本情報**

事業名： (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト  
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名： (日本語) 高度の情報と信頼性を具備したコムギ遺伝資源の整備  
(英語) Maintenance of wheat genetic resources with high information content  
and reliability

補助事業担当者 (日本語) 国立大学法人 京都大学大学院農学研究科・准教授・那須田 周平  
所属 役職 氏名： (英語) Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Associate Professor,  
Shuhei Nasuda

実施期間： 平成 28 年 4 月 1 日 ～ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究 (日本語) 高度の情報と信頼性を具備したコムギ遺伝資源の整備 (高度の利用に応え  
るコムギ遺伝資源の整備)

分担課題名： (英語) Maintenance of wheat genetic resources with high information content  
and reliability (Maintenance of wheat genetic resources for advanced  
studies)

補助事業分担者 (日本語) 公立大学法人 横浜市立大学 木原生物学研究所・准教授・川浦 香奈子  
所属 役職 氏名： (英語) Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University,  
Associate Professor, Kanako Kawaura

**II. 成果の概要 (総括成果報告)**

和文

高度の情報と信頼性を具備したコムギ遺伝資源の整備という目標の達成に向けて、(1) 高い信頼性を具備したコムギリソースの収集・保存・配布、(2) NBRP・コムギリソースのコアコレクション選定と系統の高付加価値化、(3) プロジェクトの総合的推進の全般を中核機関として行った。ただし、DNA リソースの収集・保存・提供、種子リソースの一部の増殖、バックアップの保存は、分担機関である公立大学法人 横浜市立大学が行った。

高い信頼性を具備したコムギリソースの収集・保存・配布：第 2 期までのナショナルバイオリソースプロジェクトで収集・保存してきたコムギの野生種・在来系統および実験系統・DNA

リソースの保存と配布を継続した。既存の種子系統リソースを毎年 1000 系統更新した。種子リソースは国内外の研究者に毎年予定の 1000 系統を上回る系統数を配布した。第 3 期 NBRP・コムギで特に力を注いだ事業として種子リソースの一元管理化の作業を行い、在庫・出庫管理のデータベースにデータを格納した。第 2 期までは、NBRP・コムギの統一台帳が存在しなかったが、一元管理化したことで、種子リソースの全体像を在庫種子数まで把握することが可能になった。この作業過程で、複数回の定期的更新で在庫種子数が多い系統、反対に増殖の困難さゆえに在庫種子数の少ない系統を検索することが可能になった。第 4 期からは、在庫数を反映した種子更新作業システムに移行する。一元化管理の過程で、全種子系統について配布用コレクションと保存用（バックアップ用）コレクションの 2 セットのコレクションの作成を完了した。海外のジーンバンクから導入した系統について、NBRP 系統に組み込む作業を行った。異数体等の DNA マーカーによる品質管理を開始した。標準品種である Chinese Spring の異数体は各染色体に特異的な SSR マーカーでの選抜が有効であることを確認した。次世代シーケンサー技術をつかったジェノタイピング法（RADseq 法）の異数体品質管理における有用性を検証中である。コムギリソースの寄託を受けるための中核機関内の制度設計を完了した。

NBRP・コムギリソースのコアコレクション選定と系統の高付加価値化：NBRP・コムギ所蔵のコムギの倍数体系列について、コアコレクションを作成した（6 倍体コムギ 1 コレクション、4 倍体コムギ 2 コレクション、2 倍体コムギ 2 コレクション）。6 倍体コムギのコアコレクション各系統と 4 倍体コムギ AABB 種コアコレクションの各系統はそれぞれ標準系統との間の F<sub>2</sub> 集団を作成した。コアコレクション系統について、表現型情報（アントシアンの有無、出穂日、開花日、ワックスの多寡、穎毛、穂長、芒の有無）とジェノタイプ情報を付加した。

プロジェクトの総合的推進：京都大学大学院農学研究科応用生物科学専攻植物遺伝学分野内に NBRP・コムギ事務局を設置・運営し、プロジェクトの総合的推進のための業務を行った。具体的には、リソース配布業務、スタッフの雇用関係事務、運営委員会開催事務、講習会の開催業務、広報活動支援などを行った。

## 英文

For the third term of National BioResource Project (NBRP)-Wheat, we set our goal to maintain and distribute wheat genetic resources with high information content and liability. To achieve this objective, we conducted (1) to collect, preserve, propagate and distribute highly reliable genetic resources; (2) to establish core-collections of wheat at three ploidy levels, each of the core-collections are genotyped and phenotyped; and (3) to organize the office of NBRP-Wheat to secure proper progress of the project overall. Staffs at the Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University generously took the following parts of project, namely collection, preservation and distribution of DNA clones, propagation of part of seed resources, and secure backup of the seed resources.

We continued distribution of highly reliable seed resources worldwide, which is a heritage of the NBRP-Wheat from the first term. As initially planned at the beginning of the third term, we could deliver more than 1000 strains to wheat researchers. Most of the recipients were researchers in universities and/or breeders. We have propagated seeds of at least 1000 strains per year for five years of the third term. As a result, we could renew about 42 percent of our stock seeds.

We devoted significant amount of efforts to establish a unified database of our seed resources. Until the second term of NBRP-Wheat, we kept books of records at three laboratories involving the project

separately. This made us difficult, and sometimes confused, to understand the whole body of our seed resources. The records are stored now in a unified format in the database through manually checking the packages of seeds one by one. This was a tremendous work and I would like to express my deepest appreciation to the staff members who established the system and went through this difficult task. Now we can search for the accessions that are short in storage in the database. In the upcoming forth term we will utilize the system to minimize our effort to propagate the materials by focusing on the accessions that are not sufficient in stocks. The lucky byproduct of the unified storage system is that we could eventually establish a whole duplication of stocks because we took small amount of seed from each accession for distribution. The mother stocks will be good backup stocks of our seed resources.

We started to examine the aneuploid stocks by DNA markers. From our trials, we reached to a conclusion that chromosome number counting in combination with DNA marker test is sufficiently substitute chromosome banding and/or FISH identification of chromosome constitution of aneuploids. This system will be applied in the forth term. We also tested the genotyping by sequencing (RADseq) in a next generation sequencer platform. However, it is still early to stably detect numerical changes in chromosome numbers in wheat whose genome size is huge.

To acquire high information content to our seed resources, we selected core-collections for diploid, tetraploid and hexaploid wheat. Diploid wheat core-collections are consisted of two independent core-collections that represent A<sup>u</sup> and A<sup>m</sup> genome. Tetraploids are of AABB and AAGG species separately. Thus, the NBRP-Wheat core-collections consist of one hexa-, two tetra- and two di-ploid collections. The accessions in core-collections are genotyped by the genome-wide marker systems and phenotyped for some agronomic characters. The accessions in hexaploid and AABB core-collections are further crossed with standard cultivars to establish F<sub>2</sub> segregation populations.

The third term of NBRP-Wheat could not have been properly progressed if we have not had the NBRP-Wheat office in the Laboratory of Plant Genetics, Graduate School of Agriculture, Kyoto University. The office took care of paper works associated with the projects, prepared for the meeting of steering committee and other necessary works to ensure proper progress of the project.

### III. 成果の外部への発表

#### (1) 学会誌・雑誌等における論文一覧（国内誌 0 件、国際誌 30 件）

1. Matsuda R, Iehisa JCM, Sakaguchi K, Ohno R, Yoshida K, Takumi S. Global gene expression profiling related to temperature-sensitive growth abnormalities in interspecific crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. PLoS ONE. 2017, 12, e0176497.
2. Yoshioka M, Iehisa JCM, Ohno R, Kimura T, Enoki H, Nishimura S, Nasuda S, Takumi S. Three dominant awnless genes in common wheat: Fine mapping, interaction and contribution to diversity in awn shape and length. PLoS ONE. 2017, 12, e0176148.
3. Balcárková B, Frenkel Z, Škopová M, Abrouk M, Kumar A, Chao S, Kianian SF, Akhunov E, Korol AB, Doležel J, Valárik M. A high resolution radiation hybrid map of wheat chromosome 4A. Frontiers in Plant Science. 2017, 7, 2063.
4. Saisho D, Takumi S, Matsuoka Y. Salt tolerance during germination and seedling growth of wild wheat *Aegilops tauschii* and its impact on the species range expansion. Scientific Reports. 2016, 6, 38554.
5. Danilova TV, Zhang G, Liu W, Friebe B, Gill BS. Homoeologous recombination-based transfer and molecular cytogenetic mapping of a wheat streak mosaic virus and Triticum mosaic virus resistance

- gene *Wsm3* from *Thinopyrum intermedium* to wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 2016, 130, 549-556.
6. Mizuno N, Kinoshita M, Kinoshita S, Nishida H, Fujita M, Kato K, Murai K, Nasuda S. Loss-of-function mutations in three homoeologous *PHYTOCLOCK 1* genes in common wheat are associated with the extra-early flowering phenotype. *PLoS ONE*. 2016, 11, e0165618.
  7. Garg M, Tsujimoto H, Gupta RK, Kumar A, Kaur N, Kumar R, Chunduri V, Sharma NK, Chawla M, Sharma S, Mundey JK. Chromosome specific substitution lines of *Aegilops geniculata* alter parameters of bread making quality of wheat. *PLoS ONE*. 2016, 11, e0162350.
  8. Kohno K, Takahashi H, Endo TR, Matsuo H, Shiwaku K, Morita E. Characterization of a hypoallergenic wheat line lacking  $\omega$ -5 gliadin. *Allergology International*. 2016, 65, 400-405.
  9. Liu W, Koo DH, Friebe B, Gill BS. A set of *Triticum aestivum*-*Aegilops speltoides* Robertsonian translocation lines. *Theoretical and Applied Genetics*. 2016, 129, 2359-2368.
  10. Yokota H, Iehisa JCM, Nishijima R, Nitta M, Takenaka S, Nasuda S, Takumi S. Variation in abscisic acid responsiveness at the early seedling stage is related to line differences in seed dormancy and in expression of genes involved in abscisic acid responses in common wheat. *Journal of Cereal Science*. 2016, 71, 167-176.
  11. Gorafi YS, Eltayeb AE, Tsujimoto H. Alteration of wheat vernalization requirement by alien chromosome-mediated transposition of MITE. *Breeding Science*. 2016, 66, 181-190.
  12. Aliyeva-Schnorr L, Stein N, Houben A. Collinearity of homoeologous group 3 chromosomes in the genus *Hordeum* and *Secale cereale* as revealed by 3H-derived FISH analysis. *Chromosome Research*. 2016, 2, 231-242.
  13. Tiwari VK, Wang S, Danilova T, Koo DH, Vrána J, Kubaláková M, Hribova E, Rawat N, Kalia B, Singh N, Friebe B, Doležel J, Akhunov E, Poland J, Sabir JS, Gill BS. Exploring the tertiary gene pool of bread wheat: sequence assembly and analysis of chromosome 5M(g) of *Aegilops geniculata*. *Plant Journal*. 2015, 84, 733-746.
  14. Li J, Gyawali YP, Zhou R, Stein N, Nasuda S, Endo TR. Comparative study of the structure of chromosome 1R derived from *Secale montanum* and *Secale cereale*. *Plant Breeding*. 2015, 134, 675-683.
  15. Matsuoka Y, Takumi S, Kawahara T. Intraspecific lineage divergence and its association with reproductive trait change during species range expansion in central Eurasian wild wheat *Aegilops tauschii* Coss. (Poaceae). *BMC Evolutionary Biology*. 2015, 15, 213.
  16. Koo DH, Sehgal SK, Friebe B, Gill BS. Structure and stability of telocentric chromosomes in wheat. *PLoS ONE*. 2015, 10, e0137747.
  17. Nguyen AT, Nishijima R, Kajimura T, Murai K, Takumi S. Quantitative trait locus analysis for flowering-related traits using two F<sub>2</sub> populations derived from crosses between Japanese common wheat cultivars and synthetic hexaploids. *Genes and Genetic Systems*. 2015, 90, 89-98.
  18. Naranjo T. Forcing the shift of the crossover site to proximal regions in wheat chromosomes. *Theoretical and Applied Genetics*. 2015, 128, 1855-1863.
  19. Kobayashi F, Wu J, Kanamori H, Tanaka T, Katagiri S, Karasawa W, Kaneko S, Watanabe S, Sakaguchi T, Hanawa Y, Fujisawa H, Kurita K, Abe C, Iehisa JC, Ohno R, Šafář J, Šimková H, Mukai Y, Hamada M, Saito M, Ishikawa G, Katayose Y, Endo TR, Takumi S, Nakamura T, Sato K, Ogihara Y, Hayakawa K, Doležel J, Nasuda S, Matsumoto T, Handa H. A high-resolution physical map integrating an

- anchored chromosome with the BAC physical maps of wheat chromosome 6B. *BMC Genomics*. 2015, 16, 595.
20. Suzuki T, Murai MN, Hayashi T, Nasuda S, Yoshimura Y, Komatsuda T. Resistance to wheat yellow mosaic virus in Madsen wheat is controlled by two major complementary QTLs. *Theoretical and Applied Genetics*. 2015, 128, 1569-1578.
  21. Tagle AG, Chuma I, Tosa Y. Rmg7, a new gene for resistance to Triticum isolates of *Pyricularia oryzae* identified in tetraploid wheat. *Phytopathology*. 2015, 105, 495-499.
  22. Manickavelu A, Jighly A, Ban T. Molecular evaluation of orphan Afghan common wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces collected by Dr. Kihara using single nucleotide polymorphic markers. *BMC Plant Biology*. 2014, 14, 320.
  23. Gornicki P, Zhu H, Wang J, Challa GS, Zhang Z, Gill BS, Li W. The chloroplast view of the evolution of polyploid wheat. *New Phytologist*. 2014, 204, 704-714.
  24. Katkout M, Kishii M, Kawaura K, Mishina K, Sakuma S, Umeda K, Takumi S, Nitta M, Nasuda S, Ogihara Y. QTL analysis of genetic loci affecting domestication-related spike characters in common wheat. *Genes and Genetic Systems*. 2014, 89, 121-131.
  25. Tanaka T, Kobayashi F, Joshi GP, Onuki R, Sakai H, Kanamori H, Wu J, Simkova H, Nasuda S, Endo TR, Hayakawa K, Doležel J, Ogihara Y, Itoh T, Matsumoto T, Handa H. Next-generation survey sequencing and the molecular organization of wheat chromosome 6B. *DNA Research*. 2014, 21, 103-114.
  26. Nishiura A, Kazama Y, Abe T, Mizuno N, Nasuda S, Murai K. Level of *VERNALIZATION 1* expression is correlated with earliness in extra early-flowering mutant wheat lines. *Breeding Science*. 2014, 64, 213-221.
  27. International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC). A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science*. 2014, 345, 1251788.
  28. Garg M, Kumar R, Singh RP, Tsujimoto H. Development of an *Aegilops longissima* substitution line with improved bread-making quality. *Journal of Cereal Science*. 2014, 60, 389-396.
  29. Iehisa JC, Matsuura T, Mori IC, Yokota H, Kobayashi F, Takumi S. Identification of quantitative trait loci for abscisic acid responsiveness in the D-genome of hexaploid wheat. *Journal of Plant Physiology*. 2014, 171, 830-841.
  30. Ishihara A, Mizuno N, Islam RA, Doležel J, Endo TR, Nasuda S. Dissection of barley chromosomes 1H and 6H by the gametocidal system. *Genes and Genetic Systems*. 2014, 89, 203-214.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Conservation and utilization of genetic resources of wheat: Application in studies on plant-microbe interactions, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Kishii M, Kikuchi R, Ban T, Ogihara Y, Tosa Y, XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 京都市, 2012/7/31-8/2, 国内 (国際学会)
2. Wheat cytogenic stocks in genomics era: Establishment of a large collection of deletion stocks, 口頭, Nasuda S, 日本遺伝学会 第 84 回大会, 福岡市, 2012/9/26, 国内
3. 日本のコムギ遺伝資源コレクションにおける赤かび病抵抗性の評価, ポスター, 丹羽紗也佳, 菊地理絵, 久保堅司, ルイス=ジャネット, 新田みゆき, 那須田周平, 半田裕一, 坂智広, 日本育種学会 第 122 回講演会, 京都市, 2012/9/26, 国内

4. NBRP「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備したコムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 岸井正浩, 坂智広, 新田みゆき, 河原太八, 荻原保成, 遠藤隆, 那須田周平, 第35回日本分子生物学会年会 ポスター・展示会場 NBRP 展示, 福岡市, 2012/12/11-14, 国内
5. National BioResource Project-Wheat, Japan: An ex situ conservation of genetic diversity of wheat, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Kishii M, Ban T, Ogihara Y, Plant and Animal Genomes XXI, 米国 San Diego 市, 2013/1/11-16, 国外
6. More deletions for wheat chromosome 6B, 口頭, Nasuda S, WGRC Alumni Symposium, 米国 Manhattan 市, 2013/7/19, 国外
7. The core-collection of hexaploid wheat accessions conserved by the National BioResource Project-Wheat, Japan, 口頭, Nasuda S, Takenaka S, Nitta M, Kawahara T, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/10, 国内 (国際学会)
8. The core-collection of hexaploid wheat accessions conserved by the National BioResource Project-Wheat, Japan, 口頭, Nasuda S, Takenaka S, Nitta M, Kawahara T, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/10, 国内 (国際学会)
9. What can you find in NBRP-Wheat? The Japanese stock center for wheat genetic resources, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Takenaka S, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Isshiki M, Ban T, Ogihara Y, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/9-13, 国内 (国際学会)
10. NBRP・コムギ 6 倍性コムギコアコレクションの集団構造とアソシエーション解析, 口頭, 竹中祥太郎, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 124 回講演会, 鹿児島市, 2013/10/12, 国内
11. What can you find in NBRP-Wheat? The Japanese stock center for wheat genetic resources, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Takenaka S, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Isshiki M, Ban T, Ogihara Y, 18<sup>th</sup> International Congress on Nitrogen Fixation, 宮崎市, 2013/10/14, 国内 (国際学会)
12. An 80 year history of conservation of wheat genetics resources at Kyoto University, Japan, 口頭, Nasuda S, The 5<sup>th</sup> ANRRC International Meeting, 葉山市, 2013/10/31, 国内 (国際学会)
13. NBRP「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備した倍数性のモデル植物-コムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 佐久間俊, 新田みゆき, 竹中祥太郎, 河原太八, 一色正之, 坂智広, 荻原保成, 那須田周平, 第 36 回日本分子生物学会年会 特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 神戸市, 2013/12/3-5, 国内
14. コアコレクション選抜のための NBRP・コムギ 4 倍性コムギ全系統の集団構造解析, 口頭, 竹中祥太郎, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 125 回講演会, 仙台市, 2014/3/21, 国内
15. 6 倍性コムギの粒形に関する遺伝的解析, 口頭, 吉岡資洋, 水野信之, 竹中祥太郎, 新田みゆき, 李建建, 那須田周平, 日本育種学会 第 126 回講演会, 都城市, 2014/9/27, 国内
16. NBRP「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備した倍数性のモデル植物-コムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 一色正之, 新田みゆき, 河原太八, 坂智広, 荻原保成, 遠藤隆, 那須田周平, 第37回日本分子生物学会年会 特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 横浜市, 2014/11/25-27, 国内
17. コアコレクション選抜のための NBRP・コムギ2倍性コムギ全系統の集団構造解析, 口頭, 竹中祥太郎, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第127回講演会, 町田市, 2015/3/22, 国内

18. コアコレクション系統を中心とした在来・野生コムギの遺伝的・表現型多様性, 口頭, 竹中祥太朗, 2015 年 鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会, 鳥取市, 2015/9/1, 国内
19. 配偶子致死因子の解析, 口頭, 那須田周平, 2015 年 鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会, 鳥取市, 2015/9/1, 国内
20. 4 倍性コムギの A ゲノムと *Triticum urartu* 内に見つかった 2 つの系統群の遺伝的關係, 口頭, 竹中祥太朗, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 128 回講演会, 新潟市, 2015/9/11, 国内
21. コムギ倍数性シリーズ (AA, AABB, AABBDD) のコアコレクションの作成と利用, 口頭, 那須田周平, 日本育種学会 第 128 回講演会, 新潟市, 2015/9/11, 国内
22. コムギ研究新時代: ゲノム概要配列決定とバイオリソース, ポスター, 那須田周平, 新田みゆき, 竹中祥太朗, 河原太八, 川浦香奈子, 佐久間俊, 一色正之, 坂智広, 荻原保成, 第 38 回日本分子生物学会年会特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 神戸市, 2015/12/1-3, 国内
23. 第 3 期 NBRP コムギの概要とリソースの利活用, 口頭, 那須田周平, 第 10 回ムギ類研究会, 伊勢市, 2015/12/11, 国内
24. コムギ種子リソースの一元管理システムと表現型調査システム, 口頭, 新田みゆき, NBRP・コムギ DNA マーカー作業部会会議, 伊勢市, 2015/12/12, 国内
25. Wheat genetic resources representing a ninety years history of wheat research at Kyoto University, 口頭, Nasuda S., The 8<sup>th</sup> ANRRC International Meeting, 京都市, 2013/9/21, 国内 (国際学会)
26. NBRP 「コムギ」:コムギ研究新時代のバイオリソース, ポスター, 那須田周平, 新田みゆき, 竹中祥太朗, 太田敦士, 安井康夫, 寺内良平, 川浦香奈子, 坂智広, 第 39 回日本分子生物学会年会特別企画 「NBRP 実物付きパネル展示」, 横浜市, 2016/11/30-12/2, 国内

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

該当なし

(4) 特許出願

該当なし

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金  
成果報告書

**I. 基本情報**

事業名： (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト  
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名： (日本語) 高度の情報と信頼性を具備したコムギ遺伝資源の整備  
(英語) Maintenance of wheat genetic resources with high information content  
and reliability

補助事業担当者 (日本語) 国立大学法人 京都大学大学院農学研究科・准教授・那須田 周平  
所属 役職 氏名： (英語) Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Associate Professor,  
Shuhei Nasuda

実施期間： 平成 28 年 4 月 1 日 ～ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究 (日本語) 高度の情報と信頼性を具備したコムギ遺伝資源の整備 (高度の利用に応え  
るコムギ遺伝資源の整備)

分担課題名： (英語) Maintenance of wheat genetic resources with high information content  
and reliability (Maintenance of wheat genetic resources for advanced  
studies)

補助事業分担者 (日本語) 公立大学法人 横浜市立大学 木原生物学研究所・准教授・川浦 香奈子  
所属 役職 氏名： (英語) Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University,  
Associate Professor, Kanako Kawaura

**II. 成果の概要 (総括成果報告)**

補助事業代表者： 国立大学法人 京都大学・農学研究科・那須田周平 総括成果報告を参照。



#### IV. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧（国内誌 0 件、国際誌 30 件）

1. Matsuda R, Iehisa JCM, Sakaguchi K, Ohno R, Yoshida K, Takumi S. Global gene expression profiling related to temperature-sensitive growth abnormalities in interspecific crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii*. PLoS ONE. 2017, 12, e0176497.
2. Yoshioka M, Iehisa JCM, Ohno R, Kimura T, Enoki H, Nishimura S, Nasuda S, Takumi S. Three dominant awnless genes in common wheat: Fine mapping, interaction and contribution to diversity in awn shape and length. PLoS ONE. 2017, 12, e0176148.
3. Balcárková B, Frenkel Z, Škopová M, Abrouk M, Kumar A, Chao S, Kianian SF, Akhunov E, Korol AB, Doležel J, Valárik M. A high resolution radiation hybrid map of wheat chromosome 4A. Frontiers in Plant Science. 2017, 7, 2063.
4. Saisho D, Takumi S, Matsuoka Y. Salt tolerance during germination and seedling growth of wild wheat *Aegilops tauschii* and its impact on the species range expansion. Scientific Reports. 2016, 6, 38554.
5. Danilova TV, Zhang G, Liu W, Friebe B, Gill BS. Homoeologous recombination-based transfer and molecular cytogenetic mapping of a wheat streak mosaic virus and Triticum mosaic virus resistance gene *Wsm3* from *Thinopyrum intermedium* to wheat. Theoretical and Applied Genetics. 2016, 130, 549-556.
6. Mizuno N, Kinoshita M, Kinoshita S, Nishida H, Fujita M, Kato K, Murai K, Nasuda S. Loss-of-function mutations in three homoeologous *PHYTOCLOCK 1* genes in common wheat are associated with the extra-early flowering phenotype. PLoS ONE. 2016, 11, e0165618.
7. Garg M, Tsujimoto H, Gupta RK, Kumar A, Kaur N, Kumar R, Chunduri V, Sharma NK, Chawla M, Sharma S, Munday JK. Chromosome specific substitution lines of *Aegilops geniculata* alter parameters of bread making quality of wheat. PLoS ONE. 2016, 11, e0162350.
8. Kohno K, Takahashi H, Endo TR, Matsuo H, Shiwaku K, Morita E. Characterization of a hypoallergenic wheat line lacking  $\omega$ -5 gliadin. Allergology International. 2016, 65, 400-405.
9. Liu W, Koo DH, Friebe B, Gill BS. A set of *Triticum aestivum*-*Aegilops speltoides* Robertsonian translocation lines. Theoretical and Applied Genetics. 2016, 129, 2359-2368.
10. Yokota H, Iehisa JCM, Nishijima R, Nitta M, Takenaka S, Nasuda S, Takumi S. Variation in abscisic acid responsiveness at the early seedling stage is related to line differences in seed dormancy and in expression of genes involved in abscisic acid responses in common wheat. Journal of Cereal Science. 2016, 71, 167-176.
11. Gorafi YS, Eltayeb AE, Tsujimoto H. Alteration of wheat vernalization requirement by alien chromosome-mediated transposition of MITE. Breeding Science. 2016, 66, 181-190.
12. Aliyeva-Schnorr L, Stein N, Houben A. Collinearity of homoeologous group 3 chromosomes in the genus *Hordeum* and *Secale cereale* as revealed by 3H-derived FISH analysis. Chromosome Research. 2016, 2, 231-242.
13. Tiwari VK, Wang S, Danilova T, Koo DH, Vrána J, Kubaláková M, Hribova E, Rawat N, Kalia B, Singh N, Friebe B, Doležel J, Akhunov E, Poland J, Sabir JS, Gill BS. Exploring the tertiary gene pool of bread wheat: sequence assembly and analysis of chromosome 5M(g) of *Aegilops geniculata*. Plant Journal. 2015, 84, 733-746.
14. Li J, Gyawali YP, Zhou R, Stein N, Nasuda S, Endo TR. Comparative study of the structure of chromosome 1R derived from *Secale montanum* and *Secale cereale*. Plant Breeding. 2015, 134,

675-683.

15. Matsuoka Y, Takumi S, Kawahara T. Intraspecific lineage divergence and its association with reproductive trait change during species range expansion in central Eurasian wild wheat *Aegilops tauschii* Coss. (Poaceae). *BMC Evolutionary Biology*. 2015, 15, 213.
16. Koo DH, Sehgal SK, Friebe B, Gill BS. Structure and stability of telocentric chromosomes in wheat. *PLoS ONE*. 2015, 10, e0137747.
17. Nguyen AT, Nishijima R, Kajimura T, Murai K, Takumi S. Quantitative trait locus analysis for flowering-related traits using two F<sub>2</sub> populations derived from crosses between Japanese common wheat cultivars and synthetic hexaploids. *Genes and Genetic Systems*. 2015, 90, 89-98.
18. Naranjo T. Forcing the shift of the crossover site to proximal regions in wheat chromosomes. *Theoretical and Applied Genetics*. 2015, 128, 1855-1863.
19. Kobayashi F, Wu J, Kanamori H, Tanaka T, Katagiri S, Karasawa W, Kaneko S, Watanabe S, Sakaguchi T, Hanawa Y, Fujisawa H, Kurita K, Abe C, Iehisa JC, Ohno R, Šafář J, Šimková H, Mukai Y, Hamada M, Saito M, Ishikawa G, Katayose Y, Endo TR, Takumi S, Nakamura T, Sato K, Ogihara Y, Hayakawa K, Doležel J, Nasuda S, Matsumoto T, Handa H. A high-resolution physical map integrating an anchored chromosome with the BAC physical maps of wheat chromosome 6B. *BMC Genomics*. 2015, 16, 595.
20. Suzuki T, Murai MN, Hayashi T, Nasuda S, Yoshimura Y, Komatsuda T. Resistance to wheat yellow mosaic virus in Madsen wheat is controlled by two major complementary QTLs. *Theoretical and Applied Genetics*. 2015, 128, 1569-1578.
21. Tagle AG, Chuma I, Tosa Y. Rmg7, a new gene for resistance to Triticum isolates of *Pyricularia oryzae* identified in tetraploid wheat. *Phytopathology*. 2015, 105, 495-499.
22. Manickavelu A, Jighly A, Ban T. Molecular evaluation of orphan Afghan common wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces collected by Dr. Kihara using single nucleotide polymorphic markers. *BMC Plant Biology*. 2014, 14, 320.
23. Gornicki P, Zhu H, Wang J, Challa GS, Zhang Z, Gill BS, Li W. The chloroplast view of the evolution of polyploid wheat. *New Phytologist*. 2014, 204, 704-714.
24. Katkout M, Kishii M, Kawaura K, Mishina K, Sakuma S, Umeda K, Takumi S, Nitta M, Nasuda S, Ogihara Y. QTL analysis of genetic loci affecting domestication-related spike characters in common wheat. *Genes and Genetic Systems*. 2014, 89, 121-131.
25. Tanaka T, Kobayashi F, Joshi GP, Onuki R, Sakai H, Kanamori H, Wu J, Simkova H, Nasuda S, Endo TR, Hayakawa K, Doležel J, Ogihara Y, Itoh T, Matsumoto T, Handa H. Next-generation survey sequencing and the molecular organization of wheat chromosome 6B. *DNA Research*. 2014, 21, 103-114.
26. Nishiura A, Kazama Y, Abe T, Mizuno N, Nasuda S, Murai K. Level of *VERNALIZATION 1* expression is correlated with earliness in extra early-flowering mutant wheat lines. *Breeding Science*. 2014, 64, 213-221.
27. International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC). A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science*. 2014, 345, 1251788.
28. Garg M, Kumar R, Singh RP, Tsujimoto H. Development of an *Aegilops longissima* substitution line with improved bread-making quality. *Journal of Cereal Science*. 2014, 60, 389-396.
29. Iehisa JC, Matsuura T, Mori IC, Yokota H, Kobayashi F, Takumi S. Identification of quantitative trait

- loci for abscisic acid responsiveness in the D-genome of hexaploid wheat. *Journal of Plant Physiology*. 2014, 171, 830-841.
30. Ishihara A, Mizuno N, Islam RA, Doležel J, Endo TR, Nasuda S. Dissection of barley chromosomes 1H and 6H by the gametocidal system. *Genes and Genetic Systems*. 2014, 89, 203-214.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Conservation and utilization of genetic resources of wheat: Application in studies on plant-microbe interactions, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Kishii M, Kikuchi R, Ban T, Ogihara Y, Tosa Y, XV International Congress on Molecular Plant-Microbe Interactions, 京都市, 2012/7/31-8/2, 国内 (国際学会)
2. Wheat cytogenetic stocks in genomics era: Establishment of a large collection of deletion stocks, 口頭, Nasuda S, 日本遺伝学会 第 84 回大会, 福岡市, 2012/9/26, 国内
3. 日本のコムギ遺伝資源コレクションにおける赤かび病抵抗性の評価, ポスター, 丹羽紗也佳, 菊地理絵, 久保堅司, ルイス=ジャネット, 新田みゆき, 那須田周平, 半田裕一, 坂智広, 日本育種学会 第 122 回講演会, 京都市, 2012/9/26, 国内
4. NBRP「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備したコムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 岸井正浩, 坂智広, 新田みゆき, 河原太八, 荻原保成, 遠藤隆, 那須田周平, 第 35 回日本分子生物学会年会 ポスター・展示会場 NBRP 展示, 福岡市, 2012/12/11-14, 国内
5. National BioResource Project-Wheat, Japan: An ex situ conservation of genetic diversity of wheat, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Kishii M, Ban T, Ogihara Y, *Plant and Animal Genomes XXI*, 米国 San Diego 市, 2013/1/11-16, 国外
6. More deletions for wheat chromosome 6B, 口頭, Nasuda S, WGRC Alumni Symposium, 米国 Manhattan 市, 2013/7/19, 国外
7. The core-collection of hexaploid wheat accessions conserved by the National BioResource Project-Wheat, Japan, 口頭, Nasuda S, Takenaka S, Nitta M, Kawahara T, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/10, 国内 (国際学会)
8. The core-collection of hexaploid wheat accessions conserved by the National BioResource Project-Wheat, Japan, 口頭, Nasuda S, Takenaka S, Nitta M, Kawahara T, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/10, 国内 (国際学会)
9. What can you find in NBRP-Wheat? The Japanese stock center for wheat genetic resources, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Takenaka S, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Isshiki M, Ban T, Ogihara Y, 12<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium, 横浜市, 2013/9/9-13, 国内 (国際学会)
10. NBRP・コムギ 6 倍性コムギコアコレクションの集団構造とアソシエーション解析, 口頭, 竹中祥太郎, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 124 回講演会, 鹿児島市, 2013/10/12, 国内
11. What can you find in NBRP-Wheat? The Japanese stock center for wheat genetic resources, ポスター, Nasuda S, Nitta M, Takenaka S, Kawahara T, Endo TR, Kawaura K, Isshiki M, Ban T, Ogihara Y, 18<sup>th</sup> International Congress on Nitrogen Fixation, 宮崎市, 2013/10/14, 国内 (国際学会)
12. An 80 year history of conservation of wheat genetics resources at Kyoto University, Japan, 口頭, Nasuda S, The 5<sup>th</sup> ANRRC International Meeting, 葉山市, 2013/10/31, 国内 (国際学会)
13. NBRP「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備した倍数性のモデル植物-コムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 佐久間俊, 新田みゆき, 竹中祥太郎, 河原太八, 一色正之, 坂智広, 荻原

- 保成, 那須田周平, 第 36 回日本分子生物学会年会 特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 神戸市, 2013/12/3-5, 国内
14. コアコレクション選抜のための NBRP・コムギ 4 倍性コムギ全系統の集団構造解析, 口頭, 竹中祥太朗, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 125 回講演会, 仙台市, 2014/3/21, 国内
  15. 6 倍性コムギの粒形に関する遺伝的解析, 口頭, 吉岡資洋, 水野信之, 竹中祥太朗, 新田みゆき, 李建建, 那須田周平, 日本育種学会 第 126 回講演会, 都城市, 2014/9/27, 国内
  16. NBRP 「コムギ」: 高度の情報と信頼性を具備した倍数性のモデル植物-コムギの遺伝資源, ポスター, 川浦香奈子, 一色正之, 新田みゆき, 河原太八, 坂智広, 荻原保成, 遠藤隆, 那須田周平, 第 37 回日本分子生物学会年会 特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 横浜市, 2014/11/25-27, 国内
  17. コアコレクション選抜のための NBRP・コムギ 2 倍性コムギ全系統の集団構造解析, 口頭, 竹中祥太朗, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 127 回講演会, 町田市, 2015/3/22, 国内
  18. コアコレクション系統を中心とした在来・野生コムギの遺伝的・表現型多様性, 口頭, 竹中祥太朗, 2015 年 鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会, 鳥取市, 2015/9/1, 国内
  19. 配偶子致死因子の解析, 口頭, 那須田周平, 2015 年 鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会, 鳥取市, 2015/9/1, 国内
  20. 4 倍性コムギの A ゲノムと *Triticum urartu* 内に見つかった 2 つの系統群の遺伝的関係, 口頭, 竹中祥太朗, 新田みゆき, 河原太八, 那須田周平, 日本育種学会 第 128 回講演会, 新潟市, 2015/9/11, 国内
  21. コムギ倍数性シリーズ (AA, AABB, AABBDD) のコアコレクションの作成と利用, 口頭, 那須田周平, 日本育種学会 第 128 回講演会, 新潟市, 2015/9/11, 国内
  22. コムギ研究新時代: ゲノム概要配列決定とバイオリソース, ポスター, 那須田周平, 新田みゆき, 竹中祥太朗, 河原太八, 川浦香奈子, 佐久間俊, 一色正之, 坂智広, 荻原保成, 第 38 回日本分子生物学会年会特別企画ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) 実物つきパネル展示 「バイオリソース勢ぞろい」, 神戸市, 2015/12/1-3, 国内
  23. 第 3 期 NBRP コムギの概要とリソースの利活用, 口頭, 那須田周平, 第 10 回ムギ類研究会, 伊勢市, 2015/12/11, 国内
  24. コムギ種子リソースの一元管理システムと表現型調査システム, 口頭, 新田みゆき, NBRP・コムギ DNA マーカー作業部会会議, 伊勢市, 2015/12/12, 国内
  25. Wheat genetic resources representing a ninety years history of wheat research at Kyoto University, 口頭, Nasuda S, The 8<sup>th</sup> ANRRC International Meeting, 京都市, 2013/9/21, 国内 (国際学会)
  26. NBRP 「コムギ」: コムギ研究新時代のバイオリソース, ポスター, 那須田周平, 新田みゆき, 竹中祥太朗, 太田敦士, 安井康夫, 寺内良平, 川浦香奈子, 坂智広, 第 39 回日本分子生物学会年会特別企画「NBRP 実物付きパネル展示」, 横浜市, 2016/11/30-12/2, 国内

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

該当なし

(4) 特許出願

該当なし