

マイクロサテライトDNA多型および農業形質変異の分析による中国新疆コムギ地方品種の特質解明

誌名	育種学研究 = Breeding research
ISSN	13447629
著者名	叢,花 坂,智広 許,東河 岩田,洋佳 菊池,文雄 藤巻,宏
発行元	日本育種学会
巻/号	8巻4号
巻号補足	
掲載ページ	p. 161-169
発行年月	2006年12月

農林水産省 農林水産技術会議事務局筑波産学連携支援センター

Tsukuba Business-Academia Cooperation Support Center, Agriculture, Forestry and Fisheries Research Council
Secretariat



原 著 論 文

マイクロサテライト DNA 多型および農業形質変異の分析による中国新疆コムギ地方品種の特質解明

叢 花^{1,2,5)}・坂 智広^{2,3)}・許 東河²⁾・岩田洋佳⁴⁾・菊池文雄⁵⁾・藤巻 宏⁵⁾¹⁾新疆農業科学院農作物品種資源研究所, 新疆ウイグル自治区ウルムチ市, 〒 830000, 中華人民共和国²⁾国際農林水産業研究センター生物資源部, 茨城県つくば市, 〒 305-8686³⁾国際トウモロコシ小麦改良センター (CIMMYT), 06600 Mexico D.F, Mexico⁴⁾中央農業総合研究センター・データマイニング研究チーム, 茨城県つくば市, 〒 305-8666⁵⁾東京農業大学大学院農学研究科, 東京都世田谷区桜丘, 〒 156-8502

摘 要

中国・新疆ウイグル自治区（新疆）の普通系コムギ地方品種の多様性と分化の様相を明らかにする目的で、全ゲノムに分布するマイクロサテライト DNA (SSR) 多型および数種の形質変異の解析を行った。2004、2005 年の両年にわたり、新疆コムギ地方品種 75、新疆改良品種 3、近隣諸国を含む外国品種 61 の 139 品種を供試して、42 種類のプライマーセットを用いて SSR の多型分析を行い、電気泳動ザイモグラムの一致度行列をベースにして主座標分析を行った。その結果、比較的寄与度の高い主座標値の分布について、新疆品種と外国品種との間には明瞭な差異が認められ、新疆コムギ地方品種が外国のコムギ品種とは異なる遺伝的特徴を持つことが分かった。日本などのコムギ品種よりは、近隣国のコムギ品種と遺伝的に近い可能性が考えられる。また、新疆地方品種の春播型コムギと秋播型コムギの間にも SSR 多型に関する分化がみられ、両者は遺伝的に異なる祖先に由来する可能性が考えられる。さらに、2003 年と 2004 年の両年にわたり新疆ウイグル自治区ウルムチ市において、新疆コムギ地方品種 71 点を供試して、到穂日数、稈長、穂長、一穂着粒数、一穂小穂数、千粒重の変異を調べ、春播型コムギと秋播型コムギの間の品種分化の様相を明らかにした。また、農業形質の変異を総合的にとらえるために主成分分析を行った。その結果、春播型コムギと秋播型コムギの地方品種の間で、草型、穂相、粒の大きさなどに関して、表現形質の分化が生じていることが分かった。これらの結果から、新疆コムギ地方品種、とくに春播型コムギと秋播型コムギの間には、SSR 多型に関しても農業形質に関しても、はっきりと遺伝的ならびに表現型に分化が生じていることが明らかとなった。

キーワード

普通系コムギ, 品種分化, 播性, 主成分分析, 主座標分析

緒 言

新疆ウイグル自治区（新疆）は中華人民共和国（中国）の西北部、北緯 34～49 度の高緯度にあり、西北部にアルタイ山脈、中央部に天山山脈、南部に崑崙山脈がほぼ東西に走り、天山山脈の南にタクラマカン砂漠が広がり、緯度、標高、地形などの差異による環境変化が大きい。中国の気候区分では、新疆は西北乾燥区に属し寒暖差の

激しい内陸性の乾燥気候であり、植生区分は温帯荒漠区に属し植生は単純・貧弱である。年間日照時間は 2,600 から 3,400 時間に達し、年間降水量は 250 mm 程度と極めて少ない。

新疆の全土地面積の 95% は荒地か半砂漠となっており、農耕地は、わずか 2% に過ぎない。コムギなどの食用作物が 137 万 ha、ワタ (105 万 ha)、ヒマワリ (10 万 ha) などの経済作物が 134 万 ha 栽培されている (中国農業部 2003)。コムギの栽培面積は 66.1 万 ha であり、春播型コムギが 16.5 万 ha、秋播型コムギが 49.6 万 ha に作付されている。

新疆では 1950 年代以降、近代的なコムギ育種が開始さ

れ、現在、コムギが最も重要な食料作物となっている。1953年にはコムギ地方品種の大規模な探索が行われ、数千点にのぼるコムギ地方品種が収集された。これらの収集物について、同名異種あるいは異名同種などの品種の整理が行われた。その結果、コムギ地方品種415点が新疆農業科学院農作物品種資源研究所のジーンバンクに収納・保存された。これらの中には普通系コムギ (*Triticum aestivum* L.) のほか、*Triticum* 属の7種 (*T. compactoides*, *T. compactum*, *T. peteropavlovskiyi*, *T. turgidum*, *T. durum*, *T. orientale*, *T. polonicum*) の近縁種が含まれている (呉・陳 1989)。

新疆のコムギの栽培環境は多様性に富み、春播地帯、両季 (春秋) 播地帯、秋播地帯に大別できる。それぞれの地帯は、さらに細分化され全部で8つの地区に区分されている (呉・陳 1989, 図1)。

春播 (S) 地帯……S1 地区: アルタイ、ボルタラ、バリクン, S2 地区: トルフアン、ハミ盆地, S3 地区: エンジ盆地。

両季播 (SF) 地帯……SF1 地区: イリ河流域, SF2 地区: ウス, シハズ, サンジ, チタイ, SF3 地区: バインゴルの中南部

秋播 (F) 地帯……F1 地区: アクス, F2 地区: カシュガル, ホーテン

本研究では、中国の新疆農業科学院農作物品種資源研

究所に保存されている普通系コムギ地方品種と日本の農業生物資源研究所のジーンバンクに保存されている外国品種などを供試して、全ゲノム DNA に分布するマイクロサテライト DNA (SSR) の多型を検出し主座標分析を行い、外国品種と対比して新疆コムギ地方品種の特徴を明らかにした。また、新疆ウイグル自治区ウルムチ市において栽培した新疆コムギ地方品種の農業形質 (到穂日数、稈長、穂長、一穂着粒数、一穂小穂数、千粒重) の変異を解析し、SSR の多型分析の結果と合わせて、新疆コムギ地方品種の春・秋播型コムギ間の分化の様相を明らかにした。

材料および方法

1. 供試材料

本研究で供試したコムギ品種の播性程度は、3月から半月間隔で播種して、出穂までの日数を標準品種と比較して I ~ VI の6段階に分けて判定した。播性程度が最も低く低温要求性のない品種を春播型コムギとし、秋播性程度 II ~ VI の低温要求性のある品種を秋播型コムギとして区分した。SSR 多型分析には、新疆農業科学院農作物品種資源研究所のジーンバンクに保存されていた普通系コムギ地方品種75点 (春播型コムギ37と秋播型コムギ38) と春播型コムギ改良品種3点、比較として日本の農業生物資源研究所のジーンバンクに保存されていた外国品種61点合せて139点のコムギ品種を供試した。

農業形質の分析には、SSR 多型分析に供試した75点の新疆地方品種のうちの71点 (春播型コムギ36と秋播型コムギ35) を供試した。なお、SSR 多型と形質変異の分析に用いた品種の内訳と原産地帯を表1に示した。

2. マイクロサテライト DNA (SSR) 多型分析

新疆内外コムギ品種139点を2003年12月29日に国際農林水産業研究センター (茨城県つくば市) の温室に播種し、18日後に3~4葉令期の2枚の葉身から Mag Extractor-Plant Genome キット (TOYOBO, 東京) を用いて DNA を抽出した。

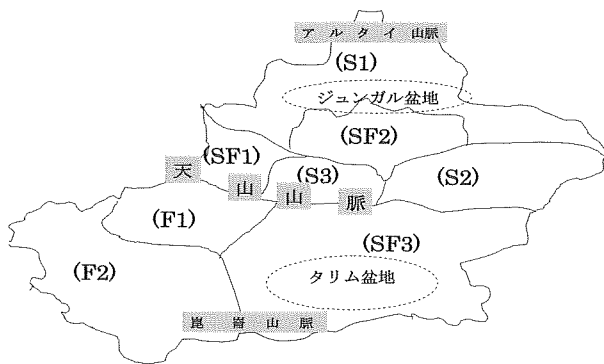


図1. 新疆におけるコムギ栽培地帯の区分

注) S: 春播地帯, SF: 両季播地帯, F: 秋播地帯

表1. 供試したコムギ品種と栽培地帯

分析の種類別	コムギの種類	供試品種数	栽培地帯別内訳		
SSR 多型分析	新疆品種計	78	春播地帯	両季播地帯	秋播地帯
	(春播型地方品種)	(37)	9	15	13
	(秋播型地方品種)	(38)	6	13	19
	(春播型改良品種)	(3)	3		
	外国品種	61	アフガニスタン4, パキスタン5, インド3, トルコ3, ロシア8, 中国20, 日本18		
農業形質分析	新疆地方品種計	71	春播地帯	両季播地帯	秋播地帯
	(春播型品種)	(36)	9	15	12
	(秋播型品種)	(35)	6	12	17

注) SSR 分析に供試した新疆地方品種75点には、形質変異分析に用いた71品種が含まれる。

表2に示す42種類のプライマーセット (Röder *et al.* 1998, Song *et al.* 2002, 2005) を用いたPCRにより, SSR配列を含むDNA断片を増幅し, 各SSRの多型を分析した. PCRはDNAサーマルサイクラー (PCT-200, MJ社製) を用い, 94°C/15秒の熱変性, 56~63°C (プライマー配列に基づくTm値)/30秒のアニーリング, 68°C/15秒の伸長反応を35サイクルを繰り返した. 初めの数サイクルはアニーリング温度をTm値まで1°C/1サイクル下げるとタッチダウン法を用いた.

PCR増幅した産物4~5 µlにホルムアミド1 mlと5×Loading buffer 200 µlを加えて, 95°Cで5分間熱変性し, 0°Cで急冷して電気泳動を行った. 7%変性アクリルアミドのシークエンス用ゲルを用い, 1000 V, 500 mA, 40 Wで75分間泳動し, SYBR GOLDで染色した後に蛍光イメージアナライザーのTyphoon 9410 (アマシャム・ファルマシア・ジャパン, 東京) を用いて526 nmのUV励起によりザイモグラムを解析した. 増幅されたいずれのDNA断片も変性ゲルにおいても多量体によるマルチバンドを形成し, 個々のバンドを判別して断片長多型を正確に記録することは困難であったため, ザイモグラムのバンド型として固有の数値を付して類別した (図2).

品種間のバンド型は, 類似性を次の式で算出される一致度により評価した. 一致度を θ_{ij} とすると,

$$\theta_{ij} = \sum_k^N \delta_{ijk} / N$$

ここで, δ_{ijk} は*i* 番目の品種と*j* 番目の品種が*k* 番目のマーカー遺伝子座で同じバンド型をもつ場合には1, 異なるバンド型をもつ場合には0となり, Nはプライマーのセット数である. 42種類のプライマーセットを用いたSSRの電気泳動のバンド型から, 全品種間総当たりで一致度を求め一致度行列を計算した. この一致度行列を類似度行列と見なし, 主座標分析 (Gower 1966) を行い, 遺伝的分化の視覚化を試みた.

3. 農業形質変異の分析

2003年と2004年の両年にわたり新疆農業科学院農作物品種資源研究所 (ウルムチ市) の畑圃場で71点の新疆コムギ地方品種を栽培した. 秋播型コムギは2003年10月上旬, 春播型コムギは2004年4月上~中旬に, 品種ごとに2 m畝に5列ずつおよそ100粒/mの密度で播種し, 中央3畝から調査標本を抽出して, 次の要領で農業形質の調査を行った.

到穂日数 (日) ……中央3列の半数の茎が出穂するまでの播種からの日数
 稈長 (cm) ……乳熟期における株ごとの最長稈の地際から穂首までの長さの10茎分の平均値
 穂長 (cm) ……稈長測定茎の穂首節から芒を除く穂の先端までの長さの10茎分の平均値
 一穂着粒数 (粒) ……稈長測定茎の穂に着生する全結実粒数の10茎分の平均値

表2. SSR多型分析に用いたプライマーセットの種類と検出バンド型の数

SSR 座乗 s 染色体	供試プライマー数	分析に用いたプライマーセット (検出バンド型の数)		
1A	3	Xgwm135(9)	Xgwm33(18)	Xbarc263(5)
1B	1	Xbarc240(12)		
1D	3	Xgdm126(6)	Xgwm337(14)	Xbarc119(20)
2A	2	Xbarc5(7)	Xbarc212(12)	
2B	1	Xgwm526(11)		
2D	2	Xgwm484(12)	Xwms834(10)	
3A	1	Xgwm369(8)		
3B	5	Xgwm493(10)	Xgwm389(12)	Xbarc133(6) Xbarc75(5) Xbarc147(11)
3D	1	Xgwm383(15)		
4A	2	Xgwm165(4)	Xbarc184(5)	
4B	1	Xgwm006(12)		
4D	3	Xgwm624(20)	Xgwm609(26)	Xgwm194(9)
5A	2	Xgwm304(9)	Xbarc186(3)	
5B	1	Xbarc059(7)		
5D	2	Xgwm583(8)	Xgwm292(7)	
6A	3	Xgwm334(10)	Xgwm459(17)	Xbarc195(6)
6B	1	Xbarc79(7)		
6D	3	Xbarc96(5)	Xbarc183(5)	Xbarc27(7)
7A	1	Xbarc108(10)		
7B	2	Xgwm297(11)	Xbarc65(5)	
7D	2	Xbarc126(13)	Xbarc154(7)	
合計	42			

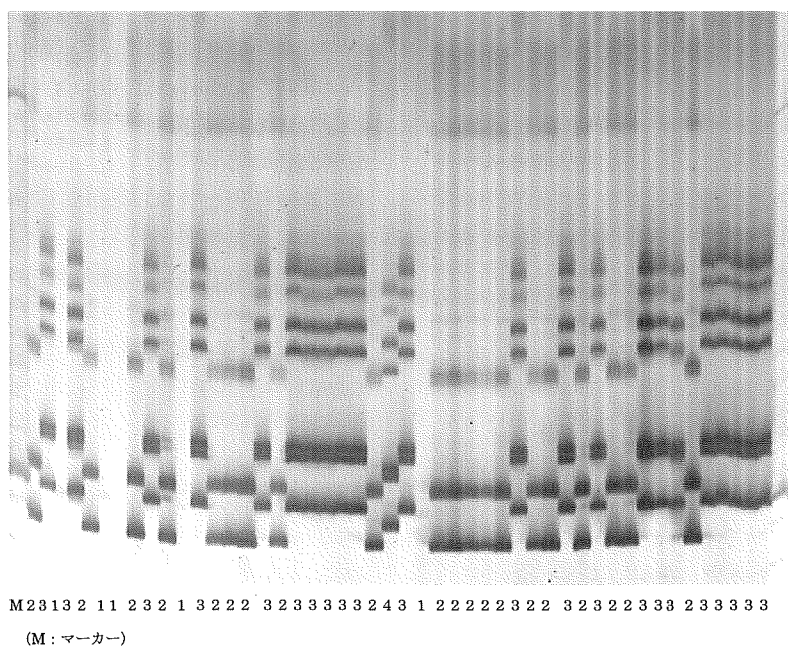


図2. *Xbarc184* プライマーセットによる SSR 多型のザイモグラムの類型化例

一穂小穂数(個)……稈長測定茎の穂に着生する小穂(含不稔)の総数の10茎分の平均値

千粒重(g)……500整粒重の2反復の平均値の倍数

これらの6種の形質の平均値, 標準偏差, 変動係数を計算し, 新疆コムギ地方品種の春播型コムギと秋播型コムギの特性の差異を比較した。さらに, 形質変異を総合的にとらえるために, 形質計測値の品種間相関係数を算出し, 相関係数行列をもとに主成分分析を行った。

なお, コムギを栽培した2003, 2004両年のウルムチにおける月別の平均気温, 降雨量, 日照時間の周年変化は, 図3に示すとおりであった。

結果

1. SSR 多型の分析

42種類のプライマーセットを用いたPCRにより, 7種の同祖染色体上のSSRの多型分析を行った。いずれのプライマーセットを用いた場合にも, PCR後の多量体の形成によりバンドは多数出現したが, いくつかのはっきりとしたバンド型に区分することができた。たとえば, 1A染色体上の*Xbarc263*では, 5種類のバンド型, 7B染色体上の*Xgwm 297*では11種類のバンド型が検出できた(表2参照)。検出されたバンド型の種類数に関して, 染色体間にとくに顕著な差異は見られなかった。

コムギの139品種ごとに42種類のプライマーセットを用いて検出されたバンド型に対応する数値データを基にした全品種間の一致度行列を用いて主座標分析を行った。第2主座標までの累積寄与率は10.7%, 第4主座標までの累積寄与率は17.6%であった。

外国ならびに新疆の品種群ごとに, 第1～第4主座標

の値の平均値と標準偏差を計算し表3(上段)に示した。第1主座標値の平均値に関しては, 新疆, 近隣国, 中国(他地域), 日本と, 東西方向の地理的クラインがみられたが, ほかの主座標に関しては, はっきりとした傾向は認められなかった。そこで, 外国品種と新疆品種の分化の様子を詳しくみるために, 全139品種の第1, 第2主座標値の分布を図4に描いた。第1主座標値に関しては, 新疆品種(S, W, N)は正, 外国品種(C, J, F)は負の方向に偏っており, 両者の間には明瞭な分化がみられた。また, 外国品種の中では, 日本品種(J), 中国品種(C), および近隣国品種(F)がはっきりとしたクラスターを形成し, 新疆品種から最も離れた位置には日本品種, 次いで中国の他地域品種, 最も近い位置には近隣国の品種が分布した。第2主座標値に関して, 外国品種の間でも差が認められ, とくに近隣国の品種は, 新疆春播型コムギと同じく, 負の方向に偏って分布していた。新疆品種に関しては, 春播型コムギ(S)が負の方向に偏って分布しているのに対して, 秋播型コムギ(W)の多くは正の方向に分布し, 一部は春播型コムギと同じ負の方向にも分布していた。このように春播型コムギと秋播型コムギの間には大きな遺伝的差異がみられた。

新疆品種の中の春播型コムギと秋播型コムギの遺伝的分化の様子をさらに詳しくみるために, 新疆品種78点だけを抽出して主座標分析を行い, 第1～第4主座標値の平均値と標準偏差を計算し表3(下段)に示した。いずれの主座標値に関しても, 春播型コムギの平均値は正, 秋播型コムギの平均値は負となっており, 両者の間にははっきりとした遺伝的分化が起こっていることが分かった。第1主座標値に関しては, 秋播型コムギの変異(標準偏差)が大きく, 春播型コムギの変異は小さく, その平均

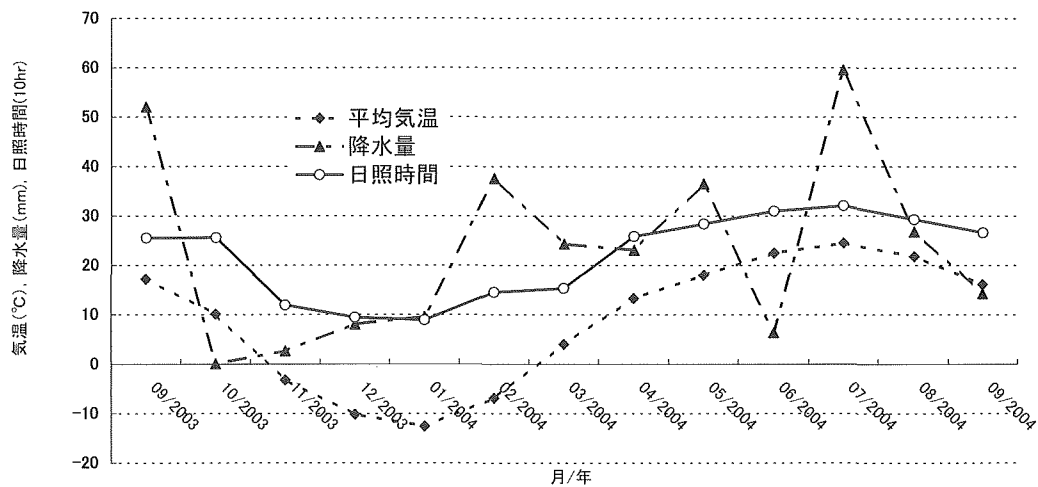


図3. 新疆ウルムチ市における気象要素の周年変化（月平均）

表3. SSR 多型解析における主座標値の平均値と標準偏差値の品種群間差異

供試品種	品種群（標本数）	第1主座標	第2主座標	第3主座標	第4主座標
全品種	日本品種（18）	-0.396±0.077	0.110±0.074	-0.064±0.065	-0.054±0.058
	中国品種（20）	-0.203±0.108	-0.027±0.096	0.034±0.128	0.058±0.086
	近隣国品種（23）	-0.024±0.067	-0.144±0.100	0.211±0.093	-0.042±0.093
	新疆品種（78）	0.150±0.063	0.024±0.207	-0.056±0.153	0.010±0.184
	寄与率	0.062	0.046	0.037	0.032
新疆地方品種	春播型（37）	0.121±0.083	0.079±0.239	0.032±0.261	0.020±0.154
	秋播型（38）	-0.108±0.267	-0.083±0.100	-0.038±0.082	-0.022±0.208
	寄与率	0.073	0.054	0.052	0.046

注）平均値±標準偏差，近隣国品種：アフガニスタン4，パキスタン5，インド3，トルコ3，ロシア8

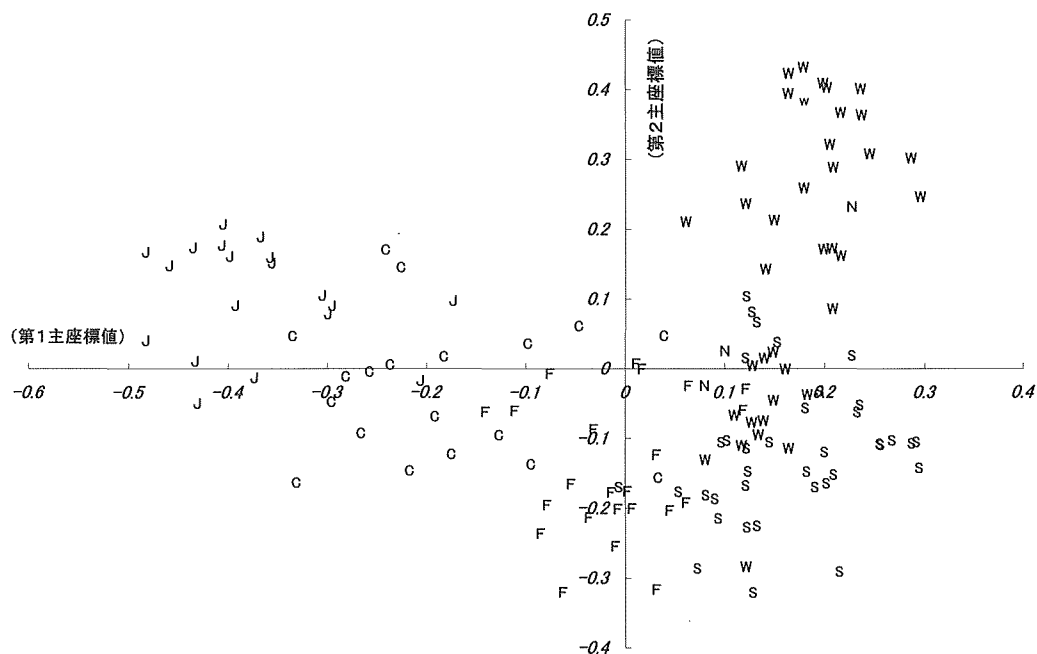


図4. 新疆内外コムギ139品種の42種類のプライマーセットで検出されたSSR多型の主座標分析における第1，第2主座標値の分布

注）S: 新疆春播型地方品種，W: 新疆秋播型地方品種，N: 新疆春播型改良品種，C: 中国品種，J: 日本品種，F: 近隣国品種

値は正の方向に偏っていた。第2主座標値に関しては、春播型コムギの変異が比較的大きく、秋播型コムギの変異は小さく、その平均値は負の方向に偏っていた。このように、春播型コムギと秋播型コムギとの間には、SSR多型にはっきりとした差異があることが分かった。

2. 農業形質変異の分析

新疆コムギの71地方品種（うち春播型コムギ36品種と秋播型コムギ35品種）の到穂日数、稈長、穂長、一穂着粒数、一穂小穂数、千粒重の6種類の形質の変異を調査し、形質ごとに春播型コムギと秋播型コムギの平均値、標準偏差、変動係数を計算し、また、春播型コムギと秋播型コムギの間の形質値の差異のt検定結果を表4に示した。

春播型コムギは4月上旬に播種し6月上旬に出穂したため、到穂日数は平均90日程度と短かった。これに対して、秋播型コムギは前年の10月上旬に播種して、翌年の5月下旬から6月上旬にかけて出穂するため、260日以上と長く、両者の間には3倍近くの差異があった。稈長については、生育期間が短いにもかかわらず、春播型コムギが秋播型コムギよりも10cm程度長く、変動係数がやや大きかった。穂長には大差がないが、春播型コムギがやや短く変動係数が大きかった。一穂に着く小穂数や着粒数は、秋播型コムギの方がやや多く、千粒重は春播型コムギの方がやや大きく大粒で、変動係数は小さめであった。

農業形質の変異を総合的に把握するために、調査した6形質間の相関係数を計算し、相関係数行列を使って主成分分析を行った。その結果を表5に要約した。第2主成分および第3主成分までの累積寄与率は、それぞれ66.3%と82.0%となった。第1主成分は到穂日数、一穂着粒数および一穂小穂数と正の相関が高く、稈長および千粒重とやや高い負の相関があった。したがって、第1主成分は生育時期の違いに伴う「稈・穂・粒のタイプ」に関連する因子とみられる。第2主成分は穂長ならびに千粒重と高い正の相関関係にあることから、「穂・粒の大きさ」に関連する因子とみることができる。

第1主成分ならびに第2主成分のスコア分布を図5に示した。両主成分に関して、春播型コムギ（S）と秋播型コムギ（W）との間には、はっきりとした分化が認められた。因みに、第1主成分に関しては、春播型コムギのスコア平均値が-1.22であったのに対し、秋播型コムギの平均スコアは、1.26であった。また、第2主成分に関しても、春播型コムギの平均スコアが-0.49に対して、秋播型コムギでは0.50であった。両主成分の春・秋播型コムギのスコアは、原点の左右と上下に明確に分かれて分布し、両コムギの間にはっきりとした形質分化が生じていることが分かった。

新疆地方品種の春播型コムギと秋播型コムギの間には、稈・穂・粒のタイプ因子（第1主成分）に関して明

表4. 農業形質別統計量の春・秋播性コムギ間比較

形質名 (計測単位)	播性 (品種数)	平均値 (t検定)	標準 偏差	変動係数 (%)
到穂日数(日)	春播型(36)	89.28(a)	4.02	4.50
	秋播型(35)	265.14(b)	5.19	1.96
稈長(cm)	春播型(36)	110.18(a)	12.74	11.56
	秋播型(35)	101.86(b)	7.14	7.01
穂長(cm)	春播型(36)	9.05(a)	2.44	26.96
	秋播型(35)	10.43(b)	1.04	10.00
一穂着粒数(個)	春播型(36)	32.32(a)	4.10	12.68
	秋播型(35)	36.91(b)	5.29	14.33
一穂小穂数(個)	春播型(36)	16.66(a)	1.30	7.82
	秋播型(35)	18.62(b)	1.13	6.05
千粒重(g)	春播型(36)	33.55(a)	5.39	16.08
	秋播型(35)	31.45(a)	6.61	21.03

表5. 農業形質の主成分分析結果の要約

農業形質＼	因子負荷量			
	＼主成分	第 1 主成分	第 2 主成分	第 3 主成分
到穂日数		0.763	0.430	-0.189
稈長		-0.472	0.200	0.817
穂長		0.101	0.882	-0.103
一穂小穂数		0.899	0.090	0.257
一穂着粒数		0.824	-0.091	0.402
千粒重		-0.562	0.584	0.039
累積寄与率		43.64%	66.29%	82.01%

注) イタリック: 1%水準で有意

確な分化がみられた。また、穂・粒のサイズ因子（第2主成分）に関しても、やや明瞭な分化がみられた。その結果、第1主成分×第2主成分の2次元散布図では、春播型コムギと秋播型コムギの品種間には重なりはほとんどみられず、第1象限と第3象限に集中して明確に分かれて分布した。

考 察

新疆ウイグル自治区（新疆）は、中国の西北端に位置し、栽培コムギの起原地に近い上に、シルクロードに象徴されるように東西文明の中継地でもある。さらに、総じて冷涼乾燥気候でコムギの栽培に向いており、標高差も大きく、播性程度や農業形質の異なるさまざまなコムギ品種が分化し栽培されてきたと推察される。しかし、構造遺伝子および発現調節領域を含まないマイクロサテライトDNA（SSR）の多型には、環境適応に伴う自然選択の影響や品種改良に伴う人為選抜の効果は直接現れにくいと考えられる。

Ahmad (2002) は43種類のSSR多型を用いて、世界の13か国のコムギ品種の遺伝的多様性を解析して、コムギの遺伝的多様性を高精度に捕らえられることを明らかにした。Wei *et al.* (2003) は、中国コムギのDNA多型

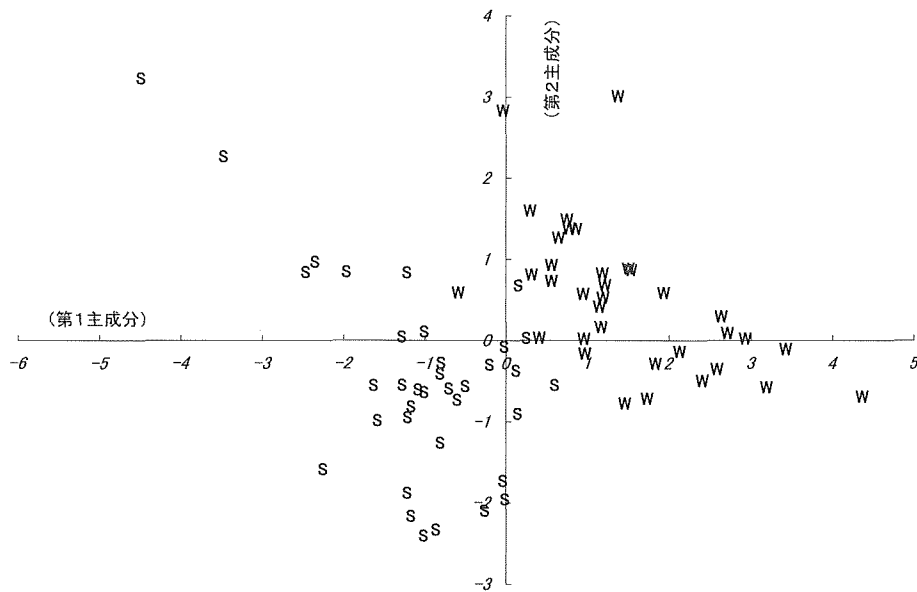


図5. 新疆コムギ71地方品種の6種類の農業形質による主成分分析における第1, 第2主成分スコアの分布

注) 春播型地方品種, W: 秋播型地方品種

分析を目的として, 新疆コムギ品種を9点, チベット品種9点, 雲南品種14点, 四川品種を8点, 合わせて40品種を用いてSSRの多型分析を行い, 新疆品種と他省の品種との間には遺伝分化が生じていることを示した. また, 四川品種は雲南品種と遺伝的類縁度が高く, チベット品種は四川・雲南品種より多様性が高いことを報告した. しかし, これらの研究で用いた新疆地方品種の数は限られており, 世界のコムギ品種との遺伝的関係も必ずしも明らかではない. また, 郭ら(2004)は, 中国の改良品種36点および異なる生態区の品種12点の48品種について, 108種類のSSR多型のクラスター分析を行った. その結果, すべて改良品種が2つのクラスターに入ることを明らかにした. さらに, 張ら(2002)は過去50年にわたり四川省で栽培されてきたコムギの40品種について, 全染色体上に座する46箇所のSSR多型を分析した. その結果, これらの品種の平均遺伝的同一度は0.451と0.767の間であり, 四川品種にはとくに高い遺伝的変異が保存されているとした. しかし, これらの研究には新疆品種は含まれていない.

アジアの普通系コムギに関しては, SSR多型以外にも, Tsujimoto *et al.* (1998) は, 配偶子致死抑制遺伝子 (*Igc1*) 頻度およびβアミラーゼ・アイソザイムの多型解析の結果, Ghimire *et al.* (2005) は, パーオキシダーゼとエスレラーゼのアイソザイムの多様性解析の結果から, 新疆の地方品種は日本や中国東部の品種よりも, 中近東や近隣地域の品種に類似するとみられ, 中近東から極東へのいくつかのコムギの伝播経路を想定した.

本研究では, これまで明らかにされていない新疆における普通系コムギの地方品種の分化, とくに播性に関連して品種分化の様相を明らかにするために, 新疆農業科

学院農作物品種資源研究所のジーンバンクが収集し保存していた普通系コムギ地方品種75点および改良品種3点に加え, 日本の農業生物資源研究所ジーンバンクに保存されていた新疆の近隣国を含む外国品種61点, 合わせて139品種を供試して, 42種類のプライマーセットを用いてSSRの多型分析を行った. その結果, 寄与率の最も大きい第1主座標の値に関して, 新疆品種は正の方向に偏っていたのに対して, 中国のほかの地域や日本のコムギ品種は, 負の方向に偏った値を示した. これは新疆品種と中国他地域の品種あるいは日本品種との間には, 明らかな遺伝的分化が生じていることによると考えられる. 一方, アフガニスタン, パキスタン, インド, トルコ, ロシアなどの近隣国の品種は, 新疆品種の比較的近くに分布していることから, 新疆品種と遺伝的に近縁であるとみられる.

さらに, 今回のSSR多型解析では, 新疆品種内の春播型コムギと秋播型コムギの間では, SSR多型に関しても, また, 農業形質の変異に関しても明確な分化が認められた. これらのことから, 両者は系統発生的に起原が異なる可能性が考えられ, 春播型コムギと秋播型コムギの分化は, 祖先の違いによる始祖効果が大いと考えられる. 因みに, Cong Hua *et al.* (2005) は, 新疆コムギ地方品種の種子貯蔵タンパク質であるグルテニンの高分子サブユニットの分析を行い, 秋播型コムギのみにみられる新しい特異的な高分子サブユニットを発見した. このことから, 新疆地方品種の春播型コムギと秋播型コムギの祖先が遺伝的に異なるものであった可能性が高いと考えられる.

さらに, 新疆地方品種の中の春播型コムギと秋播型コムギの分化には, 祖先の遺伝的差異に基づく始祖効果の

表 6. 主座標値と形質値との間の相関係数

主座標\形質	到穂日数	稈長	穂長	一穂粒数	総小穂数	千粒重	寄与率
第 1 主座標	-0.1274	0.2980	-0.0488	0.1608	0.1446	-0.1935	0.073
第 2 主座標	0.1258	0.0031	-0.0083	0.0817	0.0376	-0.0296	0.054
第 3 主座標	0.0942	0.0244	0.3494	-0.0061	0.0152	0.0093	0.052
第 4 主座標	-0.1283	0.0657	-0.0659	-0.0732	-0.1136	-0.1018	0.046
第 5 主座標	-0.0887	0.3206	0.0229	0.0202	-0.0417	0.1475	0.042
第 6 主座標	-0.0915	-0.0474	-0.1242	0.0883	0.0491	-0.1493	0.032
第 7 主座標	-0.4094	-0.0657	-0.4260	-0.2083	-0.2478	0.0234	0.031
第 8 主座標	0.4671	-0.1215	-0.0462	0.4346	0.4115	-0.5113	0.030

注) イタリック: 1% 水準で有意

表 7. 主成分スコアと主座標値の寄与率および相関関係

主座標\主成分	第 1 主成分	第 2 主成分	第 3 主成分	第 4 主成分	主座標寄与率
第 1 主座標	-0.467	-0.221	0.341	0.048	7.30%
第 2 主座標	0.134	-0.054	-0.064	0.163	5.43%
第 3 主座標	0.366	0.153	-0.097	0.149	5.22%
第 4 主座標	-0.134	0.213	-0.249	0.043	4.60%
第 5 主座標	0.160	-0.102	0.132	-0.069	4.16%
第 6 主座標	-0.135	-0.041	-0.054	-0.182	3.20%
第 7 主座標	-0.180	0.033	0.255	-0.052	3.08%
第 8 主座標	-0.156	-0.253	-0.165	0.092	2.98%
主成分寄与率	43.64%	22.65%	15.72%	9.26%	91.3% \ 36.0%

注) イタリック: 1% 水準で有意

みならず、多様な栽培環境への適応に伴う形質変化も関わっていると考えられる。そこで、6 種類の調査形質間の相関係数行列を基に主成分分析を行った結果、農業形質に関しても春播型コムギと秋播型コムギの間に顕著な表現型の差異があることが確認できた。

新疆の春播型コムギと秋播型コムギの地方品種の間では、SSR 多型ならびに農業形質に関して明瞭な分化が生じている。SSR 多型は、遺伝子機能を持たない DNA 部分に生じた変異であり、農業形質の変異は、構造遺伝子の機能発現によるものであり、両者に直接的関連性は考えにくい。しかし、本研究で用いた SSR が 21 対の相同染色体に散在していることと、農業形質を支配する QTL も多くの相同染色体に散在することを考え合わせると、一部の QTL と SSR との連鎖による間接的な連鎖を否定することはできない。

そこで、農業形質の計測値と主座標値との間の相関(表 6)をみると、比較的寄与率の大きい第 1、第 2 主座標の値は、いずれの形質値との間に有意な相関はみられない。しかし、第 7 主座標と到穂日数や穂長、第 8 主座標と到穂日数、一穂着粒数、一穂小穂数および千粒重との間には、有意な相関が認められた。また、農業形質の主成分スコアと SSR の主座標値の間の相関係数(表 7)をみると、第 1 主座標は、第 1、第 3 主成分と有意な相関があり、第 3 主座標が第 1 主成分と有意な相関を表している。これらのことを勘案すると、一部の構造遺伝子や発現調節領域を含む DNA がいずれかのマイクロサテライト DNA と連鎖している可能性が考えられる。

新疆はコムギの原産地に近く多様性中心地域に含まれ、遺伝的に多様な祖先種が存在し、さらに、新疆は古来より東西交易の中継地でもあり、人や文化の交流拠点となっていたばかりでなく、天山、崑崙、アルタイなどの山脈を控え標高差や寒暖差の大きい内陸性気候などによる自然環境ならびに少ない降雨の地域的なしは季節的偏りなどによる多様な栽培環境が多くの地方品種を育んだものと考えられる。気候や地形の変化に富む新疆には、ある程度遺伝的分化の進んだ春播型コムギと秋播型コムギが導入され、多様な生育環境に適応して、長い年月をかけて、さらに多くの地方品種が分化してきたものと考えられる。

謝 辞

筆頭著者を長期にわたり日本に派遣し本研究を可能とし、研究に必要な材料を提供していただいたことに対し、新疆農業科学院の関係者に著者一同感謝する。

引用文献

- Ahmad, M. (2002) Assessment of genomic diversity among wheat genotypes as determined by simple sequence repeats. *Genome* 45: 646–651.
- Cong, H., K. Takada, Y.F. Zong, T.M. Ikeda, M. Yanaka, T. Nagamine and H. Fujimaki (2005) Novel high-molecular-weight glutenin subunits at the *Glu-D1* locus in wheat landraces from the Xinjiang district of China and its relationship with winter habit.

- Breed. Sci. 55: 459–463.
- Ghimire, S.K., Y. Akashi, C. Maitani, M. Nakanishi and K. Kato (2005) Genetic diversity and geographical differentiation in Asian common wheat (*Triticum aestivum* L.), revealed by the analysis of peroxidase and esterase isozymes. Breed. Sci. 55: 175–185.
- Gower, J.C. (1966) Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. Biometrika 53: 325–338.
- Röder, M.S., V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M.H. Tixier, P. Leroy and M.W. Ganal (1998) A microsatellite map of wheat. Genetics 149: 2007–2023.
- Song, Q.J., E.W. Fickus and P.B. Cregan (2002) Characterization of trinucleotide SSR motifs in wheat. Theor. Appl. Genet. 104: 286–293.
- Tsujimoto, H., T. Yamada and T. Sasakuma (1998) Pedigree of common wheat in East Asia deduced from distribution of the gametocidal inhibitor gene (*Lgc1*) and β -amylase isozymes. Breed. Sci. 48: 287–291.
- Wei, Y.M., Y.L. Zheng, Z.H. Yan, Z.Q. Zhang and X.J. Lan (2003) Genetic diversity in Chinese endemic wheat based on STS and SSR markers. Wheat Information Service 97: 9–15.
- 中国人民共和国農業部 (2003) 中国農業統計資料. 中国農業出版社. 北京.
- 吳 錦文・陳 仲榮 (1989) 新疆的小麦. 新疆人民出版社. 新疆.
- 郭 小萌・劉 冬成・張 愛民 (2004) 麦類作物学報 24 (1): 1–5.
- 張 志清・有 良・魏 育明・吳 衛・周 永紅・劉 登才・秀 錦 (2002) 麦類作物学報 22 (2): 5–9.

Breeding Research 8: 161–169 (2006)

Characterization of Wheat Landraces of Xinjiang-Uygur Autonomous District of China Based on Genetic Diversity of Microsatellite DNA Polymorphism and Several Agronomic Traits

Cong Hua^{1,2,5}, Tomohiro Ban^{2,3}, Xu Tonghe², Hiroyoshi Iwata⁴, Fumio Kikuchi⁵ and Hiroshi Fujimaki⁵

¹) Institute of Crop Germplasm Resources, Xinjiang Academy of Agriculture, Xinjiang-Uygur Autonomous District of P. R. China

²) Department of Bioresources, Japan International Research Center for Agricultural Sciences, Tsukuba 305-8686, Japan

³) CIMMYT, 06600 Mexico D.F., Mexico

⁴) Data Mining Research Team, National Agricultural Research Center, Tsukuba 305-8666, Japan

⁵) Graduate School of Agricultural Sciences, Tokyo University of Agriculture, Setagaya, Tokyo 156-8502, Japan

Diversity analyses were carried out for common wheat landraces of the Xinjiang-Uygur Autonomous District (Xinjiang) in China, which is located close to the center of diversity of cultivated wheat. Firstly, microsatellite DNA polymorphisms were analyzed by PCR using 42 kinds of primer sets in 75 landraces, 3 improved cultivars from the Xinjiang, 61 wheat cultivars from foreign countries, including neighboring ones, at the Gene Bank of the National Institute of Agrobiological Sciences through 2003 and 2004. Based on a similarity matrix calculated from coincidence coefficients of electrophoretic zymograms, principal coordinate analyses were conducted to examine differentiations between Xinjiang landraces and foreign cultivars and among Xinjiang landraces. The results of principal coordinate analyses revealed that distinctive differentiation had appeared between Xinjiang landraces and foreign wheat cultivars and also between spring and winter type wheat among Xinjiang landraces. It is considered that Xinjiang wheat landraces were genetically differentiated from foreign cultivars and that they are more closely related to cultivars from such neighboring countries as Afghanistan, Pakistan, Turkey and Russia than to those from Japan and the other parts of China. The differentiation between the spring and the winter types of wheat among Xinjiang landraces was attributed to the founder effects of their ancestors. In order to elucidate phenotypic differentiation between the spring and the winter types of wheat, six traits of 71 Xinjiang landraces, i.e. days to heading, culm length, panicle length, number of grains per panicle, number of spikelets per panicle, and 1000-grain weight were investigated at the Institute of Crop Germplasm Resources of the Xinjiang Academy of Agriculture in 2003 and 2004. Principal component analysis was conducted based on a matrix of correlation coefficients. The analysis showed that there was distinct differentiation between the spring and the winter types of Xinjiang landraces. In conclusion, Xinjiang wheat landraces were differentiated from foreign cultivars in terms of DNA polymorphism. Among Xinjiang landraces, a distinctive differentiation was also observed between the spring and the winter types in terms of agronomic traits as well as SSR polymorphisms. These differentiations are considered to be caused not only by adaptation to diverse natural and wheat-growing conditions but also by the founder effect associated with genetic differences among ancestors of Xinjiang wheat landraces.

Key Words: *Triticum aestivum*, variety differentiation, growth habit, principal component analysis, principal coordinate analysis.