

氏名(本籍)	丹野研一(千葉県)		
学位の種類	博士(農学)		
学位記番号	博甲第2257号		
学位授与年月日	平成12年3月24日		
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当		
審査研究科	農学研究科		
学位論文題目	Molecular phylogeny in the genus <i>Hordeum</i> (オオムギ属植物の分子系統学的研究)		
主査	筑波大学教授	農学博士	西村繁夫
副査	筑波大学教授	農学博士	岩掘修一
副査	筑波大学教授	農学博士	横尾政雄
副査	筑波大学教授	農学博士	藤村達人
副査	農水省農業生物資源研究所主任研究官	農学博士	小松田隆夫

論文の内容の要旨

近年の生化学, 分子マーカー研究の進展にともない, 野生オオムギは栽培オオムギよりも, 遺伝的多様性が高らかに高いことが明らかにされてきた。このため野生種の持つ有用形質を栽培オオムギに取り入れることにより, 栽培オオムギが大きく改良されることが期待されている。このようなことから, 本研究では, 将来のオオムギ育種の基礎的知見を得ることを目的として, 世界の遺伝資源から選んだ品種・系統を用いて, 野生オオムギを含むオオムギ遺伝資源の類縁関係を明らかにするとともに, 野生の二条オオムギから栽培六条オオムギへの系統進化を明らかにするため, 穂の条性を支配する遺伝子 (*vrs1*) に強連鎖するマーカー DNA (cMWG699) の制限酵素多型と塩基配列を分析した。

二倍性オオムギ属植物 (*Hordeum*) について cMWG699 の塩基配列を比較した。オオムギ属全体における DNA 塩基配列を分析した例は本研究が初めてである。最節約法に基づいた系統樹を作成したところ, これまでオオムギ属植物でいわれていた H, I, Xa, Xu という 4 つの基本ゲノム型の存在が塩基配列レベルで確認できるとともに, 用いた DNA マーカーはオオムギ属内の系統分析に有効であることを示した。

オオムギ (*H.vulgare*) 種内の系統発生について, 栽培種の起源解明のために分析を行った。まず, 限られた地域の栽培オオムギについて予備的に cMWG699 の制限酵素多型を調べた。3 つのハプロタイプ (K, A, D 型) が存在し, 二条オオムギはほとんどの系統が K 型, 六条オオムギはほとんどが A 型に分類され, 条性とハプロタイプの間に対応関係が認められた。二条 K 型と六条 A 型の交配から得られた二条系統の cMWG699 は, 調べたすべての二条親と同じ K 型であった。これは, cMWG699 が条性に極めて密接に連鎖していることを示すとともに, この DNA マーカーが *H.vulgare* 種内においても系統的分析に利用できる可能性が示された。また, D 型は 3 系統のみであったがすべて六条性であったことから, A 型と D 型の六条オオムギの来歴が異なる可能性を認めた。つぎに, A 型と D 型の六条オオムギの地理的起源を調べるために, 世界の栽培および野生オオムギについて cMWG699 の制限酵素多型における地理的分布と DNA の塩基配列分析を行った。塩基配列分析から栽培六条オオムギには分布域の異なる 2 つのグループが存在し, それぞれトルクメニスタンと地中海地方に起源することが示唆された。

以上の結果, 野生オオムギである *H.vulgare ssp.spontaneum* の遺伝的多様性は H ゲノム植物全体のそれに匹敵することが示され, 栽培オオムギの今後の育種における *spontaneum* 亜種の重要性を指摘した。また, 本研究の結果,

栽培六条オオムギでは条性遺伝子 *vrs1* 座に連鎖する DNA 領域の遺伝的多様性が低くなることが示唆された。栽培六条オオムギでは条性等の栽培重要形質の遺伝子が保存されるため、また、理論的にも条性遺伝子等の近傍では交雑による遺伝子組換え頻度が極めて低くなるため、交雑育種ではこれらの遺伝子近傍の改良が困難であると言える。したがって、六条オオムギの交配育種の盲点ともいえるこれらの DNA 領域を、今後、組換え DNA 技術により改良することが重要であることを指摘した。

審 査 の 結 果 の 要 旨

オオムギの育種においては、将来、野生種の有用形質を栽培種へ取り入れることが期待されている。本研究は、このようなオオムギ育種の基礎的知見を得ることを目的として、世界のオオムギ遺伝資源の類縁関係を明らかにするとともに、野生オオムギから栽培オオムギへの系統進化を解明するため、穂の条性を支配する遺伝子、*vrs1* に強連鎖するマーカー DNA、cMWG699 の塩基配列を主に分析したものである。まず、二倍性オオムギ属植物 (*Hordeum*) について cMWG699 の塩基配列を比較した結果、これまでオオムギ属植物でいわれていた H, I, Xa, Xu という 4 つの基本ゲノム型の存在が確認されるとともに、用いた DNA マーカーはオオムギ属内の系統分析に有効であることを示した。次に、オオムギ (*H.vulgare*) 種内の系統発生について、栽培種の分析を行った結果、3 つのハプロタイプ (K, A, D 型) が存在し、二条オオムギはほとんどの系統が K 型、六条オオムギはほとんどが A 型に分類され、条性とハプロタイプのあいだに対応関係が認められた。したがって、この DNA マーカーが *H.vulgare* 種内においても系統学的分析に利用できる可能性が示された。また、D 型の 3 系統はすべて六条であったことから、A 型と D 型の六条オオムギの来歴が異なる可能性を示した。さらに A 型と D 型の六条オオムギの地理的起源を調べた結果、それぞれトルクメニスタンと地中海地方に起源することが新たに示唆された。以上の結果、野生オオムギである *H.vulgare ssp.spontaneum* は極めて遺伝的多様性が高く、栽培オオムギの今後の育種に重要性であることを指摘した。また、本研究の過程で、栽培六条オオムギでは条性遺伝子 *vrs1* 座に連鎖する DNA 領域の遺伝的多様性が低くなることが示唆され、今後、この DNA 領域を組換え DNA 技術により改良することが重要であることを指摘した。以上のように本研究は六条オオムギの系統進化と将来の育種に新たな多くの基礎的知見を与えたものとして高く評価される。

よって、著者は博士 (農学) の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。