

平成 22 年 5 月 20 日現在

研究種目：基盤研究（A）

研究期間：2007～2009

課題番号：19255009

研究課題名（和文）

中国及びその周縁国に分布する作物資源の遺伝的評価と開発的研究（第4次）

研究課題名（英文） Genetic assay and study of crop germplasm in and around China (4th)

研究代表者

武田 和義 (TAKEDA KAZUYOSHI)

岡山大学・資源生物科学研究所・特命教授

研究者番号：90003516

研究成果の概要（和文）：

本研究班を構成する4グループ（オオムギ、コムギ、ダイズおよびメロン）が中国および周縁諸国において合計12回の現地調査を行い、各作物の在来品種や近縁野生種などの新規遺伝資源を収集・導入した。これら遺伝資源の多様性解析により、各作物の進化・伝播・適応について数々の重要な知見を得ることができ、論文や図書などにより公表した。さらに、実用形質（品質、早晚性、各種ストレス耐性など）の改良に有用な遺伝資源を特定できたことから、品種改良への応用ならびに新規遺伝子の解明という基礎研究の展開を可能にした。

研究成果の概要（英文）：

Plant genetic resources of important crops, including barley, wheat, soybean and melon, have been explored in and around China and successfully introduced through a total of twelve times of field expedition. Several important new findings related with the evolution, transmission, adaptation of these crops have been obtained by the analysis of diverse plant genetic resources, and published by scientific papers and books. We also identified several accessions which can be used for the improvement of agronomical traits. Such novel resources will be utilized in breeding program of each crop, as well as for basic research to identify novel genes.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2007年度	7,300,000	2,190,000	9,490,000
2008年度	6,500,000	1,950,000	8,450,000
2009年度	6,700,000	2,010,000	8,710,000
年度			
年度			
総計	20,500,000	6,150,000	26,650,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：育種学

キーワード：遺伝資源、生物多様性、育種、オオムギ、コムギ、メロン、ダイズ、東アジア

1. 研究開始当初の背景

(1) 植物遺伝資源は人類や地球環境の未来に

とって必須の潜在的機能を保有する未利用資源の宝庫であり、また作物の多様性・進化研

究にとって不可欠な研究基盤である。

(2)本研究の調査対象地域である中国における農耕の歴史は古く、黄河流域の雑穀農耕や揚子江流域の稲作農耕が成立する過程において数々の作物が栽培化されたと考えられており、その周縁地域も含めてそれぞれの祖先野生種が現在でも自生している。

(3)中国西部を中心とする山岳地域においては山と谷の標高差が激しく、狭い地域に多様な環境が分布している。これらの地域は民族的にも多様であり、それぞれ固有の作物品種・食文化を有している。これらの多様性を反映して、各種作物の多様な遺伝的変異と潜在的価値の高い未利用の遺伝資源が保持されている。

(4)ところが、農業の近代化や自然植生破壊の進行に伴い、多様化した作物遺伝資源が急速に失われつつある。さらに、“世界共通の財産”として国境の隔てなく利用され、また各国の研究者間で共有されてきた植物遺伝資源の囲い込み・国家間交流の制限が厳しくなっている。したがって、植物遺伝資源の体系的収集・評価を現地研究者と共同して進める海外学術調査は、緊急度が極めて高い研究課題であり、作物遺伝資源の利用に向けた基礎研究に不可欠である。

2. 研究の目的

本研究班の第3次までの学術調査の成果を踏まえ、本研究では、中国の未調査地域および中国周縁諸国の調査を進め、各作物および近縁野生種の地理的分布と環境適応の実態を明らかにするとともに、最新の分子遺伝学的手法を含む各種の解析法を用いて遺伝的多様性の解析を行う。これらの結果に基づいて、各作物種の起源・伝播・適応を明らかにするとともに、野生種・在来種に潜在する未利用の有用遺伝子の発見とその機能開発に関する基礎研究をめざす。

なお、これまでの3次にわたる学術調査とは異なり、本研究ではロシアおよび中央アジア諸国を重要な調査対象地域と位置づけている。

3. 研究の方法

本研究班の調査対象地域は図1の通りであり、現地研究者との共同研究として各種作物の現地調査を行う。作物遺伝資源(種子)の収集に加え、農民への聞き取り調査などにより現地での栽培方法・時期、種子の採種・貯蔵方法、利用法、呼称などを調査する。

研究対象とするオオムギ、コムギ、ダイズ、およびメロンの分布地域や調査適期が異なるので、基本的にはグループ単位で調査を行うが、事情が許す限り複数の作物グループで共

同調査を行い、より包括的な研究を展開できるようにする。

現地調査終了後に、種子の増殖、検定交配、適応形質の調査・遺伝解析、アイソザイム分析、及びDNA多型解析などを行い、集団の遺伝的構造を明らかにするとともに、新規有用遺伝子の発見とその機能開発に関する基礎研究を行う。その具体的な内容は、“4. 研究成果”に記載した通りである。



図1. 本研究の調査対象地域

4. 研究成果

本研究班を構成する下記の4グループが中国および周縁諸国を訪問し、のべ12回にわたって現地調査を行い、重要作物の遺伝資源を収集・導入するとともに、作物の進化・適応・多様性について数々の重要な知見を得ることができた。その概要は下記の通りである。なお、共同研究を実施した現地研究機関との連携が強化されたことも、本研究の重要な成果である。

1. オオムギ・コムギグループ；①中国貴州省および雲南省(2007年7月、中国科学院昆明植物研究所との共同調査)、②アルメニアおよびアゼルバイジャン(2008年6-7月、ロシア・N. I. ヴァヴィロフ研究所との共同調査)、③タジキスタンおよびウズベキスタン(2009年6-7月、ロシア・N. I. ヴァヴィロフ研究所との共同調査)においてオオムギおよびコムギ遺伝資源の調査・収集を行った。収集サンプル数は、①栽培ムギ類204系統、②野生および栽培ムギ類484系統、③野生および栽培ムギ類442系統である。作物遺伝資源の囲い込み・国家間交流の制限が厳しくなっている現状において、画期的な成果といえる。

これらの新規ムギ類遺伝資源を栽培し、農業形質の多様性評価および種子の増殖を行っている(2007年、2008年導入分については完了)。その結果、小麦粉品質に大きく影響するグルテニンサブユニットに多様な変異が存在すること、ならびに①の収集系統の中に、赤かび病抵抗性や湿害耐性に優れるコムギ系

統が存在することなどが明らかになった。また、DNA解析の結果、ムギ類の適応・安定生産に関わる春播性遺伝子や日長反応性遺伝子の多様な変異が明らかになった（図2）。

新規変異をもつムギ類遺伝資源の利用により、新規遺伝子の同定などの基礎研究や品種改良への展開が期待されている。

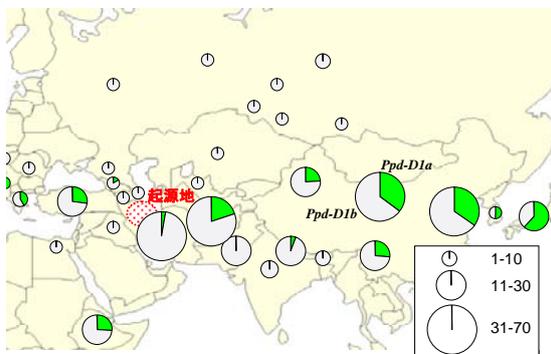


図2. コムギにおける不感光性遺伝子 *Ppd-D1a* の地理的分布

2. ダイズグループ；①中国貴州省（2007年10-11月），②ミャンマーのシャン州北部・東部地区（2008年10月，タイのカセサート大学・ミャンマー農業研究省との共同調査），③中国雲南省西北部（2010年2-3月，中国科学院昆明植物研究所との共同調査）においてダイズ遺伝資源の調査・収集を行った。収集サンプル数は，②栽培ダイズ35系統，③栽培ダイズ20系統である。なお，on farm保全に関する情報収集のために再訪問した①では新規のサンプル収集は行っていない。

①では，1994年と1995年に調査したミャオ族自治区の集落を中心に再訪問したが，当時と同じ在来種が継続的に利用されており，作物遺伝資源のon farm保全に関する知見を得ることができた。②の収集サンプルには，100粒重が4.5g程度の極小粒ダイズが含まれており，また③では種皮色が黄色のダイズだけでなく，緑色または茶色の在来系統を確認することができた。

これらの貴重なダイズ遺伝資源を研究基盤として，適応性に深く関わっている種子の休眠性，閉花受粉性，感光性について，またトコフェノールなどの種子含有成分に関する基礎研究を展開することができた。

3. メロングループ；①中国雲南省南西部（2007年9-10月，中国科学院昆明植物研究所との共同調査），②ヴェトナム北部山岳地域（2008年8月，ハノイ農業大学との共同調査），③中国雲南省南西部（2009年11月，中国科学院昆明植物研究所との共同調査）において *Cucumis* 属植物の調査・収集を行った。収集サンプル数は，①メロン，キュウリおよび野生種 (*C. hystrix*) の51系統，②メロン，キュウリおよび野生種 (*C. hystrix*) の140系統，③野生種 (*C. hystrix*) の9系統である。

キュウリと交雑可能な野生植物遺伝資源である *C. hystrix* の絶滅が危惧されていたが，現地調査の結果，雲南省南西部およびヴェトナム北部山岳地域に広く分布していること，そして山岳少数民族が食用に採集していることが確認された。欧米の主要ジーンバンクでも未導入の本種の探索・導入に成功したことは高く評価される。ヒマラヤ山脈の東山麓で栽培化されたと考えられているキュウリの進化を解明する上で重要な野生種であり，*Cucumis* 属の系統進化に関する基礎研究の展開，そしてキュウリの耐病性育種への利用が期待されている。

また，ヴェトナムから新規に導入したメロン遺伝資源のDNA解析により，日本のマクワ・シロウリの起源に関する新知見を得ることができた。

また，ヴェトナムから新規に導入したメロン遺伝資源のDNA解析により，日本のマクワ・シロウリの起源に関する新知見を得ることができた。

5. 主な発表論文等

（研究代表者、研究分担者および連携研究者には下線）

〔雑誌論文〕（計 46 件）

- ①Yoshida, T., Nishida, H., Zhu, J., Nitcher, R., Distelfeld, A., Akashi, Y., Kato, K., and Dubcovsky, J., *Vrn-D4* is a vernalization gene located on the centromeric region of chromosome 5D in hexaploid wheat., *Theoretical and Applied Genetics*, 査読有, 120, 2010, 543-542
- ②Liu, B. and Abe, J., QTL mapping for photoperiod-insensitivity of a Japanese soybean landrace Sakamotowase., *Journal of Heredity*, 査読有, 101, 2010, 251-256
- ③Yi, S.S., Akashi, Y., Tanaka, K., Cho, T.T., Khaing, M.T., Yoshino, H., Nishida, H., Yamamoto, T., Win, K. and Kato, K., Molecular analysis of genetic diversity in melon landraces (*Cucumis melo* L.) from Myanmar and their relationship with melon germplasm from East and South Asia., *Genetic Resources and Crop Evolution*, 査読有, 56, 2009, 1149-1161
- ④Sato, K., Matsumoto, T., Ooe, N. and Takeda, K., Genetic analysis of seed dormancy QTL in barley., *Breeding Science*, 査読有, 59, 2009, 645-650
- ⑤Garg, M., Tanaka, H., Ishikawa, N., Takata, K., Yanaka, M., Tsujimoto, H., *Agropyron elongatum* HMW-glutenins have a potential to improve wheat end product quality through targeted chromosome introgression., *Journal of Cereal Science*, 査読有, 50, 2009, 358-363

⑥Garg, M., Tanaka, H., Tsujimoto, H., Exploration of *Triticeae* seed storage proteins for improvement of wheat end-product quality., *Breeding Science*, 査読有, 59, 2009, 519-528

⑦Kamal, A.H.M., Tsujimoto, H. (5番目)他、9名, Diversity of novel glutenin subunits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.), *Journal of Plant Biology*, 査読有, 52, 2009, 533-542

⑧Wicker, T., Krattinger, S., Lagudah, E.S., Komatsuda, T., Pourkheirandish, M., Matsumoto, T., Cloutier, S., Kanamori, H., Sato, K., Perovic, D., Stein, N. and Keller, B., Analysis of intraspecies diversity in wheat and barley genomes identifies breakpoints of ancient haplotypes and provides insight in the structure of diploid and hexaploid *Triticeae* gene pools., *Plant Physiology*, 査読有, 149, 2009, 258-270

⑨Garg, M., Tanaka, H., Ishikawa, N., Takata, K., Yanaka, M. and Tsujimoto, H., A novel pair of HMW glutenin subunits from *Aegilops searsii* improves quality of hexaploid wheat., *Cereal Chemistry*, 査読有, 86, 2009, 26-32

⑩Sato, K. and Takeda, K., An application of high-throughput SNP genotyping for barley genome mapping characterization of recombinant chromosome substitution lines., *Theoretical and Applied Genetics*, 査読有, 119, 2009, 613-619

⑪Tanaka, H., Morris, C.F., Haruna, M. and Tsujimoto, H., Prevalence of puroindoline alleles in wheat varieties from eastern Asia including the discovery of a new SNP in puroindoline b., *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 査読有, 6, 2008, 142-152

⑫Khan, N., Githiri, S., Benitez, E., Abe, J., Kawasaki, S., Hayashi, T. and Takahashi, R., QTL analysis of cleistogamy in soybean., *Theoretical and Applied Genetics*, 査読有, 117, 2008, 479-487

⑬Liu, B., Kanazawa, A., Matsuura, H., Takahashi, R., Harada, K. and Abe, J., Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of phytochrome A., *Genetics*, 査読有, 180, 2008, 995-1007

⑭Hori, K., Sato, K. and Takeda, K., Detection of seed dormancy QTL in multiple mapping populations derived from crosses involving novel barley germplasm., *Theoretical and Applied Genetics*, 査読有, 115, 2007, 869-876

⑮Liu, B., Fujita, T., Abe, J. (6番目)他, 6名, QTL mapping of domestication-related traits in soybean (*Glycine max*)., *Annals of Botany*, 査読有, 100, 2007, 1027-1038

⑯Wang, S., Abe, J. (4番目), Kitamura, K. 他, 6名, Simultaneous accumulation of high contents of α -tocopherol and lutein is possible in seeds of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.), *Breeding Science*, 査読有, 57, 2007, 297-304

⑰Matsumura, H., Liu, B., Abe, J. and Takahashi, R., AFLP mapping of soybean maturity gene *EA*, *Journal of Heredity*, 査読有, 99, 2007, 193-197

⑱Tanaka, K., Nishitani, A., Akashi, Y., Sakata, Y., Nishida, H., Yoshino, H. and Kato, K., Molecular characterization of South and East Asian melon, *Cucumis melo* L., and the origin of Group Conomon var. *makua* and var. *conomon* revealed by RAPD analysis., *Euphytica*, 査読有, 153, 2007, 233-247

⑲Tanio M. and Kato, K., Development of near-isogenic lines for photoperiod-insensitive genes, *Ppd-B1* and *Ppd-D1*, carried by the Japanese wheat cultivars and their effect on apical development., *Breeding Science*, 査読有, 57, 2007, 65-72

[学会発表] (計 44 件)

①アルキン・ヤシエン・明石由香利・田中克典・西田英隆・加藤謙司, 中国メロン“ハミウリ”における核および細胞質ゲノムの多様性およびフユメロン品種群との類縁関係, 日本育種学会第 117 回講演会, 2010 年 3 月 26・27 日, 京都大学

②石井誠・佐藤和広, オオムギコアコレクション南・東アジアサブセットにおける播性の多様性, 日本育種学会第 117 回講演会, 2010 年 3 月 26・27 日, 京都大学

③Nhi, P.T.P., Hang, T.T.M., Yamamoto, T., Akashi, Y., Nishida, H. and Kato, K., Genetic diversity in melon landraces from Vietnam, revealed by the analysis of RAPD., 日本育種学会第 116 回講演会, 2009 年 9 月 25・26 日, 北海道大学

④田中克典・明石由香利・西田英隆・May Thin Khaing・佐藤洋一郎・加藤謙司, 葉緑体ゲノムの配列多型に基づく栽培メロンの分化, 日本育種学会第 116 回講演会, 2009 年 9 月 25・26 日, 北海道大学

⑤Abe, J., Utilization of wild soybean in breeding research in Japan, The 8th World Soybean Research Conference, 2009 年 8 月 15 日, Beijing, China

⑥Nishida, H., Yoshida, T., Akashi, Y. and Kato, K., Structural variation in 5'

upstream region of photoperiodic response genes, *Ppd-A1* and *Ppd-B1*, in wheat., 6th International Triticeae Symposium, 2009年5月31日~6月5日, 京都大学

⑦芝井哲史・大村泰之・明石由香利・西田英隆・加藤鎌司, コムギにおける播性の進化と多様化—*Vrn-D1*座における塩基配列多型の地理的変異, 日本育種学会第115回講演会, 2009年3月25・26日, つくば国際会議場

⑧佐藤和広・武田和義, 全ゲノムSNPアレイによるオオムギコアコレクション系統のジェノタイプング, 日本育種学会第115回講演会, 2009年3月25・26日, つくば国際会議場

⑨阿部 純, 東南アジアの極小粒ダイズ: 山戎菽の末裔?, 総合地球環境学研究所プロジェクトフォーラム「東アジア原産栽培植物の起源と多様性」, 2009年3月1日, 大坂府立大学

⑩阿部 純, ダイズの成立-遺伝的変異の解析から, 総合地球環境学研究所プロジェクトシンポジウム, 2009年2月21日, 同志社大学

⑪西田英隆・芝井哲史・吉田哲也・明石由香利・加藤鎌司, コムギ不感光性遺伝子*Ppd-D1*の地理的分布, 日本育種学会第114回講演会, 2008年10月11・12日, 滋賀県立大学

⑫児玉真尚・佐藤和広・武田和義, 中国南部から収集したオオムギの評価, 日本育種学会第114回講演会, 2008年10月11・12日, 滋賀県立大学

⑬Tanaka, H., Nakata, N. and Tsujimoto, H., Improvement of dough strength for bread-making quality in Japanese common wheat, 11th Inter. Wheat Genet. Symp., 2008年8月24~29日, Australia

⑭阿部 純, 野生ダイズの遺伝的多様性: 栽培ダイズとの関わり合い, 日本遺伝学会第11回遺伝学談話会, 2008年5月9日, 北海道大学

〔図書〕(計10件)

①武田和義, 北海道大学出版会, 麦の自然史-人と自然が育んだムギ農耕 (佐藤洋一郎, 加藤鎌司編著), 2010, 151-178

②加藤鎌司, 北海道大学出版会, 麦の自然史-人と自然が育んだムギ農耕 (佐藤洋一郎, 加藤鎌司編著), 2010, 113-136

③辻本壽, 北海道大学出版会, 麦の自然史-人と自然が育んだムギ農耕 (佐藤洋一郎, 加藤鎌司編著), 2010, 179-195

④辻本壽, 臨川書店, ユーラシア農耕史 第5巻 『農耕の変遷と環境問題』 (佐藤洋一郎, 鞍田崇編), 2010, 183-197

⑤武田和義, 臨川書店, ユーラシア農耕史 第3巻 『砂漠・牧場の農耕と風土』 (佐藤洋一郎, 鞍田崇編), 2009, 169-194

⑥加藤鎌司, 岡山大学出版会, 基礎演習産業

生物科学 (産業生物科学教科書編纂委員会編), 2009, 140, 142-143

⑦西田英隆, 岡山大学出版会, 基礎演習産業生物科学 (産業生物科学教科書編纂委員会編), 2009, 78, 139

6. 研究組織

(1) 研究代表者

武田 和義 (TAKEDA KAZUYOSHI)
岡山大学・資源生物科学研究所・特命教授
研究者番号: 90003516

(2) 研究分担者

佐藤 和広 (SATO KAZUHIRO)
岡山大学・資源生物科学研究所・教授
研究者番号: 60215770

榎本 敬 (ENOMOTO TAKASHI)
岡山大学・資源生物科学研究所・准教授
研究者番号: 60215770

加藤 鎌司 (KATO KENJI)
岡山大学・大学院自然科学研究科・教授
研究者番号: 40161096

西田 英隆 (NISHIDA HIDETAKA)
岡山大学・大学院自然科学研究科・助教
研究者番号: 30379820

辻本 壽 (TSUJIMOTO HISASHI)
鳥取大学・農学部・教授
研究者番号: 50183075

田中 裕之 (TANAKA HIROYUKI)
鳥取大学・農学部・准教授
研究者番号: 70283976

露崎 浩 (TSUYUZAKI HIROSHI)
秋田県立大学・生物資源科学部・准教授
研究者番号: 20217384

阿部 純 (ABE JUN)
北海道大学・農学研究科(研究院)・准教授
研究者番号: 00192998

金澤 章 (KANAZAWA AKIRA)
北海道大学・農学研究科(研究院)・准教授
研究者番号: 30281794

梅本 信也 (UMEMOTO SHINYA)
京都大学・フィールド科学教育研究センター
一紀伊大島実験所・准教授
研究者番号: 60213500