

学 位 論 文 題 名

東アジアにおけるダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.)

の系統分化に関する進化遺伝学的研究

学位論文内容の要旨

ダイズ(*Glycine max* (L.) Merr.)は、その形態を含めた諸特性、交雑親和性等から、同じ*Soja*亜属に属する野生種であるツルマメ(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.)を祖先として、ツルマメの分布地域である東アジアで起源したものと考えられている。東アジアでは、ダイズ利用の歴史が長く、多くの伝統的食品を生みだし、多様な栽培様式が分化しており、それらが結びついた多くの在来種が展開している。ダイズ遺伝資源の多様性の中心である東アジアにおけるダイズの系統分化を明らかにすることは重要な課題である。

ダイズの起源地およびその伝播過程は、細胞遺伝、生化学的標識、形質および考古学的資料や民族学的研究から論じられてきたが、多くの研究者に受け入れられる定説がない。これは、ダイズが主要な畑作物であるのにも関わらず、系統分化に関する研究例が少なく、また、多くの観点から総合的に評価されていないことが一因と思われる。

本研究では、ダイズの起源地である東アジア(日本、中国、朝鮮半島および台湾)のダイズ在来種1218系統について、1)生化学的標識を支配する遺伝子座、2)標識形質、3)葉緑体ゲノム(cpDNA)とミトコンドリアゲノム(mtDNA)のRFLP(制限酵素断片長多型)による細胞質ゲノム型の多型を観察し、これらの遺伝的情報の各地域内、地域間の変異に基づき、ダイズの系統分化の様相およびその起源と伝播について検討した。以下に要約を記す。

1. 生化学的標識の多型と対立遺伝子頻度の分化

日本、中国、朝鮮半島および台湾の4地域間では、16遺伝子座中14遺伝子座に対立遺伝子頻度の差異が認められ、特に、日本と他地域の間で3遺伝子座(*Enp*、*Est1*、*Tt*)の対立遺伝子頻度が大きく異なった。日本の7地域では、北海道と他の地域間で3遺伝子座(*Aco1*、*Idh1*、*Pgm1*)が、沖縄と他の地域間で3遺伝子座(*Enp*、*Idh2*、*Mpi*)が、中国の3地域では、北部と他の地域間で2遺伝子座(*Aco3*、*Idh2*)が、その対

立遺伝子頻度においてそれぞれ大きく異なった。16遺伝子座の対立遺伝子頻度に基づく地域間の標準遺伝距離は、地理的距離とほぼ類似した傾向が認められたが、九州では、近接する本州南部と四国と比較して、本州北部と本州中部との標準遺伝距離が小さかった。

クラスター分析により類別した特定の遺伝子型組合せをもつ20アイソザイム品種群の頻度を、地域間で比較したところ、明確な差異が認められ、各地域で異なる遺伝子型組合せをもつ系統群が存在していることが示された。このようなアイソザイム品種群の頻度の地域間差異は、標準遺伝距離の極めて小さかった本州北部と本州中部間においても認められた。

九州地方で特異的に分化している夏ダイズ型と秋ダイズ型の遺伝的分化は、*Dia1*、*Enp*、*Est1*および*Ti*の4遺伝子座において認められ、夏ダイズ型で*Dia1-b*、*Enp-b*、*Est1-a*および*Ti-b*、秋ダイズ型で*Dia1-a*、*Enp-a*、*Est1-b*および*Ti-a*がそれぞれ優占した。九州の秋ダイズ型は、九州、沖縄と北海道を除く日本の他の地域との標準遺伝距離が小さく、日本における主要な系統群であると考えられたが、九州の夏ダイズ型は、他地域との標準遺伝距離が大きかった。

2. 標識形質の多型と地域的分化

10種類の標識形質の表現型の頻度を地域間で比較した。多くの地域で表現型が多型的であった臍の色、花色と毛茸色の3形質および表現型多様性が低かった鞍掛と葉形は、地域によって明確な特徴が認められなかった。日本と朝鮮半島で中粒型と有限型が、中国と台湾で小粒型と無限型が高い頻度で観察された。種皮色は、全ての地域で黄色が優占したが、中国中部、中国南部と台湾では黒色の頻度が高かった。また、北方地域では、円型種子と早生型が、南方地域では橢円型種子と晩生型が高い頻度で観察された。

各形質の表現型多様性は、日本で3形質が、中国で5形質が、朝鮮半島で2形質が、台湾で1形質がそれぞれ高く、生化学的標識の遺伝的多様性の結果と適合していた。また、生化学的標識の遺伝子多様性が最も高かった中国中部では、10形質中7形質で高い表現型多様性が認められた。

2形質間の連関は、共通の遺伝子座が関与し、同一遺伝子による多面発現で表現型が決定される着色に関する形質間に加え、他の形質間においても認められた。これら連関の組合せには、地域特異性が認められ、特に日本でその傾向が顕著であった。このことから、特に日本の各地域において特定な表現型組合せを有する系統群が存在することが示唆された。

3. 細胞質ゲノムの多型と地域的分化

ダイズの細胞質ゲノムは、3種のプローブによるRFLP分析によるcpDNAと

mtDNAの変異の組合せから、7つの型に類別された。特に、cp I +mtIVb型は、全体の70%を占め、全ての地域の優占型であり、ダイズにおける主要な細胞質ゲノム型であった。それに対し、cp I +mtIVc型は日本の北部と九州の夏ダイズ型に、cp II +mtIVb型は本州、中国南部および朝鮮半島に、cp II +mtIVc型は北海道、四国、九州の夏ダイズ型および台湾を除く広範な地域に、cp III +mt I b型は北海道、本州北部、中国北部および中国南部に、cp III +mtIVa型は中国および朝鮮半島に、cp III +mt VI型は九州の秋ダイズ型を含めた日本の南部にそれぞれ観察された。

頻度の低かった6つの細胞質ゲノム型のうち、cp II +mtIVb型とcp III +mt I b型は、本解析で供試した系統において観察された頻度が低く、複数の地域に断続的に認められたことおよびツルマメで頻度の高かったことから、ツルマメからダイズに導入された細胞質ゲノム型である可能性が示唆された。特に、cp III +mt I b型では、それらが存在した本州北部に自生しているツルマメで最も高い頻度で認められたこと、この地域において、ダイズで最も一般的な細胞質ゲノム型であるcp I +mtIVb型をもつツルマメが認められたことから、両者間の浸透交雑が生じていたと考えられる。

学位論文審査の要旨

主 査 教 授 島 本 義 也

副 査 教 授 中 世 古 公 男

副 査 教 授 佐 野 芳 雄

学 位 論 文 題 名

東アジアにおけるダイズ (*Glycine max* (L.) Merr.)

の系統分化に関する進化遺伝学的研究

本論文は、図15、表26、引用文献114を含み、6章からなる総頁数130の和文論文である。別に、参考論文4編が添えられている。

ダイズ(*Glycine max* (L.) Merr.)は、その祖先種として考えられているツルマメ(*Glycine soja* Sieb. et Zucc.)の分布地域である東アジアで起源したものと考えられている。東アジア地域は、多様な栽培様式や伝統的食品と結びついた在来種が確立しているダイズ遺伝資源の中心地である。

ダイズの起源地およびその伝播過程は、多方面の分野から論じられてきたが、多くの研究者に受け入れられる定説がない。近年、生化学的標識やDNA標識の利用が容易になり、ダイズの系統分化の考察にも重要な遺伝的情報を提供するものと思われる。

本研究の目的は、東アジアにおけるダイズの系統分化の様相およびその起源と伝播について、東アジア各地で収集したダイズ在来種の生化学的標識、標識形質および細胞質ゲノム型の遺伝情報を基に検討することである。

生化学的標識を支配する16遺伝子座の41個の対立遺伝子の頻度から、ダイズ在来種は、他の自殖性作物の在来種に比べ、高い遺伝的多様性を持つことを示した。東アジアの地域間では、14遺伝子座に対立遺伝子頻度の差異が認められ、特に、日本と他の地域で3遺伝子座の対立遺伝子頻度が大きく異なった。北海道は、日本の他の地域と3遺伝子座で、沖縄は、3遺伝子座で、中国の北部は、中国の他の地域と2遺伝子座で、対立遺伝子頻度がそれぞれ大きく異なった。16遺伝子座の対立遺伝子頻度に基づく地域間の標準遺伝距離は、地理的距離とほぼ類似したが、九州では、近接する本州南部と四国と比較して、本州北部と本州中部との標準遺伝距離が小さかった。

特定のアイソザイム遺伝子型組合せをもつ系統群の頻度は、遺伝的距離の

極めて小さかった地域間においても認められ、各地域で特異的な遺伝子型組合せを持つ系統群の分化が示された。九州地方で特異的に分化している夏ダイズ型と秋ダイズ型の遺伝的分化は、4遺伝子座において認められた。夏ダイズ型は、他の地域と標準遺伝距離が大きかったが、秋ダイズ型は、九州、沖縄と北海道を除く日本の他の地域との標準遺伝距離が小さく、日本における主要な系統群であると考えられた。

10種類の標識形質の表現型の頻度を地域間で比較した。多くの地域で表現型が多型的であった臍の色、花色と毛茸色の3形質および表現型多様性が低かった鞍掛と葉形は、地域によって明確な特徴が認められなかった。日本と朝鮮半島では、中粒型と有限型が、中国と台湾では小粒型と無限型が高い頻度で観察された。種皮色は、全ての地域で黄色が優占したが、中国中部、中国南部と台湾では黒色の頻度が高かった。また、北方地域は、円型種子と早生型が、南方地域は楕円型種子と晩生型が高い頻度で観察された。このように、地域による系統分化が生じていていた。

日本は3形質で、中国は5形質で、朝鮮半島は2形質で、台湾は1形質で表現型多様性が高く、生化学的標識の遺伝的多様性の地域の特徴と適合していた。また、生化学的標識の遺伝子多様性が最も高かった中国中部では、7形質で高い表現型多様性が認められ、ダイズの多様性の中心と考えられた。形質組合せの連関は、日本において顕著な地域特異性が認められたのに対し、中国では、連関の生じた形質の数が少なく、多様な系統が分布していた。

ダイズの細胞質ゲノムは、cpDNAとmtDNAのRFLP分析により、7つの型に類別された。cp I + mtIVb型は、全体の70%を占め、全ての地域の優占型であり、ダイズにおける主要な細胞質ゲノム型であった。それに対し、cp I + mtIVc型は日本の北部と九州の夏ダイズ型に、cp III + mtIVa型は中国と朝鮮半島に、cp III + mtVI型は九州の秋ダイズ型を含めた日本の南部にそれぞれ特異的に観察された。cp II + mtIVb型とcp III + mt I b型は、それらの細胞質ゲノム型を有するツルマメが優占する地域で観察され、ツルマメより浸透導入されたと考えられた。

本研究は、東アジアの各地域で収集した多数の在来種の豊富な遺伝情報をもとに、ダイズの系統分化を明らかにし、さらにダイズの起源地、そして、東アジア各地域への伝播過程を考察したものである。この成果は、学術上の貢献が大きく、学会においても高く評価されており、また、ダイズ遺伝資源の展開に寄与するところ大である。

よって、審査員一同は、最終試験の結果と合わせて、本論文の提出者平田聡之は博士(農学)の学位を受けるに十分な資格があるものと認定した。