

日本及び中国コムギ品種におけるグルテニン遺伝子の頻度分布

中 村 洋・藤 巻 宏*

(農業技術研究機構東北農業研究センター・*東京農業大学)

Genetic Diversity of Glutenin Subunit Genes using Japanese and Chinese Hexaploid Wheats

Hiro NAKAMURA and Hiroshi FUJIMAKI*

(National Agricultural Research Center for Tohoku
Region, NARO・*Tokyo University of Agriculture)

1 は じ め に

アジア・モンスーン気候のわが国の自然環境では、製パン適性の高いコムギの生産には不利な点も多いが、東アジアの伝統食品としての麺の製造に適したコムギ品種の開発には有利な面もある。しかし、近年、オーストラリア産のASW 銘柄などの製麺特性のすぐれた輸入小麦に押され、わが国の小麦生産は大きな困難に直面している。この困難を打開するには、国民のニーズに合う高品質でユニークな成分をもつコムギ品種の開発を急ぐ必要がある¹⁾。

そこで、製パンや製麺などに関連する加工特性と関係の深いコムギの種子貯蔵タンパク質の分析と遺伝変異の解析により、日本のコムギ品種の遺伝的特徴を明らかにし、今後のコムギ育種の参考となる情報を得る目的で本研究を実施した。

2 試 験 方 法

独立行政法人農業生物資源研究所ジーンバンクで保存している改良(農林登録)品種131点及び中国品種274点の種子を実験材料として用いた。コムギ種子の胚乳部を粗砕して得られた10mgの小麦粉末に300 μ lのトリス・塩酸緩衝液(pH 6.8) {0.25M トリス・塩酸バッファー (w/v), 2% (w/v) SDS, 10% (v/v) グリセロール, 5% (w/w) 2-メルカプト・エタノール}を加え、2時間以上室温でよく振盪して種子貯蔵タンパク質を抽出した。これを15,000回転($\times$ g)の遠心分離にかけ、得られた上澄み液を電気泳動用試料とした。SDS-ゲル電気泳動により、種子貯蔵タンパク質の分析を行った。分離ゲルのアクリルアミド濃度は7.5%とし、定電流10mAで15時間の電気泳動を行った。泳動後、酢酸及びメタノールを含むコマシー・ブリリアントブルーR250でタンパク質を染色した。グルテニン高分子量サブユニットの発現は、*Glu-1*遺伝子座群に座乗する各対立遺伝子により支配されていることが知られている。例えば、サブユニット1は*Glu-A1a*遺伝子、サブユニット2*は*Glu-A1b*遺伝子、サブユニット7+8は*Glu-B1b*遺伝子、サブユニット5+10は*Glu-D1d*遺伝子、145kDa サブユニットは*Glu-D1f*遺伝子等、各サブユニットと*Glu-1*遺伝子座群の対立遺伝子が厳密に対応している。そこで、本実験では、グルテニン

高分子量サブユニットの数字番号を用いず、それらの発現を支配している*Glu-A1*、*Glu-B1*及び*Glu-D1*遺伝子座に座乗する対立遺伝子の名称と出現頻度を検討の対象とした。

3 試験結果及び考察

日本の改良品種と中国品種のグルテニン・サブユニット構成に基づき、両国コムギ品種のグルテニン遺伝子の頻度を比較した結果を表1に示した。*Glu-A1*遺伝子座に関しては、日中品種間に大きな頻度差は認められなかった。*Glu-A1c*遺伝子は、中国品種には80.4%、日本品種には74.1%の頻度で存在した。日中コムギ品種とも、この遺伝子の頻度が最も高かった。*Glu-A1a*遺伝子は中国品種では5.2%と低く、*Glu-A1b*遺伝子は日中品種間に大きな遺伝子頻度の差異は認められなかった。

*Glu-B1*遺伝子座については、若干の差異がみられた。日本の改良品種にはなく中国品種にのみ存在したのは、*Glu-B1a*、*Glu-B1f*、*Glu-B1k*などの対立遺伝子であった。特に、*Glu-B1a*遺伝子は日本の改良品種には見いだせないが、中国品種には12%以上の高い頻度で存在していた。なお、日本の地方品種には、低頻度(2%弱)で見いだされた。*Glu-B1b*遺伝子は中国品種には71.9%、日本改良品種には83.2%の高い頻度で存在した。

*Glu-D1*遺伝子座については、日中品種間に顕著な差異が認められた。日中品種とも最高頻度の遺伝子は*Glu-D1a*であり、日本改良品種では55%、中国品種では85%の頻度であった。また、*Glu-D1d*遺伝子をもつ日本品種はわずか2点に(1.5%)すぎないが、29点(10.5%)もの中国品種がこのグルテニン遺伝子を保有していた。これとは対照的に、*Glu-D1f*遺伝子は日本の改良品種には35%に及ぶ高頻度で存在するのに反し、この遺伝子をもつ中国品種はわずか5点(2%)に過ぎなかった。このことは、*Glu-D1f*遺伝子が日本コムギ品種を特徴づけるグルテニン遺伝子であることを裏付けた。

わが国の改良(農林登録)品種を特徴づけているグルテニン遺伝子*Glu-D1f*は、日本のコムギ品種には35%にも及ぶ高い頻度で存在する一方で、隣国である中国のコムギ品種には、ごく低頻度でしか存在しなかった。そのほかのグルテニン遺伝子の頻度にも、明瞭な差異がみられた。日

本品種には含まれていない *Glu-B1* 遺伝子座の *Glu-B1a*, *Glu-B1f*, *Glu-B1k* などの対立遺伝子が中国品種には存在していた。このことから、日本と中国のコムギ品種の間には、グルテニン遺伝子に関して顕著な遺伝的分化が起こっていることがわかる。

このような日中間のコムギ品種に遺伝的分化が生じた原因として、まず、始祖効果が考えられる。わが国のコムギが隣国である中国から伝来したとして、最初に渡来した祖先(始祖)が持っていたグルテニン遺伝子組成が日本の地方品種や改良品種の遺伝的構成に強い影響(効果)を与え

たと考えられる。しかし、日本の自然環境、特に西南暖地の日長や気象条件に適応する過程で作用した自然選択、また、品種改良、なかんずく製麺適性などの品質改良の過程で働いた人為選抜、あるいはそれら両者が日中コムギ品種の遺伝的分化に影響した可能性も考えられる。

中近東に起源したコムギがシルクロードを経て中国から日本に伝来し、わが国の自然環境や栽培条件に適応する過程で、遺伝的多様性が失われてきたものと推察される。その結果、世界的にみて極めて希な遺伝子 *Glu-D1f* のような特定のグルテニン遺伝子が多くの日本品種に分布するようになり、このことが日本のコムギ品種の遺伝的基盤の狭隘化をもたらしたものと推定される。

4 ま と め

わが国へのコムギの伝来に深い関わりを持つと推測される中国のコムギ品種と日本の改良品種のグルテニン・サブユニット構成に基づき、両国コムギ品種のグルテニン遺伝子の頻度分析を行った。その結果から、日本のコムギ品種の特徴を明らかにでき、その遺伝的基盤の狭隘化をもたらした要因について考察し、日本へ伝来してきた中国品種の始祖効果が日本品種に強い効果を与えたものと考えられ、さらに、自然選択及び人為選抜が日中コムギ品種の遺伝的分化に影響した可能性も考えられた。特に *Glu-D1f* 遺伝子の効果が、日本のコムギ品種の遺伝的基盤の狭隘化をもたらしたものと推定された。

引 用 文 献

- 1) 山下 淳. 1994. 日本の麦を考える. 全国米麦改良協会. p. 26-39.

表1 中国274品種及び日本改良(農林)131品種における *Glu-1* 遺伝子座における対立遺伝子頻度の比較

遺伝子座	対立遺伝子	サブユニット	中国品種	日本改良品種
<i>Glu-A1</i>	<i>a</i>	1	5.2	12.2
	<i>b</i>	2*	14.4	13.7
	<i>c</i>	Null	80.4	74.1
<i>Glu-B1</i>	<i>a</i>	7	12.3	0
	<i>b</i>	7+8	71.9	83.2
	<i>c</i>	7+9	8.1	12.9
	<i>d</i>	6+8	3.9	0.8
	<i>e</i>	20	1.4	1.5
	<i>f</i>	13+16	0.7	0
	<i>g</i>	13+19	0.4	0.8
	<i>i</i>	17+18	0.7	0.8
	<i>k</i>	22	0.7	0
<i>Glu-D1</i>	<i>a</i>	2+12	84.6	55.0
	<i>b</i>	3+12	1.1	1.5
	<i>c</i>	4+12	2.1	6.9
	<i>d</i>	5+10	10.5	1.5
	<i>f</i>	145kDa+12	1.8	35.1