

日本新旧コムギ品種におけるグルテニン遺伝子の変異解析

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 Variation Analysis by Glutenin Subunit Genes in
Japanese Wheat Improved Varieties and Landraces

Hiro NAKAMURA and Hiroshi FUJIMAKI*

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

1 はじめに

日本のコムギの品種改良は、昭和4年(1929年)の農林1号の育成以来、国や県の試験場を中心にした公的育種により大きな成果をあげてきた。戦後の食料事情が改善されるまでは、収量や環境耐性などの栽培特性の改良に重点が置かれてきた。しかし、食料事情が改善され食生活の高度化と多様化が急速に進展する中で、コムギの育種目標の重点は、収量や環境耐性から品質や成分の改良に大きくシフトしてきた¹⁾。コムギ品質の改善を図るためには、種子貯蔵タンパク質の遺伝的改良が重要で、量的改良と質的改良とに分けられる。量的改良とは、タンパク質含量の向上であり、質的改良とは、アミノ酸やポリペプチド(サブユニット)構成の改変である。前者は、遺伝的要因とともに環境要因が深く関わっているが、後者は、遺伝的要因の関与が大きい。すなわち、タンパク質含量は、品種によって異なるばかりでなく、自然環境や栽培条件による変動も大きい。一方、タンパク質のアミノ酸やポリペプチドの構成は遺伝的に決定され、環境の影響は少ないとみられる。

本研究では、小麦の品質特性と関連の深い種子貯蔵タンパク質のサブユニット(グルテニン遺伝子)について、わが国の改良(農林登録)品種、及び地方(在来)品種の遺伝変異を解析し、各グルテニン遺伝子頻度やその地理的分布などにより、日本のコムギ品種の遺伝的特徴を明らかにし、国産小麦の品質・成分の改良や新たな遺伝資源の開発に役立つ情報を得ることを目的として、実験と調査を行った。

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点及び地方(在来)品種174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。

3 試験結果及び考察

日本の改良(農林登録)品種及び地方(在来)品種の *Glu-1* 遺伝子座群の各対立遺伝子を有する品種数及び頻度を表1に示した。

まず、*Glu-A1* 遺伝子座では、改良・地方品種ともに *Glu-A1c* 遺伝子の頻度が最大であった。改良品種では97点(74.1%)、地方品種でも151点(86.8%)がこの遺伝子を持っていた。改良品種では *Glu-A1a* 遺伝子をもつものが16点(12.2%)、*Glu-A1b* 遺伝子をもつのは18点(13.7%)であり、地方品種に比べて明らかに両遺伝子の頻度は高まる傾向が認められた。

Glu-B1 遺伝子座に関しては、1B染色体上に11の対立遺伝子が座乗し、既知のグルテニン・サブユニットの対立遺伝子の半分以上が、この染色体上に集中していることが知られている。新旧品種ともに、*Glu-B1b* 遺伝子頻度が最大で、改良品種で109点(83.2%)、地方品種で164点(94.1%)と高かった。特にほとんどの地方品種が *Glu-B1b* 遺伝子をもっており、改良品種ではやや減少する傾向が認められた。一方、*Glu-B1c* 遺伝子の頻度は、改良品種では12.9% (17品種)であり、地方品種の頻度1.2% (2品種)より明らかに高まる点が注目された。改良品種では、*Glu-B1d* 遺伝子(タクネコムギ)、*Glu-B1e* 遺伝子(チホクコムギ、農林12号)、*Glu-B1g* 遺伝子(ハルミノリ)及び *Glu-B1i* 遺伝子(ハルユタカ)の頻度は低く、わずか1~2品種にしか存在しなかった。さらに、*Glu-B1f*, *Glu-B1g*, *Glu-B1h*, *Glu-B1j* および *Glu-B1k* などの *Glu-B1* 遺伝子座の対立遺伝子は地方品種には存在しないが、改良品種ではハルミノリにのみ *Glu-B1g* 遺伝子が存在した。*Glu-B1a* 遺伝子の頻度は低く、

3品種の地方品種にのみ存在したが、改良品種には認められなかった。

*Glu-D1*遺伝子座では、新旧品種の間で遺伝子頻度に顕著な差異が認められた。改良品種では *Glu-D1a* 遺伝子の頻度は55%、*Glu-D1f* 遺伝子の頻度は35%であったが、地方品種ではこれらの遺伝子頻度はそれぞれ70%及び25%であった。地方品種と比べて改良品種では *Glu-D1a* 遺伝子の頻度が低くなり、*Glu-D1f* 遺伝子頻度が高まる傾向があった。*Glu-D1e* 遺伝子は改良品種にも地方品種にも存在せず、*Glu-D1b* (農林21号、農林42号) 及び *Glu-D1d* (農林35号、ハルヒカリ) の両遺伝子についても、改良品種では2品種 (1.5%) にしか存在しなかった。

以上の結果から、日本コムギ品種は *Glu-D1f* 遺伝子を持異的に高い頻度でもっており、このグルテニン遺伝子を含む極めてユニークなグルテニン・サブユニット構成を持つことがわかった。日本の新旧コムギ品種のグルテニン遺伝子頻度の解明により、いくつかの注目すべき点が明らかとなった。最も分子量の大きい145kDa サブユニットを支配する *Glu-D1f* 遺伝子がわが国の多数の新旧品種に含まれているが、外国品種には希にしか存在しない遺伝子であることから、この *Glu-D1f* 遺伝子は日本のコムギ品種を特徴づける重要なグルテニン遺伝子であることがわかった。

このグルテニン遺伝子が日本の新旧コムギ品種に高頻度で存在する理由としては、いくつか要因が想定される。まず、いわゆる「始祖効果」があげられる。日本のコムギ品種の多くの祖先がこの遺伝子を持ち、それが地方 (在来) 品種に引き継がれ、それらを素材として育成された改良品種に継承されたと考えられる。

次に、自然選択や人為選抜による効果もあるものと推測される。自然選択に関連しては、日本のコムギは中国よりシルクロードを経て伝来したとされるが、その間、新しい自然環境や栽培条件に適応する過程で加わった自然選択によりグルテニン・サブユニット構成が変化した可能性を考察することができる。その結果として、*Glu-1* 遺伝子座群のグルテニン対立遺伝子の頻度に大きな変化をもたらしたものであると思われる。また、人為選抜については日本伝来以後の品種改良、特に製麺等に関連する加工適性を高める過程

表1 日本の改良 (農林) 品種131点及び地方品種174点における *Glu-1* 対立遺伝子の頻度

遺伝子座		改 良 品 種		地 方 品 種		
対立遺伝子	サブユニット	品種数	頻度(%)	品種数	頻度(%)	
<i>Glu-A1</i>	<i>a</i>	1	16	12.2	8	4.6
	<i>b</i>	2*	18	13.7	15	8.6
	<i>c</i>	Null	97	74.1	151	86.8
<i>Glu-B1</i>	<i>a</i>	7	0	0	3	1.7
	<i>b</i>	7+8	109	83.2	164	94.1
	<i>c</i>	7+9	17	12.9	2	1.2
	<i>d</i>	6+8	1	0.8	2	1.2
	<i>e</i>	20	2	1.5	1	0.6
	<i>f</i>	13+16	0	0	0	0
	<i>g</i>	13+19	1	0.8	0	0
	<i>h</i>	14+15	0	0	0	0
	<i>i</i>	17+18	1	0.8	2	1.2
	<i>j</i>	21	0	0	0	0
	<i>k</i>	22	0	0	0	0
<i>Glu-D1</i>	<i>a</i>	2+12	72	55.0	122	70.1
	<i>b</i>	3+12	2	1.5	0	0
	<i>c</i>	4+12	9	6.9	2	1.2
	<i>d</i>	5+10	2	1.5	6	3.4
	<i>e</i>	2+10	0	0	0	0
	<i>f</i>	145kDa+12	46	35.1	44	25.3

で加えられた人為選抜に反応して、グルテニン・サブユニット構成が変化し、*Glu-1* 遺伝子座群のグルテニン遺伝子頻度に大きな変化が生じたものと考えられた。

4 ま と め

わが国の新旧305品種・系統のグルテニン・サブユニット構成を比較分析し、品種改良過程におけるグルテニン遺伝子の消長を明らかにした。また、日本コムギ品種の特質をグルテニン *Glu-D1f* 遺伝子等から明らかにでき、日本コムギの由来とその遺伝的基盤について考察し、日本コムギ品種のグルテニン遺伝子頻度の変異についての効果として、始祖効果・自然選択・人為選抜による影響があるものと考えられた。

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.