

コムギおよびオオムギにおける家系図から計算した近縁係数と分子マーカーから推定した遺伝的距離との関係

小林俊一^{1,2)}・吉田智彦³⁾

(¹⁾ 栃木県農業試験場生物工学部, ²⁾ 東京農工大学大学院連合農学研究科, ³⁾ 宇都宮大学農学部)

要旨: 品種育成において、交配親を選定する際に遺伝的背景を把握しておくことは、育種の効率化のために有効である。そこで、関東周辺地域のムギ類品種を用い、交配記録の系譜から統計的に近縁係数を算出した。次にこれらの品種間で RAPD 分析による同一のバンドを示す DNA マーカー数と根井の遺伝的距離 D を算出した。同一のマーカー数と近縁係数の間の相関係数はコムギで $0.581 \sim 0.904$ 、オオムギでは $0.731 \sim 0.805$ であった。遺伝的距離と近縁係数の間の相関係数はコムギで $-0.511 \sim -0.892$ 、オオムギでは $-0.659 \sim -0.770$ であった。このことは、コムギ、オオムギにおいて今回の分子マーカーから得た遺伝情報は、育成の過程で後代にほぼ均等に分離していったことを示すと考えられた。遺伝情報を利用した DNA マーカーおよび近縁係数による簡易な血縁関係の推定は利用価値が高いと考えられる。なお、同一マーカー数と遺伝的距離の相関係数は極めて高かった。遺伝的な多様性の維持を意識しながら品種育成するためにもこれらの情報の有効利用が必要と考えられた。

キーワード: 遺伝的距離, オオムギ, 関東地域, 近縁係数, コムギ, DNA マーカー, RAPD 分析。

近年のムギ類生産は、民間流通の仕組みや銘柄、ランク区分等により、実需者の要望に応えられるよう高品質が求められ、品種の育種目標は一定の収量や栽培特性を保持しつつも品質の向上が中心となっている。この傾向により、母本として自ずと高品質の品種や系統が組み合わされ、遺伝的に近縁となり変異の拡大が難しく、近縁度が高まってきたと推定される。この近縁度の高まりは、今後、品種識別マーカーを開発していくうえでの支障となることが考えられる。奨励品種の選定でも近縁の品種が増加し特性が似通ってくると、新たな品種の採用が難しくなる。育種においても、交配計画を策定する際に交配親となる品種や系統間の遺伝的背景を解析し把握しておくことは効率的な品種育成や遺伝的多様性の維持のために重要となってくる。

遺伝的背景を把握する方法としては、交配親となる品種間の近縁係数や遺伝的距離の解析があげられる。

近縁係数は、品種の系譜図を基にして共通な祖先品種から統計的に算出する手法である。近縁係数の算出はコムギ(水田・吉田 1996b) およびビールオオムギ品種(水田ら 1996a) では系譜図のデータベースが入力されている推論型コンピュータ言語の Prolog を用いることにより、迅速かつ簡単にできるようになっている。さらに、このプログラムおよびこれを利用したデータベースは従来 MS-DOS 上での処理系で実施していたが、現在では吉田 (2004) により Windows 上で作動させられるようになった。このプログラムによる近縁係数の算出方法は、両親の遺伝物質を雑種が半分ずつ受け継ぐとの仮定をして計算を行うものである。

遺伝的距離は、分子マーカーなどを指標とした集団間の差から多次元空間における距離を求め、遺伝的相似度を算出する方法である。Smile ら (2002) はコムギを用いて遺

伝的距離と品種の系譜図からみた祖先の共通な割合とを比較し、良く一致したと報告している。また、内村ら (2004) は国内の二条オオムギ 22 品種を用い、近縁係数と分子マーカーにより算出した遺伝的距離との関係を解析し、現在、これらの関係には有意な相関を認めている。

そこで、本報告では、コムギおよびオオムギについて、育種の効率化のために遺伝的背景を把握する方法として次に述べる手法の有用性について検討した。まず、Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) 分析による栃木県を中心とした関東周辺地域におけるムギ類優良の品種識別(小林・吉田 2006) で用いた品種について、交配記録の系譜から統計的に近縁係数を算出した。次に簡単に品種間での違いを把握するため、品種間で同一のバンドを示した DNA マーカー数(以下、同一マーカー数と記す)を計算した。さらに品種間の距離の尺度を比較可能にして、より普遍化するためにマーカーの多型から根井の遺伝的距離 D (根井 2002) (以下、遺伝的距離 D と記す) を算出した。これら、同一マーカー数と遺伝的距離 D で近縁係数がどの程度説明できるかも検討した。

材料と方法

1. 供試品種

供試品種は既報(小林・吉田 2006) で供試した、コムギでは小麦農林 61 号、イワイノダイチ、タマイズミ、春のかがやき、きぬの波、つるぴかり、ダブル 8 号、シラネコムギ、あやひかり、小麦農林 26 号、キヌヒメ、ユメセイキ、フウセツ、しゅんよう、ユメアサヒ、バンドウワセ、およびニシノカオリの合計 17 品種である。オオムギでは二条オオムギのミカモゴールドン、スカイゴールドン、あまぎ二条、なす二条、みょうぎ二条、タカホゴールドン、きぬ

か二条, はるな二条, および関東二条 35 号を, 六条オオムギのシュンライ, 東山皮 101 号, ミノリムギ, カシマムギ, マサカドムギ, さやかぜ, すずかぜ, ファイバースノウ, センゲツモチ, および裸ムギのイチバンボシの合計 19 品種である. 交配の両親名, 育成地などは既報 (小林・吉田 2006) に示した.

2. 同一マーカー数

DNA 多型のデータは供試したコムギ 17 品種とオオムギ 19 品種間について, RAPD マーカーにより検出したコムギ 23 種類, オオムギ 33 種類の DNA 多型で, PCR 増幅産物がある, つまり, 品種にその DNA マーカーが現れた場合を '1', 現れない場合を '0' とした (値は前報 (小林・吉田 2006) の第 2 表および第 4 表に示した). 前報の第 2 表および第 4 表に示した範囲内で, ある 1 品種と他の 1 品種で同じく現れた DNA マーカーの数を同一マーカーとしてすべての品種相互間で計算した. つまり, コムギでは 136 組合せ, オオムギでは 171 組合せである. 品種間の同一マーカー数は Visual Basic でプログラムを作成してコムギ, オオムギ別に算出した.

3. 遺伝的距離

品種間の遺伝的距離 D をコムギ, オオムギ別に以下の式で算出した. なお, 算出に用いた品種の遺伝子頻度の値は同一マーカー数に用いたデータと同一である.

$$D = -\ln [\sum p_{li} \times p_{2i}] / \sqrt{[(\sum p_{li}^2) \times (\sum p_{2i}^2)]}$$

ここで, p_{li} : 集団 1 (品種 1) の i 遺伝子座の遺伝子型の頻度, p_{2i} : 集団 2 (品種 2) の i 遺伝子座の遺伝子型の頻度である. 計算には, Felsenstein によるプログラム (注: PHYLIP <http://evolution.gs.washington.edu/phyliip.html>) を用いて行った.

4. 近縁係数

自殖作物の 2 個体 X , Y 間の近縁係数, r_{XY} , は 2 個体間

の共通祖先を Z とし, n_1 , n_2 を X , Y からそれぞれ Z へさかのぼる世代数とすると,

$$r_{XY} = \sum (1/2)^{n_1+n_2}$$

で求められる (酒井 1957). ここで \sum は共通祖先へさかのぼる全経路の和を示す.

近縁係数の算出は, 水田ら (1996a) が作成した推論型コンピュータ言語の Prolog を用いたデータベースに近年のデータを付け加えて, Windows 版のプログラムによって行った. 突然変異系統, 純系淘汰品種, 変種は原品種と同一として計算した. 古い品種の記録の若干の相違は計算結果に大差をもたらさないことが確認されている (吉田 1999). 近縁係数と, 同一マーカー数や遺伝的距離 D との相関係数を計算した.

結 果

1. 同一マーカー数

コムギでの同一マーカーの算出結果を第 1 表に, オオムギでの結果を第 2 表に示した. コムギで同一マーカー数が 23 の内の 20 を上回っている組合せは, イワイノダイチと春のかがやきおよびあやひかり, タマイズミとあやひかりおよびキヌヒメ, 春のかがやきとあやひかり, あやひかりとキヌヒメであり, 品質特性が類似している系統は同一マーカー数が多い傾向であった. また, これらの 5 品種はクラスター分析の結果でも (小林・吉田 2006), デンドログラムにおいて 1 つのクラスターを形成しており, 同一マーカー数とクラスターの結果は同様の傾向を示した. イワイノダイチ, 春のかがやき, およびあやひかりは共通の親として西海 168 号 (後のきぬいろは) が使われていた. 硬質粒品種であるタマイズミとあやひかりおよびキヌヒメ間で同一マーカーが多い原因は明らかではなかったが, 系譜図を遡ると各育成地の品種が交配に使用されているためと考えられる.

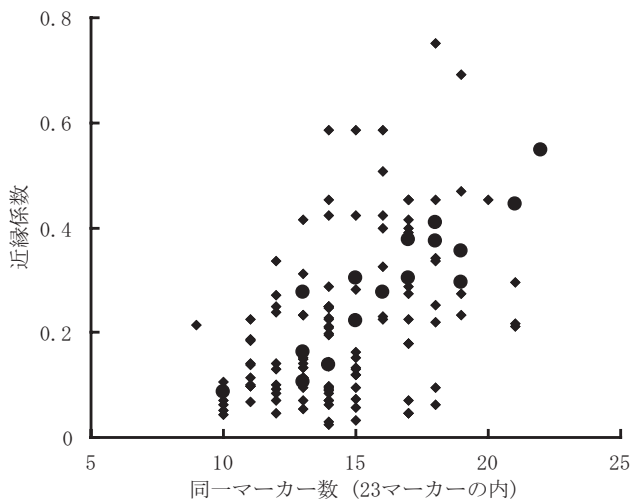
オオムギでも同様に品質特性が類似している系統では同一マーカー数が多かった. 特に, 二条オオムギと六条オオ

第 1 表 コムギ品種間における同一マーカー数.

No.	品種名	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	小麦農林61号																	
2	イワイノダイチ	17																
3	タマイズミ	17	19															
4	春のかがやき	16	22	18														
5	きぬの波	13	15	17	14													
6	つるびかり	13	17	19	18	15												
7	ダブル8号	9	13	13	14	13	17											
8	シラネコムギ	14	14	14	15	14	18	18										
9	あやひかり	17	21	21	20	17	17	11	12									
10	小麦農林26号	12	18	14	17	16	14	14	15	16								
11	キヌヒメ	19	19	21	18	17	17	11	14	21	14							
12	ユメセイキ	11	15	15	14	17	13	13	14	15	18	13						
13	フウセツ	12	16	14	17	14	16	14	15	16	19	14	14					
14	しゅんよう	10	10	12	11	12	14	14	15	10	13	10	12	15				
15	ユメアサヒ	13	13	11	12	15	13	17	18	11	14	13	13	12	10			
16	バンドウワセ	18	18	16	19	14	16	12	15	16	13	18	12	15	11	14		
17	ニシノカオリ	13	13	13	12	11	11	17	14	13	14	11	15	14	14	15	10	
同一マーカー数平均		14.0	16.3	15.9	16.1	14.6	15.5	13.8	14.9	15.9	15.1	15.6	14.0	14.8	12.1	13.4	14.8	13.1

第2表 オオムギ品種間における同一マーカー数.

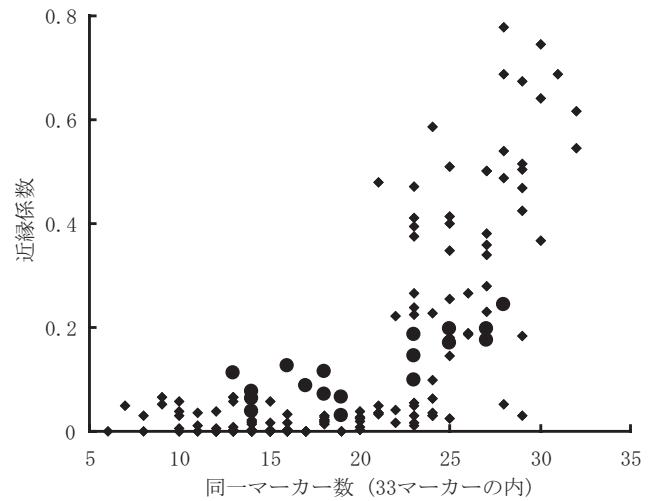
No.	品種名	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	関東二条35号																			
2	ミカモゴールドン	25																		
3	スカイゴールドン	23	27																	
4	あまぎ二条	23	27	23																
5	なす二条	27	27	23	23															
6	みょうぎ二条	23	29	27	23	25														
7	タカホゴールドン	21	27	25	23	23	29													
8	きぬか二条	23	29	25	27	25	27	25												
9	はるな二条	24	32	28	26	28	30	28	30											
10	シュンライ	11	13	17	13	13	15	15	17	14										
11	東山皮101号	18	14	18	14	20	16	16	16	15	22									
12	ミノリムギ	13	15	19	15	15	17	17	19	16	31	24								
13	カシマムギ	10	10	14	12	12	14	16	12	11	22	25	24							
14	マサカドムギ	12	10	14	6	14	12	16	8	11	18	23	18	25						
15	さやかぜ	14	10	14	8	16	12	14	10	11	20	25	20	25	29					
16	すずかぜ	13	9	13	7	15	13	13	9	10	21	24	21	26	28	32				
17	ファイバースノウ	14	12	16	12	16	14	14	16	13	28	27	28	23	21	23	24			
18	センゲツモチ	13	15	19	15	15	17	15	19	16	29	26	29	24	18	20	21	30		
19	イチバンボシ	18	14	18	14	20	16	18	14	15	18	29	20	23	23	25	24	23	22	
同一マーカー数平均		18.1	18.1	20.2	17.3	19.8	19.9	19.7	19.5	19.9	18.7	20.7	20.1	18.2	17.0	18.2	17.9	19.7	20.2	19.7



第1図 コムギ品種間の同一マーカー数と近縁係数の関係。
全品種間の相関は $r = 0.518$. ●印のイワイノダイ
チとの相関は $r = 0.904$.

ムギでは明らかに差異がみられた。二条オオムギ間では同一マーカー数は33の内の23から30であり、六条オオムギ間でも18から30であった。それに対し、二条オオムギと六条オオムギ間では6から20であり10以下の組合せも多くみられた。裸ムギであるイチバンボシは六条であり、六条オオムギとの同一マーカー数が多かった。クラスター分析の結果でも、デンドログラムにおいて二条オオムギと六条オオムギは大きな2つのクラスターに分かれており、今回の結果と一致している。

そこで、同一マーカー数と近縁係数との関係についてコムギを第1図に、オオムギを第2図に示した。コムギ全品種相互間での相関係数は $r = 0.518$ と1%水準で有意であった。秋播性程度の高い系統‘秋9’を交配親に用いたイワイノダイチと他品種の組合せに限った場合の相関係数は、 $r = 0.904$ と高くなった。オオムギ全品種相互間での相関係数は $r = 0.731$ と1%水準で有意であった。六条オオムギを祖先に持つスカイゴールドンと他品種間の組合せ



第2図 オオムギ品種間の同一マーカー数と近縁係数の関係。
全品種での相関は $r = 0.731$. ●印のスカイゴールドンとの相関は $r = 0.805$.

での相関係数は、 $r = 0.805$ と高くなった。

2. 遺伝的距離 D

コムギの遺伝的距離 D の計算結果を第3表に、オオムギを第4表に示した。コムギの遺伝的距離 D の結果では、計算結果が0.1以下と遺伝的距離 D が近いと示されたのはイワイノダイチと春のかがやき及びあやひかり、タマイズミとあやひかりおよびキヌヒメであった。また、次いで0.14と近かったのは春のかがやきとあやひかりであった。二条オオムギ品種間では0.03~0.45、六条オオムギ品種間では0.03~0.61であるのに対し、二条オオムギ品種と六条オオムギ品種間では0.50~1.19と遺伝距離 D は遠くなった。これらは同一マーカー数から得た結果とほぼ同様の傾向であった。

3. 近縁係数

コムギにおける品種間の近縁係数は0.02から0.75に

第3表 コムギ品種における遺伝的距離D(右上)と近縁係数(左下)の値.

No.	品種名	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	小麦農林61号		0.30	0.30	0.36	0.57	0.57	0.94	0.50	0.30	0.65	0.19	0.74	0.65	0.83	0.57	0.25	0.57
2	イワイノダイチ	0.38		0.19	0.04	0.43	0.30	0.57	0.50	0.09	0.25	0.19	0.43	0.36	0.83	0.57	0.25	0.57
3	タマイズミ	0.39	0.30		0.25	0.30	0.19	0.57	0.50	0.09	0.50	0.09	0.43	0.50	0.65	0.74	0.36	0.57
4	春のかがやき	0.33	0.55	0.34		0.50	0.25	0.50	0.43	0.14	0.30	0.25	0.50	0.30	0.74	0.65	0.19	0.65
5	きぬの波	0.23	0.30	0.27	0.45		0.43	0.57	0.50	0.30	0.36	0.30	0.30	0.50	0.65	0.43	0.50	0.74
6	つるぴかり	0.23	0.30	0.27	0.45	0.58		0.30	0.25	0.30	0.50	0.30	0.57	0.36	0.50	0.57	0.36	0.74
7	ダブル8号	0.22	0.10	0.11	0.10	0.07	0.07		0.25	0.74	0.50	0.74	0.57	0.50	0.50	0.30	0.65	0.30
8	シラネコムギ	0.29	0.14	0.14	0.13	0.09	0.09	0.75		0.65	0.43	0.50	0.50	0.43	0.43	0.25	0.43	0.50
9	あやひかり	0.22	0.44	0.22	0.45	0.45	0.45	0.07	0.09		0.36	0.09	0.43	0.36	0.83	0.74	0.36	0.57
10	小麦農林26号	0.25	0.37	0.25	0.40	0.42	0.42	0.07	0.09	0.51		0.50	0.25	0.19	0.57	0.50	0.57	0.50
11	キヌヒメ	0.47	0.35	0.30	0.25	0.18	0.18	0.19	0.25	0.21	0.23		0.57	0.50	0.83	0.57	0.25	0.74
12	ユメセイキ	0.18	0.22	0.16	0.25	0.41	0.41	0.05	0.07	0.42	0.38	0.14		0.50	0.65	0.57	0.65	0.43
13	フウセツ	0.34	0.28	0.21	0.29	0.23	0.23	0.09	0.12	0.23	0.23	0.21	0.25		0.43	0.65	0.43	0.50
14	しゅんよう	0.06	0.09	0.07	0.10	0.08	0.08	0.02	0.03	0.07	0.09	0.05	0.06			0.83	0.74	0.50
15	ユメアサヒ	0.15	0.28	0.14	0.27	0.15	0.15	0.05	0.06	0.22	0.19	0.13	0.11	0.13	0.04		0.50	0.43
16	バンドウワセ	0.34	0.41	0.40	0.69	0.58	0.58	0.10	0.13	0.28	0.31	0.22	0.24	0.28	0.11	0.20		0.83
17	ニシノカオリ	0.11	0.16	0.11	0.14	0.10	0.10	0.05	0.06	0.13	0.14	0.14	0.07	0.09	0.03	0.12	0.10	
	遺伝的距離平均	0.52	0.37	0.39	0.38	0.46	0.41	0.53	0.44	0.40	0.43	0.41	0.50	0.45	0.66	0.55	0.46	0.57
	近縁係数平均	0.26	0.29	0.23	0.32	0.29	0.29	0.13	0.16	0.28	0.27	0.22	0.21	0.20	0.07	0.15	0.31	0.10
	両者間の相関係数	0.71	0.89	0.68	0.72	0.46	0.15	0.20	0.35	0.60	0.43	0.68	0.47	0.15	0.34	0.27	0.60	0.41

第4表 オオムギ品種における遺伝的距離D(右上)と近縁係数(左下)の値.

No.	品種名	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	関東二条35号		0.28	0.36	0.36	0.20	0.36	0.45	0.36	0.32	1.10	0.61	0.93	1.19	1.01	0.86	0.93	0.86	0.93	0.61
2	ミカモゴールデン	0.40		0.20	0.20	0.20	0.13	0.20	0.13	0.03	0.93	0.86	0.79	1.19	1.19	1.19	1.30	1.01	0.79	0.86
3	スカイゴールデン	0.19	0.17		0.36	0.36	0.20	0.28	0.28	0.16	0.66	0.61	0.55	0.86	0.86	0.86	0.93	0.72	0.55	0.61
4	あまぎ二条	0.38	0.23	0.10		0.36	0.36	0.36	0.20	0.24	0.93	0.86	0.79	1.01	1.70	1.42	1.55	1.01	0.79	0.86
5	なす二条	0.34	0.36	0.14	0.24		0.28	0.36	0.28	0.16	0.93	0.50	0.79	1.01	0.86	0.72	0.79	0.72	0.79	0.50
6	みょうぎ二条	0.47	0.50	0.20	0.27	0.41		0.13	0.20	0.10	0.79	0.72	0.66	0.86	1.01	1.01	0.93	0.86	0.66	0.72
7	タカホゴールデン	0.48	0.50	0.20	0.22	0.39	0.67		0.28	0.16	0.79	0.72	0.66	0.72	0.72	0.86	0.93	0.86	0.79	0.61
8	きぬか二条	0.41	0.47	0.17	0.28	0.35	0.50	0.51		0.10	0.66	0.72	0.55	1.01	1.42	1.19	1.30	0.72	0.55	0.86
9	はるな二条	0.59	0.62	0.24	0.27	0.49	0.75	0.78	0.64		0.86	0.79	0.72	1.10	1.10	1.10	1.19	0.93	0.72	0.79
10	シュンライ	0.01	0.00	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00		0.41	0.06	0.41	0.61	0.50	0.45	0.16	0.13	0.61
11	東山101号	0.01	0.00	0.11	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.22		0.32	0.28	0.36	0.28	0.32	0.20	0.24	0.13
12	ミノリムギ	0.00	0.00	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.69	0.23		0.32	0.61	0.50	0.45	0.16	0.13	0.50
13	カシマムギ	0.01	0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.04	0.26	0.03		0.28	0.28	0.24	0.36	0.32	0.36
14	マサカドムギ	0.00	0.00	0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.03	0.15	0.02	0.18		0.13	0.16	0.45	0.61	0.36
15	さやかぜ	0.04	0.04	0.08	0.03	0.03	0.04	0.03	0.03	0.03	0.04	0.14	0.03	0.20	0.18		0.03	0.36	0.50	0.28
16	すずかぜ	0.07	0.07	0.11	0.05	0.06	0.07	0.06	0.05	0.06	0.05	0.10	0.03	0.19	0.05	0.54		0.32	0.45	0.32
17	ファイバースノウ	0.01	0.00	0.13	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.69	0.38	0.54	0.06	0.04	0.05	0.06		0.10	0.36
18	センゲツモチ	0.01	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.42	0.19	0.52	0.03	0.02	0.03	0.04	0.37		0.41
19	イチバンボシ	0.03	0.02	0.07	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.03	0.01	0.02	0.01	0.03	0.04	0.03	0.02	
	遺伝的距離平均	0.62	0.60	0.50	0.70	0.52	0.53	0.52	0.57	0.56	0.58	0.47	0.50	0.62	0.71	0.64	0.66	0.54	0.50	0.51
	近縁係数平均	0.19	0.19	0.12	0.12	0.16	0.22	0.21	0.19	0.25	0.13	0.10	0.12	0.06	0.04	0.09	0.09	0.13	0.09	0.02
	両者間の相関係数	0.83	0.87	0.77	0.76	0.87	0.88	0.88	0.76	0.86	0.81	0.71	0.83	0.67	0.66	0.58	0.41	0.72	0.81	0.12

分布していたが、ダブル8号とシラネコムギ間で0.75、春のかがやきとバンドウワセ間で0.69と高かった以外は0.6以下であった(第3表)。

オオムギでは、全品種間では0.10から0.78とコムギや六条オオムギよりも高い傾向がみられた(第4表)。特に、はるな二条ではミカモゴールドンとの間で0.62、みょうぎ二条との間では0.75、きぬか二条とでは0.78と高い近縁係数がみられた。六条オオムギの品種間での近縁係数は0.02から0.69であった。シュンライとミノリムギ及びファイバースノウでいずれも0.69と高かったが、他はほとんどが0.5以下であった。二条オオムギ品種と六条オオムギ品種間の近縁係数は0.00から0.13と低かった。

4. 遺伝的距離と近縁係数の関係

近縁係数と遺伝的距離Dとの相関係数を求めた。コムギの結果を第3表および第3図に示した。全品種相互間の組合せによる場合では、 $r = -0.511$ で1%水準の有意な相関が認められた。イワイノダイチと他品種間の組合せに

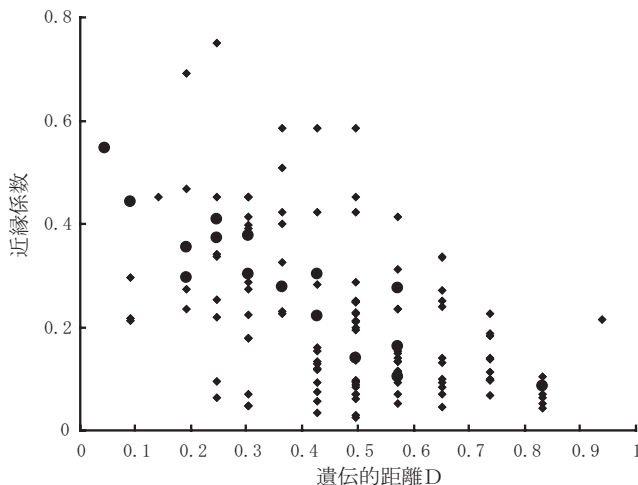
限った場合の相関係数は、 $r = -0.892$ で1%水準で有意であり、相関係数の値が高くなった。

オオムギの計算結果を第4表および第4図に示した。全品種相互間の組合せでの場合は、 $r = -0.659$ で1%水準の有意な相関が認められた。スカイゴールドンと他品種間の組み合わせでの相関係数は、 $r = -0.770$ であった。図ではコムギの傾向と異なり、X軸に沿って分布したものが多く傾向であった。

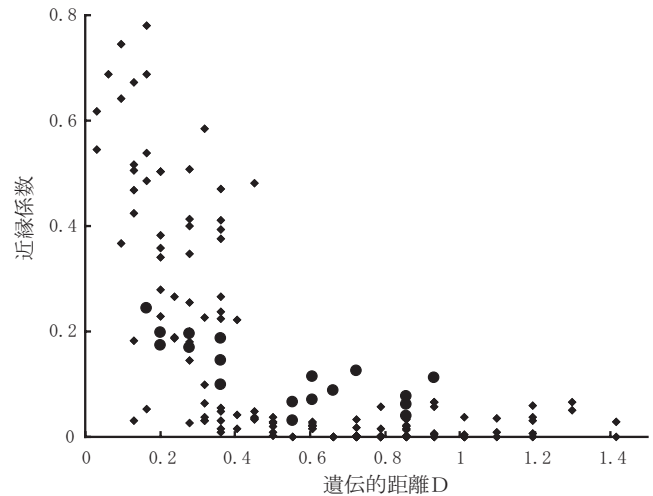
考 察

本報告では品種間多型の現れたコムギおよびオオムギにおいて、同一マーカー数、遺伝的距離Dおよび近縁係数を計算した。どの値も系譜、育成地、交配親などを良く反映し、品種間の類似性も同様の傾向を示し、クラスター分析の結果(小林・吉田2006)と概ね一致した。

全品種相互間での同一マーカー数と近縁係数との間には、有意な相関関係がみられた。さらに、コムギではイワイノダイチ、オオムギではスカイゴールドンと他品種間の



第3図 コムギ品種間の遺伝的距離Dと近縁係数との関係。
全品種間での相関は $r=-0.511$ 、●印のイワイノダイチ
との間の相関は $r=-0.892$ 。



第4図 オオムギ品種間の遺伝的距離Dと近縁係数との関係。
全品種間での相関は $r=-0.659$ 、●印のスカイゴールデン
との間の相関は $r=-0.770$ 。

組合せに限った場合の相関係数はさらに高くなった。オオムギではX軸に偏る傾向があり、また近縁係数が0であるにもかかわらず同一マーカー数が6から20に並んでいる場合があったが、これは二条オオムギと六条オオムギで系譜図上では同じ祖先品種が無いが、共通の祖先が実際には存在していたことを示している。次に、近縁係数と遺伝的距離との関係も同一マーカーの場合と同様で、コムギでは全品種間で、 $r=-0.511$ の有意な相関が認められた。イワイノダイチの他品種との相関係数は最も高く、 $r=-0.892$ であった（第3図）。図中で、DNA多型の検出率からみて遺伝的相似度が高く遺伝的距離が近いにもかかわらず交配記録による系譜上では類縁関係があまり無い場合は、全体の傾向の左下に位置するはずである。逆に、DNA多型の検出率からみて遺伝的相似度が低く遺伝的距離が遠いにもかかわらず系譜上では互いに共通な交配親が多く使われていた場合には、図の右上に位置する。図では全体的に左下に分布する傾向が認められた。この原因としては、低アミロースや製パン用の硬質粒品種が交配親として入ってきており、これらが交配記録上では類縁関係がないが、遺伝的背景からみると前述の形質以外は従来の育種目標であるため、共通している遺伝子領域が多いためと考えられる。

オオムギの近縁係数と遺伝的距離Dとの関係をみると、全品種相互間での値の場合、 $r=-0.659$ の有意な相関が認められた（第4図）。スカイゴールデンは六条オオムギの耐病性を導入した二条オオムギ品種で、他品種と遺伝的背景が似通った部分があると考えられる。スカイゴールデンと他品種との組合せでの相関係数をみると、 $r=-0.770$ と高い値であった。

オオムギの場合はコムギと異なり、X軸に沿って分布している傾向がみられた。これは、DNAマーカーで推定し

た遺伝的距離が近いにもかかわらず、系譜上の類縁関係は近いものから遠いものまで分布していることを示している。系譜上では共通祖先のない二条オオムギと六条オオムギを一緒に比較しているためと考えられる。特に、ただ1つ供試した裸ムギであるイチバンボシの他品種との相関係数は $r=-0.120$ と最も低くなっている。

このように一部の不整合性はあるにせよ、系譜上の類縁関係から計算した近縁係数は同一のDNAマーカー数や、遺伝的距離とコムギ、オオムギ共に有意な相関関係が認められた。

なお、遺伝的距離Dと同一マーカー数との関係をみるため、コムギの両者の相関を第5表に、オオムギを第6表に示した。コムギでの相関係数は $r=-0.993$ から -0.999 に分布し、全体でも $r=-0.993$ と極めて高かった。オオムギでの相関係数はコムギよりやや低い、 $r=-0.975$ から -0.996 に分布し、全体でも $r=-0.983$ と極めて高かった。根井による遺伝的距離Dは品種相互間の距離の尺度として単なる同一マーカー数より普遍的ではあるが、ここでの結果は、単にマーカーが同一であるかどうかを数えるのみでも、品種相互間の遺伝的な違いを推定するのに有効であることを示している。

本論文の結果は近縁係数が同一マーカー数やDNAマーカーから算出した遺伝的距離Dからある程度の裏付けがなされ、今回DNAマーカーで検出した多型が存在する染色体領域は、品種育成の過程の選抜や淘汰により大きく偏ることなく、後代にほぼ均等に分離していったことを示している。内村ら（2004）が国内の二条オオムギ22品種で調査した結果でも近縁係数と遺伝的距離Dの相関係数は $r=-0.526$ であり、今回の結果はコムギや二条オオムギおよび六条オオムギを含めたオオムギ品種間でも同様な結果であることを示した。

第5表 コムギ品種における遺伝的距離Dと同一マーカーの関係.

品種名	遺伝的距離平均	同一マーカー平均	相関係数
小麦農林61号	0.518	14.0	-0.994
イワイノダイチ	0.367	16.3	-0.993
タマイズミ	0.389	15.9	-0.996
春のかがやき	0.377	16.1	-0.995
きぬの波	0.461	14.6	-0.998
つるびかり	0.405	15.5	-0.997
ダブル8号	0.530	13.8	-0.994
シラネコムギ	0.437	14.9	-0.998
あやひかり	0.398	15.9	-0.994
小麦農林26号	0.432	15.1	-0.998
キヌヒメ	0.412	15.6	-0.995
ユメセイキ	0.504	14.0	-0.997
フウセツ	0.446	14.8	-0.997
しゅんよう	0.657	12.1	-0.999
ユメアサヒ	0.554	13.4	-0.995
バンドウワセ	0.457	14.8	-0.996
ニシノカオリ	0.570	13.1	-0.997
全体			-0.993

遺伝的距離平均はある品種と他の16品種の遺伝的距離の平均値.

同一マーカー平均はある品種と他の16品種の同一マーカー数の平均値.

相関係数は遺伝的距離平均と同一マーカー平均との相関係数.

第6表 オオギ品種における遺伝的距離Dと同一マーカーの関係.

品種名	遺伝的距離平均	同一マーカー平均	相関係数
関東二条35号	0.617	18.1	-0.994
ミカモゴールドン	0.605	18.1	-0.992
スカイゴールドン	0.495	20.2	-0.995
あまぎ二条	0.703	17.3	-0.979
なす二条	0.517	19.8	-0.995
みょうぎ二条	0.526	19.9	-0.995
タカホゴールドン	0.520	19.7	-0.996
きぬか二条	0.569	19.5	-0.985
はるな二条	0.557	19.9	-0.993
シュンライ	0.578	18.7	-0.989
東山皮101号	0.469	20.7	-0.996
ミノリムギ	0.500	20.1	-0.993
カシマムギ	0.621	18.2	-0.996
マサカドムギ	0.707	17.0	-0.975
さやかぜ	0.635	18.2	-0.984
すずかぜ	0.663	17.9	-0.983
ファイバースノウ	0.536	19.7	-0.994
センゲツモチ	0.497	20.2	-0.994
イチバンボシ	0.512	19.7	-0.994
全体			-0.983

遺伝的距離平均はある品種と他の16品種の遺伝的距離の平均値.

同一マーカー平均はある品種と他の16品種の同一マーカー数の平均値.

相関係数は遺伝的距離平均と同一マーカー平均との相関係数.

小林・吉田 (2006) はクラスター分析の結果からでは、用途や育成地毎に特徴があり、まだ遺伝的多様性が残されていると述べている。また、大里・吉田 (1996) によれば、水稻で福岡県農業総合試験場育成系統を供試し、コシヒカリを祖先に持つ系統とコシヒカリとの近縁係数を算出し、0.404 から 0.783 に分布したとしている。今回最も高い近縁係数を示したのは、コムギでは春のかがやきで 0.10 から 0.69、オオムギでは二条オオムギ内で比較した場合のはるな二条で、0.24 から 0.78 であった。その値は水稻と比較するとまだ低い値であり、まだ遺伝的多様性が残されていると思われる。現状では品種間の遺伝的背景の違いは近縁係数の計算で比較的簡単に推定可能であるとも

に、一方では近縁係数が高まってくることが予想され、また、二・六条オオムギ間の交配では近縁係数が 0 でも分子マーカーで関連性が認められることがある等から分子マーカーによる同一マーカー数や遺伝的距離 D の推定も重要になってくると思われる。今後、分子育種の発展にともない、RAPD 分析だけではなく、遺伝情報が明らかになっている制限酵素サイトを利用する Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) 分析や Cleaved Amplified Polymorphic Sequence (CAPS) 分析、および有用遺伝子に連鎖した Simple Sequence Repeats (SSR) 分析等も考えられる。

内村ら (2004) は二条オオムギ品種を材料とし、家系図から計算した近縁係数と分子マーカーから推定した遺伝的

距離の間に高い相関を認めている。また、片親を1品種に決定した場合にはさらに高い相関を認めた。本論文の結果から、コムギおよびオオムギでも同様に高い相関があることを明らかにした。これは、本研究に供試した品種の家系図が極めて正確であることも示している。以上のことから、近縁程度を求めるにはDNAマーカー利用も重要であるが、近縁係数による簡易な血縁関係の推定もコムギ、オオムギともに有効であることを示している。さらに、同一マーカー数の利用も簡単な血縁関係の推定方法として利用できると考えられる。気象変動、栽培法の改良等に対応するためにリスク分散を図るうえで、遺伝的な多様性の維持を意識しながら品種育成を実施するためにも、近縁係数のみならず、分子マーカーから算出した遺伝的距離Dおよび同一マーカー数の有効な利用が必要と考えられた。現在、すべての育種機関で分子マーカーを利用できる体制ではないが、育種者の利便性を考慮し、上記いずれかの方法を交配計画に取り入れることにより育種の効率化が図れると思われる。

謝辞：本研究の遂行に当たり、材料の提供を頂いた各都県農業研究機関関係者に感謝します。

引用文献

小林俊一・吉田智彦 RAPD 分析による栃木県を中心とした関東周辺地域のムギ類優良品種識別. 日作紀 75: 165-174.

水田一枝・佐々木昭博・吉田智彦 1996a. 近縁係数のための Prolog によるコンピュータプログラムとそのビール大麦品種の近縁関係の解析への応用. 農業情報研究 5: 19-28.

水田一枝・吉田智彦 1996b. 小麦品種の近縁係数およびその品質との関係. 農業情報研究 5: 57-67.

根井正利 2002. 分子進化遺伝学. 五條堀高・斉藤成也訳. 培風館, 東京. 1-433.

大里久美・吉田智彦 1996. イネ育成系統の近縁係数およびその食味との関係. 育種 46: 295-301.

酒井寛一 (1957) 植物育種法に関する理論的研究 V. 自殖性作物の育種における近縁係数の応用. 育種 7: 87-92.

Smile, M., M.P.Reynolds, M.Warburton, B.Skovmand, R.Trethowan, R.P. Singh, I.Ortiz-Monasterio and J.Crossa 2002. Dimensions of Diversity in Modern Spring Bread Wheat in Developing Countries from 1965. Crop Sci. 42: 1766-1779.

内村要介・古庄雅彦・吉田智彦 2004. 二条オオムギ品種における近縁係数と分子マーカーから推定した遺伝距離との関係. 日作紀 73: 410-415.

吉田智彦 1999. 最終祖先間に類縁関係がある場合の近縁係数の変化—現行作物品種を例にして—. 農業情報研究 7: 97-104.

吉田智彦 2004. Windows による作物品種の家系分析用 Prolog プログラムの作成. 日作関東支報 19: 54-55.

Relationships between Coefficient of Parentage Estimated from Pedigree Record and Genetic Distance Estimated from DNA Polymorphism in Wheat and Barley Cultivars: Shun-ichi KOBAYASHI^{1, 2)} and Tomohiko YOSHIDA³⁾ (¹⁾ *Tochigi Agr. Exp. Stn., Utsunomiya320-0002, Japan;* ²⁾ *Tokyo Univ. of Agr. and Tech.;* ³⁾ *Utsunomiya Univ.*)

Abstract : In breeding, understanding of the genetic background is effective for efficient improvement. The coefficients of parental correlation between the main cultivars of wheat and between those of barley in the Kanto Region were calculated based on their pedigree record. The number of same DNA markers in random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis and Nei's genetic distance between these cultivars were also calculated. The coefficient of correlation between the parental correlation and the number of the same DNA markers was 0.581~0.904 in wheat and 0.731~0.805 in barley. The coefficient of correlation between the parental correlation and Nei's genetic distance was -0.511~-0.892 in wheat and -0.659~-0.770 in barley. These results show that the genetic codes detected by the molecular markers were nearly equally distributed to the offspring in the breeding process in wheat and barley. The results also showed that although the DNA markers in RAPD analysis are useful, the rapid estimate of kinship by the parental correlation is still effective. The number of the same DNA markers in RAPD analysis was highly correlated with Nei's genetic distance.

Key words : Barley, Coefficient of parentage, DNA marker, Genetic distance, Kanto region, RAPD analysis, Wheat.