

DNA マーカーから見たキビ (*Panicum miliaceum* L.) の系統関係

大和満美

東京学芸大学環境教育実践施設

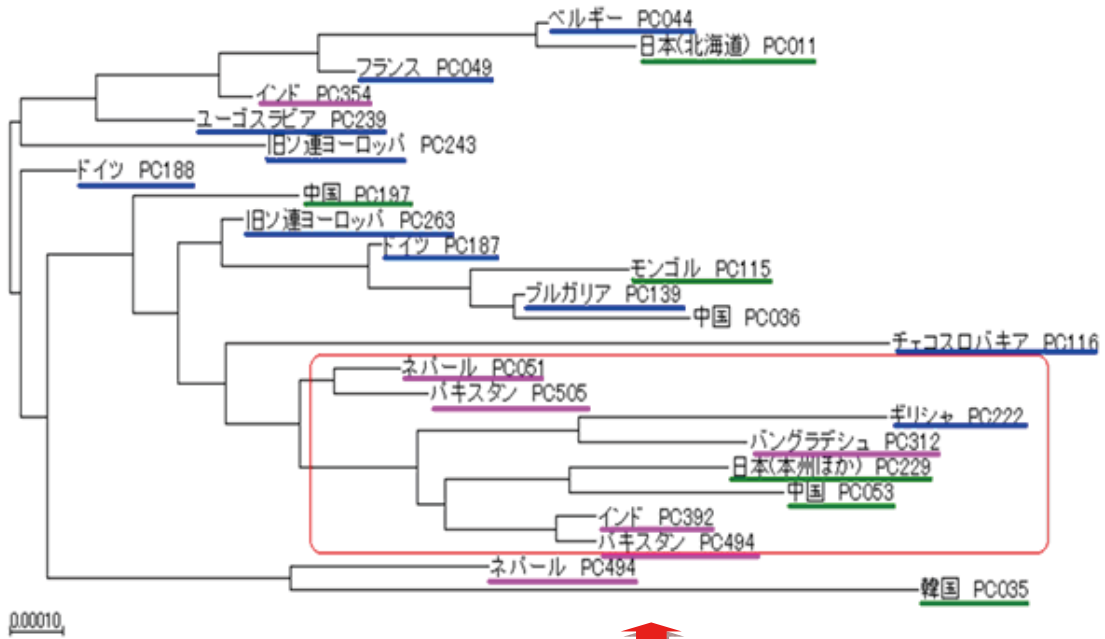
A study on phylogenetic relationship of *Panicum miliaceum* L. using DNA marker
Mitsumi YAMATO, FSIFEE, Tokyo Gakugei University

ユーラシア大陸全域において、長い歴史の中で重要な栽培植物だったキビ亜科キビ属キビ (*Panicum miliaceum* L.) はイネ科の早熟な 1 年生草本である。キビは C₄ 植物で光合成能力も高く、耐乾性に優れていることから、比較的厳しい環境下でも栽培が可能である (木俣 1999、及川 2003)。栽培の歴史は古く、B. C. 6000 年頃の遺跡から発掘されており、キビは中国の黄河流域およびヨーロッパの新石器文明を支えた食糧であった (阪本 1988)。

人間の歴史の中で重要な役割を担ってきたキビであるが、未だに、地理的起源について議論が続いている (木俣 1993)。地理的起源地については諸説ある。スイスのド・カンドル (1883) はエジプトからアラビア半島説、ロシアの Vavilov (1926) は中国説、中尾佐助 (1976) はインド説をそれぞれ提唱している。さらに、Harlan (1995) は、①中国、②ヨーロッパ、③中国とヨーロッパ両地域で独立並行的に栽培化されたという仮説を提案した。阪本 (1988) はこれらの学説の問題点を踏まえて、キビは中央アジアからインド北西部で栽培化されたと考えることがより妥当であろうとしている。

本研究では、直接的な人為選択を受けない分子レベルでの変異を解析し、キビの地理的起源を探ることを目的とした。そこで、世界各地で収集され東京学芸大学環境教育実践施設に系

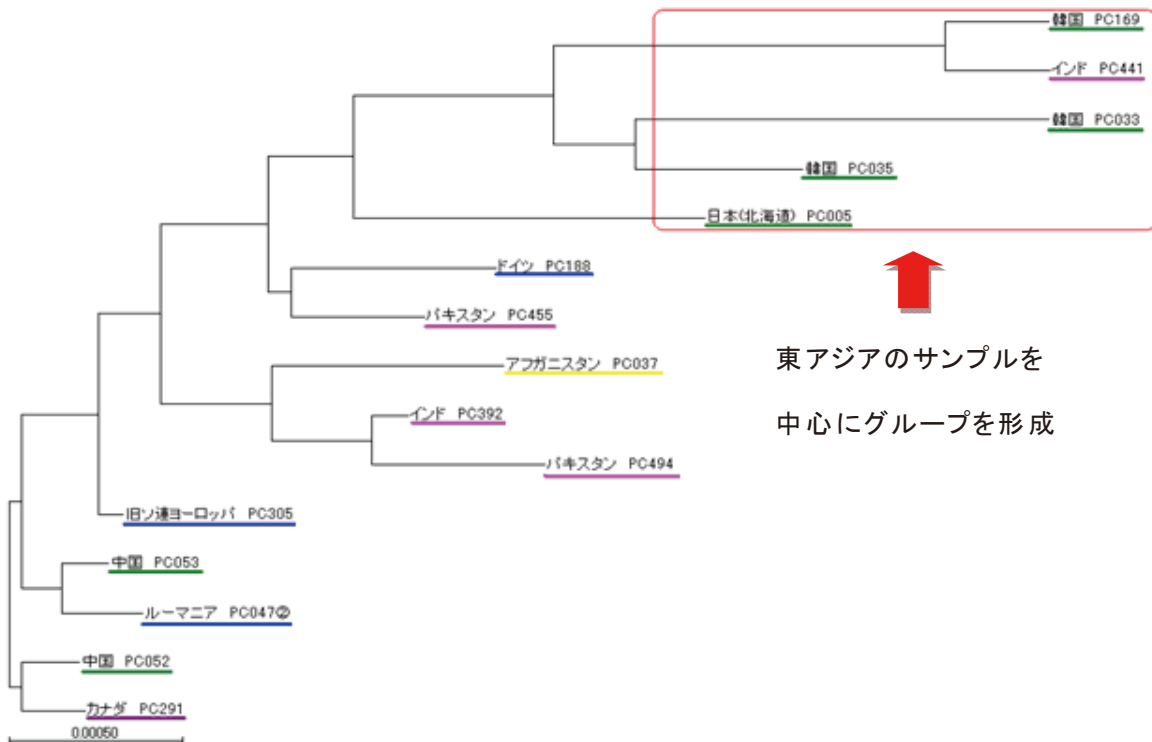
統保存されているキビ 60 系統を用いて、Vos *et al.* (1995) によって提唱された AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) 法を行なった。AFLP 法は DNA を制限酵素で断片化し、その中から特定の断片を選択的に PCR 増幅して多型を検出する DNA フィンガープリント技術である (陶山 2001)。制限酵素は *Eco*R I と *Mse* I を用いた。また、プライマーは *Eco*R I + AAC/*Mse* I + CTC および *Eco*R I + AAG/*Mse* I + CTG の 2 組を用いた。バンドの位置や本数から、遺伝距離を推定し、Nj 法で系統樹を作成した。その結果、東～南アジア地域の系統は同じグループ内に位置した (図 1)。また、アジアとヨーロッパの系統は離れたグループに位置した (図 1)。更に、日本 (北海道、本州ほか) の系統は中国や韓国と近くに位置した (図 1、2)。本実験の結果から、キビはインド、パキスタン周辺を中心として東に位置する中国、韓国、モンゴル、そして日本 (北海道、本州ほか) と西に位置するヨーロッパは遺伝的に別のグループに属すと捉えることができる。また、遺伝的多様性は地理的分布とある程度の関係性があることもわかった。しかし、本実験のデータからのみでは、キビの具体的な地理的起源地について言及することができなかった。このことについては、今後、形態的なデータなどと照らし合わせて考えていく必要があるだろう。



東～南アジアを中心としたグループを形成

図 1. Nj 法によるユーラシアの系統関係

プライマー *EcoR* I + AAG / *Mse* I + CTC を使用し、誤差範囲は 2.75% とした。



東アジアのサンプルを
中心にグループを形成

図 2. Ni 法による東～南アジアの系統関係

プライマー *EcoR* I + AAG / *Mse* I + CTC を使用し、誤差範囲は 2.75% とした。