

氏 名	GHIMIRE SURYA KANT		
授与した学位	博 士		
専攻分野の名称	農 学		
学位授与番号	博甲第2964号		
学位授与の日付	平成17年 3月25日		
学位授与の要件	自然科学研究科エネルギー転換科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)		
学位論文の題目	Molecular and genetical analysis of genetic diversity and phylogenetic relationship among wheat germplasm, with diverse geographical origin, mainly from Asia (コムギ遺伝資源における遺伝的多様性と遺伝的分化に関する遺伝学のおよび分子遺伝学的研究)		
論文審査委員	助教授 加藤 鎌司	教授 武田 和義	教授 田原 誠

#### 学位論文内容の要旨

Wheat germplasm introduced from diverse geographical origin was evaluated by the analysis of agronomical and morphological characters and of molecular markers. These analyses clearly indicated that Asian wheat was divided into at least three lineages. The first lineage of wheat comprised of populations from Turkey to Sichuan (China), suggesting the transmission of red grain wheat to southwest China through the ancient Myanmar route, by skirting the southern slope of Himalaya. The second lineage comprised of populations from the areas along the so-called "Silk Road". In these areas, white grain wheat is also cultivated under dry and cold condition. The third lineage contained populations from the coastal area of China and Korea, and genetic relationship with the second lineage was suggested. Himalayan and Chinese (Southwest) wheat showed genetic closeness, suggesting the transmission of wheat and spread of wheat to South China through ancient Tibetan route.

Genetic diversity of wheat germplasm was also analyzed for grain quality, since it is agronomically important and molecular genetic approach has succeeded to identify the genes involved. In the present study, allelic variation at *Glu-1x* coding high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS), *Glu-3* coding low molecular weight glutenin subunits (LMW-GS), *Pina-D1* and *Pinb-D1* coding puroindoline affecting endosperm hardness, and *Wx-1* controlling amylose content was analyzed by PCR based method. Three, five and six alleles were identified at *Glu-A1x*, *Glu-B1x*, and *Glu-D1x*, respectively. One unique sequence of *Glu-A3* and two unique sequences of *Glu-B3* were identified, and the later proved to have an extra cysteine residue in C-terminal domain which could contribute to improve flour quality. The analysis of *Pina-D1* resulted in the discovery of two types of point mutation which are responsible for hard type endosperm and tentatively designated as *Pina-D1c* and *Pina-D1d*. The analysis of *Wx* genes also resulted in the discovery of two types of new mutant alleles. One was found in *Wx-A1* and was characterized by an insertion of 173 bp in the middle of exon 4. The other was found in *Wx-D1* and was characterized by the larger deletion compared to that of 'Bai Huo'. New type of mutant alleles detected in this study should provide valuable resources that can be used to modify the quality, texture and processing properties of wheat flour.

## 論文審査結果の要旨

本論文では、アジアの各地域より収集されたコムギ遺伝資源の遺伝的多様性を明らかにする目的で、適応的に中立な遺伝マーカー、及び実用的に重要な品質関連遺伝子の多様性解析が行われている。コムギ在来品種 648系統を供試して行われたアイソザイム、RAPD分析の結果、アジアのコムギが少なくとも3つの地域集団に分化していることを明らかにした。その結果に基づいて起原地から東アジアへのコムギの伝播経路についても検討し、①起原地—ヒマラヤ—中国南部へと至るミャンマールート、②中央アジア—新疆—中国北部へと至るシルクロードの関与を明らかにするとともに、③中国沿岸部から日本に至る地域のコムギがユニークな集団であることを明らかにしている。品質関連遺伝子の多様性解析では、高分子量グルテニン遺伝子 (*Glu-A1x*・*Glu-B1x*・*Glu-D1x*)、低分子量グルテニン遺伝子 (*Glu-A3*・*Glu-B3*)、ピュロインドリソリン遺伝子(*Pina-D1*・*Pinb-D1*)、及びWaxy遺伝子(*Wx-A1*・*Wx-B1*・*Wx-D1*)に関するPCR分析法を確立するとともに、対立遺伝子頻度の地域間差異を明らかにした。さらに、低分子量グルテニンの*Glu-A3*、*Glu-B3* 遺伝子、胚乳硬度に関与する*Pina-D1* 遺伝子、及び胚乳デンプンのアミロース含量に関与する*Wx-D1* 遺伝子において新規の対立遺伝子を発見し、塩基配列レベルで特徴付けることに成功している。これらの成果は、小麦粉品質の改良、多様化に道を開くものとして高く評価される。

以上のように、本研究はアジアのコムギにおける多様性、遺伝的構造を明らかにするとともに、品質関連遺伝子の多様性についても詳細な解析を行ったものであり、学術的にも応用的にも高く評価されるものと考えられる。よって、本論文は博士（農学）学位論文に値するものと判定する。