○黒川俊二 (草地試)・芝池博幸・秋山永 (農環研)・渡辺修 (科学技術振興事業団)・
吉村義則・尾上桐子 (草地試)

近年、全国の飼料畑を中心に多くの外来雑草が深刻な被害をもたらしている。その中でもイチビ (*Abutilon theophrasti* Medic.) は日本全国に蔓延し、その侵入・定着・拡散の各段階での対策技術の開発が急務な種の一つである。このような外来雑草は、近年急増している輸入飼料に混入して侵入したと考えられているが、イチビは古来より繊維作物として日本をはじめ世界中で栽培されており、現在蔓延しているイチビが新たな侵入によるものか、栽培されていたものの逸出によるかは明らかではない。これまでの研究からは、栽培系統のさく果は黄白色であるのに対して、それ以外の系統のさく果はすべて黒色であることが明らかとなっている。そこで、系統識別に有効と考えられるさく果の色の遺伝様式について検討するとともに、葉緑体 DNA (cpDNA) マーカーを開発し、国内外より収集した各集団について遺伝マーカーを用いた系統識別を行った。

材料および方法

供試材料として、USDA 遺伝資源 42 系統、日本国内 22 系統、侵入系統として輸入穀物混入 5 系統および 1999 年に採集したアメリカコーンベルト 12 系統を用いた。

さく果の色については、黄白色である USDA 遺伝資源系統を胚珠親、黒色の輸入穀物混入系統を花粉親として交配を行い、後代のさく果の色を観察し、その遺伝様式を検討した。

cpDNA については、USDA 遺伝資源の栽培系統 (黄白色のさく果) と輸入穀物混入系統 (黒色のさく果) のそれぞれ複数個体を用いて約 6 kb の塩基配列を比較し、変異の検索を行った。各領域の塩基配列は、ダイレクトシーケンス法によって決定した。

結果および考察

イチビの交雑実験では、1 組の雑種個体を得ることに成功した。F₁ 集団および F₂ 集団のさく果の色を調べた結果、F₁ はすべて黒色で、黒色が優性であることが示唆された (表 1)。F₂ 集団では、黒色 85 個体、黄白色 16 個体に分離し、さく果の色を決定する遺伝子は核に座乗していることが推定された。 χ^2 検定により一遺伝子支配の場合に期待される分離比 3 : 1 への適合を検討した結果、 $0.02 < p < 0.05$ で適合度は低かったものの、黒色が優性の表現型遺伝マーカーとして有効であることが示された。

cpDNA の解析では、3ヶ所の塩基置換、1ヶ所の挿入・欠失および 1ヶ所の逆位により、さく果が黄白色の系統と黒色の系統を識別することができた。そのうち 6 塩基の挿入・欠失領域と、離れた位置に存在する 30 塩基の逆位領域について (図 1)、全供試サンプルを解析した結果、それらは 2 つのパターンに分類され、イチビの cpDNA は 2 種類に大別できることが明らかとなった (図 2)。

さく果の色と cpDNA タイプを組み合わせると、さく果の色が黒色の系統の中には栽培系統と同じ cpDNA を持つものが存在することが明らかとなり、これらは栽培系統と雑草系統の雑種後代であると考えられた。以上のことから、イチビは栽培型 (D) と雑草型 (W) およびその雑種後代 (H) の 3 タイプに分類できることが明らかとなった (表 2)。

全供試材料についてイチビのタイプを整理すると、1920 ~ 1930 年代に採集されたと思われる USDA 遺伝資源には 3 タイプすべてが含まれており、日本で採集された系統はすべて D 型であった。一方、1997 年に国内で採集した系統には D 型は無く、H 型の存在が認められるものの、多くは W 型であった (表 3)。また、侵入集団である輸入穀物混入系統とその主な産出国であると考えられるアメリカコーンベルト集団はすべて W 型であった。以上の結果から、現在日本に多く存在する W 型は侵入系統由来の可能性が強いと考えられた。

Kurokawa, S., H. Shibaike, H. Akiyama, O. Watanabe, Y. Yoshimura and T. Onoue: Molecular characterization of *Abutilon theophrasti*.

表 1. イチビのさく果の色の遺伝様式

集団	さく果の色		$\chi^2(3:1)$
	黒	黄白色	
	(no. of plants)		
種子親 (PI4992210)	...	1	...
花粉親 (94-1-S)	1	...	...
F1	8	0	...
F2	85	16	4.52(0.02<P<0.05)

(a)	
Type A	GAATCATTTC-----AAATAGGTATTA
Type B	GAATCATTCAAATTCAAATAGGTATTA
(b)	
Type A	5'-ATACTAATACTCTTGATAGAACAAAGAAATTGGTTAT-3' 3'-TATGATTATGAGAAGTATCTTGTCTTTAACCAATA-5'
Type B	5'-ATAACCAATTCTTGTCTCTATCAAGAGTATTAGTAT-3' 3'-TATTGGTTAAAGAACAGATAGTCTCATAATCATA-5'

図 1. 葉緑体 DNA の 2 領域に見られる系統間変異
(a) *trnL*(UAA)5' exon-*trnF*(GAA)領域に見られる挿入・欠失
(b) *trnH*(GUG)-*trnK*(UUU)3' exon 領域に見られる逆位
USDA の栽培系統は Type A、輸入穀物混入系統は Type B の変異パターンを示した。

図 2. 逆位領域における系統識別
M: 分子量マーカー
レーン 1, 2: Type B
レーン 3, 4: Type A
矢印は分子量の違いによる系統識別ができるバンドを示す。

表 2. さく果の色と葉緑体 DNA マーカーによるイチビの系統識別

イチビタイプ	さく果の色	cpDNA type
Domesticated(D)	黄白色	A
Hybrid(H)	黒色	A
Weedy(W)	黒色	B

表 3. イチビの系統識別の結果

集団名	採集地	イチビタイプ		
		D	H	W
		(no. of plants)		
	アフリカ	1		
	エチオピア	2		
	ボルトガル			2
	フランス	1	1	
	イタリア	1	1	1
	スイス			1
	ドイツ			1
	オランダ		1	
	イギリス		1	
	デンマーク		1	
	スウェーデン		1	
USDA遺伝資源	ポーランド	1	1	
	ウクライナ			2
	ルーマニア			1
	ロシア連邦	2	1	2
	カザフスタン			1
	ソ連	1		
	中央アジア	1		
	インド	1		2
	中国	6		
	日本	3		
	USA	1		
日本国内分布			4	18
アメリカコンベルト				12
	USA			4
輸入穀物				1
	オーストラリア			