

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 遺伝的距離との関係

内村要介^{1,2,*}・古庄雅彦¹・吉田智彦³

(¹ 福岡県農業総合試験場・² 東京農工大学・³ 宇都宮大学)

要旨：品種間の遺伝的関係を明らかにするには、品種の家系図から統計的に算出する品種間の近縁係数と、分子マーカーで検出した DNA 多型の検出率による品種間の遺伝的相似度がある。遺伝的相似度を表すため、本研究では DNA 多型の検出率からみたユークリッド距離と根井の遺伝的距離 D を計算した。二条オオムギで、国内で近年主に栽培されている 22 品種について解析した結果、近縁係数と遺伝的距離との間には $r = -0.526 \sim -0.650$ の相関が認められた。従って、近縁係数は、両親から半分ずつの遺伝物質を確率的に受け継ぐとして算出するが、この値は品種間の DNA 多型の検出率を基にした遺伝的相似度からもある程度裏付けされた。また一方で、今回用いた分子マーカーで検出した染色体上の領域は、品種育成の過程で後代にほぼ均等に分離していったと考えられる。

キーワード：品種、遺伝的距離、近縁係数、二条オオムギ、分子マーカー。

育種計画を策定する際に、交配親となる品種間の近縁係数や遺伝的距離を解析することは、育種目標の有用な農業形質、倒伏、病気や害虫への抵抗性に関する遺伝子の由来や遺伝的多様性を把握する手がかりとなる。それらの情報は、最適な交配組み合わせを選定し、効率的かつ効果的に育種目標となる有用遺伝子の集積を行って新品種の育成を図るために有効である。オオムギでは、耐湿性(浜地ら 1989)、側面裂皮粒(金谷ら 1996) など重要な農業形質について、品種間差の評価と遺伝的背景の分析が行われている。

近縁係数は、品種の家系を基にして品種間の祖先品種の共通程度から算出する方法である。近縁係数の算出は、ビール大麦品種では家系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、迅速かつ手軽にできるようになっている(水田ら 1996)。このプログラムを利用したデータベースは水稻においても構築され、水稻の良食味品種育成のための合理的な交配組み合わせの予測が可能であることが明らかにされている(大里・吉田 1996)。このプログラムによる近縁係数の算出方法は、両親の全遺伝物質を雑種が半分ずつ受け継ぐとして、コンピュータにより理論的に計算を行うものである。両親から遺伝物質の半分ずつを雑種が受け継ぐという仮定については、Martin (1982) が、ダイズにおいて、交配で 1 つの染色体上につき 1 回の組換えが起こると仮定した場合、雑種の 88% は片親の遺伝物質の 40~60% を持ち、強度の選抜を行っても 70% の遺伝物質を持つ系統を選抜する見込みはないことから、妥当であるとしている。一方、遺伝的距離は、分子マーカーによる品種間の DNA 多型の検出率から遺伝的相似度を算出する。この遺伝的距離は、品種の家系図からみた祖先の共通程度との比較においてよく一致したという報告が、コムギ (Smale ら 2002) やライムギ (Vom Brocke ら 2003) である。品種間の DNA 多型の検出率は、オオムギにおいても品種の組み合わせにより差が認められ、外国品種と国内品種との間に比べて、遺伝的背景がよ

り近縁な国内品種間の方が低いことを認めている(内村ら 2004)。しかし、実際に分子マーカーにより検出した品種間の DNA 多型から算出した遺伝的距離と、推論型コンピュータ言語の Prolog を用いたデータベースにより算出した近縁係数との関係をオオムギで明らかにした報告はみあたらない。これら 2 つの品種間の遺伝的関係の解析方法を比較することは、それぞれの解析によって得られる情報の特性が明らかになり、より簡易かつ高精度に品種の遺伝的背景の情報を得る解析方法が選択され、品種育成に役立てることができると考えられる。

そこで本報告では、まず外国品種を含む場合の品種間の相互関係を DNA 多型のデータ(内村ら 2004) からユークリッド距離として推定し、それを用いたクラスター分析の結果を育成の系譜から検討した。次に交配記録の家系から統計的に算出される近縁係数が、分子マーカーにより検出される DNA 多型から算出した根井の遺伝的距離で説明できるか、できるとすればどの程度であるかを検討するため、これら 2 つの方法により品種間の遺伝的関係を推定した値の関係を調査した。

材料と方法

第 1 表に、供試した二条オオムギ、国内 22 品種、外国 2 品種の合計 24 品種とその交配親、品種登録年および育成地を示す。品種登録の無いものは、農林登録年(農林水産省農作物命名登録品種一覧 2003)を示した。

まず、全品種について DNA 多型のデータを用いてクラスター分析を行い、品種間の遺伝的距離を視覚化して、育成経過からみて妥当であるか検討した。DNA 多型のデータは、供試した 24 品種間について、第 2 表に示した CAPS マーカー、SSR マーカーおよび RAPD マーカーにより検出した 43 種類の DNA 多型について以下のように数値化したもの(値は前報(内村ら 2004)の第 1 表に示した)である。すなわち、RAPD 解析では、PCR 増幅産物の有無による

第1表 供試した二条オオムギ品種とその品種登録年と育成地。

品種名	交配親		品種登録年	育成地
	♀	♂		
ニューゴールデン	エビス	アサヒ19号	1965*	栃木県農業試験場南河内分場
ダイセンゴールド	エビス	アサヒ19号	1972*	鳥取県農業試験場東伯分場
あまぎ二条	ふじ二条	成城17号	1981	キリンビール株式会社
はるな二条	(G65/K-3)F10	成城15号	1981	サッポロビール株式会社
きぬゆたか	新田系1	あまぎ二条	1987	キリンビール株式会社
ミサトゴールデン	南系 B4641	新田二条1号	1987	栃木県農業試験場栃木分場
ニシノゴールド	(南系 B4718/新田二条1号)F3	新田二条1号	1988	福岡県農業総合試験場
なす二条	(成系5/にら系31)F3	成系5	1988	キリンビール株式会社
ニシノチカラ	南系 R1303	(新田二条1号/KLAGES)F1	1989	九州農業試験場
とね二条	Art.Mut.M4-66	新田系1	1989	サッポロビール株式会社
ミカモゴールデン	南系 B4718	新田二条1号	1989	栃木県農業試験場栃木分場
アサカゴールド	(はるな二条/倉系2660)F1	関東二条19号	1992	福岡県農業総合試験場
きぬか二条	83SBC27	吉系8	1996	キリンビール株式会社
みょうぎ二条	栃系144	やす系50	1996	サッポロビール株式会社
タカホゴールデン	大系 R2068	栃系14	1997	栃木県農業試験場栃木分場
おうみゆたか	野洲二条2号	栃系14	2000	アサヒビール株式会社
ミハルゴールド	(大系 H804/Spartan)F1	栃系157	2000	福岡県農業総合試験場
ニシノホン	西海皮38号	栃系145	2001	九州農業試験場
ほうしゅん**	吉系19	関東二条25号	2002	福岡県農業総合試験場
さきたま二条	新田系25	やす系58	2003	サッポロビール株式会社
スカイゴールデン	関東二条25号	栃系216	2003	栃木県農業試験場栃木分場
九州二条16号	(吉系15/きぬゆたか)F5	九州二条11号	育成中	福岡県農業総合試験場
Harrington	—	—	—	—
Pallas	—	—	—	—

*：農林登録。農林水産省農作物命名登録品種一覧(2003)による。

**：ほうしゅんは、(吉系19/関東二条25号)F1に*H.bulbosum*を交配した半数体育種法による育成品種。

九州二条11号はのちのミハルゴールド、新田二条1号はのちのはるな二条、Art. Mut. M4-66ははるな二条の人為的突然変異、栃系144はのちのミサトゴールデン、吉系8はのちのニシノゴールド、西海皮38号はのちのニシノチカラ、新田系25はのちのとね二条。

DNA多型であり、PCR増幅産物が有る品種を‘1’、無い品種を‘0’とした。SSR解析では、PCR増幅産物の長さの違いによるDNA多型であり、長い方の品種を‘1’、短い方の品種を‘2’とした。CAPS解析では、制限酵素による切断断片の長さの違いによるDNA多型が最高4種類検出されたので、それぞれに‘1’～‘4’の数値を便宜的に割り当てた。これらの数字は、DNA多型によって品種を区別するためのもので、クラスター分析の際、例えば数字の‘1’と‘2’の品種間差と‘1’と‘4’の品種間差はいずれも‘2つの品種は区別できる’ということを表し、数字の大きさの違いによる評価の差はない。上記のように数値化した前報の第1表(内村ら2004)に示した24品種についてのDNA多型の全データを、そのまま青木によるプログラム(注：<http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/Mokuji/index2.html>)に入力し、正規化してユークリッド距離を求め、ward法によるクラスター分析を行った。

遺伝的距離の算出は、以下の手順で行った。DNA多型のデータは、第2表に示したCAPSマーカー、SSRマーカーおよびRAPDマーカーで検出したものである。ただし、CAPSマーカーは、1種類のプライマーで増幅したごく狭いDNA領域を異なる制限酵素で処理することにより、最高で10のDNA多型のデータを得ている。このようなごく狭いDNA領域にDNA多型のデータが偏らないようにする

第2表 遺伝的距離の計算に用いた分子マーカーの座乗染色体。

分子マーカー		座乗染色体	座乗する染色体の情報
プライマー名	制限酵素		
ABG004		1H	Blakeら1996
aMST102	<i>Csp6I</i>	1H	Blakeら1996
MWG913	<i>MboI</i>	1H	Manoら1999
cMWG733	<i>Csp6I</i>	1H	Manoら1999
MWG858	<i>HinI</i>	2H	Manoら1999
MWG889	<i>MspI</i>	2H or 7H	UKCropNet
MWG2054	<i>DraI</i>	2H	Manoら1999
MWG2076	<i>cfr13I</i>	2H	Manoら1999
cMWG694	<i>HaeIII</i>	2H	Manoら1999
ABG462		3H	UKCropNet
aABG070	<i>EcoT14I</i>	3H	Blakeら1996
aABG075	<i>Csp6I</i>	3H or 7H	Blakeら1996
aABG466	<i>EcoO65I</i>	4H or 6H	Blakeら1996
aABC455	<i>BspT107I</i>	4H or 7H	Blakeら1996
aABG711	<i>BanII</i>	5H or 6H	Blakeら1996
cMWG728		7H	UKCropNet
MWG631	<i>cfr13I</i>	—	—
Bmac0090		1H	Ramsayら2000
RA8		—	—
RA19		—	—
RA55		2H	Kaiら2003
RAPD7		—	—
RAPD15		2H	Kaiら2003
RAPD17		—	—

—；不明。UKCropNet；<http://ukcropnet>

ため、1種類のプライマーにつき1つのDNA多型のデータを用いた。選んだのは、対立遺伝子数が2とみなせる単純なDNA多型を検出したプライマーと制限酵素の組み合わせ

わせによる DNA 多型とした。解析に用いた 24 種類の分子マーカーの染色体上の分布状況については、既知の情報 (Blake ら 1996, Mano ら 1999, Ramsay ら 2000, Kai ら 2003) を基に第 2 表に示した。同一の分子マーカーで複数の染色体が記載されているものは、1 つのプライマーで複数の PCR 増幅産物が得られ、それぞれが DNA 多型となるもので、それらが異なる染色体上の連鎖群に連鎖していたためである。供試した分子マーカーの全染色体上の分布状況は、第 2 表で染色体の位置情報がある 17 種類からみて、少なくとも 7 本の染色体のうち 5 本にそれぞれ 1 つ以上が座乗していると推定された。なお、第 2 表で座乗染色体の情報が無い 5 種類のプライマーは “-” とした。これらの対立遺伝子数が 2 とみなせる染色体上の広範囲に 24 種類の分子マーカーのデータから、各 2 品種間の遺伝的距離 D (根井 2002) の算出を以下の式で行った。なお、算出に用いた品種 (集団) の遺伝子頻度の値として、DNA 多型となる PCR 増幅産物が有る場合を 1, 無い場合または対立遺伝子となる別の PCR 増幅産物の場合は 0 の値をいれた。

$$D = -\ln\left(\frac{\sum(p_{1i} \times p_{2i})}{\sqrt{(\sum p_{1i}^2) \times (\sum p_{2i}^2)}}\right)$$

p_{1i} : 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

この計算には、Felsenstein によるプログラム (注: PHYLIP <http://evolution.gs.washington.edu/phylip.html>) を用いて行った。

一方、近縁係数の算出は、経歴不詳の外国 2 品種を除いた国内二条オオムギ 22 品種について行った。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、

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

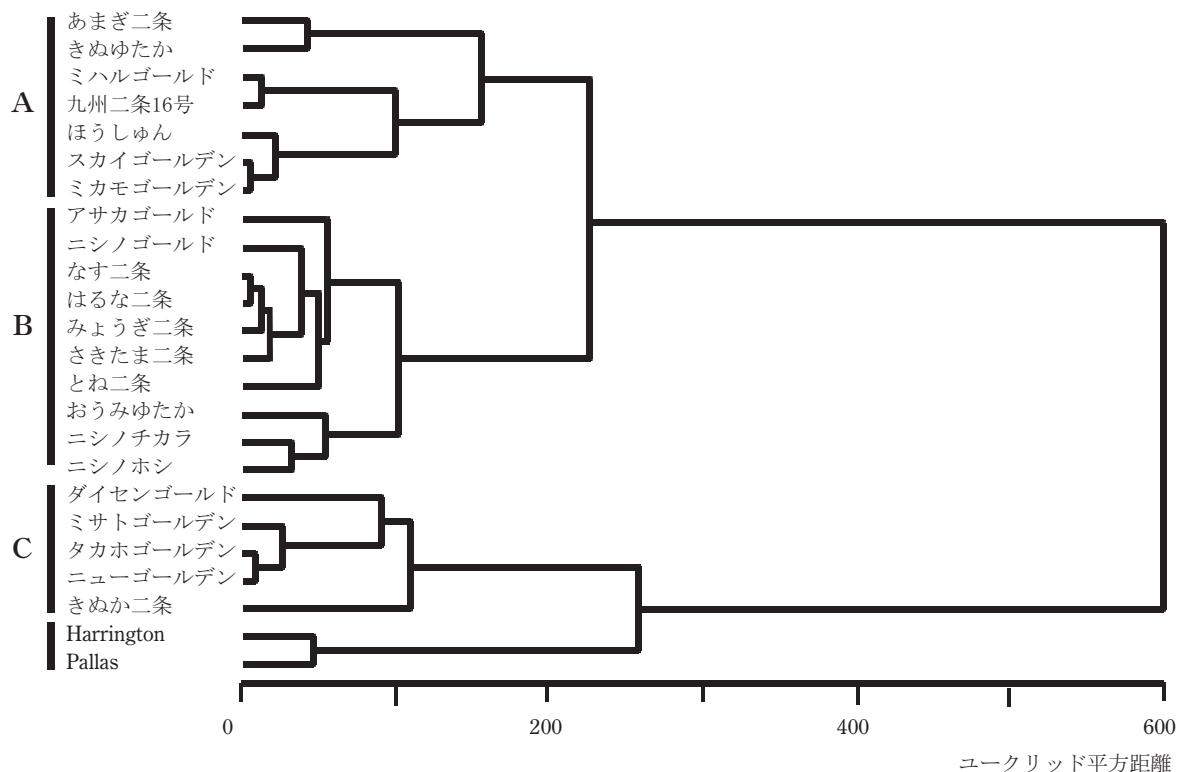
で求められる (酒井 1957)。ここで \sum は共通祖先へさかのぼる全経路の和を示す。近縁係数の算出は、水田ら (1996) が作成した推論型コンピュータ言語の Prolog を用いて行った。

交配記録による家系から算出した品種間の近縁係数と、分子マーカーにより検出した DNA 多型の検出率から算出した根井の遺伝的距離 D との相関係数を計算した。

結果と考察

1. オオムギ 24 品種における DNA 多型を基にしたクラスタ分析による品種の分類と系譜との関係

第 1 図に、供試した 24 品種間の遺伝的関係を把握するため、43 種類の分子マーカーによる DNA 多型から算出したユークリッド距離に基づくクラスタ分析の結果と交配記録 (第 1 図) を示した。その結果、供試した 24 品種は距離 200 で、外国 2 品種と国内 7 品種、10 品種および 5 品種 (第 1 図の A, B, C の品種群) の 4 つのクラスタに分類された (第 1 図)。A クラスタの品種間では、第 1 表で示した交配親にあまぎ二条、きぬゆたか、九州二条 11 号 (ミ



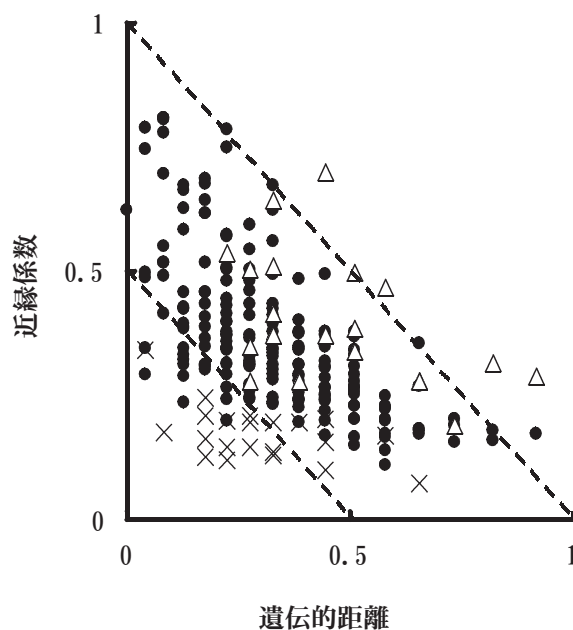
第 1 図 分子マーカーによる DNA 多型情報を基にして算出したオオムギ品種間のクラスタ分析結果。

注) クラスタ分析は、分子マーカーで検出した DNA 多型を数値化したもの (内村ら 2004 の第 1 表に示した値) を用いた。

ハルゴールド) や関東二条 25 号など共通な品種が認められた。なお、ミカモゴールドが A クラスターに分類されたのは、ミカモゴールドのすべての祖先品種がスカイゴールデンの祖先品種と共通であるためと考えられた。B クラスターは、品種間の共通な交配親および祖先品種にはるな二条、新田二条 1 号 (はるな二条の試験番号)、はるな二条の人為的突然変異系統の Art. Mut. M4-66、はるな二条と同じ交配親からの雑種である成系 5 などを交配親に持つグループで、はるな二条と遺伝的相似度が高い品種で構成されていると考えられた。はるな二条は、育成当時に麦芽エキス等の品質からみて世界最高水準の醸造適性を有すると評価され (増田ら 1993)、その後の多くの品種の交配親となっている。なお、交配親に新田二条 1 号をもつが、A クラスターに分類されたミカモゴールドと C クラスターに分類されたミサトゴールドはそれぞれのクラスターの分類のところで考察した。C クラスターは、ニューゴールドやダイセンゴールドの交配親であるエビスとアサヒ 19 号の 2 品種と遺伝的相似度が高い品種で構成されていると考えられた。ミサトゴールドの交配親の南系 B4641、タカホゴールドの交配親の柝系 144、およびきぬか二条はいずれも祖先品種にエビスとアサヒ 19 号を持つ。なお、きぬか二条は、交配親がのちのニシノゴールドである吉系 8 とはるな二条を祖先品種に持つ 83SBC27 であるが、ニシノゴールドとはるな二条を含む B クラスターには分類されず、C クラスターに分類された。この原因として、きぬか二条は、交配親である 83SBC27 の祖先で交配記録による家系上では他の品種とは類縁がない外国品種 Claret の遺伝的背景を持っており、Claret の遺伝的相似度が A クラスターや B のクラスターより C クラスターや外国 2 品種のクラスターの方が高かったためと推察した。一般的には分子マーカーで検出した DNA 多型を基にしたクラスター分析による品種の分類結果は、品種の家系図からみた祖先の共通程度や二条オオムギ品種の育成の歴史 (増田ら 1993) からみておおむね妥当な結果であった。分子マーカーが、今後全染色体領域をカバーする十分な数が作成できれば、さらに信頼できる結果が得られると考えられる。

2. 家系図から算出した近縁係数と DNA マーカーによる遺伝的距離との関係

推論型コンピュータ言語の Prolog を用いて交配記録による家系図からの品種間の近縁係数の算出は国内 22 品種間で行い、国内品種と共通な祖先がないと考えられる外国 2 品種は除いた。これら 22 品種相互間の近縁係数と根井の遺伝的距離 D との関係を示した。2 品種の関係を近縁係数と遺伝的距離で比較すると大部分の組み合わせが第 2 図の 2 本の点線で挟んだ部分に分布し、全体では、 $r = -0.526$ の有意な相関が認められた (第 2 図)。なお、第 2 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に近いのに交配記録による家系上では類縁



●：スカイゴールデンときぬか二条を除いた国内20品種間
×：スカイゴールデンと国内品種 △：きぬか二条と国内品種

第2図 オオムギ品種における家系から算出した近縁係数とDNA多型率から算出した根井の遺伝的距離 D との相関関係。
注) ×はスカイゴールデンとの組み合わせ。
△はきぬか二条との組み合わせ。

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のに家系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。第 2 図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、交配記録上に共通祖先のない品種間は、家系上類縁関係がないと近縁係数のプログラムでは計算する (水田ら 1996) が、遺伝的背景からみると同じオオムギ属として共通している遺伝子領域があるためと考えられる。なお、第 2 図のグラフで左下に特に離れて位置した × 印は、スカイゴールデンとの組み合わせである。このことは、スカイゴールデンが、六条オオムギではがねむぎ由来の耐病性を導入した品種であり、第 1 図でみるかぎり他品種とそれほど遺伝的に離れていないが、近縁係数では、はがねむぎが他の二条オオムギ品種との類縁関係が交配記録による家系上では全く無いためである。遺伝的距離の値から推察すると、はがねむぎもここでの二条オオムギ品種と類縁関係があるのであろう。このようにスカイゴールデンは家系上の不備が想定されるのでスカイゴールデンとの組み合わせを除くと、遺伝的距離と近縁係数との間には $r = -0.600$ の相関関係となった。また、きぬか二条との組み合わせを図中で △ 印とした。この場合は、図の右上部に全体の傾向から離れて位置するものがいくつかみられ、きぬか二条の家系に何らかの不整合性のある可能性が示唆された。従って、スカイゴールデンときぬか二条を除いた国内 20 品種で相関係数を計算すると、遺伝的距離と近縁係数

との間には $r = -0.650$ の関係が認められた。過去の不明、または不整合と考えられる品種の記録については、今後オオムギの遺伝的多型の解析が進むことで明らかにされると考えられる。以上の結果、二条オオムギ品種間の遺伝的関係を解析する2つの方法で、交配記録による家系図から統計的に算出した近縁係数と、分子マーカーにより検出したDNA多型を基に算出した遺伝的距離との間には、相関関係が認められた。

今回分子マーカーで検出したDNA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偏ることなく、後代にほぼ均等に分離していったのであろう。この理由について以下のように考察した。真核生物においてはタンパク質をコードしない非発現DNA領域が、ヒトで98%など一般的に多く存在する(マセウス C.K. ら 2003)。そのため、今回のように任意に選定した分子マーカーにより検出したDNA多型の染色体領域が、育種で選抜対象となる重要な農業形質に関与する遺伝子と連鎖している可能性は極めて低く、品種の育成過程での選抜や淘汰による影響が無かったため、後代にほぼ均等に分離していったと考えられた。近縁係数は、全遺伝物質が後代に半分ずつ遺伝するとして確立統計的に算出し、品種間の遺伝的関係を推定する方法であるが、今回分子マーカーによるDNA多型の検出率からある程度裏付けされた。近縁係数の利用は、コンピュータで手軽に迅速に算出できる利点があることから、常に新しい品種が加わっていく育種現場の状況に対応しやすく、地域に普及する多くの品種間の遺伝的多様性を維持するよう合理的な交配計画を立てる際、有効であると考えられた。一方で、今後は遺伝解析が進み、有用遺伝子に連鎖して、その遺伝子の有無を判別できる分子マーカーが数多く作出されるであろう。現在、オオムギの側面裂皮粒や凸腹粒の発生(Kai ら 2003)や醸造適性(岡田ら 2002)に関与する遺伝子領域の解明が進み、これらの有用遺伝子を有する品種の選抜、育成に利用できる分子マーカーが開発されつつある。分子マーカーを利用した育種の利点は、環境に影響を受けやすい形質や、分析に多量の試料を要し多大な時間と労力がかかる形質の評価についても、それらに関与する遺伝子の有無を極少量のDNAから効率的かつ精度高く判別し、確実に育成品種の改良ができることである。このような有用遺伝子に連鎖する分子マーカーで検出する品種間のDNA多型は、選抜により有用な農業形質を発現する遺伝子型に著しく偏るであろう。そのような分子マーカーが多く開発されて品種の選抜に利用されるようになったとき、有用な遺伝子領域のみ導入が図られるようになり、近縁係数とDNA多型を基にした遺伝的距離の相関関係はあまり高くないことが予想される。そのときは、有用遺伝子に連鎖する分子マーカーで検出した遺伝子型の情報が、有用遺伝子の有無および品種間の遺伝的多様性を把握するためのより有効な情報となり、育種事業における効率的かつ効果的な交配計画と有望品種の選抜に利用できると

考えられる。

引用文献

- Blake, T. K., D. Kadqrzhanova, K. W. Shepherd, A. K. M. R. Islam, P. L. Langridge, C. L. McDonald, J. Erpelding, S. Larson, N. K. Blake and L. E. Talbert 1996. STS-PCR markers appropriate for wheat-barley introgression. *Theor. Appl. Genet.* 93 : 826–832.
- 浜地勇次・古庄雅彦・吉田智彦 1989. ビールオオムギの耐湿性の遺伝率. *育種* 39 : 195–202.
- Kai, H., T. Baba, M. Tsukazaki, Y. Uchimura and M. Furusho 2003. The QTL analysis of hull-cracked grain in Japanese malting barley. *Breeding Sci.* 53 : 225–230.
- 金谷良市・呉基日・武田和義 1996. 二条オオムギにおける側面裂皮粒率の品種間差異と家計分析. *育種* 46 (別2) : 67–71.
- Mano Y., B. E. Sayed-Tabatabaei, A. Graner, T. Blake, F. Takaiwa, S. Okamoto and T. Komatsuda 1999. Map construction of sequence-tagged sites (STSs) in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor. Appl. Genet.* 98 : 937–946.
- Martin, S. K. St. 1982. Effective population size for the soybean improvement program in maturity groups 00 to IV. *Crop Sci.* 22 : 151–152.
- 増田澄夫・川口数美・長谷川康一・東修 1993. わが国におけるビール麦育種史第1刷. *ビール麦育種史を作る会*. 1–452.
- マセウス C.K., ヴァン ホールデ K.E., アハン K.G. 2003. カラー生化学. 清水孝雄・高木正道・中谷一泰・三浦謹一郎訳. 西村書店, 東京. 822–831.
- 根井正利 2002. 分子進化遺伝学. 五條堀高・齊藤成也訳. 培風館, 東京. 1–433.
- 農林水産省農林水産技術会議事務局地域研究課 2003. 農林水産省農作物命名登録品種一覧. 27.
- Ramsay, L., M. Macaulay, S. degli Ivanisovich, K. MacLean, L. Cardle, J. Fuller, K. J. Edwards, S. Tuveesson, M. Morgante, A. Massari, E. Maestri, N. Marmiroli, T. Sjakste, M. Ganal, W. Powell and R. Waugh 2000. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics* 156 : 1997–2005.
- 岡田吉弘・木原誠・齊藤渉・河田尚之・伊藤一敏 2002. 日本および北米の優良ビール大麦品種を用いた麦芽品質のゲノム解析. *育種学研究* 4 : 320.
- 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.
- 水田一枝・佐々木昭博・吉田智彦 1996. 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.
- Smale, 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. 国内二条大麦のDNAマーカーによる品種識別. *日作紀* 73 : 35–41.
- Vom Brocke, K. A. Christinck, E. Weltzien R., T. Presterl, and H. H. Geiger 2003. Farmers' Seed Systems and Management Practices Determine Pearl Millet Genetic Diversity Patterns in Semiarid

Regions of India. Crop Sci. 43 : 1680—1689.

Relationships between Coefficient of Parentage and Genetic Distance Based on DNA Polymorphism in Barley Cultivars.

Yosuke UCHIMURA^{*,1,2)}, Masahiko FURUSHO¹⁾ and Tomohiko YOSHIDA³⁾(¹⁾*Fukuoka Agr. Res. Cent., Chikushino, Fukuoka 818-8549, Japan;* ²⁾*Tokyo Univ. of Agr. and Tech.;* ³⁾*Utsunomiya Univ.*)

Abstract : Genetic relationships between cultivars are estimated either by coefficient of parentage, which is calculated using the database of cultivars lineage, or from genetic distance, which is calculated based on DNA polymorphism using the molecular markers. In this study, Euclidean distances and Nei's genetic distances among 22 barley cultivars were calculated using molecular markers. The result of cluster analysis based on Euclidean distances was well explained by lineages of respective cultivars. A significant correlation ($-0.526 \sim -0.650$) between the coefficients of parentage and the Nei's genetic distances was found among 22 modern cultivars grown in Japan. Thus, the validity of the coefficients of parentage between two cultivars, which are calculated assuming that cultivars derived from the crossing have half of the genetic materials of each parent, was supported by the genetic distance estimated from DNA polymorphism. On the other hand, the alleles detected by the molecular markers in this study were supposed to be nearly equally distributed to the offspring in the breeding process.

Key words : Barley, Coefficient of parentage, Cultivar, Genetic distance, Molecular marker.
