

森林・農業班

アジア・熱帯モンスーン地域の近代化に伴う *Vigna* 遺伝資源の消失とその保全

友岡憲彦（独立行政法人 農業生物資源研究所）

キーワード： *Vigna*、ツルアズキ、多様性中心、消失、保全Erosion and conservation of the genetic diversity of *Vigna* genetic resources in Tropical Monsoon Asia

Norihiro TOMOOKA (National Institute of Agrobiological Sciences, Japan)

Keywords: Legumes, genetic erosion, diversity, distribution, conservation

要旨

本プロジェクトの中心課題として取り上げられているように、アジア・熱帯モンスーン地域には近年急速な近代化の波が押し寄せており、伝統的な農耕ばかりでなくその中で重要な役割を果たしてきた地方品種や野生植物（遺伝資源）自体も急速に消失しつつある。長い年月をかけて成立してきた地方品種や野生植物遺伝資源の多様性は、一度失われれば二度と作り出すことは不可能である。現地の研究機関でもその重要性を認識しているが、予算や人的資源の制約から十分な保全活動が行われているとはいえない。本課題では、現地研究機関との協力に基づいて、この地域に固有の遺伝資源多様性を保全する活動へ貢献することを目指している。

これまでに行ってきた調査によって、アジア熱帯モンスーン地域における伝統的な農耕形態である雑穀栽培型焼畑農耕において最も重要なマメ科作物はツルアズキ (*Vigna umbellata*) であることが明らかになってきた。そこで本課題では、これまで体系的な研究や遺伝資源の保存が進んでいなかった熱帯モンスーン地域のツルアズキに関する多様性の地理的分布を明らかにし、その多様性を保存することを中心目的に研究を行ってきた。その結果、多数の貴重な遺伝資源を保存することに成功した。また、生体標本を用いた解析を行うことによってツルアズキの遺伝的多様性と地理的分布が明らかになってきた。

一方、*Vigna* 野生植物に関しては7種67系統の収集保存に成功した。この中で、*V. angularis*, *V. hirtella*, *V. minima*, *V. reflexo-pilosa*, *V. tenuicaulis* および *V. trinervia* はラオスにおいてその分布が初めて確認されたラオス新記載種であった。生体標本を用いた AFLP 解析の結果、これまで *V. hirtella* と分類してきた系統には遺伝的に大きく分化した2つのグループが存在していることが明らかになり、今後新種としての記載を念頭において、その分類学的取り扱いを検討する必要がある。

1. モンスーンアジアが生んだ雑穀栽培型焼畑農耕の豆：ツルアズキ

東南アジア大陸部山地帯は、照葉樹林文化発祥の中核的地域にあたり、雑穀栽培型焼畑農耕を成立させた地域である。焼畑農耕はこの地域において長い歴史を持ち、この生産方式のもとに多様な民族がそれぞれ独自の栽培作物・品種を作り上げてきた。いいかえれば、民族の多様性とその変遷とが栽培植物の多様性を産み出してきたと考えられる。雑穀栽培型焼畑農耕において、マメ類は重要な要素であるといわれてきたが、その種類や生態に関する情報は不足している。近年この地域をとりまく社会環境は急速に変貌している。それに伴い、自給的焼畑の減少、栽培品種の遺伝的多様性の減少、あるいは在来作物自体の消失が急速に進行している。伝統的農耕の調査や失われゆく遺伝資源の保存は緊急を要する。

現在でも焼畑農耕が比較的良好に残っている中国雲南省南西部、ラオス北部、ミャンマー北部等において調査

を行った結果、この地域の焼畑農耕において最も重要な伝統的マメ科作物はツルアズキ (*Vigna umbellata*) であることが判明した。ツルアズキの伝統的栽培地域と野生種の分布域を図1に示した。

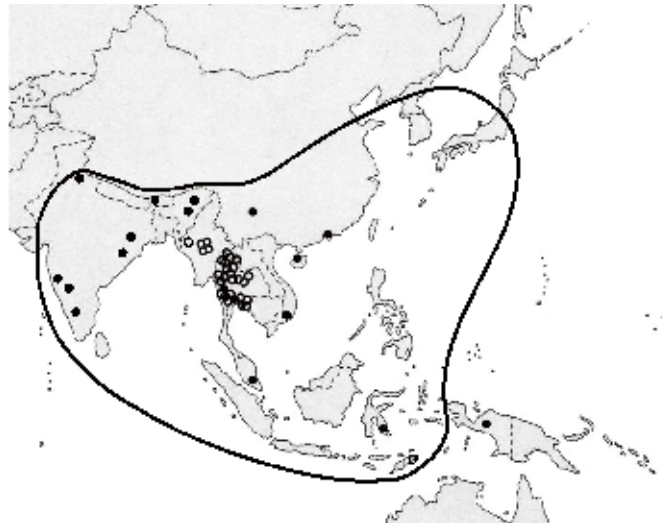


図1. ツルアズキの伝統的栽培地域 (実線) と野生種の分布地点 (●: 文献と標本; ○: 生体標本)

そこで、本課題では、この地域で栽培されているツルアズキの遺伝的多様性とその地理的分布を明らかにし、その多様性を保全することを目的に、主としてラオスにおける栽培現状の調査、生体標本 (遺伝資源) の収集と保存を行ってきた。また、これまでに行ってきたさらに広い地理的範囲からの収集活動によって保存されてきた生体標本に、本課題によって新たに収集した生体標本を加えて、形態的な多様性の記載とマイクロサテライト DNA レベルでの多様性の解析を行い、ツルアズキの伝統的栽培分布地全体をカバーした多様性解析を行った。

2. 種子形態からみたツルアズキの多様性中心 (ミャンマー)

種子形態からみたツルアズキの多様性が最も高かったのは、ミャンマーであった (図2)。ミャンマーには、種子の大きさ、色ともに極めて多様な系統が栽培されていることが明らかになった。また、図2には示されていないが、ネパール産ツルアズキの種子形態に関する多様性もミャンマーに匹敵するほどに高いことが明らかになった。



図2. ツルアズキ種子形態にみられる多様な地理的変異

ラオス北部山地帯の少数民族が焼畑で栽培しているツルアズキには、多様な種子色がみられるが、種子の大きさでは比較的小粒のものに限られていた。タイでも以前は多様な種子色のツルアズキが栽培されていたのではないかとと思われるが、現在ではほとんどが赤種子のツルアズキしか残っていなかった。日本や朝鮮半島のツルアズキは極小粒で、種子色は赤のものがほとんどであった。

日本や朝鮮半島のツルアズキは極小粒で、種子色は赤のものがほとんどであった。

3. マイクロサテライト DNA からみたツルアズキの多様性中心 (ベトナム、ミャンマー、インド、ネパール)

表1に示したとおり、マイクロサテライト DNA の多型からみた遺伝子多様性は、東南アジア (特にベトナム、ミャンマー) と南アジア (インド、ネパール) で高く、東アジアでは低くなっていた。また、東南アジアや南アジアのツルアズキは、ヘテロ接合を示す遺伝子座が多く、かなり高い割合 (10 ~ 20%) で他殖を行っていることが示された。東南アジアで収集された野生種の中には、種子色が典型的でないものや種子サイズが栽培種との

表1. 種子形態とマイクロサテライト分析に用いたツルアズキ栽培系統と野生系統の起源、系統数、解析遺伝子座数、検出された対立遺伝子数、遺伝子多様性指数、ヘテロ接合程度および他殖率

起源 (略記号)	系統数	遺伝子座数	検出対立遺伝子数	遺伝子多様性	ヘテロ接合程度	他殖率 (%)
栽培系統	388		133	0.565	0.134	13.4
東アジア	62		66	0.36	0.061	9.23
日本 (CJ)	18	13	34	0.301	0.039	6.8
北朝鮮 (CKn)	6	13	18	0.195	0.026	7.1
韓国 (CKs)	3	13	17	0.167	0.077	30.0
中国 (CC)	32	13	56	0.369	0.072	10.8
台湾 (Cct)	3	13	19	0.224	0.128	40.0
東南アジア	151		106	0.554	0.107	10.68
フィリピン (CP)	2	13	16	0.154	0.077	33.3
インドネシア (Cio)	6	13	31	0.356	0.269	60.6
東チモール (CE)	18	13	48	0.460	0.218	31.1
ベトナム (CV)	17	13	50	0.561	0.086	8.3
ラオス (CL)	28	13	54	0.484	0.093	10.7
タイ (CT)	17	13	51	0.487	0.077	8.6
ミャンマー (Cmy)	61	13	70	0.531	0.079	8.1
マレーシア (Cma)	2	13	17	0.154	0.115	60.0
南アジア	175		90	0.526	0.183	20.99
ネパール (CN)	145	13	82	0.510	0.188	22.6
インド (Cii)	23	13	59	0.536	0.154	16.8
スリランカ (CS)	7	13	28	0.450	0.165	22.4
野生系統 *	84		129	0.678	0.232	20.6
タイ野生 A (WTA)	37	13	107	0.668	0.264	24.6
タイ野生 B (WTB)	28	13	84	0.621	0.319	34.5
タイ野生 C (WTC)	8	13	48	0.618	0.087	7.5
ミャンマー野生 A (WMA)	3	13	25	0.539	0.026	2.5
東チモール野生 A (WEA)	4	13	28	0.538	0.000	0.0
東チモール野生 B (WEB)	4	13	30	0.551	0.000	0.0

* : 野生 A:典型的な野生系統 野生 B: 種子サイズは典型的野生系統と変わらないが種子色が典型的 (黒斑) でない系統 野生 C: 種子サイズが典型的野生系統より大きく種子色も典型的 (黒斑) でない系統 (図3参照)

中間的なものなどが多く含まれていた (表1、図2: 野生 B、野生 C)。

これらの典型的でない野生種 (自生集団) は、本当の野生種集団と栽培種との自然交雑によって生まれた雑種後代の集団であると考えられ、検出された高い他殖率はこの仮説を支持するものである。

マイクロサテライト多型から推定した日本におけるアズキの他殖率が約1%程度にすぎなかったのと比較して、ツルアズキの高い他殖率は対照的であった。

これまでは、ツルアズキの多様性中心は東南アジア山地部であると考えていたが、マイクロサテライトの解析によってインド (インドヒマラヤ地域) やネパールの栽培ツルアズキの多様性も高いことが明らかになった (表1)。

4. ツルアズキの起源地 (東南アジア山地帯とネパール)

野生種の多様性は栽培種に比べて高く (表 1)、栽培種で見いだされた対立遺伝子 (アレル) のほとんどはタイの野生種でも見られるものであった。このことは、タイの野生種の変異でほぼすべての地域の栽培種の変異を説明できることを示しており、タイの野生種から栽培化が起こったと考えてもよいというデータである。しかし、この考え方が当てはまらない例外的なアレルをもつ栽培種群が見出された地域があった。それは、ネパールである。この事実から、以下のような 3 つの仮説が考えられる。

- 1) ネパールがツルアズキの起源地である。
- 2) ツルアズキの起源地は多数あり、少なくともネパールで見つかった特異的アレルを持つ栽培ツルアズキはネパールで起源した。
- 3) 東南アジアで起源したツルアズキがネパールにおいて、ネパールに自生している野生種 (特異的アレルを持つ) との間で交雑による遺伝子のやり取りを繰り返した結果、ネパールには特異的アレルを持つ栽培種が多く見られるようになった。

いずれにせよ、今回の解析に用いる事ができ

ななかったネパールに自生する野生種遺伝資源がどのようなアレルを持っているのかをまず明らかにする必要があり、そのためにはネパールあるいはブータン、インドヒマラヤあたりに分布するツルアズキ野生種を収集しその DNA を調査する必要がある。

5. ラオスにおける *Vigna* 属遺伝資源多様性の保全

本プロジェクト課題においては、主としてラオスにおける現地調査を実施してきた。その結果、ラオスの広範な地域から表 2 に示したように 10 種 112 点の *Vigna* 属植物遺伝資源の収集保存に成功した。

このうち野生種は 7 種 67 点であった。この中の 6 種の野生種は、これまでラオスにおける分布が知られていなかったラオス新記載種で、学術および育種素材として貴重な遺伝資源である。

これらの生態標本を用いて AFLP 法によって DNA 多様性解析を行った結果、これまで *Vigna hirtella* と同定してきた系統には、遺伝的に大きく分

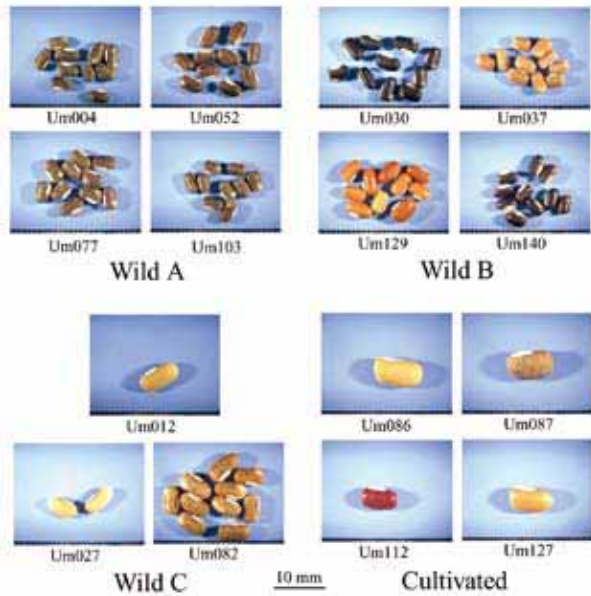


図 3. サイズと色によるツルアズキ野生種の分類

野生 A (Wild A) は典型的野生種：小粒で黒斑種子
 野生 B (Wild B) は小粒だが、種子色が典型的ではない
 野生 C (Wild C) は典型的野生種に比べ種子大型で種子色も栽培種的
 野生 B と野生 C の成立には栽培種から野生種への遺伝子流動が関与していると考えられる

表 2. 生態史プロジェクトにおいて新たに収集保存した *Vigna* 属マメ科植物

種名	和名	区分	2003年	2004年	2005年	合計
<i>V. angularis</i> *	ヤブツルアズキ	野生種	0	0	3	3
<i>V. hirtella</i> *	アズキ近縁種	野生種	4	10	6	20
<i>V. minima</i> *	ホンバツルアズキ	野生種	5	4	3	12
<i>V. mungo</i>	ケツルアズキ	栽培種	0	0	1	1
<i>V. radiata</i>	リョクトウ	栽培種	0	0	5	5
<i>V. reflexo-pilosa</i> *	オオヤブツルアズキ	野生種	1	0	1	2
<i>V. tenuicaulis</i> *	アズキ近縁種	野生種	0	2	4	6
<i>V. trinervia</i> *	アズキ近縁種	野生種	0	0	4	4
<i>V. umbellata</i>	ツルアズキ	栽培種	5	21	10	36
<i>V. umbellata</i>	ツルアズキ	野生種	0	0	10	10
<i>V. unguiculata</i>	ササゲ	栽培種	1	5	7	13
合計			16	42	54	112

*: 本プロジェクトによって、ラオスにおける分布がはじめて確認されたラオス新記載種
 調査地域: 2003年 ヴィエンチャン、ルアンブラバン、チャンバサック、サラヴァン県
 2004年 ウドムサイ、ルアンナムタ、ポンサリ県
 2005年 サイソンプン、シェンクアン、フアパン、ルアンブラバン、サヤプリ県

化した2群 (*V. hirtella*(A), *V. hirtella* (B)) が存在していることが明らかになった(図4)。また、野生種のうち *V. minima* と *V. umbellata* に関しては、農民が食料や飼料用、被覆用植物として現在でも持続的に利用している実態が明らかになり、今後さらに効率的な利用方法についての検討が必要である。

6. 今後の研究の方向性について

1. 急速に変貌をとげ、遺伝資源の消失が懸念されるラオス *Vigna* 属植物遺伝資源の調査を、これまで調査を行っていないボリカムサイ県、カムアン県、サバナケート県、セコン県、アタブ県において現地研究所と共同で行い、ラオス全体をカバーした *Vigna* 属植物遺伝資源多様性の保全と解明を行うことによって、*Vigna hirtella* に関する分類学的な取り扱いを含め、ラオスにおける *Vigna* 属植物の植物誌を改訂する。

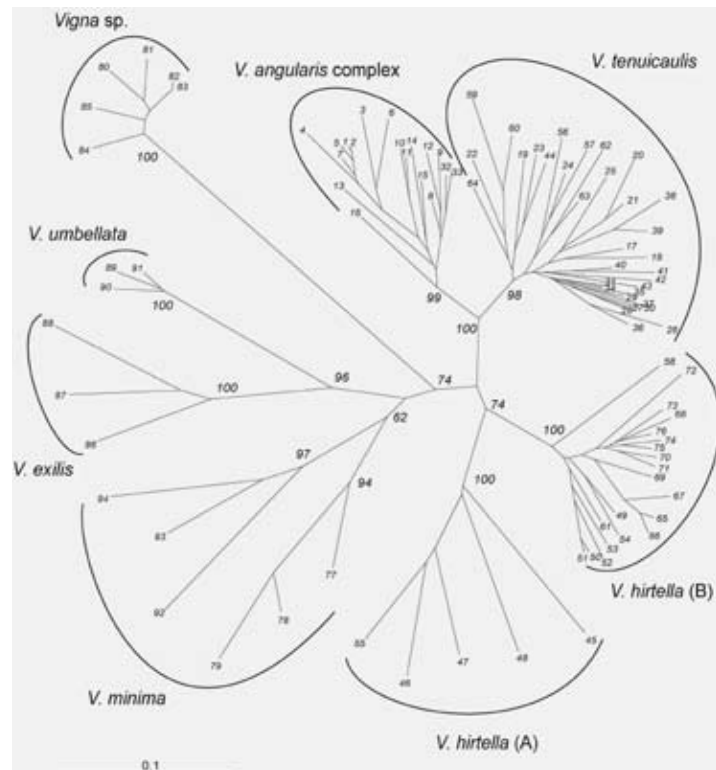


図4. AFLP-DNA多型解析による *Vigna* 属野生植物の遺伝的類縁関係
V. hirtella には大きく遺伝的に分化した2つのグループが存在していた。

英文要旨

Recently, genetic erosion of traditional cultivars and wild plants are becoming the most serious problem in the mountainous area of mainland Southeast Asia. This is mainly because of the rapid economic expansion of China, Vietnam and Thailand. In this project, a focus is set on the collection and conservation of traditional leguminous crops and wild leguminous plants especially belonging to the genus *Vigna* in Laos.

During 3 year periods of the project under the cooperative activities with Laotian governmental research institute, 112 accessions consist of 10 *Vigna* species have been collected and conserved. Among the collected accessions, 67 accessions consist of 7 *Vigna* species are wild plants, whereas 45 accessions consist of 4 *Vigna* species are cultivated plants. Six wild *Vigna* species, i.e., *V. angularis*, *V. hirtella*, *V. minima*, *V. reflexo-pilosa*, *V. tenuicaulis* and *V. trinervia*, are the new record in Laos.

Among cultivated *Vigna* species, rice bean (*V. umbellata*) was revealed to be the most important traditional legume in Laos. Therefore to elucidate the genetic diversity of Laotian rice bean in relation to the other Asian rice bean accessions, microsatellite DNA analysis has been conducted. Myanmar, India, Nepal and Vietnam were revealed to be the center of genetic diversity.

For wild *Vigna*, AFLP DNA analysis has been conducted. Based on the analysis, accessions of *V. hirtella* were clustered into 2 genetically well differentiated groups. It is necessary to re-consider the taxonomic treatment of this species.