

同時発表：農政クラブ、農林記者会、科学記者会、国土交通記者会、千葉県政記者会、千葉民間放送テレビ
記者クラブ、木更津記者クラブ、島根県庁記者クラブ、京都大学記者クラブ



京都府立大学
Kyoto Prefectural University

サクラ（ソメイヨシノ）のゲノムを解読しました

～遺伝子分析により開花時期の予想が可能に～

3月23日（土）に園芸学会で発表するとともにデータベースにて公開

平成31年3月13日

公益財団法人 かずさDNA研究所
国立大学法人 島根大学
京都府公立大学法人 京都府立大学

- ◇ かずさDNA研究所、島根大学、京都府立大学は共同で、サクラを代表する人気品種であるソメイヨシノのゲノムを解読しました。
- ◇ ソメイヨシノは、その成り立ちや、開花時にはたらく遺伝子について多くの不明な部分があります。今回、島根大学が保有する139品種を解析し類縁関係を調査したところ、通説通り、ソメイヨシノはエドヒガンとオオシマザクラを祖先に持つ可能性を見出しました。
- ◇ ソメイヨシノの細胞組織は、上野恩賜公園に植栽されている、ソメイヨシノの原木と推測されている樹木から許可を得て採取しました。
- ◇ ソメイヨシノのゲノムや開花に関わる遺伝子が明らかになったことで、遺伝子解析によりより正確に開花時期が予測できると期待できます。
- ◇ 研究成果は、3月23日（土）に明治大学で開催される園芸学会平成31年度春季大会にて口頭発表するとともに、かずさDNA研究所が運営するDBcherry データベース (<http://cherry.kazusa.or.jp>)にて公開いたします。

<報道に関すること>

公益財団法人かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ
国立大学法人島根大学 企画部企画広報情報課広報グループ
京都府公立大学法人京都府立大学 事務局企画課

TEL：0438-52-3930

TEL：0852-32-6603

TEL：075-703-5212

<研究に関すること>

かずさDNA研究所

植物ゲノム・遺伝学研究室 主任研究員 白澤 健太（しらすわ けんた） TEL：0438-52-3935

島根大学

生物資源科学部 農林生産学科 准教授 江角 智也（えすみ ともや） TEL：0852-32-9845

京都府立大学

生命環境学部 農学生命科学科 教授 板井 章浩（いたい あきひろ） TEL：0774-93-3253

1. 背景

サクラはバラ科サクラ属の鑑賞用落葉樹種の総称で、エドヒガン (*Cerasus spachiana*)、オオシマザクラ (*C. speciosa*)、ヤマザクラ (*C. jamasakura*) などの基本野生種をもとに多くの品種が作出されました。そのうち、ソメイヨシノ (*C. × yedoensis*) は、エドヒガン ($2n = 16$) とオオシマザクラ ($2n = 16$) の種間雑種とされています。ソメイヨシノは挿し木などによりクローン増殖され、日本だけでなく世界中に植えられています。ソメイヨシノの開花日を正確に予測することは、多くの花見ツアーが企画されている昨今、観光産業にとって非常に重要です。

しかしながら現在までに、ソメイヨシノの開花に関する分子生物学的な解析はほとんど行われていません。その一因として、種間雑種であるソメイヨシノはエドヒガン由来とオオシマザクラ由来の 2 つのゲノムを持つためにゲノム構成が複雑であり、ゲノムや遺伝子の解析が容易ではないことが理由として考えられました。そこで、ソメイヨシノのゲノムを構成する 2 つのゲノムの配列を解析することにしました。

ゲノム解読に使用したソメイヨシノの葉組織は、原木と推定されている上野恩賜公園に植栽されている樹木から許可を得て採取しました。

本研究では、かずさDNA研究所で上野恩賜公園に植栽されたソメイヨシノのゲノム解読と島根大学が保有する 139 品種の SNP 解析^{*3}を行い、遺伝子予測や連鎖地図の作成を行いました。また、島根大学と京都府立大学と共同で開花に関わる遺伝子の探索を実施しました。

2. 研究成果の概要と意義

- ① 島根大学が保有する 139 品種を ddRAD-Seq 法^{*4} で解析し類縁関係を調査したところ、通説通り、ソメイヨシノはエドヒガンとオオシマザクラを祖先に持つ可能性を見出しました。
- ② かずさDNA研究所がある千葉県木更津市鎌足地区に古くから伝わる鎌足桜は、ヤマザクラとオオシマザクラの血を引く可能性があることが判明しました。
- ③ PacBio ロングリード技術^{*5} を利用して解析したところ、ソメイヨシノを構成するエドヒガンとオオシマザクラに対応するそれぞれ約 3 億 5000 万塩基対の 2 つのゲノムを精度良く決定することができました。そしてゲノム配列の中から、95,076 個の遺伝子を見出しました。
- ④ ソメイヨシノとヤマザクラを交雑して得た種子を ddRAD-Seq 法で解析して、16,933 個の DNA マーカー^{*6} の位置を示したソメイヨシノの遺伝地図を作成しました。
- ⑤ ソメイヨシノのゲノム構造は、近縁種であるオウトウ (サクランボ)、モモ、ウメと良く似ていました。
- ⑥ ソメイヨシノの 2 つの祖先種は 552 万年前に異種に別れたと推定されました。この 2 種が百数十年前に交雑によって再び一つになることでソメイヨシノが誕生したと考えられます。
- ⑦ 開花前 1 年間 (1 ヶ月ごと)、および開花前 1 ヶ月間 (2 日ごと) の蕾の転写産物の解析を行い、ソメイヨシノが開花に至るまでの遺伝子発現の変化を明らかにしました。

- ⑧ 本研究により得られた情報は、DBcherry データベース (<http://cherry.kazusa.or.jp>) にて公開するとともに、バイオ系のプレプリントサーバーbioRxiv (バイオアーカイブ) *7 でオンライン公開いたします。

3. 将来の波及効果

- ① ソメイヨシノのゲノム配列を利用することで、ソメイヨシノの祖先を正確に特定できるようになります。
- ② ソメイヨシノの開花に至るまでの遺伝子発現の変化を明らかにしたことで、蕾(つぼみ)の遺伝子分析により、より正確に開花日を予測することができるようになるかもしれません。
- ③ サクラの様々な形質に関して遺伝解析が進むとともに、新品種の開発に役立てられることが期待できます。

この研究は、かずさDNA研究所の助成および日本学術振興会の科学研究費補助金(課題番号26850017)によって行われました。

学会発表：園芸学会平成31年度春季大会

演題：サクラ「ソメイヨシノ」の全ゲノム配列の解読

著者：白澤健太・江角智也・平川英樹・田中秀幸・板井章浩・ゲルフィ アンドレア・長崎英樹・磯部祥子

3月23日(土) 明治大学農学部 生田キャンパス

データベース

データベース名：DBcherry

URL：<http://cherry.kazusa.or.jp>

発表論文

論文タイトル：Phased genome sequence of an interspecific hybrid flowering cherry, Somei-Yoshino (*Cerasus x yedoensis*)

著者：Kenta Shirasawa, Tomoya Esumi, Hideki Hirakawa, Hideyuki Tanaka, Akihiro Itai, Andrea Ghelfi, Hideki Nagasaki, Sachiko Isobe

掲載誌：bioRxiv

DOI：<https://doi.org/10.1101/573451>

用語解説

*1 遺伝子：親から子へと遺伝する、あるいは細胞から細胞へと伝えられる形質を決定する因子であり、生物の体を作り動かすのに必要なタンパク質などを作るための設計図のことで、その本体は DNA である。

*2 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必須な最小限の染色体のひとまとまり、または DNA 全体のことをいう。

*3 SNP 解析：個体や系統間でゲノムの塩基配列の 1 塩基が異なるところを検出する方法で、情報をもとに様々な形質に関わる遺伝子を同定することが可能になる。

*4 ddRAD-Seq 法：2 種類の制限酵素でゲノムを切断し、両端が別々の制限酵素で切断された断片のみを次世代シーケンサーで解析するもので、ゲノムの 0.1~1% を株や品種が違ってても、ゲノム上の同じ領域を再現性良く読むことができ、塩基配列の違いを容易に比較することができる。

*5 PacBio ロングリード技術：DNA 合成を 1 分子単位でリアルタイムに検出することにより、DNA 配列を解析する技術。従来法では、連続した 1000 塩基しか読み取ることができないが、PacBio では連続した 8 万塩基以上の塩基配列を読み取ることができる。

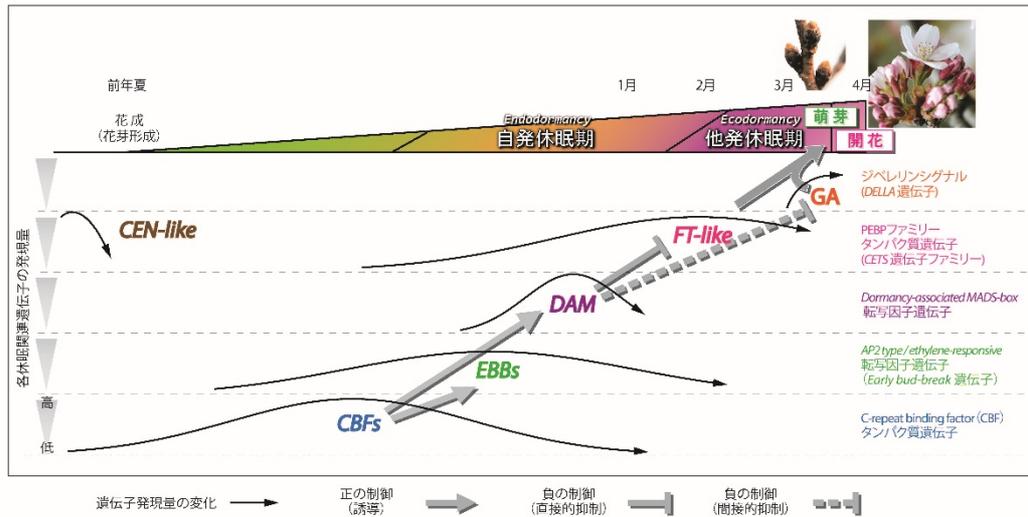
*6 DNA マーカー：生物個体の遺伝的性質（遺伝型）や系統（個人の特定、親子・親族関係、血統あるいは品種など）の目印となる DNA 配列をいう。SNP はそのひとつ。

*7 bioRxiv（バイオアーカイブ）：Rxiv の x は、「カイ二乗検定」の χ （カイ）。査読のある科学雑誌に投稿する前の論文（プレプリント）を公開することで、時間のかかる査読のプロセスを経ずに研究情報を交換することができる。また、投稿時に文献番号が付与され、投稿日時も記録されるため、研究成果の先取権が担保される。運営母体は米国の Cold Spring Harbor Laboratory。

参考資料

図 1. 開花へ至る遺伝子作用を示すモデル図 (提供・島根大)

ソメイヨシノでは、CBF や EBB が休眠に関与する *DAM* 遺伝子の発現を制御している。冬季の低温に十分さらされると *DAM* 遺伝子の発現が低下し、自発休眠から他発休眠へ移行する。花成ホルモン (フロリゲン) を含む PEBP ファミリータンパク質やジベレリンのシグナルに関与する遺伝子の発現は *DAM* 遺伝子によって抑制制御されており、他発休眠に移行した花芽ではそれらへの抑制作用が外れることで、開花に向かう。



サクラ「ソメイヨシノ」の休眠覚醒から開花に向けた関連遺伝子の発現による制御モデル (本研究トランスクリプトーム解析データに基づく)

図 2. ウメ、モモ、オウトウ (サクランボ) などとの分岐年代を示す樹形図

ソメイヨシノとウメ、モモ、およびサクランボの間では、8本の染色体でそれぞれお互いのゲノム構造が染色体全体に渡って類似していた。また、ソメイヨシノの2つの祖先種は552万年前に異種に別れたと推定された。この2種が百数十年前に交雑によって再び一つになることでソメイヨシノが誕生したと考えられる。

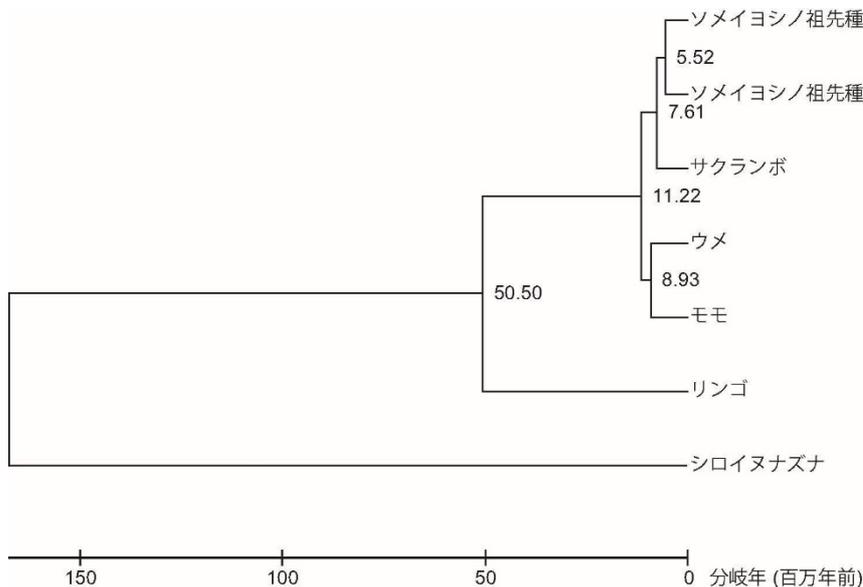


図3. 日本の139品種・系統の類縁関係を示す樹形図

染井吉野を赤字、大島桜と八重紅枝垂（エドヒガン系）を緑字、そのほかにゲノム解析を行った6品種を青字で示す。右のカラーパターンは、それぞれの品種を構成するゲノムの種類と割合を示す。

