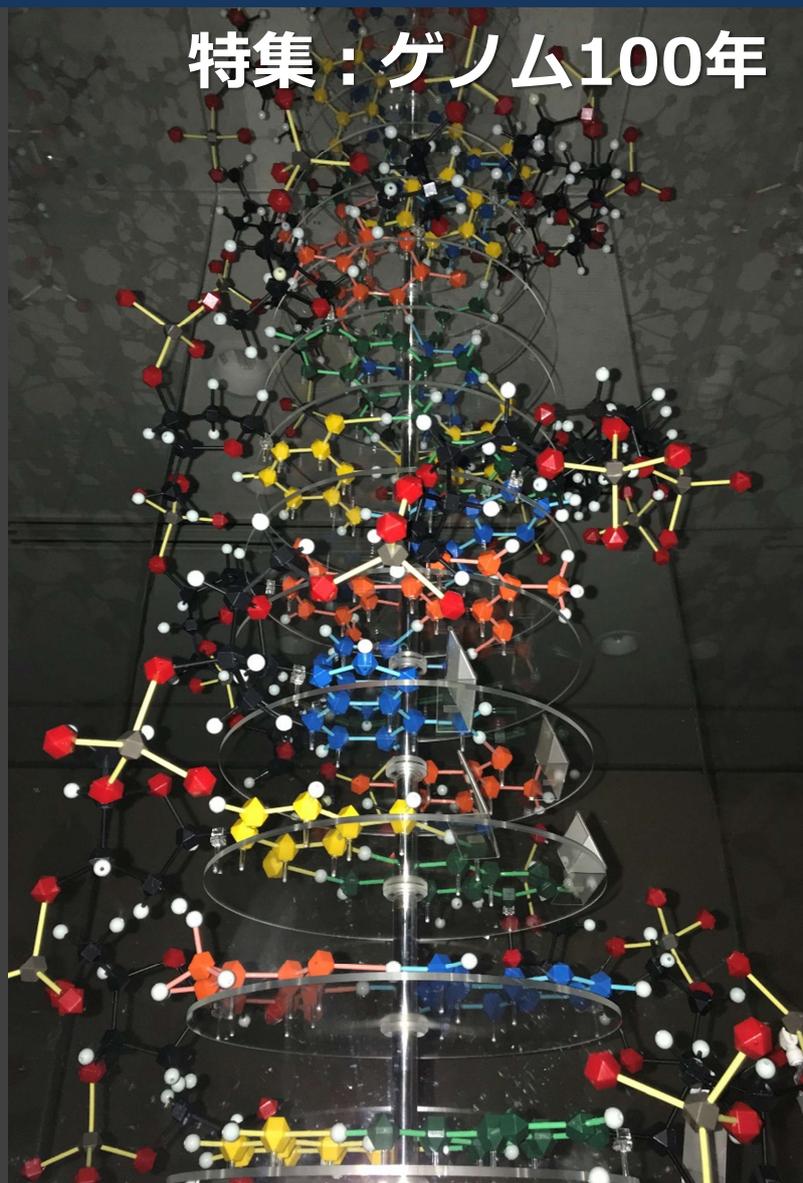


特集：ゲノム100年



かずさDNA研究所ニューズレター 第71号
発行日 令和2年4月15日（年4回発行）
企画・編集／公益財団法人かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ
ニューズレターは以下のサイトからも閲覧できます。
<https://www.kazusa.or.jp/j/information/newsletter.html>
[配信登録：ニューズレターの発行をメールでお知らせします。]

かずさDNA研究所

公益財団法人 かずさDNA研究所
〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7
TEL：0438-52-3900 FAX：0438-52-3901
<https://www.kazusa.or.jp/>
E-mail：nl-admin@kazusa.or.jp

研究紹介

ミヤコグサの環境適応戦略
植物と微生物の相互作用
マメガキ（豆柿）のゲノム解読
サツマイモの線虫抵抗性

P1. 活動報告

「大人が楽しむ科学教室」での講演
栃木県立衛生福祉大学校「分子生物学講座」

P14. 遺伝子ってなんだろう？

de novo遺伝子（不凍タンパク質）

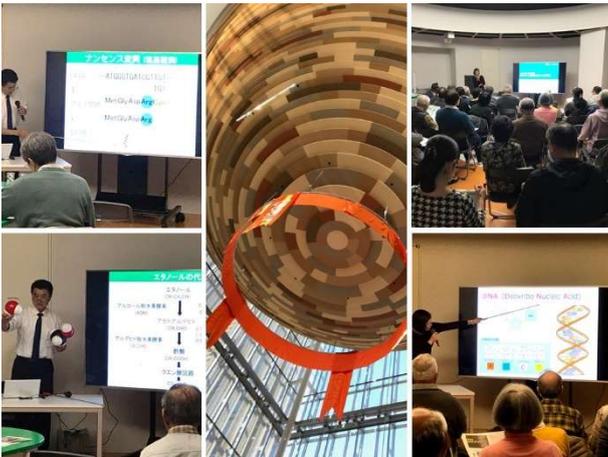
P15. どんなゲノム こんなゲノム

コロナウイルスのゲノム



「大人が楽しむ科学教室」での講演

千葉市科学館では、科学について一般の方に関心を持ってもらうため、「大人が楽しむ科学教室」を毎年数多く開催しています。2019年度の「健康と科学シリーズ」では、1月19日に弊所の糸賀栄チーム長が「かずさの難病克服への取り組み」というタイトルで、また、2月2日には弊所の平岡桐子主任研究員が「がんゲノム医療と新しい治療薬」というタイトルで講演しました。



栃木県立衛生福祉大学校「分子生物学講座」

当研究所はDNA研究に関する人材育成及び普及啓発を主要事業の一つとして、県内外の学校を受け入れ、所内実習を開催しています。2月27日には、栃木県立衛生福祉大学校臨床検査学部19名の学生がバスで来所し、「分子生物学講座」を受講しました。DNAの研究に欠かせないPCR法やアガロースゲル電気泳動など分子生物学的な手法で、各自に配られた謎の食肉（ブタ、トリ、ウシ）のDNA鑑定を行いました。皆さん大学でもなかなかできない実験に熱心に取り組んでいました。



<産学官連携>

2月14日(金)：千葉県バイオ・ライフサイエンス・ネットワーク会議セミナー「バイオ戦略2019と令和2年度経済産業省関連予算案のポイント～世界最先端のバイオエコノミー社会の実現を目指す戦略を読み解く～」
開催 http://www.kazusa.or.jp/bio-network/pdf/r20214_CBLN_seminar.pdf

<DNA倶楽部会員限定イベント> (KDRI)

❖ 2月7日(金)：DNA倶楽部実験教室

<その他>

❖ DNA出前講座

1月21日(火)：千葉聖心高等学校
1月16/24日(木/金)：千葉県立千葉北高等学校
2月4/5日(火/水)：千葉県立東総工業高等学校
2月26日(水)：千葉市立白井中学校

❖ 所内実習 (KDRI)

1月17日(金)：内閣府食品安全委員会「遺伝子組換え実験」
2月22/23日(土/日)：千葉県立木更津高等学校 (SSH連携)
2月25日(火)：暁星国際学園 暁星国際高等学校
2月27日(木)：栃木県立衛生福祉大学校臨床検査学部

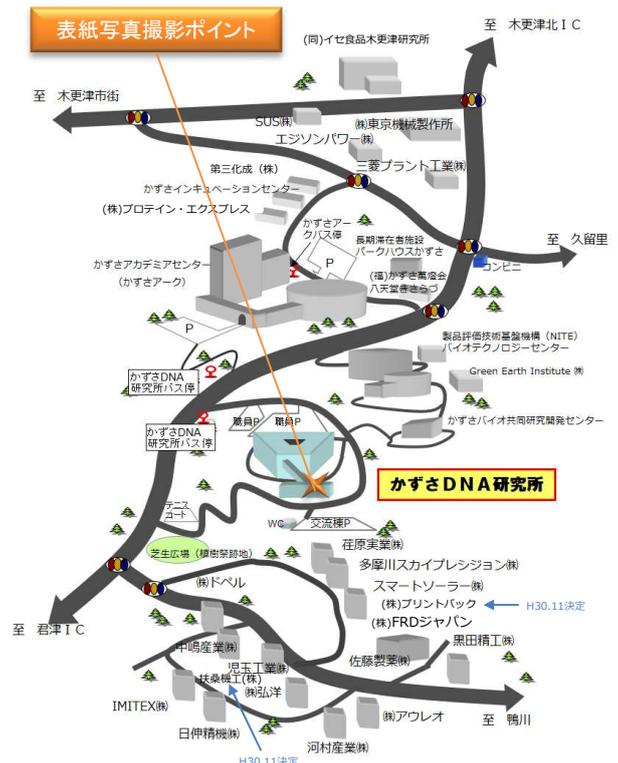
❖ イベント

1月19日(日)：大人が楽しむ科学教室 健康と科学シリーズ (糸賀教室、千葉市科学館主催)
2月2日(日)：大人が楽しむ科学教室 健康と科学シリーズ (平岡教室、千葉市科学館主催)

*KDRI:かずさDNA研究所に於いて実施

表紙の写真

当研究所は、研究活動や成果に対する理解を深めていただけるよう、事前予約による見学を受け付けています。講義や簡単な実験の他、所内見学では研究室の様子や写真にあるDNAの二重らせんの模型もご覧いただけます。(撮影：令和2年3月17日)





問題4

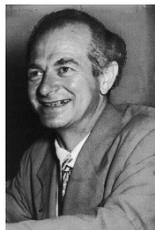
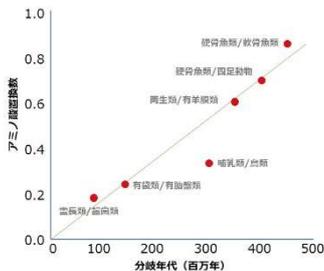
日本の遺伝学者、木原均博士が遺した有名な言葉で「地球の歴史は地層に、生物の歴史は○○に記されている」の中の○○とは何でしょうか？



- A: ゲノム
- B: しわ
- C: 染色体
- D: 遺伝子

問題5

アミノ酸配列や塩基配列など生物間の分子の違いを比較し、その置換率などをもとに推定された、進化過程での生物間の分岐年代を何時計というのでしょうか？



ライナス・ポーリング

- A: 分子時計
- B: 鳩時計
- C: 進化時計
- D: 化石時計

問題6

2015年1月の米国の一般教書演説において、「100万人の医療・遺伝子情報を含むデータベースを構築し、それを基にした個人に適した治療を提供することを目指した医療」を唱えた大統領は誰でしょうか？

精密医療 (Precision Medicine)

電子カルテ

100万

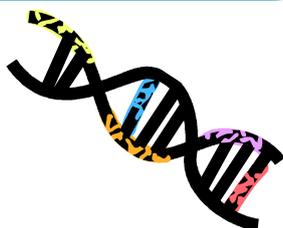
遺伝子情報

ゲノム・オミックス医療 (次世代診断・検査)

より大規模かつより優れたがん治療
 ホンダによる全米規模のコホート研究
 規制の厘直し・官民連携
 プライバシーの保護

生命医療データを活用した「データサイエンス」

- A: ドナルド・トランプ
- B: ジョージ・ワシントン
- C: ビル・クリントン
- D: バラク・オバマ



君塚 侑香さん

今年の春、東京バイオテクノロジー専門学校を卒業した君塚侑香さんは、1年半にわたり当研究所の遺伝子分析チームにおいて、若返りで知られるベニクラゲの研究に携わっていました。

ベニクラゲは、体長数ミリ程度で名前の通り体の中心部が紅色をしたクラゲです。とても小さいので目にしたことはないかもしれませんが、世界中の海に生息しているそうです。また、成熟した個体からポリプと呼ばれる若いステージに戻り、新しい子どもクラゲを生み出すことができるため、若返りのみならず細胞の再生や脱分化のメカニズム解明につながる研究も期待されています。

当研究所の長谷川研究員は、2016年にベニクラゲの各成長段階で発現する遺伝子を網羅的に解析しましたが、君塚さんは遺伝子発現を制御することで注目されている small RNA を次世代シーケンサーを使って網羅的に解析しました。

顕微鏡下で細かくした餌をクラゲの口元まで持っていくという地道な飼育から始まり、最先端の装置を使い解析まで行った君塚さんは、卒業発表会でベストスピーチ賞を受賞しました。また、国際誌へ論文投稿の準備も進んでいるようで、新たな職場での活躍が期待されます。



ベニクラゲの成熟個体



かずさの森のDNAキャンプ

「DNAから環境を知ろう！」

本プログラムでは、DNA情報をもとに私達の身のまわりにいる微生物を調べます。遺伝子組換え実験の他、PCR法、ゲル電気泳動や塩基配列解析が体験できます。高校の理科教育より数段高いレベルの内容ですが、ゲノム科学の手法を用いて生命科学の面白さを体験できます。

開催日：2020年8月19日（水）～21日（金）
 対象：千葉県内の高校生及び全国SSH指定校生
 募集人数：8名
 応募締切：2020年6月30日（火）



参加費
無料

昨年の様子
↓



教員免許状更新講習（選択領域）

「分子生物学入門 ～基礎から応用まで～」

弊所は2019年に文科省より教員免許状更新講習の開設者の指定を受けました。本講習では、著しい発展を遂げる生命科学分野について、DNA研究の歩みを踏まえながら基礎から応用まで分かり易く講義します。また、自分の口腔粘膜細胞からDNAを抽出し、ALDH2遺伝子を解析します。

開催日：2020年8月4日（火）
 対象：中学校、高等学校、中等教育学校 及び
 特別支援学校中等部高等部の理科教諭
 募集人数：24名
 応募締切：2020年7月15日（水）

かずさDNA研究所

教員免許状更新講習
「分子生物学入門」
のご案内

令和2年度 教員免許状更新講習（選択領域）
 2020年8月4日(火) 9:00～16:00

会場：かずさDNA研究所（千葉県本妻浦市）
 講師：ゲノム科学とバイオテクノロジー
 実務：企業向けに開発されたDNAの塩基配列解析
 見学：最先端の次世代シーケンサーや高分解能質量分析装置

受講料 6,000円
 (税込・当日徴収)

申し込み方法：FAX
 〒270-0292 千葉県本妻浦市
 お申し込みください。

公営財団法人 かずさDNA研究所
 本研究所の〒0438-52-3931
 TEL: 0438-52-3930
 FAX: 0438-52-3931
 www.kazusa.or.jp/

申込方法：JR本妻浦駅
 かずさDNA研究所前
 かずさDNA研究所前
 東武方面から徒歩1分
 かずさパーク下車
 ※自転車利用可

先着24名
 締切：7月15日（水）

参加費
¥6000

昨年の様子
↓

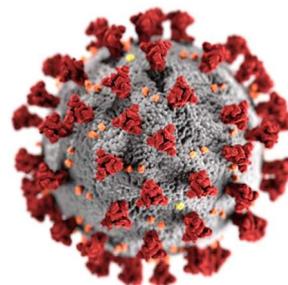


挑戦！あなたもゲノム博士

このコーナーではゲノムに関するクイズを出題します。答えはかずさDNA研究所のHPに掲載。
 (https://www.kazusa.or.jp/newsletter/)

問題1

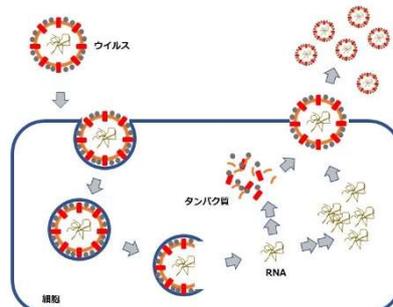
2019年11月に発生が確認された新型コロナウイルスは、2003年に流行した重症急性呼吸器症候群のSARSウイルスに似ていますが、ウイルス粒子の直径はおよそどのくらいでしょうか？



- A: 1 mm
- B: 1 mmの1/10
- C: 1 mmの1/100
- D: 1 mmの1/10000

問題2

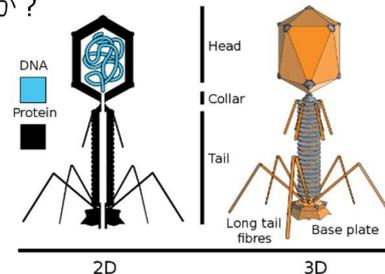
ウイルスは、他の生物に感染して自己を複製するので、非生物と考えられていますが、ウイルスの特徴でないものは次のどれでしょうか？



- A: 細胞膜がない
- B: 自己増殖しない
- C: 核酸がない
- D: 小器官がない

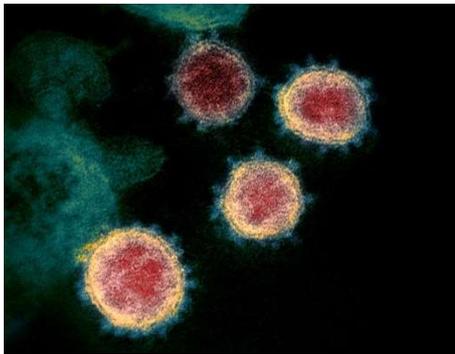
問題3

動物がウイルスに感染するように、微生物もウイルスに感染することがあります。この微生物に感染するウイルスのことを通称何というのでしょうか？



- A: ジョージ
- B: ファージ
- C: ケンジ
- D: バクテリア

Adenosine (original); en:User:Pbroks13 (redraw) -
 http://commons.wikimedia.org/wiki/Image:Tevenphage.png CC表示-継承 2.5



コロナウイルスのゲノム

Coronavirus disease 2019 (COVID-19) は、SARS (重症急性呼吸器症候群) 関連コロナウイルスの通称“新型コロナウイルス”によって発症するウイルス性呼吸器疾患です。コロナウイルスはRNAの形でゲノムを保持し、その大きさは約3万塩基です。ウイルスが細胞内に侵入すると、ゲノムRNAがそのままメッセンジャーRNAとして機能し、ウイルスのタンパク質が合成されます。そのうちのひとつはRNA依存性RNA合成酵素で、ウイルスのゲノムが複製されていきます。

2003年に流行したSARSでは、ゲノムが解読されたのが、新種のウイルスである可能性が指摘されてから4カ月経ってからのでしたが、今回はそれほど長くかかりませんでした。2019年12月26日に武漢の患者から採取されたウイルスの配列情報は、1月14日には公的データベース (GenBank) に登録されました。

ウイルスの拡散経路は、感染が広がるに従って変異を起こすウイルスのゲノム配列の類似性をもとにした系統解析で追うことができます。例えば、nextstrain.orgというwebsiteでは、研究者が登録したゲノム情報を使用してCOVID-19の世界的な広がりを追跡したレポートを公開しています (<https://nextstrain.org/>)。

どうやら人類は、新たなウイルスとの戦い方を手に入れたといえます。

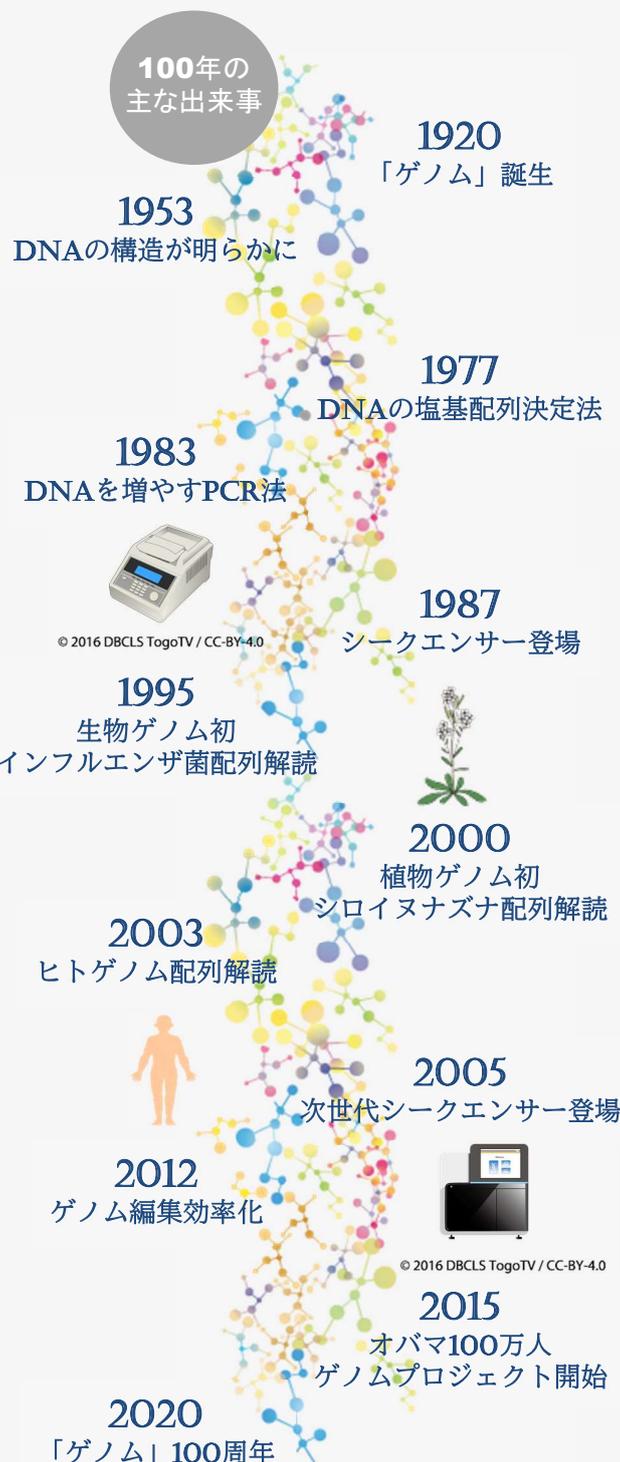
2020年2月4日 *Nature*

特集：ゲノム100年

2020年は、ドイツの植物学者ハンス・ヴィンクラー (1877-1945年) がゲノムという言葉をはじめて使ってから100年目にあたります。「21世紀は生命科学の時代」と言われるように、人類は生命現象を解明するための膨大な知見と解析技術を手に入れました。本特集では、ゲノムという視点からこの100年を振り返ってみます。

ゲノムとは

ヴィンクラーは、遺伝子と染色体を組み合わせ「ゲノム (GENOME)」という概念を作りましたが、その後の科学技術の進展に伴い、生物が正常な生命活動を営むために必要な、最小限の遺伝子群を含む染色体の一組で「遺伝情報の全体・総体」と解釈されています。





植物と微生物の相互作用

京都大学/東京農工大学/遺伝学研究所との共同研究

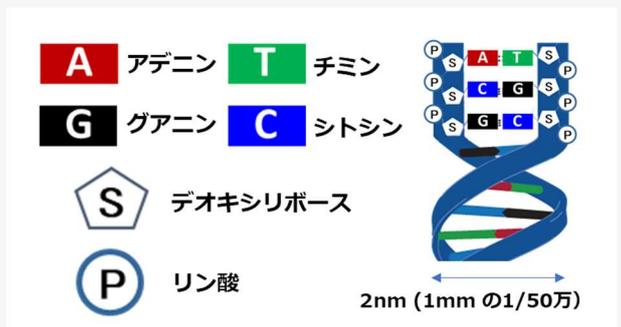
植物や微生物が放出する化学物質が他の生物に影響を及ぼす「アレロパシー」という現象があります。千葉大学名誉教授の沼田真は、1977年にアレロパシーを他感作用と名付けて紹介し、特定植物が優占する原因のひとつが他感作用にあると報告しています（セイタカアワダチソウの周りに他の植物が生育できないことで実証）。しかしながら、この土壌中の代謝物（＝他感物質）はごく微量で不安定なために抽出されにくいなどの問題があり、解析は進んでいませんでした。

当所では、試料に含まれる分子量1500程度までの低分子化合物を、高感度な質量分析装置などを用いて一斉に検出するメタボローム解析技術の開発に取り組んでいます。この技術を用いて様々な土壌を調べたところ、緑肥（すき込んで肥料にする植物）に用いられるマメ科のヘアリーベッチを栽培した後の土壌に「オカラミン」という殺虫活性物質の一群を検出することができました。

オカラミンは、1980年代に微生物起源の殺虫剤を探す中で、ペニシリウム属のカビをオカラで培養したときに得られたもので、これまでに自然界では検出されていませんでした。ヘアリーベッチはダイズやエダマメの収量を上げるとして普及が進んでいますが、土壌にオカラミンやオカラミン生合成微生物が残ることによって有害線虫の発生を抑えるという興味深い作用があることもわかりました。

2020年2月24日 *Frontiers in Genetics*

1953年、ワトソンとクリックはDNAが、二本の鎖が向かい合った二重らせん構造をしていることを提唱しました。このモデルをもとに、DNAの塩基配列情報がどのように子孫に受け継がれるか、DNAが20種類のアミノ酸をどのようにして指定してタンパク質をつくるのかなどの謎を明らかにする実験が行われ、DNAの半保存的複製や遺伝暗号の発見につながりました。さらには、1958年、クリックは、DNAからタンパク質を作るためには、DNAのもつ遺伝情報が、一度RNAにコピーされる必要がある（DNA→RNA→タンパク質）という、生物に共通の原理、“セントラルドグマ”を提唱しました。



ゲノムプロジェクト

1977年には、マクサムとギルバートや、サンガーによってDNAの塩基配列解読方法が発表され、遺伝子の構造や機能に関する研究が進みました。当時、ある種の病気が遺伝することも知られていたため、病気の原因となる遺伝子（変異）を探す研究が盛んに行われました。例えば、優性遺伝する神経変性疾患「ハンチントン病」の原因遺伝子の探索は1970年代後半に始まりましたが、その遺伝子が見つかったのは1993年でした。ひとつの遺伝子の塩基配列を決めるのに数年はかかっていたこの頃、『がんをはじめとした疾病の克服のためにヒトゲノムDNA全塩基配列を決定する』との考えのもと、1990年にヒトゲノムプロジェクトがスタートしました。とは言え、ヒトのゲノム解読はそれほど容易ではなく、最初はゲノムサイズの小さい生物（インフルエンザ菌；1995年）や、それまでの遺伝学研究で用いられていたモデル生物（大腸菌；1997年、出芽酵母；1996年、線虫；1998年、ショウジョウバエ、シロイヌナズナ；2000年、マウス；2002年）が中心でした。その後、病原菌、産業有用微生物や家畜など、実社会に役立つ情報収集を目指したゲノム解読が行われ、

7万種類以上の生物のゲノムが2017年の時点で解読されていました。

多くのゲノム配列が明らかになったことにより、その生物を生物たらしめるための遺伝子やタンパク質のカタログを手にすることができました。これにより、包括的に遺伝子やタンパク質の機能を解明するための研究（オミックス研究）が進展し、集団ゲノム学、比較ゲノム学、構造ゲノム学、薬理ゲノム学などの様々なゲノム科学へと広がり、ゲノム情報を活かした育種も進められています。

様々な生物のゲノムの大きさと遺伝子数



iPS細胞の樹立

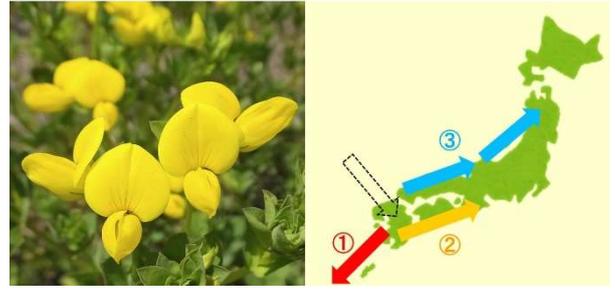
2006年、山中伸弥率いる京都大学の研究グループが、マウスのiPS細胞（多くの細胞に分化できる分化万能性をもつ）を樹立するために必要な4つの遺伝子（*Oct3/4*, *Sox2*, *Klf4*, *c-Myc*）を特定できたのも、当時、マウスの遺伝子カタログが明らかになっていたからです。

ゲノム科学の進展を支えた技術開発

1980年代半ば、ゲノム科学の進展を加速させたのが、半自動のDNA配列解析装置（シーケンサー）の登場でした。この装置を駆使し、ヒトゲノムプロジェクトでは、30億ドル（約3000億円）の予算で13年をかけ、2003年にヒトゲノム配列解読の完了が宣言されました。その後、米国主導の「1000ドルゲノムプロジェクト（2004-2014年）」により、ヒトゲノムの解読をより安く、速く、多く行うための技術開発が進みました。現在では、改良の進んだ次世代シーケンサーを使って、ヒトひとり分のゲノムDNAの配列を2週間もかからずに1000ドル（約10万円）で解読できるようになっています。

さらに、ゲノム科学の進展と共に発展した、また、それをなくして進展はなかったと考えられるのが、生物情報学（バイオインフォマティクス）です。生命科学と情報科学を合体させて、ゲノム解析に伴う大量のDNA配列情報を処理し、より詳

ミヤコグサの分布拡大の歴史



ミヤコグサの環境適応戦略

東北大学/デンマーク・オーフス大学/宮崎大学との共同研究

ミヤコグサ（都草）は、別名で烏帽子草ともいい、2008年に当所が単独でゲノム解析をしました。ゲノムサイズが小さく、ライフサイクルが短い（2ヶ月）などの特徴から大豆などのマメ科作物のモデルとして長年研究に用いられています。

国のナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）は、バイオリソース（生物遺伝資源）の収集・保存・提供を行っています。各地のミヤコグサを栽培比較することで、その表現型の違い（例えば開花時期）からいくつかの系統があることが予測されていました。

この度研究グループでは、NBRPにある日本全国から採取されたミヤコグサ136系統のゲノムを解析しました。そしてミヤコグサは、鹿児島・沖縄に自生する系統（グループ1）、九州東岸・四国・関西に自生する系統（グループ2）、九州の阿蘇地域・山陰・北陸・関東・東北・北海道に自生する系統（グループ3）の3グループに分けられることを明らかにしました。そして、ミヤコグサが約2万年前に九州に定着し、その後日本全土に分布域を広げたことを見出しました。

さらに、グループ間で比較解析を詳しく行ったところ、グループ3に特徴的なゲノム領域があることを見出しました。その領域は、気温が低く日照時間の短い高緯度地域への適応と関連する越冬性と開花時期に関わるものでした。

2020年1月14日 *Nature Communications*



サツマイモの線虫抵抗性

岡山大学/農研機構/遺伝学研究所との共同研究

千葉県でのサツマイモ栽培は、享保20年（1735年）に将軍吉宗の命により、青木昆陽が試験栽培したことに始まり、現在も国内第三位の生産量を誇ります。千葉県産は青果用として販売されることが多いことから、芋の見た目にも影響を与えるネコブセンチュウ（線虫）に抵抗性を持つ品種の育成が急がれています。

育種の効率化に重要なサツマイモのゲノムの解読は、当所が中韓の研究グループと共同で取り組んでいるところですが、同質6倍体でゲノムサイズが20~30億塩基対と大きいため、その解析は容易ではありません。そこでグループでは、線虫に広く抵抗性を持つ品種と持たない品種を交配し、交配親とその子孫のゲノムについて一塩基多型（SNP）などを探しました。なかでも、6本の染色体のうち1本の染色体にのみSNPをもつものを用いて、表現形質とSNPの関連解析を行いました。

その結果、線虫抵抗性を制御すると考えられる遺伝子領域を明らかにすることができ、PCR法による線虫抵抗性の有無の検出を可能にしました。

グループでは同様の方法で、芋の皮の色に関する領域の解析を進めており、サツマイモの品種改良の効率化につながると期待されています。

2019年8月3日 DNA Research

細な生物のメカニズムや生命の原理を明らかにしようとする学問です。大量のタンパク質やDNAの配列など、様々な生命科学関連情報がデータベース化され、種々のデータ解析ツールも提供されています。

さらに、1983年にマリスが開発した、微量なDNAを数百万倍に増幅できるPCR（ポリメラーゼ連鎖反応）技術も忘れてはなりません。

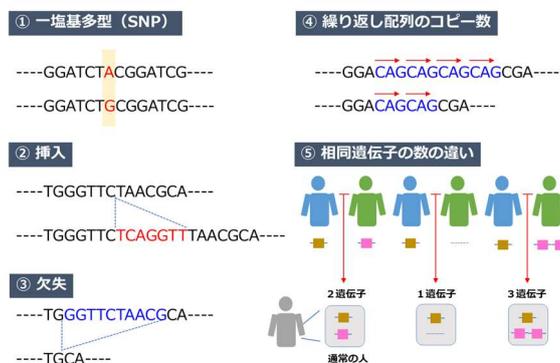
メタゲノム

微生物のゲノム解析では、単離・培養した菌からDNAを調製していましたが、2004年、ある環境下に生存する細菌の集団をまるごとゲノム解析する手法（メタゲノム解析）が開発されました。糞便、環境サンプルなどから抽出したゲノムDNAを網羅的に解析し、腸内細菌と体質の関係や環境中に生息する生物群の推定など、健康や環境問題にもDNA情報が使われています。

ゲノムの多様性

分子生物学実験で汎用される大腸菌K-12株と、病気の原因となる大腸菌O157堺株ではゲノムが大きく異なり、病原性にかかわる配列をゲノム上に絞り込んだ報告があります。ヒトの場合も然りで、個人差を調べる目的で、「国際HapMapプロジェクト（2002-2009年）」や「1000人ゲノムプロジェクト（2008-2015年）」が行われてきました。ヒトとヒトのゲノムの違い（多型）は個人差となって現れますが、多型には、①対応する場所の一塩基の違い（SNP；スニップ）、あるDNA配列の②挿入や③欠失、④繰り返し配列のコピー数の違いや⑤相同遺伝子の数の違いなどがあります。

ヒトゲノムに見られるいろいろな多型



個人ゲノムの時代へ

これまでの医療や創薬は平均的な人を対象に開発されてきましたが、オバマ米国前大統領は、2015年1月の一般教書演説において、「100万人の医療・遺伝子情報を含むデータベースを構築し、

それをもとにした個人に適した治療を提供することを旨とした医療」を唱えました。このような世界的なゲノム医療の流れの中で、不治の病と言われていた「がん」についても、どの遺伝子に異常があるのかを調べ、対応する分子標的薬を施すことで治癒するケースが出てきました。

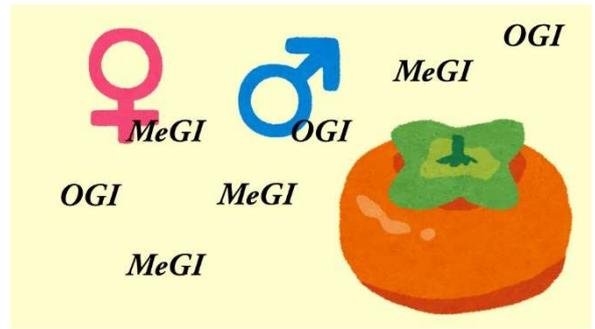
ゲノム配列だけで一生が決まるの？

生命科学の研究が進む中、ゲノム配列だけでは説明がつかない現象がでてきました。ゲノム配列がすべて同じ卵性の双子でさえ、二人が同じ病気になるとは限りません。ゲノム配列を超えたゲノムの機能を制御するメカニズムとして、DNAのメチル化、DNAを巻き取るタンパク質（ヒストン）の化学的修飾やある種のRNAの存在が明らかとなり、生命現象の奥深さがうかがえます。

研究成果の産業利用

生命科学は、生命現象の理解という知的好奇心はもとより、成果の社会還元を強く意識した形で行われてきました。1973年に“遺伝子組換え技術”が開発されると、成長ホルモンなど遺伝子組換え医薬品が普及し、除草剤耐性の遺伝子組換え大豆が作られるなど、バイオテクノロジーが広く社会に浸透してきました。さらにゲノム研究が進む中、微生物を有用物質の生産工場にするためのプラットフォーム開発の一環として、2010年にはマイコプラズマのゲノムが人工合成されています。また、2012年には、生きた生物のゲノム配列を効率よく書き換えられる「ゲノム編集」技術が開発され、新たな局面を迎えています。現在、この技術を利用して栄養価の高いトマトや収量の多い米などが開発されたり、病気の原因となる遺伝子を直接編集する臨床試験も始まっています。

「ゲノム」という概念ができてから100年の間に私たちは生命の暗号を読み解き、書き換えることができるようになりました。人間は科学する欲望をもっているからこそ、この分野が発展してきました。人類は次の100年で「ゲノム」とどのような歴史をつくっていくのでしょうか。人類社会だけがよければ、という傲慢な振る舞いだけはしたくないものです。



マメガキ（豆柿）のゲノム解読

岡山大学/UCデービス/京都大学との共同研究

柿の花をじっくり見たことはありますか？

柿には雄花、雌花、両全花（両性花）の3種類があり、花の着生の割合が違います。品種によっては、雌花だけでも受粉せずに実をつけることができます（単為結果性）。しかし、花や実が落ちやすかったり、渋の抜けが悪かったりするので、雄花の咲く別の品種を混植し、受粉を促したりします。

熟した柿は生食用として人気が高く、また柿渋も平安時代から防腐剤として身近に利用されてきました。ところがその柿のゲノムとなると、栽培品種のほとんどが六倍体（ $2n=6x=90$ ）という複雑なゲノム構造をもつために解析は進んでいません。そこで研究グループでは、まず柿の二倍体野生種であるマメガキのゲノム解読を行いました。その結果、岡山大学が発見していた柿の複雑な性決定が、中生代末（約1億9960万年前）に起きた全ゲノム倍加（ゲノムが2セット以上に増える現象）によって生じたことを明らかにすることができました。

今回の解読の成果によって、柿果実の「渋み性」「形の多様性」「貯蔵性」など、育種に重要な形質の遺伝学的な解析が可能になり、今後の品種改良のスピードが上がるかと期待されています。

マメガキのゲノムの特徴

染色体数： $2n = 30$

ゲノムサイズ：約7.5億塩基対（解読部分）

遺伝子数：40,532