

同時発表：農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、文部科学省記者会、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、筑波研究学園都市記者会



## 世界一巨大な根をもつダイコン「桜島大根」の高精度ゲノム解読に成功

～なぜ根が巨大化するのか近い将来にわかるかも？～

5月19日（火）にDNA Researchでオンライン発表

令和2年5月29日

公益財団法人 かずさDNA研究所  
国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構（農研機構）  
国立大学法人 東北大学大学院農学研究科

- ◇ かずさDNA研究所、農研機構野菜花き研究部門と東北大学は共同で、鹿児島県の伝統野菜である桜島ダイコンの一品種「晩生桜島（おくてさくらじま）」の全ゲノム解析を行い、他のダイコン品種とゲノム構造を比較しました。
- ◇ 桜島ダイコンのなかでも「晩生桜島」は遅く成熟する品種で、大きなものになると重さは20～30kg、根の直径も約40～50cmほどになります。
- ◇ 同グループでは2014年に青首系ダイコンのゲノム解読を発表していますが、今回、一分子リアルタイムシーケンサーのロングリード技術という新しい方法で解析することにより、ゲノム全体を網羅する高精度なダイコンゲノム配列を決定することができました。
- ◇ 「晩生桜島」の全ゲノム配列が高精度に明らかになったことで、なぜ根が肥大するのかなど、ダイコンの色や形の多様性にかかわる遺伝子が明らかになる可能性があります。
- ◇ 研究成果は、国際学術雑誌DNA Researchにおいて5月19日（火）にオンライン公開されました。

(問い合わせ先)

<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  
国立研究開発法人 農研機構本部広報課 報道チーム  
国立大学法人 東北大学大学院農学研究科

<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）

東北大学 大学院農学研究科 応用生命科学専攻 植物遺伝育種学分野  
教授 北柴 大泰（きたしば ひろやす）

## 1. 背景

ダイコンは古くから日本で栽培されており、江戸時代には 100 種以上の地方品種があったと言われていました。しかしながら、1970 年代の青首ダイコンの流行などにより、地方品種の多くが失われつつあります。

ダイコン品種が多様化した背景を明らかにするためには、ダイコンの標準ゲノム<sup>\*1</sup> 配列情報が必要となります。2014 年に東北大学を中心とした研究グループ（かずさ DNA 研究所も含まれる）が、2015 年に東京農業大学と中国の研究グループがそれぞれに青首系ダイコンのゲノム解読に成功し、また、2016 年に韓国の研究グループが数種のダイコンのゲノム解読について発表しています。しかし、いずれも主にショートリード技術<sup>\*2</sup> を利用して解読されたゲノム配列で、シロイヌナズナの 3 倍に相当する複雑なゲノム構造をもつダイコンのゲノム配列の連続性やゲノムの網羅性が十分ではありませんでした。

そこで今回は、農研機構の農業生物資源ジーンバンクに保存されている桜島ダイコンの品種のひとつである「晩生桜島（おくてさくらじま）」を対象にして、長い配列を連続して読み取れる一分子リアルタイムシーケンサーのロングリード技術<sup>\*2</sup> を利用してゲノム解読を行いました。ダイコンは品種によって根の形や大きさが変化に富み、その中でも桜島ダイコンは世界で一番大きな根をもつ日本独自のユニークな品種であることから、ゲノム配列を解読する品種として選びました。ゲノム配列の連続性や網羅性が飛躍的に改善され、今後はダイコンの標準ゲノム配列情報としての利用も期待されます。

## 2. 研究成果の概要と意義

- ① ロングリード技術により、従来のダイコンゲノム情報を大幅に上回る量と精度で、「晩生桜島（おくてさくらじま）」のゲノム配列を解読しました。2014 年に私たちが公開した「青首大根」ゲノム情報に比べると、ゲノムカバー率は 80%から 100%へと向上し、塩基配列の連続性（繋がり良さ）も 27 倍に向上しました。
- ② ddRAD-Seq 法<sup>\*3</sup>（2016 年 3 月 4 日にかずさ DNA 研究所よりプレスリリース）を利用して新たに作成した遺伝地図に沿ってゲノム配列を配置し、ダイコンの染色体（ $2n=18$ ）に相当する配列情報を構築しました。そして桜島ダイコンのゲノム配列中に 80,521 個の遺伝子<sup>\*4</sup>を見出し、青首系ダイコンの遺伝子と比較したところ、30,033 個が桜島ダイコンに新規に見つかった遺伝子でした。
- ③ ダイコンのゲノムでは、同じアブラナ科植物であるシロイヌナズナや、より類縁関係に近いハクサイとも遺伝子の並び方が大きく異なっていました。
- ④ 桜島ダイコンのゲノム配列データは、かずさ DNA 研究所の Plant GARDEN データベース (<https://plantgarden.jp>)にて公開しています。

## 3. 将来の波及効果

- ① ダイコンゲノムを高精度に解読できたことで、従来のダイコンのゲノム配列では見落とされていた情報が得られるようになり、ダイコンの標準ゲノム配列として利用される可能性があります。
- ② ブロッコリーやキャベツなど、他のアブラナ科作物の品種改良や進化研究に貢献するだけでなく、なぜ桜島大根の根が巨大化するのかの手がかりを得る情報基盤となることが期待

されます。

本研究の一部は、「農研機構生研支援センターイノベーション創出強化研究推進事業（29010B、平成 29 年度～令和元年度）」によって実施されました。

**論文タイトル:** Genome sequence and analysis of a Japanese radish (*Raphanus sativus*) cultivar named ‘Sakurajima Daikon’ possessing giant root.

**著者:** Kenta Shirasawa, Hideki Hirakawa, Nobuko Fukino, Hiroyasu Kitashiba, and Sachiko Isobe

**掲載誌:** DNA Research

**DOI:** 10.1093/dnares/dsaa010

### 用語解説

\*1 ゲノム：生物をその生物たらしめるのに必要な最小限の染色体のひとつとまり、または DNA 全体のことをいう。

\*2 ショートリード技術とロングリード技術：ゲノム配列を解読するときに用いられる DNA の配列解読に用いる方法で、前者が、平均 400～1000 塩基対の読み取り断片になるシーケンシング反応を数百万サンプル分並行して行うことにより解読するのに対し、後者は、1 万塩基対以上の長い配列を連続して読み取ることができることから、繰り返し配列が多い、似た配列があるなど、複雑なゲノム構造をもつ生物のゲノム配列を解読するのに適している。

\*3 ddRAD-Seq 法：2 種類の制限酵素\*5 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、ゲノム上の同じ領域（全ゲノムのうちの 0.1%～1%）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。

\*4 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。

\*5 制限酵素：特定の DNA 配列を認識して特定の位置で DNA を切断する酵素。

### 参考となる図や写真

桜島ダイコン（写真提供：鹿児島県農業開発総合センター）



背景のシートのマス目が 20cm