

ニホングリのゲノムを解読

～ゲノム構造から見えてくるバラ類植物の進化～

令和3年9月28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

- ✧ かずさDNA研究所と農業・食品産業技術総合研究機構（以下、農研機構）は、イタリア・トリノ大学と共同で、ニホングリのゲノム^{*1}を高精度に解読（ゲノムサイズ：約7.2億塩基対）し、ゲノムからは69,980個のタンパク質コード遺伝子が予測されました。
- ✧ クリの仲間は4種類あり、アメリカグリとヨーロッパグリは病虫害に弱く、これまで深刻なダメージを受けてきた経緯があります。また、チュウゴクグリは収量が少なく、ニホングリは渋皮がむけにくいいため、果実の品質が劣ると評価されています。今後、ニホングリのゲノム情報の他、4種類のクリに見られる14,973個の一塩基多型のデータを活用することで、優れた性質をもつクリ品種の作出が期待されます。
- ✧ ニホングリはバラ類のブナ目^{*2}に分類されています。今回、ニホングリのゲノム配列を114種類の植物のゲノム配列と比較しました。被子植物系統グループ分類体系（APG植物分類体系）^{*3}では、ブナ目は、バラ類の中でも草本植物^{*4}が多いウリ目やマメ目と近縁であると考えられてきましたが、今回の解析から、ニホングリはリンゴなどバラ目の木本植物^{*4}とゲノム構造が類似していることがわかり、バラ類植物のゲノム進化の過程を考えるひとつの手がかりが得られました。
- ✧ 研究成果は国際学術雑誌 DNA Research において、8月23日（月）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>

かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ
農研機構 果樹茶業研究部門 果樹連携調整役

<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 ゲノムユニット
ゲノムユニット長 白澤 健太（しらさわ けんた）
農業・食品産業技術総合研究機構 果樹茶業研究部門 落葉果樹品種育成グループ
主任研究員 西尾 聡悟（にしお そうご）

1. 背景

秋の味覚のひとつであるクリは、日本列島では古く縄文時代に栽培が始まったとされ、青森県の三内丸山遺跡(約 5000 年前)からも多くのクリの実が出土しています。平安時代には、京都の丹波地方でさかんに栽培されるようになり、より大きな実をつけるものが品種として選抜されてきました。クリの仲間は北半球に広く分布し、大きく 4 種類に分けられます。ニホングリ (*Castanea crenata* Sieb. et Zucc. ; 学名の後ろの Sieb. et Zucc. は、学名をつけたシーボルトとツッカーニを略記したもの)のほか、チュウゴクグリ (*C. mollissima*)、アメリカグリ (*C. dentata*)、ヨーロッパグリ (*C. sativa*) があります。このうち、ニホングリやチュウゴクグリは糸状菌(カビ)が原因で起こる「クリ胴枯(どうがれ)病」などの病害に強いという特徴があります。また、天津甘栗でおなじみのチュウゴクグリは甘くて渋皮もむきやすいのですが、果実が小さく収量が少ないことなどが知られています。いずれのクリ種も食用として利用されますが、ヨーロッパグリやアメリカグリは材木としても利用されています。

クリも他の果実と同じように品種改良が行われ、「筑波」「丹沢」「銀寄(ぎんよせ)」「利平(りへい)」などの品種がありますが、古くからの習わしからか、「丹波栗(品種名:銀寄)」などのように産地名で呼ばれています。ニホングリは、実が大きくておいしいのですが、渋皮がむけにくく、大量調理に向かないのが欠点でした。そのため農研機構では、渋皮がむきやすい「ぼろたん」を作出(2007年に品種登録)し、2016年には兄弟品種の「ぼろすけ」を品種登録しています。品種改良の迅速化にはゲノム情報が重要です。ところが、クリのゲノム解析はチュウゴクグリでは実施されていましたが、ニホングリでは行われていませんでした。現在のニホングリ主要品種とチュウゴクグリは遺伝的に大きく異なるため、チュウゴクグリのゲノム情報はニホングリの育種や DNA マーカー^{*5} 開発において、部分的にしか使うことができませんでした。そこで、丹波栗の品種「銀寄」のゲノムを解読しました。「銀寄」は 17 世紀から西日本を中心に栽培されている系統で、実が大粒で外観も優れるために重宝され、現在流通している品種の祖先とされています。今後の研究により、木更津市の名産品である「矢那栗」の由来も分かるようになるかもしれません。

また、今回新たにクリのゲノムを高精度に解析したことで、これまで情報のなかったブナ目ブナ科クリ属のゲノム構造が明らかになり、被子植物の類縁関係をより詳しく知ることができるようになりました(図)。植物種の類縁関係は、植物体の派生形質^{*6}による分類と、数個の遺伝子の DNA 配列情報を用いた分子系統学的方法を組み合わせる系統樹^{*7}が描かれてきました。しかしながら、地球上には被子植物が 95 万種以上存在しており、その方法で被子植物全体の類縁関係を類推するのは限界がありました。これまでに 100 種を超える植物種のゲノムが高精度に解読されています。種よりも大きな枠組みである目や科レベルでのゲノム比較によりゲノム構造の変化を追うことで、植物の大きな進化の道筋が明らかになると期待されています。

2. 研究成果の概要と意義

- ① ニホングリの 12 本の染色体に対応する約 7.2 億塩基対からなるゲノム配列を得ることができました。
- ② ニホングリの高精度ゲノム情報に加えて、4 種類のクリに見られる 14,973 個の一塩基多

型のデータが得られたことにより、ニホングリ、チュウゴクグリ、アメリカグリ、ヨーロッパグリの4種間の交配で高精度な遺伝子地図^{*8}をつくることができます。病害虫抵抗性など優れた形質を持つ遺伝子を特定しながら、新しい品種の開発が期待されます。

- ③ 現在広く用いられている APG 植物分類体系では、ブナ目はバラ類に分類されており、同じバラ類のウリ目（キュウリ、ヒョウタン他）ともっとも近縁とされていますが、ニホングリのゲノム構造は、バラ類の木本植物である、バラ目（イチゴ、リンゴ他）、キントラノオ目（ポプラ、キャッサバ他）、アオイ目（カカオ他）、ムクロジ目（ミカン他）、およびブドウ目と似ていることがわかりました。
- ④ ゲノム情報は、かずさ DNA 研究所が運営する Plant GARDEN データベース (<https://plantgarden.jp>) からご覧いただけます。

3. 将来の波及効果

- ① クリは自身の花粉では受粉しづらい性質（自家不和合性）が強いため、相性の良い品種を混植する必要があります。今後のゲノム解析により、品種の判別法が開発され、相性の良い受粉樹の選定が容易になると期待されます。
- ② ウリ目のほとんどがつる性の草本である一方で、ブナ目のほとんどが木本であり、ブナ目のゲノム構造もバラ類の木本植物と似ていることから、木本植物の進化を探る上でも重要な手がかりとなると考えられます。

論文タイトル: Chromosome-level genome assembly of Japanese chestnut (*Castanea crenata* Sieb. et Zucc.) reveals conserved chromosomal segments in woody rosids.

著者: Kenta Shirasawa, Sogo Nishio, Shingo Terakami, Roberto Botta, Daniela Torello Marinoni, Sachiko Isobe

掲載誌: DNA Research

DOI: 10.1093/dnares/dsab016/6356520

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まとまり、または DNA 全体のことをいう。

*2 目（もく）：生物分類学における基本的階級のひとつで、目（もく）は科の上に位置する。現在広く用いられている APG 植物分類体系では、目は 64、科は 416 あり、被子植物の進化は次のように考えられている。まず、原始的な被子植物群（スイレン目、モクレン目、クスノキ目など）が分岐し、次に単子葉植物が分岐した。次に、キンポウゲ目などの原始的な双子葉植物群が分岐し、続いてバラ類とキク類（キク目、ツツジ目など）が分岐した。

*3 被子植物系統グループ分類体系（APG 植物分類体系）：植物のもつ葉緑体の DNA 解析などをもとにした植物の分類体系で、近年、分類学において主流になっている。「APG IV 2016」が最新版。

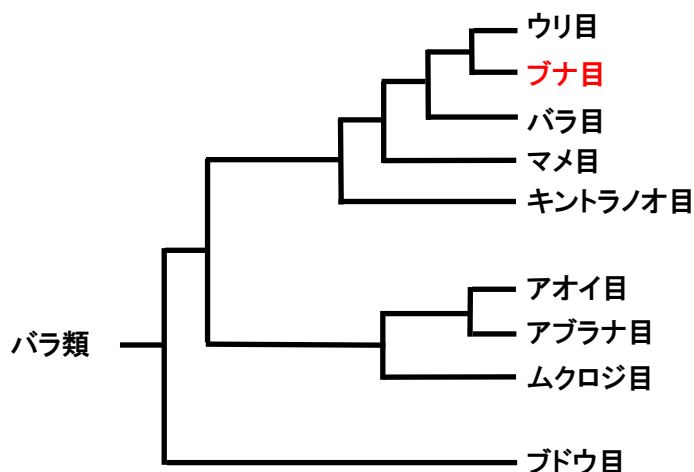
*4 草本植物/木本植物：草に対応する言葉を草本植物、木に対応する言葉は木本植物という。木本植物とは樹皮の内側にある形成層が木質化することで幹が太くなり（肥大成長）、かつ、伸長成長する植物のこと。

- *5 DNA マーカー：同一生物種の間で DNA 配列を比較したときに、個体間で違い（多型）がある DNA 配列を目印にすること。
- *6 派生形質：進化において共通祖先がもっていた形質と区別して、新たに獲得した（派生した）形質のことをいう。派生形質は系統的な位置を決定するのに用いられる。
- *7 系統樹：生物の進化の道筋を描いた図のことで、同一祖先を持っていることを前提として、子孫関係の推定結果を樹木の枝分岐の形式で示す。
- *8 遺伝子地図：遺伝子や DNA マーカーがどの染色体のどのあたりに存在するかを表すもの。

参考となる図や写真



写真：ゲノムを解読したクリ品種「銀寄（ぎんよせ）」



図：バラ類植物の系統樹

バラ類には 16～20 目（もく）が含まれ、被子植物の 1/4 以上の種を含む。ここには主要な目のみを掲載した。現在広く用いられている「被子植物系統グループ分類体系（APG 植物分類体系）」では、ブナ目は、ウリ目（キュウリ、ヒョウタンなど）ともっとも近縁とされている。

表：ニホングリとバラ類植物のゲノム比較の結果

今回の解析により、ニホングリのゲノム構造は、バラ類の木本植物である、バラ目（イチゴ、リンゴなど）、キントラノオ目（ポプラ、キャッサバなど）、アオイ目（カカオなど）、ムクロジ目（ミカンなど）、およびブドウ目と似ていることがわかった。

| 分類 | 科学的分類 | ゲノムを比較した植物 | 結果 |
|------|------------|----------------------------------|---------------------|
| 草本植物 | ウリ目 | キュウリなど | ゲノム構造がニホングリに似ていない |
| | マメ目 | ミヤコグサなど | |
| | アブラナ目 | シロイヌナズナなど | |
| 木本植物 | ブナ目 | クリ | ニホングリ |
| | バラ目 | イチゴ、リンゴ、モモ、サクランボ、ナシ、アーモンド、ウメ、ナツメ | ゲノム構造がニホングリに比較的似ている |
| | キントラノオ目 | キャッサバ、ポプラ | |
| | アオイ目 | カカオ | |
| | ムクロジ目 | カエデ、オレンジ | |
| | ブドウ目 | ヨーロッパブドウ | |