

## ゲノム解析で解き明かすソメイヨシノのルーツ ～全国のソメイヨシノの源流が上野恩賜公園に～

令和4年3月8日

公益財団法人 かずさDNA研究所

- ◇ かずさDNA研究所を始めとする全国の計16大学・高校・研究機関は共同で、ソメイヨシノのルーツを求め、ゲノム<sup>\*1</sup>解析を行いました。
- ◇ ソメイヨシノは、接ぎ木などで繁殖される、いわゆるクローン<sup>\*2</sup>であり、ゲノム配列は同じです。ただし、クローンでも、繁殖を繰り返す間に突然変異（体細胞突然変異）によって一塩基変異<sup>\*3</sup>が徐々に増えていきます。そこで、国内19都府県に植栽されている46本のソメイヨシノについて一塩基変異を調べて、系譜を辿りました。すると、46本は6つの系譜に分かれました。
- ◇ 上野恩賜公園には、染井村（東京都豊島区）で誕生したとされるソメイヨシノの原木に関係が深いと考えられる古い木が4本あります。この4本はそれぞれ異なる系譜に属したことから、この4本は全国に植えられたソメイヨシノのルーツの可能性が高いと考えられます。
- ◇ さらに、その4本のソメイヨシノのうち、祖先のゲノムに最も近い1本を特定しました。一層、原木に迫ることができそうです。
- ◇ 研究成果は、3月20日（日）にオンラインで開催される日本育種学会令和4年度春季大会にて口頭発表いたします。

### <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

### <研究に関すること>

かずさDNA研究所 先端研究開発部

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）

## 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祖先として多くの品種が作出されました。そのうち、江戸時代に染井村 (東京都豊島区) の植木職人が作ったとも自然交雑により誕生したとも伝承されるソメイヨシノ (*C. × yedoensis*)<sup>\*4</sup>は、主としてエドヒガンとオオシマザクラを祖先とする品種です。ソメイヨシノは接ぎ木などによりクローン繁殖され、明治以降、世界中に寄贈され、多くの人々の目を楽しませています。

上野動物園の正門に近い小松宮彰仁親王像の周り (上野恩賜公園) には、ソメイヨシノが4本、エドヒガンが5本、コマツオトメが1本、植栽されています (図1)。サクラが自家受粉しないことに関わる遺伝子 (不和合性遺伝子) の型の解析から、ここに植えられたサクラには遺伝的なつながりが示唆され、4本のソメイヨシノのうちの1本 (管理番号136) がソメイヨシノの原木候補ではないかという報告が2015年に発表されました。そこで私たちの研究グループは2019年に、この管理番号136のソメイヨシノの全ゲノム解読を行っています (図1)。

ソメイヨシノはクローンなのでゲノム配列が共通ですが、繁殖される間には突然変異 (体細胞突然変異) によって一塩基変異が生じます。一塩基変異を調べることにより、それぞれの木の系譜が位置付けられると考えました。今回、上野恩賜公園の4個体を始め、日本最長寿とも言われる弘前公園の個体やアメリカ・ワシントンから里帰りした個体、また原爆による被災をくぐり抜けたとされる個体など、全国に植栽された46個体のゲノム解析を行い、ソメイヨシノのルーツを辿る研究を行いました。

## 2. 研究成果の概要と意義

- ① 国内19都府県に植栽されている46個体の「ソメイヨシノ」の葉からゲノムDNAを抽出してDNA配列を解析しました (図2)。46個体すべてが「ソメイヨシノ」であることは、サクラ139品種・系統 (島根大学が保有) から得られたDNA多型データとの比較から確かめました。
- ② 46個体の配列データから684個の一塩基変異を見出しました。このうち71個の変異は2個体以上に共通していました。これらの変異に基づいて46個体をクラスタリング<sup>\*5</sup>したところ、全国のソメイヨシノは2つの大きなグループ (I と II) に分けることができ、さらにグループIは少なくとも5つのクローン系統 (Ia~Ie) に分類されました (図3)。
- ③ 上野恩賜公園に植栽されている4個体の「ソメイヨシノ」は、お互いに異なるクローン系統に分けられました。上野公園に植栽されていた4個体のそれぞれが親木 (クローン親) となり、接ぎ木されて全国に広がったと考えられます。6つのクローン系統のうち最も祖先型に近いのはグループIaで、これに属する個体は原木候補と言われた管理番号136の個体ではなく、管理番号133の個体でした。

## 3. 将来の波及効果

- ① ゲノムに残る痕跡をさらに検討することにより、ソメイヨシノ誕生の歴史を探ることができます。
- ② 近年問題になっている果樹等の登録品種の流出についても、体細胞変異を追うことで流

出経路を特定できる可能性があります。

この研究は、かずさDNA研究所の助成によって行われました。また、それぞれのソメイヨシノの葉サンプルは各施設管理者の許可のもとに提供していただき、分析に使用しました。

### 学会発表：日本育種学会第141回講演会（令和4年度春季大会）

演題：ゲノム解析で解き明かすサクラ品種「ソメイヨシノ」のルーツ

著者：白澤 健太，江角 智也，板井 章浩，畠山 勝徳，高品 善，八鍬 拓司，住友 克彦，黒倉 健，深井 英吾，佐藤 慶一，島田 武彦，白武 勝裕，細川 宗孝，門田 有希，草場 信，池上 秀利，磯部 祥子

3月20日（日）9時30分～ オンライン発表

### 用語解説

- \*1 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。
- \*2 クローン：無性的に増殖したことにより、ゲノム配列が同一の個体。
- \*3 一塩基変異：SNP (Single nucleotide polymorphism)。個体や系統間でゲノムの塩基配列に1塩基の違いによる多様性が見られるところをピックアップし、ゲノム解析に利用されている。
- \*4 *C. × yedoensis*：学名の×は種間雑種の意味。
- \*5 クラスタリング：配列などの情報を比較して、近いもの同士をまとめる（クラスター化）する解析方法。

### 参考資料



図1. 上野恩賜公園の小松宮彰仁親王像の周りに植栽されているサクラ数字は、管理番号を表す。

