

シクラメンの高精度ゲノム解読に世界で初めて成功 ～花の進化の謎に迫り、新たな品種開発を加速～

令和8年 10月 13日

かずさDNA研究所（白澤 健太 室長）は、埼玉工業大学、九州大学、香川大学と共同で、シクラメンの育種やゲノム研究の基盤となる高精度な全ゲノムの解読を行い、4万個以上の遺伝子を特定しました。

シクラメンは多様な色や形の花をもち人気が高い観賞植物ですが、園芸品種はゲノムが大きく複雑なため、これまで育種や研究の基準となる高精度な「参照ゲノム」の整備が遅れていました。

本研究では、最新のゲノム解読・解析技術を駆使して、園芸品種のルーツである *Cyclamen persicum* のゲノムを高精度に解読することに初めて成功しました。ゲノムサイズは約 14.8 億塩基対で、網羅率は全ゲノム 98.1%に達し、40,223 個の遺伝子を特定しました。そして、この中にシクラメン特有の遺伝子群やサクラソウ科に共通する遺伝子群が含まれていることを明らかにし、植物の進化を理解するための手がかりを得ることができました。

今回の高品質なゲノム情報により、花の形や色、香り、塊茎の成長などに関わる遺伝子の解明が進むと期待されます。また、今回のゲノム情報と既存の研究データを統合することで遺伝子機能の解析や新品種開発が加速し、より美しく丈夫なシクラメンの効率的な育種につながることを期待されます。



ゲノムを解読したシクラメン

論文名 : A highly contiguous genome assembly of *Cyclamen persicum* to accelerate functional genomics and breeding

掲載誌 : *DNA Research*

DOI: 10.1093/dnares/dsag015

著者 : Kenta Shirasawa, Yusuke Akita, Yuki Mizunoe, Takejiro Takamura

研究費 : かずさ DNA 研究所研究補助金、JSPS KAKENHI(JP22H05172,JP22H05181, and JP24K08899)

問い合わせ先

＜研究に関すること＞

公益財団法人 かずさDNA研究所 先端研究開発部

植物ゲノム生物学研究室 室長

白澤 健太（しらすわ けんた）

TEL : 0438-52-3935

E-mail : shirasaw@kazusa.or.jp

埼玉工業大学 工学部 生命環境化学科 教授

秋田 祐介（あきた ゆうすけ）

TEL : 048-585-6893

E-mail : akita@sit.ac.jp

国立大学法人 九州大学 大学院農学研究院 助教

水ノ江 雄輝（みずのえ ゆうき）

E-mail : mizunoe@agr.kyushu-u.ac.jp

国立大学法人 香川大学農学部 教授

高村 武二郎（たかむら たけじろう）

TEL : 087-891-3074

E-mail : takamura.takejiro@kagawa-u.ac.jp

<報道に関すること>

公益財団法人 かずさDNA研究所 広報・教育支援センター
広報・教育支援グループ
TEL : 0438-52-3930
E-mail : kdri-kouhou@kazusa.or.jp

埼玉工業大学 法人本部
広報担当 神山 宜也（かみやま よしなり）
TEL : 048-571-1065
E-mail : kamiyama@sit.ac.jp

国立大学法人 九州大学 広報課
TEL : 092-802-2130 FAX : 092-802-2139
E-mail : koho@jimu.kyushu-u.ac.jp

国立大学法人 香川大学農学部 庶務係
TEL : 087-891-3008
E-mail : shomu-a@kagawa-u.ac.jp

1. 背景

生物の設計図であるゲノムを解読する研究は様々な動植物で進んでいますが、観賞用の園芸植物であるシクラメンには二倍体と“四倍体”が混在しており、古くから存在している品種に多い四倍体では複雑なゲノム構造を持つため、基準となる「参照ゲノム」作りが遅れています。しかしシクラメンには、多様な花の色や形を持ち、植物の進化を知る上で非常に面白い魅力があります。特に、現在の園芸品種のルーツで二倍体のゲノムを持つ *Cyclamen persicum* のゲノムを解読することは、美しい花が咲く仕組みや、この植物の進化の謎を解くための重要な鍵となります。近年の解読技術や分析技術の進歩により、ゲノムが複雑で解読が難しかったシクラメンのような植物でも、高精度なゲノムの全体像を明らかにできるようになりました。これらの最新技術を活用し、シクラメンのゲノム解読に挑みました。

2. 研究成果の概要

本研究では、シクラメン (*Cyclamen persicum*) のゲノムを高精度に解読することに初めて成功しました。解読されたゲノムサイズは約 14.8 億塩基対でした。24 本ある染色体の両端までほぼ完全に解読できたものも複数あり、解読の網羅率は 98.1% と極めて高い水準を達成しました。ゲノム全体の約 83% は同じ配列が繰り返される反復配列でしたが、その中から生命活動に必要なタンパク質を作る遺伝子を 40,223 個特定しました。他の植物と比較した結果、シクラメンだけが持つ特有の遺伝子グループや、サクラソウ科に共通するグループを発見しました。これは植物の進化の歴史を知る重要な手がかりになります。

3. 期待されること

今回得られた高品質なゲノム情報を利用することにより、今後、シクラメン特有の美しい花の形、球根（塊茎）の成長、香りなどを生み出す遺伝子の特定を効率よく進めることができます。また、これまでバラバラだった研究データをこのゲノム情報に統合することで、遺伝子の働きを調べたり、植物に新しい性質を持たせる研究が大きく前進します。例えば、花びらの枚数を増やす八重咲きに関わる遺伝子や、縁を波立たせるフリル咲きに関わる遺伝子、特有の色や香りに関わる遺伝子などをピンポイントで特定しやすくなります。そして、従来の掛け合わせによる品種改良の限界を超えて、遺伝子の情報をもとにより魅力的で丈夫なシクラメンを効率よく開発できるようになることが期待されます。

用語解説

四倍体：私たちヒトのゲノムは二倍体で、両親から受け継いだ染色体のセットを 2 セット持っています。しかし、農作物など人の手によって選抜されてきたものの中には、より多

くの染色体のセットを持つものがたくさんあり、これらは高次倍数体と呼ばれています。四倍体の生物は、4 セットのゲノムを持っており、ゲノムのサイズが大きくなり構造も複雑なため、構造や機能を明らかにすることが困難です。