

PRESS RELEASE

岡山大学記者クラブ、文部科学記者会、科学記者会
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、農政クラブ、農林記者会、
農業技術クラブ、筑波研究学園都市記者会

御中

令和5年7月12日
岡山大学
かずさDNA研究所
農研機構

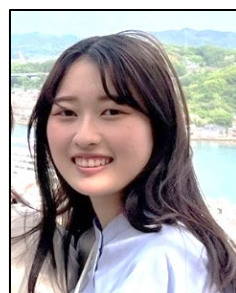
栽培柿の高精度全ゲノム解読 ～果実や性別の進化を解明

◆発表のポイント

- ・栽培柿の主要品種「太秋」の全ゲノム情報を解読しました。
- ・ゲノム情報から栽培柿に独自の果実形質の進化や重要となる遺伝子領域を明らかにしました。
- ・栽培柿における「壊れた性染色体」の進化過程を明らかにしました。

生物が生きる上で最低限必要な遺伝子情報のセットを「ゲノム」と呼びます。ヒトを含む多くの生物は2セットのゲノムを持つ「二倍体」ですが、植物、特に栽培される作物の中には、複数セットのゲノムを持つ「倍数体」が多く存在します。私たちが普段食べている栽培柿も倍数体であり、6セットのゲノムを持つ「六倍体」です。栽培柿には、「さるかに合戦」で有名な甘柿・渋柿のほか、多様な果実の形、一本の樹の中で揺らぐ性別（雄花・雌花・両性花）、などユニークな形質があります。これらの形質は、近縁野生種には見られず、六倍体の栽培柿が倍数性進化や栽培化の過程で手に入れてきたものであると考えられています。

このたび、岡山大学学術研究院環境生命自然科学学域（農）赤木剛士 教授と堀内綾乃大学院生（修士課程2年）は、栽培柿の主要品種である「太秋」の全ゲノム情報を高精度に解読し、そのDNA配列情報から、近縁種との分岐や栽培柿が六倍体になった年代や「壊れた性染色体」を成立させた進化過程を明らかにしました。さらに、日本国内に存在する約170の栽培柿品種群の全ゲノムデータを用いることで、日本の栽培柿が特定の栽培化ルーツを持つわけではなく品種群ごとに独立してバラバラに分化してきた過程、そして甘柿・渋柿の違い・多様な果実の形など、栽培柿が進化の中で独自に手に入れたと考えられる有用形質に重要な遺伝子群の存在領域を特定しました。本研究により、本来解析が難しいと言われていた六倍体の栽培柿の遺伝解析基盤を作り、その独自の進化や有用形質に関する知見を得ることができました。本成果のうち全ゲノム解読および性別の進化に関する内容は進化学の国際論文誌「*Molecular Biology and Evolution*」に、栽培柿の品種分化や果実形質の進化に関する内容はゲノム科学の国際論文誌「*DNA Research*」に掲載されました。本研究は、かずさDNA研究所、農研機構果樹茶業研究部門との共同研究として行われました。



堀内綾乃 (M2)



赤木剛士 教授

PRESS RELEASE

■発表内容

<現状>

作物の多くは、複数セットのゲノムを持つ「倍数体」として存在しています。私たちが普段食べている栽培柿も6セットのゲノムを持つ「六倍体」ですが、この「倍数体」は遺伝子・ゲノム解析が極めて難しいという問題があります。栽培柿は、甘柿・渋柿のほか、多様な果実の形、一本の樹の中で揺らぐ性別（雄花・雌花・両性花）、など近縁の野生種群には見られない、非常にユニークな形質を持ちます。これらの形質は、栽培柿が倍数性進化や栽培化の過程で手に入れてきたものであると考えられており、柿の栽培現場や市場での価値を決定する上で非常に重要な形質です。本研究では、六倍体である栽培柿の主要品種である「太秋」の全ゲノム情報の高精度解読に成功するとともに、栽培柿にしか見られない独自の果実形質や性別に関する進化の過程や、栽培柿の果実にユニークな形質を決めている遺伝子群の存在領域を特定しました。

<研究成果の内容>

本研究では、栽培柿の主要品種であり、農研機構果樹茶業研究部門（当時 果樹試験場）が1995年に育成・登録した「太秋」（<https://www.naro.go.jp/collab/breed/0400/0404/001321.html>）の全ゲノム情報を解読しました。本来、倍数体は複雑なゲノム構造をしており、その全配列の決定は極めて困難でしたが、この度は最新のDNA解読方法を駆使することで染色体レベルでの高精度な参照ゲノム配列を構築することができました。得られたDNA配列情報を解析することで、栽培柿が近縁二倍体種（野生種）であるマメガキやアブラガキと分岐した年代（約400~250万年前）や、六倍体になった年代（約150~200万年前）を明らかにすることができました。カキ属植物の二倍体種は雄株・雌株（オス・メス）が存在し、これはヒトと同じXY型の性染色体によって決まっています。一方で、栽培柿では進化の過程でY染色体が壊れており、これによって、一つの樹の中に雄花、雌花、両性花などが混ざって咲くことが知られています。本研究では、この「Y染色体が壊れた」時期が栽培柿の六倍体化とほぼ一致していることを明らかにするとともに、Y染色体が壊れている（性決定への役目を終えている）にも関わらず、近縁二倍体種の「生きている」Y染色体よりも早い速度で、性決定に重要なゲノム領域の構造を進化させ続けていることが分かりました（図1）。これは、柿という研究の枠を超えて、従来からの性染色体進化の定説を覆すものであり、キウイフルーツの性染色体についての研究（赤木ら、2023 *Nature Plants*）に続き、植物の性染色体進化に意外な考察を与える「新しい謎」を提起するものとなりました。

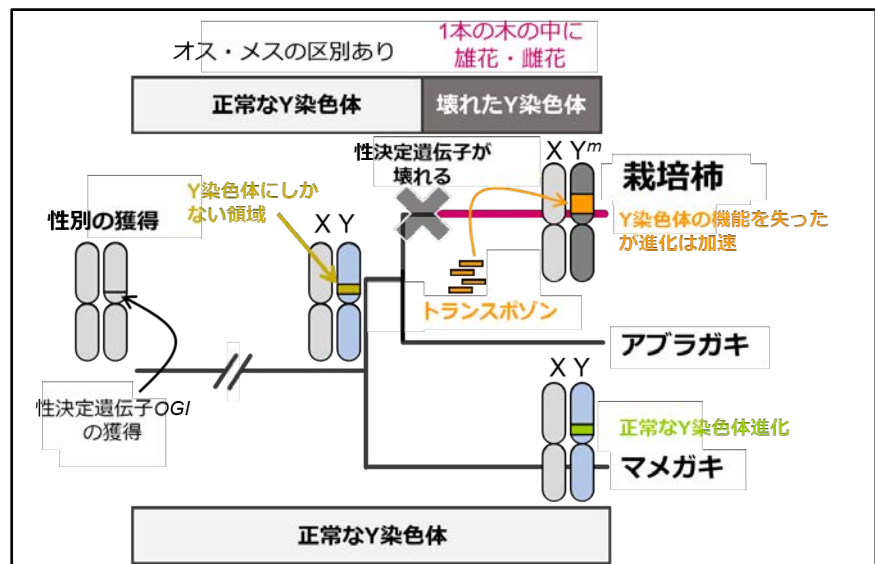


図1：「壊れたY染色体」の進化モデル

PRESS RELEASE

不思議な性表現の他にも、栽培柿が進化の中で独自に手に入れたと考えられる形質があります。例えば、栽培柿は果実の形が非常に多様であり、平たいものや長細いもの、側面に溝があるもの、「蓋」と言われるフタのような構造があるものなど、品種によってその形は様々です（図 2）。種内でここまで顕著に形の特徴をもつ果実作物は珍しく、栽培柿の果実の形の決定メカニズムを解明することで、商業形質として重要な「果実の形」における新たなモデルとなることが期待されます。そこで今回、日本国内に存在する約 170 の栽培柿品種群の全ゲノムワイドデータを用いて、日本の栽培柿が進化してきた過程、そして「果実の形」をはじめとする栽培柿独自の有用形質に重要な遺伝子領域を調査しました。品種間のゲノムワイドな多型（注 1）解析から、栽培柿は栽培化において特定のルーツを持たず、また（一部の例外を除いて）品種群ごとに明確なグループに分かれたりもせず、各品種がバラバラとランダムに進化してきた様相が明らかになりました。さらに、果実の様々な形質とゲノムワイドな多型の連関解析（頭文字を取って「GWAS」と呼ばれる）から、様々な基準における「果実の形」や「甘柿・渋柿の特性」を決める遺伝子群の存在領域を特定しました。特に果実の形において、これまでの知見を活用することにより、「細長い形」「コマ型（先端のとがり具合）」「果実側面の溝の深さ」といった要因が複雑に複数の遺伝子で制御されることが明らかになり、これらの特性が一般的には野生種（二倍体種）では見られないことから、「倍数化」やそれ以後の栽培進化の過程が何らかの形で柿の果実形の多様性創出に関わっている可能性が考えられました（図 3）。



図 2：栽培柿品種群に見られる多様な果実形状

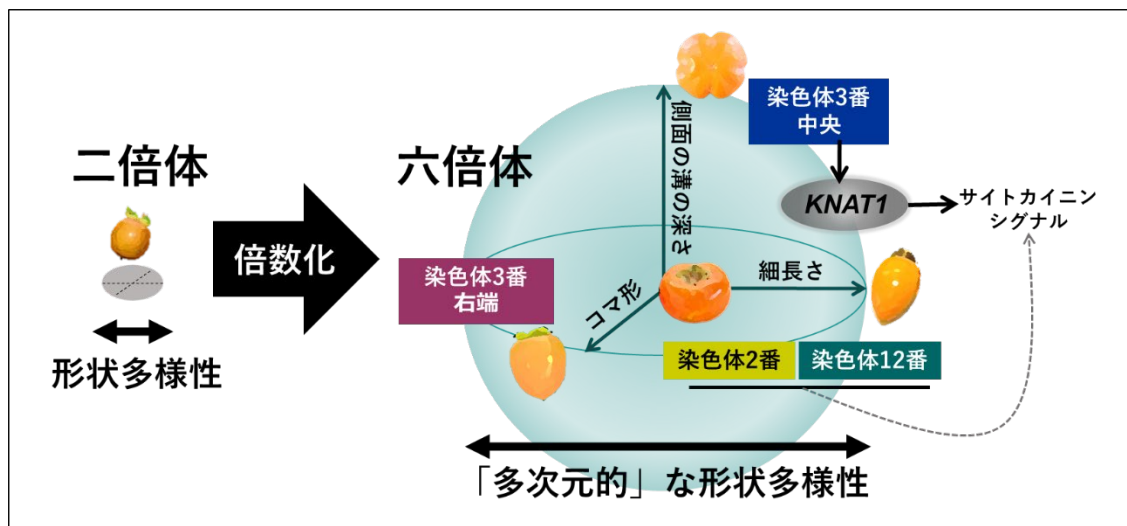


図 3：栽培柿における果実の形状多様性決定メカニズム

PRESS RELEASE

<社会的な意義>

本研究により、一本の樹の中で揺らぐ性別の進化過程や、多様な果実の形、甘柿・渋柿性など栽培柿が独自に手に入れた有用形質についての新たな知見を得ることができました。また、本来解析が難しいと言われていた「倍数体」である栽培柿の遺伝解析基盤を形づくることができました。この結果により、解読したゲノム情報を参照ゲノム配列として広く活用することで、栽培柿における他の有用形質についても遺伝的な解析が可能になると期待されます。

■論文情報

論文名：Ongoing rapid evolution of a post-Y region revealed by chromosome-scale genome assembly of a hexaploid monoecious persimmon (*Diospyros kaki*)

掲載紙：Molecular Biology and Evolution

著者：Ayano Horiuchi, Kanae Masuda, Kenta Shirasawa, Noriyuki Onoue, Naoko Fujita, Koichiro Ushijima, **Takashi Akagi***

DOI：https://doi.org/10.1093/molbev/msad151

URL：https://academic.oup.com/mbe/advance-article/doi/10.1093/molbev/msad151/7219670

論文名：Genetic basis of lineage-specific evolution of fruit traits in hexaploid persimmon

掲載紙：DNA Research

著者：Ayano Horiuchi, Kanae Masuda, Kenta Shirasawa, Noriyuki Onoue, Ryusuke Matsuzaki, Ryutaro Tao, Yasutaka Kubo, Koichiro Ushijima, **Takashi Akagi***

DOI：https://doi.org/10.1093/dnares/dsad015

URL：https://academic.oup.com/dnaresearch/advance-article/doi/10.1093/dnares/dsad015/7199341

■研究資金

本研究は、科学技術振興機構（JST） 戦略的創造研究推進事業 さきがけ「フィールドにおける植物の生命現象の制御に向けた次世代基盤技術の創出（研究総括：岡田 清孝）」における研究課題「カキ属をモデルとした環境応答性の性表現多様化機構の解明（JPMJPR15Q1）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2015年12月～2019年3月）、さきがけ「植物分子の機能と制御（研究総括：西谷和彦）」における研究課題「ゲノム・遺伝子倍化が駆動する植物分子の新機能の探索とデザイン（JPMJPR20D1）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2020年12月～2024年3月）、学術変革領域（A）「挑戦的両性花原理（22H05172）」（領域代表：赤木剛士）における「植物の「可塑的な性」を駆動するゲノム動態原理（22H05173）」（研究者：赤木剛士、研究期間：2022年7月～2027年3月）と「横断的ゲノム比較から俯瞰する両性花多様化の変遷（22H05181）」（研究者：白澤健太、研究期間：2022年7月～2027年3月）の支援を受けて実施しました。

PRESS RELEASE

■補足・用語説明

(注1) ゲノム配列上で「変化」している配列情報のこと。

<お問い合わせ>

岡山大学学術研究院環境生命自然科学学域（農）

教授 赤木剛士

（電話番号）086-251-8337



岡山大学は持続可能な開発目標（SDGs）を支援しています。