ROIS 戦略的研究プロジェクト 成果報告会

研究課題名：

サクラ100ゲノムII:ゲノム情報を接点に日本の生物多様性とサクラ文化を探る

English Title : Sakura genome project II : Sakura genomics to explore the relationship between cherry blossoms and culture in Japan from the biodiversity point of view.

研究カテゴリー

- 未来投資(新分野・新領域開拓)
- 異分野融合(複合分野・多機関との共同研究推進)
- 地球模課題・社会課題(喫緊の課題への対応)

2025年4月25日

研究代表者

所属 国立遺伝学研究所

氏名 川本祥子

◆背景と研究目的

サクラは日本人にとって特別な地位を占める樹木である。国内に自生する10種のサクラ野生種のうち‘江戸彼岸’と ‘大島桜’が‘染井吉野’の祖先であることや、全国の‘染井吉野’は少数の原木に由来することなどが、近年のゲノム解析により明らかにされてきた。しかし、ほとんどの品種のゲノムは詳細に解析されておらず、八重桜やしだれ桜など多様な形質がどのように生み出されたのかは分かっていない。そこで、我々は先行研究である未来投資型プロジェクト『サクラ100ゲノム』(2019採択)において、遺伝研で保存されているサクラや国内の野生種など100種を対象に大規模全ゲノム解析を実施した。本プロジェクトではその成果をさらに発展させるため、解読されたサクラゲノムの詳細な解析を実施し、高精度ゲノム配列とサクラ情報をデータベースとして公開するとともに、全国の博物館により収集されている生物多様性情報と連携し、日本全国に分布するサクラの特徴を明らかにする。また、その土地の歴史や文化との関わり、さらには気候変動等による環境変化がサクラにどのような影響を及ぼしているのかを調査、将来のサクラの保全、環境の保全につながる知見を得ることを目指す。

◆国内外の類似・競合する研究との関係

サクラのゲノム解読について、国内ではかずさDNA研究所のグループを中心に、3種(‘染井吉野’‘河津桜’‘熱海桜’)のゲノム解読が行われ配列が公開されているが、それ以外の野生種や栽培品種についての解読は行われていなかった。また、公開されているゲノムには不完全なところが残されていることから、より高精度なゲノム配列の整備が求められていた。かずさDNA研究所ではゲノム解読の成果を活用し、‘染井吉野’の原木をゲノム解析から推定したり、開花時期を遺伝子から予想するプロジェクトも実施している。一方、海外ではサクラの生息域が一部の植樹を除いてアジアに偏っていることから、これまでゲノム解読は行われてこなかったが、最近、中国で解読が行われている。また、既存のデータベースとしては、バラ科植物を対象としたGenome Database for Rosaceaeが存在するが、サクラの栽培品種に関する詳細なゲノムデータベースは存在しない。

◆本研究の意義

遺伝研の桜は国内有数の貴重なコレクションであるとともに、ゲノム解析技術の能力も国内外でトップクラスである。100品種にのぼるサクラゲノム情報の公開は世界初の成果となる。また、サクラの多様な形質がどのような遺伝子によってもたらされているのか、多種多様な品種がどのような過程を経て生み出されたのかを明らかにする研究は、サクラのみならず木本植物の研究や育種にとっても高い価値を持つ。さらに、生物多様性情報の観点からサクラを調査し、ゲノム情報と統合することで、気候変動等がサクラの生育や多様性に与える影響について、より深い理解が得られることが期待される。また、科学的情報と日本の古典資料の情報を組み合わせることで、サクラが日本人の生活や歴史にどのように関わってきたかを考察することにより、日本の歴史の理解や、将来的な保全活動に資する指針を提供できると期待できる。

<p>1) 研究の概要</p>	<p>サクラゲノム情報を解析し公開するとともに、形質情報並びに生物多様性情報を統合したデータベースを構築するため以下の3項目に取り組む。</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. サクラ100ゲノムデータベース構築 小出らによって解析が進められている120個体200サンプルのゲノム情報と、新たに収集する形質情報をデータベース化し公開する。 2. 生物多様性情報の活用と統合化 地球規模生物多様性情報を活用し国内外のサクラ分布情報を調査、一部は標本情報を調査し同定等を行う。 3. サクラに関する地理的情報の活用と統合化 標本サンプルに関連する地理的気象的情報の収集や、さらにサクラに関する人文情報を収集する。 													
<p>2) 実施計画・実績</p>	<p>2022年度</p> <p>FS (Feasibility Study)</p> <p>★5月 FS採択審査会</p> <p>★2月 FS評価審査会(本研究採択)</p>	<p>2023年度</p> <p>本研究</p> <p>★ 1年目実績評価</p>	<p>2024年度</p> <p>★11月 2年目成果報告会</p> <p>★ 最終成果報告</p>											
<p>3) 研究成果の概要</p>	<ul style="list-style-type: none"> • 遺伝研にて保存されている桜の情報をデータベース化、その中から特に、サクラ100ゲノムプロジェクトの対象100個体を中心に、形質情報と画像の情報をWebサイトから公開した。 • オオシマザクラのゲノム解読を完了、染色体レベルでの高精度配列を公開した。この解読により、推定遺伝子数が3万程度と判明、さらにこれまで不明だったセントロメア領域に新たな知見が得られた。 • 科博の保有するサクラ標本データを中心に多様性情報を調査、緯度・経度の採集地情報を元に、地図表示ツールを作成した。また、古典資料とサクラ情報を紐づけたサクラ古典資料データベースを公開した。 													
<table border="1"> <tr> <td data-bbox="45 753 254 988">費用 (千円)</td> <td data-bbox="259 753 377 988">予算</td> <td data-bbox="382 753 1065 802">800</td> <td data-bbox="1070 753 1758 802">2,850</td> <td data-bbox="1763 753 2451 802">2,400</td> </tr> <tr> <td></td> <td data-bbox="259 805 377 988">執行</td> <td data-bbox="382 805 1065 853">800</td> <td data-bbox="1070 805 1758 853">2,850</td> <td data-bbox="1763 805 2451 853">2,400</td> </tr> </table>	費用 (千円)	予算	800	2,850	2,400		執行	800	2,850	2,400	<p>実施者 (所属機関)</p> <p>代表者: 川本祥子(国立遺伝学研究所) 共同研究者: 藤原一道, 小出剛, 佐藤豊, 豊田敦, 中村保一, 谷澤靖洋 (左記6名 国立遺伝学研究所) 勝木俊雄, 鶴田燃海 (左記2名 森林総合研究所) 海老原淳(国立科学博物館), 北本朝展(国立情報学研究所)</p>			
費用 (千円)	予算	800	2,850	2,400										
	執行	800	2,850	2,400										