

千葉大学園芸学研究科 花卉園芸学研究室 博士前期課程2年

上村文武

里で生まれた 'ソメイヨシノ'

ここ数年の花卉研の学生がどのような研究を行っているのかは、あまり知られていないのではないでしょうか。そこで一例として、私が行っている'ソメイヨシノ'の起源に関する研究をご紹介します。

最もポピュラーなサクラ品種 'ソメイヨシノ'の起源に関しては論争が続いています。江戸時代に染井村の植木屋が作出、エドヒガンとオオシマザクラの雑種という説が一般的ですが、他にも雑種起源ではなく独立した種であるという説もあります。ただし近年のDNA鑑定の結果は全て「エドヒガン×オオシマザクラ」となっています。特に注目すべきは「'コマツオトメ'のようなエドヒガン系品種を母親に、オオシマザクラを父親として起源した」という園芸学部の中村郁郎准教授ら(2007)の報告です。もしこれが本当ならば「'ソメイヨシノ'は山ではなく、里で誕生した」ということになります。里のエドヒガン系品種を母親とするならば、同じく里のサクラが父親のはずです。ですから、里にあるサクラを調査すれば、'ソメイヨシノ'の両親を絞り込める可能性がでてきたのです。

鑑定ツールの開発とS遺伝子

私の研究は'ソメイヨシノ'の起源に関してですが、具体的には里にある'ソメイヨシノ'の親や直接の子孫を鑑定するツールの開発と、応用です。花の研究にもDNA鑑定が使える時代になりましたが、解析できる遺伝子は多数あり、それら全てを調べるのは現実的に不可能です。そのため、調べ勝手のよい遺伝子を選び、解析することになります。となれば、この遺伝子の選択が実験の成果を決めるともいえます。私の場合、安藤教授のひらめきで、多くのメリットを持っていた自家不和合性遺伝子(S遺伝子)を選択しました。自家不和合性とは植物が自他の花粉を認識し、自分の花粉では受精しない性質です。つまりS遺伝子は花粉認識に関わり、同じ遺伝子座内の対立遺伝子間の変異が多岐にわたり、さらに自然界では必ずへテロで存在します。また、サクラ属はモモ、アーモンドなどの果樹を含み、これらのS遺伝子の情報は既に蓄積されています。

このように、気がつけば当たり前のようなことですが、S遺伝子はサクラの系譜を辿るのに絶好の遺伝子だったのです。

系譜鑑定ツールの利用法

それでは、実際のS遺伝子利用法を説明します。DNA鑑定の最大の特徴は、ある2個体が同じ遺伝子を持っていても、必ずしも親子の関係にあるとは言えませんが、同じ遺伝子を持たないならば、「親子の関係にない」と断言できる点にあります。つまり、'ソメイヨシノ'と他のサクラを比較し、同じS遺伝子を持たないサクラは交配親、直接の子孫の候補から外すことができます。この性質により、里のサクラをふるいにかけるのです

まず、園芸学部の'ソメイヨシノ'の花柱を5000本(10g)集め、これからRNAを抽出し、S遺伝子の塩基配列を決め、DNAマーカー(ふるい)を2つ設計しました。1つ目はS遺伝子に共通の配列を使い、できるだけ多くのサクラに応用できるように設計しました。この段階で'ソメイヨシノ'と異なるものをふるい落とします。残ったサクラは、2つ目のマーカーで調べます。これは'ソメイヨシノ'に特有な配列で設計されています。増幅が確認できた個体はさらに塩基配列を調べます。

こうして開発した'ソメイヨシノ'の系譜鑑定ツールを使い、 里で栽培されているサクラを調査していくことが私の今後の 研究課題となります。また、この鑑定ツールはサクラと同じ型 の自家不和合性を示す植物 (バラ科やナス科など) に適用で き、幅広く利用されることを期待しています。



実験に用いた園芸学部圃場の'ソメイヨシノ'と花卉研メンバー