

DNAから見たサクラの 栽培品種

多摩森林科学園

主任研究員

加藤 珠理

森林遺伝研究領域

樹木遺伝研究室長

松本 麻子



‘染井吉野’のDNA組成

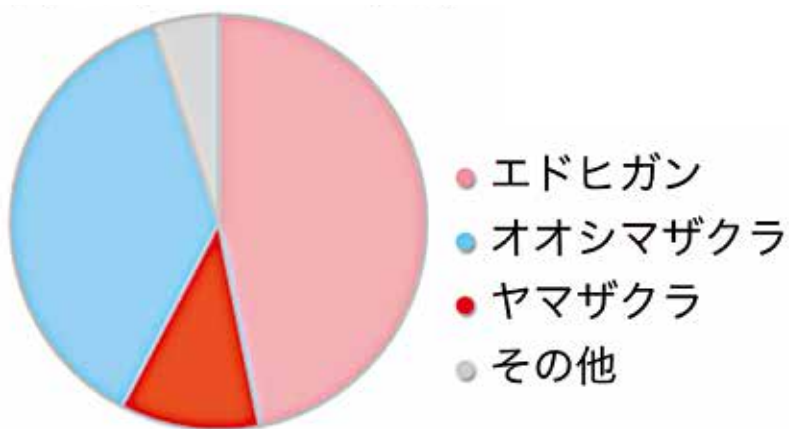


図1 満開の‘染井吉野’（写真提供：内山憲太郎氏）とDNA組成。DNA組成にはヤマザクラの影響が少し見られるが、エドヒガンとオオシマザクラがおおよそ1：1の割合で混ざっていることが確認できた。

DNA分析で可能になること

サクラの栽培品種がどのように作り出されたか、他の品種とどのような関係なのかといった疑問を、外部形態の比較だけで解決するのはとても困難です。他方、DNA分析は遺伝子のタイプ（遺伝子型という）を直接調べて比較するので、「同じ、同じでない」、「似ている、似ていない」といった判断を客観的に行うことを可能にします。

DNA分析によるサクラの栽培品種の識別

染井吉野（図1）を例に考えましょう。全国各地に植えられている、染井吉野の木は全て「同じ」であるといわれてきました。私たちは、染井吉野を含め、200品種以上の遺伝子型データを蓄積しています。これらのデータを照らし合わせることで、確かに、染井吉野の木の遺伝子型はすべて同じなことで、他のどの栽培品種とも異なることを、科学的なデータによって改めて確認しました。もう少し難しい例を紹介しましょう。多摩森林科学園に植えられた、江戸、糸括、白山大手毬、八重紅虎の尾、楊貴妃、東錦という品種のサクラ（図2）は、これまで異なる栽培品種として扱われてきました。しかし、花の形態からはなかなか区別するのが難しく、異なる名称で呼ばれていても、実際は同じものである可能性がぐぐえませんでした。DNA分析を行ったところ、これらは大きく2つのタイプに整理できました。外部形態の観察だけでは正確な識別が不可能なこうした

ケースでは、DNA分析が大いに威力を発揮します。

DNAから見えてくるサクラの栽培品種の起源

サクラの栽培品種は野生のサクラがもとになって生まれてきたわけですから、野生種の遺伝子型データと比較することで、サクラの栽培品種の起源も分かります。私たちは遺伝子型データの比較解析を行うことで、サクラの栽培品種にどんな野生種がどれくらいの割合で関わっているのかという「DNA組成」を明らかにしました。たとえば、染井吉野では、DNA組成はおおよそエドヒガンとオオシマザクラの二つの野生種が1対1の割合で混ざっていることさらにヤマザクラが一部関わっていることまで分かりました（図1）。DNAは植物のほとんどの部位から抽出できるので、花のない季節や苗木・実生の状態であっても分析可能です。今後、DNA分析がサクラの栽培品種の管理や新品種作出のための強力なツールになることは間違いないでしょう。



‘江戸’
いとくり
‘糸括’
はくさんおおてまり
‘白山大手毬’
やえべにとら
‘八重紅虎の尾’



ようきひ
‘楊貴妃’
あずまにしき
‘東錦’

図2 区別が難しい多摩森林科学園の八重咲きのサクラ。DNA分析でははっきりと2タイプに区別できた。