

報道関係者各位

2026年3月16日
神奈川大学

スーパープラント「シーベリー」の色素体ゲノム解析で系統保存と品種改良に新展開

神奈川大学化学生命学部 朝倉 史明 教授らの研究グループは、シーベリー属の色素体ゲノム^(注1)を比較解析し、種および亜種識別に利用可能な3つのDNA多様性領域を発見しました。シーベリー (*Hippophae*) はユーラシア大陸の寒冷・乾燥地域を中心に広く分布するグミ科の植物で、ビタミン類や脂肪酸などを豊富に含む栄養価の高い果実を生産することから、健康食品や機能性食品として世界的に注目されています。シーベリー属においては色素体ゲノムを用いた詳細な比較解析は十分に行われていませんでしたが、本研究において、シーベリー属の色素体ゲノムを比較解析することで、DNA マーカー^(注2)作成に利用可能な SSR^(注3)領域や多くのDNA多様性領域を明らかにし、シーベリーの種・亜種識別に利用できるDNAマーカー候補を提示しました。本研究で得られたDNA多様性領域やSSR情報は、シーベリーの系統保存や品種改良研究の基盤となると同時に、本解析手法は他植物の遺伝資源研究にも応用が期待されます。

本研究成果は、2026年3月15日、科学誌「Scientific Reports」に掲載されました。

研究成果のポイント

- シーベリー属の色素体ゲノムを比較解析し、種および亜種識別に利用可能な3つのDNA多様性領域を発見
- 本研究で特定されたDNA多様性領域やSSR情報は、シーベリーの種・亜種識別や遺伝資源評価に利用できるDNAマーカーの開発につながることを期待される
- シーベリーの系統保存や品種改良研究の基盤となり、今後応用を進めていく予定

研究の背景

シーベリー (*Hippophae*) はユーラシア大陸の寒冷・乾燥地域を中心に広く分布するグミ科の植物で、ビタミン類や脂肪酸などを豊富に含む栄養価の高い果実を生産することから、健康食品や機能性食品として世界的に注目されています。また、乾燥や塩害などの環境ストレスに強く、砂漠化防止や土壌保全などの環境修復植物としても利用されるなど、農業利用や環境保全の観点からも重要な植物とされています。

日本では主に北海道で栽培されていますが、国内での栽培はまだ限られています。一方で、シーベリーは栄養価の

高い果実を生産する植物として世界的に利用が広がり、各国で品種改良や栽培研究が進められています。そのため、遺伝資源の保存や育種研究を進めるための基盤となる遺伝情報の整備が重要となっています。

一方で、シーベリー属には形態がよく似た種や亜種が多く存在し、外見だけで正確に識別することが難しいという問題があります。そのため、遺伝情報に基づいた種・亜種識別法の確立が求められています。

近年、植物の色素体ゲノムは構造が比較的保存されている一方で、特定の領域では種間差や系統差を反映する変異が見られるため、系統解析や DNA マーカー開発に広く利用されています。しかし、シーベリー属においては色素体ゲノムを用いた詳細な比較解析は十分に行われていませんでした。そこで本研究では、既報データの遺伝子注釈や IR 領域境界^(注5)を再検証し、正確性を重視した色素体ゲノム比較解析を行い、系統保存や品種改良研究に役立つ遺伝情報の解明を目指しました。

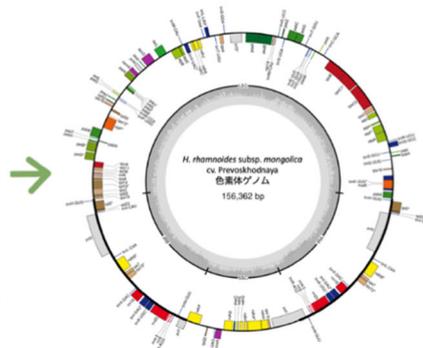
研究の内容

本研究では、シーベリー属の色素体ゲノムを比較解析し、種および亜種の識別や育種研究に利用可能な DNA 多様性領域を明らかにしました(図1)。主な研究内容は以下の通りです。

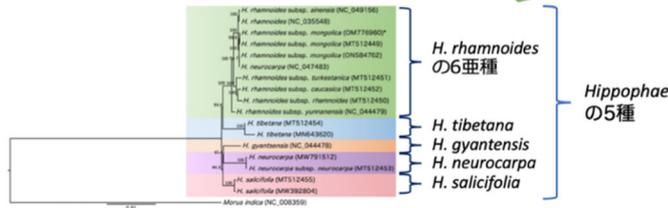
- ・日本で栽培されたロシア原産のシーベリー品種 *Hippophae rhamnoides* subsp. *mongolica* ‘Prevoskhodnaya’ の色素体ゲノム(約 15.6 万塩基)を解読し、131 の遺伝子を含むゲノム構造を明らかにしました。
- ・コドン使用の偏り(RSCU^(注6))や IR 領域周辺のゲノム構造を比較解析し、色素体ゲノムの特徴を詳しく調べました。
- ・既報データの遺伝子注釈や IR 領域境界を再検証し、正確性を重視した色素体ゲノム比較解析を行いました。
- ・シーベリー属 5 種および *H. rhamnoides* の 6 亜種を含む計 17 系統の色素体ゲノムを比較し、系統関係を解析しました。
- ・系統解析の結果、*H. tibetana* は *H. rhamnoides* に近い位置を示し、シーベリー属の進化的関係を考える上で重要な知見が得られました。
- ・色素体ゲノム全体の塩基多様性^(注4)を解析した結果、種間および亜種間の両方で共通して高い多様性を示す 3 つの DNA 領域(*rpoB-trnC-GCA*, *ndhF-rpl32*, *rpl32-trnL-UAG*)を特定し、DNA マーカー候補として提示しました。
- ・さらに、DNA マーカー作成に利用可能な SSR 領域や多くの DNA 多様性領域を明らかにし、シーベリーの種・亜種識別に利用できる DNA マーカー候補を提示しました。



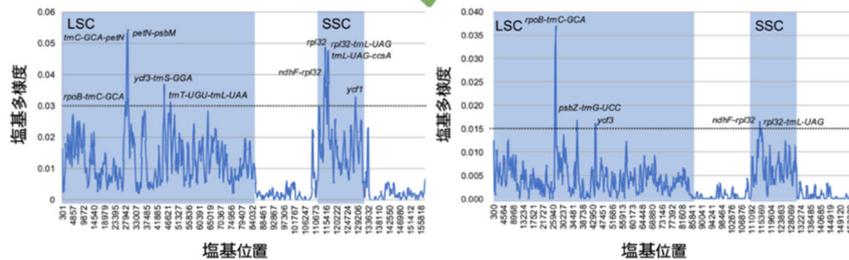
シーベリー (*Hippophae*)
 栄養価の高い果実をつける植物
 写真: 朝倉研究室 (北海道むかわ町
 フォレスト・ベリー農園にて撮影)



染色体ゲノム解析
 シーベリー品種の染色体ゲノムを解読



系統関係の解析
 シーベリー属5種と *H. rhamnoides* 6亜種を比較



DNA多様性の解析
 染色体ゲノム全体の塩基多様性を調査

種間・亜種間で共通する多様性領域

DNAマーカー候補 (三つの高多様性領域)

- ・ *rpoB-trnC-GCA*
- ・ *ndhF-rpl32*
- ・ *rpl32-trnL-UAG*

図1 シーベリー染色体ゲノム比較解析から見てきたDNAマーカー候補

研究の展開

本研究で特定された DNA 多様性領域や SSR 情報は、シーベリーの種・亜種識別や遺伝資源評価に利用できる DNA マーカーの開発につながると期待されます。今後は、これらの DNA マーカー候補を活用し、シーベリーの遺伝資源の多様性評価や品種改良研究への応用を進めていく予定です。

また、国内外のシーベリー研究者との連携を通じて、シーベリー属の進化的関係の解明や品種改良研究をさらに発展させていくことを目指します。

掲載論文

本研究成果は、2026年3月15日、科学誌「Scientific Reports」(2024年インパクトファクター:3.9)に掲載されました。

論文タイトル: Comparative plastid genomics of *Hippophae* reveals phylogenetic relationships and provides candidate DNA markers for taxonomic identification

著者: Nobuaki Asakura, Masato Noda, Yusei Takahashi, Shinji Ueno, Naoki Arai

掲載誌: 「Scientific Reports」

掲載 URL: <https://www.nature.com/articles/s41598-026-40776-0>

謝辞

本研究の遂行にあたり、元東京農業大学教授の河合義隆先生および近藤勝彦先生には、研究を通して貴重なご指導、ご支援、そして励ましを賜りましたことに心より感謝申し上げます。また、河合先生には *H. rhamnoides* subsp. *mongolica* cv. *Prevoskhodnaya* の葉をご提供いただきましたことに深く感謝いたします。

【用語解説】

(注1) 色素体ゲノム

植物細胞内の色素体(主に葉緑体)が持つDNA。光合成などに関わる遺伝子を含み、構造が比較的保存されているため植物の系統解析やDNAマーカー研究に広く利用される。

(注2) DNAマーカー

DNA配列の違いを利用して個体や系統を識別するための指標。植物の種判別、遺伝資源評価、品種改良などの研究で利用される。

(注3) SSR (Simple Sequence Repeat)

短いDNA配列が繰り返し並んだ領域。個体間で繰り返し回数が増減しやすいため、DNAマーカーとして利用されることが多い。

(注4) IR (Inverted Repeat) 領域

色素体ゲノムに存在する互いに逆向きに並んだ繰り返し配列領域。多くの植物の色素体ゲノムに共通する特徴的な構造である。

(注5) RSCU (Relative Synonymous Codon Usage)

同じアミノ酸をコードする複数のコドンのうち、どのコドンがどの程度使われているかを示す指標。遺伝子の進化や遺伝子発現の特徴を調べる際に利用される。

(注6) 塩基多様性 (Nucleotide diversity)

DNA配列における塩基の違いの程度を示す指標。ゲノム内で多様性の高い領域はDNAマーカー候補として利用されることがある。

問い合わせ先

【研究に関すること】

神奈川大学化学生命学部 教授 朝倉 史明(あさくら のぶあき)

TEL:045-481-5661

E-mail:asakura@kanagawa-u.ac.jp

【報道に関すること】

神奈川大学 企画政策部広報課

TEL:045-481-5661

E-mail:kohou-info@kanagawa-u.ac.jp