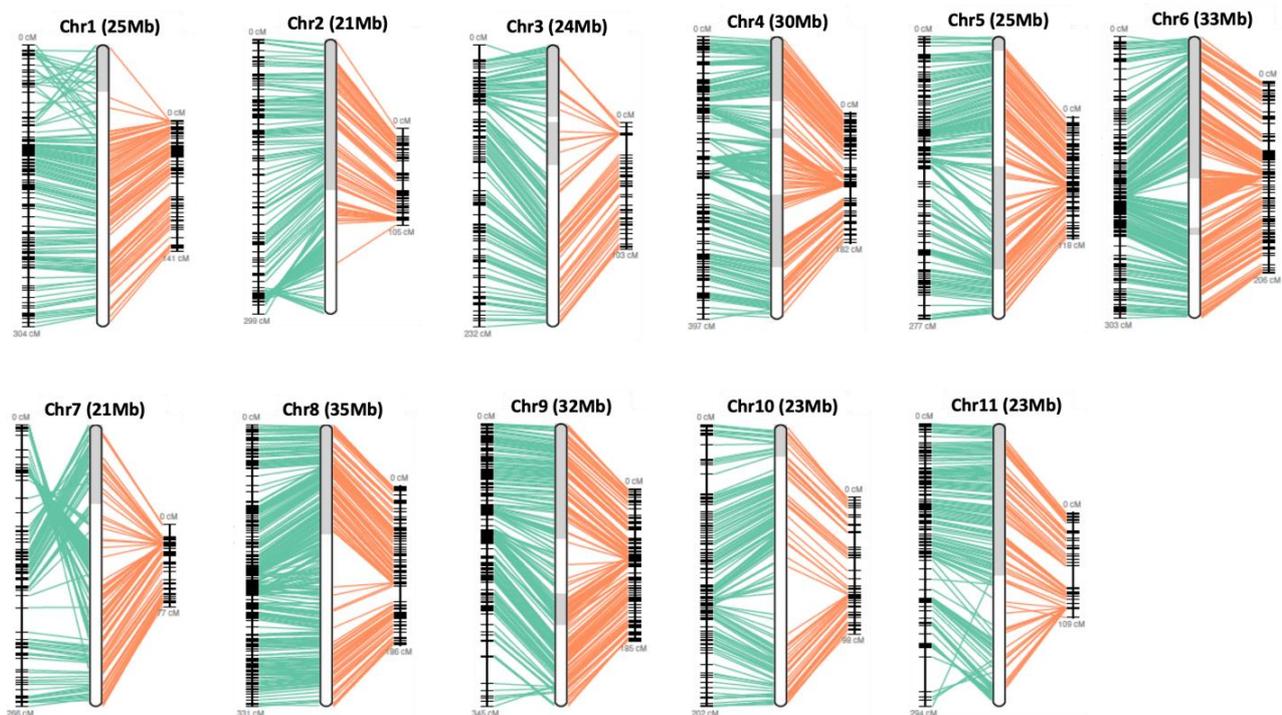


ニガウリの全ゲノム配列の解読により栽培化と品種群の分化系譜を解明 ～ニガウリの栽培化は従来作物とは異なる歴史を辿っている？～

夏野菜の代表選手であるニガウリは、我が国では沖縄を中心とした九州地方での栽培が盛んです。近年では健康野菜として広く普及していますが、一方で独特な食味の改善や栄養成分の強化など、品種改良に向けた需要が高まっています。そのためには、ニガウリの遺伝的背景を詳細に解明する必要があります。

松村英生准教授(基盤研究支援センター遺伝子実験支援部門)と台湾大学、沖縄県農業研究センター、World Vegetable Center、国立遺伝学研究所らのグループは、ニガウリ (*Momordica charantia*) について長鎖リード DNA シークエンサーを用いた全ゲノム DNA 配列を解読し、全染色体 (11 本) に渡るゲノム配列を決定しました。さらに 60 系統の海外のニガウリ栽培品種や野生系統の全ゲノム DNA 配列についても比較を行いました。これらゲノム配列の比較解析より、供試したニガウリ遺伝資源は野生系統、南アジア品種群、東南アジア品種群に大別できることが示され、約 6000 年前に野生系統から南アジア品種群が分化し、南アジア品種群から約 800 年前に東南アジア品種群が分化したことが推測されました。穀類などでは明確な形態の変化が栽培化の鍵になっている例が複数報告されていますが、ニガウリではこれらと異なり栽培化の後に東南アジア品種群が分化する過程で地域毎の嗜好に合わせた果実形質などの遺伝的多様化が生じたと考えられます。本研究は従来とは異なる作物栽培化のモデルを示したと共に、多様なニガウリ品種の特性を決める遺伝的機構の解明と国内外におけるニガウリの品種改良に貢献が期待されます。なお、この成果を取りまとめた論文は 5 月 27 日付けの米国科学アカデミー紀要 (PNAS 誌) オンライン版に掲載されました。また本論文については同誌 117 巻 25 号の表紙でも紹介されます。



図：本研究で解明したニガウリの全ゲノム配列と 11 本の染色体地図

<本研究に関する問い合わせ先>

長野県上田市常田 3-15-1

基盤研究支援センター遺伝子実験支援部門 准教授 松村 英生 (まつむら ひでお)

E-mail : hideoma@shinshu-u.ac.jp

電話番号 : 0268-21-5801

<掲載論文の情報>

論文は以下の URL よりご覧頂けます。

【掲載タイトル】

Long-read bitter melon (*Momordica charantia*) genome and the genomic architecture of nonclassic domestication. (ニガウリの長鎖ゲノム解読と非古典的栽培化ゲノム構造)

【著者】

Hideo Matsumura, Min-Chien Hsiao, Ya-Ping Lin, Atsushi Toyoda, Naoki Taniai, Kazuhiko Tarora, Naoya Urasaki, Shashi S. Anand, Narinder P. S. Dhillon, Roland Schafleitner, Cheng-Ruei Lee

【論文 URL】

https://www.pnas.org/content/early/2020/05/26/1921016117?fbclid=IwAR1wqHk8arT9XJyjx8XiXUglGl-Vb89Hri4bhZ6-_oJ9P9PHDe2x35A0bRU