

日本在来サトウキビ野生種の遺伝的特異性と遺伝資源としての価値

日本のサトウキビ野生種遺伝資源は、北東アジア型に分類され、インドやタイなどの大陸アジア型やインドネシアなどの島嶼アジア型と遺伝的に異なる。世界のサトウキビ製糖品種の遺伝的背景には、大陸アジア型や島嶼アジア型野生種のゲノムは含まれているが、北東アジア型のゲノムはほとんど含まれておらず、わずかに日本および中国の品種で確認されるのみである。そのため、幅広い遺伝的多様性の利用が求められているサトウキビ育種において、日本のサトウキビ野生種や製糖品種は世界的に重要な遺伝資源となる。

キーワード：サトウキビ、野生種、ゲノム、遺伝的多様性

背景・ねらい

サトウキビ (*Saccharum L.*)は、砂糖やバイオエタノール生産に加え、バイオ化学製品やバガス（繊維）を利用した電力生産にも利用される世界の食料・エネルギー生産、脱石油社会の実現に向けた重要作物である。一方で、気候変動による生産の不安定化が懸念される中、栽培品種や育種素材の遺伝的多様性の狭さに起因する育種改良の停滞が課題となっている。この打破に向けて、未利用野生遺伝資源の育種利用による遺伝的多様性の拡大と有用特性の導入が不可欠となっている。

サトウキビ野生種 (*Saccharum spontaneum L.*)は、アジアの熱帯・亜熱帯域の大陸、島嶼地域に広く分布し、様々な有用形質をもつ野生遺伝資源であり、現在世界中で利用されている製糖品種は、サトウキビ栽培起源種 (*S. officinarum*)と野生種との種間雑種である。サトウキビ育種における遺伝的多様性の拡大や有用特性の導入に向けて、これまで育種に利用されていない野生種の探索・利用が重要であるが、これまで世界の製糖品種の遺伝的背景にどのような野生種が貢献してきたかに関する詳細な情報がないことが課題であった。

そこで本研究では、世界各地域で収集されたサトウキビ野生種を含むサトウキビ遺伝資源の遺伝的多様性を解析するとともに、現在、世界中で利用されている製糖品種の遺伝的背景に各地域の野生種のゲノムがどの程度含まれているかを明らかにすることで、将来のサトウキビ育種の遺伝的多様性拡大に貢献する未利用野生遺伝資源の基盤情報を提供する。

成果の内容・特徴

1. 本解析の対象は、日本を含む世界各地域のサトウキビ野生種 135 系統（日本在来野生種は S8、S15、JW49、JW548 の 4 系統）、*S. robustum* 45 系統、*S. barberi* 15 系統、*S. sinense* 6 系統、*S. maximum* 8 系統、および製糖品種 96 品種（日本育成品種は NiF8、Ni9、NiTn18、NiN24、NiH25、Ni27、Ni28 の 7 品種）等、合計 390 品種・系統で構成される。
2. 世界のサトウキビ野生種は、インドやタイなどに分布す

る「大陸アジア型」、インドネシアやオセアニアに分布する「島嶼アジア型」、日本や中国、台湾に分布する「北東アジア型」に分類できる（図 1、2）。

3. 日本のサトウキビ野生種として沖縄で収集された JW49 は、*S. officinarum* のゲノムをもつため、サトウキビと野生種との種間雑種である可能性が高い（図 1）。
4. 世界で栽培されている近代サトウキビ品種の遺伝的背景には、大陸アジア型や島嶼アジア型野生種のゲノムが多く含まれているが、北東アジア型野生種のゲノムはほとんど含まれておらず、わずかに日本および中国の品種で確認されるのみである（図 3）。
5. 北東アジア型に分類される日本在来の野生種およびそれらゲノムをもつ日本育成品種は、今後のサトウキビの遺伝的多様性の拡大、新たな有用特性の導入に向けた重要な遺伝資源となる。

成果の活用面・留意点

1. 本成果は、世界の製糖品種の成立にどのような野生種が貢献してきたかを明らかにした世界初の成果であり、世界のサトウキビ育種において、日本在来野生種や日本育成品種の遺伝資源としての重要性を示す基盤情報として利用できる。
2. 今回の解析に供試していない日本在来野生種遺伝資源については、北東アジア型に分類されるかどうか遺伝子型の確認が必要である。
3. 本研究は、フランス農業開発研究国際協力センターが中心となる国際研究グループにより実施した。

その他

予算区分：交付金プロ [C4 熱帯作物資源]
研究実施期間：2022～2025 年度
研究担当者：寺島義文（熱帯・島嶼研究拠点）
発表論文等：Garsmeur et al. (2025) *Cell* 188(25): 7252-266. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.09.017>

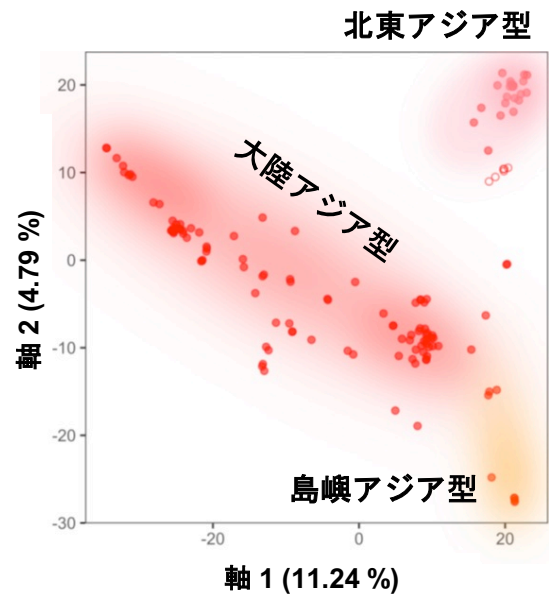
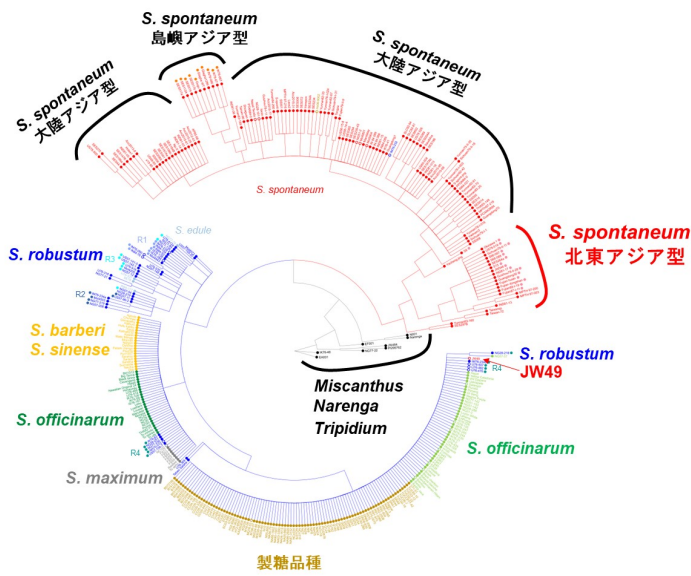


図1 世界のサトウキビ野生種およびサトウキビ遺伝資源のミトコンドリアゲノム情報を利用した分子系統樹

全ての品種・系統のミトコンドリアゲノムは、GetOrganelleを用いて単一の環状配列としてアセンブルし、系統樹の推定はMrBayesを用いて実施した。

図2 世界のサトウキビ野生種遺伝資源の核ゲノムの一塩基多型情報を利用した主座標分析結果

主座標分析は、データ間の距離を可視化するための分析手法であり、プロット間の距離が遠いほど遺伝的に異なることを示す。軸1は系統間の距離を最も良く説明する軸、軸2は、軸1と直交し、次に系統間の距離を良く説明する軸であり、括弧内の値は寄与率を示す。

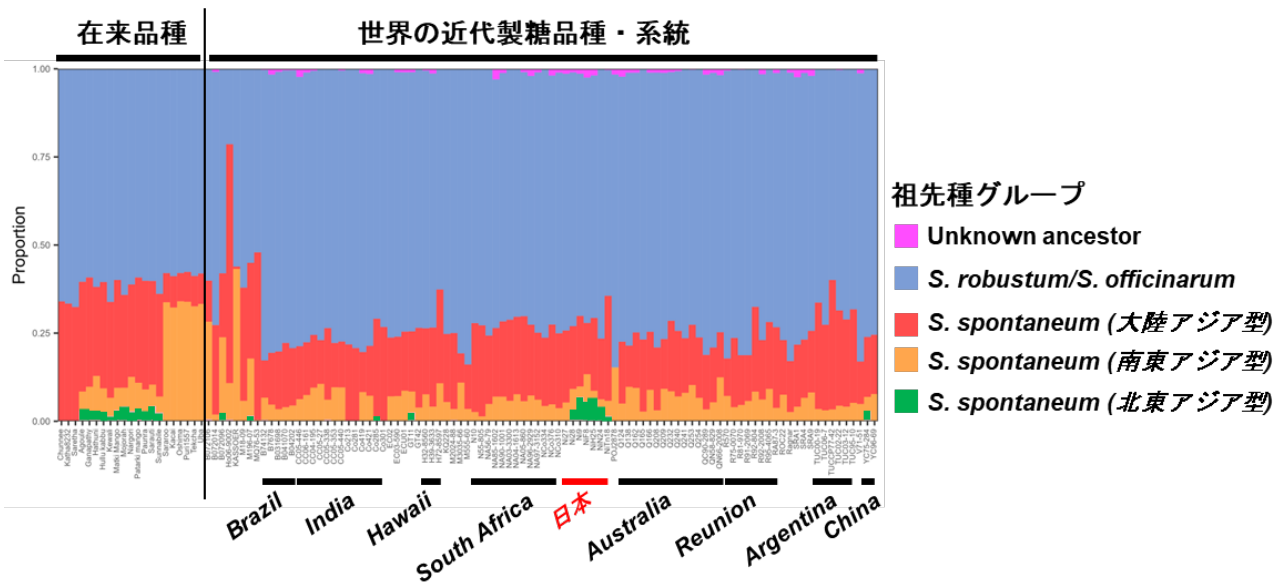


図3 世界のサトウキビ製糖品種に含まれる祖先種ゲノムの割合

種特異的なDNA配列断片を利用した集団構造解析により各祖先種グループのゲノム割合を推定した。Unknown ancestorは、これまで知られていない未知の祖先種のゲノムが含まれる割合を示す。在来品種とは、近代品種が開発される以前に栽培されていた *S. barberi* および *S. sinense* に分類される伝統的品種を指す。

図は Garsmeur et al. (2025) より CC BY 4.0 に従い転載/改変して作成
© Author(s) 2025 <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.ja>