

令和 5 年 6 月 20 日現在

機関番号：24302

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20K12374

研究課題名(和文)日本におけるチャの伝来と伝播の経路(ティーロード)の検証

研究課題名(英文)Study on the route of transmission and spread of tea (the Tea Road) in Japan

研究代表者

久保 中央 (Kubo, Nakao)

京都府立大学・生命環境科学研究科・教授

研究者番号：60347440

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：日本におけるチャの伝播(ティーロード)を推定するため、国内外のチャ在来種や品種をSSRマーカー9座で遺伝的特徴を解析した。特に、伝播の窓口となった可能性のある九州北部の在来種を解析に追加し樹形図を作製した。その結果、九州北部と他地域の系統の多くは京都を含む在来種グループに含まれた。九州北部の系統は、グループ内で離れて分布し、遺伝的な差異が示唆された。また、DNA型分析の過程で、国内のチャ79品種の親子関係を明らかにした。具体的には、37品種(12品種の両親および25品種の片親)の親子関係を同定・確認することが出来た。うち、これまで花粉親が不明だった5品種について、本研究で親品種を新規同定した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

日本のチャ伝来と伝播の基本的経路を明らかにすることで、我々の食事と共に発展してきた飲料である茶の成り立ちが解明され、日本の食文化、特に「和食」への理解が深化する。実用面では、在来種は茶の育成にとって貴重な素材であり、その遺伝的特徴の把握が重要である。本研究のデータは、将来、味や健康成分等と関連するDNA配列の探索にも応用できる。加えて、国内の茶価格が低迷し、海外シェアが中国産緑茶に圧迫されている中、日本のチャの成立や特徴を裏付けた科学的データを発信することで、茶産業の振興を通じた地方創生や国内外の販路拡大、日本のチャの世界的プレゼンス向上に貢献できる可能性がある。

研究成果の概要(英文)：In order to assume the route of transmission and spread of tea (the Tea Road) in Japan, genetic characteristics of tea landraces and cultivars from Japan and the other countries were analyzed based on nine SSR markers. Landraces from northern Kyushu region were collected because they could be a key of the tea transmission and spread. Lines from the northern Kyushu and the other regions were included into a group of Kyoto landraces. The northern Kyushu landraces may have genetic differences because some of them were separated on the dendrogram. Parentages of 79 cultivars were also analyzed. Biparental and uniparental origins were confirmed or identified for 12 and 25 cultivars, respectively. Candidate pollen parents of yet-to-be-defined pedigree were newly identified for five cultivars.

研究分野：植物分子遺伝学

キーワード：チャ 伝播 DNAマーカー 在来種 品種

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

チャは中国南西部原産とされ、中国から世界中に伝播し、その経路は“茶の道(ティーロード)”と呼ばれている。日本への伝来時期と回数には諸説あるが、本格的栽培は、鎌倉時代に中国九州 京都の経路で伝来したと言われている。その後、京都を中心に茶の文化や栽培法・加工法が生まれ、それらが全国他地域に伝播して在来種を形成した。日本国内のチャに関しては、在来種の多様性や DNA 比較が報告されているものの、チャの伝来と伝播には未だ謎が多い。これまでに、日本のチャの多くが京都と類縁関係を持つことや、文献で示唆されていた「京都から他地域へのチャの伝播」が示唆されていたが、日本における伝来・伝播に関して、京都で栽培以前の九州については検証が不十分で、現存の分析では時間的指標が欠けていた。

2. 研究の目的

本研究では、文献で示されてきた日本でのチャ伝播の経路“日本版・茶の道(ティーロード)”の検証を目的として研究を行った。

具体的には、

1. 九州北部由来のチャの DNA 型を中国や京都、国内他地域と比較する。
 2. 年代推定可能な試料を分析し、日本国内のチャの伝播に関する時間的指標を得る。
- 加えて、先行研究の SSR マーカーと比べて大量のデータが得られる次世代 DNA シーケンサーの利用を検討した。

3. 研究の方法

1. 九州北部由来のチャの DNA 型分析

鎌倉時代に中国から伝来したチャは、九州北部の脊振山(福岡と佐賀の県境)で増殖後、京都に伝わったとされるが、申請者の先行研究でこの点は未検証だった。本研究では、脊振山を含む九州北部のチャを入手し、SSR マーカーで DNA 型の分析(デンドログラム作製や集団構造解析)を行い、中国や京都、日本国内の他地域のチャと類縁関係を比較した。

2. 年代推定可能な試料の分析

日本のチャ伝播に関する時間的指標を得るために、年代推定可能な試料を分析した。具体的には、シーボルトが滞日した江戸時代末期(1823~1829, 1859~1862年)に収集した標本中、チャの押葉標本と製茶製品(首都大学東京 牧野標本館とオランダのライデン国立民族学博物館に所蔵)の分譲を依頼して、DNA 型を分析した。

次世代シーケンサーを利用した分析

上記の SSR 分析から重要であると判明した試料に対して、大量の DNA 型データが取得可能な次世代 DNA シーケンサーを利用した手法(RAD-seq)を検討した。

4. 研究成果

日本におけるチャの伝播の窓口となった可能性のある九州北部の在来種の試料を入手し、SSR マーカーを用いて遺伝的特徴を解析した。近隣接合法による樹状図では、九州北部の系統は京都を含む在来種のグループに含まれた。九州北部の系統は、系統によってグループ内の離れた位置に分布した。このことから、九州北部の系統に遺伝的な差異が存在することが示唆された。また、他地域の試料を追加したところ、多くが京都在来種グループに含まれた。

日本におけるチャの伝播に関する時間的指標を得る目的で、年代推定可能な試料(幕末にシーボルトが国内で収集・作成した押葉標本)を東京都立大学牧野標本館およびナチュラリス生物多様性センター(オランダ国立植物標本館,ライデン,オランダ)から入手して DNA 抽出を行った。試料は葉の原型は留めていたものの 100 年以上前の試料であるため経年劣化を受けており、抽出された DNA は予想通り極少量で濃度も非常に薄く(1 ng/uL 未満~4 ng/uL)、分解を受けていた。通常的手法では PCR 増幅が困難であると予想されたため、増幅に使用する酵素の検討を行った。その結果、KAPA 3G Plant PCR Kit(日本ジェネティクス)で PCR 増幅と DNA 型の分析が可能であることが判明した。ただし、これまで使用した SSR マーカー9 遺伝子座のうち、増幅サイズが比較的大きい一部のマーカーでは増幅が不安定だった。全ゲノム増幅キットならびに Nested PCR を試みたが、供試条件では改善は認められなかった。なお、ナチュラリス生物多様

性センターから製茶標本も入手したが、いずれもこより状に製茶された(複数個体の茶樹由来の葉が揉み込まれた)状態の葉茶であったため、DNA解析から除外した。九州北部の試料や古木については、上記標本中に九州由来のものがあり代用可能と考えられた。令和3年度までにSSRマーカーによるDNA分析を完了した試料のうち9集団(83個体)を代表として、次世代DNAシーケンサーを利用したRAD-seqを進め、解析用の生データを取得した。

SSRによる分析の過程で、国内のチャ79品種の親子関係を明らかにした。具体的には、37品種(12品種の両親および25品種の片親)について、親子関係を新規に同定あるいは確認することが出来た。うち、5品種(「展茗」、「鳳春」、「するがわせ」、「みえ緑萌1号」、「山の息吹」)の花粉親はこれまで不明だったが、本研究で「展茗」の花粉親が宇治種由来の碾茶用品種「あさひ」、「鳳春」、「するがわせ」、「みえ緑萌1号」の花粉親は「ろくろう」、「山の息吹」の花粉親は「やまとみどり」であることを明らかにした。一方、在来種が親品種になったと予想される品種は供試系統中には見当たらなかった。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Nakao Kubo, Tomohiro Matsuda, Chisaki Yanagida, Yuna Hotta, Yutaka Mimura, and Maho Kanda	4. 巻 71
2. 論文標題 Parentage analysis of tea cultivars in Japan based on simple sequence repeat markers	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 594-600
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1270/jsbbs.20156	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 久保中央, 松田智宏, 柳田千咲, 堀田裕奈, 三村裕, 神田真帆
2. 発表標題 単純反復配列(SSR)マーカーに基づく日本国内チャ品種の親子解析
3. 学会等名 日本DNA多型学会第30回学術集会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Nakao Kubo, Hideaki Yokoyama, and Takafumi Ohgushi	4. 発行年 2023年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 35
3. 書名 Reference Series in Phytochemistry. Natural Products in Beverages, Section 3: Caffeine Beverage Plants: Tea (<i>Camellia sinensis</i>)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------