令和７年１２月１０日

ゲノムの違いを可視化するプログラム「ゲノム塗り絵」の開発

福島大学食農学類附属発酵醸造研究所の吉田英樹特任講師、菅波眞央特任講師と松岡信特任教授を中心とする研究グループは、これまでに取得してきたゲノム情報のさらなる活用を目指し、ゲノムの違いを一目でわかりやすく可視化するためのプログラム、通称「ゲノム塗り絵」を開発しました。本成果によって、例えば、育種選抜によって具体的にどの染色体のどの部分が受け継がれていったのかを、一目瞭然にすることができます。本成果は日本育種学会が発行する学会誌『育種学研究』にて 10 月 3 日に公開されました。

本研究は、科研費の基盤（B）ならびに福島国際研究教育機構 （F-REI）の一部支援により実施されました。

◎本研究のポイント

- ゲノムシークエンス技術の急速な発展により、全ゲノム情報の取得コストが年々大幅に低下している
- その結果、生物種だけでなく、品種レベルのゲノムデータが大量に取得可能となった
- ゲノム解析技術も進歩しているが、**ゲノムの差異についてのアウトプットは基本的に文字列データであり、専門知識がなければ理解・活用が難しい**
- 本研究では、**ゲノムの差異の文字列データを 1 枚の画像として直感的に可視化**し、**2 品種のゲノム全体の違いを一目で理解できるプログラム「ゲノム塗り絵」を開発した**
- 本プログラムは実際の育種現場で既に活用されている

◎研究の背景

食農学類附属発酵醸造研究所（令和3年4月開設）は、発酵醸造プロセスに関する研究だけでなく、イネやダイズなどの発酵醸造の主原料となる作物の栽培や新品種開発に関連した研究から発酵醸造と食・健康との関連まで、幅広く新たな視点からの先端研究を遂行し、発酵醸造研究をリードする研究成果を世界に発信することを目指しています。

近年、ゲノムシークエンス解析の技術革新は著しく、10 年前と比較して解析コストは約 10 分の 1 以下に下がり、全ゲノム情報を安価に取得できる時代となった。これに伴い、生物種だけでなく、品種ごとの詳細なゲノム情報も世界中で集積が進んでいる。

しかし、ゲノム情報は一般に文字列データとして扱われるため、情報解析の知識がなければ結果の理解は容易ではない。また、ゲノムの差異を図示するツールは存在するものの、特定領域に限定されることが多く、ゲノム全体を一枚の図として表示できるツールはほとんどないのが現状である。

そこで我々は、ゲノム上の差異を可視化し、一目瞭然にするプログラム、通称「ゲノム塗り絵」を開発した。**本プログラムは、2 品種間の差異の情報（文字列データ）を入力すると、**

その差異をゲノム上を模した四角の上に色つきの線として描画し、比較できるようにしたものである（**図1**）。

例えば、「コシヒカリ」と、福島県で育成された品種「天のつぶ」を比較すると、**天のつぶの育種過程で導入された 1 番染色体の半矮性遺伝子（草丈を少し小さくする遺伝子）と、6 番染色体の早生化遺伝子の場所が明確に示される**（**図2**）。

本プログラムは福井県農業試験場と共同で開発しており、同試験場において既に実用的なツールとして活用されている。

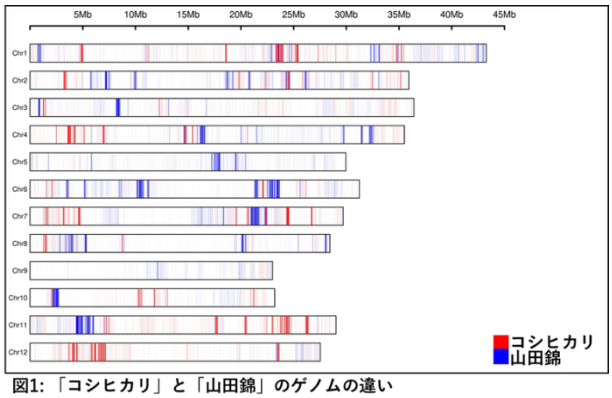


図1:「コシヒカリ」と「山田錦」のゲノムの違い

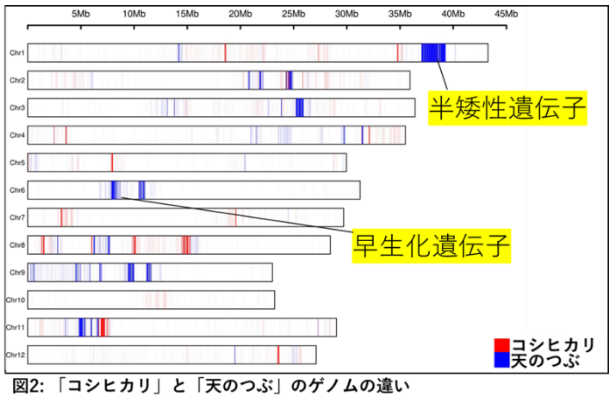


図2:「コシヒカリ」と「天のつぶ」のゲノムの違い

◎成果の意義

本プログラムにより、**ゲノムの差異を、育種現場の多様な関係者でも直感的に理解できる形で提供できる**ようになった。これにより、

- **選抜育種によって置換されたゲノムの場所の確認**
- **育種過程のゲノムレベルでの把握**
- **品種間のゲノム的関連性の解析**

といった作業が容易になった。

これまで育種家は主に表現型（形質）から品種の違いを判断していたが、本プログラムを用いることで、

- **形質調査では気づけなかった染色体上の残存箇所**
- **品種・系統間のゲノム全体の類似度および相同・相違箇所**

といった情報を視覚的に把握できるようになり、今後の育種選抜や品種評価に貢献することが期待される。

◎掲載論文情報

掲載誌:『育種学研究』（日本育種学会）

公開日:2025 年 10 月 3 日（オンライン早期公開）

論文タイトル:2 系統間のゲノムの違いを可視化するプログラム「ゲノム塗り絵」の開発と利用

著者:**吉田英樹 [1]、渡辺脩斗 [2]、坂　紀邦、菅波眞央 [1]、松岡　信 [1*]、小林麻子 [2*]**

1. 福島大学　食農学類附属発酵醸造研究所
2. 福井県農業試験場

*共責任著者

DOI: https://doi.org/10.1270/jsbbr.25J01

（お問い合わせ先）
発酵醸造研究所・特任講師　吉田　英樹
電　話：024-504-2837
メール:hyoshida@agri.fukushima-u.ac.jp

ゲノムの違いを可視化するプログラム「ゲノム塗り絵」の開発

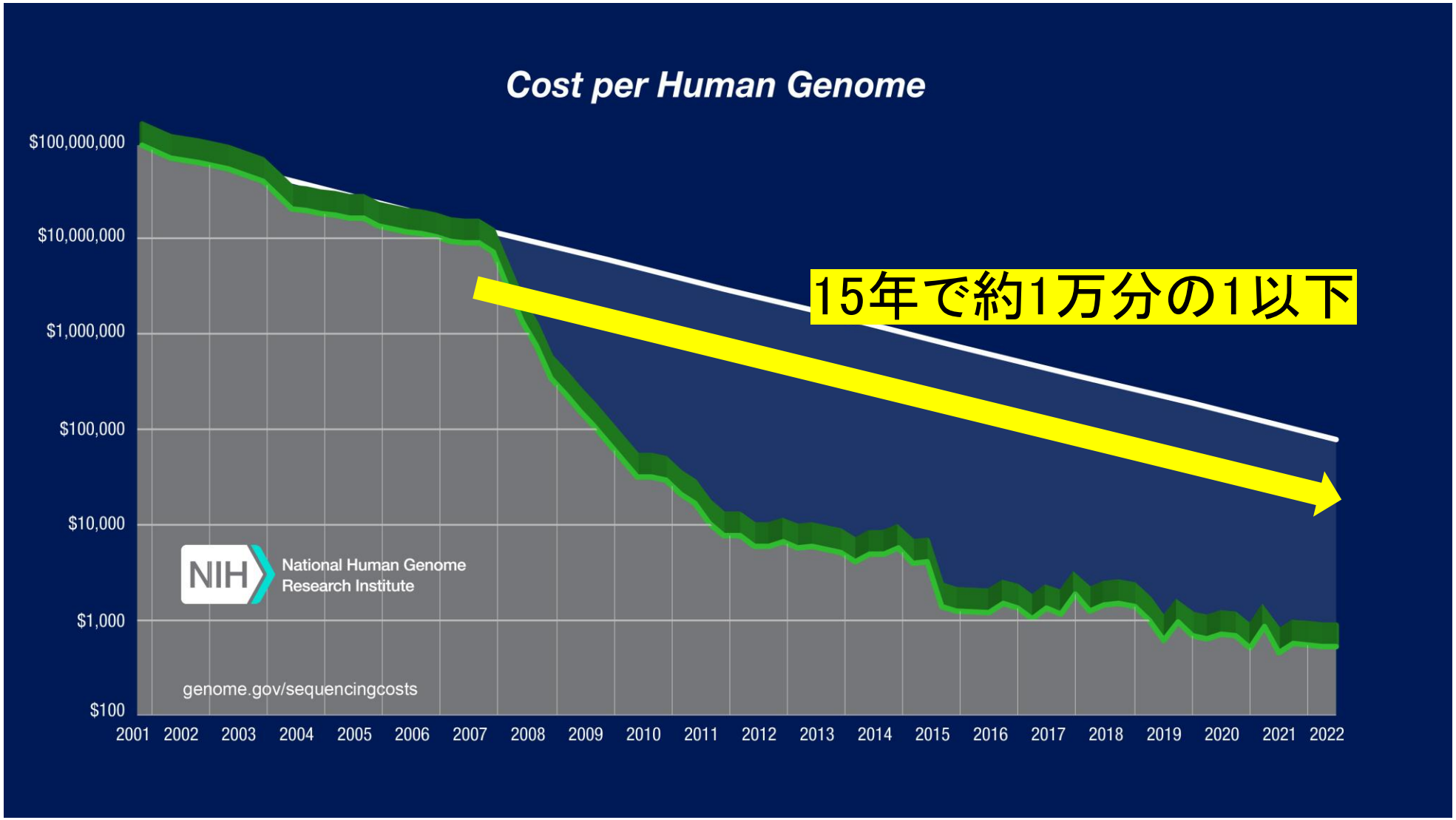
福島大学　食農学類附属発酵醸造研究所
特任講師　吉田　英樹

はじめに

- 食農学類附属発酵醸造研究所（令和３年４月開設）は、発酵醸造プロセスに関する研究だけでなく、イネやダイズなどの発酵醸造の主原料となる作物の栽培や新品種開発に関連した研究から発酵醸造と食・健康との関連まで、幅広く新たな視点からの先端研究を遂行し、発酵醸造研究をリードする研究成果を世界に発信することを目指しています。

- 本日は、**ゲノム情報をより簡便に利用できるようするために、ゲノム全体の違いを図示するプログラム「ゲノム塗り絵」を開発した**という研究内容についてご紹介します。
- 日本育種学会が発行する学会誌『育種学研究』に10月3日に早期公開されました

ゲノム解読のコストは年々減少している



https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data

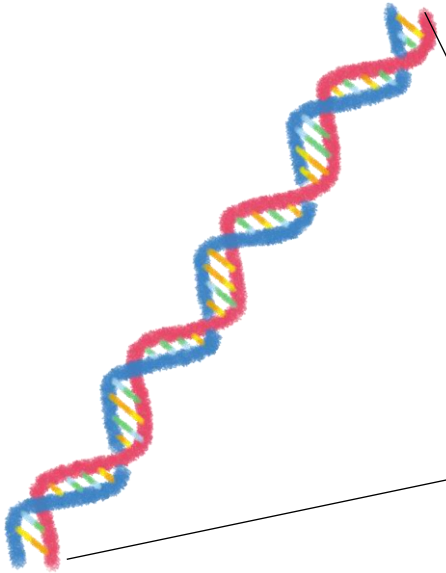
イネのゲノム情報

- 2004年、世界で初めてイネの全ゲノム情報（日本晴）が解読された
- 2014年に3k rice genomes projectが約3000系統のイネのゲノム情報を公開
- 2023年には約1万系統のゲノム情報が公開された

- 我々の研究所では、独自に取得した約700品種以上の日本のイネのゲノム情報を保持している

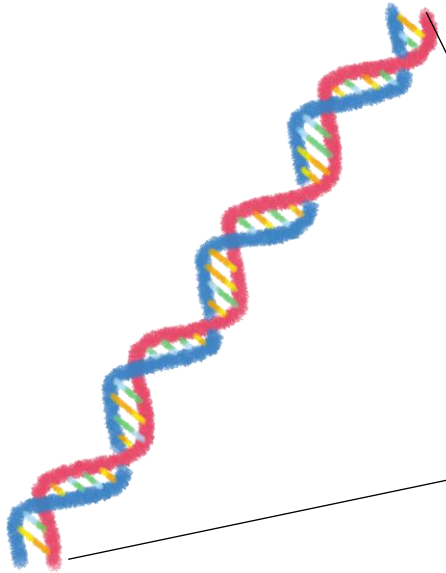
ゲノム情報の解読

参照配列：日本晴



…ATGATGCTCAAGGATCTGGC
CGAAATTCAGCAGCAGCAGCT
GCTCGCCGCCGCCCTGTCGCC
GAGGACGCTGATGGCGACGAA
CAGGTACGTGTGCGAGATCTG
CGGGAAAGGGT…

解析対象の品種



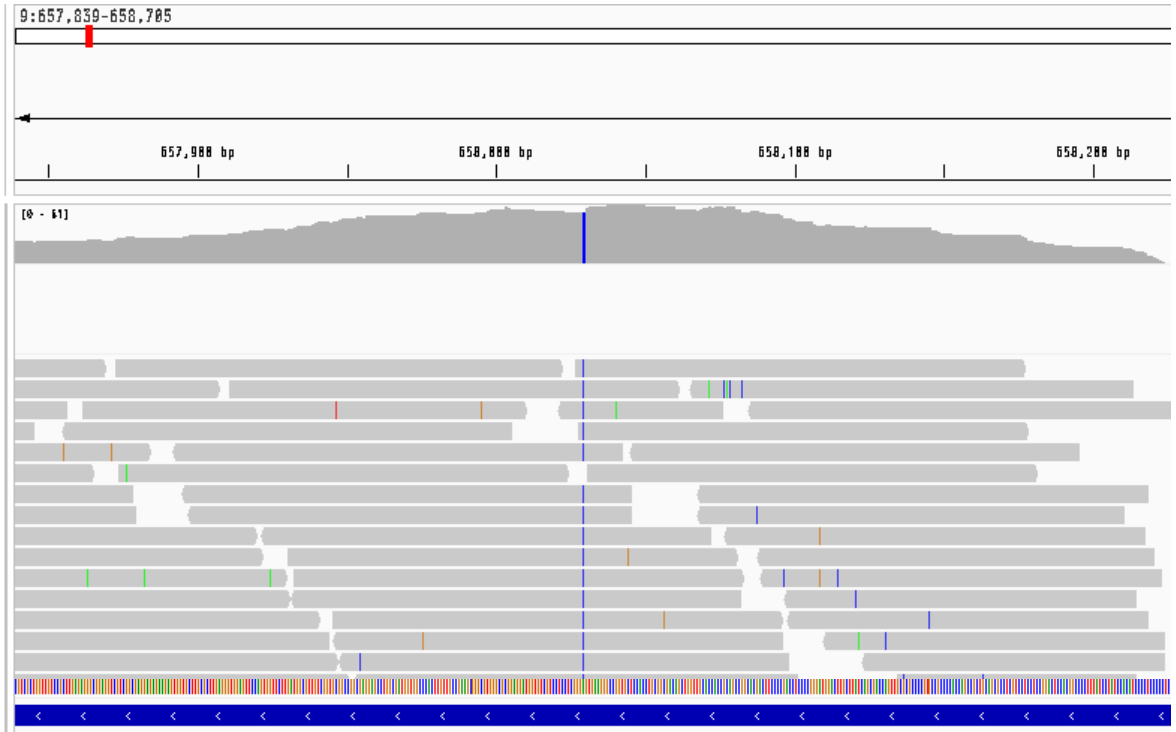
…ATGATGCTCAAGGATCTGGC
CGAAATTC**G**GCAGCAGCAGCT
GCTCGCCGCCGCCCTGTCGCC
GAGGACGCTGATGGCGACGAA
CAGGTACGTGTGCGAGATCTG
CGGGAAAGGGT…

- DNAはATGCの4つの塩基を一定の順番で含む化学物質である
- このATGCの順番を解読することをゲノム解読（DNAシーケンシング）という
- しかし、ATGCの並びがわかっただけでは何もわからない
- **基準となる配列（参照配列、イネでは日本晴のゲノム配列）を比較してどこかどう違うか、を一覧にして比較解析を行う**

ゲノム情報解析

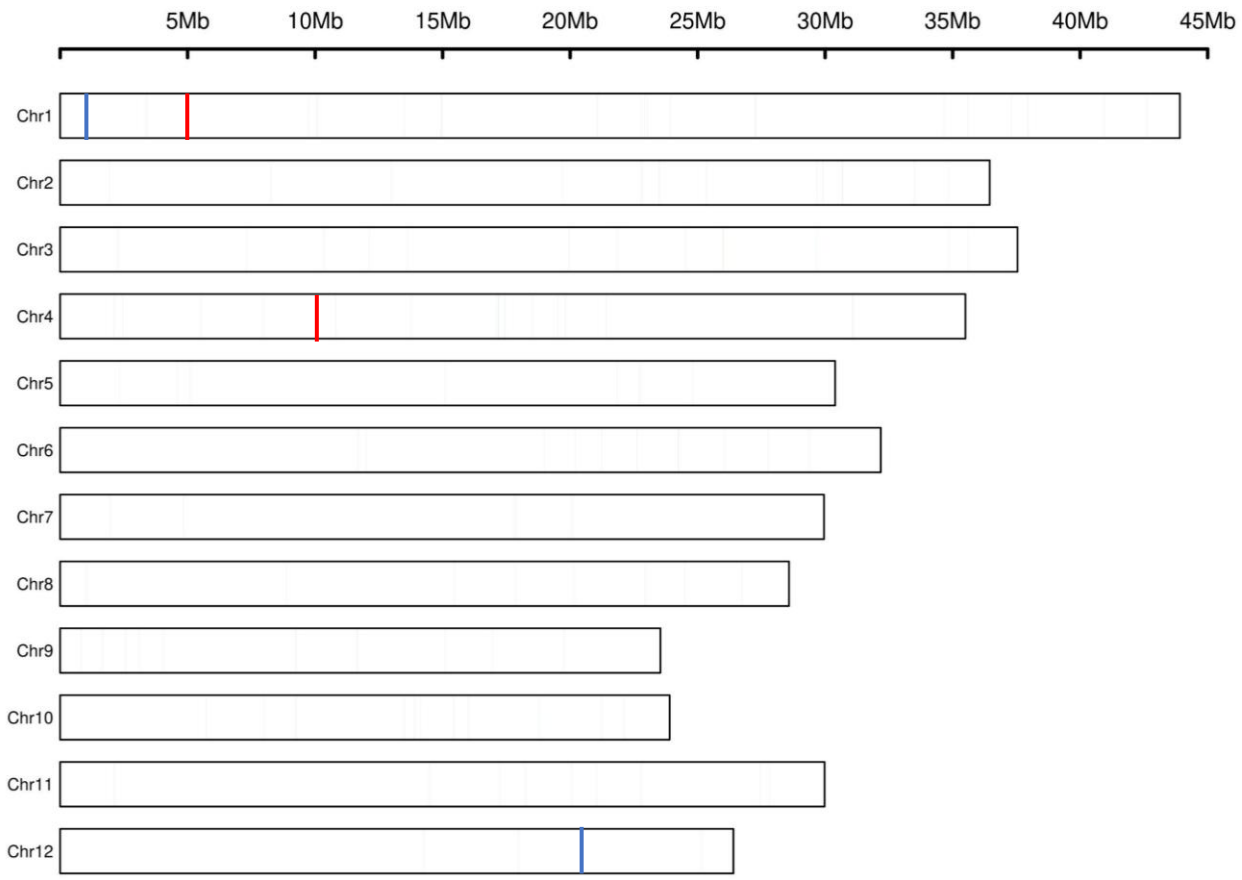
- 基本的にはアウトプットは文字列の情報であり、専門の知識がなければ利用することは難しい
- 図示して表示するプログラムも存在するが、ゲノムの一部のみを表示するプログラムが多く、相違箇所を一目で確認することができない

染色体	位置	参照配列	系統A	系統B
1	10000	A	A	G
1	5000000	C	G	C
1	10000000	G	T	G
・	・	・	・	・
・	・	・	・	・
・	・	・	・	・
12	20000000	T	T	A



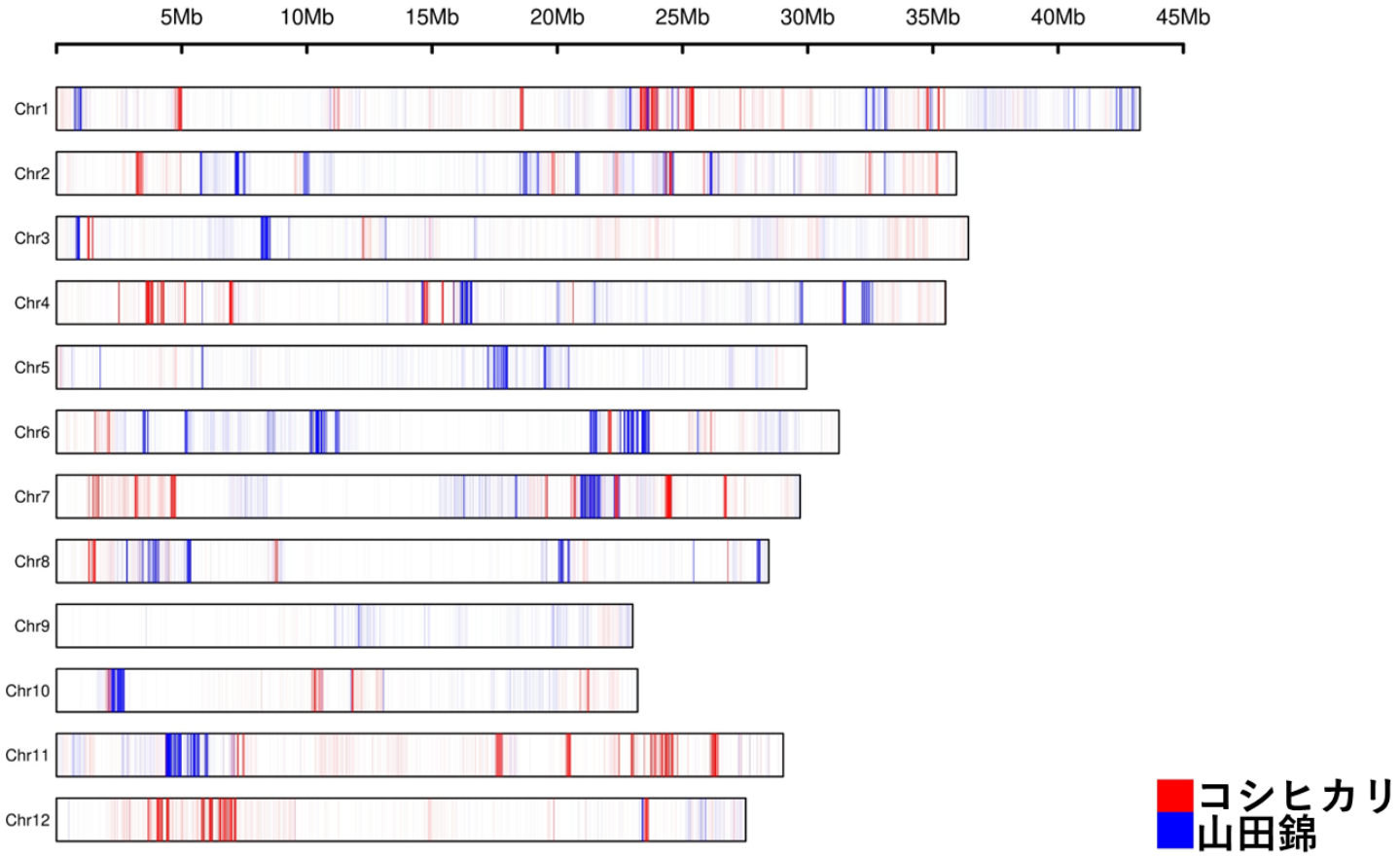
「ゲノム塗り絵」

- **染色体を模した四角を書き、塩基配列に違いがある位置と対応する場所に線を引くプログラム**
  - ゲノムを表す真っ白な四角に色を塗っていくように作成するので「ゲノム塗り絵」
- **参照配列と比較して、Bだけ違う場所は青、Aが違う場所は赤色の線**



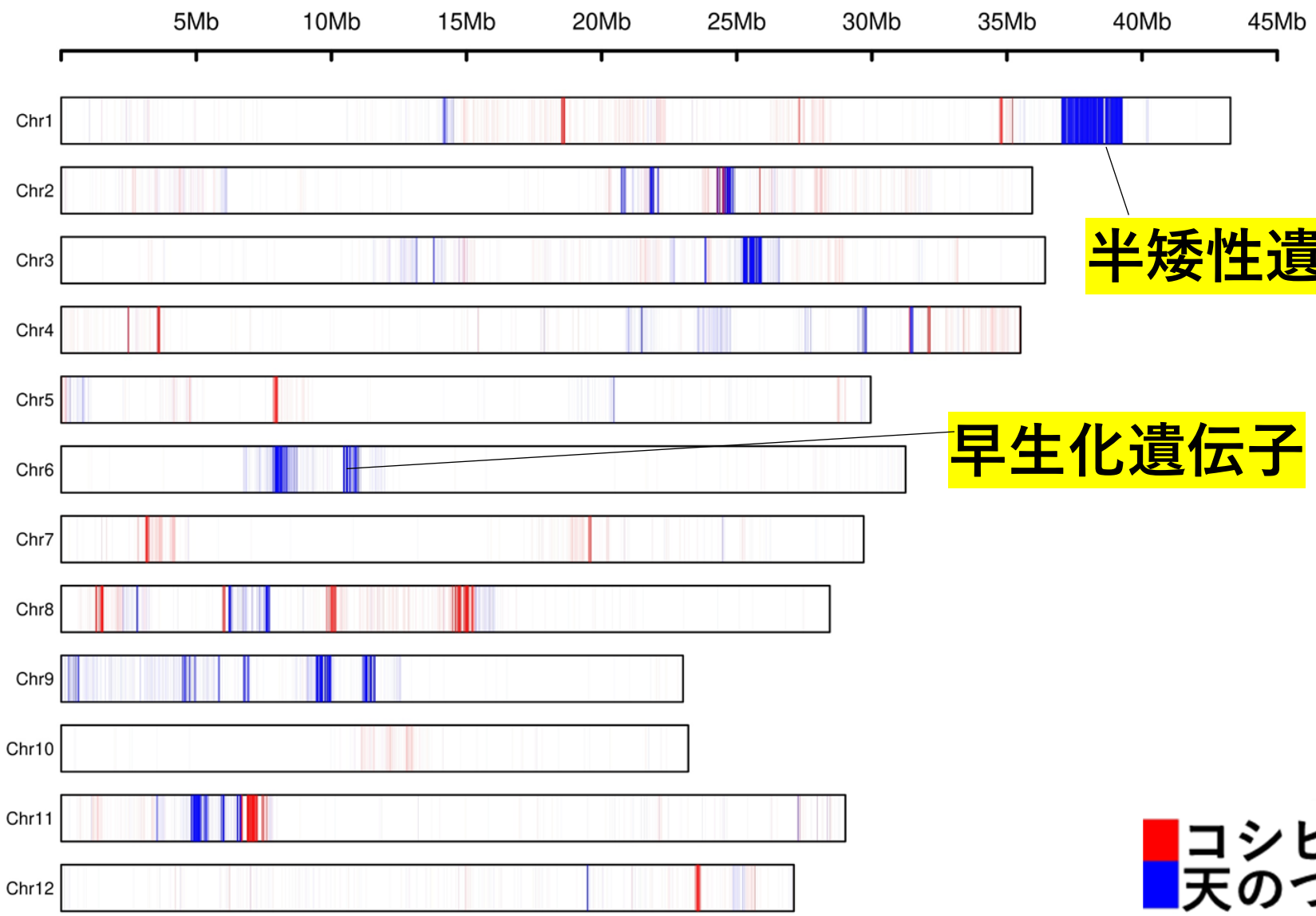
染色体	位置	参照配列	系統A	系統B
1	10000	A	A	G
1	5000000	C	G	C
1	10000000	G	T	G
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
.	.	.	.	.
12	20000000	T	T	A

コシヒカリと山田錦



- 表現型の違いは具体的な数値を含めて周知であるが、「ゲノムの違い」をこれ1枚で説明することができる
- 数百Mb～数Gb程度のテキストファイルを元にしている

コシヒカリと天のつぶ



天のつぶの特徴

- 稈長が「コシヒカリ」より短く倒れにくい品種
- 出穂期は、「コシヒカリ」より5日程度早い

コシヒカリ
天のつぶ

本研究の成果

- 本プログラムにより、一般的に文字列データで表されるゲノム全体の差異を、情報解析の専門家ではない育種現場の方でも直感的に理解できる形で提供できるようになった。これにより、**育種によって置換されたゲノム領域の確認、育種過程のゲノムレベルでの把握、品種間のゲノム的関連性の解析**といった作業が容易になった
- これまで育種家は主に形質から品種の違いを判断していたが、本プログラムを用いることで、**形質調査では気づけなかった染色体上の残存領域**、**品種・系統間のゲノム全体の類似度および相同・相違箇所**といった情報を視覚的に把握できるようになり、今後の育種選抜や品種評価に貢献することが期待される

この研究に主に携わった人達・サポート体制

- **福島大学　食農学類附属発酵醸造研究所**
  - **吉田　英樹　特任講師**
  - **菅波　眞央　特任講師**
  - **松岡　信　特任教授**
- 福井県農業試験場
  - 渡辺脩斗　主事（現：福井県庁）
  - 小林麻子　主任研究員

F-REI
福島国際研究教育機構
Fukushima Institute for Research, Education and Innovation

科研費
KAKENHI

本研究は、

- 科研費　基盤研究（B）
- 福島国際研究教育機構 (F-REI)
- の一部支援を受け、行われました。