

※本報道発表は、令和7年12月3日付で発出した報道発表について、
記載内容の一部をより正確にするため修正したものです。

令和8年1月22日

宇都宮大学発の水稻品種「ゆうだい21」のゲノムを解読！

～優れた食味など特徴的な品種特性の遺伝的基盤が明らかに～

【発表のポイント】

- 長年不明であった「ゆうだい21」の遺伝的基盤が、「コシヒカリ」と外国稲のアウス型イネに由来することを明らかにするとともに、アウス型に由来するイネに「コシヒカリ」の花粉が交配したことで、「ゆうだい21」の元となった水稻が生じたことを明らかにしました。
- 「ゆうだい21」の優れた食味や貯蔵適性、高温栽培でも未熟粒の発生が少ないといった特性には、アウス型イネに由来する1,017遺伝子のいずれかが関連していると考えられます。
- 「ゆうだい21」の優れた特性（日本国内の食味コンテストで高い評価を得ていることなど）を記述として盛り込んでいることから、今後の海外展開を推し進める上で、重要な論文・成果と位置付けられます。

■研究概要

宇都宮大学農学部の池田裕樹准教授らと、かずさDNA研究所の白澤健太博士は共同で、同大が育成した水稻「ゆうだい21」のゲノム解析を行いました。「ゆうだい21」は、同大が2010年に品種登録した水稻品種です。しかし「ゆうだい21」の遺伝的基盤や、その優れた食味に関係する遺伝的な要因などは、未解明でした。そこで本研究では、最新のDNAシーケンサー（注1）を用いて「ゆうだい21」のゲノム解読を行うとともに、解読した「ゆうだい21」のゲノムDNAの塩基配列を、既知の水稻品種のゲノムDNAや、これまで水稻で明らかにされている遺伝子と比較して解析を進めました。その結果、「ゆうだい21」の遺伝背景は「コシヒカリ」で、ゲノムの少なくとも6箇所がアウス型イネ（注2）のゲノムDNA断片に置き換わっていること、アウス型に由来するイネに「コシヒカリ」の花粉が交配したことで、「ゆうだい21」の元となった水稻が生じたことが明らかとなりました。また「ゆうだい21」は37,522個の遺伝子を保有しており、そのうち1,017個で「コシヒカリ」の遺伝子と塩基配列に違いがみられたことから、これらの遺伝子の中に「ゆうだい21」の優れた食味や貯蔵適性、高温栽培でも未熟粒の発生が少ないといった特性に関連するものがあると考えられます。本研究結果は、「ゆうだい21」の育種背景や、近年コンテストで食味が全国的に高く評価されていることなどと合わせて、11月25日（日本時間11月26日）に学術誌「PLOS One」で公開されました。

■研究の背景

同大が育成した水稻「ゆうだい21」（英語名：Udai21／英語商標申請名：Ohkome21）は、1990年に前田忠信同大名誉教授（当時農学部教授）が、農学部附属農場の水田で発見した水稻から

育種し、2010年に品種登録された品種です。「ゆうだい21」は近年、その優れた食味が栽培現場や消費者から高く評価され、毎年多くの品評会で最高賞を受賞するなど高い評価を得ています。一方で食味など、「ゆうだい21」の優れた特性に関する遺伝的要因は未解明でした。そこで本研究では、「ゆうだい21」の遺伝的基盤を明らかにすることで、「ゆうだい21」の特徴である良食味等に関係する遺伝子を明らかにすることなどを目的とし、最新のDNAシーケンサーで「ゆうだい21」のゲノム解読を行いました。

■研究成果

解読した「ゆうだい21」のゲノムDNAの塩基配列と、世界の代表的なイネの品種群との系統解析（注3）を行いました。その結果、「ゆうだい21」の遺伝背景は「コシヒカリ」で、ゲノムDNAの少なくとも6箇所がアウス型イネのゲノムDNA断片に置き換わっていること、アウス型に由来するイネに「コシヒカリ」の花粉が交配したことで、「ゆうだい21」の元となった水稻が生じたことが明らかとなりました。また「ゆうだい21」は37,522個の遺伝子を保有しており、そのうち1,017個で「コシヒカリ」の遺伝子と塩基配列に違いがみられました。これらの遺伝子の中には、草丈などの形態形成、花成や食味などの生理形質、病害性やストレス耐性に関する遺伝子が存在することから、優れた食味や貯蔵適性、高温栽培でも未熟粒の発生が少ないといった「ゆうだい21」の特性には、アウス型イネ由来の1,017遺伝子のいずれかが関係していることが示唆されます。

■今後の展望（研究のインパクトや波及効果など）

本研究により、アウス型に由来するイネに「コシヒカリ」の花粉が交配して、「ゆうだい21」の元となった系統が誕生し、その後、自殖と選抜を繰り返すことで「ゆうだい21」が誕生したことが示唆されました。このように、「ゆうだい21」の遺伝的背景の一端が、最先端のゲノム解析により明らかとなりました。また本論文には、「ゆうだい21」の優れた特性や、日本国内の食味コンテストで高い評価を得ていることなどを盛り込んでいることから、今後の海外展開を推し進める上でも、重要な論文・成果として位置付けられます。

■論文情報

論文名：Genome-wide analysis of Udai21: Unraveling the genetic basis of superior eating quality in rice

雑誌名：PLOS One

著者：Hiroki Ikeda*, Masatsugu Tamura, Takayuki Ohnishi, Kenta Shirasawa*

URL：<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0324304>

■用語説明

注1：DNAの塩基配列を解読する装置。

注2：インドやバングラデシュなど南アジアで古くから栽培されてきたイネの品種群のこと。世界の主流であるジャポニカ型（日本のお米など）やインディカ型（タイ米など）と近い関係にあるが、別の系統として扱われる。代表的な品種に「カサラス」がある。

注3：生物の系統関係を明らかにする解析。

■英文概要

Rice (*Oryza sativa* L.) is a staple for more than half of the world's population, and grain quality strongly influences consumer preference and market value. Udai21, also referred to as Ohkome21, and previously designated as Yudai21, is a Japanese japonica

cultivar noted for excellent eating quality and storage performance, yet its breeding origin and genomic basis remain unclear. Here, we aimed to resolve the genomic composition and likely parental origins of Udai21, and to identify candidate genes related to its distinctive quality traits. We generated a chromosome-scale assembly using PacBio HiFi long reads and assessed within-cultivar uniformity by sampling two breeder-maintained lines. We then profiled population structure using double digest restriction-site associated DNA sequencing together with representative accessions and conducted whole-genome resequencing and organelle genome analysis to trace ancestry, map polymorphisms, and annotate predicted impacts. Udai21 was predominantly japonica but carried introgressed aus-derived segments on chromosomes 1, 2, 3, 6, 7, and 10. Organelle single-nucleotide polymorphisms placed Udai21 with the aus cluster, consistent with an aus maternal origin and a japonica (Koshihikari) paternal contribution. The two maintenance lines showed high genetic uniformity. Among 37,522 predicted genes, we identified 1,017 non-redundant genes harboring high- or moderate-impact variants relative to Koshihikari, including loci previously implicated in grain quality and starch metabolism. These results support a hybrid origin for Udai21 (aus × Koshihikari) and provide a curated genome resource and candidate loci that can enable marker-assisted selection and informed crossing to combine superior eating quality with postharvest stability.

■本件に関する問い合わせ

(研究内容について)

国立大学法人 宇都宮大学 学術院（農学部） 准教授 池田 裕樹
TEL : 0285-84-2426 FAX : 0285-84-2425 E-mail : h.ikedai@a.utsunomiya-u.ac.jp

公益財団法人 かずさ DNA 研究所 先端研究開発部 植物ゲノム生物学的研究室 室長 白澤 健太
TEL : 0438-52-3935 FAX : 0438-52-3934 E-mail : shirasaw@kazusa.or.jp

(報道対応)

国立大学法人 宇都宮大学 企画総務部企画総務課 広報・渉外係
TEL : 028-649-5201 FAX : 028-649-5027 E-mail : kkouhou@a.utsunomiya-u.ac.jp