

集団ゲノム解析によるアズキの日本起源説の遺伝学的証明

農研機構遺伝資源研究センター 内藤 健

栽培アズキの起源は縄文時代の日本列島である。

イネを含むほとんどの作物は、弥生時代以降に大陸から伝播したもので、30年前まではアズキもそういった作物の一つだとする説が主流であった。しかしながら、近年の発掘調査によって、縄文時代の遺跡から多数のアズキ種子（土器に残された圧痕も含む）が出土し、縄文人にとってアズキが主要な食料の一つであったことは疑う余地がなくなった。だが、そのアズキは縄文人が自然に生えている祖先種を採集していただけなのか、それとも栽培・収穫を繰り返し、それによって何らかの人為選抜—栽培化—が始まっていたのか。その問いを明らかにすべく、筆者は世界各地から集められたアズキのゲノム解析を実施した。その結果、栽培アズキの起源は縄文時代の日本列島にあることが明らかとなったのである。

● 1 ヤブツルアズキと栽培アズキ ●

1.1 植物の栽培化における三大形質

現代の我々が食べている作物は、もともとは野生の植物だった。野生植物は自然環境で生き延びるための形質を進化させているが、それらの多くは栽培には都合が悪い。これらの不都合な特徴を除き、栽培・収穫・食用に適した変異をもつものが選抜される過程を「栽培化」という。一般に、栽培化で生じた重要な変化は3つあり、それぞれ「種子の休眠性の消失」、「脱粒性の消失」、および「可食部の大型化」が挙げられる。

種子の休眠性の消失 野生植物の種子は簡単には発芽しない。多くの種子は休眠したまま数年間過ごす上に、休眠から覚めるタイミングにもばらつきがある。秋に実った種子が、晩秋や冬の雨で発芽してしまうわけにはいかない。冬の寒さに殺されてしまうからだ。また、春に発芽しても、その後に干ばつが起きれば全滅することもある。そのような場合でも、土中に休眠したままの種子が存在すれば絶滅は免れる。休眠によって発芽のタイミングにバリエーションを持たせることは、リスクの分散になるのである。

しかしながら、農家の立場からすれば、蒔いた種子が発芽しないのは悪夢

でしかない。したがって、種子の休眠が失われるか、残っていたとしても翌年の春までに休眠が完了するようなものが選抜されてきた。この際、ヒトは意図して発芽しやすいものを選抜したわけではないと考えられている。春に種子を蒔いたとして、ヒトが栽培するのはそこから発芽したものだけである。休眠したままの種子は存在しないも同然だ。そして栽培した植物にできた種子を収穫し、翌年に再び蒔く。このサイクルを繰り返していれば、特に意図しないうちに種子の休眠性を失ったものばかりが選抜されることになる。これが栽培化で起きた最初の変化だと考えられている。

脱粒性の消失 発芽した種子は土に根を張らない限り生きていけないため、穂の上や莢の中に形成された種子は地面にばら撒かれなければならない。したがって、多くの植物は種子の付根に離層を形成する、あるいは果実を裂開させるなど、種子を散布するための特徴を進化の過程で獲得してきた。

しかしながら、せっかく実った種子や果実が地面にばら撒かれてしまうと収穫は困難になる。したがって、離層が形成されなくなったものや裂開性が失われたものが栽培化の過程で選抜されてきた。登熟した種子や果実が植物体上に残っていれば、容易に収穫できるからだ。

可食部の大型化 多くの野生植物は「小型」の種子を「大量」に生産する。光合成で獲得できる光エネルギーには上限があるため、植物が生産する種子の大きさと数の間には負の相関がある。多くの場合は数に頼る方が、絶滅を防ぐ有効な戦略として機能するようである。

しかし、小さな種子を大量に生産する植物よりは、大型の種子を少数生産する植物の方が収穫の労力は少なく済む。また、果実類や葉菜類の場合も、大型化したものの方が食べやすい。したがって、野生植物に比べ、可食部が大型化したものが選抜され、作物となっている。

1.2 ヤブツルアズキと栽培アズキの違い



写真1 ヤブツルアズキ(左)と栽培アズキ(右) (撮影: 高橋有)

栽培化に伴う形質の劇的な変化は、アズキでも見られる(写真1)。まず、種子の大きさと色が違う。ヤブツルアズキの種子は1つ約30mg(種子長約3~4mm)なのに対し、栽培アズキでは約80mg(6~8mm)と倍以上

になっている。大粒品種として有名な大納言系の品種だと、さらに大きく150mg（約9～10mm）を超えるものもある。また、ヤブツルアズキの種子の色（厳密には種皮色）はカフェオレのような淡褐色の地に、黒色の斑点模様が入るのに対し、栽培アズキでは地色が赤く（文字通りのアズキ色に）なり、黒色の斑点は消失している。この色の変化で見た目が良くなったわけだが、より重要なのは種皮の透水性の変化だ。ヤブツルアズキの種皮は水を通さないのので、種まきをして水をやっても簡単には発芽してくれない。一方、赤くなったアズキの種皮はヤブツルアズキに比べれば水を通しやすいので、アズキの種子に水をやれば吸水して発芽する（Chien et al. 2025, Wen et al. 2025）。先に種子の休眠性について触れたが、アズキの場合発芽しやすいものを栽培しているうちに、気付いたら赤くなっていた、というのが栽培化の最初のステップだったと思われる。もちろん、時代が進むにつれて赤い色それ自体に文化的な価値が見出されるようになったというのも間違いのない事実だが。また、ヤブツルアズキの莢は登熟が進むと勢いよく裂開し、中の種子を最大10mくらい弾き飛ばす（裂莢性という）。一方、栽培アズキでは莢は登熟しても裂開せず、種子が弾き飛ばされることもない。また、ヤブツルアズキが蔓性で他の植物に巻き付いて生長するのに対し、栽培アズキは立木性で自立する。さらに、ヤブツルアズキは無限伸育性といって、開花・結実が始まって茎の生長が止まることはなく、生育に適した環境が続く限りいつまでも種子を生産し続ける。一方、栽培アズキは有限伸育性で、ある段階で茎の生長は止まる。単純に収穫できる種子の量だけを比較すると無限伸育性の方が遙

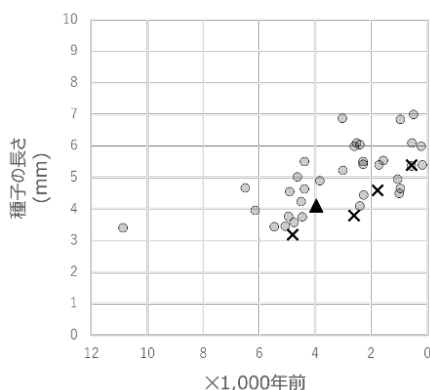


図1 遺跡から出土したアズキの炭化種子の年代(x軸)および大きさ(y軸)。日本(●)、中国(▲)および韓国(×)

かに多くなるが、そんなものを畑に植えると文字通り足の踏み場がなくなってしまう、栽培管理に多大な労力を要する。一方、立木性で有限伸育性の植物は、畑で栽培する上で非常に管理しやすい。

以上のように、元はヤブツルアズキだった植物が、人為的な選抜によって現在のような栽培アズキへと変化したのである。

1.3 縄文遺跡とアズキ

アズキも他の作物と同様、大陸から伝来したものと信じられてきた。50年前の文献には、「起源も祖先種も不明だが、アズキは中国起源で3世紀以降に朝鮮半島から日本に伝わってきたのであろう」と書かれている（農業技術大系作物編第6巻）。祖先種がヤブツルアズキであることさえ、最近まで分かっていなかったのだ。日本の豆類を紹介した星川清親氏も、アズキは中国起源のものが縄文末期に日本へ伝来したと繰り返し述べている（1984,1999）。

しかし、時代とともに考古学研究が進んで様々な説が提唱されてきた。まず、黄河流域の遺跡から約4,000年前のアズキの種子が発掘され、しかもそれがヤブツルアズキの種子（種子長約3mm）に比べてやや大きかった（約4mm）ことから、これぞ栽培化過程における最初期のアズキだとされた（Lee,2012）。また、旧石器時代（13,500～8,500年前）の石器からアズキ由来のものとされるデンプン顆粒が発見されたりもしている。さらに最近では、やはり黄河流域の遺跡から約9,000年前のアズキ種子が発掘された（Chen et al.2025）。これらの証拠をもとに、アズキの起源は中国だとする説は未だに根強く残っている。

しかしながら、中国における先史時代の遺跡におけるアズキ種子の出土例は意外にも少ないのである。しかも、旧石器時代のアズキのものとされるデンプン顆粒は、形態のみからは属レベル以上の分類は不可能であるため、それが確実にアズキのものと言える根拠はない。一方、同じマメ科でもダイズの種子は中国全土の遺跡から多数発掘されていることから、先史時代の中国では、アズキはさほど利用されていなかったと考えられる。

一方、朝鮮半島ではアズキ利用の最も古い記録は4,800年前の遺跡から出土した炭化種子だ。この炭化種子の大きさはヤブツルアズキと同等で、大型化は見られない。次に古い記録は約2,600年前の遺跡で、ここから出土した炭化種子の長さは約3.5mmで、わずかに大型化が見られる。さらに時代が進んだ約1,700年前の遺跡から出土した炭化種子は、4.3mmとなり、明らかに大型化が進んでいる。

では、日本列島の事例はどうであろうか。1990年以降、縄文時代の遺跡の発掘が精力的に行われた結果、アズキの種子は多数見つかったのである。まず、アズキの炭化種子が出土した遺跡は、3,000年以上前のもの限定しても実に16を数える。最古の記録は約1万年前の粟津湖底遺跡で見つかった炭

化種子で、その種子長が3.4mmでヤブツルアズキが示す個体差の範囲に留まる（南木と中川,2000）。しかし、約6,000～4,000年前の北関東～中部高地に散在する遺跡からは、種子長4.5mmを超える大型種子が多数見つかっており、最大のもは5.5mmに達する（那須 2018）。さらに3,000年前以降の遺跡からは年代の進行とともに大型化がより進む傾向が見て取れる（図1）。

これらの証拠から、日本では、アズキは縄文時代から主要な食料として重要な役割を果たしてきたと考えられる。また、大陸よりも日本列島で種子の大型化が先行していたことも間違いないだろう。中国でも4,000年前には大型化していたと考えられるが、同時代の日本ではそれよりもさらに大きなアズキが利用されていたのである。

一方で、種子の大型化が栽培化という人為選抜によって引き起こされたものと言い切れる根拠はない。種子の大きさは環境条件に左右されやすく、夜間の低温などで登熟がゆっくり進む地域では種子が大粒になりやすい。和菓子業界で北海道のアズキが重宝される理由でもある。縄文後期の日本でアズキが大型化したのは、単にその時代のその地域の気候が涼しただけかも知れないのだ。

したがって、本当に縄文時代の日本でアズキの栽培化が始まっていたのかどうかを解明するには、DNAを使った遺伝学的な解析が最後の鍵を握るのである。

● 2 アズキのゲノム解読 ●

アズキの起源にDNA解析で迫るには、大前提としてまず基準となる全ゲノム配列が繋がっている必要がある。現代の日本人が、弥生人の血に若干の縄文人の血が混ざったものと言えるのは、多数の現代日本人および遺跡から出土した古代人骨のゲノム配列を比較した結果だが、それができたのは何よりも基準となるヒトゲノム配列が解読・公開されていたからである。しかしマウスなどの実験モデル生物ならばともかく、アズキのようなマイナーな作物を対象に大規模なゲノム解析を実施するには、何よりもまずアズキの基準ゲノム配列を自ら解読するところから始めなければならない。

2.1 DNAシーケンス技術の進歩

一昔前までは、ゲノム解読とは国家的な研究プロジェクトであった。ヒト

ゲノム計画には14年の歳月と30億ドル（＝3,000億～4,800億円）の予算が、イネゲノム計画には15年・500億円が費やされた。それが、現在ならヒトゲノムを解読するのに必要な費用は35万円、期間も3週間で足りるだろう。コストは100万分の1に、スピードは200倍である。

21世紀に入ってから、DNAのシーケンシング技術にはすでに2度の革新的なブレイクスルーがあった。1度目は、次世代シーケンサーの登場である。1台のシーケンサーを1回稼働させれば、ヒトゲノム（3Gbp＝30億塩基対）数十人分にも相当する大量のシーケンスデータを読み出せるのだ（ちなみに、最初期のDNAシーケンサーは1回の稼働で700塩基対しか読めない）。無論、1回の稼働には百万円単位の費用は掛かるが、何千億円も掛けてようやくヒト1人分の全ゲノム配列を解読した時代に比べれば、遥かに低コストである。

しかし、欠点もある。次世代シーケンサーが一続きで読み出せるDNA配列が短いのである。これは、すでに基準となるゲノム配列が存在していて、私のゲノム配列やあなたのゲノム配列が基準ゲノムとどう違うか、を調査する上では大きな問題にはならない。しかし、ある生物のゲノム配列を新たに解読しようとするなら、話は別だ。理由は、ゲノム解読のプロセスが、以下のようなものだからだ。

- ① ゲノムDNAを切断し、断片化する。
- ② 断片化されたDNAの配列を大量に読む。
- ③ 読まれた個々のDNA配列の重なり合いをのりしろにして、繋ぎ合わせる。

つまり、一つひとつのDNA配列が短くなればなるほど、のりしろが短くなってしまふのだ。生物のゲノムには似たような塩基配列が繰り返し何度も登場する領域が少なからずある。したがって、読み出せるDNA配列がそのような繰り返し配列よりも短いと、その部分を繋ぐことは原理的に不可能となるのである。例えば、「おむすびコロリンすつとんとんコロリンコロリンすつとんとん」という文字列がゲノム配列だったとして、これを「おむす」、「むすび」、「すびこ」…のように3文字ずつしか読み出せないシーケンサーを使うと、「コロリン」や「すつとんとん」のところで繋ぎ合わせが一通りに決まらず、詰んでしまうわけだ。

この問題を解決してくれる2度目のブレイクスルーを起こしたのが、第3世代シーケンサー、またの名をロングリードシーケンサーという代物である。上の例を使えば、3文字ずつしか読めなかったものが、15文字ずつ読めるよう

になったようなものである（実際には、次世代シーケンサーでは100～150塩基対ずつだったものが、ロングリードシーケンサーでは数万～数十万塩基に伸びた）。この2度目の技術革命により、新規のゲノム解読の難易度は飛躍的に下がったのである。

2.2 アズキゲノムの新規解読

ロングリードシーケンサーを使うと約500億塩基対から成るアズキゲノムも2年で解読することができた（Sakai et al., 2015、Chen et al., 2025）。11本の染色体も全て再構築され、全部で約3万個ある遺伝子についてもほぼ欠落なく予測することができた。ちなみに、我々が基準品種として選んだのは‘しゅまり’という品種である。品種名ではピンと来ないかも知れないが、餡にすると独特の紫色を帯びた色になるため、この品種で餡を作ることにこだわる和菓子職人も少なくないのだ。

2.3 世界中のアズキコレクション

アズキの栽培や消費は案外広い。中国・韓国のほか、東南アジアやネパール・ブータンでも栽培・利用されている。祖先種であるヤブツルアズキの分布域もこれらの地域と重なっている（それゆえ分布域のみからアズキの栽培化起源を推定することは困難であった）。これら世界各地の栽培アズキとヤブツルアズキのゲノム配列を比較し、栽培アズキに最も近縁なヤブツルアズキが生えている地域を明らかにすることができれば、そしてそれが日本列島であれば、考古学からの要請に見合った文句なしの成果となる。

しかしそのような解析を実施するには、世界各地のアズキサンプルを入手しなくてはならない。それは一朝一夕にはとてもできない仕事だが、筆者が勤めている農研機構の農業生物ジェンバンクにはすでにコレクションがあった。私の元上司である友岡憲彦博士が、25年以上の歳月をかけて3,000点を超えるアズキやその近縁種を探索・収集してくれていたのだ（友岡博士や私が探索・収集した植物の一つ一つは採取地のGIS情報やその他諸々の情報とともに公開されており、誰でもデータベースから検索して配布依頼をすることが可能だ）。この膨大なコレクションから、栽培地域や自生地をまんべんなくカバーできるように300系統（栽培アズキ200、ヤブツルアズキ100）を選び出すというところから、このプロジェクトは始まったのだった。

● 3 ゲノム配列で分かる系統関係

サンプルの選び出しが終わったら、次はDNAの抽出である。小さなポットに土を詰めてそこに種子を蒔き、発芽させ、出てきた葉からDNAを取る。DNAが取れたら、次世代シーケンサーを使ってサンプルごとにDNAの塩基配列データを取り、それを基準配列である‘しゅまり’のゲノム配列と比較して、5億塩基対のうちの何塩基目に変異があるのかを網羅的にチェックする。今回は300サンプルなので、この操作を300回繰り返すのである。

3.1 核ゲノムから見える系統関係

ゲノム配列の似た者同士をグルーピングする解析手法を使うと、栽培アズキ（以下アズキと略）とヤブツルアズキがそれぞれ地域別にグループ分けされた。ヤブツルアズキは、「ヒマラヤ集団」「東南アジア集団」「中国集団」「日本集団」の4つ。栽培アズキは、「日本」「中国北部」「中国南部」の3つ。これら合計7つの集団の関係を系統樹で表すと、図2のようになった。

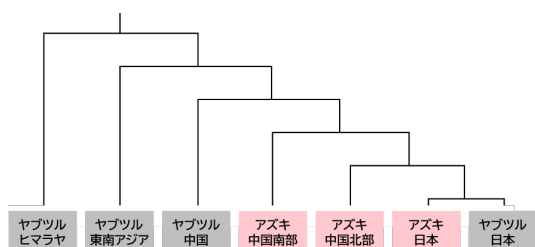


図2 アズキとヤブツルアズキの各地域集団の系統関係を核ゲノム配列から推定した系統樹

ヤブツルアズキはヒマラヤで生まれ、東へと分布を広げていったので、ヒマラヤの集団が系統樹のいちばん根本のところで分岐している。次に分岐するのが東南アジア、そして中国へと集団が分岐していったこと

が分かる。ここまではよい。そして中国のヤブツルアズキから最初に分岐したのは、何と中国南部の栽培アズキであった。つづいて中国北部の栽培アズキ、そして日本の栽培アズキが分岐している。これは圧倒的にアズキの中国起源説を支持する系統樹である。この図を見て日本起源説を信じる人はいないだろうと言っても過言ではないほどだ。

しかしながら、この系統樹、最後の分岐が誠に怪しいのである。最後の分岐点で、日本のアズキと日本のヤブツルアズキの間で起きたことになっている。これを素直に解釈すれば、日本のヤブツルアズキは、中国で栽培化されたアズキが日本に運ばれてきたあと、再び野生に戻って雑草化したものだと

いうことになる。つまり、栽培アズキが生まれるよりも前の時代には、日本にヤブツルアズキは存在しなかったということになる。しかし、日本の古い遺跡や地層からヤブツルアズキの種子が見つかった以上、この解釈は成り立たない。

したがって、この系統樹そのものを疑わなければいけない。そもそも、ゲノムデータを使って再現された系統関係というのは往々にして正しくない。仮に中国の栽培アズキが日本のアズキと中国のヤブツルアズキとの交雑で生まれた雑種集団だったとしよう。そうすると、DNA配列に基づく系統関係では、中国のアズキは中国のヤブツルアズキと日本のアズキの間に位置付けられてしまうのである。最後に生まれたはずの雑種が、系統関係上は片親よりも上に位置付けられてしまうというのがこの解析手法のバグなのである。

3.2 葉緑体から見た系統関係

細胞の中でDNAが含まれているのは核だけではない。核はあるがミトコンドリアや葉緑体をもたない、つまり酸素呼吸も光合成もできない単細胞生物に、好気性（酸素呼吸できる）バクテリアが共生してミトコンドリアとなり、さらに光合成ができるラン藻類のようなバクテリアが共生して葉緑体となった。ミトコンドリアも葉緑体も、もともとはバクテリアだったから今でもDNAを持っているのである。

そしてミトコンドリアや葉緑体は、母（卵細胞）から子に100%伝わるのだ。父親、つまり精子や花粉の細胞中に含まれていたミトコンドリアや葉緑体は受精直後に分解され、子供には伝わらない。何のためにそんなことになるのか全く分からないが、有性生殖を行う生物のほとんどで共通するシステムとなっている。無論例外はあるが、話が広がり過ぎるのでここで触れるのはやめておこう。

このミトコンドリアや葉緑体が示す遺伝様式を「母性遺伝」というのだが、母性遺伝の最大の特徴は、交雑によって雑種が生まれても、これらのゲノムは混ざらない、ということだ。核のゲノムは、父親と母親から半分ずつ受け継がれるので、交雑が起こる度に混ざってしまう。一方葉緑体のゲノムは、雑種かどうかに関係なく、母親の葉緑体ゲノムを丸ごとコピーしたものが受け継がれる。この特徴を使えば、雑種の疑いがある系統についても、正しく系統関係を推定できることになるのだ。もちろん葉緑体ゲノムを使った解析

には弱点もあって、それは核ゲノム5億塩基に対して、葉緑体ゲノムは15万塩基と非常に小さいこと。小さいということは、情報量が少ないということだ。ゆえに、系統関係を明らかにするのに必要なだけの変異が見つからないこともある。

ただ、葉緑体DNAのデータなら、あらためて取る必要はない。なぜなら、すでに取得したゲノムデータの中に、葉緑体ゲノムのシーケンスデータも含まれているからである（サンプルからDNAを抽出すると、核ゲノムのDNAといっしょに葉緑体ゲノムのDNAも取れてしまうのだ）。というわけで、葉緑体ゲノムの系統解析をやってみた結果が、図3だ。

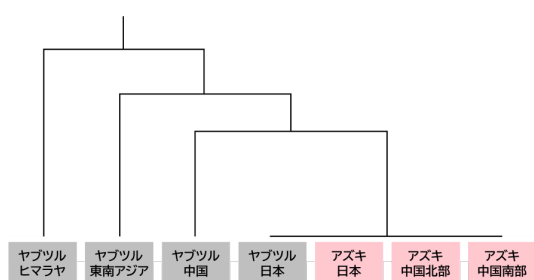


図3 葉緑体ゲノムに基づいて作成された系統樹。世界中のアズキが日本のヤブツルアズキと同じ型の葉緑体ゲノムを持っていることに

葉緑体ゲノムに見つかった変異だけでは、日本のアズキと中国のアズキは全く同じということになってしまった。が、それだけではなかった。何とこの地球上の全ての栽培アズキが、日本のヤブツルアズキと全く同じ葉緑体ゲノムを持って

いるということが判明したのだ。

順を追って説明しよう。まず、ヒトが集落の中でアズキを栽培していたとして、かつ集落の周囲にはヤブツルアズキが生えていたとしよう。アズキの花粉はハチやチョウに運ばれるので、集落の内と外を虫が行き交えば当然雑種ができてしまう。が、葉緑体は母性遺伝するので、ヤブツルアズキの雌しべにアズキの花粉が掛かってできた雑種はヤブツルアズキの葉緑体を受け継ぐし、アズキの雌しべにヤブツルアズキの花粉が掛かれば、アズキの葉緑体を受け継いだ雑種ができる。そしてここが重要なポイントだが、ヒトが収穫するのは、飽くまでも自分が育てたアズキにできた種子であって、集落の外で勝手に育っているヤブツルアズキにできた種子ではない。つまり収穫する種子の母親は全てアズキなのであるから、どんなにヤブツルアズキの花粉が畑に運ばれてきたとしても、収穫した種子の葉緑体はアズキのままだ。そして翌年にはその収穫した種子を蒔くのだから、畑で育つアズキは全て前年のアズキと同じ葉緑体を受け継いでいる。

だから、同じ土地で繰り返しアズキを栽培しても、葉緑体ゲノムは変わらない。新たな土地へ引っ越すことになっても、それまで栽培していたアズキを持っていくのだから同じことだ。核のゲノムには引っ越し先の周辺に生えているヤブツルアズキのゲノムが混ざってくるが、やはり葉緑体ゲノムは変わらない。ヒトの移動や交易によってアズキの栽培地域が広がっていったとしても、やはり葉緑体は変わらない。結局のところ栽培アズキの葉緑体ゲノムは、最初に栽培され始めたファーストアズキからずっと維持され続けているということになる。

そして現在の栽培アズキの葉緑体が、日本のアズキだけじゃなく、中国のアズキも、はてはネパールやブータンで栽培されているアズキまで、例外なく、日本のヤブツルアズキと同型なのである。これはつまり、ファーストアズキは日本のヤブツルアズキから生まれたという可能性を強く示唆する結果なのである。

この結果を見たとき、筆者はアズキが日本起源であることを確信したのだった。仮にアズキが中国起源だったとしたら、栽培アズキの葉緑体ゲノムは、中国のヤブツルアズキと同じ型にならなければおかしいわけだから。

3.3 中国アズキの起源

葉緑体ゲノムの系統樹からはアズキの栽培化が日本で始まったように見えたわけだが、それだけで決定的な証拠とは言えない。日本のヤブツルアズキと同じ型の葉緑体ゲノムを持ったヤブツルアズキが中国にいないとは言い切れないからだ。もし中国にそのような葉緑体ゲノムを持つヤブツルアズキが存在した場合、そのヤブツルアズキから中国のアズキが生まれ、それが日本に入ってきた、というシナリオだってあり得る。

一方で、本当に栽培アズキが日本起源だったとしたら、中国の栽培アズキは日本の栽培アズキに中国のヤブツルアズキが交雑した雑種だということになる。だからこそ、図2の系統樹では中国の栽培アズキが日本の栽培アズキよりも野生種に近いところに位置づけられたのだ。したがって、栽培アズキの日本起源説を証明するには、中国アズキの核ゲノムに、日本アズキのゲノムと中国ヤブツルアズキのゲノムの両方の要素が混ざっていることを明らかにしてやればよい。

中国アズキのゲノムを詳細に調べてみると、日本の栽培アズキ由来の割合

が75%、中国のヤブツルアズキの割合が25%だった。中国栽培アズキは間違いなく雑種であることが証明されたのである。

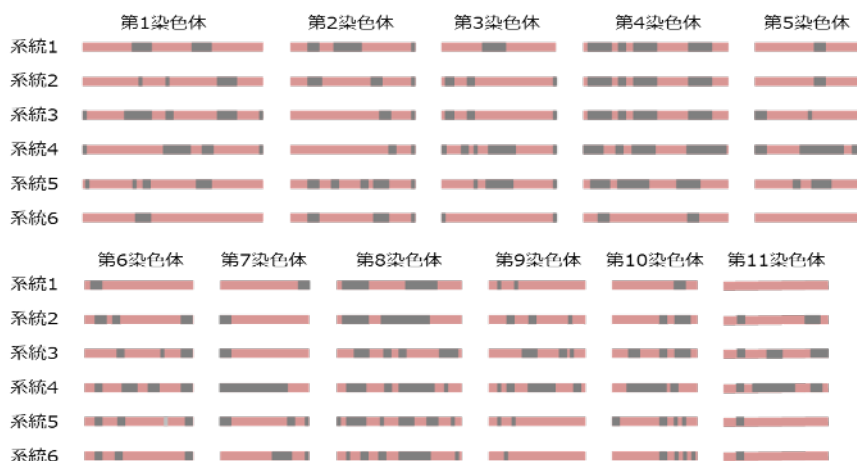


図4 中国アズキのゲノム構成。薄紅色は日本の栽培アズキ型、灰色は中国のヤブツルアズキ型を表す。ゲノムの主要部分は日本の栽培アズキに由来するところが多いが、部分的に中国のヤブツルアズキ型に置き換わっている。これは交雑が起こったときに、それぞれの親から由来する染色体間で相同組換えが起きて、部分的に染色体が交換されたことを示す。つまり、このような構成こそが、中国のアズキが日本の栽培アズキに中国のヤブツルアズキが交雑してできた雑種であることを示す動かぬ証拠になるのだ

3.4 交雑を前提とした系統関係

集団間の交雑があると系統樹が乱されてしまう、ということは系統解析の専門家の間ではもはや常識となっており、現在はそれを考慮にいれた系統解析手法がいくつも開発されている。中国アズキが雑種集団であることが明らかとなった今、我々もその新手法を用いて改めて解析を行ったのである。その結果が、図5だ。

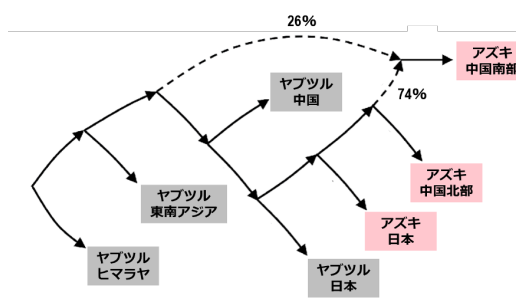


図5 交雑が1回起きたことを前提にして集団間の系統関係を明らかにしたもの。％は中国南部のアズキのゲノムを構成する祖先ゲノムの割合

の結果が、図5だ。

この図を見れば、ヤブツルアズキがヒマラヤ⇒東南アジア⇒中国⇒日本の順に分岐した後、日本のヤブツルから日本のアズキが分岐している。すなわち、日本のヤブツルアズキから最初の栽培アズキが誕生したの

だ。その後、日本の栽培アズキから中国の栽培アズキが分岐し、それが大陸側のヤブツルと交配して中国南部の栽培アズキとなった。やはり中国のアズキは最後に分化した集団だったのである。

これで、結論が出た。アズキは日本で生まれ、大陸へと広がった作物なのである。さらに、詳細は割愛するが、アズキがヤブツルアズキから分岐したのは日本の中でも関東～福島県のあたりであり、時期も約3,500～5,000年前の縄文中～後期ということもゲノムデータから推定された。これらの推定結果は、考古学研究によって提唱されていた地域と時期と見事に一致したのである。

したがって、日本人にとってアズキとはイネよりも付き合いの長い作物なのである。稲作が大陸から日本へ伝播したのは3,000年前で、それこそが弥生時代の始まりと定義されるからだ。したがって、日本ではコメよりも先にアズキが栽培され、食べられていたということになるのだ。これは新たな常識として、日本人に広く知れ渡って欲しいところである。

● 4 ヤブツルアズキからアズキが成立した過程 ●

集団ゲノム解析は近年次々と新しい手法が開発されており、それらを使うと人為選抜の対象となった突然変異の発生時期や選択圧の強さ（短期間に一気に選抜されたのか、長い時間を掛けてゆっくりと選抜されていったのか）を推定することもできる。解析の対象としては、1遺伝子の変異で決まる形質が望ましい。アズキの場合は、種皮色や裂莢性の変異だ。

4.1 赤い種皮——ANR1

アズキといえば赤である。冒頭でも述べたが、祖先種であるヤブツルアズキの種皮はカフェオレのような淡褐色で、その上に無数の黒斑が形成されて黒っぽく見えるのだった。この地色が赤くなり、黒斑が形成されなくなったことで現在のような赤いアズキとなったのである。したがって赤いアズキが誕生するには地色の変化と黒斑消失の2つの変異が必要となるが、ここではまず地色が赤くなった変異について述べる。恐らくこれこそが栽培化の最初に起きた変異だからだ。

アズキの種皮が赤くなったのは、アントシアニンレダクターゼ（ANR1）という遺伝子に変異が起きたためである。変異としてはたった1塩基の変異だ

が、これによって遺伝子は機能しなくなり、カテキンやタンニンといった茶色い物質を合成する経路が途中で止まってしまうのである。中途産物それ自体は無色透明なのだが、これが酸化されると赤くなるのだ。

では、この赤色の変異がいつ起きて、そして赤色の変異をもつアズキの割合が時間とともにどう推移したのか。それを表したのが図6だ。

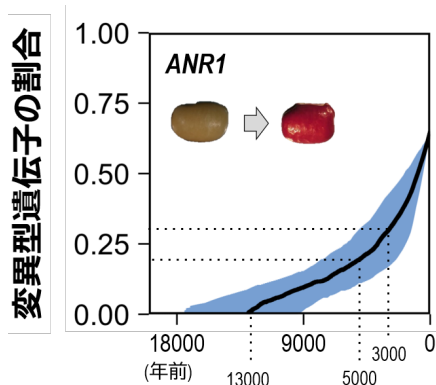


図6 アズキ全体における欠失型ANR1の割合の変遷

図6からは、赤い変異は約13,000年前（18,000～9,000年前）に生じ、その後右肩上がりに増え続けたと推定される。しかし、実際に1万年以上前から縄文人がアズキの栽培を始めていたとして、最初から赤い色のアズキを選抜したのだろうか。

実は、ANR1遺伝子が機能を失うと、種皮が赤くなるだけでなく、種皮が水を通すようになってしまうのである。種皮の透水性は、冒頭で述べた

種子の休眠性に関わる性質である。ヤブツルアズキの種皮が水を通さないのは、秋に実ったあとの降雨で冬の間に芽吹いてしまわないようにするためだ。しかしヒトが栽培を始めれば、播種後に発芽した個体を栽培・収穫するため、必然的に透水性の高いものが選抜されていくことになる。少なくとも栽培化の初期段階においては、そうやって発芽したものの栽培と収穫を繰り返しているうちに、いつの間にか赤いアズキが優占していったのだと思われる。

一方で、水を通す性質の変異が1万年以上前から増え続けたことは、アズキが人為的に栽培されていたことの何よりの証拠であるとも言える。真冬でも雨が降るだけで発芽してしまう赤い種皮は、自然界で生き残るには著しく不利にはたらく。にもかかわらずその割合が増え続けたということは、秋に実った種子を、濡らさないように翌春まで保管するという人為的な介入があったということだ。アズキ栽培の歴史は、1万年以上前にまで遡れると言えるだろう。

4.2 消えた黒斑——PAP1

ヤブツルアズキの種皮に無数に存在した黒斑は、アズキにはない。これは

PAP1遺伝子（アントシアニン色素合成遺伝子）という名前の通りの遺伝子が失われたことによる。この遺伝子の欠失についても、野生型ばかりだった集団に、だんだんと欠失型が増えていった結末として現在のアズキがあるわけである。その変遷を表したのが図7だ。

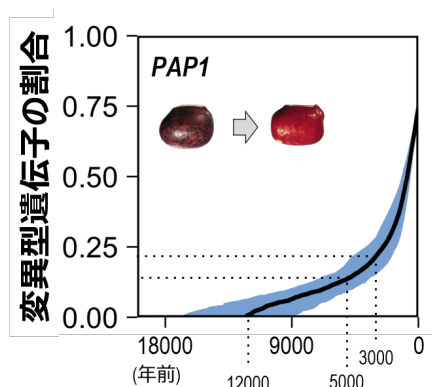


図7 アズキ全体における欠失型PAP1の割合の変遷

欠失型のPAP1は約12,000年前に発生し、その後ANR1と同様にアズキの中でその割合を増やし続けてきたようだ。ANR1に比べると立ち上がりはやや遅く、3,000年前から選択圧はやや強くなったようだ。この変異も、ある時期からは見た目の良さで選ばれるようになったと思われるが、当初は地面にこぼれた種子を回収する際、黒斑がない方が見つかりやすかったからではないかと考えら

れる。黒斑は地面にカモフラージュして、種子を食べる鳥などに見つかりにくくする効果があるからだ。

4.3 弾けない莢——MYB26

莢が弾けて種子を撒き散らすか、弾けず種子が留まるかも、またヤブツルアズキとアズキを分ける重要な特徴だと先に述べた。ヤブツルアズキでは莢の内側に「厚壁組織」というバネのような捩れ力を生み出す組織が形成されるのだが、要は枝豆の莢の内側にある白い半透明の、固くて食べられないプラスチックのようなあの部分である。あれは2層構造になっていて、1層目にはセルロース繊維が右に45°傾いて平行に走っており、2層目には同じものが左に45°傾いて走っている。莢が熟して乾燥が進むにつれて繊維が縮むのだが、1層目と2層目で繊維方向が直交しているため、一つの平面に対して2方向の力が働くことになる。これが強い捩れ力を生むのだ。この力がある閾値を超えたところで莢がパチーンと弾けて、中の種子を弾き飛ばすのである。最大で10mほど飛ぶので、かなりの力である。一方、アズキでは、MYB26という遺伝子が壊れているせいで、この厚壁組織がほぼ完全に失われている (Takahashi et al. 2020)。種皮の色もそうだが、自然選択によって獲得された

精巧なシステムが、人為選択によって台無しにされていったのだと思うと哀愁すら感じる。いずれにせよ、莢が弾けなくなったことによって収穫は一気に楽になったはずだ。

ではこの変異がアズキの中にいつ頃から、どのように広がっていったのか。それを表したのが図8である。

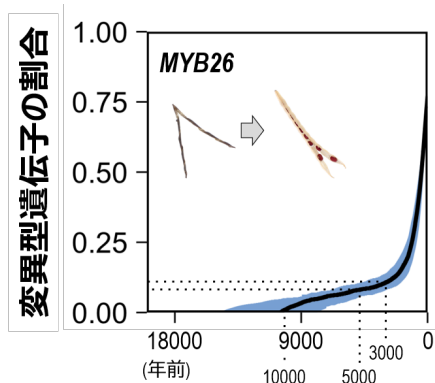


図8 アズキ全体における変異型MYB26の割合の変遷

莢が弾けなくなった変異型MYB26は約1万年前には発生し、その後割合を増やしていったものの、その増加率は3,000年前までは極めて緩やかである。そして弥生時代が終わり、古墳時代も半ばに差し掛かろうかという1,500年前になって急激に上昇したようだ。

当初、この結果を見たときは私も共同研究者も混乱したものだった。

栽培化において特に重要なのは休眠性の消失（播種後の発芽率の向上）と裂莢性（脱粒性）の消失で、これら2つの形質は真っ先に人為選択の対象になるというのが当たり前だと考えられてきたからだ。しかし、アズキが栽培されていたはずの縄文・弥生時代を通して莢が弾けるかどうかはあまり重要ではなかったことを図8の結果は示している。なぜだろうか。

その疑問は、ヤブツルアズキの莢が登熟してから弾けるまでに2～3日のタイムラグがあることに思い当たったときに解消された。ヤブツルアズキの若莢は緑色だが、熟した莢は黒くなる。したがって、裏庭のような比較的小さい土地で栽培する程度の規模ならば、毎日植物をチェックしていれば黒くなった莢を弾ける前に収穫することができる（たまに弾けてしまっても、黒斑が消えていれば拾い集められただろう）。しかし、時代が弥生から古墳へと移り変わるにつれて、共同体の規模が大きくなり、人口も増えると栽培規模も大きくならざるを得ない。何千個体も栽培されている畑の植物を毎日全部チェックすることは難しくなっていき、気がついたときにはほとんどの莢が弾けてしまっていた、ということになってしまう。そのような状況で、莢が弾けない変異体があれば、その種子は確実に収穫され、翌年の春には再び播

種されたことだろう。1,500年前からの急激な上昇の背景には、そのような社会の在り方の変化があったのではないだろうか。

● 5 おわりに

以上、アズキの起源を探る研究の成果をアズキの生産・流通・加工そして消費に関わる人々に向けて纏めさせてもらった。重要なポイントは以下の3点である。

- ① アズキの起源は縄文時代の日本である。
- ② 赤いアズキは1万年前には生まれていた。
- ③ 莢が弾けない性質は栽培規模が大きくなってから重要になった。

ただし、中国や朝鮮半島においても、独自にアズキ栽培が行われていた可能性が高いことは注意しておかなければならない。ただ、弥生時代以降に日本から持ち込まれた、赤くて粒が大きいアズキが、現地のアズキを駆逐していったのだと考えられる。しかしながら、イネ・ムギをはじめ日本で栽培される農作物のほとんどが大陸から持ち込まれたものであるのに対して、アズキだけは日本から大陸へ広がった作物なのだ。この事実だけは、広く日本人に知れ渡って欲しいと思う。和菓子に舌鼓を打てる日が、いつまでも続くことを願って。

● 文献

- 成河智明 (1976) アズキの起源、来歴と分類『農業技術大系』作物編 第6巻 基+9～基+9
- Chen X et al. (2025) The discovery of adzuki bean (*Vigna angularis*) in eastern China during the 9th millenium BP and its domestication in East Asia. *Proceedings of National Academy of Sciences, USA* 122, e2510835122
- Chien C-C et al. (2025) A single domestication origin of adzuki bean in Japana and the evolution of domestication genes. *Science* 388, eads2871
- Fuller, D.Q., Zhang, H. (2007) A preliminary report of the survey archaeobotany of the upper Ying valley (Henan Province) . In: School of Archaeology and Museology in Peking University and Henan Provincial Institute of Cultural Relics and Archaeology (eds) *Archaeological Discovery and Research at the Wangchenggang Site in Dengfeng (2002-2005)* . Zhengzhou: Elephant Press, pp. 916-958
- Lee, G.A. (2012) Archaeological perspectives on the origins of azuki (*Vigna angularis*) . *The Holocene* 23:453-459
- Takahashi Y et al. (2020) Same locus for non-shattering seed pod in two independently domesticated legumes, *Vigna angularis* and *Vigna unguiculata*. *Frontiers in Genetics*

11, 748

Wen Z. (2025) ANTHOCYANIDIN REDUCTASE promotes physical dormancy in *Medicago truncatula* seeds. *Plant Physiology* 199, k1af525

南木陸彦・中川治美 (2000) 大型植物遺体. 滋賀県教育委員会編「栗津湖底遺跡 自然流路 (栗津湖底遺跡III), 琵琶湖開発関連埋蔵文化財発掘調査報告書3-2」:49-112, 滋賀県教育委員会

那須浩郎 (2018) 縄文時代の植物のドメスティケーション。第四紀研究 57:109-126

星川清親 (1984) 「日本の豆類」日本の風土と食 pp.85-106

星川清親 (1999) 「日本の豆類」第2巻 日本の食事文化 pp.114-133

Sakai, H., Naito, K., Ogiso-Tanaka, E., Takahashi, Y., Iseki, K., Muto, C., Satou, K., Teruya, K., Shiroma, A., Shimoji, M., Hirano, T., Itoh, T., Kaga, A., Tomooka, N. (2015) The power of single molecule real-time sequencing technology in the de novo assembly of a eukaryotic genome. *Scientific Reports* 5:16780

(豆類時報編集委員会) 東京書籍株式会社から2026年3月に刊行された『アズキの起源』(内藤健著) が、7月に第42回講談社科学出版賞を受賞されています。