

アズキは日本のヤブツルアズキから生まれた

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のだが、アズキは逆に日本から大陸へと伝播したほぼ唯一の作物である。50年前までは祖先種がヤブツルアズキであることすら知られておらず（成河 1976）、30年前までは中国が栽培化起源であるとする学説が疑われることもなかった（星川 1999）。しかし近年の発掘調査によって、縄文期の遺跡の多くからアズキ種子が発見されるに至り、アズキの日本起源説は主要な学説の一つとなった。しかし形態学的な調査のみで中国起源説と日本起源説に決着を付けることは不可能であった。そこで、私を含む研究グループは農研機構のジーンバンクが有するアジア各地のアズキおよびヤブツルアズキ、合計 600 サンプルの全ゲノムを解析し、日本こそがアズキの栽培化起源地で間違いのないことを遺伝学的に突き止めたのである（Chien et al. 2025）。

1. アズキの祖先種：ヤブツルアズキ

アズキの栽培は日本・韓国・中国の東アジアが中心だが、東南アジアやネパール・ブータンなどのヒマラヤ地域まで広がっている。祖先種はヤブツルアズキで、その分布域もアズキの栽培地域とほぼ一致するが、雨が少ない中国北部には少ない。ヤブツルアズキの種としての起源地はヒマラヤで、それ

が東へと分布を拡大し、最後に日本列島へ到達したと考えられる（図-1）。アズキはササゲ属の 1 種だが、ササゲ属の大部分は熱帯～亜熱帯の低緯度帯に生息しており、温帯に適応したアズキはむしろ少数派である（Tomooka et al. 2002）。おそらくヤブツルアズキの祖先はヒマラヤの高山帯に進出した際に低温に適応し、結果的に温帯域への侵出も可能になったと考えられる。

野生に生きるヤブツルアズキは、見た目がアズキとは大きく違っている。アズキといえば赤い種子が当然だが、ヤブツルアズキの種子は黒っぽく、また大きさもアズキの半分以下である。また「裂莢性」という、莢が弾けて中の種子を撒き散らす性質がヤブツルアズキにはあるが、これもアズキでは失われている。収穫作業が楽になるからだ。植物体も、ヤブツルアズキは条件さえ整えばクズのように無限に伸びる

ことができるが、そのようなものを畑に植えても管理が大変なだけである。一方アズキは茎が太くて自立でき、生長もある程度で止まる。自然に生きる野生種と、その野生種から栽培に適したものが人為的に選ばれ続けてきた作物とでは、求められる性質が全く異なるのである。

2. アズキの起源に関する通説

アズキの起源については、古くは中国起源説が信じられてきた。その根拠とされてきたのが Vavilov による多様性中心の考え方である（1951）。祖先種の多様性が最も高い地域でこそ栽培に適した変異がみつかる可能性が高いという彼自身の膨大な探検・観察記録に基づいたものだが、実際に多くの主要作物の起源地はこの説と矛盾しない。ヤブツルアズキの多様性も日本よ

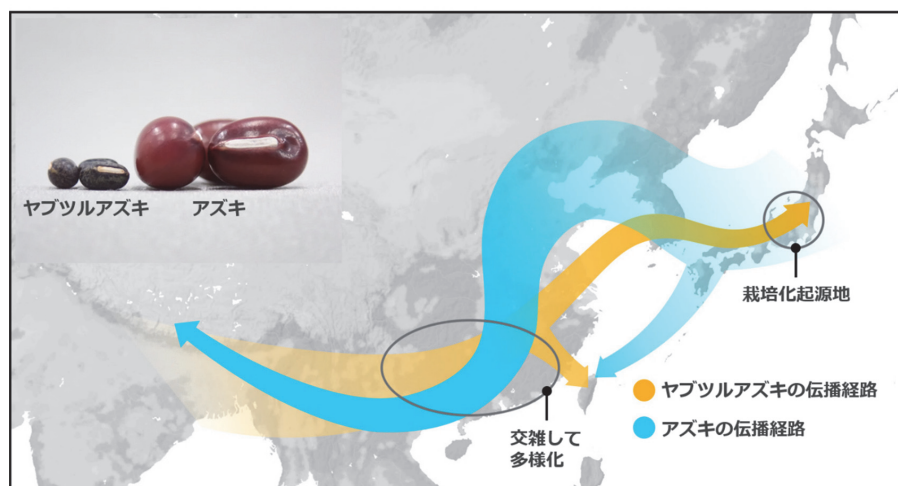


図-1 ヤブツルアズキとアズキの種子およびそれぞれの伝播経路

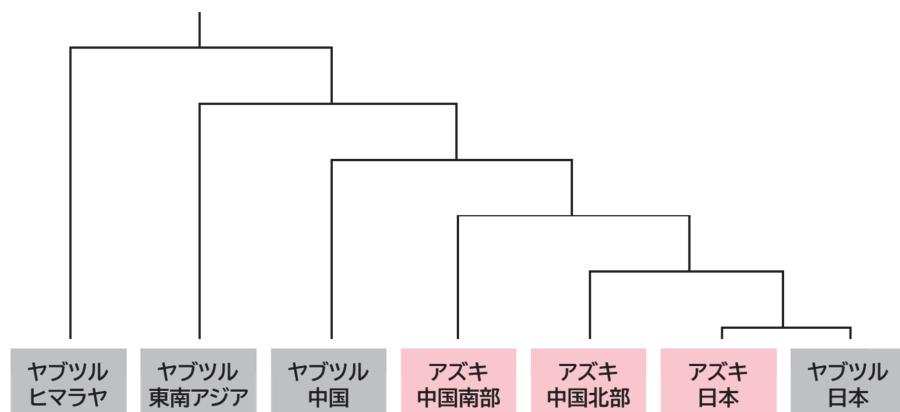


図-2 アズキとヤブツルアズキの各地域集団の系統関係を核ゲノム配列から推定した系統樹

り中国で圧倒的に高いことから、中国がアズキの栽培化起源地であるとされてきた。また、中国山東省の兩城鍾遺跡からは4千年前のアズキ種子が発掘されており、これがヤブツルアズキに比べて若干大型化していたことから、最初期の栽培アズキであると考えられた (Fuller & Zhang 2007)。最近報告された、山東省から発掘された9千年前のアズキ種子も、中国起源説の有力な証拠と見做されることがある (Chen et al. 2025)。

一方、1990年代以降に進められた日本国内の発掘調査により、日本起源説が俄に有力視され始めた。滋賀県の粟津湖底遺跡からは1万年前のものと推定されるアズキ種子が出土したほか、中部高地～北関東に多数存在する6千～4千年前(縄文中期～後期)の縄文遺跡からも多数のアズキ種子が出土し、また同時代の土器からも多数のアズキの痕跡(圧痕)が発見された。さらに、6千年前以降のアズキ種子は祖先種に比べて顕著な大型化が見られる一方、同時期に大陸ではそのような傾向が見られないことから、那須(2018)や中山(2020)はアズキの栽培化や人為選択が日本で先行していたと主張した(図-2)。

しかし、考古学的な証拠のみで中国起源説と日本起源説の論争に決着を付けることはほぼ不可能である。まず、

今後さらに古い時代の遺跡から新たな証拠が発見される可能性を否定することはできない。また、種子の大きさの変化も、その原因が人為選択と気候条件のどちらにあるのかを判断する材料がない。そこで著者らが着手したのが、多数サンプルのゲノムデータを用いた進化遺伝学的な解析だった。

3. 世界各地のアズキ・ヤブツルアズキの系統関係

アズキの起源を探るためのゲノム解析を実施するには、生息域・栽培地域をなるべく網羅するヤブツルアズキとアズキのサンプルが必要だ。幸いにも、著者が勤める農研機構のジーンバンクは、世界中の作物や作物近縁種の種子を収集・保存するための施設である。アズキやヤブツルアズキも3千点を超えるコレクションがあった。これらの全ゲノム配列を解読し、各サンプル間でDNA配列が異なる部分や共通する部分を抽出するのである。

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、アズキとヤブツルアズキがそれぞれ地域別のグループに分けられた。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したものが図-2である。

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、そこから東の集団が順に分岐している。しかし、アズキの分岐順は「中国南部」→「中国北部」→「日本」となってしまった。この系統樹から判断するならば、アズキの起源は中国南部ということになる。実際、中国の研究グループはこれと似たような系統樹をもとに、アズキの中国起源を結論付ける論文を出している (Chu et al. 2024)。

しかしながら、この系統樹では日本のアズキと日本のヤブツルアズキの間で最後の分岐が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。だが、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る以上、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が常に正しいとは限らない。例えば人類はアフリカ系→ヨーロッパ系→アジア系の順に分岐したが、ヨーロッパ系とアジア系のハーフが生まれた場

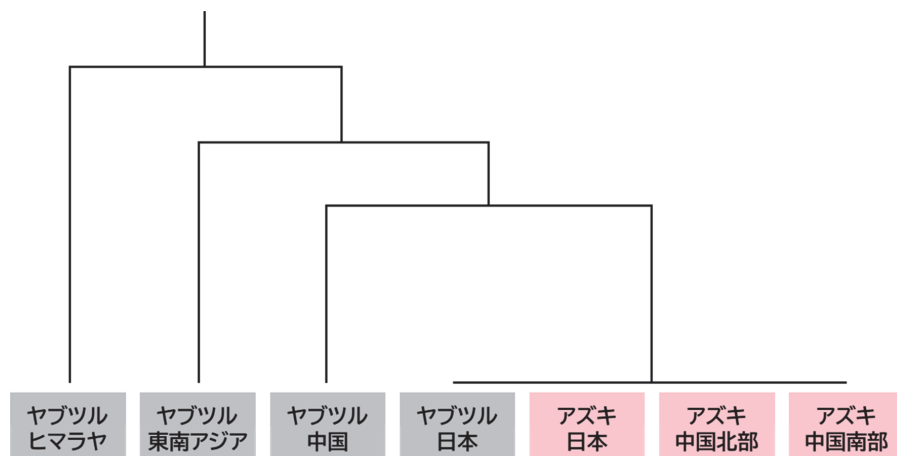


図-3 葉緑体ゲノムに基づいて作成された系統樹

合、そのゲノム DNA を使って系統樹を描くとアフリカ系→ヨーロッパ系→ハーフ→アジア系の順に分岐するものができる。最後に生まれたはずのハーフが、アジア系よりも起源が古いかのように見えてしまうのだ。

4. 葉緑体から見た系統関係

葉緑体のゲノムは母性遺伝する。母性遺伝とは、子が DNA を母親のみから受け継ぎ、父親からは全く受け継がない遺伝様式のことを言う。葉緑体の遺伝様式は、子が核のゲノム DNA を両親から半分ずつ受け継ぐ一般の遺伝様式とは全く違うのである。

したがって、アズキとヤブツルアズキの雑種が生まれたとして、アズキの花粉がヤブツルアズキの雌蕊に受粉した場合と、その逆の場合では、雑種が受け継ぐ葉緑体の DNA は全く異なる、ということになる。そして特に作物の場合、ヒトが収穫するのは畑で栽培した植物のみから種子を収穫するため、周辺からいくら花粉が飛んできたとしても葉緑体が入り替わることはない。したがって、もしアズキが中国起源なら、アズキがもつ葉緑体ゲノムは中国のヤブツルアズキと似ているはずであり、日本起源だとしたら日本のヤ

ブツルアズキと同じになるはずだ。

この仮説のもとに、葉緑体ゲノムの系統解析をやってみた結果が図-3だ。

この系統樹は、アズキの葉緑体ゲノムは、全て日本のヤブツルアズキとほとんど同じで、かつ中国のヤブツルアズキとは明確に異なるという事実を示した。したがって、この葉緑体系統樹はアズキが日本起源であって中国起源ではないことを示す証拠の一つとなるのである。

しかしながら、葉緑体ゲノムの結果のみで証明が完了したとは言えない。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て、その後日本のヤブツルアズキが雑草化した、というシナリオだってあり得ないとは言えない。

5. 中国起源説への決定的反証

したがって、日本起源説を証明するには、中国起源説を完全に否定できるだけの証拠が必要となる。そのためには、図-2の系統樹でファースト・ア

ズキ的な位置を占めている中国南部のアズキが、実は日本由来のアズキに中国のヤブツルアズキが交雑して成立したとする仮説を検証しなければならない。

そのための戦略は至ってシンプルだ。中国南部のアズキそれぞれのサンプルについて、ゲノムを細かい領域に区切り、それぞれの領域が中国南部以外のどの集団のゲノムと最も近い配列になっているかを判別していくのである。もし中国南部のアズキが雑種でなかったならば、基本的に全ての領域が中国北部のアズキに最も近いということになるはずだ。一方、雑種だったならば、ある領域は中国北部や日本のアズキに近く、別の領域は中国のヤブツルアズキに近い、というモザイク構造になる。

結果は明らかだった。中国南部のアズキのゲノムは、モザイク構造だったのである。間違いなく雑種だ。そこで、集団間で交雑が起きたことを前提にした系統解析手法があるので、それを使って改めて解析を行うと、図-4のようになった。

この図に示すのは、最初のアズキは日本のヤブツルアズキから派生し、それが中国北部へ伝播した後、大陸側のヤブツルアズキと交雑して中国南部のアズキが生まれた、ということである。この交雑によって中国南部のアズキはあらためて多様性を獲得したと考えられる。それゆえに、アズキの栽培はネパール・ブータンなどの高山帯にまで拡大したのかもしれない。何にせ

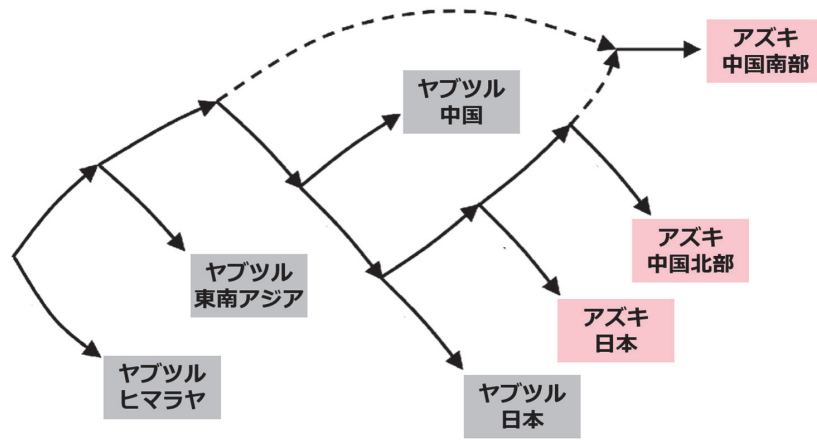


図-4 集団間の交雑を考慮した系統関係

よ、アズキは日本で生まれ、大陸へと広がった作物であることが結論付けられたのである。

以上、アズキが日本起源の作物であることを遺伝学的に証明した研究過程を簡単に述べた。この文章に目を通すことで、今まで以上に和菓子を好きになって頂けたらと思う。

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 millennium 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 Japan and the evolution of domestication genes. *Science* 388, eads2871.
- Chu L. et al. 2024. Chromosome-level reference genome and resequencing of 322 accessions reveal evolution, genomic imprint and key agronomic traits in adzuki bean. *Plant Biotechnol. J.* 22, 2173-2185.
- 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.
- Tomooka N, Vaughan D, Moss H, Maxted N. 2002. The Asian *Vigna*: *Vigna* subgenus *Ceratotropis* genetic resources. 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.
- Vavilov NI. 1951. The Origin, Variation, Immunity and Breeding of Cultivated Plants *Chronica Botanica* 13, 1-366.
- Wen Z. 2025. ANTHOCYANIDIN REDUCTASE promotes physical dormancy in *Medicago truncatula* seeds. *Plant Physiology* 199, kiaf525.
- 南木睦彦・中川治美 2000. 大型植物遺体、滋賀県教育委員会編「粟津湖底遺跡 自然流路（粟津湖底遺跡 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
- 中山誠二 2020. マメと縄文人. 同成社.
- 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, pp85-106.
- 星川清親 1999. 「日本の豆類」第2巻 日本の食事文化, pp.114-133.