

[成果情報名] 葉緑体ゲノム情報に基づくエリアンサス、ススキ、サトウキビの系統分化の解明

[要約] エリアンサスおよびススキの葉緑体ゲノムサイズは、それぞれ 141,210bp および 141,416bp であり、イネ科植物に共通の 76 種類のタンパク質コード領域を含む。これらの塩基配列を用いた系統解析の結果は、サトウキビがエリアンサスよりススキとより近縁であることを示す。

[キーワード] エリアンサス、ススキ、サトウキビ、葉緑体ゲノム、類縁関係

[所属] 国際農林水産業研究センター 熱帯・島嶼研究拠点

[分類] 研究

[背景・ねらい]

エリアンサス(*Erianthus* spp.)およびススキ(*Miscanthus* spp.)は、サッカラムコンプレックス(*Saccharum* complex)と呼ばれる一群のイネ科植物のメンバーであり、バイオマス生産性や不良環境耐性に優れているため、サトウキビの改良のための遺伝資源として、また、バイオエネルギー作物として注目されている。これらの植物種は、サトウキビと同じイネ科キビ亜科に属するが、分類学上、サトウキビと同属とする見解もあり、その分類学的位置づけや近縁種・属との類縁関係には未だ不明な点が多い。葉緑体ゲノムは、塩基配列の保存性が高く、多くの植物種で母性遺伝するため、葉緑体ゲノム内の多型性は個体間の類縁関係や系統進化の解析に有用である。本研究は、エリアンサス(*E. arundinaceus*)およびススキ(*M. sinensis*)の完全長葉緑体ゲノム配列を決定し、これらの情報をもとにサトウキビを含めた 3 種の類縁関係を明らかにする。

[成果の内容・特徴]

1. エリアンサスおよびススキにおける全葉緑体ゲノムサイズは、それぞれ 141,210bp および 141,416bp であり、大きく分けて LSC (large single copy)領域、SSC (small single copy)領域および 2 つの IR (inverted repeat)領域から構成される (図 1)。
2. エリアンサスおよびススキの葉緑体ゲノムは、79 および 78 種類のタンパク質をコードする遺伝子 (タンパク質コード領域) を含むと推定される (図 1)。
3. エリアンサス、ススキおよびサトウキビの葉緑体ゲノム配列の比較から、その構造および遺伝子数に大きな違いは認められない (図 1)。
4. エリアンサスおよびススキを含むイネ科植物に共通の 76 種類のタンパク質コード領域の塩基配列から推定された各植物種間の遺伝的距離は、サトウキビーエリアンサス間で $1.9 \pm 0.3 (10^{-3})$ 、サトウキビーススキ間で $0.9 \pm 0.2 (10^{-3})$ であった。この結果は、既報の核および葉緑体ゲノムの部分配列にもとづく結果と一致しており、サトウキビがエリアンサスよりもススキとより近縁な関係にある。
5. エリアンサスは約 910 万年前にサトウキビ祖先種から分岐したと推定され、エリアンサスがソルガムよりも以前にサトウキビ祖先種から分岐したことを示す (図 2)。

[成果の活用面・留意点]

1. 本成果は、バイオマス生産性や不良環境耐性に優れたエリアンサスやススキの分類学上の位置づけやサッカラムコンプレックスの系統進化に関する研究に貢献するとともに、サトウキビ育種のための知見を提供する。
2. エリアンサス (Accession No.: LC160130) およびススキ (LC160131) における葉緑体ゲノムの全塩基配列情報は、遺伝子配列データベース (GenBank/EMBL/DDBJ) から入手可能である。

[具体的データ]

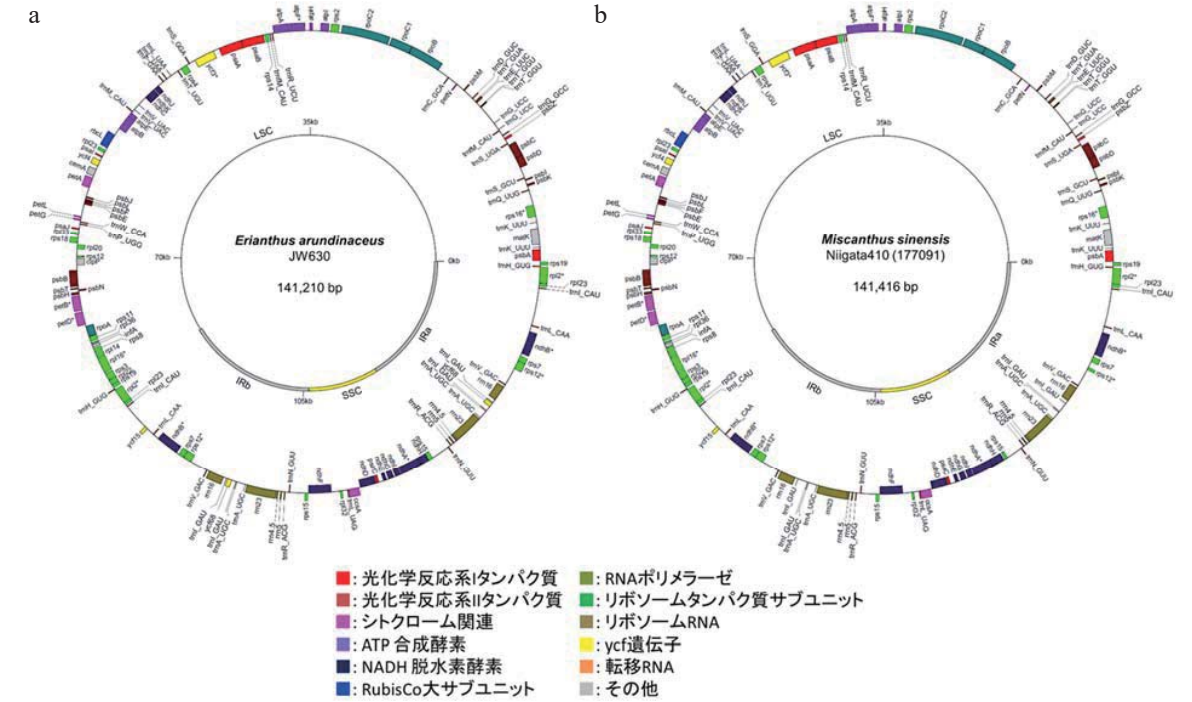


図 1 エリアンサス(a)およびススキ(b)における葉緑体ゲノムの構造
LSC: large single-copy、SSC: small single-copy、IRa および IRb: inverted repeat a および b

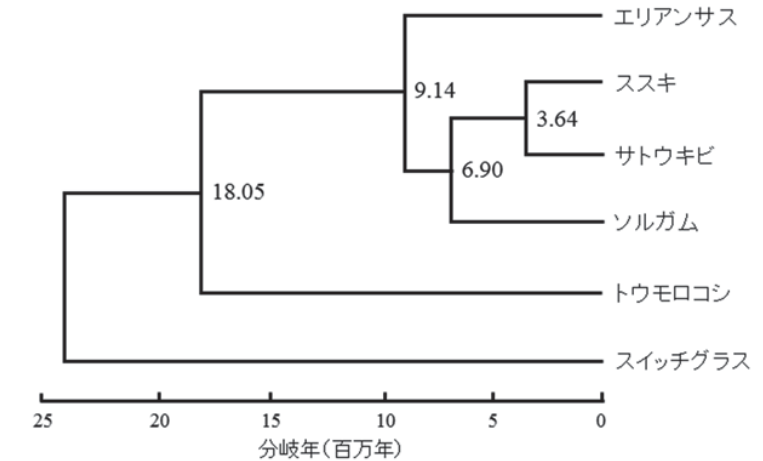


図 2 葉緑体ゲノムに含まれる 76 種類のタンパク質コード領域の多様性にもとづくイネ科植物の分岐年代
図中の数値は、推定分岐年代を示す。

[その他]

研究課題：不良環境でのバイオマス生産性が優れる新規資源作物とその利用技術の開発
プログラム名：熱帯等の不良環境における農産物の安定生産技術の開発
予算区分：交付金 [高バイオマス資源作物]
研究期間：2017 年度 (2011~2020 年度)
研究担当者：藪田真一、蝦名真澄・小林真・高橋亘 (農研機構 畜産研)
発表論文等：Tsuruta S et al. (2017) PLOS ONE, 12: e0169992