

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

Complete chloroplast genomes of *Erianthus* and *Miscanthus*, and phylogenetic relationships within the *Saccharum* complex

エリアンサス (*Erianthus* spp.) およびススキ (*Miscanthus* spp.) は、*Saccharum* complex に属するイネ科植物であり、サトウキビ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。両種はサトウキビと同じイネ科キビ亜科に分類されるが、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不明な点が多い。本研究は、エリアンサスおよびススキ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した。本成果は、エリアンサスやススキの分類学上の位置づけや *Saccharum* complex の系統進化に関する研究に貢献するものと期待される。

The genera *Erianthus* and *Miscanthus*, members of the *Saccharum* complex, are of interest as potential resources for sugarcane improvement and as bioenergy crops. Although recent studies have focused on the conservation and use of the wild accessions as breeding materials, the sequence data are limited, which hampers the studies of phylogenetic relationships and evolution. We determined the complete chloroplast genome sequences of *Erianthus* and *Miscanthus*, and analyzed the phylogenetic and evolutionary relationships inferred from maternally inherited variation in the *Saccharum* complex. Our findings provide an important framework for understanding the phylogenetic relatedness of these three economically important genera.

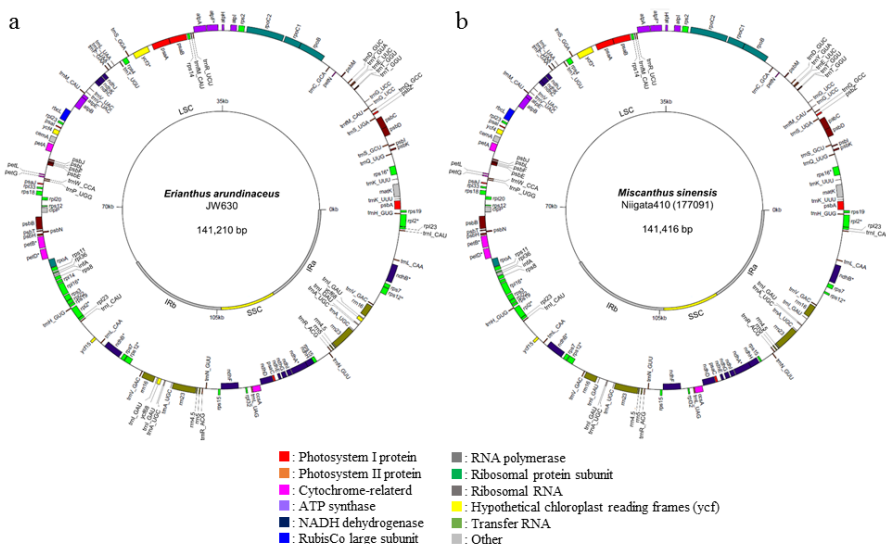
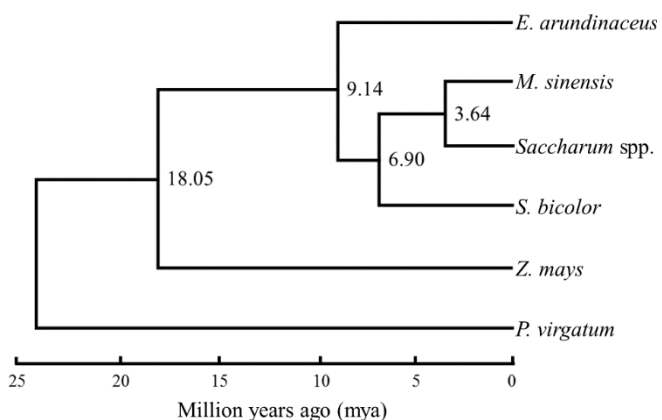


図1 エリアンサス(a)およびススキ(b)における葉緑体ゲノムの構造. LSC: large single-copy、SSC: small single-copy、IRA および IRb: inverted repeat aおよびb

Fig. 1. Chloroplast genome maps of *Erianthus arundinaceus* (a) and *Miscanthus sinensis* (b). LSC: large single-copy, SSC: small single-copy, Ira and IRb: inverted repeat a and 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。

Fig. 2. Divergence times of the *Saccharum* complex estimated based on variation of 76 concatenated protein-coding chloroplast genes



国立研究開発法人 国際農林水産業研究センター

〒305-8686 つくば市大わし1-1

<https://www.jircas.go.jp>

Japan International Research Center for Agricultural Sciences

1-1 Ohwashi, Tsukuba, Ibaraki, 305-8686

<https://www.jircas.go.jp/en>

