

キヌア自殖系統コレクションの多様性

Genetic and phenotypic variation of agronomic traits and salt tolerance among quinoa inbred lines

キヌアは高い環境適応性と優れた栄養特性を持つ作物であり、将来的な気候変動への対応や強固な食料安全保障の構築に向けて、キヌア遺伝資源から農業上有用な形質をもつ系統や遺伝子を活用した品種開発が期待される。本研究では、世界の主要なキヌア系統を網羅する136の自殖系統を作成し、一塩基多型の遺伝子型データから遺伝的に北部高地型、南部高地型、低地型の3種類の遺伝的背景をもつ系統に分類できることを明らかにした。また、各系統の遺伝子型データおよび耐塩性および作物生育に関する表現型データの関連性を俯瞰的に捉え、生育形質から低地型系統が日本を含めた温帯での栽培に適していることや発芽時の耐塩性から南部高地型および低地型系統が北部高地型系統よりも耐塩性であることを示した。

*Chenopodium quinoa* (quinoa) has outstanding nutritional properties and ability to tolerate abiotic stresses. To evaluate the genetic diversity of quinoa, 136 inbred lines were genotyped with single nucleotide polymorphisms. The inbred lines were classified into three genetic groups, corresponding to northern highland (NH), southern highland (SH) and lowland (L) sub-populations. In an overview of genotype-phenotype relationships, most L and SH lines were able to germinate even under high salinity conditions. In addition, most L lines showed favorable agronomic traits for growing in a temperate climate.

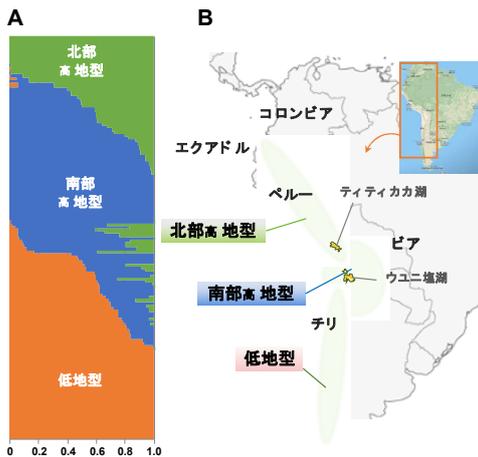


図1 136のキヌア自殖系統に共有されているSNPsの遺伝子型データに基づく遺伝的集団構造解析図(A)と集団の地理的分布(B)

(A)キヌア自殖系統の遺伝的背景を示す。縦軸の自殖系統名は、スペースの都合上、省略している。GBS解析で得られたSNPsに基づく遺伝子型を色分けし、割合の順に系統を並べて示す。いずれかの遺伝子型が80%以上を占めない遺伝的背景をもつ系統を中間型系統として定義している。(B)北部高地型、南部高地型、低地型の集団に分類される系統の分布域を示す。

Fig. 1. Population structure of quinoa inbred lines based on SNP genotype data.

(A) Each quinoa line's genome is represented by each bar on the y-axis and the colors of the bar indicate the proportion of estimated membership in the three sub-populations. Lines having <80% of inferred ancestry from any one group are identified as an admixture. (B) Distribution of quinoa grouped into northern and southern highland and lowland sub-population in South America

図2 136のキヌア自殖系統の遺伝子型の分類に対応した表現型のヒートマップ

ヒートマップ上部の番号は、0 mM NaClで24時間処理、300 mM NaClで4日間処理、600 mM NaClで14日間処理後の胚軸根長(①、②、③)、2014-15年(つくば)、2015-16年(つくば)、2016年(つくば)、2016-17年(鳥取)の種子1000粒の重さ(④、⑤、⑥、⑦)、草丈(⑧)、茎の直径(⑨)、葉の乾燥重量(⑩)、1個体あたりの種子重量(⑪)、開花までの日数(⑫)を示す。表現型の数値は、高い値ほど橙色、低い値ほど青色となるように示す。

Fig. 2. Heatmap of the phenotypic traits combined with the phylogenetic tree of quinoa inbred lines.

①-③: the average total hypocotyl and root length (mm) of seeds treated with 0, 300, and 600 mM of NaCl for 24 hours, 4 days, and 16 days, respectively; ④-⑦: thousand grain weight (g) during 2014-15 (Tsukuba), 2015-16 (Tsukuba), 2016 (Tsukuba), 2016-17 (Tottori); ⑧: plant height (cm); ⑨: stem diameter (mm); ⑩: leaf dry weight (g); ⑪: seed yield per plant (g); ⑫: days to flowering

