

アンデス高地で栽培化された高地型キヌア系統の高精度ゲノム配列情報

栽培起源地とされるティティカカ湖周辺に生育する北部高地型およびボリビアのウユニ塩湖周辺の過酷環境に適応した南部高地型のキヌア自殖系統の高精度ゲノム配列情報は、キヌアの栽培化の謎を解き明かすだけでなく、その優れた環境適応性や栄養特性を解明するための重要なゲノム解析基盤として活用できる。

キーワード：キヌア、北部高地型、南部高地型、全ゲノム配列

背景・ねらい

南米アンデス高地原産の孤児作物である *Chenopodium quinoa*（キヌア）は、過酷な環境への高い適応能力と優れた栄養特性により、世界的な食料安全保障に重要な作物として注目されている。これまでに、136 のキヌア自殖系統コレクションを作出し、それらの遺伝子型と表現型の連関解析から農業形質や耐塩性に対する多様性を明らかにした（令和2年度国際農林水産業研究成果情報 B08「キヌア自殖系統コレクションの多様性」）。キヌアは、遺伝子型に基づいて北部高地型、南部高地型、低地型の集団に分類でき、低地型は、世界の温暖湿潤な地域で広く栽培されており、キヌア研究の標準系統としても活用されている。しかし、栽培起源地とされるティティカカ湖周辺の北部高地型、ボリビアのウユニ塩湖周辺の過酷環境（塩類集積土壌、年間降水量 150 mm 以下など）で栽培され、高品質なキヌアとして世界中に輸出されている南部高地型については、ゲノム情報の整備が十分に進んでいない。本研究では、北部高地型、南部高地型の高精度なゲノム配列の解読によって、キヌア集団におけるゲノム構造や多様性を網羅的に比較するためのゲノム基盤を確立する。

成果の内容・特徴

1. 全ゲノム配列は、北部高地型 J075、南部高地型 J100 のキヌア自殖系統を材料として、高精度のロングリード配列に基づいて塩基配列を解読したものである。
2. 解読した配列の統合および連鎖地図を用いて整列化した北部高地型 J075、南部高地型 J100 の全ゲノム配列は、配列をどれだけ長くつなげることができたかを示す指標 N50 が、71.2 Mb と 70.6 Mb と、同種のゲノム配列の中でも世界トップクラスの数値である。これにより、18 本の染色体レベルのゲノム配列を構築（表 1）。
3. 北部高地型 J075、南部高地型 J100 の全ゲノム配列は、65,303 個と 64,945 個の遺伝子情報を含む。さらに、ゲノムの完全性の指標となる BUSCO（陸上植物で高度に保存されている遺伝子セットに対する遺伝

子の網羅度）が 99% 以上かつ LAI スコア（ゲノム中の完全な単純反復配列の割合に基づく指標）が 17 以上となり、高品質かつ正確であることを示す（表 1）。
4. 系統間のゲノム構造や多様性の比較解析の一例として、キヌアなどナデシコ目の植物に特有な赤色素であるベタレインの生合成遺伝子（*CqDODA1*, *CqCYP76AD1*）を含む領域では、近傍の遺伝子領域と比較してゲノム構造の類似性が低く、植物体の赤色の濃い高地型と薄い低地型の系統間差に関連することが示唆される（図 1）。

成果の活用面・留意点

1. ゲノム配列情報や遺伝子情報は、かずさ DNA 研究所の「Plant GARDEN」ポータルサイトで公開されており、それぞれの情報のダウンロードが可能のほか、植物種間での相同性検索システムに利用できる。
2. 全ゲノム配列は、配列が決定されていない系統から取得される高精度なロングリード配列からの全ゲノム配列の決定に有効である。
3. 北部高地型、南部高地型、低地型キヌア系統の遺伝子情報の比較によって、食料安全保障の観点から重要となるストレス耐性、収量安定性、高栄養価なキヌア品種開発のための作物デザイン素材の選抜に貢献することが期待される。

その他

予算区分：交付金プロ [B1 レジリエント作物（第 5 期）]、外部資金 [地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム (S-ATREPS)；ムーンショット型農林水産研究開発事業；科研費 22H05172、23KK0113、21H02158、23K18036]

研究実施期間：2021～2024 年度

研究担当者：小林安文、永利友佳理（生物資源・利用領域）、藤井健一郎（生物資源・利用領域、現農研機構）、藤田泰成（食料プログラム）、平川英樹（かずさ DNA 研究所、現九大）、白澤健太（かずさ DNA 研究所）、西村和紗（岡大）、Oros, R. (PROINPA)、Almanza, G.R. (サン・アンドレス大)、安井康夫（京大）

発表論文等：Kobayashi et al. (2024) *Front. Plant Sci.* 15: 1434388. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1434388>

表1 北部高地型、南部高地型キヌア自殖系統の全ゲノムのサイズおよび遺伝子数とゲノムの完全性を評価する指標値

	北部高地型 J075	南部高地型 J100
ゲノムサイズ (Gb)	1.29	1.32
遺伝子数	65,303	64,945
N50 (Mb) *	71.2	70.6
BUSCO (%) [†]	99.2	99.1
LAI スコア [‡]	17.40	17.75

*ゲノム配列をどれだけ長くつなげることができたかを示す指標。これまで解読されている同種のゲノム配列の中で世界でもトップクラスの数値を達成している。[†]陸上植物に存在すると予測される高度に保存された単一コピーの相同遺伝子の割合を示す。[‡]完全長の Long Terminal Repeat (LTR)レトロトランスポゾンと、断片化したLTRの比率に基づいて計算される値。値が10<LAI<20の範囲でリファレンスとなる品質としてみなされる。

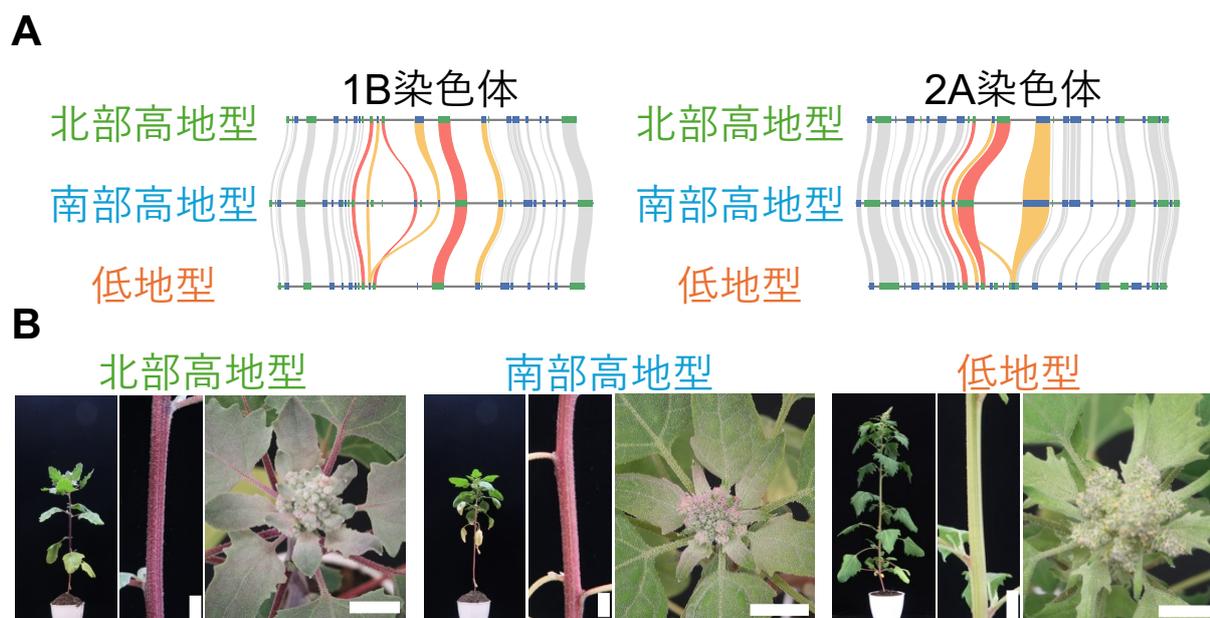


図1 キヌア集団の代表系統間のベタレイン生合成遺伝子クラスター領域における低い構造類似性と植物体の色の表現型

(A) 1Bおよび2A染色体に存在するベタレイン生合成遺伝子クラスターを含む領域の構造類似性。各集団の代表系統のゲノム配列を比較し、ベタレイン生合成遺伝子である *CqDODA1*、*CqCYP76AD1* 遺伝子対をそれぞれ赤および橙色の線で連結している。近傍の遺伝子対と比較して遺伝子対の物理的な位置関係の保存性が低いことを示している。(B) 56日間栽培した北部高地型、南部高地型、低地型代表系統の茎および茎頂付近の色の表現型。写真中のバーは1cmを表す。

図表は Kobayashi et al. (2024) © The Author(s) 2024 より転載/改変して作成