

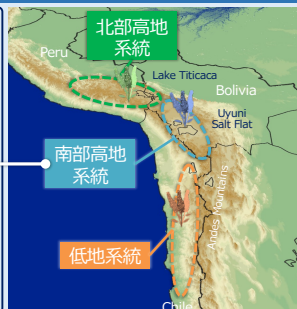
連鎖地図を活用してHi-Cベースのゲノムアセンブリを磨き抜く ～非モデル植物キヌアの高精度ゲノム基盤～



国際農林水産業研究センター 生物資源・利用領域 小林 安文

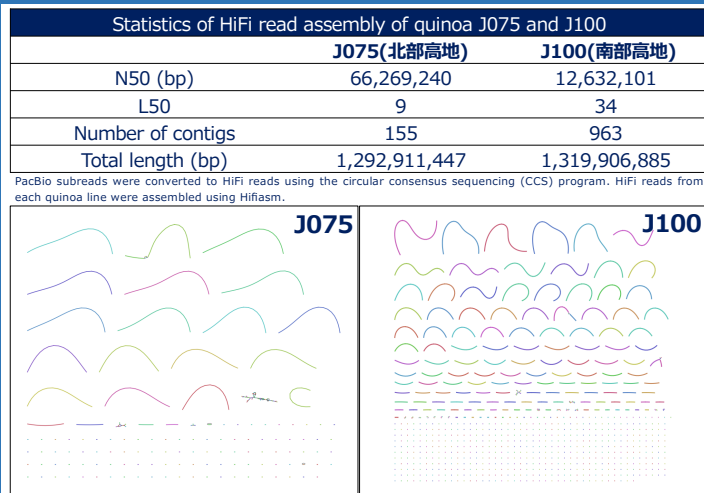


乾燥と高塩環境が極限化する
ウユニ塩湖周辺で栽培されるキヌア系統



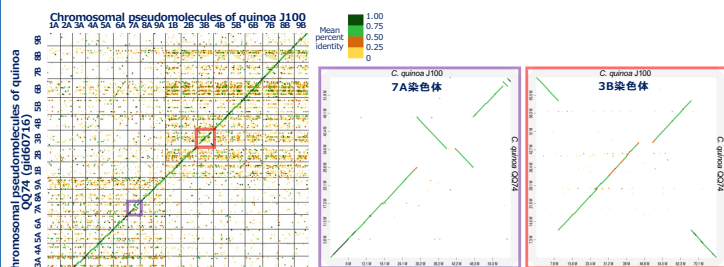
- GBS及びWGSによる遺伝解析の結果、キヌア自殖系統は、南米アンデス地域の北部高地、南部高地および低地系統の3つの集団に分類[1]
- 低地系統は、世界の温暖湿潤な地域で広く栽培されており、キヌア研究の標準系統としても活用
- 栽培起源地とされるティティカカ湖周辺の北部高地系統およびボリビアのウユニ塩湖周辺の過酷な環境（塩類集積土壌、年間降水量150mm以下など）で栽培され、高品質なキヌアとして世界中に輸出されている南部高地系統については、ゲノム情報の整備が十分に進んでいない

1.高精度ロングリード配列の整列化



多くのコンティグが染色体スケールの長さを有する

短いコンティグが多く、全体として断片的

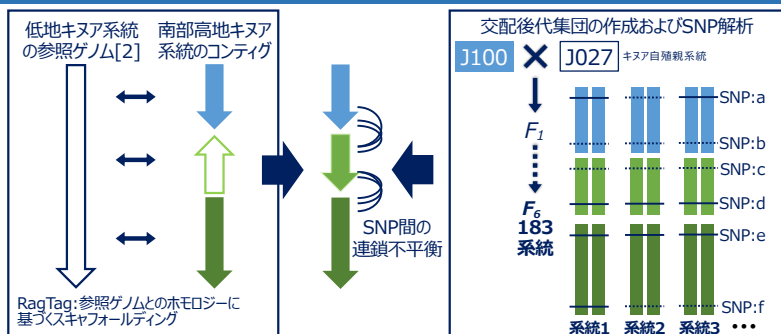


参照ゲノム系統 QQ74と比較したJ100のゲノムアセンブリから、7Aおよび3B染色体などに構造変異もしくは参照ゲノムにおけるアセンブリエラーの可能性のある領域が検出[4]

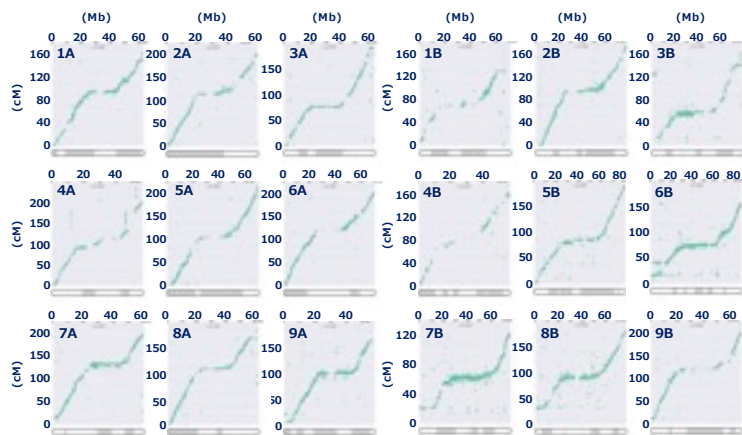
2.北部および南部高地キヌア代表系統のゲノム基盤

| Scaffolding statistics of quinoa J075 and J100 after assembly using RagTag or in combination with Lep-MAP3 | | |
|--|---------------|---------------|
| | J075 | J100 |
| N50(bp) | 71,226,514 | 70,609,007 |
| L50 | 9 | 9 |
| N90(bp) | 59,638,252 | 59,948,908 |
| L90 | 17 | 17 |
| Number of scaffolds | 143 | 813 |
| Gaps | 12 | 149 |
| N count (bp) | 1,200 | 14,900 |
| Largest scaffold (bp) | 84,258,211 | 86,085,297 |
| Smallest scaffold (bp) | 28,991 | 18,494 |
| Average scaffold length (bp) | 9,041,347 | 1,623,460 |
| Total length (bp) | 1,292,912,647 | 1,319,872,862 |
| Percentage in 18 largest scaffolds | 98.9 | 96.4 |
| LTR assembly index (LAI)* | 17.40 | 17.75 |
| Complete BUSCOs (%) | 99.2 | 99.1 |

*draft quality, LAI < 10; reference quality, 10 < LAI < 20; gold quality LAI > 20

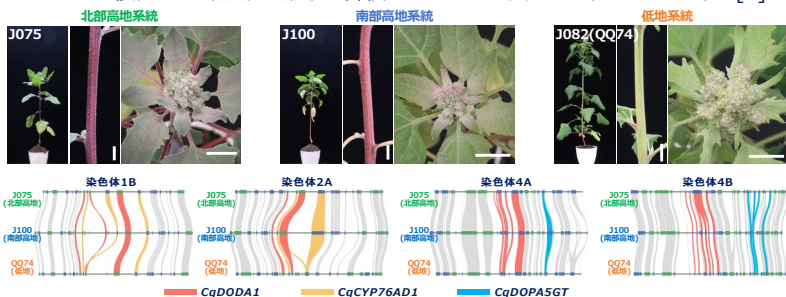


dpMIG-seq法[3]によって集団の高密度なSNP情報を取得し、SNP間の組換え価から遺伝的距離に基づいた連鎖地図を作成。参照ゲノム配列を基準にしたコンティグの連結を再整理



キヌアJ100系統におけるlinkage group（遺伝地図）とスケフォールド間の相関解析。疑似染色体上の物理的位置（横軸）と遺伝地図上の位置（縦軸）を示す[4]

- J075およびJ100系統の全ゲノム配列のN50は、それぞれ71.2 Mbと70.6 Mbとなり、同種のゲノム配列の中でも世界トップクラスのアセンブリの連続性を示し、陸上植物遺伝子の網羅度および反復性の高い領域の連続性の評価においても高品質かつ正確であることを確認[4]



- 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、近隣の遺伝子領域と比較してゲノム構造の類似性が低い[4]

→ 植物体の赤色の濃い高地系統と薄い低地系統の系統間差に関連することが示唆
北部および南部高地系統の高精度な全ゲノム配列は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となる

Acknowledgements



SATREPS

JST jica

BRAIN

MOONSHOT RESEARCH & DEVELOPMENT PROGRAM

科研費 KAKENHI

本研究は、JST[ムーンショット型研究開発事業][JPJ009237]、JST/JICA[地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム(SATREPS)][JPMJSA1907]、JSPS科研費[JP22K05374, JP22H05172, JP22H05181, JP23KK0113, JP21H02158, JP23K18036]の支援を受けたものである。

- References
- [1] Mizuno et al. (2020) DNA Res. 23: 535-546
 - [2] Rey et al. (2023) Commun. Biol. 6: 1263
 - [3] Nishimura et al. (2024) Plant J. 118: 2296-2317
 - [4] Kobayashi et al. (2024) Front. Plant Sci. 15: 1434388