

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～



SATテクノロジー・ショーケース2026

■はじめに

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。私たちの研究グループでは、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[1]。キヌアは、遺伝子型に基づいて北部高地、南部高地および低地系統の集団に分類でき、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されている。しかしながら、キヌアの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標高 3,800 m で年間降水量 150 mm 以下や高塩濃度土壤の過酷環境で栽培され、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かった。なお、キヌアは、部分的に他殖性であることや異質四倍体 ($2n = 4x = 36$) であることから遺伝子の構成が複雑となっている。これまでに、低地系統のキヌアについて、次世代シーケンス法による DNA 断片を空間的に近接したゲノム領域を検出する Hi-C 法をベースにアセンブルがおこなわれ、参照ゲノムとして決定された[2]。本研究では、全ゲノム配列解読に必須となっている高精度なロングリードシーケンス法による長い DNA 断片配列から、連鎖地図を活用して染色体スケールでのゲノムアセンブリを行い、北部高地および南部高地のキヌア系統の全ゲノム配列を決定するとともにその精度を検証した。

■活動内容

1. 高精度ロングリード配列の整列化

北部および南部高地キヌア系統を代表する自殖系統 J075 および J100 を材料として、高精度ロングリードシーケンス法によって塩基配列を解読した。次いで、このロングリード配列をつなぎあわせたコンティグを既知の低地キヌア系統の参照ゲノム配列にマッピングし、染色体スケールの配列にアセンブルした。このアセンブリは、コンティグが断片化されている場合に、参照ゲノム配列に依存して整列される可能性がある。そこで、J100 と別の自殖系統との交配後代集団を作成し、dpMIG-seq 法[3]によって集団の高密度な一塩基多型 (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した。参照ゲノム配列ベースのアセンブリは、連鎖地図を活用してコン

ティグを整列し直し、全ゲノム配列を決定した[4]。キヌア参照ゲノムと決定したゲノム配列との比較によって、系統間でゲノム構造が異なる領域もしくは参照ゲノムにおけるアセンブルエラーである可能性の高い領域が検出された(図 1)。

2. 北部および南部高地キヌア代表系統のゲノム基盤

北部および南部高地キヌア系統 J075 および J100 のゲノム配列について、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 となり、同種のゲノム配列の中でも世界トップクラスの数値を示す全ゲノム配列を構築した。また、それらの配列は、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、高品質かつ正確であることを確認した[4]。

■関連情報等(特許関係、施設)

- [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

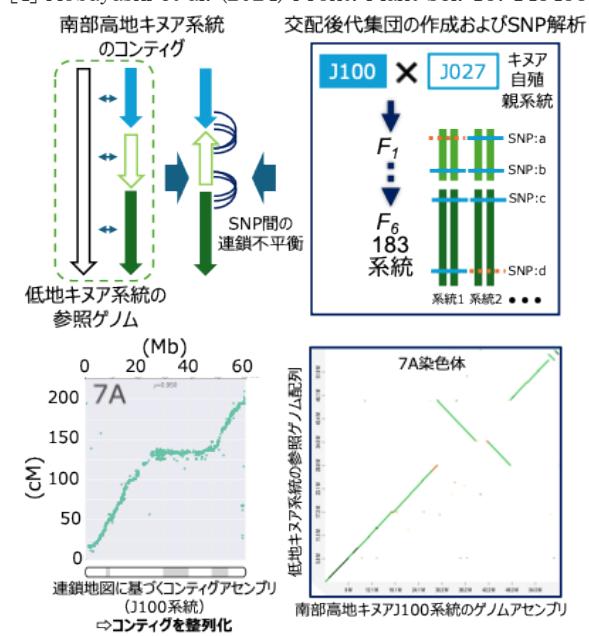


図 1. 高精度ロングリード配列の整列化とアセンブリ精度の検証

- キーワード: (1)キヌア
- (2)連鎖地図
- (3)ゲノムアセンブリ

- 共同研究者: 藤田 泰成(国際農林水産業研究センター)