

エジプシャンクローバーの高精度全ゲノム解読

～品種の特性を最新ロングリード技術で解明～

令和 7 年 1 月 24 日

かずさ DNA 研究所、エジプト植物病理学研究所、カフル・エル・シェイク大学は
共同で、エジプシャンクローバーの全ゲノムを解読しました。

エジプシャンクローバー（学名 *Trifolium alexandrinum*）は、中東地域の地中海沿岸に自生するマメ科のクローバーです。作物にとって過酷な半乾燥地で栽培することができるため、家畜の餌となる飼料作物として重要な品目の一つです。



エジプシャンクローバーには、刈り取っても再生して複数回収穫ができる品種と一度しか収穫できない品種があります。複数回収穫できる品種は、生産量が多い特徴がある一方で、一度しか収穫できない品種には、緑肥として土壌改良に利用しやすいといった特徴を持っています。効率よく目的に合わせた品種開発を行うためには、ゲノム情報を用いた育種計画が求められることから、本研究では、最新のロングリード技術を用いて 2 品種の比較を行いました。

本研究の結果、2 品種の間でゲノムサイズに約 1000 万塩基対の違いを見出し、品種間で遺伝的に大きな違いがみられる箇所をゲノム中に 25 か所特定しました。この 25 か所に含まれる遺伝子が品種の特徴を決定していると推定されます。今回決定されたゲノム配列をもとに、今後、生産量の増加や栽培コストの低減した品種育成や、品種の違いとゲノム配列の違いから、有用な遺伝子の探索など分子生物学的な研究の促進につながることを期待されます。

論文タイトル： Near-complete telomere-to-telomere *de novo* genome assembly in Egyptian clover (*Trifolium alexandrinum*)

著者： Mitsuhiro P. Sato, Ramadan A. Arafa, Mohamed Rakha, Amero A. Emeran, Sachiko Isobe, and Kenta Shirasawa

掲載誌： *DNA Research*

DOI: 10.1093/dnares/dsae036

本研究は、(公財) かずさ DNA 研究所、JSPS 科研費 (22H05172、22H05181) の研究助成を受けたものです。

1. 背景

エジブシヤンクローバー(別名バーシムクローバー、学名 *Trifolium alexandrinum*) は地中海沿岸の東側に自生するマメ科のクローバーで、古代エジプトで栽培が始まったと言われています。半乾燥地で生育するため家畜の餌として利用される重要な飼料作物で、現在では地中海地域や西アジア、東アジアなどで広く栽培されています。エジブシヤンクローバーには、複数回収穫できるため生産量の多い品種と、一度しか収穫できないため緑肥として土壌改良等に利用しやすい品種が知られています。さらに、収量の増加や栽培の簡易化、窒素固定能の向上など、よりよい品種が求められており、そのための育種プログラムの策定が進められています。より効率的な品種改良のためのプログラムを策定して新たな有用品種を開発するためには、ゲノム情報を用いたゲノム育種が有効です。そこで、ゲノム育種に活用できる基盤情報として、複数回収穫できる品種と一度しか収穫できない品種のゲノムを決定し、2 品種を比較しました。

2. 研究成果の概要

最新のロングリード配列解析装置を 2 種類組み合わせて使うことで、エジブシヤンクローバーがもつ 8 本の染色体のほぼ全長にあたる塩基配列を、2 品種の両方で決定しました。その結果、一方の品種のゲノムは 48,862 遺伝子をもつ 5 億 477 万塩基対で構成されるのに対して、もう一方の品種のゲノムは 42,966 遺伝子をもつ 5 億 363 万塩基対からなることがわかりました。品種間でゲノムサイズに約 1000 万塩基対の違いがありましたが、この差はゲノムの中を動き回るトランスポゾン数の違いによって生まれたこともわかりました。ゲノム全体で数の違いがあるトランスポゾンと、ゲノムの特定の場所で数の違いがあるトランスポゾンの 2 つのパターンが見つかりました。品種の特徴を決定づける遺伝領域は、品種内では遺伝的に固定していると同時に、品種間では遺伝的に大きな違いが見られると考えられます。そのような場所はゲノム中に全部で 25 か所特定され、これらの場所に含まれる遺伝子が品種の特徴の決定に関係していると推定しました。

3. 期待されること

エジブシヤンクローバーのゲノム配列を決定したことで、これを基盤情報として生産量の増加や栽培の低コスト化などにつながる遺伝子を探索できるようになり、より良い新たな品種の開発につながることで期待されます。また、異なる特徴をもつ同じ種のゲノム配列を複数決定することで品種の特徴を決める領域を特定することができました。それぞれの領域がどのような特徴を決定しているのか調べることで、有用遺伝子の探索に役立ちます。