

## 「Haplotype-resolved genome assembly が明らかにする栽培イチゴの異質八倍体ゲノムの謎」

栽培イチゴ (*Fragaria* × *ananassa*) は世界中で栽培され、日本でも多くの品種が開発されている。栽培イチゴは 18 世紀にヨーロッパで 2 つの八倍体野生種 (*F. chiloensis*, *F. virginiana*) を交配して作出された、とされている。一方、交配に用いられた 2 つの八倍体野生種の祖先種としては、*F. vesca* (エゾヘビイチゴ) や *F. iinumae* (ノウゴウイチゴ) などの複数の二倍体種が挙げられているが、その起源の過程はまだ十分に解明されていない。

栽培イチゴは異質八倍体 ( $2n = 8X = 56$ ) で、ゲノムサイズは  $2n = 1.6\text{Gb}$  程度である。染色体レベルのゲノム配列が複数の品種で構築されており、これらの結果からイチゴゲノムの成り立ちについても類推されている。しかし、すでに発表されているイチゴゲノムについて、4 つのサブゲノムが正確に識別されてスキヤフォールド配列が構築されているか、ということについては十分な検証がなされていない。したがって、構築されたイチゴゲノム配列を用いたイチゴの起源に関わる類推も正しいかどうかは不明である。

4 つのサブゲノムを正確にアセンブルするためには、各サブゲノムを構成する 2 つずつのハプロイド配列を識別してアセンブルする必要がある。これまでイチゴの Scaffolds 配列は、ショートリードを Denovo MAGIC (NR Gene) でアセンブルする、もしくはロングリード (Hifi) を用いることで構築されてきた。我々は、より正確なハプロイド毎の配列の構築を行うために、Dovetail Genomics が提供する手法を用いて Omni-C 配列を利用してハプロイド毎の配列の構築を行った。本講演では得られた結果とともに、イチゴゲノムにおいてこれまで分かっていることや残された謎について紹介する。