

令和 5 年度豆類振興事業助成金（試験研究）の成果概要

1 課題名 ゲノム育種法を活用した多収およびダイズシストセンチュウ抵抗性金時の開発促進

2 研究実施者

研究代表者 (地独) 北海道立総合研究機構 中央農業試験場 作物開発部

生物学グループ 主査 (生物学) 山口直矢

分担 同 十勝農業試験場 豆類畑作グループ

東京情報大学 総合情報学部 准教授 田中啓介

3 実施期間 令和 5 年度～令和 7 年度（3 年のうち 1 年目）

4 試験研究の成果概要

(1) 試験研究の目的

基幹品種「大正金時」のゲノムを解読することにより、金時のゲノム育種基盤を構築するとともに、収量関連形質のゲノミック予測モデルの作成、多系交雑集団を用いた多収系統の選抜、ダイズシストセンチュウ（SCN）抵抗性領域の検出に取り組み、安定多収金時の選抜強化を図る。

(2) 実施計画、手法

1) 北海道品種「大正金時」の全ゲノム解読（東京情報大、中央農試）

北海道品種「大正金時」のゲノム DNA を抽出し、ロングリード解析およびショートリード解析を実施し、全ゲノム配列の解読を行う。

2) 収量関連形質のゲノミック予測モデルの作成と多系交雑集団の養成（中央農試、十勝農試、東京情報大）

令和 5 年度は金時育成系統 52 点の RAD-seq 解析によって一塩基多型（SNP）を検出し、各農業形質のゲノミック予測モデルを作成する。また、様々な由来の多収 8 品種を交雑した 8 系交雑系統（F₅ 世代）を十勝農試圃場で栽培し、次年度の系統選抜試験に必要な種子を得る。さらにゲノムをシャッフリングした材料を養成するために、集団内での相互交配を行う。

3) ゲノムワイドアソシエーション解析（GWAS）による SCN 抵抗性遺伝子座の検出（中央農試、十勝農試、東京情報大）

令和 5 年度は SCN 抵抗性が明らかになっている遺伝資源 140 点について、RAD-seq 解析によって SNP を検出し、2021 年の SCN 抵抗性試験のデータを用いた GWAS を行い、抵抗性領域を検出する。

(3) 今年度の実施状況

1) 北海道品種「大正金時」の全ゲノム解読

「大正金時」の葉からロングリード解析用のゲノム DNA を抽出し、高純度な DNA を得た。ロングリード解析は Oxford Nanopore を用いて行い、インゲンマメの全ゲノムの塩基配列情報のおおよそ 40 倍である 20.9Gb を解読することができ、十分なデータ量を得ることができた。ロングリード解析のエラー補正を行うために、Illumina の MiSeq でショートリード解析を行い、6.8Gb を解読した。

2) 収量関連形質のゲノミック予測モデルの作成と多系交雑集団の養成

十勝農試が育成した金時育成系統 52 点について、葉からゲノム DNA を抽出した。これらのサンプルについて、RAD-seq 解析を行い、15,000 以上の SNP を検出した。これまでに解析してきた 36 品種系統の SNP データと統合し、合計 88 点の品種系統でゲノミック予測モデルを作成した。予測モデルは rrBLUP、GBLUP、Lasso の 3 つを用いた。開花期、成熟期、葉落ち程度、倒伏程度、草丈、全重、百粒重は一つ抜き交差検証法で予測精度が $r > 0.5$ となった。収量については、これらの形質よりも低い精度であったため、次年度以降も継続して評価を行う。成熟期については、GWAS によって効果の大きい成熟期遺伝子座を検出し、育種選抜に利用可能な DNA マーカーを開発した。

多収 8 品種を交雑した多系交雑系統 100 点を十勝農試圃場で栽培した。未出芽などで種子が十分に得られなかった系統を除き、79 系統について次年度の系統選抜試験に必要な種子を得た。ゲノムをシャッフリングする材料を養成するために、多系交雑集団内で 6 回の相互交配を行った。

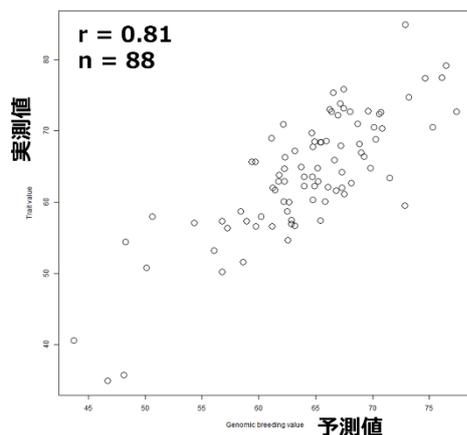


図 1. 百粒重のゲノミック予測結果 (rrBLUP)

3) GWAS による SCN 抵抗性遺伝子座の検出

2021 年の SCN 抵抗性試験に供試された 95 点の遺伝資源のデータを用いた GWAS により、抵抗性領域の候補を 1 つ見出した。この候補領域を持っていたの

は、「雪手亡」などの手亡類が多かったため、種皮色 (L^* , a^* , b^*) の GWAS を実施した。その結果、いずれも有意 SNP が検出されなかったため、この抵抗性領域と粒色との強連鎖の可能性は低いと考えられた。

(4) 今後の課題及び対応

「大正金時」のゲノム解読は順調に進んでいるが、解読された塩基配列情報はまだ断片化された状態である。今後はこれらの断片を繋げて染色体レベルまで収束させ、参照配列として使える状態にする。収量のゲノミック予測は次年度も継続して行う。多系交雑集団については、系統選抜試験および収量試験を行うとともに、ゲノムシャッフリングを進めた集団の固定化を図る。SCN 抵抗性領域については、効果を検証するための材料養成を行い、SCN 多発圃場で効果検証を行う。