

令和5年度豆類振興事業（試験研究助成費）の成果概要

②課 題：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（5～7年度）

代表者：（地独）北海道立総合研究機構中央農業試験場 主査（生物工学） 山口直矢

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。

成 果

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以上の一塩基多型（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。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。収量は、これらの形質よりも低い精度であった。（図）

③GWAS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ゲノムワイドアソシエーション解析（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。

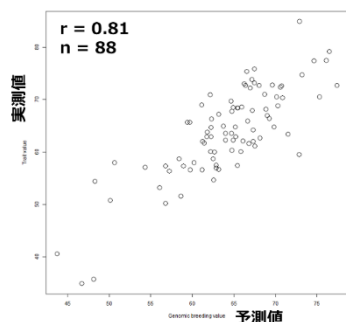


図 百粒重のゲノミック
予測結果（rrBLUP）