令和6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

生物工学グループ 主査(生物工学) 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2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) 令和5年度に解読した塩基配列の断片を繋げて染色体レベルまで収束させるため、オプティカルゲノムマッピングを行う。
 - 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)

金時育種事業の中で播種前にゲノミック予測を用いた選抜が可能か検証する。 金時育成系統 94 点の RAD-seq 解析によって一塩基多型 (SNP) を検出し、これ までに作成した収量予測モデルを用いて、これらの収量を予測する。また、様々 な由来の多収 8 品種を交雑した 8 系交雑系統 (F₆世代) 79 点を十勝農試圃場で 栽培し、系統選抜試験を行う。さらに、この材料内で相互交配を 1~6 回行った C1~C6 集団について、十勝農試圃場で栽培し、固定化を図る。

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)

SCN 抵抗性が明らかになっている遺伝資源 55 点について、RAD-seq 解析によって SNP を検出し、2020 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。また、令和 5 年度に GWAS で検出した抵抗性領域の検証を行う。

(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

オプティカルゲノムマッピングのデータは順調に得ることができ、現在、ロング リード、ショートリードのデータを統合したデータ解析を実施している。

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

2022 年度のモデルで算出した収量予測値を用いて、2024 年の収量実測値による年次間予測精度を算出した(表 1)。組合せ毎の予測精度を検証したところ、予測精度の高い組合せ(A-C)、低い組合せ(E-H)があることが明らかとなった。これまでに GWAS で検出した成熟期遺伝子座について、原因遺伝子を見出し、1 塩基の挿入変異が早生化に重要であることを明らかにした。この成果を論文として公表した(Breeding Science 誌)。8 系交雑系統 79 点の中から 20 系統を選抜した。

	表 1.	収量予測モテ	デルの年次間予測精度の	の評価
--	------	--------	-------------	-----

				年次間予測精度	
組合せ	P1	P2	系統数	2022予測vs2024実測	
Α	赤金時育成系統	赤金時育成系統	6	0.914	
В	遺伝資源	サラダ豆育成系統	5	0.754	
С	赤金時育成系統	赤金時育成系統	4	0.682	
D	福白金時	赤金時育成系統	4	0.468	
Е	大正金時	きたロッソ	9	-0.029	
F	福良金時	赤金時育成系統	4	-0.099	
G	かちどき	秋晴れ	10	-0.218	
Н	赤金時育成系統	かちどき	4	-0.999	
全体			70	0.364	

注) 2022収量予測モデルはr=0.636の年次内予測精度。予測精度は1に近いほど精度が高い

3) GWAS による SCN 抵抗性遺伝子座の検出

2020年のSCN 抵抗性試験に供試された 114点のデータを用いた GWAS を行ったところ、多数の抵抗性領域が検出された。令和 5年度に検出した抵抗性領域の効果を検証するため、2組合せの材料を養成し、SCN 発生圃場で寄生程度を比較したが、効果は判然としなかった。2020年の GWAS で多くの抵抗性領域が検出されたことから、SCN 抵抗性には多くの遺伝子の関与が疑われた。SCN 寄生程度のゲノミック予測を試みたところ、年次内予測精度は r>0.8、年次間予測精度は r>0.6と高かったことから、ゲノミック予測が有効と考えられた。

(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み、最終年度には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できる見込みである。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、選抜した系統の収量試験を行い、多収系統を選抜する。SCN 抵抗性領域の検出については、新たに SCN 抵抗性が極めて強い新規の遺伝資源を用いた材料養成を行う。