様式 3

令和 7 年度終了　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～7 年度（3 年間）

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）

次世代シーケンサーを用いて「大正金時」の全ゲノム解読を行い、金時ゲノム育種の参照配列とする。

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（中央農試、十勝農試、東京情報大）

金時の育成系統を用いて次世代シーケンサーを用いた ddRAD-seq 法によりゲノム全体の一塩基多型（SNP）を検出する。遺伝子型データと形質データを用いてゲノミック予測モデルを作成し、交差検証法で各形質の年次内予測精度を検証する。また、複数年のデータを用いて年次間予測精度を検証する。また、多収 8 品種を交雑した 8 系交雑系統の収量試験を行い、「大正金時」より多収の系統を選抜する。さらに 8 系交雑集団の中で 6 回以上の相互交配を行い、ゲノムをシャッフリングした材料を作出する。

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の DNA を抽出し、次世代シーケンサーを用いた ddRAD-seq 法によりゲノム全体の SNP を検出する。GWAS を行い、SCN 抵抗性に関わるゲノム領域を検出する。

（３）成果の概要

１）北海道品種「大正金時」の全ゲノム解読

ロングリード、ショートリード、オプティカルゲノムマッピングの結果を統合し、塩基配列の断片を繋げて染色体レベルまで収束させた。解析の結果、大正金時のゲノムデータは、染色体 11 本に収束し合計 500Mb となった（表 1）。これは既存の「G19833」のリファレンスゲノム 513Mb に対して 97.4%をカバーしたことになり、今後の金時ゲノム育種の参照配列として活用が可能である。「G19833」とのシンテニー解析を行ったところ、概ね構造変化は見られなかったが、「G19833」の第 1 染色体の一部が「大正金時」の第 9 染色体に転座していた。

表 1. 構築した大正金時のゲノム（数字は各染色体の塩基対の長さ）

	G19833	大正金時	比率
Chr-1	51,433,939	43,257,607	0.841
Chr-2	49,670,989	50,054,860	1.008
Chr-3	53,438,756	50,494,425	0.945
Chr-4	48,048,378	46,112,608	0.960
Chr-5	40,923,498	39,840,028	0.974
Chr-6	31,236,378	30,377,424	0.973
Chr-7	40,041,001	41,978,127	1.048
Chr-8	63,048,260	60,381,483	0.958
Chr-9	38,250,102	44,573,395	1.165
Chr-10	44,302,882	43,490,554	0.982
Chr-11	53,580,169	49,905,722	0.931
合計	513,974,352	500,466,233	0.974

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 224 点（2023-2025 年の合計）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、ddRAD-seq 解析を行い、8,000 以上の SNP を検出した。収量を含む各形質のゲノミック予測モデルを作成し、年次内予測精度を算出した（表 2）。3 年間を総括すると、各形質の年次内予測精度では、百粒重と収穫指数の予測精度が高かったが、他の形質は年次により異なった。収量については r=0.33～0.53 となった。開花期、成熟期、草丈については、2023-2024 年で r>0.5 となったが、2025 年は予測精度が低かった。このため、2025 年は特殊な環境下での試験であったことが推察された。成熟期については、第 1 染色体に「大正金時」由来の早生遺伝子を検出し、育種に利用可能な DNA マーカーを開発した（Yamaguchi et al. 2025）。

収量の年次間予測精度を算出するため、2024 年に収量試験を行った系統を除いて 2021～2023 年の予測モデルを作成し、2024 年の収量試験結果との相関係数を算出

した。単年のモデルでは 0.24～0.36 にとどまったが、2 年平均では 0.38～0.40、3 年平均では 0.44 となった（表 3）。表現型の年次間相関係数は 0.43～0.47 であったことから、3 年以上の予測モデルを使うことで、収量試験と同等の精度となると考えられた。

表 2. ゲノミック予測モデルの年次内予測精度（2023-2025 年）

形質	2023年 (n=88)	2024年 (n=108)	2025年 (n=70)
開花期	0.756	0.570	0.224
成熟期	0.653	0.740	0.376
草丈	0.588	0.548	0.099
百粒重	0.788	0.761	0.483
全重	0.524	0.536	-
収量	0.330	0.528	0.460
収穫指数	0.461	0.566	0.613

注）rrBLUPを用いてモデルを作成し、一つ抜き交差検証法で予測精度を算出した

表 3. 収量の年次間予測精度の評価

表現型（PS）or ゲノミック予測値（GS）	2024収量との相関係数（r）
2021PS	0.441
2022PS	0.474
2023PS	0.439
2021GS	0.244
2022GS	0.348
2023GS	0.362
2年平均（2021GS, 2022GS）	0.405
2年平均（2022GS, 2023GS）	0.394
2年平均（2021GS, 2023GS）	0.384
3年平均（2021GS, 2022GS, 2023GS）	0.444

注）PSはn=17、GSはn=70

「秋晴れ」、「かちどき」、「十系 B524 号」、「きたロッソ」、「A195」、「Cacahuate Bolo」、「黄金菜豆」、「福うずら」の多収 8 品種を交雑した多型交雑集団（MAGIC）79 点について、十勝農試圃場で系統選抜試験を行い、極端に成熟期が遅かった系統を除いて、62 点を選抜した。この中から 23 系統の収量試験を実施し、成熟期が早生～中生かつ多収の 5 系統を選抜した（表 4）。2025 年は低収年であったが、大正金時比 179～217%と極多収であった。5 年分のゲノミック予測

モデルを用いた予測収量においても、「大正金時」比 116～124%と多収が見込まれた。ただし、MAGIC-006 以外は赤金時の色ではなく、今後改良が必要とされる。

表 4. MAGIC から選抜した多収系統（2025 年十勝農試、F7 世代、一部抜粋）

品種系統名	成熟期	草丈 (cm)	倒伏程度 (0-4)	**子実重 (kg/10a)**	**比**	百粒重 (g)	GS予測収量 (kg/10a)	比	種皮色
大正金時	8/18	37	0	**145**	**100**	55.7	239	100	赤金時
秋晴れ	8/19	36	0	**148**	**102**	62.8	245	102	赤金時
きたロッソ	8/19	33	0	**193**	**133**	47.4	268	112	サラダ赤
かちどき	8/25	38	0	**249**	**172**	67.2	280	117	赤金時
MAGIC-006	8/28	47	0	**283**	**195**	52.2	282	118	赤金時
MAGIC-009	8/18	38	0	**262**	**181**	63.6	277	116	紫
MAGIC-017	8/28	37	0	**273**	**188**	61.3	280	117	ベージュ・紫鶉
MAGIC-034	8/28	53	0	**315**	**217**	61.4	286	119	紫
MAGIC-089	8/21	41	0	**260**	**179**	57.6	296	124	薄茶・褐鶉

注）GS予測収量は2021-2025年の各年次のモデルで予測した収量の平均値

さらに多収の材料を育成するため、MAGIC の集団内で相互循環交配を 1～6 回行った MAGIC-C1～C6 集団を養成した。ゲノムシャッフリングの程度を比較するため、特定の領域の DNA マーカーを用いて、特定の領域の組換え頻度を算出した。第 2 染色体上のマーカーSW13(47.5Mb)、In(48.9Mb)の 2 つを用いて、MAGIC_79 系統と C6_80 系統を解析したところ、MAGIC では 1/79 個体（1.3%）、C6 では 9/80 個体（11.3%）と循環交配を行った C6 の組換え頻度が高いことが確認できた。さらに、C6F3 系統 76 点について、ddRAD-seq 解析を行い 5 年分のゲノミック予測モデルで予測収量を算出した。その結果、「大正金時」比 122～125%と多収が見込まれる系統を 6 点選抜できた（表 5）。C6 で多収が見込める系統が複数選抜出来たのは、ゲノムシャッフリングが十分に行われ、これまでにはない多収遺伝子の組合せが実現できたからと考えられる。

表 5. MAGIC-C6 の中から選抜した多収予測系統（F3 世代、上位 6 系統を抜粋）

品種系統名	GS予測収量 (kg/10a)	比	種皮色
大正金時	239	100	赤金時
秋晴れ	245	102	赤金時
MAGIC-C6-179	300	125	赤紫
MAGIC-C6-098	298	125	赤紫
MAGIC-C6-339	293	123	淡褐
MAGIC-C6-051	292	122	赤紫
MAGIC-C6-220	291	122	赤紫
MAGIC-C6-349	291	122	赤紫

注）GS予測収量は2021-2025年の各年次のモデルで予測した収量の平均値

3）GWAS による SCN 抵抗性遺伝子座の検出

2021 年度のデータセットを用いた GWAS により、第 3 染色体に候補領域を検出し、遺伝子型を識別できる DNA マーカーを開発した。2 組合せの材料を用いてこの領域の効果を検証したが、判然としなかった。また、2022 年度のデータセットでは、この領域が検出されなかった。以上の結果より、SCN 抵抗性は多数の遺伝子に支配される可能性が高く、様々な系統を用いた GWAS で候補領域を検出するのは困難であることが明らかとなった。そこで、新たに SCN 抵抗性が極めて強い新規の遺伝資源「G18762」を用いた解析材料を養成した。「G18762×舞てぼう」、「G18762×秋晴れ」の 2 組み合わせの交配を行い、F2 種子を得た。

（4）今後の課題

本研究では、多収が見込まれる MAGIC や C6 を選抜したが、その多くの粒色は赤金時色ではない。このため、本研究で作成した収量性のゲノミック予測モデルを活用して、赤金時色かつ多収の系統を選抜する必要がある。また、SCN 抵抗性については、SCN 抵抗性が極めて強い「G18762」を用いた遺伝解析が必要である。

（1） 成果の波及効果

解読した「大正金時」のゲノム情報は、論文公表後に一般公開し、育種や研究に役立てることが可能となる。本研究で作成した収量性のゲノミック予測モデルや多収の MAGIC 系統を育種に利用することにより、安定多収の金時新品種の開発が促進され、道産金時の生産振興と原料の安定供給が期待される。

（6）論文、特許等

「大正金時」の早生遺伝子に関する研究成果を Breeding Science 誌で発表した（https://doi.org/10.1270/jsbbs.24054）。