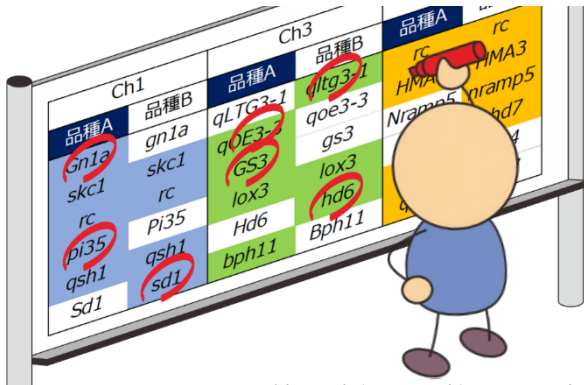


## IV. 研究成果概要

### 品種育成に貢献する技術開発に取り組む

## 有用遺伝子カタログの構築と育種素材の開発



それぞれの品種が持つ遺伝子の効果の程度を明らかにした「有用遺伝子カタログ」を構築・利用することで、有用な育種素材・品種を効率的に育成

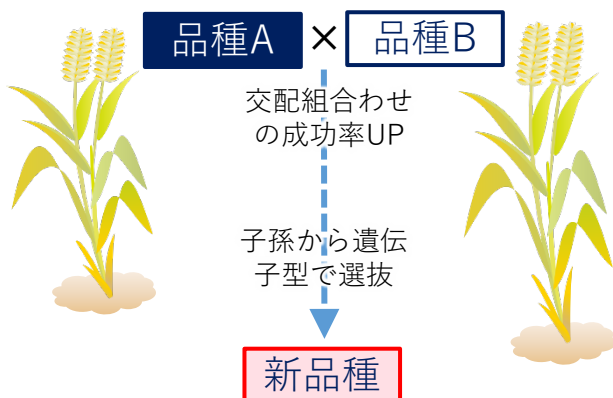
品種育成のための遺伝子情報が見える化され、優良な交配親の決定や有望系統の効率的な選抜が可能となるよう、遺伝子情報データベース「**有用遺伝子カタログ**」を構築しました。

これにより、農業上有用な複数形質について、遺伝子型を元にした交配親の決定やゲノム情報による育種選抜が可能となり、**有用な育種素材の開発や優良品種を効率的に育成できる**ことが期待されます。

### 研究背景

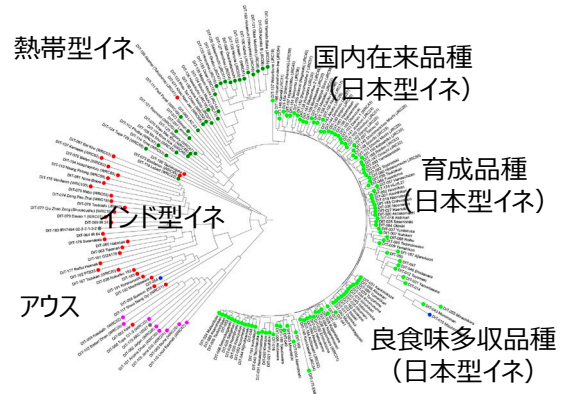
品種育成では、利用する育種素材や交配組合せの選定が重要であり、農業形質の遺伝子情報を基にした交配親の効率的な選定が課題となっています。

このため、本研究では、変異体等を利用して新規の遺伝子情報を拡充し、重要な農業形質に関する有用遺伝子のカタログを構築することに取り組みました。



品種育成の過程の交配親の決定と後代（子孫）からの優良候補系統の選抜を支援

(イネ192品種のゲノム情報に基づく分類)



192品種の有用遺伝子の多型とその効果をデータベース化

研究代表機関

農研機構

プロジェクト名

民間事業者、地方公設試等の種苗開発を支える育種基盤技術の開発

研究期間

平成30年度～令和4年度

〔共同研究機関：北海道立総合研究機構、国際農林水産業研究センター、神戸大学、岩手大学、佐賀大学、岡山大学、京都大学、九州大学〕

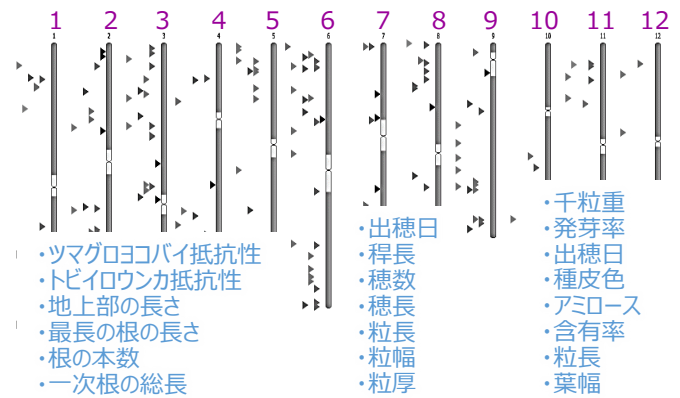
# 主要な成果

1

水稻、小麦、大豆の50以上の有用遺伝子座について遺伝子カタログを構築

➡ 農業上有用な遺伝子座について新規の機能をもつ対立遺伝子（アリル）情報が充実。  
育種に利用可能な遺伝子変異の把握が可能に

(イネ染色体上の有用遺伝子の座乗位置)

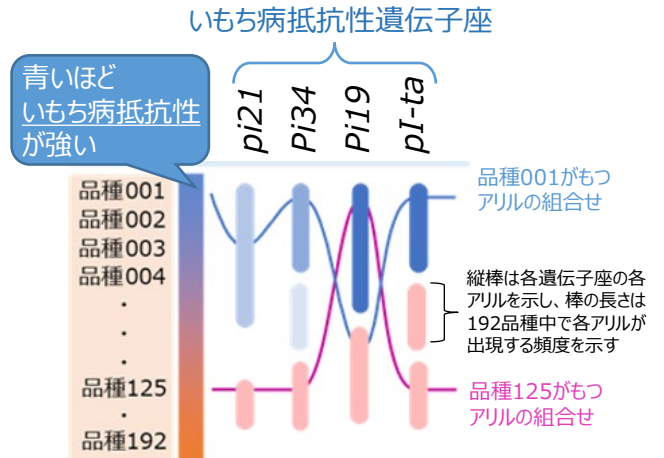


イネでは192品種の500遺伝子の情報、50以上の表現型情報をデータベース化。図の縦線はイネの染色体、▶は有用遺伝子の座乗位置を示す。

2

有用形質の遺伝子型を可視化するアリルグラフを開発

➡ 良い子孫が得られる効率的な交配計画が可能になり、複数の重要形質の遺伝子型情報を基に交配親を決定

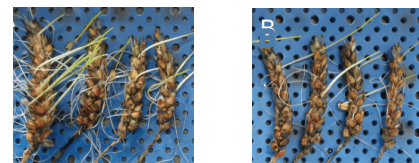


各品種のアリルの組合せを可視化。品種001と品種125の交配により、いもち病抵抗性の効果が強いと期待されるアリルの集積が可能

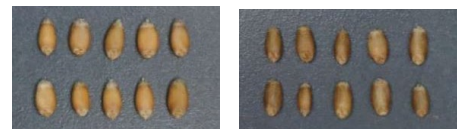
3

γ線突然変異による小麦育種素材の開発と原因遺伝子の同定

➡ 有用遺伝子カタログと育種素材の充実化。同定した遺伝子は、ゲノム情報に基づくスマート育種で利用可能



きたほなみ 穂発芽耐性変異体  
3B染色体上の一部欠失



きたほなみ 硬質突然変異体  
5D染色体上の一部欠失 (Pina、Pinbを含む領域)

コムギγ線照射集団から穂発芽耐性（上：品質向上）と硬質性（下：製パン適性）を示す変異体を取得。硬質性については原因となる候補遺伝子を同定

