

みどりの食料システム戦略実現技術開発・実証事業のうち
農林水産研究の推進（委託プロジェクト研究）

みどりの品種開発研究

みどりの品種開発を加速化する育種情報基盤の構築と育種支援ツールの開発

令和５年度 研究実績報告書

課題番号	23812130
研究実施期間	令和５年度～令和９年度（５年間）
代表機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構
研究開発責任者	作物研究部門作物デザイン研究領域長 杉本 和彦
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7449
	FAX : 029-838-7408
	E-mail : kazuhiko@affrc.go.jp
共同研究機関	国立大学法人東京大学 大学院農学生命科学研究科
	ListenField株式会社
	地方独立行政法人北海道立総合研究機構 （中央農業試験場、北見農業試験場）
	長野県農業試験場
	福岡県農林業総合試験場
	日清製粉株式会社
	株式会社渡辺採種場
	カネコ種苗株式会社
	国立大学法人千葉大学 国際高等研究基幹・大学院園芸学研究院
	熊本県農業研究センター果樹研究所
	和歌山県果樹試験場
	国立大学法人東海国立大学機構 名古屋大学
	公益財団法人かずさDNA研究所
	国立大学法人鳥取大学 乾燥地研究センター
普及・実用化 支援組織	

＜別紙様式2＞研究実績報告書

令和5年度 みどりの食料システム戦略実現技術開発・実証事業のうち
農林水産研究の推進（委託プロジェクト研究）
「みどりの品種開発を加速化する育種情報基盤の構築と育種支援ツールの開発」
研究実績報告書

I. 研究の進捗状況等

1. 作物横断的な育種支援ツールの開発と複数作物の選抜集団における実証

（1－1）作物横断的な育種支援ツールの開発と複数作物の選抜集団における実証

〔研究課題1－1－1〕 作物横断的な育種支援ツールの開発

本プロジェクトで扱う11作物（ムギ類、ダイズ、イネ、カンショ、バレイショ、飼料作物（イタリアンライグラス）、タマネギ、イチゴ、バラ科果樹（リンゴ、ナシ）、チャ、カンキツ）の、合計850以上の品種・系統について、1－1－2、1－1－3、1－1－4等との課題間連携によりゲノム遺伝子型データと形質のヒストリカルデータ等を格納する育種情報基盤を整備した。育種支援ツールについては、令和5年度までに試作版の開発が完了し、ツールに登録されている系統の形質値や機能既知遺伝子のアレル情報、および系統間交雑後代の形質分離予測が閲覧できる仕様となっている。本年度の目標の達成度は十分である。なお、試作版には実データ（過去に取得された・あるいは現在取得中の育成系統に関する形質データ、DNA多型データなど）は実装されておらず、ツール開発者がシステムの動作確認のために作成した仮想データが格納された状態であり、その機能やインターフェースは専ら開発者側のアイデアに基づいて設計されているため、次年度以降は育種担当者のニーズを十分に反映した設計とするための改良が必要である。具体的には育種担当者にとって使いやすい・わかりやすい画面設計などを想定している。

〔研究課題1－1－2〕 育種情報インフラの整備と拡充

複数の遺伝子アレルの組み合わせと各品種が持つ形質情報を合わせて可視化するためのツールであるアレルグラフに、各アレルの表現型に対する効果を推定し、推定された効果をアレルグラフ上で可視化する等、新規機能の実装を行った。イネやコムギの有用遺伝子座のアレル情報、イチゴのSNPマーカーのタイピング情報を載せ、イネの食味関連形質としてRVA（Rapid Visco Analyser）によって測定した澱粉の糊化粘度特性、コムギの出穂期や穂長、稈長、イチゴの季性や病害抵抗性といった、複数の表現型情報との関係性を可視化した。本年度の目標の達成度は十分である。また、イネのヒストリカルデータについて、BRIMASS(育種情報管理支援システム)に収録する際のデータベースの公開範囲をデータ保有者と協議した結果、次年度以降にデータの公開可能範囲に応じて複数のデータベース(育種プログラム)を構築する予定である。

〔研究課題1－1－3〕 形質の表現型情報収集システムの構築

育種現場において表現型情報を記録する電子野帳アプリのプロトタイプの開発を完了し、電子野帳アプリの簡易版である電子野帳メモの骨格となるアンドロイドアプリを作成した。系譜情報を用いた予測システムのプロトタイプを構築した。本年度の目標の達成度は十分である。また、電子野帳アプリに想定した機能を全て実装したが、依拠するライブラリ（汎用性の高いプログラムを呼び出し、可能な形でひとまとめにしたもの）が多かつ

たことから、メンテナンスのコスト低減が課題となっている。そのため、次年度以降、電子野帳アプリの開発については、簡易版の再開発等の計画の見直しを図る。

〔研究課題 1-1-4〕 ゲノム遺伝子型情報の効率的な収集と解析支援

11品目のリシーケンス等ゲノム解読、イネ、ムギ類等のSNPタイピングアレイおよびアンプリコンシーケンスによる遺伝子型調査を行い、カンショ、イチゴ等で累積100品種・系統のゲノム解読を達成するとともに、バレイショ、イタリアンライグラスの国内主要品種であるILW1の参照ゲノム構築に必要なデータを取得した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 1-1-5〕 高機能で利用しやすい育種情報基盤の開発

データ駆動で育種を効率化するための情報基盤システムの利用性・機能性を高めるために操作画面であるインターフェースの改良と、新手法・アルゴリズムの開発を行なった。前者では、多形質の解析を一括で行うため、視覚的操作画面の全面的な再設計を完了し、一部を実装した。また、基盤システムの改良・開発サイクルを高速化するCI/CDを導入した。後者では、次世代シーケンシング(NGS)データの補完・修正法、育種計画最適化法を開発した。本年度の目標の達成度は十分である。

(1-2) 自殖性主要穀物の育種情報の収集と育種支援ツールの実証

〔研究課題 1-2-1〕 ムギ類

ムギ類育種データベースの拡充のため、2023年産のコムギおよびオオムギの各育成地材料について、評価データと遺伝子型データを収集した。ゲノム選抜モデルの検証用集団を選定し、製粉歩留の調査を行った。データ解析技術の開発では、育種実装の上で重要な年次間の形質予測について検証した。本年度の目標の達成度は十分である。また、遺伝子カタログやQTLを参考にした交配設計によって、早晚性、タンパク質含量などに関する実証集団の養成を開始した。

〔研究課題 1-2-2〕 ダイズ

既存のダイズ表現型データと遺伝子型データを育種支援ツールに提供した。育成系統を含む約600品種・系統における病害抵抗性遺伝子のアレル情報を収集・整理した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 1-2-3〕 イネ

既存の192の水稲品種・系統の収穫米について、米粉のアミロース含有率やRVAによる澱粉の糊化粘度特性を評価した。米粉適性が高い品種系統や収量性に優れる約30の品種・系統を圃場栽培して、リシーケンスによりゲノム解読するとともに1年目の形質評価を開始した。各品種・系統の澱粉合成遺伝子のアレル組み合わせを明らかにして、各遺伝子アレルの形質改良効果を計算する仕組みを構築した。本年度の目標の達成度は十分である。

(1-3) 他殖性作物の育種情報の収集と育種支援ツールの実証

〔研究課題 1-3-1〕 カンショ

過去の育種試験で得られた形質情報については、計画に沿って20年分程度の入力を完了した。リシーケンス情報については、新品種や有望系統、基腐病抵抗性遺伝資源、特徴的な澱粉特性を持つ系統など30品種分を収集した。また、遺伝資源のサツマイモネコブセンチュウのレース別抵抗性およびサツマイモ基腐病（以下、基腐病）抵抗性の評価を行うとともに、遺伝解析のための多型情報の収集を行った。さらに、F1集団の蒸しいもの肉質の

評価とPolyploid QTL-Seq法による遺伝解析を行い、肉質に関連する遺伝子領域を明らかにした。本年度の目標の達成度は十分であり、特にリシーケンス情報の整備に関しては、計画を上回るペースで進捗している。

〔研究課題 1-3-2〕 バレイショ

国内育成品種である「インカのめざめ」の参照ゲノム配列の構築・検証や各形質との紐付けに有効な品種・系統についてNGSを用いた全ゲノム情報等の各種解析を実施し、データの取得を進めた。また、過去の生産力検定試験及び特性検定試験の形質データを電子化するとともに、QTL-seq及びGWAS解析のための集団の整備、品種・系統を選定した。本年度の目標である「インカのめざめ」参照配列の構築・検証にやや遅れがみられる。

〔研究課題 1-3-3〕 飼料作物

イタリアンライグラス品種・系統集団の取得済みデータを用いた予備的な解析を行い、各農業形質のアレル頻度によるゲノミック予測の精度を明らかにした。実際の育種集団のフェノタイピング・ジェノタイピングを開始した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 1-3-4〕 タマネギ

遺伝資源等のRNA-seqデータを用いた多型解析を行い、収穫適期（早晚性）に関連する球肥大関連形質についての配列情報を抽出した。タマネギでは、開花関連遺伝子群が球肥大開始を制御しているため、集中して多型解析を行った結果、4つのアミノ酸置換を生じる遺伝変異を検出した。本年度の目標の達成度は十分である。来年度以降、これらの遺伝変異と早晚性との関連性を検証する。

〔研究課題 1-3-5〕 イチゴ

令和5年12月現在で、イチゴの遺伝的多様性をカバーする計165系統のゲノム配列情報を取得した。また、イチゴの最重要病害の一つである炭疽病に対する抵抗性選抜技術の構築に向けて、接種試験に基づく抵抗性表現型情報ならびに遺伝子型情報を取得した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 1-3-6〕 チャ

「せいめい」ゲノム配列を参照として26系統の多型情報を大規模ゲノム情報比較のデータベースであるTASUKEに格納するとともに、日本の緑茶品種に偏りのあるゲノム領域を同定した。さらに新たに34系統について全ゲノムリシーケンスの配列情報を取得した。表現型についても50系統について育種試験で取得したデータを作物系譜情報データベースであるPedigree Finderに登録した。また、アントシアニン高含有QTLを検出した。本年度の目標の達成度は十分である。次年度以降、GWAS解析やゲノミック予測による重要形質の解析につなげていく予定である。

〔研究課題 1-3-7〕 バラ科果樹

リンゴの蜜入り形質について、MdSWEET12aを主働遺伝子候補として絞り込んだ。リンゴの旧形質予測モデルの実証用集団を選抜した。KASPマーカー化したSNPを用いた簡易形質予測モデルの構築に着手した。リンゴの不快臭の解析について、リンゴ交雑実生445個体の不快臭スコアの調査および葉からのゲノムDNA抽出を実施した。抽出したDNAより、GRAS-Di法による塩基配列の取得を実施中である。ニホンナシについてはニホンナシ在来品種およびチュウゴクナシ品種の黒星病抵抗性の評価を行い、複数の真性抵抗性の品種を同定した。黒星病抵抗性の品種を含む重要品種のリシーケンスを行い、これまで独自に蓄積したデータや海外研究機関のリシーケンス情報と合わせて、166品種のデータベースを作成した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 1－3－8〕 カンキツ

育種情報基盤の構築として、「清見」の参照ゲノム配列構築に向けた遺伝子機能情報付与のためにRNA-seq解析を実施した。また、系譜情報を基に新たに約30品種・系統のリシーケンス解析を実施し、育種集団のゲノムワイド多型情報を網羅的に整備するとともに形質情報を収集・蓄積した。また、予測モデル構築用トレーニング集団の供試数を増やすために768実生の遺伝子型データを取得した。さらに、スマート育種技術の実証として、他環境下である和歌山県、熊本県の育種集団を用いて既存の形質予測モデルの予測精度を確かめた。本年度の目標の達成度は十分である。

2. スマート育種をサポートするハイスループット表現型計測技術の開発と実装化

（2－1）育種素材評価の迅速化・低コスト化に資する「生育途中と生産物の高速フェノタイピングシステム」の開発

〔研究課題 2－1－1〕 地上部計測技術

多波長画像解析装置を用いた子実品質評価法開発において、コムギでは外観品質評価のため子実外観に現れるテクスチャー特徴量を測定した。ダイズでは収量構成要素・外観品質・成分特性の評価モデルのプロトタイプを構築した。圃場画像評価開発では、ムギ類とダイズで画像解析のために学習用データセットや圃場画像および形質値を取得した。本年度の目標の達成度は十分である。

〔研究課題 2－1－2〕 地下部計測技術

地中レーダーを用いて砂地圃場においてサツマイモの塊根を検出するためには、800MHz域以上の波長が適すると判明した。また、少なくとも9cm以上の塊根であれば、検出した波形データから塊根長を推定することが可能である。本年度の目標の達成度は十分である。

（2－2）レーザー分光等のセンシング技術を用いた温室効果ガスのハイスループット計測技術の開発

新たに構築した多地点温室効果ガス濃度測定システムにより、5×5m程度のイネ群落で放出速度に対応したメタン濃度プロファイルを得られることが明らかとなった。また、複数イネ品種を対象に、ハイパースペクトル反射率の多変量回帰モデルにより、光合成速度とメタン放出速度を推定する手法のプロトタイプ作成に成功した。これらはいずれもハイスループット化が可能であり、従来のチャンバ法の代替として有望であることを示すことができた。本年度の目標の達成度は十分である。