

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
みどりの品種開発加速化プロジェクト

令和6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 作物研究部門
研究開発責任者	山川 博幹
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7449
	FAX : 029-838-7408
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
	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
	静岡県農林技術研究所

＜別紙様式2＞研究実績報告書

令和6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）
「みどりの品種開発加速化プロジェクト」
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

ゲノム遺伝子情報、形質の表現型情報、系譜情報を自動入力するインターフェース、各種育種ビックデータを格納するデータベースを持つ育種情報基盤を整備するために、令和6年度（2年目）までに、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）以上について、課題終了時の最終的な目標としている約7,000（過去の他事業との累積）に対して、合計6,685（本年度は新たに約190）の品種・系統の形質の表現型データと系譜データが結び付いたゲノム遺伝子型データを格納する「育種情報基盤」を整備した。本年度の目標の達成度は十分である。イネについては約230系統を対象に、出穂や食味、収量形質に関する約70遺伝子座の遺伝子アレル情報を整備した。カンショ11点、バレイショ34点、イチゴ8点、カンキツ15点、コムギ3点の品種・系統に関して、ゲノム塩基配列情報を取得するとともに、イネおよびコムギについてアンブリコンシーケンスにより各解析集団の遺伝子型調査を行った。また、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、記入ミスを防ぐための育種キーボードの開発を完了した。電子野帳本体の開発について計画の根本的な見直しを図り、育種情報基盤の他の格納データの共有に関するシステム構成を設計した。

育種ビックデータをもとに形質予測モデルを構築して最適な交配組合せや有望な後代個体を提示する解析アプリ等を連携させた「育種支援ツール」を開発するために、令和5年度（1年目）までに試作版を開発し、令和6年度（2年目）に育種支援ツールを育種担当者による試用を行い、改善点や使用感に関するフィードバックを得た。次年度からは改善点として挙げられた「形質予測モデル構築に使用するデータが育種支援ツールを介して流出する懸念の解消」や「画面デザインやデータの表示形質の修正」に対応した実装版を開発する。

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については、ムギ類において、ゲノム選抜実装集団として、同一の集団を2か所で栽培して製粉歩留の環境変動を確認するとともに、早晩性やタンパク質含量に関する集団を養成した。また、複数の目的遺伝子を効率的に集積するためのプログラムを開発した。育種情報基盤の整備では、機能が報告されている遺伝子の周辺領域を効率的に調査できるシーケンスキャプチャーの解析プラットフォームを構築して80系統以上に適用した。得られた多型からアレルを評価する技術の開発が必要である。ダイズにおいては、同一栽培地での開花まで日数について、代表的な品種や系統の小規模なセットであるダイズミニコアコレクションの開花制御遺伝子アレル情報を用いて作成した形質予測モデルを作成した。このモデルを利用して、育成品種・系統の開花までの日数を予測可能にした。

他殖性作物の育種情報の収集と育種支援ツールの実証については、カンショにおいて、過去の育種試験で得られた形質の表現型情報や系譜情報については、これまでに過去40年分（1980年～2023年）を入力してデジタル化を完了した。このうち、2001年～2023年のデータに関しては、育種情報基盤に付随する機能の一つである「Pedigree Finder」への搭載を完了した。リシーケンスにより取得したゲノム塩基配列情報は、本年度新たに11品種・系統分を収集した。バ

レイショにおいて、各形質との紐付けに有効な品種・系統について、NGSを用いたゲノム塩基配列情報の取得を進めるとともに、過去の生産力検定試験・特性検定試験の形質の表現型情報をデジタル化した。また、解析のための集団の整備、品種・系統を選定し、倍数体植物の量的形質遺伝子座を特定するpolyploid QTL-seq法を用いることで、塊茎の肉色、澱粉品質及び休眠に関わる量的形質遺伝子座(QTL)を明らかにした。飼料作物において、イタリアンライグラス品種・系統集団について各農業形質のアレル頻度によるゲノム予測の精度を明らかにするとともに、育種素材90母系について11形質のゲノム予測精度を評価し、特に出穂日については高い精度で予測可能であることを明らかにした。自殖系統「ILW1」の参照ゲノム配列を構築し、これを利用した解析の例として量的形質遺伝子座を特定するQTL-seqにより葉色変異の遺伝子座を同定した。イチゴにおいて、イチゴの遺伝的多様性をカバーする計173系統のゲノム塩基配列情報を取得した。また、イチゴの重要病害である炭疽病、萎黄病に対する抵抗性に関わるQTL候補の検出および選抜DNAマーカー設計を実施した。イチゴの加工品利用やケーキ等業務利用において重視される赤色の果肉を選抜するDNAマーカーを開発した。チャにおいて、緑茶用品種「せいめい」の参照ゲノム配列を基準として234系統の品種間多型情報を育種情報基盤に付随する機能の一つである「TASUKE」に格納した。高精度かつ低コストでゲノム・遺伝子型の解析が可能なGRAS-Diによって、499系統の情報の取得を完了した。1984年以降の育種記録を活用し、一番茶収量、製茶品質について関連する遺伝的変異をゲノム全体から特定するGWAS・ゲノム予測モデル構築のための形質の表現型情報を取得した。低発酵性・アントシアニン蓄積に関連するQTLを検出した。バラ科果樹において、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み、このDNAマーカーを作成した。リンゴの裂果性について、NGSを用いてRNAの塩基配列を決定するRNA-seq解析による遺伝子発現情報を獲得した。リンゴの8形質について、蛍光標識した特異的プライマーにより識別精度が高いKASPマーカーを使用した少数SNP(一塩基多型)による簡易形質予測モデルを構築した。ナシについては、ニホンナシ在来品種やチュウゴクナシについて黒星病抵抗性を評価し、これまで独自に蓄積した情報や海外研究機関のリシーケンスによるゲノム塩基配列情報と合わせて、合計で166品種のゲノム・遺伝子型情報を整備した。カンキツにおいて、育種情報基盤の構築として、「清見」の参照ゲノム配列の構築に取り組み、連鎖地図情報を元に染色体レベルの参照ゲノム配列を作成した。また、農研機構と熊本県、和歌山県の育種集団の主要な親となる約45品種・系統のゲノムワイド多型情報を網羅的に収集・蓄積した。さらに、異なる解析手法で得られるゲノム・遺伝子型情報を統合するための解析手法を確立してゲノム予測が可能であることを確認した。今後は、これまでに取得した約2,600個体の遺伝子型データを統合して形質予測モデルを再構築し、予測精度を評価する。また、各育種プログラムでの高精度なゲノム予測モデル構築に向けて果実形質、画像データを蓄積するとともに本プロジェクト内で計1,536実生のゲノム・遺伝子型情報を追加取得した。

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

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」の開発について、地上部および地下部のハイスループット計測技術を開発することを最終目標としている。地上部計測技術においては、(1)子実品質評価について、ムギ類では、多波長画像解析装置を用いてコムギ品種および育成系統の800サンプル以上を解析し、粒形、粒色、表面テクスチャ(質感、模様や外観)等の特徴量を抽出する一次評価モデルを構築した。また、これらの特徴量を用いて、総合評価や蛋白含有率等を推定する二次解析モデルを汎用の機械学習を用いて構築した。ダイズでは、多波長画像解析装置等を用いて、育成系統および標準品種

等の600サンプル以上を解析し、得られた粒形や粒色等の一次特徴量を用いて、約20の子実品質項目を評価する二次解析モデルを構築した。その結果、「しわ」被害等、表面テクスチャ関連の項目については追加の画像処理が必要であることが明らかとなった。(2)圃場画像評価について、ムギ類では、令和5年度(1年目)に構築した穂数計測モデルを基に、品目横断的に利用可能な作物形質画像評価アプリとして開発した。また、ダイズでは、令和5年度(1年目)の莢検出アルゴリズムを基に、360度カメラに適用可能な高精度モデルを構築した。いずれも汎用的な形質評価プロセスとなるよう対象形質等の拡充が必要である。(3)温度、湿度や照度などの温室内局所環境センシングのセンサユニットのプロトタイプ版としてセンサモジュールの動作を制御するプログラムを開発し、小型コンピューターであるラズベリーパイで動作するセンサユニットのデータ受信機能を製作した。

地下部計測技術においては、令和5年度(1年目)までに一定深度に異なるサイズのサツマイモ塊根およびレンガブロックを埋設した砂地圃場を地中レーダーで計測し、波形データを取得している。また、解析した波形データと塊根長に有意な相関関係を得ている。本年度は波形データから長さ以外のサイズパラメータを推定するために新たに地中レーダーシミュレーター(室内に人工的に砂質圃場を模した環境を設け、地中レーダー駆動システム、距離検出システム、自動走行システムを統合した装置)を設計・開発した。本装置を用いてデータを取得し、イモの形状情報を解析した結果、精度75%で、地下部の計測が可能であった。本年度の目標の達成度は十分である。また、昨年度取得したデータを利用し人工埋設物の位置を自動検出するソフトウェアを開発した。今後、人工埋設物を用いた自動検出ソフトウェアをサツマイモ栽培地での塊根検出向けに改良する。

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について、圃場における温室効果ガス(GHG)の定量は温暖化緩和技術開発の基礎であるが従来のチャンバ法による評価には多大な労力・時間を要する。そのためGHG濃度および反射スペクトルからGHG放出速度を推定する手法の開発を進めている。令和6年度(2年目)までに測定システムの基本的な開発がおおよそ完了した。さらにイネ(CH₄)およびダイズ(CO₂)を対象とした圃場試験を実施し、それらの技術の利用可能性が十分に高いことを示すことができた。