

令和 6 年 5 月 28 日現在

機関番号：12501

研究種目：研究活動スタート支援

研究期間：2022～2023

課題番号：22K20577

研究課題名（和文）時系列データから解き明かすカンキツ果実の成熟システムとゲノミック選抜技術の開発

研究課題名（英文）Elucidation of the ripening system of citrus fruits using time series data and development of genomic selection techniques.

研究代表者

南川 舞（Minamikawa, Mai）

千葉大学・大学院園芸学研究院・准教授

研究者番号：20963218

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 2,200,000 円

研究成果の概要（和文）：ゲノム情報を活用した育種法（ゲノミック選抜：GS）は効率的な果樹育種を促進できる可能性がある。本研究では複数時点のカンキツの果実画像からさまざまな果実形態の情報を効率的に取得する方法について検討した。果実画像から得られた果実形態の情報をを用いて、複数の統計モデルによるゲノミック予測（GP）を行い、果実形態に対するゲノム育種の可能性を評価した。いくつかの果実形態では、高いGP精度を示し、高い精度でGSを行える可能性があることがわかった。また、複数の時点でサンプリングされたカンキツのさまざまな器官のRNAを用いた解析により、果実形態の特徴に関連する候補遺伝子を複数同定することができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究成果により、いくつかのカンキツの果実形態では、高い精度でGSを行える可能性を示した。望ましい果実形態を有する有望な個体を、芽生えの段階で早期に予測して選抜することができるようになり、果樹育種を効率化できる可能性がある。カンキツの果実画像からさまざまな果実形態の情報を効率的に取得する方法については、他の果樹育種への応用も可能である。

研究成果の概要（英文）：Genomic breeding (genomic selection: GS) has the good potential to facilitate efficient fruit tree breeding. In this study, a method to efficiently obtain information on various fruit morphological features from fruit images of citrus fruits at multiple time points was developed. The fruit morphological features were used to perform genomic prediction (GP) with multiple statistical models to assess the potential of genomic breeding for fruit morphological features. High GP accuracy was showed in several fruit morphological features, indicating the good potential for GS with high accuracy. RNA-seq analysis from different organs of the citrus sampled at multiple time points allowed the identification of several candidate genes associated with fruit morphological features.

研究分野：遺伝育種学

キーワード：カンキツ

様 式 C-19、F-19-1、Z-19（共通）

1. 研究開始当初の背景

果樹は一般的に幼若期が長く、交配育種に長い年月を要する。また、個体サイズが大きいため多数の個体を選抜対象にできず、選抜基準を超える個体の獲得率が非常に低い。ゲノム情報を活用した育種法（ゲノミック選抜：GS や、ゲノムワイド関連解析：GWAS）は上述した果樹育種の障壁を取り除き、効率的な果樹育種を促進できる可能性がある。このゲノム育種を成功させるためには、大量かつ高精度な果実形質のデータが必要となる。次世代シーケンス技術の進展により、多くのマーカー遺伝子型を低コストで取得することができるようになってきている一方で、果実形質の多くは少数の育種家の感性により達観的に評価されており、短期間で大量かつ高精度なデータを取得することは難しかった。ゲノム育種を成功させるためには、高精度な表現型データを収集する枠組みが必須である。

2. 研究の目的

本研究では、カンキツの成熟過程で経時的に取得された様々なカンキツ果実の横断面の画像解析により、果実形態の特徴を客観的かつ定量的に評価する方法を検討し、これらの果実形態に対するゲノム育種の可能性を評価することを目的とした。また、カンキツの果実形態の情報と遺伝子の転写産物の情報との関連性を明らかにすることも目指した。

3. 研究の方法

これまでの研究により、多くのカンキツ品種が成熟を迎える 12 月時点で取得された果実の横断面の画像から果実形態の特徴を定量的に評価する画像解析技術が開発されているため（Minamikawa et al. 2022: 図）、この技術を、12 月以外の時点で取得された果実の画像解析に拡張した。

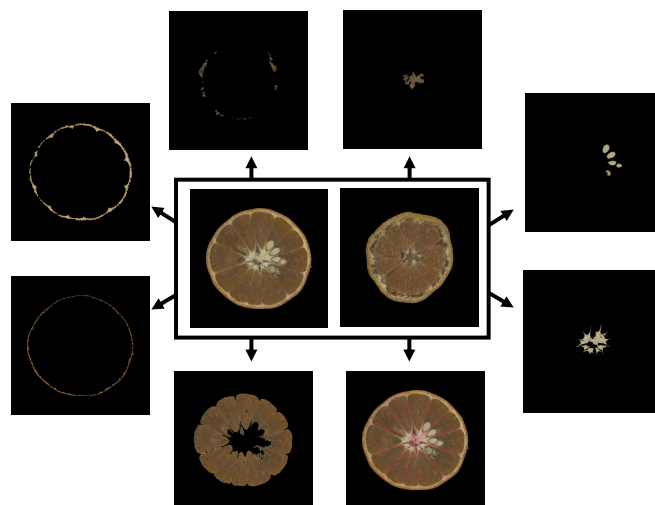


図. カンキツ果実の横断面の画像から抽出されたさまざまな果実形態の特徴

次に、取得されたカンキツのさまざまな果実形態の情報を用いて、ゲノミック予測（GP）や GWAS の精度を評価した。また、複数の時点でサンプリングされたカンキツのさまざまな器官から RNA を抽出し、RNA-seq 解析を行うことで、カンキツの果実形態の情報と遺伝子の転写産物の情報との関連性を明らかにした。

4. 研究成果

Python のプログラムにより、複数の時点から取得された果実画像からさまざまな果実形態の特徴を抽出することができた。GP の結果、いくつかの果実形態については高い予測精度（相関係数 $r \geq 0.7$ ）を示した。これらの果実形態は高い精度で GS を行える可能性がある。GWAS の結果では、いくつかの果実形態と有意な関連を示す一塩基多型（SNPs）が複数検出された。これらは従来のマーカー利用選抜（MAS）用のマーカーとして利用できる可能性がある。また、複数の時点でサンプリングされたカンキツのさまざまな器官（フラベド、アルベド、果芯、果肉など）から RNA を抽出し、RNA-seq を実施した。RNA-seq データ解析により、カンキツの剥皮性に関与する候補遺伝子を複数同定することができた。

<引用文献>

- Minamikawa, M. F., Nonaka, K., Hamada, H., Shimizu, T., & Iwata, H. (2022). Dissecting breeders' sense via explainable machine learning approach: application to fruit peelability and hardness in citrus. *Frontiers in Plant Science*, 13, 832749.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 0件／うち国際共著 0件／うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Minamikawa Mai	4. 巻 25
2. 論文標題 データ科学と統計・分子遺伝学的手法による果樹の効率的な育種基盤の開発	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Breeding Research	6. 最初と最後の頁 181～186
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1270/jsbbr.23j11	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 岩田 洋佳, 南川 舞, 磯部 祥子, 本多 潔	4. 巻 10
2. 論文標題 データ駆動型育種とそれを利用するためのプラットフォームシステムの開発	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 JATAFFジャーナル	6. 最初と最後の頁 6-11
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計13件（うち招待講演 0件／うち国際学会 5件）

1. 発表者名 木村奏, 南川舞, 野中圭介, 清水徳朗, 岩田洋佳
2. 発表標題 断片的な時系列測定からの成長曲線を推定する：カンキツの成長評価への応
3. 学会等名 日本育種学会 第145回講演会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Mai Minamikawa, Miyuki Kunihiisa, Shigeki Moriya, Tokurou Shimizu, Minoru Inamori, Hiroyoshi Iwata
2. 発表標題 Genomic prediction and genome-wide association study using combined apple genotypic data obtained by different genotyping systems
3. 学会等名 International Plant & Animal Genome Conference 2024 (PAG 31)（国際学会）
4. 発表年 2024年

1 . 発表者名 Hideto Mochizuki, Mai Minamikawa, Kosuke Hamazaki, Miyuki Kuniyoshi, Shigeki Moriya, Koji Noshita, Takeshi Hayashi, Yuichi Katayose, Toshiya Yamamoto, Hiroyoshi Iwata
2 . 発表標題 Haplotype Bias Detection By Pedigree-Based Transmission Simulation: Finding Traces of Selection That Occurred in Apple Breeding
3 . 学会等名 International Plant & Animal Genome Conference 2024 (PAG 31) (国際学会)
4 . 発表年 2024年

1 . 発表者名 Soh Kimura, Mai Minamikawa, Keisuke Nonaka, Tokurou Shimizu, Hiroyoshi Iwata
2 . 発表標題 Genomic Relationship Matrix-Based Individual Tree Growth Models Using Single Time Point Data
3 . 学会等名 International Plant & Animal Genome Conference 2024 (PAG 31) (国際学会)
4 . 発表年 2024年

1 . 発表者名 稲森稔, 南川舞, 清水徳朗, 國久美由紀, 野中圭介, 森谷茂樹, 岩田洋佳
2 . 発表標題 マーカー遺伝子型データの補完と修正アルゴリズム「Graphite」の開発
3 . 学会等名 第6回 植物インフォマティクス研究会
4 . 発表年 2023年

1 . 発表者名 稲森稔, 南川舞, 清水徳朗, 國久美由紀, 野中圭介, 森谷茂樹, 阿部和幸, 岩田洋佳
2 . 発表標題 グラフ理論と隠れマルコフモデルによるマーカー遺伝子型データの補完と修正アルゴリズムの開発
3 . 学会等名 日本育種学会 第144回講演会
4 . 発表年 2023年

1. 発表者名 本多 潔, ディオジュリアン, 本多周平, ピネダジュアンセサー, ジェニングズジェシー, 岩田洋佳, 磯部祥子, 南川舞
2. 発表標題 GS, GWAS, 交配シミュレーションのためのインタラクティブなデータ駆動型育種プラットフォーム (DDB)
3. 学会等名 日本育種学会 第144回講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Hideto Mochizuki, Mai Minamikawa, Kosuke Hamazaki, Miyuki Kuniyoshi, Koji Noshita, Shigeki Moriya, Takeshi Hayashi, Yuichi Katayose, Toshiya Yamamoto, Hiroyoshi Iwata
2. 発表標題 A simulation-based analysis approach to uncover crucial genetic regions in apple breeding
3. 学会等名 Asian Horticultural Congress 2023 (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 南川舞, 稲森稔, 谷口郁也, 東暁史, 清水健雄, 磯部祥子, 白澤健太, 岩田洋佳
2. 発表標題 'シャインマスカット' の両親系統の交配に由来するブドウF1集団を用いたデータ駆動型育種の可能性評価
3. 学会等名 園芸学会 令和5年度春季大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Fumiya Taniguchi, Akifumi Azuma, Sachiko Isobe, Kenta Shirasawa, Mai F. Minamikawa, Hideki Hirakawa, Toshihiro Saito, Takeo Shimizu, Noriyuki Onoue, Ryusuke Matsuzaki, Ryotaro Nishimura, Fumiko Hosaka, Hiroyoshi Iwata
2. 発表標題 Development of a Genome Resource for Table Grape Breeding and Its Application to Selection Technology
3. 学会等名 Plant and Animal Genome 30 (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 南川舞, 國久美由紀, 森谷茂樹, 阿部和幸, 稲森稔, 岩田洋佳
2. 発表標題 異なるジェノタイプングツールにより得られたリンゴマーカー遺伝子型の統合とゲノミック予測モデルの構築
3. 学会等名 日本育種学会 第142回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 望月秀斗, 南川舞, 濱崎甲資, 國久美由紀, 森谷茂樹, 阿部和幸, 岩田洋佳
2. 発表標題 IBS・IBDに基づくゲノム関係行列と分子血縁行列を用いた表現型予測：国内リンゴ品種群における精度比較
3. 学会等名 日本育種学会 第142回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐藤優加, 南川舞, Berbudi B Pratama, 井川智子
2. 発表標題 形態形成制御遺伝子を導入したタバコ組換え細胞の分化反応の解析
3. 学会等名 第39回日本植物バイオテクノロジー学会大会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織			
	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------