

令和元年6月7日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(C) (特設分野研究)

研究期間：2016～2018

課題番号：16KT0148

研究課題名(和文) システム育種学：麦類の品種育成情報の統合と育種目標発掘のための理論基盤構築

研究課題名(英文) Systems breeding: Integration of the pedigree information of Triticeae crop species and the construction for a theoretical framework for discovering new breeding targets

研究代表者

最相 大輔 (Daisuke, Saisho)

岡山大学・資源植物科学研究所・准教授

研究者番号：90325126

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は育種学の新たな理論的枠組みの創出を目的に、品種育成情報の統合と新たな育種目標発掘のための理論基盤構築に取り組んだ。国内で100年以上の品種育成の実績と官民合同の品種比較合同試験が実施された実績を持つビール麦を対象に、1,500超の品種育成情報と50年にわたる品種比較試験データを取得し、育成系譜ネットワークの描出に取り組んだ。また育成系譜データから代表的な約200系統を対象にGRAS-Di解析を実施し、全ゲノム関連解析の実施基盤を整備した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究の課題は、過去から現在にわたる品種育成の全体像を俯瞰する体系的な理論基盤の構築と、多角的に品種育成を推進する知識基盤の整備に資するものである。

研究成果の概要(英文)：In order to establish a new theoretical framework of breeding research, we worked on the integration of conventional pedigree information and construction of a theoretical framework for finding further breeding targets. Pedigree information of the Japanese malting barley varieties more than 1,500 varieties, which has a breeding history more than a century, and the track record of joint breed comparison tests conducted by the public and private sectors during 50 years were collected. Moreover, GRAS-Di analysis was performed for ca. 200 representative lines based on the pedigree data, and the implementation base of genome-wide association analysis was established. The issues addressed in this research contribute to the establishment of a systematic theoretical basis that provides an overview of the breeding history, and the development of a knowledge base that promotes improving the varieties in multiple ways.

研究分野：遺伝育種学

キーワード：遺伝育種学 麦類 育成系譜

1. 研究開始当初の背景

作物の品種育成・品種改良を担う育種は安定的な食糧生産の根幹的構成要素の一つである。主要穀類では、栽培地の環境に合わせて、不良形質の排除と優良形質の選抜と集積により多収化・高品質化を実現してきた育種の歴史を持つ。イネをはじめとした主要穀類は100年以上の品種育成(国外からの品種導入、育種体制の整備、育種手法の導入)の実績と膨大な品種の特性データを集積している。育種の理論的枠組みを提供する育種学は、歴史的に遺伝学・統計学と密接に関連した分野であり、要素還元論的手法によって育種を実践する体制、手法の理論基盤を提供してきた。

近年の気候変動、社会情勢、消費者、生産者の需要の移り変わりは目まぐるしく、種々の環境適応性、ストレス耐性の付与と共に用途毎に異なる高品質性とそれらの安定的多収性の品種の育成が求められている。一方、作物の品種育成は単年性作物でも一般的に10~15年程度の長期間を要するため、育種年限の短縮は大きな目標の一つである。ゲノム情報を活用した新しい育種パラダイム(ゲノム配列を利活用した高速・大量DNAマーカー開発、ゲノミック・セレクションの実装)が提案されているが、これらの手法は要素還元論的手法の高速化、効率化の側面が強い。生物学に留まらず広範な学問分野において、要素還元的アプローチの限界に直面している現在、生物をシステムとして捉え、構成する要素間の相互作用がもたらすダイナミクス、ネットワークの理解の重要性が認識されている。食糧生産の根幹を担う育種においても、持続的安定生産を実現するためには、これまでの要素還元論的アプローチに留まらず、育種の全体像を俯瞰する体系的な理論基盤を構築し、多角的に品種育成を推進する基盤を整備する必要があった。

2. 研究の目的

本研究は育種学の新たな理論的枠組みの創出を目的に、従来の品種育成情報の統合と新たな育種目標発掘のための理論基盤構築に取り組んだ。本研究では、大部分(~90%)を輸入に依存し食糧安全保障上の観点から食糧自給率の向上に向けて土地利用型作物として推奨されている麦類を研究対象とした。研究は以下の3つのフェーズで構成した。

品種育成系譜およびその形質データの収集と統合

グラフ理論に基づく育成系譜ネットワークの描出とその数学的特徴付け

現代育種の問題発見と新たな育種目標の発掘

3. 研究の方法

品種育成系譜およびその形質データの収集と統合

麦類は食糧自給率の向上に向けて、土地利用型作物として栽培が推奨されている。麦類も100年以上の育種の歴史を持ち、作物毎(オオムギ、コムギ)あるいは用途毎(二条大麦、六条大麦、ハダカ麦)に国内各地の公設農業試験場および民間会社が育種を担当し、数多くの品種を育成してきた。それぞれの試験場では育成経過、形態的特性、生態的特性、品質等の膨大なデータを保有し相互に共有してはいるものの、情報の一元化は実現しておらず、その利用は育種家の経験知に基づく。ではこれらを国内全域から収集・集約し麦類

育種を俯瞰するデータセットを整備する。

グラフ理論に基づく育成系譜ネットワークの描出とその数学的特徴付け

育成系譜データには育成年次（最初の交雑と世代数）と生産力検定試験の形質データを含んでおり、これらをスケールフリー・ネットワークの数学的な特徴に基づいて、麦類の育種形質や品種構成の変遷等を読み解く。

現代育種の問題発見と新たな育種目標の発掘

麦類の育成系譜の従来から用いられてきた遺伝学的特性とネットワーク的解釈との相互参照に取り組む。ネットワーク・トポロジーに基づき特徴的な挙動が示唆されるノード（品種・系統）を、オオムギ、コムギの各々から 100 系統程度選抜し、次世代シーケンサー（NGS）を用いたゲノム全域の DNA 多型を取得する。ゲノム全域にわたる血縁度や遺伝距離の推定を通して既報研究との相関性や相違点について検討し、育成系譜ネットワークの特徴をゲノム遺伝学的知見と対応付ける。さらにスケールフリー・ネットワークの特性である「頑健性」と「脆弱性」を、現代育種が内包するリスク・ファクターの発見や育種目標の設定と関連づけて検討し、安定的食糧生産に寄与する育種目標や育種集団、交配組合せの発掘に繋げる。

4. 研究成果

品種育成系譜およびその形質データの収集と統合

研究機関を通して育成系譜および品種比較試験データが良く整備されているビール麦を主たる対象として、育成系譜及び品種比較試験データを収集した。育成系譜については、1,578 品種・系統の系譜情報を取得した。このうち、収集した系譜情報のうち約 1 割は、F1 をはじめとした自殖が進んでいない中間系統と考えられた。ネットワーク解析では全ての品種・系統を固定系統として扱う必要があるため、これら中間系統の取扱を精査する必要があった。そこで、自殖世代数が明記されているものについては、各世代を個別の系統として扱うこととし、後述のハブ系統の特定や種々のネットワークパラメータの同定に取り組んでいる。品種比較試験データについては、福岡県農林業総合試験場から 50 年にわたる品種比較試験データを取得した。ビール大麦育成系統合同比較試験で取り決められた生産力検定試験で調査された約 30 項目に加えて、醸造品質試験の結果も一部入手した。長年の統一した規格で実施された比較試験からは、最大で 20 年近くにわたって同一品種が対象とされた試験結果も含まれていた。

グラフ理論に基づく育成系譜ネットワークの描出とその数学的特徴付け

1,500 あまりの育成系統の系譜情報を使ってネットワーク解析に取り組んだ。ダウンサイズした一部データを使った予備的な解析の結果、ビール麦の育成過程はスケールフリー・ネットワークとして表現出来る可能性が示された。そこで全データを用いた解析を実施したところ、既にスケールフリー性が報告されている事例(eg. [www](#) ドキュメント, 映画俳優の共演ネットワーク)などと比較して頂点数（品種数）が圧倒的に少数である事から、べき乗則に従うとの明確な結論は得られなかった。本研究では、国内産ビール大麦の育成系譜情報のみを対象としたため十分量の情報が得られなかった可能性があり、今後国外さんのビール麦育成系譜情報も視野に入れ、育成系譜ネットワークの数学的性状解析を継続していく。

現代育種の問題発見と新たな育種目標の発掘

ビール麦の育成系譜データに基づき代表的な約 200 系統を選定し、これらのゲノム全域の DNA 多型を GRAS-Di 技術による取得した。リファレンスゲノムが整備された生物種では、ゲノムワイドマーカー等のゲノム育種の要素技術の開発が飛躍的に進んでいるが、リファレンスゲノムへのマッピング技術ではしばしば多くの遺伝変異情報の喪失が指摘されている(Zhao et al. 2018)。本研究課題開始後にトヨタ自動車(株)にとって開発された Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct (GRAS-Di)は、リファレンスゲノムが整備されていない生物種も含めた汎用性と高い再現性とを兼ね備えた手法で、広範な作物種の遺伝的改良を飛躍的に効率化することが期待されているが、リファレンスゲノムに依存しない genotyping 手法であることから、Presence/absence variation (PAV)をはじめとしたゲノム多様性の高い検出力が期待される技術であった。そこで、本課題では当初予定していた RNA-seq による多型解析に替えて GRAS-Di を採用することとした。育成系譜情報に含まれる品種・系統を対象に GRAS-Di を実施し、公表されているリファレンスゲノムに対して、1,223,579 箇所の Single Nucleotide Variant (SNV)を同定した。得られた SNV は約 4kb に 1 箇所であり、ゲノム全域を高密度に網羅していることが期待される。現在、育成系譜集団の遺伝構造を解析しており、ハブ系統や近年育成された現代品種のゲノム上で共有されている領域の特定を進めている。また、研究期間を通して育成系譜集団を実験圃場での栽培実験に供試しており、全ゲノム関連解析等の手法を用いて、現代品種を特徴づけるゲノム領域の同定にも取り組んでいる。

今後、各フェーズで顕在化した課題に対応しつつ成果を広く育種家と共有して、将来的な育種目標の探索に取り組むと共に、成果の論文化、データベース化に取り組んでいく。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 0 件)

〔学会発表〕(計 1 件)

- 1.発表者名：最相 大輔，榎 宏征，鈴木 一代
- 2.発表タイトル：GRAS-Di 法によるオオムギ遺伝資源のゲノム多様性解析
- 3.学会等名：日本育種学会第 135 回講演会
- 4.発表年：2019

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
出願年：
国内外の別：

取得状況(計 0 件)

名称：
発明者：
権利者：
種類：
番号：
取得年：
国内外の別：

〔その他〕
ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究分担者

研究分担者氏名：甲斐 浩臣

ローマ字氏名：KAI, Hiroomi

所属研究機関名：福岡県農林業総合試験場

部局名：農産部

職名：チーム長

研究者番号（8桁）：30502413

(2) 研究協力者

研究協力者氏名：

ローマ字氏名：

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。