

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：82111

研究種目：若手研究

研究期間：2020～2022

課題番号：20K15506

研究課題名（和文）ゲノミック予測とシミュレーションによる育種最適化基盤の開発

研究課題名（英文）Development of breeding optimization platform by genomic prediction and simulation

研究代表者

矢部 志央理（Yabe, Shiori）

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・主任研究員

研究者番号：60767771

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,200,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、選抜が困難な形質や複数形質の選抜等を想定し、ゲノム情報を利用して効率的に育種を実施するための基盤を構築することを目的とし、自殖性作物のイネと他殖性作物の普通ソバについて遺伝解析およびゲノミック予測に基づく育種工程最適化シミュレーションを実施した。結果、これらをモデル作物とし、遺伝解析により得られた情報等を活用した育種シミュレーション基盤を用いることで、複数の作物種で作物や形質に応じた最適工程を示すことができる可能性が示された。本基盤は、今後の作物のゲノム育種の更なる効率化を図る上で有用であると考えられる。

研究成果の学術的意義や社会的意義

これまでに、ゲノムワイドマーカーを用いた選抜方法であるゲノミックセレクション（GS）の植物育種における有効性および、育種工程を最適化するためにシミュレーションを用いる有効性が示されているが、本研究では、複数の作物・形質に合わせて、遺伝解析で得られた知見と組み合わせた際に最適な育種工程を提案できた。この基盤は、実際の作物育種においてゲノム情報を有効に活用する新しいスタンダードを提案できる可能性がある。さらに、本研究の遺伝解析で得られた知見は今後のさらなる研究に発展できる可能性があり、学術的にも意義がある。

研究成果の概要（英文）：The goal of this study was establishing a platform for efficient breeding using genomic information, assuming traits that were difficult to improve genetically or traits showing trade-off relationship. I conducted breeding scheme optimization simulations based on genetic analysis and genomic prediction for rice and common buckwheat, as the model crop of self-fertilizing and outcrossing crop, respectively. The results showed that the breeding simulation platform could show the optimal scheme for each crop and trait by utilizing the information obtained from a priori genetic analysis. This method is expected to be useful in further improvement in the efficiency of genome breeding of crops.

研究分野：量的遺伝学

キーワード：ゲノミック予測 シミュレーション 植物育種

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

作物育種において、ゲノムワイドマーカー情報を用いて個体の遺伝的能力を予測するゲノミック予測モデルを用いた選抜法であるゲノミックセレクション (GS; Meuwissen et al. 2001. *Genetics* 157: 1819-1829) の有効性が示されている。いっぽうで、既存の GS 育種の工程や予測モデルでは、育種に有用な遺伝子や QTL の情報、環境の情報を有効に生かすための最適化が不十分であった。

シミュレーションの実施により、GS 育種の工程の最適化を実施できる可能性がある。そこで、自殖性作物や栄養繁殖できる作物に代表される最適な交配組合せの予測が求められる場合と、他殖性作物にも適用可能な選抜工程の最適化が求められる場合の両方について、GS を活用したシミュレーション基盤の構築を進めることとした。これにより、作物育種においてゲノム情報を有効に活用するスタンダードを提案できる可能性があると考えた。

2. 研究の目的

本研究は、選抜が困難な形質や複数形質の選抜等を想定し、事前に得られた情報なども効率的に育種工程の中に取り込んだ GS 育種を実施するための育種基盤を構築することを目的とした。ゲノム情報に基づくシミュレーションによる育種工程の最適化を土台とし、下記に示す方法で、作物や形質に応じた最適工程を示すことができる基盤の構築を試みた。

(1) 自殖性作物を想定した「2 系交配の場合の最適な交配組合せの決定」のためのシミュレーション基盤の開発。イネの実際のデータを用いた、GWAS 等遺伝解析やゲノミック予測、交配後代の分離シミュレーションによる開発基盤の精度評価。

(2) 他殖性作物を想定した「選抜・育種の工程の決定」のためのシミュレーション基盤の開発。普通ソバの育種集団を想定した、シミュレートされた集団を主に用いた解析を実施。

3. 研究の方法

複数作物への適用を想定した育種シミュレーション基盤を構築し、その有用性を評価した。

【イネにおける分離予測】

イネの品種集団と F₂ 集団の栽培データを用い、登熟関連形質についての環境変動の解析および QTL の検出のための遺伝解析を実施した。

品種集団をトレーニング集団としてゲノミック予測モデルを構築し、交配シミュレーションにより、交配後代の分離予測を実施した。その結果を、実際の F₂ 集団のデータと比較し、予測モデルおよびシミュレーションの精度評価を行った。

【ソバにおける育種工程最適化】

育種集団において、QTL 情報を考慮した GS 育種の工程を検討し、シミュレーションを通して適切な工程を明らかにした。その際、目的形質の遺伝的背景などが、選抜結果にどのように影響するかを解析した。

4. 研究成果

【イネにおける分離予測】

(1) 登熟関連形質の環境応答の解析

イネの登熟について解析するために、9 環境で栽培した日本水稻 91 品種について、1 穂に着粒した籾の粒重分布を Yabe et al. (2018, *PLOS ONE* 13: e0207627) を用いて定量化した。また、その数値を用い、登熟の特徴を表す新たな指標 Allocation index (All_i; (実った籾の重さ)/(全籾の重さ)) を提案し、品種群について環境応答の解析を実施した。結果、粒重分布の環境応答には品種間差が見られた (図 1)。All_i について、シンク充填率を環境の良し悪しとみなして、回帰した傾きを環境への反応性として解析したところ (図 2)、品種間差が見られ、さらに、平均籾重の安定性と All_i の安定性はトレード・オフの関係にあることが示された。この解析により、いくつかの多収品種について両方の形質で安定性が高い傾向が見られた。この結果は今後の栽培や育種に貢献できると考える (Yabe et al. 2022. *Plant Production Science* 25:195-210)。

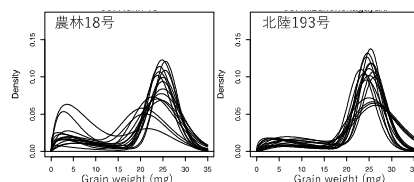


図 1 複数の環境における 2 品種についての粒重分布。各線が環境を表す。

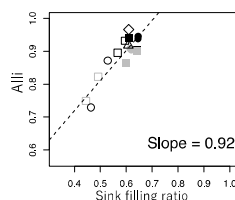


図 2 モミロマンにおける、シンク充填率に対する All_i の応答。

(2) 遺伝解析

7 環境で栽培したイネ 143 品種について解析を実施した。先述の登熟関連形質について、表現型の分散を品種・年次・地域・作期に分けると、実った籾の平均の重さについては品種の説明力が大きかったが、実った籾の割合については年次の説明が大きく、そのほかの形質はこれらの要因のみによる説明が難しいことが示された。各環境で GWAS を実施した結果、粒数や合計籾重については有意なピーク (FDR < 0.05) が得られたが、粒重分布関連形質についてはピークがほぼな

かった。しかしながら、実った籾の平均の重さと All i については、2 環境で有意なピークが検出され、環境間で共通したピークも見られ、今後のマーカー利用選抜への活用が期待できる。

(3) ゲノミック予測

年次・地域・作期を固定効果とし、既知の QTL 等は考慮しないものとしてゲノミック予測を実施した。この時、(i) 試験済み環境における未試験品種に対する予測と(ii) 未試験環境における未試験品種に対する予測の 2 パターンを実施した。結果、粒数や合計籾重については両方で予測精度(観測値と予測値の相関係数) 0.45-0.60 で予測が可能であったが、粒重分布関連形質については予測が難しかった。しかしながら、実った籾の重さの分散については、(i) で 0.41、(ii) で 0.36 の精度が得られ、All i については(i) で 0.32 の精度が得られるなど、ゲノミック予測の可能性が示唆された。

(4) シミュレーションによる分離予測と評価

実際に 2 つの交配組み合わせについて F₂ 集団の表現型データを取得し、シミュレーションによって予測された F₂ の分布と比較することで、精度を評価した。なお、予測モデルは F₂ 集団と異なる環境での品種の栽培データを用いた。結果、全ての形質について、予測される表現型分散が実際よりも小さく、これは今回用いたゲノミック予測モデルの特性と考えられ、改善の必要性が示唆された。しかしながら、集団の平均については、両親の平均値よりもシミュレーションによって予測された平均値の方が実データに近い場合があった。この結果から、最適な交配組み合わせ予測へのシミュレーションの活用は今後期待ができると考えている。

【ソバにおける育種工程最適化】

(1) QTL 解析に向けたマーカージェノタイピング方法の検討

ゲノムワイドにジェノタイピングを行う方法の一つである GRAS-Di (Enoki & Takeuchi, 2018, PAG XXVI, P0153) によるマーカージェノタイピングを行った際、優性マーカーとして検出されたマーカーについて、共優性マーカーとしてジェノタイプを推定する方法を提案した。実際の普通ソバのデータを用い、各マーカーについて、個体の read depth に基づくカウントの分布に対し、3 つのガンマ分布または正規分布の混合分布を推定することで、集団を 3 つに分け、共優性マーカージェノタイプの推定を行った(図 3)。結果、集団によって 19~35% のマーカーについて推定が可能であった。このことから、遺伝的多様性が高く大量のマーカーが利用可能な集団において、この手法は適用可能であることが示唆された。なお、この結果を用いて実際に連鎖地図構築と QTL 解析を実施している (Takeshima et al., 2022, BMC Plant Biology 22: 353)。

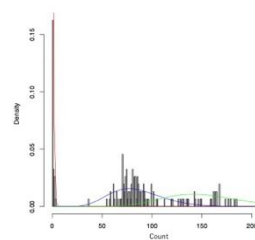


図 3 ひとつのマーカーにおける GRAS-Di の read depth count に基づく共優性ジェノタイピング。

(2) GS と通常のマーカー利用選抜を組み合わせた育種工程最適化シミュレーション

育種においては、複数の形質に対する選抜を同時に行う必要がある場合がほとんどである。本研究では、普通ソバの育種を想定し、トレード・オフの関係にある 2 形質の選抜についてのシミュレーションを通し、7 世代の選抜を想定した場合の育種工程の最適化を行った。種子収量のように多数の QTL に支配される形質 1 の GS と、草丈のように効果の大きな少数の QTL に主に支配される形質 2 の通常のマーカー利用選抜(MAS)を実施し、草丈(形質 2)は通常は収量(形質 1)と正に相関するが、一定の高さになった場合に倒伏して収量が減少する特殊なトレード・オフを想定した。

結果、各形質について以下のことが示された(図 4)。形質 1: GS と MAS の順序は形質 1 の遺伝的獲得量に大きな影響を与えなかった。しかし、形質 2 の影響がある場合、GS における選抜精度が減少した。形質 2: 先に GS を実施した場合、有用アリルが集団から消失してしまい、選抜後期での MAS が困難であった。以上のことから、初期世代で遺伝的多様性が失われるとしても、MAS を GS より先に実施することが望ましいと示された。(Yabe & Hara, 2023, PAG30, PE0586)

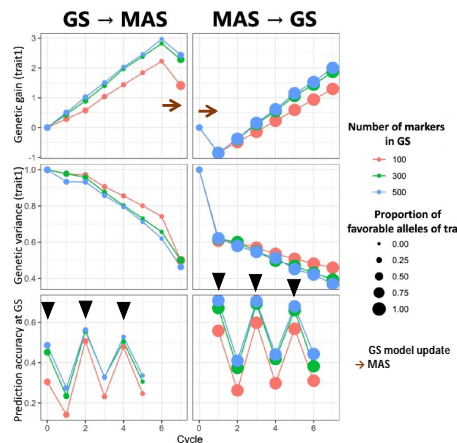


図 4 形質 1 に対する GS と形質 2 に対する MAS を組合せた場合のシミュレーション結果。上から、形質 1 の遺伝的獲得量、集団の遺伝分散、GS の選抜精度を表す。ポイントの大きさは形質 2 における優良アレルの割合を示す。各設定 100 試行した平均値。

以上の成果により、イネと普通ソバをモデル作物とし、遺伝解析やゲノミック予測モデルの構築とともに、育種シミュレーション基盤を活用することで、作物や形質に応じた最適工程を示すことができる可能性を示した。本基盤は、今後の作物のゲノム育種の更なる効率化を図る上で有用であると考えられる。

5. 主な発表論文等

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

1. 著者名 Shiori Yabe, Hiroe Yoshida, Erina Fushimi, Masanori Yamasaki, Hideo Maeda, Takeshi Hayashi, Hiroshi Nakagawa	4. 巻 25
2. 論文標題 A novel index to evaluate resource allocation pattern in panicles in Japanese rice cultivars	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Plant Production Science	6. 最初と最後の頁 195-210
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1080/1343943X.2021.2019593	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Takeshima Ryoma, Yabe Shiori, Matsui Katsuhiko	4. 巻 22
2. 論文標題 Genetic basis of maturity time is independent from that of flowering time and contributes to ecotype differentiation in common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i> Moench)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 BMC Plant Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1186/s12870-022-03722-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計4件（うち招待講演 0件/うち国際学会 2件）

1. 発表者名 Shiori Yabe, Hiroe Yoshida, Hiromi Kajiya-Kanegae, Masanori Yamasaki, Hiroyoshi Iwata, Kaworu Ebana, Erina Fushimi, Hideo Maeda, Takeshi Hayashi, Hiroshi Nakagawa
2. 発表標題 Characteristics of the grain weight distribution relating to the ability of resource allocation in a rice panicle
3. 学会等名 10th Asian Crop Science Association Conference (ACSAC10) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shiori Yabe, Takashi Hara
2. 発表標題 Simulation based optimization for genomics-assisted breeding scheme in an outcrossing crop assuming traits in a trade-off relationship depending on the situation
3. 学会等名 Plant and Animal Genome 30 (PAG30) (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 矢部志央理、吉田ひろえ、澤田寛子、鐘ヶ江弘美、後藤明俊、山崎将紀、中川博視
2. 発表標題 発育予測モデルを用いた水稻の出穂に関する環境応答QTLの検出法の開発
3. 学会等名 日本作物学会第255回講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 竹島亮馬, 矢部 志央理, 松井勝弘
2. 発表標題 ソバの開花期とは独立した成熟期早晚性の遺伝解析と生態型との関連について
3. 学会等名 日本育種学会141回講演会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

矢部志央理、「植物育種におけるゲノム情報と統計遺伝学の活用」『令和2年度 富山県農林水産総合技術センター 農業研究所セミナー』、富山県農林水産総合技術センター、2020年

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
---------	---------