

配信先：文部科学記者会、科学記者会、千葉県政記者クラブ、農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブ、筑波研究学園都市記者会、大学記者会（東京大学）、PR Times

令和6年7月4日
国立大学法人千葉大学
国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構
国立大学法人東京大学



千葉大学
CHIBA UNIVERSITY



農研機構



芽生えの段階でのリンゴ果実特性の予測精度が向上！ ～ゲノム情報の統合で過去に取得したデータも利用可能に～

千葉大学国際高等研究基幹の南川舞准教授は、農研機構果樹茶業研究部門の國久美由紀上級研究者らの研究グループ、東京大学大学院農学生命科学研究科の岩田洋佳教授らの研究グループとの共同研究により、

。さらに、

この成果により、消費者や生産者の多様なニーズに的確に対応するリンゴの品種改良の高度化・効率化につながることを期待されます。

本研究成果は、2024年7月8日に、学術誌 Horticulture Research でオンライン公開されます。

果樹は一般的に種子が発芽してから開花・結実するまでの期間が長く、交雑育種（品種改良）に長い年月を要します。また、穀物や野菜に比べて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、新品種の育成が容易ではありません。しかしこうした果樹育種の障壁を、近年注目されているゲノム情報を利用した育種法であるゲノミック選抜（Genomic Selection: GS）^{注1}やゲノムワイド関連解析（Genome-Wide Association Study: GWAS）^{注2}などの技術で、取り除ける可能性があります。

近年、次世代シーケンサー^{注3}の普及により、多数の品種間におけるゲノム網羅的なDNAの違い（一塩基多型: SNPs）^{注4}を検出するためのゲノム解析システムは飛躍的に進歩しています。これまでGSやGWASでは、一つのシステムから得られたSNPs情報を使用することが主流であり、使用中のシステムが古くなった場合には、最新のシステムで解析し直す必要がありました。しかし、選抜時に廃棄された個体のDNAを再び得ることはできないため、過去のシステムで解析をした果樹育種の選抜用の集団を解析し直すことは困難でした。

研究グループは、異なるシステムにより得られたSNPs情報を上手く統合して活用する枠組みが必要だと考え本研究では、世界的にポピュラーな果樹の一つであるリンゴを対象に、Infinium^{注5}とGRAS-Di^{注6}システムによりそれぞれ得られたSNPs情報の統合方法を検討し、大規模なデータの穴埋めを実施して統合したデータを用いた場合のゲノミック予測（Genomic Prediction: GP）やGWASの精度を評価しました。また、リンゴの交雑育種では少数の優れた起源品種や代表品種（例：ふじ）が、交雑用の親として繰り返し用いられてきており、近親交配が進んでいることが予想されます。近親交配の程度が大きくなると、樹勢や収量が低下することが知られています。このことから、近親交配の程度の情報も考慮した場合のGPやGWASの精度についても評価しました。

農研機構果樹茶業研究部門の盛岡研究拠点で栽培されているリンゴ品種群と交雑育種集団（計2,407個体）を解析に用いました。Infiniumは今後サービスが終了し使用が困難になることが予定されているため、将来GRAS-Diに移行することを仮定し、解析計画を立てました。Infiniumではリンゴ品種群と交雑集団2について、GRAS-Diではリンゴ品種群と交雑集団1について、DNAの違い（SNPs）のデータを取得しました（図

DNA の違いの情報をもとに、個体の遺伝的能力を予測して選抜する方法。DNA の違いと果実特性のデータについて、多数の品種・系統をトレーニングデータとして両者間に見られる関係を数式によってモデル化し、その「ゲノミック予測 (Genomic Prediction : GP) モデル」に基づいて、個体の遺伝的能力を予測する。芽生えの段階で将来できる果実の特性を予測することが可能。

多数の品種・系統における DNA の違いと果実特性の関係を数式によってモデル化し、果実特性と関連する DNA の違いを統計的に検出する手法。果実特性に関連する DNA の違いが明らかになれば、その DNA の違いの近傍を探索することで、果実特性を制御する候補遺伝子を同定することができる。

一度に大量の DNA 配列を解読することができる装置。

DNA はデオキシリボ核酸という物質であり、アデニン (A)、チミン (T)、グアニン (G)、シトシン (C) の 4 種類の塩基で構成されている。品種間におけるその塩基の違いを一塩基多型と呼んでいる。

イルミナ株式会社が提供する一塩基多型検出システム。

トヨタ自動車

株式会社が開発した一塩基多型検出システム。

本研究は、以下の事業の支援を受けて実施されました。

- 科学研究費助成事業 (JP22K20577, JP23K13928)
- 農林水産省委託プロジェクト研究「令和 5 年度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」(JPJ012037)
- 内閣府戦略的イノベーション創造プログラム (SIP)「スマートバイオ産業・農業基盤技術」(管理法人: 農研機構生研支援センター)
- 農林水産省委託プロジェクト研究「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発」

タイトル : Genomic prediction and genome-wide association study using combined genotypic data from different genotyping systems: Application to apple fruit quality traits.

著者 : Mai F. Minamikawa, Miyuki Kuniyoshi, Shigeki Moriya, Tokuro Shimizu, Minoru Inamori, Hiroyoshi Iwata

雑誌名 : Horticulture Research

DOI : <https://doi.org/10.1093/hr/uhae131>

本件に関するお問い合わせ

〈研究内容について〉

千葉大学 国際高等研究基幹 准教授 南川 舞

TEL: 047-308-8866 メール : minamikawa@chiba-u.jp

〈報道担当〉

千葉大学広報室

TEL: 043-290-2018 メール : koho-press@chiba-u.jp

農研機構 果樹茶業研究部門 研究推進部研究推進室

TEL: 029-838-6451 メール : kaju-koho@ml.affrc.go.jp

東京大学大学院農学生命科学研究科・農学部

事務局 総務課総務チーム 総務・広報情報担当 (広報情報担当)

TEL: 03-5841-8179, 5484 FAX: 03-5841-5028

メール : koho.a@gs.mail.u-tokyo.ac.jp