

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
NARO



UTokyo

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～

■研究の概要：

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員らの研究グループ、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、異なるゲノム解析システムから取得されたゲノム網羅的な DNA の違いのデータを統合する技術を開発しました。本技術により、過去に取得したデータも活用できるようになり、芽生えの段階におけるリンゴの多くの果実特性の予測精度が向上しました。さらに、糖度や食感のようないくつかの果実特性については、近親交配の程度の情報も考慮することで、予測のさらなる高精度化が可能であることを示しました。

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。

■研究の背景：

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。

■研究の成果：

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

1)。GRAS-Di データしかない交雑集団 1 の果実特性を予測するために、交雑集団 2 の Infinium データを利用できるよう、Beagle という既存のデータの穴埋めプログラムと自作のプログラムとの組合せによる改良版プログラムを用いて補完し、データの穴埋めを行いました。

3 種類の異なる情報と統計モデルのセットを用いて、図 1 の交雑集団 1 におけるリンゴの糖度と、粉質化の程度に関する GP 精度を比較しました (図 2)。その結果、GRAS-Di と Infinium のそれぞれのシステムによって得られた SNPs データを統合することで、GRAS-Di によって得られた SNPs のみを用いた場合よりも GP 精度が向上することが多くの果実特性で明らかとなりました (図 2 では糖度と粉質化程度を例として挙げています)。いくつかの果実特性については、近親交配の程度の情報も考慮することで、GP 精度がさらに向上しました。

次に、3 種類の異なる情報のセットを用いて、GWAS による原因遺伝子領域の検出力を比較しました (図 3)。結果、GRAS-Di と Infinium のそれぞれのシステムによって得られた SNPs データを統合することで、システム単体によって得られた SNPs のみを用いた場合よりも、GWAS の検出力が向上することが多くの果実特性で明らかとなりました (図 3 では糖度を例として挙げています)。GRAS-Di と Infinium の統合データを使用した場合のみ、閾値である波線を超えるピークが検出されています。波線を超えた位置にある SNPs は、糖度と統計的に有意な関連があることを示しています。

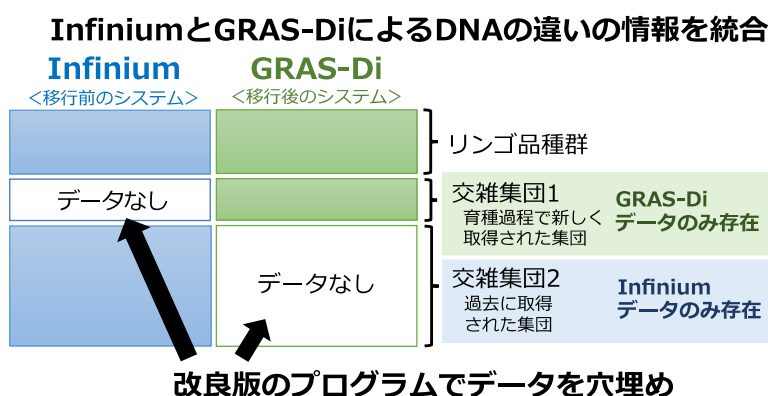


図 1 Infinium と GRAS-Di システムによる DNA の違いの情報の補完と統合

InfiniumとGRAS-Diデータの統合でGS予測精度が向上 近親交配の程度の情報も考慮することでさらに向上

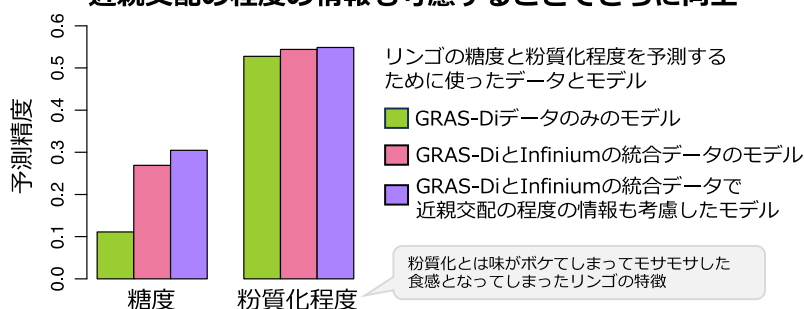


図 2 異なるデータ・モデルを用いた場合のゲノミック予測 (GP) 精度比較

InfiniumとGRAS-Diデータの統合でリンゴ糖度のGWAS検出力が向上

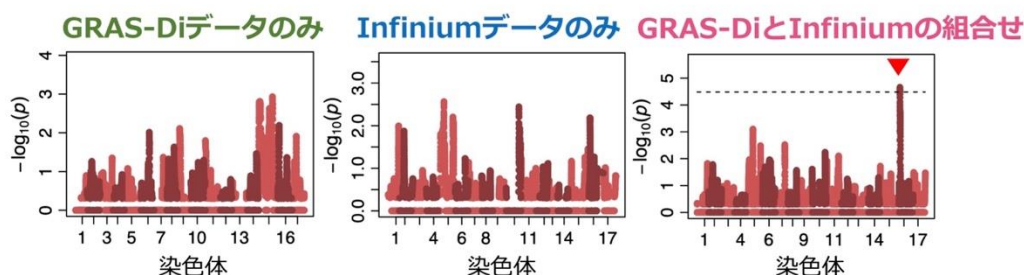


図 3 異なるデータを用いた場合のゲノムワイド関連解析

■今後の展望

本研究により、異なるシステムから取得された SNPs を組み合わせることで、将来ゲノム解析システムが変化していても、過去のシステムで解析した個体のデータを活用できます。今回の調査で、過去のデータを統合することにより、芽生えの段階での、将来できるリンゴの果実特性の予測を高精度化できることが明らかになりました。また、GWAS による原因遺伝子領域の検出力も向上しました。開発した技術や方法論は、ナシやカンキツなどの他の果樹への応用も可能です。

今後は、3 つ以上のシステムから取得された膨大な SNPs 情報を統合する場合に備えて、その統合に用いるプログラムのさらなる高速化・高精度化を目指していく予定です。

■用語解説

注 1) ゲノミック選抜 (Genomic Selection : GS) : 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。

注 2) ゲノムワイド関連解析 (Genome-Wide Association Study : GWAS) : 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。

注 3) 次世代シーケンサー: 一度に大量の DNA 配列を解読することができる装置。

注 4) 一塩基多型 (Single Nucleotide Polymorphisms : SNPs) : 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。

注 5) Infinium システム : イルミナ株式会社が提供する一塩基多型検出システム。

注 6) GRAS-Di (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) 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。

■研究プロジェクトについて

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」

■論文情報

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 Kunihiisa, 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