

スマート育種システム確立のための ゲノム予測モデルの開発と応用

SATテクノロジー・ショーケース2023

■ はじめに

イネ、コムギ、ダイズ、野菜、果樹など多くの作物では、生産量の増加や気象変動・病虫害に対する抵抗性の向上等を目的として、育種(品種改良)が行われています。育種とは、優れた品種どうしを交配し、両親から望ましい形質(生物のもつ性質や特徴)を示す遺伝情報を受け継いだ子(新品種)を選抜することとも言えます。近年、生物のもつゲノムの研究が発展しており、育種への応用が期待されています。しかし、作物には収量性、食味、耐病性など多岐にわたる形質が求められ、また栽培環境の影響が避けられない中で、効果の小さい遺伝子のはたらきの解析・証明には困難がともなうため、ゲノム情報のみで品種の全ての形質を把握できる段階には至っていません。この問題を克服する技術として、品種のゲノム情報と形質の関連性をコンピュータ上で解析し、ゲノム情報から形質を予測するモデル(ゲノム予測モデル、図1)を構築し、その予測値にもとづいて優良な個体を選抜するゲノム選抜(Genomic Selection; GS)があります。GSは家畜の育種においてすでに実用化され、植物育種への応用が期待されています。農研機構では、代表的な一年生種子作物であるイネを用いて、GSの実用化に取り組んでいます。

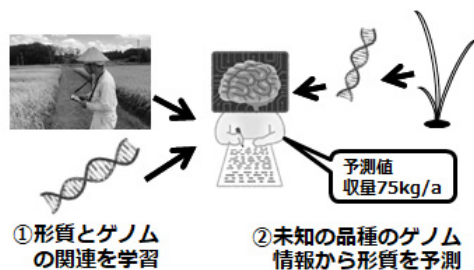


図1. ゲノムから形質を予測する「ゲノム予測モデル」

■ 活動内容

1. ゲノム予測モデルの構築

ゲノム予測モデルを構築する際には、表現型(実際の栽培で観察される形質)のデータと遺伝子型データが対となった多数の学習データが必要となります。農研機構では全国6ヶ所でイネ育種を実施しており、継続的に新たな系統(品種の候補)が作出され、表現型データが蓄積されています。このデータを収集・整理して581品種・系統の表現型と遺伝子型からなる学習データを準備し、これを学習したゲノム予測モデルの予測精度を調べたところ、これまで遺伝子型データを用いた選抜が難しかった収量性などにつ

いて、高い予測精度を得ました。(予測値と実測値の相関係数0.67~0.89)

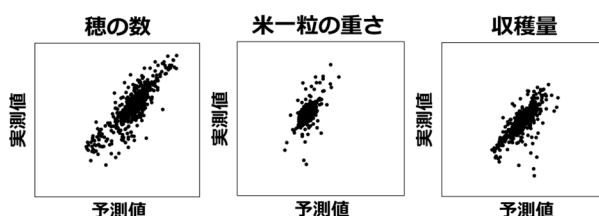


図2. 「ゲノム予測モデル」の予測精度

2. ゲノム予測モデルを活用した育種の加速化

育種では、多くの子の中から両親の優れた形質すなわち遺伝子を受けついだものを選抜します。表現型にもとづく選抜には、通常の栽培で得た表現型データが必要であり、イネであれば春~秋の数ヶ月間を要します。しかしGSでは、季節を問わずに温室内で栽培した苗から得たゲノム情報による選抜が可能です。この利点を生かし、従来は10年程度が必要だった期間を短縮し、8年程度にする高速育種の試行を開始しています。

3. ゲノム予測モデルを応用した交配予測技術の開発

交配によって作出できる品種の形質を正確に予測することは困難であるため、通常の育種では多くの組合せの交配と選抜を同時進行で実施します。そこで最も優れた交配組合せを事前に選定できれば大きな効率化につながります。ゲノム予測モデルの応用により、親のゲノム情報から得られる新品種の形質を予測する手法を開発しています。

4. その他のスマート育種技術開発

農研機構ではこのほかにも、作物の家系情報を整理するウェブサイト「Pedigree Finder」をはじめ、育種関連のデータを整理・解析・可視化する支援ツールの開発、田畑での調査記録にタブレット端末を利用する効率的な電子野帳、ドローンや自走ロボットを用いて画像を獲得しAI解析を行うなどによる各種計測の高速化など、育種のスマート化を目指した多くの研究を推進しています。

■ 関連情報等(特許関係、施設)

●プレスリリース「バイオとデジタルの融合でイネの収量や品質を予測-ゲノム選抜AIがイネ育種を変える」

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/rcat/137940.html(2021年1月)

●系譜情報データベース「Pedigree Finder」<https://ml-wiki.sys.affrc.go.jp/pedigree/>

■キーワード: (1)ゲノム予測モデル
(2)スマート育種
(3)イネ

■共同研究者: 谷口昇志、後藤明俊、鐘ヶ江弘美、米丸淳一、林武司、竹内善信、大森伸之介(農研機構)

代表発表者 松下 景(まつした けい)
所 属 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合
研究機構(農研機構) 作物研究部門
問合せ先 〒305-8666 茨城県つくば市観音台2-1-2
TEL:029-838-7404(代表)
FAX:029-838-7408