

遺伝子型プラットフォームの開発: GWAS による新たな収量性遺伝子の探索

阿部陽<sup>1</sup>・佐藤睦志<sup>2</sup>・岩田洋佳<sup>3</sup>・金天海<sup>4,5</sup>・下野裕之<sup>4</sup>

(<sup>1</sup>岩手生物工学研究センター・<sup>2</sup>夷風凜凜・<sup>3</sup>東京大学・<sup>4</sup>岩手大学・

<sup>5</sup>Sky Ocean Technology Co., Ltd.)

Development of a rice genotypic platform: GWAS for yield using decades of yield-trials data

Akira Abe<sup>1</sup>, Chikashi Sato<sup>2</sup>, Hiroyoshi Iwata<sup>3</sup>, Chyon Hae Kim<sup>4,5</sup>, Hiroyuki Shimono<sup>4</sup>

(<sup>1</sup>Iwate Biotechnology Research Center, <sup>2</sup>Ifu-Rinrin, <sup>3</sup>The University of Tokyo, <sup>4</sup>Iwate University, <sup>5</sup>Sky Ocean Technology Co., Ltd.)

【目的】我が国のイネ育種において重要な役割を担ってきた品種/系統および祖先品種の全ゲノム配列を取得し、GWAS や Genomic prediction などに利用できる遺伝子型プラットフォームを開発することを目的とした。

【材料および方法】イネ品種・特性データベース(農研機構)に記載されている品種/系統の系譜情報を整理したネットワークおよび *k*-medoids 法による解析から、代表的な 200 品種/系統を選定した。また、ネットワークのエッジ、すなわち祖先品種も選定した。全国の水稲品種開発機関および農研機構ジーンバンクから種子の分譲を受けた 294 品種/系統の DNA を抽出し、次世代シーケンサーでシーケンスした。加えて、公共アーカイブに保存されている 71 品種/系統のシーケンスリードも利用した(Yabe *et al.* 2018, Hamazaki *et al.* 2020)。「日本晴」リファレンス(IRGSP1.0)にリードをアラインメントし、SNP 情報を得て、imputation (BEAGLE5.1, Browning *et al.* 2018)を実行し、計 365 品種/系統の遺伝子型を決定した。表現型プラットフォームから得られた品種/系統の特性値を用いて、線形混合モデルによる GWAS (R package ‘gaston’, Perdry and Dandine 2018)を行った。

【結果および考察】*k*-medoids 法(*k*=200)により中心品種として選定された品種は、我が国の育種において多く交配等に利用されてきた品種/系統と考えられる。最も後代の数が多い品種は「コシヒカリ」であり、2 番目は「ひとめぼれ」、3 番目は「日本晴」であった。得られたシーケンスリードから、およそ 163 万箇所の SNP データに基づく 365 品種/系統の遺伝子型プラットフォームを構築した。この遺伝子型情報を用いた STRUCTURE 解析 (sNMF プログラム, Frichot *et al.* 2014) では、365 品種/系統は *indica* 等品種、陸稲品種、北海道品種および本州等品種の 4 つの遺伝的クラスターに分けられた。表現型プラットフォームから出力した「穂数 400 本のときの全重」を形質値とした GWAS では、形質に関与すると考えられる複数のゲノム領域を検出した。一方、「潜在収量 8t/ha のときの収量」では、有意な領域は検出されなかった。

本研究により、GWAS や Genomic prediction に利用できるイネ遺伝子型プラットフォームを開発することができた。

謝辞: 全国の水稲品種開発機関および農研機構ジーンバンクより種子を分譲いただいた。本研究は科研費・基盤研究(A)(19H00938)の支援を受けて行った。