

「情報科学との協働による革新的な農産物栽培手法を実現するための技術基盤の創出」

研究領域 領域活動・評価報告書

－2019 年度終了研究課題－

研究総括 二宮 正士

1. 研究領域の概要

本研究領域では、気候変動や環境負荷に向けた要求等、さまざまな制約の下でも高収量・高品質な農業生産を持続的に行うことを可能とする先進的な栽培手法の確立を目指します。このため、農学・植物科学と、先端計測やデータ駆動型科学等の情報科学との協働により、さまざまな環境に適応した植物栽培や生産品質に合わせた植物の生育制御を実現するための研究を異分野連携により推進していきます。

具体的には、植物生体機能を非破壊で計測する技術、多様で大規模なデータから最適栽培に資する知識を抽出する技術、植物栽培の地域特異性を凌駕できる汎用生育モデルや不確実性を考慮できる生育モデル、圃場生態系を記述する複雑系モデル、野外での生育を精度よく制御する技術等を対象とします。

研究推進にあたっては、情報科学研究者と農学・植物科学研究者との情報交換・議論・連携を重視します。さきがけ研究者がそれぞれの専門分野の強みを生かしながら連携することで、互いに触発しながらシナジー効果を得る体制を整え、将来の食料問題への解決に挑みます。さらに、戦略目標を踏まえた成果を最大化すべく、必要に応じて CREST 研究領域「環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出」、さきがけ研究領域「フィールドにおける植物の生命現象の制御に向けた次世代基盤技術の創出」とも連携した運営を行っていきます。

2. 事後評価対象の研究課題・研究者名

件数： 7件

※研究課題名、研究者名は別紙一覧表参照

3. 事前評価の選考方針

選考の基本的な考えは下記の通り。

- 1) 選考は、「情報科学との協働による革新的な農産物栽培手法を実現するための技術基盤の創出」領域に設けた選考委員7名の協力を得て、研究総括が行う。
- 2) 選考方法は、書類選考、面接選考及び総合選考とする。
- 3) 選考に当たっては、さきがけ共通の選考基準

<https://www.jst.go.jp/pr/info/info1150/index.html> (第二期)の他、以下の点を重視した。

さきがけ「情報協働栽培」研究領域において重視する選考基準

b. 研究領域の趣旨に合致しているか

- * 提案する手法と、解決すべき農業の課題との関連性が明確となっているか。
- * 農業における研究成果の活用について触れられているか。

c. 独創的・挑戦的かつ国際的に高水準の発展が見込まれる基礎研究で、科学技術イノベーションの源泉となる先駆的な成果が期待できるか

- * 数理科学・情報科学の活用の発想が優れているか。
- * 従来の研究にとらわれない新たなアプローチがみられるか。
- * 研究のための研究、もしくは従前の成果の実証に終始していないか。

d. 提案者は、提案研究の内容、研究姿勢や他の研究者との議論・相互触発を通じて、当該領域の発展や関係研究分野の継続的な発展への貢献が期待できる存在か。

- * 連携提案者については、異なるアプローチによる双方の知見の深化等、双方のシナジー効果が期待できるか。単なるデータの提供・解析という関係に終始していないか。
- * 提案者のアプローチが本領域のさきがけ研究者の研究の活性化に寄与しうるか (特に、数理科学・情報科学を専門とする提案者についてはこの点を重視)。
- * 提案者自身が、新たな研究アプローチ・研究成果を外部に向けてアピールする気概を有しているか。
- * 連携提案の選考方針

「さきがけ」は個人研究の支援プログラムであるため、連携提案・連携予定提案であっても、提案は個

人として実施する研究テーマを主とすることを大前提とする。連携提案の選考にあたっては、前述の選考の観点のほか、連携研究テーマの独創性や挑戦性や、連携先研究者との連携の必然性を選考の観点に含める。連携予定提案についても同様に、連携予定テーマの独創性や挑戦性のほか、連携の実現可能性も選考の観点に含める。

4. 事前評価の選考の経緯

一応募課題につき領域アドバイザーの内5名～8名が書類審査し、書類選考会議において面接選考の対象者を選考した。続いて、面接選考および総合選考により、採用候補課題を選定した。

選考	書類選考	面接選考	採択数
対象数	29件	16件	6件

備考:

- 1) 加えて、以下を今年度の事後評価対象とする。
 - ・四倉 聡妃弥 研究者(2017年度採択、2018年度中止)

5. 研究実施期間

2016年10月～2020年3月
2017年10月～2018年10月(四倉 聡妃弥 研究者)

6. 領域の活動状況

- (1) 領域会議: 年に2回、合計9回をこれまでに実施。

領域アドバイザーによる研究動向にかかる特別講演のほか、夏季の領域会議では地方の農学研究機関(2016年: 農研機構北海道農業研究センター、2017年: 千葉大学植物工場、2018年: 鳥取大学乾燥地研究センター、2019年: Happy Quality、サンファーム中山)の訪問を通じ、本領域で重視する栽培現場の研究者との橋渡しも実施した。

- (2) 研究総括による研究実施場所訪問

研究者の半期の進捗報告・自己評価、ならびに領域会議での研究者及び総括・アドバイザーからのフィードバックをもとに、研究総括との個別議論の機会を設けた。特に、情報学から参画したさきがけ研究者に対しては、農学を専門とする領域アドバイザーにも同行いただき、農学観点からの研究計画の適切性について議論を実施した。

また、各研究者の要望に応じ、領域アドバイザーを通じて栽培試験場所の紹介を行ったほか、本領域の他の研究者に積極的にアドバイスを求めるよう、研究総括より指示を行った。

研究者毎のサイトビジットの実施回数は以下の通り。合計26回である。

浅井秀太研究者(4)、潮雅之研究者(2)、辰己賢一研究者(4)
西内俊策研究者(6)、野下浩司研究者(3)、松井秀俊研究者(5)、四倉聡妃弥研究者(2)

- (3) セミナー・シンポジウムの開催

・植物科学シンポジウム(2015/12/2、2016/10/3-4):

2015年度に発足した植物科学分野のCREST・さきがけ概略を紹介。

・さきがけ新分野開拓セミナー(第一回2016/2/25、第二回2017/2/20):

ICTとの協創に関するワークショップ、研究者の講演を通じた異分野研究者の連携の機会として実施。
ACT-「情報と未来」研究者や、後に、本領域のみならず、さきがけ「計測技術と高度情報処理の融合に



よるインテリジェント計測・解析手法の開発と応用」領域に採択された方も参加いただいたことから、領域のビジョンや目標を伝える場としても機能したと考えられる。

・情報協働栽培領域ワークショップ(2017/2/10)

さきがけ「情報協働栽培」1期生・2期生の研究の取り組み、ならびにCREST「ビッグデータ応用」の農学分野の研究課題に関して講演を行い、本領域の目的や重視する点について来場者に広く理解いただく場とした。また、2018年度が最終年度の募集となることから、本領域への応募喚起の場としても本ワークショップを活用した。

・アグリビジネス創出フェアへの出展(2016/12/14-12/16、2017/10/4-6)：

農学への出口展開に向け、現場への応用を重視する研究課題についてポスター出展を行った。

(4) 国際連携強化

・第1回 国際ワークショップ(International Workshop on Field Phenotyping and Modeling for Cultivation)の実施

(2017/12/8-9)

さきがけ「情報協働栽培」領域研究者・CREST「植物頑健性」研究者が主体となり、フェノタイピングやモデリングの最新の研究動向について議論する国際ワークショップを開催した。先行する欧・米・豪及び近年大規模投資を始めた中国から、それぞれ基調講演として各国の取り組み等を紹介いただいた。CREST若手及びさきがけ研究者が中心となって、フェノタイピング及びモデリングに関連する6つの技術分野でセッションを企画・実施。さきがけ研究者自身が講演を依頼したい研究者を国内外から招聘した。本領域からも3名がセッション議長を務めた。本ワークショップの結果、さきがけ研究者が招聘者の研究室に短期滞在して共同研究を実施する等の交流が生まれている。さらには、招待参加した海外研究者とフェノタイピングの学際研究としての重要性に共鳴し、Scienceのパートナージャーナルとして「Plant Phenomics」誌を立ち上げに参画した。

・IPPS 2018 (International Plant Phenotyping Symposium)への参加(2018/10/2-10/5)

上記国際ワークショップに招聘した研究者の多くは、植物フェノタイピング(注)の研究者団体”International Plant Phenotyping Network”のメンバーである。彼らが運営するシンポジウム International Plant Phenotyping Symposium では、植物フェノタイピングだけではなく、農学への情報学の活用やデータ管理についても積極的に議論が行われている。このため、本領域研究者も本シンポジウムに積極的に参加し、海外の研究者と交流を深めるとともに、自身の研究テーマの国際的な立ち位置について情報収集を行った。本領域からは研究総括のほか、7名のさきがけ研究者が当該シンポジウムに参加し、ポスター発表・口頭発表・研究者との議論に参画した。IPPSでの研究トピックを踏まえて、次回に領域として開催する国際ワークショップの企画を進める予定である。

また、日本では本領域のビジョンに合致する研究分野がまだ存在せず、日本における植物フェノタイピング研究の情報交換や情報発信を通じた研究進展を目指す研究者コミュニティの設立を、二宮・磯部(領域運営アドバイザー)らが中心となり進めており、2019年3月開催の日本育種学会第135回講演会において当該コミュニティ(JPPN)設立にかかる集会を開催した。

(注)植物フェノタイピング

細胞レベルから器官・個体・個体群までの各レベルでの植物のふるまいを明らかにするために、新たな計測・計算手法によりそれらの表現型データを取得、遺伝学・生理学との連携を通じて植物学・農業に有用な知見を得るアプローチ

・IPPS 2019 (International Plant Phenotyping Symposium)への参加(2019/10/22-10/26)

植物フェノタイピングの国際研究者団体 International Plant Phenotyping Network (IPPN) が運営するシンポジウム International Plant Phenotyping Symposium (IPPS) では、植物フェノタイピングだけではなく、農学への情報学の活用やデータ管理についても積極的に議論が行われており、本年度は、2019年10月22日～26日に南京農業大学で開催された。本領域からは研究総括のほか、3名のさきがけ研究者が当該シンポジウムに参加し、ポスター発表・口頭発表・研究者との議論に参画した。IPPSでの研究トピックを踏まえて、2020年4月に開催する領域国際ワークショップの企画・研究者招聘を進めている。

本年度のIPPSでは、112件の発表(キーノートスピーチ3件、口頭発表37件、ポスター発表72件)があり、発表件数・参加者数ともに、前年度開催されたIPPS2018と比較して大幅に増加した。



このことは、国際的な、とりわけ中国における植物フェノタイピング研究への高い注目度を表している。前年度同様に画像解析の話題が多く発表され、情報科学を用いた栽培技術が重要であることが示唆される一方、既存の情報科学における手法の応用(特に深層学習)のみにとどまるような内容は減少し、現場で使える技術や、情報技術としても工夫が見られる内容が多く提案されていたことが印象的であった。日本における農学・植物科学・情報科学にかかる研究者が一堂に会し、植物フェノタイピング研究に関する情報交換や情報発信を通じた研究進展を目指す研究者コミュニティ(JPPN)などを通じて、最先端の情報科学に裏打ちされた植物フェノタイピング技術開発を推進していくことが急務である。

(5) 他領域との連携

・他領域の領域会議への参加

同一の戦略目標下にて発足した CREST「環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出」、さきがけ「フィールドにおける植物の生命現象の制御に向けた次世代基盤技術の創出」については、相互の領域会議にそれぞれの領域の研究者が参加し、議論に参画する等、領域間の交流を特に重視した。本領域研究者が CREST チームに参画する、あるいは、CREST 研究チームのセミナーにて招待講演を実施するなど、交流が積極的に進められた。

2019年12月に両国KFCホールで開催されたCREST「植物頑健性」の領域会議には、本研究領域から4名の研究者が参加し、講演とポスター発表を行った。

このような動きは、当該領域の若手研究者を主たる参加者とした自主的な研究会(2018/10/18-19)の開催に繋がった。さらには、2019年1月にはフェノタイピングに関するCRESTワークショップに本研究領域研究者が3名招待講演し、研究手法にかかる演習を担当するなど、フェノタイピングにかかる先導的な役割を本領域の研究者が担うようになっている。

・他領域研究者の本領域 領域会議への参加

情報学系の研究者との相互交流を強化する観点から、これまでに、各領域の研究総括の御了承を得て、さきがけ「社会と調和した情報基盤技術の構築」研究領域、ならびに、さきがけ「計測技術と高度情報処理の融合によるインテリジェント計測・解析手法の開発と応用」研究領域より、情報学を専門とするさきがけ研究者(延べ7名)が本領域の領域会議に参加し、本領域研究者との研究議論に参画いただいた。結果、情報学研究者との新たな人脈が本領域研究者との間に形成された。

7. 事後評価の手続き

研究者の研究報告書を基に、評価会(研究報告会、領域会議等)での発表・質疑応答、領域アドバイザーの意見などを参考に、下記の流れで研究総括が評価を行った。

(事後評価の流れ)

(事後評価の流れ)

2020年1月	研究者より提出された研究報告書の内容確認
2020年2月	評価会開催
2020年2月	研究総括による事後評価
2020年3月	被評価者への結果通知

8. 事後評価項目

- (1) 研究課題等の研究目的の達成状況
- (2) 研究実施体制及び研究費執行状況
- (3) 研究成果の科学技術及び社会・経済への波及効果(今後の見込みを含む)
- (4) 自身がこれまで専門としていなかった分野の研究手法・研究動向・研究の立場等を理解・尊重し、双方の分野の橋渡しとなる研究者となるべく研究活動ができていたか。

また、「世界レベルの若手研究リーダーの輩出の観点から、本さきがけ研究が、研究者としての飛躍につながったか(今後の期待を含む)」を加味して評価を行った。

9. 評価結果

本研究領域は、将来求められる持続可能な農業生産に向け、情報学と農学との連携を通じて、さまざまな環境に適応した植物栽培や生産品質に合わせた植物の生育制御を実現するための研究を推進するものである。特に、本研究領域では互いの分野を単なるツールとして取り扱うのではなく、それぞれの分野の考えを尊重し、新たな分野を切り開こうとする研究者の育成に力を入れている。

2016年度の募集においては、「病原ゲノミクスによる土壌診断法の開発」、「野外の生物群集ネットワークを利用した植物の動態予測」、「確率光合成モデルによる高汎化型イネ成長応答モデルの開発」、「レガシーデータに基づくイネの品質と生産性に関わる因果関係の解析と機械学習を用いたオンサイト生育診断技術の開発」、「マルチスケールデータ融合による草姿・草型の超解像フェノタイプング技術の開発」、「時系列生長データに基づく植物生長の統計的予測技術の開発」という独創的な6テーマを採択した。

また、2017年度には、「アレルゲン低減食品開発のためのデータ科学による作物育種」という課題を採択したが、2018年度に課題終了のため、今回合わせて課題評価を行う。

これら7テーマについて、下記にその概要、及び評価結果を記述する。これらのテーマの内、特に潮研究者は、野外における生物群集ネットワークの解析から、水稻の生育に関連する未知の要因を見だし、さらに圃場実験で検証した。具体的には、環境DNAを用いて、水田に生息する1000種以上の生物を網羅的に評価し、それらの時系列変化とイネの生育の関連解析をEDMと呼ばれる非モデルアプローチで行うことで実現したものであるが、極めて新規性が高く、かつ将来全く新しい栽培技術の実現を連想させるもので高く評価した。

また、さきがけという制度の目的に照らし合わせても、それぞれの研究者が異分野交流や成果展開を通じて研究者ネットワークを作り上げるなど、研究領域の活性化に貢献し、また新たな研究者ポストの獲得、学会賞の受賞を通じ、本研究期間中に研究者として成長したと考えられる。

1. 浅井 秀太 研究者「病原ゲノミクスによる土壌診断法の開発」

いくつかのフザリウム分化型について、特異的な検出を可能にするマーカーを確立し、バイオセンサーとしての可能性を示すことができたことを評価する。宿主特異性決定機構の解明に関しては、シロイヌナズナやキャベツではあるが、特異的病原性領域を同定し、今後の展開につながる基礎知見が得られた。領域としてもっとも期待した、病害発生予測モデルの構築については、初歩的な知見の獲得にとどまっている。発病率の定義が曖昧で、病原量に対応しているのか、モデルの構築について、現状のアプローチで良いのかなど十分な検証が必要である。また、モデル構築のためのデータの品質についても、いきなり収集した全国データ利用の前に、改めて検証した上で、モデル構築とその検証に資するものを蓄積して欲しい。今後も、関連研究者と連携して、現場ニーズも極めて高い、高精度で高感度な病害発生予測モデル開発を進めることを期待する。

2. 潮 雅之 研究者「野外の生物群集ネットワークを利用した植物の動態予測」

環境DNAを用いて、水田に生息する1000種以上の生物を網羅的に評価し、それらの時系列変化とイネの生育の関連解析を行うことで、イネに関わる生物を数種特定したことは、極めて新規性の高い発見といえる。また、それらとイネのRNA発現との関係の比較から、それら生物の機能的関係性まで検証したことはとても意義高く、作物栽培研究分野に全く新たな方向性を提起したとも言える。このような複雑系解析にEDMが十分に有効であることを再認識させられた。さらに、その成果を、3年間の短期間にもかかわらず、実際の慣行栽培水田ならびに自然栽培水田を利用した実験に適用して実証を試みたことも評価できる。今後さらなる研究展開を期待したい。とくに、今回の知見や手法が実際の栽培に活かせる技術へ発展することに期待する。

3. 辰己 賢一 研究者「確率光合成モデルによる高汎化型イネ成長応答モデルの開発」

3年間、複数環境において内外の圃場における膨大なデータ蓄積を行った。最大限詳細な物理モデル構築をめざし、目的とした確率光合成モデルは出来たが、まだ精度検証が十分でなく、その有効性評価ができていないのは残念である。蓄積した、多環境、複数遺伝子型データを最大限活用しながら、是非、理想とする品種非依存のモデルとして発展させて欲しいが、その際十分な検証を合わせて行うことが非常に重要である。なお、検証は統計的アプローチも含め、既存モデルと比較することも重要である。また、

当初のキーワードであった、「データ同化」が、ここまで導入されなかったことも問題である。高速フェノタイピングと組み合わせ、データ同化を導入できる部分はあると思う。光合成確率モデル用の光合成特性同時分布を品種対応にチューニングするのにデータ同化を活用することも検討して欲しい。

4. 西内 俊策 研究者

「レガシーデータに基づくイネの品質と生産性に関わる因果関係の解析と機械学習を用いたオンサイト生育診断技術の開発」

さまざまな困難が予想された、農業試験場等の既存アナログデータのデジタル化を相当量こなしたことは評価する。また、純粋なデータ解析だけから、長年に蓄積された水稻に関する知見を、他課題と連携しながら発見できることを示したことも価値がある。世界には、膨大な未利用栽培データが眠っており、それらを利用した知見獲得は、今後必要な農業試験の最適化などにも適用できると期待される。年次間差分データ回帰で精度向上を達成したのも興味深い、全国レベルでの交差検定などで十分に汎用的なのかを検証して欲しい。また、蓄積したデータを十分に使い切っているとはいえ、さらに解析の深化が必要である。例えば、他課題の成果である関数データ解析の応用などが、多くのデータ欠失がある本課題で構築したデータの特性を考えると期待できる。なおレガシーデータのデジタル化について、多くの制約があったと思われるが、この問題を解決するために今後どのような取り組みが必要なのかなど、方針をまとめて公表できないか検討して欲しい。

5. 野下 浩司 研究者 「マルチスケールデータ融合による草姿・草型の超解像フェノタイピング技術の開発」

野外圃場における超高精度3次元再構築プラットフォーム開発は、今後の幅広い応用が期待できるため、製作法など情報を公開して欲しい。個体群ないしは個体の葉群構造を確率分布モデルで記述することを提案できたことは高く評価する。とくに、葉群角度分布推定の提案は、今後の光合成効率評価との対比などと合わせて、育種や栽培技術の高度化に大きな展開が期待できるので、さらなる検証を進めて欲しい。また、内外の研究者との連携を広く進めたことも評価できる。今後やるべき事はたくさんあるが、まずはサイズ品種間でどのように葉群構造分布が異なるのか、その時系列変化も含めて検討して欲しい。また、葉の就眠運動の品種間差の検証などへの応用にも期待する。高精細点群解析パイプライン構築は良いが、その精度など十分検証しているのか。十分使えると言うことであれば、一連のパイプラインの公開を一部でも良いので検討して欲しい。筆頭原著が無く、成果のうち原著化できる部分はすみやかに投稿すること。

6. 松井 秀俊 研究者 「時系列生長データに基づく植物生長の統計的予測技術の開発」

大きな次元数で、不確実な変動が多い時系列で得られる環境データを関数データ化し、生育モデル等に取り込めることに成功したのは評価できる。とくに非線形に拡張した変化係数関数加法モデルにより、複雑な因果関係の抽出を容易にしたことは、農学への応用性が高いと思われる。ムギやイネの例では、純粋にデータから、既知の基礎知識が抽出できることも示せ、幅広い応用が期待できる。今後、作物生育関連だけではなく、市況など経済データへの応用も考えられる。とくに粗なデータセット、欠失データが多いデータセットへの本アプローチの頑健性について検証したい。さきがけ、CREST などの多くの研究者を、データサイエンス側から支援したことにも感謝したい。一方、プロジェクト予算で取得したトマト発現データの解析がまだ十分できていない。せっかく取得したデータなので、効果的な利用について、関連研究者と連携して引き続き検討して欲しい。また、非線形化による効果について、既存手法などと比較した精度検証をして欲しい。気温だけでなく、湿度や照度など、独立ではない複数時系列の同時関数化や収量や品質など相互に相関関係のある形質の同時予測への拡張はできないか。また、一般利用者も使えるよう、R関数化や情報提供をして欲しい。本成果について、関数データの有効性を示すために農学系のジャーナルへの発表も期待する。

7. 四倉 聡妃弥 研究者 「アレルゲン低減食品開発のためのデータ科学による作物育種」

アレルゲン低減農作物開発を目指し、コムギを題材にそのための手法開発にチャレンジしたことは意

義が高い。公開データの収集を用いたアレルギー生成に関わる遺伝子型・環境相互作用のモデル化とその大局的な把握、それにより得た知見を用いた多品種・他環境圃場試験と発現データ収集と解析、さらに発現プロセスの理解から低アレルギーコムギ作出のための基盤(データベース、モデル)開発を目指す方向性も良かった。残念ながら、膨大な公共データの収集と一部の解析、ならびに圃場試験の設計と一部実施までで中断してしまったが、興味深い研究であり、今後も応用ができそうな研究アプローチを提案したことは意義が高い。発想力、行動力、研究連携体制の構築など、研究者としての素質は極めて高いと思われるので、ぜひとも研究舞台へ復帰できることを期待する。

10. 評価者

研究総括 二宮 正士 東京大学 大学院農学生命科学研究科 特任教授

領域アドバイザー(五十音順。所属、役職は2020年3月末現在)

上田 修功 理化学研究所 革新知能統合研究センター 副センター長

加々美 勉 (株)サカタのタネ 常務取締役/常務執行役員

亀岡 孝治 三重大学 大学院生物資源学研究科 教授

後藤 英司 千葉大学 大学院園芸学研究科 教授

中野 美由紀 津田塾大学 学芸学部情報科学科 教授

堀江 武 京都大学 名誉教授

松井 知子 情報・システム研究機構 統計数理研究所データ科学研究系 研究主幹・教授

森川 博之*1 東京大学 大学院工学系研究科 教授

*1 2015年12月~2017年3月まで領域アドバイザーとして参画。

それ以降は領域運営アドバイザーとして参画。このため、評価には関与しない。

(参考)

件数はいずれも、2020年3月末現在。

(1) 外部発表件数

	国内	国際	計
論文	1	15	16
口頭	62	19	81
その他	22	8	30
合計	85	42	127

(2) 特許出願件数

国内	国際	計
2	0	2

(3) 受賞等

・浅井 秀太

・日本植物病理学会 学術奨励賞 卵菌綱植物病原菌の感染機構に関する研究 (2020/3/19)

・潮 雅之

・第22回日本生態学会 宮地賞 (2018/3/17)

・松井 秀俊

・応用統計学会 奨励論文賞 非線形混合効果モデルに基づく関数データクラスタリング (2017/9/4)

(4) 招待講演

国際 12件

国内 23件

別紙

「情報科学との協働による革新的な農産物栽培手法を実現するための技術基盤の創出」領域
事後評価実施 研究課題名および研究者氏名

研究者氏名 (参加形態)	研究課題名 (研究実施場所)	現職(2020年3月末現在) (応募時所属)	研究費 (百万円)
浅井 秀太 (専任)	病原ゲノミクスによる土壌診断法の開発 (理化学研究所 環境資源科学研究センター)	理化学研究所 環境資源科学研究センター 研究員 / 科学技術振興機構 さきがけ研究者 (同上 基礎科学特別研究員)	35
潮 雅之 (兼任) (2016.10- 2018.9 専任)	野外の生物群集ネットワークを利用した植物の動態予測 (京都大学生態学研究センター)	京都大学 白眉センター 特定准教授 (龍谷大学 科学技術共同研究センター 博士研究員)	40
辰己 賢一 (兼任)	確率光合成モデルによる高汎化型イネ成長応答モデルの開発 (東京農工大学 大学院農学研究センター)	東京農工大学 大学院農学研究センター 准教授 (同上)	49
西内 俊策 (兼任)	レガシーデータに基づくイネの品質と生産性に関わる因果関係の解析と機械学習を用いたオンサイト生育診断技術の開発 (名古屋大学大学院生命農学研究科附属フィールド科学教育研究センター)	名古屋大学 大学院生命農学研究科 助教 (同上)	41
野下 浩司 (兼任) (2016.10- 2018.3 専任)	マルチスケールデータ融合による草姿・草型の超解像フェノタイピング技術の開発 (東京大学大学院農学生命科学研究科)	九州大学 大学院理学研究院 助教 (東京大学 大学院農学生命科学研究科 特任研究員)	45
松井 秀俊 (兼任)	時系列生長データに基づく植物生長の統計的予測技術の開発 (滋賀大学データサイエンス教育研究センター)	滋賀大学 データサイエンス学部 准教授 (滋賀大学 データサイエンス教育研究センター 准教授)	40
四倉 聡妃弥 (専任) (研究期間: 2017.10- 2018.10)	アレルギー低減食品開発のためのデータ科学による作物育種 (京都大学 化学研究所)	(2018年10月現在) 京都大学 化学研究所 特定研究員 / 科学技術振興機構 さきがけ研究者 (同上)	6

研究報告書

「病原ゲノミクスによる土壌診断法の開発」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 浅井 秀太

1. 研究のねらい

植物と微生物は、自然界で絶えず接し、必要な環境条件がそろった時に、ごく一部の微生物が特定の植物種にのみ感染して発病させることができる。近年の急速な気候変動下において、病害を回避し、安定した食料生産を実現できるのだろうか？本研究では、土壌病害に焦点を当て、情報科学と農学を融合することにより、この課題解決を目指した。具体的には、圃場調査を実施し、どの環境要因が病気の発生に影響を与えているかを明らかにすることで、病害発生を予測するモデル構築を目指した。また、上述したように、特定の微生物が特定の植物種に対してのみ病原となり得るため、作付けを行う土壌に生存する病原微生物を特定できれば、病害を回避することができる。そこで、土壌微生物の病原性を特定する手法の確立も本研究の達成目標とした。

近年のシーケンス技術の発展に伴い、土壌環境中に存在する微生物種の特特定までは可能となっているが、どの作物に対して病原となり得るのかについては評価できないのが現状である。例えば、世界中で重大な土壌病害を引き起こしている糸状菌フザリウム (*Fusarium oxysporum*) には、それぞれ異なる植物種に感染する 120 種類以上の分化型 (forma specialis; f.sp.) が存在することが知られている。フザリウムは、菌の生育には必須でなく、病原性など特定の形質を支配するゲノム領域を小型染色体上に保持しており、それにより宿主が決定していると考えられている (Nature 2010 464:367-373)。しかし、それらゲノム領域の機能や構造についてはほとんどわかっていないため、土壌中に生息する病原性フザリウム分化型の評価ができない。本研究では、土壌病原微生物フザリウムのゲノム情報 (比較ゲノム解析) を基に、現在の解析技術では調べることができない病原性の特定を可能にする手法を確立し、全国の圃場環境調査による、植物を取り巻く環境のビックデータに基づいた病害発生予測モデルを構築することで、作付け段階での病害の回避を可能にする技術基盤開発を目指した。

2. 研究成果

(1) 概要

土壌病原微生物フザリウムの異なる分化型間で比較ゲノム解析を行い、それぞれの分化型特異的ゲノム領域を明らかにすることで、「病原性の特定を可能にする手法の確立 (分化型解析マーカーの構築)」を試みた。PacBio シーケンスにより、計 28 のフザリウム菌株の全ゲノム配列を明らかにした。その内、先行的に解析を進めた計 11 菌株に、すでにゲノム情報が報告されていた 4 菌株を加えた計 15 菌株間で比較ゲノム解析を行い、分化型特異的ゲノム領域を明らかにした。分化型特異的ゲノム領域を基に、分化型解析マーカーを構築し検討した結果、いくつかのフザリウム分化型については、特異的な検出を可能にするマーカーを確立することができた。

分化型特異的ゲノム領域の有無により、宿主特異性(感染の成否)が決定すると考えられるため、持続的に利用可能な分化型解析マーカーを構築するには、宿主特異性決定機構を明らかにすることも重要である。そこで、キャベツ菌(*f.sp. conglutinans*)を、モデル菌株として、その「宿主特異性決定機構の解明」を試みた。薬剤処理により、宿主への病原性が低下した染色体喪失株を得て、その喪失株のゲノム解析により、欠損ゲノム領域を特定した。解析を進めた結果、宿主への感染に必要な2つの遺伝子を含むゲノム領域を明らかにした。

全国各地のフザリウムによる病害が発生した圃場より、継時的な土壌サンプルを採取すると共に、圃場環境調査を行った。その内、一年を通じたフザリウムによる発病率のデータを取得することができた茨城県のミズナ栽培圃場の解析データを基に、フザリウムによる「病害発生予測モデルの構築」を試みた。具体的には、一週間の平均気温や土壌の化学性調査結果、および土壌の微生物叢(バクテリアおよび真菌)解析結果を使用した。これら環境要因と発病率との相関について調べたところ、気温と発病率においては、相関が見られたが、他の観測データとの間には相関が見られなかった。今回、対象とした土壌サンプルにおける微生物叢解析結果については、検出された微生物量が極端に少ないなどの問題もあった。気温と発病率との間に相関が見られたことから、隠れマルコフモデルを採用し、気温変化によるフザリウム菌体量および発病率の推移予測モデルの構築を試みたところ、19.9℃という気温を超えてくると、発病率が増加することが予測された。

(2) 詳細

研究テーマA「病原性の特定を可能にする手法の確立(分化型解析マーカーの構築)」

フザリウムの異なる分化型間で比較ゲノム解析を行い、それぞれの分化型特異的ゲノム領域を明らかにすることで、分化型解析マーカーの構築を試みた。ロングリードシーケンサー PacBio Sequel システムを用いて、計 28 のフザリウム菌株の全ゲノム配列を明らかにした。Busco 解析の結果、すべての菌株において >98.5%の推定ゲノムカバー率を示し、菌株間で推定ゲノムサイズの差異が見られた。これら菌株の内、先行的に解析を進めた、キャベツ菌(*f.sp. conglutinans*)、ダイコン菌(*f.sp. raphani*)、コマツナ菌(*f.sp. rapae*)、レタス菌(*f.sp. lactucae*) 2 株、タマネギ菌(*f.sp. cepae*)、ホウレンソウ菌(*f.sp. spinaciae*)、エンドウ菌(*f.sp. pisi*) 2 株、バナナ菌(*f.sp. cubense*)、非病原性株の計 11 菌株に、すでにゲノム情報が報告されていた 4 菌株を加えた計 15 菌株間で比較ゲノム解析を行い、分化型特異的ゲノム領域を明らかにした。フザリウム分化型の宿主範囲は、同じ科の植物においては、一部宿主の重複が見られることがある。そのため、分化型特異的ゲノム領域に加えて、同じ科の植物を宿主とする菌株において共通に保存されているゲノム領域についても明らかにした。例えば、キャベツ菌、ダイコン菌、コマツナ菌が共通に持っており、他の分化型には保存されていないゲノム領域をアブラナ科菌共通ゲノム領域とした。

以上の解析により明らかになった分化型特異的(および同科共通)ゲノム領域を基に、分化型解析マーカーを構築した。その内、アブラナ科菌、タマネギ菌、ホウレンソウ菌それぞれのマーカーについて、計 146 のフザリウム菌株のゲノム DNA を用いて特異性の確認を行った。その結果、アブラナ科菌マーカーが 97.3%、タマネギ菌マーカーが 92.5%、ホウレンソウ菌マーカーが 100%の特異的検出結果を示した。また、それぞれのフザリウム分化型を用いて人工的

に作製した汚染土より抽出した DNA においても、特異的に検出できることを確認した。

以上の結果から、本研究を通して、いくつかのフザリウム分化型については、特異的な検出を可能にするマーカーを確立することができた。

研究テーマ B 「宿主特異性決定機構の解明」

分化型特異的ゲノム領域に座乗する病原性因子は、宿主特異性(感染の成否)を決定する因子であると考えられる。そのため、持続的に利用可能な分化型解析マーカーを構築するには、宿主特異性決定機構を明らかにすることも重要である。そこで、キャベツおよびモデル植物であるシロイヌナズナに感染することができるキャベツ菌をモデル菌株として、その宿主特異性決定機構の解明を試みた。

PacBio シーケンスおよびオプティカルマッピングにより、22 本のスキャホールドで構成される、68.8 Mb のキャベツ菌の全ゲノムマップを得た。キャベツ菌において、薬剤処理により、キャベツ・シロイヌナズナ双方への病原性が低下、またはシロイヌナズナへの病原性のみが低下した小型染色体喪失株を得た。続いて、それら喪失株のゲノム解析により、欠損ゲノム領域を特定した。トランスクリプトーム解析を実施したところ、欠損ゲノム領域に隣接して座乗している2つのエフェクター候補遺伝子が宿主への感染時に高発現していることを明らかにした。これら2つのエフェクター候補遺伝子を含むゲノム領域を、シロイヌナズナへの病原性のみが低下した小型染色体喪失株に導入したところ、シロイヌナズナへの病原性が復帰した。

以上の結果より、シロイヌナズナへの感染に必要な2つのエフェクター候補遺伝子を含むゲノム領域を明らかにした。

研究テーマ C 「病害発生予測モデルの構築」

茨城県(ミズナ)、宮崎県(ダイコン)、長野県(レタス)、北海道(ホウレンソウおよびタマネギ)の上記品目においてフザリウムによる病害が発生した圃場より、継時的な(月に一度)土壌サンプルを採取すると共に、圃場環境調査を行った。併せて、転炉スラグという土に混ぜ込むことで、フザリウムによる病害が抑えられる資材を導入した管理圃場(ホウレンソウを作付け)からも経時的な土壌のサンプリング、および発病調査をはじめとした圃場環境調査を行った。これら品目の内、ミズナは年中作付けがされており、一年を通したフザリウムによる発病率のデータを取得することができた。そのため、2016 年より 2018 年の土壌および圃場環境の解析データを基に、フザリウムによる病害発生予測モデルの構築を試みた。具体的には、一週間の平均気温や土壌の pH、窒素・リン酸・加里含量などの化学性調査結果、および土壌の微生物叢(バクテリアおよび真菌)解析結果を使用した。気温と発病率との相関については、発病率の測定結果が得られている計 64 点でのデータを使用、その他については結果が得られている計 91 点のデータを使用した。発病率測定と観測日がずれている場合、発病率のデータを密度推定し、その他データの観測日に対応する予測値を取得し、使用した。微生物叢解析については、経時的かつ量的な変動を評価するため、一般的に用いられているメタバーコーディング法に標準 DNA を利用することにより、定量的な解析を行った。

はじめに、発病率とそれぞれの観測データについての相関関係について調べたところ、気温と発病率においては、相関が見られた(相関係数:0.627)が、他の観測データとの間には相

関が見られなかった(相関係数: < 0.1)。また、相関がみられなかった観測データを説明変数、発病率を目的変数として回帰モデルを構築し、lasso で推定してみても、変数として1つも選択されなかった。微生物叢(バクテリアおよび真菌)解析のデータについては、種レベル、属レベル、門レベルと細分を変えたデータについても、解析を行ったが、結果は変わらなかった。中には、フザリウム属菌の定量的なデータも含まれていたが、予想に反して、相関が見られなかった。データの詳細を確認したところ、対象とした茨城県の圃場サンプル由来の微生物叢解析結果は、検出された微生物量が極端に少なく、フザリウム属菌についても、サンプルによっては全く検出されていないものが含まれていた。この結果と一致するように、研究テーマ A で作製したアブラナ科植物を宿主とするフザリウム分化型を特異的に検出するプライマーを使用した定量 PCR によっても、検出がうまくいかなかった。他の圃場由来の土サンプルでは、十分に微生物叢解析結果が得られているため、今後、土質に合わせた効率的な DNA 抽出法を検討する必要があるだろう。

上記の解析を通して、気温と発病率との間に相関が見られることがわかった。今回のデータが時系列データであるため、隠れマルコフモデルを採用し、気温変化によるフザリウム菌体量および発病率の推移予測モデルの構築を試みた。気温がフザリウム菌体量に影響を与え、フザリウム菌体量が、最終的な発病率に影響を与えているという仮説の基、気温と発病率の測定結果を使用し、解析を行った。その結果、 19.9°C という気温を超えてくると、発病率が増加することが予測された。

3. 今後の展開

本研究を通して、土壤病原微生物フザリウムの病原性(宿主とする植物)を特定できる手法について一部確立することができた。この成果は、微生物種の特定までに留まっていた従来の微生物叢解析に病原微生物の特定という新たな要素を加えるコンセプトとなり得る。同様のアプローチにより、他の土壤生息病原微生物についても診断可能な技術開発に繋がることが期待される。また、キャベツ菌をモデルとして、その宿主特異性に関わる重要なゲノム領域を明らかにした。持続的に利用可能な分化型解析マーカーの構築のため、同様のアプローチにより、他のフザリウム菌株においても、病原性に関わる重要な遺伝子およびその機能について明らかにしていく。以上の様に、表現型(病原性)とマーカー(ゲノム領域)の紐付けを進めると共に、現場での迅速かつ簡易な診断を可能にするキット(デバイス)の開発を進めていく。

病害発生予測モデルについては、気温と発病率の相関について、一部予測を可能にする結果を得ることができた。しかし、今回対象とした土壤サンプルにおいて、検出された微生物量が極端に少ないなどの問題があり、当初予定していた分化型解析マーカー由来のデータを取得し、利用することができなかった。これについては、同サンプルでの再解析を検討すると共に、他の圃場由来の解析データを基に、病害発生予測モデルの構築を進めて行く。

4. 自己評価

「研究のねらい」で記載した通り、本研究では、情報科学と農学を融合することにより、作付け段階での病害回避を可能にする技術基盤開発として、土壤微生物の病原性を特定する手法の確立と病害発生予測モデルの構築を達成目標とした。病原性を特定する手法の確立については、一部ではあるが、精度の高い検出系を確立することができた。病害発生予測モデ

ルの構築については、サンプル調整における不運もあったが、本研究期間内に、上記の手法により得られる結果を反映させることができなかつた。この点については、今後の課題とする。

これまでは、土壌病原微生物の生存や病原性について調べる手法がなかつたため、現場では、経験則により、病害防除法(土壌消毒・還元消毒・農薬の散布など)の選定や病害の発生予察がなされてきた。本研究を通して確立した(今後、確立する予定の)土壌微生物の病原性を特定する手法や病害発生予測モデルを利用することで、病害防除効果を数値として評価することも可能となり、適切な時期・回数および防除法の選定が可能となる。また、近年の急速な気候変動下においても、病害の回避を可能にすることが期待される。つまり、将来的には、作付け段階での作物の選定や防除法について、農業関係者への的確な提案が可能となり、病害防除への貢献はもちろん、農薬過剰散布の回避など、生態系の保全や、費用・労力の低減といった環境的、経済的な利益への貢献も期待される。

本研究開始当初は、情報科学の知識は皆無であったが、本研究を通じて、知識を身に付けると共に、情報科学に長けた研究者の方々と交流を持てたことが、大きな財産となった。この経験を活かし、今後、情報科学と農学を繋ぐ役割を担っていきたい。

5. 主な研究成果リスト

(1)論文(原著論文)発表

1. Asai S., Ayukawa Y., Gan P., Masuda S., Komatsu K., Shirasu K. and Arie T., “A high-quality draft genome sequence of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* strain 160527, a causal agent of Panama disease” *Microbiology Resource Announcements* 8:e00654–19, 2019

(2)特許出願

研究期間累積件数：0件(公開前の出願件名については件数のみ記載)

(3)その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

主要な学会発表 ○:発表者

1. ○浅井秀太, 鮎川侑, Gan Pamela, 増田幸子, 有江力, 白須賢 “比較ゲノム解析を通じたフザリウム分化型解析マーカーの構築と応用” 令和2年度植物病理学会大会 [鹿児島] 2020年3月
2. ○浅井秀太, 鮎川侑, 増田幸子, 有江力, 白須賢 “比較ゲノム解析を通じたフザリウム分化型解析マーカーの構築” 令和元年度植物病理学会関東部会 [東京] 2019年9月
3. ○浅井秀太 “圃場病原ゲノミクス - 土壌診断法の開発にむけて -” 第12回フザリウム研究会 [秋田] 2019年9月 *基調講演
4. ○浅井秀太, 鮎川侑, 白須賢 “フザリウム分化型解析マーカー構築に向けた比較ゲノム解析” 平成30年度植物病理学会関東部会 [東京] 2018年9月
5. ○浅井秀太 “圃場病原ゲノミクス - 土壌診断法の開発にむけて -” 平成30年度(第28回)植物細菌病談話会, [高知] 2018年8月 *基調講演

受賞

1. 日本植物病理学会学術奨励賞 2020年3月

著作物

1. 浅井秀太 “圃場病原ゲノミクス - 土壌診断法の開発にむけて -” 植物細菌病談話会
論文集(第28号)ISSN 1346-5767, 日本植物病理学会, 高知 28:34-39, 2018.

研究報告書

「野外の生物群集ネットワークを利用した植物の動態予測」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 潮 雅之

1. 研究のねらい

本研究のねらいは、メカニズムが複雑/未知な系での植物形質の変化を高精度に予測するため、圃場生態系の生物群集情報と新規な時系列解析法 (Empirical Dynamic Modeling; EDM) を組み合わせた研究枠組みを確立することである。本研究は野外の実験水田生態系を対象として、(A) 環境 DNA 分析によるイネを取り巻く生物群集の網羅的かつ高頻度な時系列データの取得、(B) 非線形時系列解析による相互作用ネットワークの再構築、(C) ネットワークに基づいた動態予測とイネに影響する生物の特定、の3つのステップからなり、さらに A～C までが成功した場合には (D) 統計予測に基づいたイネ動態の野外制御実験、を行う。

まず、水田生態系での植物を取り巻く生物群集の時系列データを環境 DNA 分析法を用いて網羅的・効率的に取得する。次に取得した時系列データに対して、時系列解析の革新的なツールとみなされつつある EDM の枠組みを適用し、圃場の生物種間の因果関係ネットワークを描く。生物種間の因果関係の検出には、EDM の中でも特に Convergent Cross Mapping と呼ばれる手法を用い、因果が検出された種の組み合わせに対しては多変数 S-map 法によって相互作用強度を定量する。これらの解析によって、注目する植物の形質を制御する相互作用ネットワークの再構築を行う。最後に、描かれた生物群集のネットワークをもとに、イネに影響をもつ生物の情報を利用してイネの動態 (成長速度など) の予測の高精度化を達成する。また、イネ以外のどのような生物がイネ (の形質) に影響を及ぼすのかをネットワークの情報を利用して予測し、その予測に基づいてイネ動態の野外での制御を試みる。

本研究では全体を通して、圃場生態系はその支配原理が明らかではなく、農作物がそのような系の一要素として挙動しているという概念のもとで研究を行う。その概念のもとで、環境 DNA 法と EDM を高度に統合し、変動環境下での作物の成長・病気発生などの予測を高精度に行うための枠組みを確立し、その制御を目指す。

2. 研究成果

(1) 概要

研究期間内に野外の実験水田生態系を対象として、以下の4つの研究を実施した: (A) 環境 DNA 分析を利用した水田生物群集の網羅的・高頻度な時系列データの取得、(B) 非線形時系列解析によるイネ-生物間の相互作用ネットワークの再構築、(C) ネットワークに基づいた動態予測とイネに影響する生物の特定、(D) 統計予測に基づいたイネ動態の野外制御実験。成果の概要は以下の通りである。

(A): まず、環境 DNA 分析による水田生物群集の網羅的かつ高頻度のモニタリングを達成するために効率的なサンプル採集および DNA 抽出の手法開発を行った。開発した方法を用いて 2017 年 5 月 23 日～9 月 22 日の間、実験水田から 1 日 1 回の頻度で環境 DNA サン

ブルの採集とイネの成長率の測定を行った。その結果、実験水田に生育する 1196 種の生物とイネの成長速度の時系列が取得できた。

(B): 得られた 1196 種の生物とイネの時系列データを非線形時系列解析の1種である Empirical Dynamic Modelig (EDM) で解析した。まず、EDM の中でも2変数間の因果関係を検出する手法である Convergent Cross Mapping で生物間の因果関係を検出し、その後 S-map 法により1日毎に変化していく生物間相互作用の強さの定量を行い、イネを取り巻く生物群集の相互作用ネットワークを再構成した。

(C): 再構成したネットワークを解析し、野外環境でイネに影響を与える生物を特定した。特定された生物の内、10 種は種レベルで確からしい同定ができ、かつ真核生物であり培養や単離を経て野外での操作に利用できる可能性があった。また、ここで検出されたイネに影響を与える生物の時系列動態をイネの動態予測に組み込むことで、イネの動態予測の精度が向上した。

(D): (A)~(C) までの研究を受け、2019 年度に野外でのイネの成長操作実験を試みた。操作を行う候補種 10 種の中からウスイロユスリカ (*Chironomus kiiensis*) と卵菌類である *Pythium nunn* を選定し、生育途中のイネに 6 月下旬に実験水田から *C. kiiensis* の除去と *Pythium nunn* の添加を行った。その後イネの成長速度と RNA 発現量を測定した結果、どちらについても野外操作実験による一定の変化が確認された。

(E): (A)~(D) までの研究成果を裏付けるため、複数の追加データを取得した。2017 年には京都府の農家水田からイネ成長データおよび環境 DNA データを、2018 年には実験水田からイネの成長データと RNA 発現データ・環境 DNA データを取得し、(A)~(D) と矛盾しない結果を得た。

(2) 詳細

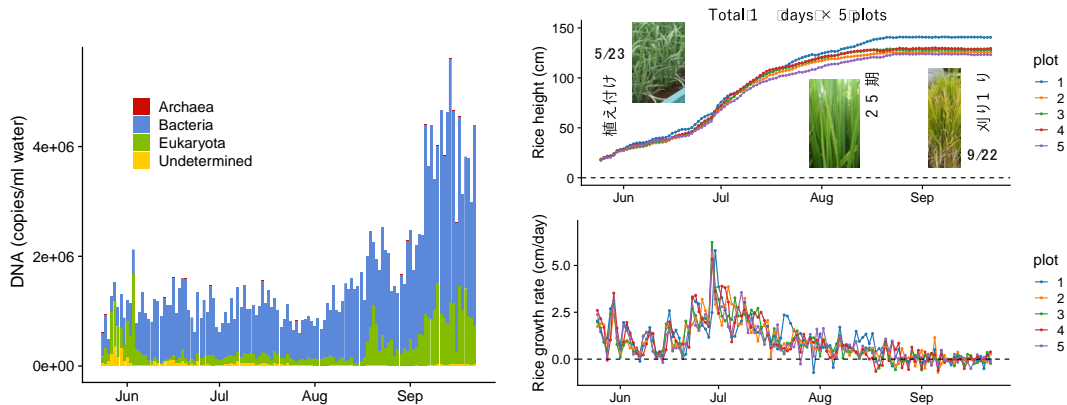
研究テーマ A 「環境 DNA 分析を利用した水田生物群集の網羅的・高頻度な時系列データの取得」

水中に残存する DNA を利用して生物を検出するためには、フィルターによる水のろ過とフィルター上に残った DNA の抽出が必須である。しかし、従来法では DNA 抽出における効率の低さと抽出にかかる時間が問題であった。そこで、ステリベクス (Sterivex) と呼ばれるカートリッジ型フィルターの内部に細胞組織破碎用のビーズを加えて破碎処理することで DNA 抽出効率の向上と抽出時間の短縮を試みた。海洋・湖沼・河川・池の4種類の野外生態系の水サンプルを用いて、考案した抽出法の効率を検討した結果、どの水サンプルにおいても考案手法が既存手法よりも高いパフォーマンスを示した。本結果は特許出願を行い、生態学の手法を掲載する論文で最も著名な *Methods in Ecology and Evolution* 誌で発表した (Ushio 2019)。本プロジェクトでは一貫してこの手法を採用した。

2017 年 4 月に京大生態学研究センターの実験圃場に小規模実験水田を設置した。実験水田は 90cm × 90cm、深さ 34 cm で内部に 16 個のワグネルポットを設置した (以下、プロットと呼ぶ)。1 つのワグネルポットに3個体のヒノヒカリを植えた。開発した手法を用いて 2017 年 5 月 23 日~9 月 22 日の間、1 日 1 回の頻度で 5 つの野外実験水田から水サンプルを取得した。また、同時にプロット中心のイネ4個体について草丈・SPAD をイネの成長の指標として測

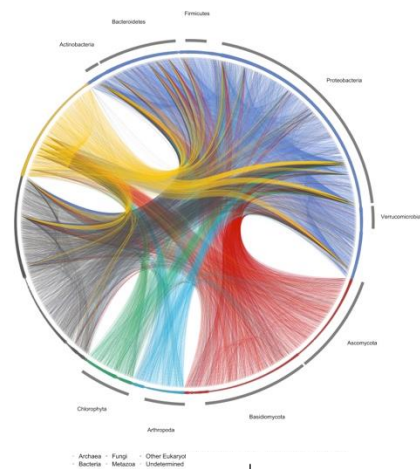
定した。環境変数については気温・相対湿度・照度を自動計測した。

122 日間にわたり 5 つのプロットをモニタリングして合計 610 サンプルを得た。それらについて、原核生物(16S rRNA)、真核生物(18S rRNA)、真菌(ITS)、動物(COI)、それぞれの解析対象 DNA 領域を増幅して生物の DNA を網羅的に解析した。その結果、610 サンプルから合計1万種を超える生物種を検出し、DNA 濃度や検出頻度を基準として時系列解析に耐えうる 1196 種を選定した。下図の左が生物群集の時系列データ、右図がイネの成長時系列データを示している。



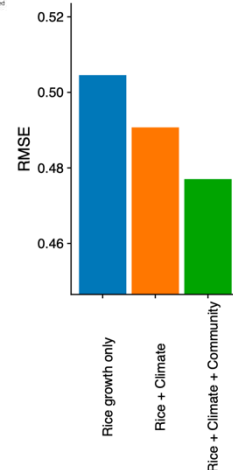
研究テーマ B 「非線形時系列解析によるイネ-生物間の相互作用ネットワークの再構築」

得られた生物群集の網羅的・高頻度時系列データを EDM により解析した。まず、1196 種 × 1196 種の組み合わせで種間の因果関係を CCM により検定した (Sugihara et al. 2012 *Science*)。その結果、合計 7166 組み合わせの因果関係を検出した。それらについて多変数 S-map 法 (Deyle et al. 2016 *PRSB*) および正規化 S-map 法 (Censi et al. 2019 *Methods in Ecology and Evolution*) を適用し、一日毎に変化する相互作用ネットワークを描くことに成功した (右図: 調査期間・プロットを平均した相互作用ネットワーク。円周上に生物種が示され、線の色が因果を持つ生物の分類群を示している)。



研究テーマ C 「ネットワークに基づいた動態予測とイネに影響する生物種の特定」

描いた相互作用ネットワークの情報を元に、まずイネの成長動態の予測を試みた。Root Mean Square Error (RMSE) を基準にして3種類のデータセットを用いてイネの成長を EDM で予測した。用いたデータは (i) イネの成長データのみ、(ii) イネの成長データ+気象データ、(iii) イネの成長データ+気象データ+イネに因果がある生物の時系列データ、である。予測した結果、予測誤差は (iii) のデータセットを用いたときが

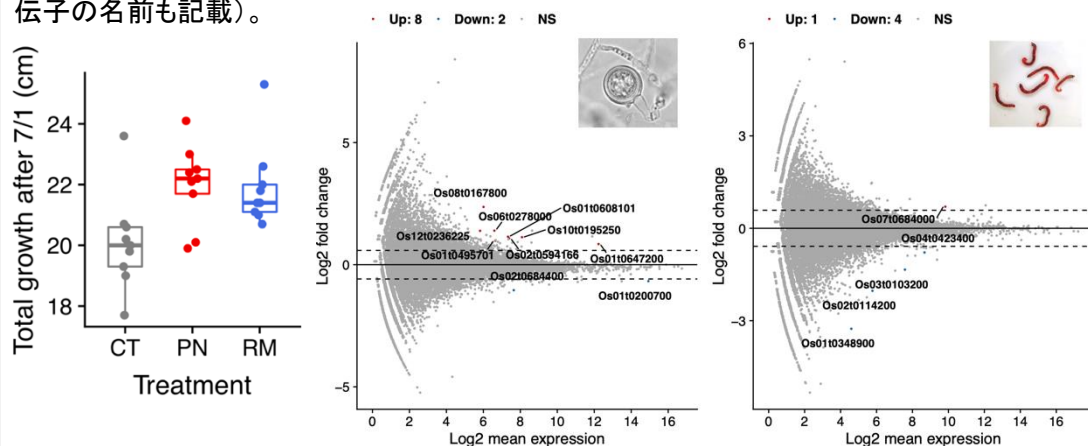


最も小さく(右図の緑色のバー)、イネや気象データに加えてイネの周りの生物群集がイネの成長予測に寄与していることが判明した。

さらに、(B)で得られた相互作用ネットワークから野外においてイネの成長に寄与している生物を特定し、その中から野外での操作実験に利用できる可能性のある種をリストアップした。真核生物10種類がリストアップされ、その中には真核微生物・緑藻・真菌・卵菌類・昆虫などが含まれた。

研究テーマD「統計予測に基づいたイネ動態の野外制御実験」

(C)でリストアップされた生物種を吟味し、実際に野外操作実験で使用する種として昆虫のウスイロユスリカ (*Chironomus kiiensis*) と卵菌類の *Pythium nunn* を選定した。EDMによる予測に基づいて2019年の6月下旬、*C. kiiensis* の除去及び *P. nunn* の添加を行い、その後のイネの成長率とRNA発現量の変化を測定した。その結果、*C. kiiensis* 区と *P. nunn* 区では対照区と比べて成長が良くなった(下図の左:操作後10日間の積算成長)。また、いくつかの遺伝子についてRNAの発現量が変化していた(下図:中、右のパネルがそれぞれ操作実験後の *P. nunn* 区、*C. kiiensis* 区の遺伝子発現量の変化。FDR補正後に有意な変化を示した発現遺伝子の名前も記載)。



研究テーマE「その他の成果」

a. 生物群集がイネに影響を及ぼす経路をより詳細に調べるために2018年度に3日に1度のモニタリングを行い、イネの成長・RNA発現パターン・水田生物群集のネットワークを再構築した。ウスイロユスリカがイネRNA発現パターンに与える影響を調べたところ、2019年度の操作実験と矛盾しない結果を得ることができた。*P. nunn* は2018年度の出現頻度が低く、詳細な解析は不可能であった。

b. また、今回実験水田で見られたパターンが実際の農家圃場にも適用可能かどうかを調べるために2017年に京都府の農家水田でのサンプリングも行った。長期間無施肥無農薬でも一定の収量を保っている圃場では、*Pythium* の仲間が多く、またユスリカが少ないという興味深いパターンが見られた。土壌栄養が慣行農法の圃場と比べて低いいため、イネの生育と水田生物群集の関係については注意深い解析・考察が必要であるが、生物群集とイネの生育との関係を考える上で興味深いパターンであると言える。

c. 2017年のモニタリングで得られた生物群集の時系列データは世界的に見ても貴重なもので

生物群集の成立過程で働くルールを調べるために利用できると考えられる。実際、イネの成長データとは独立に生物群集データを解析することで、生物群集の多様性や動態を決定するルールを発見した。また、その他、微生物の培養可能性(Ushio in press, *Ecol Res*)や生物の定着に関する観点(スタンフォード大との共同研究)からもデータ解析を進めている。

3. 今後の展開

今回の研究成果は、一連の「網羅的生態系モニタリング→時系列解析→野外操作実験」の枠組みが水田生態系の予測や制御において機能しうることを示している。従って、本研究で採用した研究枠組みを他の系で実施することでそれらの系の動態予測や制御が可能になる可能性がある。また、その際には近年発展が著しい植物の高スループットなフェノタイピングの技術を組み合わせるとより効果的であると考えられる。例えば、ダイズやジャガイモの畑において土壌微生物群集の定量的モニタリングと草姿草型のフェノタイピング・病徴のモニタリングを実施すれば、作物の生育状態の制御や病原菌の発生予察・制御が可能になるかもしれない。さらに、本研究枠組み「モニタリング→時系列解析→制御」は農業だけでなく、魚介類の養殖や醸造といったシステムにも適用できる可能性がある。

また、今回検出した「野外でイネに影響を与えうる生物群」の農業における利用可能性はさらに検証する価値があると考えている。すなわち、今回の研究で 2019 年度に検証した 2 種の生物(ウスイロユスリカと卵菌類)以外にも潜在的にイネに影響を与えうる生物を数十種類特定しているため、それらを添加もしくは除去するような操作実験を行うことで、新たな生物資材の発見に繋がる可能性が期待できる。

4. 自己評価

3年半の研究期間を通じて「網羅的生態系モニタリング→時系列解析→野外操作実験」の枠組みが水田生態系の予測において機能しうることを示すことができた。これらを考慮すると、さきがけ研究の当初のねらいであった「メカニズムが複雑/未知な系での植物形質の変化を高精度に予測するため、圃場生態系の生物群集情報と新規な時系列解析法を組み合わせた研究枠組みを確立すること」を十分に達成できたと考えている。また、当初は予定になかった「予測」の先である「野外生態系動態の制御」に関しても一定の成果を達成できた。

研究期間全体を通じた進め方としては、当初の計画を大幅に変更することなく着実に研究を実行できたと考えている。その上で追加のイネ成長動態の制御実験を行えたことは特筆に値する。また、研究費の執行に関しても無駄なく執行できたと考えている。

本研究の成果の重要性は大きく2つに分けられる。1つ目は基礎科学的重要性であり、この点に関しては (i) 野外圃場における網羅的かつ定量的な生物群集モニタリング手法を確立したこと、(ii) 生物群集モニタリングデータから興味ある変数を制御するための枠組みを確立したこと、が挙げられる。これらの成果は今後、野外の系を対象に研究を進める農学・環境学・生態学などの領域の研究者にとって、系の理解・予測・制御を進める上で重要なマイルストーンとなり得ると自負している。実際に (i) の網羅的かつ定量的な生物群集モニタリングの手法はすでにさきがけ情報協働栽培の研究者を含めて複数人の研究者が採用しており共同研究に発展している。また、取得したデータそのものも貴重であり、これを利用した共同研究もすでに国内外の研究者と開始している。

2つ目は応用的重要性であり、この点に関しては (iii) イネの成長に圃場環境で影響しうる生物を網羅的にリスト化したこと、(iv) 「網羅的生態系モニタリング→時系列解析→操作実験」の枠組みを解析技術の特許出願を通じて社会への実装をはかったこと、が挙げられる。(iii) については今後、イネ栽培上有用な未知の生物の発見に繋がる可能性があり、(iv) については社会実装の試みを引き続き行っていく予定であり、先進的なセンシング技術と組み合わせて農生態系を含む野外の現象の高精度予測システムに繋げていければと考えている。

全体として、未経験であった農学分野・情報科学分野の領域の研究に、生態学の知識や技術を元に果敢に切り込み、一定の成果を挙げられたのではないかと考えている。また、さきがけ研究期間で得た人脈や知識が共同研究や社会実装に繋がりがつつあり、これらの点でも有意義な成果を挙げることができたと考えている。

5. 主な研究成果リスト

(1) 論文(原著論文)発表

- | |
|---|
| 1. Chun-Wei Chang*, Masayuki Ushio* , Chih-hao Hsieh*. Empirical dynamic modeling for beginners. <i>Ecological Research</i> (2017) 32 pp.785–796 |
| 2. Masayuki Ushio* , Koichi Murata, Tetsuya Sado, Isao Nishimura, Masamichi Takeshita, Wataru Iwasaki, Masaki Miya*. Demonstration of the potential of environmental DNA as a tool for the detection of avian species. <i>Scientific Reports</i> (2018) 8:4493 |
| 3. Masayuki Ushio* . Use of a filter cartridge combined with intra-cartridge bead-beating improves detection of microbial DNA from water samples. <i>Methods in Ecology and Evolution</i> (2019) 10 pp.1142–1156 |
| 4. Masayuki Ushio* . Idea paper: Predicting culturability of microbes from population dynamics under field conditions. <i>Ecological Research</i> (in press) |

(2) 特許出願

研究期間累積件数: 2件(公開前の出願件名については件数のみ記載)

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

- ・ 2018年3月17日第22回日本生態学会 宮地賞 受賞
- ・ 2018年9月20日 IIBMP2018(生命医薬情報学連合大会)(鶴岡、山形)、招待講演、潮雅之 “野外農生態系の理解・予測・制御に向けた生物群集の動態補足と時系列解析”
- ・ 2018年11月14日 The nonlinear dynamics and model-free prediction for fisheries workshop (Santa Cruz, California, USA)、招待講演、Ushio M “Analyzing multispecies ecological time series: Interaction network, dynamic stability and improving forecasting accuracy of system dynamics”
- ・ 2019年5月13日 11th Asian Society for Microbial Ecology (台中、台湾)、招待講演、Ushio M “Quantifying dynamic stability of microbial communities under field conditions using DNA time series and empirical dynamic modeling”
- ・ 2019年12月3日 第42回分子生物学会(博多、福岡)、招待講演、潮雅之 “環境 DNA 時系列データに基づいた生物群集ネットワークの再構築: 生物多様性の決定機構に迫る”

研究報告書

「確率光合成モデルによる高汎化型イネ成長応答モデルの開発」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 辰己 賢一

1. 研究のねらい

本研究領域の戦略目標「環境適応型植物設計システムの構築」において、“場”ごとに異なる環境特性や多様なシナリオを考慮できる、ほ場から地域に適用可能な高汎化能力を有するイネ成長応答モデルの開発と実用化技術としての確立が必要である。一般に、収量算定モデルの主流であるプロセス型モデルは、実測値が得られている一部の限定されたほ場でしか適用できない。また、環境・生育調査などを基に決定できる一部を除く多数のパラメータは、仮定に基づき画一的かつ固定的に設定される。このため、モデルは作物の成長や収量を正確に推定できる技術となっていない。さらに、信頼性の高い環境と生体指標に関連する実測データの多点計測は、人的・物的コストや熟練の技術・経験が必要なため、教育・研究を除いた環境では非効率的であり困難性が伴う。したがって、作物の光合成特性と生産性の関係を明確に述べることができ、将来起こりうる潜在的な作物リスクの軽減や緩和のための適切な対策を講じることができる、汎化性が高く頑健な成長応答モデルの構築が希求されている。本研究のイネ栽培設計システムでは、イネキャノピーの受光量を変数とする成長応答モデル内の4つの光合成特性(量子収率、最大光合成速度、成長呼吸係数、維持呼吸係数)を確率光合成モデルに組み込み、イネ成長を柔軟かつ高精度にシミュレートできるイネ成長応答モデルを構築する。確率光合成モデルにより光合成特性データを模擬的に与えることで、実測データの絶対的不足を補い、1) 困難であった任意の場におけるイネ成長の再現・予測の高精度計算、2) 光合成特性とイネ成長間の統計的解析や光合成特性が生産性に与える影響の定量分析、3) 気候や品種の多様なシナリオでの成長シミュレーション、を可能にすることが研究のねらいである。

2. 研究成果

(1) 概要

開発を進めている確率光合成モデルおよびイネ成長応答モデル(下図)のパラメータ精緻化、汎用性向上のため、複数の野外圃場においてイネの生育調査および個葉の光合成能力測定等を実施した。生育調査等は東京農工大学 FM 府中本町および FM 多摩丘陵、北海道大学水田試験圃場、新潟県十日町の農家所有水田、米国カリフォルニア州 NPO 法人 Rice Experiment Station でそれぞれ実施した。対象品種はコシヒカリ、あきたこまち(国内)、米国ではコシヒカリ、M-209 である。具体的には2品種2施肥水準3反復の実験圃場を設定し、約2週間間隔で生育調査および器官別乾物重調査を行った。さらに、個葉の光合成能力を把握するため、光合成-葉内二酸化炭素および光合成-光曲線データ、時々刻々と変化する外部の光環境・温度・飽差に反応する気孔コンダクタンス、蒸散量および光合成値を完全展開葉やその下層の葉を対象として植物光合成総合解析システムを用いて、それぞれ得た。また、器官別窒素濃度の時系列測定を実施した。収穫時には収量調査および収量構成要素調査を行った。平

行して確率光合成モデルおよびイネ成長応答モデルの開発を行い、得られた実測データのモデルへの適用のため、群落構造と個葉の光合成および蒸散量の関係性およびイネの成長過程、収量の再現および予測を行うためのモデル開発を実施した。

(2) 詳細

研究テーマ A 「確率光合成モデルの構築とその統計的特性の検証」

確率光合成モデルの開発に向けて、1)植物光合成解析システムによる制御環境下での葉面光合成速度、呼吸速度等の計測、2)小型メモリー光量子計による群落上部および下部の光合成有効放射量 PAR の計測、2) プラントキャノピーアナライザーによる LAI の測定および SPAD 計と CN コーダーによる器官別窒素濃度の計測、4) 草丈、茎数、器官別乾物重の時系列計測をそれぞれ実施した。

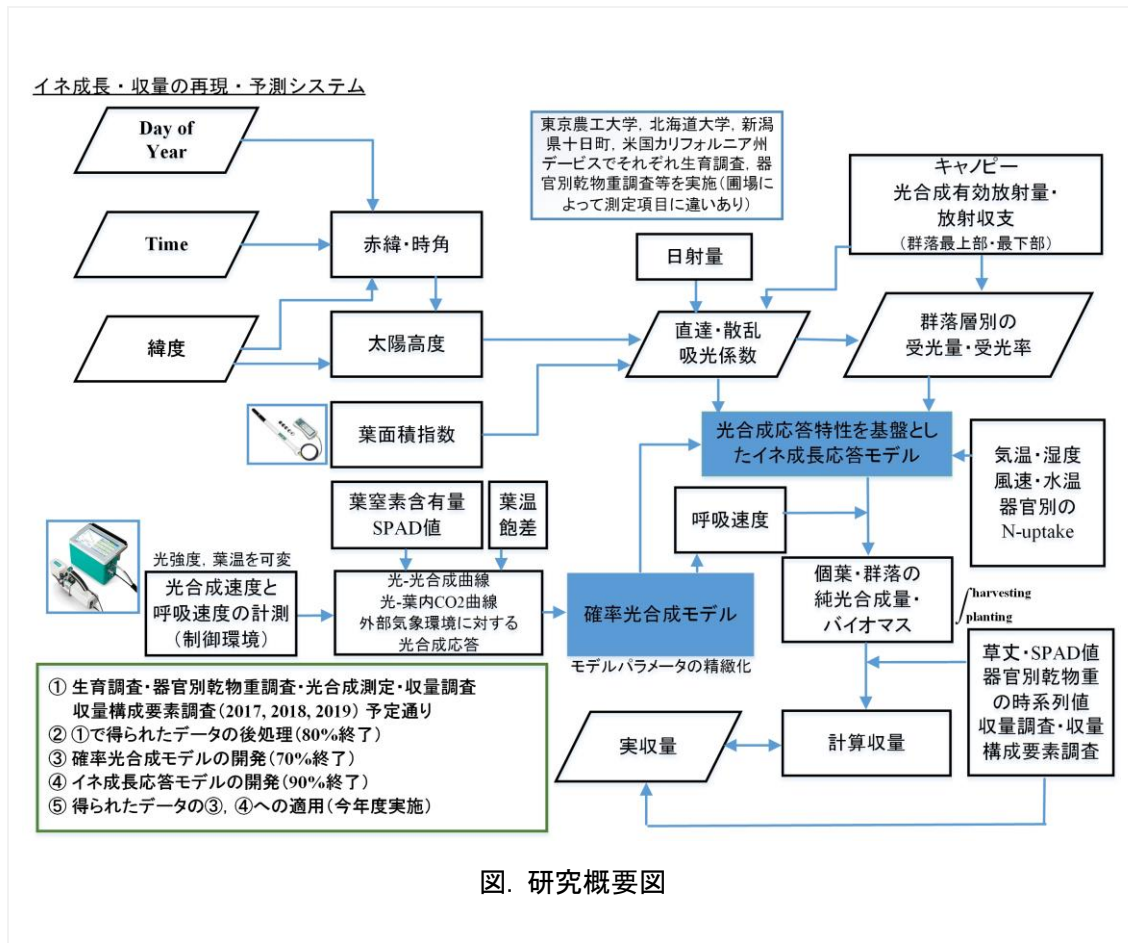
以上の測定結果を用い、イネ (*Oryza sativa* L.) の光合成能力、葉面積比、葉窒素濃度の月ごとの変化に関する研究論文発表を行った。本研究成果は、光合成能力は時間とともに減少する傾向があることを定量的に示したものであり、汎用型の確率光合成モデルの開発に必要なモデルパラメータを得る位置づけとして有用である。また、時々刻々と変化する光・温度・飽差環境下における光合成光利用効率への影響を調べた結果をまとめ、研究論文発表を行った。本研究では、光利用効率は葉窒素濃度と高い相関があること、変動光および高い光合成有効放射は光利用効率を減少させ、単位光合成光量子密度あたりの気孔コンダクタンスを減少させることを明らかにした。野外環境下での光合成能力を推定し、モデルの精緻化を目指す上で有用な定量的知見である。

現在、本研究の主要目的である確率光合成モデル開発とその適用に関わる論文を執筆中であり、今年度中の投稿を目指している。

研究テーマ B 「イネ成長応答モデルの開発およびその有効性検証と精緻化」

研究テーマ A で記載した計測に加え、本研究ではモデルの開発に先立ち、オゾンと施肥レベルの光合成能力および収量への感度分析を実験的研究により実施した。本実験は、東京農工大学 FM 多摩丘陵に設置したオゾン暴露チャンバーを用いて実施した。ガス処理区(浄化空気区、チャンバー内のオゾン濃度を野外オゾン濃度の 1.0 倍に制御した区、同様に 1.5 倍に制御した区)につき 3 棟の同型チャンバーを使用し 3 段階 × 3 棟の合計 9 チャンバーを用いて実施し、施肥処理として無施肥区と施肥区の計 2 処理区を設けた。また、サンプリングは生育期間中に計 5 回実施し、葉、茎、根、穂の乾物重量を測定し、収量調査、収量構成要素調査を収穫時に実施した。その結果、無施肥条件下では、オゾンが収量に与える影響は有意ではなかったが、施肥条件下では、オゾン濃度の増加が収量を減少させる結果が有意に確認できた。本研究は、イネ成長応答モデルを開発するにあたり、近年問題となっている大気汚染がイネの成長に影響を与える施肥レベルとの複合効果を考慮することの重要性を示唆するものであり、研究テーマ A と同様にイネ成長応答モデルの開発に必要なモデルパラメータを精緻化するための研究成果としての位置づけである。

現在、野外圃場での実測データを使い、本研究の主要目的であるイネ成長応答モデル開発とその適用に関わる論文を執筆中であり、今年度中の投稿を目指している。



3. 今後の展開

3年分の生育調査、光合成測定等を実施し、平行して確率光合成モデルの開発およびイネ成長応答モデルの開発を実施してきた。実測データを使った研究の一部を成果として論文にまとめたが、最終的な目標であるモデル開発および実測データのモデルへの適用に関する研究成果は現在進行中である。今後の展開として、各モデルや得られた実測値のみを使った解析結果をそれぞれ論文としてまとめ、さらに最終的にすべてのデータを使った確率光合成モデルによる高汎化型イネ成長応答モデルに関する成果を国際学術誌に投稿する予定である。

4. 自己評価

個人型研究の位置づけから、複数の野外圃場でイネの生育調査等を実施することは想像以上に労力と時間がかかった。また、データの共有等も当初考えていたようには有機的に進まなかったことから、必要なデータをほぼすべて一から取得しなければいけなかった。以上の主な理由により、最終的な目標までは期間内に到達できなかったため、全体としては70～80%の達成状況であると考えられる。また、実施体制については、責任の所在やその他流動的な要素があったことから、データの取得に必要な人的リソースの確保等が読みにくい問題があった。またこれにより計画的に先を見越した研究費執行ができなかったことは反省すべきである。

得られた知見やモデルは今後幅広く研究者や現場の方に使ってもらえれば有用であると考えていることから、最終的な成果は、引き続き研究を進めていけるという前提はあるが、その

科学技術および社会実装の観点から収量予測に関する意思決定に必要な基盤技術として有用であると考えている。以上のことから、予定通りに行った点、行かなかった点があったが、総じて個人的には納得いくものであったと考えている。

5. 主な研究成果リスト

本研究課題に関連し、研究者自身による主な論文成果を下記に示す。

(1) 論文(原著論文)発表

1. Kenichi TATSUMI, Yoshiki KUWABARA, Takashi MOTOBAYASHI, Monthly variability in the photosynthetic capacities, leaf mass per area and leaf nitrogen contents of rice (*Oryza sativa* L.) plants and their correlations. *Journal of Agricultural Meteorology*. 2019, 2, 111-119.
2. Kenichi TATSUMI, Tamami Abiko, Yoshiyuki Kinose, Shiro Inagaki, Takeshi Izuta, Effects of ozone on the growth and yield of rice (*Oryza sativa* L.) under different nitrogen fertilization regimes. *Environmental Science and Pollution Research*. 2019, 26, 32103-32113.
3. Kenichi Tatsumi, Yoshiki Kuwabara, Takashi Motobayashi, Photosynthetic Light-Use Efficiency of Rice Leaves under Fluctuating Incident Light. *Agrosystems, Geosciences & Environment* (Accepted)

(2) 特許出願

研究期間累積件数: 0 件(公開前の出願件名については件数のみ記載)

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

学会等発表

- ・ 栗原良樹, 辰己賢一: 地形による光環境の差異が水稻の生長・収量に及ぼす影響, 日本農業気象学会 2018 年全国大会, 2018 年 3 月 16 日
- ・ 栗原良樹, 辰己賢一: 地形による日射特性の差異がイネ個葉の光合成特性に及ぼす影響, 日本作物学会第 245 回全国大会, 2018 年 3 月 30 日
- ・ Li Cuizhengyang, Toshiyuki Hirata, Kenichi Tatsumi, Yoshiki Kuwabara, Takashi Motobayashi and Hajime Araki: Difference of growth characteristics of rice 'Akitakomachi' grown near the southern and northern limits, 日本作物学会第 246 回講演会, 2018 年 9 月 5 日
- ・ 辰己賢一: 気候変動が作物生産性に与える影響とその不確実性～マルチスケールな視点から～, 第 52 回植物バイテクシンポジウム, 2019 年 11 月 13 日
- ・ 辰己賢一: イネの鉛直葉群構造を考慮した成長応答モデルの開発, 日本農業気象学会 2020 年全国大会, 2020 年 3 月**日(発表予定)
- ・ 本多誠之, 辰己賢一: 機械学習を用いたイネ個葉の光合成速度の予測, 日本農業気象学会 2020 年全国大会, 2020 年 3 月**日(発表予定)

研究報告書

「レガシーデータに基づくイネの品質と生産性に関わる因果関係の解析と機械学習を用いたオンサイト生育診断技術の開発」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 西内 俊策

1. 研究のねらい

農業において重要なことは、生産性と品質の両立である。しかし、実際の農業現場では生産性と品質の向上を両立することは難しく、生産性か品質かのいずれかを優先する必要があるという認識が存在している。稲作に限らず、農業分野ではこのような生産性と品質のトレードオフは良く見られる状況であり、その中での利益の最大化を目指した具体的な提案が求められている。また、環境変動下で持続可能で安定した作物生産の為に、栽培地域毎に動的な栽培暦を用意することに加えて、確率モデルを元に気象変動に対するリスク評価を行っておくなど、農家の判断の助けとなる情報を用意し、提供する必要がある。本研究の目的は、農学的知見と情報分野の技術を組み合わせ、生産性と品質の因果関係を記述することで、農業上の意思決定を支援する技術の確立に貢献することである。

栽培地や気象条件、品種に合わせた栽培管理の最適化に資する知見を得るためには、信頼のおける栽培記録を蓄積することと、集めたデータに基づき、一般化した予測モデルの開発とその評価が必要である。日本では、それぞれの地域に適合した品種の選定などを目的として、水稻の試験栽培が各都道府県の農業試験場などで行われており、水稻の出穂予測モデルの開発などに利用されてきたが、栽培条件の詳細が不明であるなどの問題から、生産性や品質に掛かる解析に活用することは十分に行われてこなかった。

そこで本研究では、全国で蓄積されたイネ栽培レコードから、メッシュ気象情報を用いて各試験実施時のイネの生育状況を分類し、各年度の気候が収量と品質にどのように影響したかを確率的グラフィカルモデルにより解析し、それらの因果関係の強弱を予測する。それにより、気象条件や施肥体系が、どのように高収量や高品質に結びつくか、一般化された情報を得ることを目指す。このことは、生育状況に合わせた施肥、水管理等の栽培管理の最適化に資する知見となることが期待される。また、本研究では、他作物に比べて研究の進んだ水稻を対象として解析を行うことで、既存の知見が栽培情報の解析から抽出可能か、また新知見が得られるかを検証する。この解析を通して、他作物における栽培記録の価値について間接的に評価を行うことも目標とする。

本提案課題においては、

2. 研究成果

(1) 概要

本研究では、全国の農業試験場で蓄積されたイネ栽培のレコードと、愛知県のより詳細な栽培記録のデジタル化を通して米の品質と収量を目的変数とする水稻の確率的グラフィカルモデルを記述し、米の品質と収量に影響を与える可能性の高い環境要因について推定を行

った。

研究テーマ A「イネ栽培レコードのデジタル化とデータセット整備」では、実験ノートや野帳のスキニング作業から、データ入力、データクリーニング、他のデータベースとの結合までを行い、約25000枚の画像データから約11000件の奨励品種決定試験相当のデータをデジタル化した。これは、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構の管理する水稻奨励品種決定基本調査成績データベースのデータ数の5%に相当し、愛知県のデータ量を3倍にすることが出来た。

研究テーマ B「収量と品質に関する予測モデルの開発」では得られたデータセットを用い、水稻の収量や品質について推定モデルの開発を行った。差分データセットを生成することにより、推定精度を向上することが出来、15品種で相関係数0.7以上で収量推定が可能であった。

また、研究テーマ C「グラフィカルモデルを利用した確率モデルの設計」では、グラフィカルモデルを利用した確率モデルから、水稻の品種毎に見られる気象との因果関係について解析を行い、収量の増加に影響すると知られている元肥や追肥の量、栽植密度、追肥回数といった栽培管理が、必ずしも収量の増加に等しく寄与しない、ということが明らかになった。

これらの解析から、レガシーデータのデジタル化とその評価からこれまで試験栽培等で示されてきた既存の知見と同等の結果を情報解析により求められることが明らかとなった。

(2) 詳細

研究テーマ A「イネ栽培レコードのデジタル化とデータセット整備」

本研究では1980年以降、全国の農業総合試験場での水稻の栽培記録である奨励品種決定試験データと、愛知県、岐阜県の農業総合試験場での試験栽培記録について、そのデジタル化とクリーニングを行い、解析に用いるデータセットの整備を行った。奨励品種決定試験のデータとして、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構の管理する水稻奨励品種決定基本調査成績データベースを用いた。このデータベース中には、全国で行われた水稻奨励品種決定試験のデータが記載されており、30年間で全国20万レコードを超える品種名、田植え日、出穂日、登熟日という基礎的なデータに加え、施肥体系、収量、品質といったデータが含まれている。しかし、日付表記の揺れやデータの抜けなどが散見された為、それらを探し出し削除や修正を行った。また、各県で記録され集められたデータであるため、品質の評価軸が試験場毎に基準が異なる等比較が難しい状態であったため、データの正規化、階級値の再割り当てを行い比較可能な形にした。

愛知県、岐阜県の農業総合試験場の記録は、研究利用という枠内で複写、デジタル化等の許可を得て入手した。年度毎に発行された試験場成績報告書に加え、圃場での記録媒体となる野帳、当初の予定である試験計画書とそれに書き込まれた変更や備考について、試験毎に確認を行った。それにより、水稻奨励品種決定試験基本調査成績データベースに記載された項目に加えて、データベースに残っていない施肥体系や中干し実施の有無など、可能な限り項目の収集とクリーニングを行った。また、栽培地の緯度経度を元に、国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構の全国1kmメッシュ農業気象データと国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構農業環境変動研究センターの日本土壌インベントリー

を外部データベースとして紐付け、各栽培データに生育期間中の気象情報と栽培地の土壌分類を加えられるデータセットとして纏めた。しかし、事前の想定以上の資料の散逸状況や難読性に直面し、1978年以前の栽培情報のデジタル化は断念することになった。

総スキャン枚数は約25000枚で15000件相当の栽培データを追加し、データクリーニング後、約11000件の奨励品種決定試験に準ずるデータのデジタル化を完了した。水稲奨励品種決定試験基本調査成績データベースに記載のある愛知県の試験情報は約4700件であり、愛知県での栽培情報を約3倍に増やすことが出来た。

研究テーマB「収量と品質に関する予測モデルの開発」

データセットを用い、水稲の収量と品質を推定するモデルの開発を行った。一件の栽培情報につき、作業内容を示す説明変数に加えてサンプリングの対象や集計方法の異なる気象データを420変数用意し、主成分分析やPLS回帰、XGBoost等いくつかの機械学習を試した。データセット中に200レコード以上含まれている84品種について、気象データと生育値の差分

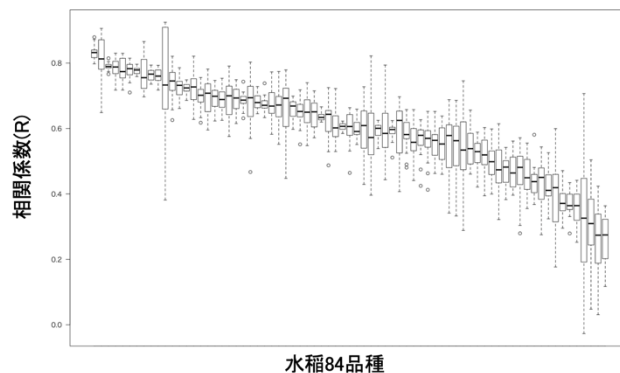


図1. 時間的、空間的に近接した栽培データによる収量推定
水稲84品種の栽培データを用い、時間的、空間的な影響を加味して収量推定モデルを作成し、実測収量と推定収量間の相関係数(R)を示した。

を説明変数とした主成分回帰により、収量の推定を行った。80%を教師データ、残り20%をテストデータとして、テストデータを用いた推定値と実測値の相関係数を求めたところ、相関係数は平均0.6程度であった(図1)。上位15品種については相関係数は0.7を上回っており、気象と栽培管理が収量との間で強い関連があることが示唆されたが、一方で気象や栽培管理との関連が弱い品種も見出されており、より高度な生理モデルの必要性が示唆された。

研究テーマC「グラフィカルモデルを利用した確率モデルの設計」

水稲の表現型には、「環境」と「栽培管理」の影響を受けるものと受けないものがある。さらにそれは品種によって異なると仮定した。品種毎に表現型を説明するグラフィカルモデルを作成し、有意に出現頻度の高い因果関係を抽出することで、一般化した因果情報を記述出来ると考えた。そのために、研究テーマAで得られたデータセットを用い、水稲の品種毎に品質と収量を目的変数とするグラフィカルモデルの作成を行った。1例として収量性に優れる品種に共通する因果関係を示したネットワークを示す(図2)。

モデル作成にはベイジアンネットワークを用い、説明変数として採用した気象情報や形質値については、必要に応じて標準化と離散化を行った。得られたネットワーク構造から、高頻度で観察される因果関係を抽出し、それらの類似性から水稲品種のクラスタリングを行った。それにより、品種の遺伝型に依らず気象や栽培管理に対する応答性の類似した品種クラスタを纏め、そのクラスタ毎に収量に影響を与える条件を抽出した。

これまでの水稲研究から、収量の増加に影響すると知られている元肥や追肥の量、栽植密度、追肥回数といった栽培管理が、必ずしも収量の増加に等しく寄与しない、ということが明らか

かになった。そして、栽植密度が収量増に強く貢献する品種が見出されるなど、品種毎に適した栽培管理方法があることを示す結果を得た。また、多収品種と収量性の低い品種を比較した場合に、多収品種で共通して見られる栽培管理への応答性が明らかとなり、育種時の選抜基準として注目すべき形質があることを示す結果を得た。

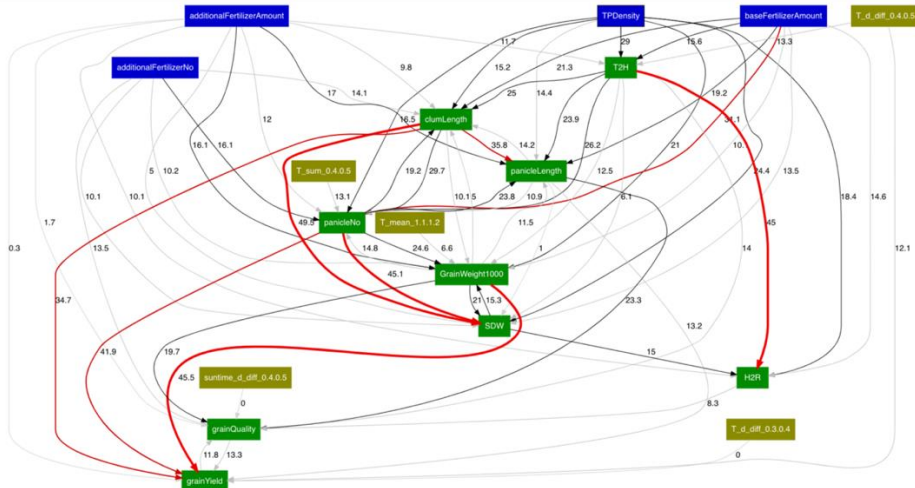


図2. 多収品種におけるベイジアンネットワーク図
収量性に優れた10品種の栽培データを用いて、収量に繋がる因果関係をネットワーク構造として記述した。線の太さと色が結合の強さを示している。

本研究で、レガシーデータのデジタル化とその評価からこれまで試験栽培等で示されてきた既存の知見と同等の結果を情報解析により求められることが明らかとなった。一方で、登穂日数に日長の変動が影響する、といった、過去に棄却された仮説に類似する知見も出てきたことから、情報解析により見出された知見の新規性については改めてデータを選抜して検証する必要があることが分かった。

3. 今後の展開

本課題は、過去の栽培情報を元に、グラフィカルモデルを利用した確率モデルを作成し、収量と品質に関わる気象リスク評価を行うという考え方を稲作に適応したものである。今後は作成したモデルの実証評価を重ね、より普遍的に利用できる技術を開発する。

これまでに多くの作物で試験栽培が行われており、デジタル化されたデータに加えて各試験機関や研究機関に紙媒体で保存されているものを含めると相当量の栽培記録が日本に存在している。全国区のデータからは汎用的な知見が、特定の地域のデータからは、より地域の実情に近い知見が解析により得られると考えられる。それら蓄積されたレガシーデータは、今後、知的資産として再評価され、積極的に利用されることによって ICT を活用した農業現場での栽培管理指針に大きく貢献することが期待される。

また、過去の栽培記録に裏打ちされたモデルは、イネに限らず、農業現場における意思決定において有用な判断基準となると考えられ、他の作物でも同様のアプローチが適応されることが期待される。そのために必要な具体的な栽培データの記述や気象情報の扱いが今後研究されると考えられる。

4. 自己評価

研究目的の達成状況としては、基盤となるデータセットの整備は、愛知県、岐阜県の栽培記録についてデジタル化を進め、解析に利用可能なデータセットとして検証出来たことから当初の目的は達成できた。しかし、1985年以前の栽培情報のデジタル化が出来なかったことや、確率モデルの設計とその評価で得られた知見が既存の個別研究を上回るものではなく、取り組む余地を残した結果となった。解析手法についても今後検討が必要だと考えている。

栽培記録のデジタル化については、当初想定した以上にトラブルに見舞われたものの、十分な予算があったため、解析に値する栽培記録について整備することができた。研究実施体制は計画通りに研究に必須となるデータの入力や確認を担当する研究補助員を確保した。研究費は人件費を始め、デジタル化や解析機器など、本課題遂行の為に適切に執行した。

機械学習や深層学習といったモデル化技術において高品質なデータを多数揃えることが重要であり、一年一作が基本の農業分野では、データ準備が課題となることは明らかである。本研究で取り組んだレガシーデータのデジタル化と整備は、レガシーデータの発掘と再評価が今後重要なデータ確保手段になり得るかどうかの試金石であった。本研究で、レガシーデータのデジタル化とその評価からこれまで試験栽培等で示されてきた既存の知見と同等の結果を情報解析により求められたことは、今後の作物生産の最適化を実現するための重要な情報源として、栽培情報を蓄積する意義を示したという点で価値があったと考えている。

5. 主な研究成果リスト

(1) 論文(原著論文)発表

該当無し

(2) 特許出願

研究期間累積件数:0件

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

【国内学会】

- ・西内俊策. 気象とイネの生産性にみられる因果関係の解析. 日本育種学会第131回講演会. 2017年3月.
- ・近藤拓也, 西内俊策. イネの出穂予測精度向上を目指した農業情報の利用. 人工知能学会第31回全国大会. 2017年5月.
- ・西内俊策. イネのレガシーデータ解析って何が分かるのか?. 第5回農学中手の会. 2019年12月.
- ・西内俊策, 松井秀俊. 栽培記録から見出された水稻の環境応答変動性の解析. 日本育種学会第137回講演会. 2020年3月.

他10件

研究報告書

「マルチスケールデータ融合による草姿・草型の超解像フェノタイピング技術の開発」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 野下 浩司

1. 研究のねらい

植物体の空間的パターンである草姿・草型は受光態勢、耐倒伏性、ガス交換効率、他個体または別種の植物との空間的な競争、耐病性などに関わるため、収量や栽培管理の容易さに深く結びつく極めて重要な形質である。そのため、草姿・草型の定量化や機能性評価は効率的な栽培管理の提案のための重要な課題の一つといえる。

本研究では、草姿・草型の大規模かつ詳細な経時的フェノタイピングシステムを提案する。近年、無人航空機(UAV)によるリモートセンシングの圃場での利用が進みつつある。UAVリモートセンシングは高頻度に行うことができ、得られる3次元的な標高データや点群データは広範囲をカバーする。しかし、現状ではその空間解像度は作物の器官レベルでの観察には不十分であり、外側の葉に覆われた内部の構造(分枝パターンや内部の葉の分布など)は基本的にはモニタリングできない。一方、3Dスキャナや2次元画像からの3次元再構築技術の一般化は、興味ある対象の表面の形態や色彩パターンなど3次元的な情報へのアクセスを容易にした。従来、計測の難しかった植物の3次元的な形態を点群データとして取得することは器官や個体レベルでは十分可能である。しかし、UAVリモートセンシングとは逆に大規模かつ頻繁な計測には不向きである。本研究では、地上での詳細な器官や個体レベルでの計測・モデル化により、上空からの大規模・高頻度のモニタリングを補完することで、草姿・草型の超解像技術を確立し広範囲・高精度・高頻度の定量化と機能性評価を可能にするシステムを構築する。

2. 研究成果

(1) 概要

次世代シーケンサーの普及によりゲノムや遺伝子発現データは高速・大量に取得可能となった。これに加え表現型データを高効率に取得できれば遺伝情報と表現型情報の関連の解明、ひいては効率的な育種プログラムの実現や最適な栽培管理方法の提案に繋がることが期待される。そのため各種センサーの開発や画像解析、ロボティクスを利用して植物の表現型データを効率的に収集・解析することを目指す「植物フェノタイピング」への取り組みが世界的に活発になっている。

本研究では、草姿・草型の大規模かつ詳細な経時的フェノタイピングシステムの構築を目指し、野外での植物3次元データの取得技術の開発、草姿・草型を定量的に記述するモデルの提案という要素技術・理論の構築をおこなった。そして、提案したモデルとUAVリモートセンシングデータを組み合わせ草姿・草型の大規模かつ詳細なフェノタイピングを実現するためのシナリオを検討した。具体的には、ダイズ群落を対象にその葉の面積や角度、それらの空間分布を多変量確率分布として集約するモデルを用いて、地上での詳細計測した

3次元点群から分布を推定し、UAV モニタリングによる DEM から推定する枠組みを提案、検証した。

(2) 詳細

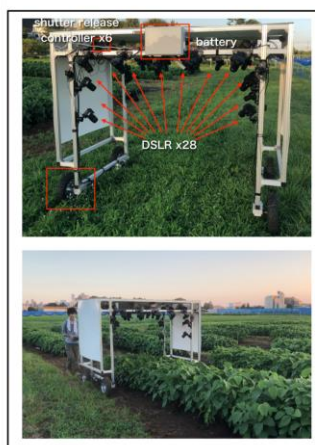
研究テーマ A 「野外における器官-個体レベルの植物3次元構造データの取得と点群解析技術の開発」

「植物フェノタイピング」への取り組みが世界的に活発になっているが、圃場などの野外環境でのフェノタイピングは未だ課題が多い。

本研究では、まず、野外環境下で植物の3次元形態データを収集するために、2次元画像のセットから3次元点群を推定する Structure from Motion (SfM) 及び multi-view stereo (MVS) を利用した3次元計測システムと得られた点群から表現型値(葉面積、葉角度、それらの空間分布など)を推定するためのパイプラインの開発をおこなった。

SfM 及び MVS による3次元データの収集は同一シーンの撮影を前提としているため野外環境では風や光環境の変化などが問題となる。そこで約30台のデジタル一眼レフカメラを配置した移動式の写真測量スタジオ(図1a)を作成し、圃場でもほぼ同一シーンの撮影を可能にした。これによりダイズ小葉を個別に認識できる程度の高い解像度をもった3次元点群が再構築できる(図1b)。得られた点群データから表現型値を推定するために点群の前景抽出、小葉の分割、小葉の表面再構築、葉面積・葉角度とその空間分布の推定をおこなう点群解析パイプラインを開発した(図1c) [Noshita et al. (in prep)]. 本システムの一部技術(走行台車など)は共同研究者の他のプロジェクトへの技術移転をおこなった。また、比較的 low cost のフェノタイピングシステムの観点から国際的なコミュニティとの連携も進めた [Reynolds, et al. 2018]。

a. 移動式写真測量スタジオ



b. 点群解析パイプライン

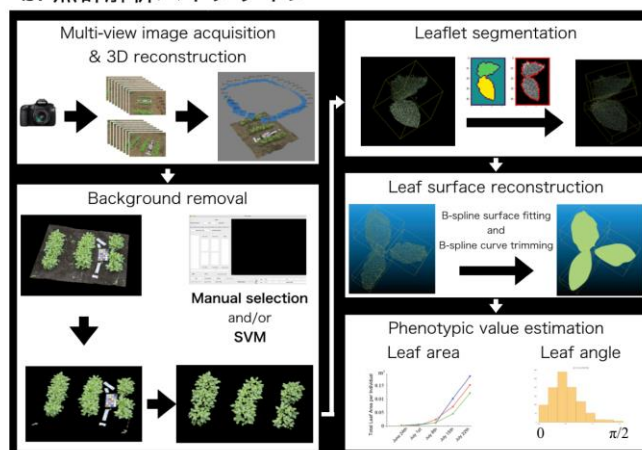


図1. 野外における植物3次元データの収集と解析

研究テーマ B 「草姿・草型を記述するモデルとその定量化方法・理論の提案」

草姿・草型は複数の器官が組み合わさった複雑な形態形質であり、繰り返される分岐構造とそこに付随する各種器官の総体として認識される。従来、植物の3次元形態の評価は目視により定性的におこなわれてきたが、その評価基準は暗黙知的であり体系化されているとは言い難い。理由の一つは、植物3次元形態という複数の器官の総体として現れる複雑な形質を適切に定量化できていないという理論的・技術的な不備にある。単純に計測した形態形質(草丈、葉の枚数、茎葉重など)を集めただけでは3次元形態を直接的に表現するには不十分である。

そこで、ダイズの葉の分布パタン、葉面積、葉角度に注目し、それを記述する多変量確率分布によるモデルを提案した。提案したモデルを用いることで、草姿・草型を多変量確率分布として定量的に表現できるだけでなく、その分布に基づく仮想的な個体や群落を生成することができる(図2a)。これは提案したモデルが草姿・草型を再構築するのに十分な解像度を持った特徴量あるいは表現としてデザインされていると考えられる(図2a)[Noshita and Guo (in prep.)]。こうした群落概形の形態測定学的解析はダイズ以外の植物種へも適用可能である[Fukano et al. 2018]。

研究テーマ C 「草姿・草型の大規模かつ詳細な経時的フェノタイピングシステムの構築」

提案したモデルを利用し、草姿・草型の大規模かつ詳細な経時的フェノタイピングシステムを目指した。近年普及しつつある無人航空機(UAV)によるリモートセンシングは高頻度に実行でき、得られる3次元的な標高データや点群データは広範囲をカバーする。しかし、現状ではその空間解像度は作物の器官レベルでの観察には不十分であり、外側の葉に覆われた内部の構造は基本的にはモニタリングできない。

そこで、提案した多変量確率分布による群落構造の記述モデルを利用し、UAV モニタリングにより得られるオルソモザイク画像とDEM 画像からの分布推定をおこない、それに基づいて仮想的な群落構造を合理的に再構築することとした。本研究では、仮想的に生成した3種類の異なる群落構造を用意しDEM 画像からの品種推定と品種に紐づく確率分布からの仮想群落の生成をおこなった。現在はオルソモザイク画像とDEM の両方から確率分布を推定し、局所的なDEM に基づき仮想的な群落構造を再構築する方法の検討を進めている。

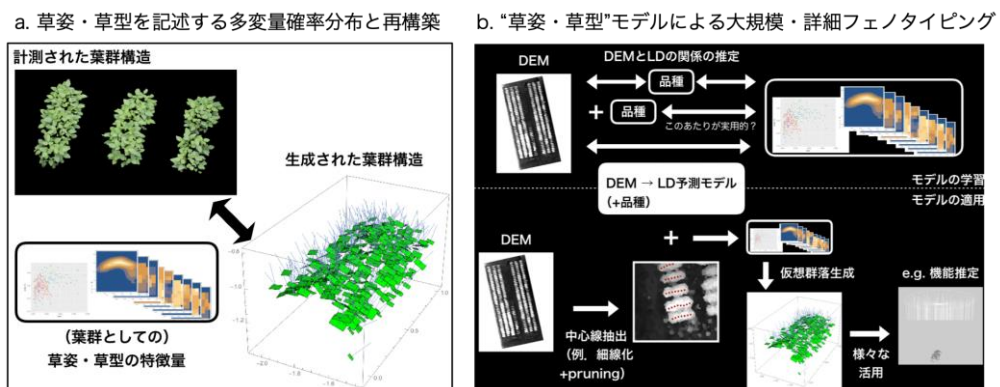


図2. 草姿・草型を記述するモデルとその植物フェノタイピングへの応用

3. 今後の展開

本研究では、草姿・草型を葉群としてその特徴や空間分布を多変量確率分布として記述するモデルの提案をおこなうことができた。一方で、主張な構成要素である分枝の構造は無視している。植物の発生プロセスと機能的要請を考慮すれば、葉群の空間分布と分枝パターンは互いに影響し合うはずであり、それをある種の構造的制約や事前情報として活用できると考えられる。再構築可能な程度の具体性と定量性を持った分枝パターンの記述モデルの構築と両モデルの相互依存的な関係を表す体系の整備を進めていきたい。また、形態測定学的な観点からは、本研究により提案したモデルは相同性が非自明な対象間における比較を可能にするためのフレームワークと位置づけられる。この考えをより一層進め、剛体的性質である形態や形状の記述と接続関係の定量表現としてのパーシステントホモロジーやディープストラクチャーの中間に位置する一般的な「かたち」の表現と比較を可能とするフレームワークの構築と従来の形態空間の概念を拡張していく。これは、イネやコムギなどの葉の空間分布としての記載が難しい作物種や花や葉球などの複数器官の複合体の定量化を可能にする上で必須であり、量的遺伝学的解析やゲノム育種を実施するためにも今後重要な技術となると考えられる。

本研究で開発したシステムや提案したモデル・理論は草姿・草型の定量化とその効率化をすすめることが示されたが、圃場で得られた実データでの直接的な検証までは至っていない。今後は、ダイズ群落の受光態勢の定量的評価とその草姿・草型との関係性の解明が次の課題となる。こうした検証を深めることで、特定環境における「理想的な草姿・草型」を推定、提示できるといふ仮説を実証する。例えば、地域依存的に最適な栽培管理方法が異なることが環境依存的なものであるのか、あるいは初期に成功した手法が偶然性を伴い継承されているのか、を明らかにすると思われる。本研究の要素技術・理論を踏まえ、客観的な最適栽培管理方法のデザインする方向性への展開も期待される。

4. 自己評価

本研究課題は、地上での詳細な器官や個体レベルでの計測・モデル化により、上空からの大規模・高頻度のモニタリングを補完することで、草姿・草型の超解像技術を確立し広範囲・高精度・高頻度の定量化と機能性評価を可能にするシステムを構築する試みである。そのための要素技術・理論として、野外植物フェノタイピングにおける3次元点群データの収集、点群データから表現型情報を推定するパイプラインの開発、表現型情報を集約する草姿・草型の定量的表現モデル・理論の提案、大規模かつ詳細な経時的フェノタイピングシステムを実現する提案モデルの利用法、の開発と部分的な統合をすすめることができたと考えている。特に、草姿・草型という抽象度の高い概念を特定の軸を基準として集約し多変量確率分布として切り取ることで定量的に捉えるモデル・理論を提案できた点は、今後植物一般で問題となってくる相同性が自明ではない対象間の形態比較、表現型空間の把握と非線形性の緩和を考える上で重要な一歩であったと思っている。

作物生産の現場における具体的な課題への応用については掲げた目標に対して十分な取り組みができなかった点が反省点として残る。期間中に取り組んだ JST SciFos 活動でも明らかとなったが、システム化・サービス化に向けての要素技術開発では植物の3次元形態情報という抽象的な情報ではなく、そこから意義ある情報を具体的に抽出することが要求される。3次元形態に基づき推定される機能のみならず遺伝、生理、環境との相互作用などを組み込

んだより包括的な植物フェノタイプング技術・理論の開発と社会実装については今後の課題としたい。

5. 主な研究成果リスト

(1) 論文(原著論文)発表

1. Reynolds D., Baret F., Welcker C., Bostrom A., Ball J., Cellini F., Lorence A., Chawade A., Khafif M., Noshita K., Mueller-Linow M., Zhou J., Tardieu F. What is cost-efficient phenotyping? Optimizing costs for different scenarios. *Plant Science*. 2018, 282, pp. 14–22.
2. Fukano, Y., Guo, W. Noshita, K., Hashida, H. and Kamikawa, S. Genotype-aggregated planting improves yield in Jerusalem artichoke (*Helianthus tuberosus*) due to self/non-self discrimination. *Evolutionary Applications*. 2018, 12(3), pp. 508–518.
3. Sakamoto, L., Kajiya-Kanegae, H., Noshita, K., Takanashi, H., Kobayashi, M., Kudo, T., Yano, K., Tokunaga, T., Tsutsumi, N., Iwata, H. Comparison of shape quantification methods for genomic prediction, and genome-wide association study of sorghum seed morphology. *PLoS ONE*. 2019, 14(11), e0224695.

(2) 特許出願

研究期間累積件数: 0件(公開前の出願件名については件数のみ記載)

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

- Noshita, K., Guo, W., Kaga A. and Iwata, H. Monitoring of soybean growth in early stage based on 3D plant analysis. 1st Asia-Pacific Plant Phenotyping Conference. Beijing, China. Oct. 20, 2016.
- Noshita, K., Guo, W., Kaga A. and Iwata, H. An image processing pipeline for acquiring 3D morphological information from “noisy” point cloud data. 2017 CIGR World Workshop in Matsuyama: OS 1 Precision measurement and modeling of dynamical plant information. Ehime Univ. 2017/9/3.
- Noshita, K. and Guo, W. Model-based morphometrics for plant phenotyping. SMB-JSMB 2018. University of Sydney, Sydney, Australia. 2018/07/09.
- Noshita, K., Guo, W. Outline-based morphometrics and geometric analysis for leaf shapes in a three-dimensional space. IPPS2019. Nanjing, China. 2019/10/24.
- 野下 浩司 野外における作物個体・個体群3次元再構築. 新スマート農業 進化する農業情報利用(農業情報学会(編))(2019) pp. 農林統計出版.

研究報告書

「時系列生長データに基づく植物生長の統計的予測技術の開発」

研究タイプ: 通常型

研究期間: 2016年10月～2020年3月

研究者: 松井 秀俊

1. 研究のねらい

農作物の生育においては、生育中の気温や日射量といった環境要因や植物の遺伝子発現が、農作物の収量や品質といった形質に関わっていると考えられている。本研究では、これらの環境要因や遺伝子発現量と、農作物の形質との関係を表すための統計モデルの構築を通して、環境変化から生理状態の変化、そして生長への一連の因果関係を明らかにする。そして、得られた結果を元に、将来の収穫量の予測や、生育方法についての新たな指針を提供することを研究のねらいとする。本研究では特に、施設栽培のトマトに着目し、その生長や遺伝子発現の1点ではなく経時的に測定されたデータ、栽培期間における環境変動を計測し、数理解析を通して収量を予測するための統計モデルを開発する。

時間の経過とともに繰り返し計測値を得た経時測定データは、データが高次元になることや、観測の欠損や観測時点・時点数の不一致がしばしば生じることにより、一般的な多変量解析や機械学習手法の適用が困難になる場合がある。これに対して、離散時点で観測されたデータを関数化処理し、得られた関数集合をデータとして扱う関数データ解析とよばれる方法を適用することで、これらの問題点を解消できる。関数データ解析に基づいて、環境要因と収量との関係を表現する回帰モデルを構築し実際のデータ分析に適用することで、環境要因が「いつ」「どのように」収量に影響を与えているかを明らかにする。

得られたモデルから、収量だけでなく、収穫期の早晩のデータとの関係についても探索する。出荷時期におけるトマトの成熟が早すぎても遅すぎても、商品価値が高いトマトを過不足なく出荷することは難しい。そこで、生産者にとって最適な出荷量や栽培管理法を決定できる指標を与えられるモデルの構築を目指す。

2. 研究成果

(1) 概要

本研究では、さまざまな農作物に対して、その生育環境に関する情報と、農作物の収量といった生育結果に関する情報との関係を、統計モデルを通じて明らかにした。農作物としては、主として施設栽培における多段栽培トマトを対象にし、年間のほとんどの期間を通して毎日収穫されるトマトの収量と環境要因との関係を明らかにするための統計モデルとその推定法を構築した。その結果、収穫までのいつの環境要因が年間のどの時期に、どのように収量に関わっているかを定量化できた。その他の農作物として、コムギやオオムギの品質に関わると考えられている出穂迄日数(播種から出穂するまでの日数)と気温との関係を分析し、生育期間中の気温がどのように出穂迄日数に関わっているかを明らかにした。また、イネのデータについても同様に、気温の収量への寄与の経時変化を調査した。これらの分析を通じて、さまざまな品種の植物に対して本手法が適用可能なことを示した。

(2) 詳細

研究テーマ A 「多段栽培トマトの収量分析モデルの構築」

施設園芸栽培で取得されたトマトの収量と、施設内外で経時的に計測された気温や日射量といった栽培環境のデータとの関係を統計モデルによって表現することで、両者の関係を説明するための方法について検討した。

本研究では、神戸市にある農園で取得された、多段栽培トマトの生育環境と収量に関するデータを分析対象とした。トマトの果実は、苗の植え替え時期を除く 10 月から翌 7 月まで、毎日収穫される。また果実の収量については、対応する部位における開花から結実の期間における環境要因が関わっていると考えられる。ここでは、この期間を収穫日から遡った 80 日間とした。加えて、この関わり方も、年間の時季によって異なる。これらの関係性を考慮に入れるために、収量と環境要因との関係を表す回帰モデルとして、変化係数関数線形モデルを導入した。このモデルは、回帰係数が、収穫日から遡った日数と、年間の時季に依存して変化する、つまり関数で表されるものである。

図 1 は、導入したモデルで推定された、気温に対する回帰係数関数(曲面)である。図の s 方向は収穫日から遡った日数を表しており、右下から左上の方向に、収穫 1 日前～80 日前に対応する。また t 方向は収穫日を表しており、左下から右上の方向に 1 月 1 日～12 月 31 日を表す。この曲面から、春から夏にかけては収穫日からおよそ 40 日前の気温が高いほど収量も高いといった傾向が見て取れる。

しかし、変化係数関数線形モデルは、固定された時点においては環境要因と収量との関係が線形であり、柔軟性に欠けるという問題点がある。例えば、変化係数関数線形モデルでは、特定の日にける特定の日数前の気温が高いほど収量は高い(または低い)という線形の関係性しか表現することができない。そこで、より柔軟なモデルとして、線形の部分を非線形に拡張した変化係数関数加法モデルを提案した。このモデルを適用することで、例えば、ある時点の気温が一定量まで高ければ収量も高いが、その値を超えると逆に収量は低くなる、といった非線形な傾向まで捉えることができる。図 2 は、変化係数関数加法モデルを適用したことで得られた推定結果である。図 2 上の曲線は、収穫日から遡った 80 日間の気温の関数データに対する第 2 主成分の固有関数を、下は対応する主成分得点と収穫日における非線形関数の推定値を表したもので、横軸は主成分得点、縦軸は収穫日(10 月～翌 7 月)に対応する。固有関数は、収穫 80 日前から収穫前日までの気温の上昇具合を表しており、図 2 下の曲面の橙～白色部分から、春から夏にかけては気温の上昇具合がある程度強

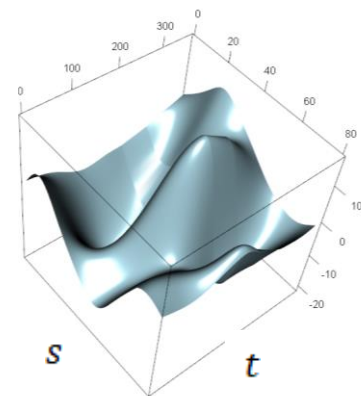


図 1: 変化係数関数線形モデルの回帰係数曲面

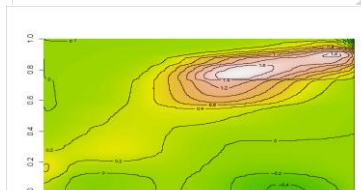
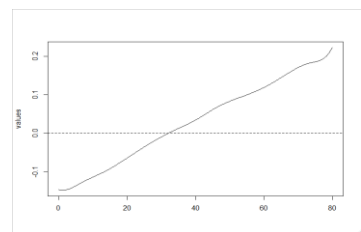


図 2: 変化係数関数加法モデルによる推定結果

いほど収量も多いが、その傾向が強すぎると少なくなるという傾向が捉えられた。このように、関数データに基づく統計モデルを適用することで、環境要因の経時変化による収量への関係性を定量化できた。

また、これらのモデルを用いて、将来の収量の予測も行った。現場の農家では、需要に合わせた次の1週間の収量の予測が重要となる。本研究では、一定期間の収量および環境要因を学習データとみなして、そこから1週先までの7日間の総収量の予測を行った。その結果、既存の関数線形モデル等と比べて予測精度は向上したが、実際の運用に適用するには不十分であった。予測精度の向上のためには、果実の成熟に関わるより直接的な要因をデータとして取得する必要があると考えられる。

研究テーマB「関数線形モデルを用いたムギ・イネの品質分析」

ムギやイネの品質に関わる情報と、環境要因との関係を、統計モデルを用いてモデル化することで明らかにすることを試みた。本研究では、以下に示す2件のデータについて分析を行った。なお、環境要因(気温)のデータについては、気象庁のウェブサイトから取得可能なデータを用いた。

1件目は、岡山県の圃場で生育され取得された、世界中の274系統のオオムギと69品種のコムギに関する20年分の出穂迄日数のデータを分析した。出穂迄日数は1年間で1点のみの観測値である一方で、生育期間中の気温は経時的に観測されるため、ここでは気温を時間の関数データとして扱い、関数線形モデルを適用した。図3は、274品種のオオムギと69品種のコムギそれぞれに対して関数線形モデルを当てはめることで得られた、気温の関数データに対する係数曲線である。横軸は生育期間である11月から翌5月に対応する。この結果から、冬は気温が低いほど、春は気温が高いほど出穂迄日数が長いという傾向が得られた。また、品種によって気温感受性の大小に違いがあることも分かった。

2件目は、日本全国の各地におけるイネの生育期間中の気温と、収量のデータを扱った。これらの関係を、同じく生育期間中の気温の経時変化を関数データとして扱うことで関数線形モデルとして表現し、モデルの係数関数を推定した。図4は気温の係数関数の推定値を示したもので、生育期間中において、気温の収量への影響度合いが変化していることが分かる。特に、幼穂形成期から登熟期にかけて、気温が高いほど収量も高くなるという傾向が得られた。

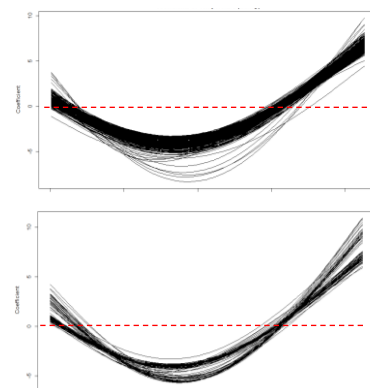


図3:ムギのデータに対する関数線形モデルの係数曲線の推定値. 上は274品種のオオムギ、下は69品種のコムギに対するもの。

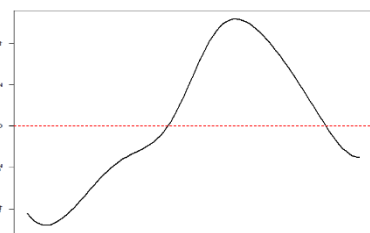


図4:イネのデータに対する関数線形モデルの係数曲線の推定値。

3. 今後の展開

環境要因と農作物の品質との関係を表す関数回帰モデルは、今回分析したデータだけでなく、様々な品種や農場におけるデータにも汎用的に適用可能である。本研究で提案した手法をさまざまなデータの分析へ適用することで、農作物のより良い品質のための栽培の指針となることを目指す。また、本研究は、品質に関わる環境要因を固定して分析を行ったが、実際には分析に用いなかった情報が関わっている可能性もある。そこで、観測されている環境要因を、スパース推定などを利用して自動的に選択するための方法を構築したい。また、経時的に測定されたトマトの遺伝子発現データを活用し、環境要因による生物学的なメカニズムの経時変化を明らかにすることも検討している。

ムギのデータについては、同じ生育環境であっても品種によって出穂迄日数に傾向があることが分かっている。今回得られた気温感受性の違いを足掛かりにして、作物の品質に関わる遺伝子の発見に繋げたい。

4. 自己評価

当初の研究計画にあったトマトのデータ分析については、環境要因と収量との関係を関数データの枠組みでモデル化することができた。特に、収穫日と、収穫日から遡った時点という2種類の時間を考慮に入れた変化係数関数線形モデルを適用した点と、これを拡張した変化係数関数加法モデルを新たに提案した点は評価に値すると考えている。一方で、取得した遺伝子発現データを利用して、環境要因と遺伝子発現、収量という植物生長のメカニズムに沿ったモデリングまでを計画していたが、その包括的なモデルの構築には至らなかった。遺伝子発現データを取得したタイミングが開花時であり、果実の収穫が行われる成熟時と遺伝子発現との関係性が薄かったことが原因である。

環境要因の品質への寄与をモデル化する方法は、トマトやムギに限らず、さまざまな品種や環境下におけるデータに対しても適用可能と考えており、栽培管理における指標として役立つものと考えている。その点で、本研究は幅広い適用可能性を持つものと考えられる。

5. 主な研究成果リスト

(1) 論文(原著論文)発表

1. Matsui, H. Sparse group lasso for multiclass functional logistic regression models. Communications in Statistics- Simulation and Computation 48, 1784-1797.
2. Koda, S., Onda, Y., Matsui, H., Takahagi, K., Yamaguchi-Uehara, Y., Shimizu, M., Inoue, K., Yoshida, T., Sakurai, T., Honda, H., Eguchi, S., Nishii, R., and Mochida, K. Diurnal Transcriptome and Gene Network Represented Through Sparse Modeling in *Brachypodium distachyon*. Frontiers in Plant Science 2017 Nov 28;8 :2055.
3. 松井秀俊. 関数データに基づく統計的モデリング. 統計数理 67, 73-96.
4. Matsui, H. Quadratic regression for functional response models. Econometrics and Statistics, in press.
5. Matsui, H. and Umezumi, Y. Variable selection in multivariate linear models for functional data via sparse regularization. Japanese Journal of Statistics and Data Science, in press.

(2)特許出願

研究期間累積件数:0件(公開前の出願件名については件数のみ記載)

(3)その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

- | |
|---|
| 1. 松井秀俊. 経時測定データに対する統計的モデリング手法とゲノム, 農業データへの応用. 園芸学会小集会「次世代の園芸研究を見据えた先端ゲノム研究」, 近畿大学. |
| 2. Matsui, H. and Mochida, K. Statistical modeling for functional data and its application to crop yield data. 第60回植物生理学会年会, 名古屋大学. |
| 3. 松井秀俊, 持田恵一. 変化係数関数回帰モデルによる作物収穫データの分析. 2019年度統計関連学会連合大会, 滋賀大学. |
| 4. Matsui, H. Varying-coefficient functional additive models. CMStatistics 2019, University of London. |
| 5. 松井秀俊. 応用統計学会奨励論文賞. 「非線形混合効果モデルに基づく関数データクラスタリング」. 2017年. |

野外環境でイネの生育に影響する生物の網羅的検出に成功

潮 雅之（京都大学 白眉センター・特定准教授）

研究課題名：「野外の生物群集ネットワークを利用した植物動態の予測」 研究期間：2016.10～2020.3

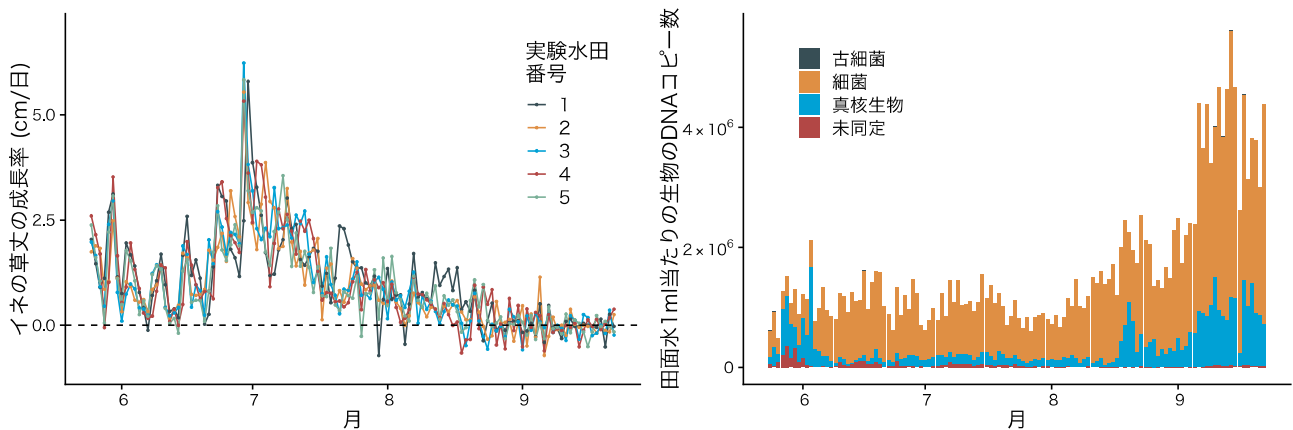


図. 一日ごとのイネの成長率 (cm/日) と田面水の生物相の変化の様子

(左図) 野外実験水田における一日ごとのイネの成長率。(右図) 田面水中に含まれる DNA の解析により明らかとなった実験水田中に生息する生物相の時間変化。調査期間中、合計で 1196 種類の生物が DNA で検出された。細菌(オレンジ色のバー)が主要な生物で、藻類や無脊椎動物(青色のバー)などの真核生物も多く見られた。

本さががけ研究では、野外の圃場において農作物に影響を与える生物を網羅的に検出し、それらを農作物の成長の予測・制御に活かし、ひいては収量の安定化・病害虫による被害の軽減に繋げることを目的として研究を行いました。

まず、実験圃場において小型の実験水田(90 cm × 90 cm)を用意し、その中でイネを育てました。5月から9月のイネ生育期間中、イネの草丈成長を一日一回という高頻度で測定しました(左図)。さらに、田面水の中に生育する無数の生物をその中に含まれる DNA を最先端のシーケンサーで分析することで解析しました。その結果、イネ生育期間を通じた田面水の生物相の変化をかつてない精度と網羅性で明らかにすることに成功しました(右図)。

さらに、得られた時系列データを非線形時系列解析の手法を応用して解析することで、野外環境下でイネの生育に及ぼす生物を網羅的に特定しリストアップすることに成功しました。また、そのリストに含まれていたユスリカおよび卵菌類の一種を実際の田面水で、添加もしくは除去、という操作を施した結果、実際にイネの成長や RNA 発現のパターンに変化が見られることが確認されました。

本研究においてリスト化された生物は 100 種を超えており、今後、今回効果を検証できなかった生物の野外水田での効果を検証することで、実際のイネ栽培に利用可能なこれまで知られていなかった生物が次々と見つかる可能性があります。

>> 参考情報

> 論文

1. Chang CW, Ushio M, Hsieh CH. *Ecological Research* (2017) 32:785-796
2. Ushio M, et al. *Scientific Reports* (2018) 8: 4493
3. Ushio M. *Methods in Ecology and Evolution* (2019) 10:1142-1156
4. Ushio M. *Ecological Research* (in press)

> 特許出願

1. 潮雅之「強く同期した周期性を持つ時系列データ間の因果関係を検出する解析手法」、特願 2018-79640
2. 潮雅之「破碎ビーズを利用したカートリッジ型ろ過フィルターからの微生物 DNA の効率的抽出」、特願 2018-173812

> 受賞

1. 「第22回日本生態学会宮地賞」(2018)