

戦略プロポーザル

次世代育種・生物生産基盤の創成（第3部）

気候変動下での環境負荷低減農業を実現する基盤の創出
～圃場における微生物、作物、気象を統合的に扱うモデルの開発に向けて～

STRATEGIC PROPOSAL

Building strong foundations for the transformative research
in next generation breeding & bioproduction (Part 3)

- Establishment of guiding principles for the bioproduction design via promotion of cross-sectional bioscience research: linking the molecular, protein and cellular level bioscience.-

研究開発戦略センター（CRDS）は、国の科学技術イノベーション政策に関する調査、分析、提案を中立的な立場に立つて行う公的シンクタンクの一つで、文部科学省を主務省とする国立研究開発法人科学技術振興機構（JST）に属しています。

CRDSは、科学技術分野全体像の把握（俯瞰）、社会的期待の分析、国内外の動向調査や国際比較を踏まえて、さまざまな分野の専門家や政策立案者との対話を通じて、「戦略プロポーザル」を作成します。

「戦略プロポーザル」は、今後国として重点的に取り組むべき研究開発の戦略や、科学技術イノベーション政策上の重要課題についての提案をまとめたものとして、政策立案者や関連研究者へ配布し、広く公表します。

公的な科学技術研究は、個々の研究領域の振興だけでなく、それらの統合によって社会的な期待に応えることが重要です。「戦略プロポーザル」が国の政策立案に活用され、科学技術イノベーションの実現や社会的な課題の解決に寄与することを期待しています。

さらに詳細は、下記ウェブサイトをご覧ください。

<https://www.jst.go.jp/crds/about/>

エグゼクティブサマリー

本戦略プロポーザルにおける「生物生産」とは、微生物・細胞、植物、動物などの生物を用い、低付加価値な資源（糖、無機塩類、光、二酸化炭素、飼料など）から、育種・生産プロセス（培養、栽培、飼育養殖）を通じ、高付加価値の物質や生物体自体を目的産物（食料、燃料、化成品、素材、医薬品、生物的ツールなど）として生産することを指す。本戦略プロポーザルでは、効率的な育種、生産プロセス研究を行うための体系的な方法論創出に向けて、具体的な研究テーマや研究推進体制などに関する諸方策を提案するものである。また提言作成にあたり、研究の背景や基盤、想定される産業などの違いから①微生物・細胞、②動物（水畜産）、③植物（作物）の3分野をそれぞれ1〜3部として分割して発刊することとした。第3部では、将来予想される、気候変動下でも、農業の環境負荷を低減しつつ、単位面積当たりの炭素収率を高める技術開発を目指すため、農業を、作物（植物）による物質生産だけでなく、その生育環境（農業生態系）全体の物質循環としてとらえ、これを包括的に理解して最適化する研究開発戦略を提言する。

農業生産は、1960年代以降のハーバー・ボッシュ法による大量の窒素化学肥料投入と、半矮性化遺伝子の導入による受光体制の改善という「緑の革命」により、大幅な単位面積あたりの増収を達成してきた。このため、現行の品種は基本的に高施肥で高収量の炭素化合物を得られるデザインになっており、この高施肥が高い環境負荷に直結していると言って過言でない。これまでの農業生産は、人間が作物（植物）を栽培することで、光合成産物である炭素化合物を収穫するものと捉えられ、収穫すべき炭素化合物の収量を最大化する方向へと技術開発が進められてきた。持続性の向上が優先事項としてあがった今、光合成産物の収穫量を最大化しようとするだけでなく、農業という活動が、農業環境（圃場）全体の物質のフローにどのような影響を与えるかを包括的に理解し、それが気候変動下（高温・高CO₂複合環境）で受ける影響を解明することで、環境への負荷を最小限にするという新たな視座が必要である。

近年のスマート農業の技術開発と普及により、ピンポイントに必要な場所にだけ施肥や農薬を処理する技術によって、農業による環境負荷はある程度低減されると考えられるが、そもそも現行の品種が全て高施肥に依存する品種である以上、抜本的な対策が必要であることは論を俟たない。

近年の研究により、圃場生態系では、土壌微生物、作物、大気の間で、炭素（CO₂や糖）、窒素、リン、微量元素、水分などの物質が密接にやり取りされていることが明らかにされ始めている。また、大気CO₂濃度の上昇は、温暖化などの気候変動の原因になるだけでなく、それ自身が光合成や蒸散といった作物生理に影響し、生育、収量、水利用などに影響を与えることが分かっている。高温・高CO₂複合環境下での環境負荷低減を考えるには、圃場生態系における物質の移動・循環を定量的にとらえ、それを最適化するための技術開発が望まれるが、この物質循環の構成要素は多岐にわたり、それぞれの構成要素が別々に単独で研究されてきたため、その全体像を包括的に捉えようとする試みは、世界的にも、これまでなされてこなかった。しかし、全体像の把握無くしては、収穫量の最大化のみに注力して環境負荷低減を置き去りにするという傾向は変えられない。そこで、この戦略プロポーザルでは、開放系で高温・高CO₂といった環境摂動を与えられる共同利用圃場を設置し、圃場生態系における物質循環について、あらゆる側面から徹底的に定量し、農業生態系の物質循環モデルの構築を目指す。具体的には、土壌微生物、土壌条件、

栽培管理、光合成・成長などの生理生態学データ、トランスクリプトーム、メタボローム、圃場の微気象といった、多階層のデータを可能な限り、共通圃場から同時収集して階層横断的な解析を施すことで、真の圃場生態系ビッグデータ基盤を構築し、多階層データの比較、連携を可能にする。こうしたデータ連携により、農業資材開発、育種、栽培管理技術革新の相乗効果を狙い、農業生産と環境負荷低減の最大化をはかる。

そのために取り組むべき具体的な研究開発課題を以下に示す。

課題 1：土壌圏（根圏を含む）における物質循環

課題 2：作物（植物）における物質循環

課題 3：圃場の微気象と作物との相互作用

課題 4：高温・高 CO₂ による病虫害などの生物学的環境変化

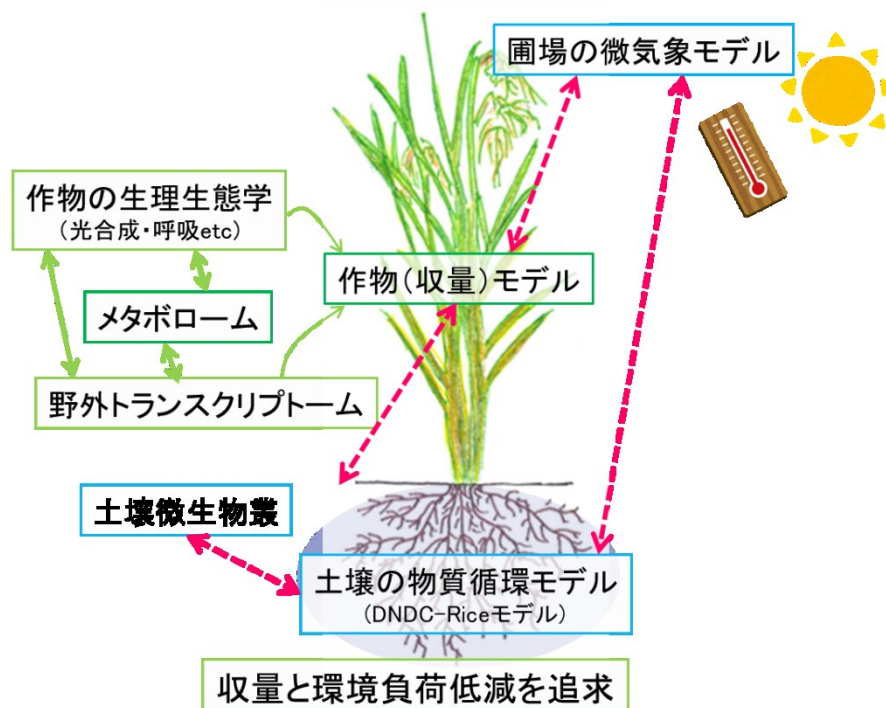
課題 1 では、作物根圏と土壌環境（土壌微生物叢を含む）の相互作用を定量的に解明することを目指す。その相互作用が栽培する作物の品目や遺伝子型によって受ける影響、及び高温・高 CO₂ 複合環境下で受ける影響について明らかにする。必要に応じて密な実験室での実験系を構築し、責任遺伝子や原因物質を明らかにすることによって、育種や農業資材開発の一助とする。特に、圃場から発生する温室効果ガスの大部分は植物由来の炭素を含むことが知られているため、圃場からの温室効果ガス発生を低減する作物品種の開発を行う。

課題 2 では、高温・高 CO₂ の複合条件下での作物の成長について、トランスクリプトーム、メタボロームといったオミクスデータに加え、光合成速度、蒸散量、器官の物質分配、といった作物の生理生態学関連データを取得し、農業上重要な形質の責任遺伝子の同定を加速させる。低施肥でも高温・高 CO₂ 条件下で高収量を示す作物のデザインへつなげる。

課題 3 では、作物によって作り出される圃場の微気象、すなわち大気環境の精密計測を行い、高温・高 CO₂ 複合条件下でも圃場の気候緩和に貢献し、高収量を示す作物のデザインにつなげる。また、課題 2 で得られた作物データと圃場の微気象データを照合し、どんな環境条件でどんな遺伝子の機能がどれだけ形質に寄与するか (G×E)、特に、農業上重要な形質の責任候補遺伝子が、圃場環境下で形質にどれだけ貢献するのかを数値化する。また、栽培技術介入 (Management) による気候緩和への貢献を数値化して評価するため、品種 (Genotype)、環境 (Environment)、栽培技術 (Management) を統合的に記述する、G×E×M の表現が可能な作物生育モデルの構築（下図）を目指す。

課題 4 では、農業生態系に存在する病虫害について、その高温・高 CO₂ 複合環境による影響について研究を進める。圃場の微気象モデルと病虫害出現予測モデルを組み合わせ、将来の病虫害発生予測と、それらに耐性のある栽培マネジメント、品種の創出を目指す。得られたあらゆるデータを統合的に検討し、遺伝子から大気環境までをつなぐ、相互作用の連環を解明し、環境負荷低減と高温・高 CO₂ 複合環境下でも高収量を目指す農業生態系の物質循環モデルの構築を目指す。

土壌・土壌微生物、作物の遺伝子型・生態生理、作物モデル、
圃場の微気象モデルを統合するアプローチ



本研究領域の推進に当たっては、基礎生物学分野である基礎植物科学、微生物学と、農学分野である作物学、土壌肥科学、さらに気象計測の分野が有機的に連携、協働することが必要である。

Executive Summary

What is bioproduction?

Bioproduction is a research field which covers the whole process of that living organisms produce various types of products, such as materials for food, pharmaceutical products, biofuels, biological tools, bio-plastics. Extraction and purification processes are needed in certain types of products, while the living organisms themselves are often used as they are. Breeding and production process management are the key points in the research field.

Why bioproduction is important for us?

One of the important features of bioproduction is that these bioproducts are made from low cost materials, such as light, CO₂, inorganic salts, starch, and feed crops. Certain products can be produced by bioproduction with far lower cost than by chemical synthesis. Not only cost effective, bioproduction is regarded as environment friendly and more sustainable. Here we propose research strategies to promote the research in bioproduction, particularly to create the methodology for effective breeding and production process management in a systematic way. As the research background, current issues and relevant industries vary among the types of organisms, our proposals are divided into 3 parts. The first part argues the bioproduction by microorganisms and cultured cells, the second part is regarding the fishery and livestock industry (animal part), and the third part refers to crop production (plant part).

Aim and approach

The global human population is still rapidly expanding and the food demand to feed them is getting higher and higher. In order to meet such high food demand, increasing cultivation and breeding new varieties which promises high yield are, however, not an ideal solution, as modern agriculture is confronted with the polluted soil system and the climate change. As modern crops are designed to have high performance under the huge application of chemical fertiliser, yield increase would not be accomplished without high dose of chemical fertiliser which for sure worsen soil pollutions. In addition, in the future, the climate change would highly possibly bring the environment in which high concentration of ambient CO₂ and high temperature are observed simultaneously. Although such conditions are highly influential for crop growth and yield, unfortunately scientists do not have enough insight regarding the biological effects of such double stress to the crop physiology.

Thus, the next generation crop design which could conquer the global challenges has to fulfil following three conditions.

1. Lower environmental load.
2. Higher performance under the high concentration of CO₂ and high temperature.
3. Higher yield.

Current status

The next generation crops should grow well without heavy application of chemical fertiliser and show good performance under high concentration of CO₂ and high temperature. As recent research outcomes uncover that soil system conditions, crop physiology and microclimate in the agri-ecosystems closely interacts each other, the next generation crops should be designed to have good balance between them. For example, the amount and circulation of carbon (C), nitrogen (N), and phosphate (P) in agricultural soil system including nutrient exchange between crop root systems and surrounding microorganisms have been well described in DNDC models. The yield of cereals and pulses can be calculated via the crop (yield) models, where crop growth and its physiological response to various environmental cues including soil nutrient availabilities are simulated. Microclimate models exhibit the interactions between crop. Moreover, physiological responses of crops such as photosynthetic activities, respirations, and leaf N content, under various agricultural conditions are now examined. Mass scale field transcriptome project provided an excellent model where gene expressions were able to be predicted according to the climate conditions. Molecular genetics on model plants uncovers genes contribute to efficient nutrients uptake. Now researchers have almost all pieces of a jigsaw puzzles which should open a new door to design next generation high yielding and environment friendly and climate change tolerant crops.

Challenges to be conquered.

Above mentioned various measurements and modelling attempts provide powerful clues to design next generation crops; however, the linkage between the key components have remained ambiguous. Particularly, genotype-environmental interaction (G×E) has not been well examined, notably, the crop responses to the double stress of high concentration of CO₂ and high temperature have remained almost untouched. To build up a comprehensive model where G×E is fully considered, simultaneous data acquisition of all components in the same environmental conditions should provide the crucial foundation.

List of proposed research targets

1. To establish a model which describes soil system substance (C, N, P) circulation and exchange including crop G×E, scoping to decrease salt formation and greenhouse gas emission.
2. To understand and model crop metabolism including crop G×E, particularly targeting the double stress of high concentration of CO₂ and high temperature.
3. To establish a comprehensive microclimate model in which crop G×E is fully considered, especially targeting lowering the crop temperature.
4. To understand the changes in agri-ecosystem under the climate change, particularly focusing crop disease and pests.

目 次

エグゼクティブサマリー

Executive Summary

1. 研究開発の内容	1
2. 研究開発を実施する意義	4
2-1. 現状認識および問題点・社会的背景	4
(1) 気候変動による農業へのダメージ・現状	4
(2) 農業の環境負荷	6
2-2. これまでの研究	8
(1) 作物（植物）の高温応答	8
(2) 作物（植物）の高CO ₂ 応答	11
(3) 作物（植物）の高温・高CO ₂ 応答	11
(4) 圃場の微気象モデル	12
(5) 環境負荷低減のための栽培技術の開発	12
(6) 環境負荷低減を目指す基礎植物学研究	14
2-3. 社会・経済的効果	17
(1) SDGs への貢献	17
(2) 農業による環境負荷の低減	17
(3) 気候変動による高温障害の回避／克服	17
(4) 農業による大気中CO ₂ 固定の促進	18
(5) 農業資材開発と有機農業の促進	18
2-4. 科学技術上の効果	19
(1) G×E、G×E×M の理解	19
(2) 作物の環境応答・収量や品質の変化についての分子基盤の整備	20
3. 具体的な研究開発課題	21
4. 研究開発の推進方法および時間軸	24
参考文献	27
付録 1. 検討の経緯	29

付録2. 国内外の状況	32
付録3. 専門用語の説明（50音順）	36

1. 研究開発の内容

本戦略プロポーザルにおける「生物生産」とは、微生物・細胞、植物、動物などの生物を用い、低付加価値な資源（糖、無機塩類、光、二酸化炭素、飼料など）から、育種・生産プロセス（培養、栽培、飼育養殖）を通じ、高付加価値の物質や生物体自体を目的産物（食料、燃料、化成品、素材、医薬品、生物的ツールなど）として生産することを指す。本戦略プロポーザルでは、効率的な育種、生産プロセス研究を行うための体系的な方法論創出に向けて、具体的な研究テーマや研究推進体制などに関する諸方策を提案するものである。また提言作成にあたり、研究の背景や基盤、想定される産業などの違いから①微生物・細胞、②動物（水畜産）、③植物（作物）の3分野をそれぞれ1～3部として分割して発刊することとした。第3部では、将来予想される、気候変動下でも、農業の環境負荷を低減しつつ、単位面積当たりの炭素収率を高める技術開発を目指すため、農業を、作物（植物）による物質生産だけでなく、その生育環境（農業生態系）全体の物質循環としてとらえ、これを包括的に理解して最適化する研究開発戦略を提言する。

増加し続ける人口を養うだけでなく、バイオエコノミーの観点から、近年ではバイオ燃料の原料としての農作物の需要が増え続けている。こうした需要に応えるため、さらなる農業生産の増大をはかることは、SDGsの達成においても重要な課題であるが、現代の農業は二つの深刻な問題、すなわち（1）気候変動と（2）農業の環境負荷に直面している。

1960年代以降のハーバー・ボッシュ法による大量の窒素化学肥料投入と、半矮性化遺伝子の導入による受光体制の改善という「緑の革命」により、農業生産は大幅な単位面積あたりの増収を達成してきた。このため、現行の品種は基本的に高施肥で高収量の炭素化合物を得られるデザインになっており、この高施肥が高い環境負荷に直結していると言って過言でない。また、近い将来には気候変動により、高温・高CO₂複合環境下での農業を余儀なくされるが、高温・高CO₂の複合条件が、光合成などの植物の一次生産にどのような影響を与えるかは、あまり研究が行われていないものの、少ない研究例によると、減収となることが予想されている。こうした背景から、気候変動下でも農業の持続性を確保し、環境負荷低減と生産効率向上を両立するためには、従来の単収増加に主眼を置いた作物設計や栽培管理技術から一歩踏み出し、農業生態系全体の物質循環を最適化するような技術開発が必要である。

近年のスマート農業の技術開発と普及により、ピンポイントに必要な場所にだけ施肥や農薬を処理する技術によって、短期的には、農業による環境負荷はある程度低減されると考えられるが、そもそも現行の品種が全て高施肥に依存する品種である以上、抜本的な対策が必要であることは論を俟たない。

農業生態系は刻一刻と移ろう環境条件、土壌タイプに依存して変化する、多彩な土壌微生物叢、多様な作物、気象条件など、精密な科学的解析を行うには、想像を絶する複雑な生命環境システムである。しかし、日本では、イネの水田環境における、地道な圃場での計測、サンプリング、モデル計算、といった数十年の努力と、近年のコンピューティングパワーの増強が相まって、作物（収量）モデル、水田群落微気象モデル、イネの野外トランスクリプトームモデリング（FIT）、といった野外農業データモデリングの分野で、世界に対して圧倒的な地位を誇るようになった。これらの知見を軸に、20年後の農業の持続可能性を確立する基盤を醸成することを目標に、近年急速にデータが集まりつつある作物の生態生理学や、土壌微生物叢、病害虫について研究を展開し、農業生態系との相互作用を明らかにする。そのために必要な研究課題の概略を以下に述べる。

課題1：土壌圏（根圏を含む）における物質循環

ここでは、作物根圏と土壌環境（土壌微生物叢を含む）の相互作用を定量的に解明することを目指す。その相互作用が栽培する作物の品目や遺伝子型によって受ける影響、及び高温・高 CO₂ 複合環境下で受ける影響について明らかにする。必要に応じて密な実験室での実験系を構築し、責任遺伝子や原因物質を明らかにすることによって、育種や農業資材開発の一助とする。また、圃場からの温室効果ガスの発生を低減するための育種・栽培技術の基盤形成を目標とする。以上の共同利用圃場でのデータ取得・解析に加え、土壌タイプごとに異なる土壌微生物のメタ解析を行うため、全国の異なる土壌タイプごとに土壌微生物インベントリを行う。

課題2：作物（植物）における物質循環

作物の生態生理学に基づき、高温・高 CO₂ の複合条件下での作物の成長についてトランスクリプトーム、メタボローム、光合成速度、蒸散量、器官の物質分配などのあらゆる定量データを取得し、低施肥でも高温・高 CO₂ 条件下で高収量を示す作物のデザインへつなげる。特に、光合成・呼吸といった一次代謝と、窒素利用効率などの農業上重要な形質について高温・高 CO₂ でも作物パフォーマンスを向上させるための生態生理メカニズムと、責任遺伝子の特定を進め、現行の作物モデルに遺伝子型情報を搭載することを目指す。また、複合的な環境ストレスに対する植物の応答は、現在のところ、全く未知の領域であるが、これを理解するため、トランスクリプトーム解析を駆使したフレームワークを構築し、複合環境要因に対する植物の1次応答予測を目指す。

課題3：土壌、生態生理、遺伝、微気象モデルの融合

課題3では、作物によって作り出される圃場の微気象、すなわち圃場環境の気温や水利用効率の精密計測に焦点を置き、高温・高 CO₂ 複合条件下でも圃場の気候緩和に貢献し、高収量を示す作物のデザインにつなげる。ここでは、日本が圧倒的な強みを誇る、圃場の微気象モデルと、土壌の物質循環、作物モデルの統合を試み、品種（Genotype）、環境（Environment）、栽培技術（Management）を統合的に記述する、 $G \times E \times M$ の表現が可能な作物生育モデルの構築を目指す。

課題4：高温・高 CO₂ による病虫害などの生物学的環境変化

農業生態系には、当然、招かれざる有害な生物、すなわち、病虫害が多く存在する。高温・高 CO₂ 複合環境では、これらの活動も活発になると想像される。圃場の微気象モデルと病虫害出現予測モデルを組み合わせ、将来の病虫害発生予測と、それらに耐性のある栽培マネジメント、品種の創出を目指す。

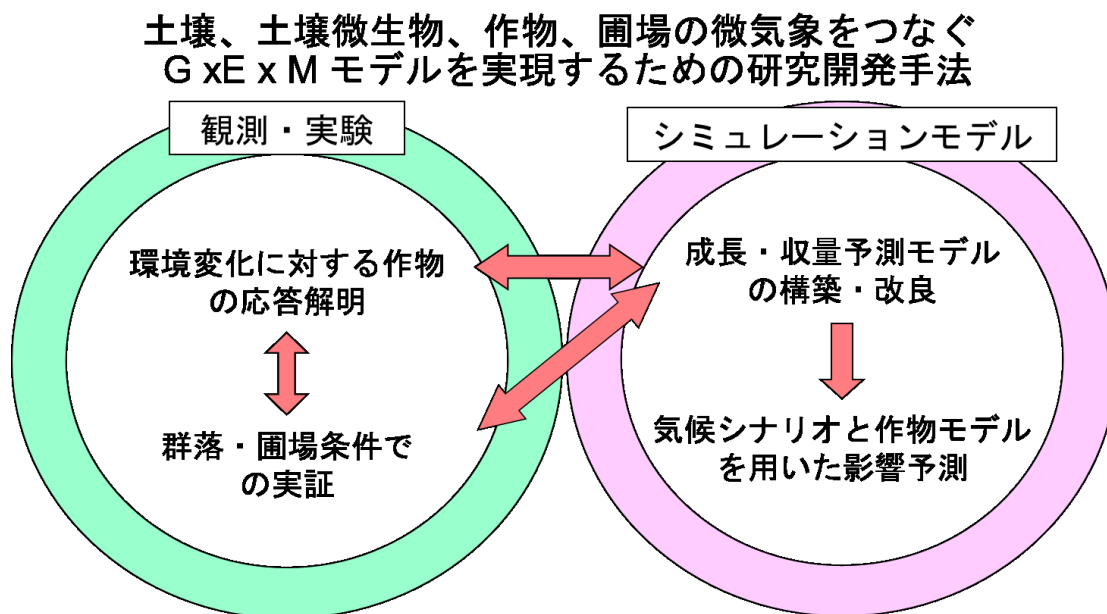


図1 土壌、土壌微生物、作物、圃場の微気象をつなぐG×E×Mモデルを実現するための研究開発手法の概略図（農研機構・長谷川利拡グループ長提供）

これまで、上記に挙げた研究課題は、全く別々の研究課題として取り組まれてきたため、得られたデータの取得条件が異なり、比較検討することは不可能であった。本研究開発では、通常状態の圃場、高温のみ、高CO₂のみ、高温・高CO₂複合条件の4条件の共同利用圃場を設け、土壌学、微生物学、土壌肥料学、生態生理学、分子生物学、気象学、といった幅広い研究領域の研究者が一堂に会し、それぞれが得意とする分野のデータを収集して解析しながら、互いのデータを共有して解析できるような体制を構築する。

効果的な育種のためには責任遺伝子の同定が必要であり、また複合的な環境ストレス応答のモデル化にはシンプルな実験系が必要であるため、一部の実験は、遺伝学実験に適したシロイヌナズナを利用することも検討する。これまでの研究の蓄積から研究基盤が良く整備され、また、栄養成長と生殖成長がスイッチ的に切り替わることから、現在のところ、野外における作物のふるまいを研究するモデル植物として最適なものは水稻であると言える。そこで、本研究開発では、これまでの蓄積を生かしたフレームワークを構築する目的で、水稻をモデル作物とした研究開発を行うが、同時に、栄養成長と生殖成長がスイッチ的に切り替わらない作物であって、比較的研究基盤が良く構築されているトマトや大豆などの他の作物もその研究対象として含めることとする。

2. 研究開発を実施する意義

2-1. 現状認識および問題点・社会的背景

世界の人口は増加の一途をたどっており、単位面積当たりの穀物増産速度は人口増加速度に満たないことから、将来的な食料不足を懸念する意見もある¹⁾。昨今ではCO₂排出抑制の見地から、多くの農地がバイオ燃料生産のために割かれており、実際、2017年のデータによると、米国で生産されるトウモロコシの実に約1/3がバイオエタノール生産のために消費されている。また、農産物は人類の食料となるだけでなく、近年、肉類の消費が飛躍的に増えていることを背景に、家畜飼料として消費される分量も増加し続けている。以上のように、炭素源としての植物・作物の需要はますます高まっている²⁾。こうした需要に応えるため、さらなる農業生産の増大をはかることは、SDGsの達成においても重要な課題であるが、現代の農業は二つの深刻な問題、すなわち（1）気候変動と（2）農業の環境負荷に直面している。

（1）気候変動による農業へのダメージ・現状

産業革命以来のCO₂の大量排出により、過去200万年以上、一定して180～280ppm前後を保っていた地球上のCO₂濃度は、近年急上昇を続け、2017年には年平均濃度が405ppmに達し、実に産業革命以前の280ppmと比較すると、40%以上の増加となった。気候変動に関する政府間パネル（Intergovernmental Panel on Climate Change: IPCC）によると、このままCO₂の排出が続けば（最悪のシナリオ、RPC8.5）、2070年には大気CO₂濃度は約600ppmに達し、これに伴って、地球の平均気温は約4.5℃上昇すると予測されている。このまま温暖化が続けば、世界の耕地の大半で、減収になるとの予測もある（図2）。

気候変動による収穫量減少予想(2050)

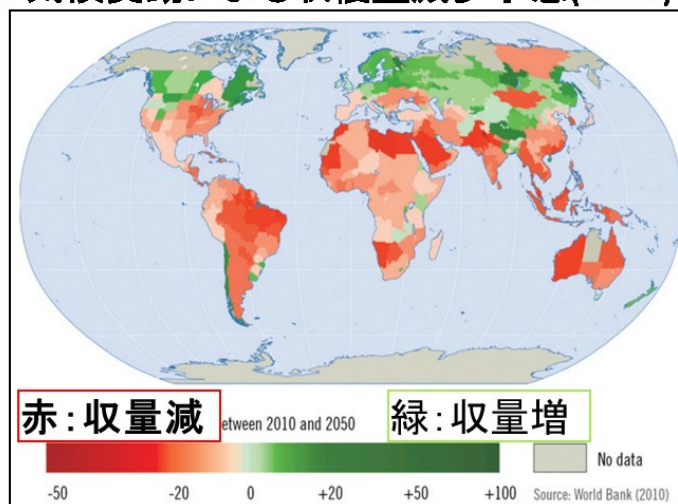


図2 気候変動による収穫量減少予想。CO₂排出量が最も減少しなかったシナリオによる。
世界銀行2010年の予測による。

実際、気温の上昇は実感されるところであり、気象庁によれば、日本の平均気温は、1898年（明治31年）以降では100年あたりおよそ1.1℃の割合で上昇している（図3）。

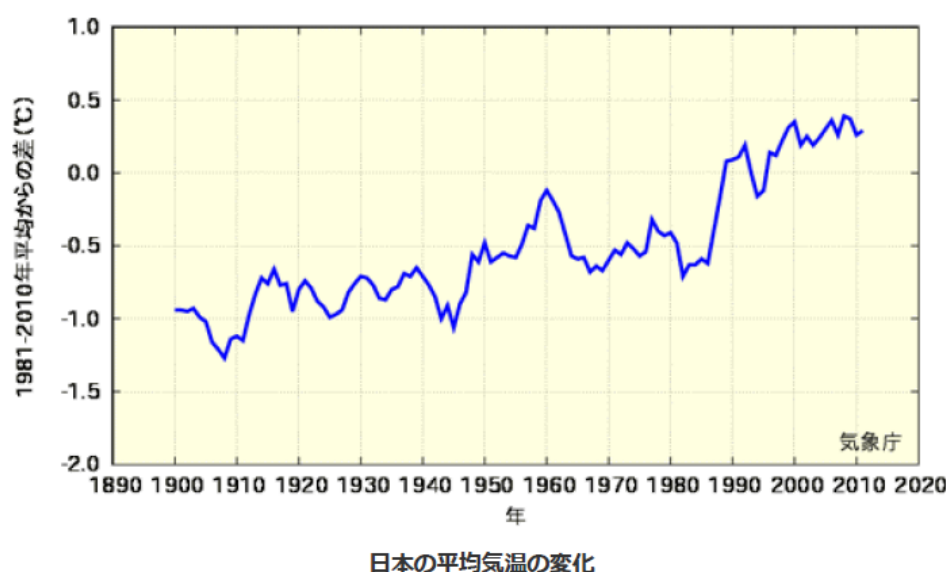


図3 19世紀末からの日本の平均気温の変化。100年あたり、およそ1.1℃の割合で、着実な上昇傾向が見える。（気象庁データ）

農産物の高温障害も多く報告されるようになり、具体的な例としては、コメの白未熟粒、胴割れの増加や、トマトの着果不良、ブドウやリンゴの着色不良などが報告されている。コメの白未熟粒や胴割れは出荷段階でのコメの等級評価が低下することで、稲作農家へのダメージとなっている。農林水産省では、こうした高温障害を食い止めるため、高温障害が起きにくくなる栽培管理法を開発したり、高温耐性を持つ品種を育成して農業生産の現場に導入したりしている³⁾。

一方、高CO₂に関しては、CO₂が光合成の基質であることから、肥料としての利用が期待され、1990年代後半から、世界各地で大気中のCO₂濃度を高めた圃場実験、すなわち解放系大気CO₂増加（Free Air CO₂ Enrichment: FACE）実験が展開された⁴⁾。その結果、おおむね、現在の気温では、高CO₂条件下では多くの作物で増収となることが予想される、楽観的な結果となった⁴⁾。FACE実験で用いられるCO₂濃度は約600ppmであり、先にも述べたように、地球の二酸化炭素濃度が600ppmに達するのは、温暖化の最悪のシナリオ、RCP8.5に従った場合で、この時の地球平均気温は2.8～4.8℃上昇することになる。つまり、温暖化の影響として高CO₂環境が到来するときには、必ず高温もセットで同時にやってくるのである。しかし、大変残念なことに、高CO₂が農作物に与える影響がだいぶ明らかになったとして、多くのFACE実験場が閉鎖されてしまい、高温・高CO₂複合条件が農作物に与える影響はほとんど解析されないままとなっている。しかし、日本のFACE実験場で得られた実験結果は、この問題に対して重要な手掛かりを提供している。

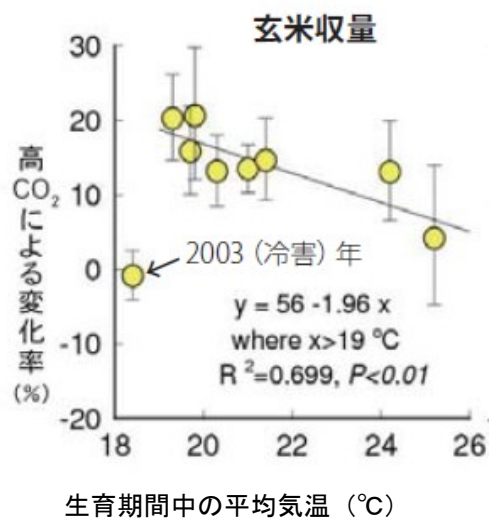


図4 高CO₂による増収効果は高温によって打ち消される。
(長谷川利拡 2013年7月 農環研ニュース No. 99⁵⁾より)

図4のグラフからは、現在の気温では、高CO₂濃度は5~20%のコメの増収をもたらすが、気温が高くなるにつれて、その増収効果は減少することが見て取れる⁵⁾。地球大気のコ₂濃度が600ppmに達する、今世紀末頃には、気温は3~4℃上昇することが予想されていることから、農作物は減収することが予想される。

加えて、近年、デング熱などの南方特有のヒトの疾病が日本でも見られるようになってきたが、作物についても同じことが予想される。つまり、気候変動による高温・高CO₂複合環境では、作物の病虫害の様相とその活動も現在とはかなり違ったものになることが予想される。

(2) 農業の環境負荷

1960年代の緑の革命以降、ハーバー・ボッシュ法による窒素化成肥料の大量投入が、劇的な作物の増収を支えてきた。ハーバー・ボッシュ法では、メタンから精製した水素と、空気中に含まれる窒素を高温・高圧化で反応させてアンモニアを合成するが、不活性ガスである窒素の原子間結合を解離させるために大量のエネルギーが必要であり、この時の化石燃料の消費により、大量のCO₂を発生する。すなわち、大量の窒素施肥は、大量のCO₂排出源となるのである。

窒素化成肥料に次いで深刻な問題となっているのがリン肥料である。Steffen ら(2015)の報告⁶⁾によると、地球環境において最も深刻な環境汚染を引き起こしているのは、リンであり(図5)、その汚染の程度は「限界を超えて危険な状態」との表現がなされている。

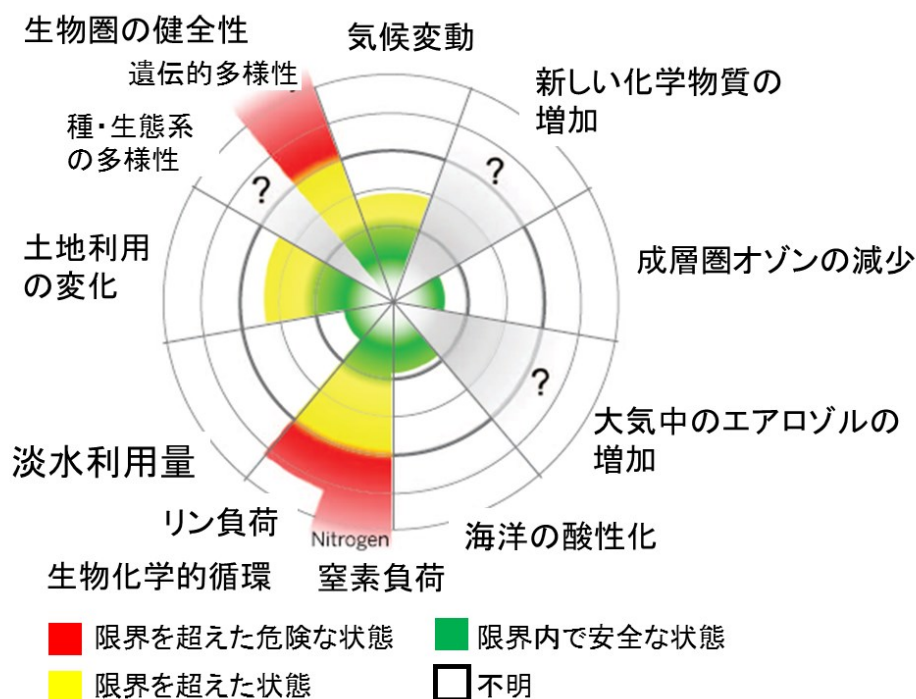


図5 「地球の限界」を超えた窒素負荷とリン負荷⁶⁾。Steffen ら（2015）の報告を CRDS で和訳。

リン肥料に含まれるリンは、たいていの場合、リン酸二水素カリウム、リン酸二水素カルシウム、熔成リン肥であるが、土壌が酸性傾向で、鉄分やアルミニウムが含まれていると、容易にこれらの元素と結びついて不溶性のリン酸鉄やリン酸アルミニウムに変換する。これらの物質は水溶性でないため、植物の根は不溶性リン酸を吸収することが出来ず、リン自体は大量に土中に存在するものの、肥料として利用できる、有効体リン酸が極めて少ない状態となる。日本の土壌は多くは酸性土壌であるため、この不溶性リン酸の土壌蓄積は日本でも深刻な問題であるが、これは世界的な問題でもある。現在の日本では、リン肥料を製造するためのリン鉱石原料が本国では産出しないため、リン鉱石は 100%が輸入である。地球上に産出するリンの 90%は肥料用として利用されるため、リンは世界各国において、食糧政策に直接かかわる戦略物資と認識されている。したがって、リン鉱石を算出する国やその権益を保有する国にとって、その販売規模の決定は国家戦略の一部となっており、政情不安や価格操作なども含めて、リンの輸入価格は国際情勢に翻弄される。2008 年にはリン鉱石資源が枯渇するとの懸念が国際的に強まり、リン鉱石の国際価格は劇的に上昇したが、その後、モロッコの埋蔵量が大幅上昇修正され、リンの枯渇問題は一段落し、近年は緩やかな低下傾向を示している。しかし、先にも述べたように、その国際価格は様々な要因で再び上昇する可能性があり、リン消費を可能な限り減少させ、また、リサイクルすることは喫緊の課題となっている。

その他、図 6 に示すように、害虫駆除のための殺虫剤が野生生物の生物多様性を損ねたり、土壌から大気汚染ガスであり、温室効果ガスでもある NO が発生したりするなど、農業による環境負荷の例は枚挙にいとまがないが、最も大きな問題は化成肥料の大量使用による CO₂ 大量排出と土壌汚染であると考えられる。

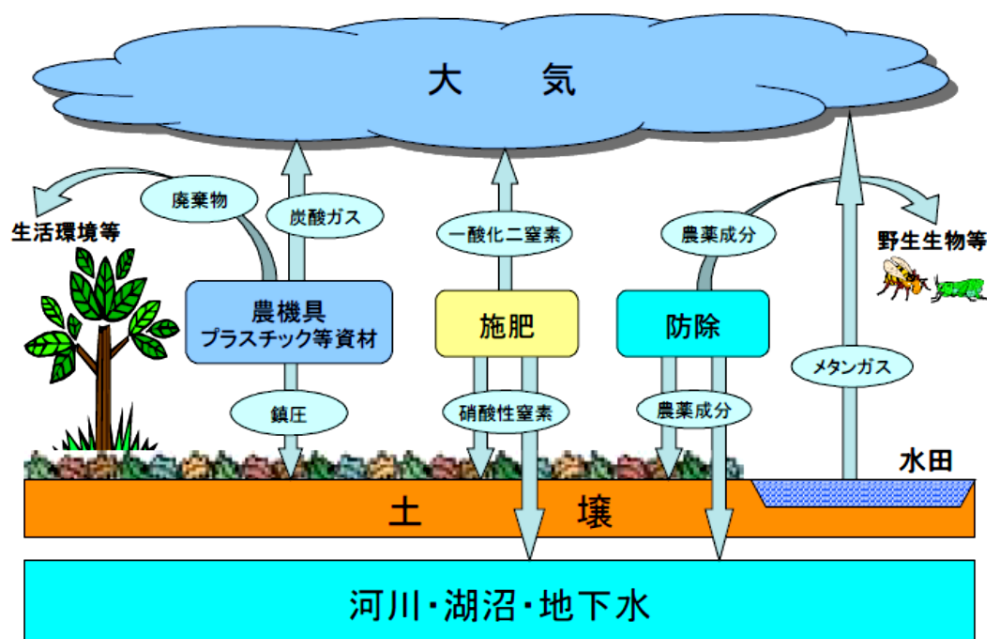


図6 農業による環境負荷。農林水産省資料⁷⁾より

2-2. これまでの研究

(1) 作物（植物）の高温応答

植物の高温レスポンス研究は、大きく分けると二つのタイプに分けられる。一つは、遺伝学実験のモデル植物、シロイヌナズナを用いた、短時間の高温処理に対する応答を研究するもので、もう一つは、作物を用いて長期間のマイルドな高温処理に対する応答を研究するものである。シロイヌナズナでの研究では、たいていの場合、一斉枯死がみられるような高温をごく短時間与え、遺伝子発現の変化や、高温耐性に関わる遺伝子群の単離が試みられてきた。いわゆるヒートショック遺伝子と呼ばれる遺伝子群を軸としたストレス応答の分子メカニズムに関する研究が良く進んでおり、日本からも重要な研究が多数報告されている⁸⁾。一方、作物を材料とした研究では、一斉枯死のような極端な条件ではなく、作物が生育するものの、生育不良となったり収量や品質が低下するような現実的な環境条件において、農業上重要な形質、例えば高温障害や減収、農産物の質の低下といった現象について、高温障害を回避したり緩和したりするためのマクロな視点から研究が行われてきた。高温障害が報告されたあらゆる作物で、高温障害を緩和するための研究が行われているが、日本では、長年の研究成果を踏まえ、イネをモデル作物とした研究が展開されているところが特徴的である。イネは、他の作物に比べ、研究基盤が良く整備されていることと、栄養成長から生殖成長への切り替えが一斉に起こる（一度に全ての花が咲いて植物体内の物質分配が栄養機関である茎葉から貯蔵器官である胚乳へと一気に切り替わる）ので、トマトのようにいつまでも花芽形成をして着果する作物に比べ、成長モデルを扱いやすいという点で優れている。また、全国各地の水田で実証研究を行えるところも強みである。以下に、イネの高温応答に関する主要な研究結果を挙げる。

- ・ コメの等級低下（落等）の回避

農研機構での研究により、暑熱による白未熟粒の発生機序が明らかにされ、穂数の調整や、稲穂の登熟期後半に、窒素肥料を重点的に追加することである程度防げることが分かってきた⁹⁾。しかし、これは同じ品質の同量の収穫を得るためにより多くの窒素肥料を必要としていることになり、高温による肥料利用効率の低下を克服することはできていない。

- ・ 高温不稔の回避

イネの花は、花の中にある葯（花粉が入っている袋）が割れることで、花粉が雌蕊の先に着き、受粉が成立することで胚乳（コメの食べる部分）の形成が起こる。イネの開花期に、34～35℃になると、この葯の開裂が起こらなくなるため、不稔イネが生じるようになることが、農研機構の研究によって明らかにされてきた¹⁰⁾。実際、2008年ごろには、西日本の水田でこの現象が観察された。より高温でも葯の開裂が起こりやすい QTL の同定や、暑い日中を避けて気温が上がる前の早朝の間に花が咲くようにする品種の開発が行われている¹¹⁾。

- ・ 高温障害を避ける栽培技術基盤としての作物モデル

作物の成長は日照や気温といった気象条件に左右されることは周知の事実である。花成（蕾をつけること）を境に、作物体が大きく成長する栄養成長から、コメなどの種子へ養分をため込む生殖成長への切り替えが起こるが、花成の時期は主として日長と気温によって制御されている。花成までの期間が短いと植物体が小さいまま花をつけることになる（図7）ので、開花時期を予測して、逆算して種をまく時期を決めることが出来れば、最短の栽培日数で最大の収穫を上げることが出来るようになると考えられる。また、収穫の時期も予測できれば、特定の地域で台風が多い時期を避ける、など、栽培調整ができるようになる。こうした目的で、作物の成長と花成時期、収穫量を正確に予測できる「作物モデル」の開発が1960年代から行われてきた。世界各地でその国の主要な作物、大豆やトウモロコシ、小麦などの作物モデルの構築が進められ、日本では1990年代にイネの作物モデルの枠組みが出来た¹²⁾。

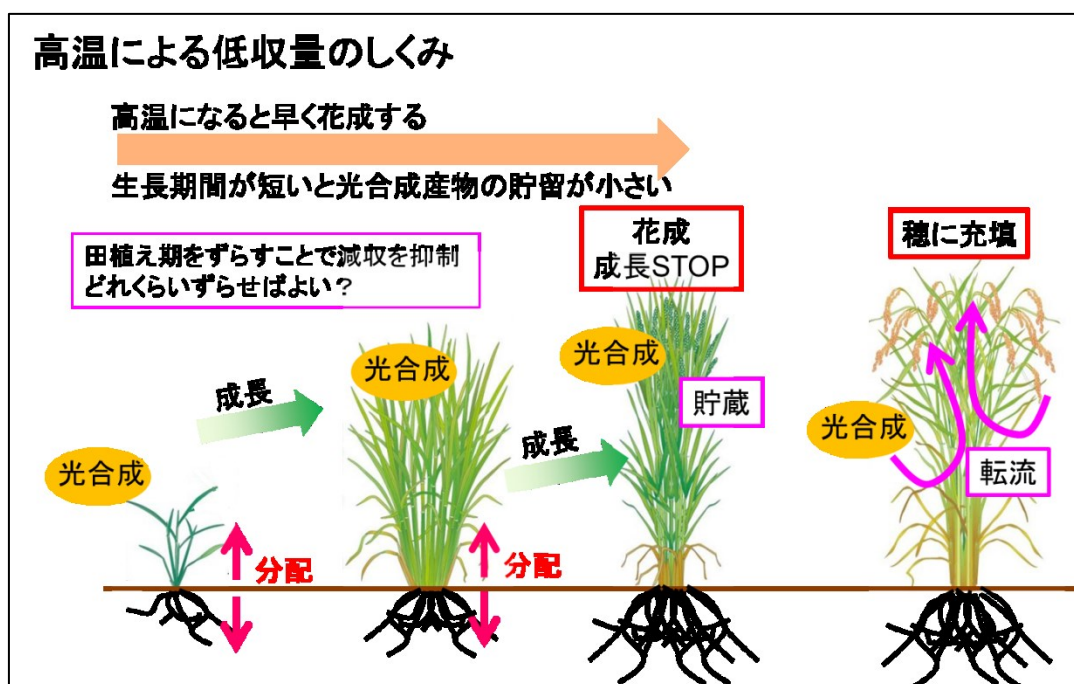


図7 高温は花成の時期に影響を及ぼす。花成するまでの期間が短いと植物体への光合成産物の貯留が小さいため、穂に充填されるデンプン量も減少する（CRDSにて図作成）。

稲の成長・収量モデルの概要を図8に示す。この収量モデルでは、基本的に気象条件と有効窒素量によって収量の推定を行う。土壌の窒素反応過程、作物の窒素吸収量、作物の成長過程、光合成、バイオマス、小穂形成の合計6つのサブモデルから成り立っており、最終的にはイネの穂の小穂の数を推定することによって収量の推定へと導く。この、小穂の数は、出穂時の地上部の乾物重量とその窒素含量からなる関数で決定されるが、その関数は品種ごとに異なるパラメータを持つ、経験則から導かれた関数となっている¹³⁾。モデルの大枠は1997年に発表されたものであるが、その後の精密な改良を重ね、現在では国際的な農業収量予測モデルの比較・改良プロジェクト（Agriculture Model Intercomparison and Improvement Project: AgMIP）においても先導的な役割を果たす、重要なモデルとして活躍している。

成長速度や日長、温度感受性は品種によって異なるので、現在では、日本で栽培される主要なイネの品種についてこの作物モデルが運用され、農研機構から配信するメッシュ農業気象データと合わせ、各地の日照や気象条件に合わせた栽培計画立案や、国レベルでの収量予測（作況指数）として実用化されている。特定の地域の気象傾向に沿った栽培計画を立てることができるので、開花期の暑熱を避けるように田植えをする、といった使われ方をしている。この作物モデルは、毎日の光合成量、窒素肥料吸収量、葉面積などを積算する、統計学ベースではない、いわゆるプロセスモデルタイプのものである。現状では、葉面積の展開や窒素利用効率などの生態生理学的なパラメータは品種ごとに固定されており、どんな特徴を持った品種を植えればその栽培条件で最大の収穫量を得られるか、と言った問題に答えることはできない。換言すれば、作物モデルは品種ごとの生態生理指標に基づくが、その責任遺伝子とはリンクがない。つまり、現状では、どんな環境条件で、どんな遺伝子がどのように働くかという、環境と遺伝子発現のクロストーク（Genome・Environment interaction: $G \times E$ ）を取り扱うことができないため、育種へは応用することができない状態である。しかし、複雑な相互作用を内包する、植物の光合成や呼吸といった

一次代謝と物質分配などを取り扱う基本のフレームワークとして、将来の研究の発展が期待されている。

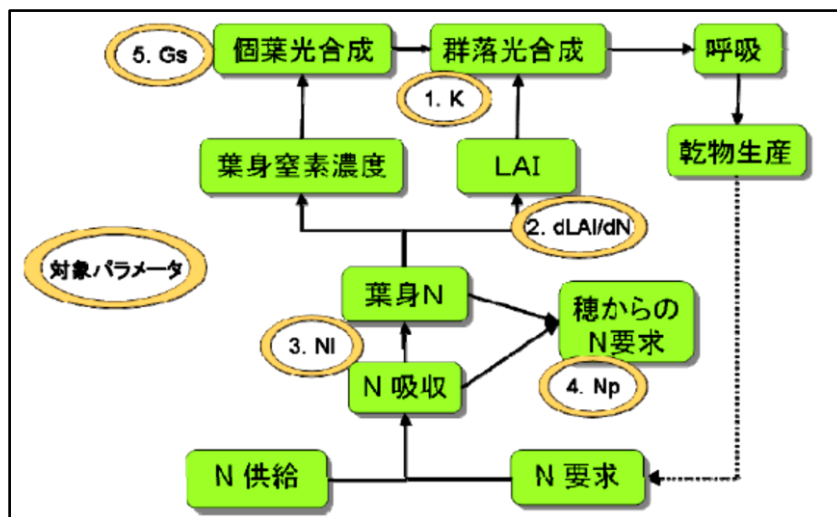


図8 収量予測モデルの概要。1～5はパラメータを表す。1. 群落吸光係数 (K)、2. 窒素吸収あたりの葉面積展開能力、3. 葉身への窒素分配 (NI)、4. 穂の最大窒素濃度 (Np)、5. 気孔コンダクタンス (Gs)。

*長谷川 利弘、近藤 始彦、第224回日本作物学会講演会要旨集（2007）p167より

（2）作物（植物）の高CO₂応答

環境操作実験は、主に閉鎖環境で温度やCO₂濃度を制御するものであったが、1990年以降は屋外の開放系の群落条件で将来の高CO₂環境を実現する開放系大気CO₂増加（FACE）実験などが世界各地で実施されるようになった。日本ではイネを対象としたFACE実験が1998年に岩手県雫石町で開始し、2010年からは茨城県つくばみらい市に場所を移し2017年まで実験が行われた。大気CO₂濃度を高めた場合、一般に光合成は促進され、乾物生産ひいては収量も増加する。実際、岩手県雫石町で7年、茨城県つくばみらい市で4年実施したFACE実験においても、両地点で共通して用いた品種「あきたこまち」の収量は、高CO₂（外気よりも200ppm高い）によっておおむね増加した⁵⁾。

（3）作物（植物）の高温・高CO₂応答

FACE実験による収量増加は、大気温が高温になるとともに低下し、白未熟粒の発生頻度も高くなることが明らかになった¹⁴⁾。よって、高CO₂濃度と高温が複合的に作物の収量・品質に影響すると言える。高CO₂濃度が高温障害を助長するメカニズムとしては、高CO₂濃度では葉の気孔が閉じる傾向にあり、その結果、葉からの蒸散が抑制されて（放出される気化熱が減るため）葉面温度が上昇することが挙げられる。つまり、高CO₂濃度になると、外気温より葉面温度が高くなるため、植物はさらなる高温障害を受けるのである。

また、メタボロミクスを駆使した生態生理学的な解析からは、イネの品種によっては高温・高CO₂条件下では、窒素利用効率が低下するものがあることが明らかになってきた。窒素利用効率が低い品種では、葉の窒素濃度が低下し、十分な光合成を行うことができないため、白未熟粒が多く発生し、収量も低下することが示唆された¹⁵⁾が、将来的な育種への応用のためにも、この窒

素利用効率の低下に関与する遺伝子群の同定が望まれる。

（４）圃場の微気象モデル

高温が作物の収量を低下させることが明らかになっているが、興味深いことに、低湿度、強風、多日射といった、植物の蒸散が極めて大きくなるような条件のオーストラリアでは、気温が 40℃を超える厳しい高温が頻発しても、稲の高温障害の発生は報告されていない。こうした気象条件の下では、蒸散冷却によって群落表面温度は気温よりも 7℃近く低い¹⁶⁾。一方、多湿で風が弱い中国長江中流域では、気温が 32～3℃であっても、高温に伴う稔実低下が観察され、このときの穂の温度は、気温よりも 3℃程度も高かった¹⁷⁾。こうした大気温と植物体の温度の乖離は、圃場の土壌、湛水層、作物群落、大気の間で熱交換が起こるからである。植物の蒸散量は環境と遺伝子型に左右されるが、遺伝子型を固定すると、この熱交換は熱力学過程なので、数式で表現することができ、1990 年代終盤には、生物学的過程を考慮しない「群落微気象モデル」の大まかな枠組みが出来上がっていた。微気象モデルはその後着々と発展を続け、Maruyama and Kuwagata (2010)¹⁸⁾は、前出の作物モデルと圃場の微気象モデルの融合が試みられた画期的な報告であった。水田では水をためておくため、この水深の調節や、新たな水の取り込みによって圃場の気温を下げる効果を期待することができる。こうした栽培介入の方法論を確立したいという動機が、圃場の微気象モデルと作物モデルの融合という世界に例を見ない方向性へと発展させた原動力であろう。このように、圃場の微気象モデルを作物管理に取り入れようとする動きは、日本初の誇るべき研究成果であるが、植物を研究する基礎植物学研究者の間では驚くほど知名度が低い。これまで、実験室での研究成果が、農業環境でそのまま利用するのが難しい原因として、実験室環境と野外環境の差が大きすぎることが指摘されてきた。しかし実際には、野外環境では、植物と野外環境が相互作用するため、いくら野外の環境を精密に測定できたとしても、その野外環境が実は植物との相互作用の上に成り立っていることを考慮しなければ、植物の真の環境応答を明らかにすることはできない。作物（植物）の真の環境応答を追求するためには、必ず G×E を考慮し、その相互作用の実態を明らかにする必要があると言えよう。

（５）環境負荷低減のための栽培技術の開発

先にも述べたとおり、農業の環境負荷は想像以上に深刻であり、この環境負荷を低減するための基礎から応用フェーズまでの様々な研究が展開されてきた。以下にその代表的なものを挙げる。

・スマート農業

過剰施肥が原因で土壌汚染が起き、過剰な農薬で生物多様性が失われるのであれば、土壌や病害虫の状況を正確にモニタリングして、必要最小限の施肥と農薬散布を行えば良い、と考えられる。実際、近年は各種のセンサーが高感度・低価格化し、また ICT テクノロジーも進化したため、トラクターなどにこれらのセンサーを搭載したり、ドローンで害虫の発生状況をモニターしたりすることが可能になってきた。佐賀県のベンチャー企業、オプティムではドローンによるピンポイント農薬散布テクノロジーを駆使して枝豆栽培を進めている。2017 年には、収量や品質は従来と同じだが、農薬は 90%削減した「低農薬枝豆」を百貨店で発売し、通常の価格の 3 倍の値段で完売したという。稲作機器大手のイセキは、土壌センサーを搭載した可変施肥田植機を実用化、販売している。こうしたテクノロジーにより、施肥量や農薬散布量をかなり有効に減らすことができるが、多くの農家にとっては、新しい農機具の導入は経済的にかな

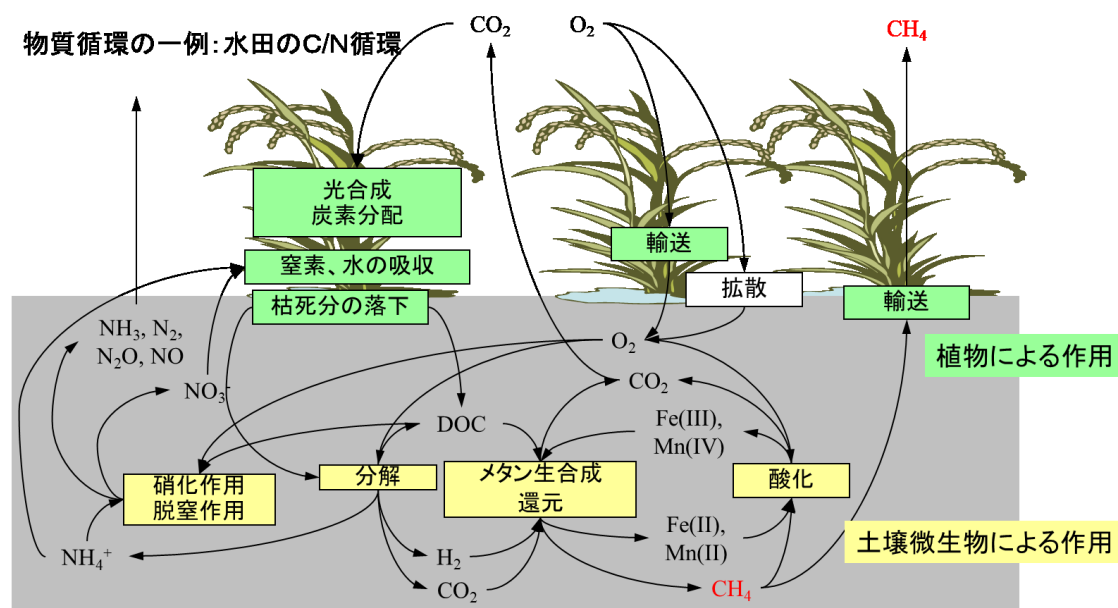
り厳しい状態である。したがって、スマート農業を普及させるためには、かなり大規模な経済的支援が必要であるが、現在のところ、農林中金に小規模な融資システムが存在するのみとなっている。

・ 土壌微生物の利用と理解

根粒菌や菌根菌のように、土壌中に生息する微生物が植物の窒素やリン吸収を助けていることは良く知られており、基礎・応用研究が進められている。しかし、こうした絶対共生菌は、植物に窒素やリンを供給する一方、大量の炭素源を植物から得て生活しているため、共生菌と共生していることは、作物の炭素化合物の収量を最大にするという農学的な見地からは必ずしも有利とはいえないのが現実である。一方、近年の次世代シーケンシングによるメタゲノム解析の発展により、根圏細菌群・糸状菌群の構成が明らかになりつつある。これらの微生物群の解析が着々と進められつつあり、例えば、コレトリクムと呼ばれる糸状菌の一種（*Colletotrichum tofieldiae*: Ct 菌）は、同属の多くの種が病原性を示すものの、ある種の Ct 菌は、リン欠乏培地でも植物の成長を促進し、他の菌が植物に感染するのを防ぐものが存在することが明らかになってきた¹⁹⁾。この Ct 菌の機能については目下、基礎研究が進められているところであるが、Ct 菌は単独培養が可能であるため、有機農業資材への応用が期待されている。

有用土壌微生物叢を利用するための基礎研究としては、他にも、メタゲノム解析を生物種間ネットワーク解析へと展開し、植物の健全な生長を促す微生物叢の中で、鍵となる「コア共生微生物」を探索する手法の開発を挙げることができる²⁰⁾。土壌微生物叢は、土壌タイプによって大幅に変化するが、これまでに異なる土壌タイプごとのコア共生微生物の探索は行われていない。

以上、植物に有用な同乗微生物に関連する基礎研究例を2点あげたが、土壌微生物叢は、作物（植物）の病原微生物となったり、栄養供給減となったりするだけではない。土壌微生物は土壌中に存在する物質を様々に変換し、窒素源であるアンモニアを硝化して植物が吸収しやすい化合物に変換したり、土壌中に存在する炭素化合物（多くは農業残渣や植物の根から分泌されたもの）を分解して、温室効果ガスであるCO₂やメタンを発生させたりするものもある（図9）。メタンはCO₂の約25倍の温室効果を持つとされており、嫌気条件となる水田ではメタンの発生が多いことから、メタン発生の軽減を目的とした、土壌中の物質変換について数理モデルの構築が進んでいる。具体的には、土壌理化学性、気象および栽培管理の精密な測定から、土壌内の様々な反応（水・熱移動、有機物分解、鉄の酸化還元、メタン生成・酸化など）と水稻の生育を同時に計算する、DNDC-Rice と呼ばれるモデルが構築されている²¹⁾。この、DNDC-Rice モデル、及び作物モデル、圃場の微気象モデル、作物の遺伝情報が相互に連結できるようになれば、圃場環境への理解が進化し、高温・高CO₂でも環境負荷を低減しつつ収量を適切な確保できる農業への糸口が見つかると考えられる。

図9 水田の炭素・窒素循環モデルの概要 (2010) ²²⁾

（6）環境負荷低減を目指す基礎植物学研究

・肥料分の吸収効率を制御する分子機構

土壌からの肥料分の吸収効率が良い品種は、同量の施肥でもより大きく育つと考えられる。そこで、植物の窒素やリンなどの吸収効率を制御する分子メカニズムを解明しようとする研究が進んでいる。前述のように、野外環境では土壌の性質や土壌微生物の働きや相互作用が存在するため、植物そのものの肥料分吸収の潜在能力に関わる分子メカニズムを追及するのは難しい。効率的な育種のためには、肥料分吸収の効率性という現象に関わる責任遺伝子を特定し、その遺伝子が含まれるような品種を開発する必要がある。遺伝子の機能を解析し、注目する現象との因果関係を明らかにするためには、遺伝学実験のモデル植物、シロイヌナズナを用いた研究が有利である。植物体の窒素やリンの吸収に関わる分子機構に関する研究は 2010 年以降活発に重要な論文が多数報告されているが、中でも重要な研究例としては、硝酸シグナルの伝達と応答機構において中心的な役割を担う転写因子、NLP の発見をあげることが出来る ²³⁾。また、Sakuraba et al., (2018) ²⁴⁾は、シロイヌナズナの中でもリン吸収に差があるエコタイプに着目し、葉に照射された赤色光がシグナルとなり、根でのリン栄養の吸収を促進することを報告している。この論文では、赤色光受容体フィトクロム B を介する複数のシグナル伝達経路が活性化されることにより、リン酸吸収に関わる遺伝子の発現が上昇することが示された。赤色光は光合成において重要な波長の光であるが、光合成の活性や産物の量ではなく、光そのものが根からの肥料分の吸収に関わることを示した画期的な発見となった。前述したような多様な相互作用が複雑に入り乱れる野外環境において、この分子機構が (G) どのような場面 (E) でどれくらい重要な役割を果たすのか (G×E) についての解析が待たれる。

・野外トランスクリプトーム

G×E の最前線を走るのが野外トランスクリプトームである。野外におけるトランスクリプトームの測定と気象データとの関係の解析は、2000 年代末ごろから各国で散発的に行われ始め、

ポプラやトウモロコシ、イネ、シロイヌナズナなどで小規模なプロジェクトの結果が報告された。その後、日本の農水省・新農業展開ゲノムプロジェクトにおいて、農業生物資源研究所のグループを中心として、当時としては世界最大規模となる生育期間全体を通じた数百サンプル分の野外トランスクリプトームデータの取得が行われた。そのデータと気象データをもとに、環境応答・体内時計・日齢を取り入れた統計モデリングを行うことで、トランスクリプトーム変動の多くの部分を予測可能なモデルが得られた²⁵⁾。この研究は、野外環境のような複雑な環境においても、現実的な学習データ量からトランスクリプトーム変動の予測を行うモデルが作成可能であることを示した点で画期的であった。前述のイネの研究を発展させる形で、後続の農水省・次世代ゲノム基盤プロジェクトでは、トランスクリプトーム予測の精度・汎用性向上を目指し、また、トランスクリプトームから植物の形質を推定、予測する方法の検討も行われた。イネの野外トランスクリプトームに量的遺伝学を組み合わせた解析手法の開発²⁶⁾や、野生植物（ハクサンハタザオ）の自然個体群を用いて、2年間にわたる長期の野外トランスクリプトーム動態の調査も行われた²⁷⁾。これらに加え、コムギ、オオムギの野外トランスクリプトーム研究を含むプロジェクトも進行中である。国外ではこれらに相当する規模の野外トランスクリプトーム研究のプロジェクトは現在見られない。これまでも実験室環境でのトランスクリプトームデータは多数取得されてきたが、それらのデータは、特定の仮説検証のための実験デザインにより取得された、大きな偏りのあるデータの集合であり、野外環境との統合的な理解を得るための、汎用的かつロバストな予測を可能とするための学習データとしては適していない。実験室環境と野外環境の統合的な理解のために必要と考えられるのが、より偏りの少ないデータの取得である。そのためには、実験室内で多数の環境におけるデータを取得する技術が重要となる。近年急速に拡大している **personal fabrication**、IoT 関連技術を用いて、安価で、プログラマブル、かつスケーラブルな並列環境制御装置の作成が可能となっており、今後の活用が期待される。

・メタボローム

農業では光合成産物という植物の一次代謝物を収穫するため、収量増を目指すには、一次代謝による物質生産の効率を上げることが必須になる。植物自体も自身の光合成産物をエネルギー源として生育しており、生産した一次代謝物は、植物体の成長、光合成等の生命活動のエネルギー源、種子への貯蔵など、様々な用途に分配される。この分配の割合を知り、最適化することは農業生産の効率を上げるうえで極めて重要である。様々な質量分析計を駆使して、生物の代謝系を体系的に定量・解析し、物質の変換過程を定量的に可視化できる植物メタボロームは、一次代謝系の最適化を図るうえで重要な研究領域であり、近年、その存在感を増している。多様な環境要因が生物の代謝プロファイルに及ぼす影響を解明する分野は、エコメタボロミクス (**Eco + Metabolomics** の造語) と呼ばれている。この分野は生化学・生理学の要素と、地理・気象といった生態学的要素を結ぶ、学際的な研究領域とも言える。予測される地球規模の気候変動に対処する為に十分な能力のある作物の開発を目指した研究が推進されている²⁸⁾。国内では、イネの高濃度 CO_2 への応答を解析する「つくばみらい **FACE** (2009 ~ 2018)」により、イネの高 CO_2 環境下における、生態生理学的、分子生物学的な知見が蓄積されつつある。この **FACE** 実験の中で、イネの高 CO_2 応答の分子メカニズムを解明するために、**CE-MS** を用いたメタボロミクス研究が行われた¹⁵⁾。この研究では高 CO_2 条件下でイネの呼吸量（酸

素を吸収し、エネルギー生産をして CO_2 を排出すること）が減少するが、その程度には品種間差異があること、水温は呼吸量には影響を及ぼさないことが示された。高 CO_2 条件は葉への窒素の蓄積量を減少させるが、多収品種の方が高 CO_2 条件下でも葉への蓄積量が多かった。この葉での窒素含量はそのまま光合成活性と直結すると考えられがちであるが、呼吸の補酵素である NADH 量の調節を介して呼吸量の制御に関わっている可能性が示された。NAD は呼吸の補酵素であり、NADP は光合成の補酵素であるため、NAD 及び NADP の量は植物体内の代謝状態の指標であるとともに、代謝を改変するツールともなりうる。これまでに、光合成の場である葉緑体での NAD 代謝の改変によって炭素・窒素の利用効率の向上につながりうることが示されている²⁹⁾。一次代謝は至る所にループ状の代謝経路が仕込まれているが、ループ状の代謝経路はその代謝経路の形状そのものが代謝産物量の安定性を担保することが提唱されており³⁰⁾、環境摂動による多少の遺伝子発現量の変化があっても、代謝そのものが大きな変化を受けないデザインとなっている。実際、実験室の実験結果から、一次代謝の効率に大きな変化をもたらすと期待される遺伝子発現の量を人為的に変動させても、大きな代謝の変化が観察されることは稀である³¹⁾。このため、一次代謝に影響を与えうる分子メカニズムを物質生産の向上に利用しようとする際には、野外圃場において、その分子メカニズムが収量や成長にどんな影響を与えうるのか、その評価を行うことが重要だと考えられる。

・作物の生態生理学から探る増収に貢献する遺伝子群

（1）の作物モデルの解説において、収量の増減や、収量の増減に大きな役割を果たす生態生理学的な過程について、その責任遺伝子とのリンクが設定できていないため、現時点では育種へと応用することが難しいと述べた。収量の増減に大きな役割を果たす生態生理学的な過程についてさらなる解析を進め、その責任遺伝子を探索しているのが作物の生態生理学である。近年、スループットの高い表現型評価法や次世代シーケンス解析・オミクス解析などの技術が発展し、圃場環境下においても多量の精緻なデータを得ることが可能になってきた。具体的には、様々な遺伝背景を持った系統で光合成効率を連続的に測定したり、葉の窒素含量、受光量などを定量することが可能になってきた。こうして定量された表現型と、それに関連する遺伝子の探索方法としては、ゲノムワイド関連解析（GWAS）や染色体断片置換系統（CSSL）や戻し交雑自殖系統群（BIL）などを用いた QTL 解析などがあり、有効な QTL を集積して保持する系統の作出などが行われている。しかし、単位面積当たりの光合成効率が高い系統を作成すると、葉面積が狭くなるなどの副作用もあり、固体内での窒素や炭素の投資バランスの最適化ルールを明らかにする方策が求められている。

現行のイネ品種は、半矮性遺伝子の導入により、稈長を短くすることで前身のバランスをよくして倒伏を防ぎ、葉の受光効率を高めているため、効率よく光合成ができ、多収を期待できるデザインとなっている。こうした現行品種の多くでは、耐寒性や花期、収穫時期については育種によって改変が試みられたが、光合成効率や窒素吸収・窒素利用効率については特に改善する方向への育種は行われてこなかった。一方、緑の革命以前の品種は、草丈が高く、倒伏の危険性は高いものの、より少ない肥料でそれなりの収穫を上げる品種が多数存在していた。この肥料利用効率の高さを活かし、より丈夫な茎をもった稲をデザインすることで、肥料利用効率が高く、葉の受光態勢も良い品種の開発が進められている³²⁾。

（1）で解説した作物モデルでは、こうした作物個体内での投資バランスを人為的に変えた

実験を *in silico* で行うことが出来るため、生態生理データと作物モデルとの融合により、こうした問題が解決されることが望まれる。高温・高 CO₂ 複合条件下における光合成効率の変化とその責任遺伝子の探索は、2018 年度までの FACE 実験場において実験が試みられ、コシヒカリでは高温・高 CO₂ 複合条件下で葉への窒素分配が抑制されるなどの手掛かりが得られた¹⁵⁾が、その分子メカニズムの解明には至っておらず、さらなる実験・解析が待たれる。

2-3. 社会・経済的効果

（1）SDGs への貢献

本研究領域はそもそも、将来の気候変動による高温・高 CO₂ 複合環境下での農業の環境負荷低減を実現するための基礎基盤研究である。緑の革命以降の増収は、窒素肥料の大量施肥に依存し、環境負荷を無視して作物からの炭素化合物の収穫を最大化しようとした結果であるため、現行の作物は大量の施肥を前提とした設計となっている。大量の施肥なくしても肥料利用効率が高く良く生育する作物を開発し、土壌からの温室効果ガスを低減しつつ、土壌に蓄積する炭素量を増やすことで空気中の二酸化炭素の低減にも貢献するような農業システムを開発することは、SDGs の「2. 飢餓をゼロに」、「13. 気候変動に具体的な対策を」、「15. 陸の豊かさを守ろう」の達成に貢献する。

（2）農業による環境負荷の低減

作物の生態生理学の理解の促進により、低施肥や有機肥料でも良く生育する作物品種を開発することができると考えられる。これにより、過剰な施肥を避けることができ、過剰な肥料由来の土壌からの温室効果ガスが削減されると期待できる。また、こうした品種の導入により、化成肥料の使用量が減ることからハーバー・ボッシュ法による大量の CO₂ 排出をも削減することにつながると思われる。

さらに、土壌微生物による作物へのリンの供給を最大化するような作物設計や、農業資材の開発によって、過剰な施肥に由来する不溶性リンによる塩害も抑制されるものと期待される。土壌微生物と作物との相互作用の研究が進むことにより、植物の耐病性を高めるような土壌微生物の実態が解明され、こうした土壌微生物を有機農業資材などとして活用することにより、耐病性の高い作物栽培が可能になり、農薬の使用量の削減につながると思われる。

（3）気候変動による高温障害の回避／克服

前述したように気候変動の影響により、高温と高 CO₂ 環境が同時に到来する可能性が高い。現在では、コメの高温障害の一例である白未熟粒対策として、追肥の増量などの対処療法的な対策がとられているが、こうした対処療法では、以前より多い施肥で以前と同じ品質の米を生産することになり、このままでは栽培経費と環境負荷の増大につながってしまうことになる。そこで、高温・高 CO₂ 条件でも高いパフォーマンスを発揮できる気候変動対応型の品種を開発する必要があると考えられる。このためには、あらかじめ高温・高 CO₂ 条件下における作物の応答や圃場の微気象などについて包括的に理解し、生態生理学的な裏付けのある新たな作物デザインを施すことが重要である。

（４）農業による大気中 CO₂ 固定の促進

土壌に含まれる有機物の中には、必ず炭素が含まれているため、土壌有機物の量を増やすことは、二酸化炭素を土壌中に貯留する効果があるものとして、世界的な注目が集まり、2015年にパリで開催された、第21回気候変動枠組条約締約国会議（COP21）において、フランスが発起人となって4 per 1000というイニシアティブが発足した。このイニシアティブでは、土壌に貯留される炭素量を毎年0.4%増加させていけば、輩出した二酸化炭素と等量の炭素を土中に潮流することで、二酸化炭素の排出用大幅に削減できるとするもので、日本からは農研機構がこのイニシアティブに参画している。こうした取り組みを考えた時、土壌中に貯留する炭素の量とその循環の様式を把握することは極めて重要であり、また、4 per 1000の目標達成のために有効な栽培管理法の提示などの方法でイニシアティブに貢献することが出来る。また、COP21で締結されたパリ協定により、日本を含む世界各国はCO₂やメタンなどの温室効果ガスの削減目標の作成・維持が義務付けられている。削減目標達成を目指すためには、CO₂の排出源と排出量、及び吸収量を正確に知る必要がある。前述したように、土壌には炭素貯留効果があり、また日本に多く存在する水田はメタンの発生源でもあるため、農業環境における物質循環を量的に解明して正確なモデルを構築することは、温室効果ガスの削減目標の達成において重要な役割を担っている。実際、土壌の物質循環モデルである、DNDC-Rice モデルを使用して、気象条件や有機物施用量の変動を考慮して推定した結果、従来の温室効果ガスインベントリ報告書（NIR）のほぼ2倍の値となった（図10）。こうした土壌物質循環モデルと、作物の生態生理学や土壌微生物叢の研究成果が結びつくことで、よりメタン発生量が少ないイネ品種の開発や、土壌微生物を活用した農業資材の開発に応用できると考えられる。

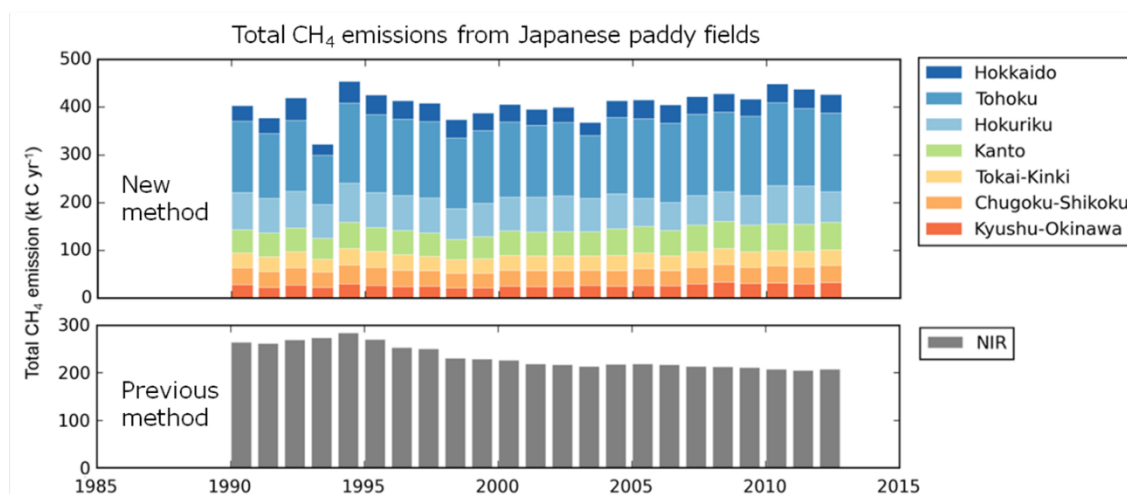


図10 日本の水田から発生するメタンの量は、土壌の物質循環モデルによる推定（上の段のカラーの棒グラフ）では、これまで得られていた値（下の灰色の棒グラフ）の約2倍であることが分かった²²⁾。

（５）農業資材開発と有機農業の促進

土壌微生物叢インベントリを行い、土壌微生物叢と土壌の物質循環モデルの融合により、土壌タイプ別に植物にとって有利な土壌微生物のリストアップが可能になると考えられる。この成果をもとに、土壌診断技術や土壌改良剤、有機農業資材の開発が可能になると考えられる。

本研究戦略では、化学肥料への依存度を下げる作物の開発を目標の一つにしているため、本研究は有機農業の推進に貢献すると考えられる。わが国では、平成 18 年に「有機農業推進法」を制定し、この法律では有機農業について、「化学的に合成された肥料及び農薬を使用しないこと並びに遺伝子組換え技術を利用しないことを基本として、農業生産に由来する環境への負荷をできる限り低減した農業生産の方法を用いて行われる農業をいう。」と定義している。また、平成 30 年に閣議決定された「SDGs アクションプラン 2019」において、有機農業は、有機農産物安定供給体制の構築を通して農業の成長産業化を図り、また、気候変動・生物多様性に配慮した持続可能な農林水産業の推進を行う、として、優先課題に位置づけられている。本研究領域の推進は、まさに「SDGs アクションプラン 2019」の目標と合致しており、その達成に貢献すると言える。平成 31 年 3 月に農林水産省から発表された「有機農業をめぐる事情」と題する文書によると、世界の有機農産物の売り上げは年々拡大しており、1999 年と比較すると 2016 年の売り上げは約 6 倍となっている（図 11）。「安心」「安全」などのイメージから、今後も消費者からのニーズは高いものと予想されるが、現在は、現行品種を有機農業の手法で栽培するための栽培管理法の開発が主たる開発目標となっており、有機農業に適した作物、及び、有機農業で高品質を発揮する農作物という目標での品種開発はほとんど行われていないため、本研究戦略は有機農業に資する新たな品質を提供できると考えられる。

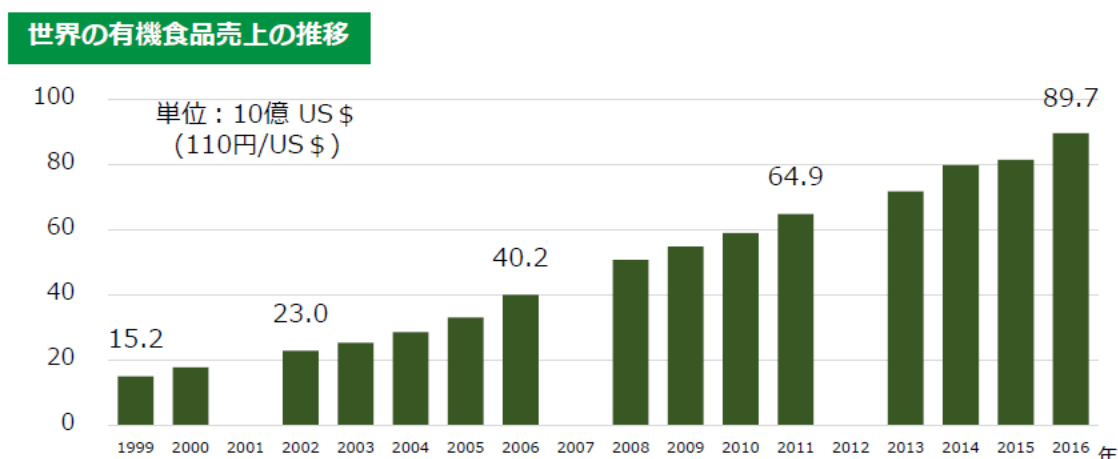


図 11 世界の有機食品売り上げの推移。1999 年から比べると、1999 年と比較すると 2016 年の売り上げは約 6 倍となっている。農林水産省資料「有機農業をめぐる事情」（H31）より

2-4. 科学技術上の効果

(1) $G \times E$ 、 $G \times E \times M$ の理解

これまでに得られてきたモデル植物シロイヌナズナや、イネなどから得られてきた遺伝子の機能に関する知見は、実験室環境下におけるその遺伝子の根本的な「潜在能力」である。生命システムとしての植物（作物）を理解し、農業生産に応用するためには、遺伝子の「潜在能力」だけでなく、極めて複雑で、刻一刻と変化する野外環境において、その「潜在能力」がどのような場面でどれだけ発揮されるのか（ $G \times E$ ）を明らかにする必要がある。また、栽培介入（M）することによって、その遺伝子の機能がどれだけ変化するのかわかることも重要である。高温・高 CO_2

複合条件下での分子生物学、オミクス、生態生理学、土壌肥料学の融合は、これまでの G の理解を、 $G \times E$ へと拡張し、そこに栽培管理（Management: M）を導入して $G \times E \times M$ へと発展させることで、次世代ファンクショナルゲノミクスの扉を開くことに通じる。

（２）作物の環境応答・収量や品質の変化についての分子基盤の整備

これまで植物の環境応答は主として実験室の培養庫において極端な環境条件を与え、極端な環境条件でも生存を可能にする遺伝子群を同定し、遺伝子の機能や相互作用を同定することで、分子メカニズムを明らかにする、といった手順の研究が多かった。こうした試みのうち、低温、乾燥、高温など様々な環境ストレスに応答するマスター遺伝子として単離された遺伝子 DREB1 と DREB2 は極めて著名であり³³⁾、諸外国との共同研究により、様々な作物への応用研究も展開されている。マスター遺伝子を導入した作物は、確かに環境ストレスには抵抗性を示すものの、収量が減少したり、品質が低下するなどの副作用も多くみられた。このことは、マスター遺伝子を理解するだけでは、作物の環境応答を理解するには不十分であり、作物の収量や品質を支える、光合成や栄養成長と生殖成長の切り替え、作物固体内での炭素や窒素の最適分配の変化といった、生態生理学的なパラメータへの影響を理解する必要があることを示唆している。換言すれば、分子生物学実験モデル植物・シロイヌナズナを用いた分生物学実験では、極端な環境ストレス化であっても枯死しない（生存する）ことや、成長が停止しないことを目安に実験がデザインされているが、作物にとって重要なのは枯死しないことではなく、収量を確保することである。そこで、日本が圧倒的な強みを有する、野外トランスクリプトームを筆頭に、メタボローム、生態生理学データの連携を図り、作物の環境応答について分子レベルで包括的な理解を目指す必要がある。本研究戦略で提案する、高温・高 CO_2 複合条件下での物質循環の解明は、環境ストレス下での作物の収量や品質を改善する手立てを提供する。

3. 具体的な研究開発課題

高温・高 CO₂ 複合条件下でも環境負荷を低減した農業を低減するためには、高温・高 CO₂ 複合条件を再現できる野外共同利用圃場を設け、土壌学、微生物学、土壌肥科学、生態生理学、分子生物学、気象学、といった幅広い視点からデータを収集し、比較検討を行うことで、農業生態系の物質循環を明らかにし、環境負荷と収量・品質の最適バランスを求められるような包括的なモデルの構築（図 12）を目指す必要がある。この目標のために、必要な研究課題を以下に述べる。

情報科学・モデリングで階層を乗り越え、最適バランスを見出す

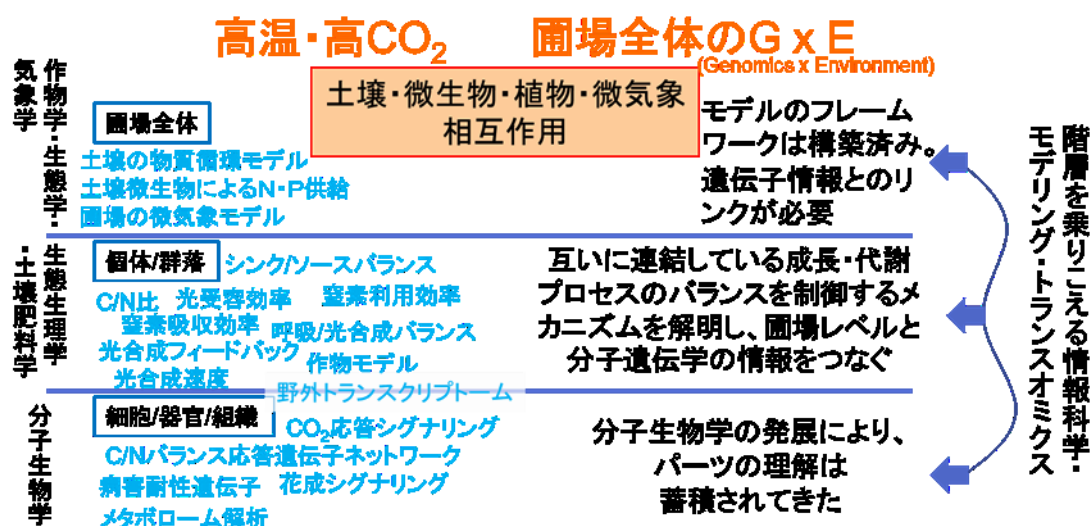


図 12 土壌、土壌微生物、植物、圃場の微気象を統合し、情報科学・モデリングによって遺伝子、オミクスデータ、生態生理学データ、気象データといった階層の異なる情報をリンクする、包括的なモデルの構築へ向けた研究開発のイメージ（CRDS にて作成）。

課題 1：土壌圏（根圏を含む）における物質循環

ここでは、作物根圏と土壌環境（土壌微生物叢を含む）の相互作用を定量的に解明することを目指す。その相互作用が栽培する作物の品目や遺伝子型によって受ける影響、及び高温・高 CO₂ 複合環境下で受ける影響について明らかにする。必要に応じて密な実験室での実験系を構築し、責任遺伝子や原因物質を明らかにすることによって、育種や農業資材開発の一助とする。また、圃場からの二酸化炭素、メタンの発生を低減するための育種・栽培技術の基盤形成を目標とする。

課題 2：作物（植物）における物質循環

作物の生態生理学に基づき、高温・高 CO₂ 複合条件下での作物の成長についてトランスクリプトーム、メタボローム、光合成速度、蒸散量、基幹の物質分配などのあらゆる定量データを取得し、低施肥でも高温・高 CO₂ 複合条件下で高収量を示す作物のデザインへつなげる。特に、光合成・呼吸といった一次代謝と、窒素利用効率などの農業上重要な形質について高温・高 CO₂ でも作物パフォーマンスを向上させるための生態生理メカニズムと、責任遺伝子の特定を進め、現行

の作物モデルに遺伝子型情報を搭載することを目標とする。

具体的には、転流や登熟など収量に直結するが解析が難しい生理学的性質について、その評価を容易にする手法の開発を行う。また作物のシンク・ソース・転流のバランスの最適化に向け、生態生理学データと作物モデルの融合をはかる。

高等植物の生育や物質生産を理解するためには、光合成器官である葉緑体の代謝を議論する必要があるが、現時点では葉緑体内の代謝だけをインタクトに検出する技術がなく、細胞全体の総和としての代謝物変動を捉える事しかできない。そのため、サンプル内の代謝物の局在性や、細胞内局在を論じることができない。葉緑体における光合成では、細胞にとって極めて毒性の高い活性酸素を大量に発生するが、光合成の場が葉緑体に限定されており、危険な活性酸素を細胞全体にまき散らさないという利点がある。近年、注目されているフラックス解析も、現時点では基本的に細胞内区画がシンプルな細菌類を対象としたものがほとんどであり、葉緑体などのコンパートメントの中で起きている反応を知ることはできないのが現状である。一方、医学分野では、近年、疾病のバイオマーカーの分布や特別な脂質の分布を切片上で捉えることができるイメージングメタボロミクスが重要なツールとなっている。例えば、脳の断面像上でヌクレオチド、糖、アミノ酸、脂質、などの代謝物のイメージングが可能となっており、植物分野でも使用され始めているが、細胞小器官までを捉える解像度に至っていない。また、シングルセルメタボロミクスの技術開発も進められている。解像度、対象代謝物の拡大等が今後、必要である。

課題3：土壌、生態生理、遺伝、微気象モデルの融合

ここでは、作物によって作り出される圃場の微気象、すなわち圃場環境の気温や水利用効率の精密計測に焦点を置き、高温・高CO₂複合条件下でも圃場の気候緩和に貢献し、高収量を示す作物のデザインにつなげる。ここでは、日本が圧倒的な強みを誇る、圃場の微気象モデルと、野外トランスクリプトーム、土壌の物質循環、作物モデルの統合を試み、品種（Genotype）、環境（Environment）、栽培技術（Management）を統合的に記述する、G×E×Mの表現が可能な作物生育モデルの構築を目指す。植物システムの包括的理解と予測を実現するための課題の一つとして、環境、ゲノムからのトランスクリプトーム予測の精度、汎用性の向上がある。例えば、根や茎頂などこれまで対象とされていない組織からの大規模データの取得や、病虫害や各種ストレス時におけるデータなどの収集が必要と考えられる。あわせて、気象データおよび種々の解像度の物理環境推定のための微気象物理モデルの整備、圃場における作物形質の調査など、生物気象学、作物モデリングでこれまでに進められてきた研究を着実に積み重ねることが重要である。また、野外環境を模した現実的な設定における実験室での分子生理学的研究も拡大が期待される。人工的に野外環境を完全に再現することは現実的ではないため、どの環境要因をどれだけ再現すると、植物システムの応答のどの部分がどの程度再現できるのかを、トランスクリプトームなどから評価しながら研究を進めることが重要となる。そのうえで、実験室で研究を行う生物学者が広く条件を共有して研究を行う体制づくりが望まれる。これは、野外での研究のみではそれぞれの研究者の結果の再現性の検証が難しくなりがちなためであり、効率的に知識を積み上げるために共有可能な条件を設定することは重要である。植物システムの設計と制御のために今後特に取り組むべき課題として、NIHが主導するヒトConnectivity Map（CMap）を参考にした、植物版Plant CMapの整備がある。Plant CMapでは、遺伝子のノックアウトや過剰発現、温度や光など物理環境、化合物処理など様々な摂動を植物システムに与えた場合の応答を（準）トランス

クリプトームデータとして網羅的に測定する必要がある。NIH の CMap はヒトの培養細胞について、遺伝子のノックダウン、過剰発現、化合物処理のタイムコース実験を網羅的に行った 130 万サンプル分の準トランスクリプトームデータからなる。このデータから、効果既知の薬剤とのトランスクリプトームの類似性から、未知化合物の薬効や作用点を推定したり、化合物の副作用を予測する、など様々なことが可能となった。Plant CMap では培養細胞ではなく個体または組織レベルでのデータ収集が現実的と考えられる。Plant CMap は植物システムの設計と制御のために広範なインパクトをもたらす。例えば、個々の遺伝子の改変がトランスクリプトームにどのような影響を及ぼすかの情報が網羅的にあれば、植物システムの設計において重要な基盤データとなる。また、システムを化学的介入などで制御するためには、システムの状態を測定し、その結果に応じた入力を行う。その際、入力によってシステムがどう応答するか、言い換えれば化学的介入によってトランスクリプトームがどう変化するかの定量的データが必要となる。Plant CMap として、多数の化合物処理時のトランスクリプトームデータを得ることは、制御のための基盤データとして重要である。また、そのデータによって化合物のデジタルスクリーニングや、ドラッグリポジショニングの効率化が可能になる。さらに、トランスクリプトームで評価しながら化合物のデザインを進めることで、特定のサブシステムのみを抑制・活性化する類縁体・誘導体を効率的に得ることも可能となる。このような化合物側からのアプローチに加えて、より積極的な植物システムへの入力手段として、合成生物学的手法による植物への入力方法の組み込みも今後、重要な技術となる可能性がある。

課題 4 高温・高 CO₂ 複合条件による病虫害などの生物学的環境変化

農業生態系には、当然、招かれざる有害な生物、すなわち、病虫害が多く存在する。高温・高 CO₂ 複合環境では、これらの活動も活発になると想像される。高温・高 CO₂ 複合条件下で圃場に出現する病虫害を観測し、現行の圃場の微気象モデルと病虫害出現予測モデルと比較検討を行い、高温・高 CO₂ 条件下での病虫害出現予測モデルを構築する。また、NIL や BIL、CSSL などの系統を比較検討することにより、高温・高 CO₂ 複合条件下での病害に抵抗性を示す遺伝子群を GWAS や QTL 解析などにより同定する。加えて、将来の病虫害発生予測と、それらに耐性のある栽培マネジメント、品種の創出を目指す。

4. 研究開発の推進方法および時間軸

本戦略プロポーザルで提案する研究を行うにあたり、とるべき推進方法を以下の（１）～（３）の項目で述べる。

（１） 高温・高 CO₂ 複合条件の実験が可能な共同利用圃場

通常状態の圃場、高温のみ、高 CO₂ のみ、高温・高 CO₂ 複合条件の 4 条件の共同利用圃場を設け、土壌学、微生物学、土壌肥料学、生態生理学、分子生物学、気象学、といった幅広い研究領域の研究者が一堂に会し、それぞれが得意とする分野のデータを収集して解析しながら、互いのデータを共有して解析できるような体制を構築する。

効果的な育種のためには責任遺伝子の同定が必要であり、また複合的な環境ストレス応答のモデル化にはシンプルな実験系が必要であるため、一部の実験は、遺伝学実験に適したシロイヌナズナを利用することも検討する。これまでの研究の蓄積から研究基盤が良く整備され、また、栄養成長と生殖成長がスイッチ的に切り替わることから、現在のところ、野外における作物のふるまいを研究するモデル植物として最適なものは水稻であることは論を待たない。そこで、本研究開発では、これまでの蓄積を生かしたフレームワークを構築する目的で、水稻をモデル作物とした研究開発を行うが、同時に、栄養成長と生殖成長がスイッチ的に切り替わらない作物であって、比較的研究基盤が良く構築されているトマトや大豆などの他の作物もその研究対象として含めることとしたい。

（２） 高温・高 CO₂ 複合条件での遺伝子の機能の圃場試験の重要性

実験室での実験で得られる遺伝子の機能の情報は大変貴重であるが、それは、光や肥料分の獲得競争や土壌微生物との相互作用もなく、たいていは植物にとって至適な環境である実験室環境下で発揮される、「遺伝子の潜在能力」と言って過言でない。どのような環境（E）でその遺伝子（G）の機能がどの程度発揮されるのか、つまり、「G×E」を明らかにしなければ、遺伝子の情報を、野外環境で生育する作物の育種につなげることはできない。従って、実験室環境下で得られた遺伝子の機能の、農学への応用を考えた時、野外環境での圃場試験が絶対に必要になるのである。野外環境での遺伝子の機能を調べる際には、その遺伝子の機能を欠損した植物、増強した植物などを用意する必要があるが、こうした植物はたいていの場合、遺伝子組み換え植物である。現在、日本で遺伝子組み換え植物を野外で栽培できる試験圃場は、東北大学の川渡試験場と、農研機構のつくば圃場の 2 か所にしか存在しない。遺伝子組み換え植物の野外試験を行うためには、生物多様性を保護するためのカルタヘナ条約にのっとりた規制を厳守することは当然であるが、日本では、試験許可を得るための手続きに極めて長時間かかるため、遺伝子組み換え植物の野外試験はほとんどの場合、試験栽培の規制がより緩い、外国で行われている。こうした外国での遺伝子組み換え植物の野外圃場試験を行う場合は、外国の研究機関と共同研究を組んで実施する場合が多く、実験結果も当然ながら外国の研究機関との共有となる。G×E を明らかにする実験データは、品種改良のための遺伝子の機能データとして極めて重要であるため、知財の観点からも、多くの研究者が日本での試験が可能になるように何らかの手を打つことが望ましい。

（3） 共同利用データセンター

同一条件下の同一圃場で得られた実験結果は、互いにどのデータがどのデータと強い関連を示すかなど、あらゆる関連解析が可能であり、真の意味でビッグデータである。遺伝子型、光合成・呼吸、葉面積や成長速度、収量などの生態生理データ、トランスクリプトーム、メタボローム、微気象、土壌微生物、土壌の物質循環など、全てのデータを実験条件やサンプリング時刻などで参照可能なタグ付けを行う。データ取得から数年間は、当該研究に直接関わった研究者がデータを優先利用できるものとし、一定期間を過ぎるか、論文として発表されたのちは、外部のあらゆる研究者がすべてのデータを利用できるようなデータベースを整備する。分子レベルから微気象までが一堂にそろそろ、野外の作物（植物）時系列データベースはこれまで世界に存在せず、また、こうした大規模プロジェクトも現時点（2019年6月）では進行中ではないため、こうしたデータへの世界からの注目は相当に高いものとなるであろう。国外の研究機関からのデータ利用は MOU を締結するか、有料の利用などとしたり、営利目的の（種苗・農業資材開発）会社などによる利用を有料とすることも可能であろう。

（4） 人材確保と推進拠点

本研究領域の推進には、土壌、土壌微生物、作物の生態生理学、土壌肥科学、分子生物学、オミクス、気象学、と幅広い分野の研究人材が結集することが必要である。サンプルや計測は共同利用圃場で行うが、データ解析はそれぞれの研究者の研究拠点で行うのが最も現実的であると考えられる。一方、相互のデータの参照や比較が極めて重要であるため、頻繁な情報交換・研究発表などの交流の場を設けることが極めて重要である。本研究領域では作物モデル、土壌の物質循環モデル、圃場の微気象モデルなどでは国立研究所の存在感が大きく、生態生理学、分子生物学、オミクス、土壌肥科学では大学の研究者の存在感が大きいため、国研と大学の研究者が協働して研究を推進する体制とならなければならない。また、情報科学、統計学、IoT などの分野では世界的なニーズの急激な高まりから人材が不足していることは、改めて指摘するまでもない。一方で、農業気象学や生理生態学などの分野では、生物を対象としながら物理の知識や考え方が重要となるため学生に敬遠される傾向があり、その重要性にもかかわらず十分な人材が確保されているとはいえないため、本研究領域の推進を通して人材の拡充が図られることが必要である。

（5） 研究開発の時間軸

図13に本研究開発の時間軸を示す。本研究領域では、年に1度しかデータの取得が出来ないため、また、また、遺伝子組み換え植物の野外試験の認可には、認可を得るだけで2年が必要であるため、かなり長期的な視点で研究の推進を考えなければならない。しかし、ゲノム編集技術によって外来 DNA の導入を伴わない遺伝子操作が可能となっており、こうした外来 DNA を含まない SDN-1 ゲノム編集作物はカルタヘナ法の適用外であるとする政府指針が発表されているため、圃場試験による G×E の理解の推進には、今が最も適切な時期であると言ってよい。

本研究開発では、共同利用圃場において環境摂動実験を行い、多角的なデータを一齐に取得して比較検討を行うため、まず、研究開発を始める前に、共同利用圃場をどこに設置

するか、扱う作物や品種、系統、データ取得のためのプロトコル、データ取得のタイミングや回数等を十分な余裕を持って検討しなければならない。特に、SDN-1 ゲノム編集によって得られた系統の野外圃場試験の許可の取得には時間がかかることが予想されるので、早い段階からの許可取得を目指す。この実験デザインが適切でなければ、膨大なデータが集積するだけで、意味のあるビッグデータを得ることはできない。また、得られるデータの蓄積場所やフォーマット、その利用方法やデータそのものの知財としての活用法も決定する必要がある。このため、最低半年間の事前準備期間が必要である。環境摂動実験では、その実験系の維持のために細心の注意を払ったテクニカルなサポートが必要となるため、適切な技術サポート、運営が得られる体制の構築も重要である。

共同利用圃場での実験方法が決定したら、データを駆使した解析を行うためには、最低3年間のデータ蓄積が必要であるが、気象条件の変動などもあるため、短くとも10年、できれば15年程度の長期のデータ蓄積を行う必要がある。

データ取得期間には、これまで得られている候補遺伝子の分子メカニズムを明らかにするといった実験室で進められる研究開発や、圃場試験に供する候補遺伝子を搭載した系統の作成などを行う。データやモデルの統合の成果が見られるのは研究開発開始後、5年以上が経過してからと予想される。

環境負荷低減を目指した有機農業用の農業資材や低施肥でも高収量や高品質が得られるような品種開発のシーズは、3～4年で得られると予想されるが、社会実装するためには規制や登録を経なければならないので、実際に社会実装されるのは5年以上経過してからと考えられる。

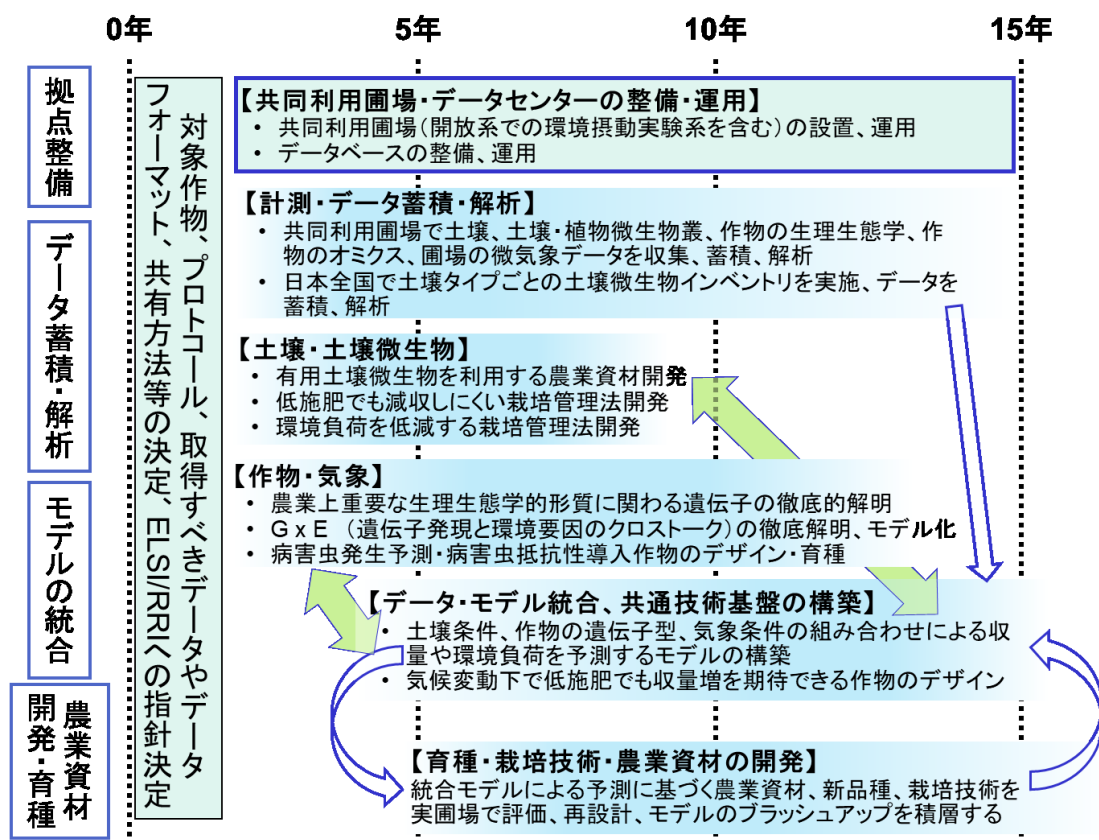


図 13 研究開発の時間軸（CRDS にて作成）

参考文献

- 1) Deepak K. Ray et al., Yield trends are insufficient to double global crop production by 2050. *PlosOne* 8 (2013): e66428.
- 2) 柴田大輔 バイオエコノミー社会におけるバイオマス利用の動向。バイオサイエンスとインダストリー 77 巻 64.
- 3) 農林水産省 平成 29 年版 地球温暖化影響調査レポート（平成 30 年）
- 4) Richard J Norby and Donald R. Zak, Ecological lessons from free-air CO₂ enrichment (face) experiments. *Ann Rev Ecol Evo Systemat* 42 (2011): 181.
- 5) 長谷川利弘 高 CO₂ 濃度によるコメの増収効果は高温条件下で低下 農環研ニュース Vol. 99 (2013): 3.
- 6) Will Steffen et al., Planetary boundaries: Guiding human development on a changing planet. *Science* 347(2015): 736.
- 7) 農林水産省 農林水産省農業生産活動に伴う環境影響について 平成 16 年 5 月
- 8) Ohama et al., The transcriptional cascade in the heat stress response of *Arabidopsis* is strictly regulated at the level of transcription factor expression. *Plant Cell* 28 (2016): 181.
- 9) 森田敏 イネの高温登熟障害の克服に向けて 日本作物学会紀事 77 巻 (2008): 1.
- 10) Tsutomu Matsui et al., The difference in sterility due to high temperatures during the flowering period among japonica-rice varieties. *Plant Prod Sci* 4 (2001): 90.
- 11) Hideyuki Hirabayashi et al., qEMF3, a novel QTL for the early-morning flowering trait from wild rice, *Oryza officinalis*, to mitigate heat stress damage at flowering in rice, *O. sativa*. *J Exp Bot* 66(2015): 1227.
- 12) 堀江武、中川博視 イネの発育過程のモデル化と予測に関する研究 日作紀 59 (1990): 687.
- 13) Toshihiro Hasegawa and Takeshi Horie, Modelling the effect of nitrogen on rice growth and development. In *Applications of Systems Approaches at the Field Level*, ed. Kropff MJ, Teng PS, Aggarwal PK, Bouma J, Bouman BAM, Jones JW, and van Laar HH. (Dordrecht: Kluwer, 1997), 243-257.
- 14) Yasuhiro Usui et al, 2016. Rice grain yield and quality responses to free-air CO₂ enrichment combined with soil and water warming. *Glob Chang Biol* 22 (2016): 1256.
- 15) Ko Noguchi et al., Effects of elevated atmospheric CO₂ on respiratory rates in mature leaves of two rice cultivars grown at a free-air CO₂ enrichment site and analyses of the underlying mechanisms. *Plant Cell Physiol* 59 (2018): 637.
- 16) Tsutomu Matsui et al., Lower-than-expected floret sterility of rice under extremely hot conditions in a flood-irrigated field in New South Wales, Australia. *Plant Prod Science* 17 (2014): 245.
- 17) Xiaohai Tian et al., Heat-induced floret sterility of hybrid rice (*Oryza Sativa L.*) cultivars under humid and low wind conditions in the field of Jiangnan Basin, China. *Plant Prod Sci* 13 (2010): 243.

- 18) Atsushi Maruyama and Tsuneo Kuwagata, Coupling land surface and crop growth models to estimate the effects of changes in the growing season on energy balance and water use of rice paddies. *Agric For Meteorol* 150 (2010) 919.
- 19) Kei Hiruma et al., Root endophyte *Colletotrichum tofieldiae* confers plant fitness benefits that are phosphate status dependent. *Cell* 165 (2016): 464.
- 20) Toju et al., Core microbiomes for sustainable agroecosystems. *Nat Plants*, 4 (2018): 247.
- 21) Fumoto et al., Revising a process - based biogeochemistry model (DNDC) to simulate methane emission from rice paddy fields under various residue management and fertilizer regimes. *Glob Change Biol* 14 (2008): 382.
- 22) 農業環境技術研究所 「数理モデルに基づく水田からのメタン排出量算定方法の開発」平成27年度 研究成果情報（第32集）
- 23) Mineko Konishi and Shuichi Yanagisawa, *Arabidopsis* NIN-like transcription factors play a central role in nitrate signalling. *Nat. Commun.* 4 (2013): 1617.
- 24) Sakuraba et al., A phytochrome-B-mediated regulatory mechanism of phosphorus acquisition. *Nat Plants* 4 (2018): 1089
- 25) Nagano et al., Deciphering and prediction of transcriptome dynamics under fluctuating field conditions. *Cell* 151 (2012): 1358.
- 26) Kashima et al., Prediction of environmental response in field-grown rice using expression-dynamics-QTL. bioRxiv doi: <https://doi.org/10.1101/451609>
- 27) Shinichiro Aikawa et al., Robust control of the seasonal expression of the *Arabidopsis FLC* gene in a fluctuating environment. *Proc Natl Acad Sci USA* 107 (2010): 11632.
- 28) Kristian Peters et al., Current challenges in plant eco-metabolomics. *Int J Mol Sci* 19 (2018): 1385.
- 29) Kentaro Takahara et al., Metabolome and photochemical analysis of rice plants overexpressing *Arabidopsis* NAD kinase gene. *Plant Physiol* 152 (2010): 1863.
- 30) Ali Ferjani et al., Pyrophosphate inhibits gluconeogenesis by restricting UDP-glucose formation in vivo. *Sci Rep* 8 (2018):14696.
- 31) Lee J. Sweetlove et al., Engineering central metabolism – a grand challenge for plant biologists. *Plant J* 90 (2017): 749.
- 32) Indria Wahyu Mulsanti et al., Finding the superior allele of japonica-type for increasing stem lodging resistance in *indica* rice varieties using chromosome segment substitution lines. *Rice (N.Y)* 11 (2018): 25.
- 33) Satoshi Kidokoro et al., Differential signaling in cold responses to rapid and gradual temperature decreases in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 29 (2017): 760.

付録1. 検討の経緯

JST 研究開発戦略センター（CRDS）ライフサイエンス・臨床医学ユニットでは、グリーン・ホワイトバイオ分野の俯瞰調査をもとに研究開発の俯瞰図（図5-1）を作成した。これに基づき、平成30年度に戦略プロポーザルを作成すべきテーマの候補として「次世代育種・生物生産基盤の創成」をCRDS戦略スコープ2018策定委員会において指定し、平成30年5月にCRDS内に検討チームを発足させた。その後、検討チームにおいて提言作成へ向けた調査・分析・検討を重ねた。チームの活動では、調査によって国内外の研究開発動向・技術水準を明らかにしながらスコープの焦点を絞り、その過程において提言の方向性を検討するため、以下の有識者へのインタビュー・意見交換を実施した。その上で、生体分子・生命システム設計研究開発に関してCRDSが構築した仮説を検証する目的で、科学技術未来戦略ワークショップを開催した。

（1）有識者インタビュー

本戦略プロポーザルの作成に当たり、関連する研究領域に高い専門性を有する有識者へ個別にインタビューを実施し、研究内容や推進体制、研究シーズなどについて意見を伺った（2018年6月～2019年5月に実施）。

大島 知美 （株式会社ごはん 社長）
 安達 俊輔 （東京農工大学農学部 助教）
 大川 泰一郎 （東京農工大学農学部 教授）
 川合 真紀 （埼玉大学理工学研究科 教授）
 桑形 恒男 （農研機構 農業環境変動研究センター ユニット長）
 小池 孝良 （北海道大学農学部 教授）
 齊藤 雅典 （東北大学農学部 名誉教授）
 柴田 大輔 （かずさDNA研究所）
 白岩 立彦 （京都大学農学部 教授）
 寺島 一郎 （東京大学理学部 教授）
 中川 博視 （農研機構 農業環境変動研究センター ユニット長）
 長田 敏行 （東京大学理学系研究科 名誉教授）
 永野 惇 （龍谷大学農学部 講師）
 野口 航 （東京薬科大学生命科学部 教授）
 長谷川 利弘 （農研機構 東北農業研究センター グループ長）
 麓 多門 （農研機構 農業環境変動研究センター 上席研究員）
 牧野 周 （東北大学農学部 教授）
 松岡 信 （名古屋大学生物機能開発利用研究センター 教授）
 宮城 敦子 （埼玉大学理工学科 特任助教）
 柳澤 修一 （東京大学生物生産工学研究センター 教授）
 矢守 航 （東京大学理学部 准教授）
 Xiao-jia Yin （International Rice Institute Postdoctoral Fellow）

(2) ワークショップ

本戦略プロポーザル作成に当たり、開催したワークショップの開催日時と参加者を記す。

科学技術未来戦略ワークショップ

「気候変動下での環境負荷低減農業を実現する基盤の創出 ～圃場における微生物、作物、気象を統合的に扱うモデルの開発に向けて～」

開催日時： 2018 年 11 月 27 日（火） 13:00～18:00

場所： JST 東京本部 4 階会議室 （東京都千代田区四番町 5-3 サイエンスプラザ）

〔プログラム〕

13:00～13:05 開会挨拶： 柴田 大輔（かずさ DNA 研究所）

13:05～13:15 趣旨説明： 桑原 明日香（JST-CRDS フェロー）

13:15～16:00 個別発表（話題提供）、質疑

13:15～14:45 （前半：発表 12 分、質疑 3 分×6 名）

話題 1 生理生態・光合成

大川 泰一郎（東京農工大学農学部 教授）

「気候変動下で環境負荷の少ない農業を可能とする作物品種の生理生態的性質および適合品種の開発」

安達 俊輔（東京農工大学農学部 助教）

「将来の作物における光合成・エネルギー分配の最適化」

矢守 航（東京大学理学部 准教授／さががけ）

「高温や変動光環境における光合成応答に関与する因子の探索」

田中 佑（京都大学農学部 助教）

「光合成の変動光応答性に関する自然変異」

話題 2 作物モデルとその展開

中川 博視（農研機構 農業環境変動研究センター ユニット長）

「遺伝子型ベース作物生育モデルへの拡張とその意義」

長谷川 利弘（農研機構 東北農業研究センター グループ長）

「気候変動下における作物生産および農耕地の物質循環の定量的評価に関する研究」

14:45～15:00 休憩

15:00～16:00 （後半：発表 12 分+質疑 3 分×4 名）

話題 3 オミクス

川合 真紀（埼玉大学理工学研究科 教授）

「メタボローム研究の農業への展開を考える ～メタボローム研究で何ができるか～」

永野 惇（龍谷大学農学部 講師）

「野外環境における植物システムの包括的設計・制御に向けた基盤技術」

話題4 栄養応答と環境

柳澤 修一（東京大学生物生産工学研究センター 教授）

「シロイヌナズナの野生系統の比較解析から明らかとなった新規なリン獲得制御」

話題5 土壌

晝間 敬（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス領域 助教）

「植物の根圏微生物群を活用した植物生長促進技術の開発に向けて」

16:00～16:30 コメンテーターの方からのコメント・ショートトーク（3～5分×6）

ショートトーク： 麓 多門（農研機構 農業環境変動研究センター 上席研究員）

「DNDC-Rice モデルによる水田生態系のシミュレーション」

16:30～17:00 総合討論

17:00～17:20 まとめ： 桑原 明日香（JST-CRDS フェロー）

17:20～17:25 閉会の挨拶： 柴田 大輔（かずさ DNA 研究所）

参加有識者：

話題提供者：（五十音順、敬称略）

安達 俊輔（東京農工大学農学部 助教）

大川 泰一郎（東京農工大学農学部 教授）

川合 真紀（埼玉大学理工学研究科 教授）

田中 佑（京都大学農学部 助教）

中川 博視（農研機構 農業環境変動研究センター ユニット長）

永野 惇（龍谷大学農学部 講師）

長谷川 利拡（農研機構 東北農業研究センター グループ長）

晝間 敬（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス領域 助教）

柳澤 修一（東京大学生物生産工学研究センター 教授）

矢守 航（東京大学理学部 准教授）

コメンテーター：（五十音順、敬称略）

柴田 大輔（かずさ DNA 研究所）

白岩 立彦（京都大学農学部 教授）

寺島 一郎（東京大学理学部 教授）

麓 多門（農研機構 農業環境変動研究センター 上席研究員）

真木 祐子（雪印種苗 研究開発部 主任）

牧野 周（東北大学農学部 教授）

付録2. 国内外の状況

【世界的な取り組み】

<Climate Change, Agriculture and Food Security : CCAFS>

国際農業研究協議グループ (CGIAR) が主導する研究プログラムで、東アフリカ、西アフリカ、中南米、東南アジア、南アジア（インド）での、農業の気候変動対策について研究を展開する。農業による温室効果ガスの排出量の計測や予測、及び気候変動に伴う作物の成長・収量予測モデルの開発／改良（次項 AgMIP）に注力している。

<Agricultural Model Intercomparison and Improvement: AgMIP>

農業モデルの相互比較と改良のための国際プロジェクト米国主導で 2010 年に開始したプログラムで、現在は世界から CCAFS（前項）等の国際機関を含め、60 以上の研究機関が参画。日本からは農研機構が参加している。8 種類の主要農産物に加え、バイオエネルギー用作物、果葉菜、畜産と牧草地など、合計 12 の項目別の農業モデル比較検討を行っている。気候変動による各地の収量の予測やその経済波及効果の予測に用いられている。英国国際開発省、米国農務省、CGIAR、米国国際開発局などが継続的な資金提供を行っている。

<RIPE>

メリンダ&ビル・ゲイツ基金が支援する光合成に関する国際研究プログラムで、5 か国の大学と、二つの国際研究組織がチームとなって光合成の向上を目指す。参加する大学、研究所、国際組織は以下のとおり。イリノイ大学（米）、エセックス大学（英）、ランカスター大学（英）、オーストラリア国立大学、コモンウェルス科学と産業研究協会、中国科学院・マックスプランク研究所・共同研究体、カルフォルニア大学バークレー校（米）、ルイジアナ州立大学（米）、米国農務省農業調査局である。

9 つの具体的な研究課題を掲げ、最終的には「収量の増大」を目指すという応用的側面の色濃い研究プロジェクトである。第一期は 2012～2016 の 5 年間で 2500 万ドル（約 27 億円）、第二期（2017～2022 年）は英国国際開発基金、米国農業研究基金も加わって合計 4500 万ドル（約 49 億円）の予算である。

2019 年 1 月には、光呼吸の抑制により収量を 20% 近く増大させる、という画期的な結果を Science 誌に発表した。

<4 per 1000>

土壌中の有機物の量を毎年 0.4% ずつ上昇させることで、大気中の CO₂ を土壌へ固定しようとする試み。有機物は必ず炭素骨格を有するので、土壌中の有機物が増えるということは、植物によって固定された大気中の CO₂ が、より多く土壌中に貯留されることになる。2015 年の第 21 回気候変動枠組条約締約国会議（COP21）でパリ協定が採択された際に、フランスが主導して開始された国際イニシアティブ。

【米国】

持続可能な農業を推進するため、過剰な施肥を減らし、単位面積当たりの収量を上昇させるた

めの施策が中心である。2018年には光合成効率を改良する、画期的な研究成果が発表された。

<Farm Bill>

2018年12月に採択された Farm Bill で、農業の環境負荷低減への意識の高まりを受け、有機農業研究イニシアチブ (OREI) が新設された。2018年度予算は 17.6 million USD (約 19 億円)。

<米国ナショナルアカデミーによるコンセンサスレポート>

2018年6月、米国のナショナルアカデミーは「2030年までに食料・農業研究を推進させる科学的ブレイクスルー： Science Breakthrough to Advance Food and Agricultural research by 2030.」と題するコンセンサスレポートを発表した。その中で、2030年までに到達すべき目標として、下記を挙げている。

- ①食料・農業システムのさらなる効率化
 - ②持続可能な農業
 - ③急速な変化と極端な状況に対応できる農業システム
- そのための研究開発戦略としては、下記が挙げられている。
- ・作物生産において、より効果的な肥料の使用
 - ・土壌流出の抑止
 - ・遺伝的に多様な作物の品種改良
 - ・食料と家畜の遺伝情報の改善
 - ・家畜生産における精密（スマート）農業
 - ・作物と家畜の病気のより早期の迅速な検出
 - ・フードロスの縮小とサプライチェーンにおける廃棄物量の縮小

【欧州】

2017年、Horizon2020の枠組みで、農業／食料の研究開発のために 1 billion EUR (約 1246 億円) を投資することを決定した。Horizon 2020での目標は以下のとおりである。

- ①持続可能な農業
- ②より健康的な食料の提供
- ③農村の多様性・環境改善
- ④研究開発投資資金の拡大
- ⑤エコシステムの保全
- ⑥土壌の改善
- ⑦遺伝資源の保全と利用
- ⑧気候変動への適応

Horizon2020で行われている大型研究プロジェクトをいくつか列挙する。

<光合成効率上昇>

目標：分野統合的な手法で、光合成関連酵素の活性を上昇させ、バイオマス産生を増大させ、その技術を商業ベースで利用できるようにする。

予算等：3年間で 6～8million EUR (約 7～10 億円)

＜農地土壌マネジメント（欧州ジョイントプログラム）＞

目標：土壌マネジメントによる気候変動防止と、気候変動適応を目指す。土壌の炭素貯留に特に注目し、土壌流失と、土壌有機成分の流出防止が主な課題となる。

予算等：4 千万 EUR（約 50 億円以内）を上限とし、研究費の 50%までを Horizon2020 が助成する。EU5 か国以上の 5 つ以上の研究所の合同研究とし、残りの研究費 50%はそれぞれの国の研究助成金等でまかなうものとする。

PERN（Pan European Rhizosphere resources Network）

欧州－ロシア共同イニシアティブ、根圏微生物のカルチャーコレクションをシェアするための基盤。

【日本】

日本では、本領域に関連するプロジェクトとして、基礎、応用領域で以下のような施策が行われている。

基礎研究（メカニズムの解明から技術開発まで）

文部科学省 科学研究費補助金 新学術領域

＜植物の高 CO₂ 応答＞ 植物生態学・分子生理学コンソーシアムによる陸上植物の高 CO₂ 応答の包括的解明（2009-2013）

JST CREST／さががけ

＜CO₂ 資源化＞ 二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出（2011～2018）

＜植物頑健性＞ 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（2015～2022）

＜フィールド植物＞ 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（2015～2020）

＜情報協働栽培＞ 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（2015～2020）

＜ビッグデータ基盤＞ ビッグデータ統合利活用のための次世代基盤技術の創出・体系化（2013～2020）

農研機構「新農業展開ゲノムプロジェクト」（2008～2012）

農研機構「次世代ゲノム基盤プロジェクト」（2013～2017）

応用研究

JST ACCEL

＜共生ネットワーク＞ 共生ネットワークの分子基盤とその応用展開（2014～2018）

農林水産省 委託プロジェクト研究 「農林水産分野における気候変動対応のための研究開発」（2006～）

農研機構 気候変動対応プログラム（2011～2016）

以上の研究開発プログラムと、本提案との関係性を下図に示す。

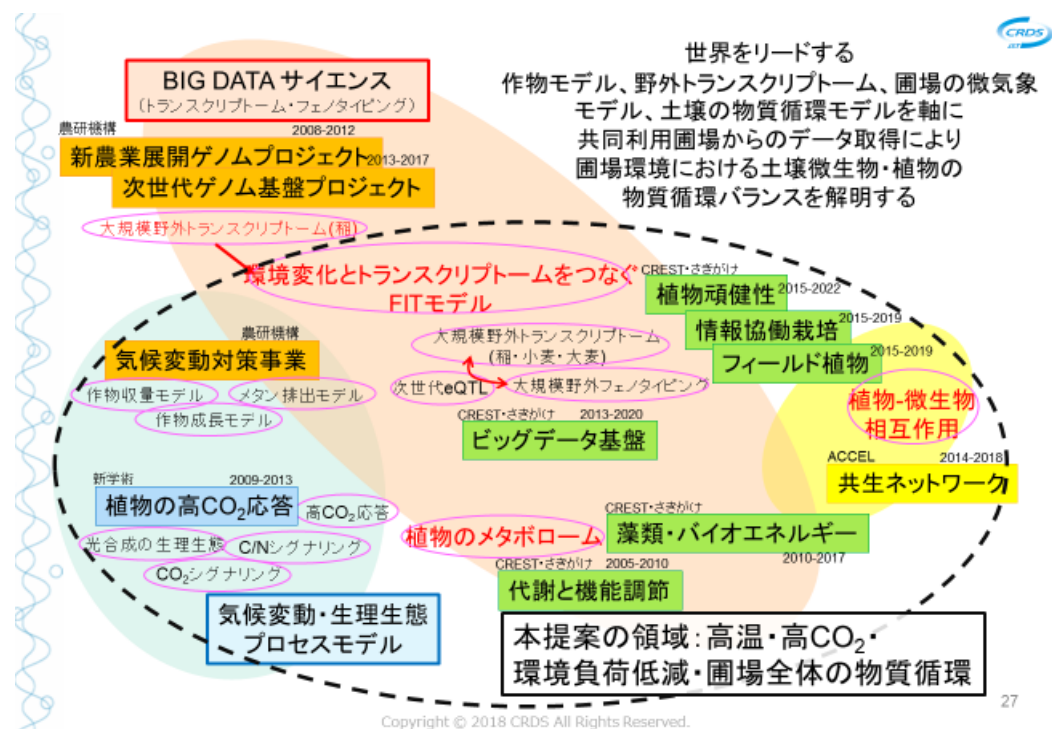


図 14 本研究開発と関連する国内研究開発プロジェクト

付録3. 専門用語の説明（50音順）

温室効果ガス

大気圏に存在する気体分子が、地表から放射される赤外線の一部を吸収し、そのエネルギーが大気圏に滞留することにより、地表から放射された熱が大気圏外へ出ず、大気圏の温度が上昇する効果を温室効果と呼ぶ。大気を構成する気体分子のうち、水蒸気や二酸化炭素、メタン、一酸化二窒素、フロンなどの分子は赤外線吸収効果に優れるため、高い温室効果を発揮する。こうした気体分子を総称して温室効果ガスと呼ぶ。

カルタヘナ法

日本での正式名称は遺伝子組換え生物等の使用等の規制による生物の多様性の確保に関する法律で、2004年に施行された。遺伝子組換え、あるいは異なる科に属する生物の細胞融合によって得られた核酸を含む生物を規制する法律で、順守しない場合は罰則がある。遺伝子組み換え生物が環境中に漏出する可能性がある状況で使用するものを第一種使用と呼び、遺伝子組換え農作物の輸入、流通、栽培や、遺伝子組換え生ワクチンの動物への接種などがこれにあたる。密閉環境下で漏出しない措置をとって使用するものを第二種使用と呼ぶ。

日本では、遺伝子組み換え作物を野外で商用栽培するための規制が定められていないため、野外での商用栽培は行われていない。一方、圃場試験は東北大学川渡農場、農研機構のつくば実験圃場が実験用第一種使用許可を取得しており、遺伝子組み換え植物の圃場試験が可能である。分子遺伝学的実験から明らかになった有用遺伝子について、実際に圃場で栽培する作物におけるパフォーマンスを解明するには、迅速な野外圃場試験が必要であるが、日本では遺伝子組み換え植物の野外試験栽培の許可取得に、通常2年以上かかるため、日本での試験栽培はあまり行われていないのが現状である。

国際的には、カルタヘナ議定書を批准しているそれぞれの国において、遺伝子組み換え作物の圃場試験、商用栽培について独自に規制が定められている。アメリカ、ブラジル、アルゼンチン、カナダなどの大規模農業を展開する国の多くはカルタヘナ議定書を批准していない。中国や東南アジア諸国は、カルタヘナ議定書を批准しているため、遺伝子組み換え作物の商用栽培は厳しく規制されているものの、遺伝子組み換え植物の野外試験栽培の許可取得が容易であるため、日本の研究機関は中国や東南アジア諸国の研究機関との共同研究を通じて遺伝子組み換え植物の野外圃場試験を実施している例が多い。国際共同研究の研究成果は両国間の所有となるので、日本からの知財の流出にもつながっており、何らかの対策が必要である。

菌根菌

土壤に生息する糸状菌（真核生物で、いわゆるカビの仲間）や担子菌（同じく真核生物で、いわゆるキノコの仲間）の一種で、植物の根の表面、または内部に共生する一群の微生物を指す用語。菌根菌は土壤中に生育する自身の菌糸から土壤中の窒素やリンを吸収して宿主植物に供給し、一方、宿主植物からは炭素化合物を受け取ることで菌体の栄養源としている。特定の宿主にしか共生しないマツタケなどの菌もあるが、良く研究の進んでいるアーバスキュラー菌根菌のように、多くの種類の植物と共生できる種も存在する。菌根菌の分布は土壤の性質とそこに生育する植物種によって大きく影響を受ける。昨今の土壤メタゲノム解析などによって、土壤中に生息する菌

根菌などの微生物叢の全貌が明らかになりつつある。

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

遺伝的に多様な集団において、特定の形質が特定の DNA マーカーと関連するかどうかを全ゲノム領域に渡って統計学的に調べるのが GWAS である。ここで言う DNA マーカーとは、個人や特定の品種に固有なゲノム中の配列の微細な変異で、具体的には、ゲノム中の一塩基多型 (SNP) マーカーがよく利用される。GWAS 解析を行うためには、精密な全ゲノム情報と全ゲノム中に高密度な DNA マーカーが存在することが前提となる。ヒトの疾患に関連する SNP マーカーの特定などで威力を発揮しているほか、畜産育種でも広く利用されている。QTL 解析では、着目する形質について差が顕著な品種を掛け合わせ、その掛け合わせ二代目 (F2) を母集団として解析するため、特定の形質の差異についてしか解析ができず、また、掛け合わせに時間がかかるという難点がある。GWAS は既存の様々な品種に存在する幅広い形質について、一度に解析できるという利点がある。作物の GWAS 解析では、比較する品種・系統の数や形質の幅についての的確な絞り込みを行うことが重要である。

根圏

植物の根と、根の周囲に存在する生物叢によって影響を受ける土壌空間を根圏と呼ぶ。植物は根から化学物質を分泌し、この物質に反応して土壌中の微生物や昆虫、線虫等の生物が根の周囲に集まってくる。こうした生物の中には植物に病害をなすもの、植物に必須なリンや窒素を供給し、代わりに植物から炭化水素化合物を受け取る、共生菌などがあり、複雑な物質循環の場となっている。上記の理由から、根圏は、根圏でない土壌と比較して有機物を多く含む。

根粒菌

マメ科植物に根粒を形成させ、そこに生息して窒素固定を行う土壌細菌（原核生物）。根粒菌は空気中の窒素を固定してアミノ酸を生成し、宿主である植物に供給し、植物からは炭素化合物を得て自身の栄養源とする。最もよく研究が進んでいる菌根の一種である。多くの根粒菌は特定の一種類のマメ科植物としか共生できない。土壌中の窒素濃度が高い条件下では根粒形成は抑制される。

蒸散

植物の葉や茎などの表面から水蒸気が放出されること。気孔と呼ばれる開閉可能な微細な穴が多数存在している場合、またその開度が大きい時は蒸散量も多くなる。気温が高い時は気孔開度が大きくなり、蒸散が促進され、その分、根からの水分や栄養素の吸収量が増加する。二酸化炭素濃度が高い条件下では、気孔開度が低下することが知られている。蒸散量は環境条件に大きく影響を受けるが、その度合いは遺伝的に決まっている。

白未熟粒

ヤポニカ種の水稻では、通常は胚乳（精米後に残る食べる部分）にデンプンが高密度に充填されているため、半透明に見える。イネの穂が出て胚乳にデンプンが充填される時期に穂が高温にさらされると、デンプンの充填が不十分になり、デンプン粒子の隙間で光が散乱するため、胚乳

が白く濁って見える白っぽい米粒が形成される。この白っぽい米粒を「白未熟粒」と呼ぶ。最近の研究成果によると、白未熟粒が形成されるメカニズムとしては、高温障害で光合成が不十分のためにデンプン合成能力が低下すること、及び、一度合成されたデンプンが分解されてしまうためにデンプン充填密度が下がってしまうことが挙げられている。酷暑の厳しい西日本で多くみられた現象であるが、令和元年度には新潟産コシヒカリでは、出荷したコメのうち、白未熟粒が 30% 以下である一等米はわずか 30% であった。白未熟粒は食味には影響を与えないと言われているが、日本のコメ取引市場においては、外観で等級を決める「玄米の検査規格」があり、等級が低いコメは価格も下がるため、農家にとっては死活問題である。

染色体断片置換系統（Chromosome Segment Substitution Lines: CSSL）

注目する形質について、大きな差異を持つ二系統、例えば系統 A と系統 B を選び、交配することによって系統 A の遺伝的バックグラウンドを持ちながら一部だけ系統 B の遺伝子を搭載するような系統シリーズ（下図）を作出する。この図では、コシヒカリのゲノムバックグラウンド（白色部分）に、インディカ種の一種であるカサラスのゲノムを一部搭載する（黒色部分）系統を 39 系統作出した例である。

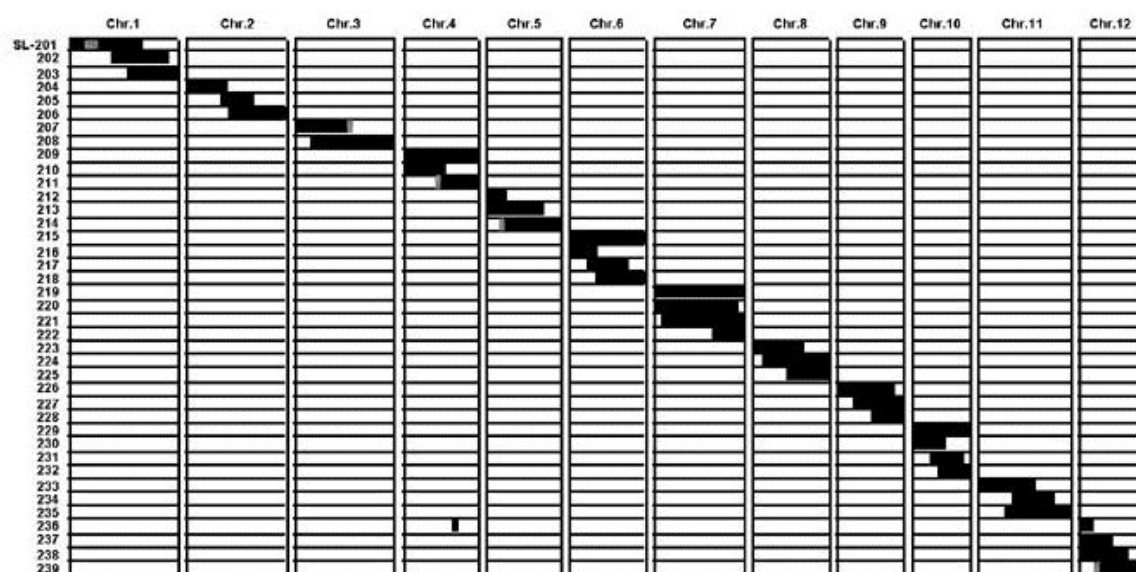


図 15 CSSLs の例（農研機構ウェブサイト：「農業生物資源研究所平成 13 年度の主要な研究成果」より）

現在では様々な掛け合わせによる CSSL 系統群が作出されており、特定の形質についてこうした CSSL 系統群を対象に QTL 解析をすることで、有用形質に関わる遺伝子座、ひいては遺伝子を特定し、育種につなげる試みが広く行われている。

トランスクリプトーム

DNA は炭素を 5 つ含む有機酸であり、デオキシリボースと呼ばれる糖に、リン酸と塩基が結合した構造を持つ。遺伝情報は 4 種類の塩基部分、アデニン (A)、チミン (T)、シトシン (C)、グアニン (G) の並ぶ順番（配列）として存在する。塩基部分は相補的な結合、即ち、A は T と、C は G と水素結合し、糖の部分はリン酸を挟んで結合するため、DNA 分子は塩基部分を内側に

して、糖の部分を外側にした二重らせん構造をとる。生物は必要に応じて、DNA 二重らせんのうち、一方の鎖（1 本鎖 DNA）のみを情報源として使用する。遺伝情報が記載された 1 本鎖 DNA に、相補的に結合する RNA 鎖を合成し、これを鋳型（トランスクリプト）として使用することで遺伝情報を利用する。この時、塩基の結合は基本的に DNA 同士の結合と同じであるが、DNA の A には RNA の U が相補的に結合する。基本的に生物のほぼ全ての細胞の DNA は同じ DNA 情報を搭載しているが、いつも全ての DNA 情報を使っているわけではない。そこで、細胞中に存在する RNA を全て抽出してその配列を分析すれば、その時に使われている遺伝情報の鋳型（トランスクリプト）を全て特定することができる。これがトランスクリプトームである。いわゆる次世代型 DNA シーケンサーが普及するに従って、このトランスクリプトーム情報の取得が容易になり、経時変化や、品種ごとの違いを比較することができるようになってきた。

圃場

農作物を野外で密植栽培する環境のこと。実験室ではたいていの場合、人工気象器で実験植物を栽培するため、密植された植物同士の相互作用や、自然土壌による影響、変動の激しい気候条件、病虫害の影響を評価することができない。

緑の革命

1940 年代から 1960 年代にかけて、単位面積当たりの作物の収量が飛躍的に向上した現象を緑の革命と呼ぶ。緑の革命が実現した要因はメキシコの実験圃場における、多国間共同研究体制による集中的な研究投資であるが、中でも、次の二つの技術開発が大きな要因を占めていると考えられている。一つは 1904 年にフリッツ・ハーバーとカールボッシュによって発明されたハーバー・ボッシュ法による大気中の窒素を利用したアンモニア生産であり、もう一つはノーマン・ボーローグが 1961 年に日本の小麦矮性種である農林 10 号とアメリカの多収品種ブレバー14 号を掛け合わせた半矮性多収小麦品種、ゲインズの育成に成功したことである。ハーバー・ボッシュ法により、化学合成による窒素肥料の供給量は飛躍的に向上したが、従来品種は過剰な施肥によって、穂が重くなりすぎて倒伏したり、大量の窒素を吸収できなかったり、葉ばかり繁茂して収量が増えない、等の耐肥性を欠くものがほとんどであり、化学肥料の投入だけでは作物の劇的な増収は望めなかった。そこで、作物の背丈を低くして作物の重心を下げ、倒伏を防ぐことで、より葉が効率的に太陽光を浴びて、高い光合成活性を維持できる、耐肥性の多収品種を開発する戦略が考えられた。日本の矮性小麦品種、農林 10 号は、太平洋戦争での敗戦後、米国 GHQ が日本から遺伝資源の収集を行った際に米国に持ち帰られたものである。現代の最新の研究成果により、小麦、イネともに、矮性化遺伝子は作物の第二節間でのみ機能するジベレリン合成酵素を欠く変異体であることが示された。ジベレリンは節間の伸長を司る植物ホルモンであるため、このホルモンが欠損することで第二節間の伸長が抑えられ、草丈が低くなると考えられている。

メタゲノム解析

従来のゲノム解析では、1 種類の生物のゲノムを解析するのが主流であったが、いわゆる次世代 DNA シーケンサーが普及するのに伴い、環境中、即ち海水や土壌、湖沼や川の水から、生物種を分けることなく直接 DNA を抽出して分析する手法が編み出された。これをメタゲノム解析（メタゲノミクス）と呼び、微生物学の分野で活用されている。

細胞内小器官であるリボソームの小サブユニットの RNA 塩基配列（16SrRNA）など、ゲノムにおいて比較的短く、生物種内において保存性が高いものの、生物種ごとに微細な変化がみられる配列をターゲットにして解析することが多い。環境中に存在する多くの微生物は培養が不可能なものが多く、こうした微生物を網羅的に把握できる点で強力な解析ツールとなる。近年ではメタゲノム解析によって、ヒトの腸内細菌叢の研究が進んでいる。

メタボローム

生物は生存に必須な様々な種類の分子や、各種ストレスに対抗するための分子を含んでいる。これらには、DNA、RNA をはじめとした核酸やタンパク質に加え、糖、有機酸、アミノ酸や非常に複雑な構造の高分子である二次代謝物を挙げることができる。通常、核酸以外の分子は、生物の代謝／生合成によって生成されるので、代謝物（メタボライト）と呼ばれ、この代謝物を、全て、網羅的に解析する技術がメタボロームである。メタボロームは質量分析計を駆使した分析化学と、分析結果を解析するバイオインフォマティクスで成り立っている。

量的形質遺伝子座（QTL）

遺伝的形質には、質的形質（離散形質）と量的形質（連続形質）がある。質的形質の例としては、種子が丸い／しわがある、毛がある／毛が無い、ABO 式血液型、などを挙げることができ、多くは単一あるいは少数の遺伝子の影響によって決定される。量的形質は、ヒトの身長やコメの収量のように連続した実数で表される形質で、一般的には、複数の染色体上に存在する多くの遺伝子と環境によって影響されると言われている。

育種に活用するため、この量的形質に関わる遺伝子の位置を決定する方法が、量的形質遺伝子座（Quantitative Trait Loci）解析で、1980 年代から、様々なアップデートを経て、現在でも用いられている。QTL 解析は、目的形質とマーカー遺伝子の連鎖解析により、特定形質に関連する遺伝子座を推定する方法で、目標とする形質が異なる 2 系統を交配して得られた F1 集団をもう一度自家交配して得られた F2 集団を解析対象とする（下図参照）。統計処理によって遺伝子マーカーとの分離比を明らかにするため、最低 100 系統を解析する必要がある。

例えば、収量が多くなる原因 QTL を求めるには、多収品種と多収でない品種とを掛け合わせた F2 集団を解析対象とする。このとき、掛け合わせる元の集団の遺伝的距離が遠すぎて近すぎても正確な解を得ることができないため、QTL 解析用の母集団を正しく得ることが重要である。得られた QTL にどのような遺伝子が存在するか、その遺伝子がどのようなメカニズムで形質決定に関わるのかについては、解析に成功した例とそうでない例が存在する。成功例としては、イネなどで多くの耐病性遺伝子が特定され、そこから耐病メカニズムの解明へとつながった例も多い。一方、葉の窒素濃度などの生態生理学的形質については、メカニズム解明に至っていない例が多く散見される。

■戦略プロポーザル作成メンバー■

総括責任者：永井 良三	上席フェロー	(ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
谷口 維紹	上席フェロー	(ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
リーダー：山本 秀明	フェロー	(ライフサイエンス・臨床医学ユニット／2019年3月まで)
桑原 明日香	フェロー	(ライフサイエンス・臨床医学ユニット)
メンバー：富田 英美	フェロー	(海外動向ユニット／2019年12月まで)
鈴木 雅博	副調査役	(プログラム戦略推進部／2019年12月まで)
島津 博基	フェロー	(ライフサイエンス・臨床医学ユニット)

※お問い合わせは、下記ユニットまでお願い致します。

CRDS-FY2019-SP-04

戦略プロポーザル

次世代育種・生物生産基盤の創成（第3部）

気候変動下での環境負荷低減農業を実現する基盤の創出
～圃場における微生物、作物、気象を統合的に扱うモデルの開発に向けて～

STRATEGIC PROPOSAL

Building strong foundations for the transformative research
in next generation breeding & bioproduction (Part 3)

-Establishment of guiding principles for the bioproduction design via
promotion of cross-sectional bioscience research: linking the
molecular, protein and cellular level bioscience-

令和 2 年 3 月 March 2020

ISBN 978-4-88890-660-9

国立研究開発法人科学技術振興機構 研究開発戦略センター
ライフサイエンス・臨床医学ユニット

Life Science and Clinical Research Unit,

Center for Research and Development Strategy, Japan Science and Technology Agency

〒102-0076 東京都千代田区五番町 7 K's 五番町

電 話 03-5214-7481

E-mail crds@jst.go.jp

<https://www.jst.go.jp/crds/>

©2020 JST/CRDS

許可無く複製／複製をすることを禁じます。

引用を行う際は、必ず出典を記述願います。

No part of this publication may be reproduced, copied, transmitted or translated without written permission.

Application should be sent to crds@jst.go.jp. Any quotations must be appropriately acknowledged.

ATTAATC A AAGA C CTAAC T CTCAGACC

CT CTCGCC AATTAATA

TAA TAATC

TTGCAATTGGA CCCC

AATTCC AAAA GGCCTTAA CCTAC

ATAAGA CTCTAACT CTCGCC

AA TAATC

AAT A TCTATAAGA CTCTAACT CTAAT A TCTAT

CTCGCC AATTAATA

ATTAATC A AAGA C CTAAC T CTCAGACC

AAT A TCTATAAGA CTCTAACT

CTCGCC AATTAATA

TTAATC A AAGA C CTAAC T CTCAGACC

AAT A TCTATAAGA CTCTAACT

ATTAATC A AAGA C CT

GA C CTAAC T CTCAGACC

0011 1110 000

00 11 001010 1

0011 1110 000

0100 11100 11100 101010000111

001100 110010

0001 0011 11110 000101

ISBN-978-4-88890-660-9

