

「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」

H28 年度
実績報告書

平成 28 年度採択研究代表者

明石 良

宮崎大学農学部
教授

大規模画像データに基づくゲノムと環境の相互作用を考慮した成長予測モデルの構築

§ 1. 研究実施体制

(1)「明石」グループ

- ① 研究代表者:明石 良 (宮崎大学農学部、教授)
- ② 研究項目
 - ・ 大規模画像撮影を行う温室の設計と設置
 - ・ ダイズ地上部の PE 値を計測するために栽培を行う圃場の整備と環境センサの設置
 - ・ 栽培するダイズ種子の確保と発芽試験
 - ・ 栽培するミヤコグサ種子の確保と発芽試験

(2)「林」グループ

- ① 主たる共同研究者:林 篤司 ((公財)かずさ DNA 研究所、特任研究員)
- ② 研究項目
 - ・ 全周撮影装置の開発
 - ・ 台車型撮影装置の開発
 - ・ 画像から植物体の色相の異なる器官を検出するプログラムモジュールの開発
 - ・ 環境センサの検討
 - ・ ミヤコグサ・ダイズの幼苗画像の取得
 - ・ 29年度に測定する PE 値のリスト化

(3)「中谷」グループ

- ① 主たる共同研究者:中谷 明弘 (大阪大学大学院医学系研究科、特任教授)

② 研究項目

- ・ 形質評価に向けた数理モデル構築のための高性能な情報処理技術

(4)「佐藤」グループ

① 主たる共同研究者:佐藤 修正 (東北大学大学院生命科学研究科、准教授)

② 研究項目

- ・ ミヤコグサ地上部の表現型情報の収集
- ・ ダイズ地上部の表現型情報の収集
- ・ ミヤコグサ系統のゲノム多型情報整備

(5)「七夕」グループ

① 主たる共同研究者:七夕 小百合 (茨城大学農学部、准教授)

② 研究項目

- ・ 人工気象装置におけるミヤコグサ栽培法の検討

§ 2. 研究実施の概要

遺伝子型(G)×環境要因(E)の相互作用は植物の頑健性の解明に欠かせない重要な要因であるが、その計算の難しさから網羅的な解析がなされていない。そこで本研究では、新たに開発する解析手法で経時的な画像データから植物の成長変化を抽出し、全ゲノム配列データと比較することで、遺伝子型(G)値、表現型(P)値および環境要因(E)値間のすべての相互作用に基づくモデルを構築し、形質値を予測する一連のシステム開発を行うことを目的とする。

今年度は、次年度から始める大規模データ収集に向けて、温度調節が可能な温室の設置(図1)および圃場の区画整備を行った。また、搬送装置および栽培ポット撮影装置を独自に新規開発しつつ、室内および圃場での画像データ取得方法について検討した。室内での画像データ取得では、ミヤコグサ・ダイズのような植物体の画像の取得と三次元画像の作成において問題点となっている画像間のマッ



図1 新設した硬質フィルムハウス

チングや、三次元点群データの位置合わせに関する技術開発を行い、これらの問題点を克服した三次元計測装置を開発した。さらに本装置を用いて自動で複数のカメラにより同時に対象物を撮影するシステムを確立した。開発したシステムにおいて使用している三次元計測方法は、新規・実用性が高いことから特許出願を準備中である。さらに、地下部の画像データを経時的に取得するため、寒天培地を用いたミヤコグサ栽培法および根の計測法も確立した。

無人搬送車を使った栽培ポット搬送システムの開発では市販搬送ロボットの比較選定を行った。また、台車型撮影装置の開発撮影用の筐体の作成と個体を識別するため、QRコード作成プログラムを開発し、圃場での設置方法を検討した。圃場での画像データ取得では、数種のカメラ(ジンバル付きカメラ、一眼レフカメラ)による地上部の画像データ収集法の検討を行い、一眼レフカメラを選定した。環境要因に関するデータ収集では、微細な環境の差異を多地点で測定するために、環境センサの低コスト化を検討し、1個あたり数千円で数種の環境データを得られる装置開発に目処をつけた。開発したセンサは平成29年度以降に本課題以外の研究グループにも有償で提供することを計画している。

以上の画像データ取得および環境値測定に関して新規に開発された技術を踏まえて、平成29年度から圃場および温室において従来法により計測する測定項目および環境値のリスト化を行った。さらに、取得した下画像からPE値を抽出する手法としてPhytomerの概念に基づき個体を分解することとし、得られるPhytomeの種類と数を試算した。

数理モデル構築のための情報処理技術の開発においては、これまでに、共同研究機関が蓄積しているミヤコグサの組換え近交系(RIL line)および野生系統(MG line)の実データを用いて表現型と遺伝型間の関係のモデル化(個体のマーカー遺伝型を入力としてその表現型を出力する予測式の作成)を実施した。具体的にはマーカー間の連鎖不平衡(LD: linkage

disequilibrium) に基づいて遺伝型パターンが類似したマーカー群を選別して予測式内で使用するマーカー数の削減 (**pruning**) を行い、環境要因も加味した回帰モデルによる予測式の作成を行った。また、ギブスサンプリングを用いたベイズ推定によるモデルパラメータの算出を行う概念実証系(スクリプト言語による実装)の開発を進めた。