

「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」

平成 27 年度採択研究代表者

H29 年度 実績報告書

永野 惇

龍谷大学農学部
講師

野外環境と超並列高度制御環境の統合モデリングによる頑健性限界の解明と応用

§ 1. 研究実施体制

(1)「永野」グループ

- ① 研究代表者:永野 惇 (龍谷大学農学部、講師)
- ② 研究項目
 - ・全体の統括
 - ・要素技術開発(多検体 RNA-Seq、気象-系統-発現モデル、環境制御ポット)
 - ・統合解析手法開発(野外-制御環境の統合モデリング、発現時系列からの形質予測)
 - ・実証研究(植物工場での二次代謝制御、圃場での収量関連形質の予測、頑健性限界の解明)

(2)「渡邊」グループ

- ① 主たる共同研究者:渡邊 博之 (玉川大学農学部、教授)
- ② 研究項目
 - ・要素技術開発(環境制御ポット)
 - ・実証研究(植物工場での二次代謝制御、頑健性限界の解明)

(3)「安達」グループ

- ① 主たる共同研究者:安達 俊輔 (東京農工大学大学院グローバルイノベーション研究院、特任助教)
- ② 研究項目
 - ・要素技術開発(気象-系統-発現モデル)
 - ・実証研究(圃場での収量関連形質の予測、頑健性限界の解明)

§ 2. 研究実施の概要

平成 29 年度は主として以下の項目について研究を進めた。

1) 多検体 RNA-Seq の高度化

平成 29 年度は、前年度までに開発したプロトコルをもとにプレプール型プロトコルを融合することでさらなる低コスト化、高スループット化、安定化を行った。

2) 気象-系統-発現モデルの高度化

平成 29 年度は、前年度に開発した FIT での気象データと発現データのモデリング結果をもとに、CSSL の各系統のジェノタイプを考慮した解析を行うプログラムを整備した。各遺伝マーカーの効果を対数正規分布で近似するなど、種々の細かい改良を加えるとともに、入力に NeSAGe (Negative-Binomial Sparse Additive Generative Model) によって推定した発現量を用いることで、遺伝子

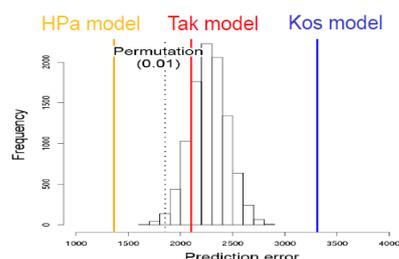


図 HPa系統の遺伝子型情報ありの発現予測モデル (HPa)は、両親系統 (Kos, Tak) や遺伝子型をランダムに入れ替えた場合のモデルより小さい予測誤差を示した。

ごとにコシヒカリ/タカナリ間の発現パターンの多型を説明しうるゲノム上の領域を多数検出し、結果を前年度と比べて大きく改善することが出来た。さらに、未知の遺伝子型をもつ系統に対する予測能力を検証するため、モデルのトレーニングに用いていない BIL 系統 (HPa) のトランスクリプトームの予測を行ったところ、遺伝子型情報を用いて我々のモデルで予測することで有意に予測を改善できることが出来た (図)。

3) 超並列環境制御ポットの開発

平成 29 年度は、前年度までにハードウェア部分を作成した中型、小型の環境制御ポットについて試験運用を行い、性能評価と制御ソフトウェアの開発・改良を進めた。

4) 野外環境と制御環境の効率的統合モデリング

平成 29 年度は、前年度までに構築した「ある条件でサンプリングを行った場合に野外で期待される発現変動をどの程度予測可能なモデルが得られるか」をシミュレーションするプログラムを用いて、シミュレーションを進めた。

5) 圃場での収量関連形質の予測

平成 29 年度は、前年度と同様にコシヒカリ/タカナリ CSSL を京大木津農場で栽培した。毎週 1 回の 24 時間サンプリングを 16 週間にわたって行い、合わせて約 1200 サンプルを取得した。

また、予測を試みる対象の収量関連形質として想定している個体の光合成パラメータ時系列の測定を開始した。Monitoring-PAM による一日を通じたクロロフィル蛍光測定のための条件検討を行い、実際に計 22 日間の測定をコシヒカリ、タカナリについて行った。