

「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 28 年度採択研究代表者

H29 年度 実績報告書

清水 健太郎

横浜市立大学木原生物学研究所
客員教授

倍数体マルチオミクス技術開発による環境頑健性付与モデルの構築

§ 1. 研究実施体制

(1) 横市グループ

- ① 研究代表者: 清水 健太郎 (横浜市立大学木原生物学研究所、客員教授)
- ② 研究項目
 - ・圃場での倍数体オミクスデータ収集と実験的検証
 - ・各圃場でのコムギの栽培の確立

(2) 産総研グループ

- ① 主たる共同研究者: 瀬々 潤 (産業技術総合研究所人工知能研究センター、研究チーム長)
- ② 研究項目
 - ・機械学習を用いた倍数体オミクス解析とモデリング技術の開発
 - ・倍数体種に対する遺伝子発現等のバイオインフォ解析手法の構築
 - ・構築した手法をデータに適用することによる実解析

(3) エルピクセルグループ

- ① 主たる共同研究者: 島原 佑基 (エルピクセル(株)、代表取締役)
- ② 研究項目
 - ・植物個体の自動観測システムの研究開発
 - ・植物自動撮影装置の開発・設置
 - ・表現形質データの自動測定ソフトウェアの開発

(4) スイスグループ

① 主たる共同研究者: Kentaro Shimizu (University of Zurich, Department of Evolutionary Biology and Environmental Studies, Extraordinarius Professor)

② 研究項目

- 圃場での倍数体オミクスデータ収集の基盤技術開発
- 倍数体モデル生物の圃場生育とデータ収集

(5) 筑波グループ

① 主たる共同研究者: 田中 健太 (筑波大学生命環境系、准教授)

② 研究項目

- 植物野外栽培と統計解析

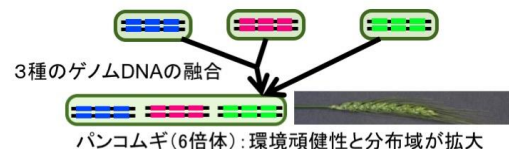
§ 2. 研究実施の概要

作物の多くは複数のゲノム DNA が融合した倍数体であるために、これまでゲノムレベルの研究が困難でした。本研究ではシロイヌナズナ属のモデル倍数体ミヤマハタザオを用いて、野外栽培での大量データ取得技術と、今後懸念される環境変動に対する「環境頑健性」を予測する人工知能技術を開発することを目標にしています。

まず、ゲノム解析の第一歩であるゲノムアセンブリは、倍数体種では非常に困難であり、2 倍体に比べて精度が 1, 2 桁低くとどまっていました。我々はハイブリッドアセンブリ技術を開発し、この技術をインド・アフリカの貧しい農民の主要な穀物である異質 4 倍体シコクビエに適用し、高精度ゲノムアセンブリに成功しました(Hatakeyama et al. 2018)。この成果は日本、スイス、ドイツ、アメリカなどの新聞やニュースなどで報道されました。さらに、異質 6 倍体ゲノムサイズが 17 Gb と巨大でゲノミクスの最難関とされてきたパンコムギのゲノムの解析に、国際コムギ 10+ゲノムコンソーシアムと協力して挑んでいます。

さらに、ゲノムアセンブリが得られても、配列の類似した重複遺伝子が複数あるために、遺伝子発現解析やゲノム多型解析が困難でした。この解決のために、EAGLE と名付けた新しい配列マッピングソフトウェアを開発し(Kuo et al. 2018)、異質 4 倍体のみならずコムギのように 3 種のゲノムが融合した異質 6 倍体でも重複遺伝子を区別して解析できるようになりました。これらのゲノム解析技術を用いて、複数野外圃場での画像、遺伝子発現、気象データを収集し、頑健性を予測するモデルの開発を進めています。

また、これまでモデル生物として大部分 2 倍体生物が選ばれてきたため、倍数体での遺伝子機能解析は遅れてきました。我々は、ミヤマハタザオに簡便に遺伝子を導入する技術を報告しました(Yew et al. 2018)。これらの技術を用いて、倍数体の頑健性の分子基盤を明らかにしていきます。



代表的な原著論文

1. Hatakeyama, M., Aluri, S., Balachandran, M.T., Radha Sivarajan, S., Patrignani, A., Grüter, S., Poveda, L., Shimizu-Inatsugi, R., Baeten, J., Francoijs K.-J., Nataraja, K.N., Nanja Reddy, Y.A., Phadnis, S., Ravikumar, R.L., Schlapbach, R., Sreeman, S.M., Shimizu, K.K. Multiple hybrid de novo genome assembly of finger millet, an orphan allotetraploid crop, DNA Research, vol.25, No.1, 39-47,2018
2. Tony Kuo, Martin Frith, Jun Sese and Paul Horton. EAGLE: Explicit Alternative Genome Likelihood Evaluator. BMC Medical Genomics. 11(Suppl 2):28, 2018
3. Yew, C.-L., Kakui, H., Shimizu, K.K. Agrobacterium-mediated floral dip transformation of the model polyploid species Arabidopsis kamchatica, Journal of Plant Research 131:349-358, 2018