

「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

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
 - ・ 温室で栽培するダイズ代表系統における画像データとの比較に向けた主要形質の直接計測
 - ・ 圃場における埋設型環境センサーの検討・設置
 - ・ 次年度以降に使用するミヤコグサ・ダイズ種子の発芽試験と増殖
 - ・ 温室におけるダイズ代表系統の画像データ収集と系統内分散の評価
 - ・ 圃場におけるダイズおよびミヤコグサ代表系統の画像データ収集と系統内分散の評価
 - ・ ダイズ系統の構造多型(SV)情報の収集
 - ・ ダイズ系統の一塩基多型情報の収集に必要な体制の整備

(2)「磯部」グループ

- ① 主たる共同研究者:磯部 祥子 (かずさ DNA 研究所先端研究部、研究室長)
- ② 研究項目
 - ・ 画像からの形質値抽出と 3D モデル構築の高速・高精度化
 - ・ 全周囲撮影装置の改良
 - ・ ポット自動搬送装置の開発(走行部)
 - ・ 環境センサーの開発
 - ・ PE 値の再定義と実データを用いた PE 値抽出法の検討

(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

- ・ 線形混合モデル構築パイプラインの開発
- ・ ミヤコグサの成長に関する実データの解析

(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

- ・ ミヤコグサ地下部の表現型情報の収集

§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、昨年度までに設置した硬質フィルムハウス内に、独自に新規開発した栽培ポット撮影装置(図)を設置し画像の取得を行った。この画像から、高精度なポイントクラウド 3D モデルとオルソモザイク画像を構築することができ、画像計測を行うための準備が完了した。また、市販搬送ロボットも試験導入し、次年度に向けた撮影の効率化の検討を開始した。一方、圃場では、宮崎大学、東北大学、かずさ DNA 研究所の 3 地点で、ミヤコグサとダイズの栽培を行い、製作した簡易型屋外撮影装置にて画像の取得を行った。特にミヤコグサにおいては、この画像から独自開発したソフトウェアにて、2D 画像解析を行った。また、PE 値を抽出することを目的として、Phytomer 単位での形態情報を取得した。その結果、ミヤコグサでは、系統内



図 栽培ポット撮影装置

分散が比較的大きいこと、生育時の環境差に対するレスポンスに明確な系統間差があることを確認した。ダイズでは、系統内分散が小さいこと、一次分枝、二次分枝の構成に系統間差があることを確認した。根の形態計測では、地上部の成長変化から地下部の成長変化を推定することを目的としてプレート法およびポット法により地上部と地下部の成長の相関に関する基礎データを収集した。

ダイズの遺伝子型情報については、他の CREST プロジェクトと共同で効率的にデータ取得を行うこととし、本課題ではダイズ 10 系統のロングリード配列を取得し、構造多型情報の収集を完了した。また、ミヤコグサの野生系統についてリシークエンスによる多型情報の収集を行い、ゲノムワイド関連解析が可能なデータセットを整備した。

形質値予測のための線形混合モデルの構築パイプラインの開発に向けて、ミヤコグサの組換え自殖系統(RILs)の 2 地点(宮崎および北海道)での 2 年度分の実データを開発用データとして整備した。個体群内での成長に関する特性の検討を行った結果に基づいて、環境情報や遺伝情報(一塩基変異)を用いて特定の個体の形質値(開花始日など)を予測する数理的手法の開発を進めた。その際には、予測式に含める因子として複数の環境型(地点や年度)や複数の遺伝型(遺伝マーカー)の形質への影響度をパラメータとして設定し、ギブスサンプリングによるベイズ推定を用いて各パラメータを決定するシステムの構築を行っている。これまでに、予測式に含める環境や遺伝マーカーの数を増加させると、各個体の開花始日の推定精度が向上することを確認している。