

「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 |
|-----------------|

平山 隆志

岡山大学資源植物科学研究所
教授

データ科学に基づく作物設計基盤技術の構築

§ 1. 研究実施体制

(1)「平山」グループ

- ① 研究代表者:平山 隆志 (岡山大学資源植物科学研究所、教授)
- ② 研究項目
 - ・圃場における作物生長データ収集及び時系列オミックスデータ取得

(2)「持田」グループ

- ① 主たる共同研究者:持田 恵一 (理化学研究所環境資源科学研究センター、チームリーダー)
- ② 研究項目
 - ・トランスクリプトーム解析と圃場作物データを用いた状態履歴モデルの構築

(3)「辻」グループ

- ① 主たる共同研究者:辻 寛之(横浜市立大学木原生物学研究所、准教授)
- ② 研究項目
 - ・圃場におけるオオムギ出穂制御基本モデル構築と作物生長データ収集

(4)「梅崎」グループ

- ① 主たる共同研究者:梅崎 太造 (名古屋工業大学大学院情報工学専攻、教授)
- ② 研究項目
 - ・画像解析アルゴリズム開発と圃場植物情報抽出

§ 2. 研究実施の概要

岡山大学資源植物科学研究所(岡山県倉敷市)及び横浜市立大学木原生物学研究所(神奈川県横浜市)の実験圃場において、オオムギ代表系統を栽培した(2016.11-2017.5: 倉敷8系統、横浜2系統; 2017.11-2018.5 予定: 倉敷および横浜4系統)。これらの圃場オオムギの発芽から出穂に至るまでの時系列オミックスサンプル(トランスクリプトーム、ホルモノーム、エピゲノム)を取得する一方、生長データ(分けつ数、葉身長、節間長など)、圃場環境データ(気温、湿度、日照など)を取得した。一方、栽培オオムギの多様性を反映する標準品種群(SV274 系統)を倉敷、横浜の実験圃場で栽培し(2016.11-2017.5、2017.11-2018.5 予定)、出穂日を記録した。また、圃場オオムギの茎頂メリステムを摘出し、生長に沿ったメリステム動態データを取得した。

収集した時系列オオムギサンプル解析の効率化を図るため、テストサンプルを用い RNA 抽出法の最適化、ホルモン抽出のサンプル量の補正方法、前処理方法、LC プログラムの最適化、高速化を行った。同様に、エピゲノム解析のサンプリング方法、破碎方法、抗体など最適条件を取得した。獲得した全サンプルの RNA を用いて RNAseq 解析およびホルモン解析を実施した。エピゲノム解析では野生型と栽培種の圃場オオムギを対象に、主にヒストン H3 の修飾に対する抗体を用いて ChIP-seq を実施した。

オオムギ出穂と環境要因を関連付ける基本モデルを、資源植物科学研究所が保有する過去20年間のオオムギ SV274 系統の出穂期データ、ゲノム多型データ、圃場環境データを用い、ニューラルネットワークにもとづくモデルとして構築した。更に過去2年間の2系統の圃場オオムギトランスクリプトームの網羅的解析から、時系列データの解析から、栄養成長から出穂に移行に伴う遺伝子発現変動様式を捉えることに成功した。これらの解析から、出穂時期に影響する生長時期を特定した。また、時系列トランスクリプトームデータからスパースモデリングにより遺伝子の制御関係を統計学的に推定する方法を考案し、多くの発現遺伝子と制御関係をもつハブ遺伝子を効率よく選出することができるようになった(Koda et al. 2017)。

室内で生育したオオムギの画像データと実測値からなる教師データを用いて、深層学習を基本とした画像認識アルゴリズムをオオムギに最適化し、高精度にオオムギを画像から抽出する手法を構築した。オオムギ画像から画像解析により自動抽出した画像特徴は、手動で計測をしたオオムギの生長度合いに高い相関を示しており、推定に有用な情報であることを示した。更に、構築した画像認識アルゴリズムは、室内で取得されたオオムギ画像だけでなく、屋外である圃場オオムギ画像へも適用可能であることを確認した。

代表的な原著論文

1. Onda Y, et al. (2018) Multiplex PCR Targeted Amplicon Sequencing (MTA-Seq): Simple, Flexible, and Versatile SNP Genotyping by Highly Multiplexed PCR Amplicon Sequencing. *Front. Plant Sci.* 9:201
2. Koda S, et al. (2017) Diurnal Transcriptome and Gene Network Represented through Sparse Modeling in *Brachypodium distachyon*. *Front. Plant Sci.* 8:2055.
3. Takahagi T, et al. (2018) Homoeolog-specific activation of genes for heat acclimation in the allopolyploid grass *Brachypodium hybridum*, *GigaScience* 7:giy020.