

「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 29 年度採択研究代表者

H29 年度
実績報告書

中川 博視

農業・食品産業技術総合研究機構農業環境変動研究センター
ユニット長

ハイブリッドモデリングによる環境変動適応型品種設計法の開発

§ 1. 研究実施体制

(1)「中川」グループ

- ① 研究代表者: 中川 博視 (農業・食品産業技術総合研究機構農業環境変動研究センター、ユニット長)
- ② 研究項目
 - ・出穂期の遺伝子型ベース予測モデルとトランスクリプトームベースモデルの開発
 - ・穎花生産のオミックスベースモデルの開発

(2)「青木」グループ

- ① 主たる共同研究者: 青木 直大 (東京大学大学院農学生命科学研究科、准教授)
- ② 研究項目
 - ・穎花生産の環境応答のオミックス解析

(3)「山崎」グループ

- ① 主たる共同研究者: 山崎 将紀 (神戸大学大学院農学研究科、准教授)
- ② 研究項目
 - ・大規模な組換え自殖系統群を用いたモデルの実証

(4)「後藤」グループ

- ① 主たる共同研究者: 後藤明俊 (農業・食品産業技術総合研究機構次世代作物開発研究センター稲研究領域、上級研究員)
- ② 研究項目
 - ・ハイブリッドモデル作成に向けた基盤データの収集・整理

- ・モデルの精度向上に向けた、出穂日と各栽培形質との関連性解析

§ 2. 研究実施の概要

フィールド科学に基づいた作物生育モデルに、分子生物学的情報を積み上げたボトムアップ環境応答モデルを結合して開発する、ハイブリッド作物生育モデルの構築に必要なモデルの構造設計と要件整理を行うとともに、モデル開発に必要な生産生態レベルのデータ、オミックスデータの必要項目と栽培法、サンプリング法などの試験設計を行った。また、モデルの開発と検証に必要な実験材料(多様な遺伝解析材料と品種群)の構築とデータの収集・整理を行った。

出穂期予測サブモデルについては、収集した 143 品種の多環境試験(1 品種あたり最大で 78 作期)の出穂期データに既存の出穂期予測モデルを適用し、品種別にパラメータを決定して、平均で 3.9 日の推定精度を得た。また、11 の出穂期遺伝子の遺伝子型が同一の水稻品種群に着目して出穂反応を比較し、それ以外の遺伝子も出穂期に関わっている可能性が高いこと、遺伝子型ベース出穂期予測モデルを構築する際に、既知の出穂期遺伝子の情報だけでなく、未知の遺伝子座の効果をゲノムワイド DNA マーカーによって取り入れる必要があることを明らかにした。遺伝子型ベース出穂期予測モデルに適用する代表的な花成遺伝子の抽出に向けて、遺伝子のリスト作成、ならびにそれら遺伝子に関する多型情報の整理を進めた。生育初期の感光性獲得機能の解明に向けて、不感光相が異なる複数の品種について、日長移行実験およびトランスクリプトーム解析の実験設計を定めた。

穎花生産プロセスの総合的モデル化(ボトムアップモデリング)のために、メタボローム/トランスクリプトームデータから、穎花分化・退化の自己制御に関する代謝プロセスおよび遺伝子を同定し、従来の作物モデル(トップダウンモデル)にマッチングさせるため、今年度は、穂の形態形成に関与する遺伝子の変異体を用いて予備的な圃場試験を行うとともに、穎花生産のオミクスベースモデル開発に必要な実験デザインを決定した。また、キーメタボライトに基づく新たな穎花生産モデルの基本構造を設計した(図)。

多様な供試材料の準備として、「コシヒカリ」を片親とした日本水稻 29 品種・系統との交雑に由来する大規模な組換え自殖系統群(RIL)を用いて、親品種となる日本水稻集団の出穂性と収量性に関与する遺伝子群について、変異情報と機能性の分類を行った。また、RIL 集団と日本水稻集団の出穂性と収量性の圃場データを収集するとともに、種子増殖を行い、RIL の 5 集団について遺伝子型を決定した。さらに、広範な環境で実施された多数の品種・系統の栽培試験データを整理し、遺伝情報との比較解析を行うとともに、広範な栽培環境の変化に対応した品種の開発を企図して、出穂日が多くの栽培形質に影響を与える要因であることに着目して栽培形質の中で出穂日に影響を受けやすい形質、受けにくい形質の評価を行った。

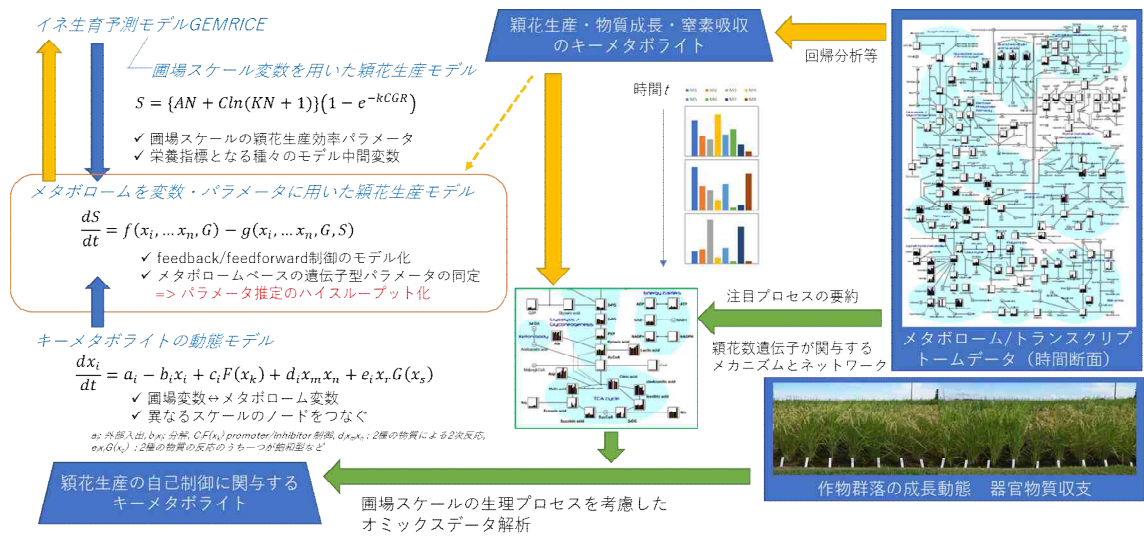


図. 穎花生産モデルの概念図。