

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. 研究成果の概要

本研究課題は、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とそれを気象データベースに結合した品種設計シミュレータの開発を目的としている。対象作物、形質として水稻の出穂期および穎花生産プロセスをターゲットにサブモデルを開発し、包括的作物生育モデルに組み込む開発手法によってハイブリッド作物生育モデル開発の効率化と他形質への応用展開をめざしたモデルの開発を進める。

出穂期予測サブモデルについては、モデル構築のために文献情報から出穂期遺伝子 133 遺伝子を抽出し、出穂期制御ネットワークを再構築した。さらに、構築した出穂期制御ネットワークを統計解析・モデル開発に適用するために、制御ネットワーク構造のマトリックス化と抽出遺伝子のハプロタイプ情報の整理を進めた。水稻 143 品種について決定した 5 つの出穂期予測モデルパラメータを、既知の出穂期関連遺伝子のハプロタイプ別に整理し、遺伝子座によって、基本栄養成長性パラメータのみに影響を与えるもの、限界日長パラメータのみに影響を与えるもの、両者に影響を与えるものなど、各遺伝子の環境応答の機能の違いを推定することが可能になった。すなわち、多様なフィールド環境で得られたデータから、モデル解析を通じて、遺伝子の環境応答における機能を推定可能なことが示唆された。また、上記出穂期予測モデルの 5 パラメータを対象形質として GWAS を行ったところ、モデルのパラメータに、有意な QTL が検出されることが明らかになり、多環境試験データに基づく、新たな遺伝解析手法の開発につながる成果が得られた。

穎花生産のオミックススペースモデル開発については、昨年度に引き続きイネの穂形態形成に関与する遺伝子の変異体を用いた圃場試験を 2 地点で実施し、穂の形態変異や環境、栽培条件の違いが穎花数、地上部バイオマス、全炭素・窒素量、代謝物量などに及ぼす影響を調べた。分けつ期から穂揃い期まで 7-10 日間隔で茎部基部をサンプリングし、約 50 種の主要代謝産物(デンプン、糖、糖リン酸、有機酸、アミノ酸)についてプロファイリングの一部を完了した。また、遺伝学的

情報を作物モデルに取り込むためのもう一つのアプローチとして、オミックスデータを用いる当初計画内容に加えて、多数系統のモデルのパラメータ化に貢献する手法開発に着手した。すなわち、収量関連形質を含む作物モデルパラメータの GWAS 解析を可能にするために、水稻奨励品種決定試験データベースのデータを用いて多数系統の収量性パラメータを推定するプログラムを作成した。さらに、気候変動に対し頑健な品種を設計するシミュレータの開発に向けて、出穂期予測サブモデルのパラメータの組み合わせが収量に及ぼす影響のシミュレーションから、作物モデルによって、ある環境条件に適応したパラメータの組み合わせを推定できることを示した。今後、遺伝学的に取り得るパラメータ空間を得ることができれば、ある環境条件における最適なパラメータの組み合わせやそれを実現するためのハプロタイプの組み合わせが推定できる。このような方法が完成できれば、将来の気候条件もとで求められる品種設計をシミュレーションによって行うことが可能になる。

構築されるハイブリッド型作物生育モデルへの遺伝情報の取り込みと実用水準を目指した精度向上のためには、精密な遺伝領域の特定と、交雑後代集団でのモデル検証が不可欠である。そこでイネで育成された大規模な組換え自殖系統集団と基幹品種を供試し、穎花生産性・収量性と出穂性のデータに加えて、遺伝子型や環境データを蓄積した。さらに日本のイネ基幹品種 146 品種の全ゲノム配列を解読してゲノムワイドアソシエーション解析 (Genome-wide association studies: GWAS) を実施し、形質に関与する DNA 多型を検出した。また、日本水稻の遺伝的多様性を包含した 30 品種を選出し、「コシヒカリ」と交雑した計 29 組み合わせの組換え自殖系統群の栽培試験を行い、各系統の収量性と出穂性に関わる形質値を取得した。次世代シーケンサーによる GRAS-Di (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) 技術により、本年度までに 12 集団分の遺伝子型が決定され、高精度で低コストな遺伝子型決定法として GRAS-Di 技術が有効であることが実証できた。一部の集団については遺伝解析を開始し、収量に関する QTL が同定できた (Okada et al. 2018)¹⁾。さらにハイブリッド作物生育モデルの適用範囲を広げるため、インド型の飼料稲を含む近年の育成品種・系統の 33 の素材について NGS データを新たに取得し、系譜情報と合わせた多型情報の整理を行った。

【代表的な原著論文】

1. Okada, S., M. Sasaki and M. Yamasaki (2018) A novel rice QTL qOPW11 associated with panicle weight affects panicle and plant architecture. Rice 11: 53

§ 2. 研究実施体制

(1)「中川」グループ

- ① 研究代表者: 中川 博視 (農研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)「中崎」グループ

- ① 主たる共同研究者: 中崎 鉄也 (京都大学大学院農学研究科、准教授)
- ② 研究項目:
 - ・遺伝子型ベースの発育予測モデルに適用する代表的な花成遺伝子の抽出
 - ・生育初期の感光性獲得機構の解明

(3)「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

(4)「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
 - ・組換え自殖系統群および基幹品種を用いた穎花生産・収量性と出穂性の調査・検証データの取得
 - ・組換え自殖系統群および基幹品種を用いた穎花生産・収量性と出穂性の遺伝解析

(5)「後藤」グループ

- ① 主たる共同研究者: 後藤明俊 (農研機構次世代作物開発研究センター、上級研究員)
- ② 研究項目
 - ・全国公設試の奨励品種決定基本調査の栽培試験データの整理とデータベース化。
 - ・近年の育成品種や外国稲を含む多様な遺伝資源についての NGS データの取得、系譜情報との関連性解析を通じたモデル開発のデータ基盤整備。
 - ・出穂日の栽培形質への影響調査と遺伝的要因との関連性の解析とハイブリッドモデルへの反映。