

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ー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。

出穂期については、既存の出穂期予測モデルのパラメーターを変数変換することによって、任意の気温と日長の組み合わせのもとでピーク検出が可能になる、環境応答型のゲノムワイドアソシエーション解析 (Genome-wide association studies: GWAS) 手法を開発した。また、それによって、ある出穂期遺伝子が検出されやすい環境条件の予測が可能になるとともに、ある環境条件のもとで未知の出穂期遺伝子が検出されることを予想した。遺伝子ベース出穂期予測モデルの構築では、取り入れる遺伝子の数を昨年度の 11 から 120 に増やすために、各発育パラメーターに有意な影響を与える遺伝子の抽出を行った。また、既存の発育予測モデルと遺伝子情報を融合させた新たな学習器の設計を行った。

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を実施した。得られたデータの解析から、総穎花数 (単位栽培面積あたりの穎花数) と穂揃い期の地上部全窒素量との間の相関関係には品種・系統間があることが明らかとなった。また、茎部基部における主要代謝物のプロファイリングから、総穎花数と高い相関を示す代謝物が見出され、穎花生産において重要な代謝過程を絞り

込むことに成功した。さらに、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ー化に貢献する手法開発を行った。すなわち、作物生育予測モデルと統計モデルを組み合わせた手法によって、バイオマス、収量、作物生育予測モデルの穎花生産効率を表現するパラメーターの GWAS が可能であることを示した。検出されたマーカーの型とその効果を元のモデルに還元することで予測モデルが構築できる。

モデル開発と検証を支えるために、出穂期、穎花数を含む収量関連形質などの形質データを多数の交雑交代系統群や実用品種について蓄積した。イネの基幹品種 146 品種の GWAS を実施し、形質に関連する遺伝領域を検出した。昨年までに全ゲノム配列を解読したので、通常の GWAS(670,069 箇所の DNA 多型)ならびにイネの遺伝子をハプロタイプにした GWAS(Gene-based GWAS、14,274 遺伝子)を実施可能にした。「コシヒカリ」と多数品種を交雑した組換え自殖系統群については、23 集団について遺伝子型を決定した。一部の集団については遺伝解析が開始され、収量や心白に関する QTL が同定できた(Okada et al. 2018、Okada et al. 2019(原著論文 No.1))。

【代表的な原著論文】

1. Satoshi Okada and Masanori Yamasaki, “Validation of a quantitative trait locus for the white-core expression rate of grain on chromosome 6 in a brewing rice cultivar and development of DNA markers for marker-assisted selection”, *Breeding Science*, vol.69, pp. 401-409, 2019

§ 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 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。