

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  
2016年度採択研究代表者

2020年度 年次報告書
-----------------

清水 健太郎

横浜市立大学木原生物学研究所  
客員教授

倍数体マルチオミクス技術開発による環境頑健性付与モデルの構築

## § 1. 研究成果の概要

コムギやセイヨウアブラナやワタなど多くの有用植物は、複数種のゲノム DNA が融合して誕生した異質倍数体です。コムギは世界で最も広い耕地で栽培されている植物でありながら、ゲノム配列の複雑性のためにゲノム育種が遅れていました。本プロジェクトでは、日本を代表するパンコムギ農林 61 号の高精度ゲノムを解読し、コムギ 10+ゲノムプロジェクトと共同で解析を行いました (Waokowiak et al. Nature 588:277, 2020 など)。出穂のタイミング決定に重要なフロリゲン FT1/VRN3 の同祖遺伝子 (重複遺伝子) について解析したところ、コピー数変異や遺伝子欠損変異など出穂を調節すると考えられる新規変異を発見しました。コピー数変異はヒト個体差にも重要な役割を果たしていますが、その同定には高精度ゲノム解析が必要です。出穂のタイミングは地球温暖化の影響を受けやすく、特に日本のコムギ育種で重視されてきた形質です。今回同定した各変異は出穂時期調節に利用可能だと考えられます。

また、モデル生物シロイヌナズナに近縁な異質倍数体を用いて、野外環境での重金属・冠水・乾燥などの様々環境に応答する遺伝子群の発現を解析しました。その結果、異質倍数体が異なる親の種の遺伝子応答を組み合わせることで環境頑健性を獲得したことが示唆されました。こうした研究から、比較的少数の遺伝子の組み合わせで環境頑健性を付与できる可能性が示唆されました。さらに、CREST 領域内共同研究として、フィールド環境では、ある植物自身の遺伝子型だけでなく、近隣の植物の遺伝子型も表現型に影響を与えることを明らかにし、ゲノムワイド関連解析のための手法を開発しました。

## § 2. 研究実施体制

### (1) 横市グループ

- ① 研究代表者: 清水 健太郎 (横浜市立大学木原生物学研究所、客員教授)
- ② 研究項目
  - ・圃場での倍数体オミクスデータ収集と実験的検証
  - ・各圃場でのコムギの栽培の確立

### (2) ヒューマノームグループ

- ① 主たる共同研究者: 瀬々 潤 (ヒューマノーム研究所、代表取締役社長)
- ② 研究項目
  - ・機械学習を用いた倍数体オミクス解析とモデリング技術の開発
  - ・倍数体種に対する遺伝子発現等のバイオインフォ解析手法の構築
  - ・構築した手法をデータに適用することによる実解析

### (3) エルピクセルグループ

- ① 主たる共同研究者: 島原 佑基 (エルピクセル株式会社、代表取締役)

② 研究項目

- ・植物個体の自動観測システムの研究開発
- ・植物自動撮影装置の開発・設置
- ・表現形質データの自動測定ソフトウェアの開発

(4) スイスグループ

① 主たる共同研究者: Kentaro Shimizu (University of Zurich, Department of Evolutionary Biology and Environmental Studies, Full Professor)

② 研究項目

- ・圃場での倍数体オミクスデータ収集の基盤技術開発
- ・倍数体モデル生物の圃場生育とデータ収集

(5) 筑波グループ

① 主たる共同研究者: 田中 健太 (筑波大学山岳科学センター、准教授)

② 研究項目

- ・植物野外栽培と統計解析

(6) 京都大グループ

① 主たる共同研究者: 那須田 周平 (京都大学大学院農学研究科、教授)

② 研究項目

- ・遺伝子型再構成系によるコムギ表現型解析

【代表的な原著論文情報】

下線は本 CREST メンバー、点線は CREST・さががけ間共同研究

1) Shimizu, K.K., Copetti, D., Okada, M., Wicker, T., Tameshige, T., Hatakeyama, M., Shimizu-Inatsugi, R., Aquino, C., Nishimura, K., Kobayashi, F., Murata, K., Kuo, T., Delorean, E., Poland, J., Haberer, G., Spannagl, M., Mayer, K.F.X., Gutierrez-Gonzalez, J., Muehlbauer, G.J., Monat, C., Himmelbach, A., Padmarasu, S., Mascher, M., Walkowiak, S., Nakazaki, T., Ban, T., Kawaura, K., Tsujii, H., Pozniak, C., Stein, N., Sese, J., Nasuda, S., Handa, H. (2021). De novo genome assembly of the Japanese wheat cultivar Norin 61 highlights functional variation in flowering time and Fusarium resistance genes in East Asian genotypes. *Plant & Cell Physiology*, 62: 8–27.

2) Akiyama, R., Sun, J., Hatakeyama, M., Lischer, H.E.L., Briskine, R.V., Hay, A., Gan, X., Tsiantis, M., Kudoh, H., Kanaoka, M.M., Sese, J., Shimizu, K.K., Shimizu-Inatsugi, R. (2021). Fine-scale empirical data on niche divergence and homeolog expression patterns in an allopolyploid and its diploid progenitor species. *New Phytologist*, 229: 3587–3601

3) Walkowiak, S., Gao, L., Monat, C., Haberer, G., Kassa, M.T., Brinton, J., Ramirez-Gonzalez, R.H., Kolodziej, M.C., Delorean, E., Thambugala, D., Klymiuk, V., Byrns, B., Gundlach, H., Bandi, V., Nunez Siri, J., Nilsen, K., Aquino, C., Himmelbach, A., Copetti, D., Ban, T., Venturini, L., Bevan, M., Clavijo, B., Koo, D.-H., Ens, J., Wiebe, K., N'Diaye, A, Fritz, A.K., Gutwin, C., Fiebig, A., Fosker, C, Fu, B.X., Garcia Accinelli, G., Gardner, K.A., Fradgley, N., Gutierrez-Gonzalez, J., Halstead-Nussloch, G., Hatakeyama, M., Koh, C.S., Deek, J., Costamagna, A.C., Fobert, P., Heavens, D., Kanamori, H., Kawaura, K., Kobayashi, F., Krasileva, K., Kuo, T., McKenzie, N., Murata, K., Nabeka, Y., Paape, T., Padmarasu, S., Percival-Alwyn, L., Kagale, S., Scholz, U., Sese, J., Juliana, P., Singh, R., Shimizu-Inatsugi, R., Swarbreck, D., Cockram, J., Budak, H., Tameshige, T., Tanaka, T., Tsuji, H., Wright, J., Wu, J., Steuernagel, B., Small, I., Cloutier, S., Keeble-Gagnère, G., Muehlbauer, G., Tibbets, J., Nasuda, S., Melonek, J., Hucl, P.J., Sharpe, A.G., Clark, M., Legg, E., Bharti, A., Langridge, P., Hall, A., Uauy, C., Mascher, M., Krattinger, S.G., Handa, H., Shimizu, K.K., Distelfeld, A., Chalmers, K., Keller, B., Mayer, K. FX, Poland, J., Stein, N., McCartney, C.A., Spannagl, M., Wicker, T., Pozniak, C.J. (2020). Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding. *Nature*, 588, 277-283.

4) Paape, T., Akiyama, R., Cereghetti, T., Onda, Y., Hirao, A., Kenta, T., Shimizu, K.K. (2020). Experimental and field data support habitat expansion of the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica* owing to parental legacy of heavy metal hyperaccumulation. *Frontiers in Genetics*, 11, 565854.

5) Tsuchimatsu, T., Kakui, H., Yamazaki, M., Marona, C., Tsutsui, H., Hedhly, A., Meng, D., Sato, Y., Städler, T., Grossniklaus, U., Kanaoka, M. M., Lenhard, M., Nordborg, M., Shimizu, K.K. (2020). Adaptive reduction of male gamete number in the selfing plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature Communications*, 11, 2885.