

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

明石 良

宮崎大学農学部  
教授

大規模画像データに基づくゲノムと環境の相互作用を考慮した  
成長予測モデルの構築

## § 1. 研究成果の概要

本研究は、新たに開発する様々な解析手法で経時的な画像データから植物の成長変化を抽出し、全ゲノム配列データと比較することで、遺伝型値、表現型値および環境値のすべての相互作用に基づくモデルを構築し、形質値を予測する一連のシステム開発を行うことを目的としている。画像データの取得については、産業用カメラに対応し、撮影条件等の再設定と自動撮影を行うプログラムを作成した。また、ロボストに 3D モデルを構築するために、ダイズ以外の植物に対する検討と、画像内のマーカーの認識数が少なくても高精度に構築できる手法を開発した。この作成した 3D モデルから形質値の抽出を行い、非破壊での時系列生長データを取得するとともに、Phytomer を検出する手法の開発を進めた。さらに、温室内で小型ドローンを自動航行させるシステムを開発し、4D パノラマデータ群の取得と 3D モデルの構築を行った。これら取得した多様なデータをリアルタイムに DB に送るため、プライベート LTE に接続できる通信モジュールの開発を進め、そのハードウェア部が完成した。栽培試験(圃場)では、3 地点においてダイズ 32 系統を 3 播種期に分けて栽培し、画像取得および形質値、環境値を取得した。温室においても同様の栽培試験を実施し、画像データを取得した。圃場の多地点かつ複数播種期、複数年度のデータ比較を実施した。ミヤコグサにおいては、開発した画像解析プログラムを用いて、環境要因との相互作用に関わる新たな遺伝子座を同定することが可能となった。予測モデルの開発においては、蓄積された形質の実測値を関数データ化し、その結果をブラウザでできる仕組みの構築を進めた。また、遺伝的要因と環境要因を変化させた際に量的形質の時間的推移がどのような影響を受けるかを評価するシミュレータの実装も進めた。これらにより、生育に関連するさまざまな形質が統合的に評価できるように開発を行っている。

## § 2. 研究実施体制

### (1)「明石」グループ

- ① 研究代表者:明石 良 (宮崎大学農学部、教授)
- ② 研究項目
  - ・ 温室栽培ダイズ 32 系統の全周囲画像取得と主要形質の直接計測
  - ・ 圃場栽培ダイズ 32 系統の画像取得と主要形質の直接計測
  - ・ 画像解析プログラムによるダイズ・ミヤコグサからの形質値抽出

### (2)「磯部」グループ

- ① 主たる共同研究者:磯部 祥子 (かずさ DNA 研究所先端研究開発部、研究室長)
- ② 研究項目
  - ・ 温室内撮影システムの開発
  - ・ 圃場計測システムの開発
  - ・ 環境センサの開発

- ・ 3D モデリングと画像解析技術の開発
- ・ 次世代計測技術の開発の開発
- ・ Phenotyping センターの設置
- ・ PE 値の抽出
- ・ 形質データベースシステムの開発

(3)「中谷」グループ

- ① 主たる共同研究者:中谷 明弘 (東京大学大学院新領域創成科学研究科、特任教授)
- ② 研究項目
  - ・ 組み合わせ探索に基づいた変数選択による数理モデルの最適化
  - ・ 関数データ解析に基づいた情報補完による数理モデルの汎用化
  - ・ 分布の成分分析に基づいた因子分解による数理モデルの関式化
  - ・ 数理モデルの特性や挙動を可視化する仕組みの構築

(4)「佐藤」グループ

- ① 主たる共同研究者:佐藤 修正 (東北大学大学院生命科学研究科、教授)
- ② 研究項目
  - ・ 圃場におけるダイズのコア 32 系統の年次比較可能な表現型情報の収集
  - ・ 収集した圃場におけるミヤコグサの画像データからの形質値の抽出とストレス付加の影響の評価

(5)「野下」グループ

- ① 主たる共同研究者:野下 浩司 (九州大学大学院理学研究院、助教)
- ② 研究項目
  - ・ 植物個体・群落特徴量の推定

【代表的な原著論文情報】

- 1) Kajiyama-Kanegae H, Nagasaki H, Kaga A, Hirano K, Ogiso-Tanaka E, Matsuoka M, Ishimori M, Ishimoto M, Hashiguchi M, Tanaka H, Akashi R, Isobe S, Iwata H. “Whole-genome sequence diversity and association analysis of 198 soybean accessions in mini-core collections”, DNA Res, vol. 28, No. 1, dsaa032, 2021