

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
2017 年度採択研究代表者

2020 年度 年次報告書

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. 研究成果の概要

水稻の出穂期と穎花生産について、関連する遺伝子のハプロタイプ情報に基づいて生育モデル GEMRICE の関連パラメータを推定するサブモデルを構築し、水稻のハイブリッド生育モデルを開発した。発育予測サブモデルについては、日本水稻品種における出穂期関連遺伝子座 170 のハプロタイプ情報を用いて発育予測モデルのパラメータを遺伝子型から推定し、任意の気象条件下の到穂日数を予測する遺伝子ベース予測モデルとした。穎花生産については、主要 50 種のメタボライトプロファイリングデータから、穎花生産の鍵となる 3 つの代謝過程を同定し、それに関与する遺伝子をゲノム情報から選定し、既存の穂形態関連遺伝子と合わせてリスト化した。さらにそれら 56 遺伝子のハプロタイプ情報を整理し、水稻生育予測モデル GEMRICE の穎花生産効率パラメータ (spikA) を遺伝子ハプロタイプ情報から推定するサブモデルを構築した。2019 年に実施した検証用栽培試験データでハイブリッド水稻生育予測モデルをテストしたところ、穎花数と粗粒収量を高精度に予測した。また、大規模育種試験データベースを用いて GEMRICE の穎花生産効率パラメータ (spikA) とゲノム情報の関連を解析し、全マーカー情報を用いたパラメータ推定モデルの構築も行い、未知遺伝子型×未知環境データについて予測可能であることを示した。前者は、重要遺伝子改変効果の予測に、後者のゲノム全体の効果を考慮したモデルは、従来の交配育種へ貢献するものとする。モデル開発と検証の基盤となる形質データを得るとともに、多数品種の NGS データから 200 以上の遺伝子のハプロタイプを整理するとともに、コシヒカリを共通親として交雑した 30 組み合わせの組換え自殖系統群・戻し交雑自殖系統群 (計 3473 系統) について DNA マーカーを得て、モデルのテストや QTL 解析の基盤が整った。

§ 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・玄米品質と出穂性の調査・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。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Satoshi Okada Ken Iijima, Kiyosumi Hori and Masanori Yamasaki, "Genetics and epistatic effects for grain quality and yield of three grain-size QTLs identified in brewing rice (*Oryza sativa* L.).", *Molecular Breeding* vol. 40, pp.88, 2020
- 2) Jarquin, D., H. Kajiya-Kanegae, T. Chen, S. Yabe, R. Persa, J. Yu, H. Nakagawa, M. Yamasaki and H. Iwata, "Coupling day length data and genomic prediction tools for predicting time-related traits under complex scenarios", *Scientific Reports* 10: 13382, 2020
- 3) Chigira, K., N. Kojima, M. Yamasaki, K. Yano, S. Adachi, T. Nomura, M. Jiang, K. Katsura and T. Ookawa, "Landraces of temperate japonica rice have superior alleles for improving culm strength associated with lodging resistance", *Scientific Reports* 10: 19855, 2020
- 4) Chen, T., T. Aoike, M. Yamasaki, H. Kajiya-Kanegae, and H. Iwata, Predicting rice heading date using an integrated approach combining a machine learning method and a crop growth model. *Frontiers in Genetics* 11: 599510, 2020
- 5) 寺谷諒・中川博視, "作物の発育ステージの予測方法及び予測装置", 特願 2021-43964, 2021/3/17