

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

宇賀 優作

農業食品産業技術総合研究機構次世代作物開発研究センター／
東京農業大学 国際農業開発学科
上級研究員／客員教授

ROOTomics を利用した環境レジリエント作物の創出

§ 1. 研究成果の概要

地球規模の環境変動により世界中で干ばつや土壌荒廃が起こっている。このような不安定な不良土壌環境で持続的な食料生産を達成するため、本研究では根系も含めたマルチオミクスデータ (ROOTomics) を用いて環境ストレスに頑健な根系を持った作物 (環境レジリエント作物) の開発をめざしている。本年度は以下の主な成果を得た。

課題 1) X 線 CT 装置を利用した根系の三次元非破壊計測プラットフォームの開発

生長段階順に撮影した CT 画像データから根系の生長速度、形の変化などの 4 次元パラメータの取得を補助するソフトウェアを開発した。また、3 次元ボリュームデータから個根をベクトル化するトレーシングソフトウェアの拡張モジュールとして、根系 3 次元パラメータ化ソフトウェアを開発した。

課題 2) 多環境での根系を含めた植物体全体の表現型および遺伝子発現データ取得とデータベース化

根系モデル構築のため、水稻品種 IR64 と陸稲品種 Kinandang Patong の遺伝解析集団を対象に干ばつおよび高温下におけるフェノームおよびトランスクリプトーム解析を実施した。また、得られたデータを簡便に解析に持ち込めるデータベースの構築を進め、実装に必要なハードウェアを整備した。

課題 3) ROOTomics をベースとした環境ストレスに頑健な根系モデルの構築

グロスチャンバー内にて再現した干ばつ下で取得したデータを解析した結果、干ばつに対して可塑的に根系が変化することが植物の頑健性にとって重要であることを見出した。また、頑健性の評価に用いるため、品種を問わず利用可能な干ばつストレスバイオマーカーを決定した。

課題 4) 根系モデルのフィールド実証とキー遺伝子の同定によるモデルの精度向上

フィールドオミクス解析の結果から干ばつ耐性に関与すると予想される根系キー遺伝子の 1 つに対して形質転換体を作製し、表現型に及ぼす影響を同定した。

§ 2. 研究実施体制

(1)「宇賀」グループ

- ① 研究代表者: 宇賀 優作 (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: 根系フェノーム解析ならびに根系モデルの構築とその実証
 - ・イネ解析集団からの地上部・地下部フェノームデータの取得
 - ・オミクスデータを用いた根系モデルの構築
 - ・フィールドにおけるモデル検証のための予備試験

・土中の根系の生長をリアルタイムで観察するための装置開発

(2)「七夕」グループ

- ① 研究代表者:七夕 高也 (かずさDNA 研究所先端研究開発部、研究員)
- ② 研究項目:根系の三次元非破壊計測プラットフォームの開発およびデータベース構築
 - ・栽培制御ユニットの開発
 - ・計測プラットフォーム開発
 - ・モデル構築をサポートするデータベース開発

(3)「川勝」グループ

- ① 研究代表者:川勝 泰二 (農研機構生物機能利用研究部門、上級研究員)
- ② 研究項目:ストレスバイオマーカーの開発および環境レジリエント・キー遺伝子の同定
 - ・ストレスバイオマーカーの同定
 - ・イネ解析集団からのトランスクリプトームデータの取得
 - ・環境レジリエント・キー遺伝子の同定

【代表的な原著論文情報】

- 1) “High-throughput three-dimensional visualization of root system architecture of rice using X-ray computed tomography” Plant Methods, 16: 66, 2020.
- 2) “Low-cost RNA extraction method for highly scalable transcriptome studies”, Breeding Science, 70: pp.481-486, 2020
- 3)“The transcriptomic landscapes of rice cultivars with diverse root system architectures grown in upland field conditions”, The Plant Journal, 2021 <https://doi.org/10.1111/tpj.15226>
- 4) “Root angle modification by the DRO1 homolog contributes to rice yields in saline paddy fields”. PNAS, 117: pp.21242-21250, 2020.