

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

2021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 気候変動対応研究領域
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

水稻の遺伝子ベース出穂期予測モデルをアフリカの栽培データに適用し、今後精度の向上は必要であるものの、インディカ品種にも適用可能であることを明らかにした。これまで、11 の出穂期遺伝子のハプロタイプ情報を遺伝子ベース出穂期予測モデルの入力変数として使用してきたが、ゲノム網羅的に抽出・整理した出穂期関連遺伝子 170 遺伝子座のうち、適当な数の遺伝子情報の追加によって、予測精度を向上させることを示した。水稻で開発してきた遺伝子ベース発育予測モデルをダイズの開花期予測に応用するために、CREST 岩田チームのダイズコアコレクション 185 系統の実験データとヒストリカルデータが存在するダイズ 318 系統について、それぞれ、発育予測モデルのパラメータを決定した。さらに、ゲノムワイドアソシエーション解析によって、水稻と同様に発育予測モデルのパラメータに有意なマーカーが得られることを明らかにした。昨年度構築した、水稻生育予測モデル GEMRICE に遺伝子ベースの発育と穎花生産モデルを取り入れたハイブリッド作物生育予測モデルを用いて、様々な遺伝子型を任意の環境条件下で予測するシミュレーション手法を検討した。発育と収量性に関与する 16 遺伝子のハプロタイプの 531 組み合わせについて、531 遺伝子型×100 背景品種×5 地点×30 年=798 万回のシミュレーションを行った結果から、ハイブリッド作物生育予測モデルを用いて遺伝子-環境相互作用を考慮した品種設計の可能性を示唆した。「コシヒカリ」を交雑親とした 31 組み合わせの組換え自殖系統群・戻し交雑自殖系統群のすべてについて DNA マーカー整備、連鎖地図作成ならびに QTL 解析のプラットフォームを整えて、モデルのテストと改良に必要なデータの収集のみならず、開発したモデルと組み合わせることによって育種の効率化に寄与する基盤を整えた。

§ 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 気候変動対応研究領域ユニット長)
- ② 研究項目
 - ・遺伝子ベース発育予測モデルの開発
 - ・穎花生産のオミックスベースモデルの開発
 - ・ハイブリッド作物生育モデルの開発と環境適応型品種設計法の開発
 - ・ダイズのハイブリッド作物生育予測モデルの開発

(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:
 - ・遺伝子ベース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

【代表的な原著論文情報】

1) Yubin Yang, Lloyd T. Wilson, Tao Li, Livia Paleari, Roberto Confalonieri, Yan Zhu, Liang Tang, Xiaolei Qiu, Fulu Tao, Yi Chen, Gerrit Hoogenboom, Kenneth J. Boote, Yujing Gao, Akio Onogi, Hiroshi Nakagawa, Hiroe Yoshida, Shiori Yabe, Michael Dingkuhn, Tanguy Lafarge, Toshihiro Hasegawa, Jing Wang (2021) Integration of Genomics with Crop Modeling for Predicting Rice Days to Flowering: A Multi-Model Analysis. Field Crops Research 276 (2022) 108394.