

未来社会創造事業 探索加速型
「持続可能」領域
終了報告書(探索研究期間)

令和3年度採択研究開発代表者

[研究開発代表者名：有泉 亨]

[筑波大学・准教授]

[研究開発課題名：データトランスフォーメーション育種技術開発による育種
効率の最大化]

実施期間：令和3年11月1日～令和5年3月31日

§ 1. 研究実施体制

【記載例】

(1)「有泉」グループ(筑波大学)

① 研究開発代表者:有泉亨 (筑波大学生命環境系、准教授)

② 研究項目

【1-1】大規模トマト変異誘発系統の DNA 変異情報の獲得

【1-2】大規模トマト変異誘発系統の表現型情報の収集

【1-3】ハイスループットな果実成分技術の開発

(2)「矢野健」グループ(明治大学)

① 主たる共同研究者:矢野健太郎 (明治大学農学研究科、教授)

② 研究項目

【2-1】高精度選抜・固定のための AI テキストマイニングによる遺伝子機能の知識情報の集約・活用

【2-2】DNA 変異情報、表現型情報、画像情報を用いた DX による高精度選抜・固定技術開発

(3)「矢野亮」グループ(研究機関名)

① 主たる共同研究者:推進 太郎 (農研機構、上級研究員)

② 研究項目

【3-1】変異体集団に適応する新奇アソシエーション解析による遺伝子型予測

§ 2. 研究開発成果の概要

本研究は矮性トマト品種‘マイクロトム’の大規模変異体集団を対象として、変異情報と形質情報を収集し、両者を関連づける新奇解析手法を開発することで遺伝子情報から表現型を予測するシステムを構築することを目的とした。トマト遺伝子の総エクソン長 45.9Mbp を対象としたエクソームプローブを作成し、480 系統から変異情報を獲得した。7 割以上の 304 系統で信頼度の高い配列情報を入手でき、ハイスループットな解析であることを確認できた。また、核磁気共鳴装置(NMR)を用い、390 系統の‘マイクロトム’変異体の赤熟果実から、21 種の代謝産物を測定した。変異情報と表現型情報を合わせることで、主要代謝産物の蓄積に関わる多数の遺伝子変異候補の同定に至った。

次に、突然変異誘発系統に適応できる新奇アソシエーション解析を確立するため、表現型との相関性を回帰分析により評価する情報処理アルゴリズムを試行した結果、一旦の有効性を確認できた。加えて、明治大学が独自に確立した AI テキストマイニング技術を活用してトマトの遺伝子機能における既知の知識情報の収集し、トマトの遺伝子機能に関わる多数の生物学的機能あるいは発現制御機構などの知識情報の網羅的・高精度な抽出に成功した。これらの知見は遺伝子予測精度を高める重要な情報として活用が期待される。続いて、可視分光センサーを活用して組織を非破壊で果実成分を測定する技術を開発するため、分光センサーから得た波長情報を利用した一部の果実成分(カロテノイドのリコピン)の予測モデルを構築した。

【代表的な原著論文情報】

なし