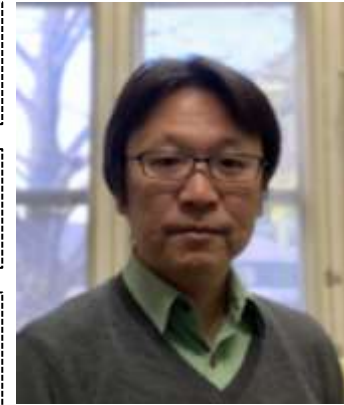


社会の持続的発展を実現する新品種導出技術の確立

作物と微生物叢を同時改良するホロゲノム選抜法の開発

研究開発代表者： 岩田 洋佳 東京大学・大学院農学生命科学研究科 准教授

共同研究機関： 理化学研究所、筑波大学、名古屋大学、鳥取大学、前川総合研究所

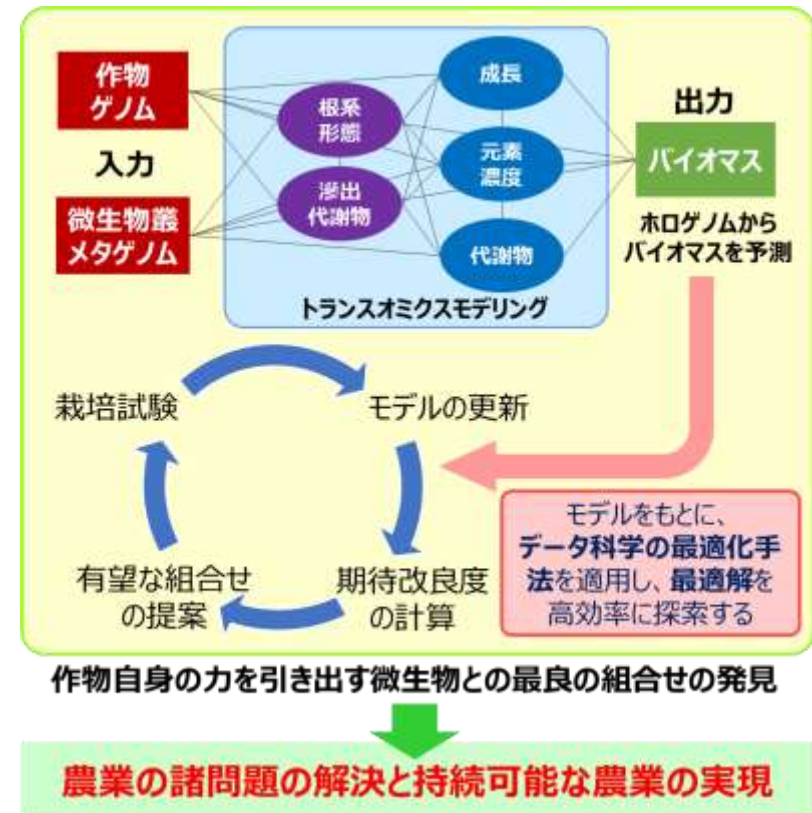


目的：

作物ゲノムと微生物叢メタゲノムを合わせたホロゲノムをもとに、作物の遺伝子型と微生物叢の種構成の優良な組合せを予測し、予測をもとにそれらの共生関係を同時改良するための新たな育種法を提案する。

研究概要：

作物の祖先種は元来、微生物叢との共生能力を備えていた。しかし、栽培化とともに肥料や農薬を大量投入する近代農業への適応を進めた結果、その能力は著しく低下したとされる。作物-微生物叢の共生関係を農業利用するためには、作物について共生効果を最大化するように遺伝的に改良する必要がある。また、微生物叢について最適な種構成を発見し実現させる必要がある。しかし、作物の遺伝子型と微生物叢の種構成の組合せは極めて多いため、多数の組合せから有望なものを効率的に探索できるシステムの技術基盤の確立が不可欠である。本研究開発課題では、作物ゲノムと微生物叢メタゲノムを合わせたホロゲノムをもとに、作物と微生物叢の共生関係を同時に改良するための新たな育種法を提案する。



Breakthrough technologies to accelerate breeding and strain improvement in biological production for a sustainable society

Development of hologenomic selection methods for simultaneous improvement of crops and crop microbiome

Project Leader : Hiroyoshi Iwata

Associate Professor, Graduate School of Agricultural and Life Sciences,
The University of Tokyo



R&D Team : RIKEN, University of Tsukuba, Nagoya University, Tottori University,
Maekawa Research Institute

Summary :

Ancestral species of crops were originally capable of living in symbiosis with the microbiota. However, it is believed that this ability has been severely degraded with the introduction of modern agriculture, which requires large amounts of fertilizers and pesticides, as well as cultivation. In order to utilize the crop-microbiota for agricultural purposes, it is necessary to make genetic improvements in crops to maximize their symbiotic effects. It is also necessary to discover and realize the optimal species composition of the microbiota. However, there are very many combinations of crop genotypes and microbiota, so that it is essential to establish the technological basis for a system that can efficiently search for a promising combination among many combinations. In this R&D project, we propose a new breeding method to improve the symbiotic relationship between crops and microbiota simultaneously based on the hologenome, which combines crop genome and microbiota metagenome.

