

社会の持続的発展を実現する新品種導出技術の確立

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

研究開発代表者：有泉 亨 筑波大学・生命環境系 准教授

共同研究機関：明治大学

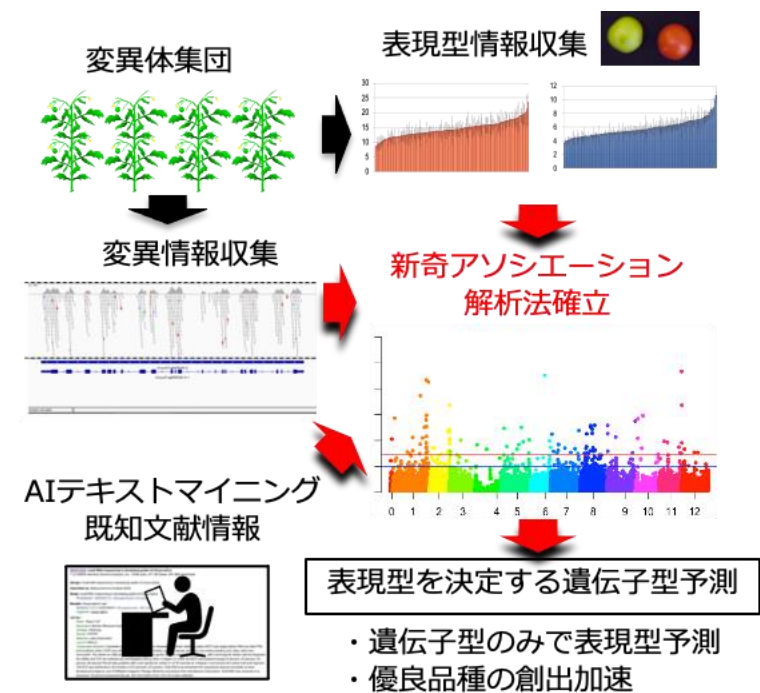


目的：

トマト変異体のDNA変異情報と表現型情報を関連づけるアソシエーション解析を確立し、作物が将来示す表現型をデザインする遺伝子型を*in silico*で予測する技術を開発する。

研究概要：

品種改良技術をバックキャストの視点で考えると、育種家が望む形質に対して、どの遺伝子を、どのような遺伝子型に改変すればよいかの2点が鍵になる。現在は古典的な遺伝学（QTL解析等）に依存した手法が主に用いられているが、それらの情報を獲得するまでの労力と時間が課題である。即ち、品種改良に寄与する遺伝子と遺伝子型情報を効率的かつ迅速に獲得する技術基盤の整備が必要である。そこで本研究では、矮性トマト品種‘マイクロトム’の大規模変異誘発系統において、DNA変異情報を収集する一方、変異体の果実内成分を含む表現型情報を集積する。また、AIテキストマイニング技術で遺伝子の既知情報を収集する。そして、DNA変異情報と表現型情報を紐づける新奇アソシエーション解析手法を確立し、表現型情報を遺伝子型情報にトランスフォーメーションする技術を開発・検証する。



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

Maximizing breeding efficiency by developing digital-transforming breeding technologies

Project Leader : Tohru ARIIZUMI

Associated Professor, Faculty of Life and Environmental Sciences,
University of Tsukuba

R&D Team : Meiji University



Summary :

Efficiency of plant breeding depends heavily on the genes and genotypes that are modified for achieving the desired traits by the breeders. Currently, plant breeding relies on classical genetic approaches such as QTL analysis. However, these methods require a lot of labor and time to acquire genetic information. Therefore, it is necessary to establish a technological infrastructure to rapidly and efficiently obtain genetic and genotypic information for plant breeding. In this study, we will collect DNA mutation information from the large-scale mutagenesis lines of the dwarf tomato cultivar Micro-Tom, as well as phenotypic information, including fruit metabolite data, of the mutants. Additionally, we will collect the known information on genes using text mining. We aim to establish a novel association methodology which links DNA mutation information with phenotypic information. Our study will facilitate the development and confirmation of a system that can transform phenotypic information into genotypic information and vice versa.

