

戦略的創造研究推進事業 CREST  
研究領域「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」  
研究課題「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」

研究終了報告書

研究期間 2017年10月～2023年3月

研究代表者：中川 博視  
((国研)農業食品産業技術総合研究  
機構 農業情報研究センター、  
研究管理役)

## §1 研究実施の概要

### (1) 実施概要

分子生物学的情報を入力変数とする新規作物生育予測モデルを開発すること、およびそれを気象データベースに結合したシミュレーターによる品種設計法を開発することが本研究の目的である。イネ生産に最も重要な形質である、出穂期と穎花数を対象にして、遺伝子ベースモデルを構築し、既存のイネ生育モデル GEMRICE のサブモデルをそれらの遺伝子ベースモデルに置き換えることによってハイブリッド生育予測モデルを開発した。

山崎グループと中川グループが解析材料、検証材料の育成、栽培試験データ取得、DNA マーカーと遺伝子ハプロタイプ情報の整備を行ってきた。山崎グループでは、全ゲノム配列を決定し、DNA マーカーを整備した日本水稲 146 品種からなるゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) 集団と、コシヒカリを共通親とした計 31 組み合わせの組換え自殖系統群(RIL)もしくは戻し交雑自殖系統群(BIL)からなる Nested association mapping (NAM) 集団を育成した。NAM 集団 3567 系統の遺伝子型決定を行い、平均で 1673 箇所の DNA マーカーが得られた。また、出穂期、穎花生産関連形質などの形質データを複数年次にわたって計測し、蓄積した。また、全グループ共同で、出穂期と穎花生産に関与する遺伝子のハプロタイプを整理した。

以上のデータを利用して、中川グループが系統ごとに発育予測モデルのパラメータを決定した。山崎グループでは、モデルに取り込む出穂期遺伝子を文献から 170 個抽出し、山崎グループ、中川グループと共同で、それらのハプロタイプ情報を NGS データから整理した上で、発育予測モデルのパラメータを出穂期関連遺伝子のハプロタイプから推定する遺伝子ベース出穂期予測モデルを開発した。これは、発育予測モデルのパラメータを決定し、次にパラメータと DNA マーカーの回帰モデルを構築する 2 ステップアプローチである。山崎グループでは、入力として用いる出穂期遺伝子の数と精度の関係を解析し、11 出穂期遺伝子を入力とする遺伝子ベースモデルで日本イネ品種の出穂期の G×E による変動の約 90%を説明可能であるが、20-40 遺伝子までの入力変数の増加で精度が高まることを明らかにした。中川グループでは、11 出穂期遺伝子のハプロタイプに基づく、知識注入型ニューラルネットによる遺伝子ベース出穂期予測モデルを新規開発した。このモデルでは、学習がワンステップで行われ、高い予測精度や、出穂期の環境応答や出穂期遺伝子の相互作用をとらえることができるなど、よい性質を持っていることを明らかにした。その他、中川グループでは、遺伝子の環境応答性を推定可能な新たな GWAS 手法や発育予測モデルを用いた発育応答性の品種分類法を開発し、山崎グループでは、発現解析によって、幼若相を識別するバイオマーカーを得た。

青木グループでは、穎花生産について圃場試験によって得られた主要メタボライトのプロファイリング・データから穎花生産に重要な 3 つのプロセスを同定した。また、中川グループが整理した多数品種・多地点の栽培試験データをもとに、全グループで穎花生産に関わる作物モデルパラメータの GWAS を行い、遺伝子ベース穎花生産モデルを開発した。それと山崎グループの出穂期予測モデルをサブモデルとして組み込み、穎花数・収量が予測可能なハイブリッド作物生育モデルを開発した。それにより、出穂期、穎花生産関連遺伝子のハプロタイプの効果が任意の気象条件下でシミュレート可能になった。さらに、中川グループでは、ハイブリッド作物生育モデルと気象/気候シナリオデータを結合した品種設計シミュレーターを開発した。シミュレーターの最初の適用例として、作物モデルのパラメータのうち、環境適応性・生産性に強い影響を与える 7 パラメータの値を遺伝子ハプロタイプ情報から予測し、任意の地点・年代の気象条件における生育・収量を予測することで、未知の遺伝子型の環境変動に対する頑健性を評価した。その結果、発育特性と穎花生産性の組み合わせによって気候変動に対する応答反応に大きな差異が生じることが予測された。

## (2) 顕著な成果

<優れた基礎研究としての成果>

### 1. 知識注入型ニューラルネットワークを用いた発育予測モデル

概要: システムに関する知識を注入する層を設けたニューラルネットワークによる新たな水稻発育予測モデルを開発した。知識注入型ニューラルネットワークは、他の形質・プロセス・作物、あるいは作物以外の様々な現象の予測に適用可能な柔軟な構造をもつ。ニューラルネットワークの欠点である、予測プロセスの解釈の困難性、外挿性の低さ、必要な学習データ数の大きさ、等の問題点を、既存知識とニューラルネットワークの結合によって克服する新たな手法である。

### 2. ターゲット型メタボロームデータによる水稻穎花数決定機構の解明

概要: 圃場群落における単位面積あたりの水稻穎花数と特定の組織サンプル(茎部基部)における主要メタボライトのプロファイリング・データを用いた回帰分析から、穎花数決定に重要なプロセスが、スクロース分解系、クエン酸から始まる窒素同化への炭素骨格の供給、シキミ酸経路の3つであることを同定した。

### 3. 新たなイネの登熟特性の評価指標

概要: イネの登熟特性を評価するために、粒重分布データを用いて、登熟における資源配分のパターンを表す新しい指標 Alli(allocation index)を定義した。GWAS 集団から日本水稻 91 品種を選んで、9 つの環境下で栽培し、各品種の Alli の安定性をシンク・ソースバランス条件に基づき評価した。その結果、粒重分布と Alli が新しい登熟指標として利用できることを示した。今後、登熟性に関する新たな形質値として応用できる可能性がある。

<科学技術イノベーションに大きく寄与する成果>

### 1. 栽培ビッグデータを活用した遺伝子ベース作物生育予測モデルの構築

概要: 奨励品種決定試験 DB 等の作物栽培試験データと気象データのみから抽出した作物モデルパラメータを遺伝解析し、遺伝学的な情報と気象データに基づいて、任意の環境条件で、新たな組み合わせの遺伝子型の生育収量を予測可能な作物モデルを開発した。育種と栽培をクロスオーバーする技術で、ICT 企業等が展開している農業情報システムや、育種事業の効率化等への活用が期待できる。出穂期予測モデルの農業情報システムへの活用については、数社の ICT 企業、農機メーカーから関心を寄せられている。また、今後の気候変動影響予測・適応研究に貢献する成果である。

### 2. GRAS-Di (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) 技術

概要: 遺伝子型決定をする GRAS-Di (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) 技術は、安価で効率的な方法として確立された。本研究におけるイネの大規模実験集団に適用し、従来の SNP タイピングの結果と比較しても精度の高い結果が得られることが確認できた。次世代シーケンサーを使っているため、植物だけでなく他の生物への汎用性ならびに応用展開が期待できる。

### 3. コシヒカリを共通親とした Nested Association Mapping (NAM) 集団の育成

概要: コシヒカリを共通親とした計 31 組み合わせの組換え自殖系統群(RIL)もしくは戻し交雑自殖系統群(BIL)からなる Nested association mapping (NAM) 集団を育成した。NAM 集団 3567 系統の遺伝子型決定を行って、1 組み合わせあたりの系統群平均で 1673 箇所の DNA マーカーを整備し、圃場試験による形質データを蓄積した。遺伝解析、品種育成、データ駆動型遺伝子ベースモデルの開発など、様々な研究・技術開発の基盤材料となることが期待される。

<代表的な論文>

1. Satoshi Okada, Megumi Sasaki and Masanori Yamasaki, "A novel rice QTL *qOPW11* associated with panicle weight affects panicle and plant architecture.", *Rice* vol. 11, pp.53, 2018

概要: イネ収量試験の簡易指標として「一穂重」を提案した。収量構成要素のうち、一穂粒数、千粒重、登熟歩合を統合した指標と考えられる。この値を使った QTL 解析の結果、粒幅と粒重の QTL や新規 QTL (*qOPW11*) が検出された。各 QTL は染色体部分置換系統によりその存在が確かめられ、*qOPW11* は穂構造だけでなく草型にも関与していた。他の品種にも多様性があると推察された。

2. Erina Fushimi, Hiroe Yoshida, Shiori Yabe, Hiroki Ikawa, Hiroshi Nakagawa, "A quantitative staging system for describing rice panicle development and its application for a crop phenological model", *Agronomy Journal* vol.113: 5040-5053.

概要: 定量的で幼穂分化後日数との関係の線形性が高い、新たな幼穂の発育ステージの指標 FS (Floral Stage) を考案した。発育予測モデルの出力値 DVS (Developmental Stage) との関係が、気温や日長によらず一つの直線によって定式化できた。そのため、発育予測モデルの出力値から FS を通じて幼穂の詳細な発育ステージの推定が可能となり、栽培管理や生理研究の基礎に供することができる。

3. 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, "Integration of Genomics with Crop Modeling for Predicting Rice Days to Flowering: A Multi-Model Analysis", *Field Crops Research* vol.276, 108394.

概要: 7 つのイネ発育予測モデルを、イネ多様性パネルをアフリカ 3 地点で栽培して得られた出穂期に適用した。得られた各モデルのパラメータは DNA マーカーとの関連が検出され、遺伝子ベース発育予測モデルを構築することができた。モデルのパフォーマンスが多様であること、モデルアンサンブルによる精度の向上効果は限定的であること、学習過程で精度の高いモデルの予測精度が低いことなど、改善すべき点が示唆された。

## §2 研究実施体制

### (1) 研究チームの体制について

#### ①「中川」グループ

研究代表者：中川 博視（農研機構農業情報研究センター 研究管理役）

- ・遺伝子ベース出穂期予測モデル開発
- ・オミックスベース・遺伝子ベース穎花生産モデル開発
- ・ハイブリッド作物生育予測モデルの開発
- ・環境変動適応型品種設計法の開発

#### ②「中崎」グループ

主たる共同研究者：中崎 鉄也（京都大学農学研究科 教授）

- ・日長移行試験における生育相の推定とトランスクリプトーム解析
- ・遺伝子発現プロファイルに基づく花成のモデル化
- ・遺伝子ベース出穂期予測モデルの予測精度の検証

#### ③「青木」グループ

主たる共同研究者：青木 直大（東京大学大学院農学生命科学研究科 教授）

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

主たる共同研究者：山崎 将紀（新潟大学農学部 教授）

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

### (2) 国内外の研究者や産業界等との連携によるネットワーク形成の状況について

作物モデルについては、複数名の CREST メンバーが、国際作物モデル比較プロジェクトのイネチームに参加し、様々なモデル解析を実施してきた。

農業情報システムについて研究機関および企業と情報交換を進めており、モデルの Web-API による情報提供についてのネットワーク形成には至っていないが、個別に検討を進めた。