

令和 4 年 9 月 2 日現在

機関番号：32682

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19H02951

研究課題名(和文) 個体別環境センシングが可能にするトマト難解析形質の分子遺伝学的研究

研究課題名(英文) Analysis of tomato agronomic traits that are highly sensitive to environmental changes by using microclimate sensing

研究代表者

山本 英司 (Yamamoto, Eiji)

明治大学・農学部・特任講師

研究者番号：40738746

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,900,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では「個体ごとの生育環境を記録するセンシングシステム」を用いて、栽培温室内のトマト株の間での生育環境の違いを計測し、これらが果実生理障害の発生に与える影響について統計モデリングを用いた解析を行なった。その結果、同一栽培温室内であっても生育環境のわずかな違いが最終的な形質値に影響を与えることを確認できた。また時系解析により、裂果については収穫直前、着果率については開花直後など、環境が形質値に大きな影響を与える生育ステージの検出も可能となった。また、生育ステージ別のトランスクリプトームデータを取得し、発現遺伝子の絞り込みによる統計モデリングの精度向上も行なった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

気候変動などの環境変化や人口増加による食料不足など、日本を含む世界が抱える食料問題の解決には、植物そのもののパフォーマンスを上げる(育種)が重要である。本研究は、農作物の生育と環境との相互作用を詳細に解析することで、農作物の各個体の遺伝的ポテンシャルのより正確な評価が可能となり、ひいては農作物育種の効率化・高速化に貢献する。

研究成果の概要(英文)：In this study, we used a sensing system that records the growth environment of each individual to measure differences in the growth environment among tomato plants in a greenhouse, and analyzed the effects of these differences on physiological disorders of fruit using statistical modeling approaches. The results showed that even in the same greenhouse, small differences in growth environment affected the final phenotypes. Moreover, growth stages in which the environment has a significant effect on phenotypes were detected using a time-series analysis. For example, just before harvest and just after flowering were important for fruit cracking and fruit set rate, respectively. In addition, we performed transcriptome analysis, which enabled improvement of prediction accuracy of statistical modeling by narrowing down explanatory variable based on gene expression information.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：トマト 環境センシング モデリング ゲノムワイド関連解析

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

トマトにおいて尻腐れ果や裂果など果実生理障害の発生は、可販収量や品質を低下させることで農業生産に深刻な被害をもたらす。果実生理障害は日射量や気温、土壤水分など様々な環境条件が複雑に關与して発生するとされているが、栽培試験ごとに発生時期・程度が異なるなど形質発現が不安定であり、このような研究の難しさから生産現場における主たる要因は未だ明確になっていない。そのため病害や虫害と比べると有効な対策がとられていないのが現状である。一般に、障害が発生しにくい(あるいはしやすい)品種があることは知られているが、その発生程度も再現性が低く、ごく一部の例を除いて遺伝学的な知見は明らかになっていない。通常、トマトハウス内における日射量や気温などの環境測定は1~少数の代表地点のみで行われる。一方申請者らは、個体ごとに日射量、気温、湿度、土壤水分含量などの生育環境データを経時的に記録する環境センシングシステム(図1)を導入し、予備試験として、トマト全栽培期間にわたる環境データの取得を行なった。その結果、同一ハウス内・同一栽培条件設定であっても、結果としての生育環境は個体ごとに大きく異なること、さらにはこのような環境の違いが各個体の果実生理障害の発生程度に影響することが明らかとなった。



図1. 個体ごとの生育環境データを測定・記録する環境センサーユニット。1個体に対して様々な環境データを取得する。

2. 研究の目的

本研究では、個体ごとの生育環境を経時的に記録する環境センシングシステムを用いて、生育環境データから果実生理障害発生リスクを予測するモデルを構築する。構築した発生リスク予測モデルを用いて各個体の障害発生程度の観察値を補正することにより、これまで研究を困難にしていた形質発現の不安定性問題の解決を試みる。さらには果実をサンプリングしてトランスクリプトーム解析を行い、mRNA発現量の違いから果実生理障害発生の原因に迫る。

3. 研究の方法

● 研究材料

国内で育成された大玉トマトF₁品種100点を用いた。これらの品種については、既に全ゲノム配列情報の取得が完了している。

● 栽培条件および生育環境測定

各個体は第2果房より上位2葉を残して摘心し、果房ごとに収穫果実中の障害が発生した果実の割合を観察値とした。環境データは、日射量(株元および株上)、気温、湿度、土壤温度(地表面および地中5cm)、土壤水分(地表面、-5cm、-10cm)を全生育期間にわたって10分おきに記録した(図2)。

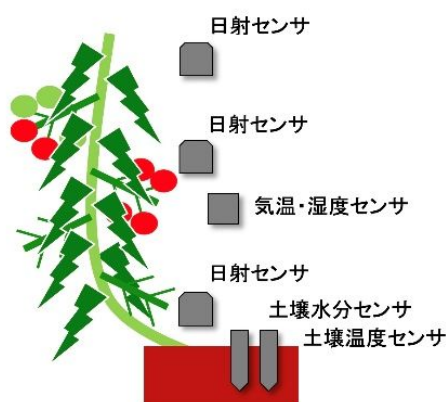


図2. 環境センサーと植物体の位置関係

● 統計モデリング

発生リスク予測モデルは生理障害発生率(の経験ロジット変換値)を目的変数、生育環境データを説明変数として構築した。モデルの構築には、機械学習の一種であるXGBoostを主に用いた。またモデルの有効性については、同一栽培試験内のデータを用いた交差検証により確認した。

● トランスクリプトーム解析

RNA-seq実験には、ゲノムワイドなSNP情報に基づいて選ばれた3品種を供試し、発達段階として着果期および肥大期の2条件、器官には果実と葉の2条件を用意した。また概日リズムの影響も考慮して、昼と夜にそれぞれサンプリングを行った。取得されたデータは、BWA-MEMを用いてトマト参照ゲノム配列データ(SL3.0)にマッピングし、featureCountsを用いて参照情報(ITAG3.2)として登録されている35,768遺伝子に対して貼り付いたリードカウントを算出した。取得された各遺伝子のリードカウントデータはedgeRのglmQLfitを用いて解析し、実験条件間での発現量の変化について統計検定を行った。

4. 研究成果

(1) 統計モデリング

統計モデリングには様々な方法を試したが、最終的には XGBoost による勾配ブースティング決定木をベースとしたアルゴリズムを採用した (図 3)。解析の対象とした形質は、果実生理障害である裂果に加え、重要農業形質である果実糖度と着果率である。その結果、上述の 3 形質において、同一栽培温室内であっても生育環境のわずかな違いが最終的な形質値に影響を与えることを確認できた。また、時系列に沿って解析を行うと、裂果については収穫直前、果実糖度については果実肥大期全般、着果率については開花直後の環境条件が最終的な形質値に影響を与えており、これまでの研究から提唱されている説と良い一致を示した (図 4)。なお、本課題で重要視している果実生理障害の 1 つである尻腐れ果については、信頼のおける解析結果が得られなかったため、統計モデリングの更なる改良が必要とされた。

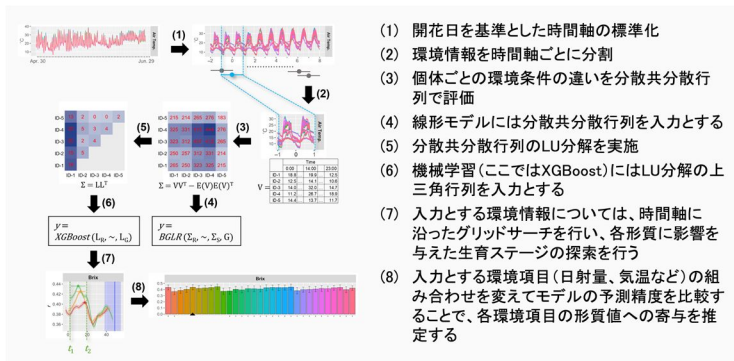


図 3. 最終的に用いた統計モデルの概要

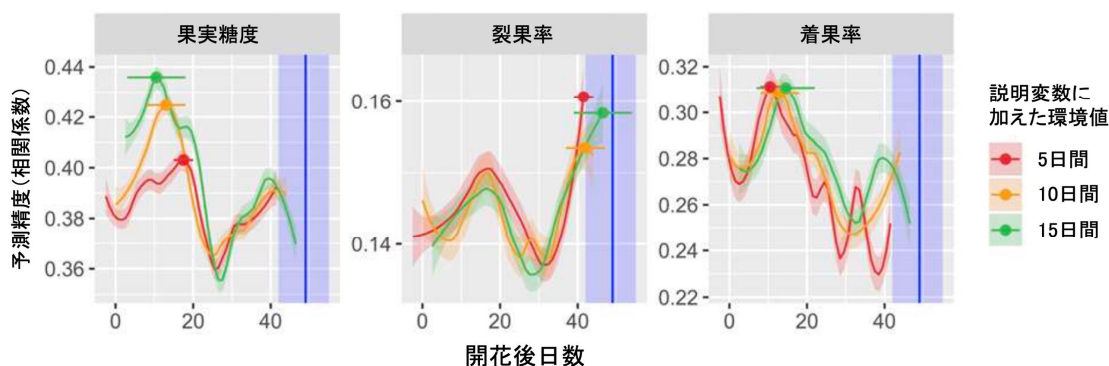


図 4. 個体別環境際がトマト表現型に与える影響の検出。X 軸は開花後日数。Y 軸は 2 分割交差検証における統計モデルの予測精度。裂果率は収穫直前(開花後日数が 40 以降)の環境値が予測精度向上に寄与しているのに対し、着果率では、開花直後の環境値が予測精度向上に寄与している。

(2) トランスクリプトーム解析

トマト参照ゲノム配列データに登録されている 35,768 遺伝子 (ITAG3.2) のうち、本実験で遺伝子発現が確認されたものは 30,047 遺伝子であった。いずれの発達段階および器官においても、品種間で発現量の異なる遺伝子は検出できなかった。トマトの果実肥大は夜間に観察される。そこで、昼・夜で遺伝子発現を比較した結果、着果期の果実において発現量が変化する遺伝子は 1 つであったが、肥大期では 1125 に増加した。葉においては、着果期に発現量が変化する遺伝子は 1129 である一方、肥大期では 4791 であった。これらの結果は、果実の肥大期には着果期と比べて、果実と葉の両方で、よりダイナミックな生理的变化が起きていることを示唆している。今後は、環境変動とトランスクリプトームとの関連解析を進めるとともに、トランスクリプトームデータを用いた表現型予測統計モデリングの精度向上を目指す。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Yamamoto Eiji, Matsunaga Hiroshi	4. 巻 jkab119
2. 論文標題 Exploring Efficient Linear Mixed Models to Detect Quantitative Trait Locus-by-Environment Interactions	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 G3 Genes Genomes Genetics	6. 最初と最後の頁 1 51
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/g3journal/jkab119	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計3件（うち招待講演 1件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 山本英司
2. 発表標題 育種集団を解析すること -ビッグデータとは無縁の世界の遺伝学-
3. 学会等名 第4回植物インフォマティクス研究会（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山本英司、松永啓、大山暁男、布目司、白澤健太、平川英樹、磯部祥子
2. 発表標題 全ゲノム配列解析が明らかにする国内大玉トマト現代育種の軌跡
3. 学会等名 日本育種学会 令和3年度秋季大会(第140回講演会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山本英司、七夕高也、白澤健太、磯部祥子
2. 発表標題 個体別環境センシングによるハウス内環境差異がトマト表現型に与える影響の検出
3. 学会等名 園芸学会令和3年度秋季大会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------