

令和元年6月12日現在

機関番号：82401

研究種目：基盤研究(B) (特設分野研究)

研究期間：2015～2018

課題番号：15KT0038

研究課題名(和文) 農地環境のメタ戦略:土壌・気象・作物の組み合わせ最適解による農地循環力の強化

研究課題名(英文) Meta heuristics in field environment: improvement of agronomic sustainability and productivity through optimization of soil, weather, and crops

研究代表者

持田 恵一 (Mochida, Keiichi)

国立研究開発法人理化学研究所・環境資源科学研究センター・チームリーダー

研究者番号：90387960

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,700,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、周年の農地環境情報を集積・統合することに取り組み、農業形質の生産性を予測するモデルを構築し、農地の生産力と持続力を最大化する農業データ科学の基礎を確立する。オオムギの葉のトランスクリプトームや植物ホルモンの変動を調査し、野生オオムギ系統と在来品種についてライフコースにおける生理状態の変動の多様性を明らかにした。また、オオムギ集団の多型を網羅的に調査した。さらに、栽培記録からの出穂形質データと気象データを用いて、出穂日を予測する統計モデルあるいは機械学習モデルを作成した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

地球規模の気候変動と人口の増加により食料供給は多様なリスクに直面している。農地の持続性と作物の生産性の両立が課題である。農地の生産性や持続性は、農地環境と作物の遺伝要因との相互作用によって決まる。本研究では、野外環境で栽培されているオオムギを材料として、栽培の初期から収穫期までの、遺伝子発現や植物ホルモンの状態を成長に沿って調査し、その動態と系統間の違いを明らかにした。また、オオムギの出穂時期を、遺伝子型や遺伝子発現等から推定する方法論の開発を行った。これらの成果は、そよらいの気候変動に対して予見性をもった作物の育種等の基盤となる技術を提供するものと期待できる。

研究成果の概要(英文)：In this study, we aimed to integrate various physiological data from crops grown under field conditions by transcriptome and hormone analysis throughout their life-course, and to develop a basis for agri-data science to maximize crop productivity and sustainability through computational modeling. For this purpose, we investigated time series transcriptome and hormone datasets from a wild barley and a landrace accession, and revealed physiological changes along with their growth. We also analyzed genome-scale polymorphisms of diverse barley accessions. Moreover, using a legacy dataset of heading date of barely accessions and weather datasets, we developed statistical and/or machine learning-based models that estimate barely heading date.

研究分野：ゲノム情報科学

キーワード：オオムギ ゲノム 機械学習 ライフコース トランスクリプトーム 植物ホルモン

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

地球規模の気候変動と人口の増加により食料供給は多様なリスクに直面しており、農地の生産性(作物収量)と持続性(少資源)の両立が課題となっている。農地の生産性と持続性は、土壌と気象、そしてそこで栽培される作物の組み合わせによって決まる。土壌は作物の生長に必要な元素と水を提供する。栽培期間を通じての気象変動は発芽や開花といった生長の引き金であるとともに、時として作物にとってストレスとなる。同じ作物種であっても品種によって遺伝的背景は多様であり、環境変化に対する応答性や耐性の違い、水や栄養資源の利用効率の違いなどの個性がある。これら、土壌・気象・作物という離散した農業生産に関わる条件(農地環境)の組み合わせを予測することが出来れば、その農地の生産性と持続性を最大化するための研究に予見性をもったアプローチが可能になると期待できる。

### 2. 研究の目的

本研究では、周年の農地環境情報を集積・統合(農地情報のデジタル化)することに取り組み、農業形質の生産性を予測するモデルを構築し、農地の生産力と持続力を最大化する農業データ科学の基礎を確立する。農地環境情報の集積と統合を行いながら作物の成長に連関する離散したパラメーターの関連性の理解に基づく作物形質のシミュレーション技術の開発を目指して、オオムギの出穂形質を事例として、遺伝子発現データや気象データを統合した作物の表現型予測モデルの構築やそのモデルを用いた解析により表現型の決定に関わるより重要なパラメーターを推定する手法を開発する。

### 3. 研究の方法

圃場で生育するオオムギの時系列トランスクリプトーム解析

岡山大学資源植物科学研究所の実験圃場(倉敷市)で、オオムギ野生種の H602 系統と在来種の J064 系統を栽培し、1 週間毎に葉をサンプリングし、RNA-seq 法によるトランスクリプトーム解析を行った。サンプリングは、2 シーズン行い、Illumina HiSeq シーケンサーを用いて RNA-seq リードを得た。発現プロファイルは、Molex 系統のリファレンスゲノムとそのアノテーションに基づいて算出した。圃場栽培期間に有意に変動する遺伝子等を抽出し、系統間差と年次間差を成長時系列に沿って調査した。

圃場で生育するオオムギのホルモン解析

トランスクリプトームと同様のオオムギ葉サンプルについて、LC/MS/MS を用いて植物ホルモン内生量の一斉計測を行った。圃場サンプルではサンプル重量を測定することが難しいため、ホルモン解析後の残渣重要を精密に測定し、補正する方法を考案し測定した。10 種類の植物ホルモンのうち、インドール酢酸、トランスゼアチン、イソペンテニルアデニン、アブシシン酸、ジャスモン酸、ジャスモン酸イソロイシン、サリチル酸では、すべてのサンプルにおいて有意な蓄積量が認められた。

オオムギ系統のゲノムワイドな多型データの収集

オオムギ集団のゲノム多型を網羅的に収集するために RNA-seq 法をもちいた多型解析を行い、アジア型栽培オオムギを含む 20 系統のゲノムワイドな塩基多型情報を収集した。この RNA-seq は Ion Proton シーケンサーを用いて行い、Molex 系統のリファレンスゲノムとそのアノテーションに基づいて SNP コールを行った。

オオムギ出穂日のモデリング

オオムギのゲノム多型情報からその系統の開花日を予測する機械学習モデルをニューラルネットワークにより作製した。ニューラルネットワークの学習は、ニューラルサイトソフトウェアと Chiner を用いた。

### 4. 研究成果

岡山大学資源植物科学研究所の実験圃場で育成したオオムギの葉のトランスクリプトームおよび植物ホルモンの変動を、生長ステージの進行に沿って毎週葉をサンプリングし、調査した。野生オオムギ系統と在来品種についてトランスクリプトームの変動と同時に植物ホルモンの変動を明らかにし、その系統間差と年次間差を比較した。4 ヶ月にわたる生長を Zadoks スケールにそってこれら 2 系統間で比較したところ、分けつ期の終りから節間伸長が開始する生育遷移は共通するものの、幼植物期の葉令、分けつ数、節間伸長時期が在来品種(J064)で先行していた。葉身で検出される 7 種類の植物ホルモンは生長段階に応じて多様な変動パターンを示したが、何れの系統でも節間伸長の開始期を境に大きく変動した。葉身の植物ホルモン量は、生育段階に応じた蓄積パターンを示したことから、野外生育オオムギの生長を規定するバイオマーカー様分子として利用できることが示唆された。このような圃場環境における作物の成長履歴に沿った生理応答と農業形質の関係を理解するための基礎的データになると考えられる(Mochida et al. 2015)。

これまでに収集したオオムギ系統の時系列トランスクリプトームについて、系統間あるいは年次間での遺伝子発現の変動を比較し、出穂の 4 週間から 2 週間前にかけて、栄養成長期から

生殖成長期への転換に伴う遷移過程の存在がトランスクリプトームレベルで示唆された。この遷移過程での遺伝子発現の状態は他の期間に比べて系統間差が小さくなるものの、系統間で差異があり、この期間の後に迎える両系統間の出穂期の違いに関わっているかもしれないことが示唆された。また、オオムギのライフコースで顕著な発現変動を示す 5479 遺伝子を選出し、この遷移過程での発現様式と系統間差を明らかにした。

ゲノム多様性情報の収集については、オオムギ集団を代表する 20 系統の RNA-seq データを用いて、発現遺伝子の多型をゲノムワイドに調査した。このゲノムワイドな多形解析では、東洋型オオムギと西洋型オオムギを特徴づける DNA 多型を遺伝子領域から網羅的に収集することができた(Takahagi et al. 2016)。

これまでに収集した岡山大学資源植物科学研究所の実験圃場で育成したオオムギの葉のトランスクリプトームデータから、開花日の違いに関連すると考えられる遺伝子とその発現パターンを収集した。これらのデータと、岡山大学が保有する過去の栽培記録からの出穂形質データと気象データを用いたモデルと、圃場のトランスクリプトームデータに基づく系統間差等を説明変数としたニューラルネットワークに基づく機械学習モデルを作成した。モデルを用いて、日照や気温といった環境の入力ニューロンを変数増減法により選択した。さらに、モデル植物における環境ストレス耐性や栄養環境への生理応答の知見や、野外環境で生育するオオムギの環境応答に関わる生理応答の関係性を、同祖遺伝子の発現プロファイルをもとに検討し、モデルの入力ニューロンを生物学的な知見をもとに選択した。これらの説明変数の選択により、ライフコースの中で出穂日の早晩に提供する環境要因を推定した。本研究は、農地環境情報の集積と統合を行いながらこれらの離散したパラメーターの関連性の理解に基づく作物形質のシミュレーション技術の開発を目指しており、オオムギの出穂形質を事例として、遺伝子発現データや気象データを統合した作物の表現型予測モデルの構築やそのモデルを用いた解析により表現型の決定に関わるより重要なパラメーターを推定する手法を提案した。

さらに、本研究で進めた圃場作物データの統合解析の成果に基づいて、ゲノムと農業形質の表現型との関連付けをさらに進めるためのフェノーム研究について、フェノーム研究の要素技術である Computer vision、機械学習、統計学の専門家らと調査を行い、総説を発表した(Mochida et al. 2019)。

## 5 . 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 8 件)

1. Mochida K, Saisho D, Hirayama T. Crop improvement using life cycle datasets acquired under field conditions. *Front Plant Sci.* 2015 Sep 22;6:740. doi: 10.3389/fpls.2015.00740. eCollection 2015. 雑誌論文 査読有り
2. Takahagi K, Uehara-Yamaguchi Y, Yoshida T, Sakurai T, Shinozaki K, Mochida K, Saisho D. Analysis of single nucleotide polymorphisms based on RNA sequencing data of diverse bio-geographical accessions in barley. *Sci Rep.* 2016 Sep 12;6:33199. doi: 10.1038/srep33199. 雑誌論文 査読有り
3. Mochida K, Koda S, Inoue K, Hirayama T, Tanaka S, Nishii R, Melgani F. Computer vision-based phenotyping for improvement of plant productivity: a machine learning perspective. *Gigascience.* 2019 Jan 1;8(1). doi: 10.1093/gigascience/giy153. 雑誌論文 査読有り

〔学会発表〕(計 15 件)

1. Hidetoshi Matsui and Keiichi Mochida, Functional regression modeling for agricultural data, 11th International Conference of the ERCIM WG on Computational and Methodological Statistics, 2018, Pisa (国際学会)
2. Kotaro Takahagi, Yasuhiro Matsushita, Komaki Inoue, Yukiko Uehara-Yamaguchi, Daisuke Saisho, Satoru Koda, Ryuei Nishii, Takashi Hirayama, Keiichi Mochida, Barley developmental transition and its diversity revealed by field transcriptomics., 日本植物生理学会年会 2018 年 札幌市
3. 最相大輔, 松浦恭和, 池田陽子, 森泉, 持田恵一, 平山隆志, 圃場環境下における野生オオムギと栽培オオムギの生長段階と植物ホルモンの動態の季節変動 日本育種学会 2017 年, 名古屋市
4. Keiichi Mochida, Advances in omics and bioinformatics for gene discovery in plants. *Plant Genes and "Omics": Technology Development.* 2016 (Invited speaker), Vienna (国際学会)

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕  
出願状況（計 0 件）

名称：  
発明者：  
権利者：  
種類：  
番号：  
出願年：  
国内外の別：

取得状況（計 0 件）

名称：  
発明者：  
権利者：  
種類：  
番号：  
取得年：  
国内外の別：

〔その他〕  
ホームページ等

## 6. 研究組織

### (1) 研究分担者

研究分担者氏名：平山隆志  
ローマ字氏名：Hirayama Takashi  
所属研究機関名：国立大学法人岡山大学  
部局名：資源植物科学研究所  
職名：教授  
研究者番号（8桁）：10228819

研究分担者氏名：最相大輔  
ローマ字氏名：Saisho Daisuke  
所属研究機関名：国立大学法人岡山大学  
部局名：資源植物科学研究所  
職名：准教授  
研究者番号（8桁）：90325126

### (2) 研究協力者

研究協力者氏名：高萩航太郎  
ローマ字氏名：Takahagi Kotaro  
研究協力者氏名：櫻井哲也  
ローマ字氏名：Sakurai Tetsuya  
研究協力者氏名：松浦 恭和  
ローマ字氏名：Matsuura Takakazu

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。