

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 8 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(A) (一般)

研究期間：2013～2015

課題番号：25252002

研究課題名(和文) 環境適応型品種をデザインするための統合的モデル化手法の開発

研究課題名(英文) Development of an integrated modeling method for developing environmentally adaptable varieties

研究代表者

岩田 洋佳 (Iwata, Hiroyoshi)

東京大学・農学生命科学研究科・准教授

研究者番号：00355489

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 22,900,000円

研究成果の概要(和文)：イネの環境応答の主要因である出穂の早晚、および、その影響を受けて変化する収量構成要素を対象形質として、その環境応答のパターンについて遺伝と環境の両面からのモデル化にとりくんだ。出穂の早晚については、作物モデルとゲノミックセレクションのモデルを組合せ、出穂関連遺伝子のもつDNA多型の遺伝子型、および、栽培をしている環境における温度と日長を入力として、未試験の品種・系統の出穂日を予測するモデルの構築に成功した。また、組換え近交系を利用した実験では、生長過程における形態形質の変化を計測し、それら形質と環境条件の関係をモデルに含めることにより、バイオマスを予測するモデルを開発した。

研究成果の概要(英文)：The earliness (or lateness) of heading is a major factor responsible for environmental response in rice. In this study, we worked on the modeling of the pattern of environmental response in heading date and yield related traits, which are influenced by the heading date. For the earliness (or lateness) of heading, we successfully developed the model predicting the heading date of untested varieties/lines based on the genotypes of DNA polymorphisms in heading date related genes and the temperature and day length of cultivation environments, by combining a crop model and a genomic prediction model. For the experiment using recombinant inbred lines, we developed a model predicting biomass by modeling the relationship between environmental conditions and the phenotypes of morphological traits that were measured in various growth stages.

研究分野：生物測定学

キーワード：イネ 出穂 収量構成要素 ゲノミックセレクション 作物生育モデル 環境応答 予測モデル 組換え近交系

1. 研究開始当初の背景

(1) ゲノミックセレクションの問題点

食料問題や環境変動に対応するためには、環境適応型品種の効果的・効率的な開発が必要である。ゲノミックセレクションは、効率的育種法として注目されているが、ゲノミックセレクションで通常用いられるゲノムと表現型の関連をモデル化する方法では、気候変動に適応できる品種を開発するのは難しい。将来の気候変動にも適応できる新品種を開発するためには、未試験環境における未試験の遺伝子型(品種・系統)の能力を予測できるモデルをゲノミックセレクションに用いる必要がある。

(2) 作物生育モデルの問題点

作物の発育や形態形成の仕組みを踏まえたモデルは、これまで主に作物分野で発展してきた。例えば、作物生育モデルは環境にตอบสนองして発育する作物の姿を記述できる。しかし、作物生育モデルでは、遺伝要因の効果が含まれておらず、未試験の遺伝子型がどのように環境にตอบสนองするかを予測できない。例えば、出穂のタイミングは、他の形質への影響も大きく、イネの重要形質の一つだが、日長や温度などの環境が変化すると表現型が変化する。また、その環境応答のパターンは、品種・系統によって異なる。

(3) 環境応答のモデル化の必要性

遺伝要因の効果が含まれていなかった作物生育モデルと、環境要因の効果が含まれていなかったゲノミックセレクションのモデルを融合することにより、作物の環境応答のパターンをモデル化できると考えられる。しかし、そのような視点にもとづく手法研究はほとんど行われてこなかった。

2. 研究の目的

(1) 作物の環境応答パターンのモデル化

イネの環境応答の主要因である出穂のタイミング、および、その影響を受けて変化する収量構成要素を対象形質として、その環境応答のパターンを遺伝と環境の両面からモデル化する。同モデル化により、環境条件と遺伝子情報に基づいて、表現型を予測することを可能とする。

(2) 表現型の予測とその精度評価

(1) で得られた予測モデルを用いて、未試験(あるいは仮想的な)環境における未試験(あるいは仮想的な)遺伝子型の表現型を予測する手法を構築する。同手法を実際にデータが得られている遺伝子型と環境の組合せに適用し、交差検証によりモデルの予測精度を評価する。

(3) イネ組換え近交系を用いた実証研究

日本のイネ品種の中から代表的な系統を選び出し、作期移動試験を行ってその環境応答性を評価する。また、系統間の交配から得られた組換え近交系を用いて作期移動試験を行い、環境応答パターンをモデル化する。得られたモデルの精度について、実証的に検証する。

3. 研究の方法

(1) 多品種・多環境データの収集とモデル化

平成 24, 25, 26 年度に 112 品種の多環境試験を行い、7 試験地における出穂データの収集を行った。収集されたデータの一部は、以下のモデル化に用いられた。

出穂を予測するための作物生育モデルについて、群知能アルゴリズムを用いることによりパラメータ推定プロセスを高速化し、非線形モデルにおいても高速に、かつ、安定してパラメータ推定を行うための手法開発を行った。また、同アルゴリズムを用いて、112 品種について作物生育モデルのパラメータ推定を行い、推定パラメータと出穂関連遺伝子の遺伝子型間の関連をモデル化した。データの一部を未知のデータとして予測精度を評価する交差検証法を適用して、構築されたモデルの精度評価を行った。

さらに交配シミュレーションをもとに、交配後代集団の出穂の分離パターンを予測するシステムを構築し、実際の F_2 集団のデータを用いて出穂日の分離パターンの予測精度の検証を行った。

(2) 代表品種の表現型・ゲノム多型の解析

上記 112 品種の中から代表的な 9 品種を選び出し、それらについて平成 24 年に作期移動試験(5, 7 月植え)を実施した。同試験では、環境応答に関連する様々な形態形質について生長過程における変化の計測を行い、得られたデータから品種の環境応答性を簡易に表すパラメータを明らかにした。また、主要なパラメータを簡易に計測するための測定項目の選定を行った。また、これら 9 品種のうちゲノム配列が明らかになっていない 6 品種について、次世代シーケンサーを用いたリシーケンシングを行い、品種間の DNA 多型を明らかにした。

(3) 組換え近交系の栽培試験と QTL 解析

(2) の 9 品種の中から草型が大きく異なる 2 品種(金南風、コシヒカリ)を選択し、両品種の収量性と環境応答パターンの違いを遺伝的に解明することを目的として、金南風×コシヒカリ RIL 132 系統および両親系統の栽培試験を行った。栽培試験は、つくば市にある農業環境技術研究所の圃場において、平成 25 年に 5 月および 7 月植えの 2 作期、平成 26 年に 6 月植えの 1 作期に行った。草丈、葉齢、群落上からの画像は毎週計測し、分けつ数は生育期間中に 3 度計測した。また、葉身

長、幼穂形成期、出穂期、収穫期新鮮重についても計測を行った。また、これら、RILsについてDNAアレイを用いて364 SNPsの遺伝子型を決定し、それをもとに連鎖地図を作成した。また、得られたデータをもとにQTL解析を行った。

(4) 収量関連要素の環境応答のモデル化

(1)のモデルを用いて予測される出穂日、および、生長に伴う葉面積増加などの形質情報、気温や日射量などの環境情報を構造的に組み合わせてモデル化する新たな手法を、作物モデルや機械学習法等を応用して開発した。また、従来のゲノミックセレクションによるモデル化も同時に行い、新たに開発したモデル化手法との精度比較を行った。

4. 研究成果

(1) 多品種・多環境データの収集とモデル化

日本イネ在来種・改良品種112遺伝子型の多環境試験データをもとに、ゲノムワイドマーカーを用いて出穂期のゲノムワイドアソシエーション解析を行った。その結果、既知の出穂関連遺伝子が明瞭に検出され、同品種群が環境応答を研究対象とする材料として妥当であることが強く示唆された。また、同品種群について2004~2012年に収集された延べ27環境での出穂データをもとに、マーカー遺伝子型から与えられた温度・日長条件における出穂日を予測するモデルを構築した。その結果、出穂関連遺伝子マーカーやゲノムワイドマーカーを用いておよそ1週間の誤差で出穂を予測できることが分かった。なお、ゲノムワイドマーカーを用いた場合より、出穂関連遺伝子を用いたほうが高い予測精度が得られた。

また、上述したモデルと出穂遺伝子の後代分離をシミュレーションするシステムを組み合わせて、交配後代の出穂日の分離パターンを予測する方法を開発した。同手法を実際のF₂集団のデータに適用し、各集団における出穂日の分離の幅の予測精度を評価した結果、誤差は5日程度であった。なお、全体に予測日を早く予測する傾向があったが、出穂日の幅に関してはその影響を受けず高い精度で予測できた。

(2) 代表品種の表現型・ゲノム多型の解析

代表9品種について平成24年に2期の作期移動試験を行い、これら9品種の形態特徴について詳細なデータを収集することができた。特に、草丈、葉齢、分けつ、葉身長については、生長にともなう形態変化を追跡調査し、それらを群落受光率、幼穂形成期、出穂期、葉面積、乾物重、SPAD値、収量と組み合わせて解析することで、形質間の関係を明らかにした。また、同解析から、環境応答をモデル化するために必ず計測しなければならない形質を絞り込んだ。これら情報は、平成

25、26年度の調査に活用され、絞り込んだ形質を計測することにより、多数の系統について作期移動試験を行なうことを可能とした。

また、これら9品種のうち6品種についてリシークエンスを行った結果、56万SNPが検出された。品種間でSNPが検出される領域の比較を行った結果、各品種におけるSNPの分布は様でなく、強い偏りがあることが分かった。

(3) 組換え近交系の栽培試験とQTL解析

金南風×コシヒカリのRILsの栽培試験を行った結果、いずれの形質においても有意な遺伝変異が観察された。特に、乾物重や穂重では、超越分離するRILsが多数見られた。また、これら、RILsについてDNAアレイを用いて364 SNPsの遺伝子型を決定して連鎖地図を作成し、作期移動試験で計測した形質についてQTL解析を行った。その結果、様々な形質で、LOD値のピークがみられた。(2)の実験でも明らかになっていた積算温度あたりの出葉速度の変化が観察されたが(前半が大きく、後半は小さい)、いずれの時期の速度にも同じQTLが関与していた。また、各観察日の葉齢のQTLを行ったところ、成長の段階によって検出されるQTLが異なった。同様に、草丈のQTLについても、成長段階による変化があり、成長初期に検出されるQTLが途中で検出されなくなることが分かった。

(4) 収量関連要素の環境応答のモデル化

(3)のRILsのデータをもとに、バイオマスと収量を予測するモデルの構築を試みた。ゲノム情報から直接、目的形質の表現型を予測するゲノム予測モデルと、作物モデルとゲノム予測モデルを組み合わせた新たなモデルの両方について、精度検証を行った。なお、作物モデルは、(1)のモデルを用いた出穂日の予測、葉面積などの収量関連形質の表現型情報、気温や日射量といった環境情報を、構造的に組み合わせてバイオマス・収量を予測するモデルを構築した。新モデルの予測精度はバイオマスでは従来型のモデルに比べて高かった。しかし、収量に関しては、ゲノム予測モデルに比べて精度が低下し、モデルの更なる改良が必要であることが示唆された。なお、作物モデルを機械学習で構築したモデルで代替することを試みた結果、ゲノム予測モデルと同等の精度のモデルが得られることが分かった。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 12 件)

- ① Yabe S, Yamasaki M, Ebana K, Hayashi T, Iwata H (2016) Island-model genomic selection for long-term genetic improvement of autogamous crops. *PLoS ONE* 11(4): e0153945, doi: 10.1371/journal.pone.0153945 (査読)

- 有)
- ② Iwata H, Minamikawa MF, Kajiya-Kanegae H, Ishimori M, Hayashi T (2016) Genomics-assisted breeding in fruit trees. *Breeding Science* 66: 100-115, doi: 10.1270/jsbbs.66.100 (査読有)
- ③ Onogi A, Watanabe M, Mochizuki T, Hayashi T, Nakagawa H, Hasegawa T, Iwata H (2016) Toward integration of genomic selection with crop modelling: the development of an integrated approach to predicting rice heading dates. *Theoretical and Applied Genetics* 129: 805-817, doi: 10.1007/s00122-016-2667-5 (査読有)
- ④ Iwata H, Ebana K, Uga Y, Hayashi T (2015) Genomic prediction of biological shape: elliptic Fourier analysis and kernel partial least squares (PLS) regression applied to grain shape prediction in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS ONE* 10(3): e0120610, doi: 10.1371/journal.pone.0120610 (査読有)
- ⑤ Onogi A, Ideta O, Inoshita K, Ebana K, Yoshioka T, Yamasaki M, Iwata H (2015) Exploring the areas of applicability of whole-genome prediction models for Asian rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 128: 41-53, doi: 10.1007/s00122-014-2411-y (査読有)
- ⑥ Blondel M, Onogi A, Iwata H, Ueda N (2015) A ranking approach to genomic selection. *PLoS ONE* 10(6): e0128570, doi: 10.1371/journal.pone.0128570 (査読有)
- ⑦ Isik F, Kumar S, Martinez-Garcia PJ, Iwata H, Yamamoto T (2015) Acceleration of forest and fruit tree domestication by genomic selection. *Advances in Botanical Research* 74: 93-124, doi:10.1016/bs.abr.2015.05.002
- ⑧ 長谷川利拡 (2016) 作物の環境応答における生理生態・遺伝・微気象モデルの融合的アプローチ. *学術の動向*, 公益財団法人 日本学術協力財団 21(2): 77-81.
- ⑨ 岩田洋佳, 平藤雅之, 永野惇, 澤田有司, Scott Chapman (2015) 作物環境応答の網羅的解析とモデリング～その育種への活用～. *育種学研究* 17: 57-63, doi:10.1270/jsbbr.17.57
- ⑩ 岩田洋佳 (2015) 作物の遺伝的改良を高速化するための機械学習とシミュレーション. *シミュレーション* 34(4): 38-45.
- ⑪ 岡田聡史, Arturo Garcia, 合田喬, 前田道弘, 片岡知守, 末廣美紀, 山崎将紀 (2014) 表現形質評価管理システム「FieldBook」によるイネ出穂期計測の効率化. *育種学研究* 16: 32-36, doi: 10.1270/jsbbr.16.32 (査読有)
- ⑫ 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳 (2014) 植物育種のためのオミックス・データ解析入門. *育種学研究* 16: 93-99, doi: 10.1270/jsbbr.16.93
- [学会発表] (計 40 件)
- ① Iwata H (2016.3.8) Implementation, simulation and validation of genomic selection: Our struggle for accelerating plant breeding. Seminar of Department of Plant Breeding and Genetics in Cornell University, Cornell University, Ithaca, USA
- ② Iwata H (2016.2.10) Phenotyping is a serious bottleneck of genomics-assisted breeding. Workshop Field Phenomics with Big Data, The Univ. of Tokyo
- ③ Iwata H (2016.2.17) Genomic selection in sorghum. International Workshop on Genetic Improvement of Cereals For Sustainable Production in Arid Lands, ARC, Wad Medani, Sudan (招待講演)
- ④ Iwata H (2015.11.24-27) Whole genome prediction and simulations for accelerating rice breeding. Genomic Selection in Rice Workshop, Agropolis, Montpellier, France (招待講演)
- ⑤ Iwata H (2015.6.19-21) Genetic improvement of plant shape in the genomic era: What can we do with a high-throughput genotyping system and morphometrics. Fourth International Symposium on Biological Shape Analysis. UCLA Dental School, Los Angeles, USA
- ⑥ Iwata H (2014.11.26) Accelerate plant breeding using genomic selection and related technologies. Special Seminar in Taiwan University, Taipei, Republic of China (招待講演)
- ⑦ Iwata H, Ebana K, Uga Y, Hayashi T (2013.6.14-16) Building a better model for predicting biological shapes based on genomic data. The 3rd International Symposium of Biological Shape Analysis (ISBSA), The University of Tokyo
- ⑧ Yamasaki M, Garcia A, Maeda M, Okada S, Goda T, Yoshioka T, Suehiro M, Yokoyama W, Takayama R, Saisho d, Yamamoto H, Hori K, Ebana K, Iwata H, Doi K (2015.3.12-15) Rice nested association mapping population and its phenotyping. 57th Annual Maize

- Genetics Conference, St. Charles, USA
- ⑨ Okada S, Suehiro M, Ebana K, Hori K, Onogi A, Iwata H, Yamasaki M (2015. 3. 12-15) Genetic analysis of grain size and white core in a rice sake-brewing cultivar Yamadanishiki. 57th Annual Maize Genetics Conference, St. Charles, USA
- ⑩ 岩田洋佳 (2016. 3. 28) ゲノム情報をもとに植物の表現型を予測する-環境応答をモデル化する試み-. 日本雑草学会第 55 回大会, 東京農大 (招待講演)
- ⑪ 岩田洋佳 (2016. 2. 25) ゲノム情報と情報科学で育種を加速する~新育種システムの夜明け~. さきがけ「情報協働栽培」「マテリアルズインフォマティクス」共同ワークショップ, JST 東京本部 (招待講演)
- ⑫ 山崎将紀、出田収、前田道弘、岩田洋佳、堀清純、江花薫子、横山若菜、吉岡拓磨、Arturo Garcia、片岡知守、梶亮太、横上春郁、前田英郎、村田和優、中川博視、土井一行 (2016. 3. 21-22) 日本水稻品種群を使った農業形質の遺伝解析. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜市立大
- ⑬ 堀智明、青池亨、小野木章雄、出田収、吉岡拓磨、江花薫子、山崎将紀、中川博視、岩田洋佳 (2016. 3. 21-22) マルチタスクガウス過程によるブラックボックスモデリングを用いた出穂予測モデルの構築. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜市立大学
- ⑭ 戸田悠介、若月ひとみ、江花薫子、山崎将紀、鐘ヶ江弘美、林武司、中川博視、長谷川利弘、岩田洋佳 (2016. 3. 21-22) イネのバイオマスと終了を予測する: 作物モデルとゲノム予測モデルを融合した新しいモデル. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜市立大学
- ⑮ 前田道弘、田宮元、牧野悟士、堀清純、江花薫子、飯島健、西内俊策、横山若菜、廣末美紀、岡田聡史、合田喬、佐々木萌、Arturo Garcia、土井一行、山崎将紀 (2016. 3. 21-22) 日本水稻 Nested Association Mapping 集団による農業形質の遺伝解析. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜市立大学
- ⑯ 岩田洋佳 (2015. 6. 30) ビッグデータ時代の新育種法: どこまで品種改良を効率化できるか? ワークショップ「植物科学研究を農業用作物にどのように繋ぐか」, ビジョンセンター東京 (招待講演)
- ⑰ 岩田洋佳 (2015. 11. 11) ゲノム情報で育種を加速する~ゲノミックセレクションによる効率的な品種改良~. シンポジウム ゲノム情報を活用した農作物
- の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト, 東京大学 (招待講演)
- ⑱ 鐘ヶ江弘美、青池亨、田中淳一、片岡知守、堀清純、岩田洋佳 (2015. 9. 11-12) 遺伝子ベース作物モデルによるコシヒカリ×日本晴およびコシヒカリ×タカナリの 2BIL 家系の出穂日予測. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学
- ⑲ 青池亨、渡部真哉、小野木章雄、出田収、吉岡拓磨、江花薫子、山崎将紀、中川博視、岩田洋佳 (2015. 9. 11-12) 遺伝子ベース作物モデルで未知環境における後代集団の出穂を予測する. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学
- ⑳ 田中凌慧、小野木章雄、矢部志央理、岩田洋佳 (2015. 9. 11-12) ゲノミックセレクションの新たな選抜基準: ペイジアン最適化. 日本育種学会第 128 回講演会, 新潟大学
- 21 青池亨、渡部真哉、小野木章雄、出田収、吉岡拓磨、江花薫子、山崎将紀、中川博視、岩田洋佳 (2015. 3. 21-22) イネ出穂日予測のための最適作物モデルの検討. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学
- 22 田中凌慧、岩田洋佳、小野木章雄 (2015. 3. 21-22) 能動学習を用いたゲノミックセレクションの効率的な精度向上. 日本育種学会 127 回講演会, 玉川大学
- 23 堀智明、Montcho David、Agbangla Clement、二口浩一、岩田洋佳 (2015. 3. 21-22) テンソル主成分分析を応用した多形質多環境試験データの補完. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学
- 24 岡田聡史、末廣美紀、江花薫子、堀清純、山崎将紀 (2015. 3. 21-22) 酒米品種「山田錦」の粒大や心白に関する QTL 解析 (2) と心白の形成について. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学
- 25 前田道弘、岡田聡史、合田喬、佐々木萌、末廣美紀、横山若菜、高山隆一、最相大輔、山本洋、堀清純、Arturo Garcia、土井一行、山崎将紀 (2015. 3. 21-22) 「コシヒカリ」と「ヒヨクモチ」との交雑に由来するイネ組換え自殖系統群における出穂期および農業形質の QTL 解析. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学
- 26 矢野憲司、安益公一郎、竹内秀征、池田真由子、山崎将紀、北野英巳、平野恒、松岡信 (2015. 3. 21-22) 日本のイネ品種を用いた GWAS 解析. 日本育種学会第 127 回講演会, 玉川大学
- 27 岩田洋佳 (2014. 9. 1) ゲノミックセレクションで植物育種を加速する~遺伝的能力を予測するためのモデリング手法~. 電子情報通信学会 IBISML 研究会, 筑波大学 (招待講演)

- 28 岩田洋佳 (2014. 9. 9) ゲノミックセレクションは作物育種を加速できるか. 日本作物学会シンポジウム, 愛媛大学 (招待講演)
- 29 岩田洋佳 (2014. 10. 4) ビッグデータの情報解析が開く育種の地平線〜ゲノムと表現型の関係をモデル化し、育種を加速する〜. 日本農学会シンポジウム, 東京大学 (招待講演)
- 30 岩田洋佳 (2014. 11. 28) ゲノミックセレクション〜ゲノムと表現型のモデル化に基づく高速育種〜. 「データ科学の発展と植物科学の融合」ワークショップ, 東京大学 (招待講演)
- 31 岩田洋佳 (2014. 3. 27) ゲノミックセレクションで育種は加速できるのか?〜加速に必要な関連技術の開発について〜. 日本園芸学会, 千葉大学 (招待講演)
- 32 青池亨、渡部真哉、小野木章雄、出田収、吉岡拓磨、江花薫子、山崎将紀、中川博視、岩田洋佳 (2014. 9. 26-27) イネ発育予測のためのモデルパラメータの高速推定: 粒子群最適化(PSO)とGPUコンピューティングの応用. 日本育種学会第126回講演会, 南九州大学
- 33 堀智明、Montcho David、Agbangla Clement、二口浩一、岩田洋佳 (2014. 9. 26-27) 複数形質にみられる遺伝子型×環境相互作用の新しい解析手法: テンソル主成分分析の応用. 日本育種学会第126回講演会, 南九州大学
- 34 小野木章雄、渡部真哉、望月俊宏、林武司、中川博視、長谷川利拡、岩田洋佳 (2014. 9. 26-27) 作物モデルとゲノムワイド予測モデルを組み合わせた新たな統計学的モデル: イネ出穂予測への適用. 日本育種学会第126回講演会, 南九州大学
- 35 岡田聡史、末廣美紀、江花薫子、堀清純、小野木章雄、岩田洋佳、山崎将紀 (2014. 12. 25) 「山田錦」の心白と粒大に関するQTL解析. 神戸大若手フロンティア, 神戸大学
- 36 岡田聡史、末廣美紀、江花薫子、堀清純、小野木章雄、岩田洋佳、山崎将紀 (2014. 9. 26-27) 水稻品種「コシヒカリ」と「山田錦」との交雑系統群を用いた粒大および心白に関するQTL解析. 日本育種学会第126回講演会, 南九州大学
- 37 岩田洋佳、江花薫子、宇賀優作、林武司 (2013. 9. 11) ゲノムワイドマーカーを用いて生物のかたちを予測する: 玄米形予測への適用. 第23回数理生物学会大会, 静岡大学 (招待講演)
- 38 岩田洋佳 (2013. 9. 10-12) ゲノムと量的形質の関連を探る: Rを用いたデータ解析. 第31回日本植物細胞分子生物学会大会, 北海道大学 (招待講演)

- 演)
- 39 小野木章雄、出田収、江花薫子、吉岡拓磨、山崎将紀、岩田洋佳 (2013. 10. 12-13) ゲノムワイドマーカーを用いたイネ農業形質の表現型値予測とその手法比較. 日本育種学会第124回講演会, 鹿児島大学
- 40 矢部志央理、山崎将紀、江花薫子、林武司、岩田洋佳 (2013. 10. 12-13) 循環ゲノミックセレクションを用いた並列育種: イネにおけるシミュレーション. 日本育種学会第124回講演会, 鹿児島大学

[図書] (計 1 件)

- ① 日本農学会編 (北岡本光、瀬筒秀樹、能木雅也、杉山純一、広田知良、南澤究、柏崎直己、岩田洋佳、平藤雅之著) (2015) シリーズ 21 世紀の農学 ここまで進んだ! 飛躍する農学. 養賢堂 pp. 171.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

岩田 洋佳 (IWATA, Hiroyoshi)
東京大学・大学院農学生命科学研究科・准教授
研究者番号: 00355489

(2) 研究分担者

長谷川 利拡 (HASEGAWA, Toshihiro)
国立研究開発法人農業環境技術研究所・大気循環研究領域・上席研究員
研究者番号: 10228455

江花 薫子 (EBANA, Kaworu)
国立研究開発法人農業生物資源研究所・遺伝資源センター多様性活用研究ユニット・主任研究員
研究者番号: 00370643

山崎 将紀 (YAMASAKI, Masanori)
神戸大学・(連合) 農学研究科 (研究院)・准教授
研究者番号: 00432550

中川 博視 (NAKAGAWA, Hiroshi)
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター・上席研究員
研究者番号: 90207738

(~26年度まで)

林 武司 (HAYASHI, Takeshi)
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・中央農業総合研究センター・上席研究員
研究者番号: 70370674