

戦略的創造研究推進事業 CREST
研究領域「二酸化炭素資源化を目指した植物の
物質生産力強化と生産物活用のための
基盤技術の創出」
研究課題「高速ジェノタイピングを利用したエネル
ギー作物のテーラーメイド育種技術の開発」

研究終了報告書

研究期間 平成 24年 4月～平成 30年 3月

研究代表者： 堤 伸浩
(東京大学大学院農学生命科学
研究科、教授)

§ 1 研究実施の概要

(1)実施概要

ゲノム情報を駆使し対象とする環境に適した品種を高速に育成するための育種手法を開発することを目的として、資源作物として高い潜在能力を持つソルガムを対象に、メキシコ塩害地あるいは福島での栽培に適した品種の育成を目指して以下の研究を実施した。

・ 高速ジェノタイプングシステムの開発と最適化（堤・矢野・岩田）

交配集団や遺伝資源といった系統間 SNP の迅速な検出が可能な RAD-seq システムや高精度 SNP 探索ツール **Heap** を開発した（堤・矢野）。また、SNP 検出を高精度化するためのバイオインフォマティクス技術の確立や、高効率化・高速化するためのパイプラインの整備を実施した（矢野・岩田）。さらに、多数のヘテロ接合型 SNP やゲノム構造変異を有する交配系統を対象として、その循環選抜の実施に不可欠な高速ジェノタイプングシステムの信頼性を向上するため、選抜集団の親系統を中心にリシークエンスデータやロングリードシークエンスデータを拡充した（堤・岩田）。

・ ゲノミックセレクションに用いる予測モデル構築と系統選抜の実施

福島、メキシコの塩害地で交配後代を含めた大規模な栽培試験を行い（徳永）、バイオマス関連形質の表現型データを取得した（全グループ）。得られた表現型データとジェノタイプデータから表現型予測モデルを確立し（岩田）、それに基づいた系統間交配と個体選抜を実施した（堤・岩田・徳永）。その結果、各地域で優れたパフォーマンスを示す系統の選抜に成功するとともに（徳永）、優性効果やエピスタシス効果の統合による予測モデルの改良や系統選抜を繰り返す育種手法が有効であることが示唆された（岩田）。

・ GWA 解析を用いた主働遺伝子探索と機能解明

多系統のジェノタイプデータと表現型データを活用した GWA 解析から、稈長や乾汁性、開花、子実収量を始めたバイオマス関連形質における主働遺伝子座を網羅的に確認・同定した（堤・岩田）。また、地上部バイオマスからのエタノール生産性を大きく左右する稈長や乾汁性については、主働遺伝子を特定し、その機能を解明した（堤・佐塚）。

・ 表現型データおよびゲノムデータの効率的な収集・管理を支援するシステムの開発

大量の表現型データを効率よく取得する IT 技術を応用した計測システムやドローンを利用した形質評価手法を開発（岩田）するとともに、系統家系情報・SNP 情報・形質情報・圃場マップを格納し、圃場調査で得た表現型情報や系統ごとの SNP と連鎖する遺伝子の機能情報などをオンラインで即座に転送・閲覧できるデータベースを開発した（矢野、岩田）。

・ 本課題で選抜された耐塩性ソルガムの社会実装

メキシコ塩害地圃場でのパフォーマンスが優良であった複数の F₁ 系統について、さらなる系統間交配と循環選抜を実施するとともに、その一部については現地政府機関や企業との連携のもと、エタノール生産用もしくは飼料用品種としての事業化を推進した。また、メキシコのみならず、オーストラリア、タイにおいても、現地の政府機関もしくは企業との提携し、商業栽培を視野に入れた比較的規模の大きい栽培試験を実施した。

これらの成果は、作物育種の更なる高速・効率化の実現に大きく貢献するだけでなく、今後のフィールド農学研究の基盤技術になりうる。

(2) 顕著な成果

<優れた基礎研究としての成果>

1. ソルガムにおけるバイオマス関連形質を決定する主働遺伝子の同定とその機能解明

GWA 解析により、ソルガムの稈長(バイオマスサイズ)および乾汁性(水分含量)の決定に、それぞれ *dw1* 遺伝子座、*D* 遺伝子座が関与することが明らかになった。稈長はもちろん、乾汁性は茎糖液の搾汁効率を決定するため、収穫後のソルガムの利用方法に大きな影響を与える形質である。それぞれの機能を解析したところ、*Dw1* はブラシノステロイドの情報伝達経路に関わる新規遺伝子 (Yamaguchi et al., 2016, Hirano et al., 2017)、*D* は茎柔組織の細胞死を誘導するマスター転写因子をコードする遺伝子であることが判明した(論文投稿中)。

2. 無人ヘリを用いた高効率表現型計測システムの開発とゲノミックセレクションへの応用

ソルガム遺伝資源を対象に無人ヘリ (UAV) を用いたリモートセンシングを行い、表現型計測における高速化・高出力化の可能性を検証した (Watanabe et al., 2017)。まず、リモートセンシングで撮影された画像情報を統合し、被覆率、植生指数、草丈の計測を試みた。計測値の分散分析の結果、いずれも遺伝支配を受けていること、遺伝子型と環境条件の交互作用が存在することが判明した。また、デジタル標高モデルから草丈を計測し、収穫して計測した草丈と比較した。その結果、リモートセンシングで構築したゲノミックセレクションの予測モデルと、収穫データから構築した予測モデル間に高い相関があることが分かり、リモートセンシングによる草丈計測の可能性が示唆された。

3. 大量 SNP ジェノタイピング技術の確立

分離集団を扱う育種においては遺伝子型を判定する際の精度と効率が、育種効果を決定する。本研究課題において開発した多検体ジェノタイピング・ツール、Heap (Kobayashi et al., 2017) は低コスト・高精度なジェノタイピングを実現する。このことから、本ツールは、今後、植物だけではなく、動物や微生物のオミックス情報解析の推進に大きく貢献する。

<科学技術イノベーションに大きく寄与する成果>

1. 高速ジェノタイピングによる表現型予測モデルの構築

次世代シーケンサを利用し安価かつハイスループットでジェノタイピングするシステムを確立し、得られるジェノタイプと表現型データから有効な表現型予測モデルを構築することが可能であることを示すことができた。このことは、ゲノミックセレクションによる品種育成が極めて現実的であることを示している。

2. GWA 解析による迅速な遺伝子単離システムの確立

RAD-seq による GWA 解析により、極めて迅速に原因遺伝子を同定することが可能であることが分かった。系統の集団構造や対象とする表現型を適切に設定すれば、遺伝子単離の方法として有用であることが分かった。

3. 育種支援システムの開発

Bluetooth と Android 端末を用いた表現型計測システムを開発し、表現型データを高効率に計測・収集可能とした。また、圃場管理データベースを開発し、圃場栽植位置情報や系統情報、形質情報を始めとする大規模情報を扱う植物育種プロセスのシームレスかつ効率的な管理・運営を可能とした。今後のこのデータベースを汎用化すれば、植物育種の発展に大きく貢献すると考えられる。特に、多数の系統を扱うゲノミックセレクションや各種関連解析を進める上で、強力な育種基盤となる。

§2 研究実施体制

(1) 研究チームの体制について

① 「堤」グループ

研究参加者

氏名	所属	役職	参加時期
堤 伸浩	東京大学大学院農学生命科学研究科	教授	H24.10～
藤本 優	東京大学大学院農学生命科学研究科	特任准教授	H25.4～
高梨 秀樹	東京大学大学院農学生命科学研究科	助教	H24.12～
山内 卓樹	東京大学大学院農学生命科学研究科	C R E S T 研究員	H29.4～H29.9

研究項目

- ・ 次世代シーケンサを用いた高速ジェノタイピングシステムの開発
- ・ ソルガム実験系統間の SNP ジェノタイピング.
- ・ ゲノムワイドアソシエーション解析による重要形質のマッピング.
- ・ ゲノミックセレクションモデルを用いた個体選抜や交配組み合わせの決定.
- ・ 選抜実験の評価, 新開発育種技術のポテンシャル検証.
- ・ 乾汁性決定および芒長決定遺伝子の機能解析.

② 「岩田」グループ

研究参加者

氏名	所属	役職	参加時期
岩田 洋佳	東京大学大学院農学生命科学研究科	准教授	H24.10～

研究項目

- ・ 表現型データとゲノムワイド SNP データからのゲノミックセレクション予測モデルの構築
- ・ ゲノムワイドアソシエーション解析による主働遺伝子の探索
- ・ 表現型変異のより詳細なモデル化
- ・ 表現型計測の IT 化に関する研究
- ・ 選抜シミュレーションに基づく高速テラーメード育種法の性能評価

③ 「矢野」グループ

研究参加者

氏名	所属	役職	参加時期
矢野 健太郎	明治大学農学部	教授	H19.10～
工藤 徹	明治大学農学部	特任講師(博士研究員)	H27.4～
Shenton Matthew	明治大学農学部	博士研究員	H29.4～
佐藤 綾	明治大学農学部	博士研究員	H29.7～
大柳 一	明治大学農学部	客員研究員	H24.12～
吉岡 幸江	明治大学農学部	技術員	H25.6～H25.7

豊島 裕美	明治大学農学部	技術員	H25.5～H26.6
浅野 さとみ	明治大学農学部	技術員	H26.7～H29.3
小林 正明	明治大学農学部	特任講師(博士研究員)	H24.12～H29.8
釜付 香	明治大学農学部	客員研究員	H27.5～H29.3
尾崎崇一	明治大学農学部	博士研究員	H26.8～H27.7
横山幸治	明治大学農学部	技術員	H28.4～H28.6
斉藤美沙	明治大学農学部	技術員	H28.4～H29.3

研究項目

- ・ 収集される表現型データのデータベースシステムの開発
- ・ 次世代シーケンシングデータの効率的解析システムの開発
- ・ 表現型計測システムのプロトタイプ構築

④「佐塚」グループ

研究参加者

氏名	所属	役職	参加時期
佐塚 隆志	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	准教授	H24.10～
下村 未来	名古屋大学生命農学研究科	B4～D2	H25.10～
岡村 進之介	名古屋大学生命農学研究科	B4～M2	H27.4～
佐々木 碩哲	名古屋大学農学部	B4～M1	H28.4～
塩田 将平	名古屋大学農学部	B4	H29.4～
丹羽 佑介	名古屋大学農学部	B4	H29.4～
毛利 世那	名古屋大学農学部	B4	H29.4～
中村 聡子	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	技術補佐員	H25.4～
篠原 梢	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	技術補佐員	H25.4～
坂口 さとみ	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	技術補佐員	H25.3～H25.6
畠山 麻子	名古屋大学生命農学研究科	B4～M2	H24.10～H25.3
市川 悦子	名古屋大学生命農学研究科	M1～M2	H24.10～H25.3
Reynante L. Ordonio	名古屋大学生命農学研究科	D1～D3	H24.10～H26.9
保崎 翼	名古屋大学生命農学研究科	B4～M2	H24.10～H27.3
藤本 榛香	名古屋大学生命農学研究科	M1～M2	H25.4～H27.3
岡本 治子	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	派遣社員	H26.4～H27.3
中岫 裕美子	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	技術補佐員	H25.3～H26.4, H27.4～H27.9
加藤 登志子	名古屋大学生物機能開発利用研究センター	技術補佐員	H25.7～H26.4, H27.4～H27.9
田中 剛士	名古屋大学生命農学研究科	M1～D3	H24.10～H28.3
中村 賢志郎	名古屋大学生命農学研究科	B4～M2	H25.4～H28.3

研究項目

- ・ 開花およびバイオマス関連形質の環境応答のモデル化と重要遺伝子の機能解析

⑤ 「徳永」グループ

研究参加者

氏名	所属	役職	参加時期
徳永 毅	株式会社アースノート	代表取締役	H24.10～
小柴 太一	株式会社アースノート 研究開発室	室長	H25.4～
米田 淳一	同上	副室長	H27.5～
加藤 亮宏	同上	主任研究員	H27.4～
山村 卓也	同上	主任研究員	H24.10～
伊藤 雄哉	同上	主任研究員	H27.4～
山村 未知	同上	研究補助員	H24.10～
徳永 美保子	同上	研究補助員	H24.10～
山城 嘉彦	同上	研究補助員	H24.10～
上間 良彦	同上	研究補助員	H26.4～
氏家 博	同上	研究補助員	H27.4～
氏家 博	同上	研究補助員	H27.4～
佐藤 勝彦	同上	研究補助員	H25.4～H25.11
佐々木 敦司	同上	室長	H24.10～ H25.10
森 雄作	同上	研究員	H24.10～H26.8
田中 公浩	同上	研究員	H24.10～H25.3

研究項目

- ・ ソルガム遺伝資源の多環境における形質評価および効率的な世代促進

(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

- ・ 次世代シーケンサを利用した RAD-seq によるジェノタイピングについて、さががけ研究者の永野惇先生(龍谷大学農学部, 講師)と協働してインデックスプライマーを設計作製した。また安価で効率的なジェノタイピング法についての情報共有を図っている。
- ・
- ・ 同領域田中歩チームの坂本教授らのグループが作出したソルガム品種 BTx623 とタカキビ間の RIL 集団について、RAD-seq によるジェノタイピングを行った。このデータをもとに、当チームでは穂形、根の張り方、アントシアニン生合成などにかかわる主働遺伝子の同定を試みている。坂本グループでは、ステイグリーン遺伝子の単離を進めている。
- ・ 最先端研究開発支援プログラム(FIRST)における「超巨大データベース次代に向けた最高速データベースエンジンの開発と当該エンジンを核とする戦略的社会サービスの実証・評価」において上田修功博士(日本電信電話(株)NTT コミュニケーション科学基礎研究所)らと連携し、ゲノミックセレクションのための新しいモデリング手法の開発に向けた研究を進めた。今後も、同プロジェクトのメンバーであった杉山将東京大学教授と引き続き新手法開発に向けた研究を進めていく予定である。

§ 3 研究実施内容及び成果

3. 1 さまざまな環境における能力の評価と遺伝基盤の解明、能力予測・選抜のためのモデル化(東京大学 堤グループ, 東京大学 岩田グループ, 株式会社アースノート 徳永グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

・ 研究のねらい

ソルガムのバイオマス関連形質の多環境における効率的な表現型データの取得手法、循環選抜のための世代促進法を確立する。具体的には、福島県二本松市およびメキシコ塩害地においてゲノミックセレクション予測モデル構築のための形質評価を行う。沖縄県でゲノミックセレクション予測モデルに基づく選抜・交配・採種を行い、循環選抜育種の実証実験を行う。また、またゲノム情報に基づく高速および高精度な選抜を実行するために、表現型変異とゲノムワイドマーカー変異を結びつける各種モデル開発を行う。

・ 研究実施方法

(ア) ソルガムの交配と多環境試験

世界各地から収集された遺伝資源約 500 系統、および選抜過程にある個体を花粉親として細胞質雄性不稔(CMS)系統に交配して得られた後代個体について、メキシコと福島で圃場栽培し形質評価を行う。形質の調査項目は、開花日、Brix、生重、分けつ数、主茎長、稈長、主茎径とする。また、データロガーを用いて栽培期間中の温度変化等環境データを収集する。

(イ) 選抜個体間相互交配と循環選抜

ゲノミックセレクション予測モデルを用いて循環選抜育種を実施する。各選抜サイクルでは、ジェノタイプングにより選抜された個体を相互交配して、次代の被選抜個体となる種子を採種する。同時に、CMS 系統との交配も行い、次年度の形質評価のための材料を準備する。こうした選抜を、メキシコ、福島の 2 環境、および、CMS 種子親2系統に対してそれぞれ実施する。この循環選抜およびモデル修正用のための交配には、沖縄県宜野座村の採種・交配用ハウスを用いる。幼植物時に葉のサンプルを採取し、ジェノタイプングを行う。ジェノタイプをもとに個体を選抜する。選抜された個体(家系)を組合せて交配する。交配種子を採種し、すぐに次の選抜サイクルの被選抜個体の栽培を開始する。このように栽培地と育種地を分離し、交配を効率的に行うことで育種にかかる労力、コスト、時間を大幅に短縮できる。

(ウ) 表現型データとゲノムワイド SNP データからのゲノミックセレクション予測モデル構築

多環境で計測される表現型データを RAD-seq から得られるゲノムワイド SNP データと結びつけることで、各環境に適した遺伝子型を選抜することが可能となる。カーネル回帰や、サポートベクターマシン等の機械学習法も用いて、表現型を計測しなくても優良個体を精度良く予測できるモデルを構築する。

(エ) ゲノムワイドアソシエーション解析による主働遺伝子の探索

さまざまな遺伝子型について収集された表現型データを用いて、ゲノムワイドアソシエーション解析を行う。この解析の意義は、予測モデルによる選抜が、効果の小さな QTL の集積を主な目的としているのに対して、効果の大きな主働遺伝子を探索し、そのマーカー選抜を可能にすることにある。アソシエーションが有意であった領域については、データベースを用いて候補となる遺伝子の絞り込みを行い、可能であれば原因遺伝子同定の手がかりとする。

(オ) 表現型計測の高効率化のためのシステム開発

本研究では、ゲノミックセレクションのためのモデル構築、および、主働遺伝子のアソシエーション解析による検出のために、多数の個体について表現型を計測する必要がある。さらに、ゲノム研究やゲノム利用育種においては、表現型データの収集がその進展の妨げになっている。そこで、本研究では、表現型計測の高効率化についても研究を行っている。無人ラジコンヘリ(UAV)リモートセンシングをもちいて、多数の遺伝解析材料を高速・高効率に計測するための手法の開発・改良を進める。さらに、Bluetooth を介した無線交信と各種計測機器を組み合わせた計測システムについて改良を進める。

・ 当初の研究計画に対する現在の研究進捗状況と得られた成果

(ア) 遺伝資源および交配後代のバイオマス関連形質の表現型データの計測

遺伝資源 475 系統から遺伝的に重複の少ない 250 系統、及び選抜過程のその交配後代個体を CMS に交配して得られた後代個体について、メキシコと福島において圃場栽培と形質評価を行った。形質の調査項目は、開花日、Brix、生重、分けつ数、主茎長、稈長、主茎径など 20 形質とし、合わせてデータロガーを用いて栽培期間中の温度変化等環境データを収集した。形質評価には形質評価用 IT システムを利用した。収集される表現型データは即座に矢野グループに送られ、その後全グループで共有された。IT システムを採用することで膨大な形質データを迅速かつ正確に収集することが可能となる。なお、150 系統については、東京大学生態調和農学機構(西東京市)にて圃場試験を行い、岩田グループ、堤グループによって無人ヘリや表現型計測 IT システムを用いて表現型計測が行われた。表現型計測の自動化により大幅な人件費およびマンパワーの削減が可能となる。収集したデータは、岩田グループにおいて、ゲノミックセレクションにおける予測モデルの構築・更新、ゲノムワイドアソシエーション解析による原因遺伝子探索、リモートセンシングデータからのバイオマス予測モデル構築など、各種解析に用いられた。

(イ) 選抜個体間相互交配とゲノミックセレクションを用いた循環選抜の実施

栽培地の形質データを基に選抜された系統と、構築されたゲノミックセレクション予測モデルを用いて循環選抜育種を実施した(図 1)。各選抜サイクルでは、ジェノタイプピングにより選抜された個体を相互交配して、次代の被選抜個体となる種子を採種すると同時に 2CMS 系統との交配も行い、来年度の形質評価のための材料を準備した。こうした選抜を、メキシコ、福島の 2 環境、および、2CMS 系統に対して別々に行った。上述した循環選抜には、沖縄宜野座村の採種・交配用ハウスを用いた。選抜個体の幼植物時に葉のサンプルを採取して堤グループによるジェノタイプピングを行い、構築されたゲノミックセレ

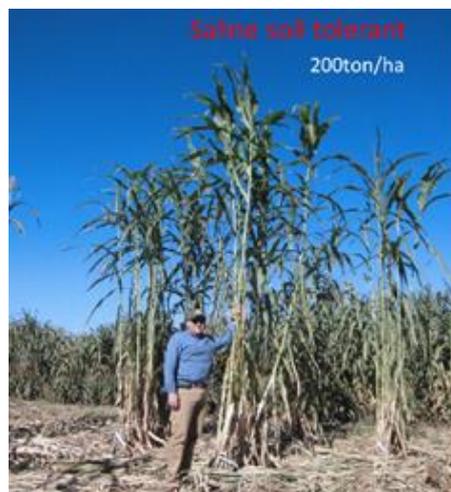


図 1 メキシコで選抜されたソルガム

クション予測モデルをもとに個体を選抜する。それらが無作為に組合せて交配する、あるいはゲノミックセレクション予測モデルに応じた交配相手との交配を実施する。それぞれの交配種子を採種し、すぐに次の選抜サイクルの被選抜個体の栽培を開始する。このように栽培地と育種地を分離し、栽培地の形質データからゲノミックセレクション予測モデルを構築し、このモデルに当てはまる交配を交配に適した環境下で高速かつ

効率的に行うことで育種にかかる労力、コスト、時間を大幅に短縮することができる。

(ウ) ゲノムワイドアソシエーション解析とゲノミックセレクション予測モデル構築

福島とメキシコで栽培試験を行って収集された表現型データ(図2)をもとに、ゲノムワイドアソシエーション解析(GWAS)とゲノミックセレクション予測モデル構築を行った。福島での栽培試験から得られたデータにもとづくGWASでは、草丈で特に強いアソシエーションがみられた(図3)。草丈は、dw1 の位置にアソシエーションが検出されており、同遺伝子による草丈の支配は非常に強いと考えられた。また、分げつ数、茎径、穂長、乾汁性、罹病性でも比較的強いアソシエーションが検出された。メキシコでの栽培試験から得られたデータに基づくGWASでは、福島と同様、草丈で強いアソシエーションが検出された(図3)。検出された

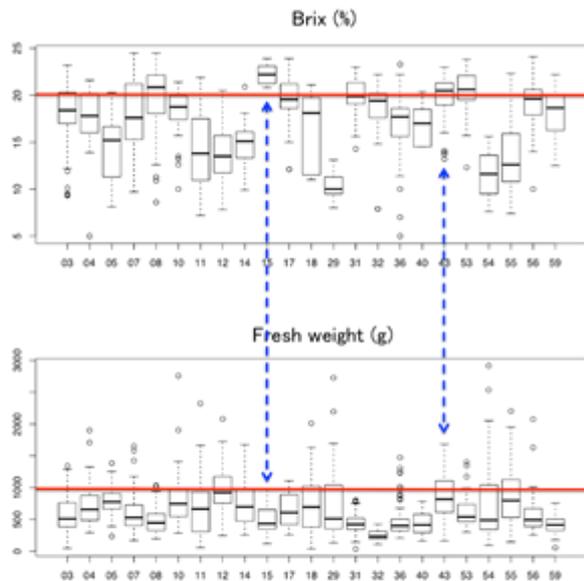


図2. メキシコで栽培試験を行った 23 家系の表現型分布。糖度もバイオマスも比較的高い家系 (43) や、糖度が非常に高い家系 (15) がみられた。

位置は福島と同じ dw1 の近傍であった。なお、メキシコでは、dw2、dw3 と考えられる位置にもアソシエーションが検出された。また、分げつ数、茎径、倒伏性、生重においても比較的強いアソシエーションが検出された。分げつ数は、メキシコと福島で互いに近い位置にアソシエーションが検出されたが、茎径で検出されたアソシエーションは、メキシコと福島で異なっていた。また、メキシコで検出された倒伏性のアソシエーションは、福島で検出された乾汁性のアソシエーションの近傍に位置していた。乾汁性では、茎組織の構造が変化することが知られており、両者の関係がどのようなものに起因するかは、今後詳細に検討する必要がある。なお、メキシコでは、対数変換した生重においてもアソシエーションが検出されたが、その位置は、dw3 の近傍であった。これら成果は、2015 年も含め、3 年×2 環境のデータで解析を行い、論文投稿する予定である。

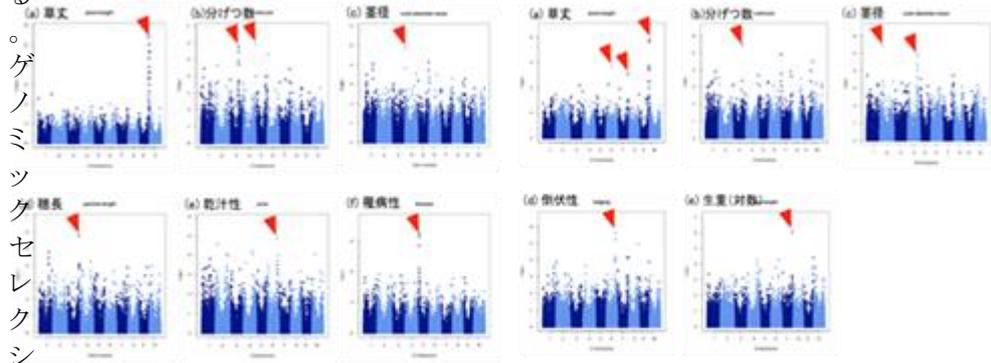


図3. 2014 年の福島(左)およびメキシコ(右)で栽培された純系集団を用いた GWAS の結果(比較的に顕著なアソシエーションが見られたものを示す)

を行うため、G-BLUP法を用いて予測モデル構築を行った。構築されたモデルについて、交差検証による精度評価を行った結果、構築されたモデルが比較的高い精度を示した(図3左)。例えば、2014 年の福島では、糖度と草丈の精度が高く、予測値と観

察値の相関が 0.7 以上であった。糖度は、GWAS で有意なアソシエーションが検出されなかったが、ゲノムワイドマーカーを用いることでマーカー選抜が可能であることが示された。いっぽう、メキシコで収集されたデータで構築されたモデルは、福島モデルと比較して予測精度が低かった。これは、2014 年のメキシコにおける栽培試験の計測精度の低さから来ていると考えられた。2013 年に収集されたデータで構築されたモデルと比較すると、2014 年のモデルの精度が低く、2014 年のメキシコにおける栽培試験の環境誤差が大きかったことが示唆された。現在、これら系統を様々なかたち(2 系交雑、4 系交雑、それらと CMS との交配)で交配した後代集団の解析を進めているところである。

これまでに得られているソルガム遺伝資源約 250 系統の純系、およびそれらを花粉親として CMS 系統に交配して得られた F1 集団の形質値および SNPs データを用いて稈長について GWA マッピングを行った。その結果、F1 集団において純系のみでは見えてこなかったピークが検出されることが明らかになった(図4)。このことはそのローカスが特定組み合わせ能力を決定するローカスの一つであることを意味している。また、ソルガムの稈長にみられるヘテロシスには、既知の遺伝子だけではなくさまざまな遺伝子が複雑に関与していることがわかった。これまでブラックボックスであった「特定組み合わせ能力を決定する要因」を以上のような手法をもちいることで明らかにできることが示唆された。また、純系の遺伝資源を用いて葉鞘のアントシアニン着色の GWAS をおこなったところ、鋭く高いピークがえられた。このピークは紫イネの原因遺伝子のホモログと一致した。

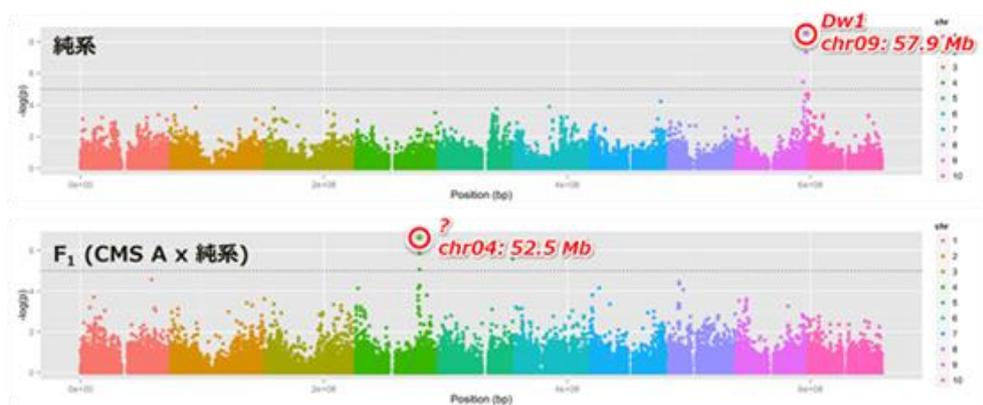


図4. 純系および F1 集団における稈長の GWA 解析。純系集団では既知の稈長関連遺伝子 *Dw1* 近傍のみにピークが見られるが、F1 集団では純系では見られなかった第四染色体上のピークが検出された。

ゲノミックセレクションを行うため、G-BLUP 法を用いて予測モデル構築を行った。構築されたモデルについて、交差検証による精度評価を行った結果、構築されたモデルが比較的高い精度を示した(図5)。例えば、2014 年の福島では、糖度と草丈の精度が高く、予測値と観察値の相関が 0.7 以上であった。糖度は、GWAS で有意なアソシエーションが検出されなかったが、ゲノムワイドマーカーを用いることでマーカー選抜が可能であることが示された。いっぽう、メキシコで収集されたデータで構築されたモデルは、福島モデルと比較して予測精度が低かった。これは、2014 年のメキシコにおける栽培試験の計測精度の低さから来ていると考えられた。2013 年に収集されたデータで構築されたモデルと比較すると、2014 年のモデルの精度が低く、2014 年のメキシコにおける栽培試験の環境誤差が大きかったことが示唆された。現在、これら系統を様々なかたち(2 系交雑、4 系交雑、8 系交雑、それらと CMS との交配)で交配した後代集団の解析を進めているところである。

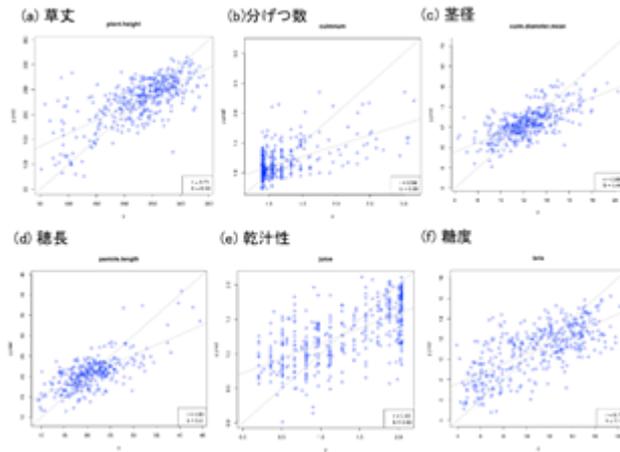


図5. 2014年福島における純系データでおこなったゲノミックセレクション予測モデルの交差検証による精度評価の結果。横軸が観察値、縦軸がゲノムワイドマーカーを用いた予測値を示す。いずれの形質でも比較的高い精度で予測できたことから、ゲノミックセレクションにより優良系統をマーカー選抜できることが示唆された。

(エ) ソルガムの乾汁性・芒長決定に関する主働遺伝子の機能解析

乾汁性の GWAS において検出された SNP の一つは、当研究グループが過去のプロジェクトで同定した原因遺伝子座 *D* のごく近傍から検出された。これは本手法が農業形質を決定する主働遺伝子座の検出に有効であることを改めて示していると同時に、遺伝資源全体として見ても、この遺伝子が主働遺伝子であることを示していた。シロイヌナズナの形質転換培養細胞を併せて利用して機能解析を進めたところ、*D* はソルガムの茎柔組織の細胞死を誘導するマスター転写因子をコードすることが判明した(図6)。さらに、田中チームの坂本グループと共同で行った子実形質に関する網羅的な QTL・GWA 解析から、芒長や側生小穂の発達に関与する候補遺伝子の特定に成功した。現時点では、それぞれ器官形成の制御に関わる転写因子をコードしているものと予想される。

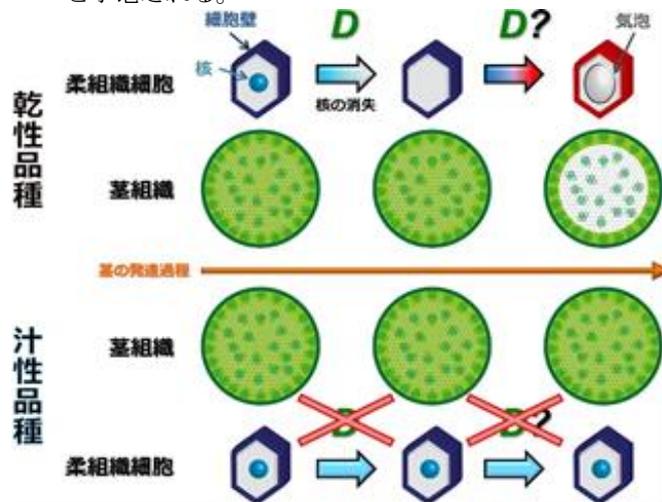


図6. ソルガムにおける乾汁性決定機構。乾性品種の茎柔組織では、*D* が制御するプログラム細胞死によりその構造が髄質化する。一方、汁性品種では *D* の機能が欠損しているため、柔組織の特性転換が起きず、茎の水分含量が保たれる。

(オ) 表現型計測システムの開発

BluetoothとAndroid端末を用いた表現型計測システムを開発し、表現型データを高効率に計測・収集可能とした。同システムは、Android端末にBluetooth接続可能な計測器を複数台接続し、バーコードやRF-ICを用いた個体識別、バーコードやノギスを用いた長さの計測、電子はかりを用いた重さの計測、テンキー入力可能なバーコード端末による文字や数値の入力などを行うことができる。CSVファイルで指定することで、計測項目とその値の範囲を事前に設定することができ、入力ミスを防ぐ機能も備わっている。また、計測データを、CSVファイルとしてメール送信する機能を備えており、データセンターにメール送信することでデータベースをアップデートすることもできる。現在、同システムを担うAndroid端末用ソフトウェアをオープンソース化し一般に配布

する準備を進めている。また、論文も準備中である。汎用的なシステムとして開発してあるため、育種・遺伝分野にかぎらず、様々な場面(例えば、生産や流通における製品管理など)で活用できるシステムとなると期待される。

- 当初計画では想定されていなかった新たな展開とそれによって得られた成果
(ア) ドローンリモートセンシングを利用した高効率表現型計測システムの開発

ゲノム解析技術の高速化・高出力化が進む現在、表現型計測がゲノム研究やゲノム利用育種の深刻なボトルネックになっており、その高速化・高出力化が重要な課題となっている。本研究では平成26年度より、ドローン(無人航空機、UAV)を用いた高効率表現型計測システムの開発に取り組んだ。東京大学の圃場で栽培したソルガム遺伝資源を対象に UAV を用いたリモートセンシングを行った。26年度は通常区と低肥区の2区画を設定し、27年度は通常区のみで、それぞれ、172系統(26年度)、386系統(27年度)の栽培試験を行った。リモートセンシングで撮影された画像からオルソモザイク画像およびデジタル標高モデルを構築し、草丈、被植率、植生指数の計測を試みた。計測値の分散分析の結果、いずれも遺伝支配を受けていること、遺伝子型×施肥の交互作用が存在することが分かった。また、デジタル標高モデルから草丈を計測し、収穫して計測した草丈と比較した。その結果、リモートセンシングで構築したゲノミックセレクションの予測モデルと、収穫データから構築した予測モデル間に高い相関があることが分かり(下図1)、リモートセンシングによる草丈計測の可能性が示唆された。本成果については、Frontiers in Plant Science の原著論文として発表された。なお、現在では、市販のドローンを用いて、高精度に圃場の3次元情報の計測が可能となっている(下図2)。

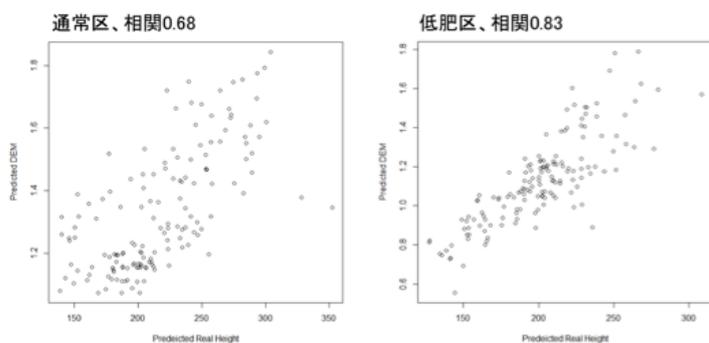


図1. リモートセンシングで計測した草丈と、収穫して計測した草丈で作成されたGSの予測モデル間の予測値の比較(縦軸がリモートセンシング、横軸が収穫データから得られた予測モデルからの予測)





図 2. DJI Phantom4 Advanced で 20m 上空から撮影された画像から再構成された 3 次元点群データ。2017 年の福島圃場の全体（上）と一部クローズアップ（下）。

3. 2 ゲノム情報に基づく高精度ゲノミックセレクションシステムの開発（東京大学 岩田グループ）

(1) 研究実施内容及び成果

(1-1) 研究実施内容

ゲノム情報に基づく高速および高精度な選抜 (MAS およびゲノミックセレクション) を実行するために、表現型変異とゲノムワイドマーカー変異を結びつける各種モデル開発を行う。また、開発されるモデルに基づき、ゲノムワイドアソシエーション解析による原因遺伝子検出や、ゲノミックセレクションのための予測モデル構築を行う。また、表現型計測の高効率化や、育種シミュレーションに基づく新育種システムの最適デザインの解明についても研究を行う。

具体的には、以下の方法で研究を進めた。

1. 表現型データとゲノムワイド SNP データからのゲノミックセレクション予測モデルの構築

多環境で計測される表現型データを RAD-seq から得られるゲノムワイド SNP データと結びつけることで、各環境に適した遺伝子型を選抜することが可能となる。カーネル回帰や、サポートベクターマシン等の機械学習法も用いて、表現型を計測しなくても優良個体を精度良く予測できるモデルを構築する。また、構築されたモデルの精度評価を行う。なお、圃場試験における土壌条件の不均一性についても空間自己相関を考慮した自己回帰モデルによる補正を試みる。
2. ゲノムワイドアソシエーション解析による主働遺伝子の探索

様々な遺伝子型について収集された表現型データを用いて、ゲノムワイドアソシエーション解析を行う。この解析の意義は、1. で得られる予測モデルによる選抜が、効果の小さな QTL の集積を主な目的としているのに対して、効果の大きな主働遺伝子を探査し、そのマーカー選抜を可能にすることにある。アソシエーションが有意であった領域については、データベースを用いて候補となる遺伝子の絞り込みを行い、可能であれば原因遺伝子同定の手がかりとする。
3. 選抜シミュレーションに基づく高速テラーメード育種法の性能評価

ゲノミックセレクションのポテンシャルやその最適な利用法はまだ明らかになっていない。これは、植物種や材料特異的であり、それぞれの材料に適した利用法を都度

求める必要がある。本研究では、育種シミュレーションを行うことにより、高速テラーメード育種法の性能評価を行い、かつ、シミュレーションを通して、選抜強度や選抜集団サイズなど、選抜に関わるパラメータを最適化するシステムを構築する。また、そのシステムをもとに高速テラーメード育種の最適デザインを求める。

4. 表現型計測の高効率化のためのシステム開発

本研究では、ゲノミックセレクションのためのモデル構築、および、主働遺伝子のアソシエーション解析による検出のために、多数の個体について表現型を計測する必要がある。さらに、ゲノム研究やゲノム利用育種においては、表現型データの収集がその進展の妨げになっている。そこで、本研究では、表現型計測の高効率化についても研究を行っている。無人ラジコンヘリ(UAV)リモートセンシングをもちいて、多数の遺伝解析材料を高速・高効率に計測するための手法の開発・改良を進める。さらに、Bluetooth を介した無線通信と各種計測機器を組み合わせた計測システムについて改良を進める。

(1・2) 得られた成果

選抜シミュレーションシステムの開発と高速テラーメード育種法の性能評価

マーカー遺伝子型データと表現型データをもとに GS を用いた循環選抜をシミュレートし、期待される改良程度について推察するためのソフトウェア GSS の開発を行った(下図左)。GSS は、Iwata ら(2013)の提案手法を発展させた育種シミュレーションを、GUI を実装した簡易ソフトウェアで実現することを目指して開発した。GSS を用いて、メキシコの栽培試験で得られた表現型とマーカー遺伝子型のデータをもとに、「高糖性と高バイオマス」系統の作出を目標に、Brix と生重量に対してゲノミックセレクションによる循環選抜を行うシミュレーションを行った。その結果、ゲノミックセレクションによって両方の形質を同時に、かつ、効果的に改良できることが分かった。また、Brix と生重量の順位和に対して選抜をかけるのが最も改良的であることが分かった(下図右)。

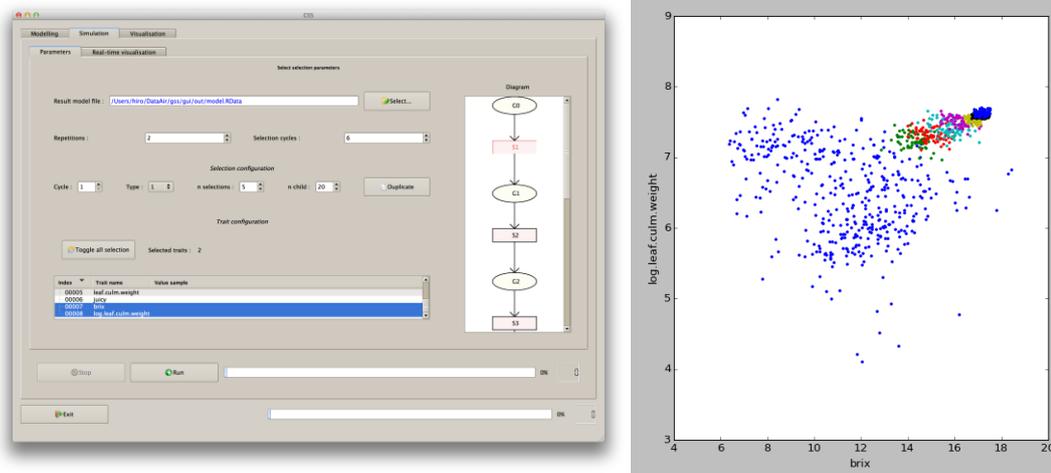


図. (左) GSS の実行画面。ユーザは、さまざまな条件下でのシミュレーションを簡易に実行できる。(右) 縦軸が性重量(対数)、横軸が糖度。色の違いは選抜世代の違いを示す。選抜が進むと集団平均が右上(高糖度・高バイオマス)に向け移動し、両方を兼ね揃えた遺伝子型を効率的に選抜できることが分かる。

表現型計測システムの開発

Bluetooth と Android 端末を用いた表現型計測システムを開発し、表現型データを高効率に計測・収集可能とした。同システムは、Android 端末に Bluetooth 接続可能な計測器を複数台接続し、バーコードや RF-ID を用いた個体識別、バーコードやノギスを用いた長さの計測、電子はかりを用いた重さの計測、テンキー入力可能なバーコード端末

による文字や数値の入力などを行うことができる(下図)。CSV ファイルで指定することで、計測項目とその値の範囲を事前に設定することができ、入力ミスを防ぐ機能も備わっている。また、計測データを、CSV ファイルとしてメール送信する機能を備えており、データセンターにメール送信することでデータベースをアップデートすることもできる。汎用的なシステムとして開発してあるため、様々な植物の育種で活用できるシステムとなると期待される。実際に、現在、民間企業 2 社が育種の現場でソルガムとは異なる植物種の計測に利用している。同システムを司る Android 端末用ソフトウェアは現在ベータ版であるが、同ソフトウェアをフリーで一般に配布する準備を進めている。

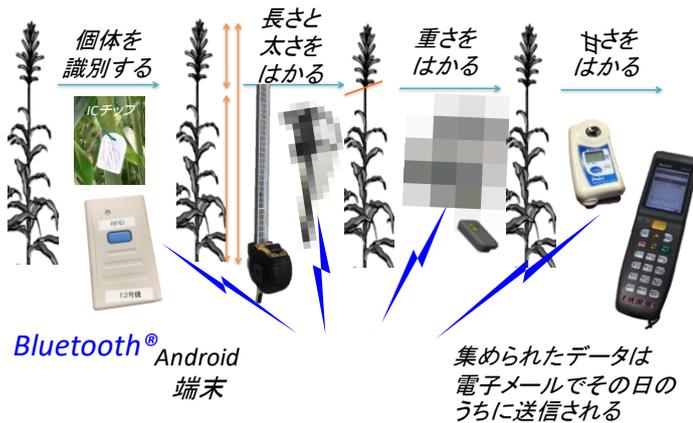


図. 個体の識別にはバーコードだけでなくRF-IDも利用できる。バーコード付き物差し、ノギス、電子秤を用いて、長さや重さを効率的に計測できる。また、糖度のように計測後に手入力が必要な場合は、テンキー付きバーコードを用いて入力する。こうしたシステムを持ちることにより、多数の個体を短時間に計測できる。

3.3 開花およびバイオマス関連形質の環境応答のモデル化と重要遺伝子発現解析(名古屋大学 佐塚グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

・ 研究のねらい

本プロジェクトの最終目標は高速育種技術「テーラーメイド育種法」を構築することであった。そこで当グループでは、ゲノムワイド SNPs から予測するモデル(ゲノミックセレクション予測モデル)に組み込むために、作期移動試験などを行い、作物モデリング手法によるモデル化を本研究課題の目的とした。また、本プロジェクトの GWA 解析などで明らかになる重要形質の主働遺伝子の機能解析も行った。

・ 研究実施方法

(ア) 開花およびバイオマス関連形質の作期移動試験、及び開花およびバイオマス関連形質の環境応答のモデル化

ジェノミックセレクションによる高速育種技術「テーラーメイド育種法」を達成するためには、作物モデリング手法によるモデル化が重要であり、特に開花形質についてはバイオマスや糖度など、他の形質に大きく影響することから、そのモデル化は最も重要であった。

そこで、開花及びバイオマス関連形質の異なる遺伝資源 9 系統(那系 MS-3B、bmr-6、Italian、SIL-05、Tx430、長品 232、MS79B、Dwarf white milo (DWM)、Tall white sooner milo(TWSM))について、名古屋大生命農学研究科附属東郷フィールドのソルガム圃場にて 5 作期を設定した作期移動試験を行い、開花及びバイオマス関連形質の調査と環境データの収集を行った。5 作期については、平成 25 では

播種を5月第1週から第5週まで1週間ごと、平成26年では5月第3週から6月第2週まで1週間ごと、平成27年では、5月第2週から6月第5週まで2週間ごとを行った。各品種の種子をセルトレイへ播種し、4週間後に圃場へ各系統8個体ずつ定植した。このうち5個体について7月中旬より10月まで開花日を調査した。得られた結果は、岩田グループと共同で作物モデリング手法によるモデル化を行う予定である。

(イ) 開花およびバイオマス関連遺伝子の形質転換系の検討

本プロジェクトの過程で、東大グループのバイオマス関連遺伝子の解析により、*dw1* 遺伝子座が重要遺伝子座の一つであることが明らかになり、我々の研究によって候補遺伝子も同定された。しかし、それが原因遺伝子であるかを証明するための相補性検定などが行われていなかった。その理由として、ソルガムには安定的な形質転換系が樹立されていないことが挙げられた。そこで、本プロジェクトでは、ソルガムの形質転換系の樹立も目標とした。

- ・ 当初の研究計画に対する現在の研究進捗状況と得られた成果

(ア) 開花およびバイオマス関連形質の作期移動試験について試験を行った。上記9品種を供試し、平成25年5月1日から5月30日の各週の5作期について調査した。その結果、到花日数、全重は作期が遅くなるほど減少したが、稈長に関しては変化しないことが明らかとなった(図8)。この結果は平成26-27年にも再現性が確認された。

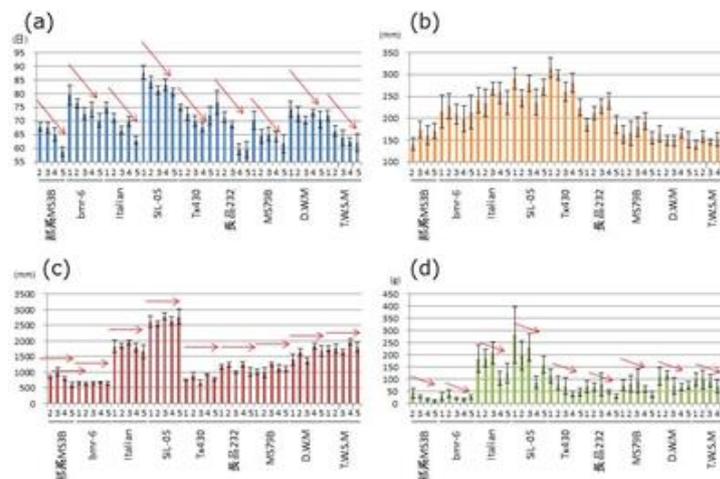


図8. 平成25年度作期移動試験の結果
(a) 到花日数、(b) 穂長、(c) 稈長、(d) 全重。横軸の数字は播種時期を示す。1; 5/1, 2; 5/9, 3; 5/15, 4; 5/23, 5; 5/30 播種。

(イ) 形質転換については、安定的で簡便な方法を確認するためエレクトロポレーション法について検討を進めたことに加え、イネで実績のあるアグロバクテリウム法を検討した。この結果、エレクトロポレーションでは一過的発現系が樹立された。また、アグロバクテリウム法も可能となり、重要矮性遺伝子 *Dw1*(下記)の相補性検定が達成された。

- ・ 当初計画では想定されていなかった新たな展開とそれによって得られた成果
本プロジェクトのGWAS解析によって、*dw1* 遺伝子座が稈長に重要であることが明らかになった。*dw1* 遺伝子は米国の多くのソルガム短稈品種に導入されている重要遺伝子であるにも関わらず、クローニングされていなかった。そこで、当初計画していなかったが、この研究の重要性を考慮し、この解析を進めた。

イネではジベレリン生合成酵素の遺伝子が短稈化育種に利用されている。そこでまず、ソルガムのジベレリン生合成酵素や情報伝達因子の遺伝子座と *dw1* 遺伝子座とを比較した。その結果、両者は一致しなかったことから、*dw1* はジベレリン関連以外の遺伝子である可能性が示唆された

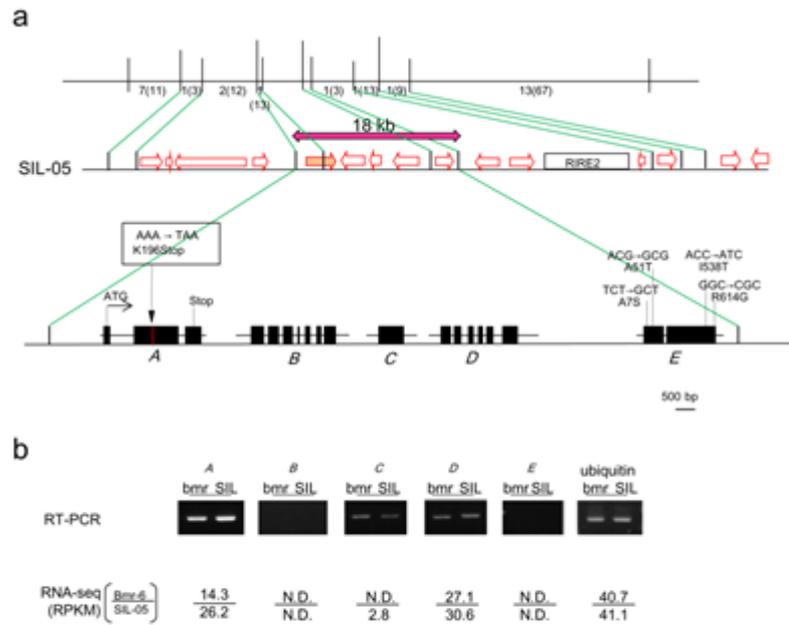


図9. qCL-9のポジショナルクローニング (Ordonio et al. 2014). (a) *Dw1* 領域の高密度連鎖地図。(b) 候補領域に座乗する5つの遺伝子の節間での発現。

次に、*dw1*の遺伝子クローニングを行った。*dw1*については、これまでの我々の研究によって候補領域が第9染色体の18kbに絞られており、そこには5遺伝子(A-E)が座乗していた(図9a)。そこで本プロジェクト研究では、次のことを行った。まず、この解析のマッピング集団の親であった *bmr-6* (*dw1*)と *SIL-05* (*Dw1*)の二品種について次世代シーケンサーを用いてRNA-seq解析とRT-PCR解析を行ったところ、この2つの候補遺伝子のうち、遺伝子Eは節間ではほとんど発現していなかった(図9b)。さらに、変異型 *dw1*を有するDWMゲノムと、その母本の近縁品種であり野生型 *Dw1*を有するTWSMゲノムを用いたリシーケンシング解析では、この候補領域18kb内にSNPは唯一、遺伝子Aにしか存在せず、それはナンセンス変異であったことから、機能未知である遺伝子Aが *dw1* 遺伝子であることがほぼ確定した。これは未熟胚とアグロバクテリウム法によるソルガムの形質転換による相補性検定によって証明された。また、この *dw1* は、ほぼ同時に米国のテキサスA&M大のグループによってもクローニングされたが、相補性検定がなされなかった(Hilley et al. 2016)。

遺伝子Aにはイネオルソログが2つ(*Osdw1a*, *Osdw1b*)存在したことから、イネを用いた機能解析を行った。RNAi法によって *Osdw1a*, *Osdw1b*の発現が共に抑制された系統を解析した結果、節間伸長が抑制され、稈長が短縮していることが明らかとなった(図10

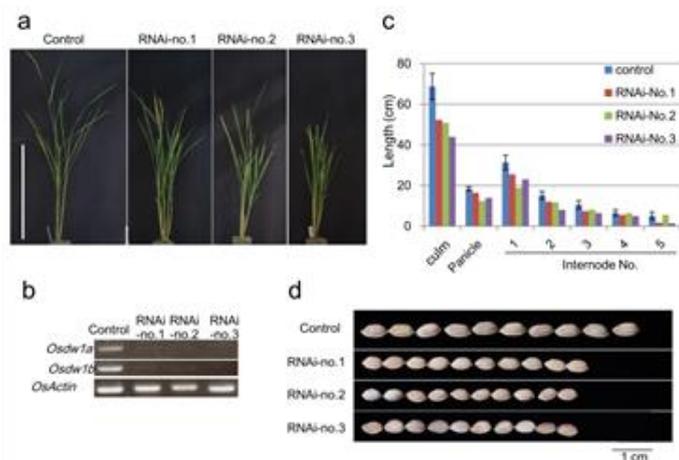


図10. イネ *dw1* オルソログの解析 RNAi 系統の草型(a)、*Osdw1a*, *Osdw1b*の発現(b)、稈長、穂長及び節間長(c)、種子長(d)。

a-c)。このことから *Osdw1a*, *Osdw1b* は節間伸長に関わる新規遺伝子であり、ソルガム *Dw1* も同様の機能を有する可能性が示唆された。

また興味深いことに、発現抑制系統では種子の短粒化が観察された (図10d)。イネではブラシノステロイド関連変異体の種子において、短粒化の表現型が現れることが知られている。そこで、DWMとTWSMを用いてブラシノステロイドの一つであるブラシノライドに対する応答性を調べた。

その結果、DWMはTWSMに比べブラシノライドに対する応答性が鈍いことが明らかとなった (図11a, b)。また、ブラシノステロイド関連変異体では、暗形態形成に異常を生じることが知られている。そこで、SIL-05 のゲノム背景として *dw1* を導入した準同質遺伝子系統 (NIL-*dw1*) を作成し、暗形態形成を調べたところ、NIL-*dw1* は母本品種に比べメソコチルの伸長性が低下していることが明らかとなった (図11c, d)。また、NIL-*dw1* ではブラシノステロイド関連遺伝子に対するフィードバック応答が弱まっていた (図11e)。そして、NIL-*dw1* と NIL-*dw3* (注: *Dw3* はシロイヌナズナのオーキシン輸送関連遺伝子 *AtPGP19* のソルガムオルソログ遺伝子) の交配により得た NIL-*dw1dw3* (*dw1dw3* の二重変異を有する NIL 系統) は相乗的な効果を示したことから、DW1 とオーキシンとの相互作用が示唆された (図12)。

さらに、DW1 タンパク質はブラシノステロイドシグナルの重要な抑制因子である BIN2 と酵母ツーハイブリッド系にて結合すること (図13a)、シロイヌナズナのプロトプラストにおいて、DW1 の過剰発現は BIN2 の核局在を妨げ、その結果、BIN2 の標的因子である BZR1 が核局在することを明らかにした (図13b)。このことから、DW1 はブラシノステロイドシグナルにおける正の制御因子であり、その作用として BIN2 の核局在を妨げること示された。また、*Dw1* 遺伝子はコケヤシダ類にも存在することも明らかとなり、一方で BIN2 の主要抑制因子と考えられている BIK は種子植物にのみ存在することから、DW1 の出現は BIK よりも出現が進化的に古いことが明らかとなった。

以上のことから、*Dw1* はブラシノステロイドの情報伝達経路に関わる新規重要遺伝子である可能性が示唆された。

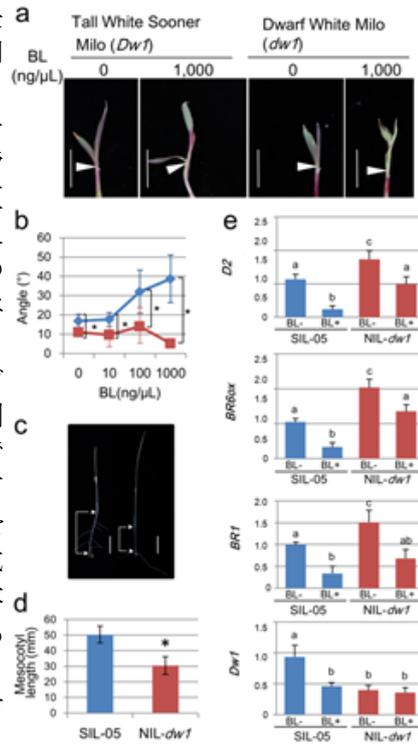


図11. *dw1* 変異を有する系統におけるブラシノステロイド反応の低下
ブラシノライドに対するラミナジョイントテスト(a, b)、暗形態形成(c, d) 及びブラシノステロイド関連遺伝子のフィードバック反応(e)。青: *Dw1* 系統、赤: *dw1* 系統。

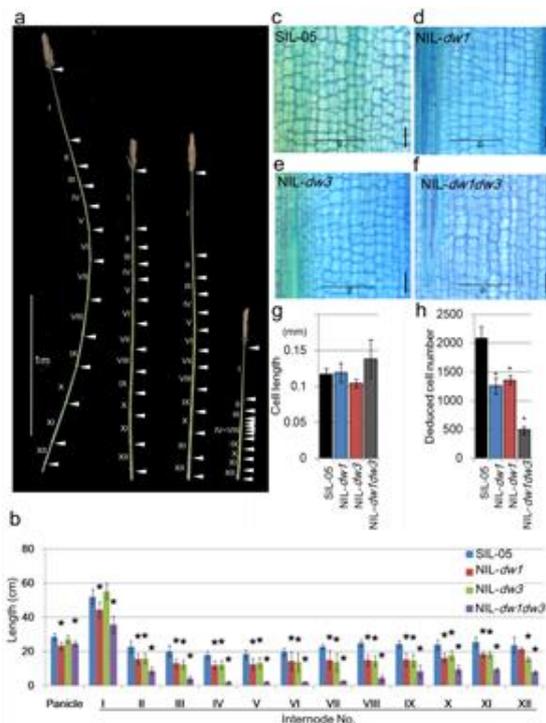


図12. *dw1* と *dw3* の遺伝学的相互作用
NIL-*dw1*, NIL-*dw3*, NIL-*dw1dw3* の節間伸長パターン (a, b)、細胞伸長(c-e) 及び推定節間細胞数(h)。

<参考文献> Hilley et al. (2016) PloS One, 11, e0151271.

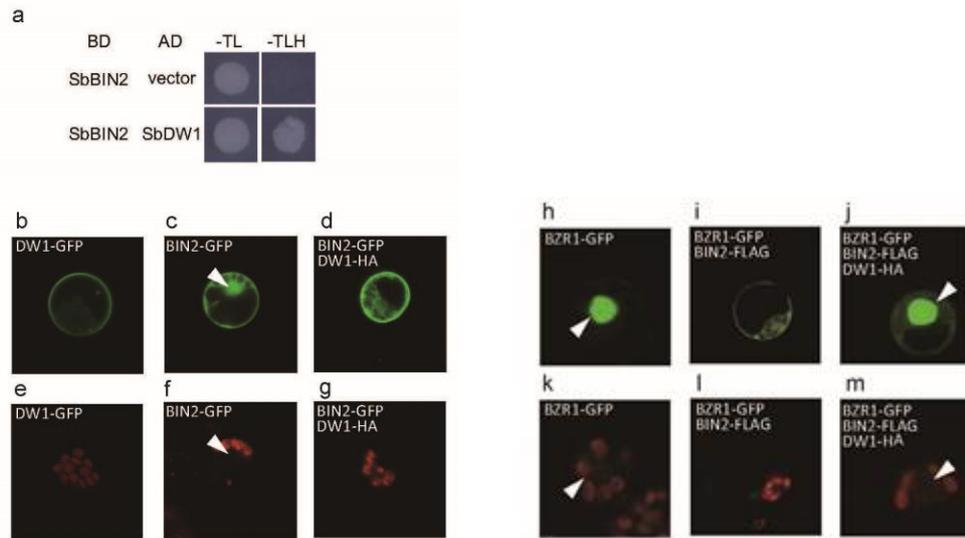


図13. DW1 と BIN2 の相互作用と BIN2 の核局在の阻害

(a) SbDW1 と SbBIN2 との相互作用 (Y2H アッセイ)。 (b-d, h-j) イネプロトプラストにおける DW1, BIN2, BZR1 の一過的発現。 (b) DW1 は細胞膜とサイトゾルに局在。 (c) BIN2 は核とサイトゾルに局在。 (d) DW1 と BIN2 の共発現は BIN2 の各局在を阻害。 (h) BZR1 は核とサイトゾルに局在。 (i) BZR1 と BIN2 の共発現は BZR1 の各局在を阻害。 (j) DW1, BIN2, BZR1 の共発現によって BZR1 は核に局在。イネプロトプラストには BIN2-GFP, BZR1-GFP, DW1-GFP を形質転換し、BIN2-FLAG, DW1-HA, BIN2-FLAG/DW1-HA を共に形質転換した (e-g, k-m)。

3. 4 高速・多検体ゲノムワイド SNP ジェノタイピングシステムの開発と利用 (明治大学 矢野グループ, 東京大学 堤グループ, 東京大学 岩田グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

- ・ 研究のねらい

(ア) RAD-Seq (Restriction Site Associated DNA Sequence) とよばれる次世代シーケンサーを活用した多検体ジェノタイピング法を改良して、安価で迅速に系統間で安定したジェノタイピング用配列を得ることを目指す。さらに、RAD-Seq で得られた SNP に基づく予測モデルによる選抜システムを開発し、個体の選抜および交配組み合わせの決定をおこなう。また、ジェノタイピングに供試した集団のバイオマス関連形質の表現型値とジェノタイプを用いてゲノムワイドアソシエーション解析 (GWAS) をおこない、主働遺伝子の同定と機能解明を目指す。

(イ) 高速シーケンサー (NGS) を用いた大規模な DNA 配列解析基盤の整備と SNP 探索
高速シーケンサー (NGS) を用いることで大量のゲノム配列情報を取得し、系統・品種間の塩基多型などを探索できる。しかし、NGS から得られる塩基配列情報は解読エラーを多く含むため、塩基多型を高精度・効率的に探索できない。そこで、本研究では、NGS から得た配列情報より高品質な塩基配列情報を抽出し、高品質配列をアライメントすることによって、品種・系統間 SNP を正確かつ効率的に探索するための解析基盤を整備するとともに、ソルガムの調査系統に対する SNP 探索を実施する。

- ・ 圃場情報管理データベースの開発

本研究課題では多数のソルガム系統を用いた形質調査とジェノタイピング (SNP 探索) を実施する。これらの大規模情報を効率的に管理・利用する上で、インタラクティブな Web データベースの開発が求められる。そこで、本研究では、これらの情報を容易にアクセスし得るデータベースを開発・運営する。

研究実施方法

- (ア) 遺伝資源約 500 系統を用いて、RAD-seq によりソルガムのゲノムワイドなジェノタイプングをおこなった。循環選抜に供試する全個体について、RAD-seq によりジェノタイプングを実施する。福島とメキシコの塩害地で栽培試験をおこない、それぞれの環境でバイオマス形質の表現型データを取得する。取得した表現型データとジェノタイプデータに基づき、予測モデルを構築し(岩田グループ)、それに従って選抜した個体間で交配し、ゲノムシャッフリングとアレルの集積を進める。純系の遺伝資源、交配後展開している家系および本 CREST 領域の田中チーム坂本グループが作成した組換え自殖集団を用いて、GWA 解析を実施しバイオマス関連形質の主働遺伝子の単離を試みる
- (イ) 高速シーケンサー(NGS)を用いた大規模な DNA 配列解析基盤の整備と SNP 探索
高速シーケンサー(NGS)を用いることで大量のゲノム配列情報を取得し、系統・品種間の塩基多型などを探索できる。本研究課題では、ソルガムの多数の系統のジェノタイプングを効率的に実施するために、RAD-seq を用いている。この RAD-seq から得られた配列情報から SNP を探索するためのツールとして、Stacks が広く用いられている。そこで、矢野グループにおいて、Stacks を用いた SNP 探索の妥当性を検討した結果、以下の特性があることが分かった：(1) SNP の検出感度において優れている、(2) 低 depth リード使用時の SNP の正確性において問題がある。そこで、矢野グループでは、より高精度・高効率に SNP を探索するために、アルゴリズム構築とツール開発を実施した。

開発したアルゴリズムは、低 depth リードから正確性を確保しつつ、高速に SNP を網羅的に探索できる。開発したアルゴリズムでは、低 depth リードからの SNP 検出感度を上げるため、3本以上のリードでサポートされる SNP を検出し、カイ二乗検定を用いて遺伝子型を推定する。また、正確性を確保するため、疑陽性が多く含まれるリード末端領域と挿入・

欠失(indel)サイト近傍領域を SNP 探索領域から除外する。以上のアルゴリズムを高速に実行可能とするツール Heap を開発した。ツール開発は、C++言語を用いている。Heap の予測結果の妥当性を評価するため、ソルガム 17 系統の RAD-seq データを用いた検証を行った。SNP 探索は、Heap 以外に、代表的な SNP 探索ツールである Stacks、SAMtools/BCFtools および GATK を用いた。そして、各ツールの SNP 検出における感度(Sensitivity)、陽性適中率(PPV)、F-score をそれぞれ求めた(図14)。ここで、F-score は、予測結果の評価尺度の1つであり、感度と陽性適中率の調和平均として求められる。この比較の結果、Heap は最も高い F-score をもち、他のツールの F-score とも有意な差が認められた。

開発ツール Heap を用い、ソルガム約 500 系統に対して SNP を探索した。その結果、約 40 万個の塩基サイトにおいて SNP が認められた。また、ゲノム内の SNP の分布を求めたところ、ほぼ均一に分布しており(図15)、探索結果の妥当性が示唆された。

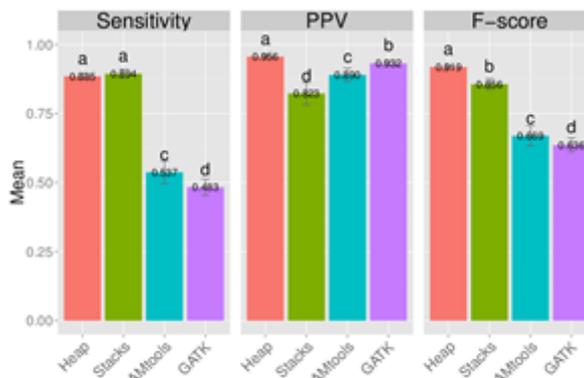


図 14 SNP 検出のツール間比較結果。ソルガム 17 系統の RAD-seq データより SNP を探索した。図中の異なるアルファベットは有意差が認められたことを示す。

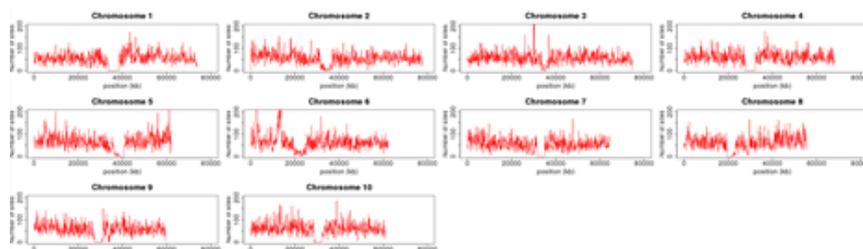


図 15. 各染色体の SNP 頻度分布。各ボックスは個々の染色体の結果を示す。

(ウ) 圃場情報管理データベースの開発

本研究課題では、圃場における形質調査の効率化、および、多数のソルガム系統の形質・家系・ゲノム情報を容易に抽出するための圃場情報管理データベースを開発している(図16)。以下、圃場情報管理データベースの現バージョンの機能と格納情報を記載する。

開発している本データベースの現バージョンでは、圃場マップ情報と系統情報が格納されており、インタラクティブな Web インターフェースを通して必要な情報に容易にアクセスできるとともに、クライアント端末から形質情報をデータベースサーバーに転送・更新できる(図4)。圃場マップ情報は、圃場内の各区画に栽植している系統・個体番号のリストが格納されており、各系統・個体の詳細情報へのリンクを提供する。系統・個体情報には、親系統名、近交系/雑種・世代などの情報が含まれる。系統情報の詳細ページでは、個体別の形質情報が表記される。この Web ページには、形質の表現型値に基づく検索機能も設けられており、系統情報をインタラクティブに抽出できる。

データベースは、ゲノムブラウザ機能も搭載しており、グラフィカル・ビューワーを通して系統間 SNP 情報を容易に把握できる。さらに、ゲノム構造の情報を付加しているため、遺伝子座(領域)や SNP の種別(同義・非同義置換など)の情報も閲覧できる。データベース内では、これらの情報はインターナル・リンクにより結合されているため、情報間をシームレスに移動できる。

また、圃場における利便性を高めるために、コンピューター端末だけでなく、モバイル端末(アンドロイド・タブレットなど)からアクセスできるように、インターフェースの設計を行った。特に、当プロジェクトでは、IC チップおよび Bluetooth 通信機能を利用した効率的な表現型計測システムの確立を進めている。この表現型計測システムでは、計測作業を効率化できるだけでなく、タグ付けされた植物体から得られた表現型値(電子ノギスや電子天秤、糖度計などから取得した表現型値)を、圃場情報管理システムに迅速にアップロードできる。本システムを用いることにより、大規模な選抜対象集団・系統情報や計測した形質データのハンドリングと再解析が効率化できる。



図 16. 圃場情報管理システムの導入による育種戦略の効率化

- 当初の研究計画(全体研究計画書)に対する現在の研究進捗状況と得られた成果

(ア) SNP ジェノタイピング

世界のさまざまな地域から収集されたソルガム遺伝資源 427 系統から DNA を抽出し、特定の長さを持つ制限酵素断片のみをライブラリー化し、各系統にインデックス配列を付加したうえで、次世代シーケンサを用いて RAD-seq を行った。得られた配列は矢野グループによりリファレンスゲノムにマッピング後 SNPs 抽出され、ゲノムワイドマーカーとし、427 系統の遺伝子型データを得た。得られた SNPs のゲノム上の出現頻度を図1に示した。遺伝資源 427 系統で約 40 万ローカスの SNP が検出された。また SNP ローカスがゲノム全体に分布していることが分かった。

(イ) ソルガム遺伝資源の集団構造解析

約 40 万の SNPs ローカスのうち、80%以上の系統でデータが存在する SNPs (44,752 SNPs) を集団構造解析に用いた。各系統で欠測した SNPs の遺伝子型は BEAGLE (Browning and Browning 2009)を用いて補完した。全系統の遺伝子型データを多次元尺度構成法 (MDS), k-平均法による非階層的クラスタリングによって解析し、427 系統に見られる集団構造を推定した。その結果、用いたソルガム遺伝資源の集団構造は3つの特徴的なグループに分類されることが分かった(図17)。この集団構造から得られたクラスタ分類を各系統の原産地と対応させると右の地図のようになり、遺伝的集団構造が地理的背景の影響を強く受けていることが示唆された。

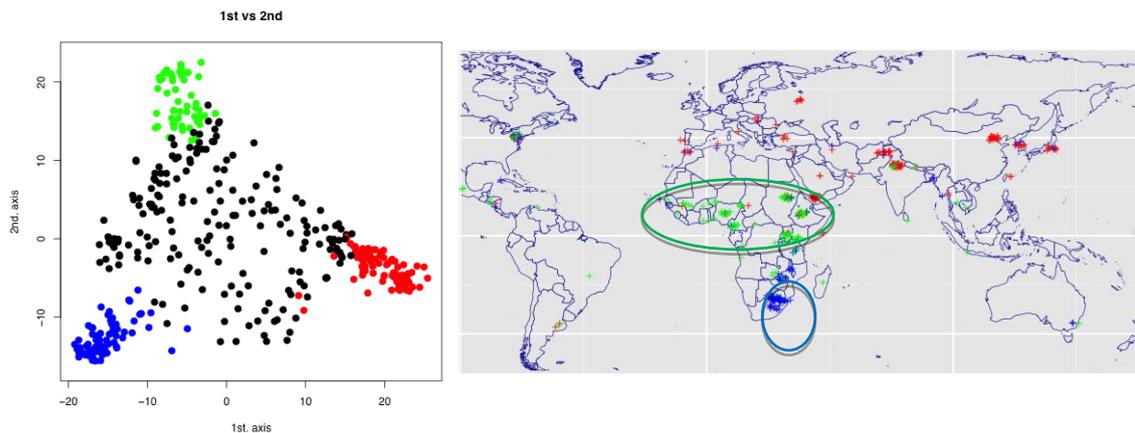


図 17. 本研究で用いたソルガム遺伝資源の集団構造解析。

RAD-seq によって得られた 427 系統のゲノムワイド遺伝子型データをもとに、多次元尺度法により集団構造解析をおこなった。さらに k-平均法によってクラスタリングした 3 つのクラスタをそれぞれ着色した。右の地図は、この集団構造から得られたクラスタ分類を各系統の原産地と対応させて示したものである。

(ウ) RAD-seq ライブラリ作製法の改良

これまで用いてきた RAD-seq ライブラリ調整法では、検出される SNPs のサイト数は数十万と非常に多いものの、その分マップされたリードの平均 depth が 5 程度と薄く、矢野グループからこの depth では SNP サイトのホモ/ヘテロ検定が非常に不安定になる可能性があるとの指摘があった。また、岩田グループからも、今後のモデルによる選抜にはそこまで多くの SNPs は必要ないとの意見も出たため、SNPs サイト数を減らし depth を増やすためにライブラリ調整法の改良を行った。複数の調整法を検討した結果、これまで使用してきた二種の制限酵素 (4 塩基認識および 6 塩基認識) を共に 6 塩基認識の制限酵素に変更することで生成される断片数を従来の 1/16 程度に減少させ、その分個々のリードの depth を増加させる調整法を採用した。また、1 レーンあたりのマルチプレックス数を増加 (これまでは 80 マルチプレックスレーン、

改良した調整法では 110 マルチプレックスレーン) させることで depth の増加と共に 1 サンプル当たりの単価の引き下げの両立を目指した。これを用いて直ちに循環選抜に供試する全個体についてジェノタイピングを実施することが可能である。そこから得られたジェノタイプデータに基づき予測モデルに従って選抜した個体間で交配し、ゲノムシャッフリングとアレルの集積へと進む予定である。

(エ) 大規模な DNA 配列解析基盤の整備と SNP 探索

開発したアルゴリズムと解析ツール Heap の適用により、ソルガム約 500 系統の RAD-seq リードから約 40 万塩基サイト上の SNP を同定しており、当初の予定通り、計画が進行している。

図 17. 圃場情報、系統・形質情報、オミックス情報の統合化による育種計画の推進

(オ) 圃場情報管理データベースの開発

当初の予定通り、計画が進行した。ユーザー自身がデータ・ファイル(複数の Excel ファイルなど)を管理・データ解析することなく、Web ブラウザ上でシームレスに各種データをハンドリングできる。特に、所要の表現型値を備えた系統を迅速に選抜できるため、育種計画の立案を促進できる。(図18)

現在、新たに、気象情報(降水量、気温、湿度、風速など)や環境情報、また、他のオミックス情報の統合を予定している。たとえば、ゲノムワイド関連性解析(GWAS)情報、公共データベース GEO や SRA より取得・解析した遺伝子発現プロファイル情報を統合し、SNP 情報と併せた閲覧を可能とすることにより、系統・個体選抜に資する情報を提供する予定である。

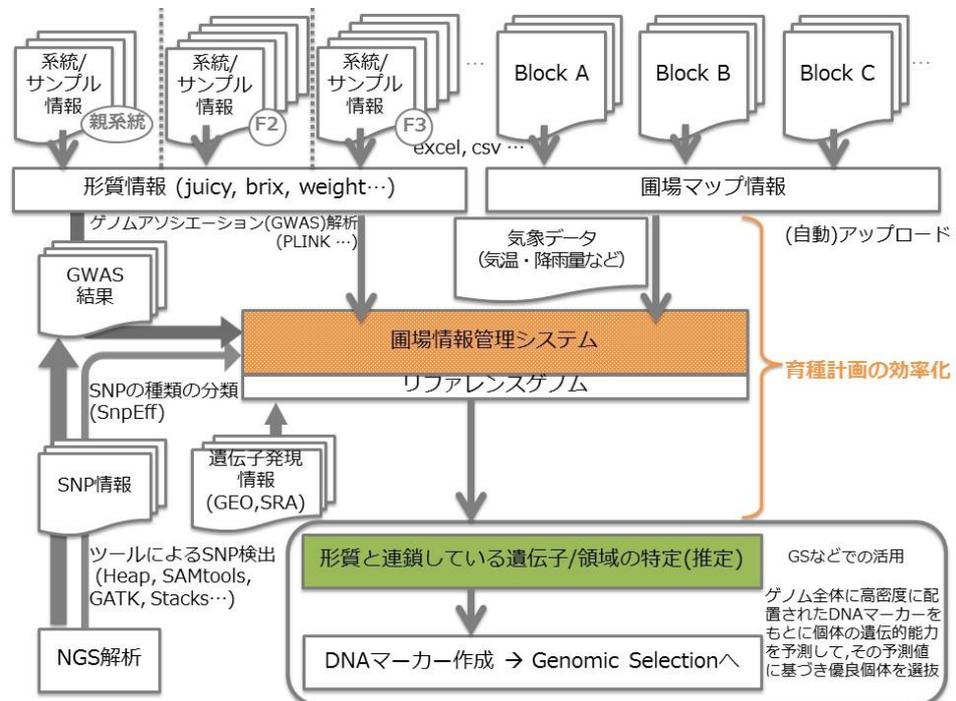


図 18. 圃場情報、系統・形質情報、オミックス情報の統合化による育種計画の推進

- ・ 当初計画では想定されていなかった新たな展開があった場合、その内容と展開状況と得られた成果

本研究課題で実施しているゲノム配列解読では、1つの系統あたりの取得配列量(リード数)が比較的少ないため、高効率に SNP を同定することが困難であった。矢野グループでは、この問題を解決するために、低 depth リードから高効率・高精度に SNP を探索するツール **Heap** を開発し、ソルガム約 500 系統から約 40 万塩基サイト上の SNP を同定した。

3.5 選抜シミュレーションおよび選抜実験における効率評価、同アプローチの有効性の検証 (東京大学 岩田グループ, 東京大学 堤グループ, (株) アースノート 徳永グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

- ・ 研究のねらい

ゲノム情報に基づく高速および高精度な選抜 (MAS およびゲノミックセレクション) を実行するために、表現型変異とゲノムワイドマーカー変異を結びつける各種モデル開発を行う。ゲノムワイドアソシエーション解析による原因遺伝子検出や、ゲノミックセレクションのための予測モデル構築を行う。また、表現型計測の高効率化や、育種シミュレーションに基づく新育種システムの最適デザインの解明についても研究を行う。さらに、開発した育種システムの性能評価を行い、育種事業への実装を試みる。

- ・ 研究の実施方法

ゲノミックセレクションのポテンシャルやその最適な利用法はまだ明らかになっていない。これは、植物種や材料特異的であるため、それぞれの材料に適した利用法を都度求める必要がある。本研究では、育種シミュレーションを行うことにより、高速テラーメード育種法の性能評価を行い、かつ、シミュレーションを通して、選抜強度や選抜集団サイズなど、選抜に関わるパラメータを最適化するシステムを構築する。また、そのシステムをもとに高速テラーメード育種の最適デザインを求める。

- ・ 当初の研究計画に対する現在の研究進捗状況と得られた成果

(ア) 選抜シミュレーションシステムの開発と高速テラーメード育種法の性能評価

マーカー遺伝子型データと表現型データをもとにゲノミックセレクションを用いた循環選抜をシミュレートし、期待される改良程度について推察するためのソフトウェア GSS の開発を行った (図 19 左)。GSS は、Iwata ら (2013) の提案手法を発展させた育種シミュレーションを、GUI を実装した簡易ソフトウェアで実現することを目標として開発した。GSS を用いて、メキシコの栽培試験で得られた表現型とマーカー遺伝子型のデータをもとに、「高糖性と高バイオマス」系統の作出を目標に、Brix と生重量に対してゲノミックセレクションによる循環選抜を行うシミュレーションを行った。その結果、ゲノミックセレクションによって両方の形質を同時に、かつ、効果的に改良できることが分かった。また、Brix と生重量の順位和に対して選抜をかけるのが最も改良的であることが分かった (図 19 右)。

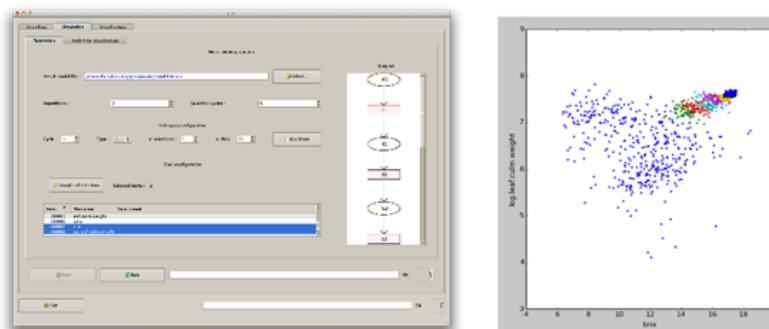


図 19.(左) GSS の実行画面。ユーザは、さまざまな条件下でのシミュレーションを簡易に実行できる。(右) 縦軸が性重量 (対数)、横軸が糖度。色の違いは選抜世代の違いを示す。選抜が進むと集団平均が右上 (高糖度・高バイオマス) に向け移動し、両方を兼ね揃えた遺伝子型を効率的に選抜できることが分かる。

3.6 テーラーメイド育種効率化のための大量 SNP ジェノタイピング技術の開発とデータベース基盤整備 (明治大学 矢野グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

当該グループでは、主に、次世代シーケンシングデータとオミックス情報の統合解析を実行するための解析基盤を構築し、系統間SNPの同定を高効率化することを目的とする。そこで、当該グループでは、ソルガムの多検体高速ジェノタイピング技術を確立した。また、実験系統に対する調査形質データと家系情報を簡便に取得し、有用系統の評価を迅速とするために、データベース・プロトタイプを開発・運営している。

(ア) 収集される表現型データのデータベースシステムの開発

形質および表現型の観測値データをサーバー上に集積し、データベースを構築した。本システムは、単なるデータの統合化だけではなく、圃場においてタブレット端末を用い取得した計測値データセットを迅速かつ容易にサーバーにアップロード可能としている。そのため、圃場調査から選抜までの一連の育種過程をシームレスに実行することができる。本システムでは、形質情報、ゲノム情報や遺伝子機能情報を始めとするオミックス情報を統合しており、本研究課題より得られた SNP サイト近傍の発現遺伝子情報を容易に収集できる。同時に、サーバー・セキュリティの頑健性においても十分に留意しており、より安定なデータベース・サーバーの開発・運用に至っている。

(イ) 次世代シーケンシングデータの効率的解析システムの開発

高速シーケンサー・データから SNP を高精度に検出するために、個体識別用バーコード情報とゲノム配列断片 (ショート・リード) 情報を迅速に処理し得るシステムを構築した。特に、ショート・リードに埋め込まれた個体識別用バーコードを識別・トリミングし、得られたゲノム配列断片をソルガムのリファレンス・ゲノム配列にマップするためのパイプラインを構築した。また、解析対象とする分離集団ではジェノタイピングが難解なヘテロ個体が含まれるため、SNP 群の擬陽性率を低減し得る手法を確立した。そのために、アセンブルやマッピングにおけるパラメーターの条件検討を行い、雑種後代におけるジェノタイピングを高効率化した。そして、開発手法を実行する SNP 探索ツール Heap を公開した。

(ウ) 表現型計測システムのプロトタイプ構築

播種～圃場調査～選抜に至る一連の育種プログラムを円滑とするためのシステム (圃場管理データベース) のプロトタイプを構築した。本システムには、圃場マップや気象情報、形質情報、系統情報、ゲノム情報が格納されており、圃場での形質調査結果を迅速に処理できる。

3.7 選抜された耐塩性ソルガムを用いた社会実装 (株式会社アースノート 徳永グループ)

(1) 研究実施内容及び成果

(ア) メキシコでの展開

Sinaloa 州の Los Mochis には ALFER 社があり、ALFER 社はクレスト栽培試験地の土地所有者であり栽培管理等の委託先であるが、塩類土壌での大規模

栽培を希望している。クレスト試験栽培中の F1 のパフォーマンスを間近に観察できたことが推進力となっている。また、ALFER 社はメキシコ国におけるエタノール生産に関する法規制の緩和を受けて、第 2 世代バイオエタノールの大規模生産・販売をロスモチス近郊で計画しており、土地の取得あるいは賃貸コストが小さい塩類土壤地において耐



Proyección de Ventas de SUPER SORGO:

2017	2018	2019
100 Has	500 Has*	10,000 - 15,000 Has**



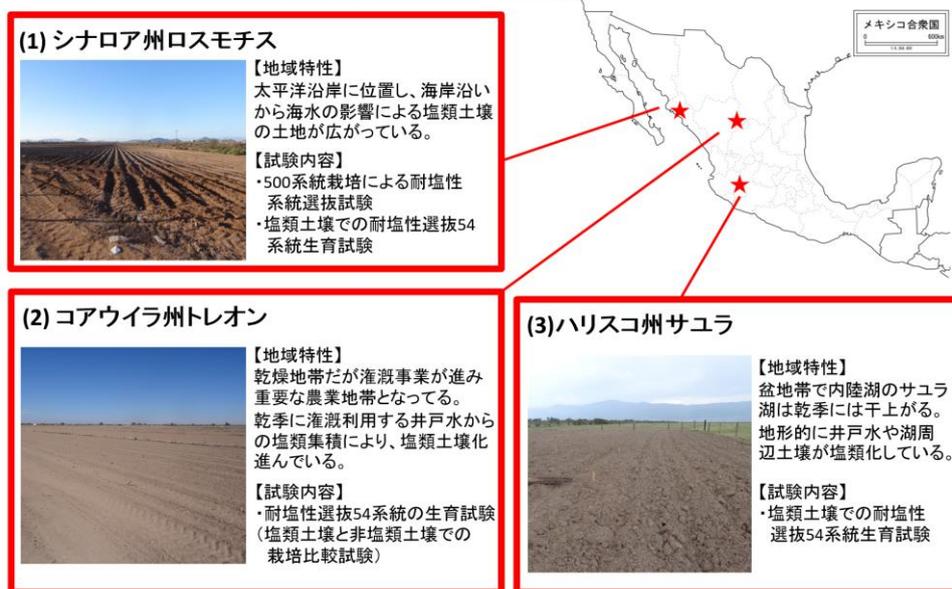
図 20. ALFER 社のソルガム販売計画資料から抜粋
塩性ソルガムを栽培しこれらを原材料としたバイオエ

タノール生産を行うことを計画している。栽培面積は、2017 年は 50~100 ha、2018 年は 300~500 ha、2019 年は 10,000~15,000 ha を決定しており（図 20）、特に 2019 年には新たにバイオエタノールプラントの建設を予定しており、さらなるソルガムの利用が期待できる。さらに、我々は ALFER 社と協力してこれまでにクレストの試験で選抜された耐塩性ソルガムを含む複数の系統を有望系統として選抜し、中規模、大規模な栽培試験へと試験栽培を進めている。これらの栽培試験において耐倒伏性、耐乾燥性、耐病性、アブラムシ耐性など営利栽培を実施する際に重要な農業形質の研究を行い、また適切な栽培方法を検討するなど、我々の今後の事業展開にとって重要な試験を実施していく計画である。

Jalisco 州の Sayula では、これまでのクレストの試験で選抜された比較対象系統などを含む 54 系統の耐塩性ソルガムの栽培試験を行い、目的に則した最適系統を選抜する（図 21）。選抜された系統は中規模栽培試験を経て大規模栽培へと進める計画である。Sayula には耐塩性ソルガムでも生育が困難なレベルの塩類土壤が多数存在する。このような土地では土木工法を用いて地下 35cm の部分にキャピラリーバリアーを作成し、毛細管現象による地下水からの塩類上昇を抑制する。その状態で作土層の過剰な塩類を洗浄したのちに耐塩性ソルガムを栽培するという試験を行う予定である。栽培したソルガムは飼料用として販売する。

Coahuila 州の Torreon は標高 1000m~1400m の高地に位置する巨大な畜産拠点であるが、乾燥と塩類の蓄積が原因で飼料の生産性が低く、他の地域から使用量の 75% の飼料を導入している。Torreon には、COOPERATIVA AGROPECUARIA 社（以下 CA 社とする）という日本でいう JA のような組織があり、種子の販売を業務の一つとし、現在飼料用ソルガム 4 万 ha 分、デントコーン 3 万 ha 分の種子を販売している。ソルガム栽培の技術は優れているが、最大でも年間収量 80 トン/ha である。ALFER 社における試験の様子を写真で見せたところ、トレオン近郊の広大な塩類土壤における耐塩性ソルガムの栽培試験を強く要望されていた。これまでのクレストの試験で選抜された比較対象系統などを含む 54 系統の耐塩性ソルガムの栽培試験を塩類土壤と非塩類土壤で行い、目的に則した最適系統を選抜する（図 21）。選抜された系統は中規模栽培試験を経て大規模栽培へと進める計画である。栽培したソルガムは飼料用として販売する。

2017年メキシコ 試験実施地と内容



これまでに選抜した耐塩性有望系統の栽培試験を土壤塩類化の理由が異なる3か所で行う

図 21. 2017 年のメキシコにおける試験概要資料

イ) ペルーでの展開

ペルーの北西部海岸線近くの Chiclayo という都市の周辺ではイネやサトウキビの栽培が盛んに行われているが、近年一部の地域で排水設備が不十分であるために地下水位が上昇し、そのため土壌の塩類化が進んで問題になっている(図22)。ひどいところでは米の収量が半分以下になったり、農地の40%程度で栽培ができない状態になったりしている地域もある。

我々は現地の農業系企業、及び INIA (Instituto Nacional de Innovacion Agraria :日本の農水省に相当する)の地方支部と協力してこれまでのメキシコの試験で選抜された耐塩性ソルガムの栽培、最適系統の選抜試験を計画し、既に開始している。



図 22. ペルーの塩類土壌の様子



図 23. ペルーで実施した試験の播種の様子

ペルーではサトウキビの栽培が盛んであるが近年はその業績が下がっており、製糖に適した耐塩性ソルガムを選抜することができれば大きい需要が見込めると考えられる。また家畜の餌としても多くの農家がソルガムに興味を持っているという情報があり、バイオマスが大きく栄養価の高い耐塩性ソルガムを選抜することも期待される。

(ウ) ブラジルでの展開

ブラジル北東部地域の少し内陸にセルトン(sertão)と呼ばれる地域があり、この地域は熱帯に属し、年間降雨量が400~800mmと他の地域に比べて非常に少なく、乾燥や一部の地域ではそれに伴う土壌の塩類化が問題になっている。この地域では牧畜業が盛んであるが、干ばつが発生すると家畜に与える水の不足に加えて餌の不足も深刻となり、過去には大きな農場で数万頭単位の乳牛が死んだこともある。

この地域では乾燥地でも栽培できる飼料作物としてトゲの無いサボテンが伝統的に栽培されている。しかしサボテンには水分やミネラルは含まれているが、繊維質に乏しく粗飼料が別に必要となるため、繊維質の豊富なソルガムを栽培することができればサボテンと栄養素を補完し合い、より効率的で栄養豊富な資料を家畜に供給できる可能性がある。

乾燥ストレスは浸透圧の異常として植物に作用するという点において作用メカニズムが塩ストレスと一定の類似性があると言われている。我々は現地の農家や農業系企業と協力してこれまでのメキシコの試験で選抜された耐塩性ソルガムの栽培、最適系統の選抜を計画しており、現地の土壌塩類や乾燥に堪え、またバイオマスの大きい系統が選抜されることが期待される。

(エ) オーストラリアでの展開

South Australia 州の Wellington という都市の近郊にある塩類土壌地にて現地企業と協力してこれまでのメキシコの試験で選抜された耐塩性ソルガムの栽培、最適系統の選抜を実施した(図24)。この圃場の土壌を分析したところ、栄養成分は多く含んでいるものの EC がソルガム栽培に望ましいとされる 0.15 dS/m よりも倍以上高い 0.38dS/m という値を示した。



図 24. Wellington での栽培試験の様子

2016年11月30日にこれまでのメキシコの試験で選抜された耐塩性ソルガム3系統を含む7系統を播種し、栽培試験を実施した。播種からおよそ4カ月が経過して全系統の出穂が完了した時点で形質調査を実施したところ、新鮮重量と栽植密度から換算した1ヘクタール当たりの収量が60ton/haを越えた上位3系統のうち2系統がメキシコの試験で選抜された耐塩性ソルガムであった。

この結果は現地でも高く評価され、栽培時期、施肥、雑草などの管理を見直すことでより高い収量が得られるだろうと期待されている。今後はさらにサイレージの品質を検討する試験を進めるとともに、供試系統を拡大することを計画している。

§ 4 成果発表等

(1)原著論文発表 (国内(和文)誌 0 件、国際 (欧文) 誌 15 件)

1. Watanabe K, Guo W, Arai K, Takanashi H, Kajiya-Kanegae H, Kobayashi M, Yano K, Tokunaga T, Fujiwara T, Tsutsumi N, Iwata H (2017) High-throughput phenotyping of sorghum plant height using an unmanned aerial vehicle and its application to genomic prediction modeling. *Frontiers in Plant Science* 8: 42
2. Yamauchi T, Yoshioka M, Fukazawa A, Mori H, Nishizawa NK, Tsutsumi N, Yoshioka H, Nakazono M (2017) An NADPH oxidase RBOH functions in rice roots during lysigenous aerenchyma formation under oxygen-deficient conditions. *Plant Cell*, in press.
3. Sugano Y, Kokusho R, Ueda M, Fujimoto M, Tsutsumi N, Shimada T, Kiuchi T, Katsuma S (2016) Identification of a bipartite nuclear localization signal in the silkworm Masc protein. *FEBS Lett*, 590: 2256-61.
4. Yamashita A, Fujimoto M, Katayama K, Tsutsumi N, Arimura S (2016) Mitochondrial outer membrane forms bridge between two mitochondria in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Signal Behav*, 11: e1167301.
5. Ueda M, Tsutsumi N, Fujimoto M (2016) Salt stress induces internalization of plasma membrane aquaporin into the vacuole in *Arabidopsis thaliana*. *Biochem Biophys Res Commun*, 474: 742-6.
6. Yamashita A, Fujimoto M, Katayama K, Yamaoka S, Tsutsumi N, Arimura S (2016) Formation of Mitochondrial Outer Membrane Derived Protrusions and Vesicles in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS ONE*, 11: e0146717.
7. Yamauchi T, Shiono K, Naganom M, Fukazawa A, Ando M, Takamure I, Mori H, Nishizawa NK, Kawai-Yamada M, Tsutsumi N, Kato K, Nakazono M (2015) Ethylene Biosynthesis Is Promoted by Very-Long-Chain Fatty Acids during Lysigenous Aerenchyma Formation in Rice Roots. *Plant Physiol*, 169:180-93.
8. Huang J, Fujimoto M, Fujiwara M, Fukao Y, Arimura S, Tsutsumi N (2015) *Arabidopsis* dynamin-related proteins, DRP2A and DRP2B, function coordinately in post-Golgi trafficking. *Biochem Biophys Res Commun*, 456: 238-44.
9. Ishizuna F, Tsutsumi N (2014) Flower Bud Formation of Sacred Lotus (*Nelumbo nucifera* Gaertn.): A Case Study of 'Gyozankouren' Grown in a Container. *Hortscience*, 49: 516-18.
10. Takahashi H, Greenway H, Matsumura H, Tsutsumi N, Nakazono M (2014) Rice alcohol dehydrogenase 1 promotes survival and has a major impact on carbohydrate metabolism in the embryo and endosperm when seeds are germinated in partially oxygenated water. *Ann. Bot.*, 113: 851-59.
11. Shiono K, Ando M, Nishiuchi S, Takahashi H, Watanabe K, Nakamura M, Matsuo Y, Yasuno N, Yamanouchi U, Fujimoto M, Takanashi H, Ranathunge K, Franke RB, Shitan N, Nishizawa NK, Takamure I, Yano M, Tsutsumi N, Schreiber L, Yazaki K, Nakazono M, Kato K (2014) RCN1/OsABCG5, an ATP-binding cassette (ABC) transporter, is required for hypodermal suberization of roots in rice (*Oryza sativa*). *Plant J*, 80: 40-51.
12. Reynante L, Ordonio, Yusuke Ito, Asako Hatakeyama, Kozue Ohmae-Shinohara, Shigemitsu Kasuga, Tsuyoshi Tokunaga, Hiroshi Mizuno, Hidemi Kitano, Makoto Matsuoka and Takashi Sazuka. "Gibberellin deficiency pleiotropically induces culm bending in sorghum: an insight into sorghum semi-dwarf breeding", *Sci Rep.*, 4, 2014 (DOI: 10.1038/srep05287).
13. Yamaguchi M, Fujimoto H, Hirano K, Araki-Nakamura S, Ohmae-Shinohara K, Fujii A, Tsunashima M, Song XJ, Ito Y, Nagae R, Wu J,

Mizuno H, Yonemaru J, Matsumoto T, Kitano H, Matsuoka M, Kasuga S, Sazuka T. Sorghum Dw1, an agronomically important gene for lodging resistance, encodes a novel protein involved in cell proliferation. *Sci Rep.* 2016.

14. Hirano K, Kawamura M, Araki-Nakamura S, Fujimoto H, Ohmae-Shinohara K, Yamaguchi M, Fujii A, Sasaki H, Kasuga S, Sazuka T. Sorghum DW1 positively regulates brassinosteroid signaling by inhibiting the nuclear localization of BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 2. *Sci Rep.* 7, 2017.
15. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Hideki Takanashi, Satomi Asano, Toru Kudo, Hiromi Kanegae, Atsushi J. Nagano, Hitoshi Tainaka, Tsuyosi Tokunaga, Takashi Sazuka, Hiroyoshi Iwata, Nobuhiro Tsutsumi, Kentaro Yano, Heap: a highly sensitive and accurate SNP detection tool for low-coverage high-throughput sequencing data. *DNA Research*, 24(4):397-405.2017

(2)その他の著作物(総説、書籍など)

1. Sazuka, T. and Iwata, H. From Genome to Breeding: Challenge of Genome-Assisted Breeding of Sorghum. *J. Jpn. Inst. Enregy*, 93, 429-435, 2014.
2. 小林 正明, 門田 有希, 望月 孝子, 工藤 徹, 寺島 伸, 中村 幸乃, 中村 保一, 矢野健太郎「Perl 講習会」育種学研究, Vol.18, No.1, 2016.
3. 工藤徹, 寺島伸, 矢野健太郎「統合オミックス情報解析と作物育種への利用」月刊バイオインダストリー, 2015年12月号, 2015.
4. Masaaki Kobayashi, Hajime Ohyanagi, Kentaro Yano *Omics Analysis and Databases for Plant Science* (pp.150-159). *Genomics, Proteomics and Metabolomics in Nutraceuticals and Functional Foods, Second Edition.* (Editors: Debasis Bagchi, Anand Swaroop, Manashi Bagchi), John Wiley & Sons, Ltd., 2015
5. 神沼英里, 望月孝子, 門田有希, 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎「遺伝研スパコンとコマンドラインでのNGSデータ使い倒し講座」育種学研究, Vol.17, No.2, 2015.
6. 小林正明, 大柳一, 矢野健太郎, 岩田洋佳「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, Vol.16, No.2, 2014.
7. 神沼英里, 七夕高也, 矢野健太郎, 清水頭史, 岩田洋佳「育種のための情報解析ツール使い倒し塾」育種学研究, Vol.15, No.3, 2013.

(3)国際学会発表及び主要な国内学会発表

① 招待講演 (国内会議 40 件、国際会議 13 件)

1. Iwata H (Univ. of Tokyo), Genomics assisted breeding and data science for expanding its possibilities. Special Seminar in National Taiwan University, Taipei, Republic of China, December 8th, 2016.
2. Iwata H (Univ. of Tokyo), Development of methodologies for implementing genomic selection in plant breeding. Plant Breeding and Genetics seminar, Cornell University, Ithaca, NY, USA, March 8th, 2016.
3. Iwata H (Univ. of Tokyo), Break the Phenotyping Bottleneck in Genomics-Assisted Breeding. ICIRA2016, Tokyo City University, September 23th, 2016.
4. Iwata H (Univ. of Tokyo), Genomic selection in rice: future perspectives from simulation and empirical studies (tentative title). Workshop “Genomic Selection in Rice”, Montpellier, France, November 24-27th, 2015.
5. Iwata H (Univ. of Tokyo), The use of UAV remote-sensing for phenotyping and

- modeling of genotype-phenotype associations. 2nd Plant Genomics Congress Asia, Kuala-Lumpur, Malaysia, March 18th, 2015.
6. Iwata H (Univ. of Tokyo), Accelerate plant breeding using genomic selection and related technologies. Special Seminar in National Taiwan University, Taipei, Republic of China, November 25th, 2014.
 7. Iwata H (Univ. of Tokyo), High-throughput phenotyping will boost the genetic improvement of crop plants, Asia-Pacific Advanced Network 36th Meeting, KAIST, Daejeon, Korea, August 19-23th, 2013. 佐塚隆志(名古屋大学). 高バイオマス高糖性ソルガムの育種開発. 2012植物科学シンポジウム. 東京. 2012年12月3日
 8. 岩田洋佳(東京大)、作物のゲノム情報を活用したモデルベース開発を目指して、平成29年度野菜花き課題別研究会「野菜のゲノム情報を活用した育種選抜の現状と展望」、アスト津、津、2017年10月25日
 9. 岩田洋佳(東京大)、ゲノム科学とデータ科学が生み出す育種の新しい潮流、BioClub、ロフトワーク、東京、2017年9月19日
 10. 岩田洋佳(東京大)、作物のモデルベース開発(MBD):ゲノム育種のさらに向こうを目指して、第2回食料生産技術研究会、東京大学生産技術研究所、東京、2017年3月8日
 11. 岩田洋佳(東京大)、ドローンリモセンを用いた作物表現型計測とそのゲノム育種への利用、植物科学・作物育種におけるフェノーム解析、農林水産省農林水産技術会議事務局、つくば、2017年6月30日
 12. 岩田洋佳(東京大)、環境か、ゲノムか。両睨みの選抜技術の開発に向けて。第10回ダイズ研究会、つくば国際会議場、つくば、2017年3月10日
 13. 岩田洋佳(東京大)、AgriTech と AgriScience が生み出す育種の新しい潮流、AG/SUM ワークショップ「日本が変える育種ビジネスの未来～ゲノム育種の可能性～」、虎ノ門ヒルズ、東京、2017年5月24日
 14. 岩田洋佳(東京大)、データ科学で植物育種を加速する、計測自動制御学会、名古屋大学、2016年11月18日
 15. 岩田洋佳(東京大)、データ科学を応用し、品種改良を加速する、リバネスセミナー、リバネス、東京、2016年8月10日
 16. 岩田洋佳(東京大)、データ科学と育種:データ科学を応用し、品種改良を加速する、東京大学農学部一般公開セミナー、東京大学、2016年6月18日
 17. 岩田洋佳(東京大)、Genomic Selection にもとづく新しい育種の可能性、特別セミナー、かずさDNA研究所、2016年5月9日
 18. 岩田洋佳(東京大)、ゲノム情報をもとに植物の表現型を予測するー環境応答をモデル化する試みー、雑草学会若手の会、2016年3月28日
 19. 岩田洋佳(東京大)、ゲノム情報と情報科学で育種を加速する、さきがけワークショップ、2016年2月25日
 20. 岩田洋佳(東京大)、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、ゲノム情報活用時代における作物育種の進展と将来展望～、東京大学、2015年11月11日
 21. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクションによる耐塩性ソルガムの創出、鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会「乾燥地での栽培特性の向上を目指して」、鳥取大学、2015年9月2日
 22. 岩田洋佳(東京大)、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、2015年6月30日
 23. 岩田洋佳(東京大)、無人ヘリコプターを用いたリモートセンシングによる高効率フェノタイピング. 日本園芸学会シンポジウム、千葉大学、2015年3月29日

24. 岩田洋佳(東京大)、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~、日本園芸学会小集会、千葉大学、2015年3月28日
25. 岩田洋佳(東京大)、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、2014年11月28日
26. 岩田洋佳(東京大)、フィールドで成長する植物を空から計測する、シンポジウム「植物の繁殖戦略を考える」、名古屋大学、2014年11月4日
27. 岩田洋佳(東京大)、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、2014年10月4日
28. 岩田洋佳(東京大)、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、2014年9月9日
29. 岩田洋佳(東京大)、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、2014年9月1日
30. 岩田洋佳(東京大)、ゲノムワイドマーカーを用いた永年性植物育種の高速度化・効率化、公開シンポジウム「ゲノム情報が拓く我が国の林業と森林管理」、東京大学、2014年5月14日
31. 岩田洋佳(東京大)、大量塩基配列情報を駆使して植物育種を加速する、日本森林学会第125回大会、大宮ソニックシティ、2014年3月28日。
32. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクション:ゲノムと表現型の関連のモデル化に基づく高速育種、講演会「ゲノム多様性データの利用」、統計数理研究所、2013年12月20日
33. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクションの数理:ゲノムと表現型の関係のモデル化とそれに基づく高速育種、第45回種生物学シンポジウム、亀の井ホテル別府店、2013年11月30日
34. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクションで育種を加速する:ゲノム情報が拓く育種の新パラダイム、特別セミナー、山形県農業総合研究センター園芸試験場、2013年10月28日
35. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクションを活用した革新的作物育種システムの構築、シンポジウム「ゲノム情報を駆使した次世代作物育種への展望」、つくば国際会議場、2013年10月18日
36. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミックセレクションで育種を加速する:ゲノム情報が拓く育種の新パラダイム、岡山大学 資源植物科学研究所 平成25年度 共同利用・共同研究拠点ワークショップ「大規模データと情報科学による生命(植物)科学の未来」、倉敷芸文館アイシアター、2013年10月4日
37. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミクスとフェノミクスで育種を加速する、農業情報研究会、東京、2013年3月12日
38. 岩田洋佳(東京大)、地域環境に最適化したゲノム育種を実現するために、北海道農研生物工学部会、札幌、2013年2月1日
39. 岩田洋佳(東京大)、ゲノミクスとフェノミクスで育種を加速する、農業情報学会シンポジウム、帯広、2012年10月3日
40. 佐塚隆志(名古屋大学)。ソルガムにおけるバイオマス関連重要形質のデザイン。第55回日本植物生理学会年会シンポジウム。富山、2014年3月20日
41. Sazuka, T. Genomics-assisted breeding for sorghum improvement. International symposium: "Toward the use of atmospheric CO₂-from photosynthesis to biorefinery". Tokyo, Nov. 8, 2013.
42. *Kentarō Yano(明治大学) Large-Scale Analyses for Genome, Transcriptome

and Knowledgeome in Plant Science. The PAG Asia Conference, Gene Mapping by Segregation Workshop, Conrad Seoul, South Korea, May 29-31, 2017.

43. Kentaro Yano (明治大学) Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. East Asia Agricultural Genome Scientist Forum, Busan, Korea, December 19-20, 2016.
44. Kentaro Yano (明治大学) Omics- and Knowledge-based approaches for the exploration of plant genetic resources. Toronto University, Canada, November 1st 2016.
45. 矢野健太郎 (明治大学)、「植物有用遺伝資源の探索のためのオミックス情報解析基盤整備」, 岡山大学大学院環境生命科学研究科セミナー, 岡山大学, 2016年8月5日
46. *Kentaro Yano (明治大学) Omics- and Knowledge-based approaches for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. The PAG Asia Conference, Finding Function in Crop Genomes Workshop, Grand Copthorne Waterfront Hotel, Singapore, June 6-8, 2016.
47. Kentaro Yano (明治大学) Systems biology for new advances in the use of valuable genetic resources of crops. Institute of Tropical Plant Sciences, National Cheng Kung University, Taiwan, March, 29th, 2016.
48. *矢野健太郎 (明治大学)、「次世代シーケンサーを利用した配列解読と遺伝子発現ネットワーク解析」, 平成27年度園芸学会秋季大会 次世代シーケンサーの園芸学研究における利用 (公開シンポジウム), 徳島大学常三島キャンパス, 2015年9月26日
49. 矢野健太郎 (明治大学)、「Development of strategies for the seamless integration of large-scale omics and knowledge-based information」, 第12回日本ナス科コンソーシアム年会, 明治大学生田キャンパス, 2015年9月4-5日
50. *矢野健太郎 (明治大学)、「有用植物遺伝資源の高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」, 新学術「細胞壁機能」セミナー, 奈良先端大学院大学・バイオサイエンス研究科, 2014年12月12日
51. 矢野健太郎 (明治大学)、「有用植物遺伝資源の高度利用化に向けたシステムズ・バイオロジーの確立」, 京都産業大学・総合生命科学部 バイオフォーラム 2014, 京都産業大学, 2014年12月11日
52. 矢野健太郎 (明治大学)、「システムズ・バイオロジー研究に向けた大規模オミックス情報解析とWebデータベース」, 日本遺伝学会第86回大会 (長浜大会), 長浜バイオ大学, 2014年9月19日
53. 矢野健太郎 (明治大学)、「システムズ・バイオロジー研究に向けた大規模データ解析とバイオインフォマティクス」, 第55回日本植物生理学会年会 シンポジウム 17, 富山大学, 2014年3月19日

② 口頭発表 (国内会議 33 件、国際会議 9 件)

1. Sakamoto L, Kanegae H, Noshita K, Ishimori M, Takanashi H, Sakamoto W, Tokunaga T, Tsutsumi N, Iwata H (Univ. of Tokyo) Morphometrics for genome-wide association study and genomic prediction of plant morphological traits: Its application to genetic dissection of sorghum grain shape. International Symposium on Biological Shape Analysis (ISBSA), Univ. of Tokyo, Tokyo, June 23-26th, 2017.
2. Watanabe K, Guo W, Iwata H (Univ. of Tokyo) High-throughput phenotyping using UAV remote-sensing for plant breeding and cultivation management. 4th International Symposium of Biological Shape Analysis (ISBSA), Los Angeles, United States, June 20-22, 2015.

3. Iwata H et al. (Grad. Sch. Agr. Life Sci., Univ. of Tokyo), Genomic prediction of trait segregation in progeny populations: examples in Japanese pear and rice, International Plant & Animal Genome XXI, San Diego, USA, January 12th-16th, 2014.
4. Iwata H, M Kobayashi, H Ohyanagi, K Yano, T Sazuka, T Tokunaga, N Tsutsumi, (Univ. of Tokyo, Meiji Univ., Nagoya Univ., Earth Note), A High-Throughput Phenotyping System Supporting Genomic Breeding of Crop Plants”, The SICE Annual Conference 2013, Nagoya University, Sept. 14-17, 2013.
5. 岩田洋佳, 石森元幸, 山崎清志, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 米田淳一, 小柴太一, 永野惇, 小林正明, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 藤原徹, 徳永毅, 堤伸浩(東京大学、(株)アースノート、龍谷大、明治大、名古屋大)、圃場ムラなどの局所環境異質性を考慮するための幾つかのモデルの比較検討、日本育種学会第 131 回講演会、名古屋大学、2017 年 3 月 29-30 日
6. 鐘ヶ江弘美, 高師知紀, 高梨秀樹, 藤本優, 石森元幸, 山崎清志, 小柴太一, 小林正明, 永野惇, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 藤原徹, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳(東京大、(株)アースノート、明治大、龍谷大、名古屋大), RAD-Seq を用いた分離集団のジェノタイプングパイプラインの構築と QTL 解析・ゲノミックセレクションへの利用、日本育種学会第130回講演会、鳥取大学、2016 年 9 月 24-25 日
7. 石森元幸, 山崎清志, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 小柴太一, 小林正明, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 藤原徹, 岩田洋佳(東京大、明治大、(株)アースノート)、ゲノムワイドマーカーを用いたソルガム F1 ハイオマスの予測について、日本育種学会第 130 回講演会、鳥取大学、2016 年 9 月 24-25 日
8. 服部智宏, 石森元幸, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 南川舞, 小柴太一, 小林正明, 永野惇, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳(東京大、(株)アースノート、明治大、龍谷大)、メキシコおよび福島におけるソルガム栽培試験 データを用いたゲノミックセレクションの精度評価、日本育種学会第130回講演会、鳥取大学、2016 年 9 月 24-25 日
9. 岩田洋佳, 石森元幸, エリタイプアミン, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 服部智宏, 南川舞, 米田淳一, 小柴太一, 永野惇, 小林正明, 矢野健太郎, 佐塚隆志, 徳永毅, 堤伸浩(東京大、鳥取大、(株)アースノート、龍谷大、明治大、名古屋大)、ゲノム領域間の関係行列の異質性を考慮したマルチカーネル学習に基づくゲノミック予測モデル、日本育種学会第130回講演会、鳥取大学、2016 年 9 月 24-25 日
10. 石森元幸, 鐘ヶ江弘美, 高梨秀樹, 藤本優, 南川舞, 小柴太一, 小林正明, 矢野健太郎, 徳永毅, 堤伸浩, 岩田洋佳(東京大、アースノート、明治大)、メキシコ塩害地におけるソルガムのゲノムワイド関連解析、日本育種学会第 129 回講演会、横浜市立大学、2015 年 3 月 21-22 日
11. 郭威、深津時広、渡辺翔、岩田洋佳、二宮正士(東京大、農研機構・中央農研)、画像解析による圃場での高速フェノタイプング、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2015 年 9 月 11-12 日
12. 渡辺翔、郭威、岩田洋佳(東京大、農研機構・中央農研)、植物群落の高速フェノタイプング: UAVリモートセンシングと画像解析、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2014 年 9 月 11-12 日
13. 野下浩司(東京大)、植物器官の効率的フェノタイプング: 画像解析と形態測定学、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2015 年 9 月 11-12 日
14. 岩田洋佳、Benjamin Galliot (東京大)、ゲノミックセレクション育種のためのシミュレーターソフトウェアの開発、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2015 年 9 月 11-12 日
15. 堀智明、小林正明、大柳一、高梨秀樹、永野惇、徳永毅、佐塚隆志、矢野健太郎、堤伸

- 浩、岩田洋佳(東京大、明治大、三菱スペース・ソフトウェア(株)、京都大、(株)アースノート、名古屋大)、多形質へのゲノミックセレクション手法の開発: マルチタスク学習の応用、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2015 年 9 月 11-12 日
16. 鐘ヶ江弘美、望月孝子、神沼英里、南川舞、小林正明、豊島裕美、大柳一、高梨秀樹、永野惇、徳永毅、佐塚隆志、中村保一、堤伸浩、岩田洋佳(東京大、遺伝研、明治大、三菱スペース・ソフトウェア(株)、京都大、(株)アースノート、名古屋大)、ソルガムリファレンスパネルの全ゲノム配列を利用した遺伝子型予測、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2015 年 9 月 11-12 日
 17. 鐘ヶ江弘美、望月孝子、神沼英里、南川舞、小林正明、豊島裕美、大柳一、高梨秀樹、永野惇、徳永毅、佐塚隆志、中村保一、堤伸浩、岩田洋佳(東京大、遺伝研、明治大、三菱スペース・ソフトウェア(株)、京都大、(株)アースノート、名古屋大)、ソルガム HapMap の構築とゲノム育種への利用、日本育種学会第 126 回講演会、南九州大学、2014 年 9 月 26-27 日
 18. 岩田洋佳、佐々木敦司、小林正明、大柳一、矢野健太郎、佐塚隆志、徳永毅、堤伸浩(東京大、(株)アースノート、明治大、名古屋大)、作物ゲノム育種を支援するためのハイスループット表現型計測システム、日本育種学会第 124 回講演会、鹿児島大学、2014 年 10 月 12 日~13 日
 19. 岩田洋佳他(東京大)、ゲノミックセレクションに基づくイネ F2 集団における出穂期分離の予測、日本育種学会 第 123 回講演会、東京農大、2014 年 3 月 27 日
 20. 小野木章雄他(東京大)、開花期が他の形質に与える影響の構造方程式モデル(SEM)を用いた定量化: 出穂期が稈長及び穂長に与える影響、日本育種学会 第 123 回講演会、東京農大、2014 年 3 月 27 日
 21. Hori T, Takanashi H, Fujimoto M, Yamazaki K, Kanegae H, Hakoyama M, Minamikawa M, Nagano A, Kobayashi M, Tokunaga T, Sazuka T, Yano K, Tsutsumi N, Fujiwara T, Iwata H (Univ. of Tokyo, Ryukoku Univ., EarthNote, Nagoya Univ.) Robust genomic prediction to missing multi-environmental trial data using multi-task learning. Plant and Animal Genome XXVI, San Diego, CA, USA, January 13-17th, 2016.
 22. Sakamoto L, Kanegae H, Noshita K, Ishimori M, Takanashi H, Wacera F, Sakamoto W, Tokunaga T, Tsutsumi N, Iwata H (Univ. of Tokyo, Okayama Univ., EarthNote) Morphometrics for genome-wide association study and genomic prediction of plant morphological traits: Its application to genetic dissection of sorghum grain shape. 4th International Plant Phenotyping Symposium, CIMMYT, Mexico City, Mexico, December 13-15th, 2016.
 23. Onogi A et al (Univ. of Tokyo), Quantification of phenotypic influences of flowering time on other traits using structural equation modeling: application to bi-parental and association mapping populations in rice, International Plant & Animal Genome XXI, San Diego, USA, January 12th-16th, 2014.
 24. Yabe S et al. (Univ. of Tokyo), Parallel genomic selection with the island model: a simulation study in rice, International Plant & Animal Genome XXI, San Diego, USA, January 12th-16th, 2014.
 25. 坂本莉沙、藤本優、高梨秀樹、鐘ヶ江弘美、石森元幸、小林正明、矢野健太郎、Wacera F、小童谷利恵、大西紀和、堤伸浩、坂本亘、岩田洋佳(東京大学、明治大学、岡山大学)、ソルガム RIL 集団を用いた種子形態の QTL 解析とゲノミック予測、日本育種学会第 129 回講演会、横浜市立大学、2016 年 3 月 21-22 日
 26. 田中凌慧、小野木章雄、矢部志央理、岩田洋佳(東京大、農研機構・中央農研)、ゲノミックセレクションの新たな選抜基準: ベイジアン最適化、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2014 年 9 月 11-12 日
 27. 坂本莉沙、鐘ヶ江弘美、野下浩司、石森元幸、小林正明、高梨秀樹、永野惇、徳永毅、佐塚隆志、矢野健太郎、堤伸浩、岩田洋佳(東京大、明治大、京都大、(株)アースノー

- ト、名古屋大)、画像解析で定量化されたソルガム種子形態のゲノミック予測とゲノムワイド関連解析、日本育種学会第 128 回講演会、新潟大学、2014 年 9 月 11-12 日
28. 渡辺翔, 新井啓吾, 宇佐美昌樹, 郭威, 鐘ヶ江弘美, 南川舞, 箱山雅生, 山崎清志, 高梨秀樹, 藤本優, 佐塚隆志, 徳永毅, 杉浦綾, 二宮正士, 藤原徹, 堤伸浩, 岩田洋佳 (東京大、エアフォーディー(株)、名古屋大、(株)アースノート、農研機構・北農研) ソルガムバイオマスの UAV リモートセンシングとそのゲノミックセレクションモデリングへの応用。日本育種学会第 127 回講演会、玉川大学、2015 年 3 月 21-22 日
 29. 田中凌慧、小野木章雄、岩田洋佳(東京大)、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。日本育種学会日本育種学会第 127回講演会、玉川大学、2015 年 3 月 21-22 日
 30. 渡辺翔, 新井啓吾, 宇佐美昌樹, 郭威, 鐘ヶ江弘美, 南川舞, 箱山雅生, 山崎清志, 高梨秀樹, 藤本優, 佐塚隆志, 徳永毅, 杉浦綾, 二宮正士, 藤原徹, 堤伸浩, 岩田洋佳 (東京大、エアフォーディー(株)、名古屋大、(株)アースノート、農研機構・北農研)、無人ヘリコプターを用いた高速フェノタイピングシステムの開発。日本育種学会第 126 回講演会、南九州大学、2014 年 9 月 26-27 日
 31. T. Sazuka (Nagoya Univ.). Dwl, an Important Gene for Lodging Resistance and Mechanical Harvesting of Sorghum, Encodes a Novel Protein Involved in Cell Proliferation. Plant and Animal Genome XXV. San Diego, USA, Jan. 15, 2017. (招待講演)
 32. 小林正明(明治大学)他, 「Heap: 低 depth の高速シーケンスデータから高感度に SNP を検出するツール」, 33 回日本植物細胞分子生物学会, 東京大学, 2015 年 8 月 10-12 日
 33. 小林正明(明治大学)他, 「Heap: ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための高感度 SNP 検出ツール」, 日本育種学会・第 127 回講演会, 玉川大学, 2015 年 3 月 20-22 日
 34. 大柳一(明治大学)他, 「バイオエネルギー作物・ソルガムテーラーメイド育種に向けた高速ジェノタイピング技術研究開発の現状」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
 35. 小林正明(明治大学)他, 「Heap: A high-sensitive SNPs Detection Tool for NGS Data」, 第 56 回日本植物生理学会年会, 東京農業大学, 2015 年 3 月 16-18 日
 36. 小林正明(明治大学)他, 「Heap : ゲノミックセレクションやゲノムワイド関連解析のための系統間 SNPs 検出ツール」, 日本育種学会・第 126 回講演会, 南九州大学, 2014 年 9 月 26-27 日
 37. 大柳一(明治大学)他, 「バイオエネルギー作物・ソルガム高速育種への取り組み」, 第 32 回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, アイーナ, 2014 年 8 月 21-22 日
 38. 小林正明(明治大学)他, 「高速シーケンスデータから高精度かつ多量な系統間 SNPs を検出するツール”Heap”」, 第 32 回日本植物細胞分子生物学会(盛岡)大会, アイーナ, 2014 年 8 月 21-22 日
 39. 大柳一(明治大学)他, 「バイオエネルギー作物・ソルガムの高速ジェノタイピングにおけるバイオインフォマティクス手法の開発・改良」, 日本育種学会・第 125 回講演会, 東北大学, 2014 年 3 月 20-22 日
 40. Hajime Ohyanagi (明治大学)他, 「Research and Development of High-throughput Genotyping System for Tailor-made Breeding of Bioenergy Crop Sorghum bicolor」, 第 55 回日本植物生理学会年会, 富山大学, 2014 年 3 月 18-20 日
 41. 大柳一(明治大学)他, 「バイオエネルギー作物・ソルガムの高速ジェノタイピングにおけるバイオインフォマティクス手法の検討・開発」, 日本育種学会・第 124 回講演会, 鹿児島大学, 2013 年 10 月 11-13 日
 42. 大柳一(明治大学)他, 「バイオエネルギー作物・ソルガムのテーラーメイド育種技術開

発を目指した RAD-Seq による高速ジェノタイピング手法の検討」, 第 31 回日本植物細胞分子学会大会, 北海道大学, 2013 年 9 月 10-12 日

③ ポスター発表 (国内会議 0 件、国際会議 3 件)

1. Masaaki Kobayashi(明治大学)他, Heap: A Highly Sensitive and Accurate SNP Calling Tool with Low-Coverage High-Throughput Sequencing Data. Plant & Animal Genome XXV, San Diego, CA, USA, January 14-18, 2017.
2. Masaaki Kobayashi(明治大学)他, Heap: A SNPs Detection Tool for NGS Data with Special Reference to GWAS and Genomic Prediction. International Plant & Animal Genome XXIII, San Diego, CA, USA, January 10-14, 2015.
3. Masaaki Kobayashi(明治大学)他, Development of a Bioinformatics Pipeline for Detection of Genome-Wide SNPs. International Plant & Animal Genome XXII, San Diego, CA, USA, January 10-15, 2014.

(4)知財出願

なし

(5)受賞・報道等

①受賞

- 平成 28 年 8 月 日本シミュレーション学会 ベストオーサー賞【小特集】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 巻 4 号)
- 平成 28 年 8 月 「9th International Conference on Intelligent Robotics and Applications」ICIRA2016 Recognition Award

② マスコミ(新聞・TV等)報道(プレス発表をした場合にはその概要もお書き下さい。)

- 2013 年 2 月 18 日 日本経済新聞「バイオ燃料作物、耕作不適地で 東大など開発へ
- 2014 年 10 月 18 日 日本経済新聞「無人航空機、作物の生育細かく把握 IT 農業で低コスト高品質 日本人とコメ(2)」
- 2014 年 12 月 5 日 テレビ東京「未来シティ研究所 #10 IT 農業」

③その他

(6)成果展開事例

①実用化に向けての展開

- 上述の通り。

②社会還元的な展開活動

- 本研究で取り組んでいる研究内容について、2013 年 2 月 18 日に日本経済新聞で「バイオ燃料作物、耕作不適地で 東大など開発へ」という記事で取り上げられた。
- また、本研究で開発を進めているドローン・リモートセンシングについて、その農業現場への応用について 2014 年 10 月 18 日の日本経済新聞で「無人航空機、作物の生育細かく把握 IT 農業で低コスト高品質 日本人とコメ(2)」の記事として取り上げられた。また、2014 年 12 月 5 日のテレビ東京の番組「未来シティ研究所 #10 IT 農業」として放送された。

§ 5 研究期間中の活動

5. 1 主なワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ等の活動

年月日	名称	場所	参加人数	概要
2017年8月7日	Special Seminar for omics breeding	ICRISAT	15人	ICRISAT 研究者との学術交流
2017年2月16日	アグリゲノム産業研究会第4回例会	TKP 東京駅八重洲カンファレンスセンター	40人	産官学間の学術交流
2016年10月18日	Special Workshop for Genomics-Assisted Breeding in Plants	東京大学弥生講堂アネックス	30人	国立台湾大学との学術交流
2016年10月10日	Special Seminar for breeding genomics	ICRISAT	30人	ICRISAT 研究者との学術交流
2016年5月10日	特別セミナー「ゲノミックセレクションで植物を高速に改良する」	福井県立大	20人	学術交流
2014年11月12日	「データ科学の発展と植物科学との融合」ワークショップ	東京大学中島董一郎記念ホール	40人	学術交流
2014年9月27日	第126回日本育種学会大会・第56回シンポジウム「Measurement and modeling of environmentally response of plants: Application to plant breeding」	南九州大学	100人	学術交流
2014年9月24日	特別セミナー「Applications of models and aerial imagery in field crop breeding」	東京大学弥生講堂エンゼル講義棟	15人	学術交流
2014年7月2日	「フィールドフェノミクスワークショップ」	農研機構・北農研芽室研究拠点	15人	学術交流