

ビッグデータとゲノム予測を用いた イネのスマート育種システム

SATテクノロジー・ショーケース2021

■ はじめに

イネ、コムギ、ダイズ、野菜、果樹など多くの作物では、生産量の増加や気象変動・病虫害に対する抵抗性の向上等を目的として、育種(品種改良)が行われています。しかし育種には良い個体を選び出すために多数の個体の栽培・観察などで長い時間と多大な労力を要するため、その期間を短縮し作業を効率化するための技術開発が求められています。特にイネの育種は農研機構のほか、全国の都道府県がもつ農業試験場の半数以上、さらに複数の民間企業が実施しており、その効率化に有効な手法やシステムの開発に期待が大きいと考えられます。

育種の効率化に役立つと期待される技術の有力な候補の一つとして、個体の詳細なゲノム情報から遺伝的能力を予測するモデル(ゲノム予測モデル)を構築し、そのモデルを用い、個体のゲノム情報にもとづいて優良な個体を選抜するゲノム選抜(Genomic Selection; GS)があります。GSは家畜の育種においてすでに実用化され、植物育種への応用が期待されています。

■ 活動内容

1. 栽培特性データの収集

ゲノム予測モデルを構築する際には、表現型(実際の栽培で観察される穂数や玄米重などの特性)のデータと遺伝子型データが対となった多数の学習データが必要となります。農研機構では全国6ヶ所でイネ育種を実施しており、毎年多くの品種候補となる系統および既存の対照品種が栽培され、表現型データが継続的に蓄積されています。本研究ではこのデータに着目し、合わせて668品種・系統の表現型データを収集、整理しました。

2. ゲノム情報の収集

表現型データの得られた668品種・系統の全ゲノム塩基配列解析を実施しており、2020年度中の完了を見込んでいます。ゲノム予測のモデル構築には、膨大なゲノム(塩基配列)情報から必要な遺伝子型データを抽出する解析が必要ですが、これには農研機構の保有するAI研究用スーパーコンピューター「紫峰」が用いられています。

3. ゲノム予測モデルの構築

収集したデータの中から、次世代作物開発研究センター(茨城県つくばみらい市)で表現型データが取得され、かつゲノムを解析した129品種・系統のデータを用いてゲノム予測モデルを構築し、その予測精度を調べたところ、これまで遺伝子型データを用いた選抜が難しかった玄米重などの重要な表現型について、高い予測精度(予測値

と実測値の相関係数 $r=0.7$ 以上)を示しました。

4. 今後:ゲノム予測モデルによる育種の効率化

ゲノム予測モデルは遺伝子型を入力すると表現型の予測値を出力するモデルであり、入力する新たな系統のゲノムデータのみで高精度にその系統の表現型を予測することができます。遺伝子型データは茎葉のDNAから取得できるので、高精度のゲノム予測モデルが得られれば、人工気象器などで栽培した苗の段階で有望な系統を選抜することが可能となります。有望系統のみに絞り込んでから水田栽培による試験を行うことで、栽培に必要な水田面積を小さくし、労力とコストを減らすことができます。また、人工気象器での栽培は屋外とは異なり、季節を問わずに実施することができます。日照時間を調節すれば選抜した系統から種子が収穫できるまでの期間を短くすることも可能です。これらの技術を組み合わせることによって、育種に必要な期間を短くすることが期待されています(図)。さらにゲノム予測モデルを活用する方法として、親の遺伝子型から後代系統(子)で得られる仮定の遺伝子型を予測し、それをもとに形質を予測することにより、有望品種を生み出す可能性が高い交配組合せを予測するシミュレーションモデルの開発を開始しています。

5. スマート育種システムの確立を目指して

農研機構ではこのほかに、収集したデータを整理・解析・可視化する育種支援ツールの開発、田畑での調査記録にタブレット端末を利用する効率的な電子野帳、ドローンや画像解析などを活用した各種計測の高速化など、育種のスマート化を目指した多くの研究を開始しています。

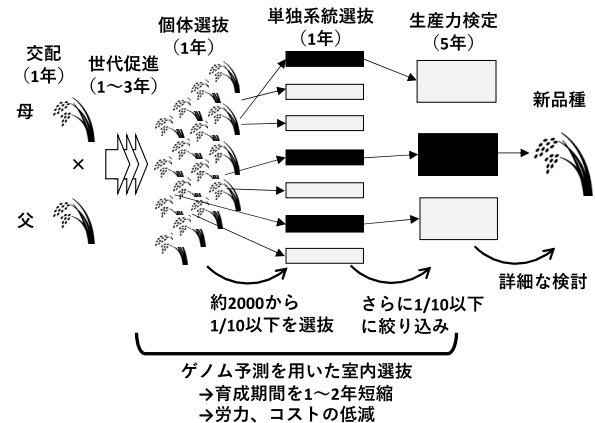


図. イネ育種のプロセス例とゲノム予測による効率化

代表発表者 松下 景(まつした けい)
所 属 国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合
研究機構(農研機構)
農業情報研究センター
問合せ先 〒100-0013 東京都千代田区霞ヶ関3-5-1
TEL:03-3503-6660 FAX:03-3503-6661
keim@affrc.go.jp

■キーワード: (1)ゲノム予測
(2)育種
(3)イネ
■共同研究者: 林 武司、米丸 淳一、
鐘ヶ江 弘美