

サイバーフィジカルシステムを利用した作物強靱化による食料リスクゼロの実現

プロジェクトマネージャー（PM）：藤原 徹
国立大学法人東京大学 教授

研究期間：2020年度～2024年度

キーワード：環境劣化、デジタル作物デザイン、野生植物

研究背景と達成目標

プロジェクトの背景と必要性

2050年には2010年集計時の1.7倍の食料が世界で必要とされていますが、これに対応するには、現在より劣悪な環境下でも安定した作物生産が必要となります。このため、これに対応できる強靱な農作物（新たな品種）を迅速に数多く開発することが求められています。

技術開発目標

2030年までに、新品種開発を十数年から数年に短縮できるよう、サイバー空間で作物をデザインし、フィジカル空間で検証するシステムのプロトタイプを完成させます。さらにこれを発展させ「デジタル作物デザインセンター」を始動し、強靱化品種のリリースを開始します。

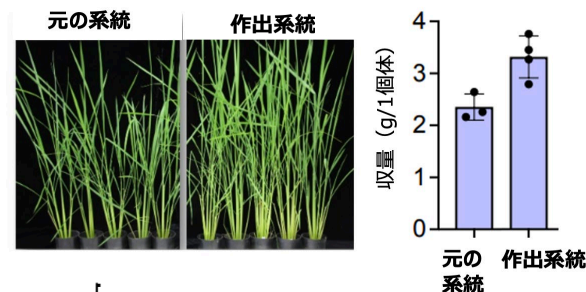
主な研究成果

- ① 肥料が少なくても生育を維持したり、十分な穂をつけるために重要なイネの遺伝子を発見し、これを応用して収量性が向上することを実際の水田での栽培試験で確認しました。
- ② 環境条件を高度に制御可能な人工気象室を用いた栽培計測プラットフォームを開発し、その中で干ばつ状態を再現し、イネの表現型および遺伝子発現の網羅的解析を実施しました。これらの情報を解析し、干ばつ耐性候補遺伝子を複数見出しました。
- ③ イネ、コムギ、ダイズなど8生物種の遺伝子を比較ゲノムデータとして相互に対応づけ、また、栽培、野生イネ8系統の遺伝子発現プロファイルを整備して、作物横断型データ基盤を構築しました。

【具体的成果】

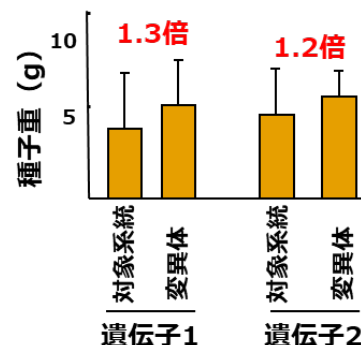
低窒素耐性イネを開発

枝分かれを制御する遺伝子をゲノム編集技術で同定しその機能を失わせたところ、窒素分が少ない田んぼでも枝分かれが増え、収量増に成功しました（右図）。



干ばつ耐性関連遺伝子を推定し、その変異系統で干ばつ耐性の向上を確認

干ばつ条件を再現した人工気象室内で表現型・遺伝子発現量、環境データを収集しました。これらの情報を解析し、干ばつ耐性候補遺伝子を複数見出しました。これら遺伝子の変異系統を選抜し、干ばつ条件下で栽培したところ、一部の系統で種子重が増加することが分かりました（右図）。

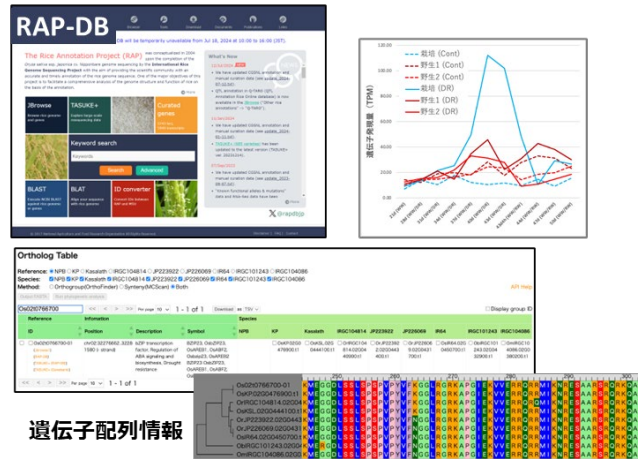


連絡先 藤原徹 atorufu@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

【具体的成果】

作物横断型データ基盤を開発

イネ、コムギ、オオムギ、トウモロコシ、シロイヌナズナ、ダイズ、*Vigna*（ササゲ）属野生種、キヌアの8種で保存されている遺伝子（オルソログ遺伝子）を推定し、イネ有用遺伝子情報を他の作物の遺伝子解析に横断的に利活用するための情報基盤として公開しました（右図）。



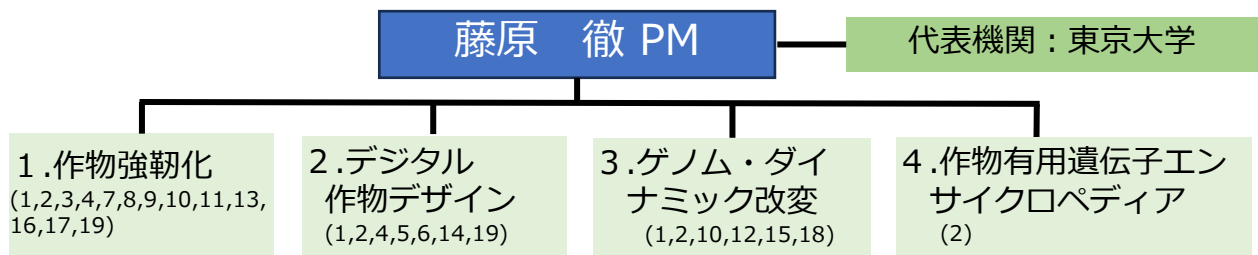
今後の研究の展開方向

作物デザイン技術の高度化、多様化を目標に、サイバーフィジカルシステム（CPS）の精度向上とイネの高温ストレス、低栄養複合ストレス、コムギの乾燥ストレスへの適用を目指します。また遺伝子発現の人為的な制御を可能にする技術開発を進めて、これらを統合した「デジタル作物デザインセンター」を始動し、強靱化系統のリリースの開始を目指します。

ありがたい姿

2050年までに、環境適応力の高い作物を世界に普及させ、世界的な食料リスクを回避し、平和な未来を次の世代に引き継ぎます。また、作物強靱化にとどまらず、持続可能な開発目標（SDGs）の達成に幅広く貢献します。

プロジェクト内の研究開発テーマ構成



<研究担当機関>

(1)東京大学/ (2)農業・食品産業技術総合研究機構/ (3)国際農林水産業研究センター/ (4)理化学研究所/ (5)海洋研究開発機構/ (6)量子科学技術研究開発機構/ (7)福島大学/ (8)筑波大学/ (9)名古屋大学/ (10)京都大学/ (11)神戸大学/ (12)島根大学/ (13)山口大学/ (14)九州大学/ (15)名古屋市立大学/ (16)滋賀県立大学/ (17)大阪府立大学/ (18)龍谷大学/ (19)かずさDNA研究所

Achieving zero food risk by improving crop robustness through cyber-physical systems

Project Manager (PM): Toru Fujiwara
Professor, The University of Tokyo

Project Year: FY2020~FY2024

Keyword : Environmental Degradation, Digital Crop-Design, Wild Plants

Background and Goals

Project Background and Rationale

In 2050, global food demand is projected to be 1.7 times higher than in 2010. To meet this challenge, we must ensure stable crop production even under harsher environmental conditions than today—making it urgent to rapidly develop numerous resilient new crop varieties.

Technology Development Goals

By 2030, we will complete a prototype system that designs crops in cyberspace and validates them in the physical world—cutting the development time for new varieties from over a decade to just a few years. Building on this, we will launch the Digital Crop Design Center and start releasing resilient crop varieties.

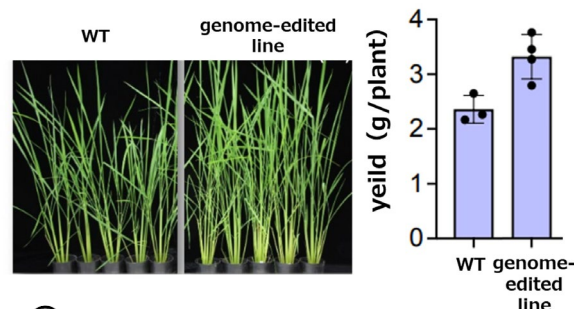
Key Research Achievements

- (1) We identified key genes that enable stable growth and sufficient yields even with limited fertilizer. The yield-enhancing effect was confirmed through field trials in real paddy fields.
- (2) Developed a high-precision plant phenotyping platform that can simulate drought conditions in a controlled-growth chamber. Comprehensive phenotypic and gene expression analyses led to the discovery of multiple candidate genes for drought tolerance in rice.
- (3) We established a cross-crop data platform by matching corresponding genes across eight species—including rice, wheat, and soybean—to create a comparative genomic dataset, and by compiling gene expression profiles from eight cultivated and wild rice lines.

[Detailed Achievements]

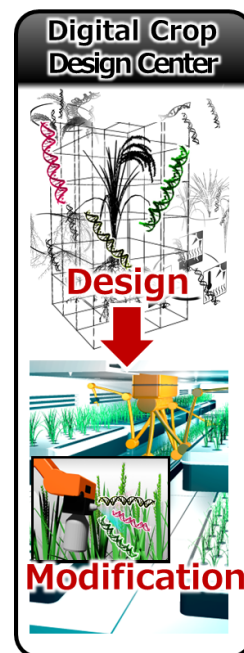
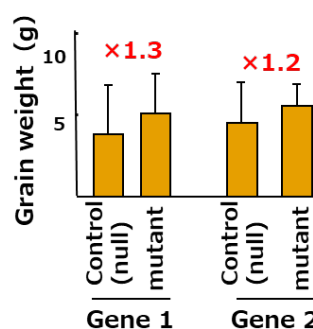
Development of low-nitrogen tolerant rice

We identified genes that control tillering in rice. Knocking out the genes using genome editing increased the number of tillers and the yield in paddy fields with low nitrogen levels (see right).



Identified candidate drought-tolerance genes and validated their effect in rice mutant lines

We simulated drought conditions in a controlled-growth chamber and collected phenotypic, gene expression, and environmental data. Through omics analysis, we identified new multiple candidate genes for drought tolerance. Mutant lines of these genes were grown under drought conditions, and some of them showed increased seed weight (see right).



[Detailed Achievements]

Development of a Cross-Species Genomic Data Platform

We identified orthologous genes across eight species—rice, wheat, barley, maize, Arabidopsis, soybean, wild Vigna species, and quinoa—and released a genomic information platform that enables cross-species utilization of valuable rice gene data in the analysis of other crops (see right figures).



Amino acid sequences of the orthologous genes

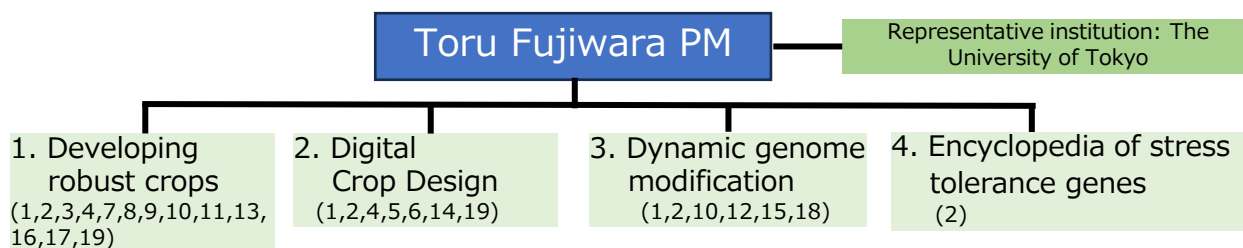
Future Directions

To advance and diversify crop design technologies, we aim to enhance the accuracy of our cyber-physical system (CPS) and apply it to address heat stress and combined low-nutrition stress in rice, as well as drought stress in wheat. We also seek to develop technologies that enable artificial control of gene expression. These efforts will be integrated into the launch of the Digital Crop Design Center, with the goal of releasing robust new crop lines.

What We Aspire To

By 2050, we aim to spread highly climate-resilient crops worldwide to mitigate global food risks and pass on a more peaceful future to the next generation. Our efforts go beyond crop resilience—we also strive to contribute broadly to achieving the Sustainable Development Goals (SDGs).

Research Themes and Structure



<Research Institutes>

(1) The University of Tokyo / (2) National Agriculture and Food Research Organization / (3) Japan International Research Center for Agricultural Sciences / (4) RIKEN / (5) Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology / (6) National Institutes for Quantum Science and Technology / (7) Fukushima University / (8) University of Tsukuba / (9) Nagoya University / (10) Kyoto University / (11) Kobe University / (12) Shimane University / (13) Yamaguchi University / (14) Kyushu University / (15) Nagoya City University / (16) The University of Shiga Prefecture / (17) Osaka Metropolitan University / (18) Ryukoku University / (19) Kazusa DNA Research Institute