

項目1 :

野生植物などの強靱性を解明し、環境耐性作物を作出し、作物デザインに利用する情報を収集する。

主たる実施者： 藤原徹（東京大学、教授）、井澤毅（東京大学、教授）、大森良弘（東京大学、准教授）、田中伸裕（農研機構作物研、上級研究員）内藤健（農研機構作物研、上級研究員）、藤田泰成（国際農業研究センター、プログラムディレクター）

キーワード： 未利用遺伝資源、ストレス耐性、低肥料耐性

研究背景と達成目標

研究開発テーマの背景と必要性

温暖化等気候変動による食料生産への影響が顕在化する中、将来の食料を十分確保するには、気候変動条件下でも安定生産が可能な作物を開発することが重要です。そのため、これまで利用されてこなかった遺伝資源などを利用して、乾燥や高濃度の塩が含まれる環境に耐える作物や肥料が少なくても育つ作物を作出する必要があります。

技術開発目標

これまで利用されてこなかった遺伝資源を利用して、乾燥や高濃度の塩が含まれる環境に耐える作物や栄養欠乏条件にも耐える作物の開発を目指して、重要な遺伝子やその機能についての情報を収集し、ストレスに耐える系統を作出します。



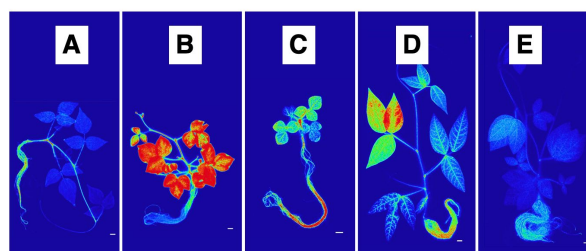
主な研究成果

- ① 野生のアズキが持つ高濃度の塩に対する耐性をもたらしと考えられる遺伝子を見出し、耐塩性がどのような仕組みで得られているのかを推定しました。
- ② 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大切なイネの遺伝子を見つけ、肥料が少なくても生育が維持されるイネ系統の実際の水田での栽培試験を実施し、その生育を確認しました。
- ③ 乾燥や塩類ストレスに強いキヌアという植物から、乾燥や塩類ストレスに関与すると思われる遺伝子を見出し、その仕組みを推定しました。

【具体的成果】

野生のアズキの持つ高濃度の塩に対する耐性機構の解明と重要遺伝子の同定

野生のアズキである5種類の異なるササゲ属植物に高濃度の塩を与えた場合に、植物体内でどのように塩が分布するかを調べたところ、種によって異なる分布が観察されました。右図は5種類のササゲに根から塩を与え、それが植物体内でどのように分布したのかを、塩の濃度に応じて色で示したもので、Aは地上部にほとんど吸収せず Bは葉に吸収が見られることなどがわかりました。これらの種でどのような遺伝子がどういう時に発現しているかを塩の動きと比較することによって、重要な役割を持つと思われる遺伝子を見出しました。



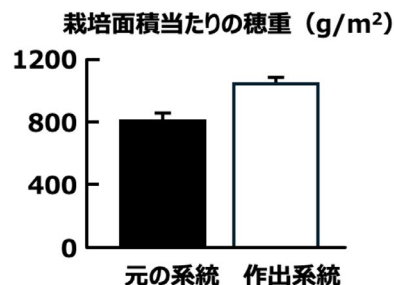
収集した異なるササゲ属植物に放射性のナトリウムを与え、一定時間後にナトリウムの分布を示したもの。赤や黄色の部分に多く集積している。

【具体的成果】

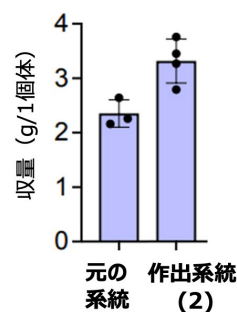
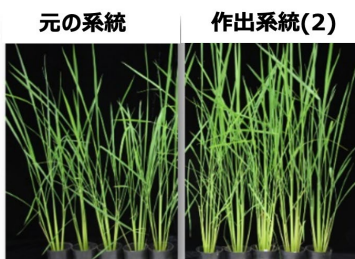
肥料が少なくても生育するイネの開発

肥料が少なくても生育するイネを複数系統作出し、原因となる遺伝子を見つけたり、系統の圃場での栽培試験を行いました。ここでは、二つの例を示します。

一つ目は種子の数を増やすことで低肥料での収量が高くなる系統の発見です。右図のように穂あたりの種子数が増加した作出系統の中から、肥料を与えず栽培した場合でも収量の多い系統を見出しました。この系統を解析したところ、ある転写因子と呼ばれるタンパク質をコードする遺伝子に変異が入っていることが重要であることがわかりました。



二つ目は重要な遺伝子を推定してその遺伝子を変異させることで低窒素での収量を挙げた例です。窒素が少なくなると枝分かれが少なくなり収量が下がります。枝分かれに関与していると思われる遺伝子の中で、窒素が少ない時に重要と思われるものを選び、ゲノム編集によって遺伝子を壊したところ、枝分かれが増え（右図、作出系統（2））収量も増えることを確認しました。



キヌア（雑穀の一種）が塩に耐えるために重要な遺伝子の同定

キヌアは南米の原産で、高地の乾燥した塩の多い土地で栽培されています。右の写真はボリビアのウユニ塩湖の周辺で栽培されているキヌアで、この土地では他の作物はあまり育ちません。キヌアの持つ塩に耐える性質をもたらす遺伝子を見出すために、南米各地のキヌアのゲノムや遺伝子発現を調査したところ、ナトリウムを輸送する遺伝子の発現がキヌアを採取した場所によって異なり、この発現と植物体内での塩の蓄積に相関があることを確認しました。各種のキヌアのゲノムの違いの解析から、野生に近い植物の持つ有用な性質に重要な遺伝子を見出すことができることを示しました。



ウユニ塩湖周辺のキヌアの様子

今後の研究の展開方向

これまでに得られたストレス耐性の仕組みや遺伝子、品種などの情報を利用して、より短期間にストレス耐性を付与する技術開発を進めていきます。

分担機関（太字は主たる実施者の機関）

(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/ (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/ (13)山口大学/ (16)滋賀県立大学/ (17)大阪府立大学/ (19)かずさDNA研究所

項目2：

目的に応じてサイバー空間で作物をデザインする技術

主たる実施者： 宇賀優作（農研機構 グループ長）

キーワード： 環境ストレス、表現型解析、遺伝子発現ネットワーク

研究背景と達成目標

研究開発テーマの背景と必要性

極端化する環境ストレスに適応した新品種の迅速な開発が求められています。しかし、従来の育種では時間がかかるうえ、求められる性能に合わせて作物をデザインすることは困難でした。今後、育種選抜をスキップできる新しいデザイン技術の開発が必要です。

技術開発目標

1) 作物デザインの構築に必要な高精度のオミクスデータを年中取得できる屋内型の栽培計測プラットフォームの開発と、2) 得られたオミクス情報を基に、遺伝子ネットワークから表現型を予測できるデザイン技術の開発を目指します。

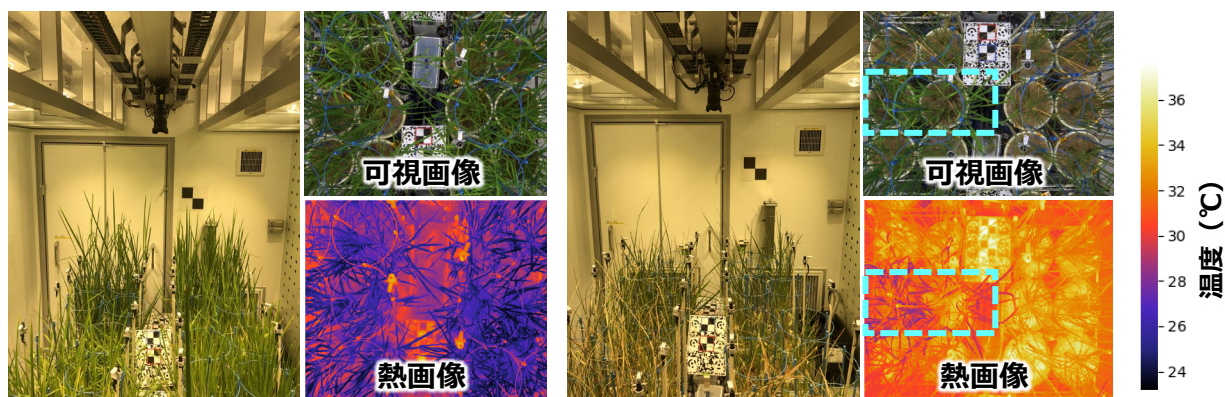
主な研究成果

- ① 温湿度、照度などの環境条件を制御可能な人工気象室に、灌水制御システムや環境モニタリング、画像撮影制御システムを導入し栽培計測プラットフォームを開発しました。本装置により野外での干ばつ状態を室内で再現することに成功しました。
- ② 上記の装置を用いて干ばつ下でイネで表現型および遺伝子発現量を解析しました。干ばつ強度に応じて遺伝子発現グループや収量に対する影響が異なることを発見しました。
- ③ 上記2つの研究成果を基に、収量に最も影響する干ばつ条件下でイネの表現型・遺伝子発現量、環境データを取集、解析し、干ばつ耐性候補遺伝子を選定しました。これら遺伝子の壊れた変異系統を選抜し、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。

【具体的成果】

野外環境ストレスを屋内に再現した栽培計測プラットフォームを開発

- ・ 屋内の人工気象室で干ばつなどの極端な栽培環境を再現しました。
- ・ 植物の様子を天井に設置した複数のカメラにより遠隔地から観察できます。
- ・ わずかな植物の変化を可視化・記録でき、野生植物の持つこれまで見つかっていなかったストレス耐性遺伝子などの発見が可能です。

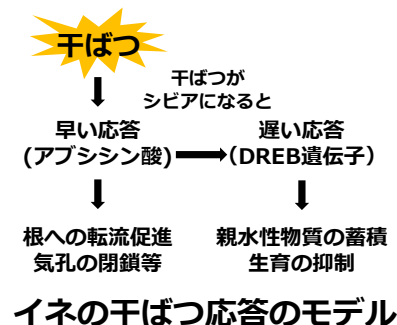
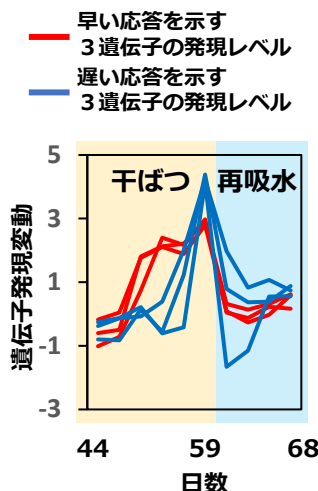


土壌湿潤区 干ばつ区
カメラ撮影制御システムにより得られる画像データの一例

【具体的成果】

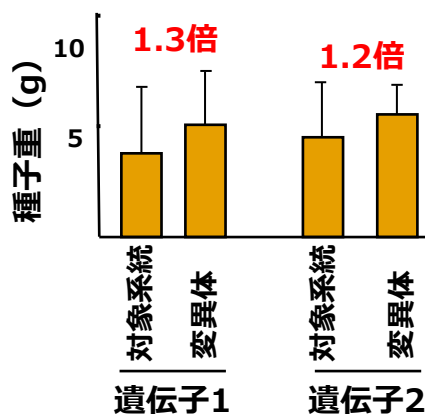
イネのオミクス解析から、干ばつ強度に応じて発現する特異的な遺伝子グループを発見

- ・ 水稻品種「日本晴」を対象に、人工気象室内で様々な強度の干ばつ条件を再現し栽培しました。
- ・ 生育中期を除く、生育初期と後期の干ばつは、減収することが分かりました。
- ・ 乾燥処理初期では植物ホルモンのアブシシン酸応答を誘導する遺伝子群が素早く応答しました。
- ・ 一方、乾燥処理後期では遺伝子発現に関与する転写遺伝子群が応答することが新たに分かりました(図)。



推定した干ばつ耐性関連遺伝子の変異系統で干ばつ耐性の向上を確認

- ・ 水稻品種「日本晴」を対象に、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、環境データを取集しました。
- ・ 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。この中にはこれまで干ばつ耐性に関与することが分かっていない遺伝子が複数含まれていました。
- ・ これら遺伝子の壊れた変異系統を選抜し、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(図)。



選定した遺伝子の変異系統群の干ばつ耐性評価

今後の研究の展開方向

前半5年の研究では、遺伝子ネットワーク解析などに基づき、目指す表現型（本研究では、干ばつ条件下での収量）に影響する可能性の高い遺伝子群を絞り込む方法を開発してきました。後半では、その予測精度を改善するとともに、対象遺伝子の発現を最適化し希望の表現型を得るための技術開発や、高温耐性などほかのストレスへの本技術の応用を目指します。国内の公設試験研究機関や国外の国際機関と連携し、本技術の実用化にも努めます。

分担機関（太字は主たる実施者の機関）

(1)東京大学/ **(2)農業・食品産業技術総合研究機構**/ (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/ (14)九州大学/ (19)かずさDNA研究所

項目3：

デザインに応じて自在に作物を作製する技術

主たる実施者： 井澤毅（東京大学 教授）

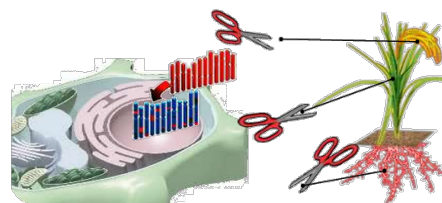
キーワード： ゲノム編集、DNA-free、Prime-edit、CRISPR/Cas9

研究背景と達成目標

研究開発テーマの背景と必要性

現在の品種は育種の過程で環境ストレスに対する多くの適応能を失っているため、養水分欠乏などの劣悪環境でも栽培できる強靱な作物の開発が急務です。しかしながら、現在の育種では、目的に応じて作物を迅速に改変し評価できない、多数の遺伝子を一度に改良できないといった問題があります。

多数の遺伝子を正確に変える技術を開発



技術開発目標

最新のゲノム編集技術を駆使、または開発し、サイバー空間で作成したデザインに応じて迅速にゲノムを改変し、作物を実体化させるための技術開発を目指します。作出した変異系統を野外栽培で評価を効率的に進める技術の改良も目指します。

主な研究成果

- ① イネを用い、ゲノム上の複数のターゲットにランダムに突然変異を導入する技術を開発しました。また、新たなゲノム編集技術（Prime Edit法）を用いて、狙った箇所をデザインしたDNA配列に変化させる技術を開発し、デザイン通りにDNA配列が変化していることを実験で確認しました。
- ② イネを材料として、DNA-free（外来DNAを使わない）のゲノム編集技術を開発しました。文科省との事前相談等を経て、計画書を公開しながら、野外栽培試験の結果、野外栽培でバイオマスを画期的に増やす系統の作出に成功しました。
- ③ コムギの遺伝研究で同定されていた染色体切断遺伝子とその制御遺伝子の単離同定を試み、染色体切断遺伝子を同定、証明実験を行い、制御遺伝子の方も候補を絞り込みました。

【具体的成果】

咲かないイネ系統を開発

二つのイネフロリゲン（花芽形成ホルモン）遺伝子をとともに変異を導入することで、花芽形成を起こさないイネを作出、その後、野外栽培試験によって、バイオマスや総可溶性糖量の画期的な増加を確認しました。この飼料稲系統化を目標にした提案が科学技術振興機構（JST）に採択されたため、スピンアウトして研究開発を進めています。

咲かないコシヒカリの野外栽培例



項目4：

作物デザインのための遺伝子情報を整備する

主たる実施者： 坂井寛章（農研機構 ユニット長）

キーワード： 有用遺伝子エンサイクロペディア、マルチオミクス解析

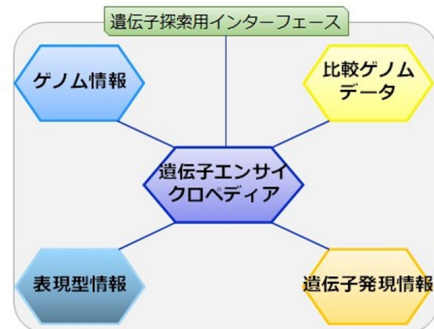
研究背景と達成目標

研究開発テーマの背景と必要性

野生植物などが持つ強靱なストレス耐性を作物デザインに利用するためには、これまでに利用されていないストレス耐性遺伝子の情報をエンサイクロペディア化し、ゲノム情報や遺伝子発現情報、比較ゲノム情報等と統合したデータ基盤の構築が必要です。

技術開発目標

ゲノム基盤情報の収集と整理、マルチオミクス（ゲノムや遺伝子発現等）データ解析ツールの開発などにより、（１）作物横断型オミクスデータ基盤の構築、（２）統合型因子間ネットワーク解析基盤を構築を目指しました。



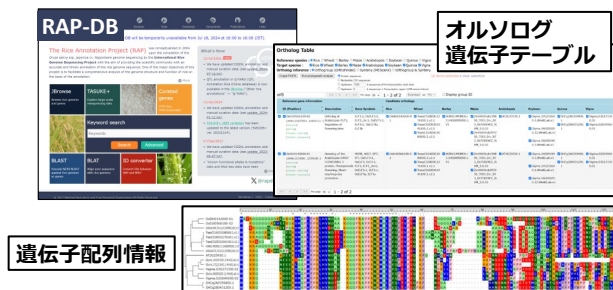
主な研究成果

- ① イネ、コムギ、ダイズなど8生物種の遺伝子を比較ゲノム解析により相互に対応づけ、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。
- ② 様々な農業形質に関わるイネの有用遺伝子情報の文献精査による収集を行い、3年間で約2,000遺伝子の情報を更新し、RAP-DBから公開しました。また、自然言語処理AIによるキュレーション支援システムを開発しました。
- ③ 農業生物の多様なオミクス情報（品種特性情報、遺伝子発現情報、代謝物蓄積情報等）を解析して並列的にデータベース化し、ウェブ上からデータマイニング可能なソフトウェアパッケージである「CoreNet+」を開発しました。

【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作物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。



【具体的成果】

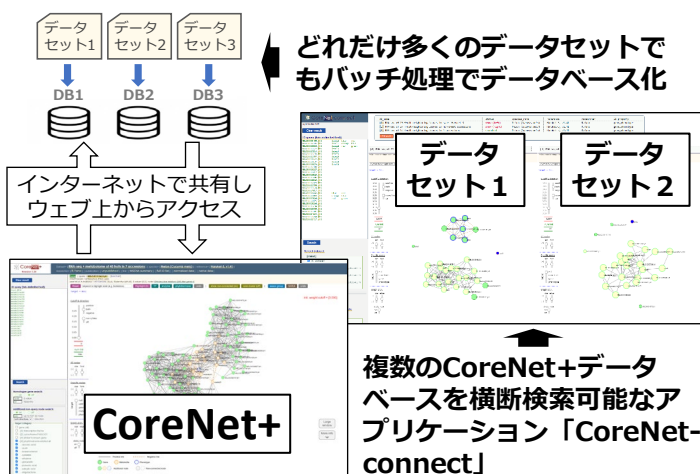
キュレーション支援システムを開発

これまでに精査したイネ遺伝子の機能や構造等について記載がある約4,100報の文献を利用してAIモデルを構築し、新たに公表された文献が有用な遺伝子情報を含んでいるかをAIモデルで評価するシステムを開発しました。



「CoreNet+」を開発

オミクスデータセット毎に1つのデータベースを生成し、それに対してウェブ上からアクセスするアプリケーション
「CoreNet+」および、並列的に構築された複数のデータベースに対して横断的に検索実行可能なアプリケーション
「CoreNet-connect」を開発しました。



今後の研究の展開方向

本プロジェクトで開発したキュレーション支援システム等を活用してストレス耐性等の遺伝子情報を集積し、作物横断型データ基盤を拡充します。また、「CoreNet+」および「CoreNet-connect」を活用し、栽培種と野生種のオミクスデータセットを比較してどちらかに特異的に存在する遺伝子関連ネットワークを検出・評価します。これらにより作物デザインの推進を図ります。

分担機関 (太字は主たる実施者の機関)

(2)農業・食品産業技術総合研究機構