

みどりの食料システム戦略実現技術開発・実証事業のうち  
農林水産研究の推進（委託プロジェクト研究）

「種苗開発を支える「スマート育種システム」の開発」

育種ビッグデータの整備および情報解析技術を活用した高度育種システムの開発

令和4年度 最終年度報告書

課題番号	18063602
研究実施期間	平成30年度～令和4年度（5年間）
代表機関	国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構 農業情報研究センター
研究開発責任者	米丸 淳一
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7135
	FAX : 029-838-7408
	E-mail : yonemaru@affrc.go.jp
共同研究機関	国立大学法人 新潟大学
	国立大学法人 東京農工大学
	国立大学法人 東京大学
	地方独立行政法人 北海道立総合研究機構
	長野県農業試験場
	栃木県農業試験場
	福岡県農林業総合試験場
	国立大学法人 佐賀大学
	株式会社 ケツト科学研究所
	国立大学法人 京都大学
	国立大学法人 東海国立大学機構 名古屋大学
	ListenField株式会社
	龍谷大学
普及・実用化 支援組織	

<別紙様式3>最終年度報告書

I-1. 年次計画

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室		研究担当者 (注1)
	H30	H31 R1	R2	R3	R4	機関	研究室	
研究開発責任者	/	/	/	/	/	農研機構基盤技術研究本部農業情報研究センター	インキュベーションラボ	◎米丸淳一
1 オントロジーを利用した統合ビッグデータ表示システムの開発 (BAC1001)	○	○	○	○	○	農研機構高度分析研究センター	ゲノム情報大規模解析ユニット	○坂井寛章
オントロジーによるデータ間のリンク	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ	△法隆大輔
育種ビッグデータの整備	○	○	○	○	○	農研機構高度分析研究センター	ゲノム情報大規模解析ユニット	△坂井寛章 田中剛
育種ビッグデータベースの開発						農研機構作物研究部門	作物デザイン開発グループ 作物デザイン領域	矢部志央理 杉本和彦
						農研機構基盤技術研究本部農業情報研究センター	インキュベーションラボ データ研究推進室	米丸淳一 川村隆浩 (R2.4~)
							農業 AI 研究推進室	鐘ヶ江弘美 (R2.4~)
							気象・作物モデルグループ	松下景 (H31.1~)
							農研機構中日本農業研究センター	転換畑研究領域栽培改善グループ
						農研機構 次世代作物開発研究センター	情報解析ユニット	吉田ひろえ 林武司 (~R2.3) 小野木章雄 (~R2.3)

					龍谷大学 農学部 植物生命科学科	生命データ科学研究室	小野木章雄 (R2. 4～)
データ解析・モデル化プログラムの開発	○	○	○		東京大学 ListenField	生物測定学研究室	△岩田洋佳 本多潔 (H31. 4～) シナショウテイ ラナン ラサリン (H31. 4～)
ゲノミックセレクションの Web サービスの開発				○	○		
2 育種の自動化を加速するビッグデータの取得法と解析法の確立 (BAC1002)	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ ○佐藤豊
穀粒画像データの取得	○	○	○	○	○	ケツト科学研究所	△前澤亮太 江原崇光 (～R4. 3) 山田(川村)祥子 (R2. 4～) 大川恭史
新たな外観パラメータの開発	○	○	○	○	○	農研機構基盤技術研究本部農業情報研究センター	インキュベーションラボ △米丸淳一
遺伝子発現情報の取得と指標の選抜	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ △佐藤豊 竹久妃奈子
遺伝子発現解析手法の確立	○	○	○			農研機構高度分析研究センター	ゲノム育種支援室 松原一樹 ゲノム情報大規模解析ユニット 川原 善浩 熊谷 真彦
3 圃場データの取得方法の最適化と AI Breeder の開発に向けた研究 (BAC1003)	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ ○小川大輔
稲圃場の経時的画像取得手法の構築	○	○	○			農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ △小川大輔
画像による系統評価法の検証				○	○	農研機構作物研究部門 農研機構基盤技術研究本部農業情報研究センター	オーダーメイド育種基盤グループ 常松浩史 (～R4. 3) 農業 AI 研究推進室 谷口昇志 (R4. 4～)

					農研機構次世代作物 開発研究センター	放射線育種場	清水 明美 (~R2.3)	
麦の雪腐病被害の数値 化手法構築	○	○	○		農研機構北海道農業 研究センター	スマート畑作グル ープ	△杉浦綾	
数値化手法の妥当性の 検証				○		○	畑作物育種グル ープ	八田浩一 (~R3.3) 松中仁 (R3.4~)
大豆の倒伏性および光 合成能の評価法の開発	○	○	○		農研機構作物研究部 門	作物遺伝子機能評 価グループ	△加賀秋人 福田篤徳	
大豆の草姿に関する評 価法開発					東京大学	生物測定学研究室	岩田洋佳	
				○	○	国際フィールドフ ェノミクス研究拠 点	郭威	
					京都大学	作物学研究室	田中佑 白岩立彦	
データセットの整備と モデル構築	○	○	○		農研機構基盤技術研 究本部農業情報研 究センター	インキュベーショ ンラボ	△米丸淳一	
AI 選抜モデルの検証と 実装					農研機構作物研究部 門	育種ビッグデータ 整備利用グループ	石川吾郎 (R3.4~)	
				○	○	名古屋大学	耕地情報利用研究 室	西内俊策
						農研機構次世代作物 開発研究センター	大豆育種ユニット	山田哲也 (~H31.3)
4 地域における水稻 育種選抜の最適化に繋 がるフィールドビッグ データの取得 (BAC2001)	○	○	○	○	農研機構作物研究部 門	オーダーメイド育 種基盤グループ	○石井卓朗 (~R2.3) ○前田英郎 (R2.4~R3.3) ○竹内善信 (R3.4~)	

生育特性、収量特性データの取得	○	○	○	○	○	農研機構東北農業研究センター	水田作物品種グループ	△横上晴郁 太田久稔 津田直人 藤村健太郎
						農研機構中日本農業研究センター	作物開発グループ	前田英郎 (～R2.3) △梶亮太 (R2.4～) 山口知哉 (～R2.3) 松下景 (～H30.12) 長岡一朗 金 達英 (R3.4～)
						農研機構作物研究部門	オーダーメイド育種基盤グループ	石井 卓朗 (～R2.3) 前田英郎 (R2.4～R3.3) △竹内善信 (R3.4～) 佐藤 宏之 (～R2.3) 後藤明俊 黒木慎 (～R3.3) 大森伸之介 松下景 (R3.4～)
						農研機構西日本農業研究センター	生産環境・育種グループ	△笹原英樹 重宗明子 (～R2.9) 中込弘二 (～R3.3) 新井亨 (H31.4～)

					農研機構九州沖縄農業研究センター	作物育種グループ	△中西愛 竹内善信 (~R3.3) 黒木慎 (R3.4~) 田村克徳 片岡知守
根系データの取得	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	作物デザイン開発グループ	△宇賀優作 寺本翔太 (R3.4~)
強稈性、葉身角度データの取得	○	○	○	○	東京農工大学  茨城大学	生物生産科学部門  農学部地域総合農学領域作物学研究室	△大川泰一郎 安達俊輔 (~R2.3) (R4.4~) 桂圭佑 (R4.4~)  安達俊輔 (R2.4~R4.3)
収量関連遺伝領域の特定	○	○	○	○	神戸大学  新潟大学	附属食資源教育研究センター  農学部生物資源科学プログラム	山崎将紀 (~R4.3)  △山崎将紀 (R4.4~)
データ蓄積・活用への助言	○	○	○	○	JA 全農（協力機関）	営農・技術センター	森永靖武 (~R3.3) 東野裕広 (R2.4~R3.3) 広本直樹 (R3.4~) 宮寄航 (R2.4~)
5 コメ特性ビッグデータの取得による遺伝子型×環境要因相互作用の解析 (BAC2002)	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	作物遺伝子機能評価グループ	○堀清純
遺伝子型×環境相互作用の解析	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	作物遺伝子機能評価グループ	△堀清純

元素含有量の評価	○	○	○	○	○	東京大学	植物栄養・肥科学 研究室	△藤原徹 神谷岳洋
食味関連形質の評価	○	○	○	○	○	農研機構食品研究部 門	流通技術・新用途 開発グループ	△木村映一 鈴木啓太郎 (～R2.3)
							ヘルスケア食グル ープ	梅本貴之 芦田かなえ (R2.4～)
6 実需者ニーズに迅速に対応するための麦類加工適性ビッグデータ活用技術の開発 (BAC2003)	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部 門	育種ビッグデータ 整備利用グループ	○石川吾郎
育種材料における品質データの収集・整理	○	○	○	○	○	農研機構 作物研究部 門	育種ビッグデータ 整備利用グループ	△石川吾郎
品質データ標準化手法の開発	○	○	○				作物デザイン開発 グループ	小林史典
ゲノム選抜の検証					○		○	畑作物先端育種グ ループ

					北海道立総合研究機構 北見農業試験場	麦類畑作グループ	大西志全 粕谷雅志 (～R2.3) 木内均 (R2.4～) 足利奈奈 其田達也 森田耕一 (～R3.3) 神野裕信 (～R3.3) 林和希 佐藤優美 (R3.4～) 荒木和哉 (R3.4～)
					長野県農業試験場	育種部	前島 秀和 田淵 秀樹 (～R3.3) 中澤 隆盛 (R3.4～)
					栃木県農業試験場	麦類研究室	塚原 俊明 (～R3.3) 関和孝博 (～R2.3) 大野かおり (H31.4～) 仲田聡 (～R3.3) 糸川晃伸 (R2.4～) 加藤常夫 (R2.4～R3.3) 青木純子 (R2.4～) 渡邊 浩久 (R3.4～)



					福岡県農林業総合試験場	麦類育種チーム	原口 雄飛 轟 貴智 (～R3. 3) 尾上 明日香 (R3. 4～)
					農研機構 北海道農業研究センター	畑作物育種グループ	八田 浩一 (～R3. 3) 川口謙二 (R3. 4～) 松中仁 (R3. 4～) 寺沢洋平 伊藤美環子 (～R2. 3)
					農研機構 東北農業研究センター	畑作園芸品種グループ	高山敏之 (～R2. 3) 池永幸子 伊藤裕之 中丸観子
					農研機構 中日本農業研究センター	作物開発グループ	青木 秀之 長嶺 敬 (R3. 4～) 関 昌子 (R3. 4～) 中野 友貴 (R3. 4～)
					農研機構 西日本農業研究センター	生産環境・育種グループ	高田兼則 (～R2. 3) 伴雄介 伊藤美環子 (R2. 4～) 加藤啓太 吉岡藤治 高橋飛鳥 (～H30. 10) 杉田知彦 (H30. 11～)

					農研機構九州沖縄農業研究センター	園芸作栽培・畑作物育種グループ	中田克 (R3.4~) 中村和弘 (~R3.3) 平将人 谷中美貴子	
遺伝子型決定法の高度化	○	○			農研機構作物研究部門	育種ビッグデータ整備利用グループ	△石川吾郎	
加工適性に関する連関解析			○	○		○	作物デザイン開発グループ	小林史典
加工適性データベースの構築			○	○		○	ゲノム育種支援室	松原一樹
					農研機構高度分析研究センター	ゲノム情報大規模解析ユニット	田中剛	
7 大豆フィールドビッグデータの取得とデータ活用システムの構築 (BAC2004)	○	○	○	○	○	農研機構作物研究部門	作物遺伝子機能評価グループ	○加賀秋人
育種ビッグデータの収集、データ活用システムの検証	○	○	○	○	○	農研機構東北農業研究センター	水田作物品種グループ	△菊池彰夫 加藤信 (~R2.3) 島村聡 平田香里 (~R3.3) 菱沼亜衣 笹谷絵梨 (R3.4~)
						農研機構中日本農業研究センター	作物開発グループ	△河野雄飛
						農研機構西日本農業研究センター	園芸作栽培・畑作物育種グループ	△小松邦彦 高田吉丈 佐山貴司
育種ビッグデータの収集、データ活用システムの構築、検証	○	○	○	○	○	農研機構九州沖縄農業研究センター	作物育種グループ	△大木信彦
						佐賀大学	植物遺伝育種学分野	△渡邊啓史
						農研機構作物研究部門	作物遺伝子機能評価グループ	福田篤徳

						畑作物先端育種グループ	△戸田恭子 (～R3.3) 高橋浩司 (H30.10～R4.3) 加藤信 (R3.4～) 山崎諒 (R3.4～) 猿田正恭 (H30.10～) 南條洋平 山田哲也 (～H31.3)	
データ活用システムの構築、検証、実装						作物デザイン開発グループ	△矢部志央理	
					農研機構次世代作物開発研究センター	畑作物研究領域長	羽鹿牧太 (～R2.3)	
					東京大学	情報解析ユニット	林武司 (～R2.3) 小野木章雄 (～R2.3)	
			○	○	○	龍谷大学	生命データ科学研究室	△岩田洋佳
						農研機構基盤技術研究本部遺伝資源研究センター	植物資源ユニット	小野木章雄 (R3.4～)
データ活用システムの構築、検証				○	○		△戸田恭子 (R3.4～)	

(注1) 研究開発責任者には◎、小課題責任者には○、実行課題責任者には△を付してください。

## I-2. 研究目的

水稲、麦類、大豆について、遺伝子型情報や異なる環境下における各種形質情報を取得し、体系的に整理した育種ビッグデータベースの構築を行う。加えて、それらのデータを用いて、交配集団から優良系統を効率的に選抜する技術や、画像データから高精度に形質評価値を取得し深層学習等を利用して優良個体の選抜を支援するシステム開発を行う。

このため、本研究では、

1. オントロジーを利用した統合ビッグデータ表示システムの開発 (BAC1001)
2. 育種の自動化を加速するビッグデータの取得法と解析法の確立 (BAC1002)
3. 圃場データの取得方法の最適化とAI Breederの開発に向けた研究 (BAC1003)
4. 地域における水稲育種選抜の最適化に繋がるフィールドビッグデータの取得 (BAC2001)
5. コメ特性ビッグデータの取得による遺伝子型×環境要因相互作用の解析 (BAC2002)
6. 実需者ニーズに迅速に対応するための麦類加工適性ビッグデータ活用技術の開発 (BAC2003)
7. 大豆フィールドビッグデータの取得とデータ活用システムの構築 (BAC2004)

により、(1)水稲、麦類、大豆の延べ1万点以上の育種ビッグデータの取得、(2)圃場形質の高精度評価法の開発、(3)取得したデータを活用した高度育種システムの開発を目標とする。

その結果、

1. 国際競争力に優れた品種育成を加速化するための民間企業も含めた品種育成に利用可能なスマート育種システムが構築される。
2. 実需者等に有用な育種ビッグデータベースが構築され、広く利用される。ことが期待される。

## I-3. 研究方法

### (1)水稲、麦類、大豆における育種ビッグデータの取得

**水稲 (BAC1002、BAC2001、BAC2002)** : 寒冷地北部 (大仙市)、寒冷地南部 (上越市)、温暖地東部 (つくば市)、温暖地西部 (福山市) および暖地 (筑後市) の環境条件において、業務・加工用等の有望な水稲品種・系統や高温耐性品種、日本水稲の品種育成の歴史上重要な役割を果たした品種を生産力検定試験に供試し、出穂期、稈長、全重、精玄米重等の形質データを収集する。また、これらの品種・系統の収穫米を用いて、炊飯食味計やテンシプレサーを用いて炊飯米の食味関連形質を評価するとともに、ICP-MS (誘導結合プラズマ質量分析) を用いて収穫米の網羅的な元素含有量データを取得する。加えて、穀粒判別器において玄米の画像データを取得する。さらに、上記とは異なる全国で育成された日本型品種集団を用いて、根形質、耐倒伏性、葉身傾斜角度など生育に関わる形質データを収集する。高温登熟性の標準品種を含む複数の稲品種を複数年栽培し、採取した登熟種子から Total RNA を抽出し、mRNA-Seq 解析を行い、遺伝子発現データとして整備する。

**麦類 (BAC1002、BAC2003)** : 全国の小麦および大麦育成地の材料のうち、遺伝的に固定度が進み、系統として確立された中期世代以降の材料を年間 1,000 点以上供試して、小麦では製粉性、粉色およびタンパク質含量など、大麦では精麦白度、硝子率およびタンパク質含量など、加工適性に関わる品質形質のデータを収集・整理する。主要育種母本および遺伝解析集団などの

約 300 品種・系統については、水稻と同様に穀粒判別器において外観画像を取得する。その際、栽培環境による差異を考慮し、育成地間でデータを比較するための標準化手法を開発する。また、ゲノムワイドなコアマーカーセットを用いて遺伝子型情報を低コスト且つ安定的に取得できる手法を開発し、本手法を用いて全国の育成地の育種材料（小麦・大麦 5,000 点以上）の遺伝子型情報を取得する。

**大豆（BAC1002、BAC2004）**：気象条件の異なる全国 6 カ所（寒冷地：東北農研（大仙市）、寒冷地南部：中農研北陸研究拠点（上越市）、温暖地東部：作物研（つくば市）、温暖地西部：西農研（善通寺市）、暖地：九冲研（合志市）、佐賀大学（佐賀市））において遺伝子と環境の相互作用を評価するための解析系統群約 250 系統の成熟期、子実外観品質および成分に関する形質データに加え、圃場の土壌成分、土壌水分センサー等を備えたロガーを用いて気象データを収集する。解析系統群に含まれるサチユタカと 3 種類の米国多収品種との交配組み合わせに由来する 3 種類の組換え自殖系統（Recombinant Inbred Lines; RILs）合計 760 系統については、約 700 の SNP（Single Nucleotide Polymorphism）マーカー遺伝子型情報を取得し、高精度連鎖地図を作成するとともに、収量、子実品質等の形質データを収集する。豆腐加工適性に関しては、遺伝子環境相互作用評価系統群に含まれる品種およびサチユタカと米国多収品種との交雑に由来する 3 種類の RILs の子実を用いて豆腐を作成し、豆腐破断応力等の豆腐加工適性を評価するとともに、ICP-MS を用いて 15 種類の子実ミネラル成分のデータ、近赤外分光分析器を用いて子実のスペクトルデータを取得する。

**データベースおよび解析ツール（BAC1001）**：多種多様な表現型データを統合的に利用するため、BAC2001～BAC2004 で調査対象とする農業形質を対象に、国際的オントロジー体系と関連付けた新たなオントロジーを構築し、リレーショナルデータベース上で利用可能な形に実装する。また、遺伝子型や表現型等の育種に関連するビッグデータの登録から検索・閲覧までを支援するシステムを開発し、遺伝子型・表現型データを用いて GS（Genomic Selection）や GWAS（Genome-Wide Association Study）を行うことを可能にするウェブアプリケーションを開発する。また、1 km メッシュ農業気象データを用いて任意の地点・栽培期間の気象データを抽出し、表現型データが取得された地点の気象条件として利用できるようにする。

## （2）圃場形質の高精度評価法の開発

**水稻（BAC1003）**：UAV（Unmanned Aerial Vehicle）を用いて水稻圃場を自動撮影し、植生被覆率や草高データを取得する方法を確立し、5 年間分の経時的な圃場画像を取得する。開発した手法を用いて、多系交雑集団を用いた遺伝解析により植生被覆率や草高に関わる遺伝子座を探索し、収量との関連性の調査を行う。経時的な草高データを解析して草高パラメータを抽出し、収量関連形質の予測モデルを作成する。ドローン画像を用いた収穫時の穂数予測手法を開発する。

**麦類（BAC1003）**：小麦育種圃場の雪腐病検定試験区を UAV から撮影し、被覆面積と HSV 値を算出し、被覆面積、HSV 値と、目視による雪腐病被害の評価データとの関連を調査する。UAV 画像から得られた NDVI と草高のデータを用い、機械学習による小麦の子実収量推定手法を構築する。麦の穂検出について、国際的な収集プラットフォームに参加して穂画像のアノテーション作業を行う。YOLOv4 による穂検出と DeepSORT によるトラッキングを組み合わせた動画による穂計数システムを構築し精度の検証を行う。

**大豆（BAC1003）**：大豆の生育速度、植被率、バイオマスおよび子実重の評価方法について、UAV 画像から植被率と草高を算出し、畝間の植被率もしくは草高値と播種後日数との関係について明らかにする。大豆の倒伏評価方法について、UAV 画像から草高データを抽出し、倒伏後

-倒伏前の UAV 草高差分値と倒伏角度との関係を明らかにする。圃場画像からの大豆の種子数計測方法については、深層学習による画像の群集カウントの手法 P2PNet を改良し、種子数の計測が可能なモデルを考案する。大豆の光合成能の評価方法について、光合成測定装置を用いて子実肥大期の上位葉の光合成速度を測定する。

### (3) 育種ビッグデータを活用した高度育種システムの開発

**水稻 (BAC2001、BAC2002)** : 根形質を含む生育や収量性に関するデータを利用して、GWAS による遺伝的特性を明らかにする。X 線 CT 画像を用いた水田土中の根系分布の非破壊計測、ドローンを用いた耐倒伏性評価法の開発を行う。収集したデータを用いて、栽培地域間の変動や年次間変動を考察し、遺伝子型と環境要因の関係性を明らかにすると同時に、炊飯米食味の形質予測モデルの構築に取り組む。

**麦類 (BAC2003)** : 収集した小麦および大麦に関する品質データおよび遺伝子型データを用いて、連関解析による主働遺伝要因の同定および品質形質のゲノム予測モデルの構築を行い、これらの知見を生かして加工適性に優れる系統の効率的な選抜手法を開発する。

**大豆 (BAC2004)** : 豆腐破断応力等の豆腐加工適性について、遺伝子型情報に子実ミネラル成分、近赤外分光分析による子実のスペクトルデータなどを加えたマルチカーネル回帰による予測手法を開発する。開花・成熟期予測に関しては、ヒストリカルデータから遺伝子環境相互作用評価系統群に含まれる品種・系統と同じものを抽出して学習用データとして使用し、全国 6 カ所で調査した別系統について開花関連遺伝子のアレル情報から開花期・成熟期を予測し、実測値との比較により予測精度を確認する。交配シミュレーションに関して、フクユタカ×(フクユタカ×NC-Raleigh) の BC1F7 集団の SNP 解析を行い、SNP マーカー情報と表現型情報を取得し、ゲノム情報から収量、蛋白質含有率等の表現型を予測する予測モデルを構築する。各組合せについて F2 の予測値を算出し、複数形質において優良な後代を算出する可能性が高い交配組合せについて、F4 世代における収量等の形質評価を検証する。

## I-4. 研究結果

### (1) 水稻、麦類、大豆における育種ビッグデータの取得

**水稻 (BAC1002、BAC2001、BAC2002)** : 2018~2022年の5か年に渡り、寒冷地から暖地までの5環境条件における、業務・加工用等、のべ118水稻品種・系統について、出穂期、稈長、穂長、穂数、全重、精玄米重など39形質の表現型データおよび各栽培圃場の土壌データを取得した。これらの2018年産米から2022年産米の5年間で合計768の水稻品種・系統について、アミロース含有率、タンパク質含有率、胚乳元素成分、炊飯食味および炊飯米物性等の食味特性を評価した。毎年67形質以上を評価して、合計47,000点以上の評価値データを得た。1,716点以上の玄米画像を取得した。玄米画像から確立したテクスチャ特徴量算出方法を用いて形態特徴量およびテクスチャ特徴量を算出し、品種、栽培場所、栽培年による変化の違いを明らかにした。複数品種・系統を用いて、玄米品質、出穂日等の形質値をそれぞれ500点以上取得するとともに、約380の登熟種子サンプルの遺伝子発現データを取得した。

**麦類 (BAC1002、BAC2003)** : 小麦では品質4,169点、遺伝子型3,416点、大麦では品質4,906点、遺伝子型2,390点のデータを収集した。また、小麦と大麦合わせて耕種概要を236点、土壌分析を170点収集した。主働遺伝子では、粒質、生地物性等に関して小麦で12遺伝子座、硝子率、醸造適性等に関して大麦で6遺伝子座について、小麦3,416点、大麦2,390点の遺伝子型解析を行った。また、ゲノム全体のDNA多型を低コストで調査できる技術を開発し、全ての供試材料に適用した。さらに、全国共通の育種調査フォーマットを作成して、得られた

データを相互に関連付けられるように整理し、BAC1001で開発する育種データベースのリソースとした。また、1,992点以上の麦穀粒画像を取得した。

**大豆 (BAC1002、BAC2004)** : 5 年にわたり気象条件が大きく異なる全国 6 カ所において遺伝子環境相互作用評価系統群約 250 系統の成熟期、子実外観品質および成分等の形質データ、栽培地点の土壌分析データ、圃場の気象データを収集した。これらのデータのうち、海外多収品種と日本品種の交雑に由来する 3 種類の RILs のデータを用いて QTL 解析を行い、海外多収品種の育種利用において重要になる子実の外観品質の QTL を 10、子実のタンパク質含量について 20、裂皮性について 10、しわ性について 9、成熟期について 21、収量性について 9、ミネラル成分について 38 などを同定し、効果の程度や QTLs の地域特異性などの情報をとりまとめた。10,673 点以上の大豆穀粒画像を取得した。

**データベースおよび解析ツール (BAC1001)** : 作物の遺伝子型・表現型データの登録から検索・閲覧までをウェブブラウザ上で簡便に行えるシステムである育種情報管理支援システム (BRIMASS) を開発した。BRIMASS にメタデータとして登録された圃場の位置情報を元に、任意の期間・地点の気象データを 1 km メッシュ農業気象データから抽出し、グラフとして可視化する機能を実装した。また、BAC2001 から BAC2004 での調査形質を含む独自の作物形質オンтоロジーを構築し BRIMASS に組み込むことで、遺伝子機能情報との連携や作物横断的なデータ利用への拡張を可能とした。BRIMASS と並行して、GS、GWAS、交配シミュレーションを GUI 上で容易に実行できるアプリケーション (GS/GWAS ウェブアプリケーション) を開発した。BRIMASS から遺伝子型・表現型データをダウンロードして、GS/GWAS ウェブアプリケーションに直接アップロードすることが可能であり、これにより、データ登録から検索・閲覧、およびデータ解析までを支援する環境の構築を達成できた。

## (2) 圃場形質の高精度評価法の開発

**水稻 (BAC1003)** : 品種、多系交雑系統や染色体断片置換系統について毎年 300 系統以上、5 年間、経時的な UAV 画像データと収量関連形質データを用いた遺伝解析により画像データから求めた植被率や草高に関わる遺伝子座を合計 15 同定し、そのうち 4 遺伝子座について収量性との関連性を明らかにした。また、経時的な UAV 画像データから 5 つの草高パラメータを取得し、到穂日数、稈長、地上部乾物重などの収量関連形質を予測する手法を開発した。水稻においてドローンの出穂画像データから穂数を算出するモデルの開発を行い、AI を利用することで出穂期の画像から穂数予測が可能であることを示した。

**麦類 (BAC1003)** : 雪腐病被害については、初年度で UAV 画像との関連が確認できたが、その後雪腐病が圃場において発生しなかったためデータ収集を断念せざるを得ず、再現性の確認まで至らなかった。収量推定については、3 年分の圃場における UAV 画像を取得し、NDVI

(Normalized Difference Vegetation Index ; 正規化植生指標) と草高の時系列データと収量に関連があることを確認した。また、撮影の間隔や回数によらず、年度を超えて利用できる小麦育種圃場における収量推定方法を開発し、2020 年度と 2021 年度に学習したモデルで、2022 年度の収量を推定したところ相関係数 0.52 の精度であった。麦の穂検出では、圃場画像から穂部分のみを抽出した 5 万以上の教師データを用いて機械学習による穂検出モデルを作成した。また、動画のフレーム間の穂の異同を判別し計数を可能にする「穂検出システム ver.1」を開発した。さらに、育種試験区を撮影した動画に対して穂数計数を実施し、反復間の相関が高いことを検証した (大麦 : 平均 0.938、小麦 : 平均 0.752)。

**大豆 (BAC1003)** : 主要品種を含むコアコレクション 200 系統および BAC2004 の RILs 約 400 系統の 5 年間の経時的な UAV 画像データ、国内 2 カ所においてコアコレクションの光合成能に関

するデータを4年間にわたり取得した。植被率・草高等の草姿について、UAVによって推定した草高値および植被率の時系列データは、ロジスティック回帰などの生長関数を用いることで推定精度が高まり、その推定表現型値を利用したコアコレクションの遺伝解析により生育速度に関する遺伝子座を同定し、またあわせて初期生育中に草高や植被率が急激に増加する系統を見いだした。倒伏に関しては、UAVによって取得した倒伏前と倒伏後の草高差分値は、倒伏の実測角度と高い相関関係があり、達観評価よりも精度良く、倒伏の状態を効率良く評価できることがわかった。光合成に関しては、高速光合成計測装置の評価によりコアコレクションから高い光合成能を持つ系統を見だし、GWASにより高光合成に関する2つの遺伝子座を同定した。バイオマス・収量に関しては、深層学習により圃場撮影画像から大豆の種子数を計測する方法を考案するとともに、マルチスペクトルカメラを用いることにより、変異幅の小さい系統群でもバイオマスおよび収量が予測可能であることを明らかにした。

### (3) 育種ビッグデータを活用した高度育種システムの開発

**水稻 (BAC2001、BAC2002)** : 日本水稻144品種の根系パラメータを用いたGWASにおいて、各根系パラメータとも、日本水稻内に多様な変異が確認された。GWASを行った結果、冠根数と関連する遺伝子領域を第4染色体上に見出した。日本水稻30品種の根系・食味・収量関連形質のデータの3年間の平均値を算出し、総当たりの相関解析を行った。土壌モノリスの層別根量から求めた深根度は精玄米重と弱い負の相関 ( $r=-0.21$ ) を、食味とは正の相関 ( $r=0.36$ ) が確認できた。品種によっては深根化による食味向上の可能性が示された。また、X線CT画像を用いた水田土中の根系分布を評価するための非破壊計測プログラムを開発した。UAV画像のビックデータより、出穂期から登熟期の草高の減少率から倒伏程度を解析する方法を検討し、多数の品種の倒伏程度の評価を行った。これらの品種の稈基部の折れにくさを表す挫折時モーメント、および稈の太さを表す断面係数には大きな品種間差異がみられた。

食味について、硬さや粘り等の炊飯米物性では品種(遺伝子型)と試験圃場(環境要因)の間で有意な交互作用が検出された。また、取得した形質評価値を使用して、食味官能試験の総合値の予測モデルを構築し、アミロース含有率やテンシプレッサーの物性値等の9つの形質評価値を用いることにより、 $R^2$ が0.41程度を示す予測モデルを構築した。また、炊飯米物性の評価精度の向上を目指して、RVA (Rapid Visco Analyser) 缶を用いた少量炊飯物性測定法等の新規の食味評価手法を開発した。良食味多収米(業務用米)品種で重視される炊飯米の特徴に着目して、炊飯18時間後の物性評価手法や粒感の評価手法を開発した。

**麦類 (BAC2003)** : ゲノム選抜の検証用として小麦の12の形質について解析を行った。つまり、出穂期、容積重、千粒重、原粒タンパク質含量、ビューラー製粉による製粉歩留、粉色L\* (明るさ)、粉色a\* (赤み)、粉色b\* (黄色み)、ブラベンドー製粉による製粉歩留、粉色L\*、粉色a\*および粉色b\*である。育成地および年次の効果を除くため、全ての形質値を育成地と年次の組合せごとに標準化し、以後の解析に用いた。

全てのデータを用いてrrBLUP法により予測モデルを構築し、5分割交叉検定を100回繰り返したところ、2年分のデータを用いた場合に比べて4年分のデータを用いた場合は全体的に予測精度が向上し、繰り返し間のバラつきも減少していることから、データの蓄積による予測精度の向上効果がみとめられた。交叉検定では、粉色a\*、粉色b\*、製粉歩留、原粒タンパク質含量は0.7前後の予測精度であった。

ゲノム選抜を実際の育種で利用する場面を想定し、北見農試の秋播き小麦育種における品質選抜での導入可能性を検討した。収集した4年分のデータを用いて予測モデルを作成し、2022年収穫のうどん用選抜系統(91点)に適用して4種類のデータセットを用いて予測値を得た。



その結果、粉色b\*、粉色a\*および製粉歩留に0.3程度の相関がみられ、データを標準化して北見農試の材料で作成したモデルが全体的に高い傾向となることが明らかとなった。一方、前年産の品質成績による従来の選抜法の相関係数（0.41～0.87）と比べると予測精度は低かった。

**大豆（BAC2004）**：大豆子実の近赤外分光スペクトル、ミネラル成分、ゲノム情報の性質の異なる3種類のデータを組み合わせることにより豆腐加工適性を予測するモデルを構築した。海外多収品種と日本品種のRILsについて、収集した131系統のデータセットを用いてモデルを構築した結果、予測モデルの予測値と実測値の相関係数は0.85、モデルに含まれないサンプルを実測したときの予測値との相関係数は0.84となり、豆腐の硬さが比較的良好に予測できることが明らかとなった。

ヒストリカルデータと開花関連遺伝子のアリル情報から開花期を予測するモデルを構築した。これを用いると、3年間全国6地点で栽培した61品種・系統の開花期を、日平均気温と日長情報から比較的高い精度（相関係数0.84、RMSE7.6日、MAE6.1日）で予測できた。また、目的の特徴を備えた大豆を選抜するための最適な交配組み合わせを予測する交配シミュレーション手法のプロトタイプを構築した。交配後代で収量、蛋白質含有率、百粒重で優秀な系統が分離すると予測された3組合せ、収量のみに着目して高収量の後代が分離すると予測された3組合せ、交配後代は予測せずに単純に系統群で収量が高いと予測された系統間を交配した2組合せについて交配後世代促進を行い、収量評価を行った。その結果、交配シミュレーションで収量のみに着目して選抜を行った系統が最も子実重が高くなり、蛋白質含有率、百粒重も考慮に入れて選抜を行った系統の収量は低く、表現型のみを基準に交配した系統はこれらの中間程度となり、予測モデルについて一定の有効性を示すことができた。

## I-5. 今後の課題

**データおよびデータベース（ツール）**：水稻、麦類、大豆における収量形質、品質などの情報を含む育種ビッグデータの収集・整理を行う育種支援システムを開発し、作物の遺伝子型・表現型データの登録から検索・閲覧、さらにはデータ解析（GS、GWAS、交配シミュレーションなど）を連続的に行うことが可能となった。各種情報を継続的に収集、整理する体制が必要であると同時に、システム・アプリケーションの社会実装に向けては、人員・予算両面からの持続的な運用・保守体制の構築が課題である。データベース・ツールについては、系譜情報や遺伝子機能情報との連携等による機能拡張による利便性を高める必要がある。

**圃場形質の高精度評価**：水稻、麦類、大豆におけるUAVによる形質評価手法を開発し、草型、収量関連形質に関する予測が可能となった。草高のような形質については一定程度の精度で推定が可能となったが、収量予測については精度改善の余地がある。このためには、マルチスペクトルカメラにより得られるNDVIなどの経時データや収量構成要素（穂）の認識手法、気象情報の活用を検討が必要である。なお、画像を用いた各種対象物体の検出については、撮影日および撮影条件の影響を大きく受けることから頑健性については引き続き検討が必要である。

**育種ビッグデータを活用した育種選抜システム**：水稻、麦類、大豆の育種ビッグデータを利用することで、過去に得られなかったデータ間の関係性が明らかになると同時に食味や加工適性といった複雑な形質の予測が一部可能となった。食味、加工適性といった複雑な形質の予測精度を向上させるためには、予測対象とモデル構築を行った集団の遺伝的特性を類似させる必要がある。そのためには、多数の品種・系統の形質評価によりデータ蓄積を進めるとともに、多様なデータを取得することが必要となる。また、育種現場に実装するためには、多種多様なデータを用いて構築したモデル・予測手法を実装したインタラクティブなツールが求められる。

小課題番号	BAC1001	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	オントロジーを利用した統合ビッグデータ表示システムの 開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・基盤技術研究本部高度分析研究センターゲノム 情報大規模解析ユニット・坂井 寛章		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

水稲、麦類、大豆などの主要な作物について、表現型データを統合的に利用できるようにするため、既存のオントロジーの体系と関連付けた独自のオントロジーを構築し、リレーショナルデータベース上で利用可能な形に簡略化して実装する。また、遺伝子型や表現型等の育種に係るビッグデータを搭載したデータベースを構築し、これと連動して、ゲノミックセレクション (GS) や全ゲノム関連解析 (GWAS) 等を行うことを可能にする育種支援システムを構築する。

### 2) 研究方法

水稲、麦類、大豆などの主要な作物について、多様な組織の測定者によって収集される多種多様な表現型データを統合的に利用できるようにするため、まずはBAC2001からBAC2004で調査される農業形質を対象に、国際的に利用されているオントロジー体系である Trait Ontology (TO) や Crop Ontology (CO) と関連付けた独自の新たなオントロジーを構築し、リレーショナルデータベース上で利用可能な形に簡略化して実装する。

BAC2001からBAC2004や、他の協力関係にあるプロジェクトから得られる遺伝子型や表現型等の育種に係るビッグデータの登録から検索・閲覧までを支援するシステムを開発し、これと連動して、遺伝子型・表現型データを用いてGSやGWASを行うことを可能にするウェブアプリケーションを開発する。また、1981年からの日別の農業気象要素を全国1kmのメッシュサイズでデータ化したメッシュ農業気象データを用いて任意の地点・栽培期間の気象データを抽出し、表現型データが取得された地点の気象条件として利用できるようにする。

### 3) 研究結果

作物の遺伝子型・表現型データの登録から検索・閲覧までをウェブブラウザ上で簡便に行える育種情報管理支援システム (BRIMASS) を開発した。BRIMASSにメタデータとして登録された圃場の位置情報を元に、任意の期間・地点の気象データを1kmメッシュ農業気象データから抽出しグラフとして可視化する機能を実装した。また、BAC2001からBAC2004での調査形質を含む独自の作物形質オントロジーを構築しBRIMASSに組み込むことで、既存の国際的オントロジー体系である形質オントロジー (TO) や作物オントロジー (CO) を介した各作物形質名と遺伝子機能情報との連携や、作物間で形質名を対応付けることによる作物横断的なデータ利用への拡張を可能とした。

BRIMASSと並行して、GS、GWAS、交配シミュレーションをGUI上で容易に実行できるアプリケーション (GS/GWASウェブアプリケーション) を開発した。BRIMASSから遺伝子型・表現型データをダウンロードしてGS/GWASウェブアプリケーションに直接アップロードする

ことが可能であり、これにより、データ登録から検索・閲覧、およびデータ解析までを支援する環境の構築を達成できた。

#### 4) 成果活用における留意点

BRIMASSについては、表現型データの検索機能やグラフ作成機能の強化やセキュリティ向上等の開発を継続しつつ、公設試や民間種苗会社への周知を図り、共同研究等を模索する。GS/GWASウェブアプリケーションについては、スマート育種システムの実用的なツールとして国内外に紹介する取組みを行っており、アグリゲノム産業研究会等での啓蒙活動を継続する。また、GS/GWASウェブアプリケーションの社会展開を持続させるためのビジネスモデルを現在開発中である。

#### 5) 今後の課題

作物の表現型・遺伝子型データを管理する「育種情報管理支援システム (BRIMASS)」および、GSやGWASをウェブブラウザ上で簡便に実行できるアプリケーションを開発した。これにより、作物の育種データの登録・管理・検索・閲覧・解析までを一気通貫に支援する仕組みを構築できた。BRIMASSについては、データ検索・解析機能およびセキュリティを強化する。また、今後さらに多様な作物種のデータにも対応できるように、データフォーマットやデータベース設計を見直すとともに、系譜情報や遺伝子機能情報との連携等による機能拡張を進める予定である。GS/GWASウェブアプリケーションについては、計算速度や、外部データソースとの連携などを引き続き改善する。本課題で開発したシステム・アプリケーションの社会実装に向けては、人員・予算両面からの持続的な運用・保守体制の構築のための取組みが必要である。

小課題番号	BAC1002	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	育種の自動化を加速するビッグデータの取得法と解析法の 確立		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門スマート育種基盤研究領域育種ビ ッグデータ整備利用グループ・佐藤 豊		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

日本各地で栽培された水稻、麦類、大豆の外観画像データ（水稻は反射・透過・透過スポット画像、それ以外は反射画像）を穀粒判別器で1万点以上収集し、穀粒品質に関わる画像ビッグデータの取得および解析法を開発する。また、水稻において栄養状態や登熟期の高温によって誘発される玄米品質の低下等に注目して遺伝子発現データを取得し、それら環境に応答して変化する植物体の内部状態を評価するための指標整備を進める。

### 2) 研究方法

BAC2001、BAC2002、BAC2003およびBAC2004の課題で得られた稲、麦類および大豆サンプルについて穀粒判別器において画像を取得し画像特徴量を算出する。これらの画像特徴量における品種と環境が及ぼす効果を明らかにし、品種を識別するための特徴量を選抜した。また、画像特徴量を用いた小麦品質の予測を勾配ブースティング法:XGBoost(Chen and Ernesto, 2016)を用いて行った。

高温登熟性の標準品種を含む複数の稲品種を複数年栽培し、玄米品質、出穂日等の形質データを取得するとともに、採取した登熟種子からTotal RNAを抽出し、mRNA-Seq解析を実施した。また、簡易穂温上昇装置を用いて(寺田ら 2010)、高温処理条件下での登熟種子のmRNA-Seqデータを取得した。取得したデータを用いて、登熟種子の遺伝子発現と形質・気温との関連を解析した。

### 3) 研究結果

稲：1,716点以上、麦：1,992点、大豆：10,673点以上の穀粒画像を取得し、目標とした1万点以上を達成した。穀粒画像から形態特徴量およびテクスチャ特徴量(Haralick et al, 1973)を算出し、品種と環境の効果との関係を見いだした。小麦について特徴量を用いて製粉効率を目的変数とした予測モデル構築を行い、粒質に関する情報を説明変数として用いることで精度が向上することを明らかにした。

水稻の複数品種・系統を用いて、玄米品質、出穂日等の形質値をそれぞれ500点以上取得するとともに、約380の登熟種子サンプルの遺伝子発現データを取得した。登熟種子の遺伝子発現データから、サンプル採取時の気温や積算温度を比較的高い精度で予測できることを示した。一方で、白未熟粒の発生と登熟種子の遺伝子発現の関連を解析したところ、複数品種に共通した傾向は見出せなかった。

### 4) 成果活用における留意点

得られた1万点以上の画像データは品質および他の農業形質とセットで育種ビッグデータとして幅広く利用することが可能である。

複数の品種における複数年の登熟種子の遺伝子発現データおよび付随する形質データの

セットを利用することが可能であるが、遺伝子発現等のデータについては異なる年度のデータ比較は注意が必要である。

#### 5) 今後の課題

稲：1,716点以上、麦：1,992点、大豆：10,673点以上の穀粒画像データを取得するとともに、稲において約380の登熟種子サンプルの遺伝子発現データを取得した。穀粒画像を利用して深層学習（AI）を用いて品質等を予測するためには各作物において今後も継続して穀粒に関する画像および品質データを取得することが必要である。

品種に依存した白未熟粒の発生あるいは耐性メカニズムを明らかにして、植物体の内部状態を評価する有用な指標を整備するためには、登熟種子の遺伝子発現だけでなく、付随する様々な形質・環境データを取得して総合的に解析して検討する必要がある。

#### <引用文献>

- 1) Haralick RM, Shanmugam K and Dinstein IH. (1973) Textural features for image classification. Systems, Man and Cybernetics, IEEE Transactions on. 6:610-21.
- 2) Chen T. and Ernesto C. (2016) XGBoost: A Scalable Tree Boosting System, Proc. the 22nd ACM SIGKDD Int. Conf. on Knowledge Discovery and Data Mining, pp. 78-794.
- 3) 寺尾ら (2010) イネ高温登熟耐性選抜のための簡便な穂温上昇装置. 日作紀 79:166-173.

小課題番号	BAC1003	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	圃場データの取得方法の最適化とAI Breederの開発に向けた研究		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門スマート育種基盤研究領域育種ビッグデータ整備利用グループ・小川 大輔		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

水稻表現型の画像評価を行う実施課題では、多系交雑系統、二系交雑系統や突然変異系統を農研機構の圃場で毎年合計15a以上栽培し、UAV画像や収量関連形質データから、籾多収と関係する要因を3つ以上見出し(H30-R2年度)、最終目標として、籾多収に關係するパラメータの遺伝的要因を3つ以上明らかにし、それらのパラメータを指標に用いた系統選抜の有効性を調査する(R3-R4年度)。麦類表現型の画像評価を行う実施課題では、融雪後の特性検定(雪腐病)および系統初期世代の圃場(50a)における雪腐病と凍上の発生による冬損被害の画像データを収集、数値化する手法を確立する(H30-R2年度)。R4年度までに、画像データと達観評価との関係性を調査し、選抜技術として利用可能とする。大豆表現型の画像評価を行う実施課題では、UAV等リモートイメージングにより、ダイズの草姿、耐倒伏性、光合成能等に関連する形質の時系列変化を撮影し、画像データから高精度の形質評価値を効率的に取得する方法を開発する(H30-R4年度)。形質予測を行う実施課題では、草姿、穂などの器官に関する画像および穀粒画像と表現型情報を連関させた情報を用いた深層学習による人工知能型育種支援システム(AI Breeder)の構築を行う(H30-R4年度)。

### 2) 研究方法

UAVを用いて水稻圃場を自動撮影し、植生被覆率や草高データを取得する方法を確立し、5年間経時的な圃場画像を取得した。日本型品種とインド型品種の交雑に由来する多系交雑集団を観察し、遺伝解析を行って植生被覆率や草高に関わる遺伝子座を探索し、収量との関連性を調査した。経時的な草高データを解析して草高パラメータを抽出し、収量関連形質の予測モデルを作成した。

小麦育種圃場の雪腐病検定試験区をUAVから撮影し、被覆面積とHSV値を算出した。この被覆面積、HSV値と、目視による雪腐病被害の評価データとの関連を調べた。ただし、2年目以降雪腐病が発生しなかったため、継続を断念し、同様の手法でUAV画像を用いた収量の推定を試みた。

大豆の生育速度、植被率、バイオマスおよび子実重の評価方法については、UAV画像から植被率と草高を算出し、畝間の植被率もしくは草高値と播種後日数との関係について、Rのnls関数を用いて生長曲線のロジスティック回帰を行い、プロットごとに最適な生育パラメータを推定した。大豆の倒伏評価方法については、UAV画像から草高データを抽出し、倒伏後-倒伏前のUAV草高差分値と倒伏角度との関係を解析した。圃場画像からの大豆の種子数計測方法については、深層学習による画像の群集カウントの手法であるP2PNetを改良し、種子数の計測が可能なモデルP2PNet-Soyを考案した。アクションカメラを用いて植物体から80cm離れて撮影した画像について種子を手動でラベルし、片側から撮影した画像をトレ

ーニング、逆側をモデル性能検証に使用した。大豆の光合成能の評価方法については、光合成測定装置MIC-100を用いて子実肥大期の上位葉の光合成速度を反復測定した。クロロフィル蛍光パラメータNPQの予測にはリーフスペクトルメーターCI-710を用いて葉の反射スペクトル、光合成測定装置LI-6800を用いて光合成速度とNPQを計測した。関数同定ツールTuringBbotを用いて、葉の反射スペクトル情報からNPQを予測する回帰式を導出した。

大豆草姿について、育種家の達観データを基に深層学習モデルを作成し、草姿を評価する手法を開発した。麦の穂検出について、国際的な収集プラットフォーム (David et al. 2020) に参加して穂画像のアノテーション作業を行った。YOLOv4による穂検出とDeepSORTによるトラッキングを組み合わせた動画による穂計数システムを構築し精度検証を行った。水稻についてドローン画像を用いた収穫時の穂数予測手法を開発した。

### 3) 研究結果

水稻については、品種、多系交雑系統や染色体断片置換系統について毎年300系統以上、5年間、経時的なUAV画像データと収量関連形質データを取得した。遺伝解析により画像データから求めた植被率や草高に関わる遺伝子座を合計15同定し、そのうち4遺伝子座について収量性との関連性を明らかにした (Ogawa et al. 2021a; Ogawa et al. 2021b)。また、経時的なUAV画像データから5つの草高パラメータを取得し、到穂日数、稈長、地上部乾物重などの収量関連形質を予測する手法を開発した (Taniguchi et al. 2022)。

小麦の雪腐病被害については、初年度でUAV画像との関連が確認できたが、その後雪腐れ病が発生しなかったため、再現性の確認まで至らなかった。収量推定については、3年分のデータを蓄積し、NDVIと草高の時系列データと収量に関連があることを確認した。また、撮影の間隔や回数によらず、年度を超えて利用できる小麦収量推定方法を開発した。2020年度と2021年度に学習したモデルで、2022年度の収量を相関係数0.52で推定した。

大豆の国内品種と海外品種を含むコアコレクション200系統およびBAC2004のRILs約400系統の5年間の経時的なUAV画像データと収量関連形質データ、国内2カ所においてコアコレクションの光合成能に関するデータを4年間にわたり取得した。形質評価に時間と手間がかかる群落形質について、UAVを用いた時系列画像から高精度の形質評価データを効率的に取得する方法を検討した。植被率・草高等草姿については、UAVによって取得した草高値および植被率の時系列データは、ロジスティック回帰などの生長関数を用いることで精度が高まり、コアコレクションの生育速度に関する遺伝子座や初期生育中に草高や植被率が急激に増加する系統を見いだした。倒伏に関しては、UAVによって容易に取得できる倒伏前と倒伏後の草高差分値は倒伏の実測角度との間に高い相関があり、達観評価よりも精度良く、倒伏の状態を効率良く評価できることがわかった明らかとなった。光合成に関しては、NPQの推定に有効な反射スペクトルを明らかにした。また、高速光合成計測装置の評価によって日本のコアコレクションの高光合成に関する2つの遺伝子座と高い光合成能を持つ系統を見いだした。バイオマス・収量に関しては、深層学習により圃場撮影画像から大豆の種子数を計測する方法を考案するとともに、マルチスペクトルカメラを用いることにより、変異幅の小さい系統群でもバイオマスおよび収量が予測可能であることを示した。

大豆の圃場草姿画像の評価では、3種類の収量試験における最高と最低評価の画像は、複数の育種家による評価と一致することを確認した。麦の穂の検出では、5万以上の穂のアノテーションデータを用いて機械学習による穂検出モデルを作成した。また、動画のフレーム間の穂の異同を判別し計数を可能にする「穂検出システムver. 1」を開発した。さらに、育種試験区を撮影した動画に対して穂数計数を実施し、反復間の相関が高いことを検

証した（大麦：平均0.938、小麦：平均0.752）。水稻においてドローンの出穂画像データから穂数を算出するモデルの開発を行い、AIを利用することで出穂期の画像から穂数予測が可能であることを示した。

#### 4) 成果活用における留意点

水稻、麦、大豆の各圃場で構築したUAV撮影手法は他作物にも適用可能であるが、UAV飛行高度や撮影のオーバーラップ率については作目や目的とする形質で異なり、適宜検討が必要である。

水稻多系交雑集団で検出された植被率や草高に関わる遺伝子座の効果については多様な遺伝背景での検証が必要である。

開発した小麦収量推定方法は、小麦育種圃場のプロット毎の絶対的な収量の推定を目的としたものではなく、収量のばらつきを相対的に捉えるものである。

大豆に関する植被率や草高等のいずれの形質も気象条件により影響を受けやすく、対象とする解析材料の変異幅によっても形質評価の精度が大きく変化する可能性があるため、十分な評価精度が得られるかを事前に検証する必要がある。また、評価のタイミングやプロット、年次反復、調査地点の増加等により安定した形質評価ができるような試験設計の検討が必要である。

開発された検出および予測システムは利用可能であるが、頑健性（年次変動、撮影日、撮影条件）の検証が必要である。なお、大豆の草姿や麦穂のアノテーションセットについては、今後の研究開発の中でモデル構築等に活用できる。

#### 5) 今後の課題

深層学習や、経時的なUAV画像データを用いた収量関連形質の予測・推定手法を開発し、画像を基にした育種選抜が可能になった。水稻の収量予測について、実用利用するには予測精度の低い点が課題として残る。この改善には、マルチスペクトルカメラにより得られるNDVIなどの経時データや穂認識手法、気象情報の活用の検討が必要と考える。

小麦の収量推定では、単年度のデータより2年分のデータで学習した方がモデルの精度は向上したが、実用利用するには依然として低い水準であり、さらなるデータ蓄積により予測精度を向上させる必要がある。

UAVによる大豆の倒伏、草高、植被率の評価に関しては、画像解析の煩雑さを解消するため、撮影した画像を用いて容易に解析できる体制の整備が必要である。また、光合成計測装置を用いた高光合成関連遺伝子の同定については、見いだされた候補遺伝子の絞り込みと機能証明、さらなる高光合成能を持つ遺伝資源の探索に引き続き取り組む。クロロフィル蛍光パラメータであるNPQについては、ハイスループットなデータ取得を目指すうえで、UAVでの検証が必要である。深層学習による種子数計測については、系統認識の点で課題があるため、倒伏・個体重なり等の育種現場の状況を想定した材料での検討やUAV画像・動画での検証を進める。バイオマス・収量については、汎用性について十分な検討ができていないため、UAVによる複数の評価指標に基づく収量評価法の高精度化と多収選抜の検証などが必要である。画像を用いた各種対象物体の検出については、撮影日および撮影条件の影響を大きく受けることから頑健性については引き続き検討する必要がある。

#### <引用文献>

- 1) David et al. (2020) Global Wheat Head Detection (GWHD) Dataset: A Large and Diverse Dataset of High-Resolution RGB-Labelled Images to Develop and



Benchmark Wheat Head Detection Methods. *Plant Phenomics*, vol. 2020, Article ID 3521852. <https://doi.org/10.34133/2020/3521852>

- 2) Ogawa et al. (2021a) Haplotype analysis of data from UAV imagery of rice MAGIC population for the trait dissection of biomass and plant architecture. *Journal of Experimental Botany*, 72(7), 2371–2382. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa605>
- 3) Ogawa et al. (2021b) Remote-Sensing-Combined Haplotype Analysis Using Multi-Parental Advanced Generation Inter-Cross Lines Reveals Phenology QTLs for Canopy Height in Rice. *Frontiers in Plant Science*, 12, Article ID 715184. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.715184>
- 4) Taniguchi et al. (2022) Prediction of heading date, culm length, and biomass from canopy-height-related parameters derived from time-series UAV observations of rice. *Frontiers in Plant Science*, Article ID 998803 <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.998803>

小課題番号	BAC2001	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	地域における水稲育種選抜の最適化に繋がるフィールドビッグデータの取得		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門スマート育種基盤研究領域オーダーメイド育種基盤グループ・竹内 善信		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

寒冷地北部、寒冷地南部、温暖地東部、温暖地西部および暖地の環境条件において、業務・加工用等の有望な水稲品種・系統や高温耐性品種、日本水稲の品種育成の歴史上カギとなる品種等、のべ118品種・系統を生産力検定試験に供試して、玄米重や全重、出穂期、稈長等の収量特性や生育特性等の評価を5年間にわたって実施し、データを取得・蓄積する。また、生育特性や収量関連形質等の各表現型データと遺伝子型データを集積して、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) を実施し、関連する遺伝領域を特定する。さらに、日本で育成された125品種を含む日本水稲146品種を用いて、収量性と関連の高い根系形態については、圃場および温室にて根系表現型データを網羅的に取得し、稈強度と葉身傾斜角度については、迅速、高精度なデータ取得方法の開発し表現型データを取得するとともに、GWASによる原因遺伝子の特定を行う。なお、データの取得・蓄積に関しては、民間からの助言をうけて実施する一方、その有用性を民間にアピールし、共同育成につなげる。

### 2) 研究方法

① 寒冷地北部 (大仙市)、寒冷地南部 (上越市)、温暖地東部 (つくば市)、温暖地西部 (福山市) および暖地 (筑後市) の環境条件において、業務・加工用等の有望な水稲品種・系統や高温耐性品種、日本水稲の品種育成の歴史上重要な役割を果たした品種等、のべ118品種・系統を生産力検定試験に供試し、出穂期、稈長、全重、精玄米重等の39形質を調査した。

② 日本水稲146品種を用いて、出穂期、稈長等の生育特性および全重、千粒重等の収量性に関する表現型データを収集し、そのうち141品種についてGWASを行なった。

③ 日本水稲144品種を用いて水耕栽培における最長根長および根数、バスケット法における深根率などの根系パラメータを取得した。最長根長は一番長い種子根もしくは冠根の数、根数は冠根の本数、深根率は根の土壌中分布の深さ程度を示す指数であり、地面に対してある角度以上で伸長する冠根の数を全ての冠根の数で除した値である。深根率が大きいほど根が深い。これらの形質値を用いてGWASを実施した。

④ 日本水稲30品種の根系パラメータの取得と解析をするため、水田にて、バスケット法を用いて深根率を、層別の根の分布は円筒モノリス法を用いて定量化した。土壌モノリスを5cm毎に切り分け、各層から根を洗い出し、層別の根重を計測した。得られたデータから根の深さ指数を求め、根系分布を推定した。本試験は3年間 (R1～R3) 実施した。3年間の根系パラメータのデータを、同じ30品種の収量および食味関連形質との相関解析を行った。

⑤ X線CT画像を用いた水田土中の根系分布の非破壊計測プログラムを開発するため、土

壤モノリスサンプル(④でサンプリング)をX線CTで撮影し、CT画像中から根系を抽出・定量化するためのパイプラインを構築した。線状のフラグメントのみを抽出する画像フィルターを開発し、CT画像中の根系のみを抽出することを試みた。

⑥ 耐倒伏性では、近年の農研機構、農工大育成品種を含む42品種について、ドローンによる出穂から収穫までの品種ごとの倒伏程度変化をUAVに装着した高精細RGBカメラ(ZenmuseX4S, DJI社)により撮影し、草高の変化により評価した。地面からの高さは各日付の標高データから移植前の標高データを引いて算出し、各1株が含まれている15×30cmのポリゴン内で高さの平均値を取得した。その後、プロットごとに全ての個体の高さの平均値の平均を求め、これを草高として評価した。全146品種のうち、遠縁の品種を除いた温帯日本型135品種によるGWASを行った。さらにこれら品種の中で最も太稈であった「雄町」と「コシヒカリ」間の交雑に由来するRILs96系統を栽培し、強稈性に関連する形質についてQTL解析を実施した。

⑦ 葉身傾斜角度では、iPod加速度センサーを活用したアプリケーション(iYacho)を用いて、水田に生育したイネ146品種の主として止葉の傾斜角度の網羅的データを取得した。葉身葉鞘のつなぎ目(カラー)の形態的特性を評価するとともに約30万のSNP情報を用いたGWASを4年間にわたり実施した。また雄町/コシヒカリのRILs 96系統を用いて、止葉傾斜角度のQTL解析を実施した。

### 3) 研究結果

① 2018~2022年の5か年に渡り、寒冷地~暖地の5環境条件における、業務・加工用等、のべ118水稻品種・系統について、出穂期、稈長、穂長、穂数、全重、精玄米重など39形質の表現型データおよび各栽培圃場の土壌データを取得した。

② 5か年7箇所(箇所)の日本型水稻146品種に関する出穂期、稈長などの生育特性および全重、千粒重等の収量性に関するデータを収集し、各形質に関連する遺伝領域を検出した。

③ 日本水稻144品種の根系パラメータを用いたGWASにおいて、各根系パラメータとも、日本水稻内に多様な変異が確認された。GWASを行った結果、冠根数と関連する遺伝子領域を第4染色体上に見出した(Teramoto et al. 2021)。連鎖不平衡ブロックを計算し候補領域を推定した。候補領域内の塩基多型、RAP-DPの遺伝子アノテーションおよびRiceXProの遺伝子発現データベースなどを参照し遺伝子の絞り込みを行ったところ、対象領域には3つの遺伝子が存在し、これら遺伝子の塩基多型の組み合わせから、今回用いたGWAS集団は3種類のハプロタイプに分類できた。このうち、コシヒカリの持つハプロタイプは冠根数が減少するため、他のハプロタイプを導入することで、根数を改良できることが示唆された。

④ 日本水稻30品種の根系パラメータの取得と解析をするため、30品種の根系・食味・収量関連形質データの3年間の平均値を算出し、19形質について総当たりの相関解析を行った。土壌モノリスの層別根量から求めた深根度は精玄米重と弱い負の相関( $r=-0.21$ )を、食味とは正の相関( $r=0.36$ )が確認できた。深根度と精玄米重および食味にそれぞれ負および正の相関が認められたことから、根系分布の違いが収量や食味関連形質に影響することが推察された。

⑤ X線CT画像を用いた水田土中の根系分布の非破壊計測プログラムの開発においては、水稻根系を含んだ土壌サンプルをX線CTで撮影することで、CT画像中から根系を抽出・定量化するためのパイプラインが完成した。線状のフラグメントのみを抽出する画像フィルターを開発し、CT画像中の根系のみを抽出可能とした。スケルトン化操作を行うことで総根

長が計算可能である。

⑥ ドローン画像から取得したビックデータより、出穂期から登熟期の草高の減少率から倒伏程度を解析する方法を検討し、農研機構、農工大育成品種を含む多数の品種の倒伏程度を評価することができた。これらの品種の稈基部の折れにくさを表す挫折時モーメント、および稈の太さを表す断面係数には大きな品種間差異があり、これらの表現型値の大きい品種は、*SCM1*遺伝子、*SCM2/AP01*、*SCM3/FC1*など稈の太さ、1穂穎花数に関わる遺伝子の各ハプロタイプについて、優良な遺伝子の組み合わせを持っていることがわかった。

日本の温帯日本型品種135品種を用いたGWASから、稈の太さに影響を与えるゲノム領域を第5、6、11染色体上に特定し、第5染色体上の約27.5Mb～30Mbに位置する1.5Mbの領域が稈の太さにおいて最も強い関連を示した。135品種の中では、在来品種の「雄町」、「亀治」の2品種が最も太く、強く折れにくい稈を持っていることがわかり、2品種はこれまで食用品種の品種改良にほとんど利用されていないことがわかった。「雄町」と「コシヒカリ」間の交雑に由来するRILsを用いたQTL解析では、2カ年の試験において稈の太さと強い関連を示すゲノム領域を3カ所同定した。これらのうち第5染色体上のQTLは2カ年に渡ってGWASで同定したQTLと同じ領域でもあり、この領域に強稈関連遺伝子が座乗することが強く示唆された。また、第1、第7染色体上には、「雄町」が独自に持つ強稈性の優良アリルが座乗することが明らかになった。

⑦ 葉身傾斜角度データにより、着生葉位に関わらず全ての葉の傾斜角度がイネの近代育種過程で上昇してきたことを明らかにした。さらに、複数年次に渡って共通する2つのGWASピーク (*qLIA3-1*、*qLIA5*) を特定し、これらはカラーの形態のピークと重複することを明らかにした。これらは近年のイネ品種の草型改良に貢献してきた遺伝要因であることが期待される。また、GWASで同定した染色体領域に含まれる遺伝子変異を調査したところ、*qLIA5*の候補遺伝子として、カリウムイオンチャネルである*OsAKT2*遺伝子が考えられた。一方、雄町/コシヒカリのRILsを用いた解析では、GWASで検出されなかった新たなQTL (*qLIA3-2*) が検出された。

#### 4) 成果活用における留意点

日本水稲144品種の根系パラメータを用いたGWASにおいて、今回見出した冠根数のQTLは生育中期でも冠根数に影響することが分かったが、出穂期の冠根数に影響するのかは不明である。

X線CT画像を用いた水田土中の根系分布の非破壊計測プログラムの開発では、土壌モノリス中の根長をすべて計測するため、隣り合った異なる品種を栽培した際には、複数個体を群落として栽培し、ほかの系統の根が混ざらないように注意する必要がある。

圃場における多数の品種・系統のUAV、画像データによる耐倒伏性の簡便な評価法および葉身傾斜角度の高精度評価法や、特定した強稈関連形質、葉身傾斜角度の遺伝領域、倒伏抵抗性品種のハプロタイプ解析の研究成果を有効に活用し、具体的な品種改良の育種戦略を提案する必要がある。

#### 5) 今後の課題

2018～2022年の5か年に渡り、寒冷地～暖地の環境条件下での業務・加工用、高温耐性等、のべ118品種・系統の収量と生育特性等のデータを取得した。日本水稲146品種について、収量、生育特性、最長根長、根数、深根率等の根系パラメータと強稈形質や葉身傾斜角度データを取得し、GWASにより水稲育種選抜に有効なQTLを複数見出した。

水稲品種・系統の形質データを活用に向けて、データのBRIMASSの格納を進める。

日本水稲144品種の根系パラメータを用いたGWASで見出した候補遺伝子は3つであることから、冠根数に関与する遺伝子を単離・同定する。

日本水稲30品種の根系パラメータを取得と解析では、今回の解析は供試品種数が30品種と少ないことから、根系分布と食味の関係については、品種数を増やすことでその関連について詳細に検証する必要がある。

X線CT画像を用いた水田土中の根系分布の非破壊計測プログラムの開発では、上記の留意点を改善するため、土壌モノリス中の1個体の総根長を推定するためのプログラムの改良が必要である。

UAV、画像データによる耐倒伏性、草型の評価法を選抜に活用する。強稈関連形質の遺伝領域の特定、農研機構、農工大育成の倒伏抵抗性品種のハプロタイプの解析結果をもとに、優良な強稈遺伝子の組合せによる倒伏抵抗性品種の改良を実際の育種で実践に向けた取組みを推進する。また、葉身傾斜角度関連形質の遺伝領域の特定、ならびに最近の多収品種のハプロタイプデータをもとに、今後の多収品種の草型改良に適用する。

#### <引用文献>

Teramoto et al. (2022) Breed. Sci. 72(3): 222-231.

小課題番号	BAC2002	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	コメ特性ビッグデータの取得による遺伝子型×環境要因相互作用の解析		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門・作物デザイン研究領域・作物遺伝子機能評価グループ・堀 清純		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

多様な地域環境においても、安定的に良食味を示す水稻品種の効率的な育成が重要である。しかしながら、日本水稻品種における玄米や精白米の品質食味の幅広い形質変異は、各品種が本来持っている遺伝的要因と、栽培環境等により変化する環境要因の両方の組み合わせにより生み出されており、どちらか一方だけを解析するだけでは不十分である。そこで、BAC2001で栽培する約150品種・系統の収穫米について胚乳含有元素成分や炊飯米物性等の食味関連形質に関する評価値データと、遺伝子型情報、表現型、環境データ（地域・気象）がセットになったコメ特性データを取得して、高品質良食味米の安定供給を実現するための基盤技術を開発する。得られたコメ特性データは、BAC1001に提供して共通の育種基盤データとして整理する。

### 2) 研究方法

BAC2001において国内5ヶ所の試験圃場の生産力検定に供試した日本で育成された水稻の合計768品種・系統の収穫米を収集して、炊飯食味計やテンシプレサーを用いて炊飯米のアミロース含有率、タンパク質含有率、炊飯米物性などの食味関連形質を評価するとともに、ICP-MSを用いて収穫米の網羅的な元素含有量データを取得する。取得した形質評価データを用いて、栽培地域間の変動や年次間変動を調査して、遺伝子型と環境要因の関係性を明らかにする。評価データを用いて、炊飯米食味の形質予測モデルの構築に取り組む。また、取得した評価値データを収集して、BRIMASSに格納する。

### 3) 研究結果

BAC2001から国内5ヶ所の試験圃場で栽培した収穫米（精玄米）を受領した。2018年産米から2022年産米の5年間で合計768の水稲品種・系統について、アミロース含有率、タンパク質含有率、胚乳元素成分、炊飯食味および炊飯米物性等の食味特性を評価した。毎年67形質以上を評価して、合計47,000点以上の食味特性に関する評価値データを収集した。

5年間の各形質の評価値について、有意な年次間相関が検出された。二元配置の分散分析から、硬さや粘り等の炊飯米物性では品種（遺伝子型）と試験圃場（環境要因）の間で有意な交互作用が検出された。また、取得した形質評価値を使用して、食味官能試験の総合値の予測モデルを構築した。9つの形質評価値（アミロース含有率、高圧縮時の粘り値・硬さ、中圧縮時の粘り値・硬さ、米粒表面の滑らかさ、玄米品質など）を用いることにより、 $R^2$ が0.41程度を示す予測モデルを構築した。

炊飯米物性の評価精度の向上を目指して、新規の食味評価手法を開発した。良食味多収米（業務用米）品種で重視される炊飯米の特徴に着目して、RVA缶少量炊飯物性測定法や炊飯18時間後の物性評価手法や粒感の評価手法を開発した。RVA缶少量炊飯物性測定法では、

アルミニウム製のRVA缶で炊飯後に、塊状の炊飯米を物性評価する（芦田ら 2020）。収穫米を評価した結果、中圧縮試験時（米飯50%圧縮時）の硬さの指標となるA1値が食味官能試験の柔らかさの評価値と、粘りの指標となるA3/A1値が食味官能試験の粘りの評価値と $R^2$ が約0.58の高い相関関係が認められた。本課題で開発したこれらの食味評価手法は、今後の業務用炊飯米の食味関連形質の推定や育種選抜に利用可能である。

#### 4) 成果活用における留意点

本課題で収集した食味関連形質の評価データセットは、育種基盤データとしてBRIMASSに格納され利用可能であり、良食味と高品質を目指した今後の育種選抜への展開が期待される。特に、遺伝子型情報や系譜情報、表現型情報を統合した育種情報インフラを使用した、「スマート育種基盤」を利用した育種の推進に役立つと考えられる。しかしながら、本課題で評価していない別の水稻品種・系統を育種選抜に利用する際には、再度の形質評価が必要になる場合がある。また、本課題で開発したRVA缶少量炊飯物性測定法や炊飯18時間後の物性評価手法や粒感の評価手法は、他の水稻品種・系統の形質評価や育種選抜に利用可能である。

#### 5) 今後の課題

炊飯米特性に関する新規評価手法を開発し、延べ768品種・系統について合計47,000点以上の食味特性に関する評価値データを収集した。その結果、炊飯米の食味特性に関する形質予測モデルを利用できるようになった。

本課題で開発した評価手法を普及させるための取組みとして、未発表データについて研究成果の学会発表や原著論文としての公開を進める。また、炊飯米の良食味の形質予測モデルを構築したが、 $R^2$ が0.41程度であった。実際の育種選抜で予測モデルを適用するためには、予測精度をさらに向上させる必要がある。より多数の品種・系統について形質評価を行い、取得データを増加させる取組みが求められる。また、炊飯米の食味特性は環境要因の影響を受けて変動しやすい形質である。高い予測精度にもとづく育種選抜を実施するためには、栽培地の形質値の変動スコアを評価して、遺伝子型×環境要因の相互作用を明らかにする必要がある。

#### <引用文献>

芦田（吉田）かなえ，保田浩，池ヶ谷智仁，梶亮太（2020）RVA缶を用いた新規米飯物性評価法と食味官能評価との関係．育種学研究 22(2)：159-166.

小課題番号	BAC2003	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	実需者ニーズに迅速に対応するための麦類加工適性ビッグデータ活用技術の開発		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門スマート育種基盤研究領域育種ビッグデータ整備利用グループ・石川 吾郎		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

麦類について、遺伝子型情報や異なる環境下における各種形質情報を取得し、体系的に整理したビッグデータベース構築を行い、目標とする水稻、麦類、大豆の延べ1万点以上のデータセットの収集に貢献する。加えて、取得したデータを活用して、加工適性の優れた麦類系統を効率的に選抜できる高度育種システムを開発することを目的とする。

### 2) 研究方法

全国の小麦および大麦育成地の材料のうち、固定度が進み、系統として確立された中期世代以降の材料を年間1,000点以上供試して、小麦では製粉性、粉色およびタンパク質含量など、大麦では精麦白度、硝子率およびタンパク質含量など、加工適性に深く関わる品質形質のデータを収集・整理する。その際、栽培環境による差異を考慮し、育成地間でデータを比較するための標準化手法を開発する。また、ゲノムワイドな遺伝子型情報を低コストかつ安定的に取得できるシステムを開発し、本システムを用いて全ての供試材料に遺伝子型情報を付与する。収集したデータを用いて、連関解析による主働遺伝要因の同定および品質形質のゲノム予測モデルの構築を行い、これらの知見を生かして加工適性に優れた系統の効率的な選抜手法を開発する。

### 3) 研究結果

小麦では育成地8カ所から収集した4,169点について、製粉性、粉色およびタンパク質含量等の品質関連の表現型データを評価し、そのうち3,416点について遺伝子型を取得した。大麦では、育成地8カ所から収集した4,906点について、精麦白度、硝子率およびタンパク質含量などの品質関連の表現型データを評価し、そのうち2,390点について遺伝子型データを取得した。また、小麦と大麦合わせて耕種概要を236点、土壌分析を170点収集した。主働遺伝子では、生地物性やデンプン特性に関連する遺伝子座について、小麦では12個、大麦では6個について全ての供試材料で遺伝子型解析を行った。また、多型頻度の高いゲノム領域のみを効率的に調査できるアンプリコンシーケンス法によるDNA多型調査技術を開発し、小麦3,416点および大麦2,390点に適用した (Ishikawa et al. 2022)。さらに、全国の育成地の主な調査項目を網羅した共通の育種調査フォーマットを作成して、得られたデータを相互に関連付けられるように整理し、BAC1001で開発したBRIMASSに格納した。収集したデータを用いて連関解析やゲノム予測を予備的に行ったところ、大麦の硝子率で既知遺伝子が検出できること、小麦の粉色、製粉歩留および原粒タンパク質含量が比較的高い精度で予測できる可能性が明らかとなった。

### 4) 成果活用における留意点

収集したデータは全国の育種素材の表現型のほか遺伝子型など種々の情報が付与されて



おり、国研、公設試、種苗会社などの既存の育種事業者に加えて、新規素材を求めている民間企業等の新たなプレーヤーにとっても有用な情報と言える。一方で、品種登録前の材料も多く含まれていることから、全てを公開するのではなく、公開と非公開の場を両方最大限に活用することによって、公開の場では耐病虫害性や多収などの一般的な広いニーズ、非公開の場では特色のある加工特性などの現場ニーズの両方を取得し、オープン・クローズ戦略によって取得した情報の活用について最大化を図る。

## 5) 今後の課題

本課題では、年間1,000点以上の小麦および大麦データ収集を達成し、育種データベースのリソースを蓄積した。また、ゲノム選抜の検証では、全データを用いた交叉検定により、粉色などの一部形質で予測精度0.7以上を達成した。

データ収集を継続的に進めていくためには、それぞれの育成地からオンラインで簡単にデータを登録できる機能や簡便にデータの内容をチェックできる体制を整備する必要がある。また、収納されているデータの検索・抽出からデータ解析までをシームレスに行うことができる分かり易いインターフェースを備えた育種基盤の構築が不可欠である。

ビッグデータを育種現場で活用するための喫緊の課題は、収集したデータに育種担当者が容易にアクセスし、データを検索、抽出および解析できる環境を整えることである。その上で、今後は次の点について取り組む予定である。育種現場での利用場面を想定した実証では、全体データを用いた場合よりも、対象育成地のデータのみの方で予測精度が高いという結果が得られた。このことは、予測モデルの構築には教師データをどのように選ぶかが重要であることを示している。しかし、データセットの抽出方法は極めて多様であり少数の研究者が全ての場合を検討することは困難である。育種データのデータベース化により、多くの研究者を呼び込み、多様な視点から解析を行うことで、新たな発見に繋がると考える。また、機械学習など、形質予測技術も日々進化している。本課題で収集したデータを実装したデータベースは、これら最新技術を活用する土台として利用していく予定である。

## <引用文献>

Ishikawa et al. (2022) Developing core marker sets for effective genomic-assisted selection in wheat and barley breeding programs. *Breed. Sci.* 72(3):257-266, <https://doi.org/10.1270/jsbbs.22004>

小課題番号	BAC2004	小課題 研究期間	平成30～令和4年 度
小課題名	大豆フィールドビッグデータの取得とデータ活用システムの構築		
小課題 代表研究機関・研究室・研究者 名	農研機構・作物研究部門・作物デザイン研究領域作物遺伝子機能評価グループ・加賀 秋人		

## II. 小課題ごとの研究目的等

### 1) 研究目的

大豆子実の外観品質や成分は遺伝子型だけでなく栽培環境の影響を受けて変化する。高品質な大豆の安定生産を実現するため、大豆における育種ビッグデータを収集し、ゲノムワイドに遺伝子型と環境との相互作用を評価することで、高品質かつ環境適応性の高い品種を効率的に育成するための育種選抜モデルを構築する。

気象条件の異なる多地点において遺伝子環境相互作用評価系統群とよばれる共通の材料を約200点以上栽培し、成熟期および子実品質成分に関する形質データ、遺伝子型データ、気象データ等を取得する。遺伝子環境相互作用評価系統群は主に海外多収品種と国産品種とのRILsやヒストリカルデータに頻出する品種群から構成され、各種形質の遺伝要因と環境要因との相互作用の解析に利用する。取得したデータ、過去に収集された気象データやヒストリカルデータの関連付けを行い、育成地とは気象条件の異なる選抜拠点や普及地域においても早晩性の安定した品質の優れた系統を効率的に選抜できるような育種選抜モデルを構築する。

### 2) 研究方法

気象条件の異なる全国6カ所（寒冷地：東北農研（大仙市）、寒冷地南部：中農研北陸拠点（上越市）、温暖地東部：作物研（つくば市）、温暖地西部：西農研（福山市）、暖地：九沖研（合志市）、佐賀大学（佐賀市））において遺伝子環境相互作用評価系統群約250系統の成熟期、子実外観品質および成分に関する形質データ、圃場の土壌成分、土壌水分センサー等を備えたロガーを用いて気象データを収集した。系統群に含まれるサチユタカと米国多収品種とのRILs 3 組合わせ[SL(LD00-3309)、SU(UA4910)、SV(5002T)-RILs]合計760系統については約700のSNPマーカーを用いて高精度連鎖地図を作成し、収集された形質データのQTL解析を行った。子実ミネラル成分については、ICP-MSを用いて2019年から2021年のSL、SU、SVの3種類のRILs約400系統を解析した。

豆腐加工適性に関しては、遺伝子環境相互作用評価系統群に含まれる品種およびサチユタカと米国多収品種との3種類のRILsの子実を用いて豆腐を作成し、豆腐破断応力等の豆腐加工適性を評価するとともに、ICP-MSを用いてマグネシウム、カルシウム、リン等の15種類の子実ミネラル成分のデータ、近赤外分光分析器を用いて子実のスペクトルデータを取得した。また、気象条件の異なる地域で生産された41の日本品種198サンプルの子実ミネラル成分のデータをICP-MSを用いて取得した。カーネル回帰を用いて、子実ミネラル成分のデータ、子実のスペクトルデータ、遺伝子型データと組み合わせて豆腐加工適性を予測するモデルを構築し、交差検証および予測した系統の豆腐を作成して豆腐破断応力の予測精度を評価した。

開花・成熟期予測に関しては、ヒストリカルデータから遺伝子環境相互作用評価系統群に含まれる48品種・系統と同じものを抽出して学習用データとして使用した。モデルには遺伝子環境相互作用評価系統群において遺伝子型を決定した*E2*、*E3*等開花関連遺伝子のアレル情報を用いた。2018年から2020年に全国6カ所で調査した遺伝子環境相互作用評価系統群の別の61系統について開花期・成熟期を予測し、実測値との比較により予測精度を確認した。

交配シミュレーションに関しては、フクユタカ×（フクユタカ×NC-Raleigh）のBC1F7集団のSNP解析を行い、約600のSNPマーカー情報と表現型情報（のべ2年間、収量、成熟期、タンパク含量、粒大等収量性と子実品質に関する7形質）を取得し、GBLUPを用いてゲノム情報から表現型を予測する予測モデルを構築した。各組合せについて400個体のF2をシミュレートし、予測モデルを適用して予測値を算出し、複数形質において優良な後代を算出する可能性が高い交配組合せを選定し、交配を行った。交配後世代促進を行い、2022年度にF4世代を栽培し、収量等の形質評価を行った。

### 3) 研究結果

5年にわたり気象条件が大きく異なる全国6カ所において遺伝子環境相互作用評価系統群約250系統の成熟期、子実外観品質および成分等の形質データ、栽培地点の土壌分析データ、圃場の気象データを収集した。これらのデータのうち、海外多収品種と日本品種の交雑に由来する3種類のRILsのデータを用いてQTL解析を行い、海外多収品種の育種利用において重要になる子実の外観品質のQTLを10、子実のタンパク質含量について20、裂皮性について10、しわ性について9、成熟期について21、収量性について9、ミネラル成分について38などを同定し、効果の程度やQTLsの地域特異性などの情報をとりまとめた。

大豆子実の近赤外分光スペクトル、ミネラル成分、ゲノム情報の性質の異なる3種類のデータを組み合わせることにより豆腐加工適性を予測するモデルを構築した。2020年度までは日本品種のみからなるデータセットを用いて予測モデルを検討し、クロスバリデーションによる予測値と実測値との相関係数が0.88と予測精度の高いモデルを構築したが、海外多収品種と日本品種のRILsの豆腐の実測値と予測値との相関係数は0.7となった。海外多収品種を用いた材料への適応性を高めるため、海外多収品種と日本品種のRILsについて収集した131系統のデータセットを用いてモデルを更新したところ、予測モデルの予測値と実測値の相関係数は0.85、モデルに含まれないサンプルを実測したときの予測値との相関係数は0.84となり、豆腐の硬さが比較的良好に予測できることを示した。この予測モデルは子実成分が大きく異なる海外多収品種を育種利用する際に問題になる豆腐加工適性の評価の効率化に貢献できると考えられる。

ヒストリカルデータと開花関連遺伝子のアレル情報から開花期を予測するモデルを構築した。これを用いると、3年間全国6地点で栽培した61品種・系統の開花期を、日平均気温と日長情報から比較的高い精度（相関係数0.84、RMSE7.6日、MAE6.1日）で予測できた。育成系統の遺伝子情報と普及予定地域の環境情報を使うことで開花期が予測でき、普及地域の効率的な選定に貢献できると考えられる。

目的の特徴を備えた大豆を選抜するための最適な交配組合せを予測する交配シミュレーション手法のプロトタイプを構築した。交配後代で収量、蛋白質含有率、百粒重で優秀な系統が分離すると予測された3組合せ、収量のみに着目して高収量の後代が分離すると予測された3組合せ、交配後代は予測せずに単純に系統群で収量が高いと予測された系統間を交配した2組合せについて交配後に世代促進を行い、収量評価を行った。その結

果、交配シミュレーションで収量のみに着目して選抜を行った系統が最も子実重が高くなり、蛋白質含有率、百粒重も考慮に入れて選抜を行った系統の収量は低く、表現型のみを基準に交配した系統はこれらの中間程度となり、予測モデルについて一定の有効性を示した。

#### 4) 成果活用における留意点

- ・海外多収品種の品質・成分に関するQTL：QTL情報を今後品種育成に利用するには、容易に使える選抜マーカーの開発、遺伝子の同定、カタログ化などが今後必要と思われる。
- ・ヒストリカルデータを用いた開花期予測モデル：日本品種の予測精度は高いが、海外品種等のヒストリカルデータに含まれる品種にはない対立遺伝子を持つ材料の予測は低くなる可能性がある。
- ・豆腐加工適性の予測モデル：開花期予測モデルと同様に、海外品種を用いた材料など本課題で取り上げた日本品種や海外多収品種とは大きく異なる遺伝組成の材料での予測は低くなる可能性がある。

#### 5) 今後の課題

全国6カ所において5年間の成熟期、子実外観品質成分、土壌成分、気象データ等育種ビッグデータを収集し、これを活用して育種素材の特性を予測するプロトタイプを開発し、ビッグデータに基づく育種選抜の試行段階まで進められた。

・海外多収品種の品質・成分に関するQTL：主要なQTLは検出されたが、各地での評価系統数は一般のQTL解析に比べると少なく、遺伝子間相互作用がある形質については精度良くQTLが検出できていない可能性がある。今後、品質等に大きく影響する重要形質はより大きな集団を用いて解析する必要がある。

・ヒストリカルデータを用いた開花期・成熟期予測モデル：海外多収品種の栽培経験が浅いため、アリアル情報や栽培特性情報が乏しく、今後開発される品種の予測精度を高めるには多地点のデータ収集が必要と考えられる。

・豆腐加工適性の予測モデル：海外多収品種との交配で豆腐が固まらない後代を除去し、豆腐加工適性の高い系統を効率的に育種選抜するため、データ蓄積による予測精度の向上を引き続き検討したうえで、マーカー選抜育種法を併用した予測モデルに基づく育種選抜も着手すべきと考える。

・交配シミュレーション：収量選抜効果については一定の有効性が認められたが、子実品質の調査結果が得られたのちに、当初想定したシナリオ通りの複数の形質の同時選抜ができているかを検証したうえで、社会実装に向けた取組みを進める。

成果等の集計数

課題番号	学術論文		学会等発表(口頭またはポスター)		出版図書	国内特許権等		国際特許権等		PCT	報道件数	普及しうる成果	発表会の主催(シンポジウム・セミナー)	アウトリーチ活動
	和文	欧文	国内	国際		出願	取得	出願	取得					
18063602	3	17	81	11	2	0	0	0	0	0	5	0	1	10

(1) 学術論文

区分:①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	タイトル	著者	機関名	掲載誌	掲載論文のDOI	発行年	発行月	巻(号)	掲載ページ
1	①	もち性大麦系統「北陸裸糯64号」判別用DNAマーカーの開発	青木秀之	農研機構中央農業研究センター	北陸作物学会会報	なし	2019	6	54	14-17
2	①	Surveillance of panicle positions with unmanned aerial vehicle reveals morphological feature in rice	Ogawa Dら	農研機構	PLOS ONE	<a href="https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224386">https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224386</a>	2019	10	14(10)	e0224386
3	①	Easy MPE: Extraction of Quality Microplot Images for UAV-Based High-Throughput Field Phenotyping(高品質な小規模プロット画像の抽出ツールEasy MPEの開発)	Tresch Lら	東京大学	Plant Phenomics	<a href="https://doi.org/10.34133/2019/2591849">https://doi.org/10.34133/2019/2591849</a>	2019	11	-	2591849
4	①	Two novel quantitative trait loci affecting the variation in leaf photosynthetic capacity among soybeans	Sakoda Kら	京都大学	Plant Science	<a href="https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.110300">https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.110300</a>	2020	2	291	110300
5	①	Global Wheat Head Detection (GWHD) Dataset: A Large and Diverse Dataset of High-Resolution RGB-Labelled Images to Develop and Benchmark Wheat Head Detection Methods	David Eら	東京大学、農研機構、等	Plant Phenomics	<a href="https://doi.org/10.34133/2020/3521852">https://doi.org/10.34133/2020/3521852</a>	2020	-	-	3521852
6	①	Haplotype analysis of data from UAV imagery of rice MAGIC population for the trait dissection of biomass and plant architecture	Ogawa Dら	農研機構	Journal of Experimental Botany	<a href="https://doi.org/10.1093/jxb/eraa605">https://doi.org/10.1093/jxb/eraa605</a>	2021	3	72(7)	2371-2382
7	①	Landraces of temperate japonica rice have superior alleles for improving culm strength associated with lodging resistance	K. Chigira, N. Kojima, M. Yamasaki, K. Yano, S. Adachi, T. Nomura, M. Jiang, K. Katsura and T. Onkawa	東京農工大学	Scientific Reports	<a href="http://www.nature.com/articles/s41598-020-76949-8">www.nature.com/articles/s41598-020-76949-8</a>	2020	11		
8	①	Multifamily QTL analysis and comprehensive design of genotypes for high quality soft wheat	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	PloS ONE	<a href="https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230326">https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230326</a>	2020	3	15(3)	e0230326
9	①	Whole-genome sequence diversity and association analysis of 198 soybean accessions in mini-core collections	Kanegae ら	東京大学、かずさDNA研、農研機構	DNARes	<a href="https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa032">https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa032</a>	2021	2		
10	①	スターチンターゼIIIa (ssIIIa) 遺伝子型および穀粒硬度がオオムギのβ-グルカン含有率および穀粒形質に及ぼす影響	青木秀之ら	農研機構中日本農業研究センター	育種学研究	<a href="https://doi.org/10.1270/jsbbr.20J19">https://doi.org/10.1270/jsbbr.20J19</a>	2021	6	23(1)	8-15
11	①	Global Wheat Head Dataset 2021: more diversity to improve the benchmarking of wheat head localization methods	Davidら	東京大、農研機構	Plant Phenomics	<a href="https://doi.org/10.34133/2021/9846158">https://doi.org/10.34133/2021/9846158</a>	2021	9	22	9846158
12	①	Remote-Sensing-Combined Haplotype Analysis Using Multi-Parental Advanced Generation Inter-Cross Lines Reveals Phenology QTLs for Canopy Height in Rice	Ogawa Dら	農研機構	Frontiers in Plant Science	<a href="https://doi.org/10.3389/fpls.2021.715184">https://doi.org/10.3389/fpls.2021.715184</a>	2021	10	12	715184

13	①	Alternative procedure to improve the positioning accuracy of orthomosaic images acquired with Agisoft Metashape and DJI P4 Multispectral for crop growth observation	Sakamoto Tら	農研機構	Photogrammetric Engineering & Remote Sensing.	なし						
14	①	Potential of rice landraces with strong culms as genetic resources for improving lodging resistance against super typhoons	Nomura Tら	東京農工大学 名古屋大学	Scientific Reports	<a href="https://doi.org/10.1038/s41598-021-95268-0">https://doi.org/10.1038/s41598-021-95268-0</a>	2021	4	11	19780		
15	①	Improving quantitative traits in self-pollinated crops using simulation-based selection with minimal crossing	Sekine Dら	農研機構	Frontiers in Plant Science	<a href="https://doi.org/10.3389/fpls.2021.729645">https://doi.org/10.3389/fpls.2021.729645</a>	2021	9	12	729645		
16	①	Prediction of heading date, culm length, and biomass from canopy-height-related parameters derived from time-series UAV observations of rice	Taniguchi Sら	農研機構	Frontiers in Plant Science	<a href="https://doi.org/10.3389/fpls.2022.998803">https://doi.org/10.3389/fpls.2022.998803</a>	2022	12	-	998803		
17	①	Global Wheat Head Detection 2021: An Improved Dataset for Benchmarking Wheat Head Detection Methods	David Eら	東京大学、農研機構、等	Plant Phenomics	<a href="https://doi.org/10.34133/2021/9846158">https://doi.org/10.34133/2021/9846158</a>	2021	9	-	9846158		
18	①	Analysis of physiological variations and genetic architecture for photosynthetic capacity of Japanese soybean germplasm	Shamim MJら	京都大学、農研機構	Frontiers in Plant Science	<a href="https://doi.org/10.3389/fpls.2022.910527">https://doi.org/10.3389/fpls.2022.910527</a>	2022	6	-	910527		
19	①	Developing core marker sets for effective genomic-assisted selection in wheat and barley breeding programs	Ishikawa Gら	農研機構	Breeding Science	<a href="https://doi.org/10.1270/isbbs.22004">https://doi.org/10.1270/isbbs.22004</a>	2022	72	3	257-266		
20	①	育種や作物データの解析に系譜情報を広く活用するため、系譜情報グラフデータベース「Pedigree Finder」( <a href="https://pedigree.db.naro.go.jp/">https://pedigree.db.naro.go.jp/</a> )を構築した。系譜情報の可視化とAPIの実装について報告する。	鐘ヶ江弘美ら	農研機構、DBCLS	育種学研究	<a href="https://doi.org/10.1270/isbbr.22002">https://doi.org/10.1270/isbbr.22002</a>	2022	12	24	115-123		

(2) 学会等発表(口頭またはポスター)

整理番号	タイトル	発表者名	機関名	学会等名	発行年	発行月
1	アウス型およびインド型イネ品種のリファレンスゲノム配列作成とアジア在来43品種のDNA多型情報を活用したアレルマイニングツールの開発	坂井寛章	農研機構	日本育種学会第134回講演会	2018	9
2	Evaluation of the Connectivity between Common International Trait Ontologies and Domestically Used Traits	法隆大輔	農研機構	International Plant & Animal Genome XXVII	2019	1
3	作物形質オントロジーにおける複数作物間での形質の同一性判定基準の付与	法隆大輔	農研機構	農業情報学会2019年度年次大会	2019	5
4	Development of the breeding database for the "Smart-breeding" system	坂井寛章	農研機構	GOBiiワークショップ	2019	6
5	"Development of a data-driven breeding system for Japan: Cooperation and contribution with global initiatives"	Hiro Yoshi Iwata, Kiyoshi Honda	東京大学、ListenField	Symposium "Data management systems for data-driven breeding: the current status and prospect"	2019	12
6	Web検索インターフェースのための作物形質オントロジーの可視化	法隆大輔	農研機構	農業情報学会2020年度年次大会	2020	5
7	集団構造解析データをインタラクティブに可視化するウェブアプリケーションの開発	坂井寛章	農研機構	日本育種学会第139回講演会	2021	3
8	ハイバースペクトルシステムを利用したリンバイオマーカーの簡易検出	竹久妃奈子ら	農研機構次世代作物開発研究センター	日本育種学会第139回講演会	2021	3
9	ドローン空撮画像データのハプロタイプ解析から紐解く水稻のバイオマスや収量	小川大輔ら	農研機構	日本育種学会第139回講演会	2021	3
10	「深層学習を用いたダイズ育成系統の圃場草姿の評価モデルの試行」	山田哲也ら	農研機構	日本育種学会第134回講演会	2018	9
11	「多収稲品種由来のMAGIC系統群を用いた初期生育期のドローン観察」	小川大輔ら	農研機構	CREST植物頑健性講習会	2019	1
12	「初期生育期のバイオマス予測のための多収イネMAGIC系統群のドローン観察」	小川大輔ら	農研機構	日本育種学会第135回講演会	2019	3
13	「ドローンをを用いた稲の株の開きの網羅的調査」	常松浩史ら	農研機構	日本育種学会第135回講演会	2019	3

14	「UAVを用いたダイズミニコアコレクションの群落構造関連形質の評価」	加賀秋人ら	農研機構	日本育種学会第135回講演会	2019	3
15	「世界のダイズコアコレクションの個葉における光合成速度と反射スペクトルの変異の探索」	田中佑ら	京都大学	日本作物学会 第247回講演会	2019	3
16	「ドローンをを用いた初期生育期の水稲多系交雑集団の観察」	小川大輔ら	農研機構	つくば植物研究者ネットワーク会	2019	5
17	「ドローンをを用いた水稲多系交雑集団の地上部初期生育の評価」	小川大輔ら	農研機構	イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2019	2019	7
18	「ダイズ群落における個葉光合成の時空間的動態の把握および反射スペクトル情報を用いた個葉光合成速度の推定」	田中佑ら	京都大学	日本作物学会第248回講演会	2019	9
19	ゲノムワイド関連解析による温帯ジャポニカ水稲品種における強稈性関連遺伝子の探索	大川泰一郎	東京農工大学	日本作物学会第249回講演会	2020	3
20	水稲における強稈性に関与する稈細胞壁構成成分のゲノムワイド関連解析	大川泰一郎	東京農工大学	日本作物学会第249回講演会	2020	3
21	ごはんの美味しさに関わる稲の遺伝子探索	堀清純	農研機構	「稲・コム・ごはん部会」第7回セミナー	2019	1
22	テンシプレッサーを用いた炊飯米物性評価の条件検討	木村映一ら	農研機構	日本作物学会第249回講演会	2020	3
23	農水委託プロ「スマート育種システム」における麦類加工適性ビッグデータ開発の取り組みについて	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	平成30年度関東地域麦新品種等品質評価協議会	2019	3
24	Rapid construction of saturated genetic maps in hexaploid wheat populations using target amplicon sequencing	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	1st International Wheat Congress	2019	7
25	大麦のSSIIIa変異およびもち性変異がβ-グルカン含量に与える影響	青木秀之	農研機構中央農業研究センター	北陸作物・育種学会 第56回講演会・シンポジウム	2019	7
26	麦類におけるスマート育種の取り組み	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	令和元年度関東東北陸農試験研究推進会議冬作研究会	2019	9
27	コムギゲノム研究を支える情報・資源基盤	田中剛	農研機構次世代作物開発研究センター	日本育種学会第136回講演会ワークショップ	2019	9
28	小麦および大麦におけるデータ駆動型育種の現状と将来展望	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	日本育種学会第136回講演会ワークショップ	2019	9
29	麦類スピードブリーディングのための技術基盤と取り組み状況	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	第3回次世代品種開発セミナー	2019	12
30	データと人が創るスマート育種	米丸淳一	農研機構	理研-農研機構 連携キックオフワークショップ	2018	10
31	スマート育種システムによる新たな育種	米丸淳一	農研機構	第2回次世代品種開発セミナー	2018	12
32	データと人が創るスマート育種	米丸淳一	農研機構	H30東北農業試験研究推進会議作物生産推進部会	2019	1
33	水稲のスマート育種研究の現状と展望について	米丸淳一ら	農研機構	イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2019	2019	7
34	“Smart Breeding”, data-driven crop improvement contributes the realization of Society5.0 for SDGs.	米丸淳一	農研機構	筑波会議2019 NARO session	2019	10
35	データ駆動型育種研究の現状と展望について	米丸淳一	農研機構	酒類総研セミナー	2019	10
36	「人工光型植物工場に関する農研機構の研究の取り組み」	中井勇介、渡辺慎一	農研機構 九沖研	オンラインワークショップ「高度な人工気象環境の導入による次世代作物開発の加速」	2020	9
37	「高速世代促進ができる」と育種で何が出来るようになるのか」 ---イネの実例から見えること---	田中淳一	農研機構 作物研	オンラインワークショップ「高度な人工気象環境の導入による次世代作物開発の加速」	2020	9
38	「多様な環境制御に対応した栽培環境シミュレーターの開発」	中村謙治	エスペックミック（株）	オンラインワークショップ「高度な人工気象環境の導入による次世代作物開発の加速」	2020	9
39	Application of agri-photronics for regulation of plant-light interactions in crops	伊藤博紀	農研機構 作物研	OPTICS&PHOTONICS International Congress 2020	2020	4
40	完全室内栽培による“スピードブリーディング”における大麦の生育と品種間差	清水浩晶、石川吾郎、青木恵美子、塔野岡卓司	農研機構 作物研	日本育種学会第138回講演会	2020	10
41	人工光栽培リーフレタスのアントシアニン生合成に重要な制御因子の同定	和田楓、中井勇介、坂井寛章、藤本瑞、稲垣言要、小川大輔、米丸淳一、伊藤博紀	農研機構 作物研	日本育種学会第139回講演会	2021	3
42	北陸大麦六条品種を判別するrym3近傍マーカーの探索	青木秀之	農研機構中央農業研究センター	北陸作物・育種学会第57回講演会	2020	11

43	高品質コムギ品種のイデオタイプ設計とその実現に向けた取り組み	石川吾郎	農研機構次世代作物開発研究センター	第15回ムギ類研究会	2020	12
44	麦類育種圃場においてレーザー距離計で多数の穂長・稈長を計測し、記録する	藤郷誠	農研機構次世代作物開発研究センター	第15回ムギ類研究会	2020	12
45	UAVによるダイズの群落形質の評価と遺伝解析	加賀秋人	農研機構	育種学会	2021	3
46	集団育種法初期世代におけるオオムギ出穂性遺伝子型頻度の地域比較	関昌子ら	農研機構中日本農業研究センター	日本育種学会第140回講演会	2021	9
47	オオムギ育種に利用可能な KASP マーカーの開発と全国横断的アレル頻度の解析	清水浩晶ら	農研機構作物研究部門	第16回ムギ類研究会	2021	12
48	オオムギ縮萎縮ウイルスⅢ型抵抗性に関わるrym3遺伝子の大規模遺伝子型情報を利用したDNAマーカーの開発	中田克ら	農研機構九州沖縄農業研究センター	日本育種学会第141回講演会	2022	3
49	オオムギ縮萎縮病Ⅲ型抵抗性に関わるrym3近傍マーカーの開発	青木秀之ら	農研機構中日本農業研究センター	日本育種学会第141回講演会	2022	3
50	「UAV空撮画像を用いた日本稲の出穂日推定手法の開発」	西内俊策	農研機構	育種学会第140回講演会	2021	9
51	「水稻の群落草高に関わるフェノロジー-QTLの特性解析」	小川大輔	農研機構	育種学会第141回講演会	2022	3
52	「炊飯米食味形質のゲノムワイド関連解析と形質予測モデルの検証」	堀清純ら	農研機構作物研究部門	育種学会第141回講演会	2022	3
53	水稻在来品種「雄町」と「亀治」に由来する新規の強稈遺伝子座の探索	千装公樹	東京農工大学 神戸大学	日本作物学会第251回講演会	2021	3
54	Genetic Diversities of Traits Associated with Culm Strength Using a Temperate Japonica Rice Varieties	千装公樹	東京農工大学 神戸大学	The 10th Asian Crop Science Association Conference	2021	9
55	米国大豆多収品種と日本品種との組換え自殖系統(RILs)を用いた子実ミネラル成分のQTL解析	池上美里ら	農研機構	育種学会第141回講演会	2022	3
56	ターゲットリシーケンスによるダイズ重要遺伝子カタログの作成と利用	加賀秋人ら	農研機構	育種学会第141回講演会	2022	3
57	遺伝子と環境要因を考慮したダイズ開花期と成熟期の予測	小野木章雄ら	龍谷大学	育種学会第141回講演会	2022	3
58	多収大豆品種由来の収量性に関わる量的形質遺伝子座の検出	大木信彦ら	農研機構	育種学会第141回講演会	2022	3
59	形質オントロジーをベースとして形質調査データベースの収録データを概観するための可視化手法の開発	法隆大輔、小野木章雄、林武司	農研機構	農業情報学会	2021	5
60	植物ゲノム研究を支えるデータベース・アプリケーションと現在の取り組みのご紹介	坂井寛章	農研機構	データベース講習会(共催: DDBJ、植物インフォマティクス研究会)	2021	10
61	レタスの全周3Dモデリング装置の開発	和田楓ら	農研機構、かずさDNA研究所	農業情報学会2021年度年次大会	2021	5
62	レタスの成長記録用全周3Dモデリング装置の開発	和田楓ら	農研機構、かずさDNA研究所	第27回画像センシングシンポジウム(SSII2021)	2021	6
63	オミクス解析によるリーフレタス品種の最適人工環境の探索と形質予測	山下寛人ら	農研機構	育種学会第141回講演会	2022	3
64	全周3D計測によるリーフレタスの経時的フェノタイピング	和田楓ら	農研機構、かずさDNA研究所	育種学会第141回講演会	2022	3
65	品種育成を加速化するスマート育種技術	米丸淳一ら	農研機構	令和4年電気学会全国大会シンポジウム	2022	3
66	ダイズの育種ヒストリカルデータに基づいて収量性予測を行う手法の開発	山田哲也ら	農研機構	育種学会第142回講演会	2022	9
67	ヒストリカルデータが明らかにする農研機構で育成されたイネ品種・系統の特徴	米丸淳一ら	農研機構	育種学会第142回講演会	2022	9
68	「農林水産省委託プロジェクト「育種ビッグデータの整備および情報解析技術を活用した高度育種システムの開発」(BAC)におけるスマート育種研究の紹介」	米丸淳一ら	農研機構	育種学会第142回講演会ワークショップ	2022	9
69	リモートセンシングによる水稻一株単位の穂計数技術の開発	西内俊策ら	名古屋大学	第29回 日本育種学会中部地区談話会	2022	12
70	水稻出穂検知技術を利用した穂数予測技術の開発	西内俊策ら	名古屋大学	育種学会第143回講演会	2023	3
71	ダイズ日米品種の根系形態の違いに関するQTLの効果の検証	福田篤徳ら	農研機構	育種学会第143回講演会	2023	3



72	UAVによるダイズの耐倒伏性評価法の開発	加賀秋人ら	農研機構	育種学会第142回講演会	2022	9
73	育種現場におけるダイズ子実数自動測定手法の開発	郭威ら	東京大学、農研機構	育種学会第142回講演会	2022	9
74	Improved infield soybean seed counting and localization with feature level considered	郭威ら	東京大学、農研機構	7th International Plant Phenotyping Symposium 2022	2022	9
75	ゲノムワイド関連解析により検出されたイネ冠根数と関連する遺伝子領域	寺本翔太ら	農研機構	育種学会第143回講演会	2023	3
76	Genome-wide association study for leaf inclination angle in japonica rice cultivars	安達俊輔、大川泰一郎ら	東京農工大学	日本作物学会第250回講演会	2020	9
77	コシヒカリ／雄町組換え自殖系統群を用いた水稻の倒伏抵抗性関連形質のQTL解析	千装公樹ら	東京農工大学	日本作物学会第253回講演会	2022	3
78	ムギ類育種データベースの構築とその活用	石川吾郎	農研機構	第17回ムギ類研究会	2022	12
79	Prediction of flowering and maturity time of soybean using stacking	小野木 章雄	龍谷大学	国際学会(5th International Conference on Econometrics and Statistics2002)龍谷大学	2022	6
80	北陸における裂皮しにくい系統の特徴	河野雄飛	農研機構	育種学会第142回講演会	2022	9
81	ヒストリカルデータの作物育種への利用に向けて	小野木 章雄	龍谷大学	JATAFFジャーナル	2022	12
82	Cytoscape.jsライブラリを用いた作物形質オントロジーの可視化	法隆大輔ら	農研機構	育種学会第139回講演会	2021	3
83	Pedigree Finderを用いた作物の系譜情報システムの開発	鐘ヶ江弘美ら	農研機構	作物研究推進会議 冬作物技術研究会	2021	9
84	系譜情報グラフデータベース「Pedigree Finder」	鐘ヶ江弘美ら	農研機構	トーゴの日シンポジウム 2021	2021	10
85	系譜情報DB「Pedigree Finder」を活用したソルガム系譜情報整備	鐘ヶ江弘美ら	農研機構	第12回 ソルガムワークショップ	2021	11
86	作物の形質予測モデルを作ってみる	岩田洋佳、本多潔	農研機構、ListenField株式会社	アグリゲノム産業研究会・第12回例会	2022	3
87	スマート育種ツールの利用に関するワークショップ	米丸淳一ら	農研機構	日本育種学会第63回シンポジウム・ワークショップ	2022	9
88	系譜情報グラフデータベース「Pedigree Finder」の紹介	鐘ヶ江弘美ら	農研機構	日本育種学会第63回シンポジウム・ワークショップ	2022	9
89	育種支援ツール「BRIMASS」の紹介	坂井寛章ら	農研機構、ListenField株式会社、東京大学	日本育種学会第63回シンポジウム・ワークショップ	2022	9
90	作物の家系情報グラフデータベース「Pedigree Finder」の構築とグラフを活用した形質予測	鐘ヶ江弘美ら	農研機構、DBCLS	日本分子生物学会	2022	11
91	Extracting crop trait names from the scientific literature using pre-trained BERT models	法隆大輔ら	農研機構	Plant & Animal Genome Conference 30	2023	1
92	Pedigree Finder: A Web-based Viewer for Knowledge Graphs of Crop Pedigrees.	鐘ヶ江弘美ら	農研機構、DBCLS	Plant & Animal Genome Conference 30	2023	1

(3) 出版図書

区分: ①出版著書、②雑誌(学術論文に記載したものを除く、重複記載をしない。)、③年報、④広報誌、⑤その他

整理番号	区分	著書名(タイトル)	著者名	機関名	出版社	発行年	発行月
1	④	育種をスマートに	米丸淳一	農研機構	AOCフォーラム	2022	7
2	②	スマート育種を実現する3種の育種情報ツール“Pedigree Finder”, “BRIMASS”および“有用遺伝子カタログとアレルグラフ	米丸淳一ら	農研機構	JATAFFジャーナル	2022	12

## (4) 国内特許権等

区分:①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月
		該当無し						

## (5) 国際特許権等

区分:①育成者権、②特許権、③実用新案権、④意匠権、⑤回路配置利用権

整理番号	区分	特許権等の名称	発明者	権利者	機関名	出願番号	出願年月日	取得年月	出願国
		該当無し							

## (6) 報道等

区分:①プレスリリース、②新聞記事、③テレビ放映、④その他

整理番号	区分	記事等の名称	機関名	掲載紙・放送社名等	掲載年月日	備考
1	①	ドローン空撮画像を用いた水稻生育量の調査法を開発 - DNA分析と組み合わせて生育量に関わる遺伝子を特定 -	農研機構	農研機構・プレスリリース	2021/3/24	<a href="https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/nics/138847.html">https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/nics/138847.html</a>
2	②	稲の生育量調査(ドローン活用) 正確&大幅時短	農研機構	日本農業新聞	2021/4/6	
3	②	ドローン利用した評価法を開発(水稻生育量を空撮画像で数値化)	農研機構	農業共済新聞	2021/5/19	
4	①	葉の光合成活性を迅速に測定する装置の開発 - 光合成ビッグデータ解析を可能に -	京都大学	京都大学・プレスリリース	2021/6/7	<a href="https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2021-06-07-0">https://www.kyoto-u.ac.jp/ja/research-news/2021-06-07-0</a>
5	①	ウェブで使える作物家系図の作成ツール「Pedigree Finder」の開発	農研機構、情報システム研究機構	農研機構・プレスリリース	2023/1/26	<a href="https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/rcait/156531.html">https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/rcait/156531.html</a>

## (7) 普及に移しうる成果

区分:①普及に移されたもの・製品化して普及できるもの、②普及のめどがたったもの、製品化して普及のめどがたったもの、③主要成果として外部評価を受けたもの(複数選択)

整理番号	区分	成果の名称	機関名	普及(製品化)	主な利用場面	普及状況
		該当無し				

## (8) 発表会の主催(シンポジウム・セミナー等)の状況

発表番号	発表会の名称	機関名	開催場所	年月日	参加人数	備考
1	Symposium "Data management systems for data-driven breeding: the current status and prospect" (シンポジウム「データ駆動型育種のためのデータ管理システム:現状と展望」)	東京大学	TKP御茶ノ水カンファレンスセンター	2019/12/6	80	<a href="https://forms.gle/B8ghGsXLTQKBsXCv6">https://forms.gle/B8ghGsXLTQKBsXCv6</a>

## (9) アウトリーチ活動の状況

区分:①一般市民向けのシンポジウム・講演会及び公開講座・サイエンスカフェ等、②展示会及びフェアへの出展・大学及び研究所等の一般公開への参画、③その他(子供向け)

発表番号	区分	アウトリーチ活動	機関名	開催場所	年月日	参加人数	主な参加者	備考
1	②	アグリビジネス創出フェア2018「データに基づいたスマート育種」ポスター出展	農研機構次世代作物開発研究センターその他	東京ビッグサイト西1ホール	2018/11/20-11/22	38000	会社員、行政等	<a href="http://www.agribiz-fair.jp/">http://www.agribiz-fair.jp/</a>
2	②	スマート育種に関するブース設置と説明	農研機構	東京ビッグサイト西4ホール	2019.11.20-22	約36000人	農業関連企業等	<a href="https://agribiz-fair.maff.go.jp/">https://agribiz-fair.maff.go.jp/</a>
3	①	植物科学シンポジウム2020「ニューノーマル時代に対応するスマート育種システム」	農研機構	Web配信	2020/11/30	140	研究者	
4	②	アグリビジネス創出フェア2021一般展示「インキュベーションセンター」	農林水産省	東京ビッグサイト青海展示棟、オンライン	2021.11.24-26	集計中	農林水産事業者、研究機関、民間企業	
5	②	アグリビジネス創出フェア2021一般展示「植物3次元モデリング装置」	農林水産省	東京ビッグサイト青海展示棟、オンライン	2021.11.24-26	集計中	農林水産事業者、研究機関、民間企業	
6	②	農業技術革新・連携フォーラム2021 農研機構文科会 II	農研機構、経団連、日本農業法人協会	オンライン	2021.12.21	123	研究機関、企業	
7	①	AOIフォーラム会員総会	AOI機構	プラサヴェルデ(静岡県沼津市)	2021/7/2		会社員、行政等	<a href="https://aoi-forum.jp/special/generalas">https://aoi-forum.jp/special/generalas</a>
8	①	AOI Meet up Vol.5	AOI機構	オンライン	2021/9/2		会社員、教員等	<a href="https://aoi-forum.jp/special/meetup5">https://aoi-forum.jp/special/meetup5</a>
9	①	AOIフォーラムセミナー	AOI機構	オンライン	2021/10/12		会社員、行政棟	<a href="https://aoi-forum.jp/special/seminar_1">https://aoi-forum.jp/special/seminar_1</a>
10	①	AOI Meet up Vol.6	AOI機構	プラサヴェルデ(静岡県沼津市)	2021/12/10		会社員、教員等	<a href="https://aoi-forum.jp/special/meetup6">https://aoi-forum.jp/special/meetup6</a>