

## 次世代シーケンサーと食糧・食品生産 (育種+フェノミクス研究+ゲノム編集?)

生命科学の世界でも、ビッグデータという言葉に遭遇する機会が多くなってきた。特に、次世代シーケンサーの登場は、バイオ情報分野において様々な革新をもたらしている。ビッグデータとして得られる膨大なゲノム情報などを網羅的に解析する研究は、“総体”を意味する接尾語 $\sim$ omeから作られた造語を付けてオミックス研究と称されている。オミックス研究で扱うビッグデータはゲノム情報(ゲノミクス)に留まらず、一次転写(トランスクリプトーム解析)や代謝産物(プロテオミクス・メタボミクス)、さらには生物の形質(表現型)を対象としたフェノミクス研究へと進展してきている。

食品加工原料となる農作物の育種において、遺伝子多型のデータと目的形質(収量や耐病性など)の表現型データとの関連性をモデル化し、遺伝的な能力を予測することによって育種に関わる選抜作業を大幅に省力化する試み(ゲノミックセレクション)が進められている[1,2]。環境変動との関連付けを行うことにより、未経験の環境変化、たとえば地球温暖化や乾燥地域[3]、冷害地域や塩害地域での栽培、に対する選抜株の適応性を予測する試みも行われつつある。モデルの作成には統計的な手法や人工知能(AI)による機械学習が行われており、ビッグデータ解析のスキルを持った人材育成もまた課題となっている[4]。また、表現型データの取得には、IT/ICTをベースとしたIoT[5]やIoE[6]の概念とデータの標準化[7]も重要となってくる。食品工学的な視点で言えば、これらをベースとしてフードミクス研究へとつながってゆくの理想である。

一般に生物情報を扱う分野では、マイクロからマクロ(遺伝子・転写→アミノ酸・たんぱく質生成→代謝→細胞・個体形成)の情報流れを扱う。これは従来の生物情報工学分野においても、前述のオミックス研究進展の流れ(ゲノミクス→プロテオミクス→メタボロミクス→フェノミクス)においても同じであると思われる。われわれの研究グループでは、これに食品の加工・流通と官能・機

能性も含めた情報流れを考えること、さらにはこの情報流れを逆向き(マクロからマイクロへ)に捉えることの重要性を提唱してきた。そのため、細胞や植物組織を含めた生命体や農作物とその加工品である食品を対象に、様々な波長の光を用いた光計測手法の確立を目指してきた[8]。形質などの表現型データは、遺伝子を起点とした情報流れの履歴(発現～代謝)とともに環境的な影響を受けて形成されたものであり、今後は環境変化とともに両方向の情報流れを解析することが重要となってくると考えられる。一方、食糧・食品生産においては、そもそも各種計測・解析手法は廉価で現場対応型であることが求められる。簡便・迅速・非破壊的、かつ網羅的に表現型データが得られる光計測手法は、フェノミクス研究を進めるためのツールとして適している。表現型データを取得する重要性は何も農作物に限ったことではなく、農作物を対象に開発された光計測手法をヒトに応用する試みも行われてきている[9]。また、IT/ICTとそれに伴うIoTやIoEの概念が実現すれば、環境データや農家(医師・看護師)の対処や感覚を表現型データの変化とともに記録できるようになる。かなり飛躍した考えかもしれないが、光計測により記録されたビッグデータの解析によって、農と食と医(健康)を連動させるための新たな方法論がみえてくるかもしれない。

IT/ICTの爆発的発展は10年前に予見できた。しかし、オミックス研究、とくにわれわれの考える情報流れのマイクロの領域については、これほどまでの技術革新は予見できなかった(もう少し先だと思っていた)。ヒトや重要作物であるイネゲノムの解析には莫大なコストと労力・人員が必要であったが、いまや少々高価な農産物であれば解析にかかるコストは気にならなくなりつつある。ゲノム情報の解析が進めば、ゲノム編集の技術も農作物に適用できるようになる(遺伝子組換え作物以上に賛否両論があると思われる)。また、小型UAV(Unmanned Aerial Vehicle)、いわゆるドローンを用いた圃場の空撮画像を用いた解析(農作物や土壌成分など)の研究も進展しつつあり[10]、一連のオミックス研究を繋げるための基盤が整い

末原 憲一郎

【略歴は前号を参照(第18巻第1号)】

つつある。10年前、半分は夢物語に思えたマクロからマイクロへの情報流れの解析が、IT/ICTの進展と次世代シーケンサーの登場により現実味を帯びてきた。時代がやっと追いついてきた。

#### 引用文献

- 1) Yamamoto E., Matsunaga H., Onogi A., Kajiya-K H., Minamikawa M., Suzuki A., Shirasawa K. *et al.*, *Sci. Rep.* 6, 19454; doi: 10.1038/srep19454 (2016)
- 2) Onogi A. Watababe M., Mochizuki T., Hayashi T., Nakagawa H., Hasegawa T. and Iwata H., *Theor. Appl. Genet.* 129, doi:10.1007/s00122-016-2667-5 (2016)
- 3) 末原憲一郎, 日本食品工学会誌 **17**(2), A-15 (2016)
- 4) 本経済新聞電子版, [http://www.nikkei.com/article/DGXLASGG28H02\\_Y6A620C1MM0000/](http://www.nikkei.com/article/DGXLASGG28H02_Y6A620C1MM0000/) (アクセス日 2016.12.20)
- 5) 末原憲一郎, 日本食品工学会誌 **17**(3), A-12(2016)
- 6) 末原憲一郎, 日本食品工学会誌 **18**(1), A-11(2017)
- 7) 末原憲一郎, 日本食品工学会誌 **17**(4), A-18(2016)
- 8) 橋本篤, 亀岡孝治, 末原憲一郎, 照明学会誌 **100**, 497-501 (2016)
- 9) Suehara K., Isoda K., Mizutani H. and Hashimoto A., *J. Light & Vis. Env.*, doi: 10.2150/jlve.IEIJ140000559 (2016)
- 10) 農業情報学会 2017 年度年次大会講演要旨集, pp.1-8 (2017)

(本稿は化学工学会バイオ部会の許可を得て、同ニュースレター No.44 の原稿を一部改定して転載したものである)