特集記事 ワークショップ報告

次世代シーケンサー時代の遺伝子発見法

土井一行¹⁾・那須田周平²⁾・芦荻基行³⁾¹⁾ 名古屋大学大学院生命農学研究科附属フィールド科学教育研究センター東郷フィールド, 愛知県愛知郡東郷町, 〒470-0151²⁾ 京都大学大学院農学研究科, 京都市, 〒606-8502³⁾ 名古屋大学生物機能開発利用研究センター, 愛知県名古屋市, 〒464-8601

How to discover new genes in NGS era

Kazuyuki Doi¹⁾, Shuhei Nasuda²⁾ and Motoyuki Ashikari³⁾¹⁾ Togo Field, Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University, Togo, Aichi 470-0151²⁾ Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Kyoto 606-8502³⁾ Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University, Nagoya, Aichi 464-8601

キーワード

次世代シーケンサー (NGS), 遺伝統計学, フェノタイピング

ワークショップのねらい

次世代シーケンサー (NGS) の高度な能力に対応する遺伝学・育種学はどのように発展するのか, 多くの研究者が疑問を抱いているものの, 明確な方向性は未だ示されていない. NGS データを活用した統計解析の枠組みはどのように発展しうするのか? 遺伝子を発見して活用するためにはどのような研究材料が必要なのか? 育種に NGS をどのように活用できるのか? NGS に対応する大規模集団の形質評価はどのように行うのか? など, 多くの人がもつ疑問に対し, 先進的な取り組みを行っている研究者に話題をご提供いただき, 議論を深めることを目的とした.

演題 1 育種における遺伝統計学

田宮 元 (東北大・東北メディカル・メガバンク機構)

植物育種分野で, NGS により得られたゲノム情報を用いて, 重要な農業形質を支配する遺伝子の同定が試みられている. もっとも普及した手法は, ゲノムワイドな SNP (一塩基多型) を用いたゲノムワイドアソシエーション研究 (GWAS) である. この SNP による GWAS は, ヒトゲノム分野で開発された手法であり, ヒトと違い農作物では, 前提となる重要な仮定のいくつかが破綻している. たとえば, ヒトの GWAS の場合には, 血縁によるゲノム共有が形質の類似性を支えるゲノム共有と交絡すること (血縁交絡) を防ぐために, 原則として 3 親等以内

の血縁者を排除する, あるいは集団分化による対立遺伝子頻度分布差の交絡 (集団階層化問題) を防ぐために, 同一地域集団 (たとえば同一民族集団) からのサンプリングに限定する等の配慮がなされる (Price *et al.* 2010).

ところが, 日本水稲の場合には, きつい近交によって作出された品種が主であり, 他方で, インディカ品種なども利用される. このような集団の場合で, SNP による GWAS を行うと, 血縁交絡や集団階層化のために検定統計量がインフレーションを引き起こし, 高い偽陽性率のために, 責任遺伝子の同定を困難にしてしまうだろう. 昨今, このような問題を解決するために, 混合線形モデルなども導入されているが, 上記のような構造が変量効果として扱えるのかどうか不明である上, しばしば, 同じゲノム情報から, 固定効果を同時に推定して利用するケースが見受けられ, 不適切な過剰調整を引き起こしている. さらに, GWAS において高度の多重検定を補正する目的で導入されるゲノムワイド有意水準は単純にヒトゲノムからの援用であり, 統計的に意味を成していない.

以上の困難は, NGS データの利用においても変わりはなく, むしろ問題は深刻化すると予想される. 昨今, 特定の形質について, ゲノム情報で説明される遺伝率と古典的な遺伝率との差 (失われた遺伝率) が, ヒトだけでなく, 動物・植物を含む育種対象となる生物に幅広く見られることが分かってきているが, 上記のような問題を軽減・解決し, 柔軟な責任遺伝子の同定を行わない限り, 農作物では失われた遺伝率の問題に取り組むことさえ困難になるだろう.

講演では, 以上の問題を概観した上で, 日本水稲での全交配系図を利用して系図的血縁行列 (Speed and Balding

2015)を構成し、集団構造の問題に取り組んだ結果を発表した。他方で、このような交配系図情報をネットワークグラフ理論(Barabasi and Albert 1999)に基づいて分析することで、日本水稻の交配育種の重要な問題点を定量的に浮かび上がらせることに成功した。

演題2 コムギ倍数性シリーズ(AA, AABB, AABBDD)のコアコレクションの作成と利用

那須田周平(京大院・農学)

イネ科コムギ属に属するパンコムギ(*Triticum aestivum*)は世界三大穀類(イネ、コムギ、トウモロコシ)の中で唯一ゲノム配列の解読が終わっていない植物であった。これは、パンコムギが6倍体であり、かつ、構成する2倍体サブゲノムが巨大で反復配列に富んでいることに起因する。ゲノム中に3重複する配列が存在することが、NGSを用いたショットガンシーケンスを阻んできた。国際コムギゲノム配列解読コンソーシアムは、この障碍をコムギ遺伝学の伝統的手法である異数体系統を用いることで回避した。すなわち、コムギの各染色体を染色体腕ごとにフローソーティングで選り分けて、NGSでショットガンシーケンスしアセンブルした(IWGSC 2014)。この研究によりパンコムギゲノムの概要配列(推定されるコムギゲノムの約61%のカバー率)が利用可能になり、約10万の遺伝子予測配列(gene models)のそれぞれについて、コムギの21本の染色体の特定の1本に存在するかを推定できるようになった。6倍体ゲノム中の同祖遺伝子配列を区別する配列多型をウエットの実験をせずともデータベースから検索できるようになったことは、パンコムギにおけるマーカー開発、ひいては分子育種を推進する研究基盤をコムギ研究コミュニティが手にしたことを意味する。

文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト(NBRP)は、ライフサイエンス研究の基礎・基盤となるバイオリソース(生物遺伝資源)の収集・保存・提供を行うことと、ゲノム情報等の解析などにより時代の要請に応えたバイオリソースの整備を行うことを目的としている。コムギは平成14年から開始したNBRP第一期から採択され、約12,000の種子系統を保存している。コムギリソースは、約1,000の実験系統(異数体や細胞質置換系統などのパンコムギ標準品種Chinese Springを基軸とした遺伝学実験系統群)と約11,000の野生種・在来系統に大別され、コムギ属とそれに近縁な*Aegilops*属のすべての種を保存している。NBRP・コムギの野生種・在来系統の大きな特徴は、コレクションの大部分が自生地(在来系統においては栽培地)において収集され、詳細な採集地点の記録が残され、分布域をほぼカバーしていることである。野生種や在来系統は、栽培品種よりも大きな遺伝的多様性を有するため、パンコムギの重要な育種素材として認識されてきたが、コムギのゲノム配列情報を活用できるようになり、育種への利用可能性がさらに

高まった。

我々は、NBRP・コムギの保存する6倍性(ゲノム構成:AABBDD)、4倍性(AABB)、2倍性(AA)のコムギの遺伝的多様性を代表するコアコレクションの作成を進めている。コアコレクション作成のスキームは、全サンプルについて少数マーカーのジェノタイピングによる遺伝的多様性の検出(6倍性コムギについては、分類群と地理的分布を多様性の指標の代替とした)、集団構造解析と系統解析によるコアコレクション系統の選抜、コアコレクション系統のゲノムワイドマーカーによる高密度ジェノタイピング、そして表現型調査である。6倍性コムギ約6,500系統を代表する190系統、4倍性コムギ約2,200系統を代表する190系統、2倍性コムギ約600系統を代表する160系統を選抜し、重点的にジェノタイピングを進め、それぞれの倍数性レベルにおいてマーカーと表現型の相関を解析できる研究基盤を構築することができた。実際に、コムギの穀粒に蓄積するカドミウム濃度について相関解析を行うと、6倍性コムギのコアコレクションで有意なMarker-Trait Association(MAS)が検出された第3、第5、第7同祖群染色体のうち第5染色体は4倍性コムギでも有意なMASを示した。現在、国内のコムギ研究者らの協力を得て、コアコレクションを用いて表現型調査を進めている。6倍性コムギと4倍性コムギのコアコレクション系統はそれぞれ2系統の標準品種(6倍性コムギはChinese Springと農林61号、4倍性コムギはLangdonとKronos)と交配し、大部分についてF₂集団を作成してある。アソシエーション解析によって表現型と相関のあるゲノム領域の存在が示唆されれば、特定交配組み合わせに基づくQTL解析を直ちに行うことが可能である。

演題3 イネ大規模突然変異集団と交配集団を用いた遺伝子領域同定

寺内良平・阿部 陽・高木宏樹・神崎洋之・夏目 俊・八重樫弘樹・宇津志博恵・植村亜衣子・神崎英子・タミルムルネー((公財)岩手生物工学研究センター)

岩手県出資の基礎研究機関である(公財)岩手生物工学研究センターは、岩手県農業研究センターと共同で、岩手県の農林水産物の改良に取り組んでいる。発表者らの研究グループでは、水稻のゲノム育種を目的として、次世代シーケンサーを活用したイネの有用遺伝子およびQTL同定を進めている。講演では、発表者らが作出育成した水稻遺伝資源および全ゲノムシーケンスを利用した有用遺伝子同定技術について概略を紹介した。

1. 「ひとめぼれ」EMS突然変異系統

発表者らは、過去約10年にわたり、東北地方の主力水稻品種「ひとめぼれ」を材料として、EMS(ethyl methane sulfonate)処理により突然変異を誘導した系統群作出を実施してきた(Rakshit *et al.* 2010)。現在までに計12,000

系統の変異系統を作出し、系統維持している。既に 50 個体以上の突然変異系統の全ゲノムシーケンスを実施し、「ひとめぼれ」親系統のゲノム配列と比較したところ、各系統が平均 1,500 箇所の SNP を有することが明らかになった。これら突然変異系統群は、さまざまな形質を示し、育種上重要な遺伝子の対立遺伝子を探索する上で、有用性の高い遺伝資源であると考えられる。

2. 「ひとめぼれ」大規模交配集団

水稻の多様な品種が保有する自然変異を活用する目的で、「ひとめぼれ」と世界的水稻の遺伝的多様性を代表する約 20 の品種を交配し、1 種子更新法により F_6 - F_9 世代を進めた組換え近交系 (Recombinant Inbred Lines: RILs)、計 3,200 系統を育成して維持している。これらの系統は、ほぼ純系であり、系統ごとに多数の個体を用いた形質調査が可能であるため、量的形質の遺伝解析に最適である。また、これら系統群を活用して、後述する QTL-seq 法の適用、および Nested Association Mapping (NAM) 解析 (Yu *et al.* 2008)、エピスタシス解析などを進めている。

3. 次世代シーケンサーによる全ゲノム解析技術, MutMap 法および QTL-seq 法

上記突然変異系統群から有用性の高い形質を示す系統が得られた場合、その突然変異形質の原因遺伝子を同定することが課題となる。MutMap 法 (Abe *et al.* 2012) は、全ゲノムシーケンスにより突然変異原因遺伝子を同定する技術である。注目する突然変異体を親系統 (「ひとめぼれ」) に交配し、 F_2 世代で形質の分離を観察し、突然変異形質を示す F_2 個体約 20 個体の DNA を等量プールし、全ゲノムシーケンスに供する。特定の SNP 箇所に対応する全ショートリード中、変異型ショートリードの割合を SNP-index と定義し、SNP-index が 100% を示すゲノム領域を同定することにより原因遺伝子を見つける技術である。また、系統間交配後代の F_2 や RIL の子孫において形質が分離する場合、形質値が両極端を示すような 2 種類の個体群に注目し、2 種類の個体群のプール DNA を全ゲノムシーケンスに供し、その間で異なる SNP-index を示すゲノム領域を同定することにより、形質を支配する QTL を同定する技術が QTL-seq 法 (Takagi *et al.* 2013) である。これらの技術は、1 ないし 2 個のプール DNA を全ゲノムシーケンスすることにより突然変異遺伝子や QTL を迅速に同定できる技術で、有用性が高い。

本稿で示した水稻に限らず、効率良い作物ゲノム育種を推進する上で、対象作物の広い遺伝的変異を、すぐに利用できる形で保有していることが前提となる。突然変異系統作出や、大規模 RIL 育成はこうした目的に応える取り組みである。大規模遺伝資源に対して、NGS による全ゲノム解析を適用することにより、有用形質を支配する遺伝子領域を迅速に明らかにすることができる。同定された領域に DNA マーカーを開発して使用することに

より、育種を飛躍的に迅速化できるものと期待している。

演題 4 GBS を利用した野生イネと栽培イネの交雑に由来する F_2 集団における QTL 解析

古田智敬¹, Stefan Reuscher¹, 朱 新昊², Rosalyn B. Angeles-Shim¹, 上原奏子¹, 近藤宏野¹, 土井一行², 芦莉基行¹ (1. 名大・生物機能開発利用研究センター, 2. 名大院・生命農学)

NGS の登場以来、それを利用した様々な遺伝解析手法が開発されてきた。その一つに、Genotyping-by-Sequencing (GBS) がある。GBS とは Restriction site associated DNA sequencing (RAD-Seq) と呼ばれる手法と同様で、NGS により制限酵素切断部位近傍の配列を取得し、種間や品種間を比較した際に、そこに含まれる SNPs によって遺伝子型判定を行う手法である (Baird *et al.* 2008, Poland *et al.* 2012)。本方法では、全ゲノムシーケンスにより SNPs 検出を行う場合に比べ大幅にシーケンス対象領域を減らすことで、1 ランで数十から数百検体を処理し、スピードやコストパフォーマンスを大幅に向上させることができるため、RFLP マーカーやマイクロサテライトマーカーをもとにした遺伝子型判定法に代わる強力な遺伝学的解析ツールとして普及が期待される。

講演では、イネ栽培品種 *Oryza sativa* L. cv. Nipponbare とイネ野生種 *O. longistaminata* の F_2 交雑集団 1,081 個体に対して、GBS 法による遺伝子型判定を行い、分げつ数について QTL 解析を行った結果を紹介した。本研究では、 F_2 個体から抽出した DNA を *KpnI* と *MspI* で処理し、96 サンプル分を 1 ライブラリーとして調整を行い MiSeq (Illumina) によりシーケンシングを行った。データ解析は、TASSEL-GBS ソフトウェアを利用した (Glaubitz *et al.* 2014)。シーケンスデータは、日本晴ゲノムをリファレンスとしてマッピングを行い、SNPs を検出した。MiSeq では 1 ランでおよそ 2500 万リードのシーケンスデータが得られ、37,938 個の SNPs がコールされたが、多くの SNPs は何らかのエラーによるものであった。このデータに対して、マイナー対立遺伝子頻度 (MAF) などを利用して各 SNPs のクオリティチェックを行い、信頼性が高く遺伝子型判定に利用可能な SNPs のみを抽出した結果、1,096 個の SNPs が得られた。しかしながら、得られた遺伝子型データには GBS 特有のエラーや野生種との交雑集団特有と思われるエラーが多量に含まれていた。最も頻繁に見られるエラーは、ヘテロ接合部位のアンダーコールである。これは、染色体上で隣接する SNPs において遺伝子型が、ヘテロ-ホモ-ヘテロとなるようなエラーのことである。このエラーは SNP 当たりのリード数が少なく、偶然片親に由来するシーケンスのみ得られた場合に、誤ってホモ接合として判定してしまうために発生する。一方、ホモ接合に挟まれた SNP がヘテロ接合と判定されるアンダーコールとは逆パターンのエラーも存在した。これは、日本晴ゲノム中では重複の無い配列だが、

O. longistaminata ゲノム中では重複が起こっているために、重複配列に由来する *O. longistaminata* 型のリードデータが混ざることによってヘテロ型として判定されているものと考えられた。そこで、これらのエラーを修復し、可能ならば欠損値を穴埋めする簡易なアルゴリズムを作成しデータの修正を行った。これにより、遺伝子型データを用いて遺伝地図を作製した際、データ修正前の染色体サイズが 1,000–3,000 cM だったものが、データ修正後には、100–200 cM と大きく改善された。この遺伝子型データと分げつ数データをもとに QTL 解析を行ったところ、染色体 1, 3, 4, 8 に有意な QTLs が検出された。また、1,081 個体のうちからランダムに 200 個体を抽出して QTL 解析を行うことを 100 回繰り返した結果、200 個体における解析では、3, 4, 8 番染色体上の QTL は効果が小さいために有意な QTL として検出できない可能性が高いことが示された。

本研究で示された通り、多検体解析を行うことは統計的な検出力を向上させ QTL 解析を行う上で大きなメリットとなる。しかしながら、1,000 個体以上からなる集団の全ゲノム遺伝子型を RFLP マーカーやマイクロサテライトマーカーによって判定するには膨大な時間と労力を必要とし、実質的に非常に困難であった。しかし、GBS 法を用いることで、数千個体における大規模解析も不可能ではなくなった。実際、本研究では、合計 1,081 個体の F_2 個体を解析に用いたが、遺伝子型判定に要した日数はおおよそ 2 週間程度であった。今後、様々な非モデル生物や野生種との交雑集団で GBS 法を利用するにあたって、様々な集団特有のエラーをどう処理するかが大きな問題となると考えられる。しかしながら、GBS 法は遺伝学・育種学における強力な必須のツールとなることは間違いないと思われる。

演題 5 画像解析による圃場での高速フェノタイピング 郭 威¹, 深津時広², 渡辺 翔¹, 岩田洋佳¹, 二宮正士¹ (1. 東大院・農生, 2. 農研機構・中央農研)

近年の NGS の発達にはゲノム解析の革新的な高速化と高出力化を実現し、さまざまな植物種のゲノム配列解析を可能とした。その一方で、表現型解析は、多くの場合、破壊的かつ労力を要し、ゲノム研究や育種のボトルネックとなっている。こうした状況は、とりわけ野外圃場で顕著である。これまでもっぱら定性的に行われてきた表現型解析の客観化や定量化のための研究も行われてきたが、多くの場合は破壊的で、圃場での経時的かつ高速な解析には必ずしも適していなかった。

農業分野における表現型解析では、圃場で栽培され生育する作物を対象とし、環境と遺伝子型の交互作用を含めた実際的なパフォーマンスを評価する必要がある。しかし、これまでに開発された手法は、撮影条件が整った室内環境下で撮影された画像を主な解析対象としており、光環境が時間的に変化する野外の複雑な条件下で撮影さ

れた画像には適応できない場合が多かった。いっぽう、フィールドサーバなどの機器を用いて野外環境を測定しながら高頻度に時系列の作物画像を収集できるようになっており、こうした時系列画像を連続的に評価することで、時間変化にともなう新たな形質変異の評価の可能性に期待が高まっている。

そこで、本研究では、近年急速に発展しているフィールドモニタリングシステムや無人航空機（ドローン）を画像解析技術と組み合わせ、野外でも使える低コスト・高速フェノタイピングのための技術開発を行い、効率的な育種はもとより、作物生育状況の高速で逐次的な把握によって、生産現場における栽培管理の最適化にも貢献することを目的として行った。材料として、世界的にも重要な穀物の一つであるコムギ、水稻、ソルガムを対象に野外圃場で連続的に撮影されたデジタル画像から、非破壊で作物の外観形質（例えば、被覆率、草姿、キャノピー構造、株高、開花出穂）を連続的に計測するための手法を開発し、それを野外での低コスト・高出力フェノタイピングシステムへ取り込むことを目指した。なお、本研究では、実際の現場での利用を想定して、画像センサーのコスト、取り扱いの容易性、現在目視で評価されている形質評価の高速化について勘案し、RGB 画像に対象を限定し研究を行った。

おわりに

従来、QTL の原因遺伝子の単離には、QTL 解析から高精度連鎖解析を行うマップベース法が主流であった。現在では NGS の普及が進み、多くの研究者が大量の塩基配列データを手にできるようになり、また、それに見合う規模と品質をもつ解析材料が考案され整備されつつある。これにより、形質変異の原因遺伝子の同定を効率的に行えることが示された。また、遺伝解析の精度を向上させるためには、マッピング集団の大規模化や形質評価手法の改善が必要であることが明らかとなった。一方、NGS の大規模データを扱うための統計手法は多くの作物でヒトと比較して未成熟であり、従来型のバイオインフォマティクスとは別の分野の統計解析手法（ネットワーク解析や高度なモデリングなど）により、さらに多くの情報を引き出せる余地が残っている。ここでは、単に遺伝子の単離を目指すだけでなく、微小な効果あるいは非対立遺伝子間相互作用などを持つゲノム領域を同定し、「失われた遺伝率」問題を解決するような方向での進歩が期待される。

育種学系の実験室の風景は 20 年前から大きく変化した。NGS により、遺伝子型決定の部分は完成の域に達したと考えられる。一方、試験圃場の風景は多くの研究室・試験場で長らく大きな変化はないのではないだろうか？近年、画像解析や高度なセンサーのコストは劇的に低下しているため、形質評価の効率化が新たな研究分野

として広がり、NGS データに見合う表現型データが収集できるようになるであろう。これにより、大規模集団を利用したより統計的検出力が高い遺伝解析や、遺伝子型－環境－圃場管理間の相互作用（GxExM）の解析などが加速すると期待できる。

多くの分野でさらなる研究が必要であるが、実際の圃場での作物のパフォーマンスを最大化するための、真に有意義な NGS の利用法の発展が望まれる。

謝 辞

ワークショップにご参加下さった多数の方々にお礼申し上げます。また、ワークショップの開催にあたりご協力下さった大会運営委員会・シンポジウム委員会・会場スタッフの皆様にお礼申し上げます。本ワークショップは NBRP 「コムギ」、NBRP 「イネ」、CREST 「二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出」、戦略的イノベーション創造プログラム（SIP）「戦略的オミクス育種技術体系の構築」の協賛で行われた。

引用文献

- Abe, A., S. Kosugi, K. Yoshida, S. Natsume, H. Takagi, H. Kanzaki, H. Matsumura, K. Yoshida, C. Mitsuoka, M. Tamiru *et al.* (2012) Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap. *Nat. Biotechnol.* 30: 174–178.
- Baird, N.A., P.D. Etter, T.S. Atwood, M.C. Currey, A.L. Shiver, Z.A. Lewis, E.U. Selker, W.A. Cresko and E.A. Johnson (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD Markers. *PLoS ONE* 10: e3376.
- Barabasi, A.L. and R. Albert (1999) Emergence of scaling in random networks. *Science* 286: 509–512.
- Glaubitz, J.C., T.M. Casstevens, F. Lu, J. Harriman, R.J. Elshire, Q. Sun and E.S. Buckler (2014) TASSEL-GBS: A high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *PLoS ONE* 9: e90346.
- IWGSC (2014) A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. *Science* 345: 1251788.
- Poland, J.A., P.J. Brown, M.E. Sorrells and J.L. Jannink (2012) Development of high-density genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-by-sequencing approach. *PLoS ONE* 7: e32253.
- Price, A., N. Zaitlen, D. Reich and N. Patterson (2010) New approaches to population stratification in genome-wide association studies. *Nat. Rev. Genet.* 11: 459–463.
- Rakshit, S., H. Kanzaki, H. Matsumura, A. Rakshit, T. Fujibe, Y. Okuyama, K. Yoshida, O.M. Tamiru, M. Shenton, H. Utsushi *et al.* (2010) Use of TILLING for reverse and forward genetics or rice. In “The Handbook of Plant Mutation Screening” Meksem, K. and G. Kahl (eds.), Wiley-VCH, 185–197.
- Speed, D. and D.J. Balding (2015) Relatedness in the post-genomic era: is it still useful? *Nat. Rev. Genet.* 16: 33–44.
- Takagi, H., A. Abe, K. Yoshida, S. Kosugi, S. Natsume, C. Mitsuoka, A. Uemura, H. Utsushi, M. Tamiru, S. Takuno *et al.* (2013) QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations. *Plant J.* 74: 174–183.
- Yu, J., J.B. Holland, M.D. McMullen and E.S. Buckler (2008) Genetic design and statistical power of nested association mapping in maize. *Genetics* 178: 539–551.

当日 演題

はじめに 土井一行（名古屋大学大学院生命農学研究科）

講演

- 育種における遺伝統計学
田宮 元（東北大・東北メディカル・メガバンク機構）
- コムギ倍数性シリーズ（AA, AABB, AABBDD）のコアコレクションの作成と利用
那須田周平（京大院・農学）
- イネ大規模突然変異集団と交配集団を用いた遺伝子領域同定
寺内良平・阿部 陽・高木宏樹・神崎洋之・夏目 俊・八重樫弘樹・宇津志博恵・植村亜衣子・神崎英子・タミルムルネー（公益財団法人岩手生物工学研究センター）
- GBS を利用した野生イネと栽培イネの交雑に由来する F₂ 集団における QTL 解析
古田智敬¹・Stefan Reuscher¹・朱 新昊²・Rosalyn B. Angeles-Shim¹・上原奏子¹・近藤宏野¹・土井一行²・芦荊基行¹（1. 名大・生物機能開発利用研究センター, 2. 名大院・生命農学）
- 画像解析による圃場での高速フェノタイピング
郭 威¹・深津時広²・渡辺 翔¹・岩田洋佳¹・二宮正士¹（1. 東大院・農生, 2. 農研機構・中央農研）

総合討論 座長 土井一行（名古屋大学大学院生命農学研究科）・那須田周平（京都大学大学院農学研究科）