

(19) 日本国特許庁(JP)

(12) 公開特許公報(A)

(11) 特許出願公開番号

特開2021-81919
(P2021-81919A)

(43) 公開日 令和3年5月27日(2021.5.27)

(51) Int. Cl.	F I	テーマコード (参考)
G06Q 50/02 (2012.01)	G06Q 50/02	4B063
A01G 7/00 (2006.01)	A01G 7/00 603	5L049
C12Q 1/6895 (2018.01)	C12Q 1/6895 ZNAZ	

審査請求 未請求 請求項の数 7 O L (全 17 頁)

(21) 出願番号 (22) 出願日 (出願人による申告) 「国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構、戦略的イノベーション創造プログラム(SIP) 「次世代農林水産業創造技術」委託研究、産業技術力強化法第17条の適用を受ける特許出願」	特願2019-208024 (P2019-208024) 令和1年11月18日 (2019. 11. 18)	(71) 出願人 501203344 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 茨城県つくば市観音台3-1-1 (74) 代理人 100087480 弁理士 片山 修平 (72) 発明者 笈 雄介 茨城県つくば市観音台三丁目1番地1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門内 (72) 発明者 今西 俊介 茨城県つくば市観音台三丁目1番地1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門内
---	---	--

最終頁に続く

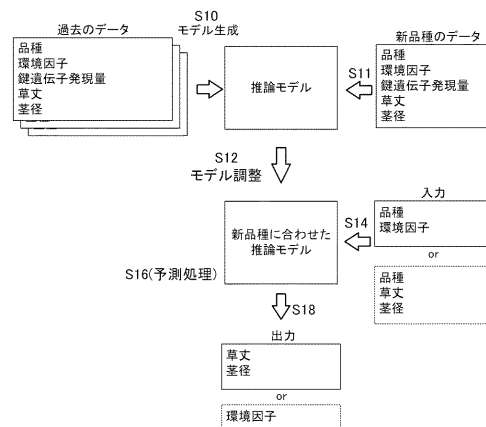
(54) 【発明の名称】 予測プログラム、予測方法及び予測装置

(57) 【要約】

【課題】 作物を所望の草姿にするための栽培条件の予測、又は栽培条件に応じた作物の草姿の予測を行う。

【解決手段】 サーバ10は、環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及びサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び作物内におけるジベレリン関連遺伝子及びサイトカイニン関連遺伝子の発現量と作物の苗の草姿(草丈及び莖径)を示す値との関係、に基づいて、環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表す推論モデルを生成する(S10~S12)。また、サーバは、ユーザが入力した所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付ける(S14)。そして、サーバは、推論モデルを用いて、所望とする環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し(S16)、ユーザ端末に対して出力する(S18)。

【選択図】 図17



【特許請求の範囲】

【請求項 1】

環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び前記作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量と前記作物の苗の草姿を示す値との関係、に基づいて、前記環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表すモデルを生成し、

所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付け、

前記モデルを用いて、所望とする前記環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする前記草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、出力する、

処理をコンピュータに実行させるための予測プログラム。

10

【請求項 2】

前記モデルは、前記ジベレリン関連遺伝子の発現量と、前記作物の苗の草丈を示す値との関係に基づいて生成される、ことを特徴とする請求項 1 に記載の予測プログラム。

【請求項 3】

前記モデルは、前記サイトカイニン関連遺伝子の発現量と、前記作物の苗の茎径を示す値との関係に基づいて生成される、ことを特徴とする請求項 1 又は 2 に記載の予測プログラム。

【請求項 4】

前記生成する処理では、特定品種の作物の苗を育苗したときに得られたデータを前記モデルに投入して、前記モデルを前記特定品種に合わせて調整し、

20

前記出力する処理では、調整後の前記モデルを用いて、所望とする前記環境因子の値に対応する前記特定品種の作物の苗の草姿を示す値、又は前記特定品種の作物の苗の所望とする草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、出力する、ことを特徴とする請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載の予測プログラム。

【請求項 5】

前記作物はトマトである、ことを特徴とする請求項 1 ~ 4 のいずれか一項に記載の予測プログラム。

【請求項 6】

環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び前記作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量と前記作物の苗の草姿を示す値との関係、に基づいて、前記環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表すモデルを生成し、

30

所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付け、

前記モデルを用いて、所望とする前記環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする前記草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、出力する、

処理をコンピュータが実行することを特徴とする予測方法。

【請求項 7】

環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び前記作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び／又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量と前記作物の苗の草姿を示す値との関係、に基づいて、前記環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表すモデルを生成する生成部と、

40

所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付ける入力受付部と、

前記モデルを用いて、所望とする前記環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする前記草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、出力する予測部と、を備える予測装置。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、予測プログラム、予測方法及び予測装置に関する。

50

【背景技術】

【0002】

トマトなどの苗の成長は、品種や育苗装置などの環境によって大きく変わる。従来においては、作物の栽培生理に詳しい人物が、これまでの経験や勘をもとに、新しい育苗環境と従来の育苗環境を比較する栽培試験を繰り返し行って試行錯誤し、その結果得られた最適な育苗環境（生産性の高い育苗環境）で苗を栽培することとしていた。

【0003】

なお、特許文献1、2等には、制御機器の制御情報や植物育成作業に関する情報を含む植物育成情報を、ネットワークを通じて顧客に提供する技術について開示されている。

【先行技術文献】

【特許文献】

【0004】

【特許文献1】特開2006-333744号公報

【特許文献2】特開2006-254775号公報

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0005】

上述したような試行錯誤により設定された育苗環境は、同一条件が毎年繰り返される場合にはある程度の水準を維持することができる。しかしながら、育苗環境を設定した根拠は無いため、地域や環境、施設などが変わったり、品種が変わった場合には、それらの変更に合わせて育苗環境を設定することが難しい。このため、施設や品種などの変更があった場合には、再度試行錯誤を行う必要があるため、最適な育苗環境の設定に長時間を要する。

【0006】

また、施設栽培生産者の高齢化に伴い世代交代が不可避となっている現状においては、栽培試験を長年行っている人物の知識と経験を代替できるような技術が求められている。

【0007】

本発明は、作物を所望の草姿にするための栽培条件の予測、又は栽培条件に応じた作物の草姿の予測を行うことが可能な予測プログラム、予測方法及び予測装置を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【0008】

本発明者らは、上記課題を解決するための手段を種々検討した。本発明者らは、分子生物学的手法を用いて植物体内の遺伝子発現や代謝産物等の動態を解析する研究（いわゆるオミクス研究）を行っており、多くの学術的価値が高い知見が蓄積しつつある。そして、本発明者らは、これらの知見を用いて植物体内の分子変動から生理機構を解明することで、品種や品目に応じた適切な栽培環境を短時間で構築することを見出した。以上のような経緯から、本発明は完成した。

【0009】

本発明の予測プログラムは、環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び/又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び前記作物内におけるジベレリン関連遺伝子及び/又はサイトカイニン関連遺伝子の発現量と前記作物の苗の草姿を示す値との関係、に基づいて、前記環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表すモデルを生成し、所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付け、前記モデルを用いて、所望とする前記環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする前記草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、出力する、処理をコンピュータに実行させるための予測プログラムである。

【発明の効果】

【0010】

本発明の予測プログラム、予測方法及び予測装置は、作物を所望の草姿にするための栽

10

20

30

40

50

培条件の予測、又は栽培条件に応じた作物の草姿の予測を行うことができるという効果を奏する。

【図面の簡単な説明】

【0011】

【図1】図1(a)は、品種「CF桃太郎ヨーク」の苗の茎の断面(切片)の写真であり、図1(b)は「富丸ムーチョ」の苗の茎の断面(切片)の写真である。

【図2】トマトの苗の木部面積と総乾物重(収量に関連する数値)との関係を示すグラフである。

【図3】図3(a)は、5つの品種「Managua」、「Endeavor」、「富丸ムーチョ」、「CF桃太郎ヨーク」、「麗容」について、播種後3週目、4週目、5週目における木部組織の割合を示すグラフであり、図3(b)は、各品種における、播種後3週目のサイトカイニンの量を示すグラフである。

10

【図4】図4(a)は、高窒素の場合と中窒素の場合のサイトカイニン合成遺伝子(SIIP T3)の相対的発現量を示すグラフであり、図4(b)は、高窒素の場合と中窒素の場合のサイトカイニン応答性遺伝子の相対的発現量を示すグラフである。

【図5】養液窒素濃度による影響を示す図である。

【図6】図6(a)は、養液中窒素イオン濃度と、サイトカイニン応答性遺伝子発現との関係を示すグラフであり、図6(b)は、サイトカイニン内生量と、サイトカイニン応答性遺伝子発現との関係を示すグラフである。

【図7】サイトカイニン内生量と、1日あたり木部成長量との関係を示すグラフである。

20

【図8】気温25、30で栽培したトマトの苗の下胚軸(Hypocotyl)と、上胚軸(Epicotyl)の切片を比較した写真である。

【図9】図9(a)は、-DIFを示す図であり、図9(b)は、+DIFを示す図であり、図9(c)は、+DIF条件と-DIF条件で栽培した苗の草丈を示す写真である。

【図10】図10(a)は、+DIF条件と-DIF条件で育苗したときの、14日目における細胞壁伸長酵素遺伝子(LeEXP2遺伝子)の発現量を示すグラフであり、図10(b)は、LeEXP2遺伝子の発現量と、ジベレリン内生量との間の関係を示すグラフである。

【図11】ジベレリン内生量と、1日あたりの胚軸伸長量との関係を示すグラフである。

【図12】図12(a)は、条件を種々変更したときの胚軸長(播種後21日目の予測値)と、ジベレリン応答性遺伝子の発現量(播種後14日目の実測値)との関係を示すグラフであり、図12(b)は、播種後21日目の胚軸長の予測値と、播種後21日目の胚軸長の実測値との関係を示す図である。

30

【図13】育苗回帰モデルを示す図である。

【図14】鍵遺伝子の詳細を示す表である。

【図15】一実施形態に係る情報処理システムの構成を概略的に示す図である。

【図16】図16(a)は、サーバのハードウェア構成を示す図であり、図16(b)は、サーバの機能ブロック図である。

【図17】サーバの処理の概要を示す図である。

【図18】ユーザ端末に表示される画面の一例を示す図である。

40

【発明を実施するための形態】

【0012】

以下、一実施形態に係る情報処理システムについて、図1~図18に基づいて詳細に説明する。

【0013】

本実施形態の情報処理システムは、トマトの苗を「良い苗」にするためにどのような環境設定を行えばよいかを予測して出力したり、入力された設定環境で栽培される苗の草姿を予測して出力する装置である。なお、本実施形態において、「良い苗」とは、生産性の高い苗を意味し、予め定められた理想的な草姿(茎径、草丈)を有する苗を意味する。一般的に、茎が太い方が物質輸送特性に優れており収量が高くなる可能性が高い。また、草

50

丈が低い方がトマト苗を移植する際に扱いやすい。

【0014】

ここで、本実施形態の情報処理システムの説明の前に、当該情報処理システムを構築する際に本発明者らが利用した知見について説明する。

【0015】

(知見1：作物の木部発達について)

本発明者らは、茎の木部組織の発達には品種間差があることに着目した。例えば、トマトの品種「CF桃太郎ヨーク」と品種「富丸ムーチョ」の木部組織の面積(木部面積)を比較した結果が、図1(a)、図1(b)に示されている。図1(a)には、「CF桃太郎ヨーク」の苗の茎の断面(切片)の写真が示され、図1(b)には「富丸ムーチョ」の苗(図1(a)と同時期の苗)の茎の断面(切片)の写真が示されている。図1(a)、図1(b)において、両矢印で示す部分が木部組織である。図1(a)、図1(b)を比較するとわかるように、「富丸ムーチョ」の方が木部面積が大きくなっている。

10

【0016】

ここで、「富丸ムーチョ」は、一般的に「CF桃太郎ヨーク」よりも収量が多いことで知られている。すなわち、収量の多い「富丸ムーチョ」の方が木部面積が大きいことから、収量が多いほど木部面積が大きいことが予想される。

【0017】

この点について、収量の多い品種「Geronimo」と少ない品種「桃太郎8」の組換え型自殖系統群(RILs: Recombinant Inbred Lines)の解析を行い、トマトの苗の木部面積(mm^2)と総乾物重(g)との関係を表したのが、図2である。一般的に、総乾物重が大きいほど果実重量が大きくなるため、収量が多くなる。図2に示すように、木部面積が大きいほど総乾物重が大きくなるため、木部面積が大きいほど収量が大きくなることがわかる。

20

【0018】

また、本発明者らは、木部発達と苗におけるサイトカイニンの量との関係について検証した。図3(a)には、5つの品種「Managua」、「Endeavor」、「富丸ムーチョ」、「CF桃太郎ヨーク」、「麗容」について、播種後3週目、4週目、5週目における木部組織の割合(図1(a)、図1(b)に示すような切片全体に対する木部組織の面積の割合)が示されている。この図3(a)からは、播種後3週目においては、各品種の木部組織の割合にさほど差はないが、播種後5週目になると、「Managua」、「Endeavor」、「富丸ムーチョ」の木部組織の割合が多くなり、「CF桃太郎ヨーク」、「麗容」の木部組織の割合が少なくなることがわかる。

30

【0019】

また、図3(b)には、各品種における、播種後3週目のサイトカイニン(iP7G: イソペンテニルアデニン-7-グルコシド)の量を調べた結果が示されている。図3(b)に示すように、播種後3週目においては、「Managua」、「Endeavor」、「富丸ムーチョ」のサイトカイニン量が多く、「CF桃太郎ヨーク」、「麗容」のサイトカイニン量が少ないことがわかる。

【0020】

すなわち、図3(a)、図3(b)を総合すると、茎の木部組織が発達する苗ほど、木部組織が発達し始める前にサイトカイニン量が増えていることがわかる。

40

【0021】

更に、本発明者らは、サイトカイニン量と、トマトを養液栽培したときの養液窒素濃度との関係について検証した。図4(a)には、窒素濃度が高い場合($90 \mu\text{mol/L}$ 、高窒素)とそれよりも低い場合($50 \mu\text{mol/L}$ 、中窒素)のサイトカイニン合成遺伝子(SLIP3遺伝子)の発現量を、18SrRNAの発現量を内部標準として用いた相対的発現量(Relative expression)として示している。この図4(a)からは、高窒素の方が、サイトカイニン合成遺伝子(SLIP3遺伝子)が多くなるため、サイトカイニン生合成が多くなることが分かった。なお、SLIP3遺伝子の詳細については、

50

図 1 4 の表に示している。なお、図 1 4 には、以降の説明で述べるその他の遺伝子の詳細についても列挙している。

【 0 0 2 2 】

また、図 4 (b) には、高窒素の場合と中窒素の場合のサイトカイニン応答性遺伝子の発現量を、1 8 S r R N A の発現量を内部標準として用いた相対的発現量 (Relative expression) として示している。図 4 (b) の左のグラフに示すように、高窒素の場合には、中窒素の場合に比べて、サイトカイニン誘導性遺伝子 (S 1 R R A 6 遺伝子、S 1 R R A 2 遺伝子) が多く生成されることが分かった。また、図 4 (b) の右のグラフに示すように、高窒素の場合には、中窒素の場合に比べて、サイトカイニン抑制性遺伝子 (S 1 R R B 1 1 遺伝子) が、少なく生成されることが分かった。

10

【 0 0 2 3 】

したがって、これらの関係からは、図 5 に示すようなことが分かった。すなわち、養液中の窒素栄養が多くなる (高濃度になる) と、サイトカイニン合成遺伝子が増えるため、サイトカイニンが増え、これによりサイトカイニン誘導性遺伝子が増えとともにサイトカイニン抑制性遺伝子が減る。そして、サイトカイニン誘導性遺伝子の増加及びサイトカイニン抑制性遺伝子の減少に起因して、維管束発達が促進され、収量が増加することが分かった。このことは、養液窒素濃度の影響により、茎径に差が出る前にサイトカイニン関連遺伝子の発現量の変動することを意味すると考えられる。

【 0 0 2 4 】

本発明者らは、上述した知見に基づいて、窒素イオン濃度とサイトカイニン応答性遺伝子の発現との関係を回帰モデルで表した。図 6 (a) には、養液中窒素イオン濃度 ($\mu\text{mol/L}$) と、サイトカイニン応答性遺伝子発現との関係が示されている。また、本発明者らは、サイトカイニン内生量とサイトカイニン応答性遺伝子の発現との関係を回帰モデルで表した。図 6 (b) には、サイトカイニン内生量 (pmol/g) と、サイトカイニン応答性遺伝子発現との関係が示されている。更に、本発明者らは、サイトカイニン内生量 (pmol/g) と、1 日あたり木部成長量 (cm^2) との関係を回帰モデルで表した。図 7 には、サイトカイニン内生量と、1 日あたり木部成長量との関係が示されている。

20

【 0 0 2 5 】

図 6 (a) から、環境測定値 (窒素濃度) を e 、品種ごとの係数を $c v_1$ とすると、鍵遺伝子発現量 (サイトカイニン応答性遺伝子発現量) K_2 は、次式 (1) にて表すことができる。

30

$$K_2 = f_1 (e, c v_1) \quad (1)$$

【 0 0 2 6 】

また、図 6 (b) から、品種ごとの係数を $c v_2$ とすると、鍵ホルモン内生量 (サイトカイニン内生量) K_1 は、次式 (2) にて表すことができる。

$$K_1 = f_2 (K_2, c v_2) \quad (2)$$

【 0 0 2 7 】

また、図 7 から、品種ごとの係数を $c v_3$ とすると、1 日あたりの木部成長量 z は、次式 (3) にて表すことができる。

$$z = f_3 (K_1, c v_3) \quad (3)$$

40

【 0 0 2 8 】

そして、木部面積 (茎径) X は、1 日あたりの木部成長量 z が増えるほど大きくなるため、上式 (1) ~ (3) を纏めると、木部面積 (茎径) X は、次式 (4) にて表すことができる。

$$X = f (e, c v_4) \quad (4)$$

【 0 0 2 9 】

なお、 $c v_4$ は、品種の鍵遺伝子 (サイトカイニン応答性遺伝子) の発現特徴を反映した係数を意味する。

【 0 0 3 0 】

上式 (4) のように、本発明者らは、環境測定値 (窒素濃度) e から木部面積 (茎径)

50

Xをシミュレーションできるモデルを作成することができた。

【0031】

(知見2：高温条件で莖径と草丈が大きくなることについて)

本発明者らは、気温以外の条件は同一とし、気温25の条件下と、気温30の条件下(高温条件下)とで、同一品種のトマトの苗を栽培した。そして、栽培したトマトの苗の下胚軸(Hypocotyl)と、上胚軸(Epicotyl)の切片を比較した。図8には、比較結果が示されている。図8からは、高温条件下の方が莖径が大きくなることが分かる。なお、図示は省略しているが、草丈についても、気温30の方が大きくなることが分かった。

【0032】

(知見3：昼夜温度逆転条件で草丈が小さくなることについて)

昼夜温度逆転条件とは、図9(a)に示すように、明期(昼)に温度が低く設定され、暗期(夜)に温度が高く設定される場合を意味する。この昼夜温度逆転条件は-D I Fと呼ばれ、明期温度から暗期温度を差し引いた値が負となる条件である。一方、図9(b)に示すように、明期に温度が高く、暗期に温度が低い場合は、+D I Fと呼ばれる。

【0033】

本発明者らは、+D I F条件と、-D I F条件におけるトマトの苗の草丈を検証した。その結果、図9(c)に示すように、-D I Fの方が苗の草丈が低くなることが分かった。

【0034】

ここで、本発明者らは、細胞壁伸長酵素遺伝子であるLeEXP2遺伝子(図14参照)に着目し、+D I F条件と-D I F条件で育苗したときの、14日目における細胞壁伸長酵素遺伝子(LeEXP2遺伝子)の発現量を測定した。この結果が、図10(a)に示されている。この図10(a)からは、-D I F条件の場合には、+D I F条件の場合よりもLeEXP2遺伝子が少ないことが分かった。なお、-D I F条件の場合、光、温度や酸素の環境により働きが変化することが知られている胚軸伸長調節転写因子遺伝子(S1HY5遺伝子)が高くなり、温度・光シグナル伝達遺伝子(S1PIF4/5遺伝子)も少なくなるため、LeEXP2遺伝子のような細胞壁伸長にかかわる遺伝子の発現が少なくなると考えられる。

【0035】

また、本発明者らは、細胞壁伸長酵素遺伝子(LeEXP2遺伝子)がジベレリン応答性遺伝子であるという知見に基づいて、LeEXP2遺伝子の発現量と、ジベレリン(GA4：活性型)内生量(pmol/FW)との間の関係を検証し、図10(b)に示すような関係を見出した。図10(b)に示すように、LeEXP2遺伝子の発現量と、ジベレリン(GA4)内生量との間には、概ね比例関係があった。

【0036】

更に、本発明者らは、ジベレリン(GA4)内生量(pmol/FW)と、1日あたりの胚軸伸長量(cm)との関係を検証したところ、図11に示すような結果を得ることができた。図11からは、ジベレリン(GA4)内生量と、1日あたりの胚軸伸長量との間に概ね比例関係があった。

【0037】

ここで、図10(a)から、環境測定値(-D I F)を e' 、品種ごとの係数を cv_1' とすると、鍵遺伝子発現量 K_g' は、次式(5)にて表すことができる。なお、この場合の鍵遺伝子には、LeEXP2遺伝子以外に、S1Per遺伝子(図14参照)も含まれるので、次式(5)の鍵遺伝子発現量 K_g' は、LeEXP2遺伝子とS1Per遺伝子発現量を意味する。

$$K_g' = f_1'(e', cv_1') \quad (5)$$

【0038】

また、図10(b)から、品種ごとの係数を cv_2' とすると、鍵ホルモン内生量(ジベレリン内生量) K_h' は、次式(6)にて表すことができる。

$$K_h' = f_2'(K_g', cv_2') \quad (6)$$

10

20

30

40

50

【 0 0 3 9 】

また、図 1 1 から、品種ごとの係数を $c v_3'$ とすると、1 日あたりの胚軸伸長量 z' は、次式 (7) にて表すことができる。

$$z' = f_3' (K_3', c v_3') \quad (7)$$

【 0 0 4 0 】

そして、草丈 (胚軸長) X' は、1 日あたりの胚軸伸長量 z' が増えるほど大きくなるため、上式 (5) ~ (7) を纏めると、草丈 (胚軸長) X' は、次式 (8) にて表すことができる。

$$X' = f' (e', c v_4') \quad (8)$$

【 0 0 4 1 】

なお、 $c v_4'$ は、品種の鍵遺伝子 (L e E X P 2 遺伝子、S l P e r 遺伝子) の発現特徴を反映した係数を意味する。

【 0 0 4 2 】

上式 (8) のように、本発明者らは、環境測定値 (- D I F) : e' から草丈 (胚軸長) X' をシミュレーションできるモデルを作成することができた。

【 0 0 4 3 】

(知見 4 : 草丈に影響を与えるその他の環境因子について)

本発明者らは、草丈に影響を与えると考えられるその他の環境因子についても検証した。例えば、植物成長調整剤である P B Z (パクロブトラゾール (paclobutrazol)) は、ジベレリンの生合成阻害剤として知られている。したがって、P B Z を苗に与えることで、ジベレリンの合成が阻害され、結果的に草丈が小さくなることが予想される。また、高温条件下では、前述のように草丈が大きくなる。本発明者らは、- D I F、P B Z、高温の各条件を種々変更したときの胚軸長 (mm) (播種後 2 1 日目の予測値) と、ジベレリン応答性遺伝子 (L e E X P 2 遺伝子) の発現量 (播種後 1 4 日目の実測値) との関係を、図 1 2 (a) のようにプロットした。なお、図 1 2 (a) の胚軸長 (播種後 2 1 日目の予測値) は、図 1 2 (b) に示すように、胚軸長 (播種後 2 1 日目の実測値) とほぼ一致するため、図 1 2 (a) の予測値は実測値と見做すことができる。

【 0 0 4 4 】

図 1 2 (a)、図 1 2 (b) によれば、苗に与える P B Z の量と、高温条件とを異ならせることにより、ジベレリン応答性遺伝子 (L e E X P 2 遺伝子) の発現量が変化することがわかる。したがって、上式 (8) から求まる胚軸長は、P B Z の量や高温条件が否かに応じて補正する必要がある。

【 0 0 4 5 】

(その他知見)

光合成糖生産の速度は、光や $C O_2$ 濃度による影響を受ける。また、光合成糖生産は、高温や養液窒素濃度による影響も受ける。合成された糖が多いとき糖エネルギー関連酵素遺伝子 (S l T P S 1 遺伝子) は増加し、この時サイトカイニンも増加することが知られている。したがって、光や $C O_2$ 濃度も木部組織の発達、すなわち茎径に影響を与えることから、上式 (4) から求まる茎径については、光や $C O_2$ 濃度による影響を考慮して補正する必要がある。

【 0 0 4 6 】

(知見のまとめ)

以上の知見をまとめると、図 1 3 に示すような育苗回帰モデルとして表すことができる。この育苗回帰モデルは、トランスクリプトーム、ホルモノーム、メタボロームの関連性を表したモデルである。なお、「P B Z」から「ジベレリン応答・細胞伸長」に延びる T 字状の矢印、及び「呼吸」から「ジベレリン応答・細胞伸長」に延びる T 字状の矢印は、遺伝子 (L e E X P 2 遺伝子、S l P e r 遺伝子) の発現量を抑制する作用を意味している。

【 0 0 4 7 】

図 1 3 に示す育苗回帰モデルを機械学習の推論モデルとすることで、環境因子 (育苗条

10

20

30

40

50

件)として、PBZ、-DIF、気温、養液窒素濃度、光・CO₂濃度を入力すれば、これらに基づいて、播種から所定日数における苗の草丈や茎径を予測することが可能となる。播種から所定日数とは、例えば白根苗であれば、播種後21日目や播種後17日目などとすることができる。また、推論モデルに、所定日数における所望の草姿(草丈、茎径)を入力すれば、当該草姿とするために設定すべき環境因子の値を出力することが可能となる。

【0048】

(情報処理装置)

図15には、本実施形態に係る情報処理システム100の構成が示されている。

【0049】

図15に示すように、情報処理システム100は、予測装置としてのサーバ10と、ユーザ端末70と、を備える。サーバ10とユーザ端末70との間は、インターネットなどのネットワーク80に接続されている。ユーザ端末70は、トマトを栽培するユーザが利用する端末であり、PC(Personal Computer)やタブレット型端末、スマートフォンなどである。

【0050】

サーバ10は、上述した推論モデルを機械学習により生成し、生成した推論モデルを用いてシミュレーションを行う情報処理装置である。図16(a)には、サーバ10のハードウェア構成が示されている。図16(a)に示すように、サーバ10は、CPU90、ROM92、RAM94、記憶部(ここではHDD)96、ネットワークインタフェース97、及び可搬型記憶媒体用ドライブ99等を備えている。これらサーバ10の構成各部分は、バス98に接続されている。サーバ10では、ROM92あるいはHDD96に格納されているプログラム(予測プログラムを含む)、或いは可搬型記憶媒体用ドライブ99が可搬型記憶媒体91から読み取ったプログラム(予測プログラムを含む)をCPU90が実行することにより、図16(b)に示す各部の機能が実現される。なお、図16(b)の各部の機能は、例えば、ASIC(Application Specific Integrated Circuit)やFPGA(Field Programmable Gate Array)等の集積回路により実現されてもよい。

【0051】

図16(b)には、サーバ10の機能ブロック図が示されている。また、図17には、サーバ10の処理の概要が示されている。図16(b)に示すように、サーバ10においては、CPU90がプログラムを実行することにより、過去データ受付部20、推論モデル生成部22、入力受付部24、予測部26として機能する。

【0052】

過去データ受付部20は、システム管理者等が入力する多数の過去データ(過去に栽培した苗の品種、環境因子、鍵遺伝子発現量、所定日数における草丈及び茎径)を受け付け、推論モデル生成部22に受け渡す。

【0053】

推論モデル生成部22は、多数の過去データを教師データとして用いて推論モデルを生成する(図17のステップS10)。この推論モデルは、図13に基づくモデルであり、品種と環境因子を入力することで、所定日数における草丈及び茎径を予測し、出力することができるとともに、品種と所定日数における草丈及び茎径を入力することで、適切な環境因子を予測し、出力することができるモデルである。

【0054】

また、推論モデル生成部22は、新品種の過去データを少なくとも1つ受け付けた場合(図17のステップS11)に、推論モデルに新品種の過去データを投入することで、推論モデルを新品種に合わせて調整する(ステップS12)。この調整においては、上述した式(4)や式(8)の係数を決定する処理を行う。

【0055】

入力受付部24は、ユーザが入力した情報(品種及び環境因子、又は品種及び所定日数における草丈・茎径)を受け付け、予測部26に受け渡す(図17のステップS14)。

10

20

30

40

50

【 0 0 5 6 】

予測部 2 6 は、ユーザが入力した品種に対応する推論モデルを用いて、ユーザが入力した環境因子から、所定日数における草丈及び茎径を予測し、出力する（図 1 7 のステップ S 1 6、S 1 8）。また、予測部 2 6 は、ユーザが入力した品種に対応する推論モデルを用いて、ユーザが入力した所定日数における草丈及び茎径から、設定すべき環境因子を予測し、出力する（S 1 6、S 1 8）。

【 0 0 5 7 】

このように、本実施形態では、図 1 3 に基づく推論モデルを機械学習により作成し、作成した推論モデルを用いて、ユーザが所望とする環境因子で育苗したときの草姿を予測したり、ユーザが所望とする草姿にするための環境因子を予測する。これにより、トランスクリプトーム、ホルモノーム、メタボロームの関連性を用いて、予想される草姿や設定すべき環境因子を精度よく予測することが可能である。

10

【 0 0 5 8 】

図 1 8 には、ユーザ端末 7 0 において、ユーザが用いるアプリケーションの画面の一例が示されている。図 1 8 に示す画面には、欄 A ~ 欄 E が設けられている。例えば、ユーザが欄 A において品種及び播種日を入力し、欄 D において播種日から所定日数（例えば 2 1 日目）の所望とする草丈、茎径を入力する。なお、欄 C は固定項目（値が固定）であるものとする。この状態で、ユーザが欄 E の送信ボタンを押すと、ユーザ端末 7 0 からサーバ 1 0 に対して入力された情報が送信される。そして、サーバ 1 0 では、入力された情報を推論モデルに投入することで、播種後の各日における適切な EC（窒素濃度）、明期温、暗期温、PBZ 処理量を予測し、ユーザ端末 7 0 に送信する。これにより、図 1 8 の画面の空欄に適切な環境因子の情報が表示されるようになる。

20

【 0 0 5 9 】

また、ユーザは、図 1 8 の欄 A の品種、播種日、PBZ、欄 B の EC、明期温、暗期温を入力して、送信ボタンを押すこともできる。この場合、ユーザ端末 7 0 からサーバ 1 0 に対して入力された情報が送信される。サーバ 1 0 では、入力された情報を推論モデルに投入することで、播種後の所定日数（例えば 2 1 日目）における草丈及び茎径を予測し、ユーザ端末 7 0 に送信する。これにより、図 1 8 の画面には、予測された草丈及び茎径の情報が表示されるようになる。

【 0 0 6 0 】

なお、図 1 8 は、一例であるため、その他の入力欄があってもよい。例えば、接ぎ木の情報（穂木、台木の情報）を入力するための欄があってもよいし、その他の栽培条件を入力する欄があってもよい。

30

【 0 0 6 1 】

以上、詳細に説明したように、本実施形態のサーバ 1 0 によると、推論モデル生成部 2 2 は、環境因子の値と、作物内におけるジベレリン関連遺伝子及びサイトカイニン関連遺伝子の発現量との間の関係、及び作物内におけるジベレリン関連遺伝子及びサイトカイニン関連遺伝子の発現量と作物の苗の草姿（草丈及び茎径）を示す値との関係、に基づいて、環境因子の値と前記草姿を示す値との関係を表す推論モデルを生成する。また、入力受付部 2 4 は、ユーザ端末 7 0 において入力されたユーザが所望とする環境因子の値又は所望とする草姿を示す値の入力を受け付ける。そして、予測部 2 6 は、推論モデルを用いて、所望とする環境因子の値に対応する草姿を示す値、又は所望とする草姿を示す値に対応する環境因子の値を予測し、ユーザ端末 7 0 に対して出力する。これにより、本実施形態では、トランスクリプトーム、ホルモノーム、メタボロームの関連性を用いて、予想される草姿や設定すべき環境因子を、短時間で、精度よく予測することができる。

40

【 0 0 6 2 】

また、本実施形態では、推論モデル生成部 2 2 は、新品種の作物の苗を育苗したときに得られたデータを推論モデルに投入して、推論モデルを新品種に合わせて調整し、予測部 2 6 は、調整後の推論モデルを用いて予測を行う。これにより、推論モデルに新品種の試験データを入力することで、推論モデルを新品種に合わせてこむことができるため、新品種

50

の苗を栽培する際の適切な環境因子や、新品種の苗の草姿を精度よく予測することができる。

【 0 0 6 3 】

なお、上記実施形態では、サーバ 1 0 は、ユーザが所望とする環境因子を入力した場合に、入力した環境因子に対応する苗の草丈と茎径を予測する場合について説明したが、これに限らず、苗の草丈と茎径のいずれか一方のみを予測することとしてもよい。また、サーバ 1 0 は、ユーザが所望とする苗の草丈と茎径を入力した場合に、入力した草丈と茎径に対応する環境因子を予測する場合について説明したが、これに限られるものではない。例えば、ユーザは、苗の草丈と茎径のいずれか一方のみを入力することとし、サーバ 1 0 は、これに対応する環境因子のみを予測することとしてもよい。

10

【 0 0 6 4 】

なお、上記実施形態において説明したサーバ 1 0 の少なくとも一部の機能をユーザ端末 7 0 が有していてもよい。例えば、ユーザ端末 7 0 が、図 1 6 (b) の予測部 2 6 を有していてもよい。この場合、ユーザ端末 7 0 が有する予測部 2 6 が、サーバ 1 0 によって生成された推論モデルを用いることとしてもよいし、ユーザ端末 7 0 内で推論モデルを生成して用いることとしてもよい。

【 0 0 6 5 】

なお、上記の処理機能は、コンピュータによって実現することができる。その場合、処理装置が有すべき機能の処理内容を記述したプログラムが提供される。そのプログラムをコンピュータで実行することにより、上記処理機能がコンピュータ上で実現される。処理内容を記述したプログラムは、コンピュータで読み取り可能な記憶媒体（ただし、搬送波は除く）に記録しておくことができる。

20

【 0 0 6 6 】

プログラムを流通させる場合には、例えば、そのプログラムが記録された D V D (Digital Versatile Disc)、C D - R O M (Compact Disc Read Only Memory) などの可搬型記憶媒体の形態で販売される。また、プログラムをサーバコンピュータの記憶装置に格納しておき、ネットワークを介して、サーバコンピュータから他のコンピュータにそのプログラムを転送することもできる。

【 0 0 6 7 】

プログラムを実行するコンピュータは、例えば、可搬型記憶媒体に記録されたプログラムもしくはサーバコンピュータから転送されたプログラムを、自己の記憶装置に格納する。そして、コンピュータは、自己の記憶装置からプログラムを読み取り、プログラムに従った処理を実行する。なお、コンピュータは、可搬型記憶媒体から直接プログラムを読み取り、そのプログラムに従った処理を実行することもできる。また、コンピュータは、サーバコンピュータからプログラムが転送されるごとに、逐次、受け取ったプログラムに従った処理を実行することもできる。

30

【 0 0 6 8 】

上述した実施形態は本発明の好適な実施の例である。但し、これに限定されるものではなく、本発明の要旨を逸脱しない範囲内において種々変形実施可能である。

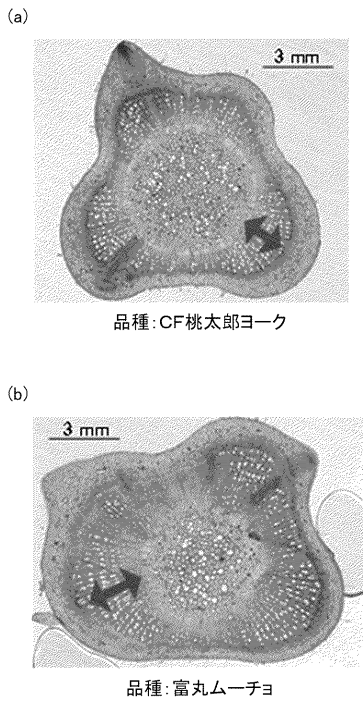
【 符号の説明 】

40

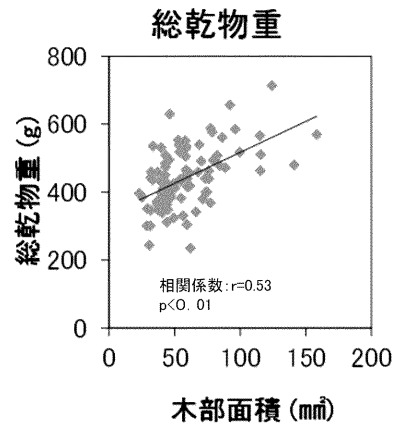
【 0 0 6 9 】

- 2 2 推論モデル生成部（生成部）
- 2 4 入力受付部
- 2 6 予測部
- 1 0 サーバ（予測装置）

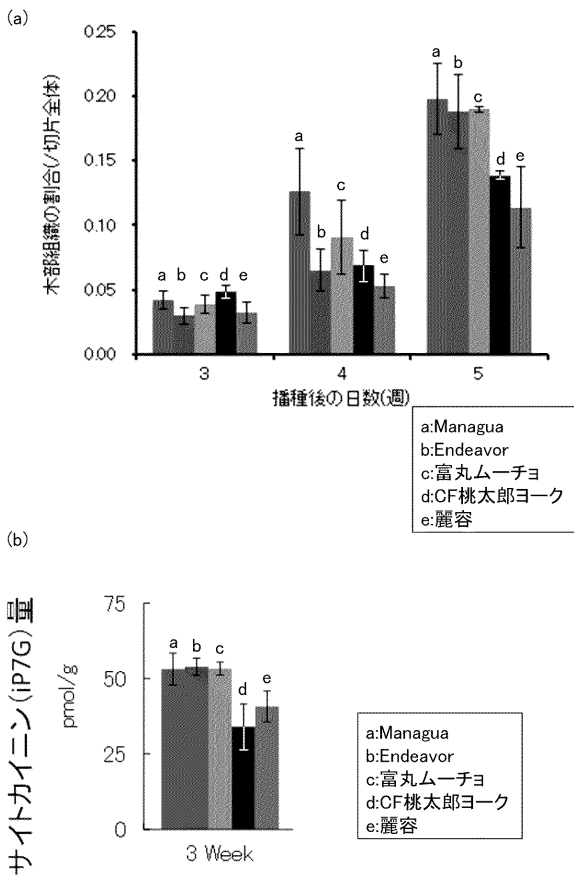
【 図 1 】



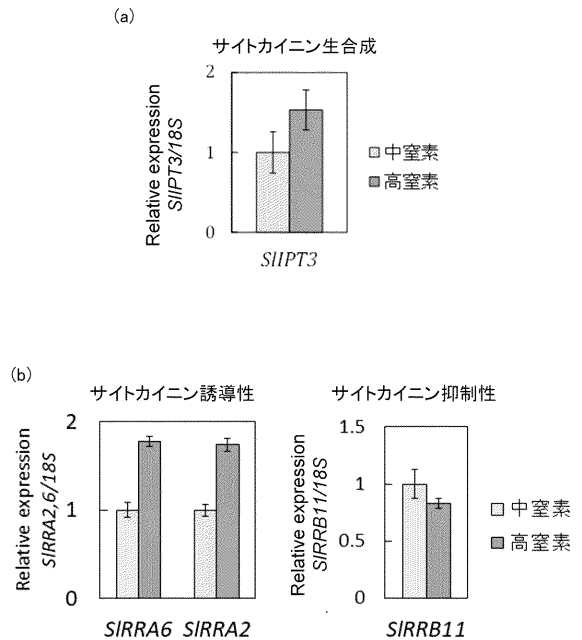
【 図 2 】



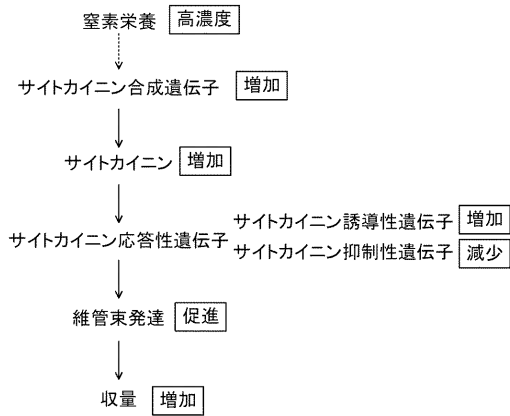
【 図 3 】



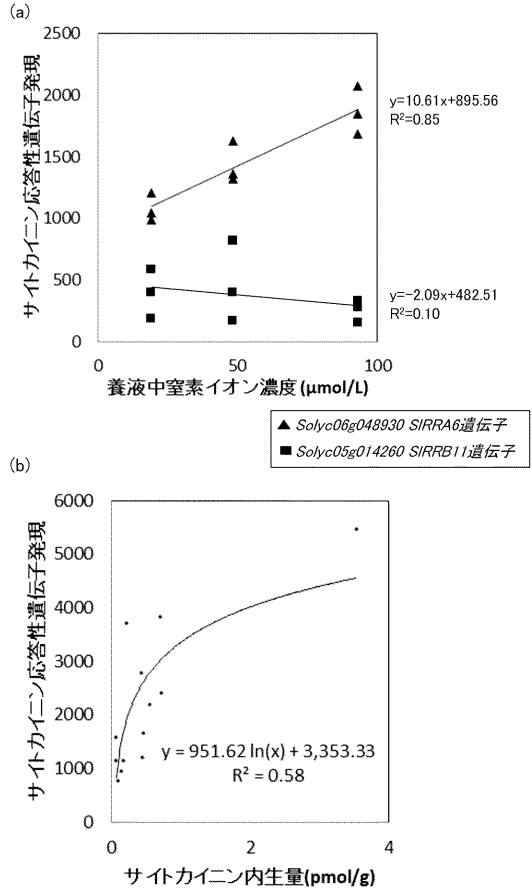
【 図 4 】



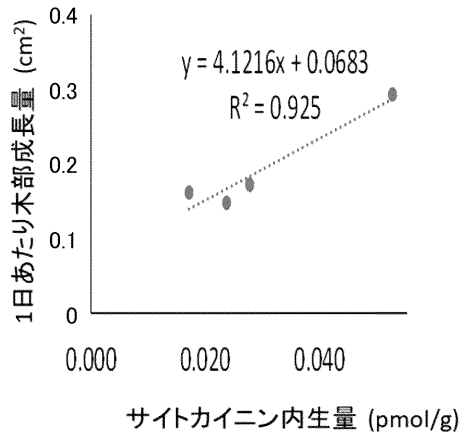
【 図 5 】



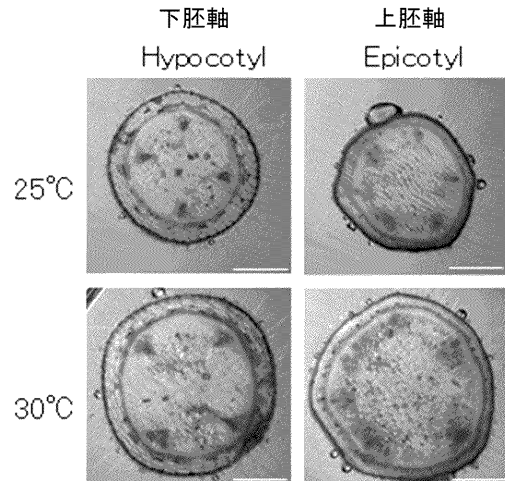
【 図 6 】



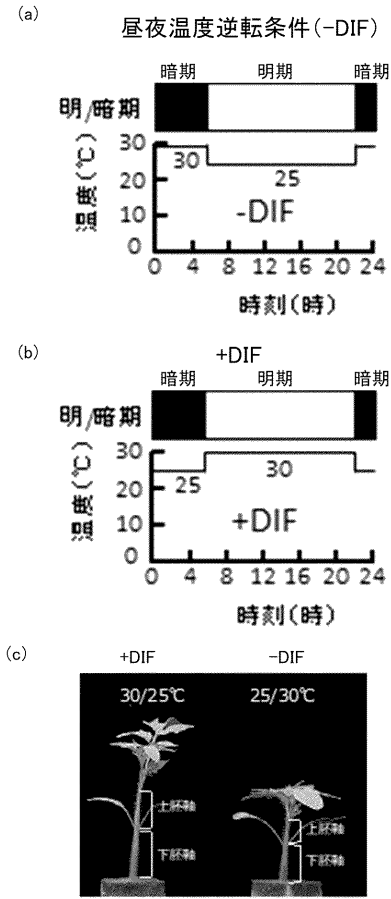
【 図 7 】



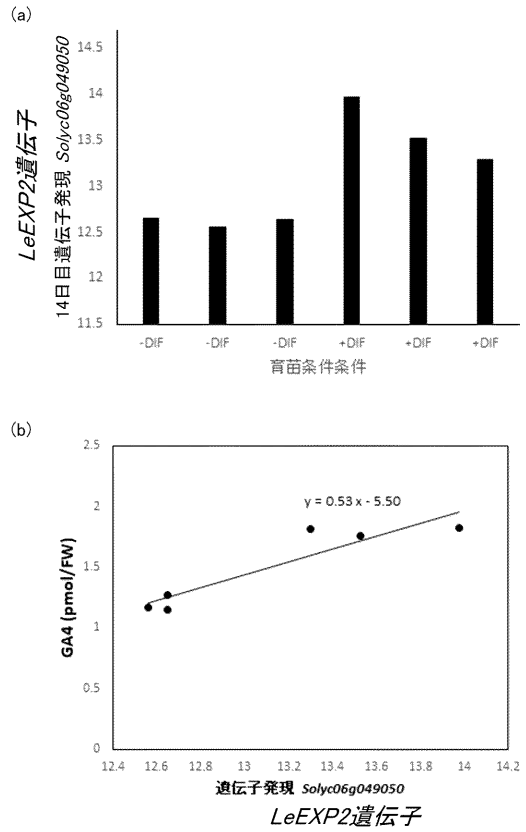
【 図 8 】



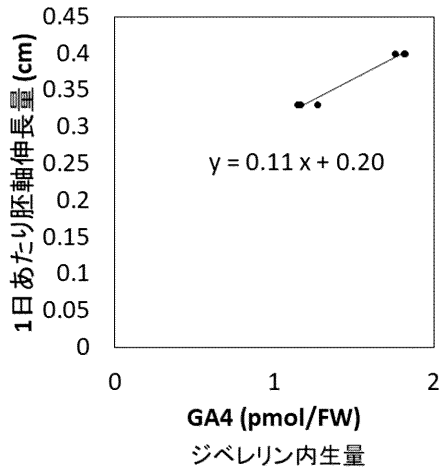
【 図 9 】



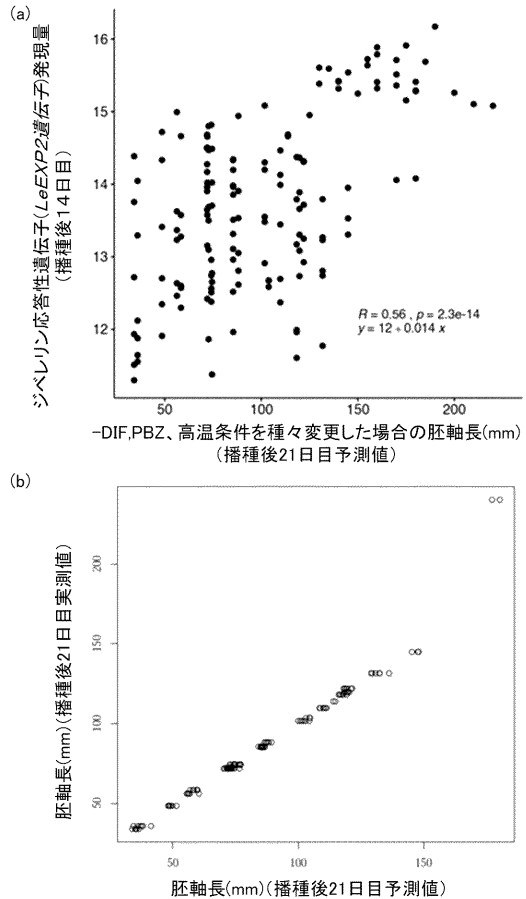
【 図 1 0 】



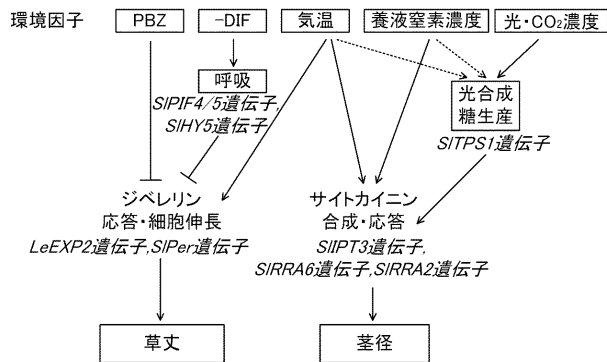
【 図 1 1 】



【 図 1 2 】



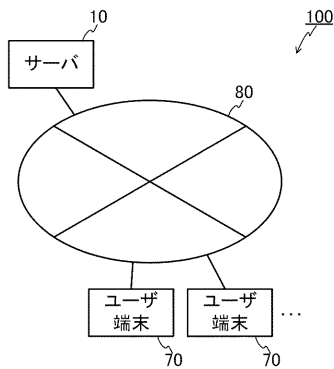
【図13】



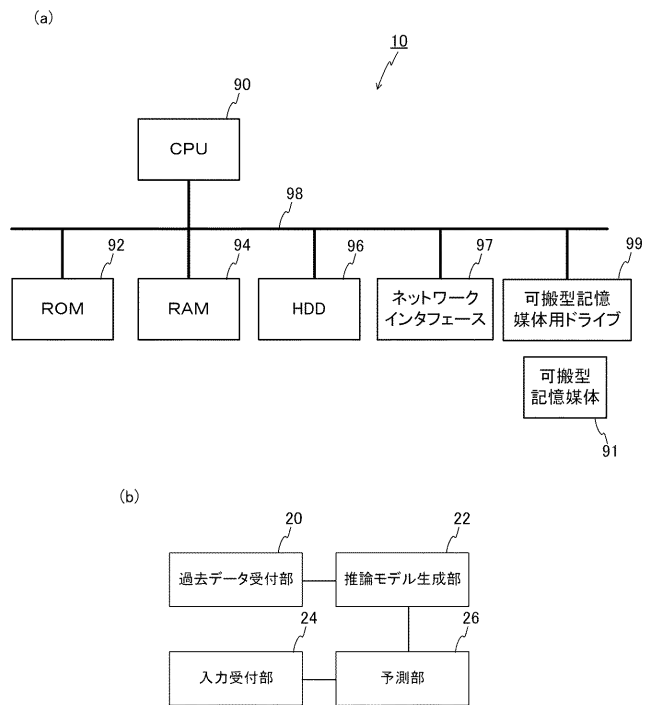
【図14】

遺伝子番号	短縮名	名前	説明	配列番号
Solyc02g071220	SIRRA2	<i>Solanum lycopersicum</i> regulator type A-2	サイトカイニン誘導性遺伝子	1
Solyc06g048930	SIRRA6	<i>Solanum lycopersicum</i> regulator type A-6	サイトカイニン誘導性遺伝子	2
Solyc05g014260	SIRRB11	<i>Solanum lycopersicum</i> regulator type B-11	サイトカイニン抑制性遺伝子	3
Solyc09g064910	SIPT3	<i>Solanum lycopersicum</i> ISOPENTENYLTRANSFERASE 3	サイトカイニン合成遺伝子	4
Solyc08g061130	SIHY5	<i>Solanum lycopersicum</i> HYPOCOTYL 5	胚軸伸長調節転写因子遺伝子	5
Solyc07g043580	SIPIF4/5	<i>Solanum lycopersicum</i> phytochrome interacting factor 4/5	温度・光シグナル伝達遺伝子	6
Solyc02g083480	SIPer	<i>Solanum lycopersicum</i> Peroxydase	細胞壁伸長酵素遺伝子	7
Solyc04g025940	SITPS1	<i>Solanum lycopersicum</i> trehalose-6-phosphate synthase 1	糖工ネルギー関連酵素遺伝子	8
Solyc06g049050	LeEXP2	<i>Solanum lycopersicum</i> Expansin 2	細胞壁伸長酵素遺伝子	9

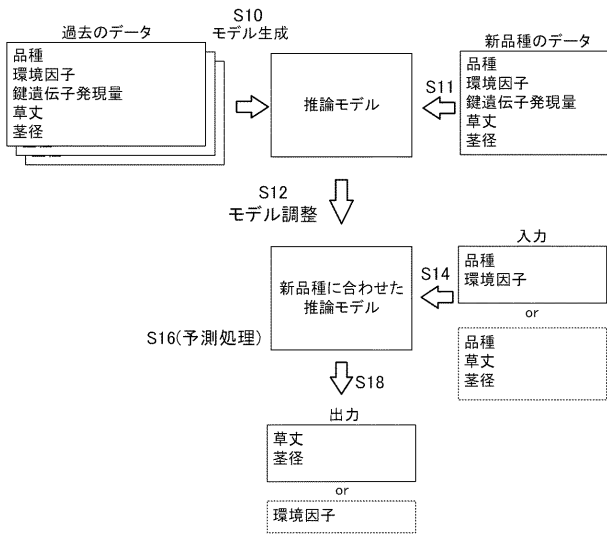
【図15】



【図16】



【 図 1 7 】



【 図 1 8 】

品種 <input type="text"/>		播種日 <input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	PBZ処理 <input type="text" value="μmol"/>		
EC (mS/cm)	<input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	<input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	<input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	<input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	
	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	
	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	
	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	
湿度(%)	<input type="text" value="50"/>	CO2 (ppm)	<input type="text" value="1000"/>	光量 (μmol/m ² /S)	<input type="text" value="300"/>
<input type="text" value="yyyy/mm/dd"/>	時点の	草丈 (mm)	<input type="text" value="12.1"/>	茎径 (mm)	<input type="text" value="3.0"/>
<input type="button" value="送信"/>					

【 配列表 】

2021081919000001.app

フロントページの続き

(72)発明者 磯山 陽介

三重県松阪市嬉野川北町 5 3 0 三重県農業研究所内

(72)発明者 磯崎 真英

三重県松阪市嬉野川北町 5 3 0 三重県農業研究所内

(72)発明者 中園 幹生

愛知県名古屋市千種区不老町 1 番 国立大学法人名古屋大学内

(72)発明者 高 橋 宏和

愛知県名古屋市千種区不老町 1 番 国立大学法人名古屋大学内

(72)発明者 榊原 均

埼玉県和光市広沢 2 番 1 号 国立研究開発法人理化学研究所内

F ターム(参考) 4B063 QA01 QQ04 QQ53 QX01

5L049 CC01