

**BULLETIN  
OF THE  
NATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH CENTER  
FOR TOHOKU REGION**

Tohoku Nogyo Kenkyu Center Kenkyu Hokoku  
No.107, March 2007

**東北農業研究センター  
研究報告**



独立行政法人 農業・食品産業技術総合研究機構

**東北農業研究センター**

岩手県盛岡市

**National Agricultural Research Center  
for Tohoku Region**

National Agriculture and Food Research Organization  
Morioka, Iwate 020-0198, Japan

本誌から転載・複製する場合は当研究  
センターの許可を得てください。

東北農業研究センター研究報告 第107号

所 長 清 野 豁

編集委員会

編集委員長	田 中 規 夫						
編集委員	矢 島 正 晴			須 山 哲 男			
	河 合 章			荒 木 池 俊			
	宮 川 三 郎			小 池 俊 吉			

BULLETIN OF THE  
NATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH CENTER  
FOR TOHOKU REGION

No.107

*Director General*  
Hiroshi SEINO

*Editorial Board*

*Editor*  
Norio TANAKA

*Associate Editors*

Masaharu YAJIMA	Tetsuo SUYAMA
Akira KAWAI	Hitoshi ARAKI
Saburo MIYAGAWA	Toshikichi KOIKE

# 東北農業研究センター研究報告 第107号 (平成19年3月)

## 目 次

### 赤米糯品種「夕やけもち」の育成

山口 誠之・片岡 知守・遠藤 貴司・中込 弘二・滝田 正 横上 晴郁・加藤 浩 .....	1 - 13
--	--------

### 直播適性が高い良食味水稻品種「萌えみのり」の育成

片岡 知守・山口 誠之・遠藤 貴司・中込 弘二・滝田 正 横上 晴郁・加藤 浩 .....	15 - 28
--	---------

### リボキシゲナーゼとグループAアセチルサポニンを欠失した大豆新品種「きぬやか」の育成

加藤 信・湯本 節三・高田 吉丈・河野 雄飛・島田 信二 境 哲文・島田 尚典・高橋 浩司・故足立大山・田渕 公清 菊池 彰夫 .....	29 - 42
---	---------

### ハトムギ新品種「はとゆたか」の育成

加藤 晶子・山守 誠・由比真美子・石田 正彦・千葉 一美 奥山 善直・遠山 知子・田野崎真吾・菅原 侗・遠藤 武男 柴田 悖次 .....	43 - 51
---	---------

### 無エルシン酸・低グルコシノレートナタネ品種「キラリボシ」の特性

石田 正彦・山守 誠・加藤 晶子・由比真美子 .....	53 - 62
------------------------------	---------

### 東北地域における寒冷地向け飼料イネ品種・系統の生育・収量および乾物生産特性

長田 健二・吉永 悟志・寺島 一男・福田あかり .....	63 - 70
-------------------------------	---------

### 東北地方における水稻冷害の早期警戒システムの開発に関する研究

神田 英司 .....	71 - 117
-------------	----------

### Analysis of Genes Expressed in Rice Anthers during the Stage of Maximal Chilling Sensitivity

Tomoya YAMAGUCHI .....	119 - 148
------------------------	-----------

BULLETIN OF THE  
NATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH CENTER  
FOR TOHOKU REGION  
No.107 (March 2007)

CONTENTS

YAMAGUCHI, M., KATAOKA, T., ENDO, T., NAKAGOMI, K., TAKITA, T., YOKOGAMI, N. and KATO, H. :	
Breeding of a New Red Grain Glutinous Rice Cultivar “Yuyakemochi” .....	1 – 13
KATAOKA, T., YAMAGUCHI, M., ENDO, T., NAKAGOMI, K., TAKITA, T., YOKOGAMI, N. and KATO, H. :	
Development of a New Rice Variety “Moeminori” with High Eating Quality and Adaptability to Direct Seeding .....	15 – 28
KATO, S., YUMOTO, S., TAKADA, Y., KONO, Y., SHIMADA, S., SAKAI, T., SHIMADA, H., TAKAHASHI, K., ADACHI, T., TABUCHI, K. and KIKUCHI, A. :	
A New Soybean Cultivar “Kinusayaka” Lacking Three Lipoygenase Isozymes and Group A Acetyl Saponin. ....	29 – 42
KATO, M., YAMAMORI, M., YUI, M., ISHIDA, M., CHIBA, I., OKUYAMA, Y., TOYAMA, T., TANOSAKI, S., SUGAWARA, S., ENDO, T. and SHIBATA, M. :	
A New Job's tear Cultivar “Hatoyutaka” .....	43 – 51
ISHIDA, M., YAMAMORI, M., KATO, M. and YUI, M. :	
A New Double Low Cultivar of Winter Rapeseed, “Kirariboshi” .....	53 – 62
NAGATA, K., YOSHINAGA, S., TARASHIMA, K. and FUKUDA, A. :	
Growth Yield and Dry Matter Production of Rice Varieties for Whole-crop Silage Bred for the Tohoku Region of Japan .....	63 – 70
KANDA, E. :	
Studies on the Development of an Early-warning System to Protect Rice Against Cool Weather Damage in the Tohoku Area .....	71 – 117
YAMAGUCHI, T. :	
Analysis of Genes Expressed in Rice Anthers during the Stage of Maximal Chilling Sensitivity .....	119 – 148

## 赤米糯品種「夕やけもち」の育成

山口 誠之<sup>\*1)</sup>・片岡 知守<sup>\*1)</sup>・遠藤 貴司<sup>\*1)</sup>・中込 弘二<sup>\*1)</sup>  
滝田 正<sup>\*2)</sup>・横上 晴郁<sup>\*3)</sup>・加藤 浩<sup>\*2)</sup>

抄録：「夕やけもち」は東北農業研究センターにおいて、多収の糯品種「たつこもち」と赤米粳系統「羽系586（紅衣）」を交配して、その後代より育成した赤米糯品種である。2006年に“農林糯417号”として命名登録された。

出穂期と成熟期は、育成地（秋田県大仙市）では“早生の晩”に属する。稈長は「たつこもち」より短く、倒伏に強い。ふ先色が紫色で一般品種との識別性がある。耐冷性は“強”、穂発芽性は“中”、いもち病圃場抵抗性は葉いもち、穂いもちとも“やや弱”である。玄米収量は「たつこもち」と同程度である。「たつこもち」の玄米と比較して、食物繊維、ナトリウム、ナイアシン、アントシアニン、タンニン、カテキンの含量が高い。餅の食味は、玄米を用いると色が濃く味が劣るが、搗精米を用いると色合いも良く食味は比較的良好になる。

本品種は赤飯、赤粥、雑穀飯等の着色米飯、赤餅、赤米醸造酒等の加工用への利用が期待される。東北地域中南部の有色米品種導入地域での普及が見込まれる。

キーワード：水稲、赤米、糯、東北中南部、識別性

**Breeding of a New Red Grain Glutinous Rice Cultivar “Yuyakemochi”**: Masayuki YAMAGUCHI<sup>\*1)</sup>, Tomomori KATAOKA<sup>\*1)</sup>, Takashi ENDO<sup>\*1)</sup>, Koji NAKAGOMI<sup>\*1)</sup>, Tadashi TAKITA<sup>\*2)</sup>, Narifumi YOKOGAMI<sup>\*3)</sup> and Hiroshi KATO<sup>\*2)</sup>

**Abstract**: “Yuyakemochi” is a new rice cultivar developed at the National Agricultural Research Center for Tohoku Region, NARO, and was registered as “Norin-mochi 417” by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries (MAFF) of Japan in 2006. This cultivar was selected from the progenies of the combination of Tatsukomochi / Ukei 586 (Benigoromo). The latter parent is a cultivar with a nonglutinous red grain.

“Yuyakemochi” is an early to middle maturing cultivar in the Tohoku region. When compared to “Tatsukomochi”, its culm is shorter and its lodging tolerance is greater. As its apiculus color is purple, “Yuyakemochi” is easily distinguishable from other cultivars. Its cool-weather tolerance during the reproductive stage is high, and its seed dormancy is moderate. Its field resistance to leaf and panicle blasts is slightly weak. Its grain yields are almost the same as those of “Tatsukomochi” while its grains have higher dietary fiber, sodium, niacin, anthocyanidin, tannin, and catechin content than does “Tatsukomochi”. In regard to the eating quality of its rice cake, its color and taste become desirable when the grains are polished.

“Yuyakemochi” can be used for “colored rice” without the need for adzuki beans, rice cake, colored rice wine, or other additives. It is adapted to the middle to south areas of the Tohoku region.

**Key Words**: Rice, Red grain, Glutinous rice, Middle to south areas in the Tohoku region, Distinction

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Daisen, Akita 014-0102, Japan)

\* 2) 現・作物研究所 (National Institute of Crop Science, Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8518, Japan)

\* 3) 現・北海道農業研究センター (National Agricultural Research Center for Hokkaido Region, Sapporo, Hokkaido 062-8555, Japan)

## I 緒 言

近年、有色米（赤米、紫黒米等）の在来種、改良品種が小規模ながら全国各地で栽培され、地域おこしの一環として赤飯、醸造酒、菓子等に活用されている。赤米の中で、東北地域で普及しているものには2002年に東北農業研究センターで育成された赤米粳品種の「紅衣」（山口ら 2005a）があり、飯米用や醸造用として利用されている。一方、有色米を扱う業者からは粳だけではなく、赤飯、赤米餅、菓子等として利用範囲がより広い赤米糯に対する要望が強かった。過去に育成された赤米糯品種の中で、1995年に福岡県農業総合試験場で育成された「つくし赤もち」（松江ら 1998）、2003年に岡山県農業総合センターで育成された「あかおにもち」、2004年に九州沖縄農業研究センターで育成された「紅染めもち」（溝淵ら 2006）は東北地域では熟期が晩生になるため、栽培が難しい。また、2001年に新潟県農業総合研究所で育成された「紅香」（小林 2004）は東北地域で栽培できるが、香り米であるため用途が限られる。そこで東北地域で栽培可能な赤米糯品種の育成を目指し、東北農業研究センターでは2006年に東北地域中南部に適する赤米糯新品種「夕やけもち」を育成した。本報告では本品種の普及及び今後の赤米の品種改良に資するため、育成経過、特性

等を取りまとめた。

本品種の育成に当たり、加工、利用の研究を推進していただいた関係各位、及び特性検定試験、奨励品種決定調査を実施していただいた関係各位に厚くお礼申し上げます。さらに、東北農業研究センター水田利用部業務科（現・研究支援センター業務第4科）各位には育種業務遂行に熱心なご協力をいただいた。これらの方々に厚くお礼申し上げます。

## II 育種目標と育成経過

### 1. 育種目標と来歴

「夕やけもち」は東北地域に適した熟期で、短程で倒伏に強く、赤米粳品種「紅衣」並かそれ以上の収量性をもつ赤米糯品種の育成を目標に、早生で多収の糯品種「たつこもち」（加藤ら 1995）を母と

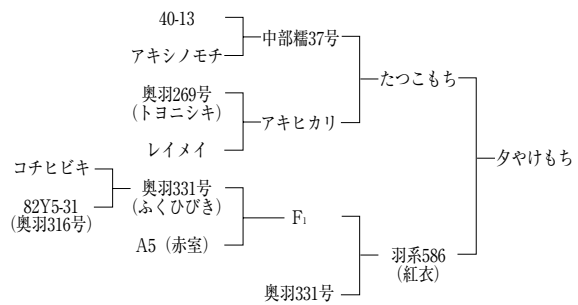


図1 「夕やけもち」の系譜

年次	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	
世代	F1		F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8
選抜経過	交配	個体	雑種集団	系統	羽系682	羽系682	奥羽赤糯388号	奥羽赤糯388号	奥羽赤糯388号
育成系統図				1511		2541			
				⋮		2542	2366	2836	
					2661	2543	2367	2837	3036
	奥交	98YA	99YAB-12	1528	2662	2544	2368	2838	3037
	98-251	F1-1	(450個体)	1529	2663	2545	2369	2839	3038
					2664		2370	2840	3039
				2665				3040	
育成選抜数	養成系統群数			—	6	4	2	1	1
	養成系統数			19	30	20	10	5	5
	選抜系統群数			—	4	2	1	1	1
	選抜系統数			6	4	2	1	5	5
	選抜個体数		19	30	20	10	5	5	5

図2 「夕やけもち」の選抜経過

注. 奥交：交配番号、98YAF1：F1番号、99YAB：雑種集団番号。アンダーラインは「夕やけもち」の選抜系統を示す。

表1 「夕やけもち」の形態的特性（育成地、2005年）

品種名	移植時		稈		芒		ふ先色	穎色	粒着密度	脱粒性	止葉の直立の程度
	苗丈	葉色	細太	剛柔	多少	長短					
夕やけもち	やや長	中	中	中	少	短	紫	黄白	やや密	難	半立
紅衣	やや長	中	中	中	稀	短	白	黄白	中	難	半立
たつこもち	中	中	中	中	少	中	褐	黄白	中	難	半立

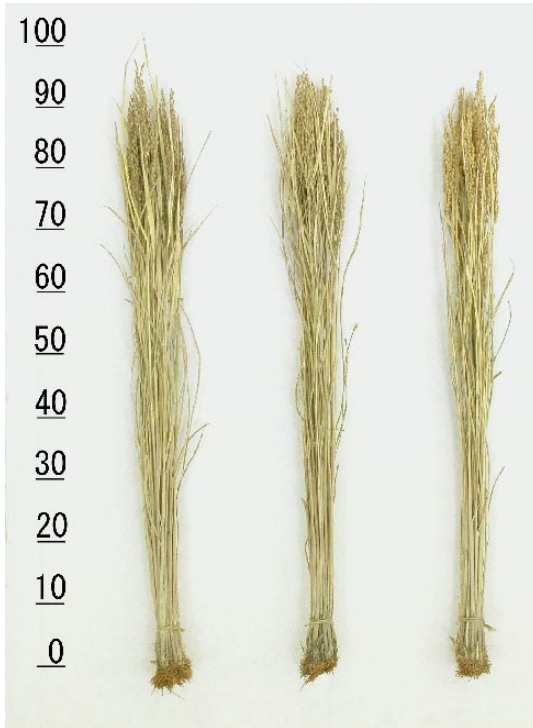


写真1 「夕やけもち」の草姿  
(左から、夕やけもち、紅衣、たつこもち)



写真2 「夕やけもち」の籾及び玄米  
(左から、夕やけもち、紅衣、たつこもち)



写真3 「夕やけもち」の圃場での草姿  
(育成地、2005年9月)  
(ラベルより左：紅衣、右：夕やけもち)



写真4 「夕やけもち」の加工品（試作品）  
(左から切り餅、醸造酒、そば)



し、「羽系586」(後の「紅衣」)を父とする組合せの後代から選抜、固定を図って育成した品種である。本品種の系譜を図1に示した。

## 2. 選抜の経過

図2に「夕やけもち」の選抜経過の概要を示した。1998年に東北農業試験場水田利用部(現・東北農業研究センター大仙研究拠点)において人工交配を行い(奥羽交98-251)、同年冬期にF<sub>1</sub>個体を温室で栽培した。1999年はF<sub>2</sub>集団450個体(99YAB-12)を圃場で養成し、短稈で草姿が良い19個体を選抜した。2000年F<sub>3</sub>世代以降は系統育種法により選抜、固定を図った。2001、2002年に「羽系682」の系統名で生産力検定試験、特性検定試験を行い、2003年のF<sub>6</sub>世代から「奥羽赤糯388号」の系統名で、加工、利用適性を検討するとともに、2004年以降は希望する関係県及び有色米を導入している生産者に配付して地方適応性を検討した。

## 3. 命名登録と命名の由来

本系統は普及見込み等が認められ、2006年に水稲農林糯417号「夕やけもち」として命名登録された(登録年月日:2006年10月4日)。同年には、種苗法

に基づく品種登録の出願を行った(出願の番号:第20116号、出願年月日:2006年8月22日)。2006年度における世代は雑種代9世代である。

本品種は、赤く染まった夕焼けのように美しく輝く糯米であることにちなんで命名された。

## Ⅲ 特 性

### 1. 形態的特性

移植時の苗丈は「紅衣」と同程度の“やや長”で、葉色は“中”程度である。水田における初期生育は良好である。稈の細太、剛柔はともに「紅衣」並の“中”である(表1)。

稈長は「紅衣」並かやや短い“短”、穂長は「紅衣」並かやや長い“やや長”、穂数は「紅衣」並の“やや少”、草型は“穂重型”である(写真1)。成熟期の止葉の直立程度は“半立”で、草姿は良好である(写真3)。ふ先色は“紫”、穎色は“黄白”で、短芒を“少”程度に生ずる。粒着密度は「紅衣」より密で“やや密”である。脱粒性は“難”である(表1、表2)。

表2 「夕やけもち」の生育特性(育成地)

品種名	出穂期 (月,日)	成熟期 (月,日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m <sup>2</sup> )	倒伏 (0-5)	穂いもち (0-5)
夕やけもち	8.2	9.10	65	20.3	318	0.1	0.1
紅衣	7.29	9.6	68	19.8	311	0.1	0.5
たつこもち	7.30	9.8	69	19.0	324	1.0	0.4
紅香	7.31	9.15	74	19.9	335	1.0	0.3

注. 数値は2002~2005年の平均。ただし、「紅香」は2004、2005年の平均。

倒伏:0(倒伏無)~5(完全倒伏)。穂いもち:0(発病無)~5(発病極多)。

平均の播種日は4月26日、移植日は5月21日、基肥はN成分0.7kg/a、追肥はN成分0.2kg/a、栽植密度は30cm×15cmに3本植、他の条件は慣行栽培に順ずる。

表3 「夕やけもち」の収量及び外観品質(育成地)

品種名	全重 (kg/a)	精玄米重 (kg/a)	同左比率 (%)	屑米重 (kg/a)	玄米千粒重 (g)	玄米外観品質		
						色	光沢 (2-8)	総合 (1-9)
夕やけもち	122	52.7	102	1.6	23.7	赤褐	4.4	4.1
紅衣	120	51.8	100	3.1	24.4	赤褐	4.1	4.3
たつこもち	119	51.0	99	1.0	23.6	白	4.5	4.4
紅香	122	49.6	96	0.7	21.0	赤褐	4.5	3.8

注. 数値は2002~2005年の平均。ただし、「紅香」は2004、2005年の平均。

同左比率(%)は同年次の紅衣の精玄米重を100としたときの比率。

光沢:2(極大)~8(極小)、総合:1(上上)~9(下下)。耕種概要は、表2と同じ。

表4 「夕やけもち」のいもち病真性抵抗性遺伝子型 (育成地、2005年)

接種菌株名 (レース番号)	稲86-137 (007.0)	TH68-126 (033.1)	TH68-140 (035.1)	研60-19 (037.1)	真性抵抗性 遺伝子型
夕やけもち	S	S	S	S	+
新2号	S	S	S	S	+
愛知旭	S	S	R	S	<i>Pia</i>
石狩白毛	S	R	S	S	<i>Pii</i>
関東51号	R	S	S	S	<i>Pik</i>
ツアアケ	R	S	S	S	<i>Pik-m</i>
フクニシキ	R	R	R	R	<i>Piz</i>
ヤシロモチ	R	R	R	R	<i>Pita</i>
P i No.4	R	R	R	R	<i>Pita-2</i>
とりで1号	R	R	R	R	<i>Piz-t</i>
B L 1	R	R	R	R	<i>Pib</i>
K59	R	R	R	R	<i>Pib</i>

注. 噴霧接種による。R：抵抗性反応、S：罹病性反応を示す。

表5 「夕やけもち」の葉いもち圃場抵抗性

品種名	真性 抵抗性	育成地 5年平均	愛知山間 4年平均	青森藤坂 3年平均	判 定
夕やけもち	+	5.0	8.1	6.5	やや弱
こころまち	+	3.6	-	-	(強)
スノーパール	+	4.7	7.5	5.1	(中)
陸奥光	+	5.5	8.1	6.0	(弱)
トヨニシキ	<i>Pia</i>	3.7	-	-	(やや強)
キヨニシキ	<i>Pia</i>	4.1	-	-	(やや強)
ササニシキ	<i>Pia</i>	4.7	-	-	(やや弱)
紅 衣	+	4.2	-	-	中
たつこもち	<i>Pia</i>	3.9	-	-	やや強

注. 数値は畑晩播検定の葉いもち発病程度:0(無発病)~10(全茎葉枯死)。愛知山間:愛知県農業総合試験場山間農業研究所、青森藤坂:青森県農林総合研究センター藤坂稲作研究部。育成地の5年平均は2001~2005年の平均、愛知山間の4年平均は2002~2005年の平均、青森藤坂の3年平均は2003~2005年の平均。( )は基準品種の評価。

表6 「夕やけもち」の穂いもち圃場抵抗性

品種名	真性 抵抗性	育成地	秋田	福島相馬	愛知山間	山形庄内	茨城生工	判 定
		5年平均	4年平均	3年平均	3年平均	3年平均	2003年	
夕やけもち	+	4.1	6.8	3.4	5.8	5.8	7.5	やや弱
こころまち	+	2.4	5.4	2.8	-	4.8	-	(強)
ササミノリ	+	-	7.1	3.9	-	5.8	-	(やや強)
ハツニシキ	+	-	7.7	5.3	-	6.1	-	(中)
農林1号	+	-	-	-	8.2	-	-	(やや弱)
ふ系94号	<i>Pia</i>	5.1	-	-	-	-	-	(弱)
紅 衣	+	3.0	-	-	-	-	-	やや強
ひとめぼれ	<i>Pia</i>	-	-	-	-	-	6.8	(中)

注. 数値は検定圃場の自然感染による穂いもち発病程度:0(無発病)~10(全穂罹病)。

秋田:秋田県農業試験場、福島相馬:福島県農業試験場相馬支場、愛知山間:愛知県農業総合試験場山間農業研究所、山形庄内:山形県立農業総合研究センター農業生産技術試験場庄内支場、茨城生工:茨城県生物工学研究所。育成地の5年平均は2001~2005年の平均、秋田の4年平均は2002~2005年の平均、福島相馬、愛知山間、山形庄内の3年平均はそれぞれ2003~2005年の平均。( )は基準品種の評価。

表7 「夕やけもち」の白葉枯病抵抗性

(山形県立農業総合研究センター農業生産技術試験場庄内支場)

品種名	病斑長(cm)	判 定
夕やけもち	7.4	やや弱
中新120号	1.9	強
庄内8号	6.3	やや強
フジミノリ	6.4	中
ササニシキ	7.0	やや弱
ヒメノモチ	12.7	弱

注. 10cfu/mlの菌濃度に調整した浮遊液を剪葉接種し、接種26日後に止葉の罹病程度(剪葉部からの最大病斑長(cm))を測定。数値は2003、2005年の平均。接種菌:2003年はT-7417(第II菌群)及びT-7133(第III菌群)、2005年はMAFF311019(第II菌群)及びMAFF311020(第III菌群)。

表8 「夕やけもち」の縞葉枯病抵抗性

(岐阜県農業技術研究所)

品種名	罹病株率(%)	判 定
夕やけもち	11.7	罹病性
あさひの夢	0.0	抵抗性
日本晴	22.9	罹病性
ハツシモ	48.9	罹病性

注. 罹病株率:罹病株数/植え付け株数×100。数値は2003~2005年の平均。

## 2. 生態的特性

育成地において、出穂期は「紅衣」、「たつこもち」より3～4日程度遅い“早生の晩”であり、成熟期は「紅衣」より4日程度、「たつこもち」より2日程度遅い“早生の晩”である。耐倒伏性は「たつこもち」より強く「紅衣」と同程度の“強”である(表2)。全重は「紅衣」、「たつこもち」並の“中”

表9 「夕やけもち」の穂発芽性 (育成地)

品種名	穂発芽程度 (0-10)	判定
夕やけもち	4.0	中
アキヒカリ	7.1	やや易
あきたこまち	1.8	やや難
ゆめあかり	3.8	やや難
紅衣	2.3	やや難
たつこもち	4.3	中

注. 採取穂を30℃温室に静置、6日後に発芽率を達観調査。  
穂発芽程度：0(極難)～10(極易)。数値は2002～2005年の平均。

で、玄米収量(精玄米重)は「紅衣」、「たつこもち」並かやや多い“やや多”である。玄米千粒重は「紅衣」より軽く「たつこもち」と同程度で、粒重は“中”である(表3)。

4種類のレースのいもち病菌株を用いて、いもち病真性抵抗性遺伝子型の検定を常法により行ったところ、真性抵抗性遺伝子型は“+”と推定された(表4)。いもち病圃場抵抗性は、育成地及び依頼試験地の検定結果から、葉いもち圃場抵抗性、穂いもち圃場抵抗性とも“やや弱”(表5、表6)であると判定された。白葉枯病抵抗性は、剪葉接種法による結果から“やや弱”(表7)、縞葉枯病は、常発地での自然感染による検定結果から“罹病性”(表8)、穂発芽性は、常法による検定結果から“中”であった(表9)。障害型耐冷性は、育成地及び依頼試験地の結果から「イブキワセ」と同程度の“強”と判定された(表10)。

表10 「夕やけもち」の障害型耐冷性

品種名	育成地		青森藤坂		福島冷害		宮城古川		判定
	出穂期 (月.日)	稔実 (%)	出穂期 (月.日)	不稔 (%)	出穂期 (月.日)	不稔 (%)	出穂期 (月.日)	不稔 (%)	
	4年平均		4年平均		3年平均		3年平均		
夕やけもち	8.17	46	8.22	63	8.17	67	8.15	50	強
レイメイ	8.13	13	8.13	66	-	-	-	-	(中)
ムツホナミ	8.13	6	8.15	84	-	-	-	-	(やや弱)
イブキワセ	8.18	29	-	-	-	-	8.9	47	(強)
ヒメノモチ	8.15	17	-	-	-	-	8.7	64	(中)
あきたこまち	-	-	-	-	8.15	89	-	-	中
はたじるし	-	-	-	-	8.15	71	-	-	極強
ササミノリ	-	-	-	-	-	-	8.9	70	(やや弱)
紅衣	8.9	18	-	-	-	-	-	-	中
たつこもち	8.13	12	-	-	-	-	-	-	中

注. 青森藤坂：青森県農林総合研究センター藤坂稲作研究部、福島冷害：福島県農業試験場冷害試験地、宮城古川：宮城県古川農業試験場。福島冷害は冷水掛け流し、他は恒温深水法による穂ばらみ期耐冷性の検定。育成地、青森藤坂の4年平均はそれぞれ2002～2005年の平均、福島冷害、宮城古川の3年平均はそれぞれ2003～2005年の平均。  
( )は基準品種の評価。

表11 「夕やけもち」玄米の形状 (育成地、2005年)

品種名	長さ (mm)	幅 (mm)	厚さ (mm)	長さ/幅	長さ×幅	判定	
						粒形	粒大
夕やけもち	5.17	2.91	2.12	1.78	15.03	中	やや小
紅衣	5.32	3.01	2.11	1.77	16.03	中	中
たつこもち	5.19	3.00	2.27	1.73	15.61	中	やや小

注. 1.8mmの篩を通した玄米30粒を調査(2反復)。

### 3. 品質・食味・加工特性

玄米の粒形は「紅衣」並の“中”で、粒大は「紅衣」よりやや小さく“やや小”である（表11、写真2）。粒厚は「紅衣」、「たつこもち」より薄い粒が多く分布する（表12）。

玄米の糠層は初黄化直後は薄い褐色であるが、成熟が進むにつれて濃い赤褐色を呈する。完全に搗精すると糠層が取れて白米になる。「紅衣」は親の「赤室」由来の色元素遺伝子Rc、分布遺伝子Rdをもつと考えられる（山口ら 2005a）ため、「夕やけもち」もRc、Rdをもつと思われる。

玄米品質は、光沢が「紅衣」並で、赤米としての品質（総合）は「紅衣」と同程度の“中中”である（表3）。適搗精時までに要する時間は「紅衣」、「たつこもち」より長かった。適搗精時における搗精歩合は「紅衣」並、白度は「たつこもち」より低い。胚芽残存歩合、碎米歩合は「紅衣」並であった（表13）。

精米のタンパク質含量は「紅衣」よりやや低かった（表14）。玄米成分は「たつこもち」の玄米と比較して、2005年育成地産で食物繊維を1.2倍、ナトリウムを1.4倍、ビタミンE及びナイアシンを1.3倍、タンニンを3.2倍多く含み、「たつこもち」では検出されないアントシアニン及びカテキンも含んでいた（表15）。

炊飯米の食味は、単品では95%搗精で「あきたこまち」よりも粘りが強く、良好であった。糯米として“おこわ”にした場合には、95%搗精で「ヒメノモチ」よりもやや粘りが弱く、硬くなった（表16）。混米の食味は、玄米では「あきたこまち」と混ぜても混合割合に係わらず食味が劣ったが、95~98%搗精すると「あきたこまち」、「ふくひびき」のどちらと混ぜても良好な食味となった。混合割合は50%では色が濃く、30%程度が適当であった（表17）。

餅への加工特性として、1日冷蔵した餅の曲がり具合による餅の硬化特性（山本ら 1996）は「たつ

表12 「夕やけもち」玄米の粒厚分布  
(育成地、2005年)

品種名	1.8mm以下	1.9	2.0	2.1	2.2mm以上	合計
夕やけもち	1.2	3.3	21.6	51.1	22.8	100.0
紅衣	2.1	4.1	9.5	26.6	57.8	100.0
たつこもち	0.8	2.0	7.9	26.3	63.0	100.0

注. 数値は重量比%、1.8mmの篩を通した玄米200gを縦目篩い(2反復)。

表14 「夕やけもち」精米のタンパク質含量、アミロース含量  
(食品総合研究所穀類特性研究室)

品種名	タンパク質含量(%)	アミロース含量(%)
夕やけもち	5.9	0.0
紅衣	6.2	19.6

注. 材料は育成地産。数値は2004、2005年の平均。タンパク質含量、アミロース含量は無水物の値。

表13 「夕やけもち」の搗精特性 (育成地、2005年)

品種名	玄米水分(%)	調査項目	搗精時間(秒)				
			130	150	170	190	210
夕やけもち	14.9	搗精歩合(%)	—	88.3	86.7	86.0*	85.2
		白度	—	35.8	40.8	43.1*	43.7
		胚芽残存歩合(%)	—	4.7	4.7	0.0*	0.3
		碎米歩合(%)	—	11.7	13.6	17.8*	18.9
紅衣	15.1	搗精歩合(%)	—	86.5*	84.9	84.1	—
		白度	—	28.7*	31.6	34.2	—
		胚芽残存歩合(%)	—	0.0*	0.0	0.0	—
		碎米歩合(%)	—	18.1*	19.7	23.9	—
たつこもち	14.4	搗精歩合(%)	91.6	90.0	89.4*	—	—
		白度	51.0	53.2	56.0*	—	—
		胚芽残存歩合(%)	24.7	19.3	16.3*	—	—
		碎米歩合(%)	5.3	6.3	6.9*	—	—

注. サタケ家庭用精米機 (SKM-5A) を使用。

供試玄米は2005年度産、標肥条件、1回あたり粒厚1.8mm以上の玄米各340gを供試。

白度の測定はKettC-300を使用(2反復)。

胚芽残存歩合は各300粒、碎米歩合は各10gについて調査し、重量比(%)を示した。

\*は適搗精(糠層がほぼ剥離され、原型をとどめる胚がほとんどない状態)時の搗精歩合を示す。

表15 「夕やけもち」玄米の成分含量 (日本食品分析センター)

分析項目	夕やけもち		紅衣	朝紫	あきたこまち	たつこもち
	2004年	2005年	2005年	2005年	2005年	2005年
水分 (g)	15.0 (107)	14.4 (103)	14.3 (102)	14.4 (103)	14.1 (101)	14.0
タンパク質 (g)	6.4 ( 97)	6.7 (102)	7.0 (106)	6.4 ( 97)	6.5 ( 98)	6.6
脂質 (g)	2.9 ( 88)	3.4 (103)	3.2 ( 97)	3.5 (106)	3.3 (100)	3.3
灰分 (g)	1.3 (100)	1.3 (100)	1.3 (100)	1.3 (100)	1.3 (100)	1.3
糖質 (g)	70.7 ( 99)	70.4 ( 98)	70.9 ( 99)	70.5 ( 98)	71.9 (100)	71.6
食物繊維 (g)	3.7 (116)	3.8 (119)	3.3 (103)	3.9 (122)	2.9 ( 91)	3.2
ナトリウム (mg)	3.8 (380)	1.4 (140)	1.6 (160)	1.2 (120)	1.0 (100)	1.0
鉄 (mg)	0.89( 76)	0.92( 79)	0.94( 80)	1.14( 97)	0.96( 82)	1.17
カルシウム (mg)	10.9 (117)	8.6 ( 92)	7.2 ( 77)	11.9 (128)	8.1 ( 87)	9.3
マグネシウム (mg)	104 ( 85)	114 ( 93)	113 ( 92)	118 ( 96)	119 ( 97)	123
亜鉛 (mg)	1.53( 69)	1.81( 82)	2.06( 93)	1.71( 77)	2.35(106)	2.22
ビタミンB1 (mg)	0.37( 80)	0.43( 93)	0.45( 98)	0.39( 85)	0.48(104)	0.46
ビタミンB2 (mg)	0.05(125)	0.04(100)	0.04(100)	0.08(200)	0.04(100)	0.04
ビタミンE (mg)	1.7 (100)	2.2 (129)	2.3 (135)	2.0 (118)	1.9 (112)	1.7
ナイアシン (mg)	5.40(108)	6.37(128)	6.12(123)	5.95(119)	5.59(112)	4.99
アントシアニジン (g)	0.05	0.06	0.06	0.20	検出せず	検出せず
タンニン (g)	0.18(300)	0.19(317)	0.34(567)	0.29(483)	0.05( 83)	0.06
カテキン (mg)	1.5	1.1	1.3	検出せず	検出せず	検出せず

注. 材料は育成地産。数値は玄米100g中の含量。「朝紫」は紫黒糯米品種。

( ) は「たつこもち」玄米の値を100としたときの各分析項目の比率。

アントシアニジンはデルフィニジンとしての値。タンニンはタンニン酸としての値。検出限界は、アントシアニジン：0.01g/100g、カテキン：0.5mg/100g。

表16 「夕やけもち」炊飯米(単品)の食味(育成地)

生産年次	品種名	搗精歩合(%)	色	粘り(-3~3)	硬さ(-3~3)	総合(-3~3)	年.月.日 パネル数
2003	夕やけもち(95%搗精)	95.1	やや濃	1.43	-	0.43	2004.3.24
	あきたこまち(基準) (加水量:重量比1.35倍)	87.4	-	0	-	0	7名
2003	夕やけもち(95%搗精)	95.0	中	-0.43	-0.43	-0.43	2004.3.23
	朝紫(95%搗精)	94.7	中	-1.14	-0.43	-0.71	7名
	ヒメノモチ(基準) (加水量:重量比1.10倍、おこわ)	90.7	-	0	0	0	

注. 精米量：約400g。

色は絶対評価：淡～中(適当)～濃。色以外は官能値：-3(基準より劣)～0(基準と同)～3(基準より優)の7段階評価の平均値。

こもち」よりも高く、85%搗精よりも96%搗精の方がやや高かった(表18)。餅の食味は、玄米では色が濃く味が劣り、総合でも劣ったが、95~98%搗精すると食味は比較的良好になった。85%搗精した餅の食味は、「たつこもち」と同程度の「中上」であった(表19)。

また、岩手県の磐乃井酒造株式会社で2005年に試作した醸造酒(写真4)は、日本酒度がマイナスの甘口であった(表20)。関係者によると、「夕やけも

表18 「夕やけもち」の餅の硬化性(育成地)

品種名	a (mm)	b (mm)	b/a
夕やけもち(96%搗精)	104.5	55.0	0.53
夕やけもち(85%搗精)	87.5	52.5	0.60
たつこもち	56.5	83.5	1.48

注. 2006年1月18日実施。餅は2005年12月27日製造したものを再軟化して使用。

a：下垂高、b：支持中心から餅端の距離。  
長さ27cm、厚さ15mm、幅40mm。

表17 「夕やけもち」炊飯米(混米)の食味(育成地)

生産年次	品種名	色	粘り (-3~3)	硬さ (-3~3)	総合 (-3~3)	年.月.日 パネル数
2002	夕やけ(95%搗精)30%+こまち70%	やや濃	0.00	-	-0.25	2003.2.17
	夕やけ(95%搗精)10%+こまち90%	やや淡	-0.12	-	-0.37	8名
	紅衣(95%搗精)30%+こまち70%	中	-0.87	-	-1.25	
	紅衣(95%搗精)10%+こまち90%	淡	-0.25	-	-0.37	
	キヨニシキ	-	-0.87	-	-0.87	
	あきたこまち(基準)	-	0	-	0	
2003	夕やけ(95%搗精)50%+ふくひ50%	やや濃	0.43	-	0.14	2004.3.24
	夕やけ(95%搗精)30%+ふくひ70%	やや淡~中	-0.14	-	-0.14	7名
	あきたこまち(基準)	-	0	-	0	
2004	夕やけ(98%搗精)20%+こまち80%	やや淡~中	-0.56	-0.67	-0.44	2005.2.28
	夕やけ(96%搗精)30%+こまち70%	中	0.11	-0.11	0.22	9名
	紅衣(97%搗精)30%+こまち70%	中	-0.89*	-0.44	-0.89*	
	あきたこまち	-	0.22	0.56	0.67	
	紅衣(97%搗精)30%+シルキ70%(基準)	中	0	0	0	
2005	夕やけ(玄米)70%+こまち30%	濃	-2.23**	-2.38**	-2.31**	2006.1.5
	夕やけ(玄米)50%+こまち50%	やや濃	-1.46**	-1.92**	-1.54**	13名
	夕やけ(玄米)20%+こまち80%	やや淡	-1.00**	-0.92*	-1.15**	
	夕やけ(98%搗精)50%+こまち50%	やや濃	-0.08	-0.62	-0.38	
	夕やけ(98%搗精)30%+こまち70%	中	-0.23	-0.15	-0.08	
	あきたこまち(基準)	-	0	0	0	

注. 精米量:約400g。加水量:重量比1.35倍。

夕やけ:夕やけもち、こまち:あきたこまち、ふくひ:ふくひびき、シルキ:シルキーパール(低アミロース米)。

色は絶対評価:淡~中(適当)~濃。色以外は官能値:-3(基準より劣)~0(基準と同)~3(基準より優)の7段階評価の平均値。\*、\*\*:それぞれ5%、1%水準で有意差あり。

表19 「夕やけもち」餅の食味(育成地)

生産年次	品種名	搗精歩合(%)	色	粘り (-3~3)	硬さ (-3~3)	総合 (-3~3)	年.月.日 パネル数
2004	夕やけもち(玄米)	100.0	濃	-0.75	-0.88	-1.25	2005.3.1
	夕やけもち(98%搗精)	98.1	やや濃	-0.38	0.00	-0.50	8名
	夕やけもち(97%搗精)	96.7	中~やや濃	-0.25	0.25	0.25	
	ヒメノモチ(基準)	87.4	-	0	0	0	
2005	夕やけもち(96%搗精)	95.9	やや濃	-0.46	-0.77	-0.77*	2005.12.27
	夕やけもち(85%搗精)	85.3	やや淡~中	0.08	0.15	0.08	13名
	たつこもち(基準)	89.5	-	0	0	0	

注. 精米量:約700g。

色は絶対評価:淡~中(適当)~濃。色以外は官能値:-3(基準より劣)~0(基準と同)~3(基準より優)の7段階評価の平均値。\*:5%水準で有意差あり。

表20 「夕やけもち」醸造酒の醸造結果  
(岩手県磐乃井酒造株式会社、2005年)

区分	数量 (リットル)	アルコール分 (度)	純アルコール 数量(リットル)	酸度	日本酒度
使用前ろみ	187	17.0	31.79	1.9	-4
製造種類	162	17.0	27.54	1.9	-4

注. 原料:精米86.3kg(2004年産)、水115リットル。

表21 「夕やけもち」醸造酒の評価(育成地)

項目	良い (甘い、おいしい)	普通	悪い (からい、まずい)	年.月.日 パネル数
色	33	1	0	2005.11.2
甘さ	13	16	5	34名
味	16	14	4	

注. 醸造酒の色、甘さ、味について、良い(甘い、おいしい)~普通~悪い(からい、まずい)の3段階で評価。

表22 「夕やけもち」配付先における有望度と収量比

県名	場所名	有望度及び収量比(%)		対照品種名
		2004	2005	
山形	中山間	△103	—	ヒメノモチ
山梨	総農セ	△ 81	△普通79、早期75、晩植82	ひとめぼれ
山梨	岳麓	—	△104	ひとめぼれ
佐賀	三瀬	△ 92	△107	ヒデコモチ
鹿児島	熊毛	—	×102	コシヒカリ

注. 山形・中山間：山形県農業技術研修センター中山間地農業研究部（廃止）、山梨・総農セ：山梨県総合農業技術センター、山梨・岳麓：山梨県総合農業技術センター岳麓試験地、佐賀・三瀬：佐賀県農業試験研究センター三瀬分場、鹿児島・熊毛：鹿児島県農業開発総合センター熊毛市場。

有望度は、△：再検討、×：打ち切り。収量比は、各場所の対象品種に対する収量比。

表23 「夕やけもち」の育成従事者と従事期間

年次	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	従事 月数	現在の所属
世代	交配 F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9		
(室長)											
山口誠之				⑩	—————				③	54	現在員
滝田 正	④	—————		⑨						42	作物研
(室員)											
片岡知守	④	—————							③	96	現在員
遠藤貴司						⑩	—————		③	30	現在員
中込弘二					⑧	—————			③	44	現在員
横上晴郁	④	—————					⑨			66	北農研
加藤 浩			②	—————	⑨					20	作物研
山口誠之	④	—————	⑧							17	(現在員)

注. 〇の数字はその年次における月の始まり、または終わりを示す。

作物研：作物研究所、北農研：北海道農業研究センター。

ち」の醸造酒は、梗品種「紅衣」の醸造酒よりも甘口に仕上がるということであった。試作した醸造酒の評価は、色は良く、甘さは“甘い～普通”が多く、味は“おいしい～普通”が多かった(表21)。

#### IV 適地及び栽培上の留意点

##### 1. 配付先における試作結果

配付先における有望度と対象品種に対する収量比を表22に示した。赤米糯という特殊な米であるため、2006年現在まで奨励品種として採用されていない。このうち、山梨(2004年、2005年)は一般品種「ひとめぼれ」対照で収量をみているため、収量比が低かったと考えられた。

##### 2. 栽培適地

東北地域中南部で“早生の晩”の熟期で、耐冷性

に強いことから、東北地域中部以南に適する。

##### 3. 普及利用上の留意点

- 1) 一般品種への混入を防ぐため、播種、移植時に種子や苗が混入しないように注意するとともに、収穫時、脱穀調整時にも専用機械を用いる等の対策が必要である。また、花粉が飛散して一般品種に交雑すると、交雑当代は赤米にはならないが、翌世代では赤米が発生する(山口ら 2005b)ので、出穂期に近い一般品種の周辺では注意が必要である。
- 2) 葉いもち抵抗性、穂いもち抵抗性がともに“やや弱”なので、いもち病常発地帯での栽培は避け、適正施肥、適期防除に努める。

#### V 育成従事者

育成従事者及びその期間は表23のとおりである。

## Ⅵ 考 察

### 1. 期待される効果

有色米は当初は珍しさが先行していたものの、最近では地域おこしの材料として使われたり、様々な機能性成分を多く含むことが明らかになるとともにマスコミで取り上げられたりすることが増え、関心は全国的に高まっている（山口 2005）。

「夕やけもち」は東北地域中部及びそれ以南で栽培ができる赤米品種である。短強稈で耐冷性が強く、一般糯品種と同程度の収量がある。赤飯、おこわ、餅として利用可能なほか、醸造酒の原料にもなる。玄米には一般糯と比較して食物繊維、アントシアニン、カテキン等が多く含まれ、抗酸化活性は「紅衣」と同程度に高い（木村ら 2006）。本品種が東北地域を中心に、一般米とは異なる新たな需要を生み出す品種として利用されることが期待できる。

### 2. 残された問題点

有色米の栽培が増えるにつれて、各地で一般米に有色米が混入する問題が起きている（山口 2005）。「夕やけもち」はふ先色が紫色で、出穂期以降であれば一般品種と識別でき異株の除去が可能である。栽培にあたっては、播種、移植時に種子や苗が混入しないように注意するとともに、収穫時、脱穀調製時にも専用機械を用いる等の対策が必要である。また、出穂期に近い一般品種の周辺では、自然交雑の可能性があるので注意が必要である。

今後育成される有色米品種には、一般品種との識別性を付与させることはもちろん、花粉が飛散しにくい等の自然交雑が起りにくい特性を付与させることが重要である。

また、抗酸化活性等の機能性を強化した有色米品種の育成も重要な育種目標となるであろう。

## 引用文献

- 1) 加藤武光, 畠山俊彦, 眞崎 聡, 斎藤正一, 福田謙四郎, 小野 允, 島田孝之助, 田口光雄, 山本寅雄. 1995. 水稻新品種『きぬのはだ』『たつこもち』の育成. 秋田農試研報 36:23-48.
- 2) 木村俊之, 山口誠之, 鈴木雅博, 山岸賢治, 老田茂. 2006. 平成17年度産米の米ぬか部が有する抗酸化性の品種間比較. 東北農業研究 59:255-256.
- 3) 小林和幸. 2004. 新潟県で育成した新形質米品種とその普及状況. 育種学研究 6:215-224.
- 4) 松江勇次, 浜地勇次, 尾形武文, 西山 壽, 原田皓二, 住吉 強, 今林惣一郎, 吉野 稔. 1998. 水稻新品種‘つくし赤もち’の育成. 福岡農総試研報 17:9-14.
- 5) 溝淵律子, 岡本正弘, 梶 亮太, 田村克徳, 富松高治, 深浦壮一, 八木忠之, 西村実, 山下浩. 2006. 水稻新品種「紅染めもち」の育成. 九州沖縄農研報告 46:15-38.
- 6) 山口誠之. 2005. 利用が広がる有色米の新品種. 農産物検査とくほん 157:62-65.
- 7) 山口誠之, 横上晴郁, 片岡知守, 滝田正, 東正昭, 加藤浩, 田村泰章, 小綿寿志. 2005a. 赤米糯品種「紅衣」の育成. 東北農研研報 103:13-26.
- 8) 山口誠之, 橘 雅明, 内野彰. 2005b. 有色米品種における交雑粒の玄米色および漏生種子の発芽. 日作東北支部報 48:11-12.
- 9) 山本隆一, 堀末 登, 池田良一. 1996. イネ育種マニュアル. 養賢堂. p.70-73.



付表1 稲種苗特性分類一覧

形質 番号	形質	夕やけもち		紅衣		たつこもち	
		階級	区分	階級	区分	階級	区分
<b>【特性グループ1】</b>							
1	葉：アントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
2	葉：アントシアニン色の分布	-		-		-	
3	葉：葉耳のアントシアニン色	1	無	1	無	1	無
4	止葉：葉身の姿勢（初期観察）	3	半立	3	半立	3	半立
5	止葉：葉身の姿勢（後期観察）	3	半立	3	半立	3	半立
6	出穂期（50%出穂）	3	早生	2	極早生～早生	2	極早生～早生
7	外穎：頂部のアントシアニン着色（初期観察）	7	強	1	無又は極短	5	中
8	程：長さ（穂を除く、浮稲を除く）	3	短	3	短	3	短
9	程：節のアントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
10	穂：主軸の長さ	6	中～長	6	中～長	5	中
11	穂：穂数	4	少～中	4	少～中	5	中
12	穂：芒の分布	5	全体	3	上半分のみ	5	全体
13	小穂：外穎の毛茸の多少	5	中	5	中	5	中
14	小穂：外穎先端の色（ふ先色）	5	紫	1	白	3	褐
15	穂：主軸の湾曲程度	5	垂れる	5	垂れる	5	垂れる
16	穂：穂型	2	紡錘型	2	紡錘型	2	紡錘型
17	成熟期	3	早生	2	極早生～早生	2	極早生～早生
18	穎色	1	黄白	1	黄白	1	黄白
19	穎色：模様	1	無	1	無	1	無
20	外穎：頂部のアントシアニン着色	7	濃	1	無又は極短	5	中
21	護穎：長さ	5	中	5	中	5	中
22	護穎：色	4	紫	1	黄白	1	黄白
23	糊：1000粒重（成熟）	5	中	6	中～大	5	中
24	糊：糊のフェノール反応	1	無	1	無	1	無
26	玄米：長さ	5	中	5	中	5	中
27	玄米：幅	5	中	5	中	5	中
28	玄米：形（側面から見て）	2	半円	2	半円	2	半円
29	玄米：色	6	赤	3	褐斑	1	白
30	玄米：香り	1	無又は極弱	1	無又は極弱	1	無又は極弱
<b>【特性グループ2】</b>							
31	鞘葉：アントシアニンの着色	1	無色又は極少	1	無色又は極少	1	無色又は極少
32	根出葉：鞘葉の色	1	緑	1	緑	1	緑
33	葉：緑色の程度	5	中	5	中	5	中
34	葉鞘：アントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
35	葉鞘：アントシアニン着色の程度	-		-		-	
36	葉身：表面の毛茸	5	中	5	中	5	中
37	葉：襟のアントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
38	葉：葉舌の形	2	鋭形	2	鋭形	2	鋭形
39	葉：葉舌の色	1	無色	1	無色	1	無色
40	葉：葉身の長さ	5	中	5	中	5	中
41	葉：葉身の幅	5	中	5	中	5	中
42	程：形状	3	半立	3	半立	3	半立
44	雄性不稔	1	無	1	無	1	無
45	外穎：キール（竜骨）のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
46	外穎：頂部下のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
47	小穂：柱頭の色	1	白	1	白	1	白
48	程：太さ	5	中	5	中	5	中
49	程：節のアントシアニン着色の程度	-		-		-	
50	程：節間のアントシアニン着色の程度	1	無	1	無	1	無
51	穂：芒	9	有	9	有	9	有
52	穂：芒の色（初期観察）	8	紫	1	黄白	3	褐
53	穂：最長芒の長さ	3	短	3	短	5	中
54	穂：芒の色（後期観察）	8	紫	1	黄白	3	褐
55	穂：2次枝梗の有無	9	有	9	有	9	有
56	穂：2次枝梗の型	2	2型	2	2型	2	2型
57	穂：抽出度	7	概ね抽出	7	概ね抽出	7	概ね抽出
58	葉：老化（枯れ上がり）	7	晩	7	晩	7	晩
59	外穎：キール（竜骨）のアントシアニン着色	3	淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
60	外穎：頂部下のアントシアニン着色	5	中	1	無又は極淡	1	無又は極淡
61	糊：長さ	5	中	5	中	5	中
62	糊：幅	5	中	5	中	5	中
63	胚乳：型	1	糯	3	梗	1	糯
64	胚乳：アルミロース含量	1	1型	4	4型	1	1型
65	精米：アルカリ崩壊	3	低崩壊	3	低崩壊	3	低崩壊
68	障害型耐冷性	7	強	5	中	5	中
70	穂発芽性	5	中	5	中	6	やや難
71	耐倒伏性	7	強	7	強	6	やや強
72	脱粒性	7	難	7	難	7	難
73	地上部全重	5	中	5	中	5	中
74	いもち病抵抗性推定遺伝子型	1-0	+	1-0	+	1-1	Pia
75	穂いもちほ場抵抗性	4	やや弱	5	中	5	中
76	葉いもちほ場抵抗性	4	やや弱	4	やや弱	5	中
78	白葉枯病ほ場抵抗性	4	やや弱	4	やや弱	5	中
79	しま葉枯病抵抗性品種別	1	日本水稻型(+)	1	日本水稻型(+)	1	日本水稻型(+)
<b>【特性グループ3】</b>							
	草型	3	穂重	3	穂重	3	穂重
	玄米：外観品質	5	中中	5	中中	5	中中
	食味（餅）	6	中上	-		6	中上

付表2 指定種苗品種特徴表示に基づく品種特性表示基準

品種名(育成場所)	夕やけもち(東北農業研究センター)
栽培適地	東北中部以南
用途	食用(着色米飯)、加工用(餅、醸造酒等)
早晚性	早生の晩
稈長	短
草型	穂重
耐倒伏性	強
耐冷性	強
いもち病	やや弱
白葉枯病	やや弱
縞葉枯病	無
玄米のみかけの品質	中(糯)
栽培上の注意	一般品種に混入しないように注意する。いもち病常発地帯での栽培は避け、適正施肥、適期防除に努める。



## 直播適性が高い良食味水稻品種「萌えみのり」の育成

片岡 知守<sup>\*1)</sup>・山口 誠之<sup>\*1)</sup>・遠藤 貴司<sup>\*1)</sup>・中込 弘二<sup>\*1)</sup>  
滝田 正<sup>\*2)</sup>・横上 晴郁<sup>\*3)</sup>・加藤 浩<sup>\*2)</sup>

抄録：「萌えみのり」は東北農業研究センターにおいて、多収で良食味の「南海128号」と耐倒伏性に優れた良食味の「はえぬき」を交配し、その後代から育成された粳品種である。2006年に“水稻農林416号”として命名登録された。

出穂期と成熟期は育成地（秋田県大仙市）では「ひとめぼれ」、「はえぬき」に近い“中生の晩”に属する。いもち病真性抵抗性遺伝子型は“*Pia, Pii*”と推定され、圃場抵抗性は葉いもちが“やや弱”、穂いもちが“中”、耐冷性は“強”で、穂発芽性は“難”である。「ひとめぼれ」より稈長が短く、倒伏に強い。湛水直播栽培においては、転び型倒伏が「ひとめぼれ」より少なく、「はえぬき」と同程度で、玄米収量はこれらより多収である。このため、表面散播でも倒伏が少なく多収である。玄米品質は“上下”で、精白米の白度は「ひとめぼれ」、「はえぬき」より高い。炊飯米の食味は移植栽培、直播栽培のいずれにおいても「ひとめぼれ」並の良食味で“上中”である。

本品種は直播栽培においても倒伏が少なく多収なため、東北地域における直播栽培を安定化させ、良食味米の低コスト生産を可能にすることが期待される。栽培適地は東北地域中部以南の平坦地である。

キーワード：水稻、萌えみのり、品種、直播、表面散播、耐倒伏性、良食味、東北地域

**Development of a New Rice Variety “Moeminori” with High Eating Quality and Adaptability to Direct Seeding** : Tomomori KATAOKA<sup>\*1)</sup>, Masayuki YAMAGUCHI<sup>\*1)</sup>, Takashi ENDO<sup>\*1)</sup>, Koji NAKAGOMI<sup>\*1)</sup>, Tadashi TAKITA<sup>\*2)</sup>, Narifumi YOKOGAMI<sup>\*3)</sup> and Hiroshi KATO<sup>\*2)</sup>

**Abstract** : Moeminori is a new rice variety suitable for direct seeding cultivation developed at the National Agricultural Research Center for Tohoku Region and registered as Norin 416 by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries (MAFF) of Japan in 2006. This cultivar was selected from progenies of the combination Nankai128/Haenuki. One of the parents, Nankai128, is a strain with high eating quality and high-yielding ability, and another, Haenuki, has lodging resistance.

The duration to maturity of Moeminori is almost the same as that of Hitomebore and Haenuki and is classified as moderate to late in the Tohoku region. It has complete resistance genes to blast *Pia* and *Pii*, while its partial resistance to leaf and panicle are slightly weak and moderate, respectively. Its cool weather tolerance at the reproductive stage is high and its seed dormancy is strong. Its culm length is shorter than that of Hitomebore, and its lodging resistance is greater. In direct seeding cultivation, its root lodging is less than that of Hitomebore and the same as that of Haenuki, and its grain yield is higher than that of both. Furthermore Moeminori shows less lodging and a higher yield even when broadcasted. The translucency of the grain is slightly lower than that of Haenuki, while the whiteness of its polished rice is greater. As for its eating quality, the taste of its cooked rice is excellent, at a level no less than that of Hitomebore.

Since it exhibits lodging resistance and high yield potential under a direct seeded condition, it is expected that it can stabilize the yield of direct seeded rice and contribute to the production of rice

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Daisen, Akita 014-0102, Japan)

\* 2) 作物研究所 (National Institute of Crop Science, Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8518, Japan)

\* 3) 北海道農業研究センター (National Agricultural Research Center for Hokkaido Region, Sapporo, Hokkaido 062-8555, Japan)

of excellent eating quality at lower cost in the Tohoku region. It is adapted to the lowland area below middle region of Tohoku of Japan.

**Key Words** : Rice, Moeminori, Variety, Direct seeding, Broadcasting, Lodging resistance, Excellent eating quality, Tohoku region

## I 緒 言

水稻の直播栽培は、農業の担い手不足及び輸入米との競合などを背景に省力・低コストの生産技術として期待され栽培面積が増加しつつあり、東北地域では2005年産で水稻作付面積の0.6%に当たる2,767haに達している（水稻直播研究会 2006）。しかし、直播栽培では移植栽培より倒伏し易く、さらに東北地域においては、播種後の低温による苗立ち不良や出穂の遅れによる登熟不良の問題がある。直播栽培を安定化させ、普及促進を図るには直播適性品種の利用が有効であり、耐倒伏性が強い「はなえまき」、「味こだま」、「いただき」、「ふっくらももこ」、「ふくいずみ」等の品種が育成されている（日原ら 2004、太田 2006、丸山 2006）。一方、東北地域で耐倒伏性が強く直播栽培に適応する品種としては「かけはし」、「でわひかり」等があるが、これらは食味が不十分であり、「はえぬき」は良食味で耐倒伏性が強いものの、やや低収である。このようなことから、東北地域では「あきたこまち」や「ひとめぼれ」、「コシヒカリ」等の良食味ではあるが耐倒伏性の劣る品種が直播栽培に用いられているのが現状である。直播栽培に耐倒伏性が不十分な品種を用いた場合、収量の不安定性から必ずしも玄米重量当たりのコスト削減には結びついていない（鈴木 2006）。そこで、東北農業研究センターでは、東北地域における良食味米の省力・低コスト生産を促進するために、耐倒伏性が強く直播栽培において多収で、かつ良食味の品種開発を図り、東北地域向けの直播適性品種「萌えみのり」を育成した。本報告では、「萌えみのり」の普及と今後の直播適性品種の改良及び普及に資するため、本品種の育成経過、特性等を紹介する。

本品種の育成に当たり、特性検定試験、奨励品種決定調査を実施していただいた関係機関及び担当者各位に厚くお礼申し上げます。また、現地栽培試験に際して福島県農業総合センターをはじめとする農業研究機関及び農業改良普及センター担当者各位から多大なご助言とご協力をいただいた。さらに、農業

団体及び生産者各位には現地調査を担当していただき、実需各社には生産物の市場性評価に協力いただいた。また、研究支援センター業務第4科各位には育種業務の遂行に尽力いただいた。ここに記して深く感謝の意を表す。

## II 育種目標及び育成経過

### 1. 育種目標

直播栽培は、農業の担い手不足や米価の下落に対処しうる省力・低コストの生産技術として期待されているが、従来の移植用品種を用いている現状では生産性が不安定である。そこで、直播栽培の安定化のために東北地域に適した良質・良食味で耐倒伏性が強い多収の直播栽培用品種を育成することを目標とした。

### 2. 育成経過

「萌えみのり」は、多収で良食味の「南海128号」を母、耐倒伏性に優れた良食味の「はえぬき」を父とした人工交配の後代から育成された品種である（図1）。「萌えみのり」の選抜経過の概要を図2に示す。1997年、東北農業試験場水田利用部（現・東北農業研究センター大仙研究拠点）において人工交配を行い（奥交97-85）、1998年春にガラス室内でF<sub>1</sub>を養成した。同年F<sub>2</sub>集団（TB-18）570個体を圃場にて養成し、草姿が良い92個体を選抜後、品質特性をもとに84個体に絞った。1999年はF<sub>3</sub>の84系統より短稈で品質が優れる10系統を選抜した。以後は、出穂期、草姿、品質を主な指標にして系統育種法により選抜、固定を図った。2000年、F<sub>4</sub>世代より生産力検定試験、特性検定試験を、2001年にはF<sub>5</sub>世代で直播栽培による生産力検定試験を開始し、転び型倒伏に強く出穂の比較的早い「羽系687」を選抜した。2002年のF<sub>6</sub>世代から「奥羽382号」の系統名を付し、直播適性系統として関係県に配付して地域適応性を検討した。2006年の世代は雑種第10代である。

### 3. 命名登録

本品種は2006年に“水稻農林416号”として命名登録され、「萌えみのり」と命名された（登録年月日：2006年10月4日）。また同年に、種苗法に基づく品種登録の出願を行った（出願番号：第20110号、

出願年月日：2006年8月22日、出願公表の年月日：2006年11月17日)。「萌えみのり」の名は、春には直播栽培の水田で稲の芽が一斉に萌え出て、秋には多くの米を実らせる様子に因んでいる。

である。本田における初期生育は良好で、草丈及び葉色は「ひとめぼれ」と同程度である。稈の細太は「ひとめぼれ」、「はえぬき」と同程度の“中”で、稈の剛柔は「ひとめぼれ」より強い“やや剛”である(表1)。

稈長は「ひとめぼれ」、「はえぬき」より短い“短”、穂長は「ひとめぼれ」と同程度の“中”、穂数は「ひとめぼれ」よりやや少なく「はえぬき」より多

### Ⅲ 特 性

#### 1. 形態的特性

移植時の苗丈及び葉色は「ひとめぼれ」並の“中”

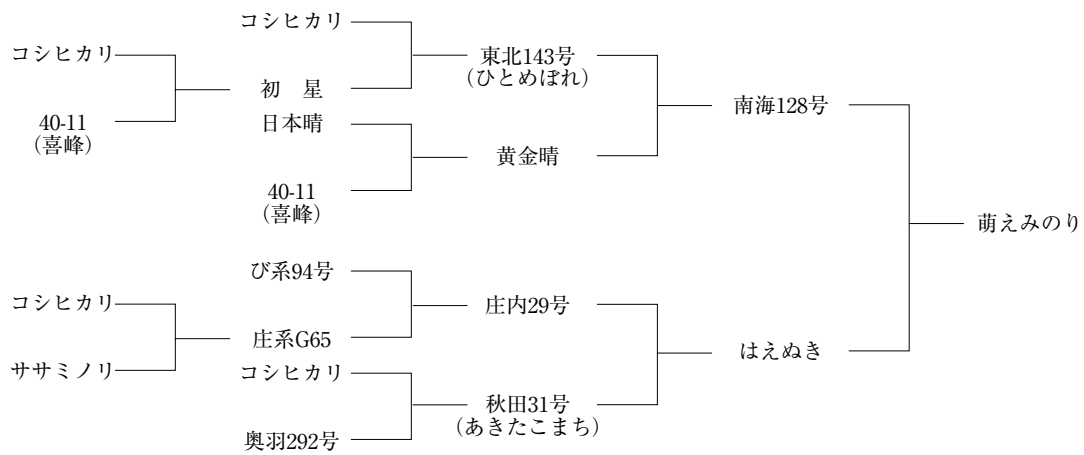


図1 「萌えみのり」の系譜

年次	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005					
世代	交配	F1	F2 集団	F3 系統	F4 系統	F5 羽系687	F6 奥羽382号	F7 奥羽382号	F8 奥羽382号	F9 奥羽382号				
育成系統図	奥交97-85	× — 春F1-27 — TB-18 (10個体) (570個体)	1313	2041	2736	2641	2436	2551	2551					
	南海128号									2042	2737	2642	2437	2552
	はえぬき									2043	2738	2643	2438	2553
										2044	2739	2644	2439	2554
			1411	2045	2740	2645	2440	2555	2555					
選抜経過	養成系統群数		—	10	4	2	1	1	1					
	養成系統数		84	50	20	10	5	5	5					
	選抜系統数		10	4	2	1	1	1	1					
	選抜個体数		84	50	20	10	5	5	5					

注. 奥交：交配番号、F1：雑種第一代番号、TB：雑種集団番号。括弧 ( ) 内の数字は系統数、下線 ( ) は「萌えみのり」の選抜系統を示す。

図2 「萌えみのり」の育成経過

表1 「萌えみのり」の形態的特性 (育成地、2005年)

品種名	移植時		稈		芒		ふ先色	穎色	粒着密度	脱粒性	止葉
	苗丈	葉色	細太	柔剛	多少	長短					
萌えみのり	中	中	中	やや剛	やや少	やや短	白	黄白	中	難	やや立
ひとめぼれ	中	中	中	やや柔	やや少	短	白	黄白	やや疎	難	中
はえぬき	中	やや濃	中	中	中	中	白	黄白	中	難やや	やや立

注. 止葉：成熟期の止葉の直立程度。

い“やや多”で、草型は“偏穂数型”である(表2、写真1)。粒着密度は「ひとめぼれ」よりやや密で“中”、ふ先色は“白”、穎色は“黄白”である。芒の長さは“やや短”、発生程度は“やや少”で、脱粒性は“難”である(表1)。止葉の直立程度は“やや立”で草姿は良好である(表1)。

## 2. 生態的特性

出穂期及び成熟期はともに移植及び直播栽培のいずれにおいても「ひとめぼれ」、「はえぬき」より1～3日早く、“中生の晩”に属する(表2～4)。いもち病真性抵抗性遺伝子型は“Pia、Pii”と推定され(表5)、圃場抵抗性は葉いもちが「ひとめぼれ」並の“やや弱”(表6)、穂いもちが「ひとめぼれ」並の“中”である(表7)。白葉枯病抵抗性は「サ

サニシキ」よりやや強い“中”で(表8)、縞葉枯病には“罹病性”である(表9)。穂発芽性は「ひとめぼれ」並の“難”である(表10)。耐冷性は「ひとめぼれ」よりやや弱い“強”である(表11)。移植栽培での耐倒伏性は「ひとめぼれ」より明らかに強く、「はえぬき」並に強い(表2)。収量性は「ひとめぼれ」と同等かやや高く、「はえぬき」より11%多収で、屑米重は「ひとめぼれ」並かやや少ない(表2)。一方、育成地における湛水直播栽培(表面条播)においては、成熟期における「ひとめぼれ」の転び型倒伏指数が3.6となる条件でも「はえぬき」と同程度に倒伏が少なく、収量は「ひとめぼれ」より11%、「はえぬき」より8%多収である(表3)。また、表面散播栽培においても「あきたこ

表2 育成地における「萌えみのり」の移植栽培での生育特性、収量及び品質

年次	品種名	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m <sup>2</sup> )	倒伏 (0-5)	穂いもち (0-5)	全重 (kg/a)	玄米重* (kg/a)	同左 比率 (%)	屑米重 (kg/a)	玄米千 粒重 (g)	玄米 品質 (1-9)
2000, 2004, 2005	萌えみのり	8.4	9.14	66	19.7	362	0.0	0.3	146	57.3 a	111	1.2	23.4	3.8
	ひとめぼれ	8.5	9.15	81	20.3	384	1.7	0.3	145	55.6 a	107	1.5	22.5	3.7
	はえぬき	8.5	9.15	73	19.3	336	0.0	0.3	145	51.8 b	(100)	1.7	21.8	3.4

注. 数値は年次平均。倒伏: 0 (無倒伏)～5 (完全倒伏)。穂いもち: 0 (発病無)～5 (発病極多)。同左比率は「はえぬき」の玄米重を100としたときの比率。玄米品質: 1 (極良)～9 (極悪)。平均の播種日は4月26日、移植日は5月20日、基肥はN成分0.7kg/a、追肥は2000年はN成分0.3kg/a、その他はN成分0.2kg/a、3本植で栽植密度は30cm×15cm、他の条件は慣行栽培に準じる。

\* 同一文字間には5%水準で有意差がないことを示す(品種、年次について分散分析後、Tukeyの多重比較検定)。

表3 育成地における「萌えみのり」の表面条播栽培での生育特性、収量及び品質

年次	品種名	苗立ち 密度 (本/m <sup>2</sup> )	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m <sup>2</sup> )	倒伏 (0-5)	穂いもち (0-5)	全重 (kg/a)	玄米重 (kg/a)	同左 比率 (%)	屑米重 (kg/a)	玄米千 粒重 (g)	玄米 品質 (1-9)
2004, 2005	萌えみのり	149	8.9	10.2	65	18.3	574	1.4	0.6	167	63.1 a	108	2.5	23.7	3.6
	ひとめぼれ	114	8.12	10.2	83	18.1	512	3.6	0.5	160	56.8 b	97	4.0	23.0	3.6
	はえぬき	156	8.11	10.4	72	16.7	568	1.4	0.5	174	58.3 b	(100)	2.2	22.7	3.1

注. 数値は年次平均。倒伏: 0 (無倒伏)～5 (完全倒伏)。穂いもち: 0 (発病無)～5 (発病極多)。同左比率は「はえぬき」の玄米重を100としたときの比率。玄米品質: 1 (極良)～9 (極悪)。播種日は5月13日、種子は鳩胸催芽(無被覆)、播種は代掻き落水後の土壌表面に条播、条間は30cm、基肥はN成分0.7kg/a、追肥はN成分0.2kg/a、倒伏を助長するために中干しは実施せず、他の条件は慣行栽培に準じる。

\* 同一文字間には5%水準で有意差がないことを示す(品種、年次について分散分析後、Tukeyの多重比較検定)。

表4 現地試験圃場における「萌えみのり」の表面散播栽培での生育特性、収量及び品質

年次	品種名	苗立ち 密度 (本/m <sup>2</sup> )	出穂期 (月.日)	成熟期 (月.日)	稈長 (cm)	穂長 (cm)	穂数 (本/m <sup>2</sup> )	倒伏 (0-5)	穂いもち (0-5)	全重 (kg/a)	玄米重 (kg/a)	同左 比率 (%)	屑米重 (kg/a)	玄米千 粒重 (g)	玄米 品質 (1-9)
2003	萌えみのり	157	8.19	10.19	62	17.8	592	0.1	0.1	185	68.8	143	2.8	22.5	3.9
	あきたこまち	162	8.14	10.6	80	16.7	540	5.0	-	172	48.3	(100)	5.2	20.5	3.7
2004, 2005	萌えみのり	133	8.13	10.10	65	18.8	484	1.5	0.2	184	61.8	106	2.6	23.2	3.4
	はえぬき	83	8.16	10.13	73	18.2	475	1.5	0.2	185	58.2	(100)	3.5	21.9	3.4

注. 試験は秋田県大仙市で実施。数値は年次平均。倒伏: 0 (無倒伏)～5 (完全倒伏)。穂いもち: 0 (発病無)～5 (発病極多)。2004, 2005年の玄米重は全刈り収量、同左比率は、上段は「あきたこまち」、下段は「はえぬき」の玄米重を100としたときの比率。玄米品質: 1 (極良)～9 (極悪)。

2003年は鳩胸催芽粉(無被覆)を5月16日播種、基肥はN成分0.7kg/a、追肥はN成分0.4kg/a。

2004年は鳩胸催芽粉(無被覆)を5月17日播種、基肥はN成分0.7kg/a、追肥はN成分0.2kg/a。

2005年は鉄粉コーティング種子(乾粉比0.2倍)を5月16日播種、基肥はN成分0.49kg/a、追肥はN成分0.4kg/a。

播種量は6kg/10a。背負い式動力散粒機を用い代掻き数日後に湛水状態で散播。他の条件は慣行栽培に準じる。

まち」より倒伏が少ない（写真2）。現地試験圃場における表面散播栽培では、「あきたこまち」が完全倒伏する一方でほとんど倒伏せず、玄米収量は68.8kg/aを示し、「あきたこまち」より43%多収である（表4）。さらに、2004及び2005年は台風の直

撃を受けるものの、倒伏は「はえぬき」と同程度で、玄米収量は61.8kg/aと「はえぬき」より6%多収である（表4）。土中播種した際の低温苗立ち性は「Arroz da Terra」より劣り、「ひとめぼれ」並かやや優る“中”である（表12）。



写真1 株標本（左から、「萌えみのり」、「ひとめぼれ」、「はえぬき」）



写真2 直播栽培（表面散播400粒/m<sup>2</sup>）における草姿（左：「あきたこまち」、右：「萌えみのり」）



写真3 籾及び玄米（左から「萌えみのり」、「ひとめぼれ」、「はえぬき」）

表5 「萌えみのり」のいもち病真性抵抗性遺伝子型（育成地、2005年）

品種名	菌株名（レース番号）				真性抵抗性 遺伝子型
	稲86-137 (007.0)	TH68-126 (033.1)	TH68-140(山) (035.1)	研60-19 (037.1)	
萌えみのり	S	R	R	S	<i>Pia, Pii</i>
新2号	S	S	S	S	<i>Pik-s</i>
愛知旭	S	S	R	S	<i>Pia</i>
石狩白毛	S	R	S	S	<i>Pii</i>
関東51号	R	S	S	S	<i>Pik</i>
ツユアケ	R	S	S	S	<i>Pik-m</i>
フクニシキ	R	R	R	R	<i>Piz</i>
ヤシロモチ	R	R	R	R	<i>Pita</i>
PiNo.4	R	R	R	R	<i>Pita-2</i>
とりで1号	R	R	R	R	<i>Piz-t</i>
B L 1	R	R	R	R	<i>Pib</i>
K59	R	R	R	R	<i>Pit</i>

注. 噴霧接種による検定。S：罹病性反応、R：抵抗性反応を示す。



表6 「萌えみのり」の葉いもち圃場抵抗性

品種名	真性抵抗性 遺伝子型	育成地	青森藤坂	福島相馬	愛知山間	判定
		6年平均	2005年	2002年	3年平均	
萌えみのり	<i>Pia, Pii</i>	6.3	5.5	3.0	8.2	やや弱
はたじるし	<i>Pia, Pii</i>	4.8	-	3.4	-	やや強
トドロキワセ	<i>Pii</i>	4.9	5.4	4.9	-	やや強
あきたこまち	<i>Pia, Pii</i>	5.7	-	4.8	-	中
はえぬき	<i>Pia, Pii</i>	6.3	-	4.9	-	やや弱
ひとめぼれ	<i>Pii</i>	6.4	-	5.5	8.9	やや弱
イナバワセ	<i>Pii</i>	6.5	-	5.8	-	弱

注. 数値は畑晩播法による検定での葉いもち発病程度: 0(無発病)~10(全茎葉枯死)。

青森藤坂: 青森県農林総合研究センター藤坂稲作研究部、福島相馬: 福島県農業総合センター浜地域研究所、愛知山間: 愛知県農業総合試験場山間農業研究所。

育成地の6年平均は2000~2005年の平均、愛知山間の3年平均は2003~2005年の平均。判定は東北地域葉いもち新基準品種による。

表7 「萌えみのり」の穂いもち圃場抵抗性

品種名	真性抵抗性 遺伝子型	育成地	秋田	山形庄内	福島相馬	愛知山間	岡山	山口徳佐	判定 (新)
		5年平均	3年平均	4年平均	4年平均	3年平均	2002年	3年平均	
萌えみのり	<i>Pia, Pii</i>	4.3	8.5	6.3	3.9	8.6	9.5	6.5	中
奥羽357号	<i>Pia, Pii</i>	0.8	4.5	2.5	1.3	-	-	-	極強
まなむすめ	<i>Pii</i>	1.9	7.4	4.7	2.9	5.9	-	-	強
トドロキワセ	<i>Pii</i>	-	5.3	-	2.5	-	7.0	5.5	強
はえぬき	<i>Pia, Pii</i>	-	8.4	5.8	4.0	-	-	-	中
ひとめぼれ	<i>Pii</i>	4.5	8.8	-	4.1	-	8.5	-	中
ササニシキ	<i>Pia</i>	5.3	9.2	-	4.4	-	9.0	-	やや弱

注. 数値は検定圃場での自然感染による穂いもち発病程度: 0(無発病)~10(全穂罹病)。

秋田: 秋田県農林水産技術センター農業試験場、山形庄内: 山形県農業総合研究センター農業生産技術試験場庄内支場、福島相馬: 福島県農業総合センター浜地域研究所、愛知山間: 愛知県農業総合試験場山間農業研究所、岡山: 岡山県農業総合センター、山口徳佐: 山口県農業試験場徳佐寒冷地分場。

育成地の5年平均は2001~2005年の平均、秋田の3年平均は2003~2005年の平均、山形庄内及び福島相馬の4年平均は2002~2005年の平均、愛知山間の3年平均は2002、2003、2005年の平均、山口徳佐の3年平均は2003~2005年の平均。判定は東北地域穂いもち新基準品種による。

表8 「萌えみのり」の白葉枯病抵抗性 (山形県農業総合研究センター農業生産技術試験場庄内支場)

品種名	病斑長(cm)	病斑長比(%)	判定
萌えみのり	6.7	33.6	中
中新120号	2.8	14.7	強
庄内8号	6.8	43.9	やや強
フジミノリ	6.6	41.5	中
ササニシキ	7.8	40.0	やや弱
ヒメノモチ	15.0	75.3	弱

注. 数値は2002~2005年の平均。

接種菌株: 2002、2003年はT-7417(第Ⅱ菌群)とT-7133(第Ⅲ菌群)の混合、2004、2005年はMAFF311019(第Ⅱ菌群)とMAFF311020(第Ⅲ菌群)の混合。

出穂期前に止葉に剪葉接種、発病後に病斑長を調査。病斑長比は、病斑長/接種葉長×100。

表9 「萌えみのり」の縞葉枯病抵抗性 (岐阜県農業技術センター)

品種名	罹病株率(%)	判定
萌えみのり	5.5	罹病性
日本晴	22.4	罹病性
あさひの夢	0.0	抵抗性
ハツシモ	54.2	罹病性

注. 数値は2002~2005年の平均。

罹病株率: 罹病株数/植付株数×100、出穂期の値。

表10 「萌えみのり」の穂発芽性（育成地）

品種名	穂発芽程度	判定
萌えみのり	0.7	難
ひとめぼれ	1.0	難
はえぬき	3.8	やや難
ふくひびき	5.0	やや易

注. 数値は2000～2005年の平均。  
成熟期に採種した穂を30℃湿室に静置。6日後に発芽率及び伸長程度を調査。  
穂発芽程度：0（極難）～10（極易）。

表12 「萌えみのり」の低温苗立ち性

品種名	苗立ち率 (%)	草丈 (mm)	中茎長 (mm)	判定
萌えみのり	48	58	1.5	中
Arroz da Terra	74	88	3.3	極良
ひとめぼれ	33	58	0.9	やや劣
ふくひびき	34	64	1.8	やや劣

注. 数値は2005、2006年の2年平均。小規模水田（灰色低地土）による試験。無粉衣の催芽種子を代掻き後落水した土壌に深度約10mmで播種。播種後10日間の平均地温は2005年、14.1℃、2006年、13.4℃。苗立ち率は第2葉を展開した個体の割合。

表11 「萌えみのり」の障害型耐冷性

品種名	育成地 5年平均		青森藤坂 2005年		古川 4年平均		福島冷害 2年平均		判定
	出穂 (月.日)	稔実 (%)	出穂 (月.日)	不稔 (%)	出穂 (月.日)	不稔 (%)	出穂 (月.日)	不稔 (%)	
萌えみのり	8.22	60.1	9.1	59.4	8.19	42.8	8.18	63.0	強
ひとめぼれ	8.20	44.0	-	-	-	-	8.19	49.7	極強
トドロキワセ	8.16	60.0	8.29	59.6	8.11	49.6	8.12	71.6	極強
オオトリ	8.18	67.3	8.26	67.3	8.16	65.3	-	-	強
コガネヒカリ	-	-	8.24	76.0	8.15	72.5	-	-	やや強
トヨニシキ	8.19	90.7	-	-	8.16	81.3	8.18	99.8	やや弱

注. 青森藤坂：青森県農林総合研究センター藤坂稲作研究部、古川：宮城県古川農業試験場、福島冷害：福島県農業試験場冷害試験地（廃止）。

福島冷害は冷水掛け流し、他は恒温深水法による穂ばらみ期耐冷性の検定。

育成地の5年平均は2001～2005年の平均、古川の4年平均は2002～2005年の平均、福島冷害の2年平均は2004、2005年の平均。

表13 「萌えみのり」の玄米形状（育成地）

品種名	長さ (mm)	幅 (mm)	厚さ (mm)	長さ／幅	長さ×幅	判定	
						粒形	粒大
萌えみのり	5.19	2.93	2.10	1.77	15.2	中	中
ひとめぼれ	5.16	2.92	2.06	1.77	15.1	中	中
はえぬき	5.19	2.90	2.05	1.79	15.0	中	中

注. 数値は2004、2005年の平均。1.80mmの篩を通した玄米30粒を調査。

### 3. 玄米品質及び食味関連特性

玄米の千粒重は「ひとめぼれ」より3～4%、「はえぬき」より4～7%大きい（表2～4）。玄米の粒形及び粒大はともに「ひとめぼれ」と同程度の“中”で、粒厚の平均は「ひとめぼれ」及び「はえぬき」よりやや厚く（表13）、分布もやや厚い方に偏っている（表14）。胚乳は硬性で、外観品質は、腹白及び乳白が「ひとめぼれ」よりやや少ない一方で心白はやや多く、光沢は「ひとめぼれ」と同程度で、総合では「ひとめぼれ」、「はえぬき」にやや劣

る“上下”と評価される（表2～4、写真3）。適搗精時間は「ひとめぼれ」及び「はえぬき」並である。適搗精時における搗精歩合は、「ひとめぼれ」、「はえぬき」と同程度で、その時の白度はこれら品種よりやや高い。また、胚芽残存歩合及び碎米歩合は「ひとめぼれ」、「はえぬき」並である（表15）。玄米の蛋白質含量は、移植栽培、直播栽培のいずれにおいても「ひとめぼれ」及び「はえぬき」並で、アミロース含量は同一栽培条件ではこれらより0.5～0.7%高い（表16）。

表14 「萌えみのり」玄米の粒厚分布 (育成地)

品種名	粒厚別重量比 (%)					合計
	1.8	1.9	2.0	2.1	2.2mm以上	
萌えみのり	2.4	8.0	27.8	42.7	19.1	100.0
ひとめぼれ	3.9	15.4	41.1	29.6	10.0	100.0
はえぬき	3.4	13.8	44.8	32.6	5.3	100.0

注. 数値は2004、2005年の平均。1.80mmの篩を通した玄米200gを段篩器で5分間篩った材料を測定。

表15 「萌えみのり」の搗精特性 (育成地、2005年)

品種名	玄米水分 (%)	調査項目	搗精時間			
			180秒	200秒	220秒	240秒
萌えみのり	14.1	搗精歩合 (%)	90.4	90.0*	89.6	89.4
		白 度	40.0	40.5	40.8	41.6
		胚芽残存歩合 (%)	0.3	0.3	0.0	0.0
		碎米歩合 (%)	2.3	3.9	4.6	5.5
ひとめぼれ	14.4	搗精歩合 (%)	90.5	90.1*	89.7	89.2
		白 度	38.1	38.8	39.2	39.6
		胚芽残存歩合 (%)	0.3	0.0	0.0	0.0
		碎米歩合 (%)	5.7	4.2	4.5	4.5
はえぬき	13.6	搗精歩合 (%)	90.4	90.0*	89.3	88.8
		白 度	38.8	39.7	39.9	40.1
		胚芽残存歩合 (%)	0.0	0.3	0.0	0.0
		碎米歩合 (%)	3.6	4.0	6.0	7.2

注. サタケ家庭用精米機 (SKM-5) による。1回あたり粒厚1.8mm以上の玄米各340gを供試。白度の測定はKettC-300を使用。胚芽残存は各300粒、碎米歩合は各10gについて調査。\*は適搗精時における値。

表16 「萌えみのり」の蛋白質含量、アミロース含量 (育成地)

品種名	栽培様式	蛋白質含量 (%)	アミロース含量 (%)
萌えみのり	移植	5.9	19.2
	直播	6.0	19.8
ひとめぼれ	移植	5.9	18.7
	直播	6.2	19.1
はえぬき	移植	6.0	18.6
	直播	6.2	19.3

注. 数値は2004、2005年の平均。蛋白質含量は、近赤外分光分析器による分析値で玄米無水物中の値。アミロース含量は、ブラン・ルーベ社オートアナライザーⅡ型による分析値で白米無水物中の値。

表17 「萌えみのり」の食味(育成地)

栽培様式	食味評価値			試験回数	基準品種
	外観	粘り	総合値		
移植	0.06	0.07	0.10	4	あきたこまち
	0.15	0.02	0.06	5	ひとめぼれ
直播	0.13	0.25	0.38	1	はえぬき
	0.55	0.44	0.44	1	あきたこまち
	0.13	0.11	0.27	5	ひとめぼれ

注. 育成地のパネル7～15人による官能試験。加水量は白米重量比1.35倍。-3(かなり不良)～0(基準と同じ)～3(かなり良)の7段階評価の平均値。試験回数の評価値の平均。移植の「あきたこまち」基準は2000年1回、2001年2回、2002年1回、「ひとめぼれ」基準は2003年1回、2004年2回、2005年2回、「はえぬき」基準は2003年、直播の「あきたこまち」基準は2002年、「ひとめぼれ」基準は2001年2回、2003年1回、2004年1回、2005年1回。直播は表面条播。

食味は、育成地における移植栽培及び表面条播栽培、現地試験圃場における表面散播、土中条播及び表面点播栽培のいずれにおいても良食味の「あきたこまち」、「ひとめぼれ」、「はえぬき」と同等かやや優り(表17、18)、“上中”と評価される。さらに、表面散播栽培において苗立ち密度が異なる場合でも大きな変動は認められない(表19)。また、(財)日本

穀物検定協会の専門パネルによる結果でも「萌えみのり」の食味は「ひとめぼれ」と同等である(表20)。

#### IV 適地及び栽培上の留意点

##### 1. 配付先における試作結果

奨励品種決定調査での試作結果を表21に示す。2002～2005年にかけて16県26場所で合計51試験が実

表18 現地試験圃場で直播栽培した「萌えみのり」の食味

栽培地	播種様式	年次	評価値			基準品種	パネル数 (人)
			外観	粘り	総合値		
秋田1	表面散播	2003	0.29	0.43	0.43	あきたこまち	7
	表面散播	2004	0.11	0.22	0.22	はえぬき	9
	表面散播	2005	0.42	0.42	0.58	はえぬき*	12
秋田2	土中条播	2003	0.25	0.25	0.50	あきたこまち	8
	土中条播	2004	0.44	0.67	0.56	はえぬき	9
	土中条播	2005	0.07	0.27	0.33	あきたこまち	15
秋田3	表面点播	2005	0.33	0.50	0.42	あきたこまち	12
岩手	土中点播	2003	0.13	0.75	0.63	ひとめぼれ	8
	土中点播	2005	0.21	0.36	0.14	ひとめぼれ	14

注. 栽培地は、秋田1：秋田県大仙市花館、秋田2：秋田県大仙市四ツ屋、秋田3：秋田県大仙市弘田、岩手：岩手県花巻市の現地試験圃場。加水量は白米重量比1.35倍。

- 3 (かなり不良) ~ 0 (基準と同じ) ~ 3 (かなり良) の7段階評価の平均値。

基準品種は同一栽培様式で同一栽培地のもの。\*を付した試験の数値は、点播の「あきたこまち」を基準とした試験における「はえぬき」の評価値との差。

表19 異なる播種密度で散播栽培した「萌えみのり」の食味総合値

品種名	栽植様式 (播種密度)	2003	2003	2003	2004	2004	2004	2005	2005	2005
		年産-1 (9名)	年産-2 (8名)	年産-3 (7名)	年産-1 (9名)	年産-2 (11名)	年産-3 (8名)	年産-1 (11名)	年産-2 (12名)	年産-3 (14名)
萌えみのり	散播 (800粒/m <sup>2</sup> )	0.33	-0.25							
萌えみのり	散播 (400粒/m <sup>2</sup> )				-0.18		0.27			
萌えみのり	散播 (250粒/m <sup>2</sup> )					0.13		-0.17	-0.07	
萌えみのり	散播 (150粒/m <sup>2</sup> )	0.33	0.75		0.33	0.25		0.17		
萌えみのり	散播 (80粒/m <sup>2</sup> )					0.00		-0.09		
萌えみのり	散播 (40粒/m <sup>2</sup> )	0.11	0.00	-0.14		0.36		0.00		
ふくひびき	散播 (400粒/m <sup>2</sup> )	-0.78	-0.88*	-0.43						
ふくひびき	表面条播				-0.78	-0.73	-0.25	-0.82*	-0.75*	

注. 散播は表面散播。括弧内の人数はパネルの構成員数。基準は各年時の散播栽培 (150または250粒/m<sup>2</sup>) した「あきたこまち」。加水量は白米重量比1.35倍。- 3 (かなり不良) ~ 0 (基準と同じ) ~ 3 (かなり良) の7段階評価の平均値。\* 符号検定により5%水準で有意差があることを示す。

表20 (財)日本穀物検定協会における「萌えみのり」の食味

品種名	栽植様式	栽培地	外観	香り	味	粘り	硬さ	総合評価			実施年月日
								評価値	信頼区間	有意差	
萌えみのり	表面散播	育成地	-0.200	-0.050	-0.200	0.650	-0.600	-0.050	±0.296	0	2003.2.17
萌えみのり	移植	育成地	-0.200	0.050	-0.150	0.550	-0.650	-0.200	±0.296	0	(2002年産)
萌えみのり	表面散播	育成地	0.100	-0.050	0.050	0.250	-0.100	0.050	±0.201	0	2004.3.8
萌えみのり	移植	育成地	0.000	-0.050	0.050	0.450	-0.400	0.000	±0.201	0	(2003年産)
ひとめぼれ	移植	育成地	-0.100	0.050	-0.100	0.350	-0.550	-0.100	±0.201	0	
萌えみのり	土中条播	秋田1	0.250	-0.100	0.550	0.650	-0.450	0.550	±0.327	+	2005.2.14
はえぬき	土中条播	秋田1	0.400	0.250	0.600	0.400	-0.250	0.600	±0.327	+	(2004年産)
あきたこまち	土中条播	秋田1	0.450	-0.450	0.300	0.400	0.050	0.150	±0.327	0	
萌えみのり	土中点播	福島	0.000	0.000	0.250	0.250	-0.100	0.200	±0.272	0	2006.1.10
萌えみのり	土中点播	秋田2	0.550	0.000	0.300	0.400	0.200	0.400	±0.272	+	(2005年産)
萌えみのり	表面散播	育成地	0.500	0.150	0.300	0.350	-0.100	0.400	±0.272	+	
萌えみのり	表面条播	育成地	0.250	0.050	0.250	0.050	-0.100	0.300	±0.270	+	
ひとめぼれ	表面条播	育成地	0.250	-0.100	0.550	0.500	-0.150	0.550	±0.270	+	

注. 栽培地は、秋田1：秋田県大仙市四ツ屋、福島：福島県大玉村、秋田2：秋田県大仙市弘田の現地試験圃場。表面散播は400粒/m<sup>2</sup>の密播条件。基準はブレンド米 (日本晴+コシヒカリ)。専門パネル20名による。

- 3 (かなり不良) ~ 0 (基準と同じ) ~ 3 (かなり良) の7段階評価の平均値。

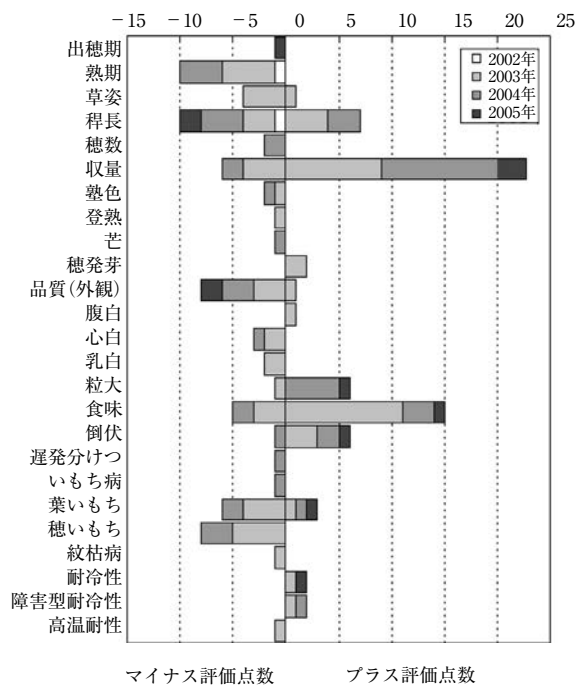


図3 「萌えみのり」の配付先における有利または不利と評価された形質

施された。このうち31例で対照品種との収量比が100%を超えている。なお、直播栽培による試験が実施されたのは山形県だけであり、本調査では直播適性が十分に評価されたとはいえ、奨励品種への採用には至っていない。

同試験における有利及び不利形質の集計結果を図3に示す。有利形質としては、収量が23と多い。また、食味については有利形質の15に対して不利形質は5である。耐倒伏性や粒大も有利と評価されている。一方、主な不利形質は、外観品質、出穂期及び熟期、いもち耐病性である。稈長については、有利が7、不利が10と評価が分かれている。

## 2. 栽培適地

「ひとめぼれ」、「はえぬき」とほぼ同じか若干早い熟期であること、いもち耐病性がこれら品種と同程度で不十分なことから、東北地域中部以南の平坦地に適応すると考えられる。

## 3. 普及利用上の留意点

- 1) いもち病抵抗性が不十分なため、適正施肥、適期防除につとめる。
- 2) 耐倒伏性は強いが、多肥栽培は品質や食味の低下を招くため、適正な肥培管理につとめ、良質、良食味米の生産を心がける。
- 3) 直播栽培する場合は、出穂期が数日遅くなるこ

とから「ひとめぼれ」の栽培北限での直播栽培は避ける。

## V 育成従事者

育成に従事した者及びその期間は表22のとおりである。

## VI 考 察

### 1. 期待される効果

「あきたこまち」や「ひとめぼれ」、「コシヒカリ」等の耐倒伏性が劣る品種を湛水直播栽培した場合、転び型倒伏による減収や品質低下が大きな問題となる。高精度な専用機による土中条播や点播により、倒伏は軽減できるが、生産コストの削減は約10%に留まる。また、倒伏回避のために播種量や施肥量を抑制する機会が多いが、苗立ち不足や籾数不足で減収することもあり、収量は一般に移植比で10%程度減少している。そのため、コスト削減幅はわずか数%に留まると試算されている(鈴木 2006)。

「萌えみのり」は、「ひとめぼれ」より稈質が強く、短稈であるため転び型倒伏に強く、直播栽培においても播種量の抑制や減肥の必要が無く、安定して多収である。移植栽培での収量性は「ひとめぼれ」並であるものの、直播栽培では「ひとめぼれ」が倒伏するような条件でも倒伏、減収しないため「ひとめぼれ」より11%多収となる。また、すでに直播で利用されている耐倒伏性が強い「はえぬき」に比べても6~8%多収である。このような特性により、「萌えみのり」は、従来の良食味品種より直播栽培における生産コストの削減効果が大きいと考えられる。

さらに「萌えみのり」は、表面散播でも倒伏が少なく多収であり、苗立ち密度についても1m<sup>2</sup>当たり約40~400本と広い範囲で収量、品質、食味が安定している(片岡ら 2006)。無人ヘリ播種機の利用により16%のコスト削減が可能とする試算(鈴木 2006)を考え合わせると、「萌えみのり」を無人ヘリで散播栽培することでさらなるコスト削減が期待できる。なお、表面播種では時として鳥害や浮き苗の問題が生じる。これに対しては、鉄粉被覆により表面を硬化させ、比重を高めた種子を播種する「鉄コーティング湛水直播技術」(山内 2004)が提案されており、表面播種栽培における鳥害及び浮き苗を回避する有効な手段として普及しつつある。

一方、「萌えみのり」の品質及び食味は、直播裁

培した場合でも「ひとめぼれ」と同等に優れている。従って、消費者に「ひとめぼれ」と同等の米をより安価で提供できることになる。実際、福島県における「萌えみのり」の現地試験では、耐倒伏性と多収性が生産者に評価されると同時に、食味に対する実需者の評価が高い。秋田の現地試験でも耐倒伏性、多収性及び食味が評価されている。

また、実需者には、精米白度が高く、搗精歩留まりが高いため製品コストを低減できると好評である。以上のことから、直播栽培に「萌えみのり」を利用することで、東北地域における良質、良食味米の省力、低コスト、安定生産に大きく貢献することが期待される。

表21 「萌えみのり」の配付先における有望度と収量比

県名	場所名	2002年			2003年			2004年			2005年			対照品種名
		有望度	収量比(%) 標肥 多肥	作期	有望度	収量比(%) 標肥 多肥	作期	有望度	収量比(%) 標肥 多肥	作期	有望度	収量比(%) 標肥 多肥	作期	
岩手	岩手				×	98								ひとめぼれ
宮城	古川				×	102								ひとめぼれ
秋田	秋田				×	98								ひとめぼれ
山形	山形				△	119*		△	113*					あきたこまち
	庄内				×	106								どまんなか
	中山間				△	127		△	99					どまんなか
福島	福島	×	96 101											あきたこまち
	会津				×	102 100								ひとめぼれ
	相馬				×	90 87								ひとめぼれ
	冷害				△	100 94		×	90 99					ひとめぼれ
茨城	茨城				×	92								ひとめぼれ
	竜ヶ崎				×	96								ひとめぼれ
栃木	栃木				△	92		△	110					ひとめぼれ
千葉	北総				△	105		×	111					コシヒカリ 初星
高知	高知				△×	111		△×	108					コシヒカリ
佐賀	三瀬				×	95								コシヒカリ
長崎	長崎				×	112								コシヒカリ
熊本	阿蘇				△	103		×	119					コシヒカリ
	矢部				×	111								コシヒカリ
大分	大分				△	111		×	106					ハナエチゼン
	久住				△	108		×	102					ひとめぼれ
宮崎	宮崎				△	112		○△	115			×	111	早期 コシヒカリ
鹿児島	鹿児島				○△	123		○△	114			×	125	早期 コシヒカリ
	熊毛											×	118 112	早期 ひとめぼれ
沖縄	名護				○△	101						△	163	1期 ひとめぼれ
						96								ひとめぼれ
	八重山				○	100		×	100					1期 ひとめぼれ
					98			98					114 2期 ひとめぼれ	

注. 岩手：岩手県農業研究センター、古川：宮城県古川農業試験場、秋田：秋田県農林水産技術センター農業試験場、山形：山形県農業総合研究センター、庄内：同農業生産技術試験場庄内支場、中山間：山形県農業研究研修センター中山間地農業研究部（廃止）、福島：福島県農業総合センター、会津：同会津地域研究所、相馬：同浜地域研究所、冷害：福島県農業試験場冷害試験地（廃止）、茨城：茨城県農業総合センター生物工学研究所、竜ヶ崎：同農業研究所水田利用研究室、栃木：栃木県農業試験場、北総：千葉県農業総合研究センター北総園芸研究所、高知：高知県農業技術センター、三瀬：佐賀県農業試験研究センター三瀬分場、長崎：長崎県総合農林試験場、阿蘇：熊本県農業研究センター高原農業研究所、矢部：同農産園芸研究所作物研究室矢部試験地、大分：大分県農林水産研究センター水田農業研究所、久住：同久住試験地、宮崎：宮崎県総合農業試験場、鹿児島：鹿児島県農業開発総合センター、熊毛：同熊毛支場、名護：沖縄県農業研究センター名護支所、八重山：同石垣支所

\* 湛水直播栽培。有望度は、奨：奨励、◎：有望、○：やや有望、△：継続、×：打ち切り。収量比は、各場所の対照品種に対する収量比。

表22 「萌えみのり」の育成従事者と従事期間

年次	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	従事 月数	現在の所属
世代	交配	F1-F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10		
(室長)												
山口誠之					⑩					③	54	現在員
滝田 正	④				⑨						54	作物研
(室員)												
片岡知守		⑧								③	104	現在員
遠藤貴司							⑩			③	30	現在員
中込弘二						⑧				③	44	現在員
横上晴郁	④						⑨				78	北農研
加藤 浩				②	⑨						20	作物研
山口誠之	④									⑧	29	現在員

注. 丸囲み数字はその年次における月の始まり、または終わりを示す。  
作物研：作物研究所、北農研：北海道農業研究センター。

## 2. 残された問題点

東北地域中南部については、「萌えみのり」の育成によって直播栽培の安定化が期待されるが、東北北部については直播栽培が可能な良食味で多収の早生品種がないため、この育成が急務である。

「萌えみのり」のいもち病圃場抵抗性は、「ひとめぼれ」と同程度であり東北地域においては十分とはいえない。さらなる低コスト化を進めるためには、直播適性とともないもち病抵抗性を強化することが有効である。東北地域では殺菌剤の節減が可能なもち耐病性品種「ちゅらひかり」(山口ら 2005)が育成されており、このような品種を利用した改良が今後の課題である。

また、「萌えみのり」の低温苗立ち特性は、特に従来品種から改良されたものではない。播種後の低温により苗立ち不良となる問題については、落水出芽法の普及により改善されてきているものの、深播きや排水不良等による不安定要素はなお残されており、直播栽培の普及拡大を阻む要因の一つと考えられる。加えて、代かき水の強制落水による環境負荷も考えると、湛水条件下でも温度によらず安定して苗立ちする品種が望まれる。しかしながら、これについては中間母本の開発に留まっており、実用的な品種の育成には至っていない。

「萌えみのり」は短程で耐倒伏性が優れるが、枕地等の圃場が極端に軟弱な部位では倒伏が認められる。根が太く転び型倒伏に非常に強い外国品種に由来する中間母本が開発されているが、これらを活用

して耐倒伏性をより強化することで直播栽培のさらなる安定化が期待される。

## 引用文献

- 1) 日原誠介, 妹尾知憲, 大久保和男. 2004. 水稲品種“ふっくらももこ”の育成. 岡山県農試研報 22: 1-11.
- 2) 片岡知守, 山口誠之, 遠藤貴司, 中込弘二. 2006. 湛水直播栽培における異なる苗立ち密度での水稲品種「萌えみのり」の生育特性. 東北農業研究 59: 43-44.
- 3) 丸山幸夫. 2006. 直播栽培技術の開発状況と技術的問題点. 農業技術 61(11): 8-12.
- 4) 太田久稔. 2006. 直播栽培適性水稲品種育成の現状と今後の方向. 農業技術 61(11): 18-22.
- 5) 水稲直播研究会. 2006. 水稲直播研究会誌 22: 71.
- 6) 鈴木富男. 2006. 水稲直播栽培の普及状況と今後の推進方向. 農業技術 61(11): 481-487.
- 7) 山口誠之, 横上晴郁, 片岡知守, 中込弘二, 滝田正, 東正昭, 加藤浩, 田村泰章, 小綿寿志, 小山田善三, 春原嘉弘. 2005. いもち病に強い良食味水稲品種「ちゅらひかり」の育成. 東北農研研報 104: 1-16.
- 8) 山内稔. 2004. 水稲の鉄コーティング湛水直播. 農業および園芸 79(9): 947-953.

付表1 稲種苗特性分類一覧

形質 番号	形質	萌えみのり		ひとめぼれ		はえぬき	
		階級	区分	階級	区分	階級	区分
(特性グループ1)							
1	葉：アントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
3	葉：葉耳のアントシアニン色	1	無	1	無	1	無
5	止葉：葉身の姿勢（後期観察）	2	立～半立	4	半立～水平	2	立～半立
6	出穂期（50%出穂）	6	中生～晩生	6	中生～晩生	6	中生～晩生
7	外穎：頂部アントシアニン着色（初期観察）	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
8	稈：長さ（穂を除く）	3	短	6	やや長	4	やや短
9	稈：節のアントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
10	穂：主軸の長さ	5	中	5	中	5	中
11	穂：穂数	6	やや多	6	やや多	6	やや多
12	穂：芒の分布	3	上半分のみ	3	上半分のみ	3	上半分のみ
13	小穂：外穎の毛茸の多少	5	中	5	中	5	中
14	小穂：外穎先端の色（ふ先色）	1	白	1	白	1	白
15	穂：主軸の湾曲程度	5	垂れる	5	垂れる	5	垂れる
16	穂：穂型	2	紡錘状	2	紡錘状	2	紡錘状
17	成熟期	6	中生～晩生	6	中生～晩生	6	中生～晩生
18	穎色	1	黄白	1	黄白	1	黄白
19	穎色：模様	1	無	1	無	1	無
20	外穎：頂部のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
21	護穎：長さ	5	中	5	中	5	中
22	護穎：色	1	黄白	1	黄白	1	黄白
23	初：1000粒重（成熟）	4	小～中	4	小～中	4	小～中
24	初：穎のフェノール反応	1	無	1	無	1	無
26	玄米：長さ	5	中	5	中	5	中
27	玄米：幅	5	中	5	中	5	中
28	玄米：形（側面から見て）	2	半円	2	半円	2	半円
29	玄米：色	2	淡褐	2	淡褐	2	淡褐
30	玄米：香り	1	無又は極弱	1	無又は極弱	1	無又は極弱
(特性グループ2)							
31	鞘葉：アントシアニンの着色	1	無色又は極少	1	無色又は極少	1	無色又は極少
32	根出葉：鞘葉の色	1	緑	1	緑	1	緑
33	葉：緑色の程度	5	中	5	中	5	中
34	葉鞘：アントシアニンの着色	1	無	1	無	1	無
36	葉身：表面の毛茸	5	中	5	中	5	中
37	葉：襟のアントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
38	葉：葉舌の形	2	鋭形	2	鋭形	2	鋭形
39	葉：葉舌の色	1	無色	1	無色	1	無色
40	葉：葉身の長さ	5	中	5	中	5	中
41	葉：葉身の幅	5	中	5	中	5	中
42	稈：形状	3	半立	3	半立	3	半立
45	外穎：キール（竜骨）のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
46	外穎：頂部下のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
47	小穂：柱頭の色	1	白	1	白	1	白
48	稈：太さ	5	中	4	やや細	5	中
50	稈：節間のアントシアニン着色	1	無	1	無	1	無
51	穂：芒	9	有	9	有	9	有
52	穂：芒の色（初期観察）	1	黄白	1	黄白	1	黄白
53	穂：最長芒の長さ	5	中	3	短	5	中
54	穂：芒の色（後期観察）	1	黄白	1	黄白	1	黄白
55	穂：2次枝梗の有無	9	有	9	有	9	有
56	穂：2次枝梗の型	2	2型	2	2型	2	2型
57	穂：抽出度	7	概ね抽出	7	概ね抽出	7	概ね抽出
58	葉：老化（枯れ上がり）	7	晩	7	晩	7	晩
59	外穎：キール（竜骨）のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
60	外穎：頂部下のアントシアニン着色	1	無又は極淡	1	無又は極淡	1	無又は極淡
61	初：長さ	5	中	5	中	5	中
62	初：幅	5	中	5	中	5	中
63	胚乳：型	3	梗	3	梗	3	梗
64	胚乳：アミロース含量	4	4型	4	4型	4	4型
65	精米：アルカリ崩壊	6	中間～完全崩壊	6	中間～完全崩壊	6	中間～完全崩壊
68	障害型耐冷性	7	強	8	極強	8	極強
70	穂発芽性	7	難	7	難	5	中
71	耐倒伏性	7	強	4	やや弱	7	強
72	脱粒性	7	難	7	難	7	難
73	地上部全重	5	中	5	中	5	中
74	いもち病抵抗性推定遺伝子型	11-1	<i>Pia,Pii</i>	1-2	<i>Pii</i>	11-1	<i>Pia,Pii</i>
75	穂いもちほ場抵抗性	5	中	5	中	5	中
76	葉いもちほ場抵抗性	4	やや弱	4	やや弱	5	中
78	白葉枯病ほ場抵抗性	5	中	4	やや弱	4	やや弱
79	しま葉枯病抵抗性品種群別	1	日本水稲型(+)	1	日本水稲型(+)	1	日本水稲型(+)
84	蛋白質含量	4	やや低	4	やや低	4	やや低
(特性グループ3)							
	草型	6	偏穂数	6	偏穂数	6	偏穂数
	玄米：外観品質	3	上下	2	上中	2	上中
	食味（炊飯米）	2	上中	2	上中	2	上中



付表2 指定種苗品種特徴表示に基づく品種特性  
表示基準

品種名(育成場所) 萌えみのり (東北農業研究センター)	
栽培適地	東北中部以南
用途	食用
早晩性	中
稈長	短
草型	偏穂数
耐倒伏性	強
耐冷性	強
いもち病	中
白葉枯病	中
縞葉枯病	無
玄米の見かけの品質	上下
栽培上の注意	いもち病抵抗性が“中”であるため、適正施肥及び適期防除に努める。耐倒伏性が強いが、食味を低下させる恐れがあるため、多肥栽培を避ける。

## リポキシゲナーゼとグループAアセチルサポニンを 欠失した大豆新品種「きぬさやか」の育成

加藤 信<sup>\*1)</sup>・湯本 節三<sup>\*1)</sup>・高田 吉文<sup>\*1)</sup>・河野 雄飛<sup>\*1)</sup>  
島田 信二<sup>\*2)</sup>・境 哲文<sup>\*3)</sup>・島田 尚典<sup>\*4)</sup>・高橋 浩司<sup>\*5)</sup>  
故 足立大山<sup>\*6)</sup>・田渕 公清<sup>\*7)</sup>・菊池 彰夫<sup>\*8)</sup>

抄 録：「きぬさやか」は1993年に東北農業試験場作物開発部成分育種法研究室（現 東北農業研究センター大豆育種研究東北サブチーム）において、大豆特有の青臭みやえぐ味等の不快味を低減することを目標に、青臭みの原因となるリポキシゲナーゼ（L-1、L-2、L-3）を全て欠失した「刈系508号」を母、強い不快味を呈するグループAアセチルサポニンを欠失したA-b(F)–A0とスズユタカのF<sub>1</sub>（「刈交0459F<sub>1</sub>」）を父として人工交配を行い、以後、選抜・固定を図り、育成した品種である。

「きぬさやか」は成熟期が晩で、主茎長は中である。倒伏抵抗性は強で、ダイズモザイクウイルス抵抗性は強、ダイズシストセンチュウ抵抗性は弱である。花色は白で、他品種との識別性が高い。子実は中粒で臍色は黄、種皮色は黄白、粗蛋白含有率は中である。豆腐や豆乳の加工適性が良好であり、また子実中の全リポキシゲナーゼと胚軸に含まれるグループAアセチルサポニンを欠失しているため、本品種より製造された豆乳や豆腐は青臭みやえぐ味が少ない。

2005年に「きぬさやか」（だいで農林130号）として命名登録され、2006年に宮城県の奨励品種に採用された。栽培適地は東南北部である。

キーワード：大豆、新品種、リポキシゲナーゼ、グループAアセチルサポニン、青臭み、えぐ味、豆乳、豆腐

**A New Soybean Cultivar “Kinusayaka” Lacking Three Lipoxygenase Isozymes and Group A Acetyl Saponin** : Shin KATO<sup>\*1)</sup>, Setsuzo YUMOTO<sup>\*1)</sup>, Yoshitake TAKADA<sup>\*1)</sup>, Yuhi KONO<sup>\*1)</sup>, Shinji SHIMADA<sup>\*2)</sup>, Tetsufumi SAKAI<sup>\*3)</sup>, Hisanori SHIMADA<sup>\*4)</sup>, Koji TAKAHASHI<sup>\*5)</sup>, Taizan ADACHI<sup>\*6)</sup>, Kohsei TABUCHI<sup>\*7)</sup> and Akio KIKUCHI<sup>\*8)</sup>

**Abstract** : A new soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] cultivar “Kinusayaka” was developed by the National Agricultural Research Center for the Tohoku Region (NARCT). Released in 2005, its most noteworthy features are the deletions of three lipoxygenase isozymes and Group A acetyl saponin in the seeds. “Kinusayaka” was registered as “Soybean Norin 130” by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries, Japan, and adopted as a recommended variety by Miyagi Prefecture.

\* 1) 東北農業研究センター（National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Kariwano, Daisen, Akita 019-2112, Japan）

\* 2) 現・中央農業総合研究センター（National Agricultural Research Center, Tsukuba, Ibaraki 305-8666, Japan）

\* 3) 現・九州沖縄農業研究センター（National Agricultural Research Center for Kyushu Okinawa Region, Miyakonojo, Miyazaki 885-0091, Japan）

\* 4) 現・北海道立十勝農業試験場（Hokkaido Prefectural Tokachi Agricultural Experiment Station, Memuro, Hokkaido 082-0071, Japan）

\* 5) 現・作物研究所（National Institute of Crop Science, Tsukuba, Ibaraki 305-8518, Japan）

\* 6) 元・国際農林水産業研究センター（Deceased, Japan International Research Center for Agricultural Sciences, Tsukuba, Ibaraki 305-8686, Japan）

\* 7) 現・中央農業総合研究センター北陸研究センター（Hokuriku Research Center, National Agricultural Research Center, Joetsu, Niigata 943-0193, Japan）

\* 8) 現・近畿中国四国農業研究センター（National Agricultural Research Center for Western Region, Zentsuji, Kagawa 765-8508, Japan）

2006年12月14日受付、2007年2月28日受理

“Kinusayaka” was derived from the cross “Karikei508” x “Karikou0459F<sub>1</sub>” made in 1993.

“Karikei508” is a breeding line with three lipoxygenase isozymes deletion. “Karikou0459F<sub>1</sub>” was derived from the cross “A-b(F)-A0” x “Suzuyutaka”. “A-b(F)-A0” lacks Group A acetyl saponin.

“Kinusayaka” has a determinate growth habit, white flowers, gray pubescence, brown pods, and yellow seeds with a yellow hilum. It averaged a 23rd October maturation date, 79cm plant height, a 309kg/10a seed yield, 23.5g 100-seed weight, 40.9% protein content, and 19.8% oil content at the Kariwano Branch (39° N Lat.), NARCT. “Kinusayaka” has resistance to soybean mosaic virus, but not to soybean cyst nematode. “Kinusayaka” lacks three lipoxygenase isozymes and Group A acetyl saponin. “Kinusayaka” is highly suitable for processing soy milk and tofu, and those made from it have a less beany and astringent flavor.

**Key Words** : Soybean, New cultivar, Lipoxygenase, Group A acetyl saponin, Beany flavor, Astringent, Soy milk, Tofu

## I 緒 言

大豆には特有の青臭みやえぐ味等の不快味に関与する成分が含まれており、大豆の食品利用範囲を狭める要因の一つになっている(大久保 1988, 須田 1999)。また、豆乳では、他の大豆食品よりも青臭みやえぐ味等の不快味を感じやすく、このことが嗜好性を大きく低下させている。そのため実需者から、青臭みやえぐ味の原因となる成分を低減した品種の開発が強く要望されてきた。

青臭みの原因物質であるn-ヘキサナールは、大豆の子実中のリノール酸などの不飽和脂肪酸がリポキシゲナーゼにより酸化されて過酸化脂質を生成し、これにヒドロペルオキシドリアーゼが作用することで生じる(Matoba *et al.* 1985a, Matoba *et al.* 1985b, Rackis *et al.* 1979)。したがって、青臭みの低減は、リポキシゲナーゼを遺伝的に除去した品種を育成することで解決される。これまでにリポキシゲナーゼ欠失品種は「いちひめ」(羽鹿ら 2002)、「エルスター」(高橋ら 2003)、「すずさやか」(湯本ら 2006)の3品種育成されている。

また、えぐ味等の不快味の主な原因としてはグループAアセチルサポニンがある。グループAアセチルサポニンは、C-22位糖鎖末端糖がアセチル化されたアセチルサポニンであり、胚軸のみに存在し、微量でも強いえぐ味を呈する(Shiraiwa *et al.* 1991)。東北農業試験場作物開発部成分育種法研究室(現東北農業研究センター大豆育種研究東北サブチーム)は、この成分について野生大豆のツルマメを含む国内の在来種、品種、系統等1000点以上の大豆遺伝資源を探索した。その結果、グループAアセチルサポニンを欠失した変異体A-b(F)-A0を見出した

(Kikuchi *et al.* 1999)。

これにより不快味の育種の改善も可能となり、豆乳などに加工した際に生じる青臭みやえぐ味等の不快味の低減を図るため、リポキシゲナーゼとグループAアセチルサポニンの両方を欠失した「きぬさやか」を育成した。「きぬさやか」の適地は東北南部であり、2005年に農林水産省の新品種として登録(だいち農林130号)され、2006年に宮城県の奨励品種に採用された。そこで、本品種の来歴、育成経過、特性等について報告し、普及の参考に供したい。

「きぬさやか」の育成にあたり、宮城県古川農業試験場の植松克彦氏、滝澤浩幸氏の諸氏には、奨励品種決定調査等を通じて、その特性把握にご尽力いただいた。また、特性検定試験では公立農業試験研究機関の担当者の方々に、加工適性試験では実需者の方々に、それぞれ多大なご協力をいただいた。さらに育成地職員の大島清悦、鎌田精孝、千葉剛、佐藤英次、加藤昭、藤井修、佐藤光晴、高橋明浩、佐藤祐孝、高貝久穂、佐藤康孝、高橋武志の各氏には育種業務の遂行にご尽力いただいた。ここに記して各位に深く感謝する。

## II 来歴及び育成経過

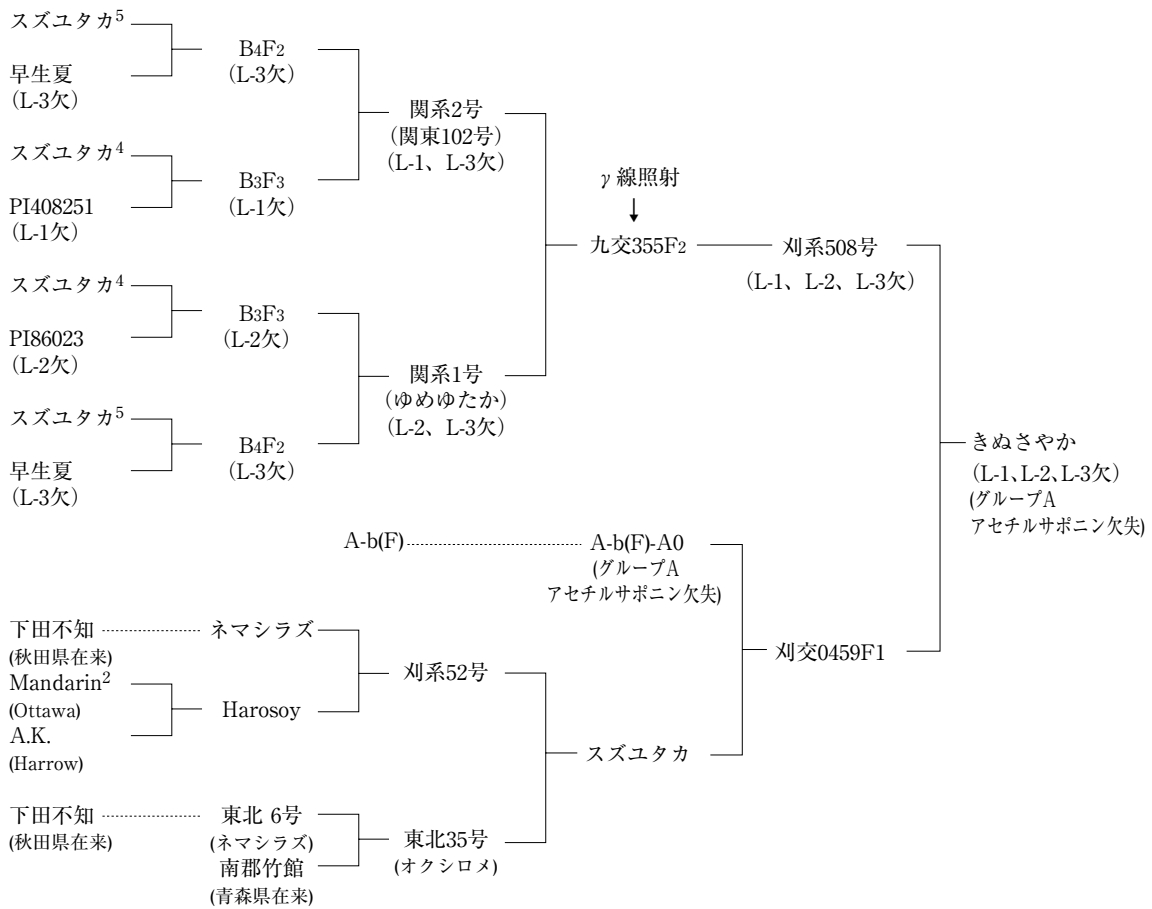
1993年に、大豆特有の青臭みやえぐ味等の不快味を低減することを目標に、青臭みの原因となるリポキシゲナーゼ(L-1、L-2、L-3)を全て欠失した「刈系508号」を母、強い不快味を呈するグループAアセチルサポニン欠失した「A-b(F)-A0」と「スズユタカ」のF<sub>1</sub>(「刈交0459F<sub>1</sub>」)を父として、東北農業試験場作物開発部成分育種法研究室(現東北農業研究センター大豆育種研究東北サブチーム)において、人工交配を行った(表1、図1)。

1994年の冬季にF<sub>1</sub>を温室に栽植して世代促進を行い、個体別に採種して、F<sub>2</sub>を系統扱いとした。圃場にて各F<sub>2</sub>系統を母親の「刈系508号」と比較し、生育特性が酷似する系統を自殖種子由来と見なし廃棄した。その後、F<sub>3</sub>でリボキシゲナーゼの有無を調査して全欠の69個体を選抜し、F<sub>4</sub>でさらにグループA

表 1 育成経過

年次	1993	1994	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004
世代	交配	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
供試	系統群数				34	12	5	5	3	1	1	1	1
	系統数			77	48	69	60	25	25	21	7	7	7
	個体数	153花	84		×25	×25	×25	×25	×25	×25	×25	×25	×25
選抜	系統数			48	34	12	5	5	3	1	1	1	1
	個体数			77	69	60	25	25	21	7	7	7	7
	粒数	84											
備考		冬季温室世代促進	系統植え、選抜系統について集団採種	リボキシゲナーゼ欠失個体を選抜	リボ欠でグループAアセチルサポニン欠失を選抜				刈系651号		東北151号		

注. 1. 個体数の「×25」は各系統25個体よりなることを示す。



A-b(F) 来歴不詳 (遺伝資源として、大館試験地より導入)

図 1 「きぬさやか」の系譜

アセチルサポニン欠失の12系統を選抜した。以後、系統育種法で選抜・固定を図り、2000年から「刈系651号」として生産力検定予備試験及び特性検定試験等に供試し、2002年からは「東北151号」の地方番号を付して奨励品種決定調査や加工適性試験に供試した。その結果、収量、品質が「スズユタカ」並で、豆腐、豆乳ではリポキシゲナーゼとグループAアセチルサポニン欠失による新規性に富む加工品ができることが確認されたので、普及を目指すこととした。2005年に「きぬさやか」（だいち農林130号）として命名登録され、2006年に宮城県の奨励品種に採用された。なお、「きぬさやか」（英語表記：

Kinusayaka) の名称は、本品種より製造される豆乳及び豆腐が、青臭みやえぐ味等の不快味が少なく、絹のようになめらかなでさわやかな味わいであることに由来する。

### Ⅲ 特 性

「きぬさやか」の形態的特性、生態的特性、品質特性を、東北地域の主力品種「スズユタカ」（橋本ら 1984）及びリポキシゲナーゼ欠失品種「すずさやか」（湯本ら 2006）とともに、表2、表3、表4に示した。いずれも審査基準国際統一委託事業調査報告書（2004）に従い、原則として育成地での調

表2 形態的特性

品種名	胚軸のアントシアニンの着色	小葉の形	花色	毛茸		主茎長	主茎節数	分枝数	伸育型	熟莢の色	粒			種子色	種皮の地色	臍色	
				多少	形 色						大きさ	形	光沢				
きぬさやか	無	卵形	白	中	直	白	中	やや少	中	有限	中	中	球	弱	黄	黄白	黄
スズユタカ	有*	卵形*	紫	中*	直*	白*	中*	中*	中*	有限*	濃*	中*	扁球*	弱*	黄*	黄白*	黄*
すずさやか	有	卵形	紫	中	直	白	中	やや少	有限	濃	中	中	扁球	弱	黄	黄白	黄

注. 1) 審査基準国際統一委託事業調査報告書（2004年3月）による。育成地での調査に基づいて分類。

2) \*印は当該形質について標準品種になっていることを示す。

表3 生態的特性

品種名	開花期	成熟期	生態型	裂莢の難易	最下着莢節位高	倒伏抵抗性	病中害抵抗性						
							モザイクウイルス					圃場抵抗性	センチュウ
							A	B	C	D	E		
きぬさやか	やや晩	晩	中間型	中	中	強	強	強	強	強	弱	強	弱
スズユタカ	やや晩	やや晩	中間型	中*	中	強*	強	強	強	強	弱	強*	強*
すずさやか	やや晩	やや晩	中間型	中	中	強	強	強	強	強	弱	強	強

注. 1) 審査基準国際統一委託事業調査報告書（2004年4月）による。育成地での調査に基づいて分類。

2) \*印は当該形質について標準品種になっていることを示す。

表4 品質特性

品種名	粗蛋白質含有率	粗脂肪含有率	裂皮の難易	リポキシゲナーゼ アイソザイムの有無	グループA アセチルサポニンの有無
きぬさやか	中	中	易	全欠	欠
スズユタカ	中*	中*	中	全有	有
すずさやか	中	中	難	全欠*	有

注. 1) 審査基準国際統一委託事業調査報告書（2004年3月）による。育成地での調査に基づいて分類。

2) \*印は当該形質について標準品種になっていることを示す。

査結果に基づいて分類した。

1. 形態的特性

胚軸のアントシアニンの着色は無、花色は白、小葉の形は卵形、毛茸色は白、その多少は中である。主茎長と分枝数は中で、主茎節数はやや少、伸育型は有限で、熟莢の色は中である(写真1)。子実の大きさは中で、その形は球である。子葉色は黄、種皮の地色は黄白、臍色は黄、粒の光沢は弱である(写真1)。

2. 生態的特性

1) 育成地における生産力検定試験

2002年～2005年の4カ年間、普通畑(東北農業研

究センター 大仙研究拠点 刈和野)と水田転換畑(東北農業研究センター 大仙研究拠点 大曲)で生産力検定試験を実施した。

普通畑では、開花期が8月1日で「スズユタカ」並、成熟期が10月23日で「スズユタカ」より5日遅かった。主茎長は79cm、主茎節数は15.2、分枝数は6.9で、「スズユタカ」に比較して、主茎長や分枝数は同等、主茎節数はやや少なかった。子実重は30.9kg/a、百粒重は23.5gで、ともに「スズユタカ」並、外観品質は「スズユタカ」と同じ中上であった(表5)。

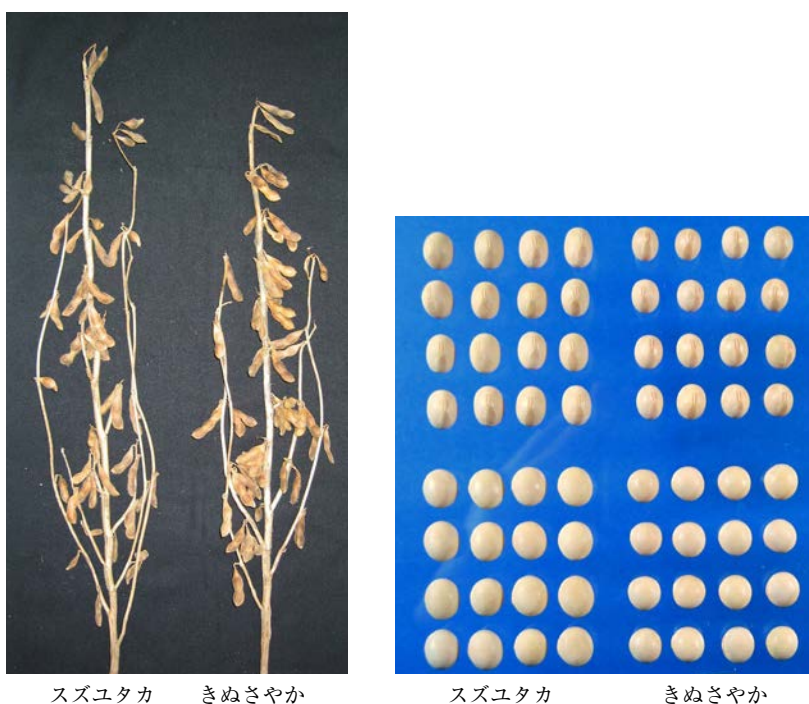


写真1 「きぬさやか」の草本と子実の形態  
(2004年 東北農業研究センター大豆育種研究室、刈和野産)  
2004年5月25日播種、畦幅75cm、株間16cm、1株2本立

表5 普通畑標準播種における生育、収穫物および品質調査成績(育成地)

品種名	開花 期 (月日)	成熟 期 (月日)	主茎 長 (cm)	主茎 節 数 (節/本/株)	分枝 数 (本/株)	生育中の障害程度				全 子 実 重 (kg/a)	子 実 重 (g)	対 標 準 比 (%)	百 粒 重 (g)	被害粒の程度			品 質
						蔓 化	倒 伏	無 イ ル	立 枯					紫 斑	褐 斑	裂 皮	
きぬさやか	8.01	10.23	79	15.2	6.9	無	中	無	微	65.6	30.9	98	23.5	微	微	微	中上
スズユタカ(標準)	8.02	10.18	82	17.0	6.6	無	中	無	微	64.2	31.6	100	25.0	微	微	微	中上
すずさやか(比較)	8.03	10.17	78	16.9	7.2	無	多	無	微	64.5	32.8	103	24.5	微	微	微	中上
タチユタカ(比較)	7.31	10.19	69	17.1	4.0	無	微	無	微	55.8	28.8	92	26.6	少	微	微	中上
ハタユタカ(比較)	8.02	10.22	91	16.3	7.5	無	中	無	微	71.7	35.4	111	31.4	微	微	微	中上

注. 1) 試験年次: 2002～2005年。  
2) 試験場所: 東北農業研究センター大仙研究拠点刈和野。

転換畑では、開花期が8月2日で「スズユタカ」並で、成熟期が10月27日で「スズユタカ」より5日遅かった。主茎長は83cm、主茎節数は15.6、分枝数は7.6で、「スズユタカ」に比較して、主茎長や分枝数は同等、主茎節数はやや少なかった。子実重は28.4kg/a、百粒重は23.0gで、「スズユタカ」並、外観品質は「スズユタカ」と同じ中上であった(表6)。

以上の結果から、「きぬさやか」の収量、粒大及び外観品質は「スズユタカ」並と言える。

## 2) 病虫害抵抗性

### (1) ダイズモザイクウイルス抵抗性

育成地におけるダイズモザイクウイルスの病原系統別接種試験では、A、B、C及びD系統に対する抵抗性が確認され、「きぬさやか」の抵抗性は強と判定される(表7)。

### (2) ダイズシストセンチュウ抵抗性

北海道立十勝農業試験場におけるダイズシストセ

ンチュウ抵抗性検定試験では、シスト寄生指数が、抵抗性が弱の標準品種「キタムスメ」と同等であり、「きぬさやか」の抵抗性は弱と判定される(表8)。

### (3) 紫斑病抵抗性

福島県農業試験場会津支場における紫斑病抵抗性検定試験では、紫斑病発病粒率が紫斑病抵抗性強の標準品種「赤莢」よりわずかに高いことから、「きぬさやか」の紫斑病抵抗性はやや強と判定される(表9)。

### (4) 立枯性病害抵抗性

岩手県農業研究センターにおける立枯性病害抵抗性検定試験の発病度は、同一株内「Harosoy」比で、「スズカリ」並であり、「きぬさやか」の立枯性病害抵抗性はやや強と判定される(表10)。

### 3) 機械化適性

「きぬさやか」の最下着莢節位高は「タチナガハ」より低く、「スズユタカ」並であり、中に分類され

表6 転換畑標準播種における生育、収穫物および品質調査成績(育成地)

品種名	開花 期 (月日)	成熟 期 (月日)	主茎 長 (cm)	主茎 節 数 (節/本/株)	分枝 数 (本/株)	生育中の障害程度				全 実 重 (kg/a)	子 実 重 (%)	対 標 準 粒 重 (g)	被害粒の程度			品 質	
						蔓 化	倒 伏	ウ イ ル ス	立 枯				紫 斑	褐 斑	裂 皮		
																	微
きぬさやか	8.02	10.27	83	15.6	7.6	微	少	無	微	59.7	28.4	95	23.0	無	無	微	中上
スズユタカ(標準)	8.02	10.22	84	17.3	7.2	微	多	無	微	64.8	30.0	100	24.1	微	無	微	中上
すずさやか(比較)	8.03	10.25	86	17.7	6.9	微	多	無	微	66.7	31.1	104	24.9	無	微	微	中上
タチユタカ(比較)	7.30	10.22	67	17.1	4.6	微	微	無	微	57.9	29.7	99	25.5	微	無	微	中上
ハタユタカ(比較)	8.02	10.28	92	16.3	8.1	微	中	無	微	78.1	35.6	119	31.8	無	無	微	中上

注. 1) 試験年次: 2002~2005年。

2) 試験場所: 東北農業研究センター大仙研究拠点大曲。

表7 ダイズモザイクウイルス病原系統別抵抗性検定試験成績(育成地)

品種名		ダイズモザイクウイルス病原系統				
		A	B	C	D	E
きぬさやか	発病個体率	4	9	0	8	58
	判定	R	R	R	R	S
デワムスメ	発病個体率	0	0	0	0	47
	判定	R	R	R	R	(S)
農林4号	発病個体率	86	90	95	96	43
	判定	S	S	S	S	(S)

注. 1) 個体発病率は2000年(刈系651号)と2004年の2ヶ年平均。

2) 病原系統別の人工接種による。

3) 抵抗性判定: 発病個体率 0~10%:R、11~30%:(R)、31~50%:(S)、51~100%:S。

4) 「デワムスメ」、「農林4号」はA~D系統に対する抵抗性の指標品種である。

表8 ダイズシストセンチュウ抵抗性検定試験成績（北海道立十勝農業試験場）

品種名	レース3（更別村）				抵抗性	レース1（十勝農試）		判定	
	寄生度指数					性	寄生度指数		
	2002年		2004年				2002年		
	7月25日	8月1日	7月23日	8月5日			7月15日		7月21日
きぬさやか	32	40	62	—	S	48	51	S	弱
キタムスメ	37	39	80	70	S	54	41	S	弱
トヨムスメ	0	3	13	6	R	47	41	S	強
Peking	0	2	0	0	R	0	6	R	極強

注. 1) 根の雌成虫の着生密度を、0（無）～4（甚）の階級値で表し、以下の式により、寄生度指数を算出した。  

$$\text{寄生度指数} = \frac{\sum (\text{階級値} \times \text{該当個体数}) \times 100}{4 \times \text{個体数}}$$
  
 2) 抵抗性は標準品種の寄生度指数を参考にして判定した。なおR：抵抗性、S：罹病性、判定は標準品種との比較による。  
 3) 「キタムスメ」は弱、「トヨムスメ」は強、「Peking」は極強の標準品種である。  
 4) 各年次の月日は調査日を示す。

表9 紫斑病抵抗性検定試験成績（福島県農業試験場会津支場）

品種名	2001年		2004年	
	発病粒率 (%)	判定	発病粒率 (%)	判定
きぬさやか	1.2	強	5.5	やや強
赤茨（長野）	1.1	強	0.7	強
タマヒカリ	2.9	やや強	5.2	やや強
スズユタカ	6.1	中	12.8	中
エンレイ	6.5	中	20.3	中

注. 1) 2001年は刈系651号の成績。  
 2) 判定：任意に抽出した100gの子実について発病粒率で判定。  
 2001年の判定基準 1.1～2.8：強、2.9～6.2：やや強、6.3～9.9：中、10.0～19.9：やや弱、20.0～：弱(単位%)。  
 2004年の判定基準 0.7～5.1：強、5.2～16.5：やや強、16.6～24.9：中、25.0～39.9：やや弱、40.0～：弱(単位%)。  
 3) 「赤茨(長野)」は強、「タマヒカリ」はやや強、「スズユタカ」と「エンレイ」は中の指標品種である。

表10 立枯性病害抵抗性検定試験成績（岩手県農業研究センター）

品種名	2001年				2004年			
	発病株率 (%)	平均発病度	同一株内判定		発病株率 (%)	平均発病度	同一株内判定	
			Harosoy対比				Harosoy対比	
きぬさやか	94.9	1.51	0.633	やや強	81.4	1.64	0.705	やや強
ナンブシロメ	100.0	2.67	1.014	弱	100.0	2.75	1.033	弱
ワセスズナリ	91.1	2.01	0.781	中	100.0	2.80	0.885	中
スズカリ	86.6	1.71	0.678	やや強	97.5	2.21	0.769	やや強

注. 1) 2001年は刈系651号の成績。  
 2) 1株に供試品種・系統とHarosoyを混植し、Harosoyが罹病した株だけを調査対象とした。  
 3) 発病度は、発病無し：0、地際部に褐変が認められる：1、褐変が地際部全体を取り巻いている：2、褐変が地際部を中心に長く伸びている：3、主根が腐朽：4、枯死：5とする階級値を個体毎に与え、下式によって算出した。  

$$\text{発病度} = \frac{\sum (\text{階級値} \times \text{該当株数})}{(\text{全調査株数} \times 5)} \times 100$$
  
 4) 同一株内Harosoy対比は、同一株内のHarosoyの発病度に対する供試系統の発病度として算出した。  
 5) 判定は同一株内Harosoy対比を重点に行った。  
 2001年の判定 強：同一株内Harosoy対比0.610未満  
 やや強：0.610～0.729  
 中：0.730～0.879  
 やや弱：0.880～0.999  
 弱：1.000以上  
 2004年の判定 強：同一株内Harosoy対比0.700未満  
 やや強：0.700～0.799  
 中：0.800～0.899  
 やや弱：0.900～0.949  
 弱：0.950以上  
 6) 「ナンブシロメ」は弱、「ワセスズナリ」は中、「スズカリ」はやや強の指標品種である。



る(表11)。裂莢の難易について、熱風乾燥処理(土屋・砂田 1978)による裂莢検定試験の結果、「きぬさやか」の裂莢率は「スズユタカ」並で中と判定される(表12)。倒伏抵抗性について、育成地の生産力検定試験(表5、表6)における倒伏程度は「スズユタカ」並であり、強と判定される。

### 3. 品質特性

#### 1) 粒大、裂皮性及び子実成分

「きぬさやか」の粒度分布は、中粒銘柄である「スズユタカ」とほぼ同等であることから、中粒に該当する(表13)。「きぬさやか」の子実の幅と長さ及び厚さと幅の比は、それぞれ0.94、0.86であり、粒形は球に分類される(表14)。

「きぬさやか」の裂皮の難易は、吸水・乾燥処理(村田ら 1991)による裂皮検定試験より、易と判定される(表15)。

「きぬさやか」の粗蛋白含有率は、高の標準品種である「エンレイ」より低く、中の標準品種「スズユタカ」並であり(表16)、粗蛋白含有率は中に分類される。また、「きぬさやか」の粗脂肪含有率は、中の標準品種の「スズユタカ」並であり(表16)、粗脂肪含有率は中に分類される。

子実中のリポキシゲナーゼについて、「スズユタカ」は3つのアイソザイムを有しているが、「きぬさやか」は全て欠失している(写真2)。また胚軸中に含まれるグループAアセチルサポニンも、「ス

表11 最下着莢節位高調査成績(育成地)

品種名	最下着莢節位高 (cm)	判定
きぬさやか	18.8	中
すずかおり	13.2	低
スズユタカ	19.4	中
タチユタカ	22.0	中
タチナガハ	31.7	高

注. 1) 2002~2004年の3ヶ年平均。  
2) 普通畑標準播における10株、3反復を調査した。  
3) 「スズユタカ」は中の標準品種である。

表12 熱風乾燥処理による裂莢率の調査成績(育成地)

品種名	裂莢率 (%)	判定
きぬさやか	57	中
タチナガハ	98	易
スズユタカ	80	中
タチユタカ	2	難

注. 1) 2002年~2004年の3ヶ年平均。  
2) 裂莢率は、成熟期の2週間後に60℃・3時間処理後、裂莢数を調査した。  
3) 2002年、2003年は50莢を2反復、2004年は50莢を3反復、裂莢数を調査した。  
4) 「スズユタカ」は中、「タチユタカ」は難の標準品種である。

表13 粒度分布(育成地)

品種名	6.6mm 以下	6.7mm~ 7.2mm	7.3mm~ 7.8mm	7.9mm~ 8.4mm	8.5mm 以上	百粒重 (g)
きぬさやか	5.4	41.8	48.8	4.0	0.0	23.5
スズユタカ	5.3	37.2	53.4	4.1	0.1	24.9

注. 1) 2002~2004年の3ヶ年平均。  
2) 育成地の普通畑標準播産について、各反復500g、3反復を調査した。  
3) 粒度は重量比(%)。

表14 粒形調査成績(育成地)

品種名	長さ (mm)	幅 (mm)	厚さ (mm)	幅/長さ	厚さ/幅	判定
きぬさやか	7.78	7.30	6.27	0.94	0.86	球

注. 1) 2002~2004年の3ヶ年平均。  
2) 育成地普通畑標準播産50粒を調査した。  
3) “球”の分類基準：幅/長さが0.85以上で厚さ/幅が0.85以上

表15 吸水乾燥法による裂皮性検定試験成績(育成地)

品種名	裂皮粒率 (%)	判定
きぬさやか	39.7	易
スズユタカ	24.5	中
エンレイ	18.1	難

注. 1) 2002~2004年の3ヶ年平均。  
2) 30℃・13時間吸水後、30℃・湿度80%で8時間以上乾燥後、裂皮の大きさが最大3mm以上の粒数を調査した。供試粒数は50粒2反復である。  
3) 「スズユタカ」は中、「エンレイ」は難の指標品種である。

ズユタカ」は有しているが、「きぬさやか」は欠失している（写真3）。

2) 加工適性

(1) 豆乳

豆乳メーカーA社で製造した豆乳を用いて、東北農業研究センター委託消費者モニターをパネラーとする官能評価試験を行った。なお、比較として同社

の輸入大豆を原料とする市販品を用いた。その結果、輸入大豆と比較して、「きぬさやか」を原料とした豆乳は、青臭みやえぐ味が少なく、なめらかで、総合評価も高かった（表17）。

(2) 豆腐

育成地における豆腐加工適性試験では、「きぬさやか」は豆乳抽出率や豆乳固形分が「スズユタカ」、

表16 子実成分調査成績（育成地）

品種名	粗蛋白質含有率 (%)		粗脂肪含有率 (%)	
	普通畑 標準播	転換畑 標準播	普通畑 標準播	転換畑 標準播
きぬさやか	40.9	40.9	19.8	19.4
スズユタカ（標準）	40.6	40.7	19.8	19.7
エンレイ（標準）	45.8	45.6	18.8	18.5

注. 1) 2002～2004年の3ヶ年平均。  
 2) 分析は近赤外分光分析法による無水分中の含有率。窒素蛋白質換算係数は6.25。  
 3) 「スズユタカ」は粗蛋白質含有率“中”(40.1～44.0%)、粗脂肪含有率“中”(19.0～21.9%)の標準品種。「エンレイ」は粗蛋白質含有率“高”(44.1～48.0%)の標準品種。

表17 豆乳官能評価試験成績（東北農業研究センター総合研究部）

品種名	見た目	なめらかさ	風味	青臭み	えぐみ	こく	甘み	総合評価	
きぬさやか	1.3	1.5	1.1	1.7	1.5	0.1	0.6	1.0	
評価基準	↑ 2	良い	良い	良い	ない	ない	ある	ある	良い
	0	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ
	↓ -2	悪い	悪い	悪い	ある	ある	ない	ない	悪い

注. 1) 試験年次：2004年。  
 2) きぬさやか（育成地普通畑標準播産）と輸入大豆を用いて豆乳を製造。  
 3) 官能評価試験は東北農業研究センター総合研究部（現東北地域活性化研究チーム）が実施。  
 4) 東北農業研究センター委託消費者モニター52名による官能評価。  
 5) 輸入大豆を基準（0）にして比較したときの全モニターの平均値。

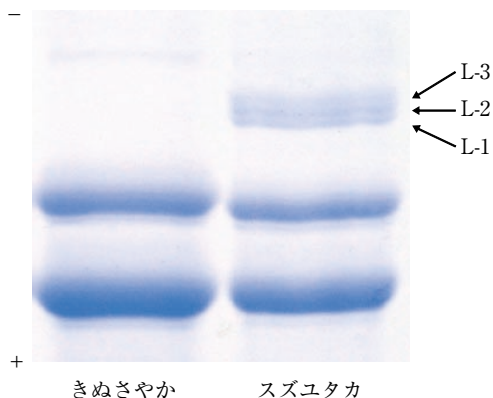


写真2 子実中のリポキシゲナーゼの電気泳動像

L-1、L-2、L-3は3種類のリポキシゲナーゼを示す。  
 注. 1) タンパク抽出は、抽出500μl(50mMトリス、7mM SDS、5M尿素、pH8.0)とβ-メルカプトエタノールを1滴加えて行った。電気泳動は7.5%アクリルアミドゲル、定電流40mA、4時間で行った。

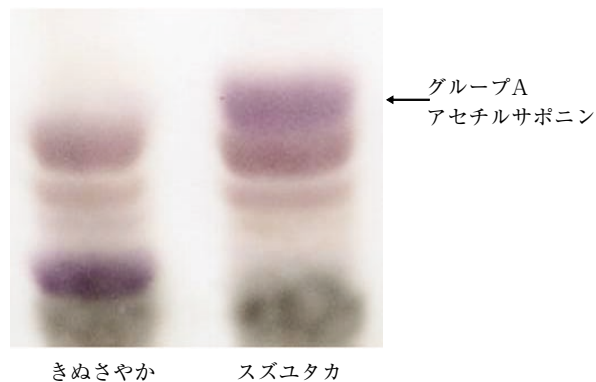


写真3 グループAアセチルサポニンの薄層クロマトグラム

注. 1) 胚軸の10倍量の70%エタノール（0.1%酢酸を含む）で抽出した液を試料とした。クロロホルム：メタノール：蒸留水=13：7：2の移動層で展開後、検出液（10%硫酸、1%硫酸セリウム）を噴霧し、110℃で10分加熱した。

「フクユタカ」並で、豆腐破断強度は「フクユタカ」よりもやや劣るが、「スズユタカ」より安定して高かった(表18)。

また、大豆食品メーカーB社で製造した豆腐を用いて、東北農業研究センター委託消費者モニターをパネラーとする官能評価試験を行った。なお、比較として同社の輸入大豆を原料とする市販品を用いた。その結果、輸入大豆と比較して、「きぬさやか」を原料とした豆腐は青臭みやえぐ味が少なく、甘みがあり、食感や見た目も良く、総合評価も高かった(表19)。

### (3) 豆乳アイスクリーム

大豆食品メーカーB社で、豆乳アイスクリームを製造し、食味官能評価試験を行った。なお食味官能評価はB社のパネラー10名により行われた。「きぬさやか」を原料とした豆乳アイスクリームは、「スズユタカ」と比較して、取れん味等の不快味が少なかった(表20)。

### (4) 納豆

国産大豆協議会品質評価分科会において、茨城県工業技術センターで製造した納豆を用いて、食味官能評価試験を行った。中粒納豆の標準品種である

表18 豆腐加工適性試験(育成地)

品種名	吸水率 (倍)	豆乳 抽出率 (%)	豆乳中 固形分 (%)	豆腐の 破断強度 (g/cm <sup>2</sup> )	色調		
					L*	a*	b*
2002年産							
きぬさやか	2.31	78.8	11.3	112.5	85.42	-1.86	13.06
スズユタカ	2.36	78.8	11.6	105.9	84.72	-1.31	12.63
すずさやか	2.37	78.5	11.4	99.1	84.73	-1.73	13.43
2003年産							
きぬさやか	2.29	79.3	11.2	121.9	86.06	-2.19	13.69
スズユタカ	2.32	78.6	11.3	102.0	85.27	-1.59	12.48
すずさやか	2.29	79.5	11.3	120.2	85.54	-1.95	13.62
フクユタカ	2.21	80.5	11.6	136.4	86.17	-2.31	12.76
2004年産							
きぬさやか	2.21	79.2	11.3	113.8	85.00	-2.24	13.16
スズユタカ	2.25	78.5	11.3	72.7	84.33	-1.97	12.77
すずさやか	2.27	80.3	11.5	63.0	84.30	-2.00	13.30
フクユタカ	2.22	79.1	11.2	122.7	85.83	-2.33	12.92

- 注. 1) 製造方法: 20℃、18時間浸漬後、6倍加水で磨砕し、生搾りで得た豆乳を沸騰水中で6分間加熱後、1時間冷却、0.3%GDLとなるように凝固剤を添加し、80℃で1時間加熱して豆腐を調製。  
 2) 豆乳中固形分: 豆乳10g・110℃・18時間乾燥。  
 3) 豆腐の破断強度: レオメーターによる(プランジャー直径10mm・速度6cm/min・サンプル高15mm)  
 4) 豆乳の色調: 色差計(TC-1800MK-II)による(2度視野・D65光源)。  
 L\*: 明100⇔0暗 a\*: 赤+⇔-緑 b\*: 黄+⇔-青  
 5) 「すずさやか」はリボキシゲナーゼ全欠品種、「フクユタカ」は福岡県産。

表19 豆腐官能評価試験成績(東北農業研究センター総合研究部)

品種名	見た目	食感	風味	青臭み	えぐみ	こく	甘み	総合評価	
きぬさやか	1.1	0.7	0.6	0.8	1.0	0.6	0.6	0.6	
評価基準	↑ 2	良い	良い	良い	ない	ない	ある	ある	良い
	0	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ	同じ
	↓ -2	悪い	悪い	悪い	ある	ある	ない	ない	悪い

- 注. 1) 試験年次: 2004年。  
 2) 「きぬさやか」(育成地普通畑標準播産)と輸入大豆を用いて豆腐を製造。  
 3) 官能評価試験は東北農業研究センター総合研究部(現東北地域活性化研究チーム)が実施。  
 4) 東北農業研究センター委託消費者モニター54名により官能評価。  
 5) 評価は輸入大豆の豆腐を基準(0)として比較したときの全モニターの平均値。

「ナカセンナリ」と比較して、「きぬさやか」を原料とした納豆は、やや硬いものの、味はやや良く、総合評価は「ナカセンナリ」並であった（表21）。

(5) 味噌

国産大豆協議会品質評価分科会において、中央味噌研究所で製造した淡色系味噌及び赤色系味噌を用

いて、食味官能評価試験を行った。「きぬさやか」を原料とした味噌は、淡色系味噌では標準品種の「トヨコマチ」と比較して色、香り、組成で、赤色系味噌では標準品種の「エンレイ」と比較して色で、それぞれ評価が良く、総合評価でそれぞれ標準品種並の適性があった（表22）。

表20 牛乳混合豆乳アイスクリーム官能評価試験成績 (B社)

品種名	渋み	不快味	甘み	こく
きぬさやか	3.8	3.9	3.4	3.7
スズユタカ	2.9	3.0	3.4	3.7
	↑5	弱い	弱い	強い
評価基準	3	普通	普通	普通
	↓1	強い	強い	弱い

注. 1) 試験年次は2001年。原料は育成地普通畑標準播産。  
 2) 10人のパネラーにより官能評価を行った。なお、評価はパネラーの主観で、普通を3とする絶対評価とした。  
 3) 豆乳アイスクリームの製造法  
 5℃の豆乳200mlと5℃の牛乳200mlとを混合し、砂糖40gを添加し、-20℃で30分放置後、さらにバニラエッセンス2mlと砂糖40gと生クリーム100gを加えて、かき混ぜ、-20℃で3時間冷凍した。冷凍後、かき混ぜ、さらに-20℃で30分間冷凍した。冷凍後の操作を3回繰り返したものを牛乳混合豆乳アイスクリームとした。

表21 納豆官能評価試験成績 (国産大豆協議会品質評価分科会、茨城県工業技術センター)

品種名	豆の色	香り	硬さ	味	糸引き	総合評価
きぬさやか	3.1	3.2	2.4	3.4	2.8	3.0
ナカセンナリ(標準)	3.0	3.0	3.0	3.0	3.0	3.0
	↑5	良い	良い	柔らかい	良い	良い
評価基準	3	普通	普通	普通	普通	普通
	↓1	悪い	悪い	硬い	悪い	悪い

注. 1) 試験年次：2004年。  
 原料は「きぬさやか」が2003年産育成地産、「ナカセンナリ」が同年長野県産。  
 2) 10名のパネラーにより官能評価を行った。

表22 味噌官能評価試験成績 (国産大豆協議会品質評価分科会、中央味噌研究所)

種類	淡色系味噌				赤色系味噌			
	色	香り	味	組成	色	香り	味	組成
試作条件	常圧、60分→0.75kg/cm <sup>2</sup> 、30分 10歩麹、食塩12% 種水 200g 熟成、発酵 30℃ 加温期間 30日				常圧、60分→0.75kg/cm <sup>2</sup> 、30分 8歩麹、食塩12% 種水 200g 熟成、発酵 30℃ 加温期間 60日			
官能評価	色	香り	味	組成	色	香り	味	組成
良い (人数)	9	8	4	9	9	5	3	4
普通 (人数)	20	20	23	22	19	22	23	21
悪い (人数)	2	3	4	0	3	4	5	6

注. 1) 原料は2003年育成地産。  
 2) パネラーは31名。  
 3) 評価は淡色系味噌では「トヨコマチ」(北海道産)、赤色系味噌では「エンレイ」(新潟県産)を標準とし、良い、普通、悪いの3段階で評価し、各評価の人数を示した。

#### Ⅳ 適地及び栽培上の留意点

##### 1. 奨励品種決定調査等における試験成績

###### 1) 奨励品種採用県における成績

「きぬさやか」は、2003年及び2005年、宮城県古川農業試験場の奨励品種決定調査に供試された(表23)。

標準品種「タンレイ」と比較して、成熟期は3日遅く、子実重は同品種対比で102%であった。「タンレイ」に比べ外観品質は優るものの、百粒重は同品種より5g程度軽かった。

###### 2) 奨励品種採用県以外における概評

2002年～2005年の4カ年に延べ9箇所て供試された。その結果、2003年には、山形県農業試験場本場及び庄内支場でやや有望と評価された(表24)。

##### 2. 栽培適地

公立試験研究機関における奨励品種決定調査成績、成熟期及びダイズモザイク病抵抗性等の成績から、「きぬさやか」の栽培適地は東北南部地域と判断される。

##### 3. 栽培上の留意点

リポキシゲナーゼ欠失等の子実成分特性を損なうことのないよう、本品種単独の集団栽培を行うとともに、収穫・調整時に異品種が混入しないよう、純度管理を徹底する。また、ダイズシストセンチュウ抵抗性を持たないため連作やセンチュウ汚染圃での栽培は避ける。

##### 4. 本品種に関わる特許

本品種を原料とする大豆加工食品は食品メーカーと共同で特許(特許第3567156号、「大豆加工食品」)を取得しており、本品種を加工原料として使用するには特許権保有者の許諾が必要である。

#### V 考 察

##### 1. 期待される効果

「きぬさやか」はリポキシゲナーゼ欠失、グループAアセチルサポニン欠失という新規形質を有している。そのため、豆腐や豆乳に加工した際も、青臭みやえぐ味が少なく、食味の面で優れている。また「きぬさやか」はリポキシゲナーゼを欠失している

表23 宮城県古川農業試験場における試験成績

品種名	開花 期 (月日)	成熟 期 (cm)	主茎 長 (節)	主茎 節 数 (本/株)	生育中の障害程度		子実 重 (kg/a)	対 標 準 比 (%)	百 粒 重 (g)	被害粒の程度			品 質	
					蔓 化 伏	倒 伏				紫 斑	褐 斑	裂 皮		
きぬさやか	8.05	10.24	81	16.3	9.2	少	中	33.1	102	25.0	無	無	無	上下
タンレイ(標準)	8.03	10.21	84	17.5	8.5	微	少	32.5	100	29.6	微	微	無	中上
タチナガハ(比較)	8.06	10.25	95	17.8	10.0	少	中	39.0	120	34.7	無	無	無	上中
ミヤギシロメ(比較)	8.10	11.02	107	20.0	10.8	中	多	36.7	113	39.5	無	無	無	上下

注. 1) 2003年と2005年の2カ年平均。

表24 採用県以外の奨励品種決定調査における成績の概要一覧

県名	試験場所	2002年			2003年			2004年			2005年			標準品種
		収 量 比 (%)	成 熟 期 (日)	概 評	収 量 比 (%)	成 熟 期 (日)	概 評	収 量 比 (%)	成 熟 期 (日)	概 評	収 量 比 (%)	成 熟 期 (日)	概 評	
山形	農試 庄内	88	6	◇	97	2	○	97	3	◇				スズユタカ
					87	-4	○	87	-1	◇				スズユタカ
福島	農試	96	6	◇	91	4	◇	99	5	◇				スズユタカ
栃木	農試										72	3	×	すずさやか

注. 1) 収量比及び成熟期は標準品種に対する比と差をそれぞれ示す。

2) 概評 ◎: 有望、○: やや有望、◇: 再検討、△: やや劣る、×: 劣る

表25 育成従事者と担当世代

	年次	1993	1994	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004
氏名	世代	交配	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	F9	F10	F11	F12
湯本節三						●	●						●	●
高田吉丈						●								●
河野雄飛										●				●
加藤 信														●
島田信二								●					●	
境 哲文								●					●	
島田尚典							●				●			
高橋浩司						●				●				
足立大山		●												
田淵公清		●												
菊池彰夫		●												

ため、不飽和脂肪酸の酸化による不快臭の発生がない。そのため、小麦粉、卵、食用油との組み合わせが可能となり、バラエティに富んだ新規大豆食品の開発が期待できる。

2. 今後の課題

「きぬさやか」の熟期は晩であることから、東北北部には不向きであり、同地域に向く早熟なりポキシゲナーゼ全欠品種の育成が望まれる。また、本品種はダイズシストセンチュウ抵抗性も持たないため、抵抗性の付与も重要である。

VI 育成従事者

育成従事者と担当世代を表25に示した。

引用文献

1) 羽鹿牧太, 高橋将一, 異儀田和典, 酒井真次, 中澤芳則. 2002. ダイズ新品種「いちひめ」の育成とその特性. 九州沖縄農業研究センター報告 40: 79-94.

2) 橋本鋼二, 長沢次男, 村上昭一, 渡辺巖, 国分喜治郎, 小山隆光, 中村茂樹, 松本重男, 松本定夫, 佐々木絃一. 1984. ダイズ新品種「スズユタカ」の育成. 東北農試研報 70: 1-38.

3) Kikuchi, A.; Tsukamoto, C.; Tabuchi, K. 1999. Inheritance and characterization of a null allele for group A acetyl saponins found in a mutant soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *Breeding*

Science. 49: 167-171.

4) Matoba, T.; Hidaka, H.; Narita, H.; Kitamura, K.; Kaizuma, N.; Kito, M. 1985. Lipoxygenase-2 isozyme is responsible for generation of normal-hexanal in soybean homogenate. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 33: 852-855.

5) Matoba, T.; Hidaka, H.; Kitamura, K.; Kaizuma, N.; Kito, M. 1985. Contribution of hydroperoxide lyase activity to normal-hexanal formation in soybean. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 33: 856-858.

6) 村田吉平, 菊池彰夫, 酒井真次. 1991. 大豆裂皮性簡易検定法(吸水裂皮法)について. 日作東北支部会報 34: 57-58.

7) 農林水産先端技術産業振興センター. 2004. 審査基準国際統一委託事業調査報告書. 31p.

8) 大久保一良. 1988. 大豆のDMF(Dry Mouth Feel, あく, 不快味)成分と豆腐等の食品加工におけるその挙動. *日本食品工業学会誌* 35: 866-874.

9) Rackis, J. J.; Sessa, D. J.; Honig, D. H. 1979. Flavor problems of vegetable food proteins. *Journal of the American Oil Chemists Society* 56: 262-271.

10) 須田郁夫. 1999. リポキシゲナーゼ完全欠失大豆の機能性と新規加工食品創出. *豆類時報* 14: 32-38.

11) Shiraiwa, M.; Kudo, S.; Shimoyamada, M. 1991. Composition and structure of group A saponin

- in soybean seed. *Agricultural and Biological Chemistry* 55: 315-322.
- 12) 高橋将一, 松永亮一, 小松邦彦, 羽鹿牧太, 酒井真次, 異儀田和典, 中澤芳則. 2003. タイズ新品種「エルスター」の育成とその特性. 九州沖縄農業研究センター報告 42: 49-65.
  - 13) 土屋武彦, 砂田喜与志. 1978. 大豆の裂莢性に関する育種学的研究. II 裂莢性の検定方法と品種間差異. 道立農試集報 39: 19-26.
  - 14) 湯本節三, 島田信二, 高田吉丈, 境哲文, 河野雄飛, 島田尚典, 高橋浩司, 足立大山, 田淵公清, 菊池彰夫, 村田吉平, 酒井真次, 喜多村啓介, 石本政男, 異儀田和典, 中澤芳則, 羽鹿牧太. 2006. 東北地域向きリポキシゲナーゼ欠失大豆新品種「すずさやか」の育成. 東北農業研究センター報告 105: 35-48.

## ハトムギ新品種「はとゆたか」の育成

加藤 晶子\*<sup>1)</sup>・山守 誠\*<sup>1)</sup>・由比真美子\*<sup>1)</sup>・石田 正彦\*<sup>2)</sup>  
 千葉 一美\*<sup>3)</sup>・奥山 善直\*<sup>3)</sup>・遠山 知子\*<sup>3)</sup>・田野崎真吾\*<sup>3)</sup>  
 菅原 侗\*<sup>4)</sup>・遠藤 武男\*<sup>3)</sup>・柴田 悱次\*<sup>3)</sup>

抄録：「はとゆたか」は1988年に早生・短稈・多収のハトムギ品種の育成を目標として、早生・短稈のF<sub>6</sub>-22（のちの「東北1号」）を母本、晩生・中稈で多収の「奥羽4号」を父本として交配し、選抜・固定を図ったものである。

本品種の成熟期は中の早で「はとじろう」より遅く、「中里在来」より早い。穀実収量は「はろじろう」および「中里在来」より多い。草丈は「はとじろう」と同じく短に属し、「中里在来」より短い。着粒層は「はとじろう」より広く、「中里在来」並である。耐倒伏性は「はとじろう」および「中里在来」並であり、脱粒性は両品種並の易である。葉枯病抵抗性はやや弱であり「はとじろう」と比べ罹病しやすい。お茶加工適性は「はとじろう」と比較して同等～良で、焙煎粒の外観品質は優れる。栽培の適応地帯は東北地方である。岩手県の中・南部と宮城県の仙台湾岸地域で作付けが見込まれている。

キーワード：ハトムギ、新品種、多収

**A New Job's-tears Cultivar "Hatoyutaka"**: Masako KATO\*<sup>1)</sup>, Makoto YAMAMORI\*<sup>1)</sup>, Mamiko YUI\*<sup>1)</sup>, Masahiko ISHIDA\*<sup>2)</sup>, Ichimi CHIBA\*<sup>3)</sup>, Yoshinao OKUYAMA\*<sup>3)</sup>, Tomoko TOYAMA\*<sup>3)</sup>, Shingo TANOSAKI\*<sup>3)</sup>, Satoshi SUGAWARA\*<sup>4)</sup>, Takeo ENDO\*<sup>3)</sup> and Mototsugu SHIBATA\*<sup>3)</sup>

**Abstract**: A new Job's-tears cultivar "Hatoyutaka" was developed at the National Agricultural Research Center for Tohoku Region, NARO, and was registered as "Norin 4" by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries (MAFF) in 2004. "Hatoyutaka" was selected from the progenies of the cross of "F<sub>6</sub>-22 (Tohoku 1)/Ouu 4", with the aim of developing a new cultivar with early maturity, short culm, and high yield.

The major agronomic characteristics of "Hatoyutaka" are as follows. The maturity is early to medium, later than that of "Hatojirou" and earlier than that of "Nakazato-zairai". Its yield ability is higher than those of "Hatojirou" and "Nakazato-zairai". The plant height is as short as "Hatojirou", and shorter than that of "Nakazato-zairai". Its grain-setting layer is wider than that of "Hatojirou", and about the same as "Nakazato-zairai". Its lodging resistance is the same as those of "Hatojirou" and "Nakazato-zairai". Its shattering is as easy as "Hatojirou" and "Nakazato-zairai" while its resistance to leaf blight is slightly weaker than that of "Hatojirou". "Hatoyutaka" is suitable for tea processing, and the appearance of its roasted grains is good.

"Hatoyutaka" is adapted to the Tohoku region of Japan. Its cultivation has been recommended in Iwate and Miyagi prefectures since 2004.

**Key Words**: Job's-tears, New cultivar, High-yielding ability

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Morioka, Iwate, 020-0198, Japan)

\* 2) 現・野菜茶業研究所 (National Institute of Vegetable and Tea Science, Ano, Mie 514-2392, Japan)

\* 3) 元・東北農業試験場 (Retired, Tohoku National Agricultural Experiment Station, Morioka, Iwate, 020-0198, Japan)

\* 4) 故人 (the deceased)

2006年12月14日受付、2007年2月28日受理



## I 緒 言

ハトムギは耐湿性が強く湿田でも栽培できるため、主に転作作物として栽培されている。1978年に転換畑における特定作物に指定され、1981年には全国で1,100haが栽培されるに至ったが、最近の栽培面積は300~400ha程度で推移している（農産業振興奨励会 1998、2005）。東北地方はハトムギの主要栽培地帯であり、東北農業試験場で育成された「はとじろう」（加藤ら 1977）が主に栽培されている。「はとじろう」は熟期が早いため東北地方北部でも安定した栽培ができ、短程で着粒層が狭いため機械収穫も容易な品種である。

岩手県におけるハトムギ栽培品種のほとんどは「はとじろう」で占められ、主産地は奥州市（旧衣川村）、花巻市（旧東和町）であり、産地は商品開発により特産化を図っている。近年の雑穀への関心の高まりから、ハトムギの需要は増加している。需要増につれて、作付面積が増加しており、ハトムギの安定供給、収益向上の面から生産力の高い品種が強く望まれていた。

宮城県においては、多湿な転換畑における転作作物として、ハトムギの作付を推奨している。現在は、「はとじろう」が仙台地域で栽培されており、「仙台はとむぎ茶」などに加工され、特産品として販売されている。このような状況下で生産現場からは「はとじろう」より収量性が高く、「はとじろう」のように機械収穫適性のある短程品種が望まれていた。

「はとゆたか」は「はとじろう」に比べ収量性が高く、お茶焙煎粒の外観品質に優れ、お茶加工適性も良い。また宮城県では「はとじろう」より草丈がやや短く、着粒層は同程度であるため機械収穫に適している。これらの優れた特性から、「はとゆたか」は2003年9月に命名登録され、「はとじろう」に替えて岩手・宮城県内において栽培され、産地のハトムギ栽培振興と生産性の向上を図ることとなった。そこで、本品種の来歴、育成経過、特性などを報告

し、今後の普及の参考に供したい。

本品種の育成にあたり、優良品種選定試験などを実施し、地域適応性及び諸特性の調査に当たられた秋田県農業試験場、岩手県農業研究センター、宮城県農業センター及び古川農業試験場、九州沖縄農業研究センターの担当者各位に謝意を表す。特に、栽培予定県の岩手県農業研究センター及び宮城県農業センター、古川農業試験場の担当者各位には特段のご協力を頂いた。また、東北農業研究センター企画調整部（旧・東北農業試験場企画連絡室）業務第1科小林正志、高橋博貴、伊東健二、斎藤文隆、藤澤敏彦、後藤正幸、斎藤真一、藤澤忠、中嶋浩之、佐藤卓見、関村良蔵、斉藤隆、武蔵孝仁の諸氏には栽培管理や調査などにおいて多大な協力を頂いた。さらに、当所の歴代の作物開発部長、作物機能開発部長にはご指導を頂いた。ここに記してこれらの方々に感謝の意を表す。

## II 来歴及び育成経過

「はとゆたか」は1988年に東北農業試験場資源作物育種研究室（盛岡試験地）において、早生・短程のF<sub>6</sub>-22（のちの「東北1号」）を母本、晩生・中程で多収の「奥羽4号」を父本として交配し（表1）、同研究室（2001年より東北農業研究センター資源作物育種研究室）において系統育種法によって早生で短程・多収系統を目標とし、選抜・固定を図ってきた系統である（図1）。1996~1998年の生産力検定予備試験において収量が高く良好な成績であったので、1999年より「東北3号」と地方番号を付け、生

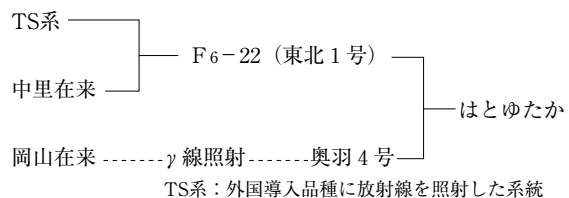


図1 「はとゆたか」の系譜

表1 「はとゆたか」の両親の特性

系統名	熟性	草丈	茎数	着粒層	稈径	葉鞘色	穀実の			脱粒性	葉枯病
							粒重	形	光沢		
東北1号(♀)	早	短	中	狭	細	淡褐	軽	長楕円	良	易	中
奥羽4号(♂)	晩	中	中	中	中	淡黄緑	重	長楕円	良	易	中

産力検定試験を実施するとともに、岩手県、宮城県、秋田県などの各県農業試験場等において地域適応性を検討してきた（表2）。

2003年までに岩手県と宮城県において良好な成績が得られたので命名登録と品種登録を出願し、2004年9月はとむぎ農林4号「はとゆたか」と命名された。2003年の世代は雑種第15代である。

### Ⅲ 特性の概要

#### 1. 形態的特性

草丈は「はとじろう」と同じく短に属し、「中里在来」より短い。稈径は「はとじろう」とほぼ同じで「中里在来」よりやや細い。葉身の大きさ（長さ×幅）は「はとじろう」よりやや大きい。鞘状苞数は「はとじろう」よりやや多い。着粒層は「はとじろう」より広く、「中里在来」並である。穀実の百粒重は「はとじろう」並のやや重であり、形は長楕

円で、色は茶褐色である。茎数は「はとじろう」と同等であるが、「中里在来」よりやや多い（表3、写真1、写真2、写真3）。

#### 2. 生態的特性

穀実の収量は「はとじろう」、「中里在来」より多い。出穂期は「はとじろう」とほぼ同じで、「中里在来」より早い。成熟期は「はとじろう」より遅く、「中里在来」より早い、中の早に属する。耐倒伏性は「はとじろう」、「中里在来」並であり、脱粒性は両品種並の易である。葉枯病抵抗性はやや弱であり、「はとじろう」と比べ罹病しやすい（表4）。

#### 3. 品質特性

穀実の硬さは「はとじろう」、「中里在来」より軟らかい。子実歩留は「はとじろう」、「中里在来」よりわずかに低いが、同じ中に属する。蛋白質含有率は「はとじろう」よりやや低く、脂肪含有率は同等である（表5）。

表2 「はとゆたか」の育成経過一覧

年次世代	1988 交配	1989 F1	1990 F2	1991 F3	1992 F4	1993 F5	1994 F6	1995 F7	1996 F8	1997 F9	1998 F10	1999 F11	2000 F12	2001 F13	2002 F14	2003 F15	
栽 植	系統群数			1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	系統数			5	5	5	5	5	5	5	7	7	7	6	7	7	
	個体数		40	229	150	150	150	125	125	125	125	175	175	175	300	350	350
選 抜	系統群数			1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	系統数			1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	個体数		4	5	5	5	5	5	5	5	7	7	7	6	7	7	7
生産力検定試験													○	○	○	○	○
生産力検定予備試験									○	○	○						
優良品種選定試験等実施箇所													2	3	3	3	3
優良品種選定試験等現地調査実施箇所														2	3	3	

表3 「はとゆたか」の形態的特性

品種名	葉身の		葉身の		鞘状	着粒層	百粒重	粒形	粒色	茎数
	草丈	稈径	長さ	幅	苞数					
はとゆたか	短	やや細	中	中	やや多	中	やや重	長楕円	茶褐	中
はとじろう	短	やや細	やや短	やや狭	中	狭	やや重	長楕円	黒褐	中
中里在来	中	中	中	中	中	中	やや重	楕円	淡褐	やや少

注. 特性調査成績は、はとむぎ特性調査基準(案)による。原則として育成地（標準栽培）での観察・調査による。

表4 「はとゆたか」の生態的特性

品種名	穀実重	出穂期	成熟期	耐倒伏	脱粒性	葉枯れ病
				性		
はとゆたか	中の多	早	中の早	中	易	やや弱
はとじろう	中の少	早	早	中	易	中
中里在来	中	中	中	中	易	中

注. 特性調査成績は、はとむぎ特性調査基準(案)による。原則として育成地（標準栽培）での観察・調査による。

#### 4. 加工適性

加工業者によるお茶加工適性評価は、「はとじろう」と比較して総合評価で同等～良であった。焙煎粒の外観品質に関する評価では総合評価で優であった(表6、表7)。

### Ⅳ 生産力と栽培特性

#### 1. 育成地における成績

生産力検定試験を1999～2003年の5年間実施した。各年次とも標肥標植、多肥標植、標肥密植、多肥密植、水田移植の5種類の試験を行った。生育調査及び収穫物調査の結果を表8、表9に示した。

「はとゆたか」の出穂期は「はとじろう」と同時期か1日遅く、成熟期は「はとじろう」より2～5日遅かった。草丈は「はとじろう」とほぼ同程度～10cm高かった。莖数は直播の試験区では「はとじろう」とほぼ同等～少なく、水田移植の試験区では「はとじろう」より多かった。稈径は「はとじろう」

と同等かやや細く、着粒層は広がった。葉枯病は「はとじろう」よりもやや発生が多く、倒伏は同程度であった。穀実収量は「はとじろう」より標肥標植区で26%多く、その他の試験区でも17～27%多収であった。百粒重は「はとじろう」より0.1～0.3g重く、リットル重は「はとじろう」と同程度～やや軽く、子実歩留は「はとじろう」より低かった。

多肥標植栽培では標肥標植栽培と比較して、草丈は6cm長くなるが、穀実収量は6%減収する。

標肥密植栽培では標肥標植栽培と比較して、成熟期は4日早くなり、草丈は11cm長く、穀実収量わずかに増収した。葉枯病は標準栽培よりやや多く発生しているが、倒伏程度は同等であった。

多肥密植栽培では標肥標植栽培と比較して草丈は7cm長くなり、穀実収量は2%増収した。葉枯病は標準栽培より多く発生しているが、倒伏程度は同等であった。

水田移植栽培は標肥標植栽培と比較して出穂期は



はとゆたか      はとじろう  
写真1 「はとゆたか」の草姿

表5 「はとゆたか」の品質特性

品種名	穀実の硬さ	子実歩留	蛋白質含有率	脂肪含有率
はとゆたか	軟	中	やや高	中
はとじろう	やや軟	中	高	中
中里在来	中	中	高	中

注. 特性調査成績は、はとむぎ特性調査基準(案)による。原則として育成地(標準栽培)での観察・調査によった。



はとゆたか      はとじろう  
写真2 「はとゆたか」の穀実



写真3 収穫期の「はとゆたか」  
(育成地 水田移植栽培)

6日早い成熟期6日は遅くなる。草丈は30cm以上短くなった。穀実収量は5%増収し、葉枯病と倒伏被害は見られなかった。

## 2. 栽培予定県における試験成績

### 1) 岩手県における成績

農業研究センターにおける試験では、「はとじろう」と比較して、出穂期と成熟期はほぼ同時期で、

表6 「はとゆたか」のお茶加工適性に関する調査（岡山県Y社）

生産地	生産年次	加工適性	製品歩留	加工品質	焙煎する温度	総合評価	概評
東北農業研究センター	2002	同等	良い	良い	焙煎温度高め	良い	若干焙煎温度高めに設定。
岩手県農業研究センター	2002	同等	若干劣る	同等	焙煎温度高め	同等	製品歩留が良く、お茶としての品質は高い。
岩手県東和町	2002	同等	良い	良い	焙煎温度高め	良い	
東北農業研究センター	2003	同等	同等	同等	同等	同等	お茶としての品質は高い。

注. 東和町は岩手県農研産の「はとじろう」と、その他はそれぞれの生産地・年次産の「はとじろう」と比較した。  
 (判定基準) 加工適性: 加工作業(粒選別等)の難易。 製品歩留: 歩留が高い方が良。  
 加工品質: お茶にした時の水の色及び香り。

表7 「はとゆたか」の外観品質(焙煎粒)に関する評価(岡山県Y社)

生産地	生産年次	粒色(艶)	粒形	粒大	粒揃い	総合評価	概評
東北農業研究センター	2002	優る	優る	優る	同等	優る	粒は大で、粒色も良い。もうすこし粒揃いが良ければ品質が高くなる。はとむぎとしては
岩手県農業研究センター	2002	優る	同等	優る	優る	優る	味、香りに優れている。
岩手県東和町	2002	優る	優る	優る	劣る	優る	
東北農業研究センター	2003	優る	優る	優る	優る	優る	粒色、粒揃いは良いので品質は高い。少し粒が大。

注. 東和町は岩手県農研産の「はとじろう」と、その他はそれぞれの生産地産・年次の「はとじろう」と比較した。  
 (判定基準) 粒色(艶): 色が揃い、艶があると良。 粒形: 楕円型・丸型が好ましく、はずれると劣る。  
 粒大: 適度な大きさ、極大・極小粒は劣る。 粒揃い: 揃いが良いと優る。

表8 育成地における「はとゆたか」の生育調査成績

栽培条件	品種名	出穂期	成熟期	草丈	茎数	稈径	着粒層	鞘状苞数	葉身(cm)		葉枯病発生程度	倒伏程度
		(月日)	(月日)	(cm)	(本/株)	(mm)	(cm)	(個/株)	長	幅		
標肥	はとゆたか	7.29	10.6	175	8.0	9.4	76	123	37.6	3.7	微~少	微
標植	はとじろう	7.28	10.2	172	8.4	9.3	69	118	33.2	3.3	微	微
	中里在来	8.2	10.11	190	6.8	9.7	75	112	39.2	3.8	微	微
多肥	はとゆたか	7.29	10.7	181	8.0	9.5	77	130	37.7	3.6	微~少	微
標植	はとじろう	7.28	10.3	171	7.9	9.4	71	116	34.1	3.2	微	微
	中里在来	8.2	10.12	192	7.2	9.7	78	126	39.8	3.9	微	微
標肥	はとゆたか	7.28	10.2	186	5.7	9.2	68	67	36.7	3.3	少	微
密植	はとじろう	7.28	9.30	179	6.2	9.5	61	63	33.7	3.1	微~少	微
	中里在来	8.2	10.10	196	4.6	9.5	65	62	38.9	3.7	微~少	微
多肥	はとゆたか	7.28	10.6	182	5.9	9.2	68	71	36.3	3.5	少	微
密植	はとじろう	7.27	10.1	183	6.1	9.5	65	69	34.2	3.1	少	微
	中里在来	8.1	10.10	197	4.8	9.5	68	67	38.7	3.7	中	微
水田	はとゆたか	7.23	10.12	133	7.8	8.5	68	126	27.3	2.9	無	無
移植	はとじろう	7.22	10.9	134	7.4	8.7	66	126	27.0	2.7	無	無
	中里在来	7.30	10.13	155	6.3	9.9	76	124	30.5	3.2	無	無

注. 1) 1999~2003年の5カ年の平均  
 2) 肥料設計はN-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O (kg/10a)で示すと基肥が6.6-4.5(但し2003年は基肥が8.8-6)、追肥が標肥区で9.9-6.75(2回)、多肥区で14.14-10.5(2回)である。  
 3) 栽植密度は畦幅×株間(cm)が標植区で60×15(但し2001~2003年は70×15)、密植区で30×15(但し2001~2003年は35×15)で、1株2本立てである。  
 4) 水田移植区は肥料設計と栽植密度が標肥標植区と同じである。

草丈が5 cm長く、収量は22%多く、百粒重は上回った(表10)。

東和町においては「はとじろう」より成熟期はやや遅く、草丈は3 cm短く、21%多収であった。衣川村においては「はとじろう」より12cm短程で収量は21%優った。また、葉枯症状の程度は「はとゆ

たか」がやや高い傾向であった(表11)。

## 2) 宮城県における成績

農業センターと古川試験場における試験では、「はとじろう」と比較して成熟期は2日遅く、4～5 cm短程で穀実重が約10%多かった。「中里在来」との比較では成熟期が5～6日早く、20cm程度短

表9 育成地における「はとゆたか」の収穫物調査成績

栽培条件	品種名	茎葉重 (kg/a)	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)	リットル重 (g)	子実歩留 (%)	成熟粒歩合 (%)
	はとゆたか	96.1	44.9	126	12.0	491	60.0	95.1
標肥	はとじろう	89.0	35.7	100	11.9	491	61.3	96.1
標植	中里在来	114.3	38.8	109	11.9	527	61.0	94.0
	はとゆたか	97.0	42.3	123	11.8	485	60.0	94.3
多肥	はとじろう	89.6	34.3	100	11.7	490	61.2	96.2
標植	中里在来	108.1	41.5	121	11.9	525	61.4	95.5
	はとゆたか	109.9	45.2	117	12.2	487	59.6	95.3
標肥	はとじろう	108.6	38.6	100	12.0	497	61.0	96.5
密植	中里在来	121.7	39.5	102	12.0	528	61.4	95.3
	はとゆたか	118.0	46.1	127	11.9	483	60.4	93.9
多肥	はとじろう	103.3	36.4	100	11.7	486	61.7	95.5
密植	中里在来	126.6	38.9	107	11.9	527	62.1	95.1
	はとゆたか	70.6	47.2	119	12.3	508	60.1	97.0
水田	はとじろう	66.8	39.5	100	12.0	511	60.8	98.2
移植	中里在来	84.0	43.5	110	12.0	538	60.4	97.0

注. 1) 1999～2003年の5カ年の平均

2) 肥料設計はN-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O (kg/10a) で示すと基肥が6-6-4.5 (但し2003年は基肥が8-8-6)、追肥が標肥区で9-9-6.75 (2回)、多肥区で14-14-10.5 (2回)である。

3) 栽植密度は畦幅×株間(cm)が標植区で60×15 (但し2001～2003年は70×15)、密植区で30×15 (但し2001～2003年は35×15) で、1株2本立てである。

4) 水田移植区は肥料設計と栽植密度が標肥標植区と同じである。

5) 子実歩留(%) = (子実重/穀実重) × 100

6) 成熟粒歩合(%) = (成熟した穀実粒重/脱穀・風選後の全粒重) × 100

表10 岩手県農業研究センターにおける「はとゆたか」の調査成績

品種名	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	稈径 (mm)	茎数 (本/株)	鞘状態数 (個/株)	着粒層 (cm)	生育中の障害	倒伏	葉枯	茎葉重 (kg/a)	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)	リットル重 (g)
はとゆたか	7.23	9.26	191	9.3	8.1	126	73	中	微	119.0	45.7	122	13.6	511	
はとじろう(標準)	7.23	9.25	186	9.4	10.2	156	74	中	微	112.5	37.4	100	12.9	508	

注. 2001～2003年の3カ年の平均

表11 岩手県の現地 (東和町、衣川村) における「はとゆたか」の調査成績

場所	品種名	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	稈径 (mm)	茎数 (本/株)	鞘状態数 (個/株)	着粒層 (cm)	生育中の障害	倒伏	葉枯	茎葉重 (kg/a)	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)	リットル重 (g)
東和町	はとゆたか	9.30	128	7.3	6.5	115	68	微	微	57.9	32.6	121	12.7	448	
	はとじろう	9.27	131	7.4	5.5	113	69	微	微	55.8	26.9	100	12.4	465	
衣川村	はとゆたか	10月4-5半旬	124	7.3	7.0	142	62	微	少	51.9	28.3	121	12.6	442	
	はとじろう	10月4-5半旬	136	6.9	6.9	115	62	微	微～少	58.3	23.3	100	13.2	460	

注. 東和町は2001～2003年の3カ年の平均、衣川村は2002～2003年の2カ年の平均。

稈で穀実重は18%多かった。達観による観察では、脱粒性は「はとじろう」並の易であった(表12)。

仙台市における現地試験では「はとゆたか」は「はとじろう」と比較して成熟期が1日遅く、草丈は10cm短く、穀実重は9%多かった(表13)。

### 3. その他の地域における試験成績

秋田県農業試験場における試験では「はとじろう」と比較して成熟期は3日遅く、草丈は8cm長く、穀実収量は18%多かった(表14)。九州沖縄農業研究センターにおける試験では「はとじろう」と比較して、成熟期は同じで草丈は13cm短く、穀実収量は15%低かった(表15)。

## V 固定度

「はとゆたか」の出穂期、草丈、稈径、葉身長、百粒重について系統間及び個体間の変異を調査した結果、実用的に支障のない程度に固定していると認められた(表16)。

## VI 適応地帯

熟期が“中の早”の特性と育成地及び配布先の成績から、「はとゆたか」の栽培適応地域は東北地方であると考えられる。岩手県では中・南部に、宮城県では仙台湾岸地域に普及される見込みであり、普及見込み面積は岩手県で100ha、宮城県で20haである。

表12 宮城県古川農業試験場及び宮城県農業センターにおける「はとゆたか」の調査成績

品種名	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	稈径 (mm)	茎数 (本/株)	鞘状苞数 (個/株)	着粒層 (cm)	生育中の障害		穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)	リットル重 (g)
								倒伏	葉枯				
農業 はとゆたか	8.1	10.5	121	8.7	5.5	90	71	少	微	33.2	110	11.8	509
セン はとじろう	8.1	10.3	125	8.6	5.1	98	74	少	微	30.1	100	11.6	512
ター 中里在来	8.3	10.11	141	9.1	4.9	90	74	少	微	26.8	89	11.7	539
古川 はとゆたか	7.25	9.24	123	6.8	5.1	105	61	微	無	27.1	111	13.0	526
農試 はとじろう	7.24	9.22	128	6.9	5.1	105	64	微	無	24.5	100	12.8	528
中里在来	7.31	9.29	142	7.7	5.1	105	71	微	無	23.8	97	12.3	544

注. 宮城県農業センターにおける1999~2000年の2カ年、古川農業試験場における2001~2003年の3カ年の平均

表13 宮城県の現地(仙台市)における「はとゆたか」の試験成績

品種名	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	着粒層 (cm)	倒伏	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)
はとゆたか	7.26	9.24	116	52	中	25.4	109	12.9
はとじろう	7.24	9.23	126	53	中	23.4	100	12.4

注. 2002~2003年の3カ年の平均

表14 秋田県農業試験場における「はとゆたか」の調査成績

品種名	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	稈径 (mm)	茎数 (本/m <sup>2</sup> )	着粒層 (cm)	倒伏 程度	茎葉重 (kg/a)	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)	リットル重 (g)	成熟粒歩合 (%)
はとゆたか	7.25	9.23	163	9.4	54.1	63	小	105.1	38.7	118	12.0	503	93
はとじろう	7.23	9.20	155	9.2	53.6	59	小	104.9	32.9	100	11.9	509	94
中里在来	7.31	10.1	176	10.0	49.4	69	小	101.8	29.8	91	11.9	533	92

注. 1999~2001年の3カ年の平均

表15 九州沖縄農業研究センター(熊本県)における「はとゆたか」の試験成績

品種名	出穂期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	茎数 (本/m <sup>2</sup> )	着粒層 (cm)	倒伏	茎葉重 (kg/a)	穀実重 (kg/a)	標準比 (%)	百粒重 (g)
はとゆたか	7.13	9.11	98	220	68	-	83.2	32.4	85	11.0
はとじろう	7.12	9.11	111	229	70	-	102.6	38.0	100	11.1

注. 平成2000、2002~2003年度の3カ年の平均。平成2003年度試験において「はとゆたか」に葉枯れが多発した。

## Ⅶ 栽培上の注意

栽培上の注意は以下の3点である。①多肥・密植栽培によりにより多収となるが、葉枯病が発生しやすくなることや、圃場が肥沃な場合には倒伏することがあるので留意する。②葉枯病抵抗性がやや弱いため、葉枯病発生時には連作を避け、発生初期に薬剤（ロブルール水和剤）を散布する。③他家受精しやすく、他の品種やジュズダマと容易に交配するため、品種の特性を維持するために、採種栽培におい

ては他の品種やジュズダマから隔離して栽培する。

## Ⅷ 命名の由来

収量性が高いことを意味し、「はとゆたか」が産地に豊かな実りをもたらすことを願って命名した。

## Ⅸ 育成従事者

「はとゆたか」の育成に従事した研究員の担当した世代を表17に示す。

表16 「はとゆたか」の固定度調査成績（2003年度）

系統 番号	調査 個体 数	出穂 期 月日	草 丈			稈 径			葉 身 長			百 粒 重			
			平均 値	標準 偏差	変異 係数	平均 値	標準 偏差	変異 係数	平均 値	標準 偏差	変異 係数	平均 値	標準 偏差	変異 係数	
はと ゆたか	1	15	8.6	130.9	11.0	8.4	10.3	1.1	10.2	34.7	3.1	8.8	14.4	1.2	8.0
	2	16	8.4	137.7	6.8	5.0	9.7	0.7	7.1	34.3	2.3	6.8	13.6	0.9	6.4
	3	16	8.3	133.1	5.1	3.9	10.3	1.1	10.7	35.1	3.5	10.1	14.4	1.1	7.4
	④	16	8.4	128.1	4.2	3.3	9.4	0.6	6.8	34.4	2.6	7.6	13.7	1.0	7.2
	5	15	8.4	128.1	7.0	5.5	9.0	0.6	7.2	32.0	2.4	7.6	14.4	0.8	5.4
	6	15	8.5	124.9	7.5	6.0	9.1	0.6	6.0	31.7	2.9	9.2	13.2	0.8	6.3
	7	15	8.4	127.9	11.4	8.9	8.9	1.4	15.5	32.6	4.4	13.3	13.1	0.9	7.0
	平均		8.4	130.1	7.6	5.9	9.5	0.9	9.1	33.5	3.0	9.1	13.8	1.0	6.8
はと じろう	1	15	8.4	146.8	8.8	6.0	8.6	0.6	6.9	34.3	2.2	6.5	12.1	0.8	6.6
	2	15	8.3	137.4	8.7	6.3	9.7	1.1	10.8	33.6	3.0	8.8	12.4	1.0	8.3
	3	15	8.4	140.9	7.5	5.3	8.8	0.9	9.9	30.3	3.5	11.5	11.3	0.7	6.2
	4	13	8.4	132.7	11.3	8.5	9.4	1.1	12.1	31.4	4.6	14.5	12.6	0.8	6.4
	5	15	8.3	142.6	7.5	5.3	9.5	0.9	9.6	32.5	3.6	11.1	13.6	1.2	9.1
	平均		8.4	140.1	8.8	6.3	9.2	0.9	9.9	32.4	3.4	10.5	12.4	0.9	7.3

注. 栽植様式は70×15cm、1本立、その他は標準栽培法による。

④を選抜した。

表17 「はとゆたか」の育成従事者

年次 担当者/世代	1988 交配	1989 F1	1990 F2	1991 F3	1992 F4	1993 F5	1994 F6	1995 F7	1996 F8	1997 F9	1998 F10	1999 F11	2000 F12	2001 F13	2002 F14	2003 F15
山守 誠												○				○
由比真美子														○		○
加藤 晶子							○									○
千葉 一美							○					○				
奥山 善直	○															
石田 正彦			○													○
遠山 知子													○	○		
田野崎真吾					○	○										
菅原 俐	○				○											
遠藤 武男	○		○													
柴田 悳次	○															

注. 上記の他に業務第1科職員が調査等に従事した。

## X おわりに

東北農業研究センター（東北農業試験場）では1980年にハトムギの育種を開始し、これまでに「はとむすめ」（奥山ら 1995）、「はとひかり」（石田ら 1997）、「はとじろう」の3品種を育成した。温暖地に適した「はとむすめ」、「はとひかり」は関東以西で栽培され、寒冷地に適した「はとじろう」は東北地方で栽培されており、2004年度では全国の作付面積1位は「はとむすめ」、2位が「はとじろう」、3位が「はとひかり」となっており、育成品種の普及が進んでいる。2004年度の品種別の単収は全国平均で「はとむすめ」が181.3kg/a、「はとひかり」が108.4kg/a、「はとじろう」が97.4kg/aであり、「はとじろう」の収量性は温暖地向き品種より劣っている（農産業振興奨励会 2005）。東北地方はハトムギの主要生産地であるため、今回育成した、東北地方に適し収量性に優れた「はとゆたか」がハトムギ産地や国産ハトムギの振興に大いに役立つものと期待している。

一方、「はとゆたか」は「はとじろう」より葉枯病に弱く、熟期がやや遅く、草丈がやや長い。東北地方においてより栽培管理しやすく且つ安定して高収量を上げるためには、これらの形質を改良した、収量性に優れた品種の育成が必要であろう。また、「はとゆたか」の脱粒性は「はとじろう」並の易であり、収穫時期の台風害などによって収量が激減することがあるため、収量を向上するためには難脱粒性品種の育成も必要である。

## 引用文献

- 1) 石田正彦, 千葉一美, 加藤晶子, 奥山善直, 菅原俐, 田野崎真吾, 進藤幸悦, 石倉教光, 関寛三, 遠藤武男, 柴田悖次. 1997. ハトムギ新品種「はとひかり」の育成. 東北農研研報 92: 43-52.
- 2) 奥山善直, 菅原俐, 進藤幸悦, 関寛三, 石倉教光, 田野崎真吾, 遠藤武男, 柴田悖次, 石田正彦. 1995. はとむぎ新品種「はとむすめ」の育成. 東北農研研報 89: 1-10.
- 3) 加藤晶子, 千葉一美, 石田正彦, 奥山善直, 田野崎真吾, 進藤幸悦, 石倉教光, 関寛三, 菅原俐, 遠藤武男, 柴田悖次. 1997. ハトムギ新品種「はとじろう」の育成. 東北農研研報 92: 53-62.
- 4) 日本特産農産物種苗協会. 1986. 種苗特性分類調査報告書 はとむぎ.
- 5) 農産業振興奨励会. 1998. ハトムギに関する参考資料. p.1-7.
- 6) 農産業振興奨励会. 2005. 新需要穀類等生産・流通体制確立事業実績報告書. p.42-48.





## 無エルシン酸・低グルコシノレートナタネ品種 「キラリボシ」の特性

石田 正彦<sup>\*1)</sup>・山守 誠<sup>\*2)</sup>・加藤 晶子<sup>\*2)</sup>・由比真美子<sup>\*2)</sup>

**抄 録**：ナタネ種子に含まれるグルコシノレートは搾油粕に残存し、甲状腺腫を誘引する化合物に変化する。油粕に含まれる良質のタンパク質を飼料に利用するため、低グルコシノレート品種の育成が求められていたが、日本ではグルコシノレート低減化育種は実施されておらず、日本の風土に適合した低グルコシノレート品種はこれまで育成されていなかった。2004年3月、ナタネ「東北90号」が新品種「キラリボシ」として種苗法に基づく品種登録がなされた。本品種は、東北地方に適した無エルシン酸・低グルコシノレート品質を有し、耐寒雪性に優れた多収品種の育成を目標として、1989年に東北農業試験場（現 東北農業研究センター）において、「盛系188」を母に、「Karat」を父として人工交配を行い、以後、選抜・固定を図り、育成した品種である。「キラリボシ」は、グルコシノレート含量が極めて低く、子実中にエルシン酸を含まない。成熟期は「アサカノナタネ」並の中生で、子実収量は「アサカノナタネ」に比べて多収である。また、菌核病抵抗性、寒雪害抵抗性は共に「アサカノナタネ」より優れる。この品種は南東北地方の平坦部での栽培に適し、山形県内において普及が図られている。  
**キーワード**：ナタネ、グルコシノレート、無エルシン酸、油糧、新品種

**A New Double Low Cultivar of Winter Rapeseed, “Kirariboshi”** : Masahiko ISHIDA<sup>\*1)</sup>, Makoto YAMAMORI<sup>\*2)</sup>, Masako KATO<sup>\*2)</sup> and Mamiko YUI<sup>\*2)</sup>

**Abstract** : Glucosinolates are secondary plant metabolites found mainly in Brassicaceae. As a defense reaction mechanism to various injuries, glucosinolates are converted into highly reactive isothiocyanates and other products by endogenous myrosinase enzymes. However, a few glucosinolate breakdown products such as a nitrile are associated with toxic effects. So, utilization of rapeseed (*Brassica napus*) meals for animal feed has been limited despite that the seed contains about 40% proteins with a well-balanced amino acid composition. Since the discovery of the Polish cv. ‘Bronowski’ containing considerably reduced glucosinolates, low glucosinolate cultivars known as canola type, containing less than 30  $\mu$ mol/g seeds in the meal have been bred throughout the world. “Kirariboshi” is the forty-eighth cultivar in the Nourin series of winter rapeseed cultivar and the first one with canola quality in Japan. It was developed at the National Agricultural Research Center for the Tohoku Region, NARO, and its cultivar registration was carried out by the Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries(MAFF) in 2004. “Kirariboshi” was selected from the progenies of the cross of “Morikei188/Karat,” with the aim of developing a new rapeseed cultivar with the following properties: Low glucosinolates and zero erucic acid content, high yield, resistance to sclerotinia disease, and adaptability to the Tohoku region of Japan. The major agronomic characteristics of “Kirariboshi” are as follows. Its glucosinolate content is of the same level as canola cultivars. Like “Asakano-natane”, maturity is medium. Its yield ability is higher than that of “Asakano-natane” and its resistance to sclerotinia disease and tolerance to cold and snow damage are stronger than those of “Asakano-natane”. “Kirariboshi” is well adapted to the south Tohoku region of Japan.

**Key Words** : Rapeseed, Glucosinolate, Zero-erucic acid, Double low, Oil seed, New cultivar

\* 1) 現・野菜茶業研究所 (National Institute of Vegetable and Tea Science, Ano, Mie 514-2392, Japan)

\* 2) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Morioka, Iwate 020-0198, Japan)

2006年12月25日受付、2007年2月28日受理

## I 緒 言

油糧用ナタネ (*Brassica napus*) の油粕には40%前後の良質なタンパク質が含まれており (Miller *et al.* 1976)、肥料のみならず飼料としても価値が高い。アブラナ科植物の柔組織中にはグルコシノレートと総称される含硫配糖体が含まれているが (Röbbelen and Thies 1980, Underhill 1980)、ナタネ種子に含まれるグルコシノレートは搾油後の油粕に残存し、水分含量が十分であると酵素ミロシナーゼの作用により加水分解され、家畜の甲状腺肥大を引き起こすゴイトリンやチオシアネートなどの化合物に変化する (川岸 1985)。このため、外国では搾油粕の飼料適性を向上させるために、ポーランドの品種「Bronowski」を唯一の遺伝資源としてグルコシノレートの総含量が従来種の1/10以下に低減させた低グルコシノレート品種 (一般的には1グラム種子重あたり30  $\mu$ mol以下) が育成されている (Buzza 1995)。

わが国では、国産ナタネの油粕は一般に肥料用に利用されてきたため、グルコシノレート含量の低減化育種は実施されてこなかった。このため、国産ナタネの油粕にはグルコシノレートが多く含まれており、飼料用として利用するには一定量の外国産油粕と混合しなければ利用することができない。そこで、国産ナタネの高度利用を図るために、東北農業研究センターではわが国の風土に適し、エルシン酸が含まれず、グルコシノレート含量も低いことで食用および飼料用に優れた無エルシン酸・低グルコシノレート品種 (以下、ダブルロー品種と略す) 「キラリボシ」を育成し、2004年に種苗法に基づく品種

登録がなされた。現在「キラリボシ」は山形県三川町において地域特産作物として栽培されているが、他地域での普及には至っていない。しかし、近年国産バイオマスを多段階的利用した資源循環型システムの構築が危急の課題として提唱されており、「キラリボシ」は油粕を飼料としても利用できる唯一の国産ナタネ品種として注目されている (石田 2003)。そこで本稿では、「キラリボシ」の更なる普及を図る上での参考に供するため、その来歴と育成経過、主要特性等について報告する。

「キラリボシ」の育成に当たり、山形県立農業試験場、青森県畑作園芸試験場及び系統適応性検定試験、特性検定試験に当たられた関係公立試験研究機関の担当各位に多大なご尽力をいただいた。また、東北農業研究センターの関係者各位、特に業務科の伊東健二、佐藤卓見、関村良蔵、藤澤忠、齊藤真一、中嶋浩之、齊藤文隆、後藤正幸、武蔵孝仁、齊藤隆の諸氏には栽培管理や調査・選抜業務等において多大な協力を得た。さらに、酒井真次元作物開発部長には終始ご指導と多大なご尽力をいただいた。なお、育成業務を遂行された元東北農業研究センター業務科職員、故、藤澤敏彦氏の多労に深く感謝する。

## II 無エルシン酸・低グルコシノレート品種「キラリボシ」の特性

### 1. 来歴と育成経過

「キラリボシ」(旧系統名：東北90号) は、1989年5月 (1988年度播種、以下播種年度で示す。) に東北農業試験場盛岡試験地 (当時) において「盛系188」×「Karat」の組合せで人工交配し、得られた後代から育成した品種である。育種目標はダブル

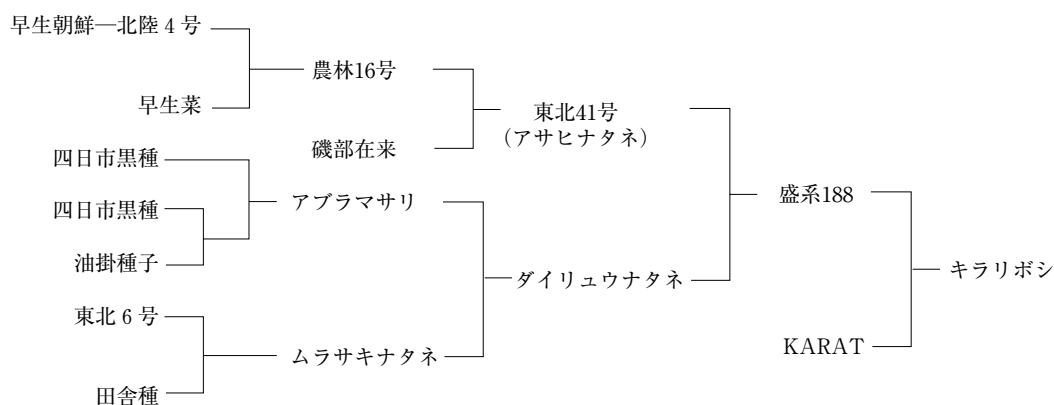


図1 「キラリボシ」の系譜

ローで早生、良質、多収品種の育成である。母親の「盛系188」は東北農業試験場で育成した早生、良質、多収ではあるが、エルシン酸とグルコシノレート含量が高い系統である。一方、父親の「Karat」はスウェーデンで育成された春播きの品種で、早生でダブルローであるが栽培特性が劣る。本品種の系譜を図1に、育成経過を表1に示した。1989年度にF<sub>1</sub>養成を行い、1990年度にはF<sub>2</sub>個体選抜試験に供試して圃場特性に優れる119個体を選抜した。1991年度は脂肪酸分析を実施し、無または低エルシン酸の40個体を選抜するとともに、選抜個体に稔実したF<sub>3</sub>種子のグルコシノレート含量をテストープ法（奥山・石田 1992）により評価した（表2）。その結果、階級値が0.5以下の低グルコシノレート個体の出現率は7.5%と低かったが、エルシン酸含有率とグルコシノレート含量との間には相関は認められなかった。そこで、1992年度以降はエルシン酸含有率およびグルコシノレート含量を評価しながら、系統育種法により選抜・固定を図った。

1994年度からは生育特性や収量性、成分品質に優れた2系統を生産力検定予備試験に供試するとともに（表2のF<sub>4</sub>世代で選抜した4系統の内3系統は同一品種群に由来する。そこで、F<sub>5</sub>世代では選抜した3系統に含まれる計9個体の種子を混合して合成1系統として供した。）、地域適応性と栽培適性を見るために青森県畑作園芸試験場（当時）、鹿児島県農業試験場大隅支場（当時）に配布し収量性や耐病性

等について、また、菌核病抵抗性を東北農業試験場盛岡試験地で検定した。その結果、供試した1系統の成績が良好であったので、1996年度より「東北90号」の系統名を付して生産力検定試験、青森県畑作園芸試験場における奨励品種決定基本調査、鹿児島県農試大隅支場における特性検定試験（耐病性）、岩手県山形村での特性検定試験（耐寒雪性）、山形県農業試験場における優良品種としての栽培試験などに供したところ、優秀性が確認された。山形県内自治体より「東北90号」の栽培を要望されたので、農林水産省へ種苗法に基づく品種登録を出願し、品種の名称「キラリボシ」で受理された（2001年7月12日、農林水産省告示第904号）。さらに、2004年3月3日には種苗法に基づく品種登録がなされた（第11714号）。

## 2. 「キラリボシ」の概要

### 1) 育成地における生産力・栽培特性

生産力検定試験を1996～2000年度の5年間実施した。各年次とも9月上中旬の標準播き・条播栽培と標準播き・密播栽培及び約10日後の晩播・条播栽培と晩播・密播栽培の4種類の試験を行った。生育調査の結果を表3、収穫物調査の結果を表4に示す。

何れの試験区においても、「キラリボシ」は「アサカノナタネ」に比べて開花期が1～2日遅く、成熟期は同程度の中生である。草丈は「アサカノナタネ」よりも8～19cm長く、穂長はやや長く、1穂莢数は多い。倒伏程度は「アサカノナタネ」よりも

表1 育成経過一覧

年度（播種）	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001
世代	交配	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	分析	F <sub>3</sub>	F <sub>4</sub>	F <sub>5</sub>	F <sub>6</sub>	F <sub>7</sub>	F <sub>8</sub>	F <sub>9</sub>	F <sub>10</sub>	F <sub>11</sub>	F <sub>12</sub>
供試	系統群数					10	4	5	1	4	1	1	1	1
	系統数	11花	1	934個体	119個体	40	25	12	15	4	4	5	5	5
選抜	系統群数					2	3	1	1	1	1	1	1	1
	系統数		1			10	4	5	1	4	1	1	1	1
	個体数			119	40	25	12	15	4	4	5	5	5	5

表2 「盛系188×KARAT」F<sub>3</sub>世代の無及び低エルシン酸40個体における種子グルコシノレート含量の分布

タイプ	テストープ値 <sup>1)</sup>						計
	0	0.5	1	2	3	4	
無エルシン酸個体	1*	1	3	2	1	1	9
低エルシン酸個体	1		8	21		1	31
計	2	1	11	23	2	1	40

注. 1) 奥山・石田(1992)の方法による。\*個体数

少ない。子実収量は「アサカノナタネ」に比べて晩播の条播栽培で12%、他の試験条件では20%以上多い。リットル重は「アサカノナタネ」に比べてやや軽く、千粒重は3.4~3.5gと同程度である。穂発芽は見られず、粒揃いや外観品質は「アサカノナタネ」並かやや優れる。

## 2) 成分品質特性

子実成分品質を表5に示した。「キラリボシ」の粗脂肪含量は43.4%で「アサカノナタネ」より約2%高かったが、「キザキノナタネ」よりやや低かった。また、エルシン酸は含まれておらず、グルコシノレート含量は14.6  $\mu\text{mol/g}$ で極めて低く、「アサ

表3 生育調査成績 (育成地、1996~2000年度の平均)

栽培様式	品種名	抽苔期 (月日)	開花期 (月日)	成熟期 (月日)	倒伏の 程度	草丈 (cm)	第1次 分枝数 (本)	穂長 (cm)	1穂莢数 (莢)
標準 条播	キラリボシ	4.19	5.5	6.28	微	135	6.5	53	51
	アサカノナタネ	4.7	5.3	6.27	少	122	9.6	50	37
	キザキノナタネ	4.20	5.3	7.3	無	147	7.0	56	61
標準 播種	キラリボシ	4.20	5.5	6.28	微	134	4.7	46	42
	アサカノナタネ	4.9	5.3	6.28	少	115	6.6	42	26
	キザキノナタネ	4.20	5.4	7.3	微	143	4.6	50	54
晩播 条播	キラリボシ	4.21	5.5	7.2	無	147	7.2	55	59
	アサカノナタネ*	4.11	5.4	7.1	少	134	8.2	47	40
	キザキノナタネ	4.20	5.3	7.5	無	155	6.6	62	63
晩播 栽培	キラリボシ	4.20	5.6	7.1	無~微	128	3.6	40	40
	アサカノナタネ*	4.12	5.4	7.1	中	120	4.5	38	28
	キザキノナタネ	4.20	5.4	7.4	無	144	3.1	49	49

注. アサカノナタネ: 標準品種、キザキノナタネ: 比較品種、以下同じ。\*1998年度を除く。

表4 収穫物調査成績 (育成地、1996~2000年度の平均)

栽培様式	品種名	全重 (kg/a)	子実重 (kg/a)	対標準 比率(%)	リットル重 (g)	千粒重 (g)	粒大整 否	粒色	穂発芽	外観品質
標準 条播	キラリボシ	89.4	29.9	124	644	3.4	整	黒~灰黒	無	上下
	アサカノナタネ*	76.9	24.1	100	663	4.5	やや整	灰黒	無~微	上下
	キザキノナタネ	99.7	34.8	144	677	4.3	整	黒褐	微	中上
標準 播種	キラリボシ	107.2	33.6	120	647	3.5	整	黒~灰黒	無	上下
	アサカノナタネ*	97.7	28.1	100	684	3.5	整	黒~灰黒	無	上下
	キザキノナタネ	125.5	41.1	146	677	4.3	やや整	黒褐	微	中上
晩播 条播	キラリボシ	96.9	32.5	112	634	3.4	整~やや整	黒~灰黒	無	上下
	アサカノナタネ*	88.3	29.1	100	666	3.6	整~やや整	灰黒	微	中上
	キザキノナタネ	112.0	39.3	135	681	4.2	整	黒褐	微	中上
晩播 栽培	キラリボシ	112.3	36.1	122	649	3.5	整	黒~灰黒	無	上下
	アサカノナタネ*	96.1	29.6	100	663	3.6	やや整	灰黒	無~微	中上
	キザキノナタネ	136.0	43.2	146	677	4.3	やや整	黒褐	少	中上

注. \*1998年度を除く

表5 子実成分品質調査成績 (育成地)

品種名	乾物重当たり含油率(%) <sup>1)</sup>	エルシン酸含有率(%) <sup>2)</sup>	総グルコシノレート含量 ( $\mu\text{mol/g}$ ) <sup>3)</sup>
キラリボシ	43.4	0.0	14.6
アサカノナタネ	41.5	0.3	126.2
キザキノナタネ	44.1	0.1	165.8

注. 1) 油分含量分析はソックスレー法による。1996~1998年度の平均

2) 自殖採種種子を用いたガスクロマトグラフ法による。1996~1998年度の平均

3) 自殖採種種子を用いた高速液体クロマトグラフ法による。1996~1998年度の平均

カノナタネ」や「キザキノナタネ」と比べて1/10程度であった。

### 3) 病害抵抗性

東北農業試験場及び鹿児島県農業試験場大隅支場における菌核病及び黒斑細菌病の抵抗性調査結果を表6に示す。育成地における菌核病検定試験では、「キラリボシ」は「アサカノナタネ」に比べて罹病指数は43低く、罹病率は29%低かった。しかし、抵抗性程度が高い「キザキノナタネ」に比べると罹病性は高かった。また、鹿児島県農業試験場大隅支場でも「キラリボシ」は同様の傾向を示し、発病程度は1.5で、「アサカノナタネ」より少なく、「キザキノナタネ」よりも大きかった。黒斑細菌病に対し

ては「アサカノナタネ」よりやや強く、「キザキノナタネ」よりやや弱かった。

### 4) 寒雪害抵抗性

東北農業試験場及び岩手県山形村の現地圃場で実施した耐寒雪性検定試験の結果を表7に示す。育成地では、「キラリボシ」は「アサカノナタネ」に比べて越冬株率は7%高く、「キザキノナタネ」並であった。寒雪害被害指数は「アサカノナタネ」より14%低かったが、「キザキノナタネ」よりは高かった。岩手県山形村においても同様の傾向を示した。

### 5) 山形県における生産力・栽培特性

山形県立農業試験場において1999～2001年度まで優良品種選定試験に、また2000～2001年度の2カ年

表6 病害抵抗性検定試験成績

品種名	菌核病 (育成地)		黒斑細菌病・菌核病 (鹿児島県農試・大隅支場)	
	罹病指数	罹病率(%)	黒斑細菌病発病程度	菌核病発病程度
キラリボシ	22.4	49.1	2.1	1.5
アサカノナタネ	65.6	78.2	3.0	3.0
キザキノナタネ	8.9	14.4	1.5	0.0

注. 1) 罹病指数は数字が小さいほど罹病の程度が小さいことを示す。

2) 罹病指数 =  $(X_1 + 2X_2 + 3X_3 + 4X_4 + 5X_5) / n \times (100/5)$

n=全個体数、X=個体数、無(X<sub>0</sub>)、微(X<sub>1</sub>)、少(X<sub>2</sub>)、中(X<sub>3</sub>)、多(X<sub>4</sub>)、甚(X<sub>5</sub>)

発病程度；無(0)：主茎の被害株率が0%、微(1)：5%未満、少(2)：5～10%、中(3)：10～15%、

多(4)：15～20%、甚(5)：20%以上

3) 試験年次：育成地；1996～2001年度の6カ年の平均値、大隅支場；1996～1997年度の4カ年の平均値

表7 耐寒雪性検定試験成績

品種名	育成地		岩手県山形村	
	越冬株率(%)*	寒雪害の被害指数**	越冬株率(%)**	寒雪害の被害指数***
キラリボシ	97	25.4	93	28.5
アサカノナタネ	90	39.5	70	60.2
キザキノナタネ	97	10.7	-	-

注. 1) 被害指数は数字が小さいほど被害の程度が小さいことを示す。

2) 被害指数 =  $(100A + 70B + 50C + 30D + 10E + F) / (A + B + C + D + E + F)$

A=株全体が枯死しているもの。B=葉は全く枯死し、芯にも一部枯死がみられるもの。

C=葉は全く枯死しているが、芯が生きているもの。D=葉の枯死が1/2以上のもの。

E=葉の枯死が1/2～1/10のもの。F=葉の枯死が1/10以下のもの。

3) 試験年次：\*1996～2000年度の5カ年の平均値、\*\*1998～2000年度の3カ年の平均値、

\*\*\*1999～2000年度の2カ年の平均値

表8 生育及び収量調査成績（山形県立農業試験場、1999～2001年度の平均）

品種名	越冬株率(%)	開花期(月日)	成熟期(月日)	草丈(cm)	穂長(cm)	第1次分枝数(本)	一穂莢数(莢)	菌核病罹病率(%)	倒伏程度	子実重(kg/a)	対標準比率(%)	千粒重(g)
キラリボシ	96	4.29	6.18	137	58	8.0	58	0	無	21.9	91	3.2
アサヒナタネ	99	4.29	6.18	125	48	8.0	48	0	無	24.0	100	3.3
キザキノナタ	98	4.28	6.26	140	59	5.9	59	0	無	28.3	118	4.3

注. アサヒナタネ：標準品種、キザキノナタネ：比較品種

間、県内2カ所で現地試験に供試した。山形県立農業試験場内において実施された優良品種選定試験結果を表8に示す。「キラリボシ」の越冬株率は96%で「アサヒナタネ」よりもやや低い。開花期と成熟期は4月29日と6月18日で、「アサヒナタネ」と同じ中生である。草丈と穂長は「アサヒナタネ」よりも長く、1次分枝数は同程度であるが1穂莢数は20%多い。菌核病と倒伏は見られなかった。収量は21.9kg/aで「アサヒナタネ」に比べて9%低い、千粒重は同程度である。

三川町と河北町で実施した現地試験の結果を表9

に示す。三川町では「キラリボシ」の越冬株率は「アサヒナタネ」に比べてやや低かった。「キラリボシ」の成熟期は「アサヒナタネ」と同程度かやや遅く、菌核病に対する抵抗性も同程度である。草丈は「アサヒナタネ」より三川町で5cm短く、河北町では16cm長い。子実重は三川町で29.2kg/aであり「アサヒナタネ」よりわずかに低かった。河北町では湿害の影響が大きく、生育量が確保できなかったため低収となった。

6) その他の地域における生産力・栽培特性  
青森県畑作園芸試験場 (1996~1997、1999年度

表9 生育及び収量現地調査成績 (山形県、2000~2001年度の平均)

試験場所	品種名	越冬株率 (%)	開花期 (月日)	成熟期 (月日)	菌核病罹病株率 (%)	倒伏程度	草丈 (cm)	穂長 (cm)	第1次分枝数 (本)	一穂莢数 (莢)	子実重 (kg/a)	対標準比率 (%)	千粒重 (g)
三川町	キラリボシ	77	4.25	6.17	0	無	129	59	3.8	46	29.2	97	3.5
	アサヒナタネ	84	4.24	6.17	0	無~少	134	59	4.6	42	30.0	100	3.4
	キザキノナタネ	92	4.23	6.20	0	少	129	62	3.3	42	26.9	88	3.9
河北町	キラリボシ	90	4.30	6.24	0	無	117	66	6.3	26	8.6	89	3.8
	アサヒナタネ	68	4.29	6.21	0	無	101	46	7.6	33	10.2	100	4.8
	キザキノナタ	86	4.27	6.27	0	無	104	49	6.0	23	4.2	42	5.6

注. アサヒナタネ: 標準品種、キザキノナタネ: 比較品種

河北町の試験では湿害の影響が大きく、生育量が確保できなかったため低収となった。

表10 地域適応性検定調査成績 (各試験年次の平均)

検定場所	試験年度	品種名	播種日 (月日)	開花期 (月日)	成熟期 (月日)	草丈 (cm)	第1次分枝数 (本)	子実重 (kg/a)	対標準比率 (%)	乾物当たり油分含量 (%)	エルシン酸含有率 (%)	総グルコシノレート含量 ( $\mu\text{mol/g}$ )
青森県畑園試	1996~1997、1999	キラリボシ	9.6	5.4	7.7	133	8.8	26.1	62	44.4 <sup>1)</sup>	0.0 <sup>1)</sup>	11.3 <sup>2)</sup>
		キザキノナタネ*		5.4	7.9	145	7.8	42.2	100	44.0 <sup>1)</sup>	0.0 <sup>1)</sup>	156.1 <sup>2)</sup>
		アサカノナタネ**		5.2	7.4	118	8.4	21.5	51	45.2 <sup>1)</sup>	0.0 <sup>1)</sup>	115.0 <sup>2)</sup>
福島県農試・本場	1997~2001	キラリボシ	10.11	4.24	6.22	126	6.9	21.1	112	42.9 <sup>3)</sup>	0.0 <sup>3)</sup>	13.1 <sup>4)</sup>
		アサカノナタネ*		4.25	6.22	118	8.2	18.8	100	41.1 <sup>3)</sup>	0.1 <sup>3)</sup>	120.6 <sup>4)</sup>
		キザキノナタネ**		4.21	6.25	128	6.2	24.9	132	43.4 <sup>3)</sup>	1.2 <sup>3)</sup>	189.1 <sup>4)</sup>
福島県農試・会津	1999~2000	キラリボシ	9.28	5.4	6.25	125	7.8	15.7	101	45.7	0.0 <sup>5)</sup>	-
		アサカノナタネ*		5.2	6.22	115	9.8	15.7	100	45.2	0.0 <sup>5)</sup>	-
		キザキノナタネ**		5.2	7.1	128	6.8	17.5	114	49.0	0.0 <sup>5)</sup>	-
滋賀県農試	1999	キラリボシ	10.13	4.16	6.10	142	4.7	23.3	109	42.2	0.0	-
		オオミナタネ*		4.8	6.2	111	8.1	21.4	100	46.4	45.9	-
		アサヒナタネ**		4.12	6.4	128	8.2	19.4	91	44.4	0.0	-
		キザキノナタネ**		4.15	6.15	127	4.8	25.8	121	47.9	0.0	-
九州農試	1997~1999	キラリボシ	10.19	4.4	5.30	172	9.5	38.9	90	41.1	0.1	16.3 <sup>4)</sup>
		オオミナタネ*		3.25	5.24	139	13.4	43.1	100	42.3	46.0	152.3 <sup>4)</sup>
		アサヒナタネ**		3.30	5.27	166	13.4	50.8	118	39.9	0.1	137.0 <sup>4)</sup>
鹿児島県農試・大隅	1996~1999	キラリボシ	10.28	3.24	5.21	183	8.9	21.4	63	40.2	1.0	14.7 <sup>4)</sup>
		オオミナタネ*		3.11	5.15	173	11.1	34.2	100	42.5	44.9	116.4 <sup>4)</sup>
		アサヒナタネ**		3.17	5.19	162	14.1	25.5	75	40.8	0.0	130.8 <sup>4)</sup>

注. \*標準品種、\*\*比較品種、1) 1997年度と1999年度の平均値、2) 1997年度成績、3) 1997~2000年度の平均値、

4) 1997~1998年度の平均値、5) 2000年度成績

実施)、福島県農業試験場(同1997~2001年度)、同会津支場(1999~2000年度)、滋賀県農業試験場(1999年度)、九州農業試験場(1997~1999年度)および鹿児島県農業試験場(1996~1999年度)において実施した系統適応性検定試験の結果を表10に示す。

「キラリボシ」の開花期と成熟期は、福島県農試・本場では「アサカノタネ」と同程度であるが、青森県畑園試や福島県農試・会津では2~3日遅かった。また、滋賀県農試以西では「オオミナタネ」と比べて開花期で8~13日、成熟期で6~8日遅かった。草丈は「アサカノタネ」に比べて8~15cm高く、「オオミナタネ」に比べて10~33cm高い。第1次分枝数は「キザキノタネ」よりも多く、「アサカノタネ」や「オオミナタネ」、「アサヒタネ」よりも少ない傾向にある。子実収量は福島県以北では「アサカノタネ」と同等か多収であるが、「キザキノタネ」と比べると劣る。また、「オオミナタネ」と比べると滋賀県農試では9%多収であるが、西南暖地では低収であった。油分含量は福島県以北では標準品種と同等以上である。エルシン酸は何れの試験地においても含まれておらず、グルコシノレート含量は16.3μmol/g以下で安定して低かった。

7) 栽培上の注意

「キラリボシ」は無エルシン酸・低グルコシノレート品種であることから、その品質が保証された種子を使用することが重要である。また、交雑によるエルシン酸・グルコシノレート混入を防ぐために、開花時期には既存のなたね品種やなたねと交雑可能なアブラナ科植物との混植・隣接栽培を避ける必要

がある。また、過度の密植、多肥栽培は倒伏や菌核病の発生を招く恐れがあるので避ける。

8) 命名の由来

「キラリボシ」は、日本初のダブルロー品種であり、収量性も優れた期待の品種であることから、キラリ輝くスター品種となることを願い命名した。

9) 育成従事者

「キラリボシ」の従事者を表11に示す。

III 考 察

なたねの種子成分育種はカナダ、スウェーデン、ドイツ、フランスを中心に急速に進展し、これらの国ではエルシン酸とグルコシノレートをともに含まないダブルローの品種が多数育成されている(Buzza, G. C. 1995)。エルシン酸はなたねをはじめとするアブラナ科植物に特異的に含まれる不飽和脂肪酸であるが、動物実験の結果、エルシン酸含量の多い油を食用として多量に摂取すると心機能障害を起こす可能性が指摘され、栄養的な見地から1977年にFAO/WHOよりエルシン酸摂取量の低減化が提唱された(FAO/WHO合同専門委員会 1980)。このため、わが国でもなたね子実に含まれるエルシン酸含量の低減化育種が進められ、これまでに無エルシン酸品種は4品種育成されている。一方、日本の風土に適応した低グルコシノレート品種はこれまで育成されておらず、国産なたねの付加価値を高めるためにも、外国産なたねと同様に油粕を飼料用として利用できるようなグルコシノレート含量の低減化が望まれていた。日本産なたね遺伝子源には

表11 育成従事者

播種年度 氏名\世代	1988 交配	1989 F1	1990 F2	1991 分析	1992 F3	1993 F4	1994 F5	1995 F6	1996 F7	1997 F8	1998 F9	1999 F10	1999 F11	1999 F12
山守 誠												○	○	○
加藤晶子			○											○
由比真美子														○
石田正彦			○											○
千葉一美*						○					○			
奥山善直*	○					○								
遠山知子*												○	○	
田野崎真吾*				○	○									
菅原 俐**	○			○										
遠藤武男*	○		○											
柴田悖次*	○													

注. \*退職、\*\*故人



「Bronowski」程度までグルコシノレート含量が低減化した品種は存在しないことから、外国の低グルコシノレート品種を育種素材として利用し、系統育種法に準じてダブルロー品種を育成しようとした。

本育種プログラムで低グルコシノレート育種素材として利用した「Karat」は、スウェーデンで育成された春まき品種である。春まき品種は低温要求性が低く生育量が少ないために、秋まき品種に比べて一般的に収量性や耐寒性が劣っており、日本では栽培されていない。低グルコシノレート遺伝資源として初期に導入した外国品種は全て春まき品種であったため、「Karat」を含めた春まき品種を育種素材に利用した。しかし、「Karat」以外の交雑組合せでは収量性や耐寒性が著しく劣り、期待できる系統を選抜することができなかった。この中で「Karat」は比較的耐寒性に優れ、収量も春まき品種の中では多収傾向にあった。このことが、「キラリボシ」を育成することができた一番の要因として挙げられよう。現在農業生物資源ジーンバンクには48の低グルコシノレート外国品種が保存されており、この中には秋まき品種も多数含まれている（農業生物資源ジーンバンク 2007）。今後低グルコシノレート育種を進展させるためには、ヘテロシス効果も含めた導入品種の詳細な特性評価が不可欠であり、適切な母本選定が重要なカギになると思われる。

本試験では無または低エルシン酸として選抜したF<sub>3</sub>の40個体の中から再選抜した低グルコシノレート10個体の後代の中から「キラリボシ」を育成することができた。しかし、選抜の対象形質となるグルコシノレートは、多数の遺伝子が関与する3段階の生合成過程を経て生成されるため（Fahey *et al.* 2001, Mithen *et al.* 2000）、低グルコシノレートと日本品種との交雑後代における低グルコシノレート個体の出現頻度は一般的に非常に低い。このため、育種現場で収量性やエルシン酸含量、菌核病抵抗性等の形質を評価した上で低グルコシノレート個体を選抜するためには、大規模な育種集団を扱う必要があり、多大な労力を必要とする。Ishidaら（2003）はF<sub>2</sub>世代で低グルコシノレート個体の選抜が可能な簡易検定法を開発している。今後新たに低グルコシノレート育種を進める際には、このような簡易検定法を活用し、F<sub>2</sub>世代でまず低グルコシノレート個体を選抜した後にエルシン酸等の形質を評価すれば育種効率は格段に向上すると思われる。

「キラリボシ」の東北農業試験場におけるグルコシノレート含量は14.6  $\mu$ mol/gと低く、外国のダブルロー品種と同程度の値を示した。種子グルコシノレート含量は土壤中に含まれる硫黄や窒素含量等の環境条件によって変動し、低グルコシノレート品種においてもその影響を受けることが報告されている（Josefsson and Appelqvist 1968, Zhao *et al.* 1994）。このため、「東北90号（キラリボシ）」を他の地域で栽培するとグルコシノレート含量は変動すると推察された。しかし、地域適応性検定試験の結果、「キラリボシ」のグルコシノレート含量は16.3  $\mu$ mol/g以下で安定して低く、何れの地域において既存品種の1/10程度であった。また、「キラリボシ」にはエルシン酸が含まれていないことから、わが国で初めての實用栽培が可能なダブルロー品種といえる。

「キラリボシ」の農業特性についてみると、成熟期は中早生種の「アサカノタネ」よりやや遅く、中晩生種の「キザキノタネ」より早い。また、「キラリボシ」の耐寒雪性は「アサカノタネ」より優れるが、「キザキノタネ」よりは劣った。これらの結果から、「キラリボシ」は中生種であるといえる。また、種子の外観品質は高く、タネの病害で最も問題となる菌核病に対しては「アサカノタネ」よりも強い抵抗性を示した。さらに「キラリボシ」の特徴として子実収量が多いことがあげられる。標準品種に用いた「アサカノタネ」は福島県で奨励品種に採用された比較的多収の品種であるが（奥山ら 1993）、育成地ではそれを10~20%上回り、福島県農業試験場や青森県畑作園芸試験場での栽培試験においても同様の傾向が認められた。「アサカノタネ」は1990年に命名登録されたわが国で初めての無エルシン酸品種であるが、交配は1969年にまで遡り、育種操作を完了した1989年の世代はF<sub>20</sub>である。このため、種子増殖に伴う自殖弱性による品種の退化が危惧されている。「キラリボシ」の栽培適応地帯は、その成熟期より「アサカノタネ」と同様に南東北の平坦部と考えられることから、今後は福島県の奨励品種を「キラリボシ」に更新する等の検討も必要があろう。また、「キラリボシ」は「アサカノタネ」よりも耐寒雪性に優れるため、「アサカノタネ」では越冬性が問題となる北海道、北東北を除く積雪寒冷地でも栽培できる可能性がある。さらに、温暖地向けの無エルシン酸品種として「ななしきぶ」が育成されているが（加藤ら 2005）、

本品種では越冬が問題となる関東以西の高冷地に「キラリボシ」が導入できる可能性がある。このため、「キラリボシ」の更なる普及を図るためにも、地域適応性が未評価なこれら地域における詳細な特性調査が必要である。

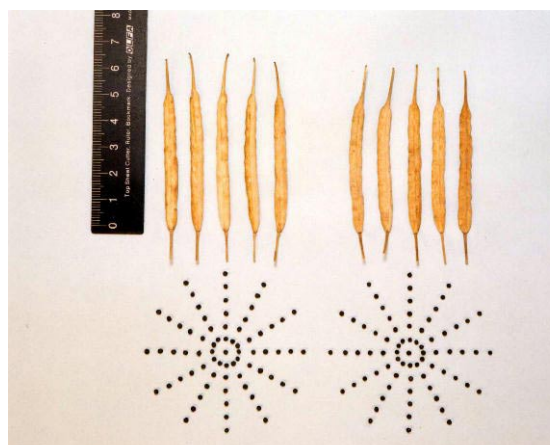
近年の原油供給不安、地球温暖化対策を背景に、農林水産省では「バイオマス・ニッポン総合戦略」を2006年3月に改定し、資源作物を原料とした国産バイオマス燃料の製造・利用を加速させようとしている。その中で、なたねはBDF燃料生産ポテンシャルの高い油糧作物として位置付けられ、更なる活用が望まれている（上田 2006）。搾油時の副産物であるなたね油粕は、日本では古くより肥料として有効利用されてきたが、飼料としての国産なたね粕の利用は残存グルコシノレート含量の問題から制限されてきた。「キラリボシ」は油粕を飼料として利

用できる唯一の国産品種である。この特性を生産者にどう認知してもらい、経営に活かしてもらえるかが、「キラリボシ」普及戦略上の大きな課題として挙げられる。

環境負荷低減のため、農業関連分野においても農業由来有機物資源の地域内循環利用が求められており、環境や食の安全・安心等への関心の高まりから、今後各地で本格的な取り組みが期待されている（合田 2004）。畜産経営とうまく連携できれば、なたね粕を飼料用としてカスケード利用することができ、なたねを資源とした小地域で完結する循環システムを構築することも可能であろう。今後、耕畜連携の分野にも視野を広げ、資源循環型社会構築のための一材料として、「キラリボシ」が利用されることを祈念する。



キラリボシ                      アサカノなたね  
写真1 草姿（育成地）



キラリボシ                      アサカノなたね  
写真2 莢及び子実（育成地）



写真3 開花盛期の「キラリボシ」（育成地）

## 引用文献

- 1) 合田素行. 2004. 農業由来の有機質資源の循環利用に係る政策の評価手法の開発. 農林水産政策研究所レビュー 11: 55-61.
- 2) Buzza, G. C. 1995. Plant Breeding. (Kimber, D.; McGregor, D. I. eds., Brassica Oilseeds: Production and Utilization). Oxon. CAB International. p.153-175.
- 3) Fahey, J. W.; Zalcmann, A. T. Talalay, P. 2001. The chemical diversity and distribution of glucosinolates and isothiocyanates among plants. *Phytochemistry* 56: 5-51.
- 4) FAO/WHO合同専門委員会. 1980. 人間の栄養における食用油脂の役割. 金田尚志 (監訳). 医師薬出版. p.81-83.
- 5) 石田正彦. 2003. わが国におけるナタネの生産・利用と品種開発. 農業技術. 58(5): 13-18
- 6) Ishida, M.; Takahata, Y. Kaizuma, N. 2003. Simple and rapid method for the selection of individual rapeseed plants low in glucosinolates. *Breed. Sci.* 53: 291-296.
- 7) Josefsson, E.; Appelqvist, L. Å. 1968. Glucosinolates in seed of rape and turnip rape as affected by variety and environment. *J. Sci. Food Agric.* 19: 564-570.
- 8) 加藤晶子, 山守誠, 由比真美子, 石田正彦, 千葉一美, 奥山善直, 遠山知子, 田野崎真吾, 菅原俐. 2005. 温暖地に適した無エルシン酸なたね新品種「ななしきぶ」の育成. 東北農研研報 103: 1-11.
- 9) 川岸舜朗. 1985. グルコシノレート—その酵素分解および分解物の反応性と毒性. 日食工会誌 32: 836-846.
- 10) Miller, R. W.; Van Etten, C. H.; McGrew, C.; Wolff, I. A.; Jones, Q. 1976. Amino acid composition of seed meals from forty-one species of cruciferae. *J. Agr. Food Chem.* 10: 426-430.
- 11) Mithen, R. F.; Dekker, M.; Verkerk, R.; Rabot, S.; Johnson, I. T. 2000. The nutritional significance, biosynthesis and bioavailability of glucosinolates in human foods. *J. Sci. Food Agric.* 80: 967-984.
- 12) 農業生物資源ジェンバンク. 2007. 農業生物資源研究所.  
[http://www.gene.affrc.go.jp/index\\_j.php](http://www.gene.affrc.go.jp/index_j.php)
- 13) 奥山善直, 石田正彦. 1992. ナタネ無エルシン酸・低グルコシノレート品種及び高エルシン酸品種の育成. (新需要創出のための生物機能の開発・利用技術の開発に関する総合研究 平成3年度研究報告). 農林水産技術会議事務局. p.260-261.
- 14) 奥山善直, 遠藤武男, 菅原俐, 柴田悖次, 平岩進, 金子一郎, 斉藤正志, 馬場知, 杉山信太郎. 1993. ナタネ無エルシン酸新品種「アサカノナタネ」の育成. 東北農試研報 87: 1-20.
- 15) Robbelen, G.; Thies, W. 1980. Variation in rapeseed glucosinolates and breeding for improved meal quality. (Tsunoda, S.; Hinata, K. Gómez-Campo, C. eds. Brassica crops and wild allies). Tokyo. Japan Scientific Societies Press. p.285-299.
- 16) 上田達己, 天野哲郎. 2006. バイオマス燃料生産システムの効率性・コスト試算. (研究調査室報告 6, 平成18年度農業技術の研究ターゲットに関する研究調査). 農業・食品産業技術総合研究機構. p.31-53.
- 17) Underhill, E. W. 1980. Glucosinolates. (Bell, E. A.; Charlwood, B. V. eds., Encyclopedia of plant physiology vol.8). New York. Springer-Verlag. p.493-511.
- 18) Zhao, F.; Evans, E. J.; Bilsborrow, P. E.; Syers, J. K. 1994. Influence of nitrogen and sulphur on the glucosinolate profile of rapeseed (*Brassica napus* L). *J. Sci. Food Agric.* 64: 295-304.

## 東北地域における寒冷地向け飼料 イネ品種・系統の生育・収量および乾物生産特性

長田 健二<sup>\*1)</sup>・吉永 悟志<sup>\*1)</sup>・寺島 一男<sup>\*2)</sup>・福田あかり<sup>\*1)</sup>

抄 録：東北農業研究センターで新規に育成された寒冷地向け飼料イネ系統を中心に、東北地域における乾物生産力と品種・系統特性を2001年から2005年にかけて評価するとともに、当地域における飼料イネ生産において高い乾物収量を得るために備えるべき生理生態条件について検討を行った。その結果、早生系統では長稈性を有し、安定して高い黄熟期乾物重を示した「奥羽飼395号」が、中生系統では大粒で耐倒伏性が強く、かつ安定して高い黄熟期乾物重を示した「奥羽飼380号」、「奥羽飼384号」および「奥羽飼387号」が有望であった。このうち「奥羽飼387号」が飼料イネ専用品種「べこあおば」として2005年に品種登録された。当地域の飼料イネ栽培において高い黄熟期乾物重を得るためには、生育日数や葉面積指数の確保を通じて穂揃期までの乾物生産性を高めることと同時に、登熟期間中の純同化率の向上による穂揃期～黄熟期の乾物増加量を確保することが重要であることが示唆された。

キーワード：飼料イネ、黄熟期、乾物生産、東北地域

**Growth, Yield and Dry Matter Production of Rice Varieties for Whole-crop Silage Bred for the Tohoku Region of Japan** : Kenji NAGATA<sup>\*1)</sup>, Satoshi YOSHINAGA<sup>\*1)</sup>, Kazuo TERASHIMA<sup>\*2)</sup> and Akari FUKUDA<sup>\*1)</sup>

**Abstract** : We examined the growth, yield, and dry matter production of rice varieties for whole-crop silage (RWCS) bred for the Tohoku region of Japan for five years from 2001 to 2005. Among the varieties newly released from the National Agricultural Research Center for Tohoku Region, early-maturing "Ouu 395" with long culm length, as well as medium-maturing "Ouu 380", "Ouu 384", and "Ouu 387" with large grain size and high lodging resistance, was selected as a RWCS showing high dry weight at the yellow-ripe stage. Among them, "Ouu 387" was selected in 2005 as a new cultivar for whole-crop silage in this region and named "Bekoaoaba". Characteristics of a longer growing period and higher crop growth rate with larger leaf area before the heading stage, as well as higher crop growth rate with higher net assimilation rate during the grain filling stage, were advantageous for achieving higher dry weight at the yellow-ripe stage in the Tohoku region.

**Key Words** : Rice variety for whole-crop silage, Yellow-ripe stage, Dry matter production, Tohoku region

### I 緒 言

水田の高度利用や飼料自給率向上の観点から、家畜飼料利用のためのホールクロップサイレージ用水稲（以下、飼料イネ）生産に対する関心が近年高まっている。このような背景のもと、飼料イネの

作付け面積は2000年（平成12年）には全国で502haであったのに対し、2003年には5,214haと大幅に増加した。東北地域においても飼料イネ栽培は増加する傾向を示しており、2003年には1,067haの栽培が行われ、2000年（31ha）の約34倍にまで面積が拡大した。最近の栽培面積は全国で約4,000～5,000ha、東

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Daisen, Akita 014-0102, Japan)

\* 2) 中央農業総合研究センター北陸研究センター (Hokuriku Research Center, National Agricultural Research Center, Joetsu, Niigata 943-0193, Japan)

2006年12月25日受付、2007年2月28日受理

北では約800～950haで推移している。

子実のみを利用する一般食用水稻とは異なり、飼料イネでは植物体全体を生産対象とし、飼料価値の高い生産物を省力・低コストで多量に得ることが求められており、その生産基盤として、飼料イネ専用品種の開発が急務となっている。飼料イネとして求められる品種特性としては、まず飼料適性が良好となる糊熟期～黄熟期において高い乾物収量が確保されることが重要視される。また、高度耐病虫性や高い飼料価値を備えるとともに、収穫時の高い耐倒伏性が望まれる。さらに、一般品種の収穫作業との競回避のために熟期の早い品種が東北地域では求められているほか、給与時の飼料価値を確保するために未消化糲発生(箭原ら 1981)の低減化に向けた品種開発も期待されている(根本 2004、山口 2004)。品種特性に対するこのような多様なニーズがある中で、農研機構および指定試験地において近年、地方番号が付された寒冷地向け飼料イネ新規系統が育成されてきたことから、これらの育成系統の乾物生産力や飼料イネ専用品種としての適性について評価し、データを蓄積していく必要がある。

本研究では、東北地域における飼料イネの乾物生産力の評価と品種・系統特性を明らかにする目的で、東北農業研究センターで育成された新規系統を中心に2001年から2005年にかけて生育・収量および乾物生産特性を調査した。また、生長解析をもとに、当地域での飼料イネ生産において高い乾物収量を得るために備えるべき生理生態条件の検討を行った。

なお、本研究の遂行に当たっては、当研究センター水田利用部稲育種研究室(現低コスト稲育種研究東北サブチーム)より新規育成系統種子を、また、青森県農林総合研究センター藤坂稲作研究部より供試系統「ふ系飼206号」の種子を、それぞれ分譲頂いた。さらに、畜産草地研究所試料調製研究室からは、近赤外分光光度計による可消化養分総量(TDN)分析データを提供頂いた。そして、圃場管理等に際し、当研究センター水田利用部業務科(現研究支援センター業務第4科)職員の多大なる支援を得た。また、本稿の作成に当たっては白土宏之氏(東北農業研究センター)より多くの助言を賜った。ここに記して感謝の意を表す。

## II 材料と方法

東北農業研究センターで育成された飼料イネ新規

系統を中心に、2001～2005年にかけて毎年5～7品種・系統(表1参照)を同研究センター水田利用部(現大仙研究拠点)内の水田圃場(秋田県大仙市、灰色低地土)で栽培した。このうち、「羽系604」および「奥羽飼」番号の付されたものが当研究センターで育成された新規系統である。基準品種として早生の「アキヒカリ」、中生の「ふくひびき」、および晩生の「タカナリ」を用いた。いずれの年次とも播種後約30日の苗を、2001～2003年5月15日、2004年5月14日、2005年5月13日にそれぞれ1株3本、栽植密度30cm×15cm(22.2株/m<sup>2</sup>)で手植えした。

施肥は基肥、分けつ期追肥(移植後30日)および穂肥2回(幼穂形成期と減数分裂期)の計4回行い、2001年および2002年は8-2-3-3(各回の窒素成分量gN/m<sup>2</sup>、以下同じ)、2003～2005年は6-4-3-3として、いずれの年次とも計16gN/m<sup>2</sup>を施用した。試験区は3反復を設けた。

乾物生産特性は以下のように調査した。穂揃期および黄熟期に各反復につき15株ずつ圃場から抜き取り、生重と穂数を基準として平均的な3株を代表株に選定し、葉身、枯死葉身、葉鞘+稈および穂の各器官ごとに分解した。そのうち1株分の葉面積をベルトコンベア装置付き携帯葉面積計(Licor社、LI-3050A-P)を用いて測定した。その後、代表3株の分解物と抜き取った残り12株を80℃72時間乾燥して乾物重を測定し、単位土地面積当たりの乾物重および葉面積指数(LAI)を算出して生長解析に用いた。分解した各器官については微粉碎した後、全自動窒素分析装置(Elementar社、Vario MAX)を用いて窒素含有率を測定した。また、葉鞘+稈については大西・堀江(1999)の方法により非構造化炭水化物(NSC)含有率を重量法で測定した。なお、黄熟期は出穂後積算気温800～850℃程度を目安として、黄化糲割合を加味しながら判断した。また、黄熟期の全植物体を粉碎して得た試料を用いて、TDN含有率を近赤外分析法(藤田ら 2002)により推定した。

成熟期には各反復ごとに稈長の測定と倒伏程度の評価を行った後、60株を刈り取り、常法により収量および収量構成要素を求めた。

生育期間中の気温および日射量は秋田地方気象台における観測値を用いた。

表1 供試品種・系統の生育・収量特性

試験 年次	品種・系統名	穂揃期 月日	黄熟期 月日	黄熟期			粗玄米 重 g/m <sup>2</sup>	総粒数 /m <sup>2</sup>	穂数 /m <sup>2</sup>	精玄米 千粒重 g	稈長 cm	倒伏 程度 0-4
				乾物重 g/m <sup>2</sup>	TDN g/m <sup>2</sup> %							
2001	アキヒカリ	7.31	9.11	1597	942	59.0	858	43637	441	22.3	85.0	1.5
	ふくひびき	8.07	9.17	1700	997	58.6	892	42033	350	24.2	85.6	2.0
	羽系604	8.08	9.19	1771	1040	58.7	967	34591	429	31.0	77.0	0.0
	奥羽飼380号	8.10	9.20	1814	1064	58.7	775	28494	341	36.1	77.3	0.0
	奥羽飼387号	8.12	9.25	1953	1142	58.5	972	38316	326	31.8	77.0	0.0
	奥羽飼384号	8.17	10.01	2003	1175	58.7	979	38988	366	29.7	80.2	0.0
	タカナリ	8.24	10.03	1826	-	-	716	42370	297	22.1	76.0	0.0
	LSD			124	73		57	3146	39	14	6.2	1.4
2002	アキヒカリ	8.02	9.03	1444	-	-	753	39311	480	22.8	88.4	1.5
	ふくひびき	8.06	9.12	1509	923	61.1	849	40610	372	24.5	88.2	3.5
	羽系604	8.09	9.16	1507	-	-	847	32531	455	30.5	75.1	0.0
	奥羽飼380号	8.10	9.17	1593	-	-	774	27627	343	35.3	79.0	0.0
	奥羽飼387号	8.12	9.24	1709	1056	61.8	943	36648	348	32.9	79.5	0.0
	奥羽飼384号	8.16	9.25	1686	1049	62.2	935	36829	370	31.3	81.8	0.0
	タカナリ	8.17	9.24	1753	-	-	799	41086	289	22.1	73.6	0.0
	LSD			141	77		44	3046	39	0.9	3.6	0.2
2003	ふ系飼206号	7.28	9.02	1322	803	60.8	526	43345	341	20.5	84.3	0.0
	アキヒカリ	8.04	9.11	1439	-	-	745	47111	505	20.3	78.7	0.3
	奥羽飼385号	8.08	9.14	1551	942	60.7	858	33114	330	34.2	86.0	1.0
	ふくひびき	8.07	9.16	1594	996	62.5	819	46871	422	22.2	79.2	0.1
	奥羽飼387号	8.14	9.22	1672	1050	62.8	859	36676	367	31.6	69.6	0.0
	タカナリ	8.19	10.03	1717	-	-	695	47143	328	21.8	-	0.0
	LSD			136	89		49	3179	41	0.4	7.4	0.3
2004	ふ系飼206号	7.27	8.27	1278	776	60.7	520	27343	281	21.4	86.2	0.0
	奥羽飼395号	7.27	8.27	1421	-	-	734	36490	272	23.2	91.3	0.5
	奥羽飼394号	7.30	9.03	1423	-	-	862	34477	369	28.7	64.1	0.0
	アキヒカリ	8.01	9.03	1345	-	-	733	35173	389	22.6	80.0	0.2
	ふくひびき	8.05	9.10	1505	922	61.2	807	35312	334	25.2	82.5	1.7
	奥羽飼387号	8.10	9.16	1592	989	62.1	847	30621	305	34.2	74.1	0.0
	タカナリ	8.15	9.24	1577	-	-	818	47566	290	21.8	-	0.0
	LSD			98	73		44	2488	43	0.7	3.5	0.4
2005	奥羽飼395号	7.29	9.01	1553	921	59.3	816	46674	274	21.3	87.3	0.1
	奥羽飼396号	7.29	8.28	1401	843	60.2	488	24999	220	23.5	85.5	0.1
	アキヒカリ	7.30	8.28	1357	826	60.9	794	40369	428	21.6	78.3	0.1
	ふくひびき	8.06	9.06	1577	984	62.4	823	38235	364	23.6	81.3	0.1
	奥羽飼387号	8.08	9.08	1608	999	62.1	882	34091	328	32.8	73.8	0.0
	LSD			121	74		65	4286	30	0.7	2.6	ns

注. 乾物重は抜き取りによる値（根以外の地下部を含む）。TDN（可消化養分総量）は近赤外推定値。粗玄米重、千粒重は水分15%換算。倒伏程度は0（無倒伏）-4（完全倒伏）。表中の-は未測定。LSDは5%水準での最小有意差で、nsは有意差がないことを示す。

### Ⅲ 結 果

各試験年次の夏期の気象条件を概説すると、2001年は登熟期を迎える8月以降の日射量が安定して確保されたのに対し、2002年は8月初中旬の低日射量条件、2003年は7月以降9月下旬頃までの低温低日射量条件、2004年は8月中旬の低温低日射量条件、2005年は8月中旬および9月上旬の低日射量条件が特徴的であった。この結果、移植～黄熟期までの積算日射量を「ふくひびき」で年次比較すると、2002～2005年の1979～2050MJ/m<sup>2</sup>に対し、2001年は2273MJ/m<sup>2</sup>と多かった。

供試品種・系統の生育・収量特性について表1に示した。黄熟期乾物重は気象条件に恵まれた2001年で他年次より大きかった。新規育成系統についてみると、2004～2005年に供試した早生系統の「奥羽飼394号」、「奥羽飼395号」および「奥羽飼396号」は「アキヒカリ」と同等以上の乾物重を示した。そのうち「奥羽飼394号」は粗玄米収量が高く、千粒重が大きく、稈長が64.1cm(2004年)と短い特性を示した。また、「奥羽飼395号」は稈長が2004～2005年平均で89.3cmと「アキヒカリ」より10cm程度長く、両年とも「アキヒカリ」より安定して高い黄熟期乾物重を示した。これらの系統の乾物生産特性をみると(表2)、「アキヒカリ」と比較して穂揃期および黄熟期における窒素吸収量が多く、穂揃期LAIや穂揃期～黄熟期の乾物増加量(ΔW)が大きい傾向にあった。一方、2003～2004年に供試した「ふ系飼206号」は、黄熟期乾物重が「アキヒカリ」より小さかった(表1)。

中生の育成系統では、2001～2002年に供試した「羽系604」、「奥羽飼380号」、「奥羽飼384号」および2001～2005年に供試した「奥羽飼387号」が「ふくひびき」と比較して同等以上の乾物重を示し、特に「奥羽飼380号」、「奥羽飼384号」および「奥羽飼387号」の乾物収量が高かった(表1)。「奥羽飼384号」および「奥羽飼387号」では、晩生の多収品種「タカナリ」と同等以上の乾物重を示す年次も認められた(表1)。これらの系統は「ふくひびき」と比較していずれも千粒重が大きく、稈長は5～10cm程度短く、倒伏程度は小さかった。一方、乾物生産特性では「ふくひびき」と比較して穂揃期LAIはほぼ同等であったが穂揃期乾物重がやや大きい傾向にあり、穂揃期および黄熟期におけるNSC蓄積量も多

かった(表2)。一方、2003年に供試した「奥羽飼385号」の黄熟期乾物重は「ふくひびき」と同程度であった(表1)。

飼料特性として重要な指標の一つである黄熟期TDN含量は、黄熟期乾物重と乾物当たりTDN含有率の積で捉えられる。そのうちTDN含有率は、2001年に他年次と比較してやや低い値を示したが(表1)、5年間延べ21品種・系統間で求めたTDN含有率の変動係数は2.5%と小さかった。一方、同様にして求めた黄熟期乾物重の変動係数は11.6%と大きかった。その結果、黄熟期TDN含量は黄熟期乾物重と強い正の相関関係を示したのに対し( $r=0.98$ ,  $p<0.001$ )、TDN含有率との相関は認められなかった。

黄熟期乾物重は移植～黄熟期までの積算日射量と有意な正の相関関係を示した(図1)。その中で、各熟期において高い乾物収量を示した新規育成系統である「奥羽飼395号」、「奥羽飼380号」、「奥羽飼384号」および「奥羽飼387号」は、他の品種・系統と比較して同じ積算日射量条件でも黄熟期乾物重がやや高い傾向にあった(図1)。一方、黄熟期までの乾物生産過程について生長解析を行ったところ(図2)、黄熟期乾物重は穂揃期乾物重(移植～穂揃期の乾物生産量)およびΔWの双方と有意な関連性が認められた。このうち、穂揃期乾物重は到穂日数および移植～穂揃期の個体群成長速度(CGR)の双方と高い正の相関関係を示し、さらに、この期間のCGRは同期間中の平均LAIとの関連が強かった。一方、ΔWは穂揃期～黄熟期のCGRとの間に有意な正の相関関係が認められ、さらに、この期間のCGRは穂揃期までのそれとは異なり、純同化率(NAR)との関連が強かった(図2)。

### Ⅳ 考 察

本研究では、東北農業研究センターで新規に育成された飼料イネ系統を中心に乾物生産力と品種・系統特性の評価を行うとともに、東北地域における飼料イネの乾物生産性向上を図るための生理生態条件を明らかにする目的で行った。

新規に育成された系統の多くは同熟期の基準品種と同等以上の乾物重を示した(表1)。その中でも、早生では長稈性を有し、2004年および2005年の両年で安定して高い乾物重を示した「奥羽飼395号」が、中生では大粒で耐倒伏性が強く、かつ安定して高い

表2 供試品種・系統の乾物生産特性

試験 年次	品種・系統名	穂揃期			葉鞘+稈NSC				窒素吸収量	
		乾物重 g/m <sup>2</sup>	LAI m <sup>2</sup> /m <sup>2</sup>	ΔW g/m <sup>2</sup>	穂揃期		黄熟期		穂揃期 g/m <sup>2</sup>	黄熟期 g/m <sup>2</sup>
					%	g/m <sup>2</sup>	%	g/m <sup>2</sup>		
2001	アキヒカリ	891	6.3	706	32.4	182	28.0	139	18.2	18.2
	ふくひびき	966	6.7	734	33.3	191	20.6	106	16.6	19.5
	羽系604	985	6.5	786	41.7	238	23.3	119	16.6	21.2
	奥羽飼380号	1025	6.5	789	41.8	249	37.7	256	15.6	21.1
	奥羽飼387号	-	-	-	-	-	23.0	143	-	19.0
	奥羽飼384号	-	-	-	-	-	24.2	160	-	19.9
	タカナリ	1335	7.5	491	44.3	344	25.5	156	15.9	18.1
	LSD	76	0.9	105	2.6	26	5.3	48	2.0	3.0
2002	アキヒカリ	844	-	600	-	-	-	-	-	-
	ふくひびき	934	5.6	575	34.7	179	26.5	124	14.6	16.1
	羽系604	883	-	624	-	-	-	-	-	-
	奥羽飼380号	903	-	690	-	-	-	-	-	-
	奥羽飼387号	973	6.1	736	38.8	218	30.1	150	12.8	15.2
	奥羽飼384号	997	5.6	688	35.7	202	29.4	166	12.0	17.3
	タカナリ	1067	7.1	686	-	-	-	-	-	-
	LSD	82	1.6	166	3.8	24	4.7	52	ns	ns
2003	ふ系飼206号	849	4.4	473	36.3	185	30.9	157	13.1	14.0
	アキヒカリ	963	6.0	477	41.6	257	22.8	111	14.2	15.4
	奥羽飼385号	1005	4.9	546	35.5	214	20.0	101	13.3	16.1
	ふくひびき	994	5.9	600	37.2	221	20.0	103	13.6	16.5
	奥羽飼387号	1061	5.4	611	44.9	296	26.1	151	13.5	16.0
	タカナリ	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	LSD	74	0.8	127	3.9	40	3.4	35	ns	1.8
2004	ふ系飼206号	627	4.3	651	28.5	104	36.7	188	11.7	13.4
	奥羽飼395号	-	-	-	-	-	22.6	110	-	15.0
	奥羽飼394号	-	-	-	-	-	21.2	79	-	15.7
	アキヒカリ	841	4.8	505	34.3	172	26.9	121	14.5	14.4
	ふくひびき	873	5.1	633	36.6	191	25.0	120	13.5	14.9
	奥羽飼387号	1072	5.4	521	43.2	283	27.7	144	14.0	15.4
	タカナリ	-	-	-	-	-	-	-	-	15.1
	LSD	121	1.1	81	2.5	25	4.6	38	ns	ns
2005	奥羽飼395号	891	5.8	662	30.7	161	20.6	104	14.3	15.7
	奥羽飼396号	815	5.2	586	31.5	150	18.0	84	13.2	15.1
	アキヒカリ	835	4.8	522	37.0	188	18.1	79	12.3	14.1
	ふくひびき	958	5.4	619	36.5	214	21.4	105	13.2	14.8
	奥羽飼387号	1136	5.6	472	43.9	314	24.4	123	16.0	16.3
	LSD	95	0.9	83	3.3	23	2.4	22	2.5	1.9

注. LAI：葉面積指数、ΔW：穂揃期～黄熟期乾物増加量、NSC：非構造性炭水化物。乾物重は抜き取りによる値（根以外の地下部を含む）。表中の-は未測定。LSDは5%水準での最小有意差で、nsは有意差がないことを示す。



乾物重を示した「奥羽飼380号」、「奥羽飼384号」および「奥羽飼387号」が有望であった(表1、表2)。そのうち「奥羽飼395号」の長稈性は、収穫ロスにつながる圃場への刈り残し率を低減化する観点から、飼料イネとして有利な特性である。また、中生系統が備える大粒性および高い耐倒伏性は、それぞれ一般品種との識別性および収穫時の土壌混入・高水分条件の回避の観点から、飼料イネとして望まれる特性である。一方、早生の「ふ系飼206号」と「奥羽飼396号」および中生の「羽系604」と「奥羽飼385号」は同熟期の他の育成系統と比較して黄熟期乾物重が小さい傾向にあり(表1)、また、「奥羽飼395号」は乾物重および収量性は比較的高かったものの、稈長が65cm未満と極めて短かったことから(表1、表2)、有望視するには至らなかった。

有望中生系統については熟期や種子発芽性の面から検討が別途進められ、「奥羽飼387号」が品種「べこあおば」(東北中南部以南向き)として2005年度に登録されるに至った(中込ら 2005)。「べこあおば」の黄熟期乾物重は2001年～2005年平均で1707g/m<sup>2</sup>であり、「ふくひびき」の1577g/m<sup>2</sup>と比較して約8%高い乾物重を年次間で安定して示し、天候に恵まれた2001年には1953g/m<sup>2</sup>という極めて高い黄熟期乾物重が得られた(表1)。また、温暖地で高い乾物生産と収量性を示す晩生の「タカナリ」と比較しても、同等以上の黄熟期乾物重を示す年次が認められた(表1)。このような高い乾物生産性には、「ふくひびき」と比較して穂揃期が2～5日、黄熟期が2～12日遅く(表1)、生育期間が長いことに加えて、葉が直立し受光態勢に優れる草型であることや、比葉面積が低く葉が厚いことによる葉身活性の高さ等により、日射乾物変換効率が高いことが関係している可能性が考えられる(長田ら 2004、吉永ら 2006)。また、高い耐倒伏性を備えており、生産の低コスト化で注目される直播栽培でも優れた乾物収量を示すことが示されている(中込ら 2005、吉永ら 2006)。今後は、省力・低コスト栽培や家畜糞堆肥利用等の循環型生産システムのなかで、飼料イネとして適した品種特性を最大限発揮するような栽培法の検討が必要である。

飼料価値の指標の一つであるTDN含有率は、2001年に他年次と比較してやや低い値を示した(表1)。その理由として、2001年の生育条件等の影響のほかに、近赤外分析によるTDN含有率推定の際

に2001年、2002年、2003～2005年でそれぞれ異なる検量線が用いられたことが影響した可能性も考えられることから、要因解明にむけては今後更なる検討が必要である。しかし、TDN含有率の年次間および品種・系統間の変動は黄熟期乾物重の変動と比較して小さく、黄熟期TDN含量は黄熟期乾物重と強い相関関係を示したことから、飼料イネ生産におけるTDN含量の向上には、黄熟期までの乾物生産を高めることが重要と考えられた。

黄熟期乾物重は移植～黄熟期までの積算日射量と強い正の相関関係にあり(図1)、日射条件が乾物生産に強く関与することが示されたものの、有望視された新規育成系統は他の品種・系統と比較して日射乾物変換効率が高く、同じ積算日射量の条件でも乾物重が高く確保されている傾向が認められた(図1)。その要因として、「奥羽飼387号」(「べこあおば」)等の有望系統が、上述したような乾物生産に有利な特性を示すことが考えられた。そこで、当地域で高い黄熟期乾物重を得るうえで必要な生理生態条件を更に明らかにするために生長解析を行った結果(図2)、到穂日数の確保や穂揃期までのCGRを高くすることを通じて穂揃期乾物重を大きくするとともに、穂揃期以降の登熟期間における高いCGRの確保を通じて穂揃期～黄熟期の乾物増加量ΔWを増大することが重要であると判断された。

穂揃期までのCGR確保のためには、LAIを高くすることの重要性が指摘された(図2)。栄養成長期

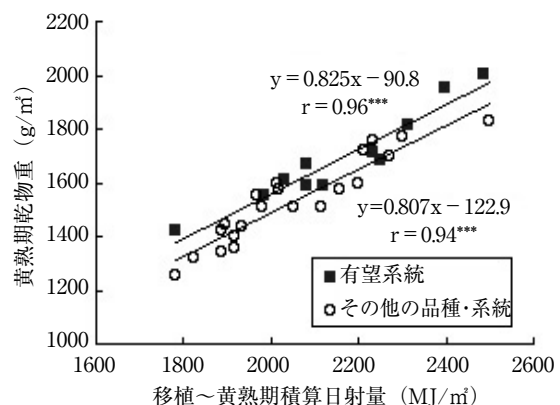


図1 移植～黄熟期の積算日射量と黄熟期乾物重との関係

2001～2005年データを用いた。

有望系統：奥羽飼395号、奥羽飼380号、奥羽飼387号および奥羽飼384号。

\*\*\*は0.1%水準で有意な相関関係が認められることを示す。

の過繁茂による群落光合成-呼吸収支の低下がしばしば問題となる暖地とは異なり、寒冷地では生育気温が低く推移すること、さらに現在育成が進められている飼料イネの多くが多収性インド型品種の遺伝背景を部分的に持ち、長く直立した葉身と群落内での穂の相対的位置が低い特性により群落受光態勢に優れた草型を達観で示すこと、等を考え合わせると、当地域での飼料イネ生産において乾物生産を最大とするような最適LAI (Monsi and Saeki 1953) は一般食用品種より高い可能性がある。しかし、本研究において検討した新規育成系統の多くはLAIが5~6の範囲となるケースが多く(表2)、東北地域での栽培条件において一般食用水稲で推定されている最適LAIとほぼ同じ水準にとどまっていた(稲葉1991)。その一方、LAIの増加速度には施肥条件とともに気温が強く関与するため(Horie 1987)、生育気温が低い寒冷地ではLAIの増大を図りにくい栽培条件となっている。このような現状の中で、当地域における飼料イネの乾物生産ポテンシャルを向上させるために、気象変動が大きい生育条件下で高いLAIを確保できるような品種特性の付与の可能性について今後検討する価値があるように思われる(矢島 1996)。

一方、穂揃期以降のCGRを高く維持するためにはNARの向上が必要であることが指摘された(図

2)。穂揃期以降のNARを高く維持する生理生態条件として、登熟期間中の個葉の光合成活性の維持や群落内の光透過性の確保といった形質が挙げられる。品種育成の際にこのような形質を品種特性として付与していくことが望まれるが、それと同時に、施肥や水管理といった栽培条件が穂揃期後のNARやCGRにおよぼす影響について調査・解析を加え、栽培法による穂揃期後乾物生産の改善の可能性についても今後検討が必要であると思われる。

飼料イネ専用品種開発における育種目標は乾物収量2200g/m<sup>2</sup>という高い値に設定されている(根本2004)。東北地域において、このような極めて高い乾物収量を得るためには、生育期間を長くし積算日射量を出るだけ多く確保することが必要となる(図1)。しかしながら、生育気温が他地域と比較して低く推移する東北地域では、積算日射量を確保するために必要な移植時期の前進化や収穫時期の遅延化等を大幅に進めることは困難で、自ずと生育期間が限定される。仮に移植早限を日平均気温平年値13℃(西山 1990)、黄熟期晩限をインド型品種における登熟期有効下限温度の最低気温平年値9.4℃(江幡 1990)として設定した場合、秋田市を例にすると移植早限が5月8日頃、黄熟期晩限が10月14日頃で、この間の積算日射量の平年値(1981~2005年)は2539MJ/m<sup>2</sup>であった。有望系統における移植~黄

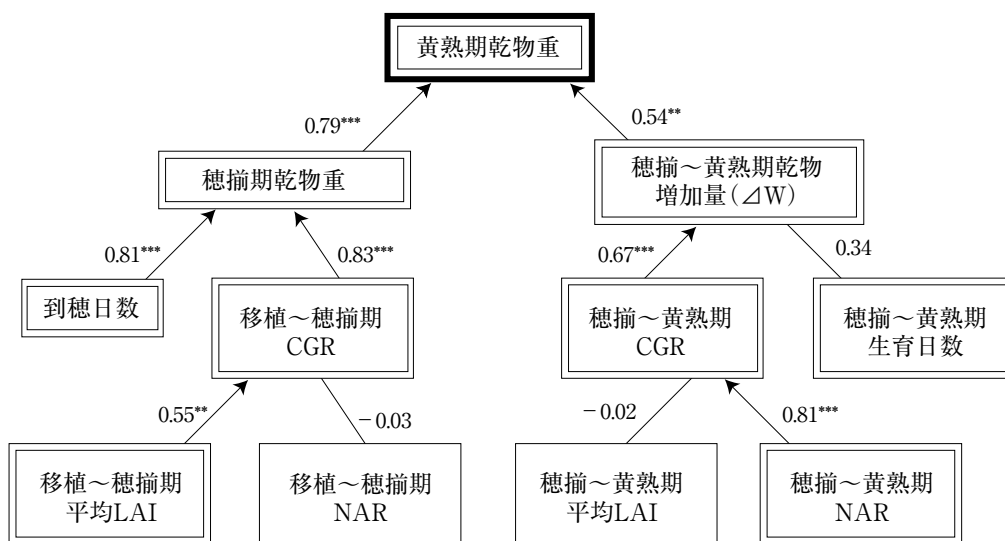


図2 黄熟期までの乾物生産に関連する形質相互間の相関係数

CGR：個体群成長速度、NAR：純同化率。

データ数は各形質ごとに異なる (n=19~26)。

\*\*、\*\*\*はそれぞれ1、0.1%水準で有意な相関関係が認められることを示す。

熟期の積算日射量と黄熟期乾物重との間で得られた回帰直線式(図1)を基準にした場合、平年気象条件における現状での黄熟期乾物重のポテンシャルは、生育期間を最大限確保する熟期を仮定したとして約2004g/m程度と試算された。以上のような試算は推測の域を出ないものの、育種目標への到達までには一層の乾物生産性の向上が必要であると思われる。そのためには、与えられた気象条件下で最大限の乾物収量を獲得するために有利な栽培期間・熟期の設定や、低温条件下での生育停滞が小さい品種開発の可能性について検討し、生育期間の確保に努めることに加えて、上述したような生育各期のCGRを向上させる品種特性の付与等により日射乾物変換効率を高め、図1における回帰直線自体を上方にシフトさせることが必要になるものと考えられる。

### 引用文献

- 1) 江幡守衛. 1990. 有効積算温度とイネの生長. 第2報 イネの出穂・開花および登熟における有効積算温度. 日作紀 59: 233-238.
- 2) 藤田泰仁, 村井勝, 蔡義民, 甘利雅菟, 小川増弘. 2003. 近赤外分析法による飼料イネの飼料成分および栄養価の推定. 畜産草地研究成果情報 2: 49-50.
- 3) Horie, T. 1987. A model for evaluating climatic productivity and water balance of irrigated rice and application to Southeast Asia. Southeast Asian Studies 25: 62-74.
- 4) 稲葉光圀. 1991. 葉層構造改善による増収理論(農山漁村文化協会編, 農業技術体系作物編, 第2-1巻). 東京. 104の2-104の21.
- 5) Monsi, M.; Saeki, T. 1953. Über den Lichtfactor in den Pflanzengesellschaften und seine Bedeutung für die stoffproduktion. Jpn. J. Bot. 15: 22-52.
- 6) 根本博. 2004. イネWCS用品種の特性(農林水産技術会議編, 農林水産研究文献解題 No.29 飼料作物の栽培・利用技術). 東京. 594-597.
- 7) 長田健二, 寺島一男, 吉永悟志, 福田あかり. 2004. 東北地域向け飼料用水稲育成品種・系統の生育および収量特性. 日作東北支報 47: 87-89.
- 8) 中込弘二, 山口誠之, 片岡知守, 遠藤貴司, 滝田正, 東正昭, 横上晴郁, 加藤浩, 田村泰章. 2005. 直播栽培に適する稲発酵粗飼料専用品種「べこあおば」の育成. 東北農業研究 58: 3-4.
- 9) 西山岩男. 1990. 冷害の防止法(松尾孝嶺ら編, 稲学大成 生理編). 東京. p.624-627.
- 10) 大西政夫, 堀江武. 1999. 重量法による水稲各器官中の非構造性炭水化物の簡易定量法. 日作紀 68: 123-136.
- 11) 箭原信男, 高井慎二, 沼川武雄. 1981. 水稲ホールクロップサイレージの調製利用に関する研究. 東北農試研報 63: 151-159.
- 12) 矢島正晴. 1996. 光合成・物質生産と多収性(東北農試編, 東北の稲研究). 盛岡. p.156-160.
- 13) 山口誠之. 2004. 寒地・寒冷地向けイネWCS用品種(農林水産技術会議編, 農林水産研究文献解題No.29 飼料作物の栽培・利用技術). 東京. p.597-599.
- 14) 吉永悟志, 長田健二, 福田あかり. 2006. 東北地域の飼料イネ向け品種・系統の直播適性および乾物生産性. 東北農研報 105: 63-71.

## 東北地方における水稲冷害の早期警戒システムの開発に関する研究

神 田 英 司\*<sup>1)</sup>

**抄 録**：東北地方では水稲の冷害がたびたび発生し、わが国全体の食糧生産に影響を与えてきた。耐冷品種の開発や冷害対策技術により、冷害はかなり軽減されてきているものの、依然として東北地方の稲作の最大の不安定要因となっている。本研究では、冷害軽減を支援するために、東北地方に適用できる水稲の発育予測モデルと被害診断技術の作成、ならびに早期警戒システムの開発を行った。発育予測モデルは、イネの移植期から成熟期までを、葉、幼穂および玄米の発育過程別の3つのサブモデルより構成される。この発育予測モデルをイネの形態形成の規則性で拡張し、圃場内の発育ステージの変異を推定した。これに地域内の移植日の幅と苗質を組み合わせ、地域内の発育ステージの変異を推定した。推定される発育ステージと冷却量に基づく障害不稔歩合推定モデルと成熟期到達割合に基づく遅延型冷害の被害推定モデルを作成した。以上の発育予測モデルおよび情報を統合して作成した早期警戒システムは東北地方の冷害被害実態の正確な把握に役立つのみならず、生産現場における栽培管理の実施時期の判断、深水灌漑などの冷害回避技術の要否や刈取り時期の判定などに利用されている。

**キーワード**：水稲、早期警戒システム、発育予測モデル、冷害

### Studies on the Development of an Early-warning System to Protect Rice Against Cool Weather Damage in the Tohoku Area : Eiji KANDA\*<sup>1)</sup>

**Abstract** : Rice production in the Tohoku region, in the northern part of Japan, has been frequently and severely limited by unusually cool weather. Although studies have aimed to develop breeding programs to improve rice's cold tolerance and to improve cultivation technique, it is difficult to fully mitigate damage from cool weather. To help local farmers make effective decisions regarding cultivation techniques during cool weather, a system called the "Early-warning system for cool weather damage" was developed that serves to distribute risk information concerning cool weather damage based on predictions made by a simulation model through the Internet. A simulation model of the system is composed of three submodels. First, the developmental stages from transplanting to maturity are estimated based on three phases: the leaf appearance phase, the panicle developmental phase, and the grain filling phase. Second, the percentage of sterile spikelets is estimated based on the amount of cool degree days with accounting for the developmental stages of young panicles. Third, the percentage of full ripening grain is estimated based on the developmental stage of grain filling when it is completed by low temperature. These submodels are integrated into the "Early-warning system for cool weather damage" which has provided daily information regarding the risk of cool weather damage to local farmers in the Tohoku region via the Internet since 1996. Farmers have widely utilized this system to judge the timing of cultivation management, including deep water management to protect against cool weather.

**Key Words** : Cool weather damage, Developmental model, Early warning system, Rice

目 次	II 水稲の発育ステージの簡易予測法の作成 ……………75
	1. 緒 言 ……………75
I 緒 論 ……………72	2. 出葉過程に基づく主稈葉齢予測と幼穂形成期の推定 ……75

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Morioka, Iwate 020-0198, Japan)

2006年12月28日受付、2007年2月28日受理

3. 有効積算気温を用いた穂の発育ステージの 簡易予測モデル .....	81	2. ノンパラメトリック回帰モデルによる不稔 歩合の推定 .....	101
Ⅲ 圃場内、地域内の発育ステージの変異の推定 .....	88	3. 登熟停止による減収率の推定 .....	106
1. 緒言 .....	88	V 発育予測モデルに基づく水稲冷害の早期警戒 システムの開発 .....	108
2. 器官形成の規則性に基づく発育ステージの 圃場内変異の推定 .....	88	1. 早期警戒システムの構成 .....	108
3. アメダス指標地点の周辺地域における発育 ステージの変異の推定 .....	96	2. 早期警戒システムの機能と運営 .....	109
Ⅳ 気象情報と発育予測モデルに基づく水稲冷温 被害の予測 .....	101	Ⅵ 総合考察—東北地方の水稲安定生産に向けて の課題— .....	111
1. 緒言 .....	101	Ⅶ 摘要 .....	112

## I 緒 論

東北地方は本州の東北部に位置し、冬季の積雪による雪解け水に恵まれ、平野部を中心に稲作が営まれている。しかし、冷夏により冷害が発生する。冷害とは「夏期冷温少照のために農作物の生育が害され、収量を損なう害」をいう(坪井 1976)。東北地方が冷夏となるときは、オホーツク海高気圧の持続的な発生が原因になることが最近では多い。オホーツク海高気圧は梅雨期に最も現われやすいが、冷夏の場合には7月後半から8月にも出現することがある。北日本の太平洋側はこのオホーツク海高気圧から吹き出す冷湿な海風の影響を受ける。この風は海上で冷やされる過程で水蒸気飽和し霧をとめない、東北地方太平洋側に到達した時には、低温・寡照をもたらす偏東風となり、これを「やませ」という。偏東風は成層状態が安定しているため、上陸すると標高の低い平野や谷を這うように進み、気温は4~5℃またはそれ以下となり、東北地方の暖候期に寒冷気象をもたらしている最大の原因である。偏東風は、特に冷害年でもなくとも、梅雨期を中心に毎年10数日程度は吹走する。とくに、偏東風の吹走頻度は年による差が大きい。オホーツク海高気圧が停滞し、偏東風の吹走が長引くと稲作に大きな被害が生じる。これが第1種冷夏による冷害である。このため、第1種冷夏の場合は太平洋側を中心に冷害となる。これに対しオホーツク海高気圧と関係なく、上空に北極から寒気の流出が西に偏り、日本海側から冷たい偏西風がたびたび流入する北冷西暑型(第2種)冷夏もある。この場合はオホーツク海高気圧による偏東風とは異なり日照はあるが、北部ほど冷

温となる。このため、日本海側でも冷害となることがある(坪井 1976、卜藏 2001)。

水稲の冷害は、その被害の発生タイプにより一般的に障害型と遅延型の2つに大別される。障害型冷害は幼穂形成期から開花期までの冷温による花粉形成阻害や受精障害による不稔になるものである(柿崎・木戸 1938、福家・近藤 1939、寺尾ら 1940a、寺尾ら 1940b、Hayase *et al.* 1969)。遅延型冷害は出穂までの生育各期の低温による出穂遅延に加えて登熟後期に秋冷にあつて、未熟米を多発するか、出穂が遅延しなくとも登熟期の冷温をうけて登熟が遅延し未熟米が発生するものである(酒井 1944)。両者が併発した場合は混合型冷害と呼称される。

東北地方では1881年~1994年の114年間で26回と、過去4、5年に1回の頻度で冷害に遭遇してきた(西山 1996)。このため、地域農業の基幹である稲作の生産性を高め、冷害を克服して地域農業全体の安定性を高めることが、明治以来の悲願であった。度重なる冷害に苦しむ東北農民に対し、国が総力を挙げて冷害対策に取り組んだのは明治後期から昭和初期であった。とくに1902年、1905年、1913年の大冷害が気象学者や農学者に冷害研究を促す契機となった。気象学者岡田武松は、1910年に梅雨期北日本にみられる低温は北海道から三陸東方に張り出すオホーツク海高気圧の影響とする説を発表した(奥田 1957)。農学者安藤広太郎は1915年に親潮の海面水温が7、8月の冷夏と関係することを発表した(奥田 1957)。その後1934年の大凶作が近代科学による冷害克服への胎動となる。明けて1935年、冷害防止に関する試験研究事業が農林省と東北6県の農事試験場を中心にして創設組織され、農林省農事試験

場においては、とくに冷害実験室を設立して、基礎的な冷害生理の研究が開始され、中央気象台には東北凶作の調査をする一係が設けられた。これらの諸施策は寺尾博らの冷害生理の研究にはじまる一連の成果となって現れ、それはやがて、総合的な冷害対策の基礎となった。これらの施策による画期的な成果としては次のものが挙げられる。

保温折衷苗代の開発：長野県軽井沢の篤農家荻原豊次によって考案され、県農事試験場岡村政勝の協力で1942年に原型が完成した「油紙保温折衷苗代」は、ビニールやポリエチレンの開発に伴って技術化が一層加速化され、普及に移されたのは1959年であった（川田 1976）。この技術により1か月も早く播種、田植えができるようになり、明治時代からの一つの目標であった早植栽培を可能とした。これにより遅延型冷害の被害はかなり軽減されるようになった。

耐冷性検定装置の開発：障害型冷害の解決には耐冷性育種が大きく貢献した。宮城県古川農業試験場で開発された耐冷性検定法「恒温深水法」は、処理用水の水温を19℃に制御し、20cm以上の水深を保ち、強制循環させて水温のムラをなくして検定する方法である。それにより、障害不稔発生の再現性が高く、小面積で多数の育種素材を精度高く検定できるようになった（佐々木 1996）。それまで耐冷性が強く、かつ良食味で多収の品種は育成が困難といわれていたが、1980年冷害で「コシヒカリ」やその近縁品種の被害が軽微であったことが契機となって、1991年に宮城県古川農業試験場で「コシヒカリ」の血を継ぐ「ひとめぼれ」が育成された。同品種は普及直後の1993年大冷害時に、壊滅的な被害を受けた「ササニシキ」に比べて被害程度は半減され、その後普及面積が急増した。

安全作期策定手法の考案：戦後、早生で多収の耐冷性品種（「藤坂5号」など）が育成され、さらに育苗法もビニール畑苗代などの保護苗代が開発され、早い時期に発根力の強い健苗ができるようになった。しかし極端な早植では、減数分裂期が梅雨期の低温に遭遇して不稔を発生すること、秋冷による登熟障害と梅雨末期の不稔障害という二つの障害が問題となった。八柳（1960）は「東北地方における稲作の計画栽培について」を発表し、安全出穂期・好適出穂期を中心とする計画栽培の基本的な考えを提案した。この考えは後に内島（1983）によ

って安全作期の策定手法として体系化され、東北稲作の安定多収に貢献し、同時に冷害による被害をも軽減してきた。

前歴期・危険期深水管理法の開発：水稲では出穂前は水温と地温の効果が気温よりも大きい。したがって、水管理は昔から稲作りの基本的な技術として重要視されてきた。昼間止水・夜間灌漑は水温上昇のための基本技術として、また減数分裂期を中心とする感受性Ⅱ期（いわゆる危険期）の深水管理は障害型不稔防止の応急技術として冷害軽減に役立ってきた。最近では、幼穂形成期を中心とする感受性Ⅰ期（いわゆる前歴期）の水温の効果、すなわち幼穂形成期から減数分裂期直前までの深水管理による不稔防止効果が顕著であることが示された（Satake *et al.* 1988）。感受性Ⅰ期と感受性Ⅱ期の深水管理を組み合わせることで、障害不稔発生を大きく軽減できるため、冷害危険度の高い地域や耐冷性の弱い品種については、深水管理が基本技術として位置づけられてきた。

これらの技術開発により、東北地方の水稲の10a当たり収量は1950年代以降飛躍的に向上し、2004年現在の水稲の10a当たり収量が平均546kg、水稲作付面積が全国の25.9%、玄米収穫量27.5%を占める一大生産地となった（注：農林水産省統計情報部。農林水産統計速報。2004）。また、食味ランク「特A」も全国17銘柄中の11銘柄を占める高品質良食味米の生産地域でもある（注：日本穀物検定協会。食味ランキング。2004）。このように東北地方の水稲作柄は、おいしい米を求める流通関係者や消費者にとって最大関心事となっている。

しかし、さまざまな技術改良により収量が増加し、全国的な米あまりとなり生産調整が始まった1970年から2004年の35年間においても冷害は2003年を含め8回発生し、その発生頻度は変わらない。なかでも、1993年には全国的に異常気象が頻発し、東北は大冷害となり、作況指数が東北全体で56、青森県28、岩手県30、宮城県37、秋田県83、山形県79、福島県61、被害総額は4,690億円となった。また、2003年にも冷害となり、作況指数が東北全体で80、被害総額は1,425億円となった。このことは、その被害程度は軽減されてきたものの、現在でも冷害が起りうることを示している。

東北農業研究センター（以下、「東北農研」とする）は1993年の冷害を受けて、東北農政局、仙台管

区气象台、東北6県と共同して、1994年に東北地域水稲安定生産推進連絡協議会を発足させ、水稲冷害の早期警戒システムの構築を開始した(鳥越 1998)。早期警戒システムの開発コンセプトは、①気象変動下での水稲安定生産のための情報提供システムを構築し、冷害回避のために、気象、水稲の生育、対策技術に関する情報をリアルタイムで生産関係者に提供し、組織的な対応で被害を最小限に止めること、②発育ステージ情報による栽培管理、葉いもち病予防による防除の要否判定など生産者の意思決定を支援することである。本システムでは東北6県を対象に気象と水稲生育の監視を行うため、全アメダス地点から冷害危険度(神田・鳥越 1995)と稲作重要度、冷害気象の把握を基準に71地点を選定した。これらの地点における気象情報を基に冷害発生を予測し、冷害対策技術の活用および冷害時の迅速な被害診断技術を開発するためには、全発育ステージを追跡的に把握する精度の高い、全指標地点および東北の主要な品種に適用できる発育モデルの開発が急務であった。

発育ステージの予測には播種または移植から出穂・開花期、登熟期までの積算気温あるいは有効積算気温が使われてきた。八柳(1960)、伊達(1963)、内島(1983)は安全作期を策定するために積算気温を利用し、羽生・内島(1962)、森田・村上(1981)は温度効果の非線形性を考慮し、3℃きざみの有効気温係数を使った有効積算気温で発育ステージを示した。連続的な発育ステージの推定法として、堀江・中川(1990)は発育ステージを例えば出芽期に0、出穂期に1、そして成熟期に2の値をとるような連続的に変化する値、すなわち発育指数(DVI)であらわす方法が有効であることを提案している。

一方、生産現場では、出穂までの水稲の発育ステージの指標として葉齢、葉齢指数を利用している。これは、片山(1951)の同伸葉・同分けつ理論による分けつ出現の規則性、藤井(1961)の葉と節根の出現の規則性、松島・真中(1956)の葉齢指数による幼穂の発育経過の診断などに示されるように、葉齢や葉齢指数が器官形成と密接な関係にあるためである。したがって、葉齢が予測できれば、各県の生育診断圃場で実施されている慣行の生育調査データも活用した生育の監視が可能となる。イネでは中川・堀江(1991)が気温とDVIから葉齢増加をモデル化し、コムギではMiglietta(1991)が圃場における

主稈葉齢予測モデルを作成している。

出穂期以降は乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期という外観による登熟過程を指標として、低温時の深水管理、高温時の掛け流し灌漑、いもち病やカメムシの防除、落水時期や刈取期の決定を行っている。また、作況調査、農作物被害調査などでもこれらの発育ステージを基準にしている。しかし、玄米の登熟過程の発育ステージを予測するモデルは提唱されていない。

水稲の収量は次式から成り立ち、右辺を収量構成要素という。

$$\text{収量} = \text{穂数} \times 1 \text{ 穂粒数} \\ \times \text{登熟歩合} \times 1 \text{ 粒重}$$

水稲は収量成立過程において冷温に遭遇すると、収量構成が直接あるいは間接的に影響を受ける。直接的なものは次の2つに整理できる。遅延型冷害の場合、被害は登熟歩合や1粒重に現れる。障害型冷害の場合、被害は1穂粒数や登熟歩合に現れる。現在、生育ステージ、乾物生産量や不稔発生などを予測する各種モデル(矢島 1994)が開発されているが、実用レベルでかつリアルタイムな情報として提供されている事例はほとんどない。

近年、情報技術が急速に進展しインターネットが普及した結果、生産者は県の普及指導員やJAの営農指導員からの情報に加えて、インターネットを通じた栽培技術や気象情報などの入手が容易になり、気象会社のWebサービスによる準リアルタイムな気象情報、海外の気象サイトによる気象予測など様々な情報を活用した栽培が可能となった。しかし、インターネット上にある情報はその質や難易度、対象者が様々であり、一般農家が大量にある情報の中から有用な情報を選択して使いこなすのは困難である。そこで、東北地域水稲安定生産推進連絡協議会における早期警戒システム活動で交換される情報を一般の農業関係者、消費者、流通関係者とリアルタイムで共有するWebサイト版早期警戒システムを1996年に開設した。その目的は、①東北の稲作の実態について社会の理解を深めること、②地域社会へ冷害情報をリアルタイムで発信することによる冷害軽減を目指すことである。このサイトの閲覧者の有志からモニター農家ネットワークが形成され、生産者と双方向の情報交換が可能となった。

このように、東北地方では未だ冷害の危険性があり、早期警戒システムで提供する発育情報、警戒情

報は東北地方の水稲安定生産にとって重要である。そこで、本研究は、東北地方に適用できる水稲の発育予測モデルの作成とそれを活用した冷害軽減のための早期警戒システムの開発を目的に行われた。

最後に、本報告の取りまとめに際し、前京都大学大学院農学研究科教授堀江武博士には懇切丁寧な御指導と御校閲をいただいた。

また、本研究は農林水産技術会議の地域先導総合研究として2000年より5か年にわたり実施された「早期警戒システムを基幹とする冷害克服型営農技術の確立」の一環として行われたものである。その推進リーダーであった農林水産省東北農業試験場地域基盤研究部（現独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構東北農業研究センター）河部暹・中山正義部長、総合研究部諸岡慶昇部長、チーム長鳥越洋一博士には懇切丁寧な御指導をいただいた。鳥越洋一博士にはこの研究の開始から終了まで、さらに論文の作成まで懇切なご教示と励ましをいただいた。また、東北地域水稲安定生産推進連絡協議会を通じて、東北6県試験場から貴重な種子を分譲して頂いた。同僚の小林隆、伊藤一幸、菅野洋光各位には研究遂行に多大な協力をいただいた。さらに業務3科担当職員の方々には試験材料の栽培管理や調査に多大なご協力をいただき、ご苦勞をおかけした。また、早期警戒モニター農家各位には、水稲圃場の提供および調査にご協力いただいた。

本研究はこれらの方々を含む諸氏のご指導、ご援助の賜である。ここに記して謝意を表する。

## II 水稲の発育ステージの簡易予測法の作成

### 1. 緒言

障害型冷害は幼穂形成期から開花期までの冷温に起因する花粉形成阻害や受精障害によって、不稔歩合が増加するものである。遅延型冷害は、移植から出穂までの生育各期の低温による出穂遅延により登熟後期に秋冷に遭遇するか、出穂後から成熟期までに冷温をうけて登熟が遅延または停止し、未熟米が多発するものである。

そこで、移植から成熟期までをイネの発育過程に従い、葉の生育、幼穂の発育、玄米の発育の3つにわけて以下のようにモデル化する。

① 主稈葉齢進度モデル：追跡する生育ステージは移植期を起点として止葉までの葉齢および葉齢指数。葉齢指数から穂首分化期、枝梗分化期、幼穂

形成期、花粉母細胞分化期、減数分裂期と止葉完全展開期を推定する。

② 幼穂の発育モデル：追跡する生育ステージは幼穂形成期を起点として、花粉母細胞分化期、減数分裂期、花粉内容充実期と出穂期。

③ 玄米の発育モデル：追跡する生育ステージは出穂期を起点として、乳熟期、糊熟期、黄熟期と成熟期。

まず、主稈葉齢進度モデルで幼穂形成期を予測し、幼穂の発育モデルにより障害型冷害の監視に重要な主要なステージを追跡することが可能となる。さらに、幼穂の発育モデルにより出穂遅延が、また玄米の発育モデルによって、玄米の主要な成熟過程の遅速を把握することが可能となる。

この章では、この目的を満たすために作成した上記3つの発育モデルについて記述する。

### 2. 出葉過程に基づく主稈葉齢予測と幼穂形成期の推定

発育ステージの予測には播種または移植から出穂・開花期、成熟期までの積算気温あるいは有効積算気温が使われてきた。八柳（1960）、伊達（1963）、内島（1983）は安全作期を策定するために積算気温を利用し、羽生・内島（1962）、森田・村上（1981）は温度効果の非線形性を考慮し、3℃きざみの有効気温係数を使った有効積算気温で発育ステージを示した。その後、連続的な発育ステージの推定法として、堀江・中川（1990）は発育ステージを例えば出芽期に0、出穂期に1、そして成熟期に2の値をとるような連続的に変化する値、すなわち発育指数（DVI）であらわす方法が有効であることを提案している。このDVIは毎日の発育速度（DVR）の積算値であり、温度や日長の関数で表され、品種に固有のパラメータをもつ。

一方、生産現場では、葉齢、葉齢指数を出穂までの水稲の発育ステージの指標として利用している。これは、片山（1951）の同伸葉・同分げつ理論による分げつ出現の規則性、藤井（1961）の葉と節根の出現の規則性、松島・真中（1956）の葉齢指数による幼穂の発育経過の診断などに示されるように、葉齢や葉齢指数が器官形成と密接な関係にあるためである。したがって、葉齢が予測できれば、各県の生育診断圃場で実施されている慣行の生育調査データも活用した生育の監視が可能となる。

ここでは有効積算気温を使った出葉間隔に基づく



簡便な主稈葉齢進度モデルの作成を試みたところ、出葉経過を比較的よく表すことができた。

### 1) 材料と方法

#### (1) 東北農研における作柄診断試験

実験には東北農研（岩手県盛岡市下厨川）内の60aの圃場を用いた。圃場内の水温むらや地力むらなどの縦横方向の系統誤差の影響を避けるため、12品種を早中晩の3つのグループに分け、4×4のラテン方格法により配置して、1品種4反復計48区とした。1つの調査区の面積は52m<sup>2</sup>、供試品種は基幹品種を中心に各県のバランスも考慮して12品種を選択した。1997年度は「つがるおとめ」、「つがるロマン」、「かけはし」、「ゆめさんさ」、「あきたこまち」、「おきにいり」、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」、「こころまち」、「どまんなか」、「はえぬき」、「コシヒカリ」の12品種、1998年度からはこれらの12品種のうち「つがるおとめ」を「むつほまれ」に、「こころまち」を東北でもっとも耐冷性の強い「じょうでき」に変更した。移植は1997年と1999年は5月19日に行ったが、1998年は育苗期間が平年より高温に推移したため、苗の生育が早まり、1週間早い5月12日になった。移植は1株3本を手植し、その後は通常の栽培管理を行なった。生育調査は各区の連続10株について約10日ごとに、茎数、草丈、SPAD値、および各株を構成する1個体の主稈を対象に不完全葉を含む葉齢を測定した。1999年は出葉転換点付近の生育調査を1週間ごとに行った。

気象データは盛岡アメダスのデータを用いた。温度効果は非線形とされているが、ここではモデルの簡略化のため、上限温度と下限温度を設定し、この間の温度効果は線形であると仮定した。この下限は内嶋（1976）より10℃、上限は吉田（1986）より24℃とし、この間の日平均気温を有効積算気温（以下、「 $\Sigma T_{10,24}$ 」）として計算した。具体的には日平均気温（T）が10～24℃の時は（T-10）、24℃以上の時は（24-10）を積算した。

1997年は移植後6月上旬まで平年より低温が続く、その後平年より高温に推移した。このため、他の2年よりも分けつ開始期、有効分けつ終止期が遅れた。1998年は6月上中旬、7月中下旬に平年より低温だったが、移植が早く活着が良好であったため、分けつ開始期、有効分けつ終止期、最高分けつ期はこの3年で最も早かった。1999年は一時的に平年より低温になったが、終始平年より高温で推移した結

果、幼穂形成期、出穂期が促進された。

1997年、1998年に共通の10品種のうち「かけはし」、「コシヒカリ」を除く8品種の調査葉齢から主稈葉齢進度モデルを作成し、1999年にモデルによる葉齢の予測精度を検証した。

#### (2) 宮城県および山形県のモニター農家圃場

1999年には宮城県松山町のモニター農家T氏圃場とその隣接する圃場で試験を行った。機械移植直後、5月7日に植え込み本数を調査し、連続10株を1株4本に調整した調査区を1圃場に3ヶ所設けた。各株を構成する1個体の主稈を対象に不完全葉を含む葉齢と茎数を約10日ごとに測定した。T氏圃場は生育にあわせた段階的な深水管理を行い、その隣接圃場は慣行の浅水管理であった。気象データは鹿島台アメダスを用い、品種は「ひとめぼれ」であった。

山形県最上町および鶴岡市の農家圃場でも、予備的に連続10株について1株あたりの本数を平均的な植付け本数に調整した調査区を1圃場に1ヶ所設置して葉齢と茎数の調査を行った。最上町の植付け本数は4本、品種は「あきたこまち」と「はえぬき」、気象データは向町アメダスを用いた。鶴岡市の植付け本数は6本、品種は「ひとめぼれ」と「はえぬき」、気象データは鶴岡アメダスを用いた。

### 2) 結果

#### (1) モデルの作成

ある日の葉齢は前日の葉齢に $\Sigma T_{10,24}$ による伸長分が加算されたものと考え、調査日間の葉齢の展開分をこの期間の $\Sigma T_{10,24}$ で除して主稈葉齢が1進むのに必要な $\Sigma T_{10,24}$ を求め、ここではこれを出葉間隔と定義した。主稈葉齢が0.1葉進むごとの出葉間隔の変化を6品種を例に図1に示した。品種により13～15葉と主稈総葉数は異なったが、生育にともなう出葉

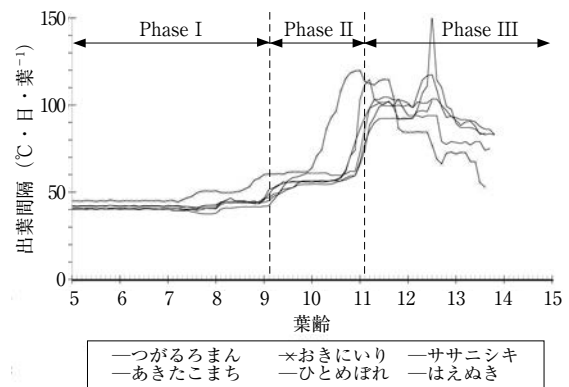


図1 主稈葉齢が1進むのに必要な有効積算気温の推移

間隔の推移は「おきにいり」を除けばほぼ同様であった。「おきにいり」は11.1葉期までは他品種よりも出葉間隔が相対的に広く、出葉間隔の転換が他の品種よりも早かった。このため、モデルの作成から「おきにいり」を外し、以降の検討は残りの7品種について行った。出葉間隔の推移の特徴から葉齢が移植後9.1葉までのPhase I、9.1~11.1葉のPhase II、11.1葉以降のPhase IIIの3時期にわけた。Phase Iは品種、年度によらず出葉間隔は一定の値を示す。Phase IIは出葉間隔が転換する時期である。Phase IIIはほぼ一定の出葉間隔になるが、変動が大きい時期である。出葉の転換するPhase IIは分げつが急速に増加する時期に相当し、主稈総葉数15の品種では松島・真中（1956）の葉齢指数で64.6~76.6と終了時に穂首分化期（76~78）となる。

この出葉間隔の推移をもとに出葉転換に関する取り扱いが異なる2つのモデルを設定した。一つはPhase IIの期間に一定の割合で出葉間隔が広がるとするモデル1である。もう一つはさらに単純化し、Phase IIの中間点の10.1葉を出葉転換点に出葉間隔が広がるモデル2である。これはモデル1と比較すると出葉間隔は前半では広く、後半では狭くなる。モデル2の出葉経過は出葉転換点を境とした2直線で示され、片山（1951）、後藤・星川（1988）の報告と類似する。モデル1の出葉過程はPhase IIで曲線的に増加し、出葉後期の出葉速度は一定でないとする田中（1958）、永井（1968）に準じる。これらのモデルでは葉齢が1葉進むのに必要な有効積算気温を示し、開始日の葉齢とその後の日平均気温から

現在の葉齢が推定できる。

1997、1998年のデータより、モデル1はPhase I、IIIの出葉間隔とPhase IIの出葉間隔の増分（主稈葉齢が1進む間の $\Sigma T_{10.24}$ の変化率）、モデル2は出葉転換点前後の出葉間隔を計算した（表1）。モデル1についてみると、Phase Iの両年の出葉間隔は39.9~43.6℃・日・葉<sup>-1</sup>の範囲にあり、7品種平均は1997年では41.8℃・日・葉<sup>-1</sup>、1998年では40.9℃・日・葉<sup>-1</sup>で、両年平均は41.4℃・日・葉<sup>-1</sup>であった。Phase IIの両年の出葉間隔の増分は25.6~33.5℃・日・葉<sup>-1</sup>の範囲にあり、7品種平均は1997年では28.6℃・日・葉<sup>-1</sup>、1998年では27.8℃・日・葉<sup>-1</sup>で、両年平均は28.2℃・日・葉<sup>-2</sup>であった。Phase IIIの両年の出葉間隔は92.6~107.3℃・日・葉<sup>-1</sup>の範囲にあり、7品種平均は1997年では99.0℃・日・葉<sup>-1</sup>、1998年では96.6℃・日・葉<sup>-1</sup>で、両年平均は97.8℃・日・葉<sup>-1</sup>であった。モデル2の出葉転換点前の両年の出葉間隔は42.1~47.5℃・日・葉<sup>-1</sup>の範囲にあり、7品種平均は1997年では45.1℃・日・葉<sup>-1</sup>、1998年では42.9℃・日・葉<sup>-1</sup>で、両年平均は44.1℃・日・葉<sup>-1</sup>であった。出葉転換後の両年の出葉間隔は75.4~95.9℃・日・葉<sup>-1</sup>の範囲にあり、7品種平均は1997年では89.8℃・日・葉<sup>-1</sup>、1998年では85.2℃・日・葉<sup>-1</sup>と出葉転換点を境にほぼ2倍になった。とくに、モデル1のPhase Iおよびモデル2の出葉転換前は両年平均の変動係数は8.3%および7.2%と小さく安定していた。モデルで使用するパラメータはこの7品種の両年平均を用いることとした。

表1 最終葉15葉の個体における出葉間隔(℃・日・葉<sup>-1</sup>)と出葉間隔の変化率(℃・日・葉<sup>-2</sup>)

品種名	モデル1						モデル2			
	Phase I		Phase II		Phase III		10.1葉まで		10.1葉から	
	出葉間隔		出葉間隔	変化率	出葉間隔		出葉間隔		出葉間隔	
	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998
つがるロマン	40.5	41.1	27.5	27.0	95.5	95.1	43.6	42.7	84.0	75.4
あきたこまち	41.1	41.5	27.2	29.4	95.4	100.3	44.3	43.4	87.9	77.7
ゆめさんさ	40.5	40.4	30.5	28.8	101.6	98.1	44.4	43.0	92.4	80.1
どまんなか	41.7	40.8	25.6	25.9	92.9	92.6	45.0	42.7	85.6	83.5
ひとめぼれ	40.4	39.9	33.5	29.5	107.3	98.9	43.7	42.1	95.9	85.3
ササニシキ	43.0	41.2	26.9	26.4	96.7	94.0	45.8	43.1	88.4	80.3
はえぬき	43.6	42.1	29.3	28.2	102.2	98.6	47.5	44.1	92.5	86.3
7品種平均	41.8	40.9	28.6	27.8	99.0	96.6	45.1	42.9	89.8	80.4
両年平均	41.4(8.3)		28.2(21.5)		97.8(11.7)		44.1(7.2)		85.2(10.6)	

注. ( )の数字は変動係数(%)。

## (2) モデルの検証

## a. 東北農研における作柄診断試験

1999年の全供試品種について5月21日の活着後第1回目の調査葉齢を起点としてモデル1とモデル2による出葉経過を推定した。これに基づいて調査時葉齢の実測値と推定値を比較した(表2)。出葉間隔の推移の異なる「おきにいり」ではモデル1による推定葉齢は最大0.96葉、モデル2では1.22葉進み、誤差平均は0.77葉、0.85葉と他の11品種の誤差平均0.13~0.43葉に比較して大きかった。「おきにいり」を除いた11品種全体の誤差平均はモデル1では0.25葉で、日数に換算して1.7日であり、モデル2では0.28葉で、日数に換算して1.8日であった。両モデルとも出葉転換点付近の6月25日と7月6日で、誤差は0.23~0.40葉と若干大きかった。出葉転換点前の6月3日と14日の誤差はモデル1では0.13、0.16葉、モデル2では0.15、0.22葉と小さかった。出葉転換点後の7月16日と26日の誤差はモデル1では0.21、0.25葉であった。モデル2は設定上、モデル1と比較して出葉転換前に遅れ、出葉転換後に進むため0.26、0.45葉と誤差平均が大きかった。パラメータを作成した7品種に含まれていない「かけはし」、「むつほまれ」、「じょうでき」、「コシヒカリ」についてもモデル1の誤差平均は0.13~0.33葉とよく一

致したが、モデル2の誤差平均は0.22~0.43葉であった。「あきたこまち」、「ひとめぼれ」、「コシヒカリ」の出葉経過はモデル1では出葉転換点付近で若干ずれがあるが予測値は実測値とよく一致した。モデル2については設定上出葉転換点前はモデル1よりも小さく、出葉転換点後は大きくなるので止葉展開期にも実測値との差が存在した。「おきにいり」の予測値は出葉転換点前は実測値と一致しているが、出葉転換点頃の6月21日からずれ始め、その後ほぼ平行に推移した。他の8品種については上記3品種と同様の傾向であった。このように「おきにいり」を除いた11品種ではモデル1による予測値と実測値はおおむねよく一致した。

## b. 宮城県および山形県の農家圃場

宮城県農家圃場において5月14日の活着後第1回目の調査葉齢を起点として、モデル1を用い出葉経過を追跡的に推定した(図2)。T氏圃場では生育にともなう段階的な深水管理のため分けつが発生が抑制され、7月19日に最高分けつ期となった。その隣接圃場は慣行的な浅水管理が行われ、生育初期から多けつとなり最高分けつ期は6月18日であった。T氏圃場ではモデルによる予測値と生育調査による実測値の誤差平均は0.21葉であり、日数に換算して1.5日であった。一方、隣接水田では6月18日(葉

表2 盛岡における調査時葉齢の実測値と推定値の比較

品種名	モデル1							誤差平均	モデル2							誤差平均
	6/3	6/14	6/25	7/6	7/16	7/26	6/3		6/14	6/25	7/6	7/16	7/26			
かけはし	-0.12	-0.16	-0.52	-0.3	0.08	-*	0.28	0.01	0.11	-0.45	-0.3	-0.09	-	0.25		
むつほまれ	0.1	-0.05	-0.49	-0.23	0.03	-	0.25	0.23	0.22	-0.44	-0.21	-0.12	-	0.26		
つがるロマン	0.03	0.07	-0.21	0.18	0.46	0.54	0.31	0.16	0.34	-0.15	0.2	0.32	0.19	0.24		
あきたこまち	0.01	0.06	-0.22	-0.01	0.16	0.15	0.13	0.14	0.33	-0.16	-0.01	0	-0.21	0.18		
じょうでき	-0.01	-0.06	-0.51	-0.43	-0.32	-0.33	0.33	0.12	0.21	-0.45	-0.41	-0.47	-0.68	0.43		
ゆめさんさ	-0.34	-0.38	-0.5	-0.29	-0.19	-0.18	0.33	-0.21	-0.11	-0.43	-0.32	-0.39	-0.58	0.37		
どまんなか	0.07	-0.07	-0.37	-0.14	0.06	0.11	0.17	0.2	0.2	-0.31	-0.13	-0.09	-0.25	0.21		
おきにいり	-0.22	-0.51	-0.96	-0.88	-0.92	-0.86	0.77	-0.09	-0.24	-0.89	-0.88	-1.08	-1.22	0.85		
ひとめぼれ	-0.1	-0.11	-0.36	-0.23	-0.18	-0.28	0.23	0.03	0.16	-0.3	-0.23	-0.34	-0.65	0.34		
ササニシキ	-0.14	-0.24	-0.48	-0.14	0	0	0.23	-0.01	0.03	-0.42	-0.13	-0.16	-0.36	0.24		
はえぬき	-0.06	-0.15	-0.35	-0.19	-0.09	0.04	0.18	0.07	0.12	-0.29	-0.2	-0.26	-0.42	0.25		
コシヒカリ	0.03	0.09	-0.16	0.14	0.23	0.03	0.13	0.16	0.36	-0.11	0.16	0.08	-0.33	0.22		
誤差平均	12品種	0.14	0.21	0.47	0.34	0.33	0.33	0.14	0.23	0.42	0.34	0.4	0.57	0.37		
	11品種**	0.13	0.16	0.4	0.23	0.21	0.25	0.15	0.22	0.34	0.23	0.26	0.45	0.28		

注. 数字は葉齢の実測値とモデルによる推定値の差を示す。-はモデルによる推定が進んでいることを示す。

\* ) この時期には止葉が完全展開済み。

\*\* ) 「おきにいり」を除いた11品種。

誤差平均 =  $\sqrt{\frac{\sum (\text{実測値} - \text{予測値})^2}{n}}$  (nは対象品種数または調査回数)。

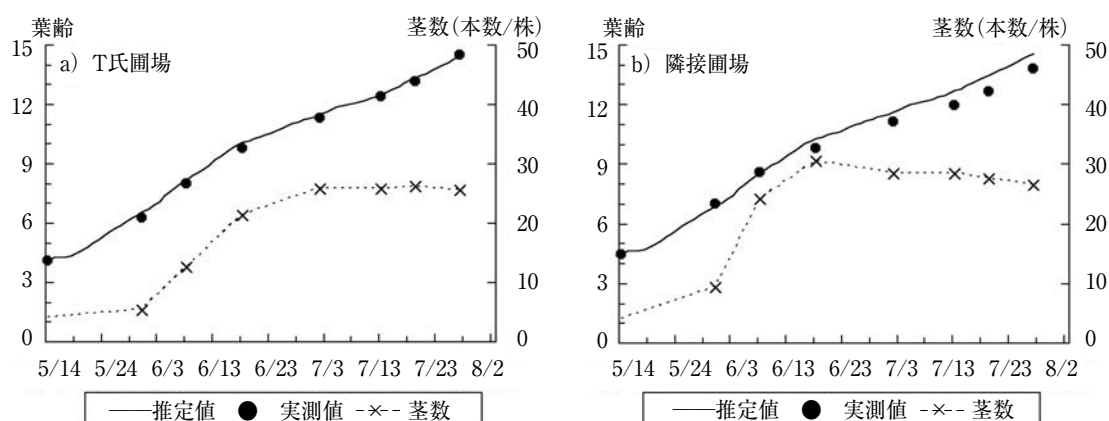


図2 宮城県松山町の生育型を異にする調査圃場における葉齢の推定値と実測値の推移

齢9.8葉)に実測がモデルよりも0.50葉の遅れとなり、7月19日(葉齢12.7葉)には最大の0.82葉の遅れとなり、誤差平均は0.58葉で日数に換算して5.2日となった。

山形県最上町の農家圃場では生育期間を通じた誤差平均が「あきたこまち」で0.26葉、「はえぬき」で0.28葉と実測値と予測値はおおむねよく一致していた。しかし、鶴岡市の農家圃場は生育初期(葉齢9.4葉頃)から出葉が遅延し、誤差平均が「ひとめぼれ」で1.21葉、「はえぬき」で1.16葉、それぞれ日数に換算して9.3、8.9日と誤差が大きかった。

### 3) 考察

#### (1) 主稈葉齢進度モデルと葉の形態形成との関係

出葉とは葉身が下位葉の葉鞘から抽出する現象であるから、出葉には葉の分化と伸長の両者が関与し、厳密には葉原基の分化も考慮されねばならない。葉の抽出開始とその4葉上位の葉原基の分化は常に同調しており、葉の抽出開始時には2つの葉原基と2つの幼葉が内在する。この葉原基の分化から幼葉、抽出、成熟葉へとという葉の段階的生長は環境、葉位によって変わらない(山崎 1960、1963a、1963b、1963c)。これを基に主稈総葉数が15葉の個体で葉齢進度モデルを整理してみると、Phase Iで出現する5~9葉は苗(葉齢4.1)の段階ですでに分化済みであり、伸長のみが行われている。また、10~14葉の葉原基までが $\Sigma T_{10.24}$ で一定の間隔で分化すると推察される。Phase IIは15葉の葉原基と幼穂が分化する時期に相当する。この時伸長する葉はすでにPhase Iで分化しているが、出葉間隔は広くなる。

Phase IIの開始時である9.1葉は4号分けつの第1葉からの2次分けつが出現を開始する時期であり(片山 1951)、分けつの急激な増加が始まる。Phase IIIは幼穂発育と節間伸長が行われる。このモデルはこのような個体形成過程の特徴を反映するものと考えられる。

#### (2) 出葉間隔と環境条件

出葉速度は温度条件により遅速が生じ(朝隈 1958、角田 1964)、日長からは影響を受けない(栗山 1965、永井 1968)が、光強度には大きく影響され、強光下ほど早くなる(玉置・山本 1997、本田 1977)など気象条件に影響される。また、施用窒素量が多いほど出葉速度は早くなる(玉置・山本 1997、永井 1968)など気象以外の栽培的要因の影響もある。このモデルを適用する各指標地点では気温、品種、栽培様式が異なるので、これらの影響が問題となる。気温の影響は出葉周期ではなく $\Sigma T_{10.24}$ に基づく出葉間隔にすることで考慮している。品種による出葉間隔の差異については、薦田(1957)は1葉増加するのに必要な積算気温は品種間差異が比較的少なく、幼穂分化後には品種間差異が比較的大きくするとした。朝隈(1958)も温度が高くなることによって出葉速度が早くなる品種間差異は小さいとしている。このため、出葉間隔を使うこのモデルは多くの品種に適用できると考えられる。本実験においても、「おきにいり」を除く供試品種では過去3年ともモデルと実測との差は生育期間平均で2日以内と精度よく推定できた。

長谷川(1959)は節間伸長以前は出葉速度に対して気温、水温よりも地温つまり生長点付近の温度の

影響が大きいことを示唆した。しかし、中堀ら (1974) は水温17℃では葉齢の増加は気温の影響も受けるとしている。これは山崎 (1963c, 1964) が成熟葉の外部形態は生長点のみによって規定されないとしているように、介在分裂組織の働きを通じて葉の伸長に気温が影響していると考えられる。葉原基発生の周期よりも出葉周期の方が温度に関らず長く (長南 1966)、葉の分化よりも伸長と温度の関係が重要であると考えられる。さらに、気温が高い場合には水温、地温が上昇すると考えられ、間接的には気温が出葉周期に影響することは疑いなく、出葉間隔を算出するために気温を使うことは合理的である。

出葉間隔の下限温度を10℃に設定することは、羽生・内島 (1962) の3℃きざみの有効温度係数 (その温度帯の有効性を0~1の数字であらわす) が10℃以下で0、つまり無効となること、出葉周期の最低温度は9~10℃よりやや高い (長南 1966) ことから妥当と考える。上限温度の24℃は、出葉速度が平均水温30~35℃で最も早く (角田 1964)、土壌温度30~33℃で最も早い (長谷川 1959) ことから上限温度としては低い。しかし、実際には1999年の圃場において計測した日平均水温は日平均気温よりも最大5.5℃、生育期間の平均で2.6℃高く、日平均気温が24℃でも水温は30℃近くになることもあり、大きな隔たりはないと考えられる。また、羽生・内島 (1962) は日平均気温25℃または24℃以上になると出穂までの日々の生長速度は増加しないことを指摘している。長南 (1966) のデータでは日平均気温21℃以上になると気温の上昇により葉原基発生周期、出葉周期が短くなる程度は小さい。高温年の1999年は盛岡でも梅雨明け後に日平均気温で24℃を超えたが、そのころ出葉を続けている「コシヒカリ」など晩生の品種の出葉経過をみると24℃の上限を設けたほうが推定精度が良かった。これらのことから、出葉間隔に上限温度24℃を設定することは妥当である。このように $\sum T_{10,24}$ に基づく出葉間隔を用いれば気温、品種、日長に関係なく葉齢予測が可能であると考えられる。

### (3) 生育に伴う出葉間隔の推移

出葉経過は出葉転換点を境にして2直線で示せるという指摘は多い (片山 1951、後藤・星川 1988、玉置・山本 1997)。これに対し、田中 (1958)、永井 (1968) は生育前期は出葉速度がほぼ一定である

が、上位葉になるにつれて出葉速度が遅くなるとしている。本実験では双方の考えに基づくモデルを作成したが、モデル2は設定上、止葉完全展開期近くでは葉齢を大きめに予測する傾向にあり、減数分裂期の予測精度がモデル1に比べ劣る。後藤・星川 (1988) は曲線で近似すると次数が高い関数になると考えられ、このような近似は解析に当たって合理的ではないと指摘しているが、モデル1は出葉経過は曲線となるが、出葉間隔の推移は1次直線であり問題はない。また、1999年の葉齢推移から算出した出葉間隔の推移もモデル1に近いので、モデル1を採用するのが妥当である。

片山 (1951) は出葉転換点の有効分げつ終止期と一致すること、永井 (1968) は1次分げつ出現停止期、後藤・星川 (1988) は出葉転換点は2次分げつが出現してまもなく、3次分げつ出現の直前で、茎数が急激に増加する時期にあたることを報告している。いずれも出葉転換点は分げつ発生と密接にかかわっていることを示唆している。また、栗山 (1965) は出葉転換は種々の品種で一定であり、日長とも関係がないことから幼穂分化は出葉転換と無関係であると結論づけている。これは葉齢の増加と幼穂の分化にむけての発育は独立に生じるという考え (中川・堀江 1991) と一致する。1999年の生育では、Phase IIに入る9.1葉期は2次分げつが出現しはじめた時期であり、Phase IIの終了する11.1葉は最高分げつ期の少し前であった。また、調査品種の「かけはし」の12葉タイプからコシヒカリの16葉タイプまでは同じPhase IIで主稈葉齢の予測が可能であった。これにより、Phase IIの出葉間隔の転換は茎数の急激な増加が関係するものと推察でき、Phase IIの時期は主稈総葉数に関係なく一定と考えられる。

出葉間隔の大小も分げつ数と関係し、分げつ数が多いと生育後期の出葉周期が広がる (片山 1951)。宮城県松山町のT氏圃場でモデルが適合するにもかかわらず、その隣接圃場において6月18日からモデルより遅れはじめたのは、隣接圃場ではこの時期に最高分げつ期となる初期に分げつの発生が旺盛な生育であったため、分げつの増加が出葉間隔を拡大し、モデルおよびT氏圃場より遅れたものと考えられる。また、最上町と鶴岡市のモニター農家の情報提供による生育データをみると、鶴岡市の農家圃場においては初期から株あたりの茎数が多く、葉齢の推移は予測より遅れていたが、最上町の圃場で

は適合していた。さらに出葉間隔は分けつ他に栽植密度、施用窒素量により影響される(永井 1968)ので、栽培管理によってはPhase IIで予測精度が落ちるが、Phase II終期に補正してPhase IIIの予測が可能である。

このモデルから幼穂の発育ステージを予測するためには、葉齢指数に変換するための主稈総葉数が必要となるが、主稈総葉数はこの3年間で1葉近く変動した品種もあった。このように、主稈総葉数は低温によって変動し(細井 1976)、窒素が少ないほど、密植なほど主稈葉数が1枚少ない減葉タイプが多くなる(山口ら 1988)。このため、遅延型冷害のような極端な気象状況の際には葉齢は予測できても、葉齢指数による幼穂の発育ステージの予測精度がさがること考えられる。中川・堀江(1991)はDVIと気温による葉齢増加速度とDVIから主稈総葉数を決定している。しかし、今回は圃場における東北全域、多品種の予測を目的とした簡便なモデルであるので、設定した主稈総葉数とのずれが生じた場合には、止葉が確認された後、修正して葉齢指数を再計算し、幼穂の発育ステージの推定をより正確におこなうことにしている。また、このモデルで予測できる発育ステージは止葉展開期までなので、減数分裂期以後については適用できない。これについては次節で記述する幼穂の発育モデルを併用することにより、障害型冷害の危険期の推定精度を高めた。

### 3. 有効積算気温を用いた穂の発育ステージの簡易予測モデル

過去に開発されたモデルを精査したところ、八柳(1960)は積算気温を用い、羽生・内島(1962)は有効気温係数による有効積算気温を用いて出穂・開花期を予測する手法を提案しているが、途中の発育ステージには着目していない。荒川ら(1994)、中園・井上(2001)は積算気温を用いて幼穂長を推定して冷害危険期を把握する手法、木村ら(1993)は減数分裂期、出穂期を発育指数(DVI)で予測する手法、中川・堀江(1995)はDVIとフロラル・ステージ(Suge and Osada 1967)の対照表を作成して幼穂の発育ステージをDVIで予測する手法を提案している。しかし、幼穂と玄米の発育過程を統一的に予測する手法はほとんどない。

そこで、ここでは気象データにアメダスデータを利用し、有効積算気温を用いて幼穂形成期から出穂期までの幼穂の発育ステージと出穂期から成熟期ま

での玄米の発育ステージを予測する手法を作成し、予測精度を検証したところ、多数の品種および広域で簡便に利用できることが判明した。

#### 1) 材料と方法

##### (1) 有効積算気温の基準温度の設定

主稈葉齢進度モデル(神田ら 2000)では葉の生長に基づき、下限を10℃、上限を24℃、その間を線形としたが、本報では穂の発育を予測することを目的としており、主稈葉齢進度モデルとは別の視点で基準温度を検討した。水稲の発育過程のうち、出芽期～出穂期までの期間と平均気温との関係は非線形である(吉田 1986、堀江・中川 1990)。出芽以後の生育を幼穂分化期以前と、幼穂分化期以後に分けてみると、一般に前者は日長や温度に大きく影響されるが、後者は温度のみに影響されることが知られている。そこで、幼穂と玄米の発育過程の温度効果は簡易なモデルを作成する上から線形であると仮定した。発育過程に関する気温指標について過去の知見を精査すると、内嶋(1976)は夏作物の生育可能気温として、日平均気温10℃をあげている。また、葉の分化、生長の限界温度は日平均気温10℃であり(長南 1966)、主稈葉齢進度モデルでは基準温度を10℃と設定した。さらに、イネの登熟限界気温は経験的に最低気温10℃とされている。一方、上限温度については葉齢進度モデルでは葉の分化、生長の温度反応より(長南 1966)、日平均気温24℃と設定した。穂の発育過程の温度反応については、角田(1964)が穂首分化期から穎花分化後期までは日平均水温37.5℃以上で出穂期が遅延し、減数分裂期は水温の影響が小さいことを示している他に、上限温度に関する報告はほとんどない。

そこで、有効積算気温の下限を日平均気温10℃、東北では日平均気温が30℃となることはないので上限は設定しないこととし、この有効積算気温(以下 $\Sigma T_{10}$ : 日平均気温(T)が10℃以上のときに $(T-10)$ を積算する)を用いてモデルを作成し、予測精度を検証した。

##### (2) 温度勾配温室におけるポット試験

東北地方における幼穂形成期から出穂期までの $\Sigma T_{10}$ 、および $\Sigma T_{10}$ と幼穂長の関係を明らかにし、花粉母細胞分化期、減数分裂期、花粉内容充実期の各発育ステージの $\Sigma T_{10}$ を設定するために、温度勾配温室(GRADIOTRON)でポット試験を行った。温度勾配温室は、入口で外気を冷却し、温室内の空

気を日射熱または温風暖房機で徐々に温めることにより、出口ほど温度が上昇し、出入り口の温度差が5～8℃になるように調節できる施設である。また、温室内の温度は外気温に追従した自然に近い日変化となる (Okada *et al.* 2000)。

水稻品種「あきたこまち」を供試し、1997年5月23日および1999年5月20日に1/5000aのワグネルポットに1本植えし、その後網室で栽培した。基肥は1ポットあたり窒素 (N)、リン酸 ( $P_2O_5$ )、カリ ( $K_2O$ ) で0.60、0.84、0.60gを化成肥料で与えた。幼穂形成期 (幼穂長2mm) 直前にポットを温度勾配温室に移動し、1997年は5段階 (T1～T5) の温度処理をおこなった。しかし、出口に近いT4、T5の温度勾配が小さかったので、1999年では温度処理を4段階 (T1～T4) とした。各処理区5ポット用意し、1997年は全茎、1999年は主稈の出穂日を調査した。また、1999年には各処理区20ポットを別に用意し、 $\Sigma T_{10}$ で60℃・日ごとに5ポットをサンプリングして、主稈の穂長を測定した。日平均気温はポット配置場所で計測している30分間隔のデータより算出した。日射量については、温度勾配温室の屋外で計測している光電式全天日射計のデータより算出した。

### (3) 東北農研における作柄診断試験

圃場における幼穂形成期から出穂期まで、および出穂期から成熟期までの $\Sigma T_{10}$ を明らかにするために、60aの多湿黒ボク土圃場で1998年～2000年の3年間にわたって試験を行った。供試品種は東北6県の奨励品種を各県のバランスも考慮して、「むつほまれ」、「つがるロマン」、「かけはし」、「ゆめさんさ」、「あきたこまち」、「おきにいり」、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」、「じょうでき」、「どまんなか」、「はえぬき」、「コシヒカリ」の12品種を選択した。水温むらや地力むらなどの縦横方向の系統誤差の影響を評価するため、12品種を早中晩の3つのグループに分け、4×4のラテン方格法により配置し、1品種4反復計48区とした。1区は5.1m×9.4mで、条間30cm、株間20cmとした。基肥は窒素 (N)、リン酸 ( $P_2O_5$ )、カリ ( $K_2O$ ) それぞれ成分で7、17.5、7  $gm^{-2}$ とし、追肥は活着後にN、 $P_2O_5$ 、 $K_2O$ を2.1、0.6、2.1  $gm^{-2}$ 、「あきたこまち」の分けつ盛期にN、 $P_2O_5$ 、 $K_2O$ を3.08、0.88、3.08  $gm^{-2}$ 、「あきたこまち」の幼穂形成期にN、 $P_2O_5$ 、 $K_2O$ を2.1、0.6、2.1  $gm^{-2}$ を与えた。移植は1998年5月12日、1999年5月19日、2000年5月17日に1株3本を手植し、その後は通常

の栽培管理を行なった。

各区に連続10株からなる葉齢調査区を設定し、葉齢進度を約10日ごとに追跡した。さらに、幼穂形成期、出穂期、乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期の到達日を調査した。葉齢進度モデルを用いた幼穂形成期の直前より、葉齢調査区周辺の3株の強勢な茎10本の解剖調査を隔日で行い、半数が幼穂長2mmとなる日を幼穂形成期とした。出穂期は区全体を達観して先端初が止葉葉鞘から出た茎が50%になる日とした。乳熟期は穂の中央部のいくつかの初を押して、乳液が出る時期、糊熟期は穂の中央部のいくつかの初を押すと胚乳が糊状を示す時期とした。黄熟期は黄化初割合が50%、成熟期は80%に達した日とした。1999年には「あきたこまち」、「ひとめぼれ」について、葉齢調査区とは別に連続10株からなる調査区を設け、全茎の出穂日を調査した。気象データは盛岡アメダスのデータを用いた。

### (4) モニター農家圃場における実証

モデル作成地以外でのモデルの予測精度を検証するために、モニター農家圃場での実証試験を行った。2000年に宮城県亶理町のO氏圃場で5月5日に「まなむすめ」を機械移植直後に植え込み本数を調査し、連続10株の植え込み本数を1株3本に調整した調査区を3カ所設置した。その後、葉齢進度および幼穂形成期、出穂期、乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期の到達日を調査した。気象データは亶理アメダスを用いた。さらに、宮城県松山町の「ひとめぼれ」栽培の4圃場、岩出山町「ササニシキ」栽培圃場、山形県鶴岡市「はえぬき」栽培圃場、最上町「あきたこまち」、「はえぬき」栽培圃場の合計4品種8圃場の幼穂形成期と出穂期の観察を依頼した。気象データとして松山町は鹿島台、岩出山町は古川、鶴岡市は鶴岡、最上町は向町アメダスをそれぞれ用いた。

## 2) 結果

### (1) 幼穂の発育モデルの作成

#### a. 主稈における幼穂形成期から出穂期までの $\Sigma T_{10}$ の設定

ポット試験における「あきたこまち」の主稈総葉数は14葉と15葉であり、同じ葉齢でも幼穂形成期が異なるので、個体数が多い主稈総葉数が15葉について解析した結果を示す。各処理区の幼穂形成期から出穂期までの期間 (以下、「幼穂形成期間」と呼称する) の温度勾配温室の平均気温は1997年ではT1～T5で18.5～26.1℃と温度勾配は7.6℃であった。高

温年であった1999年では1997年に比して入口気温が19.7℃と1℃高く、T4は25.0℃であったので、温度勾配は5.3℃と小さかった。東北6県のアメダス地点における幼穂形成期間の日平均気温の平年値は、青森県小田野沢、六ヶ所の2地点を除くと18~26℃の範囲にあり、この試験の気温設定で東北地方の穂の発育がシミュレーションできる。幼穂形成期間は1997年ではT1が30日、T5が18日と、期間中の平均気温が高い区ほど短くなった。期間中の1日あたり日射量は、1997年には8月10日前後が低日照であったため、T1、T2では他区に比べて少なかったが、区間の差は小さく、処理期間中の日射の影響はないものと考えられる。平均気温が高い処理区の $\Sigma T_{10}$ の値が大きくなる傾向があった。また、全体を平均すると、平均気温は1997年では23.0℃、1999年では22.2℃、幼穂形成期間は同様に23日、24日とほぼ同じであり、 $\Sigma T_{10}$ は1997年では287.1℃・日、1999年では287.5℃・日であった。これは一般に幼穂形成期間とされる24日にも近似し、幼穂形成期間の $\Sigma T_{10}$ は平均値に基づき290℃・日と設定した。

b. 幼穂形成期間における各発育ステージの $\Sigma T_{10}$ の設定

幼穂形成期間の幼穂長と積算気温の関係はロジスティック方程式で示すことができる(荒川ら1994、中園・井上2001)。そこで、 $\Sigma T_{10}$ と幼穂長の間をロジスティック方程式

$$ypl = K / (1 + \exp(a - rt))$$

ypl: 幼穂長、K: 最終穂長、a: 初期幼穂長、r: 穂長伸長速度、t:  $\Sigma T_{10}$

で表すこととした(図3)。外れ値を除いて、主稈

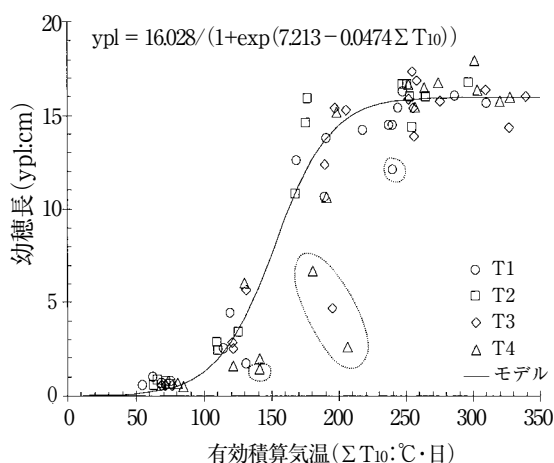


図3 有効積算気温と幼穂長の関係(1999年)  
品種:あきたこまち、主稈総葉数:15葉、点線内は外れ値。

総葉数14葉と15葉は同じ方程式となる帰無仮説を立て検定すると、その確率は0%であり、主稈総葉数14葉と15葉は異なるロジスティック方程式となる。両方程式を比較すると、パラメータaは14葉が小さく、r、Kは大きかった。以後、個体数が多い主稈総葉数が15葉について解析した結果を示す。次に、全ての温度処理区は同じ方程式となる帰無仮説を立て検定すると、その確率は14%となり、帰無仮説が誤りとはいえなかった。そこで、外れ値を除く全ての温度処理区の主稈総葉数15葉の値をまとめて非線形最小二乗法で近似すると、次式が得られた。

$$ypl = 16.028 / (1 + \exp(7.213 - 0.0474 \Sigma T_{10}))$$

幼穂長の推定結果及び松島・真中(1956)から穂の発育ステージと $\Sigma T_{10}$ の関係をまとめると、主稈単位では幼穂形成期を起点として、花粉母細胞分化期は幼穂長1.5cmで80℃・日、減数分裂期は5cmで140℃・日、花粉内容充実期は最終穂長の94%で240℃・日、出穂期は290℃・日と設定できた。

c. 圃場における株内の出穂変異を考慮した $\Sigma T_{10}$ の再設定

圃場における12品種の観察に基づく幼穂形成期間の $\Sigma T_{10}$ は1998年と1999年の変動が大きく、12品種の平均値は1998年では288.3℃・日、1999年では311.3℃・日、変動係数はそれぞれ9.2%、3.4%であった。変動幅は1998年では103.6℃、1999年では33.6℃であり、これを盛岡アメダスの8月上旬の平均気温の準平年値から日数に換算すると7日となる。一方、主稈葉齢進度モデルによる推定幼穂形成期から出穂期までの $\Sigma T_{10}$ は適合性の悪い「おきにいり」で大きいのが、12品種平均は1998年311.6℃・日、1999年313.9℃・日、変動係数はそれぞれ11.1%、10.6%であった。この結果、出穂の早晩と $\Sigma T_{10}$ とに一定の関係はなく、圃場では幼穂形成期間の $\Sigma T_{10}$ は310℃・日であると考えられた。

ここで、ポット試験の主稈と圃場群落の幼穂形成期間の $\Sigma T_{10}$ には20℃・日の差が認められた。このことは、ポット試験における主稈の出穂日と主稈及び1次分げつの出穂期の差が20.2℃・日、また圃場試験における主稈の出穂日と1株の出穂期の差が「あきたこまち」で11.9℃・日、「ひとめぼれ」で16.0℃・日であったことを考慮すると、この差は株内の出穂日の変異が主な原因であると考えられる。そこで、主稈の幼穂形成期間の $\Sigma T_{10}$ は290℃・日であるが、圃場では20℃・日を加算した310℃・日と



した。また、各発育ステージについてもそれぞれ  $20^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  を加算した。

### (2) 玄米の発育モデルの作成

圃場における出穂期、乳熟期、糊熟期、黄熟期および成熟期の到達日について出穂期から乳熟期以降の各発育ステージまでの  $\Sigma T_{10}$  を算出した (表3)。これらの  $\Sigma T_{10}$  は1元配置分散分析の結果、品種、年度間による有意差は存在しなかった。乳熟期の  $\Sigma T_{10}$  は出穂の早晚との関係からみると、出穂が早い品種ほど  $\Sigma T_{10}$  が大きい傾向にあったが、これは1998年の「つがるロマン」が  $204.8^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  と大きく、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」の値が114.9、125.8  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  と小さいためであった。1999年には「つがるロマン」、「ひとめぼれ」では乳熟期までの  $\Sigma T_{10}$  は156.7、156.5  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  と、 $160^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  程度となっていたが、「ササニシキ」では138.8  $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  と小さかった。また、乳熟期の値の変動係数は他の発育ステージよりも大きく、とくに1998年は15.1%と他のステージの4倍であったこともあり、出穂の早晚と乳熟期までの  $\Sigma T_{10}$  の間に特定の関係はないものと考えられた。

各発育ステージの  $\Sigma T_{10}$  の品種間の変異幅は1998年の乳熟期では  $89.9^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  であり、出穂期～乳熟期頃の盛岡アメダスの気温の準平年値は  $24^{\circ}\text{C}$  であるので6.4日の幅であった。1999年は  $48.2^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  で3.4日であった。他の発育ステージの変異幅は  $39.3\sim 67.2^{\circ}\text{C}$  と乳熟期より小さいが、成熟期は日平均気温

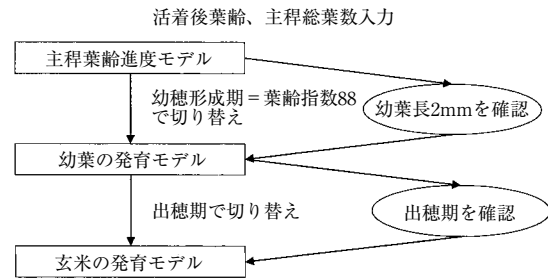


図4 幼葉と玄米の発育モデルの利用法

が低いので日数に換算すると、1998年では8.0日、1999年では9.6日と大きくなった。

以上のように、各発育ステージの  $\Sigma T_{10}$  には品種間差および年次間差はあるが、12品種の各発育ステージの  $\Sigma T_{10}$  を2か年で平均すると、乳熟期  $158.0^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、糊熟期  $278.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、黄熟期  $397.2^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、成熟期  $526.9^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  であった。これらの平均値に基づいて、出穂期から乳熟期の  $\Sigma T_{10}$  を  $160^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、糊熟期を  $280^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、黄熟期を  $400^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、成熟期を  $530^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$  と設定した。

### (3) モデルの検証

活着期から成熟期までの各発育ステージの予測には、活着期から幼穂形成期までは主稈葉齢進捗モデル、幼穂形成期から出穂期までは幼穂の発育モデル、出穂期から成熟期までは玄米の発育モデルを用いた (図4)。2000年の作柄診断試験における実測と本モデルによる推定の差を表4にまとめた。

表3 東北農業研究センター圃場における出穂期および出穂期から各発育ステージまでの有効積算気温 ( $\Sigma T_{10}$ )

品 種	出穂期		乳熟期 ( $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ )		糊熟期 ( $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ )		黄熟期 ( $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ )		成熟期 ( $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ )	
	1998	1999	1998	1999	1998	1999	1998	1999	1998	1999
かけはし	323.5	303.9	156.9	168.2	275.6	274.5	391.6	408.0	535.6	508.0
むつほまれ	267.5	269.7	168.4	156.2	283.2	262.6	419.6	395.5	544.8	523.0
つがるロマン	282.1	286.3	204.8	156.7	296.6	260.1	407.1	378.4	550.0	505.9
あきたこまち	312.5	326.1	173.3	158.5	289.3	257.0	408.5	384.8	544.3	507.5
じょうでき	341.0	323.3	160.6	158.5	282.7	274.3	393.6	395.9	530.6	531.1
ゆめさんさ	346.9	361.0	160.6	141.4	282.7	257.2	393.6	367.7	530.6	490.4
どまんなか	355.4	340.4	162.9	178.3	282.6	293.2	395.9	390.7	520.5	526.5
おきにいり	368.5	380.3	156.6	174.0	276.4	292.3	402.8	419.8	517.1	557.6
ひとめぼれ	289.8	290.6	114.9	156.5	268.4	290.0	383.5	413.4	505.7	540.1
ササニシキ	292.4	303.3	125.8	138.8	290.2	272.3	393.4	406.7	514.6	535.7
はえぬき	279.0	291.0	150.7	187.0	257.3	304.3	383.7	413.4	551.7	540.1
コシヒカリ	281.1	290.6	132.1	149.4	269.5	288.0	370.0	414.7	495.9	538.4
12品種 平均	311.6	313.9	155.6	160.3	279.5	277.2	395.3	399.1	528.5	525.4
変動係数 (%)	11.1	10.6	15.1	9.0	3.9	5.8	3.3	4.1	3.4	3.6
2年 平均	312.8		158.0		278.3		397.2		526.9	
変動係数 (%)	10.0		12.2		4.8		3.7		3.5	

まず、活着期の調査から葉齢進度モデルで幼穂形成期を推定すると、予測誤差は-2~4日であり、12品種の誤差平均は2.2日であった。葉齢進度モデルに適合性の悪い「おきにいり」を除く11品種の誤差平均は2.0日であった。次に、観察した幼穂形成期より幼穂の発育モデルで出穂期を予測すると、誤差は-1~2日であり、12品種の誤差平均は1.2日であった。さらに、観察した出穂期より玄米の発育モデルで乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期を予測すると、誤差はそれぞれ-2~2日、-3~1日、-4~0日、-4~0日と全て4日の幅であった。12品種の誤差平均はそれぞれ1.2、1.8、3.0、2.1日であり、さらに乳熟期から成熟期までの誤差平均は2.1日であった。このとき、乳熟期の誤差は出穂の早い品種でプラスに、遅い品種でマイナスになる傾向があった。これは出穂が遅い品種ほど乳熟期までのΣT<sub>10</sub>が小さいことを示し、とくに「ササニシキ」は過去のΣT<sub>10</sub>からも出穂期から乳熟期への到達日数が短いといえる(表3)。

次に、出穂期の確認ができないことを想定して、観察に基づく幼穂形成期から幼穂の発育モデルによる予測出穂期を起点として、玄米の発育モデルを用いると、乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期の誤差平均はそれぞれ1.2、1.1、2.2、1.7日であり、乳熟期から成熟期までの誤差平均は1.6日であった。また、幼穂形成期の確認ができないことも想定し、主稈葉齢進度モデルで予測した幼穂形成期から幼穂の発育

モデルで出穂期を予測して、玄米の発育モデルに切り替えて乳熟期、糊熟期、黄熟期、成熟期の到達日を予測すると、誤差平均はそれぞれ2.5、2.5、2.6、2.7日であり、乳熟期から成熟までの誤差平均は2.6日であった。なお、このときの出穂期の誤差平均は2.5日であった。

亘理町の農家圃場では、主稈葉齢進度モデルにより予測した幼穂形成期の誤差は-1日であった。確認した幼穂形成期から出穂期を予測すると、誤差は3日であった。予測出穂期から乳熟期を予測すると誤差は1日、糊熟期は1日、黄熟期は0日、成熟期は0日で、乳熟期から成熟期の誤差平均は0.7日であった(図5、表5)。亘理町の農家圃場を含む5品種9圃場の主稈葉齢進度モデルによる幼穂形成期の予測誤差は-2~4日で、誤差平均は2.6日であった。また、幼穂形成期を確認して出穂期を予測した誤差は1~5日で、誤差平均は2.9日であった。

### 3) 考察

#### (1) 発育モデルにおける基準温度10℃の妥当性

水稲冷害早期警戒システムにおいては、東北全域の水稲の発育を推定することが重要となる。幼穂と玄米の発育モデルは、前節の主稈葉齢進度モデル(神田ら 2000)と組み合わせて、活着期から成熟期までを通して利用できることからその有用性が期待される。

幼穂の発育モデルは幼穂形成期間の主な発育ス

表4 東北農業研究センター圃場における各発育ステージの予測誤差<sup>1)</sup>(2000年)

品 種	幼穂形成期、出穂期の観察に基づくもの						出穂期の観察による補正なし					幼穂形成期、出穂期の観察による補正なし					
	幼形期	出穂期	乳熟期	糊熟期	黄熟期	成熟期	平均 <sup>3)</sup>	乳熟期	糊熟期	黄熟期	成熟期	平均	乳熟期	糊熟期	黄熟期	成熟期	平均
かけはし	1	-1	2	1	0	-2	1.5	1	0	-1	-3	1.7	2	1	0	-2	1.5
むつほまれ	-1	0	0	-2	-3	-3	2.3	0	-2	-3	-3	2.3	-1	-3	-4	-4	3.2
つがるロマン	0	0	1	-1	-3	-1	1.7	1	-1	-3	-1	1.7	1	-1	-3	-1	1.7
あきたこまち	2	0	0	-1	-3	0	1.6	1	-1	-2	1	1.3	2	1	-1	2	1.6
じょうでき	2	1	-1	-3	-4	-2	2.7	1	-1	-2	1	1.3	2	1	-1	2	1.6
ゆめさんさ	4	1	-1	-2	-4	-3	2.7	0	-1	-3	-2	1.9	3	3	0	2	2.3
どまんなか	3	1	0	-1	-3	-1	1.7	1	0	-2	1	1.2	3	3	0	3	2.6
おきにいり	4	2	1	-1	-2	-2	1.6	3	1	1	1	1.7	6	5	4	5	5.0
ひとめぼれ	-2	2	-2	-3	-3	-4	3.1	0	-1	-1	-1	0.9	-1	-2	-2	-3	2.1
ササニシキ	-1	1	-2	-2	-3	0	2.1	-1	-2	-2	1	1.6	-2	-3	-3	0	2.3
はえぬき	-1	1	0	-1	-4	-2	2.3	1	-1	-3	-1	1.7	0	-2	-4	-2	2.4
コシヒカリ	1	2	-1	-2	-1	-1	1.3	1	0	2	2	1.5	2	0	3	3	2.3
誤差平均 <sup>2)</sup>	2.2	1.2	1.2	1.8	3	2.1	2.1	1.2	1.1	2.2	1.7	1.6	2.5	2.5	2.6	2.7	2.6

注. 1) 予測誤差は(観察-予測)。

2) 誤差平均は $\sqrt{(\text{観察}-\text{予測})^2/n}$ 。

3) 平均は乳熟期から成熟期までの誤差平均。

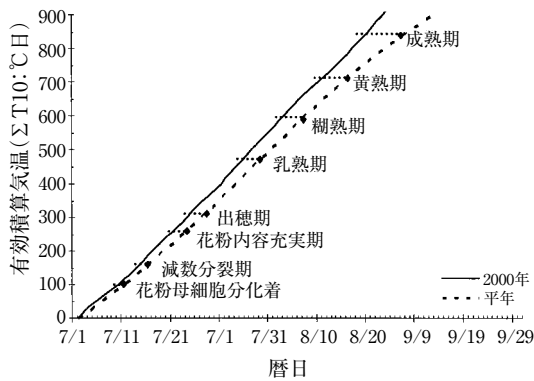


図5 幼穂形成期を起点とした穂の発育過程の監視例  
(2000年:宮城県亘理町)  
平年はアメダス地点の日平均気温の準平年値を使用。

表5 幼穂形成期を起点とした穂の発育過程  
(2000年:宮城県亘理町)

生育段階	出穂期	乳熟期	糊熟期	黄熟期	成熟期
平年	7月30日	8月10日	8月19日	8月28日	9月9日
推定	7月23日	8月3日	8月11日	8月20日	8月28日
実測	7月26日	8月4日	8月12日	8月20日	8月28日

注. 平年はアメダス地点の日平均気温の準平年値、推定は2000年の実況値を使用して推定。品種は「まなむすめ」。

テージを予測するものである。作柄診断試験の12品種の出穂期の誤差平均は1.2日であり、宮城県、山形県の農家圃場でも2.9日と、生産現場で利用する上では十分な精度であった。このことは、穎花分化始期から出穂期までの期間は30日程度で主に温度に左右され、品種や栽培条件に左右されにくい(松島・真中 1956) ことにも一致する。また、作柄診断試験と農家圃場では花粉母細胞分化期、減数分裂期、花粉内容充実期の観察によるステージ確認を行っていないが、幼穂長は積算気温によるロジスティック方程式で示されること(荒川ら 1994、中園・井上 2001)、幼穂長と穂の発育には規則性があること(松島・真中 1956) から、途中の発育ステージ予測も出穂期の予測精度から判断して適合するものと考えられる。

玄米の発育モデルは農林水産省大臣官房統計部などが作況調査に利用する登熟過程の主な発育ステージを推定するものである。登熟への日照の影響は、乳熟期の遮光処理が登熟歩合を低下させ、25℃でも高温登熟障害を生じさせる(松島ら 1958) ように、登熟速度ではなく、主に登熟歩合に影響するため、登熟の進行は日照よりも温度に強く影響される。各

発育ステージは達観の調査に基づくものであるが、作柄診断試験における12品種の誤差平均は乳熟期は1.2日、糊熟期は1.8日、黄熟期は3.0日、成熟期で2.1日であった。また、農家圃場での誤差はそれぞれ1、1、0、0日であり。比較的精度が高いといえる。

以上のように、いずれのモデルも既往の知見(内嶋 1976、長南 1966)に基づいて基準温度10℃を設定して精度を検証したところ、東北の基幹品種や異なる地域にも適用できることから、早期警戒システムの生育監視活動に利用できるものと判断される。

#### (2) 障害型冷害監視における幼穂の発育モデルの利用法

松島・真中(1956)は幼穂の発育段階を止葉始原体分化期から花粉完成期までの21期に細分類したが、栽培管理上は穂首分化期、枝梗分化期、穎花分化期、生殖細胞形成期、減数分裂期、花粉外殻形成期および花粉完成期の7段階で十分としている。この7分類に基づき、幼穂の発育過程における冷温の影響は次のように整理できる。

まず、1穂穎花数に対する影響をみると、穂首分化期から穎花分化期に17℃以下の冷温を受けて、枝梗ならびに穎花の分化数が減少し、その結果として1穂穎花数が減少する(寺尾 1940a、木戸 1941、田中 1962)。また、花粉母細胞分化期から減数分裂期は幼穂が急速に伸長し、穎花も発達する時期であって、この時期の冷温は枝梗及び穎花の退化を招き、1穂穎花数を減少させ(寺尾 1940a、木戸 1941、田中 1962)、籾殻サイズも減少させる(松島・真中 1956)。次に、冷温が誘発する不稔についてみると、幼穂形成期は雄蕊、雌蕊の始原体の分化する時期であり、17℃以下の冷温によって不稔が生じる(寺尾 1940a、木戸 1941、田中 1962)が、不受精に対する感受性が高いたるは減数分裂期(柿崎・木戸 1938、福家・近藤 1939、寺尾 1940a、田中 1962、Hayase *et al.* 1969)であり、より厳密には小孢子初期(Satake and Hayase 1970)である。また、穎花分化期から減数分裂期前までの前歴期間において、受精障害を誘引しない程度の冷温は減数分裂期の不稔を増長する(Ito 1976)。このため、障害不稔回避を目的とする深水管理は前歴期間と危険期の深水管理を組み合わせると効果的である(Satake *et al.* 1988)。

以上のように、冷温により1穂穎花数の減少、籾殻サイズの減少、不稔籾の発生が起きる。このうち

冷害の早期警戒においては障害型冷害による不稔粉の発生の監視が重要なものとなる。この不稔粉の発生は、幼穂形成期を中心とする時期の平均気温20℃以下の積算である冷却量、減数分裂期を中心とする時期の冷却量、および品種の耐冷性の強弱を組合わせておおまかに診断できると考えられる。

ここで提示した幼穂の発育モデルは、生産現場で幼穂長2 mmで確認される幼穂形成期(松島・真中(1956)の穎花分化期に相当)、花粉母細胞分化期(同生殖細胞形成期)、減数分裂期、花粉内容充実期(同花粉外殻形成期)および出穂期を予測するものであり、生産現場で利用するには十分な精度であることが示された。したがって、本モデルは、早期警戒システムにおける障害型冷害の監視や不稔粉の発生診断に利用できると考えられる。また、深水などの栽培管理の実施時期などの障害型冷害の回避技術の策定も容易となる。

### (3) 遅延型冷害、高温登熟障害の監視における玄米の発育モデルの利用法

登熟過程はこれまで出穂後日数、乾物重、籾水分で示されてきた(星川 1972、田村 1956、長戸 1941)。しかし、現場では作況調査、農作物被害調査などで外観による登熟過程の診断が行われ、発育ステージとして出穂期、乳熟期、糊熟期、黄熟期および成熟期が用いられている(注：農林水産省統計情報部。夏作減収推定尺度。1994)。この登熟ステージの進展は籾重増加からみた成熟の進行とも一致する(長戸 1941)。さらに、海外では、圃場における穀物の発育ステージを外観から診断するために、decimalcodeという出芽から成熟までの主な発育ステージに基づき10進数のコードをつける方法が広く利用されている(Zadoks *et al.* 1974、Lancashire *et al.* 1991、Chin *et al.* 1991)。Chin *et al.* (1991)はこのdecimal codeをイネに応用し、病害の感染、伝搬、被害に特有な発育ステージを的確に診断し、いもち病、紋枯病の薬剤散布の時期の判定に有効であるとしている。このように、圃場では遠観で判断できる指標で発育ステージを把握し、それに応じた栽培管理をすることが重要である。

登熟および玄米品質に及ぼす気温の影響は玄米の発育ステージにしたがって、次のように整理できる。出穂開花時における17℃以下の冷温や30℃以上の高温は授精障害を引き起こし、不稔や単為結果を生じる(寺尾 1940b、田中 1962、Satake and Koike

1983、松島ら 1958、佐藤ら 1973、Tashiro and Warldlaw 1991)。開花期から乳熟期の冷温や高温では、発育不全による死米、しいな、胴切れ米が生じる(Tashiro and Warldlaw 1991)。乳熟期以降の障害は、デンプン粒の発育不良により生じる。すなわち、乳熟期から糊熟期は乳白米を生じ、糊熟期頃は背白米、腹白米、基白米が生じる(長戸・江幡 1960、長戸・江幡 1965、Tashiro and Warldlaw 1991)。また、10℃以下の冷温により登熟は停止するが、10℃以上に回復すると登熟はふたたび進行し、不可逆的に停止するのは強霜に遭遇したときである(松島ら 1958)。

玄米の発育モデルは出穂期を起点とし、生産現場で用いられる乳熟期、糊熟期、黄熟期および成熟期を予測するものである。本モデルを用いてこれらの発育ステージと気象の経過を追跡的に監視することによって、遅延型冷害および高温登熟障害の有無の判定に利用できることが期待される。また、いもち病の追加防除、掛け流し灌漑による高温登熟障害回避、落水時期、適期刈取りなどの栽培管理の意思決定にも利用できる。

### (4) モデルの組み合わせとその効果

早期警戒システムでは稲作立地に基づき東北6県のアメダス地点から71地点を選択し、アメダス指標地点としている(鳥越 1998)。このように遠隔多数地点の発育ステージを予測する際には幼穂形成期、出穂期をすべて観察して、各モデルを切り替えることは現実的ではない。そこで、観察で確認した時期ではなく、主稈葉齢進度モデルで予測した幼穂形成期から幼穂の発育モデルに、幼穂の発育モデルで予測した出穂期から玄米の発育モデルに切り替えて利用することもできる(図4)。このときの予測精度を、主稈葉齢進度モデルへの適合度が低い「おきにいり」を外した11品種の乳熟期から成熟期の誤差平均でみると、補正なしでは2.2日、幼穂形成期の補正のみでは1.6日、出穂期で補正した場合で2.2日と誤差に大きな違いはなかった。同様に、宮城県亶理町の農家圃場では観察による補正なしで1.0日、幼穂形成期の補正のみで1.5日、幼穂形成期および出穂期で補正した場合で2.5日であった。このように、幼穂形成期や出穂期の予測誤差が2、3日程度なら、観測誤差の影響があるため補正の必要はないが、誤差が大きい場合には幼穂形成期と出穂期に補正して利用する必要がある。

幼穂および玄米の発育モデルは単独でも、障害型冷害および登熟障害の予測とそれに伴う栽培管理の意思決定支援に利用できるが、葉齢進度モデルを組み合わせて移植後から成熟期までの統合モデルとすることにより、遅延型冷害の診断に利用できる。

### Ⅲ 圃場内、地域内の発育ステージの変異の推定

#### 1. 緒言

ここではⅠで作成した発育モデルを用いて推定した発育ステージを基に冷温による障害型冷害、遅延型冷害など各種被害の診断手法を確立するために必要な発育モデルの拡張を行う。

障害型冷害、遅延型冷害など各種被害の診断には、冷温の強さ、期間、そしてそのときのイネの発育ステージが重要となる。しかし、ひとつの圃場の発育経過についても、種籾の大小や発芽の遅速、育苗管理に基づく発育の良否などにより、すでに移植時の個体の葉齢に変異が存在し、さらに個体内の穂や穂内の穎花に発育の変異が存在している。また、市町村、各県の作柄表示地帯においては、農家による移植期や苗質の差、品種の早晩性に起因して圃場ごとに発育の変異が存在する。

イネの発育における器官形成の規則性に基づく変異に着目すると、圃場内における特定の発育ステージ割合を、次に圃場の移植期と苗質の変異に着目すると、地域内の特定の発育ステージ割合を把握することが可能となる。

ここでは、発育ステージの変異を把握する目的で作成した以上2つの手法について記述する。

#### 2. 器官形成の規則性に基づく発育ステージの圃場内変異の推定

Ⅱにおいて作成した主稈葉齢進度モデル、幼穂および玄米の発育モデルの3つのモデルにより、各アメダス指標地点の代表的な品種の発育ステージの進行をリアルタイムで追跡することが可能となった。

次に推定した発育ステージを基に冷温による障害型冷害、遅延型冷害など各種被害の診断手法を確立することが要請されている。そこで、各県が運営する生育診断圃場における障害型冷害と遅延型冷害の危険度を推定する手法の確立が急務となる。

しかし、ひとつの圃場の発育経過についても、種籾の大小や発芽の遅速、育苗管理に基づく発育の良否などにより、移植時の個体の葉齢には変異が存在する。さらに、ひとつの個体の主な分けつでは主稈

とはほぼ同時に幼穂形成期に入るが、分けつ次位や他の分けつとの相対葉齢差によりその時期に差異が生じ(後藤・星川 1991)、その後の穂の発育の変異に結びつく。また、ひとつの穂についてみると、穎花分化の序列に従って穎花に発育の差異が生じ、開花まで逆転することはない(松島・真中 1956)、1穂内の穎花間にも開花日とその後の玄米の発育に変異が存在する。このように、圃場においてある時点で発育ステージが混在することは、冷温の被害程度を推定する上で問題となる。このため、イネの発育における器官形成の規則性に基づく変異に着目して、穎花単位で発育ステージの違いを推定する手法を開発することが必要となる。

そこで、ここでは、Ⅱで作成した3つの発育モデルを拡張し、圃場内における穎花が減数分裂期などの特定の発育ステージにある割合を推定する手法を作成した。この手法の有効性を生育診断圃場で検証したところ、圃場内の発育変異の特徴をよく現すことが判明した。

#### 1) 材料と方法

##### (1) イネの発育に内在する変異の定式化

生育診断圃場では、植付け本数が3または4本で統一され、そのうち1個体について葉齢進度が追跡されている。その個体を株の代表個体とし、株を構成する他の個体の葉齢進度は代表個体に準ずるとする。株を構成する全ての分けつが穂を形成しないので、穂を形成する分けつを有効穂と表現した。

圃場内におけるイネの発育に内在する変異の要因を次の3点とし定式化を試みた。すなわち、①移植時個体葉齢変異、②有効穂の幼穂形成期および出穂期の到達日変異、③穎花の開花日変異である。

##### a. 移植時個体葉齢変異

株の発育の変異は株を構成する個体の初期値(葉齢)の変異に基づくとし、それぞれの株の代表個体の葉齢を設定し、その後の発育を主稈葉齢進度モデルで推定して、株の葉齢、幼穂形成期を決定した。なお、初期値(葉齢)の変異は正規分布と仮定した。

##### b. 有効穂の幼穂形成期と出穂期の到達日変異

株内における幼穂形成期の変異は株の幼穂形成期を平均とする正規分布で表し、主稈葉齢進度モデルで推定した株の代表個体の幼穂形成期に、分けつの次位や株内の個体間の葉齢差により生じる株内の有効穂の幼穂形成期の到達日の差を考慮することとした。ここでは、主稈と株の出穂期に幼穂形成期から

の有効積算気温(日平均気温をTとすると $\Sigma(T-10)$  if  $(T>10)$ 、以下 $\Sigma T_{10}$ )で $20^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ に差が存在することに基つき(神田ら 2002)、主程葉齢進度モデルで推定した代表個体の主程の幼穂形成期に $20^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 加算した日を株の推定幼穂形成期とした。これにより株の主な分けつの幼穂形成期の初期値(暦日)を決定し、幼穂の発育モデルで出穂期などその後の発育を推定した。圃場内の有効穂の出穂期は株の発育変異にこの変異が加わったものとなる。

c. 穎花の開花日変異

1穂の穎花の発育順序は分化より開花まで逆転しない(松島・真中 1956)ことより、開花順序を基に穎花分化の違いを推定した。開花順序の推定には、水稲品種「陸羽132号」(寺尾 1940a)、同「農林25号」(松島・真中 1956)、同「はやゆき」(Satake and Koike 1983)、同「コシヒカリ」(菊屋ら 2001)のデータを使用した。これらの4品種では1穂の開花日数は5~8日と異なっていたため、同一指標で相対的に比較する目的で、発育モデルに使用してい

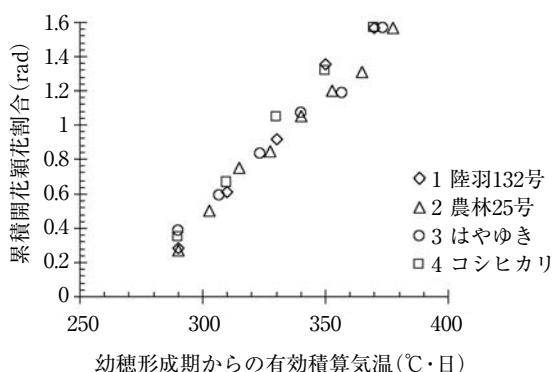


図6 有効積算気温による開花反応のモデル化  
注. 累積開花穎花割合(%)を逆正弦変換した。  
単位はラジアン(rad)。

る $\Sigma T_{10}$ を用いた。ひとつの穂の開花に要する $\Sigma T_{10}$ を決めるためには、穎花の発育の違いを特定のステージを基に推定する必要がある。ここでは、減数分裂期を基準とする。松島・真中(1956)によると、先端穎花の減数分裂期は幼穂長約5cm時、下位穎花の減数分裂期には幼穂はほぼ最終的な長さとなる。これに $\Sigma T_{10}$ と幼穂長の関係(神田ら 2002)を当てはめると、減数分裂期の先端穎花と下位穎花の発育のずれは $\Sigma T_{10}$ でおおよそ $100^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ と推定された。したがって、開花開始から開花終了までの $\Sigma T_{10}$ を $100^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ とし、これを開花日数で均等割し、開花穎花割合の推移を算出した。 $\Sigma T_{10}$ と累積開花穎花割合の関係は、累積開花穎花割合を逆正弦変換すると、育成時期の異なる新旧4品種とも開花から開花終了までほぼ直線になり、品種による差異はみられなかった(図6)。

この開花順序に従い、玄米の発育モデルの初期値を与え、開花から成熟期までの発育経過の変異を推定する。つまり、圃場内の穎花の発育変異は有効穂の出穂期変異に穎花の開花日の変異が加わったものとなる。

(2) 障害型と遅延型冷害の危険度推定手法

a. 危険期穎花割合の推定

穎花の障害不稔の発生危険期を、①一般的に危険期とされる花粉母細胞減数分裂初期~花粉4分子期(設定1)、②もっとも障害型冷害にとって重要とされる花粉母細胞4分子期(設定2)、③花粉の発育に関する時期全体にあたる花粉母細胞分化期から花粉内容充実期(設定3)の3つ設定した。

この危険期は松島・真中(1956)の幼穂長と穂の発育ステージの関係を基に、幼穂長と幼穂形成期を起点とする $\Sigma T_{10}$ の関係を併せて整理すると表6ようになる。さらに穎花の開花順序に従い危険期に

表6 1穎花の危険期設定から決定される危険期間

穎花の危険期設定	穎花の危険期の幅	上位穎花 (早期に開花する穎花)		中位穎花 (中期に開花する穎花)		下位穎花 (晩期に開花する穎花)	
		幼穂長	$\Sigma T_{10}^*$	幼穂長	$\Sigma T_{10}^*$	幼穂長	$\Sigma T_{10}^*$
設定1 花粉母細胞減数分裂初期~ 花粉母細胞減数分裂4分子期	$20^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	4~8cm	120~140 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	12~18cm	160~190 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	ほぼ全長	200 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ ~
設定2 花粉母細胞4分子期	$10^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	7~8cm	130~140 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	15~18cm	170~190 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	ほぼ全長	200 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ ~
設定3 花粉母細胞分化期~ 花粉内容充実期	$60^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	1.5~15cm	100~170 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	8~20cm	140~230 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$	ほぼ全長	200 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ ~

注. 危険期と幼穂長の関係は松島・真中(1956)より、日平均気温 $10^{\circ}\text{C}$ 以上の有効積算気温( $\Sigma T_{10}$ )と幼穂長の関係は神田ら(2002)より。

\* ) 幼穂形成期を起点とする $\Sigma T_{10}$

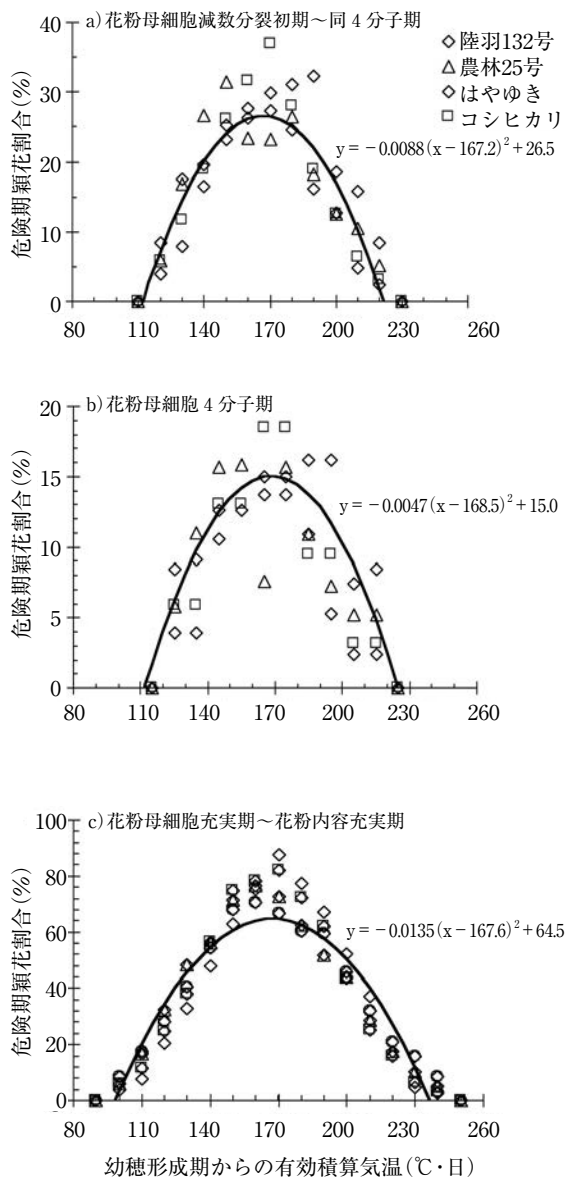


図7 3設定条件における危険期穎花割合の推移

ある穎花割合を求め、 $\Sigma T_{10}$ との関係を示すと図7になる。この関係を2次式で近似し、幼穂形成期からの $\Sigma T_{10}$ で危険期穎花割合を推定した。

#### b. 成熟期に達した穎花割合の推定

穎花の開花日からは玄米の発育モデルを用いて各穎花の発育ステージの進行を追跡できる。ただし、玄米の発育モデルは登熟における主な発育ステージを出穂期からの $\Sigma T_{10}$ でモデル化しているため、各穎花の開花日を起点とし、各穎花ごとの登熟進度に応用する場合はそのままでは使用できない。穂における出穂期の判定は先端穂が止葉葉鞘から出た時、乳熟期、糊熟期を判定する際は穂中央部の穂の胚乳の状態、黄熟期と成熟期は黄化粉割合で到達日の判

定を行う(神田ら 2002)。ここでは乳熟期または糊熟期の発育ステージの判定が出穂時と同じ先端穎花ではなく、中央部の穎花であることから、先端穎花と50% (0.49ラジアン) の穎花が開花する $\Sigma T_{10}$ の差 $30^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ (図6)を出穂を起点とする玄米の各発育ステージまでの $\Sigma T_{10}$ から減算して到達日を算出した。

#### (3) 特徴的な気象条件下における推定精度の検証

この手法による推定精度を検証するため高温年である1999年、開花期前後が冷温となった2001年、冷害年である2003年について、東北農研の生育診断圃場と青森県の3箇所の生育観測圃における幼穂形成期から成熟期までの発育ステージの変異を計算した。

計算に使用した各年次の気象を概括すると、1999年の夏の天候はオホーツク海高気圧の発生は一時的で東北地方は晴れて気温の高い日が多かった。2001年は、7月中旬から8月にかけてオホーツク海高気圧が発達し、東北地方は太平洋側を中心に7月中旬から8月中旬に冷温・寡照、8月下旬の冷温、また9月22、23日に極端な冷温となった。2003年は6月下旬から7月はオホーツク海高気圧が優勢となり、顕著な冷温・寡照となった。8月も断続的に冷温・寡照の状態が続いた。

##### a. 東北農研作柄診断圃場

モデルによる発育の推定精度を検証するため、作柄診断圃場で栽培した12品種のうち、1999年の「あきたこまち」「ひとめぼれ」の東北農研圃場の調査データ、および継続して試験を行った2001年、2003年のデータを用いた。主稈葉齢進度モデルの初期値は、連続10株4箇所の調査区の平均値とこの標準偏差より $\sigma=0.3$ からなる正規分布とした。有効穂の幼穂形成期の変異幅は出穂日と同じとし、連続10株の調査区2箇所で行った有効穂の出穂日調査の結果より15日とした。この設定に基づき、各年次の圃場、株、穂、穎花の各レベルの主な発育ステージとその変異を推定した。圃場、株、穂の各レベルについては、推定した幼穂形成期、花粉母細胞分化期、花粉内容充実期に基づき感受性Ⅰ期(幼穂形成期～花粉母細胞分化期)、感受性Ⅱ期(花粉母細胞分化期～花粉内容充実期)の日平均気温 $20^{\circ}\text{C}$ 以下の冷却量(内島 1976)を算出した。

各年次とも調査区とは別に4箇所で60株採取し、そのうち平均的な5株より20穂を採取し不稔歩合を

調査した。60株を精米し青米歩合を調査した。

b. 青森県生育観測圃

作成したモデルを青森県の生育観測圃のうち、十和田、八戸、青森に適用した。品種は「むつほまれ」。初期葉齢の正規分布は、平均値をその圃場の苗の調査葉齢、葉齢変異は東北農研圃場と同じ $\sigma=0.3$ 、有効穂の幼穂形成期の変異の幅は15日とした。この設定に従い、1999年、2001年、2003年の圃場、株、穂、穎花の各レベルの主な発育ステージとその変異を推定した。推定した幼穂形成期、花粉母細胞分化期、花粉内容充実期に基づき、圃場、株、穂の各レベルの感受性Ⅰ期、感受性Ⅱ期の日平均気温20℃以下の冷却量を算出した。なお、気温データは青森、十和田、八戸のアメダス地点のデータを用いた。

1999年、2001年には青森県の十和田、八戸、青森のアメダス近傍の生育観測圃より、100穂採取し、そのうち20穂の不稔歩合を調査した。残り80穂を精米し青米歩合を調査した。2003年の出穂日、不稔歩合については、東北地域水稲安定生産推進連絡協議会が2003年の東北6県の生育調査圃場のデータをとりとまとめた「2003年東北地域水稲生育調査圃場データ集」を参考にした。

2) 結果

(1) 冷害障害の主な発育ステージの推定

a. 花粉母細胞減数分裂期

有効積算気温と穎花の危険期割合の関係は、穎花の危険期間の設定の違いにかかわらず、ピークは1

穂の減数分裂期である140℃・日よりも後の約170℃・日となった。また、穎花の危険期間を長く設定しているものほど危険期間が長くなる他に、穎花同士で危険期が重なりあうため、危険期にある穎花割合のピークは高くなった(図7)。

設定1に基づく穎花の障害型冷害危険期の推定結果および圃場、株、有効穂の各レベルの花粉母細胞減数分裂期の到達日を表7に示した。圃場レベルとは代表個体のモデル、株レベルとは株の発育変異、有効穂レベルとは株と有効穂の発育変異、穎花の障害型冷害危険期は株と有効穂、さらに穎花の発育変異を取り込んだものをそれぞれ示す。また穎花の発育ステージの変異は極値を避けるため1%以上範囲を設定した。

圃場、株、有効穂の各レベルの花粉母細胞減数分裂期の分布を比較すると、最頻値はほぼ同じであったが、株レベル、有効穂レベルの順で花粉母細胞減数分裂期にある期間が長くなった。穎花の障害型冷害危険期についてみると、株や有効穂レベルの減数分裂期の期間よりも長かったが、極端に発育の早い穎花や遅い穎花を除く、危険期にある穎花の存在割合が1日に1%以上の期間についてみると、有効穂レベルの分布に近かったが、穎花の障害型冷害危険期の最頻値は株や有効穂レベルの最頻値よりも2~3日遅かった。

さらに穎花の障害型冷害危険期の年次変動についてみると、7月に気温が平年より高かった2001年で

表7 穎花の障害型冷害危険期(設定1)と花粉母細胞減数分裂期の到達日の推定

場所	品種	年次	花粉母細胞減数分裂期の到達日					穎花の障害型冷害危険期		
			圃場レベル	株レベル		有効穂レベル		推定範囲	1%以上範囲*	最頻値
			推定範囲	最頻値	推定範囲	最頻値	推定範囲	1%以上範囲*	最頻値	
盛岡	あきたこまち	1999	7.23	7.21~7.25	7.23	7.16~7.30	7.22	7.15~8.4	7.19~7.30	7.25
		2001	7.21	7.19~7.23	7.21	7.13~7.30	7.21	7.11~8.6	7.17~7.30	7.23
		2003	7.27	7.23~7.30	7.27	7.17~8.4	7.25	7.14~8.9	7.21~8.5	7.30
	ひとめぼれ	1999	7.29	7.28~7.31	7.29	7.22~8.7	7.28	7.20~8.11	7.26~8.5	7.31
		2001	7.29	7.26~8.1	7.29	7.20~8.11	7.29	7.18~8.16	7.24~8.10	8.1
		2003	8.5	8.3~8.7	8.5	7.28~8.13	8.5	7.25~8.21	8.2~8.13	8.7
十和田	むつほまれ	1999	7.26	7.24~7.28	7.26	7.22~8.2	7.26	7.20~8.6	7.23~8.1	7.28
		2001	7.29	7.26~7.31	7.29	7.20~8.8	7.29	7.17~8.16	7.24~8.9	7.31
		2003	8.11	8.8~8.13	8.11	8.5~8.23	8.11	8.3~8.30	8.7~8.22	8.13
八戸	むつほまれ	1999	7.27	7.25~7.28	7.27	7.23~8.3	7.27	7.21~8.7	7.24~8.1	7.28
		2001	7.3	7.27~8.1	7.30	7.21~8.10	7.30	7.18~8.17	7.25~8.9	8.1
		2003	8.14	8.11~8.17	8.14	8.8~8.25	8.14	8.6~9.2	8.10~8.25	8.17
青森	むつほまれ	1999	7.24	7.22~7.26	7.24	7.18~7.30	7.24	7.16~8.3	7.21~7.30	7.26
		2001	7.24	7.22~7.26	7.24	7.15~8.2	7.24	7.13~8.9	7.19~8.2	7.26
		2003	8.4	8.2~8.7	8.4	7.25~8.11	8.4	7.22~8.19	7.31~8.13	8.6

注. \*) 極値を避けるため存在割合が1%以上となる日を設定した。



最も早く、7月冷温であった2003年は穎花の障害型冷害危険期のピークも1999年、2001年よりも遅く、ピークに達するまでの期間も長かった(図8)。

危険期設定の違いによる穎花の障害型冷害危険期を比較すると、全ての設定で最頻値となる歴日はほぼ同じであったが、この日に危険期にある穎花割合は穎花の危険期間を長く設定している設定3で51.5~59.2%と大きく、短い設定2では10.9~13.2%と小さかった。しかし、穎花個々の危険期間は設定を反映して変動したが、最も危険期が長い設定3でも最も危険期の短い設定2と比較して圃場全体の危険期間は1~2日長くなる程度であった。

b. 出穂期と開花期間

1999年の東北農研作柄診断圃場における有効穂の出穂分布を推定したところ、調査した有効穂の出穂日分布の結果とほぼ一致した(図9)。

青森県の生育観測圃について出穂日を推定すると圃場の出穂期、株の出穂期の最頻値、穂の出穂期(有効穂の50%以上が出穂)はほぼ同じであった(表8)。穎花の開花の最頻値はそれよりも2~3日遅くなった。推定された出穂期は生育観測圃で観測された出穂期と概ね同じであったが、2003年は観測出穂期よりも推定出穂期が5~14日遅れた。推定出穂期が観測出穂期とほぼ同じ場合は、観測による出穂始期~終期と株の出穂期、有効穂の出穂始期(5%)から終期(95%)もほぼ同じであった。

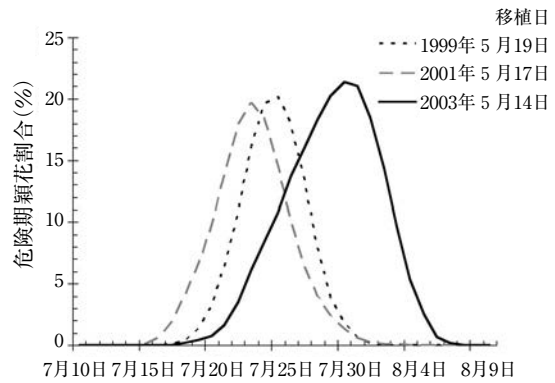


図8 危険期穎花割合の推移の年次間変異  
東北農業研究センター・品種：あきたこまち。

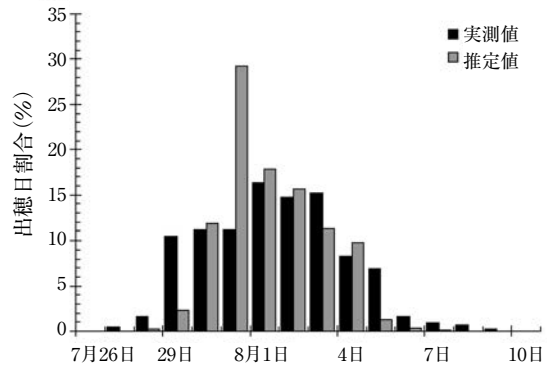


図9 出穂日の推定値と実測値の比較(1999年)  
東北農業研究センター・品種：あきたこまち。

表8 出穂期と穎花の開花期間の推定

場所	品種	年次	観察出穂期			圃場 レベル	株レベル			有効穂レベル			穎花の開花期間		
			始*	期	終*		推定範囲	最頻値	5%	50%	95%	推定範囲	1%以上範囲**	最頻値	
盛岡	あきたこまち	1999	8.2		8.1	7.30~8.3	8.1	7.30	8.1	8.4	7.26~8.13	7.30~8.8	8.3		
		2001	8.4		8.2	7.30~8.4	8.2	7.28	8.1	8.6	7.23~8.20	7.29~8.12	8.5		
		2003	8.10		8.8	8.6~8.10	8.8	8.6	8.8	8.11	8.1~8.24	8.6~8.18	8.11		
	ひとめぼれ	1999	8.6		8.7	8.5~8.9	8.7	8.4	8.7	8.10	7.30~8.21	8.4~8.14	8.9		
		2001	8.11		8.12	8.9~8.14	8.12	8.6	8.12	8.16	7.29~8.29	8.8~8.21	8.15		
		2003	8.14		8.18	8.15~8.21	8.18	8.15	8.18	8.21	8.8~9.4	8.15~8.27	8.23		
十和田	むつほまれ	1999	8.1	8.2	8.4	8.4	8.2~8.6	8.4	8.2	8.4	8.6	7.30~8.17	8.2~8.10	8.6	
		2001	8.5	8.8	8.10	8.13	8.10~8.16	8.14	8.10	8.13	8.16	7.31~9.1	8.9~8.24	8.16	
		2003	8.10	8.12	8.13	8.26	8.23~8.29	8.26	8.23	8.25	8.29	8.17~9.16	8.23~9.5	8.30	
八戸	むつほまれ	1999	8.3	8.4	8.6	8.4	8.2~8.6	8.4	8.2	8.4	8.6	7.30~8.17	8.2~8.10	8.6	
		2001	8.13	8.16	8.18	8.14	8.11~8.17	8.15	8.10	8.15	8.17	8.1~9.1	8.10~8.24	8.16	
		2003	8.22	8.24	8.26	8.29	8.26~9.1	8.29	8.26	8.29	9.2	8.21~9.19	8.25~9.10	8.30	
青森	むつほまれ	1999	7.31	8.1	8.2	8.2	7.31~8.3	8.2	7.30	8.1	8.4	7.27~8.13	7.31~8.8	8.3	
		2001	8.3	8.5	8.8	8.5	8.3~8.8	8.5	8.2	8.6	8.10	7.25~8.23	8.2~8.16	8.9	
		2003	8.7	8.10	8.12	8.17	8.14~8.20	8.17	8.14	8.17	8.20	8.8~9.2	8.14~8.26	8.22	

注. \*) 盛岡では出穂始期、出穂終期の調査はしていない。  
\*\*) 極値を避けるため存在割合が1%以上となる日を設定した。

表9 成熟期の到達日の推定

場所	品種	年次	観察 成熟 期	青米 歩合* (%)	圃場 レベル	有効穂レベル				穎花レベル			
						推定範囲	最頻値	80% 到達日	到達率 (%)	推定範囲	最頻値	80% 到達日	到達率 (%)
盛岡	あきたこまち	1999	9.5		9.5	8.28~9.15	9.6	9.8	100.0	8.25~9.23	9.6	9.9	100.0
		2001	9.12	0.1	9.16	9.6~10.8	9.16	9.18	100.0	9.2~10.25	9.17	9.20	100.0
		2003	10.13	2.3	10.3	9.18~10.25	10.10	10.13	95.9	9.14~10.29	10.11	10.21	88.0
	ひとめぼれ	1999	9.13		9.14	9.4~10.1	9.13	9.16	100.0	8.31~10.13	9.14	9.18	100.0
		2001	9.25	1.3	10.7	9.15~10.25	10.6	10.12	96.8	9.10~10.25	10.8	10.16	91.1
		2003	10.11	8.4	**	10.11~10.29	-	-	0.2	9.27~10.29	-	-	1.2
十和田	むつほまれ	1999	9.13	9.8	9.12	9.6~9.25	9.12	9.14	100.0	9.2~10.3	9.12	9.16	100.0
		2001	9.28	17.0	-	10.3~10.22	-	-	12.9	9.21~10.25	-	-	19.9
		2003	10.3		-	-	-	-	0.0	-	-	-	0.0
八戸	むつほまれ	1999	9.16	12.4	9.11	9.5~9.24	9.11	9.12	100.0	9.1~9.27	9.11	9.14	100.0
		2001	10.5	46.8	10.26	10.1~10.23	-	-	47.7	9.21~10.27	10.23	-	52.6
		2003	10.7		-	-	-	-	-	-	-	-	0.0
青森	むつほまれ	1999	9.12	4.7	9.5	8.29~9.13	9.6	9.6	100.0	8.26~9.20	9.6	9.8	100.0
		2001	9.23	12.4	9.26	9.12~10.14	9.26	9.28	100.0	9.7~10.27	9.26	10.2	100.0
		2003	9.21		-	10.8~10.31	-	-	4.1	9.28~10.29	-	-	8.6

注. \*) 東北農業研究センターの1999年の青米歩合、青森県の生育観測圃の2003年の青米歩合は欠測。

\*\*\*) -は成熟期に到達しなかったとみられる。

表10 感受性I期および感受性II期の冷却量の推定

場所	品種	年次	不稔 歩合* (%)	圃場レベル		株レベル				有効穂レベル			
				感受性I期 の冷却量 (℃・日)	感受性II期 の冷却量 (℃・日)	感受性I期の 冷却量(℃・日)		感受性II期の 冷却量(℃・日)		感受性I期の 冷却量(℃・日)		感受性II期の 冷却量(℃・日)	
				推定範囲	平均	推定範囲	平均	推定範囲	平均	推定範囲	平均	推定範囲	平均
盛岡	あきたこまち	1999	3.7	0.0	0.0	0.0~4.1	0.5	0.0~0.0	0.0	0.0~7.4	1.1	0.0~0.0	0.0
		2001	9.9	0.0	0.0	0.0~0.0	0.0	0.0~0.3	0.1	0.0~1.5	0.0	0.0~3.2	0.2
		2003	35.3	10.0	21.3	9.4~13.1	10.8	15.4~24.0	20.5	9.4~23.6	11.8	0.0~25.8	19.4
	ひとめぼれ	1999	2.8	0.0	0.0	0.0~0.0	0.0	0.0~0.0	0.0	0.0~7.4	1.1	0.0~0.0	0.0
		2001	7.4	0.0	2.2	0.0~0.0	0.0	1.4~4.9	2.5	0.0~1.5	0.0	0.0~3.2	0.2
		2003	8.4	16.9	0.0	10.7~23.5	17.9	0.0~1.4	0.0	0.0~23.5	17.8	0.0~16.9	0.3
十和田	むつほまれ	1999	1.1	3.5	0.0	3.5~13.6	4.4	0.0~0.0	0.0	0.0~34.8	5.9	0.0~3.5	0.1
		2001	6.1	9.3	14.3	9.3~9.3	9.3	8.8~16.1	13.7	2.6~9.3	8.9	8.8~16.1	13.5
		2003	62.8	29.3	13.9	5.1~51.3	29.2	9.7~13.9	13.7	0.2~71.1	28.6	1.8~17.6	13.4
八戸	むつほまれ	1999	2.1	3.7	0.0	3.7~10.1	4.1	0.0~0.0	0.0	0.0~33.3	5.6	0.0~3.7	0.0
		2001	12.8	10.0	14.7	9.8~10.6	10.0	9.3~15.7	14.2	2.3~10.6	10.0	7.9~15.7	13.5
		2003	12.7	9.3	13.3	1.5~32.8	11.0	13.3~13.9	13.4	0.0~58.9	11.7	6.2~17.0	13.7
青森	むつほまれ	1999	4.0	0.3	0.0	0.0~6.7	0.9	0.0~0.0	0.0	0.0~22.1	1.8	0.0~0.0	0.0
		2001	7.7	0.3	0.4	0.0~0.9	0.4	0.1~0.4	0.4	0.0~1.1	0.6	0.0~1.1	0.2
		2003	57.1	25.7	6.1	21.8~25.9	24.9	1.6~14.4	6.6	11.2~25.9	24.1	0.6~29.8	7.1

注. \*) 青森県の生育観測圃の不稔歩合は1999、2001年は調査データ、2003年は「平成15年東北地域生育調査圃データ集」。

c. 成熟期

東北農研作柄診断圃場と青森県の生育観測圃の圃場、株、有効穂、穎花レベルの成熟期の到達日の推定結果を表9に示す。1999年は東北農研の作柄診断圃場および青森県のいずれの生育観測圃でも圃場内の全ての有効穂、穎花も9月中にほぼ成熟した。ま

た、1999年は穎花の成熟盛期と観察成熟期はほぼ一致した。2001年は盛岡、青森では成熟したが、十和田、八戸では大部分が成熟に達しなかったと推定された。八戸では青米歩合が46.8%と多かった。2003年は出穂が遅れたため、盛岡の「あきたこまち」を除き、いずれの地点でも圃場レベルでは成熟期に到

達しなかったと推定されたが、穂レベル、穎花レベルでみると盛岡の「ひとめぼれ」と青森では一部で成熟に達していたものと推定された。

### (2) 冷却量の推定と障害不稔発生の関係

圃場、株、有効穂の各レベルで幼穂形成期、花粉母細胞分化期、花粉内容充実期を推定して算出した感受性Ⅰ期、感受性Ⅱ期の冷却量を表10に示した。これら各レベルの冷却量はそれぞれ分布範囲が異なるが、平均すると株や有効穂の冷却量も圃場レベルの冷却量とほぼ同じであった。

冷害年である2003年の東北農研圃場の冷却量と不稔歩合の関係は、穎花の障害型冷害危険期が7月下旬の冷温時期と重なった「あきたこまち」は圃場の感受性Ⅱ期の冷却量が $21.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ となり、不稔歩合は35.3%であった。これに対し「ひとめぼれ」は感受性Ⅰ期の冷却量は $16.9^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ であったが感受性Ⅱ期は $0.0^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ であり、不稔歩合は平年よりやや多い8.4%であった。

青森県の生育観測圃場について冷却量をみると、八戸では2001年と2003年は感受性Ⅰ期と感受性Ⅱ期の冷却量とも同程度であり、不稔歩合も両年で同程度であった。しかし、十和田は圃場レベルの感受性Ⅱ期の冷却量が $13.9^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ と2001年とほぼ同じであるが、不稔歩合は2001年の6.1%に対し、2003年は62.8%であった。株レベルについては2001年と2003年では感受性Ⅰ期の冷却量が2001年の $9.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ に対し $29.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ と大きくなっていった点と圃場の推定出穂期と観察出穂期の差が2001年では5日に対し、2003年では14日遅れていた点が異なる。2003年に冷温であった時期を考えるとこの推定の遅れは感受性Ⅰ期の冷却量を実際より大きく、感受性Ⅱ期の冷却量を小さく推定していると考えられる。

### 3) 考察

#### (1) 発育に内在する変異の定式化

圃場内における発育ステージの変異の定式化は、器官形成の規則性に基づく変異を基本とした。その一つは、種籾の充実度と発芽から育苗段階に生じる発育ステージの差異が個体の葉齢の違いとなり、それが主稈葉齢進歩モデルの初期値の違いとし、株の発育ステージを推定する。その二つは、株内においては、主稈が幼穂形成期に入ると分けつもほぼ同時に幼穂形成期に入るが、分けつの次位や葉齢により発育ステージに差異が生じ(後藤・星川 1991)、有効穂間の幼穂形成期を幼穂の発育モデルの初期値

とし、有効穂の発育ステージを推定する。その三は、1穂内でも穎花の分化順序に平行して発育の早晚が生じ(松島・真中 1956)、1穂の穎花の開花日の違いを玄米の発育モデルの初期値とし、穎花の発育ステージを推定する。これにより、圃場内の発育変異を株レベル、有効穂レベル、穎花レベルで推定するモデルとなる。さらに、株内の有効穂の発育変異を加算しなければ圃場内の株の変異を、穂内の穎花の発育変異を加算しなければ圃場内の有効穂の変異を推定することもできる。目的に応じて圃場、株、有効穂、穎花のレベルで発育ステージを推定し、生育監視や被害診断に利用できるものと考えられる。

器官形成以外に考えられる圃場内の変異を拡大する要因としては、1株の植付け本数の違いや圃場における水温や地力の水平分布などがある。1株の植付け本数が増えると1株茎数が初期から増加するため最高分けつ期は早くなり(立野・伊藤 1971)、葉齢進歩も遅くなる(山本ら 1994)。また、幼穂形成期、出穂期は早くなる(立野・伊藤 1971)。一方、水田には地力窒素に不均一性があり、その変動性と水稻の窒素吸収量との間には高い相関性がある(樋口ら 1983)ため、葉齢進歩、幼穂形成期、出穂期、分けつ出現率に影響する。また、冷水を灌漑すると水温は水口からの距離による同心円を描いて分布する(坪井・本田 1953)ため、水温の影響で生育の差異が拡大する。また、直播においては、田面の高低によっても、草丈や分けつの出現率に影響がある(佐々木ら 2002)。

しかし、植付け本数の違いで生育に大きな差がみられるのは1本植、2本植であり、3本～8本では差が小さい。また、水田の地力窒素の変動係数も10%以下であり(樋口ら 1983)、地力窒素の発現にあわせた施肥により差異は縮小できる。冷水灌漑の影響は灌水チューブの使用など栽培管理をすれば小さくできる。したがって、都道府県の稲作指導指針に則って管理された圃場であれば、圃場内の発育ステージの変異は今回取り扱った器官形成に基づく変異が主なものと考えられる。

#### (2) 被害診断への利用法

##### a. 穎花の危険期設定と障害型冷害

穎花の障害型冷害の危険期は、被害診断の対象とその対象が必要とする推定精度のバランスを考慮して危険期の幅の異なる設定を3つ作成した(表6)。危険期が最も厳密で短い設定2は誤差1日程度で個

体レベルを対象とすることを想定し、設定1は誤差2～3日程度で圃場レベル、設定3は誤差3日以上で地域レベルの危険期推定に用いることを考えた。したがって、生育診断圃場における推定には設定1を用いた。しかし、1穎花の危険期間は設定を反映して長くなったが、圃場全体の危険期間は設定3で設定2より1～2日長くなる程度であり、危険期の推定範囲の長さには穎花の危険期間設定よりも圃場内の穎花の発育ステージの変異が大きく影響した。

この手法による障害型冷害の被害診断の可能性を2003年冷害で検討する。東北農研圃場では感受性Ⅱ期の冷却量が $21.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ と大きい「あきたこまち」で不稔歩合が35.3%と大きく、感受性Ⅱ期の冷却量が0.0であった「ひとめぼれ」は、不稔歩合は平年よりやや多い8.4%であった(表10)。また、青森県八戸の生育観測圃では、2001年と2003年で同程度の冷却量で同程度の不稔歩合であった。感受性Ⅱ期の冷却量が大きいほど不稔歩合が増加する(内島1976)ため、この不稔発生は感受性Ⅱ期の冷却量の大きさに影響されているとみられ、感受性Ⅱ期の冷却量を用いて不稔歩合を推定でき、障害型冷害の被害程度が推定できることを示唆する。しかし、2003年の青森、十和田では冷却量の大きさと比較して不稔歩合が大きく、感受性Ⅱ期の冷却量のみで説明するのは困難である。これは出穂期の推定誤差のため、感受性Ⅱ期の冷却量が小さく算出された影響もあるが、それに加え感受性Ⅰ期の冷温の影響が考えられ(Satake *et al.* 1989)、感受性Ⅰ期の影響を含め冷却量と不稔発生の関係をモデル化する必要がある。また、圃場内の発育変異に従い、それぞれ冷却量を計算することにより、圃場内の不稔歩合の変異も推定可能となる。2003年の東北農研の「あきたこまち」は圃場レベルでは感受性Ⅰ期の冷却量 $10^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 以上かつ感受性Ⅱ期の冷却量 $20^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 以上であったが、同じ冷却量となるのは株レベルでは全体の56.6%、有効穂レベルでは53.2%のみであった。また、八戸の生育観測圃では、2001年と2003年では観察された不稔歩合が同じ程度であるが、観察出穂期から計算した冷却量の変異幅は2001年よりも2003年で大きく、圃場内における不稔発生も2003年でばらつきが大きかったと推察される。

2003年の青森県生育観測圃においては出穂期の推定に大きな誤差が生じたが、東北農研では2003年も推定誤差は-2～4日であった。これは冷害の影響

評価を目的とした東北農研では通常の浅水管理を行ったのに対し、青森県の生育観測圃では冷害対策として深水管理を徹底したため、水温が保持されアメダス気温で追跡した生育と差が開いたためと考えられる。

水稲の生長点は節間伸長の後半までは水面下にあり、気温よりも水温が水稲の発育に影響することは広く知られている(松島ら 1964)が、広域の水温データをリアルタイムで継続的に入手することは困難であり、アメダス地域気象データの平均気温をモデルの入力値として採用して発育予測を行っている。日平均気温と水温には相関関係があるため、気温を用いるモデルでも、間接的に水温を評価して発育予測を行っていることになる。しかし、冷害年には寡照や深水管理によって、平年(通常年)の日平均気温と水温とは異なる関係になるため、水温の評価誤差が発育予測に影響を与えると考えられる。このため発育予測モデルを冷害年に適用するには発育予測誤差の補正法を検討する必要がある。

## (2) 遅延型冷害

この手法による成熟期推定を評価すると、1999年の東北農研の「あきたこまち」「ひとめぼれ」、1999年の青森県の3か所で有効穂または穎花の成熟盛期と圃場の観察成熟期はほぼ適合し(表9)、この手法による成熟期推定が可能と考えられる。

そこで、この手法の遅延型冷害による被害推定への適用可能性を出穂期以降に冷温に遭遇した2001年の青森県の生育観測圃で検討すると、青森でも青米がやや増加したが、成熟期に達しない割合が多いと推定される八戸、十和田で、青米が多くなる傾向にあった(表9)。これは、成熟期に達した穎花割合を推定することにより、遅延型冷害による被害推定が可能であることを示す。しかし、未達の割合が八戸より多い十和田で八戸より青米歩合が少ないことは、青米歩合に単位面積当たり稔数など他の要因も影響しているためと考えられる。このため、玄米の発育ステージ別に発育停止した場合の減収程度、収量構成要素の特徴を明らかにしていくなど、この手法で被害推定を行うためにはさらなる検討が必要である。

また、今回のモデルでは成熟期に到達した割合の推定結果は2001年や2003年のように生育が遅延した年には、圃場、株、有効穂、穎花の各レベルで異なってくる。2003年の青森の生育観測圃では、圃場レ

ベルで推定した場合は成熟に達しないと推定されるが、有効穂レベルでは早く出穂した穂、穎花レベルでは早く咲いた穎花は成熟すると推定される。このため、遅延型冷害の被害を推定するには有効穂または穎花レベルのモデルが適していると考えられる。

### 3. アメダス指標地点の周辺地域における発育ステージの変異の推定

IIにおいて作成したモデルにより、各アメダス指標地点の代表的な品種の発育ステージの進行をリアルタイムで追跡することが可能となった。しかし、アメダス指標地点周辺の市町村や各県の作柄表示地帯においては、農家による移植期や苗質の差、品種の早晚性に基づいて圃場間にも発育ステージの変異が生じている。

従来、地域の発育変異を把握するには開発したモデルを気象メッシュで図化して地域の現状を把握するのが主流である(梅津ら 1993、矢島1994)。多くの場合は図中の全メッシュを同じ初期値とし、複数設定して複数の図を作成するか、各メッシュに初期値を設定することにより地域内の変異を取り入れて図化する必要がある。複数のメッシュ図を基に地域の状況を的確に把握することは判断する人の技能に大きく依存する。一方、各メッシュに適切な初期値を設定するのは、その地域に初期値情報を提供可能な地理情報システム(GIS)が整備されていないと困難である。また、通常使用される気象メッシュは1 kmメッシュであり、圃場の発育変異を考慮するメッシュサイズとしては大きすぎる。

そこで、ここでは障害型冷害や遅延型冷害に対する指標地点近傍の危険度や被害推定に焦点を絞り、各県の農業改良普及センターが調査する市町村および農政局の作柄表示地帯の移植期調査データに基づき、市町村および作柄表示地帯の移植日の頻度分布を設定し、ある移植日となる圃場の存在割合を決定した。これに前節で作成した圃場内変異の推定法(神田ら 2005)と組み合わせて市町村および作柄表示地帯の発育ステージの変異の推定法(以下、地域モデルと称す)を作成した。この推定法の精度を特徴的な気象年次間で比較検討したところ、出穂期と成熟期にみられる変異の特徴を再現できた。

#### 1) 材料と方法

##### (1) 地域内の移植日分布変異の設定

推定する地域は、各農業改良普及センターが調査する市町村および東北農政局で調査する作柄表示地

帯の2つとし、その地域内の発育ステージの変異の主な発生要因を移植日と苗の葉齢の違いとして前節のイネの発育における器官形成の規則性に基づく圃場内の変異と合成し、移植日から成熟期までの発育の変異を推定することとした。

市町村および作柄表示地帯については、域内にある各アメダス指標地点における発育の変異を推定した。推定対象は冷害に対する危険度の高い太平洋側と低い日本海側を併せもつ青森県とし、作柄表示地帯の青森地帯から青森と蟹田、津軽地帯から五所川原、弘前、黒石、南部・北北地帯より八戸、十和田、三沢を選択した。同じ作柄表示地帯のアメダス指標地点は全て作柄表示地帯の移植日の始期、盛期、終期を用いた。また、作柄表示地帯で使用したアメダス指標地点(青森、蟹田、五所川原、弘前、黒石、八戸、十和田、三沢)については、市町村別の移植日の始期、盛期、終期を用いた。

移植日の頻度分布を移植日の始期、盛期、終期の3つの時期に基づいて、次のように設定した。平均を移植盛期とし、始期から盛期までの期間と盛期から終期までの期間でそれぞれ異なる標準偏差( $\sigma_{\text{始期} \sim \text{盛期}}$ 、 $\sigma_{\text{盛期} \sim \text{終期}}$ )を定めた。データの95%が含まれる範囲を期間の長さ(暦日)とし、始期を盛期 $-2\sigma_{\text{始期} \sim \text{盛期}}$ 、終期を盛期 $+2\sigma_{\text{盛期} \sim \text{終期}}$ と設定した。例として青森県のアメダス指標地点近傍の移植の進捗状況に基づき作成した十和田の移植日の頻度分布を図10に示す。

苗質は星川(1975)を参考に稚苗3.5葉、中苗4.5葉、成苗5.5葉と区別した。しかし、実際に農家が移植する苗の葉齢は一定でなく、これを中心として変動する。ここでは、各圃場に移植する苗葉齢の分布が正規分布であるとし、また青森県に関しては苗

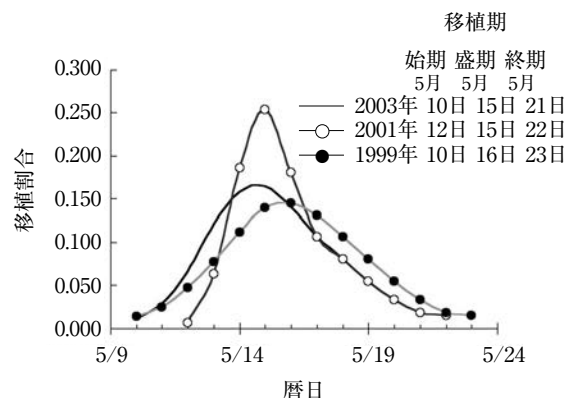


図10 移植期調査より設定した移植日の頻度分布(青森県十和田市)

の葉齢は中苗で4.5葉であるため、各圃場に移植する苗葉齢の分布を4.0～5.0葉と仮定した。

## (2) 地域モデルによる発育変異の推定手順

移植日と苗葉齢に圃場内のイネの器官形成の規則性に基づく変異を組み合わせて、地域内の発育変異を有効穂の出穂期と障害型冷害の危険期にある穎花割合や成熟期に達した籾割合を推定するモデルを作成した。圃場内におけるイネの発育に内在する変異は、①移植時個体葉齢変異、②有効穂の幼穂形成期および出穂期の到達日変異、③穎花の開花日変異の3点を取り扱う。また、圃場内の苗葉齢分布と幼穂形成期の分布は正規分布とし、東北農研で行った試験結果を基に苗葉齢は $\sigma=0.3$ の正規分布、幼穂形成期は $\sigma=2$ の正規分布とした。なお、主稈葉齢進捗モデルの主稈総葉数は「むつほまれ」と「つがるロマン」とも基本的には14葉と設定した。また、主稈総葉数は年次間で変動することがあるので、それによる予測精度への影響をみるため、主稈総葉数を13葉、13.2葉、13.5葉、13.8葉についても計算を行った。

推定手順は次のとおりである。すなわち、

- ① 移植日分布と葉齢分布からある移植日にある葉齢の苗を移植する圃場割合を推定する。
- ② 移植日と葉齢の異なる圃場全てについて、圃場内の発育変異モデルを用いて、特定の発育ステージにある割合を推定する。
- ③ 圃場全てについて圃場割合と圃場内の特定の発育ステージの存在割合を合成し、地域内の特定の発育ステージにある割合を推定する。

このモデルを用いて各年次の有効穂、穎花単位の主な発育ステージとその変異を推定した。穎花については前節の設定に基づき、穎花の発育ステージが一般に障害不稔の発生危険期とされる花粉母細胞分裂初期～花粉母細胞4分子期と推定される期間を穎花の危険期とした。有効穂については推定した幼穂形成期、花粉母細胞分化期、花粉内容充実期に基づき感受性Ⅰ期と感受性Ⅱ期の日平均気温20℃以下の冷却量をそれぞれ算出した。

なお、出穂日の始期、盛期、終期は実際の判定にあわせ、出穂期と推定される圃場の存在割合が5%、50%、95%を超えた日とした。開花期、成熟期などその他の発育ステージについても同様とした。

(3) 特徴的な気象年次における推定精度の検証  
高温年であった1999年、開花期前後が冷温となった2001年、冷害年であった2003年のデータで地域モ

デルによる推定精度を検証する。検証データには農林水産統計(1999、2001、2003)から県別、作柄表示地帯別の「移植日」、「出穂日」、「刈取日」を用い、さらに青森県提供の市町村別「移植日」、「出穂日」、「刈取日」を用いた。なお、この節での成熟期はモデルで籾の成熟割合が80%に達した日と定義した。これに対し、刈取日は成熟期後に天候なども含む総合的な農家の経営的判断で決定される期日であり、成熟期とは意味を異にする。

検証に使用した各年次の気象を概括すると、1999年の夏の天候はオホーツク海高気圧の発生は一時的で東北地方は晴れて気温の高い日が多かった。2001年は、7月中旬から8月にかけてオホーツク海高気圧が発達し、東北地方は太平洋側を中心に7月中旬から8月中旬に冷温・寡照、8月下旬の冷温、また9月22、23日に極端な冷温となった。2003年は6月下旬から7月はオホーツク海高気圧が優勢となり、顕著な冷温・寡照となった。8月も断続的に冷温・寡照の状態が続いた。

## 2) 結果

### (1) 出穂期および成熟期の推定

アメダス指標地点および作柄表示地帯の出穂期と穎花の開花期間を推定した。推定出穂期とアメダス指標地点別の出穂期との誤差平均は、1999年は、青森、八戸、三沢、十和田で2日以内、津軽の五所川原、弘前、黒石の誤差平均は3.1～3.7日であった。2001年は誤差がやや大きくなり、青森、八戸、三沢、十和田では1.6～4.8日、津軽の五所川原、弘前、黒石では3.3～5.7日であった。2003年の各地点の誤差平均は青森では2.9日だが、八戸、三沢、十和田は9.9～12.6日と大きくなったが、津軽の五所川原、弘前、黒石では0.6～4.1日であった。全地点の誤差平均についてみると1999年は2.4日、2001年は4.1日、2003年は7.8日であった。

作柄表示地帯別の出穂期の推定結果を表11に示す。市町村別に比較して、出穂期間は長くなるが、各年次の出穂時期の変動傾向はアメダス指標地点別の結果と同じ傾向であった。推定出穂期を作柄表示地帯別の出穂期と比較すると、1999年は南部・下北地帯の誤差は0～3日、誤差平均で1.8日、津軽地帯の誤差平均は4.0日であった。2001年は南部・下北地帯で1.7日、津軽地帯で5.1日であった。2003年は南部・下北地帯で10.9日、津軽地帯で1.3日であった。1999年は誤差が小さく、誤差平均は2.8日あり、

表11 地帯別の有効穂の出穂期の推定結果

年次	作柄表示地帯	推定値			誤差				
		有効穂の出穂期			出穂期			出穂期 平均	
		始期(5%)	盛期(50%)	終期(95%)	始期	盛期	終期		
1999年	青森県	7月29日	8月 2日	8月 6日	3	3	2	2.7	
	青森地帯	7月31日	8月 2日	8月 9日	2	3	-1	2.2	
	津軽地帯	7月28日	7月31日	8月 3日	4	4	4	4.0	
	南部・下北地帯	8月 2日	8月 4日	8月 6日	-1	0	3	1.8	
2001年	青森県	7月30日	8月 7日	8月17日	5	2	-2	3.3	
	青森地帯	8月 4日	8月 8日	8月19日	3	4	-4	3.7	
	津軽地帯	7月28日	8月 3日	8月 8日	6	4	5	5.1	
	南部・下北地帯	8月 8日	8月15日	8月19日	-2	-2	-1	1.7	
2003年	青森県	8月 8日	8月17日	8月31日	-2	-4	-8	5.3	
	青森地帯	8月15日	8月19日	9月 2日	-3	-1	-7	4.4	
	津軽地帯	8月 8日	8月12日	8月16日	-2	-1	0	1.3	
	南部・下北地帯	8月24日	8月27日	9月 2日	-13	-11	-8	10.9	
				1999年	2.7	2.9	2.7	2.8	
				誤差平均	2001年	4.3	3.2	3.4	3.7
					2003年	6.8	5.9	6.7	6.5
				3年	4.9	4.2	4.6	4.6	

注. 誤差は (実測値 - 予測値)。

誤差平均 =  $\sqrt{\sum (\text{実測値} - \text{予測値})^2 / n}$  (n は地帯数)。

表12 地帯別の穎花の危険期と有効穂の推定冷却量

年次	作柄表示地帯	推定値			冷却量			
		穎花の危険期			前歴期間		危険期間	
		始期(5%)	盛期(50%)	終期(95%)	平均		平均	
1999年	青森県	7月20日	7月26日	7月31日	0.0~62.7	13.6	0.0~12.7	0.1
	青森地帯	7月23日	7月27日	8月 1日	0.0~30.8	4.4	0.0~3.5	0.0
	津軽地帯	7月19日	7月23日	7月27日	0.0~27.0	11.2	0.0~12.7	0.2
	南部・下北地帯	7月25日	7月28日	8月 1日	0.0~62.7	19.0	0.0~8.0	0.2
2001年	青森県	7月20日	7月29日	8月 7日	0.0~27.0	5.5	0.0~18.7	6.3
	青森地帯	7月24日	7月29日	8月 8日	0.0~14.3	1.5	0.0~10.6	0.8
	津軽地帯	7月18日	7月24日	7月30日	0.0~17.2	1.6	0.0~2.3	0.5
	南部・下北地帯	7月26日	8月 1日	8月 8日	2.3~27.0	11.1	6.5~18.7	13.7
2003年	青森県	7月28日	8月10日	8月21日	0.0~94.5	36.0	0.0~46.9	11.8
	青森地帯	8月 3日	8月 8日	8月21日	1.0~69.5	29.4	0.0~35.1	5.8
	津軽地帯	7月26日	8月 2日	8月 7日	8.6~55.0	23.9	0.0~36.9	12.3
	南部・下北地帯	8月10日	8月15日	8月22日	0.0~94.5	49.8	0.2~46.9	13.4

2001年は誤差がやや大きく、平均で3.7日となった。  
2003年は6.5日遅くなった。

アメダス指標地点および作柄表示地帯の有効穂の成熟期および成熟期に達した割合を推定した。1999年の成熟期に達した割合の分布は、成熟始期~終期は八戸では9月7日~15日、三沢では9月8日~19日、十和田では9月8日~18日であった。五所川原および弘前では8月29日~9月7日、黒石では9月1日~10日であった。2001年は三沢では成熟

始期に到達せず、八戸では10月14日、十和田で10月11日に成熟始期に到達したが、盛期、終期には到達しなかった。五所川原では成熟始期~終期は9月12日~10月2日、弘前では9月11日~28日、黒石では9月16日~10月10日であった。2003年は八戸、三沢、十和田で成熟始期に達しなかった。五所川原では10月11日、弘前では9月30日、黒石では10月23日であったが、いずれの地点でも成熟終期には到達しなかった。

(2) 冷温障害の危険期と冷却量の推定

アメダス指標地点と作柄地帯別の穎花の危険期と有効穂の推定冷却量を推定した。穎花の危険期は障害不稔の発生危険期にある穎花が地域内に存在する期間を示し、有効穂の推定冷却量は暦日別の地域内の有効穂の発育ステージの存在割合を基に、有効穂の感受性Ⅰ期、感受性Ⅱ期の冷却量を推定したものを示す。

穎花の危険期について、作柄表示地帯およびアメダス指標地点の年次の特徴を概観すると、1999年は南部・下北地帯では7月25日～8月1日、津軽地帯では7月19日～27日であった(表12)。2001年は南部・下北地帯、八戸、三沢、十和田では1999年に比べてやや遅く、津軽地帯、五所川原、弘前、黒石ではほぼ同じであった。2003年はいずれの地帯、地点ともこの3年で最も遅かった。これは有効穂の発育ステージが感受性Ⅱ期にある期間よりやや変異幅が小さいが時期はほぼ同じであった。

有効穂の冷却量の変異の幅について同様にみると、感受性Ⅱ期の冷却量は、1999年は各地帯、地点ともほぼゼロであった(表12)。2001年は南部・下北地帯と八戸、三沢、十和田では10℃・日以上であったが、津軽地帯、五所川原、弘前、黒石ではほぼゼロであった。2003年は南部・下北地帯、津軽地帯およびそこに属する地点で10℃・日以上となった。次に感受性Ⅰ期の冷却量については、1999年は南部・下北地帯では19.0℃・日、十和田で20.3℃・日と大きく、青森地帯および青森、蟹田では小さかったが、その他の地帯、地点は10℃・日前後であった。2001年は南部・下北地帯および八戸、三沢、十和田で10℃・日前後であったが、津軽地帯および五所川原、弘前、黒石で0.3～2.1℃・日と小さかった。2003年は全般に大きく南部・下北地帯で49.8℃・日、十和田で53.8℃・日、津軽地帯でも23.9℃・日、黒石で28.0℃・日であった。

3) 考察

地域の発育の変異は、移植期の調査データに基づく地域の移植日の幅と、移植する苗の葉齢変異を基本とした。この移植時に決定される地域内の圃場割合に、前節で作成した圃場内におけるイネの器官形成の規則性に基づく発育ステージの変異を組み合わせ、有効穂および穎花単位で障害型冷害の危険期を推定し、有効穂の成熟期および成熟期に達した割合で遅延型冷害を判定している。

推定出穂期についてみると、アメダス指標地点では1999年、2001年は青森県提供の市町村別出穂データ並びに作柄表示地帯は農政局発表の出穂期とほぼ同じであったが、2003年では津軽地帯は誤差が1.3日に対し、南部・下北地帯では10.9日、八戸で12.6日、三沢で9.9日、十和田で10.0日遅くなった。これは、前節でも論じたように冷害回避のため深水管理で水温を高く保ったため、気温での推定よりも幼穂の発育が早まり、出穂期が早くなったものと推察される。

出穂誤差については、主稈総葉数の年次変化も考慮する必要がある。ここでは主稈総葉数を14葉としているが、例えば十和田の2003年の主稈総葉数を13葉まで段階的に減少させると、14葉の10.0日から徐々に減少し、13葉で出穂期間の誤差平均は1.4日となった(図11、表13)。つまり、2003年のような冷害年にはこれらの地域では総葉数が減少することもあると考えれば、精度は向上する。しかし、青森県十和田の生育観測圃の「むつほまれ」の主稈総葉数は1999年が13.0葉、2001年は12.9葉、2003年は13.2葉と、生育観測圃では実際には総葉数の減少はみられなかった。なお、青森など青森県の他の生育観測圃の「むつほまれ」の主稈総葉数の実測値も13

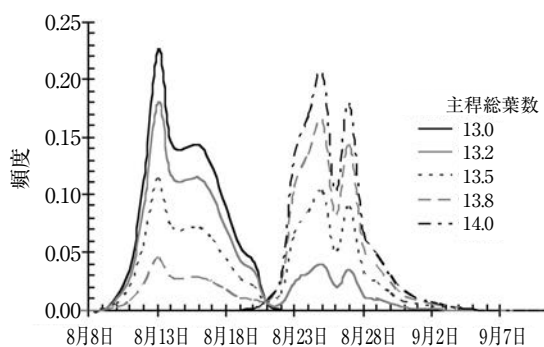


図11 主稈総葉数の違いによる推定出穂分布 (青森県十和田市：2003年)

表13 主稈総葉数の違いによる推定出穂分布 (青森県十和田市：2003年)

主稈総葉数	出穂始期	出穂盛期	出穂終期	誤差
13.0	8月11日	8月14日	8月19日	1.4
13.2	8月12日	8月16日	8月27日	3.5
13.5	8月12日	8月21日	8月29日	5.8
13.8	8月13日	8月25日	8月30日	7.8
14.0	8月23日	8月25日	8月30日	10.0
実測値	8月12日	8月15日	8月21日	



葉に近いが、ここでは、主稈葉齢進度モデルのパラメータを決定した東北農研の実測値から14葉を使用している。主稈総葉数の冷温による増減については、減少とする寺尾ら(1942)、薦田(1949)と、増加とする近藤(1952)の両方の報告がある。細井(1976)は、早生種は低温で増加し、晩生種は減少するとしている。Sato and Takahashi(1983)は、冷気温は葉数を増加させ、冷水温は減少させること、そして品種によりその反応性が異なることを報告している。このように、冷害年の主稈総葉数の増減については品種の早晩性などの特性が関与しているため、一定の傾向はみられないものと考えられる。

また、障害型冷害についてみると、1999年は作柄地帯別の感受性Ⅱ期の冷却量は $0.0\sim 0.2^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ であり、東北農政局発表の作況指数は100~105と不稔発生は平年並みとみられた。2001年は津軽地帯では危険の冷却量が $1.6^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ だが、南部・下北地帯で $13.7^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ と大きく、作況指数も津軽地帯は103、南部・下北地帯は92であった。これは青森県生育観測圃の不稔歩合が八戸で12.6%、十和田で6.1%、三沢で5.1%であることからみて八戸を中心に不稔が発生したことが減収の一因と考えられる。2003年は出穂が遅れたため、感受性Ⅱ期の冷却量は南部・下北地帯で $13.4^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、津軽地帯で $12.3^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ 、青森地帯で $5.8^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ であったが、感受性Ⅰ期の冷却量が $49.8^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ であった南部・下北地帯で東北農政局発表の不稔歩合は49%、 $29.4^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ の青森地帯で26%、 $23.9^{\circ}\text{C}\cdot\text{日}$ の津軽地帯で16%であり、推定された冷却量の大きさと不稔発生には一定の関係がみられた。

成熟期に達した割合の推定結果についてみると、1999年は全アメダス指標地点、全作柄表示地帯で9月中旬に成熟終期に到達したが、2001年は津軽地帯では10月上旬までに成熟終期に到達したが、南部・下北地帯では成熟終期まで到達しなかった。このときの南部・下北地帯の作況指数は92であり、不稔発生とともに登熟不良が減収の一因と思われる。2003年には津軽地帯、南部・下北地帯とも到達しなかった。このときの津軽地帯の作況指数は71であり、不稔歩合が16%にとどまったことから、登熟不良も大きな減収要因と考えられる。2003年の青森県では、8月中・下旬の最低気温が $15^{\circ}\text{C}$ 以下の強い低温に加え、9月下旬の最低気温 $10^{\circ}\text{C}$ となる日の出現など、登熟期間全般の気温は平年より1日当たり $2^{\circ}\text{C}$ 程度下回ったことなどにより登熟が不良となったと

されている(農林水産統計 2003)。さらに、津軽地帯では $2.1\text{mm}$ 以上の玄米の重量比が直近の3年平均より18.7%減少し、 $1.9\text{mm}\sim 2.0\text{mm}$ の玄米が15.3%増加するという玄米の充実低下も報告している。このように地域の発育変異の推定を基に、有効穂の冷却量や成熟期到達割合を推定することにより、被害診断を行うことが可能となる。

アメダス指標地点および作柄表示地帯の発育変異を推定するときに、圃場内の発育変異を計算する方法と計算しない方法でも出穂期や成熟期などの発育ステージ盛期はほぼ同じとなった。しかし、アメダス指標地点の発育変異の推定においては、圃場内の発育変異も計算した推定が圃場内の変異を計算しない推定結果よりも発育ステージの変異の幅が大きくなった。このため、圃場内の発育変異を含めた本手法による冷却量、成熟期に達した割合の推定結果が2003年のような冷害年の被害評価に適していると考えられる。しかし、アメダス指標地点の発育変異を作柄表示地帯別にまとめると、圃場内の株、有効穂、穎花の発育変異まで計算した結果も圃場内の変異を計算しない推定結果に近かった。これは、作柄表示地帯別の発育変異には地域間の気象、移植期の差が発育変異に与える影響が大きいためと考えられ、作柄表示地帯別のように大きな単位で発育や被害推定を行う際は圃場内の発育変異を考慮する必要は少ないといえる。

地域内で移植時変異に比べて、感受性Ⅱ期や出穂期の変異がやや小さいが、これは移植期の日平均気温は感受性Ⅱ期や出穂期のものと比較して低く、1日あたりの発育進度が小さいためである。実際には、地域内に早晩性の異なる品種が存在し、推定よりも変異が大きくなる。これについては品種の栽培面積割合を初期値に設定して計算することは可能であり、今後改善の余地がある。

早期警戒システムの目的は地域の冷害被害をリアルタイムに評価することであるため、地域内の発育ステージ割合を推定する本手法が有効である。水稲冷害早期警戒システムは農政局・県との連携で運営されているため、2003年冷害時のようにこの手法による地域の発育変異の予測が大きく外れた時は、農政局・県からの情報に基づき、幼穂形成期、出穂期などモデルを展開する各段階で修正を加えれば、より適正な評価が可能となる。

#### Ⅳ 気象情報と発育予測モデルに基づく水稲冷温被害の予測

##### 1. 緒言

水稲の冷温被害はその発育ステージ別に被害の発生機作が異なる。そのため、気象経過と水稲の生育を監視し、幼穂形成期、減数分裂期、出穂・開花期、そして登熟過程の生育時期別の被害程度を診断することが求められている。なかでも、障害型冷害における不稔籾の発生と遅延型冷害における未成熟籾の発生の診断はとくに重要である。

障害型冷害の被害推定は、不稔歩合の推定がポイントとなる。減数分裂期の冷温による不稔発生が大きな要因となるが、開花期や幼穂形成期の冷温でも不稔が発生する(野口 1931、寺尾ら 1940a)。単独では不稔を引き起こさない程度の幼穂形成期の冷温と減数分裂期の冷温による不稔発生の相乗効果(Satake *et al.* 1989)、穂ばらみ期と開花期の冷温の相乗効果(浪岡 1993)があるとされている。このため、幼穂形成期、減数分裂期と出穂・開花期の冷温を被害診断でどのように評価するかが重要となる。

遅延型冷害の被害推定は、基本的な考えとしては、穎花一つ一つが独立に成熟に向かうと仮定すると、成熟に到達する前に冷温で玄米の発育が停止した穎花の玄米重量も含めた個々の玄米の総重量を積算し、減収率を評価することになる。しかし、このためには、単位面積当たりの籾数などの気温以外の要因で影響を受ける要素も考慮しなければならない。また、開花の早い上位枝梗の先端穎花から登熟を開始し、下部枝梗の二次枝梗穎花との成熟期の差は約20日程度といわれている(長戸 1941)。このため、現場圃場での遅延型冷害の被害推定を目的とすると、秋冷による発育停止または収穫までに各穎花の発育ステージがどこまで進んだかを基に減収率を推定する必要がある。

この章では、Ⅱ、Ⅲで開発した発育予測モデルを用いて作成した現場に適用できる障害型冷害および遅延型冷害の被害推定モデルについて記述する。

##### 2. ノンパラメトリック回帰モデルによる不稔歩合の推定

障害型冷害の不稔歩合については、出穂前後日数で設定した時期の気温または水温と不稔歩合の関係を求める重回帰モデルが作成されてきた(田中ら 1987)。また、内島(1976)は減数分裂期に日平均

気温が20℃以下になった偏差を積算した冷却量を導入して不稔歩合を推定している。被害解析には出穂前日数で減数分裂期前後の冷却量と不稔歩合との回帰式が作成されてきた(高橋 2004)。これらは、障害型冷害の危険期である減数分裂期を評価しているが、気象条件により変化する出穂前日数で危険期が設定されており、また幼穂形成期や出穂・開花期については考慮されていない。これに対し危険期に穂の発育ステージを用いた手法は、1988年冷害における宮城県の「ササニシキ」と不稔歩合と近傍アメダス気温から、DVIごとの冷温感受性の関数をシンプレックス法で導き、あるDVIの冷却量と冷温感受性を積算の和から不稔歩合を推定する手法を作成した報告しかない(矢島 1994)。しかし、出芽期を0、出穂期を1とするDVIで、幼穂形成期をおよそ0.72、減数分裂期を0.88、開花期を1.07とする発育速度(DVI)に依存する低温感受性は、ササニシキよりも早生や晩生の品種では発育ステージと低温感受性の関係にずれが生じること、ササニシキと異なる耐冷性の品種を考慮していないことが問題として残る。

DVIによる冷温感受性以外の手法で幼穂の発育ステージによる冷温感受性の違いを扱うには、幼穂の発育期間を短く分割し、その期間の冷却量を説明変数として不稔発生との関係をモデル化する必要がある。発育期間を短く分割することで説明変数の数が多くなるが、各発育ステージの冷却量に順序関係が存在し、説明変数の間には強い多重共線性が存在する。多重共線性の問題を解決した上で、順序関係も考慮する方法としてノンパラメトリック回帰による解析法がある。ノンパラメトリック回帰手法は時系列や空間系列データの平滑化に使用され、時間軸や空間軸に対して滑らかな変動を表現できる。この節では、発育ステージによる冷温感受性の違いをあらかじめ設定せずに、短期間の発育ステージの冷却量を説明変数とし、ノンパラメトリック回帰により発育に伴う連続した冷温感受性の変化を求め、それを組み入れた障害不稔歩合推定モデルを作成する。

##### 1) 材料と方法

###### (1) 使用するデータセット

###### a. 恒温深水処理試験

供試品種として「あきたこまち」(耐冷性：中)、「ササニシキ」(耐冷性：やや弱)、「ひとめぼれ」(耐冷性：極強)を用い、1999年から2003年に1/5000aのワグネルポットに1本植し、網室で栽培

した。恒温深水処理として、ハウス内の水槽(1.0×1.0×0.6m)にはほぼ一定の水温(19℃、21℃、23.5℃)となるように調整し、ポット土壌面から25cm以上になるように水深を調節した。水槽は各水温区3つ設置した。2003年のみは水温18~22℃、1℃刻みで5段階の処理を行い、18~21℃の水槽は各2、22℃の水槽を1つ設置した。処理期間は1999年、2000年は幼穂形成期(幼穂長2mm)から減数分裂期、減数分裂期から出穂始めならびに幼穂形成期から出穂始めまでの3期間、2001年から2003年は穂首分化期から減数分裂期、減数分裂期から出穂始めならびに穂首分化期から出穂始めまでの3期間とした。各処理区につき、水槽に3ポット入れ、ポットごと水稻を冷却し不稔を発生させ、各ポット5本の穂の出穂日と不稔歩合を調査した。

#### b. 東北農研生育作柄診断圃場

第2章の方法で栽培している東北農研の生育作柄診断圃場のデータを用いた。2003年度は「かけはし」、「ゆめあかり」、「むつほまれ」、「つがるロマン」、「あきたこまち」、「めんこいな」、「まなむすめ」、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」、「はえぬき」、「こいむすび」、「コシヒカリ」の12品種を供試した。移植は5月14日に行い、幼穂形成期と出穂期の暦日を調査した。不稔歩合の調査は、60株から平均的な茎数の5株を刈取り全ての穂について行った。また、圃場に温度計を設置し30分ごとに水温を計測した。

また、成熟期に青森県、岩手県、宮城県、山形県のモニター農家29圃場で、各圃場から3カ所、1カ所あたり連続する10株を採取した。10株からそれぞれ平均的な穂長の穂を20本選択し、不稔歩合を調査した。

#### c. 東北地域水稻安定生産推進連絡協議会データ集

東北地域水稻安定生産推進連絡協議会が2003年の東北6県の生育調査圃場のデータを取りまとめた「2003年東北地域水稻生育調査圃データ集」より、「つがるロマン」、「ゆめあかり」、「むつほまれ」、「あきたこまち」、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」栽培圃場のデータ(緯度・経度、出穂日、不稔歩合)を抽出した。各品種のデータ数は、「つがるロマン」青森県14圃場、「ゆめあかり」青森県26圃場、「むつほまれ」青森県24圃場、「あきたこまち」は岩手県16圃場、秋田県58圃場、山形県6圃場、「ひとめぼれ」は岩手県12圃場、秋田県5圃場、宮城県18圃場、山形県1圃場、「ササニシキ」は岩手県2圃場、秋

田県2圃場、宮城県12圃場、山形県1圃場となった。日別平均気温は早期警戒システムで運用しているメッシュ気温データから圃場の緯度・経度で検索した。

#### (2) 使用したモデル

不稔歩合の推定には、隣り合う偏回帰係数 $\beta$ の値は大きく異ならないという制限付きのノンパラメトリック回帰モデル(式1、式2)を用いた(三輪ら1998)。冷温感受性を求める発育ステージは幼穂の発育モデルによる幼穂形成期から出穂期とするが、幼穂形成期および出穂期前後の冷温感受性も推定するために、幼穂形成期前および出穂期後の40℃・日についても対象に含めた。幼穂形成期の40℃・日前はほぼ幼穂長1mm程度の時期に相当する。冷却量(Q)を求める $\Sigma T_{10}$ の刻み幅については、冷温感受性を滑らかに求めるために予備解析の結果を基に5℃・日とした。この期間のQを日平均温度(深水処理中は水温、処理前後については気温)と冷却量算出の基準温度( $T_0$ )を用いて算出した。

$$\hat{y} = \beta_0 + \sum_{j=1}^j \beta_j t_j \quad (1)$$

$$\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2 + \lambda \sum_{j=1}^{j-1} (\beta_{j+1} - \beta_j)^2 \rightarrow \text{最小化} \quad (2)$$

目的変数は不稔歩合、説明変数は幼穂形成期の40℃・日前から出穂期の40℃・日後までの発育相を $\Sigma T_{10}$ 刻みに分割したときの各発育ステージ、すなわち(j-1)×5℃・日後からj×5℃・日後までの期間のQ値、 $\beta_j$ は同様に各発育ステージのQの相対的効果をあらわす(式1)。重回帰モデルは実測値 $y_i$ と推定値 $\hat{y}_i$ との差が最小になるように $\beta$ を決めるが、ノンパラメトリック回帰モデルでは隣り合う $\beta$ の変化が滑らかであるという制限を設ける(式2)。 $\lambda$ は平滑化に関する係数で $\beta$ の連続性の程度を制御する。 $\lambda$ と $T_0$ はクロスバリデーション(データを1つずつ除外し作成した回帰式で除外したデータを予測し、その予測誤差の平方和を求める検証法)で決定する。なお、 $\beta$ はこれらの式を解くことで求められ、逆行列、転置行列が計算可能なソフトウェアで容易に計算できる。

恒温深水処理試験のデータを用いて、水温に対する冷温感受性をあらわすパラメータ(以下、水温感受性パラメータと称す)を、また東北地域水稻安定生産推進連絡協議会データを用いて気温に対する冷温感受性をあらわすパラメータ(以下、気温感受性パラメータと称す)を決定した。

2) 結果

(1) 水温感受性パラメータによる不稔歩合の推定

1999年から2003年までの恒温深水処理の「あきたこまち」の調査穂の穂単位の不稔歩合を目的変数に、幼穂の発育ステージに対する冷却量を説明変数とするノンパラメトリック回帰モデルのパラメータを求めた(図12)。2001年から2003年は年によってやや異なるが、「あきたこまち」のパラメータは幼穂形成期と減数分裂期にピークを示した。2003年は冷害年で水槽での恒温深水処理に加え、気温による冷温が影響し、パラメータの値が全体に小さくなった。1999年は処理開始が遅かったため、減数分裂期のみピークを持ち、2000年は高温多照であったため、はっきりとしたピークを示さなかった。そこで、2002年が「あきたこまち」の冷温感受性を最も良く表現しているものと判断した。

「ササニシキ」、「ひとめぼれ」についてもそれぞれパラメータを求めたところ、「あきたこまち」のパラメータとは形やピークの位置が異なる部分もあったが、発育ステージ別の感受性および年次についてほぼ同様の傾向であった。そこで、2002年の「あきたこまち」の恒温深水処理により作成した発育ステージ別の冷温感受性(水温感受性パラメータ)はイネの基本的特性と考え、他の年次や他の品種にも適用することとした。なお、算出された冷却量の基準温度は、「あきたこまち」は20.5℃、「ササニシキ」は21℃、「ひとめぼれ」は19.5℃となり、耐冷性の程度で異なった。

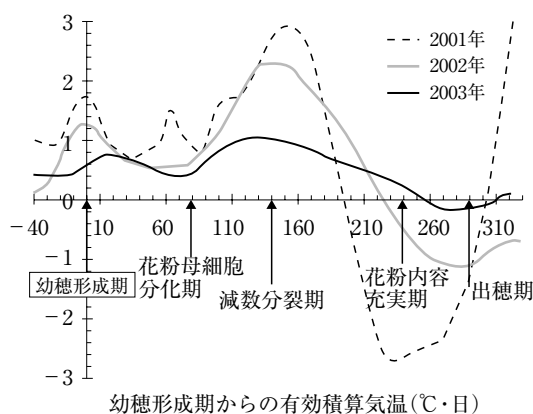


図12 ノンパラメトリック回帰の水温パラメータ  
幼穂の発育ステージは茎単位の場合。  
(品種:あきたこまち)

この水温感受性パラメータで2002年の「あきたこまち」のポット単位の平均不稔歩合を推定すると、寄与率は96.6%であった。次に、このパラメータを用いて他年度も含めた「あきたこまち」の水槽単位の平均不稔歩合を推定した(図13(a))。高温多照年であった2000年の冷温処理区では不稔歩合の変動よりも推定誤差の変動が大きく、意味のある推定とはならなかった。そこで、2000年を除く4年間の重相関係数Rを求めると0.878で、寄与率77.2%と外気温や日射量の異なる条件を考慮すると比較的高い精度であった。このパラメータを「ササニシキ」「ひとめぼれ」にも適用して、水槽単位の不稔歩合を推

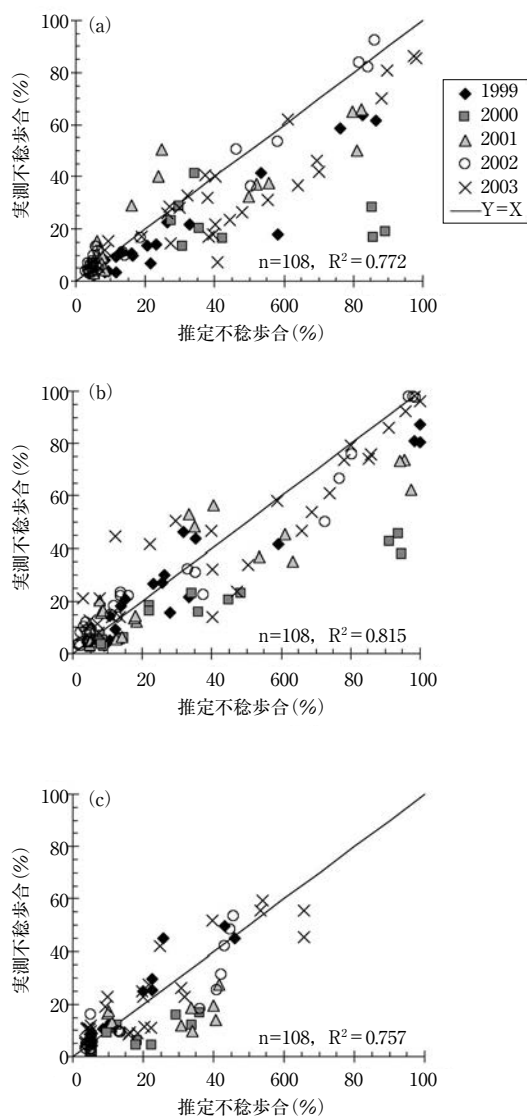


図13 ポットパラメータによる推定不稔歩合と実測値の散布図

(a)あきたこまち、(b)ササニシキ、(c)ひとめぼれ  
寄与率の計算には2000年のデータを除く。

定すると、「ササニシキ」は $R^2=0.815$ 、「ひとめぼれ」は $R^2=0.757$ であった (図13 (b) (c))。

水温感受性パラメータを水深 5 cm程度で慣行栽培された東北農研生育作柄診断圃で2003年に発生した障害不稔に対して適用した。12品種の冷却量の基準温度は、「あきたこまち (耐冷性：中)」20.5℃、「ササニシキ (耐冷性：やや弱)」21℃、「ひとめぼれ (耐冷性：極強)」19.5℃に基づき、耐冷性極強の「まなむすめ」、「ひとめぼれ」、「はえぬき」、「こいむすび」、「コシヒカリ」で19.5℃、耐冷性強とやや強の「かけはし」、「ゆめあかり」、「つがるロマン」で20℃、耐冷性中の「むつほまれ」、「あきたこまち」、「めんこいな」で20.5℃、耐冷性やや弱「ササニシキ」で21℃にそれぞれ設定し、幼穂が水中にある幼穂形成期前後 (幼穂形成期からの有効積算気温で35℃・日までで、ほぼ穎花始原体分化後期に相当) は測定水温を用い、その後気温を用いて冷却量を算出した。この冷却量と水温感受性パラメータから生育作柄診断圃場での不稔歩合を推定すると、耐冷性の異なる品種の不稔歩合が比較的精度高く推定でき、 $R^2=0.827$ であった (図14)。また、同じ耐冷性が中の「むつほまれ」、「あきたこまち」、「めんこいな」は、出穂日が8月5日、10日、12日と異なり冷温への遭遇の仕方がそれぞれ異なったが、不稔歩合を適正に推定できた。

(2) 気温感受性パラメータによる不稔歩合の推定

次に、東北 6 県の生育調査圃場で2003年に発生した障害不稔に対して、ノンパラメトリック回帰を適用した。東北農研生育作柄診断圃場と同様に品種の

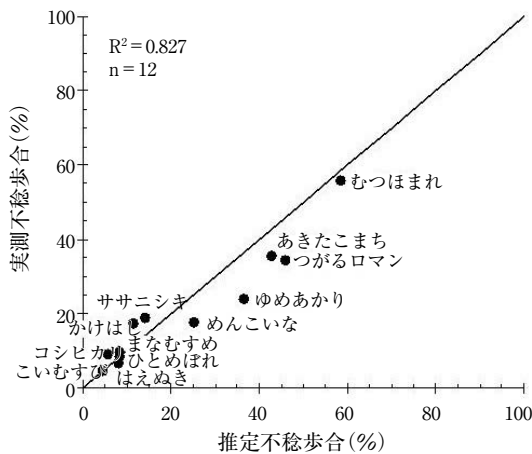


図14 生育作柄診断圃場の推定結果 (2003年) 水温感受性パラメータを使用。

耐冷性に応じて冷却度の基準温度を設定した。水温データが使用できないため、圃場の気温データを基にこれら品種について10℃以上の有効積算気温で出穂期前350℃・日～出穂期後40℃・日の期間の5℃・日刻みの冷却量を算出し、不稔歩合との関係より全品種で一つのノンパラメトリック回帰による障害不稔歩合推定モデルのパラメータ (気温感受性パラメータ) を算出した。

2003年冷害における現場データによるノンパラメトリック回帰による障害不稔歩合推定モデルの気温感受性パラメータを図15に示す。幼穂形成期および減数分裂期に特徴的な不稔発生への影響のピークが存在した。また、出穂期の直前であるものの出穂・

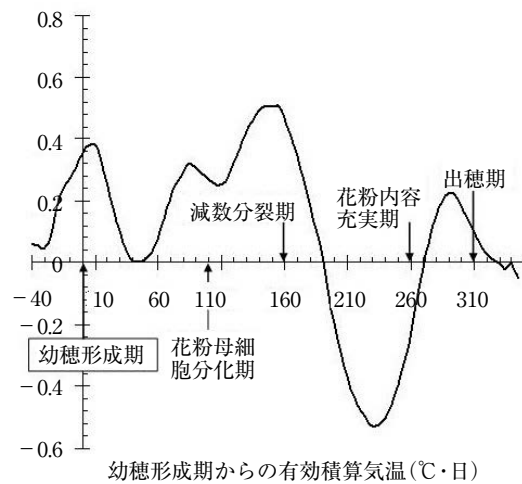


図15 ノンパラメトリック回帰による気温感受性パラメータ 幼穂の発育ステージは圃場単位の場合。

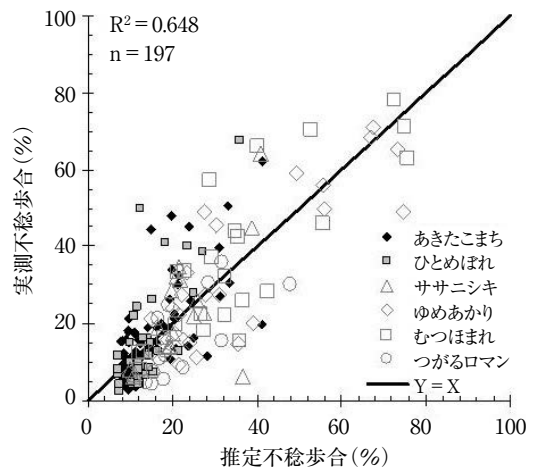


図16 気温感受性パラメータによる推定不稔歩合と実測値の関係

開花期にもピークが認められた。これは水温感受性パラメータでは実験の性格上みられなかった出穂・開花期の不稔発生への影響を示すものと考えられた。このように気温感受性パラメータの特徴は既存の障害不稔発生現象に関する知見と一致した。気温感受性パラメータを用いた推定不稔歩合と実測不稔歩合を図16に示す。気温感受性パラメータを算出した現地圃場データに適用しても精度は悪く、 $R^2=0.648$ であった。この気温感受性パラメータをモニター農家圃場の不稔発生に適用すると $R^2=0.730$ と精度はやや高かった。

### 3) 考察

#### (1) ノンパラメトリック回帰モデル

ノンパラメトリック回帰を冷温により発生した障害不稔歩合へ適用すると、求めた回帰係数 $\beta$ はイネの発育ステージ別の冷温感受性を滑らかに表現できる。水温感受性パラメータは幼穂形成期と減数分裂期にピークをもち(図12)、気温感受性パラメータはさらに出穂期の冷温感受性も示した(図15)。これらは障害型冷害に感受性のある発育ステージと一致する(柿崎・木戸 1938、福家・近藤 1939、寺尾ら 1940a、寺尾ら 1940b、Hayase *et al.* 1969)。このため、水温感受性パラメータおよび気温感受性パラメータは他年度および他品種または他圃場への適用が可能であった。

しかし、ノンパラメトリック回帰は発育ステージ別の冷温の不稔発生に対する効果を重み付けし相加するものであり、前歴期間の冷温による減数分裂期の不稔発生への相乗効果(Satake *et al.* 1989)、穂ばらみ期と開花期の冷温の相乗効果(浪岡 1993)は十分評価できない。障害不稔歩合の推定モデルにおける相乗効果の扱いについては、今後の課題である。

冷温遭遇時には発育が緩慢となり、圃場内の発育変異が拡大し、幼穂形成期や出穂期の判定に誤差が生じやすくなるため、ノンパラメトリック回帰では発育ステージの判定誤差による影響が大きくなることも考えられた。しかし、2003年冷害では、東北6県生育観測圃、モニター農家圃場ともノンパラメトリック回帰の推定精度は高かった。このように現地圃場においても、冷温被害の推定にはノンパラメトリック回帰が有用である。

#### (2) 水温感受性パラメータと気温感受性パラメータの利用法

水温感受性パラメータは2002年の「あきたこまち」

の恒温深水処理による不稔歩合と水温により決定したもので、幼穂形成期と減数分裂期にピークをもち、そのまま他年度および他品種やさらに生育作柄診断圃場への適用が可能であった(図13)。とくに生育作柄診断圃場において、幼穂の位置と水深を考慮することで水温感受性パラメータを適用できたことは、茎単位の温度と不稔歩合の関係が茎、個体、株の発育変異が存在する圃場レベルでも使えること、水温でも気温でも幼穂の位置の温度の効果は同じであることを示すと考えられる。逆に幼穂の位置を考慮して水温、気温を使い分けることで、圃場の水管理の違いにかかわらず水温感受性パラメータを適用できることを示す。

また、幼穂の位置が灌漑水の水面下では水温、水面上では気温の影響を受けることも示す。恒温深水処理試験においても、幼穂の発育ステージの後半には幼穂は水上に抽出し、高温多照であった2000年には気温の影響で、水温によるQで推定されるよりもとくに不稔歩合が少なかったと推察される。このことは、幼穂が水面下であれば、気温ではなく水温の影響が大きく、深水灌漑のような水管理によって水温を気温より高く管理すれば、障害型冷害の被害を小さくできることを意味する(Satake *et al.* 1988)。

恒温深水処理実験では水のあるポット土壌面の $25\text{cm}$ までしか冷却できないため、水温感受性パラメータは節間伸長により穂が水面より抽出した後の出穂・開花時の冷温による不稔発生は評価できない。これに対し、気温感受性パラメータは幼穂形成期、減数分裂期に加え、出穂の早い茎を中心に出穂期の感受性を示すとみられるピークが存在した(図15)。このピークの位置は出穂期よりやや早い、2003年の冷温の特徴から出穂の早い茎を中心とした出穂期の感受性がおもに反映されたためと推察される。しかし、気温感受性パラメータと水温感受性パラメータとを比較すると、減数分裂期のピークは気温感受性パラメータで0.507、水温感受性パラメータで2.284であった。モデルで対象とする全期間のQを1として不稔歩合を計算すると気温感受性パラメータでは14.6%、水温感受性パラメータでは66.5%と、同じQに対する反応は気温感受性パラメータで小さい。これは処理水温が直接影響するポット実験とは異なり、幼穂が水中にある期間は気温が水田水温を介して影響しているためと考えられる。また、水温には日射量も影響する。このため、年次による日照の多

少などにより、気温と水温の関係が変わると気温感受性パラメータでの推定精度が低くなるとみられる。

気温感受性パラメータによる現地圃場の $R^2$ は水温感受性パラメータによる生育作柄診断圃場の $R^2$ よりも低かった。これは、東北6県の生育観測圃場、モニター農家圃場では、圃場ごとの水管理、栽培管理の違いなど、温度環境以外に不稔発生に寄与する要因があるためと推察される。しかし、現地圃場での不稔発生と気温においてもノンパラメトリック回帰の使用は有用であり、その年の気象や現地圃場の栽培管理により気温感受性パラメータの推定精度は影響を受けるものの、被害の事前診断には十分利用できるものと考えられる。

### (3) 品種の耐冷性と冷却量の基準温度 $T_0$

本障害不稔歩合推定モデルの特徴は $T_0$ を耐冷性に基づき、耐冷性極強の品種では $19.5^{\circ}\text{C}$ 、耐冷性強とやや強の品種で $20^{\circ}\text{C}$ 、耐冷性中の品種で $20.5^{\circ}\text{C}$ 、耐冷性やや弱の品種で $21^{\circ}\text{C}$ に設定されたことである。耐冷性の違いを $T_0$ の違いとしてモデルに組み入れることで品種ごとの回帰係数を必要としない多数品種に対応した実用的なモデルとなった。クロスバリデーションを用いて $T_0$ を決定することは、従来の重回帰などでも可能であるが、的確に決定するためには発育ステージとの温度の関係を詳細に導く必要があり、幼穂の発育モデルとノンパラメトリック回帰の組み合わせが有用である。

一般に耐冷性の違いによる平均水温と不稔歩合の関係は耐冷性の弱い品種ほど同じ水温でも不稔歩合が大きい。しかし、品種の耐冷性は障害型冷害の危険の低温処理による発生した不稔歩合を基準品種と比較し、不稔歩合がより近い基準品種と同じ耐冷性に決定されるため(松永・佐々木 1985)、同じ耐冷性に分級される品種でも $T_0$ に幅があると考えられる。これに対し、恒温深水処理による不稔歩合からノンパラメトリック回帰により各品種の $T_0$ を決定することで、同じ耐冷性に分級される品種の耐冷性の差を $T_0$ で示せ、さらに、現在、弱～極強の品種の耐冷性を $T_0$ という数値で連続的に示すことができる利点もある。

以上のことから、ノンパラメトリック回帰は生産現場での障害不稔歩合の推定に有用である。早期警戒システムでは、アメダス指標地点の代表品種の幼穂の発育経過を「で」で作成した発育予測モデルで推定し、代表品種の耐冷性に基づく $T_0$ と水温感受性パ

ラメータおよび気温感受性パラメータで不稔歩合を推定し、早期警戒情報での対応技術の選択の参考とする。また、冷害が懸念される年には、このモデルによる推定結果は出穂・開花期に花粉の成熟程度や乳熟期に玄米の成長程度から不稔発生を事前に調査する警戒地域を特定する際に役立つものと期待される。

### 3. 登熟停止による減収率の推定

遅延型冷害の被害推定については、収量と気温の関係について、登熟期間として出穂後40日間の積算気温または平均気温をもとに減収率を設定して求められてきた(坪井 1964、阿部ら 1964)。この手法は登熟期間を出穂後40日間として気温による登熟期間の変化を考慮していないこと、この期間の平均気温での推定であり、発育ステージ別の気温の関係については考慮されていない。

ここでは、秋冷による発育停止または刈取りまでに玄米の発育モデルで推定される発育ステージ( $\Sigma T_{10}$ )がどこまで進んだかを基に減収率を推定する遅延型冷害の被害推定モデルを作成する。

#### 1) 材料と方法

##### (1) 供試材料

Ⅱの要領で栽培している東北農研の作柄診断試験のデータを用いた。2004年度は「かけはし」、「ゆめあかり」、「むつほまれ」、「つがるロマン」、「いわてっこ」、「あきたこまち」、「めんこいな」、「まなむすめ」、「ひとめぼれ」、「ササニシキ」、「はえぬき」、「コシヒカリ」の12品種。移植は5月14日に行い、出穂期の暦日を調査した。このうち盛岡近辺で通常栽培される「あきたこまち」、「ひとめぼれ」について、糊熟期、黄熟期、成熟期、および各発育ステージの中間の5回、水口、水尻の区を除く2区で、1区から3カ所、計6カ所で各5株を刈取り、不稔粒数、比重1.06以上の粉(成熟粉)数、1.9mm以上の玄米(精玄米)の数と水分15%に換算した精玄米重を調査した。

作柄診断試験で12品種の中で最も晩生の「コシヒカリ」は年次によっては成熟期前に登熟停止した。このため「コシヒカリ」の1997年～2004年の収量データを遅延型冷害での登熟停止による減収率の検証データに用いた。また、1997年～2004年の出穂期、刈取り日、千粒重のデータを成熟期に達した穎花割合の推定および検証に用いた。

##### (2) 登熟停止による減収率の設定法

成熟期の精玄米重を基準とし、調査時の精玄米重

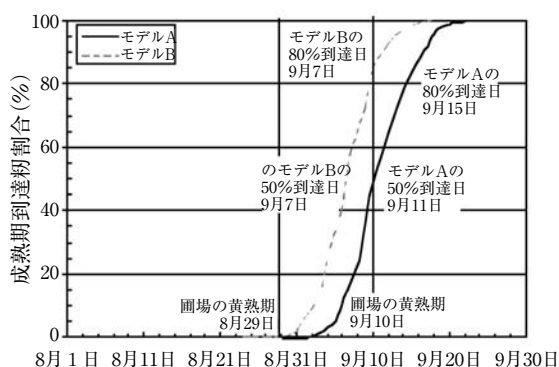


図17 設定による成熟期到達割合の違い  
(2004年、品種:あきたこまち)

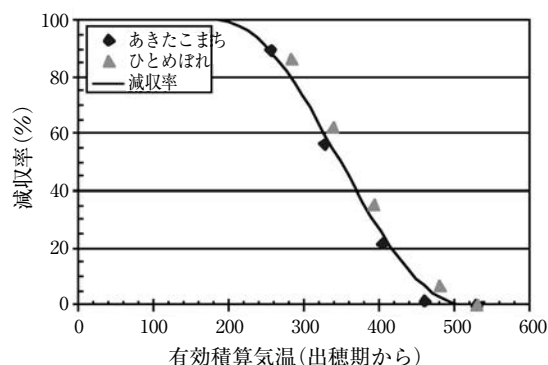


図18 玄米の発育ステージと減収率  
減収率は、データを逆正弦変換して求めた回帰直線を逆変換して示した。

との収量比 (%) を求め、100との差を減収率 (%) とした。この減収率を逆正弦変換した後、玄米の発育ステージ ( $\Sigma T_{10}$ ) を説明変数とした直線回帰のパラメータを求めた。

(3) 圃場内の成熟割合の推定法

Ⅲ-2 で作成した圃場内の発育変異モデルにより推定される成熟期に達した穎花割合を基本 (モデルA) とする (図17)。ただし、モデルAは穎花の成熟盛期 (50%) と圃場の成熟期 (80%) が同じとなるように設定してあるため、成熟期に達した穎花割合を遅延型冷害の指標とするためには、80%の穂が成熟期に到達したときと圃場の成熟期が一致するように、有効積算気温 ( $\Sigma T_{10}$ ) をAのモデルよりも  $40^{\circ}\text{C} \cdot \text{日}$  短く設定 (モデルB) した。刈取日の圃場内の穎花の玄米の発育ステージ分布を基に、これらの有効積算気温に到達した穎花の割合を成熟割合として算出した。

2) 結果

玄米の発育ステージの進行と収量増加の関係を成熟期収量に対する比率で示すと、収量の増加曲線の傾きは、登熟歩合、精玄米千粒重の増加曲線と類似であり、成熟期直前には増加曲線の傾きは小さかった。

ある玄米の発育ステージ ( $\Sigma T_{10}$ ) での収量が成熟期の収量に不足する割合を減収率として計算した。減収率を逆正弦変換した後、玄米の発育ステージとの関係を見ると直線関係であった。そこで、減収率について直線回帰を適用したところ、「あきたこまち」、「ひとめぼれ」とも同じ回帰式 ( $-0.272 \cdot \Sigma T_{10} + 140$ ) が設定でき、その寄与率は「あきたこまち」で97.3%、ひとめぼれ96.4%であった。この回帰式を遅延型冷害によりある玄米の発育ス

テージで登熟停止した際の減収率とした (図18)。

生育作柄診断圃場でもっとも晩生であり、年次によっては遅延型冷害の症状を示す「コシヒカリ」の減収率と収量の間についてみると、減収率が10%未満となる1998年、1999年、2000年、2002年、2004年の平均収量は527kg、減収率が10%以上となる1997年、2001年、2003年の平均収量は422kgであった。減収率が32.8%と大きい1997年で405kgと収量が少なかったが、2003年は54.8%で減収率が1997年よりも大きい収量は436kgと1997年よりも多かった。また、2002年は減収率7.9%で597kgと減収率が0%の1999年、2000年に比べ収量が多かった。このように収量は様々な要因が関与するため、減収率と収量の間には明確な関係式は導けなかったが、おおむね減収率が10%以上の年は減収率が10%未満の年よりも収量が約100kg少なかった。

また、圃場内の成熟割合と収量の間についてみると、はっきりした関係はみられなかった。しかし、成熟割合と千粒重の間についてみると、成熟割合が0.0%の2003年では千粒重は19.3gであったが、圃場の成熟期の目安となる80%を超える1999年と2000年の千粒重は23.5gと23.4gであり、成熟割合が多い年次ほど、千粒重が大きかった。このように成熟割合と千粒重との間に  $r = 0.893$  の相関関係が認められた。

3) 考察

成熟途中での登熟停止の収量への影響は登熟歩合と収量比の増加パターンからみると、黄熟期までは登熟割合の不足により、黄熟期以降は登熟割合の減少よりも精玄米の粒重増加停止の影響が大きい。このため、Ⅲ-2 で作成した圃場内の発育変異



モデルを用い、成熟割合を算出すると千粒重と相関があるが、収量とは関係が無く成熟割合で遅延型冷害による減収程度を推定するのは困難と判断された。そこで、遅延型冷害による被害推定には、収量増加過程から導いた玄米の発育ステージ ( $\Sigma T_{10}$ ) に対する減収率を利用する。

坪井 (1964) は遅延型冷害の減収量を推定するため、登熟期間 (出穂後40日間) の平均気温と減収率を各県で求めるように提案している。坪井の減収率とこの減収率の関係をみると、2002年と2003年を除いてよく合致した (図19)。減収率は坪井の減収率と異なり、出穂後40日間ではなく出穂期から刈取期までの平均気温を用いているため、刈取を遅らせた兩年の平均気温が低下し低い側に外れたものと推察される。このように玄米の発育ステージに対応した減収率は、青森県藤坂試験地における出穂遅延および晩生品種の登熟気温から決定した減収率とも同じ傾向を示すことから、遅延型冷害における登熟停止の際の被害評価に用いることができるものと判断される。また、玄米の発育ステージに応じた減収率は登熟期間が40日間でない年次や、発育を追跡しながら被害評価を行う早期警戒システムでの使用に適する。

しかし、収量は生育作柄診断圃場での「コシヒカリ」のように、減収率が大きい年次には収量が小さいという傾向はあったものの、その年の収量が平年収量に減収率を掛けることで決定されるものではなかった。これは収量には $m^2$ あたり粉数、粉殻サイズなど多くの要素が関与し、その年次変動があるため、登熟停止による減収率のみで減収量を評価するには限界があることを示す。

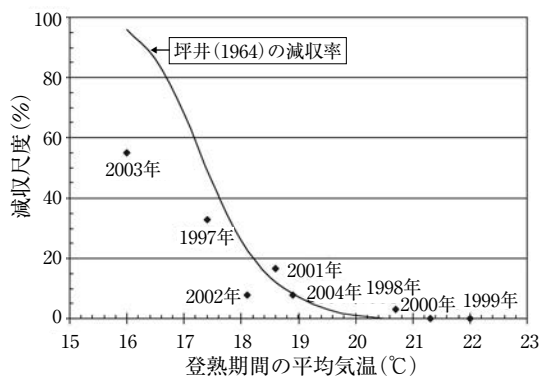


図19 坪井(1964)の減収率と減収尺度の関係  
(東北農業研究センター、品種:コシヒカリ)

この減収率に指標地点の過去の気温データを用いると、出穂期および登熟期の各発育ステージの到達日に成熟期に達する可能性の判定および減収率の推定を行うことが可能である。例えば、盛岡周辺で主に栽培される「あきたこまち」が作柄診断圃場での平年 (1999~2004年の平均) の出穂期である8月10日に収穫した場合でも、1976~2004年の29年中4年で成熟期には到達しないが、最も登熟条件の悪い1976年の気象でも、減収率は1.5%であると推定できる。しかし、一般に盛岡の出穂晩限とされる8月20日に収穫した場合では、最も登熟条件の悪い1981年の気象では減収率が33.5%となる。同様に、乳熟期、糊熟期、黄熟期段階でも到達日から成熟期に達する可能性および減収率が推定でき、早期警戒システムにおける遅延型冷害の監視の基礎資料となる。

このように、この節で作成した登熟停止による減収率は早期警戒システムにおける遅延型冷害の監視および被害推定に用いることができるものと考えられる。

## V 発育予測モデルに基づく水稲冷害の早期警戒システムの開発

### 1. 早期警戒システムの構成

早期警戒システムは、東北地域水稲安定生産推進連絡協議会を構成する仙台管区气象台、東北農政局、東北6県、東北農研の緊密な連携のもとに運営されている (図20)。本協議会では、仙台管区气象台が長

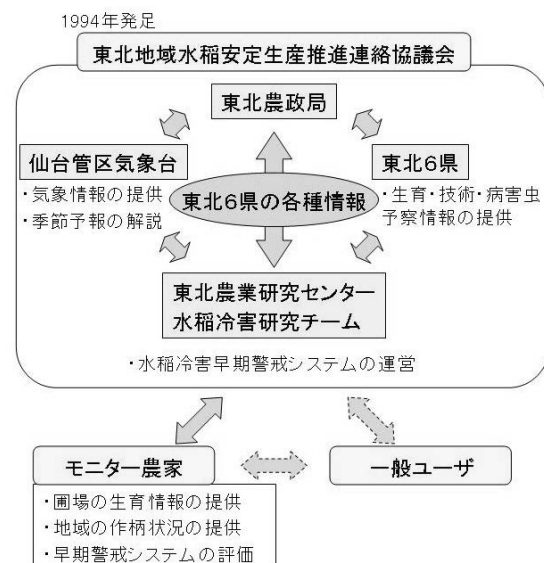


図20 早期警戒システムの運営体制

期予報の解説や気象情報の提供など今後の天候推移に関する情報を、東北6県が水稲の生育状況、技術情報、病虫害の発生予察情報を定期的に提供するなど、水稲の安定生産のための基礎となる情報を交換する。早期警戒システムは東北農研水稲冷害研究チームが中核となり、気象、水稲の生育、対策技術に関する情報等を迅速に生産関係者に提供し、組織的な対応により冷温被害を最小限に止めることを目的に1994年から運営されている。1996年には本協議会向けに早期警戒システムで作成される情報の一部を一般の農業関係者、消費者、流通関係者とリアルタイムで共有するためにWebサイト版早期警戒システム (<http://www.reigai.affrc.go.jp/cgi-bin/reigai.cgi>) が開設された。

早期警戒システムを実用的なものにするため、モニター農家が設置されている。モニター農家は依頼した方と自ら参加を希望された方、計16名が東北地方に散在する。モニター農家は自己の圃場の生育情報、地域の作柄状況の情報提供と早期警戒システムで提供されている情報の評価を担っている。

早期警戒システムにおける主な情報の流れを図21に示す。図中、○は情報の合流点、●は情報の引き出し点を示す。気象データは、アメダスデータを専用システムで受信し、71アメダス指標地点別や1km気象メッシュに加工され、早期警戒システム内のデータベースに蓄積され、気象の実況を示す各種情報に加工される他、発育予測モデル、被害推定モデルなどで使用される。長期予報（1か月予報、3か月予報、暖候期予報）は仙台管区気象台から配信され、予報官と今後の天候の推移に関する情報交換

も行われている。現地圃場の水稲の移植時または初回生育調査時の葉齢と暦日は、東北6県の生育観測圃については東北農政局にデータが集められ、モニター農家圃場については農家から直接東北農研に送信される。東北農政局統計部からは参考情報として「農林水産統計（水稲の作柄概況）」が配信される。東北6県が一般生産者に公表する稲作に関する技術情報、病虫害発生予察情報は県の担当者から東北農研にも配信される。

アメダスデータと1km気象メッシュは東北地方のアメダス実況を示す時別、日別分布図などの各種気象情報に加工される他、発育予測モデル、被害推定モデル、越水のBLASTAM、警戒メッシュなどに使用される。現地圃場の最寄りのアメダス地点の気温データと葉齢と暦日より、発育予測モデルを用い発育ステージを推定し、さらに圃場内、地域内の発育変異の推定も行われる。推定された発育ステージは発育予測情報として公開される他、気温経過に応じて被害予測モデルにより冷温被害を推定する。現段階では冷温被害予測結果は公開されていないが、早期警戒情報を作成する際の参考情報とされている。1km気象メッシュデータは、越水のBLASTAMによる葉いもちの感染好適条件の分布図および発育ステージ別に警戒地帯を画定したメッシュ図の作成に使用されている。

早期警戒情報は、1か月予報、前7日の気象経過、東北地方の水稲の発育ステージ、警戒メッシュ、葉いもち予察情報を基に毎週土曜日に作成する。その際には、東北農政局の「農林水産統計」、東北6県の技術情報、病虫害発生予察情報、また新聞報道などマスコミ情報が参考にされる場合もある。

モニター農家圃場、東北6県の生育観測圃の生育調査結果が定期的に入り、発育ステージ予測が検証され、大きくずれている場合は修正される。冷害発生が懸念される時には、現地調査による被害発生状況を基に被害診断結果が検証される。

このように早期警戒システムは、仙台管区気象台、東北農政局、東北6県、東北農研、モニター農家等からの様々な情報を収集・分析して、より正確な事実情報に処理し、一般の方にも提供することで成り立っている。

## 2. 早期警戒システムの機能と運営

早期警戒システムでは、気象に関する情報がリアルタイムに提供されるとともに、前章までに作成し

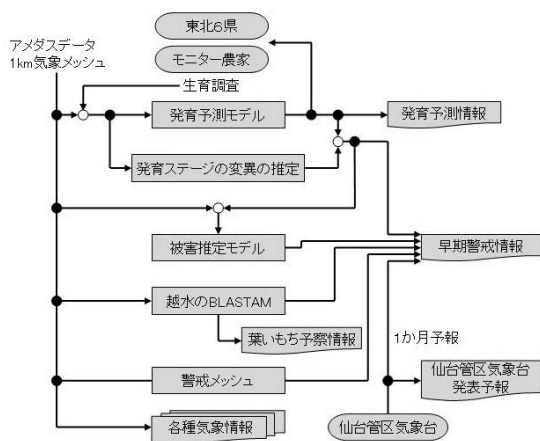


図21 早期警戒システムにおける主な情報の流れ

た地帯区分、発育予測モデルによる生育情報など水稲の安定生産を支援するための各種情報が提供されている(鳥越 2001)。代表的な情報提供内容を以下に示す。

- ① 早期警戒情報：本システムの機能はこの早期警戒情報に集約されている。毎週金曜日に発表される1か月予報を受けて土曜日早朝に作成され、これから先2週間の天候推移の見込み、これまでの気象経過、発育予測モデルで推定される現在の発育ステージなどを概説し、今後の技術的な対策のポイントが示される情報である。このページにある「気象被害監視のポイント」に基づき作成される警戒メッシュで警戒すべき地帯が図示され、現在の発育ステージに関連する冷害回避の基本技術と応急技術および各県の病害虫発生予察などの情報も示される。「気象被害監視のポイント」および冷害回避の基本技術と応急技術は東北地方以外でも汎用的に利用できるものとなっている。編集者の7段階の警戒レベルを閲覧者が直観できるように顔アイコンも使用されている。
- ② 各種気象情報：71指標地点におけるリアルタイムな毎正時、日別のアメダス情報、気温、日照時間、降水量を4月から10月までの期間、平年と比較した経過図が提供されている。
- ③ 安全作期と水稲発育情報：冷害回避の基本技術として発育予測モデルとアメダス指標地点の準平年値を基に、冷害の危険性をもっとも少なくする発育ステージ経過を推定した情報が安全作期として提供されている。水稲の生育期間には主稈葉齢進捗モデル、幼穂および玄米の発育予測モデルで推定した発育情報も提供されている。
- ④ 葉いもち予察情報：越水(1988)による葉いもち発生予察法(BLASTAM)を用い、指標地点および1キロメッシュで感染好適条件の検出図が作成され、葉いもちの広域的発生時期、流行開始期および発病増加開始期が予測され、防除の要否の判定を支援する情報が提供されている。
- ⑤ 技術情報:「図説：東北の稲作と冷害」では、技術情報として東北の稲作、過去の冷害の実態、冷害回避技術に関する知見を整理して分かりやすい図を用いて解説した情報が提供されている。
- ⑥ 編集長日誌:監視の記録やモニター農家や一般閲覧者との意見交換、研究の様子などが公開されている。早期警戒活動および閲覧者の生の声が提

供されている。

モニター農家と広範な一般ユーザーとともに双方向性と対等性をベースに構築されているモニター農家情報ネットワークは、三者間の情報収集に役立つ。その波及効果を総括すると、①情報の発生・利用における相乗効果、②行動様式における学習効果、③「信頼」という財の創出効果にある(宮沢 1988)といえる。生産者はこれらの情報ネットワークの中で、気象経過と水稲生育の変化に応じて、技術体系を補正し、的確で無駄のない追肥・防除などの管理が実施でき、また技術情報や他の農家の情報から技術的な研鑽の糸口が得られる。さらには、品種・作付計画などの経営設計や冷害にも高温登熟障害にも強い理想生育型の実現に活かされ、収量と品質の向上により経営改善につながる日々の情報源と位置付けられている。

早期警戒システムで提供する主な情報は日々更新されている。生育予測情報、早期警戒情報など稲作関連の情報は稲作期間のみの更新となるが、気象情報や季節予報については年間を通じて情報提供されている。各種気象情報は、発育ステージや季節の変化によって設定変更が必要であるが、自動更新となっている。生育予測情報も自動更新が可能であるが、早期警戒情報、仙台管区気象台発表予報などその他の情報に関しては全て手動で更新されている。

2003年は早期警戒システムの運営を1996年に開始して初めての大きな冷害となった。6月22日に北半球500hPa高度場の予測情報でオホーツク海上に典型的なブロッキング高気圧の発達が見られ始め、6月25日に実況地上天気図にもオホーツク海上にほとんど停滞する高気圧があらわれて以来、早期警戒情報で深水管理やいもち病防除などを呼びかけた(神田 2004)。また、現地調査により出穂前後に花粉の充実度、乳熟期に稔実の有無を調査し冷害被害実態の早期把握に努めた。

2003年冷害の際に行ったモニター農家経営調査によると(長谷川 2004)、モニター農家がよく利用する情報は、早期警戒情報、いもち病発生予察情報、他のモニターや一般の方の状況が示される編集長日誌などである。これらの情報の評価は「リアルタイムで情報が得られる」、「どこが冷害の危険期で、どこでいもち病が発生したかという情報が役立つ」など、情報が即時、正確、綿密であることを評価する農家が多い。また、深水管理やいもち病防除の判断

基準に利用されるだけでなく、「農協にいち防除を働きかけた」というように地域全体の冷害対応につなげた農家もいた。さらに、「イネの栽培生理について知識が広がる」、「情報が豊富で、冷害に限らず技術情報の解説を探すと出てくる」というように自ら栽培理論を学ぶという姿勢から技術情報を持つ稲作に関する総合ページであることを評価する農家もいた。このように、早期警戒システムは最新の情報を提供し続けることにより生産者の信頼を獲得し、今後とも発展が期待されている。

以上のように、水稲の発育予測モデルおよび被害診断手法を作成し、それらを活用して冷害軽減のための水稲冷害早期警戒システムを開発・運営したことは、開発した技術とその普及方法の新たな展開を示すものといえる。

## Ⅵ 総合考察

### 東北地方の水稲安定生産に向けての課題 -

1993年の冷害を受けて、東北農研は東北地域水稲安定生産推進連絡協議会の枠組みの中で、水稲冷害の早期警戒システムの構築を開始した。早期警戒システムでは東北6県を対象に冷温と水稲生育の監視を行うため、発育ステージを追跡できる精度の高い予測手法とそれに基づく被害診断技術を必要とした。そこで、東北地方に適用できる水稲の発育予測モデルとそれに基づく被害診断技術の作成、ならびにそれらを活用した冷害軽減のための情報提供システムを開発した。

しかし、システムにより提供されるアメダス指標地点の水稲生育と作柄に関する情報は、その近傍の代表地点の典型的な栽培のものであり、監視にはⅢ-3で作成した地域モデルが利用できるものの、自らの圃場の発育と異なる利用者が存在するのが実態である。そこで、一般生産者が自らの圃場における水稲の発育の監視に利用できる表計算ソフト(Microsoft Excel)版の発育予測モデルを早期警戒システムのWebサイトで公開している。このモデルは特別な知識がなくても簡単に使用でき、日平均気温データもWebサイトに日々更新されるのでダウンロードするだけでよい。これにより生産者は自らの圃場の発育予測と早期警戒システムによって提供される情報に基づき、その年の気象変動に対応した様々な栽培管理の意思決定を行うことができる。

現在、気象情報と発育予測モデルに基づく水稲冷温被害の推定法の検証について、2003年の冷害を中心にを行っているが、今後の冷温遭遇年におけるさらなる現地実証が推定精度の向上のために必要である。また、現在では被害推定結果は協議会関係者の参考情報にとどめ、一般生産者には非公開としているが、今後は産地イメージの低下や社会的な混乱が発生しない提供方法とその利用法を検討した上で、提供していく必要があるだろう。

現段階では、冷温や被害が予測される時に対応できる対策技術には限界がある。このため、気象変動に強い安全作期を栽培の基本とし、早期警戒システムの利用を前提とした安定生産のための栽培管理により、冷温被害を軽減する体系を開発する必要がある。また、指標地点の過去の年次の気象変動や、それに基づく水稲の発育ステージの変動についても、生産者の意思決定を支援する知識ベース部分として組み入れていく必要がある。

また、モニター農家から寄せられる情報の活用、モニター農家および一般閲覧者で構成されるモニター農家情報ネットワーク参加者の拡充も今後の課題である。また、各県が生育情報、技術指導情報、病虫害発生情報を提供しているシステムと連携した独自の情報内容と提供方法についても検討が必要である。

さらに、早期警戒システムの持続的な運営にも課題が多い。冷害年には改めて必要性が認識されるが、冷害が発生しない年が続いた時にも、東北農研や関係機関からの支援が継続するかは不明である。また、水稲冷害研究チームのスタッフによる情報の手動更新も担当者の負担は大きく、後任に円滑に引き継げるか不明である。今後も早期警戒システムを継続的に運用していくには、農業気象災害に対する不断の危機管理意識と体制の構築が国レベルで必要である。

本システムは東北地域で最も影響の大きい農業気象災害である冷害の軽減を目的に構築されたが、夏(6~8月)の気温は1970年の後半から変動が大きく、2000年代に入っても、2000年は暑夏、03年は記録的な冷夏、04年、05年は暑夏と極端な天候が現れている。このため、早期警戒システムは、東北地方の水稲の高品質安定生産に向け、高温登熟障害についても監視を始めているが、被害程度を推定する基準温度や対策技術はまだ確立されていないため、現

地実証を含めた試験を行う必要がある。また、2004年の台風15号による秋田県、山形県沿岸部の潮風害のように思わぬ災害に見舞われることもあり、水稻安定生産のためには農業気象災害に対する総合的で汎用性の高い警戒システムの構築が望まれる。

このような気象変動下での水稻栽培の基本は安定作期である。安全作期は障害型冷害と遅延型冷害の回避を目的とし、安定作期は高品質安定生産を目標に、登熟条件まで考慮するものである。この安全作期と安定作期を参考に経営戦略と販売戦略に基づいた品種、作期、有機栽培や特別栽培など栽培法の選択を行い、単に収量を確保するだけでなく、高品質安定生産を實踐できる。また、その年の生育経過と安全作期、安定作期とのずれを確認することによって、被害をあらかじめ察知して、適切な対策をとることも可能となる。早期警戒システムで71アメダス指標地点の安全作期は公開中であるが、安定作期の公開はこれからの課題である。

また、早期警戒システムに求められるのは対象作物の拡大である。すぐに果樹や野菜に拡大することは無理にしても、水田で転作される麦、大豆の安定生産を支援するシステムは稲作農家の経営安定の観点からも望ましい。麦類の収穫期は梅雨期と重なるため穂発芽、赤かび病などの発生予測が必要とされる。大豆でも、2002年には収穫前の積雪による品質低下や刈取りの断念、2003年は冷害及び湿害、2004年の潮風害と3年続けて収量および品質が低下しており、畑作物をも含めた気象災害に対する総合的かつ汎用的な警戒システムの構築が望まれている。

以上のように、東北地方の水稻安定生産に向けて早期警戒システムが取り組むべき課題は多いが、運営を継続しながら1つずつ解決に向かって努力していきたい。

## Ⅶ 摘 要

東北地方はわが国の米生産の30%弱を占める稲作の中心地である。しかし、同地域では冷害がたびたび発生し、この地域にとどまらず、わが国全体の食糧生産に影響を与えてきた。耐冷性、早熟性品種の開発および保温折衷苗代、早植えなどの冷害対策技術によって冷害はかなり軽減されているものの、1993年の大冷害にみられるように依然として同地方の稲作の最大の不安定要因となっている。本研究は、東北地方の水稻のさらなる軽減を可能とする技術と

して各地域の気候からみた安定作期、毎年の気象と水稻の生育状況のモニター・予測、およびそれに基づく地域別の冷害情報と対策技術情報を東北全域に発信するシステムを開発しようとして行ったものである。

東北地方に広く適用できる水稻の発育予測モデルとして、イネの移植期から成熟期までを、葉、幼穂および玄米の発育過程の3つにわけて次のようにモデル化した。

① 主稈葉齢進度モデル：移植期を起点として止葉展開期までの葉齢を日々の気温から推定した。主稈葉齢は最低気温10℃、そして上限温度24℃とする有効温度の日々の積算値がある一定値に達したとき、1齢進むようにモデル化した。葉齢が1齢進むのに必要な有効積算温度は出葉転換点を考慮して、葉齢9.1までは一定 (Phase I)、その後11.1葉までは葉齢とともに直線的に増加し (Phase II)、以後一定値に達する (Phase III) 関数で与えた。このことから出葉転換は幼穂分化とは無関係に群落の繁茂度ないしはそれに影響される植物体の栄養条件を反映してあらわれると推察された。本モデルによる推定葉齢と実測葉齢を1999年の盛岡について比較すると、熟期の異なる11品種で誤差平均が0.25葉、日数に換算すると1.7日であった。

② 幼穂の発育モデル：幼穂形成期を起点とし、日平均気温10℃以上の有効積算気温を用い花粉母細胞分化期、減数分裂期、花粉内容充実期と出穂期を推定した。各発育ステージに達する有効積算気温は、18～26℃の温度勾配温室でポット栽培した主稈の幼穂長に基づいて設定した。この設定値を圃場に適用するにあたり、圃場の群落を構成する株内の主稈と株全体の出穂の差異に相当する有効積算気温を考慮して作成した。2000年に東北農研生育作柄診断圃場で栽培した東北の基幹12品種の出穂期の推定誤差は1.2日であった。

③ 玄米の発育モデル：出穂期を起点とし、日平均気温10℃以上の有効積算気温を用い乳熟期、糊熟期、黄熟期と成熟期を推定した。各発育ステージの有効積算気温の基準値は東北農研生育作柄診断圃場の12品種の各発育ステージの到達日のデータを用いて決定した。2000年の生育作柄診断圃場の12品種の出穂期の推定誤差は2.1日であった。

これらの発育予測モデルを用い、71アメダス指標

地点の基幹品種、モニター農家の栽培品種と東北農研生育作柄診断圃場の12品種の発育予測をリアルタイムで行うことにより、東北全域の基幹品種の生育状況、障害型冷害の危険期ならびに遅延型冷害の発止有無が推定できるようになった。

圃場内、地域内に異なる発育ステージが混在することは冷温、とくに短期間の冷温による被害程度を推定する上で問題となる。そこで、これらの発育予測モデルを拡張し、イネの形態形成の規則性に基づいて圃場内の発育ステージの変異を推定する手法とその手法に地域内の移植に関する情報を組み合わせることで、特定の発育ステージにある有効穂や穎花の存在割合を評価する手法を次のように作成した。

発育予測モデルを適用する上で、圃場内の発育ステージの変異に関わる次の3要因に着目して、その分布を推定した。すなわち、①移植時個体葉齢変異、②有効穂の幼穂形成期および出穂期の到達日変異、③穎花の開花日変異である。この手法を1999年、2001年、2003年の東北農研と青森県十和田、八戸、青森の生育診断圃場に適用し、実用性を検討した。冷害年である2003年は冷温で発育が緩慢となり、減数分裂期の有効穂、危険期の穎花ともに圃場に存在している期間が長くなった。出穂および開花期に冷温となった2001年は出穂する穂および開花する穎花が圃場に存在する期間が冷害年の2003年よりも長くなった。この手法で成熟期を推定すると、2001年や2003年のように冷温で登熟が遅延したときに、圃場レベルで成熟期に未達でも有効穂や穎花レベルでは一部で成熟しているとみられた。障害型冷害の危険期冷却量を求めたところ、1999年は不稔発生が少ないが、2001年、2003年は冷却量が大きいと不稔歩合が大きかった。この手法でその年度の圃場内の発育ステージの変異の特徴を推定することができた。

地域内における発育ステージの変異は、地域内の個々の圃場における移植日の幅と、移植する苗の葉齢変異の情報と圃場内の発育ステージ変異を組み合わせることで、地域内の特定の発育ステージにある有効穂や穎花の存在割合として推定した。この手法を1999年、2001年、2003年の青森県のアメダス指標地点のうち、青森、蟹田、五所川原、弘前、黒石、八戸、十和田、三沢、作柄表示地帯の青森地帯、津軽地帯、南部・下北地帯に適用し、実用性を検討した。出穂期の始期、盛期、終期の推定誤差は、1999年はアメダス指標地点の平均で2.4日、作柄表示地

帯別で2.8日であったが、冷害年である2003年はアメダス指標地点の平均で7.8日、作柄表示地帯別で6.5日とくに太平洋側の地点、地帯で誤差が大きかった。危険期の冷却量を推定すると不稔歩合と一定の関係がみられた。この手法でその年度の地域内の発育ステージの変異の特徴を推定することができた。

冷害気象時に被害を可能な限り早い時点で推定するため、冷却量を用いた障害不稔歩合推定モデルと登熟停止による被害推定モデルを作成した。障害型冷害における不稔歩合の推定には、2002年にポット栽培の「あきたこまち」を恒温深水処理して得た水温と不稔歩合の関係、および2003年冷害における東北6県の生育観測圃の気温と不稔歩合の関係についてのデータを用いた。これらのデータをもとに隣り合う偏回帰係数の値は大きく異ならぬとするノンパラメトリック回帰を行い、不稔歩合と水温あるいは気温の関係を求めた。この場合、品種の耐冷性の違いを冷却量算出の基準温度の差異であらわすことにより、複数品種を同時に扱うことができた。このモデルは、現場圃場では推定精度が落ちるものの被害予測には有効に機能した。

遅延型冷害の被害推定は、登熟停止時点の玄米の発育ステージを推定し、それと成熟期の収量から減収率を直線回帰により決定した。発育ステージと減収率の関係は、登熟期間の気温経過の異なる「あきたこまち」と「ひとめぼれ」で同じ回帰直線で示すことができた。また、圃場内の穎花の発育ステージ変異から推定される成熟期に達した割合と千粒重には一定の関係が認められた。このようにして求めた減収率と成熟割合は遅延型冷害による被害推定に有用であった。

これらのモデルをリアルタイムで実行することにより、被害の発生が予想される地点や地域の特が容易になり、現地調査を効率的に行うことができ、被害実態の正確な把握に役立つ。

1972年から1994年までの23年間の水稲収量データに基づき全市町村を8つの冷害危険度地帯に区分した。この地帯区分をもとに東北地方の冷害発生の特徴を監視する71アメダス指標地点を設定した。これら71指標地点を対象に、冷害回避の基本として、平年気候と発育予測モデルより冷害危険期を推定し、内島の気温指標を参考に安全作期を策定した。さらに、各指標地点における気温の年次変動と、登熟条件、高温登熟障害の気温指標、いもち病に関する情

報を加え、高品質安定生産を行うための安定作期を策定した。

以上に開発したモデルを基に、設定した71指標地点を対象に冷害回避の基本としての安全作期、安定作期、および日々の気象経過に基づく水稲発育進度、冷害危険期、冷害の予測と対応技術についてのリアルタイム情報を発信する早期警戒システムを構築した。本システムは、これらの情報を仙台管区気象台、東北農政局、東北6県、東北農研およびモニター農家の連携の下、①早期警戒情報、②各種気象情報、③安全作期と水稲発育情報、④葉いもち予察情報、⑤技術情報、⑥編集長日誌などで提供している。このシステムは各地域のモニターによって発信情報の有効性が検証され、その結果がシステムにフィードバックされシステムの改善に活かされるようになっている。このようにして開発されたシステムは生産現場における栽培管理の実施時期の判断、深水灌漑などの冷害回避技術の要否や刈取り時期の判定などに利用されている。本システムは、生産現場でのさらなる検証を積み重ねることにより東北地域の冷害軽減に大きく貢献することが期待される。今後は、東北地方の水稲の高品質安定生産に向け、対象とする農業気象災害を拡大し、また対象作物を麦、大豆に拡大し、畑作物をも含めた農業気象災害に対する総合的かつ汎用的なシステムを構築することを目指している。

## 引用文献

- 1) 阿部亥三, 鳥山国土, 東山春紀, 小野清治. 1964. 青森県における冷害危険度の推定に関する研究. 農業気象 19: 133-139.
- 2) 荒川市郎, 本馬昌直, 岡部清信. 1994. 積算気温による水稲の幼穂発育モデル. 東北の農業気象 39: 28-32.
- 3) 朝隈純隆. 1958. 生態的特性からみた水稲早晩期用品種(1), (2). 農業技術 13: 152-154, 204-206.
- 4) 卜藏建治. 2001. ヤマセと冷害—東北稲作のあゆみ. 東京. 成山堂. p.78-96.
- 5) Chin, M.; Leohken, A.; Sozzi D.; Williams, J. 1991. A modified Zadokos decimal code for the growth stages of rice. Tropical Pest Management 37: 277-280.
- 6) 長南信雄. 1966. 気温が水稲の葉原基発生と出葉に及ぼす影響. 日作学会東北支報 8: 13-14.
- 7) 大後美保. 1945. 日本作物気象の研究. 東京. 朝倉書店. p.51-100.
- 8) 伊達了. 1963. 東北地方の水稲栽培期間の決定方法に関する農業気象学的研究. 東北農試研報 28: 1-41.
- 9) 藤井義典. 1961. 稲麦における根の生育の規則性に関する研究. 佐賀大農彙 12: 1-117.
- 10) 福家豊, 近藤頼巳. 1939. 水稲の冷害現象に関する実験的研究. 第1報 寡照低温による生育障礙, 特に稔実初敷の減少機構に就いて. 農及園 14: 2049-60, 2261-2269.
- 11) 後藤雄佐, 星川清親. 1988. 水稲の分けつ性に関する研究. 第1報 主茎と分けつの生長の相互関係. 日作紀 57: 496-504.
- 12) 後藤雄佐, 星川清親. 1991. 水稲の分けつ性に関する研究. 第8報 個体内各茎の分けつ位と葉数の関係. 日作紀 60: 392-399.
- 13) 羽生寿郎, 内島立郎. 1962. 作物の生育と気象との関連に関する研究. 第1報 水稲の出穂期と気温との関係. 農業気象 18: 109-117.
- 14) 長谷川浩. 1959. 水稲の出葉速度と土壤温度. 農および園 34: 1795-1798.
- 15) 長谷川啓哉. 2004. モニター農家からみた水稲冷害早期警戒システムの評価. 農業技術 59: 362-365.
- 16) Hayase, H.; Satake, T.; Nishiyama I.; Ito, N. 1969. Male Sterility Caused by Cooling Treatment at the Meiotic Stage in Rice Plants. II. The most sensitive stage to cooling and the fertilizing ability of pistils. Proc. Crop Sci. Soc. Japan 38: 706-711.
- 17) 樋口太重, 小野信一, 内田好哉, 古賀汎. 1983. 水田の地力窒素の不均一性および緩衝液抽出法による評価. 土肥誌 54: 377-382.
- 18) 本田強. 1977. 水稲の分けつに関する研究. とくに物質生産と生長および配分の関係. 東北大農研所報 28: 171-312.
- 19) 堀江武, 中川博視. 1990. イネの発育過程のモデル化と予測に関する研究. 第1報 モデルの基本構造とパラメータの推定法および出穂予測への適用. 日作紀 59: 687-695.
- 20) 星川清親. 1972. 米の胚乳組織の構造とその発達.

- 生物科学 23:66-76.
- 21) 星川清親. 1975. イネの生長. 農文協 p.81-91.
  - 22) 堀口郁夫. 1980. 冷害時における水稲・大豆の収量予想と気温の関係について. 北海道大学農学部邦文紀要 12:222-229.
  - 23) 細井徳夫. 1976. 気象要因による水稲生育の変動性に関する研究. I. 生育温度の差異による水稲の出穂変動性の品種間差異. 育雑 26:328-338.
  - 24) Ito, N. 1976. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. XV. Effect of moderate cooling before or after the critical stage on sterility induced by cooling at the critical stage. Proc. Crop Sci. Soc. Japan 45:558-562.
  - 25) 柿崎洋一, 木戸三夫. 1938. 水稲の穂の生育過程上低温に依る稔實障礙を来し易き時期. 農及園 13:59-62.
  - 26) 神田英司, 鳥越洋一. 1995. 東北地域における水稲収量とその変動からみた冷害危険度区分. 日作紀 64(別2):45-46.
  - 27) 神田英司, 鳥越洋一, 小林隆. 2000. 水稲における葉の形成過程を考慮した主稈葉齢予測モデル. 日作紀 69:540-546.
  - 28) 神田英司, 鳥越洋一, 小林隆. 2002. 有効積算気温を用いた簡易モデルの穂の発育ステージ予測への適用. 日作紀 71:394-402.
  - 29) 神田英司. 2004. 2003年における「水稲冷害早期警戒システム」の活動状況. 農業技術 59:346-350.
  - 30) 神田英司, 鳥越洋一, 小林隆. 2005. イネの形態形成の規則性に起因する発育ステージの変異を推定する方法. 日作紀 74:276-284.
  - 31) 片山佃. 1951. 稲・麦の分けつ研究—稲・麦の分けつ秩序に関する研究—. 東京. 養賢堂. 117p.
  - 32) 川田信一郎. 1976. 日本作物栽培論. 東京. 養賢堂. p.52-54.
  - 33) 木戸三夫. 1941. 水稲の幼穂の發育竝に節間伸長と冷水掛流に依る稔實障害及び出穂遅延. 農及園 16:1463-66, 1605-1608.
  - 34) 菊屋良幸, 加藤盛夫, 横尾政雄. 2001. イネの穂における穎花の開花規則性の検証. 日作紀 70(別2):45-46.
  - 35) 木村和則, 大江栄悦, 荒垣憲一, 梅津敏彦, 中野憲司, 佐藤昌宏. 1993. メッシュ気候値を活用した水稲適地区分. 第2報 障害型冷害危険度の推定. 山形農試研報 27:23-30.
  - 36) 薦田快夫. 1957. 水稲の早期栽培と晩期栽培. 東京. 養賢堂. p.3-46.
  - 37) 越水幸男. 1988. アメダス資料による葉いもち発生予察法. 東北農試研報 78:67-121.
  - 38) 栗山英雄. 1965. 稲の出穂性に関する研究. 農技研報 D13:275-353.
  - 39) Lancashire, P. D.; Bleiholder, H.; Van Den Boom, T.; Langeluddeke, P.; Stauss, R.; Weber E.; Witzemberger, A. 1991. A uniform decimal code for growth stages of crop and weeds. Ann. Appl. Biol. 119:561-601.
  - 40) 松永和久, 佐々木武彦. 1985. 東北地方におけるイネの穂ばらみ耐冷性基準品種案. 東北農業研究 37:7-8.
  - 41) 松島省三, 真中多喜夫. 1956. 水稲幼穂の發育経過とその診断—全茎を対象とした幼穂の發育経過とその基準及び各發育段階の特徴—. 東京. 農業技術協会. 57p.
  - 42) 松島省三, 角田公正, 真中多喜夫. 1958. 水稲の登熟に及ぼす生育各期の気温・日射及び気温較差の影響. 農及園 33:877-883.
  - 43) 松島省三, 田中孝幸, 星野孝文. 1964. 水稲収量の成立原理とその応用に関する作物学的研究. 第71報 生育各期の気温・水温の各種の組み合わせが水稲の生育およびその他諸形質に及ぼす影響. 日作紀 33:135-140.
  - 44) Miglietta, F. 1991. Simulation of wheat ontogenesis. I. Appearance of main stem leaves in the field. Clim. Res. 1:145-150.
  - 45) 三輪哲久, 高橋渉, 二宮正士, Vu Ngyuyen-Cong, 川口裕男, 南山恵. 1998. スペクトルデータ解析におけるPLS回帰とノンパラメトリック回帰. SUGI-J '98論文集 137-148.
  - 46) 宮沢健一. 1988. 業際化と情報化. 産業社会へのインパクト. 東京. 有斐閣. p.50-70.
  - 47) 森田弘彦, 村上利男. 1981. 寒地水稲の作期の計画化について. 第1報 有効積算気温と出穂期の関係. 日作紀 50:338-343.
  - 48) 村上利男, 森田弘彦, 土井康生, 今野一男. 1982. 寒地水稲の計画栽培に関する解析的研究. 北海道農試研報 133:61-100.
  - 49) 永井衛. 1968. 水稲における出葉および分けつの



- 出現様相に関する研究. 静岡大農研報 18:1-74.
- 50) 長戸一雄. 1941. 穂上位置に依る米粒成熟の差異に就いて. 日作紀 13:156-223.
- 51) 長戸一雄, 江幡守衛. 1960. 登熟期の気温が水稻の稔実に及ぼす影響. 日作紀 28:275-278.
- 52) 長戸一雄, 江幡守衛. 1965. 登熟期の高温が穎花の発育ならびに米質に及ぼす影響. 日作紀 34:59-66.
- 53) 中掘登志光, 三本弘乗, 本田勝雄, 松田幹男, 佐藤尚雄. 1974. 水稻の機械化移植栽培に関する生態的研究. 第3報 移植期における温度条件について(2). 日作学会東北支報 16:15-16.
- 54) 中川博視, 堀江武. 1991. イネの発育過程のモデル化と予測に関する研究. (10)葉齢増加と主稈総葉数の気象的予測モデル. 日作紀 60(別1):272-273.
- 55) 中川博視, 堀江武. 1995. イネの発育過程のモデル化と予測に関する研究. 第2報 幼穂の分化・発達過程の気象的予測モデル. 日作紀 64:33-42.
- 56) 中園江, 井上君夫. 2001. 積算気温を用いた水稻の幼穂長および冷害危険期の推定. 日作紀 70:247-254.
- 57) 浪岡実. 1993. 前歴を含めた複合型不受精の発生と予測上の問題点. (東北農業試験場, 東北地域における平成3年気象災害の記録). 盛岡. p.77-83.
- 58) 西山岩男. 1996. 冷害の歴史. (鳥山国土, 熊野誠一, 浅賀宏一監修, 東北の稲研究). 大曲. 東北農業試験場稲作研究100年記念事業会. p.19-26.
- 59) 野口彌吉. 1931. イネの開花に對する外界の影響に就て. 特に花粉の発芽及び花粉管の延長に就て. 日作紀 3:22-23.
- 60) 農林水産省東北農政局. 1999. 農林水産統計 平成11年産水陸稲収穫量(東北). 7p.
- 61) 農林水産省東北農政局. 2001. 農林水産統計 平成13年産水陸稲の収穫量(東北). 東北農政局 8p.
- 62) 農林水産省東北農政局. 2003. 農林水産統計 平成15年産水陸稲の収穫量(東北). 東北農政局 8p.
- 63) Okada, M.; Hamasaki, T.; Sameshima, R. 2000. Pre-air-conditioned temperature gradient chambers for research on temperature stress in plants. Biotronics 29:43-55.
- 64) 奥田穰. 1957. 日本の冷害. 東京. 東洋経済新報社. p.58-78.
- 65) 酒井寛一. 1944. 北海道庁食糧増産指導資料 15:1-13.
- 66) 佐々木良治, 柴田洋一, 鳥山和伸. 2002. 大区画水田における田面の高低が直播水稻の初期生育と分けつに及ぼす影響. 日作紀 71:308-316.
- 67) 佐々木武彦. 1996. 近年の耐冷性育種. (鳥山国土, 熊野誠一, 浅賀宏一監修, 東北の稲研究). 大曲. 東北農業試験場稲作研究100年記念事業会. p.36-41.
- 68) Satake, T.; Hayase, H. 1970. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. V. Estimations of pollen developmental stage and the most sensitive stage to coolness. Proc. Crop Sci. Soc. Japan 39:468-473.
- 69) Satake, T.; Koike S. 1983. Sterility caused by cooling treatment at the flowering stage in rice plants. I. The stage and organ susceptible to cool temperature. Jpn. J. Crop Sci. 52:207-214.
- 70) Satake, T.; Lee, S. Y.; Koike, S.; Kariya, K. 1988. Male Sterility Caused by Cooling Treatment at the Young Microspore Stage in Rice Plants. XXVIII. Prevention of cool injury with the newly devised water management practice - effects of the temperature and depth of water before the critical stage. Jpn. Jour. Crop Sci. 57:234-241.
- 71) Satake, T. 1989. Male Sterility Caused by Cooling Treatment at the Young Microspore Stage in Rice Plants. XXIX. The mechanism of enhancement in cool tolerance by raising water temperature before the critical stage. Jpn. Jour. Crop Sci. 58:240-245.
- 72) 佐藤庚, 稲葉健五, 戸沢正隆. 1973. 高温による水稻の稔実障害に関する研究. 第1報 幼穂形成期以降の生育時期別高温処理が稔実に及ぼす影響. 日作紀 42:207-213.
- 73) Suge, H.; Osada, A. 1967. Physiology of flowering in rice plants. 1. Synthesis and translocation of floral stimulus. Proc. Crop. Soc. Japan 36:32-36.
- 74) 高橋政夫. 2004. 2003年岩手県における水稻冷害の解析と課題. 日作東北支部報 47:105-108.
- 75) 玉置雅彦, 山本由徳. 1997. 遮光および施用窒素

- 量が水稲の出葉速度と分けつ発生に及ぼす影響—とくに出葉転換点に着目して—, 日作紀 66: 29-34.
- 76) 田村繁司, 1956. 水稲の登熟障害に関する一考察, 青森農試研報 3: 21-26.
- 77) 田中明, 1958. 水稲の出穂期に関する栄養生理—主稈葉数と出葉間隔の問題—, 農業技術 13: 356-393.
- 78) 田中稔, 1962. 水稲の冷水並びに出穂遅延障害に関する研究, 青森県農業試験場研究報告 7: 1-107.
- 79) 田中良, 1987. 重回帰分析による水稲の障害型不稔の発生程度と出穂前後の気温との関係, 東北農業研究 40: 57-58.
- 80) Tashiro, T.; Wardlaw, I. F. 1991. The effect of high temperature on kernel dimensions and the type and occurrence of kernel damage in rice. *Aust. J. Agric. Res.* 42: 485-496.
- 81) 立野喜代太, 伊藤健次, 1971. 西南暖地における稚苗稲作技術に関する研究, 第1報 1株植付苗数の多少が稚苗移植水稲の生育, ならびに収量に及ぼす影響, 日作九州支報 35: 1-11.
- 82) 寺尾博, 大谷義雄, 白木實, 山崎正枝, 1940a. 水稲冷害の生理學的研究(豫報), [II]幼穂發育上の各期に於ける低温障害, 日作紀 12: 177-195.
- 83) 寺尾博, 近藤頼己, 土井彌太郎, 泉清一, 1940b. 水稲冷害の生理學的研究(豫報), [IV]開穎及び授精作用に關する低温障害の品種間差異, 日作紀 12: 203-208.
- 84) 鳥越洋一, 1998. 東北地域における水稲冷害早期警戒システム, システム農学 14: 142-149.
- 85) 鳥越洋一, 2001. 東北地域を対象とした水稲冷害早期警戒システム, 農業技術 56: 193-196.
- 86) 坪井八十二, 本田勳夫, 1953. 冷水掛流水田における温度分布の特性, 農業氣象 8: 7-11.
- 87) 坪井八十二, 1964. 水稲の冷害による被害量の推定法について, 農業氣象 19: 129-132.
- 88) 坪井八十二, 1976. 冷害と氣象, (坪井八十二, 根本順吉編, 異常氣象と農業), 東京, 朝倉書店, p.71-75.
- 89) 角田公正, 1964. 水温と稲の生育・収量との関係に関する実験的研究, 農技研報 A11: 75-174.
- 90) 内島立郎, 1976. 冷温条件と水稲の不稔発生との関係についての一考察, 農業氣象 31: 199-202.
- 91) 内島立郎, 1983. 北海道, 東北地方における水稲の安全作季に関する農業氣象学的研究, 農技研報 A31: 23-113.
- 92) 内嶋善兵衛, 1976. 有効積算気温の永年変化と変動特性, 農業氣象 31: 185-194.
- 93) 梅津俊彦, 木村和則, 中野憲司, 長谷川愿, 松田裕之, 太田秀樹, 芳賀静雄, 武田政宏, 矢島正晴, 1993. メッシュ気候値を活用した水稲適地区分, 第1報 好適作期の策定と適地判定, 山形農試研報 27: 1-21.
- 94) 矢島正晴, 1994. 水稲の生長・収量の農業氣象的予測, (日本農業氣象学会編, 平成の大凶作), 東京, 農林統計協会, p.67-81.
- 95) 山口正篤, 青木岳央, 前波健二郎, 福田正治, 1988. 水稲の主稈総葉数の違いによる形態的, 生態的な差異及び出現要因, 栃木農試研報 35: 1-8.
- 96) 山本良孝, 川口祐男, 高橋渉, 1994. 水稲發育段階予測法の植付本数の異なる条件への適用, 日作紀 63: 208-214.
- 97) 山崎耕宇, 1960. 生育条件を異にした場合の作物の形態発生に関する基礎的研究, II. 水稲・小麦における分けつ芽の発生について, 日作紀 28: 262-265.
- 98) 山崎耕宇, 1963a. 水稲の葉の形態形成に関する研究, I. 葉の發育経過に関する一般的觀察, 日作紀 31: 371-378.
- 99) 山崎耕宇, 1963b. 水稲の葉の形態形成に関する研究, II. 葉位を異にした場合の葉の發育の相違について, 日作紀 32: 81-88.
- 100) 山崎耕宇, 1963c. 水稲の葉の形態形成に関する研究, III. 一, 二の環境条件が葉の形態形成におよぼす影響, 日作紀 32: 145-151.
- 101) 山崎耕宇, 1964. 水稲の葉の形態形成に関する研究, IV. 葉の形態形成を解明する二, 三の実験, 日作紀 32: 237-242.
- 102) 八柳三郎, 1960. 東北地方における稲作の計画栽培について(1), (2), (3), (4), (5), (6), 農および園 35: 931-934, 1095-1098, 1248-1252, 1425-1428, 1565-1569, 1717-1722.
- 103) 吉田昌一, 1986. 稲作科学の基礎, 東京, 博友社, p.52-55.
- 104) Zadoks, J. C.; Chang, T. T.; Konzak, C. F. 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed Research* 14: 415-421.



## Analysis of Genes Expressed in Rice Anthers during the Stage of Maximal Chilling Sensitivity

Tomoya YAMAGUCHI \*1)

**Abstract :** Rice enters its most chilling-sensitive stage at the onset of microspore release. The microsporocytes produce a wall of callose between the primary cell wall and the plasma membrane, and it has been shown that precise regulation of callose synthesis and degradation in the anther is essential for fertile pollen formation. A cDNA for  $\beta$ -1,3-glucanase was isolated from rice anther and named *Osg1*. RT-PCR analysis revealed that *Osg1* transcripts were present in leaves, roots, and anthers. Genes for 10 callose synthases in the rice genome were fully annotated and phylogenetically analyzed. Expression analysis of these genes showed that *OsGSL5*, an ortholog of microsporogenesis-related *Arabidopsis AtGSL2*, was specifically expressed in anthers, and was notably downregulated by chilling treatment. Rho-type small GTP-binding proteins are molecular switches that control callose synthase activity. Their gene expression profiles in rice anther were also analyzed. The gene expression profile during the microspore development process under chilling stress was revealed using cDNA microarray. Three novel genes whose expression levels were remarkably changed by chilling in rice anther were identified. A new cis element that includes a DNA transposon *Castaway* sequence was found in the 5' upstream region of two genes which were conspicuously down-regulated by chilling temperatures in rice anther. Analyses of these chilling-responsive genes are not only fundamental to the understanding of mechanisms that underlie chilling injury in rice pollen, but are also essential to the creation of a chilling-tolerant rice plant.

**Key Words :** Rice, Anther, Pollen, Chilling, Callose, Microarray, DNA transposon.

**抄 録 :** イネ葯は小孢子解離期に冷温感受性が最も高い。この時期に小孢子を覆う主に  $\beta$ -1,3-グルカンからなるカロース壁の合成・分解を精密に制御することが稔性花粉の形成に必須である。その分子機構を明らかにするため、イネ葯で発現する  $\beta$ -1,3-グルカナーゼ遺伝子 *Osg1* を単離し、その葯および葉、根での発現を確認した。イネゲノム中の全カロース合成酵素遺伝子の分子系統樹と発現の解析を行い、小孢子形成に関与するシロイヌナズナ *AtGSL2* のオルソログ（異種間での相同遺伝子）である *OsGSL5* の発現が葯特異的で冷温により顕著に抑制されることを見出した。また、カロース合成酵素活性の調節因子である Rho 型低分子 GTP 結合タンパク遺伝子のイネ葯における発現を解析した。小孢子形成期イネ葯の冷温下での遺伝子発現変動を俯瞰することも重要と考え cDNA マイクロアレイ解析を行い、3つの新規イネ葯冷温応答遺伝子を同定するとともに、冷温下のイネ葯で発現が抑制される遺伝子の 5' 上流域に、DNA トランスポゾン *Castaway* を含む新規なシス因子（転写制御因子タンパク質（トランス因子））が結合して遺伝子の転写発現の調節を行う）を確認した。これら冷温感受性期に発現する遺伝子の解析は、花粉発育障害発生機構の解明、ひいては耐冷性イネ作出に向けた重要な足がかりとなるものである。

**キーワード :** イネ, 葯, 花粉, 冷温, カロース壁, マイクロアレイ, DNA トランスポゾン, 耐冷性

\* 1) 東北農業研究センター (National Agricultural Research Center for Tohoku Region, Morioka, Iwate 020-0198, Japan)  
2006年12月25日受付、2007年2月28日受理

## Contents

- I Introduction
- II Molecular cloning and characterization of a novel  $\beta$ -1,3-glucanase gene from rice
  - 1 Introduction
  - 2 Materials and Methods
  - 3 Results and Discussion
- III Expression analysis of genes for callose synthases and Rho-type small GTP-binding proteins that are related to callose synthesis in rice anther
  - 1 Introduction
  - 2 Materials and Methods
    - 1) Sequence and phylogenetic analysis
    - 2) Plant materials and growth conditions
    - 3) RNA preparation
    - 4) Semiquantitative RT-PCR analysis of genes
  - 3 Results
    - 1) Analysis of rice genes for callose synthases and Rho-type small GTP-binding proteins
    - 2) Expression analysis of rice genes for Rho-type small GTP-binding protein and GSLs
    - 3) Sequence analysis of *OsGSL5* and its derivative in mtDNA
  - 4 Discussion
- IV cDNA microarray analysis of rice anther genes under chilling stress at the microsporogenesis stage revealed two genes with DNA transposon *Castaway* in the 5'-flanking region
  - 1 Introduction
  - 2 Materials and Methods
    - 1) Plant materials and growth conditions
    - 2) RNA preparation
    - 3) Microarray preparation
    - 4) Fluorescent labeling of probes
    - 5) Hybridization on microarrays and analysis
    - 6) RT-PCR analysis of genes
  - 3 Results
    - 1) Identification of chilling-regulated genes using the cDNA microarray
    - 2) Analysis of rice *OPDARs* and *SAMDCs*
    - 3) Sequence analysis of *Radc1*
    - 4) Expression analysis of selected genes
  - 4 Discussion
- V Conclusion
- References

## I Introduction

Rice is the staple food of more than half of the world's population, and about 1 billion households depend upon rice cultivation for employment and their major source of livelihood. Meanwhile, roughly 800 million people in developing nations suffer from hunger. Most of the world population that suffers from hunger and poverty lives in Asia and Africa.

The rice plant originated in the tropics, and is presently cultivated over a wide range, from 50°N (Aiwei, China) to 35°S (New South Wales, Australia), and from areas below sea level to over 2,600 m above sea level (Jumula Valley, Nepal). This wide range of cultivated area raises different kinds of climatic problems in different regions: low and high temperature, flooding, drought, strong wind, and so on. New research findings related to climatic problems are expected to help eliminate hunger and poverty among farmers and others in developing nations.

Compared with other cereal crops such as wheat and barley, rice is much more sensitive to low temperatures, probably as a result of its subtropical genesis. Male sterility induced by chilling temperature (12 to 18 °C) at the boot stage causes a serious loss of grain yield in rice and this chilling injury has been one of the most serious problems for agriculture in northern part of Japan. Using pot-grown rice under phytotron conditions, the most chilling-sensitive stage of rice was determined to be at the onset of microspore release (Hayase *et al.* 1969). Microscopic observation of developing rice anthers suggested that one possible reason for male sterility following chilling was the dysfunction of anther development. Observed abnormalities included the cessation of anther development, arrest of pollen development, anthers remaining within the flowers after anthesis, and partial or no dehiscence (Satake 1976). Cytological observation revealed a dilatation of tapetal layers and a vigorous augmentation of cytoplasmic organelles such as mitochondria, proplastids, Golgi bodies, and endoplasmic reticula in chilled rice anthers (Nishiyama 1976). Chilling temperature treatment also affects the physiological status of anthers. Non-reducing sugar content was shown to increase rapidly, whereas acid phosphatase activity decreased in the chilled rice anthers (Nishiyama 1984). Possible involvement of phytohormones, such as gibberellic acid (GA) and auxin in chilling-induced male sterility, has been reported (Nishiyama 1975). However, it is still mostly unknown how chilling temperature induces the molecular phenomena that result in male sterility in rice plants.

Pollen development begins with the division of diploid archesporocytes in the anther, generating microsporocytes and tapetal cells. The tapetum forms a single layer of cells around the anther locule and supplies nutrients and enzymes for microspore development. The microsporocytes produce a wall of callose, composed primarily of  $\beta$ -1,3-glucan, between the primary cell wall and the plasma membrane (Eschrich and Currier 1964). It is believed that the callose wall is formed temporarily to prevent cell cohesion and fusion. At the end of meiosis, tetrads of haploid microspores are freed into the locule by the action of a  $\beta$ -1,3-glucanase (callase) which is secreted by the tapetal cells (Stieglitz and Stern 1973). In transgenic tobacco plants in which  $\beta$ -1,3-glucanase is induced prematurely, little fertile pollen is produced (Worrall *et al.* 1992). Therefore, the timing of  $\beta$ -1,3-glucanase activity is essential for the developing microspores. Beta-1,3-glucanases are hydrolytic enzymes commonly found in seed plant species. They have been referred to as pathogenesis-related (PR) proteins, belonging to the PR-2 family. They hydrolyze the  $\beta$ -1,3-linked glucans, major components of the cell walls of fungi, and synergistically act with chitinase to inhibit fungal growth *in vitro* (Kim and Hwang 1997). Besides pathogen attack, they have been shown to be induced by abiotic elicitors such as salicylic acid (Linthorst *et al.* 1990) and methyl jasmonate (Rickauer *et al.* 1997). Additionally,  $\beta$ -1,3-glucanases have been found to be involved in several physiological and developmental processes such as seed germination (Leubner-Metzger and Meins 2000) and pollen development (Bucciaglia and Smith 1994; Hird *et al.* 1993). However, little information has been available regarding  $\beta$ -1,3-glucanases that are expressed in the anthers of monocot plants. A novel  $\beta$ -

1,3-glucanase sequence was amplified from rice anther cDNA, and its molecular structure and the expression patterns were characterized. (Chapter II)

Barley's tolerance to cool temperatures at the young microspore stage was much higher than that of rice, and microscopic observation revealed that callose envelopes that surround tetrad cells are thicker in barley than in rice (Koike *et al.* 2003). Plant callose is produced at specific stages of cell wall development in pollen and in response to pathogen attack and wounding. Twelve *Gulcan Synthase-Like (GSL)* genes have been identified in *Arabidopsis* (Verma and Hong 2001). Among these, *AtGSL5* is developmentally expressed at the highest levels in flowers (Østergaard *et al.* 2002), and was shown to negatively regulate the salicylic acid (SA) pathway involved in disease resistance (Jacobs *et al.* 2003; Nishimura *et al.* 2003), while *CalS5 (AtGSL2)* is responsible for the synthesis of callose deposited at the primary cell wall of meiocytes, tetrads and microspores, and the expression of this gene is essential for exine formation in pollen wall (Dong *et al.* 2005). Two closely related and linked genes, *AtGSL1* and *AtGSL5*, have been also shown to play essential but at least partially redundant roles in both sporophyte and pollen development (Enns *et al.* 2005). The activity of yeast  $\beta$ -1,3-glucan synthase requires the addition of GTP, and it has been demonstrated that the small GTP binding protein Rho1 is a subunit of the  $\beta$ -1,3-glucan synthase complex (Qadota *et al.* 1996). In *Arabidopsis*, Rop1, a plant Rho-like protein, may act as a molecular switch that controls CalS1 (*AtGSL6*) activity at the forming cell plate through the interaction with UDP-glucose transferase (UGT) (Hong *et al.* 2001). A plant-specific family of Rho homologs, known as the Rop family has important roles in plant development, including pollen tube and root hair growth, cell wall synthesis, and cell proliferation in the meristem (Zheng and Yang 2000). In order to decipher the mechanisms of callose synthesis in rice pollen formation and its relationships with tolerance to cool temperatures, gene expression profiles of callose synthases and Rops that might be related to callose synthesis in rice anther were analyzed. A schematic diagram outlining callose synthesis and degradation in microspore development under normal or chilling temperature is shown in Fig. 1. (Chapter III)

The mechanisms of chilling tolerance in plant seedlings have long been intensively studied with a focus on membrane structure and function (Nishida and Murata 1996). Chilling tolerance was enhanced in transgenic tobacco into which a gene for glycerol-3-phosphate acyl transferases or chloroplastic fatty acid desaturases from *Arabidopsis* was introduced (Kodama *et al.* 1994; Murata *et al.* 1992). Another mechanism involves cellular defense against membrane lipid peroxidation caused by a chilling-induced increase in the generation of reactive oxygen species such as superoxide, hydrogen peroxide, and hydroxyl radicals (Prasad *et al.* 1994).

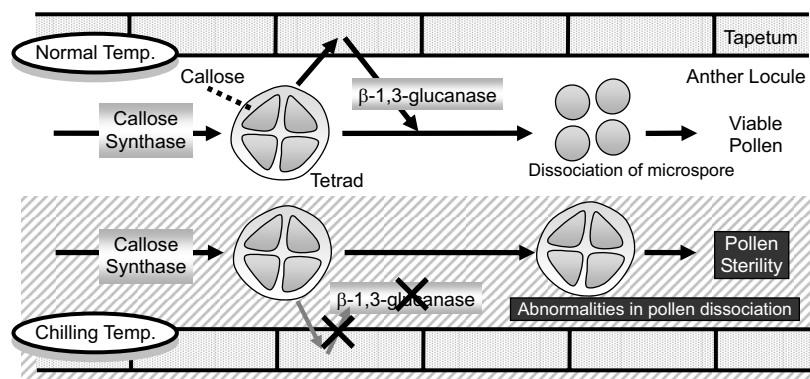


Fig. 1 A schematic diagram outlining callose synthesis and degradation in microspore development under normal or chilling temperature

In view of gene expression, cis-acting regulatory elements are important molecular switches of a dynamic network controlling various biological processes, including abiotic stress responses, hormone responses, and developmental processes. In particular, understanding the regulatory gene networks involved in stress response cascades depends on successful functional analyses of cis-acting elements. Expression profiling has led to the identification of various combinations of cis-acting elements in the promoter regions of stress-inducible genes involved in stress and hormone responses. Above all, major cis-acting elements that are a vital part of abscisic acid (ABA)-dependent and ABA-independent gene expression in osmotic and cold stress responses, such as the ABA-responsive element (ABRE) and the dehydration-responsive element/C-repeat (DRE/CRT), have been well described (Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki 2005).

To date, very little information is available regarding the molecular aspects of chilling damage in rice microspore development, and the anther genes which participate in this process have not been identified. Recently, the development of microarray technology has provided a potent tool for the nonexclusive analysis of gene expression (Schena *et al.* 1995). Several reports using microarray analysis in plants have been published (Akimoto-Tomiyama *et al.* 2003; Negishi *et al.* 2002; Petersen *et al.* 2000; Schaffer *et al.* 2001; Seki *et al.* 2001). A cDNA microarray containing 8,987 rice-expressed sequence tag (EST) clones was used to analyze the gene expression profile in rice anther at its early microspore stage under chilling. Three novel genes whose expression levels were conspicuously varied by chilling in rice anther have been identified. In particular, two genes have miniature inverted-repeat transposable element (MITE) *Castaway* sequences at nearly the same position in the 5' upstream region. Their molecular characteristics and expression patterns are discussed. (Chapter IV)

I wish to express my sincere gratitude to Professor Dr. Jiro Sekiya, Kyoto University, for his courteous guidance and continuous encouragement throughout my research. I wish to express my sincere appreciation to Dr. Setsuo Koike, National Agricultural Research Center for Tohoku Region (NARCT), for his invaluable suggestions and discussion throughout my research. I greatly appreciate Dr. Masaharu Yajima and Dr. Hiromitsu Kanno, NARCT, for their useful suggestions regarding my research and for their critical reading of the manuscripts. I wish to also thank my collaborators in NARCT, Ms. Takami Hayashi, Mr. Katsuhiko Nakayama, presently at Iwate University, Ms. Junko Sakurai, and all the other members of NARCT for their substantial collaboration and kind suggestion concerning my research. I also thank Mr. Akira Tanifuji, Mr. Eisaku Kumagai, Mr. Akio Yoshida, Mr. Kazuhiro Hayasaka, Ms. Keiko Iwabuchi, and Ms. Hiromi Suzaki, NARCT, for their technical assistance. I wish to express my deep gratitude to Professor Dr. Takayuki Kohchi, Professor Dr. Kazufumi Yazaki, Associate Professor Dr. Hideya Fukuzawa and Dr. Katsuyuki T. Yamato, Kyoto University, for their excellent guidance, valuable advice, and critical reading of the manuscripts. Special thanks must be given to Dr. Kanji Ohyama, presently at Ishikawa Prefectural University and Dr. Yasuyuki Yamada, for their interest in and very thoughtful criticism of my research and for their continuous encouragement. I wish to thank Dr. Yoshiyuki Tanaka, Dr. Atsunori Fukuda, and Dr. Atsuko Nakamura, of National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS), for their kind support in the construction of the cDNA and genomic library and hybridization analysis. I wish to thank Dr. Shoshi Kikuchi, Dr. Naoki Kishimoto, and Dr. Junshi Yazaki, NIAS, and their colleagues for their gracious support of the microarray analysis. I wish to thank Dr. Masato Wada, National Institute of Fruit Tree Science, for his valuable suggestions and kind help regarding the molecular biological analysis. This research is already published as original paper (Yamaguchi *et al.* 2002, Yamaguchi *et al.* 2006, Yamaguchi *et al.* 2004), and is a revision of the dissertation for the doctoral degree at Kyoto University.



## II Molecular cloning and characterization of a novel $\beta$ -1,3-glucanase gene from rice

### 1 Introduction

Beta-1, 3-glucanases are hydrolytic enzymes commonly found in seed plant species. They have been referred to as PR proteins, belonging to the PR-2 family. They hydrolyze the  $\beta$ -1,3-linked glucans, major components of the cell walls of fungi, and synergistically act with chitinase to inhibit fungal growth *in vitro* (Kim and Hwang 1997). Besides pathogen attack, they have been shown to be induced by abiotic elicitors such as SA (Linthorst *et al.* 1990) and methyl jasmonate (Rickauer *et al.* 1997). Additionally,  $\beta$ -1,3-glucanases have been found to be involved in several physiological and developmental processes such as seed germination (Leubner-Metzger and Meins 2000) and pollen development (Bucciaglia and Smith 1994; Hird *et al.* 1993).

Based on amino acid similarities, tobacco  $\beta$ -1,3-glucanases have been classified into three structural classes (Payne *et al.* 1990). Monocotyledonous  $\beta$ -glucanases together with nine reported rice glucanases (gns) have been classified into four subfamilies based on the structure and function of the genes, which are comprised of the  $\beta$ -1,3-gns subfamily A, the  $\beta$ -1,3;1,4-gns subfamily B, and  $\beta$ -gns subfamilies C and D with structures distinct from other subfamilies (Romero *et al.* 1998).

In this study, a novel  $\beta$ -1,3-glucanase sequence was amplified from rice anther cDNA, and its structure and expression pattern were characterized.

### 2 Materials and Methods

Rice plants (*Oryza sativa* L. cultivar (cv.) Hayayuki) were grown under greenhouse conditions. Anthers at the microspore stage, leaves, and roots were collected and immediately frozen in liquid nitrogen. Genomic DNA was extracted from the frozen leaves and roots using cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) (Doyle and Doyle 1990). Total RNA was extracted from frozen samples by the CTAB method (Bekesiova *et al.* 1999). Poly(A)+ RNA was extracted from them using Oligotex-dT30 Super (Roche) according to the manufacturer's instructions.

Double-stranded cDNA with *EcoRI-NotI-BamHI* adaptors (Takara Shuzo) was synthesized from 5  $\mu$ g of poly(A)+ RNA using a cDNA Synthesis System Plus (Amersham) according to the manufacturer's instructions. The resulting products were ligated into the  $\lambda$ gt10 vector and then packaged using a Gigapack Gold (Stratagene).

Complete degenerate oligonucleotide primers (Glu1: 5'-GGIGTITGYTAYGG-3'; Glu4: 5'-GGCCAICCSWYTC-3'; Y, S, and W are mixtures of (C, T), (C, G), and (A, T), respectively; I is inosine) were designed based on the sequence of conserved pentapeptides (GVCYG and ESGWP). The PCR reaction mixture (25  $\mu$ l) contained 0.5  $\mu$ l of reverse-transcribed first strands of cDNA mixture in 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 50 mM KCl, 0.01 mg/ml gelatin, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 4 or 8  $\mu$ M each of the degenerate primers, 200  $\mu$ M each dNTP mixture and 0.04 unit/ $\mu$ l of AmpliTaq DNA polymerase (Applied Biosystems). Thirty-two cycles of PCR (5 cycles of 94°C for 0.5 min, 46°C for 0.5 min, 72°C for 1.5 min, 27 cycles of 94°C for 0.5 min, 52°C for 0.5 min, 72°C for 1.5 min) were performed. The PCR products were separated by electrophoresis in 1.5% agarose gels and stained by SYBR Green I (BMA).

DNA fragments were cloned into pBluescript II SK+. DNA sequencing was done by the dideoxy chain-termination method using ABI PRISM Dye Primer Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems) and an automated DNA sequencer (Applied Biosystems; Model 373S). Sequence similarity searches were done in the Genbank, EMBL, Swiss Prot, and PIR Databases. Phylogenetic trees were analyzed using a multiple alignment program ClustalW version 1.7 (Thompson *et al.* 1994).

A cDNA library was screened using an RT-PCR fragment (g28) which had similarity with several  $\beta$ -1,3-glucanases,

and a positive lambda clone (G4A8) was obtained from about 500,000 recombinant plaques. This cDNA clone, 979 bp in length, lacked a 5'-end sequence. In order to isolate the complete rice anther glucanase gene, the G4A8 clone was used as a hybridization probe to screen a genomic DNA library constructed in  $\lambda$ EMBL3 from *Mbo*I-partially digested fragments of DNA isolated from the rice (cv. Hayayuki) leaves. From the positive clone H2a4, a 2.3-kb *Sall*-*Sall* fragment was obtained that contained the full-length glucanase gene *Osg1* (DDBJ Accession No. AB070742).

The cDNA clone (G4A8) was labeled with DIG-dUTP, the 5'-primer (5'-CATGGCATGAAGTCGTTTCAGCTA-3') and 3'-primer (5'-CAACTATTCTGACGGTTGAGCCA-3') using a PCR DIG Probe Synthesis Kit (Roche), and used as a probe. Twenty  $\mu$ g each of genomic DNA was digested with either *Bam*HI, *Eco*RI, or *Hind*III. The DNA fragments were electrophoresed in a 0.7% agarose gel, and the Southern blots were prepared with a nylon membrane (Hybond-N+; Amersham) according to the manufacturer's instructions. Preliminary hybridization was done in hybridization buffer containing 0.5 M Na phosphate (pH 7.2), 1 mM EDTA, 7% SDS at 65°C for 3 hours. The filter was hybridized at 65°C for 16 hours in the same solution with 20 ng of labeled probes per 1 ml of hybridization solution, and washed three times in 40 mM Na phosphate (pH 7.2), 1% SDS at 65°C for 20 min. The hybridized probes were immunodetected with anti-DIG alkaline phosphatase conjugate and made visible with CSPD<sup>®</sup> and X-ray film as described in the instruction manual (Roche).

The first strand of the cDNA mixture was generated from 0.5  $\mu$ g of total RNA and 2.5  $\mu$ M random hexamer. The reverse transcription was done for 60 min at 37°C using a GeneAmp RNA PCR Kit (PE Applied Biosystems) according to the manufacturer's instructions. The PCR reaction mixture (10  $\mu$ l) contained 1.0  $\mu$ l of reverse transcribed first strands of cDNA in 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 50 mM KCl, 0.01 mg/ml gelatin, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 6  $\mu$ M each of specific primers (*Osg1*-ff3: 5'-GTATGGGACAAAGGATCTCC-3'; *Osg1*-r0: 5'-GTGATCCAGCCCTACTGCTG-3'; Act1f02: 5'-CGCAGTCCAAGAGGGGTATC-3'; Act1r03: 5'-TCCTGGTCATAGTCCAGGGC-3'), 200  $\mu$ M each dNTP mixture and 0.04 unit/ $\mu$ l of AmpliTaq Gold DNA polymerase (Applied Biosystems). PCR products were separated by electrophoresis in 1.5% agarose gels, and transferred onto nylon membranes. Hybridization was performed using the method described above for the genomic Southern hybridization.

### 3 Results and Discussion

Fig. 2 shows a 2.3-kb contiguous sequence of the genomic clone H2a4, which includes 869 bp upstream of the coding region. Within the coding region, the genomic clone contains one small intron, the position of which is identical to that of the other cereal  $\beta$ -1,3-glucanase genes. Exon 1 encodes the majority of the signal peptide, while exon 2 encodes the last 3 aa of the signal peptide and all of the mature peptide. This N-terminal signal peptide directs the nascent polypeptide into the endoplasmic reticulum, and the mature protein is finally secreted into the apoplast. The mature peptide consists of 309 aa with a calculated molecular mass of 33765 and an isoelectric point of 5.42. A putative TATA box occurs at 729-735 bp (142 bp upstream of the ATG initiation codon).

Genomic DNA isolated from leaves was probed with a 0.65-kb fragment containing part of the coding region of the *Osg1* gene. When the genomic DNA was digested with either *Bam*HI, *Eco*RI, or *Hind*III, the probe hybridized to a single 10-kb, 9.1-kb, and 4.3-kb band, respectively (data not shown). Therefore, *Osg1* existed as a single copy gene in the rice genome.

Screening the databases with the *Osg1* protein sequence found some similarity of *Osg1* to other plant  $\beta$ -glucanases. Conservation of residues potentially important in the structure and function of glucanases, such as the D (aspartate), E (glutamate), Y (tyrosine), and W (tryptophan) in *Osg1* (Fig. 2) strongly suggests that *Osg1* may function as either a  $\beta$ -

1,3-glucanase or a  $\beta$ -1,3;1,4-glucanase. Furthermore, the phylogenetic tree of the deduced Osg1 protein with several plant endo- $\beta$ -1,3-glucanases (de Loose *et al.* 1988; Ori *et al.* 1990), a yeast endo- $\beta$ -1,3-glucanase (Mrsa *et al.* 1993), and a monocot endo- $\beta$ -1,3;1,4-glucanase (Simmons *et al.* 1992) (Fig. 3) shows that Osg1 belongs to the monocotyledon subfamily A, which is comprised of defense-related endo- $\beta$ -1,3-glucanases and is the largest glucanase subfamily in monocotyledons. This subfamily was defined based on gene dendrogram analysis (Simmons 1994) and the substrate specificity of the encoded isozymes (Hrmova and Fincher 1993). These isozymes hydrolyze 1,3- $\beta$ -glucan linkages, but differ greatly in their tolerance or requirements for 1,6- $\beta$ -glucan branch linkages nearby on the polymer chain. Polymers of 1,3;1,6- $\beta$ -glucans are found only in fungi, but polymers of 1,3- $\beta$ -glucans are found in both fungi and plants. Therefore, isozymes capable of hydrolyzing 1,3- $\beta$ -glucans might function in plant development in addition to plant defense. So far, two isozymes, OsGns4 and OsGns5 of the rice subfamily A, have been characterized. OsGns4, which was first purified from rice bran, is basic and adapted for hydrolysis of 1,3;1,6- $\beta$ -glucans and may be a defense-related isozyme (Akiyama *et al.* 1996). On the other hand, OsGns5, which was also purified from rice bran, is acidic and has much greater activity against linear-1,3- $\beta$ -glucans than does the OsGns4 isozyme (Akiyama *et al.* 1997). Osg1 is most similar to OsGns5 in amino acid sequence.

```

GTTCGACGAATAATGCCTTCCCTGTTCAGTATTCAATCTCGACATGGAGTACGTGAAGATTCA 60
TATCGCAAAATCGAGAATCACCAGAGTCGTGCAGCTTGGGCGGTGGAAGAGGTCAAGGAA 120
GCACCACATCGAGCTGGTGGGAGACAACGACCTACTCAAAAAGTTTTGGCGTGCAGAA 180
CCCTGAGGTACCTCAGCCTCAGGGGCATCTCCCTCATCGAGTCCATACCCGAGGCCATCG 240
GCACGCTTGCAGAACTCCTCGTGCAGCTCAGGGCGTGCCCAACTTGGAGAAGTTAC 300
CGGGTCTATCGGCTCGTTGCTGAAGCTAGAGTACCTGGACTTGTCCGAATGCTTCTTAC 360
TTGAAGAAATGCCAAAGAGATCGGGCAGCTGTCCAAGCTGCAGGTCTCAAGGGTTTTTC 420
TCGTTGGCAGTTCAAGAAAGAGAGCAGCCATGCGCTCTCGCCGACTGGCCCAAAGG 480
CGCAGAAATCTACGGAAAGCTAAACATTACCACTGGACGGCAATCTTGGTGTGTGATGAA 540
ATGAGCTCTGCCAATTGGCGAAATGCCAGCATCTTGAAGTCTTGACAACTTGGATAG 600
GAGAGGCATCTACCGAGCCATATCTTCTCTTCCCTTCCAGCCTCACAAAGCTTGTATCTCC 660
GGCGTGCCCTTACCGAAGCCTTCTTAATATCATTCATCCATCGACGTCGGTGAGCCTGA 720
AACGGCTGTATATTAGGGGAGGGAAGCTCCGTACACTGGGGCAAGACGGCGGCTGGAACG 780
TTGAGCACTGCGTGTAGATGTCTCAATGATTTGGAGTGTGAGTGGAGTGCAGCTCCATG 840
GTTTGTCCGAGAACTCCGTTTTTGTGGAGATGTGGAGGTGTGCCCGCCTTAGTTTCTGGC 900
M W R C A R L S F W 10
CTTGCATGGGCGGGCGTATGGGACAAAGGATCTCCTTCTCTGGGtaagtgtcttaccat 960
P C D G R G V W D K G S P S L 25
ctccatgcatattactacctctgtttcaaaaataagttcatttttccatcccccacatac 1020
caatacaaaactcaaaaataactataataccatattttatcaaaatcccaatgcaactattca 1080
tctcaactttatctactcctaataacagttatttctctgttttccacaaaactaagatacaatga 1140
ttatttcaaaaataaaacttactttggaacaaaatgaaagaataaaacttattttggaacaaa 1200
tgaagagggtataaatgaaactaaatattgggattggagggaagtattatgaaacctacagttact 1260
gatttgatttagcctaggacaagatgaaactgaatatacacatacagctccactgatttaact 1320
gcagctCGCCGATCCATTTGGAGTCTGCTACGGAGTGAAGGCAACAATCTGCCACCATGG 1380
A R R S I G V C Y G V K G N N L P P W 44
CATGAAGTCGTTTCAGCTATATGCCTCGAACAACATTCCTGCCATGAGGATATTTCTATCCT 1440
H E V V Q L Y A S N N I P A M R I F Y P 64
CACCACGATGTTCTTGAGGCTCTGAGAGGCACAGGCATCGGTATCAGCCTCGACGTTGAG 1500
H H D V L E A L R G T G I G I S L D V E 84
GGCAATTCCTCCATCCTTCGCCTCTGAACCCCTCCGTTGGCGGTGCCTGGGTGAAGACC 1560
G Q F L P S F A S E P S V A A A W V K T 104
AATGTGCAAGCCTTTTACCCTGCAGTCTCATTCAAGTTCATCAGATCGGCAACAGGTT 1620
N V Q A F Y P A V S F K F I T V G N Q V 124
GCCCTGAGAGAGATGAGATACATCTCCAGCGATGCAGAATATCTATGCAGCGTTGTCA 1680
A L R E M R Y I L P A M Q N I Y A A L S 144
GCAGTAGGGCTGGATCACATCAAGGTGTCAACGTCGGTGAGAAGGGACGTGGGTTTG 1740
A V G L D H I K V S T S V R R D V L G L 164
TCCTATCCTCCCTCTGCTGGTCTTCTCCTCAGCGATGGAACAGTACATGGCACCTATT 1800
S Y P P S A G A F S S A M E Q Y M A P I 184
GTGCAGTCTTTGGCCAAGATTGGGGCTCCACTTCTGGCCAGTGTGTTCCCTTACTTTACT 1860
V Q F L A K I G A P L L A S V F P Y F T 204
TACGTGCACAATCAGGAAGGCATTGATATCGATTACGCCCTTTTACCTCCCCGGGAAC 1920
Y V H N Q E G I D I D Y A L F T S P G T 224
GTGGTGCAGGACGGTGAACATAGCTATCAGAACCCTTTCGATGCCATTGTGGATGCTCTG 1980
V V Q D G E H S Y Q N L F D A I V D A L 244
TATTCCGGCATGGAGAAGGTGGGTGGCTCAACCTCAGAATAGTTGTCTCAGATAGCGGC 2040
Y S A M E K V G G S T V R I V V S D S G 264
TGGCCATCGGCTGGGGCTCCTGCAGCGACCAAGATAATGCTAGGGCCCTACGTCCAGAAC 2100
W P S A G A P A A T K D N A R A Y V Q N 284
CTGATTAACCATGTGAGCAAAGGACACCAAGAGGCCCTTACCTATAGAGACATACATT 2160
L I N H V S K G T P K R P V P I E T Y I 304
TTTCCATGTTCAATGAGAACGAGAAAACCGGTGACGAGATAGAGAGGAACCTTTGGGCTC 2220
F A M F N E N E K T G D E I E R N F G L 324
TTTGAACCTGACAAGAGCCCTGTGTACCAATCACCTTCTTAAACCGAAAGGATAGTAC 2280
F E P D K S P V Y P I T F S * 338
AAGGAGGCAGCTGTACAAAACCTCAACCACTTTTCACTGATCCGTTGACCTGCAGGTGCG 2340
AC 2342

```

Fig. 2 Nucleotide and deduced amino acid sequence of the *Osg1* gene.

The sequence includes an 869-bp upstream region and one short intron which is depicted by small letters. A putative TATA box is underlined. Bold letters indicate residues conserved among several glucanases.

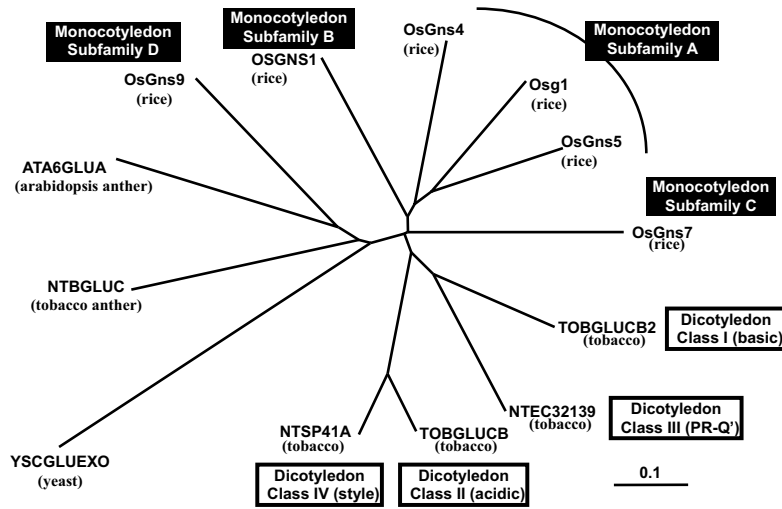


Fig. 3 Phylogenetic trees of *Osg1* and known glucanases.

The sequences of known glucanases were adapted from (Linthorst *et al.* 1990); (Bucciaglia and Smith 1994; Hird *et al.* 1993; Payne *et al.* 1990); (Romero *et al.* 1998). Scale bar, 0.1 substitutions per site.

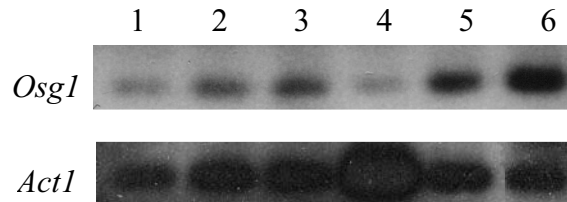


Fig. 4 Quantitative RT-PCR analysis of the *Osg1* and *Act1* genes.

Template cDNAs were prepared from anthers at the young microspore stage (lane 1), anthers after cooling at 12 °C for 5 days (stages moved from the young microspore stage to the early middle stage during chilling) (lane 2), anthers at the early middle stage (lane 3), anthers at anthesis (lane 4), roots (lane 5), and leaves (lane 6). PCR conditions were 24 cycles of (94 °C for 30 sec, 60 °C for 1 min, 72 °C for 1 min) for *Osg1* and 19 cycles of (94 °C for 30 sec, 56 °C for 1 min, 72 °C for 1 min) for *Act1*.

For RT-PCR expression analysis, two sets of fixed oligonucleotide primers were designed to cover an intron between them in order to distinguish spliced out cDNA (*Osg1*: 0.40 kbp; *Act1*: 0.50 kbp) from genomic DNA (*Osg1*: 0.78 kbp; *Act1* (rice actin 1 gene): 0.75 kbp). As shown in Fig. 4, constitutive expression of *Osg1* (Zhang *et al.* 1991) was confirmed by this RT-PCR experiment, except for anthers at anthesis, which have a high content of actin filaments in germinating pollens. *Osg1* transcripts were present in leaves, roots, and anthers.

### III Expression analysis of genes for callose synthases and Rho-type small GTP-binding proteins that are related to callose synthesis in rice anther

#### 1 Introduction

In the northern part of Japan, rice crop production is occasionally severely damaged by low temperatures in summer. The most chilling-sensitive stage of rice has been found to be at the onset of microspore release. Chilling treatment at this stage actually causes tapetum hypertrophy and disordered microspore development, and consequently gives rise to a high degree of male sterility (Hayase *et al.* 1969).

Pollen development begins with the division of diploid archesporocytes in the anther-generating microsporocytes and tapetal cells. The tapetum forms a single layer of cells around the anther locule and supplies nutrients and enzymes for microspore development. The microsporocytes produce a wall of callose, composed primarily of  $\beta$ -1,3-glucan, between the primary cell wall and the plasma membrane (Eschrich and Currier 1964). It is believed that the callose wall is formed temporarily to prevent cell cohesion and fusion. At the end of meiosis, tetrads of haploid microspores are freed into the locule by the action of a  $\beta$ -1,3-glucanase (callase), which is secreted by the tapetal cells (Stieglitz and Stern 1973). In transgenic tobacco plants in which  $\beta$ -1,3-glucanase is induced prematurely, little fertile pollen is produced (Worrall *et al.* 1992). Therefore, the timing of  $\beta$ -1,3-glucanase activity is essential for the developing microspores. A  $\beta$ -1,3-glucanase cDNA was isolated from rice anther at the microspore stage (Yamaguchi *et al.* 2002), and the role of this gene expression in chilling injury is now under study.

A cDNA microarray technology was used to analyze the gene expression profile in rice anther at its early microspore stage under chilling, and three novel genes were found whose expression levels were conspicuously changed by chilling in rice anther (Yamaguchi *et al.* 2004). Particularly, two genes had miniature inverted-repeat transposable element (MITE) *Castaway* sequences at nearly the same position in the 5' upstream region.

The cool tolerance of barley at the young microspore stage was much higher than that of rice, and microscopic observation revealed that callose envelopes that surround tetrad cells are thicker in barley than in rice (Koike *et al.* 2003). No information is available regarding the relationship between the thickness of callose envelopes and chilling tolerance. In order to analyze this relationship, the creation of transgenic rice plants was considered, in which the thickness of callose envelop is manipulated. Initially, it was planned that genes related to callose synthesis in rice anthers be identified, and be utilized. Plant callose is produced at specific stages of cell wall development in pollen and in response to pathogen attack and wounding. Twelve GSL (Gulcan Synthase-Like) genes have been identified in *Arabidopsis* (Verma and Hong 2001). Among these, *AtGSL5* is developmentally expressed at highest levels in flowers (Østergaard *et al.* 2002), and has been shown to negatively regulate the SA pathway involved in disease resistance (Jacobs *et al.* 2003; Nishimura *et al.* 2003). *CalS5* (*AtGSL2*) is responsible for the synthesis of callose deposited at the primary cell wall of meiocytes, tetrads, and microspores, and the expression of this gene is essential for exine formation in the pollen wall (Dong *et al.* 2005). Two closely related and linked genes, *AtGSL1* and *AtGSL5*, have also been shown to play essential but at least partially redundant roles in both sporophyte and pollen development (Enns *et al.* 2005). The activity of yeast  $\beta$ -1,3-glucan synthase requires the addition of GTP, and it has been demonstrated that the small GTP binding protein Rho1 is a subunit of the  $\beta$ -1,3-glucan synthase complex (Qadota *et al.* 1996). In *Arabidopsis*, Rop1, a plant Rho-like protein, might act as a molecular switch that controls CalS1 (*AtGSL6*) activity at the forming cell plate through the interaction with UGT (UDP-glucose transferase) (Hong *et al.* 2001). A plant-specific family of Rho homologs, known as the Rop family, plays important roles in plant development, including pollen tube and root hair

growth, cell wall synthesis, and cell proliferation in the meristem (Zheng and Yang 2000). In the present study, in order to decipher the mechanisms of callose synthesis in rice pollen formation and its relationship with cool tolerance, the gene expression profiles of callose synthases and Rops that might be related to callose synthesis in rice anther were analyzed.

## 2 Materials and Methods

### 1) Sequence and phylogenetic analysis

BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>) algorithms were used to search for sequence homology. Nucleotide and predicted amino acid sequences were analyzed using DNASIS Pro V2.6 for Windows (Hitachi Software Engineering, Yokohama, Japan). The ClustalW 1.83 program was used for multiple alignment of amino acid sequences (Thompson *et al.* 1994). A phylogenetic tree was constructed using the NJ (Neighbor-Joining) algorithm and a dendrogram was drawn using the NJplot program (<http://pbil.univ-lyon1.fr/software/njplot.html>). The transmembrane probability of OsGSL5 was predicted by means of the transmembrane hidden Markov model (TMHMM) program (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>).

### 2) Plant materials and growth conditions

Rice plants (*Oryza sativa* L. cv. Hayayuki) were grown in a growth chamber, and anthers at the early microspore stage, the uninucleate microspore stage containing tetrads and microspores, were identified as previously described (Satake and Hayase 1970). Chilling treatments were performed at 12 °C for 120 h (5 d) from the early microspore stage (50 d after sowing; -10 to -7 cm of auricle distance). Anthers, leaves, and roots were collected and immediately frozen in liquid nitrogen.

### 3) RNA preparation

Total RNA were extracted from frozen samples according to the method of Bekesiova *et al.* (Bekesiova *et al.* 1999). Total RNA was extracted from rice anthers, leaves, and roots.

### 4) Semiquantitative RT-PCR analysis of genes

The first strands of the cDNA mixture were generated from 1.0  $\mu$ g of total RNA and 2.5  $\mu$ M Oligo d(T)16 primer. Reverse transcription was performed for 30 min at 42 °C using ReverTra Ace -a- (Toyobo) according to the manufacturer's instructions. The resulting cDNA solution was then diluted 10-fold with TE (10 mM Tris-HCl pH 8.0, 1 mM EDTA). The PCR reaction mixture (10.0  $\mu$ l) contained 1.0  $\mu$ l of diluted reverse transcribed first strands of cDNA in 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 50 mM KCl, 0.01 mg/ml gelatin, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 6  $\mu$ M of each of two primers (shown in Table 1), 200  $\mu$ M each of dNTP mixture, and 0.04 unit/ $\mu$ l of AmpliTaq Gold DNA polymerase (Applied Biosystems) in a total volume of 10  $\mu$ l. The temperature cycling parameters were as follows: 94 °C for 10 min; 30-35 cycles (Table 1) of 94 °C for 0.5 min, 60 °C for 1 min, 72 °C for 2 min; 72 °C for 10 min. To confirm the uniformity of cDNA synthesis, cDNAs for actin were also amplified. PCR products were separated by electrophoresis in 1.5 % agarose gels, stained with ethidium bromide, and visualized with the BioDoc-It System (UVP).

**Table 1** *OsGSLs* and *OsRops* in rice genome and primers used in semiquantitative RT-PCR

	GenBank accession no.	Chromosome location	Specific primers used for RT-PCR	RT-PCR product size (bp)	Number of PCR cycles
<i>OsGSL1</i>	AP001389	6	GSL01f1 gctcaaaattgcttcacacaatacatc GSL01r1 ggtaggcttttcatgcctcctg	516	35
<i>OsGSL2</i>	AP003223	1	GSL02f1 gtggctcttgtgacagtgtcttac GSL02r1 ccacatatcactcctcaaacctcatg	449	35
<i>OsGSL3</i>	AP003249	1	GSL03f1 ccagttgaagatcgcaaatgaaagcag GSL03r1 ggcttattgtactgtacctcaaacg	526	35
<i>OsGSL4</i>	AP003445	1	GSL04f1 cacatagtgcattgggaacagaagc GSL04r1 catgatcagctccctctttagcc	629	35
<i>OsGSL5</i>	AP003454	6	GSL05f1 ggagcaagtgattagcagccg GSL05r1 gtgcgggctcagctctgcttc	682	35
<i>OsGSL6</i>	AP004685	6	GSL06f1 actggaccaagcactagcc GSL06r1 agccctcgcgctcagtc	1,243	35
<i>OsGSL7</i>	AP004082	2	GSL07f1 ctgggaagcgtggaattgttctcg GSL07r1 gaatggcagacaggctactactcc	613	35
<i>OsGSL8</i>	AC118980	3	GSL08f1 catgggctgtgcttgggtgcc GSL08r1 gcagctacagctatactccgc	468	35
<i>OsGSL9</i>	AP003447	1	GSL09f1 catagcacccgacgcaaaagc GSL09r1 ccattcatcattcattcctc	518	35
<i>OsGSL10</i>	AC104427 AC144426	3	GSL10f1 ccaattaaatcacagggcagcaaaag GSL10r1 gggtagagaagatcagctcttg	538	35
<i>OsGSLmt</i>	BA000029	mitochondria			
<i>OsRac1</i>	AB029508	1	Rac1-F1 ttgctgatcatcagcttctt Rac1-R1 ccgcaaaagtaccgcctta	229	35
<i>OsRac2</i>	AB029509	5	Rac2-F1 tttcttgttggaccaagtt Rac2-R1 caggtcctaaacaacacatgc	310	35
<i>OsRac3</i>	AB029510	2	Rac3-F1 ggatctccgtgaagacaagc Rac3-R1 caccagaacattgcatcat	320	30
<i>OsRop4</i>	AF380335	6	Rop4-F2 gtgcttgccttccctagtg Rop4-R2 acacaagacatcatttgtctc	459	35
<i>OsRop5</i>	AF376055	2	Rop5-F2 tttccctcatcagcaagcg Rop5-R2 gcattctaatctgcaacacac	434	35
<i>OsRacB</i>	AY579208	2	RacB-F1 gcattatgcacctggtgtgc RacB-R1 tcacaaaatggagcagcacc	280	30
<i>OsRacD</i>	AF329814	2	RacD-F1 gcattatgctctggtgtgc RacD-R1 caaatggcacatccttctg	277	35
<i>Act1</i>	AB047313	3	RAcf02 cgcagtccaagaggggtatc RAcr03 tcctgctcatagtcaggcc	505	35

### 3 Results

#### 1) Analysis of rice genes for callose synthases and Rho-type small GTP-binding proteins

The rice genomic sequence was annotated to determine the structure of 10 deduced rice callose synthases (*OsGSLs*), as shown in Table 1. The gene names for *AtGSLs* and *OsGSLs* were largely designated by Somerville (see <http://cell-wall.stanford.edu/gsl/index.shtml>). Annotated rice genes for Rops are also shown in Table 1. Multiple alignments of the deduced amino acid sequences of GSL and Rop/Rho proteins from yeast, *Arabidopsis*, and rice were performed using ClustalW 1.83. The phylogenetic trees constructed using the NJ algorithm and drawn using the NJplot program are shown in Fig. 5 (GSL) and Fig. 6 (Rop/Rho proteins).

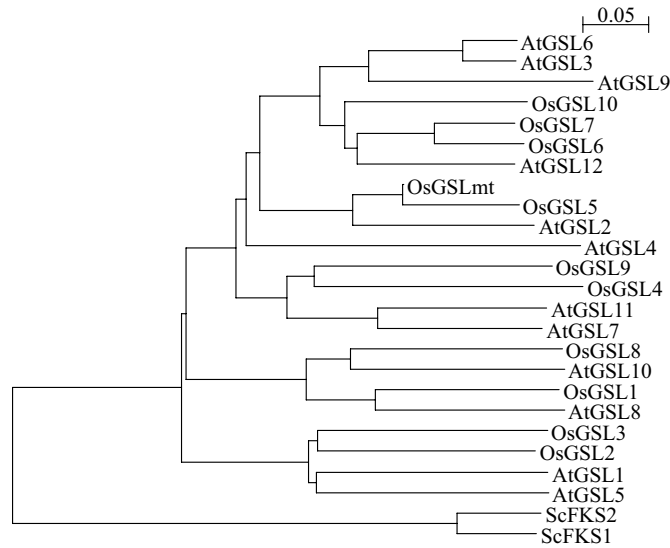


Fig. 5 Phylogenetic tree of glucan synthases.  
 Multiple alignment of deduced callose synthase (GSL, Glucan synthase-like) amino acid sequences were performed using ClustalW 1.83. Phylogenetic trees were constructed using the NJ algorithm, and drawn with the NJplot program. Abbreviations for species are *Arabidopsis thaliana* (At), *Oryza sativa* (Os), and *Saccharomyces cerevisiae* (Sc). Scale bar, 0.05 substitutions per site.

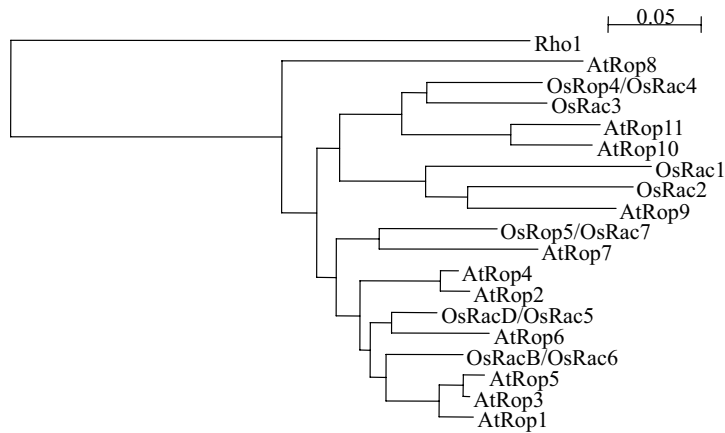


Fig. 6 Phylogenetic tree of Rop proteins.  
 Multiple alignment of deduced Rop amino acid sequences were performed using ClustalW 1.83, and phylogenetic trees were constructed using the NJ algorithm and drawn with the NJplot program. Scale bar, 0.05 substitutions per site.



## 2) Expression analysis of rice genes for Rho-type small GTP-binding protein and GSLs

In order to study the gene expression profile of *Rops* and *GSLs* during pollen development in rice, semiquantitative RT-PCR analyses were executed. For RT-PCR expression analysis, I used sets of paralog-specific oligonucleotide primers. Some of the primer sets were designed to put an intron between them in order to distinguish between the amplification from genomic DNA (e.g., *OsGSL1*: 2.02 kbp; *Act1*, rice actin 1 gene: 0.75 kbp) and that from spliced-out cDNA (e.g., *OsGSL1*: 1.27 kbp; *Act1*: 0.50 kbp). As shown in Fig. 7, constitutive expression of *Act1* was confirmed by this RT-PCR experiment. Since the fragments of sizes corresponding to non-spliced-out genomic DNA were not amplified by any primer sets, I could rule out the possibility of genomic DNA contamination in all of the RNA samples used. RT-PCR was conducted three times, and one series of data is shown in Fig. 7 and Fig. 8. As shown in Fig. 7, expressions of *OsRops* overlapped in different rice organs, with some developmentally regulated differences. In particular, *OsRop4* was specifically expressed in anthers at the microsporogenesis stage, and expression of *OsRac1*, *OsRac3*, *OsRop5*, and *OsRacD* in anthers at the microspore stage was also detected. As shown in Fig. 8, expression of *OsGSL1*, *OsGSL2*, *OsGSL4*, *OsGSL6*, *OsGSL7*, *OsGSL8*, *OsGSL9*, and *OsGSL10* was detected at all stages of anthers, leaves, and roots in a somewhat constitutive manner. *OsGSL5* was specifically expressed in anthers, with moderately higher amounts at the young microspore stage (lane 1) and at the early middle stage (lane 3). *OsGSL5* was significantly down-regulated in the anther by 12 °C treatment for 5 d (lane 2). At anthesis, expression of *OsGSL5* decreased in anther (lane 4). Expression of *OsGSL3* was not detected in six samples (lanes 1-6).

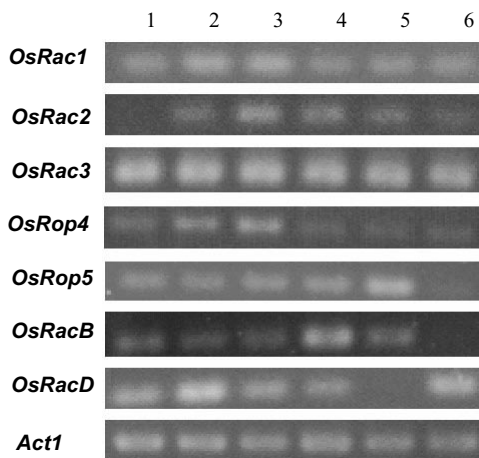


Fig. 7 RT-PCR analysis of rice Rop genes.

The first strands of the cDNA mixture were generated from total RNA. The PCR products were electrophoresed in agarose gel and visualized using ethidium bromide. The template cDNAs are the anthers at meiosis (lane 1), the anthers at microspore middle stage, just after chilling at 12 °C for 5 d (stages moved from the meiosis stage to the microspore middle stage during chilling, lane 2), the anthers at the microspore middle stage (lane 3), anthers at anthesis (lane 4), roots (lane 5), and leaves (lane 6).

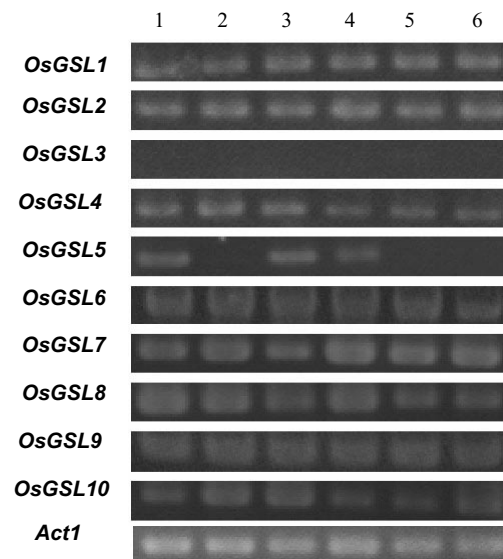


Fig. 8 Semi-quantitative RT-PCR analysis of rice Glucan Synthase Like genes.

The first strands of the cDNA mixture were generated from total RNA. The PCR products were electrophoresed in agarose gel and visualized using ethidium bromide. The template cDNAs are the anthers at meiosis (lane 1), the anthers at microspore middle stage, just after chilling at 12 °C for 5 d (stages moved from the meiosis stage to the microspore middle stage during chilling, lane 2), the anthers at the microspore middle stage (lane 3), anthers at anthesis (lane 4), roots (lane 5), and leaves (lane 6).

### 3) Sequence analysis of *OsGSL5* and its derivative in mtDNA

As shown in Fig. 9, the predicted *OsGSL5* gene, which spans a region of chromosome 6 approximately 17 kb in length, comprises 41 exons with 40 introns and is transcribed into a 5.7 kb mRNA. The deduced peptide, with an approximate molecular mass of 218 kDa, showed the highest sequence homology with *Arabidopsis* AtGSL2. Topology analysis of *OsGSL5* revealed that, similarly to CalS1 and AtGSL2, it contains 16 predicted transmembrane helices with the N-terminal region and a large central loop, which contains a  $\alpha$ -1,3-glucan synthase component, facing the cytoplasm. Thus the overall structure of this gene is very similar to other callose synthases.

Interestingly, a DNA sequence nearly identical to a part of *OsGSL5* is found in the rice mitochondrial genome. In the present study, this 3.0 kb mitochondrial DNA was named *OsGSLmt*. As shown in Fig. 9, *OsGSLmt* shows high sequence similarity (93% at the amino acid level, 74% at the nucleotide level) to the genome sequence of *OsGSL5* (from the 29th intron to the 38th exon), which encodes the C-terminal half of the large central loop and four transmembrane helices.

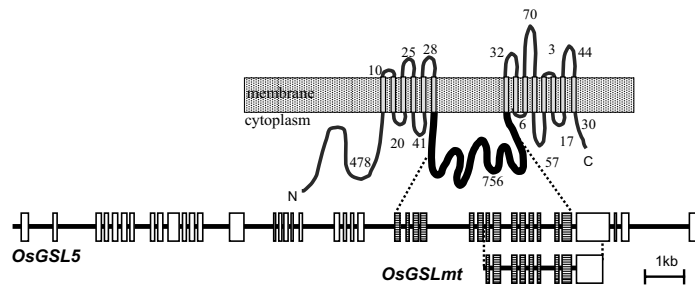


Fig. 9 Gene structure of *OsGSL5* and *OsGSLmt* and predicted organization of *OsGSL5* protein in a plasma membrane.

The long rectangle and the vertical grey bars indicate the membrane and the transmembrane regions, respectively. Numbers represent the sizes of loops in amino acids, and the N-terminus (N) and the C-terminus (C) are indicated. Exons are indicated by open and striped boxes.

## 4 Discussion

Callose wall synthesis during microsporogenesis has been shown to be required for pollen fertility (Dong *et al.* 2005). In this study, the rice genomic sequence was annotated to determine the structure of 10 deduced rice callose synthases (*OsGSLs*). To my knowledge, this is the first report of full annotations and phylogenetic analyses of all callose synthase genes in a monocot plant genome, and this information is fundamental to the understanding of diverse functions of callose synthases in monocot plants. Also, gene expression profiles of callose synthases and Rop proteins in rice anther were investigated.

By phylogenetic analysis of plant GSL sequences, at least four subgroups, each containing rice and *Arabidopsis* GSL members, were identified (Fig. 5). This suggests that the functional differentiation of plant GSLs occurred before monocot-dicot divergence. In *Arabidopsis*, 4 of the 12 *AtGSL* genes, *AtGSL1*, *AtGSL2*, *AtGSL5*, and *AtGSL6*, have been characterized previously, and *AtGSL1*, *AtGSL2*, and *AtGSL5* have been shown to play essential roles in pollen development. In the present study, among 10 *OsGSL* genes in the rice genome, an anther-specific member was found. The results shown in Fig. 8 demonstrate that *OsGSL5* was specifically expressed in anthers, with moderately higher amounts at the young microspore stage and at the early middle stage rather than the anthesis stage, and was notably downregulated by the cooling treatment. By microscopic observation, callose envelopes that surround tetrad cells have

been shown to be thicker in barley than in rice (Koike *et al.* 2003), but there is no information regarding the change in callose wall thickness due to chilling during early microsporogenesis. Since *AtGSL2*, an ortholog of *OsGSL5*, is required for exine formation during microgametogenesis and pollen viability (Dong *et al.* 2005), *OsGSL5* might play essential role in callose synthesis during microsporogenesis. Meanwhile, another 8 *OsGSL* genes, except for *OsGSL3*, were also expressed in anthers, leaves, and roots. In *Arabidopsis*, two closely related and linked genes, *AtGSL1* and *AtGSL5*, were expressed in all parts of the unwounded *Arabidopsis* plant. They are responsible for the formation of the callose wall that separates the microspore of the tetrad (Enns *et al.* 2005). Therefore, other *OsGSLs*, including *OsGSL2*, an ortholog of *AtGSL1* and *AtGSL5*, might play key roles in callose synthesis during microsporogenesis. Chilling treatment of rice anther at the microspore release stage perturbs normal pollen development and causes male sterility. Mutations of the *AtGSL2* gene resulted in severe sterility because of the degeneration of microspores (Dong *et al.* 2005). Thus it is possible that *OsGSL5* is somehow downregulated by chilling temperatures during anther development and that microspore development is consequently disturbed.

*OsGSL5* encodes a membrane protein of 1,913 amino acids. Similarly to other callose synthases, the transmembrane domains are clustered in two regions separated by a large hydrophilic domain (756 amino acids) that faces the cytoplasm and might play a role in the interaction with other components of the callose synthase (CalS) complex. The central loop of *OsGSL5* contains the putative catalytic site, which characteristically lacks the D, D, D and QXXRW motifs implicated in the binding of UDP-glucose and the transfer of the glucosyl group in bacterial and plant cellulose synthases (Verma and Hong 2001). The catalytic subunit of CalS1 has been shown to interact tightly with UDP-glucose transferase (UGT1) containing the UDP-glucose binding signature (Hong *et al.* 2001). Therefore, *OsGSL5* might be responsible for the synthesis of callose required for fertile pollen development in rice.

It is known that up to 13.4% of the mitochondrial genome was derived from nuclear genome in rice (Notsu *et al.* 2002). Since *OsGSLmt*, which has been identified as *orf241* by Notsu *et al.*, is not transcribed in rice (Notsu *et al.* 2002), the transfer of *OsGSL5* from nuclear genome to mitochondrial genome appears to confer no selective advantage, like most other transfer events. However, an *OsGSL5* sequence flow from nucleus to mitochondrial genome might well further uncover the meanings and mechanisms of genetic fluidity and plasticity during flowering plant evolution.

In *Arabidopsis*, it has been suggested that CalS1 (*AtGSL6*) activity is regulated by Rop1 through interaction with UGT (Hong *et al.* 2001). The fully sequenced rice genome has seven *Rops*. Based on phylogenetic analyses, the monocot Rop family can be subdivided into at least three groups, and the orthology for specific rice and maize *Rops* have been predicted (Christensen *et al.* 2003). *OsRacB* was expressed highly in anther at the anthesis stage (Fig. 8), which is the same expression pattern as that of *rop2* and *rop9*, maize orthologs of *OsRacB* (Christensen *et al.* 2003). This suggests a functional analogy of *OsRacB* together with maize *rop2* and *rop9* with the *AtRop1*-related group from dicots, which is required for pollen tube growth and polarity. Interestingly, in both rice anther at the microspore stage (Fig. 8) and maize tassel at the meiosis stage (Christensen *et al.* 2003), overlapping *Rops* expression patterns were observed. Based on these observations, it was hypothesized that the rice *Rops*, such as *OsRac1*, *OsRac3*, *OsRop4*, *OsRop5*, and *OsRacD* belonging to multiple gene clusters, can cooperatively regulate the activity of callose synthesis at the microsporogenesis stage as members of the CalS complex. Recently, specific RNA silencing of each of the seven *OsRac* members was reported (Miki *et al.* 2005). Using this useful method, the functional importance of each *OsRop* and *OsGSL* member in callose synthesis during microsporogenesis and its chilling response will probably be clarified.

In summary, these data suggest possible roles of distinct members of *OsGSLs* and *OsRops* in pollen development and response to chilling temperatures. Further experimentation regarding *OsGSL* and *OsRop* genes, including genetic

analysis of tagged lines or RNA-mediated gene-specific suppression lines, and/or promoter-GUS assay or histochemical analysis, will be necessary in order to define their functions in rice anther under chilling response. In order to improve the chilling-tolerance of rice anther at the microspore stage, it should also be useful to execute biochemical analyses regarding the interactions between GSL, UGT, and Rop proteins in callose synthesis, and their involvement in the chilling-tolerance of rice anther.

#### **IV cDNA microarray analysis of rice anther genes under chilling stress at the microsporogenesis stage revealed two genes with DNA transposon *Castaway* in the 5'-flanking region**

##### **1 Introduction**

In the northern part of Japan, rice crop production is occasionally damaged severely by low temperatures in summer. The most chilling-sensitive stage of rice was determined to be at the onset of microspore release (Hayase *et al.* 1969). In effect, chilling treatment at this stage causes tapetum hypertrophy and disordered microspore development, and consequently gives rise to a high degree of male sterility (Nishiyama 1970).

Pollen development begins with the division of diploid archesporocytes in the anther, giving rise to microsporocytes and tapetal cells. The tapetum forms a single layer of cells around the anther locule and provides nutrients and enzymes for microspore development. The microsporocytes produce a wall of callose composed primarily of  $\beta$ -1,3-glucan, and undergo meiosis (Eschrich and Currier 1964). At the end of meiosis, tetrads of haploid microspores are freed into the locule by the action of a  $\beta$ -1,3-glucanase (callase) which is secreted by the tapetal cells (Stieglitz and Stern 1973). In transgenic tobacco plants in which  $\beta$ -1,3-glucanase is induced prematurely, little fertile pollen is produced (Worrall *et al.* 1992). Therefore, the timing of  $\beta$ -1,3-glucanase activity is essential for the developing microspores. A  $\beta$ -1,3-glucanase gene was isolated from rice anther at the microspore stage (Yamaguchi *et al.* 2002), and the role of gene expression in chilling injury is now under investigation.

Mechanisms of chilling tolerance in plant seedlings have long been studied intensively with a focus on membrane structure and function (Nishida and Murata 1996). Chilling tolerance was enhanced in transgenic tobacco into which a gene for glycerol-3-phosphate acyl transferases or chloroplastic fatty acid desaturases from *Arabidopsis* was introduced (Kodama *et al.* 1994; Murata *et al.* 1992). Another mechanism involves cellular defense against membrane lipid peroxidation caused by a chill-induced increase in the generation of reactive oxygen species such as superoxide, hydrogen peroxide, and hydroxyl radicals (Prasad *et al.* 1994).

So far, very little information has been revealed regarding the molecular aspects of chilling damage in rice microspore development, and the anther genes which participate in this process have not been identified. Recently, the development of microarray technology has provided a potent tool for the nonexclusive analysis of gene expression (Schena *et al.* 1995). Several reports using microarray analysis in plants have been published (Akimoto-Tomiya *et al.* 2003; Negishi *et al.* 2002; Petersen *et al.* 2000; Schaffer *et al.* 2001; Seki *et al.* 2001). In the present study, a cDNA microarray containing 8,987 rice EST clones was used to analyze the gene expression profile in rice anther at its early microspore stage under chilling. 160 ESTs were up- or down-regulated by chilling in rice anther. Three novel genes whose expression levels were conspicuously varied by chilling in rice anther were identified. In particular, two genes have MITE *Castaway* sequences at nearly the same position in the 5' upstream region. Their molecular characteristics and expression patterns are discussed.

## 2 Materials and Methods

### 1) Plant materials and growth conditions

Rice plants (*Oryza sativa* L. cv. Hayayuki) were grown in 200 cm<sup>2</sup> Wagner pots filled with paddy field soil, to which 0.9 g each of nitrogen, phosphorus, and potassium, 0.3g each of magnesium and calcium, and traces of iron and manganese were added. A growth chamber (12 h light (300  $\mu$ E/m<sup>2</sup>/s) at 26 °C; 12 h dark at 20 °C, relative humidity 75%) was used. Rice anthers at the early microspore stage, *i.e.*, the uninucleate microspore stage containing tetrads and microspores, were identified as previously described (Satake and Hayase 1970). Chilling treatments were done at 12 °C for 120 h (5 d) from the early microspore stage (50 d after sowing, -10 to -7 cm of auricle distance). Anthers were collected and frozen immediately in liquid nitrogen.

### 2) RNA preparation

Total RNA was extracted from frozen samples according to the method of Bekesiova *et al.* (Bekesiova *et al.* 1999). Total RNA was extracted from rice anthers and 40  $\mu$ g was used for each microarray analysis.

### 3) Microarray preparation

Microarray analysis was performed basically as previously described (Yazaki *et al.* 2000). The rice cDNA microarrays were prepared on aluminum-coated and DMSO-optimized glass slides. The sequences used in the construction were generated by PCR. The PCR products were purified by QIAquick 96-column (QIAGEN). DNA solutions were arrayed robotically using a Generation III ArraySpotter (Amersham Pharmacia).

### 4) Fluorescent labeling of probes

Isolated total RNA was reverse-transcribed with Cy5dCTP (Amersham Pharmacia). Reactions were incubated for 2.5 h at 42 °C with 80  $\mu$ g of total RNA, oligo-(dT)25, random nonamer, control RNA, 1  $\times$  SuperScript II reaction buffer, 10 mM DTT, 2 mM dATP, 2 mM dTTP, 2 mM dGTP, 1 mM dCTP, 1 mM Cy5dCTP, and SuperScript II reverse transcriptase. The reactions were denatured at 94 °C for 3 min and the RNA was degraded by incubation with 4  $\mu$ l of 2.5 N NaOH at 37 °C for 15 min. Following degradation, the mixture was neutralized with 20  $\mu$ l of 2 M HEPES buffer. The labeled probes were purified using a QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN) and dried using a vacuum concentrator. The dried probes were resuspended in 9  $\mu$ l of water and denatured at 95 °C for 4 min, and 6  $\mu$ l of Oligo A80 (1 mg ml<sup>-1</sup>) and 45  $\mu$ l of ExpressHyb (Clontech) were added to the resuspended probe.

### 5) Hybridization on microarrays and analysis

Glass slides were incubated with a final volume of 30  $\mu$ l of probe at 55 °C for 5 h in the dark. After hybridization, the glass slides were washed in 1  $\times$  SSC/0.2% SDS for 10 min at 55 °C in the dark, then in 0.1  $\times$  SSC/0.2% SDS for 10 min at 55 °C twice in the dark, and finally in 0.1  $\times$  SSC for 1 min at room temperature twice. After the final wash, the slides were briefly rinsed with distilled water and air-dried. The hybridized and washed microarrays were scanned using an Array Scanner Generation III (Amersham Pharmacia). ArrayGauge (FujiFilm) was used for image analysis.

### 6) RT-PCR analysis of genes

The first strands of the cDNA mixture were generated from 1.0  $\mu$ g of total RNA and 2.5  $\mu$ M Oligo d(T)16 primer. Reverse transcription was done for 30 min at 42 °C using ReverTra Ace -a- (Toyobo) according to the manufacturer's instructions. The PCR reaction mixture (10  $\mu$ l) contained 0.1  $\mu$ l of reverse-transcribed first strands of cDNA in 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 50 mM KCl, 0.01 mg/ml gelatin, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 6  $\mu$ M each of two primers (1904f: 5'-GTTCCATGTACGAAGCTCCC-3' and 1904r: 5'-CACAAAGACGGGCGCATCAG-3' for amplifying *SAMD1*; 314f3: 5'-AGATATGGCAGTCGGCAGG-3' and 314r3: 5'-CGTTGGCGCTGTCTTCATG-3' for amplifying *OPDAR1*; *SalTf1*: 5'-GACGCTGGTGAAGATTGGCC-3' and *SalTr1*: 5'-GGCCATGGGTTCCAGAAATC-3' for amplifying

*OsSalT*; *Act1f02*: 5'-CGCAGTCCAAGAGGGGTATC-3' and *Act1r03*: 5'-TCCTGGTCATAGTCCAGGGC-3' for amplifying rice actin 1; 4923f8: 5'-GAGAACACGCTCATCCACAG-3' and 4923r: 5'-TGCTAGCAGCAGCTTG-GCTC-3' for amplifying *Radc1*), 200  $\mu$ M each of dNTP mixture, and 0.04 unit/ $\mu$ l of AmpliTaq Gold DNA polymerase (Applied Biosystems). Thirty-five cycles of PCR (94 °C for 0.5 min, 60 °C for 1 min, 72 °C for 2 min) were carried out. PCR products were separated by electrophoresis in 1.5% agarose gels, stained with ethidium bromide and visualized using the BioDoc-It System (UVP).

### 3 Results

#### 1) Identification of chilling-regulated genes using the cDNA microarray

To analyze the gene expression profile during chilling stress in rice anther at the early microspore stage, a microarray containing 8,987 cDNAs of rice EST was used. As a total of 37,544 non-transposable-element-related protein-coding genes were identified (International Rice Genome Sequencing Project 2005), about one-fourth was contained in this array. Total RNA was isolated from the rice anthers at the tetrad stage and the middle microspore stage with or without chilling treatment during the tetrad stage, and fluorescence-labeled by reverse transcription before hybridization. The signal intensities from labeled targets derived from chilled and unchilled anthers were compared. On one slide, each cDNA clone was spotted in duplicate and the experiment was repeated twice. For each experiment,  $\chi$  values were calculated by common logarithmic transformation of each signal intensity. Subsequently, Z scores were calculated to normalize the sample values to account for variations in RNA labeling, according to the formula  $Z = (\chi - \mu) / \delta$ , where  $\mu$  and  $\delta$  are the mean and standard deviation of about 4500  $\chi$  values which are spotted on half of one slide, respectively. Finally, for each EST, two Z scores of duplicate spots on a glass slide were averaged. EST was considered to be chilling-inducible or chilling-repressible if the difference of averaged Z score (unchilled Z score - chilled Z score) was below -1.0 or above 1.0, respectively. Approximately, a difference of averaged Z scores of 1.0 corresponds to a two-fold difference in original signal intensity. As many as 160 ESTs were identified as being potentially responsive to chilling stress in rice anther at the early microspore stage, as they were found reproducibly in 2 experiments. Of these genes, the expression of 38 (24%) was up-regulated and that of 122 (76%) was down-regulated. These 160 ESTs were classified according to their putative functions based on EST descriptions and a protein database search by BLAST algorithm (annotations with similarity scores greater than 40 bits) (Table 2). About 36% of the chilling-responsive ESTs are of unknown function. Most of the chilling-responsive ESTs related to primary metabolism, signal transduction, defense, proteolysis including proteases, and secondary metabolism including 12-oxo-phyto-dienoic acid reductases (OPDARs) showed down-regulation. In contrast, genes related to translation, such as ribosomal protein, showed up-regulation in chilled anthers (Table 2).

**Table 2** Complete list of genes that are significantly up- or down-regulated by chilling stress in rice anther

Clone	EST accession	Putative ID	difference of averaged Z scores	
<b>primary metabolism</b>				
7438	AU056550			
3092	AU064119	AU101254	3-ketoacyl-CoA thiolase-like protein	1.9
7555	AU076256	AU076257	acyl-CoA oxidase	1.1
3787	AU064238	AU172746	adenosine monophosphate binding protein 3	1.0
163	AU166291	AU166292	adenosylhomocysteinase	1.4
826	AU068387	AU166535	alpha-amylase isozyme 3D precursor	1.3
3730	C73655	AU108182	alpha-amylase isozyme 3D precursor	1.2
8098	D48949	AU097625	beta-ketoacyl synthase	1.4
6219	D24338	AU173217	bifunctional nuclease	1.1
7281	AU056257	AU056258	beta-ketoacyl reductase	1.0
5419	AU095385	AU095386	carbonic anhydrase	2.3
5474	AU164935	AU164936	cysteine synthase	1.6
469	C93441	AU166412	cysteine synthase	1.9
2519	C71989	AU101080	hexokinase 1	1.6
2559	AU101108	AU101109	invertase	1.5
1425	AU108817	C97061	lipase	1.0
8085	D48732	AU032835	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	1.0
8589	D40492	AU174256	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	2.1
2791	C72731	AU165528	oxalate oxidase	1.2
8304	D39365	AU163158	plant short chain alcohol dehydrogenase	1.0
8428	AU174192		sucrose synthase	1.9
5214	AU101521	AU101522	sucrose synthase	1.7
31	C25787	AU102080	3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase	-1.0
414	C26203	AU100677	glutamine synthetase shoot isozyme	-1.1
3444	C99346	AU101318	glycine decarboxylase complex H-protein	-1.1
5695	AU174855	AU174854	<i>Homo sapiens</i> h-bcs1 (BCS1) mitochondrial protein	-1.5
			nonspecific lipid-transfer protein 2 precursor (LTP 2)	-1.2
<b>signal transduction</b>				
4154	C74259	AU091362	CaM-like protein	2.0
7219	AU056086	AU056087	CBL-interacting protein kinase 1 (CIPK1)	1.0
6586	D25079		finger protein WZF1	1.1
4082	C74114	AU091318	NAC-like protein	1.2
2459	C71770	C98483	RING finger-like protein	1.2
4278	AU162272	AU029581	WD domains, G-beta repeats	1.0
3298	C19151	AU091905	homeobox 1 protein OSH1	-1.2
4105	C74163	AU101400	RING-box protein	-1.2
<b>transcription</b>				
7594	AU057316	AU057317	<i>Arabidopsis thaliana</i> scarecrow-like 1 (SCL1)	1.1
4389	C91785	AU172851	Dof zinc finger protein	1.1
7463	AU162697	AU056522	OsNAC6 protein	1.1
641	AU166454	AU166455	the largest subunit of RNA polymerase II	1.1
<b>defense</b>				
2693	C72401	AU172487	<i>Arabidopsis thaliana</i> ERD15 protein	1.0
121	D22210	C96640	chitinase	1.0
8614	D40768	AU174271	low temperature and salt responsive protein LTI6B	1.1
7113	AU055773	AU055774	metallothionein-like protein	1.3
7645	AU057501	AU057502	metallothionein-like protein	1.3
2142	AU063562	AU172350	<i>OsSalt</i>	2.1
8849	AU066156	AU161751	<i>OsSalt</i>	2.4
995	AU068611	AU166664	<i>P. vulgaris</i> PVPR3 protein	1.3
7493	AU075857	AU075858	PR protein	1.5
8556	D40265	AU163222	peroxidase FLXPER4 (PER4)	1.0
7179	AU162644	AU056017	ascorbate peroxidase	1.4
315	C25998	AU092225	ascorbate peroxidase	-1.0

Continued on next page

**Table 2 (Continued)**

Clone	EST accession	Putative ID	difference of averaged Z scores	Clone	EST accession	Putative ID	difference of averaged Z scores	
<b>translation</b>				<b>unknown</b>				
7640	AU070286	AU173957	chloroplast 30S ribosomal protein S7	2.1	348	AU062521	AU166365	1.1
8135	AU070441	AU174085	chloroplast 30S ribosomal protein S8	1.2	479	C26301	AU166411	-1.1
2302	AU175087	AU175088	protein translation factor SUI1	1.2	1218	C26865	AU166775	1.3
7320	AU077773	AU077774	protein translation factor SUI1	1.2	1559	AU069076		1.4
9031	AU161922	AU161923	protein translation factor SUI1	1.0	1690	C27876	AU100890	1.6
124	D22238	C96682	elongation factor 1-gamma	-1.0	3003	AU078191		1.5
159	AU102118	C96770	elongation factor 1-gamma	-1.1	3026	C73175	AU172643	1.0
5341	AU031252		40S ribosomal protein S15	-1.1	3068	C98974		1.0
312	AU062501	AU092216	60S acidic ribosomal protein P0	-1.0	3273	AU172688		-1.2
668	AU062621	AU108592	60S acidic ribosomal protein P0	-1.0	3297	C19175	AU094360	-1.9
5464	AU164919	AU031524	60S ribosomal protein L18	-1.1	3325	C19310		-1.7
5501	AU095410	AU031615	60S ribosomal protein L2 (L8)	-1.1	3434	AU162217	C99361	-1.1
5905	AU164554		60S ribosomal protein L7	-1.0	3653	C20268		1.2
104	D22132		ribosomal protein L18a	-1.2	3673	C20375		1.0
3427	C19518	C99258	ribosomal protein S4 type I (rps4)	-2.1	3693	C20472		1.0
<b>cell structure</b>								
7891	D47590	AU082750	HMG protein	1.1	3726	C73631	C99434	2.0
5402	AU095352	AU031408	pistil extensin like protein	-1.0	3780	AU078130	C99517	1.0
125	AU166286		villin 3	-1.0	4012	AU164283		1.0
<b>transport</b>								
6457	D24715	AU173362	<i>E. coli</i> cation transport protein ChaC	1.0	4019	AU064364		1.0
7621	AU173952	AU057343	vacuolar sorting receptor	1.1	4174	AU058082		-1.3
603	C26456	AU164984	beta prime COP coatomer protein	-1.1	4217	AU101426	AU172815	4.0
133	C96646	AU166285	cation-chloride co-transporter	-1.0	4271	AU162267	AU029519	1.0
<b>proteolysis</b>								
651	C26503	AU091279	aspartic proteinase precursor	1.4	4339	C91704	AU029692	1.0
8125	D49033	AU101829	AtAPG8c mRNA for autophagy 8c	1.1	4345	C74445	AU172829	1.2
4332	C91690	AU029682	cysteine proteinase 1 precursor	1.0	5694	AU174850		-1.2
7147	AU055940	AU055941	oryzacystatin-I	1.4	5766	AU174902	AU174903	1.4
2744	C98695		polyubiquitin	1.0	6204	D24309	AU173209	-1.6
4923	AU172968	AU166209	Radcl	2.6	6255	D24399	AU031803	-1.2
8640	AU174285	AU174286	Radcl	3.6	6666	AU181075		1.5
4949	AU065677	AU030354	serine proteinase	1.1	6714	AU032158	AU175073	1.1
528	C26358	AU100706	SEC61 alpha subunit	-1.4	6921	AU077754	AU077755	1.1
<b>secondary metabolism</b>								
7405	AU056351		dihydrofolate reductase	1.3	7003	AU078041	AU078042	1.3
132	C96685	C96686	OPDAR	1.2	7022	AU071077	AU162620	1.4
314	C26019	AU092237	OPDAR	1.2	7059	AU071233		1.9
339	C26097	AU093231	OPDAR	1.4	7323	AU057050		1.5
7329	AU057040	AU057041	OPDAR	1.0	7369	AU057246	AU057247	2.1
9071	AU175176	AU176556	shikimate kinase precursor	1.0	7381	AU057197	AU057198	1.4
689	C26568	AU108589	SAMDC	-1.0	7386	AU057208		1.4
883	AU062686	AU166559	SAMDC	-0.8	7388	AU173946	AU057231	1.3
1904	C28220	C97560	SAMDC	-1.0	7586	AU057277		1.1
53	AU067858	AU067859	xanthine dehydrogenase	-1.0	7611	AU162748	AU057349	1.4
<b>storage protein</b>								
8808	AU174343	AU174344	OsSBP for selenium binding protein	1.1	7627	AU057395	AU057396	1.1
8232	D49189	AU082276	maize Fer1	1.2	7639	AU057483	AU057484	1.3
<b>energy production</b>								
7813	AU075867	AU075868	ATP synthase C chain	1.6	7748	AU057862		1.0
4506	AU064654	AU094876	ATP synthase delta chain	1.2	7757	AU057824	AU057825	1.1
5918	D23879	AU031680	cytochrome b5 reductase (NFR)	-1.6	8101	D48962	AU163113	1.5
<b>other</b>								
6872	AU070733		cytochrome P450	1.5	8133	D49049		1.2
7846	AU173996		Cyt-P450 monooxygenase	1.0	8153	AU101838	AU101839	1.5
6249	AU173240	AU173241	isopenicillin N epimerase	1.1	8199	AU162105	AU162106	1.8
2365	AU174453		lectin precursor (agglutinin)	1.0	8244	D49239	AU101865	1.3
3764	C73711	C99490	male sterility protein 2	1.7	8258	D49335	AU101883	1.4
2371	AU174447		Acyl-CoA-binding protein	-1.2	8727	D41415	AU033134	1.0
					8814	AU161719	AU161720	1.7
					8909	C25216	AU174362	1.0
					8934	AU181057		1.1
					9000	AU161904		1.2
					9005	AU102062	AU102063	1.6
					9054	AU097686		1.0

## 2) Analysis of rice *OPDARs* and *SAMDCs*

Among the 8,987 rice ESTs on the microarray, 5 ESTs are annotated to encode *OPDARs* and 4 of them were down-regulated by chilling stress in rice anther. There are at least 3 copies of *OPDAR* in the rice genome. The sequence of the most chilling-responsive clone (accession number C26097) was almost identical to the nucleotide sequence of an ORF in AP003525, which is derived from chromosome 6 at 32.7 cM. This gene was designated *OPDAR1* (DDBJ accession No. AB122088). Two chilling-responsive clones (accession numbers C96685 and AU093231) also encoded *OPDAR1*.



One chilling-responsive EST clone (accession number AU057040) and one non-chilling-responsive EST clone (accession number D24670) encoded another copy of OPDAR on chromosome 6. These EST clones have up to 88% identities to *OPDAR1*, but the length of the responsive one is about 0.8 kb and that of the non-chilling-responsive one is about 0.5 kb. Among the 8,987 rice ESTs on the microarray, 5 ESTs were annotated to encode S-adenosylmethionine decarboxylases (SAMDCs) and 3 of them were up-regulated by chilling stress in rice anther. There are at least 3 copies of SAMDC in the rice genome. The sequence of the most chilling-responsive clone (accession number C28220) was almost identical to the nucleotide sequence of an ORF in AP005420 which is derived from chromosome 9. This gene was designated *SAMDC1* (DDBJ accession No. AB122089). One chilling-responsive clone (accession number AU062686) also encoded *SAMDC1*. One chilling-responsive EST clone (accession number C26568) encoded another copy of SAMDC on chromosome 4. It has up to 89% identity to *SAMDC1*. Two non chilling-responsive EST clones (accession numbers AU100691 and AU056203) encoded yet another copy of SAMDC on chromosome 2, and has up to 85% identity to *SAMDC1*.

### 3) Sequence analysis of *Radc1*

Among the 8,987 rice ESTs on the microarray, 2 ESTs (accession numbers AU172968 and AU174285) with almost identical nucleotide sequences were remarkably down-regulated by chilling stress in rice anther. Their sequences were almost identical to the nucleotide sequence of an ORF in AC125471 which is derived from chromosome 3. This gene was designated *Radc1* (*rice anther down-regulated by chilling 1*; DDBJ accession No. AB122090). The *Radc1* amino acid sequence has an aspartic protease motif which shows 29/48% identity/similarity at the amino acid level with the tobacco chloroplast DNA-binding protein CND41, but lacks the N-terminal Lys-rich helix-turn-helix motif which is essential for DNA binding in CND41 (Fig. 10). In the upstream region of the *Radc1* gene, *Castaway*, a kind of MITE sequence exists (Fig. 11). *Castaway* also exists in the upstream region of the high-salt- and drought-inducible *OsSalt*

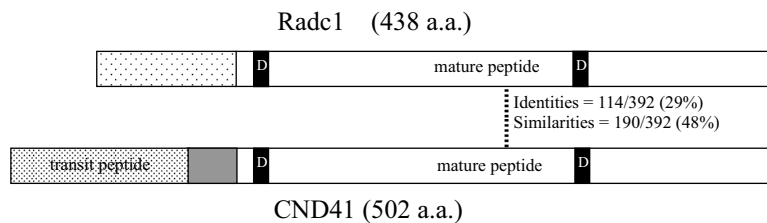


Fig. 10 Domain organization of *Radc1* and CND41.

The dotted box, the shaded box, and the black box represent transit peptide, Lys-rich helix-turn-helix motif, and active site aspartic acid residue, respectively.

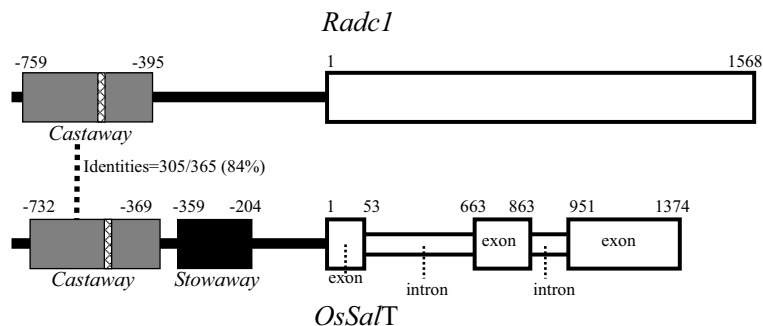


Fig. 11 Comparison of *Radc1* and *OsSalt* genes.

The shaded box and the black box represent *Castaway* and *Stowaway*, respectively. The hatched boxes in *Castaway* represent ABA-responsive elements (TACGTGGC).

gene (Fig. 11) (Claes *et al.* 1990). *OsSaIT* has another MITE sequence, *Stowaway*, in the upstream region (Fig. 11) (Bureau *et al.* 1996). *Castaway* found in *Radc1* shows 84% sequence identity with *Castaway* found in *OsSaIT* (Fig. 11).

#### 4) Expression analysis of selected genes

To verify and confirm the microarray data, the expression of 5 ESTs, on which I focused for more detailed analysis, was examined by RT-PCR analysis. These 5 ESTs included up- and down-regulated genes and a non-responsive gene in the microarray experiment. For RT-PCR expression analysis, I used 4 sets of fixed oligonucleotide primers that are designed to put an intron between forward and reverse primers in order to distinguish between the amplification from genomic DNA (*SAMDC1*: 0.49 kbp; *OPDARI*: 0.39 kbp; *OsSaIT*: 0.35 kbp; *Act1* (rice actin 1 gene): 0.75 kbp) and that from spliced-out cDNA (*SAMDC1*: 0.39 kbp; *OPDARI*: 0.27 kbp; *OsSaIT*: 0.25 kbp; *Act1*: 0.50 kbp). As shown in Fig. 12, constitutive expression of *Act1* was confirmed by this RT-PCR experiment. As the 4 primer sets did not amplify the fragments which had sizes corresponding to non-spliced-out genomic DNA, the possibility of genomic DNA contamination in the RNA samples used was ruled out. A set of fixed oligonucleotide primers (4923f8 and 4923r) was used to check the expression profile of the *Radc1* gene by the above-mentioned RT-PCR method. All of the results were consistent with the microarray data shown in Table 2. Through the application of chilling stress in rice anther, the expression of *OPDARI*, *Radc1*, and *OsSaIT* was repressed and the expression of *SAMDC1* was induced.

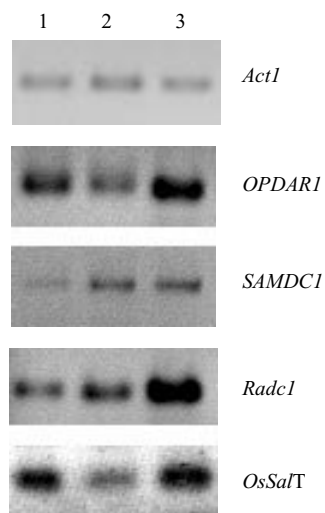


Fig. 12 RT-PCR analysis of *Act1*, *OPDARI*, *SAMDC1*, *Radc1*, and *OsSaIT* genes.

The first strands of the cDNA mixture were generated from total RNA from rice anthers. The PCR products were electrophoresed in agarose gel and visualized with ethidium bromide. The template cDNAs are the anthers at meiosis (lane 1), the anthers at microspore middle stage, just after chilling at 12 °C for 5 d (lane 2), and the anthers at the microspore middle stage (lane 3).

## 4 Discussion

In this study, microarray analysis was used to determine the gene expression profile in rice anther at the microspore release stage under chilling stress. Normalized log scores were obtained from two independent microarray experiments. As many as 160 ESTs were identified as chilling-inducible or -repressible in rice anther. These genes have a broad spectrum of potential functions based on their sequence similarities (Table 2). The scores of ESTs with similar sequences, such as *OPDARI*, *SAMDC1* and *Radc1*, showed similar changes in expression level (Table 2). These results indicate that microarray analysis is an efficient and reliable method for screening both up- and down-regulated genes under conditions of interest. However, ESTs homologous to a glucanase gene isolated from rice anther were not included in the list of 8,987 cDNAs on the microarray that was used. A potential problem of microarray research is that sequence similarity between closely related genes may lead to cross-hybridization. Also, in this experiment, orthologs of *OPDARI* or *SAMDC1* which have up to 88~89% identity showed similar chilling-responsive expression patterns.

RT-PCR experiments with gene-specific primer might be used to confirm the chilling-responsive expression pattern of a particular gene (Fig. 12).

Aspartic proteinases (APs) (EC3.4.23) are one of the major classes of proteolytic enzymes showing acidic pH optima for enzymatic activity (Davies 1990). Typical plant APs have a high degree of similarity with those of animals and microbes, but plant AP proteins contain an extra plant-specific sequence (PSS) of approximately 100 residues, which shows high sequence and topological similarity to saposins, sphingolipid-activating proteins in mammalian cells. PSS has a putative membrane-binding region and may play a role in vacuolar transport of plant APs (Guruprasada *et al.* 1994; Mutlu and Gal 1999; Vaccaro *et al.* 1993). The tobacco chloroplast nucleoid DNA-binding protein CND41 and Radc1 protein lack the PSS sequence. As shown in Fig. 10, an aspartic protease motif of Radc1 shows significant similarity to CND41, but lacks the N-terminal Lys-rich helix-turn-helix motif that is essential for DNA binding in CND41 (Nakano *et al.* 1997). The results shown in Fig. 12 indicate that *Radc1* is notably repressed by chilling in rice anther. Hence, Radc1 may play some regulatory role that is different not only from typical plant APs associated with cell death or plant defense, but from chloroplast DNA-binding protein. It is possible that Radc1 may degrade some proteins related to anther development and its response to chilling temperatures in rice plants.

Over 40% of the rice genomic sequence is repetitive DNA and most of this is related to transposable elements (Goff *et al.* 2002; Yu *et al.* 2002). The class 1 long-terminal repeat retrotransposons form the largest component of transposable elements, comprising 14% of the rice genome, but numerically, MITEs constitute the largest group, covering about 6% of the genome with over 100,000 elements classified into hundreds of families (Jiang and Wessler 2001; Tarchini *et al.* 2000). MITEs are non-autonomous class 2 elements, but *Stowaway*-like and *Tourist*-like MITEs can now be connected with two superfamilies of transposases: *Tc1/mariner* and *PIF/harbinger* respectively (Feschotte *et al.* 2002). Recently, an active MITE family, *miniature Ping (mPing)*, was found in rice, and the correlation between *mPing* insertion in the *slender glume* allele and the slender mutation of glume was confirmed (Jiang *et al.* 2003; Kikuchi *et al.* 2003; Nakazaki *et al.* 2003). These *mPing* elements have undergone amplification more extensively in the temperate *japonica* than in the tropical *japonica* cultivar (Jiang *et al.* 2003). In wild rice, *Oryza eichingeri*, two MITEs, *Castaway* and *Stowaway*, in the 5' upstream region of *OsSalT*, were shown to be not inserted (Bureau *et al.* 1996). ABA-responsive elements, which are known to regulate cold-inducible gene expression (Seki *et al.* 2001), were also conserved in the same position of *Castaway*, inserted in the 5'-flanking region of *Radc1* and *OsSalT*. *OsSalT* mRNA accumulates very rapidly in the sheaths and roots of mature plants and seedlings upon treatment with ABA (Claes *et al.* 1990). Therefore, the similar down-regulated expression pattern of *Radc1* and *OsSalT* under chilling in rice anther and the nearly identical position of the same *Castaway* insertion in the 5'-flanking region of the two genes is reminiscent of the possibility that the rice plant adapted to environmental extremes through transposon activation by stresses such as chilling and drought during the domestication of temperate *japonicas*. Since the *Castaway*-like sequence was not found in the 2 kbp 5'-flanking regions of 156 other chilling-responsive ESTs (data not shown), a further search for chilling-responsive *Castaway* elements in the rice genome and promoter-GUS assay under chilling conditions will be necessary in order to define the functions of *Castaway* in the chilling response in rice anther.

Jasmonate (JA) is involved in plant responses to several biotic and abiotic stresses and is a signal compound that regulates plant growth and development (Creelman and Mullet 1997). In *Arabidopsis*, the function of JA in anther development and pollen fertility is known to be essential. The JA-defective mutants in *Arabidopsis* are male-sterile because anther filaments do not elongate enough, and anther locules do not dehisce, and moreover, pollen grains on the mutant plants are inviable even though they develop to the trinucleate stage (Ishiguro *et al.* 2001; Sanders *et al.* 2000). JA has

been shown to increase the chilling tolerance of tomato fruit (Ding *et al.* 2002). OPDAR is the key enzyme in JA biosynthesis. To my knowledge, there is no information regarding the relationship between JA and anther development in rice and other cereal crops. The results shown in Fig. 12 indicate that *OPDAR1* expression is remarkably repressed by chilling in rice anther, implying that *OPDAR1* and JA play some role during anther development and its response to chilling temperatures in the rice plant.

Polyamines (PAs) are involved in many biological processes in plants (Kumar *et al.* 1997). The stress tolerance of plants is correlated with their capacity to enhance the biosynthesis of polyamines under stressful conditions (Bouchereau *et al.* 1999). A close correlation between the chilling tolerance of rice cultivars and putrescine accumulation in leaves under chilling stress has been found (Lee *et al.* 1995). In a chilling-tolerant cultivar of cucumber, synthesis of spermidine was increased in leaves during chilling treatment, while it was not in a chilling-sensitive cultivar (Shen *et al.* 2000). SAMDC is the key enzyme in PA biosynthesis that decarboxylates S-adenosylmethionine and supplies an aminopropyl moiety to putrescine and spermidine (Song *et al.* 2002). Low SAMDC activity is a major cause of poor performance of tomato pollen germination at high temperatures. To my knowledge, no prior study has elucidated the relationship between PA and microspore development in the rice plant. The results shown in Fig. 12 indicate that *SAMDC1* expression is remarkably increased by chilling in rice anther, implying that *SAMDC1* plays some role in microspore development and that it is tolerant to chilling temperatures in the rice plant.

In conclusion, 160 rice anther genes regulated by chilling were identified using high-throughput microarray analysis. The results suggest a network of gene functions and plant hormones involved in the chilling response at the early microspore stage of rice anther. Further experimentation including promoter-GUS assay or histochemical analysis of chilling-responsive genes will be necessary in order to define their functions in the chilling response of rice anther.

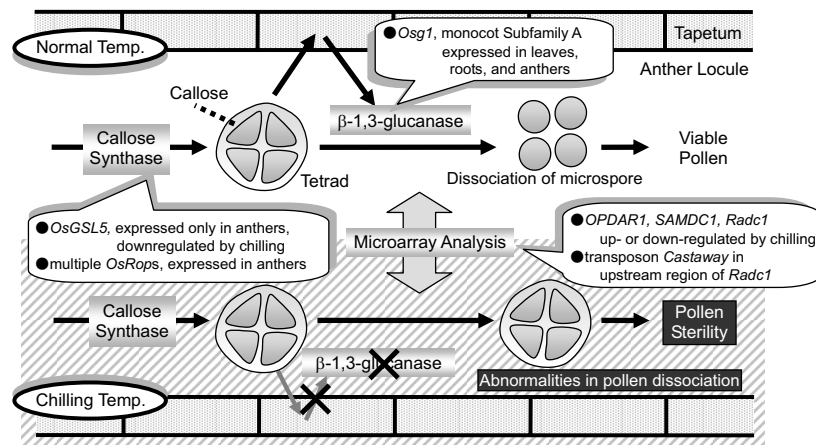


Fig. 13 Outline of this study

## V Conclusion

In this study, genes expressed in rice anthers during the early microspore period, the stage of maximal chilling sensitivity, were analyzed in detail. This research not only provides a basis for an understanding of the mechanism by which chilling injury in rice anther arises, but is fundamental to improve markedly the chilling tolerance of rice during microspore development. An outline of this research is depicted in Fig. 13.

Beta-1,3-glucanases are referred to as PR proteins and they are also involved in several developmental processes. A cDNA for  $\beta$ -1,3-glucanase was isolated from rice anther, and was named *Oryza sativa glucanase 1 (Osg1)*. Phylogenetic analysis showed that *Osg1* belongs to monocotyledonous endo- $\beta$ -1,3-glucanase subfamily A. RT-PCR analysis revealed that *Osg1* transcripts were present in leaves, roots, and anthers.

The microsporocytes produce a wall of callose between the primary cell wall and the plasma membrane, and it has been shown that precise regulation of callose synthesis and degradation in anther is essential for fertile pollen formation. Genes for 10 callose synthases in the rice genome were fully annotated and phylogenetically analyzed. Expression analysis of these genes showed that *OsGSL5*, an ortholog of microsporogenesis-related *AtGSL2*, was specifically expressed in anthers, and was notably downregulated by cooling treatment. Gene expression profiles of Rho-type small GTP-binding proteins in rice anther were also analyzed. The possible roles of distinct members of OsGSLs and OsRops in pollen development and its response to chilling temperature are suggested.

The gene expression profile during the microspore development process under chilling stress was revealed using a microarray that included 8,987 rice cDNAs. As many as 160 cDNAs were up- or down-regulated by chilling during the microspore release stage. RT-PCR analysis of 5 genes confirmed the microarray results. Three novel genes whose expression levels were remarkably changed by chilling in rice anther were identified. A new cis element that includes a DNA transposon *Castaway* sequence was found in the 5' upstream region of two genes which were conspicuously down-regulated by chilling temperatures in rice anther.

## References

- 1) Akimoto-Tomiya, C.; Sakata, K.; Yazaki, J.; Nakamura, K.; Fujii, F.; Shimbo, K.; Yamamoto, K.; Sasaki, T.; Kishimoto, N.; Kikuchi, S.; Shibuya, N.; Minami, E. 2003. Rice gene expression in response to N-acetylchitooligosaccharide elicitor: comprehensive analysis by DNA microarray with randomly selected ESTs. *Plant Mol. Biol.* 52: 537-551.
- 2) Akiyama, T.; Kaku, H.; Shibuya, N. 1996. Purification and properties of a basic endo-1,3- $\beta$ -glucanase from rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Cell Physiol.* 37: 702-705.
- 3) Akiyama, T.; Shibuya, N.; Hrmova, M.; Fincher, G. B. 1997. Purification and characterization of a (1  $\rightarrow$  3)- $\beta$ -D-glucan endohydrolase from rice (*Oryza sativa*) bran. *Carbohydr. Res.* 297: 365-374.
- 4) Bekesiova, I.; Nap, J. P.; Mlynarova, L. 1999. Isolation of high quality DNA and RNA from leaves of the carnivorous plant *Drosera rotundifolia*. *Plant Mol. Biol. Report.* 17: 269-277.
- 5) Bouchereau, A.; Aziz, A.; Larher, F.; Martin-Tanguy, J. 1999. Polyamines and environmental challenges: recent development. *Plant Sci.* 140: 103-125.
- 6) Bucciaglia, P. A.; Smith, A. G. 1994. Cloning and characterization of Tag 1, a tobacco anther  $\beta$ -1,3-glucanase expressed during tetrad dissolution. *Plant Mol. Biol.* 24: 903-914.
- 7) Bureau, T. E.; Ronald, P. C.; Wessler, S. R. 1996. A computer-based systematic survey reveals the predominance of small inverted-repeat elements in wild-type rice genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 93: 8524-8529.
- 8) Christensen, T. M.; Vejlpkova, Z.; Sharma, Y. K.; Arthur, K. M.; Spatafora, J. W.; Albright, C. A.; Meeley, R. B.; Duvick, J. P.; Quatrano, R. S.; Fowler, J. E. 2003. Conserved subgroups and developmental regulation in the monocot rop gene family. *Plant Physiol.* 133: 1791-1808.
- 9) Claes, B.; Dekeyser, R.; Villarroel, R.; Van den Buleke, M.; Bauw, G.; Van Montagu, M.; Caplan, A. 1990. Characterization of a rice gene showing organ-specific expression in response to salt stress and drought. *Plant Cell* 2: 19-

- 27.
- 10) Creelman, R. A.; Mullet, J. E. 1997. Biosynthesis and action of jasmonates in plants. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 48: 355-381.
  - 11) Davies, D. R. 1990. The structure and function of the aspartic proteinases. *Annu. Rev. Biophys. Biophys. Chem.* 19: 189-215.
  - 12) de Loose, M.; Alliotte, T.; Gheysen, G.; Genetello, C.; Gielen, J.; Soetaert, P.; Van Montagu, M.; Inze, D. 1988. Primary structure of a hormonally regulated  $\beta$ -glucanase of *Nicotiana plumbaginifolia*. *Gene* 70: 13-23.
  - 13) Ding, C. K.; Wang, C. Y.; Gross, K. C.; Smith, D. L. 2002. Jasmonate and salicylate induce the expression of pathogenesis-related-protein genes and increase resistance to chilling injury in tomato fruit. *Planta* 214: 895-901.
  - 14) Dong, X.; Hong, Z.; Sivaramakrishnan, M.; Mahfouz, M.; Verma, D. P. 2005. Callose synthase (*CalS5*) is required for exine formation during microgametogenesis and for pollen viability in *Arabidopsis*. *Plant J.* 42: 315-328.
  - 15) Doyle, J. J.; Doyle, J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
  - 16) Enns, L. C.; Kanaoka, M. M.; Torii, K. U.; Comai, L.; Okada, K.; Cleland, R. E. 2005. Two callose synthases, GSL1 and GSL5, play an essential and redundant role in plant and pollen development and in fertility. *Plant Mol. Biol.* 58: 333-349.
  - 17) Eschrich, W.; Currier, H. B. 1964. Identification of callose by its diachrome and fluorochrome reactions. *Stain Technol.* 39: 303-307.
  - 18) Feschotte, C.; Jiang, N.; Wessler, S. R. 2002. Plant transposable elements: where genetics meets genomics. *Nat. Rev. Genet.* 3: 329-341.
  - 19) Goff, S. A.; Ricke, D.; Lan, T. H.; Presting, G.; Wang, R.; Dunn, M.; Glazebrook, J.; Sessions, A.; Oeller, P.; Varma, H.; Hadley, D.; Hutchison, D.; Martin, C.; Katagiri, F.; Lange, B. M.; Moughamer, T.; Xia, Y.; Budworth, P.; Zhong, J.; Miguel, T.; Paszkowski, U.; Zhang, S.; Colbert, M.; Sun, W. L.; Chen, L.; Cooper, B.; Park, S.; Wood, T. C.; Mao, L.; Quail, P.; Wing, R.; Dean, R.; Yu, Y.; Zharkikh, A.; Shen, R.; Sahasrabudhe, S.; Thomas, A.; Cannings, R.; Gutin, A.; Pruss, D.; Reid, J.; Tavtigian, S.; Mitchell, J.; Eldredge, G.; Scholl, T.; Miller, R. M.; Bhatnagar, S.; Adey, N.; Rubano, T.; Tusneem, N.; Robinson, R.; Feldhaus, J.; Macalma, T.; Oliphant, A.; Briggs, S. 2002. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *japonica*). *Science* 296: 92-100.
  - 20) Guruprasada, K.; Tormakangas, K.; Kervinen, J.; Blundell, T. L. 1994. Comparative modelling of barley-grain aspartic proteinase: A structural rationale for observed hydrolytic specificity. *FEBS Lett.* 352: 131-136.
  - 21) Hayase, H.; Satake, T.; Nishiyama, I.; Ito, N. 1969. Male sterility caused by cooling treatment at the meiotic stage in rice plants. II. The most sensitive stage to cooling and fertilizing ability of pistils. *Proc. Crop. Sci. Soc. Japan* 38: 706-711.
  - 22) Hird, D. L.; Worrall, D.; Hodge, R.; Smartt, S.; Paul, W.; Scott, R. 1993. The anther-specific protein encoded by the *Brassica napus* and *Arabidopsis thaliana* A6 gene displays similarity to  $\beta$ -1,3-glucanases. *Plant J.* 4: 1023-1033.
  - 23) Hong, Z.; Zhang, Z.; Olson, J. M.; Verma, D. P. 2001. A novel UDP-glucose transferase is part of the callose synthase complex and interacts with phragmoplastin at the forming cell plate. *Plant Cell* 13: 769-779.
  - 24) Hrmova, M.; Fincher, G. B. 1993. Purification and properties of three (1  $\rightarrow$  3)- $\beta$ -D-glucanase isoenzymes from young leaves of barley (*Hordeum vulgare*). *Biochem. J.* 289: 453-461.
  - 25) International Rice Genome Sequencing Project. 2005. The map-based sequence of the rice genome. *Nature* 436: 793-800.
  - 26) Ishiguro, S.; Kawai-Oda, A.; Ueda, J.; Nishida, I.; Okada, K. 2001. The *DEFECTIVE IN ANther DEHISCENCE* gene encodes a novel phospholipase A1 catalyzing the initial step of jasmonic acid biosynthesis, which synchronizes pollen maturation, anther dehiscence, and flower opening in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 13: 2191-2209.
  - 27) Jacobs, A. K.; Lipka, V.; Burton, R. A.; Panstruga, R.; Strizhov, N.; Schulze-Lefert, P.; Fincher, G. B. 2003. An *Arabidopsis* callose synthase, GSL5, is required for wound and papillary callose formation. *Plant Cell* 15: 2503-2513.
  - 28) Jiang, N.; Wessler, S. R. 2001. Insertion preference of maize and rice miniature inverted repeat transposable elements as revealed by the analysis of nested elements. *Plant Cell* 13: 2553-64.
  - 29) Jiang, N.; Bao, Z.; Zhang, X.; Hirochika, H.; Eddy, S. R.; McCouch, S. R.; Wessler, S. R. 2003. An active DNA transposon family in rice. *Nature* 421: 163-167.
  - 30) Kikuchi, K.; Terauchi, K.; Wada, M.; Hirano, H. Y. 2003. The plant MITE *mPing* is mobilized in anther culture. *Nature* 421: 167-170.
  - 31) Kim, Y. J.; Hwang, B. K. 1997. Isolation of a basic 34 kiloDalton  $\beta$ -1,3-glucanase with inhibitory activity against *Phytophthora capsici* from pepper stems. *Physiol. Mol. Plant Pathol.* 50: 103-115.
  - 32) Kodama, H.; Hamada, T.; Horiguchi, G.; Nishimura, M.; Iba, K. 1994. Genetic enhancement of cold tolerance by expression of a gene for chloroplast  $\omega$ -3 fatty acid desaturase in transgenic tobacco. *Plant Physiol.* 105 : 601-605.
  - 33) Koike, S.; Yamaguchi, T.; Nakayama, K.; Hayashi, T. 2003. Cool tolerance of barley (*Hordeum vulgare* L.) at the young

- microspore stage. *Plant Prod. Sci.* 6: 132-133.
- 34) Kumar, A.; Altabella, T.; Taylor, M. A.; Tiburcio, A. F. 1997. Recent advances in polyamine research. *Trends. Plant Sci.* 2: 124-130.
- 35) Lee, T.-M.; Lur, H.-S.; Chu, C. 1995. Abscisic acid and putrescine accumulation in chilling-tolerant rice cultivars. *Crop. Sci.* 35: 502-508.
- 36) Leubner-Metzger, G.; Meins, F., Jr 2000. Sense transformation reveals a novel role for class I  $\beta$ -1, 3-glucanase in tobacco seed germination. *Plant J.* 23: 215-221.
- 37) Linthorst, H. J.; Melchers, L. S.; Mayer, A.; van Roekel, J. S.; Cornelissen, B. J.; Bol, J. F. 1990. Analysis of gene families encoding acidic and basic  $\beta$ -1,3-glucanases of tobacco. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 87: 8756-8760.
- 38) Miki, D.; Itoh, R.; Shimamoto, K. 2005. RNA silencing of single and multiple members in a gene family of rice. *Plant Physiol.* 138: 1903-1913.
- 39) Mrsa, V.; Klebl, F.; Tanner, W. 1993. Purification and characterisation of the *Saccharomyces cerevisiae* BGL2 gene product, a cell wall endo- $\beta$ -1,3-glucanase. *J. Bacteriol.* 175: 2102-2106.
- 40) Murata, N.; Ishizaki-Nishizawa, O.; Higashi, S.; Hayashi, H.; Tasaka, Y.; Nishida, I. 1992. Genetically engineered alteration in the chilling sensitivity of plants. *Nature* 356: 710-713.
- 41) Mutlu, Asuman; Gal, Susannah 1999. Plant aspartic proteinases: enzymes on the way to a function. *Physiol. Plant.* 105: 569-576.
- 42) Nakano, T.; Murakami, S.; Shoji, T.; Yoshida, S.; Yamada, Y.; Sato, F. 1997. A novel protein with DNA binding activity from tobacco chloroplast nucleoids. *Plant Cell* 9: 1673-1682.
- 43) Nakazaki, T.; Okumoto, Y.; Horibata, A.; Yamahira, S.; Teraishi, M.; Nishida, H.; Inoue, H.; Tanisaka, T. 2003. Mobilization of a transposon in the rice genome. *Nature* 421: 170-172.
- 44) Negishi, T.; Nakanishi, H.; Yazaki, J.; Kishimoto, N.; Fujii, F.; Shimbo, K.; Yamamoto, K.; Sakata, K.; Sasaki, T.; Kikuchi, S.; Mori, S.; Nishizawa, N. K. 2002. cDNA microarray analysis of gene expression during Fe-deficiency stress in barley suggests that polar transport of vesicles is implicated in phytosiderophore secretion in Fe-deficient barley roots. *Plant J.* 30: 83-94.
- 45) Nishida, I.; Murata, N. 1996. Chilling sensitivity in plants and cyanobacteria: The crucial contribution of membrane lipids. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 47: 541-568.
- 46) Nishimura, M. T.; Stein, M.; Hou, B. H.; Vogel, J. P.; Edwards, H.; Somerville, S. C. 2003. Loss of a callose synthase results in salicylic acid-dependent disease resistance. *Science* 301: 969-972.
- 47) Nishiyama, I. 1970. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. VII. Electron microscopical observations on tapetal cells dilated by the cooling treatment. *Proc. Crop. Sci. Soc. Japan* 39: 480-486.
- 48) Nishiyama, I. 1975. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. XI. Effects of some substances on sterility. *Proc. Crop. Sci. Soc. Japan* 44: 397-402.
- 49) Nishiyama, I. 1976. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. XII. Classification of tapetal hypertrophy on the basis of ultrastructure. *Proc. Crop. Sci. Soc. Japan* 45: 254-262.
- 50) Nishiyama, I. 1984. Climate influence on pollen formation and fertilization. (Tsunoda, S; Takahashi, N. eds., *Biology of rice*). Elsevier. Amsterdam. pp.153-171.
- 51) Notsu, Y.; Masood, S.; Nishikawa, T.; Kubo, N.; Akiduki, G.; Nakazono, M.; Hirai, A.; Kadowaki, K. 2002. The complete sequence of the rice (*Oryza sativa* L.) mitochondrial genome: frequent DNA sequence acquisition and loss during the evolution of flowering plants. *Mol. Genet. Genomics* 268: 434-445.
- 52) Ori, N.; Sessa, G.; Lotan, T.; Himmelhoch, S.; Fluhr, R. 1990. A major stylar matrix polypeptide (sp41) is a member of the pathogenesis-related proteins superclass. *EMBO J.* 9: 3429-3436.
- 53) Østergaard, L.; Petersen, M.; Mattsson, O.; Mundy, J. 2002. An *Arabidopsis* callose synthase. *Plant Mol. Biol.* 49: 559-566.
- 54) Payne, G.; Ward, E.; Gaffney, T.; Goy, P. A.; Moyer, M.; Harper, A.; Meins, F., Jr; Ryals, J. 1990. Evidence for a third structural class of  $\beta$ -1,3-glucanase in tobacco. *Plant Mol. Biol.* 15: 797-808.
- 55) Petersen, M.; Brodersen, P.; Naested, H.; Andreasson, E.; Lindhart, U.; Johansen, B.; Nielsen, H. B.; Lacy, M.; Austin, M. J.; Parker, J. E.; Sharma, S. B.; Klessig, D. F.; Martienssen, R.; Mattsson, O.; Jensen, A. B.; Mundy, J. 2000. *Arabidopsis* MAP kinase 4 negatively regulates systemic acquired resistance. *Cell* 103: 1111-1120.
- 56) Prasad, T. K.; Anderson, M. D.; Martin, B. A.; Stewart, C. R. 1994. Evidence for chilling-induced oxidative stress in maize seedlings and a regulatory role for hydrogen peroxide. *Plant Cell* 6: 65-74.
- 57) Qadota, H.; Python, C. P.; Inoue, S. B.; Arisawa, M.; Anraku, Y.; Zheng, Y.; Watanabe, T.; Levin, D. E.; Ohya, Y. 1996.

- Identification of yeast Rho1p GTPase as a regulatory subunit of 1,3- $\beta$ -glucan synthase. *Science* 272: 279-281.
- 58) Rickauer, M.; Brodschelm, W.; Bottin, A.; Veronesi, C.; Grimal, H.; Esquerre-Tugaye, M. T. 1997. The jasmonate pathway is involved differentially in the regulation of different defense response in tobacco cells. *Planta* 202: 155-162.
- 59) Romero, G. O.; Simmons, C.; Yaneshita, M.; Doan, M.; Thomas, B. R.; Rodriguez, R. L. 1998. Characterization of rice endo- $\beta$ -glucanase genes (*Gns2-Gns14*) defines a new subgroup within the gene family. *Gene*. 223: 311-320.
- 60) Sanders, P. M.; Lee, P. Y.; Biesgen, C.; Boone, J. D.; Beals, T. P.; Weiler, E. W.; Goldberg, R. B. 2000. The *Arabidopsis* *DELAYED DEHISCENCE1* gene encodes an enzyme in the jasmonic acid synthesis pathway. *Plant Cell* 12: 1041-1061.
- 61) Satake, T.; Hayase, H. 1970. Male sterility caused by cooling treatment at the young microspore stage in rice plants. V. Estimation of pollen developmental stage and the most sensitive stage to coolness. *Proc. Crop. Sci. Soc. Japan* 39: 468-473.
- 62) Satake, T. 1976. Determination of the most sensitive stage to sterile-type cool injury in rice plants. *Res. Bull. Hokkaido Natl. Agric. Exp. Stn.* 113: 1-43.
- 63) Schaffer, R.; Landgraf, J.; Accerbi, M.; Simon, V.; Larson, M.; Wisman, E. 2001. Microarray analysis of diurnal and circadian-regulated genes in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 13: 113-123.
- 64) Schena, M.; Shalon, D.; Davis, R. W.; Brown, P. O. 1995. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. *Science* 270: 467-470.
- 65) Seki, M.; Narusaka, M.; Abe, H.; Kasuga, M.; Yamaguchi-Shinozaki, K.; Carninci, P.; Hayashizaki, Y.; Shinozaki, K. 2001. Monitoring the expression pattern of 1300 *Arabidopsis* genes under drought and cold stresses by using a full-length cDNA microarray. *Plant Cell* 13: 61-72.
- 66) Shen, W.; Nada, K.; Tachibana, S. 2000. Involvement of polyamines in the chilling tolerance of cucumber cultivars. *Plant Physiol.* 124: 431-439.
- 67) Simmons, C. R.; Litts, J. C.; Huang, N.; Rodriguez, R. L. 1992. Structure of a rice  $\beta$ -glucanase gene regulated by ethylene, cytokinin, wounding, salicylic acid and fungal elicitors. *Plant Mol. Biol.* 18: 33-45.
- 68) Simmons, C. R. 1994. The physiology and molecular biology of plant 1,3- $\beta$ -D-glucanases and 1,3;1,4- $\beta$ -D-glucanases. *Crit. Rev. Plant Sci.* 13: 325-387.
- 69) Song, J.; Nada, K.; Tachibana, S. 2002. Suppression of S-adenosylmethionine decarboxylase activity is a major cause for high-temperature inhibition of pollen germination and tube growth in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Plant Cell Physiol.* 43: 619-627.
- 70) Stieglitz, H.; Stern, H. 1973. Regulation of  $\beta$ -1,3-glucanase activity in developing anthers of *Lilium*. *Dev. Biol.* 34: 169-173.
- 71) Tarchini, R.; Biddle, P.; Wineland, R.; Tingey, S.; Rafalski, A. 2000. The complete sequence of 340 kb of DNA around the rice *Adh1-Adh2* region reveals interrupted colinearity with maize chromosome 4. *Plant Cell* 12: 381-391.
- 72) Thompson, J. D.; Higgins, D. G.; Gibson, T. J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic. Acids. Res.* 22: 4673-4680.
- 73) Vaccaro, A. M.; Tatti, M.; Ciaffoni, F.; Salvioli, R.; Maras, B.; Barca, A. 1993. Function of saposin C in the reconstitution of glucosylceramidase by phosphatidylserine liposomes. *FEBS Lett.* 336: 159-162.
- 74) Verma, D. P.; Hong, Z. 2001. Plant callose synthase complexes. *Plant Mol. Biol.* 47: 693-701.
- 75) Worrall, D.; Hird, D. L.; Hodge, R.; Paul, W.; Draper, J.; Scott, R. 1992. Premature dissolution of the microsporocyte callose wall causes male sterility in transgenic tobacco. *Plant Cell* 4: 759-771.
- 76) Yamaguchi, T.; Nakayama, K.; Hayashi, T.; Tanaka, Y.; Koike, S. 2002. Molecular cloning and characterization of a novel  $\beta$ -1,3-glucanase gene from rice. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 66: 1403-1406.
- 77) Yamaguchi, T.; Nakayama, K.; Hayashi, T.; Yazaki, J.; Kishimoto, N.; Kikuchi, S.; Koike, S. 2004. cDNA microarray analysis of rice anther genes under chilling stress at the microsporogenesis stage revealed two genes with DNA transposon *Castaway* in the 5'-flanking region. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 68: 1315-1323.
- 78) Yamaguchi, T.; Hayashi, T.; Nakayama, K.; Koike, S. 2006. Expression analysis of genes for callose synthases and Rho-type small GTP-binding proteins that are related to callose synthesis in rice anther. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 70: 639-645.
- 79) Yamaguchi-Shinozaki, K.; Shinozaki, K. 2005. Organization of cis-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. *Trends Plant Sci.* 10: 88-94.
- 80) Yazaki, J.; Kishimoto, N.; Nakamura, K.; Fujii, F.; Shimbo, K.; Otsuka, Y.; Wu, J.; Yamamoto, K.; Sakata, K.; Sasaki, T.; Kikuchi, S. 2000. Embarking on rice functional genomics via cDNA microarray: use of 3' UTR probes for specific gene



- expression analysis. *DNA Res.* 7: 367-370.
- 81) Yu, J.; Hu, S.; Wang, J.; Wong, G. K.; Li, S.; Liu, B.; Deng, Y.; Dai, L.; Zhou, Y.; Zhang, X.; Cao, M.; Liu, J.; Sun, J.; Tang, J.; Chen, Y.; Huang, X.; Lin, W.; Ye, C.; Tong, W.; Cong, L.; Geng, J.; Han, Y.; Li, L.; Li, W.; Hu, G.; Li, J.; Liu, Z.; Qi, Q.; Li, T.; Wang, X.; Lu, H.; Wu, T.; Zhu, M.; Ni, P.; Han, H.; Dong, W.; Ren, X.; Feng, X.; Cui, P.; Li, X.; Wang, H.; Xu, X.; Zhai, W.; Xu, Z.; Zhang, J.; He, S.; Xu, J.; Zhang, K.; Zheng, X.; Dong, J.; Zeng, W.; Tao, L.; Ye, J.; Tan, J.; Chen, X.; He, J.; Liu, D.; Tian, W.; Tian, C.; Xia, H.; Bao, Q.; Li, G.; Gao, H.; Cao, T.; Zhao, W.; Li, P.; Chen, W.; Zhang, Y.; Hu, J.; Liu, S.; Yang, J.; Zhang, G.; Xiong, Y.; Li, Z.; Mao, L.; Zhou, C.; Zhu, Z.; Chen, R.; Hao, B.; Zheng, W.; Chen, S.; Guo, W.; Tao, M.; Zhu, L.; Yuan, L.; Yang, H. 2002. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science* 296: 79-92.
- 82) Zhang, W.; McElroy, D.; Wu, R. 1991. Analysis of rice *Act1* 5' region activity in transgenic rice plants. *Plant Cell* 3: 1155-1165.
- 83) Zheng, Z. L.; Yang, Z. 2000. The Rop GTPase: an emerging signaling switch in plants. *Plant Mol. Biol.* 44: 1-9.

東北農業研究センター研究報告 第107号

---

平成19年3月 発行

編集兼発行 東北農業研究センター  
代表者 清野 豁  
〒020-0198 盛岡市下厨川字赤平4  
電話 (019) 643-3414, 3417  
(情報広報課)

印刷所 河北印刷株式会社  
〒020-0015 盛岡市本町通2-8-7

---

