

平成 27 年 8 月 28 日

記者会見のお知らせ

(2015 年日本育種学会第 128 回秋季大会における発表課題)

1. 発表日時：平成 27 年 9 月 7 日（月曜）14：00～15：00

（本記者発表に関わる記事の解禁は、9 月 7 日の発表後 17：00 からとさせていただきます）

2. 発表場所：東京大学弥生講堂アネックス・エンゼル研究棟講義室（別紙参照）

（東大農学部正門入って左 http://www.a.u-tokyo.ac.jp/yayoi/plan_annex.html）

3. 出席者

日本育種学会幹事長 熊丸 敏博

（九州大学・大学院農学研究院 附属遺伝子資源開発研究センター 教授）

日本育種学会庶務幹事 岩田 洋佳

（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）

4. 発表内容の紹介

育種学は作物の品種改良の技術基盤とその理論を追究する学問領域です。日本育種学会（会員数約 2,000 名）は、その育種学に関する研究および技術の進歩、研究者の交流と協力、および知識の普及をはかることを目的として活動しています。

本発表内容は 9 月 11 日（金曜）、12 日（土曜）に新潟大学（新潟県新潟市）で行われる日本育種学会 2015 年秋季大会で発表予定のものです。合計 242（口頭発表 117 題、ポスター発表 125 題）の講演課題の中から選定された 4 課題について発表させていただきます。どうぞよろしくお願いいたします。

発表タイトル：

- (1) 北海道在来イネ「赤毛」のルーツ；北海道開拓のフロンティアスピリッツを紐解く
- (2) 「早生」、「耐冷性」、「収量」 最北の地で稲作を成功に導いた 3 要素
- (3) 現在の北海道品種に引継がれる「赤毛」DNA
- (4) ビッグデータが品種改良の世界を変える ―ゲノミックセレクションによる植物集団の改良効果の実証―

※詳細は別紙をご参照ください。講演要旨集は当日配布いたします。

問い合わせ先：

岩田 洋佳（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）

電話：03-5841-5068 または 5069

FAX：03-5841-5068 または 5069 E-mail: aiwata@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

1. 話題

ビッグデータが品種改良の世界を変える ーゲノミックセレクションによる植物集団の改良効果の実証ー

2. 学会講演タイトル

ゲノミックセレクションを用いた多収性普通ソバ系統の育成

3. 発表者

原 尚資¹, 矢部 志央理², 上野 まりこ³, 榎 宏征⁴, 木村 達郎⁴,
西村 哲⁴, 安井 康夫³, 岩田 洋佳⁵, 大澤 良¹
(¹筑波大・院生命環境科学, ²農研機構中央農研, ³京都大・院農,
⁴トヨタ自動車(株)FP部バイオ・ラボ, ⁵東京大・院農学生命科学)

4. 発表概要

30 年後には 90 億になると推計される世界人口をいかに養うかが世界的課題となっています。いっぽう、エネルギー問題の深刻化も懸念されています。これら問題の解決において植物の遺伝的能力の改良は不可欠であり、そこでは「品種改良の効率化・高速化」が大きな役割を果たすと期待されています。品種改良はこれまでも世界を飢餓から救ってきましたが、近年の品種改良のスピードは鈍り気味です。育種学や遺伝子工学における様々な新技術の開発や応用は品種改良に大きく貢献してきました。そのいっぽうで、収量をあげる、つまり「たくさん獲れるようにする」という単純なことを実現することが、実はなかなか難しい課題であることも明らかになりました。近年、こうした問題の解決につながると期待される新技術として「ゲノミックセレクション（大規模遺伝情報利用型選抜法）」が注目されています。新世代の塩基配列解読機器の登場は品種改良の世界にも DNA 配列情報のビッグデータをもたらしましたが、ゲノミックセレクションはこうしたビッグデータを活用する新技術のひとつであり、品種改良の大幅な効率化・高速化を実現すると期待されています。しかし、この新技術を実際の品種改良に適用した例はほとんどありません。本研究では、種まきから収穫までの時間が短く、個体が比較的小さくて扱いやすい普通ソバを材料としてゲノミックセレクションを適用し、その収量性をゲノミックセレクションにより約 1.5 倍近く増加させることに成功しました（添付資料）。通常、収量性を 1.5 倍にするには十数年もかかるのですが、わずか 3 年で達成できました。ゲノ

ミックセレクションを適用することで、ソバの集団内に含まれていた様々な優良遺伝子を非常に効率的に集積できた点が画期的であり、ゲノミックセレクションの有効性の高さを世界に先駆けて示す結果となりました。

この成果は他の植物にも適用可能です。特に多年性で品種改良に長い時間がかかる果樹や、これまで十分な改良が行われてこなかったエネルギー作物、例えば、サトウキビやエリアンサスの改良においてその力を発揮すると期待されます。また、収量性の改良にとどまらずイチゴや果樹などにおける「美味しさ」や「見た目」などの品質の改良にも活用できると考えられ、経済価値が高くブランド化できる新品種を短期間で作出する場合にも利用できると考えられます。このようにゲノミックセレクションは、品種改良の大幅な効率化・高速化を実現し、「育種には時間がかかる」というのが常識であった品種改良の世界に新しいパラダイムをもたらすものと期待されます。

5. 発表内容

ソバはコメやコムギと同等のエネルギーを得られるとともに、アミノ酸バランスの良いタンパク質、脂質、食物繊維をより多く摂取することができ、和食文化の象徴としても重要な作物です。しかし、生殖様式がイネやコムギなどと異なり他殖性であることから、優良な個体だけで集団を構成することが困難なため、これまで十分な改良が行われてきませんでした。例えば、収量性という農業上重要な課題でさえも明治以来ほとんど改良がなされていません。収量性は、開花まで日数、草丈、花房数など多くの特徴が関連していますが、これら個々の特徴もまた多数の遺伝子により制御されています。収量性に関連する多数の遺伝子を特定し、それぞれの制御機構を解明すれば品種改良が効率化されと考えられますが、それには膨大な時間と労力が必要です。遺伝育種学研究の進むイネやトマトなどの作物とは異なり、ソバでは基盤となる全ゲノム配列の情報も明らかにされておらず、品種改良の効率化・高速化は決して容易でないと考えられていました。こうした問題を解決するための新技術のひとつがゲノミックセレクション（大規模遺伝情報利用型選抜法）です。この方法は、対象形質に関与する個々の遺伝子を探索するのではなく、DNA 配列情報のビッグデータと機械学習などのデータ科学的手法を用いて作成した予測数理モデルを用いて優良個体を選抜します。この方法では、関与する個々の遺伝子の機能解明を行うことなく、「優良遺伝

子セット」を有する個体の選抜を行うことで改良を実施します。これならば DNA 配列情報さえ手に入れられれば効率的な改良が可能になるはずです。しかしながら、このゲノミックセレクションが品種改良において実際に有効であるか実証された例はほとんどありませんでした。そこで私たちは、ソバの収量性を対象とし「ゲノミックセレクションの有効性の検証」を試みました。改良対象のソバ集団(母集団)に対して、2011, 2012 および 2013 年の秋と冬において計 6 回のゲノミックセレクション(GS1~GS6)を実施しました。その結果、収量性は右肩上がりに増加し、ゲノミックセレクションを 6 回実施したソバ集団(GS6)の収量性は、わずか 3 年で母集団に比べ 1.44 倍と飛躍的に向上させることに成功しました(添付資料)。この成果は、今後のソバの品種改良における重要な転換点になるということはもちろんですが、ゲノミックセレクションが植物集団の遺伝的改良に有効であることを世界で初めて実証した研究例となります。こうした結果は現在さかんに研究が進められているゲノミックセレクションの育種への応用を更に促し、他の植物種においても、より価値の高い新品種を短期間で作出することに貢献すると期待されます。

なお、今回育成した系統は、既存のソバ品種と比べて収量性が高く、新品種となりうる優れた特性を持っています。今後は、同系統を品種登録することにより、ゲノミックセレクションにより育成された世界初の品種を目指します。また、この技術を駆使してソバにおいて期待されている「美味しさ」や「栄養の高さ」などの品質の改良にも挑戦していきたいと考えています。

6. 発表雑誌

準備中。

7. 注意事項

本研究は、トヨタ自動車株式会社による支援を受けて実施されました。

8. 問合せ先

筑波大学 大学院生命環境科学研究科 生物圏資源科学専攻

原 尚資

〒305-8572 茨城県つくば市天王台 1-1-1

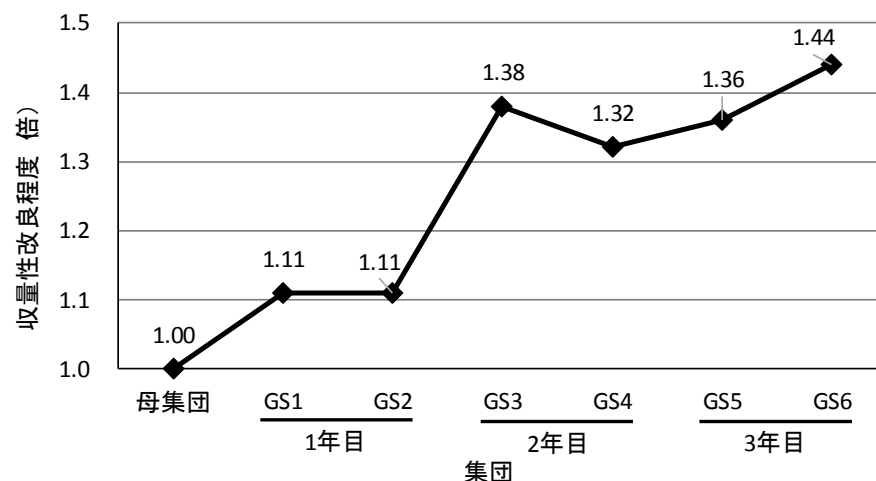
TEL: 029-835-4799 あるいは 4815

E-mail: hara.takashi.gn@u.tsukuba.ac.jp

9. 用語解説

- 1) ゲノミックセレクション：ゲノム全体に分布する多数の DNA マーカーを用いて調査した DNA 配列情報と予測数理モデルを利用して、個体や系統の遺伝的能力を予測して優良個体を選抜する方法。選抜の際に各個体が示す形質の特徴を評価する必要が無いことから、植物体の成熟を持つことなく選抜が可能、冬期の温室内の栽培でも選抜が行うことができ年複数回の選抜が可能なことなどから、品種改良の効率化・高速化に貢献すると考えられている新技術。本研究においては 14,598 個の DNA マーカーを用いて各個体の収量性の高低を予測し選抜を行った。
- 2) 新世代の塩基配列解読機器：いわゆる「次世代シーケンサー」と呼ばれるもので第 2 世代、第 3 世代シーケンシング技術に基づいて、膨大な量の DNA 配列情報を迅速に調べるための機器。
- 3) ビックデータ：一般的なデータ処理アプリケーションで処理することが困難な巨大で複雑なデータ集合の集積物。本研究においては、多数個体に対し、ゲノム全体に膨大に配置した DNA マーカーを用いて調査した各個体の DNA 配列情報。
- 4) DNA マーカー：生物が持つ DNA の塩基配列（A, T, G, C の 4 種類の塩基の並び方）上の特定の位置に存在する塩基配列領域で、個体間の遺伝的な違いを表す際の目印などとして利用される。
- 5) 他殖性：異なる個体に由来する花粉が受粉・受精して種子が実る性質。遺伝的に均一な集団を構成しにくい性質を持つ。

10. 添付資料



母集団を基準とした各ゲノミックセレクション集団の収量性改良程度

1. 話題

北海道在来イネ「赤毛」のルーツ；

北海道開拓のフロンティアスピリッツを紐解く

2. 講演タイトル

イネ、北海道へ来た道～北海道在来稲「赤毛」の由来

3. 発表者

藤野賢治、小原真理（農研機構・北海道農業研究センター）

4. 発表概要

1988 年の「きらら 397」以降、多くの良食味品種を開発し続けている北海道は、コメ生産地としての地位を築きあげました。北海道での本格的なイネの栽培は、1873 年に始まります。中山久蔵氏は、イネの試作が行われていた大野町から「赤毛」（あかげ）を入手し、独自の栽培方法によって札幌郡島松（現北広島市）において稲作に成功しました。「赤毛」は、現在の主力品種「ななつぼし」、「ゆめぴりか」の祖先にあたります。本発表では、現在の北海道品種の礎となった「赤毛」が秋田に由来すること、また当時の北海道開拓者が抱いたフロンティアスピリッツを DNA レベルで明らかにしました。

5. 発表内容

(1) 北海道水田発祥の地は北海道南部の大野町（現北斗市）で、1685 年とされています。イネは、熱帯に由来するので、寒冷地である北海道では安定した収量は得られませんでした。1873 年、中山久蔵氏は大野町に出向き、「赤毛」を入手しました。その後、中山氏は独自の栽培法によって当時不可能とされた北海道中央部での稲作に成功しました。

(2) 「赤毛」は、どこからきたのでしょうか。私たちは、北海道の品種、本州・東北の古い品種、約 300 品種について、寒冷地適応性についての DNA 鑑定を行いました。

(3) 「赤毛」型の DNA およびその祖先型となる DNA を秋田県の在来品種に見出しました。

(4) 寒冷地への適応ポテンシャルを有した「赤毛」が秋田から北海道へ渡り、中山氏の稲作への執念によって、北海道における稲作が始まったと考えられます。このフロンティアスピリッツは、現在にも引継がれ、「ななつぼし」、「ゆめぴりか」の日本を代表する良食味品種が北海道で開発されています。

6. 発表雑誌

未詳

7. 注意事項

本発表は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業の支援を受けて実施した研究成果となります。

8. 問い合わせ先

農研機構北海道農業研究センター 寒地作物研究領域 藤野 賢治

〒062-8555 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘 1

電話 011-857-9478 Fax 011-859-2178 Email kfujino@affrc.go.jp

9. 用語解説

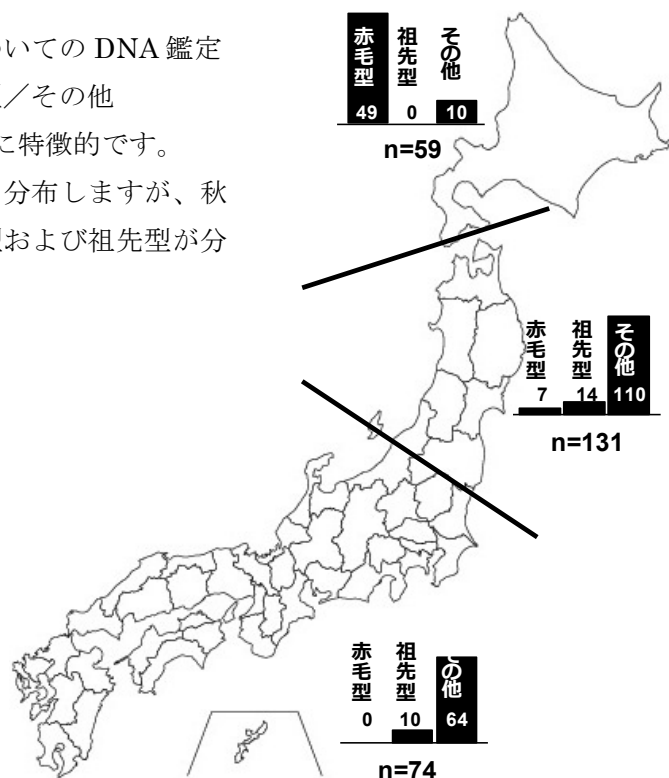
「赤毛」型 DNA；寒冷地である北海道での栽培に重要な花を咲かせる遺伝子（イネでは出穂という）について、DNA 配列を調査しました。今回は、最も重要な Ghd7 遺伝子に着目し、遺伝子本体とその周辺領域 3Mb について調査しました。「赤毛」では Ghd7 に突然変異が生じていました。北海道の品種のほとんどは「赤毛」型でした。多くの本州の品種は、「赤毛」型とは異なるタイプでしたが、7 品種は「赤毛」型、24 品種はその祖先型でした。在来品種；科学的な理論（メンデルの法則、1900 年）に基づく品種育成が始まる以前に、篤農家らによって栽培されていた優良な品種。

10. 添付資料

図 寒冷地適応性についての DNA 鑑定

「赤毛」型／祖先型／その他

- ・「赤毛」型は北海道に特徴的です。
- ・祖先型は各地に広く分布しますが、秋田県にのみ「赤毛」型および祖先型が分布しています。



1. 話題

DNA から北海道開拓の フロンティアスピリッツを紐解く； 奇跡のイネ「赤毛」

2. 講演タイトル・発表者

- (1) イネ、北海道へ来た道～北海道在来稲「赤毛」の由来
- (2) 在来品種は本当に多様か？～北海道水稻在来品種群の場合～
- (3) イネ北海道品種群における遺伝子変異

池ヶ谷 智仁、小原 真理、高野 翔、藤野賢治（農研機構・北海道農業研究センター）

3. 発表概要

1988 年の「きらら 397」以降、多くの良食味品種を開発し続けている北海道は、コメ生産地としての地位を築きあげました。北海道での本格的なイネの栽培は、1873 年に始まります。中山久蔵氏は、イネの試作が行われていた大野町から「赤毛」（あかげ）を入手し、独自の栽培方法によって札幌郡島松（現北広島市）において稲作に成功しました。

「赤毛」は、現在の良食味品種「ななつぼし」、「ゆめぴりか」の祖先にあたります。本発表では、北海道品種の礎となった「赤毛」について、①その由来、②北海道稲作を成功に導いた特性、③現在の品種に引継がれる「赤毛」DNA、を最新のゲノム研究手法を用いて明らかにしました。

150 年の時を遡り、当時の北海道開拓者が抱いた寒冷地稲作を成功させたフロンティアスピリッツを DNA レベルで明らかにしました。このフロンティアスピリッツを引継ぎ、「ななつぼし」、「ゆめぴりか」の日本を代表する良食味品種を北海道では開発しています。

4. 発表内容、発表雑誌、用語解説、添付資料、注意事項

各発表演題の資料参照

5. 問い合わせ先

農研機構北海道農業研究センター 寒地作物研究領域 藤野 賢治

〒062-8555 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘 1

電話 011-857-9478 Fax 011-859-2178 Email kfujino@affrc.go.jp

1. 話題

「早生」、「耐冷性」、「収量」

最北の地で稲作を成功に導いた 3 要素

2. 発表タイトル

在来品種は本当に多様か？～北海道水稻在来品種群の場合～

3. 発表者

池ヶ谷 智仁・小原 真理・藤野 賢治（農研機構・北海道農業研究センター）

4. 発表概要

開拓期の北海道では、多数のイネ品種が栽培されていました。それらは在来品種と呼ばれ、「赤毛」もその中の一つです。多くの在来品種の中で、何故「赤毛」が安定栽培に成功し、その後 100 年続くイネ品種開発の礎となり得たのか？本発表では、在来品種間の比較から北海道稲作を成功に導いた「赤毛」の 3 つの優点「早生」、「耐冷性」、「収量」を明らかにしました。

5. 発表内容

1) 突出した「早生」

北海道の在来品種 44 品種について、出穂日を調査しました。「赤毛」は全在来品種の平均よりも 6 日早生で、早生のグループに分類されました。

2) 直播に耐えうる「耐冷性」

開拓期当時の稲作の方式は「直播（ちょくはん）」でした。これは種もみを直接田んぼにばら撒き、育てる方法です。種まき頃（5 月）の北海道はまだ寒く、うまく発芽しません。低温状態での発芽能力を調査すると、全体平均発芽率 38%に対し「赤毛」は 88%と高く、寒さに強いグループに分類されました。

3) 安定した「収量」

早生、耐冷性を示す品種の中で、最も穂数が多かったのは「赤毛」でした。穂数が多くなることで、種子数を確保でき、安定した収量につながります。

4) 栽培適期が短く気温の低い北海道で稲作を行うために、「早生」で「耐冷性」が強く、高い「収量」が期待できる「赤毛」が普及したと考えられます。

6. 発表雑誌

未詳

7. 注意事項

本発表は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業の支援を受けて実施した研究成果となります。

8. 問い合わせ先

農研機構北海道農業研究センター 寒地作物研究領域 池ヶ谷 智仁

〒062-8555 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘 1

電話 011-857-9311 Fax 011-857-9311 Email tikegaya@affrc.go.jp

農研機構北海道農業研究センター 寒地作物研究領域 藤野 賢治

〒062-8555 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘 1

電話 011-857-9478 Fax 011-859-2178 Email kfujino@affrc.go.jp

9. 用語解説

直播：稲作の方式。現在は、苗を育てたのち田んぼに移す「移植」が主流です。移植に比べ、直播では生育が遅くなります。そのため、十分な生育期間が得られず、収量が著しく低下します。

収量：収穫されるイネ粒の総量（重さ）。一穂に実る粒数×穂数×一粒の重さで算出されます。

10. 添付資料

「赤毛」の3要素

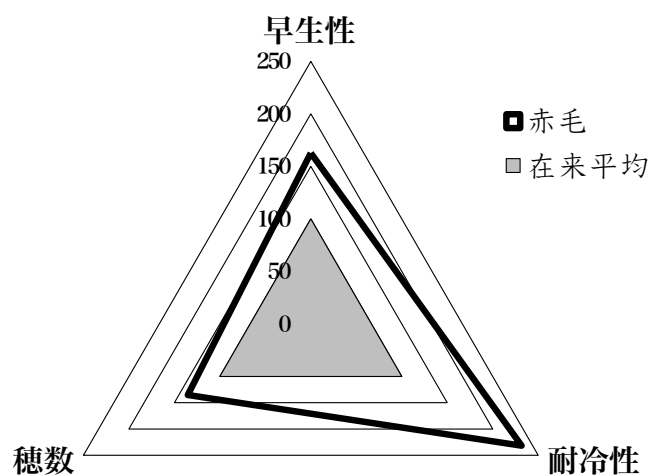


図 赤毛と在来品種の「早生性」、「耐冷性」、「穂数」比較

在来平均を100とした

「早生性」； 出穂日の在来平均-10日を200、+10日を0となるよう計算した

「耐冷性」； 低温状態で12日経過した時点の発芽率

「穂数」； 在来平均+5本を200、-5本を0となるよう計算した

1. 話題

現在の北海道品種に引継がれる「赤毛」DNA

2. 講演タイトル

イネ北海道品種群における遺伝子変異

3. 発表者

高野 翔、藤野賢治（農研機構・北海道農業研究センター）

4. 発表概要

北海道における稲作は、1685 年からの永い試作期間を経て、1873 年によく成功しました。これは、中山久蔵氏の稲作への執念と「赤毛」の早生、耐冷性、収量の特性によるものです。「赤毛」は、現在の主力品種「ななつぼし」、「ゆめぴりか」の祖先にあたります。本発表では、150 年の時を遡り、寒冷地におけるイネの栽培を成功させたフロンティアスピリッツとしての「赤毛」DNA の特定に成功しました。

5. 発表内容

(1) 「赤毛」、「ななつぼし」、「ゆめぴりか」を含む北海道の 20 品種の DNA 配列を、次世代シーケンサーを用いて比較しました。全部で 47.6 万個の DNA の差異がありました。

(2) 「きらら 397」以降の良食味品種 9 品種には、「赤毛」由来の DNA 断片が 13 箇所ありました。これらは、イネゲノムの約 6.2% に相当します。この DNA 断片は、寒冷地稲作を成功させ、今日の北海道稲作を支えるフロンティアスピリッツとしての「赤毛」DNA といえます。

(3) 1980 年以降の良食味を目標とした品種開発によって、5 箇所の DNA 断片（イネゲノムの約 7.8%）が本州あるいはアメリカの品種から導入されていました。この DNA 断片は、今日の北海道品種の良食味、安定生産に関わる現代のフロンティアスピリッツとしての DNA といえます。

6. 発表雑誌

未詳

7. 注意事項

本発表は、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業の支援を受けて実施した研究成果となります。

8. 問い合わせ先

農研機構北海道農業研究センター 寒地作物研究領域 藤野 賢治

〒062-8555 北海道札幌市豊平区羊ヶ丘 1

電話 011-857-9478 Fax 011-859-2178 Email kfujino@affrc.go.jp

9. 用語解説

イネゲノム；品種「日本晴」のゲノム塩基配列約 400Mb を指し、参照配列として広く用いられています。今回の北海道品種は、次世代シーケンサーという機械によって、ゲノムの 30 倍量の DNA 配列をデータとして取得しました。各品種、ゲノムの 90% 程度をカバーする DNA 配列となっています。

DNA 断片；共通したハプロタイプブロックとして、1Mb 以上の大きさとなる染色体領域をここでは示しています。

10. 添付資料

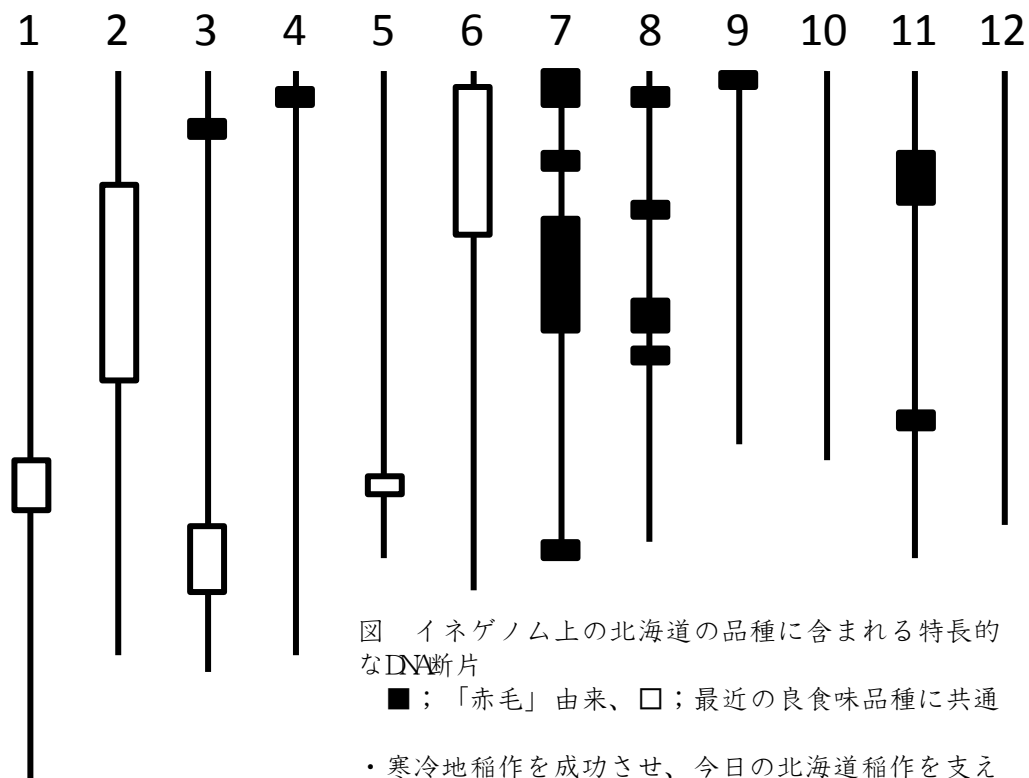


図 イネゲノム上の北海道の品種に含まれる特長的なDNA断片

■；「赤毛」由来、□；最近の良食味品種に共通

- ・寒冷地稲作を成功させ、今日の北海道稲作を支えるフロンティアスピリッツとしての「赤毛」DNA
- ・今日の北海道品種の良食味、安定生産に関わる現代のフロンティアスピリッツとしてのDNA

1. 話題

肥料を減らしても収量変わらずーイネ多収遺伝子の実力ー

2. 講演タイトル

イネの無窒素施肥栽培における減収量は多収遺伝子の導入で補償できる

3. 発表者

寺本翔太¹・北野英己²・藤原 徹¹ (1 東京大学大学院・農学生命科学研究科、2 名古屋大学・生物機能開発利用研究センター)

4. 発表概要

本研究では、世界的に最も重要な穀物の一つ、イネの低施肥栽培の可能性を研究しました。今から 50 年ほど前、緑の革命によってイネの収量は劇的に増加しました。肥料を与えすぎるとイネは自身の重さに負けて倒伏してしましますが、育種家は作物の草丈をある程度低くすることによりその倒伏性を克服したのです。現代の農業でもその特色は色濃く反映され、倒伏する限界まで肥料を与えることが収量を高めるためには当たり前のようになりました。

一方で、肥料の生産にはエネルギーがかかり、また過剰な肥料は河川などへ流亡し生態系を乱す可能性があることから、環境保全型農業を考える上では施肥量の低減が求められます。我々は、その第一歩として、窒素肥料使用量の低減を目指しました。水田は畑地に比べて生物学的窒素固定量が大きく、土地や気候にもよりますが 1 ヘクタールあたり 10 kg 程度の窒素が固定されます (Hardy and Burns 1975)。しかしながら、窒素固定のみに依存しては十分な収量を確保できないため、日本の通常の水田では 1 ヘクタールあたり 50 kg 程度の窒素の施肥がなされています。

本研究では窒素肥料の低減の一手法として、多収遺伝子に着目しました。多収品種ハバタキは、良食味品種コシヒカリに比べて 1 穂あたり約 2 倍の籾（もみ）を付けます。この一穂籾数を増加させる遺伝子は多収遺伝子ともいわれ、ハバタキの多収遺伝子を含む染色体領域が近年多数報告されました。これらの染色体領域をコシヒカリに導入すれば、窒素肥料を施肥しなくてもある程度の収量が確保できるのではないかと考え、実際に栽培試験を行いました。その結果、多収遺伝子の導入により、全く窒素肥料を施肥しなくても慣行栽培に劣らない収量を得ることに成功しました。

*引用文献

Nitrogen fixation in bacteria and higher plants.

Hardy, Ralph W. F; Burns, Richard C

Molecular biology, biochemistry and biophysics, 1975

5. 発表内容

コシヒカリ、およびコシヒカリにハバタキの多収遺伝子を導入した系統群を用いました。合計 3 種類の多収遺伝子を含む染色体領域（ここでは便宜上①～③と番号で表記します。）を戻し交配等により様々な組み合わせでコシヒカリに導入しました。栽培試験は東北大学大学院生命科学研究科の水田圃場にて行いました。慣行施肥区（肥料の 3 大要素である窒素、リン酸、カリウムを 1 ヘクタールあたり 30 kg ずつ施肥した区）および無窒素施肥区（リン酸とカリウムのみを慣行施肥区と同量施肥した区）の 2 区を設けました。両区とも 2004 年から同様の肥料管理で運用されている連用試験中の水田を用いました。

コシヒカリの 1 個体あたりの総穂重（以下、“個体あたりの総穂重”を、近似が可能なことから“収量”と言い換えます）を慣行施肥区および無窒素施肥区で比較したところ、無窒素施肥区では約 2 割の減収量が認められました。この 2 割の減収量を多収遺伝子の導入により補償できるかどうかが本研究のポイントとなります。無窒素施肥区では、多収遺伝子を導入した全ての系統群はコシヒカリよりも高い収量を示しました。このうちの 2 系統は慣行施肥区のコシヒカリの収量を超えました（図 1）。これらの結果は、多収遺伝子を導入することによりイネの収量を減らさずに施肥量を少なくすることが可能であることを意味しています。

一方で、多収遺伝子をただ単に導入すればよいという訳ではないことも分かりました。図 1 の一番右の棒グラフは 3 種類全ての多収遺伝子を集積した系統の収量を示しておりますが、コシヒカリの収量よりは高いものの、今回評価した系統の中で 1 番収量が高いということはありませんでした。何が原因でしょうか。多収遺伝子の導入により 1 穂に着く粒数が増加することから、1 穂あたりの重量は重くなることが期待されます。この一穂重を無窒素施肥区で栽培した系統間で比較したところ、多収遺伝子を導入した全ての系統群はコシヒカリよりも重くなっていました。一方で、一穂重が重くなればなるほど、1 個体あたりの穂数は減少しました（図 2）。最終的な収量は一穂重×穂数で計算できることから、一穂重と穂数を適度に調整することが、無窒素栽培時の収量を効果的に高くするために必要だと考えられました。農業形質は年次間で変化することが知られておりますが、今回の調査は 1 年分の結果です。したがって、今後も引き続き詳細な収量調査を行い、より詳細に多収遺伝子の無窒素施肥栽培における減収量の補償効果を評価する予定です。

6. 発表雑誌

なし

7. 注意事項

本研究は農林水産省次世代ゲノムプロジェクト（課題番号 LCT0001）の助成を受けたものである。

8. 問合せ先

東京大学 農学生命科学研究科 応用生命化学専攻 植物栄養・肥料学研究室

寺本 翔太

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

東京大学農学部 2 号館 219 号室

TEL: 03-5841-5106 FAX: 03-5841-8032

東京大学 農学生命科学研究科 応用生命化学専攻 植物栄養・肥料学研究室

藤原 徹

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

東京大学農学部 2 号館 221 号室

TEL: 03-5841-5104 FAX: 03-5841-8032

9. 用語解説

環境保全型農業：農業の持つ物質循環機能を生かし、生産性との調和などに留意しつつ、土づくり等を通じて化学肥料、農薬の使用等による環境負荷の軽減に配慮した持続的な農業（農林水産省ホームページより引用）

生物学的窒素固定：ある種の微生物が行う、大気中の窒素分子をアンモニアに変換する反応。アンモニアは土壌中でイオン化されアンモニウムイオンになり、また硝化細菌の存在下では硝酸イオンにまで酸化され、植物はこれらを利用できる。

10. 添付資料

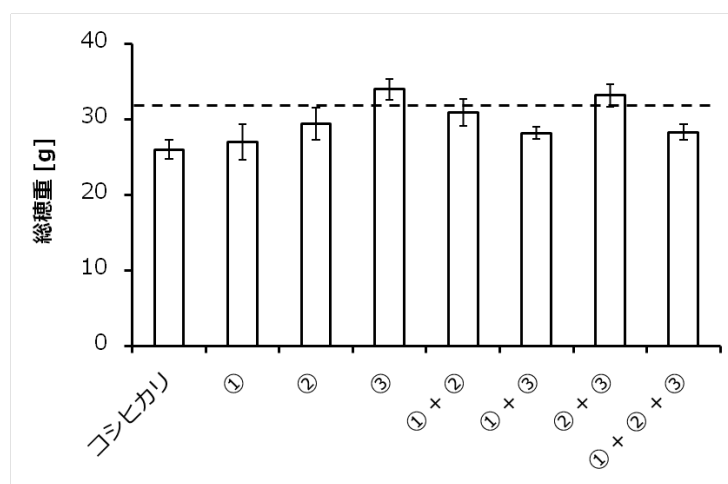


図 1. コシヒカリと、多収遺伝子を導入したコシヒカリ系統群の無窒素施肥区における総穂重（収量）。三種類の多収遺伝子を①、②、③と表す。X 軸は導入した多収遺伝子の組み合わせを示す。破線は慣行施肥区でのコシヒカリの収量を表す。

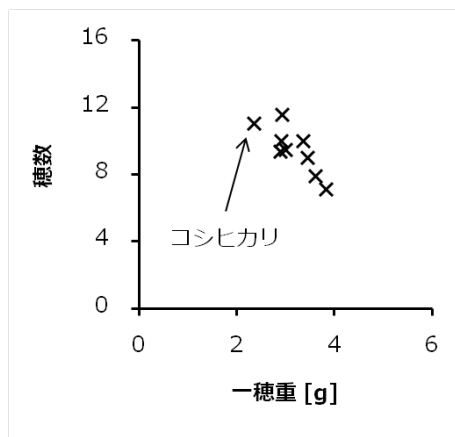


図 2. コシヒカリと、多収遺伝子を導入したコシヒカリ系統群の無窒素施肥区における一穂重と穂数の関係。×は各系統を表す。一穂重が重くなればなるほど穂数は少なくなる。