

記者会見のお知らせ

(日本育種学会第148回講演会における発表課題)

1. 会見日時: 2025年9月3日(水) 13:00~14:30

2. 会見場所・方法

東京大学農学部キャンパス1号館地下1階 5番講義室 (<https://www.a.u-tokyo.ac.jp/campus/overview.html> の「農学部 1号館」の東側、「館」の辺り) とZoomを用いて、対面・オンラインのハイブリッド形式にて行わせていただく予定です。参加を希望される場合は、当日直接会場にお越しいただいても大丈夫ですが、できれば担当者へのメール(5. 問い合わせ先 参照) 又はフォーム <https://forms.gle/ncf5wVytG4HCXVbA> にてその旨をお知らせください。担当者から資料やオンライン参加のための情報をお送りいたします。



地図



登録フォーム

3. 会見の趣旨

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。一般社団法人日本育種学会(会員約 1,600 名)は、育種に関する研究・技術の進歩、研究者の交流と協力、育種の知識の普及を目的として活動しています。

本記者発表では、9月 10・11 日(水・木)に札幌コンベンションセンターにおいて行われる日本育種学会第 148回講演会(別紙 1)の合計 265(口頭発表 145 題、ポスター発表 120 題)の講演課題の中から、特に話題性を持つと考えられるものとして選定された課題の内容についてご説明いたします。

*当学会として発表の学術的な正しさを保証するものではないことにご留意ください

4. 会見の内容・発表者

(1) ご挨拶・諸注意

日本育種学会幹事長 岩田 洋佳(東京大学 大学院農学生命科学研究科)

(2) 温暖化による水稻品質への影響の実態解明と高温耐性品種の評価技術の開発

戸田 悠介・若月 ひとみ(農研機構 農業環境研究部門) (別紙 2-1)

(3) 新品種育成が全国および各地方の小麦収量向上にどのように貢献したか

柳沢 朗(道総研フェロー、カルビーポテト(株)) (別紙 2-2)

(4) 日本在来のカワを求めて

松村 英生(信州大学 基盤研究支援センター遺伝子実験支援部門) (別紙 2-3)

5. 問い合わせ先

津釜 大侑(日本育種学会運営委員記者発表担当、東京大学 大学院農学生命科学研究科)

電話: 070-1070-1431

E-mail: tsugama@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

一般社団法人日本育種学会 第148回講演会プログラム
2025年秋季 北海道大学(札幌コンベンションセンター)

9月10日 (水)	午前	受付 8:15開始(札幌コンベンションセンター1F)																				
		第1会場	第2会場	第3会場	第4会場	第5会場	第6会場	第7会場														
		中ホール	104・105	107	204	206	207	201・202														
		ゲノム解析・ゲノム育種 101-109 9:00-11:15	発生・生理 201-211 9:00-11:45	遺伝子機能 301-311 9:00-11:45	育種法・育種技術 401-411 9:00-11:45	抵抗性・耐性 501-511 9:00-11:45	増殖・生殖 601-608 9:00-11:00 収量・品質 609-611 11:00-11:45	収量・品質 701 9:00-9:15 品種育成・遺伝資源 702-711 9:15-11:45														
	午後	○株式会社ジーンベイ ランチタイムセミナー 12:00-12:50(会場:中ホール) 「悪いことは言わん。リファレンスは2つ以上作っとけ。」 講演演者:内藤 健(農研機構 遺伝資源研究センター) 講演演者:上村 泰央(株式会社ジーンベイ)																				
		第66回シンポジウム (シンポジウム・ワークショップ) 13:10-17:25																				
		○ シンポジウム 13:10-17:25 第1会場 中ホール S01 気候変動に打ち克つ育種戦略 主任:辻本壽																				
		○ ワークショップ 13:10-17:25 W01 育種 × オミクス 主任:宇賀優作・師田郷太 W02 自殖性作物におけるハイブリッド育種の可能性について考える 主任:久保山勉 W03 アブラナ科育種の現場知と技術 ― 実践者によるノウハウ共有 主任:高木宏樹・北柴大泰 W04 データ解析の「落とし穴」～あなたのその解析、大丈夫ですか?～ 主任:濱崎甲資・南川舞 W05 “病原菌”と“宿主”, “植物病理学”と“育種学”, 相互作用が生み出す新しい抵抗性育種 Part II 主任:清水元樹・門田有希 W06 若手研究者による農学的興味の広げ合い第4回 主任:山森晃一・古村翔也																				
		＜ ワークショップ タイムテーブル＞																				
		<table><tr><td>会 場</td><td>第4会場</td><td>第5会場</td><td>第6会場</td></tr><tr><td>時 間</td><td>204</td><td>206</td><td>207</td></tr><tr><td>13:10-15:10</td><td>W05</td><td>W01</td><td>W03</td></tr><tr><td>15:25-17:25</td><td>W06</td><td>W02</td><td>W04</td></tr></table>							会 場	第4会場	第5会場	第6会場	時 間	204	206	207	13:10-15:10	W05	W01	W03	15:25-17:25	W06
会 場	第4会場	第5会場	第6会場																			
時 間	204	206	207																			
13:10-15:10	W05	W01	W03																			
15:25-17:25	W06	W02	W04																			
懇親会 19:00-21:00(札幌グランドホテル)																						

9月11日 (木)	午前	受付 9:00開始(札幌コンベンションセンター1F)						
		ゲノム解析・ゲノム育種 112-123 9:30-12:30	発生・生理 212-224 9:30-12:45	遺伝子機能 312-324 9:30-12:45	育種法・育種技術 412-419 9:30-11:30	抵抗性・耐性 512-519 9:30-11:30	収量・品質 612-619 9:30-11:30	品種育成・遺伝資源 712-719 9:30-11:30
	午後	○ ダイバーシティ&インクルージョン (D&I)推進委員会 主催 ランチタイムセミナー 12:50-13:50(会場:中ホール) 後援:男女共同参画学協会連絡会 テーマ:「“当たり前”を見直す旅へ:海外で“マイノリティ”を経験する意義」 話題提供者: 師田 郷太(東京大学)						
ポスター発表 14:00-16:00(大ホール) 奇数番号 14:00-15:00 偶数番号 15:00-16:00								
市民公開シンポジウム 18:00-20:00 (札幌時計台ホール(講演会参加者はサテライト会場『pool-Espresso & work-』))								

1. 話題

温暖化による水稻品質への影響の実態解明と高温耐性品種の評価技術の開発

2. 講演タイトル

講演番号 513 今世紀に入ってから温暖化傾向が全国の水稲の 1 等米比率に及ぼした影響および高温耐性品種導入効果の推定

講演番号 514 水稻白未熟粒率発生モデルと圃場実験を用いた品種の高温登熟性格付け支援の試み

講演番号 515 システマティックレビューで収集した全国圃場実験データの再解析によるイネ品種の高温登熟性の定量的評価

3. 発表者

長谷川利拡、若月ひとみ、戸田悠介、石郷岡康史（農研機構・農業環境研究部門）、鈴木雄一、平山 正賢、石川 春香、中野 月音（茨城県農業総合センター生物工学研究所）

4. 発表概要

- 温暖化が水稻の外観品質に及ぼす影響を定量的に評価するため、出穂後 20 日間における 26°C 超の気温の平均値（MET26）を指標として、2001 年以降の傾向を解析した結果、MET26 は全国平均で 10 年あたり約 0.3°C のペースで上昇していることがわかりました。
- 2001～2024 年の全国の 1 等米比率は、MET26 が 1°C 上がるにつれて約 15 ポイント低下することが確認されました。この関係と MET26 の上昇速度から、2001 年以降の温暖化により、全国の 1 等米比率は約 11 ポイント低下したものと推定されました。
- 高温でも白未熟粒が発生しにくい高温登熟性^{*1}を持つ品種（以下、高温耐性品種）の導入は、2023 年のような異常高温年において効果が高く、高温登熟性ランクを「中」から「やや強」に 1 段階上げることで、1 等米比率が 12～13 ポイント改善する可能性が示されました。
- 白未熟粒率推定モデル^{*2}と通常の圃場実験データを用いて、品種あるいは育成系統の高温登熟性ランクを逆推定する手法を開発しました。
- 同じ高温耐性ランクに属する品種間でも温度応答に差があることを明らかにし、品種ごとの高温耐性を定量的に評価する手法を提示しました。

5. 発表内容

【背景と目的】

温暖化の進行に伴う夏季異常高温の頻発により、米粒が白濁する白未熟粒（図 1）の発生を通じて、1 等米比率の低下が全国的な問題となっています。こうした現象は 2000 年頃から顕在化していますが、その影響を「高温曝露」と「曝露に対する感受性」から定量的に評価した科学的知見は不足していました。

高温耐性品種の導入は有望な適応技術とされていますが、その効果を定量的に評価する手法は未確立でした。こうした背景から農研機構では、品質を大きく左右する登熟期前半（出穂から約 20 日間）の気象条件と品種の高温耐性を考慮した白未熟粒率推定モデル^{*2}を開発しました。

本プレスリリースに係る 3 件の講演では、2001～2024 年の登熟期前半の気象条件の変化と水稻品質への影響を全国規模で定量的に把握するとともに、白未熟粒率推定モデルを用いた高温耐性ランクの評価手法や、品種ごとの温度反応の違いを明らかにする解析技術について紹介します。

（1）高温ストレス指標を用いた水稻の品質低下要因の定量評価と高温耐性品種の導入効果

外観品質の高温ストレス指標として、出穂後 20 日間における 26℃を超える気温の平均値（以下、MET26）を用いて、全国規模で水稻の品質低下要因を定量的に評価し、高温耐性品種の導入による品質維持効果を解析しました。

MET26 は、今世紀に入ってから全国平均で 10 年あたり 0.3℃のペースで上昇しました。特に北陸、関東、東海、近畿では上昇が顕著で、2024 年時点での平均値は 1.5℃に達しています。

2001 年～2024 年までの年々の高温ストレス指標を全国集計したところ、この指標と 1 等米比率の間には有意な負の関係があり、指標が 1℃上昇すると 1 等米比率が平均 15 ポイント低下する傾向が確認されました。すなわち、2001 年以降の温暖化傾向により、全国の 1 等米比率は約 11 ポイント低下したと推定されました。

異常高温年（2023 年）と平年並み年（2016 年）の気象データを用いたシミュレーションでは、高温耐性「中」の品種で白未熟粒率が 2016 年では 11%であったのに対し、2023 年は 24%に推定されました。一方、「やや強」では異常高温年でも 16%、「強」では 11%に抑えられ、1 等米比率は「中」の品種に比べて 12～13 ポイント改善するものと推定されました。

意義：高温ストレス指標と白未熟粒率推定モデルおよび 1 等米比率の関係から、近年の温暖化傾向とその外観品質への影響、さらに高温耐性品種の導入効果を定量的に評価した点

が特徴です。本手法を地域ごとに適用することで、温暖化の影響評価や対策技術の普及戦略の立案に役立ちます。

（２）白未熟粒率推定モデルによる水稻の高温耐性性格付け支援：圃場実験データを用いた検証

高温耐性は、温暖化が進行する中、品種育成や普及において重要な形質です。しかし、登熟期の気象条件は年や地域によって大きく変動するため、複数環境下で得られた試験結果をもとに、品種の高温耐性を客観的かつ定量的に評価する手法はありませんでした。

そこで本研究では、これまでに開発した白未熟粒率推定モデルを用い、通常の圃場実験データから品種の高温耐性の格付けができるかを検証しました。このモデルは、出穂後 20 日間の気温・日射・湿度を入力とし、標準品種に基づく 5 段階の高温耐性階級ごとの白未熟粒率を推定するものです。

茨城県農業総合センターにおいて 2021～2024 年に栽培された 10 品種（既知の高温耐性を持つ）・75 サンプルを対象に、モデルによる推定階級と実際の階級を比較した結果、4 つの階級グループのうち 3 つ（弱～やや弱、中、強）で一致しました。平均絶対誤差（MAE）は最大でも 11.5%程度で、「やや強」グループにおいても、推定階級との誤差は小さく、統計的に有意な差は認められなかったことから、本手法を育成系統などの高温耐性の評価の支援に活用できる可能性が示されました。

意義：

本研究は、白未熟粒率推定モデルが、標準品種との直接比較を行わずとも、通常の圃場実験データから品種の高温耐性を定量的かつ再現性をもって評価できる可能性を示したものです。これにより、育成系統や未検討品種の格付け支援が効率化され、今後の育種現場におけるスクリーニングの標準化と加速が期待されます。

（３）高温耐性ランクを超えて：品種ごとの温度応答差を定量化する新たなモデル解析

現在、水稻の高温登熟性は、高温条件における白未熟粒の発生の仕方から、「弱」から「強」までの 5 階級に分類されています。しかし、同じ階級に属する品種であっても、実際の環境応答には差がある可能性があり、今後の遺伝的背景に基づく評価や地域適応性の検討には、品種ごとの応答特性を捉える精緻な解析手法が求められています。

そこで本研究では、すでに公開されている全国の圃場実験データセット^{*3}（48 品種）（Wakatsuki et al. 2024）とベイズ統計^{*4}と呼ばれる手法を用いることで、白未熟粒率の温度応答を品種ごとに定量的に推定する統計モデルを構築しました。

品種の白未熟粒の出やすさを、温度の影響を受けない部分（モデルの Y 切片）と、高温ストレス指標（MET26）とともに増加する部分（温度に対する傾き）に分けて解析すると、

同じ高温登熟性でも、モデル切片、傾きともに品種間で顕著な違いがあることがわかりました（図 2）。

意義：

本研究は、既存の高温登熟性ランクを補完し、品種ごとの環境応答の違いを定量的に捉える解析手法を提示したものです。今後はこのモデルを活用し、地域ごとの気象条件を考慮した品種評価や、遺伝的背景に基づく耐性メカニズムの解明へと展開することが期待されます。

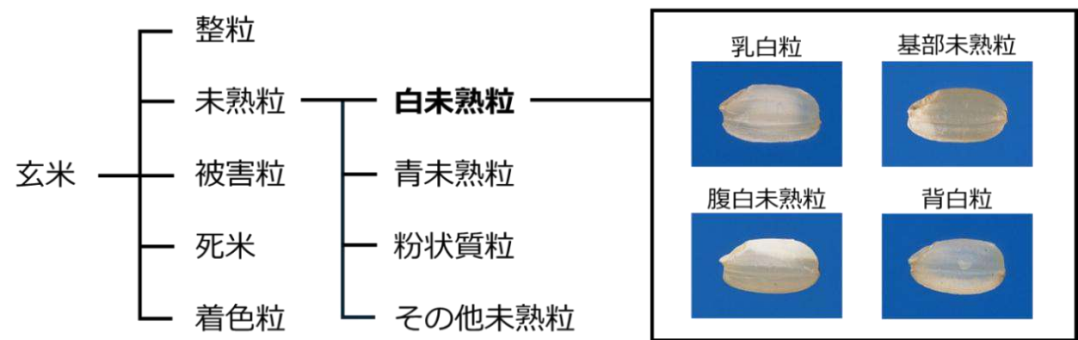


図 1. 玄米の分類と白未熟粒の画像。農林水産省ホームページより。

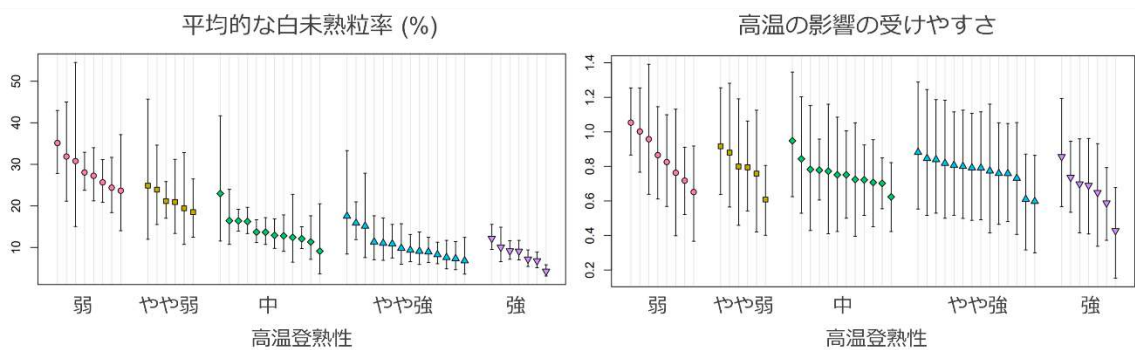


図 2. 品種ごとに推定された平均的な白未熟粒率（左、%）と高温の影響の受けやすさ（右）。結果は各品種の高温登熟性と推定値の大ききの順に並べた。エラーバーは 90%信頼区間を表す。

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

本研究の一部は「環境研究総合推進費（S-18-2）（JPMEERF20S11820）」、「JST 共創の場形成支援プログラム（JPMJPF2013）」、「科研費 JP23K13940」の支援を受けて遂行されま

した。

8. 問い合わせ先

〒305-0856

茨城県つくば市観音台3丁目1-3

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構

農業環境研究部門

長谷川利拡 hasegawa.toshihiro633@naro.go.jp

気候変動適応策研究領域 作物影響評価・適応グループ

若月ひとみ wakatsuki.hitomi752@naro.go.jp

戸田悠介 toda.yusuke716@naro.go.jp

Tel: 029-838-8204

9. 用語説明

*1. 高温登熟性

イネは、穂が出てから子実が熟すまでの期間（登熟期）に高温が続くと、子実の中身が十分な栄養が行きわたらないことで、白く濁った白未熟粒が発生します。ただ、同じ温度環境であっても品種によって白未熟粒の発生程度は異なることが知られています。高温登熟性は、高温環境下でも白未熟粒の発生をどの程度抑えられるのかを品種ごとに評価したもので、「強」「やや強」「中」「やや弱」「弱」の5段階でランク付けされています。たとえば、「ふさおとめ」や「笑みの絆」などの品種は高温登熟性が「強」とされ、暑い夏でも比較的品质の良い米が収穫できる品種です。一方、「ヒノヒカリ」などの品種は「弱」とされ、高温の影響を受けやすい傾向があります。この指標は、農家が品種を選ぶ際の参考になるだけでなく、将来の気候に対応した米づくりを進めるためにも重要な情報です。

*2. 白未熟粒率推定モデル

白未熟粒率と気象要因の関係性を数式的に表したモデルで、米の品質を栽培環境の気象データから推定することが可能となります。具体的には、日平均気温から算出された高温指標に日射量と湿度を加えた3種類の値を使用します。また、平均的な白未熟粒率と、高温指標の影響の受けやすさについては、高温登熟性のランクごとに異なる値を用いた方がよいことも明らかにしました。

*3. 白未熟粒率のデータセット

高温による白未熟粒の発生については、既に多くの研究例や報告がありましたが、これら

の結果は個別に発表されており、統合的に扱われたことはありませんでした。そこで、システマティックレビューという手法を用いて、過去の研究成果を網羅的に収集したデータセットを作成しました。どの品種がどこで栽培され、どの程度の白未熟粒が発生したのか、また登熟期間の気温・日射量・湿度も整理されています。このデータセットは誰でも活用できるように、以下の論文を通じて公開されています。

Wakatsuki et al. A dataset for analyzing the climate change response of grain quality of 48 Japanese rice cultivars with contrasting levels of heat tolerance. Data in Brief 54, 2024. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2024.110352>.

*4. ベイズ統計

ベイズの定理を根底に据えたとした統計手法であり、様々モデルに対して柔軟に対応できる点が特長です。計算量が多いという難点がありますが、近年の計算機の性能向上に伴い、特に 2000 年頃から様々な分野で多用されています。

1. 話題

新品種育成が全国および各地方の小麦収量向上にどのように貢献したか

2. 講演タイトル

講演番号709 品種育成は国内産小麦収量の向上にどう貢献したか

3. 発表者

柳沢 朗¹⁾、²⁾ (1. 道総研フェロー、2. カルビーポテト(株))

4. 発表概要

・過去約30年間の国内産小麦収量の伸びは、世界平均と比較して小さい。全国および各地方の小麦収量の向上に品種育成がどのように貢献したかを検討すると、北海道並びに愛知県においては新品種の育成並びにその普及が地域の収量向上に大きく貢献していることが明らかになった。

・北海道においては「きたほなみ」が、愛知県においては「きぬあかり」が、小麦収量を約2割あるいはそれ以上に向上させている。収量向上には品種特性に応じた栽培法改良による効果もあり、特に愛知県ではその効果が大きい。

・近年の気温上昇による影響は、登熟期間の短縮など収量に対してマイナスに働いているが、日射量が多いなど他の気象要素によるプラス効果が大きい場合は多収性が維持される。

・更なる収量向上、気候変動対応品種育成のためには、試験研究機関、大学、国内小麦産業に関わる機関・団体が密接に連携し、全国および地方レベルでの新品種育成の強化（体制・予算・人材育成）が重要である。

5. 発表内容

【背景・目的】

国内産小麦収量の伸び率は、世界平均収量と比較しても小さく、地方別では過去28年間の前半後半でほとんど向上していない地方もある（図1、図2）。そこで、小麦収量と品種育成の関係について収量向上が大きい北海道と愛知県の品種変遷、収量変動の気象要因、栽培法を考察し、今後の国産小麦の品種育成および収量向上のための資料とする。

【材料および方法】

①国内地方別収量および東海地方県別収量（農林水産省作物統計）の過去28年間の前後14年間の収量を比較する。②北海道、愛知県の小麦品種の変遷、収量に影響する気象要因の解析、栽培技術の変遷について検討し、品種育成が収量向上にどのように貢献したかを考察する。

【結果】

①国内産小麦主要産地（地方別）の過去28年の後半/前半の収量比は、北海道119%、東北107%、関東・東山100%、東海125%、近畿107%、中国100%、四国100%、九州100%であり、北海道と東海地方の収量の伸びが大きかった。

②北海道では主要品種（作付面積 5 割以上を占める）が「ホクシン」（1997～2010 年）から「きたほなみ」（2011～2024 年）に置き換わり、秋まき小麦収量は 431kg/10a から 591kg/10a に増加した（図 3）。愛知県では「農林 61 号」「イワイノダイチ」（2000～2014 年）から「きぬあかり」（2015～2014 年）に置き換わり、小麦収量は 342kg/10a から 487kg/10a に増加した。

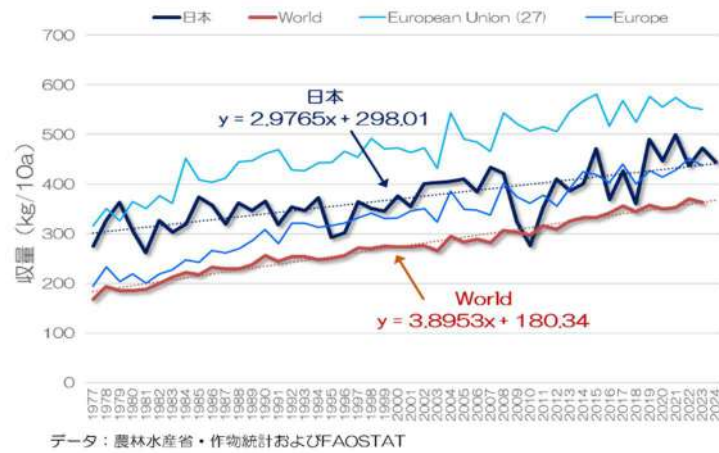


図 1．国内産小麦収量の推移と世界・ヨーロッパとの収量比較

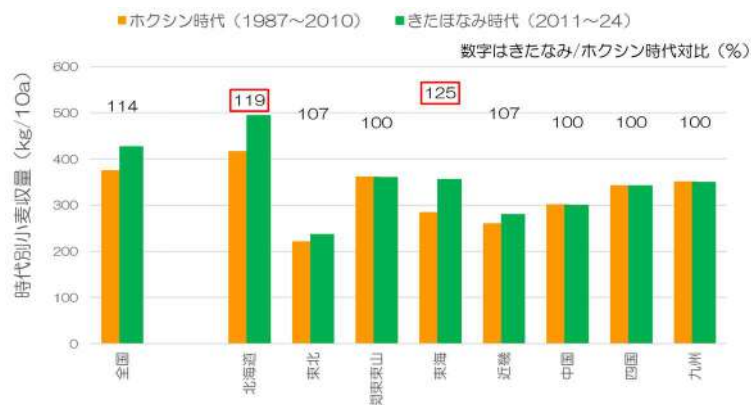


図 2．国内産小麦収量の地方別収量比較（1987～2010 年、2011～2024 年平均収量とその比）

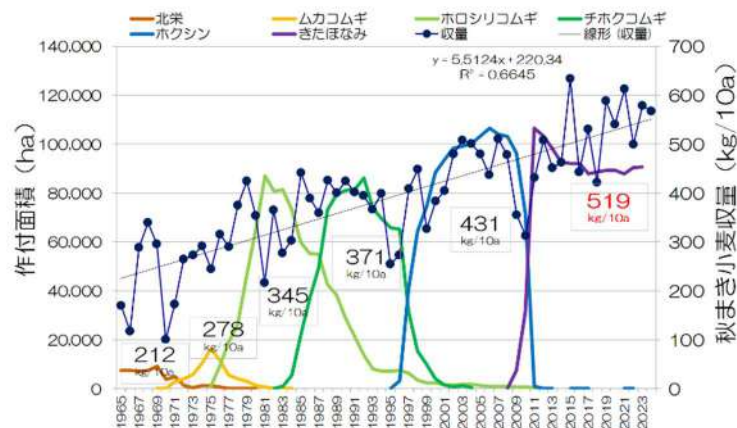


図 3．北海道の主要品種の変遷と秋まき小麦収量推移（1965～2024 年）

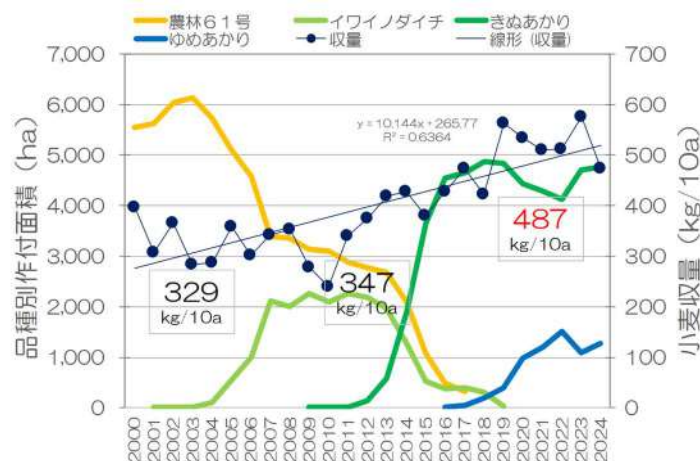


図4. 愛知県の主要品種の変遷と小麦収量推移（2000～2024年）

十勝地方の平均収量と帯広アメダス気象値との重回帰分析により、「ホクシン」時代（1997～2010年）の収量は、4月中旬～5月中旬平均最低気温、5月下旬～7月下旬平均日射量、6月中旬～7月中旬平均最低気温、5～7月降水量が、「きたはなみ」時代（2016年を除く2011～2024年）の収量は4月中旬～5月下旬平均最低気温、5月上旬～7月上旬平均日射量、6月中旬～7月中旬平均最低気温、6月中旬～7月下旬降水量が、愛知県平均収量と名古屋アメダス気象値との重回帰分析により「きぬあかり」時代（2015～2024年）の収量は、2月上旬平均気温、4月上旬～5月上旬日照時間、2月下旬～3月中旬降水量、また、4月上旬～5月上旬平均日射量／4月下旬～5月中旬平均気温の比が大きく影響していることが分かった（図5、図6）。

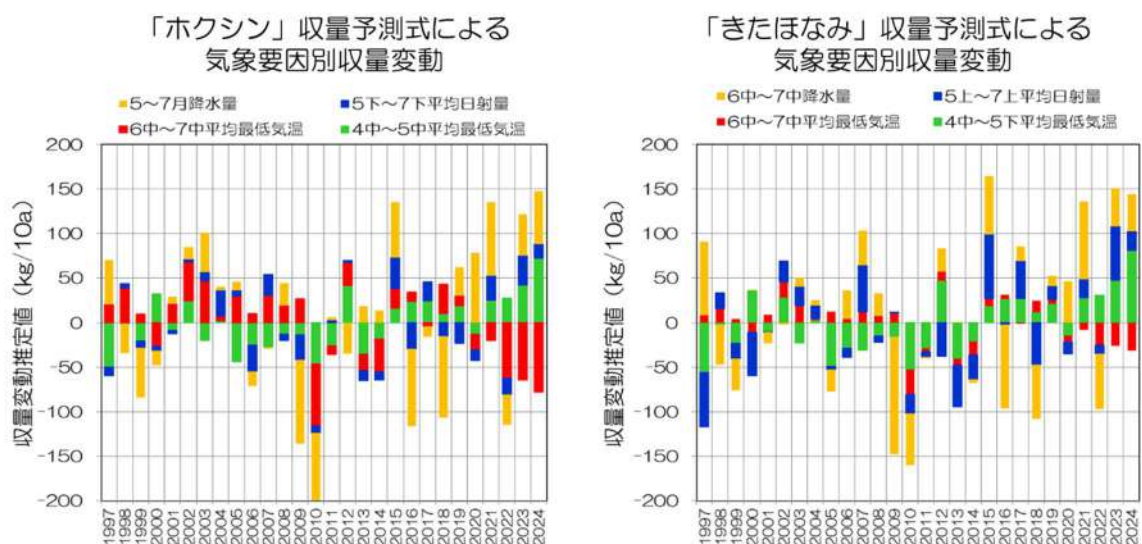


図5. 十勝地方における気象要因別の収量変動

（左：1987～2010年（ホクシン時代）予測式、右：2011～2024年（きたはなみ時代）予測式）

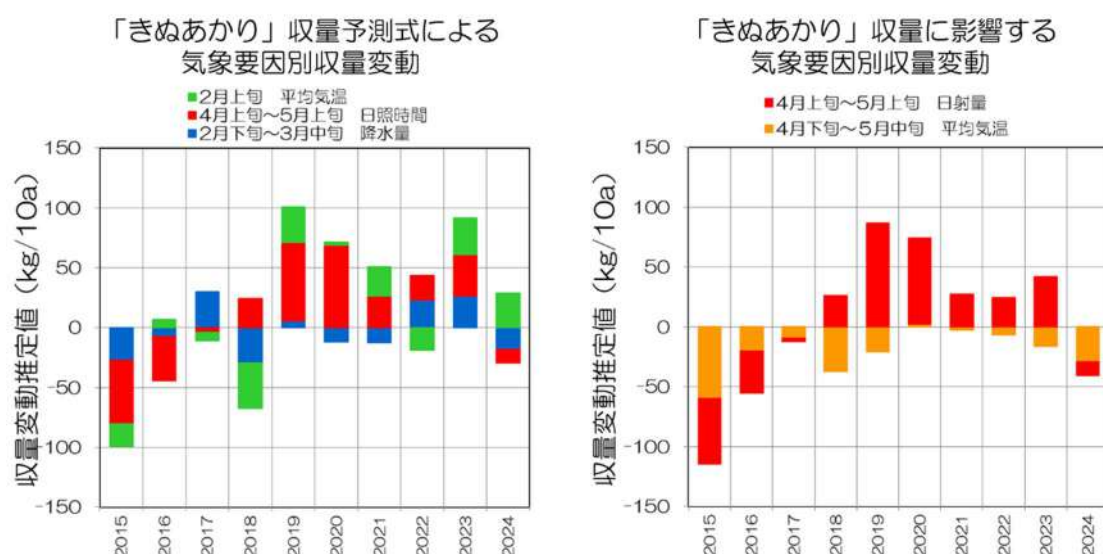


図6．愛知県における気象要因別の収量変動

(左：2015～2024年（きぬあかり時代）予測式①、右：同時期の予測式②)

【考察】

「きたほなみ」育成時成績では収量性は「ホクシン」対比118%（柳沢ら2007）で、「ホクシン」時代と「きたほなみ」時代の実収量比119%と同程度である。収量と気象要因との関係から近年の気候変動による登熟期間の気温上昇による減収要因に対して、日射量増加、降水量減少、春先の気温上昇などの影響および「きたほなみ」の特性を考慮した栽培法（北海道農政部2011、田原2016、荒木・笠島2019）により収量向上と安定化が図られていると推察される。一方、「きぬあかり」の収量性は育成地で「農林61号」対比120%、「イワイノダイチ」対比118%（吉田ら2022）であるが、「きぬあかり」普及後の収量増加はそれ以上であり、短稈化による施肥量増肥などの栽培法改善（林2017、伴ら2021）も大きく寄与しており、多収年には気象要因の影響も考えられた（表1、図6）。

表1．品種特性のまとめ（「きたほなみ」「きぬあかり」に関する文献より）

項目	きたほなみ	きぬあかり
収量性	育成地および現地試験の収量は、「ホクシン」対比 118% （柳沢ら2007a）	育成地における収量は、「農林61号」対比 120% 、「イワイノダイチ」対比 118% 多肥栽培で更に多収（吉田ら2022）
多収要因	穂数、一穂粒数の増加、収穫指数（HI）の向上、強稈性向上（耐倒伏性は「ホクシン」と同等）（柳沢ら2007a,b） 草型が立型で効率的に光エネルギーを吸収し、群落内の第2葉と第3葉の同化能が高く、 登熟後半までのソース能力が高い （笠島ら2016）	「農林61号」に比較して 短稈で倒伏程度が低く、耐湿性が優れ、収穫指数（HI）向上が多収性に寄与 （吉田ら2022） 「きぬあかり」は 一穂当りの整粒数が多い （伴ら2021） 子実生産効率が高く（伴ら2021）、成熟後半まで高いソース能が維持されること で、千粒重が重くなる（荒川ら2019）

参考文献

- 【きたほなみ】
- ・柳沢ら（2007a）秋まきコムギ新品種「きたほなみ」の育成、北海道立農試集報91:1-13
 - ・柳沢ら（2007b）秋まき小麦の多収性育種に関する一考察：「きたほなみ」を例として、日本育種学会・日本作物学会北海道談話会会報(48):73-74
 - ・笠島ら（2016）北海道における秋播性コムギ新品種きたほなみとホクシンの生育・収量特性の差異、日作85(2):155-161
 - ・田原修一（2016）平成27年度「きたほなみ」は、なぜとれた？ 北海道米麦改良協会栽培資料No.6, 7p
 - ・北海道農政部（2011）道東地域における秋まき小麦「きたほなみ」の高品質安定栽培法、平成23年普及奨励ならびに指導参考事項50-52
- 【きぬあかり】
- ・吉田ら（2022）多収・良質・良食味で耐湿性に優れた画期的な日本産用小麦品種「きぬあかり」の育成、育種学研究24巻2号:185-194
 - ・荒川ら（2019）コムギ品種「きぬあかり」の多収要因の解析、愛知県農試集報51:103-105
 - ・伴ら（2021）日本産用小麦品種「きぬあかり」の開発と高生産技術の開発・普及、日本作物学会第251回講演会要旨集:178-179
 - ・林（2017）小麦品種「きぬあかり」の安定生産に向けた技術改善について、ネット農業あいち：技術と経営（作物）

【今後の展望と期待】

以上のように品種育成による収量向上への効果は大きく、長期的な展望による育種研究の強化や幅広い遺伝資源の利用、効率的な選抜技術開発、関係機関の連携協力など全国および地方レベルでの育種体制の維持、発展が非常に重要であることを示している。また気候変動対応への強化、新品種に対応した栽培法や低収要因への技術対策および基盤整備の推進も強く求められている。

6. 発表雑誌

発表準備中

7. 注意事項

なし

8. 問い合わせ先

〒082-0006 北海道河西郡芽室町東芽室南3線23番地

カルビーポテト株式会社 馬鈴薯研究所

柳沢 朗（参与）

TEL：0155-62-2200、E-mail：a_yanagisawa@calbee-potato.co.jp

9. 用語説明

注1）品種育成

収量が多い、病気に強い、様々な環境に適する、品質が良いなど生産者、加工業者、消費者にとって利用しやすい新しい品種を作出すること。

注2）小麦品種「きたほなみ」

北海道立総合研究機構・農業研究本部・北見農業試験場で育成され、収量性、病害・障害抵抗性、製粉性、製めん適性に優れることから2006年に北海道の奨励品種に認定され、2009年に種苗法に基づく品種登録が行われた。

注3）小麦品種「きぬあかり」

愛知県農業総合試験場で育成され、収量性、耐倒伏性、耐湿性、製めん適性が優れることから2010年に愛知県の奨励品種に認定され、2011年に種苗法に基づく品種登録が行われた。

注4）重回帰分析

ある特定の変数（目的変数：Y）が、他の複数の変数（説明変数：X1、X2、X3…）によってどの程度影響を受けるかを分析するための統計的手法。両者の関係を回帰式として表すことができ、説明変数による目的変数の予測値を算出することができる。

1. 話題 日本在来のクワを求めて

2. 講演タイトル

講演番号 717 日本在来のクワは残っているのか？

3. 発表者

松村英生¹、平内海斗²、吉信智史²、清水諒²、鈴木未来²、溝口暁久²

(1: 信州大学基盤研究支援センター遺伝子実験支援部門、2: 信州大学大学院総合理工学研究科)

4. 発表概要

- クワは一般にカイコの飼料として用いられる植物ですが、養蚕技術が日本に伝えられる以前の遺跡からもクワ種子が出土していることからクワは古来より日本に自生し、人類が利用してきたと考えられます。
- 国内には多数のクワ遺伝資源（品種）が保存されていますが、それらの中で日本在来のクワを判別することは困難でした。
- 私たちは多数の日本のクワ品種や国内各地の高齢樹クワなどのゲノム配列を独自に解析しました。この解析データと国外（中国、インド）のクワにおけるゲノム配列データと比較解析した結果、日本のクワの多様性や独自性、さらに日本のクワに特有の2つの祖先集団を推定しました。
- その日本特有の祖先集団の1つのゲノムを持つクワは北日本や伊豆諸島に分布し、さらに樹齢1300年の個体も含まれることから、この祖先集団が日本在来クワである可能性があると考えています。

5. 発表内容

【背景】

クワは日本を含むアジア全域からヨーロッパにかけて広く栽培される植物です。その多くはカイコ飼料として葉の生産を目的として栽培され、一部には果実を食用として利用しています。また中国では古来よりクワを生薬としても利用しており、現在は日本でもその機能性を利用してクワを葉の機能性食品原料として栽培しています。しかし日本におけるクワの栽培面積は1930年代をピークに現在は大幅に減少しています。一方で国内には多様なクワの遺伝資源が残されており、信州大学繊維学部や農業生物資源ジーンバンクでは各々数百品種以上のクワを維持しています。さらに国内には南西諸島のシマグワや伊豆諸島のハチジョウグワなど離島特有のクワ属種も自生、栽培されており、加えて国内各地には樹齢数百年から1500年の高齢樹クワ木も複数残されています。日本におけるクワの主要な栽培種は、ヤマグワ (*M. bombycis*)、カラヤマグワ (*M. alba*)、ログワ (*M. latifolia*) の3種とされており、ヤマグワは日本在来、カラヤマグワとログワは中国由来とされていますが、

現在維持されているクワ品種の中でこの3種はDNAレベルでも明確に区別することが困難となっています。一方で、縄文時代の遺跡からはクワ属種子が多数出土しています。これは縄文時代には既に日本国内にクワが自生し、人類がその果実を利用していたことを示しています。中国大陸から養蚕の技術が日本にもたらされたのは弥生時代とされていることから、それ以前より日本には在来のクワがあり、人はそれを積極的に利用していたと考えられます。

そこで私たちは、日本在来のクワあるいはそのゲノムは現在も維持されているのか？、またそれらはどのような地域で見られるのか？を解明するため、日本国内のクワ遺伝資源（クワ品種、離島等に見られるクワ属種、複数の高齢樹クワ）について全ゲノムDNA配列解析を行いました。

【方法】

信州大学繊維学部附属農場と農業生物資源ジーンバンクで保有するクワ品種(146品種・系統)と日本国内各地の樹齢300年～1500年の高齢樹クワ(9株)の葉からDNAを抽出し、そのDNAについて次世代DNAシーケンサーを用いて全ゲノムDNA配列データを解析しました。また既に論文で発表されている中国中央や東北部のクワ品種群、中国南部や西南部の品種群およびインドの品種群のゲノム配列データを公的データベースから入手(ダウンロード)しました(図1)。

これらのDNA配列データは全て染色体毎に整理されたクワのゲノム配列(参照ゲノム配列、Jiao et al., 2020)との比較を行ない、品種毎に参照ゲノムと配列が異なる箇所(多型)を抽出し、そのデータを全サンプル(合計548品種・系統)で比較する各種データ解析を行いました。



図1 国内外のクワ遺伝資源におけるゲノム配列データの比較解析

【結果と考察】

日本のクワ遺伝資源と海外のクワ品種群のゲノム解析データに基づいて主成分分析を行った結果（図2）、日本のクワ集団は海外のクワとは遺伝的に異なる集団であり、また日本のクワ集団の中の遺伝的多様性は高いということが示されました。また、同じくゲノム解析データについて集団構造解析（**admixture** 解析）と呼ばれる解析を行うことで、解析を行った国内外のクワがいくつの祖先（祖先集団）から由来しているか、また各品種・系統はどのくらいの割合で各祖先集団のゲノム（DNA）を有しているか、を推定しました（図3）。その結果、解析した 548 品種・系統には 6 つの祖先集団が推定され、図3では各祖先集団を 6 色に分けて各品種・系統における祖先集団の由来とその構成を図示しています。6 つの祖先集団は地域毎に分布が異なる傾向が見られ、祖先集団 5（水色）と祖先集団 6（青色）は日本のクワに特有の祖先集団である結果が得られました。いくつかの品種や個体は祖先集団 5（水色）または祖先集団 6（青色）のみから由来すると推定されました。そのうち、とくに祖先集団 6（青色）のみから由来する個体は新潟、福島、北海道における品種または高齡樹とハチジョウグワ（伊豆諸島）で見られました。新潟（佐渡）の高齡樹は樹齡 1300 年と推測されていることから、この祖先集団 6（青色）は少なくとも飛鳥時代には日本に自生していたクワであると考えられます。これらの結果から、この祖先集団 6（青色）が日本在来のクワである可能性があると考えています。またこの祖先集団 6 のゲノムを有する個体が北日本に複数見られている結果は、それらが寒冷地、積雪地に適応した形質（特徴）を有していることが要因と考えています。

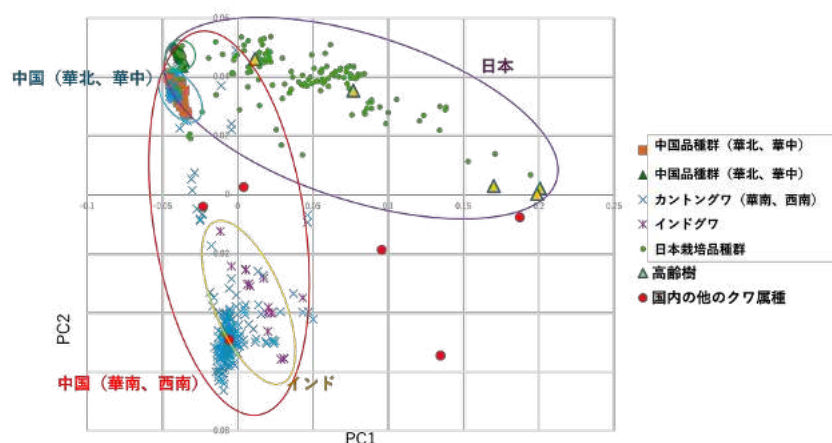


図2 全ゲノムSNPsに基づく国内外のクワ遺伝資源の主成分分析

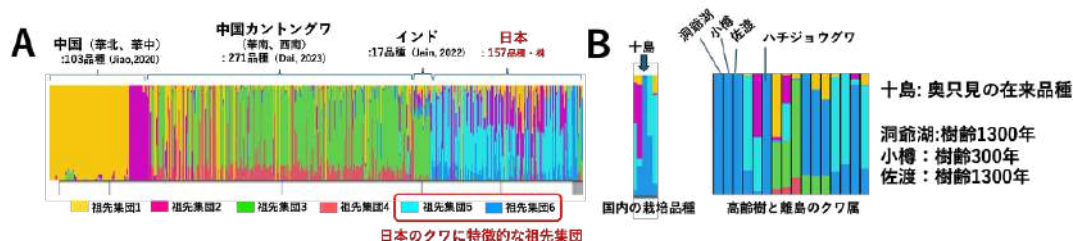


図3 国内外のクワ遺伝資源における集団構造解析（admixture解析）の結果
A: 全548品種・系統の解析結果、B: 祖先集団6(青色) のゲノムを有する品種と高年齢樹

【今後の展望】

本研究によって日本在来クワのゲノムを引き継ぐ個体が北日本や伊豆諸島に残っている可能性が示されましたが、今後は両地域に自生するクワについてより多数のゲノム解析を行うことによってその検証が必要であると考えています。

もしこれらが在来クワであるならば、どのような特徴（形質）を持つのかについても明らかにしたいと考えています。

また日本のクワ遺伝資源は国外のクワとは遺伝的に異なる集団であり、高い多様性を持つことが明らかになりました。現在の国内における農作物としてのクワの生産は非常に限られていますが、背景で述べたように人類は何千年もクワを利用して来ました。今後も機能性の活用など今までとは違った場面でクワが人類に貢献する可能性も十分考えられます。そのためにも多様な日本のクワ遺伝資源を維持することが必要です。

6. 発表雑誌

なし（投稿準備中）

7. 注意事項

なし

8. 謝辞等

本研究の一部は、一般財団法人大日本蚕糸会貞明皇后研究助成の支援を受けて行われました。

試料の一部は農業生物資源ゲノムバンクより分譲いただきました。

高年齢クワ採取にあたり、

文化庁、沼田市、渋川市、佐渡市、河内長野市、仙台市、小樽市、洞爺湖町

ならびに各地のクワの所有者の皆様

の許可をいただきました。

9. 問い合わせ先

〒386-8567

長野県上田市常田 3-15-1

信州大学基盤研究支援センター遺伝子実験支援部門

教授 松村 英生

Tel 0268-21-5800

hideoma@shinshu-u.ac.jp

10. 用語解説

*ゲノム

その生物が持つすべての遺伝情報（DNA 配列情報）。DNA はアデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)の4種類の塩基をもつヌクレオチドという物質が連なって構成される。このときの各塩基のヌクレオチドの並びを DNA 配列または塩基配列と呼ぶ。この DNA 配列が生物の遺伝情報となる。

*次世代 DNA シーケンサー

同時に多量の DNA 配列を読み取ることができる装置。従来よりも安価かつ迅速に生物の全ゲノム DNA の配列を読み取ることが可能。

*多型

DNA 多型とも呼ばれる。個体や品種の間で見られる DNA 配列の違い。一箇所の DNA 配列のみの違いもあれば、長い範囲の DNA 配列の違いも見られる。一般に遺伝的に近縁であれば多型の数はより少なくなり、遠縁になればなるほど多型の数は増える傾向をしめす。

*主成分分析

一般には多次元のデータをその情報をできるだけ損なわずに少ない次元（変数）で表す方法のことである。ここではクワ品種間の多数箇所の DNA 多型データを2次元（PC1とPC2）に縮約してグラフにプロットした散布図を作成している。一つ一つのプロット（点）が各品種を表し、それらの DNA 配列の違いが大きい（多型が多い）品種どうしは離れた位置に、配列の違いが少ないとより近い位置にプロットされる。

*集団構造解析（admixture 解析）

DNA 多型のデータをもとにして、解析した品種や個体がどのような祖先から由来するか、あるいはどのような祖先どうしが交配した結果であるか、を解析する手法。