

中央農業総合研究センターニュース No.45

雑誌名	中央農業総合研究センターニュース
巻	45
ページ	1-4
発行年	2011-03-08
URL	http://doi.org/10.24514/00007651

doi: 10.24514/00007651

中央農研ニュース

■ 研究情報

- 直売所の新たなビジネスを支援する食材セット受注・加工・販売システム

■ 特集

- イネの収量を決める要因は何か — 一次枝梗数と穂首維管束数 —

■ トピックス

- 東海地域マッチングフォーラム ● つくばテクノロジーショーケース



直売所の新たなビジネスを支援する 食材セット受注・加工・販売システム

マーケティング研究チーム 大浦 裕二

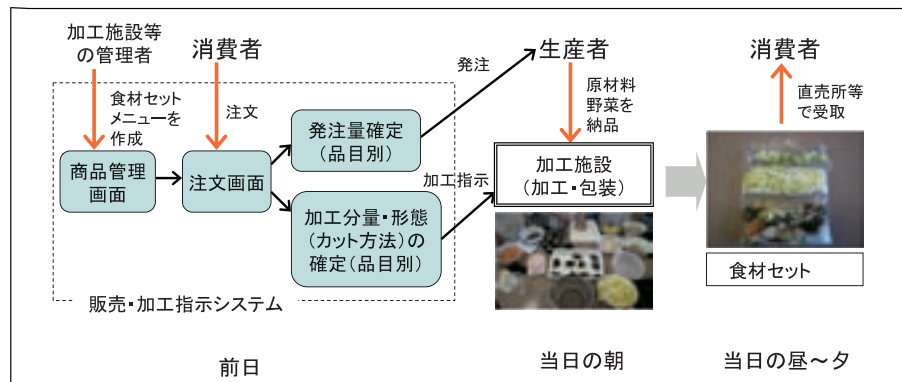


食材セッ
トの加工の
流れは図の
ようになり
ます。まず、

農産物直売所は、6次産業化や農工商連携などの中核となることが期待されていますが、売り上げの低迷、利用客の伸び悩みなどの問題を抱える直売所も少なくありません。今後、直売所が消費者に継続的に利用される店舗として地域に定着するためには、直売所のメリットを生かしつつ、利用者のニーズにあわせた新しい商品・サービスを開発し提供していく必要があります。そこで、地元農産物を皮むき・カットなど一次加工した上で、けんちん汁などの料理メニューにあわせてセット化し、高鮮度のまま提供するための受注・加工・販売を支援する情報システムを開発しました。

本システムは、食材セットを提供するためのWebソフトウェアです。消費者が、インターネット接続されたパソコンや携帯電話から食材セットを注文すると、1日あたりの野菜の発注量や加工形態・分量が品目別に計算され、食材セットの加工を容易に行うことができます。

直売所の加工施設等の管理者が、商品管理画面で食材セットのメニューと使用する野菜のカット方法を、必要分量を入力します。このデー



タが各食材セットの原料となる野菜等の発注量や加工量を計算するベースとなります。この食材セットの情報は、消費者の注文画面にも反映され、消費者はそこから食材セットの注文を行います。この注文データから必要な野菜の数量が自動的に計算されるので、直売所はこのデータに基づいて生産者に原材料野菜を発注します。また、野菜の加工量・加工形態が品目別に計算されるので、加工担当者はこのデータから野菜をカットし、食材セットを作成します。

また、本システムでは、野菜の発注量や加工形態、分量が注文データから瞬時に計算されることから、販売前日の夜あるいは当日の朝まで注文を受け付けることが可能です。そのため、鮮度の高い野菜を使用した食材セットを消費者に提供できます。

本システムは、実用化を目指して、茨城県日立市十王物産センター「鶺鴒喜鶴喜」において、農研機構・中央農業総合研究センターとJA茨城ひたち、茨城県県北農林事務所経営・普及部門、茨城県農業総合センター、日立市、(株)フロンティアシステムとの共同で、実証実験を行っています。



イネの収量を決める要因は何か — 一次枝梗数と穂首維管束数 —



稲収量性研究北陸チーム 寺尾 富夫

イネの収量を上げるためには、穂の貯蔵容量を増やすことが近道だと考えられており、その中でも、一穂粒数は重要な要因です。Nagata *et al.* (2002) は、インディカ型で一穂粒数を増やして収量を増加させるQTLを見出しました。このうち、第1染色体のQTLは、二次枝梗数を増やして一穂粒数を増加させますが、登熟歩合の低下が著しい。対して、第6染色体のQTLは、一次枝梗数を増やして一穂粒数を増加させ、登熟歩合の低下がわずかにとどまらず。筆者らは、登熟歩合を減少させずに粒数を増やすことが重要と考え、この一次枝梗数を増やすQTLの原因遺伝子の特定を行いました。

イネの一穂粒数を決める遺伝子

ハバタキ/ササニシキの戻し交配自殖系統を用いて、第6染色体の一部がヘテロの系統の分離後代の一次枝梗数を測定しました。このQTLはハバタキ型で一次枝梗数が増加するため、ハバタキ型に分離した系統の一次枝梗数が、ササニシキ型の系統より多ければ、その領域に原因遺伝子が存在することになります。ヘテロ領域は、染色体相互

乗換により狭まるため、これを繰り返すことにより領域を絞り込むことができます。その結果、この範囲内には、ただ一つの遺伝子が存在し、それは穂が貧相になる*qpo1*突然変異体の原因遺伝

子*AP01* (Ikeda *et al.* 2007) と同一でした (Terano *et al.* 2010)。

AP01遺伝子の差による収量の増加

AP01 遺伝子のみを含む領域がササニシキ型とハバタキ型に分離した系統の収量構成要素をみると、ハバタキ型で、一次枝梗数が12〜13%増加し、一穂粒数は7〜11%増加しました (表1)。1粒重は2〜3%減少しましたが、収量に相当する沈下糊重は5〜7%増加しました。また、収穫指数 (糊乾物重/全乾物重) が増加していることから、この収量増加は、茎葉から穂への炭水化物の移行が増えたためと考えられます。

AP01遺伝子内部の乗換系統の収量構成要素

更に乗換系統の探索を続けたところ、この遺伝子内のオープンリーディングフレーム (ORF) 部分とプロモーター部分の間で乗換が

表1 *AP01* 遺伝子の遺伝子型の違いによる収量構成要素の差

2004									
個体数	穂数	一次枝梗数	二次枝梗数/ 一次枝梗数	収穫指数	沈下糊数 (5穂)	粒重 (mg)	沈下糊重 (5穂)(g)	不稔割合 (%)	
ハバタキ型	46	15.3	10.7 ^a	1.41 ^b	0.588 ^a	446 ^a	25.6 ^c	11.4 ^a	5.66
ササニシキ型	44	15.3	9.5 ^c	1.52 ^a	0.567 ^b	415 ^b	26.3 ^a	10.9 ^b	5.40
ヘテロ	82	15.1	10.3 ^b	1.45 ^{ab}	0.582 ^a	439 ^a	25.9 ^b	11.4 ^a	5.60
ハバタキ/ ササニシキ		1.00	1.13	0.93	1.04	1.07	0.98	1.05	1.05
有意性	ns	***	*	***	***	***	*	ns	
2005									
個体数	穂数	一次枝梗数	二次枝梗数/ 一次枝梗数	収穫指数	沈下糊数 (5穂)	粒重 (mg)	沈下糊重 (5穂)(g)	不稔割合 (%)	
ハバタキ型	150	13.47	9.47	1.47	0.56	421.65	25.64	10.82	3.24
ササニシキ型	150	13.75	8.44	1.45	0.52	381.16	26.45	10.09	3.08
ハバタキ/ ササニシキ		0.98	1.12	1.01	1.07	1.11	0.97	1.07	1.05
有意性	ns	***	ns	***	***	**	**	ns	

ns, 有意差無し; *, **, ***, 5%, 1%, 0.1% で有意差あり。

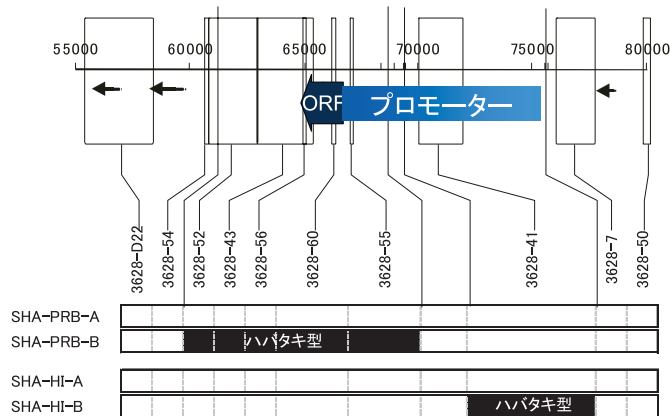


図1 APO1 遺伝子内で乗換を起こした系統の遺伝子型

起きた系統が見つかり、ORF領域がハバタキ型の系統SHA-PRB-Bとプロモーター領域がハバタキ型の系統SHA-HI-Bが得られました(図1)。これらの系統の収量構成要素を、同領域がササニシキ型の系統であるSHA-PRB-AおよびSHA-HI-Aと比較したところ、SHA-PRB-Bでは、一次枝梗数は増えただけで、収量は増えませんでした。これに対して、SHA-HI-Bでは、一次枝梗数の増加はわずかでしたが、穂粒数と収穫指数が増加し、それに伴い一株籾重が増加しました(表2)。

表2 APO1 遺伝子のORF領域とプロモーター領域が分離した系統の収量構成要素の比較

ORF領域が分離

系統(遺伝子型)	個体数	一株穂数	穂重(g)	一穂粒数	一次枝梗数	一次枝梗数/二次枝梗数	一次枝梗数/二次枝梗数	籾粒重(mg)	不稔粒%	沈下粒重(g)	収穫指数
SHA-PRB-A (ササニシキ型)	68	11.8	30.0	104.2	9.43	11.05	1.92	24.5	2.44	25.0	0.596
SHA-PRB-B (ハバタキ型)	60	11.5	28.9	105.5	10.42	10.12	1.65	23.9	2.54	24.2	0.604
ハバ/ササ比		0.98	0.97	1.01	1.10	0.92	0.86	0.98	1.04	0.97	1.01
有意差		ns	ns	ns	***	***	***	ns	ns	ns	ns

プロモーター領域が分離

系統(遺伝子型)	個体数	一株穂数	穂重(g)	一穂粒数	一次枝梗数	二次枝梗数	籾粒重(mg)	不稔粒%	沈下粒重(g)	収穫指数
SHA-HI-A (ササニシキ型)	83	11.41	24.36	104	9.17	18.1	21.6	2.44	23.6	0.568
SHA-HI-B (ハバタキ型)	58	11.98	26.70	111	9.38	20.3	21.0	2.98	25.3	0.584
ハバ/ササ比		1.05	1.10	1.07	1.02	1.12	0.97	1.22	1.07	1.03
有意差		ns	**	**	*	***	ns	ns	**	*

ns,有意差無し;*,**,***,5%,1%,0.1%で有意差あり。

AP01遺伝子による穂首維管束数の変化
SHA-HI-Bでは、遺伝子の本体であるORF領域はササニシキ型でありSHA-HI-Aと同じであるのに、プロモーター領域の違いにより、収量がふえました。プロモーター領域は遺伝子の発現を調節しているため、*in-situ*ハイブリダイ

ゼーション法によりAPO1遺伝子の発現を調べたところ、この遺伝子は、発達中の幼穂に加え、発達中の維管束でも発現し、維管束の分化を誘導する可能性があることが分かりました(図2)。

本研究でも、一穂粒数がイネの収量を決定することに大きく貢献していることが示されました。しかし今回の結果から、米粒が着生する一次枝梗の数が増えても、そこに炭水化物を運搬する維管束が増えなければ、収量が増えない可能性があることが分かりました。このことは、収量を増やすためには、貯蔵容量に関する遺伝子に加えて、炭水化物を運ぶ役割を持つ転流に関与する遺伝子・OTLを積み上げてゆく必要があることを示しています。

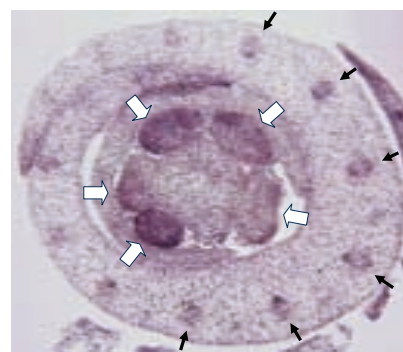


図2 *in-situ*ハイブリダイゼーションによるAPO1 遺伝子の発現。発達中の幼穂(白抜き矢印)の他に、発達中の維管束(黒矢印)でも発現している。

1) Ikeda K *et al.*, 2007. Plant J. 51:1030-1040.
2) Nagata K *et al.*, 2002 Breeding Sci. 52:259-273.
3) Terao T *et al.*, 2010. Theor. Appl. Genet. 120:875-893.

東海地域マッチングフォーラム

12月22日に名古屋大学野依記念学術交流館において、農林水産省との共催により東海地域マッチングフォーラムを開催しました。テーマは「省力栽培・消費拡大を目指す野菜の新技术・新品种」で、野菜茶業研究所と東海農政局の協力を得て、東海地域各県と農研機構の研究成果の中から、野菜の省力栽培につながる栽培法や生産資材などの新技术と魅力的な特徴を持つ野菜の新品种について計6件の紹介があり、中央農研からは「天敵を利用したバンカー法によるアブラムシ防除」（長坂主研）の講演を行いました。また、同時開催の東海アグリビジネス創出フェアには、それらの講演に関係した出展があり、各展示ブースにおいて講演者が参加者からの質問や相談に直接応える形で、双方向の意見・情報交換を行いました。なお、同フェアには、中央農研から野菜関連の技術として「うね内部分施用技術」と「ワイロイドのマルチPCR検定法」を出展紹介しました。

フォーラムへは、県の機関、J・A・生産者、企業・団体などから多数の参加がありました。



つくばテクノロジーショーケース

12月24～25日につくば国際会議場において、つくばテクノロジーショーケース（つくばサイエンスアカデミー主催）が開催され、中央農研からは、「RNA干渉法を利用したウイルス病抵抗性イネの作出」（木主研）、「大規模品種育成系譜図を簡単に作成するツール：EvoTree」（竹崎主研）、「簡単・迅速・低コストな米品種識別マーカーセット」（田淵主研）、「閉花受粉性遺伝子を利用してイネの交雑を抑制する」（大森研究員）の4名が参加しました。ポスター展示のほか、1分間で研究内容を紹介するインデクシングがあり、プレゼンやポスター等の内容の審査の結果、参加した約120名の中から最も異分野交流の成果が上がっているものとして、田淵主研がベスト研究交流賞を受賞しました。



また、つくば市の特別展示「ロボットの街つくば」への出展協力として田植エロボットを展示し、玉城チーム長等が来場者への説明に当たりました。

市民講座開講中!!

中央農研をご理解いただくために、研究者が専門分野の話題を中心に話す市民講座を毎月、第2土曜日（9時30分～10時30分）に食と農の科学館で開催していますので、ぜひご参加ください。

（今後の予定）
特別開催



市民講座 in 東京

3月18日（金）13時30分～15時30分

会場 東京大学弥生講堂

(1) 新品种の育成期間を大幅に短縮するクム育苗とは？

(2) 情報通信技術とセンサ技術が拓く新しい農業

第43回 4月9日（土）

稲作と地球温暖化

オープンラボ（開放型研究施設）

民間や大学などと共同して研究を行うために、研究施設を開放しています。

● バイオマス資源エネルギー産学官共同開発研究施設

● 環境保全型病害虫防除技術開発共同実験棟

● 萌芽研究推進共同実験棟

利用などについてのお問い合わせ先

企画管理部 業務推進室（交流チーム）

TEL 029-8338-7158

FAX 029-8338-8574

ISSN 1346-8340