

水稻の初冬直播き栽培における品種と 採種地が出芽率に及ぼす要因の解明

Effect of the Cultivar of Rice and the Environment in Which the
Seeds Were Harvested on Seeding Establishment after
Overwintering in Early-winter Direct-sowing Cultivation

2024年3月

岩手大学大学院 連合農学研究科

生物生産科学専攻(岩手大学)

及川 誠司

Seiji OIKAWA

目次

第1章 緒論	1
第2章 品種と採種地の組み合わせが初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響	11
2-1. はじめに	
2-2. 材料と方法	
2-3. 結果	
試験 1: 品種と採種地の組み合わせが出芽率に及ぼす影響	
試験 2: キヒゲンをコーティングした種子での初冬直播き栽培における出芽率の品種間差	
試験 3: 産地の気象が越冬後の出芽率に与える影響について	
2-4. 考察	
第3章 種子休眠の制御に関与する候補遺伝子の探索	52
3-1 はじめに	
3-2. 材料と方法	
3-3. 結果	
3-4. 考察	
第4章 総合考察	113
4-1. はじめに	
4-2. 初冬直播き栽培における品種と採種地の影響とその変動要因	
4-3. 初冬直播き栽培における品種と採種地の影響と播種量の設定	

摘要	120
Summary	122
謝辞.....	124
引用文献.....	126
博士論文要約(Summary).....	134
付表.....	137

第1章 緒論

わが国において米は主食として生産がされてきた。しかし、食生活の変化を受けて米の需要量が年々減少しており、それに伴い生産量も減少している。米の販売価格に関しても1990年から2022年の間に60 kgあたり21600円から13862円まで低下しており、近年は13000円程度で推移している。それに伴い、主食用米の作付面積は2018年から2022年の5年間で138.6万 haから125.1万 haまで減少している(表 1-1)。ただ、わが国の食料自給率は他の先進国に比べ低く、米以外の穀物に関しては輸入に依存している。輸出国は自然災害や戦争などが発生した場合、輸出を制限し自国の食料の安定供給を優先する傾向がある。そのため、米の生産量が減少している現状であっても、わが国で食の安全保障を図る上では米の生産が重要なことであることに変わりはない。

わが国の農業従事者は2005年から2020年の過去15年間に61%減少しており(図 1-1)、それに伴って1経営体あたりの経営耕地面積は2005年から2020年の過去15年間に1.9 haから3.1 haと1.4倍増加している(農林水産省 2022年)。また、2020年時点における年齢階層別での基幹的農業従事者は、65歳以上の割合が69.6%(図 1-2)である。今後は65歳以上の従事者の離農に伴って農地がさらに集積していくことが予想され、実際に耕地面積が10 ha以上の大規模経営体の割合は2015年から2020年間に3.8%から5.1%に増加していることから、これから農業経営は大規模化の方向に進んでいくことが予想される。そこで、水稻の生産現場にも大規模化に対応する省力技術の導入が望まれる。

水稻の省力化技術には、移植栽培である疎植栽培と密苗移植、水田に直接播種する直播栽培がある。疎植栽培は、移植栽培の省力化技術で、移植時の苗の株間を広げることで栽植密度を減らし単位面積あたりの必要苗箱数を慣行栽培よりも削減する方法である(木村 2019)。これによって育苗と移植時のコストを減らすことが可能となる。密苗移植栽培とは、苗箱に種子を高密度で播種し育苗した苗を移植する技術である。密苗は苗箱への播種時に慣行栽培の2倍程度の量を播種するため、慣行栽培より少ない苗箱数で単位面積あたりに必要な苗を確保でき、育苗資材費と移植時間の削減ができる。ただ、従来の植付爪で移植をする場合は、掻き取り量と爪の幅の balan

スが悪い場合、苗が崩れる可能性があり、育苗時にも苗の徒長などが挙げられている(木村 2021)。これらの技術は慣行の移植栽培よりも作業量を削減できるが水稲栽培の労働時間の 3 割を占める育苗や移植などの春作業を完全には省略できない。一方で直播栽培は、水稲種子を水田に直接播種する作業体系であり、疎植栽培、密苗移植栽培に必要な育苗や移植の春作業を省略することが可能となった技術であり、大規模栽培に対応可能な直播栽培が注目されている(姫田 1995, 農林水産省 2021)。

この直播栽培は大きく乾田直播と湛水直播に分類される。乾田直播とは、畑状態の水田に播種を行い、出芽した後に湛水する方法である。湛水直播は、播種の前に湛水・代かきを行う方法である。乾田直播と湛水直播のそれぞれのメリットとデメリットは以下の通りである。乾田直播は、メリットとして代かき不要、乾田のため大型機械が利用可能など、デメリットとして降雨により播種が困難になる、雑草が繁茂しやすいなどが挙げられる。湛水直播には、メリットが播種から出芽以外の作業体系が移植栽培と同様のため技術導入がしやすいこと、代かきをするので漏水の問題がないなど、デメリットとして代かきが必要なこと、大型機を導入しづらいことなどが挙げられる。

直播栽培の面積は 2004 年では 14810 ha であったが、栽培体系・コーティング法の開発(プラウ耕・レーザーレベラー均平を行った後にグレーンドリルで播種する方法(大谷ら 2018)、前作収穫後の水田を耕起しないで播種する不耕起栽培(姫田 1995)、V 字状に切った溝に播種する不耕起栽培直播体系(愛知農試 2007)や乾田 V 溝直播(アルプス農協管内農業技術者協議会 2022)、過酸化石灰被覆種子(太田・中山 1970, 吉永ら 2007)、鉄コーティング(山内 2010, 2012)、べんモリ資材被覆種子(原 2016))により、2021 年時点では 35370 ha と栽培面積が拡大している(表 1-1)。全体の栽培面積に占める直播栽培の面積は増加傾向にあり、今後も大規模栽培の増加とともに栽培面積は増えていくことが期待される。しかし、普及率は全国で 2.5%、主な水稲栽培地域である北海道・東北地域といった寒冷地でも 3%程度と未だ低いのが現状である(表 1-2)。この原因として、寒冷地においては、雪解けが遅く、暖地に比べて水稲の作付期間が短く、

収量が移植よりも安定しないことが挙げられ(下野ら 2012), 寒冷地に適応した直播栽培法の開発が望まれる。

「初冬直播き栽培」は、収穫後の積雪前に種子を直播きし、翌春まで種子を土中で越冬させ、大規模経営体などで過度に集中する春作業を軽減することが可能となる栽培技術である(下野ら 2012)。現在、この技術は青森県で現地実証が行われている他(木村ら 2020)、岩手県(及川ら 2019, 鈴木ら 2022)、福島県(笹川ら 2022)などで研究が進められており、2023年10月にインターネット上で初冬直播き栽培技術と事例集が公開され普及が進められている(初冬直播き研究会 2023)。ただ、初冬直播き栽培は出芽率が春の直播きよりも低いいため、播種量は春の直播きの場合に通常は10aあたりに5~7kg程度播種するところ(東北農業研究センター 2010)、初冬直播き栽培では播種量をそれよりも増やすことを推奨しており(下野ら 2012, 及川ら 2019, 鈴木ら 2022)、無処理種子(薬剤や資材をコーティングしない種子)の場合には春の直播きのおよそ5倍の播種量が必要である(下野ら 2012)。実際に初冬直播きの現地実証では2015年の播種では10aあたり30kg、2016年の播種で10aあたり20kgの乾籾が播種されていた(品種「まっしぐら」、素籾, 木村ら 2020)。

初冬直播き栽培の播種量を減らすために、及川ら(2021)は、種子コーティングを検討し、鉄やチウラム水和剤(キヒゲン R-2 フロアブル, 米澤化学(株), 京都, 以下キヒゲン)が越冬後の出芽率を向上させることを明らかにした(品種「あきたこまち」2018年, 「ひとめぼれ」2019年)。また、鈴木ら(2022)は初冬直播き栽培の広域適応性を評価し、その地域の環境によって播種量は変化すること、越冬後の出芽率には品種間差があり(品種「ひとめぼれ」, 「萌えみのり」), 各地の主力品種について、初冬直播き栽培における出芽率を評価する必要があることを報告している。

各地域における水稻の奨励品種、優良品種と主力品種をみていく。奨励品種・優良品種は、北海道20品種(「ななつぼし」など)、青森県8品種(「つがるロマン」, 「まっしぐら」など)、岩手県15品種(「あきたこまち」「ひとめぼれ」「いわてっこ」など)、秋田県13品種(「あきたこまち」「ひとめぼれ」, 「サキホコレ」), 宮城県11品種(「ひとめぼれ」, 「ササニシキ」, 「つや姫」など)、山形県は14

品種(「はえぬき」,「ひとめぼれ」,「コシヒカリ」など), 福島県は 14 品種(「里山のつぶ」,「ひとめぼれ」,「天のつぶ」)であり, 主力品種は北海道「ななつぼし」, 青森県「まっしぐら」, 岩手県「ひとめぼれ」と「あきたこまち」, 秋田県「あきたこまち」, 宮城県「ひとめぼれ」, 山形県「はえぬき」, 福島県「ひとめぼれ」である. 奨励品種・優良品種と主力品種の中には共通する品種もあるが, 地域によって異なっている(公益社団法人 米穀安定供給確保支援機構 2022). また, 現在面積が拡大している飼料米は, 良食味性や玄米品質が重要されず耐倒伏性が高い多収品種が用いられており, 北海道「きたあおば」, 東北地域「いわいだわら」, 北陸～四国「オオナリ」, 九州「モグモグあおば」と地域別に推奨品種が異なっている(農研機構 2016).

初冬直播き栽培における品種間での出芽率の違いに関して, 姫田は(1973)は埼玉県で 13 品種を評価して出芽率に品種間差があることを報告し, 出芽率の向上には品種の選択が必要であることを指摘した. 及川ら(2019)は北東北の主力品種を含む 4 品種, 鈴木ら(2022)は 2 品種を評価し, 寒冷地における初冬直播きの出芽率に品種間差があることを報告した(初冬鉄コーティング条件). 及川ら(2019)の試験では, 無処理の出芽率が 1~3%であったのに対し, 初冬鉄コーティングでは 11~30%と種子表面にコーティングによって出芽率が向上することを報告したが, その増加は品種間で異なっており(「ひとめぼれ」:約 5 倍, 「萌えみのり」:約 10 倍増加していた), 種子コーティングによる出芽率の増加率には品種間差があることが考えられる. ただ, 同一地点において複数品種では行われておらず, キヒゲンコーティングによる出芽率の増加率に品種間差があるか不明なままである. また, 品種と採種地に関する大規模な試験は行なわれておらず, 初冬直播き栽培に新しい品種を導入するための知見は少なく, 適切な播種量について設定することが困難である.

初冬直播き栽培について関係する特性として, 種子の形態, 病害抵抗性, アミロース含量, 種子休眠が関係ある可能性が報告されている(姫田 1973). 初冬直播き栽培における種子休眠の関係性については, 及川ら(2021)は種子休眠打破した種子の初冬直播きにおける出芽率が低下することを報告しており, 姫田(1973)も種子休眠が強い品種ほど出芽率が高いことを報告した. また,

大平・佐々木(2011)は広島県で飼料用米を中心とした 19 品種を用い、越冬させた種子の生存率に品種間差があることを報告し、この品種間差には種子休眠性は関係していることを示唆した。他にも、細井ら(2010)は長野県において雑草イネの越冬生存率について評価し、埋土種子の場合、休眠が深い集団ほど越冬生存率が高いことを明らかにした。このことから、種子休眠が初冬直播き栽培に関与する品種特性として考えられ、播種量設定などの指標になり得る可能性がある。しかし種子休眠が初冬直播きにおける出芽率に与える影響については詳細は不明である。

種子休眠は、健康な種子が発芽に最適な条件下でも発芽をしない状態と定義されている(Bewley 1997)。イネにおいては、穂発芽性は種子休眠によって制御していると考えられており、水道水(水温 22℃)をかけ流している容器に収穫した穂を浸し、7 日目と 10 日目に取り出し発芽率を計測し比較品種と比較して評価する方法や発芽検定器(小澤製作所製 OH-40 改型)を用いて 28℃、湿度 100%の条件下で穂を培養し 6 日後に達観評価で行う方法など(農林水産省 1995, 松江ら 1996)によって穂発芽性は検定されている。また、種子休眠は種子寿命に関係があることがシロイヌナズナ(Clerckx ら 2003, Nguyen ら 2012, Sano ら 2016, Shen ら 2018)、イネ(岡・蔡 1955)で報告されており、種子休眠は農業上重要な形質のひとつである。

種子休眠は外環境や内因性のシグナル伝達が組み合わさって覚醒する。これは植物ホルモンであるアブシジン酸(ABA)やジベレリン(GA)のバランスやその他の植物ホルモンによって調整されている。イネにおける種子休眠には品種間差があること報告されており(和田 2006)、この種子休眠の形成は登熟期の温度条件が関係していること(池橋 1973)が知られている。

種子休眠に対する遺伝子レベルでの研究も行われており、シロイヌナズナにおいては遺伝子(DOGL1, PP2C, SnRK2)を介した ABA シグナル経路などが知られている(Nonogaki 2018)。イネにおいては、QTL(量的形質遺伝子座)である「Sdr4」が種子休眠の中間的な制御に関与していることが報告されている(Sugimoto ら 2010)。他にはインディカ品種を用いて吸水後 48 時間の種子で RNA-seq による遺伝子の網羅的解析が行われ、発現変動した 3 遺伝子に関して種子休眠を制

御する候補遺伝子の可能性を報告されている(Xie ら 2019). しかしながら, イネはシロイヌナズナほどの研究は進められておらず, 種子休眠の制御に関しては不明な点が残っている.

本研究では, 初冬直播き栽培の実用化に向けた適切な播種量設定に必要な指標を得るため, 多種多様な品種と採種地の組み合わせからなる種子を評価し, 初冬直播き栽培の出芽率を決定する要因にを解明することを目的とした. 本論文の構成は, 第1章では緒論として, 我が国の水稻栽培の現状や水稻品種の作付面積などの情報, 省力技術のひとつである「初冬直播き栽培」について整理した後, 初冬直播きにおける品種間差とそれに関わる要因について議論した. 第2章は品種と採種地の組み合わせが出芽率に与える影響について, 主力品種を含む品種と採種地が異なる60~72種類の種子の出芽率を寒冷地において評価した. また, 種子コーティングと品種の効果について13品種を用いて評価した. その後, 初冬直播きにおける播種量設定などの指標となる品種特性について調査し, 議論をおこなった. 第3章では, 越冬後の出芽率に関係していることが示唆された種子休眠について着目し, 休眠性の有無による遺伝子の発現変動について解析し, 種子休眠の制御に関与する候補遺伝子を探索した. その候補遺伝子が初冬直播き栽培における品種と採種地の影響を評価する分子生物学的なマーカーになるかを検討した. 第4章では本実験で明らかになったことを元に初冬直播き栽培における品種と採種地について総合的に考察し, 初冬直播き栽培に関わる品種特性について最適な播種量を播種コストの観点から議論した.

表1-1. 水稻の地域別作付面積と直播面積 (2021年).

地域	①全作付面積 (ha)	地域別の比率 (%)	②直播面積 (ha)	普及率 (%) ②/①
全国	1,403,216	100	35,370	2.5
北海道	96,100	7	2,997	3.1
東北	362,900	26	11,800	3.3
北陸	201,800	14	9,027	4.5
関東	268,490	19	1,754	0.7
東海	74,300	5	5,141	6.9
近畿	99,260	7	1,084	1.1
中四国	144,600	10	2,641	1.8
九州	155,100	11	926	0.6
沖縄	666	0.05	0	0.0

データは農林水産省（2022）の都道府県別、乾田湛水直播別水稻栽培面積（令和3年産）を元に作成した。

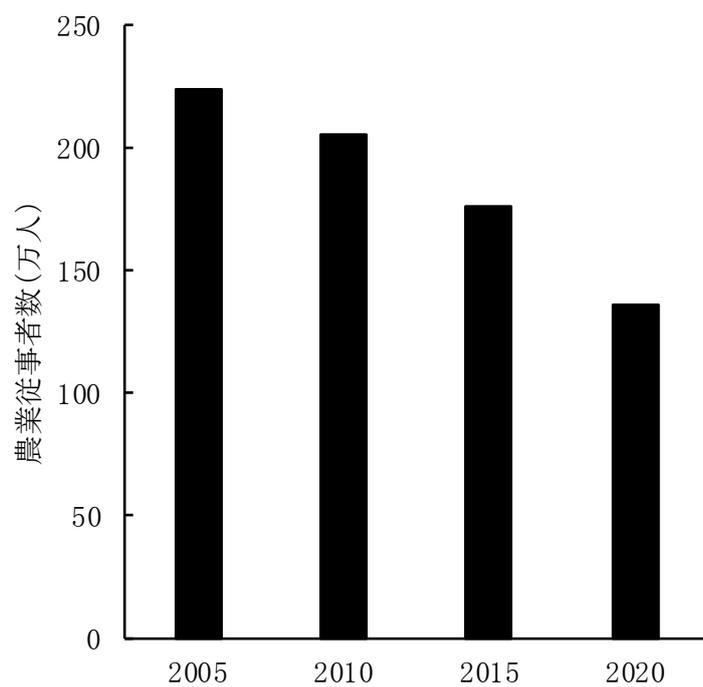


図1-1. 全国の基幹的農業従事者数の推移.

2020年農林業センサス報告書を元に図を作成した.

2005年の数値は販売農家の数値.

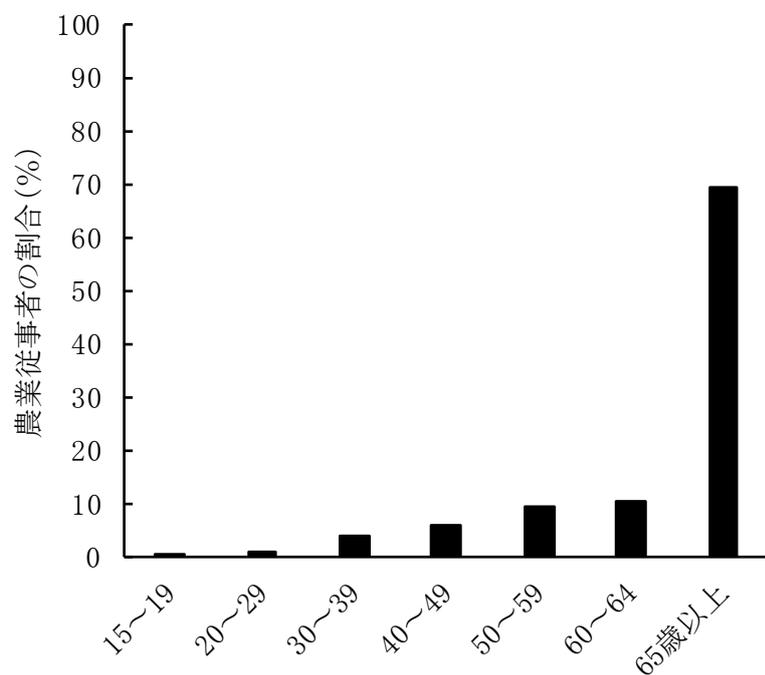


図1-2. 全国の年齢階層別基幹的農業従事者の割合 (2020年).
 2020年農林業センサス報告書を元に図を作成した. これらの割合は
 年齢階層別基幹的農業従事者数を基幹的農業従事者の合計で割
 り算出した. データは2020年2月1日時点で数値.

表1-2. 品種別作付面積の動向について。

順位	2018年			2019年			2020年			2021年			2022年		
	品種名	比率	品種名	比率	品種名	比率	品種名	比率	品種名	比率	品種名	比率	品種名	比率	主要産地
1	コシヒカリ	35.0	コシヒカリ	33.9	コシヒカリ	33.7	コシヒカリ	33.4	コシヒカリ	33.4	コシヒカリ	33.4	コシヒカリ	33.4	新潟県、茨城県、栃木県
2	ひとめぼれ	9.2	ひとめぼれ	9.4	ひとめぼれ	9.1	ひとめぼれ	8.7	ひとめぼれ	8.7	ひとめぼれ	8.5	ひとめぼれ	8.5	岩手県、宮城県、福島県
3	ヒノヒカリ	8.6	ヒノヒカリ	8.4	ヒノヒカリ	8.3	ヒノヒカリ	8.4	ヒノヒカリ	8.4	ヒノヒカリ	8.4	ヒノヒカリ	8.1	熊本県、大分県、鹿児島県
4	あきたこまち	6.8	あきたこまち	6.7	あきたこまち	6.8	あきたこまち	6.8	あきたこまち	6.8	あきたこまち	6.8	あきたこまち	6.7	秋田県、茨城県、岩手県
5	ななつぼし	3.4	ななつぼし	3.4	ななつぼし	3.4	ななつぼし	3.3	ななつぼし	3.3	ななつぼし	3.3	ななつぼし	3.2	北海道
6	はえぬき	2.8	はえぬき	2.8	はえぬき	2.8	はえぬき	2.8	はえぬき	2.8	はえぬき	2.8	はえぬき	2.9	山形県
7	キヌヒカリ	2.2	まっしぐら	2.2	まっしぐら	2.5	まっしぐら	2.5	まっしぐら	2.5	まっしぐら	2.5	まっしぐら	2.4	青森県
8	まっしぐら	2.0	キヌヒカリ	2.1	キヌヒカリ	1.9	キヌヒカリ	1.9	キヌヒカリ	1.9	キヌヒカリ	1.9	キヌヒカリ	1.9	滋賀県、兵庫県、京都府
9	あさひの夢	1.6	あさひの夢	1.7	あさひの夢	1.6	あさひの夢	1.7	あさひの夢	1.7	あさひの夢	1.7	あさひの夢	1.8	北海道
10	ゆめひかり	1.5	ゆめひかり	1.6	ゆめひかり	1.6	ゆめひかり	1.6	ゆめひかり	1.6	ゆめひかり	1.7	ゆめひかり	1.8	鳥取県、岡山県、鳥取県
上位10品種		73.1		72.2		71.7		71.2		71.2		70.7		70.7	

公益社団法人 米穀安定供給確保支援機構のデータを元に作成した。比率は品種の作付け面積を全体の作付面積で割った数値を示す。

第2章 品種と採種地の組み合わせが初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響

2-1. はじめに

水稲生産における播種や移植などの春作業は、経営規模拡大の大きな阻害要因となっている(農林水産省 2022)。近年、岩手大学を中心に開発された「初冬直播き栽培」は、翌年春に行う播種を水稲収穫後の初冬に行うことで大幅な作業分散を可能とする技術である(下野ら 2012)。また、初冬直播き栽培は、通常の春期直播に比べて出芽率が低下するため、播種量を増やすことで苗立ち数を確保し、生産性を安定させる新しい技術でもある(下野ら 2012, 及川ら 2019, 鈴木ら 2022)。

初冬直播き栽培の適切な播種量は、越冬中の環境により決定されるが(鈴木ら 2022)、使用品種の違いも大きく影響する。及川ら(2019)は、東北地方の主要な4品種(ひとめぼれ, あきたこまち, 萌えみのり, まっしぐら)の比較を行い、同じ栽培環境下での出芽率に11%から30%の変動があること、また、鈴木ら(2022)は全国10地点における初冬直播きでの「萌えみのり」の出芽率が「ひとめぼれ」よりも14~36ポイント(平均23ポイント)高いことを報告した(初冬鉄コーティング条件)。漏生イネの研究において、大平・佐々木(2011)は広島県で飼料用米を中心とした19品種を用い、前年秋に播種した種子の翌春の生存率の調査を行い、0~42%(2006年~2007年(以下, 2006/07年))ならびに5~44%(2007/08年)の品種間差を報告した(無コーティング条件)。その他、大平・佐々木(2015)の広島県での飼料イネ2品種の比較、細井ら(2010)の長野県での雑草イネ(トウコン)の比較、姫田(1973)の埼玉県での13品種の比較などの研究例がある。しかし、北海道から九州まで飯米を中心とした主要品種群を大規模に比較した知見はない。また、初冬直播き栽培における出芽率は、品種が影響しているが、どのような品種特性が関与しているのかについて明らかになっていない。

品種の違いが初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響を評価するには、ゲノムの違いによる遺伝的な要素とともに、採種地の栽培環境等により、種子の形質が変化することが想定される。姫田(1973)は、埼玉県で2品種(マンリョウ, コシヒカリ)の収穫までの日数を変化させたところ、登熟日数が長

い種子は種子休眠が覚醒し、11月ならびに12月播種の初冬直播きでの出芽率を低下させたと報告している。Koumoto ら(2018)は、気温が異なる採種地で栽培した種子は、その後同じ場所で栽培しても出穂日が異なることを報告しており、同一品種であっても、採種される地点や年次による栽培環境により休眠性が異なる可能性がある。しかし、採種地の栽培環境の違いが初冬直播きイネの出芽率に作用するかについて不明である。

初冬直播き栽培はコーティングした種子を使用している。種子コーティングには鉄やキヒゲンが使用されており、コーティングによって出芽率は増加する((及川ら 2019, 及川ら 2021, 鈴木ら 2022))。この出芽率の増加率は品種間差があり、「ひとめぼれ」で約5倍(2%→11%)、「萌えみのり」では約10倍(3%→30%)であったが(及川ら 2019)、この差が品種特性の違いによるかは不明である。また、キヒゲンコーティングした種子を同一地点で複数品種評価した研究はまだ無く、キヒゲンコーティングした種子の品種における初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響については不明のままである。

本章では、品種と採種地が初冬直播きの出芽率に与える影響とその要因を明らかにするために試験を3つ行った。試験1では、初冬直播き栽培に関与する品種特性を明らかにするため、全国11地点で採種した60~72種類の品種と採種地の組み合わせにより3期(以下、シーズン)の試験を行い、初冬直播き栽培での越冬後の出芽率を岩手県で評価した。その後、出芽率と品種特性について解析を行った。試験2では、キヒゲンコーティングした種子を用いて初冬直播き栽培における出芽率を評価し、種子コーティングと品種の効果について調べた。試験3では、採種地の気象環境が越冬後の出芽率に与える影響を明らかにするため、全国11地点で採種した種子の越冬後の出芽率を評価し、採種地の気象環境との関係も解析した。

2-2. 材料と方法

試験1. 品種と採種地の組み合わせが出芽率に及ぼす影響

試験年度と地点

本試験は品種と産地の組み合わせが与える影響についての評価を2018/19年(1シーズン目), 2019/20年(2シーズン目), 2020/21年(3シーズン目)の3シーズンかけて岩手大学滝沢農場(滝沢市, 北緯39.8度)の水田圃場で実施した。

種子の処理と保管

本試験では, 品種と産地の組み合わせが与える影響について評価するため, 60~72種類の品種と産地の組み合わせについて3シーズンかけて評価した。供試した組み合わせは, 1シーズン目(2018/19年)と2シーズン目(2019/20年)が72種類, 3シーズン目(2020/21年)が60種類とした(表2-1)。

これらの採種地は, 北海道(札幌市, 北海道大学, 北緯43.1度, 東経141.4度), 青森県(黒石市, 青森県産業技術センター農林総合研究所, 北緯40.7度, 東経140.6度), 秋田県(大仙市, 農研機構東北農業研究センター大仙研究拠点, 北緯39.5度, 東経140.5度), 岩手県(滝沢市, 岩手大学滝沢農場, 北緯39.8度, 東経141.1度), 山形県の2地点(山形市, 山形県農業総合研究センター土地利用型作物部, 北緯38.2度, 東経140.2度; 鶴岡市, 山形県農業総合研究センター水田農業試験場, 北緯38.8度, 東経139.9度), 福島県(河沼郡会津坂下町, 福島県農業総合センター会津地域研究所, 北緯37.6度, 東経139.8度), 新潟県(上越市, 農研機構中央農業研究センター北陸研究拠点, 北緯37.1度, 東経138.3度), 三重県(津市, 三重大学, 北緯34.7度, 東経136.5度), 広島県(福山市, 農研機構西日本農業研究センター, 北緯34.5度, 東経133.4度), 福岡県(糟屋郡粕屋町, 九州大学, 北緯33.6度, 東経130.5度)の計11地点である。採種した品種/系統は総計54品種/系統とし, 播種年にそれぞれの地点で採種したものを使用した。品種/系統名と採種地は表2-2に示した。なお, 採種地は, 1シーズン目は山形県鶴岡市を除いた10地点, 2シーズン目は全11地点, 3シーズン目は三重県を除いた10地点とした。

種子は, 採種後の乾燥調整などの条件の違いによる影響を排除するため, 各地点で採種された種子は直ちに岩手大学に常温で輸送し, 岩手大学作物学研究室内のグローブキャビネット(カスタ

ム製品, 80 cm×150 cm×115 cm, (有)アキツ計測, 東京)内で粃の含水率が15%を下回るまで30℃条件で乾燥させた. 粃の含水率が15%を下回ったかの確認には, 米麦水分計ライスタf2((株)ケット科学研究所, 東京)を使用した. グロースキャビネット内の温度と湿度に関しては温湿度計((株)エー・アンド・デイ, 東京)を使用して確認した. その際, 乾燥中の種子によってグロースキャビネット内の湿度が外気よりも高くなった場合は除湿機(型式 IJD-H20, アイリスオーヤマ(株), 宮城)で除湿を行った. 乾燥の完了後は, 手で脱芒を行い, 種子精選機(PSS 販売(株), 宮城)を用いて充実した種子を選別した. 調整した種子はチャック付きポリ袋((株)生産日本社, 東京)に入れ, 播種までの間4℃に設定した保冷庫(型式 KGT-4010HC, 日本フリーザー(株), 東京)で保管した. ただし, 1シーズン目に関しては収穫後の乾燥調整を各地点で行った後に岩手大学に輸送し, 播種までは岩手大学の低温貯蔵庫(約15℃)に保管した. これらの種子は播種前に薬剤などでコーティングは行なっておらず, 無コーティング条件で播種した.

4シーズン目には, キヒゲンをコーティングした品種での出芽率への影響について評価するために13品種を供試品種とした(表2-3). 採種地は岩手大学(盛岡市, 北緯39.4度)の1地点のみである. 採種後の乾燥調整などは, 品種と採種地の組み合わせについて評価した試験と同様の方法で行なった. 乾燥調整した種子は, 及川ら(2021), 鈴木ら(2022)と同じ方法でコーティングを行った. コーティングに使用した薬剤はキヒゲンであり, これを種子重量に対し2%相当を塗沫処理した(以下, キヒゲン処理区). また, 「あきたこまち」「ひとめぼれ」「コシヒカリ」「萌えみのり」「まっしぐら」「ななつぼし」の6品種に関しては, キヒゲン処理区の対照区としてコーティングしていない種子を用意した(以下, 無処理区). 播種までの間は4℃に設定した保冷庫に保存した.

出芽調査

1シーズン目は2018年11月20日, 2シーズン目は2019年11月19日, 3シーズン目は2020年11月18日に水田圃場で播種を行なった. 木製の播種板を用いて, 播種溝(深さ2cm×長さ90cm×条間15cm)を作った. 播種の際は, 溝の長さ45cmに各品種/系統を100粒ずつ手で条

播きし、無肥料培土(粒状, (株)アイケイ, 富山)で覆土した. 越冬後の出芽率(%)の調査は, 出芽揃いとなった6月中下旬に行なった(1シーズン目:6月17日, 2シーズン目:6月23日, 3シーズン目:6月21日). ここでの出芽は種子から出た芽が地表面で確認できた時点のことを指す. 反復は3反復(1~2シーズン目)または4反復(3シーズン目)とし, 無作為に配置した.

地温計測のため, 播種した播種溝とは別の溝にデータロガー(おんどとり, TR52i, (株)ティアンドデイ, 長野)を複数個設置し, 30分間隔の地温データを記録した. 積雪および気温のデータは盛岡の気象庁の地点気象データサイト(気象庁 2023)からダウンロードした.

発芽試験

種子の休眠性の品種間差を比較するため, 鈴木ら(2022)の方法に従い, 播種直前の種子の発芽調査を行った. ろ紙(No. 2, アドバンテック東洋(株), 東京)を敷いたプラスチックシャーレ(直径90 mm, 高さ15 mm, SH90-15, AGC テクノグラス(株), 静岡)に種子を配置し, 滅菌純水15 mLを加え, 低温インキュベーター(25°C, EYELA LTE-510, 東京理化工業(株), 東京)内に静置した. 試験開始4, 7, 14日目に発芽種子を数えて取り除き, それらの合計から発芽率(%)を算出した. 発芽は籾から幼根が確認できた時点を示す. 休眠打破処理としてシャーレ内の水を1%過酸化水素水(w/w)に置換し, 最終の発芽率として計測した. 発芽調査は2シーズン目, 3シーズン目のみを行った. なお, 本研究では鈴木ら(2022)に従い, 4日目の発芽率を休眠程度の指標とした.

種子の形態観察

種子の計測は以下の手順で行った. はじめに, 籾の長さと幅を USB3.0 マイクロスコープ(松電舎(株), 大阪)と Measure Pro Light(松電舎(株), 大阪)を用い計測し, デジタルノギス(新潟精機(株), 新潟)を用いて厚みを計測した. マイクロスコープの光学倍率は0.7倍とした. 次に手作業で籾摺りし玄米の状態では長さ, 幅, 厚みを同様の手法で計測した. 計測数は登熟しきっている正常な種子を3粒とした.

種子の重量計測

種子重量は、100 粒の種子重を計測したのち、紙封筒(90 mm×205 mm, マルアイ(株))に入れ、それを岩手大学作物学研究室の分析室内にある 105℃に設定した定温乾燥器(アズワン(株))に、1 週間入れて乾燥質量(g)を計測した。その後、乾燥前後での種子質量を使用して、含水率 15%での 100 粒重を算出し、千粒重に換算した。

品種特性を使用した解析

初冬直播き栽培における出芽率に関係している品種特性について解析するために、稲(イネ)品種データベース検索システム(<https://ineweb.narcc.affrc.go.jp>)の登録特性(成熟期, 最長芒の長さ, 外穎の毛じの粗密, 胚乳のアミロース含量, 穂発芽性, 蛋白質含量)のデータの階級をスコア値として解析に使用した。この際、使用した出芽率のデータは品種と産地の組み合わせについて評価した 3 シーズンのデータを使用した。

試験 2. キヒゲンをコーティングした種子での初冬直播き栽培における出芽率の品種間差

試験年度と地点

チウラム水和剤(キヒゲン R-2 フロアブル, 米澤化学(株), 京都, 以下キヒゲン)をコーティングした種子における出芽率の品種間差について評価するために、2022/23 年(4 シーズン目)に岩手大学滝沢農場の水田で実施した。

種子の処理と保管

4 シーズン目は、キヒゲンをコーティングした品種での出芽率への影響について評価するために 13 品種を供試品種とした(表 2-3)。採種地は岩手大学(盛岡市, 北緯 39.4 度)の 1 地点のみである。採種後の乾燥調整などは、試験 1 と同様の方法で行なった。乾燥調整した種子は、及川ら

(2021), 鈴木ら(2022)と同じ方法でコーティングを行った。コーティングに使用した薬剤はキヒゲンであり、これを種子重量に対し2%相当を塗沫処理した(以下, キヒゲン処理区)。また、「あきたこまち」「ひとめぼれ」「コシヒカリ」「萌えみのり」「まっしぐら」「ななつぼし」の6品種に関しては、キヒゲン処理区の対照区としてコーティングしていない種子を用意した(以下, 無処理区)。播種までの間は4℃に設定した保冷庫に保存した。

出芽調査

4シーズン目は、2022年11月15日に水田圃場で播種を行なった。木製の播種板を用いて、播種溝(深さ2cm×長さ90cm×条間15cm)を作った。播種の際は、溝の長さ45cmに各品種/系統を100粒ずつ手で条播きし、無肥料培土(粒状, (株)アイケイ, 富山)で覆土した。越冬後の出芽率(%)の調査は、出芽が確認された5月9日から調査を始め、出芽揃いとなった6月21日まで行なった。ここでの出芽は種子から出た芽が地表面で確認できた時点のことを指す。4反復とし、無作為に配置した。

地温計測のため、播種した播種溝とは別の溝にデータロガー(おんどとり, TR52i, (株)ティアンドデイ, 長野)を複数個設置し、30分間隔の地温データを記録した。積雪および気温のデータは盛岡の気象庁の地点気象データサイト(気象庁 2023)からダウンロードした。

発芽試験

発芽試験の方法は試験1と同様の方法で実施し、反復数は3とした。また、試験1と同様に、4日目の発芽率を休眠程度の指標とした。

試験3. 共通種子を用いた採種地の効果

採種地の影響についてのみ評価する目的で、岩手大学で採種した「あきたこまち」と「ひとめぼれ」を全国11地点に送付し2019年の春から各地点の水田で栽培した。収穫後は岩手大学に郵送し、

岩手大学内で乾燥調整や保管などを他の試験と同様の方法で行なった。これによって採種地の異なる 22 種類の種子(11 地点×2 品種)を作成し、出芽率を調査のため、2019 年 11 月 19 日に岩手大学滝沢農場の水田圃場に播種した。反復数は 3 とした。なお、それぞれの採種地点での移植日、出穂期、収穫日は表 2-4 に示した。

気象条件との関係性を評価するため、平均気温、最低気温、最高気温、日照時間のデータを採種地の最寄りの気象観測点について気象庁の地点気象データサイト(2023)よりダウンロードした。イネの生育ステージを考慮し、3 つの生育ステージごと(栄養成長期、生殖成長期、登熟期)に気象要素を整理した。ここでは栄養成長期を移植から出穂期の 30 日前まで、生殖成長期を出穂期 30 日前から出穂期まで、登熟期を出穂期から収穫日までとした。気象観測点は、北海道が札幌(北緯 43.0 度、東経 141.2 度、標高 17 m)、青森県が黒石(北緯 40.4 度、東経 140.4 度、標高 30 m)、秋田県が大曲(北緯 39.3 度、東経 140.3 度、標高 30 m)、岩手県が盛岡(北緯 39.4 度、東経 142.0 度、標高 155 m)、山形県山形市が山形(北緯 38.2 度、東経 140.2 度、標高 153 m)、山形県鶴岡市が鶴岡(北緯 38.4 度、東経 139.5 度、標高 16 m)、福島県が会津若松(北緯 37.3 度、東経 139.5 度、標高 212 m)、新潟県が高田(北緯 37.1 度、東経 138.1 度、標高 13 m)、三重県が津(北緯 34.4 度、東経 136.3 度、標高 3 m)、広島県が福山(北緯 34.3 度、東経 133.1 度、標高 2 m)、福岡県が福岡(北緯 33.3 度、東経 130.2 度、標高 3 m)とした。

統計解析

出芽率および発芽率に対する品種と採種地の組み合わせの効果およびキヒゲンコーティングの効果は、アークサイン変換した後、Tukey 法による多重比較検定を行った。t 検定に関しては Excel 統計を使用して行った。

表2-1. 供試した品種/系統リスト (3シーズン (2018/19年, 2019/20年, 2020/21年)). 試験1

採種地	品種	1シーズン (2018/19)	2シーズン (2019/20)	3シーズン (2020/21)	交配組み合わせ	成熟期	最長芒の 長さ	外穎の 毛じの粗密	胚乳の アミロース含量	穂発芽性	蛋白質含量
北海道	赤毛	○	×	×	陸稲陸羽29号/走坊主	早生～中生	短	中	6型		
北海道	大地の星	○	○	○	空青151号/上青418号						
北海道	ななつぼし	○	○	○	ひとめばれ/空系90242A //空青150号	やや早生	短	中	6型		
北海道	ゆめびりか	○	×	×	札系96118/上青427号	早生～中生	短		4型		低～中
青森	青系196号	○	○	○	青系169号/青系170号						
青森	青系199号	○	×	×	青系170号//青系157号 /上青462号						
青森	えみゆたか	○	○	○	青系飼161号/はまゆたか		極短		5型		
青森	まつしぐら	○	○	○	典羽341号/山形40号	中生早	短			やや難	
青森	みなゆたか	○	○	○	青系135号/ふ系186号	中生中	短			やや難	
青森	つかるロマン	○	○	○	ふ系141号/あきたこまち						
青森	うしゆたか	○	○	○	青系125号/つ系995						
青森	ゆたかまる	○	○	○	ふ系222号//うしゆたか /青系II.1号						
秋田	あきたこまち	○	○	○	コシヒカリ/典羽292号	早生	短	中	5型	やや難	中
秋田	いわいたわら	○	○	○	典羽飼394号/典羽飼395号	早生	中	中	5型	やや易	
秋田	ふくひびき	○	○	○	コチヒビキ/82Y5-31	やや早生	極短	中	6型	やや易	低～中
秋田	べこあおば	○	○	○	オオチカラ/西海203号	晩生	極短	中	4型	やや易	低～中
秋田	萌えみのり	○	○	○	南海128号/はえぬき	中生	短	中	5型	難	低～中
岩手	あきたわら	×	×	○	関東188号/越南176号	晩生	短	中	5型	やや難	中
岩手	あきたこまち	○	○	○	コシヒカリ/典羽292号	早生	短	中	5型	やや難	中
岩手	あゆみもち	×	○	×	愛知56号/愛知糯60号						
岩手	オオトリ	○	○	×	農林17号/藤坂3号						
岩手	銀坊主	○	○	×	愛国(変種)						
岩手	クサユタカ	○	○	×	中国105号/北陸130号	晩生		中	5型	やや易	低～中
岩手	げんきまる	○	○	×	北陸188号/まなむすめ	やや晩生	中	中	5型	難	中
岩手	コシヒカリ	○	○	×	農林22号/農林1号	中生	極短	中	5型	難	
岩手	コシヒカリ	○	○	×	コシヒカリ/96KBIL-64	極早生					
岩手	関東HD1号				//コシヒカリ						

各シーズンの欄にある○は供試した, ×は供試していないことを示す.
品種特性は稲(イネ)品種データベース検索システムのデータを使用した.

表2-1. 供試した品種/系統リスト. 続き

採種地	品種	1シーズン (2018/19)	2シーズン (2019/20)	3シーズン (2020/21)	交配組み合わせ	成熟期	最長芒の 長さ	外穎の 毛じの粗密	胚乳の アミロース含量	穂発芽性	蛋白質含量
岩手	大地の星	×	×	○	空青151号/上青418号	早生～中生	短	中	6型		
岩手	チネリア	○	○	×							
岩手	東北211号	○	○	×	東北189号/クサユタカ	晩生	中	中	5型	難	
岩手	日本晴	×	○	×	東海7号/中新110(幸風)	晩生	短	中	6型	中	
岩手	ひとめぼれ	○	○	×	コシヒカリ/初星	中生	短	中	5型	難	中
岩手	ひとめぼれEMS	○	○	×							
岩手	ヒノヒカリ	×	×	○	愛知40号/コシヒカリ	やや晩生	極短	中	5型	難	中
岩手	ふくひびき	○	○	×	コチヒビキ/82Y5-31	やや早生	極短	中	6型	やや易	低～中
岩手	藤坂5号	○	○	×	双葉/善石早生						
岩手	北陸193号	○	○	×	上344/桂朝2号	やや晩生	極短	中	6型	かなり難	
岩手	まつしぐら	×	×	○	奥羽341号/山形40号		極短	中	5型		
岩手	萌えみのり	○	○	○	南海128号/はえぬき	中生	短	中	5型	難	低～中
岩手	夢あおば	○	○	×	上321/奥羽331号	やや早生	短	中	5型	中	
岩手	陸羽132号	○	○	×	陸羽20号/亀の尾4号						
岩手	Italica Livorno	○	○	×							
山形	あきたこまち	○	○	○	コシヒカリ/奥羽292号	早生	短	中	5型	やや難	中
山形	コシヒカリ	○	○	○							
山形	はえぬき	○	○	○	農林22号/農林1号	中生	極短	中	5型	難	
山形	ひとめぼれ	○	○	○	庄内29号/あきたこまち	中生～晩生	中	中	5型	中	低～中
鶴岡	あきたこまち	×	×	○	コシヒカリ/初星	中生	短	中	5型	難	中
鶴岡	コシヒカリ	×	○	○	コシヒカリ/奥羽292号	早生	短	中	5型	やや難	中
鶴岡	はえぬき	×	○	○	農林22号/農林1号	中生	極短	中	5型	難	
鶴岡	ひとめぼれ	×	×	○	庄内29号/あきたこまち	中生～晩生	中	中	5型	中	低～中
福島	あきたこまち	○	○	○	コシヒカリ/初星	中生	短	中	5型	難	中
福島	コシヒカリ	○	○	○	コシヒカリ/奥羽292号	早生	短	中	5型	やや難	中
福島	里山のつぶ	○	○	○	農林22号/農林1号	中生	極短	中	5型	難	
福島	天のつぶ	○	○	○	ゆきん子舞/福島14号						
福島	日本晴	○	○	×	奥羽357号/越南159号	晩生	短	中	6型	中	
福島	ひとめぼれ	○	○	○	東海7号/中新110(幸風)	中生	短	中	5型	難	中
福島	ふくひびき	○	○	○	コシヒカリ/初星	やや早生	極短	中	6型	やや易	低～中
新潟	あきたこまち	○	×	○	コチヒビキ/82Y5-31	かなり早生	短	中	5型	やや難	中
新潟	あきたわら	○	○	×	コシヒカリ/奥羽292号	晩生	短	中	5型	やや難	中
新潟	コシヒカリ	○	○	○	関東188号/越南176号	中生	極短	中	5型	難	
新潟	ちほみのり	○	○	○	農林22号/農林1号	かなり早生	中	中	5型	難	やや易
新潟	つきあかり	○	○	○	萌えみのり/青系157号	早生	短	中	5型	難	
					かばしこ/北陸200号						
					//北陸208号						

各シーズンの欄にある○は供試した、×は供試していないことを示す。品種特性は稲(イネ)品種データベース検索システムのデータを使用した。

表2-1. 供試した品種/系統リスト. 続き

採種地	品種	1シーズン (2018/19)	2シーズン (2019/20)	3シーズン (2020/21)	交配組み合わせ	成熟期	最長芒の 長さ	外穎の 毛じの粗密	胚乳の アミロース含量	穂発芽性	蛋白質含量
新潟	にじのきらめき	×	×	○	なつほのか/北陸223号	中生	短	中	5型	難	
新潟	北陸193号	○	○	×	上344/桂朝2号	やや晩生	極短	中	6型	かなり難	
新潟	みずほの輝き	○	○	○	北陸174号/中部98号	晩生	極短		5型	中	
三重	あきたこまち	×	○	×	コシヒカリ/奥羽292号	極早生	極短	中	5型	やや易	中
三重	あゆみもち	○	×	×	月の光/愛知糯60号						
三重	コシヒカリ	○	○	×	農林22号/農林1号	やや早生	短	中	5型	難	
三重	弓形穂	○	×	×	伊勢錦(突然変異)						
広島	あきだわら	○	○	○	関東188号/越南176号	晩生	短	中	5型	やや難	中
広島	オオナリ	○	○	○	タカナリ(ガンマ線照射 による突然変異)	中生	中		6型	かなり難	
広島	キヌヒカリ	○	○	○	収2800/北陸100号 //北陸96号	中生		中	5型	やや易	
広島	きぬむすめ	×	○	○	キヌヒカリ/愛知92号	早生	極短	中	5型	中	低～中
広島	恋初めし	○	○	○	あきたわら/恋の予感						
広島	恋の予感	○	○	○	きぬむすめ/中国178号	中生～晩生	極短		4型	やや難	中
広島	コシヒカリ	○	○	○	農林22号/農林1号	やや早生	短	中	5型	難	
広島	たちすずか	○	○	○	クサノホシ/極短穂 (自然突然変異)	かなり晩生	短	中	6型	中	高
広島	にこまる	○	○	○	きぬむすめ/北陸174号	中生		中	5型	中	低
広島	日本晴	○	○	○	東海7号/中新110(幸風)	晩生	短	中	6型	中	
広島	ひとめぼれ	○	○	○	コシヒカリ/初星	早生	極短	中	5型	難	中
広島	ヒノヒカリ	○	○	○	愛知40号/コシヒカリ	やや晩生	極短	中	5型	難	中
広島	ふくひびき	○	○	○	コチビビキ/82Y5-31	やや早生	極短	中	6型	やや易	低～中
広島	北陸193号	○	○	○	上344/桂朝2号	やや晩生	極短	中	6型	かなり難	
広島	みなちから	○	○	○	関東PL12/モロマン	中生	極短	中	6型	やや易	
福岡	元気つくし	○	○	○	つくしるまん/つくし早生						
福岡	ヒノヒカリ	○	○	○	愛知40号/コシヒカリ	やや晩生	極短	中	5型	難	中
福岡	夢つくし	○	○	○	キヌヒカリ/コシヒカリ						

各シーズンの欄にある○は供試した, ×は供試していないことを示す。
品種特性は稲(イネ)品種データベース検索システムのデータを使用した。

表2-2. 初冬直播き栽培において供試した種子の採種地および品種/系統名. 試験1

採種地	品種/系統名
北海道札幌市	赤毛, 大地の星, ななつぼし, ゆめぴりか
青森県黒石市	青系196号, 青系199号, 青系201号, うしゆたか, えみゆたか, つがるロマン, まっしぐら, みなゆたか
岩手県盛岡市 および 岩手県滝沢市	あきだわら, あきたこまち, あゆみもち, オオトリ, 銀坊主, クサユタカ, げんきまる, コシヒカリ, コシヒカリ関東HD1号, 大地の星, チネリア, 東北211号, 日本晴, ひとめぼれ, ひとめぼれEMS, ヒノヒカリ, ふくひびき, 藤坂5号, 北陸193号, まっしぐら, 萌えみのり, 夢あおば, 陸羽132号, Italica Livorno
秋田県大仙市	あきたこまち, いわいだわら, ふくひびき, べこあおば, 萌えみのり
山形県山形市	あきたこまち, コシヒカリ, はえぬき, ひとめぼれ
山形県鶴岡市	あきたこまち, コシヒカリ, はえぬき, ひとめぼれ
福島県河沼郡 会津坂下町	あきたこまち, コシヒカリ, 里山のつぶ, 天のつぶ, 日本晴, ひとめぼれ, ふくひびき
新潟県上越市	あきたこまち, あきだわら, コシヒカリ, ちほみのり, つきあかり, にじのきらめき, 北陸193号, みずほの輝き
三重県津市	あきたこまち, あゆみもち, コシヒカリ, 弓形穂
広島県福山市	あきだわら, オオナリ, キヌヒカリ, きぬむすめ, 恋初めし, 恋の予感, コシヒカリ, たちすずか, にこまる, 日本晴, ひとめぼれ, ヒノヒカリ, ふくひびき, 北陸193号, みなちから
福岡県糟屋郡 粕屋町	元気つくし, ヒノヒカリ, 夢つくし

表2-3. 供試した品種リスト(シーズン4(2022/23年)). 試験2

品種	コーティング	交配組み合わせ
あきたこまち	無処理	コシヒカリ/奥羽292号
あきたこまち	キヒゲン	コシヒカリ/奥羽293号
コシヒカリ	無処理	農林22号/農林1号
コシヒカリ	キヒゲン	農林22号/農林2号
ななつぼし	無処理	ひとめぼれ/空系90242A//空育150号
ななつぼし	キヒゲン	ひとめぼれ/空系90242A//空育150号
ひとめぼれ	無処理	コシヒカリ/初星
ひとめぼれ	キヒゲン	コシヒカリ/初星
まっしぐら	無処理	奥羽341号/山形40号
まっしぐら	キヒゲン	奥羽341号/山形40号
萌えみのり	無処理	南海128号/はえぬき
萌えみのり	キヒゲン	南海128号/はえぬき
オオナリ	キヒゲン	タカナリ(ガンマ線照射による突然変異)
恋初めし	キヒゲン	あきだわら/恋の予感
ササニシキ	キヒゲン	ハツニシキ/ササシグレ
ちほみのり	キヒゲン	萌えみのり/青系157号
はえぬき	キヒゲン	庄内29号/あきたこまち
北陸193号	キヒゲン	上344/桂朝2号
みずほの輝き	キヒゲン	北陸174号/中部98号

交配組み合わせは、稲(イネ)品種データベース検索システムのデータを使用した。

表2-4. 「ひとめぼれ」と「あきたこまち」の移植日、出穂期、収穫日と登熟期の積算平均気温. 試験3

採種地	移植日			出穂期			収穫日			積算平均気温 (°C)	
	ひとめぼれ	あきたこまち	あきたこまち	ひとめぼれ	あきたこまち	あきたこまち	ひとめぼれ	あきたこまち	あきたこまち	ひとめぼれ	あきたこまち
北海道	-	-	-	8/7	8/1	8/1	10/1	10/1	10/1	1136	1295
青森	5/24	5/24	5/24	8/8	8/2	8/2	10/1	10/1	10/1	1181	1337
岩手	5/22	5/22	5/22	8/6	7/31	7/31	9/26	9/26	9/13	1188	1113
秋田	5/21	5/21	5/21	8/4	7/30	7/30	9/17	9/17	9/17	1113	1247
山形	5/30	5/30	5/30	8/7	8/2	8/2	9/17	9/17	9/17	1048	1194
鶴岡	5/16	5/16	5/16	7/31	7/26	7/26	9/9	9/9	9/5	1053	1082
福島	5/14	5/14	5/14	7/28	7/21	7/21	9/10	9/10	9/4	1196	1223
新潟	5/10	5/10	5/10	7/26	7/19	7/19	9/2	9/2	8/26	1074	1093
三重	6/4	6/4	6/4	8/10	8/5	8/5	10/1	10/1	9/18	1431	1262
広島	6/11	6/11	6/11	8/3	7/31	7/31	9/11	9/11	9/9	1110	1142
福岡	6/28	6/28	6/28	8/22	8/17	8/17	9/25	9/25	9/25	903	1042

表内の「-」はデータなしを示す. 三重の出穂期は8月の上旬であったことしかわからなかったため、「ひとめぼれ」は8/10、「あきたこまち」は8/5と仮定した.

登熟期の積算平均気温は出穂期から収穫日間での平均気温の積算値として算出した.

2-3. 結果

気象

シーズンとも 11 月の播種後に、地温は気温の低下とともに変動しながら徐々に低下するものの、積雪後は 0℃付近を推移し、3 月以降は気温と同じ推移をした(図 2-1)。また、地温が 0℃で安定した期間はシーズンによって異なり、2 シーズン目が他のシーズンよりも短く、4 シーズン目は他のシーズンよりも数日長く、1 シーズン目と 3 シーズン目が 12 月中旬から 2 月下旬に対し、2 シーズン目は 12 月下旬から 2 月中旬と約 1 ヶ月の違いがみられ、4 シーズン目は 12 月中旬から 3 月初旬と 1 シーズン目と 3 シーズン目よりも 5 日程度の違いがみられた。

試験 1. 品種と採種地の組み合わせが出芽率に及ぼす影響と品種特性の関係

品種と採種地の組み合わせの初冬直播き栽培における出芽率

初冬直播きでの出芽率は、品種と採種地の組み合わせによって 1 シーズン目(2018/19 年)が 0～64%、2 シーズン目(2019/20 年)では 0～33%、3 シーズン目(2020/21 年)は 0～49%の変動がみられた(図 2-2)。各シーズンで最も高い出芽率は、1 シーズン目は広島県産「ヒノヒカリ」、「恋の予感」の 64%、2 シーズン目は広島県産「ヒノヒカリ」、「恋の予感」、「恋初めし」の 33%、3 シーズン目は福岡県産「ヒノヒカリ」の 49%、続いて広島県産「恋初めし」の 3%であり、安定して高い出芽率を示す品種と採種地の組み合わせがあることが明らかになった。そこで、出芽率をシーズン間で比較したところ、出芽率には 1%水準で有意な正の相関がみられ、品種と採種地の組み合わせによる出芽率の変動は、異なる年次でも再現性があることが示された(図 2-3)。なお、シーズン間での出芽率の違いをみると、積雪が少なかった 2 シーズン目は他の 2 つのシーズンより出芽率が低かった。

採種地の違いについて、それぞれの採種地で採種された全品種の平均出芽率で比較すると、1 シーズン目は広島県産が最も高く(36%)、2 シーズン目も広島県産(17%)が三重県産(21%)と福岡県産(20%)に続いて高く、3 シーズン目も、福岡県産(36%)と新潟県産(25%)に続き広島県産

(22%)が高かった(図 2-2). 各地で採種された品種が異なるものの, 採種地によって出芽率の変動がみられた. そこで採種地の生育環境が与える影響について比較するために, 採種地が多い品種であった「あきたこまち」(5~6 地点), 「コシヒカリ」(5~7 地点), 「ひとめぼれ」(3~5 地点)の出芽率についてシーズン毎に比較した(表 2-5). 1 シーズン目に関しては地点の違いによって有意な違いがみられ, 「あきたこまち」は福島県産の 5%から岩手県産の 49%と 44 ポイントの差, 「コシヒカリ」は三重県産の 4%から広島県産の 51%の 47 ポイントの差, 「ひとめぼれ」では山形県山形市産の 14%から広島県産の 45%の 31 ポイントの差がみられた. 2 シーズン目は同一品種の産地の違いによる有意な差はみられなかったが, 3 シーズン目については「ひとめぼれ」で広島県産の 15%から山形県鶴岡産の 40%と 25 ポイントの有意な差異が認められた.

品種特性と出芽率との相関関係

越冬後の出芽率は品種と採種地の組み合わせによって影響を受けていることが明らかになった(図 2-2). この出芽率に影響を与えている品種特性について明らかにするために, 品種特性と出芽率の関係について解析を行なった. 出芽率と品種特性(成熟期, 最長芒の長さ, 外穎の毛じの粗密, 胚乳のアミロース含量, 穂発芽性, 蛋白質含量)のデータの頻度分布を図 2-8 に示した. 1 シーズン目(2018/19 年)のスコアは成熟期が 1~8, 最長芒の長さは 1~5, 外穎の毛じの粗密は 5, 胚乳のアミロース含量は 4~6, 穂発芽性は 4~8, 蛋白質含量は 3~7 の幅があった. 2 シーズン目(2019/20 年)は 1 シーズン目と同じであった. 3 シーズン目(2020/21 年)は成熟期が 2~8 で, 他の特性は 1 シーズン目と同じスコアの幅であった. これらの品種特性と出芽率の間には, 5%水準の有意な相関関係はみられなかった(図 2-10).

次に, 粳と玄米の形態と粳の千粒重と出芽率の関係について解析を行なった. 粳と玄米の形態と粳の千粒重の頻度分布について図 2-11 について示した. 粳の長さは 6.53~8.35 cm, 幅は 3.03~3.64 cm, 厚みは 2.12~2.53 cm, 玄米の長さは 4.70~6.03 cm, 幅は 2.66~3.23 cm, 厚みは 1.95~2.36 cm と品種と採種地による違いがみられた. 粳と玄米の差についてみると, 長さは 1.83

～2.45 cm, 0.31～0.59 cm, 厚みは 0.13～0.23 cm の差がみられた。粳の千粒重は、岩手県「ひとめぼれ」33.3 g～秋田県「べこあおぼ」53.4 g, 平均値は 37.8 g(含水率 15%時)で、これらの種子の含水率は 10%前後であった(付表 1)。また、同じ品種であっても「ひとめぼれ」では岩手県産 33.3 g～広島県産 38.5 g と一部の品種では採種地によって粳の千粒重に差がみられた。これら種子の形態と出芽率との関係についてみたところ、粳の形態と越冬後の出芽率との間に関係性はみられなかった。その一方で玄米の長さ・厚みと出芽率の間には 5%水準で有意な負の相関係数がみられた(図 2-12)。この出芽率が低く玄米の形態が大きい品種は、秋田県産の「いわいだわら」、
「べこあおぼ」、
「ふくひびき」と広島県産「ふくひびき」であった。また、粳の千粒重と出芽率との間に負の傾向が認められ、出芽率が低く粒重が重い品種は秋田県産「べこあおぼ」であった(図 2-12)。

最後に種子休眠と出芽率について解析を行った。本実験における休眠程度の指標としての 4 日目の発芽率と出芽率を比較した結果を図 2-13 に示した。4 日目の発芽率は 2 シーズン目が 0～87%, 3 シーズン目が 0～55%と品種と採種地による違いがみられた。両シーズンにおいて、4 日目の発芽率と出芽率との間に 5%水準以下で有意な関係が認められ、4 日目の発芽率が低い、つまり種子休眠が深いと出芽率が高まる傾向があった。ただし、種子休眠が深い条件(0%付近)では出芽率が大きくばらつき、種子休眠以外の要因の関与が示唆された。なお、4 日目の発芽率が 0%の種子においても最終的な発芽率はほぼ 90～100%となり、品種と採種地による有意な違いは認められなかった(付表 2, 3)。

試験 2. キヒゲンコーティングした種子での初冬直播き栽培における出芽率の品種間差

初冬直播きでのキヒゲンコーティングした種子の出芽率は、品種間で 4～30%(平均値は 15%)の 5%水準で有意な変動がみられ、最も高い品種は「あきたこまち」と「萌えみのり」で最も低い品種は「ちほみのり」と「オオナリ」であった(図 2-4)。4 シーズン目は出芽調査を 2023 年 5 月 9 日から 6 月 21 日の約 1 ヶ月半の間調査を行い出芽の推移についてみた。出芽の推移をみると、ほとんど

の品種は5月9日から出芽が確認されたが、「北陸193号」と「オオナリ」は6月7日から出芽が確認され、他の品種よりも29日出芽の開始が遅いことが明らかになった(図2-5)。この出芽開始が遅い2品種について種子が発芽能力を有しているかの確認するために、6月21日の出芽調査後に、対照区の「ひとめぼれ」と調査区の「北陸193号」、「オオナリ」の計3品種を掘り取った。掘り取った種子数は、「ひとめぼれ」は 13 ± 2 、「北陸193号」が 68 ± 2 、「オオナリ」が 69 ± 3 であった($n=4$)。発芽試験の結果を図2-6に示した。発芽試験開始から14日目までは3品種の発芽率は5%程度であったが、14日目の計測後に休眠打破処理(シャーレ内の水を1%過酸化水素水(w/w)に置換)したところ、「北陸193号」と「オオナリ」は発芽が促進され、最終的な発芽率は「北陸193号」が42%、「オオナリ」は22%となった。一方で「ひとめぼれ」の最終的な発芽率は3%であり休眠打破処理の効果は認められなかった。

出芽率に対するキヒゲンコーティングの影響について、6品種を用いて調査した結果を図2-7に示した。出芽率はキヒゲンコーティングで無処理(無コーティング)よりも1.6~3.2倍増加していたことから、キヒゲンによって出芽率は増加する傾向にあり、その変化率は品種によって異なっていることが明らかになった。キヒゲンコーティングが種子に影響を与えているかを評価するために発芽率についてみた。「コシヒカリ」はコーティングで4日目の発芽率が80%から69%に低下した。一方で「ひとめぼれ」は14日目の発芽率がコーティングで70.7%から82.9%に増加した。「あきたこまち」と「萌えみのり」に関してはコーティングの影響はみられなかった(附表4)。

試験3. 産地の気象が越冬後の出芽率に与える影響について

試験1では、同一品種で比較を行った地点数が限られており(最大7地点のコシヒカリ)、使用した種子も同じ環境で育成した種子を使用していないため、試験3では、全国11地点で採種した「あきたこまち」と「ひとめぼれ」の共通品種を用いて、採種地の環境の影響を評価した(図2-14)。播種直前に調査した4日目の発芽率は、「あきたこまち」では北海道産で65%と有意に高く、秋田県、青森県、岩手県が続き、福岡県と山形県山形市が最も低かった。「ひとめぼれ」も同様の傾向

が認められた(図 2-14 上段). 採種した地点の登熟環境との関係を見ると, 登熟期の平均気温, 最高気温との間で 1%水準または 5%水準, 最低気温との間で 5%水準の有意な負の相関関係がみられ(表 2-6, 図 2-15), 登熟期の温度が高いほど休眠性が深いことが示唆された. 最終(14 日目)の発芽率は採種地の効果は有意で無いものの, 品種との間で交互作用が有意であり, 「ひとめぼれ」において三重県と福岡県産が 85%とわずかに低かった(図 2-14 中段).

越冬後の出芽率への影響をみると, 「あきたこまち」で平均 15%(最小 5%~最大 25%), 「ひとめぼれ」で平均 11%(最小 6%~最大 17%)であり, 実施した 2 シーズン目の気象環境では出芽率の絶対値が低く, 両品種ともに有意な地点間差が認めらなかった(図 2-14 下段).

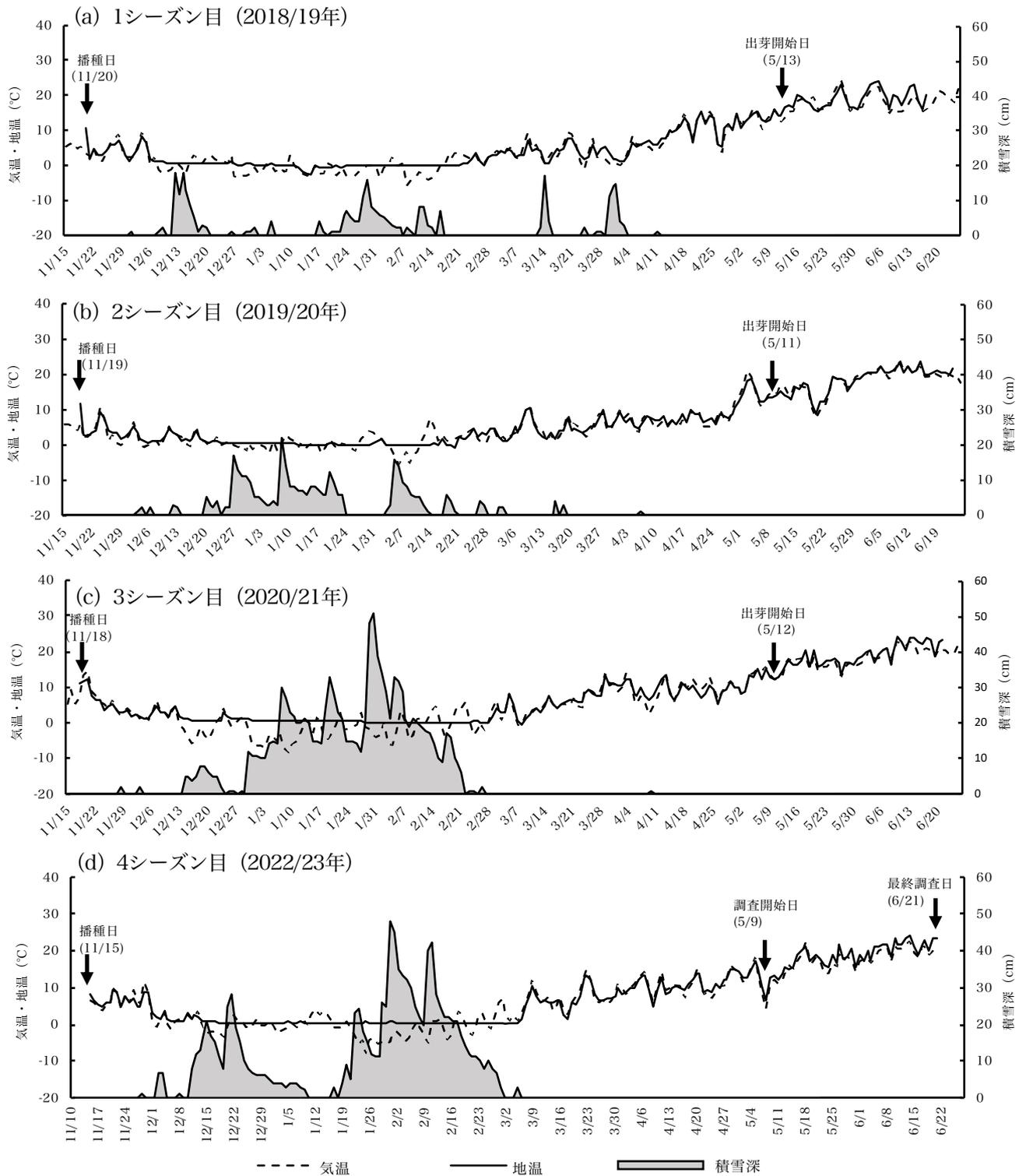


図2-1. 水稻の初冬直播き栽培における試験期間中の気温、地温、積雪深の推移。試験1および試験2

日平均地温は圃場に設置した温度センサーで計測した。

日平均気温と積雪深は気象庁HPより、試験地に最も近い気象台・アメダスより取得した。

出芽開始日は、試験区に播種した種子の出芽が初めて確認された日を示す。

最終調査日は出芽が安定したのちに最後の調査を行った日を示す。

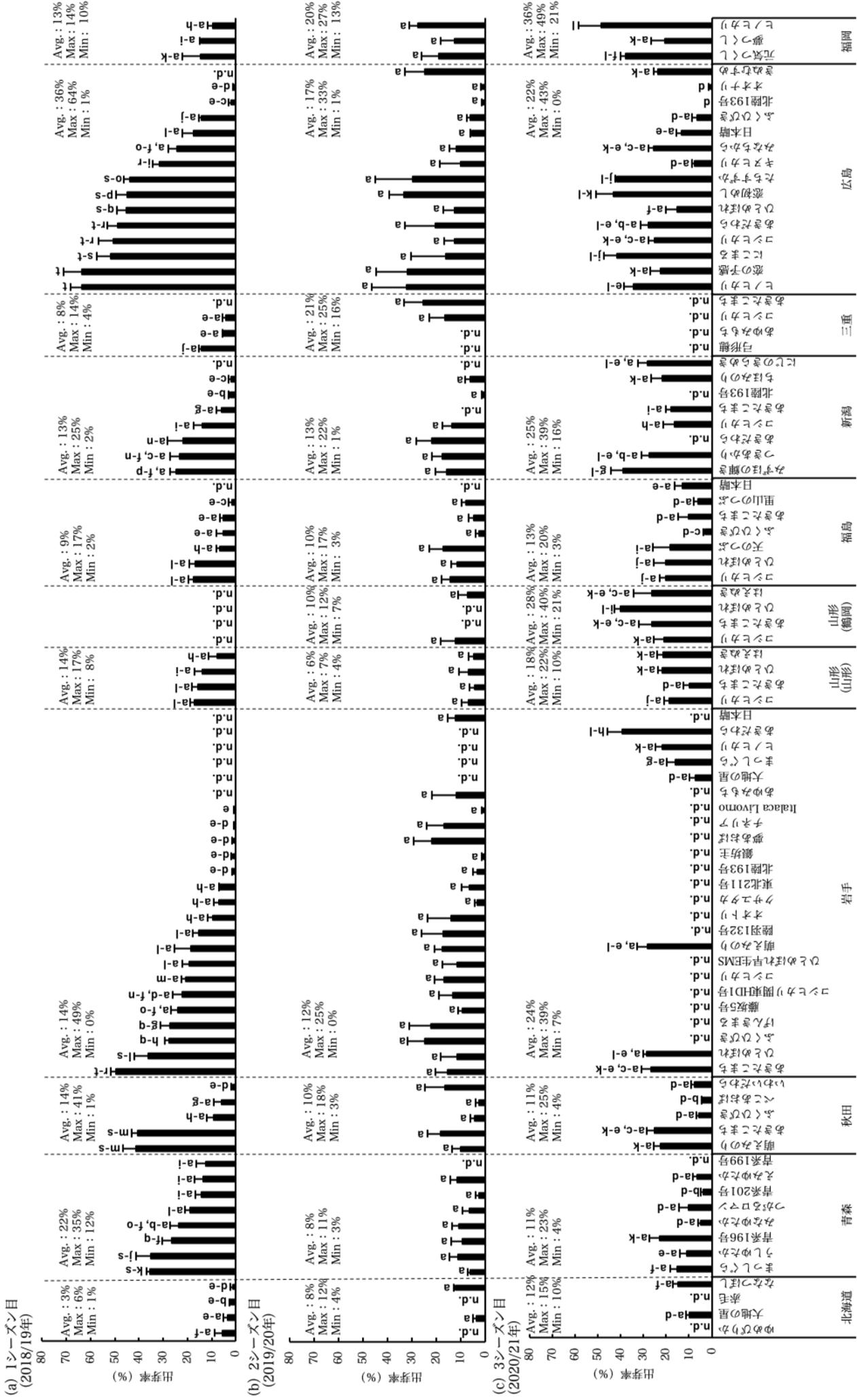


図2-2 各試験年での水稻の初冬直播き栽培における品種と採種地における品種と採種地の組み合わせが萌芽率に及ぼす影響. 試験1

図中のn.d.はデータなし, Avg., Max, Minは各シーズンの採種地における平均値, 最大値, 最小値を示す. 図中のバーは標準誤差(2018/19年: n=3, 2019/20年: n=3, 2020/21年: n=4)

図中の英文字の各々において, 同一文字を付した数値間には, Tukey法により5%水準で有意差なしを示す.

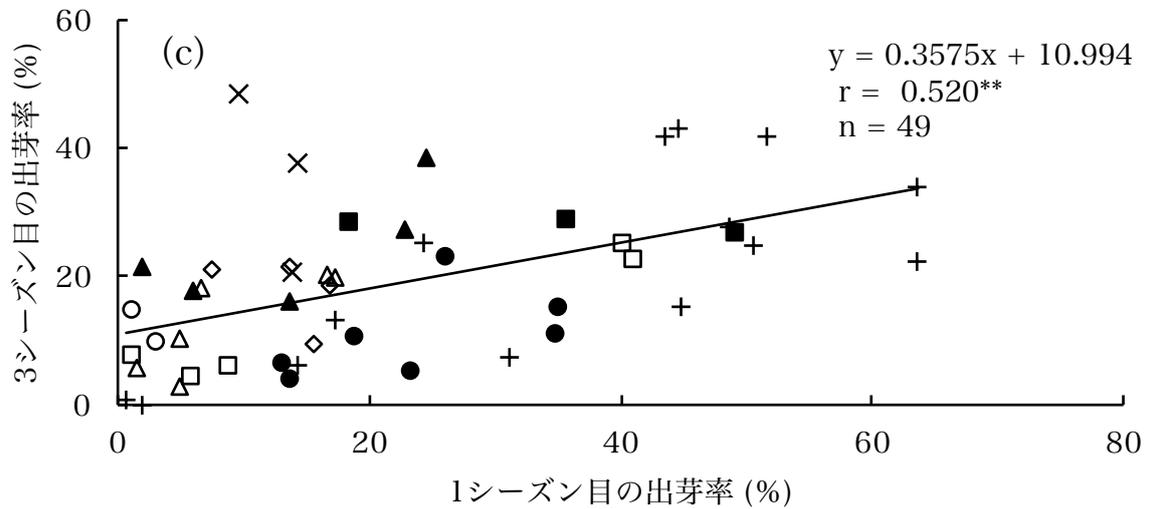
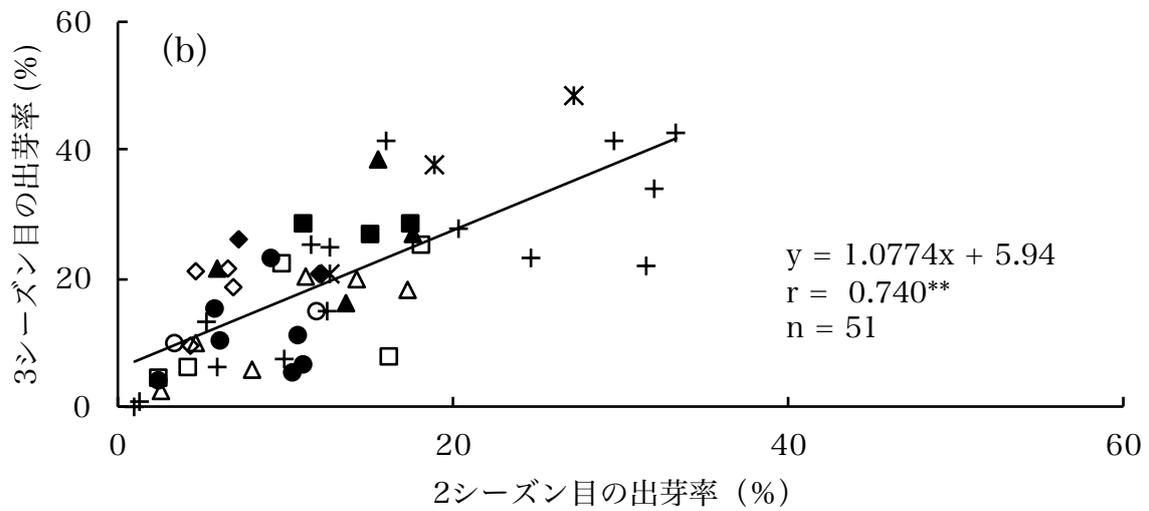
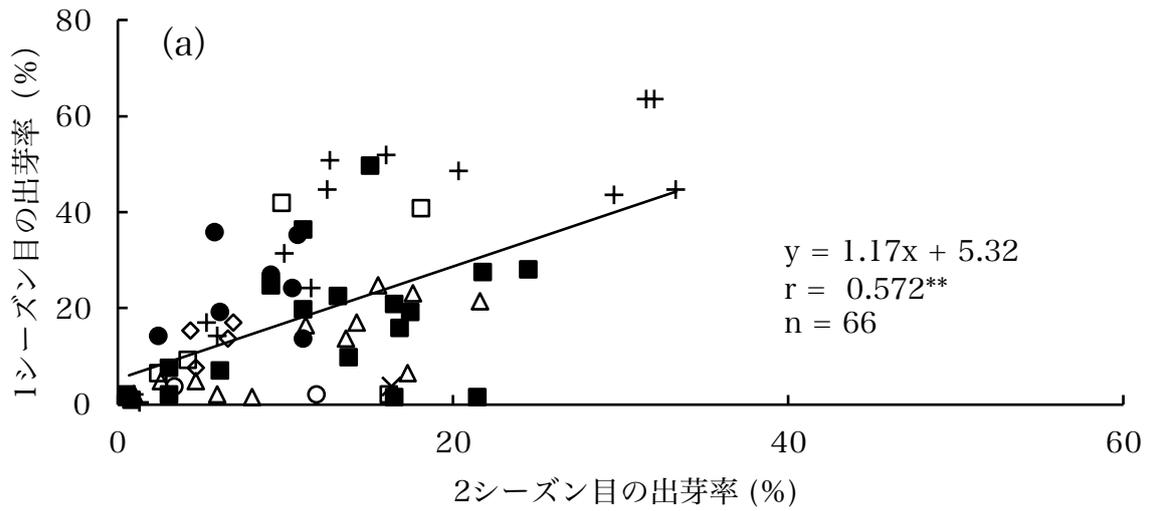
2018/19年シーズンの全体の平均値:18%, 最大値:64%, 最小値:0%, 2019/20年シーズンの全体の平均値:12%, 最大値:33%, 最小値:0%

2020/21年シーズンの全体の平均値:20%, 最大値:49%, 最小値:0%

表2-5. 採種地の差異が初冬直播きの出芽率に与える影響. 試験1

品種	採種地	出芽率 (%)		
		2018/19年	2019/20年	2020/21年
あきたこまち	秋田	40 ±3 a	18 ±5 a	25 ±4 ab
	岩手	49 ±2 a	15 ±5 a	27 ±5 ab
	山形	16 ±2 c	4 ±2 a	10 ±3 b
	鶴岡	-	-	26 ±6 ab
	福島	5 ±2 c	5 ±2 a	10 ±5 b
	新潟	6 ±2 c	-	18 ±2 b
	三重	-	25 ±8 a	-
コシヒカリ	岩手	21 ±2 bc	17 ±4 a	-
	山形	17 ±2 c	7 ±3 a	19 ±2 b
	鶴岡	-	12 ±6 a	21 ±4 ab
	福島	17 ±2 c	14 ±4 a	20 ±3 b
	新潟	14 ±4 c	14 ±4 a	16 ±5 b
	三重	4 ±2 c	16 ±6 a	-
	広島	51 ±6 a	13 ±4 a	25 ±3 ab
ひとめぼれ	岩手	36 ±6 ab	11 ±7 a	29 ±2 ab
	山形	14 ±3 c	7 ±4 a	22 ±2 ab
	鶴岡	-	-	40 ±3 a
	福島	17 ±2 c	11 ±3 a	20 ±5 b
	広島	45 ±4 a	13 ±5 a	15 ±5 b

表内の「±」の後に続く数字は標準誤差 (2018/19年および2019/20年: n=3, 2020/21年: n=4), 「-」はデータがないことを示す. 各シーズン内においてTukey法による多重比較検定を行った. 同一アルファベット間には5%水準で有意差がないことを示す.



○北海道 ●青森 □秋田 ■岩手 ◇山形 ◆鶴岡 △福島 ▲新潟 ×三重 +広島 ×福岡

図2-3. 初冬直播き栽培における品種と採種地が出芽率に及ぼす影響のシーズン間での変化．試験1

rは相関係数，nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総数を示す．

**は1%水準で有意であることを示す．

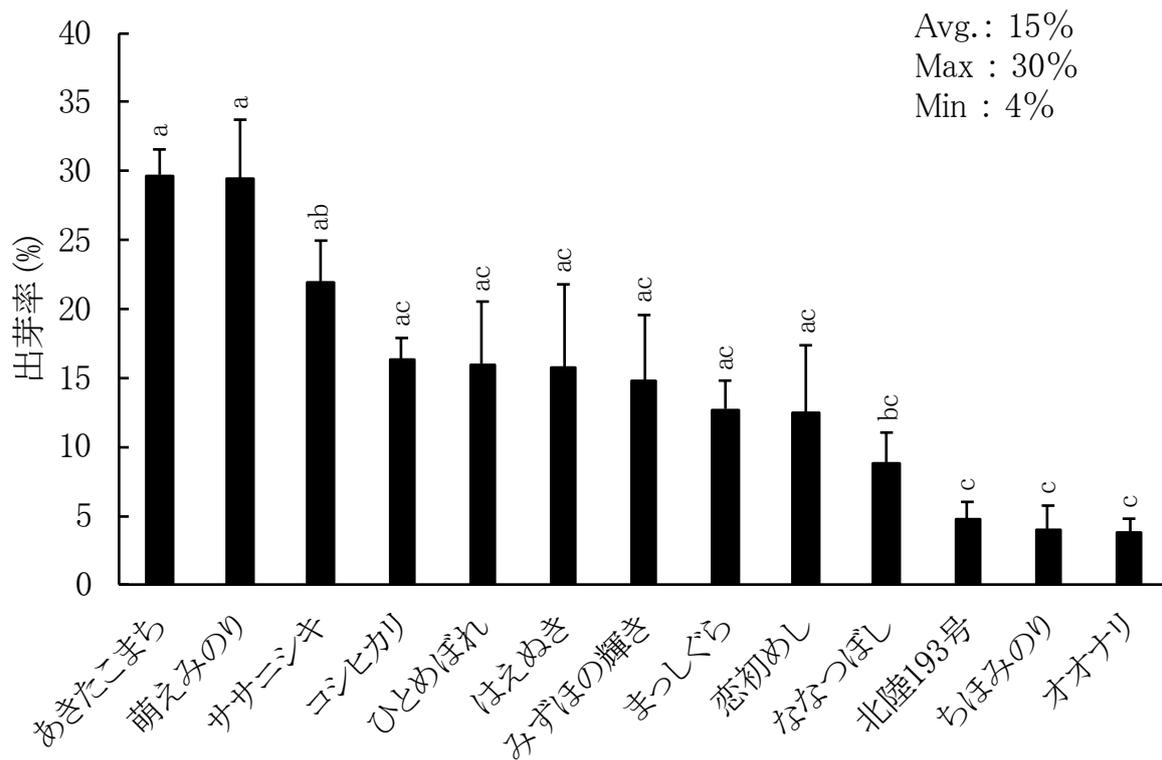


図2-4. キヒゲンコーティングした品種の初冬直播き栽培における出芽率 (2022/23年). 試験2

図中のバーは標準誤差 (n=4), 図中の英文字の各々において, 同一文字を付した数値間には, Tukey法により5%水準で有意差なしを示す.

Avg., Max, Minは, 平均値, 最大値, 最小値を示す. 全体の平均値:15%, 最大値:30%, 最小値:4%

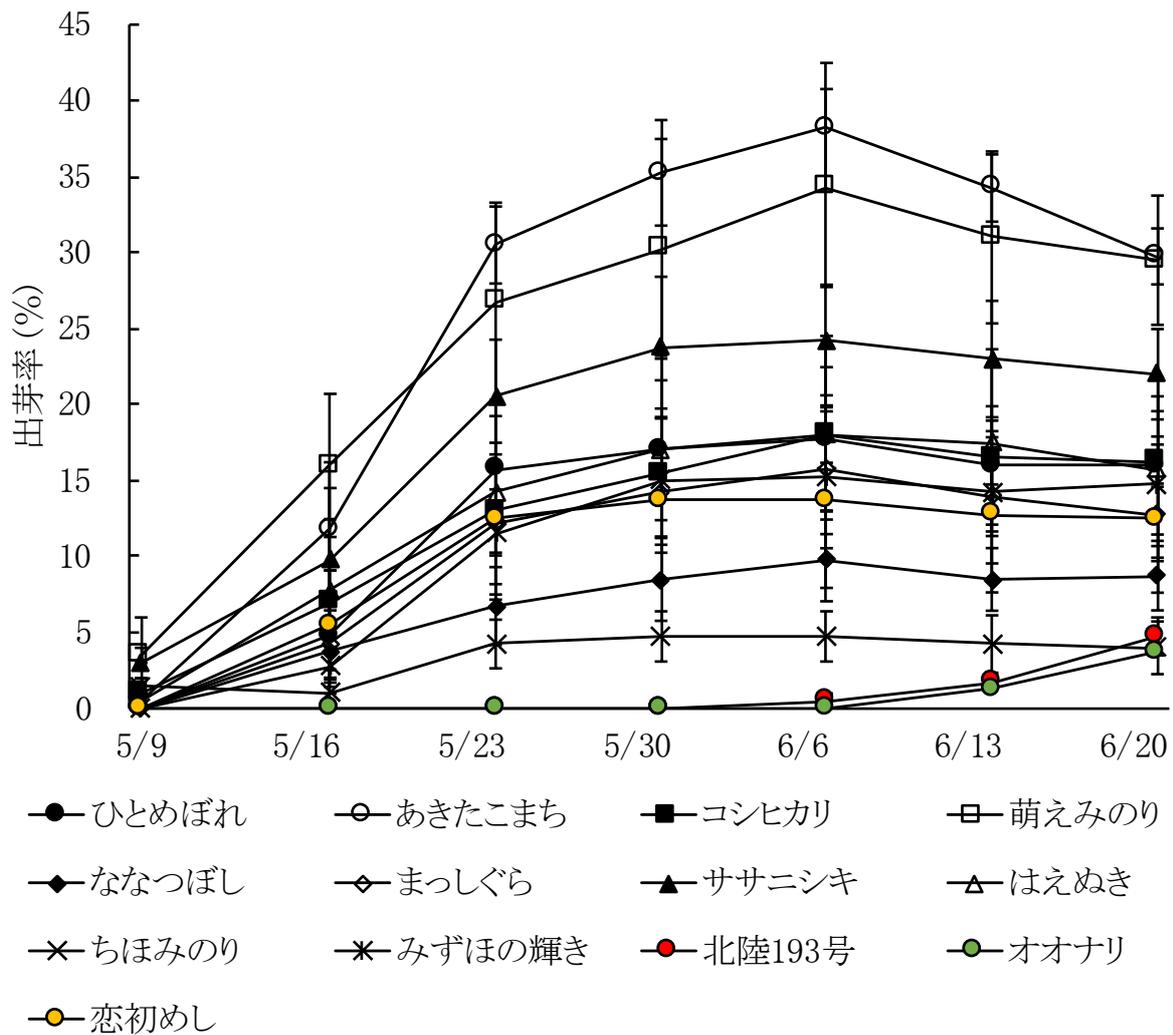


図2-5. キヒゲンコーティングした品種の初冬直播き栽培における出芽の推移 (2022/2023年). 試験2

図中のバーは標準誤差 (n=4)

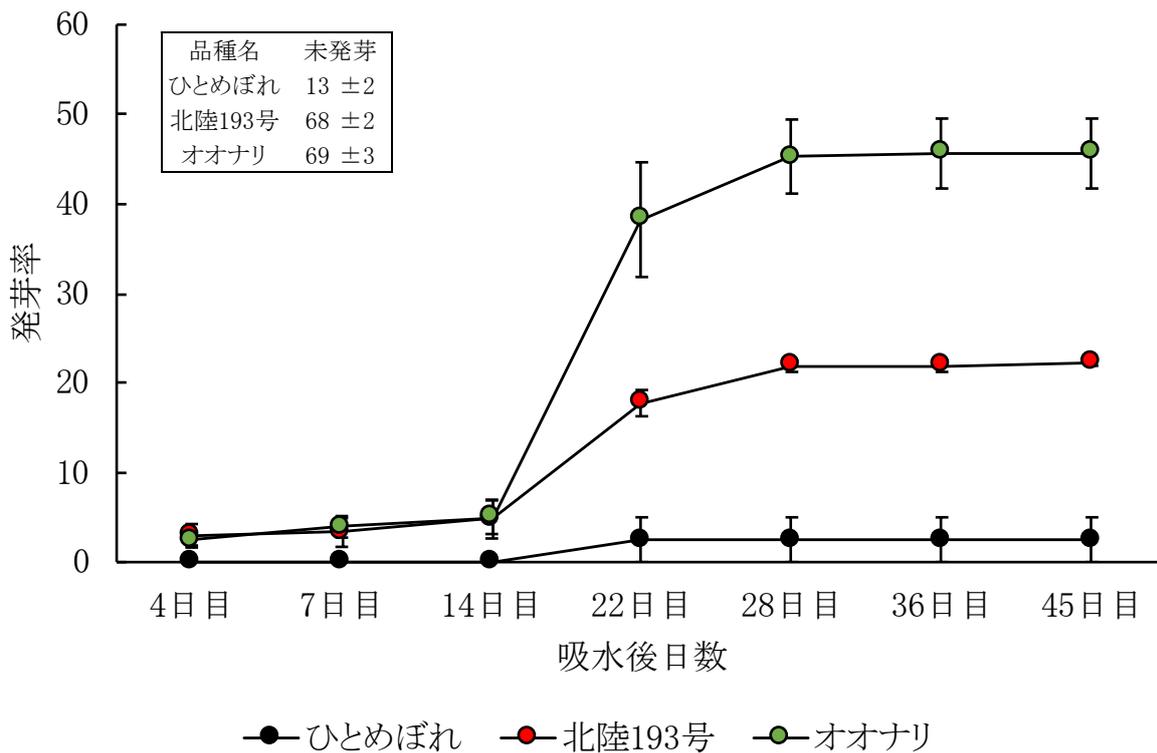


図2-6. 掘り取り種子の発芽率の推移(2022/2023年). 試験2

図中のバーは標準誤差を示す(n=4).

発芽試験開始から4日目に計測を開始し, 14日目にはH₂O₂(1%)を加え休眠打破処理をした. 図中の黒枠内は掘り取りした際に未発芽であった種子数(n=4)を示しており, この種子に対し発芽試験を行った.

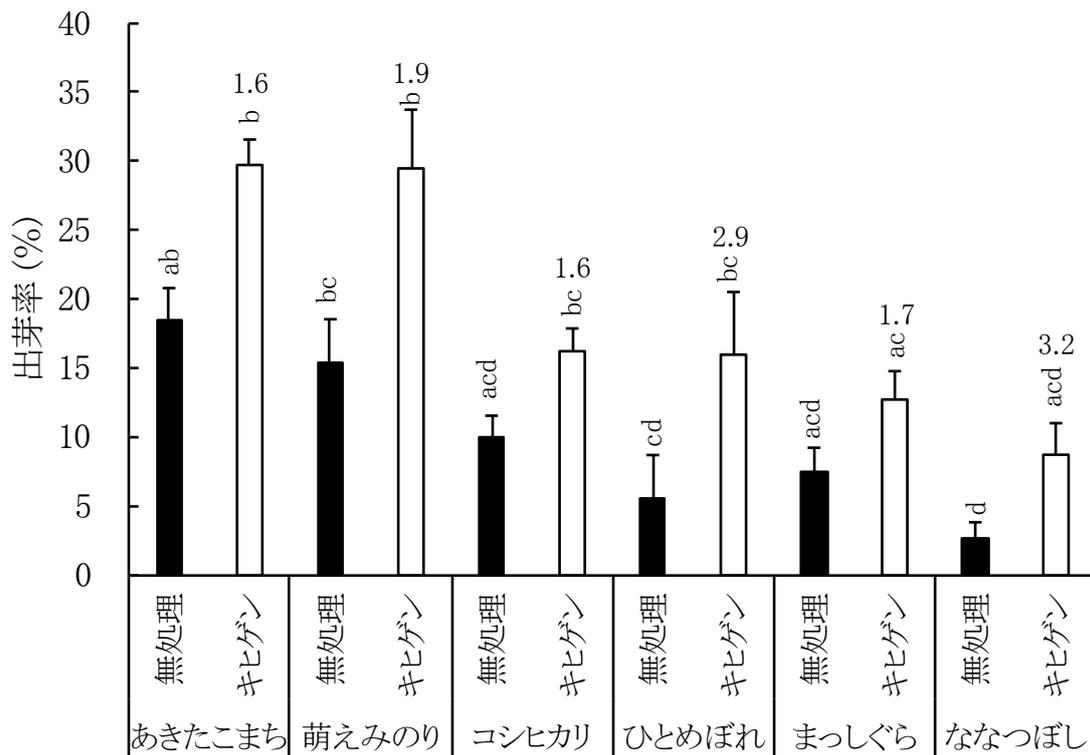


図2-7. キヒゲンコーティングによる初冬直播き栽培における出芽率への影響 (2022/2023年). 試験2

図中の無処理はコーティングなし, キヒゲンはキヒゲンをコーティングしていることを示す.

図中のバーは標準誤差 (n=4), 図中の英文字の各々において, 同一文字を付した数値間には, Tukey法により5%水準で有意差なしを示す. 白いバーの上にある数値はキヒゲンコーティングによる出芽率の変化率について示す.

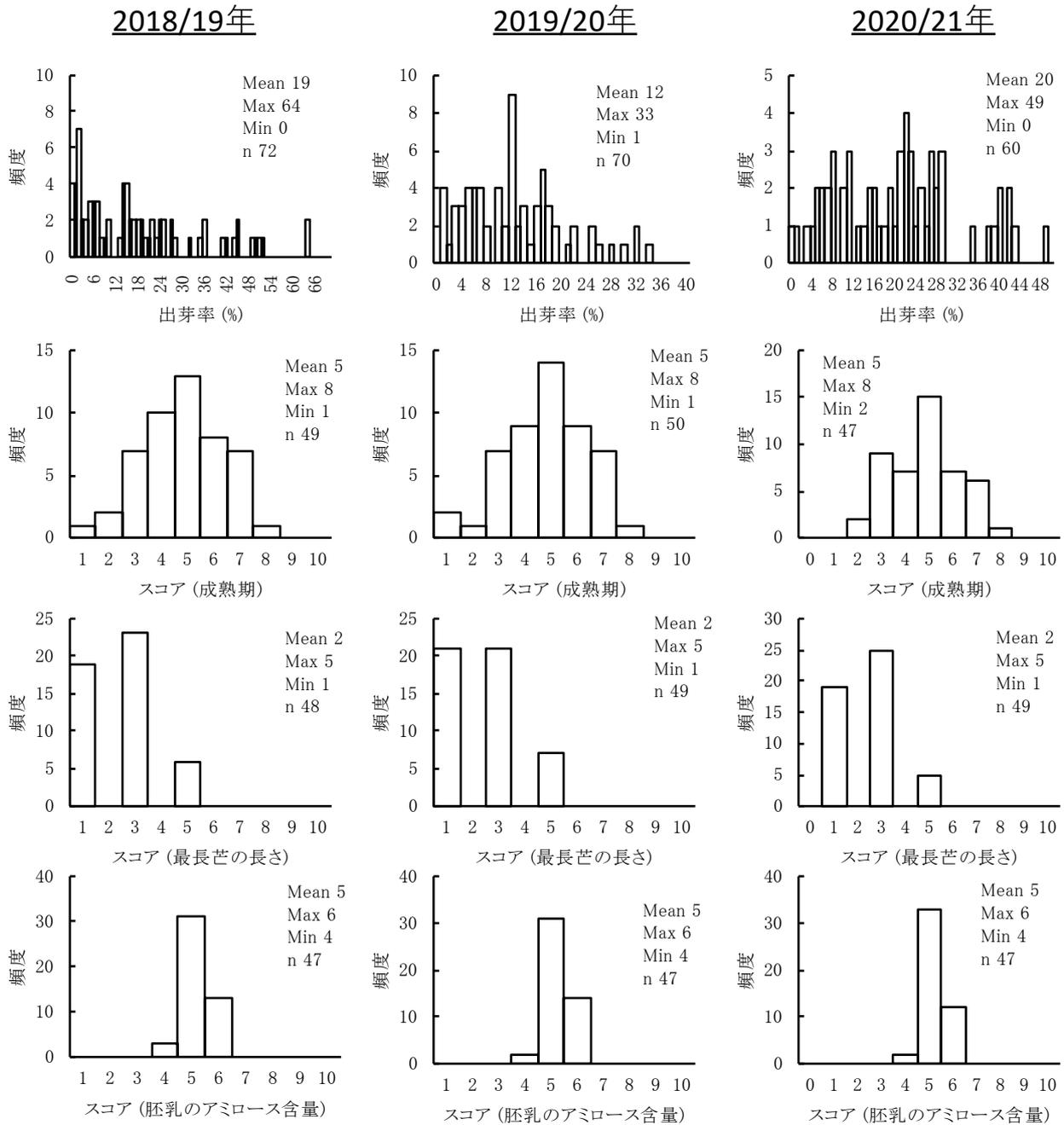


図2-8. 初冬直播き栽培における出芽率と品種特性の頻度分布. 試験1

Meanは平均値, Maxは最大値, Minは最小値, nは各シーズンにおける出芽率およびイネ品種・特性データベースに記載されていた品種特性で共通していた数を示す.

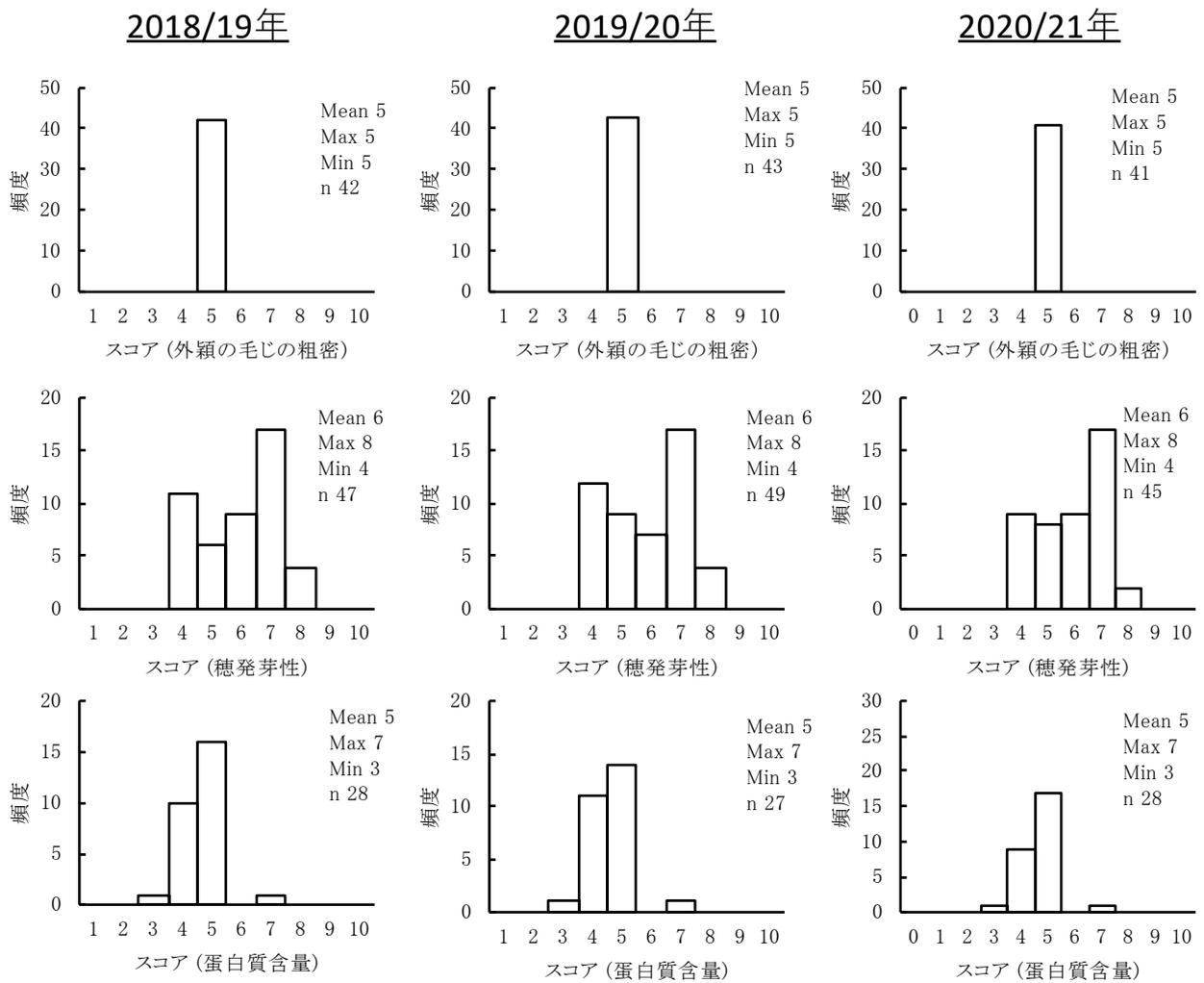


図2-8. 初冬直播き栽培における出芽率と品種特性の頻度分布. 続き

Meanは平均値, Maxは最大値, Minは最小値, nは各シーズンにおける出芽率およびイネ品種・特性データベースに記載されていた品種特性で共通していた数を示す.

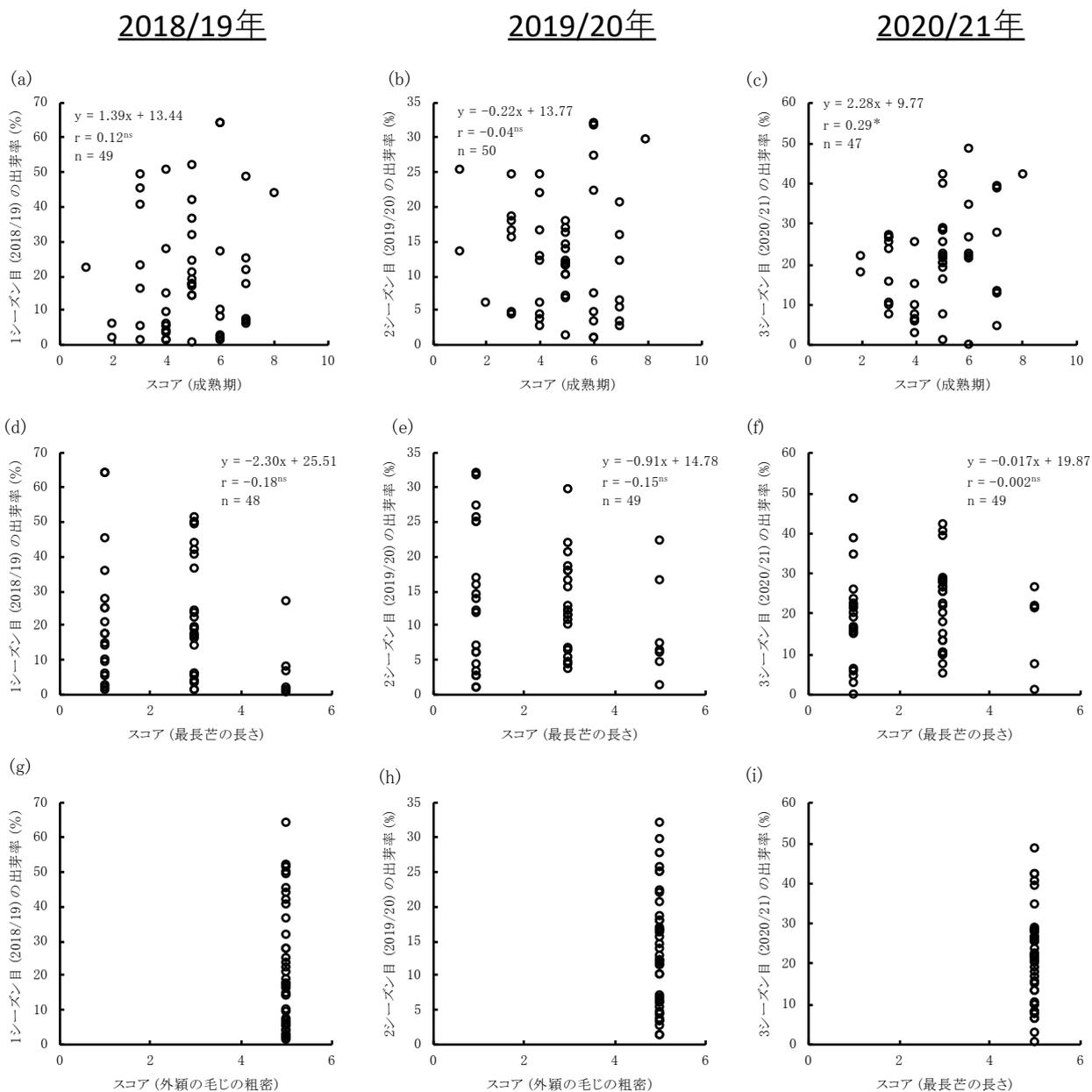


図2-9. 初冬直播き栽培における出芽率と品種特性の相関関係. 試験1

rは相関係数, nは各シーズンにおける出芽率およびイネ品種・特性データベースに記載されていた品種特性で共通していた数を示す. *は5%水準で有意であること, nsは5%水準で有意でないことを示す.

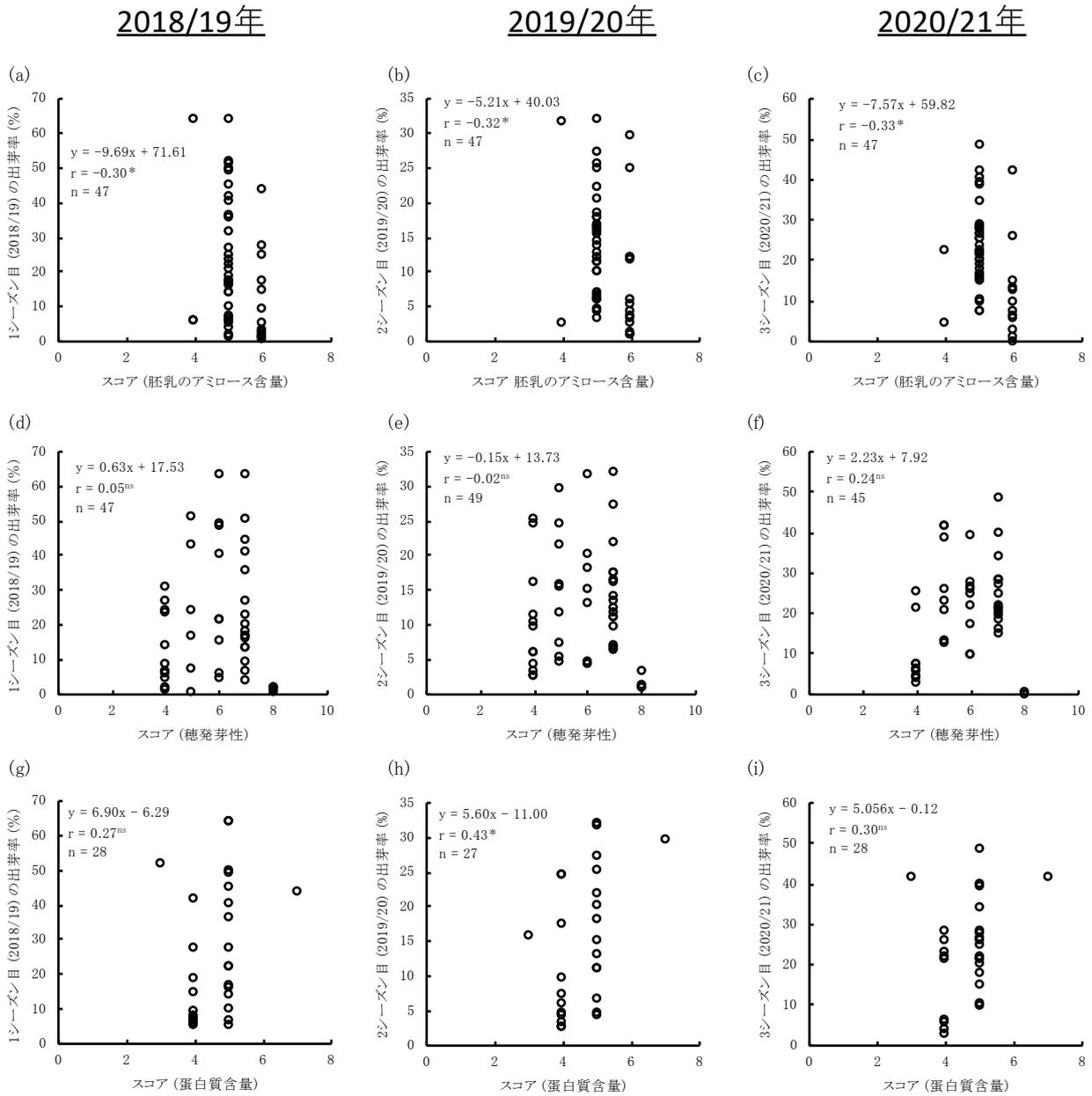


図2-10. 初冬直播き栽培における出芽率と品種特性の相関関係. 試験1

rは相関係数, nは各シーズンにおける出芽率およびイネ品種・特性データベースに記載されていた品種特性で共通していた数を示す. *は5%水準で有意であること, nsは5%水準で有意でないことを示す.

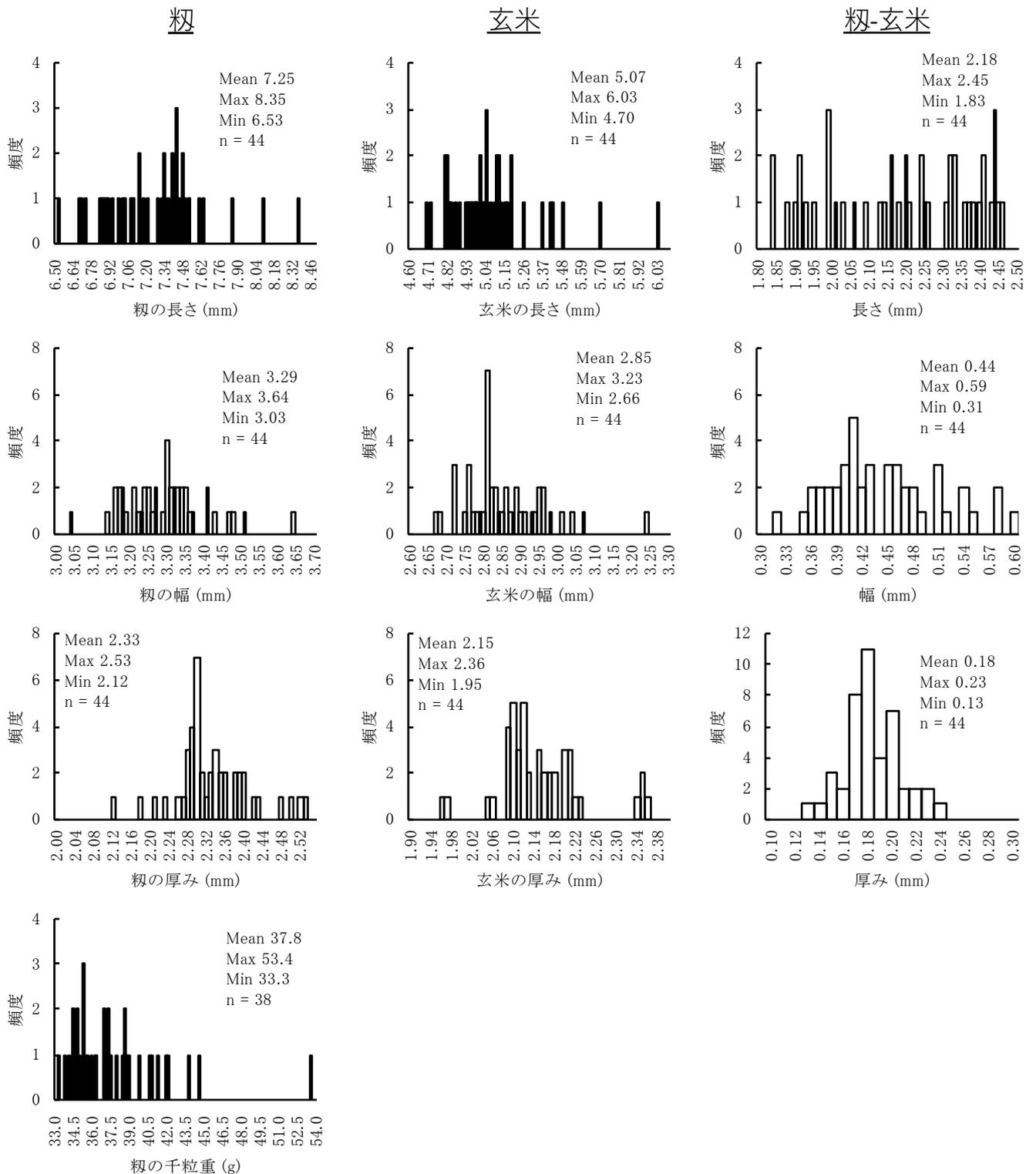


図2-11. 籾と玄米の長さ、幅、厚み、およびその差と籾の千粒重に関する頻度分布。試験1 Meanは平均値、Maxは最大値、Minは最小値、nは計測した種子のサンプル数を示す。

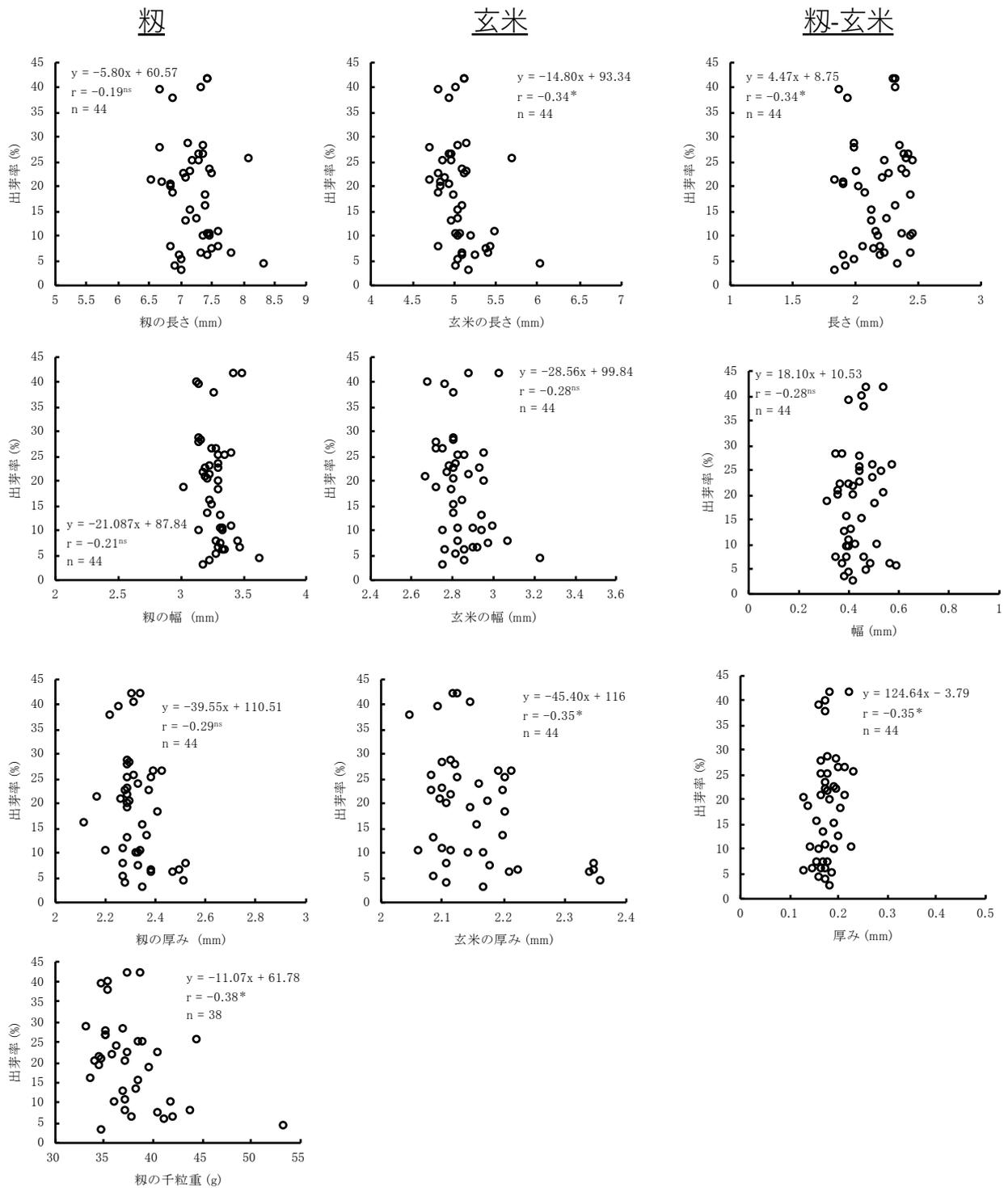


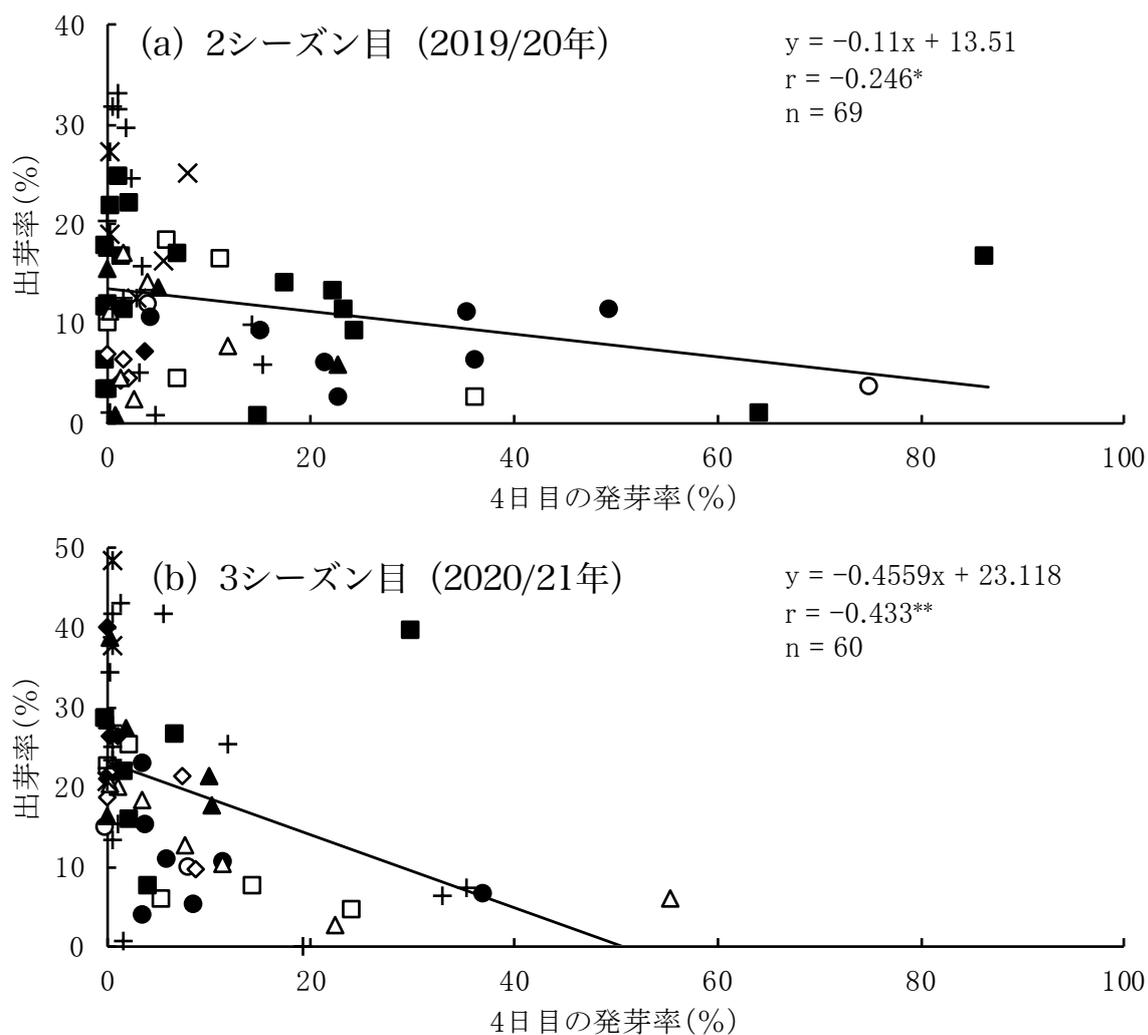
図2-12. 初冬直播き栽培における出芽率と粳・玄米の長さ、幅、厚みおよび粳の千粒重との相関関係. 試験1

出芽率のデータは2020/21年の出芽率のデータを使用した.

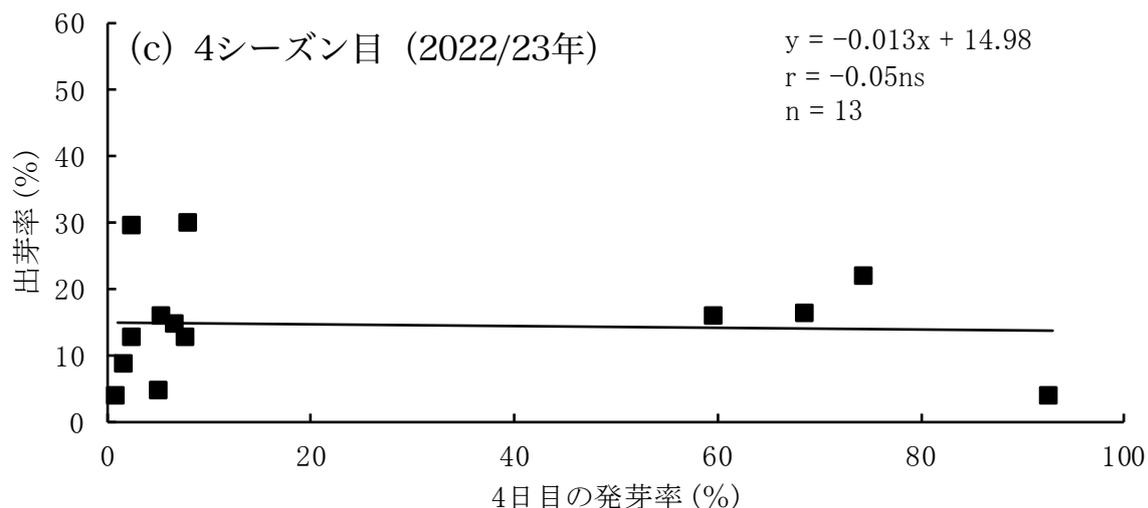
rは相関係数, nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す.

nsは5%水準で有意でないことを示す.

無コーティング種子



キヒゲンコーティング種子



○北海道 ●青森 □秋田 ■岩手 ◇山形 ◆鶴岡 △福島 ▲新潟 ×三重 +広島 ×福岡

図2-13. 初冬直播き栽培における品種と採種地の組み合わせが出芽率に与えている影響の変動要因としての4日目の発芽率と出芽率の相関関係. (試験1, 試験2)

(a), (b)の試験の出芽率は無コーティング種子, (c)の出芽率はキヒゲンコーティング種子のデータである. r は相関係数, n は各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総数を示す. ns は5%水準で有意ではないこと, $*$ は5%, $**$ は1%水準で有意であることを示す.

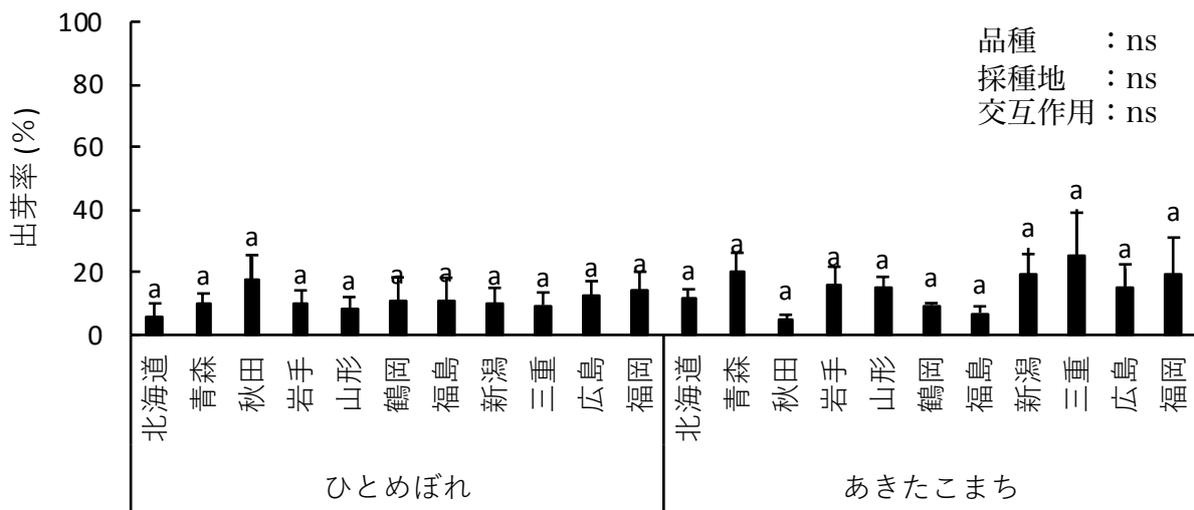
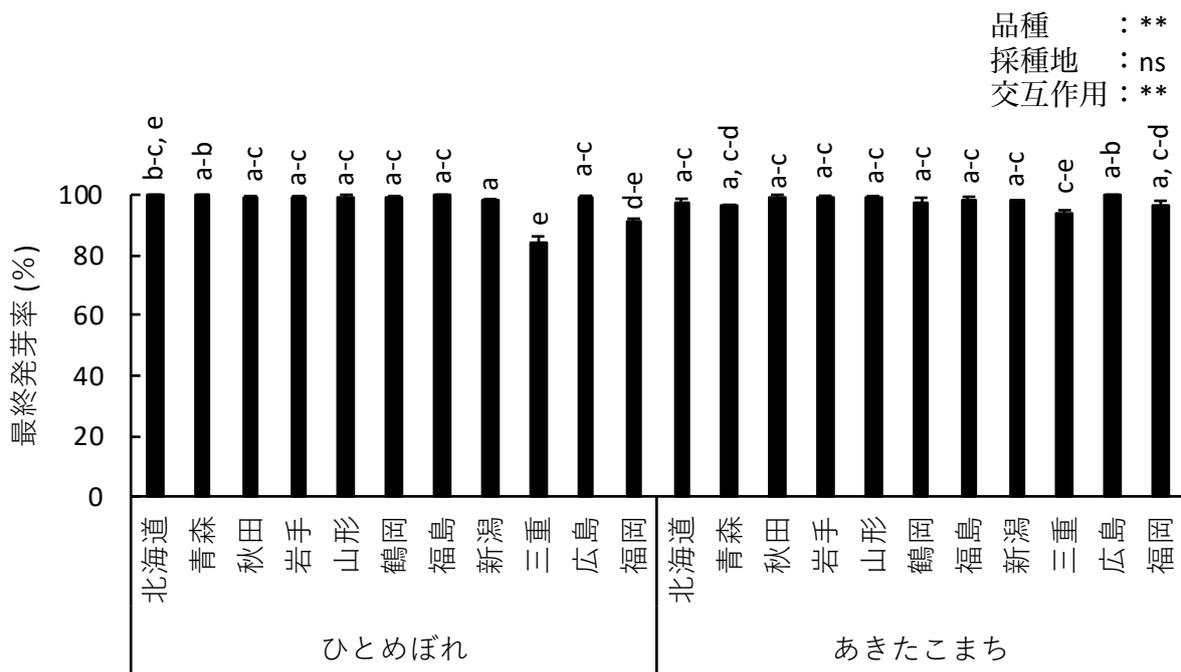
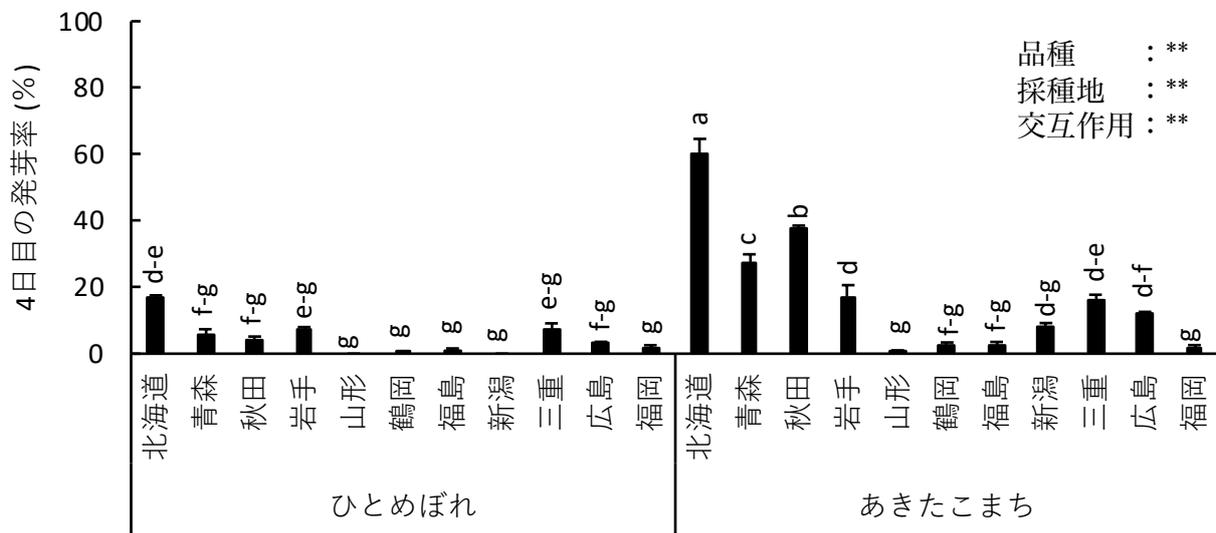


図2-14. 初冬直播き栽培における採種地が翌年の出芽率と4日目の発芽率に与える影響. 試験3

nsは5%水準で有意では無いこと, **は1%水準で有意であることを示す。

図中のバーは標準誤差 (n=4), 図中の英文字の各々において, 同一文字を付した数値間には, Tukey法により5%水準で有意差なしを示す。

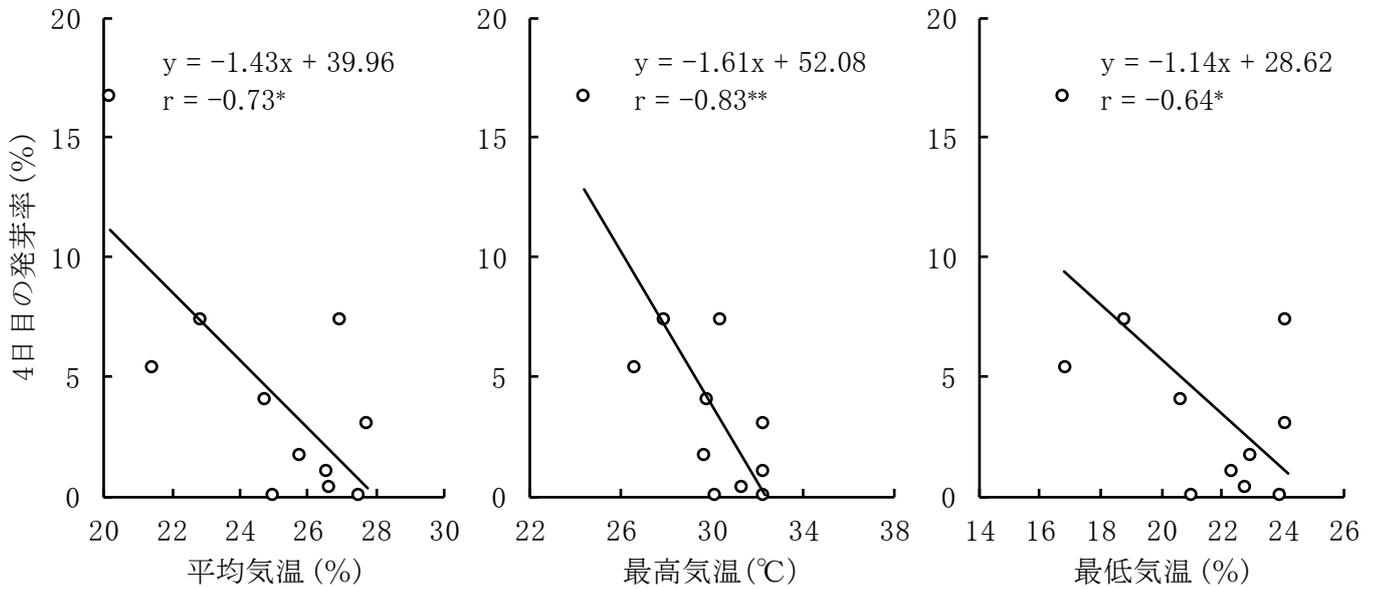
表2-6. イネ2品種の種子の4日目の発芽率と採種地の栽培期間中の気象との相関係数. 試験3

期間	品種	平均気温	最高気温	最低気温	日照時間
栄養成長期	ひとめぼれ	-0.01 ns	-0.18 ns	0.05 ns	-0.20 ns
	あきたこまち	-0.32 ns	-0.48 ns	-0.25 ns	0.07 ns
生殖成長期	ひとめぼれ	-0.23 ns	-0.27 ns	-0.18 ns	0.55 ns
	あきたこまち	-0.35 ns	-0.36 ns	-0.35 ns	0.55 ns
登熟期	ひとめぼれ	-0.73 *	-0.83 **	-0.64 *	-0.24 ns
	あきたこまち	-0.74 **	-0.79 **	-0.69 *	0.19 ns

栄養成長期は移植日から出穂期30日前, 生殖成長期は出穂期30日前から出穂期, 登熟期は出穂期から収穫日とした.

nsは5%水準で有意では無いこと, *は5%, **は1%水準で有意であることを示す.

(a)ひとめぼれ



(b)あきたこまち

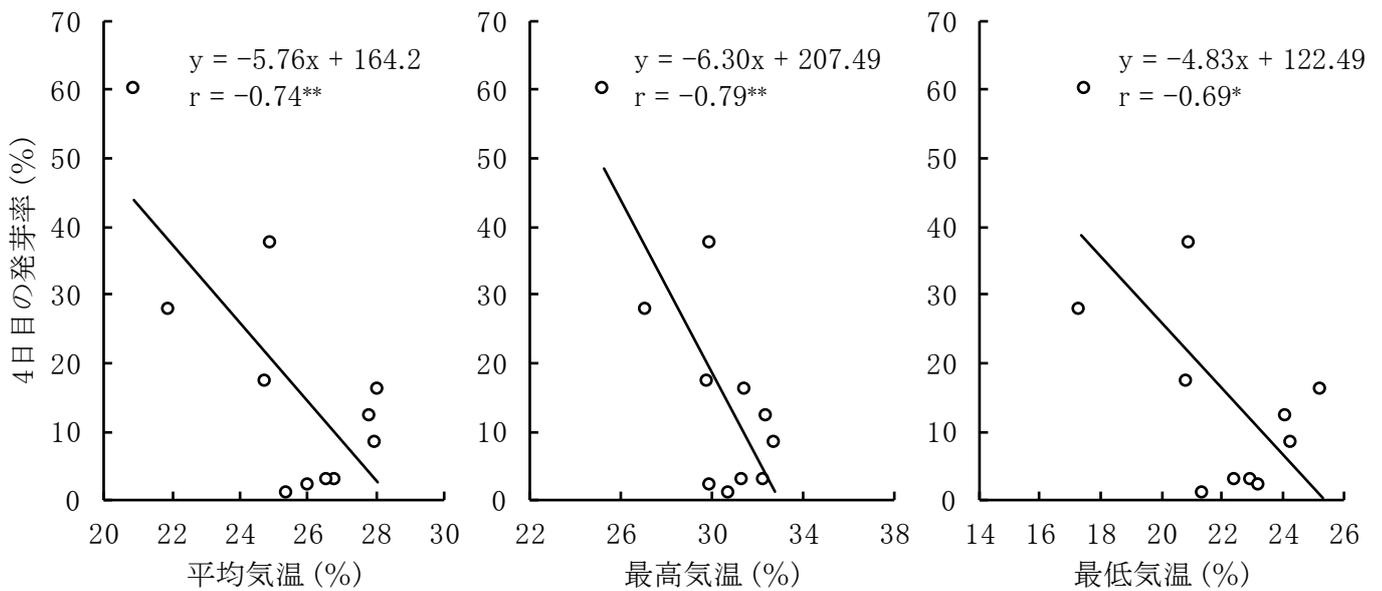


図2-15. 「ひとめぼれ」と「あきたこまち」における4日目の発芽率と登熟期の気温との相関関係. 試験3.

n=11 (採種地の総数). rは相関係数を示す. *は5%, **は1%水準で有意であることを示す.

2-4. 考察

本研究では、全国 11 地点で採種された最大 72 種類の多様な品種/系統の種子を用い、寒冷地の初冬直播き栽培における越冬後の出芽率を 3 シーズン調査し、越冬後の出芽率は品種と採種地の組み合わせにより大きな変動があることを明らかにした(図 2-2)。このことは、初冬直播き栽培の適切な播種量の設定には、使用する品種と採種地を考慮する必要があることを示す。以下、越冬後の出芽率が品種と産地により変動する要因について考察する。

品種/系統の影響

本研究で供試した品種/系統数は総計 59 品種(2018/19 年は 53 品種, 2019/20 年は 50 品種, 2020/21 年は 39 品種)(図 2-2)で、過去に報告された姫田(1973)の 13 品種, 及川ら(2019)の 4 品種, 大平・佐々木(2011)の 19 品種/系統よりも大規模であった。また品種による出芽率の違いは、本研究では最大で 63 ポイントの違いが確認できた(産地の効果を除くため、同一地点である広島県で採取された種子「オオナリ」1%から「ヒノヒカリ」64%, 素粳, 1 シーズン目)。これは、姫田(1973)の 13 品種での 37 ポイント(「農林 29 号」の 1%から「農林 26 号」の 38%, 素粳, 埼玉県で実施), 及川ら(2019)の 4 品種の 19 ポイント(「ひとめぼれ」の 11%から「萌えみのり」30%, 鉄コーティング, 岩手県で実施), 大平・佐々木(2011)の 19 品種/系統での 24 ポイント(「べこあおば」の 0%から「中国飼 189 号」の 24%, 広島県で実施)よりも 2~3 倍大きかった。また、実施したシーズンの繰り返しは本研究の 3 シーズンに対して、及川ら(2019)は 1 シーズン, 大平・佐々木(2011)は 2 シーズン, 姫田(1973)は 3 シーズンであった。すなわち、本研究で得られた評価は、品種の数という点、品種による出芽率の変動, また繰り返し実施したシーズンという点において過去の報告よりも試験規模が大きく、初冬直播き栽培を各地の主要品種を用いて実施するための基礎データに位置づけられる。また、初冬直播き栽培における品種と種子コーティングの効果について 4 シーズン目では同一地点で採種した種子(13 品種)にキヒゲンコーティングをして出芽率を評価したところ、初冬直播きの出芽率は、4~30%の 5%水準で有意な変動がみられた(図 2-4)。また、キヒゲンコ

ーティングすることで全ての品種において出芽率が増加し、その変化率は無コーティング種子での出芽率が 5%程度の品種(「ひとめぼれ」「ななつぼし」)の方が大きい値を示しており、初冬直播きにおける種子コーティングの効果には品種間差があることが考えられた。

及川ら(2021)は種子に殺菌剤であるキヒゲン R-2 フロアブルを種子表面に塗布することで初冬直播きでの出芽率を向上させることを報告した。「キヒゲン R-2 フロアブル」に 40%含まれているチウラム水和剤は、いもち病菌(*Pyricularia oryzae* Cavara), ばか苗病菌(*Fusarium fujikuroi*), ごま葉枯病菌(*Cochliobolus miyabeanus*), 苗立枯病といった糸状菌などに効果があることが知られている。苗立枯病の発生には *Fusarium* 属や *Pythium* 属, *Rhizopus* 属, *Trichoderma* 属が原因であることが報告されている(山口・鈴木 1965, 田中ら 1991)。及川ら(2021)は, *Pythium* 属に関して低温下でも活動できる糸状菌であることから(鑑谷 1956, 松浦ら 2012), 初冬直播きの出芽率低下に関係している可能性を報告している。また, 田中ら(2016)は *Pythium* 属菌接種実験により, この菌に対する耐性に品種間差があることを報告している。姫田(1973)は種子に含まれる糖(還元糖と非還元糖)の土壌への溶出と初冬直播きでの出芽率の間で負の相関関係があること, 圃場から採取した種子から溶出した溶液で細菌を培養したところ, 細菌数の増殖を確認した。以上のことから, *Pythium* 属といった低温下でも活動できる菌に対しての病害抵抗性が, 初冬直播きにおける品種間差に関係していることが考えられる。

品種や採種地による出芽率の変動要因を調査した結果, 無コーティング種子において, 種子休眠の影響が示唆され, 播種直前の種子の休眠程度(4日目の発芽率)と出芽率にばらつきはあるものの負に相関する傾向があり, 休眠が深い種子の集団は, 出芽率が高くなる傾向を確認した(図 2-13a, b)。この関係は, 姫田(1973)の報告と合致した。実際, 休眠打破処理(50°C, 7日間の乾熱処理, 「ひとめぼれ」)を行った種子では, 初冬直播き栽培での出芽率が低下することが報告されており(及川ら 2021), 本研究の結果を支持した。種子の休眠程度が初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響については, 大平・佐々木(2011)が広島県で実施した試験において, 休眠が浅い種子は播種直後に発芽してしまい越冬前に枯死することを報告している。しかし,

本研究を実施した岩手県の11月播種では地温10℃以下と十分に低く(図2-1), 越冬前に発芽して枯死した種子は観察できなかった。試験1から得られた種子休眠と出芽率の負に相関する傾向は, キヒゲンコーティングした種子ではみられなかった(図2-13c)。しかし, 試験2は供試した品種数が13と試験1よりも品種数が少なく, 試験も1年しか行っておらず, 年次変動の再現性もみていない。そのため, キヒゲンコーティングした種子の出芽率と種子休眠性については本研究よりも品種を増やし検証する必要がある。また, 発芽試験の結果から, キヒゲンが種子の生理活性に影響はみられなかった(付表4)。

初冬直播き栽培に関与する品種特性として, 姫田(1973)は籾殻の物理的な保護効果にも着目し, 籾殻の切除が越冬性を低下させたこと, 品種による籾の形態の関与を示唆した。そこで種子の形態を調査した。出芽率が低い品種は玄米の長さや厚みが大きく, 千粒重が重い傾向がみられた。これらの結果から, 玄米の形態および種子の重さといった種子の形態が関与している可能性が示唆された。ここで, 出芽率が低く, 種子の形態が大きい「べこあおば」についてみていく。「べこあおば」は収穫の際に落ちた種子の多くが直ちに発芽し寒さで枯死するため越冬性が低いことが報告されている(千葉県 2013)。秋田県「べこあおば」は他の品種に比べ休眠性が低く(4日目の発芽率が高い(24%, 付表3)), 本研究でも「べこあおば」は越冬前に枯死した可能性が示唆された。

以上のことから, 初冬直播きの出芽率への変動要因としては, 種子休眠と種子の形態(玄米の形態および籾の千粒重)が可能性として考えられた。今後は変動要因について解明する上で病害抵抗性や種子の休眠程度に加えて籾からの糖の溶出程度など, 初冬直播きの出芽率に影響を与えることが予想される特性について総合的に検討していく。

採種地の影響

採種地の環境が初冬直播きの出芽率に与える影響について評価を行った結果, 同一品種であっても採種地により出芽率に変動が認められた(図2-2, 表2-5)。これまで, 登熟期の気温などの環境の違いが休眠程度に及ぼす影響については多数の報告があるが(池橋 1967, 林・姫野

1974, 林・日高 1979), 採種地の環境の違いが初冬直播きでの出芽率に影響する点については報告例がなく, 本報告が初めてとなる. 試験 2 において全 11 カ所で同一品種を採種した試験において, 休眠程度の指標である 4 日目の発芽率には大きな品種間差が認められ, 登熟期の気温の関与の可能性(表 2-6, 図 2-15)が示唆された. これは池橋(1967), 林・姫野(1974), 林・日高ら(1979)の報告と合致した. 姫田(1973)は異なる播種時期で育成することで, 採種する個体が経験する環境を変化させたところ, より高温条件で登熟した種子の休眠性が高まり, 深い休眠程度を示す種子が初冬直播きでの出芽率が高いことを示した. これら知見は, 初冬直播き用の種子の採種において, 実際に栽培する地域より登熟期の気温が高い地域での採種や移植時期を調整することで種子の休眠程度を高め, 初冬直播きにおける出芽率の向上につながることを示唆する.

第3章 初冬直播き栽培に関する遺伝子の探索

3-1. はじめに

第2章の結果から、初冬直播き栽培における越冬後の出芽率は品種と採種地の組み合わせの影響を受けていることが明らかになり(図 2-2), 変動要因の一つとして種子休眠があることが示唆された(図 2-13). 種子休眠とは、健康な種子が発芽に最適な条件下でも発芽をしない状態と定義されており(Bewley 1997), ABA および GA などの植物ホルモンなどによって複雑に制御されている. シロイヌナズナにおいては「*DOG1*」, 「*PP2C*」, 「*SnRK2*」といった遺伝子が種子休眠を制御する ABA のシグナル伝達に関わっていることが明らかになっている(Nonogaki 2018).

イネゲノム全塩基配列解読プロジェクトは 1998 年から 2004 年にかけて行われ、イネゲノムサイズの約 390 Mb の 99.9% が解読されており、約 40000 個の遺伝子がイネに存在していることが明らかになった. これらの遺伝子を網羅的に解析する方法としては、次世代シーケンサーを用いた RNA-seq (RNA-sequencing) による解析が挙げられ、遺伝子の発現定量だけでなく、新たな遺伝子や non-coding RNA の発見なども可能な技術である. Xie ら(2019) は RNA-seq を用いて吸水後 48 時間での発現変動遺伝子について解析しており、種子休眠の制御に関する遺伝子を探索し、3 つの遺伝子を候補遺伝子の可能性があるとして挙げた. ただし、イネにおいては、吸水後 48 時間よりも前の段階での休眠打破によって発現変動した遺伝子についての網羅的な解析をした報告はなく、種子休眠の制御については不明瞭である.

本章では、種子休眠に着目し、初冬直播きでの品種と採種地が与える影響を評価する分子生物学的なマーカーを探索するために、休眠を有する「ひとめぼれ」の種子に休眠打破し、浸種初期の発芽前の吸水 0~48 時間に転写される mRNA を RNA-seq により網羅的に解析した. RNA-seq により発現変動が明らかになった遺伝子を評価し、リアルタイム PCR を用いて種子休眠の制御に関与する候補遺伝子の探索を行なった. その後は、種子休眠に関する候補遺伝子と越冬後の出芽率が異なる 5 品種を用いて初冬直播きでの品種と採種地が与える影響を評価する分子生物学

的なマーカーになるかを検討した。また、休眠打破が種子の脂質にどう影響を与えるのかについて、休眠打破処理した種子と1年間保存し休眠から覚醒した種子を用いて解析を行なった。

3-2. 材料と方法

供試品種

種子休眠に関与する遺伝子について網羅的に解析するために、2021年に採種した「ひとめぼれ」の種子を使用した。2022年に採種した「あきたこまち」、「ななつぼし」、「コシヒカリ」、「ひとめぼれ」、「萌えみのり」の種子を使用し、休眠打破処理で発現量が変動した遺伝子における品種間の違いをみた。これらの品種は、岩手大学の水田圃場で栽培した。採種後は、岩手大学作物研究室内のグロースキャビネット(カスタム製品, 80cm×150cm×115cm, 有限会社アキツ計測, 東京)の中で籾の含水率が15%を下回るまで30℃の条件で乾燥させた。含水率の確認には、米麦水分計ライスタ f2(株式会社エー・アンド・デイ, 東京)をした。乾燥後は、手で脱芒、種子精選機(PSS販売(株), 宮城)を用いて風選を行った。調整後の種子はチャック付きのポリ袋(株式会社生産日本社, 東京)に入れ、-30℃に設定した保冷库(型式 KGT-4010HC, 日本フリーザー株式会社, 東京)で保管した。

休眠打破処理

種子を恒温箱(50℃, ヤマト科学株式会社, 東京)内に7日間静置し休眠を打破した。取り出した種子は、種子休眠が打破されているか確認するために、発芽試験は鈴木ら(2022)の方法に従い発芽試験を行なった。ろ紙(No.2, アドバンテック東洋株式会社, 東京)を敷いたプラスチックシャーレ(直径90mm, 高さ15mm, SH90-15, AGCテクノグラス株式会社, 静岡)に種子を100粒配置し、滅菌純水15mLを加え、低温インキュベーター(25℃, LTE-510, 東京理化学器械株式会社, 東京)内に静置した。試験開始4日目に発芽種子を数えて取り除き、それらの合計から発芽率(%)を算出した。発芽は籾から幼根が確認できた時点を指す。本研究では鈴木らに従い、4日目の発芽率を種子休眠の程度の指標とした。また、Real-time PCRに使用した「ひとめぼれ」と「なな

つぼし」に関しては処理した種子の量が少なかったため発芽試験は行わず、「あきたこまち」、「コシヒカリ」と「萌えみのり」に対してのみ試験を行なった。

RNAの抽出

種子は浸種させる前(以下, 吸水0時間)のタイミングと滅菌した純水に浸種させ, 吸水 6 時間, 吸水 24 時間, 吸水 48 時間のタイミングで種子を取り出した。取り出した種子は直ちに液体窒素で凍結させ, 乳鉢と乳棒を用いて粉碎した。粉碎した種子は Fruit-mate for Plant (タカラバイオ株式会社, 滋賀), RNAiso Plus (タカラバイオ株式会社, 滋賀) と NucleoSpin RNA Plant (タカラバイオ株式会社, 滋賀) を用いて抽出を行った。抽出した RNA の濃度と純度の確認は, BioSpectrometer (Eppendorf 社製, ドイツ) を用いて行った。

RNA-seq 解析

抽出した total RNA は濃度を 200ng/ μ L になるように調整し, RNA-seq 解析 (一般社団法人クロックミクス, 大阪) を行った。解析により得られたデータは, FPKM (fragments per kilobase of exon per million reads mapped) に変換したのち, 各吸水時間で発現量を比較した。遺伝子の発現量は遺伝子ごとに大きく異なるため, FPKM の平均値を算出し, その数値を対数 $\log_2(\text{平均値} + 1)$ と変換した。遺伝子が発現している遺伝子のみを選別するために, $\log_2(\text{平均値} + 1) > 2$ となる遺伝子以外は発現していないとして除外した。発現が確認された遺伝子は, 処理によって発現量が変動しているのかを評価する目的で BH 法を使用した (Benjamini and Hochberg 1995, 堀内・松岡 2006)。この時, FDR (False Discovery Rate) = 0.05 とし, t 検定で得られた p 値を q 値に変換し, FDR > q である遺伝子が有意な差がある発現変動遺伝子 (DEG) とした。これらの統計解析は Excel 統計を用いて行った。

Gene Ontology 解析 (GO 解析)

GO 解析は agriGO (<http://systemsbiology.cau.edu.cn/agriGOv2/>) により行い、有意な差がみられた DEG に GO term を付与した。設定は Species:Oryza sativa japonica, Type:Plant GO slim, Version:2010, Background/Reference:MSU7.0 gene ID (TIGR) とした。

cDNA 合成

抽出した RNA を鋳型に逆転写し、cDNA を合成した。合成には Rever Tra Ace™ qPCR RT Master Mix (東洋紡製, 大阪) を用いて RNA 1 μ g から 10 μ L の cDNA を合成した。cDNA は岩手大学作物研究室内の -30°C に設定した冷凍庫 (型式 MDF-MU500H-PJ, PHC ホールディングス株式会社, 東京) に保管した。

Real-time PCR での定量

合成した cDNA を用いて、休眠打破により変動した遺伝子の発現量解析を Real-time PCR により行った。はじめに、THUNDERBIRD® SYBR® qPCR Mix (東洋紡製, 大阪) を 5 μ L, 滅菌水 3.65 μ L, 解析した遺伝子のプライマー 0.4 μ L を混和した。混和液は、96-well プレート (Hard-shell PCR Plate 96-wells, Bio-Rad Laboratories 製, アメリカ) または 8 連チューブ (Low-Profile PCR Tubes 8-tube strip, white, Bio-Rad Laboratories 製, アメリカ) に分注し、そこに cDNA を 1 μ L 分注し、合計液量を 10 μ L とした。96-well プレートの場合はシーリングとスピンドウン、8 連チューブの場合はスピンドウンのみを行い、リアルタイム PCR 装置 (CFX Connect™ Real-Time System, Bio-Rad Laboratories 製, アメリカ) にセットした。リアルタイム PCR 装置を使用する際の設定は 95°C を 20 秒, 95°C を 3 秒, 60°C を 30 秒の 40 反復とした。内部標準として TATA 結合タンパク質 (TBP) を使用した。

種子休眠に関与する候補遺伝子の選定

種子休眠に関与する候補遺伝子を選定方法について図 3-1 に示した。はじめに休眠が打破した「ひとめぼれ」種子を用いて遺伝子の網羅的解析 (本実験では RNA-seq) を行った。そのデータ

を使い発現量の変動した遺伝子を比較し、候補遺伝子を選定した。候補遺伝子に対し、リアルタイム PCR で「ひとめぼれ」2 種類 (RNA-seq に使用した 2021 年産, 新しく採種した 2022 年産) を用い発現量の変動について検証した。ここで、発現量が同じように変動していない遺伝子は候補遺伝子から除外した。さらにリアルタイム PCR を用いて、候補遺伝子に関して品種間 (品種数: 5) で発現量の変動を比較した。その後、種子の休眠程度の指標とした 4 日目の発芽率と候補遺伝子の発現量の変動について比較し、候補遺伝子について選定した。

初冬直播き栽培における出芽率と候補遺伝子の発現変動の比較

この候補遺伝子の発現変動と越冬後の出芽率を比較し、初冬直播き栽培に関与する候補遺伝子になるかを検討した。この時に使用した出芽率のデータは、第 2 章の試験 2 で計測した無処理とキヒゲンコーティングの出芽率のデータを使用した。使用した品種は、発現変動をみた 5 品種である。

脂質の解析

脂質を解析するために、吸水時間 0 時間の種子を粉砕して作成したサンプルの総脂質を Bligh & Dyer 法で抽出した。抽出した総脂質は窒素乾固で濃縮し、TLC により分画した。この時の展開溶液はヘキサン: ジエチル: ギ酸 = 21ml: 14ml: 0.15ml のものを作成し使用した。分画した脂質は中性脂質以外をかき取った。そこにクロロホルムを 1mL 入れて混和し、遠心分離 (400rpm, 4°C, 15 分) で脂質だけを回収した。回収した脂質は、LC/MS 測定にかけて分子量について解析した。なお供試品種は、2021 年に収穫し 4°C に 1 年間保存した「ひとめぼれ」と 2022 年に収穫した「ひとめぼれ」とし、反復数は 3 とした。

統計解析

本実験の BH 法および t 検定は Excel で行ない、t 検定に関して Excel 統計を使用した。

3-3. 結果

種子休眠の打破で発現量が変動した遺伝子の網羅的解析 (RNA-seq 解析)

解析に使用した「ひとめぼれ」の発芽率は(図 3-2), 吸水後 2 日目で, 無処理 0%, 休眠打破 1%と差はみられなかったが, 吸水後 4 日目では無処理 3%, 休眠打破 98%と差がみられた. また, 無処理および休眠打破ともに最終的には発芽率は 99%以上であったことから, 乾熱による休眠打破処理は正しく行われたことが確認できた.

吸水時間ごとに発現した遺伝子数についてみた(表 3-1). 吸水 0 時間において, 無処理区と処理区で共通して発現した遺伝子が 9590, 無処理区のみ発現した遺伝子が 318, 処理区のみ発現した遺伝子は 632 と, 合計で無処理 9908, 処理区 10222 の遺伝子の発現が確認された. 吸水 6 時間においては, 2 処理区で共通して発現した遺伝子が 9032, 無処理区のみ発現した遺伝子が 282, 処理区のみ発現した遺伝子は 1086 と, 合計で無処理は 9314, 処理区で 10118 の遺伝子が発現した. 吸水 24 時間においては, 2 処理区で共通して発現した遺伝子が 11055, 無処理区のみ発現した遺伝子が 325, 処理区のみ発現した遺伝子は 1510 と, 合計で無処理は 11380, 処理区で 12565 の遺伝子が発現した. 吸水 48 時間においては, 無処理区と処理区で共通して発現した遺伝子が 10593, 無処理区のみ発現した遺伝子が 423, 処理区のみ発現した遺伝子は 1945 と, 合計で無処理は 11016, 処理区で 12538 の遺伝子の発現しており, 全ての吸水時間, 処理区で約 10000 の遺伝子が発現していることが確認された. 次に休眠打破処理による発現変動遺伝子 (DEG) について吸水時間ごとにみた.

吸水 0 時間においては, upregulation した遺伝子数は 28, downregulation した遺伝子は 0 であった(図 3-3(a)). 吸水 0 時間においては処理によって downregulation した遺伝子は確認されなかったため, Upregulation した遺伝子について種子休眠に関係する候補遺伝子とした(表 3-2). その中には発現した遺伝子のストレス応答に関係している遺伝子(「*OsAdc2*」「*PR-10b*」等)やデンプン合成に関係している遺伝子(「*OsSSIIIa*」「*OsSSI*」)などが休眠打破処理によって増加していることがわかった. また, これらの候補遺伝子に対してどのような役割があるのかを明らかにするため

に GO 解析をした結果, 遺伝子産物が細胞構造の位置などを示す Cellular component でのみ有意な GO term が 19 の遺伝子に付与された(図 3-4). その中で plastid に 11 遺伝子, mitochondrion に 3 遺伝子が存在していた.

吸水 6 時間において, 処理によって upregulation した遺伝子数は 359, downregulation した遺伝子は 74 であった(図 3-3(b)). これらの発現変動した遺伝子を候補遺伝子として, それぞれについてみていく. Upregulation した遺伝子については, 処理によって発現量の増加率が 2 を超えていた遺伝子の中には熱ショックタンパク質の「Os12g0569700」やジベレリンの負の調整にかかわる「Os08g0504700」が含まれていた(表 3-3). また, GO 解析の結果をしたところ, 候補となる遺伝子 359 のうち, Molecular Function(分子レベルの活動を意味する)において 7 つの遺伝子に term が付与され, Cellular component においては 240 の遺伝子に term が付与された(表 3-4)が, 生理的役割(Biological Process)の term に含まれる遺伝子はなかった. Downregulation した遺伝子では, GO 解析をしたところ, 候補となる 74 遺伝子のうち 5 遺伝子で生理的役割(Biological Process)を付与された(表 3-4). その遺伝子について詳しくみたところ, これらの遺伝子(「Os07g0214300」, 「Os07g0214100」, 「Os07g0215500」, 「Os07g0213800」, 「Os07g0214600」)は外部刺激に対する反応に関係しており, serine-type endopeptidase inhibitor activity(GO:0004867)の役割を持っていた. また, 「Os07g0214300」, 「Os07g0214100」, 「Os07g0215500」, 「Os07g0214600」に関しては α -amylase/trypsin inhibitor の遺伝子ファミリーであることが明らかになっている(Alvarez ら 1995). 処理によって発現量が 1/2 より小さくなった遺伝子の中には種子休眠に関係している「Os01g0699100」が含まれていた(表 3-5).

吸水 24 時間において, upregulation した遺伝子数は 330, downregulation した遺伝子は 144 であった(図 3-3(c)). これらの発現変動した遺伝子を候補遺伝子として, それぞれについてみていく. Upregulation した遺伝子に対し GO 解析した結果, これらは「localization」「establishment of localization」「transport」「carbohydrate metabolic process」「generation of precursor metabolites and energy」の Biological process の GO term が付与された(表 3-6). その中には α -amylase3D

をコードしている「Os08g0473900」が含まれていた。処理によって発現量が 2 倍より多くなっていた遺伝子の中には、発芽に関係する α -amylase3D をコードしている「Os08g0473900」やストレス応答に関係する遺伝子が含まれていた(表 3-7)。次に Downregulation した遺伝子に対し GO 解析した結果、144 個の遺伝子のうち 14 個の遺伝子が Biological process の GO term が付与された(表 3-6)。処理によって発現量が 1/2 より減少した候補遺伝子の中には熱ショックタンパク質、アクアポリン(「*OsPIP1-2*」), Amylase の調整に関係する遺伝子(「*OsMYBS2*」)が含まれていた(表 3-8)。

吸水 48 時間において、upregulation した遺伝子数は 4682, downregulation した遺伝子は 906 であった(図 3-3(d))。これらの遺伝子に関して GO 解析をし、そこで Biological process に分類された GO term についてみた。upregulation した遺伝子 4682 個の中には「response to biotic stimulus」, 「response to abiotic stimulus」, 「catabolic process」, 「transport」, 「translation」, 「generation of precursor metabolites and energy」, 「cellular amino acid and derivative metabolic process」, 「cell cycle」, 「signal transduction」, 「regulation of biological quality」および「multicellular organismal process」の GO term が付与されていた(表 3-9)。これらの遺伝子の中には α -amylase に関連する遺伝子が含まれていた。処理によって発現量が 2 倍大きくなった候補遺伝子上位 100 の中には「Os09g0457800」「Os02g0765600」の α -amylase に関係する遺伝子や「Os07g0448400」「Os07g0448100」「Os02g0823100」のアクアポリンに関係する遺伝子が含まれていた(表 3-10)。Downregulation した遺伝子 906 の中には、「multicellular organismal process」, 「response to external stimulus」, 「response to endogenous stimulus」の GO term が付与され、これらには α -amylase/trypsin inhibitor の遺伝子ファミリー(「Os07g0214300」「Os07g0214100」)が含まれていた。処理によって発現量が 1/2 より小さくなった上位 100 遺伝子の中には、胚乳に特異的存在する遺伝子(「Os03g0793700」「Os07g0298900」「Os08g0127900」「Os03g0663800」)が含まれていた。

候補遺伝子の探索

RNA-seq の結果から、発芽前(吸水 0~24 時間)でも遺伝子は発現変動していることが明らかになった。本実験では発現変動していた 5911 遺伝子の中から、各吸水時間で大きく発現変動している遺伝子および初冬直播き栽培の出芽率の変動要因のひとつと示唆されている種子休眠に関係している遺伝子(GA, 発芽などに関係していることが報告されている遺伝子)の中から、計 11 遺伝子を候補遺伝子として選定した(表 3-13)。

はじめに、これらの遺伝子に関して、RNA-seq に使用した「ひとめぼれ」の total RNA(以下、RNA-seq)と新たに抽出した「ひとめぼれ」total RNA(以下、qPCR)を用いて遺伝子の発現変動を比較した(図 3-6)。吸水 0 時間では病気抵抗性に関係する「*PR-10b*」(図 3-6(a))、吸水 6 時間は、GA の調整に関わる遺伝子「*DOG*」、糖の刺激に応答する「*OsSUR1*」、種子休眠を制御が示唆されている「*OsMPKKK63*」、alpha-amylase/trypsin inhibitor の「*RA5B*」(図 3-6(b))、吸水 24 時間では発芽に関係する「*AMY1*」と「*AMY3D*」(図 3-6(c))の計 7 遺伝子が RNA-seq と qPCR で同じ発現変動であった。他の候補遺伝子に関しては同じ発現変動を示さなかったため、本実験では候補遺伝子から除外し、候補遺伝子は 11 から 7 に減少した。

次に、これら 7 つの遺伝子の発現変動について品種間で比較した(図 3-7)。休眠打破処理による発現変動率は以下の通りとなった。吸水 0 時間での「*PR-10b*」は 0.44 から 1.59 と品種によって発現変動は異なっていた(図 3-7a)。吸水 6 時間では、「*OsSUR1*」は 1.47 から 25.5 と全ての品種で増加傾向にあり(図 3-7c)、「*RA5B*」は 0.16 から 0.61、「*OsMPKKK63*」は 0.15 から 0.70 と全ての品種で減少傾向にあった(図 3-7b, e)。「*DOG*」では、ひとめぼれ 1.88, 他品種 0.76 から 0.91 とひとめぼれと他品種で発現変動の動きが異なっていた(図 3-7d)。吸水 24 時間における「*AMY3D*」は 4.47 から 29.9、「*AMY1*」は 3.15 から 9.17 と処理によって有意に増加していた(図 3-7f, g)。

候補遺伝子と発芽率・越冬後の出芽率との相関関係

候補遺伝子の発現変動と出芽率と発芽率の間にどのような関係があるのかを解析するために、第 2 章の試験 2 の出芽率と発芽率のデータを使用し(表 3-14)、候補遺伝子と比較した。4 日目の

発芽率との相関係数は、「*PR-10b*」: $r=-0.46$, 「*OsSURI*」: $r=-0.52$ と発芽率が高いと発現変動が低くなる傾向がみられた(図 3-8). 「*PR-10b*」は, 7 日目の発芽率は $r=-0.46$ と 4 日目と同じ傾向であったが, 14 日目の発芽率では $r=-0.05$ と傾向はみられなかった. 「*OsSURI*」に関しては 7 日目 $r=-0.50$ (図 3-9c), 14 日目 $r=-0.80$ (図 3-10c)と同じような傾向みられた. 7 日目発芽率と遺伝子の発現変動を比較したところ, 「*OsMPKKK63*」は $r=0.57$ と発芽率と発現変動に正の相関傾向がみられ(図 3-9e), この傾向は 14 日目の発芽率でもみられた(図 3-10e).

休眠打破処理よる変化率と発現変動について 4 日目の発芽率を用いて比較した(図 3-11). 「*PR-10b*」, 「*OsSURI*」, 「*AMY3D*」, 「*AMY1*」は, それぞれ相関係数 r が 0.47, 0.47, 0.46, 0.54 と, これらの遺伝子の発現変動が増加すると休眠打破による変化率も増加する傾向にあった(図 3-13a, c, f, g). 候補遺伝子の発現変動と初冬直播きの出芽率(無コーティング, キヒゲンコーティング)で比較したところ, 無コーティング条件で「*OsSURI*」 $r=-0.31$, 「*DOG*」 $r=-0.52$, キヒゲンコーティング条件で「*OsSURI*」 $r=-0.35$, 「*DOG*」 $r=-0.36$ と出芽率との間に負の傾向がみられた(図 3-12c, d, 図 3-13c, d). 遺伝子の発現変動と比較した発芽率・越冬後の出芽率の相関係数は 5% で有意なものはない.

脂質の解析

脂質解析に使用した種子の 4 日目の発芽率は, 無処理が 3% に対し, 休眠打破が 56%, 1 年保管した種子は 97% であった(付表 8). このことから, 休眠打破種子と保管種子は休眠から覚醒していることが明らかになった. 次に, これらの種子に関して脂質の解析を行なった. その結果, リン脂質が抽出される時間帯(RT6.57 と RT7.16~7.18)に抽出された 3 つの脂質が, 休眠の有無で脂質の量が異なっていた(付表 9). これらの大きさは RT6.57 に抽出された脂質は $m/z = 934$, RT7.16 に抽出された脂質は $m/z = 677, 694$ であった. また $m/z = 934$ の脂質は休眠打破した種子でのみ増加していた.

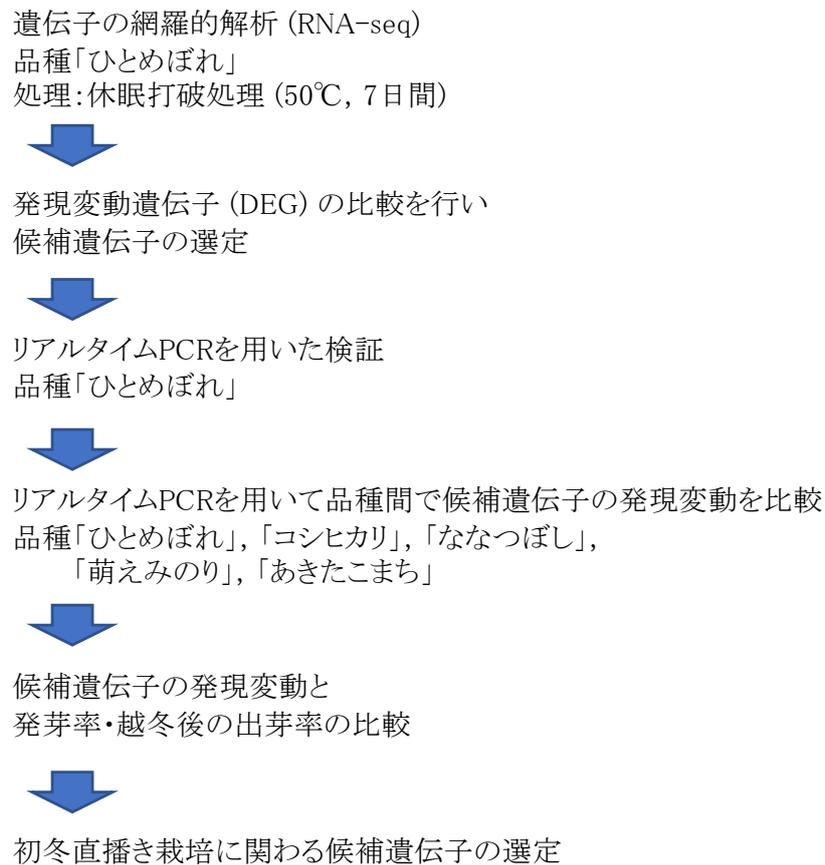


図3-1. 本実験で行った種子休眠の制御に関与する候補遺伝子の選定方法.

表3-1. RNA-seqによって発現が確認された遺伝子数.

処理時間	2処理区で 発現した 遺伝子数	無処理区でのみ 発現した 遺伝子数	無処理区で 発現した 遺伝子数	処理区でのみ 発現した 遺伝子数	処理区で 発現した 遺伝子
吸水0時間	9590	341	9931	632	10222
吸水6時間	9032	282	9314	1086	10118
吸水24時間	10936	505	11441	1096	12032
吸水48時間	10593	423	11016	1945	12538

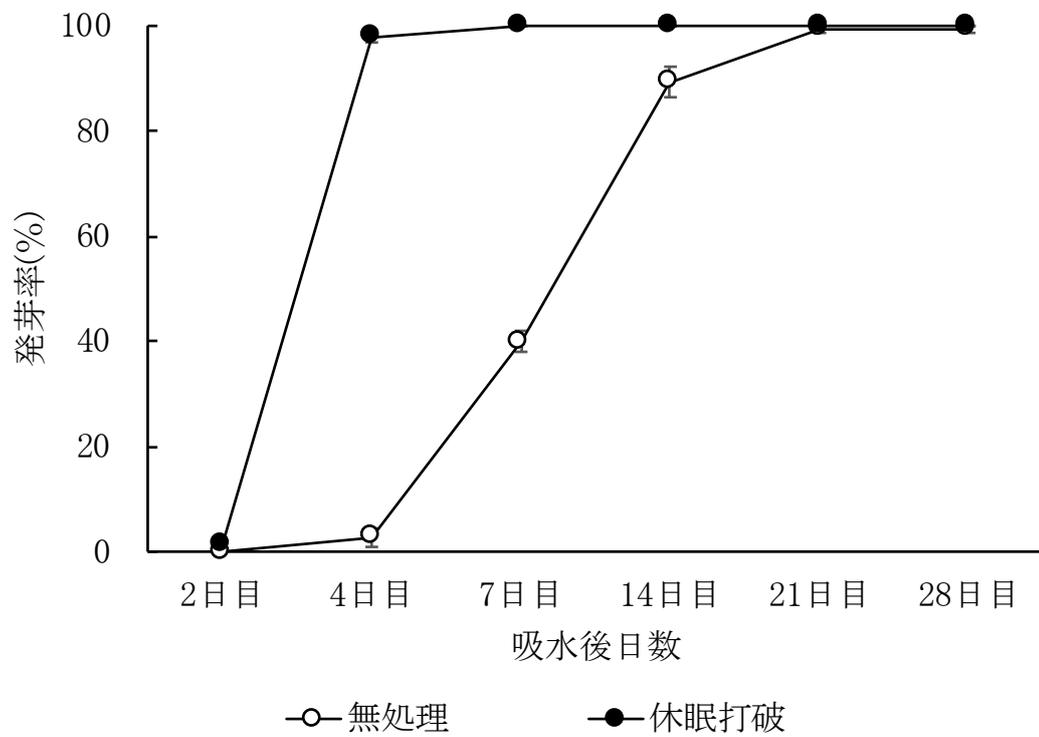


図3-2. RNA-seq解析に使用した「ひとめぼれ」の発芽率。
発芽数の計測は吸水後2日目から始めた。

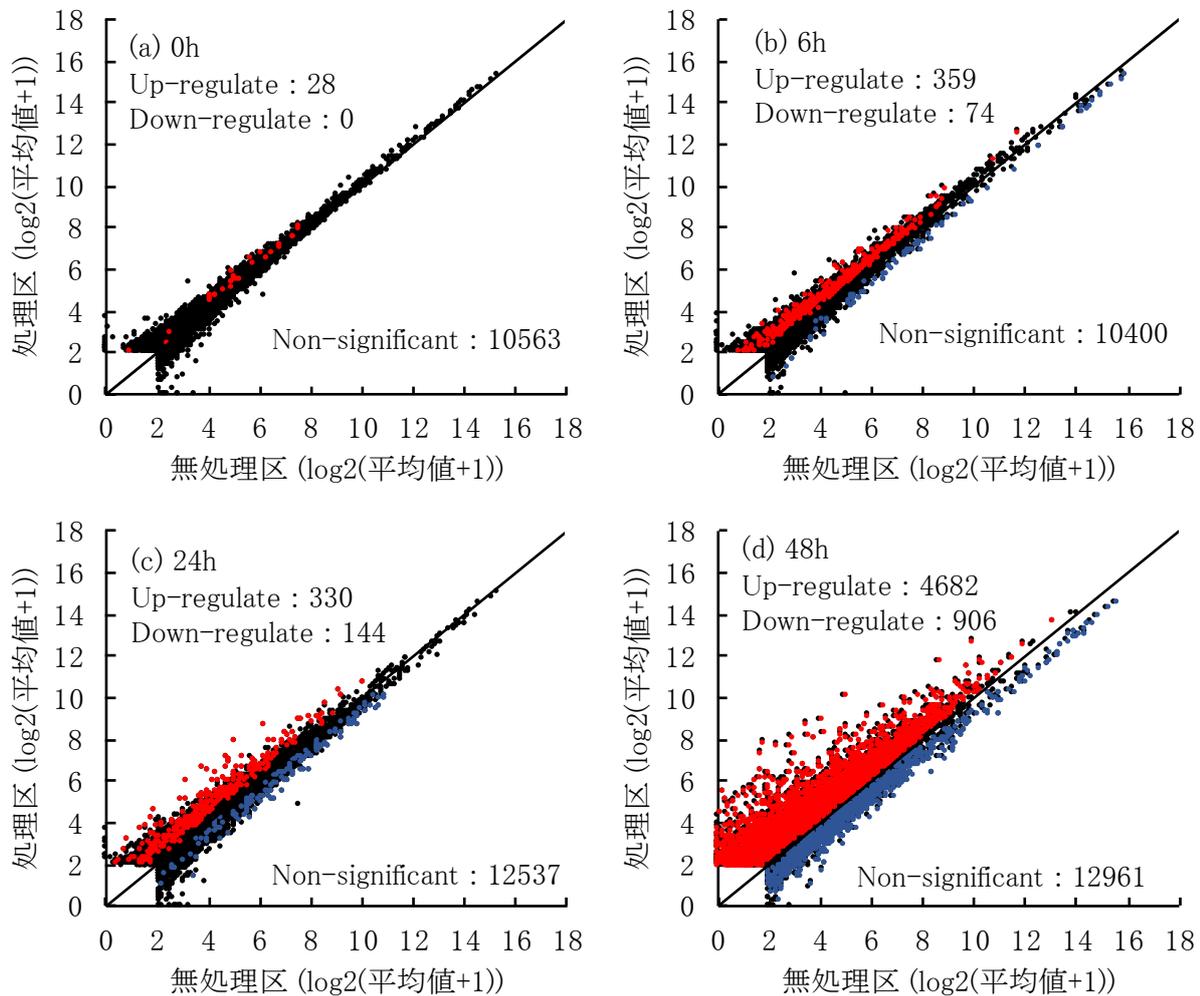


図3-3. 各吸水時間における休眠打破処理によって発現変動した遺伝子.

図中の0h, 6h, 24h, 48hは吸水後サンプリングした時間を示している.

図中のUp-regulate, Down-regulate, Non-significantは, それぞれ処理によりupregulatedした遺伝子, downregulatedした遺伝子, 有意な発現変動がみられなかった遺伝子を示す.

図中の赤いスポットは処理によりupregulatedした遺伝子, 青いスポットは処理によりdownregulatedした遺伝子, 白抜きスポットは有意な発現変動がみられなかった遺伝子を示す.

図中の実線は式 $y=x$ の直線となり, これは無処理区と処理区の発現量が1:1になる場合はこの直線上にあることを示している.

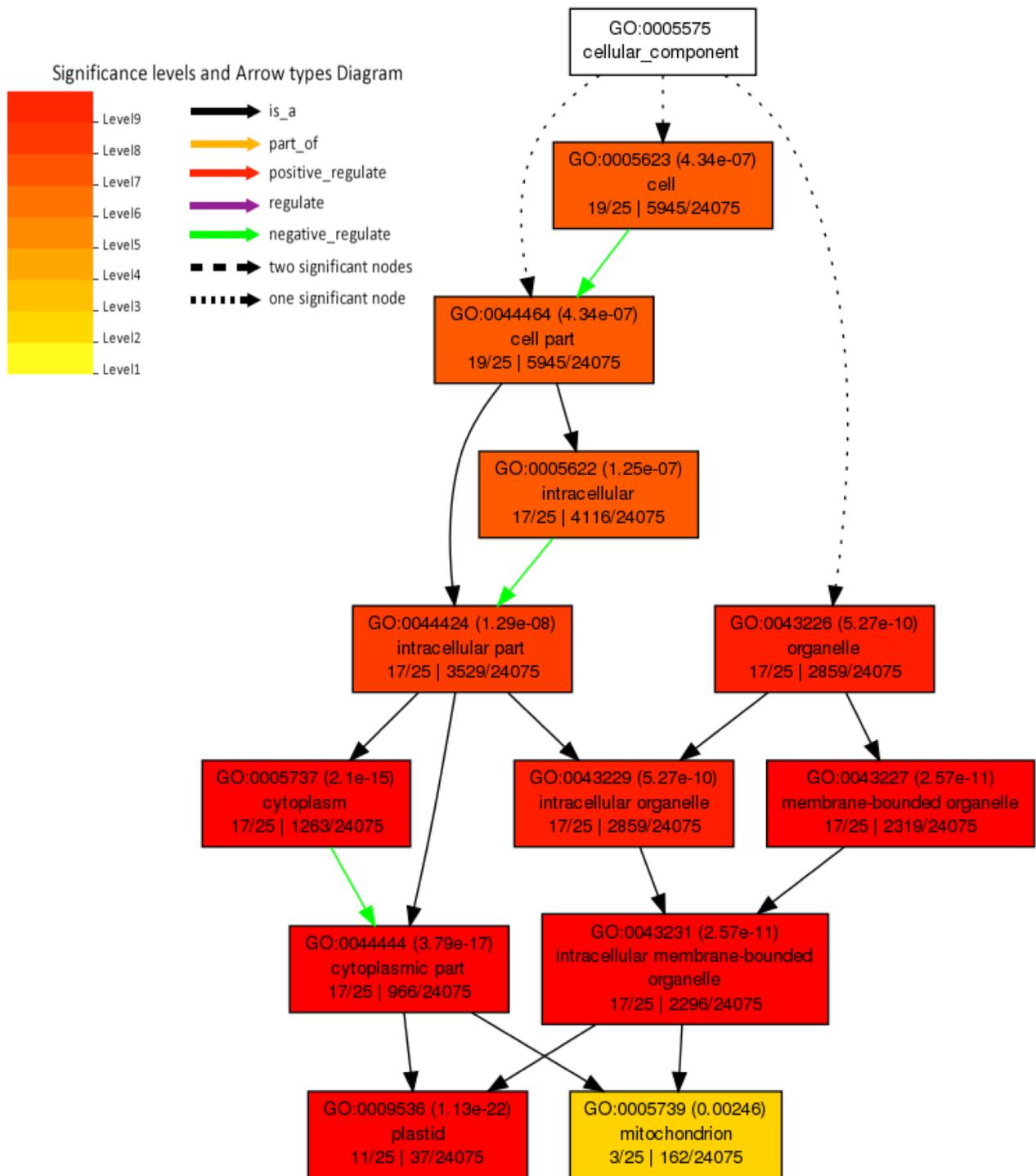


図3-4. 吸水0時間でupregulationした遺伝子のGO term.
色がついているボックスは有意なterm (FDR < 0.05) であり,
白いボックスは有意ではないtermを示す。

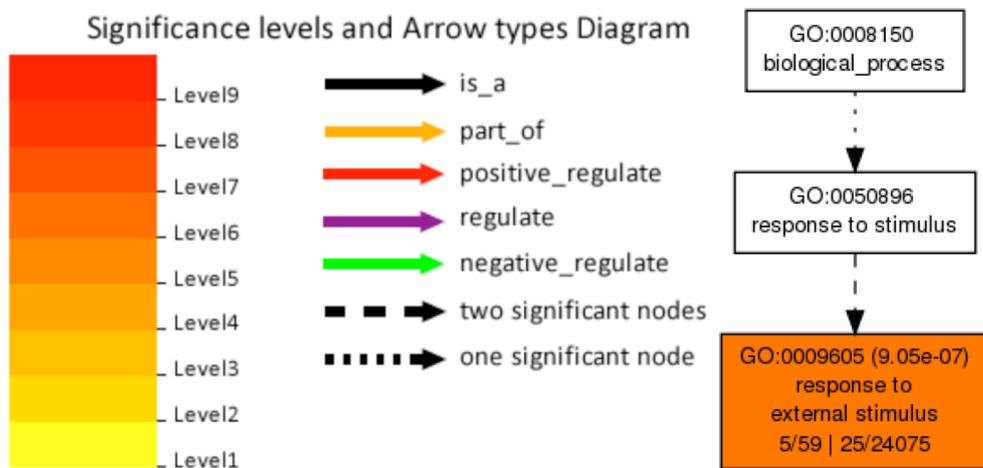


図3-5. 処理によってdownregulationした遺伝子のGO term(吸水6時間).
色がついているボックスは有意なterm (FDR < 0.05) であり,
白いボックスは有意ではないtermを示す.

表3-2. 吸水0時間の際にUp-regulateした遺伝子(処理による発現量の比率が大きい順に並べた).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os04g0107600	OsADC2	Arginine decarboxylase , Stress response	0.8 ±0.07	3.3 ±0.25	4.1	0.04
2	Os12g0555200	PR-10b	Pathogenesis-related protein PR-10b	27.4 ±1.48	58.1 ±2.49	2.1	0.04
3	Os08g0191433	OsSSIIIa	Starch synthase, Starch biosynthesis	44.7 ±3.50	92.5 ±3.01	2.1	0.04
4	Os03g0161800	Sip2A	Ac1-reductone-dioxygenase-like protein, Metabolism of methionine and ethylene in response to abiotic stresses	28.8 ±2.27	52.0 ±0.87	1.8	0.04
5	Os03g0271200		Similar to Chloroplastic outer envelope membrane protein (OEP75) precursor.	60.5 ±3.63	108 ±2.37	1.8	0.05
6	Os07g0148800		Conserved hypothetical protein.	14.9 ±0.50	25.3 ±1.05	1.7	0.04
7	Os08g0109200		Similar to S-glutathione dehydrogenase/ class III alcohol dehydrogenase.	4.1 ±0.07	6.8 ±0.24	1.6	0.04
8	Os04g0673300	OsRR6	A-type response regulator, Cytokinin signaling	14.7 ±0.87	23.5 ±0.30	1.6	0.05
9	Os01g0652600		Similar to Ketol-acid reductoisomerase, chloroplast precursor.	175 ±4.96	278 ±5.33	1.6	0.04
10	Os06g0548000		Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1).	27.0 ±1.06	42.2 ±1.23	1.6	0.04
11	Os01g0783200	OsDGK7	Similar to Diacylglycerol kinase.	17.2 ±0.72	26.6 ±0.27	1.5	0.05
12	Os02g0124800		Conserved hypothetical protein.	49.4 ±2.69	76.2 ±0.67	1.5	0.04
13	Os09g0465800		Legume lectin, beta domain domain containing protein.	17.5 ±0.47	26.7 ±0.84	1.5	0.03
14	Os01g0138900		Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme family protein.	29.5 ±1.39	43.7 ±0.91	1.5	0.05
15	Os10g0340301		Conserved hypothetical protein.	14.3 ±0.46	21.1 ±0.57	1.5	0.03
16	Os12g0225200		Conserved hypothetical protein.	27.8 ±0.86	40.2 ±0.84	1.4	0.04
17	Os05g0198700		Similar to REX1 DNA Repair family protein.	22.5 ±0.67	31.1 ±0.47	1.4	0.04
18	Os11g0637800		Similar to 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase PLS1.	34.0 ±1.30	46.5 ±0.16	1.4	0.04
19	Os12g0415800		Similar to Histone H3.	175 ±3.40	238 ±5.54	1.4	0.04
20	Os06g0160700	OsSSI	Starch synthase, Starch biosynthesis	32.6 ±0.88	44.0 ±0.94	1.3	0.04
21	Os10g0537500		Similar to Tobamovirus multiplication 3.	100 ±2.91	135 ±1.56	1.3	0.04
22	Os06g0665500	OsAAH	Peptidase M20 domain containing protein.	107 ±2.76	142 ±1.61	1.3	0.05
23	Os02g0324300		Protein of unknown function DUF572 family protein.	71.0 ±1.34	94.3 ±2.11	1.3	0.04
24	Os01g0124200	RBBI3-1	Bowman-Birk type trypsin inhibitor, Target of a fungal effector and an NLR receptor for innate immunity, Resistance to fungal pathogen M. oryzae	81.2 ±1.38	107 ±0.71	1.3	0.03
25	Os01g0803200	Oc1	Cysteine proteinase inhibitor-I (Oryzacystatin-I).	145 ±2.30	187 ±3.59	1.3	0.04
26	Os01g0607400	OsWD40-17	LEUNIG-like (LUGL) transcriptional regulator, Regulation of floral organ development	26.4 ±0.67	33.4 ±0.30	1.3	0.04
27	Os03g0577200		Similar to Mps one binder kinase activator-like 1A.	151 ±1.74	186 ±3.27	1.2	0.04
28	Os01g0851100		GDP-fucose protein O-fucosyltransferase domain containing protein.	3.8 ±0.07	4.7 ±0.08	1.2	0.05

表のControlは対照区, Treatmentは処理区の遺伝子発現量を示す.

T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す.

表3-3. 吸水6時間の際にUp-regulateした遺伝子
(処理による発現量の比率が大きい順に100遺伝子を並べた).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os03g0655100		Similar to Cupin, RmlC-type.	0.8 ±0.05	3.3 ±0.32	4.3	0.03
2	Os01g0736100	OsUGT706C1	UDP-glucuronosyl/ UDP-glucosyltransferase family protein.	2.5 ±0.51	8.9 ±0.66	3.6	0.03
3	Os01g0970700		Peptidase M48, Ste24p family protein.	1.2 ±0.49	4.4 ±0.20	3.5	0.04
4	Os05g0194500	ONAC085	Similar to ANAC075.	4.1 ±0.45	14.4 ±0.63	3.5	0.02
5	Os07g0635500	OsCYP709C5	Similar to Cytochrome P450.	1.7 ±0.23	5.6 ±0.39	3.3	0.03
6	Os10g0523700	ADT	Prephenate dehydratase domain containing protein.	1.9 ±0.32	6.0 ±0.60	3.2	0.04
7	Os03g0766600		Conserved hypothetical protein.	23.3 ±3.36	73.9 ±8.20	3.2	0.04
8	Os03g0768900		Hypothetical conserved gene.	1.9 ±0.51	5.9 ±0.50	3.1	0.04
9	Os05g0585700		Helix-turn-helix, AraC type, subdomain 2 domain containing protein.	1.2 ±0.20	3.5 ±0.28	3.0	0.03
10	Os07g0608800	OsRFP	Similar to Peroxisome assembly protein 10	1.1 ±0.29	3.3 ±0.27	3.0	0.04
11	Os09g0379900		Similar to Beta-glucan binding protein.	5.5 ±0.79	15.6 ±0.87	2.8	0.02
12	Os02g0209300		Hypothetical conserved gene.	45.3 ±4.45	121 ±8.17	2.7	0.03
13	Os01g0318202		Hypothetical gene.	2.6 ±0.32	7.0 ±0.72	2.7	0.04
14	Os01g0740700		Hypothetical protein.	15.7 ±0.83	41.7 ±0.63	2.7	0.00
15	Os12g0555200	PR-10b	Pathogenesis-related protein PR-10b	25.7 ±1.19	67.8 ±3.47	2.6	0.02
16	Os04g0650000	ocp	Similar to Oryzain alpha chain precursor (EC 3.4.22.-).	15.3 ±1.43	40.1 ±2.16	2.6	0.02
17	Os05g0588900		Similar to mitochondrial chaperone BCS1.	9.7 ±1.96	25.5 ±1.34	2.6	0.03
18	Os12g0174800	OsPP127	Protein-tyrosine phosphatase, receptor/non-receptor type domain containing protein.	1.2 ±0.18	3.1 ±0.24	2.6	0.04
19	Os02g0210700		Protein kinase, core domain containing protein.	2.8 ±0.47	7.3 ±0.34	2.6	0.03
20	Os05g0194900	PFK4	Similar to Pyrophosphate-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase-like protein.	29.7 ±1.88	75.1 ±0.47	2.5	0.00
21	Os07g0564200		Conserved hypothetical protein.	5.2 ±0.76	12.8 ±0.45	2.5	0.03
22	Os01g0923400		Hypothetical conserved gene.	2.2 ±0.26	5.4 ±0.52	2.5	0.04
23	Os09g0103100		Similar to predicted protein.	7.1 ±1.05	17.4 ±1.35	2.5	0.04
24	Os12g0569700	OsHsp23.7	Similar to Heat shock protein 70.	1.6 ±0.18	3.9 ±0.14	2.5	0.02
25	Os09g0483500		EF-Hand type domain containing protein.	44.1 ±5.07	108 ±10.1	2.4	0.04

表のControlは対照区, Treatmentは処理区の遺伝子発現量を示す. T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率 (処理による発現量の変化率), qはFDR値を示す.

表3-3. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os01g0794100		Conserved hypothetical protein.	11.4 ±1.20	27.5 ±2.47	2.4	0.04
27	Os06g0683700		Similar to wound induced protein.	48.9 ±3.44	118 ±7.89	2.4	0.03
28	Os08g0174900		Similar to CRS2-associated factor 2.	1.4 ±0.11	3.4 ±0.13	2.4	0.02
29	Os12g0555500	OsPR-10a	Pathogen resistance protein PBZ1, 17 kDa RNase, Disease resistance	101 ±8.13	235 ±11.0	2.3	0.02
30	Os03g0325600	OsWOX6	Homeodomain-like containing protein.	4.5 ±0.16	10.5 ±0.47	2.3	0.02
31	Os07g0109300		Similar to 3615.7.	2.2 ±0.21	5.2 ±0.28	2.3	0.03
32	Os09g0371700		Zinc finger, RING-type domain containing protein.	5.2 ±0.29	12.0 ±1.16	2.3	0.04
33	Os03g0620800		Similar to SEC1-family transport protein SLY1	2.1 ±0.17	4.8 ±0.25	2.3	0.03
34	Os03g0210050		Non-protein coding transcript.	5.9 ±0.74	13.3 ±1.16	2.3	0.05
35	Os06g0102700	OsPUB12	Similar to predicted protein.	3.2 ±0.62	7.2 ±0.39	2.2	0.05
36	Os08g0387050		Conserved hypothetical protein.	7.9 ±0.41	17.5 ±0.91	2.2	0.02
37	Os03g0133875		Conserved hypothetical protein.	320 ±58.4	708 ±14.2	2.2	0.04
38	Os05g0577800		Conserved hypothetical protein.	3.7 ±0.32	8.1 ±0.38	2.2	0.02
39	Os09g0570400	OsPT24	Major facilitator superfamily protein.	1.6 ±0.13	3.5 ±0.07	2.2	0.02
40	Os01g0609300	OsPDR9	PDR-type ABC transporter 9	2.9 ±0.18	6.3 ±0.31	2.2	0.02
41	Os10g0524400	OsPLDbeta1	Phospholipase D, Negative regulation of defense responses and disease resistance	5.7 ±0.29	12.1 ±0.75	2.1	0.03
42	Os01g0879400		Glycoside hydrolase, family 43 protein.	3.4 ±0.39	7.3 ±0.60	2.1	0.04
43	Os02g0173200	OsVQ5	VQ domain containing protein.	17.7 ±2.06	37.4 ±2.84	2.1	0.04
44	Os02g0697200		Conserved hypothetical protein.	19.1 ±1.48	40.3 ±2.34	2.1	0.03
45	Os05g0404300		Similar to AINc14C59G4370 protein.	7.1 ±0.86	14.9 ±1.20	2.1	0.05
46	Os03g0187600	OsGRAM	GRAM domain containing protein, Tolerance to abiotic stresses	28.7 ±1.37	60.1 ±2.41	2.1	0.02
47	Os02g0756032		Hypothetical conserved gene.	465 ±84.3	972 ±45.8	2.1	0.05
48	Os03g0293450		Hypothetical protein.	16.5 ±1.73	34.0 ±2.41	2.1	0.04
49	Os09g0482800	OsSUR1	Ca ²⁺ -binding protein	164 ±17.0	334 ±24.3	2.0	0.04
50	Os08g0504700	DOG	Gibberellin-induced A20/AN1 zinc-finger protein, Negative regulation of GA-mediated cell elongation	123 ±9.48	247 ±14.3	2.0	0.03

表3-3. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os09g0517700		Thioesterase superfamily domain containing protein.	7.3 ±0.62	14.6 ±0.63	2.0	0.03
52	Os12g0110100		Esterase/lipase/thioesterase domain containing protein.	2.2 ±0.19	4.5 ±0.08	2.0	0.02
53	Os01g0873100	OsATASE1	Similar to Amidophosphoribosyltransferase, chloroplast precursor.	5.9 ±0.66	11.8 ±0.70	2.0	0.04
54	Os05g0469600	OsPDC1	Pyruvate decarboxylase 1, Pyruvate decarboxylase beta3B-subunit	52.6 ±4.65	105 ±5.73	2.0	0.03
55	Os03g0402800	OsJAZ5	Similar to ZIM motif family protein, expressed.	8.3 ±0.64	16.3 ±0.78	2.0	0.03
56	Os07g0647900	OsRH57	DEAD-like helicase, N-terminal domain containing protein.	2.5 ±0.28	4.9 ±0.30	2.0	0.04
57	Os02g0181300	OsWRKY71	WRKY transcription factor, Defense response	12.7 ±0.90	24.9 ±0.72	2.0	0.02
58	Os08g0363000		Protein of unknown function DUF295 family protein.	2.2 ±0.25	4.3 ±0.26	2.0	0.04
59	Os08g0412700		Protein of unknown function DUF1262 family protein.	5.8 ±0.59	11.2 ±0.87	1.9	0.05
60	Os03g0818050		Hypothetical conserved gene.	179 ±11.9	348 ±14.6	1.9	0.02
61	Os08g0560600		Similar to nucleobase:cation symporter.	9.8 ±0.53	19.1 ±1.68	1.9	0.05
62	Os03g0343300		Small-subunit processome, Utp14 domain containing protein.	1.6 ±0.12	3.2 ±0.27	1.9	0.05
63	Os04g0612900		Vacuolar ATPase assembly integral membrane protein VMA21-like domain containing protein.	9.9 ±0.82	19.2 ±1.25	1.9	0.04
64	Os03g0807900		Chaperonin-like RbcX family protein.	10.2 ±0.54	19.7 ±1.75	1.9	0.05
65	Os01g0976600		Similar to Methyltransferase, UbiE/COQ5 family.	9.6 ±0.48	18.5 ±1.18	1.9	0.03
66	Os03g0130350		Similar to predicted protein.	375 ±51.0	725 ±39.7	1.9	0.05
67	Os08g0428100	OsFbox445	Hypothetical conserved gene.	7.1 ±0.74	13.6 ±0.93	1.9	0.04
68	Os10g0557800		Conserved hypothetical protein.	3.2 ±0.37	6.2 ±0.33	1.9	0.04
69	Os01g0276700		Similar to Pyruvate kinase, cytosolic isozyme (EC 2.7.1.40) (PK).	18.4 ±0.56	34.9 ±1.49	1.9	0.02
70	Os03g0231600	OsBCAT2	Branched-chain aminotransferase2, ¥ Branched-chain amino acid biosynthesis	5.7 ±0.63	10.8 ±0.49	1.9	0.04
71	Os07g0661300	OsUBP10	Similar to Ubiquitin-specific protease 24.	9.4 ±0.96	17.7 ±1.08	1.9	0.04
72	Os02g0327000	OsGAP1	C2 domain containing protein.	66.7 ±2.21	126 ±3.99	1.9	0.01
73	Os02g0748300	OsFbox109	Similar to VMP3 protein.	3.9 ±0.27	7.4 ±0.51	1.9	0.04
74	Os09g0536700	OsMFS5	Similar to predicted protein.	3.8 ±0.29	7.1 ±0.22	1.9	0.02
75	Os01g0135800		Similar to Cytosolic class I small heat shock protein 3B (Fragment).	5.2 ±0.70	9.8 ±0.52	1.9	0.05

表3-3. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
76	Os07g0687700	OsZIP63	Similar to Transcription factor HBP-1b(C38) (Fragment).	4.6 ±0.24	8.6 ±0.51	1.9	0.03
77	Os01g0875700	OsDJB2	Heat shock protein DnaJ family protein.	4.1 ±0.48	7.7 ±0.17	1.9	0.03
78	Os10g0419500	OsARD4	Acireductone dioxygenase, Promotion of crown/lateral root development, Modulation of the root growth pattern	12.9 ±0.86	24.0 ±1.36	1.9	0.03
79	Os06g0215900	OsOPR4	Similar to 12-oxophytodienoic acid reductase.	7.8 ±0.93	14.5 ±0.61	1.8	0.04
80	Os10g0389000	OsCML8	Centrin.	15.0 ±0.88	27.5 ±1.78	1.8	0.04
81	Os03g0218400	OsMST4	Monosaccharide transporter 4, Monosaccharides supply for seed development during the course of grain filling	6.6 ±0.40	12.1 ±0.82	1.8	0.04
82	Os05g0343400	OsWRKY53	WRKY transcription factor, Disease resistance, Defense response	11.6 ±1.11	21.2 ±1.20	1.8	0.04
83	Os07g0192000		ATPase, AAA-type, core domain containing protein.	10.8 ±0.66	19.7 ±0.79	1.8	0.03
84	Os01g0901200	RecA	Similar to RecA protein (Fragment).	6.4 ±0.62	11.5 ±0.72	1.8	0.05
85	Os05g0558800	OsNINJA1	Protein of unknown function DUF1675 family protein.	5.2 ±0.38	9.3 ±0.69	1.8	0.05
86	Os09g0332700	OsPDR20	Similar to PDR-type ABC transporter 2 (Fragment).	5.8 ±0.26	10.5 ±0.19	1.8	0.02
87	Os03g0823350		Conserved hypothetical protein.	3448 ±418	6226 ±247	1.8	0.04
88	Os09g0538400	MYB31	MYB transcription factor, Transcriptional repressor, Regulation of lignin biosynthesis, Secondary cell wall formation	8.8 ±0.69	15.9 ±0.76	1.8	0.03
89	Os03g0850400		Similar to Aspartokinase.	4.6 ±0.56	8.3 ±0.43	1.8	0.05
90	Os08g0339200		Uncharacterized conserved protein UCP016210 domain containing protein.	39.2 ±1.49	70.4 ±4.46	1.8	0.03
91	Os03g0802500		ATPase, AAA-type, core domain containing protein.	77.4 ±3.00	139 ±4.83	1.8	0.02
92	Os06g0667600		Similar to Glycine decarboxylase complex H-protein.	26.3 ±1.90	47.1 ±3.43	1.8	0.05
93	Os07g0249100		Pentatricopeptide repeat domain containing protein.	21.8 ±1.32	38.5 ±1.00	1.8	0.02
94	Os04g0175400		Conserved hypothetical protein.	33.1 ±2.56	58.4 ±3.73	1.8	0.04
95	Os06g0125200	OsFLZ18	FCS-like zinc finger (FLZ) protein 18, DUF domain containing protein, Flooding tolerance during germination	142 ±12.1	248 ±15.5	1.7	0.05
96	Os03g0207250	OsRPL51	Ribosomal protein/NADH dehydrogenase domain domain containing protein.	31.9 ±1.54	55.3 ±1.86	1.7	0.02
97	Os04g0249600	OsStr6	Similar to senescence-associated protein DIN1.	8.4 ±0.92	14.6 ±0.54	1.7	0.04
98	Os04g0485000	OsRpn7	26S proteasome 19S regulatory particle non-ATPase subunit 7	10.7 ±1.12	18.5 ±0.66	1.7	0.04
99	Os01g0866400	OsMOC2	Cytosolic fructose-1,6-bisphosphatase, Sucrose biosynthesis, Required for tiller bud outgrowth	13.1 ±0.87	22.5 ±0.79	1.7	0.03
100	Os01g0836800		Transmembrane receptor, eukaryota domain containing protein.	31.9 ±2.70	54.8 ±1.22	1.7	0.03

表3-4. 吸水6時間で発現変動遺伝子に対するGO解析.

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0008135	Molecular Function	translation factor activity, nucleic acid binding	7	75	7.60E-05	0.0062
GO:0044444		cytoplasmic part	188	966	1.10E-171	1.00E-169
GO:0005737		cytoplasm	194	1263	1.20E-160	5.50E-159
GO:0043231		intracellular membrane-bounded organelle	199	2296	3.10E-121	9.70E-120
GO:0043227		membrane-bounded organelle	199	2319	1.80E-120	4.40E-119
GO:0043226		organelle	208	2859	1.70E-114	2.80E-113
GO:0043229		intracellular organelle	208	2859	1.70E-114	2.80E-113
GO:0044424		intracellular part	221	3529	6.50E-112	8.90E-111
GO:0005622		intracellular	223	4116	8.70E-101	1.00E-99
GO:0005623	Cellular Component	cell	240	5945	8.30E-86	7.90E-85
GO:0044464		cell part	240	5945	8.30E-86	7.90E-85
GO:0005739		mitochondrion	63	162	1.50E-67	1.30E-66
GO:0032991		macromolecular complex	38	1207	3.80E-07	3.00E-06
GO:0005829		cytosol	7	34	7.00E-07	5.10E-06
GO:0005886		plasma membrane	5	44	0.00036	0.0025
GO:0030529		ribonucleoprotein complex	15	438	0.00064	0.0041
GO:0044428		nuclear part	6	97	0.0019	0.011
GO:0031967		organelle envelope	7	142	0.0028	0.016
GO:0016020		membrane	41	2115	0.0047	0.025
GO:0031975		envelope	7	167	0.0064	0.032

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0009605	Biological process	response to external stimulus	5	25	1.00E-08	9.00E-07
GO:0030234	Molecular Function	enzyme regulator activity	10	255	8.40E-10	1.20E-08
GO:0044444		cytoplasmic part	46	966	3.90E-52	1.90E-50
GO:0005737		cytoplasm	46	1263	5.70E-47	1.40E-45
GO:0043231		intracellular membrane-bounded	47	2296	5.60E-37	9.40E-36
GO:0043227		membrane-bounded organelle	47	2319	8.90E-37	1.10E-35
GO:0043229		intracellular organelle	47	2859	1.10E-32	9.40E-32
GO:0043226		organelle	47	2859	1.10E-32	9.40E-32
GO:0044424	Cellular Component	intracellular part	47	3529	1.40E-28	1.00E-27
GO:0005622		intracellular	48	4116	7.00E-27	4.30E-26
GO:0005623		cell	50	5945	5.10E-22	2.50E-21
GO:0044464		cell part	50	5945	5.10E-22	2.50E-21
GO:0009536		plastid	11	37	1.50E-19	6.60E-19
GO:0005615		extracellular space	5	8	9.30E-11	3.90E-10
GO:0044421		extracellular region part	5	12	4.40E-10	1.70E-09
GO:0005739		mitochondrion	8	162	8.40E-09	3.00E-08
GO:0005576		extracellular region	5	251	0.00041	0.0013

上図が処理によってupregulationした遺伝子に関するGO term,
 下図が処理によってdownregulationした遺伝子に関するGO termについて示す。
 これらのtermはFDR<0.05な有意なものである。

表3-5. 吸水6時間の際にDown-regulateした遺伝子
(処理による発現量の比率が小さい順に並べた).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os10g0531900	OsZIP78	Similar to BZIP-like protein.	3.4 ±0.32	0.8 ±0.28	0.22	0.04
2	Os04g0107600	OsADC2	Arginine decarboxylase , Stress response	5.4 ±0.44	1.6 ±0.46	0.29	0.04
3	Os11g0589600		Conserved hypothetical protein.	6.6 ±0.66	2.1 ±0.31	0.32	0.04
4	Os01g0143900		Conserved hypothetical protein.	16.8 ±0.37	6.4 ±1.67	0.38	0.04
5	Os01g0699100	OsMAPKKK63	MAP kinase kinase kinase, Salt stress response, Seed dormancy control	11.9 ±0.55	5.2 ±1.06	0.44	0.04
6	Os01g0925400	ONAC041	No apical meristem (NAM) protein domain containing protein.	11.8 ±0.75	5.4 ±0.85	0.46	0.04
7	Os02g0322400		Similar to NPKL2 (Fragment).	39.5 ±1.76	19.3 ±1.36	0.49	0.02
8	Os12g0548401		Similar to Proteinase inhibitor.	35.8 ±1.67	17.7 ±2.72	0.49	0.04
9	Os05g0562800		Similar to predicted protein.	46.3 ±3.03	23.0 ±2.19	0.50	0.04
10	Os01g0942300	OsEGL2	Endo-(1,3 3B1,4)-beta3B-glycanase	241 ±21.0	119 ±6.90	0.50	0.05
11	Os10g0472400		Similar to Thioredoxin.	11.3 ±0.53	5.7 ±0.75	0.50	0.04
12	Os07g0615500	OsEnS-110	Protein of unknown function DUF581 family protein. Homolog of Arabidopsis MOTHER	88.1 ±4.92	45.1 ±5.37	0.51	0.04
13	Os06g0498800	OsMFT1	OF FT AND TFL1, Regulation of heading and panicle architecture	326 ±22.1	170 ±12.9	0.52	0.04
14	Os01g0725900		Similar to arabinogalactan protein.	37.9 ±1.49	19.9 ±1.84	0.53	0.03
15	Os09g0322000	OsSTP14	Similar to PaMst-1.	18.5 ±1.15	10.0 ±0.16	0.54	0.03
16	Os07g0524200		Harpin-induced 1 domain containing protein.	18.9 ±0.83	10.2 ±0.70	0.54	0.03
17	Os02g0576400	OsEnS-39	Conserved hypothetical protein.	92.5 ±2.96	52.4 ±2.67	0.57	0.02
18	Os01g0580400	OsHAP5J	Histone-fold domain containing protein.	13.8 ±0.61	7.9 ±0.72	0.57	0.04
19	Os10g0464300		AWPM-19-like family protein.	3071 ±103	1751 ±125	0.57	0.03
20	Os07g0204400		Conserved hypothetical protein.	48.0 ±0.68	27.8 ±3.31	0.58	0.04
21	Os03g0794000	OsLTPG9, OsLTPg9	Plant lipid transfer protein/Par allergen family protein.	51.4 ±3.06	30.0 ±2.05	0.58	0.04
22	Os12g0269200	OsPRO13A.4	Similar to Prolamin precursor.	11517 ±561	6941 ±256	0.60	0.03
23	Os03g0601500	OsEnS-48	B12D family protein.	963.5 ±31.1	582 ±25.3	0.60	0.02
24	Os07g0215500	OsEnS-100	Allergenic protein.	23544 ±755	14278 ±682	0.61	0.02
25	Os01g0205900	prx2	Similar to Class III peroxidase GvPx2b (Fragment).	33.3 ±1.13	20.3 ±2.10	0.61	0.05

表のControlは対照区, Treatmentは処理区の遺伝子発現量を示す.

T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率 (処理による発現量の変化率), qはFDR値を示す.

表3-5. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os02g0248800	OsEnS-32	Similar to Glutelin type-B 2 precursor.	85.7 ±2.86	52.3 ±3.54	0.61	0.03
27	NA	NA	NA	64.7 ±2.15	39.5 ±3.77	0.61	0.04
28	Os12g0124500		ZF-HD homeobox protein Cys/His-rich dimerisation region domain containing protein.	264 ±7.52	161 ±7.29	0.61	0.02
29	Os06g0507100	OsEnS-87	Similar to Prolamin.	619 ±23.6	379 ±12.2	0.61	0.02
30	Os05g0559800	OsEnS-80	Conserved hypothetical protein.	232 ±11.9	143 ±7.51	0.62	0.04
31	Os07g0622400		Hypothetical protein.	72.3 ±3.18	45.1 ±2.38	0.62	0.03
32	Os06g0507200	OsEnS-88	Bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein/seed storage domain containing protein.	21520 ±243	13561 ±605	0.63	0.02
33	Os03g0331700	OsCML27	Similar to cDNA clone: 002-120-A09, full insert sequence.	125.5 ±4.36	79.2 ±4.06	0.63	0.03
34	Os07g0213600	OsEnS-95	Bifunctional inhibitor/plant lipid transfer protein/seed storage domain containing protein.	6118 ±117	3873 ±175	0.63	0.02
35	Os07g0219300	OsPRO13B.2	Prolamin precursor (13 kDa prolamin).	11239 ±533	7120 ±256	0.63	0.03
36	Os01g0194000		Hypothetical conserved gene.	17.8 ±0.50	11.3 ±0.91	0.64	0.04
37	Os12g0151000	OsPAP20b	Similar to Purple acid phosphatase.	106.6 ±5.85	68.1 ±4.28	0.64	0.05
38	Os07g0645000		Allergen V5/Tpx-1 related family protein.	33.0 ±0.55	21.1 ±1.80	0.64	0.04
39	Os02g0242600	OsGluBX	Similar to Glutelin.	1494 ±17	957 ±32.5	0.64	0.01
40	Os11g0128300	OsMIF1	Mini zinc finger protein, A member of the ZF-HD (zinc finger-homeodomain) family, Negative regulation of deep sowing tolerance, Mesocotyl elongation	190 ±9.40	122 ±7.86	0.64	0.04
41	Os06g0207200		Conserved hypothetical protein.	188 ±7.88	122 ±7.14	0.65	0.04
42	Os07g0214300	RA14, OsEnS-98	16-kDa alpha-amylase/trypsin inhibitor, Seed storage protein, Allergen protein, Regulation of grain weight and seed quality	56719 ±1574	36838 ±1746	0.65	0.03
43	Os07g0214100	RA17, OsEnS-97	Seed allergenic protein RA17 precursor.	18518 ±519	12042 ±619	0.65	0.03
44	Os01g0663400	OsAP10	Similar to Aspartic proteinase oryzasin 1 precursor (EC 3.4.23.-).	37.2 ±1.73	24.2 ±1.43	0.65	0.04
45	Os07g0214600	RA5B, OsEnS-99	Similar to Seed allergenic protein RA17 precursor.	32818 ±1191	21566 ±983	0.66	0.03
46	Os03g0654700	OsEnS-50	Protein of unknown function DUF1637 family protein.	234.8 ±8.23	154 ±10.1	0.66	0.04
47	Os02g0214500	NAC23, OsEnS-30	Sugar-responsive NAC (NAM, ATAF and CUC) transcription factor, Regulation of sugar homeostasis and grain yield	214.9 ±11.0	142 ±8.02	0.66	0.05
48	Os01g0917300		Similar to Cysteine-rich peptide.	37.6 ±1.07	24.9 ±1.60	0.66	0.03
49	Os12g0145100		Similar to Wali7 protein (Fragment).	424.2 ±21	281 ±10.6	0.66	0.04
50	Os02g0799000	OsPP2C27	Protein phosphatase 2C 27, Negative regulation of cold tolerance	429.3 ±10	284 ±18.7	0.66	0.03

表3-5. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os02g0766600		Protein of unknown function DUF1685 family protein.	158.4 ±4.03	105 ±8.52	0.66	0.04
52	Os11g0282900		Hypothetical protein.	39.7 ±1.17	26.5 ±1.50	0.67	0.03
53	Os07g0212300		Similar to Nudix hydrolase 16, mitochondrial precursor (EC 3.6.1.-) (AtNUDT16).	170.1 ±5.36	114.8 ±5.60	0.67	0.03
54	Os12g0244100	OsHsp70CP2	Plastid heat shock protein 70, Amyloplast development, Regulation of protein import into amyloplast	103.5 ±3.09	70.2 ±2.81	0.68	0.03
55	Os07g0213800	OsEnS-96	Similar to Allergenic protein.	26328 ±665	17907 ±824	0.68	0.03
56	Os02g0252400	OsEnS-34, OsDOF7	Dof zinc finger transcriptional activator, Dof zinc finger transcription factor, Grain filling, GA response in aleurone cell	174.7 ±5.63	120.3 ±8.46	0.69	0.05
57	Os12g0621600	OsEnS-151	Conserved hypothetical protein.	163.4 ±4.50	112.6 ±6.99	0.69	0.04
58	Os05g0499100	OsGlb1, OsEnS-77	26 kDa globulin (Alpha-globulin).	41765 ±1754	28804 ±1380	0.69	0.04
59	Os04g0481200		Similar to H0510A06.2 protein.	36.5 ±0.84	25.2 ±1.79	0.69	0.04
60	Os05g0111200		Similar to Amino acid selective channel protein.	522 ±10	362 ±18.5	0.69	0.03
61	Os02g0528200	OsBEIIb	Starch branching enzyme 3, Starch synthesis	166 ±3.89	115 ±8.18	0.69	0.04
62	Os04g0598000		Similar to OSJNba0093F12.14 protein.	780 ±31	541 ±27.8	0.69	0.04
63	Os05g0477900	OsLTP1.4	Similar to nonspecific lipid-transfer protein.	504 ±20	353 ±8.94	0.70	0.03
64	Os05g0566800	Oscor413-tm1	Cold acclimation protein COR413-TM1	299 ±9.11	211 ±4.32	0.71	0.03
65	Os07g0219250	OsPRO13B.1	Similar to cDNA, clone: J090058L24, full insert sequence.	918 ±8.27	651 ±21.5	0.71	0.02
66	Os07g0168800	OsSAP9	A20/ANI-type zinc finger protein, Response to various abiotic stresses, Temperature stress tolerance	232 ±9.06	165 ±4.02	0.71	0.03
67	Os02g0159200		Protein of unknown function DUF292, eukaryotic domain containing protein.	15.8 ±0.65	11.4 ±0.49	0.72	0.05
68	Os02g0715400		Conserved hypothetical protein.	376 ±10	272 ±12.0	0.72	0.04
69	Os06g0683400	OsCCD1	Small calcium-binding protein with one EF-hand motif, Positive regulation of osmotic and salt tolerance	115 ±4.69	83.8 ±0.85	0.73	0.03
70	Os06g0194900	OsSUS2	Sucrose synthase 2 .	13.5 ±0.51	9.9 ±0.37	0.74	0.04
71	Os07g0219400	OsPRO13B.3	Prolamin precursor.	19530 ±586	14567 ±595	0.75	0.04
72	Os07g0206500	OsEnS-94	13 kDa prolamin precursor.	58801 ±1564	43982 ±2091	0.75	0.04
73	Os07g0206400	OsEnS-93	13 kDa prolamin precursor.	30771 ±696	23690 ±1144	0.77	0.05
74	Os04g0683700	OsOCS	4-coumarate-Co-A ligase (4CL) like protein, Adenosine monophosphate binding protein, Regulation of rice blast resistance, florete development, and lignin biosynthesis	51.0 ±1.26	41.1 ±1.40	0.81	0.05

表3-6. 吸水24時間で発現変動遺伝子に対するGO解析.

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0006810	Biological process	transport	38	1638	8.70E-05	0.0044
GO:0051234		establishment of localization	38	1638	8.70E-05	0.0044
GO:0051179		localization	39	1651	4.80E-05	0.0044
GO:0005975		carbohydrate metabolic process	23	833	0.00023	0.0088
GO:0006091		generation of precursor metabolites and energy	10	243	0.00091	0.027
GO:0044444	Cellular Component	cytoplasmic part	179	966	8.50E-165	6.90E-163
GO:0005737		cytoplasm	182	1263	2.20E-150	9.10E-149
GO:0043231		intracellular membrane-bounded organelle	191	2296	1.60E-118	4.30E-117
GO:0043227		membrane-bounded organelle	191	2319	8.90E-118	1.80E-116
GO:0043229		intracellular organelle	193	2859	2.30E-104	3.10E-103
GO:0043226		organelle	193	2859	2.30E-104	3.10E-103
GO:0044424		intracellular part	197	3529	8.20E-93	9.50E-92
GO:0005623		cell	234	5945	4.50E-89	4.10E-88
GO:0044464		cell part	234	5945	4.50E-89	4.10E-88
GO:0005622		intracellular	201	4116	3.50E-85	2.90E-84
GO:0005739		mitochondrion	46	162	3.70E-45	2.80E-44
GO:0016020		membrane	64	2115	6.40E-12	4.30E-11
GO:0005794		Golgi apparatus	7	56	9.40E-06	5.90E-05
GO:0012505		endomembrane system	8	104	5.70E-05	0.00033
GO:0031967		organelle envelope	8	142	0.00043	0.0023
GO:0031975		envelope	8	167	0.0012	0.006

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0006412	Biological process	translation	14	595	2.50E-06	0.00027
GO:0005198	Molecular Function	structural molecule activity	14	462	1.30E-07	6.60E-06
GO:0044444	Cellular Component	cytoplasmic part	76	966	1.60E-72	1.20E-70
GO:0005737		cytoplasm	77	1263	1.10E-65	4.20E-64
GO:0043226		organelle	88	2859	2.80E-53	5.40E-52
GO:0043229		intracellular organelle	88	2859	2.80E-53	5.40E-52
GO:0044424		intracellular part	89	3529	5.50E-47	8.40E-46
GO:0043231		intracellular membrane-bounded organelle	76	2296	7.50E-46	9.50E-45
GO:0043227		membrane-bounded organelle	76	2319	1.50E-45	1.60E-44
GO:0005622		intracellular	90	4116	1.20E-42	1.20E-41
GO:0005623		cell	95	5945	1.40E-34	1.10E-33
GO:0044464		cell part	95	5945	1.40E-34	1.10E-33
GO:0005739		mitochondrion	26	162	3.10E-30	2.20E-29
GO:0009536		plastid	17	37	1.10E-26	7.10E-26
GO:0032991		macromolecular complex	25	1207	2.10E-09	1.20E-08
GO:0005840		ribosome	15	397	2.70E-09	1.50E-08
GO:0030529		ribonucleoprotein complex	15	438	9.60E-09	4.90E-08
GO:0043232		intracellular non-membrane-bounded organelle	22	1494	6.50E-06	2.90E-05
GO:0043228		non-membrane-bounded organelle	22	1494	6.50E-06	2.90E-05
GO:0005634		nucleus	18	1884	0.007	0.03
GO:0044446		intracellular organelle part	15	1521	0.01	0.04
GO:0044422		organelle part	15	1521	0.01	0.04

上図が処理によってupregulationした遺伝子に関するGO term,
 下図が処理によってdownregulationした遺伝子に関するGO termについて示す。
 これらのtermはFDR<0.05な有意なものである。

表3-7. 吸水24時間の際にUp-regulateした遺伝子
(処理による発現量の比率が大きい順に100遺伝子を並べた).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os02g0210100		Conserved hypothetical protein.	0.78 ±0.06	8.46 ±0.55	10.9	0.03
2	Os07g0418500	OsCYP709C9	Similar to Cytochrome P450.	0.33 ±0.05	3.30 ±0.09	10.1	0.01
3	Os12g0245700		Hypothetical conserved gene.	2.49 ±0.29	22.7 ±1.33	9.09	0.03
4	Os08g0473900	Amy3D	Alpha-amylase 3D, Regulation of seed germination	7.24 ±0.78	64.8 ±6.70	8.95	0.04
5	Os01g0902700	PTR	Similar to Peptide transporter PTR2.	0.65 ±0.11	5.78 ±0.58	8.84	0.04
6	Os06g0165600	OsDREB1D	Homolog of CBF/DREB1	0.41 ±0.13	3.40 ±0.21	8.23	0.03
7	Os10g0552300	OsHyPRP17	Conserved hypothetical protein.	11.8 ±0.94	96.8 ±3.90	8.20	0.02
8	Os05g0477600	OsEXPA4	Alpha-expansin OsEXPA4.	30.2 ±1.85	244 ±17.2	8.08	0.03
9	Os11g0683600		Similar to predicted protein.	1.56 ±0.19	12.2 ±1.13	7.87	0.04
10	Os03g0611100	osa-miR1428e	Non-protein coding transcript.	2.40 ±0.49	18.6 ±0.87	7.74	0.03
11	Os01g0130400		Similar to Alpha-xylosidase precursor (Fragment).	1.80 ±0.12	13.5 ±0.95	7.49	0.03
12	Os06g0676700	OsGH, GH	Similar to High pl alpha-glucosidase. Cinnamoyl-CoA reductase,	14.6 ±1.31	88.3 ±1.25	6.03	0.01
13	Os02g0811800	OsCCR10	Drought tolerance, Lignin biosynthesis, Modulation of lignin accumulation	24.9 ±1.50	142 ±5.71	5.72	0.02
14	Os04g0350100		Proteinase inhibitor I25, cystatin domain containing protein.	70.5 ±7.39	401 ±11.4	5.68	0.02
15	Os10g0361300		Lipoxygenase, LH2 domain containing protein.	6.30 ±1.41	35.3 ±2.13	5.59	0.03
16	Os03g0665700		Similar to predicted protein.	26.1 ±3.12	130 ±11.2	4.98	0.04
17	Os01g0243700		Similar to Beta-1,3-glucanase-like protein.	7.28 ±1.36	35.8 ±1.21	4.91	0.03
18	Os06g0547400	OsPRX86	Similar to Peroxidase P7 (EC 1.11.1.7) (TP7).	17.4 ±0.62	84.2 ±8.42	4.85	0.05
19	Os03g0665200	OsFLZ11	FCS-like zinc finger (FLZ) protein 11, Submergence response	2.94 ±0.01	13.4 ±1.07	4.55	0.04
20	Os03g0822000	OsEXPA7	Similar to Expansin-A7.	26.5 ±2.94	121 ±6.39	4.55	0.03
21	Os01g0924200		Conserved hypothetical protein.	2.35 ±0.54	9.95 ±0.85	4.24	0.05
22	Os06g0291600	G11A	Similar to Protein kinase G11A	0.82 ±0.08	3.44 ±0.09	4.19	0.02
23	Os04g0505200		Similar to Protein binding protein.	3.60 ±0.89	15.0 ±1.02	4.15	0.04
24	Os08g0452200		Hypothetical protein.	0.89 ±0.19	3.68 ±0.08	4.12	0.03
25	Os10g0554800	OsHyPRP21	Plant lipid transfer protein and hydrophobic protein, helical domain containing protein.	24.1 ±1.31	98.8 ±9.12	4.09	0.04

表のControlは対照区, Treatmentは処理区の遺伝子発現量を示す.

T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率 (処理による発現量の変化率), qはFDR値を示す.

表3-7. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os05g0351200	OsERF117	Similar to AP2 domain transcription factor.	1.68 ±0.41	6.80 ±0.16	4.05	0.03
27	Os03g0102500		Similar to Beta-expansin precursor (Fragment). Homolog of yeast SAP30	16.1 ±1.95	63.6 ±5.03	3.96	0.04
28	Os04g0166600	OsSFL1	(sin3-associated polypeptide 30), Regulation of flowering time, Mediation of periodic histone deacetylation	0.98 ±0.18	3.81 ±0.27	3.90	0.04
29	Os01g0740650		Similar to glutamate carboxypeptidase 2.	2.02 ±0.30	7.66 ±0.36	3.79	0.03
30	Os12g0270900		Sulfotransferase family protein.	3.49 ±0.34	13.1 ±0.94	3.74	0.04
31	Os09g0462100		Alpha/beta hydrolase fold-3 domain containing protein.	1.11 ±0.23	4.09 ±0.22	3.68	0.04
32	Os10g0450800		Hypothetical protein.	38.0 ±2.07	140 ±10.0	3.68	0.04
33	Os01g0529800		Similar to Very-long-chain fatty acid condensing enzyme CUT1.	2.68 ±0.15	9.70 ±0.14	3.61	0.01
34	Os08g0100800		Homeodomain-like containing protein. A member of the pleiotropic drug resistance (PDR) subfamily of ATP-binding cassette (ABC) transporter,	1.56 ±0.32	5.60 ±0.34	3.58	0.04
35	Os08g0544400	OsABCG45	Regulation of plant growth and pathogen resistance	2.71 ±0.80	9.14 ±0.10	3.37	0.05
36	Os12g0418600		Hypothetical conserved gene.	11.0 ±0.82	36.9 ±2.61	3.36	0.04
37	Os06g0643500	OsHyPRP18	Similar to ADR11 protein (Fragment).	12.5 ±2.13	41.7 ±1.08	3.33	0.03
38	Os01g0300200		Similar to ATP-citrate lyase subunit B.	18.8 ±0.82	62.6 ±2.85	3.32	0.03
39	Os01g0881300	OsSWEET1a	MtN3 and saliva related transmembrane protein family protein.	22.5 ±0.93	73.0 ±6.82	3.24	0.05
40	Os12g0440300		Conserved hypothetical protein.	4.95 ±0.88	16.0 ±0.68	3.23	0.04
41	Os04g0650000	ocp	Similar to Oryzain alpha chain precursor (EC 3.4.22.-).	80.1 ±0.79	256 ±7.32	3.20	0.02
42	Os11g0591200		Similar to 3-ketoacyl-CoA synthase.	13.9 ±0.57	44.3 ±2.32	3.18	0.03
43	Os08g0516600		Conserved hypothetical protein. Sphingolipid LCB delta3B8 desaturase,	11.8 ±1.04	37.4 ±2.59	3.17	0.04
44	Os09g0338500	OsSLD	Cytochrome b5, Aluminum tolerance, Regulation of seed reserve mobilization during seed germination	7.09 ±0.48	22.2 ±1.17	3.13	0.03
45	Os03g0597600	OsASNase1	Similar to L-asparaginase (EC 3.5.1.1) (L-asparagine amidohydrolase).	4.92 ±0.34	14.8 ±0.30	3.01	0.02
46	Os05g0186300	OscytME2	Cytosolic NADP malic enzyme A member of the somatic embryogenesis receptor kinases (SERKs) family,	33.9 ±2.39	99.3 ±6.97	2.93	0.04
47	Os08g0174700	OsSERK1	Brassinosteroid (BR) signaling, Regulation of plant architecture	3.26 ±0.45	9.54 ±0.20	2.93	0.03
48	Os01g0611000		DUF642 domain containing protein, Control of diurnal flower opening time	179 ±5.92	521 ±24.7	2.91	0.03
49	Os04g0618600	OsBHLH101	bHLH transcription factor, Positive regulation of deep sowing tolerance, Mesocotyl elongation	14.4 ±1.19	39.8 ±1.56	2.77	0.03
50	Os06g0495500		Multi antimicrobial extrusion protein MatE family protein.	2.41 ±0.15	6.67 ±0.43	2.76	0.04

表3-7. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os02g0621300	OsCER1	Homologous protein of CER1, Very-long-chain (VLC) alkane biosynthesis, Regulation of anther development and plastids differentiation	24.2 ±1.88	66.8 ±4.71	2.75	0.04
52	Os05g0104700	OsPGIP4	Leucine-rich repeat (LRR) protein, Inhibitor of fungal polygalacturonase, Defence response	29.9 ±3.31	81.4 ±5.45	2.72	0.04
53	Os06g0491566		Conserved hypothetical protein.	6.21 ±0.19	16.9 ±1.22	2.72	0.04
54	Os04g0399300		Similar to Nudix hydrolase 13, mitochondrial precursor (EC 3.6.1.-) (AtNUDT13).	9.30 ±0.60	25.2 ±0.91	2.71	0.03
55	Os02g0301100	OsSWEET4	Ortholog of maize ZmSWEET4c, Hexose transporter, Seed filling	29.5 ±1.49	79.2 ±3.98	2.69	0.03
56	Os03g0270000	OsAHL7	Protein of unknown function DUF296 domain containing protein.	15.2 ±1.14	40.4 ±1.10	2.66	0.03
57	Os10g0361000	LOX	Lipoxygenase, LH2 domain containing protein.	193 ±12.0	512 ±27.7	2.65	0.03
58	Os03g0330300		Viral attachment protein, fibre shaft repeat containing pr	1.41 ±0.20	3.73 ±0.15	2.65	0.04
59	Os04g0612500	OsHyPRP16	Similar to 36.4 kDa proline-rich protein.	37.3 ±1.44	98.7 ±7.91	2.65	0.05
60	Os03g0236200	OsGAD3	Glutamate decarboxylase	12.2 ±0.86	32.3 ±1.46	2.64	0.03
61	Os01g0124200	OsAPIP4	Bowman-Birk type trypsin inhibitor, Target of a fungal effector and an NLR receptor for innate immunity, Resistance to fungal pathogen <i>M. oryzae</i>	95.4 ±11.3	252 ±14.7	2.64	0.04
62	Os03g0325600	OsWOX6	Homeodomain-like containing protein.	14.6 ±1.08	38.1 ±1.06	2.61	0.03
63	Os01g0681900	OsGLT1	Glutamate synthetase, Primary ammonium ions assimilation in seedling roots, Development of tillers, Tolerance to nitrogen-limitation	120 ±3.31	309 ±23.9	2.58	0.05
64	Os11g0441500		UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.	2.94 ±0.11	7.54 ±0.47	2.57	0.04
65	Os10g0370500	OsGH5BG	GH5 & beta3B-glucosidase, Response to salt and submergence stress, Response to stress-related hormones	6.40 ±0.52	16.4 ±1.08	2.56	0.04
66	Os02g0703600	OsABA8OX1	Similar to Abscisic acid 8'-hydroxylase 1.	11.9 ±0.43	30.1 ±2.33	2.54	0.05
67	Os09g0120033		Conserved hypothetical protein.	2.04 ±0.29	5.15 ±0.22	2.53	0.04
68	Os05g0443300		Similar to predicted protein.	2.88 ±0.22	7.28 ±0.27	2.52	0.03
69	Os02g0180000	OsPP2C11	Similar to Protein phosphatase type-2C.	5.74 ±0.60	14.3 ±0.25	2.49	0.03
70	Os02g0530100	OsATX1	Similar to C4-dicarboxylate transporter/malic acid transport protein.	4.50 ±0.23	11.1 ±0.73	2.46	0.04
71	Os08g0519700		Protein of unknown function DUF630 domain containing protein.	2.82 ±0.22	6.94 ±0.30	2.46	0.03
72	Os01g0348900	OsJRL	Jacalin-related mannose-binding lectin, Salinity tolerance, Resistance to <i>M. oryzae</i>	535 ±19.8	1314 ±88.4	2.46	0.04
73	Os04g0598900	OsWAK50	Similar to Wall-associated kinase-like protein.	2.65 ±0.28	6.50 ±0.15	2.45	0.03
74	Os01g0279100	OsCRD1	Subunit of magnesium-protoporphyrin IX monomethyl ester cyclase, Chloroplast development	10.6 ±0.96	26.1 ±1.00	2.45	0.03
75	Os07g0246200	CRO1	Similar to calreticulin2.	26.4 ±0.85	64.5 ±3.09	2.45	0.03

表3-7. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
76	Os01g0653800		WD40 repeat-like domain containing protein.	2.28 ±0.10	5.56 ±0.15	2.44	0.03
77	Os12g0180100	OsPT26	Major facilitator superfamily protein.	3.02 ±0.16	7.35 ±0.52	2.43	0.05
78	Os04g0602500		Similar to Pectin acetyltransferase.	52.9 ±1.87	128 ±8.64	2.43	0.04
79	Os05g0168700	OsGPT	Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.	31.1 ±1.37	74.8 ±4.52	2.40	0.04
80	Os05g0318700	OsCrRLK1L3	Catharanthus roseus receptor-like kinase1-like kinase	3.66 ±0.18	8.78 ±0.43	2.40	0.03
81	Os06g0633100		Similar to P10Sh249C12.	5.75 ±0.48	13.7 ±0.69	2.38	0.04
82	Os12g0182200	OsptPDC-E2	Similar to Dihydrolipoamide S-acetyltransferase.	2.51 ±0.35	5.97 ±0.28	2.38	0.05
83	Os11g0702200		Glycoside hydrolase, family 18 protein.	18.3 ±0.58	43.6 ±2.28	2.38	0.03
84	Os05g0301500		Similar to Ribophorin I (Fragment).	7.82 ±0.30	18.4 ±1.42	2.35	0.05
85	Os12g0538300		Dor1-like protein family protein.	2.41 ±0.18	5.64 ±0.19	2.34	0.03
86	Os05g0230600	RFC3	DUF1620-containing and WD40-like repeat protein, Scaffold protein for assembly of the restoration of fertility complex	5.32 ±0.67	12.4 ±0.67	2.33	0.05
87	Os06g0523400		Nucleotide-sugar transporter family protein.	2.75 ±0.25	6.40 ±0.18	2.33	0.03
88	Os05g0430300	OsDUF668-8	Similar to predicted protein.	1.64 ±0.05	3.80 ±0.08	2.32	0.02
89	Os12g0612400	OsDjC83	Similar to S-locus protein 5 (Fragment).	3.70 ±0.14	8.50 ±0.15	2.29	0.02
90	Os07g0134000	OsAAP6	Amino acid permease, Transport of amino acids	21.4 ±1.21	48.9 ±1.99	2.29	0.03
91	Os07g0501900		Similar to zinc finger family protein.	5.27 ±0.37	12.0 ±0.73	2.27	0.04
92	Os02g0304900	OsDi19-4	Drought-induced 19 family protein, Drought resistance, Positive regulation of abscisic acid (ABA) response	10.5 ±0.47	23.4 ±0.90	2.24	0.03
93	Os01g0203800		Protein of unknown function DUF641, plant domain containing protein.	1.75 ±0.10	3.89 ±0.11	2.23	0.03
94	Os06g0149900		Similar to Cysteine synthase (EC 4.2.99.8).	12.6 ±1.43	28.1 ±0.29	2.22	0.03
95	Os02g0469200		Conserved hypothetical protein.	4.00 ±0.22	8.85 ±0.42	2.21	0.04
96	Os06g0194900	OsSUS2	Sucrose synthase 2 (EC 2.4.1.13).	13.9 ±0.75	30.8 ±1.18	2.21	0.03
97	Os07g0120100		Protein of unknown function DUF538 family protein.	35.2 ±2.86	77.7 ±2.00	2.21	0.03
98	Os12g0140600		Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	6.35 ±0.60	14.0 ±0.33	2.20	0.03
99	Os01g0639600		Protein of unknown function DUF1645 family protein.	2.72 ±0.24	5.99 ±0.17	2.20	0.03
100	Os08g0136700		Protein of unknown function DUF26 domain containing protein.	245 ±14.9	537 ±19.1	2.19	0.03

表3-8. 吸水24時間の際にDown-regulateした遺伝子
(処理による発現量の比率が小さい順に100遺伝子を並べた).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os04g0667600	OsHIPP24	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.	9.6 ±2.1	1.7 ±0.7	0.18	0.05
2	Os07g0458500		Hypothetical conserved gene.	3.6 ±0.3	1.0 ±0.1	0.28	0.04
3	Os03g0183300	OsERF064	Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein.	48.9 ±4.7	17.9 ±1.9	0.37	0.03
4	Os05g0367900		Harpin-induced 1 domain containing protein.	26.3 ±1.4	9.7 ±1.2	0.37	0.05
5	Os09g0535500		Similar to RING-H2 finger protein ATLR (RING-H2 finger protein ATL8).	88.2 ±1.2	33.1 ±2.5	0.38	0.03
6	Os07g0123200		Non-protein coding transcript.	93.6 ±0.7	35.3 ±1.8	0.38	0.03
7	Os08g0287200		Hypothetical conserved gene.	241 ±2.4	91.5 ±13.8	0.38	0.04
8	Os02g0756200		Similar to Phi-1 protein.	118 ±0.9	45.4 ±2.2	0.38	0.04
9	Os04g0535200		Peptidase A1 domain containing protein.	20.2 ±0.2	7.9 ±1.3	0.39	0.05
10	Os01g0135800		Similar to Cytosolic class I small heat shock protein 3B (Fragment).	10.1 ±1.1	4.0 ±0.6	0.39	0.04
11	Os10g0562100	OsMYBS2	MYB transcription factor, Regulation of alpha3B-Amylase expression in maintaining sugar homeostatic states	5.5 ±0.5	2.4 ±0.0	0.44	0.04
12	Os08g0565200	OsERF044	Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein.	56.3 ±12.7	24.7 ±0.8	0.44	0.04
13	Os02g0758000	OsHSP24.1	Similar to Low molecular weight heat shock protein precursor (Mitochondrial small heat shock protein 22).	203 ±3.2	90.2 ±3.6	0.45	0.03
14	Os01g0603300	OsDLN13	Similar to MCB2 protein.	36.6 ±0.2	16.5 ±1.1	0.45	0.05
15	Os02g0115700	OsCatA	Catalase A, Environmental stress response, Drought stress tolerance	41.8 ±1.1	19.0 ±1.9	0.45	0.03
16	Os12g0626500	LEA D-34	Similar to late embryogenesis abundant protein D-34.	585 ±41.4	267 ±8.0	0.46	0.03
17	Os04g0253000	H1, OsH1	Similar to Histone H1.	917 ±45.0	423 ±30.2	0.46	0.03
18	Os02g0671200	Os_F0676	Protein of unknown function DUF295 domain containing protein.	77.6 ±6.2	36.2 ±2.1	0.47	0.03
19	Os03g0266300	Oshsp17.9A	17.9 kDa class I small heat shock protein, Heat tolerance	1602 ±54.7	748 ±33.2	0.47	0.03
20	Os06g0163300		Harpin-induced 1 domain containing protein.	9.0 ±2.3	4.3 ±0.3	0.47	0.03
21	Os08g0398800		Cleavage and polyadenylation specificity factor, 25 kDa subunit domain containing protein.	66.4 ±4.6	31.5 ±3.5	0.48	0.04
22	Os02g0642300		Cytochrome b561 family protein.	45.1 ±5.8	21.7 ±0.2	0.48	0.04
23	Os04g0559700	OsPIP1-2	Aquaporin, Plasma membrane intrinsic protein, CO2 diffusion-associated photosynthesis, Phloem sucrose transport	126 ±4.3	61.8 ±1.5	0.49	0.02
24	Os01g0136200	Oshsp16.9B	16.9 kDa class I heat shock protein 1.	406 ±26.6	199 ±13.4	0.49	0.03
25	Os01g0136100	Oshsp16.9A	16.9 kDa class I small heat shock protein	1446 ±59.0	712 ±18.5	0.49	0.03

表のControlは対照区, Treatmentは処理区の遺伝子発現量を示す.
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率(処理による発現量の変化率), qはFDR値を示す.

表3-8. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os08g0524501		Conserved hypothetical protein.	88.9 ±9.6	43.8 ±5.2	0.49	0.04
27	Os02g0160500		Hypothetical conserved gene.	188 ±24.2	93.6 ±8.9	0.50	0.04
28	Os05g0355400	OsUSP23	UspA domain containing protein.	131 ±0.8	65.3 ±5.1	0.50	0.04
29	Os01g0975900	TIP1-2	Similar to Tonoplast membrane integral protein ZmTIP1-2.	151 ±9.4	76.4 ±4.4	0.51	0.03
30	Os04g0435500	OsTCHQD1	Glutathione S-transferase, C-terminal-like domain containing protein.	3.8 ±0.4	1.9 ±0.1	0.51	0.03
31	Os04g0530900	OsGATL5	Glycosyl transferase, family 8 protein.	5.1 ±0.2	2.6 ±0.1	0.51	0.03
32	Os04g0170500		Zinc finger, CCHC-type domain containing protein.	42.9 ±1.1	22.7 ±2.5	0.53	0.05
33	Os06g0524500		Conserved hypothetical protein.	7.0 ±0.4	3.7 ±0.3	0.54	0.04
34	Os11g0454000	OsRAB16C	Dehydrin RAB 16C.	824 ±185	443 ±31.8	0.54	0.03
35	Os02g0824400		Conserved hypothetical protein.	66.6 ±5.9	35.9 ±2.2	0.54	0.03
36	Os01g0159600	OsLEA1	Early methionine (Em)-like protein, Late embryogenesis abundant (LEA) protein	1799 ±130	990 ±52.2	0.55	0.04
37	Os03g0123200		Nucleotide-binding, alpha-beta plait domain containing protein.	59.4 ±1.7	32.9 ±1.5	0.55	0.03
38	Os06g0130800		Winged helix repressor DNA-binding domain containing protein.	590 ±16.2	332 ±28.8	0.56	0.05
39	Os09g0551600	OsHMGB710	Similar to HMGd1 protein (Nucleosome/chromatin assembly factor D protein NFD101).	155 ±9.4	87.0 ±4.4	0.56	0.03
40	Os11g0139700		Hypothetical conserved gene.	829 ±6.9	471 ±39.3	0.57	0.05
41	Os06g0220100		Hypothetical protein.	13.7 ±1.0	7.8 ±0.6	0.57	0.04
42	Os02g0489400	S8	Similar to 40S ribosomal protein S8.	296 ±7.3	169 ±9.6	0.57	0.04
43	Os02g0175100	OsZIP15	Similar to RISBZ4.	76.0 ±8.0	43.4 ±3.2	0.57	0.04
44	Os04g0667850		Non-protein coding transcript.	330 ±15	189 ±2.6	0.57	0.03
45	Os12g0607000	OsaHMT4	Similar to homocysteine S-methyltransferase-2.	47.9 ±2.9	27.5 ±2.4	0.57	0.04
46	Os07g0415200		Ribosomal protein L25/L23 domain containing protein.	32.5 ±0.8	18.7 ±0.4	0.58	0.03
47	Os06g0697000	OsXTH10	Similar to Xyloglucan endo-transglucosylase/hydrolase 1.	79.2 ±0.5	45.7 ±2.3	0.58	0.03
48	Os10g0539500	H4	Similar to Histone H4.	258 ±36.1	149 ±4.2	0.58	0.04
49	Os03g0750000	OsUSP19	Similar to ethylene-responsive protein.	563 ±47.3	327 ±13.2	0.58	0.04
50	Os03g0699000	OsOLE18	Oleosin 18 kDa, Seed oil body oleosin H-isoform	912 ±44.9	532 ±25.1	0.58	0.04

表3-8. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os05g0533700		NADH-ubiquinone oxidoreductase subunit PSST (Fragment).	198 ±6.9	116 ±5.4	0.58	0.04
52	Os03g0139100		Similar to Ribosomal Pr 117 (Fragment).	742 ±28.0	436 ±23.6	0.59	0.05
53	Os03g0159600	OsLEA30	Similar to Rab28 protein.	848 ±144	499 ±26.1	0.59	0.05
54	Os01g0830300		Non-protein coding transcript.	118 ±6.5	69.7 ±5.7	0.59	0.05
55	Os09g0433900	OsEnS-128	Similar to Alanine aminotransferase 2 .	44.9 ±4.5	26.5 ±1.2	0.59	0.03
56	Os04g0591100		Protein of unknown function DUF597 family protein.	96.5 ±7.2	57.2 ±1.5	0.59	0.05
57	Os03g0337800	OsRPL19.3	Similar to 60S ribosomal protein L19 (Fragment).	348 ±3.6	207 ±8.3	0.59	0.05
58	Os02g0672700		DNA-directed RNA polymerase, M/15 kDa subunit domain containing protein.	73.6 ±2.6	43.7 ±1.8	0.59	0.04
59	Os01g0919900	OsSSI2	Fatty acid desaturase, Rice ortholog of SSI2, Negative regulation of defense responses	94.7 ±6.8	56.5 ±2.0	0.60	0.02
60	Os02g0250600	OsLEA15	Late embryogenesis abundant protein repeat containing protein.	713 ±63.5	426 ±6.8	0.60	0.01
61	Os02g0244700	Ospc1	Phosphoenolpyruvate carboxylase, Nitrogen accumulation	4.9 ±0.2	2.9 ±0.1	0.60	0.03
62	Os02g0807000	OsPPCK1	Similar to Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase 1.	21.3 ±3.5	12.8 ±0.4	0.60	0.04
63	Os09g0520700	OsRH7	Similar to RNA helicase.	85.8 ±5.1	51.5 ±1.8	0.60	0.03
64	Os05g0569500		Similar to Embryo-specific protein.	1089 ±52.9	657 ±19.3	0.60	0.03
65	Os08g0286500	OsEnS-119	Hypothetical conserved gene.	113 ±0.5	68 ±3.4	0.60	0.03
66	Os11g0524300		Protein of unknown function DUF1001 family protein.	33.7 ±1.7	20.5 ±0.5	0.61	0.02
67	Os05g0140800		Similar to Dormancy related protein (Fragment).	1252 ±87.1	759 ±27.0	0.61	0.04
68	Os01g0866500		Similar to Soluble inorganic pyrophosphatase.	61.9 ±0.7	37.6 ±1.4	0.61	0.04
69	Os09g0438400		Similar to Choline/ethanolamine kinase.	10.9 ±1.0	6.7 ±0.1	0.61	0.04
70	Os05g0445500		Similar to Acidic ribosomal protein (Fragment).	298 ±8.1	183 ±8.3	0.61	0.03
71	Os03g0822400		Conserved hypothetical protein.	144 ±4.5	88.8 ±1.6	0.61	0.03
72	Os03g0166000	OsAlba4, Alba4	Alba, DNA/RNA-binding protein family protein.	31.1 ±0.7	19.3 ±0.7	0.62	0.04
73	Os09g0444700		Similar to mitochondrial carrier-like protein.	50.1 ±2.0	31.1 ±2.3	0.62	0.05
74	Os05g0519700	Oshsp101	Heat shock protein, Long-term acquired thermotolerance	49.7 ±6.0	30.9 ±2.0	0.62	0.04
75	Os04g0518000		Similar to Adenosine kinase (Fragment).	14.0 ±2.2	8.7 ±0.5	0.62	0.04

表3-8. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
76	Os07g0180900		Similar to 60S ribosomal protein L4.	198.9 ± 1.9	124 ± 2.8	0.63	0.03
77	Os03g0793700	OsEnS-57	Cupin domain protein, Regulation of seed vigour	1797 ± 190	1135 ± 48.3	0.63	0.05
78	Os11g0454200	rab21	Dehydrin	1630 ± 184	1030 ± 39.1	0.63	0.05
79	Os01g0880800		Similar to Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase, chloroplast precursor.	85.0 ± 0.6	53.8 ± 2.5	0.63	0.04
80	Os09g0558000	OsPP2C70	Similar to Protein phosphatase type-2C.	17.5 ± 1.4	11.1 ± 0.6	0.63	0.05
81	Os09g0525400		Similar to RING finger protein 13 (C-RZF).	47.3 ± 0.5	30.0 ± 0.7	0.63	0.04
82	Os06g0714100		Complex 1 LYR protein family protein.	204 ± 10.4	130 ± 2.6	0.64	0.04
83	Os03g0798600		Similar to 40S ribosomal protein S15 (Fragment).	359 ± 12.8	229 ± 15.5	0.64	0.05
84	Os03g0343500	BIP108	Similar to 60S ribosomal protein L22-2.	313 ± 11.1	200 ± 9.9	0.64	0.04
85	Os01g0788950		Similar to partner of Nob1.	39.1 ± 2.7	25.1 ± 1.2	0.64	0.04
86	Os06g0221100		TLDc domain containing protein.	45.8 ± 3.4	29.4 ± 1.5	0.64	0.05
87	Os07g0604500		Similar to Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim17.	213 ± 7.6	137 ± 3.6	0.64	0.04
88	Os07g0633200	Os-SCL25	Similar to SC35-like splicing factor SCL30a, 30a kD.	90.6 ± 6.8	58.5 ± 2.1	0.65	0.05
89	Os05g0151200	OsTSPO	TspO/MBR-related protein family protein.	720 ± 54.2	467 ± 4.7	0.65	0.04
90	Os06g0211300		Short-chain dehydrogenase/reductase SDR domain containing protein.	294 ± 19.1	192 ± 11.0	0.65	0.04
91	Os04g0430100		Similar to 40S ribosomal protein S10-1.	243 ± 12.6	159 ± 0.7	0.66	0.05
92	Os05g0533100		Similar to plasminogen activator inhibitor 1 RNA-binding protein.	139 ± 5.3	91.0 ± 4.6	0.66	0.04
93	Os03g0663750		Hypothetical protein. Ras-like nuclear GTPase,	306 ± 17.5	201 ± 6.1	0.66	0.04
94	Os05g0574500	OsRAN2	Regulation of cell division during cold stress, Cold tolerance, Abiotic stress response	498 ± 8.0	330 ± 9.5	0.66	0.05
95	Os01g0159000	OsDOG1L-2	Similar to cDNA clone:J023049H21, full insert sequence.	91.6 ± 2.3	60.7 ± 3.0	0.66	0.05
96	Os06g0693500		Zinc finger, C2H2-like domain containing protein.	31.7 ± 2.2	21.0 ± 1.2	0.66	0.04
97	Os12g0597800	OsBHLH135	Similar to Helix-loop-helix DNA-binding domain containing protein, expressed.	30.0 ± 0.2	19.9 ± 0.7	0.66	0.03
98	Os08g0130500	Os60sP0	60S acidic ribosomal protein P0.	720 ± 26.9	478 ± 23.4	0.66	0.05
99	Os06g0173100	OsRpt5b	26S proteasome 19S regulatory particle triple-A ATPase subunit 5b	18.9 ± 0.4	12.6 ± 0.7	0.66	0.05
100	Os10g0465800	OsRPL21.2	Similar to 60S ribosomal protein L21.	917 ± 19.1	615 ± 13.4	0.67	0.04

表3-9. 吸水48時間でUp-regulateした発現変動遺伝子に対するGO解析.

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0006412		translation	229	595	9.30E-26	2.30E-23
GO:0006091		generation of precursor metabolites and energy	100	243	2.30E-13	3.00E-11
GO:0007165		signal transduction	94	240	1.10E-11	9.30E-10
GO:0009056		catabolic process	125	433	4.80E-08	3.00E-06
GO:0007049		cell cycle	20	30	5.60E-06	0.00028
GO:0010467		gene expression	482	2424	2.20E-05	0.00094
GO:0006519	Biological process	cellular amino acid and derivative metabolic process	101	391	4.40E-05	0.0016
GO:0032501		multicellular organismal process	48	154	0.00014	0.0039
GO:0009628		response to abiotic stimulus	29	74	0.00014	0.0039
GO:0009607		response to biotic stimulus	12	16	0.00019	0.0049
GO:0051179		localization	330	1651	0.00035	0.008
GO:0006810		transport	326	1638	0.00048	0.0094
GO:0051234		establishment of localization	326	1638	0.00048	0.0094
GO:0065008		regulation of biological quality	50	176	0.00062	0.011
GO:0044267		cellular protein metabolic process	540	2877	0.00091	0.015
GO:0005198		structural molecule activity	205	462	2.70E-29	3.00E-27
GO:0008135	Molecular Function	translation factor activity, nucleic acid binding	46	75	4.90E-11	2.70E-09
GO:0004871		signal transducer activity	51	152	1.80E-05	0.00051
GO:0060089		molecular transducer activity	51	152	1.80E-05	0.00051
GO:0044424		intracellular part	2781	3529	0	0
GO:0043229		intracellular organelle	2650	2859	0	0
GO:0005622		intracellular	2834	4116	0	0
GO:0043226		organelle	2650	2859	0	0
GO:0044464		cell part	3208	5945	0	0
GO:0005623		cell	3208	5945	0	0
GO:0016020		membrane	715	2115	1.20E-63	2.60E-62
GO:0032991		macromolecular complex	448	1207	5.20E-47	9.80E-46
GO:0030529		ribonucleoprotein complex	201	438	3.20E-30	5.40E-29
GO:0005840	Cellular Component	ribosome	181	397	4.70E-27	7.10E-26
GO:0005794		Golgi apparatus	50	56	2.60E-16	3.50E-15
GO:0031967		organelle envelope	78	142	1.10E-15	1.30E-14
GO:0012505		endomembrane system	61	104	1.60E-13	1.90E-12
GO:0031975		envelope	78	167	7.40E-13	8.00E-12
GO:0005856		cytoskeleton	39	71	1.40E-08	1.40E-07
GO:0005783		endoplasmic reticulum	48	123	1.20E-06	1.10E-05
GO:0005773		vacuole	8	8	0.00067	0.0059
GO:0031974		membrane-enclosed lumen	26	80	0.0027	0.023
GO:0005777		peroxisome	9	16	0.0051	0.038
GO:0042579	microbody	9	16	0.0051	0.038	

これらのtermはFDR<0.05な有意なものである.

表3-10. 吸水48時間の際にUp-regulateした遺伝子（発現量の比率が大きい上位100遺伝子）.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os01g0220500		Similar to predicted protein.	0.2 ±0.1	45.7 ±1.5	277	2.E-05
2	Os07g0448400	PIP2-5	Similar to Aquaporin PIP2-5.	0.1 ±0.1	22.2 ±3.9	228	6.E-03
3	Os06g0126500	OsBAG3	Bcl-2-associated athanogene (BAG) protein, BAG protein containing a ubiquitin-like (UBL) structure, Plant development	0.0 ±0.0	4.3 ±0.5	157	1.E-03
4	Os07g0432201		Similar to Thionin-like peptide.	0.3 ±0.3	34.3 ±3.9	128	1.E-03
5	Os01g0296700		Glycoside hydrolase, family 3, N-terminal domain containing protein.	0.1 ±0.1	12.2 ±0.8	116	2.E-04
6	Os11g0673200	OsTIPS-11-9	Similar to Auxin-induced beta-glucosidase.	0.3 ±0.1	30.1 ±1.8	101	1.E-04
7	Os02g0230300		En/Spm-like transposon protein (Protodermal factor 1).	2.4 ±0.8	243.4 ±14.8	100	1.E-04
8	Os04g0495400		DOMON domain containing protein.	0.1 ±0.1	7.5 ±0.7	90	6.E-04
9	Os10g0552200	OsHyPRP16	Plant lipid transfer protein and hydrophobic protein, helical domain containing protein.	0.1 ±0.1	6.8 ±0.9	85	3.E-03
10	Os06g0158800	OsSTA169	Protein of unknown function DUF1191 family protein.	0.0 ±0.0	3.2 ±0.9	81	4.E-02
11	Os07g0448100	PIP2-4	Plasma membrane intrinsic protein, Boron transport, Tolerance to boron toxicity	0.4 ±0.1	28.1 ±0.9	80	2.E-05
12	Os02g0781400		Similar to 20 kDa chaperonin, chloroplast precursor	0.1 ±0.1	3.9 ±0.5	79	2.E-03
13	Os09g0457532		Hypothetical protein.	2.2 ±0.4	169.7 ±8.4	77	7.E-05
14	Os02g0782900		Conserved hypothetical protein.	0.3 ±0.2	20.6 ±2.2	75	1.E-03
15	Os07g0152101		Hypothetical gene.	0.1 ±0.0	3.9 ±1.0	68	2.E-02
16	Os10g0452700		Eggshell protein family protein.	0.1 ±0.1	4.7 ±0.7	67	4.E-03
17	Os11g0210100	OsPRX133	Similar to Class III peroxidase 133.	0.2 ±0.1	10.8 ±0.8	65	3.E-04
18	Os07g0639000	prx107	Similar to Class III peroxidase 46.	0.5 ±0.2	32.0 ±1.9	65	1.E-04
19	Os10g0195600	OsAT1	Acyl transferase 1, Bacterial blight resistance, Blast disease resistance, Resistance to both fungal and bacterial pathogens	0.1 ±0.1	4.8 ±0.6	62	1.E-03
20	Os05g0531400		Pollen Ole e 1 allergen and extensin domain containing protein.	0.1 ±0.1	3.6 ±0.6	60	6.E-03
21	Os02g0823100	PIP1-3	Plasma membrane intrinsic protein, Promotion of plant tolerance to water deficit and growth	0.1 ±0.1	4.8 ±1.3	60	3.E-02
22	Os06g0678800		Similar to Pollen-specific protein NTP303 precursor.	0.6 ±0.1	33.2 ±1.8	59	1.E-04
23	Os10g0159700	OsCIA	Cold-induced anther protein	0.1 ±0.1	3.4 ±0.8	56	2.E-02
24	Os10g0552800	OsHyPRP20	Similar to Tfm5 protein.	3.9 ±0.9	218.4 ±14.4	55	2.E-04
25	Os01g0910500		Conserved hypothetical protein.	0.1 ±0.0	3.9 ±0.3	54	5.E-04

表のControlは対照区, Treatmentは乾熱休眠打破処理区の遺伝子発現量を示す.
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す.

表3-10. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os01g0832100	OsGELP27	Esterase, SGNH hydrolase-type domain containing protein.	0.2 ±0.1	9.5 ±0.9	53	7.E-04
27	Os03g0852400	OsAGP31	Conserved hypothetical protein.	0.1 ±0.1	7.4 ±0.9	52	2.E-03
28	Os05g0563600	OsFLA6	FAS1 domain domain containing protein.	0.8 ±0.3	39.4 ±0.7	52	5.E-06
29	Os02g0230250		Non-protein coding transcript.	0.3 ±0.2	14.0 ±1.2	52	5.E-04
30	Os06g0671800		Similar to patellin-5. Defensin-like protein, Antimicrobial peptide,	0.1 ±0.0	3.6 ±1.0	48	4.E-02
31	Os02g0629800	OsPDF2.2	Positive regulation of Cd accumulation in rice leaves, Mediation of Cd efflux from cytosol into extracellular spaces via chelation, Pathogen defense	10.1 ±1.8	452.3 ±28.2	45	2.E-04
32	Os02g0264800	OsAGP20	Protein of unknown function DUF1070 family protein.	1.1 ±0.2	47.9 ±3.4	45	2.E-04
33	Os02g0658800	OsEXPB11	Beta-expansin.	0.2 ±0.1	6.9 ±1.1	44	5.E-03
34	Os09g0484200		Hypothetical protein.	6.4 ±1.1	282.2 ±5.6	44	6.E-06
35	Os02g0605900	Cht6	Similar to Chitinase (EC 3.2.1.14) A.	0.3 ±0.2	14.6 ±1.4	43	7.E-04
36	Os09g0460100		Conserved hypothetical protein.	0.1 ±0.1	4.1 ±0.6	42	3.E-03
37	Os06g0546500	prx88	Similar to Class III peroxidase GvPx2b (Fragment). Xyloglucan endotransglycosylase,	0.6 ±0.2	24.6 ±2.1	42	5.E-04
38	Os11g0539200	OsXTH2	Cell wall-loosening enzyme essential for cell elongation, Internodal elongation	2.3 ±0.2	93.4 ±3.9	41	4.E-05
39	Os01g0833500	OsSCP5	Similar to Serine carboxypeptidase II-1 precursor.	0.1 ±0.0	3.9 ±0.5	41	2.E-03
40	Os04g0137201	OsPLL4.2	Pectate lyase-like protein, Pollen development	1.4 ±0.5	53.7 ±1.8	39	2.E-05
41	Os02g0740400	OsGELP44	Lipase, GDSL domain containing protein.	0.2 ±0.1	8.1 ±0.4	38	6.E-05
42	Os08g0124000		Hypothetical conserved gene.	0.2 ±0.1	6.7 ±0.4	38	2.E-04
43	Os10g0361300		Lipoxygenase, LH2 domain containing protein.	30.3 ±2.7	1132.6 ±37.6	37	2.E-05
44	Os06g0179000		Glycoside hydrolase family 79, N-terminal protein.	0.3 ±0.1	9.3 ±0.9	37	7.E-04
45	NA	NA	NA	0.1 ±0.1	3.8 ±0.4	37	1.E-03
46	Os09g0469600		Non-protein coding transcript.	1.8 ±0.7	65.5 ±7.0	36	1.E-03
47	Os05g0228000		Purine and other phosphorylases, family 1 protein.	0.4 ±0.1	15.8 ±2.4	36	4.E-03
48	Os09g0457800	OsAmy3B	Alpha-amylase 3C	5.9 ±1.3	214.5 ±10.1	36	6.E-05
49	Os03g0124200	OsCrRLK1L6	Similar to Pto-like protein kinase F. Curculin-like (mannose-binding) lectin domain containing protein.	0.1 ±0.0	4.2 ±0.6	35	3.E-03
50	Os10g0155100			0.1 ±0.1	3.8 ±0.6	35	5.E-03

表3-10. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os06g0553200	OsNRFG2	Similar to Meiosis 5.	2.1 ±0.6	72.9 ±2.5	34	2.E-05
52	Os05g0518300	OsGELP73	Lipase, GDSL domain containing protein.	0.2 ±0.2	6.9 ±0.9	34	3.E-03
53	Os08g0562500	OsSLG	Similar to Acyltransferase.	0.2 ±0.1	6.6 ±0.5	34	3.E-04
54	Os04g0554600	OsHyPRP07	Similar to RCc3 protein.	0.1 ±0.1	3.4 ±0.3	34	1.E-03
55	Os10g0552300	OsHyPRP17	Conserved hypothetical protein. Class III peroxidase,	15.6 ±1.8	521.2 ±6.6	33	3.E-06
56	Os02g0240100	OsPrx30	Mediation of ROS-induced blight resistance, Negative regulation of resistance to bacterial blight	1.2 ±0.5	39.5 ±1.5	33	4.E-05
57	Os02g0814400		Cytochrome c, monohaem domain containing protein.	0.1 ±0.1	4.4 ±0.4	33	1.E-03
58	Os03g0128000	OsFLA2	FAS1 domain domain containing protein.	0.2 ±0.2	7.7 ±0.4	32	9.E-05
59	Os09g0427125		Hypothetical conserved gene.	1.7 ±0.5	51.9 ±3.8	31	3.E-04
60	Os01g0297700	OsUMAMIT5	Protein of unknown function DUF6, transmembrane domain containing protein.	0.4 ±0.3	11.4 ±1.0	31	7.E-04
61	Os11g0683600		Similar to predicted protein.	2.9 ±0.7	85.6 ±5.1	30	1.E-04
62	Os07g0510900		Similar to L-ascorbate oxidase.	0.7 ±0.2	20.0 ±0.5	30	1.E-05
63	Os03g0705800		Protein of unknown function DUF3049 domain containing protein.	0.2 ±0.1	5.1 ±1.0	29	9.E-03
64	Os03g0314750	TAS3a1	Trans-acting small interfering RNA precursor, Target of miR390, Regulation of ARF (auxin response factor) gene	0.3 ±0.3	7.3 ±1.7	29	2.E-02
65	Os10g0554800	OsHyPRP21	Plant lipid transfer protein and hydrophobic protein, helical domain containing protein.	10.4 ±1.0	296.9 ±9.7	29	2.E-05
66	Os07g0152200		Similar to predicted protein.	0.2 ±0.1	4.3 ±0.4	28	1.E-03
67	Os01g0753800		Conserved hypothetical protein.	0.1 ±0.1	3.3 ±0.4	28	2.E-03
68	Os10g0555900	OsEXPB3	Beta-expansin 3	2.6 ±0.6	70.9 ±1.7	27	1.E-05
69	Os03g0165400	OsBgal1	Beta-galactosidase	0.1 ±0.1	3.3 ±0.4	26	1.E-03
70	Os03g0748100		Similar to Short-chain type dehydrogenase/reductase.	0.4 ±0.2	9.5 ±1.0	26	1.E-03
71	Os01g0542700	OsZIP04	bZIP transcription factor, bZIP-1 domain containing protein.	1.7 ±0.4	43.8 ±3.2	26	3.E-04
72	Os04g0662200	OsSAUR22	Auxin responsive SAUR protein family protein.	0.5 ±0.3	12.0 ±1.2	26	9.E-04
73	Os03g0144150		Non-protein coding transcript.	0.4 ±0.4	9.1 ±2.5	26	3.E-02
74	Os02g0734300		Similar to Nudix hydrolase 18, mitochondrial precursor.	0.6 ±0.3	14.0 ±1.7	25	2.E-03
75	Os01g0529800		Similar to Very-long-chain fatty acid condensing enzyme CUT1.	3.1 ±0.4	75.8 ±3.4	25	6.E-05

表3-10. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
76	Os02g0765600	OsAmyI-1	Alpha-amylase glycoprotein, Degradation of starch granule	6.9 ±0.1	159.7 ±9.4	23	1.E-04
77	Os04g0662400	OsSAUR23	Auxin responsive SAUR protein family protein.	0.2 ±0.1	5.6 ±0.4	23	2.E-04
78	Os04g0445900		Similar to OSIGBa0140O07.10 protein.	0.3 ±0.3	6.1 ±1.0	23	6.E-03
79	Os06g0643500	OsHyPRP18	Similar to ADR11 protein (Fragment).	12.6 ±0.7	275.5 ±7.9	22	1.E-05
80	Os01g0886700		Conserved hypothetical protein.	0.2 ±0.2	3.5 ±0.3	22	9.E-04
81	Os07g0677100	POX8.1	Peroxidase.	1.3 ±0.3	28.0 ±1.7	21	2.E-04
82	Os06g0193200	OsPME19	Similar to Pectin methylesterase 8 (Fragment).	0.9 ±0.3	18.2 ±2.5	21	3.E-03
83	Os05g0227901		Hypothetical gene. LATERAL ORGAN BOUNDARIES DOMAIN (LBD) protein, Transcriptional activator, Regulation of heading date and yield	0.2 ±0.1	3.3 ±0.5	21	3.E-03
84	Os03g0445700	OsLBD37		0.5 ±0.3	9.5 ±1.2	20	2.E-03
85	Os03g0421800		X8 domain containing protein.	0.8 ±0.3	15.2 ±1.0	20	3.E-04
86	Os07g0511400		Hypothetical protein.	16.6 ±0.5	327.0 ±6.5	20	6.E-06
87	Os09g0432300		Similar to AAA-type ATPase family protein.	0.5 ±0.3	9.3 ±1.1	20	2.E-03
88	Os05g0563550	OsFLA18	FAS1 domain domain containing protein.	3.6 ±0.2	70.3 ±1.6	20	7.E-06
89	Os04g0450701	OsAGP4	Hypothetical protein.	2.8 ±0.6	54.5 ±2.7	19	8.E-05
90	Os06g0543400	OsCIPK25	Similar to CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 11.	1.0 ±0.2	19.6 ±1.8	19	7.E-04
91	NA	NA	NA	0.7 ±0.4	14.1 ±1.9	19	3.E-03
92	Os03g0611100	OsmiR1428e	Non-protein coding transcript.	3.6 ±0.7	67.6 ±0.8	19	3.E-06
93	Os01g0817633		Hypothetical gene.	0.3 ±0.3	5.6 ±0.7	19	3.E-03
94	Os01g0814100	OsLTPG1	Similar to Bindin (Fragment).	1.0 ±0.4	19.3 ±1.5	19	5.E-04
95	Os01g0243700		Similar to Beta-1,3-glucanase-like protein.	6.3 ±0.5	117.7 ±8.7	19	3.E-04
96	Os01g0778400	OsAGP19	Hypothetical protein.	2.1 ±0.7	38.7 ±6.6	19	7.E-03
97	Os08g0520000	BTI-1	Mitochondrial substrate carrier family protein.	0.4 ±0.1	7.6 ±0.8	18	1.E-03
98	Os10g0454300		Eggshell protein family protein.	0.5 ±0.5	9.2 ±1.3	18	4.E-03
99	Os10g0404900	Oshox23	Similar to HAHB-5 (Fragment).	2.8 ±0.9	49.3 ±2.6	18	1.E-04
100	Os05g0330700		Conserved hypothetical protein.	0.3 ±0.2	4.5 ±0.6	17	3.E-03

表3-11. 吸水48時間でDown-regulateした発現変動遺伝子に対するGO解析.

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0032502		developmental process	15	28	6.20E-13	1.30E-10
GO:0007275		multicellular organismal development	14	27	5.20E-12	5.40E-10
GO:0009719	Biological	response to endogenous stimulus	9	30	1.50E-06	0.0001
GO:0050896	process	response to stimulus	57	1026	1.60E-05	0.00082
GO:0009605		response to external stimulus	6	25	0.00024	0.01
GO:0032501		multicellular organismal process	14	154	0.00045	0.016
GO:0030234	Molecular Function	enzyme regulator activity	19	255	0.0005	0.048
GO:0044444		cytoplasmic part	426	966	0	0
GO:0005737		cytoplasm	434	1263	0	0
GO:0043231		intracellular membrane-bounded organelle	474	2296	4.40E-277	2.00E-275
GO:0043227		membrane-bounded organelle	474	2319	2.50E-275	8.40E-274
GO:0043229		intracellular organelle	481	2859	3.70E-246	8.30E-245
GO:0043226		organelle	481	2859	3.70E-246	8.30E-245
GO:0044424		intracellular part	490	3529	9.10E-218	1.70E-216
GO:0005622		intracellular	500	4116	1.20E-199	2.10E-198
GO:0044464		cell part	550	5945	2.20E-176	3.00E-175
GO:0005623		cell	550	5945	2.20E-176	3.00E-175
GO:0005739	Cellular	mitochondrion	111	162	1.30E-97	1.60E-96
GO:0043233	Component	organelle lumen	14	70	1.50E-07	1.50E-06
GO:0070013		intracellular organelle lumen	14	70	1.50E-07	1.50E-06
GO:0031974		membrane-enclosed lumen	14	80	6.10E-07	5.90E-06
GO:0031981		nuclear lumen	11	56	3.70E-06	3.30E-05
GO:0005886		plasma membrane	9	44	2.10E-05	0.00018
GO:0005615		extracellular space	5	8	2.30E-05	0.00018
GO:0016020		membrane	96	2115	6.30E-05	0.00047
GO:0044428		nuclear part	12	97	8.60E-05	0.00061
GO:0044421		extracellular region part	5	12	9.90E-05	0.00066
GO:0005777		peroxisome	5	16	0.00029	0.0018
GO:0042579		microbody	5	16	0.00029	0.0018

これらのtermはFDR<0.05な有意なものである.

表3-12. 吸水48時間の際にDown-regulateした遺伝子
(発現量の比率が小さい上位100遺伝子).

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
1	Os01g0642200		Conserved hypothetical protein.	4.1 ±1.0	0.3 ±0.3	0.08	0.03
2	Os05g0328466	OsPRO13B.6	Similar to Prolamin.	11.6 ±2.6	1.3 ±0.5	0.11	0.02
3	Os01g0674450		Non-protein coding transcript.	16.0 ±3.7	2.5 ±0.9	0.16	0.03
4	Os01g0800800		Hypothetical protein.	4.6 ±0.9	0.7 ±0.3	0.16	0.02
5	Os04g0651000	prx57	Similar to Peroxidase.	4.0 ±0.2	0.7 ±0.3	0.17	0.00
6	Os12g0597800	OsBHLH135	Similar to Helix-loop-helix DNA-binding domain containing protein, expressed.	17.5 ±1.1	3.3 ±0.3	0.19	0.00
7	Os05g0389000	ERF142	AP2/ERF transcription factor, Regulation of cell elongation and proliferation in root meristem, Organ size control, Nitrogen-responsive regulation of tillering	3.3 ±0.6	0.6 ±0.3	0.19	0.02
8	Os11g0698567		Conserved hypothetical protein.	8.4 ±1.5	1.8 ±0.6	0.21	0.02
9	Os07g0504200		Hypothetical conserved gene.	4.0 ±0.3	0.9 ±0.4	0.22	0.01
10	Os09g0296800	CabE	Light-harvesting chlorophyll a/b-binding (LHC) protein, Ortholog of AtLhcb7, Blast resistance	4.5 ±0.5	1.0 ±0.2	0.22	0.00
11	Os06g0248600		Conserved hypothetical protein.	4.8 ±1.1	1.1 ±0.5	0.22	0.05
12	Os05g0464300		Conserved hypothetical protein.	8.0 ±0.9	1.9 ±1.0	0.24	0.02
13	Os06g0160200	OsGELP80	Similar to Lanatoside 15'-O-acetylerase precursor.	335.3 ±0.7	85.4 ±7.5	0.25	0.00
14	Os06g0220000		Similar to Phi-1 protein.	27.9 ±2.6	7.2 ±1.4	0.26	0.00
15	Os01g0949220		Non-protein coding transcript.	8.4 ±1.0	2.2 ±1.0	0.27	0.02
16	Os02g0630250		Similar to predicted protein.	7.4 ±0.6	2.0 ±0.7	0.27	0.01
17	Os01g0756300		Conserved hypothetical protein.	8.4 ±1.7	2.3 ±0.9	0.27	0.05
18	Os03g0270800		Conserved hypothetical protein.	3.8 ±0.5	1.1 ±0.5	0.27	0.02
19	Os06g0528300	OsPYL/RCAR8	Similar to Polyketide cyclase.	14.1 ±2.7	3.9 ±1.0	0.28	0.03
20	NA	NA	NA	4.6 ±0.5	1.3 ±0.3	0.29	0.01
21	Os10g0479100		Non-protein coding transcript.	8.4 ±0.7	2.4 ±0.8	0.29	0.01
22	Os11g0539901		Hypothetical conserved gene.	4.1 ±0.4	1.2 ±0.5	0.29	0.02
23	Os01g0749000	OsSTA32	Protein of unknown function DUF1264 family protein.	17.7 ±1.7	5.2 ±0.2	0.30	0.00
24	Os07g0604600		Similar to B12D protein.	13.5 ±1.2	4.0 ±1.1	0.30	0.01
25	Os04g0592500		Phosphoenolpyruvate carboxykinase, ATP-utilising domain containing protein.	3.6 ±0.5	1.1 ±0.5	0.30	0.03

表のControlは対照区, Treatmentは乾熱休眠打破処理区の遺伝子発現量を示す。
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す。

表3-12. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
26	Os03g0793700	OsEnS-57	Cupin domain protein, Regulation of seed vigour	2062 ±265	622.0 ±12	0.30	0.01
27	Os12g0135100		Similar to Phosphoglycerate mutase family protein.	5.6 ±1.2	1.7 ±0.3	0.30	0.04
28	Os01g0154000		Conserved hypothetical protein.	4.4 ±0.9	1.3 ±0.3	0.30	0.04
29	Os01g0713200	OsGns10	Similar to Beta-glucanase.	14.8 ±2.4	4.5 ±0.8	0.31	0.02
30	Os01g0323775		Hypothetical protein.	462.5 ±30.4	141.2 ±63	0.31	0.01
31	Os01g0878700	OsAAP10D	Amino acid transporter, Regulation of grain protein content and nutritional quality	40.5 ±3.7	12.5 ±1.3	0.31	0.00
32	Os09g0535500		Similar to RING-H2 finger protein ATL1R (RING-H2 finger protein ATL8).	60.6 ±7.1	18.9 ±1.9	0.31	0.01
33	Os03g0786100	OsGLO1	Glycolate oxidase, Photorespiratory enzyme, Strong regulation over photosynthesis, Feed-back inhibition on Rubisco activase	3.2 ±0.6	1.0 ±0.0	0.32	0.04
34	NA	NA	NA	17.2 ±1.4	5.6 ±0.6	0.32	0.00
35	Os06g0168700	OsHyPRP17	Similar to Prolin rich protein.	78.0 ±7.3	25.4 ±1.2	0.33	0.00
36	Os04g0253000	OsH1	Similar to Histone H1.	567.0 ±26.8	184.9 ±4.3	0.33	0.00
37	Os03g0765500		Hypothetical conserved gene.	17.4 ±2.4	5.7 ±1.0	0.33	0.01
38	Os03g0699000	ole18, OsOLE18	Oleosin 18 kDa, Seed oil body oleosin H-isoform	590.2 ±52.0	193.6 ±7.8	0.33	0.00
39	Os11g0641300		Conserved hypothetical protein.	29.1 ±2.0	9.6 ±1.4	0.33	0.00
40	Os12g0148700		Adipose-regulatory protein, Seipin domain containing protein.	16.1 ±0.9	5.3 ±0.9	0.33	0.00
41	Os08g0414500	OsBHLH177	Hypothetical conserved gene.	34.3 ±6.3	11.5 ±2.2	0.34	0.04
42	Os04g0617050	OsSAUR21	Similar to H0313F03.1 protein.	16.4 ±1.4	5.5 ±1.8	0.34	0.01
43	Os06g0728700	OsEPR1	Homeodomain-like containing protein.	8.8 ±0.4	3.0 ±0.3	0.34	0.00
44	Os03g0822400		Conserved hypothetical protein.	115.0 ±7.7	39.1 ±3.0	0.34	0.00
45	Os02g0130200	OsPGL15	Pectin lyase fold/virulence factor domain containing protein.	8.6 ±1.2	2.9 ±0.2	0.34	0.01
46	Os05g0415400	NAC94	Similar to OsNAC6 protein.	6.1 ±0.9	2.1 ±0.9	0.34	0.05
47	Os05g0172800		Conserved hypothetical protein.	14.5 ±1.4	5.0 ±0.7	0.34	0.01
48	Os12g0607000	OsHMT4	Similar to homocysteine S-methyltransferase-2.	37.2 ±1.5	12.8 ±0.2	0.34	0.00
49	Os01g0264000	OsDof	Dof transcription factor, Promotion of nutrient ion uptake and accumulation	4.0 ±0.3	1.4 ±0.2	0.35	0.00
50	Os06g0284900	OsAGP7	Hypothetical protein.	28.4 ±3.0	9.9 ±1.1	0.35	0.01

表3-12. 続き

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
51	Os03g0809200	OsZIP34	Similar to Transcription factor EmBP-1 (Fragment).	19.7 ±1.1	6.9 ±0.4	0.35	0.00
52	Os04g0535200		Peptidase A1 domain containing protein.	15.4 ±1.7	5.4 ±0.5	0.35	0.01
53	Os01g0844300	OsFKBP20-1b	FK506-binding protein, Immunophilin family protein, Mediation of RNA processing, Post-transcriptional regulation of abiotic stress response	4.8 ±0.7	1.7 ±0.4	0.35	0.02
54	Os01g0603300	OsDLN13	Similar to MCB2 protein.	21.7 ±2.5	7.7 ±0.7	0.35	0.01
55	Os02g0686800	OsFLZ6	FCS-like zinc finger (FLZ) protein 6, Submergence response	8.7 ±1.4	3.1 ±0.3	0.36	0.02
56	Os04g0504700		Conserved hypothetical protein.	16.4 ±2.4	5.8 ±1.3	0.36	0.02
57	Os01g0788200		Nuclear transport factor 2 domain containing protein.	4.9 ±0.5	1.7 ±0.5	0.36	0.01
58	Os05g0367900		Harpin-induced 1 domain containing protein.	27.6 ±3.7	9.9 ±1.1	0.36	0.01
59	Os09g0135100		Hypothetical conserved gene.	4.4 ±0.5	1.6 ±0.1	0.36	0.01
60	Os02g0681000		Mechanosensitive ion channel MscS domain containing protein.	9.8 ±0.7	3.6 ±1.1	0.37	0.01
61	Os07g0298900	OsEnS-104	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.	604.7 ±20.8	224.0 ±5.5	0.37	0.00
62	Os05g0569500		Similar to Embryo-specific protein.	612.9 ±52.3	227.6 ±3.6	0.37	0.00
63	Os08g0485000		Similar to PHI-1.	83.6 ±6.6	31.1 ±2.6	0.37	0.00
64	Os04g0488100	OsRad21-2	A member of the Rad21/Rec8 family, Regulation of cell division and growth	5.2 ±0.5	2.0 ±0.4	0.37	0.01
65	Os10g0564400		Similar to Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 2, chloroplast precursor	6.9 ±0.4	2.6 ±0.8	0.38	0.01
66	Os08g0127900	OsEnS-115	Similar to Globulin 1 (Fragment).	396.2 ±29.6	150.3 ±3.9	0.38	0.00
67	Os12g0415800		Similar to Histone H3.	167.5 ±9.8	64.8 ±7.9	0.39	0.00
68	Os07g0657100	OsEnS-113	Glyoxalase I, Abiotic stress tolerance	140.7 ±12.6	55.2 ±3.7	0.39	0.00
69	Os03g0663750		Hypothetical protein.	462.4 ±33.2	182.7 ±3.8	0.40	0.00
70	Os04g0429400	OsHHLH144	Helix-loop-helix DNA-binding domain containing protein.	5.9 ±1.0	2.3 ±0.4	0.40	0.04
71	Os01g0733200	OsHsfC1b	Heat shock factor, Transcription factor, ABA-mediated salt stress tolerance, Response to osmotic stress	15.1 ±2.2	6.0 ±1.4	0.40	0.03
72	Os04g0481400	OsPIMT2	Similar to Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase	7.7 ±0.7	3.1 ±0.4	0.40	0.01
73	Os08g0483100		Conserved hypothetical protein.	9.9 ±0.7	4.0 ±0.2	0.40	0.00
74	Os05g0355400	UspA	UspA domain containing protein.	112.5 ±7.9	45.4 ±1.5	0.40	0.00
75	Os12g0255850		Conserved hypothetical protein.	22.1 ±1.8	8.9 ±0.3	0.40	0.00

表3-12. 続き

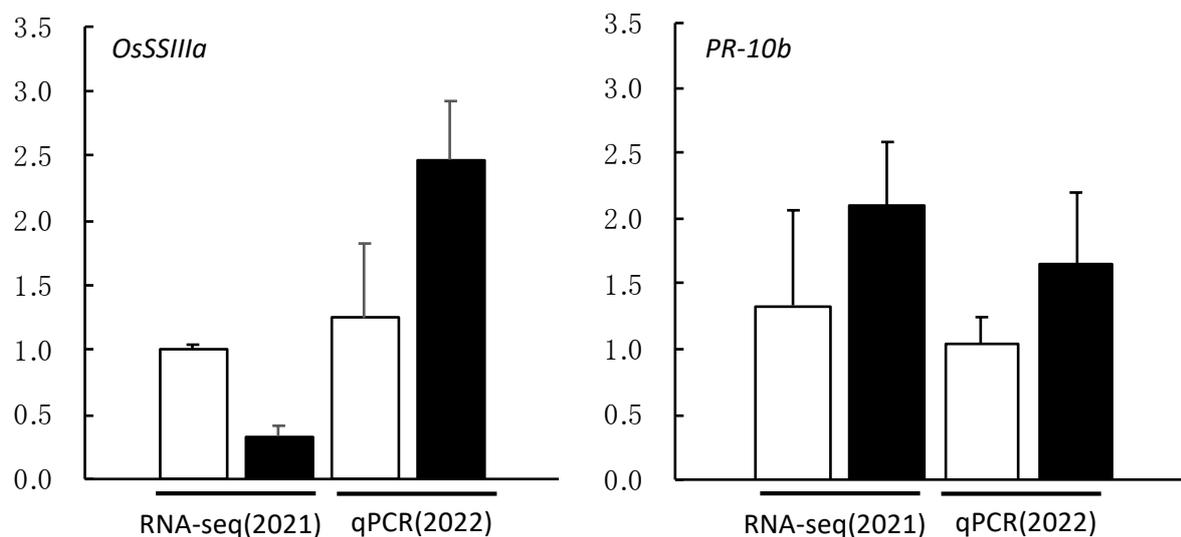
ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
76	Os11g0130700		Conserved hypothetical protein.	3.4 ±0.5	1.4 ±0.2	0.41	0.02
77	Os02g0824500	OsREM1.1	Similar to Remorin.	17.8 ±1.7	7.2 ±0.3	0.41	0.00
78	Os04g0638700	OsPep1	Conserved hypothetical protein.	27.7 ±2.7	11.2 ±0.9	0.41	0.01
79	Os08g0377500		Protein of unknown function DUF599 family protein.	30.3 ±2.9	12.3 ±1.4	0.41	0.01
80	Os04g0380200		Conserved hypothetical protein.	3.0 ±0.5	1.2 ±0.3	0.41	0.05
81	Os01g0800900	Os_F0743	Conserved hypothetical protein.	34.9 ±4.5	14.3 ±1.6	0.41	0.02
82	Os01g0850000		Uncharacterised conserved protein UCP022260 domain containing protein.	8.6 ±1.0	3.5 ±0.3	0.41	0.01
83	Os05g0332000	Prol-15	Similar to Prolamin precursor.	3058 ±474	1257 ±43	0.41	0.03
84	Os04g0578550		Hypothetical conserved gene.	57.5 ±3.0	23.9 ±2.0	0.42	0.00
85	Os12g0269100	Prol-24	Similar to Prolamin.	156.9 ±16.0	65.5 ±6.3	0.42	0.01
86	Os04g0447500		Similar to NADPH-dependent codeinone reductase (EC 1.1.1.247).	7.4 ±0.4	3.1 ±0.2	0.42	0.00
87	Os05g0474600		Similar to Aldose reductase-related protein (EC 1.1.1.21).	91.2 ±3.4	38.2 ±0.4	0.42	0.00
88	Os03g0794000	OsLTPG9	Plant lipid transfer protein/Par allergen family protein.	32.1 ±2.1	13.5 ±1.5	0.42	0.00
89	Os01g0580400	OsHAP5J	Histone-fold domain containing protein. Similar to Low molecular weight heat shock protein precursor	6.6 ±1.0	2.8 ±0.7	0.42	0.05
90	Os02g0758000	OsHsp24.1	(Mitochondrial small heat shock protein 22).	132.9 ±13.3	55.9 ±1.7	0.42	0.01
91	Os02g0160900		Protein of unknown function wound-induced domain containing protein.	20.5 ±1.1	8.6 ±2.1	0.42	0.01
92	Os03g0151500		Conserved hypothetical protein.	3.1 ±0.4	1.3 ±0.3	0.42	0.04
93	Os01g0919900	OsSSI2	Fatty acid desaturase, Rice ortholog of SSI2, Negative regulation of defense responses	45.2 ±3.9	19.1 ±0.7	0.42	0.00
94	Os01g0814700	OsFbox047	Cyclin-like F-box domain containing protein.	33.7 ±2.1	14.3 ±1.4	0.42	0.00
95	Os07g0691300		Wound-induced protein, Wun1, subgroup domain containing protein.	7.9 ±1.1	3.3 ±0.8	0.42	0.04
96	Os03g0663800	OsEnS-51	Globulin 1 (Fragment).	17.2 ±1.2	7.3 ±0.7	0.42	0.00
97	Os08g0191650		Hypothetical gene.	24.3 ±1.2	10.3 ±1.0	0.43	0.00
98	Os10g0548100		Similar to DM280 protein.	112.4 ±2.9	47.8 ±3.6	0.43	0.00
99	Os05g0439100		Similar to Transcription factor MYC7E (Fragment).	20.8 ±3.2	8.9 ±1.7	0.43	0.04
100	Os01g0954000		NADPH-dependent FMN reductase family protein.	6.3 ±0.9	2.7 ±0.6	0.43	0.04

表3-13. リアルタイムPCRに使用した候補遺伝子のプライマー情報.

処理時間	Gene Name	Gene ID	Fw	Rv	Size(bp)	参照
吸水0時間	OsSSIIIa	Os08g0191433	CATTGCAAAGGTTGGAGGCC	CCATGACCTGGGACTTCCTT	540	
吸水0時間	Rb-10b	Os12g0555200	ACGTGCTAAAAGGTTGAGGTGT	TCATCTGGAGCATGCTGAAGT	204	
吸水6時間	DOG	Os08g0504700	ACGACTGCAGCTTCGACTACAA	TGTATTATCCTTTTAGAAACCCTAACGATCTT	104	Tyagi et al. (2014)
吸水6時間	OsSUR1	Os09g0482800	AGCCAAGAATTCGATCGGGC	AGGCAGAAATCTCTGACGCCCT	477	Kan et al. (2015)
吸水6時間	OsMAPKK63	Os01g0699100	CACACTGGACGCCCGCATTCT	GAAAGCGTCCGCTTCATTGCTT	313	Kan et al. (2015)
吸水6時間	RA5B	Os07g0214600	AGGTAGTGATCTCGGCGTTG	CCGATTCCCTGGCTGACATAG	124	Wang et al. (2015)
吸水24時間	AMY1A	Os02g0765600	GATACGACGTCGAAACACCTC	CGGATCGGATACAGCTCGTTG	184	小林 (2016)
吸水24時間	AMY3E	Os08g0473600	GAAAGGAAGGCCCTCAGGGTTC	GCTCGTACACATCTCGCAGCA	153	小林 (2016)
吸水24時間	AMY3D	Os08g0473900	TGAAGAACAACCCAGCAGCTTTGTG	TTCCACGACTCCCAGTTGAAAC	112	
吸水24時間	OsMYBS2	Os10g0562100	CAGACCAACCCTGGCAAAAA	GAGGACTTGGAAAGCTGATCATCA	85	Chen et al. (2019)
吸水24時間	PIPI-2	Os04g0559700	CCCTCTTCTACATGGTGATGC	CGGAGAAAGACGGGTGAGACG		

表中の処理時間は候補遺伝子のサンプリング時間について示す.

(a) 吸水0時間



(b) 吸水6時間

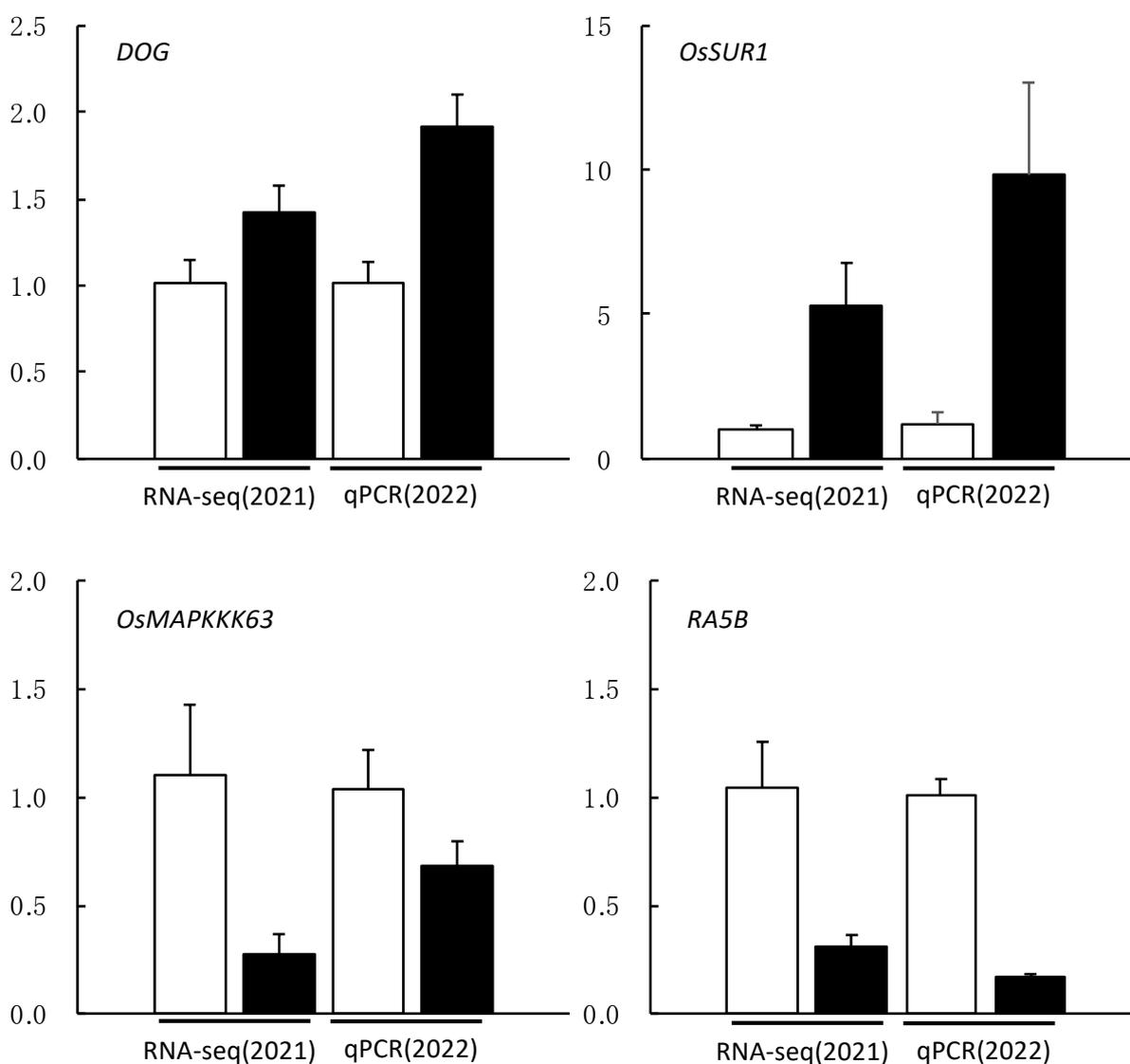


図3-6. 各吸水時間における候補遺伝子の発現量の変動。

図内のPCR-seq(2021)はPCR-seqをした際に用いたRNAサンプル, qPCR(2022)はリアルタイムPCRをした際にサンプリングしたRNAサンプルを示す. バーは標準誤差を表す.

図中の(a), (b), (c)はそれぞれ吸水時間0時間, 6時間, 24時間でサンプリングしていることを示す.

(c) 吸水24時間

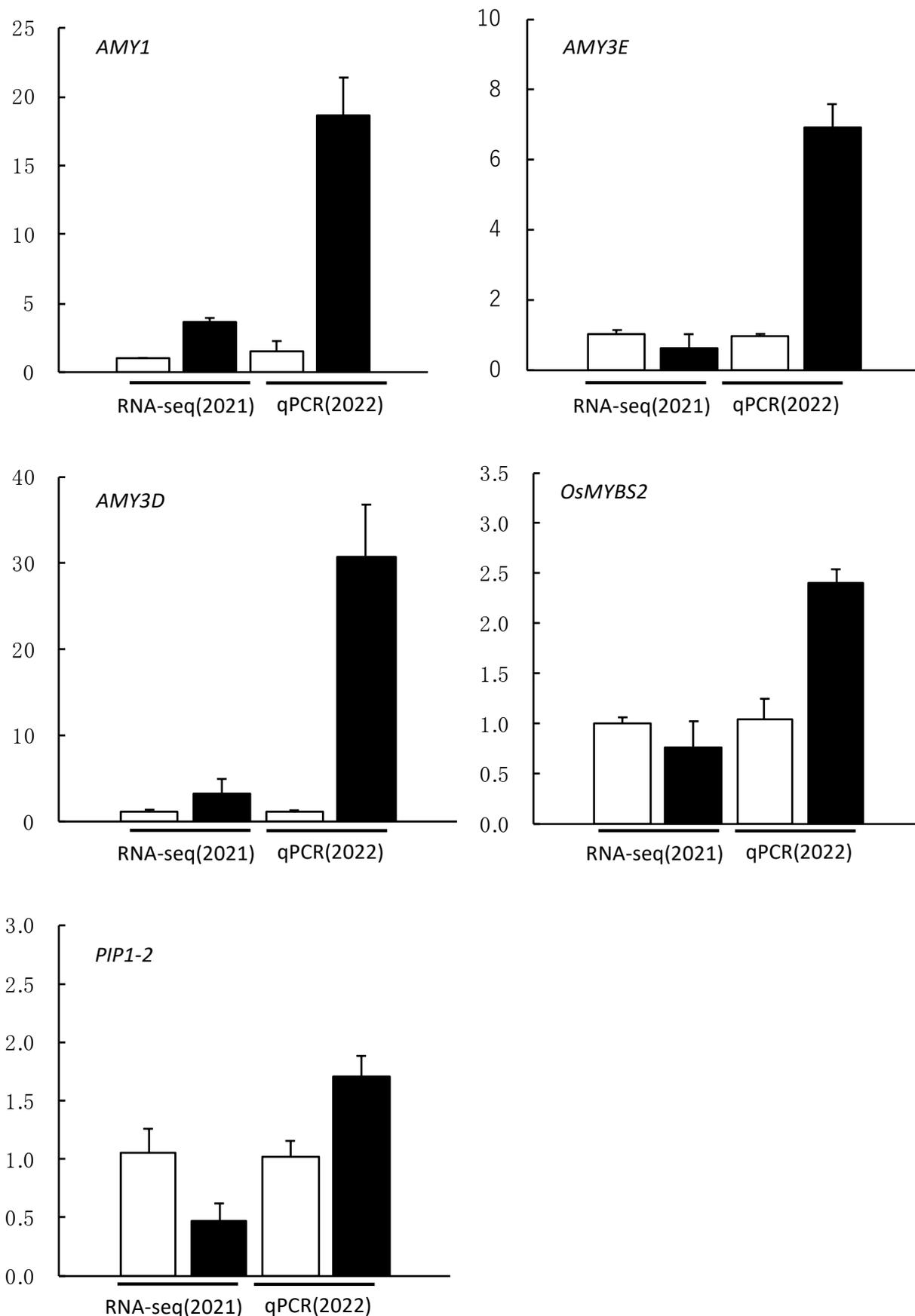
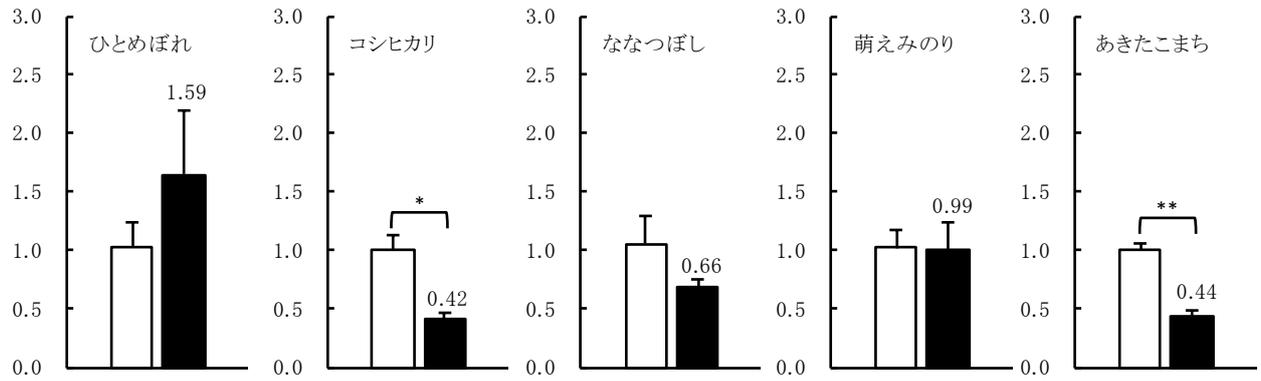


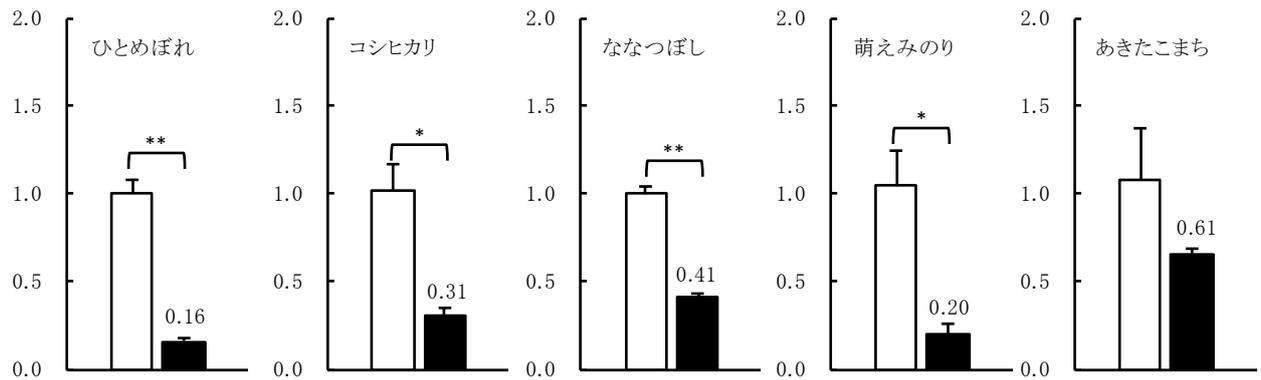
図3-6. 各吸水時間における候補遺伝子の発現量の変動. 続き

図内のPCR-seq(2021)はPCR-seqをした際に用いたRNAサンプル, qPCR(2022)はリアルタイムPCRをした際にサンプリングしたRNAサンプルを示す. バーは標準誤差を表す.
図中の(a), (b), (c)はそれぞれ吸水時間0時間, 6時間, 24時間でサンプリングしていることを示す.

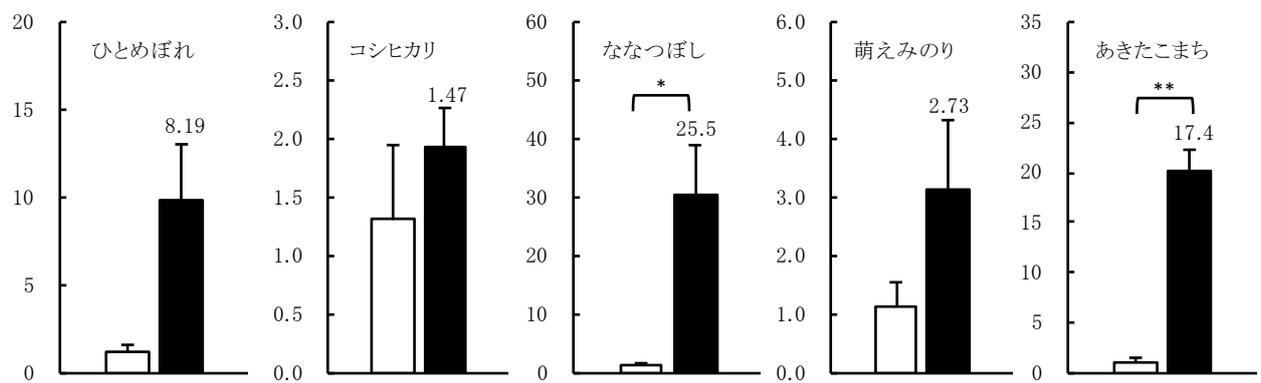
(a) PR-10b (吸水0時間)



(b) RA5B (吸水6時間)



(c) OsSUR1 (吸水6時間)



(d) DOG (吸水6時間)

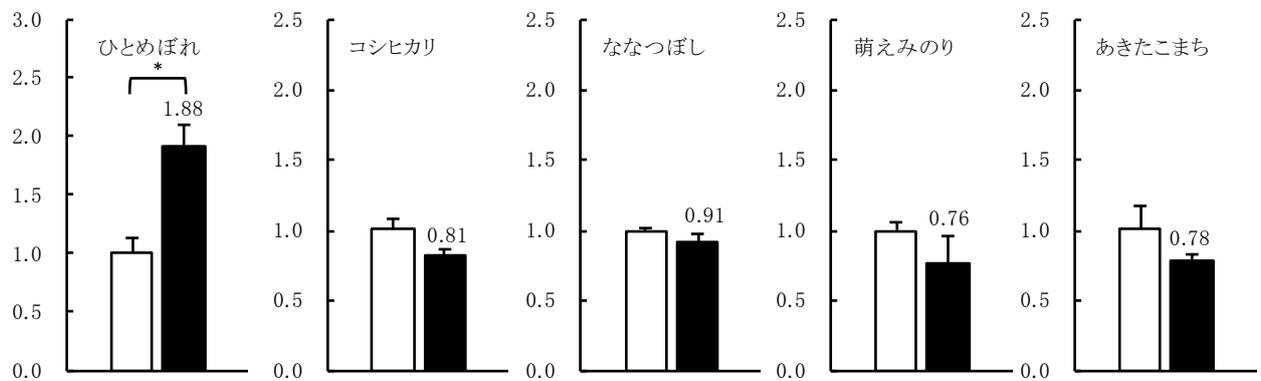


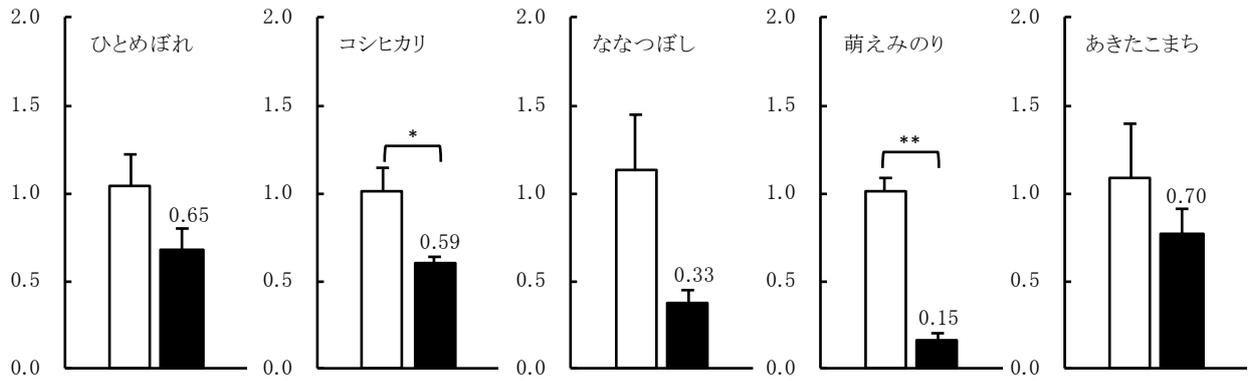
図3-7. 各吸水時間における候補遺伝子の品種ごとにおける遺伝子の発現量.

図中の白い棒グラフは無処理, 黒い棒グラフは処理 (休眠打破処理) の発現量を示す.

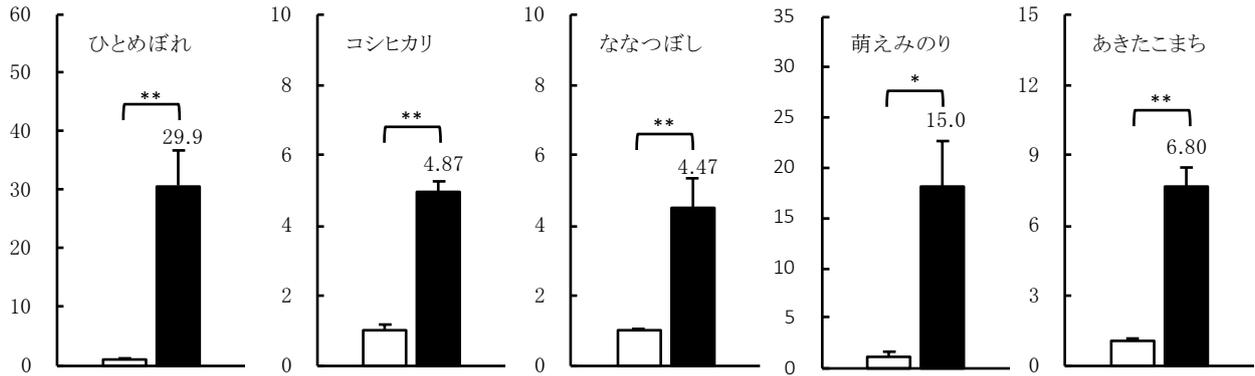
黒い棒グラフの上にある値は処理による発現量の変化率を示す.

バーは標準誤差 (n = 3)を表す. 図中の* は5%水準で, ** は1%水準で有意であることを示す.

(e) OsMPKKK63 (吸水6時間)



(f) AMY3D (吸水24時間)



(g) AMY1 (吸水24時間)

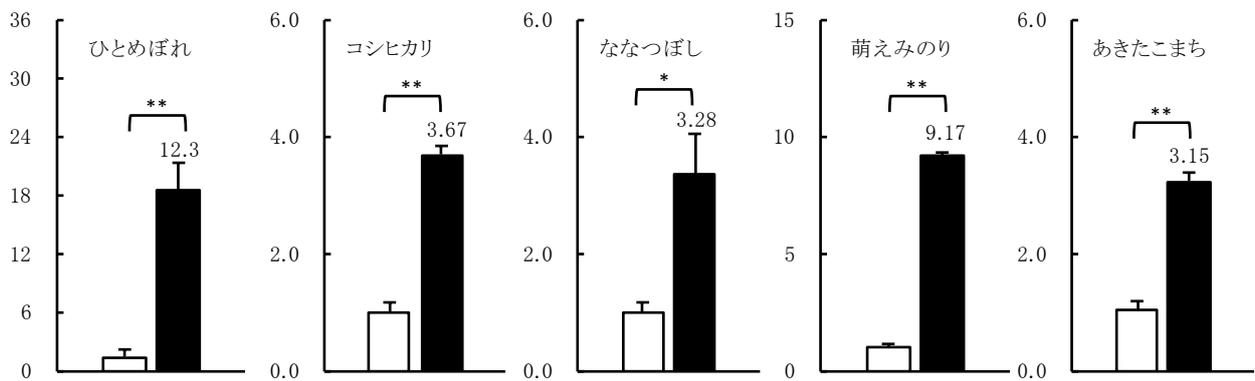


図3-7. 各吸水時間における候補遺伝子の品種ごとにおける遺伝子の発現量. 続き.

図中の白い棒グラフは無処理, 黒い棒グラフは処理 (休眠打破処理) の発現量を示す.

黒い棒グラフの上にある値は処理による発現量の変化率を示す.

バーは標準誤差 (n = 3)を表す. 図中の* は5%水準で, ** は1%水準で有意であることを示す.

表3-14. 品種での出芽率, 発芽率と休眠打破処理による発芽率の増加率.

品種名	出芽率 (%)				発芽率 (%)				休眠打破による	
	無コーティング	キヒゲンコーティング	4日目	7日目	14日目	最終発芽率	発芽率の増加率	発芽率の増加率	発芽率の増加率	
あきたこまち	19 ± 2.3	30 ± 8.3	8 ± 2.9	56 ± 1.8	83 ± 3.3	99 ± 0.3	9.7	1.7	1.2	
コシヒカリ	10 ± 1.6	16 ± 6.9	69 ± 3.0	99 ± 0.3	100 ± 0.3	100 ± 0.3	1.2	1.0	1.0	
ななつぼし	3 ± 1.1	9 ± 2.0	2 ± 1.0	19 ± 0.9	47 ± 3.2	100 ± 0.3	-	-	-	
萌えみのり	16 ± 3.1	30 ± 2.7	3 ± 0.9	27 ± 2.6	78 ± 4.1	99 ± 0.3	10.8	4.9	1.4	
ひとめぼれ	6 ± 3.2	16 ± 5.7	6 ± 1.2	39 ± 1.7	83 ± 0.6	100 ± 0.0	9.0	3.0	1.4	

表中の - はデータがないことを示す.
これらのデータは第2章の試験2の出芽率, 発芽率のデータを元に作成した.

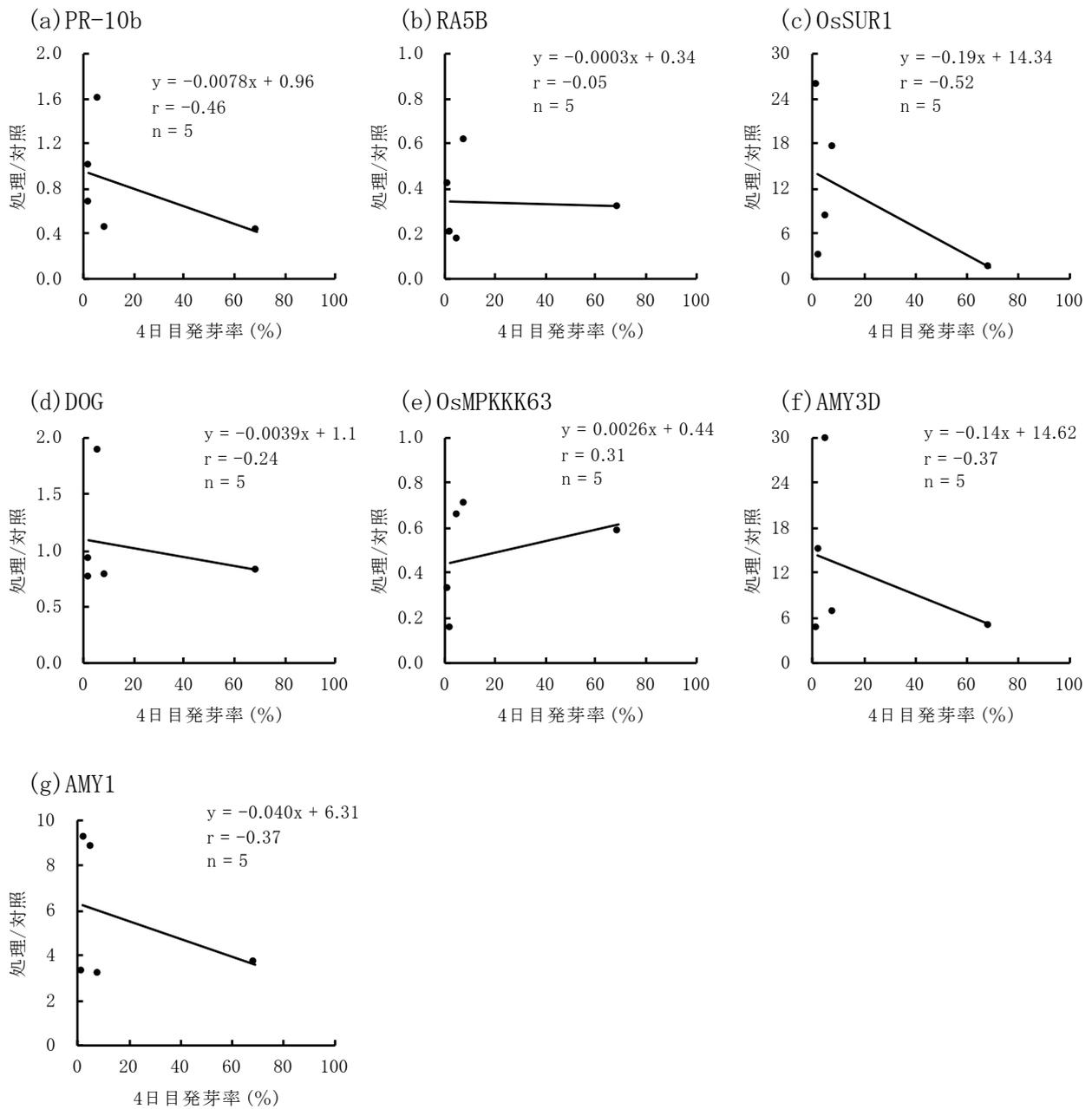


図3-8. 4日目の発芽率と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数, nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

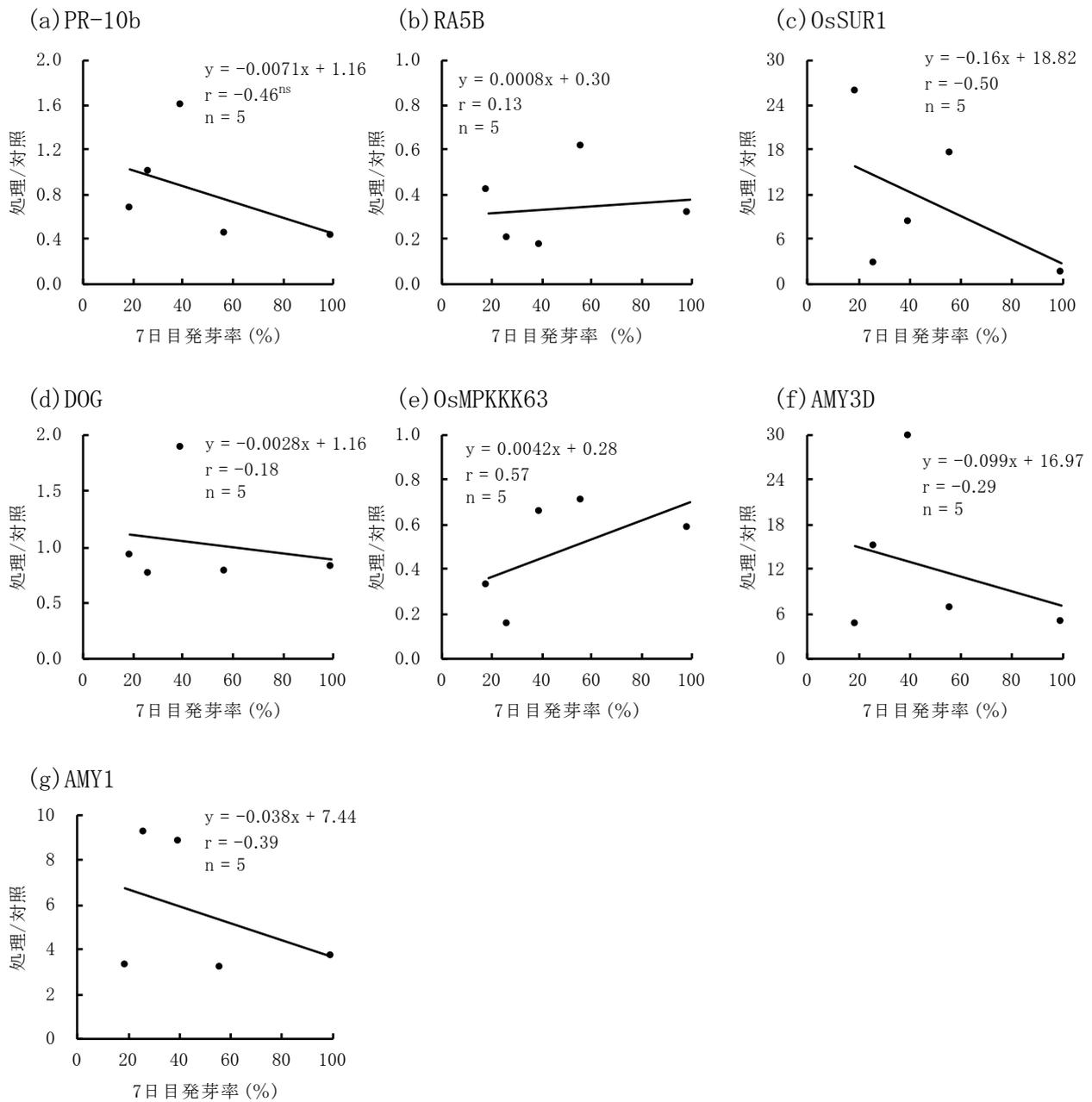


図3-9. 7日目の発芽率と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数, nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

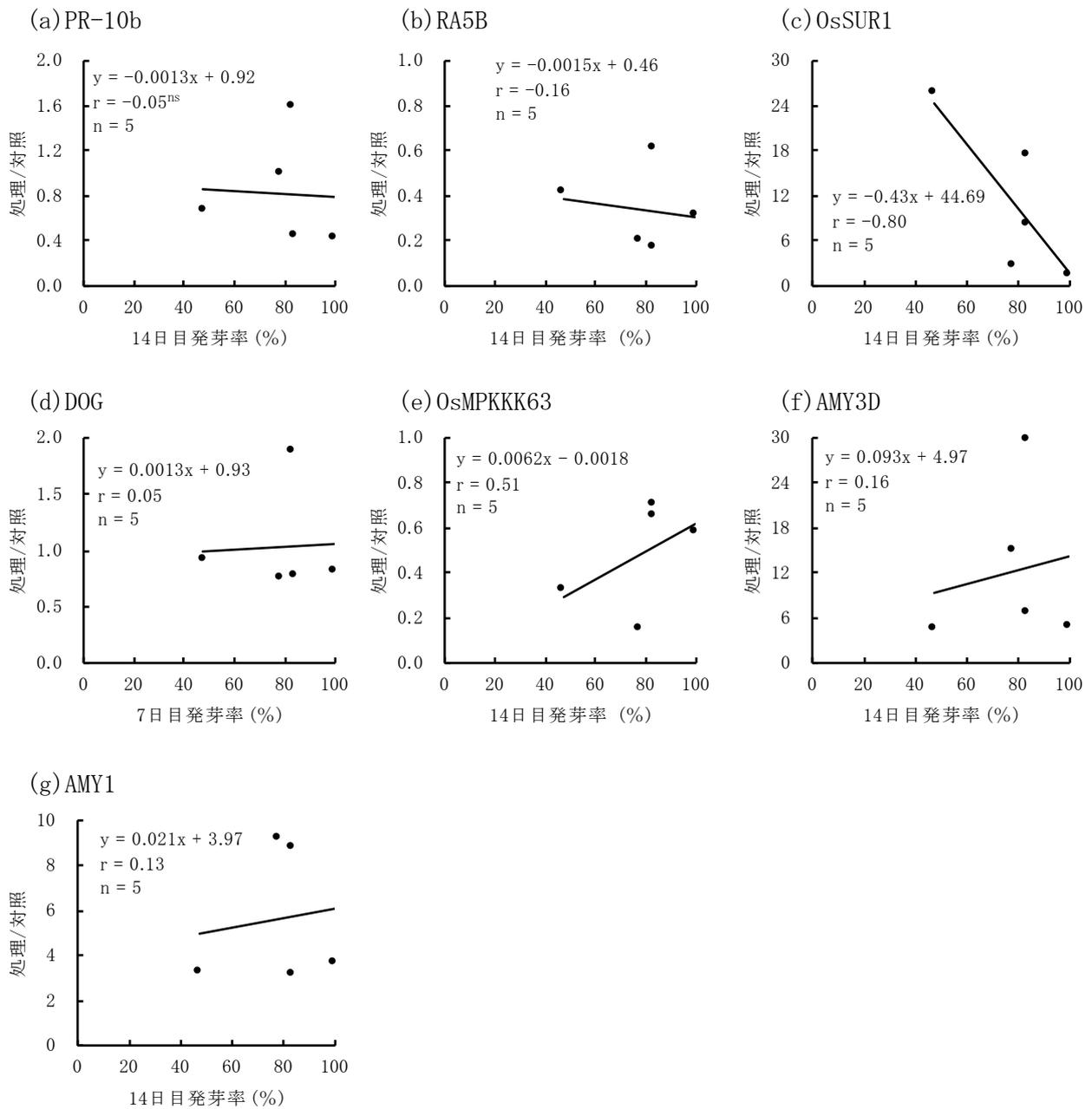


図3-10. 14日目の発芽率と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数, nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

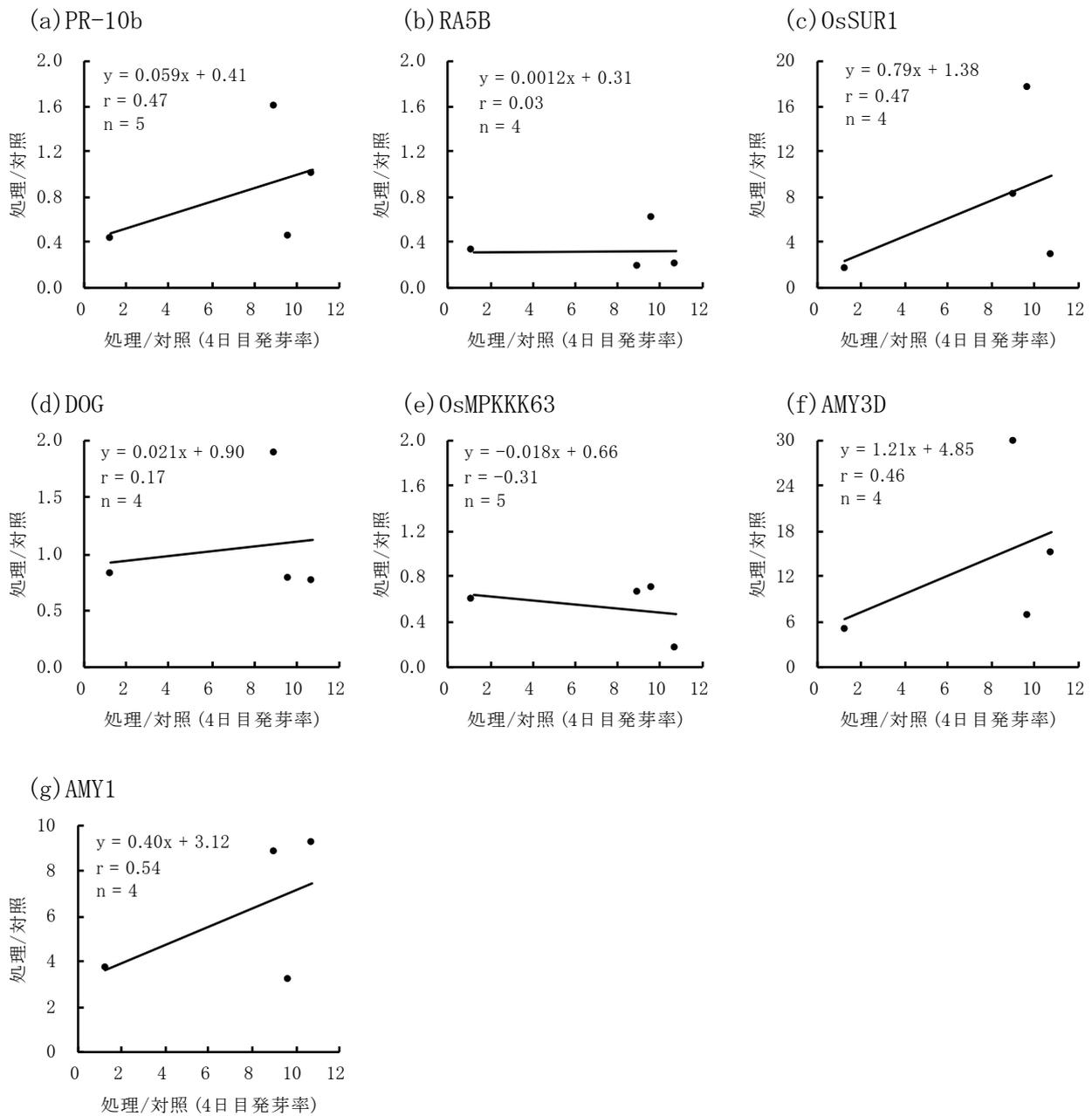


図3-11. 休眠打破による4日目の発芽率の増加率と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数，nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

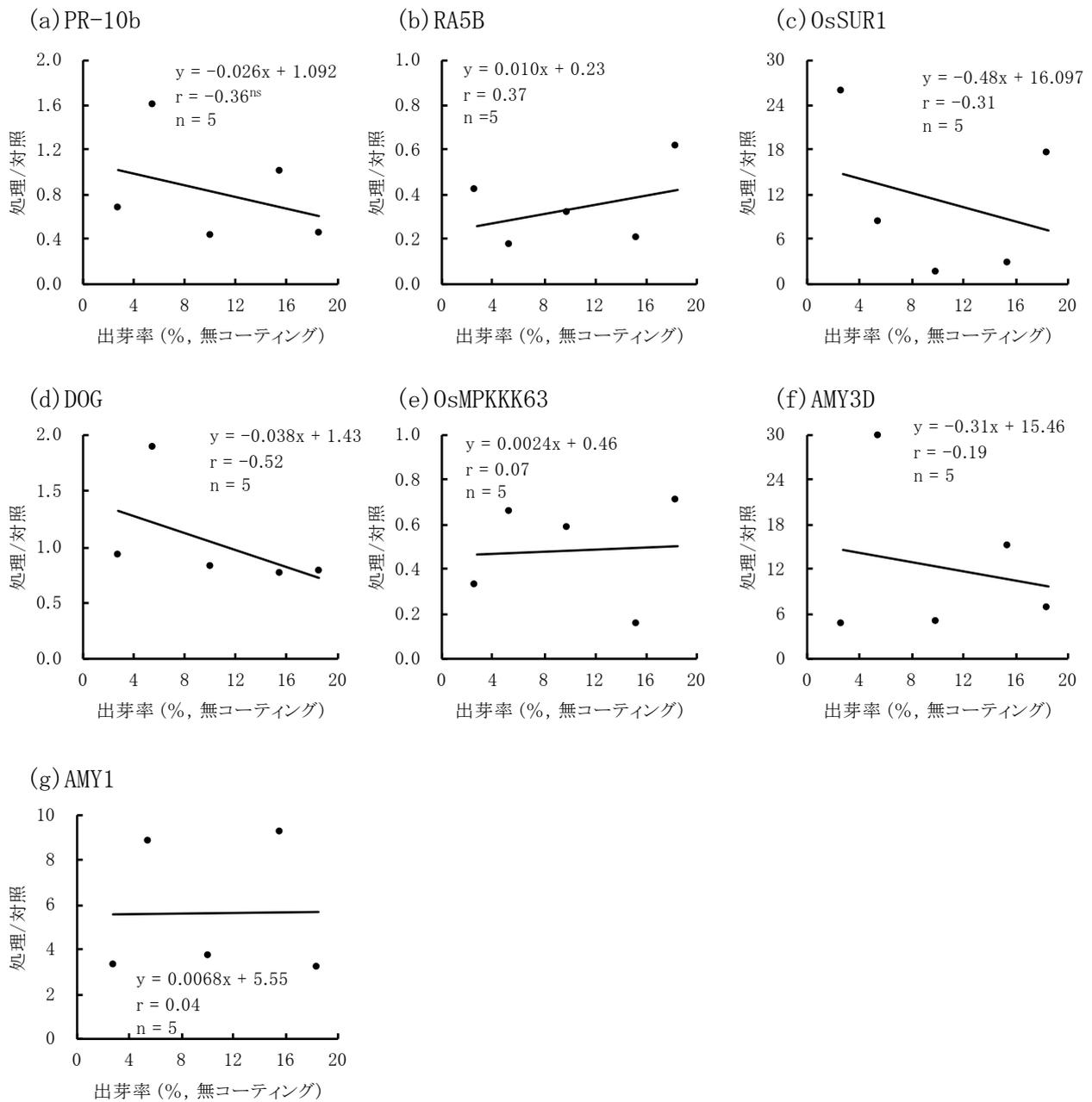


図3-12. 越冬後の出芽率（無コーティング）と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数，nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

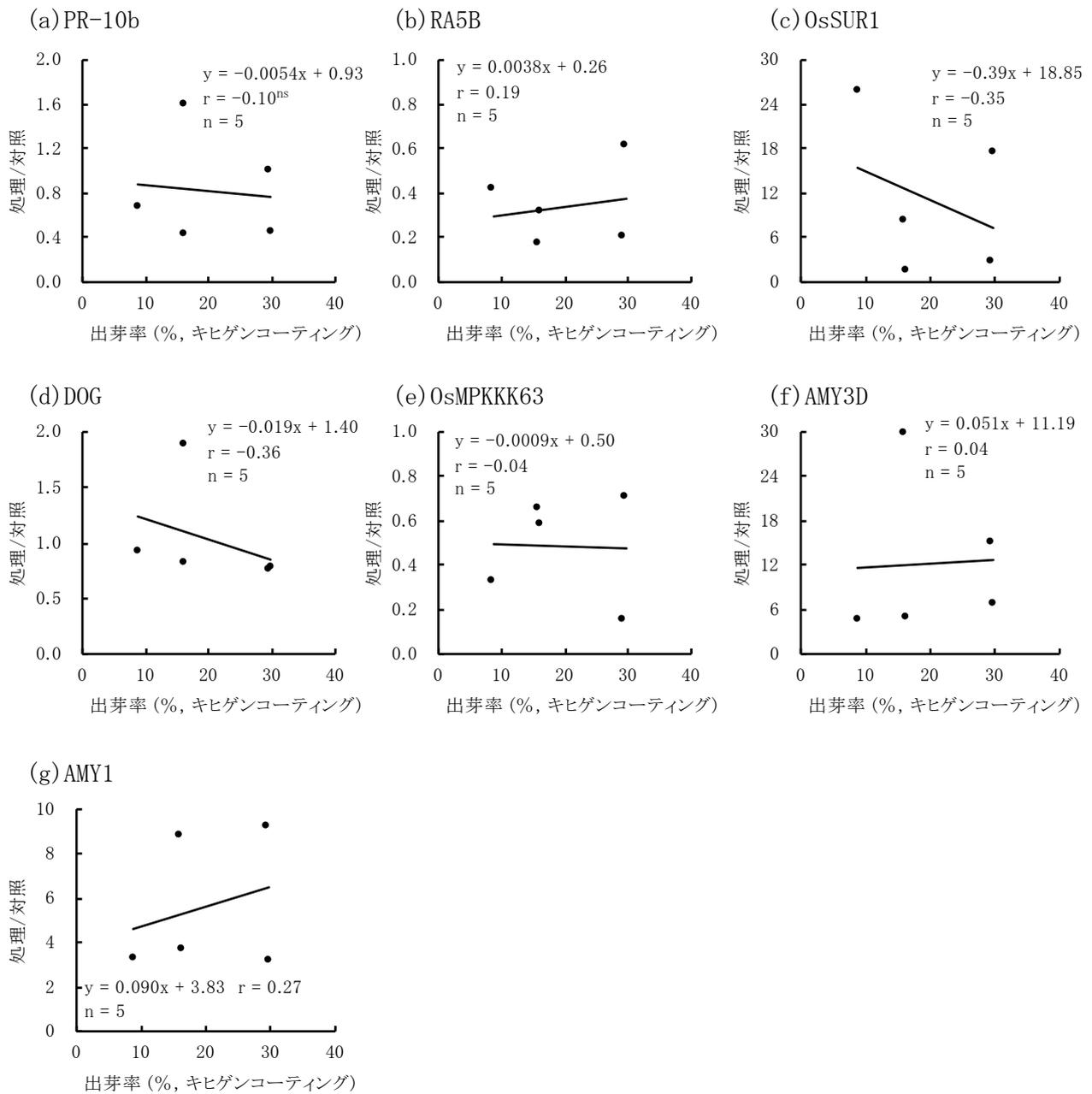


図3-13. 越冬後の出芽率 (キヒゲンコーティング) と遺伝子発現量の変化率との相関関係。

出芽率のデータは2022/23年の出芽率のデータを使用した。

rは相関係数, nは各シーズンにおける品種と採種地の組み合わせの総計を示す。

nsは5%水準で有意でないことを示す。

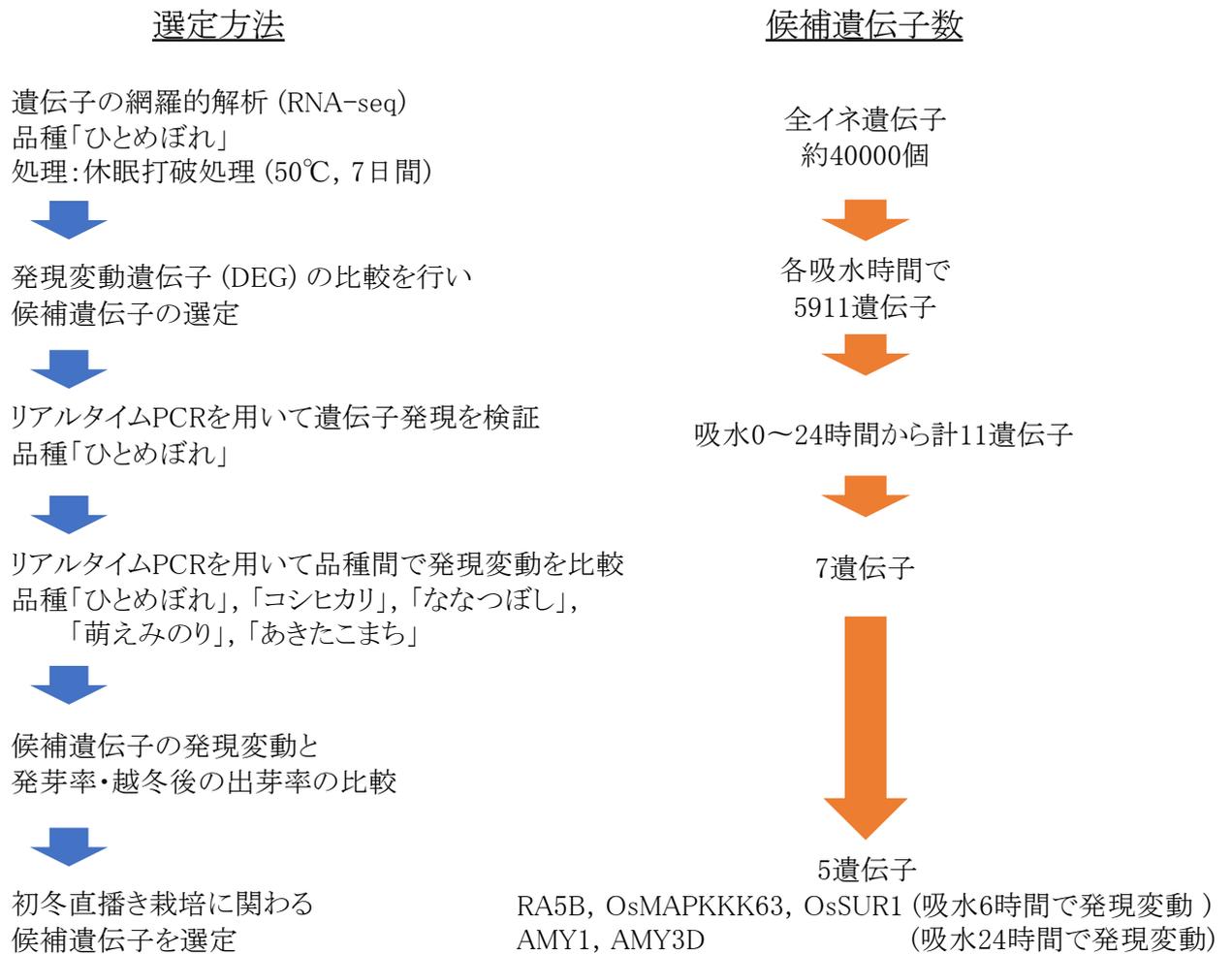


図3-14. 本実験で行った種子休眠に関わる候補遺伝子数の推移.

3-4. 考察

第2章の結果から、初冬直播き栽培における出芽率が、品種と採種地の組み合わせの影響を受けていることを明らかにし、その変動要因として種子休眠が関係していることが示唆された。また、及川ら(2021)は種子休眠が打破されることで初冬直播きにおける出芽率が減少することを報告しており、種子休眠は初冬直播きにおける出芽率を予測するための指標となる可能性がある。まず始めに、「ひとめぼれ」の種子を乾熱休眠打破し、発芽準備期間の吸水 0, 6, 24, 48 時間でサンプリングし、そのサンプルを用いて RNA-seq による解析を行い候補遺伝子探索した。

イネ遺伝子は約 40000 遺伝子あるとされており、その中から種子休眠を制御する候補遺伝子を見つけ出すために RNA-seq 解析を行ったところ、吸水 0 時間で 28 遺伝子が up-regulation, 吸水 6 時間は 359 遺伝子が up-regulation, 74 遺伝子が down-regulation, 吸水 24 時間で 330 遺伝子が up-regulation, 144 遺伝子が down-regulation しており、この中に休眠の制御に関係する遺伝子があることが示唆された。Xie ら(2019)は吸水 48 時間で候補遺伝子について報告していたが、それよりも早い段階でも遺伝子は有意に発現変動していることが明らかになったことから吸水 0~24 時間に休眠を制御する遺伝子が存在する可能性が示唆された。このことから、本実験では種子休眠を制御する候補遺伝子が吸水 0~24 時間に存在するかを評価し、発現変動が大きかった遺伝子と GO 解析の結果、吸水 0 時間からは 2 遺伝子(OsSSIIIa, PR-10b), 6 時間からは 4 遺伝子(DOG, R5BA, OsSUR1, OsMPKKK63), 24 時間からは 5 遺伝子(AMY1, AMY3E, AMY3D, OsMYBS2, PIP1-2)の計 11 遺伝子を候補遺伝子とした(表 3-13)。

候補遺伝子の発現変動を検証のためにリアルタイム PCR した結果、候補遺伝子は 11 から 7 遺伝子(PR-10b, DOG, R5BA, OsSUR1, OsMPKKK63, AMY1, AMY3D)まで絞ることができ(図 3-6, 図 3-14), これらの 7 遺伝子を品種間で比較した。種子を休眠打破することで、吸水 24 時間で AMY1, AMY3D といった α アミラーゼに関係する遺伝子の発現が up-regulation した。姫田(1973)は糖の溶出量と初冬直播きの出芽率に関する可能性とアミラーゼ活性は種子休眠が深い品種の方が低いことを報告しており、遺伝子レベルではあるが本実験でも同様の結果が得られた。ま

た, 吸水 6 時間において α -amylase/trypsin inhibitor 遺伝子である「RA5B」(Alvarez ら 1995) が down-regulation しており, 他の α -amylase/trypsin inhibitor 遺伝子(Os07g0214300)も休眠打破したことで down-regulation していたことから(表 3-5), これらの遺伝子が down-regulation することで α アミラーゼ遺伝子の発現が早くなり, 発芽が進んでいることが示唆された. それ故に α -amylase/trypsin inhibitor 遺伝子は種子休眠の制御の候補遺伝子である可能性が考えられる. 本実験で休眠の指標として発芽率を用いた. その発芽率と候補遺伝子で比較した結果, 「OsSUR1」, 「OsMPKKK63」という遺伝子と発芽率に関係がみられた(図 3-9c, e). 「OsSUR1」は糖代謝に関与するヘキソナーゼと糖によって発現が誘導されており, 糖の輸送に関与していることが示唆されている(OTSUKI ら 2003). その他, 稲の初期生育期間の根において窒素欠乏によって発現が抑制されることが報告されているが(Hsieh ら 2018), 種子休眠に関する報告はされていない. Na ら(2019)は「OsMPKKK63」が塩ストレスなどの非生物的なストレス応答によって発現し, 種子休眠の制御に関与していることへの示唆を報告しており, 本実験においても休眠の有無によって発現変動していることから「OsMPKKK63」が種子休眠の制御に関与していることが考えられる. 休眠程度の評価として, 処理による発芽率の増加率と比較したところ, α アミラーゼ遺伝子との間に関係がみられた. 以上のことから, 最終的には約 40000 あるイネ遺伝子の中から計 5 遺伝子が種子休眠の候補遺伝子としての可能性が示唆された(図 3-14).

第 2 章の結果から, 種子休眠に着目し, 初冬直播き栽培における品種と採種地の影響を評価する分子生物学的なマーカーを探索するために, 本実験での種子休眠に関与する候補遺伝子の発現変動と初冬直播きにおける出芽率について比較した. その結果, 「OsSUR1」と「DOG」が出芽率との間に負の傾向がみられた(図 3-12, 図 3-13). ただ, 「DOG」に関しては, 1 品種の発現変動によって傾向がみられただけであり, 「OsSUR1」のみが初冬直播きにおける品種と採種地の違いを評価する分子生物学的なマーカーとして利用できる可能性が示唆された. 他の候補遺伝子に関して関係性がみられなかったのには, 以下のことが関係していることが考えられる. 本実験は種子休眠の制御している遺伝子を見つけるために, 吸水後 0~48 時間の種子についてみている. 及川

(2020)は、初冬直播きした種子の含水率が播種後 1 週間程度で 30%程度まで増加し、この含水率が推移していくことを報告しており、本実験で候補遺伝子の可能性が示唆された遺伝子に関してもこの播種後 1 週間程度で動いている可能性が高く、越冬後の出芽率は播種から半年後に評価しており、遺伝子の発現変動と越冬後の出芽率では時間的な差が大きいことが原因として考えられた。そのため、鈴木ら(2022)のように初冬直播きした種子を土中から掘り取り、候補遺伝子の発現変動と種子の生存率、越冬後の出芽率について検討する必要がある。品種に関しても、5 品種のみと初冬直播き栽培における品種と採種地の影響について 60~72 種類の種子で評価した試験1に比べ少ない。また、本実験の供試品種「あきたこまち」「ひとめぼれ」「萌えみのり」「ななつぼし」は全て「コシヒカリ」の遺伝子を保有しており遺伝的に比較的近いため、舛谷(2021)のように遺伝的に多様な品種を用いて候補遺伝子の発現変動を検証する必要性もある。しかしながら、本実験の結果は、休眠が打破されたイネにおける早い段階での遺伝子の発現変動について解析しており、イネにおける種子休眠の制御メカニズムを解明するうえで基礎的な知見になると考えられる。今後は、品種数とサンプリング方法を改善し、休眠の制御に関係する 5 つの候補遺伝子(RA5B, OsMAPKK63, OsSUR1, AMY1, AMY3D)が初冬直播きにおける品種と採種地の違いを評価する分子生物学的なマーカーになるかを検討していく。

また、休眠打破処理や保管したことで休眠から覚醒した種子の脂質に関して解析した。その結果 $m/z = 677$ と $m/z = 694$ のリン脂質が種子休眠に関わっていることが示唆された(附表 9)。リン脂質はグリセロール骨格の C-3 にリン酸基ついており、ホスファチジン酸(PA)、ホスファチジルコリン(PC)やホスファチジルセリン(PS)などがある。休眠が打破されたことで量に変化した $m/z = 677$, $m/z = 694$ の値は PA と類似しており(Allwood ら 2006, Xia and Jemal 2009, Nadeem ら 2019), PA である可能性が考えられる。PA は複雑な脂質合成の前駆体や細胞シグナル伝達分子の役割を持っている(Hou ら 2016)。PA が関わるシグナル伝達には、気孔の開閉に関与する ABA シグナル伝達が含まれており、細胞膜上にある PA が *ABII* に結合し阻害することで ABA 活性を高めている可能性が示唆されている(Zhang ら 2004)。以上のことから、イネ種子における休眠打破の

過程で PA が減少し ABA 活性が低下することで、発芽が促進されている可能性が示唆された。ただ、本実験で変化していた $m/z = 677$, $m/z = 694$ の詳しい構造については解析を行なっていないため、今後は詳しい構造を解析し、実際に $m/z = 677$, $m/z = 694$ が PA なのかについて検討する必要がある。

第4章 総合考察

4-1. はじめに

第1章では水稻の初冬直播き栽培の実用化に向けて、適切な播種量を設定するのに必要な指標を解明するために、品種および産地の影響を評価することの必要性について述べた。第2章では、多種多様な種子を越冬させ出芽率を評価した結果、出芽率が大きく変動したことを明らかにした。また、それには種子休眠等の品種特性の関係が示唆された。第3章では初冬直播き栽培における出芽率の変動要因の一つと示唆される休眠に着目し初冬直播き栽培に関係する遺伝子の探索を行ない、候補遺伝子を特定した。本章ではこれまでの結果を踏まえて、初冬直播き栽培における品種および産地の影響を、その変動要因について品種特性と遺伝子に着目し考察する。また、本実験の結果を用いてキヒゲンコーティングをした種子の播種量の試算を行った。

4-2. 初冬直播き栽培における品種と採種地の影響とその変動要因

本論文は、水稻の初冬直播き栽培でまだ明らかにされていない品種と採種地の効果を明らかにすることを目的に研究を行った。その結果、品種と採種地の組み合わせによって越冬後の出芽率が変動していることが明らかになり(図 2-2)、これには品種と採種地がそれぞれ影響していることが示唆された。

品種の効果として、越冬後の出芽率が高い品種と低い品種とに分かれていた(図 2-2)。その要因として、これまでの研究から種子休眠や籾の形態などの品種特性が挙げられていたが詳しいことは不明なままであった(姫田 1973)。本研究の結果から、種子休眠が深い集団は出芽率が高くなる傾向がみられたことから、種子休眠が関与していることが示唆され、登熟期の気温の影響を受けていることが示唆された(表 2-6, 図 2-15)。また、他の変動要因については、アミロース、籾の形態や種子の病害抵抗性などが候補として挙げられていた(姫田 1973)。本研究は、初冬直播き栽培の出芽率とアミロース含量や籾の形態などの品種特性の関係について解析した結果、これらの初冬直播き栽培の出芽率との間には籾の千粒重や玄米の形態で関係性がみられた(図 2-9, 図 2-

10, 図 2-12). 以上のことから, 初冬直播き栽培における出芽率の変動要因として種子休眠と種子の形態が示唆された. 本実験における品種の効果は初冬直播きにおける播種量の設定や初冬直播きに適した品種育成の際に基礎的なデータとなることが期待される.

初冬直播き栽培の指標として種子休眠を利用するためには, 種子休眠の程度を正しく評価する必要がある. イネの種子休眠を評価する方法としては, 4日目の発芽率を計測する方法がある(鈴木ら 2022). この評価方法は正確な発芽率を算出するために, 最終的な発芽数を計測する必要があり品種によっては1ヶ月以上発芽試験を行うことがある. 収穫した当年産の種子を播種する場合は, 収穫から播種までの期間は短く発芽試験を行う余裕がないことが予想され, より早く種子休眠について評価する必要がある. そこで, 種子休眠の制御に関与する遺伝子に着目した.

イネの種子休眠を制御する遺伝子について, Xie ら(2019)は吸水後48時間でのイネの発現変動遺伝子について解析し, 3つの遺伝子が種子休眠を制御する候補遺伝子の可能性あるがことを報告した. ただ, イネの種子休眠において吸水後48時間よりも前の段階で発現変動した遺伝子について網羅的な解析をした事例はなく, 種子休眠の制御は不明瞭である. 本研究では, 種子休眠の有無で吸水0~24時間で5911の遺伝子が発現変動することが明らかした. これらの発現変動遺伝子(DEG)の中から, 発現変動が大きかった遺伝子や種子休眠・発芽に関係が報告されている計11の遺伝子を種子休眠の制御に関与する候補遺伝子として選定した. それらの候補遺伝子について検証を行い, 種子休眠の指標とした発芽率と比較を行った結果, 最終的に計5つの遺伝子(*RA5B*, *OsMAPKKK63*, *OsSURI*, *AMY1*, *AMY3D*)が種子休眠を制御する候補遺伝子としての可能性が示唆された(図 3-14). これらの候補遺伝子が初冬直播き栽培の指標として利用できるかを検証するために越冬後の出芽率と比較したが, 関係性がみられなかった. これは, 本実験でみた遺伝子が発現するタイミングは吸水0~24時間と早い段階であるのに対し, 越冬後の出芽率は播種してから約半年後と時間的な差があり, これが原因として考えられた.

以上の結果から、初冬直播き栽培に新しい品種などを導入する際に、播種量の設定をするのに利用可能な変動要因として種子休眠があることが示唆された。また、種子休眠の制御に関与する候補遺伝子(RA5B, OsMAPKKK63, OsSUR1, AMY1, AMY3D)が初冬直播き栽培における品種と採種地の影響を評価する分子生物学的なマーカーとして利用できる可能性が考えられた。特に「OsSUR1」に関しては品種数が少ない中でも越冬後の出芽率と負の傾向がみられたのでマーカーとしての利用が期待できると考える。

採種地の効果としては、暖地(広島, 福岡)の方が越冬後の出芽率は高い傾向があることが挙げられた(図 2-2)。実際に採種地における登熟期の気温が高いほど種子休眠の程度が深くなることが明らかになった(図 2-15)。この採種地の効果は、初冬直播きに使用する品種を栽培する際に登熟期の気温に注意する必要があることを示唆した。

4-3. 初冬直播き栽培における品種と採種地の影響と播種量の設定

初冬直播き栽培は、慣行の春期直播に比べて出芽率が低く、苗立ち数を確保するために、播種量を増やすことを推奨している(下野ら 2012, 及川ら 2019)。及川ら(2021)は、播種量を減らすため、種子表面へのコーティングを検討し、鉄コーティングやチウラム水和剤(キヒゲン R-2 フロアブル)をコーティングすることで出芽率を向上させ、播種量を春期直播の2倍程度に抑えることを可能とした。本研究で得られた品種と採種地による出芽率の変動は、品種や採種地により目標の苗立ち数にするために播種量を調整することが必要であることを示唆している。そこで本研究の結果をもとにキヒゲンコーティングした各地の品種での初冬直播き栽培における播種量とコストの試算を行った(表 4-1)。

図 2-2 に示した品種の中から主要品種に絞り 3 シーズンの平均の出芽率を品種の効果(A)とした。本実験の試算では作業性の観点からキヒゲンコーティングを種子コーティングとして計算をした。無コーティング種子の出芽率が 0~10%のように低い場合は、キヒゲン処理による効果が大きく出やすいと考えられるため(図 2-7)、本論文では無コーティング種子の出芽率が

10%を基準として増加率を分け平均をとり、それぞれをキヒゲンコーティングの効果(A*)として、 $(A) \times (A^*)$ の値をキヒゲンコーティングした際の出芽率として算出した(A')。算出した出芽率は、北海道「大地の星」の14.5%が最も低く、広島県「ヒノヒカリ」の73.6%が最も高い出芽率であった。ただし、この試算は岩手県の同一環境で初冬直播きを行い評価した場合の指標であるため、実際の播種量を検討するためには、それぞれの地域で播種した場合の環境を考慮する必要がある。そこで、共通種子「ひとめぼれ」(採種地は岩手県)を用いた全国2か年の作期移動試験(鈴木ら 2022)の結果から、各地で最も出芽率が高かった播種時期での出芽率の平均を気象の効果(B)とし、基準となる岩手県との比率を B'として算出した。同様に、この数値が1.0より大きいと岩手県より多くの播種量を必要とし、この数字が小さいと少ない播種量に抑えられることを示す。青森県の出芽率(B)が最も高く、結果、岩手県の0.65倍の播種量となり、一方、北海道では1.28倍が必要となる。これらの結果を踏まえて品種と気象の効果を考慮した出芽率(A'/B')を算出した。品種と気象の効果を考慮した出芽率(A')は、北海道「大地の星」の14.5%から11.3%に減少する場合や青森県「まっしぐら」31.9%(A')から49.0%に増加する場合がみられた。

この出芽率を用いて、初冬直播きにおける各地の品種での播種量、播種コストと米生産に占める播種コストの割合について試算した。播種量は、1 m²あたりの目標苗立ち数を100とし、播種する種子の千粒重を25 gと仮定して計算した。その播種量に播種時のトラブルなどを考慮し、計算した播種量の2倍量を10 aあたりの播種量とした。青森県「まっしぐら」は無処理の場合では10 aあたり20~30 kg播種していたが(木村ら 2020)、本試算ではコーティングすることで半分以下の10.2 kg程度まで減らせる可能性があることが示唆された。

次にこの播種量にかかる種子価格を計算した。全ての品種の種子価格を1 kgあたり523円(「ひとめぼれ」、無消毒種子、JA 岩手ふるさと(岩手県奥州市)における令和5年度での取引価格)と仮定し、この価格と播種量を掛け合わせて10 aにかかる種子価格とした。キヒゲンコーティングは種子重量に対して2%を種子表面に塗沫処理するので、播種量の2%を種子コーティングに使用

したキヒゲン(ml)とした。コーティングに使用したキヒゲン R-2 フロアブル(200 ml)の 2023 年 11 月時点での価格は 1300 円程度(税込,「農薬通販.jp」等のネット販売)であるので,キヒゲン R-2 フロアブル(200 ml)の価格を 1300 円と仮定しキヒゲンの価格を算出した。算出した種子価格とキヒゲン価格を足して 10 a あたりの播種コストとした。計算した播種コストと慣行の春に行われる乾田直播の播種コストを比較した。慣行の乾田直播の播種コストは,岩手県「ひとめぼれ」において播種量(7 kg/10 a)で換算し 10 a あたりの種子価格が 3661 円,キヒゲン価格は 910 円であるので,10 a あたりの播種コストは 4571 円となる。初冬直播きでは同じ岩手県「ひとめぼれ」の 10 a あたりの播種コストは 7598 円となり,初冬直播き栽培における播種コストは春期直播より増加することが示唆された。初冬直播き栽培における播種コストが米生産コスト(令和 4 年度,農林水産省 2023)に対して占める割合についてみると,岩手県「ひとめぼれ」で 6.7%,青森県「まっしぐら」で 5.9%,北海道「大地の星」25.5%と,品種によっては大きな負担にはならないことが考えられた。

上記の試算において注意すべき点が 6 つある。1 つ目は,今回の試算は品種と種子コーティングの交互作用を考慮してキヒゲンコーティングの効果を計算し出芽率を算出したが,キヒゲンの効果に関しては,品種数が 13 品種,試験年度が 2022/23 年の試験のみと,より正確な効果を得るためには品種数を増やし,年次をかけてキヒゲンコーティングの効果を評価する必要がある。また,鈴木ら(2022)は初冬直播き栽培の広域適応性を評価した際に,北海道においてキヒゲンコーティングの効果がみられなかったことを報告しており,地域によっては今回算出したキヒゲンの効果について見直す必要性があることが考えられ,初冬鉄コーティングといった他の種子コーティングの品種との相互作用についても評価する必要性がある。

2 つ目は,本研究で使用した種子は,播種直前の秋に採種した種子を供試したが,現実的には前年に採種した種子を使用するため,その間の種子の保存条件が影響するかについての検討が必要となる。

3つ目は、本試算に用いた地域の気象の効果として用いた鈴木ら(2022)のデータはそれぞれの地点での2か年のみのデータの平均値であり、また、播種時期も月単位での設定となっており、より精密なデータを用いて年次を重ねて地域の効果を算出する必要がある。

4つ目は、各県に1地点を代表地点として設定しているが、気象条件は同一県内でも大きく異なるために注意が必要である。5つ目は、品種による1粒重の違いがある。この試算では種子の千粒重を25 gに統一して計算したが、図2-11に示すように千粒重は異なっており、播種量を重さとして換算するときには「ひとめぼれ」との粒重の違いを考慮する必要がある。最後に、試算に用いた出芽率のデータは、精密な手播き条件(覆土は育苗培土で播種深度2 cm一定)で実施した出芽率の結果であり、実際には生産者が導入することを想定しロータリーシーダーなど作業機械を用いた試験との整合性を明らかにする必要がある。

これら制約はあるものの、初冬直播き栽培における播種コストが米生産コストに対し大きな負担ではないことを示したことや、体系的に初冬直播き栽培の導入品種や栽培環境を考慮した播種量の試算例はこれまでになく、初冬直播きの様々な地域での導入の基礎的な知見となると考える。

表4-1. 各地の品種におけるキヒゲンコーティング種子での初冬直播きにおける播種量およびコストの試算.

採種地	播種時期	品種	(A) 品種の効果: 出芽率(%)	(A*) キヒゲンの効果	(A') 出芽率	(B) 地域の気象の効果: 出芽率(%)	(B') 地域の気象の効果	品種と気象の効果を考慮した出芽率(%)	播種量 (kg/10a)	種子価格	キヒゲンの量 (ml)	キヒゲン価格	播種コスト (10aあたり)	米生産コストに占める割合(%)
北海道	10月	大地の星 ななつぼし	5.6	2.6	14.5	29.7	1.28	11.3	44.1	23,074	882	5,735	28,809	25.5
			9.4	2.6	24.3		19.0		26.3	26.3	13,762	526	3,421	17,183
青森	11月	まつしぐら つがるロマン	18.8	1.7	31.9	58.4	0.65	49.0	10.2	5,335	204	1,326	6,661	5.9
			11.9	1.7	20.2		31.0		16.1	16.1	8,446	323	2,099	10,545
秋田	11月	萌えみのり あきたこまち	24.5	1.7	41.7	40.4	0.94	44.4	11.3	5,894	225	1,465	7,359	6.5
			27.9	1.7	47.4		50.4		9.9	9.9	5,184	198	1,288	6,472
岩手	11月	ひとめぼれ あきたこまち	25.3	1.7	43.0			43.0	11.6	6,085	233	1,513	7,598	6.7
			30.4	1.7	51.7	38.0	1.00		9.7	9.7	5,062	194	1,258	6,320
山形	11月	萌えみのり コシヒカリ	21.5	1.7	36.6			36.6	13.7	7,145	273	1,776	8,921	7.9
			14.3	1.7	24.2	42.0	0.90		18.7	18.7	9,763	373	2,427	12,189
福島	11月	はえぬぎ コシヒカリ	11.2	1.7	19.0			21.0	23.8	12,427	475	3,089	15,516	13.8
			17.2	1.7	29.3	49.4	0.77		13.1	13.1	6,866	263	1,707	8,573
新潟	11月	ひとめぼれ みずほの輝き	16.1	1.7	27.3			35.6	14.1	7,352	281	1,827	9,180	8.1
			14.1	1.7	23.9				31.1	16.1	8,396	321	2,087	10,483
広島	1月	つぎあかめ コシヒカリ	26.4	1.7	44.8	42.8	0.89	50.5	9.9	5,177	198	1,287	6,464	5.7
			22.6	1.7	38.5				43.4	11.5	6,028	231	1,498	7,526
福岡	1月	コシヒカリ ヒノヒカリ	14.5	1.7	24.7	26.2	1.45	27.8	18.0	9,393	359	2,335	11,728	10.4
			43.3	1.7	73.6				99.6	5.0	2,625	100	653	3,278
福岡	1月	恋の予感 コシヒカリ	39.2	1.7	66.6	51.4	0.74	90.2	5.5	2,901	111	721	3,622	3.2
			29.4	1.7	50.1				67.7	7.4	3,861	148	960	4,821
福岡	1月	恋初めし たちすずか	40.3	1.7	68.6			92.8	5.4	2,819	108	701	3,519	3.1
			38.4	1.7	65.2				88.2	5.7	2,964	113	737	3,700
福岡	1月	ヒノヒカリ	28.5	1.7	48.4	26.2	1.45	33.4	15.0	7,832	299	1,947	9,778	8.7

A: 品種の効果は図2-2 (試験1) の各品種の3シーズンの出芽率の平均値, A*: キヒゲンの効果は, 図2-7(試験2) の結果を用いて, 無コーティング種子の出芽率を10%で区切った際の変化率の平均値を算出した. A': 出芽率はA(品種の効果)とA*(キヒゲンの効果)を掛け合わせ算出した. B: 地域の気象条件の効果は, 共通品種「ひとめぼれ」を用いた鈴木(2022)の試験における最大を示す作型(10,11,11月播種)と種子コーティング条件での2年の出芽率の平均, B': 気象の効果(岩手県の気象の効果との比率)として算出した. 播種量は, 1m²あたりの目標苗立ち率を100として計算し, 播種時のトラブルを考慮して算出した値の2倍量を播種量とした. 種子価格は, 1kgあたり523円として計算し(無消毒種子の「ひとめぼれ」, 令和5年度のJA岩手ふるさと(岩手県奥州市)における取引価格), 種子コーティングに使用したキヒゲン(ml)はキヒゲンの使用方法である種子重量に対して2%を元に計算した. キヒゲン価格はネットでの取引価格を参考に1300円(200ml入)として計算した. 米生産コストに占める割合は令和4年度農産物生産費統計(農林水産省 2023)の米生産費用合計に対する播種コストの割合を示す.

摘要

わが国の水稲生産では、農業従事者の高齢化に伴うリタイアを背景に、農地集約が急速に進んでおり、省力かつ作業分散できる技術の導入が必要である。近年、前年の積雪前の冬に播種する「初冬直播き技術」が開発され、春の作業分散の有効な切り札として徐々に普及が進んでいる。しかし、各地に適した異なる品種が初冬直播きで出芽率がどの程度異なるのか、また採種地による影響があるのか不明である。本研究では、水稲の初冬直播き栽培のそれぞれの地域での品種また採種地の違いが初冬直播き栽培の出芽率に及ぼす影響とその違いを決定するメカニズムを解析した。

まず、品種と採種地が初冬直播き栽培における出芽率に与える影響について全国 11 地点(北海道, 青森, 岩手, 秋田, 山形, 鶴岡, 福島, 新潟, 三重, 広島, 福岡)で採種した品種と採種地が 60~72 種類の組み合わせ種子を、岩手県(滝沢市)で 3 シーズン(2018/19 年, 2019/20 年, 2020/21 年)について評価したところ、出芽率は品種と採種地の違いにより大きな変異がみられた(1 シーズン目 0~64%, 2 シーズン目 0~33%, 3 シーズン目 0~49%)。同一品種においても採種地により出芽率が異なり、品種ならびに採種地が初冬直播きの出芽率に影響することを明らかにした。

次に、出芽率の品種と採種地による変動要因として、籾の長さは 6.53~8.35 mm, 籾幅は 3.03~3.64 mm, 籾の厚みは 2.12~2.53 mm, 玄米の長さは 4.70~6.03 mm, 幅は 2.66~3.23 mm, 厚みは 1.95~2.36 mm の変異が、品種特性としての成熟期に 1~8, 最長芒の長さに 1~5, 胚乳のアミロース含量に 4~6, 穂発芽性に 4~8, 蛋白質含量に 3~7 の変異がみられたが、これらは出芽率の変動を説明することができなかった。一方、それぞれ播種時に計測した休眠程度(25℃で浸種培養後の 4 日目の発芽率)と出芽率の間で有意な相関関係がシーズンを超えて認められ、休眠程度が深い種子ほど初冬直播きでの出芽率が高いことを明らかにした。

種子休眠に着目し、初冬直播き栽培での品種と採種地の違い評価する分子生物学的なマーカーを探索するために、休眠を有する「ひとめぼれ」の種子に休眠打破処理(50℃, 5 日間, 乾籾)を

行い, 25°Cで浸種後 0 時間, 6 時間, 24 時間, 48 時間での網羅的な発現解析を行い, 種子休眠に関わる候補遺伝子を探索した. 有意に休眠打破で変化する遺伝子は, 0 時間で upregulation した遺伝子数は 28, downregulation した遺伝子は 0, 6 時間で upregulation した遺伝子数は 359, downregulation した遺伝子は 74, 24 時間で upregulation した遺伝子数は 330, downregulation した遺伝子は 144, 48 時間で upregulation した遺伝子数は 4682, downregulation した遺伝子は 906 あった. その中で, 発現程度の違いから, 特に浸種初期の遺伝子に着目し, 5 つの候補遺伝子 (*RA5B*, *OsMAPKKK63*, *OsSURI*, *AMY1*, *AMY3D*) を明らかにした.

最後に, 初冬直播き栽培でのそれぞれの品種と産地における適切な播種量を種子コストの視点から議論し, 提案した. 以上, 本研究は, 体系的に初冬直播きにおける出芽率の変動要因における種子の品種と採種地について様々な視点から解析し, 初冬直播き栽培を各地において導入する際に基礎知見となる基礎的な成果と考える.

Summary

In rice production in Japan, farmland is being concentrated rapidly due to the aging of farmer and their retirement, so it is necessary to introduce labor-saving technologies. Early winter direct sowing cultivation is the cultivation technology that can be omission of spring work by sowing before snowfall. Recent, this technology is gradually becoming popular. However, effects of cultivar and the environment in which the seeds were harvested on the seedling establishment after overwintering in early-winter direct-sowing cultivation is unclear. In this study, effects of cultivar and the environment in which the seeds were harvested on the seedling establishment after overwintering in early-winter direct-sowing cultivation of paddy rice were evaluated and analyzed the mechanism.

We cultivated 60~72 combinations of cultivars and examined the effect of the environment in which the seeds were harvested on the seedling establishment after overwintering for three seasons in Iwate University. The observed seedling establishment range after overwintering was 0~64% in 2018/19, 0~33% in 2019/20, and 0~49% in 2020/21 depending on the combination of cultivar and the environment in which the seeds were harvested.

To clarify the mechanism, we analyzed the relationship between seedling establishment and seed form, seedling establishment and characteristics of cultivar. Differences were observed regarding seed form (length of unhulled rice : 6.53~8.35mm, width of unhulled rice : 3.03~3.64mm, thin of unhulled rice : 2.12~2.53mm, length of brown rice : 4.70~6.03mm, width of brown rice : 2.66~3.23mm, thin of brown rice : 1.95~2.36mm). Also, characteristics of cultivar is observed different. But, relationship was not found between seedling establishment and seed form, seedling establishment and characteristics of

cultivar. On the other hand, relationship was found between seedling establishment and seed dormancy and was the deeper the seed dormancy, the higher seedling establishment rate.

Therefore, to find marker after overwintering in early-winter direct-sowing cultivation was focusing on seed dormancy. Using dormancy seed and non-dormancy seed (cv. Hitomebore), we comprehensively analyzed the genes at after imbibition 0, 6, 24, 48 hours. After imbibition 0 hour was upregulated of 28 genes, after imbibition 6 hours was upregulated of 359 genes, downregulated of 74 genes and after imbibition 24 hours was upregulated 330 downregulated of 144 genes and after imbibition 48 hours was upregulated 4682 downregulated of 906 genes. We focused on genes at the early stage of seed after imbibition identified five candidate genes (*RA5B*, *OsMAPKKK63*, *OsSUR1*, *AMY1*, *AMY3D*).

Finally, this study calculated and discussed the appropriate seed weight for sowing costs in early-winter direct-sowing cultivation. The above results provide fundamental data for the introduction of early winter direct sowing cultivation in various regions.

謝辞

本博士学位論文研究の実施ならびに論文執筆にあたり、多くの方々にご指導とご助力をいただきました。特に以下の方々には大変お世話になりましたのでお名前を挙げて感謝の意を表させていただきます。

岩手大学教授 下野裕之博士には主指導教員として、研究の基礎的なことから応用的なことまで多くのことについてご指導を賜りました。また、下野博士のご厚意で様々な圃場への視察などで、多くの経験を積ませていただきました。同大学准教授 松波麻耶博士には、副指導教官として遺伝子の抽出からデータの解析方法などの様々なご指導を賜りました。また、弘前大学教授 石川隆二博士、山形大学教授 片平光彦博士には副指導教官として多くのご指導とご助言を賜りました。また、岩手大学教授 西向めぐみ博士には脂質の解析について、理化学研究所 瀬尾光範博士(現 琉球大学教授)には遺伝子解析についてご指導とご助言を賜りました。

本研究における播種前の準備、播種、水田管理とデータ収集には、附属農場の技術専門職員 西政佳氏をはじめ、技術職員の皆様に多大なるご協力をいただきました。

本研究で使用した種子を提供してくださった北海道大学、青森県産業技術センター農林総合研究所、農研機構東北農業研究センター大仙研究拠点、山形県農業総合研究センター土地利用型作物部、山形県農業総合研究センター水田農業試験場、福島県農業研究センター会津地域研究所、農研機構中央農業研究センター北陸研究拠点、三重大学、農研機構西日本農業研究センター、九州大学に対し感謝の意を表させていただきます。

研究の遂行にあたり、作物学研究室の特任研究員 鈴木健策博士、技術補佐員 相川直子氏、早坂氏をはじめとする学生の皆様、岡村氏をはじめとする卒業生の皆様に多くの支援をしていただきました。

最後に、大学・大学院を通して私の我儘を聞き入れてくれた母 晶子、日々の生活などを支えてくれた妹 奏子、私が理化学研究所でインターンをする際に居候させていただいた

大叔母 優子に感謝の意を表します。親族の協力なくして、ここまで頑張ることは出来ませんでした。以上の方々に心より深く感謝を申し上げます。

引用文献

- Allwood, J. W., Ellis, D. I., Heald, J. K., Goodacre, R. and Mur, L. A. J. 2006. Metabolomic approaches reveal that phosphatidic and phosphatidyl glycerol phospholipids are major discriminatory non-polar metabolites in responses by *Brachypodium distachyon* to challenge by *Magnaporthe grisea*. *The Plant Journal* 46, 351-368.
- 鏡谷大節 1956. 防除を目的とした稲苗腐敗病の生態学的研究. 東北農業試験場研究報告 10: 76-105.
- 愛知県農業試験場 2007. 不耕起 V 溝直播栽培の手引き(改訂第 4 版). <https://www.pref.aichi.jp/nososi/seika/singijutu/singijiyutu74-4-7.pdf> (2023 年 11 月 20 日閲覧).
- 秋田県農林水産部 2023. 令和 5 年度稲作指導指針.
<https://www.pref.akita.lg.jp/pages/archive/10695> (2023 年 11 月 14 日閲覧).
- Alvarez, A.M., Fukuhara, E., Nakase, M., Adachi, T., Aoki, N., Nakamura, R. and Matsuda, T. 1995. Four rice seed cDNA clones belonging to α -amylase/trypsin inhibitor gene family encode potential rice allergens. *Biosci. Biotech. Biochem.* 59: 1304-1308.
- 青森県 2022. <https://www.pref.aomori.lg.jp/soshiki/nourin/noen/aomori-okome.html>
(2023 年 11 月 14 日閲覧).
- アルプス農協管内農業技術者協議会 2022. 乾田 V 溝直播 マニュアル. <https://ja-alps.jp/web/wp-content/uploads/2022/04/ka.pdf> (2023 年 11 月 20 日閲覧).
- Benjamini, Y. and Hochberg, Y. 1995. Controlling the False Discovery Rate: a Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. *J.R. Statist. Soc. B.* 57: 289-300.
- Chen, Y.S., David Ho, T.H., Liu, L., Lee, D.H., Lee, C.H., Chen, Y.R., Lin, S.Y., Lu, C.A. and Yu, S.M. 2019. Sugar starvation-regulated MYBS2 and 14-3-3 protein interactions enhance plant growth, stress tolerance, and grain weight in rice. *PNAS.* 116: 21925-21935.

- Clerkx, E.J.M., Vries, H.B., J. Ruys, G., Groot, S.P.C. and Koornneef, M. 2003. Characterization of green seed, an Enhancer of *abi3-1* in *Arabidopsis* That Affects Seed Longevity. *Plant Physiology* 132: 1077-1084.
- 原嘉隆 2016. 水稻直播栽培における苗立ち安定化に関する研究. 京都大学学位論文 1-86.
<https://doi.org/10.14989/doctor>
- 林満・姫野正己 1974. 稲種子の休眠性および発芽性に関する研究 III. 未熟種子の発芽性および種子の休眠性と生長物質の関係. *熱帯農業* 17: 245-249.
- 林満・日高洋一郎 1979. 稲種子の休眠性および発芽性に関する研究 VIII. 登熟中並びに収穫後の温度条件が種子の休眠および穎の変性に及ぼす影響. *鹿大農学術報告* 29: 21-32.
- 北海道 2022. 北海道農作物優良品種一覧表.
[https://www.pref.hokkaido.lg.jp/fs/7/9/4/9/8/3/7/_/\(参考\)北海道農作物優良品種一覧表.pdf](https://www.pref.hokkaido.lg.jp/fs/7/9/4/9/8/3/7/_/(参考)北海道農作物優良品種一覧表.pdf)
- Hsieh, P.H., Chia-Cheng Kan, C.C., Yang, H.W. and Hsieh, M.H. 2018. Early molecular events associated with nitrogen deficiency in rice seedling roots. *Scientific Reports* 8: 12207.
- 姫田正美 1973. 水稻の冬播栽培法に関する研究 -とくに土壌中における種子の生存について-. *農事試研報* 18: 1-70.
- 姫田正美 1995. 直播稲作への挑戦. 第1巻 直播稲作研究四半世紀のあゆみ. 楠淵鉄也監修. 農林水産技術情報協会, 東京. 1-279.
- 細井淳・牛木純・酒井長雄・青木政晴・斉藤康一 2010. 長野県で発生した雑草イネ(トウコン)における地表面種子の越冬生存性と埋土種子の寿命. *日作紀* 79: 322-326.
- 堀内賢太郎・松田眞一 2006. FDRを制御する多重比較法の性能比較. *南山大学紀要アカデミア数理情報編*, 6: 17-30. http://www.seto.nanzan-u.ac.jp/msie/nas/academia/vol_006pdf/06-017-030.pdf (2023年11月10日閲覧).
- Hou, Q., Ufer, G. and Bartels, D. 2016. Lipid signalling in plant responses to abiotic stress. *Plant, Cell & Environment* 39, 1029-1048.

- 福島県 2021. 福島県主要農作物奨励品種一覧(令和3年3月3日現在).
<https://www.pref.fukushima.lg.jp/uploaded/attachment/450032.pdf> (2023年11月14日閲覧).
- 池橋宏 1973. 稲の発芽諸特性の品種間差異および環境変動に関する育種学的研究. 農事試験報. 19: 1-60.
- 岩手県 2023. 奨励品種等一覧.
https://www.pref.iwate.jp/_res/projects/default_project/_page/001/050/713/itiran05a.pdf
(2023年11月14日閲覧).
- Kan, CC., Chung, TY., Juo, YA. and Hsieh, MH. 2015. Glutamine rapidly induces the expression of key transcription factor genes involved in nitrogen and stress responses in rice roots. BMC Genomics 16: 731.
- 木村利行・小菅孝一・八木橋昭浩・三浦正裕・三浦裕行 2020. 青森県における水稲初冬直播き栽培の現地実証. 日作東北支部報 63: 33-34.
- 木村利行 2021. 青森における水稲密苗栽培の技術的課題の抽出. 日作東北支部報 64: 27-28.
- 小林麻子・杉本和彦・林猛・近藤始彦・園田純也・塚口直史・和田卓也・山内歌子・岩澤紀生・矢野昌裕・富田桂 2016. 穂発芽耐性を強化した水稲品種コシヒカリの準同質遺伝子系統の育成と高温登熟耐性の評価. 育種学研究 18: 1-10.
- 公益社団法人 米穀安定供給確保支援機構 2022. 令和3年産 水稲の品種別作付動向について. <https://www.komenet.jp/pdf/R03sakutuke.pdf> (2023年11月11日閲覧).
- Koumoto, T., Aoki, N., Hamasaki, T., Shiga, S., Yokoi, S. and Shimono, H. 2018. Transgenerational effect of maternal growth environment on flowering date in rice (*Oryza sativa* L.). Environmental and Experimental Botany 155: 307-312.
- 舩谷悠祐 2021. 気候変動下のイネ乾物生産における表現型可塑性の品種特性. 岩手大学大学院連合農学研究科. <https://doi.org/10.15113/00015195>

松江勇次・尾形武文・大隈充子・松尾太・住吉強 1996. 水稻の新しい準奨励品種‘ほほえみ’の福岡県における適応性. 福岡農総試研報 15: 11-14.

松浦昌平・竹本一恵・東條元昭・山内稔 2012. 水稻の鉄コーティング湛水直播における *Pythium arrhenomanes* による苗立ち不良. 日植病報 78: 301-304.

宮城県 2023. 育成品種・系統の紹介. <https://www.pref.miyagi.jp/soshiki/hk-nousi/hinnshushokai.html> (2023年11月14日閲覧).

Nadeem, M., Pham, T.H., Thomas, R., Galagedara, L., Kavanagh, V., Zhu, X., Ali, W. and Cheema, M. 2019. Potential role of root membrane phosphatidic acid in superior agronomic performance of silage-corn cultivated in cool climate cropping systems. *Physiologia Plantarum* 167, 585-596.

Nonogaki, H. 2018. Seed germination and dormancy: The classic story, new puzzles, and evolution. *JIPB* 61: 541-563.

農林水産省 1995. イネ育種マニュアル. 農業研究センター研究資料.

農林水産省 2020. 飼料用米生産コスト低減マニュアル.

<https://www.maff.go.jp/j/seisan/kokumotu/attach/pdf/siryouqa-70.pdf>

(2023年11月10日閲覧).

農林水産省 2020. 令和5年産農産物の産地品種銘柄設定等の状況.

<https://www.maff.go.jp/j/seisan/syoryu/kensa/sentak/attach/pdf/index-13.pdf>

(2023年11月10日閲覧).

農林水産省 2023. 各都道府県において主に栽培されている品種.

https://www.maff.go.jp/j/kanbo/tizai/brand/b_syokubut/attach/pdf/hinshu-516.pdf

(2023年11月14日閲覧).

農林水産省 2023. 農産物生産費統計.

https://www.maff.go.jp/j/tokei/kouhyou/noukei/seisanhi_nousan/

(2023年11月16日閲覧).

農林水産省 2021. 最新の直播栽培の現状（令和3年産）.

<https://www.maff.go.jp/j/syouan/keikaku/soukatu/attach/pdf/chokuha-2.pdf> (2023年11月20日閲覧).

農研機構 2016. 飼料用米の生産・給与技術マニュアル<2016年度版>.

<https://www.naro.go.jp/laboratory/nilgs/project/files/ricm2016-1.pdf>

(2023年11月14日閲覧).

Na, Y.J., Choi, H.K., Park, M.Y., Choi, S.W., Xuan Vo, K.T., Jeon, J.S. and Kim, S.Y. 2019.

OsMAPKKK63 is involved in salt stress response and seed dormancy control. *Plant Signaling & Behavior* e1578633: 1-6.

中村翔一 2018. 「密苗+感度アシストによる田植作業の革新的省力・低コスト化技術」について.

農業食料工学会誌 80: 4-7.

及川聡子・西政佳・由比進・柏木純一・中島大賢・市川伸次・木村利行・大平陽一・長菅輝義・

黒田榮喜・松波麻耶・下野裕之 2019. 鉄のコーティングは水稻の初冬直播き栽培における出芽率を向上させる. *日作紀* 88: 259-267.

及川聡子 2020. 初冬直播き水稻栽培における安定生産のための種子コーティング技術の開発.

岩手大学大学院連合農学研究科博士論文. <https://doi.org/10.15113/00014908>

及川聡子・鈴木健策・西政佳・由比進・松波麻耶・下野裕之 2021. 水稻の初冬直播き栽培におけ

る出芽率に及ぼす種子への薬剤処理と採種年の効果. *日作紀* 90: 1-9.

岡彦一・蔡国海 1955. 稲種子の休眠と寿命に関する品種間変異 栽培稲の系統発生的分化 第

10報. *育種学雑誌* 5: 90-94.

太田保夫・中山正義 1970. 湛水条件における水稻種子の発芽におよぼす過酸化石灰粉衣処理

の影響. *日作紀* 39: 535-536.

大平陽一・佐々木良治 2011. 飼料イネ種子の休眠程度が越冬後の発芽力に及ぼす影響とその

品種間差異. *日作紀* 80: 174-182.

- 大谷隆二・長坂善禎・齋藤秀文・冠秀昭・関矢博幸・中山壮一・宮路広武 2018. 乾田直播栽培マニュアル Ver3. 1 -プラウ耕・グレーンドリル播種体系-.
- https://www.naro.go.jp/publicity_report/publication/files/dry-seeding_rice_v3.1.pdf
- Otsuki, S., Ikeda, A., Sunako, T., Muto, S., Yazaki, J., Nakamura, K., Fujii, F., Shimbo, K., Otsuka, Y., Yamamoto, K., Sakata, K., Sasaki, T., Kishimoto, N., Kikuchi, S. and Yamaguchi, J. 2003. Novel Gene Encoding a Ca²⁺-Binding Protein and under Hexokinase-dependent Sugar Regulation. Biosci. Biotechnol. Biochem 67: 347-353.
- 笹川正樹・濱名健雄・山田真孝・中山秀貴・江川孝二 2022. 福島県会津地域平坦部における水稲初冬直播き栽培での前年産種子利用の検討. 日本作物学会講演会要旨集 254: 41.
- 下野裕之・玉井美樹・濱寄孝弘・佐川了・大谷隆二 2012. 寒冷地における水稲の初冬直播き乾田直播栽培が生育・収量に及ぼす影響. 日作紀 81: 93-98.
- 下野裕之・由比進・及川聡子・西政佳. 直播栽培用の植物種子のコーティング処理法, 直播栽培用のコーティング処理済み植物種子および植物種子の直播栽培方法.
- 特開 2019-129822 (P2019-129822A). <https://ipforce.jp/patent-jp-A-2019-129822> (2023年11月11日閲覧).
- Sugimoto, K., Takeuchi, Y., Ebana, K., Miyao, A., Hirochika, H., Hara, N., Ishiyama, K., Kobayashi, M., Ban, Y., Hattori, T. and Yano, M. 2010. Molecular cloning of Sdr4, a regulator involved in seed dormancy and domestication of rice. PNAS 107: 5792-5797.
- 初冬直播き研究会 2023. <https://fuyugoshi.wixsite.com/shotomaki>. (2023年12月10日閲覧).
- 田中文夫・田中英彦・涌井明 1991. 湛水直播水稲の苗腐病菌 *Pythium* spp. の接種方法と品種抵抗性検定. 日植病報 57: 120.
- 田中英彦・田中文夫・山崎信弘 2016. 湛水直播水稲における土壌還元処理と *Pythium* 属菌接種による苗立ち率低下の品種間差異. 日作紀 85: 168-172.

- 千葉県 2013. 飼料用米専用品種「べこあおば」の特性と栽培方法.
<https://www.pref.chiba.lg.jp/ninaite/seikafukyu/documents/h24-1-siryoyoumai.pdf>. (2023年12月11日閲覧).
- Tyagi, H., Jha, S., Sharma, M., Giri, J. and Tyagi, A.K. 2014. Rice SAPs are responsive to multiple biotic stresses and overexpression of OsSAP1, an A20/AN1 zinc-finger protein, enhances the basal resistance against pathogen infection in tobacco. *Plant Science* 225: 68-76.
- Wang, L., Lu, Q., Wen, X. and Lu, C. 2023. Enhanced Sucrose Loading Improves Rice Yield by Increasing Grain Size. *Plant Physiology* 169: 2848-2862.
- 和田卓也・浜地勇次・尾形武文 2006. 水稻良食味品種における室温貯蔵後の食味低下の品種間差を評価するための指標形質. *育種学研究* 8: 1-7.
- Xie, K., Bai, J., Yang, Y.Y., Dung, N.B., Ma, Y.M., Guo, T., Yao, F.Y. and Ding, H.F. 2019. The RNA-seq transcriptome analysis identified genes related to rice seed dormancy. *Biologia Plantarum* 63: 308-313.
- 山口富夫・鈴木穂積 1965. イネ湛水直播における発芽障害に関与する病原菌. *日植病報* 30: 291.
- 山内稔 2010. 鉄コーティング湛水直播マニュアル 2010. 農研機構近畿中国四国農業研究センター. https://www.naro.go.jp/publicity_report/publication/files/iron_coating_seed.pdf
- 山内稔 2012. 鉄コーティング種子を用いた水稻湛水直播技術. *日作紀* 81: 148-159.
- 山形県 2020. 奨励品種, 優良品種等の一覧.
<https://www.pref.yamagata.jp/documents/3635/shiryo03.pdf> (2023年11月14日閲覧).
- 吉永悟志・境谷栄二・吉田宏・山本晶子・若松一幸・菊池栄一・本間昌直 2007. 東北地域の水稻湛水直播栽培における酸素発生剤被覆量と苗立ちとの関係. *日作紀* 76: 445-449.
- Zhang, W., Qin, C., Zhao, J. and Wang, X. 2004. Phospholipase D α 1-derived phosphatidic

acid interacts with ABI1 phosphatase 2C and regulates abscisic acid signaling. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101, 9508-9513.

博士論文要約 (Summary)

2021 年 4 月入学
連合農学研究科 生物生産科学専攻
氏 名 及川 誠司

タイトル	水稻の初冬直播き栽培における品種と採種地が出芽率に及ぼす要因の解明
<p>第 1 章 緒言</p> <p>わが国の水稻生産では、農業従事者の高齢化に伴うリタイアを背景に、農地集約が急速に進んでおり、省力かつ作業分散できる技術の導入が必要である。近年、前年の積雪前の冬に播種する「初冬直播き技術」が開発され、春の作業分散の有効な切り札として徐々に普及が進んでいる。しかし、各地に適した異なる品種が初冬直播きで出芽率がどの程度異なるのか、また採種地による影響があるのか不明である。本研究では、水稻の初冬直播き栽培のそれぞれの地域での品種また採種地の違いが初冬直播き栽培の出芽率に及ぼす影響とその違いを決定するメカニズムを解析した。</p> <p>第 2 章 品種と採種地の組み合わせが初冬直播きでの出芽率に及ぼす影響</p> <p>品種と採種地が初冬直播き栽培における出芽率に与える影響について全国 11 地点(北海道, 青森, 岩手, 秋田, 山形, 鶴岡, 福島, 新潟, 三重, 広島, 福岡)で採種した品種と採種地が 60~72 種類の組み合わせ種子を, 岩手県(滝沢市)で 3 シーズン(2018/19 年, 2019/20 年, 2020/21 年)について評価した。その結果, 出芽率は品種と採種地の違いにより大きな変異がみられた(1 シーズン目 0~64%, 2 シーズン目 0~33%, 3 シーズン目 0~49%)。同一品種においても採種地により出芽率が異なり, 品種ならびに採種地が初冬直播きの出芽率に影響することを明らかにした。</p> <p>次に, 出芽率の変動要因について, 品種の効果と採種地の効果に分けて解析を行なった。</p>	

品種の効果として、品種特性と越冬後の出芽率の関係について解析した。粃の長さは 6.53～8.35 mm, 粃幅は 3.03～3.64 mm, 粃の厚みは 2.12～2.53 mm, 玄米の長さは 4.70～6.03 mm, 幅は 2.66～3.23 mm, 厚みは 1.95～2.36 mm の変異が、品種特性としての成熟期に 1～8, 最長芒の長さに 1～5, 胚乳のアミロース含量に 4～6, 穂発芽性に 4～8, 蛋白質含量に 3～7 の変異がみられたが、これらは出芽率の変動を説明することができなかった。一方、それぞれ播種時に計測した休眠程度 (25°Cで浸種培養後の 4 日目の発芽率)と出芽率の間に有意な相関関係がシーズンを超えて認められ、休眠程度が深い種子ほど初冬直播きでの出芽率が高いことを明らかにした。

第 3 章 種子休眠の制御に関与する候補遺伝子の探索

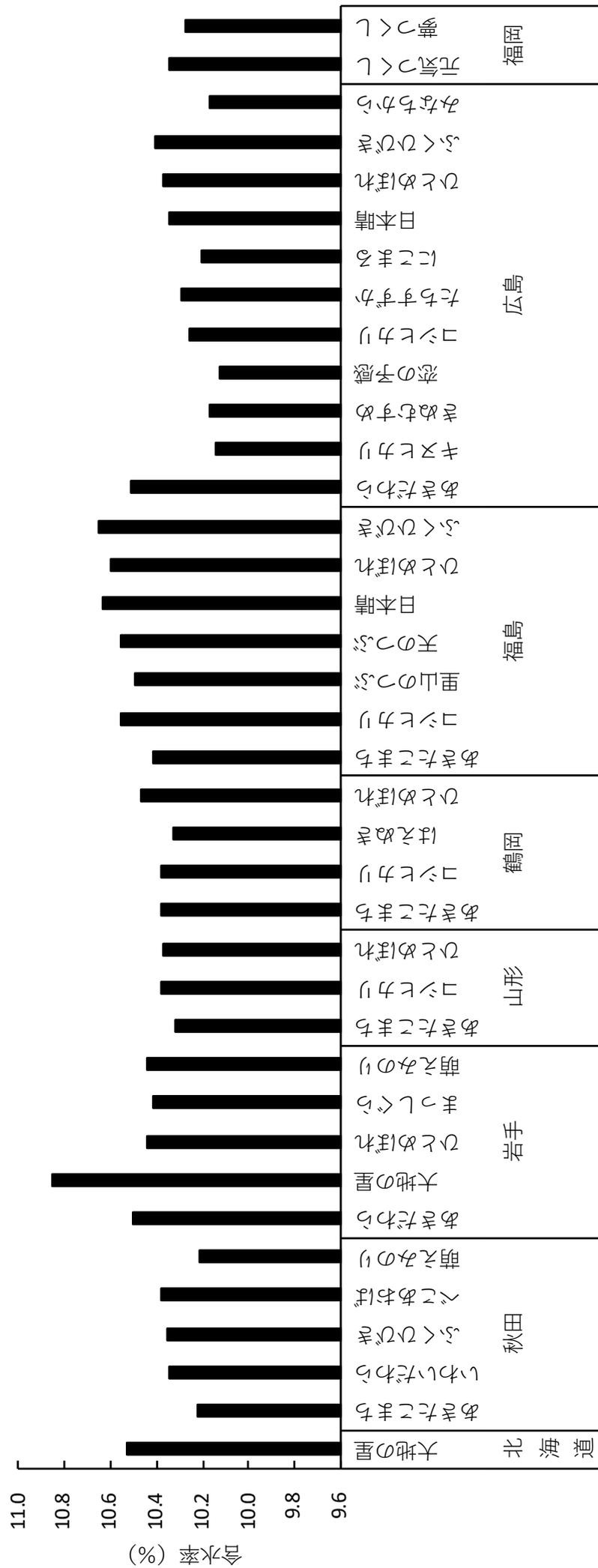
初冬直播き栽培での品種と採種地の違いを評価する分子生物学的なマーカーを探索するために、種子休眠に着目した。休眠を有する「ひとめぼれ」の種子に休眠打破処理 (50°C, 5 日間, 乾粃) を行い、25°Cで浸種後 0 時間, 6 時間, 24 時間, 48 時間での網羅的な発現解析を行い、種子休眠に関わる候補遺伝子を探索した。有意に休眠打破で変化する遺伝子は、0 時間で upregulation した遺伝子数は 28, downregulation した遺伝子は 0, 6 時間で upregulation した遺伝子数は 359, downregulation した遺伝子は 74, 24 時間で upregulation した遺伝子数は 330, downregulation した遺伝子は 144, 48 時間で upregulation した遺伝子数は 4682, downregulation した遺伝子は 906 あった。その中で、発現程度の違いから、特に浸種初期の遺伝子に着目し、5 つの候補遺伝子 (*RA5B*, *OsMAPKKK63*, *OsSUR1*, *AMY1*, *AMY3D*) を明らかにした。

また種子休眠に脂質が関与しているのかについて解析を行なった。その結果、 $m/z = 677, 694$ のリン脂質が休眠打破により減少したことを明らかにした。このリン脂質はホスファチジン酸である可能性が示唆された。

第4章 総合考察

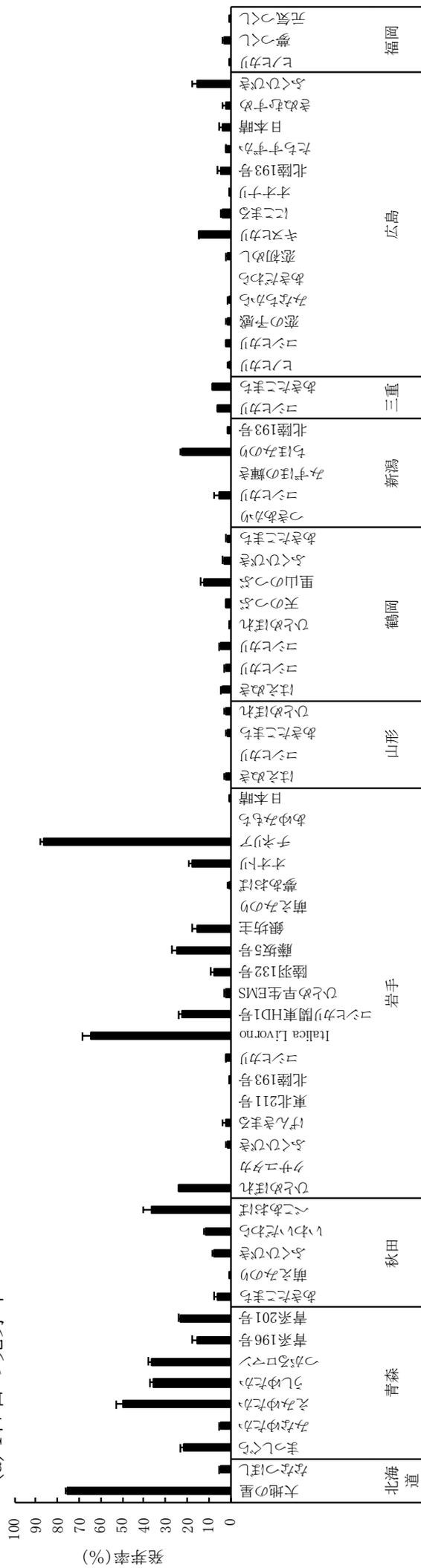
初冬直播き栽培でのそれぞれの品種と産地の効果について議論した。本試験の結果からは越冬後の出芽率には品種と採種地の効果があることを明らかにした。この効果は、初冬直播きにおける播種量の設定、適した品種育成などに基礎的なデータを提供することが期待される。また、適切な播種量を試算し、種子コストの視点から議論した。この播種量の試算は、制約はあるが初冬直播き栽培を様々な地域に導入する際の基礎的な知見になると考えられる。

付 表

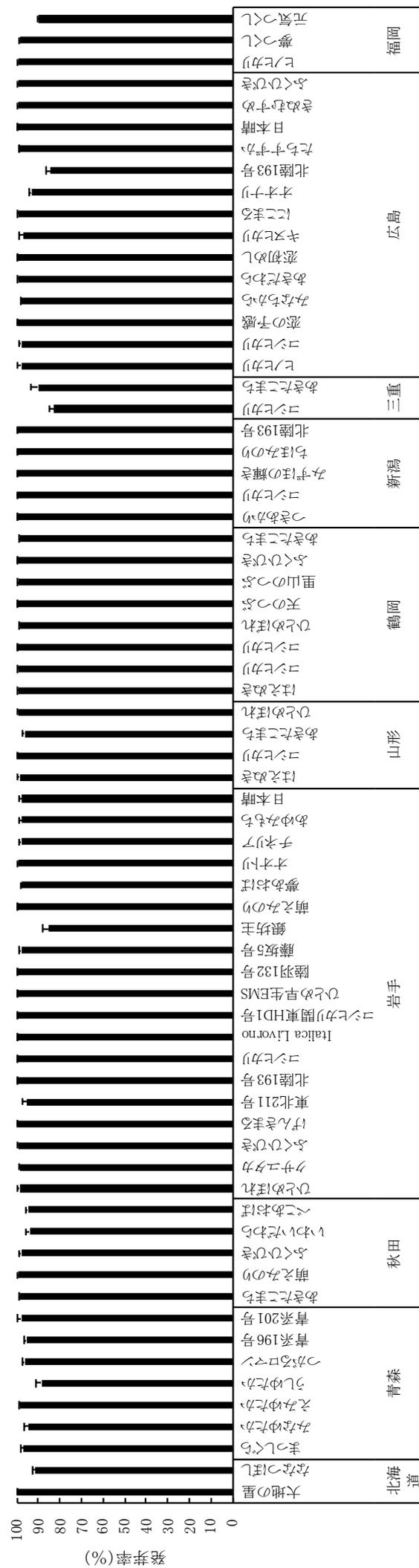


付表1. 千粒重を計測した籾の含水率

(a) 4日目の発芽率



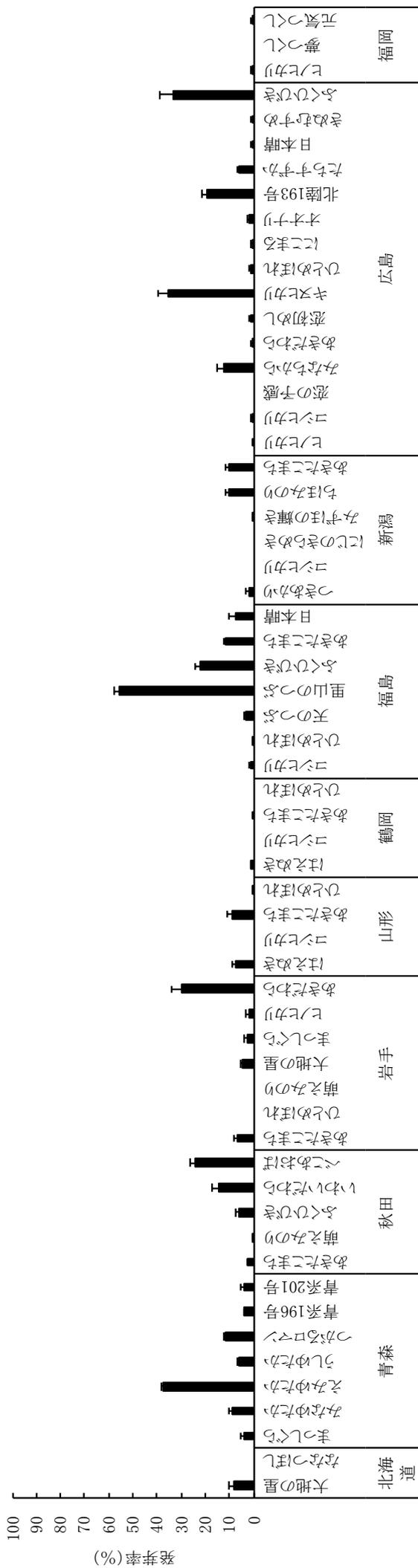
(b) 最終発芽率



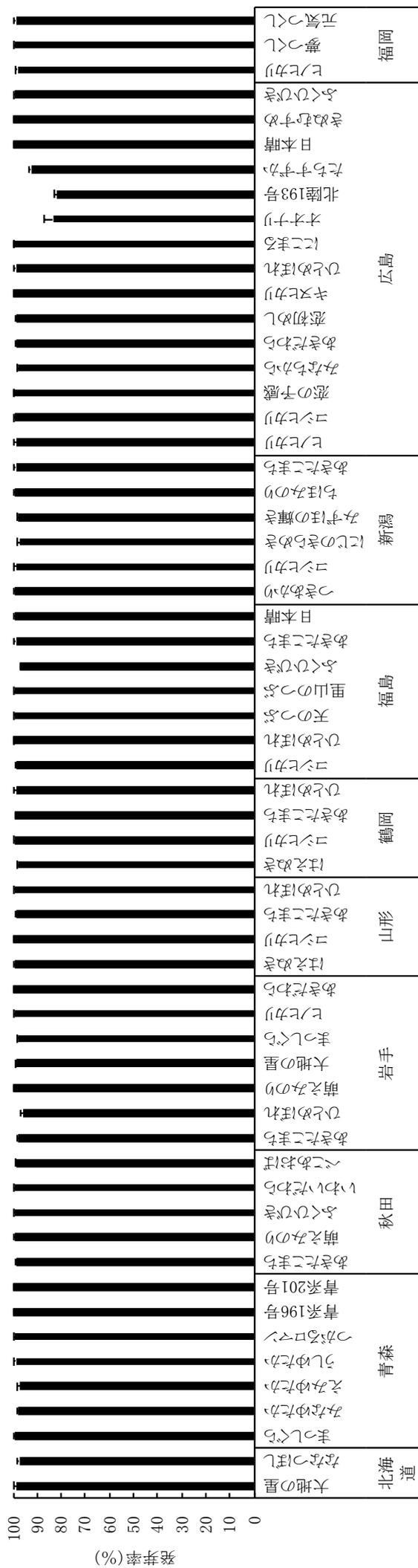
付表2. 2シーズン目(2019/20年)における供試種子の発芽率

図中のバーは標準誤差(n=3)を示す.

(a) 4日目の発芽率

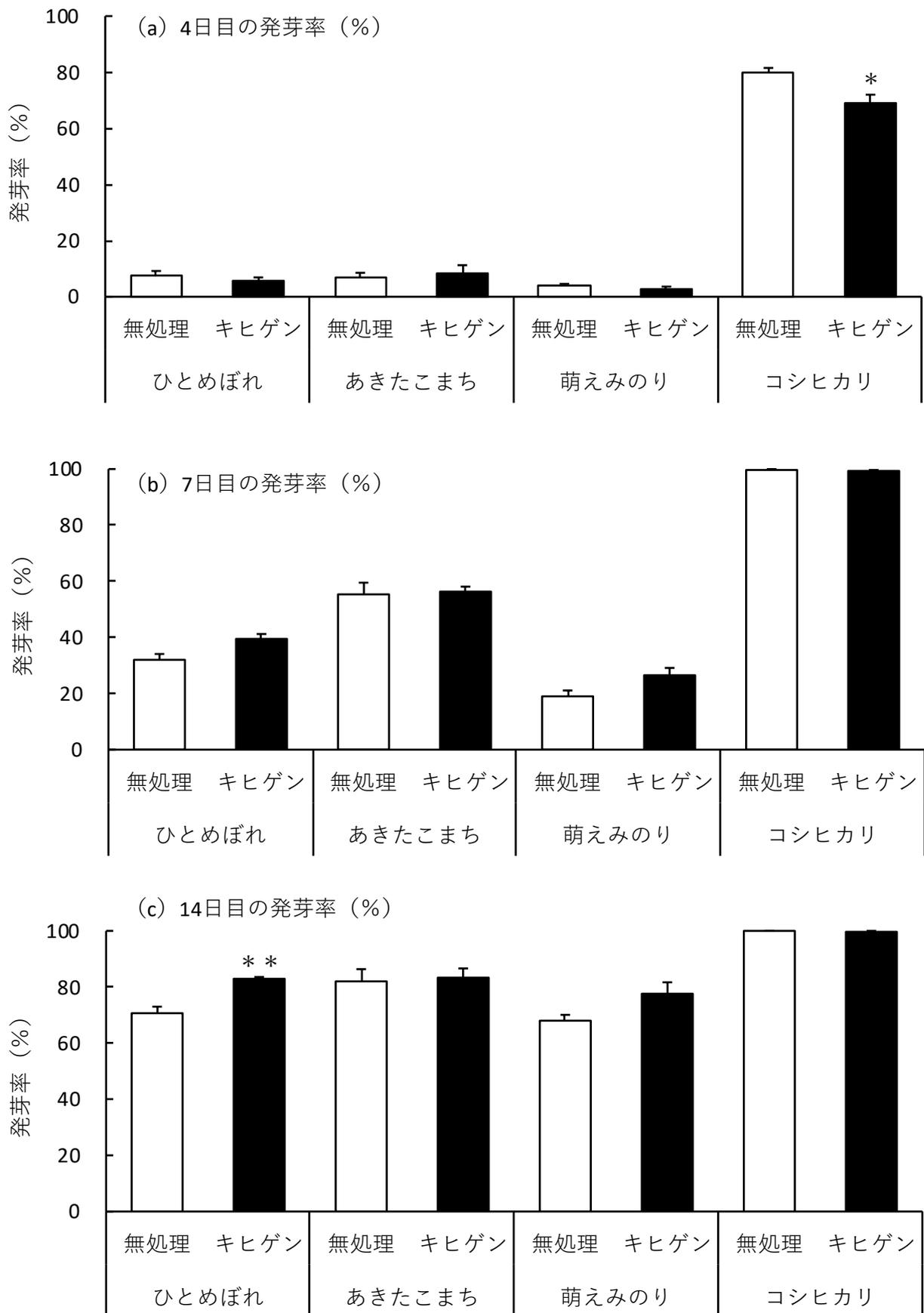


(b) 最終発芽率



付表3. 3シーズン目 (2020/21年)における供試種子の発芽率

図中のバーは標準誤差 (n=3) を示す.



付表4. キヒゲンコーティングが発芽率に与える影響.

図中の白い棒グラフは無処理, 黒い棒グラフはキヒゲンコーティングした種子の発芽率を示す. 図中の*は5%, **は1%水準で有意であること, 図中のバーは標準誤差(n=3)を示す.

付表5. 吸水6時間の際にUp-regulateした遺伝子（上位100遺伝子以降）.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
101	Os11g0704600		Similar to Beta-1,3 glucanase precursor.	12.3 ±0.70	21.0 ±0.62	1.7	0.02
102	Os01g0963300		Similar to Syntaxin 61 (AtSYP61) (Osmotic stress-sensitive mutant 1).	9.1 ±0.25	15.7 ±0.71	1.7	0.03
103	Os05g0503300	OsSiR	Similar to Sulfite reductase (Fragment).	9.3 ±0.42	15.9 ±0.78	1.7	0.03
104	Os12g0540700		Conserved hypothetical protein.	41.2 ±1.88	70.4 ±3.79	1.7	0.03
105	Os12g0612400	OsDjC83	Similar to S-locus protein 5 (Fragment).	2.9 ±0.24	4.9 ±0.27	1.7	0.04
106	Os09g0436400		PDZ/DHR/GLGF domain containing protein.	6.9 ±0.43	11.8 ±0.75	1.7	0.04
107	Os01g0679000		RNA polymerase III Rpc82, C-terminal domain containing protein.	4.9 ±0.23	8.3 ±0.44	1.7	0.03
108	Os04g0131900	OsCTB2	UDP-glucose sterol glucosyltransferase, Cold tolerance	4.9 ±0.52	8.4 ±0.31	1.7	0.04
109	Os03g0239200	OsLC5	Protein of unknown function DUF1423, plant domain containing protein.	4.0 ±0.16	6.8 ±0.43	1.7	0.04
110	Os06g0690700	OsHMA1	Similar to Potential cadmium/zinc-transporting ATPase HMA1.	5.4 ±0.36	9.1 ±0.57	1.7	0.05
111	Os06g0662000	OsVHA-A	Vacuolar-type H ⁺ -ATPase subunit A1, Premature leaf senescence and seed dormancy, Regulation of stomatal aperture and density	16.0 ±0.64	26.9 ±0.96	1.7	0.02
112	Os12g0507350		Non-protein coding transcript.	32.4 ±2.71	54.5 ±2.89	1.7	0.04
113	Os12g0147800	OsPSK3	Phytosulphokine precursor, osa-miR164c target gene, Regulation of seed vigor	23.3 ±0.42	39.0 ±2.72	1.7	0.04
114	Os01g0178000		Similar to Transaminase/ transferase, transferring nitrogenous groups.	14.5 ±1.04	24.1 ±1.28	1.7	0.04
115	Os01g0763000		Protein of unknown function DUF2039 domain containing protein.	23.2 ±1.49	38.6 ±0.95	1.7	0.03
116	Os03g0265600		Similar to Transformer-2-like protein.	18.8 ±0.87	31.1 ±1.90	1.7	0.04
117	Os09g0557900	OsENODL21	Similar to Protein phosphatase 2C gamma isoform .	8.2 ±0.40	13.5 ±0.66	1.7	0.03
118	Os02g0732500	OsARL1b	Similar to ADP-ribosylation factor-like protein.	54.4 ±1.70	89.8 ±1.77	1.7	0.01
119	NA	NA	NA	30.5 ±1.96	50.2 ±1.93	1.6	0.03
120	Os10g0407500		Similar to exonuclease.	9.1 ±0.31	14.9 ±0.61	1.6	0.03
121	Os06g0346100		Hypothetical conserved gene.	10.6 ±1.14	17.4 ±0.34	1.6	0.04
122	Os01g0951200	UMPS1	Similar to Orotidine 5'-phosphate decarboxylase .	28.7 ±3.05	47.1 ±1.17	1.6	0.04
123	Os08g0102100		Nicastrin family protein.	7.6 ±0.21	12.4 ±0.61	1.6	0.03
124	Os08g0338700		Similar to Chaperone GrpE type 2.	26.0 ±1.53	42.5 ±2.02	1.6	0.04
125	Os03g0182800	OsEBP-89	APETALA2/ethylene responsive factor, ERF transcription factor, Tolerance to drought and submergence stress	22.2 ±1.42	36.1 ±1.95	1.6	0.04

表のControlは対照区, Treatmentは乾熱休眠打破処理区の遺伝子発現量を示す.
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す.

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
126	Os02g0557100		AIG1 domain containing protein.	36.5 ±1.52	59.2 ±1.71	1.6	0.02
127	Os04g0504800	OsPABPC3	Similar to Poly(A)-binding protein.	17.4 ±0.92	28.2 ±1.30	1.6	0.03
128	Os02g0259100	IIP2	Similar to predicted protein.	8.1 ±0.58	13.0 ±0.72	1.6	0.05
129	Os07g0530600		Protein of unknown function DUF299 family protein.	40.4 ±2.31	65.3 ±3.95	1.6	0.05
130	Os04g0586200	OsFLZ16	Similar to H0307D04.13 protein.	29.3 ±2.57	47.2 ±2.23	1.6	0.05
131	Os04g0307200	OsDjC43	Similar to Cysteine string protein (CCCS1).	13.1 ±0.91	21.0 ±0.66	1.6	0.03
132	Os04g0523600		Similar to OSIGBa0153E02-OSIGBa0093I20.8protein.	7.3 ±0.45	11.7 ±0.69	1.6	0.05
133	Os02g0173900	OsALDH5F1	Similar to SSADH.	14.1 ±0.60	22.5 ±1.05	1.6	0.03
134	Os01g0511000		Similar to LOB domain protein 40.	53.7 ±4.16	85.9 ±2.45	1.6	0.03
135	Os02g0524600	OsTTG1B	WD40 repeat protein.	5.5 ±0.30	8.8 ±0.47	1.6	0.04
136	Os08g0447200		SGT1 family protein.	6.6 ±0.48	10.5 ±0.43	1.6	0.04
137	Os04g0635500		Similar to Wound induced protein (Fragment).	131 ±4.17	208 ±12.9	1.6	0.04
138	Os08g0320300		Conserved hypothetical protein.	5.7 ±0.60	9.1 ±0.21	1.6	0.05
139	Os07g0162300		Similar to RIO kinase.	31.9 ±1.75	50.6 ±2.18	1.6	0.03
140	Os01g0128800	OsNTMC2T3	Similar to plant synaptotagmin.	2.6 ±0.27	4.1 ±0.08	1.6	0.05
141	Os01g0652600		Similar to Ketol-acid reductoisomerase, chloroplast precursor .	145 ±9.72	229 ±6.41	1.6	0.03
142	Os03g0820300	ZFP182	TFIIIA-type zinc finger protein, Transcription activator, Abiotic stress tolerance	80.1 ±3.79	127 ±7.84	1.6	0.05
143	Os12g0635400		VQ domain containing protein.	101 ±2.02	160 ±6.77	1.6	0.03
144	Os04g0350100		Proteinase inhibitor I25, cystatin domain containing protein.	19.9 ±1.06	31.4 ±1.15	1.6	0.03
145	Os03g0143600		Similar to Inhibitor of growth protein 1. Splice isoform 2.	12.9 ±0.71	20.3 ±0.53	1.6	0.03
146	Os02g0819500		Ovarian tumour, otubain domain containing protein.	7.9 ±0.37	12.4 ±0.67	1.6	0.04
147	Os02g0477300		Hypothetical conserved gene.	6.2 ±0.22	9.8 ±0.35	1.6	0.02
148	Os06g0308300		Similar to 65kD microtubule associated protein.	10.1 ±0.66	15.8 ±0.82	1.6	0.05
149	Os08g0494400		Conserved hypothetical protein.	23.4 ±1.71	36.7 ±1.27	1.6	0.04
150	Os02g0699300	OsARFB1d	Similar to ADP-ribosylation factor-like protein.	15.2 ±1.11	23.8 ±0.99	1.6	0.04

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
151	Os12g0156400		Dcp1-like decapping family protein.	27.6 ±1.12	43.1 ±2.11	1.6	0.04
152	Os08g0150700	OsFbox407	Cyclin-like F-box domain containing protein.	10.0 ±1.00	15.5 ±0.25	1.6	0.05
153	Os07g0674800	OsERF067	Group VII ethylene response factor, Submergence tolerance	114 ±7.29	177 ±8.07	1.6	0.04
154	Os04g0626100		HMG-I and HMG-Y, DNA-binding domain containing protein.	13.2 ±0.45	20.6 ±1.24	1.6	0.04
155	Os03g0132000	OsACS4	Similar to 4-coumarate-CoA ligase-like protein.	9.7 ±0.18	15.1 ±0.90	1.6	0.04
156	Os03g0111500		Hypothetical conserved gene.	12.0 ±0.54	18.6 ±0.58	1.5	0.03
157	Os02g0259900		Conserved hypothetical protein.	17.5 ±0.94	27.1 ±0.91	1.5	0.03
158	Os05g0474600		Similar to Aldose reductase-related protein.	75.0 ±2.11	116 ±5.01	1.5	0.03
159	Os02g0634900	OsPAB2	Proteasome subunit alpha type 2.	62.5 ±3.07	96.8 ±2.12	1.5	0.02
160	Os12g0290600		Similar to Dual specificity protein phosphatase 8	5.4 ±0.50	8.3 ±0.22	1.5	0.05
161	Os03g0568900	OsPAP18	Similar to Purple acid phosphatase.	32.6 ±1.96	50.3 ±1.30	1.5	0.03
162	Os05g0104800	OseIF3f	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit f, Microgametogenesis	33.6 ±2.95	51.7 ±1.28	1.5	0.04
163	Os03g0790600	OsLBD3-7	Glutamate carboxypeptidase, Hormone homeostasis, Regulation of developmental processes	6.6 ±0.54	10.1 ±0.33	1.5	0.04
164	Os01g0935900		Similar to Succinate dehydrogenase subunit 4.	79.6 ±4.20	122 ±6.17	1.5	0.04
165	Os04g0503500		Leucine-rich repeat, cysteine-containing subtype containing protein.	7.1 ±0.39	10.8 ±0.56	1.5	0.04
166	Os02g0288200	OsGeBP3	Protein of unknown function DUF573 domain containing protein.	4.9 ±0.21	7.5 ±0.45	1.5	0.05
167	Os01g0184900	BIP104	Similar to SSRP1 protein.	12.6 ±1.07	19.3 ±0.48	1.5	0.04
168	Os12g0607100		Similar to Heterochromatin protein (Fragment).	5.0 ±0.30	7.6 ±0.40	1.5	0.05
169	Os10g0320400		Similar to ATP synthase gamma chain, mitochondrial precursor (EC 3.6.3.14).	40.9 ±2.47	62.6 ±2.15	1.5	0.03
170	Os03g0263700		Similar to glycine-rich protein.	60.5 ±4.23	92.2 ±3.25	1.5	0.04
171	Os07g0161000		Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.	9.1 ±0.68	13.9 ±0.51	1.5	0.04
172	Os04g0611300		Conserved hypothetical protein.	1686 ±109	2569 ±82.6	1.5	0.04
173	Os04g0665000		CHCH domain containing protein.	26.0 ±1.27	39.7 ±1.08	1.5	0.03
174	Os03g0339100	OsWD40-70	Similar to PRL1 protein.	16.7 ±1.65	25.5 ±0.26	1.5	0.05
175	Os03g0161000		Conserved hypothetical protein.	4.6 ±0.41	7.0 ±0.16	1.5	0.05

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
176	Os07g0627400		Conserved hypothetical protein.	15.1 ±0.63	22.9 ±0.68	1.5	0.03
177	Os02g0712000	OsDegp2	Similar to DegP7 3B catalytic/ protein binding / serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase.	3.5 ±0.27	5.4 ±0.11	1.5	0.04
178	Os05g0389300		Similar to SAD1.	34.9 ±2.57	53.1 ±1.01	1.5	0.03
179	Os08g0288000		Conserved hypothetical protein.	4.0 ±0.20	6.0 ±0.29	1.5	0.04
180	Os01g0315800	OsUXS2	UDP-glucuronic acid decarboxylase	41.4 ±0.84	62.8 ±1.43	1.5	0.02
181	Os07g0163800	OsM5	Similar to predicted protein.	13.6 ±0.42	20.7 ±1.03	1.5	0.04
182	Os01g0839700	OsUBC11	Similar to Ubiquitin carrier protein.	70.7 ±1.63	107 ±4.31	1.5	0.03
183	Os05g0147400		Similar to T-complex protein 1, zeta subunit.	16.1 ±0.31	24.4 ±1.18	1.5	0.03
184	Os05g0363600		Similar to Catalytic/ oxidoreductase, acting on NADH or NADPH.	29.1 ±2.40	44.0 ±1.37	1.5	0.05
185	Os09g0530700		Hypothetical conserved gene.	10.4 ±0.37	15.6 ±0.86	1.5	0.04
186	Os08g0497600	OsWD40-162	WD40 subfamily protein, Salt stress	16.7 ±0.72	25.1 ±1.15	1.5	0.04
187	Os02g0130000		Similar to SWIb domain-containing protein.	34.9 ±1.98	52.5 ±1.29	1.5	0.03
188	Os08g0159800	OsC3H56	Zinc finger, CCCH-type domain containing protein.	10.8 ±0.10	16.2 ±0.87	1.5	0.04
189	Os03g0136900	OsACO1	Aconitase, Regulation of iron deficiency response	8.4 ±0.40	12.6 ±0.34	1.5	0.03
190	Os05g0467300		SeIT/selW/selH selenoprotein family protein.	81.8 ±2.14	123 ±6.47	1.5	0.04
191	Os01g0803200	OsPR6b	Cysteine proteinase inhibitor-I.	117 ±2.30	175 ±3.67	1.5	0.02
192	Os10g0569200	OseIF3b	Six-bladed beta-propeller, TolB-like domain containing protein.	14.6 ±0.19	21.9 ±0.68	1.5	0.02
193	Os04g0485300	OsG6PDH2	Similar to Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase.	9.2 ±0.28	13.8 ±0.84	1.5	0.05
194	Os06g0326700		Diacylglycerol acyltransferase family protein.	90 ±3.81	135 ±2.45	1.5	0.02
195	Os03g0792400		Similar to mRNA, clone: RTFL01-01-G24.	7.3 ±0.26	10.9 ±0.50	1.5	0.04
196	Os05g0366600	Os5bglu2	Similar to Hydroxyisourate hydrolase.	14.4 ±0.68	21.6 ±0.73	1.5	0.03
197	Os06g0717100		Senescence-associated family protein.	17.0 ±1.08	25.4 ±0.45	1.5	0.03
198	Os10g0573900	OsNMD3	60S ribosomal subunit nuclear export adaptor, Ribosome assembly, Maintenance of normal protein synthesis efficiency, Plant development	16.0 ±0.75	23.9 ±1.05	1.5	0.04
199	Os02g0205000		Ribosomal protein L19 family protein.	23.9 ±1.40	35.5 ±1.50	1.5	0.04
200	Os12g0407500	OsPP130	Tensin phosphatase, C2 domain domain containing protein.	5.4 ±0.34	8.1 ±0.33	1.5	0.04

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
201	Os05g0301600		Protein phosphatase inhibitor 2 family protein.	24.4 ±1.33	36.3 ±1.54	1.5	0.04
202	Os09g0272000	OsHIP17	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.	24.7 ±1.39	36.8 ±0.62	1.5	0.03
203	Os03g0776000	Pgi1	Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic A .	28.7 ±1.40	42.8 ±2.21	1.5	0.05
204	Os02g0735900		Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	32.7 ±1.24	48.6 ±0.96	1.5	0.02
205	Os03g0157700		Protein of unknown function DUF639 family protein.	39.9 ±1.96	59.4 ±1.81	1.5	0.03
206	Os12g0502500	OsCPA4	Nitrilase/cyanide hydratase and apolipoprotein N-acyltransferase domain containing protein.	6.2 ±0.42	9.2 ±0.40	1.5	0.05
207	Os08g0199300	OsYchF1	Ancient YchF-type P-loop NTPase, A member of the YchF subfamily, Unconventional G protein, Plant defense response, Salinity stress tolerance	20.3 ±0.71	30.2 ±1.34	1.5	0.04
208	Os09g0511600	Os9bglu31	Transglucosidase	57.7 ±1.99	85.5 ±3.00	1.5	0.03
209	Os01g0589500		Uncharacterised conserved protein UCP009193 domain containing protein.	133 ±8.13	197 ±6.33	1.5	0.04
210	Os01g0151100		HSP20-like chaperone domain containing protein.	4.9 ±0.34	7.3 ±0.28	1.5	0.05
211	Os01g0281400		Coatomer, beta subunit domain containing protein.	12.3 ±0.21	18.3 ±1.04	1.5	0.04
212	Os01g0934100	OsSRC2	C2 calcium-dependent membrane targeting domain containing protein.	63.2 ±1.79	93.6 ±3.89	1.5	0.03
213	Os10g0502566		Non-protein coding transcript.	69.2 ±3.30	102 ±3.45	1.5	0.03
214	Os05g0420600	OsCc1	Cytochrome c.	444 ±30.6	657 ±19.3	1.5	0.04
215	Os06g0606100		Hypothetical conserved gene.	22.9 ±1.60	33.9 ±0.75	1.5	0.04
216	Os06g0514700		Hypothetical conserved gene.	22.9 ±1.60	33.9 ±0.75	1.5	0.04
217	Os01g0511200		Conserved hypothetical protein.	9.1 ±0.52	13.5 ±0.53	1.5	0.04
218	Os01g0743500	OsEnS-13	Cytosolic NADP malic enzyme	144 ±5.67	213 ±7.94	1.5	0.03
219	Os06g0142200	OsENOD93a	Early nodulin.	217 ±11.2	320 ±14.4	1.5	0.04
220	Os11g0136701		Similar to predicted protein.	24.8 ±0.91	36.5 ±2.04	1.5	0.05
221	Os03g0387900		Conserved hypothetical protein.	31.6 ±1.03	46.5 ±1.52	1.5	0.03
222	Os08g0500700	OsHSP82A	Similar to Heat shock protein 82.	23.7 ±0.30	34.9 ±2.09	1.5	0.05
223	Os06g0688100	OsDLN173	RNA polymerase I specific transcription initiation factor RRN3 family protein.	27.0 ±1.15	39.8 ±1.06	1.5	0.03
224	Os08g0191700	OsGLY11	Glyoxalase I, Splicing variant, Stress tolerance	97.7 ±3.01	143 ±2.81	1.5	0.02
225	Os05g0470700	OsRFP	Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	12.7 ±0.22	18.6 ±0.70	1.5	0.03

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
226	Os03g0332600		Non-protein coding transcript.	63.5 ±4.68	92.9 ±2.34	1.5	0.04
227	Os03g0271400		Armadillo-like helical domain containing protein.	15.1 ±0.62	22.1 ±0.82	1.5	0.03
228	Os09g0258000		Similar to predicted protein.	11.2 ±0.45	16.4 ±0.84	1.5	0.05
229	Os12g0118800		Ankyrin repeat containing protein.	2.7 ±0.07	3.9 ±0.20	1.5	0.04
230	Os01g0866500		Similar to Soluble inorganic pyrophosphatase.	66.5 ±2.46	96.7 ±4.52	1.5	0.04
231	Os09g0267600	NP39	Similar to Charged multivesicular body protein 4b.	36.4 ±2.59	52.8 ±1.59	1.5	0.05
232	Os12g0631100	OsRab5B2	Small GTPase, Storage protein trafficking	52.3 ±2.93	75.8 ±2.14	1.5	0.04
233	Os06g0246500		Similar to Pyruvate dehydrogenase E1 alpha subunit.	69.6 ±2.37	101 ±3.99	1.4	0.03
234	Os07g0670600		Ribosome biogenesis factor, NIP7 domain containing protein.	20.0 ±0.69	28.9 ±1.01	1.4	0.03
235	Os01g0860450		Hypothetical protein.	5.1 ±0.24	7.4 ±0.31	1.4	0.04
236	Os03g0619400		Chaperone, tailless complex polypeptide 1 domain containing protein.	13.3 ±0.24	19.3 ±0.53	1.4	0.02
237	Os03g0743650		Conserved hypothetical protein.	9.1 ±0.59	13.2 ±0.42	1.4	0.04
238	Os03g0577200		Similar to Mps one binder kinase activator-like 1A.	118 ±3.99	170 ±6.69	1.4	0.03
239	Os08g0465800	OsGAD1	Similar to Glutamate decarboxylase.	49.0 ±1.04	70.8 ±2.61	1.4	0.03
240	Os06g0247500	OsPFPB	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase (PFP) beta subunit, Regulation of carbon metabolism during grain filling	44.8 ±3.24	64.7 ±1.41	1.4	0.04
241	Os08g0133000		Protein of unknown function DUF1637 family protein.	33.6 ±1.65	48.4 ±1.34	1.4	0.03
242	Os06g0195900		NOG, C-terminal domain containing protein.	52.3 ±3.50	75.4 ±2.50	1.4	0.05
243	Os01g0276000		Similar to 60S ribosomal protein L30.	192 ±8.93	276 ±6.98	1.4	0.03
244	Os02g0533900	OsCPA1	Similar to Carbon-nitrogen hydrolase family protein.	38.5 ±0.88	55.3 ±2.04	1.4	0.03
245	Os02g0250400	OsGELP33	Similar to Esterase.	10.5 ±0.56	15.1 ±0.51	1.4	0.04
246	Os01g0279200		Similar to COP9 signalosome complex subunit 2	17.5 ±1.18	25.2 ±0.22	1.4	0.04
247	Os11g0246900		Ankyrin repeat containing protein.	10.6 ±0.44	15.3 ±0.72	1.4	0.04
248	Os03g0340700		Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.	21.1 ±0.27	30.2 ±1.55	1.4	0.04
249	Os02g0196800	OsFAH	Fumarylacetoacetate hydrolase, Required for fertility	122 ±2.63	175 ±7.94	1.4	0.04
250	Os01g0815400		Conserved hypothetical protein.	179 ±10.4	256 ±8.47	1.4	0.04

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
251	Os02g0759800	OsSKIPa	Rice homolog of human Ski-interacting protein(SKIP), Positive regulation of cell viability, Positive regulation of drought and salt tolerance	38.6 ±2.40	55.1 ±0.65	1.4	0.03
252	Os09g0444200		Similar to predicted protein.	4.4 ±0.13	6.3 ±0.24	1.4	0.03
253	Os10g0462900		Similar to mitochondrial chaperonin-60.	11.9 ±0.44	17.0 ±0.88	1.4	0.05
254	Os04g0500700	OsHCT1	Similar to Hydroxyanthranilate hydroxycinnamoyltransferase 3.	30.3 ±0.50	43.2 ±1.67	1.4	0.03
255	Os07g0585000	OsC2DP66	C2 calcium-dependent membrane targeting domain containing protein.	18.9 ±1.05	26.9 ±1.10	1.4	0.05
256	Os07g0479300	OsSCP39	Peptidase S10, serine carboxypeptidase family protein.	10.7 ±0.73	15.2 ±0.29	1.4	0.04
257	Os02g0591700		Similar to Candida glabrata strain CBS138 chromosome L complete sequence.	156 ±5.44	222 ±9.03	1.4	0.04
258	Os07g0150700	OsCIPK23	Serine/threonine protein kinase, Pollination and drought stress responses, Regulation of potassium uptake by CBL1-CIPK23 complex	10.4 ±0.60	14.7 ±0.29	1.4	0.04
259	Os01g0270100		Similar to Cysteine protease inhibitor.	245 ±10.4	347 ±11.7	1.4	0.04
260	Os07g0627800		Similar to DRG-like OBG family GTPase fused to an RNA binding domain TGS domain, Fun11p.	25.3 ±0.75	35.9 ±1.33	1.4	0.03
261	Os04g0613600		Similar to 40S ribosomal protein S11.	70.7 ±2.47	100 ±4.88	1.4	0.05
262	Os08g0207500	OsZIP4	Zinc transporter, Translocation of zinc	10.6 ±0.52	15.1 ±0.47	1.4	0.04
263	Os03g0408500		Similar to Transcription initiation factor IID, 31kD subunit family protein, expressed.	42.8 ±1.67	60.5 ±2.61	1.4	0.04
264	Os07g0110200		Similar to GTP-binding protein-related.	31.1 ±1.63	43.9 ±1.57	1.4	0.04
265	Os06g0694000	OsZTL2	F-box protein with a LOV domain and consecutive Kelch repeats, Circadian clock associated-component	25.5 ±0.86	35.9 ±1.69	1.4	0.04
266	Os02g0795300	OsNCA1b	Similar to protein binding / zinc ion binding.	12.6 ±0.38	17.7 ±0.69	1.4	0.04
267	Os01g0583100	OsPP10	Similar to Protein phosphatase 2C.	19.3 ±0.82	27.1 ±1.23	1.4	0.05
268	Os01g0255000		Similar to Soluble epoxide hydrolase.	37.4 ±1.66	52.6 ±1.37	1.4	0.03
269	Os02g0582400		Conserved hypothetical protein.	23.1 ±1.27	32.4 ±0.90	1.4	0.04
270	Os03g0113700	HSP70	Similar to Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor.	28.2 ±0.68	39.5 ±1.40	1.4	0.03
271	Os08g0374100	OsUBC5	Similar to Ubiquitin carrier protein.	47.4 ±0.70	66.5 ±3.09	1.4	0.04
272	Os01g0970400	p26	Eukaryotic translation initiation factor 4E-1	130 ±7.04	182 ±7.10	1.4	0.05
273	Os10g0483000	Osj10gBTF3	Basal transcription factor 3-like protein, Vegetative growth and reproductive development	85.2 ±3.18	119 ±3.71	1.4	0.03
274	Os01g0906600		Tetratricopeptide-like helical domain containing protein.	4.4 ±0.15	6.2 ±0.07	1.4	0.02
275	Os09g0361700		Hypothetical conserved gene.	8.4 ±0.45	11.7 ±0.41	1.4	0.04

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
276	Os01g0662600	OsISC6	Similar to nifU-like N-terminal domain-containing protein.	38.4 ±1.17	53.5 ±1.57	1.4	0.03
277	Os05g0554500		Conserved hypothetical protein.	10.2 ±0.26	14.2 ±0.66	1.4	0.04
278	Os06g0114500		Similar to ATOZ11 protein	102 ±4.32	141 ±3.61	1.4	0.03
279	Os06g0134900		Conserved hypothetical protein.	123 ±5.53	170 ±2.27	1.4	0.03
280	Os01g0926300		Similar to Transaldolase (EC 2.2.1.2).	35.2 ±1.53	49.0 ±1.51	1.4	0.04
281	Os02g0774300	OsISC23	Similar to Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial precursor.	34.9 ±1.85	48.5 ±1.36	1.4	0.04
282	Os01g0844800		Similar to Pumilio RBD (Fragment).	2.8 ±0.08	3.9 ±0.10	1.4	0.03
283	Os01g0513800		Similar to Brix domain containing protein 1 homolog.	33.3 ±1.70	46.3 ±1.36	1.4	0.04
284	Os08g0484500		Similar to Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplast precursor.	23.4 ±1.19	32.4 ±1.20	1.4	0.05
285	Os01g0348700	OsRPL23A	Similar to 60S ribosomal protein L23a (L25).	141 ±5.37	195 ±7.92	1.4	0.04
286	Os10g0189100	OsPpGM	Plastidic phosphoglucomutase, Starch synthesis in rice pollen	16.9 ±0.69	23.4 ±0.90	1.4	0.04
287	Os05g0389400		Biopterin transport-related protein BT1 family protein.	22.7 ±0.90	31.4 ±1.13	1.4	0.04
288	Os05g0373700		Similar to Nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein 3	64.9 ±2.36	89.9 ±3.15	1.4	0.04
289	Os08g0386800		Adenine nucleotide translocator 1 domain containing protein.	20.7 ±1.05	28.6 ±0.49	1.4	0.03
290	Os03g0599800	OsUAM1	UDP-arabinopyranose mutase 1, Reversibly glycosylated polypeptide 1, Cell wall synthesis, Plant growth and development	98.2 ±4.65	136 ±5.29	1.4	0.05
291	Os07g0687500	OsStr16	Rhodanese-like domain containing protein.	6.4 ±0.35	8.9 ±0.20	1.4	0.04
292	Os02g0533800		Similar to ATPase inhibitor.	382 ±19.5	528 ±18.9	1.4	0.05
293	Os05g0508300		Similar to Papain-like cysteine peptidase XBCP3.	4.8 ±0.10	6.6 ±0.31	1.4	0.04
294	Os08g0444100		Similar to Splicing factor 3b, subunit 5	101 ±3.62	140 ±4.68	1.4	0.04
295	Os10g0537500		Similar to Tobamovirus multiplication 3.	78.6 ±3.71	108 ±2.59	1.4	0.04
296	Os03g0756800		Uncharacterised protein family UPF0139 domain containing protein.	137 ±1.34	188 ±7.77	1.4	0.04
297	Os08g0320900	OsEnS-120	Hypothetical protein.	417 ±19.3	573 ±21.0	1.4	0.04
298	Os06g0149400	OsNAP1_L1	Similar to Chitinase A.	25.7 ±1.46	35.4 ±0.79	1.4	0.04
299	Os09g0525400		Similar to RING finger protein 13 (C-RZF).	42.0 ±1.33	57.6 ±2.20	1.4	0.04
300	Os05g0546800		Protein of unknown function DUF3615 domain containing protein.	34.1 ±0.41	46.7 ±2.38	1.4	0.05

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
301	Os02g0274100	OsAIM	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, Multifunctional protein, Salicylic acid (SA) biosynthesis, Maintenance of root meristem activity, Beta oxidation of fatty acids	27.8 ±0.96	38.2 ±1.41	1.4	0.04
302	Os03g0795000		Biopterin transport-related protein BT1 family protein.	3.4 ±0.15	4.7 ±0.18	1.4	0.05
303	Os07g0137600		Conserved hypothetical protein.	38.7 ±1.34	52.7 ±2.09	1.4	0.04
304	Os01g0250600		Conserved hypothetical protein.	35.6 ±1.84	48.5 ±0.85	1.4	0.04
305	Os11g0163100		Similar to Actin 7 (Actin 2).	42.4 ±1.92	57.6 ±1.61	1.4	0.04
306	Os02g0708300	OsRBX1a	Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	30.8 ±0.23	41.8 ±1.51	1.4	0.03
307	Os03g0390400	OsCOX6b1	Similar to Cytochrome c oxidase subunit 6b.	67.6 ±3.46	91.6 ±2.93	1.4	0.05
308	Os03g0577000		Similar to Ribosomal protein S3 (Fragment).	185 ±6.35	250 ±10.4	1.4	0.05
309	Os05g0494200	OsCYS2	Similar to Cystatin (Fragment).	53.7 ±2.05	72.5 ±2.83	1.3	0.05
310	Os04g0549600	OsDjA6	Chaperone DnaJ protein, Negative regulation of rice innate immunity, Basal resistance to Magnaporthe oryzae	135 ±1.64	181 ±1.70	1.3	0.00
311	Os02g0614200		Conserved hypothetical protein.	165 ±2.93	222 ±5.02	1.3	0.02
312	Os03g0688200		Conserved hypothetical protein.	37.0 ±1.34	49.7 ±1.33	1.3	0.03
313	Os02g0254700	OsSPMS2	Similar to Spermidine synthase 3.	37.6 ±1.64	50.3 ±1.50	1.3	0.04
314	Os01g0611100	OsRAN1	Small GTPase, Ras related nuclear protein, Cold tolerance, Regulation of cellular mitosis and auxin signalling pathway	96.6 ±4.40	129 ±4.22	1.3	0.05
315	Os08g0567000		Conserved hypothetical protein.	16.5 ±0.37	22.1 ±0.70	1.3	0.03
316	Os01g0253300	Osimpa1	Importin alpha3B1a, Adaptor of nuclear transport receptors, Positive regulation of disease resistance against the rice blast pathogen	102 ±1.68	136 ±4.06	1.3	0.03
317	Os02g0805900	OsDCP2	NUDIX hydrolase, core domain containing protein.	49.3 ±2.07	65.9 ±2.01	1.3	0.04
318	Os07g0523700		Similar to 60S ribosomal protein L44.	146 ±5.38	194 ±6.16	1.3	0.04
319	Os07g0523500		Similar to 60S ribosomal protein L44.	146 ±5.38	194 ±6.16	1.3	0.04
320	Os07g0523300	OsRPL44	Similar to 60S ribosomal protein L44.	146 ±5.38	194 ±6.16	1.3	0.04
321	Os03g0802200		Non-protein coding transcript.	372 ±19.3	495 ±6.20	1.3	0.04
322	Os05g0594900		Similar to U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm8.	201 ±1.71	265 ±9.80	1.3	0.04
323	Os05g0207300	OsRPL5	Similar to 60S ribosomal protein L11-2 (L16). Splice isoform 2.	73.1 ±1.51	95.9 ±3.49	1.3	0.04
324	Os10g0442600	OsCDC48E	Similar to Cell division control protein 48-like protein e (Fragment).	119 ±3.35	156 ±4.17	1.3	0.03
325	Os09g0501200	rpL32_9.1	Similar to Ribosomal L32.	58.2 ±2.78	76.1 ±1.13	1.3	0.04
326	Os08g0564100	OsABCF4	Similar to ATP-binding cassette, sub-family F, member 2	139 ±2.87	181 ±4.41	1.3	0.03
327	Os06g0319700	OsRPL31	Similar to 60S ribosomal protein L31.	49.5 ±2.00	64.4 ±1.59	1.3	0.04
328	Os07g0639800	OseIF6	Eukaryotic translation initiation factor 6	90.1 ±2.35	117 ±3.04	1.3	0.03

付表5. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
329	Os01g0752800		Similar to HASP protein-like protein (Fragment).	175 ±3.61	227 ±8.11	1.3	0.04
330	Os01g0174900	OsGRX1	Thioredoxin fold domain containing protein.	116 ±4.07	150 ±3.12	1.3	0.03
331	Os02g0175100	OsZIP15	Similar to RISBZ4.	61.0 ±2.90	78.8 ±1.76	1.3	0.05
332	Os07g0627000	OsDPE1	Plastidial disproportionating enzyme1, alpha-1,4-D-glucanotransferase, Storage starch synthesis in rice endosperm	20.7 ±0.78	26.6 ±0.69	1.3	0.04
333	Os02g0704600		Conserved hypothetical protein.	46.9 ±1.73	60.4 ±1.38	1.3	0.04
334	Os09g0560300		Conserved hypothetical protein.	69.9 ±2.38	89.7 ±2.75	1.3	0.05
335	Os01g0172400	OsC2DP2	Phospholipase D alpha 1 precursor.	24.4 ±1.18	31.2 ±0.57	1.3	0.05
336	Os06g0668200	OsPGK4	Similar to Phosphoglycerate kinase, cytosolic.	66.8 ±1.25	85.2 ±1.88	1.3	0.03
337	Os12g0104800		Similar to Clathrin heavy chain.	36.1 ±0.69	46.0 ±1.58	1.3	0.04
338	Os12g0581700		Conserved hypothetical protein.	35.4 ±1.20	45.1 ±0.86	1.3	0.03
339	Os05g0395300	OsCBSDUF1	Cystathionine beta-synthase, core domain containing protein.	27.8 ±0.58	35.3 ±0.85	1.3	0.03
340	Os05g0498700		Similar to Gda-1 protein.	163 ±6.46	207 ±4.93	1.3	0.05
341	Os09g0482400	OsHsp80.2	Similar to Heat shock protein 81-3.	112 ±1.65	143 ±4.01	1.3	0.03
342	Os03g0178000	OsEF1alpna	EF-1 alpha.	171 ±5.11	215 ±6.54	1.3	0.05
343	Os12g0235800		Similar to Argininosuccinate synthase (Fragment).	19.6 ±0.78	24.7 ±0.32	1.3	0.04
344	Os02g0753800	OsANN2	Calcium-binding protein, Annexin, Heat and drought stress tolerance	239 ±3.32	301 ±10.9	1.3	0.05
345	Os02g0644000	OsVPE3	Vacuolar processing enzyme, Asparaginyl endopeptidase, Mediation of GA-induced programmed cell death in aleurone layers	319 ±8.53	400 ±12.4	1.3	0.05
346	Os01g0329400		Mitochondrial substrate carrier family protein.	60.8 ±1.51	76.2 ±2.44	1.3	0.05
347	Os02g0503900		Cytochrome P450 family protein.	33.8 ±0.21	42.1 ±1.15	1.2	0.03
348	Os04g0405100		Similar to H0502B11.8 protein.	45.9 ±1.79	57.2 ±1.01	1.2	0.04
349	Os04g0564600	OsHMGB707	High mobility group (HMG) protein, Regulation of drought tolerance	207 ±2.98	258 ±8.68	1.2	0.04
350	Os01g0884300	OsNAC6	NAC transcription factor, Drought tolerance, Response to abiotic and biotic stresses	175 ±6.33	218 ±4.07	1.2	0.04
351	Os04g0670200		Similar to Oryzain beta chain precursor.	118 ±3.58	147 ±2.39	1.2	0.03
352	Os10g0442400		Similar to UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl transferase family protein, expressed.	42.3 ±0.88	52.5 ±1.73	1.2	0.05
353	Os01g0934400		Mog1/PsbP, alpha/beta/alpha sandwich domain containing protein.	96.6 ±3.85	119 ±1.64	1.2	0.05
354	Os03g0275500	OsANTH5	Epsin-like, N-terminal domain containing protein.	23.5 ±0.26	28.9 ±0.66	1.2	0.03
355	Os02g0304900	OsDi19-4	Drought-induced 19 family protein, Drought resistance, Positive regulation of abscisic acid (ABA) response	11.7 ±0.40	14.3 ±0.12	1.2	0.04
356	Os06g0170500	OsC3H40	Similar to RNA-binding protein-like.	60.9 ±2.04	74.5 ±1.63	1.2	0.05
357	Os04g0103200	OsEIF3m	Proteasome component region PCI domain containing protein.	42.8 ±1.49	52.2 ±0.65	1.2	0.04
358	Os02g0626400	OsPAL	Phenylalanine ammonia-lyase.	37.1 ±0.61	45.2 ±1.23	1.2	0.04
359	Os04g0249700		Similar to transposon protein.	14.0 ±0.31	17.0 ±0.21	1.2	0.03

付表6. 吸水24時間の際にUp-regulateした遺伝子（上位100遺伝子以降）.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
101	Os07g0476500	OsCYP21-2a	Cyclophilin 21 protein, Oxidative stress tolerance, Regulation of peroxidase activity	7.89 ±0.5	17.3 ±0.43	2.19	0.03
102	Os10g0551900	OsHyPRP14	Plant lipid transfer protein and hydrophobic protein, helical domain containing protein.	376 ±27	824 ±39.6	2.19	0.04
103	Os03g0675700		Conserved hypothetical protein.	16.9 ±0.9	37.0 ±2.04	2.19	0.04
104	Os04g0578800		Protein of unknown function DUF604 family protein.	2.35 ±0.1	5.15 ±0.30	2.19	0.04
105	Os02g0209100		Similar to Coatomer beta' subunit	10.3 ±0.7	22.4 ±0.61	2.18	0.03
106	Os03g0655400	OsLEA24	Similar to LIP5.	30.8 ±3.5	67.3 ±2.23	2.18	0.04
107	Os11g0264600		Conserved hypothetical protein.	20.8 ±0.6	45.4 ±0.64	2.18	0.01
108	Os04g0620000	OsABCC1	C-type ATP-binding cassette (ABC) transporter, Arsenic (As) detoxification, Reduction of As in grains	8.48 ±0.2	18.5 ±0.87	2.18	0.03
109	Os07g0666900	OsNHX1	Vacuolar Na ⁺ /H ⁺ antiporter, Salt tolerance	9.29 ±0.4	20.2 ±0.56	2.18	0.03
110	Os01g0740700		Hypothetical protein.	52.3 ±2.8	114 ±6.01	2.17	0.04
111	Os11g0701900		Glycoside hydrolase, family 18 protein.	46.4 ±2.8	101 ±1.72	2.17	0.03
112	Os03g0401300	OsRSUS1	Sucrose synthase 2	138 ±3.7	300 ±10.2	2.17	0.03
113	Os03g0213100		Similar to Sec61p.	22.4 ±0.7	48.4 ±2.14	2.17	0.03
114	Os10g0553800		Flavin-containing monooxygenase FMO family protein.	10.1 ±0.3	21.8 ±0.80	2.16	0.03
115	Os05g0209500		Conserved hypothetical protein.	17.3 ±1.8	37.2 ±1.27	2.15	0.04
116	Os07g0438600		Proteinase inhibitor I9, subtilisin propeptide domain containing protein.	112 ±0.6	241 ±7.12	2.15	0.03
117	Os03g0296700		7TM GPCR, rhodopsin-like domain containing protein.	1.57 ±0.0	3.36 ±0.16	2.14	0.03
118	Os02g0326600		Similar to Pattern formation protein EMB30.	7.33 ±0.5	15.7 ±0.79	2.14	0.04
119	Os12g0190000	OsGGP	GDP-L-galactose phosphorylase, Ascorbate biosynthesis, Stress tolerance, Plant development	12.7 ±0.3	27.1 ±1.45	2.14	0.04
120	Os01g0740600		Transferrin receptor-like, dimerisation domain containing protein.	52.2 ±1.7	112 ±5.24	2.14	0.03
121	Os05g0108100		Protein of unknown function DUF707 family protein.	17.9 ±1.7	38.3 ±1.59	2.14	0.04
122	Os12g0622500	OsSPO11D	Homologue of the archaeal topoisomerase VIA, Mediation of double-strand DNA cleavage, Required for meiosis	18.0 ±1.2	38.2 ±0.72	2.12	0.03
123	Os02g0710900		Heat shock protein Hsp70 family protein.	7.13 ±0.7	15.1 ±0.81	2.12	0.05
124	Os02g0498700	OsGAUT13	polygalacturonate 4-alpha-galacturonosyltransferase/ transferase	19.7 ±0.7	41.5 ±1.46	2.11	0.03
125	Os07g0626466		Non-protein coding transcript.	4.28 ±0.3	9.00 ±0.56	2.10	0.05
126	Os02g0700500	OsPUT1	Polyamine uptake transporter, High-affinity spermidine transporter, Import of spermidine transported via phloem, Polyamine uptake	22.2 ±1.01	46.6 ±2.58	2.10	0.04
127	Os03g0703000	Os3bglu7	Similar to Beta-glucosidase.	8.69 ±0.14	18.2 ±0.95	2.10	0.04
128	Os08g0496000		Cytochrome oxidase assembly family protein.	17.3 ±0.65	36.1 ±1.13	2.09	0.03
129	Os08g0529100		Similar to Proteasome subunit beta type 1	4.16 ±0.37	8.68 ±0.33	2.09	0.04
130	Os03g0850400		Similar to Aspartokinase.	23.0 ±1.31	47.8 ±1.45	2.08	0.03

表のControlは対照区, Treatmentは乾熱休眠打破処理区の遺伝子発現量を示す。
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す。

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
131	Os05g0148700	Pse	Armadillo-type fold domain containing protein.	5.40 ±0.17	11.2 ±0.74	2.07	0.05
132	Os08g0554000		WD-40 repeat containing protein.	5.73 ±0.16	11.9 ±0.07	2.07	0.01
133	Os12g0104800		Similar to Clathrin heavy chain.	66.9 ±2.96	138 ±8.97	2.07	0.05
134	Os01g0239700		Similar to Leucine-rich receptor-like protein kinase.	3.34 ±0.16	6.87 ±0.41	2.06	0.04
135	Os12g0541200		Conserved hypothetical protein.	57.4 ±1.16	118 ±5.82	2.06	0.03
136	Os11g0433500	Sec23c	Similar to Protein transport protein Sec23A	21.6 ±1.16	44.2 ±2.62	2.05	0.05
137	Os11g0596250		Conserved hypothetical protein.	37.5 ±3.34	76.7 ±3.51	2.05	0.04
138	Os12g0629700	PR5	Similar to Thaumatin-like protein precursor.	8.89 ±0.70	18.1 ±0.65	2.04	0.04
139	Os01g0730300	OsTPS3	HAD-superfamily hydrolase subfamily IIB protein.	8.43 ±0.62	17.2 ±0.94	2.04	0.05
140	Os06g0691200	PR5	Similar to Thaumatin-like protein precursor.	15.0 ±0.94	30.5 ±1.88	2.04	0.05
141	Os06g0716700	OsHsp90	Heat shock protein	30.9 ±1.90	62.5 ±3.37	2.02	0.04
142	Os08g0387050		Conserved hypothetical protein.	23.8 ±1.30	47.9 ±2.13	2.02	0.04
143	Os01g0218032	ROS1A	Putative DNA demethylase, Endosperm development	1.90 ±0.19	3.82 ±0.16	2.01	0.05
144	Os11g0637800		Similar to 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase PLS1.	47.0 ±1.77	94.6 ±3.53	2.01	0.03
145	Os02g0672100	OsIDD4	C2H2-type zinc finger transcription factor, Promotion of flowering	8.40 ±0.63	16.9 ±0.62	2.01	0.04
146	Os06g0336200	TIP2-2	Delta-tonoplast intrinsic protein.	156.7 ±6.19	315 ±9.70	2.01	0.03
147	Os09g0544800	OsRacGEF1	Small GTPase Rac/ROP guanine nucleotide exchange factor, Signal transduction	2.06 ±0.12	4.11 ±0.25	2.00	0.05
148	Os09g0127800	OsWD40-165	Similar to Coatomer alpha subunit.	1.86 ±0.05	3.71 ±0.20	2.00	0.04
149	Os07g0587100		Reticulon family protein.	9.17 ±0.83	18.2 ±0.38	1.99	0.04
150	Os10g0503700	OsRH12	Similar to ATP-dependent RNA helicase dhh1.	11.4 ±0.21	22.6 ±1.20	1.98	0.04
151	Os01g0879400		Glycoside hydrolase, family 43 protein.	10.5 ±0.98	20.8 ±0.28	1.98	0.04
152	Os01g0817700	BPM	Similar to 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase	79.7 ±1.37	157 ±9.18	1.97	0.04
153	Os08g0261000		NB-ARC domain containing protein.	2.48 ±0.14	4.90 ±0.09	1.97	0.03
154	Os01g0956200	OsXAT7	Xylan arabinosyltransferase 7	14.5 ±1.30	28.7 ±1.28	1.97	0.05
155	Os08g0554050		Similar to auxin-independent growth promoter.	2.82 ±0.27	5.56 ±0.13	1.97	0.04
156	Os12g0568800		Similar to predicted protein.	9.48 ±0.16	18.7 ±0.37	1.97	0.02
157	Os06g0131300	OsADC1	Arginine decarboxylase, Chilling stress response	12.9 ±0.76	25.4 ±0.80	1.97	0.03
158	Os05g0194500	ONAC085	Similar to ANAC075.	12.5 ±0.29	24.5 ±1.11	1.96	0.03
159	Os04g0599100		Similar to OSJNba0093F12.23 protein.	12.4 ±0.30	24.2 ±0.99	1.95	0.03
160	Os05g0363100		Similar to Monoglyceride lipase.	9.16 ±0.52	17.9 ±0.60	1.95	0.03

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
161	Os03g0405500		Similar to PDI-like protein.	2.25 ±0.19	4.38 ±0.17	1.95	0.04
162	Os01g0711100		Similar to Mitochondrial processing peptidase beta subunit.	21.7 ±1.14	41.7 ±0.78	1.92	0.03
163	Os05g0387700	OsRLCK186	Protein kinase, core domain containing protein.	1.61 ±0.16	3.08 ±0.09	1.92	0.05
164	Os07g0537600		Hypothetical conserved gene.	4.57 ±0.10	8.75 ±0.50	1.92	0.04
165	Os04g0498200	OsCOX6b2	Similar to OSIGBa0092E01.14 protein.	14.1 ±0.33	27.1 ±0.89	1.91	0.03
166	Os01g0276700		Similar to Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	96.3 ±2.48	184 ±7.38	1.91	0.03
167	Os03g0376100	OsCGS5	Similar to Cystathionine gamma-synthase (Fragment).	12.9 ±0.56	24.7 ±1.50	1.91	0.05
168	Os05g0443500	Fd, OsFd4	Similar to Ferredoxin VI, chloroplast precursor (Fd VI).	55.2 ±3.17	106 ±5.32	1.91	0.04
169	Os03g0142500	OsRFPH2-9	Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	6.94 ±0.45	13.2 ±0.49	1.91	0.04
170	Os06g0326700		Diacylglycerol acyltransferase family protein.	114 ±2.74	216 ±7.19	1.90	0.03
171	Os02g0210700		Protein kinase, core domain containing protein.	54.5 ±1.33	103 ±6.51	1.89	0.05
172	Os11g0182200		Transferase family protein.	28.2 ±3.01	53.3 ±0.77	1.89	0.04
173	Os08g0243100		4'-phosphopantetheinyl transferase domain containing protein.	9.66 ±0.96	18.2 ±0.66	1.89	0.05
174	NA	NA	NA	5.83 ±0.40	11.0 ±0.56	1.88	0.05
175	Os01g0130000	OsMTP9	Cation efflux protein family protein.	17.1 ±0.19	31.8 ±1.51	1.86	0.04
176	Os12g0635400		VQ domain containing protein.	79.3 ±3.86	147 ±8.27	1.86	0.05
177	Os07g0150100	OsERD4	Protein of unknown function DUF221 domain containing protein.	7.19 ±0.41	13.4 ±0.66	1.86	0.05
178	Os02g0173200	OsVQ5	VQ domain containing protein.	37.8 ±0.84	69.8 ±0.87	1.85	0.02
179	Os03g0254700	OsTPR3	WD40 repeat-like domain containing protein.	9.45 ±0.28	17.4 ±0.74	1.84	0.04
180	Os06g0584200		N-6 adenine-specific DNA methylase, conserved site domain containing protein.	5.08 ±0.08	9.33 ±0.33	1.84	0.03
181	Os10g0462900		Similar to mitochondrial chaperonin-60.	19.8 ±0.95	36.2 ±1.87	1.83	0.05
182	Os08g0155700		Similar to DNA-directed RNA polymerase (Fragment).	26.8 ±0.46	49.1 ±2.81	1.83	0.05
183	Os01g0977600		Armadillo-type fold domain containing protein.	3.35 ±0.21	6.14 ±0.17	1.83	0.03
184	Os01g0647100	OsNTT1	ADP/ATP carrier protein family protein.	25 ±1.24	45.6 ±2.52	1.82	0.05
185	Os08g0136300		Similar to (clone wusl1032) mRNA sequence.	297 ±14.2	542 ±16.9	1.82	0.03
186	Os05g0469600	OsPDC1	Pyruvate decarboxylase 1, Pyruvate decarboxylase beta3B-subunit	593 ±29.9	1078 ±30.2	1.82	0.03
187	Os02g0473200	OsAP19	Peptidase aspartic,catalytic domain containing protein.	7.96 ±0.55	14.4 ±0.66	1.81	0.05
188	Os07g0545800	OsCIGR1	GRAS family protein, N-acetylchitoooligosaccharide elicitor-responsive protein, Pathogen-induced defense response	16.4 ±0.31	29.8 ±0.84	1.81	0.03
189	Os03g0224300	OsTPS4	HAD-superfamily hydrolase subfamily IIB protein.	3.43 ±0.31	6.2 ±0.12	1.81	0.04
190	Os01g0642100		Hypothetical conserved gene.	53.8 ±2.78	96.6 ±2.85	1.79	0.03

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
191	Os01g0867300	OsbZIP12	bZIP transcription factor, Abiotic stress response, ABA signaling, Suppressor of floral transition upon drought stress	24.9 ±0.48	44.6 ±2.33	1.79	0.04
192	Os06g0597400	OsPNH1	PINHEAD/ZWILLE (PNH/ZLL) homologous protein, Shoot apical meristem (SAM) maintenance and leaf development	1.95 ±0.10	3.5 ±0.14	1.79	0.04
193	Os09g0478100	OsCsIE1	Cellulose synthase family protein.	5.30 ±0.19	9.5 ±0.45	1.79	0.04
194	Os01g0846300	OsPP2C9	Similar to protein phosphatase 2C.	36.4 ±1.25	65.2 ±1.46	1.79	0.03
195	Os12g0242100		Similar to Glycine-rich cell wall structural protein 1 precursor.	994 ±29.9	1771 ±96.8	1.78	0.05
196	Os09g0492700	OsHMGR11	3-hydroxy-3-methylglutaryl-CoA reductase	265 ±1.91	472 ±20.6	1.78	0.04
197	Os04g0553800	OsPGSIP-C2	Similar to OSIGBa0143N19.10 protein.	4.20 ±0.18	7.45 ±0.33	1.77	0.04
198	Os12g0560900	OsbZIP87	Non-protein coding transcript.	73.4 ±5.98	130 ±4.98	1.77	0.05
199	Os05g0430800	OsATASE3	Similar to Amidophosphoribosyltransferase, chloroplast precursor	64.2 ±2.24	114 ±4.69	1.77	0.04
200	Os05g0112000	Xb3	E3 ubiquitin ligase, XA21-mediated disease resistance	10.1 ±0.79	17.9 ±0.17	1.76	0.04
201	Os06g0650100	OsRUB2	Similar to Ubiquitin-NEDD8-like protein RUB2.	22.3 ±1.94	39.3 ±1.07	1.76	0.05
202	Os04g0462600		Dynein light chain, type 1 family protein.	3.94 ±0.10	6.9 ±0.25	1.76	0.03
203	Os05g0427300		Similar to RNA binding protein (Fragment).	23.1 ±0.88	40.4 ±0.53	1.75	0.03
204	Os10g0204400	OsPEPCK	Similar to Phosphoenolpyruvate carboxykinase	53.7 ±1.53	93.4 ±5.19	1.74	0.05
205	Os04g0543200		Nucleotide-binding, alpha-beta plait domain containing protein.	7.32 ±0.10	12.6 ±0.64	1.73	0.04
206	Os11g0700900	C10923	Glycoside hydrolase, subgroup, catalytic core domain containing protein.	143 ±3.43	247 ±10.3	1.73	0.04
207	Os01g0872700	OsXrn3	5'-3' exoribonuclease	11.6 ±0.53	19.9 ±0.40	1.73	0.03
208	Os01g0832200		Similar to selT-like protein.	34.4 ±0.68	59.4 ±0.76	1.73	0.02
209	Os05g0585900		Mitochondrial carrier protein domain containing protein.	24.5 ±0.35	42.2 ±1.82	1.72	0.04
210	Os09g0533100		Similar to Pantothenate kinase 4 (Fragment).	8.59 ±0.43	14.8 ±0.45	1.72	0.04
211	Os03g0395600		Conserved hypothetical protein.	13.7 ±0.44	23.6 ±0.94	1.72	0.04
212	Os09g0439700		Transmembrane receptor, eukaryota domain containing protein.	14.5 ±0.18	24.8 ±0.81	1.71	0.03
213	Os02g0497700		Similar to Ras-GTPase-activating protein SH3-domain binding protein-like.	14.5 ±0.57	24.7 ±1.27	1.71	0.05
214	Os03g0851900		ATPase, AFG1-like domain containing protein.	6.22 ±0.31	10.6 ±0.51	1.70	0.05
215	Os12g0134000		Similar to Hydroxymethylglutaryl-CoA lyase.	5.30 ±0.19	9.0 ±0.33	1.69	0.04
216	Os02g0600400	OsG6PDH1	Similar to Glucose-6-phosphate dehydrogenase.	26.8 ±0.68	45.4 ±0.71	1.69	0.02
217	Os09g0327400		Glycoside hydrolase-type carbohydrate-binding, subgroup domain containing protein.	9.60 ±0.30	16.2 ±0.60	1.69	0.04
218	Os08g0136800		Protein of unknown function DUF26 domain containing protein.	311 ±14.5	525 ±17.8	1.69	0.04
219	Os12g0511300	OsCLT2	UAA transporter domain containing protein.	4.98 ±0.18	8.4 ±0.20	1.68	0.03
220	Os10g0542400		Expansin/Lol pI family protein.	39.8 ±1.64	67.0 ±2.85	1.68	0.04

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
221	Os04g0398000	OsERF101	Pathogenesis-related transcriptional factor and ERF domain containing protein.	7.80 ±0.12	13.1 ±0.58	1.68	0.04
222	Os07g0209100		Similar to Seed imbibition protein (Fragment).	348 ±15.1	583 ±23	1.68	0.04
223	Os04g0461400		Hypothetical gene.	5.61 ±0.34	9.4 ±0.25	1.67	0.04
224	Os05g0581800		Protein of unknown function DUF1296 family protein.	29.2 ±1.73	48.9 ±1.72	1.67	0.04
225	Os01g0248400		Similar to Isocitrate dehydrogenase (Fragment).	6.71 ±0.12	11.2 ±0.28	1.67	0.03
226	Os04g0501200	TagI	Similar to H0311C03.4 protein.	2.12 ±0.13	3.5 ±0.10	1.67	0.04
227	Os02g0115900	OsBiP1	Endosperm luminal binding protein.	82.0 ±0.86	136 ±1.13	1.66	0.01
228	Os08g0345700	OsPFFA3	Alpha-subunit 3 of pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase	166 ±4.73	276 ±9.72	1.66	0.03
229	Os08g0137200		Actin/actin-like family protein.	17.4 ±0.89	28.8 ±1.16	1.65	0.05
230	Os05g0494500		Protein of unknown function DUF250 domain containing protein.	43.1 ±1.20	70.8 ±1.06	1.64	0.03
231	Os12g0410050		Hypothetical conserved gene.	21.1 ±1.41	34.6 ±0.45	1.64	0.04
232	Os07g0462200		Protein of unknown function DUF1218 family protein.	32.8 ±1.65	53.8 ±2.25	1.64	0.05
233	Os03g0419100		Protein of unknown function DUF1675 family protein.	22.0 ±1.30	36.0 ±0.64	1.64	0.04
234	Os12g0506400	OsCNIH2	Cornichon family protein.	11.3 ±0.90	18.5 ±0.23	1.63	0.05
235	Os01g0498802		Non-protein coding transcript.	24.2 ±1.42	39.4 ±1.43	1.63	0.05
236	Os11g0154900	OsBZIP80	Similar to DNA-binding factor of bZIP class (Fragment).	71.9 ±1.55	117 ±4.60	1.63	0.04
237	Os02g0705300	OsTLP8	Similar to cDNA clone:J013000H10, full insert sequence.	2.31 ±0.14	3.8 ±0.08	1.63	0.04
238	Os02g0254700	OsSPMS2	Similar to Spermidine synthase 3.	23.6 ±0.71	38.4 ±0.70	1.63	0.03
239	Os04g0408801		Non-protein coding transcript.	309 ±9.53	503 ±13.0	1.63	0.03
240	Os09g0521500	Get3	Similar to Arsenical pump-driving ATPase	19.7 ±0.95	32 ±1.11	1.62	0.04
241	Os01g0559750		Hypothetical gene.	130 ±7.69	211 ±7.28	1.62	0.05
242	Os03g0268300	OsDGD2beta	Digalactosyldiacylglycerol (DGDG) synthase, Anther and pollen development	31.0 ±1.52	50.1 ±1.11	1.62	0.04
243	Os09g0538800	OsC2DP76	Similar to Synaptotagmin C.	17.8 ±0.71	28.7 ±0.77	1.61	0.03
244	Os08g0431300	OsptPDC-E2	Similar to Dihydrolipoamide S-acetyltransferase. F-Box auxin receptor protein, Nuclear protein,	21.4 ±0.91	34.4 ±0.34	1.61	0.03
245	Os05g0150500	OsFbox248	Flag leaf inclination, Primary root growth, Crown root initiation, Seed development, Tillering	94.3 ±3.38	151 ±5.20	1.60	0.04
246	Os10g0377400	OsRab11E1	Similar to Ras-related protein Rab11D.	60.2 ±0.86	96.5 ±4.16	1.60	0.04
247	Os03g0802800		Conserved hypothetical protein.	16.2 ±0.57	25.9 ±1.16	1.60	0.05
248	Os01g0835000		Similar to predicted protein.	10.1 ±0.73	16.2 ±0.33	1.60	0.05
249	Os05g0378900		Similar to Golgi transport complex protein-related.	5.6 ±0.20	9.0 ±0.37	1.60	0.04
250	Os03g0336200	OsBZIP30	Transcription factor RF2b.	19.7 ±0.81	31.4 ±0.58	1.60	0.03

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
251	Os03g0711800		Similar to IRE homolog 1 (Fragment).	3.1 ±0.11	4.9 ±0.16	1.59	0.04
252	Os07g0561800		Similar to carbohydrate transporter/ sugar porter.	57.2 ±3.14	90.4 ±2.11	1.58	0.04
253	Os08g0122000	OsPP2A-B'theta	Similar to Protein phosphatase 2A B' regulatory subunit.	4.8 ±0.19	7.6 ±0.02	1.58	0.03
254	Os11g0643700		Similar to predicted protein.	5.2 ±0.04	8.2 ±0.32	1.58	0.04
255	Os02g0227200	OsENOD93b	Early nodulin.	51.7 ±2.76	81.6 ±0.17	1.58	0.03
256	Os09g0306400	OsBZIP71	bZIP transcription factor, Drought and salt tolerance	98.8 ±1.55	156 ±7.41	1.58	0.05
257	Os10g0507800	OsDjC73	Similar to Chaperone protein dnaJ 13.	6.6 ±0.25	10.4 ±0.41	1.57	0.05
258	Os02g0146700		Similar to PSMD2 subunit (Fragment).	12.0 ±0.67	18.9 ±0.33	1.57	0.04
259	Os12g0144600	OsHMP46	Heavy metal transport/detoxification protein domain containing protein.	13.2 ±0.67	20.8 ±0.63	1.57	0.04
260	Os10g0493300		Hypothetical protein.	32.9 ±0.45	51.6 ±1.20	1.57	0.03
261	Os10g0441800	OsRab5A2	Similar to RAB5B.	21.5 ±0.85	33.6 ±1.27	1.56	0.05
262	Os02g0573300		Similar to Nucleotide-sugar transporter/ sugar porter.	3.8 ±0.21	6.0 ±0.14	1.56	0.04
263	Os05g0392700		Mitochondrial substrate carrier family protein.	69.8 ±3.96	109 ±0.97	1.56	0.04
264	Os08g0431100		Bromo adjacent region domain containing protein.	13.2 ±0.76	20.6 ±0.43	1.56	0.04
265	Os12g0623500	OsCAT11	Similar to Cationic amino acid transporter-like protein.	29.0 ±1.27	45.2 ±1.10	1.56	0.04
266	Os08g0110700		Phospholipase-like protein homologous to phosphatidic acid-preferring phospholipaseA1, Glycerolipid metabolism, Amyoplast development	8.8 ±0.35	13.7 ±0.11	1.55	0.03
267	Os02g0181300	OsWRKY71	WRKY transcription factor, Defense response	24.6 ±0.25	38.3 ±1.84	1.55	0.05
268	Os09g0115500	OsCBSX2	Proteinase inhibitor I3, Kunitz legume domain containing protein.	13.6 ±0.27	21.2 ±0.96	1.55	0.05
269	Os06g0126000	OsSEU3	LIM binding protein domain containing protein.	11.8 ±0.15	18.2 ±0.55	1.55	0.03
270	Os08g0191000	OsPILS2	Auxin efflux carrier domain containing protein.	10.8 ±0.69	16.8 ±0.41	1.55	0.05
271	Os02g0181800		Similar to Ubiquitin fusion degradation 1-like.	33.1 ±0.82	51.2 ±1.68	1.55	0.04
272	Os02g0523500	OsTSN	RNA-binding protein, Transport and localization of storage protein mRNAs, Modulation of gene expression	49.9 ±0.91	77.0 ±1.31	1.54	0.03
273	Os01g0948300		Cellular retinaldehyde-binding/triple function, C-terminal domain containing protein.	59.5 ±3.83	91.8 ±1.47	1.54	0.05
274	Os05g0550600	OsLTP2.5	Similar to Nonspecific lipid-transfer protein 2	11.8 ±0.22	18.2 ±0.48	1.54	0.03
275	Os05g0517200	OsTPS6	HAD-superfamily hydrolase subfamily IIB protein.	5.2 ±0.28	7.9 ±0.04	1.53	0.04
276	Os05g0559900	OsSIP25	Homologue of the human TATA modulatory factor, Transcription activator, Negative regulation of cold tolerance through modification of cell wall properties	13.4 ±0.67	20.5 ±0.55	1.53	0.04
277	Os02g0709800	OsGAP1	GTPase-activating protein, Regulation of vesicle trafficking from trans-Golgi network to plasma membrane or central vacuole	14.1 ±0.75	21.5 ±0.60	1.53	0.05
278	Os03g0321300	OsFbox137	Cyclin-like F-box domain containing protein.	13.9 ±0.58	21.1 ±0.71	1.52	0.05
279	Os01g0151100		HSP20-like chaperone domain containing protein.	13.0 ±0.36	19.7 ±0.29	1.52	0.03
280	Os06g0167000		Similar to PRP8 protein (Fragment).	10.2 ±0.16	15.5 ±0.41	1.52	0.03

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
281	Os04g0650800	OsPGDH1	3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, Serine biosynthesis	83.9 ±4.64	127 ±3.22	1.51	0.05
282	Os01g0296100	OsSK12	Similar to Glycogen synthase kinase.	28.5 ±0.50	42.9 ±1.29	1.51	0.03
283	Os06g0208700	OsPFA-DSP3	Similar to Dual-specificity phosphatase protein.	34.4 ±0.67	51.7 ±0.80	1.50	0.03
284	Os01g0934200		Mitochondrial carrier protein domain containing protein.	9.3 ±0.40	13.9 ±0.34	1.50	0.04
285	Os08g0156600	OsVPE2	Vacuolar phosphate efflux transporter, Pi homeostasis	15.4 ±0.52	23.1 ±0.23	1.50	0.03
286	Os09g0462700		Similar to RNA Binding Protein 47.	30.0 ±1.02	44.8 ±1.05	1.49	0.04
287	Os04g0683800		FT-interacting protein, Regulation of drought response	9.1 ±0.34	13.5 ±0.16	1.49	0.03
288	Os01g0575000		Root hair defective 3 GTP-binding family protein.	8.3 ±0.42	12.3 ±0.23	1.48	0.04
289	Os01g0928800	OsLCB2a1	Similar to Serine palmitoyltransferase.	16.7 ±0.54	24.7 ±0.93	1.48	0.05
290	Os10g0495000		K Homology, type 1, subgroup domain containing protein.	9.5 ±0.28	14.0 ±0.16	1.47	0.03
291	Os02g0653800	OsRab1C3	Similar to GTP-binding protein.	93.9 ±3.98	138 ±4.03	1.47	0.05
292	Os04g0658000		Similar to OSIGBa0132E09-OSIGBa0108L24.1 protein.	10.6 ±0.36	15.5 ±0.20	1.46	0.03
293	Os01g0736100	OsUGT706C1	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase family protein.	25.5 ±0.53	37.2 ±0.57	1.46	0.03
294	Os09g0500200		Similar to oxidoreductase.	15.3 ±0.52	22.3 ±0.23	1.46	0.03
295	Os04g0460300	OsATL13	Amino acid transporter, transmembrane domain containing protein.	53.2 ±1.22	77.3 ±0.83	1.45	0.03
296	Os05g0530500	OsSnRK1A	Serine/threonine protein kinase, Sugar signaling	13.1 ±0.49	19.1 ±0.26	1.45	0.03
297	Os02g0577100		Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	17.0 ±0.92	24.7 ±0.36	1.45	0.05
298	Os04g0402100	OsCNX	Similar to Calnexin (Fragment).	62.9 ±2.46	90.3 ±2.76	1.44	0.05
299	Os03g0281600	OsECA1	Endoplasmic reticulum-type Ca ²⁺ -ATPase	12.1 ±0.04	17.3 ±0.31	1.43	0.03
300	Os07g0661700		Conserved hypothetical protein.	11.9 ±0.35	17.0 ±0.10	1.43	0.03
301	Os10g0577000		Conserved hypothetical protein.	38.6 ±0.89	54.8 ±0.83	1.42	0.03
302	Os03g0719400		Alpha/beta hydrolase fold-1 domain containing protein.	32.5 ±0.61	46.1 ±1.58	1.42	0.04
303	Os07g0682400	OsC3H53	Nucleotide-binding, alpha-beta plait domain containing protein.	12.5 ±0.20	17.7 ±0.49	1.42	0.04
304	Os09g0526700	OsUGE3	UDP galactose/glucose epimerase, Salt stress tolerance, Improvement of biomass production and mechanical strength by reinforcement of cell walls with polysaccharides	7.0 ±0.20	10.0 ±0.18	1.42	0.03
305	Os02g0141500		Conserved hypothetical protein.	5.2 ±0.17	7.4 ±0.19	1.42	0.04
306	Os05g0549700		Similar to Threonine synthase, chloroplast precursor	10.3 ±0.14	14.4 ±0.10	1.41	0.02
307	Os03g0326500		Similar to Thioredoxin-like 1.	154 ±5.92	216 ±5.15	1.40	0.05
308	Os04g0683700	OsAAE3	4-coumarate-Co-A ligase (4CL) like protein, Adenosine monophosphate binding protein, Regulation of rice blast resistance, floret development, and lignin biosynthesis	33.7 ±0.30	47.0 ±0.11	1.40	0.03
309	Os03g0806900		Similar to Cytochrome-C reductase 14 kDa subunit	78.1 ±1.90	109 ±1.74	1.40	0.03
310	Os01g0623500		ATPase, AAA-type, core domain containing protein.	2.2 ±0.09	3.1 ±0.04	1.40	0.04

付表6. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
311	Os03g0713000		Similar to Chloroplast threonine deaminase 1.	9.7 ±0.25	13.5 ±0.37	1.39	0.04
312	Os01g0587000	OsVHA-d	Similar to Vacuolar ATP synthase subunit d Brassinosteroid-signaling kinase,	66.0 ±1.37	91.4 ±2.17	1.39	0.04
313	Os10g0542800	OsBSK1-2	A member of the receptor-like cytoplasmic kinase (RLCK)-XII sub group, Major regulator in rice immunity	5.3 ±0.17	7.2 ±0.08	1.37	0.03
314	Os06g0147300		Similar to cDNA clone:J023088C01, full insert sequence.	31.5 ±1.20	42.8 ±0.83	1.36	0.05
315	Os05g0563900	OsGRX17	Hypothetical gene.	455 ±9.74	616 ±15.5	1.35	0.04
316	Os01g0794500		Translation initiation factor SUI1 domain containing protein.	165 ±3.46	221 ±5.79	1.35	0.04
317	Os01g0772600	OsUCIP10	Similar to Casein kinase-like protein.	11.6 ±0.15	15.6 ±0.14	1.34	0.02
318	Os10g0167300	OsEE1	Similar to Enolase 2	356 ±1.08	464 ±9.87	1.30	0.03
319	Os04g0650700	OsASNase2	Similar to OSIGBa0113E10.3 protein.	10.1 ±0.39	13.1 ±0.05	1.30	0.05
320	Os03g0202200	OsVDAC4	Porin-like protein.	53.7 ±1.24	69.3 ±1.48	1.29	0.04
321	Os03g0226600		Similar to cDNA clone:J023007A11, full insert sequence.	10.2 ±0.07	13.1 ±0.28	1.28	0.04
322	Os07g0496000	OsRab6A1	Similar to Nt-rab6 protein.	80.9 ±1.07	103 ±1.22	1.27	0.03
323	Os02g0435000	OsNSCC2	Translocation protein Sec62 family protein.	31.4 ±0.62	39.9 ±0.36	1.27	0.03
324	Os02g0187200		Exostosin-like family protein.	4.5 ±0.04	5.7 ±0.05	1.27	0.02
325	Os12g0621900		Similar to Mov34/MPN/PAD-1 family protein, expressed.	26.9 ±0.76	34.0 ±0.53	1.27	0.05
326	Os03g0215800		Pyridoxal phosphate-dependent enzyme, beta subunit domain containing protein.	6.2 ±0.15	7.8 ±0.03	1.25	0.04
327	Os05g0163400		Zinc finger, RING/FYVE/PHD-type domain containing protein.	6.3 ±0.08	7.8 ±0.20	1.24	0.05
328	Os03g0836500		Conserved hypothetical protein.	43.2 ±0.27	52.7 ±1.21	1.22	0.05
329	Os01g0315800	OsUXS2	UDP-glucuronic acid decarboxylase	73.6 ±1.24	89.4 ±1.47	1.22	0.04
330	Os06g0681400	Ubi1	Ubiquitin domain containing protein.	346 ±2.68	404 ±3.01	1.17	0.03

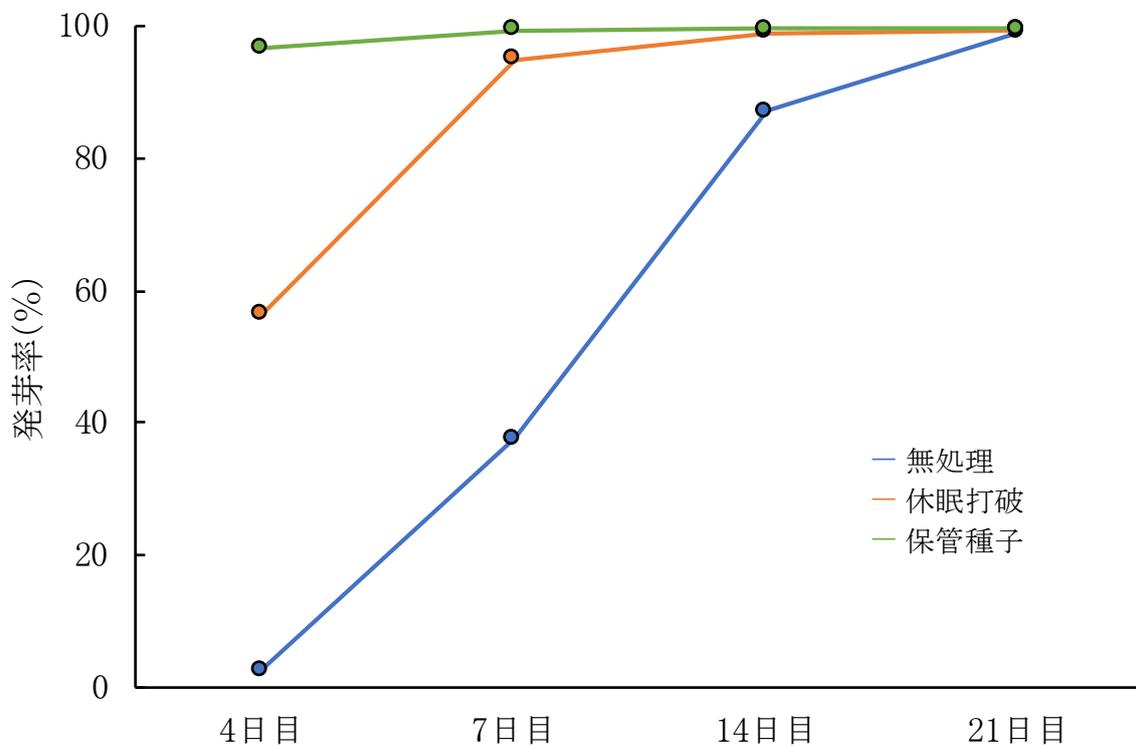
付表7. 吸水24時間の際にDown-regulateした遺伝子（上位100遺伝子以降）.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
101	Os10g0417600	OsGME1	GDP-D-mannose epimerase 1, Ascorbate biosynthesis, Tolerance against ozone stress and Zn deficiency, Plant development	22.8 ±0.8	15.4 ±0.7	0.67	0.04
102	Os03g0352800		Similar to Acyl carrier protein 1	126 ±3.9	84.8 ±2.6	0.67	0.05
103	Os01g0184050		Hypothetical protein.	46.6 ±6.7	31.4 ±1.1	0.67	0.05
104	Os06g0142350	OsENOD93-1	Similar to Early nodulin.	219 ±4.4	149 ±6.1	0.68	0.04
105	Os06g0166400	OsERF007	Similar to TINY-like protein	504 ±45.4	341 ±11.2	0.68	0.04
106	Os12g0406200	RPS3aB	Similar to 40S ribosomal protein S3a (CYC07 protein). Replication factor C subunit 4,	131 ±2.8	89.7 ±4.3	0.68	0.04
107	Os04g0569000	OsRFC4	DNA replication and repair, Regulation of cell proliferation	15.9 ±1.4	10.9 ±0.4	0.69	0.04
108	Os03g0355100		Protein of unknown function DUF1618 domain containing protein.	14.3 ±1.1	9.9 ±0.5	0.69	0.04
109	Os04g0667800	Dhr6	Similar to Ubiquitin carrier protein.	1076 ±41.8	747 ±21.6	0.69	0.05
110	Os11g0546900	GF14d	14-3-3 protein, Positive role in cold stress response	300 ±16.0	209 ±9.5	0.70	0.05
111	Os04g0513000		Conserved hypothetical protein.	53.1 ±4.6	37.3 ±1.1	0.70	0.03
112	Os12g0170100		Similar to DNA-binding protein.	12.0 ±0.8	8.5 ±0.5	0.71	0.05
113	Os01g0839500		Histone-fold domain containing protein.	438 ±13.9	311 ±10.8	0.71	0.03
114	Os02g0803700	TBPOs-1	26S proteasome 19S regulatory particle triple-A ATPase subunit 5a	37.1 ±3.0	26.3 ±0.6	0.71	0.04
115	Os03g0312600		Similar to XPA-binding protein 1 (HUSSY-23).	18.4 ±0.9	13.1 ±0.1	0.71	0.03
116	Os02g0813350	OsFbox120	Cyclin-like F-box domain containing protein.	42.9 ±1.4	30.6 ±0.6	0.71	0.04
117	Os03g0701600		Conserved hypothetical protein.	49.6 ±2.8	35.8 ±0.6	0.72	0.03
118	Os07g0639800	OseIF6	Eukaryotic translation initiation factor 6	117 ±6.0	85.0 ±1.7	0.72	0.05
119	Os04g0676700	OsMYB6, MYB6	Similar to H0101F08.8 protein.	50.1 ±2.2	36.3 ±1.3	0.72	0.05
120	Os02g0756800		Phosphate-induced protein 1 conserved region family protein.	139 ±1.6	101 ±1.4	0.73	0.04
121	Os10g0492600	TIP3-1, OsEnS-139	Similar to Tonoplast membrane integral protein ZmTIP3-1.	799 ±44.9	583 ±14.9	0.73	0.05
122	Os09g0507800	surf-3	60S ribosomal protein L7a.	226 ±10.2	165 ±7.8	0.73	0.05
123	Os01g0834600		40S ribosomal protein S23.	945 ±22.5	696 ±24.1	0.74	0.04
124	Os01g0680400		Histone-fold domain containing protein.	142 ±8.5	106 ±2.4	0.75	0.05
125	Os07g0655300	OsMB11	Kelch related domain containing protein.	44.8 ±2.3	33.6 ±1.0	0.75	0.05

表のControlは対照区, Treatmentは乾熱休眠打破処理区の遺伝子発現量を示す.
T/CはControlの発現量に対するTreatmentの発現量の比率, qはFDR値を示す.

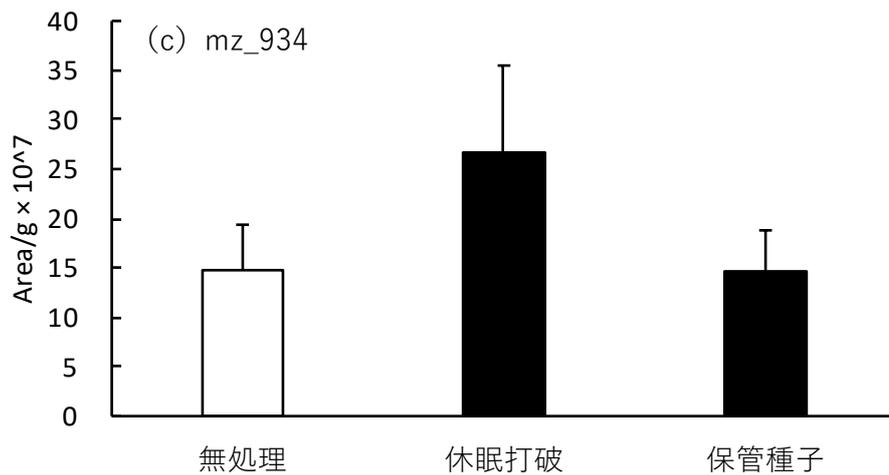
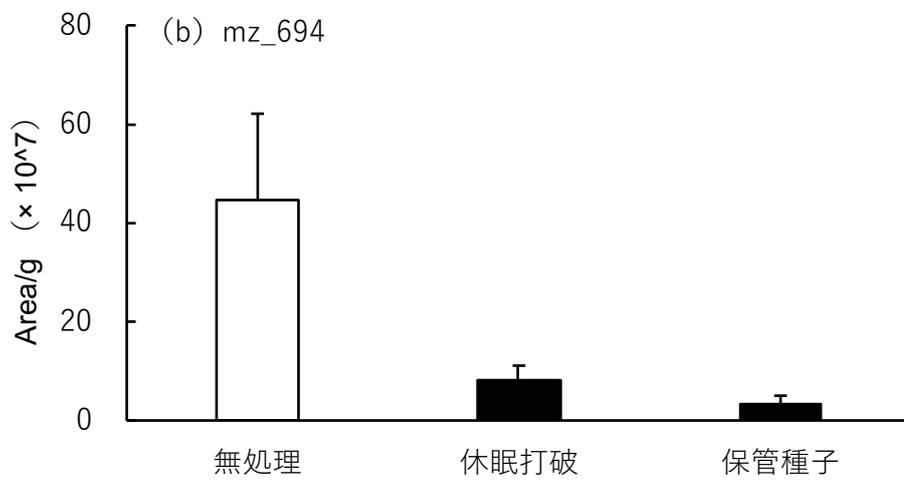
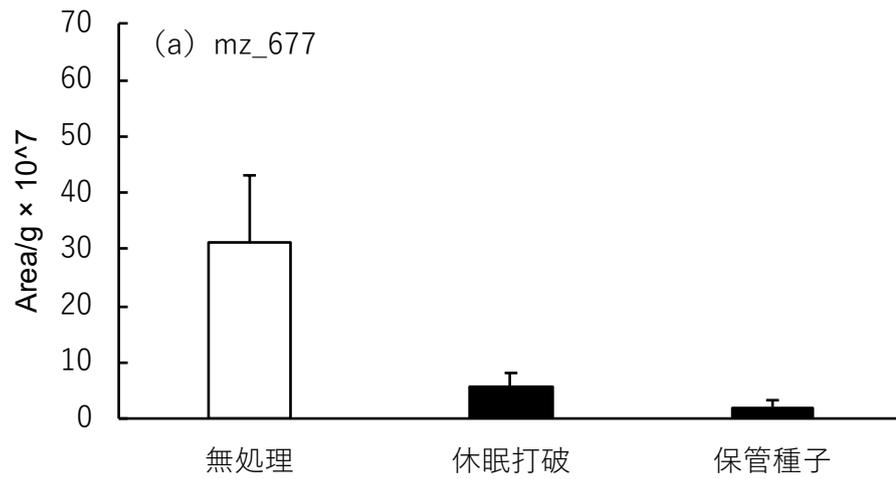
付表7. 続き.

ID	Gene ID	Gene Name	Annotation	Control	Treatment	T/C	q
126	Os01g0915300		Non-protein coding transcript.	47.2 ±1.3	35.5 ±1.0	0.75	0.05
127	Os05g0137300		Thioredoxin fold domain containing protein.	103 ±5.6	78.1 ±0.4	0.76	0.04
128	Os10g0483000	Osj10gBTF3	Basal transcription factor 3-like protein, Vegetative growth and reproductive development	167 ±4.9	128 ±5.2	0.77	0.05
129	Os07g0186000	OsTRXh1	H-type thioredoxin, Regulation of the apoplastic reactive oxygen species, Stress response	1085 ±34.3	834 ±14.8	0.77	0.03
130	Os06g0682900	Hsa32, OsPPS1	Heat stress associated protein, Long-term acquired thermotolerance	73.9 ±5.0	57.1 ±1.1	0.77	0.03
131	Os06g0198500		RmIC-like jelly roll fold domain containing protein.	10.6 ±0.8	8.2 ±0.1	0.77	0.03
132	Os05g0346300		Similar to 40S ribosomal protein S7.	417 ±12.4	325 ±6.7	0.78	0.04
133	Os11g0533400		Conserved hypothetical protein.	562 ±50.2	438 ±10.4	0.78	0.04
134	Os08g0117300		Similar to 40S ribosomal protein S13.	186 ±5.6	146 ±2.8	0.78	0.04
135	Os06g0646500		Similar to ATP synthase delta chain, mitochondrial precursor	289 ±8.6	227 ±2.8	0.78	0.03
136	Os08g0478200	RMtATPd2	Similar to ATP synthase D chain, mitochondrial	185 ±11.2	146 ±2.1	0.79	0.03
137	Os09g0103700		Zinc finger, CCHC-type domain containing protein.	94.9 ±2.0	77.1 ±1.1	0.81	0.03
138	Os03g0576700	OsRPL13b	Similar to 60S ribosomal protein L13 (BBC1 protein homolog)	307 ±3.1	251 ±5.3	0.82	0.05
139	Os08g0467600	OsGeBP10	Hypothetical conserved gene.	18.3 ±1.8	15.0 ±0.3	0.82	0.04
140	Os08g0179900		Uncharacterised conserved protein UCP012943 domain containing protein.	104 ±11.5	85.8 ±1.3	0.82	0.03
141	Os02g0567900		Similar to H0818E04.14 protein.	157 ±8.2	129 ±2.9	0.82	0.05
142	Os05g0303000	OsHsp70CP1	Chloroplast-localized heat shock protein 70, Chloroplast differentiation under high temperature	20.9 ±1.3	17.3 ±0.1	0.82	0.04
143	Os02g0161900	rubq2	Similar to polyubiquitin containing 7 ubiquitin monomers.	1338 ±20.7	1136 ±6.7	0.85	0.03
144	Os01g0642900	SSB	Nucleic acid-binding, OB-fold domain containing protein.	18.0 ±1.4	15.9 ±0.2	0.88	0.05



付表8. 脂質解析に使用した種子の発芽率.

休眠打破は50℃に7日間の処理, 保管種子は1年間4℃に保管した種子のことを示す.



付表9. 休眠が打破された種子で変化した脂質の量.

休眠打破は50°Cに7日間の処理, 保管種子は1年間4°Cに保管した種子のことを示す.
 白い棒グラフが休眠あり, 黒い棒グラフが休眠なしであることを示す.