

イネ種子の形態および DNA 配列からみた東北における水稻農耕受容の検討

石川 隆二¹⁾・宇田津 徹朗²⁾・松田 隆二³⁾・田淵 宏明⁴⁾
田中 克典⁵⁾・上條 信彦⁵⁾

●キーワード：イネ (rice), 稲作 (cultivation), 品種識別 (discrimination), DNA (deoxyribonucleic acid), 環境適応 (adaptation)

1. はじめに

日本の稲作文化は稲作開始以前において既に水田稲作を受容する土台ができあがっており、その後の水田稲作は急速な勢いで本州を北上してきた。弥生式土器に含まれる有機物を直接年代測定したときの年代で紀元前 450 年には、青森県垂柳遺跡では水田を伴う稲作が行われていた。しかし、それ以前の生業やそれ以降の稲作受容過程においては未だ不明な点が多い。本報告では、稲作受容の解明を行うための技術開発とそれにより明らかにされつつある過去の事象解析を解説し、さらに将来世代のための還元型科学の発展のために行われている弘前大学の取り組みの一部を紹介する。

遺跡発掘では、低湿地帯における良好な条件において、またその遺跡発掘の年代などに応じてイネ種子などが炭化種子として見出されうる。青森県では既に高樋 (III) 遺跡における種子 DNA の解析が先行して行われており、これまでに現熱帯島嶼地帯にみられる熱帯日本型の存在が証明されている。その後、筆者らは前川遺跡における水田調査において、プラント・オパール分析による水田

利用の年代変遷や利用されていた品種群を調査した。植物炭化物から温帯日本型イネに優占的な DNA を検出した。一方、プラント・オパールの分析からは熱帯日本型イネと判定された。このように日本では時代により、異なる品種群がダイナミックに変遷し、今の東北のイネの源を築いていったことが明らかとなった。在来種や遺跡から出土するイネからその変遷を明らかにするために、粒サイズの調査や DNA 調査を行った。その結果から、過去におけるイネ品種改良は、時代や地域によって品種構成がかなり異なる集団から成り立っていることが明らかとなった。このような在来種の多様性は「香り米」にもみることができる。文献記録が残る在来種においては、日本人により改良された「香り米」のあることが見出された。地域で固有の変異が固定し、さらに 1 つの品種起源であっても地域に適応するために自然交配を通じて遺伝的構成を変化させながら各地の環境に適応したことが明らかになった。近年、日本を襲う極端気候に対応可能なイネ品種の開発が求められている。このような開発には遺伝的多様性を供給する遺伝資源が求められる。遺物から過去に適応したイネ品種の特徴を明らかにし、その

¹⁾ 弘前大学 農学生命科学部 〒036-8561 青森県弘前市文京町 3

²⁾ 宮崎大学農学部 附属農業博物館 〒889-2192 宮崎市学園木花台西 1-1

³⁾ 株式会社 古環境研究所 〒331-0062 埼玉県さいたま市西区土屋 1795-24

⁴⁾ 農業・食品産業技術総合研究機構 九州沖縄農業研究センター 都城研究拠点 〒885-0091 宮崎県都城市横町 6651-2

⁵⁾ 弘前大学人文学部 〒036-8560 青森県弘前市文京町 1

特徴から現存する在来種を特定する技術も開発されつつあり、このような在来種が有する適応因子や他の遺伝資源を活用することにより、次世代に対応するイネの新品種改良が可能になる。

2. 北東北における稲作

日本における稲作は大陸からもたらされた稲作農耕体系を受容して成熟した。それ以前にも農耕を受容するに十分な文化的環境も熟成していたのであろう。日本が独自に稲作農耕を発展させられなかったには生態環境として制約があったからである。日本には野生イネが存在していなかったのである。現在アジアで栽培されている種は *Oryza sativa* である。その直接の野生種は東アジアから東南アジアにかけて広く分布する *Oryza rufipogon* である。その生育分布は過去の気候条件に応じて北限が変動しているものの、現在知られている過去の温暖化時期の北限は黄河より南である。その野生集団に人為選抜がかかり栽培イネが成立した。栽培化時期については幅広い議論が行われており、8000-9000年前から、もしくはより新しいものであるかとかなりの幅がある (Fuller and Qin : 2009)。東アジア、長江流域では6000BP前後にはイネ栽培化自体を検証できる遺物を伴う遺跡が報告されている。

日本には水田稲作とともに栽培イネの主要な集団が伝播した。一方、水田稲作を伴わないイネの伝播についても渡来していた可能性もある (佐々木 : 1971, 2007)。

現在の青森県北東北域の田舎館村では紀元前450年頃に導入された水田跡 (垂柳遺跡) が発掘されている。これ以降、断続的にはあるが水田跡や各種のイネ遺物が発掘されている。これらのイネについての素性についてはいまだ不明である。

アジアにおける主要品種群は、インド型、熱帯日本型ならびに温帯日本型に分けられており、それらがどの時期に日本に導入されたかが議論されている。これら品種群は環境適応性がかなり異なり、形態も異なる (松尾 : 1952)。遺物を含めた研究からは、これまで渡来した多様なイネの来歴について、複合的な渡来があったことが知られている (佐藤 : 2002)。これを可能にさせた要因として、過去の気候変動の影響もあろう。まだ、そのよ

うな要因がイネの変遷に与えた影響についての直接的な証拠はみつかっていないが、イネの栽培を証拠づける遺跡数の変化や出土しているイネの形態やDNAの特徴は、集団構成が変化しているという間接的な証拠となっている (佐藤 : 2002, Tanaka et al. : 2010)。熱帯から亜熱帯に生息していた野生イネが栽培化された後、高緯度地帯に拡散していった過程において植物側は強いストレスを受けたであろうが、栽培イネが拡散できたと言う事実はこれに対処できたことを裏付ける。このような拡散には自然変異、他殖による遺伝的交雑、突然変異、人為的選抜など多様な要因があったことだろう。

尾瀬ヶ原では堆積物の花粉構成の経年変化から過去の気象推定がなされた (阪口 : 1989)。縄文から弥生、弥生から古墳時代、さらに中世から江戸時代にかけての顕著な気象変化が明らかにされた。現在と異なる気象条件においては、特定品種の適応範囲もかなり変動したことであろう。特に弥生時代の温暖期と推定される気象環境では南方に栽培されていた品種 (主に熱帯日本型品種群) の適応範囲が北上していたのではないかと考えられる。このケースでは、古墳時代の低温環境では適応範囲の南下ということも起こりうる。このいずれについても私たち遺伝学者や考古学者は正確な解答を得ていない。植物側にとっての遺伝的な対応としては、交雑による遺伝的性質の組み換えが、栄養成長期が短く、感光性の弱い個体を生み出して北方域の気候に適応したとの実験結果もある (佐藤 : 1992)。

このような複層的なイネの伝播を想定したときに実際に過去に北東北という冷温帯地域における稲作はどのような変化を伴っていたのだろうか。そして、日本人はどのように稲作を受容・定着化させていったのであろうか。この解答を得るために、縄文時代から近世にいたるまでの稲作の遺物を調査する手法の開発が急務である。この手法開発により過去に栽培されていた品種の構成やその変遷を知ることができる。その実態を解明することにより、予想される気候変動に対して必要とされる遺伝資源を同定し、将来に備えるべき育種的対処方法を開発することができよう。

3. 過去の稲作を復元する技術

現在、植物考古学では過去の植物相を復元するために様々な手法が開発されている。プラント・オパール、花粉、種子などの組織遺物、さらに栽培に伴う遺構などがあげられる。以下にイネの栽培状況を復元するためのいくつかの手法について説明する。

3.1 遺物種子

フローテーションは、遺跡発掘においてマクロな植物遺物を回収する方法として有用である。この方法で得られる遺物はメッシュの大きさによって分けられて回収される。そのため、1mm前後から大きいものではクルミのような堅果種実までが篩い分けされる。イネの種子は3~8mm程度であるため比較的回収は容易である。一方、ムギ類も同様な大きさにて回収されるため、各植物種子の特徴から注意深く分類することが求められる。図1には実際にイネ科種子として混在して回収された例を示した。回収された種子がその付近において栽培されたのか、他の地域から導入されたのかについての識別は、

栽培時に必要な農耕機具や、植物体に関わる他の遺物（わらや後述のプラント・オパール）の同時検証がなされなくてはならない。栽培開始初期前後の東・東南アジアでは、野生種と栽培種とを識別する慎重な判断基準が必要である。

栽培が開始されたのちも集団構成が変化することにより種子サイズの変化が予想される。その調査のために北東北日本の遺跡から出土した種子サイズを現在の栽培品種と比較した（図2）。青森県の遺跡のうち大平遺跡ならびに砂沢平では種子長が長い傾向にあり、境関館では短い傾向にあった。1つの品種の反復によるサイズ変異よりも標準偏差での変異幅があり、当時の栽培環境と栽培管理方法による登熟不全が種子サイズ、正確には玄米のサイズに影響を与えることもあるものの、“雑ばくな”（多様な遺伝子型の個体）が栽培されていたことが推測された。2箇所の遺物種子長が大きい方にシフトしていたことは、遺伝的に現在栽培されている主要な品種とは異なる形態の品種が栽培されていたことを示している。

上條・田中（2013）は日本考古学協会第79回総会研究発表にて4つのグループ（階級）に分けて地域

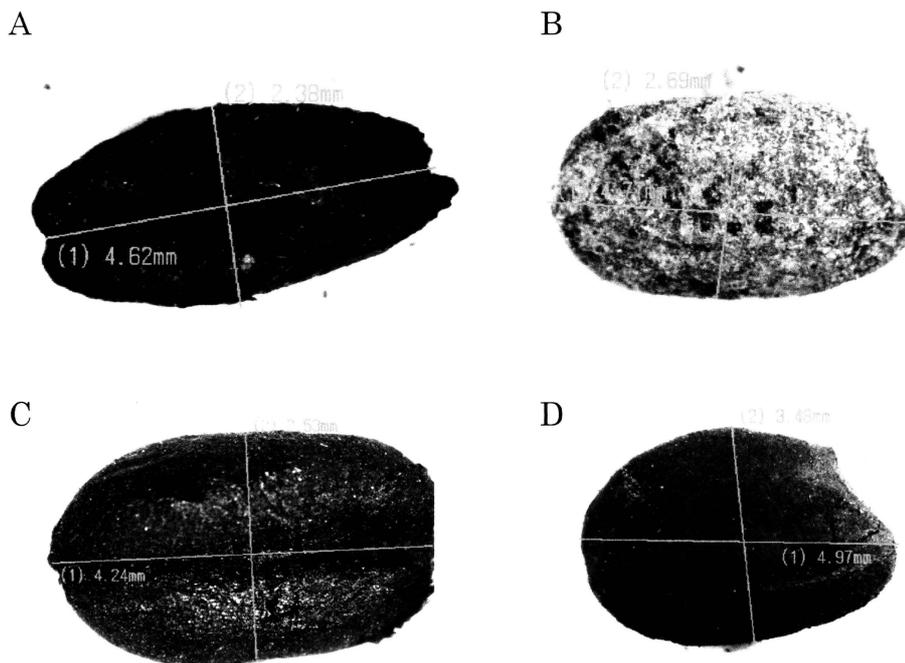


図1 青森県下の遺跡から出土した種子

A) オオムギ（砂沢平遺跡）、B) イネ（境関館遺跡）、C) コムギ（砂沢平遺跡）、D) イネ（大平遺跡）
形状の計測値はニコンデジタルサイトによる

Fig. 1 Plant seed remains excavated at archaeological sites in Aomori Prefecture

A) Barley seed (Sunazawatai site), 4.62mm×2.38mm ; B) Rice seed (Sakaizekidate site), 4.77mm×2.69mm ;
C) Wheat seed (Sunazawatai site), 4.24mm×2.53mm ; D) Rice seed (Ootai site) 4.97mm×3.48mm

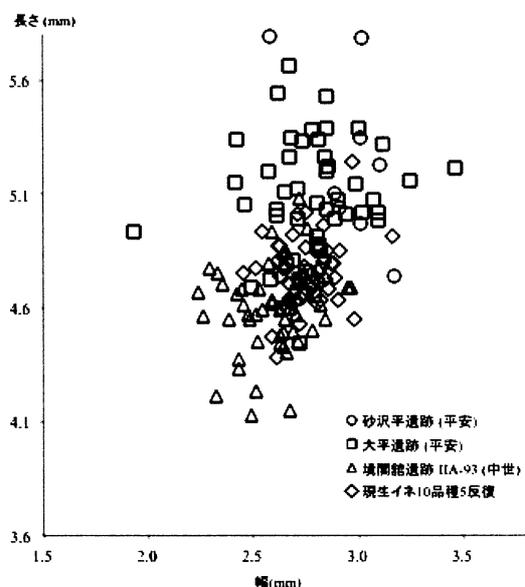


図2 青森県の3遺跡から出土したイネ種子のサイズ変異
 Fig.2 Size variation of rice seed remains excavated at three archeological sites in Aomori Prefecture and ten modern varieties. Round : Sunazawatatai site, Square : Ootai site, Triangle : Sakaizeki site, Diamond : Modern ten varieties (5 replicates by each)

分布を報告した。弥生時代ならびに中世の遺物種子サイズを現代品種と比較して、空間的・時間的種子構成の変化を追跡した。その結果、地域毎に異なる構成の種子集団が出土したことを報告した。古墳時代と中世の山形県下での出土遺物は異なる構成を示していた。中世における前川遺跡では異なる発掘地点においても種子構成が異なり、特徴的な微小粒の種子が含まれる区域もみられた。これらのデータは、初期稲作において導入された種子集団が同一種ではなかったことや、その後も安定して栽培・継代維持されていたのではないことを示している。おそらく時代によって、また日本列島の地域間によっても異なる気象などの環境条件においてかなりの集団構成の変化があったのであろう。

現代でこそ同じ粒形のコメが流通しているが、かつては在来種を含めて多様な形状の種子が存在していた。これは青森の津軽地方の在来種にもみられる (Tanaka et al.: 2010)。そのような状況において、種子サイズのみを用いて由来した品種群や品種そのものを推定できるであろうか。

アジアの主要品種群の種子サイズの比較からは、栽培イネの基本型として規定されていた A, B, ならびに C 群 (それぞれ温帯日本型, ジャワ型=いまの熱帯日本型,

インド型に対応: 松尾: 1952) の境界領域に多数の品種が存在していたことが報告されている (佐藤: 1991)。種子サイズは特殊なタイプのみを規定することができるが、種子型のみで品種群を規定できないことを意味している。そのため種実の形状とは別に収集した地点で利用されていたイネの特性を明らかにしうる指標を確立することが必要である。

3.2 プラント・オパール

種子遺物が発掘できる条件でない環境・時代においても安定して過去の植物種を探索する方法がある。その1つがプラント・オパール (plant opal または phytolith) である。プラント・オパールは品種群に対応したサイズと形態変異を示すため品種群同定のためにも利用される (藤原: 1998)。イネのプラント・オパールは珪酸が細胞壁に蓄積され細胞骨格を写し取った非結晶粒子である。そのため植物種の組織、もしくは種ごとの細胞形態の違いを反映する (図3)。

藤原ら (1976) による土壌中のプラント・オパール密度の定量法 (プラント・オパール定量分析法) によって水田遺構の探査が可能になってからは、異なる年代の地層間における生産量の推定も可能になり前川遺跡でもその方法を適用することができた (図4)。

この分析法により、同時期の水田区画間において生産量の差のあることがわかるようになった。これは生産様式としての休耕田の存在や、突発的な洪水などによる水田の攪乱による栽培の変化を知る手がかりとなる (田中・宇田津・石川: 2009)。

また、現生品種のイネの機動細胞珪酸体 (プラント・オパールの前身) の形状特性を明らかにすることにより、遺跡から検出されたプラント・オパールの給源となったイネの素性を知る方法 (プラント・オパール形状解析法) が開発された (藤原: 1976, 藤原: 1998, 王ら: 1996)。プラント・オパールの詳細な計測からインド型・日本型栽培種を識別し、さらに日本型では熱帯日本型か温帯日本型を識別できるとされている。この判別関数値 (D) は以下の式で算出される。

$$D = 0.49 \times VL - 0.30 \times HL + 0.14 \times LL - 3.82 \times b/a - 8.96,$$

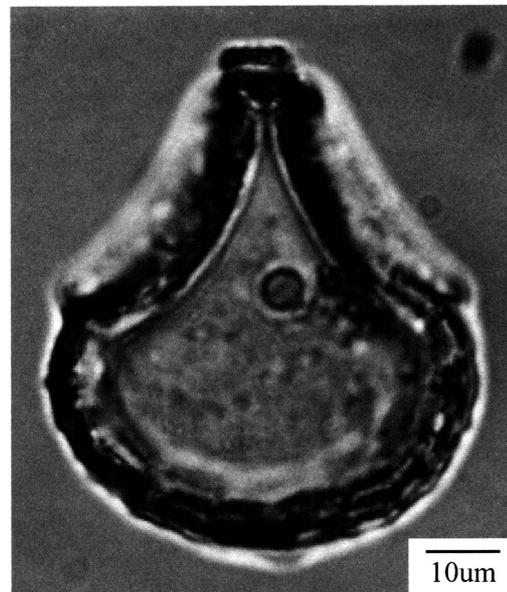
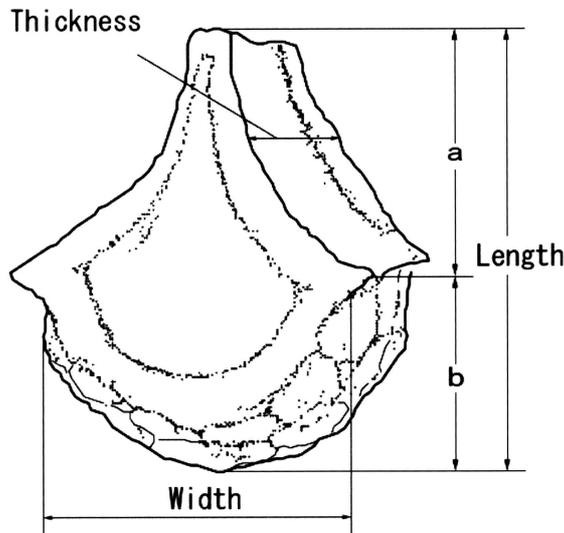


図3 イネのプラント・オパール

A) 測定部位, B) 顕微鏡下写真

Fig.3 Rice phytolith

A) Measurement abbreviation, B) Photograph by a microscope

ここで、VL：長さ，HL：奥行き，LL：幅， b/a ：断面の形状係数（くびれ部を境にした長さの比）。

上の式においてDが0以下ならインド型，0以上なら日本型品種である（王ら：1996）。特に大型のプラント・オパールを持つ熱帯日本型はD値が2以上を示す傾向にある。

このプラント・オパールの形状解析を用いて弥生時代の垂柳遺跡と中世時代の前川遺跡において回収されたプラント・オパールを比較した（図5）。

現生のアジア在来種との比較から，0以下がインド型，0-2までが温帯日本型，2以上が熱帯日本型に対応する（宇田津：2006）。1つのサンプルからの50個のプラント・オパール頻度分布からは，垂柳のH5，H7ならびにH25ボーリングサイトから3以上の値を示すプラント・オパールが多くみられた。前川遺跡のNo.13ならびにNo.14においても同様であった。この地層に対応する種子の回収は十分でなく，現在では劣化して種子サイズがわからないものも含まれていることから，このようなケースにおいても風化に強いプラント・オパールによる安定した判定が可能であるという強みがある。

同じ田舎館村の在来種など津軽地方の在来種が現存しており，遺伝資源として保存されている。これらのプラ

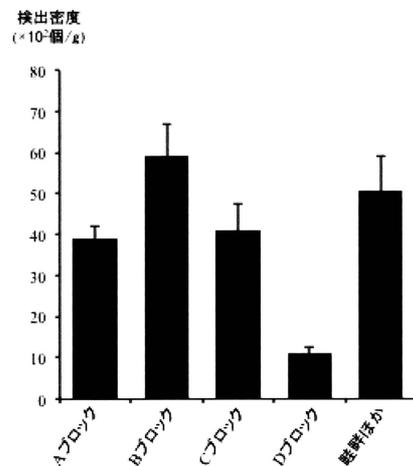


図4 前川遺跡C1区の土壌におけるイネのプラント・オパール検出密度

密度は平均値と標準誤差を示す

Fig.4 Density of rice phytolith collected from five soil samples at the Maekawa C1 site

Density value is an average with \pm SE.

ント・オパールを計測し，現存する品種から過去に栽培されていた品種の特徴を明らかにする試みがなされた（Tanaka et al.：2010）。比較対照として熱帯島嶼地帯原産の熱帯日本型ならびに現在の品種を含む日本の主要な在来種を供試した。熱帯日本型のプラント・オパールは大型であるため，従来の判別関数に加えてプラント・オパールの縦長について形状比較を行った（図6）。

その結果，一般の日本の改良品種ならびに在来種は，温帯日本型に対応する判別関数0~2までの値をとり，

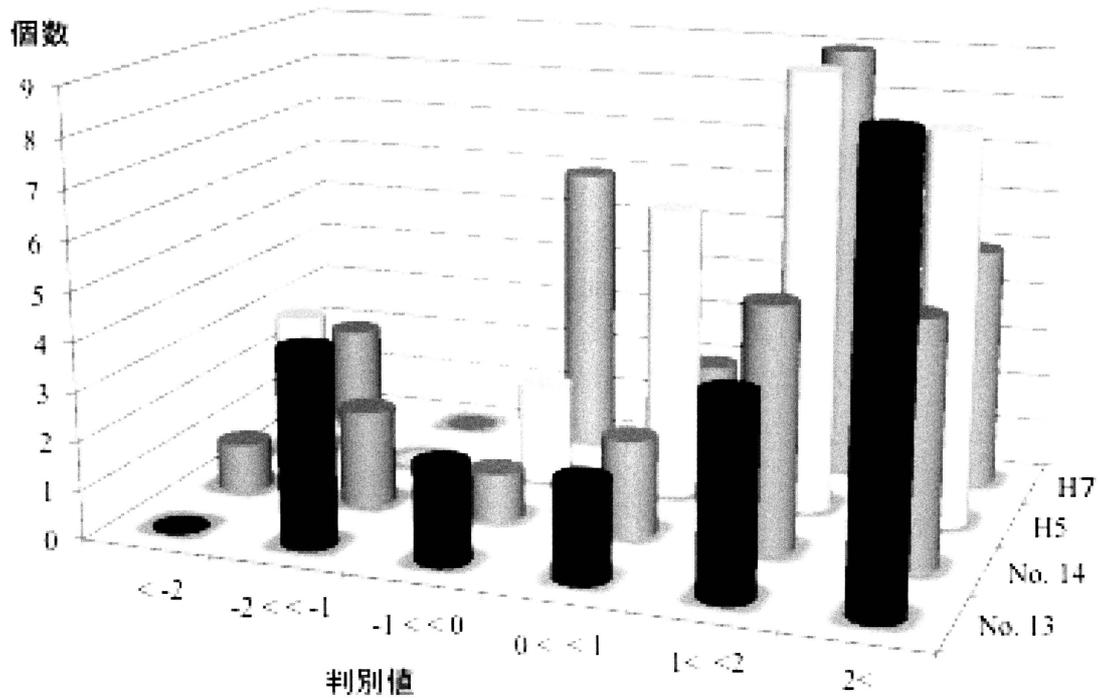


図5 青森県の2遺跡におけるイネのプラント・オパールの形状変異
各地点において50個のプラント・オパールについて形状の判別値に基づいて分類した
H7 & H5: 垂柳遺跡 (弥生時代), No.14 & No.13: 前川遺跡 (平安時代)

Fig. 5 Variance of rice phytolith size collected at two archaeological sites in Aomori Prefecture based on the score by the discriminant

X axis: Score, Y axis: No. of phytoliths, H7 & H5: Tareyanagi site (Yayoi Period),
No.14 & No.13: Maekawa site (Heian Period)

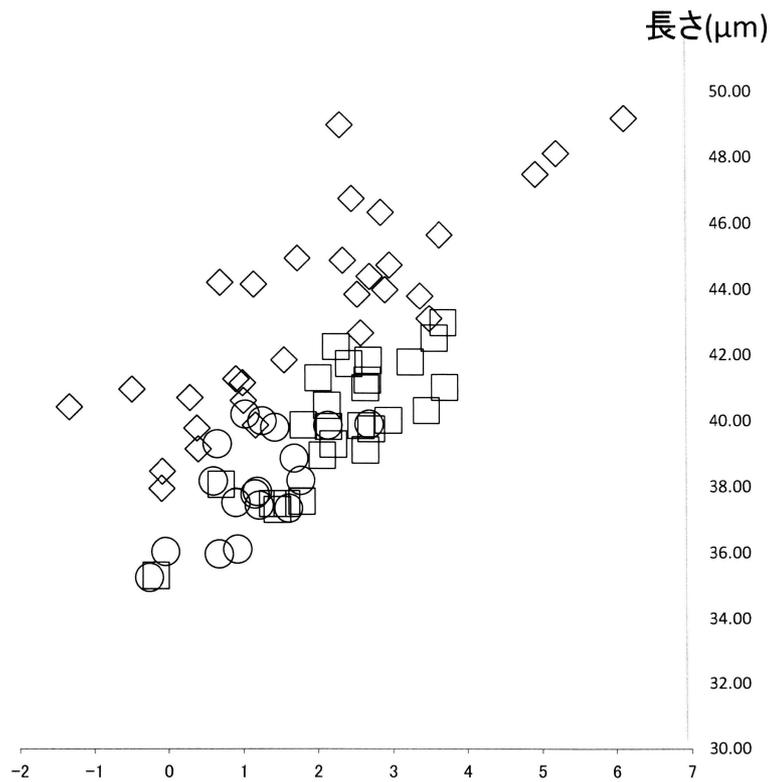


図6 イネのプラント・オパールの長さ (縦軸) と判別関数値 (横軸)
四角は津軽在来種, 丸は日本在来種・改良品種, ダイヤモンドは熱帯日本型品種

Fig. 6 Length (Y axis) and score by discriminant (X axis) in phytolith of modern rice
Round: Japanese landraces and improved variety, Square: Landraces in Tsugaru area,
Diamond: Tropical *japonica*

プラント・オパール縦長の32~40 μm の区間に分布した。一方、より高い判別得点と大きなプラント・オパール縦長を示したのが津軽在来種であった。津軽在来種のうち一部は熱帯島嶼地帯の熱帯日本型と同じ大型のプラント・オパールを持ちながらも異質である古熱帯日本型というべき特徴を持っていることがわかった。

津軽在来種には生理的な形質において熱帯日本型的な特性が認められるのだろうか。熱帯日本型と温帯日本型の識別は、胚乳のアルカリ崩壊性、暗黒化での第一節間（メソコチル）の伸長、ならびに種子サイズ長幅比から判別関数を利用して判定されている（佐藤：1991）。アルカリ崩壊性は、胚乳をアルカリ溶液に浸すことにより測定される。胚乳のアミロペクチンの側鎖長の違いにより、温帯日本型は崩壊しやすく、熱帯日本型が崩壊しにくいことを利用している。暗黒化での第一節間の伸長も特徴的な形質である。完全暗黒化では熱帯日本型の第一節間が顕著に長い伸長を示す。津軽の在来種の種子サイズは一般の日本在来種と変わりはなく、熱帯島嶼地帯の熱帯日本型のように大粒ではない。しかし、一部の津軽地方の在来種には胚乳の難崩壊性品種や暗黒化において第一節間が伸長する品種が見出された（図7, 8）。

このことから古熱帯日本型といもいうべき特徴を持った品種が日本に存在していることが明らかとなった（Tanaka et al. : 2010）。この品種群は種子サイズからでは識別できず、プラント・オパールにおいても熱帯日本型とも類似した形態を示す。おそらく東アジアで栽培が始まったあと、ごく初期に日本に伝播した品種群にいまの熱帯島嶼地帯の熱帯日本型と類似する性質を有する品種が混在していたのであろう。やがて、環境の変化や時代のニーズに対応できなくなり、近代品種にその特徴を残すことなく在来種にのみに残されることになったと考えられる。そのため、一部の指標のみで遺物を判断することは誤った判定をしてしまうことになりかねない。

胚乳難崩壊性の古熱帯日本型は米粉の加工適性において多様な遺伝資源として重要であり、メソコチルの暗黒化での伸長性は直播栽培という近年取り入れられている栽培方法に適している遺伝資源として重要である。このように現在の栽培品種が失った性質が保存されているため、過去に栽培されていた品種の実態を知る上でも重要

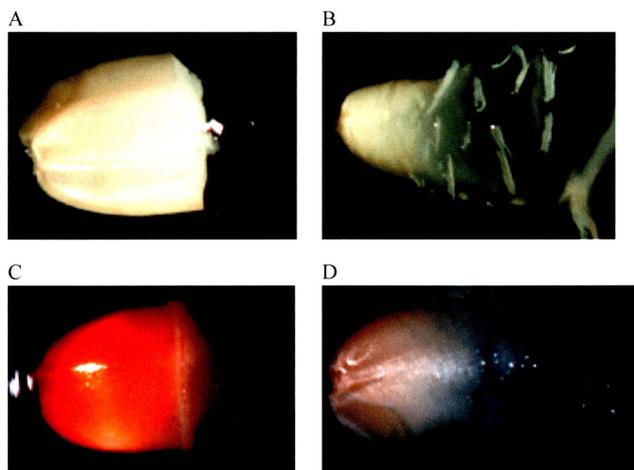


図7 胚乳のアルカリ崩壊性の変異
栽培品種“日本晴”を水に浸漬したもの（A）とアルカリ溶液に浸漬したもの（B）。“日本晴”は試験において対照区として利用した。津軽在来品種をアルカリ溶液に浸漬すると崩壊しない熱帯日本型タイプ（C）と崩壊する温帯日本型タイプ（D）にわかれる

Fig. 7 Variation in sensitivity to alkaline digestion
(A) Modern variety, cv. 'Nipponbare' with water absorption. (B) cv. 'Nipponbare' with 1.5% KOH as alkaline solution. cv. 'Nipponbare' are used as control in the test. (C) Tropical *japonica* (tolerant type) with alkaline solution. (D) Temperate *japonica* (sensitive)

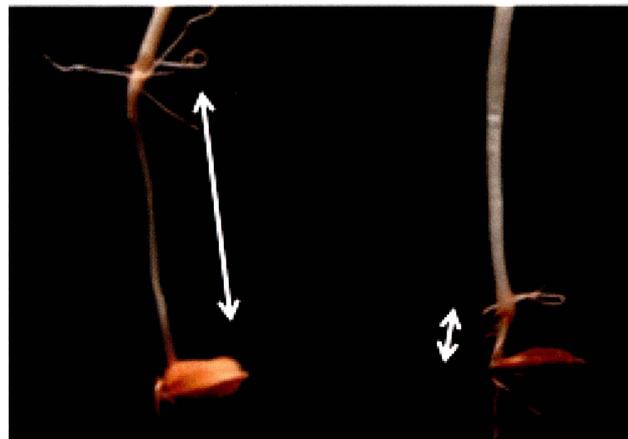


図8 津軽在来種におけるメソコチル長の変異
矢印の部分がメソコチル（第1節間）
Fig. 8 Elongation of 1st internode (arrow) under complete darkness

である。

3.3 DNA

種子サイズやプラント・オパールでは異なる品種群を明瞭に識別することができないため、今後はさらに詳細な基盤データベースが必要になろう。一方、DNAは遺伝的性質として明確に個体間を識別できる。葉緑体DNA (cpDNA) の違いから、インド型と日本型、もし

くは、熱帯日本型ならびに温帯日本型を識別することできる(佐藤：1991, Tanaka et al.：2010)。葉緑体 DNA (cpDNA) の利点は、1) 母性遺伝であり、母系を追うことができる、2) 核 DNA よりも遅い DNA 置換速度によりかなり古い系統関係を識別できる、3) 核 DNA に比較して細胞内に複数のコピーがあるため微量とはいえ DNA が遺物に残っている可能性がより高いことなどがあげられる。特に遺物において崩壊を免れた DNA からの抽出が可能であることは過去の品種構成を知る上で非常に重要である。cpDNA のデータは栽培品種である“日本晴”の完全長 cpDNA のみならず、野生イネにおいても次世代シーケンサーデータから容易に取得できるようになった (Water et al.：2012)。

葉緑体 *rpl16-rpl14* の介在配列における単純塩基反復は PS-ID 配列として品種群識別に利用可能である (Nakamura et al.：1998)。遺物への適用も行われ、数々の成果があげられている (佐藤：1991, Tanaka et al.：2010)。配列を解読することにより、8C8A タイプ (CCCCCCCCAAAAAAA) ならばインド型であり、7C6A タイプならば熱帯日本型、また 6C7A タイプならば温帯日本型もしくは熱帯日本型に対応する。DNA による分類が成功する条件は、如何に安定した環境下に遺物が保存されており、DNA が崩壊するまえに抽出することにかかっている。近世であるならば SSR という核の DNA についても増幅可能である (Mutou et al.：2013)。

前川遺跡からの遺物 DNA からは PS-ID 領域の増幅が PCR 法により行われた。平安時代の遺物はおそらくは洪水により成熟した個体が倒されたものであり、その炭化物からは大量のイネのプラント・オパールが回収された。同炭化物から DNA の抽出が試みられ、10 サンプル中 6 サンプルから PCR が成功した。その結果、温帯日本型の 6C7A タイプであることがわかった。当時、温帯日本型に近い個体が栽培されていたことになり、弥生時代で見出された熱帯日本型からの品種構成の交代があったことが明らかとなった。在来種における潜在的なモザイク状のゲノム構成があることが既に報告されている (Tabuchi et al.：2007)。このような DNA による詳細な追跡が日本におけるイネ品種構成を知ることには

重要である。

DNA は、領域によって、さらに保存状態によって、遺物における保存程度が異なる。そのため複数の DNA 標的領域や標的とする DNA サイズが設定できれば DNA 増幅が行える頻度も高められる。今後、イネの起源に関連した領域の開発をすすめることにより多くの標的が設定できるならば、より多くの成果も期待できる。ただし、DNA 領域の全てが品種識別に有効であるわけでもない。また、1つの領域では品種識別に曖昧さが残る場合には、複数領域による識別が求められる。上記、PS-ID では熱帯日本型のうち 6C7A タイプが温帯日本型と同じ塩基であるために識別ができない。そのため前川遺跡の遺物で得られた 6C7A タイプが熱帯日本型であるかどうかは他の情報を必要とする。同じ cpDNA のマーカーである ORF 100 の欠失 (INDEL) によりインド型を識別することが可能である (Chen et al.：1993)。その一方、日本型間の識別が行えない。これらは cpDNA であるために解析できる可能性が比較的高いことが予想される。核 DNA は cpDNA に比べて細胞内のコピー数が少ないため、DNA が崩壊している可能性が高い。そのため、サイズを短くすることが増幅可能性の確率を高めることにつながる。上條・田中(2014)は cpDNA に *petN-trnC* 領域の 32 塩基対 (bp) の INDEL (挿入もしくは欠失) ならびに核の胚乳アルカリ崩壊性に関わる遺伝子、*SSIa* の近傍に設定した 221bp の INDEL を利用した DNA マーカーを開発した (図 9)。

この組合せにより古代・平安時代の遺物から 11 検体、中世時代から 14 検体の増幅を行え、熱帯日本型から徐々に温帯日本型に変化してきた経過をたどることができた。このような部分的な標的であっても、複数の領域を効率よく選ぶことにより成果を得ることができる (図 10)。今後は、検出技術の改良から 1 塩基レベルの標的を想定した 50bp 前後のサイズのマーカーなどの開発も行うことが必要である。

3.4 複合情報による過去の植物相の再現

遺物種子や細胞形態の形状の差異では正確な種や亜種レベル、さらに品種群の違いを明瞭に識別することが不可能である。そのため、指標として活用することが望ま

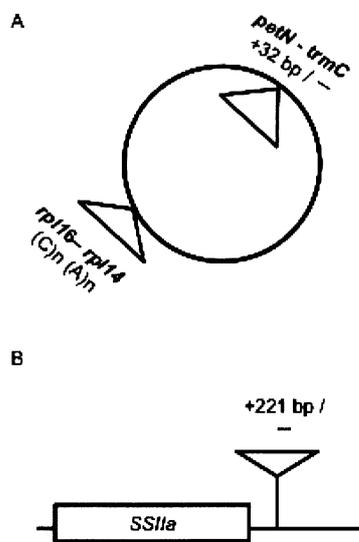


図9 遺存体 DNA の分析で利用された分子マーカー

A) 葉緑体ゲノムの rpl 16-rpl 14 領域における C と A の反復配列マーカーと *petN-trnC* 領域における挿入/欠失マーカー. B) 核ゲノムの *SSIa* 遺伝子) 近傍に位置する挿入/欠失マーカー

Fig. 9 Molecular markers developed to evaluate rice seed remains

A) Chloroplast DNA markers, B) Nuclear DNA marker

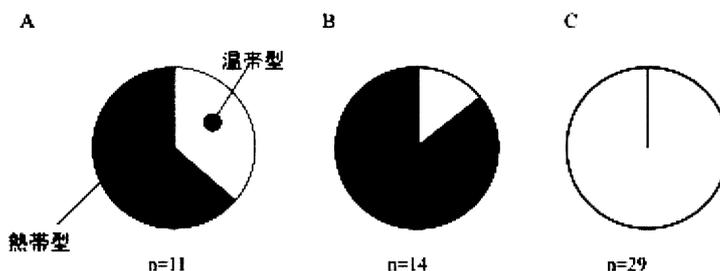


図10 葉緑体 DNA と核 DNA マーカーの組合わせにより判定した熱帯日本型と温帯日本型の頻度

古代・平安 (A), 中世 (B) ならびに現代 津軽在来 (C) の型の構成は時代毎に変化している. N は供試個体数

Fig. 10 Classification of rice seed in two Japanese archaeological ages and landraces in Tsugaru area, based on the chloroplast and nuclear DNA markers

(A) Heian Period, (B) AD 1160 to around AD 1590, (C) Landraces in Tsugaru area. Open and solid sectors in the pie graph indicate frequency of temperate and tropical *japonica* type, respectively. N : Number of seeds

しい。一方、それらの指標をより正確に判定するために現代の入手可能な植物種や品種群の形態変異、DNA 変異との対応を明らかにすることは可能である。この情報の統合を図り、プラント・オパール形状から現代の品種との対応をすすめることにより、かつて栽培されていた品種の性質を知ることも可能になる。

現在入手できる東南アジアならびに日本のイネ在来種についてプラント・オパール形状の計測を行い、判別関数を用いることにより、プラント・オパール形状データから品種群の推測を行うことができる (宇田津: 2003, 2006)。我々はこの判定方法の正確性を高めるために地方在来種を用いて形状解析をすすめており、今後、日本

の在来種を識別できるプラント・オパールの判別方法を提供できると考えている。

4. 在来種を利用した形質の評価

先に記述した津軽地方の在来種の形質調査から、地方在来種には古熱帯日本型ともいべき形質が見られることがわかった。古熱帯日本型の特徴的な形質には先に述べた胚乳のアルカリ崩壊性があり、この遺伝子に連鎖する INDEL は DNA マーカーとして有効である。暗黒下での第一節間長の伸長性も同様である。「香り米」の遺伝子もこのような性質の 1 つである。

「香り米」の芳香成分は 2-アセチル-1-ピロリンが主要

物質である。ヒトにはポップコーンと同様な香りが感じられ、東南アジアでは高級イネ品種には欠かせない形質となっている (Akram et al.: 2009)。パキスタン、インドでは“バスマティ”，タイでは“カオドマリ”などの品種が知られている。

原因となる物質は第8染色体の *Badh2* 遺伝子の機能欠損によるものであることが明らかとなっている (Bradbury et al.: 2005, Kovach et al.: 2009)。これまで同遺伝子において10種類の異なる変異が見出されており、東南アジアにおいて複数の起源を持っていることが報告されている。日本の「香り米」として“Shiratama”が台湾の品種と同じ第13エキソンの1塩基置換を有しており、その変異により香りを産する。では、台湾からの「香り米」が日本に導入されたのだろうか。

日本では文献記録が残る「香り米」の在来種は17世紀からみることができる。近代育種がすすみ急速にイネ遺伝資源がなくなるために遺伝資源の調査が行われた。そのときに「香り米」の品種名調査が行われた (嵐: 1975)。その記録によると、17世紀に初めて文献上に見いだされた「香り米」は急速に東北まで広がった。その後も品種調査の折りに、過去に記載された以外の品種名も見出されている。一方、それらすべてが入手可能ではなく、一部のみが現在でも解析可能である。現在でも、県立広島大学の猪谷研究室ならびに弘前大学の植物育種遺伝学研究室において収集と解析がすすめられている。

日本における在来「香り米」の遺伝的特徴は猪谷 (2002a, b) による詳細な調査がなされた。これら由来種は形態形質からは東日本・西日本型の2つに大別される (猪谷: 2002a, b)。また、熱帯日本型や前述の古熱帯日本型を特徴づける胚乳のアルカリ崩壊性についてみても品種群全体の崩壊性程度は高く、地域間での変異が認められた。東北産<関東・北陸産<西日本産の順に高くなっていた。東北産には古熱帯日本型の形質が多く含まれる可能性がある、特殊な「香り米」もみだされている。「大唐米」品種群に類別される「香り米」である“メラゴメ”は他の遺伝的特性からもインド型品種群に含まれる (Ishikawa et al.: 2002a, b)。この品種群は中世に日本に持ち込まれた占城稻である (嵐: 1974)。プラマ

プラマ河下流における「アウス」品種群は生態型品種として、夏に栽培される非感光性品種であり、洪水を回避するために作付けされていた。冬イネである「アマン」品種群は強い感光性と浮きイネ性を有しており、この生態型の異なるイネを同時に作付けすることで、収穫を確保する危機回避を行っていた。その「アウス」品種群はヒンズー教の布教と共にベトナム中部に伝播し、その当時その地域を納めていた占城国から、二期作のために中国へ、そして仏教伝来の過程として日本に僧が持ち込んだものである。このうちの“メラゴメ”は特殊な「香り米」として他の日本の「香り米」とは異なるDNA構成を持っている (Ootsuka et al.: 2014)。インド型の胚乳アルカリ崩壊性程度が低いことが知られている (Umemoto et al.: 2002, 2004)。野生イネも同様な遺伝子を有していることから、初期の栽培集団は同じ遺伝子を共有しているのだろう。

日本の在来「香り米」についての遺伝的構成を明らかにするためにゲノムに配置した単純塩基反復配列 (SSR) マーカーによる遺伝子型構成を調査した (Ootsuka et al.: 2014)。この調査から、在来「香り米」は、東日本、東北-関東、西日本、南東北-北関東、ならびに高知由来に区分されることがわかった。海外の「香り米」と「非香り米」(香りのない在来種と“コシヒカリ”などの改良品種)も別のグループに分けられた。在来「香り米」の遺伝子内部配列からは、台湾の「香り米」と同じ第13エキソンの変異を含むものが大半を占めていた。一方、南東北-北関東の「香り米」のみ同変異を有しておらず、第1エキソン-第2イントロンの接合部であるイントロン供与部の配列変異を有していた。これらの「香り米」は原因遺伝子の周辺配列を広く共有していることから、同地域起源であり、周囲に拡散したものと結論された。同変異を共有していた6品種には異なる品種名もあり、糯米・粳米による胚乳形質の違い、籾の形態にみる芒や着色の有無などには変異がみられた (図11)。

このことは1つの起源でありながら、他の品種と自然交雑を繰り返し、地域に定着するための遺伝変異を生み出した後に人為選抜により固定化した過程を示している。地域によって異なる日長や気象条件に適応する過程にお



図 11 南東北から北関東にて栽培化された日本独自の「香り米」，“ジャコウモチ”
この品種は右にみられるように糯米である。左の小穂では
芒と着色する護穎がみられる

Fig. 11 Fragrant rice cv. 'Jyakou-mochi' domesticated in the
South Tohoku and the Northern Kanto
Left spikelet carried colored apiculus, awn, and sterile
lemma

いて、たとえ単一起源のイネ品種であろうが地域固有の変異を蓄積していったといえる。遺伝資源として残されている在来種のゲノム（それぞれの生物種における全ての遺伝情報）には多様な環境に適応していった情報が刻み込まれている。このような情報を遺伝的物質として利用することが可能であり、戻し交雑などの品種改良手法により品種開発につなげることができる。

5. 在来遺伝資源の評価と将来の育種への利用

5.1 特殊用途のイネ品種

1990年代に取り組みされた新形質米育種において、海外の育種資源を利用して「香り米」，“サリークイーン”，が育成された(安東ら：2004)。この系譜を利用して地方に適する新形質米育種が行われた。青森県においても「香り米」，“恋ほのか”を始め、多様な形質を有する品種が育成された(三上ら：2007)。“サリークイーン”はパキスタンで栽培されていた長粒の「香り米」品種“Basmati 370”の米飯特性を日本品種に導入した品種である。その時に導入された *Badh2* 遺伝子は香りの原因遺伝子であり、日本の香り米とは異なり第7エキソンに8bpの欠失を有する。この遺伝子を引き継ぎながら青森の環境に適する品種が育成された。その系譜には青森県品種である“ハツコガネ”ならびに“ヤマウタ”が

用いられた。“サリークイーン”が細粒であり、2回の交雑により粒形は日本の改良品種に近づいたものの、やや細粒である。出穂期は青森の適性期間に合わせられ、8月上旬となっている。この時期の気温は2007-2012年の平均は24.7~28.4度までの変異があり、1973~2000年までの平均である27.4度前後である。ただし、この前後を含めて平均気温が25度以上になる年が度重なり、2012年にはコメの品質を劣化させる事態となった。

青森県品種の胴割れ米発生はいまや重要な課題となっており、県内品種の調査も行われた(川村ら：2010)。その結果，“恋ほのか”の胴割れ率が低く、同品種が高度胴割れ耐性を有することが明らかにされた。同じ香りを有する品種は香りを有さない品種と同程度の胴割れ程度を示した。したがって、胴割れ耐性は香りの原因遺伝子が引き起こすものではなく、“恋ほのか”が有する別の遺伝的要因に起因するものと考えられた。おそらく異なる環境下で登熟できる能力を親から引き継いだのであろう。

5.2 温暖化耐性品種開発

近年の温暖化は，“極端気象”といわれる異常気象を誘発している。このような気象災害は過去においても人口移動の原因の1つになったことが推測される。坂口(1975)は、尾瀬の堆積物中にハイマツの花粉の比率を年代毎に比較して過去の気候条件を推定した。その結果、縄文時代晩期、古墳時代、江戸時代に気温低下が生じていることを推測した。気象条件による環境の劣化がどこまで人口移動に影響したかは明らかではないものの、高度の栽培技術を伴わない場合において作物は多大な影響を受ける。北東北の遺跡においてイネ遺物は弥生時代に大量に出土し、水田稲作も盛んに行われた。また、中世において前川遺跡にみられるような水田稲作がみられる。ただし、その前後、江戸時代の凶作を生じた時代、さらに近年、昭和初期にみられるような冷害による大凶作は、稲作が環境の影響を受けやすい事を示している。高温はどうかであろうか。詳細な古気象は今後の研究によるが、高温が推測される時代のイネ遺物、もしくは冷温であった時代のイネ遺物を解析することは、今後の極端気象を乗り切る際のイネ栽培において貴重な資料となろう。そ

して現存する在来種にその遺伝情報が含まれている場合は、現在の育種につなげることができる。

冷害に対しては、かなりの育種改良が行われている。ただし、繰り返し被る冷害に対策を行いながらも前述した“温暖化”にも対応する稲作が求められている。栽培技術の進展は、灌水掛け流しによるイネの保護を可能にしているものの、その効果を上回る気象状況や対策に必要な水が枯渇する事態が2012年の青森に生じた。今後、確実な耐性を品種に持たせることが安定した稲作を支えるために必要である。

青森県で育成された“まっしぐら”は耐病性と耐冷性に優れた良食味品種として位置づけられている。今後もさらなる改良が続けられるであろう。ただ、胴割れに対しては耐性を有していない(川村ら:2010)。一方、“恋ほのか”は高度胴割れ耐性を有している(図12)。そのため、(地独)青森県産業技術センターは農林総合研究所との協力により、“まっしぐら”に“恋ほのか”を交雑した後代において胴割れ耐性を有した良食味品種を育成しつつある。在来種を含めて、利用できる遺伝資源を用いて品種改良することが、遺伝的多様性を供与して環境変動に耐えられる稲を開発するためには必要である。

6. 遺物から品種開発をつなぐ解析技術の発展

ゲノムは生物が有する遺伝情報であり、その解析技術

は急速に進展している。Green et al. (2008) は3万8000年前のネアンデルタール人の骨から全ミトコンドリアゲノム配列を解読し、66万年前に現生人類と分化したことを報告している。このようにわずかなDNAでも大量に解読する技術により、新たな発見が行われている。これを可能にしたのが次世代シーケンサーと呼ばれる解析装置の一群である。短い配列を高速で解読し、独特なアルゴリズムにより配列をつなぎ合わせる技術の開発により、これまで解析が不可能とされていた試料が解析可能となり、そのコストと時間を急速に短縮した。遺物から得られる短い断片を正確につなぎ合わせることも成功した。今後、植物遺物においてもこの技術が適用可能である。

次世代シーケンスは現生の植物DNAの解析においては一般的に使用されるようになってきている。“まっしぐら”と“恋ほのか”については既にこの手法により解析されている(著者らの成果)。全ゲノムが明らかにされている“日本晴”に対して、“まっしぐら”は4万7694個の一塩基多型(SNP)を有し、“華想い”は9万8567個のSNP、ならびに“恋ほのか”は10万8326個のSNPを有していた(表1)。“華想い”は吟醸用酒米であり、酒米用としての特殊な形質を有するためかSNP数が多かった。「香り米」遺伝子を有して遠縁の親を系譜に有する“恋ほのか”は*Badh2* 遺伝子が座乗する第8

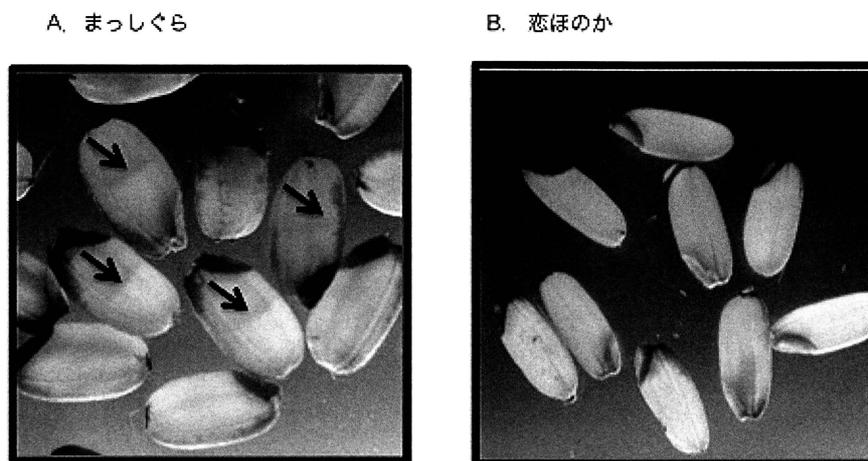


図12 高温登熟下において胴割れを生じやすい良食味品種，“まっしぐら”(A)と高度耐性を示す「香り米」である，“恋ほのか”(B)。矢印は胴割れ部分

Fig. 12 Rice grains carrying cracks under heat condition in sensitive variety cv. 'Masshigura' (A), and high tolerant variety cv. 'Koihonoka' (B)

Arrows indicate the broken parts (cracks) on rice grains

表1 全ゲノム配列を“日本晴”ゲノムと比較して明らかにされた塩基多型
Table 1 No. of SNPs obtained by NGS compared with ‘Nipponbare’ genome

染色体	SNP 数		
	“まっしぐら”	“華想い”	“恋ほのか”
第1染色体	6293	9900	4170
第2染色体	2307	6885	6837
第3染色体	3223	7642	11121
第4染色体	3626	11233	3804
第5染色体	416	4639	3558
第6染色体	3314	11696	4389
第7染色体	1582	9005	5931
第8染色体	3955	8406	22557
第9染色体	2705	3039	18891
第10染色体	3051	5507	8470
第11染色体	10085	15117	9342
第12染色体	7137	5498	9256
合計	47694	98567	108326

* Depthとして3以上, Frequency 60%以上

染色体において2万2557個のSNPを有していた。SNP全体の20%を占める多型を有していることは導入した遺伝子との遺伝的な連鎖関係による。東北に適するように改良されたにもかかわらず、いまだBasmati 370由来の大量のSNPがゲノム内に遺伝している。このような領域において高度の胴割れ耐性遺伝子を有している

ことを期待してマーカー開発をすすめている。この原稿執筆時点では耐性形質に連鎖するマーカーを見出しており今後、耐性遺伝子がクローニングされるならば過去の時点において、さらに他の遺伝資源において温暖化に適応する遺伝変異の選抜と育種への利用が期待される。

引用文献

- 安東郁男・金田忠吉・横尾政雄・根本 博・羽田丈夫・伊勢一男・池田良一・赤間芳洋・中根 晃・志村 英二・古館 宏・井辺時雄・小林 陽 2004「細長粒香り米品種「サリークイーン」の育成」作物研究所研究報告 5 pp.53-66
- 嵐 嘉一 1974『日本赤米考』雄山閣 295p
- 嵐 嘉一 1975『近世稲作技術士』農村漁村文化協会 623p
- 藤原宏志 1976「プラント・オパール分析法の基礎的研究(1)―数種イネ科栽培植物の珪酸体標本と定量分析法―」考古学と自然科学 9 pp.15-29
- 藤原宏志 1998『稲作の起源を探る』岩波新書 201p
- 猪谷富雄 2002a「日本産および外国産香り米品種の形態的特性」日作紀 71 pp.68-75
- 猪谷富雄 2002b「日本産および外国産香り米品種の玄米外観品質およびアルカリ崩壊度」日作紀 71 pp.178-185
- 上條 信彦・田中 克典 2013「イネ種子遺存体の形態分析および史実に基づいたイネの北進の再検討」日本考古学協会第79回総会研究発表会要旨集 pp.174-175
- 上條信彦・田中克典 2014「イネ種子遺存体のDNA分析に基づいたイネの北進の検討」日本考古学協会第80回総会研究発表要旨集 pp.172-173
- 川村陽一・小林 渡・前田一春・今 智穂美・神田伸一郎 2010「青森県における登熟気温が異なる年次の胴割米発生程度」東北農業研究 63 pp.17-18
- 松尾孝嶺 1952「栽培稲に関する種生態学的研究」農技研報告 D 3 pp.1-111

- 三上泰正・高館正男・横山裕正・川村陽一・小林 渡・館山元春・前田一春・工藤龍一・中堀登示光・小山田善三・工藤哲夫 2007「香り米水稻新品種‘恋ほのか’の育成」青森農林総研研報 41 pp.45-62
- 森山茂治・小野泰一・今 智穂美・須藤 充・川村陽一 2011「平成22年産米の青森県における胴割れ率の品種間差異」青森県水田作部会発表要旨集 pp.11-12
- 王才林, 宇田津徹朗, 藤原宏志, 鄭雲飛 1996「イネの機動細胞珪酸体形状における主成分分析およびその亜種判別への応用」考古学と自然科学 34 pp.53-71
- 阪口 豊 1989『尾瀬ヶ原の自然史-景観の秘密を探る』中公新書 中央公論社 229p
- 佐々木公明 1971『稲作以前』NHK ブックス 361p
- 佐々木公明 2007『照葉樹林文化とは何か-東アジアの森が生み出した文明』中公新書 中央公論社 322p
- 佐藤洋一郎 2002『稲の日本史』角川選書 197p
- 佐藤洋一郎 1991「アジア栽培イネのインド型-日本型品種群における籾形の差異」育雑 41 pp.121-134
- 佐藤洋一郎 1992『稲のきた道』ポピュラーサイエンス裳華房 pp.166
- 田中克典・宇田津徹朗・石川隆二 2009「前川遺跡垂から出土する植物炭化物におけるDNAならびにプラント・オパール解析」『青森県埋蔵文化財調査報告書第475集 前川遺跡 第2分冊』 pp.97-100
- 宇田津徹朗 2003「プラント・オパール」松井 章(編著)『環境考古学マニュアル』同成社 pp.138-146
- 宇田津徹朗 2006「日本在来イネの機動細胞珪酸体形状特性について」日本文化財科学会第23回大会研究発表要旨集 pp.120-121
- Akram, M. 2009 “Aromatic rices of Pakistan-A review” Pakistan J. Agric. Res. 22 pp.154-160
- Arikit, S., Yoshihashi, T., Wanchana, S., Uyen, T.T., Huong, N.T., Wongpornchai, S. and Vanavichit, A. 2011 “Deficiency in the amino aldehyde dehydrogenase encoded by GmAMADH2, the homologue of rice Os2AP, enhances 2-acetyl-1-pyrrolinebiosynthesis in soybeans (*Glycine max* L.)” Plant Biotech. J. 9 pp.75-87
- Bradbury, L.M.T., Fitzgerald, T.L., Henry, R.J., Jin, Q. and Waters, D.L.E. 2005 “The gene for fragrance in rice” Plant Biotech. J. 3 pp.363-370
- Chen, W., Nakamura, I., Sato, Y-I. and Nakai, H. 1993 “Distribution of deletion type in cpDNA of cultivated and wild rice” Jour. J. Genet. 68 pp.597-603
- Fuller, D.Q. and Qin, L. 2009 “Water management and labour in the origins and dispersal of Asian rice” World Archaeol. 41 pp.88-111
- Green, R.E., Malaspina, A-S., Krause, J., Briggs, A.W., Johnson, P.L.F., Uhler, C., Meyer, M., Good, J.M., Marici, T. and Stenzel, U. 2008 “A complete Neanderthal mitochondrial genome sequence determined by high-throughput sequencing” Cell 134 pp.416-426
- Ishikawa, R., Nakamura, I., Nishihara, T., Kikuchi, M., Senda, M., Akada, S., Harada, T. and Niizeki, M. 2002a “Origin of cytoplasm substituted rice cultivars found in Japan.” Theor. Appl. Genet. 105 pp.608-613
- Ishikawa, R., Sato, Y-I., Tang, T. and Nakamura, I. 2002b “Different maternal origins of Japanese lowland and upland rice populations” Theor. Appl. Genet. 104 pp.976-980
- Kovach, M.J., Calingacion, M.N., Fitzgerald, M.A. and McCouch, S.R. 2009 “The origin and evolution of fragrance in rice (*Oryza sativa* L.)” PNAS 106 pp.14444-14449
- Nakamura, I., Urairong, H., Kameya, N., Fukuta, Y., Chitrakonnet, S. and Sato, Y-I. 1998 “Six different

- plastid subtypes were found in *O. sativa-O. rufipogon* complex” Rice Genet. Newsl. 15 pp.80-81
- Nakamura, S. 2010 “The origin of rice cultivation in the lower Yangtze Region, China” Arch. Anth. Sci. 2 pp.107-113
- Ootsuka, K., Takahashi, I., Tanaka, K., Itani, T., Tabuchi, H., Yoshihashi, T., Tonouchi, A. and Ishikawa, R. 2014 “Genetic polymorphisms in Japanese fragrant landraces and novel fragrant allele domesticated in northern Japan” Breed. Sci. 64 pp.115-124
- Tabuchi, H., Sato, Y-I. and Ashikawa, I. 2007 “Mosaic structure of Japanese rice genome composed mainly of two distinct genotypes” Breed. Sci. 57 pp.213-221
- Tanaka, T., Honda, T. and Ishikawa, R. 2010 “Rice archaeological remain and possibility of DNA archaeology” Arch. Anth. Sci. 2 pp.69-78
- Udatsu, T. and Fujiwara, H. 1993 “Application of the discriminant function to subspecies of rice (*Oryza sativa*) using the shape of motor cell silica body” Ethnobotany 5 pp.107-116
- Umemoto, T., Yano, M., Satoh, H., Shomura, A. and Nakamura, Y. 2002 “Mapping of a gene responsible for the difference in amylopectin structure between *japonica*-type and *indica*-type rice varieties” Theor. Appl. Genet. 104 pp.1-8
- Umemoto, T., Aoki, N., Lin, H.X., Nakamura, Y., Inouchi, N. and Sato, Y. 2004 “Natural variation in rice starch synthase IIa affects enzyme and starch properties” Funct. Plant Biol. 31 pp.671-684
- Waters, D.L.E., Nock, C.J., Ishikawa, R., Rice, N. and Henry, R.J. 2012 “Chloroplast genome sequence confirms distinctness of Australian and Asian wild rice” Ecology and Evolution 2 pp.211-217

(2014年6月5日受付, 2014年8月7日受理)

Insight for the Introduction of Lowland Rice into Tohoku Area from the Viewpoint of Seed Size and Variations in DNA Sequence

Ryuji ISHIKAWA¹⁾, Tetsuro UDATSU²⁾, Ryuji Matsuda³⁾, Katsunori TANAKA⁴⁾
and Nobuhiko KAMIJO⁵⁾

- 1) Faculty of Agriculture and Life Science, Hirosaki University, 3 Bunkyo-cho, Hirosaki, Aomori Prefecture 036-8561, Japan
 - 2) Agricultural Museum, Faculty of Agriculture, Miyazaki University, 1-1 Gakuen-Kibanadai-Nishi, Miyazaki, Miyazaki Prefecture 889-2192, Japan
 - 3) Paleoenvironment Research Institute Co, LTD, 1795-24 Tsutiya, Nishi, Saitama, Saitama Prefecture 331-0062, Japan
 - 4) Miyakonojo Research Station, NARO Kyushu Okinawa Agricultural Research Center, 6651-2 Yokoichicho, Miyakonojo, Miyazaki Prefecture 885-0091, Japan
 - 5) Faculty of Education, Hirosaki University, 1 Bunkyo-cho, Hirosaki, Aomori Prefecture 036-8560, Japan
-

Rice cultivation was introduced to Japan from continental East Asia. After rice cultivation began, predominated rice varieties underwent transition to adapt to the environmental condition of each area. Several tools have been developed in a field of archaeobotany to evaluate and discriminate differences between varieties, such as techniques for analyzing rice phytoliths, seed recovery by floatation, and highly efficient amplification of DNA sequences. In particular, some DNA sequences from ancient rice remains have been used as newly developed markers. In this study, a combination of molecular data and other measurements on rice structure were used to estimate the transition of various landraces in order to know how rice adapted to various environmental conditions as well as their transitions through periods. Tropical *japonica* was introduced in the early stage of rice cultivation, as was an ancient tropical type that continued to be cultivated until quite recently. These landraces were recovered from genetic resources and found to carry unique traits that could not be located in modern varieties. Some landraces carried a fragrance trait, with two types of fragrant alleles. One type was quite common throughout Japan. However, the other was a type with a novel allele found in only the domesticated rice grown in southern Tohoku and northern Kanto. Thus, local farmers created a new gene pool during the long period of history after rice cultivation was introduced. The genetic resources contained would be valuable for creating new rice varieties with high tolerance to expected future stress conditions. For instance, one of the fragrant varieties of rice demonstrates higher tolerance to increased heat, which causes heavy damage to conventional rice grains. To identify the causal gene and breed new rice varieties, next-generation sequencing was adopted, and efficiently detected molecular differences among varieties. This molecular information would be valuable to the rapid breeding of new rice varieties. Such tolerant genes would be recovered from landraces which had adapted to the similar circumstance in the past, with the help of archaeobotany.