

## 連載ミニレビュー

作物生理研究法

# アミロペクチン鎖長分布に基づくデンプン特性解析法

梅本貴之

(作物研究所)

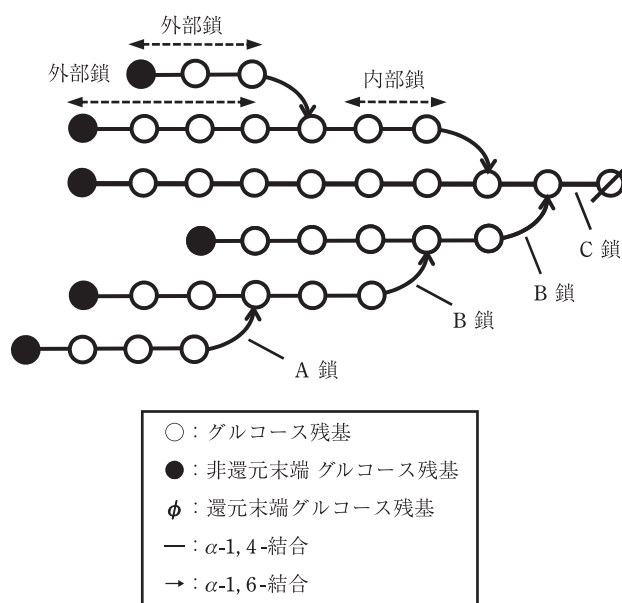
アミロペクチンの分子構造を分析する技術の進歩により、アミロペクチンの鎖長分布がコメの食味や餅の固まりやすさなど、作物の食味や加工適性に関わる重要な特性であることが明確になった。デンプンの70~100%を占めるアミロペクチンの鎖長分布は、デンプン合成に携わる酵素の活性バランスや、貯蔵器官内でデンプンが合成される時期の温度の影響を受けている。これまでアミロース含量がデンプン特性や穀類の食味、とくに「粘り」の指標値として用いられてきたが、アミロペクチン鎖長分布（以下、「鎖長分布」と略す）の特徴もデンプン糊化温度や物性と強く結びついている。そのため育種においても鎖長分布の測定が注目され、アミロペクチンの多様性を発掘するための遺伝子資源のスクリーニング等に用いられるようになってきた。

本稿では、筆者が鎖長分布の解析に用いてきた HPAEC-PAD 法と FACE 法を中心に解析方法の紹介をすると共に、鎖長分布の特徴とデンプン特性との関連、鎖長分布に影響を及ぼす要因について解説する。また、他の分析法や解析法との組み合わせについても触れたい。なお、作物デンプンに共通する部分も多いが、ここでは筆者の主な研究対象であるイネ、コメを中心とした記載となることをご了承いただきたい。

## 1. アミロペクチン鎖長分布の解析法

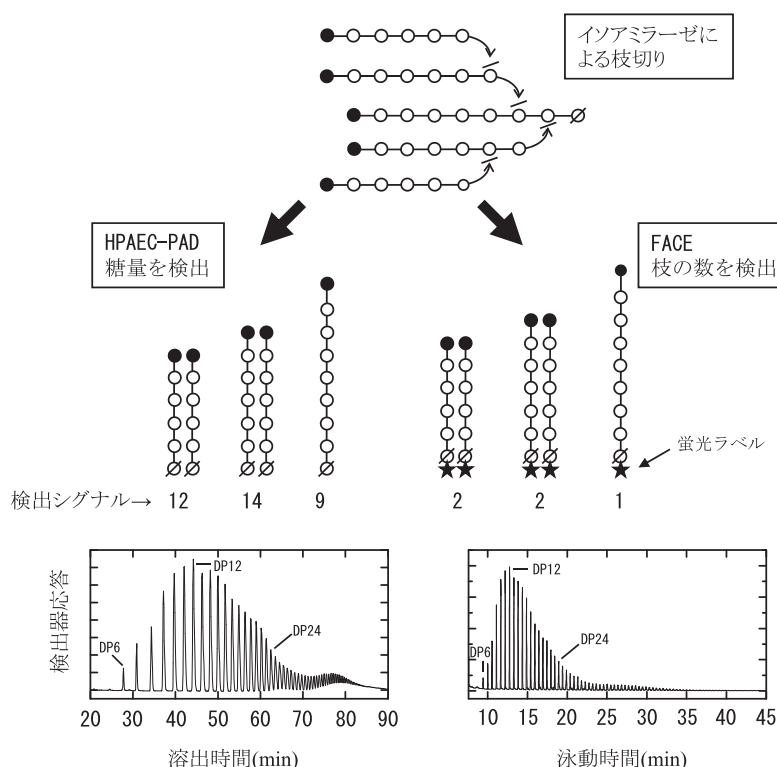
アミロペクチンはアミロースと共にデンプンを構成するグルコースの重合体である。アミロースがグルコースの主に  $\alpha$ -1, 4-結合による直鎖状分子（分子量  $10^6$  程度）であるのに対し、アミロペクチンは直鎖成分に  $\alpha$ -1, 6-結合による多くの枝分かれ（側鎖）を持つ房状の巨大分子（分子量  $10^8$  程度）である（第1図）。鎖長分布の解析は、アミロペクチンあるいはデンプンを枝切りして得られる単位鎖をゲル濾過クロマトグラフィーによって分画する方法がとられてきた。しかし、この手法によって単位鎖を単一のピークとして分画するのは、グルコース重合度（degree of polymerization, DP）15 程度が限界である。そのため分取した溶出画分ごとの全糖量と共に還元末端量（還元末端は単位鎖の重合度にかかわらず1本について1カ所）を定量し、全糖量を還元末端量で割ることによって求められる平均鎖長をアミロペクチンの特性値のひとつとして用いてきた。現在では HPLC によるゲル濾過クロマトグラフィーと低角度光散乱計を組み合わせた方法（Hizukuri 1985）、蛍光標識を組み合わせた方法（Hanashiro ら 2002）も用いられている。一方、ここで紹介する HPAEC-PAD 法もしくは FACE 法を用いることにより、枝切り反応によって得られたアミロペクチン側鎖を DP80-DP100 程度まで明確に分離することが可能となった。

HPAEC-PAD (high-performance anion exchange chromatography with a pulsed amperometric detector) 法は



第1図 アミロペクチン分子構造の模式図（檜作（2003a）の図を一部改変）。

巨大な分子の一部を簡略化して示した。 $\alpha$ -1, 4-結合による直鎖を単位鎖という。単位鎖の中で還元末端基を持つ主鎖（C鎖）は、1分子に1本存在する。側鎖のうちそれ自身枝分かれを持たないものをA鎖、枝を持つものをB鎖と呼ぶ。非還元末端側から最初の $\alpha$ -1, 6-分岐結合までを外部鎖、それより内部かつ次の分岐結合までを内部鎖という。



第2図 アミロペクチン鎖長分析のイメージ図。

HPAEC-PAD 法では糖の水酸基を検出するため、検出シグナル（クロマトグラムの各ピーク面積）はグルコース残基の数（単位鎖の数 × グルコースの重合度）に原理的には比例する。FACE 法においては、枝切りによって生成した単位鎖の還元末端を蛍光標識して検出するため、検出シグナルは重合度に関わりなく単位鎖の数に比例する。ただし、FACE 法では長鎖ほど泳動速度が遅く、検出器の前を通過するのに時間がかかる。そのため蛍光シグナルをより長時間カウントすることになるので、泳動時間で割って補正する。

Dionex 社の CarboPac カラムを用いた陰イオン交換クロマトグラフィーとパルスドアンペロメトリック検出法を組み合わせた分析法であり、DP80 まで個々のピークとして検出し得る手法として紹介された (Koizumi ら 1991) (第2図)。同法はサンプル間の鎖長分布パターンの詳細な比較を可能とした極めて優れた分析法である。HPAEC-PAD 法で検出したピークは糖の量に対応しているため、重合度ごとに分離された糖鎖の数（モル数）を知りたい場合は糖量を重合度で割って算出する。糖鎖が長くなると PAD の検出感度が低下するため、鎖長ごとの換算係数が必要となる。ところが係数の決定に必要な高純度の長鎖  $\alpha$  グルカンを得ることは難しく、これまでに報告された換算係数は DP17 までに限られている (Koizumi ら 1991)。近年では、HPAEC を用いて単位鎖を重合度ごとに分画後、連結した酵素カラムによって糖鎖をグルコースに分解した後で定量することで検出感度低下の問題を解消し、単位鎖のモル数を計測する方法も開発されている (Wong and Jane 1997)。

一方、FACE (fluorophore-assisted carbohydrate electrophoresis) 法は、糖鎖の蛍光ラベリングと電気泳動法を組み合わせた分析法である。同法は HPAEC-PAD 法と同等かそれ以上の

高い分離能を持ちながら、単位鎖ごとのモル数が計測される (第2図)。まず糊化したデンプン（あるいはアミロペクチン）を枝切り処理した後、単位鎖の還元末端を蛍光物質である APTS (8-amino-1, 3, 6-pyrenetrisulfonic acid) によって標識する。蛍光標識された糖鎖の検出には、レーザー誘起蛍光 (LIF) 検出器を用いる。この検出法は DNA の塩基配列決定に広く用いられている方法と基本的に同じであるため、当初は糖鎖の分離、検出に DNA シーケンサーが使用された (O'Shea and Morell 1996)。その後、キャピラリー泳動装置を採用することで DP100 前後までの糖鎖の分離、定量が可能となっている (O'Shea ら 1998)。FACE 法は、イソミラーゼの他に蛍光ラベリング試薬や専用のバッファーを用いるため、1 分析あたり数百円のコストがかかる (HPAEC-PAD 法では数十円) が、1) モル数に基づいた鎖長分布パターンの比較ができること、2) 分析時間が HPAEC-PAD 法では DP60 までの分離に約 90 分要するのに対してキャピラリー電気泳動法では約 45 分と、二分の一であること、3) 溶出バッファー等の廃液がほとんど出ないこと等の特徴、利点がある。

## 2. HPAEC-PAD 法と FACE 法によるアミロペクチン鎖長解析の手順

HPAEC-PAD 法とキャピラリー電気泳動装置を用いた FACE 法による鎖長分析の実験条件の詳細は、既報 (O'Shea and Morell 1996, Umemoto ら 1999, Fujita ら 2001) 等を参考にされたい。ここでは双方の分析法について実験手順の概略を記す。

分析サンプルとしては、HPAEC-PAD 法、FACE 法ともに精製したアミロペクチンを用いることが最善である。しかし、アミロースにも側鎖成分が若干存在するがアミロペクチンと比較して少量であるため、精製デンプンを分析に用いることも多い。また、デンプン含量が高く、比較的糊化しやすいデンプンの場合は、白米粉のようにデンプン貯蔵器官の粉碎物を用いた分析も可能である。ただし、サンプルに含まれる単糖、二糖、オリゴ糖はあらかじめ 80% エタノールなどで洗い取らないと、枝切り後のアミロペクチン由来の糖鎖と共に検出され、測定精度を下げることになる。また、タンパク質を多く含んだり、タンパク質が強くデンプンに結合したサンプル、あるいは脂質を多く含むサンプルでは糊化が妨げられることもある。このような場合は予め十分に除タンパク・脱脂を行って得たデンプンを分析に用いる。作物ごとのデンプン精製法については谷口 (1986) が紹介している。

アミロペクチン側鎖の枝切りには、枝分かれの部分 ( $\alpha$ -1, 6-結合) を特異的に切断するイソアミラーゼを用いる。HPAEC-PAD, FACE いずれの方法でもサンプルに脱イオン蒸留水を加え煮沸によって糊化した後に、溶液を酢酸バッファーでイソアミラーゼの至適 pH である酸性に調整して枝切り反応を行う。サンプルが糊化しにくい場合は、水酸化ナトリウム水溶液を加え短時間煮沸して糊化する方法 (Fujita ら 2001) やオートクレーブを用いることもできる。

上記の枝切り処理の際にイソアミラーゼだけでなく、 $\beta$ -アミラーゼ等、他の酵素処理を組み合わせることによって、アミロペクチンを構成する外部鎖と内部鎖の比率や、側鎖と側鎖の間隔など、分子構造に関するより多くの情報を得る手法もある (檜作 2003b)。

HPAEC-PAD 用のサンプルは枝切り反応終了後、溶液をアンモニア水で弱アルカリ性とし、水素化ホウ素ナトリウム ( $\text{NaBH}_4$ ) 溶液を加えて還元反応を行う。この操作を行わないと、糖鎖が立体異性体である  $\alpha$ -アノマー、 $\beta$ -アノマーの両タイプを取り、検出の際に同じ長さの単位鎖がアノマー毎に別のピークとして検出され定量に支障をきたす。還元反応終了後、減圧遠心濃縮機を用いて枝切りサンプルを完全に乾燥する。この乾燥サンプルは冷凍保存が可能である。分析は乾燥サンプルを少量の水酸化ナトリウム溶液でアルカリ糊化した後、脱イオン蒸留水で希釈し不溶物を遠心及びフィルターによって除去後、HPAEC-PAD に供する。重合度の高い糖鎖の分離カラムとして DIONEX

社は CarboPac PA100, PA200 を推奨しているが、オリゴ糖向けの CarboPac PA1 を用いても DP50-DP60 の単位鎖までの分画が問題なく行える (Umemoto ら 2002)。

一方、FACE 用のサンプルでは枝切り終了後にイオン交換樹脂を用いて脱塩処理を行う。その後、サンプルの還元末端基量を改良 Park-Johnson 法 (Hizukuri ら 1981) によって測定することで蛍光ラベリング反応に用いるサンプル量を決定し、分取したサンプルを減圧遠心濃縮機で完全に乾燥する。この状態でサンプルの常温保存が可能である。蛍光ラベリング反応は APTS と共に還元剤としてシアノ水素化ホウ素ナトリウム ( $\text{NaBH}_3\text{CN}$ ) を乾燥サンプルに加えて行う。脱イオン蒸留水を加えることでラベリング反応を停止し、さらに希釈して FACE 分析に用いる。ラベリング後のサンプルは、遮光下で少なくとも 1 ヶ月の冷凍保存は問題ない。

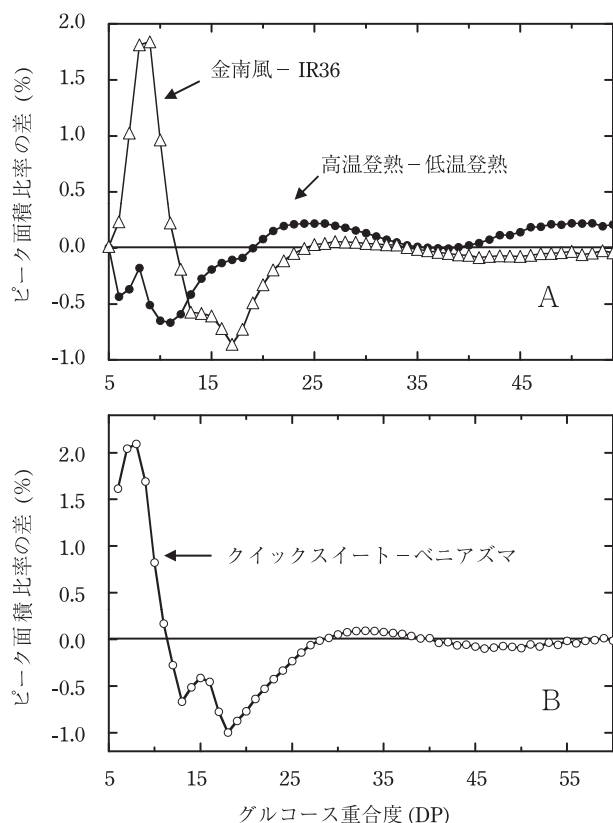
## 3. デンプンの糊化特性、物性の指標値としてのアミロペクチン鎖長分布

HPAEC-PAD 法や FACE 法で得られるアミロペクチンの鎖長分布パターンは、デンプンの糊化・老化特性の品種間差や米粒のアルカリ崩壊性と対応することが明らかにされている。全体に占める DP6-DP10 の単位鎖の比率の総和が増加し、DP12-DP23 の比率の総和が減少するとコメデンプンの糊化温度が低くなり、この逆では糊化温度が高くなる (Vandeputte ら 2003a)。また米粒のアルカリ崩壊性に関しても、アミロペクチンの短鎖比率 (DP6-DP11 の比率の総和 / DP12-PH24 の比率の総和) が高いと水酸化カリウム溶液に漬けた米粒が崩壊しやすいこと、つまり糊化しやすいことが報告されている (Umemoto ら 2002, Inouchi ら 2005)。一方、糊化デンプンの老化 (硬化、再結晶化) 程度は、老化デンプンの再糊化に要する熱量によって評価されるが、老化程度と DP10-DP22 の側鎖比率との間には正の相関が、DP6-DP9 および DP24-DP33 の比率とは負の相関が認められている (Vandeputte ら 2003b)。実際にアミロペクチンの短鎖比率が低く中鎖比率が高いと、餅や炊飯後のご飯が固くなる (Okamoto ら 2002, Umemoto ら 2008)。

## 4. アミロペクチン生合成系の変異や温度環境を反映する鎖長分布

イネ胚乳のアミロペクチン生合成では、デンプン合成酵素がグルコースの  $\alpha$ -1, 4-結合による直鎖の伸長、デンプン枝付け酵素が  $\alpha$ -1, 4-結合を切断して  $\alpha$ -1, 6-結合に付け替えることによる側鎖の形成、デンプン枝切り酵素が過剰に付けられた側鎖の枝切りに働いている (Nakamura 2002)。各酵素には同じ反応を触媒するが、作用を及ぼすアミロペクチン側鎖長の異なる複数のアイソザイムが存在する。そのため誘発変異や自然変異によるアイソザイムの欠損は、多くの場合鎖長分布の特徴的な変化を伴う (Nakamura 2002) (第 3 図 A)。またデンプンを合成する時期の温度環





第3図 デンプン合成系の変異と登熟温度がアミロペクチン鎖長分布に及ぼす影響 (HPAEC-PAD 法を用いて解析)。

A: デンプン合成酵素 IIa の欠損と登熟温度の違いがイネ胚乳のアミロペクチン鎖長分布に及ぼす影響。●: 高温登熟 (昼 32℃ / 夜 27℃) の金南風 - 低温登熟 (昼 18℃ / 夜 13℃) の金南風, △: 低温登熟の金南風 - 低温登熟の IR36。金南風はデンプン合成酵素 IIa の活性を欠く。

B: デンプン糊化温度の異なるサツマイモの品種間差。クイックスイートとベニアズマの差分。クイックスイートはデンプン合成酵素 II を欠くと推定され, 糊化温度が低い (片山ら (2006) のデータから作図)。

境が異なると, アミロペクチン合成に関わる酵素遺伝子の発現や活性のバランスが変化し, 結果として鎖長分布も影響を受けることが示唆されている (Umemoto ら 1999, Jiang ら 2003, Yamakawa ら 2007) (第3図 A)。

このようなアイソザイム欠損や温度環境の違いによる鎖長分布の変化は, 異なる作物でも同様の傾向を示すことが多い。例えばデンプン合成酵素 II の欠損による影響が, イネ, コムギ, オオムギ, トウモロコシにおいて, 短鎖比率を増加させ中鎖比率を低下させるという点で極めて類似している。逆に鎖長分布パターンがデンプン合成酵素 II 欠損の作物と類似していることから, 電子レンジで甘いふかし芋ができるサツマイモ「クイックスイート」の特性に, 同酵素の変異が関与していると推定された (片山ら 2006) (第3図 B)。温度の影響もイネ, コムギ, トウモロコシ, ソバ, サツマイモ等について, 高温条件下で短鎖比率が減少する点が共通している。

## 5. 他の分析法, 解析法との組み合わせ

鎖長分析以外にアミロペクチン分子の構造や糊化特性を分析・評価する手法として, X 線回折法による結晶性の解析, ヨウ素の結合特性値 (青価 (680 nm の吸光度), ヨウ素結合量, 最大吸光波長 ( $\lambda_{\max}$ )) から鎖長に関する情報を得る方法, ラピッドビスコアナライザー (Rapid Visco Analyzer, RVA) による糊化粘度特性の解析, 示差走査熱量計 (Differential Scanning Calorimetry, DSC) による糊化熱量の測定などが挙げられる。

ここではデンプン特性が未知のサンプルを手にした際に, 比較的簡易な解析法を組み合わせることでデンプン特性を把握, 分類する手順についてコメを例として考えてみる。まず見かけのアミロース含量を, Juliano 法もしくは同法に準じたオートアナライザーを用いる方法によって測定する (大坪 1995)。コメの場合アミロース含量がほぼ 0% の糯品種, 数% - 10% 程度の低アミロース品種, 15% - 20% 程度の粳品種 (ジャポニカ品種に多い), 20% - 30% 程度の高アミロース品種 (インディカ品種に多い) と, 4 グループに分類できる。

次に高アミロース品種をアミロペクチンの超長鎖が多いタイプと少ないタイプに分ける。超長鎖は DP300-DP500 程度とアミロースに近い長さのアミロペクチン側鎖であり (Takeda ら 1987), 炊飯米の硬さや加工適性への関与も明らかになりつつある。超長鎖のヨウ素呈色はアミロースの呈色と近いため, 見かけのアミロース測定値を高くする。ジャポニカ品種の多くが超長鎖をほとんど含まないのに対し, 見かけのアミロース含量が高いインディカの粳品種は超長鎖が多いタイプと少ないタイプに分けられる (Horibata ら 2004)。長鎖成分の分析は精製アミロペクチンを枝切り処理し, ゲル濾過クロマトグラフィーを用いて行われる。しかし, 精製デンプンあるいは米粉の RVA 測定によるセットバック値と超長鎖含量の間に高い正の相関が認められるため, 測定が簡易な RVA を用いて超長鎖含量の推定が可能である (Horibata ら 2004)。ちなみにこの超長鎖の合成にはアミロース合成を担う結合型デンプン合成酵素 I の関与が指摘されている (Aoki ら 2006)。

ここまででアミロースおよびアミロペクチン超長鎖の含量によって, コメを 5 つのグループに大まかに分類した。さらにコメデンプンには鎖長分布が異なる主要な 2 つのタイプ, すなわち短鎖比率の高い S 型と同比率の低い L 型が存在する (Nakamura ら 2002)。この違いは, HPAEC-PAD 法もしくは FACE 法によって明確に区別される。しかし代替法によってもおおよその分類が可能である。最も簡易な方法は米粒のアルカリ崩壊テストである。同法は米粒を 1.4% - 1.7% の水酸化カリウム溶液に室温で 24 時間漬け置いた後の, 粒の崩れ具合を見る方法である (Umemoto ら 2004)。既知の S 型, L 型品種を基準に用い, 崩壊しやすい品種が S 型, 崩壊しにくい品種が L 型である。他にも

RVA 測定による粘度上昇開始温度や DSC 測定のピーク温度とアミロペクチン短鎖比率との間に負の相関があり、これらの測定値からアミロペクチンのタイプを推定することも可能である。

このようにアミロース含量、アミロペクチン超長鎖含量による 5 グループと、2 つの鎖長分布パターンの組み合わせによって、コメを 10 グループに大別し得る。このような分類をすることで、いずれのグループが特定の加工に適しているかの比較や、グループ内でさらにデンプン特性の詳細な比較が行える。あるいはデンプン以外の成分の違いが品質に及ぼす影響を明確にするために、同じグループに属する品種群を分析に用いることも有用であろう。

デンプン特性に関する解析法を組み合わせる以外にも、鎖長分布の解析を遺伝解析に用いることも有効である。遺伝解析集団の各系統のアミロペクチン短鎖比率を指標値として、鎖長分布を制御する遺伝子座の解析が行われている (Umamoto ら 2002)。鎖長分布に新規な特徴を持つ品種・系統を見出した場合、その特徴を指標値に変換して遺伝解析 (QTL 解析やアソシエーション解析) を行うことで、アミロペクチン構造を制御している遺伝子座、遺伝子の特定も可能である。

## 6. まとめ

デンプンは多くの作物の主要な貯蔵物質であり、その約 7 割以上をアミロペクチンが占める。そのためアミロペクチン鎖長分布の特徴を把握することは、作物の品質を評価し、活用する上で重要である。しかし、ここで鎖長分布解析に用いた PAD 検出器を備えた HPLC やキャピラリー電気泳動装置はかなり高価な機器であり、導入は必ずしも容易ではない。そこで代替法として測定が簡易なアルカリ崩壊テストや、比較的普及している RVA の粘度上昇開始温度によって鎖長分布の短鎖比率を推定する方法、RVA のセットバック値をアミロペクチン超長鎖含量の指標とする方法がある。これらの簡易法で得られる情報を組み合わせることによってアミロペクチン構造の推定が可能である。したがって多くの品種・処理を用いるような研究では、まず簡易的な手法によって目星をつけ、アミロペクチン構造に着目すべきと判断した場合に鎖長分布を解析することが、効率良い研究につながると思われる。

付記：鎖長分析に必須のイソアミラーゼは、株式会社林原生化学研究所製のものが広く使われているが、現在カタログには掲載されていない。購入方法については同社に直接問い合わせる必要がある。また、メガザイム社からもイソアミラーゼが発売されている。

## 引用文献

- Aoki, N., T. Umamoto, S. Yoshida, T. Ishii, O. Kamijima, U. Matsukura and N. Inouchi 2006. Genetic analysis of long chain synthesis in rice amylopectin. *Euphytica* 151 : 225 – 234.
- Fujita, N., H. Hasegawa and T. Taira, 2001. The isolation and characterization of a waxy mutant of diploid wheat (*Triticum monococcum* L.). *Plant Sci.* 160 : 595 – 602.
- Hanashiro, I., M. Tagawa, S. Shibahara, K. Iwata and Y. Takeda 2002. Examination of molar-based distribution of A, B and C chains of amylopectin by fluorescent labeling with 2-aminopyridine. *Carbohydr. Res.* 337 : 1211 – 1215.
- Hizukuri, S., Y. Takeda, M. Yasuda and A. Suzuki, 1981. Multi-branched nature of amylose and the action of debranching enzymes. *Carbohydr. Res.* 94 : 205 – 213.
- Hizukuri, S. 1985. Relationship between the distribution of the chain length of amylopectin and the crystalline structure of starch granules. *Carbohydr. Res.* 141 : 295 – 306.
- 檜作進 2003a. 2. 澱粉の分子構造, 不破英次・小巻利章・檜作進・貝沼圭二, 澱粉科学の事典, 朝倉書店, 東京. 11 – 38.
- 檜作進 2003b. 6. 4 分子構造の解析法, 不破英次・小巻利章・檜作進・貝沼圭二, 澱粉科学の事典, 朝倉書店, 東京. 163 – 168.
- Horibata, T., M. Nakamoto, H. Fuwa and N. Inouchi, 2004. Structural and physicochemical characteristics of endosperm starches of rice cultivars recently bred in Japan. *J. Appl. Glycosci.* 51 : 303 – 313.
- Inouchi, N., H. Hibi, T. Li, T. Horibata, H. Fuwa and T. Itani, 2005. Structure and properties of endosperm starches from cultivated rice of Asia and other countries. *J. Appl. Glycosci.* 52 : 239 – 246.
- Jiang, H., W. Dian and P. Wu, 2003. Effect of high temperature on fine structure of amylopectin in rice endosperm by reducing the activity of the starch branching enzyme. *Phytochem.* 63 : 53 – 59.
- 片山健二・梅本貴之・高畑康浩・境哲文・甲斐由美・吉永優 2006. サツマイモ低温糊化澱粉系統における澱粉粒結合タンパク質の解析. *育種学研究* 8 : 296.
- Koizumi, K., M. Fukuda and S. Hizukuri, 1991. Estimation of the distribution of chain length of amylopectins by high-performance liquid chromatography with pulsed amperometric detection. *J. Chromatogr.* 585 : 233 – 238.
- Nakamura, Y. 2002. Towards a better understanding of the metabolic system for amylopectin biosynthesis in plants : Rice endosperm as a model tissue. *Plant Cell Physiol.* 43 : 718 – 725.
- Nakamura, Y., A. Sakurai, Y. Inaba K. Kimura, N. Iwasawa and T. Nagamine, 2002. The fine structure of amylopectin in endosperm from Asian cultivated rice can be largely classified into two classes. *Starch* 54 : 117 – 131.
- 大坪研一 1995. III. -1. アミロース含量, 山本隆一・堀末登・池田良一編 *イネ育種マニュアル*, 農業研究センター研究資料 30 : 46 – 48.
- Okamoto, K., K. Kobayashi, H. Hirasawa and T. Umamoto, 2002. Structural differences in amylopectin affect waxy rice processing. *Plant Prod. Sci.* 5 : 45 – 50.
- O' Shea, M.G. and M.K. Morell, 1996. High resolution slab gel electrophoresis of 8-amino-1, 3, 6-pyrenetrisulfonic acid (APTS) tagged oligosaccharides using a DNA sequencer. *Electrophoresis.* 17 : 681 – 686.
- O' Shea, M.G., M.S. Samuel, C.M. Konik and M.K. Morell, 1998. Fluorophore-assisted carbohydrate electrophoresis (FACE) of oligosaccharides : Efficiency of labeling and high-resolution separation. *Carbohydr. Res.* 307 : 1 – 12.
- Takeda, Y., S. Hizukuri and B.O. Juliano, 1987. Structures of rice

- amylopectins with low and high affinity for iodine. *Carbohydr. Res.* 168 : 79–88.
- 谷口肇 1986. I-3 澱粉の実験室的調整および精製, 上野川修一・駒野徹・志村憲助・中村研三・山崎信行編 澱粉・関連糖質実験法, 学会出版センター, 東京. 13–21.
- Umemoto, T., Y. Nakamura, H. Satoh and K. Terashima, 1999. Differences in amylopectin structure between two rice varieties in relation to the effects of temperature during grain-filling. *Starch* 51 : 58–62.
- Umemoto, T., M. Yano, H. Satoh, A. Shomura and Y. Nakamura, 2002. Mapping of a gene responsible for the difference in amylopectin structure between japonica-type and indica-type rice varieties. *Theor. Appl. Genet.* 104 : 1–8.
- Umemoto, T., N. Aoki, H. X. Lin, Y. Nakamura, N. Inouchi, Y. Sato, M. Yano, H. Hirabayashi and S. Maruyama, 2004. Natural variation in rice starch synthase IIa affects enzyme and starch properties. *Funct. Plant Biol.* 31 : 671–684.
- Umemoto, T., T. Horibata, N. Aoki, M. Hiratsuka, M. Yano and N. Inouchi, 2008. Rice starch properties and eating quality of cooked rice affected by starch synthase variations. *Plant Prod. Sci.* 11 : 472–480.
- Vandeputte, G.E., R. Vermeylen, J. Geeroms and J. A. Delcour, 2003 a. Rice starches. I. Structural aspects provide insight into crystallinity characteristics and gelatinization behavior of granular starch. *J. Cereal Sci.* 38 : 43–52.
- Vandeputte, G.E., R. Vermeylen, J. Geeroms and J. A. Delcour, 2003 b. Rice starches. III. Structural aspects provide insight into amylopectin retrogradation properties and gel texture. *J. Cereal Sci.* 38 : 61–68.
- Yamakawa, H., T. Hirose, M. Kuroda and T. Yamaguchi, 2007. Comprehensive expression profiling of rice grain filling-related genes under high temperature using DNA microarray. *Plant Physiol.* 144 : 258–277.

## 書 評

「作物の形態研究法—ミクロからマクロまで—」前田英三・三宅博・井上吉雄 編著, 日本作物学会事務取扱所, 東京, 2008 年, 131 頁, 1500 円

本書は, 2005 年から 2007 年にわたり日本作物学会紀事にミニレビューとして連載された, 「作物の形態研究法」および一部の総説を中心に, 当時の前田英三連載ミニレビュー委員長らによってまとめられたものである。個々の項目の著者は, 日本作物学会会員が大部分を占め, その内容は, 第 1 章 細胞の形態, 第 2 章 組織の形態, 第 3 章 個体の形態, および第 4 章 群落の形態にまで及ぶ。長期連載された個別記事を一堂に集め通覧することによって, テクニックの単なる参照や習得をこえて, 学問的興奮が喚起される感をおぼえる。

作物というモノと, それが存在する空間で生じるコトを知り, 制御することは, 言うまでもなく作物学の基本概念を構成する。モノを知るうえでまず行うことは, 明解なる目的の下で, 要素還元的に全体を分解し, ひたすらその現状を眺め, 正確にかつ客観的に記載することである。これは, 何もミクロなレベルの問題にとどまらない。これまでの類書が, 電子顕微鏡技術のような微細構造の観察といったミクロなレベルを主として扱っていたのに対して, 本書では画像解析, 仮想植物の作成, 衛星リモートセンシングといった個体や群落のようなマクロなレベルでの解析にも等しく言及していることに, その特徴をもつ。これによって, モノを土台としたさまざまなコトのダイナミックスが作物の諸階層を通じて理解される。

本書のもう一つの特徴は, これが「研究法」であって, 「実験法」ではないという点にあると思う。個別には詳細な技術的手順が述べられているものもあるが, 全体的には手法の原理と応用的展開を主体としたものが多い。したがって, すぐ使えるマニュアルを期待して本書に臨むと, その期待はたちどころには適えられないであろう。しかし, それは本書の欠点では決してない。本来, どのような場面でもたちどころに使えるような安易な手法は, 結局は用をなさないものが大半である。マニュアルは自分で構築せねばならない, のは当然である。問題は, その根幹となる部分である。本書ではそれが適切に述べられており, その端々に筆者のある種の信念を垣間見ることができる。冒頭で述べた本書からの学問的興奮は, おそらくこれに由来する。そういう意味で, 特に若手研究者に対して, 本書は薦められる。

日作紀には, 第 77 巻第 4 号 (2008) から, 新規ミニレビュー「作物生理研究法」の連載が開始された。本書とともに, 作物学研究者の様々な意識を奮い起こすものとなることが期待される。なお, 本書は書店では販売されておらず, 日本作物学会事務取扱所を通じて購入可能である。

(近畿大学生物理工学部 加藤恒雄)