

日本固有のワイン用ブドウ品種「甲州」のゲノム解読と特徴付けに成功

白ブドウ品種「甲州」(*Vitis* sp. cv. Koshu) をゲノムレベルで特徴付けした東京農業大学と山梨大学との共同研究成果が、植物科学雑誌「Frontiers in Plant Science」に掲載されました。

◆◇概要◇◆

東京農業大学生物資源ゲノム解析センターの田中啓介助教と浜口悠研究員、山梨大学ワイン科学研究センター果実遺伝子工学研究部門の鈴木俊二教授と榎真一助教による共同研究グループは、日本固有の白ブドウ品種「甲州」の全ゲノム情報を解析しました。その結果、他のワイン用欧州ブドウ品種と比較して機能が異なると推定される遺伝子が複数発見され、それらは特にポリフェノールや風味に関連していることが明らかになりました。本研究成果は、甲州ワインの品質を向上させる情報基盤になるほか、ブドウの研究やワイン産業における甲州の遺伝資源としての利用推進への貢献が期待されます。

◆◇研究内容のポイント◇◆

- ☞ 国際ブドウ・ワイン機構に2010年に登録されている「甲州」は、主に山梨県で栽培されている日本固有の欧州系白ブドウ品種である(図1)。この品種を原料とした「甲州ワイン」は、近年、国際コンクールで表彰されるなど注目が集められている。
- ☞ 次世代シーケンサーを用いて「甲州の全ゲノム情報」を初めて解読した。甲州ゲノムは、欧州で栽培されている他品種とは異なるユニークな特徴を持つことが示された(図2)。
- ☞ ゲノムの機能的・構造的な特徴付けを行ったところ、「フェニルプロパノイド、フラボノイド、グルタチオン、 α -リノレン酸」の代謝系に関わる遺伝子が他品種と比べて甲州で変化しており、それらは特にポリフェノールなどの機能成分や柑橘系の風味に関連していることが明らかになった(図3、4)。

本研究成果は、植物科学雑誌「Frontiers in Plant Science」に令和2年11月5日に掲載されました。

本研究は、東京農業大学生物資源ゲノム解析センター生物資源ゲノム解析拠点、一般財団法人旗影会(2017N002)、JSPS 科研費(20K15516)、山梨大学学内助成による支援を受けました。

論文名 : Genomic characterization of Japanese indigenous wine grape *Vitis* sp. cv. Koshu.

著者名 : Keisuke Tanaka, Yu Hamaguchi, Shunji Suzuki, Shinichi Enoki* (*責任著書).

URL : <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.532211/full>

◆◇問い合わせ先◇◆

山梨大学ワイン科学研究センター（生命環境学部・地域食物科学科）

助教 榎 真一

E-mail: senoki<アット>yamanashi.ac.jp <アット>を@に変えてください。

◆◇用語解説◇◆

【ゲノム】

私たちを含め生物がもつ遺伝情報の全てを示す。生命の設計図ともいわれている。

【次世代シーケンサー】

ゲノム配列情報を高速かつ並列に読み取ることが可能な DNA シーケンサーのことを指す。

この装置の登場により、様々な生物分野におけるゲノム解析は飛躍的に向上した。

【リシーケンス解析】

解析対象と同一生物種のゲノム配列が既存する場合、この情報を基にしてゲノム解読を行う方法。

ブドウゲノムは、被子植物において4番目に公開されており、多くの品種においてこの解析方法が適用されている。

【コピー数多型】

あるゲノム領域のコピー数に変動し、それが個体間で異なることを意味する。

近年では、いくつかの疾患に影響していることも報告されており、その関連性が研究されている。

【大規模配列多型】

あるゲノム領域に大きな配列の挿入や欠失が生じ、それが個体間で異なることを意味する。

個体識別などゲノムの多様性を評価するうえで重要な情報の一つである。

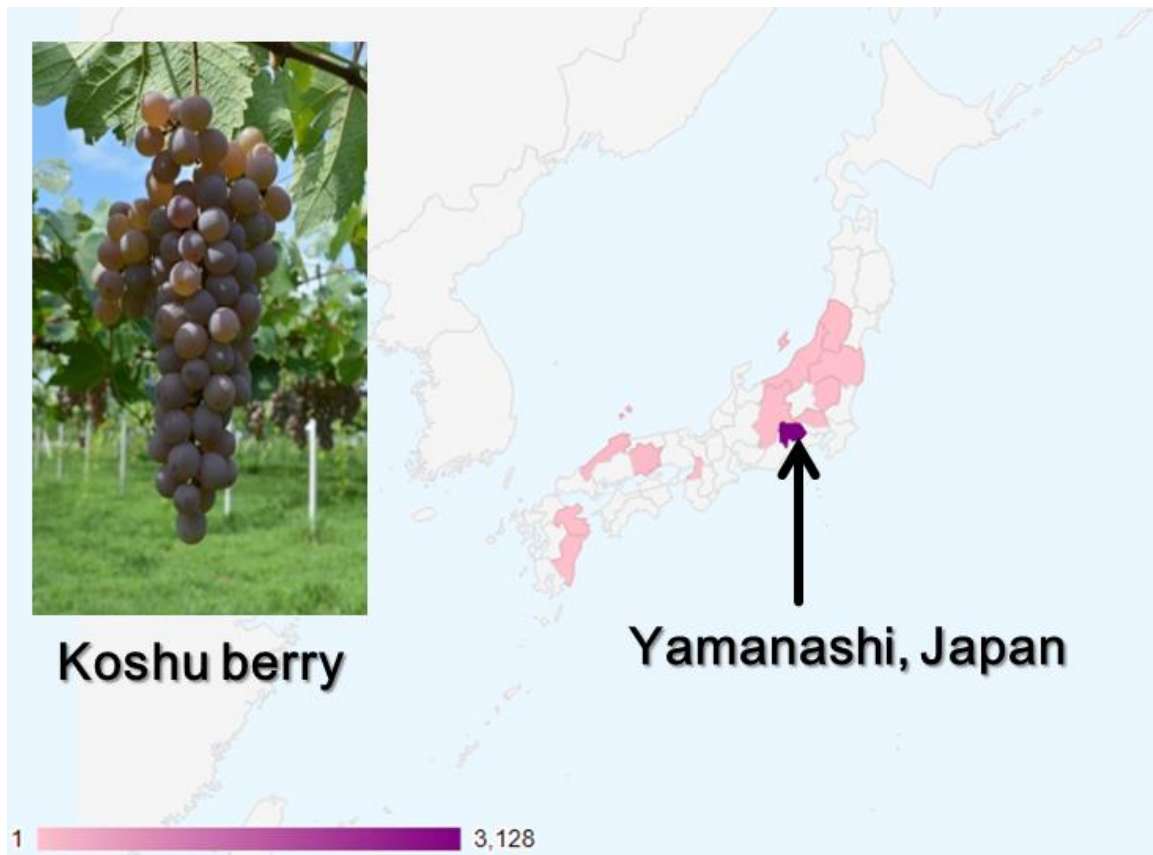


図1 白ブドウ品種「甲州」の写真と全国における収穫量（国税庁調べ、2016年4月～2017年3月）
その多くが山梨県で栽培される「甲州」は、特徴的なピンク色の果実を持つ食用・ワイン用兼用品種である。甲州を原料とした白ワインは、柑橘系の香りと程よい酸味やわずかな渋みなど繊細な味わいを特徴とする。



図3 リシーケンス解析に基づいた甲州ゲノムの機能的な特徴付け

甲州はフェニルプロパノイド経路（vv00940）などにおいて、赤ブドウに似た変化が見られた。（各カテゴリーの左から）甲州、Thompson Seedless、Tannat に対して、各々の機能に関連する遺伝子の変異量がグラディエーションカラーによって示される。赤色が濃くなるほど、対象の機能に関係する遺伝子の変化が高くなることを意味する。

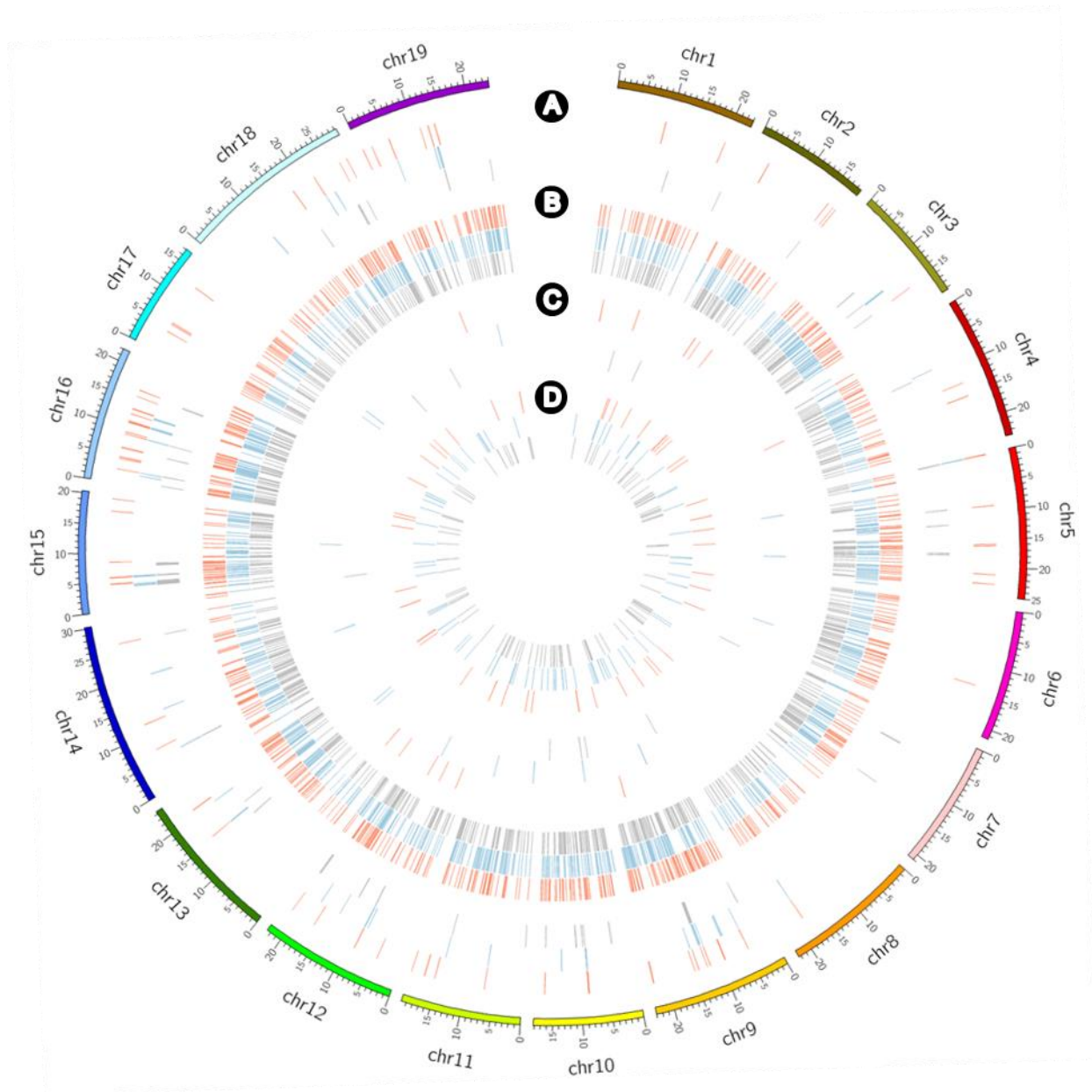


図4 リシーケンス解析に基づいた甲州ゲノムの構造的な特徴付け

甲州ゲノムは、Thompson Seedless や Tannat とは異なった構造的変化を示し、病原体応答に関わる遺伝子に影響していることが分かった。

甲州（赤色）、Thompson Seedless（水色）、Tannat（灰色）に対するコピー数多型（A：挿入、B：欠失）と大規模配列多型（C：挿入、D：欠失）を染色体の位置情報を基に示す。