

平成 26 年 9 月 12 日

記者会見のお知らせ

(2014 年日本育種学会第 126 回秋季大会における発表課題)

1. 発表日時：平成 26 年 9 月 19 日（金曜）14：00～15：00

（本記者発表に関わる記事の解禁は、9 月 19 日の発表後 17：00 からとさせていただきます）

2. 発表場所：東京大学弥生講堂アネックス・エンゼル研究棟講義室（別紙参照）

（東大農学部正門入って左 http://www.a.u-tokyo.ac.jp/yayoi/plan_annex.html）

3. 出席者

日本育種学会幹事長 熊丸 敏博

（九州大学・大学院農学研究院 附属遺伝子資源開発研究センター 教授）

日本育種学会庶務幹事 岩田 洋佳

（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）

4. 発表内容の紹介

育種学は作物の品種改良の技術基盤とその理論を追究する学問領域です。日本育種学会（会員数約 2,000 名）は、その育種学に関する研究および技術の進歩、研究者の交流と協力、および知識の普及をはかることを目的として活動しています。

本発表内容は 9 月 26 日（金曜）、27 日（土曜）に南九州大学（宮崎県都城市）で行われる日本育種学会 2014 年秋季大会で発表予定のものです。合計 228（口頭発表 100 題、ポスター発表 128 題）の講演課題の中から選定された 5 課題について発表させていただきます。どうぞよろしくお願いいたします。

発表タイトル：

- (1) 地球温暖化に負けない「透きとおるお米」を作り出す遺伝領域を特定
- (2) 農業形質を制御する遺伝子を解明し制御する一米粒の大きさを制御する 65 個の量的形質遺伝子座 (QTL) が見つかった
- (3) ソルガム F1 品種「天高」における雑種強勢の仕組みを解明 — 高バイオマスを達成する 6 つの重要遺伝子座とその組み合わせが明らかに —
- (4) 国内初の LOX レスビール大麦の育成
- (5) ビールのおいしさは原料の研究から — 苦味成分含量の高いホップを選抜する分子選抜技術の開発 —

※詳細は別紙をご参照ください。講演要旨集は当日配布いたします。

問い合わせ先：

岩田 洋佳（東京大学・大学院農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻 准教授）

電話：03-5841-5068 または 5069

FAX：03-5841-5068 または 5069 E-mail: aiwata@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

1. 話題

地球温暖化に負けない「透きとおるお米」を作り出す遺伝領域を特定

2. 講演タイトル

高温登熟条件における水稲玄米の背白粒発現に関わる QTL の実証

3. 発表者

宮原克典¹・和田卓也¹・宮崎真行¹・園田純也²・塚口直史³・近藤始彦⁴ (1. 福岡県農林業総合試験場, 2. 鹿児島県農業開発総合センター, 3. 石川県立大学, 4. 作物研究所)

4. 発表概要

近年、地球規模の温暖化の進行により、水稲の生育期間である夏から秋にかけての気温も高くなる傾向にあります。特に、水稲の出穂期から成熟期にかけての高温は、玄米の品質を低下させる大きな要因です。この時期の高温により、本来透きとおった玄米が部分的、全体的に白濁し、外観品質が低下します。外観品質が低下すると、消費者が手にするお米の見た目の美しさが損なわれるばかりでなく、価格が低下して生産者の収入も減少します。生産者の収入減少は、米の再生産に支障をきたし、コメ作りの意欲を減退させます。

そこで、本研究では福岡県の良食味品種「つくしろまん」と育成系統の「ちくし52号」を用いて研究に取り組みました。「つくしろまん」は食味が優れた品種ですが、高温による品質低下が著しいという問題点があります。これに対し「ちくし52号」は高温でも品質が低下しにくいことが特徴です。今回は、「つくしろまん」に「ちくし52号」の遺伝領域を一部組み込むことで「つくしろまん」の外観品質を改善する研究に取り組みました。

これまでに、「つくしろまん」と「ちくし52号」を交配して得られた88系統の調査により、玄米の胚とは逆の部分が白濁する背白粒の発生を抑制する効果を持つと推定される遺伝領域を見出しました。今回はこの領域に注目し、DNA マーカーを利用した「戻し交雑」と呼ばれる手法を用いて、「つくしろまん」にこの領域だけ「ちくし52号」型の遺伝領域を持たせた系統を得ることに成功しました。

こうして得られた2系統を、温水かけ流し式の「高温耐性評価施設」において検定したところ、高温条件下での背白粒の発生率が「つくしろまん」に比べて低くなることが確認されました。また、これらの2系統を鹿児島県、石川県において、高温処理による検定をしたところ、同様の結果が得られました。さらに、これら2系統は「つくしろまん」と同等の収量、食味を持つことが確認され、「つくしろまん」の良さを損なうことなく、白濁粒の発生を抑制していました。

本研究により認められた背白粒の発生を抑制する遺伝領域には、米の外観品質を向上させるために重要な遺伝子が存在すると考えられ、温暖化の進行が予想される今後の環境において、優れた外観品質を持つ品種の育成に役立つと期待されます。

5. 発表内容

演者らは、これまでに「つくしろまん」と「ちくし52号」を両親とするRI系統群を用いて、「ちくし52号」の第8染色体上に背白粒の発生を抑制する領域が存在することを見出しました。そこで、今回は「つくしろまん」に「ちくし52号」の第8染色体上の領域を持たせた準同質遺伝子系統(NIL01, NIL02)を養成し、背白粒発生の低減効果を検証しました。福岡県で温水かけ流し施設、鹿児島県で早植えおよび温室、石川県では温度勾配制御装置をそれぞれ用いることにより高温処理を行い、収穫された玄米の品質を調査しました。その結果、いずれの試験においてもNIL01, 02の背白粒発生率は「つくしろまん」のそれに比較して低く、この第8染色体上の領域は確かに背白粒の発生を抑制する効果を持つことが確認されました。

また、NIL01, 02は「つくしろまん」と同等の収量、食味を持つことも確認されました。今後は、高温に強い他の品種における当領域の遺伝子型を評価し、育種への利用を図る予定としています。

6. 発表雑誌

投稿中

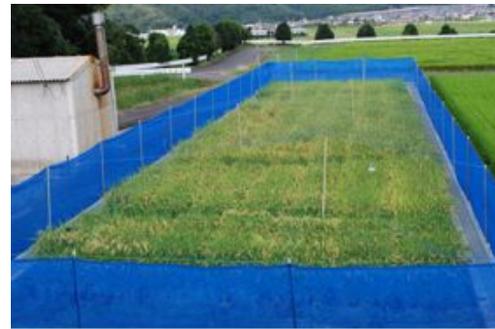
7. 注意事項

本事業は農林水産省委託事業「気候変動に適応したイネ科作物品種・系統の開発(課題番号1203)」により実施されました。

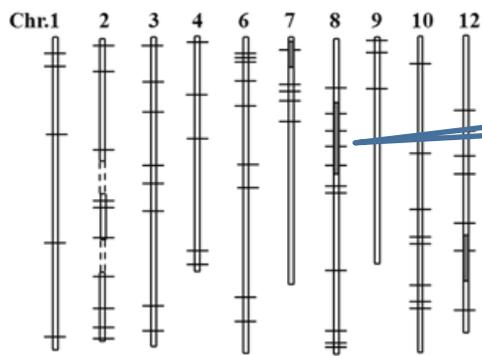
8. 問い合わせ先

福岡県農林業総合試験場 農産部 宮原克典
〒818-8549 福岡県筑紫野市吉木 587
TEL 092-924-2937 FAX 092-924-2981
E-mail miya-k@farc.pref.fukuoka.jp

9. 添付資料



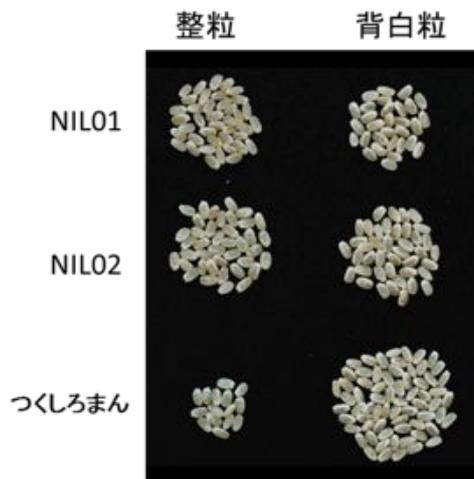
高温耐性評価施設



背白粒を減らす
重要な部分

NIL01 の染色体図

白で示した「つくしろまん」型の染色体の中に部分的に「ちくし52号」型(黒)の領域を持たせた。



背白粒の発生率が「つくしろまん」に比較して低下している。

1. 話題

農業形質を制御する遺伝子を解明し制御する一米粒の大きさを制御する 65 個の量的形質遺伝子座 (QTL) が見つかった

2. 学会講演タイトル

65 個の QTL がコシヒカリ/IR64 間の粒形の違いを説明する

3. 発表者

永田和史¹、安藤露¹、野々上慈徳^{1,2}、水林達実¹、北澤則之¹、正村純彦¹、矢野昌裕^{1,3}、福岡修一¹ (1. 農業生物資源研究所、2. 現岩手県農業研究センター、3. 現農研機構・作物研究所)

4. 発表概要

農業形質の多くは、複数の遺伝子が関わる「量的形質」です。これを制御する遺伝子を特定するには、交配後 1 – 2 年で解析できる手軽さから雑種第 2 代 (F_2) が使われますが、 F_2 では複数の遺伝子が相互にノイズとなるため、戻し交雑によってノイズを減らした系統を作って各遺伝子の効果を確認する必要があります。

米粒の大きさは、収量を構成する重要な因子であるとともに、コメの品質を左右します。従って、光合成能力など収量を決定する他の要素とバランスをとりつつ収量を上げる緻密な遺伝的改良が求められます。米粒の大きさについて、これまでに多数の研究が行われていますが、 F_2 を用いた精度の低い解析で得た結果がどこまで利用できるか不明でした。そこで、本研究では、戻し交雑を 4 回繰り返し、理論上遺伝的背景の 95% が戻し交雑親の遺伝子に置き換わった戻し交雑系統群 (BC_4F_2) を用いて、米粒の大きさを支配する遺伝子を調べました。

その結果、米粒の大きさが、これまでの知見よりもはるかに多い 65 個の量的形質遺伝子座 (QTL) で制御されていることを明らかにし、日本品種の遺伝的背景で大きな効果を持つ複数の QTL を見出しました。農業形質の遺伝的制御のしくみを正確に解き明かすことで DNA マーカーを用いた日本品種の遺伝的改良を加速させることができます。

5. 発表内容

日本型の中粒品種のコシヒカリと、インド型で長粒品種の IR64 との交配を行い、 F_2 および BC_4F_2 系統群を用いて、米粒の大きさ (長さおよび幅) の QTL 解析を行いました。 BC_4F_2 系統群では、コシヒカリを 4 回交雑しているため、一部の領域を除いてコシヒカリの遺伝子を持ち、残存するわずかな IR64 由来の遺伝子の効果を厳密に評価できます (図 1)。

BC₄F₂系統群では、合計 65 個の QTL を検出しました。これに対し、F₂ではこのうちの 8 個のみを検出し、戻し交雑系統群の検出感度の高さが実証されました。F₂で検出された QTL が BC₄F₂でも大きな効果を示すとはかぎらず (図 2)、位置の推定精度が劣る場合もありました。逆の効果を示す複数の QTL が一本の染色体上に検出されるなど、「量的形質」である米粒の大きさは、これまで考えられていた以上に複雑であることがわかりました。また、コシヒカリ背景における遺伝子の効果を調べることで、日本の水稲品種の改良に役立つ遺伝子を明らかにできました。

6. 発表雑誌

準備中

7. 注意事項

本研究は農林水産省プロジェクト研究「ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産基盤技術の開発プロジェクト (IVG2003)」の支援を受けて実施されました。

8. 問い合わせ先

農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
イネゲノム育種研究ユニット 主任研究員 福岡修一
〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2
TEL : 028-838-7006 FAX : 028-838-7006
E-mail : fukusan@affrc.go.jp

9. 用語説明

量的形質遺伝子座 (QTL) : 草丈や収穫量など、量的に計測できる特性を決定する遺伝子座。多くの場合、複数のQTLの相加的な効果によって決定され、各々のQTL単独での効果の大きさは互いに異なるものの概して小さい。

戻し交雑 : 交雑で作った雑種 (F₁) または雑種の後代 (子孫) に対して、一方の親を再び交雑させ、その親の遺伝子の比率を高める掛け合わせ方法。複数回続けて行うことによってできた個体では、大半の特性が戻し交雑に用いた片親に似るが、もう一方の親から受け継ぐごく一部の遺伝子の特徴が反映される。戻し交雑を繰り返して作った実験系統を戻し交雑系統 (群) という。

10. 添付資料

図 1 ; 供試した実験系統 (BC₄F₂および F₂)

図 2 ; 粒の長さに関して検出された QTL の効果 (第 1~第 3 染色体)

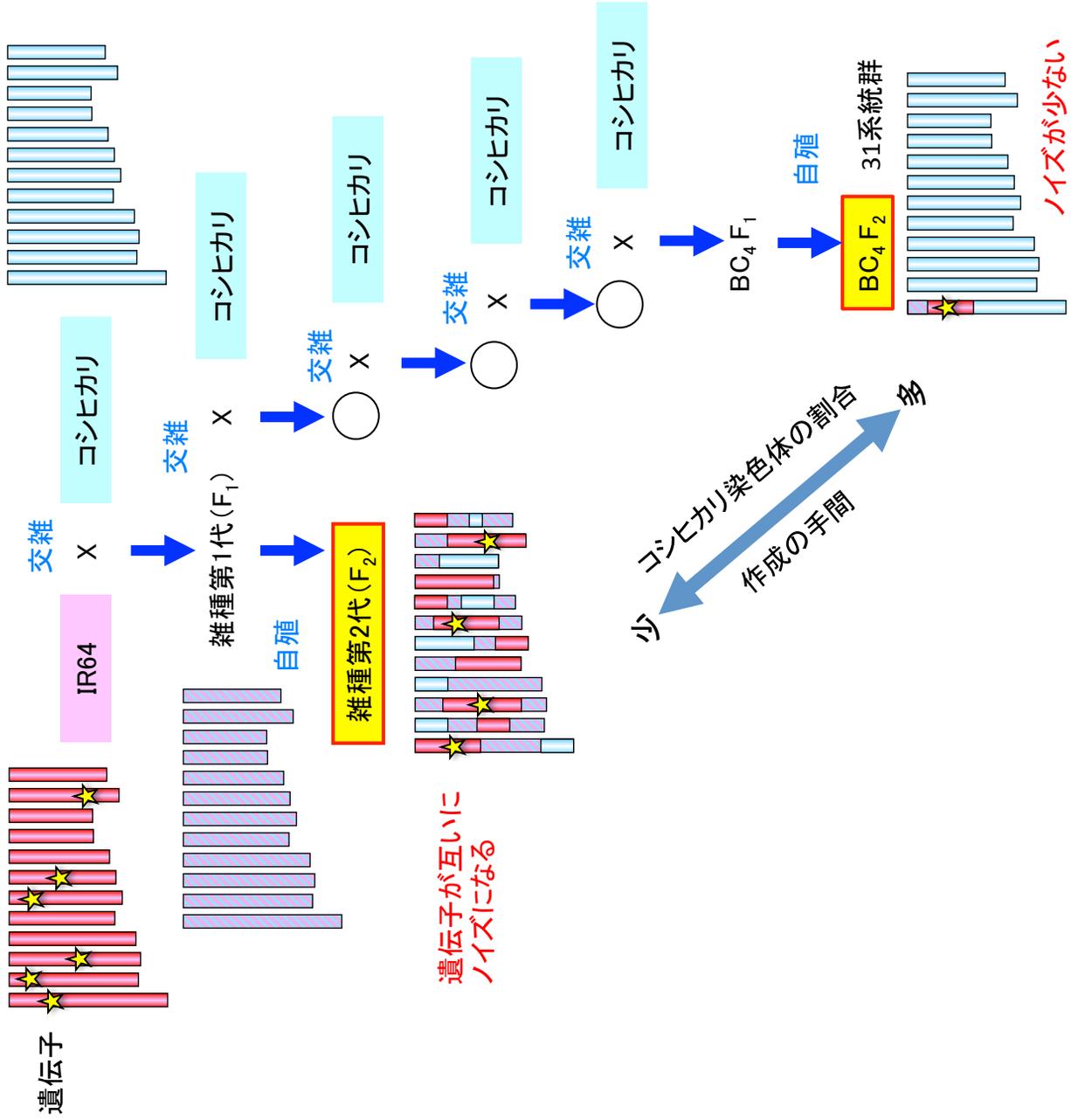


図1. 本研究で供試した実験材料(コシヒカリ背景でIR64の遺伝子を調べる場合)

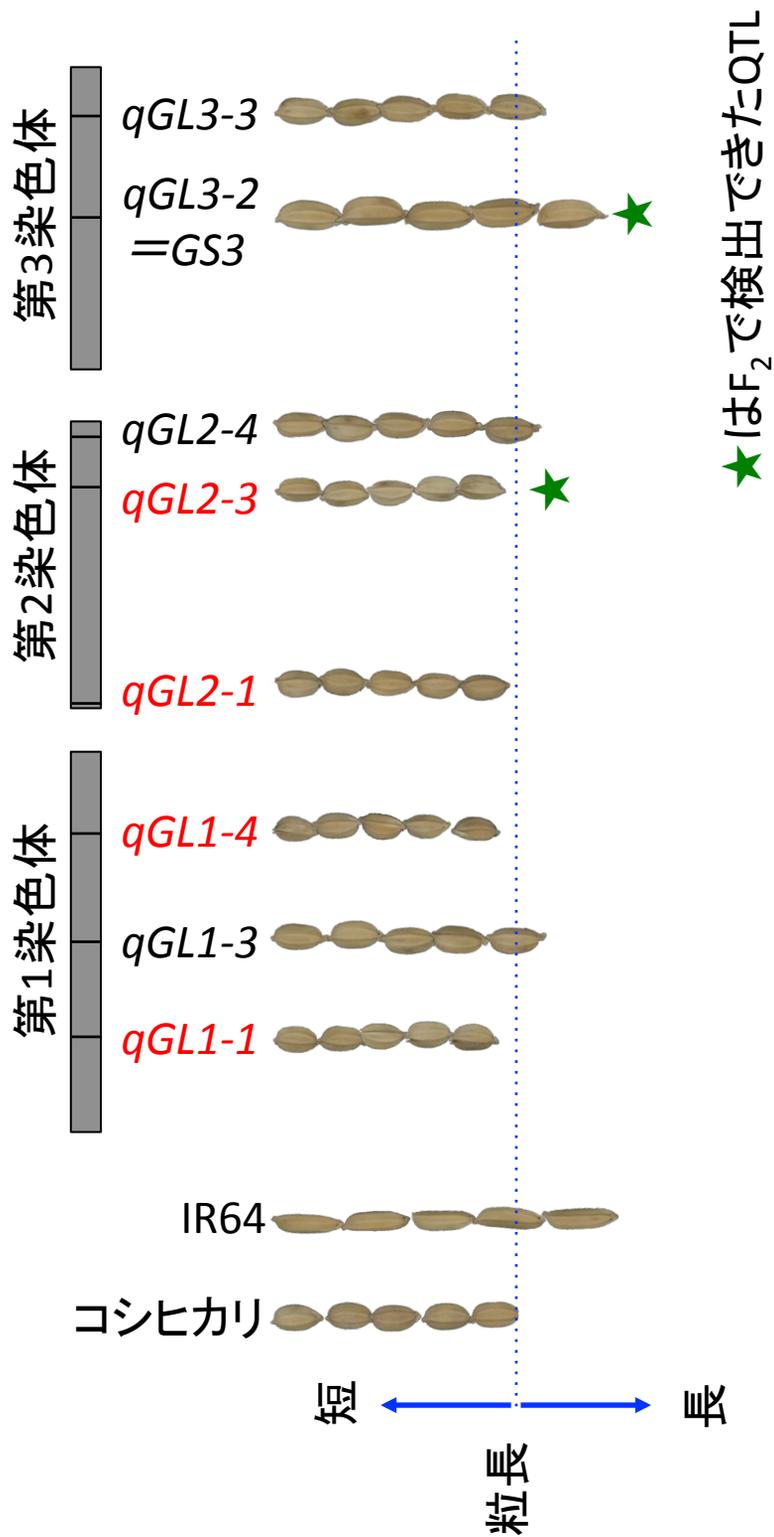


図2. コシヒカリ背景のBC₄F₂系統群で検出された粒の長さに関するQTLの効果 (第1～第3染色体)
染色体の下に示す赤字のQTLはIR64の遺伝子が粒を短くし、黒字のQTLは長くする

1. 話題：

ソルガム F₁ 品種「天高」における雑種強勢の仕組みを解明 — 高バイオマス
を達成する 6 つの重要遺伝子座とその組み合わせが明らかに —

2. 学会講演タイトル：

強い雑種強勢を示すソルガム F₁ 品種「天高」の後代集団を用いた QTL 解析

3. 発表者：

山口 未来 1, 中村 (荒木) 聡子 1, 伊藤 裕介 1, 篠原 (大前) 梢 1, 松岡 信 1, 北
野英己 1, 春日 重光 2, 佐塚 隆志 1 (1 名古屋大生物機能開発利用研究センター, 2 信
州大農学部 AFC)

4. 発表概要：

現在、日本を含め世界の多くの地域では、雑種強勢を利用することで多収を達成した多くの F₁ 品種が栽培されています。長稈で大型作物であるソルガムは、その高バイオマス性からバイオエタノール (BE) 生産やバイオリファイナリー (BR) 利用が期待されていますが、その中でも F₁ 品種「天高」は草丈が 4m 近くにもなる特別大型な品種です (図中央)。ここで不思議なのは、天高の花粉親と種子親は双方とも短稈 (約 1.1~1.2m) の小型品種であることです (図左右)。これについては、これまで「雑種強勢の典型的な例」と説明されてきましたが、その分子遺伝学的な仕組みについては解明されていませんでした。自殖性作物 (例えばイネ) では、近年、ゲノム情報を活用したゲノム育種 (例えば DNA マーカー育種) が盛んに行われていますが、天高のような F₁ 作物ではこの仕組みが明らかでないために、遺伝様式に基づいたゲノム育種が困難でした。

そこで本研究では、天高の高バイオマスに関わる仕組みの解明を目指し、雑種後代 F₂ 集団を用いた QTL 解析を試みました。その結果、天高の高バイオマスには 6 つの遺伝子座の組み合わせが重要であることを明らかにしました。さらにこのうち 4 つの遺伝子についてはその変異とバイオマスに関わる役割も明らかにしました。このことによって、これまで全く未解明だった天高の高バイオマスを実現する遺伝様式が明らかとなりました。言わば、天高という大きな建物を支えている 6 つの遺伝子座という屋台骨が明らかとなったわけです。

この研究の成果は、様々な F₁ 品種の改良に大きな変革をもたらす可能性があります。つまり、他の F₁ 品種においても重要な遺伝子座を明らかにしその屋台骨を維持することで、自由な育種デザインが可能になるということをこの成果は意味しています。これを実践すべく、BE・BR 原料としての天高の最適化を目指し、有用な QTL を集積する新たな品種育成の試みを始めています。

5. 発表内容：

天高 (MS79A×74LH3213) の後代 F₂ 集団を圃場展開し、高バイオマスに重要な開花期と稈長について QTL 解析を行いました。その結果、まず開花期については 2 つの QTL (*qFD-1*, *qFD-6*) が検出されました。*qFD-1* は 74LH3213 (花粉親) アレルが、*qFD-6* は MS79 (種子親) アレルが開花期を早める QTL でした。稈長の QTL 解析結果では、開花期の QTL を除き、4 つの QTL (*qCL-6*, *qCL-7a*, *qCL-7b*, *qCL-9*) が検出されました。*qCL-6* と *qCL-7a* は MS79 アレルが、*qCL-7b* と *qCL-9* は 74LH3213 アレルが稈長を短縮しました。これら 6 つの QTL のうち、イネなどで詳しく研究されている遺伝子・遺伝子座との比較から *qFD-6* は *SbGHD7*、*qFD-1* は *Ma3/SbPhyB* に一致し、それぞれ MS79 及び 74LH3213 に変異があることが明らかとなりました。また同様に *qCL-7b*、*qCL-9* はソルガム矮性遺伝子 *Dw1*, *Dw3* の遺伝子座と一致し、双方とも 74LH3213 に変異があると考えられました。*qCL-6* は遺伝子が未同定の *Dw4* の遺伝子座に対応し、*qCL-7a* は新規遺伝子座でした。そこで、*qCL-7a* の責任遺伝子を *DwX* と記述すれば、MS79 は *Ma3Ma3ghd7ghd7Dw1Dw1dwXdwDw3Dw3dw4dw4*、74LH3213 は *ma3ma3Ghd7Ghd7MaXdw1dw1DwXdw3dw3Dw4Dw4* となり、F₁ 品種天高では *ma3Ma3ghd7Ghd7dw1Dw1dwXdw3dw3dw4Dw4* になるという遺伝学モデルが考えられました。つまり、両親は短稈で早生の表現型ですが、F₁ 品種天高では全ての遺伝子座がヘテロとなり、6 つの変異は全て劣性であることから短稈と早生の表現型が消失し、長稈かつ極晩生となると考えられました。これまで雑種強勢を説明する 3 つの仮説として、優性説、超優性説、エピスタシス説が提唱されていましたが、今回の結果から、天高の雑種強勢

については優性説（もしくはそれに加えてエピスタシス説）で概ね説明可能であることが示唆されました。

6. 発表雑誌：
準備中

7. 注意事項：
本研究は、大学発グリーンイノベーション創出事業「グリーン・ネットワーク・オブ・エクセレンス（GRENE）」植物科学分野「植物 CO₂資源化研究拠点ネットワーク（NC-CARP）」などの支援を受けて実施されました。

8. 問い合わせ先
名古屋大学 生物機能開発利用研究センター 植物分子育種研究分野
佐塚 隆志
〒464-8601 名古屋市千種区不老町
TEL：052-789-5217 FAX：052-789-5226
E-mail：sazuka@agr.nagoya-u.ac.jp

9. 用語説明：

雑種強勢：ヘテロシスとも呼ばれます。F₁ が両親系統のいずれよりも大きさや収量などの点で優れた形質を示す現象です。

F₁ 品種：一代交配種とも呼ばれます。種子親系統、花粉親系統の二系統を交配して得られる雑種第一代目を品種として用いています。F₁ 品種は両親の遺伝子を全てヘテロ型で保持しています。

F₂ 集団：F₁ 個体に実った自殖種子 (F₂) を播種し、育成した植物体集団のことです。

QTL：Quantitative trait locus の略。バイオマスなどの形質は稈長、開花期など、複数の遺伝子の効果の組み合わせによって決定されています。このように一つの形質が複数の遺伝子座によって決定されている場合、その遺伝子座は量的形質遺伝子座 (QTL) と呼ばれます。

アレル：対立遺伝子のこと。ある 1 つの遺伝子座において存在する複数の DNA 配列のことです。例えば、ある遺伝子は品種によって違う DNA 配列になっています。

DNA マーカー育種：有用な QTL は、DNA マーカーなどで遺伝子型検定を行いながら戻し交配を繰り返すことで母本系統に導入することができます。これを DNA マーカー育種と呼び、品種改良において一つの有力な方法となっています。



1. 話題 :

国内初の LOX レスビール大麦の育成

2. 学会講演タイトル :

国内初の LOX レス(リポキシゲナーゼ-1 欠失)ビール大麦品種「札育 2 号」の育成

3. 発表者 :

金谷 良市¹, 斉藤 渉¹, 保木 健宏¹, 飯牟礼 隆², 廣田 直彦¹, 木原 誠¹, 蛸井 潔³, 新開 哲朗³, 谷川 篤史³, 渡辺 敬之², 高澄 耕次², 大串 憲祐¹(1 サッポロビール(株)バイオ研究開発部, 2 サッポロビール(株)価値創造フロンティア研究所, 3 サッポロビール(株)商品・技術イノベーション部)

4. 発表概要 :

リポキシゲナーゼ-1(LOX-1)は、ビールの「老化」の主な原因物質とされるトランス-2-ノネナール(T2N)や、ビールの泡持ちやビールの”キレ”に悪影響を及ぼすトリヒドロキシオクタデセン酸(THOD)の生成に関与しています。LOX レス形質とはこの LOX-1 活性を持たない特性のことで、演者らは、海外の育種機関と共同で、「CDC PolarStar」(カナダ)や「SouthernStar」(豪州)などの LOX レス品種を育成し、ビールの「老化」の抑制や泡持ちの改善効果などの実証を進めてきました。今回は、国内初となる LOX レス品種「札育 2 号」を育成し、品種登録出願しましたので、発表します。

5. 発表内容 :

「札育 2 号」は、岡山大学資源植物科学研究所の遺伝資源から発見された種子中の LOX-1 活性を持たない在来種を 1 回親、「りょうふう」を反復親とする、連続戻し交配法によって得られた新品種です。2004 年に最初の交配を行い、その後、分子マーカーによる LOX レス形質の選抜と、戻し交配を繰り返し、2008 年に 7 回目の戻し交配を行いました。

2009 年に BC₇F₂ 世代から LOX レスをホモに持つ個体を選抜し、その後各種試験を繰り返し、有望な個体・系統を選抜し、2011 年に「富系 1101」として、ビール大麦育成系統合同比較試験の系統比較試験に供試しました。2012 年には「札育 2 号」として同試験の品種比較試験および北海道奨励品種決定試験に供試し、その特性を評価、確認してきました。

その結果、「札育 2 号」は「りょうふう」と比べ、稈長がやや短く、千粒重がやや小さい傾向が認められましたが、実用上は問題のないレベルであり、収量性や耐病性など、その他の農業特性についても、同程度であることが確認されました。また麦芽品質では、「札育 2 号」は「りょうふう」と比べ、可溶性窒素がわずかに低くなる傾向がみられましたが、エキスや酵素力などその他の麦芽品質は、ほぼ同一の特性を示しました。

400L スケールの醸造試験の結果、LOX レス形質に期待される、T2N および THOD の生

成量は「札幌2号」の方が低いことが確認され、「CDC PolarStar」や「SouthernStar」と同様に、安定した LOX レス効果が期待できることが確かめられました。2014 年より、一般圃場で大規模な栽培試験を開始し、その生産物を用いて現場規模での製麦・醸造試験を行う予定です。

6. 発表雑誌：

準備中

7. 注意事項：

特になし

8. 問合せ先：

〒370-0393 群馬県太田市新田木崎町 37-1

サッポロビール株式会社 バイオ研究開発部 麦育種開発センター

研究担当者 麦育種開発センター 金谷良市

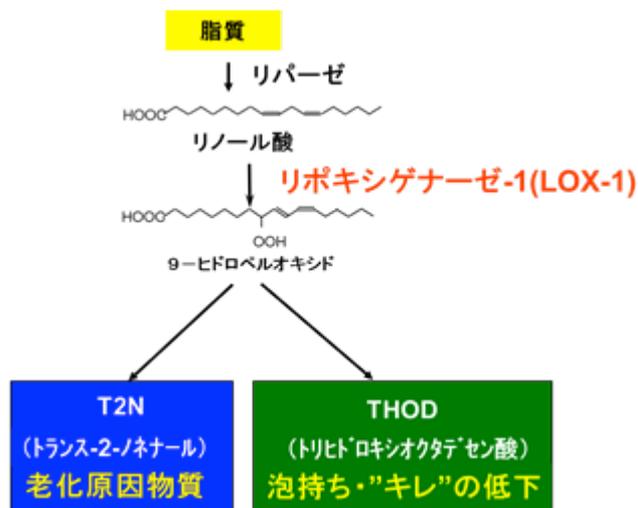
TEL 0276-56-1456

9. 用語説明：

LOX レス形質： ビールは様々な要因で保存中にその品質が劣化し、美味しさが損なわれることがあります。これがビールの老化と呼ばれる現象で、この老化の主な原因の一つがビール中に存在するリポキシゲナーゼ-1(LOX-1)による脂質の酸化です。この酵素により、ビール中の脂質から老化の主な原因物質であるトランス-2-ノネナール(T2N) が生成されます。LOX レス形質とはこの LOX-1

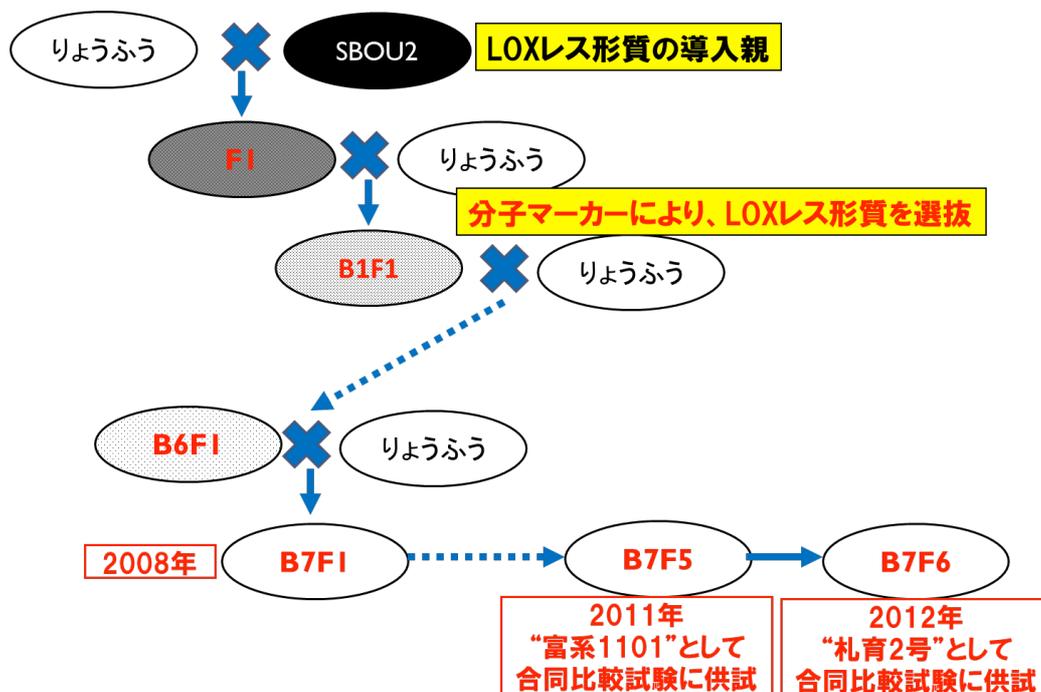
を持たない特性のことで、老化の主な原因である脂質の酸化が抑えられるため、ビールの老化低減（ビールの新鮮なおいしさが長持ちする効果）が期待できます。

また、この酵素は泡持ちやビールの”キレ”の低下の原因物質の一つであるトリヒドロキシオクタデセン酸(THOD)の生成にも関与しているため、LOX レス化することにより、ビールの泡持ちと”キレ”の改善も同時に期待できます。



泡持ち：ビールを注いだ時にできる泡は、ビールのおいしさを視覚的に演出するだけでなく、香りを逃がさないための蓋として機能し、ビールのおいしさを保つ上で重要な役割を果たしています。泡持ちとは、泡の持続性の事で、泡が消失するまでの時間が長いほど良いと評価されます。泡持ちの程度は様々な要因が関与する複雑な特性ですが、前述したように、LOX レス化することにより、泡持ちを低下させる原因物質の一つである THOD を低減することができるため、泡持ち改善の実証を進めています。

連続戻し交配法：ある優良品種に特定の優れた形質を導入しようとする場合に用いる方法。通常、特定の形質をもつ系統に優良品種を交配し、その交配後代(F1)再び優良品種を交配します。これを戻し交配といいます。さらにその後代について優良品種の交配を繰り返すことを連続戻し交配といいます。「札幌2号」は下図のように LOX レス形質をもつ系統に、北海道で栽培されている優良品種「りょうふう」を 7 回戻し交配をして育成された品種です。育成中、各世代で分子マーカーによる LOX レス形質の選抜を行っています。



ビール大麦育成系統合同比較試験：ビール大麦品種には、栽培特性および製麦・醸造上の品質が優れたものが要求されます。そのため、新品種の選定にあたっては、国および道府県各農業試験場、全国農業協同組合・各県生産指導団体ならびに、ビール酒造組合・各ビール会社等の関係機関が互いに協力して、産・官一体となってビール大麦の育種を進めています。

可溶性窒素：麦汁中に溶け込んでいる窒素の量で、最終的なビール品質に影響する重要な特性です。

エキス：麦芽から得られる可溶性抽出物の量で、ビールの製造量・コストに直接影響する重要な項目です。

酵素力：麦芽中の澱粉と同時に副原料(コメ、コーンなど)の澱粉を糖に分解する能力です。主に β アミラーゼ活性を示します。

1. 話題

ビールのおいしさは原料の研究から

— 苦味成分含量の高いホップを選抜する分子選抜技術の開発 —

2. 学会講演タイトル

ホップの高密度連鎖地図の構築と苦味含量に関する QTL 解析

3. 発表者

上本 允大, 須田 成志, 大串 憲祐 (サッポロビール (株) バイオ研究開発部)

4. 発表概要

ホップは5m程の高さまで成長する非常に大きな植物であるため、栽培に必要な面積や労力が大きく効率的な育種が難しい植物です。また、ホップはアサ科の多年生植物で、成熟した植物体になるまでに約3年の栽培期間を必要とします。効率的なホップの品種開発のためには迅速な形質の判別が必要となり、世界的に分子選抜技術の開発が積極的に進められています。ホップはビールに特徴的な苦味をもたらす重要な作物ですので、醸造品質や苦味成分に着目した育種技術の開発を進めなければなりません。ビールの苦味はホップに含まれる α 酸という物質から生成されます。過去にもサッポロビールにて α 酸含量に関する分子選抜技術は開発されていましたが、近年さらに α 酸の高いホップ品種が海外のホップ研究機関にて育種されています。

そこで、我々はより予測精度の高い α 酸の分子選抜技術を開発することにより、さらに α 酸含量が高いホップ品種の開発を目標にしました。分子選抜技術の開発には、分子マーカーが必要であり、その数と密度が開発された技術の予測精度に大きく影響します。つまり、開発に利用する分子マーカーの数を増やすことで、分子選抜技術の予測精度を上げることが出来ます。本研究では次世代シーケンサーを用いて全ゲノムにわたり網羅的に多数の分子マーカーを作出できる技術であるGBSを利用しました。GBSマーカーを用いて、 α 酸含量とマーカータイプの相関解析(QTL解析)を行ったところ、3つのマーカーが予測精度の高いマーカーとして選抜されました。これらのマーカーの効果を約90品種のホップを用いて検証したところいずれにおいても α 酸を高める効果があることが確認できました。

本技術は、次世代シーケンサーを用いて作成するGBSマーカーがホップでも利用でき、有用なQTLを得ることが出来ることを示した世界で初めての例であり、今後、本研究成果を育種に展開していく計画です。

5. 発表内容

ホップは大麦と並びビール醸造には欠かせない植物で、ビールに特徴的な苦味を与えます。そのため、苦味含量や醸造品質に着目した育種技術の開発が必要です(添付資料①)。また、ホップは多年生植物であり正確な形質評価が出来るまで約3年間を必要としますので、迅速に形質を判断するため、分子選抜技術が積極的に開発されています。分子選抜技術を利用することで実際の形質を評価せずに選抜することが出来ます(添付資料②)。これまでには AFLP マーカーや RFLP マーカーを用いたホップの QTL 解析が報告されています。本研究ではさらに予測精度の高い苦味含量に関する分子選抜技術の開発を進めるため、DArT 社 (Diversity Arrays Technology) が提供する GBS マーカーを用いて高密度連鎖地図を構築し、QTL 解析を実施しました(添付資料③)。

連鎖地図作成の結果、雌雄の総連鎖地図では 2956 座が平均座間距離 0.5cM で座乗する総連鎖地図距離 1411cM の高密度連鎖地図を作成することが出来ました。ホップの連鎖地図ではこれまでに報告されているいずれの連鎖地図よりも長距離かつ高密度です。この連鎖地図を用いて α 酸含量に関する QTL 解析を行ったところ、 α 酸含量に強い関連を持つ QTL 領域を 3 つ検出することができました。これらの分子マーカーの複合効果を確認したところ、有意に α 酸含量の向上が確認されました。これらの分子マーカーの効果を検証するため、約 90 品種について GBS マーカーを取得し、遺伝子型と α 酸含量の関連を調査しました。その結果、これらのマーカーはいずれも α 酸含量の向上に効果があることが認められました。

本研究では、ホップにおいても GBS マーカーが利用可能であること、また高密度連鎖地図を用いた α 酸含量に関する QTL 解析により新規の分子選抜技術が開発できることを示しています。本研究により検出された分子マーカーを用いて苦味含量の高いホップ品種の育種に適用されることが期待されます。

6. 発表雑誌

なし

7. 注意事項

なし

8. 問い合わせ先

サッポロビール株式会社バイオ研究開発部北海道原料研究センター

上本 允大

〒071-0551

北海道空知郡上富良野町本町3-5-25

TEL : 0167-45-2040 FAX : 0167-45-5414

9. 用語説明

ホップ：

雌雄異株のアサ科の多年生植物。ビールに苦味と香りを与え、泡持ちの向上やビールの清澄化効果があります。またホップに含まれる α 酸には抗菌作用があり、ビール中の雑菌の繁殖を防ぐ効果もあります。

ビールの苦味：

ビールの苦味のほとんどはホップに含まれる α 酸に由来します。ホップに含まれる α 酸は、ビール醸造中の煮沸工程にてイソ化されイソ α 酸になり、イソ α 酸がビールに特徴的な苦味を呈します。

QTL：

量的形質遺伝子座 (Quantitative trait locus) の略。複数の遺伝子の影響を受けて決定される形質を量的形質とよび、ある形質に対して影響を及ぼす遺伝子座を量的形質遺伝子座と呼びます。

GBS：

Genotype By Sequence の略。特定の配列を切断する制限酵素で処理した後、次世代シーケンサーを用いて配列を読み、分子マーカーとなる変異を検出する方法です。

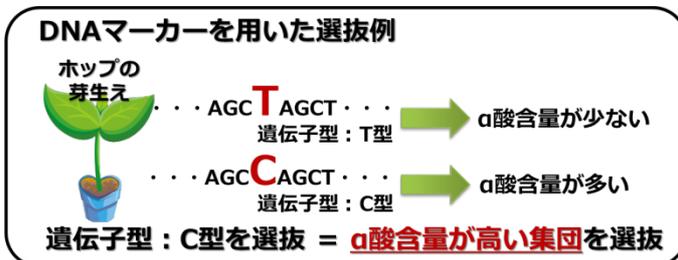
10. 添付資料

①



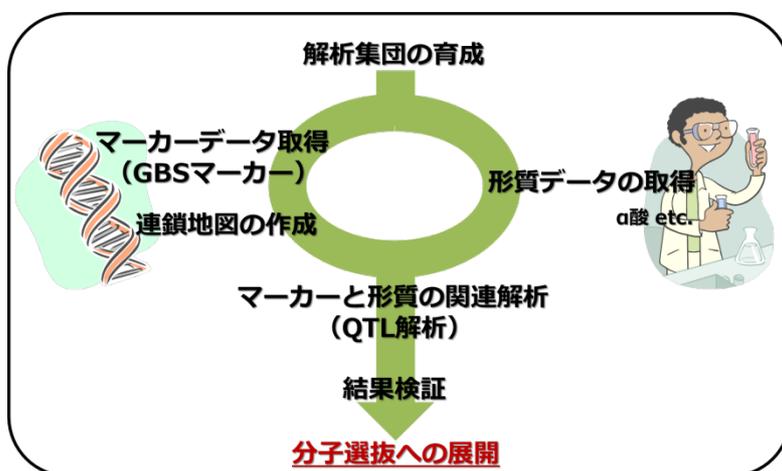
ビールにはホップの苦味が詰まってる
ビールにホップは欠かせない!

②



実際の形質を評価せず選抜する技術

③



マーカー開発の流れ