記者会見のお知らせ

(2019年日本育種学会第135回春季大会における発表課題)

- 1. 発表日時: 平成30年3月11日 (月曜日) 11:00~12:30 (本記者発表に関わる記事解禁は、3月11日の発表後17:00からとさせて頂きます)
- 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 村井 耕治 (福井県立大学・生物資源学部/生物資源学科生物資源学研究科 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。一般社団法人日本育種学会(会員数約2,000名)は、育種に関する研究および育種技術の進歩、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3月16日(土曜日)、17日(日曜日)に千葉大学西千葉キャンパスで行われる日本育種学会2019年春季大会で発表予定のものです。合計214(口頭発表114題、ポスター発表100題)の講演課題の中から選定された4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) 「山田錦」と双璧をなす酒米品種の育成
- (2) 「ふくいオリジナル酒米品種の開発」
- (3) 「コムギを対象とした効率的な全ゲノム配列解析技術の開発」
- (4) 「花粉も卵も作らないキクを開発」

※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:

有村 慎一(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: 03-5841-8158 FAX: 03-5841-5183

E-mail: arimura@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp

1. 話題

コムギを対象とした効率的な全ゲノム配列解析技術の開発

2. 講演タイトル

「効率的な反復配列除去技術の開発とコムギ全ゲノム解析への応用」

3. 発表者 PR v2

市田裕之,阿部知子(理研・仁科センター)

4. 発表概要

コムギは複雑かつ巨大なゲノムを有することが知られています。パンコムギのゲノムサイズはイネゲノムの約 40 倍,ヒトゲノムの約 5 倍と非常に大きいため,研究の基盤となる全ゲノム塩基配列の解析が困難であるという問題がありました。私たちは複雑で巨大なコムギゲノムの約 85%を占める反復配列を選択的に除去することで,タンパク質をコードする遺伝子領域の塩基配列を効率的に解析する新手法を開発しました。これにより,ゲノム解析に必要なコストを従来と比較して約 3 割削減することが可能となりました。本研究で開発した手法はコムギに限らず複雑で大きなゲノムを有する他の農作物種(例:ダイズ,トウモロコシ,トマト等)のゲノム解析にそのまま適用可能であることから,作物を対象としたゲノム育種の実現に向けた基盤技術となることが期待できます。

5. 発表内容

農業生産上重要な多くの作物は、複雑で巨大なゲノム構造を有することが知られており、ゲノム配列を解読することで品種改良を加速する「ゲノム育種」の適用が困難です。コムギは世界人口のおよそ4割が主食とする重要穀物の一つで、世界各地の多様な環境下で生産されており、その栽培面積の合計は全耕地面積のおよそ1/6を占めると言われています。小麦粉などの原料となるパンコムギ(Triticum aestivum L.)は、複雑かつ巨大なゲノムを有する農作物の代表格として広く知られています。パンコムギのゲノムサイズは15.4~15.8 Gb (Gb は10°塩基;ヒトゲノムの約5倍)で、その約85%は意味のない(タンパク質をコードしない)反復配列で占められていると考えられています。近年、我が国を含む世界68カ国・地域からなる国際コンソ

ーシアム(International Wheat Genome Sequencing Consortium; IWGSC)によってコムギ栽培品種の一つである「Chinese Spring」の全ゲノム塩基配列が解読され、我が国からは農研機構や京都大学の研究者らが解析に貢献しました(Science 17 Aug 2018: Vol. 361, Issue 6403, eaar7191)。複雑かつ巨大なゲノムを有するコムギにおいて基準となるリファレンス配列が構築されたことは植物ゲノム科学における金字塔となるであろう一大トピックですが、このリファレンス配列を実際のコムギ品種の育成に活用するためには、研究対象とするコムギ品種や系統の全ゲノム塩基配列を簡便かつ低コストで決定する技術が必要です。前述の通り、パンコムギはヒトと比較して約5倍も大きなゲノムを有するため、近年、普及と低価格化が著しい高速シーケンス技術をもってしても1系統あたり100万円程度の費用がかかり、実際の育種現場でゲノム配列を積極的に利用する上で大きな障害となっています。

私たちは、コムギゲノムの大部分が反復配列で占められているという事実に着目 し、ゲノム内で特にコピー数の多い高度反復配列を除去することができれば、実質的 にコムギのゲノムサイズが小さくなったのと同じ効果が得られると考えました。そこ で、二本鎖特異的ヌクレアーゼ(Duplex-specific nuclease; DSN)と呼ばれる DNA 分解酵素の一種を用いてゲノム上に散在する反復配列を効果的に除去する手法を開発 することで、コムギに代表される巨大で複雑なゲノム構造を有する生物種においても 実用的な全ゲノム解析技術を開発することを目標に研究を進めました。DSN酵素を用 いて反復配列を分解する手法は以前から知られていますが、高速シーケンスに利用す る DNA ライブラリに DSN 酵素を作用させると反復配列に加えてシーケンス解析に必須 の配列(アダプター)まで分解されてしまい,条件設定が困難で広く利用されている とは言えない状況でした。私たちは DSN 酵素が<u>二本鎖</u>の核酸(DNA および RNA)を特 異的に分解することに注目し、DSN 酵素を作用させる際の処理温度である 65~68℃で 二本鎖を形成しない(二本鎖が解離して<u>一本鎖</u>の状態で存在する)アダプターを新た に設計・試作し、DSN 酵素がシーケンス解析に必須のアダプター配列を分解してしま う問題を解決可能か調査しました。複雑なゲノム構造を有する作物種のモデルとして 二倍体コムギ (ヒトツブコムギ T. monococcum; 推定ゲノムサイズ約 5.6 Gb),四 倍体コムギ (デュラムコムギ T. durum; 約 11.2 Gb), 六倍体コムギ (パンコムギ; 約 15.6 Gb),およびモデル作物として 2005 年に全ゲノム塩基配列が解読され,比 較的小さなゲノムを有するイネ(水稲;ゲノムサイズ約0.4 Gb)から抽出したゲノ ム DNA を用いて本研究で新たに考案したアダプターを用いてシーケンス用 DNA ライブ ラリを調製しました。これらのライブラリに実際に DSN 酵素を作用させ,多くの真核

生物ゲノムに普遍的に存在する高度反復配列の一つであるリボソーム遺伝子(rDNA)のコピー数を DSN 酵素処理を行う前後で比較しました。その結果、供試したいずれの種においても DSN 酵素処理によって rDNA のコピー数が処理前と比較して約 1/50~1/100 に減少しており、本研究で新たに考案したアダプターと DSN 処理の組み合わせを用いることで、ゲノムに散在する反復配列を除去可能であることを明らかにしました。

次に、実際のコムギ品種の高速シーケンス解析への応用について検討しました。本 研究で考案したアダプターを用いて二倍体コムギ系統(KU104-1)のシーケンス用 DNA ライブラリを構築し、高速シーケンサーを用いて DSN 酵素処理前後のサンプルの DNA 配列を大量に取得することで、先の解析でコピー数の比較に用いた rDNA 以外の 反復配列の削減率を調査すると同時に、本当に遺伝子領域に由来する DNA 配列の存在 比が増加するのか検証しました。その結果、コムギゲノムの中でも特にコピー数が多 いレトロトランスポゾン(Ty1-Copia および Ty3-Gypsy)の領域に由来するリードが 33.4~61.6%減少したのに加えて,これらと比べて約 1/10~1/35 のコピー数である DNA 型トランスポゾンや単純反復配列にに由来するリードも 9.0~17.1%減少しまし た。一方、相対的にゲノム中でのコピー数が少ない遺伝子領域や遺伝子領域内でタン パク質をコードするコーディング領域に由来するリードが 51.8~52.2%増加しまし た。すなわち、本研究で開発した手法をコムギゲノムに適用することで実質的にコム ギのゲノムサイズを約2/3に縮小するのと同等の効果があり、ゲノム解析に必要なコ ストを従来と比較して約3割削減することが可能となりました。本研究で開発した手 法はコムギに限らず、他の動植物にもそのまま適用することが可能です。これによ り、比較的ゲノムサイズが大きな生物種においてもゲノム配列解析が低コストで実現 可能となることで、ゲノム解析を応用した品種改良が更に発展することを期待してい ます。また、私たち自身の研究においては本技術を用いて重イオンビーム照射によっ て誘発されたコムギ変異体の全ゲノム解析に応用し、変異体における原因遺伝子の単 離や重イオンビーム照射によって誘発される変異のゲノムレベルでの特徴を明らかに したいと考えています。

6. 発表雑誌

Plant Science, Volume 280, March 2019, Pages 455-460 Hiroyuki Ichida and Tomoko Abe "An improved and robust method to efficiently deplete repetitive elements from complex plant genomes"

https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2018.10.021

7. 注意事項

本研究の一部は、内閣府戦略的イノベーション創造プログラム(SIP)「次世代農林水産業創造技術」(管理法人:農研機構 生物系特定産業技術研究支援センター)によって実施されました。

8. 問い合わせ先

阿部知子

国立研究開発法人理化学研究所 仁科加速器科学研究センター 生物照射チーム Tel: 048-467-9527, Fax: 048-462-4674, E-mail: ionbeam-contact@ml.riken.jp

9. 用語解説

● DNA ライブラリ

細胞から抽出した DNA 断片の集合体。極めて多数の DNA 断片を集積することで、確率的にほぼ全てのゲノム配列が含まれる。ゲノム配列を決定する場合、細胞から抽出したゲノム DNA を超音波処理などにより適当な長さに断片化した後、末端部分に配列決定に必要な DNA 配列を付加したライブラリを構築する。

● 高速シーケンス解析

いわゆる「次世代型」の塩基配列決定技術の総称。異なる原理に基づく数種類の機種が市販されており、いずれも短時間で大量の塩基配列を決定することができるのが特徴。従来法では一度に1種類のDNA配列を端部から一つずつ決定していたのに対し、次世代型では極めて多数のDNA配列を同時並列的に読み取ることで、短時間で大量の塩基配列を産生する。

● 重イオンビーム

原子から電子をはぎ取ることでプラスに帯電した陽イオンを,重イオン加速器と呼ばれる大型の装置で加速したもの。個々の粒子が高いエネルギーを持つため DNA 二本鎖

切断を誘発することが知られており, 我が国独自の効率的な物理的変異原として植物 や微生物の品種改良に広く用いられている。

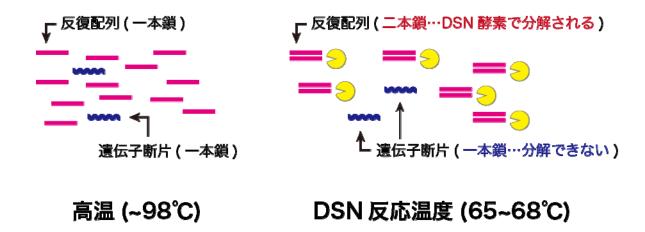


図 二本鎖特異的ヌクレアーゼ(DSN)による反復配列の分解

DNA は通常二本鎖の状態で存在するが、高温下では二本鎖が解離して一本鎖の状態になる。DSN 酵素の反応温度である 65~68℃まで徐々に温度を下げていくと、反復配列のようにコピー数の多い領域は相補鎖と容易に対合して二本鎖に戻るのに対し、遺伝子領域などコピー数が少ない領域は自己と相補的な配列と出会うことが困難で、一本鎖のままで存在する。この状態で DSN 酵素を作用させると、二本鎖を形成した反復配列部分を選択的に分解することができる。

表 DSN 処理による反復配列および遺伝子領域に由来するリード数の増減

配列の種別	ゲノム中の 存在量 (×10 ⁶ bp)	リード数(×10 ⁶)		増減
		処理前	処理後	·百 <i>卯</i> 以
レトロトランスポゾン (Ty1-Copia)	805. 09	51. 91	19. 91	- 61.6 %
レトロトランスポゾン (Ty3-Gypsy)	1, 377. 05	81. 40	54. 18	- 33.4 %
DNA 型トランスポゾン 単純反復配列	219. 68	21.70	81. 79	- 13.4 %
遺伝子領域	116. 49	9. 27	14. 08	+ 51.8 %

1. 話題

花粉も卵も作らないキクを開発

2. 講演タイトル

TALENs を用いた CmDMC1 遺伝子(群)の同時ノックアウトによる雄性・雌性不稔ギクの創出 発表者

篠山治恵¹、市川裕章²、横井(西澤)彩子^{2,3}、Mikhail Skaptsov⁴、土岐精一^{2,5,6}
(1. 福井農試、2. 農研機構・生物機能部門、3. JST・さきがけ、4. アルタイ国大、5. 横浜市大・ナノシステム研、6. 横浜市大・木原生研)

4. 発表概要

本研究発表では、ゲノム編集技術を用いて作出した雄性・雌性不稔キクについて報告します。 雄性・雌性不稔キクとは、雄性細胞(花粉)も雌性細胞(卵)も受精能力がなく、子孫を残せない キクを指します。なぜこうしたキクが必要になったのか、その鍵は遺伝子組換えキクの実用化に 関係します。キクの栽培では、商品としての価値を上げるために多量の農薬が散布されます。梅 雨明けから害虫や病気の発生が多くなるので、毎週のように散布をされる生産者の方が少なくあ りません。高齢化も進む中、その体力的・金銭的負担は、言葉に尽くせないほどです。こうした現 状を踏まえ、福井県農業試験場と農研機構は遺伝子組換え技術を用いて、害虫(ガの幼虫)と 病気(糸状菌・細菌病)に強いキクを開発しました。このキクの栽培では、農薬量を 1/3 まで減ら すことができます。でも、私達が育成した病虫害抵抗性の遺伝子組換えキクは他のキクと交雑す る性質をもち、害虫や病気に強い遺伝子が、交雑によって無秩序に自然界に拡散してしまう可 能性があります(図 1)。 実際に、墓地等に献花された栽培ギクの花粉が、昆虫によって野生ギク に運ばれ、交雑してできた雑種が群落を形成し、生育旺盛な雑種に圧倒された野生ギクが絶滅 の危機に瀕している地域もあります。生物多様性保護の観点から、このような事態は避けなけれ ばなりません。そこで、私達はゲノム編集という技術を使い、花粉がなく、卵の受精能力もない雄 性・雌性不稔キクを作出しました(図2、3および4)。雄性・雌性不稔のキクは栽培しても野生ギク と交雑し得ないことから、野生ギクの保護につながります。すなわち、本手法は有用遺伝子組換 え植物の遺伝子拡散を防止する有効な手法になると考えられます。

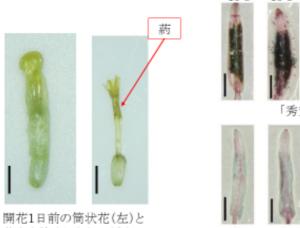
5. 発表内容

ゲノム編集と呼ばれる手法で雄性(花粉)および雌性(卵)不稔のキクを作るにあたり、ノックアウトの標的にしたのは、減数分裂期特異的相同組換え酵素遺伝子(*DMCI*)というものです。花粉や卵の元になる細胞は減数分裂を経て成熟し、受精能力のある花粉や卵へと発達します。この *DMCI* 遺伝子は減数分裂期に起こる相同組換えを制御する *DMCI* をコードします。 *DMCI* が正常に働かないと、成熟した花粉や卵ができない=不稔になります。 六倍体である栽培ギクには、6種類の *DMCI* 遺伝子が見つかりました。 本来なら、6種類それぞれの配列に合わせたゲノ

ム編集 ¹⁾のためのツールを用意しなければなりませんが、この 6 種類の遺伝子は塩基配列が全体的によく似ており、しかも 100 塩基に及ぶ配列が完全に一致する領域が 1 か所だけ見つかりました。ここを遺伝子ノックアウトの標的に選び、ゲノム編集ツール ²⁾を作成しました。作成したゲノム編集ツールをアグロバクテリウム ³⁾という細菌の力を借りて 2 品種の栽培ギクの細胞に導入し、キク染色体上の *CmDMC1* 遺伝子のノックアウトを試みました。その結果、全 6 種類の遺伝子の標的配列が改変された 7 系統の植物が得られました。これらの系統は、10~30°C のキク生育温度帯では全く花粉が作れません(図 2)。雌性細胞(卵)も成熟していないことが染色試験で明らかになりました(図 3)。さらに、この胚珠(めしべ)に交雑可能な野生種の花粉を人工授粉しても、交雑種子は全く得られませんでした。以上の結果から、6 種類の *CmDMC1* 遺伝子の全てをノックアウトすれば、雄性・雌性不稔性のキクを作ることが可能と分かりました。育成されたゲノム編集系統の外観は、元の植物と同等です(図 4)。ゲノム編集技術の活用により、これまでに作出した病虫害抵抗性遺伝子組換えキクの実用化に一歩近づいたと期待しております。



図1. 野生ギクとの交雑の問題



開花1日前の筒状花(左)と 花弁を除去したもの(右)。 5本のおしべの先端にある 葯は筒状にめしべを囲む。 スケールバー=1 mm

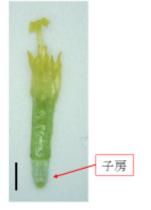
ゲノム編集系統(SH#12)

 $25^{\circ}\mathrm{C}$

開花1日前の葯を染色したもの。 野生型には成熟花粉粒(赤色)と未熟花粉粒(青色) が混在するが、ゲノム編集系統では、花粉粒そのも のが存在しない。

スケールバー=0.2 mm

図2. 各温度下における葯の花粉生産



開花3日後の筒状花 スケールバー=1 mm



秀芳の力(野生型)



ゲノム編集系統(SH#12)

開花3日後の子房を染色したもの。 野生型は成熟した子房(赤色)が観察されたが、 ゲノム編集系統の子房は未成熟(青色)だった。 スケールバー=0.2 mm

図3. 20℃下における子房の成熟度





秀芳の力(野生型)

ゲノム編集系統(SH#12)

図4. 野生型とゲノム編集系統の生育の違い 秀芳のカ(野生型)とゲノム編集系統(SH#12)の外観はよく似ている。 スケールバー=5 cm

- 発表雑誌 投稿中
- 7. 注意事項 原著論文投稿中につき、図表の使用を希望される方は発表者に御相談ください。
- 8. 問い合わせ先 篠山治恵 福井県農業試験場 Tel:0776-54-5100、Fax:0776-54-5106

9. 用語解説

1)ゲノム編集

遺伝子は「生物の設計図」ともいわれ、形や色など、生物の特徴を司っています。ある生物を構成する遺伝子のセット(集まり)をゲノムと呼びます。ゲノム編集技術は、ゲノム上に存在する特定の遺伝子の塩基配列を書き換える技術です。個々の遺伝子はそれぞれ特徴的な配列を持っています。ある遺伝子が何らかの要因で切断を受けた際、繋ぎ合わせによって修復されますが、その過程でエラーが起こり、元の塩基配列とは異なる並びになる場合があります。これが突然変異となって固定されると、遺伝子が正常に機能しなくなります。ゲノム編集は、標的とする特定の遺伝子に意図的かつ効率的に突然変異を導入する技術です。

2) ゲノム編集ツール(図 5)

ゲノム編集のツールは主に 3 種類ありますが、今回は TALEN というツールを用いました。 TALEN は、この特異的配列を識別して結合するパーツ(特定 DNA 認識シール)と切断するパーツ(DNA 切断ばさみ)からなります。最初に識別・結合パーツが標的遺伝子(二本の DNA 鎖で構成)の2か所の特定配列に張り付きます。それらにはさまれた短い二本鎖 DNA 領域は、各鎖ごとにはさみで切断されます。切断を受けた DNA 鎖は修復を受けますが、その修復のされ方に応じて切断部位に塩基の欠失や挿入が生じ、変異が誘発されます。変異が固定された細胞が増殖を続けると、突然変異体を獲得することができます。

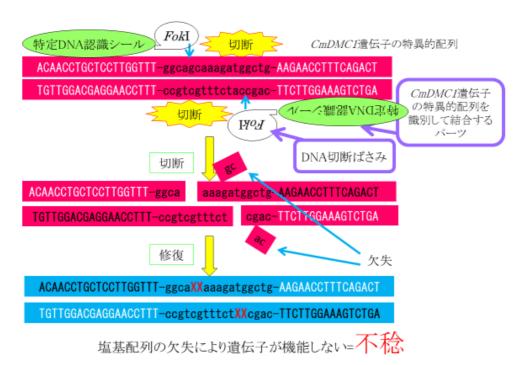


図5. ゲノム編集技術の概要

3)アグロバクテリウム

アグロバクテリウム属の Agrobacterium tumefaciens は、バラ科等の植物に根頭癌腫病を引き起こす土壌細菌です。この病気は、アグロバクテリウムが持つ腫瘍誘発プラスミド (Ti plasmid) 上の一群の遺伝子 (T-DNA) が、植物の染色体に組み込まれ、発現することで起こります。このT-DNA の腫瘍形成などに関わる遺伝子領域を有用遺伝子に置き換えて植物に組み込む手法は、植物の遺伝子組換え技術を飛躍的に発展させました。

1. 話題:

「山田錦」と双璧をなす酒米品種の育成

2. 学会講演タイトル:

酒造好適米「百田」の育成と主要特性

3. 発表者:

高橋竜一¹、柴田智¹、大野剛²、児玉雅²、加藤和直¹、川本朋彦¹ (1. 秋田県農業試験場、2. 秋田県醸造試験場)

4. 発表概要:

秋田県は酒米の生産量が全国第5位であり、全国で酒米の生産地としても知られています。一方、酒米として最高評価を受け、全国で最も使用されている「山田錦」は県内の蔵元でも多く使用されていますが、気象条件等の理由で県内では栽培できないため、すべて県外で生産された玄米を購入しています。また、最近は日本酒の消費量は減少傾向にありますが、吟醸酒や純米酒といった特定名称酒の消費量は増加傾向にあり、海外での日本食ブームによって輸出量も増加しています。そのため、県内の酒蔵では付加価値の高い特定名称酒の製造に力を入れているところが多くあります。近年、地酒は地元で生産された原料米を使用する風潮が高まっていることから、秋田県内で生産可能で、「山田錦」と同等の評価が得られる酒米の品種開発が強く求められていました。そこで私たちは、「山田錦」に替わって秋田県産のフラッグシップ酒の原料米として使用できる新品種「百田(ひゃくでん)」を育成しました。今回の発表では、「百田」の育成経過と品種の特徴についてご紹介します。

5. 発表内容:

「百田」は「秋系酒 718」を母、「美郷錦」を父として、秋田県農業試験場において 2010年に交配し、その後代から選抜しました。系譜をさかのぼると、「秋系酒 718」は「山田錦」を母、「夢の香」を父に交配した系統、「美郷錦」は「山田錦」を母、「美山錦」を父に交配した品種ですので、両親の母が「山田錦」ということになります。2014年の F4世代からは特性検定試験(耐冷性、葉いもち・穂いもち病耐性)を行うとともに、秋田県醸造試験場において原料米分析を行いました。2015年の F5世代からは生産力検定試験(収量、玄米外観品質等)を行いました。2015年に白米 1kg スケールの仕込み試験、2016年に白米 40kg スケールの仕込み試験を秋田県醸造試験場において行い、製成酒の評価をしました。2017年の F7世代で「秋田酒 121号」の地方番号を付しました。

「百田」は秋田県では「美山錦」と比較して出穂期が2日程度、成熟期が1日程度遅いです。草姿は「美山錦」と比較して稈長、穂長は短く、穂数は多い特徴を示しています。収量性は「美山錦」より重い27g程度で、玄

米外観品質は優れ、心白発現率は高く、玄米粗タンパク質含有率が低いため、酒造適性が高いと考えられました。

秋田県醸造試験場において仕込み試験を行ったところ、製成酒は雑味がなく、後味にふくらみのある味になり、「山田錦」と同等の高い評価を得ました(図1参照)。2017年に1 酒蔵で行った試験醸造でも高評価が得られたため、2018年は7酒蔵に広げて試験醸造を行っています。

なお「百田」の名前は、たくさんの田んぼが広がっている様子をイメージしてつけられました。秋田県の酒米の産地の情景を思い浮かべながら「百田」で造ったお酒を楽しんでいただければ、と考えております。

6. 発表雑誌:

特になし

7. 注意事項:

- ・品種登録出願 2018年6月、出願公表 2018年10月、出願番号 第33154号
- ・「百田」の一般作付けは2021年を予定しています。

8. 問合わせ先:

秋田県農業試験場 作物部 水稲育種担当

高橋 竜一

〒010-1231 秋田県秋田市雄和相川字源八沢34-1

TEL: 018-881-3338 FAX: 018-881-3304

E-mail: takahashi-ryuichi@pref.akita.lg.jp

9. 用語説明:

- ・仕込み試験;小規模で清酒を造る試験。白米 1kg スケールの小仕込み試験は酒母なし3 段仕込みで簡易的に行い、白米 40kg スケールの仕込み試験は酒母あり3段仕込みで現 場に準じた方法で行った。
- ・稈長;根元から穂首(穂のつけ根)までの長さ。稈長が長いと倒伏のリスクが高まる。
- ・千粒重;玄米 1000 粒の重さ。
- ・心白発現率;全粒数のうち、心白がある粒数の割合。

10. 添付資料:

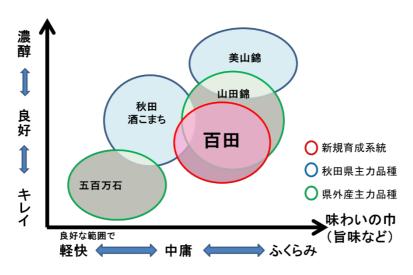


図1 製成酒の味のイメージ (醸造試験場作成)

1. 話題

ふくいオリジナル酒米品種の開発

2. 学会講演タイトル

405:酒造好適米新品種「さかほまれ」の育成

3. 発表者

中岡史裕¹、小林麻子¹、林猛¹、吉永朱里²、奥田将生³、町田芳惠¹、 両角悠作¹、田野井真¹、酒井究¹、渡辺和夫¹、冨田桂¹

(1福井県農業試験場、2福井県食品加工研究所、3独立行政法人酒類総合研究所)

4. 発表概要

福井県内で日本酒全体の生産量は減少傾向にありますが、高級酒である大吟醸酒は増加傾向にあります。県内で生産量が多い酒米は「五百万石」ですが、50%以上精米する大吟醸酒にはほとんど使われていません。大吟醸酒用米として広く使われている「山田錦」は福井では倒伏、脱粒、穂発芽などの問題があり適しておらず、大部分を県外からの購入に頼っています。一方で、福井県酒造組合は水、酵母、米の全てを福井県産にこだわった高級地酒でブランドカの向上を目指しています。

このような情勢から、福井県農業試験場では、福井県酒造組合、食品加工研究所、酒類総合研究所、神戸大学などの協力の下、2010年から福井県オリジナルの大吟醸酒用米の開発に取り組んできました。その結果、栽培特性と酒造特性に優れる1系統を選抜し、2018年11月に「さかほまれ」と命名しました。今回の発表では、「さかほまれ」の育成経過と品種の特徴についてご紹介します。

5. 発表内容

福井県農業試験場において、2010年に醸造適性の高い「山田錦」を母とし、栽培特性の優れる「越の雫」を父として人工交配を行いました。2015年より収量試

験を継続して行ってきました。

「さかほまれ」の福井県における成熟期は「山田錦」より2日早いです。耐倒 伏性、脱粒性、穂発芽性は山田錦より改善されています。

「さかほまれ」の玄米千粒重は「山田錦」よりやや小さいですが、心白発現率は10%程度高く、玄米タンパク質含有率は低いです。70%精米時の砕米率および50%精米時の浸漬割れ率は「山田錦」よりやや高いですが、35%精米が可能です。さらに、吸水性、消化性も「山田錦」と同等以上であることから、大吟醸酒に適しています。

「さかほまれ」の普及により、オールふくいの大吟醸酒(水、酵母、米の全てが福井県産)の開発が可能となり、福井県の日本酒の知名度向上やブランドカ向上が図られ、経済効果が期待できます。

6. 発表雑誌

投稿準備中

7. 注意事項

本研究は文部科学省特別電源所在地科学技術振興事業を活用して実施されました。

8. 間い合わせ先

福井県農業試験場・福井米研究部育種研究グループ 中岡史裕

〒918-8215 福井県福井市寮町辺操 52-21

TEL: 0776-54-5100 FAX: 0776-54-5106

E-mail: fumihiro_nakaoka@fklab.fukui.fukui.jp

9. 用語説明

①脱粒性:成熟すると籾が穂から離脱する性質。脱粒しやすいと収穫の際に脱粒 し、収量ロスにつながる。

②穂発芽性:収穫前に降雨や倒伏で吸水し、発芽する性質。穂発芽すると品質が

下がる。

- ③砕米率:精米時に割れた米粒の割合。砕米が多いと吸水ムラができてしまい扱いにくい。
- ④浸漬割れ率: 白米を水に浸漬した時の割れた米粒の割合。割れた米粒が多いと、 吸水ムラができてしまい扱いにくい。
- ⑤消化性: 醸造時における蒸米の、デンプンから糖への変わりやすさ。低い場合、 アルコールの生成量が少なく、酒粕が多くなってしまう。