

## 甲州ゲノムプロジェクトによる甲州種ワイン高品質化戦略

山梨大学大学院医学工学総合研究部附属ワイン科学研究センター・准教授 鈴木 俊二

\*\*\*\*\*

### ■ 目的

‘甲州’はわが国で商業栽培されている唯一の在来ブドウ品種で、大陸から伝来した東洋系 *Vitis vinifera* (醸造用ブドウ) であり、世界的なブームである和食に合うワインとして認知され始めた甲州種ワインの原料である。甲州種ワインの品質向上に向けた課題として、‘甲州’の明確な成分指標を示す必要がある。本研究では、‘甲州’ドラフトゲノムを解読し、その情報から‘甲州’の遺伝的特徴、生理的特徴、並びに成分代謝的特徴を顕在化し、甲州種ワインの高品質化戦略のための基盤形成につながるゲノム情報を顕在化することを目指す。

### ■ 方法

‘甲州’ゲノム DNA からペアエンドライブラリーを作製し、HiSeq2000 シーケンサーに供試した。解読された解析リードを ALLPATHS-LG アセンブルソフトに供試し、‘甲州’ドラフトゲノムを構築した。‘ピノ・ノアール’全ゲノム配列 (RefSeq ID: PRJNA33471) と本研究で構築した‘甲州’ドラフトゲノムとの比較ゲノム解析を実施した。‘甲州’ドラフトゲノム上の遺伝子領域を予測し、アノテーションを付与した後、‘ピノ・ノアール’と‘甲州’間で CDS (coding sequence) 比較を行い、‘甲州’の特性を示すタンパク質およびそれをコードする遺伝子コピー数を抽出した。

### ■ 結果および考察

‘甲州’ドラフトゲノムの総塩基長は 499Mb であり、CDS は 23,877 個であった。一方、‘ピノ・ノアール’のゲノムサイズは 486Mb であり、CDS は 30,434 個であったため、今回解読した‘甲州’ドラフトゲノムは比較ゲノム解析に用いるのに十分なアセンブル精度を示していると判断した。‘甲州’解析リードを対象ゲノム配列にマッピングする BWA-SAMtools 法を用いた場合、‘ピノ・ノアール’全ゲノムにおけるカバー率は 94.32% であったのに対し、‘甲州’コンティグ配列を‘ピノ・ノアール’全ゲノムにマッピングする MUMmer 法では 22.42% しかカバーされなかった。この結果より、‘ピノ・ノアール’全ゲノムと‘甲州’ドラフトゲノム間には塩基配列的に高い類似性が存在するものの、ゲノム構造的な類似性は低いことが示された。‘甲州’では、脂肪酸やビタミン B6 代謝系、ブラシノステロイド合成系に関与する遺伝子数が多く、糖、ピルビン酸、テルペノイド、アミノ酸代謝系に関与する遺伝子数が‘ピノ・ノアール’に比べ少なかった。特に、アミノ酸代謝系ではその傾向が著しく、‘ピノ・ノアール’に比べ‘甲州’はほぼすべてのアミノ酸代謝系において遺伝子数が少なかったことは非常に興味深い。

### ■ 結語

甲州種ワインの品質が向上すれば、ワインの消費拡大とそれに伴う‘甲州’の栽培増加が見込まれ、日本のブドウ栽培とワイン醸造の双方を活性化することが期待される。ワインは日本の酒類の選択肢の一つとして定着したと言えるが、国産ワインの原料の多くは濃縮果汁などの輸入原料に頼っており、原料ブドウから国内で生産されている純国産ワインは一割にも満たない状況である。このような状況の下、‘甲州’はわが国の白ワイン用原料として重要な位置づけにあり、海外輸出が始まった甲州種ワインの品質向上は重要課題である。本研究で示したように、‘甲州’ゲノム解析から得られるゲノム情報は‘甲州’の味および香りの向上に貢献するものであると確信する。