

世界で初めて日本酒、ワインから原料品種を判別する技術を開発

研究成果のポイント

(独)農業・食品産業技術総合研究機構 食品総合研究所では、同 果樹研究所の協力を得て、日本酒、ワインのDNAを分析して、原料となった米、ブドウの品種を判別する技術を開発した。

農産物の品種判別技術としては、品種ごとのDNA塩基配列の違いを利用する方法が一般的であるが、原料DNAの抽出が難しい加工品への適用は、難易度が高い。日本酒も、加工度が高い食品の一つで、発酵中のDNAの分解や、麹菌等のDNA混在のため、これまでは原料米の品種を判別することができなかった。

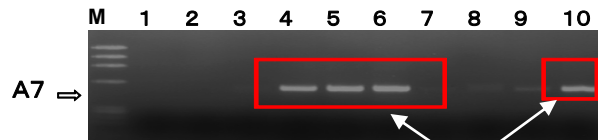
このたび、日本酒から原料米由来のDNAのみを抽出、増幅する手法を開発し、DNAにより原料米品種を判別する技術を確立した。なお、この技術は、ワインから原料ブドウ品種を判別する手法としても応用可能である。

本成果は、農林水産省の委託プロジェクト研究「安全で信頼性、機能性が高い食品・農産物供給のための評価・管理技術の開発」により得られたものである。

醸造酒の原料米判別が難しい理由

- ・発酵中にDNAが分解される
- ・酵母や麹菌のDNAの混在
- ・ポリフェノール等、阻害物質の存在

判別用プライマーの開発と米由来の識別バンドであることの確認



塩基配列の一致を確認

1: 麹菌 2: 酵母

3: 山田錦(米) 4: 五百万石(米) 5: 雄町(米) 6: 美山錦(米)

7: 市販の酒 A 8: 市販の酒 B 9: 市販の酒 C 10: 市販の酒 D

麹菌、酵母菌ではDNAが増えず、酒米では増幅に品種間差があり、酒由来のDNAでも増えるプライマーを開発

DNA抽出法の改良

日本酒(ワイン)

凍結乾燥

トリス緩衝液で抽出

耐熱性α-アミラーゼ

プロテアーゼK、SDS

70%エタノールで抽出

・イソプロパノール及び酢酸ナトリウムで粗DNAを沈殿

除・蛋白質

エタノール沈殿・洗浄

PCR用鑄型DNA

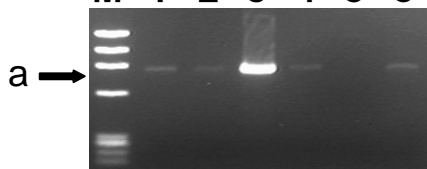
PCRによる酒造好適米の判別結果

試料米	プライマー		
	A7	B43	NG4
麹菌	-	-	-
酵母	-	-	-
山田錦	-	+	-
五百万石	+	-	-
雄町	+	+	-
美山錦	+	-	+

ワイン識別用DNAマーカの開発

ブドウの葉から抽出したDNA

M 1 2 3 4 5 6

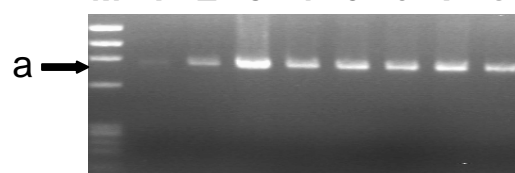


1: カベルネソーヴィニオン、2: カベルネフラン、
3: シャルドネ 4: メルロー、5: リースリング、
6: 甲州

aは開発したシャルドネ用のDNAマーカー

ワインから抽出したDNA

M 1 2 3 4 5 6 7 8



市販ワイン(8種類のシャルドネ)由来DNAの増幅

期待される効果、今後の展開

今後は、醸造分野の専門機関とともに、本技術の実用化に向けて、更に研究を進めていく予定。本成果は、食品表示の信頼性確保や、最近輸入が増えつつある日本酒の原料米品種判別による育成者権の保護等に貢献することが期待される。

イネの遺伝子数は約32,000と推定、うち、29,550の遺伝子の位置を決定し、情報を公開

研究成果のポイント

農業生物資源研究所は、産業技術総合研究所および情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所との3機関を中心とした国際共同プロジェクトRice Annotation Project (通称RAP)で、単子葉植物であるイネのゲノム全塩基配列上に存在する29,550の遺伝子の位置を決定し、これをもとにイネの遺伝子数は約32,000個と推定した。この数は、かつて約50,000個とも予想された数よりも小さく、ゲノムサイズがイネの約3分の1であるシロイヌナズナ(双子葉植物)の26,000~27,000個に比べても極端に大きなものでないことを示している。

また、イネゲノム上の遺伝子のうち28,540がタンパク質をつくる遺伝子である可能性を明らかにするとともに、それらのタンパク質の機能をコンピューターによる情報解析と専門家のデータ精査で推定した結果、19,969(およそ70%)の遺伝子の機能を説明することができた。これらの情報は、データベースとして公開している(<http://rapdb.dna.affrc.go.jp/> および <http://rapdb.lab.nig.ac.jp/>)。

国際共同プロジェクトは、文部科学省科学技術振興調整費の支援をえて実行された。

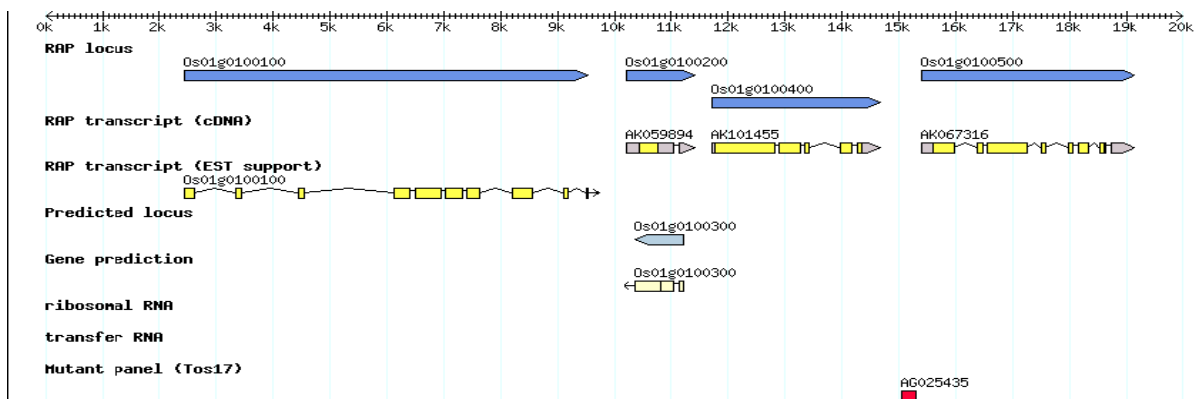


図 公開されているイネゲノム アノテーションの一部

期待される効果、今後の展開

イネのゲノム塩基配列については、2004年12月に全塩基配列の完全解読が終了しているが、ゲノム塩基配列自体は4種類の塩基ATGCの羅列に過ぎない。今後の研究を進めるためには、ゲノム塩基配列上のどこにどのような遺伝子があるかという生物学的情報を明らかにする必要があった。今回の成果は、今後のイネ育種など研究の促進に大きく貢献するものと期待される

稲発酵粗飼料を用いた肉用牛の飼養技術を開発

研究成果のポイント

畜産草地研究所と中央農業総合研究センターが中心となって、稲発酵粗飼料を肉用牛に給与する試験を行い、その結果を取りまとめた。

稲発酵粗飼料を給与した繁殖雌牛の子牛生産性および育成牛の発育は乾草と同等であること、また、肥育期の全期間で稲発酵粗飼料を給与した結果、肉の歩留基準値と枝肉量が多いこと、および、肉のビタミンE濃度が高いことから抗酸化作用による肉色の退化の抑制が期待できることを明らかにした。

本研究は、農林水産省の委託プロジェクト『新鮮でおいしい「ブランド・ニッポン」農産物提供のための総合研究』および農研機構の交付金プロジェクト『関東地域における飼料イネの資源循環型生産・利用システムの確立』の一環として得られた技術である。

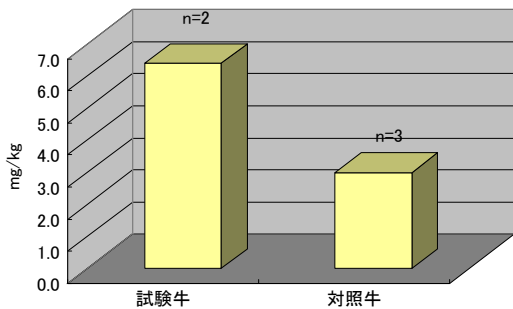


図1 筋肉中のビタミンE (α -toc)濃度

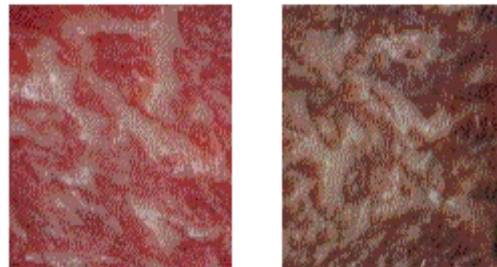


写真1 稲発酵粗飼料と一般的な飼料で生産した牛肉の肉色の退化の比較
(ロースを蛍光灯下4°Cで6日間経過した状態)

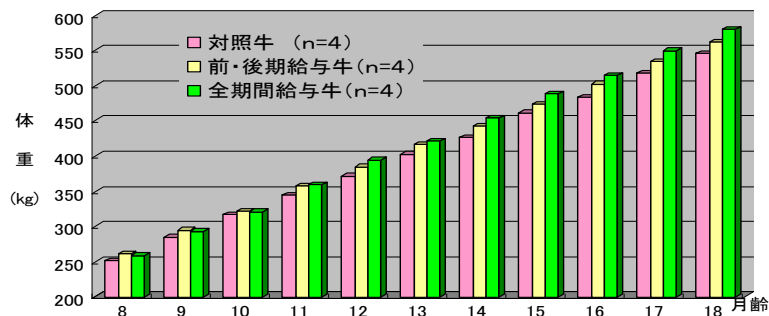


図2 交雑種肥育牛の体重の推移

期待される効果、今後の展開

食用稲は過剰なことから水田の転作を行っている状況で、水田機能を維持しながらイネの生産技術を活かして飼料生産を行うことが可能であり、その肉用牛への給与拡大が、25%と低い飼料自給率の向上に貢献するものとして期待される。

今後は、脂肪交雑を高めるために、肥育中期にビタミンAの給与量制限している現状に対して、ビタミンAのもとである β -カロテン含量が高い稲発酵粗飼料の給与が、脂肪交雑に与える影響を確認中である。