清酒酵母の醸造特性に寄与する遺伝子の探索について

清酒酵母が示す「清酒酵母らしさ」の全体像を分子レベルで把握するためには、清酒酵母がもつ特徴的な醸造特性（表現型）に寄与していると予想される複数の原因遺伝子・変異を網羅的かつ効率的に探索・同定する解析系の構築が必要です。そこで、既存の清酒酵母と実験室酵母とを用いた量的形質遺伝子座（QTL：Quantitative Trait Locus）解析系[注1]を大幅に改良し、清酒酵母に特徴的な醸造特性に寄与する原因遺伝子をより効率的に探索・同定することが可能となる解析系を構築しました。

以前までの清酒酵母と実験室酵母とのQTL解析系は、両酵母一倍体の交配によって得られたF1株由来の胞子分離一倍体（F1分離一倍体株）100株及びDNAマーカーとして反復配列（142個）を用いた系でした。しかし、QTL解析に用いるF1分離一倍体株の数が十分でなく、またDNAマーカーの密度の数が非常に小さいため、ある醸造特性指標に寄与する候補遺伝子を100個前後しか絞り込むことができず、真に寄与する原因遺伝子の同定には多くの時間と労力が必要でした。

そこで、まずQTL解析に用いるF1分離一倍体株を400株まで増やしました。次に、これらF1分離一倍体株のすべてについて全ゲノムシーケンスによりSNP（一塩基多型）マーカーの抽出・設定を実施し、QTL解析に用いるDNAマーカー数を5,267個にまで増やし、解析の検出力及び統計的精度を飛躍的に向上させました。さらに、QTL解析を2段階で行い、表現型に寄与する候補遺伝子の範囲をより効率的に絞り込む方法を開発しました。その結果、ある表現型に寄与する原因遺伝子の同定までの工程がより迅速に行えるようになりました。実際この開発した系を用いて、一般的な酵母のエタノール発酵性及び有機酸生成に寄与する遺伝子・変異や、清酒酵母の酢酸低生産性に寄与する塩基配列・変異点の同定に成功しています[注2]。

清酒酵母の特徴に寄与する原因遺伝子の効率的な探索・同定を可能とする解析系を構築しました。

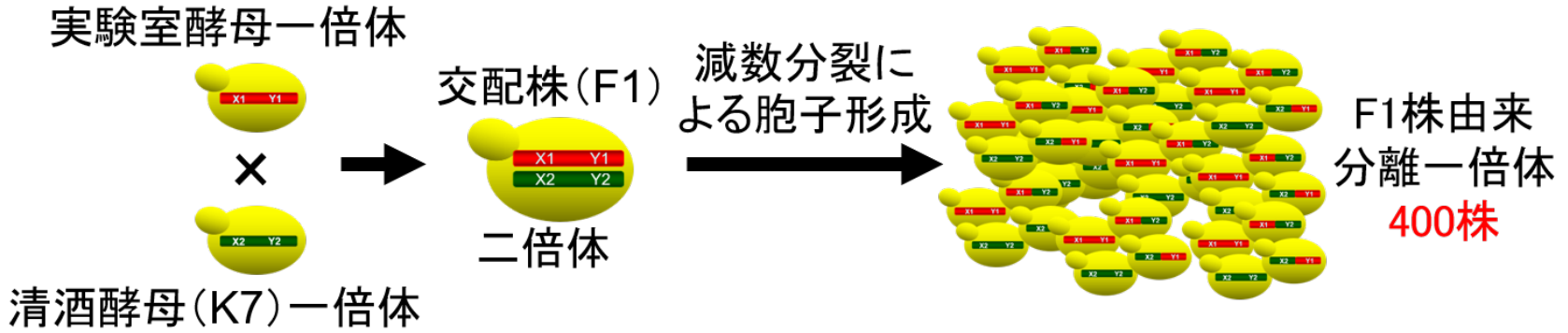
注1　QTL解析系とは、ある表現型に寄与するQTL（遺伝子・変異）のゲノム上でのおおよその位置、数、遺伝的効果などを推定することができる遺伝統計学的手法です（Kato *et al.*, *JBB* (2009)）。

注2　Kanai *et al.*, *Appl. Microbiol. Biotechnol.* (2025), Kijima *et al.*, *J. Biosci. Bioeng.* (2026)

清酒酵母の醸造特性に寄与する遺伝子の探索について

＜QTL解析とは＞

生物の量的形質（表現型）に影響を与える染色体上のDNA領域のことを量的形質遺伝子座（Quantitative trait locus：QTL）と言い、異系統間の交配株から得られる多数の減数分裂分離体の遺伝型情報と表現型情報との関連性を解析することで、原因遺伝子と連鎖する染色体上のDNA領域を推定する遺伝統計学的手法。



【遺伝型情報】**大幅に改良**

- 酵母分離一倍体：400株
- 全ゲノムシークエンスを行い、SNP※マーカーを約3kb毎に5,267個設定

【表現型情報】

清酒小仕込み試験（400株）

- 醸造特性
- 各種成分

連鎖解析

清酒酵母に特徴的な醸造特性に寄与する原因遺伝子の効率的な探索・同定が可能

※ SNP (一塩基多型 / Single Nucleotide Polymorphism)

Kanai *et al.*, *AMB* (2025)