

# 非モデル生物のゲノム解読技術の確立と ホップゲノムの解読

## 成果のポイント

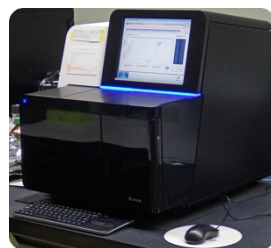
農林水産物のゲノム情報が明らかになることで、基礎研究が加速するとともに、効率的な品種改良が可能となります。しかし、リンドウや雑穀等の本県の重要作物を含む多くの農林水産物でゲノム解読は達成されていません。そこで、次世代シーケンサーとバイオインフォマティクス（生物情報学）技術を活用し、未解読の農林水産物・野生植物のゲノムを解読する技術を確認しました。

➤ 非モデル生物のデノボ・アセンブリ（新規参照配列構築）技術を確認しました。

➤ ホップの全ゲノム解読を世界で初めて達成しました。

（サントリーグローバルイノベーションセンター（株）との共同研究です。）

ホップの栽培品種「信州早生（しんしゅうわせ）」の全ゲノム解読（デノボ・アセンブリ）を行った。長さが300~40,000塩基対の様々なサイズのDNA断片について両端75bpずつシーケンスを行い、リード総量411.3Gb（4,113億塩基対、信州早生の推定ゲノムサイズ2.5Gbの160倍量）のシーケンスデータから、全長が2.1Gb（21億塩基対）のゲノム配列を構築した。



NextSeq500 (illumina)



メモリ:  
208GB

図1. 当センターが保有する次世代シーケンサーと高性能解析サーバ（右）

表1. 解読したホップゲノム（品種：信州早生）の情報

	Scaffold
Total number	132,476
Total length (kb)	2,049,209
Not "N" length (kb)	1,775,766
N50 (bp)	37,081
Maximum length (bp)	296,819
Limited length (bp)	1,000
GC content (%)	38.6

【論文公表】 S. Natsume *et al.* (2015) The Draft Genome of Hop (*Humulus lupulus*), an Essence for Brewing. *Plant Cell Physiol* 56: 428-441. 雑誌表紙を飾りました→



（日本植物生理学会HPより）

## 成果の活用

- ・ 岩手県の主要な農林水産物に適用することで、基礎研究および育種の推進・効率化が達成されます。
- ・ 岩手県が国内生産量1位のホップの育種に活用できます。