

日本ビール大麦の150年の改良の歴史を 遺伝子で紐解く

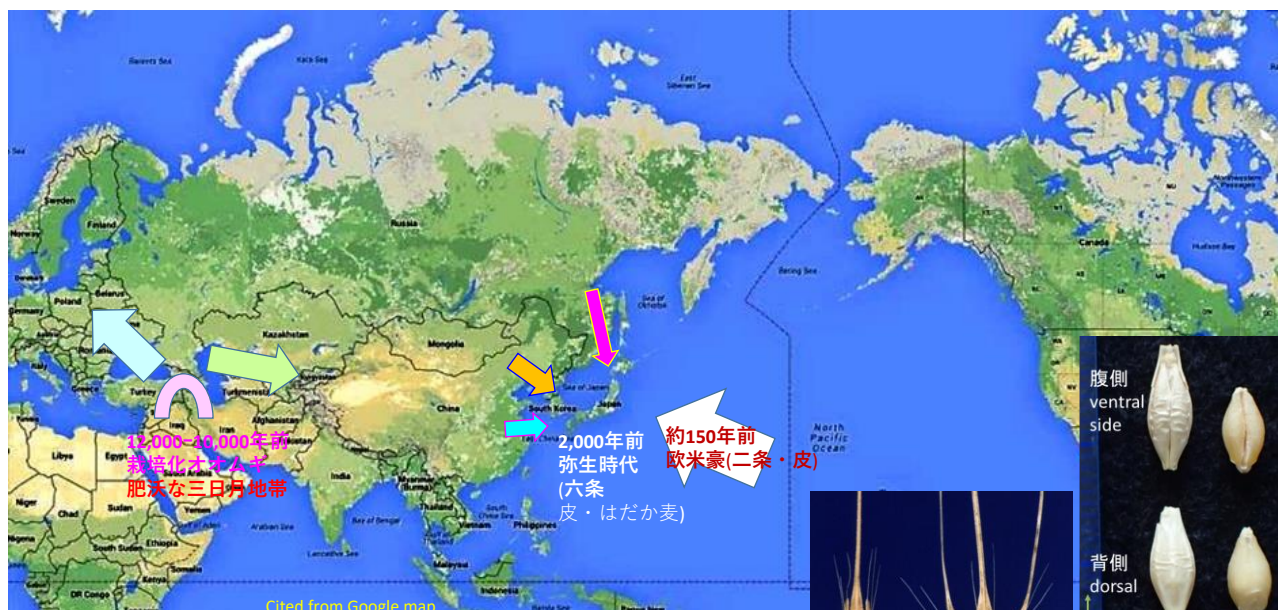
オオムギ (*Hordeum vulgare* L.)



皮麦 はだか麦 コムギ イネ トウモロコシ



岡山大学資源植物科学研究所
武田 真 2023.12.21.(木)

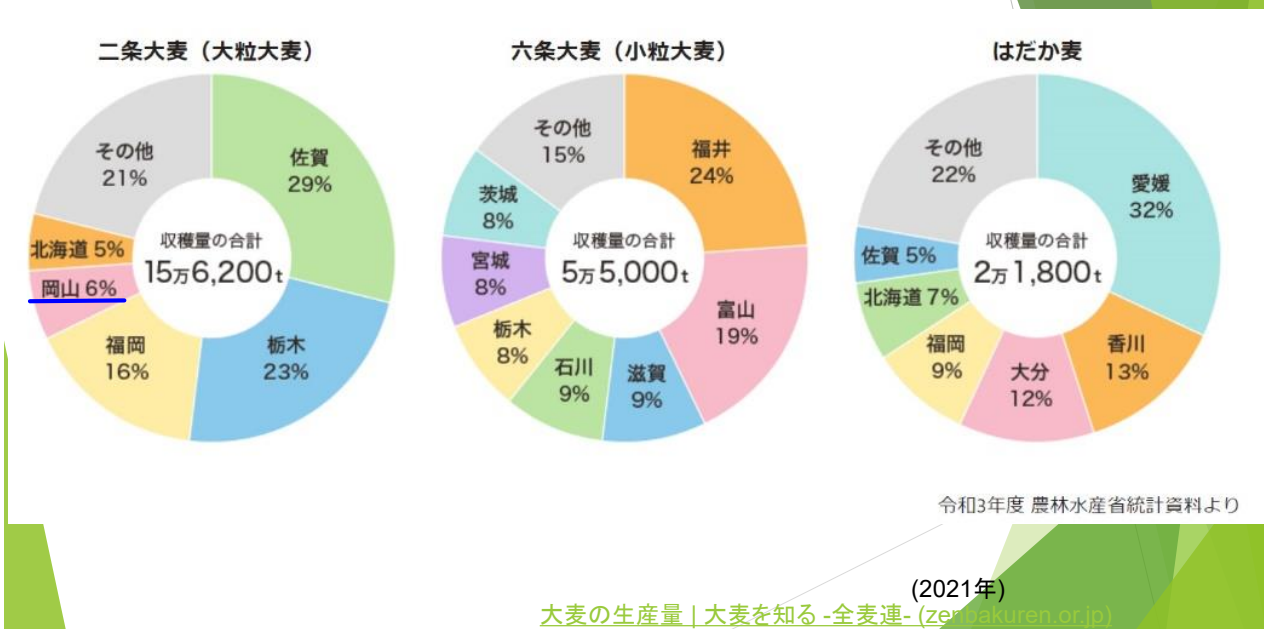


オオムギの起源(栽培化)と日本への伝来



オオムギ
皮麦 はだか麦
醸造、飼料 食用

ビール大麦となるのは、β-グルカン含量とタンパク質が共に低く、カビ毒が許容値以下のものだけ。栽培技量が重要。ビール大麦はビール会社との契約栽培が原則。岡山県はA社との契約が多い。βグルカン:水溶性食物繊維。ろ過の妨げ



日本ビール大麦の品種改良

1876年 海外より 導入育種 開始、純系分離。
1891年 交雑育種 開始、官民が参画。2県Sa社のみ

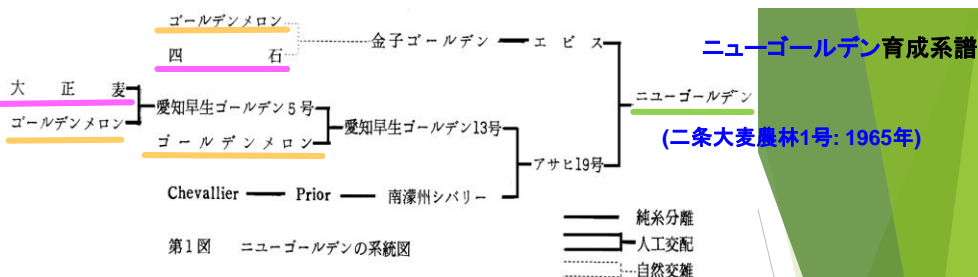
日本では、倒れにくく、梅雨入り前に収穫できること(早熟)が重要。

日本では、土壌伝染するRNAウイルスが病原のオオムギ縮萎病に抵抗性であることが重要。

本ウイルス病は根から感染し、地上部に移行拡大。感染すると、収量が激減し、品質も低下。土壌伝染性のため農業防除は不可能(環境汚染・健康)、人工接種不可、汚染圃場で自然感染させ判定。

有効な対策は、オオムギの持つ抵抗性遺伝子の活用。岡山大は遺伝資源のスクリーニングにいち早く取り組み、木石港3を育種家に提供(1970年代)。rym5遺伝子は連用されすぎたため、変異株ウイルス(レ-Ⅲ)が突然変異で出現し罹病化。そのため、'はがねむぎ'の持つrym3が新たな抵抗性遺伝子源として育種活用が開始。困難の連続

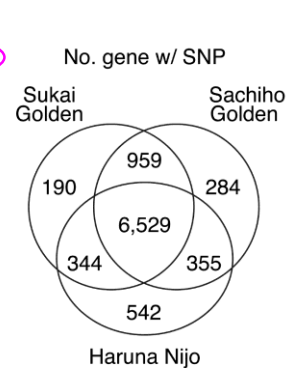
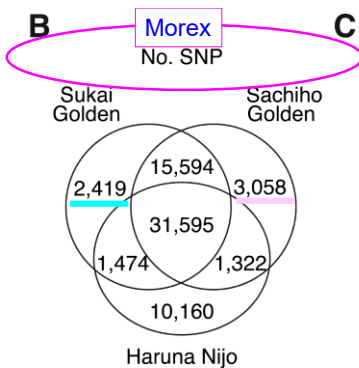




ゴールドメロン 四国 金子ゴールド エビス アサヒ19号 ニューゴールド
六条

ゴールドメロン 四国 金子ゴールド エビス アサヒ19号 ニューゴールド
六条

品種
育成年



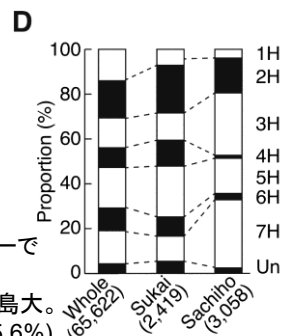
SNP
1塩基多型
例: A→T
(single nucleotide polymorphism)

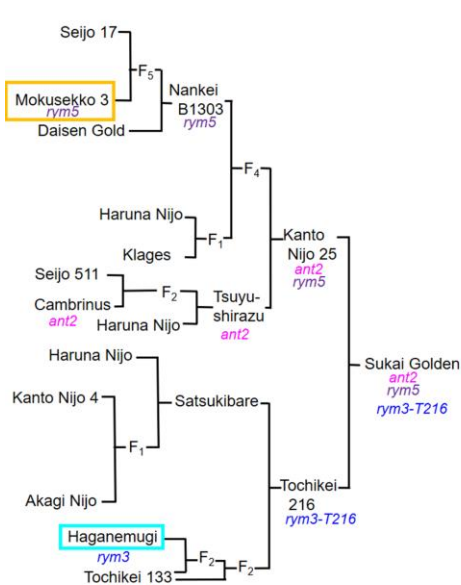
RNA-シーケンシング

開花後20日目の未熟種子のRNAを次世代シーケンサーで解読(東京農業大 拠点)。

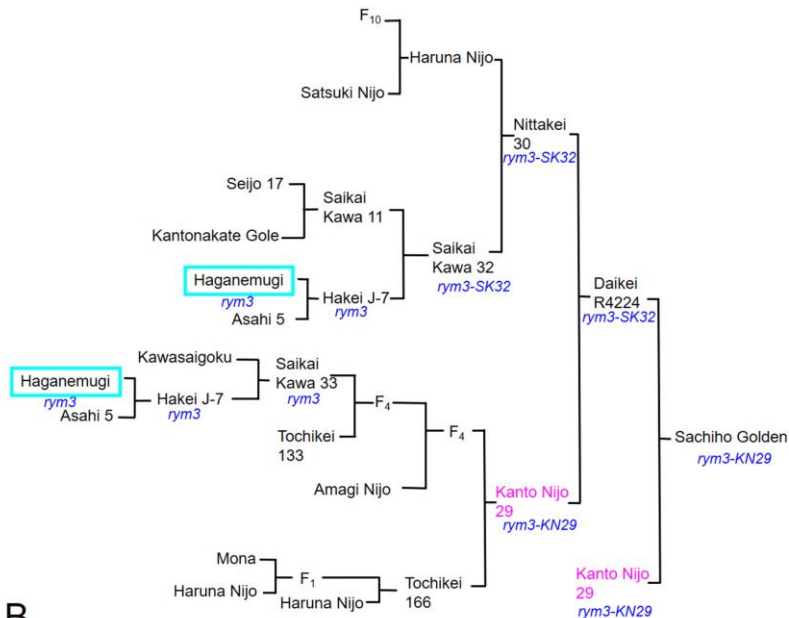
データ解析は理研・岡大・福島大。

検出遺伝子 2万6千/3万9千遺伝子 (65.6%)





A スカイゴールデン(皇海黄金)
二条オオムギ農林20号



B サチホゴールデン(幸穂黄金) の系譜
二条オオムギ農林22号

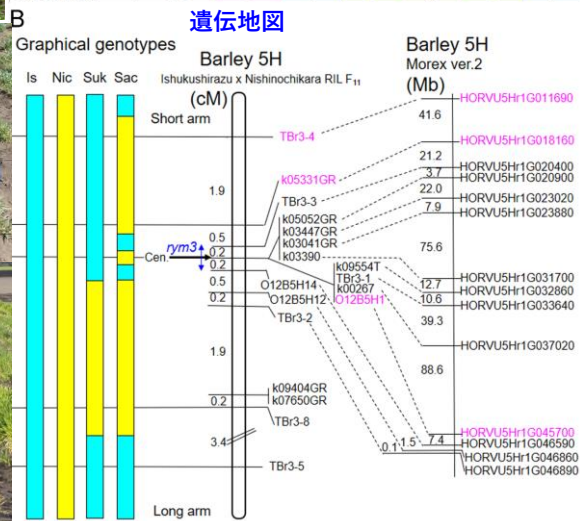
rym: 大麦縞萎縮病抵抗性遺伝子 栃木で判定
(resistance to yellow mosaic virus genes)



はがねむぎ 木石港3
イシュクシラズ ニシノチカラ
(Is) (Nic)
ともに食用大麦(皮・二条) *rym3* マッピング親

A

Cultivar or line	<i>rym5</i> status	SNP position in CDS of <i>Hv_eIF4E</i> (nt)					
		5'-UTR minus 44	157	359	478	481	483
'Sukai Golden'	<i>rym5</i>	C	C	G	G	A	G
'Sachiho Golden'	sus.	G	T	C	A	C	T
'Morex'	sus.	C	C	C	A	C	G
Mokusekko 3	<i>rym5</i>	C	C	G	G	A	G
'Haruna Nijo'	sus.	G	T	C	A	C	T



摘要

- 日本産の最近の主力高品質ビールオオムギ2品種、すなわち‘スカイゴールデン’と‘サチホゴールデン’の開花後20日目の内外穎を含む穎果からRNAを抽出し、RNA-シーケンシング解析を行った。HiSeq2500 (Illumina社)にてPaired-end 200 cyclesでシーケンスした。
- オオムギゲノムシーケンスの標準品種‘Morex’および‘はるな二条’のゲノム配列と比較しつつ分析したところ、2,419個のスカイゴールデン固有の一塩基多型(SNP)ならびに 3,058個のサチホゴールデン固有のSNPがそれぞれ検出された。
- SNPの顕著なクラスターが2箇所検出された。すなわち、(1)オオムギ縞萎縮病抵抗性育種で非醸造・六条 中国在来系統 木石港3由来の*resistance to yellow mosaic 5 (rym5 =Hv_elf4E)*を導入したことによる3H染色体端部付近の痕跡、(2)アントシアニンレス*anthocyanin-less 2 (ant2)*をオランダの‘Cambrinus’から導入したことに伴う2H染色体長腕の痕跡が、それぞれ検出された。両方のSNPクラスターとも‘スカイゴールデン’だけで検出された。
- ‘イシュクシラズ’と‘ニシノチカラ’の組換え自殖系統F₁₁世代221系統を用い、もう一つのオオムギ縞萎縮病抵抗性遺伝子*rym3(遺伝子未特定)*を5H染色体基部の0.4-cMの範囲にマップした。この抵抗性遺伝子は非醸造・六条品種‘はがねむぎ’に由来するが、両品種には異なる経路で導入されたことが系譜上の品種の解析から判明した。‘スカイゴールデン’の方が*rym3*周辺の抵抗性遺伝子供与親‘はがねむぎ’由来の残存染色体セグメントが大きかった。
- オオムギ縞萎縮病抵抗性育種の過程で、非醸造かつ六条の抵抗性遺伝子供与親からの残存セグメント内には醸造品質に悪影響を与える遺伝子が少なからず含まれるものと予想される。そのため、マーカー選抜で*rym3*遺伝子の近傍の希な組換えを選抜し、連鎖染色体セグメントを削減することができれば、醸造品質の一層の改良が期待される。

rym5, *syn. Hv_elf4E* 真核生物翻訳開始因子4Eのオオムギオルソログ(2005)、*ant2: Hv_bHLH* 転写因子(2011)、と海外研究者がそれぞれ特定済み。

論文表題和訳

- 日本のビールオオムギ育種のゲノム痕跡は近代良質2品種、‘スカイゴールデン’と‘サチホゴールデン’でみられる

- 武田 真¹・金 俊植^{1,2}・高橋秀和³・矢嶋俊介^{4,5}・興石雄一⁴・五月女敏範⁶・加藤常夫⁶・持田恵一²

- 1 岡山大学 資源植物科学研究所
- 2 理化学研究所 環境資源科学研究センター バイオ生産情報研究チーム
- 3 福島大学 農学群食農学類
- 4 東京農業大学 生物資源ゲノム解析センター
- 5 東京農業大学 生命科学部
- 6 栃木県農業試験場

研究資金

東京農業大学生物資源ゲノム解析センター拠点共同研究費(13-B6)
 ビール酒造組合共同研究費
 (公)八雲環境科学振興財団環境研究助成金
 科学研究費(23H02184)