

令和 5 年度豆類振興事業助成金（試験研究）の成果概要

1 課題名 京都アズキ遺伝資源の類縁関係の解明とミニコアコレクションの開発

2 研究実施者

研究代表者 京都先端科学大学 バイオ環境学部

食農学科 教授 船附 秀行

分担 京都府農林水産技術センター農林センター

栽培技術開発部 主任研究員 尾崎 耕二

3 実施期間 令和 4 年度～ 6 年度（3 年のうち 2 年目）

4 試験研究の成果概要

(1) 試験研究の目的

京都府農林水産技術センターで収集、保存している、府内で栽培されていたアズキの品種 300 点以上（以下、「京都アズキ遺伝資源」と略す）の遺伝資源の維持はコスト、作業面での負担が大きい。そこで、京都アズキ遺伝資源の多様性を DNA レベルで評価し、最低限の数で最大の遺伝的変異を内包する集団、すなわちミニコアコレクションを構成する遺伝資源を選定することを目的とする。

(2) 実施計画、手法

1) 京都アズキ遺伝資源の DNA 多型の検出

京都アズキ遺伝資源について、ゲノム全域にわたる DNA の多型を明らかにするため、京都以外の国内のアズキ遺伝資源も含め、次世代シーケンス技術を活用した GRAS-Di 解析を行い、遺伝資源間で見られる一塩基多型（SNP）を調査し、遺伝子型を同定する。

2) DNA 多型に基づく京都アズキ遺伝資源の類縁関係の解析

1) で明らかになった SNP の遺伝子型に基づき、京都および国内のアズキ遺伝資源について遺伝解析を行い、グルーピングを行う。特に近縁と判断される遺伝資源については、ゲノム全体の SNP を確認し、統合できるか否かを判断する。

3) 遺伝資源の農業形質の再評価

京都アズキ遺伝資源を栽培し、開花期、熟莢色、種皮色を再調査する。また、過去のデータを精査する。

4) 京都アズキ遺伝資源ミニコアコレクションの選定

2) および 3) の結果を統合して、京都アズキ遺伝資源のミニコアコレクションを選定する。

(3) 今年度の実施状況

今年度は、令和 4 年度に未実施だった京都アズキ遺伝資源について、1) から 3) を実施し、4) については、ミニコアコレクションの候補を選定した。

1) 京都アズキ遺伝資源の DNA 多型の検出

国内遺伝資源 45 点，京都府保有の遺伝資源（府外から採集したもの，最終地不明のものを含む）175 点を GRAS-Di 解析に供した．昨年度の結果と同様，全体として京都遺伝資源とその他の国内遺伝資源を区別する SNP はなかったが，京都アズキ遺伝資源にのみ多型が検出された SNP，また，府外の遺伝資源にのみ多型が検出された SNP はそれぞれ 137 か所検出された．

2) DNA 多型に基づく京都アズキ遺伝資源の類縁関係の解析

660 の SNP の多型により，府外の遺伝資源も含め，類縁関係の解析を行ったところ，3 つの構造化した集団が認められた．「京都大納言」の属する集団をグループ A，「馬路大納言」の属する集団をグループ B，他の集団をグループ C，さらにそれらの遺伝組成が混在する集団をグループ D とすると．京都アズキ遺伝資源は，グループ A，グループ C，グループ B，グループ D の順に数が多かった

（表）．その中で「京都大納言」や「馬路大納言」と極めて近縁の遺伝資源が，それぞれ相当数あるなど，昨年度と同様の結果が得られた．一方，府外の遺伝資源は，グループ C に分類される数が多く（表），グループ A とグループ B が京都アズキ遺伝資源の特徴的な集団であることが示唆された．グループ C 内の系統間の DNA 多型の頻度が高く，また，種皮色が赤系（淡赤色，赤色，暗赤色）以外の遺伝資源がすべてこのグループに属すなど，グループ内の遺伝的多様性の比較的高いことが示唆された．

表. DNA 多型にもとづく遺伝資源のグループ別の遺伝資源数

	グループ					
	A		B		C	D
	うち 京都 型 ※1		うち 馬路 型 ※1			
京都遺伝資源	68	(56)	24	(16)	31	14
府外遺伝資源 ※2	3	(3)	4	(1)	39	2

※1 京都型，馬路型：「京都大納言」および「馬路大納言」とそれぞれ DNA 多型が認められなかった遺伝資源

※2 京都府保有の府外から採集した遺伝資源を含む

3) 遺伝資源の農業形質の再評価

京都の遺伝資源 169 点を他県の遺伝資源 26 点とともに栽培し、莢色や種子色を比較した。莢の色については、昨年度同様、黄白、淡褐、褐、暗褐、とすべての色が観察され、種皮色については、昨年度確認された、黄白、淡赤、赤、暗赤、黒に加え、緑、褐色の 2 種類が確認された。カラーリーダーでの測定値は昨年度より変動が大きかったが、昨年と同様の傾向が見られた。

4) 京都アズキ遺伝資源ミニコアコレクション候補の選定

昨年度と今年度ともに欠測値の少なかった共通のマーカーが 220 あったことから、これらのマーカー遺伝子型に基づき、遺伝解析ソフト CoreHunter により、64 点のミニコアコレクション候補の選定を行った。

(4) 今後の課題及び対応

ミニコアコレクションを選定するため、形質の確認が必要な遺伝資源について、圃場で比較栽培するとともに、GRAS-Di 解析で欠測値の多かった系統を再解析する。