

令和6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3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を中心とした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4-5年度に欠測値が多かった京都アズキ遺伝資源および未試験の国内のアズキコアコレクションについて、1）および2）を実施し、令和5年度に選定した京都アズキ遺伝資源ミニコアコレクション候補と同じグループに属する

遺伝資源について、比較栽培を行った。4) については、3年間の結果を合わせて検討し、暫定版の京都アズキ遺伝資源のミニコアコレクションを選定し、遺伝的多様性を国内のアズキコアコレクションと比較した。

1) 京都アズキ遺伝資源の DNA 多型の検出

京都府保有の遺伝資源 17 点に国内のコアコレクション 27 点に加え、GRAS-Di 解析に供したところ、719 の SNP が検出された

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

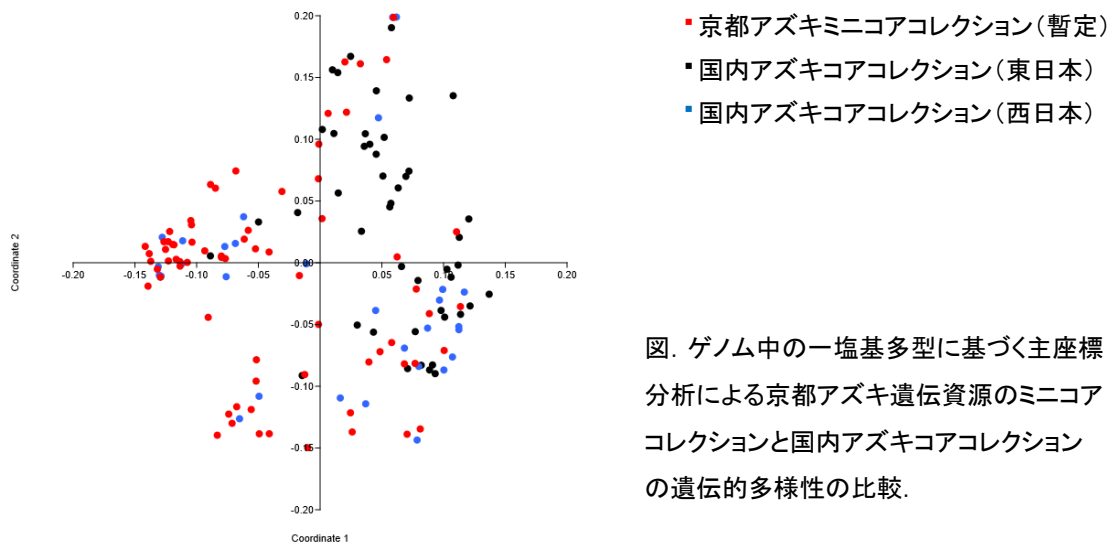
1) の結果を用い、2022 年度－2024 年度に供試したすべての京都アズキ遺伝資源 321 点の GRAS-Di 解析による DNA マーカーの多型情報をもとに、3 年を通じて、欠測値が 20% 以下で、供試した系統の中で少なくとも 1 点が多型を示した 193 マーカーと遺伝解析ソフトウェア DARwin6 を用いて、近隣結合法によりクラスター解析を行った。昨年までの結果と大きな違いはなかった。ほとんど遺伝距離がなく、多数の系統が集まっている集団が 2 つあり、一方は「京都大納言」と近縁の遺伝資源で。他方は「馬路大納言」と近縁の遺伝資源であった。

3) 遺伝資源の農業形質の再評価

昨年度までの DNA 解析に基づきミニコアコレクション候補として選抜されたアズキ遺伝資源と近縁と判定されながら、過去の調査データで形質の異なる系統について、京都府農林水産技術センター農林センターの圃場で栽培試験を行い、主要形質を確認した。調査したのは、ミニコアコレクション候補とその近縁と推定される遺伝資源で構成される 26 で、そのうち 5 グループでは同一グループ内の供試系統が概ね同様の特性を示し、3 グループでは、同一グループ内の供試系統間で百粒重に差が認められたものの、他の特性は概ね同様を示した。その他の 18 グループでは、同一グループ内の供試系統間で開花期、熟莢色、種皮色の 1 項目以上について明らかな差が認められた。ただし、栽培期間中異常な高温に見舞われたため、本来の特性を示していない可能性があり、留意が必要である。

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

以上の結果を総合的に勘案し、暫定のミニコアコレクションとして 76 系統、種子維持系統として 114 系統を選定した。暫定のミニコアコレクションの遺伝的多様性を評価するため、国内の栽培種アズキのコアコレクション 77 系統も含め、相互の遺伝距離をもとに主座標分析を行った。第一基準と第二基準に関し、散布図を作成したところ（下図）、第二基準に関し、東日本の国内アズキコアコレクションの多くが分布する正側には、京都アズキミニコアコレクションで分布するものは比較的少なかった。しかし、京都アズキミニコアコレクションはすべての象限に散在し、その収集範囲が限定的であるにもかかわらず、遺伝的多様性が高いことが示唆された。



(4) 今後の課題及び対応

暫定的にミニコアコレクションを選定したが、グループを代表する遺伝資源について、再検討し、ミニコアコレクションを決定する。