

令和6年度豆類振興事業（試験研究助成費）の成果概要

⑫ 課題：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（4～6年度）

代表者：京都先端科学大学バイオ環境学部 教授 船附 秀行

目 的

京都府農林水産技術センターで収集・保存しているアズキの品種300点以上（以下、「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（ミニコアコレクション）を構成する遺伝資源を選定する。

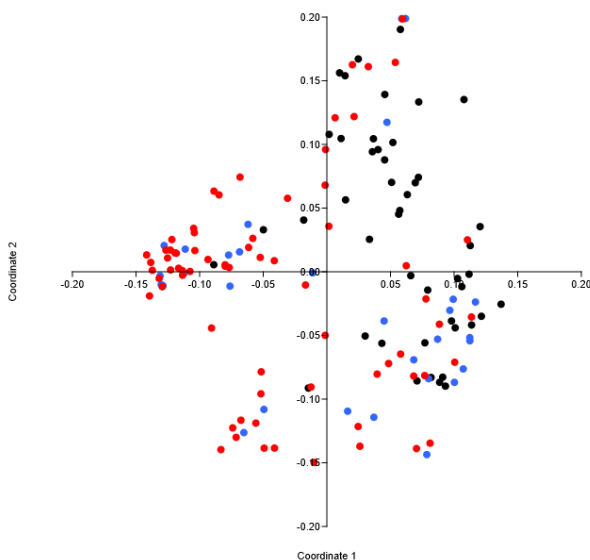
成 果

①京都アズキ遺伝資源のミニコアコレクションの選定

- 令和5年度までの試験で欠測値が多かった京都アズキ遺伝資源17点についてGRAS-Di解析を行い、ゲノム中の一塩基多型（SNP）を明らかにした。
- 令和5年度までに選定したミニコアコレクション候補の遺伝資源とDNAレベルでは近縁をみなされながら、形質が大きく異なる可能性のある遺伝資源を圃場で栽培し、ミニコアコレクションとの異同を調査した。
- 以上の結果と令和5年度までの結果を統合し、暫定で京都アズキ遺伝資源のミニコアコレクション76点を選定した。

②国内の栽培種アズキコアコレクションとの比較

- 上記暫定ミニコアコレクションと国内アズキ栽培種のコアコレクション77点の相互の遺伝的距離をもとに、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）、京都アズキミニコアコレクションの多くは第二基準に関し負側に分布するものが多かったものの、すべての象限に散在し、遺伝的多様性が高いことが示唆された。



- 京都アズキミニコアコレクション（暫定）
- 国内アズキコアコレクション（東日本）
- 国内アズキコアコレクション（西日本）

図。ゲノム中の一塩基多型に基づく主座標分析による京都アズキ遺伝資源のミニコアコレクションと国内アズキコアコレクションの遺伝的多様性の比較。