

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 小豆ゲノム育種基盤の構築による除草剤耐性マーカーの開発

2 研究実施者

研究代表者 (地独) 北海道立総合研究機構 中央農業試験場 作物開発部

生物工学グループ 研究職員 阿出川さとみ

分担 同 十勝農業試験場 豆類畑作グループ

公益財団法人 かずさ DNA 研究所 先端研究開発部 植物ゲノム・
遺伝学研究室

3 実施期間 令和 5 年度～令和 7 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

除草剤耐性小豆品種の開発には、除草剤耐性 DNA マーカーを早期に開発し、除草剤耐性の選抜強化を図る必要がある。そのために、多型の出やすい SNP を選定した“SNP パネル”を開発し、小豆のゲノム育種基盤を構築する。

(2) 実施計画、手法

1) 小豆ゲノム育種基盤の構築（中央農試・かずさ DNA 研究所・十勝農試）

多様な小豆品種 96 点の全ゲノムリシーケンス解析を行い、大量かつ安価に遺伝子型の解析ができる SNP パネルを作成する。作成した SNP パネルを用いて育成系統の解析を行い、ゲノム育種に必要な数、精度の SNP が得られるか検証する。

2) 小豆除草剤耐性 DNA マーカーの開発（中央農試・かずさ DNA 研究所・十勝農試）

前課題で作出した除草剤耐性の強い培養変異体を用い、耐性に関わるゲノム領域を検出する。検出した領域を選抜可能な DNA マーカー開発を試みる。また、「十育 96 号」の後代を養成し、除草剤耐性に関与する因子数を明らかにする。

(3) 今年度の実施状況

1) 小豆ゲノム育種基盤の構築

令和 5 年度に得られた 48 点に加え、残りの 48 点についても全ゲノムリシーケンスデータを取得した。96 点すべて合わせて解析したところ、平均 2.3 Gbp（小豆ゲノムサイズの 4.5 倍に相当）のゲノム情報が読み取れた。また、約 13,000 点の信頼性の高い SNP が取得できた。これは前課題の ddRAD-seq によって得られた約 300 の SNP 情報よりも密に、小豆ゲノム全体をカバーできていた。ここから冗長性が少なく、かつ道内品種系統間で多型を示しやすい SNP を中心に 2,500 選定した SNP パネルを作成した（図 1）。

2) 小豆除草剤耐性 DNA マーカーの開発

①培養変異体を用いた除草剤耐性に関わるゲノム領域の検出：令和6年度は培養元である「ベニダイナゴン」より明らかに除草剤耐性が強い1系統「50Gy-21」を見出し、「50Gy-21」を「ベニダイナゴン」および耐性の弱い普通品種「しゅまり」と交配し、F₁世代を養成した。

②除草剤耐性の遺伝解析：除草剤耐性候補「十育96号」と耐性が弱い「しゅまり」の交配後代である「十交2229」F₃世代100系統を十勝農試の圃場に栽植し、除草剤耐性試験を実施したところ、各系統の除草剤耐性指数は感受性側に大きく偏った（図2）。この結果は除草剤耐性に関わる因子が多数存在していることを示唆している。

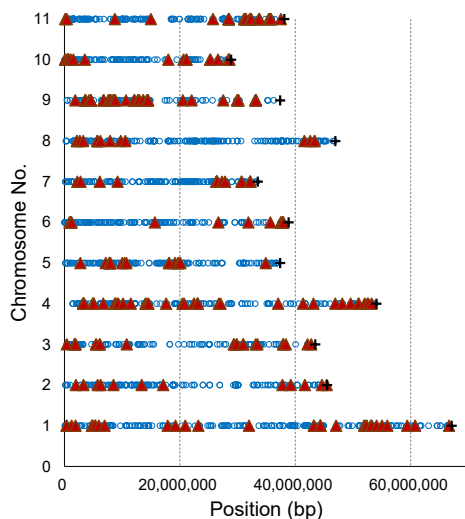


図1 選定した2500 SNPの
小豆ゲノム上の位置

縦軸は染色体の番号、横軸は染色体の物理位置 (bp)

青丸：今回選定した2,500 SNP

赤三角：過年度の ddRAD-Seq で得られた
300 SNP

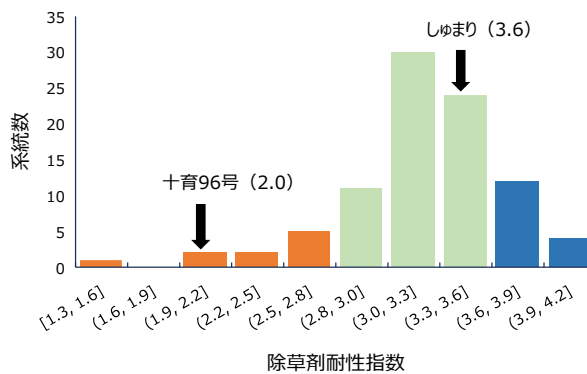


図2 十交2229F₃世代100系統の除草剤耐性
指数の分布

※矢印は両親を示し、括弧内の数値は耐性
指数を示す

※除草剤耐性指数は1（強）～5（弱）で
評価した

(4) 今後の課題及び対応

SNP パネル作成は順調に進んでおり、最終年度は多型のある SNP が得られるパネルになっているかどうか実際の育成系統などを用いて確かめる。「十育96号」由来の除草剤耐性に関わる因子が多数存在することが示唆されたことから、最終年度は関与因子数が少ないと考えられる、培養変異体由来である「50Gy-21」の解析に注力し、耐性に関わるゲノム領域を選抜可能な DNA マーカーの開発を試みる。