令和 7 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　農業研究本部　中央農業試験場
作物開発部　生物工学グループ　研究主任　阿出川さとみ
分担　　同　十勝農業試験場　研究部　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 3 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、多型の出やすい一塩基多型（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を解析し、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）

①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。②除草剤耐性の強い「十育 96 号」の交配後代を養成し、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 6 年度に選定した 2,500SNP を検出できるパネルを設計した。道総研が育成した 10 品種および 38 系統の合計 48 点について、設計した SNP パネルを用いて、次世代シーケンサーによるターゲットシーケンスを実施したところ、3,406 箇所の SNP が得られた。これは 1 つの SNP の近くに、2 つ以上の SNP が密集している箇所を多く選んでいたためと思われ、妥当な取得数と考えられた。解析した 48 点についての多型率（参照配列型、変異型の両方が得られる SNP の割合）は

92.0%であり、主成分分析では、遺伝的に近い「エリモショウズ」と「エリモ167」が極近傍に位置していた（図）。また、「とよみ大納言」と「ほまれ大納言」などの大納言がグループを形成していた。これらのことから、開発したSNPパネルは北海道の育成品種系統間でも利用可能と判断した。

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：前課題で作出した除草剤耐性の強い培養変異体「50Gy-21」を「しゅまり」、「ベニダイナゴン」に交配した解析集団F_2（それぞれ十交2448, 2447）に対し、除草剤散布試験を実施した。各解析集団の除草剤耐性指数は十交2448では耐性側に偏って、十交2447では偏りなく連続的に分布した。それぞれの集団において両親の除草剤耐性より強いまたは弱い指数を示した個体を選び、バルク集団の全ゲノムリシーケンスを実施した。解析の結果、十交2448, 2447それぞれで「50Gy-21」由来の除草剤耐性に関与するゲノム領域候補が複数検出されたが、それらの領域は「50Gy-21」と培養元である「ベニダイナゴン」の間で多型が無く、擬陽性と考えられたため、「50Gy-21」の除草剤耐性に関与するゲノム領域検出には至らなかった。「50Gy-21」の除草剤耐性因子は本研究で用いた全ゲノムリシーケンス解析のショートリード解析では情報が得られにくい、長い欠失変異である可能性が考えられた。

②除草剤耐性の遺伝解析：「十育96号」と「しゅまり」の交配後代の全ゲノムリシーケンス結果を解析したところ、「十育96号」由来の除草剤耐性に関与するゲノム領域が複数染色体上の12か所以上に及ぶことが明らかとなった。関与する因子数が多いことから、「十育96号」由来の除草剤耐性のDNAマーカー開発は現実的ではないと考えられた。

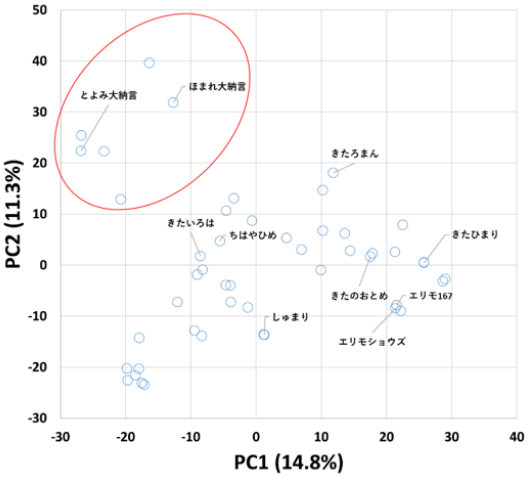


図　取得したSNPを用いた主成分分析
48点で多型が見られた3,132SNPを用いた。PC1とPC2の合計で26.1%のゲノム構造の違いを説明していることになる。
赤線で囲んだ6点は大納言の品種系統。

（４）　今後の課題及び対応

「50Gy-21」と「ベニダイナゴン」で多型のある領域に絞った再解析、もしくは「50Gy-21」の長い遺伝子欠失変異を検出するための「50Gy-21」と「ベニダイナゴン」のロングリード解析などを実施する必要がある。