

平成21年 6月23日現在

研究種目：基盤研究（B）  
 研究期間：2006～2008  
 課題番号：18380009  
 研究課題名（和文） ダイズと *Vigna* 属作物との比較ゲノム解析：種特異的 QTL の利用  
 研究課題名（英文） Comparison of Asian warm weather legume genomes: identification of species specific QTL for crop improvement  
 研究代表者  
 加賀 秋人（KAGA AKITO）  
 独立行政法人 農業生物資源研究所 ダイズゲノム研究チーム 主任研究員  
 研究者番号：30391551

## 研究成果の概要：

アジアで栽培化されたアズキ、リョクトウ、ツルアズキ、ケツルアズキの *Vigna* 属マメ科作物4種は、植物種や推定起源地が異なるだけでなく、植物器官の形状にも大きな差異が認められるが、比較ゲノム解析により染色体上の遺伝子の並びは高度に保存されていることが明らかになった。ダイズと *Vigna* 属の間では、染色体が大きな単位で保存されている染色体とそうでないものが存在することが明らかになった。これらのマメ科作物において、野生種から栽培種への形態・生理学的な大きな変化に利用されてきた遺伝変異には、共通の遺伝子に生じた変異が無意識に利用されていたこと、まだ利用されていない可能性のある遺伝効果の大きな変異が存在することなどが明らかとなり、将来種もしくは属を越えた遺伝変異の育種利用が期待される。

## 交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	5,200,000	1,560,000	6,760,000
2007年度	4,800,000	1,440,000	6,240,000
2008年度	4,800,000	1,440,000	6,240,000
年度			
年度			
総計	14,800,000	4,440,000	19,240,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・育種学

キーワード：遺伝資源

## 1. 研究開始当初の背景

マメ科作物は世界の作物生産の約27%を占め、イネ科作物について重要な作物である。マメ科作物は2つの大きな群（GALEGOID と PHASEOLOID と）に分類され、共生窒素固定という特徴的な有用形質の分子生物学的解明を目的に、2種のモデル植物（タルウマゴヤシとミヤコグサ）でゲノム研究が進んでいた。比較ゲノム解析によって、アルファルファ、

エンドウマメなど、モデル植物と高いシntenターを持つ GALEGOID 作物からも遺伝子が単離されていた。

一方、PHASEOLOID 群のなかで最もゲノム研究が進んでいたのはダイズで、約2千の分子マーカーからなる染色体数に収束した連鎖地図が作成され、EST の解読や BAC クローンの整理化が進められていた。しかし、古倍数性による重複領域などゲノム構造の複雑さ

が、世界で最も重要なマメ科作物であるダイズのゲノム解析を遅らせていた。PHASEOLOIDに分類される *Vigna* (ササゲ) 属作物は、アジアやアフリカの主要なマメ科作物であるとともに、作物と交雑可能な野生種が非常に豊富で、多様な生息環境に分布していることから多様な遺伝変異が期待できる。しかし、ダイズやミヤコグサなどのマメ科植物に比べるとゲノム情報は非常に限られていた。

## 2. 研究の目的

*Vigna* 属4作物とダイズのゲノムシンテニーや栽培化に利用された遺伝変異の異同を明らかにし、遺伝変異を相互に利用できるかについて可能性を探る。

## 3. 研究の方法

### (1) *Vigna* 作物の比較連鎖地図の構築

#### ①ケツルアズキ連鎖地図

ケツルアズキ (*V. mungo*) の連鎖地図作成には、器官大型化突然変異系統 (Multiple Organ Gigantism, MOG) とインドの祖先野生種 (TC2210) との F1 雑種を MOG に戻し交雑した BC1F1 集団 180 個体を用いた。MOG 突然変異体は、 $\gamma$  線を照射したタイの栽培品種 (BC48 系統) から得られた様々な器官が大型化した系統である。

#### ②ツルアズキ連鎖地図

ツルアズキ (*V. umbellata*) の連鎖地図作成には、コアコレクションに見出された種子サイズの大きいミャンマーの栽培品種 (JP217439) とタイの祖先野生種 (JP110685) との F1 雑種を栽培種に戻し交雑した BC1F1 集団 198 個体を用いた。

#### ③リョクトウ連鎖地図

リョクトウ (*V. radiata*) の連鎖地図作成には、タイの栽培品種 (Sukhothai) とミャンマーの祖先野生種 (Acc166) との F1 雑種に栽培種に戻し交雑した BC1F1 集団 250 個体を用いた。

全雑種集団は感光性が高いため、晩播、短日処理、加温などによりハウス内で生育させて種子を収穫した。

分子マーカーは、生物研が開発した約 400 種類のアズキのゲノミック SSR マーカー以外に、インゲンマメ (*Phaseolus vulgaris*) やササゲ (*V. unguiculata*) 等他のマメ科作物で開発された SSR マーカーおよび RFLP マーカーを使用した。さらに、米国バージニア大学によって構築されたササゲの GeneThresher sequence database (約 160 Mbp) より SSR モチーフ検索し、クラスタリング後に約 2000 種類のマーカーを設計し、約 500 種類のササゲ SSR マーカーをスクリーニングした。遺伝子型の解析は蛍光化したプライマーと ABI3100 ジェネティックアナライザーを使用し、連鎖地図は JoinMap ver. 4 によ

り構築した。連鎖地図の構築後、基本染色体数に相当する 11 連鎖群に収束しなかった場合はマーカー間のギャップに AFLP マーカーを集積した。

### (2) *Vigna* 属作物とダイズとの連鎖地図の比較

かずさ DNA 研究所が開発した約 7000 種類のダイズ EST-SSR マーカーについて、地図作成集団の両親間多型を調査し、両親間多型の認められたダイズ EST-SSR マーカーをリョクトウ連鎖地図に集積した。ダイズ連鎖地図との比較を行うため、ダイズ EST-SSR マーカー、アズキおよびササゲのゲノミック SSR マーカーの塩基配列情報を、米国で公開されたダイズの染色体レベルのアセンブル情報 Glyma0 に対して Blast 検索し、E-value の閾値が  $e^{-20}$  および  $e^{-4}$  の場合でヒットしたマーカーの位置情報により *Vigna* 属作物とダイズのゲノムを比較した。

### (3) 比較連鎖地図を介した栽培化関連 QTL の比較

各種の雑種集団を用いて、栽培化によって大型化した種子サイズ、栽培化によって消失した種子休眠性 (種子吸水性として評価)、裂莢性および草丈、開花期等の評価を行い、栽培化関連形質の QTL は MultiQTL の Multiple interval mapping 法によって解析した。

## 4. 研究成果

### (1) *Vigna* 属作物の比較連鎖地図の構築

#### ①ケツルアズキ連鎖地図

インゲンマメ等他のマメ類の RFLP およびアズキのゲノミック SSR マーカー合計 148 マーカーを用いて、全長 783cM からなる連鎖地図を作成した。

#### ②ツルアズキ連鎖地図

アズキのゲノミック SSR マーカー172 種類およびササゲ等他のマメ類の SSR マーカー51 種類、103 種類の AFLP マーカー合計 326 種類のマーカーを用いて、全長 796cM からなる連鎖地図を作成した。

#### ③リョクトウ連鎖地図

アズキのゲノミック SSR マーカー141 種類、リョクトウのゲノミック SSR マーカー30 種類、ササゲ等他のマメ類の SSR マーカー68 種類、ダイズ EST-SSR マーカー196 種類合計 435 種類のマーカーを用いて、全長 727cM からなる連鎖地図を作成した。

#### ④ *Vigna* 作物4種の比較連鎖地図

アズキを片親とする3種類の交雑組み合わせの雑種集団 (総数 592 個体) の遺伝子型データを用いて、アズキの SSR マーカー、AFLP マーカー、他のマメ科作物の RFLP マーカーなどで構築した3種類の連鎖地図を、共通の

SSR マーカーをアンカーとして連鎖地図を統合した。これによってアズキの292種類のSSR マーカーをはじめとする計896個の分子マーカーの分布が明らかとなった。連鎖地図の全長は約854cM、SSR マーカーが平均3.1cMおきに分布していた。このアズキ基本連鎖地図を基準に、種横断的な分子マーカーを介して連鎖地図上の位置関係を総当たりで比較したところ、*Vigna* 属4作物のゲノム間には高度のマクロシテニーが認められた(図1)。種によって逆位(青)や遺伝距離が増加あるいは減少するような領域(黄)の存在が明らかとなったとともに、最も大きな違いとしてケツルアズキでは第1連鎖群と第10連鎖群間の転座が認められた(橙)。以上のように、*Vigna* 属4作物は植物種や推定起源地が異なるだけでなく、植物器官の形状にも大きな差異が認められるが、比較ゲノム解析により染色体上の遺伝子の並びは高度に保存されていることが明らかになった。



図1 *Vigna* 属作物間比較連鎖地図

### (2) *Vigna* 属作物とダイズとの連鎖地図の比較

*Vigna* 属作物はダイズ (*Glycine* 属) と同じ PHASEOLOID 群に分類されるが、*Vigna* 属作物の基本染色体数は11本に対し、ダイズは20本である。ダイズの染色体は少数の基本染色体より2度に渡り倍数化や染色体の編成が生じたと考えられてきた。そこで、リョクトウ連鎖地図に集積された196種類のダイズ EST-SSR マーカーを用いて、複数のダイズ連鎖地図との比較を試みようとしたが、両種の連鎖地図に共通する分子マーカーは非常に限られていた。最近、ダイズのアセンブリが公開されたことで、同祖性の高い染色体部位の存在が明らかになりつつある。そこで、ダイズ EST-SSR マーカー、アズキおよびササゲのゲノミック SSR マーカーの塩基配列情報

を、米国で公開されたダイズの塩基配列情報に対して Blast 検索した。リョクトウ連鎖地図にマップされた1つのマーカーに対して、ダイズでは複数の類似配列がヒットし、それらは異なるダイズ染色体に座乗することがわかった。そのため、倍数化で生じた重複遺伝子を考慮しつつ、*Vigna* 属作物の連鎖群を基準に、191種類のマーカーの連鎖ブロックで比較すると、表1に示すような連鎖群の対応関係が示唆された。*Vigna* 属作物の第3連鎖群はダイズ B2 連鎖群の一部である、*Vigna* 属作物の第1連鎖群、第6連鎖群、第2連鎖群の半分はそれぞれダイズ連鎖群 (A1, A2 および D2)、(B1 および H)、(C1 および C2) の一部であると考えられた。これら括弧内のダイズ連鎖群は相互に類似すると推定されている連鎖群である。その他に関しては、ダイズ連鎖群どうしの同祖性が塩基配列レベルで詳細に解明されるのを待つ必要がある。また、*Vigna* 属作物の連鎖群の中央付近で異なるダイズ連鎖群が結合していること、短い連鎖ブロックが所々にモザイク状に存在すること、ダイズ F, J 連鎖群に対応する *Vigna* 属作物の明確な連鎖群が見つからなかったことなどから、ダイズでは *Vigna* 属作物の基本染色体が単純に倍数化しておらず、*Vigna* 属の染色体が大きな単位で保存されている染色体とそうでない染色体が存在することが示唆された。

表1 *Vigna* 属作物とダイズの連鎖地図の比較

<i>Vigna</i> 属作物の連鎖群	ダイズ連鎖群との対応関係		
	前半	後半	短いブロック
1	A1, A2	A1, D2	E, M
2	C1, C2	E	
3		B2	
4	A2, G	-	
5	E	L	A2, G
6		B1, H	
7		-	
8	I, O		B2, D1b
9		-	A2, N
10	D1a	B1, K	
11	-	B2	M

### (3) 比較連鎖地図を介した栽培化関連 QTL の比較

*Vigna* 属作物の比較連鎖地図を利用し、*Vigna* 属作物4種で見つかった栽培化関連形質 QTL の座乗位置を比較したところ、作物間共通と考えられる同祖的な QTL が認められた。それらの代表として、種子のサイズは第1、2、3、5および第9連鎖群(図2青)、裂莢性は第7連鎖群(図3橙)、開花期は第2および第4連鎖群(図3青)、草丈は第1、2、9および10連鎖群(図3橙)の QTL が挙げられる。全種は独立した栽培化過程を経

ているにも関わらず、栽培種が獲得した野生種とは大きく違う性質には、同じような遺伝子に生じた遺伝的変異が無意識に利用されていたことは興味深い。一方、種特異的な QTL が検出できるかどうかは、解析に用いた栽培種の特性や変異に大きく依存するであろうが、以下のような幾つかの遺伝効果の大きい種特異的な QTL が見つかっている。



図2 種子サイズ、裂莢性、種子の吸水性に関する QTL の比較地図

#### ①ケツルアズキの栽培化関連 QTL

種子サイズだけではなく、様々な器官サイズに大きい遺伝効果をもつ QTL が第8連鎖群上部に検出された(図2、図3)。その中心には、MOG 系統が示す劣性の葉の形態異常遺伝子 tc (twist and curly leaf) が存在することから、MOG 遺伝子の遺伝効果が、様々な器官を大型化させる QTL として検出されたと考えられる。その遺伝効果は開花期を遅く、下位節間長を長く、百粒重を重く、分枝数や一莢内種子数を減らす向きに劣性に作用し、葉を大きく、上位節間長、葉柄長、莢長および種子長を長くする向きに不完全劣性に作用していた。各 QTL の寄与率は、MOG 突然変異体のドナー栽培品種の BC48 系統が栽培化の過程で獲得したと考えられる他の連鎖群の QTL の寄与率よりも極めて大きかった。アズキやツルアズキの種子はケツルアズキやリョクトウよりも明らかに大きい、ケツルアズキ第8連鎖群の器官大型化 QTL 近傍には、アズキやツルアズキの種子サイズの QTL は存在せず(図2)、MOG 遺伝子はアズキやツルアズキの栽培化には利用されなかった遺伝変異と考えられる。

#### ②ツルアズキの栽培化関連 QTL

ツルアズキの栽培種は祖先野生種に比べて種子や莢が大きく、莢の成熟までに長い日数を要し、栽培種では莢の裂莢性は弱くなっ

ていた。これらの違いは効果の大きい少数の QTL によって説明が可能で、小さな遺伝変異の蓄積というよりは種子等の器官に大きな形態的变化を与える少数の突然変異が栽培種に生じたと考えられ、ツルアズキでは他種に比べ栽培化が進んでいないと推察された。主に、種子と莢の巨大化に関する QTL は第2および第4連鎖群に、裂莢性の QTL は第7連鎖群に認められた。種子の巨大化に関する第1、2および第5連鎖群の QTL はアズキのそれらと一致していたが、第4連鎖群の QTL はツルアズキに特異的で、QTL の効果も極めて大きいことから、種間交配によってこの遺伝子をアズキに導入すれば、より大きな種子のアズキ品種が育成できると期待される。ツルアズキはその名の通り蔓化するが、アズキの第2、7、9連鎖群の草丈の QTL は逆に蔓化を防ぐ QTL として、第4の開花期 QTL は日本の日長条件に適した栽培種の改良に利用できる可能性がある。

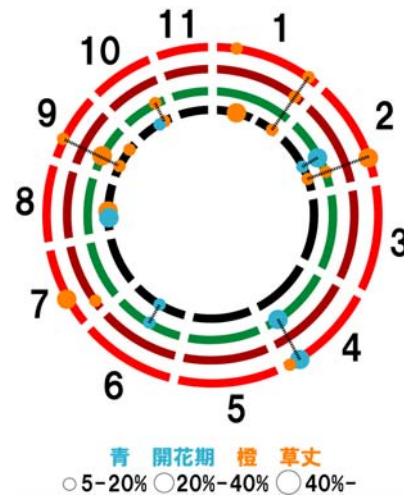


図3 開花期と草丈に関する QTL の比較地図

#### ③リョクトウの栽培化関連 QTL

リョクトウ栽培品種と祖先野生種との種子サイズの差異は、他の3種の栽培品種と祖先野生種間の差異と比べると小さかったが、他種よりも遺伝効果の小さい多数の QTL が検出された。これには栽培化の歴史が古いことや、育種や利用に関わった民族の性質も関連があるのかもしれない。一方、最も遺伝効果の大きい第8連鎖群の QTL はケツルアズキの QTL とは異なっていたことから(図2)、種間交配によって MOG 遺伝子をリョクトウに導入すれば、より大きな種子の品種が育成できると期待される。裂莢性の QTL は他種と同様の第7連鎖群だけでなく、同等の遺伝効果を持つ QTL が第1連鎖群にも見つかった(図2)。種子の吸水性では、第1連鎖群に遺伝的効果の大きい QTL が検出され、アズキの QTL とは座乗位置が異なっていた。アズキでは硬実性が問題なので、その改良に利用できるかもしれない。草丈については6種類の QTL が見つ

かったが(図3)、ほとんどのQTLは栽培種の対立遺伝子が草丈を大きくする効果を有していた。開花期に関するQTLは全て寄与率が高く、栽培種由来の全対立遺伝子が開花期を早める遺伝効果を持っていた。そのうち、第2および第6連鎖群のQTLは分枝数のQTLの近傍に見つかっている(図3)。

#### ⑤ *Vigna* 属作物とダイズの栽培化関連 QTL の比較

ダイズでの座乗位置が推定できた分子マーカーに限られるが、*Vigna* 属作物4種の間で見つかった栽培化関連QTL近傍に座乗する分子マーカーの塩基配列情報を介して、ダイズと祖先野生種のツルマメの間、ダイズ栽培品種間で報告されているQTLとの比較を行った。*Vigna* 属作物3種に共通の第7連鎖群の裂莢性に関するQTLは遺伝効果が非常に大きい(図2橙)、ダイズの裂莢性に関する主要なQTLの座乗位置とは明らかに異なっていた。

*Vigna* 属作物3種に共通の第1および7連鎖群の草丈に関するQTLは(図3)、ダイズで見出されている主要なQTLの座乗位置に近かった。アズキに特異的であった第4連鎖群のQTLは有限伸育型を支配する古典的なDt1座に相当すると思われる。一方、第2、9連鎖群の草丈に関するQTLはダイズ内の変異で見つかっていない。第4連鎖群のアズキやリョクトウの開花期のQTL(図3)はダイズの古典的なE3遺伝子座に相当すると思われる。これはダイズと祖先野生種のツルマメの間でもQTLとして報告されているが、その他のQTLに関してはダイズで検出されていない。

今回解析に用いたツルアズキ、リョクトウ、ケツルアズキおよび全ての祖先野生種は、ダイズやツルマメよりも低緯度に分布しており、栽培化に利用された開花や草型に関連した遺伝変異が大きく異なっていたとも考えられる。

以上のように、野生種から栽培種への形態・生理学的な大きな変化に利用されてきた遺伝変異にはこれらマメ科作物に共通した変異と、ある作物では未利用の可能性のある遺伝効果の大きい変異が存在することが明らかとなり、将来属を越えた育種利用が期待される。

#### ⑥ 今後の展望

本研究により、アジア起源の主要な *Vigna* 属作物のゲノム研究の基盤整備が進展し、開発された分子マーカーや連鎖地図は、*Vigna* 属植物が持つ豊富な有用遺伝子群を解析するためのツールとして役立つだけでなく、*Vigna* 属作物の多様性中心で生産需要が高まっているアジアの開発途上国における育種選抜技術に貢献すると考えられる。

ここ数年マメ科作物のゲノム研究がアメ

リカを中心に進展し、2009年1月にはダイズの染色体レベルの塩基配列情報が公開され、ダイズはマメ科モデル作物になりつつある。今後、ダイズと高精度のゲノム比較ができれば、直ちに遺伝子に迫れる可能性が高まることから、塩基配列情報を介した *Vigna* 属作物とダイズとのゲノム情報の交換ができるような研究基盤を構築し、日本が保有する貴重な遺伝資源より有用な遺伝子を効率的に同定したい。また、ダイズと *Vigna* 属作物は類似した栽培体系を持つので、そのなかで栽培化に利用されてきた自然変異は育種や栽培にとってそれほど有害ではないであろう。今後、そのような栽培化に利用されなかった自然変異を新たに採用する方法を見出し、ダイズと *Vigna* 属植物間の遺伝変異の拡大に努めたい。

#### 5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 5件)

- 1) Kaga A, Isemura T, Tomooka N, Vaughan DA. (2008) The genetics of domestication of the azuki bean (*Vigna angularis*) Genetics 178:1013-1036, 査読有
- 2) Somta P, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Vaughan DA, Srinives P (2008) Mapping of quantitative trait loci for a new source of resistance to bruchids in the wild species *Vigna nepalensis* Tateishi & Maxted (*Vigna* subgenus *Ceratotropis*) Theoretical and Applied Genetics 117:621-628, 査読有
- 3) Isemura T, Kaga A, Tomooka N, Vaughan DA 他3名 (2007) Genome dissection of traits related to domestication in azuki bean (*Vigna angularis*) and comparison with other warm-season legumes. Annals of Botany 100:1053-1071, 査読有
- 4) Chaitieng B, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Vaughan DA 他1名 (2006) Development of a black gram [*Vigna mungo* (L.) Hepper] linkage map and its comparison with an azuki bean [*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi and Ohashi] linkage map. Theoretical and Applied Genetics 113(7): 1261-1269, 査読有
- 5) Somta P, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Srinives P, Vaughan DA 他1名 (2006) Development of an interspecific *Vigna* linkage map between *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi and *V. nakashimae* (Ohwi) Ohwi & Ohashi and its use in analysis of bruchid resistance and comparative genomics. Plant Breeding 125: 77-84, 査読有

[学会発表] (計 14件)

- 1) Kaga A (2009) The soybean: Evolution of the world most important legume RGJ - Ph. D. Congress X:116.
- 2) 伊勢村武久, 加賀秋人, 友岡憲彦, Vaughan D.A (2008) アズキ SSR マーカーによるリョクトウ連鎖地図の構築 育種学研究 10(別2):316
- 3) 加賀秋人, 友岡憲彦, 伊勢村武久, 黒田洋輔, Vaughan D. A (2007) アズキと近縁野生種の戻し交雑後代における適応度関連形質の遺伝解析 育種学研究 9(別2):241
- 4) 加賀秋人 (2007) 食用マメ科作物における DNA マーカー開発の現状と展望 かずさ DNA 研究所ワークショップ 作物 DNA マーカー - 選抜と品種識別への活用 -:13-17
- 5) 伊勢村武久, 加賀秋人, 友岡憲彦, Vaughan D. A (2007) ツルアズキ (*Vigna umbellata*) の栽培化関連形質に関する QTL 解析 育種学研究 9(別2):189
- 6) Vaughan D, Sangiri C, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Srinives P 他1名(2008) Genetic diversity of the mungbean (*Vigna radiata*) genepool based on microsatellite (SSR) analysis 育種学研究 10(別1):226
- 7) 伊勢村武久, 友岡憲彦, 加賀秋人, ダンカン・ヴォーン他1名(2008) アズキ SSR マーカーを利用したツルアズキの多様性解析とコアコレクションの設定 熱帯農業研究 1(Extra issue 1):51-52
- 8) 加賀秋人, Chaitieng B, 友岡憲彦, 伊勢村武久, Vaughan D. A 他1名(2007) ケツルアズキ (*Vigna mungo*) とアズキ (*V. angularis*) の栽培化関連形質 QTL の比較 育種学研究 9(別1):262
- 9) 友岡憲彦, 加賀秋人, ブッパ・チャイテイエン, ピラサック・スリニヴェス, プラキット・ソムタ, ダンカン・ヴォーン, 伊勢村武久, 他2名(2007) ケツルアズキ多器官大型化突然変異体(MOG)の生育特性 熱帯農業 51(別1):71-72
- 10) 伊勢村武久, 加賀秋人, 友岡憲彦, Vaughan D. A (2007) アズキ SSR マーカーによるツルアズキ連鎖地図の構築 育種学研究 9(別1):104
- 11) 伊勢村武久, 加賀秋人, 友岡憲彦, Vaughan A. D 他1名(2006) アズキ栽培種と野生種との雑種集団を用いた栽培化及び適応度関連形質の QTL 解析 育種学研究 8(別2):131
- 12) 友岡憲彦, 加賀秋人, Vaughan D (2006) アジア *Vigna* 属植物遺伝資源の多様性解析と育種の利活用に関する研究 熱帯農

業 50(5):300-303

- 13) Kaga A, Isemura T, Tomooka N, Vaughan A. D (2006) Asian *Vigna* genome study The Kazusa Conference of Legume Genetics and Genomics in Asia
- 14) Vaughan D, Kaga A, Tomooka N, Isemura T, Chaitieng B, 他1名(2006) The Asian *Vigna* and azuki bean: domestication perspectives OECD, NIAS Domestication, super-domestication and gigantism: Human manipulation of plant genomes for increasing crop yield

[図書] (計 1件)

- 1) Kaga A, Vaughan D. A, Tomooka N (2008) Molecular markers in *Vigna* improvement: Understanding and using gene pools Molecular Marker Systems in Plant Breeding and Crop Improvement 55(II.6):171-187

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

加賀 秋人 (KAGA AKITO)

農業生物資源研究所・ダイズゲノム研究チーム・主任研究員

研究者番号: 30391551

### (2) 研究分担者

友岡 憲彦 (TOMOOKA NORIHIKO)

農業生物資源研究所・ジーンバンク・上級研究員 研究者番号: 40373253

伊勢村 武久 (ISEMURA TAKEHISA)

農業生物資源研究所・ジーンバンク・特別研究員

Vaughan A Duncan

農業生物資源研究所・ジーンバンク・上級研究員 研究者番号: 40391552

田畑 哲之 (TABATA SATOSHI)

かずさ DNA 研究所・副所長

研究者番号: 70197549

Srinives Peerasak

Kasetsart 大学農学部・農学科・教授

Chaitieng Bubpa

Ubonratchathani 大学農学部・園芸学科・助教授

Somta Prakrit

Kasetsart 大学農学部・農学科・助手