

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 6 年 5 月 31 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2019～2023

課題番号：19H02935

研究課題名（和文）アポミクシス形質を獲得してクローン胚を形成するコムギの作出と関連遺伝子の同定

研究課題名（英文）Development of wheat lines that produce apomictic embryos

研究代表者

松岡 由浩（Matsuoka, Yoshihiro）

神戸大学・農学研究科・教授

研究者番号：80264688

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 12,900,000円

研究成果の概要（和文）：本研究は、コムギ系統を交配し、アポミクシス形質を獲得してクローン胚を形成するコムギを作出し、この現象に関する遺伝子を同定することを目的として実施した。主な研究成果は次のとおり：（1）コムギ系統を交配することにより、単為生殖遺伝子と及び非還元配偶子形成QTLsを合わせもつコムギを作出した。（2）QTL解析により、非還元配偶子形成に関係する遺伝子座を検出した。（3）単為生殖するコムギ系統を用いて、単為発生が始まる段階以前の成熟した胚嚢の形態を観察することに成功した。（4）RNA-seq比較解析により、開花前後の時期において、109個の遺伝子が単為生殖するコムギ系統特異的に変動することを見出した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

食糧生産を巡る状況が厳しさを増す今日、気候変動や人口増加に対応できる生産性の高い作物品種が求められている。ヘテロシスを発現するF1品種は、高い生産性をもつ。アポミクシスは、クローン種子を形成することにより、F1雑種のヘテロシスを固定する。コムギでは、アポミクシスする系統は知られていないが、アポミクシスの主要構成要素である「非還元配偶子形成」と「単為生殖」を個別に発現する系統は存在する。本研究の成果は、コムギ自身もつアポミクシス形質を交配で組み合わせることでクローン胚形成を誘導できる可能性を示唆するものとして、学術的・社会的意義を有する。

研究成果の概要（英文）：The objectives of this study were to cross wheat lines to produce wheat that acquires the apomixis trait and forms cloned embryos, and to identify the genes involved in this phenomenon. The main findings are as follows: (1) By crossing wheat lines, we produced wheat that has both parthenogenetic genes and unreduced gamete formation QTLs. (2) Through QTL analysis, we detected gene loci related to unreduced gamete formation. (3) Using parthenogenetic wheat lines, we succeeded in observing the morphology of mature embryo sacs before the onset of parthenogenesis. (4) Through comparative RNA-seq analysis, we found that 109 genes fluctuated specifically in parthenogenetic wheat lines before and after flowering.

研究分野：植物遺伝学

キーワード：ヘテロシス固定 2n配偶子 単為生殖

1. 研究開始当初の背景

食糧生産を巡る状況が厳しさを増す今日、気候変動や人口増加に対応できる生産性の高い作物品種が求められている。ヘテロシスを発現する F₁ 品種は、高い生産性をもつ。しかし、有性生殖する作物の F₁ 品種は、後代でヘテロシスが分離・消失する。このため、「いかにしてヘテロシスが固定した永久ハイブリッド品種を作るか」は、パンコムギを始めとする主要作物の育種における核心的「問い」である。

アポミクシス(無融合種子形成)は、クローン種子を形成することにより、F₁ 雑種のヘテロシスを固定する。アポミクシスは、雌性の非還元配偶子(減数分裂の回避により生じる配偶子。体細胞と同じ数の染色体をもつ)が単為生殖して発現する。また、比較的少数の遺伝子に支配され、野生種では交配によるアポミクシス形質の獲得がみられる。コムギでは、アポミクシスする系統は知られていない。しかし、アポミクシスの主要構成要素である「非還元配偶子形成」と「単為生殖」を個別に発現する系統は存在する。

パンコムギでは、20 世紀の後半から、細胞質雄性不稔を利用した F₁ 品種の実用化が模索されている (Tucker, Okada, et al. Nat Commun 8:869, 2017)。これに対して、アポミクシス品種は、F₁ でありながら自殖でクローン種子を増殖できるため、育成できれば非常に大きなメリットをもつ。パンコムギでは、人工的に交配可能な野生種からのアポミクシスの導入が試みられたが、F₁ 雑種不稔のため不成功であった (Torabinejad, et al. TAG 86:288, 1993)。これに対して、コムギ自身もアポミクシス形質を交配で組み合わせることでクローン胚形成を誘導するアイデアは、これまで十分に試みられてこなかった。

アポミクシスについては、その遺伝機構が活発に研究されている (Koltunow, Johnson, Okada. JXB 62:1699, 2011)。コムギの非還元配偶子形成は、木原 (1946) により初めて報告された。本研究で材料とするパンコムギ細胞質置換系統 (*Kot*)-Salmon の単為生殖は、Tsunewaki et al. (1974) により初めて報告され、半数体作出技術として国内外で研究されてきた。しかし、この材料をアポミクシス誘導と結ぶ研究は、これまでなされていない。

2. 研究の目的

本研究は、コムギ系統を交配し、アポミクシス形質を獲得してクローン胚を形成するコムギを作出し、この現象に関する遺伝子を同定することを目的とする。一般的な F₁ 品種は、親系統を毎年交配して播種用種子を生産する。パンコムギでも、細胞質雄性不稔を利用して F₁ 種子を効率的に生産する方法の実用化が長年模索されている。これに対して、本研究は、アポミクシスでヘテロシスを固定する永久ハイブリッド品種の育成を目指す。アポミクシス品種は、F₁ でありながら自殖でクローン種子を増殖できる。このため、もし育成できれば、生産者と消費者の双方に非常に大きな経済的利益が期待できる。

3. 研究の方法

連続戻し交配によるアポミクシス系統作出

材料として次の 2 つの系統を用いる。

① 「非還元配偶子形成する」コムギ系統 LDN (2n=4x=28) : この系統は、タルホコムギ KU-2103 (2n=2x=14) と交雑して F₁ 雑種 (2n=3x=21) になった時、減数分裂を回避して、雌性と雄性の非還元配偶子 (n=3x=21) を高頻度で形成する。研究代表者らの研究により、非還元配偶子形成には LDN と KU-2103 がもつ QTLs (*Unr-L* と *Unr-K*) が関与することが分かっている (図 1)。

② 「単為生殖する」コムギ系統 (*Kot*)-Salmon (2n=6x=42) : この系統は、受粉により発芽時に双子を生じる種子を着ける。この双子の一方は、卵細胞の単為生殖により発生した半数体 (2n=3x=21、不稔) である。この単為生殖は、野生コムギに由来する細胞質 (*Kot*) と核遺伝子 *Ptg* の相互作用によって発現する。双子の

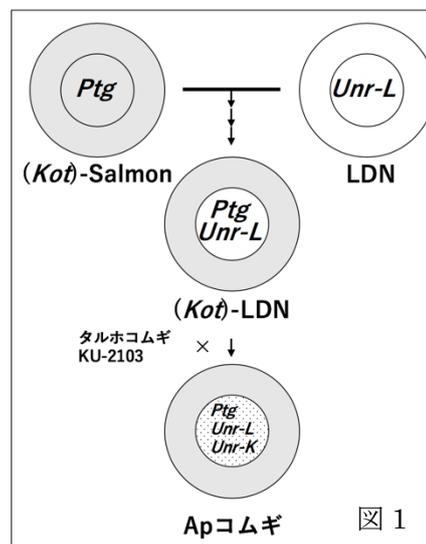


図 1

もう一方は、助細胞が受精してできた全数体 ($2n=6x=42$ 、稔性あり) である。

具体的な交配計画は次のとおり。(Kot)-Salmon に LDN を連続戻し交配して、「Kot 細胞質と *Ptg* 遺伝子をもつ LDN」(Kot)-LDN を作出する (図 1)。この交配では、双子発生 (単為生殖発現) を標識として交配する個体を選抜し、双子の全数体に LDN 花粉を授粉する作業を世代毎に反復する。そして、BC₅ 世代とそれ以降の世代の (Kot)-LDN ($2n=4x=28$) に KU-2013 ($2n=2x=14$) の花粉を授粉し、Kot 細胞質、単為生殖遺伝子 (*Ptg*) 及び非還元配偶子形成 QTLs (*Unr-L* と *Unr-K*) とを合わせもつ Ap コムギ (図 1 $2n=3x=21$) 種子を得る。

非還元配偶子形成能力の QTL 解析

LDN を含む二粒系コムギ (四倍体) と KU-2103 を含むタルホコムギ (二倍体) には、種間 F₁ 雑種 (三倍体) となった時に、非還元配偶子を形成「する」系統と「しない」系統がある。「する」系統に由来する種間 F₁ 雑種は、雌雄の非還元配偶子を形成し、それらが合体することで部分的に稔性を回復し、自殖により種子を着ける。非還元配偶子形成能力は、種間 F₁ 雑種の自殖着粒率をみることで定量的に調査できる。本研究では、二粒系コムギとタルホコムギがもつ非還元配偶子形成能力に関係する遺伝子座を、QTL 解析を用いてマッピングする。二粒系コムギでの QTL 解析については、まず、非還元配偶子を形成「する」系統と「しない」系統を交配し F₁ 雑種を作出する。次に、この F₁ 雑種を雌親としてタルホコムギ KU-2103 系統の花粉を授粉することで交配し、非還元配偶子を形成「する」個体と「しない」個体が分離する三倍体集団を作出する。そして、この三倍体分離集団の各個体から得る自殖着粒率データと分子マーカーによるゲノタイプングデータを合わせて QTL 解析を行い、非還元配偶子形成に関わる遺伝子座を同定する。また、タルホコムギについても同様の分離集団を用いて QTL 解析を行い、非還元配偶子形成に関わる遺伝子座を同定する。

単為生殖に関する遺伝子の探索

単為生殖を行う細胞質置換系統コムギ (Kot)-Salmon とその核ゲノム親系統である Salmon (細胞質置換しておらず単為生殖しない euplasmic 系統) の子房を用いて比較 RNA-seq 解析を行う。(Kot)-Salmon と Salmon から未受粉完熟小花より子房を採取し、固定・パラフィン包埋・切片化を行う。そして、単為生殖発生した胚の有無を顕微鏡観察により確認する。単為発生が始まる前の子房での遺伝子発現を比較・解析することにより、細胞質置換による子房での遺伝子発現パターンの変化を調べ、単為発生に関わる遺伝子を推定する。また (Kot)-Salmon は細胞質置換のみならず 1B 染色体短腕がライムギの 1R 染色体と置換した染色体置換も併せ持つ。そのため RNA-seq 解析においては、ライムギ 1R 染色体および置換系統の細胞質 DNA 配列も同時に用いて、発現遺伝子の解析を行う。同定した発現が有意に異なる変動遺伝子群は、更にその機能のエンリッチメント解析を行い単為生殖の機能を担う *Ptg* 遺伝子の候補を絞り込む。

4. 研究成果

連続戻し交配によるアポミクシス系統作出

(Kot)-Salmon に LDN を交配したところ、これらの F₁ 雑種に LDN を交配して得た雑種は、発芽・生育したものの不稔であり、LDN の花粉をかけても種子を得ることができなかった。一方、本研究計画を補完する材料として使用していた「単為生殖する」コムギ系統 (*Var*)-Salmon ($2n=6x=42$) と LDN との交配では、(*Var*)-Salmon と LDN の F₁ 雑種に、LDN を 3 回戻し交配することができた。この交配から得た種子の一部からは双子が発現し、現在これを生育して LDN を交配した種子を得ることに成功した (図 2)。ただし、(*Var*)-Salmon を用いる交配においても世代を追って種子親植物の稔性が下がっており、今後慎重に戻し交配を進める必要がある。

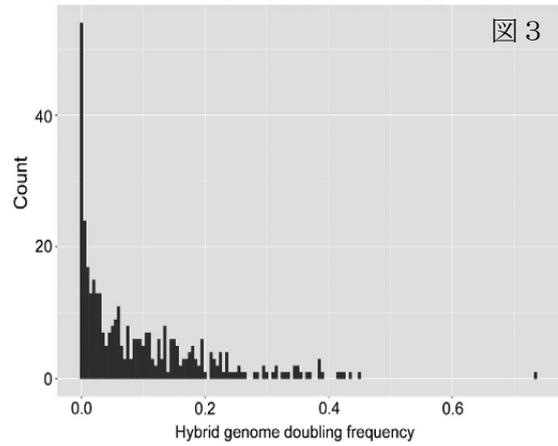


図 2

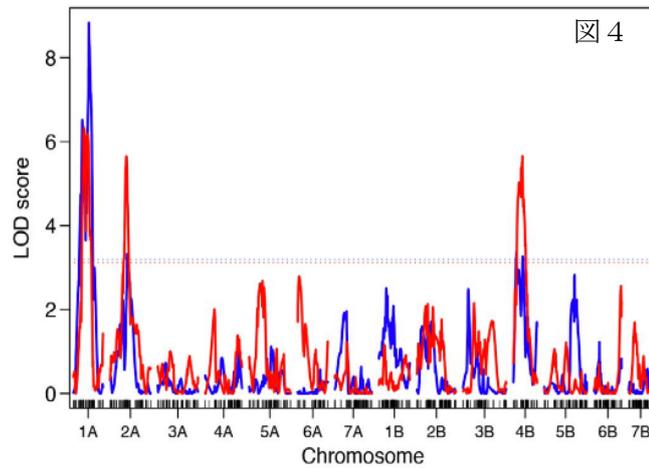
非還元配偶子形成能力の QTL 解析

二粒系コムギについて、種間 F₁ 雑種 (三倍体) となった時に、非還元配偶子を形成「する」系統と「しない」系統を交配し F₁ 雑種を作出し、さらに、F₁ 雑種を雌親としてタルホコムギ KU-2103 系統を交配して得た三倍体集団 (374 個体) の自殖着粒率は、0.00 から 0.73 の範囲であり、中央値、平均値、標準偏差は、それぞれ、0.06、0.10、0.11 であった。また、その分布は左に歪んでおり、54 個体の自殖着粒率が 0.00 であった (図 3、[Matsuoka and Mori 2020 Ecology and Evolution 10: 13926-13937](#))。

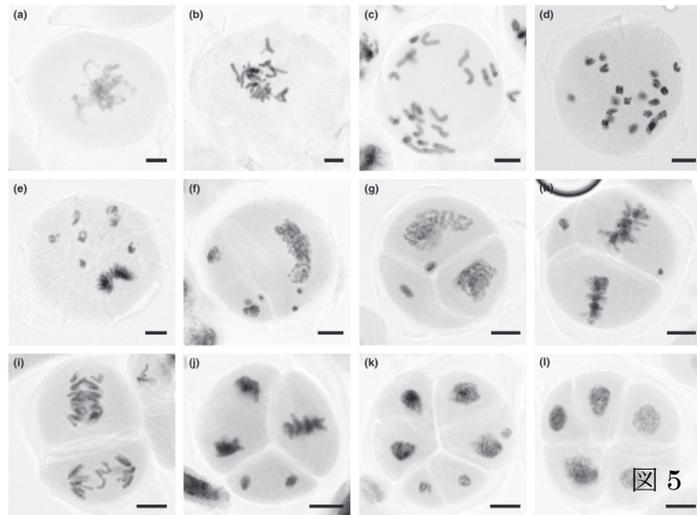
QTL 解析において、分離集団個体のゲノタイプピングには、Diversity Arrays Technology マーカーを使用した。また、全ての三倍体個体を用い、かつ、着粒があった個体は表現値を「1」とし、着粒がなかった個体は表現値を「0」とする変換（バイナリ変換）を行った場合、及び、自殖着粒率が 0.00 であった個体を除いた場合についてそれぞれ解析を実施した。ここで、前者の場合は、着粒があるかどうか（すなわち、非還元配偶子が生産されるかどうか）に関する QTL を、後者の場合は、着粒があった場合、どの程度の頻度で種子が着くか（すなわち、非還元配偶子が形成される時、どの程度の割合で形成されるか）に関する QTL を検出することを想定した。



バイナリ変換を行ったデータを用いた解析から、1A 染色体、2A 染色体、4B 染色体に着粒があるかどうかに関する QTL が存在することが示された（図 4、青線、[Matsuoka and Mori 2020 Ecology and Evolution 10: 13926-13937](#)）。これらの QTL が表現型分散を説明する割合は、それぞれ、10.3%、4.0%、4.1%であった。また、自殖着粒率が 0.00 であった個体を除いたデータを用いた解析から、1A 染色体、2A 染色体、4B 染色体に着粒率に関する QTL が存在することが示された（図 4、赤線、*ibid.*）。これらの QTL が表現型分散を説明する割合は、それぞれ、8.7%、7.8%、7.8%であった。この結果から、「非還元配偶子を形成するかどうか」と「非還元配偶子を形成する場合、どの程度の割合で形成するか」は、同じ遺伝子セットに制御されている可能性が示唆された。



これらの QTL の機能を調べるため、種間 F₁ 雑種（三倍体）となった時に非還元配偶子を形成「しない」二粒系コムギとタルホコムギを交雑して得た三倍体 F₁ 雑種の花粉母細胞における減数分裂を顕微鏡観察した（図 5）。その結果、この雑種においては、中期において一価染色体が赤道面に整列せず（図 1c と 1d、*ibid.*）、その後、不規則な細胞質分裂が繰り返され（図 1f から 1l）、結果として、polyads を生じることが明らかとなった。このようにして生じた polyads には染色質が不均等に配分されており、結果として不稔の花粉が形成されると考えられる。

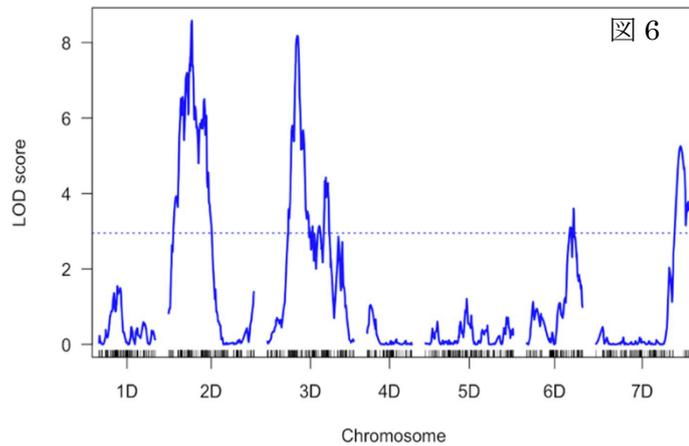


以前の研究により、種間 F₁ 雑種（三倍体）となった時に非還元配偶子を形成「する」二粒系コムギとタルホコムギを交雑して得た三倍体 F₁ 雑種の花粉母細胞における減数分裂においては、中期において一価染色体が赤道面に整列し、その後、染色体分裂と細胞質分裂が同調して進行することで、染色質が均等に配分された dyads が形成されることが分かっている（[Matsuoka et al. 2013 PLoS ONE 8: e68310](#)）。この結果と、本研究の結果を合わせて考えると、1A 染色体、2A 染色体、4B 染色体に存在する QTL は、一価染色体の赤道面への整列の制御（例えば、一価染色体に結合する紡錘体の制御）に関する可能性があると考えられる。

タルホコムギについて、種間 F₁ 雑種 (三倍体) となった時に、非還元配偶子を形成「する」系統と「しない」系統を交配し F₁ 雑種を作出し、さらに、F₁ 雑種を雄親として LDN に交配して得た三倍体集団では、自殖着粒率の分布はほぼ左右対称のグラフを与えるものであった

(Matsuoka et al. 2013 PLoS ONE 8: e68310)。この集団の各個体 (279 個体) をマイクロサテライトマーカーと Diversity Arrays Technology マーカーでゲノタイピングして QTL 解析を行った結果、2D 染色体、

3D 染色体、6D 染色体、7D 染色体に非還元配偶子形成に関係する遺伝子座を検出した (図 6、Matsuoka 2023 Genetic Resources and Crop Evolution 70: 763-773)。これらの QTL が相加的に働くと仮定して構築したモデルは、表現型分散の 36.8% を説明した。以前の研究結果を考慮すると、これらの QTL は、二粒系コムギで見出された QTL と同様、非還元減数分裂の進行を制御すると考えらえる。



単為生殖に関する遺伝子の探索

(*Kot*)-Salmon とその核ゲノム親系統 Salmon の開花前日および開花当日の子房の切片をトルイジンブルー染色し、光学顕微鏡での観察を行った結果、核ゲノム親系統 Salmon の子房で、受精前の成熟した胚嚢を確認した。また、細胞質置換コムギ系統 (*Kot*)-Salmon の子房で、単為発生が始まる段階以前の成熟した胚嚢の形態を観察することに成功した。

単為生殖するコムギ系統 (*Kot*)-Salmon とその核ゲノム親系統の Salmon の開花前後の子房から抽出した RNA を用いて RNA-seq 比較解析を行った。開花前後で発現が変動する遺伝子のうち、109 個の遺伝子が単為生殖するコムギ系統特異的に変動しており、そのうち 45 個が発現上昇、64 個が発現低下を示した。これらの遺伝子群は細胞質の置換により発現パターンが変化したと推察される。興味深いことに、発現が上昇する遺伝子にはライムギの 1R 染色体に由来する遺伝子が含まれていたことから、ライムギ由来の遺伝子が単為生殖に寄与している可能性が示唆された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 6件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 3件）

| | |
|---|-----------------------------|
| 1. 著者名 Matsuoka Yoshihiro | 4. 巻 70 |
| 2. 論文標題 Phylogeographic and quantitative trait locus analysis of the ability of <i>Aegilops tauschii</i> Coss., the D genome progenitor of common wheat, to cause genome doubling in the F1 hybrids with <i>Triticum turgidum</i> L., the AB genome progenitor | 5. 発行年 2022年 |
| 3. 雑誌名 Genetic Resources and Crop Evolution | 6. 最初と最後の頁 763-773 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s10722-022-01459-7 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |
| 1. 著者名 Gogniashvili Mari, Matsuoka Yoshihiro, Beridze Tengiz | 4. 巻 22 |
| 2. 論文標題 Genetic Analysis of Hexaploid Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) Using the Complete Sequencing of Chloroplast DNA and Haplotype Analysis of the <i>Wknox1</i> Gene | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences | 6. 最初と最後の頁 12723 ~ 12723 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/ijms222312723 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である） | 国際共著 該当する |
| 1. 著者名 Matsuoka Yoshihiro, Mori Naoki | 4. 巻 10 |
| 2. 論文標題 Reproductive and genetic roles of the maternal progenitor in the origin of common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 Ecology and Evolution | 6. 最初と最後の頁 13926 ~ 13937 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/ece3.6985 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である） | 国際共著 - |
| 1. 著者名 松岡由浩、石井孝佳、宅見薫雄、辻本壽、岸井正浩 | 4. 巻 42 |
| 2. 論文標題 祖先野生種プレブリーディングによるコムギ遺伝資源の創出と育種展開 | 5. 発行年 2020年 |
| 3. 雑誌名 アグリバイオ | 6. 最初と最後の頁 42-44 |
| 掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし | 査読の有無 無 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 該当する |

| | |
|--|-------------------------|
| 1. 著者名 Inoue Yoshihiro, Vy Trinh Thi Phuong, Asuke Soichiro, Matsuoka Yoshihiro, Tosa Yukio | 4. 巻 87 |
| 2. 論文標題 Origin of host-specificity resistance genes of common wheat against non-adapted pathotypes of <i>Pyricularia oryzae</i> inferred from D-genome diversity in synthetic hexaploid wheat lines | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Journal of General Plant Pathology | 6. 最初と最後の頁 201 ~ 208 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10327-021-00990-2 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

| | |
|--|-------------------------|
| 1. 著者名 Mahjoob Mazin Mahjoob Mohamed, Gorafi Yasir Serag Alnor, Kamal Nasrein Mohamed, Yamasaki Yuji, Tahir Izzat Sidahmed Ali, Matsuoka Yoshihiro, Tsujimoto Hisashi | 4. 巻 10 |
| 2. 論文標題 Genome-Wide Association Study of Morpho-Physiological Traits in <i>Aegilops tauschii</i> to Broaden Wheat Genetic Diversity | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Plants | 6. 最初と最後の頁 211 ~ 211 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/plants10020211 | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である) | 国際共著 該当する |

| | |
|--|---------------------------|
| 1. 著者名 Asuke Soichiro, Umehara Yuta, Inoue Yoshihiro, Vy Trinh Thi Phuong, Iwakawa Mizuki, Matsuoka Yoshihiro, Kato Kenji, Tosa Yukio | 4. 巻 111 |
| 2. 論文標題 Origin and Dynamics of Rwt6, a Wheat Gene for Resistance to Nonadapted Pathotypes of <i>Pyricularia oryzae</i> | 5. 発行年 2021年 |
| 3. 雑誌名 Phytopathology | 6. 最初と最後の頁 2023 ~ 2029 |
| 掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1094/PHYTO-02-21-0080-R | 査読の有無 有 |
| オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難 | 国際共著 - |

〔学会発表〕 計8件 (うち招待講演 2件 / うち国際学会 2件)

| |
|--|
| 1. 発表者名 松岡由浩 |
| 2. 発表標題 雑種ゲノム倍化を引き起こす能力の種内変異パターンがコムギ・エギロプス属の進化に関して示唆しうること |
| 3. 学会等名 第17回ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2022年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 Mari Gogniashvili, Yoshihiro Matsuoka, Tengiz Beridze |
| 2. 発表標題 The Peculiarities of Wknox1 Gene of Hexaploidm Wheat (Triticum aestivum L.) |
| 3. 学会等名 Plant and Animal Genome 30 (国際学会) |
| 4. 発表年 2023年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松岡由浩、岡田崇、宅野将平 |
| 2. 発表標題 コムギ種間雑種の非還元配偶子形成: その遺伝機構とアボミクス品種作出へ利用 |
| 3. 学会等名 日本植物学会第85回大会 (招待講演) |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松岡由浩 |
| 2. 発表標題 二粒系コムギとのF1雑種でゲノム倍化を引き起こすタルホコムギの系統地理と関連遺伝子のQTL解析 |
| 3. 学会等名 第16回コムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2021年 |

| |
|------------------------------------|
| 1. 発表者名 松岡由浩、森直樹 |
| 2. 発表標題 コムギ倍数性進化における雑種ゲノム倍加の重要性 |
| 3. 学会等名 日本進化学会 |
| 4. 発表年 2020年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 松岡由浩、森直樹 |
| 2. 発表標題 コムギ倍数性進化における雑種ゲノム倍加の重要性: 交雑実験とQTL解析の結果から |
| 3. 学会等名 第15回ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2020年 |

| |
|--|
| 1. 発表者名 松岡由浩、森直樹 |
| 2. 発表標題 タルホコムギとの交雑親和性およびタルホコムギとのF1雑種の自殖着粒率からみた二粒系コムギのナチュラルバリエーション |
| 3. 学会等名 ムギ類研究会 |
| 4. 発表年 2019年 |

| |
|---|
| 1. 発表者名 Yoshihiro Matsuoka and Yoshihiro Koyama |
| 2. 発表標題 Role of a Georgian lineage in the evolution of <i>Aegilops tauschii</i> Coss., an ancestor of bread wheat |
| 3. 学会等名 International Scientific Conference GEORGIAN WHEAT - CONTINUOUS TRADITION OF USE AND RITUALS (招待講演) (国際学会) |
| 4. 発表年 2024年 |

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

| | 氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号) | 所属研究機関・部局・職 (機関番号) | 備考 |
|-------|--|------------------------------------|----|
| 研究分担者 | 岡田 萌子 (Okada Moeko) (20913289) | 新潟大学・農学部・助教 (13101) | |

6. 研究組織（つづき）

| | 氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号) | 所属研究機関・部局・職 (機関番号) | 備考 |
|-------|--|--|----|
| 研究分担者 | FAWCETT JEFFREY (Fawcett Jeffrey) (50727394) | 国立研究開発法人理化学研究所・数理創造プログラム・上級 研究員 (82401) | |
| 研究分担者 | 宅野 将平 (Takuno Shohei) (20547294) | 国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産技術研究所・主 任研究員 (82708) | |

| | 氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号) | 所属研究機関・部局・職 (機関番号) | 備考 |
|-------|-----------------------------|--|----|
| 研究協力者 | 岡田 崇 (Okada Takashi) | アデレード大学・Robinson Research Institute・Senior Researcher | |

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

| 共同研究相手国 | 相手方研究機関 | | |
|---------|--|---------------------------------------|--|
| ジョージア | Agricultural Scientific Research Center | Agricultural University of Georgia | |
| オーストラリア | | アデレード大学 | |