

令和 7 年 6 月 30 日現在

機関番号：83404

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2024

課題番号：20K06191

研究課題名(和文) リュウキュウアユのゲノミクスで探る絶滅危惧魚類の存続に不可欠な遺伝的特性

研究課題名(英文) Exploring genomic signatures of Ryukyu-ayu to inform the survival of an endangered fish species

研究代表者

武島 弘彦 (Hirohiko, Takeshima)

福井県里山里海湖研究所・研究部門・研究員

研究者番号：50573086

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：絶滅危惧魚類「リュウキュウアユ」の長期間の存続に不可欠な遺伝的特性を明らかにするために、アユの2亜種について、過去の有効集団サイズを推定し、低カバレッジ全ゲノムリシーケンスを用いた比較集団ゲノム解析を行った。最終氷期以降、リュウキュウアユはアユと比べてかなり小さい集団サイズで長期間存続してきたことが明らかとなった。リュウキュウアユには、ゲノム全体で変異が乏しいにも関わらず、非同義置換が多く保有されていた。また、個体の生存に大きく影響しうる「生体防御」、「mRNAの品質管理機構」に関わる遺伝子を含むゲノム領域において、多様性が高く維持されていること、ならびに「平行選択」下にあることが示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

現在、地球上では人類の活動に起因して、絶滅危惧にある生物が加速度的に増加している。第6の大量絶滅期であると言われ、絶滅危惧種の保全は世界的な緊急課題である。日本でも汽水・淡水魚類の42%が絶滅危惧種とされ、各動物分類群のなかでも最も高い割合を示す。これまで研究事例が少なかった魚類の絶滅危惧種について、リュウキュウアユという日本固有の絶滅危惧魚類をモデルとした保全ゲノミクスを実施した。本研究の成功は、日本の魚類の保全ゲノミクス分野を牽引するのは間違いなばかりか、その成果をより速く世界に発信し、汽水・淡水魚類の生物多様性・保全ゲノミクスの研究分野を「日本」が世界的にリードする基盤を構築できる。

研究成果の概要(英文)：To elucidate the genetic characteristics essential for the long-term persistence of the endangered fish Ryukyu-ayu, we performed demographic inference using whole-genome resequencing and comparative population genomics using low-coverage whole-genome resequencing for the two subspecies of ayu including ayu and Ryukyu-ayu. Our analysis revealed that Ryukyu-ayu has persisted with significantly smaller effective population sizes than ayu since the Last Glacial Maximum. Despite a marked reduction in genome-wide genetic variation, Ryukyu-ayu retains a relatively high number of nonsynonymous substitutions. In addition, we identified genomic regions with elevated genetic diversity encompassing genes associated with host immune defense and mRNA surveillance pathways-key biological functions linked to organismal survival. These regions exhibited signatures of balancing selection, suggesting maintenance of adaptive variation despite prolonged small population size.

研究分野：保全ゲノム科学

キーワード：生物多様性 絶滅危惧種 リュウキュウアユ アユ 低カバレッジ全ゲノムシーケンス 集団ゲノミクス

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

## 1. 研究開始当初の背景

絶滅が危惧される生物では、個体数が減少すると遺伝的多様性も減少する。遺伝的多様性の低下は、近親交配により低頻度で存在する有害対立遺伝子の発現を促し、絶滅リスクはさらに高まる。ところが、このような条件が揃っても、一部の絶滅危惧生物は長期間にわたって存続してきたとみられる。言い換えれば「長期にわたり、遺伝的多様性が低いものの絶滅しなかった生物」が存在する。

「なぜ、一部の絶滅危惧生物は低い遺伝的多様性でも長期間存続できたのだろうか？」この問いに答える一つの手段は、全ゲノムの比較分析を行うことで、その生物種の集団サイズの動態を明らかにし、遺伝的特性を解明することである。そのような分析は、哺乳類、鳥類、ならびに植物などでは、近年、大きく注目されている。その一方で、水圏の絶滅危惧生物の比較ゲノム研究は国際的に殆ど進んでいない。特に日本では、汽水・淡水魚類の42%が絶滅危惧種とされ、各動物分類群のなかでも最も高い割合を示すことから、日本発の比較ゲノム分析に基づく絶滅危惧魚類の遺伝的特性の研究が待望される。

アユ *Plecoglossus altivelis altivelis* の亜種であるリュウキュウアユ *P. a. ryukyuensis* は、現在、奄美大島のみで生息する絶滅危惧の魚類である。これまでの研究から、アユの亜種間には大きな遺伝的分化があること、基亜種内には、集団サイズが異なり若干の遺伝的差異がある2つの集団、日本本土の両側回遊性アユ(大規模集団)、琵琶湖の陸封アユ(中規模集団)が存在すること、そして集団サイズが極めて小さいリュウキュウアユでも、奄美大島東部と西部の集団は遺伝的に異なることなどが知られている。このように、リュウキュウアユとアユは、様々な規模の集団サイズ・遺伝的分化をもつ集団を含んでおり、比較集団ゲノミクスのアプローチから「絶滅危惧魚類の遺伝的特性」を調べる上で適した比較対象と言える。

「なぜ、リュウキュウアユは低い遺伝的多様性でも長期間存続できたのだろうか？」ゲノム全体で多様性が低下し、近親交配が増加する中で、存続に不可欠なゲノム領域があるとすれば、その多様性はどのように維持されてきたのだろうか？高い多様性を維持している本土アユ集団との比較集団ゲノミクスを実施できれば、ゲノムワイドな変異パターン、有害対立遺伝子の実態などが浮き彫りになる。

## 2. 研究の目的

そこで本研究では、リュウキュウアユの小集団と、集団サイズが大きく多様性が高い日本本土のアユ集団について、多数個体に基づく集団ゲノミクスを行い「絶滅危惧集団の存続に不可欠な遺伝的特性」を明らかにする。

## 3. 研究の方法

### (1) 研究体制と全体の流れ

本研究は、申請者の所属機関(研究期間中に東海大学・福井県立大学を経て)福井県里山里海湖研究所、ならびに大阪公立大学(旧大阪市立大学)、大阪医科薬科大学(旧大阪医科大学)に所属するメンバーにより、強い協力体制のもとで実施された。

福井県里山里海湖研究所は「研究の総括、全ゲノムリシーケンス分析、データ解析」を、大阪公立大学は「全ゲノムリシーケンス分析」を、大阪医科薬科大学は「データ解析」を、各々重点的に担当した。研究の実施に際しては、申請時の計画を尊重しながら、新型コロナウイルスの社会的影響を考慮して、計画の改良を適宜行った。

### (2) 過去の集団サイズ動態の復元

奄美東部ならびに西部のリュウキュウアユ各1個体ずつ、日本本土のアユ2個体、琵琶湖アユ2個体について、通常カバレッジの全ゲノムリシーケンスを実施した。得られたデータにPSMC(pairwise sequentially Markovian coalescent)法を適用し、過去の集団サイズ動態を復元した。

### (3) 多数個体における低カバレッジ全ゲノムリシーケンス

まずは、低価格で次世代シーケンスライブラリを作成できるHackflex法の実験系を確立し、本手法により、リュウキュウアユの奄美大島東部と西部の地域集団、日本本土の両側回遊性アユ、琵琶湖の陸封アユ、の各48個体、合計192個体についてシーケンスライブラリを作成した。得られたライブラリについて、低カバレッジ全ゲノムリシーケンスを実施した。

(4) 検出された変異の概要ならびに特徴的な変異パターンの探索

得られたデータについて、基亜種アユの既存のリファレンスゲノムに対してマッピングを行い、適切に処理することで、各地域集団について各塩基サイトの遺伝子型尤度を推定した。各地域集団の遺伝子型尤度から、各個体の SNP コールを行い SNP 数や、遺伝子コード領域におけるアミノ酸置換を生じない同義置換とアミノ酸置換を生じる非同義置換の数を検出した。各集団の塩基多様度や Tajima's D をゲノムワイドに算出し、z score による標準化を行った。数値のフィルタリングから、リュウキュウアユの 2 集団に特徴的な変異のパターンを検出した。

4. 研究成果

(1) 過去の集団サイズ動態の復元

基亜種アユの集団サイズは、最終氷期を境に、日本本土の両側回遊性アユでは拡大へ、琵琶湖の陸封アユでは縮小へと向かった傾向にあった。それらと比較して、リュウキュウアユの東部と西部の 2 集団は、かなり小さいサイズで長期間（少なくとも約 8 万年前から）存続してきたことが分かった（図 1）。

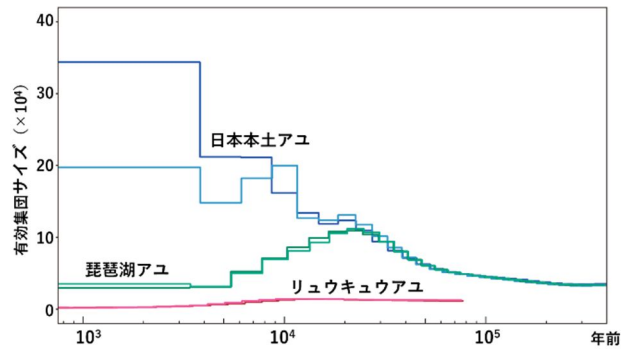


図 1 . PSMC 法による過去の集団サイズ動態の復元。

(2) 低カバレッジ全ゲノムリシーケンス

次世代シーケンスの結果、1 個体あたり約 0.5–1.8 Gb のシーケンスデータを取得できた。1 個体あたりの平均カバレッジは約×1.5–3.0 と、低カバレッジ全ゲノムリシーケンスとしては、かなり理想的なデータを取得できた（図 2）。

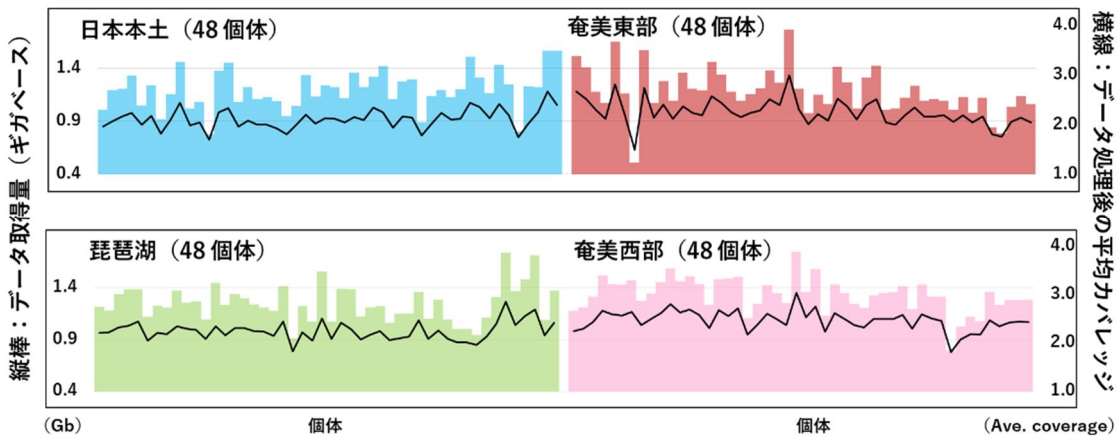


図 2 . 低カバレッジ全ゲノムリシーケンスにおける 1 個体あたりのデータ取得量ならびに平均カバレッジ。

(3) 検出された変異の概要

リュウキュウアユでは、アユと比較してゲノム全体で変異が乏しかったが、非同義置換が同義置換の数を上回っていた（表 1）。このような傾向は、他の絶滅危惧種や、トゲウオ類の隔離集団でも見られ、弱有害とみられる一部の非同義置換が小集団で許容され、それらが進化的にほぼ中立にふるまうことで集団中に保有されている可能性が考えられる。

表 1 各地域集団で検出された SNP 数ならびに遺伝子コード領域における、同義置換、非同義置換数

	アユ		リュウキュウアユ	
	日本本土	琵琶湖	奄美東部	奄美西部
比較できた塩基数	356,388,375	356,598,484	350,109,206	350,378,711
検出された SNP 数	1,526,686	1,604,867	209,466	216,584
遺伝子コード領域における				
同義置換数	113,238	111,907	10,208	10,610
非同義置換数	64,786	62,835	12,330	12,633

(4)リュウキュウアユに特徴的な変異パターンの探索

各集団の多様性指数のフィルタリングから、まずは、リュウキュウアユのみで塩基多様度が高いゲノム領域を探索したところ、GVIN1 遺伝子を含むゲノム領域が抽出された(図3)。この遺伝子は、マウスでは病原体や腫瘍細胞などの異物の侵入に反応して細胞が分泌するタンパク質であるインターフェロンの刺激によって誘導される遺伝子であり、病原体に対する免疫応答に関与することが知られている。魚類のGVIN1 遺伝子は、大西洋サケではアメーバ性鰓病への耐病性、ニジマスでは細菌性冷水病の感受性に関連するという報告がある。

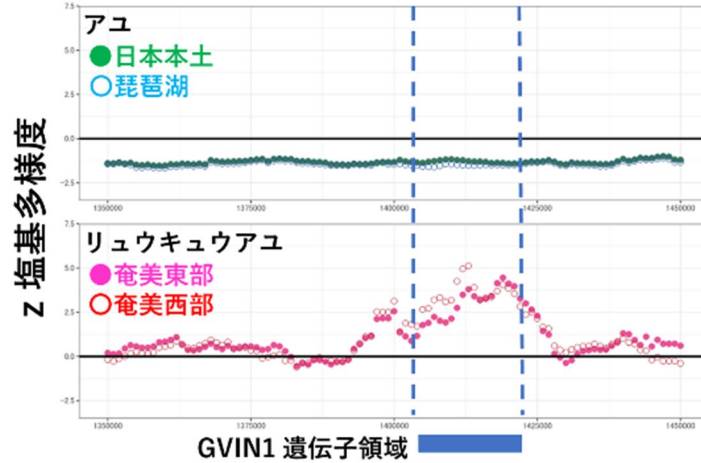


図3.リュウキュウアユにて塩基多様度の高いゲノム領域。

次に、リュウキュウアユのみで Tajima's D が高く、塩基多様度が高いゲノム領域、つまり塩基多型を維持するように働く「平行選択」下にある領域を探索したところ、MYO1E ならびに UPE3A 遺伝子(図4)を含むゲノム領域が抽出された。前者は免疫系遺伝子 MHC クラス II の抗原提示を制御する経路で発現する遺伝子であり、後者は、mRNA の品質管理機構に関連する遺伝子だった。このように、リュウキュウアユでは個体の生存に大きく影響しうる遺伝子が含まれるゲノム領域において平行選択のシグナルが検出された。

以上のように、リュウキュウアユでは、ゲノム全体で変異が乏しいにも関わらず、非同義置換が多く保有されていた。また、個体の生存に大きく影響しうる一部の遺伝子領域において、多様性が高く維持されていること、ならびに「積極的に多型を維持するような平行選択」下にあることが示唆された。これらのことは、リュウキュウアユが小さい集団サイズでも長期間存続できたことと密接に関係しているのかもしれない。

本研究では、低カバレッジ全ゲノムリシーケンスによる、低コストの比較集団ゲノミクスを活用することで、絶滅危惧魚類であるリュウキュウアユの遺伝的特性の一端を解明できることが示された。今後も解析を進め、今回達成できなかった、哺乳類や鳥類の絶滅危惧種の知見と比較し「脊椎動物の絶滅危惧種に共通した、あるいは魚類特異的な遺伝的特性」に迫りたいと考えている。

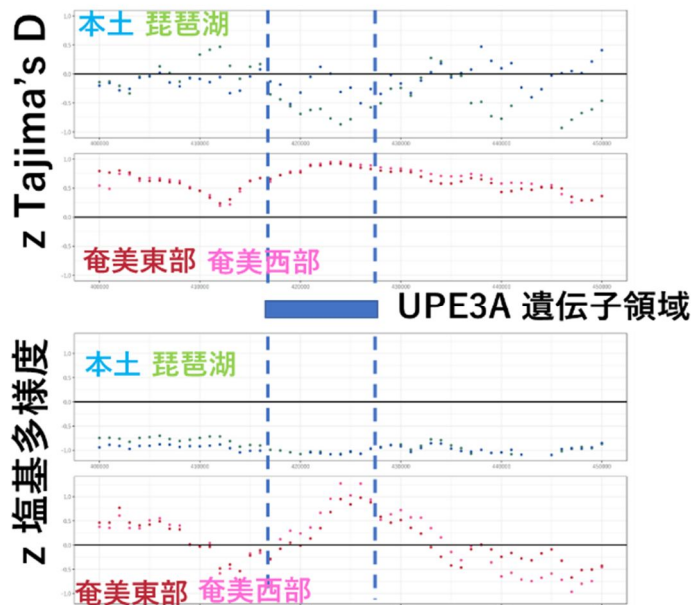


図4.リュウキュウアユにて塩基多様度の高いゲノム領域。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 8件 / うち国際共著 2件 / うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Shohei Noda, Tetsuya Akita, Rui Ueda, Takafumi Katsumura, Yasuyuki Hashiguchi, Hirohiko Takeshima, Takuya Sato	4. 巻 67
2. 論文標題 Optimal SNP filtering strategies for pedigree reconstruction: A case study with wild red-spotted masu salmon population	5. 発行年 2025年
3. 雑誌名 Population Ecology	6. 最初と最後の頁 125-139
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/1438-390X.12192	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 Linh Manh Ha, Hau Duc Tran, Hirohiko Takeshima, Kei'ichiro Iguchi	4. 巻 107
2. 論文標題 Mitochondrial DNA analysis reveals urgent conservation needs for the southernmost population of ayu ( <i>Plecoglossus altivelis</i> )	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Environmental Biology of Fishes	6. 最初と最後の頁 945-954
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10641-024-01600-8	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 該当する
1. 著者名 Yasuyuki Hashiguchi, Tappei Mishina, Hirohiko Takeshima, Kouji Nakayama, Hideaki Tanoue, Naohiko Takeshita, Hiroshi Takahashi	4. 巻 16
2. 論文標題 Draft Genome of Akame ( <i>Lates Japonicus</i> ) Reveals Possible Genetic Mechanisms for Long-Term Persistence and Adaptive Evolution with Low Genetic Diversity	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 evae174
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/gbe/evae174	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 武島弘彦	4. 巻 90
2. 論文標題 集団ゲノミクスで探る海産アユと琵琶湖産アユの違い	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 日本水産学会誌	6. 最初と最後の頁 144
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2331/suisan.WA3095-4	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 -

1. 著者名 武島弘彦	4. 巻 53
2. 論文標題 集団ゲノミクスで探るアユの生態的差異の遺伝基盤	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 水産育種	6. 最初と最後の頁 in press
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 -

1. 著者名 Hinano Mizuno, Kouji Nakayama, Tetsuya Akita, Yasuyuki Hashiguchi, Tomonori Osugi, Hirohiko Takeshima	4. 巻 online
2. 論文標題 Detailed kinship estimation for detecting bias among breeding families in a reintroduced population of the endangered bagrid catfish <i>Tachysurus ichikawai</i>	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Population Ecology	6. 最初と最後の頁 online
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/1438-390x.12183	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 武島弘彦	4. 巻 52
2. 論文標題 リュウキュウアユのゲノミクスで探る絶滅危惧魚類の存続に不可欠な遺伝的特性	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 水産育種	6. 最初と最後の頁 75-79
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 -

1. 著者名 Naito Takuya, Nakayama Kouji, Takeshima Hirohiko, Hashiguchi Yasuyuki, Akita Tetsuya, Yamasaki Yo Y., Mishina Tappei, Takeshita Naohiko, Nagano Atsushi J., Takahashi Hiroshi	4. 巻 online
2. 論文標題 The detailed population genetic structure of the rare endangered latid fish akame <i>Lates japonicus</i> with extremely low genetic diversity revealed from single-nucleotide polymorphisms	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Conservation Genetics	6. 最初と最後の頁 online
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10592-023-01517-2	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 Iguchi Kei'ichiro, Takeshima Hirohiko	4. 巻 online
2. 論文標題 Salinity tolerance and early survival of F1 hatchlings crossbred between amphidromous and landlocked strains of ayu under experimental condition	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Ichthyological Research	6. 最初と最後の頁 online
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10228-023-00905-5	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 Tappei Mishina, Hirohiko Takeshima, Mikumi Takada, Kei'ichiro Iguchi, Chunguang Zhang, Yahui Zhao, Ryouka Kawahara-Miki, Yasuyuki Hashiguchi, Ryoichi Tabata, Takeshi Sasaki, Mutsumi Nishida, Katsutoshi Watanabe	4. 巻 11
2. 論文標題 Interploidy gene flow involving the sexual-asexual cycle facilitates the diversification of gynogenetic triploid Carassius fish	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific reports	6. 最初と最後の頁 22485-22485
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-01754-w	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 Awata Satoshi, Tsuruta Tetsuya, Abe Shin-ichiro, Yonezawa Toshihiko, Iguchi Kei'ichiro	4. 巻 67
2. 論文標題 Does construction in the spawning ground improve the riverbed conditions making it suitable for spawning of the Ryukyu-ayu Plecoglossus altivelis ryukyensis?	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Ichthyological Research	6. 最初と最後の頁 493 ~ 501
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10228-020-00745-7	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 -

〔学会発表〕 計14件 (うち招待講演 3件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 武島弘彦
2. 発表標題 保全遺伝学・保全ゲノム科学からみたリュウキュウアユ
3. 学会等名 2024年度日本魚類学会年会シンポジウム「奄美大島の絶滅危惧種リュウキュウアユ：30年におよぶ調査研究および保全活動を通して分かってきたこと」, 福岡工業大学 (招待講演)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 安房田智司
2. 発表標題 認知進化生態学の視点から見るリュウキュウアユ
3. 学会等名 2024年度日本魚類学会年会シンポジウム「奄美大島の絶滅危惧種リュウキュウアユ：30年におよぶ調査研究および保全活動を通して分かってきたこと」, 福岡工業大学（招待講演）
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 武島弘彦
2. 発表標題 集団ゲノミクスで探る海産アユと琵琶湖産アユの違い
3. 学会等名 令和5年度日本水産学会秋季大会ミニシンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 田口心, 水野ひなの, 中山耕至, 秋田鉄也, 橋口康之, 大杉奉功, 南野洋孝, 鈴木厚裕, 武島弘彦
2. 発表標題 異なる年級群の当歳魚間に見出される兄弟姉妹関係に基づくネコギギ移植集団の個体数推定-CKMR法の試行
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 内藤拓哉, 中山耕至, 武島弘彦, 秋田鉄也, 橋口康之, 小関右介, 高橋洋
2. 発表標題 異なる年級群の稚魚間に見出される兄弟姉妹関係に基づくアカメ成魚の個体数推定-CKMR法の試行
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 水野ひなの, 中山耕至, 秋田鉄也, 橋口康之, 大杉奉功, 武島弘彦
2. 発表標題 Detailed kinship estimation for detecting bias among breeding families in a reintroduced population of endangered bagrid catfish, <i>Tachysurus Ichikawai</i>
3. 学会等名 個体群生態学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 野田祥平, 秋田鉄也, 武島弘彦, 佐藤拓哉
2. 発表標題 Causes and consequences of life-history variation in wild populations: relating individual fitness to population dynamics and local adaptation using a pedigree analysis
3. 学会等名 個体群生態学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 奥村健太, 野原健司, 井戸啓太, 坂本正吾, 稲川崇史, 沖津二郎, 松崎厚史, 佐々木良浩, 大杉奉功, 秋田鉄也, 田原大輔, 武島弘彦
2. 発表標題 ダム湖の外來魚オオクチバスにおける新たな駆除効果の評価方法の開発;大規模DNA分析を用いた高精度近親関係解析による個体数推定法の適用
3. 学会等名 応用生態工学会研究発表会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 柳川実桜, 野原健司, 梁田椋也, 三品達平, 橋口康之, 安房田智司, 井口恵一朗, 西田 睦, 武島弘彦
2. 発表標題 絶滅危惧魚類リュウキュウアユのゲノム特性
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 伊藤僚祐, 三品達平, 武島弘彦, 田原大輔, 渡辺勝敏
2. 発表標題 カジカ (Cottus pollux) 種群における遺伝子浸透と高水温適応の関連性
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 橋口康之・斉藤憲治
2. 発表標題 ゼニタナゴのドラフトゲノム決定及び食性関連遺伝子群の解析
3. 学会等名 日本魚類学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 上田るい, 金岩稔, 照井慧, 瀧本岳, 武島弘彦, 勝村啓史, 橋口康之, 山崎曜, 佐藤拓哉
2. 発表標題 森と川のつながりが維持するアマゴの生活史多様性: 野外操作実験とゲノム解析の融合へ
3. 学会等名 第69回日本生態学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 橋口康之
2. 発表標題 硬骨魚類における嗅覚受容体遺伝子の多様性: 生活史との関連に着目して
3. 学会等名 日本進化学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 橋口康之・井上順治・中島淳
2. 発表標題 魚類におけるフェロモン受容体OR114の起源と分子進化
3. 学会等名 日本魚類学会
4. 発表年 2021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	安房田 智司  (Awata Satoshi)  (60569002)	大阪公立大学・大学院理学研究科・教授   (24405)	
研究分担者	橋口 康之  (Hashiguchi Yasuyuki)  (70436517)	大阪医科薬科大学・医学部・准教授   (34401)	

	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	三品 達平  (Mishina Tappei)  (40830162)	九州大学・農学研究院・助教   (17102)	

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
---------	---------

ベトナム	Hanoi National University of Education			
中国	Chinese Academy of Sciences			