

平成 30 年 6 月 9 日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(A) (海外学術調査)

研究期間：2014～2016

課題番号：26257409

研究課題名(和文) 東アジアに渡来・起源した作物資源の遺伝的評価と開発的研究(第2次)

研究課題名(英文) Genetic assay and study of crop germplasm introduced/originated in East Asia (2nd)

研究代表者

加藤 謙司 (Kenji, Kato)

岡山大学・環境生命科学研究所・教授

研究者番号：40161096

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 25,800,000円

研究成果の概要(和文)：作物が東アジアへと伝播した経路上の国々において、本研究班を構成する4グループ(オオムギ、コムギ、ダイズおよびメロン)が、これまでに構築してきた国際的ネットワークに立脚して、のべ21回の現地調査を行い、各作物の在来品種や近縁野生種などの新規遺伝資源を収集・導入した。また、遺伝資源の導入が困難なダイズについては現地において共同試験を実施した。これら遺伝資源を用いた遺伝学的解析により、各作物の進化・伝播・適応について数々の新知見を得ることができ、論文や図書などにより公表した。さらに、実用的に重要な形質を評価できたので、品種改良への応用ならびに新規遺伝子の特定などの基礎研究の展開を可能にした。

研究成果の概要(英文)：Plant genetic resources of important crops, including barley, wheat, soybean and melon, have been explored in Asian countries through which crops were introduced to East Asia. Based on the international network constructed by our research group, we successfully conducted a total of twenty-one times of field expedition. In addition, we performed joint experiments with our counterpart scientists in respective countries, when international transfer of genetic resources was difficult. Several important new findings related with the evolution, transmission, adaptation of these crops have been obtained by the analysis of diverse plant genetic resources, and published in scientific papers and books. We also evaluated the agronomically important traits of these materials introduced which can be utilized in breeding program of each crop, as well as for basic research to identify novel genes.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：遺伝資源 育種 作物 生物多様性 オオムギ コムギ ダイズ メロン

1. 研究開始当初の背景

(1) 植物遺伝資源は人類や地球環境の未来にとって必須の潜在的機能を保有する未利用資源の宝庫であり、また作物の多様性・進化研究にとって不可欠な研究基盤である。

(2) 本研究で対象とする作物のうち、オオムギ・コムギ・メロンは西域から伝播した作物であるが、多様な環境への適応を通じて作物も多様化したことが知られている。また、ダイズは東アジアで起源した作物である。

(3) これら主要作物の進化・多様化・環境適応を解明するには、東アジアにおける遺伝資源の調査・国内への導入による基盤構築が不可欠であるが、植物遺伝資源の囲い込み・国家間交流の制限により研究環境は厳しくなる一方である。

(4) そこで、武田和義（岡山大学名誉教授）が組織した海外学術調査班を継続・発展させた第1次調査において、東アジアに渡来・起源した作物資源の遺伝的多様性や環境適応の実態を明らかにしてきた。その結果、農業の近代化や自然植生破壊の進行により、緊急調査を必要とする地域や希少種がクローズアップされてきた。

(5) 本研究班がこれまでに実施した学術調査において構築した国際的ネットワークにより、現地研究者との共同学術調査および遺伝資源の国内への導入の可能性が拡大している。

2. 研究の目的

東アジアは地理的・気候的に変化に富み、多くの民族が独自の食文化を形成している。利用されてきた作物は極めて多様で、潜在的価値の高い遺伝資源の宝庫である。開発などにより消滅の危機にある状況を鑑み、本研究班の第一次学術調査では、作物が東アジアへと伝播した経路上の国々において現地調査や遺伝資源の導入を行った。本研究では、第一次学術調査でカバーできなかった西アジア地域も加え、現地研究者との共同調査によりムギ類、ダイズ、ウリ科作物の地理的分布と環境適応の実態を明らかにする。加えて、分子遺伝学的手法を用いて多様性解析を行い、東アジアに到達した作物の多様化プロセスの解明に迫る。さらに、各作物の在来品種や野生種に潜在する未利用有用遺伝子の発見とその機能開発についての研究基盤を構築する。なお、作物遺伝資源の持ち出しが許可されていない国については、現地において栽培・特性評価などの共同研究を実施して研究を進めるとともに、国際的ネットワークの強化を図る。

3. 研究の方法

(1) 本研究班の調査対象地域はジョージア、アルメニア、中国、ベトナム、カンボジア、

ネパールの6ヶ国である。遺伝資源の国家間移動が特に厳しく制限されているダイズについては、インド・中国において共同研究を実施した。また、国際的ネットワークを拡大して調査可能地域を広げるために、研究班員の交流成果を利用してイスラエル・エチオピアを訪問した。

対象作物はいずれも畑作物という共通点があるが、ダイズ及びウリ科作物の一部（キュウリなど）は東アジア起源であるのに対して、ムギ類やメロンなどは他の地域で起源して東アジアで多様化した作物である。従って、4種作物の比較解析によって東アジアにおける作物遺伝資源の多様化を明らかにするため、日常的なメール連絡や班会議などにより作物グループ間での情報共有を行った。

(2) 現地調査終了後に、種子の増殖、検定交配、適応形質の調査、核およびオルガネラのDNA多型解析などを行い、集団の遺伝的構造を明らかにした。加えて、導入系統の実用形質を評価し、遺伝資源としての有用性を明らかにした。

4. 研究成果

作物が東アジアへと伝播した経路上の国々を本研究班の下記4グループが訪問し、のべ21回にわたって現地調査を行い、重要作物の遺伝資源を収集・導入するとともに、作物の進化・適応・多様性および重要特性について数々の重要な知見を得ることができた。また、ダイズについてはインド・中国において共同研究を実施することができた。その概要は下記の通りである。

なお、今後の遺伝資源調査を担う若手研究者の育成が進んだこと、および共同研究を実施した現地研究機関との連携が強化されたことも、本研究の重要な成果である。

1. オオムギ・コムギグループ

イスラエルのエルサレム・ヘブライ大学およびヨルダンの国際半乾燥地農業研究センターを2014年6月24日～7月2日の日程で訪問し、中東地域におけるムギ類の遺伝資源に関する分布状況と、将来的な共同調査について打ち合わせた。

ロシア・N.I. ヴァヴィロフ研究所の協力の下に、ジョージアにおいてオオムギおよびコムギ遺伝資源の調査・収集を2014年8月12日から10日間行った。採集地域は国土の北部を中心とする標高142～2,147mの40カ所を調査し、コムギ・オオムギの栽培種および近縁植物の合計77点を収集した。

中国科学院昆明植物研究所の協力の下に、中国青海省においてオオムギおよびコムギ遺伝資源の調査収集を2015年8月7日から10日間行った。採集は2班に分かれて実施し、コムギ・オオムギの栽培種および近縁植物について北部班は標高2,713～3,334mの24カ所で合計73点、南部班は標高2,789～4,543mの31カ所で合計101点を調査・収集した。

ロシア・N.I.ヴァヴィロフ研究所の協力の下に、アルメニアにおいてオオムギおよびコムギ遺伝資源の調査・収集を2016年7月10日から14日間行った。採集地域は首都エレバン近郊と国土の南部を中心とする標高650~2000mの67カ所を調査し、コムギ・オオムギの栽培種および近縁植物の合計151点を収集した。

エチオピアにおけるコムギ・オオムギの遺伝資源の状況を調査するため2017年1月26日~28日の日程で、Ethiopian Diversity Institute及びBioversity事務所を訪問した。

中国科学院昆明植物研究所の協力の下に、中国北京市、河北省、山東省においてムギ類近縁野生種の調査収集を2017年8月5日から5日間行った。標高0~2300mの24カ所で合計66点を調査・収集した。なお、本調査は予算を繰り越して実施したものである。

2. ダイズグループ

インド国際半乾燥熱帯作物研究所(ICRISAT)のVadez博士とダイズの土壤乾燥抵抗性に関する共同研究、ならびに、中国科学院東北地理学および農業生態学研究所(NEIGAE)の劉宝輝博士および孔凡江博士と中国南部および東南アジアで収集されたダイズ遺伝資源の開花特性に関する共同研究を実施した。

ICRISATは、シリンダーライシメトリック法を用いた植物の蒸散評価設備を有し、世界の作物の土壤乾燥耐性研究をリードする。前プロジェクトでは、インドのダイズ育成系統の乾燥耐性を評価したが、それらの種子の国外への持ち出しが不可能であったことから、詳細な比較解析ができなかった。2015年12月10日~18日、柏木がICRISATを訪問し、Vadez博士ならびに同研究所内のアジア蔬菜研究開発センター支所のEasdown博士と協議して、国際蔬菜センター保有のダイズ4系統をICRISATならびに日本へ導入し、共通の実験材料を用いて比較解析することが可能になった。

2015年12月、これら4系統と前プロジェクトで乾燥耐性に特徴的な差異を示した6系統をポリエチレン製シリンダー(25cm径、長さ120cm)に播種し、生育期間を通して適宜水を与える灌水条件と灌水頻度を制限した乾燥条件で栽培し、蒸散量の推移と収穫期のバイオマスならびに種子収量を調査した。2016年1月16日~21日にかけて、阿部と柏木がICRISATを訪問し、植物体の生育を調査するとともに、Vadez博士と研究内容等について意見交換した。播種後に遭遇した低温により個体間の生育量にバラつきが生じ、平均蒸散量には処理間に有意差は観察されなかったが、両処理を込みにした総蒸散量とバイオマスの間には正の相関関係が認められ、バイオマス量は総蒸散量を反映していた。同実験は、2016年から2017年にかけても実施され、2017年1月20日~25日に柏木が現地を

訪問し、研究状況を視察し、研究成果のとりまとめについて打ち合わせした。

2015年9月9日~10月7日、阿部はNEIGAEの劉および孔博士の研究室を訪問し、中国東北部の早生ダイズの非感光性に関する遺伝解析を実施し、また、長江下流域のダイズ栽培に関する現地調査を行った。2016年3月8日~19日孔博士を日本へ招聘し、ダイズの開花に関する研究集会を開催し、東南アジアならびに中国雲南省で収集されたダイズ在来系統の短日条件下における開花様式を評価した。

2017年5月29日~6月4日、柏木は、中国武威市ミンキンにある低温・乾燥地域環境および工学研究所を訪問し、ダイズの栽培状況に関する情報を入手するとともに、作物の乾燥耐性全般にわたる意見交換を行った。

これら一連の研究交流を通じて、ダイズ遺伝資源の評価に関する国際的な研究基盤を整えることができた。

3. メロングループ

ベトナム中央部と南部(2014年7月、2015年12月、ともにフエ農林大学・ベトナムとの共同調査)、カンボジア東部と北部(2015年11月、2016年11月、ともにカンボジア農業調査研究所・カンボジアとの共同調査)と

中国雲南省南西部(2016年2月、2016年8月、ともに中国科学院昆明植物研究所および中央民族大学・中国との共同調査)、ネパール西部(2016年11月、ネパール農業研究評議会(NARC)ジーンバンクとの共同調査)において *Cucumis* 属植物の調査・収集を行った。調査サンプル数は、国別にベトナムでメロン、キュウリおよびその他ウリ科作物の122点、カンボジアでメロン、キュウリおよびその他ウリ科作物の311点、中国雲南省でメロン、キュウリ、野生種(*C. hystrix*)および他ウリ科作物122点、ネパールでメロン、キュウリ、野生種(*C. hardwickii*)およびその他ウリ科作物の126点である。

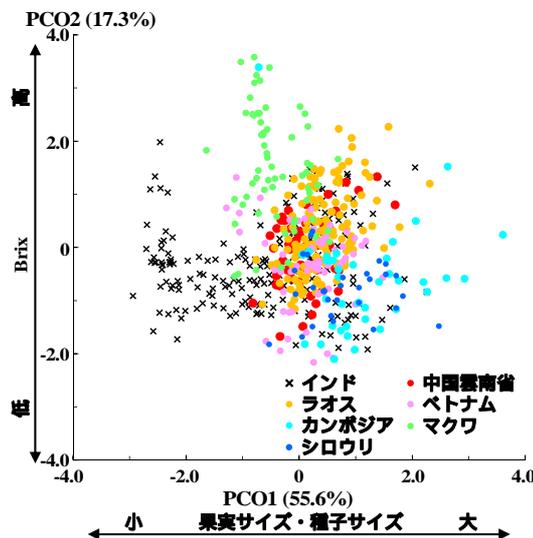


図 メロン594個体における果実形質と種子サイズを利用した主成分分析

収集した遺伝資源を含む在来メロンにおいて、果実の長さや種子長は雲南省南西部、ラオス・ベトナム、カンボジアへと南へ移行するに従って大型になっていることがわかった(図)。また、ベトナムの在来メロンが平野部のメロングループおよび山岳部のメロングループの2群により構成されていること、それらのグループがそれぞれ日本のマクワおよびシロウリと類縁関係があることが、果実形質の調査や RAPD 分析により明らかになった。

本研究で収集した遺伝資源は、それらの収集地域がウリ科の多様性中心に含まれることから、*Cucumis* 属の系統進化に関する基礎研究や育種への利用が期待される。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 24 件)

- 1). Edet Offiong Ukpong, Tsujimoto Hisashi (8名中8番目)ほか, Efficient anchoring of alien chromosome segments introgressed into bread wheat by new *Leymus racemosus* genome-based markers, 査読有, BMC Genetics 19: 18, 2018, DOI: 10.1186/s12863-018-0603-1
- 2). Sato Kazuhiro, Hisano Hiroshi, Matsumoto Satoko, Zhou Tian-Su, Kihara Makoto, Detection of QTLs controlling alpha-amylase activity in a diversity panel of 343 barley accessions, 査読有, Molecular Breeding 38: 14, 2018, DOI: 10.1007/s11032-017-0773-y
- 3). Li Xiaoming, Abe Jun (15名中13番目)ほか, Quantitative Trait Locus Mapping of Soybean Maturity Gene, 査読有, Crop Science 57: 2547-2547, 2017, DOI: 10.2135/cropsci2017.02.0106
- 4). Tanaka H, Nabeuchi C, Kurogaki M, Garg M, Saito M, Ishikawa G, Nakamura, T, Tsujimoto H, A novel compensating wheat-*Thinopyrum elongatum* Robertsonian translocation line with a positive effect on flour quality, 査読有, Breeding Science 67: 509-517, 2017, DOI: 10.1270/jsbbs.17058
- 5). Inoue Yoshihiro, Kato Kenji (15名中11番目)ほか, Evolution of the wheat blast fungus through functional losses in a host specificity determinant, 査読有, Science 357: 80-83, 2017, DOI: 10.1126/science.aam9654
- 6). Sato K, Tanaka T, Sigenobu S, Motoi Y, Wu J and Itoh T, Improvement of barley genome annotations by deciphering the Haruna Nijo genome, 査読有, DNA Research 16: 81-89, 2016, DOI: 10.1093/dnares/dsv033
- 7). Gorafi YSA, Eltayeb AE, Tsujimoto H, Alteration of vernalization requirement by alien chromosome-mediated transposition of MITE, 査読有, Breeding Science 66: 181-190, 2016, DOI: 10.1270/jsbbs.66.181
- 8). 田中 裕之, 江草 真由美, 竹村 圭弘, 岩田 侑香里, 永江 知音, 伊福 伸介, 上中 弘典, キチンナノファイバー添加小麦粉による製パン性の向上, 査読有, 日本食品科学工学会誌 63: 18-24, 2016, DOI: 10.3136/nskkk.63.18
- 9). Katsunori Tanaka, Chris J Stevens, Shiho Iwasaki, Yukari Akashi, Etsuyo Yamamoto, Tran Phuong Dung, Hidetaka Nishida, Dorian Q Fuller, Kenji Kato, Seed size and chloroplast DNA of modern and ancient seeds explain the establishment of Japanese cultivated melon (*Cucumis melo* L.) by introduction and selection, 査読有, Genetic Resources and Crop Evolution 63: 1237-1254, 2016, DOI: 10.1007/s10722-015-0314-7
- 10). Tran Phuong Dung, Duong Thanh Thuy, Katsunori Tanaka, Phan Thi Phuong Nhi, Hidetaka Nishida, Kenji Kato, Development of RAPD-derived STS (Sequence-Tagged-Site) markers for genetic diversity assessment in melon (*Cucumis melo* L.), 査読有, Journal of Agricultural Science and Technology A 5: 449-456, 2016, DOI: 10.17265/2161-6256/2015.12.001
- 11). Nestor Kippes, Kenji Kato (9名中6番目)ほか, Identification of the *VERNALIZATION 4* gene reveals the origin of spring growth habit in ancient wheats from South Asia, 査読有, PNAS 112: E5401-E5410, 2015, DOI: 10.1073/pnas.1514883112
- 12). Alfonso Cuesta-Marcos, Kazuhiro Sato (8名中8番目)ほか, The relationships between development and low temperature tolerance in barley near isogenic lines differing for flowering behavior, 査読有, Plant and Cell Physiology 56: 2312-2324, 2015, DOI: 10.1093/pcp/pcv147
- 13). Isam A. Mohamed Ahmeda, Hiroyuki Tanaka (7名中5番目)ほか, Proteomic analysis of homocholine catabolic pathway in *Pseudomonas* sp. strain A9, 査読有, Process Biochemistry 50: 1735-1747, 2015, DOI: 10.1016/j.procbio.2015.07.001
- 14). Seong-Jin Jang, Jun Abe (11名中11番目)ほか, Single-Nucleotide Polymorphism in an Endo-1,4-Glucanase Gene Controls Seed Coat

- Permeability in Soybean, 査読有, PLoS one 10: e0128527, 2015, DOI: 10.1371/journal.pone.0128527
- 15). Meilan Xu, Jun Abe (11名中11番目)ほか, The Soybean-Specific Maturity Gene *E1* Family of Floral Repressors Controls Night-Break Responses through Down-Regulation of *FLOWERING LOCUS T* Orthologs, 査読有, Plant Physiology 168: 1735-1746, 2015, DOI: 10.1104/pp.15.00763
- 16). Liu CY, Yang ZY, Chen XJ, Tsujimoto H, Hu YG, Phenotypic effects of additional chromosomes on agronomic and photosynthetic traits of common wheat in the background of Chinese Spring, 査読有, Crop & Pasture Science 66: 32-41, 2015, DOI: 10.1071/CP14024
- 17). Hiroyuki Tanaka, Yuma Ohnishi, Shotaro Takenaka, Miyuki Nitta, Taihachi Kawahara, Shuhei Nasuda, Allelic diversity of puroindoline genes at the *Ha* locus in the core-collection of hexaploid wheat accessions conserved by NBRP-Wheat, 査読無, Wheat Information Service 119: 7-10, 2015, DOI: なし
- 18). Yerlan Turuspekov, Saule Abugalieva, Kanat Ermekbayev and Kazuhiro Sato, Genetic characterization of wild barley populations (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) from Kazakhstan based on genome wide SNP analysis, 査読有, Breeding Science 64: 399-403, 2014, DOI: 10.1270/jsbbs.64.399
- 19). Hanen Sbei, Kazuhiro Sato, Tariq Shehzad, Moncef Harrabi and Kazutoshi Okuno, Detection of QTLs for salt tolerance in Asian barley (*Hordeum vulgare* L.) by association analysis with SNP markers, 査読有, Breeding Science 64: 378-388, 2014, DOI: 10.1270/jsbbs.64.378
- 20). Garg M, Kumar R, Singh RP, Tsujimoto H, Development of *Aegilops longissima* substitution line with improved bread-making quality, 査読有, Journal of Cereal Science 60: 389-396, 2014, DOI: 10.1016/j.jcs.2014.05.006
- 21). Monika Garg, Mikiko Yanaka, Hiroyuki Tanaka, Hisashi Tsujimoto, Introgression of useful genes from *Thinopyrum intermedium* to wheat for improvement of bread-making quality, 査読有, Plant Breeding 133: 327-334, 2014, DOI: 10.1111/pbr.12167
- 22). Tsubokura Y, Watanabe S, Xia Z, Kanamori H, Yamagata H, Kaga A, Katayose Y, Abe J, Ishimoto M, Harada K, Natural variation in the genes responsible for maturity loci, *E1*, *E2*, *E3* and *E4* in soybean, 査読有, Annals of Botany 113: 429-441, 2014, DOI: 10.1093/aob/mct269
- 23). Fanjiang Kong, Haiyang Nan, Dong Cao, Ying Li, Fangfang Wu, Jialin Wang, Sijia Lu, Xiaohui Yuan, Elroy R. Cober, Jun Abe, and Baohui Liu, A new dominant gene *E9* conditions early flowering and maturity in soybean, 査読有, Crop Science 54: 2529-2535, 2014, DOI: 10.2135/cropsci2014.03.0228
- 24). Hamidreza Dargahi, Patcharin Tanya, Prakrit Sonta, Jun Abe and Peerasak Srinives, Mapping quantitative trait loci for yield-related traits in soybean (*Glycine max* L.), 査読有, Breeding Science 64: 282-290, 2014, DOI: 10.1270/jsbbs.64.282
- [学会発表](計 31件)
- 1). 嶋田玄太郎, 田中克典, Sreynech Ouchi, Sophea Yon, Sophany Sakhan, 杉山充啓, 友岡憲彦, 加藤鎌司, カンボジアにおけるメロン遺伝資源の収集及び農業形質の多様性評価, 第9回中国地域育種談話会, 2017年11月25日~26日, 広島大学
- 2). 田中克典・嶋田玄太郎・Sophea, Yon, カンボジア中央部・北部におけるウリ科作物遺伝資源探索, 日本育種学会第132回講演会, 2017年10月7日~8日, 岩手大学
- 3). 笹沼恒男, 齋藤美帆, 田中裕之, 佐藤和広, 朱明, 龍春林, 中国青海省チベット高原で採集した野生コムギ連遺伝資源の遺伝学的特徴付け, 日本育種学会第132回講演会, 2017年10月7日~8日, 岩手大学
- 4). GKMN Haque, H Nishida, H Matsunaka, M Seki, N Mizuno, M Fujita, S Nasuda, K Kato, Effect of interaction between *LUX/PCL1* genotypes on heading time of wheat, revealed by the analysis of a wheat DH population derived from "Chogokuwase" and "Kinuiroha", 13th International Wheat Genetic Symposium, 2017年4月23日~28日, Tullin (Austria)
- 5). H Sato, GKMN Haque, H Masuda, H Yamashita, H Nishida, N Mizuno, M Fujita, S Nasuda, K Kato, Fine mapping of the 'Chogokuwase (extra-early flowering)' gene in wheat, 13th International Wheat Genetic Symposium, 2017年4月23日~28日, Tullin (Austria)
- 6). 笹沼恒男, 田中裕之, 佐藤和広, Mingjing Zhu, Chunlin Long, 中国青海省チベット高原におけるムギ類遺伝資源の探索及び収集, 日本育種学会第129回講演会, 2016年3月21日~22日, 横浜市立大学
- 7). 赤池隆亮, 柿崎彩佳, 笹沼恒男, タルホコムギ遺伝資源の製パン性に関する遺伝育種学的評価, 日本育種学会第129回講演会

- 演会, 2016年3月21日~22日, 横浜市立大学
- 8). 田中裕之, 田中悠, Craig F. Morris, 辻本壽, アジアのパンコムギにおけるデンブ合成酵素遺伝子の遺伝的多様性とタンパク質発現解析, 日本育種学会 第129回講演会, 2016年3月21日~22日, 横浜市立大学
 - 9). 田中克典, Duong Thanh Thuy, 山下洋士, 松永啓, 松島憲一, Seang Layheng, Simso Theavy, Sakhan Sophany, 友岡憲彦, 加藤謙司, カンボジア東部・西部の在来メロンにおける果実および種子の多様性, 日本育種学会 第129回講演会, 2016年3月21日~22日, 横浜市立大学
 - 10). 山下洋士, Duong Thanh Thuy, 田中克典, Seang Layheng, 加藤謙司, カンボジア東部におけるウリ科遺伝資源探索の報告, 第7回中国地域育種談話会, 2015年12月19日~20日, 岡山大学
 - 11). Tsujimoto, H., Wheat prebreeding to enhance the germplasm for the next generation, 2nd International Plant Breeding Congress, 2015年11月1日~5日, アンタルヤ (トルコ)
 - 12). 赤池隆亮, 柿崎彩佳, 笹沼恒男, 北コーカサスで採集されたタルホコムギ遺伝資源の穂の形態及び製パン性の評価, 日本育種学会 第128回講演会, 2015年9月11日~12日, 新潟大学
 - 13). 田中裕之, 黒柿美咲, 齋藤美香, 石川吾郎, 中村俊樹, 辻本壽, 小麦粉生地を強くする *Thinopyrum elongatum* 由来高分子量グルテニンサブユニット遺伝子をもつ1E染色体に特異的なコムギPLUGマーカー, 日本育種学会 第127回講演会, 2015年3月21日~22日, 玉川大学
 - 14). 笹沼恒男, 西田英隆, Asanidze Zezua, Bragvadze Tamar, Kovaleva Olga N., Smekalova Tamara N., グルジアにおける在来コムギおよび野生ムギ類遺伝資源の探索と収集, 日本育種学会 第127回講演会, 2015年3月21日~22日, 玉川大学
 - 15). 平田諒, 笹沼恒男, 日本在来野生ムギ類カモジグサの形態形質及び分子マーカーに基づく多様性評価, 日本育種学会 第127回講演会, 2015年3月21日~22日, 玉川大学
 - 16). 田中克典, 杉山充啓, 齋藤新, Vilayheuang Koukham, Chanthanom Deuanhaksa, 松永啓, 齋藤猛雄, 坂田好輝, 加藤謙司, ラオス在来 *Cucumis* 属遺伝資源の形態および遺伝的特性, 日本育種学会 第126回講演会, 2014年9月26日~27日
 - 17). Tsujimoto, H., Germplasm enhancement for drought tolerant wheat breeding, Plant Breeding International Symposium, 2014年7月2日~4日, 済州(韓国)

〔図書〕(計 2 件)

- 1). Tsujimoto H, Sohail Q, Matsuoka Y, Broadening the genetic diversity of common and durum wheat for abiotic stress tolerance breeding. In: Advances in Wheat Genetics: From Genome to Field (eds. Y. Ogiwara et al.), 2015, 233-238, Springer
- 2). Gorafi YSA, Tsujimoto H, Leymus racemosus: A potential species of gene pool enrichment for wheat improvement. In: Gene Pool Diversity and Crop Improvement (eds Rajpal VR et al.), 2016, 1-15, Springer

6. 研究組織

(1) 研究代表者

加藤 謙司 (KATO, Kenji)
岡山大学・環境生命科学研究科・教授
研究者番号: 40161096

(2) 研究分担者

佐藤 和広 (SATO, Kazuhiro)
岡山大学・資源植物科学研究所・教授
研究者番号: 60215770

辻本 壽 (TSUJIMOTO, Hisashi)
鳥取大学・乾燥地研究センター・教授
研究者番号: 50183075

田中 裕之 (TANAKA, Hiroyuki)
鳥取大学・農学部・准教授
研究者番号: 70283976

西田 英隆 (NISHIDA, Hidetaka)
岡山大学・環境生命科学研究科・准教授
研究者番号: 30379820

阿部 純 (ABE, Jun)
北海道大学・農学研究科(研究院)・教授
研究者番号: 00192998

笹沼 恒男 (SASANUMA, Tsuneo)
山形大学・農学部・准教授
研究者番号: 70347350

柏木 純一 (KASHIWAGI, Jun-ichi)
北海道大学・農学研究科(研究院)・講師
研究者番号: 60532455

田中 克典 (TANAKA, Katsunori)
弘前大学・農学生命科学部・助教
研究者番号: 00450213

久野 裕 (HISANO, Hiroshi)
岡山大学・資源植物科学研究所・准教授
研究者番号: 70415454