

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 5 月 19 日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(A)

研究期間：2011～2013

課題番号：23255007

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

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

研究代表者

加藤 謙司 (KATO, Kenji)

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) 29,300,000円、(間接経費) 8,790,000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)が合計12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。これら遺伝資源の多様性に関する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(品質、早晩性、各種ストレス耐性など)の改良に有用な遺伝資源を特定できたことから、品種改良への応用ならびに新規遺伝子の解明という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, and successfully introduced through a total of twelve times of field expedition. 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 identified several accessions which can be used for the improvement of agronomically important traits. Such novel resources can be utilized in breeding program of each crop, as well as for basic research to identify novel genes.

研究分野：農学A

科研費の分科・細目：育種学

キーワード：育種学 遺伝資源 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) 東アジアは植物遺伝資源の多様性中心の一つであり、特にヒマラヤ山脈の東麓地域は山と谷の標高差が激しく、狭い地域に多様な環境が分布し、多様な民族がそれぞれ固有の植物文化を育ててきたことから、多様性の宝庫として世界から注目されている。
- (3) 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が、中国及び周辺国において作物および近縁野生種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、東アジアへの伝播ルートをつなぐ周辺諸国の重要性も明らかになってきた。
- (4) “世界共通の財産”として国境の隔てなく利用されてきた植物遺伝資源の囲い込み・国家間交流の制限が厳しくなっている状況下ではあるが、武田班の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。そこで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。しかしながら、これらの貴重な遺伝資源は開発により急速に失われつつある。申請者らは、これまで中国および周辺地域において海外学術調査を行ってきたが、本研究では作物が東アジアへと伝播した経路上の国々も対象地域に加え、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うことにより、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。

3. 研究の方法

- (1) 本研究班の調査対象地域は図1の通りである。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、事情が許す限り複数の作物グループで共同調査を行う予定である。

- (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する。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する。なお、招へい研究者が来日する機会などを利用して全班員が集まり、調査・解析結果を検討するとともに、4種作物の遺伝資源収集・多様性研究における問題点を討議する。

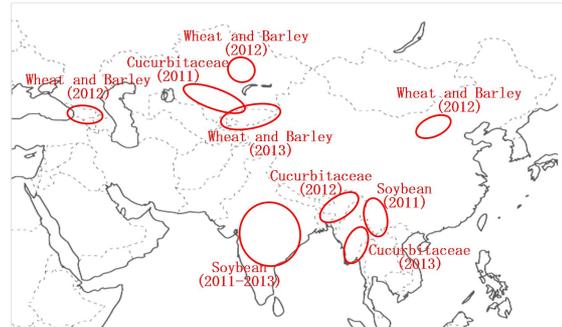


図1. 本研究の調査対象地域

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12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。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; グルジア共和国(2012年7月, ヴァヴィロフ研究所との共同調査), カザフスタン(2012年8月, ヴァヴィロフ研究所との共同調査), 中国内モンゴル自治区(2012年8月, 中国科学院昆明植物研究所との共同調査), キルギス共和国(2013年7月, ヴァヴィロフ研究所との共同調査)においてオオムギ・コムギの在来品種ならびに近縁野生種の現地調査・収集を行った。

収集したオオムギ遺伝資源は栽培オオムギ128系統, 祖先野生種の *H. spontaneum* 59系統である。これまでに実施した旧ロシア諸国における遺伝資源調査とあわせて, 計283系統の *H. spontaneum* を導入した。その結果, 本種の分布地域について, 最東端がキルギス共和国で, 北限がカザフスタン南部に到達しているという新知見を得ることができた。では, *Aegilops* 属の野生種3種を含む計140系統のコムギ連遺伝資源を収集した。

また, カザフスタン植物バイオテクノロジー研究所の研究員を招聘し, 同国の栽培・野生オオムギ196点を導入して, DNAフィンガープリンティングによる多様性解析を行った。さらに, 2014年2月に, 北極圏のスビツバ

ルゲン島にある世界種子貯蔵庫を訪問し、本プロジェクトの収集種子の預託条件を確認するとともに、岡山大学のオオムギ575系統を我が国から初めて預託した。同貯蔵庫の6周年記念会議において、貯蔵庫の技術および管理責任者と面談して情報交換を行った。

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(2011年12月7日-17日、2012年12月7-15日、2013年9月7-12日、2014年1月11-18日)を、また、中国科学院昆明植物研究所のLong博士と中国雲南省西部の保山地域におけるダイズ遺伝資源に関する調査(2012年2月28日-3月9日)を実施した。

では、二度にわたるICRISAT訪問で実験材料や実験手法に関する討議を重ね、2013年雨季作と乾期作にシリンドラライシメトリック法を用いた土壤乾燥抵抗性に関する試験を実施した。供試材料は、インド国内のソール農業大学で育成され国外への持ち出しが許可されていない20系統である。本法により評価した総蒸散量は系統間で異なり、子実収量と正の相関を持ち、乾燥ストレス耐性を評価する有効な指標となった。シリンドラライシメトリック法の利用により、ダイズにおける土壤乾燥抵抗性の研究に新たな切り口を開くことができた。では、ミャンマー国境周辺部で栽培されるダイズ在来種の種類、栽培方法及び利用について調査した。極小粒の在来種や特徴的な種皮色をもつ在来種が存在し、同地域に固有のダイズ伝統食品として利用されていた。特に、極小粒品種は、ダイズの進化過程、特に野生ダイズからの大粒化に関する分子遺伝学的機構を理解する貴重な素材になると期待される。

3. **メロングループ**； カザフスタン南部(2011年8月、ヴァヴィロフ研究所および野菜茶業研究所との共同調査)、インド東部(2012年11月)、ミャンマー(2013年11月、ミャンマー農業研究局および中国科学院昆明植物研究所との共同調査)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、メロン、キュウリおよびその他ウリ科作物の155点、メロン、キュウリおよび野生種(*C. hystrix*他)の91点、メロン、キュウリおよび野生種(*C. hystrix*他)の130点である。うち、と の試料は遺伝資源として岡山大学農学部へ導入した。

のメロンは主にフコメロンで構成されていたが、果実形質は多様であった。果実形質調査やDNA分析により、中央アジアに導入されたメロンが多様な品種群へと分化したことを示した。と では、メロン、キュウリの近縁野生種であり遺伝資源として重要な*C. hystrix*などがインド東北部およびミャンマーにも分布することを確認した。これまでに行った周辺地域での調査結果とあわせて、本

種がヒマラヤ東麓地域に広く分布することを確認できた。

また、これまでに導入したアジアのメロン遺伝資源を含む多様なメロン品種について、葉緑体ゲノム多型を解析し、世界のメロンが三つの母系(Ia;東アジアの小粒系, Ib;欧米の大粒系, Ic;アフリカ中・南部の小粒系,)から構成されることを明らかにし、栽培メロンの起源が単一ではないことを示した(図2)。

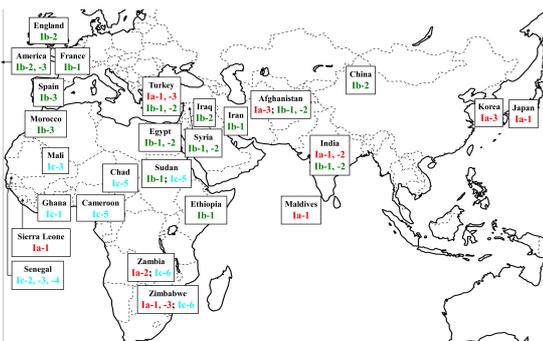


図2. 三つの母系から構成される世界のメロン

#### 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29件)

Tsubokura Y, Watanabe S, Xia Z, Kanamori H, Yamaga H, Kaga A, Katayose Y, Abe J, Ishimoto M and Harada K, Natural variation of 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

Kashiwagi J, Krishnamurthy L, Gaur P.M, Upadhyaya H.D, Varshney R.K and Tobita S, Traits of relevance to improve yield under terminal drought stress in chickpea (*C. arietinum* L.), 査読有, *Field Crops Research* 145: 88-95, 2013

DOI: 10.1016/j.fcr.2013.02.011

Xu M, Xu Z, Liu B, Kong F, Tsubokura Y, Watanabe S, Xia Z, Harada K, Kanazawa A, Yamada T and Abe J, Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean, 査読有, *BMC Plant Biology* 13: 91, 2013

DOI: 10.1186/1471-2229-13-91

Seki M, Chono M, Nishimura T, Sato M, Yoshimura Y, Matsunaka H, Fujita M, Oda S, Kubo K, Kiribuchi-Otobe C, Kojima H, Nishida H, Kato K, Distribution of photoperiod-insensitive allele *Ppd-A1a* and its effect on heading time in Japanese wheat cultivars, *Breed. Sci.* 査読有, 63: 309-316, 2013

DOI:10.1270/jsbbs.63.309

- Nishida H, Ishihara D, Ishii M, Kaneko T, Kawahigashi H, Akashi Y, Saisho D, Tanaka K, Handa H, Takeda K, Kato K, *Phytochrome C* is a key factor controlling long-day flowering in barley (*Hordeum vulgare* L.), 査読有, Plant Physiology, 163, 2013, 1-11  
DOI:10.1104/pp.113.222570
- Tanaka K, Akashi Y, Fukunaga K, Yamamoto T, Aierken Y, Nishida H, Long C.L, Yoshino H, Sato Y-I, Kato K, Diversification and genetic differentiation of cultivated melon inferred from sequence polymorphism in the chloroplast genome, 査読有, Breed. Sci., 63:183-196, 2013  
DOI: 10.1270/jsbbs.63.183
- Tsubokura Y, Matsumura H, Xu M, Liu B, Kanamori H, Katayose Y, Takahashi R, Harada K and Abe J, Genetic variation in soybean at the maturity locus *E4* is involved in adaptation to long days at high latitudes, 査読有, Agronomy 3: 117-134, 2013  
DOI: 10.3390/agronomy3010117
- Ogbonnaya FC, Abdalla O, Mujeeb-Kazi A, Kazi AG, Xu SS, Gosman N, Lagudah ES, Bonnett D, Sorrells ME, and Tsujimoto H, Synthetic Hexaploids: Harnessing species of the primary gene pool for wheat improvement, 査読有, Plant Breeding Reviews 37: 35-122, 2013  
DOI: 10.1002/9781118497869.ch2
- Nishida H, Yoshida T, Kawakami K, Fujita M, Long B, Akashi Y, Laurie DA, Kato K, Structural variation in 5' upstream region of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-A1a* and *Ppd-B1a* identified in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.), and their effect on heading time, 査読有, Mol. Breed. 31: 27-37, 2013  
DOI: 10.1007/s11032-012-9765-0
- Watanabe S, Harada K and Abe J, Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean, 査読有, Breed. Sci. 62: 531-543, 2012  
DOI: 10.1270/jsbbs.61.531
- Takahashi R, Morita Y, Nakayama M, Kanazawa A, Abe J, An Active CACTA-family transposable element is responsible for flower variegation in wild soybean *Glycine soja*, 査読有, The Plant Genome 5: 62-70, 2012  
DOI: 10.3835/plantgenome2011.11.0028
- Sohail Q, Shehzad T, Kilian A, Eltayeb A. E, Tanaka H and Tsujimoto H, Development of diversity array technology (DART) markers for assessment of population structure and diversity in *Aegilops tauschii*, 査読有, Breed. Sci. 62: 38-45, 2012  
DOI: 10.1270/jsbbs.62.38
- Guo Y, Li YL, Huang Y, Jarvis D, Sato K, Kato K, Tsuyuzaki H, Chen LJ, Long CL, Genetic diversity analysis of hullless barley from Shangri-la region revealed by SSR and AFLP markers, 査読有, Genet. Resour. Crop. Evol. 59: 1543-1552, 2012  
DOI: 10.1007/s10722-011-9783-5
- Seki M, Chono M, Matsunaka H, Fujita M, Oda S, Kubo K, Kiribuchi-Otobe C, Kojima H, Nishida H and Kato K, Distribution of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-B1a* and *Ppd-D1a* and their impact on heading time in Japanese wheat cultivars, 査読有, Breed. Sci. 61: 405-412, 2011  
DOI: 10.1270/jsbbs.61.405
- Sohail Q, Inoue T, Tanaka H, Eltayeb A. E, Matsuoka Y, and Tsujimoto H, Applicability of *Aegilops tauschii* drought tolerance traits to breeding of hexaploid wheat, 査読有, Breed. Sci. 61: 347-357, 2011  
DOI: 10.1270/jsbbs.61.347
- Dwiyanti M. S, Yamada T, Sato M, Abe J and Kitamura K, Genetic variation of gamma-tocopherol methyltransferase gene contributes to elevated alpha-tocopherol content in soybean seeds, 査読有, BMC Plant Biology 11: 152, 2011  
DOI: 10.1186/1471-2229-11-152
- Guo Y, Li YL, Huang Y, Jarvis D, Sato K, Kato K, Chen LJ, Long CL, The Genetic Relationship Analysis of Naked Barley Germplasm Resources from Diqing Tibetan Autonomous Prefecture in Yunnan Province Revealed by SSR Markers, 査読有, Genom. Appl. Biol. 30: 1173-1180, 2011  
DOI: 10.5376/gab.cn.2011.30.0027
- Li YL, Long CL, Kato K, Yang CY and Sato K, Indigenous knowledge and traditional conservation of hullless barley germplasm resources in the Tibetan communities of Shangri-la, Yunnan, SW China, 査読有, Genet. Resour. Crop Evol., 58: 645-655, 2011  
DOI: 10.1007/s10722-010-9604-2
- Saisho D, Ishii M, Hori K, Sato K, Natural variation of barley vernalization requirements: Implication of quantitative variation of winter growth habit as an adaptive trait in East Asia, 査読有, Plant Cell Physiol. 52: 775-784, 2011  
DOI: 10.1093/pcp/pcr046

[学会発表](計36件)

佐藤和広・辻本壽・田中裕之・加藤鎌司・Smekalova Tamara, 旧ソ連邦地域における

祖先型野生オオムギの収集, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014 年 3 月 21 日 ~ 22 日, 東北大学

笹沼恒男・Sadybakasova J.・Zhumakadyrova N.・Kydykbekovich U. A.・Kovaleva O. N.・佐藤和広・辻本壽, キルギス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 125 回講演会, 2014 年 3 月 21 日 ~ 22 日, 東北大学

田中克典・杉山充啓・Anna M. Artemyeva・Zharas Mamyrbelov・Tian V. Sergevich・Sergey M. Alexanian・加藤鎌司, カザフスタンのメロン遺伝資源における遺伝的多様性と伝播経路, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014 年 3 月 21 日 ~ 22 日, 東北大学

Kazuhiro Sato, Evaluation and use of stress tolerance in barley genetic resources, Visions for Nordic pre-breeding collaboration, PPP seminar and partner meeting, 2014 年 2 月 26 日 ~ 28 日, Radisson SAS, Reykjavik, Iceland  
佐藤和広・元井由加, オオムギ遺伝資源コレクションの全ゲノム SNP フィンガープリンティング, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013 年 10 月 12 日 ~ 13 日, 鹿児島大学

飯田大輔・西田英隆・Surya Kant Ghimire・龍春林・加藤鎌司, 中国東部へのコムギの伝播と固有品種群の成立, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013 年 10 月 12 日 ~ 13 日, 鹿児島大学

Kato K, Ghimire S, Iida D, Takahashi H, Shibai S, Aakashi Y, Long C.L, and Nishida H, Genetic diversity in Asian wheat landraces, based on the analysis of heading time genes and non-adaptive DNA markers, 12th International Wheat Genetics Symposium, 2013 年 9 月 7 日 ~ 14 日, パシフィコ横浜

Seki M, Chono M, Matsunaka H, Nishimura T, Sato M, Yoshimura Y, Fujita M, Oda S, Kojima H, Kiribuchi-Otobe C, Kubo K, Nishida H and Kato K, Distribution of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-A1a*, *Ppd-B1a* and *Ppd-D1a* in Japanese wheat cultivars, 12th International Wheat Genetics Symposium, 2013 年 9 月 7 日 ~ 14 日, パシフィコ横浜

Nishida H, Yamashita M, Tanaka K, Iuchi Y and Kato K, Photoperiod-insensitive alleles for *Ppd-1* affect expression pattern of *Ppd-1* homoeologs and their downstream genes, 12th International Wheat Genetics Symposium, 2013 年 9 月 7 日 ~ 14 日, パシフィコ横浜

Kazuhiro Sato, Barley natural variation and adaptation to global environments, 16th Australian Barley Technical Symposium (16th ABTS), 2013 年 9 月 8 日 ~ 11 日, Sofitel Melbourne on Collins, Melbourne, VIC, Australia

加藤鎌司・田中克典・明石由香利・丸山純・Phan Thi Phuong Nhi・坂本和貴・西田英隆, ヒマラヤ東麓地域における *Cucumis* 属の遺伝資源調査と多様性の解析, 第 5 回中国地区育種談話会, 2013 年 8 月 7 日 ~ 8 日, 近畿中国四国農業研究センター

笹沼恒男・柿崎彩佳・阿部利徳・河原太八・Smekalova Tamara N.・佐藤和広, 北コーカサスで採集されたタルホコムギのジェノタイプング, 日本育種学会第 123 回講演会, 2013 年 3 月 27 日 ~ 28 日, 東京農業大学

田中克典, メロンの起源地を追い求めて, 講演会「世界に植物遺伝子資源を求めてメロン、マメ、お茶、ツバキを例に希少な有用植物を探る」, 2012 年 10 月 14 日, 富山県中央植物園サンライトホール

田中克典・杉山充啓・Anna M. Artemyeva・Zharas Mamyrbelov・Tian V. Sergevich・Sergey M. Alexanian・加藤鎌司, カザフスタンにおけるメロン遺伝資源の収集と調査, 日本育種学会第 121 回講演会, 2012 年 3 月 29 日 ~ 30 日, 宇都宮大学

石井誠・田中裕之・佐藤和広, アゼルバイジャンにおける不斉オオムギの分布, 日本育種学会第 121 回講演会, 2012 年 3 月 29 日 ~ 30 日, 宇都宮大学

Q. Sohail, T. Inoue, H. Tanaka, A. E. Eltayeb, H. Tsujimoto, Population Structure of *Aegilops tauschii* and Its Importance for Drought Tolerant Wheat Breeding, International Plant & Animal Genome Conference XX, 2012 年 1 月 14 ~ 18 日, アメリカ合衆国カリフォルニア州サンディエゴ

Tanaka K, Akashi Y, Fukunaga K, Yamamoto T, Aierken Y, Nishida H, Long C.L, Yoshino H, and Kato K, Chloroplast Genome Inferred the Differentiation of Maternal Line in Cultivated Melon and its Origin, 8th Solanaceae and 2nd Cucurbitaceae Genome Joint Conference, 2011 年 11 月 28 日 ~ 12 月 2 日, 神戸コンベンションセンター

Kodani S, Yamamoto T, Tanaka K, Akashi Y, Nishida H, and Kato K, Structural Polymorphism of Cucumber Mitochondrial Genome which Could be Related with the Short Dispersed Repeat Sequences, 8th Solanaceae and 2nd Cucurbitaceae Genome Joint Conference, 2011 年 11 月 28 日 ~ 12 月 2 日, 神戸コンベンションセンター

Otani S, Osuna T, Tanaka K, Long C.L, Akashi Y, Nishida H, and Kato K, Diversification of Mitochondrial Genome in Cultivated Melon, Revealed by the Analysis of mtIREP Markers, 8th Solanaceae and 2nd Cucurbitaceae Genome Joint Conference, 2011 年 11 月 28 日 ~ 12 月 2 日, 神戸コンベンションセンター

Aierken Y, Akashi Y, Nhi P.T.P., Halidan

Y, Tanaka K, Long B, Nishida H, Long C.L, Wu M.Z, and Kato K, Molecular Analysis of the Genetic Diversity of Chinese Hami Melon and its Relationship to the Melon Germplasm from Central and South Asia, 8th Solanaceae and 2nd Cucurbitaceae Genome Joint Conference, 2011年11月28日~12月2日, 神戸コンベンションセンター

〔図書〕(計4件)

Kazuhiro Sato, Andrew Flavell, Joanne Russell, Andreas Börner and Jan Valkoun, Genetic diversity and germplasm management- wild barley, landraces, breeding materials. Biotechnological Approaches to Barley Improvement. (Kumlehn, J. and Stein, N. eds.) Biotechnology in Agriculture and Forestry, Springer, 2013 (in press)

佐藤和広, 日本育種学会, オオムギゲノム多様性の解析と育種への応用, 育種学研究15, 2013, 167-172.

佐藤和広, 朝倉書店, オオムギの分類・起源・伝播, 作物栽培学大系第3巻『麦類』(小柳敦史・渡邊好昭編), 2011, 142-148

露崎浩ほか, 全国農村教育協会, ちょっと知りたい雑草学(日本雑草学会編), 2011, pp150

6. 研究組織

(1)研究代表者

加藤 謙司 (KATO, Kenji)

岡山大学・大学院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

露崎 浩 (TSUYUZAKI, Hiroshi)

秋田県立大学・生物資源科学部・教授

研究者番号: 20217384

榎本 敬 (ENOMOTO, Takashi)

岡山大学・資源植物科学研究所・准教授

研究者番号: 50033254

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・大学院環境生命科学研究科・助教

研究者番号: 30379820

阿部 純 (ABE, Jun)

北海道大学・(連合)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・(連合)農学研究科(研究院)・講師

研究者番号: 60532455

岸井 正浩 (KISHII, Masahiro)

横浜市立大学・木原生物学研究所・助教

研究者番号: 70535476

田中 克典 (TANAKA, Katsunori)

弘前大学・人文学部・特任助教

研究者番号: 00450213

久野 裕 (HISANO, Hiroshi)

岡山大学・資源植物科学研究所・助教

研究者番号: 70415454

(3)連携研究者

最相 大輔 (SAISHO, Daisuke)

岡山大学・資源植物科学研究所・助教

研究者番号: 90325126