

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 26 日現在

機関番号：13901

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2012～2014

課題番号：24380006

研究課題名(和文) アフリカイネ由来の一年生遺伝子による転流能の強化

研究課題名(英文) Enhancement of translocation ability in rice by annual gene from African rice, *O. glaberrima*

研究代表者

土井 一行 (Doi, Kazuyuki)

名古屋大学・生命農学研究科・准教授

研究者番号：80315134

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,900,000円

研究成果の概要(和文)：アフリカイネ(*O. glaberrima*)の一年生形質に着目し遺伝解析を行った。染色体部分置換系統群(GLSL)を用い、染色体6、7、8に一年生遺伝子が存在する可能性を見出した。染色体8では、高位分けつが見られ、ひこばえ発生率低下の原因であると考えられた。大規模集団を用いたマッピングでは、ひこばえ発生率QTL(qRA8)および高位分けつ発生率QTL(qHNT8)は出穂期遺伝子Hd5と同じ場所に検出され、これら3つが同一であることが示唆された。一年生GLSLはそれぞれ異なる生理・形態形質を示した。qRA8では、高位分けつに結実し、収量が増加していた。以上、イネ穂重増加のヒントとなる知見を得た。

研究成果の概要(英文)：African rice (*Oryza glaberrima*) shows a strong annual growth habit compared with common Asian rice *O. sativa*. Genetic analysis of this annual growth habit indicated that the major causal QTLs were located on chromosomes 6, 7 and 8. Large scale QTL mapping of the QTL on chromosome 8 (qRA8) implied that qRA8 would be the same gene as heading date gene Hd5. Characterization of the CSSLs revealed that the CSSL for qRA8 has a higher yield potential because seed set on late panicles (atypical high position tillers) was observed. Other annual CSSL showed different characteristics from those for qRA8. By focusing on the growth habit, a new approach for improving rice yield was discovered.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：イネ 一年生 収量 転流

## 1. 研究開始当初の背景

### 【転流はイネの収量増加の制限要因】

近年のイネの多収系統では穂を大きくしてシンク能を向上させているが、巨大な穂をつける系統(たとえば New Plant Type と呼ばれる系統など)では、退化粒の増加や穀粒の登熟歩合の悪化がしばしば見られ、思ったような収量増加が得られない場合が多い。育種により転流を改善するためには、この炭水化物の動態特性が異なる系統を解析し、その遺伝的多様性を明らかにする必要がある。

### 【なぜアフリカイネの一年生に着目したか】

アフリカイネ (*Oryza glaberrima* Steud.) は、通常の栽培イネ (アジアイネ、*O. sativa* L.) と比較して、特徴的な形態を示すだけでなく、強い休眠性や一年性などの生理的形質をもつ。これらアフリカイネ特有の形質の多くについては遺伝的解明が進んでいない。

これらアフリカイネ特有の形質のうち、強い一年生は、上記の物質転流と強く関連していると考えられ、収量増加に有用である可能性がある。通常の日本型イネは潜在的に多年生の性質を持つことが知られている。すなわち、登熟期という本来次世代を作り出すステージにあっても、一方で自分自身を生かすための炭水化物を茎部に蓄えており、十分な温度があれば刈り取り後に「ひこばえ」と呼ばれる再生植物を生じる。蓄えられた炭水化物やひこばえは未利用なバイオマスとして水田にみすみす放置されているという現状にある。一方、アフリカイネは、収穫後の再生植物体である「ひこばえ」を全く生じず、また種子成熟期の茎を挿し木した場合の再生力も非常に小さく、イネ属の中でもっとも強く一年生の性質を示す種の一つである。さらに、光合成速度は両種で同等であるが、収穫期の株元の炭水化物の蓄積量はアフリカイネの方が小さいことが報告されている(伏水ら 1997, 九大農学芸雑誌 51: 125-130.)。このことは、アフリカイネがより多くの炭水化物を株元以外の部分へ転流させる能力をもつことを示唆する。

### 【アフリカイネ由来の「一年生」遺伝子】

そこで、一年生に関する遺伝子を見出すために、アフリカイネから一部の染色体を日本型イネ「コシヒカリ」に導入した染色体部分置換系統群 (Shim et al. 2010, Breed. Sci. 60:613-619.) を対象に、「ひこばえ」に着目した予備的なスクリーニングを行った。その結果、コシヒカリおよびほとんどの染色体部分置換系統は、名古屋大学で栽培した場合にかなりの量の「ひこばえ」を生じるが、1系統 (CSSL25) がひこばえを生じないことを見出した。ひこばえを生じない性質はアフリカイネの強い一年生の性質と強く関連していると考えられるため、この qRA8 を単離し、その機能を解析することにより、*O. glaberrima* が示す一年生の分子機構の一端を明らかにできると考えた。

さらに、ひこばえを指標として単なる“一

年生” 遺伝子の単離を行うだけでなく、イネの株元に蓄積する炭水化物の行方を追及し、それをさらに穂に転流させることができるならば、イネの収量向上に役立つという仮説に基づき、本研究を企画した。

## 2. 研究の目的

・アフリカイネ (*Oryza glaberrima* Steud.) 由来の一年生遺伝子 (qRA8) を単離し、イネが一年生/多年生の変異を示す原因を分子レベルで明らかにする。

・qRA8 遺伝子を手がかりに、イネの一年生化にともなう光合成産物の配分の変化を解析し、それを制御することで、イネの多収化を試みる。

## 3. 研究の方法

(1) *O. glaberrima* 染色体部分置換系統を用いた一年生遺伝子のスクリーニング

(材料及び材料の育成)

CSSL として、コシヒカリを遺伝的背景とし、*O. glaberrima* 由来の染色体断片を持つ 35 系統 (CSSL Chr1-1 - CSSL Chr12-2, Shim et al. 2010) を供試した。グラベリマ CSSL (以下、GLSL) の親系統であるコシヒカリ (*O. sativa*) を、*O. glaberrima* の代表として WK18、CG14 をそれぞれ供試した。

浸種・催芽後、育苗箱に播種し、その後、定植した。その際、列間 20cm 株間 30cm で一本植えとし、育成管理は東郷フィールドの慣行法とした。

GLSL、コシヒカリについては、2012年5月9日に育苗箱に播種し、6月21日に定植した早植え (GLSL 1st、コシヒカリ 1st) と5月16日に育苗箱に播種し、6月27日に定植した遅植え (GLSL 2nd、コシヒカリ 2nd) を用い、1列当たり 10 個体、1系統当たり 1 列とした。*O. glaberrima* は、1列当たり 8 個体、1系統当たり 1 列とした。

(ひこばえ発生率の評価)

出穂 60 日後に、一株あたりのひこばえ数、分けつ数の調査を行った。ひこばえ数/分けつ数 (以下、ひこばえ発生率) を形質値として用いた。ひこばえ発生率の評価については、GLSL 1st、2nd、コシヒカリ 1st、2nd、WK18、CG14 において 3 個体ずつ行った。

(挿し木の再生力の評価)

出穂 28 日後の株から穂首を第 1 節としたときの第 3 節を 3 本の茎から切り出した。その際、節の下 1.5cm、上 5cm の茎を残し、葉鞘を取り除いた。これを、水に浸した砂地に節が隠れるまで差込み 30 で 4 日間保温した。4 日後、腋芽からの発根数を調査した。挿し木の再生力の評価は、GLSL 2nd、コシヒカリ 2nd、WK18、CG14 において行った。

(株元の TNC の定量)

GLSL 1st, コシヒカリ 1st, WK18, CG14 において各系統 3 個体を出穂 35 日後に株上げし 80 に設定した乾燥機で乾燥させ、茎の基部から 5cm を切り出し、葉鞘を剥いて粉碎し、F キット(ロシュ・ダイアグノスティクス)を使用して、試料乾物 1g あたりのスターチ量を 340nm の吸光度で測定した。解析には試料乾物 1g あたりのスターチ量を用いた。

## (2) 一年生遺伝子のマッピング

(植物材料)

qRA8 の大規模分離集団を用いた。3 年間にわたり、7000 個体以上に関して形質評価を行った。本報告では 2014 年の結果を示す。

(ひこばえ発生率の評価)

出穂 60 日後に、一株あたりのひこばえ数、分けつ数の調査を行った。ひこばえ数/分けつ数(以下、ひこばえ発生率)を形質値として用いた。

(出穂日の調査)

1 個体内で最初の穂が出穂した日を出穂日とした。定植日から出穂日までにかかった日数を到穂日数とした。

(高位分けつ発生率の評価)

Chr8-1 は、地上部の腋芽が伸長し、通常の頂芽由来の穂と同時期に穂が形成され、種子をつけていた。この腋芽を高位分けつと呼ぶこととした(図 2)。出穂 60 日後に、高位分けつ数、分けつ数の調査を行った。高位分けつ数/分けつ数(高位分けつ発生率)を形質値として用いた。

(インターバルマッピングによる QTL 解析)

マッピング集団の遺伝子型の決定には、SSR マーカーを用いた。マーカーおよび PCR の反応条件は McCouch *et al.* (2002) に従った。PCR 産物の分離には 4%アガロースゲル - 0.5 × TBE を用いた電気泳動を行った。QTL 解析には R/qtl(Broman *et al.* 2003)を用いた。QTL が存在するとみなす閾値は 3 とした。

## (3) 一年生形質を示す GLSL のキャラクタライゼーション

(ひこばえ発生率の評価)

出穂 60 日後に、一株あたりのひこばえ数、分けつ数の調査を行った。ひこばえ数/分けつ数(以下、ひこばえ発生率)を形質値として用いた。ひこばえ発生率の評価については、コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, 関東 HD2 号において 5 個体ずつ行った。

(地上部刈り取り後のひこばえ数の評価)

出穂 35 日後に、地上部 5cm を残して刈り取りを行った。その後、出穂 60 日後に発生したひ

こばえ数を計測した。地上部刈り取りについては、コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 において 5 個体ずつ行った。

(挿し木の再生力の評価)

コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 の 5 個体において出穂 0, 14, 28 日後に株から穂首を第 0 節としたときの第 3 節を 3 つの分けつから切り出した。その際、節の下 1.5cm, 上 5cm の茎を残し、葉鞘を取り除いた。これを、水に浸した砂地に節が隠れるまで差込み 30 で 4 日間保温した。4 日後、腋芽からの発根数を調査した。

(成育調査: 分けつ数)

コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, WK18, CG14, 関東 HD2 号の各系統 5 個体を用い、定植 14 日後から 70 日後まで、7 日ごとに分けつ数を計測した。

(成育調査: 成長解析)

コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, WK18, CG14 の各系統において、定植約 2 週間後から約 8 週間後まで 1 週間ごとに生育が中庸な 5 個体をサンプリングした。葉身、葉鞘 + 稈、穂に分割し、80 に設定した乾燥器で乾燥させ乾物重を計測した。また、葉身面積を自動葉面積計(AAM-9, 林電工、東京)を用いて計測した。

乾物重および葉身面積測定結果を元に 7 日ごとの相対成長率、純同化率、葉面積比を常法により求めた。

(出穂後の乾物重の推移)

コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 の各系統 6 個体を出穂後 0 日、28 日に株上げし、穂数、穂重、茎葉重を計測した。穂に蓄積された炭水化物は、穂揃期までに植物体中に蓄積された炭水化物で穂に転流するもの(以下、移行炭水化物)と穂揃後に新たに光合成によって生産されたもの(以下、新規同化炭水化物)によって構成される。本研究では、穂揃期(出穂後 0 日)から成熟期(出穂後 28 日)における穂重増加量を  $W + T$  とし、穂揃期から成熟における茎葉乾物減少量を移行炭水化物( $T$ )として求め、さらに  $W + T$  から  $T$  を差し引いて新規同化炭水化物( $W$ )を求めた。

(収穫指数および収量構成要素)

コシヒカリ, Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, 関東 HD2 号の各系統 3 個体を出穂後 35 日に株上げし、80 に設定した乾燥器で乾燥させたのち穂数、穂重、穂長、茎葉重、一穂粒数、稈実率を計測した。

## 4 . 研究成果

(1) *O. glaberrima* 染色体部分置換系統を用いた一年生遺伝子のスクリーニング

(ひこばえ発生率が低下した系統)

WK18, CG14 においては、ひこばえ数/分けつ数は0であった。GLSL 1stで、形質値がコシヒカリ1stより低く、*t*検定において5%水準で有意差が見られたのが、Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1であった(図1-1上)。GLSL 2ndで形質値がコシヒカリ2ndより低く、*t*検定において1%水準で有意差が見られたのが、Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1であった。5%水準で有意差が見られたのが、Chr3-1, Chr3-2, Chr7-1であった(図1-1下)。GLSL 1st, 2ndともにひこばえ発生数が少なくなっていたのは、Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1であった。

(挿し木の再生力が低下した系統)

コシヒカリ2ndとグラベリマの平均発根数を比べると、コシヒカリ2ndの平均発根数は5.17本、WK18, CG14の平均発根数は0本であった。次にコシヒカリ2ndとGLSL 2ndを比較すると、*t*検定において1%水準で有意差が見られたのが、Chr6-2, Chr8-1, Chr10-1であった。5%水準で有意差が見られたのが、Chr1-1, Chr7-3, Chr8-2, Chr8-3, Chr10-2であった(data not shown)。

(株元のTNC量)

株元のTNC量(g/試料1g)の計測の結果、コシヒカリ1stとCG14の間は、有意な差が見られ、グラベリマのTNC量が少なく、WK18においても低下していた。また、コシヒカリ1stとGLSL 1stを比較した結果、有意な差を示したGLSL系統はなかった(data not shown)。

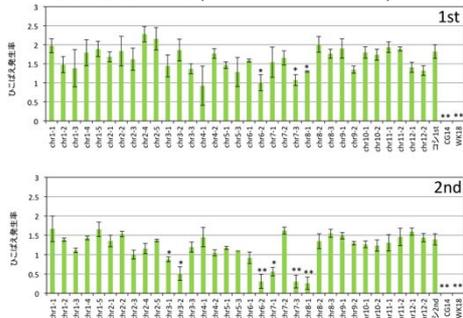


図1-1 GLSLにおける分けつ数あたりのひこばえ数(平均±標準偏差)。A: 1st, B: 2nd。A: 1st, B: 2nd。\*\*\*: それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。

## (2) 一年生遺伝子のマッピング

高位分けつの発生は、将来ひこばえとなるためのエネルギー源となる同化産物を先取りして消費することとなるため、ひこばえ発生と高位分けつの発生には関連(負の相関)があると考えられ、ひこばえ数と共にマッピングすることとした

スクリーニングの結果をふまえ、GLSL Chr8-1がもつ *O. glaberrima* 由来の一年生遺伝子のクローニングを目指し、825個体からなるマッピング集団を用いてひこばえ発生率、出穂日、高位分けつ発生率に関するQTL解析

をインターバルマッピングにより行った。形質値には、それぞれ1個体あたりのひこばえ数/分けつ数、出穂日、高位分けつ数/分けつ数を用いた。その結果、それぞれRM22475とRM5432, RM22475とRM5432, RM310とRM3644の間にピークが検出され(図2-2,2-3および2-4)。出穂のQTLが存在した領域にはHd5/DTH8が報告されており、同一の遺伝子であると考えられた。ひこばえ発生率および高位分けつ数に関するQTLとHd5/DTH8が同一であるかどうかは明確にできなかったがその可能性は高い。

3年間、合計で7千個体以上の分離集団を育成したが、繰り返しもかかわらずひこばえ数の形質評価は安定せず、高精度な遺伝子マッピングは不可能であったため、CSSLの形質評価に注力し、以後は一年生形質と関連した収量増加の可能性を探ることとした。

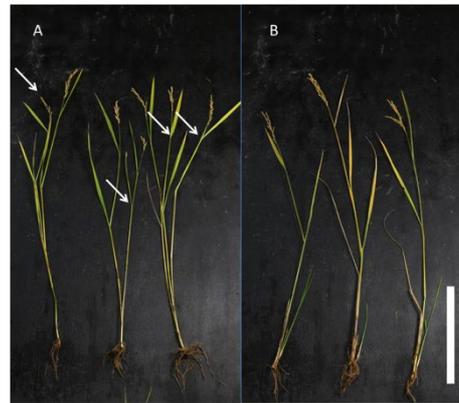


図2-1. 出穂60日後の分けつの様子。A: CSSL Chr8-1, B: コシヒカリ。AのCSSLでは頂端以外の地上部腋芽が伸長し、結実した(矢印)。これがひこばえ数が減少する要因であると考えられた。Bar=30cm。

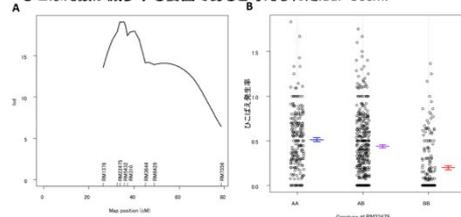


図2-2. A: 検出されたQTL(qR48)の位置を示すインターバルマッピングの結果。B: ひこばえ発生率の表現型値をRM22475における遺伝子型ごとにプロットした図。左からコシヒカリ、ヘテロ、*O. glaberrima*を表す。

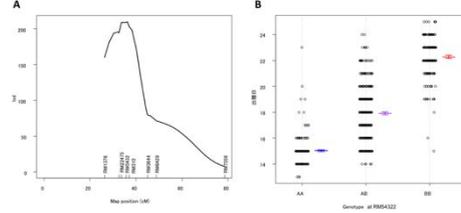


図2-2. A: 検出された出穂QTLの位置を示すインターバルマッピングの結果。B: 出穂日の表現型値をRM5432における遺伝子型ごとにプロットした図。左からコシヒカリ、ヘテロ、*O. glaberrima*を表す。

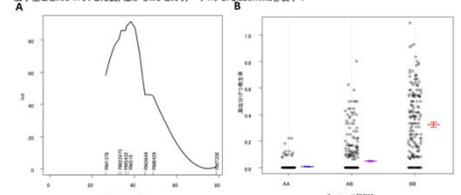


図2-3. A: 検出された高位分けつQTL(qR78)の位置を示すインターバルマッピングの結果。B: 高位分けつ発生率の表現型値をRM5432における遺伝子型ごとにプロットした図。左からコシヒカリ、ヘテロ、*O. glaberrima*を表す。

## (3) 一年生形質を示すGLSLのキャラクタライ

## ゼーション

(ひこばえ発生率)

Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, 関東 HD2 号は、コシヒカリと比較してひこばえ発生率が有意に低くなっていた(data not shown)。

(刈り取り後のひこばえ数)

Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 は、刈り取り後のひこばえ数がコシヒカリと比較してひこばえ数が有意に少なくなっていた(data not shown)。

(挿し木の再生力の評価)

コシヒカリにおける挿し木の発根数は、出穂後 0、14 日で 0 本であった。出穂後 28 日では、4.77 本であった。Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 の発根数は、出穂後 0、14 日では、コシヒカリと比較して有意に高く、出穂後 28 日では有意に低くなっていた(data not shown)。

(生育調査)

・分けつ数の推移

コシヒカリにおける分けつ数は、出穂前 15 日前後まで増加していた。Chr8-1 における分けつ数は、8 月 7 日以降、コシヒカリと有意な差が確認され、出穂前後まで増加していた。

Chr7-3 における分けつ数は、出穂前後の 8 月 28 日以降、有意な差が確認された。WK18, CG14 における分けつ数は、7 月 17 日以降、コシヒカリと有意な差が確認され、それぞれ出穂前 20 日前後、30 日前後まで増加しその後減少した。Chr7-3, Chr8-1 の分けつ数は、それぞれ 8 月 21 日から 8 月 28 日、8 月 14 日から 8 月 21 日の間に大きく増加していた。

Chr8-1 における分けつ数の増加は、高位分けつの発生によるものだった(図 3-4, 3-5)。

・成長解析

Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, CG14, WK18 において相対成長率は、出穂前後の時期に上昇し、その後低下した。乾物重に対する葉面積の広がり示す葉面積は、CG14, WK18 が大きく、次いで Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1 が大きく、コシヒカリが小さかった。純同化率は、Chr6-2, Chr7-3, Chr8-1, CG14, WK18 において、出穂前後の時期に上昇しその後、低下した。この傾向は、コシヒカリでは見られなかった(data not shown)。

・出穂後の乾物重の推移

出穂後 0 日から出穂後 28 日までの茎葉重は、Chr6-2 において減少し、Chr7-3, Chr8-1, コシヒカリで増加していた。コシヒカリと比較して Chr6-2, Chr8-1 の茎葉重減少量( T)に有意な差が確認された(図 3-9A)。穂重増加量( T+ W)は、Chr7-3 がコシヒカリと比較して有意に大きかった(図 3-9B)。新規同化炭水化物量は、コシヒカリとの t 検定において、いずれの系統にも有意な差はなかった(図 3-9C)。

・収穫指数および収量構成要素

茎葉重は、Chr7-3 がコシヒカリと比較して有意に大きかった(図 3-10A)。一株穂重は、コシヒカリと比較して Chr7-3 および Chr8-1 が有意に大きかった(図 3-10B)。穂数は、コシヒカリが 11 本だった。Chr8-1, Chr7-3 はそれぞれ 28 本、15.7 本でコシヒカリと比較して有意差がみられた(図 3-10C)。穂長は、コシヒカリ、Chr7-3, Chr8-1 がそれぞれ、20.4cm, 23.9cm, 16.8cm だった。Chr7-3 はコシヒカリと比較して有意に大きく、Chr8-1 は有意に小さかった(図 3-10D)。一穂粒数は、Chr8-1 は、コシヒカリと比較して有意に少なかった。Chr7-3 は、有意に多かった(図 3-11A)。稔実率は、Chr6-2 がコシヒカリと比較して有意に低かった(図 3-11B)。

・Chr8-1 に特徴的な高位分けつについて

Chr8-1 は高位分けつに穂をつけるという特徴が見られた(図 2-1)。この高位分けつにつけた穂を高位分けつ穂として調査した。Chr8-1 の穂重および穂数は、コシヒカリと比較して有意に大きく、高位分けつ穂重が 7.97g、高位分けつ穂数は、11.3 本だった(図 3-12A, B)。Chr8-1 の分けつにおける穂長、高位分けつにおける穂長は、それぞれ 16.8cm, 12.6cm で有意な差が見られた(図 3-12C)。分けつにおける一穂粒数、高位分けつにおける一穂粒数は、それぞれ 83.5 粒、44.6 粒で有意な差がみられた(図 3-12D)。分けつおよび高位分けつにおける稔実率は、それぞれ 0.938, 0.933 で差が見られなかった(図 3-12E)。

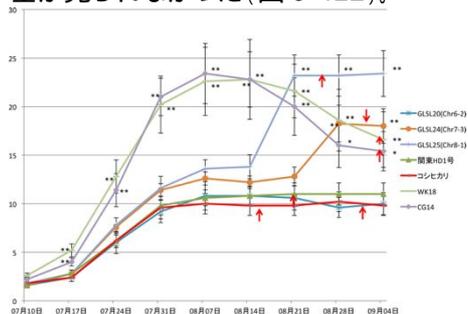


図3-4. 分けつ数の推移  
\*, \*\* それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。  
矢印は、出穂日を示す。

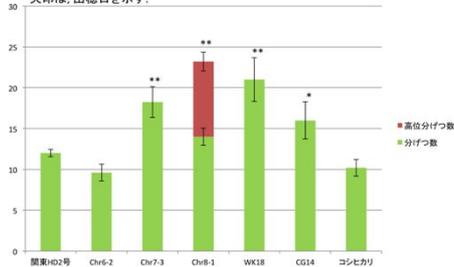


図3-5. 8月28日における分けつ数  
\*, \*\* それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。

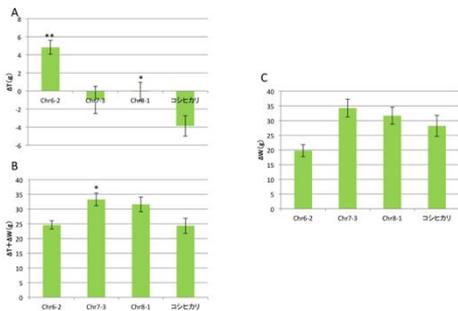


図3-9. 出穂後の乾物量の推移(平均±標準誤差)  
 \*\*, \*\*それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。  
 A: 茎葉乾物減少量(ΔT), B: 穂重増加量(ΔT+ΔW), C: 新規同化炭水化物量(ΔW)

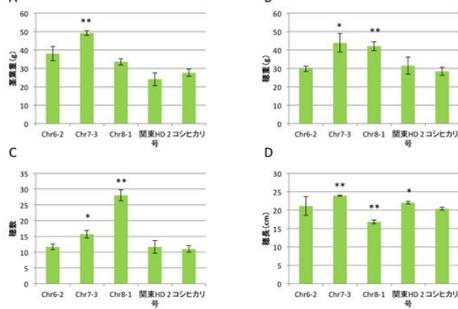


図3-10. 出穂後35日における収量指数および収量構成要素(平均±標準誤差)  
 \*\*, \*\*それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。  
 A: 茎葉重, B: 一株穂重, C: 穂数, D: 穂長

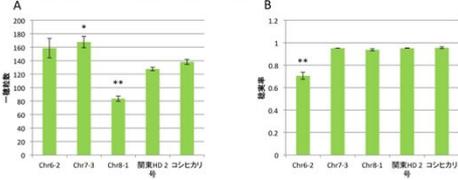


図3-11. 出穂後35日における収量指数および収量構成要素(平均±標準誤差)  
 \*\*, \*\*それぞれ5%水準および1%水準でコシヒカリと有意差があることを示す。  
 A: 一穂粒数, B: 稔実率

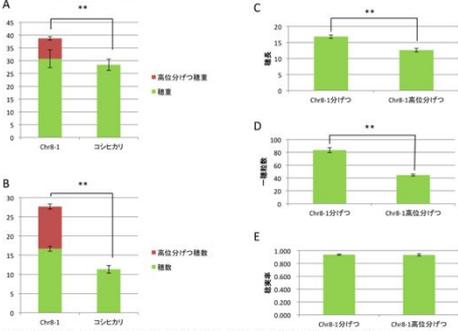


図3-12. G151Chr8-1の高位分げつにおける収量指数および収量構成要素(平均±標準誤差)  
 \*\*, \*1%水準で有意差があることを示す。  
 A: 穂重, B: 穂数, C: 穂長, D: 一穂粒数, E: 稔実率

### 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 0件)

[学会発表](計 5件)

藤岡昌司、尾崎雄哉、米田典央、北野英己、土井一行、組換え自殖系統を利用したイネの茎再生能力に関する形質とQTLの探索、第20回育種学会中部地区談話会、2012年12月8日、名古屋大学

尾崎雄哉、藤岡昌司、土井一行、アフリカイネ (*Oryza glaberrima* Steud.) 由来の一年生遺伝子の探索、第21回育種学会中部地区談話会、2013年10月30日、信州大学

尾崎雄哉、藤岡昌司、春原英彦、高師知紀、北野英己、土井一行、アフリカイネ (*Oryza*

*glaberrima* Steud.) 由来の一年生遺伝子の探索、日本育種学会第126回講演会、2014年9月26-2014年9月27日、南九州大学

尾崎雄哉、藤岡昌司、春原英彦、北野英己、土井一行、アフリカイネを用いた一年生形質の評価、第22回育種学会中部地区談話会、2014年11月22日、岐阜大学

尾崎雄哉、石原賢治、朱新昊、藤岡昌司、春原英彦、高師知紀、北野英己、土井一行、一年生を示すアフリカイネ CSSL のキャラクタライゼーション、日本育種学会第127回講演会、2015年3月21日-2015年3月22日

[図書](計 0件)

[産業財産権]  
出願状況(計 0件)

取得状況(計 0件)

[その他]

### 6. 研究組織

#### (1) 研究代表者

土井 一行 (DOI, Kazuyuki)

名古屋大学・大学院生命農学研究科・准教授

研究者番号: 80315134

#### (2) 研究分担者

北野 英己 (KITANO, Hidemi)

名古屋大学・生物機能開発利用研究センター・教授

研究者番号: 50144184

#### (3) 連携研究者

( )

研究者番号: