

令和 4 年 6 月 29 日現在

機関番号：92679

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2016～2020

課題番号：16H06469

研究課題名（和文）ハイブリッド新種ゲノムが有するオミクス適応能の包括的な解析

研究課題名（英文）Comprehensive analysis of omics adaptability in hybrid species

研究代表者

瀬々 潤（Sese, Jun）

株式会社ヒューマノーム研究所・本社・代表取締役社長

研究者番号：40361539

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 76,300,000円

研究成果の概要（和文）：ハイブリッド新種の環境適応能力の分子基盤を調査し、環境適応の予測手法を構築した。具体的には（1）コムギ10+ゲノムプロジェクトの国際コンソーシアムに参画し、農林61号のゲノム解読を行った。（2）気象から表現型を予測する機械学習法である二段階予測法を構築。既存の予測より格段に予測精度を達成、さらに、どの気象要因が表現型に影響しているかを明らかにした。（3）ハイブリッド時に発生する大規模なゲノム変異「ゲノムショック」に関して調査を実施。我々の調査の範囲では、ハイブリッド時に大規模なゲノムショックは起こらず、遺伝子の冗長性による適応性の幅の獲得が、環境適応能の獲得には重要で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

本研究では、ハイブリッド新種の一つとしてコムギをターゲットにした。コムギのゲノム解析を国際コンソーシアムで実施し、世界に先駆けてコムギ全ゲノムを明らかにした。これにより、コムギの育種や気象変動による影響の解析などが進み、気象変動による飢餓の問題などへの対応が進む可能性が高い。一例として、本研究内で人工的な温暖化環境がコムギの成長に与える影響を計測し、さらに機械学習を用いることで、気象変動に対する影響の予測を実施した。

研究成果の概要（英文）：We investigated the molecular basis of the new hybrid ability to adapt to the environment and constructed a method for predicting environmental adaptation. Specifically, (1) Participated in the international consortium of the Wheat 10+ Genome Project and decoded the genome of Norin 61. (2) Constructed a two-step prediction method, which is a machine learning method that predicts phenotypes from the weather. The prediction accuracy was significantly higher than the existing predictions, and it was clarified which meteorological factors affect the phenotype. (3) Conducted a survey on the large-scale genomic change "genome shock" that occurs during hybrids. Within the scope of our study, large-scale genome shock did not occur during hybrids, suggesting that the acquisition of a range of adaptability through gene redundancy is important for the acquisition of environmental adaptability.

研究分野：生命情報学

キーワード：ハイブリッド 異質倍数体 遺伝子発現 ゲノム 機械学習

### 1. 研究開始当初の背景

パンコムギ、セイヨウアブラナ、ワタ、アラビカ種コーヒー、サツマイモなど、有用植物には「鍵と鍵穴」の障壁を超えたハイブリッド(倍数体種)が多いことが知られている。倍数体種の長所と短所には諸説あるが、重複遺伝子の冗長性により、環境適応能が増す可能性が指摘されていた。一方で、倍数体種はゲノムの解読が困難であったり、フィールド環境でのデータ不足であったりするため、それらの分子基盤についての知見は乏しく、科学的な根拠は得られていなかった。

### 2. 研究の目的

「鍵と鍵穴」の障壁を超え、交雑により生まれたハイブリッド新種は、親種に比べて広い環境適応能力を有することから、農業において積極的に利用されている。その一方で、ハイブリッド新種が作成できたとして、その新種が、どのような環境において生育可能なかの予測は出来ておらず、場当たりのようになっていく部分が多かった(図1. ハイブリッドによる環境適応能拡大のイメージ)。本研究では、新たに生まれたハイブリッド新種が、どのような環境適応能を有しうるのか予測法を確立する。一般に、種Aと種Bが交雑して生まれたハイブリッド新種は、AとBの中間的な形質を持つと考えられているが、新種にはAにもBにも存在しない形質を獲得することもある(雑種強勢)。この特質を活かすことで、より望んだ環境に適応した新種の作成が期待されるが、どのような形質が獲得可能であるかの予測、そして分子的なメカニズムは道である。本研究では、この手法を発展させることで、ハイブリッド新種の環境適応の理解と予測につなげた。

### 3. 研究の方法

本研究では、分担研究者の清水を中心に実験データの取得、代表の瀬々と分担の孫を中心に、取得データの解析と、適応能を明らかにするための手法開発を実施した。具体的には、以下の3つの研究を実施した。

- (1) 分子基盤を明らかにする上で、現在の生物学ではゲノム情報が不可欠である。ところが、世界中で広く食されているパンコムギでさえゲノム情報が明らかにされておらず、コムギが有する分子基盤の解明の律速となっていた。国際コンソーシアムを形成した上で、大規模に次世代シーケンサを利用することで、ゲノム情報の解読を行った。
- (2) ゲノム情報が分かることで、系統間の変位情報や遺伝子発現等のオミクス情報の利用が可能となる。オミクス情報をもとに、環境適応能を明らかとするには、従来の遺伝統計学で扱われてきた様な単一遺伝子の変化だけでは、十分ではない可能性が示唆されていた。そこで、本研究では近年発展の著しい人工知能分野の技術である機械学習手法を用い、あるいは、必要に応じて開発をすることで、オミクス適応能に関連した遺伝子や要因を明らかにする手法構築と解析を実施した。
- (3) ハイブリッド新種(異質倍数体)が誕生する時、「ゲノムショック」と呼ばれてきたゲノムワイドの大きな発現・エピゲノムの変化が起こると言われてきており、それが適応能の拡大に寄与する可能性が示唆されていた。ゲノム情報をもとにエピゲノムの変化を調査することで、ゲノムショックの詳細を研究した。また、進化による選択圧の調査を行った。

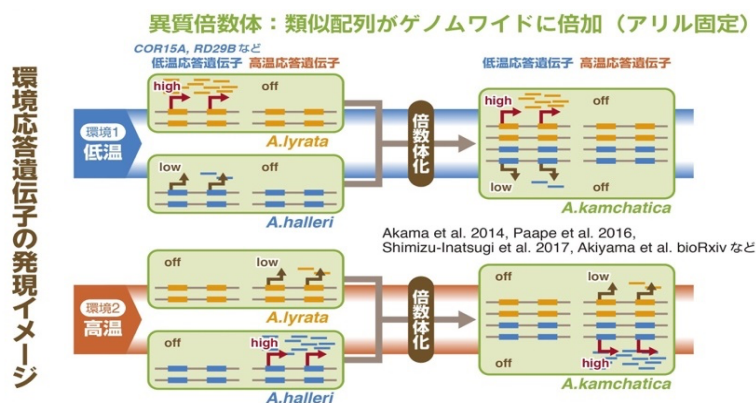


図1 ハイブリッドが環境適応能をもたらすメカニズムのイメージ

### 4. 研究成果

#### 4-1. パンコムギのゲノムの解読

パンコムギはゲノムサイズが17GBとヒトゲノムより数倍大きく、更に異質六倍体であるために

ゲノム配列が非常に複雑で、本研究開始時には高精度なゲノムのアセンブリが報告されていなかった。そこで、コムギ 10+ゲノムプロジェクトの国際コンソーシアムと連携し、日本を代表するパンコムギ品種農林61号の染色体レベルのゲノム解読を行った。農林61号はプロジェクト唯一のアジアの近代品種であり、他の欧米品種とゲノム配列が大きく異なっていた。日本の風土に適



図2 コムギ 10+コンソーシアムの参加国と担当種

応した結果として、緑の革命で用いられた半矮性変異をはじめ、出穂、品質や病原適応性などに関連した多数の既知変異が見いだされた。特に、出穂は温暖化に対する適応の鍵となる形質であるが、出穂を司るフロリゲン FT1/VRN3 のホメオログの解析により、他のコムギの系統と比較した場合に、新規の機能欠損やコピー数変異を見出した。コピー数の増減が環境適応性の拡大に寄与する可能性を示唆することができた。

#### 4-2. 機械学習による適応能の予測モデルの開発

気象条件の変動に対する、植物の生育・出穂・収穫など農業形質が、どのように応答し、適応できるのかを予測するモデルの開発を実施した。本研究までは、気象条件から直接形質の変化を予測した場合の予測精度は低かったが、4-1で示した高精度ゲノム情報を生かしたRNA-seqを活用することで、以下の二段階モデルを構築した。このモデルでは、はじめに、気象条件から遺伝子発現量を予測するモデルを構築する。更に独立して、遺伝子発現量から形質の変化を予測するモデルを構築する。最後に、遺伝子発現量を中間層として、これらを統合することで気象条件から形質の変化を予測するモデルを構築する。統合により、遺伝子発現量は不要で、気象条件から形質を予測することが可能である。更に、このモデルにおいては機械学習のスパースモデルを利用することで、形質予測に影響が大きい気象条件を明確にすることが可能である。

#### 4-3. ゲノムショックの検討

ゲノムショックの検討のため、4-1で読んだ高精度ゲノム情報の利用及び、ハイブリッド前の親種のエピゲノムとハイブリッド後のエピゲノムの比較解析を実施した。これに際し、倍数体種であってもエピゲノム情報が定量できるバイオインフォマティクス手法を開発した。これらの手法は、次世代シーケンサで読まれたリードが、ハイブリッド種のように複雑なゲノムを有する種であっても、ゲノム上のどの位置由来であるかをシーケンサのエラーも考慮した上で同定する技術である。これら技術を開発の上、パンコムギおよびミヤマハタザオの2種に関して、詳細に比較検討を実施したが、従来言われていたゲノムショックと言われるレベルの大規模な変化は認められなかった。今後、ハイブリッド新種によるゲノムショックは再検証される必要がある。

また、ミヤマハタザオ 25 個体のゲノム多型を調査し、ゲノムの変異と環境適応能を調査した。

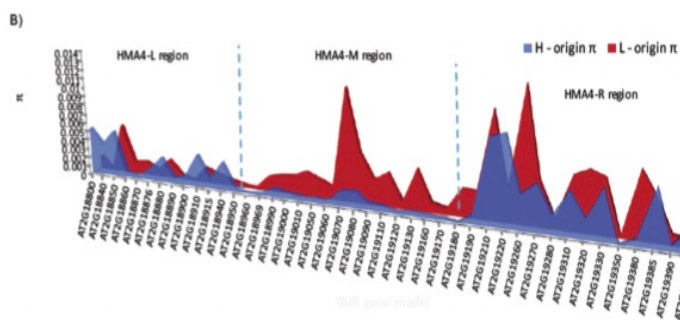


図3 ミヤマハタザオで重金属応答を担うHMA4遺伝子領域の塩基多様度。2つのサブゲノムで別の選択を受けた。

ハイブリッドによって片方のコピーが本来の機能を保てばもう片方が新規の機能を獲得しやすくなり、新規性が進化しやすいという仮説(重複遺伝子の冗長性)が大野によって唱えられてきた。解析結果は、この仮説を支持するものとなっていた。重複遺伝子が別々の選択圧を受けていた例を図3に示す。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計20件（うち査読付論文 20件／うち国際共著 16件／うちオープンアクセス 14件）

1. 著者名 Timothy Paape, Roman V. Briskine, Gwyneth Halstead-Nussloch, Heidi E. L. Lischer, Rie Shimizu-Inatsugi, Masaomi Hatakeyama, Kenta Tanaka, Tomoaki Nishiyama, Renat Sabirov, Jun Sese & Kentaro K. Shimizu	4. 巻 9
2. 論文標題 Patterns of polymorphism and selection in the subgenomes of the allopolyploid Arabidopsis kamchatica	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Communications	6. 最初と最後の頁 3909
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-018-06108-1	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 Young Hun Song, Akane Kubota, Michael S. Kwon, Michael F. Covington, Nayoung Lee, Ella R. Taagen, Dianne Laboy Cintrón, Dae Yeon Hwang, Reiko Akiyama, Sarah K. Hodge, He Huang, Nhu H. Nguyen, Dmitri A. Nusinow, Andrew J. Millar, Kentaro K. Shimizu & Takato Imaizumi	4. 巻 4
2. 論文標題 Molecular basis of flowering under natural long-day conditions in Arabidopsis	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 824-835
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41477-018-0253-3	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 Shinya Oki, Tazro Ohta, Go Shioi, Hideki Hatanaka, Osamu Ogasawara, Yoshihiro Okuda, Hideya Kawaji, Ryo Nakaki, Jun Sese, Chikara Meno	4. 巻 19
2. 論文標題 ChIP-Atlas: a data-mining suite powered by full integration of public ChIP-seq data.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 EMBO reports	6. 最初と最後の頁 e46255
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.201846255	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 Masashi Tsubaki, Kentaro Tomii, Jun Sese	4. 巻 35
2. 論文標題 Compound-protein interaction prediction with end-to-end learning of neural networks for graphs and sequences.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 309-318
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/bty535	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 Tony Kuo, Martin C. Frith, Jun Sese and Paul Horton	4. 巻 11
2. 論文標題 EAGLE: Explicit Alternative Genome Likelihood Evaluator	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 BMC Medical Genomics	6. 最初と最後の頁 28
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12920-018-0342-1	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 Tony C Y Kuo, Masaomi Hatakeyama, Toshiaki Tameshige, Kentaro K Shimizu, Jun Sese	4. 巻 bby121
2. 論文標題 Homeolog expression quantification methods for allopolyploids	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Briefings in Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 bby121
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bib/bby121	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 Hatakeyama M, Aluri S, Balachadran M, Sivarajan S R, Patrignani Andrea, Gr?ter Simon, Poveda Lucy, Shimizu-Inatsugi Rie, Baeten John, Francoijs Kees-Jan, Nataraja Karaba N, Reddy Yellodu AN, Phadnis S, Ravikumar RL, Schlapbach R, Sreeman SM, Shimizu KK	4. 巻 25
2. 論文標題 Multiple hybrid de novo genome assembly of finger millet, an orphan allotetraploid crop	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 39 ~ 47
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsx036	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 Hirao AS, Onda Y, Shimizu-Inatsugi R, Sese J, Shimizu KK, Kenta T	4. 巻 7
2. 論文標題 Cost-Effective Discovery of Nucleotide Polymorphisms in Populations of an Allopolyploid Species Using Pool-Seq.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 American Journal of Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 1046-1053
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 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 Izuno A, Kitayama K, Onoda Y, Tsujii Y, Hatakeyama M, Nagano AJ, Honjo MN, Shimizu-Inatsugi R, Kudoh H, Shimizu KK, Isagi Y	4. 巻 26
2. 論文標題 The population genomic signature of environmental association and gene flow in an ecologically divergent tree species <i>Metrosideros polymorpha</i> (Myrtaceae).	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Mol Ecol	6. 最初と最後の頁 1515-1532
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 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 Lischer HEL, Shimizu KK	4. 巻 18
2. 論文標題 Reference-guided de novo assembly approach improves genome reconstruction for related species	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 474
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 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 Yew C-L, Kakui H, Shimizu KK	4. 巻 9
2. 論文標題 Agrobacterium-mediated floral dip transformation of the model polyploid species <i>Arabidopsis kamchatica</i>	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 J Plant Res	6. 最初と最後の頁 1-10
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 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 Aika Terada, Ryo Yamada, Koji Tsuda, Jun Sese	4. 巻 32
2. 論文標題 LAMPLINK: detection of statistically significant SNP combinations from GWAS data	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 3513-3515
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btw418	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 Novikova PY, Hohmann N, Nizhynska V, Tsuchimatsu T, Ali J, Muir G, Guggisberg A, Paape T, Schmid K, Fedorenko OM, Holm S, Sll T, Schlitterer C, Marhold K, Widmer A, Sese J, Shimizu KK, Weigel D, Krmer U, Koch MA, Nordborg M	4. 巻 48
2. 論文標題 Sequencing of the genus <i>Arabidopsis</i> identifies a complex history of nonbifurcating speciation and abundant trans-specific polymorphism	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Nature Genetics	6. 最初と最後の頁 1077-1082
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/ng.3617	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 Shimizu-Inatsugi R, Terada A, Hirose K, Kudos H, Sese J, Shimizu KK	4. 巻 26
2. 論文標題 Plant adaptive radiation mediated by polyploid plasticity in transcriptomes	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Molecular Ecology	6. 最初と最後の頁 193-207
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/mec.13738	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 Briskine RV, Paape T, Shimizu-Inatsugi R, Nishiyama T, Akama S, Sese J, Shimizu KK	4. 巻 未定
2. 論文標題 Genome assembly and annotation of <i>Arabidopsis halleri</i> , a model for heavy metal hyperaccumulation and evolutionary ecology	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Molecular Ecology Resources	6. 最初と最後の頁 未定
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/1755-0998.12604	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 Paape T, Hatakeyama M, Shimizu-Inatsugi R, Cereghetti T, Onda Y, Kenta T, Sees J, Shimizu KK	4. 巻 33
2. 論文標題 Conserved but Attenuated Parental Gene Expression in Allopolyploids: Constitutive Zinc Hyperaccumulation in the Allotetraploid <i>Arabidopsis kamchatica</i>	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Molecular biology and evolution	6. 最初と最後の頁 2781-2800
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msw141	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 Gan X, Hay A, Kwantes M, Haberer G (31人中21番目)	4. 巻 2
2. 論文標題 The Cardamine hirsuta genome offers insight into the evolution of morphological diversity	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Nature Plants	6. 最初と最後の頁 16167
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/nplants.2016.167	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 Ang CC, O'Brien MJ, Ng KKS, Lee PC, Hector A, Schmid B, Shimizu KK	4. 巻 9
2. 論文標題 Genetic diversity of two tropical tree species of the Dipterocarpaceae following logging and restoration in Borneo: high genetic diversity in plots with high species diversity	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Plant Ecology & Diversity	6. 最初と最後の頁 459-469
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/17550874.2016.1270363	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 Izuno A, Kitayama K, Onoda Y, Tsuji Y, Hatakeyama M, Nagano AJ, Honjo MN, Shimizu-Inatsugi R, Kudoh H, Shimizu KK, Isagi Y	4. 巻 26
2. 論文標題 The population genomic signature of environmental association and gene flow in an ecologically divergent tree species <i>Metrosideros polymorpha</i> (Myrtaceae)	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Molecular Ecology	6. 最初と最後の頁 1515-1532
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/mec.14016	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 Briskine RV, Shimizu KK	4. 巻 18
2. 論文標題 Positional bias in variant calls against draft reference assemblies	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 BMC Genomics	6. 最初と最後の頁 263
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12864-017-3637-2	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



〔学会発表〕 計7件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 瀬々 潤
2. 発表標題 異質倍数体の育種に向けたマルチオミクス解析
3. 学会等名 植物細胞分子生物学会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Jun Sese
2. 発表標題 Decoding cellular functions by AI with large-scale collection of genetic information
3. 学会等名 Molecular Biology Society Japan（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yew C.L., Tsuchimatsu T., Shimizu-Inatsugi R., Shimizu K.K.
2. 発表標題 A dominant mutation conferred self-compatibility in allotetraploid <i>A.kamuchatica</i>
3. 学会等名 Symposium on “Detecting the Genomic Signal of Polygenic Adaptation and the Role of Epistasis in Evolution”
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kakui H., Tsuchimatsu T., Yamazaki M., Marona C., Tsutsui H., Hedhly A., Meng D., Sato Y., Stadler T., Grossniklaus U., Kanaoka M., Lenhard M., Nordborg M., Shimizu K
2. 発表標題 Identification of a gene controlling pollen number by a GWAS and CRISPR mutants
3. 学会等名 Symposium on “Detecting the Genomic Signal of Polygenic Adaptation and the Role of Epistasis in Evolution”
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Hatakeyama M., Aluri S., Patrignani A., Grter S., Poveda L., Schlapbach R., Shimizu-Inatsugi R., Shimizu K.K., Baeten J.B., Francoijs K.-J., Balachadran M.T., Sivarajan SR, Nataraja K.N., Ravikumar R.L., Reddy Y.A.N., Sreeman SM
2. 発表標題 Multiple hybrid de novo genome assembly of finger millet
3. 学会等名 Zurich-Basel Plant Science Center PSC symposium
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yew C.L., Tsuchimatsu T., Shimizu-Inatsugi R., Shimizu K.K.
2. 発表標題 A single dominant mutateon conferred self-compatibility in allotetraploid Arabidopsis kamchatica
3. 学会等名 Zurich-Basel Plant Science Center PSC symposium,
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kakui H.
2. 発表標題 Identification and transcriptome analysis of pollen number controlling gene, RDP1
3. 学会等名 Zurich-Basel Plant Science Center PSC symposium
4. 発表年 2017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	清水 健太郎  (Shimizu Kentaro)  (10742629)	横浜市立大学・木原生物学研究所・客員教授    (22701)	

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	孫 建強  (Sun Kenkyou)  (90838624)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・農業情報研究センター・主任研究員     (82111)	

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