

令和元年6月26日現在

機関番号：15301

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2016～2018

課題番号：16H04863

研究課題名(和文) ムギ類における出穂期不安定性の遺伝機構の解明

研究課題名(英文) Genetic analysis of heading time instability in wheat and barley

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) 13,000,000円

研究成果の概要(和文)：ムギ類における出穂期不安定性の遺伝機構を明らかにするために、コムギ及びオオムギにおいて出穂期不安定系統を特定し、不安定化に関わる遺伝子の特定を目指した。その結果、コムギ系統「超極早生」が保有する第3同祖群染色体長腕の早生遺伝子exh-1のマップベースクローニングに成功し、PCL1遺伝子が原因遺伝子であることを明らかにした。本遺伝子の機能欠損により暖冬年に出穂が極端に早まることにより不安定化することが明らかになった。オオムギにおいては、圃場出穂期の年次間変動の解析によりHvPhyC遺伝子が不安定化に関わることを突き止めた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

出穂期はムギ類の生産性に直結する重要な形質であり、世界の研究者が遺伝研究を精力的に展開している。しかしながら、気候変動下での出穂期不安定性に着目した研究はほとんどなく、学術的に重要な発見をできたと考えている。また、出穂期不安定化遺伝子を特定できたことにより、今後は育種現場においてDNAマーカー選抜により希望遺伝子型を容易に選抜できるので、地球規模での温暖化や気候の不安定化に対応可能なムギ類新品種の育成を加速化できると考えている。

研究成果の概要(英文)：Growth and yield of crops are significantly affected by changing global environment. Heading time is one of the important traits to achieve the maximum yield in wheat and barley, but is becoming unstable mainly due to yearly fluctuation of temperature throughout the growing season. In this study, we first identified wheat and barley cultivars whose heading time varies largely depending on the year, and then identified the causal gene(s). A wheat breeding line 'Chogokuwase' is an extra early heading line and its heading date is accelerated by warmer temperature in wheat. By map based approach, using segregating populations derived from 'Chogokuwase' x 'Kinuiroha', we identified that the causal gene is PCL1 and triple recessive homozygote become extra early heading. In barley, HvPhyC mutant allele, which is commonly found in the Japanese early maturity cultivars, proved to cause instability of heading time depending on the temperature condition during winter.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：コムギ オオムギ 出穂期 不安定性 遺伝子

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

ムギ類の栽培では一般に秋に播種し、初夏に収穫する。この間、平均気温は 12 (11月中旬) から 0 (1月下旬) へと低下し、その後 20 (5月下旬) へと上昇する (岡山市の平年値)。ムギ類において高収量を実現するためには、栽培期間中に季節変化する気温に対して、生長・発育パターンを巧みにあわせる必要がある。生長・発育特性のうちムギ類の適応性や収量性に深く関わる特性の一つが出穂特性である。

ムギ類の出穂期を決める環境要因のうち、日長は毎年同じように季節変化を示すが、気温は年によって変動する。近年、気象の極端現象の頻発により冬季から早春の気温が大きく変動し、ムギ類の出穂期が平年から大きくずれる (以下、出穂期不安定性) ため、生産への悪影響が問題となっている。特にわが国では、登熟期に梅雨の長雨に遭って穂発芽や赤かび病が発生しやすく、これを回避するために、春播型で不感光性の早生品種が育成されてきた。しかし、このような品種は暖冬条件で幼穂形成の早進と早期出穂が起きやすく、栄養成長期間の短縮による穂数の減少や寒の戻りによる凍霜害の発生が問題となっている。したがって、ムギ類の安定的な多収・高品質を実現するためには、出穂期不安定性の遺伝機構の解明が不可欠である。

ムギ類の出穂期は低温要求性、日長反応性、純粋早晩性によって決まる複合形質である。このうち低温要求性は *Vrn-1* ~ *Vrn-4* 同祖遺伝子により支配されており、すべての原因遺伝子が同定されている。*Vrn-1* (Yan et al. 2003) 及び *Vrn-4* (Kippes et al. 2015) はどちらもシロイヌナズナの花器官形成に関わる *AP1/FUL* のオーソログであり、*Vrn-3* (Yan et al. 2006) はシロイヌナズナの花成シグナル因子 (フロリゲン) をコードする *FT* のオーソログである。また、日長反応性には *Ppd-1* (Turner et al. 2005) 及び *Ppd-2* (Kikuchi et al. 2009) 同祖遺伝子が関与しており、それぞれ概日時計遺伝子 *PRR37* 及び *FT* ファミリー遺伝子 *FT3* が原因遺伝子である。また最近、一粒系コムギの極早生遺伝子とオオムギの早生遺伝子 *eam10* の原因遺伝子が概日時計遺伝子 *LUX* であることが明らかにされ (Mizuno et al. 2012)、さらにオオムギにおいて光受容体遺伝子 *PhyC* が早生遺伝子 *eam5* の原因遺伝子であることが明らかにされた (Nishida et al., 2013)。

一方、純粋早晩性には多数の微働遺伝子が関与しているために遺伝解析が遅れていたが、最近の研究により、純粋早晩性遺伝子のひとつであるコムギ *eps-D1* (Zikhali et al. 2016)、オオムギ *eam8* (Faure et al. 2012) の原因遺伝子が概日時計遺伝子 *ELF3* であると考えられている。

以上の通り、ムギ類の出穂期決定要因 (出穂特性) を支配する遺伝子が多数同定されていることから、出穂期不安定性の遺伝学的解析が可能になったと考えられる。加えて、作物として明らかに異なるコムギとオオムギであるが、出穂期制御の遺伝学的メカニズムがほぼ共通していることから、両作物を研究対象とすることにより相乗効果が期待される。

2. 研究の目的

ムギ類の出穂期と環境との相互作用に関する従来の研究を総合すると、暖冬年には幼穂形成や出穂が早期化したり遅延したりする。反応の程度は品種によって異なり、暖冬年における早期化は春播型品種において顕著である。春播型品種は低温要求性が小さいために冬季に十分な期間の低温にさらされなくても幼穂分化が誘導されるためである。このために、出穂期の安定化には低温要求性の付与が有効とされてきた。

一方、コムギにおいては、極早生の育成系統「超極早生」が顕著な出穂期不安定性を示し、これには不感光性と小さい純粋早晩性が関わっていると考えられた。以上のことから、出穂期の不安定化とは環境条件や生理状態による幼穂形成や出穂の抑制がかからない系統が気温変動に遭って幼穂形成や出穂が通常よりも早く進んでしまう現象と捉えることが可能であるが、これはあくまでも仮説であり、実証はされていない。

そこで本研究では、コムギ及びオオムギにおいて出穂期不安定性を示す系統を実験材料として、出穂期不安定性に関わる遺伝子 (領域) を同定する遺伝学的解析、圃場での出穂期の年次間変動に基づく表現型解析、そして既知及び新規に同定する出穂期関連遺伝子の発現解析などの分子遺伝学的解析を行い、出穂期不安定性という新規な遺伝特性の解明を目的として、以下の 2 項目について検討した。

1) コムギ超極早生系統「超極早生」における出穂期不安定性

「超極早生」は、わが国西南暖地の基幹品種である「農林 61 号」と比べて圃場出穂期が約 2 週間早く、暖冬年にはその差が 1 ヶ月以上に拡大することもある。これまでの研究により、両系統とも *Vrn-D1* 及び *Ppd-D1* を保有する春播型・不感光性系統であること、そして「超極早生」は少なくとも 3 個の劣性早生遺伝子を保有し、このうち 2 個は 3B 及び 3D 染色体の長腕末端に座乗する新規の同祖遺伝子 (*exh-B1*, *exh-D1*)、残る 1 個は座乗染色体未同定の新規遺伝子 (*exh-2*) であることが明らかになっている (山下ら, 同・第 126 回講演会)。本研究では、*exh-B1* のファインマッピングとクローニング、*exh-2* のマッピング、これらの早生遺伝子が出穂期の不安定化に及ぼす効果の解析、ならびにその分子遺伝学的解析を行った。

2) オオムギ日長反応性遺伝子が出穂期不安定化に及ぼす効果

出穂期遺伝子型が異なるオオムギ品種を供試して、出穂期不安定性と出穂期遺伝子型との対応を明らかにすることにより、不安定化を促進する出穂期遺伝子を明らかにする。また、出穂

期遺伝子のうち光受容体遺伝子 *HvPhyC* は長日条件における出穂期の鍵遺伝子であり (Nishida et al. 2013), 概日時計遺伝子 *Ppd-H1* とともにわが国の二条オオムギ早生化育種に主要な役割を果たした。そこで両遺伝子の相互作用を明らかにするために, *HvPhyC* と *Ppd-H1* が分離する雑種集団を用いて両遺伝子型と出穂期との対応を解析する。さらに, 両遺伝子の相互作用を詳細に解析するための研究基盤として *HvPhyC* と *Ppd-H1* に関する NILs を育成する。

3. 研究の方法

1) コムギ超極早生系統「超極早生」における出穂期不安定性

a) *exh-B1* のファインマッピングとクローニング; 「超極早生 (*exh-A1*, *exh-B1*, *exh-D1*)」と中生品種「きぬいろは (*exh-A1*, *Exh-B1*, *Exh-D1*)」を交配して作出した RILs 系統のうち, 遺伝子型が *exh-A1*, *Exh-B1*, *exh-D1* の系統 RIL-54 を「超極早生」と交配し, *Exh-B1* だけが分離する集団をマッピング集団として供試した。具体的には, F4~F7 世代の 1710 個体である。

これらのうち 679 個体は圃場で秋播き栽培し, 出穂日を記録した。加えて, 先行研究により *exh-B1* の座乗候補領域として絞り込まれた約 2.5Mb の領域 (*Xpsm54* - *Xpsm24*) において新規に開発した 14 マーカー及び既存の 2 マーカー (図) の遺伝子型を解析し, 出穂日との対応を解析した。残りの 1031 個体については, 半切種子法を利用したマーカー解析により上記候補領域において組換えが起こっている個体を選抜し, 胚を含む半切種子を人工気象器 (18 / 14, 12 時間日長) 内で栽培して出穂日を記録した。

最終的に絞り込まれた候補領域における発現遺伝子の有無を確認するために, 「超極早生」, 「きぬいろは」, 「Geurumil」, 7 系統の RILs を用いて RNA-seq 解析を行った。

b) *exh-1* が出穂期及びその不安定化に及ぼす効果; 「超極早生」と中生品種「きぬいろは」を交配して作出した DH 103 系統及び両親系統を栽培し, 圃場出穂日を記録した。

c) *exh-2* のマッピング; 韓国の品種「Geurumil」は *exh-1* が三重劣性ホモにもかかわらず極早生にはならず中生である。そこで極早生化に必要な *exh-2* を特定するべく, 「超極早生」と「Geurumil」を交配し, 出穂日が分離する F5~F6 世代の 10 集団, ならびに RILs 集団 (F4~F5 世代 184 系統) を育成した。これらを圃場で秋播き栽培し出穂日を記録した。これら供試材料の春播性遺伝子 *Vrn-D1* 遺伝子型を解析し, 出穂日との対応を解析した。加えて, F5~F6 世代の 10 集団については, 集団ごとに早生, 晩生の各 12~15 個体の DNA を混合して DArTseq 法によるバルク分離分析を行い, *exh-2* と連鎖する SNP マーカーの検出を試みた。

2) オオムギ日長反応性遺伝子が出穂期不安定化に及ぼす効果

出穂期が多様に異なる国内外のオオムギ 35 品種を供試して, 出穂期の年次間変動により不安定性を評価した。また, 機能的マーカーの解析により出穂期遺伝子型を特定し, 出穂期遺伝子型と不安定性との対応を検討した。

出穂期遺伝子のうち *HvPhyC* と *Ppd-H1* がともに分離する集団として「ミサトゴールデン」×「ゴールデンメロン」の RILs 集団 223 系統を供試し, 圃場出穂日を記録するとともに *HvPhyC* と *Ppd-H1* の遺伝子型を決定し, 出穂日との対応を解析した。

HvPhyC と *Ppd-H1* の相互作用を詳細に解析するための研究基盤として *HvPhyC* と *Ppd-H1* に関する NILs 育成を進めた。

4. 研究成果

1) コムギ超極早生系統「超極早生」における出穂期不安定性

a) *exh-B1* のファインマッピングとクローニング; F4~F6 世代の 8 集団 (679 個体) の圃場出穂日を調査した。いずれも極早生と中生が 1:3 の比で分離したことから, *exh-B1* 単独の分離が確認された。そこで, 全個体について *Xpsm54* - *Xpsm24* 間の 8 マーカー遺伝子型 (図の黒字) を決定した。加えて, F4~F5 世代の 4 集団 455 粒の種子を半切し, *Xpsm14* - *Xpsm13* 間で組換えが起こっている 24 粒の種子を特定した。胚を含む半切種子を人工気象器で栽培して出穂日を記録した。これらの結果に基づき, *exh-B1* の座乗候補領域を *Xpsm54* - *Xcfp1822* 間の 1.3 Mb の領域に絞り込むことができた (Sato et al. 2017)。

そこで, さらに F5~F6 世代の 7 集団 576 粒の種子を半切し, *Xpsm14* - *Xpsm13* 間で組換えが起こっている 17 粒の種子を特定した。17 個体を人工気象器で栽培して止葉展開迄日数を調査するとともに, その自殖後代における分離の有無などにより, 3 個体が *exh-B1* ホモ, 14 個体が *Exh-B1* ホモもしくはヘテロと判断された。新たに開発した 8 マーカー (図の赤字) を解析した結果, *Xpsm47*, *Xpsm77*, *Xpsm83* の 3 マーカーは PCR 増幅産物のサイズが「超極早生」と「きぬいろは」で異なる共優性マーカーであったが, その他の 5 マーカーは「超極早生」だけで増幅される優性マーカーであった。この結果から, 「きぬいろは」では *PCL1-3B* を挟むそれぞれ 93kb, 142kb 以上の配列が欠失していることが明らかになった。従って, これら 5 マーカーについては後代検定により「超極早生」型とヘテロ型を判別した。その結果, *exh-B1* の座乗候補領域を *Xpsm47* - *Xpsm77* 間の約 445kb に絞り込むことができた。

MEGANTE を利用して遺伝子予測をしたところ本領域に 8 つの遺伝子が存在する可能性が示唆された。これらのうち実際に発現している遺伝子を特定するために RNA-seq データを用

いて解析した結果、実際に発現しているのは *PCL1-3B* だけであった。2 倍性コムギ *T. monococcum* では、早生変異系統において *PCL1*, *PUMILIO* を含む領域が欠失していること、そして *PCL1* が概日時計遺伝子として知られていることから、*PCL1* 早生遺伝子の有力候補とされている (Mizuno et al. 2012)。また、すでに発表しているように「超極早生」の *PCL1-3B* においては翻訳開始点を含む第 1 エクソンの一部が欠失している。

以上の結果より、「超極早生」が保有する早生遺伝子は *PCL1* であり、3 つの同祖遺伝子座すべてにおいて劣性ホモになると極早生になることが明らかになった。以上の結果を論文発表すべく、現在投稿準備中である。

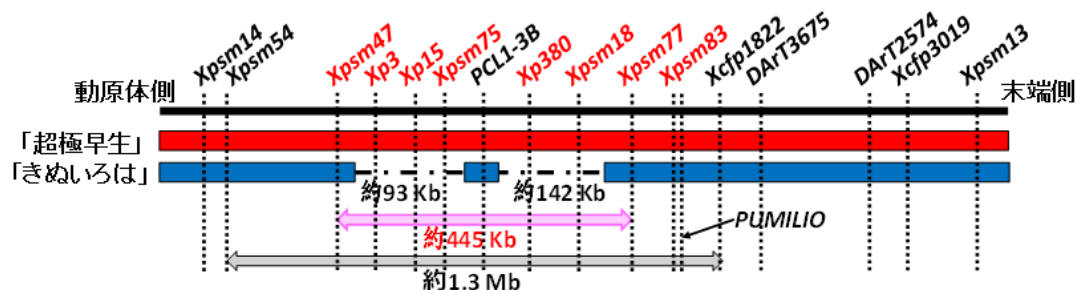


図 コムギ 3B 染色体における *PCL1-3B* 周辺領域の模式図及び本研究でマッピングに用いたマーカーの座乗位置。黒字で示したマーカーの解析により約 1.3Mb の領域に絞り込み、さらに赤字で示したマーカーの解析により約 445kb の領域に絞り込んだ。青色で示した「きぬいろは」染色体において見出された欠失領域を一点破線で示した。

b) *exh-1* (*PCL1*) が出穂期及びその不安定化に及ぼす効果；「超極早生」と「きぬいろは」を交配して作出した DH 103 系統の内訳は、*pcl1-3A*, *pcl1-3B*, *pcl1-3D* 型、*pcl1-3A*, *pcl1-3B*, *PCL1-3D* 型、*pcl1-3A*, *PCL1-3B*, *pcl1-3D* 型、*pcl1-3A*, *PCL1-3B*, *PCL1-3D* 型がそれぞれ 10, 24, 36, 33 系統であり、その平均出穂日は、3 月 26.0 日、4 月 4.9 日、11.6 日、12.2 日であった。「超極早生」は 3 月 26.8 日、と「きぬいろは」は 4 月 13.2 日であった。この結果より、三重劣性ホモ型では「超極早生」並の極早生になること、*PCL1-3B* 以外の二重劣性ホモ型では「きぬいろは」と比べて 1 週間程度早生化することが明らかになった。

「超極早生」、「きぬいろは」、「Geurumil」の 3 系統の 7 年間の圃場出穂日の平均は、それぞれ 4 月 0.4 日、15.6 日、13.0 日であった。また、出穂期不安定性を表すと考えられる出穂期の年次間分散はそれぞれ 51.0, 33.4, 12.1 と「超極早生」が最大であり、その年次間変動は 3 月 19.2 日～4 月 9 日と約 3 週間の変動幅であった。この結果より、*PCL1* 三重劣性ホモ型の「超極早生」は出穂期不安定性系統と考えられた。なお、「Geurumil」も *PCL1* 三重劣性ホモ型であるにもかかわらず出穂期が安定していたが、これは本系統が秋播型であるためと考察した。

c) *exh-2* のマッピング；上述のように「Geurumil」は *PCL1* 三重劣性ホモ型であるが極早生にならず、また「超極早生」とは異なり秋播型である。そこで、*exh-2* の候補遺伝子としてまず春播性遺伝子に注目した。「超極早生」と「Geurumil」では 5D 染色体長腕の春播性遺伝子 *Vrn-D1* 遺伝子型が異なり、前者が *Vrn-D1* を単独で保有するのに対し、「Geurumil」は *vrn-D1* を保有する。RILs 系統の出穂日は *Vrn-D1* 遺伝子型間と対応しており、*Vrn-D1* ホモ個体は *vrn-D1* ホモ個体よりも 4 日程度早く出穂した。*Vrn-D1* が分離している F5～F6 集団においても同様の対応が確認された。これらの結果より、*Vrn-D1* は *exh-2* の有力候補と考えられた。ただし、*Vrn-D1* の近傍には *CK2* (イネの感光性遺伝子 *Hd6* のオーソログ)、*PhyC* (オオムギの早生遺伝子、Nishida et al. 2013) という出穂期の調節に関わっている可能性の高い遺伝子が座乗しているので、これらの可能性についても検討する必要がある。*PhyC* については遺伝子配列を「超極早生」と「Geurumil」で比較したが、機能に関わるような配列変異は認められなかった。今後、*CK2* のシーケンス解析を行う必要がある。

Vrn-D1 以外の出穂期遺伝子を特定するために、DArTseq 法を用いたバルク分離分析を行った。その結果、早生バルクと晩生バルクの間で SNP 頻度が有意に異なる染色体領域が 12 箇所検出された。今後、これらの領域について詳細に検討する必要がある。

2) オオムギ日長反応性遺伝子が出穂期不安定化に及ぼす効果

国内外のオオムギ 35 品種について出穂期の年次間分散を調べたところ、4.7～49.9 と大きな品種間差異が明らかになった。分散が大きく最も不安定と考えられたのは早生に分類されるミサトゴールデンとイシュクシラズであり、*HvPhyC*, *Ppd-H1*, *Ppd-H2* の全てにおいて早生対立遺伝子を保有していた。一方、これらと同程度に早生のイチバンボシ、大正麦、カシマムギ、カシマゴールは出穂期の年次間変動が小さかったが、これらのうち前 2 系統は秋播型であり、後 2 系統は *HvPhyC* の新規対立遺伝子を保有することが明らかになった。これらの結果から、オオムギの出穂期不安定性に *HvPhyC* が及び春播性遺伝子に関わることが明らかになった。

そこで、出穂期の決定に密接に関わる *Ppd-H1* と *HvPhyC* がともに分離する RILs 集団を解

析したところ, 出穂期に及ぼす効果は *HvPhyC* の方が大きく, 早生対立遺伝子をもつと 1 週間程度早生化することが明らかになった. 一方, *Ppd-H1* の効果は *HvPhyC* 遺伝子型によって異なり, *HvPhyC* が早生型の時には *Ppd-H1* の早生対立遺伝子により 1 週間程度早生化するが, *HvPhyC* が晩生型の時には *Ppd-H1* の効果はまったく見られなかった. このような *Ppd-H1* と *HvPhyC* の相互作用を詳細に明らかにするには RILs よりも遺伝的背景が揃った NILs の解析が求められるので, 本研究において戻し交雑を進め育成を完了したところである.

5. 主な発表論文等

[雑誌論文](計 2 件)

- 1). 松山宏美, 関昌子, 島崎由美, 小島久代, 乙部千雅子, 高山敏之, 大下泰生, 藤田雅也, 渡邊好昭, 小田俊介, 加藤謙司: 春播性遺伝子 *Vrn-D1* の準同質遺伝子系統を用いた春播型コムギと秋播型コムギの発育特性の比較, 査読有, 日本作物学会紀事 86 (4), 311-318 (2017)
- 2). N Mizuno, M Kinoshita, S Kinoshita, H Nishida, M Fujita, K Kato, K Murai, S Nasuda, Loss-of-function mutations in three homoeologous *PHYTOCLOCK 1* genes in common wheat are associated with the extra-early flowering phenotype, 査読有, PLoS One., 11(10), e0165618. doi: 10.1371/journal.pone.0165618 (2016)

[学会発表](計 13 件)

- 1). GF Luo, GKMN Haque, K Takata, H Nishida, K Kato, Extra early durum wheat developed by introducing early alleles of *LUX/PCL1* from common wheat, 日本育種学会第 135 回講演会, 2019 年 3 月 16 日 ~ 17 日, 千葉大学
- 2). 西田英隆, 岩本健, 横田真吾, 青木恵美子, 加藤謙司, オオムギ 2H 染色体の新規早生 QTL が出穂期関連遺伝子の発現パターンに及ぼす影響, 日本育種学会第 135 回講演会, 2019 年 3 月 16 日 ~ 17 日, 千葉大学
- 3). 佐藤日向子, GKMN Haque, 西田英隆, 水野信之, 藤田雅也, 那須田周平, 加藤謙司, *LUX/PCL1* はコムギの超極早生遺伝子である, 日本育種学会第 134 回講演会, 2018 年 9 月 22 日 ~ 23 日, 岡山大学
- 4). 西田英隆, 横田真吾, 青木恵美子, 加藤謙司, 出穂期安定性が異なるオオムギ早生品種「カシマムギ」と「イシユクシラス」の RILs 集団における圃場出穂期の年次間比較, 日本育種学会第 133 回講演会, 2018 年 3 月 25 日 ~ 26 日, 九州大学
- 5). 加藤謙司, GKMN Haque, 佐藤日向子, 西田英隆, 水野信之, 藤田雅也, 那須田周平, コムギ新規早生遺伝子 *PCL1-3A*, *PCL1-3D* の早生対立変異の地理的分布と起源, 日本育種学会第 132 回講演会, 2017 年 10 月 7 日 ~ 8 日, 岩手大学
- 6). 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)
- 7). 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)
- 8). H Nishida, H Masuda, N Mizuno, S Nasuda, M Fujita, K Kato, Expression analysis on flowering-related genes by RNAseq in a Japanese breeding line "Chogokuwase" and its progenitor lines, 13th International Wheat Genetic Symposium, 2017 年 4 月 23 日 ~ 28 日, Tullin (Austria)
- 9). 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, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017 年 3 月 29 日 ~ 30 日, 名古屋大学
- 10). 西田英隆, 増田春花, 水野信之, 那須田周平, 藤田雅也, 加藤謙司, RNA-Seq 法によるコムギ系統「超極早生」及びその交雑後代系統における出穂期関連遺伝子の発現比較, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017 年 3 月 29 日 ~ 30 日, 名古屋大学
- 11). 佐藤日向子, GKMN Haque, 増田春花, 山下洋士, 西田英隆, 水野信之, 藤田雅也, 那須田周平, 加藤謙司, コムギ 3B 染色体に座乗する「超極早生」遺伝子領域の絞り込み日本育種学会第 131 回講演会, 2017 年 3 月 29 日 ~ 30 日, 名古屋大学
- 12). 増田春花, GKMN Haque, 山下洋士, 西田英隆, 水野信之, 藤田雅也, 那須田周平・加藤謙司, コムギ 3B 染色体長腕に座乗する「超極早生」遺伝子の詳細マッピング, 日本育種学会第 130 回講演会, 2016 年 9 月 24 日 ~ 25 日, 鳥取大学
- 13). 西田英隆, 青木恵美子, 加藤謙司, 国内のオオムギ品種における出穂期遺伝子 *HvCEN* の効果, 日本育種学会第 130 回講演会, 2016 年 9 月 24 日 ~ 25 日, 鳥取大学

6 . 研究組織

(1)研究分担者

研究分担者氏名：西田 英隆

ローマ字氏名：NISHIDA, Hidetaka

所属研究機関名：岡山大学

部局名：環境生命科学研究科

職名：准教授

研究者番号 (8 桁) : 30379820