

平成 22年 6月 15日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2006～2009

課題番号：18017021

研究課題名（和文） 植物に特徴的な倍数性ゲノム間相互作用に関する研究

研究課題名（英文） Studies on the genome interaction in polyploid plants

研究代表者

村井 耕二 (MURAI KOJI)

福井県立大学・生物資源学部・教授

研究者番号：70261097

研究成果の概要（和文）：倍数性は植物に広くみられる現象であり、植物ゲノムは倍数性進化を遂げたことが動物ゲノムと異なる大きな特徴である。パンコムギは、祖先2倍体種由来のA, B, Dと3つのゲノムを持つ異質倍数体種である。パンコムギを用いた本研究によって、A, B, Dそれぞれのゲノムが内包する遺伝子セット（同祖遺伝子）は基本的に同じであるが、互いに分化し、ジェネティックおよびエピジェネティックな制御を受けていることが明らかとなった。

研究成果の概要（英文）：Polyploidy is widely distributed in plant species, and genome evolution through polyploidization is unique feature compared with animal genome. Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is a hexaploid species with A, B and D ancestral genomes. The present study revealed that polyploidization induces genetic and epigenetic modifications among homoeologous genes in the genomes of bred wheat.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
18年度	8,000,000	0	8,000,000
19年度	8,000,000	0	8,000,000
20年度	8,000,000	0	8,000,000
21年度	8,000,000	0	8,000,000
年度			
総計	32,000,000	0	32,000,000

研究分野：植物発生遺伝学

科研費の分科・細目：特定領域研究・比較ゲノム

キーワード：倍数性、同祖遺伝子、発現調節、環境応答、ゲノム間相互作用、倍数性進化、花成制御、貯蔵タンパク質

1. 研究開始当初の背景

被子植物の7割以上の種は倍数性であると推定されており、倍数性進化は植物ゲノムの大きな特徴である。倍数性種の重複したゲノムに存在する遺伝子セット（同祖遺伝子）は基本的に同じであるが、互いに分化し、異なる発現調節を受けていると考えられる。これま

で、パンコムギをはじめ、シロイヌナズナ、ワタ、ブラシカを用いた研究により、同祖遺伝子が倍数体化の過程で、ジェネティックあるいはエピジェネティックに変異することが次第に明らかとなってきた。しかし、それらの情報は断片的なものであり、ゲノム科学的に体系的な同祖遺伝子の変異の解析を行

った例はない。本研究は、パンコムギを異質倍数性植物のモデルとして、倍数種が成立した結果生じたジェネティックおよびエピジェネティックな変化をゲノム科学的に体系的に解析するものである。

2. 研究の目的

コムギは倍数化により進化してきたことを特徴とする。パンコムギは倍数化する際、異種間の異なるゲノムを組み合わせた（異質倍数性：ゲノム式 AABBDD）。これらのゲノムが内包する遺伝子セット（同祖遺伝子）は基本的に同じであるが、互いに分化していると考えられる。倍数種のゲノム構成および遺伝子発現調節はそれぞれのゲノムの単なる足し算ではなく、高次の制御機構による相互作用が働いているに違いない。本研究は、パンコムギをモデルとして、倍数種が成立した結果生じたジェネティックおよびエピジェネティックな変化をゲノム科学的に解析することを目的とする。具体的には、以下の項目について研究する。（1）6倍性パンコムギにおける同祖遺伝子の SNPs 解析に基づいた異種ゲノムの発現パターンをモニタリングする。（2）花成（花器官形成）関連、貯蔵タンパク質遺伝子をクローニングする。これら遺伝子の発現パターンを EST 発現データベース、同祖遺伝子特異的プライマーによるリアルタイム PCR 法により解析し、A、B、D ゲノム別使い分けを明らかにする。（3）ゲノム別の発現パターンを解析した EST コンティグのゲノミッククローンを選抜し、プロモーター領域を解析する。（4）エピジェネティックな遺伝子発現制御機構を調べる。（5）オリゴ DNA マイクロアレイにより倍数性コムギとその祖先 4 培種、2 倍種の遺伝子発現パターンをモニタリングし、倍数体の遺伝子発現パターンの特徴を明らかにする。

3. 研究の方法

異質倍数性であるパンコムギ（図 1）の 3 種ゲノム上の遺伝子（同祖遺伝子）がどのように制御されて発現されるのか、を比較ゲノム科学的方法で解析する。具体的な計画を以下に示す。（1）コムギの生活環で発現する EST の大量解析を行い、コムギ発現遺伝子のボディマップを作成し、各組織における発現遺伝子パターンを視覚化した（Virtual Display: VD）。このボディマップをもとに、ストレスにตอบสนองして発現する遺伝子の特徴付ける。（2）コムギの発育生理的に重要な花成（花器官形成）関連、貯蔵タンパク質遺伝子等を体系的にクローニングし、各ゲノムの同祖遺伝子の発現制御機構を解明する。（3）コムギのトランスクリプトの SNPs に基づき 3 種ゲノム由来の遺伝子が各組織で相対的にどの程度発現しているかをモニターするシス

テムを開発した。このシステムを駆使し、それぞれのゲノムの遺伝子が発生段階・環境の変化にตอบสนองしてどのように発現パターンを使い分けて変化させるかを調べる。（4）作製したパンコムギの高分子ゲノミック DNA を含むライブラリー（TAC ライブラリー）を用い、トランスクリプトが座乗する染色体領域の塩基配列を可能な限り決定する。倍数種における 3 種ゲノムの遺伝子構造の特徴を解析する。（5）これらのパンコムギで解析した遺伝子構造を祖先種と比較し、異種間交雑とその後の染色体倍加がゲノム構造に及ぼす影響を体系的に調べる。（6）コムギ遺伝子がスポットされたオリゴ DNA マイクロアレイを駆使し、花器官形成過程・種子登熟過程等における倍数体とその祖先種における遺伝子発現パターンを解析する。ゲノムの倍数化に伴い、これらの諸過程に関連して発現が変化する遺伝子をゲノムワイドに特徴付ける。

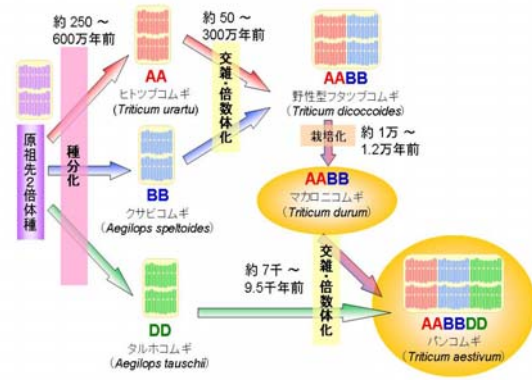


図 1. 倍数性コムギの起源

4. 研究成果

（1）研究の主な成果

① コムギ EST の大量解析：コムギの生活環の代表的な組織、および生物的・非生物的ストレスをかけた組織、都合 50 組織からそれぞれ cDNA ライブラリーを構築し、cDNA クローンの両側から塩基を決定し、約 63 万の EST シークエンスを得た。これらの塩基配列を CAP3 法にて整理化した。整理化した contig は各ゲノムから発現した遺伝子（同祖遺伝子）に相当している。これらの EST contig は、コムギの遺伝子総数の 90% 以上をカバーしていると思積もっている。これらの遺伝子の発現パターンを *in silico* で解析できるようにした。これは、倍数性ゲノム間の相互作用を遺伝子発現レベルで研究する貴重な遺伝資源となっている。

② 花成（花器官形成）関連遺伝子の同祖遺伝子発現機構：植物の生殖成長に関連する遺伝子の多くは、MADS ボックスと呼ばれる高度

に保存された領域を持つ転写因子をコードする。コムギESTデータベースからMADSボックス遺伝子を抽出したところ、同祖遺伝子のセットを一つと勘定して 57 遺伝子が得られた。57 遺伝子中 18 遺伝子 (32%) について、3 つの同祖遺伝子が確認され、A, B, D各ゲノムの同祖遺伝子が全て発現していることが判明した。MADSボックス遺伝子の中でも、クラスA, B, C, D, Eに属するMADSボックス遺伝子は花器官のidentityの決定や発達に関与する重要なマスター調節遺伝子である。本研究では、コムギにおけるクラスABCDE MADSボックス遺伝子として、クラスB遺伝子 *WAP3*、*WPI-1*、*WPI-2* を、クラスC遺伝子 *WAG-1* と *WAG-2* を、クラスD遺伝子 *WSTK* を、クラスE遺伝子 *WLHS1* と *WSEP* を同定した。また、雄ずいが雌ずい化するホメオティック変異体の解析から、これらクラスB, C, D, E遺伝子が外穎/内穎、りん被、雄ずい、雌ずいの形成に関与することを明らかにした (クラスA遺伝子は不明)。さらに、ESTデータベースの解析から、それぞれの遺伝子について、A, B, D各ゲノムに座乗する同祖遺伝子を抽出し、塩基配列の比較を行った。その結果、コード領域内では、同祖遺伝子間に 100 塩基に 1~2 個のSNPsが存在することが判明した。また、それぞれの同祖遺伝子のゲノム遺伝子構造を比較したところ、同祖遺伝子間でイントロン領域に大きなin/delが存在していた。次に、同祖遺伝子別の発現量を定量化するために、これらの同祖遺伝子のコード領域のSNPsを利用して同祖遺伝子特異的プライマーを用いたリアルタイムPCR法を開発した。リアルタイムPCR解析の結果、以下のように発現する同祖遺伝子ゲノムが遺伝子ごとに異なることが明らかとなった (図2)。<発現する遺伝子の座乗ゲノムをハイホンの後に示す。> クラスB遺伝子: *WAP3-B/D*, *WPI-1-A*, *WPI-2-A/B/D*、クラスC遺伝子: *WAG-1-A*, *WAG-2-A*、クラスD遺伝子: *WSTK-B/D*、クラスE遺伝子: *WSEP-A/B/D*, *WLHS1-D*。このように、6倍体のパンコムギのこれら花器官形成遺伝子において、同祖遺伝子の使われ方に規則性はみられず、遺伝子ごとにサイレンシングされる同祖遺伝子、発現が保持される同祖遺伝子のゲノムはランダムである。この結果は、倍数体が生じた際にサイレンシングされる同祖遺伝子がどのゲノムであるかはランダムに選ばれることを示唆しているのかもしれない。

クラス E 遺伝子は、シロイヌナズナでは、*SEPALLATA* (*SEP*) 遺伝子グループとして一つであるが、コムギやイネなどの単子葉類では、2つのグループに分かれている。コムギ EST解析の結果、コムギではクラスE遺伝子として、シロイヌナズナ *SEP*に相同な遺伝子 *WSEP* とイネ *OsMADS1/LEAFY HULL STERILE1 (LHS1)*

に相同な遺伝子 *WLHS1* を同定した。両遺伝子について、A, B, D各ゲノムに座乗する同祖遺伝子をそれぞれ同定した。*WSEP*の同祖遺伝子間では、遺伝子ゲノム構造に大きな変異はなく、また、各組織における発現にも差異は見られなかった。一方、*WLHS1*の同祖遺伝子間では、ジェネティックおよびエピジェネティックに制御機構の分化が起こっていることが明らかとなった。つまり、Aゲノム同祖遺伝子 (*WLHS1-A*) では遺伝子構造に変化が生じ、機能タンパク質をコードしていない。また、Bゲノム同祖遺伝子 (*WLHS1-B*) ではDNAメチル化によりサイレンシングが起こっている。その結果、Dゲノム同祖遺伝子 (*WLHS1-D*) のみが正常に機能している (本成果については、The Plant Cell誌に論文掲載された)。

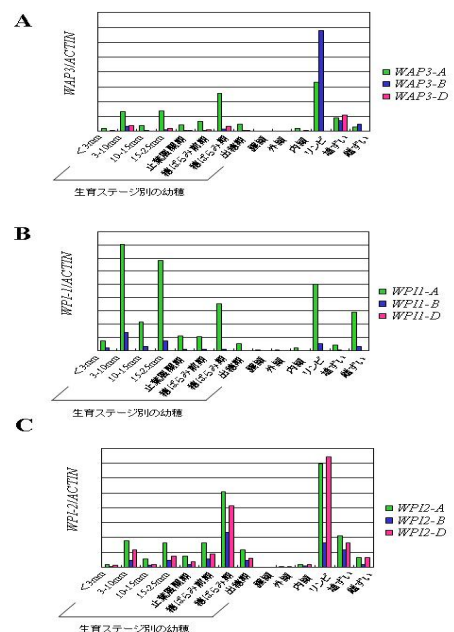


図2. クラス B 遺伝子の同祖遺伝子別発現量の比較

③ パンコムギの栽培化に関わる *Q*遺伝子の同祖遺伝子発現機構: パンコムギの *Q*遺伝子は、脱穀性、穎のかたさ、穂軸の折れやすさおよび穂の形態を支配する多面効果をもつ。粒の脱穀性がコムギの栽培化に決定的に働いたと推測されているために、*Q*遺伝子が倍数性コムギの栽培化に最も重要であると考えられている。*Q*遺伝子は植物固有の転写因子である *APETALA2 (AP2)* ドメイン遺伝子の1つで、5A染色体に座乗し、量的効果があることが知られている。シロイヌナズナ *AP2* は、花器官形成に関与する遺伝子である。*Q*遺伝子に対応する *AP2* 様遺伝子 (*WAP2: Wheat AP2*) をパンコムギの3種ゲノムからクローニングし、発現様式を解析した。Bゲノム由来の

遺伝子 (*WAP2-B*) は、エクソン中に欠失がみられた。Aゲノム由来の遺伝子 (*WAP2-A*) の mRNA が最も蓄積しており、欠失をもつBゲノム由来の遺伝子 (*WAP2-B*) も転写されていた。ゲノムのプロモーター領域を調べたところ、転写を促進するシス配列が見出された。また、*WAP2-A* のプロモーター領域のメチル化頻度が低かった。さらに、遺伝子配列を詳細に比較したところ、3末近傍にmiRNAのターゲットサイトが存在することから、RNAiによる発現制御を受けていると考えられる。

④ 同祖遺伝子のゲノム別発現様式のバイオインフォマティクスの解析：比較的発現量の多い 5199 遺伝子の contig の相同性解析により、全体の約 58% の遺伝子が 3 種類のゲノムのうち、1つのゲノムからのみ発現していると推定した。6倍体のパンコムギでこれらの遺伝子は2倍体のように発現している。そこで、1ゲノム、2ゲノム、3ゲノムから発現している、都合 113 遺伝子についてそれぞれの同祖遺伝子の帰属染色体を決定した。また、ESTデータベースと対応させることにより、各組織におけるゲノム別発現パターンを明らかにした (図3)。3種類すべてのゲノムから発現している遺伝子は、7本の相同染色体に偏りなく存在していた。一方、2ゲノム、1ゲノムから発現している遺伝子は、Aゲノム由来の同祖遺伝子の発現が抑制される傾向がみられた。

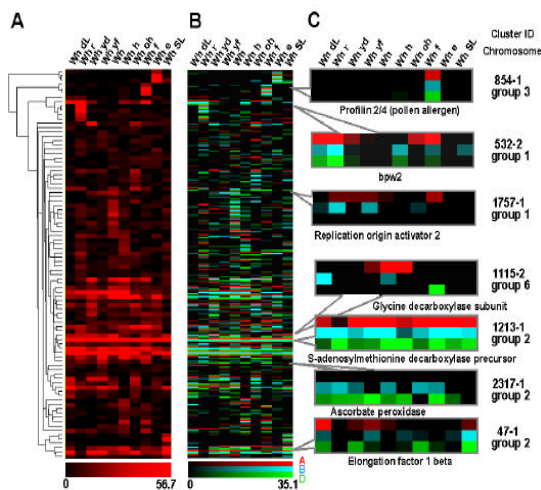


図3. 3種ゲノム別の遺伝子発現パターンの解析

⑤ 貯蔵タンパク質遺伝子座乗領域のゲノム構造解析と発現解析：コムギ貯蔵タンパク質遺伝子は多重遺伝子族を構成する。貯蔵タンパク質遺伝子の一種であるグリアジン遺伝子が座乗するコムギ染色体第6群単腕領域を解析している。6群染色体に座乗するグリアジン、グルテニン遺伝子は、第1染色体上に座乗する同遺伝子が比較的最近、転座してきたものと予測され、進化的にも興味深い。

グリアジン遺伝子は種子の登熟過程で特徴的な発現パターンを示す。これらの特徴的な発現パターンを示すグリアジン遺伝子に相当する42のBACクローンを選抜して構造を解析し、そのうち、5つのBACクローンの塩基配列を決定した。

パンコムギESTの大量解析によりえられた種子登熟過程における α/β グリアジン遺伝子の発現プロファイルを詳細に解析した。全部で36の α/β グリアジン遺伝子が発現していた。これらの遺伝子に特異的なプライマーを合成し、PCR解析により、36遺伝子をパンコムギのA, B, Dゲノムにそれぞれ帰属させた。また、種子登熟過程におけるそれぞれの遺伝子の発現パターンを詳細に解析した。Dゲノム由来の遺伝子が優先的に発現していた。B, Dゲノム由来の遺伝子は受粉後10日(DPA10)に発現のピークがみられたが、Aゲノム由来の遺伝子はDPA20にピークがみられ、発現調節がゲノム毎に異なっていた。これは、パンコムギのEST解析により、初めて可能になった成果である。

⑥ オリゴDNAマイクロアレイを用いた倍数性コムギにおける遺伝子発現解析：6倍体、その祖先4倍体および祖先2倍体コムギの実生、幼穂、開花期の穂からRNAを抽出し、オリゴDNAマイクロアレイにより遺伝子発現パターンをモニタリングした。倍数性により、発現が誘導されるもの、抑制されるものを抽出し、遺伝子の特徴つけた。今後、倍数化による雑種強勢の原因遺伝子を探りたい。また、DNAマイクロアレイを用い、塩処理に応答するコムギ遺伝子を網羅的に解析した。塩に応答した遺伝子のなかから、転写因子を抽出し、イネと発現パターンを詳細に解析した。コムギ独自に反応する転写因子を見出した。

(2) 得られた成果の国内外における位置付けとインパクト、今後の展望

コムギESTの大量解析で、国際的に重要な貢献をしている。2009年1月9日のNCBI dbESTで、コムギESTの登録数は、全生物種で12位、植物では第5位である。約105万の登録ESTのうち、約60%を我々の日本のグループが貢献している。日本はコムギ標準品種 (*Triticum aestivum* cv. Chinese Spring) の単一品種を用いており、この品種に関する発現遺伝子のボディマップを作成している。これらの貢献に対しては世界的に評価されている。さらに、これらのESTを用いて、アジレント社、アフィメトリクス社のDNAマイクロアレイないしはDNAチップが作成され、世界中の研究者に配布されている。特に、アジレント社のアレイをNBRPの活動として国内の研究者に積極的に配布しており、その活動の評価は高い。

また、コムギの発育生理的に重要な花成開

連、貯蔵タンパク質遺伝子を体系的にクローニングし、その発現パターンを詳細に解析した。異質 6 倍体であるパンコムギの 3 種ゲノム由来の遺伝子の発現パターンを詳細に解析した例は未だ少なく、貴重なデータベースとなっている。

日本が国際コムギゲノムシークエンスコンソーシアム (IWGSC) からコムギ完全長 cDNA 解析を依頼されている。現在約 4 万の端読みのデータを公開し、シークエンスデータとして IWGSC に評価されているが、さらなる貢献が求められている。完全長 cDNA プロジェクトに関する海外の評価は極めて高い。

今後、本研究の成果を基盤とし、倍数性植物の示すヘテロシス、広域適応性、高度ストレス耐性のメカニズムの解明を進めたい。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 11 件)

1. Kawaura, K., K. Mochida, A. Enju, Y. Totoki, A. Toyoda, Y. Sakaki, C. Kai, J. Kawai, Y. Hayashizaki, M. Seki, K. Shinozaki and Y. Ogihara (2009) Assessment of adaptive evolution between wheat and rice as deduced from the full-length cDNA sequence data and the expression patterns of common wheat. *BMC Genomics*, 2009; 10: 271
2. Shitsukawa, N., H. Kinjo, S. Takumi and K. Murai (2009) Heterochronic development of the floret meristem determines grain number per spikelet in diploid, tetraploid and hexaploid wheats. *Annals of Botany* 104(2): 243-251
3. Nomura, T., S. Nasuda, K. Kawaura, Y. Ogihara, N. Kato, F. Sato, T. Kojima, A. Toyoda, H. Iwamura and T. R. Endo (2008) Structures of the three homoeologous loci of wheat benzoxazinone biosynthetic genes *TaBx3* and *TaBx4* and characterization of their promoter sequences. *Theor. Appl. Genet.* 116: 373-81
4. Tsunewaki, K., Y. Matsuoka, Y. Yamazaki and Y. Ogihara (2008) Evolutionary dynamics of wheat mitochondrial gene structure with special remarks on the origin and effects of RNA editing in cereals. *Genes Genet. Syst.* 83: 301-320
5. Kawaura, K., K. Mochida and Y. Ogihara (2008) Genome-wide analysis for identification of salt-responsive genes in common wheat. *Funct. Integr. Genomics.* 8: 277-286
6. Kobayashi, F., E. Maeta, A. Terashima, K. Kawaura, Y. Ogihara and S. Takumi (2008) Development of abiotic stress tolerance via bZIP-type transcription factor LIP19 in common wheat. *J. Exp. Bot.* 59, 891-905
7. Shitsukawa, N., C. Tahira, K.-I. Kassai, C. Hirabayashi, T. Shimizu, S. Takumi, K. Mochida, K. Kawaura, Y. Ogihara and K. Murai (2007) Genetic and epigenetic alteration among three homoeologous genes of a class E MADS box gene in hexaploid wheat. *The Plant Cell* 19: 1723-1737
8. Shitsukawa, N., A. Takagishi, C. Ikari, S. Takumi and K. Murai (2006) WFL, a wheat FLORICAULA/LEAFY ortholog, is associated with spikelet formation as lateral branch of the inflorescence meristem. *Genes Genet. Syst.* 81: 13-20
9. Kawaura, K., K. Mochida, Y. Yamazaki and Y. Ogihara (2006) Transcriptome analysis of salinity stress responses in common wheat using a 22k oligo DNA microarray. *Funct. Integr. Genomics* 6: 132-142
10. Mochida, K., K. Kawaura, E. Shimosaka, N. Kawakami, T. Shin-I, Y. Kohara, Y. Yamazaki and Y. Ogihara (2006) Tissue expression map of comprehensive expressed sequence tags and its application to *in silico* screening of stress response genes in common wheat. *Mol. Genet. Genomics* 276: 304-312
11. 0701201932
Sasaki, T., P. R. Ryan, E. Delhaize, D. M. Hebb, Y. Ogihara, K. Kawaura, K. Noda, T. Kojima, A. Toyoda, H. Matsumoto and Y. Yamamoto (2006) Sequence upstream of the wheat (*Triticum aestivum* L.) *ALMT1* gene and its relationship to aluminum resistance. *Plant Cell Physiol.* 47 (10), 1343-1354

[学会発表] (計 48 件)

1. Ogihara, Y.: Genome-wide analysis of salt-responsive genes in common wheat. 第 10 回チュニジアー日本 文化・科学・技術学術会議 (TJASSST'10) . Tunis, Nov. 11-13, 2009, Abstracts p. 35-36.
2. 村井耕二ら: 小花分裂組織の異時的形成が 2 倍体、4 倍体、6 倍体コムギの小穂当たりの着粒数を決定する、日本育種学会第 116 回講演会、2009 年 9 月 25 日、北海道大学
3. 荻原保成: 異種間雑種形成と染色体倍加によるコムギのゲノム機能分化. 遺伝学会ワークショップ「生物地理学からゲノム機能学へ」オーガナイザー 城石俊彦 (国立遺伝学研究所) 日本遺伝学会第 81 会大会. 2009 年 9 月 16 日 信州大学理学部
4. 村井耕二: 6 倍性コムギバイオリソースを利用した MADS ボックス同祖遺伝子の解析、日本育種学会第 115 回講演会シンポジウム、2009 年 3 月 28 日、つくば国際会議

場

5. Ogihara, Y.: Silencing of paternally transmitted mitochondrial genes in alloplasmic wheat. *Plant & Animal Genome XVII*, San Diego, Jan. 10-14, 2009, Abstracts p. 37.
6. Ogihara, Y.: Application of functional genomics in wheat breeding for tolerance to biotic and abiotic stresses. *Kantaoui Forum – Tunisia-Japan symposium on society, science & technology*. Hotel Mouradi Palace, Kantaoui Tunisia Sousse, Nov. 10, 2008.
7. Murai et al.: Genomic shock induced genetic and epigenetic changes in homoeologs of class ABCDE MADS-box genes in hexaploid wheat. *11th International Wheat Genetic Symposium*. Aug. 26, 2008, Brisbane
8. Ogihara et al.: Large scale analysis of expressed genes in common wheat. *11th International Wheat Genetic Symposium*. Aug. 26, 2008, Brisbane
9. 村井耕二ら：倍数性コムギの MADS ボックス遺伝子にみられる同祖遺伝子間のジェネティックおよびエピジェネティック変異、日本遺伝学会第 79 回大会、2007 年 9 月 21 日、岡山大学
10. 荻原保成：小麦ゲノム情報が世界の食料危機を救う」—適作情報の発信拠点をめざす木原生物学研究所、東京テクノフォーラム 21 第 104 回研究交流会、2007 年 9 月 12 日、日本プレスセンター
11. Ogihara et al.: Full length cDNA collection of Chinese Spring wheat as an aid to annotate the wheat genome. *Triticeae Genomics- Current status and utility of the chromosome based strategies*, Apr. 23, 2007, Olomouc, Czech Republic
12. Ogihara et al.: Comprehensive analysis of expressed sequence tags in common wheat. *The Aaronsohn-ITMI International Conference*, Apr. 16-20, 2007, Tiberias, Israel
13. 村井耕二ら：倍数性コムギのクラス E MADS ボックス遺伝子にみられる同祖遺伝子間のジェネティックおよびエピジェネティック変異、特定ゲノム 4 領域 領域横断植物研究会、2007 年 3 月 17 日、名古屋大学
14. 村井耕二：コムギにおける花器官形成の ABCDE モデル、日本遺伝学会第 78 回大会、2006 年 9 月、つくば国際会議場
15. 荻原保成：コムギの比較ゲノム解析。日本遺伝学会第 78 回大会（つくば）、2006 年 9 月、プログラム・予稿集、70.
16. Ogihara, Y.: Functional Genomics of hexaploid wheat. *11th IAPTC&B Congress*, Beijing, Aug. 13-18, 2006, Abstracts p19.
17. Ogihara, Y.: Comprehensive analysis of wheat ESTs in response to environmental stresses. *ITMI workshop/ACPIFG Genomics Symposium*, Adelaide, Aug. 27-31, 2006, Abstracts p27.
18. 村井耕二：ESTを利用したコムギクラスE MADSボックス遺伝子の探索と解析。村井耕二，コムギゲノミックスワークショップ，2006年7月，横浜市立大学

[図書] (計6件)

1. 村井耕二：エヌ・ティ・エス、倍数性 — 染色体増加による植物の進化、生物の科学 遺伝 第 63 巻第 3 回配本、2009 年、6 ページ
2. 川浦香奈子・荻原保成：コムギ種子貯蔵タンパク質遺伝子のトランスクリプトーム解析。6-3 種子の科学とバイオテクのジー (学会出版センター) 原田久也 監修 pp.191-194、2009 年、4 ページ
3. 村井耕二：秀潤社、倍数性とエピジェネティックス (植物のエピジェネティックス)、細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ 24、2008 年、8 ページ
4. 漆川直希・村井耕二：秀潤社、コムギ MADS 遺伝子のエピジェネティックス (植物のエピジェネティックス)、細胞工学別冊 植物細胞工学シリーズ 24、2008 年、5 ページ
5. 荻原保成：エヌ・ティ・エス、コムギの比較ゲノム解析。比較ゲノムによる進化研究の最前線。日本の遺伝学の潮流、2007 年、6 ページ
6. 荻原保成：秀潤社、倍数性コムギの比較ゲノム。比較ゲノムから読み解く生命システム、2007 年、7 ページ

[産業財産権]

- 出願状況 (計 0 件)
- 取得状況 (計 0 件)

[その他]

ホームページ等
TriFLDB：穀類遺伝子の比較機能ゲノム科学のためのデータベース
<http://trifldb.psc.riken.jp/index.pl>

6. 研究組織

- (1) 研究代表者
村井 耕二 (MURAI KOJI)
福井県立大学・生物資源学部・教授
研究者番号：70261097
- (2) 研究分担者
荻原 保成 (OGIHARA YASUNARI)
横浜市立大学・木原生物学研究所・教授
研究者番号：40185533