

平成22年 6月21日現在

研究種目：基盤研究（A）

研究期間：2006～2009

課題番号：18208001

研究課題名（和文） ダイズ形質遺伝子座領域の物理地図作製と塩基配列解析

研究課題名（英文） Construction of physical maps and sequence analyses for the regions covering the important trait loci in soybean

研究代表者

原田 久也（HARADA KYUYA）

独立行政法人農業生物資源研究所・ダイズゲノム研究チーム・チーム長

研究者番号：70011913

研究成果の概要（和文）：本研究ではダイズの重要な形質遺伝子が存在する領域の遺伝子予測をおこなうことを目的とした。根粒着生制御遺伝子 *Nts1* とその同祖遺伝子 *GmCLV1A*、Nod 因子受容体遺伝子のオーソログ *GmNFR1*、開花期関連遺伝子座 *FT1*、*FT2*、*FT3*、花成制御遺伝子 *FT* のホモログ *GmFTs*、フィトクローム A 遺伝子のホモログ *GmphyA1*、*GmphyA2*、7S グロブリン欠失性遺伝子座 *Scg-1* については、その領域に存在する遺伝子を予測することが出来た。*FT1*、*FT2*、*FT3*、*Scg-1*、伸育性遺伝子座 *Dt1* についてはそれらの責任遺伝子を同定した。

研究成果の概要（英文）：The purpose of this study is annotation of the genes located in the important trait loci in soybean. The genes were predicted in the regions including autoregulation gene *Nts1* and its homoeologs *GmCLV1A*; ortholog of Nod factor receptor gene *GmNFR1*, flowering time-related loci, *FT1*, *FT2* and *FT3*; homologs of flowering control gene *FT*, *GmFTs*; homologs of phytochrome A gene, *GmphyA1* and *GmphyA2*; the locus for 7S globulin-deficiency, *Scg-1*. The responsible genes for *FT1*, *FT2*, *FT3*, *Scg1* and *Dt1* loci were identified.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	10,600,000	3,180,000	13,780,000
2007年度	8,500,000	2,550,000	11,050,000
2008年度	8,500,000	2,550,000	11,050,000
2009年度	8,200,000	2,460,000	10,660,000
年度			
総計	35,800,000	10,740,000	46,540,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：農学・育種学

キーワード：ダイズ、遺伝子座、QTL 解析、BAC クローン、コンティグ、ホモロジー検索、遺伝子予測、マイクロシンテニー

## 1. 研究開始当初の背景

ダイズは作物の中では種子タンパク質を最も多く含み、食糧の他、飼料としても利用されている。またダイズは最も重要な油脂源

でもあり、食糧や工業原料、エネルギー源としても用いられている。近年ダイズ種子中の多くの成分に生理活性が認められ、栄養性、食品加工上の機能性に加えて、心臓性疾患、

がんなどの低リスク食品素材としても注目されており、最も重要なマメ科作物である。

ダイズのゲノムサイズは比較的大きく(約1,120MB/1C)、ゲノムの40~60%は高度反復配列で占められている。また四倍体由来の二倍体と考えられており、非反復配列の90%以上は2コピー以上存在することが報告されている。これらのゲノム構造の複雑さのため、ダイズのゲノム解析は主要作物の中では遅れていた。全染色体に対応する連鎖地図や完成度のかなり高い物理地図が存在したが、全ゲノム塩基配列情報はなかった。また形質遺伝子を含む領域について、塩基配列の報告があるものは、ダイズシストセンチュウ抵抗性遺伝子 *Rhg4*、種皮色に関与する *I* 遺伝子座の周辺だけであり、農業上重要な遺伝子が存在する他の領域の塩基配列情報の報告はなかった。またマップベースクローニングにより責任遺伝子が同定されたものは、ダイズシストセンチュウ抵抗性遺伝子座 *rhg1*、*Rhg4*、斑点細菌病抵抗性遺伝子座 *Rpg1-b*、茎疫病抵抗性遺伝子座 *Rps1-k*、根粒着生制御遺伝子座 *Nts1*に限られていた。

## 2. 研究の目的

本研究の目的は重要な形質遺伝子が存在する領域の精密マッピング、物理地図作成と塩基配列解読をおこない、どのような遺伝子がそこに存在するか解明することである。ターゲットとして、根粒着生制御遺伝子 *Nts1* その同祖遺伝子 *GmCLV1A*、Nod ファクター受容体遺伝子のオーソログ *GmNFR1*、開花期関連遺伝子座 *FT1*、*FT2*、*FT3*、花成制御遺伝子 *FT* のホモログ *GmFTs*、フィトクローム A 遺伝子のホモログ *GmphyA1*、*GmphyA2*、7S グロブリン欠失性遺伝子座 *Scg-1*、伸育性遺伝子座 *Dt1*、タンパク質含量関連遺伝子座 *PRO1* を選んだ。形質遺伝子座については、責任遺伝子を同定することも目的とした。

## 3. 研究の方法

### (1) 精密マッピング

① 質的形質遺伝子座の場合 (*Nts1*、*GmCLV1*、*GmNFR1*、*GmFTs*、*GmphyA1*、*GmphyA2*、*Dt1*、*Scg-1*) は F2、F3 集団、または残余ヘテロ接合体系統 (residual heterozygous line RHL) の後代を用いて精密マッピングを行う。RHL は特定のゲノム領域のみがヘテロである系統である。両親としてミスズダイズ、秣食豆公 503 を基本として用い、*GmNFR1* の場合は根粒非着生変異体 1314 を、*Scg-1* の場合はフクユタカを遺伝的背景とした 7S グロブリン欠失系統 QY7-25 を片親として用いた。

② 量的形質遺伝子座 (QTL) の場合 (*FT1*、*FT2*、*FT3*、*PRO1*) は RHL を自殖して、RHL、

準同質遺伝子系統 (NIL) を選び、NIL を用いてヘテロ領域の DNA マーカーを作成 (SSR マーカー、AFLP マーカーは STS マーカー化) する。RHL の自殖による大規模集団 (1000~10000 個体) のマーカー遺伝子型と形質を調査して組換え個体を選び、それらについて後代検定により形質の遺伝子型を同定、形質の遺伝子型と DNA マーカーが共分離する領域を特定する。両親としてミスズダイズ、秣食豆公 503 または Harosoy の NIL を用いる。

### (2) 物理地図の作成

精密マッピングの結果に基づき、近傍の DNA マーカーを用いて BAC クローンのスクリーニングを行い、クローンの末端配列から作成した新たな DNA マーカーを用いてウォーキングとフィンガープリントにより BAC コンティグを作成する。BAC コンティグの中からターゲットの遺伝子を含む最少のクローンを選んで塩基配列を決定する。BAC ライブラリーはミスズダイズと Williams82 から作出して、三次元プールを構築したものをを用いる。

### (3) 塩基配列解析

塩基配列解析のために選ばれた BAC クローンについて、ブリジショットガン法により塩基配列を解読する。すなわち、BAC クローンの DNA サンプルからインサート長が 3~4kb 程度のショットガンライブラリーを作成し、各ショットガンクローンについてインサートの両末端の塩基配列解析を行う。蓄積した配列データをアセンブルする際に各クローンの末端配列ペアの方向性を考慮に入れ、アセンブルの信頼性を確認すると共に、両末端の配列が別々のコンティグに分かれてアセンブルされたショットガンクローンの情報を利用してコンティグの連結とギャップ領域の配列確定を行うことにより、BAC クローンの配列解析の効率を上げる。得られた配列情報について、ダイズや他のマメ科植物の EST を含む既知遺伝子配列とのホモロジーサーチと遺伝子予測プログラムを併用して、遺伝子構造のモデリングを行う。遺伝子予測プログラムはかずさ DNA 研究所でシロイヌナズナおよびミヤコグサのゲノム配列解析で開発されたものをを用いる。得られた遺伝子コード領域の情報を用いて、ホモロジーサーチやモチーフ検索により、機能注釈を行う。

## 4. 研究成果

(1) 根粒着生制御遺伝子 *Nts1* の領域については、146kb と 136kb の 2 つの BAC クローンによるコンティグを作成して全体の塩基配列を決定した。その結果、*Nts1* の近傍に 13 の遺伝子が予測された。*Nts1* のミヤコグサオルソログ *HAR1* の周辺と比較すると、ほとんどの遺伝子の順序と向きが一致して

いて、マイクロシンテニーが高度に保存されていることがわかった。

(2) *Nts1* の同祖遺伝子と考えられる *GmCLV1A* を含む約 250kb のコンティグの塩基配列を解読して、27 の遺伝子を見出した。*Nts1* 領域と比較するとシンテニーはあるが、遺伝子の向きは逆であった。

(3) Nod ファクター受容体遺伝子ホモログ *GmNFR1* は 2 つの遺伝子座 *GmNFR1a*、*GmNFR1b* に位置づけられた。それぞれの遺伝子座を含む BAC クローンから 13、16 の完全な遺伝子、2、3 の偽遺伝子を同定した。それらのうち、16 の遺伝子の順序と向きが保存されていた (図 1)。さらに対応するミヤコグサの領域でも 12 の遺伝子の向きと順序が保存されていたが、一部遺伝子の転移が認められた (図 1)。

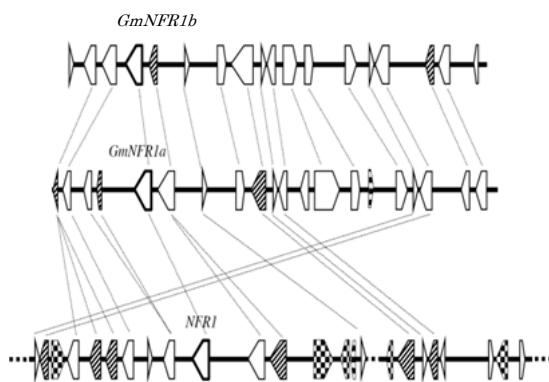


図 1. *GmNFR1a*、*GmNFR1b*、*NFR1* 周辺のマイクロシンテニー 各矢印は遺伝子、斜線は偽遺伝子、ドットはレトロトランスポソンを示す。相同遺伝子を線で結んだ。

(4) 花成制御遺伝子 *FT* のホモログを含む 5 つの BAC クローンの塩基配列を解析して、48 の遺伝子を予測した。それらのうち、*GmFT1a/GmFT1b* と *GmFT6/GmFT4* を含む 2 つの BAC クローンおよび *GmFT3a/GmFT5a* と *GmFT3b/GmFT5b* を含む 2 つの BAC クローンはそれぞれ異なる同祖領域に存在していた。それぞれの同祖領域はミヤコグサの第 1 染色体の異なる領域とマイクロシンテニーを示した。

(5) 伸育性制御遺伝子 *Dt1* 領域については、約 80kb の BAC クローンの中に 21 の遺伝子が同定され、ミヤコグサの第 1、第 5 染色体の一部とマイクロシンテニーが見出された。表現型と遺伝子の共分離から *Dt1* の責任遺伝子は *P2TFL1a* であることがわかった。*P2TFL1a* の周辺とこの遺伝子とホモロジーの高い *P2TFL1b* の周辺でマイクロシンテニーが保存されていたが、両遺伝子の間では機能分業が示唆された。

(6) フィトクローム A 遺伝子のホモログ

*GmphyA1* を含む約 239kb のコンティグの塩基配列を解読して、12 の遺伝子と 5 つのトランスポゾンを見出した。*GmPhyA1* の同祖遺伝子と考えられる *GmphyA2* を含む約 194kb の BAC クローンには、16 の遺伝子と 6 つのトランスポゾンがあり、遺伝子密度は低い *GmphyA1* を含む領域とシンテニーがあった。

(7) 7S グロブリン欠失性遺伝子 *Scg-1* は NIL を用いて、連鎖群 I の中央に位置づけられた。この領域には、2 つの  $\alpha$  サブユニット遺伝子、1 つの  $\beta$  サブユニット遺伝子、偽遺伝子化した 1 つの  $\alpha$  サブユニット遺伝子が見出された (図 2)。これらのうち、2 つの  $\alpha$  サブユニット遺伝子は逆向き反復配列となっていた (図 2)。野生型ではこの 2 つの配列の終止コドン間は 3.9kb あったが、欠失変異体では 0.8kb に短縮されていた。そのため遺伝子が転写されるときにリードスルーが起こり、ヘアピン構造による転写後発現抑制が生じることが予測された。

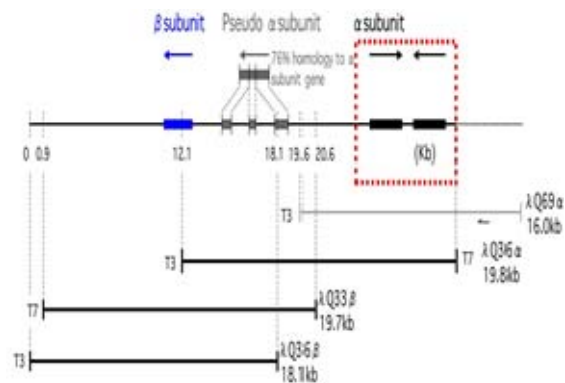


図 2. *Scg-1* 座の構造 赤い線で囲んだ部分に 2 つの  $\alpha$  サブユニット遺伝子の逆向き反復配列があり、責任領域と考えられる。

(8) 開花期関連遺伝子座 *FT1* (*E1*) の存在領域を絞り込むため、Harosoy の *E1* 座に関する NIL の交配後代を用いた。*FT1* (*E1*) 座だけが分離する集団 13,500 個体から両端の DNA マーカー間で組換えを起こした 12 系統をスクリーニングした。これらの組換え系統の開花期、熟期の調査と 15 の DNA マーカーを用いた遺伝子型の解析を行った。その結果 *FT1* 座は 17kb の領域に絞り込まれ、そこにひとつの候補遺伝子を見出した (図 3)。この遺伝子は今までに報告のない転写因子をコードすることが予測された。ミヤコグサ、*Medicago truncatula* のゲノム上にはオーソログが存在するが、シロイヌナズナ、イネには存在しなかった。長日条件では *FT1* の発現は概日リズムを示し、花成制御遺伝子 *FT* のホモログ *GmFT2a*、*GmFT5a* の発現は抑制されていた。短日条件では *FT1* の発現は抑制され、逆に *GmFT2a*、*GmFT5a* が高発現していた。

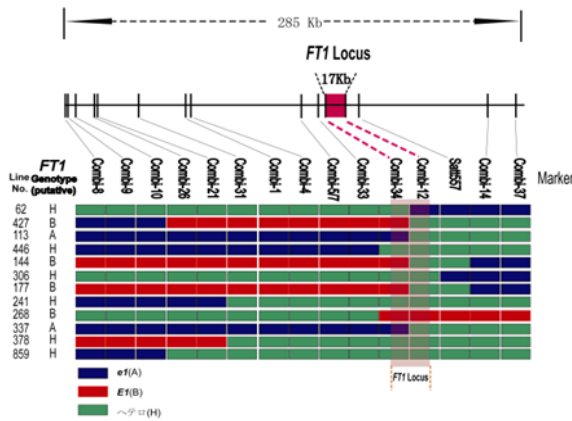


図3. 大規模分離集団からの組換え系統を用いた *FT1* 座の絞り込み

(9) 開花期関連遺伝子座 *FT2* (*E2*) の存在領域は RHL の後代 984 個体から得られた組換え個体の後代検定により約 100kb に絞り込まれた (図4)。そこに存在する時計遺伝子の出力系に関わる遺伝子が候補遺伝子と考えられた。劣性の遺伝子型を示す品種はこの遺伝子の 10 番目のエクソンに 1 塩基置換による終止コドンが生じていた。また品種 Bay の突然変異ライブラリーの中から別の位置に終止コドンが生じたものが得られ、Bay と比較して約 10 日早咲きとなった。これらのことからこの候補遺伝子が *FT2* 座の責任遺伝子であることがわかった。

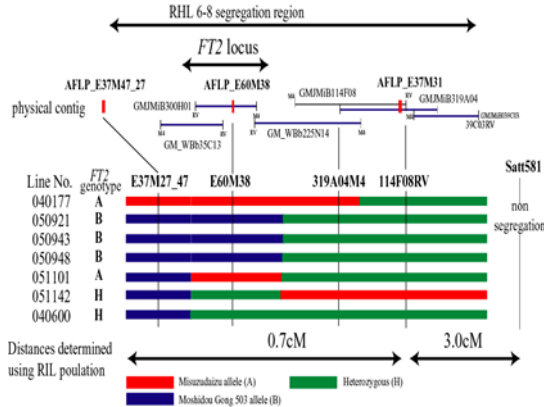


図4. *FT2* 遺伝子座の絞りこみ

(10) 開花期関連遺伝子座 *FT3* (*E3*) の存在領域は RHL の後代 883 個体から得られた組換え個体の後代検定により、ひとつの TAC クローンに絞り込まれた。そこに存在しているフィトクローム A のホモログ *GmphyA3* が候補遺伝子と考えられた。この遺伝子の自然変異は開花期の変異を矛盾なく説明出来た (図5)。また EMS 処理変異体ライブラリーから第 1 エクソンの中央部 40bp が欠失した変異体が見出され、赤色光の豊富な条件でもとの品種と比較して約 15 日開花が早まった。これらのことから *GmphyA3* が *FT3* 座の責

任遺伝子であることがわかった。

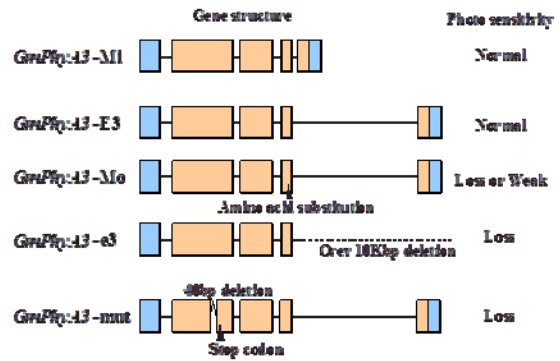


図5. *GmphyA3* の構造変異と光感受性

(11) タンパク質含量を支配する QTL のひとつである *PRO1* については RHL を見出したが、セントロメア領域にあり、精密マッピングが極めて困難であった。この領域の大規模な欠失変異体を見出す必要がある。

## 5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 16 件)

(1) Baohui Liu, Satoshi Watanabe, Tomoo Uchiyama, Fanjiang Kong, Akira Kanazawa, Zhengjun Xia, Atsushi Nagamatsu, Maiko Arai, Tetsuya Yamada, Keisuke Kitamura, Chikara Masuta, Kyuya Harada and Jun Abe (2010): The soybean stem growth habit gene *Dt1* is an ortholog of *Arabidopsis TERMINAL FLOWER1*. *Plant Physiology*, 153, 198-210 (査読有)

(2) Satoshi Watanabe, Rumiko Hideshima, Zhengjun Xia, Yasutaka Tsubokura, Shusei Sato, Yumi Nakamoto, Naoki Yamanaka, Ryoji Takahashi, Masao Ishimoto, Toyoaki Anai, Satoshi Tabata and Kyuya Harada (2009) : Map-based cloning of the gene associated with the soybean maturity locus *E3*. *Genetics*, 182, 1251-1262 (査読有)

(3) Masaki Hayashi, Keisuke Kitamura and Kyuya Harada (2009) Genetic mapping of *Cgdef* gene controlling accumulation of 7S globulin ( $\beta$ -conglycinin) subunits in soybean seeds. *Journal of Heredity*, 100,802-806 (査読有)

(4) Tae-Young Hwang, Takashi Sayama, Masakazu Takahashi, Yoshitake Takada, Yumi Nakamoto, Hideyuki Funatsuki, Hiroshi Hisano, Shigemi Sasamoto, Shusei Sato, Satoshi Tabata, Izumi Kono, Masako

Hoshi, Masayoshi Hanawa, Chizuru Yano, Zhengjun Xia, Kyuya Harada, Keisuke Kitamura and Masao Ishimoto (2009) High-density integrated linkage map based on SSR markers in soybean. DNA Research 16, 213-225 (査読有)

(5) Zhengjun Xia, Satoshi Watanabe, Qingshan Chen, Shusei Sato and Kyuya Harada (2009): A novel manual pooling system for preparing three-dimensional pools of a deep coverage soybean bacterial artificial chromosome library. Molecular Ecology Resources 9, 516-524 (査読有)

(6) Baohui Liu, Akira Kanazawa, Hisakazu Matsumura, Ryoji Takahashi, Kyuya Harada and Jun Abe (2008): Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of the phytochrome A gene. Genetics 180, 995-1007 (査読有)

(7) Yasutaka Tsubokura, Ryutaku Onda, Shusei Sato, Zhengjun Xia, Masaki Hyashi, Yukie Fukushima, Satoshi Tabata and Kyuya Harada (2008): Characterization of soybean genome based on synteny analysis with *Lotus japonicas*. Breeding Science 58, 157-167 (査読有)

(8) Taishi Umezawa, Kyuya Harada (19 番目), Shusei Sato (22 番目) and Kazuo Shinozaki(全 32 名) (2008): Sequencing and analysis of approximately 40000 soybean cDNA clones from a full-length-enriched cDNA library. DNA Research 15, 333-346 (査読有)

(9) Hiroshi Hisano, Shusei Sato, Sachiko Isobe, Shigemi Sakamoto, Tsuyuko Wada, Ai Matsuno, Tsunakazu Fujishiro, Manabu Yamada, Shinobu Nakayama, Yasukazu Nakamura, Satoshi Watanabe, Kyuya Harada and Satoshi Tabata (2007) : Characterization of the soybean genome using EST-derived microsatellite markers. DNA Research 14, 271-281 (査読有)

(10) Zhengjun Xia, Yasutake Tsubokura, Masako Hoshi, Masayoshi Hanawa, Chizuru Yano, Kayo Okamura, Tallat A. Ahmed, Toyoaki Anai, Satoshi Watanabe, Masaki Hayashi, Takashi Kawai, Khwaja G. Hossain, Hirokazu Masaki, Kazumi Asai, Naoki Yamanaka, Nakao Kubo, Koh-ichi Kadowaki, Yoshiaki Nagamura,

Masahiro Yano, Takuji Sasaki and Kyuya Harada (2007): An integrated high-density linkage map of soybean with RFLP, SSR, STS, and AFLP markers using a single F2 population. DNA Research 14, 257-269 (査読有)

(11) Yasutake Tsubokura, Makita Hajika and Kyuya Harada (2006): Molecular markers associated with  $\beta$ -conglycinin deficiency in soybean. Breeding Science 56, 113-117 (査読有)

(12) Shameema Akhter Ferdous, Satoshi Watanabe, Chika Suzuki-Orihara, Yoshinori Tanaka, Motokazu Kamaiya, Naoki Yamanaka and Kyuya Harada (2006): QTL analysis of resistance to soybean cyst nematode race 3 in soybean cultivar Toyomusume. Breeding Science 56, 155-163 (査読有)

(13) Yasutaka Tsubokura, Makita Hajika and Kyuya Harada (2006): Molecular characterization of a  $\beta$ -conglycinin deficient soybean. Euphytica 150, 249-255 (査読有)

(14) S. M. Githiri, S. Watanabe, K. Harada and R. Takahashi (2006): QTL analysis of flooding tolerance in soybean at early vegetative growth stage. Plant Breeding 125, 613-618 (査読有)

[学会発表] (計 21 件)

(1) 坪倉康隆・渡辺啓史・金森裕之・山形晴美・秀島瑠美子・夏正俊・佐藤修正・中本有美・山中直樹・高橋良二・石本政男・穴井豊昭・田畑哲之・片寄裕一・原田久也 : ダイズ開花期関連遺伝子 *GmphyA3* の多様性解析、日本育種学会第 116 回講演会 (2009 年 9 月 26 日、北海道大学農学部)

(2) 渡辺啓史・夏正俊・坪倉康隆・佐藤修正・山中直樹・加賀秋人・片寄裕一・田畑哲之・穴井豊昭・原田久也 : ダイズ開花期関連遺伝子座 *FT2* のマップベースクローニング、日本育種学会第 116 回講演会 (2009 年 9 月 26 日、北海道大学農学部)

(3) Tsubokura, Y., S. Watanabe, H. Kanamori, H. Yamagata, R. Hideshima, Z. J. Xia, S. Sato, Y. Nakamoto, N. Yamanaka, R. Takahashi, M. Ishimoto, T. Anai, S. Tabata, Y. Katayose, K. Harada: Analysis of the variation of the responsible gene for

the soybean maturity locus *E3*. World Soybean Research Conference VIII (2009年8月14日、北京国際会議センター)

(4) Tsubokura, Y., Z. J. Xia, Y. Tanaka, S. Watanabe, A. Kaga, H. Kanamori, Y. Katayose, K. Harada: The effect and variation of the flowering time locus *E4* in soybean. World Soybean Research Conference VIII (2009年8月12日、北京国際会議センター)

(5) Xia, Z., S. Watanabe, Y. Tsubokura, A. Kaga, K. Harada: Locus specific marker development and high efficient seed genotyping in soybean. World Soybean Research Conference VIII (2009年8月12日、北京国際会議センター)

(6) 林正紀・原田久也: ダイズにおける PCR ベースの DNA マーカー開発へ向けた PCR-RF-SSCP 法の適用 日本 DNA 多型学会第 17 回学術集会 (2008 年 11 月 20 日、日本大学会館)

(7) 坪倉康隆・羽鹿牧太・金森裕之・片寄裕一・原田久也: 7S グロブリン欠失性遺伝子座領域の構造解析、第 29 回種子生理生化学研究会年会 (2008 年 10 月 23 日、マリンヒルホテル小樽)

(8) 渡辺啓史・秀島瑠璃子・夏正俊・坪倉康隆・佐藤修正・山中直樹・石本政男・田畑哲之・穴井豊昭・原田久也: ダイズ開花期関連遺伝子座 *FT3* のマップベースクロニング、日本育種学会第 114 回講演会 (2008 年 10 月 12 日、滋賀県立大学)

(9) Kyuya Harada, Masaki Hayashi, Yasutaka Tsubokura, Makita Hajika and Keisuke Kitamura: Molecular characterization of the  $\beta$ -conglycinin deficient soybeans. 4<sup>th</sup> Annual Soybean Biotechnology Symposium (April, 2008, Missouri USA)

(10) Xia, Z., S. Watanabe, K. Harada: Fine mapping toward positional cloning of the *FT1* gene for soybean flowering time. 日本育種学会第 112 回講演会 (2007 年 9 月 22 日、山形大学)

(11) 坪倉康隆・佐藤修正・恩田隆卓・夏正俊・林正紀・福島有紀恵・西岡美樹・田畑哲之・原田久也: ミヤコグサとのシンテニー解析によるダイズゲノムの特性解明、日本育種学会第 112 回講演会 (2007 年 9 月 22 日、

山形大学)

(12) 林正紀・荒井三千代・梅原洋佐・夏正俊・赤尾勝一郎・坂本一憲・河内宏・原田久也: 根粒非着生ダイズにおける GmNFR1 遺伝子の変異、第 17 回植物微生物研究会 (2007 年 9 月 19 日、鹿児島大学稲盛会館)

(13) Harada, Kyuya: Toward the identification of responsible genes for trait loci in soybean. The Kazusa Conference on Legume Genetics and Genomics in Asia (2006 年 11 月 27 日、かずさアカデミアホール)

(14) Masaki Hayashi, Yukie Fukushima, Talaat A. Ahmed, Yasutake Tsubokura, Ryutaku Onda, Satoshi Watanabe, Taishi Umezawa, Toyoaki Anai, Shusei Sato, Satoshi Tabata, Kazuo Shinozaki and Kyuya Harada: Development of molecular markers by PCR-RF-SSCP technique using full-length cDNA sequences in soybean. 3<sup>rd</sup> International Conference on Legume Genomics and Genetics (2006 年 4 月 11、12 日、Brisbane Convention & Exhibition Center, Brisbane, Australia)

(15) Watanabe S., Zhengjun X., Yamanaka N., Sato S., Ishimoto M., Tabata S. and Harada K.: Fine mapping of *FT3* locus for soybean flowering time. 3<sup>rd</sup> International Conference on Legume Genomics and Genetics (2006 年 4 月 11、12 日、Brisbane Convention & Exhibition Center, Brisbane, Australia)

〔図書〕 (計 1 件)

(1) 種子の科学とバイオテクノロジー、種子生理生化学研究会編、原田久也監修、学会出版センター、396 ページ、東京、2009 年

6. 研究組織

(1) 研究代表者

原田 久也 (HARADA KYUYA)

独立行政法人農業生物資源研究所・ダイズゲノム研究チーム・チーム長

研究者番号: 70011913

(2) 研究分担者

佐藤 修正 (SATO SHUSEI)

かずさ DNA 研究所 植物遺伝子研究部

主任研究員

研究者番号: 70370921