

## 農学研究科附属食資源教育研究センター

農学研究科附属食資源教育研究センターのセンター専任教員は、前年に農学研究科に新たな教育研究分野を設置し、本年度はそれに対応する形で農学部に新たな教育研究分野を設置した。すなわち、動物系教員2名は農学部資源生命科学科の応用動物学コースで動物遺伝資源開発学教育研究分野を担当し、植物系教員3名は応用植物学コースで植物遺伝資源開発学教育研究分野を担当することとなった。対象とする動植物種は異なるものの、遺伝育種学を基礎としてそれぞれの分野でユニークな研究活動を展開している。

保坂（現職：北海道農業研究センター バレイショ先端遺伝特別研究室長）は、バレイショ類の倍数性進化に興味を持っている。*Solanum* 属は栽培バレイショをはじめ、多くの近縁野生種含み、育種上豊富な遺伝資源を提供すると共に、栽培植物種の進化的成り立ちを解析する上で格好の種群である。普通バレイショは同質四倍体であるが、近縁野生種の中にはいくつかの異質倍数種が存在し、これら倍数種の持つ異質ゲノムを分解することによりその倍数性の遺伝機構を明らかにしようとしている。また、自家不和合性阻害遺伝子をバレイショ2倍体に導入し自殖を繰り返すことによって育成された2倍性純系を用いて、雑種強勢の発現機構を明らかにしようとしている。

片山は、日本に自生しており絶滅危惧種である野生梨の保全と育種利用を目的として野生梨ジーンバンクを展開している。栽培品種には無い多くの有用形質を持つ保存系統を用い、野生梨の香気成分分析と関連遺伝子の単離、新規機能性成分の探索、自家摘果性の遺伝的解明、接ぎ木親和性、分子生態遺伝学的手法による野生梨の保全、集団遺伝学的手法による栽培梨の起源、などの基礎研究を進めている。一方応用面においては野生梨の香り、酸味、甘みなどの評価、加工・利用法の開発、粗放栽培特性の評価、在来品種の掘り起こし、新品種の育成などフィールドワーク中心の研究を行い、基礎と応用の両面から果樹の遺伝資源研究に取り組んでいる。

山崎は、イネを使った遺伝育種学の基礎研究に取り組んでいる。開花期や草丈などについて、多種多様な農業形質を示す品種や系統が世界中で知られているが、その遺伝様式や作用については不明な点が多い。F<sub>2</sub>などの交雑系統群ならびに品種や系統を使って、形態形質やDNA変異を詳細に分析し、連鎖分析やQTL(量的形質遺伝子座)解析、連鎖不平衡解析やアソシエーション解析を行って、多様な形質・農業形質を支配する遺伝子を探索している。また集団遺伝学を利用した新しい遺伝子同定法を開発中である。

和牛の生産性向上には、環境要因の改善はもちろんのこと遺伝的な要因に対するアプローチも大きな鍵をにぎると考えられる。大山は和牛において過去に蓄積された表現型値と血統情報の膨大なデータを総合的に解析した結果、脂肪交雑を代表とする経済形質の多くには遺伝的な変異が十分に存在し、各個体がもつ遺伝的な能力を指標として経済形質の改良が可能であることを示した。そしてこの指標を利用した効率的な和牛の改良手法についての検討を行っている。また今後重要度が増すと考えられる飼料の利用性や種牛性、なかでも繁殖性の改良に関して、より効果的な指標を設定する検討も行っている。

一方、家畜集団がもつ遺伝的多様性の急速な低下は、近交係数の上昇に伴う遺伝的不良形質の発現や近交退化、消費者の需要の変化や新奇的な伝染病の流行といった様々な環境の変化に対する適応能力の低下等、種々の弊害をもたらす危険性を含んでいる。和牛は国内のみで飼養されている純粋種であるため、他品種からの遺伝子の導入を望めない。本多は、このような和牛集団において、遺伝的多様性および遺伝的構造の変遷や現状を血統情報を利用して調査を行っている。また、家畜集団や捕獲野生動物集団の遺伝的多様性の維持や近交回避を目的とした集団構造および交配様式についての研究も進めている。

### 1. 公表学術論文

#### 著書

Hosaka, K. (2005): Mother of Potato. *In* Plant Genome. Biodiversity and Evolution. Volume 1. Part B Phanerogams (Higher Groups). *Edited by* A.K.

Sharma and A. Sharma. Science Publishers, Inc., Enfield, USA, Plymouth, UK., pp. 287-321.

#### 原著論文

Hosaka, K. (2004): An easy, rapid, and inexpensive DNA extraction method, "One-minute DNA extraction,"

for PCR in potato. *Amer. J. Potato Res.*, 81, pp. 17-19.

- Hosaka, K. (2004): Evolutionary pathway of T-type chloroplast DNA in potato. *Amer. J. Potato Res.*, 81, pp. 153-158.
- Sukhotu, T., Kamijima, O. and K. Hosaka, K. (2004): Nuclear and chloroplast DNA differentiation in Andean potatoes. *Genome*, 47, pp. 46-56.
- Phumichai, C., Mori, M., Kobayashi, A., Kamijima, O. and Hosaka, K. (2005): Toward the development of highly homozygous diploid potato lines using the self-compatibility controlling *Sli* gene. *Genome*, 48, pp. 977-984.
- Sukhotu, T., Kamijima, O. and Hosaka, K. (2005): Genetic diversity of the Andean tetraploid cultivated potato (*Solanum tuberosum* L. subsp. *andigena* Hawkes) evaluated by chloroplast and nuclear DNA markers. *Genome*, 48, pp. 55-64.
- Phumichai, C., Ikeguchi-Samitsu, Y., Fujimatsu, M., Kitanishi, S., Kobayashi, A., Mori, M. and Hosaka, K. (2006): Expression of S-locus inhibitor gene (*Sli*) in various diploid potatoes. *Euphytica*, 148, pp. 227-234.
- Sukhotu, T., Kamijima, O. and Hosaka, K. (2006): Chloroplast DNA variation in the most primitive cultivated diploid potato species *Solanum stenotomum* Juz. et Buk. and its putative wild ancestral species using high-resolution markers. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 53, pp. 53-63.
- Phumichai, C. and Hosaka, K. (2006): Cryptic improvement for fertility by continuous selfing of diploid potatoes using *Sli* gene. *Euphytica*, pp. 149, pp. 251-258.
- Sukhotu, T. and Hosaka, K. (2006): Origin and evolution of Andean potatoes revealed by chloroplast and nuclear DNA markers. *Genome*, 49, pp. 636-647.
- Sato, M., Nishikawa, K., Komura, K. and Hosaka, K. (2006): *Potato virus Y* resistance gene, *Ry<sub>chc</sub>*, mapped to the distal end of potato chromosome 9. *Euphytica*, 149, pp. 367-372.
- Katayama, H. and Uematsu, C. (2005): Structure analysis of chloroplast DNA in *Prunus*: Evolution, genetic diversity, unequal mutations. *Theor. Appl. Genet.*, 111, pp. 1430-1439.
- Katayama, H. and Uematsu, C. (2006): Pear (*Pyrus* species) genetic resources in Iwate, Japan. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 53, pp. 483-498.
- Katayama, H., Adachi, S., Yamamoto, T. and Uematsu C. (2007): A wide range of genetic diversity of pear genetic resources in Iwate, Japan revealed by SSR and chloroplast DNA markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 54, pp. 1573-1585.
- Iketani, H., Yamamoto, T., Katayama, H., Uematsu, C., Mase, N., and Sato, Y. (2010): Introgression between native and prehistorically naturalized (archaeophytic) wild pear (*Pyrus* spp.) populations in Northern Tohoku, Northeast Japan. *Conservation Genetics*, 11, pp.115-126.
- Katayama, H., Tachibana, M., Iketani, H., Zhang, S.L., Uematsu, C.: Phylogenetic utility of structural alterations found in the chloroplast genome of pear: hypervariable regions in a highly conserved genome. *Genome*, (in press)
- Matsumura, Y., Kakehi, S., Masaki, K., Miyake, M., Uematsu, C., Katayama, H.: Pear (*Pyrus* spp.) genetic resources from Northern Japan: Evaluation of threatened landraces for morphological and agronomical traits. *Acta Horticulturae*, (in press)
- Uematsu, C., Uozumi, K., Makino, I., Arakawa, O., Katayama, H., Martin, C.: Flower colour variegation in single petal flowering peach. *Acta Horticulturae*, (in press)
- Yamasaki, M., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2005): A large-scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Plant Cell* 17: 2859-2872.
- Wright, S. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Yamasaki, M., Doebley, J. F., McMullen, M. D. and Gaut, B. S. (2005): The effects of artificial selection on the maize genome. *Science* 308: 1310-1314.
- Yu, J., Pressoir, G., Briggs, W. H., Vroh Bi, I., Yamasaki, M., Doebley, J. F., McMullen, M. D., Gaut, B. S., Nielsen, D. M., Holland, J. B., Kresovich, S. and Buckler, E. S. (2006): A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. *Nature Genetics* 38: 203-208.
- Yamasaki, M., Wright, S. I. and McMullen, M. D. (2007): Genomic screening for artificial selection during domestication and improvement in maize. *Annals of Botany* 100: 967-973.
- Yamasaki, M., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2008): Empirical analysis of selection screens for domestication and improvement loci in maize by extended DNA sequencing. *Plant Genome* 1: 33-43.

- Sanchez-Villeda, H., Schroeder, S., Flint-Garcia, S., Guill, K., Yamasaki, M. and McMullen, M. D. (2008): DNAAAlignEditor: DNA alignment editor tool. BMC Bioinformatics 9: 154.
- Ishikawa, R., Thanh, P. T., Nimura, N., Htun, T. M., Yamasaki, M. and Ishii, T. (2010): Allelic interaction at seed-shattering loci in the genetic backgrounds of wild and cultivated rice species. Genes & Genetic Systems 85: 265-271.
- Shimoi, S., Inoue, K., Kitagawa, H., Yamasaki, M., Tsushima, S., Park, P. and Ikeda, K. (2010): Biological control for rice blast disease by employing detachment action with gelatinolytic bacteria. Biological Control 55: 85-91.
- Mizuno, N., Yamasaki, M., Matsuoka, Y., Kawahara, T. and Takumi, S. (2010): Population structure of wild wheat D-genome progenitor *Aegilops tauschii* Coss.: implications for intraspecific lineage diversification and evolution of common wheat. Molecular Ecology 19: 999-1013.
- Sasazaki, S., Honda, T., Fukushima, M., Oyama, K., Mannen, H., Mukai, F. and Tsuji, S. (2004): Genealogical relationship between pedigree and microsatellite information and analysis of genetic structure of a highly inbred Japanese Black cattle strain. Asian-Aust. J. Anim. Sci., 17, pp. 1355-1359.
- Tsuji, S., Mannen, H., Mukai, F., Shoji, M., Oyama, K., Kojima, T., Kano, C., Kinoshita, Y. and Yamaguchi, E. (2004): Trace of native cattle in Japanese Holstein assessed by mitochondrial DNA sequence polymorphism. J. Dairy Sci., 87, pp. 3071-3075.
- Taniguchi, M., Mannen, H., Oyama, K., Shimakura, Y., Oka, A., Watanabe, H., Kojima, T., Komatsu, M., Harper, G. S. and Tsuji, S. (2004): Differences in stearoyl-CoA desaturase mRNA levels between Japanese Black and Holstein cattle. Livest. Prod. Sci., 87, pp. 215-220.
- Oyama, K., Katsuta, T., Anada, K. and Mukai, F. (2004): Genetic parameters for reproductive performance of breeding cows and carcass traits of fattening animals in Japanese Black (Wagyu) cattle. Anim. Sci., 78, pp. 195-201.
- Taniguchi, M., Utsugi, T., Oyama, K., Mannen, H., Kobayashi, M., Tanabe, Y., Ogino, A. and Tsuji, S. (2004): Genotype of stearoyl-CoA desaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. Mamm. Genome, 15, pp. 142-148.
- Tsuji, S., Itoh, K., Sasazaki, S., Mannen, H., Oyama, K., Shoji, M. and Mukai, F. (2004): An association study using AFLP markers and application to a beef cattle breeding population. Anim. Genet., 35, pp. 40-43.
- Wang, Y.-H., Reverter, A., Mannen, H., Taniguchi, M., Harper, G. S., Oka, A., Oyama, K. and Lehnert, S. A. (2005): Transcriptional profiling of skeletal muscle tissue from two breeds of cattle. Mamm. Genome, 16, pp. 201-210.
- Shoji, M., Yong, J., Anada, K., Oyama, K. and Mukai, F. (2005): Estimation of genetic parameters for growth and feed utilization traits in Japanese Black cattle. Anim. Sci. J., 76, pp. 115-119.
- Gopal, J. and Oyama, K. (2005): Genetic base of Indian potato selections as revealed by pedigree analysis. Euphytica, 142, pp. 23-31.
- Ochiai, A., Ishida, T., Oyama, K. and Mukai, F. (2005): Trial for detecting carriers with major genes in a selected layer line. Anim. Sci. J., 76, pp. 195-201.
- Wang, Y.-H., Reverter, A., Mannen, H., Taniguchi, M., Harper, G. S., Oyama, K., Byrne, K. A., Oka, A., Tsuji, S. and Lehnert, S. A. (2005): Transcriptional profiling of muscle tissue in growing Japanese Black cattle to identify genes involved with the development of intramuscular fat. Aust. J. Exp. Agric., 45, pp. 809-820.
- Shoji, M., Okanishi, T., Anada, K., Oyama, K. and Mukai, F. (2006): Genetic analysis of calf market weight and carcass traits in Japanese Black cattle. J. Anim. Sci., 84, pp. 2617-2622.
- Oyama, K., Nojima, M., Shoji, M., Fukushima, M., Anada, K. and Mukai, F. (2007): Effect of sire mating patterns on future genetic merit and inbreeding in a closed beef cattle population. J. Anim. Breed. Genet., 124, pp. 73-80.
- Hoashi, S., Ashida, N., Ohsaki, H., Utsugi, T., Sasazaki, S., Taniguchi, M., Oyama, K., Mukai, F. and Mannen, H. (2007): Genotype of bovine sterol regulatory element binding protein-1 (SREBP-1) is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. Mamm. Genome, 18, pp. 880-886.
- Okanishi, T., Shoji, M., Katsuta, T., Oyama, K. and Mukai, F. (2008): Genetic analysis of residual feed intakes and other performance test traits of Japanese Black cattle from revised protocol. Anim. Sci. J., 79, pp. 291-296.
- Hoashi, S., Tanaka, A., Ohsaki, H., Sasazaki, S., Taniguchi, M., Oyama, K., Mukai, F. and Mannen, H. (2008): Association between fatty acid compositions and

- genotype of adipocyte-type fatty acid-binding protein (FABP4) in Japanese Black cattle. *BMC Genetics*, 9, p. 84.
- Oyama, K., Fujiwara, S., Katsuta, T., Honda, T. and Mukai, F. (2009): Number of calves produced at specified age as a measure of reproductive performance in beef cattle under artificially-inseminated breeding scheme. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 22, pp. 162-167.
- Ohsaki, H., Tanaka, A., Hoashi, S., Sasazaki, S., Oyama, K., Taniguchi, M., Mukai, F. and Mannen, H. (2009): Effect of SCD and SREBP genotypes on fatty acid composition in adipose tissue of Japanese Black cattle herds. *Anim. Sci. J.*, 80, pp. 225-232.
- Dorji, T., Jianlin, H., Wafula, P., Yamamoto, Y., Sasazaki, S., Oyama, K., Hanotte, O., Lin, B.-Z. and Mannen, H. (2010): Sheep Genetic Diversity in Bhutan using Microsatellite Markers. *Anim. Sci. J.*, 81, pp. 145-151.
- Matsumoto, H., Takahama, M., Kajiyama, R., Sasazaki, S., Oyama, K. and Mannen, H. (2010): Suppression of WWP1 gene via RNAi induced the reduction of proliferation rate of C2C12 myoblasts. *J. Poult. Sci.*, 47, pp. 288-293.
- Nishimura, K., Honda, T. and Oyama, K. (2010): Genetic variability of semen characteristics in Japanese Black bulls. *J. Anim. Genet.*, 38, pp. 73-76.
- Sasazaki, S., Hosokawa, D., Ishihara, R., Aihara, H., Oyama, K. and Mannen, H.: Development of discrimination markers between Japanese domestic and imported beef. *Anim. Sci. J.* (accepted)
- Dorji, T., Kaneda, M., Lin, BZ., Takahashi, A., Oyama, K., Sasazaki, S., Yamamoto, Y., Kawamoto, Y. and Mannen, H.: Mitochondrial DNA variation and genetic construction of indigenous cattle population in Bhutan. *J. Anim. Genet.* (accepted)
- 辻絵美, 本多健, 久下志朗, 大山憲二: 黒毛和種における90日齢までの泌乳量の推定. *肉用牛研究会報* (accepted)
- Narukami, T., Sasazaki, S., Oyama, K., Nogi, T., Taniguchi, M. and Mannen, H.: Effect of DNA polymorphisms related to fatty acid composition in adipose tissue of Holstein cattle. *Anim. Sci. J.* (accepted)
- Nogi, T., Honda, T., Mukai, F., Okagaki, T. and Oyama, K.: Heritabilities and genetic correlations of fatty acid compositions in longissimus muscle lipid with carcass traits in Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* (in press)
- Honda, T., Nomura, T., Yamaguchi, Y. and Mukai, F. (2004): Monitoring of genetic diversity in the Japanese Black cattle population by the use of pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 121, pp. 242-252.
- Honda, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2004): Reduction of inbreeding in commercial females by rotational mating with several sire lines. *Genet. Sel. Evol.*, 36, pp. 509-526.
- Honda, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2005): Conservation of genetic diversity in the Japanese Black cattle population by the construction of partially isolated lines. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, pp. 188-194.
- Honda, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2005): Prediction of inbreeding in commercial females maintained by rotational mating with partially isolated lines. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, pp. 340-348.
- Nomura, T., Honda, T. and Mukai, F. (2005): Monitoring and preservation of genetic diversity in livestock breeds: a case study of the Japanese Black cattle population. *Curr. Top. Genet.*, 1, pp. 59-71.
- Honda, T., Fujii, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2006): Evaluation of genetic diversity in Japanese Brown cattle population by pedigree analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, pp. 172-179.
- Honda, T., Fujii, T. and Mukai, F. (2007): Genetic structure and composition of genetic diversity in the Kouchi sub-breed of the Japanese Brown cattle population. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 20, pp. 1631-1635.
- Honda, T., Katsuta, T., and Mukai, F. (2009): Simulation study on parentage analysis with SNPs in the Japanese Black cattle population. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 22, pp. 1351-1358.
- Yamashita, J., Oki, H., Hasegawa, T., Honda, T., and Nomura, T. (2010): Demographic analysis of breeding structure in Japanese Thoroughbred population. *J. Equine Sci.*, 21, pp. 11-16.
- Yamashita, J., Oki, H., Hasegawa, T., Honda, T., and Nomura, T. (2010): Gene dropping analysis of ancestral contributions and allele survival in Japanese Thoroughbred population. *J. Equine Sci.*, 21, pp. 39-45.

#### その他の学術論文等

- Phumichai, C., Kamijima, O. and Hosaka, K. (2004): Inbreeding process of an outbreeding diploid potato monitored using DNA markers. *Mem. Grad. School Sci. & Technol., Kobe Univ.*, 22-A, pp. 115-121.

片山寛則, 植松千代美 (2004): ニホンナシの起源: 東北地方のナシ属植物の遺伝的多様性. 遺伝, 58, pp. 55-62.

片山寛則(2005): 三陸地域の梨遺伝資源の評価と利用に関する研究 —まぼろしの在来品種を求めて— 三陸総合研究第 28 号, pp. 93-98.

山崎将紀(2007): ゲノムの変化からみたトウモロコシの栽培化と育種. 蛋白質核酸酵素 52, pp. 1942-1946.

Wang, Y. H., Oyama, K., Reverter-Gomez, A., Taniguchi, M., Byrne, K. A., Harper, G. S., Mannen, H., Tsuji, S. and Lehnert, S. A. (2004): Comparisons between Japanese Black and Holstein cattle using gene expression profiling. Proc. 29th Int. Conf. on Anim. Genet., p. 70.

Sasazaki, S., Itoh, K., Uratsuji, H., Mannen, H., Oyama, K., Shoji, M., Mukai, F. and Tsuji, S. (2004): Selective genotyping for marker assisted selection in Japanese Black cattle. Proc. 29th Int. Conf. on Anim. Genet., p. 138.

福島護之, 坂瀬充洋, 野田昌伸, 武田和士, 上野 悟, 本多 健, 大山憲二, 向井文雄 (2005): 但馬牛集団のジーンドロッピング法による系統分類の試み, 兵庫県立農林水産技術総合センター研究報告 [畜産編], 41, pp. 16-21.

大山憲二, 万年英之 (2008): 科学を用いた美味しさの追求「神戸大学ビーフ」. 生物工学会誌, 86,

pp. 410-411.

野儀卓哉, 大山憲二 (2008): 鳥取和牛肉の脂肪酸組成割合に関する遺伝的パラメータの推定. 鳥取県農林水産部農林総合研究所畜産試験場研究報告, 36, pp. 14-21.

Oyama, K.: Genetic variability of Wagyu cattle estimated by statistical approaches (review). Anim. Sci. J. (accepted)

Honda, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2004): Genetic management of the subdivided structure in domestic animal populations. Proc. 29th Int. Conf. on Anim. Genet., p.123.

向井文雄, 本多健 (2004): 血縁関係に基づく種雄牛のグルーピング化と系統の再構築の可能性. 和牛, 55, pp. 3-13.

Honda, T., Fujii, T., Nomura, T. and Mukai, F. (2006): Assessment and conservation of genetic diversity in Japanese Brown cattle population by pedigree analysis. Proc. 8th Worl. Cong. on Genet. Appl. Livst. Prod. CD-Rom Comm. No. 33-29.

本多健 (2009): 黒毛和種の集団構造に関する遺伝学的分析. 和牛, 60, pp. 4-10.

Honda, T., Sasazaki, S., Oyama, K., Nomura, T., and Mukai, F. (2010): Sampling method for estimating neutral allele frequency in a pedigreed population. Proc. 9th Worl. Cong. on Genet. Appl. Livst. Prod. CD-Rom p. 3-39.

## 2. 学術講演

保坂和良, 池口 (佐光) 由紀子, 小林 晃, 森 元幸 (2004): 遺伝的背景を異にするバレイショ 2 倍性雑種における自家不和合性阻害遺伝子 (*Sl*) の発現. 育種学研究, 6 (別 2), p. 92.

Phumichai, C., Mori, M., Kobayashi, A., Kamijima, O. and Hosaka, K. (2004): Selfing diploid potatoes towards the development of pure lines, 育種学研究, 6 (別 2), p. 93.

大林憲吾, 小村国則, 保坂和良 (2004): ISSR マーカーを利用したバレイショの品種識別, 育種学研究, 6 (別 2), p. 349.

中村直, 保坂和良 (2007): 2 倍性バレイショの自殖および雑種化における DNA メチル化の動態, 育種学研究, 9 (別 2), p. 183.

實友玲奈, 小野聖二郎, 保坂和良 (2008): 普通バレイショに対する 6 倍性野生バレイショ *Solanum demissum* の一側性交雑親和性の再検討, 育種学研究 Vol. 10 (別 1), p. 102.

保坂和良 (2008): バレイショミトコンドリア DNA における SSR マーカーの開発と多型性, 育種学研究 Vol. 10 (別 1), p. 212.

小野聖二郎, 保坂和良 (2009): バレイショ野生 6 倍種 *Solanum demissum* の普通バレイショへの連続戻し交雑における染色体の伝達, 育種学研究 Vol. 11 (別 2), p. 102.

森一幸, 向島信洋, 坂本悠, 中尾敬, 保坂和良 (2009): バレイショ育種における 5 種類の病虫害抵抗性検定用 DNA マーカーを同時検出できるマルチプレックス PCR 法の開発, 育種学研究 Vol. 11 (別 2), p. 124.

實友玲奈, 保坂和良 (2009): 普通バレイショと野生 6 倍種 *Solanum demissum* の正逆 F<sub>1</sub> 雑種花粉における DNA および DNA メチル化の違い, 育種学研究 Vol. 11 (別 2), p. 253.

片山寛則, 植松千代美 (2004): バラ科の系統解析(III) ナシ属 (*Pyrus*) とサクラ属 (*Prunus*) の葉緑体ゲ

- ノムの比較研究, 日本育種学会 106 回大会、育種学研究, 6 (別 2), p.334.
- 片山寛則, 植松千代美, 高島幸 (2004): バラ科の系統解析(V)サクラ属 (*Prunus*) における葉緑体ゲノムの構造解析, 日本育種学会 106 回大会, 育種学研究, 6 (別 2), p.333.
- Uematsu, C., Takashima, M., Katayama, H. and Martin, C. (2005): PEACE, a MYB-related transcription factor, regulating pigmentation in flowering peach, can alter morphological characters of transgenic tobacco, *Proceedings of XVII International Botanical Congress*, Vienna, p.286.
- 片山寛則, 植松千代美 (2005): バラ科の系統解析(IV) ナシ属葉緑体ゲノムの *rps16-trnQ* 遺伝子間に見つかった高頻度組み換え領域, 日本育種学会 107, 108 回大会, 育種学研究, 7 (別 1, 2), p.312.
- 高島幸, 植松千代美, 片山寛則, Cathie Martin (2005): ハナモモ由来の PEACE 遺伝子を導入した形質転換タバコの特徴, 日本育種学会 107, 108 回大会, 育種学研究, 7 (別 1,2), p.367.
- 片山寛則 (2005): 招待講演: バラ科果樹における葉緑体ゲノムの進化, シンポジウム ‘バラ科植物のゲノム解析’ にて, 園芸学会雑誌, 75 (別 2), pp.44-45.
- 池谷祐幸, 片山寛則, 植松千代美, 間瀬誠子, 山本俊哉, 佐藤義彦 (2006): マイクロサテライトの集団遺伝学的解析による東アジアの栽培ナシの類縁関係, 園芸学会雑誌, 75 (別 2), p.164.
- 池谷祐幸, 片山寛則, 植松千代美, 間瀬誠子, 山本俊哉, 佐藤義彦 (2006): SSR によるミチノクナシの集団遺伝学的解析 -栽培植物からの影響の可能性-, 日本植物分類学会第 5 回大会講演要旨
- 大江美穂, 片山寛則, 菅原悦子 (2006): AEDA 法によるイワテヤマナシ果実の香り成分の解析, 園芸学会雑誌, 75 (別 2), p.151.
- 大江美穂, 片山寛則, 菅原悦子 (2007): 岩手県にて見いだされたナシ在来品種: ‘ナツナシ’ ‘サネナシ’ の香り寄与成分の解析, 園芸学研究, 6 (別 2), p.99.
- 橘美穂, 新保幸子, 林田光祐, 片山寛則, 池谷祐幸, 山本俊哉, 植松千代美 (2007): 山形県飛島のナシの探索と遺伝的多様性, 育種学研究, 9 (別 2), p.239.
- 池谷祐幸, 片山寛則, 植松千代美, 羽生剛, 間瀬誠子, 澤村豊, 高田教臣, 佐藤明彦, 平林利郎, 山本俊哉, 佐藤義彦 (2007): 在来品種・野生種遺伝資源を研究材料として利用するためには同名異物等の問題を考慮しなければならない。-ナシを例にして-, 育種学研究, 9 (別 1), p.231.
- 片山寛則 (2008): イワテヤマナシに象徴されるナシゲノムの特殊性, 園芸学平成 20 年春季大会, 小集会; ナシゲノム研究の発展と展望, 7(別 1), p.22.
- 大江美穂, 菅原悦子, 三宅幹雄, 寛重文, 正木健太郎, 片山寛則 (2008): 東北地方より収集したナシ遺伝資源(第 2 報)香気の多様性評価, 園芸学研究, 7(別 2), p.443.
- 松村有一郎, 橘美穂, 三宅幹雄, 寛重文, 正木健太郎, 植松千代美, 山本俊哉, 片山寛則 (2008): 東北地方より収集したナシ遺伝資源 (第 1 報) 果実関連形質の多様性と SSR による識別, 園芸学研究, 7(別 2), p.442.
- 橘美穂, 片山寛則, 池谷祐幸, 山本俊哉, 植松千代美 (2009): DNA と形態から見たイワテヤマナシ集団の多様性評価, 育種学研究, 11 (別 2), p.191.
- 松村有一郎, 野村啓一, 三宅幹雄, 寛重文, 正木健太郎, 植松千代美, 片山寛則 (2009): 東北地方より収集したナシ遺伝資源 (第 3 報) 糖類および有機酸の含量と組成, 園芸学研究, 8 (別 2), p.84.
- 池谷祐幸, 片山寛則, 植松千代美, 間瀬誠子, 山本俊哉 (2010): 南アジアと東南アジアで栽培されているナシ属植物は *Pyrus pyrifolia* である, 日本植物分類学会第 9 回大会講演要旨集.
- 橘美穂, 片山寛則 (2010): 絶滅危惧種イワテヤマナシとニホンナシの雑種化-形態、核 SSR、葉緑体のデータはなぜ矛盾するのか?, 園芸学会 22 年春季大会小集会: ナシゲノム研究の発展と展望. 三ツ橋昇平, 植松千代美, 山本俊哉, 片山寛則 (2010): 東北地方より収集したナシ遺伝資源(第 4 報) ‘サネナシ’ (岩手無核) 無核果実形成について, 園芸学研究 9(別 1), p.227.
- 浜亮介, 板井章浩, 片山寛則 (2010): 東北地方より収集したナシ遺伝資源 (第 5 報) エチレン生成量の多様性とその関連形質, 園芸学研究 9 (別 2), p.82.
- 片山寛則 (2010): 招待講演: 豊かな香りを持つナシの在来品種たち-新たな育種素材としての香りの評価-, 園芸学会平成 22 年度秋季大会、シンポジウム; ‘青果物のおいしさとは’, 園芸学研究 9(別 2), pp.72-73.
- Wright, S., Vroh Bi, I., Yamasaki, M., Schroeder, S., Doebley, J., McMullen, M. and Gaut, B. (2004): A population genomic search for maize domestication genes. 15th International Conference on Arabidopsis Research.
- Gaut, B., Yamasaki, M., Wright, S. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Doebley, J. F. and McMullen, M. D.

- (2005): The effect of artificial selection on the maize genome. *Plant Genetics* 2005.
- McMullen, M., Doebley, J., Buckler, E., Gaut, B., Holland, J., Kresovich, S., Ware, D., Fulton, T., Stein, L., Gaubitz, J., Briggs, W., Wright, S., Yamasaki, M., Harjes, C., Flint-Garcia, S., Vroh Bi, I., Pressoir, G., Yu, J., Schroeder, S., Canaran, P. and Zhao, W. (2005): Molecular and functional diversity of maize. *Plant Genetics* 2005.
- Yamasaki, M., Tenaillon, M., Vroh Bi, I., Schroeder, S., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J., Gaut, B. and McMullen, M. (2005): Genomic screening for domestication and improvement genes in maize. 47th Maize Genetics Conference.
- Briggs, W., Vroh Bi, I., Yamasaki, M., Pressoir, G., McMullen, M., Gaut, B., Kresovich, S., Buckler, E. and Doebley, J. (2005): SNP genotyping for diversity and mapping studies in maize and teosinte. 47th Maize Genetics Conference.
- Flint-Garcia, S., Houchins, K., Yamasaki, M., Doebley, J. and McMullen, M. (2005): Genomic diversity and selection for amino acid genes and content in diverse maize. 47th Maize Genetics Conference.
- Wright, S., Vroh Bi, I., Schroeder, S., Doebley, J., Yamasaki, M., McMullen, M. and Gaut, B. (2005): The genome extent of artificial selection. 47th Maize Genetics Conference.
- Yamasaki, M., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2005): Genomic screen for domestication and improvement genes in maize. *Plant & Animal Genomes XIII Conference*.
- 山崎将紀(2006): トウモロコシの農業形質に寄与する栽培化遺伝子・改良遺伝子のスクリーニング. 第1回 QTL ゲノム育種研究センターセミナー.
- Yamasaki, M., Wright, S. I., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2006): A large-scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Domestication, super-domestication and gigantism: Human manipulation of plant genomes for increasing crop yield*, National Institute of Agrobiological Sciences and OECD sponsored workshop.
- Yamasaki, M., Wright, S. I., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2006): A large-scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Plant & Animal Genomes XIV Conference*.
- Yamasaki, M., Wright, S. I., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2006): A large scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Plant & Animal Genomes XIV Conference*.
- Yamasaki, M., Tenaillon, M. I., Vroh Bi, I., Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Doebley, J. F., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2006): A large scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Plant & Animal Genomes XIV Conference*.
- Pressoir, G., Yu, J., Briggs, W. H., Vroh Bi, I., Yamasaki, M., Doebley, J. F., McMullen, M. D., Gaut, B. S., Holland, J. B., Nielsen, D., Kresovich, S. and Buckler, E. S. (2006): Association mapping with complex pedigree, families, founding effects and population structure. *Plant & Animal Genomes XIV Conference*.
- 吉田晋弥, 山崎将紀, 池上勝, 上島脩志(2007): 我が国の酒米品種群における集団構造解析. *育種学研究* 9(別2), p.208.
- 山崎将紀(2007): トウモロコシの農業形質に寄与する選抜遺伝子のスクリーニング. 研究集会「植物種内多様性研究の最前線: 進化、生態、リソース、情報」.
- 山崎将紀(2007): 集団遺伝学的手法を利用したトウモロコシの農業形質に寄与する選抜遺伝子のスクリーニング. 研究集会「ポストゲノム時代の統計遺伝学のアプローチ—今、何がどこまでできるのか?—」.
- 山崎将紀, Schroeder, S. G., Sanchez-Villeda, H., Gaut, B. S. and McMullen, M. D. (2008): 拡張した DNA 塩

- 基配列解析によるトウモロコシの選抜遺伝子スクリーニング法の検証. 育種学研究 10(別1), p.22.
- 下井沙紀・池田健一・山崎将紀・對馬誠也・朴杓允 (2008): イネ葉面フローラからのコラゲナーゼ活性を有する微生物のスクリーニング. 日本農芸化学会 2008 年度大会.
- 山崎将紀(2008): 人はどのようにして作物を獲得したか?—ゲノムからみた栽培化—. 平成 20 年度神戸大学農学研究科公開講座.
- Yamasaki, M. and Ideta, O. (2008): Population structure and genetic diversity in Japanese rice cultivars. 50th Maize Genetics Conference.
- Sanchez-Villeda, H., Schroeder, S., Flint-Garcia, S., Houchins, K. E., Yamasaki, M. and McMullen, M. D. (2008): The DNAAAlignEditor tool. Plant & Animal Genomes XVI Conference.
- 山崎将紀, 出田収(2009): 日本水稻品種群における集団構造. 育種学研究 11(別1) p.69.
- 浅野賢治, 山崎将紀, 三浦孝太郎, 呉健忠, 江花薫子, 松本隆, 北野英己, 松岡信, 芦荊基行 (2009): イネジャポニカ栽培化過程における *Semidwarf1* の人為選抜の検証. 育種学研究 11(別1) p.74.
- Mizuno, N., Yamasaki, M., Matsuoka, Y., Kawahara, T. and Takumi, S. (2009): Population structure of central Eurasian wild wheat progenitor *Aegilops tauschii* Coss. 6<sup>th</sup> International Triticeae Symposium.
- 吉田晋弥, 山崎将紀(2009) 酒米品種群の成り立ちとその遺伝的構成. 第 61 回日本生物工学会大会シンポジウム.
- 山崎将紀, 出田収, 吉岡拓磨, 岩田洋佳, 長崎英樹, 江花薫子 (2009) 日本水稻品種群を使った出穂期のゲノムワイドアソシエーション解析. 育種学研究 11(別2) p.89.
- 吉岡拓磨, 出田収, 浅野賢治, 松岡信, 岩田洋佳, 江花薫子, 山崎将紀(2009) 日本水稻品種群を使ったアソシエーション解析-*Semidwarf1* の DNA 多型と稈長関連形質. 育種学研究 11(別2) p.88.
- 水野信之, 山崎将紀, 松岡由浩, 河原太八, 宅見薫雄 (2009): タルホコムギ集団の遺伝的構造の解析. 育種学研究 11(別2) p.175.
- Yamasaki, M., Ideta, O., Yoshioka, T., Asano, K., Matsuoka, M., Hori, K., Nagasaki, H., Iwata, H. and Ebana, K. (2009): Association study in Japanese rice population. 6<sup>th</sup> International Rice Genetics Symposium.
- Ebana, K., Nagasaki, H., Nonoue, K., Hori, K., Yamasaki, M., Yonemaru, J-I., Yamamoto, T. and Yano, M. (2009): Genome-wide SNP discovery among temperate Japonica rice cultivars and its application. 6<sup>th</sup> International Rice Genetics Symposium.
- Asano, K., Yamasaki, M., Miura, K., Wu, J., Ebana, K., Matsumoto, T., Kitano, H., Ashikari, M. and Matsuoka, M. (2009): Artificial selection for *SEMIDWARF1* during japonica rice domestication. 6<sup>th</sup> International Rice Genetics Symposium.
- Yamasaki, M. (2010): Genetic diversity and association study in Japanese rice cultivars. The 1389<sup>th</sup> Biological Symposium in National Institute of Genetics.
- Yamasaki, M., Ideta, O., Yoshioka, T., Asano, K., Matsuoka, M., Hori, K., Nagasaki, H., Iwata, H. and Ebana, K. (2010): Association study in Japanese rice population. 52<sup>nd</sup> Annual Maize Genetics Conference.
- 岡田充泰, 森 宏樹, 渡辺雅彦, 土井通弘, 野々村賢一, 山崎将紀, 出田収, 中西徹(2010): 餘慶寺千手観音像内部から発見された江戸時代初期秬米の DNA 解析. 第 33 回日本分子生物学会年会・第 83 回日本生化学大会 合同大会.
- 西川隆清, 大山憲二, 穴田勝人, 勝田智博, 向井文雄 (2004) : 黒毛和種における外貌形質と繁殖形質との遺伝的関連性, 第 103 回日本畜産学会大会講演要旨, p. 136.
- 福島護之, 坂瀬充洋, 野田昌伸, 武田和士, 田中幹雄, 上野悟, 大山憲二 (2005) : 種雄牛造成や交配種雄牛助言サービスソフト「MSAS」の利用が但馬牛集団に及ぼす影響, 第 43 回肉用牛研究会青森大会講演要旨, p. 5-8.
- 大山憲二, 西川隆清, 勝田智博, 穴田勝人, 向井文雄 (2005) : 黒毛和種繁殖雌牛で測定される外貌諸形質の特性評価, 日本畜産学会第 105 回大会講演要旨, p. 50.
- 野島正成, 大山憲二, 福島護之, 穴田勝人, 向井文雄 (2005) : 血縁関係を考慮した黒毛和種種雄牛の最適な供用頻度の導出, 日本畜産学会第 104 回大会講演要旨, p. 83.
- 大山憲二, 西川隆清, 勝田智博, 穴田勝人, 向井文雄 (2005) : 黒毛和種における外貌記載法審査と繁殖形質との遺伝的関連性, 日本畜産学会第 104 回大会講演要旨, p. 80.
- 大山憲二, 野島正成, 福島護之, 穴田勝人, 向井文雄 (2006) : 遺伝的アルゴリズムによる黒毛和種



- 種雄牛の供用頻度の導出, 日本畜産学会第 106 回大会講演要旨, p. 60.
- 田中敦子, 帆足省吾, 大崎英樹, 笹崎晋史, 大山憲二, 阿部剛, 小林栄治, 万年英之 (2007): ウシ脂肪酸代謝遺伝子の遺伝子型と体脂肪酸組成における効果, 日本動物遺伝育種学会第 8 回大会講演要旨, p. 234.
- 大山憲二, 藤原慎也, 勝田智博, 向井文雄 (2007): 黒毛和種における繁殖能力改良のための新たな指標, 日本畜産学会第 107 回大会講演要旨, p. 64.
- 稲田聡, 田中敦子, 笹崎晋史, 大山憲二, 真崎匡, 長谷部浩行, 阿部剛, 万年英之 (2008): 乳脂肪の脂肪酸組成と SCD 遺伝子型および分娩後日数との関連, 日本畜産学会第 109 回大会講演要旨, p. 88.
- 大山憲二, 本多健, 勝田智博, 向井文雄 (2008): 黒毛和種繁殖雌牛の生産子牛数に関する遺伝的パラメータの推定, 日本畜産学会第 109 回大会講演要旨, p. 96.
- 松本靖恵, 本多健, 福島護之, 吉田恵実, 大山憲二 (2008): 黒毛和種子牛の体積を予測する重回帰式の検討, 関西畜産学会報, Vol. 163, p. 25.
- 福島護之, 吉田恵実, 秋山敬孝, 坂瀬充洋, 岩木史之, 大山憲二 (2008): 但馬牛の枝肉画像解析形質の遺伝的パラメータの推定, 第 46 回肉用牛研究会北海道大会講演要旨, p. 37-38.
- 大山憲二 (2009): The secret of Wagyu, 第 34 回国際食品・飲料展 FOOD EX JAPAN 2009.
- 野儀卓哉, 大山憲二 (2009): 黒毛和種肥育牛の C18:1 割合に関する遺伝的パラメータ及び遺伝的趨勢の推定, 日本畜産学会第 110 回大会講演要旨, p. 68.
- 鳴神貴太, 笹崎晋史, 大山憲二, 野儀卓哉, 万年英之 (2009): ホルスタイン種における枝肉形質に関する遺伝子多型の効果, 日本畜産学会第 111 回大会講演要旨, p. 39.
- 大山憲二 (2009): 和牛の来た道, 進む道, 第 40 回神戸大学公開講座・ひょうご講座.
- 辻絵美, 本多健, 久下志朗, 大山憲二 (2009): 黒毛和種繁殖雌牛の近年の泌乳量, 日本畜産学会第 111 回大会講演要旨, p. 37.
- 鳴神貴太, 笹崎晋史, 大山憲二, 庄司則章, 中嶋宏明, 万年英之 (2010): 黒毛和種における DGAT1 遺伝子多型の枝肉形質に対する効果, 日本畜産学会第 112 回大会講演要旨, p. 55.
- 永井雅, 荒川愛作, 谷口幸雄, 祝前博明, 野儀卓哉, 大山憲二 (2010): 黒毛和種における脂肪酸組成の遺伝率推定に関する検討, 関西畜産学会報
- 本多健, 野村哲郎, 向井文雄 (2004): 輪番交配によって維持される生産雌集団の近交係数に対する育種集団間の個体交換の影響, 日本畜産学会第 103 回大会講演要旨, p. 25.
- 本多健, 野村哲郎, 向井文雄 (2005): 複数の育種集団を用いた黒毛和種集団の遺伝的多様性の維持および近交係数の抑制, 日本畜産学会第 104 回大会講演要旨, p. 83.
- 藤井俊英, 本多健, 野村哲郎, 向井文雄 (2005): 褐毛和種の集団構造と遺伝的多様性に関する研究, 日本畜産学会第 105 回大会講演要旨, p. 51.
- 本多健, 出野直樹, 野村哲郎, 向井文雄 (2005): 黒毛和種の遺伝的多様性の維持に寄与する分集団の評価, 日本畜産学会第 105 回大会講演要旨, p. 51.
- 本多健, 藤井俊英, 穴田勝人, 向井文雄 (2005): 黒毛和種種雄牛の遺伝的関連性に関する研究, 関西畜産学会第 55 回大会.
- 本多健, 藤井俊英, 山口由紀, 向井文雄 (2006): 高知系褐毛和種集団の遺伝的構造と遺伝的多様性の構成, 日本畜産学会第 106 回大会講演要旨, p. 59.
- 本多健, 野村哲郎, 穴田勝人, 向井文雄 (2007): 黒毛和種の集団構造の変遷, 日本畜産学会第 107 回大会講演要旨, p. 47.
- 本多健, 石崎健吾, 万年英之, 大山憲二, 穴田勝人, 向井文雄 (2008): SNPs を活用した黒毛和種の親子鑑定の可能性, 日本畜産学会第 109 回大会講演要旨, p. 88.
- 本多健, 勝田智博, 向井文雄 (2009): SNPs を活用した黒毛和種の親子鑑定の精度に関する検討, 日本畜産学会第 110 回大会講演要旨, p. 68.
- 本多健, 野村哲郎, 向井文雄 (2010): 中立遺伝子頻度を推定するための血統情報を用いた個体の抽出方法, 日本畜産学会第 112 回大会講演要旨, p. 57.
- 本多健 (2010): 黒毛和種の遺伝的多様性に関する研究, 日本畜産学会若手企画シンポジウム, 日本畜産学会第 112 回大会奨励賞受賞記念ポスター講演.

### 3. 博士・修士号取得者の氏名および論文題名

博士 (課程 2004 年 9 月)

Thitaporn Sukhotu: Genetic differentiation in the Andean

cultivated potatoes revealed by molecular markers

博士 (課程 2005 年 9 月)

Chalermphol Phumichai: Inbreeding process of diploid potatoes monitored by molecular markers.

修士 (2008 年 3 月)

中村直: 2 倍性バレイショの自殖および雑種化における DNA メチル化の動態に関する研究

大江美穂: イワテヤマナシの香気に関する研究

修士 (2009 年 3 月)

實友玲奈: 野生 6 倍種 *Solanum demissum* Lindl. と普通

バレイショの交雑親和性に関する研究

修士 (2009 年 3 月)

橘美穂: 北上山系に分布する野生ナシの遺伝的多様性の評価

小野聖二郎: 普通バレイショへの戻し交雑過程における野生 6 倍種 (*Solanum demissum* Lindl.) 遺伝質の伝達

#### 4. その他の学術研究活動

##### 研究助成金

科学研究費補助金基盤研究(B)(1) 保坂和良 (代表)・森 元幸: バレイショの雑種強勢育種に向けた 4 倍性純系の育成 (2001-2004 年度)

科学研究費補助金基盤研究(C) 保坂和良 (代表): バレイショにおける倍数性の科学 (異質 6 倍体ゲノムの分解) (2006-2008 年度)

受託研究 保坂和良 (代表): 高度青枯病抵抗性野生バレイショ倍数種の育種素材化 (農業生物資源研究所ジーンバンク事業, 2006-2008 年度)

受託研究 保坂和良 (代表): 馬鈴しょ品種の試作と評価 (キリンビール株式会社, 2006 年度)

受託研究 保坂和良 (代表): 馬鈴しょ品種の試作と評価 (キリンアグリバイオ株式会社, 2007 年度)

受託研究 保坂和良 (代表): 馬鈴しょ品種の試作と評価 (キリンアグリバイオ株式会社, 2008 年度)

奨学寄付金 保坂和良 (代表): バレイショの遺伝育種学的研究 (カルビーポテト株式会社, 2007 年)

奨学寄付金 保坂和良 (代表): バレイショの遺伝育種学的研究 (ホクレン農業協同組合連合会, 2008 年)

受託研究 保坂和良 (代表): 馬鈴しょ品種の試作と評価 (キリンホールディングス株式会社, 2009 年度)

奨学寄付金 保坂和良 (代表): バレイショの遺伝育種学的研究 (カルビーポテト株式会社, 2009 年度)

奨学寄付金 保坂和良 (代表): バレイショの遺伝育種学的研究 (松尾雅彦, 2009 年度)

住友財団研究助成 木本植物の枝変わり突然変異の分子機構: 易変性変異か? エピジェネティックスか? (2004) 分担

(財)岩手三陸基金助成研究 片山寛則: 三陸地域の梨遺伝資源の評価と利用に関する研究 (2004) 代表

受託研究 片山寛則: 「ジーンバンク事業における国内探索調査」(東北, 果樹) (農業生物資源研究所ジーンバンク事業, 2006) 分担

科学研究費補助金基盤研究(C) 片山寛則: 東北地方

に自生するイワテヤマナシの保全とその利用に関する研究(2005-2007) 代表

科学研究費補助金基盤研究(C) 片山寛則: 東北地方より収集したナシ遺伝資源の評価と利用(2007-2009) 代表

科学研究費補助金基盤研究 (C) 片山寛則: ナシ属における史前帰化植物と自生植物との交雑・野生化と保全に関する研究 (2009-2011) 分担

受託研究費 片山寛則: 東北地方由来のナシ遺伝資源の加工特性評価 (農業生物資源研究所ジーンバンク事業, 2009-2010) 代表

奨学寄付金 片山寛則: ヤマナシ加工品の試作と評価 (樽正本店, 2010) 代表

奨学寄付金 片山寛則: サクラの DNA 識別に関する研究 (応用地質株式会社, 2010) 代表

科学研究費補助金若手研究(スタートアップ) 山崎将紀 (代表): ウンカ類に対するイネの殺卵遺伝子の単離と機能解析 (2006-2007 年度)

神戸大学若手研究者育成支援 山崎将紀 (分担) インターゲノミクス研究会: 栽培植物への進化とインターゲノミクス(2007 年度)

受託研究 山崎将紀 (分担): 「新農業展開ゲノムプロジェクト」イネ自然変異利用のための SNP の検出とアソシエーション解析基盤の整備 (独立行政法人農業生物資源研究所, 2008-2010 年度)

奨学寄付金 山崎将紀 (代表): 日本におけるイネ品種の遺伝的多様性と集団構造解析 (財団法人ひょうご科学技術協会, 2008 年度)

科学技術振興調整費 山崎将紀: 「バイオプロダクション次世代農工連携拠点」(2008-2010 年度)

神戸大学若手研究者育成支援 農産物の「オーダーメイド育種」を目指す若手研究者支援 山崎将紀 (分担): イネの遺伝的多様性を利用した育種 (2008 年度)

科学研究費補助金若手(B) 山崎将紀 (代表): 日本水稻品種「山田錦」が保有する特性の遺伝解析 (2010 年度)

科学研究費補助金若手 B 大山憲二：遺伝的アルゴリズムによる黒毛和種集団の遺伝的多様性維持に関する研究（2004－2005 年度）  
奨学寄附金 大山憲二：和牛の繁殖能力評価システムの研究並びに審査標準の検討（社団法人全国和牛登録協会，2004－2007 年度）  
奨学寄附金 大山憲二：黒毛和種雄牛の新鮮ならびに凍結精液性状に関する遺伝分析（社団法人全国和牛登録協会，2008 年度）  
奨学寄附金 大山憲二：和牛における子牛生産指数の遺伝的改良の促進に関する研究助成（社団法人全国和牛登録協会，2009 年度）  
奨学寄附金 大山憲二：脂肪交雑の取り上げ方が和牛の遺伝的評価に与える影響に関する研究助成（社団法人全国和牛登録協会，2010 年度）  
受託研究 大山憲二：平成 22 年度農業競争力強化対

策民間団体事業（農林水産省，2010 年度）  
受託研究 大山憲二：（株式会社カネカ，2010 年度）  
神戸大学若手研究者育成支援 農産物の「オーダーメイド育種」を目指す若手研究者支援 本多健（分担）：和牛の遺伝的多様性と集団構造（2008 年度）  
奨学寄附金 本多健：黒毛和種の親子鑑定における SNPs マーカーの有用性に関する調査（社団法人全国和牛登録協会，2008 年度）  
奨学寄附金 本多健：系統分類された但馬牛の集団構造のモニタリング（社団法人全国和牛登録協会，2009 年度）  
奨学寄附金 本多健：SNPs マーカー対応型親子鑑定プログラムの開発（社団法人全国和牛登録協会，2010 年度）

#### 学外研究機関との共同研究

（独）北海道農業研究センター：保坂和良：バレイショ 育成品種系統の特性評価に関する研究（2007-2010 年度）  
（独）果樹研究所：片山寛則：マイクロサテライトの集団遺伝学的解析による東アジアの栽培ナシの起源（2006-2010 年度）  
岩手大学教育学部：片山寛則：イワテヤマナシ果実の香り寄与成分の探索（2006-2010 年度）  
鳥取大学農学部：片山寛則：イワテヤマナシの追熟特性に関する研究（2009-2011 年度）  
南京農業大学：片山寛則：中国ナシの葉緑体ゲノム解析（2008-2010 年度）  
中南林業科技大学：片山寛則：中国東北部における

秋子梨遺伝資源の探索と保全に関する研究（2009-2011 年度）  
山形大学農学部：片山寛則：DNA 分析による山形県飛島に自生するナシ属植物の起源（2007-2008 年度）  
兵庫県立北部農業技術センター 片山寛則：野生ナシの新規機能性物質の同定に関する研究（2007-2008 年度）  
（独）農業生物資源研究所 山崎将紀：イネのアソシエーション解析  
兵庫県立農林水産技術総合センター 山崎将紀：酒米の遺伝解析

#### 受賞

保坂和良：平成 18 年度科学技術分野の文部科学大臣表彰 科学技術賞（科学技術振興部門）：遺伝子診断によるバレイショ病虫害抵抗性選抜技術の

振興（2006 年 4 月）  
本多健：日本畜産学会奨励賞：黒毛和種の遺伝的多様性に関する研究（2010 年 3 月）

#### 社会活動

大山憲二：育種推進委員（社団法人全国和牛登録協会，2004－2010 年度）  
大山憲二：兵庫県肉用牛改良指標作業部会委員（兵庫県，2004－2009 年度）  
大山憲二：繁殖性に係る遺伝的能力評価実用化推進検討会委員（社団法人全国肉用牛振興基金協会，2006－2007 年度）  
大山憲二：産肉能力検定委員（社団法人全国和牛登録協会，2007－2010 年度）  
大山憲二：和牛遺伝資源等活用推進検討委員会委

員・系統再構築検討部会委員（社団法人全国肉用牛振興基金協会，2008－2010 年度）  
大山憲二：肉用牛評価技術検討会委員（独立行政法人家畜改良センター，2009－2010 年度）  
大山憲二：代議員（社団法人日本畜産学会，2009 年度）  
大山憲二：専門委員（社団法人日本食肉格付協会，2009－2010 年度）  
大山憲二：兵庫県肉用牛改良委員会委員（兵庫県，2009 年度－2010 年度）

大山憲二：中央審査委員（社団法人全国和牛登録協会，2010 年度）

本多健：兵庫県肉用牛改良指標作業部会委員（兵庫県，2006－2010 年度）

本多健：和牛遺伝的多様性等活用推進検討委員会・  
系統再構築検討部会（社団法人全国肉用牛振興  
基金協会，2008－2010 年度）