

令和 2 年 4 月 27 日現在

機関番号：13901

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16K07594

研究課題名(和文) 栽培イチゴ花芽分化誘導ならびにランナー発生機構解明と超促成栽培法の確立

研究課題名(英文) Elucidation of mechanism for flower bud differentiation and runner formation of cultivated strawberry and establishment of super forcing cultivation method

研究代表者

松本 省吾 (MATSUMOTO, SHOGO)

名古屋大学・生命農学研究科・教授

研究者番号：90241489

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：一季なり栽培イチゴでは、晩秋から冬季の高需要期に果実収穫を行うために促成栽培が行われている。促成栽培では正確な花芽分化時期の特定が必須である。本研究では、栽培イチゴの花芽分化促進と抑制に関わる遺伝子群を特定し、これら遺伝子群の発現変動を指標とした超促成栽培への実用化に繋がるデータを得た。また、生殖成長すなわち花芽分化期と拮抗する栄養成長すなわちランナー発生期に高発現する遺伝子を特定した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

野生種ではなく食用栽培イチゴの経済品種から、花芽分化促進と抑制に関わる遺伝子群の単離に成功した。遺伝子群の構造、発現、機能解析により、栽培イチゴの花芽分化誘導分子機構の一端を明らかにした。分子レベルでの花芽分化時期の特定法は、今後のイチゴ栽培への適用により、効率的な促成栽培に繋がることが期待される。また、ランナー形成に関わる可能性のある遺伝子の特定にも成功した。

研究成果の概要(英文)：Forcing culture of June bearing type strawberries is carried out to harvest fruits at high demand season from late autumn to winter. Accurate identification of flower bud differentiation is essential for forcing culture. In this study, we identified the genes involved in the promotion and suppression of flower bud differentiation in cultivated strawberries, and obtained data that would lead to the practical application to super-forced cultivation using the expression changes of these genes as indicators. In addition, we have identified genes that are highly expressed during vegetative growth or runner development.

研究分野：園芸学、分子生物学

キーワード：園芸学 野菜 イチゴ 花芽分化 促成栽培 ランナー発生

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

イチゴ果実は一年を通して需要があり、特に晩秋から冬場に需要が高まる。一般に国内で栽培されている一季なり栽培イチゴ (*Fragaria × ananassa*) は短日低温条件下で花芽分化することから、慣行 (露地) 栽培では秋に花芽分化し、冬期休眠を経た翌年の春から果実収穫期を迎えることとなる。そこで、先述の高需要期に果実収穫期を合わせるため、夏場に短日低温処理もしくは間欠冷蔵処理を施す超促成栽培が行なわれている。この超促成栽培により、人為的に花芽分化を誘導することで果実収穫期を早めるとともに、その後の冬期加温により翌年春までの長期間にわたる果実収穫を可能としている。イチゴ栽培では、まず、春先から夏場にかけて親株から発生する無性生殖器官であるランナーの先の子株をポットにて育苗し栄養成長させる。その後、定植までの期間に花芽分化誘導をもたらす短日低温・低窒素条件下で栽培を進め、生殖成長への転換を図る。花芽分化後にポットから苗を取り出して定植した後は、果実形成を促すため、長日高温・高窒素条件下、すなわち花芽分化誘導時とは大きく異なる栽培環境下で育成することとなる。そのため、万が一花芽未分化の状態では定植すると、定植後も引き続き栄養成長期が続くこととなり、花芽分化が遅れそれに伴い収穫期も遅れてしまう。一方、花芽分化後の定植が遅れると、果実発達の遅れが生じることとなり、収量低下を招くこととなる。現在、イチゴ花芽分化の確認は、実体顕微鏡を用いた花芽検鏡により行われている。具体的には、クラウン (株元の茎頂を含む節間の詰まった茎) 組織をエタノールに浸漬して組織を軟化・脱色した後、実体顕微鏡下でクラウン先端の茎頂部の膨らみの有無で花芽分化状態を判断している。しかしながら、花芽分化初期のわずかな膨らみの有無から花芽分化を判断するのはしばしば困難であり、見極めるには熟練を要する。これらのことから、栽培イチゴの花芽分化機構の解明を通して花芽分化期を正確に知ることはイチゴ超促成栽培にとって重要であり、より簡便で確実な花芽分化確認方法が求められていることが研究開発当初の背景としてあった。

シロイヌナズナでは、phosphatidylethanolamine binding protein (PEBP) ファミリーに属する *FLOWERING LOCUS T (FT)* と *TERMINAL FLOWER 1 (TFL1)* が、それぞれ花芽分化誘導 (促進) 遺伝子、花芽分化抑制遺伝子として知られている。日長を感知する葉で合成されたフロリゲンである FT タンパク質は、篩管を通り茎頂に輸送され、核内へ移行して bZIP 型転写因子である Flowering Locus D (FD) タンパク質と複合体を形成する。複合体は花器官形成遺伝子である *APETALA1 (API)* のプロモーターへと結合し、*API* の発現を促進することで花芽分化を誘導する。また、イネにおける FT ホモログである *Hd3a* では、合成された *Hd3a* は 14-3-3 を介して *OsFD* と結合する。一方、*TFL1* は茎頂で発現しており、FT と競合して FD と結合することにより *API* の発現を抑制して花芽分化を抑制する。

研究開発当初、我々は栽培イチゴ 'とちおとめ' 葉より 1 種類の *FLOWERING LOCUS T (FT)* 遺伝子、クラウン部より 3 種類の *TERMINAL FLOWER 1 (TFL1)* 遺伝子の単離に成功し、それぞれ、*FaFT1*、*FaTFL1-1*、*FaTFL2*、*FaTFL3* と命名していた。また、栽培イチゴの花芽分化誘導には、単離遺伝子群中の花芽分化抑制に関わる *FaTFL2* の発現抑制が重要であることを明らかにしていた。具体的には、*FaTFL2* は短日低温処理 30 日目の花芽誘導時に、当初の 1/5 から 1/7 程度にまで有意に発現が低下し、その後 *API* 遺伝子の発現が上昇することを見出していた (Nakajima et al., 2014)。また、栽培イチゴ '章姫' においても *FaTFL2* の発現パターンと花芽分化に負の相関を見出していた (未発表データ)。野生イチゴにおいては *TFL1* 遺伝子の発現抑制が花芽分化に重要であるとの報告がなされていたが、(Koskela et al., 2012)、栽培イチゴは 2 倍体の野生イチゴと異なり 8 倍体であることから、野生イチゴと異なる *TFL2* のみが 'とちおとめ' 以外の栽培イチゴにも当てはまる栽培イチゴ普遍的な花芽抑制因子であるのか、それとも更なる抑制因子が存在するのかなどに関しては全く未知の状態にあった。一方、花芽誘導 (促進) 因子については、野生および栽培イチゴのデータベース (Strawberry Genome And Resource Database Entry/<http://strawberry-garden.kazusa.or.jp>) 上には 3 種類の FT ホモログ (*FaFT1*、*FaFT2*、*FaFT3*) が確認されていたが、当初、栽培イチゴ 'とちおとめ' のクラウン cDNA からは *FaFT1* のみが単離されていた。また、*FaFT1* は花芽誘導の起こらない長日高温条件下で恒常的に発現しており、花芽分化を引き起こす短日低温条件下に移行すると発現が消失することから、花芽分化誘導機能を持たないと考えられていた (Nakajima et al., 2014)。その後、他の研究グループにより、栽培イチゴ '女峰' において *FaFT3* の発現パターンと花芽分化時期に正の相関が見られ、*FaFT3* が花芽分化誘導に関与する可能性が示された (Nakano et al., 2015)。以上のように栽培イチゴの花芽分化に関与する遺伝子群の一部については明らかにされつつあったが、花芽分化の分子機構の多くは不明のまま残されていた。

2. 研究の目的

栽培イチゴの花芽分化誘導機構を解明して超促成栽培に応用すること、栽培イチゴのランナーによる苗増殖機構の一端を明らかにすることを本研究の目的とした。

前述のように、栽培イチゴ 'とちおとめ' では花芽分化を負に制御する *TFL2* の発現低下が花芽分化に先行して起こることを見出したが、野生イチゴで見られる *TFL1* の発現低下は栽培イチゴで

は見られず、栽培イチゴでは恒常的に発現していた。また、研究開始当初に、前述のように花芽分化を正に制御する、すなわち誘導する因子として栽培イチゴ‘女峰’から *FaFT3* 遺伝子が報告された。そこで本課題では、栽培イチゴ‘とちおとめ’クラウン部位における *TFL1* の日別発現解析、機能解析、発現部位解析に基づき、*TFL1* が栽培イチゴ花芽分化に関与しているかを再解析することとした。まずは、クラウン頂部を用いた日別発現解析を行い、次にシロイヌナズナへ遺伝子導入した *FaTFL1-1* 過剰発現体を用いた機能解析を実施することとした。以上の解析から *FaTFL1-1* が花芽分化抑制機能を持つことが示された時には、クラウン内の詳細な発現部位を特定することとした。以前、栽培イチゴではクラウン部位での *TFL1* の発現低下が見られなかったが、その理由として、例えば、花芽分化するクラウン先端部では花芽分化時に発現低下するものの、クラウン基部もしくは脇芽では低下せず、そのためクラウン全体での発現低下が見られなかったことなどが考えられる。次に、栽培イチゴ‘とちおとめ’における花芽分化誘導（促進）因子を特定し、因子間の相互作用に繋がるデータを得ることを目的とした。イネ、シロイヌナズナを始めとする高等植物では、PEBP ファミリーに属する *FT*、*TFL* は、ともに bZIP 型転写因子である FD タンパク質と 14-3-3 タンパク質を介して複合体を形成し、花芽分化誘導 (*FT*:14-3-3:FD 複合体) もしくは抑制 (*TFL*:14-3-3:FD 複合体) を引き起こすことが明らかにされている。栽培イチゴ‘章姫’の FD は、構造解析結果から 14-3-3 と結合しない可能性が示唆されたことから(未発表データ)、栽培イチゴでは 14-3-3 を介さずに FD が直接 *FT*、*TFL* 等と相互作用している可能性がある。この点に関しては、シロイヌナズナの *FT* が 14-3-3 を介さずに *BRC1* と結合し、側芽発生を抑制している例が知られている。そこで、栽培イチゴ‘とちおとめ’より *FD*、*FaFT3* を単離して日別発現解析、機能解析を行い、*FD*、*FaFT3* が栽培イチゴにおける普遍的な花芽分化誘導（促進）因子であるか明らかにするとともに *in situ* ハイブリダイゼーション法により、両者の発現部位を特定して相互作用の有無に繋がるデータを得ることとした。花芽分化時に発現が誘導もしくは抑制される遺伝子群について、クラウン茎頂部を用いた RNA-seq によるトランスクリプトーム解析により同定し、同定した遺伝子を指標とした花芽分化時期特定法を確立することを目的とした。*FT* 遺伝子のランナー発生への関与を明らかにすることを目的とした。

3. 研究の方法

栽培イチゴ‘とちおとめ’、‘章姫’を用い、下記 4 項目について後述の方法を用いて実施した。栽培イチゴにおける *TFL1* (*TFL1-1*) のクラウン内での発現部位の特定と日別発現解析、シロイヌナズナへの遺伝子導入による機能解析。栽培イチゴ‘とちおとめ’における新奇花芽分化誘導因子を特定して構造発現解析を行うとともに、FD との因子間の相互作用解明。栽培イチゴのクラウン茎頂部より花芽分化と連動して発現変動する遺伝子群の単離、この遺伝子を指標とした花芽分化時期特定法の確立。*FT* 遺伝子のランナー発生への関与。

栽培イチゴにおける *TFL1-1* の発現部位、日別発現解析、機能解析；栽培イチゴ苗‘とちおとめ’もしくは‘章姫’について、短日低温処理開始 0 日目から 35 日目まで 5 日毎に経時的にサンプリングし、クラウン茎頂部の *TFL1-1*、*AP1* (花芽誘導時に発現する遺伝子) 発現解析をリアルタイム PCR 法により行う。このときレーザーキャプチャーマイクロダイゼクション (LCM) 法を用いてクラウン部内の発現部位を厳密に特定する。また、*TFL1-1* と *TFL2* の機能的な差異を明らかにするために、カリフラワーモザイクウイルス 35S RNA プロモーターに連結した 35S::*FaTFL1-1* を、シロイヌナズナ *tfl* 変異体に導入し機能解析を行なう。

栽培イチゴの新奇花芽分化誘導因子の特定と因子間の相互作用；栽培イチゴ‘とちおとめ’クラウン茎頂部より *FaFT3* の cDNA を単離して全遺伝子構造を明らかにするとともに、短日低温処理開始 0 日目から 35 日目まで 5 日毎に経時的にサンプリングしたクラウン茎頂部を用いて *FaFT3*、*AP1* 発現解析をリアルタイム PCR 法により行う。また、*FT*、*TFL* と相互作用する可能性の高い FD について、栽培イチゴ‘とちおとめ’を用いて全遺伝子構造を解明するとともに、*in situ* ハイブリダイゼーション法により *FaFT3* と *FD* の発現部位を特定し両因子の相互作用の有無に繋がるデータを得る。

花芽分化時期特定法の確立；の経時的にサンプリングした栽培イチゴ‘とちおとめ’苗について、短日夜冷処理 20~25 日目の花芽未分化状態と 30~35 日目の花芽分化初期状態のクラウン茎頂部を LCM 法にて取り出し、RNA-seq によるトランスクリプトーム解析を行う。具体的には、RNA-seq により得られた配列を前処理後、アセンブルを行い unigene をクエリーに米国国立生物工学情報センター (NCBI) の非冗長タンパク質データベース (nr) ならびにシロイヌナズナのタンパク質データベース (TAIR10) に対して BLASTX 検索を行う。その後、デジタル発現解析により花芽分化初期特異的に発現変動する遺伝子群を見出すとともに、リアルタイム PCR 法による発現解析により発現変動パターンを確認する。

FT 遺伝子のランナー発生への関与；*FaFT1* は栽培イチゴ‘とちおとめ’において、栄養成長期に高発現していることを突き止めており、前述のように予備的に 35S::*FaFT* をシロイヌナズナに導入したところ、開花促進は見られず異所的な栄養成長が見られた。そこで、再度本実験を繰り返すことにより再現性を確認するとともに、イチゴ等にも遺伝子

導入し同様の形質が見られるか調べる。また、*FaFT1* タンパク質のイチゴランナー形成への関わりを明らかにするために、親株と子株がランナーで繋がった植物を育成し、子株に短日処理を施して FT 発現を抑えた後、親株からの FT タンパク質供給による子株からのランナー形成の有無を確認する。

4. 研究成果

栽培イチゴにおける *TFL1-1* の発現部位、日別発現解析、機能解析；栽培イチゴ苗‘とちおとめ’に、7 月上旬から 8 月中旬にかけて、花芽分化誘導のための短日低温処理を施した。処理開始 0 日目から 35 日目まで 5 日ごとに経時的にサンプリングし、クラウン頂部の *TFL1-1*、*AP1* 遺伝子の発現解析をリアルタイム PCR 法により行ったところ、*TFL1-1* が花芽分化と連動して発現低下したことから、栽培イチゴの花芽分化抑制因子であることが示唆された。このことは、カリフラワーモザイクウイルス 35S RNA プロモーターに連結した 35S::*FaTFL1-1* をシロイヌナズナの *tfl1* 変異体に導入した個体の表現型（花成遅延）からも支持された。

栽培イチゴの新奇花芽分化誘導因子の特定と因子間の相互作用；栽培イチゴ‘とちおとめ’クラウン茎頂部より花芽分化誘導候補遺伝子 *FaFT3* を単離した。*FaFT3* は、花芽分化誘導機能に必須とされるアミノ酸（87 番目のチロシン残基と 142 番目のグルタミン残基）を有していた。

単離した *FaFT3* を、カリフラワーモザイクウイルス 35S プロモーター制御下（35S::*FaFT3*）でシロイヌナズナに導入した *FaFT3* 過剰発現体を作成して機能解析を行った。T2 世代で *FaFT3* の導入が確認された 3 系統 11 個体を得るとともに、導入が確認されなかった個体を分離 WT とした。シロイヌナズナ（Col-0）野生型（WT）、分離 WT、*FaFT3* 過剰発現体を長日条件で栽培し、抽苔時のロゼット葉の枚数を調べたところ、WT、分離 WT ではそれぞれ 9.8 ± 0.4 、 9.9 ± 0.2 であるのに対し、*FaFT3* 過剰発現体 3 系統ではそれぞれ 7.1 ± 0.1 、 6 ± 0.0 、 7.7 ± 0.3 であり、WT と比較してロゼット葉の枚数が有意に減少しており、早期開花性が見られた。また、形質転換処理個体から得られた分離 WT と野生型（Col-0）との間にロゼット葉数に有意な違いがなかったことから、*FaFT3* 過剰発現体の早期開花性は形質転換処理の影響によるものではなく、*FaFT3* の発現による影響であることが示された。以上より、*FaFT3* はシロイヌナズナにおいて花芽分化誘導機能をもつことが示された。

一方、同時に単離した *FaFD* については、特徴的なロイシンジッパーモチーフを有していたが、興味深いことに 14-3-3 を介した FT との相互作用に必須な SAP モチーフが存在しなかった。単離した *FaFT3*、*FaFD* 遺伝子について *TFL1-1*、*AP1* 遺伝子と同様のリアルタイム PCR による日別発現解析を行ったところ、*FaFT3* はクラウン茎頂の頂端部特異的に花芽分化と正の相関が見られ、一方、*FaFD* は恒常的に発現していた。両者の発現部位の特定を *in situ* ハイブリダイゼーション法により実施したが、発現部位の詳細な特定には至らなかった。

栽培イチゴ‘女峰’の花芽分化に関わる *FaFT3* 遺伝子が、栽培イチゴ‘とちおとめ’において花芽分化と連動して発現上昇したこと、また、シロイヌナズナの本遺伝子過剰発現体が早期開花性を示したことから、*FaFT3* は栽培イチゴにおける普遍的な花芽分化誘導（促進）因子であることが強く示唆された。

花芽分化時期特定法の確立；栽培イチゴ苗‘とちおとめ’について、短日夜冷（低温）処理 25 日目（S25_0）の花芽未分化状態、41 日目（S41_A）の花芽分化状態、比較対象として長日高温処理 25 日目（L25_0）、41 日目（L41_0）の花芽未分化状態のクラウン茎頂部をレーザーキャプチャーマイクロダイゼクション法にて取り出し、RNA-seq. によるトランスクリプトーム解析を行った。花芽分化個体の茎頂において、未分化個体の茎頂より 4 倍以上高く発現している遺伝子群（S41_A/S25_0 4, S41_A/L41_0 4）から、栄養成長ならびに環境応答（L41_0/L25_0 4, S25_0/L25_0 4）に関わる遺伝子群を除き、最終的に得られた 62 遺伝子について NCBI NR データベースを用いてアノテーション付けを行った。その後、TAIR のデータベースによってシロイヌナズナにおけるアノテーションが付けられた 37 遺伝子について GO 解析を行った結果、花芽分化誘導に関わる *FT*、*LFY*、*AGL8* (*FUL*) や花器官分化に関わる *AP1*、*SEP2*、*SEP4* などがエンリッチされていることが確認された。これら遺伝子の中で、*FaFT3*、*FaAP1* は RNA-seq. サンプルの cDNA を用いたリアルタイム PCR による発現解析からも、花芽分化期サンプル特異的に高発現しており花芽未分化期のサンプルでは発現が見られないことが確認された。*FaFT3* は *FaAP1* に先駆けて花芽分化誘導時に発現してくるため、今後は、*FaFT3* 遺伝子を指標とした花芽分化時期特定法を実用化が期待される。

FT 遺伝子のランナー発生への関与；これまでの研究から、*FaFT1* 遺伝子については、発現パターンから花芽分化と関連せず、ランナー形成への関与が示唆されていた。本研究

では、*35S::FaFT1* 導入シロイヌナズナが花芽分化促進ではなくエアリアルロゼット様を形成する表現型を示すことを再確認した。また、親株と子株がランナーで繋がった植物を育成し、子株のみに短日処理を施したところ、子株から花芽ではなくランナー発生する個体が見られ、親株からの FaFT1 タンパク質供給の可能性が示された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 SHOGO Matsumoto, LI Tianzhong, SHUNGO Otagaki, LI Yang, BAI Songling	4. 巻 4
2. 論文標題 Efficient Breeding and Cultivation of Type 2 Red-fleshed Apple Cultivars Using a Search System for Suitable Apple Cultivar Combination	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Horticultural Plant Journal	6. 最初と最後の頁 219 ~ 225
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.hpj.2018.06.002	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 Sato H., Otagaki S., Ono Y., Shiratake K., Matsumoto S.	4. 巻 94
2. 論文標題 Upregulation of MdMYB110a is responsible for ABA-mediated colouration of type 2 red-fleshed apples	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The Journal of Horticultural Science and Biotechnology	6. 最初と最後の頁 33 ~ 40
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/14620316.2018.1452638	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 N. Nakamura, H. Hirakawa, S. Sato, S. Otagaki, S. Matsumoto, S. Tabata, Y. Tanaka	4. 巻 1232
2. 論文標題 Identification of the genes that regulate ornamental characters using the Rosa multiflora genome database (https://rosa.kazusa.or.jp/)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Acta Hort.	6. 最初と最後の頁 111-118
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 K. Koembuoy, R. Nakajima, S. Otagaki, T. Kurokura, H. Takahashi, M. Nakazono, K. Shiratake and S. Matsumoto	4. 巻 1156
2. 論文標題 Functional analyses of cultivated strawberry FT and TFL1 homologs	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Acta Horticulturae	6. 最初と最後の頁 95 - 102
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) DOI 10.17660/ActaHortic.2017.1156.13	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 H. Sato, S. Otagaki, P. Saelai, S. Kondo, K. Shiratake, S. Matsumoto	4. 巻 219
2. 論文標題 Varietal differences in phenolic compounds metabolism of type 2 red-fleshed apples.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Scientia Horticulturae	6. 最初と最後の頁 1-9
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2017.02.041	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 -

〔学会発表〕 計9件 (うち招待講演 2件 / うち国際学会 2件)

1. 発表者名 松本省吾
2. 発表標題 How to change the useful traits of horticultural crops by genome editing based on molecular physiology of type 2 red-fleshed apple coloring
3. 学会等名 Japan Society for Promoting Science Bilateral Joint Research Program (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 二宮 佳奈, 浅野 裕己, Endang Semiarti, Aziz Purwanto, Jaka Widada, Aries Bagus Sasongko, Muhammad Dylan Lawrie, Windi Mose, 松本 省吾, 吉岡 泰
2. 発表標題 CRISPR/Cas9システムを用いたファレノプシス属のゲノム編集
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 長和宏、太田垣駿吾、落合正樹、磯部祥子、河村耕史、松本省吾
2. 発表標題 バラのトゲ形成に関わる候補遺伝子の探索
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 松本省吾・前島勤・小松宏光・大川敏生・白武勝裕・太田垣駿吾
2. 発表標題 リンゴ交配品種組み合わせ検索システムを利用したII型赤果肉リンゴの効率的育種
3. 学会等名 園芸学会平成30年度秋季大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 坂本亮介, 津川真輝, 落合正樹, 太田垣駿吾, 山田邦夫, 松本省吾, 河村耕史
2. 発表標題 ノイバラの自家不和合性を制御すSRNase遺伝子の探索と配列解析
3. 学会等名 園芸学会平成31年度春季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 K. Koembuoy, S. Otagaki, S. Nagano, S. Isobe, K. Shiratake and S. Matsumoto
2. 発表標題 Expression and functional analyses of FaTFL1-1/FaFT1 in cultivated strawberry.
3. 学会等名 園芸学会平成29年度秋季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 長谷川史織、太田垣駿吾、永野聡一郎、磯部祥子、白武勝裕、松本省吾
2. 発表標題 栽培イチゴFaFT3の発現、機能解析
3. 学会等名 園芸学会平成29年度秋季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Shogo Matsumoto
2. 発表標題 Functional analyses of FaFT1 and FaTFL1 in cultivated strawberry
3. 学会等名 8th International Strawberry symposium (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Shogo Matsumoto
2. 発表標題 Apple breeding and cultivation based on S-RNase allele information
3. 学会等名 1st International Apple Symposium (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2016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	太田垣 駿吾 (OTAGAKI SHUNGO) (50597789)	名古屋大学・生命農学研究科・講師 (13901)	