

令和 5 年 6 月 4 日現在

機関番号：14501

研究種目：国際共同研究加速基金（国際共同研究強化）

研究期間：2017～2022

課題番号：16KK0171

研究課題名（和文）ハクサイ一代雑種品種におけるエピゲノム解析（国際共同研究強化）

研究課題名（英文）Epigenome analysis in the commercial F1 hybrid cultivar in Chinese cabbage  
(Fostering Joint International Research)

研究代表者

藤本 龍 (Fujimoto, Ryo)

神戸大学・農学研究科・准教授

研究者番号：60620375

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 10,800,000円

渡航期間： 5ヶ月

研究成果の概要（和文）：ハクサイの雑種強勢の分子機構の解明を目指してエピゲノム解析を行った。全ゲノムDNAメチル化解析により、遺伝子の upstream と downstream 200bp に DNAメチル化が見られると発現レベルが低くなることを明らかにした。転写抑制型のヒストン修飾である H3K27me3 は組織特異的な遺伝子発現制御に重要な役割を担う可能性が示された。転写活性型のヒストン修飾である H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子は発現レベルが高くなる傾向が見られた。また、転写活性型の H3K4me3 と転写抑制型の H3K27me3 の両方の修飾を有する遺伝子を同定した。F1 のヒストン修飾レベルはどちらか一方の親と近い値を示すことを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

Brassica rapa 種において、ヒストン修飾を対象としたエピゲノム解析は実施されていなかった。本研究により B. rapa において、ヒストン修飾が遺伝子発現に果たす役割を明らかにできた。両親系統と F1 の比較解析から、F1 では親のエピゲノム状態が維持されていることを明らかにした。以上より、本成果は学術的な意義があると考えられる。今後、遺伝学的な研究とエピゲノム情報を統合して解析を進めていくことで雑種強勢に重要な遺伝領域を明らかにする計画で、一代雑種育種の省力化に繋がる発展性が期待できることから、本研究の社会的な意義は大きいと考える。

研究成果の概要（英文）：Epigenome analysis was performed to elucidate the molecular mechanisms of hybrid vigor in Chinese cabbage. Whole genome DNA methylation analysis revealed that DNA methylation in the upstream and downstream 200 bp of the gene was negatively associated with expression level. The repressive histone mark, H3K27me3, was shown to potentially play an important role in the regulation of tissue-specific gene expression. Genes with active histone modifications, H3K4me3 or H3K36me3, tended to have a higher expression level. We also identified genes having both the active H3K4me3 and repressive H3K27me3 modifications. We showed that histone modification levels in F1 were close to those of either parent.

研究分野：園芸学

キーワード：ヘテロシス エピジェネティクス トランスクリプトーム アブラナ科

1. 研究開始当初の背景

動植物では、同一種内のある組合せの両親系統間の交雑によって得られた雑種第一代 (F<sub>1</sub>) 個体が、両親の特性よりも優れた形質を示す雑種強勢 (ヘテロシス) という現象が知られている。雑種強勢は、農作物の育種改良 (高収量性等) において重要な遺伝現象であり、数多くの農作物において、一代雑種品種が育成されている。植物の雑種強勢研究はシロイヌナズナ、イネ、トウモロコシ、トマト等で、QTL 解析、転写解析、エピゲノム解析、メタボローム解析等が行われている。しかし、どの植物種においても、完全に雑種強勢の分子機構を説明するには至っていないかった。

2. 研究の目的

本研究課題では、アブラナ科野菜であるハクサイ (*Brassica rapa* L. var. *pekinensis*) を用いて、QTL 解析による遺伝学的な解析から、雑種強勢や収量性に関わる領域あるいは遺伝子の同定を試みる。また、ゲノム全体でのエピジェネティックな修飾状態を調べるエピゲノム解析を行い、両親系統と F<sub>1</sub> のエピゲノムの違いが発現或は形質 (雑種強勢) に及ぼす影響を明らかにする。これら、遺伝学的解析、エピゲノム解析、及び、既に解析を済ませている RNA-sequencing (RNA-seq) による転写解析の結果を統合することで、雑種強勢の分子機構を解明することを目的とした。

3. 研究の方法

本研究では、エピジェネティックな修飾が変化するゲノム領域の同定を中心的に実施した。エピジェネティックな修飾のうち、ヒストンのメチル化と DNA のメチル化に着目した。

ヒストンのメチル化については、それぞれのヒストン修飾を認識する抗体 (H3K4me3、H3K9me2、H3K27me3、H3K36me3) を用いて、免疫沈降法により回収した DNA を抽出した (ChIP)。抽出した DNA を次世代シーケンサー (Illumina HiSeq) を用いて、塩基配列を決定した。決定した塩基配列を参照ゲノム配列に割り当て、ゲノム全体でのヒストンのメチル化状態について明らかにした。ヒストンのメチル化を有する遺伝子の同定は MACS (Model-based analysis of ChIP-Seq) を用いた。

DNA のメチル化については、メチル化シトシンを認識する抗体を用いる MeDIP-seq と Bisulfite 処理をした DNA 断片を直接シーケンスする WGBS を実施した。

全てのエピジェネティックな修飾について、上記の方法を両親系統と F<sub>1</sub> で実施し、3 系統間でヒストンのメチル化状態及び DNA メチル化状態が異なる領域を同定した。

4. 研究成果

(1) ハクサイにおける全ゲノムメチル化解析

ハクサイの近交系 RJKB-T24 を用いて、WGBS を行った。WGBS の結果、ゲノム全体での CG、CHG、CHH サイト (H は A、T、C) のメチル化レベルはそれぞれ、36.5%、13.4%、5.2% であった (Fig. 1)。トランスポゾンや反復配列を含む interspersed repeat regions (IRRs) 領域内の CG、CHG、CHH サイトのメチル化レベルはそれぞれ、73.7%、33.8%、13.0% となり、IRRs 領域の DNA メチル化レベルが非常に高いことが明らかとなった (Fig. 1)。Small RNA-seq で得られたシーケンサーから、24 塩基長の small RNA (24nt-sRNA) に着目し、24nt-sRNA cluster 領域を同定した。24nt-sRNA クラスター領域内での CG、CHG、CHH サイトのメチル化レベルはそれぞれ、87.7%、51.4%、21.6% と非常に高く (Fig. 1)、24nt-sRNA クラスター領域が IRRs 領域と重なっていても重なっていなくても高いメチル化レベルが見られた (Fig. 1)。

このことから、24nt-sRNA と DNA のメチル化の間には強い関連性が示唆された。次に、遺伝子領域の DNA メチル化レベルと発現量との関連性を調べたところ、特に、エクソンやイントロン領域の CHG 配列と CHH 配列のメチル化レベルと遺伝子の発現量には負の相関が見られた。また、gene body methylation について、ハクサイとシロイヌナズナとのオーソログ遺伝子間や、ハクサイのパラログ遺伝子間で比較した結果、両方で正の相関が見られたことから、gene body methylation は種間やパラログ間において保存されていることが明らかとなった。

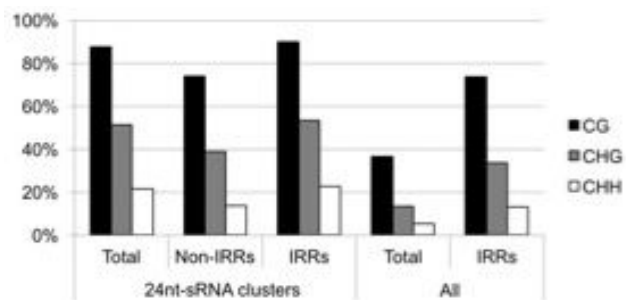


Fig.1. Average of DNA methylation levels in the regions covering 24nt-sRNA clusters. 'All' represents the average of DNA methylation levels in all regions of the genome. IRR, interspersed repeats regions.

(2) ヒストン H3K27me3 によるパラログ間の機能分化

ハクサイ近交系 RJKB-T23 と RJKB-T24 を植物材料に用いて、H3K27me3 の抗体を用いた ChIP-seq を行った (HiSeq2000、36 bp シングルエンド)。H3K27me3 を有する遺伝子は系統間で高く保存されており、およそ 25% の遺伝子が H3K27me3 の修飾を有していた。トランスポゾンや反復配列を含む interspersed repeat regions (IRRs) では H3K27me3 の修飾はあまり見られなかった。H3K27me3 を有する遺伝子の発現量は低くなる傾向が見られた。また、H3K27me3 は、組織特異性が高い遺伝子に見られる傾向があった。*B. rapa* は、ゲノムの 3 倍体化が起こっていることから、パラログ間の H3K27me3 の修飾状態と遺伝子発現との関連性を調べた。その結果、H3K27me3 を有する遺伝子は、有していない遺伝子よりも発現レベルが低くなる傾向が見られた (Fig. 2)。このことから、H3K27me3 がパラログ間の遺伝子発現量の多様性に関わっている可能性が示唆された。

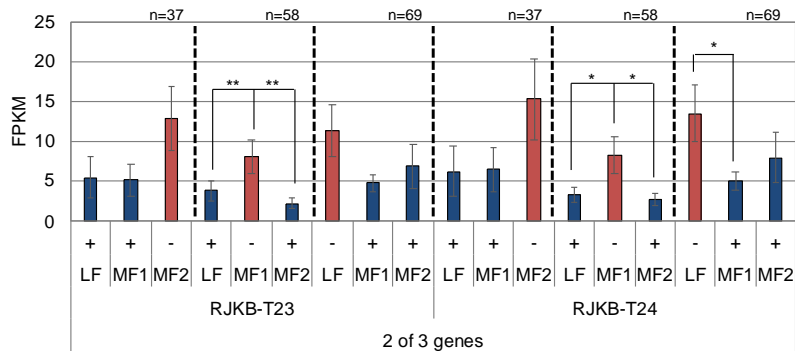


Fig.2. Comparison of the expression level (FPKM) between paralogous pairs with and without H3K27me3. Values are means  $\pm$  standard error (s.e.) of FPKM. + and - represent presence and absence of H3K27me3, respectively. \*,  $p < 0.05$ ; \*\*,  $p < 0.01$  (Student t-test)

(3) *Brassica rapa* における H3K4me3 と H3K36me3 の遺伝子発現における役割

ハクサイ近交系 RJKB-T23 (T23) と RJKB-T24 (T24) 及びその F<sub>1</sub> を用いて、H3K4me3 と H3K36me3 を有するゲノム領域を調べ、H3K4me3/H3K36me3 と遺伝子発現との関係性について解析した。ChIP-seq 解析から、T23 では、H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子はそれぞれ 18,475 と 13,395 見出された。T24 では、H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子はそれぞれ 19,208 と 13,771 見出され、F<sub>1</sub> では H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子はそれぞれ 19,378 と 12,693 見出された。T23 と T24 の両系統で共通して H3K4me3 を有する遺伝子 (16,759) と H3K36me3 を有する遺伝子 (11,844) の転写量 (FPKM 値) の平均値は、全遺伝子の転写量の平均値と比べて有意に高く、H3K36me3 を有する遺伝子が最も高い値を示した (図 3)。遺伝子転写量の組織特異性を示す T-value を指標に、H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子の転写レベルの組織特異性を調べたところ、H3K4me3 と H3K36me3 を有する遺伝子は両方とも、組織間で転写量が変化しにくい、つまり恒常的な転写量を示す傾向にあることが明らかになった。次に、H3K4me3 と H3K36me3 レベルが T23 と T24 で異なる遺伝子を同定したところ、それぞれ 1,836 と 2,452 遺伝子が見出された。H3K4me3 レベルが系統間で異なる遺伝子のおよそ 30% で、遺伝子転写量の系統間差と H3K4me3 レベルの系統間差に正の相関が見られた。H3K36me3 レベルが系統間で異なる遺伝子のおよそ 37% で、遺伝子転写量の系統間差と H3K36me3 レベルの系統間差に正の相関が見られた。F<sub>1</sub> と両親系統で H3K4me3/H3K36me3 レベルが異なる遺伝子の大半は、両親系統間でも H3K4me3/H3K36me3 レベルが異なり、95% 以上の遺伝子が、High parent (ヒストン修飾レベルが高い方の親系統と同レベル) を示すことが明らかとなった。以上より、系統間で転写量が異なる遺伝子の中には、H3K4me3/H3K36me3 レベルの差が関与しているものが存在し、F<sub>1</sub> では両親系統のヒストン修飾状態が維持されている可能性が示唆された。

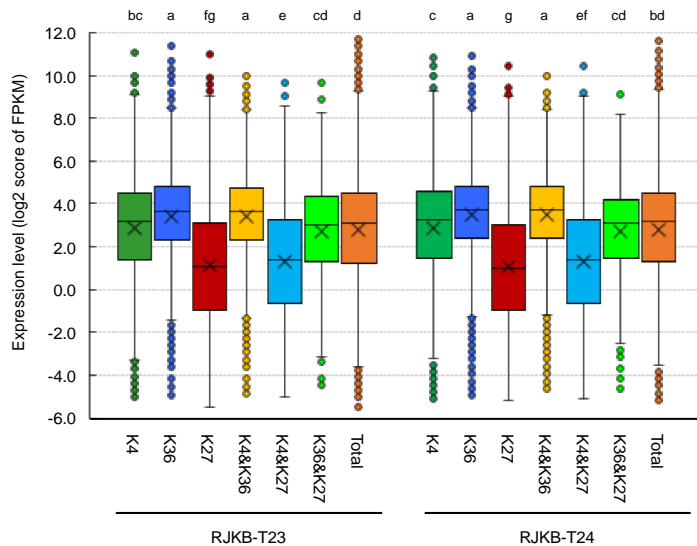


Fig.3. Box plots of the gene expression levels of log<sub>2</sub> score of FPKM with H3K4me3 (K4), H3K36me3 (K36), and H3K27me3 (K27) in genic regions of RJKB-T23 and RJKB-T24. ' & ' represents genes having two different histone marks. 'Total' indicates the log<sub>2</sub> score of FPKM in all genes (FPKM < 0.01). FPKM; Fragments per kilobase of transcript per million mapped reads. Different letters indicate significant difference (Tukey's HSD test,  $p < 0.05$ ).

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件／うち国際共著 11件／うちオープンアクセス 9件）

1. 著者名 Hasan Mehraj, Satoshi Takahashi, Naomi Miyaji, Ayasha Akter, Yutaka Suzuki, Motoaki Seki, Elizabeth S. Dennis, Ryo Fujimoto	4. 巻 12
2. 論文標題 Characterization of Histone H3 Lysine 4 and 36 Tri-methylation in Brassica rapa L.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Plant Science	6. 最初と最後の頁 659634
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3389/fpls.2021.659634	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Mehraj Hasan, Shea Daniel J., Takahashi Satoshi, Miyaji Naomi, Akter Ayasha, Seki Motoaki, Dennis Elizabeth S., Fujimoto Ryo, Osabe Kenji	4. 巻 16
2. 論文標題 Genome-wide analysis of long noncoding RNAs, 24-nt siRNAs, DNA methylation and H3K27me3 marks in Brassica rapa	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0242530
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1371/journal.pone.0242530	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Mehraj H, Kawanabe T, Shimizu M, Miyaji N, Akter A, Dennis ES, Fujimoto R	4. 巻 9
2. 論文標題 In Arabidopsis thaliana Heterosis Level Varies among Individuals in an F1 Hybrid Population.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Plants (Basel)	6. 最初と最後の頁 E414
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/plants9040414.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Akter A, Takahashi S, Deng W, Shea DJ, Itabashi E, Shimizu M, Miyaji N, Osabe K, Nishida N, Suzuki Y, Helliwell CA, Seki M, Peacock WJ, Dennis ES, Fujimoto R.	4. 巻 26
2. 論文標題 The histone modification H3 lysine 27 tri-methylation has conserved gene regulatory roles in the triplicated genome of Brassica rapa L.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 433-443
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/dnares/dsz021.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Shea DJ, Shimizu M, Itabashi E, Miyaji N, Miyazaki J, Osabe K, Kaji M, Okazaki K, Fujimoto R.	4. 巻 68
2. 論文標題 Genome re-sequencing, SNP analysis, and genetic mapping of the parental lines of a commercial F1 hybrid cultivar of Chinese cabbage	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 375-380
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.17124	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Takahashi S, Osabe K, Fukushima N, Takuno S, Miyaji N, Shimizu M, Takasaki-Yasuda T, Suzuki Y, Dennis ES, Seki M, Fujimoto R.	4. 巻 25
2. 論文標題 Genome-wide characterization of DNA methylation, small RNA expression, and histone H3 lysine nine di-methylation in Brassica rapa L.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 511-520
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsy021	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Fujimoto R, Uezono K, Ishikura S, Osabe K, Peacock WJ, Dennis ES.	4. 巻 68
2. 論文標題 Recent research on the mechanism of heterosis is important for crop and vegetable breeding systems.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 145-158
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.17155	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Miyaji N, Fujimoto R	4. 巻 88
2. 論文標題 Hybrid Vigor: Importance of Epigenetic Processes and Consequences for Breeding	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Advances in Botanical Research	6. 最初と最後の頁 247-275
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/bs.abr.2018.10.001	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 Shiraki Saaya, Fujiwara Kazumasa, Kamiya Yoshiki, Akter Mst. Arjina, Dennis Elizabeth S., Fujimoto Ryo, Mehraj Hasan	4. 巻 9
2. 論文標題 Studies on the Molecular Basis of Heterosis in Arabidopsis thaliana and Vegetable Crops	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Horticulturae	6. 最初と最後の頁 366 ~ 366
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/horticulturae9030366	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Shiraki S., Kamiya Y., Mehraj H., Takahashi S., Seki M., Dennis E.S., Fujimoto R.	4. 巻 1362
2. 論文標題 The role of histone modification in gene expression in Brassica rapa vegetables	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Acta Horticulturae	6. 最初と最後の頁 107 ~ 112
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.17660/ActaHortic.2023.1362.15	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 該当する

1. 著者名 Kamiya Y., Shiraki S., Mehraj H., Akter M.A., Takahashi S., Seki M., Dennis E.S., Osabe K., Fujimoto R.	4. 巻 1362
2. 論文標題 The role of epigenetic modifications in the transcriptional regulation of long noncoding RNAs in Brassica rapa vegetables	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Acta Horticulturae	6. 最初と最後の頁 65 ~ 70
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.17660/ActaHortic.2023.1362.10	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 該当する

1. 著者名 Tonosaki Kaoru, Fujimoto Ryo, Dennis Elizabeth S., Raboy Victor, Osabe Kenji	4. 巻 13
2. 論文標題 Will epigenetics be a key player in crop breeding?	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Frontiers in Plant Science	6. 最初と最後の頁 958350
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fpls.2022.958350	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計28件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 14件）

1. 発表者名 Hasan Mehraj, Satoshi Takahashi, Yutaka Suzuki, Motoaki Seki, Elizabeth S. Dennis, Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Characterization of Histone H3 Lysine 4 and 36 Tri-methylation in Brassica rapa L.
3. 学会等名 2021 Australian Brassica Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hasan Mehraj, Satoshi Takahashi, Naomi Miyaji, Motoaki Seki, Elizabeth S Dennis, Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Comparative paralog histone modification states following whole genome triplication in Brassica rapa L.
3. 学会等名 2021 Cold Spring Harbor meeting: Plant Genomes, Systems Biology and Engineering (Virtual) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山下萌, 安田(高崎)剛志, 藤本龍
2. 発表標題 DNAメチル化転移酵素によるシロイヌナズナの雑種強勢制御機構
3. 学会等名 日本育種学会 第138回講演会
4. 発表年 2020年～2021年

1. 発表者名 村上照実, 安田(高崎)剛志, 藤本龍
2. 発表標題 シロイヌナズナにおけるヒストン脱アセチル化酵素HDA6が雑種強勢に及ぼす影響
3. 学会等名 日本育種学会 第138回講演会
4. 発表年 2020年～2021年

1. 発表者名 メエラジ ハサン, 松尾康大, 安田剛志, 藤本龍
2. 発表標題 Comparison of the Transcriptome profile between F1 hybrid cultivar and its parental lines at two early developmental stages in Chinese cabbage
3. 学会等名 園芸学会令和元年度秋季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西田菜美子, シェア ダニエル, 高橋聡史, 板橋悦子, アクタ アヤシャ, 宮路直実, メエラジ ハサン, 安田剛志, 柿崎智博, 関原明, 岡崎桂一, 藤本龍
2. 発表標題 ハクサイにおける長鎖非コードRNAとエピジェネティクスとの関係性
3. 学会等名 園芸学会令和元年度秋季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 松尾康大, 宮路直実, 安田剛志, 藤本龍
2. 発表標題 トランスクリプトーム解析によるシロイヌナズナDDM1変異雑種における雑種強勢低減の解明について
3. 学会等名 日本育種学会第136回講演会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Hasan Mehraj, Kodai Matsuo, Motoki Shimizu, Takeshi Yasuda, Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Identification of non-additively expressed genes at early developmental stages in an F1 hybrid cultivar of Chinese cabbage
3. 学会等名 2019 KSBB & SABRAO International Conference on Plant Breeding for Sustainable Development (国際学会)
4. 発表年 2019年



1. 発表者名 藤本 龍 ; 高橋 聡史 ; 鈴木 穰 ; 関 原明 ; 安田 剛志
2. 発表標題 ハクサイにおける全ゲノムメチル化解析
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 藤本 龍
2. 発表標題 アブラナ科野菜における雑種強勢研究の動向
3. 学会等名 平成30年度野菜花き課題別研究会 「アブラナ科野菜における育種と栽培の現状と展望」(招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 高橋 聡史 ; 長部 謙二 ; 宮路 直実 ; 鈴木 穰 ; 関 原明 ; 藤本 龍
2. 発表標題 Brassica rapaにおけるメチローム解析
3. 学会等名 日本育種学会第134回講演会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 上園 倅輔 ; シェア ダニエル ; 清水 元樹 ; 板橋 悦子 ; ハサン メエラジ ; 岡崎 桂一 ; 安田 (高崎) 剛志 ; 藤本 龍
2. 発表標題 ハクサイ初期生育期における子葉および本葉サイズ関連遺伝子の探索
3. 学会等名 日本育種学会第134回講演会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ryo Fujimoto ; Ayasha Akter ; Satoshi Takahashi ; Takeshi Takasaki-Yasuda ; Yutaka Suzuki ; Elizabeth S. Dennis ; Motoaki Seki
2. 発表標題 Characterization of epigenetic states in Brassica rapa L.
3. 学会等名 Brassica 2018 ( 国際学会 )
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ryo Fujimoto ; Ayasha Akter ; Satoshi Takahashi ; Namiko Nishida ; Takashi Takasaki-Yasuda ; Yutaka Suzuki ; Motoaki Seki ; Elizabeth S. Dennis
2. 発表標題 Characterization of histone H3 lysine 27 tri-methylation in Brassica rapa L.
3. 学会等名 The 25th International Congress on Sexual Plant Reproduction ( 国際学会 )
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Naomi Miyaji ; Etsuko Itabashi ; Takeshi Takasaki-Yasuda ; W. James Peacock ; Elizabeth S. Dennis ; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 DDM1 has an important function on heterosis in Arabidopsis thaliana
3. 学会等名 The 25th International Congress on Sexual Plant Reproduction ( 国際学会 )
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 アクタ アヤシャ ; 宮路 直実 ; 安田 剛志 ; 藤本 龍
2. 発表標題 Distribution of histone H3 lysine 27 trimethylation in different tissues of Brassica rapa
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 Naomi Miyaji; Sonoko Ishikura; Satoko Takada; Takeshi Takasaki-Yasuda; W. James Peacock; Elizabeth S. Dennis; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 DDM1 is required for a full level of heterosis in Arabidopsis thaliana.
3. 学会等名 Plant Biology 2017 (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 藤原一将軍; 宮路直美; 安田剛志; 藤本龍
2. 発表標題 シロイヌナズナの雑種強勢に関する遺伝領域の同定
3. 学会等名 日本育種学会第142回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Saaya Shiraki; Hasan Mehraj; Satoshi Takahashi; Ayasha Akter; Naomi Miyaji; Motoaki Seki; Elizabeth S. Dennis; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 The role of histone modification in gene expression in Brassica rapa vegetables
3. 学会等名 IHC2022 (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 白木沙彩; Mehraj Hasan; 高橋聡史; 安田剛志; 関原明; 藤本龍
2. 発表標題 ハクサイにおいて活性型ヒストン修飾が遺伝子発現に及ぼす影響
3. 学会等名 園芸学会令和4年度秋季大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 白木沙彩; Mehraj Hasan; 安田剛志; 藤本龍
2. 発表標題 Brassica rapaにおけるH3K4me3とH3K36me3の遺伝子発現における役割
3. 学会等名 園芸学会令和5年度春季大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Kazumasa Fujiwara; Naomi Miyaji; Satoshi Takahashi; Motoki Shimizu; Motoaki Seki; Takeshi Yasuda; Elizabeth S. Dennis; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Identification of the genetic region related to heterosis in Arabidopsis thaliana
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia conference on Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Saaya Shiraki; Kodai Matsuo; Satoshi Takahashi; Motoki Shimizu; Elizabeth S. Dennis; Motoaki Seki; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Change of trimethylation of lysine 27 of histone H3 in the decrease in DNA methylation 1 mutant of Arabidopsis thaliana
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia conference on Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ryo Fujimoto
2. 発表標題 The epigenome analysis in Brassica rapa L.
3. 学会等名 School of Life and Medical Sciences Research Conference (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hasan Mehraj; Satoshi Takahashi; Motoki Shimizu; Takeshi Yasuda; Elizabeth S. Dennis; Motoaki Seki; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 Role of four major histone modifications in regulating heterosis in Chinese cabbage
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia conference on Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ryo Fujimoto; Hasan Mehraj; Satoshi Takahashi; Kazumasa Fujiwara; Naomi Miyaji; Saaya Shiraki; Motoki Shimizu; Motoaki Seki; Elizabeth S. Dennis
2. 発表標題 Genetic and epigenetic approaches for understanding the molecular mechanism of heterosis in Arabidopsis thaliana and Brassica rapa
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia conference on Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Yoshiki Kamiya; Hasan Mehraj; Kodai Matsuo; Motoki Shimizu; Satoshi Takahashi; Motoaki Seki; Takeshi Takasaki; Ryo Fujimoto
2. 発表標題 The relationship between the function of DECREASE IN DNA METHYLATION 1 (DDM1) and the salinity tolerance of Arabidopsis thaliana accessions, Columbia-0 and C24
3. 学会等名 Cold Spring Harbor Asia conference on Integrative Epigenetics in Plants (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 神矢良樹; Mehraj Hasan; 安田剛志; 藤本龍
2. 発表標題 シロイヌナズナの耐塩性における雑種強勢の評価
3. 学会等名 日本育種学会第142回講演会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Honghao Lv, Naomi Miyaji, Kenji Osabe, Ayasha Akter, Hasan Mehraj, Daniel J. Shea and Ryo Fujimoto	4. 発行年 2020年
2. 出版社 Springer	5. 総ページ数 383
3. 書名 Genomic Designing of Climate-Smart Vegetable Crops	

1. 著者名 Yoshiki Kamiya; Saaya Shiraki; Kazumasa Fujiwara; Mst. Arjina Akter; Ayasha Akter; Ryo Fujimoto; Hasan Mehraj	4. 発行年 2023年
2. 出版社 Springer, Singapore	5. 総ページ数 426
3. 書名 Smart Plant Breeding for Vegetable Crop in Post-genomics Era	

〔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
主たる渡航先の主たる海外共同研究者	デニス エリザベス  (Dennis Elizabeth)	オーストラリア連邦科学産業研究機構・Agriculture and Food・Researcher	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------

オーストラリア	CSIRO			
---------	-------	--	--	--