

令和 3 年 6 月 30 日現在

機関番号：12101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K05569

研究課題名(和文) アサガオをモデルとした短日植物の日長による開花誘導機構の解明

研究課題名(英文) Studies of photoperiodic control of flowering in morning glory, a model short day plant

研究代表者

久保山 勉 (Kuboyama, Tsutomu)

茨城大学・農学部・教授

研究者番号：10260506

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究課題では植物が日長が短くなることに応答して花芽分化を誘導する短日植物のアサガオにおいて、日長感応性の鍵となると考えられている遺伝子InCOのスプライシングバリエーションの発現を調査した。また、InCOが限界日長を変化させる因子の1つであり、長日条件において開花の抑制に関与していることが示された。さらに、開花期に関する幾つかの変異体も選抜され、今後の開花調節をするための研究素材が得られた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

短日植物がどのように日長のシグナルを受容して開花誘導を行っているのかという問題は植物学上重要なテーマであるとともに、農作物の作期を人為的に操作するために必要な基礎的な情報であると言える。本研究課題では、短日植物のモデル植物であるアサガオにおいて短日植物の開花調節機構の鍵となる遺伝子InCOの機能解明に取り組んだものである。この知見は、今後、短日条件における開花誘導メカニズムの研究を進める上での基礎的な情報を提供するものである。

研究成果の概要(英文)：Morning glory is a short day plant, which bloom when the night length longer than critical threshold. We studied the function of InCO, which is thought to be a key gene of photoperiodic flowering in morning glory. First, the expression patterns of InCO splicing variants were studied. Second observation of mutants of InCO, which were generated by CRISPR/CAS9 revealed that InCO suppress flowering in long day conditions. In addition, some mutants flowered earlier than wild type were selected from gamma ray irradiated Q63 M2 plants. These mutants will be useful tool for studying photoperiodic flowering.

研究分野：植物育種学

キーワード：短日植物 アサガオ 日長 開花 光周性

1. 研究開始当初の背景

植物が日長に応答して花芽分化を誘導する現象においてはシロイヌナズナの *CONSTANS* (*CO*) 相同遺伝子が中心的な役割を果たしていることが知られている。長日植物のシロイヌナズナでは長日条件で *CO* が花芽分化を誘導する。*CO* タンパク質はジンクフィンガードメインを持つ転写因子で、フロリゲンと考えられている *FLOWERING LOCUST* (*FT*) のプロモーターに結合して *FT* の発現を促進する (Andres, F. and G. Coupland 2012)。一方、短日植物のイネでは *CO* 相同遺伝子の *Hdl* が長日条件と短日条件で機能を転換し、長日条件では花芽分化を抑制し、短日条件では促進することが明らかにされていた (Andres, F. and G. Coupland 2012)。しかし、長日と短日の間でどのようにして *Hdl* の機能的な転換が生じるのかは不明であった。また、一方、シロイヌナズナでは *CO* の転写産物が選択的スプライシングを受け、CCT ドメインと呼ばれる DNA 結合とタンパク質間相互作用に参与するドメインを持つ *FT* の発現を活性化する遺伝子産物 *CO α* と、CCT ドメインを持たない遺伝子産物 *CO β* を作ることで、*CO β* は機能的な *CO α* の働きを阻害して開花の抑制に関わっていることが示されていた (Gil ら 2017)。また、アサガオでは、*CO* 相同遺伝子 *InCO* が単離された (Li ら 2001)。*InCO* も *CO* と同様にイントロンを持つ。*CO α* に相当するタンパク質(ここでは仮に *InCO α* と呼ぶ)をコードする cDNA をシロイヌナズナで強制発現するとシロイヌナズナの *CO α* を強制発現したのと同様に開花を誘導することが示され、*InCO* はシロイヌナズナ *CO* に相当する遺伝子と考えられた。一方、アサガオではイントロンを持たない機能型のタンパク質をコードする mRNA よりもイントロンがスプライシングされない機能欠損型のスプライシングバリエーション(ここでは仮に *InCO β* とする)の方が 10 倍近く多く発現しており、*InCO β* の開花調節における機能を解明することにより、アサガオの開花調節の仕組みの一端が明らかになるのではないかと期待された。

一方、これまで私達のグループでは、アサガオにおいて早咲きのアメリカアサガオ Q65 系統とアサガオの東京古型標準型 (TKS) の F₂ 分離集団において 3 つの到花日数に関する量的形質遺伝子座 (QTL) を検出していた。*InCO* において TKS と Q65 の間で多型を持つ DNA マーカーを作成し、*InCO* を連鎖地図に載せたところ、3 つの QTL のうち、最も効果の高い第 11 染色体の QTL、*qIF3* と同じ染色体領域に存在した。これらのことから、*InCO* は *qIF3* の候補遺伝子であると考えられた。QTL の効果を見ると、Q65 は早咲きにもかかわらず、*qIF3* の Q65 対立遺伝子は開花を遅らせる効果を持つことが示され、*qIF3* には長日条件では開花を抑制する機能を持つイネの *Hdl* と類似した性質を持つことが想定された。

2. 研究の目的

本研究課題ではアサガオの日長に応答した開花調節を明らかにすることを目的として研究を行った。まず、シロイヌナズナなど、多くの植物で光周性による開花調節の中心として機能していると考えられている *CO* の相同遺伝子 *InCO* のスプライシングパターンの違いがどのような意味を持つのかを明らかにすることを目的として研究を行った。また、ゲノム編集により *InCO* の変異体を得て、*InCO* が本当にアサガオで開花調節に関与するかどうかについても調査した。

最も効果の高い到花日数 QTL、*qIF3* の Q65 対立遺伝子は開花を遅延させる効果を持つにもかかわらず Q65 は早咲きである。これは、QTL の相互作用解析から第 5 染色体と第 14 染色体に存在する QTL の効果によるものと考えられた。そのため、本研究課題では、第 5 染色体に存在する到花日数 QTL の単離を目指し、Q65 の早咲きの原因を明らかにすることも目的に研究を行った。

3. 研究の方法

植物材料として、アサガオ (*Ipomoea nil*) の東京古型標準型 (TKS)、アフリカ系統 Q63、ムラサキ Q79、アメリカアサガオ (*Ipomoea hederacea*) Q65 を用いた。これらの種子は National Bioresource Project でアサガオを担当する九州大学より譲渡を受け実験に用いた。植物は茨城大学農学部あるいは筑波大学において栽培を行った。

24 時間の発現解析は人工気象器において 28°C で、播種後 4 日目まで常時点灯で栽培し、5 日後から 9 日後まで明期 16 時間、暗期 8 時間 (長日条件) あるいは、明期 8 時間、暗期 16 時間 (短日条件) の日長において栽培し、播種後 8 日目の明期開始より 4 時間毎に子葉を採取し、液体窒素に凍結後、RNA 抽出まで -80°C で保存した。

DNA の抽出は秀潤社「新版植物の PCR 実験プロトコール 67 ページの簡易抽出法」により SDS-酢酸カリウム法、あるいは、DNeasy plant mini kit (Qiagen) によって行った。DNA マーカーの遺伝子型決定は主として LightCycler96 (ロッシュ) を用い HRM 法により行った。

RNA の抽出は SV Total RNA Isolation System (Promega) を用い、PrimeScript™ RT reagent Kit (タカラバイオ) によって逆転写し、TB Green™ Premix Ex Taq II (タカラバイオ) を用い、

LightCycler96(ロッシュ)によってリアルタイム PCR 反応を行い遺伝子発現を調査した。また、遺伝子発現は *InACTIN4* を内部標準として用いた相対量として求めた。

ゲノム編集による *InCO* 突然変異体の作出、*InCO* を強制発現した形質転換植物の作出は Watanabe ら (2017) の方法に従い実施した。

Q63 アフリカ系統に対する突然変異誘発は放射線育種場の γ ルームにおいて実施した。乾燥種子に γ 線を 80Gy と 160Gy となるように 20 時間照射した。冬季に人工気象器で M1 世代を栽培し、自殖種子を採種し、5 月 20 日以降に M2 世代を栽培し開花日を調査した。

4. 研究成果

InCO 発現解析

まず、短日条件と長日条件において早咲きの Q65 とそれより開花が 2 週間ほど遅い TKS で *InCO* の発現解析を行った。イントロンを持たない *InCO α* の mRNA とイントロンがスプライシングされず残っている *InCO β* の mRNA について 24 時間の発現パターンをアサガオの芽生えにおいて調査した (図 1)。その結果、いずれの mRNA においても一定の暗期を経て発現レベルが上昇し、短日条件で発現が強く誘導されていた。この傾向は、Q65 においても、TKS においても観察され、両者のパターンはよく似たものであった。ただし、Q65 の *InCO α* をコードする mRNA においては長日条件においても一定のレベルで発現が見られ、*InCO α* をコードする mRNA の発現レベルの高さと Q65 の早咲きとの関連に興味を持たれた。

シロイヌナズナの報告がアサガオでも当てはまるのであれば *InCO β* は *InCO α* の働きを阻害すると考えられる。シロイヌナズナでは *CO β* の mRNA の発現量が *CO α* に比べて多いということはないが、アサガオでは *InCO β* をコードする mRNA の方が *InCO α* をコードする mRNA の数倍発現しており、この傾向は短日条件においても長日条件においても同様であった。そのため、アサガオではどのようにして阻害型の *InCO β* 存在下で開花を誘導できるのかを解明する必要があると思われる。一方、暗期開始後 8 時間という条件で *InCO* における 2 つのスプライシングバリエーションの発現を比較すると、短日条件でのみ *InCO α* をコードする mRNA の発現レベルが *InCO β* をコードする mRNA の発現レベルよりも高いことが明らかとなった(図 2)。この結果より、短日条件では *InCO α* をコードする mRNA が阻害型の *InCO β* をコードする mRNA の発現レベルを超えるタイミングがあり、この時 *InCO* が開花誘導を促進できるようになる可能性が示された。

qIF3 と *InCO* の連鎖地図上の位置が一致したこともあり、Q65 と TKS の *InCO* には塩基配列の多型が存在することが想定された。プロモーター領域に PCR プライマーを作成して増幅すると両系統の PCR 産物にはサイズの違いが検出され、*InCO* の制御領域に構造的な違いがあり、これにより、両系統で発現パターンに相違が生じているものと考えられた。

第 5 染色体の開花因子の絞り込み

第 5 染色体の開花調節に関する相互作用因子を同定するために BC₃F₂ 植物の中から Q65 の第 5 染色体をヘテロ接合で持つ個体を選抜した。種子を播種し、第 9 染色体の *qIF2* や第 11 染色体の *qIF3* を持たない個体を選抜したところ 1 個体のみ該当する個体が得られた。この個体を栽培

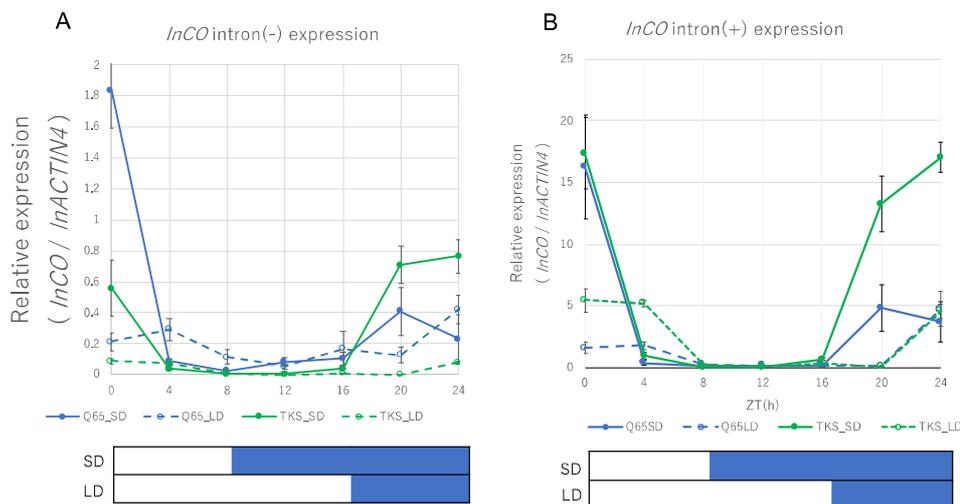


図 1 短日条件、長日条件における *InCO* の 24 時間発現パターン

A: イントロンがスプライシングされた mRNA の発現, B: イントロンが残った mRNA の発現。縦軸の目盛りは A と B で異なる。

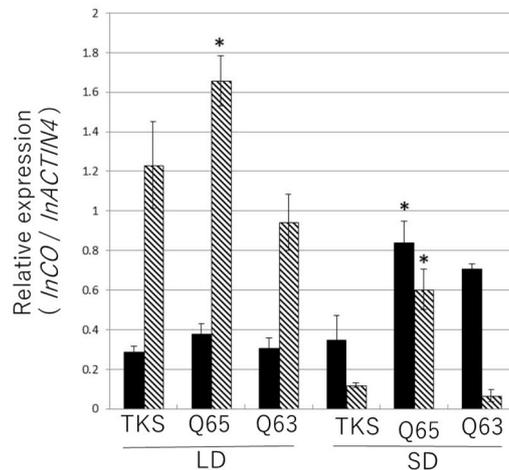


図2 暗期開始 8 時間における *InCO* mRNA スプライシングバリエーションの発現
 黒く塗りつぶされた棒は *InCO* , 斜線のパターンの棒は *InCOβ* の *InACTIN4* に対する相対発現量 . SD は明期 10 時間 , 暗期 14 時間の短日条件 , LD は明期 14 時間 , 暗期 10 時間の長日条件 .

し自殖種子を得たが、生育が不良のため、84 個の種子しか得られなかった。得られた種子を播種したところ 29 個が発芽して生育した。これらの植物について第 5 染色体の遺伝子型を確認すると、いずれの個体もアサガオゲノム塩基配列 Asagao_1.1 の第 5 染色体 8,105,420bp から 35,998,092bp の間が Q65 のホモ接合になっていた (表 1)。この結果は Q65 がこの領域でホモ接合になっていない個体は発芽できなかった可能性が考えられた。BC₃F₁ の遺伝子型を 15 本の染色体で調査すると、アサガオゲノム塩基配列 Asagao_1.1 の第 5 染色体 29,680,097bp 周辺に作成された DNA マーカーで Q65 対立遺伝子が 106 個体中 88 個体 (期待値 6.6 個体) となる分離比異常が見られ、この DNA マーカー付近では、Q65 染色体が TKS に比べて後代に伝わりやすいと考えられた。これは、今回 F₂ 植物で第 5 染色体の特定の領域が Q65 染色体のホモ接合になった個体だけが発芽したことと関係があるかもしれない。

発芽した BC₃F₃ 個体において 5 月 20 日からの到花日数を調査したところ、第 5 染色体の 3,371,866bp から 5,103,511bp の領域が Q65 のヘテロ接合である個体に早く咲く傾向が見られたものの、遺伝子型が同じであるにも関わらず、異なる到花日数を示すものも多く、遺伝子型と到花日数の間には明瞭な対応関係がみられなかった。そのため、第 5 染色体における到花日数 QTL のマッピングは進まなかった。

表 1. 到花日数と第5染色体の遺伝子型 (T: TKS対立遺伝子, Q: Q65対立遺伝子)

Individual No.	13	12	14	16	23	1	11	22	4	26	5	15	24	2	3	9	19	21	28	35	40	8	25	31	32	36	38	51	42			
Days to flowering	53	62	62	62	62	63	63	63	66	67	68	68	69	71	71	71	71	71	71	71	72	73	73	73	73	73	73	75	76			
Position(bp)																																
Contig312.0049	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T		
Contig5247.271	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T		
InMYB2_hrm	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T		
C9549.510	Q	T	Q	H	T	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	T	H	H	H	Q	H	H	T	H	H	T	H	H	H	H			
JMFN042F16.124	Q	T	Q	H	H	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	T	H	H	H	H	H	H	H	H	T	H	H	T	H	H			
Contig12385.595	Q	T	Q	H	H	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	T	H	H	H	H	H	H	H	T	H	H	T	H	H	H			
JMFF048N13341	Q	T	Q	H	H	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	H	H	H	H	H	H	H	H	T	H	H	T	H	H	H			
C7414.292	Q	T	Q	H	H	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	H	H	H	H	H	H	H	T	H	H	T	H	H	H	H			
Contig6884.391	Q	T	Q	H	H	H	Q	H	H	H	Q	T	T	H	H	H	H	H	H	H	H	H	T	H	H	T	H	H	H			
Contig126.513	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig7935.1121	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig1146.715	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig11034.0239	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig10043.1070	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig1107.272	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
ING31_484_728	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig223.0210	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
Contig10004.219-utf-1	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
InCh5_34906982	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
InG35_342_345	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q	Q			
InCh5_40452329	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T			

ゲノム編集による変異体解析

本研究課題の研究分担者の小野らは、ゲノム編集によって *InCO* のヌル変異体を品種「ムラサキ」で、*co-1* と *co-2* の 2 系統、アフリカ系統で *co-3*, *co-4* の 2 系統作出した。いずれも芽生えを用い 16 時間暗期の短日条件を 1 回与えた場合には野生型と違いがみられなかった。しかし、異なる日長 (10.5 時間から 14 時間暗期) を 10 回ずつ与えると、*co-3*, *co-4* 共に野生型のアフリカ系統より限界暗期長が約 1 時間短くなることが判った。また、自然条件下で栽培したとき、「ム

ラサキ」と *co-1*, *co-2* では差がみられなかった。一方, *co-3*, *co-4* はアフリカ系統よりも早咲きとなった。そのため, *InCO* は長日条件では開花を抑制していると考えられた。しかし, *InCO* のヌル変異体でも短日性が完全に失われることはなく, *InCO* 以外にも短日性に関与する因子の存在が推察された。また, イントロンを持たない *InCO α* をコードする cDNA を強制発現する実験はまだ結果が出ておらず, *CONATANS* 同祖遺伝子による開花促進機能はアサガオにおいてはまだ確認できていない。

γ 線照射によるアサガオ突然変異体の誘発

アサガオの原産は熱帯地方の中米であると言われている。アフリカ系統 Q63 は日長感応性が高く, 開花に関して原種の性質を保持していると考えられ, 関東では通常 9 月末以降に開花するため, 種子の成熟期の低温により, 屋外では種子を得ることが難しい。日本で栽培されているアサガオが日本に適応するにあたって, 日長感応性が弱くなる変異の蓄積があったと想定される。もし, Q63 に突然変異を誘発し, 早咲きの変異体を得て, 原因遺伝子を調べれば, アサガオの日長感応性の遺伝機構や, 起源地から日本にアサガオが伝播し, 適応した経緯を明らかにすることができる。そこで, 本研究課題では Q63 に γ 線を用いて突然変異を誘発し, 早咲きの変異体を選抜することを目指した。

Q63 種子へ 20 時間かけて 80Gy と 160Gy の γ 線照射を行い, 冬季に M1 植物を栽培し, 自殖種子を得た。2020 年の 5 月に 80Gy を 110 系統, 160Gy を 72 系統播種し合計 182 系統 2397 個体栽培した。その結果, Q63 の開花は 9 月 28 日であったが, M₂ 植物のなかには 9 月 22 日に開花する系統が 4 系統みられた。これらの系統は約 1 週間, 開花期が早くなっており, 日長に対する感受性の変異なのかどうかを今後見極める必要がある。本課題では, 期待された日本のアサガオと同程度の開花期を示す突然変異体は得られなかった。

イネではこれまで, *CO* 相同遺伝子の *Hdl* と *Ghd7*, *OsPRR37* が協調して働いており, *Ghd7* と *OsPRR37* が機能を失った遺伝的背景では *Hdl* が開花を促進することが報告されている (Fujino ら 2019)。アサガオの QTL 解析においても *InCO* と連鎖地図上の位置が一致する *qIF3* は, 第 5 染色体の QTL 遺伝子型に TKS 対立遺伝子の時, 開花の抑制効果がほぼ失われる。これは, 開花を抑制する効果を持つ機能的な Q65 の *qIF3* 対立遺伝子が, Q65 の遺伝的背景では開花を抑制しない, または促進する効果を持つ可能性を示している。アサガオにおいても *InCO* と協調して長日条件において開花を抑制している因子が明らかになれば, Q65 が早咲きとなる機構が解明されると推定される。今後, さらに早咲き変異体の選抜や, 到花日数 QTL の単離が進めば, アサガオにおいても日長感応性のメカニズムの理解が進むものと思われる。

本研究課題において, *InCO* のスプライシングバリエーションの発現の詳細が明らかになった。また, *InCO* が限界日長を変化させる因子の 1 つであり, 長日条件において開花の抑制に関与していることが示された。さらに, 開花期に関する幾つかの変異体も選抜され, 今後の開花調節をするための研究素材が得られた。第 5 染色体に存在する開花調節因子については研究の進展が得られなかったが, アサガオにおける生殖隔離現象が見出され, 突然変異体の選抜では, 花色の変異体などの副産物も得られ, それぞれアサガオにおける研究に用いることが可能となっている。アサガオは双葉の展開した播種後 1 週間の芽生えであっても日長による開花誘導反応が現れるなど, 光周性の研究材料として優れた特性を持つ。全ゲノム塩基配列も解読されたこともあり (Hoshino ら 2016), 今後も, 短日植物における光周性研究のモデル植物として活用されると期待される。本研究課題での知見が今後アサガオを用いた開花調節の研究に役立つ事があれば幸いである。

引用文献

- Andres, F. and G. Coupland (2012) The genetic basis of flowering responses to seasonal cues. *Nat Rev Genet* 13: 627-39.
- Fujino, K., U. Yamanouchi, Y. Nonoue, M. Obara and M. Yano (2019) Switching genetic effects of the flowering time gene *Hdl* in LD conditions by *Ghd7* and *OsPRR37* in rice. *Breed Sci* 69: 127-132.
- Gil, K.E., M.J. Park, H.J. Lee, Y.J. Park, S.H. Han, Y.J. Kwon, P.J. Seo, J.H. Jung and C.M. Park (2017) Alternative splicing provides a proactive mechanism for the diurnal *CONSTANS* dynamics in Arabidopsis photoperiodic flowering. *Plant J* 89: 128-140.
- Hoshino, A., V. Jayakumar, E. Nitasaka, A. Toyoda, H. Noguchi, T. Itoh, I.T. Shin, Y. Minakuchi, Y. Koda, A.J. Nagano, *et al.* (2016) Genome sequence and analysis of the Japanese morning glory *Ipomoea nil*. *Nat Commun* 7: 13295.
- Liu, J., J. Yu, L. McIntosh, H. Kende and J.A. Zeevaart (2001) Isolation of a *CONSTANS* ortholog from *Pharbitis nil* and its role in flowering. *Plant Physiol* 125: 1821-30.
- Watanabe, K., A. Kobayashi, M. Endo, K. Sage-Ono, S. Toki and M. Ono (2017) CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the *dihydroflavonol-4-reductase-B* (*DFR-B*) locus in the Japanese morning glory *Ipomoea* (*Pharbitis*) *nil*. *Sci Rep* 7: 10028.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計7件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Yui Hozumi, Maki Noguchi, Eiji Nitasaka, Tsutomu Kuboyama
2. 発表標題 Reproductive barriers in the interspecific hybridization between <i>Ipomoea nil</i> and <i>I. hederacea</i>
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 鷲塚澗, 小野公代, 渡邊健太, 本山星香, 樋口洋平, 久保山勉, 白澤健太, 小野道之
2. 発表標題 CRISPR/Cas9を用いたアサガオの光周性花成誘導におけるCONSTANSの機能解析
3. 学会等名 日本植物学会第82回広島大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 本山星香, 小野公代, 鷲塚澗, 甲斐文子, 遠藤沙織, 渡邊健太, 久保山勉, 中嶋信美, 白澤健太, 小野道之
2. 発表標題 午後開花アサガオにおける開花時刻のQTL解析
3. 学会等名 日本植物学会第82回広島大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 勝山弘章, 小野道之, 久保山勉
2. 発表標題 InCOにおけるsplicing variantの日長条件による量的変化
3. 学会等名 第10回アサガオ研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 鷲塚 溥, 小野 公代, 渡邊 健太, 久保山 勉, 中嶋 信美, 白澤 健太, 小野 道之
2. 発表標題 アサガオの短日性花成誘導におけるInCONSTANSの機能解析
3. 学会等名 第10回アサガオ研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岡野 凌平, 高橋 悠愛佳, 勝山 弘章, 久保山 勉
2. 発表標題 アサガオにおける 線をういた突然変異誘発の試み
3. 学会等名 日本育種学会第138回講演会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Keeranon Sasiprapa, Katsuyama Hiroaki, Ono Mitiyuki, Kuboyama Tsutomu
2. 発表標題 Mapping of qIF1, a QTL for days to flowering of morning glory and 24h expression of InC0, a candidate gene of qIF3
3. 学会等名 日本育種学会第138回講演会
4. 発表年 2020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	小野 道之 (Ono Mitiyuki) (50201405)	筑波大学・生命環境系・准教授 (12102)	

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
---------	---------