

令和 6 年 6 月 27 日現在

機関番号：13101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02163

研究課題名(和文) ブラシカ属作物の春化機構における種内変異、種間変異の遺伝解析とエピゲノム解析

研究課題名(英文) Genetic and epigenomic analysis of intra- and interspecific variation in vernalization mechanisms in Brassica crops

研究代表者

岡崎 桂一 (Okazaki, Keiichi)

新潟大学・自然科学系・教授

研究者番号：20270936

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,400,000円

研究成果の概要(和文)：Brassica属の*B. rapa*と*B. oleracea*はそれぞれ4種類、複二倍体である*B. napus*は9種類のFLCパラログを持つ。これらの種の花成誘導には低温処理(春化)が必要であり、FLCパラログが関与している。Brassica属3種の春化機構をさらに解明するために、*B. rapa*ではBrFLC5、*B. oleracea*ではBoFLC1遺伝子のトランスクリプトーム解析および塩基配列解析を実施した。また、*B. napus*では春化要求性が異なる品種間で雑種後代を育成し、春化要求性を制御するQTLを同定した。さらに、DNAメチル化解析やChIP-seq解析のデータ解析が進行中である。

研究成果の学術的意義や社会的意義

Brassica *rapa*では、310品種を用いたBrFLC5の塩基配列およびトランスクリプトーム解析により機能的なBrFLC5を有し、低温処理前に高い発現量を示す品種が明らかになった。これらの品種は晩抽性育種に利用できる可能性が示唆された。キャベツでは、トランスクリプトーム解析によりBoFLC1遺伝子の発現パターンの品種間差が明らかになったほか、*B. napus*では、春化要求性を制御する新規のQTLを同定した。これらの結果は、Brassica属3種の春化機構のさらなる解明に有用である。

研究成果の概要(英文)：Brassica *rapa* and *B. oleracea* possess four types of FLC paralogs, while their allotetraploid *B. napus* has nine types. These species require cold treatment (vernalization) for floral induction, in which FLC paralogs are involved. To further elucidate the vernalization mechanisms in these three Brassica species, we conducted transcriptome and nucleotide sequence analyses of the BrFLC5 gene in *B. rapa* and the BoFLC1 gene in *B. oleracea*. Additionally, in *B. napus*, we created hybrid progenies from varieties with different vernalization requirements and identified QTLs that control vernalization requirements. Moreover, DNA methylation analysis and material cultivation for ChIP-seq analysis are currently in progress.

研究分野：植物育種学

キーワード：春化 ブラシカ 遺伝子発現

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

アブラナ科植物は、花成に一定期間低温に遭遇する必要がある、この低温要求性を春化と言い、種子で春化が進行するものと、発芽して一定の大きさの苗にならないと春化が進行しないものがある。前者を種子春化、後者を緑体春化と言う。低温遭遇に伴い開花抑制遺伝子 *FLC* がエピジェネティックな発現制御を受け発現量が減少することで花成が誘導される。*B. rapa* (ハクサイ等) と *B. oleracea* (キャベツ等) は4種類、それらの間の複2倍体である *B. napus* (ナタネ等) は9種類のパラログを持つ。

B. rapa の10品種を解析した結果、低温処理前の *BrFLC1*、*BrFLC2*、*BrFLC3* の発現総量と開花までの日数には正の相関が見られた。ただし、低温処理による発現低下率が小さい系統も存在した (Takada et al. 2019)。これにより、*BrFLC* の発現総量と発現低下率が春化要求性の指標となり得ることが示唆された。また、低温処理中および後に *BrFLC* の転写開始点付近で H3K27me3 修飾が増加し、この修飾が遺伝子全体に広がることで発現抑制が維持されることが明らかになった (Akter et al. 2019)。シロイヌナズナで *FLC* の発現抑制に関与するとされる lncRNA が、*B. rapa* では *BrFLC2* のみで確認された。(Shea et al. 2019)。

キャベツ (*B. oleracea*) では低温に感応する葉齢に違いがあり、品種間でも差が見られる。申請者らは、*BoFLC1/2/3* の発現解析と形質転換実験でこれらが花成抑制因子であることを示した (Itabashi et al. 2019)。さらに、低温下での転写開始点付近における H3K27me3 修飾の増加や *BoFLC2* 座からの lncRNA の転写も確認され、*B. rapa* との共通点が見られた。また、キャベツの6葉齢と14葉齢で低温処理後に RNA シーケンス解析を行い、葉齢依存的な花成モデル (miR156-SPL) が保存され、春化の葉齢依存性に関与する可能性が示唆された。

B. napus の春化型を調査した結果、*B. napus* には種子春化型と緑体春化型が混在し、緑体春化型の葉齢感応には幅があることが先行研究で分かった。ハクサイとキャベツを交雑して作出した合成ナプスは緑体春化型であった。緑体春化型栽培ナタネと合成ナプスは、同じ緑体春化型でも低温要求度に差があることが予備的な実験でわかっており、春化応答の分子機構が異なると考えられた。予備的には、種子春化型栽培ナタネ×合成ナプスの F2 集団を用いた解析では、Cゲノムの9番染色体の末端に QTL が検出された。

先行研究でキャベツ由来の *BoFLC2* をハクサイに導入した染色体断片置換系統 (以降、育成ハクサイ:174-12 系統) を育成し、ハクサイの春化要求性を高めることに成功した。しかし、その春化特性はハクサイとキャベツの中間型であり、ハクサイにキャベツと同レベルの緑体春化機構を付与するには *BoFLC2* の導入に加え他の因子も必要であると考えられた。

2. 研究の目的

これまでの研究で、*B. rapa* と *B. oleracea* の *FLC* パラログ発現量と春化要求性の関連性および *B. rapa* では *BrFLC* 座のエピジェネティックな転写制御についての知見を得た。しかし、*B. rapa*、*B. oleracea*、*B. napus* の春化機構には未だに不明な点が多い。特に種間で分化している種子春化と緑体春化機構の分子の基盤に興味を持たれる。そこで、本研究では、基本種2種とその複2倍体種の春化機構のさらなる解明および2つの春化型の違いを生む遺伝機構要因を探ることを目的とした。

3. 研究の方法

(1) *BrFLC5* の機能解析

ハクサイ、コマツナ、カブなど310品種/系統を材料に用いて第3イントロンのスプライス供与配列を調べた。そのうち10系統については、種子を播種し、14日後に低温処理を4週間行った。低温処理前後の第一葉からトータル RNA を抽出し、*BrFLC5* 特異的プライマーを用いて qPCR を行った。35S プロモーターに農6号の *BrFLC5* のコード領域を連結したコンストラクトを作出し、Floral dip により、シロイヌナズナに形質転換し花成誘導時の葉数を調べた。

(2) *B. napus* のエピゲノム解析

栽培ナタネ (キザキノナタネ) と合成ナプス (市販品種のハクサイ CR 歓喜 No.100 と DH 系統のキャベツ AnjuP01 を交雑し、倍数化することで育成、以降、syn-1) を用いて、低温感応性を獲得する前の2葉齢個体と低温感応性を獲得した15葉齢個体を用いて、低温処理前 (NV)、低温処理後 (4℃、8週間) (8V)、低温処理後通常温度で12日 (8V12N) の葉を用いて、H3K27me3 の抗体を用いた ChIP を実施した。同様の植物材料を用いて、2葉齢個体と15葉齢個体の低温処理前 (NV)、低温処理後 (4℃、8週間) (8V)、低温処理後通常温度で12日 (8V12N) と30日 (8V30N) の葉を用いて、RNA-seq 解析を実施した。

(3) *B. oleracea* の低温要求性の品種間比較

これまでに、キャベツ「松波」の DH 系統を、低温感応しない4葉齢と低温感応可能な14葉齢まで栽培し、それぞれの葉齢の植物体に対して1) 低温処理なし、2) 8週間の低温処理、3) 8週間の低温処理後に室温で2週間栽培する3つの試験区を設定し、葉におけるトランスクリプトーム解析を行った。参照配列には、*B. oleracea* ゲノム配列として「Brassica_oleracea_JZS_v2」を用いた。また、露地栽培時における低温要求性の品種・個体比較を行うため、キャベツ類の F1 品種・系統あるいは F2 分離集団を夏季に播種・定植する作型で栽培し、冬季の低温に遭遇させた後の出蕾時期を調査した。目視で出蕾が確認できるまでの播種後日数をカウントし、低温要求

量の指標とした。

(4) *B. napus* の春化型決定に関与する QTL の解析

B. napus については、種子春化×緑体春化型品種と栽培ナタネ×合成ナタネの2つの交雑組み合わせから育成した交雑後代を材料に用いた。

① イスズナタネ (Is:種子春化栽培ナタネ) × Wilhelm burger (WH:緑体春化栽培ナタネ)

当該交雑の F2 に対して QTL-seq 解析を1回、F2:F3 系統に対して QTL-解析を2回実施した。F2 の試験 (n=136) では、3~4 葉齢の植物を4月20日~5月13日まで4°Cで6週間 (w) 低温処理し、その後、温室で栽培した。同じ F2 から育成した F3 系統の1回目の試験では、1系統あたり3~4 葉齢の5個体を4°C、6w 処理後、10月2日~1月7日まで加温温室 (12~14 時間日長) で栽培した。2回目の試験では、1系統あたり3~4 葉齢の12個体を、1回目試験と同様な栽培条件で9月21日~1月6日まで栽培した。系統内の個体の平均出蕾日を求めた。100 日間の出蕾調査で花芽を形成しなかった個体の出蕾日は120日とした。

QTL-seq では、F2 集団のうち早生、未開花個体、25 個体ずつをプールして QTL-seq を実施した。QTL 解析では、F2 133 個体の GRAS-Di 解析を行った。その後、連鎖地図を作成し、QTL を検出した。QTL のピークから両側 0.5LOD 下がる 1LOD interval の範囲に含まれる遺伝子については、遺伝子アノテーション情報を取得した。

② イスズナタネ (Is:種子春化栽培ナタネ) × 合成ナプス (syn-1:緑体春化合成ナタネ)

1回目の試験では、親系統、F1 個体、F2 集団 132 個体に対して、子葉展開時から6週間の低温処理を行った。低温処理後は室温 20~25°C、日長 16 時間で生育させ、低温処理後 60 日に、花蕾の形成を目視で調査した。2回目の試験では、F2 集団 (n=119) を再度育成し (播種日、4月26日)、子葉展開時から6月13日まで6週間の低温処理を行った。その後、野外で生育させた。連鎖地図および QTL 解析の方法は、Is×WH の集団と同様に行った。

(5) 育成ハクサイ (*B. rapa*) の後代におけるエピゲノムおよび QTL 解析

ハクサイの DH 系統である A9079 系統、育成ハクサイ 174-12 系統を交雑した F2 集団 (n=143) を用いた。F2 個体は、生育室で栽培した (24°C、16h 日長)。4-5 葉ステージで、低温室へ移動させ、4°C、14h 日長で4週間低温処理を行った。その後、生育室へ移動させ開花調査を行った。花蕾が目視で確認できた状態を開花とし、70 日間調査した。連鎖地図および QTL 解析の方法は、Is×WH 集団と同様に行った。また、F2 個体の中から、早生と晩生個体を選抜し、DNA のメチル化状態を調査するため、全ゲノムバイサルファイトシーケンス (WGBS) を行った。

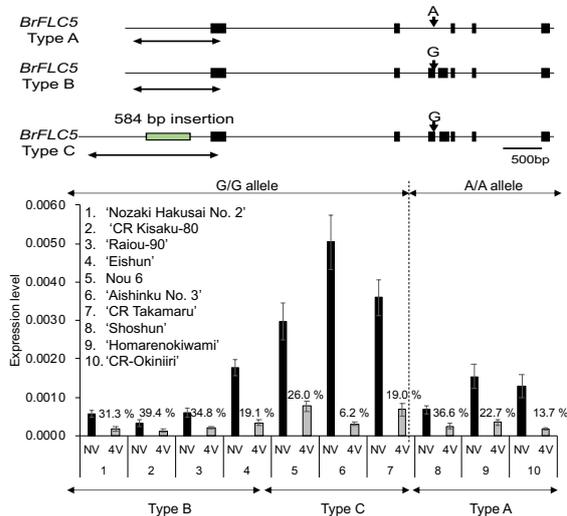


図1. 4週間の低温処理あり(4V)となし(NV)のBrFLC5の発現レベル(BrACTINで換算)。提示されたデータは、3の材料の反復の平均と標準誤差。バーの上の%は、NVサンプルと比較した4Vサンプルの発現レベルの比率。NV:春化前、4V:4週間の春化、G:機能的アレル、A:非機能的アレル。

4. 研究成果

(1) *BrFLC5* の機能解析

前述したように、*B. rapa* では4つの *FLC* パラログが存在し、低温処理前後での *BrFLC* 遺伝子の発現量の総量が晩抽性の程度 (春化に必要な低温要求量) に関わっている可能性が考えられている。リファレンスゲノム上 (Chiifu-401-42) の *BrFLC5* には、第3イントロンのスプライス供与配列にグアニン (G) からアデニン (A) への変異が存在し、これによりエキソンが2つ少なく予想され、偽遺伝子であると考えられていた。一方、柿崎ら (2011) は、ハクサイ晩抽性中間母本農6号 (農6号) と早抽性中間母本農7号 (農7号) の F2 集団を用いて、露地栽培による抽だい性評価を元に QTL 解析を行い、*BrFLC5* が抽だい性に関わる可能性を指摘している。そこで、本小課題では、抽だいにおける *BrFLC5* の役割について調べた。

B. rapa、310 系統の野菜について、*BrFLC5* の第3イントロンのスプライス供与配列を調べた結果、19 系統では、機能型の G ホモ接合型を有することが明らかとなった (図1)。また、農6号と農7号はそれぞれ、G ホモ接合型と A ホモ接合型 (非機能型) であった。形質転換実験により、農6号の *BrFLC5* をシロイヌナズナで過剰発現させたところ、開花遅延が見られたことから、*BrFLC5* は他の *BrFLC* パラロ

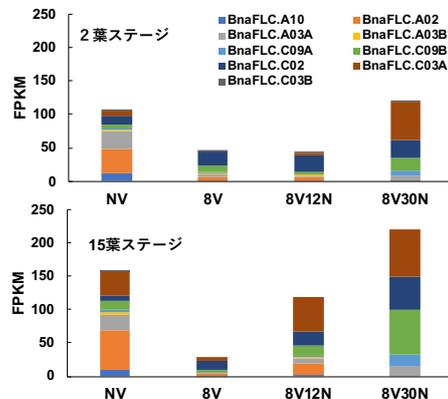


図2. 合成ナタネの2葉齢個体と15葉齢個体の低温処理前後での *BnaFLC* パラログの発現パターン。低温処理前 (NV)、低温処理後 (4°C8週間) (8V)、低温処理後通常温度で12日 (8V12N) と30日 (8V30N)。

グ同様、開花抑制能を有することが明らかとなった。10 系統について、4 週間の低温処理前後の *BrFLC5* の発現量を調べたところ、農 6 号を含む 3 系統は低温処理前の *BrFLC5* の発現量が他の系統より多かった (図 1)。また、これら 3 系統にはプロモーター領域に 584bp の挿入が見られた。以上の結果から、農 6 号を含めた 3 系統は、機能的な *BrFLC5* を有し、かつ低温処理前に高い発現量を示すことから、晩抽性育種に利用できる可能性が示唆された。

(2) *B. napus* のエピゲノム解析

栽培ナタネ (キザキノナタネ) と合成ナプス (*syn1*) を用いた ChIP 解析では、各試験区 3 反復実施し、各サンプルについて、ChIP-qPCR により、H3K27me3 領域の濃縮に成功していることを確認した。今後は、ChIP-seq 用のライブラリーを作製して、ChIP-seq 解析へと進める計画である。

同じ材料を用いた RNA-seq 解析では、4 試験区間で発現が変動する遺伝子を同定した。9 つの *BnFLC* パラログの発現パターンを調べた結果、A サブゲノムに由来する 4 つの *BnFLC* は、2 葉齢個体と 15 葉齢個体において、8 週間の低温処理後に発現量が減少し、低温処理後に温度が戻っても、抑制された状態が維持されていた。一方、C サブゲノムに由来する 5 つの *BnFLC* の発現レベルは、8 週間の低温処理後も低下せず、低温処理後に温度が戻ると、低温処理前のサンプルよりも高い発現レベルになる傾向があった (図 2)。以上より、栽培ナタネ (キザキノナタネ) と合成ナプス (*syn1*) の両系統では、8 週間の低温処理後の *BnFLC* パラログの発現パターンは、A および C サブゲノム由来の *BnFLC* 間で異なっていた。

(3) *B. oleracea* の低温要求性の品種間比較

キャベツの DH 系統を異なる葉齢 (低温感応しない 4 葉齢と低温感応可能な 14 葉齢) まで栽培し、それぞれの葉齢の植物体に対して低温処理なし、8 週間の低温処理、8 週間の低温処理後に室温で 2 週間栽培する試験区を設定し、葉におけるトランスクリプトーム解析を行った結果、*B. oleracea* のゲノムには *BoFLC1* に相同性の高い遺伝子座が *BoFLC1* の他に 3 座存在しており、そのうちで少なくとも 2 種類の遺伝子が発現していることが確認された。RT-qPCR によって、当該遺伝子群の発現量を低温処理前後および低温感応期への移行前後で調査し、春化応答性の異なる品種間での比較を行った結果、*BoFLC1* (およびその相同遺伝子) の発現パターンには明確な品種間差があることが明らかとなった。人工気象室栽培および露地栽培において低温要求性が大きいと判別された「レンヌ」、「スピードボール 2 号」、「豊光」と低温要求量が小さいと判別された「松波 DH」、「金系 201 号」、「秋蒔極早生二号」の低温感応ステージ (17-18 葉齢) における発現量は、前者 3 品種の発現が著しく低下していた (図 3)。一方で、低温感応前のステージ (2 葉齢) では、低温要求量と *BoFLC1* (および相同遺伝子) の発現量との間に関連性は見出されず、*BoFLC1* 発現パターンの品種間差には葉齢依存性があることが分かった。相同遺伝子を含む *BoFLC1* 座をキャベツ低温要求性の DNA マーカーとして利用できる可能性を検討するため、「レンヌ」×「松波 DH」F2 分離集団の露地栽培時における低温要求性を評価し、*BoFLC1* (および相同遺伝子) の遺伝子型との関連を調査した。その結果、両者に有意な関連性は見出されなかったため、少なくとも「レンヌ」と「松波 DH」の間での低温要求性の差は、*BoFLC1* 以外の遺伝子によって説明される可能性が示唆された。

(4) *B. napus* の春化型決定に関与する QTL の解析

① WH (緑体春化栽培ナタネ) × Is (種子春化栽培ナタネ)

〔QTL-seq〕当該交雑の 136 個体の F2 のうち、低温処理後 13 日までに蓄した個体が 26 個体で、その後 30 日までは 65 個体が開花した。その後 10 日毎に 3-16 個体開花した。低温処理後 50 日以降に開花した個体は 16 個体であった。調査期間中に 120 個体が開花し、16 個体が未開花だった。QTL-seq では、C2 染色体上の 0~10Mb と C6 染色体上の 20~30Mb に有意ではないがピークが同定された。

〔QTL 解析〕F2:F3 系統では、1 回目の出蕾日調査には 130 系統、2 回目の調査には 119 系統からデータを取ることができた。平均出蕾日が 20 日から 100 日間の調査期間中に花蕾を形成しなかった系統まで、出蕾日の分離が見られた (図 4)。連鎖地図の作成には F2 集団の 133 個体 GRAS-Di 解析より多型を示した共優性マーカーを 440 個、母親由来 (WH) の優性マーカー 1650 個、父親由来 (Is) の優性マーカー 1503 個を用いた。優性マーカーは父親および母親由来マーカーに分けて 2 つの連鎖地図を作成し、共優性マーカーは、父親および母親由来の両方の連鎖地図に含めた。

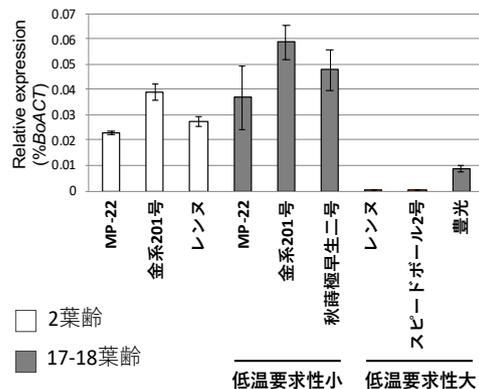


図 3 *BoFLC1* (および相同遺伝子) 低温処理前の個体における RT-qPCR

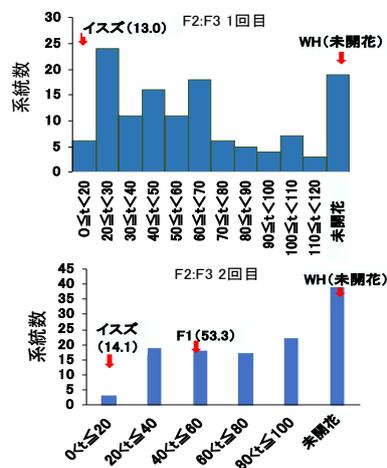


図 4 Is × WH の F2:F3 系統の出蕾調査

F2:F3 系統の1回目の出蕾日データと連鎖地図情報を用いて QTL 解析を行ったところ、C3 の上端からの 122 cM の位置に 5.17 LOD (寄与率 11.4%) および C6 の上端から 58 cM の位置に、6.86 LOD (寄与率 19.8%) の QTL ピークが検出された (図 5)。2 回目の出蕾日データを用いた QTL 解析の結果では、C2 では上端から 8.76cM の位置にピーク LOD7.7 の QTL が、C6 では上端から 71.76cM の位置にピーク LOD8.7 の QTL がそれぞれ検出された。

QTL-C2、-C3、-C6 の近傍の染色体領域には、それぞれ *BnFLC2*、PHD-type Zinc finger モチーフを持つタンパク質、*BnFT* が存在した。QTL-C2 領域の構造を知るため、*Brassica-FLC2* オルソログに特異的プライマーを Intron1 領域に設計し (以降 Intron1 プライマー) PCR 解析を行った。その結果、WH と Is に C ゲノムの *BnFLC2:C2* に対応する PCR バンドは見られなかった。また増幅産物のシーケンス解析を行ったところ、WH と Is の PCR 断片の塩基配列の相違は、1 塩基 indel のみであった。この結果と、*B. napus* の C2 染色体と A2 同祖染色体間の染色体組換えが起こり、C2 染色体の末端が A2 に置換されていることを同定した Chen et al. (2018) の報告を勘案すると、WH と Is とともに C2 染色体の上端 (*BnFLC2:C2* 領域) が A2 染色体の *BnFLC2:A2* 領域に置換されていると推定された。両品種の元の A2 染色体領域はそのままなので、WH と Is には *BnFLC2:A2* 領域が A2 と C2 染色体の上端に duplicate し、*BnFLC2:C2* 領域は存在しないと考えられた。

② Is (種子春化栽培ナタネ) × *syn-1* (緑体春化合成ナプス)

当該交雑の F2 を用いた QTL 解析では、再現性を確認するために、1 回目の試験 (n=132) と 2 回目の試験 (n=119) を実施した。本試験では子葉展開時から 6 週間の低温処理を行った。2 回目の試験では、低温処理 14 日後から開花する個体が散見され、60 日目まで 83 個体が開花し、36 個体が不開花であった。QTL 解析の結果、A10 染色体と C9 染色体に開花期を制御する QTL が検出された。それぞれの相対的効果は、*syn-1* の遺伝子型が 7.1 日、15.7 日開花を抑制し、寄与率 (R^2) は、3.4% と 17.1% であった。1 回目の試験でも C9 染色体に QTL が検出されていたが、その位置はやや異なったので、C9 染色体のどの領域が開花期 QTL の効果を持つか、今後再確認する必要がある。

(5) 育成ハクサイ (*B. rapa*) の後代におけるエピゲノムおよび QTL 解析

A9079 系統 (通常のハクサイ) と *B. oleracea* の *BoFLC2* 導入育成ハクサイ (晩抽性 174-12 系統) との交雑由来の F2 集団 (n=143) を用いた QTL 解析の結果、A2 染色体上端に LOD、31.4 の QTL が検出された。この領域は、キャベツから *BoFLC2* 領域が移入された領域であり、*BoFLC2* が開花抑制に高い効果を持つと考えられた。そこで、*BoFLC2* 領域の強い効果がマイナー-QTL をマスクする可能性を考え、F2 の抽だい調査期間中に抽だいたなかった個体を除き、F2、125 個体の抽だい日データを使い QTL 解析を実施したところ、A2、A7、A9 に、それぞれ LOD12.4、LOD3.5、LOD6.6 のピークを持つ QTL が検出された。表現型分散に対する各 QTL の寄与率は、31.4、5.6、19.6% であった。A2、A7、A9-QTL における育成ハクサイの遺伝子型は、開花日を 9.63、3.96、7.70 日遅くする相対的効果があった。

QTL 解析と併行し A9709 および育成ハクサイの低温処理前後でのサンプルを用いて RNA-seq を実施し、発現変動遺伝子を同定した。また、F2 集団より選抜した個体の DNA メチル化解析を行ったが、現在解析中である。

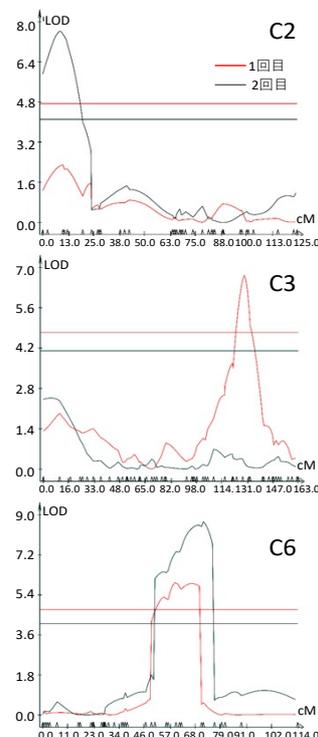


図 5 Is × WH の F2:F3 系統の出蕾日を決定する QTL の染色体上の位置。水平ラインは、permutation test (5%水準) の閾値

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 0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 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 無
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2件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 Akter Ayasha, 藤本龍
2. 発表標題 Brassica rapaにおける極晩抽性系統の春化特性評価
3. 学会等名 日本育種学会第141回講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤本龍, 國田康平, 柿崎智博, 板橋悦子, 岡崎桂一
2. 発表標題 アブラナ科野菜の晩抽性育種においてBrFLC5は考慮しなくていいか?
3. 学会等名 日本育種学会第143回講演会
4. 発表年 2023年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 Takumi Okamoto, Xiaochun Wei, Hasan Mehraj, Mohammad Rashed Hossain, Ayasha Akter, Naomi Miyaji, Yoshinobu Takada, Jong-In Park, Ryo Fujimoto, Ili-Sup Nou, Masao Watana	4. 発行年 2021年
2. 出版社 Springer, Cham	5. 総ページ数 36
3. 書名 Advances in Plant Breeding Strategies: Vegetable Crops. Chinese Cabbage (Brassica rapa L. var. pekinensis) Breeding: Application of Molecular Technology	

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 24
3. 書名 The role of epigenetic transcriptional regulation in Brassica vegetables: a potential resource for epigenetic breeding	

〔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	深井 英吾 (Fukai Eigo) (00570657)	新潟大学・自然科学系・准教授 (13101)	
研究分担者	藤本 龍 (Fujimoto Ryo) (60620375)	神戸大学・農学研究科・准教授 (14501)	
研究分担者	板橋 悦子 (Itabashi Etsuko) (70783273)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・野菜花き研究部門・主任研究員 (82111)	削除：2021年9月9日
研究分担者	吹野 伸子 (Fukino Nobuko) (70355626)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・野菜花き研究部門・グループ長 (82111)	追加：2021年9月9日

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