

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 25 日現在

機関番号：13901

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2011～2014

課題番号：23658026

研究課題名(和文)バラ棘形成に関わる遺伝子群の構造・機能解析と新奇バラ創製

研究課題名(英文)Structural and functional analyses of genes relating to prickle formation of rose and establishment for new rose

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) 3,000,000円

研究成果の概要(和文)：バラ品種‘The Fairy’とテリハノイバラの雑種のF1交雑集団を用いたQTL解析により、棘密度に関する2つの主要QTLを見出した。バラに近縁なイチゴゲノム情報を基に、QTL内もしくは近傍に座乗するATHB-15、WRKY-44、RoPHAN、RoKN1をバラ棘形成原因候補遺伝子とした。発現解析結果からRoKN1が棘形成を負に制御している可能性が示唆され、F1交雑集団のRoKN1遺伝子型解析から、RoKN1-1アレルをホモに持つと1節あたりの平均棘数が少なくなることを明らかにした。バラでのALSVベクターを用いたVIGSに初めて成功したが、RoKN1発現抑制体の作出までには至らなかった。

研究成果の概要(英文)： We found that two major quantitative loci (QTLs) relating prickle density of rose using the F1 population of “The Fairy” × RW (a hybrid of *R. wichrana*). From the strawberry genome information, ATHB-15, WRKY-44, RoPHAN and RoKN1 genes co-localised with the QTLs were identified as candidate genes for prickle formation on rose. Within the genes, RoKN1 seemed to suppress the prickle formation from the results of different expression patterns between *R. multiflora* and its prickleless mutant, and clarified that the number of prickles reduced significantly at F1 materials showing RoKN1-1/1-1 genotype. We have succeeded in VIGS of rose by using ALSV vector, however, did not reach to produce a manifested RoKN1 restraint individual.

研究分野：園芸学

キーワード：棘 バラ VIGS

1. 研究開始当初の背景

研究開発当初、バラは世界の花き園芸植物の中でトップ5に入る重要な位置を占めていた。毎年、様々な新品種が交雑育種や突然変異体の利用により作出されていたが、すでに、青いバラ‘アブローズ’に代表される分子育種による新品種の作出も行われていた。また、花きの分子育種は主に花色や日持ちに関する形質をターゲットとしており、先の‘アブローズ’始め青いカーネーション‘ムーンダスト’などもすでに商業化されていた。バラには数多くの品種が存在しており、切り花はもちろん、鉢植えや庭園の植木としても人気が高いが、いずれも花茎に鋭く強固な棘を有する場合が多く、怪我を負わせる危険性があり商業的問題点の一つとなっていた。

棘は様々な植物分類群で見られる器官であるが、発生学的な起源から見ると、表皮が変形した棘と葉あるいは側枝が変形した棘に大別される。バラの棘に関しては、棘内部に維管束がなく棘の位置に葉序との明瞭な関係がないことから、表皮を起源とする説と、葉原基と同時に成長し、落葉時の葉の離層と同様の層が見られることから葉を起源としているとする説があった。これらの説は、いずれも形態的な観察を中心としたデータに基づくものであり、棘形成に関する遺伝子単離の報告例は皆無であった。バラの棘に関する遺伝的な情報としては、ドイツの研究グループが「93-1」(棘有栽培種(由来不明)) x ノイバラ(棘無変異体) F_1 棘分離集団を作製しており、さらにノイバラが育種過程に利用された系統である「95/13-34」(棘有) x 「82/78-1」(棘無) F_1 棘分離集団を用いて棘に関する劣性の遺伝子座 *prickle* をマッピングしていた。また、フランスの研究グループは、「H190」(棘無(少ない)) x テリハノイバラ(棘有) F_1 集団において、棘数の出現頻度が2山型(bimodal)を示すことを明らかにし、QTL解析によって棘の数を決める Major QTL として第4染色体(LG4)先端に座乗する遺伝子座 *t4* を同定していた。さらに研究分担者の河村は、テリハノイバラ(棘有) x ‘The Fairy’ (棘無(少ない)) F_1 分離集団を用いて、*t4* の染色体上の位置を確認するとともに、*t4* が前述の *prickle* と同じであることを示唆するデータを得ていた。一方、Spiller ら (2011) は、ノイバラ (*Rosa multiflora*) 由来の交雑集団を含む、4つの2倍体バラ交雑集団の情報を基に integrated consensus map (ICM) を作製し、トゲの密度に関する QTL が LG3 に存在することを示していた。

研究代表者は、葉原基形成に必須の遺伝子である可能性の高い *PHANTASTICA* 相同遺伝子 (*RoPHAN* と命名) をノイバラより単離していた。発現解析を行ったところ、茎に棘の

ないノイバラ変異体では、棘のある野生株に比べて発現レベルが上昇している予備データを得ていた。

以上の知見を基に、バラの棘に着目した本研究を開始した。また、遺伝子の機能解析を行う際の手法の一つとして、過剰発現体や RNAi を誘発するアンチセンス RNA や二重鎖 RNA 用いた機能欠損体などの形質転換体の作出がアグロバクテリウム法により行われている。バラではこの手法の成功例はわずかであることから、バラにおけるウイルス誘導ジーンサイレンシング (VIGS) 法の確立も試みた。

2. 研究の目的

バラの棘形成に関わる遺伝子の構造・機能解析を通して棘形成メカニズムの一端と棘の由来器官を明らかにするとともに、VIGS による棘無しバラ創製系を確立することを本研究の目的とした。

園芸学分野のみならず広く植物学分野においても棘形成に関する遺伝子単離の報告例は全くなく、棘由来器官を明らかにするとともに棘形成の分子機構、特に棘発生メカニズムに迫ることを目指した。また、バラ棘由来器官と形成機構の解明は、様々な植物に見られる棘器官形成解明にも大きな指針を与えることが期待され、さらに応用面においても VIGS による棘無しバラ創製法の確立は、バラ交配育種の限界の打破に繋がることから、園芸学の更なる発展に寄与することを目指して研究を行った。

3. 研究の方法

実験材料

ノイバラ (*R. multiflora*) (野生型株 1、野生型株 2) 茎にトゲを形成しないノイバラ変異体株 4 系統(トゲ無し変異体株 A, B, C, D) とトゲを形成しない一重咲きテリハノイバラ (*R. wichurana*) 用いた。遺伝子発現解析用に花序第 1 節と花序第 3 節のトゲ形成部位 5 mm 程度 (トゲが無い節についてはトゲ形成部位と相同な部位 5 mm 程度) をサンプリングした。

バラへのウイルス接種には、ノイバラトゲ無し変異体株から種子を採取し、4 で休眠打破処理を行った後、発芽実生もしくは、メスを用いて種子から胚を取り出して育てた発芽種子を用いた。

QTL 解析

QTL 解析は、 F_1 交雑集団の遺伝子型ごとの棘密度の平均値と今回作製した連鎖地図のデータを基に MapQTL 6 (Van Ooijen, 2009) を用いて行った。

バラからの Total RNA 抽出

CTAB 法 (Murry and Thompson, 1980) に従い、Total RNA を抽出した。

バラからのDNA抽出

CTAB法 (Thomas et al., 1993) の一部を
改変もしくは、QIAGEN DNeasy plant mini
kit (QIAGEN, Germany) を用いてDNAを
抽出した。

リアルタイム RT-PCR による *RoATHB-15*、*RoWRKY-44* および *RoKN1* 遺伝子の発現解析

RoATHB-15 の発現解析については、*ATHB-15* が属する HD-ZIP ホメオボックスファミリー Class サブファミリーにおいて保存性が高い START ドメイン、Coiled coil およびホメオボックスに相当する配列以外の領域に設計したプライマーを用いて解析した。*RoWRKY-44* の発現解析については、*WRKY-44* が属する WRKY group ファミリーにおいて保存性が高い WRKY1 ドメインと WRKY2 ドメインに相当する配列以外の領域に設計したプライマーを用いて解析した。*RoKN1* の発現解析については、河村ら (2011) により QTL 解析に用いられたバラ F₁ 交雑集団の両親である TF と RW から単離した *RoKN1-1*、*RoKN1-2*、*RoKN1-3* の部分配列を基に、これら 3 つの対立遺伝子すべてにおいて保存されている領域に設計したプライマーを用いて解析した。

RoKN1 の単離

TF と RW の gDNA を鋳型に PCR を行い、*RoKN1* のゲノム配列を増幅した。プライマーは、*RoKN1* のイチゴホモログと、*RoKN1* 部分長の配列情報を基にして設計した。ゲルから PCR 断片を TA クローニング後、3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) により塩基配列を決定した。

TF とノイバラトゲ無し変異体株 B のつばみおよびノイバラ野生型株 1 のシュートから抽出した Total RNA の逆転写産物を鋳型に PCR を行い、*RoKN1* cDNA を増幅後、塩基配列を決定した。

PCR-RFLP法による *RoKN1* の遺伝子型決定

TF と RW を両親とした F₁ 交雑集団 96 個体の gDNA を鋳型に、*RoKN1-1* のイントロン 3 にある挿入配列と *RoKN1-3* のイントロン 3 にある SNP を挟むように設計したプライマーを用い PCR を行った。1 kbp 付近にのみバンドが観察された場合、その個体は *RoKN1-1* ホモであると決定した。また、700 bp 付近にのみバンドが観察された場合、その個体は *RoKN1-2/RoKN1-3* であると決定した。1 kbp 付近と 700 bp 付近の両方にバンドが観察された場合は BspH I を用いて切断し、バンドパターンを観察して *RoKN1-2* と *RoKN1-3* の判別を行った。

連鎖地図の作製

連鎖地図の作製には JoinMap 4.0 (Van Ooijen, 2006) を用いた。連鎖群の決定は、

LOD 値を統計量とした独立性検定に基づいて行い、LOD 閾値は 5 以上とした。

RoKN1-ALSV ベクターの作製と精製

RoKN1 遺伝子の開始コドンのアデニンから数えて 538-726 bp の領域に相当する 189 bp を、pEALSR2L5R5 の *Xho* I-*Bam*H I サイトに導入した。

RoKN1-ALSV ベクターのウイルス化

本葉が 8 枚ほど展開した播種後約 20 日のキノア 1 個体あたり、プラスミド DNA 溶液 pEALSR1 と pEALSR2L5R5-*RoKN1* 部分長をそれぞれ 6 µg/leaf ずつ、葉身長 2 cm 程度の上葉 3 枚に有傷接種した。約 2 週間後、ウイルス RNA を含む粗抽出物を、本葉が 8 枚ほど展開したキノアに有傷接種した。

病徴が観察されたキノア葉からの Total RNA 抽出とウイルスチェック

CTAB 法 (Murry and Thompson, 1980) に従い、キノア葉から Total RNA を抽出した。この Total RNA が *RoKN1-ALSV* ゲノムを含むことを確認した。

ノイバラ実生へのウイルス接種

本葉が 2~4 枚展開したバラ実生もしくは発芽種子へのウイルス接種は、Helios Gene Gun system (Bio-Rad, USA) を用いたパーティクルガン法によって行った。ウイルス接種を行ったバラは、温度 25 °C、明期 16 時間 / 暗期 8 時間に設定した恒温室で生育させた。

4. 研究成果

棘密度に関わる QTL の探索

バラ品種 'The Fairy' (TF) を胚珠親、テリハノイバラ (*R. wichurana*) の雑種 (RW) を花粉親として作出された F₁ 交雑集団において、棘密度の多様性が観察された。すなわち、棘がほとんど発生しない系統や、親系統より高密度で発生する系統などが現れ、茎と花序に形成される棘の数にばらつきが見られた。そこで、この集団を用いて棘の密度に関する QTL の探索を行ったところ、5 つの QTL が見つかった。5 つの QTL について、LG3 の末端付近に位置し棘密度に最も強い影響力を持つことが示唆された箇所を QTL-1、2 番目に強い影響力を持つことが示唆された箇所を QTL-2 とした。

QTL-1、-2 のイチゴゲノム (*Fragaria vesca* Whole Genome v1.0) における相同領域の推定とトゲ形成関連候補遺伝子の探索

イチゴのゲノムデータベース (*Fragaria vesca* Whole Genome v1.0) を用い、QTL-1 と連鎖する遺伝子 (*RoGID1* と *RoIAA*) をマーカーとして、棘密度 QTL-1 のイチゴゲノムにおける相同領域の推定を行った。その結果、*RoIAA* と *RoGID1* のイチゴホモログはそれぞれ、イチゴの LG6 の 0.57 Mbp 付近と

6.03 Mbp 付近に座乗していることが判明し、この約 5.5 Mbp の領域を棘密度 QTL-1 のイチゴゲノムにおける相同領域とした。次に、この領域内に座乗する遺伝子の中から、棘形成に關与する可能性のある遺伝子を探索した。その結果、葉や葉の相同器官の形態形成を制御する遺伝子として知られる Class *Knotted1*-like homeobox (*KNOX*) 遺伝子が領域内に見出されたので、このバラホモログを棘形成關連候補遺伝子とし *RoKN1* と命名した。また、シロイヌナズナの *KNOX* 遺伝子と *RoKN1* を用いてアミノ酸配列を基にした分子系統樹を作製したところ、*RoKN1* は *KNOTTED-like from Arabidopsis thaliana 2* (*KNAT2*) や *KNAT6* と最も類似性が高いという結果が得られたことから、シロイヌナズナにおいて *KNAT2* や *KNAT6* を制御することが知られている *ASYMMETRIC LEAVES1* のバラホモログも棘形成關連候補遺伝子とし、*RoPHAN* と命名した。しかしながら、*TF* と *RW* を両親とした F_1 交雑集団の連鎖地図に *RoPHAN* をマッピングした結果、QTL-2 のごく近傍ではあるものの、*RoPHAN* はトゲ密度 QTL-2 内には座乗していないことが判明した。

トゲ密度 QTL-2 は、*BFACT47* と *Rh50* という 2 つの SSR マーカー間に存在していた。そこで、*BFACT47* と強く連鎖している *KSN* 遺伝子と *Rh50* のごく近傍に座乗する前述の *RoPHAN* 遺伝子の CDS を用い、それぞれ Strawberry Genome v1.0 ab hybrid gene transcripts データベースに対する BLASTN 検索を行い、*KSN* 遺伝子と *RoPHAN* 遺伝子のイチゴホモログを探索した。得られた Protein TERMINAL FLOWER 1 と Transcription factor AS1 をそれぞれ *KSN* と *RoPHAN* のイチゴホモログとし、GBrowse (*Fragaria vesca* v1.0 (build 8) Pseudomolecule Assembly) を用いてイチゴゲノムにおける座乗位置を確認した。その結果、*KSN* ホモログが LG6 の 13.14 Mbp 付近、*RoPHAN* ホモログが LG6 の 9.35 Mbp 付近に座乗することが判明した。そこで、LG6 の 9.35 Mbp ~ 13.14 Mbp の領域を棘密度 QTL-2 のイチゴゲノムにおける相同領域と推定した。

棘密度 QTL-2 のイチゴゲノムにおける相同領域に座乗する遺伝子のアノテーションを PFR STRAWBERRY SERVER の Strawberry Linkage Group Browser 内で確認し、棘形成に關与する可能性のある遺伝子を探索した。その結果、シロイヌナズナにおいて、側性器官の形成を促進する転写因子であることが知られている *ATHB-15* Green et al., 2005) とシロイヌナズナ (*Arabidopsis thaliana*) において、トライコームや根毛の

発達に關わる転写因子であることが示唆されている *WRKY-44* (Johnson et al., 2002) のバラホモログを棘形成關連候補遺伝子とした。

リアルタイム RT-PCR による *RoKN1* 遺伝子の発現解析

RoKN1 が棘形成に關与している可能性が考えられたので、ノイバラ野生型株とノイバラトゲ無し変異体株の花序を用いた *RoKN1* の発現解析を行った。

花序全体から抽出した Total RNA の逆転写産物を用いた発現解析では、棘が形成された花序第 1 節と比べ、棘無し変異体株 B の花序第 1 節と花序第 3 節、棘無し変異体株 C の花序第 3 節において、*RoKN1* の発現量に 2 倍以上の差があった。一方、花序の棘形成部位もしくは棘無し変異体の相同部位 5 mm 程度を用いた解析では、棘が形成されなかったすべての区において、棘が形成された野生型株の花序第 1 節より、*RoKN1* の発現量が 2 倍以上高いという結果が得られた。この結果から、*RoKN1* は棘形成を負に制御している可能性が示唆された。なお、花序全体を用いた発現解析では、棘が形成された区にも多くの棘が形成されていない部位が含まれていた影響で *RoKN1* の発現量が高くなり、棘が形成されなかった区との差が十分検出されなかった可能性が考えられた。

リアルタイム RT-PCR による *RoATHB-15* 遺伝子の発現解析

RoATHB-15 の発現量を比較した結果、野生型株 2 の棘が形成された花序第 1 節と比べて、2 倍以上発現量に差がある区は無かったことから、*RoATHB-15* がバラの茎に発生するトゲの形成に關与している可能性は低いと考えられた。

リアルタイム RT-PCR による *RoWRKY-44* 遺伝子の発現解析

RoWRKY-44 の発現量を比較した結果、野生型株 2 の棘が形成された花序第 1 節と比べて、2 倍以上発現量に差がある区は無かったことから、*RoWRKY-44* がバラの茎に発生するトゲの形成に關与している可能性は低いと考えられた。

RoKN1 のゲノムおよび cDNA 配列の単離

発現解析の結果、*RoKN1* が棘形成に關与している可能性が示唆された。そこで、1 節間あたりの平均トゲ数にばらつきが見られた、*TF* と *RW* を両親とした F_1 交雑集団の *RoKN1* 遺伝子型を決定するために、*RoKN1* のイチゴホモログと、*RoKN1* 部分長の配列情報を基にして設計したプライマーを用い

て、TFとRWのgDNAからそれぞれRoKN1の単離を行った。その結果、RoKN1-1、RoKN1-2、RoKN1-3と思われる3種類の塩基配列が得られた。開始コドンから3'UTRまでの塩基配列を決定した結果、RoKN1-1はRoKN1-2、RoKN1-3と比べて、イントロン3に288 bpの挿入が1か所とSNPが1か所見られた。RoKN1-2はRoKN1-1、RoKN1-3と比べて、イントロン1にSNPが1か所見られた。RoKN1-3はRoKN1-1、RoKN1-2と比べて、イントロン2にSNPが1か所、イントロン3にSNPsが7か所見られた。

RoKN1-1、RoKN1-2およびRoKN1-3の推定CDSは完全に一致しており、RoKN1イチゴホモログの配列情報からもRoKN1-1やRoKN1-2およびRoKN1-3のCDSの間に塩基置換は無いと推定されたが、RoKN1-1にのみ存在する288 bpの挿入の一部もしくは全体がRoKN1-1のCDSに加わっている可能性も考えられた。そこで、RoKN1-1とRoKN1-3を持つTFからRoKN1 cDNAを単離したが、推定CDSと完全に一致した1種類の塩基配列しか得られず、288 bpの挿入由来の配列が加わったCDSが存在する可能性は低いと考えられた。

TFとRWおよびそれらを両親としたF₁交雑集団96個体のRoKN1遺伝子型と1節間あたりの平均トゲ数との関係

BspH Iを用いたPCR-RFLP法により、TFとRWを両親としたF₁交雑集団96個体のRoKN1遺伝子型を決定した。RoKN1遺伝子型と1節間あたりの平均棘数との関係を調べたところ、RoKN1-1を持つ個体は1節間あたりの平均棘数が少なくなることが示唆され、RoKN1-1ホモ個体の1節間あたりの平均棘数が最も少なく、その数は1未満であることが明らかとなった。

ALSVベクターを用いたバラVIGSの確立：RoKN1-ALSVベクターのウイルス化

現在、30種類程度のウイルスがVIGSに用いられており、そのひとつとして、リンゴから単離されたリンゴ小球形潜在ウイルス(ALSV)がある(Huang et al., 2012)。本研究により、ハマナス(*R. rugosa*)とノイバラ(*R. multiflora*)においてALSVが無病徴感染することを明らかにするとともに、ALSVベクターを用いたPhytoene desaturase (PDS)のジーンサイレンシング誘導に成功した(Ito et al., 2012; 太田垣ら、未発表データ)。本葉が8枚ほど展開した播種後約20日のキノア1個体あたり、プラスミドDNA溶液pEALSR1とpEALSR2L5R5-RoKN1部分長をそれぞれ6

μg/leafずつ、上葉3枚に有傷接種した。約2週間後、接種葉より上位にある葉において病徴が観察され、RoKN1-ALSVベクターのウイルス化に成功した。

ALSVベクターを用いたバラVIGSの確立：RoKN1-ALSVのバラへの接種

RoKN1-ALSVのバラへの接種は、Helios Gene Gun system (Bio-Rad)を用いて、本葉が2~4枚展開したノイバラ棘無し変異体株実生51個体と、メスを用いてノイバラトゲ無し変異体株の種子から胚を取り出し、シャーレ内で育てた発芽種子133個体の合計183個体に行った。本葉が2~4枚展開した生育段階でRoKN1-ALSVを接種したノイバラ棘無し変異体株実生51個体のうち4個体にトゲの形成や樹形の変化といった形態変化が観察されたので、それらの個体の上葉からTotal RNAを抽出し、病徴が観察されたキノア葉と同様の手法でウイルスチェックを行った。しかし、想定される断片長の増幅断片は得られなかった。発芽種子の段階でRoKN1-ALSVを接種したノイバラトゲ無し変異体株実生133個体中87個体は、子葉の段階もしくは本葉が1枚展開した段階で枯死した。残り46個体のうち6個体に棘の形成や樹形の変化といった形態変化が観察されたが、ウイルスチェックの結果、ALSVの感染は確認されなかった。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 6 件)

1. H. Ito, M. Ochiai, H. Kato, K. Shiratake, D. Takemoto, S. Otagaki and S. Matsumoto
Rose phytoene desaturase gene silencing by Apple latent spherical virus vectors.
HortScience 47: 1278-1282 (2012)
2. H. Umemura, S. Otagaki, M. Wada, S. Kondo and S. Matsumoto
Expression and functional analysis of a novel MYB gene, *MdMYB110a_{JP}*, responsible for red flesh, not skin color in apple fruit.
Planta 238: 65-76 (2013)
3. M. Ochiai, S. Matsumoto and K. Yamada
Methyl jasmonate treatment promotes flower opening of cut *Eustoma* by inducing cell

wall loosening proteins in petals.

Postharvest Biology and Technology 82: 1-5 (2013)

4. R. Nakajima, S. Otagaki, K. Yamada, K. Shiratake and S. Matsumoto
Molecular cloning and expression analysis of *FaFT*, *FaTFL* and *FaAPI* genes in cultivated strawberry: their correlation to flower bud formation.
Biologia plantarum. 58: 641-648 (2014)
5. T. Horibe, K. Yamada, S. Otagaki, S. Matsumoto and K. Kawamura
Molecular Genetic Studies on the Continuous-flowering Roses that are not originated from *Rosa Chinensis*.
Acta Hort. 1064: 185-192 (2015)
6. S. Otagaki, Y. Ogawa, L. H. Oyant, F. Foucher, K. Kawamura, T. Horibe and S. Matsumoto
Genotype of *FLOWERING LOCUS T* homologue contributes to the flowering time differences in wild and cultivated roses.
Plant Biology in press (2015)

〔学会発表〕(計 9 件)

1. 伊藤洋章、松本省吾
バラにおける ALSV 誘導ジーンサイレンシングの試み
平成 23 年度 園芸学会東海支部大会、静岡市産学交流センター 2011.9.
2. 河村耕史、岩田光、山田邦夫、松本省吾、福井博一、J. Jeauffre、T. Thouroude、L. Hibrand-Saint Oyant、F. Foucher
栽培バラに四季咲き性をもたらしたトランスポゾン：バラゲノム内のコピー数と分布
平成 23 年度 園芸学会 秋季大会、岡山大学 2011.9.
3. Fabrice Foucher, Soulaïman Sakr, Mohammed Bendahmane, Marinus Smulders, Thomas Debener, Jan De Riek, Ana Maria Torres, Iraida Amaya, Teresa Millan, Daniel Zamir, Dan Sargent, Hilde Nybom, Atanas Atanassov, Stan C. Hokanson, David Byrne, Bryon Sosinski, Dorrie Main, Anne Bruneau, Jasper Rees, Shogo Matsumoto and Kunio Yamada
The Rose Genome Sequence Initiative
the Plant and Animal Genome XX Conference,

the Town & Country Hotel in San Diego, California2012.1.

4. 林 裕作、河村耕史、白武勝裕、松本省吾
バラのトゲ形成に関わる遺伝子の探索と解析
平成 24 年度 園芸学会 春季大会、大阪府立大学 2012.3.
5. 小川裕佳子、河村耕史、松本省吾
早咲き・遅咲きバラと *FT* の遺伝子型
平成 24 年度 園芸学会東海支部大会、三重県農業研究所 2012.8
6. 落合正樹、伊藤洋章、加藤大明、白武勝裕、竹本大吾、太田垣駿吾、松本省吾
バラにおける ALSV を用いたジーンサイレンシング法の確立
日本農芸化学会中部支部例会、名古屋大学 2012.10.
7. 堀部貴紀、河村耕史、山田邦夫、太田垣駿吾、松本省吾
RoKSN 遺伝子へのレトロトランスポゾン挿入によらない新奇四季咲きバラ
平成 24 年度 園芸学会 秋季大会、福井県立大学 2012.9
8. 小川裕佳子、河村耕史、太田垣駿吾、白武勝裕、松本省吾
バラ *FT* 遺伝子型による開花開始時期への影響
平成 25 年度 園芸学会 秋季大会、岩手大学 2013.9
9. 近藤啓太、太田垣駿吾、河村耕史、白武勝裕、松本省吾
バラのトゲ形成に関わる遺伝子の探索と解析
平成 26 年度 園芸学会 秋季大会、佐賀大学 2014.9

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

- (1)研究代表者 松本省吾
(名古屋大学大学院生命農学研究科・教授)
研究者番号：90241489
- (2)研究分担者 竹本大吾(名古屋大学大学院生命農学研究科・准教授)
研究者番号：30456587
- (3)連携研究者 河村耕史(大阪工業大学工学部・特任准教授)
研究者番号：00595613