

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 5 月 30 日現在

機関番号：34419

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2013～2015

課題番号：25850018

研究課題名(和文) トウガラシが辛味を喪失する新規メカニズムの解明およびその一般化

研究課題名(英文) A novel loss of pungency mechanism of Capsicum and evaluation of generality

研究代表者

小枝 壮太 (KOEDA, Sota)

近畿大学・農学部・講師

研究者番号：00629066

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：ポリビア原産のトウガラシNo.3341は果実に辛味成分カプサイシノイドをまったく蓄積せず、その原因は既知の情報では説明できない。本研究では辛味品種Habaneroと既知の遺伝子変異により辛味を呈さない非辛味品種としてNo.2, No.80, NMCA30036を供試した。これら品種の交雑後代を調査したところ、No.3341は単一の劣性遺伝子により辛味を呈さず、新規因子が関与していることを明らかにした。また、Comtの変異が原因である可能性についても棄却した。そこで、Rad-seq解析を行ったところ、No.3341の非辛味性に強く連鎖するマーカーを作成することに成功した。

研究成果の概要(英文)：No.3341 from Bolivia is a non-pungent pepper cultivar. Our segregation analysis using pungent Habanero and non-pungent No.2 (p-amt), No.80 (p-amt), NMCA30036 (pun1) indicated that non-pungency of No.3341 is controlled by a novel single recessive gene, neither Pun1 nor p-AMT. In addition, Comt was also not related to non-pungency of No.3341. Moreover, from Rad-seq analysis of Habanero, No.3341 and F2 population, molecular marker linked to non-pungency of No.3341 was obtained.

研究分野：農学

キーワード：蔬菜 トウガラシ 辛味・非辛味 カプサイシノイド 遺伝子 Capsicum chinense マーカー

1. 研究開始当初の背景

トウガラシ (*Capsicum* spp.) には辛い香辛料用の品種群と、辛くない野菜用の品種群があり、これら辛くない品種群は辛味品種から生じた変異系統を選抜・育成したものである。辛味成分であるカプサイシノイドの有無は、香辛料になるか野菜になるかを左右する重要な形質であるが、その合成機構、とりわけ分子機構は十分に理解されていない。カプサイシノイド合成能の有無を質的に決める因子としては、合成経路上で機能する *acyltransferase* (*Pun1*) および *putative aminotransferase* (*pAMT*) が報告されている。しかし、これら 2 遺伝子以外に報告はなく、解析することで新規因子の同定につながるような品種・系統も報告されていない。

研究代表者はボリビア原産の No.3341 は果実に辛味成分カプサイシノイドをまったく蓄積せず、その原因は既知の情報では説明できないことを見出した。すなわち、No.3341 の *Pun1* および *pAMT* の発現解析を行ったところ、辛味品種と同等の発現が認められ、mRNA 配列さらにはゲノム配列にも異常は認められなかった。

2. 研究の目的

近年ナス科作物のゲノム解析が急速に進んでいる。トマトの全ゲノム配列は既に公開され、トウガラシについても全ゲノム配列が公開された。また、トウガラシの EST データベースも公開されていることから、遺伝子の情報が豊富である。本研究ではこれらの情報を利用し、No.3341 が辛味を呈さない原因遺伝子を同定する。さらに、原産地より収集した複数の非辛味系統を調査することで、No.3341 と同じメカニズムで辛味を喪失している系統が広く存在することを明らかにする。

3. 研究の方法

辛味品種 Habanero, 非辛味品種 No. 3341, No.2 および No.80 の特性評価を行った。また、No.3341 を中心として上記の品種に加えて、*Pun1* に変異を有する非辛味品種 NMCA30036 との交雑集団を展開した。

Habanero, No.2 および No.80 から RNA および DNA を抽出した。*Pun1* および *p-AMT* の果実胎座部における発現解析、両遺伝子のシーケンス解析を行い、発現異常や変異の有無を調査した。

No.2, No.80 およびカリブ海と南米大陸で収集したトウガラシ遺伝資源を栽培し、DNA を抽出した。SSR マーカーを用いて PCR を行い、アクリルアミド電気泳動を行った。得られた多型情報に基づき、分子系統解析を行った。

No.2, No.80 およびそれらの F1 の果実を収

集した。半分に切り分けた果実をガラス瓶に密封し、SMPE 法で芳香性成分を収集した。GC-MS および GC を用いて芳香性成分の定性および定量を行った。

Habanero を用いて、トウガラシの果実胎座部で発現している *caffeic acid O-methyltransferase* (*Comt*) の単離、発現解析を行った。また、インバース PCR により No.3341 の *Comt* における変異を同定し、変異を検出できる DNA マーカーを設計した。*Comt* の遺伝子型と非辛味形質との関連を分離集団を用いて調査した。

Habanero, No.3341 および F2 集団 (96 個体) から DNA を抽出した。これらの DNA を制限酵素処理した後にバーコード配列を付加し、バルクにして次世代シーケンサーで配列を解読した (Rad-seq 解析)。Stacks でデータを解析し、原因遺伝子の座上位置を特定した。

4. 研究成果

非辛味系統 No.2 および No.80 の原因遺伝子の同定・来歴・果実の香りの解析

ブラジル原産の No.2 およびトリニダード・トバゴ原産の No.80 は共に辛味を呈さない *C. chinense* である。本研究では、これらの品種と辛味品種の交雑後代を展開し、非辛味性の遺伝様式を明らかにした。また、これまでに機能喪失型の変異によりトウガラシが辛味を呈さなくなることが報告されている。*Pun1* および *p-AMT* について遺伝子発現解析およびシーケンス解析を行った。

No.2 あるいは No.80 と Habanero との交雑後代における非辛味性の遺伝様式を調査したところ、両品種において非辛味性は単一の劣性遺伝子により支配されていることが明らかになった。また、*Pun1* に機能喪失型の変異を有する NMCA30036 との F1 において、いずれも辛味を呈したことから、両品種の非辛味性の原因は *Pun1* における遺伝的変異ではないと考えられた。さらに、No.2 と No.80 の F1 と辛味を呈さなかったことから、両者の非辛味性は同じ遺伝子座に座上する遺伝子により支配されていることが示唆された。

Pun1 および *p-AMT* の発現解析を行ったところ、辛味品種である Habanero と比較して、*Pun1* は両品種とも同等に発現していることが明らかになった。一方、*p-AMT* では No.80 においては同等の発現が認められたが、No.2 においては発現量が減少していることが明らかになった。続いて、*Pun1* および *p-AMT* の転写産物の塩基配列を解読した。*Pun1* においては非辛味性に関与するような遺伝子変異は両品種で認められなかった。一方、*p-AMT* においては No.2 では第 6 エキソンに 8 bp の挿入が、No.80 では第 2 エキソンに 7 bp の挿入が認められ、フレームシフトにより正常なタンパク質が翻訳されないことが明らかに

なった(第1図)。なお、これらの挿入を検出するDNAマーカーを設計し、F2集団における非辛味性との連鎖を調査したところ、遺伝子型と形質が完全に連鎖した。このことから、No.2およびNo.80が辛味を呈さない原因は*p-AMT*の遺伝子変異であると考えられた。

ブラジル原産のNo.2とトリニダード原産のNo.80は共に*p-AMT*に非辛味性の原因となる変異を有するものの、両者は独立した生じた遺伝的変異であった。そこで、両品種とカリブ海諸国および南米大陸より収集した他の*C. chinense*品種群との分子系統解析を行い、両品種の遺伝的関係性を調査した。調査より、No.80は他のカリブ海諸国の在来トウガラシとは遺伝的に遠い関係にあり、No.2と非常に近縁であることも明らかになった。

Habanero	MAN----ITNEFMGHMDLAPFTAGQ--SDMEPLVIEKSEGSVYVDINGKYLDTLSGLWC
No.80	MAN----ITNEFMGHMDLAPFSLYCGMAE-----
No.2	MAN----ITNEFMGHMDLAPFTAGQ--SDMEPLVIEKSEGSVYVDINGKYLDTLSGLWC
<i>C. annuum</i>	MAN----ITNEFMGHMDLAPFTAGQ--SDMEPLVIEKSEGSVYVDINGKYLDTLSGLWC
<i>C. frutescens</i>	MAN----ITNEFMGHMDLAPFTAGQ--SDMEPLVIEKSEGSVYVDINGKYLDTLSGLWC
Tomato	MG----EVNGFMGHMDLAPFTAGQ--SDMEPLVIEKSEGSVYVDINGKYLDTLSGLWC
Arabidopsis	MNSGDVFIILRSKSGHMDLAPFTAGQSDLDLPLVIAKSEGSVYVDITGKYLDTLSGLWC
Habanero	ATLGGSETRLVEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
No.80	ATLGGSETRLVEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
No.2	ATLGGSETRLVEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
<i>C. annuum</i>	ATLGGSETRLVEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
<i>C. frutescens</i>	ATLGGSETRLVEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
Tomato	TSLGGSEARLLEAANKQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
Arabidopsis	TALGGPEPLVSAVEAQLNLPFYHSFWRRTTKPSLDLAKELNMFNTANKMAKVFNTSG
Habanero	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
No.80	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
No.2	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
<i>C. annuum</i>	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
<i>C. frutescens</i>	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
Tomato	SEANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
Arabidopsis	SDANDTQVLMVYNNALGRPKKKIARAKAYHSGTYISAGLSGLPPMHQKFDLPPPFV
Habanero	LHTECPHYWYHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
No.80	LHTECPHYWYHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
No.2	<u>HLFCTLSALITGPICTQVKPKRNSLLGNQIIMKLVYSKRLGKQ</u>
<i>C. annuum</i>	LHTECPHYWYHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
<i>C. frutescens</i>	LHTECPHYWYHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
Tomato	LHTQCPHYWYHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
Arabidopsis	LHTDQWYRHLPGTEEEFSTRANNLESILKEGPEVAAFAEIPVLAGAAGVILPPA
Habanero	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
No.80	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
No.2	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
<i>C. annuum</i>	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
<i>C. frutescens</i>	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
Tomato	TYFDKQALRKHDILFDEAVCGFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLSVAKLSSGYPVIAA
Arabidopsis	TYFEKQAVVKYDILFDEAVICAFGRGLGTFMGSDKYNKPDVLTAKALSSAVMPVIAA
Habanero	VLVSQKISSVLSSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
No.80	VLVSQKISSVLSSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
No.2	VLVSQKISSVLSSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
<i>C. annuum</i>	VLVSQKISSVLSSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
<i>C. frutescens</i>	VLVSQKISSVLSSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
Tomato	VLVSPESINVLHSESNKIGAFCHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
Arabidopsis	ILMSQEVADVINSHSSKLVGFSHGFTYSGHPVACAVALEALKIYKERNITEVVKISQKF
Habanero	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
No.80	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
No.2	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
<i>C. annuum</i>	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
<i>C. frutescens</i>	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
Tomato	QEGLKAFAD-SPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
Arabidopsis	QDQKAFASGSPITGEIRGTGLALSTEFVNDKSPNDFPYEAVGTYFGAQCAYGMVLS
Habanero	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
No.80	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
No.2	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
<i>C. annuum</i>	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
<i>C. frutescens</i>	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
Tomato	STGDHNMAPPFSLLEEDELIRYVKALKDTEKRVLEELKSKQK-
Arabidopsis	VAGDGLMSPPSLISPEIDEELISYVKALKATEKRVLEELKSKQK-

第1図 Alignment of the deduced amino acid sequence of p-AMT from 'Habanero', 'No.80', and 'No.2' with similar sequences of plant origin. p-AMT of 'Habanero', 'No.80', and 'No.2' were aligned to gamma aminobutyrate transaminase 2-like (*Solanum lycopersicum*, XP_004244777) and aminotransferase-like protein (*Arabidopsis thaliana*, BAB03068). Underlined part indicates the PLP binding domain. In 'No.80' and 'No.2' truncated p-AMT could be produced because of 7-bp and 8-bp insertions, respectively (shaded grey).

このころから以下の2点に着目した。1: No.80が他のカリブ海諸国在来トウガラシとは遺伝的に遠く、南米大陸のトウガラシと近縁であったころから、南米大陸のベネズエラ

沖合に位置するトリニダード島に大陸本土より人や文化の交流を通じて持ち込まれたことが示唆された。2: No.2とNo.80は遺伝的には非常に近縁であり、かつ*p-AMT*に異なる遺伝的変異を有していたことから、非辛味化するような*p-AMT*の変異は比較的小さな集団の中で独立して生じ、それが人為的に選抜されている可能性がある。これらの仮説の信頼性を高めるためには、更なる研究が求められる。

No.2およびNo.80は共に*p-AMT*の変異により辛味を呈さない品種であるが、前者の果実は香りが弱く、後者の果実は香りが強い。そこで、両品種の果実における香り成分を定性・定量するとともに、F1の果実における香り成分も調査することで非辛味性の芳香性トウガラシ育成に向けた知見の収集を行った。調査より、芳香性が強いNo.80においてNo.2と比較してトウガラシの香りに寄与することが報告されている複数の物質の発散量が多いことが明らかになった。また、F1の果実では両親よりも発散量の多い成分も多かったことから、*p-AMT*の変異による非辛味品種間の交雑で新たな非辛味・芳香性品種の育成が可能であると考えられた。

No.2およびNo.80に加えて、先行研究による知見を合わせて考えると、これまで育成されてきた*C. chinense*の非辛味品種の多くが*Pun1*ではなく*p-AMT*の遺伝的変異によることから、*p-AMT*が過去の育種において主に利用されてきたと考えられた。また、NMCA30036、No.2およびNo.80をNo.3341と交雑することによりNo.3341が未知の原因遺伝子(*Pun1*および*p-AMT*以外)により辛味を呈さないことが明らかにできる。以上の内容は、Koeda et al. (2015, JJSJS)に掲載された。

No.3341の非辛味性の遺伝様式
非辛味品種No.3341と辛味品種Habaneroの果実よりmRNAを抽出し、*Pun1*および*p-AMT*の遺伝子発現解析およびシーケンス解析を行った。調査より、両品種間で発現量に差は認められず、*p-AMT*にのみアミノ酸の置換が認められたがカプサイシノイド合成能に影響するような変異ではないと考えられた。これらのことから、No.3341は新規因子により辛味を呈さないことが示唆された。

No.2およびNo.80の調査より、交雑後代を展開することでNo.3341の非辛味性が新規因子により生じていることを証明できる状況が整った。そこで、本研究ではNo.3341とHabanero、NMCA30036(*Pun1*に劣性変異)、No.2(*p-AMT*に劣性変異)あるいはNo.80(*p-AMT*に劣性変異)との交雑後代を展開した(第1表)。調査より、No.3341の非辛味性は単一の劣性遺伝子により支配されることが明らかになった。また、No.3341とNMCA30036(*Pun1*に劣性変異)、No.2(*p-AMT*に劣性変異)あるいはNo.80(*p-AMT*に劣性変異)とのF1個体がすべて辛味を呈したことから、No.3341の

原因遺伝子は *Pun1* および *p-AMT* ではなく、新規因子であることが示された。以上の内容は、Koeda et al. (2015, Hort J) に掲載された。

第1表 No.3341の非辛味性の遺伝様式

品種および交雑組み合わせ	個体数	
	辛	非辛
P1 Habanero	10	0
P2 No.3341	0	10
P3 NMCA30036	0	10
P4 No.2	0	10
P5 No.80	0	10
F1 (P1 × P2)	15	0
F1 (P3 × P2)	15	0
F1 (P4 × P2)	14	0
F1 (P5 × P2)	15	0
F2 (P1 × P2)	76	22

トウガラシにおける *Comt1* および *Comt2* の単離、No.3341 の非辛味性への *Comt1* の欠損変異の関与

上述の通り、トウガラシが辛味を呈さなくなるような遺伝子変異は *Pun1* および *p-AMT* にしか見出されていない。一方で、ウイルス誘導性ジーンサイレンシング (VIGS) による解析から、*Comt* の転写を抑制すると果実の辛味が大幅に低下することが報告されている。このことから、*Comt* に変異が生じるとトウガラシは辛味を呈さなくなるのが想定される。そこで、No.3341 が辛味を呈さない原因が *Comt* における変異である可能性を調査した。

これまで *C. annuum* から *CaOMT1* が *C. chinense* から *Comt* が単離されているが、これらが異なるアレルなのか、あるいは異なる遺伝子座に座する異なる遺伝子なのかは明らかではない。そこで、本研究では辛味品種 Habanero の果実胎座部より mRNA を抽出し、両遺伝子配列の単離を行った。調査より、2種類の *Comt* 様配列が単離され、互いの核酸配列は 92%の相同性を有していた。また、それぞれ *CaOMT1* あるいは *Comt* と 99%の相同性を有していた。そこで、本研究において *Comt* と相同性の高い配列を *Comt1*、*CaOMT1* と相同性の高い配列を *Comt2* と命名した。

Comt1 および *Comt2* のアミノ酸配列と他の OMT の配列を用いて分子系統解析およびドメイン解析を行ったところ、*Comt1* および *Comt2* は互いに非常に近縁であり、かつ他の COMT と同じクレードに分類されることが明らかになった。また、O-methyltransferase の酵素活性にとって重要なアミノ酸について調査したところ、COMT1 は他の COMT と完全に一致し、COMT2 は一塩基のみ異なるアミノ酸を有することが明らかになった。

トウガラシの辛味成分であるカプサイシノイドは果実の胎座部で合成されることが明らかになっているため、胎座部における *Comt1* および *Comt2* の発現解析を Habanero に

おいて行った。調査より、*Comt1* および *Comt2* 共にカプサイシノイドの蓄積に先行して発現が上昇することが明らかになった。また、*Comt1* は果実の胎座部で特異的に発現しており、*Comt2* は葉、茎および根でも発現していることが明らかになった。これらのことから、*Comt1* および *Comt2* はカプサイシノイド合成に関与する可能性のある候補遺伝子であることが明らかになった。

Habanero および No.3341 の cDNA および DNA をテンプレートとして *Comt1* を PCR により増幅したところ、No.3341 においてのみ 3' 側に設計したプライマーを用いた場合にのみ増幅産物が認められないことが明らかになった。このことから、No.3341 の *Comt1* には欠損変異が生じていることが示唆された。そこで、インバース PCR により欠損部位周辺の配列をシーケンスしたところ、No.3341 の *Comt1* は第4エキソン以降を大きく欠損していることが確認された。*Comt1* の欠損変異と No.3341 の非辛味性が関連している可能性を検証するために、欠損の有無を検出できる DNA マーカーを設計し、遺伝子型と形質の連鎖を調査した。調査より、想定に反して *Comt1* の欠損変異は非辛味性と連鎖しないことが示されたことから、*Comt1* の欠損変異は No.3341 の非辛味性の原因遺伝子ではないことが明らかになった。また、トウガラシ遺伝資源の調査より、辛味品種であっても *Comt1* の欠損変異を有するものが認められた。以上より、No.3341 の非辛味性の原因遺伝子は *Pun1*、*p-AMT* および *Comt1* 以外の変異であることが示された。また、本研究より、*Comt1* はこれまで非辛味品種育成のターゲットとなり得ると考えられていたが、その可能性を明確に否定するデータとなった。以上の内容は Koeda et al. (2015, AJPS) に掲載された。

Habanero および No.3341 の F2 集団を用いた Rad-seq 解析

トウガラシのゲノムサイズは大きいと、mut-map 法などで原因遺伝子の同定を試みるのは費用対効果が低いと考えられる。そこで、本研究では全ゲノムからランダムに数%だけを解読する Rad-seq 法により Habanero、No.3341 および F2 集団のシーケンス解析を行った。調査より、Rad108121 周辺に原因遺伝子が座することが明らかになった。Rad108121 の SNP を dCAPs マーカー化し、確認したところ F2 集団において 94 個体/96 個体で連鎖することが確認された。ただし、同マーカーであっても遺伝子型が形質と完全に連鎖していないため、今後は親品種のリシーケンスや RNA-seq を行うことで新たな SNPs を探索し、マーカー化することで候補領域の絞り込みが行えると考えられた。また、F2 集団の個体数を増やすことで、候補領域の絞り込みを行う必要がある。

(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4件)

Yoshiyuki Tanaka, Tomomi Sonoyama, Yuji Muraga, Sota Koeda, Tanjuro Goto, Yuichi Yoshida, Kenichiro Yasuba. 2015. Multiple loss-of-function putative aminotransferase alleles contribute to low pungency and capsinoid biosynthesis in *Capsicum chinense*. Molecular Breeding. In press. 査読あり.

Sota Koeda, Kosuke Sato, Yuri Tanaka, Rihito Takisawa, Akira Kitajima. 2015. A *Comt1* loss of function mutation is insufficient for loss of pungency in *Capsicum*. American Journal of Plant Sciences. 6: 1243-1255. 査読あり.

Sota Koeda, Kosuke Sato, Rihito Takisawa, Akira Kitajima. 2015. Inheritance of the non-pungency in 'No.3341' (*Capsicum chinense*). The Horticulture Journal. 84: 323-326. 査読あり.

Sota Koeda, Kosuke Sato, Kenichi Tomi, Yoshiyuki Tanaka, Rihito Takisawa, Munetaka Hosokawa, Motoaki Doi, Tetsuya Nakazaki, Akira Kitajima. 2014. Analysis of Non-pungency, Aroma, and Origin of a *Capsicum chinense* Cultivar from a Caribbean Island. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science. 83: 244-251. 査読あり.

[学会発表](計6件)

田中義行・園山知美・村賀湧次・小枝壮太・後藤丹十朗・吉田裕一・安場健一郎. 2015. 低辛味トウガラシ (*Capsicum chinense*) における *p-amt* 機能欠損アリルの系統解析. 園芸学研究 14(別1): 145. 千葉県千葉市. 2015年3月28日. 土井元章・久保田瑞季・小枝壮太・大野翔・細川宗孝. 2014. トウガラシ果実における発散香气成分とカプサイシノイドおよびカプシノイド含量との関係解析. 園芸学研究 13(別2): 207. 佐賀県佐賀市. 2014年9月27日.

田中義行・園山知美・小枝壮太・安場健一郎・後藤丹十朗・吉田裕一. 2014. 低辛味トウガラシ (*Capsicum chinense*) における *p-amt* 機能欠損アリルの分類. 園芸学研究 13(別2): 172. 佐賀県佐賀市. 2014年9月28日.

小枝壮太・佐藤恒亮・富研一・田中義行・滝澤理仁・細川宗孝・土井元章・中崎鉄也・北島宣. 2014. カリブ海在来トウガラシ'No.80' (*Capsicum chinense*) における非辛味性、香りおよび来歴の解析. 園芸学研究 13(別1): 121. 茨城県つくば市. 2014年3月29日.

小枝壮太・佐藤恒亮・滝澤理仁・細川宗孝・土井元章・北島宣. 2014. 'No.3341' (*Capsicum chinense*) の非辛味性と *Comt* の欠損変異との関係性. 園芸学研究 13(別1): 122. 茨城県つくば市. 2014年3月29日.

小枝壮太・田中友理・佐藤恒亮・滝澤理仁・北島宣. 2014. トウガラシにおける *Comt1* および *Comt2* のクローニング、発現解析および変異系統の探索. 園芸学研究 13(別1): 123. 茨城県つくば市. 2014年3月29日.

[図書](計0件)

[産業財産権]

出願状況(計0件)

名称:
発明者:
権利者:
種類:
番号:
出願年月日:
国内外の別:

取得状況(計0件)

名称:
発明者:
権利者:
種類:
番号:
取得年月日:
国内外の別:

[その他]

ホームページ等

<https://sites.google.com/site/sotakoeda/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

小枝 壮太 (KOEDA, Sota)

近畿大学・農学部・講師

研究者番号: 00629066