

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 6 月 8 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2015～2017

課題番号：15H04447

研究課題名(和文) ユリのゲノム研究基盤を利用した花色・早晩性・香りの解析

研究課題名(英文) Evaluation of color and fragrance of flowers and early flowering in lilies using transcriptome data

研究代表者

山岸 真澄 (YAMAGISHI, Masumi)

北海道大学・農学研究院・准教授

研究者番号：40210348

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,800,000円

研究成果の概要(和文)：ユリは最も重要な花き園芸植物のひとつである。本研究では花弁のトランスクリプトーム解析の成果を用いて、ユリにおいて重要な形質である花色、開花の早晩性、香りについて解析を行った。スカシユリ品種のグランドクルーは花弁に大きな斑点をつくるが、これは新規の転写因子MYB18によって制御されていることが分かった。花弁を白くするにはカロテノイドの蓄積を抑制する必要があるが、スカシユリではCCD4による分解が主な原因であったが、その他のユリでは別の原因が関わっていた。その他に、開花の早晩性に関わるFTや、ベンゼノイド系の香り成分の生合成に関わるODD1転写因子の解析を進めた。

研究成果の概要(英文)：Lily (*Lilium* spp.) is among the most important floricultural plants. Color and fragrance of flowers, and early flowering are their important traits. An Asiatic hybrid lily 'Grand Cru' developed big anthocyanin spots, a unique color pattern, on its tepals and it was clarified that novel transcription factor MYB18 regulated the big-spot development. Suppression of carotenoid accumulation is crucial to create white flowers: Carotenoid cleavage dioxygenase 4 (CCD4) should be the major factor in Asiatic hybrid lilies but other mechanisms might be responsible in Oriental and Longiflorum hybrid lilies. In addition, transcription factors FLOWERING LOCUS T (FT) and ODORANT1 were characterized, which might regulate flowering and benzenoid volatile emission, respectively, in lilies.

研究分野：園芸科学

キーワード：アントシアニン 転写因子 カロテノイド 花の香り 開花の早晩性 スカシユリ FLOWERING LOCUS T
Lilium spp.

1. 研究開始当初の背景

新しい育種が始まっている。従来は有用な形質を持つ親を交雑して、形質を評価しながらその後代を選抜していたが、イネやトマトでは、有用な遺伝子を持つ親を交雑して、その遺伝子型をマーカーで評価しながら、導入したい遺伝子をホモで持つ個体を初期世代 (F₂-F₃) で選抜してしまう育種法が普通の方法になりつつある。マーカーで目的の遺伝子を確実に選抜できるため、初期世代で集団の大きさを絞り込むことができる。その結果、その後の選抜の手間が軽減され、育種ほ場の面積も少なく済み、育種年限の短縮にもつながっている。開花までに時間がかかるユリに適用できれば、育苗段階で選抜が可能になるので、イネやトマトよりもメリットが大きいと期待される (特に選抜ほ場が狭い日本の現場でメリットが大きい)。この方法を実用化するためには、重要な形質において品種間差異の原因になっている遺伝子 (または遺伝子座) を特定する必要がある。

ユリにおいて花色・開花の早晩性・香りはもっとも重要な形質のひとつである。

花色 ナリで品種間差異の原因になっている遺伝子が明らかにされている形質は花色くらいであろう。申請者はアントシアニン色素の生合成を調節している転写因子の *LhMYB12* は花弁がピンク色になるかならないかを決めていることを明らかにしてきた。その一方で、ユリ花弁に現れる斑点など様々な模様ではアントシアニン生合成がどのように制御されているのかまだ十分に分かっていない。

開花の早晩性 オリエンタルハイブリッドユリ品種は全般に晩生で、早生化が求められている。開花の早晩性は一般に日長感受性や春化要求性によって決まる。鱗茎で繁殖するユリでは茎の伸長 (抽だい) を誘導するのに低温が必要で、抽だいたした茎が地上に現れるころには花梗の原基ができていて*ことより、栄養分裂組織から花序分裂組織への移行は抽だいに連動して起こると予想される (低温は春化を促す) (*エゾスカシユリなど秋に花芽分化が終了している種もあるが、多くの種・品種では抽だい開始後に移行が始まる)。一方で抽だい開始から開花までの日数に大きな種間 (品種間) 差異があり、また、花数は球根のサイズに依存することより、何らかの feedback 機構が働き、花序分裂組織から花芽分裂組織が分化するのを抑制していると考えられる。一般にこのような花成に関する現象は転写因子のネットワークで説明される。アラビドプシスでは春化处理によって FLOWERING LOCUS C (FLC) の発現が低下し、FLOWERING LOCUS T (FT) と SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO 1 (SOC1) の発現が上昇する。FT と SOC1 は茎頂で APETALA1 (AP1) と LEAFY (LFY) の発現を誘導して栄養分裂組織から花序分裂組織さらに花芽分裂組織への移行を

促す。TERMINAL FLOWER 1 (TFL1) は主に花序で発現して LFY や AP1 の発現を抑制し、花序分裂組織が花芽分裂組織へ移行するのを抑制する。また FLC や TFL1 以外にも植物の栄養状態に依存した抑制機構が知られており、未熟な個体が開花するのを妨げている。ユリの開花の早晩性や球根のサイズに依存して花数が決まる現象も、このようなネットワークで説明できると考えられるが、まだ証明されていない。

香り スカシユリ (アジアティックハイブリッドユリ) には香りがほとんど無く、逆にオリエンタルハイブリッドユリの香りは強すぎる。香りをコントロールする育種が望まれている。ユリの香気成分には芳香族系 (benzyl alcohol, iso-eugenol など) とテルペノイド系の両方がある。芳香族系成分の生合成遺伝子とそれらの転写調節はペチュニアで詳しく解析されているが、それ以外の植物ではほとんど進んでいない。

先行する科研費研究において、ユリのゲノム研究基盤を整備・発展させた。中でも次世代シーケンズでユリ花弁の全転写産物を網羅的に解析した (RNA-seq)。得られたライブラリー (transcriptome) には、アントシアニン生合成を抑制する MYB 転写因子や、開花調節に関わる転写因子 (FT/TFL1 family 遺伝子、SOC1, FLC, AP1, LFY)、芳香族系の香気成分の生合成を調節している転写因子 [ODORANT1 (ODO1), Emission Of Benzenoids (EOB) I, EOB II] などのホモログが多く含まれており、これらの遺伝子の機能を解析することによってユリの重要形質の遺伝的背景が早期に解明できると期待された。

2. 研究の目的

本研究では上記のゲノム研究基盤を用いて、ユリの花色・開花の早晩性・香りなど重要形質の解析を一気に進め、ユリでもマーカー選抜を用いて育種を進める段階に駒を進められるようにする。

(1) **花色** 斑点など花弁に模様ができるメカニズムの解明に取り組んだ。RNA-seq で得られたライブラリーにはアントシアニン生合成を促進する MYB 転写因子に加え抑制型と推測された MYB も含まれていた。これらの遺伝子の機能解析を進めた。また、カロテノイドの蓄積を抑制して花弁が白くなるメカニズムについても解析を行った。さらに、アントシアニン着色の品種間差異を決定している転写因子 MYB12 が、どの原種のユリから園芸品種に持ち込まれたのか、解析を進めた。

(2) **開花の早晩性** 花序分裂組織や花芽分裂組織への移行に関わると予測される FT/TFL1, SOC1, FLC 遺伝子の機能解析を進めた。

(3) **香り** 芳香族系の香気成分の生合成を調節していると期待される ODO1, EOB I,

EBO II 転写因子の機能を解析した。

3. 研究の方法

オリエンタルハイブリッドユリ‘ディジー’
とスカシユリ‘ロリポップ’の RNA-seq により
得られた花弁由来のライブラリー

(transcriptome) を用いて遺伝子の単離を
行った。またオリエンタルとスカシ以外のユリ
からは degenerate primers を用いて遺伝
子を単離した。

遺伝子発現は主に real-time RT-PCR で解
析した。このとき ACTIN や UBIQUITIN 遺
伝子を内部標準として用いた。

目的の形質が分離する集団を用いて、形質
(表現型) と遺伝子型が共分離することを調
査した。

異種植物への形質転換や Agroinfiltration
法を用いた一過的発現によって遺伝子の機
能を解析した。

他、材料と方法の詳細は研究結果に示した。

4. 研究成果

(1) スカシユリ品種 ‘グランクリュ’ 花被片
のアントシアニン着色に新規の *R2R3-MYB*
遺伝子が関わっている

花に模様ができる仕組みを解明すること
は生物学・花き園芸学のトピックである。ス
カシユリ品種 ‘グランクリュ’ は花被片の基
部にアントシアニンの蓄積による大きなス
ポットを形成する。このようなスポットは他
のスカシユリ品種には認められない。このス
ポット形成に関わる要因をあきらかにする
ために、アントシアニン生合成に関わる転写
因子を単離して解析した。

スカシユリ品種 ‘グランクリュ’、‘コネチカ
ットキング’ ならびに両者の交雑に由来する
F₁ 集団を用いた。花被片より全 RNA を抽出
し cDNA を合成した。Degenerate primer と
gene specific primer を用いて sub-group 6
の *R2R3-MYB* 遺伝子を ‘グランクリュ’ より
単離した。遺伝子の発現解析には real-time
PCR または半定量 PCR を用い、このときユ
リの ACTIN を内部標準とした。F₁ 個体の葉
より DNA を抽出し、PCR で遺伝子の配列を
増幅して分離を調査した。

‘グランクリュ’ は蕾の発達ステージ 3 より
花被片基部の着色が始まり、ステージ 4 (開
花直前) で最大となった。ユリでは sub-group
6 の *R2R3-MYB* がアントシアニン生合成を
制御しており、スカシユリ ‘ロリポップ’ では
sub-group 6 の *R2R3-MYB* が 3 つ、花被片
で発現していることがこれまでに分かって
いる。そこで ‘グランクリュ’ 花被片より
sub-group 6 の *R2R3-MYB* 遺伝子を PCR 法
で単離したところ、4 つの配列が得られた。
このうち MYB18 はステージ 3 と 4 の花被片
で強く発現しており、しかもスポットが現れ
る基部で発現が高かった。この発現パターン
はアントシアニン生合成遺伝子である *CHSa*、

CHSb、*DFR*、*ANS* の発現パターンと一致し
ていた。そこで ‘グランクリュ’ とスポットを
持たない ‘コネチカットキング’ の交雑に由
来する F₁ 集団を用いて *MYB18* の遺伝子型
とスポット (表現型) の分離を調査した。開
花した 57 個体のうち 12 個体でアントシアニ
ンによるスポット様の着色が花被片に認め
られた。Genomic DNA の解析では、*MYB18*
を保持する個体としない個体が 29:28 で分離
した。花被片での発現を調査したところ、
MYB18 を保持する 29 個体のうち 12 個体で
MYB18 の発現が高く、これらの個体はスポ
ット様の着色が認められた個体と一致した。
以上のことより ‘グランクリュ’ 花被片にお
けるスポットの着色には *MYB18* が関わって
いること、加えて、スポットの形成には
MYB18 の存在だけでは不十分で、第 2 の因
子が必要であることが分かった。*MYB18* の
発現の高い個体にのみスポットが発生する
ことより、第 2 の因子は *MYB18* の発現に影
響すると予測された。

(2) アジアティックハイブリッドユリの
MYB12 遺伝子は主にエゾスカシユリに由来
する

ユリの代表的な品種群であるアジアティ
ックハイブリッドユリ (スカシユリ) はエゾ
スカシユリ (*Lilium dauricum*)、(野生) ス
カシユリ (*L. maculatum*)、マツバユリ (*L.*
cernuum)、オニユリ (*L. lancifolium*) などの
原種のユリの種間交雑に由来しており、オリ
エンタルハイブリッドユリはヤマユリ (*L.*
auratum)、オトメユリ (*L. rubellum*)、カ
ノコユリ (*L. speciosum*) などの種間交雑に由
来している。*MYB12* 遺伝子はユリ花被片に
おいてアントシアニン生合成を調節してい
る転写因子で、花色の品種間差異の原因にな
っている重要な遺伝子である。これまでユリ
の原種と園芸品種の *MYB12* 遺伝子の塩基配
列を比較して、園芸品種の *MYB12* 遺伝子の
由来を明らかにしてきた。その結果、オリ
エンタルハイブリッドユリの *MYB12* 遺伝子は
おもにオトメユリとカノコユリに由来する
ことがわかっている。その一方でアジアティ
ックハイブリッドユリの *MYB12* 遺伝子は、
1 品種はマツバユリの *MYB12* 遺伝子と配列
が一致したが、他の品種の配列はマツバユリ
の配列とかなり異なっており、これらがどの
原種のユリに由来するのか特定できなかった。
今回、エゾスカシユリが花被片全体でア
ントシアニンを発色していることを示す情
報が得られたため、エゾスカシユリの
MYB12 遺伝子について検討を行った。

北海道 (北見市・網走市・小清水町・白糠
町)、青森県 (東通村)、中国の大興安嶺に由
来するエゾスカシユリ (*L. dauricum*) 計 10
個体と、東京都 (伊豆大島) のスカシユリ (*L.*
maculatum) を用いた。色素はギ酸で抽出し
515 nm の吸光度で評価した。花被片由来の
cDNA を用いて *MYB12* 遺伝子のほぼ全長を

PCRで増幅し、塩基配列を決定した。得られた配列は clustal X をもちいて園芸品種の MYB12 遺伝子と比較した。

内花被の斑点を含まない部位から色素を抽出したところ、エゾスカシユリからはアントシアニン色素が抽出されたがスカシユリからは抽出されなかった。エゾスカシユリでは MYB12 遺伝子が働き花被片全体でアントシアニンを生合成していると考えられた。そこでエゾスカシユリ 10 個体から MYB12 遺伝子を PCR 増幅して塩基配列を決定したところ、7 通りの配列が得られた。これらをアジアティックハイブリッドユリ品種の配列と比較したところ、1 つは品種 'Montreux' の配列と一致し、残り 6 つの配列も園芸品種の配列とよく似ていた。以上のことよりエゾスカシユリは花被片全体でアントシアニンを生合成していること、アジアティックハイブリッドユリの MYB12 遺伝子はおもにエゾスカシユリに由来していることが明らかとなった。

(3) ユリ (*Lilium* spp.) の花被片が白くなるメカニズムの解析

花卉を白くするにはカロテノイドを貯めないことが必要になる。この場合、カロテノイドの生合成が停止して貯まらない場合と、花卉で特異的に働く carotenoid cleavage dioxygenase 4 (CCD4) によってカロテノイドが分解されて貯まらない場合のあることが知られている。ユリではこれまでにハカタユリ (*Lilium brownii* var. *colchesteri*) より CCD4 遺伝子が単離され、花被片で強く発現し、開花後の色の変化(黄色から白)に関与していることが示されている。このことより、CCD4 が花被片を白くすることに強く寄与していると予測されるが、ハカタユリ以外では調べられていない。そこで今回、テッポウユリ、スカシユリ、オリエンタルハイブリッドユリの花被片を用いて、CCD4 遺伝子とカロテノイドの生合成遺伝子の発現量の挙動を、花の発達ステージ毎に検討した。

シンテッポウユリ (*L. x formolongi*) 'F₁ Augusta' (花被片の色は白)、テッポウユリ (*L. longiflorum*) 'White Heaven' (白)、スカシユリ (*Lilium* spp.) 'Navona' (白)、'Montreux' (ピンク)、オリエンタルハイブリッドユリ (*Lilium* spp.) 'Casa Blanca' (白)、'Dizzy' (白地に赤いストライプ) を主に用いた。蕾を開花前 (stage 1~4)、開花当日 (stage 5)、開花 1 日後~3 日後 (stage 5+1~5+3) に分けて調査に用いた。Stage 3 はアントシアニンの着色が始まる頃、stage 4 は開花 1-2 日前に相当する。カロテノイドをメタノールで抽出したあと分配を行い、吸光度 (A₄₃₇) より面積 (7×20 mm) 当たりの総カロテノイド量を求めた。ハカタユリの配列を用いて、花被片由来の transcriptome よりスカシユリとオリエンタルハイブリッドユリの CCD4 遺伝子を得た。さらに保存された配列より

primer を設計して、シンテッポウユリから CCD4 遺伝子を増幅し配列を決定した。内花被由来の cDNA を用いて、CCD4、phytoene synthase (PSY)、phytoene desaturase (PDS)、lycopene beta-cyclase (LCYB) 遺伝子の発現を定量 PCR 法にて調査した。

[カロテノイド含量] 白花の品種はいずれも開花直前の stage 4 で花被片は十分に白くなった。総カロテノイド量は蕾の発達ステージが進むにつれて徐々に減少し、どの品種も stage 4 でおおよそ 0.2 μg/cm² であった。また外花被よりも内花被でカロテノイド量が低かった。[CCD4 遺伝子の単離] スカシユリ、オリエンタルハイブリッドユリ、シンテッポウユリから単離した CCD4 遺伝子の塩基配列はハカタユリの塩基配列とよく似ていたが、アミノ酸配列 (604 または 605 aa) はハカタユリの CCD4 よりおおよそ 100 aa 長かった。この CCD4 は花被片で強く発現していること、カロテノイドを貯めるスカシユリ品種の花被片では発現しておらず貯めない品種の花被片でのみ発現していたことより、花被片でカロテノイドを分解していると考えられた。[CCD4 遺伝子の発現] 次に CCD4 遺伝子の発現を花被片の発達毎に調査したところ、シンテッポウユリとテッポウユリでは花被片が十分に白くなっている stage 4 ではまだ CCD4 が発現しておらず、開花後に発現が上昇することが示された。一方でスカシユリの 'Navona' と 'Montreux'、オリエンタルハイブリッドユリの 'Casa Blanca' と 'Dizzy' では stage 3 または stage 4 から CCD4 遺伝子の発現量が上昇した。[生合成遺伝子の発現] シンテッポウユリとテッポウユリではカロテノイドの蓄積量が減少する stage と CCD4 遺伝子が発現する stage が一致しなかったことより、次にカロテノイド生合成遺伝子の発現を調査した。蕾における PSY 遺伝子の発現は、シンテッポウユリとテッポウユリでは徐々に減少して stage 4 で発現が最低となった。逆にスカシユリの 2 品種では上昇して stage 4 で最大となった。オリエンタルハイブリッドユリでは発現が低い状態で推移した。PDS 遺伝子はシンテッポウユリとテッポウユリで発現していたが顕著な変動は認められなかった。スカシユリでは蕾の発達に伴って上昇した。一方オリエンタルハイブリッド品種では低い状態で推移した。LCYB 遺伝子は発現に大きな変動が無く、どの品種も常に発現していた。[まとめ] 以上の結果よりシンテッポウユリとテッポウユリでは花被片が十分に白い stage 4 ではまだ CCD4 は発現しておらず、PSY 遺伝子の発現低下による生合成の停止がカロテノイド蓄積量の減少に大きく寄与していると考えられた。一方でスカシユリでは CCD4 と生合成遺伝子の両方が stage 4 で発現が上昇することより、カロテノイドが生合成される以上に CCD4 によって分解されるため、花被片が白くなると考えられた。オリエンタルハイブリッドユリ

では生合成の停止と CCD4 による分解の両方が蓄で起こっていると考えられた。このようにユリでは、花弁が白くなるメカニズムは交雑グループ毎に異なるようである。

(4) オリエンタルハイブリッドユリ‘カサブランカ’において香気成分の生合成を制御する R2R3-MYB 転写因子

‘カサブランカ’をはじめとするオリエンタルハイブリッドユリは強い芳香が特徴であり、消費者の購買欲を引き立てる有用な形質となっているが、レストランのような食事の場などではこの強い香りが敬遠されることもある。このようにユリの香りは重要な形質であり、香りの強い品種からマイルドな品種までいろいろ取りそろえることが望ましいが、香り発生の制御機構についてユリではほとんど研究されていないため、香り発生量を改変することは難しい。花のモデル植物であるペチュニアでは R2R3-MYB 転写因子のひとつ ODORANT1 (ODO1) が香気成分であるベンゼノイド類の生合成を制御し、香気成分発生の概日リズムを生む主要な因子であることが知られている。本研究では、ユリよりペチュニアの ODO1 に類似した配列を単離し、その機能を解析した。

オリエンタルハイブリッドユリ‘カサブランカ’を使用した。概日リズムを調べるために開花 1 日後より 4 時間ごとに 12 回花被片を採取し、遺伝子発現と香気成分の測定に用いた。開花前と開花後の遺伝子発現を比較するために開花 3 日前と 1 日前ならびに開花当日から 5 日後までの花被片を 18:00 に採取した。また開花 2 日後の花と葉、茎を用いて遺伝子発現の器官特異性を調査した。アジアティックハイブリッドユリ‘ロリポップ’のトランスクリプトームに含まれていたペチュニア (*Petunia x hybrida*) ODO1 に類似した配列をもとに primer を設計し、3'RACE 法、5'RACE 法を用いて‘カサブランカ’から cDNA の全長を単離し、*LhODO1* とした。*LhODO1* の ORF を pIG121 ベクターの 35S プロモーター下流に挿入し、アグロバクテリウム法を用いてペチュニアに導入した。またアグロインフィルトレーションによりタバコ (*Nicotiana tabacum*) の葉で *LhODO1* を一過的に発現させた。遺伝子発現はリアルタイム PCR で評価した。花被片内に含まれる香気成分を測定するために、およそ 2 g の花被片を液体窒素中で摩砕しペンタンで溶出、脱水を行ったのちに、内部標準としてエチルデカノエートを添加し濃縮した。これを加熱脱着-GS-MS システムにて分析・解析した。

香気成分であるベンゼノイド類の生合成を制御していると予測される R2R3-MYB 転写因子 *LhODO1* の全長を‘カサブランカ’より単離した。*LhODO1* はアミノ酸配列で PhODO1 と 49% 一致した。ペチュニアとタバコを用いて *LhODO1* の機能を調査した。

LhODO1 を導入したペチュニアの葉でベンゼノイド生合成経路遺伝子である *PhEPSPS*、*PhCS*、*PhCM*、*PhPAL1*、*PhPAL2* の発現が高くなった。タバコの葉で *LhODO1* を一過的に発現させたところ、ベンゼノイド生合成経路遺伝子の *NtDAHPS*、*NtCS1*、*NtPAL* の発現が誘導された。これらの結果から *LhODO1* はベンゼノイド生合成経路を正に制御すると考えられた。‘カサブランカ’花被片を用いて開花 1 日後より 4 時間ごとに *LhODO1* の発現を調べたところ、16:00 に発現量が最大となり 4:00 に最少となる概日リズムが認められた。また‘カサブランカ’より単離した *LhEPSPS* の発現にも同様のリズムが認められた。香気成分の蓄積量にも概日リズムが認められ、そのピークは *LhODO1* 発現のピークよりおよそ 6 時間遅れていた。*LhODO1* は開花 3 日前と 1 日前は発現しておらず、開花当日から発現が始まり、開花後 2、3 日で最大となった。花の各器官と葉・茎で発現量を調べたところ、内花被と外花被でのみ *LhODO1* の発現が認められた。以上のように *LhODO1* はユリの花被片において香気成分であるベンゼノイド類の生合成を制御し、香気成分の発生量を調節して香りの概日リズムを生む主要な因子であると考えられた。今後 *LhODO1* に種間ならびに品種間の差異がどの程度あるのか明らかにし、香気成分の発生量が異なる品種の育成に活かしたい (論文を投稿中)。

この他に EOBI (*LhMYB1*)、EOBII (*LhMYB2*) genes をユリから単離し、現在機能を調査している。

(5) 開花の早晩性

ユリで開花の早晩性を制御している遺伝子を特定するために、テッポウユリ (*L. longiflorum*) やスカシユリより FLC, AP1, SOC1, LFY, and FT/TFL1 family genes を単離した。これらの遺伝子の発現解析を進めるとともに、複数発見された FT 遺伝子の機能を、形質転換アラビドプシスを用いて調査した。その結果、ユリで開花の早晩性を決めていると考えられる FT 遺伝子が得られた (本研究に関しては現在投稿論文を作成中)。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文](計 7 件)

[Masumi Yamagishi](#) (2018) Involvement of a *LhMYB18* transcription factor in large anthocyanin spot formation on the flower tepals of the Asiatic hybrid lily (*Lilium* spp.) cultivar ‘Grand Cru’. *Molecular Breeding*, 査読有, 38: 60. DOI: 10.1007/s11032-018-0806-1

[Masumi Yamagishi](#), [Takashi Nakatsuka](#) (2017) *LhMYB12*, regulating tepal anthocyanin

pigmentation in Asiatic hybrid lilies, is derived from *Lilium dauricum* and *L. bulbiferum*. *The Horticulture Journal*, 査読有, 86: 528–533. doi: 10.2503/hortj.OKD-057

Keisuke Tasaki, Hiroyuki Terada, Chikara Masuta, Masumi Yamagishi (2016) Virus-induced gene silencing (VIGS) in *Lilium leichtlinii* using the *Cucumber mosaic virus* vector. *Plant Biotechnology*, 査読有, 33: 373–381. DOI: 10.5511/plantbiotechnology.16.1018a

Kazuma Suzuki, Tomohiro Suzuki, Takashi Nakatsuka, Hideo Dohra, Masumi Yamagishi, Kohei Matsuyama, Hideyuki Matsuura (2016) RNA-seq-based evaluation of bicolor tepal pigmentation in Asiatic hybrid lilies (*Lilium* spp.). *BMC Genomics*, 査読有, 17: 611. DOI: 10.1186/s12864-016-2995-5

Masumi Yamagishi (2016) A novel R2R3-MYB transcription factor regulates light-mediated floral and vegetative anthocyanin pigmentation patterns in *Lilium regale*. *Molecular Breeding*, 査読有, 36: 3. DOI: 10.1007/s11032-015-0426-y

Takehiro Suzuki and Masumi Yamagishi (2016) Aneuploids without bulbils segregated in F₁ hybrids derived from triploid *Lilium lancifolium* and diploid *L. leichtlinii* crosses. *The Horticulture Journal*, 査読有, 85: 224–231. doi: 10.2503/hortj.MI-089

Kazuma Suzuki, Keisuke Tasaki, Masumi Yamagishi (2015) Two distinct spontaneous mutations involved in white flower development in *Lilium speciosum*. *Molecular Breeding*, 査読有, 35: 193. DOI: 10.1007/s11032-015-0389-z

[学会発表](計 5 件)

ユリ (*Lilium* spp.) の花被片が白くなるメカニズムの解析。王曦・山岸真澄。園芸学会平成 30 年度春期大会研究発表 (園芸学研究 17 (別冊 1): 224) 2018.3.24–25 奈良市

アジアティックハイブリッドユリの花芽分化時における FT 相同遺伝子の発現動態。黒河夏菜・山岸真澄・中塚貴司。園

芸学会平成 29 年度秋期大会研究発表(園芸学研究 16 (別冊 2): 300) 2017.9.2–4 北海道江別市

スカシユリ品種‘グランクリュ’花被片のアントシアニン着色に新規の R2R3-MYB 遺伝子が関わっている。山岸真澄。園芸学会平成 29 年度春期大会研究発表 (園芸学研究 16 (別冊 1): 201) 2017.3.19–20 神奈川県藤沢市

オリエンタルハイブリッドユリ‘カサブランカ’において香気成分の生合成を制御する R2R3-MYB 転写因子。吉田恭輔・大久保直美・山岸真澄。園芸学会平成 29 年度春期大会研究発表 (園芸学研究 16 (別冊 1): 202) 2017.3.19–20 神奈川県藤沢市

アジアティックハイブリッドユリの MYB12 遺伝子は主にエゾスカシユリに由来する。山岸真澄。園芸学会平成 28 年度春期大会研究発表 (園芸学研究 15 (別冊 1): 202) 2016.3.26–27 神奈川県厚木市

[図書](計 1 件)

4.3 Floriculture. In: *Frontiers of Agricultural Science*. Masumi Yamagishi, Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University, Hokkaido, Japan. pp. 98–101, 2015.

[産業財産権](該当なし)

[その他](該当なし)

6. 研究組織

(1) 研究代表者

山岸 真澄 (Masumi YAMAGISHI)
北海道大学・農学研究院・准教授
研究者番号: 40210348

(2) 研究分担者

中塚 貴司 (Takashi NAKATSUKA)
静岡大学・農学研究科・准教授
研究者番号: 60435576

大久保 直美 (Naomi OKUBO)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・野菜花き研究部門ユニット長
研究者番号: 90343962

(3) 連携研究者 (該当なし)

(4) 研究協力者 (該当なし)