

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 6 月 12 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2012～2014

課題番号：24380014

研究課題名(和文) ユリ属におけるゲノム研究基盤の構築と花色に関わる量的形質の解析

研究課題名(英文) The establishment of the genome research bases and the evaluation of quantitative traits for flower colors in Liliaceae

研究代表者

山岸 真澄 (YAMAGISHI, Masumi)

北海道大学・(連合)農学研究科(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) 14,700,000円

研究成果の概要(和文)：ユリは最も重要な花き園芸作物の1つである。逆遺伝学的手法が無いことや単離されている遺伝子の数の少ないことが、ユリにおける有用形質の解析を妨げている。本研究ではユリでvirus-induced gene silencingの手法を確立し、RNA-seqによってユリ花弁で発現している配列を網羅的に解析した。さらに、ユリにおいて花色を決定している遺伝子の特定に至った：LhMYB12-Latは花弁に発生するしぶき斑点を制御しており、LhMYB15は光に応答して蕾の外側が強く発色する現象、bud-blushに強く関わっており、さらにカノコユリの白花の発生には2つの異なる経路があることを明らかにした。

研究成果の概要(英文)：Lilies (*Lilium* spp.) are one of the most important floricultural crops worldwide. The lack of reverse genetics tools and gene-sequence information has made it challenging to evaluate the genetic backgrounds of useful traits such as flower colours. In this study, virus-induced gene silencing technique was established using Cucumber mosaic virus as a viral vector, and the sequences expressed in flower tepals were categorized using an RNA-seq technique. In addition, useful genes that determined flower colours in lilies were clarified: LhMYB12-Lat determined splatter-type flower spots in Asiatic hybrid lilies, LhMYB15 was responsible for the light-responsive bud-blush phenotype in *Lilium regale*, and two independent genes respectively generated white flowers in *Lilium speciosum*.

研究分野：園芸科学

キーワード：ウイルスベクター アントシアニン VIGS 花の模様 転写因子 R2R3-MYB DFR RNA-seq

1. 研究開始当初の背景

ユリ (*Lilium* spp.) は花き園芸において重要な品目である。ユリは形質転換が難しく、加えてゲノムサイズが大きい (イネの数百倍)、遺伝子のホモロジーが低い (同じ単子葉のイネと比べても低い) などの理由より、育種において有用な形質の遺伝的解析は余り進んでいない。遺伝子ノックアウトの手法がまだ確立されておらず、汎用性の高いマイクロサテライトマーカの報告も無いことから、有用形質の解析を推進させるためにこれら研究基盤の整備が急がれる。

ユリの最大の特徴は花色の豊富さ (白、ピンク、赤、黄色、オレンジ) にある。研究代表者はこれまでにこれらの花色がどのように制御されているのか研究してきた。花弁のピンク色はアントシアニン色素で、花弁がピンクに染まるか染まらないかは1個の遺伝子 (転写因子の *LhMYB12*) によって制御されている (この遺伝子が花弁で発現すると色素が生合成される)。しかしこれ以外の花色については、制御のメカニズムはまだ具体的でない。なぜならば、他の花色は複数の遺伝子によって制御されている量的形質であり、ピンクの場合と比べてかなり複雑だからである。本研究ではこのような量的形質を支配している複数の遺伝子の解析をすすめる。

有用形質を支配している遺伝子を解析するための重要なポイントは、候補遺伝子をノックアウトしてその遺伝子の機能をユリで解析することである。遺伝子ノックアウトの方法にウイルスを用いた遺伝子サイレンシングがある。ユリはアグロバクテリウムを用いた形質転換がまだまだ難しく、かつ再分化から開花までに長い時間を要するので、遺伝子の機能解析にはウイルスを用いた遺伝子サイレンシングが断然有利である。これまでにコオニユリからキュウリモザイクウイルス (CMV) を単離し、これから CMV ベクターを開発した。この CMV ベクターをユリの葉に接種すると全身感染することを確認しており、すなわちこの実験系の開発はあと少しで完成する。

2. 研究の目的

(1) VIGS システムによるコオニユリの葉および花の色の改変

近年、Virus-induced gene silencing (VIGS) システムによる簡便・迅速な遺伝子機能解析がモデル植物以外の花卉園芸植物においても実現している。ユリは観賞価値を決定する花色や香りなどの生成に関与する遺伝子の解析が進められているが、効率的な遺伝子機能解析法は確立されておらず、これにより解析の進捗が制限されている。我々はこの問題を解決するために、ユリ属における VIGS システムの開発に着手し、これまでに *Cucumber mosaic virus* (CMV) にクローニングサイトを導入したプロトタイプウイルスベクターがコオニユリ (*Lilium leichtlinii*) に感染するこ

とを報告した。そこで次に、我々はこのベクターを用いてカロテノイド生合成経路で働く酵素をコードする *Phytoene desaturase* (*PDS*) の VIGS を試みた。この遺伝子のサイレンシングはカロテノイド生合成阻害と、それに起因するクロロフィルの分解を誘導し、葉などの組織に白色化を引き起こす。ここでは、コオニユリの *PDS* 断片を導入した CMV ベクターをコオニユリに感染させた結果について報告する。

(2) 新規 MYB 遺伝子がスカシユリにおけるしぶき斑点の形成に関わっている

スカシユリ (*Lilium* spp.) の特徴は花色の豊富さにある。さらにスカシユリの花被片には突起を伴う斑点 (以下、突起斑点とする) と突起を伴わない斑点 (以下、しぶき斑点とする) があり、花色にアクセントを付けている。これまでに突起斑点としぶき斑点は、いずれも蓄積する色素はアントシアニンであるにもかかわらず、遺伝的に異なる制御を受ける別の現象であることを明らかにした。スカシユリの花被片におけるアントシアニン色素の生合成は *LhbHHLH2* と *R2R3-MYB* 遺伝子の一つである *LhMYB12* によって協調的に制御されている。しぶき斑点を持つ品種 'ラトビア' を用いてしぶきの部分における *LhbHHLH2* と *LhMYB12* の発現を調査したところ、*LhbHHLH2* は発現していたが *LhMYB12* は発現していなかった。そこで第三の *R2R3-MYB* 遺伝子がしぶき斑点の着色に関わっていると予測してその単離を試みたところ、新規の遺伝子 *LhMYB15* が見つかった。

(3) 2つの異なる変異がシロカノコユリの成立に関わっている

アントシアニンの生合成は生合成遺伝子の転写のレベルで調節されており、生合成遺伝子の転写は転写因子の MYB と bHLH が協調して制御している。オリエンタルハイブリッドユリやスカシユリでは MYB12 と bHLH2 が花被片特異的な発現制御に預かっている。カノコユリ (*Lilium speciosum*) はオリエンタルハイブリッドユリの成立に関わった原種のユリの一つである。多くの個体はアントシアニンの蓄積により花被片が赤く葯も赤いが、中には花被片が白く葯が黄色いもの、花被片は白いが葯は赤いものが存在する (シロカノコユリ)。本研究ではこれら2種類のシロカノコユリを用いて花被片が白くなる要因を調査した。仮説として、花被片が白く葯が黄色いものは、植物体全体でアントシアニンが生合成されていないことより、生合成遺伝子の一つが機能していないと予測され、一方で花被片が白く葯が赤いものは、花被片以外の器官ではアントシアニンの生合成が起こっていることより、花被片特異的なアントシアニン生合成が抑制されていることが予測された。

(4) 新規 R2R3-MYB がリーガルユリの葉や花におけるアントシアニン生合成を制御している

中国原産のリーガルユリ (*Lilium regale*) は強健で良い香りを持ち、Trumpet hybrid lilies や OT hybrid lilies の交雑親としてよく使用される原種のユリである。花被片にアントシアニンを蓄積して赤くなるが、この着色パターンは Oriental hybrid lilies や Asiatic hybrid lilies などの他のユリと異なっている。Oriental hybrid lilies や Asiatic hybrid lilies では蕾の発達段階の初期ではアントシアニンの着色は認められず、後期に着色が始まる。一方でリーガルユリはかなり早い段階で着色が始まり、開花前には逆に色は薄くなる。また外花被の背軸側でおもに着色し、内花被・外花被とも向軸面は着色しない。リーガルユリの着色パターンとその制御機構を明らかにすることは、この原種のユリを交雑親に用いたユリの育種を進める上で重要であり、また OT hybrid lilies などの栽培管理にも役立つと考えられる。一般にアントシアニンの生合成は生合成遺伝子の転写のレベルで制御され、生合成遺伝子の転写は転写因子の R2R3-MYB と bHLH によって制御されている。中でも R2R3-MYB 転写因子は時間的・組織特異的な色素蓄積パターンを決める主要因になっていることがユリを含め多くの植物種で明らかにされている。そこでリーガルユリの花被片よりアントシアニン生合成を制御している転写因子を単離したところ、新規の R2R3-MYB 遺伝子である *LrMYB* が見つかった。本研究ではこの *LrMYB* の発現様式と機能を示す。

(5) RNA-Seq を用いたアジアティックハイブリッドユリの花被片着色におけるトランスクリプトーム解析

アントシアニンはアジアティックハイブリッドユリ (*Lilium* spp.) の花器官に蓄積する主要な色素である。一般にアントシアニン生合成は生合成遺伝子の転写レベルにより制御されており、生合成遺伝子の転写を制御する転写因子として R2R3-MYB, bHLH, WDR が知られている。アジアティックハイブリッドユリではペチュニアの AN1, AN2 と高いホモロジーを持つ LhbHLH2, LhMYB12 がそれぞれ単離され、この遺伝子がアジアティックハイブリッドユリの花被片におけるアントシアニン生合成を制御していることがわかっている。アジアティックハイブリッドユリの花被片には様々な着色パターンを示す品種が存在し、‘ロリポップ’では花被片の先端部でアントシアニンが蓄積する一方で、基部は白いバイカラーの形質を有している。本研究では‘ロリポップ’の花被片の先端部と基部の間で発現の変動している遺伝子を RNA-Seq を用いたトランスクリプトーム解析により検出し、発現差異のある遺伝子が関わる生物学的経路を明らかに

した。

3. 研究の方法

(1) VIGS システムによるコオニユリの葉および花の色の改変

植物材料 ペンタミアーナ (*Nicotiana benthamiana*) およびコオニユリ (*L. leichtlinii*) を用いた。栽培条件 ペンタミアーナは人工気象器内 (気温 22 , 日照時間 16 時間) で栽培した。播種から 2~3 週間後の葉の表面にウイルスを接種した。コオニユリは栽培用土にウイルスフリーの球根を植え、人工気象室 (気温 28 , 日照時間 16 時間) で栽培した。球根の移植から約 2~4 週間後に葉表面にウイルスを接種した。ベクター作製 ウイルスはコオニユリから単離した CMV-HL 株を用いた。CMV は 3 分節ゲノム (RNA1/2/3) から構成される。コオニユリから単離した LIPDS の断片を作成し、RNA3 の遺伝子間領域に設置したクロニングサイト (*StuI*-*Bgl*III) に導入した。接種 接種源には *in vitro* 転写した RNA, あるいはウイルス病徴が認められる植物体の葉 (感染葉) の粗汁液を用いた。ウイルス接種用粗汁液は、感染葉 0.1g をリン酸緩衝液および DIECA (Wako) とともに乳鉢で磨砕して調製した。接種する葉全体に、ペンタミアーナにはカーボランダム (Nacalai) を、コオニユリには Celite (Celite Co.) を薄くふりかけ、リン酸緩衝液と混合した RNA あるいは粗汁液を葉表面に塗布した。接種した葉はすぐに水で洗い流した。解析 接種後、病徴あるいは表現型の変化が認められた組織は、クロニングサイトを挟むように設計したウイルス特異的プライマーを用いて RT-PCR を行い、クロニングサイトにおける LIPDS 断片の残存を確認した。また、増幅した断片はクロニングを行い、シークエンス解析に用いた。コオニユリの花被片における LIPDS の発現レベル、ならびに CMV ベクターの存在は RT-qPCR で解析した。

(2) 新規 MYB 遺伝子がスカシユリにおけるしぶき斑点の形成に関わっている

しぶき斑点と突起斑点の両方を持つ品種 ‘ラトピア’, 斑点を持たない品種 ‘コネチカットキング’, ならびに両者の交雑に由来する F₁ 集団を材料に用いた。花の発達ステージは 1 (突起斑点が現れる前), 2 (突起斑点で着色が始まる時期), 3 (花弁の地の部分で着色が始まる時期), 4 (着色が最大となる時期) とした。LhMYB15 は、LhMYB12 の配列からデザインされたプライマーを用いて一部分を増幅し、その後 RACE 法で全長を決定した。機能を確認するために 35S プロモーターにつないだコンストラクトをタバコ (*Nicotiana tabacum*) に形質転換した。発現解析は RT-PCR 法と real-time RT-PCR 法で行った。

(3) 2 つの異なる変異がシロカノコユリの成立に関わっている

アカカノコユリ（‘氷見2号’）と2種類のシロカノコユリを用いた。これらのカノコユリより *MYB12*, *CHS*, *CHI*, *F3H*, *F3'H*, *DFR*, *ANS* 遺伝子の cDNA 配列を PCR で増幅し、塩基配列を比較した。また開花直前の花被片を用いてこれらの遺伝子の発現量を比較した。

(4) 新規 R2R3-MYB がリーガルユリの葉や花におけるアントシアニン生合成を制御している

1, 4, 7, 11 cm の長さのリーガルユリの蕾を用いた。アントシアニン色素は 5%ギ酸で抽出し、吸光度より濃度を求めた。外花被由来の cDNA を鋳型にして、degenerate primer を用いて遺伝子の断片を増幅し、その後 RACE PCR で全長の配列を決定した。*LrMYB* の全長をバイナリーベクターの 35S promoter の下流に挿入し、*Agrobacterium* を用いてタバコ (*Nicotiana tabacum*) に形質転換した。遺伝子特異的な primer を用いて real-time RT-PCR を行い遺伝子の転写量を求めた。このとき内部標準として *LrActin* を使用した。

(5) RNA-Seq を用いたアジアティックハイブリッドユリの花被片着色におけるトランスクリプトーム解析

アジアティックハイブリッド品種‘ロリポップ’の着色開始期の花被片サンプルを着色のある先端部と着色のない基部に分けて Total RNA を抽出し、SureSelect Strand-specific RNA Library 調整キット（アジレント社）を用いて cDNA ライブラリを作成して、次世代シーケンサー（MiSeq, Illumina 社）による網羅的なシーケンス解析を行った。シーケンスで得られたサンプルの断片的な塩基配列（リード）を *de novo* アセンブラ（Trinity）を用いて cDNA 塩基配列を再構築（アセンブル）した。アセンブルで得られた配列群（コンティグ）について、Swiss-Prot, Pfam, COGs, GO をデータベースとした相同性検索（BLASTX, BLASTP）を行い、遺伝子機能の情報を付加（アノテーション）した。また、リードマッピングプログラム（RSEM）を用い、先端部と基部の各サンプルのリードをコンティグにはりつけ、各コンティグの RPKM 値を求めた。それらの値から‘ロリポップ’の着色開始期の花被片の先端部と基部における遺伝子の発現変動を評価した。さらに、パスウェイ解析ツール（KEGG）を用いたパスウェイ解析を行い、花被片の先端部と基部で発現変動に差異が示された遺伝子の係る生物学的経路を特定した。

4. 研究成果

(1) VIGS システムによるコオニユリの葉および花の色の改変

ベンタミアーナで増殖させた CMV ベクターは、RT-PCR およびシーケンス解析を行

い、クローニングサイトにおける *LIPDS* 断片の残存を確認した。正常に CMV ベクターを感染・増殖したベンタミアーナの感染葉をコオニユリへの接種に用いた。コオニユリへの接種から約 4 週間後、接種葉の上葉に白色化が認められた。この上葉を用いて RT-PCR およびシーケンス解析を行ったところ、クローニングサイトにおける *LIPDS* 断片の残存が確認された。このコオニユリ個体は葉の白色化を確認してから約 4 週間後に開花し、花被片の一部に白色化が認められた。この花被片組織を用いて RT-qPCR 解析を行ったところ、白色化した組織は白色化していない組織と比較して CMV ベクターが多く蓄積し、内在性 *LIPDS* の発現レベルが減少していた。以上の結果は、*LIPDS* 断片を導入した CMV ベクターの感染がコオニユリの内在性 *LIPDS* の VIGS を誘導し、葉組織はカロテノイドとクロロフィルの、花被片組織はカロテノイドの蓄積が減少することでそれぞれ白色化したと考えられた。このように、我々が開発した CMV ベクターはユリ属において初めて VIGS を誘導し、葉および花組織において表現型の改変に成功した。

(2) 新規 *MYB* 遺伝子がスカシユリにおけるしぶき斑点の形成に関わっている

単離された *LhMYB15* のアミノ酸配列は *LhMYB12* のそれと高いホモロジーを示したが、R2 repeat の N 末側の一部が triplicate していた。またストップコドンの下流に (TA)_n のマイクロサテライトが認められた。この *LhMYB15* が機能していることを証明するためにタバコに形質転換したところ、タバコは赤く発色し、アントシアニン生合成を誘導できることが確認できた。‘ラトビア’花被片における *LhMYB15* の転写は、すべての花の発達ステージにおいて、しぶき斑点のある部分で検出されたが無い部分では検出できなかった。さらに‘コネチカットキング’x‘ラトビア’の交雑に由来する F₁ 個体を用いて発現を解析したところ、しぶき斑点をもつ F₁ 個体でのみ *LhMYB15* の転写が花被片で認められ、斑点を持たない個体と突起斑点のみを持つ個体では *LhMYB15* の発現は認められなかった。以上の結果はしぶき部分におけるアントシアニンの生合成は *LhMYB15* が制御していることを示す。ペチュニアやキンギョソウでは複数の R2R3-MYB が働いて、花弁における複雑なアントシアニンの発色パターンを制御していることが明らかにされているが、スカシユリの花被片においても複数の R2R3-MYB 遺伝子が働いて発色パターンを決めていることが分かった。

(3) 2つの異なる変異がシロカノコユリの成立に関わっている

花被片が白く葯は赤いシロカノコユリでは、*MYB12* 遺伝子のアミノ酸配列にある高度に保存された領域内にアミノ酸置換が認め

られた。このシロカノコユリでは調査したすべての生合成遺伝子の発現が花被片で認められなかったことより、*MYB12* 遺伝子に起こった変異が原因で花被片特異的なアントシアニン生合成が阻害されていると考えられた。この変異した *MYB12* 遺伝子の配列は、以前に白花のオリエンタルハイブリッドユリ品種‘リアルト’で見つかった配列と同じであったことより、このシロカノコユリの変異は白花のオリエンタルハイブリッドユリの育成に利用されてきたと考えられた。

葯が黄色で花被片が白いシロカノコユリでは、*DFR* 遺伝子に一塩基の置換があり、その結果ストップコドンが生じていた。他の生合成遺伝子と *MYB12* 遺伝子の配列には大きな変異は認められず、またこれらの遺伝子はすべて花被片で発現していた。このことより、このシロカノコユリでは *DFR* 遺伝子の変異によりアントシアニンが植物体全体で生合成できないと考えられた。この *DFR* 遺伝子の変異は、これまでのところオリエンタルハイブリッドユリ品種からは見つかっていない。

(4) 新規 R2R3-MYB がリーガルユリの葉や花におけるアントシアニン生合成を制御している

蕾の着色：1 cm の花被片ではアントシアニンの蓄積は認められなかったが、4 cm, 7 cm の外花被の背軸面で多く蓄積し、11 cm では低下した。内花被は中肋以外では着色しなかった。花器官以外では茎や葉・苞葉で蓄積が認められた。転写因子の単離：*R2R3-MYB* 遺伝子を単離したところユリの *LhMYB12* や *LhMYB6* と同じ sub-group に属する新規の配列が得られ、*LrMYB* と命名した。35S promoter につないでタバコに形質転換したところタバコは赤く着色し、アントシアニン生合成を正に制御する機能を持つことが確かめられた。発現様式：*LrMYB* の転写量は 4 cm, 7 cm の外花被で高く、11 cm の外花被では低下し、色素の蓄積パターンと一致した。また葉でも *LrMYB* の転写が認められ、葉における生合成も制御していると考えられた。光による影響：リーガルユリを遮光すると *LrMYB* の転写量は低下し、着色も抑制された。以上のようにリーガルユリの *LrMYB* は蕾の発達の初期で強く発現し、外花被で発現が強く内花被で弱く、花被片全体で発現している *LhMYB12* の発現パターンと大きく異なっていることが分かった。この *LrMYB* のユニークな発現パターンがリーガルユリにおける他のユリとは異なる着色パターンを決めていることが示唆された。また光の影響を強く受け、遮光すると着色が悪くなることも分かった。

(5) RNA-Seq を用いたアジアティックハイブリッドユリの花被片着色におけるトランスクリプトーム解析

クリーンデータとして合計 48.90 Mb の塩基配列を決定した。このリードをアセンブル

し、49,239 のコンティグを得た。得られたコンティグについて相同性検索を実施したところ、24,836 (50.4%) のコンティグが 4 つのデータベースのうち 1 つ以上にアノテーションされた。この中からユリではまだ単離されていない *Arabidopsis* のアントシアニン生合成に関与する WDR 転写因子の *TTG1* と相同性のあるコンティグ (*LhWDR1*) を見つけた。また、各コンティグに各サンプルのリードを貼り付けて得た RPKM 値に基づき、花被片の先端部と基部において 2 倍以上の発現変動を示すコンティグを検出した。その結果、805 のコンティグが先端部で、604 のコンティグが基部で高い発現を示した。さらに 2 つの部位の間に発現の差異がみられた遺伝子についてパスウェイ解析をしたところ、フラボノイド生合成関連遺伝子である *CHS*, *F3H*, *F3'H*, *DFR*, *ANS* 遺伝子の発現に大きな差異が見られた。これらの生合成経路を経た最終産物がアントシアニンであることからアントシアニン生合成に関連する遺伝子の発現によって‘ロリポップ’の着色の有無が生じていることが示唆された。しかし、ユリの花被片におけるアントシアニン生合成遺伝子の転写を制御している *LhMYB12*, *LhbHHLH2*, *LhWDR1* 遺伝子は発現量に変動のあったコンティグに含まれておらず、このことは‘ロリポップ’の花被片においてまだ明らかになっていない転写因子がアントシアニン蓄積の有無を制御していることを示唆している。今後は、発現変動のあったコンティグに含まれていた *MYB*, *bHLH*, *WDR* 遺伝子について、発現パターンをリアルタイム RT-PCR 法でより詳細に調査することや、非相同発現による機能解析を行い、花被片の色の違いを生み出すのに鍵となる遺伝子の探索をさらに進める。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文](計 8 件)

Masumi Yamagishi, Hideo Ihara, Katsuro Arakawa, Shinya Toda, Kazuma Suzuki (2014) The origin of the *LhMYB12* gene, which regulates anthocyanin pigmentation of tepals, in Oriental and Asiatic hybrid lilies (*Lilium* spp.). *Scientia Horticulturae* 174: 119–125. DOI: 10.1016/j.scienta.2014.05.017 査読有

Masumi Yamagishi, Shinya Toda and Keisuke Tasaki. The novel allele of the *LhMYB12* gene is involved in splatter-type spot formation on the flower tepals of Asiatic hybrid lilies (*Lilium* spp.). *New Phytologist*, 201: 1009–1020, 2004. DOI: 10.1111/nph.12572 査読有

Yunsong Lai, Huanxiu Li, and Masumi Yamagishi. A review of target gene specificity of flavonoid R2R3-MYB transcription factors

and a discussion of factors contributing to the target gene selectivity. *Frontiers in Biology* 8: 577–598, 2013. DOI: 10.1007/s11515-013-1281-z 査読有

How genes paint lily flowers: regulation of colouration and pigmentation patterning. Masumi Yamagishi. *Scientia Horticulturae*, 163: 27–37, 2013. doi: 10.1016/j.scienta.2013.07.024 査読有

Morphology and heredity of tepal spots in Asiatic and Oriental hybrid lilies (*Lilium* spp.). Masumi Yamagishi and Koichi Akagi. *Euphytica*, 194: 325–334, 2013. DOI: 10.1007/s10681-013-0937-8 査読有

Pigment accumulation and transcription of *LhMYB12* and anthocyanin biosynthesis genes during flower development in the Asiatic hybrid lily (*Lilium* spp.). Yun-Song Lai, Yoshihiro Shimoyamada, Masayoshi Nakayama and Masumi Yamagishi. *Plant Science* 193–194: 136–147, 2012. doi: 10.1016/j.plantsci.2012.05.013 査読有

Reduced transcription of a *LEAFY*-like gene in *Alstroemeria* sp. cultivar Green Coral that cannot develop floral meristems. Masayo Hirai, Masumi Yamagishi and Akira Kanno. *Plant Science* 185–186: 298–308, 2012. doi:10.1016/j.plantsci.2011.12.017 査読有

The transcription factor LhMYB12 determines anthocyanin pigmentation in the tepals of Asiatic hybrid lilies (*Lilium* spp.) and regulates pigment quantity. Masumi Yamagishi, Yusuke Yoshida, Masayoshi Nakayama. *Molecular Breeding* 30: 913–925, 2012. DOI: 10.1007/s11032-011-9675-6 査読有

〔学会発表〕(計 13 件)

RNA-Seq を用いたアジアティックハイブリッドユリの花被片着色におけるトランスクリプトーム解析。鈴木一眞・松山光平・鈴木智大・中塚貴司・道羅英夫・山岸真澄。園芸学会平成 27 年度春期大会研究発表(園芸学研究 14(別冊 1): 414) 2015.3.28-29 千葉大学(千葉県千葉市)

スカシユリ花被片における突起斑点では *LhbHLH2* は柔細胞でも発現している。坂間博子・山岸真澄・堀内和奈・増田清。園芸学会平成 27 年度春期大会研究発表(園芸学研究 14(別冊 1): 200) 2015.3.28-29 千葉大学(千葉県千葉市)

新規 R2R3-MYB がリーガルユリの葉や花におけるアントシアニン生合成を制御し

ている。山岸真澄。園芸学会平成 26 年度秋期大会研究発表(園芸学研究 13(別冊 2): 284) 2014.9.27-28 佐賀大学(佐賀県佐賀市)

VIGS システムによるコオニユリの葉および花の色の改変。田崎啓介・寺田寛之・増田税・山岸真澄。園芸学会平成 26 年度春期大会研究発表(園芸学研究 13(別冊 1): 214) 2014.3.29-30 筑波大学(茨城県つくば市)

オリエンタルハイブリッドユリにおける白色花被片の起源。鈴木一眞・田崎啓介・山岸真澄。園芸学会平成 25 年度秋期大会研究発表(園芸学研究 12(別冊 2): 219) 2013.9.20-21 岩手大学(岩手県盛岡市)

新規 MYB 遺伝子がスカシユリにおけるしぶき斑点の形成に関わっている。山岸真澄・戸田真也・田崎啓介。園芸学会平成 25 年度春期大会研究発表(園芸学研究 12(別冊 1): 178) 2013.3.23-24 東京農工大学(東京都小金井市)

(招待講演) ユリ属におけるアントシアニン生合成の MYB による制御。園芸学会シンポジウム「花色発現を制御する諸要因」山岸真澄。園芸学会平成 24 年度秋期大会研究発表(園芸学研究 11(別冊 2): 62-63) 2012.9.22-23 福井県立大学(福井県吉田郡永平寺町)

その他 6 件

〔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 (YAMAGISHI, Masumi)
北海道大学・大学院農学研究院・准教授
研究者番号: 40210348

(2) 研究分担者
増田 税 (MASUTA, Chikara)
北海道大学・大学院農学研究院・教授
研究者番号: 60281854

(3) 連携研究者(該当なし)