

令和 4 年 5 月 29 日現在

機関番号：24302

研究種目：若手研究

研究期間：2019～2021

課題番号：19K15834

研究課題名（和文）バラ科リンゴ亜連果樹における種間障壁のメカニズム解明とその打破による新規果樹作出

研究課題名（英文）Characterization of interspecific hybridization barrier of fruit trees in the Rosaceae and its application towards developing new hybrid crops

研究代表者

森本 拓也（MORIMOTO, TAKUYA）

京都府立大学・生命環境科学研究科・講師

研究者番号：90837634

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）：種間障壁機構の解明は、種の障壁を打破して新種を創出するための基盤情報となる。本研究では、バラ科リンゴ亜連の主要果樹であるリンゴ（Malus）とナシ（Pyrus）における属間の交雑障壁を制御する遺伝基盤の解析を行った。ゲノムワイド解析によって、リンゴとナシの交雑障壁は第5染色体中部の単一遺伝子座に制御されることを明らかとした。この領域を対象として、ニホンナシとセイヨウナシの比較ゲノム解析を行ったところ、ニホンナシに特異的な大規模な挿入配列を検出した。種特異的かつ花粉で高発現する遺伝子群に加えて、アレル特異的な発現パターンを示す有力な候補遺伝子をリスト化した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

近年の気候変動によって作物を取り巻く生育環境は刻々と変化しており、新しい生産体系の構築に向けて、遺伝的多様性を増加させることは育種プログラムの最重要課題である。有効な手法の一つとなるのが種間交雑であるが、多くの場合、種間障壁によって雑種形成が阻害される。本研究では、主要果樹であるリンゴとナシの属間交雑の成否を制御するゲノム領域を同定し、果樹の新規雑種の作出にむけた基盤を提供した。果樹は近縁種間で多様な種間障壁を形成しており、その機構解明は農学的な意義に加えて、種の分化・形成といった進化学のモデルにもなりうることを示した。

研究成果の概要（英文）：Characterization of underlying mechanism on interspecific hybridization barrier would be a fundamental step towards the development of new hybrid crops. In this study, we investigated genetic bases of intergeneric hybridization barrier between apple (Malus) and pear (Pyrus), two important fruit trees in the family Rosaceae. Application of genome-wide analysis enabled us to identify a single genomic locus on the middle part of chromosome 5 that control the intergeneric barrier. Comparative genome analysis targeting on this region identified a large insertion sequence specific to Japanese pear (Pyrus pyrifolia) genome. Among genes located on the identified genomic region, we detected promising candidate genes, which shows species-specific expression in pollen as well as allele-specific expression.

研究分野：果樹園芸学

キーワード：遠縁交雑 属間雑種 種間障壁 リンゴ亜連 バラ科果樹 ゲノム解析

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

植物には、異種との交雑を避けて種の同一性を維持する保守的な生殖機構が存在しており、異なる種間の交雑は通常成立しない。作物の育種に目を向けると、新品種作出で一般的に用いられている同一種内の交雑では、分離後代で生じる表現型の多様性がしばしば限界を迎えている。すなわち、育種目標とすべき形質や変異が種内の遺伝子プールに存在しない場合がある。この問題を解決するための有効な手法の一つとして、種間交雑を利用した育種があり、種の遺伝的多様性を飛躍的に向上させて、種特異的な農業生産上の課題を解決したり、各種の持つ有用形質を集積させた全く新しい作物を創出することができる。

しかし植物は、その種分化の過程でさまざまな種間障壁機構を発達させており、この生殖隔離機構によって種のゲノムは厳格に維持されている。実際に、これまでもさまざまな植物種で農学的利用を目的とした雑種作出が試みられているが、ごく一部を除けば、未だに多くの有望な組み合わせでは交雑が成立せず、その機構も解明されていない。特に、永年性の果樹では、材料としての扱いにくさゆえに、一年生の草本植物と比較して、雑種作出に関する研究が大きく遅延している状況であった。一方で、申請者はバラ科果樹の交雑試験データを蓄積し、種間交雑の親和性の解明および新規雑種果樹の獲得を進めてきた。この中で、バラ科果樹は近縁種間においても非常に多様な種間障壁パターンを示しており、交雑障壁機構の全貌解明とその打破に向けた重要なモデルとなることを見出した。

2. 研究の目的

本研究の目的は、バラ科果樹でみられる種間あるいは属間の交雑障壁機構を解明し、それを打破して雑種果樹を効率的に作出する技術開発を行うことである。本研究では特に、バラ科リンゴ亜連に属する主要果樹であるリンゴとナシの属間交雑に着目した。この交雑組み合わせでは、リンゴを種子親とした場合の交雑和合性が種間で全く異なる挙動を示しており、その作用機作は、近縁種間での生殖隔離形成の過程を解明するモデルケースとなり、新規雑種が作出できれば有用な育種素材としての利用価値がある。このように、交雑障壁を支配する作用機作の解明は異種ゲノム融合技術の開発に直結するものであり、異なる種間での自由な遺伝子のやり取りを可能にするという点で、従来の育種法の概念を覆す技術革新となることが期待される。

3. 研究の方法

材料として、リンゴ (*Malus × domestica*)、ニホンナシ (*Pyrus pyrifolia*) およびセイヨウナシ (*Pyrus communis*) を供試した。用いた品種の詳細は各項について示した。以下の2つの実験を実施した。

リンゴとナシの属間交雑を制御する遺伝子座の同定

属間交雑：リンゴ‘ふじ’を種子親として、ナシ属種間雑種‘大原紅’ (ニホンナシ‘石井早生’ × セイヨウナシ‘マックス・レッド・パートレット’) の花粉を受粉した。交雑種子は発芽後数か月以内に枯死することが報告されているため、Banno ら (2003) の方法に従って、未熟種子を *in vitro* 培養させることで属間雑種を維持した。

交雑障壁に関与するゲノム領域の同定：‘ふじ’、‘大原紅’および属間雑種から DNA を抽出して、ランダム gDNA リード (Illumina PE150bp) を取得し、サブシーケンシング法 (Akagi ら, 2014) により、親から属間雑種へ遺伝しないゲノム断片を収集した。BLAST 検索によって特異的なゲノム断片の座乗領域を特定し、近接する DNA マーカーによる連鎖解析を行った。

属間交雑に関与するゲノム領域の解析

‘大原紅’のゲノム配列決定と相同性比較：‘大原紅’の葉からゲノム DNA を抽出し、Illumina ショートリード配列および PacBio ロングリード配列を取得した。上記で取得した‘マックス・レッド・パートレット’および‘石井早生’のランダムゲノム配列データから、特異的 k-mer に基づいてロングリード配列の選別を行い、個々にアセンブルすることでニホンナシ (Hap-Pp) およびセイヨウナシ (Hap-Pc) のゲノム配列決定を行った。上記で得られた DNA マーカー配列をもとにして交雑障壁因子が座乗するゲノム領域を含む scaffold を同定し、相同性比較を行った。

遺伝子予測：トランスクリプトーム情報、近縁種 (セイヨウナシ、ニホンナシ、リンゴ) および *ab initio* を用いて遺伝子予測を行った。また、‘大原紅’の成熟薬の mRNA-seq データを取得して発現解析を行った。

4. 研究成果

リンゴとナシの属間交雑を制御する遺伝子座の同定

リンゴとナシの属間交雑では、リンゴを種子親とした場合にニホンナシ花粉は和合となるが、セイヨウナシ花粉の大部分は花粉管伸長が阻害されて不和合となる。ナシ属種間で異なる反応

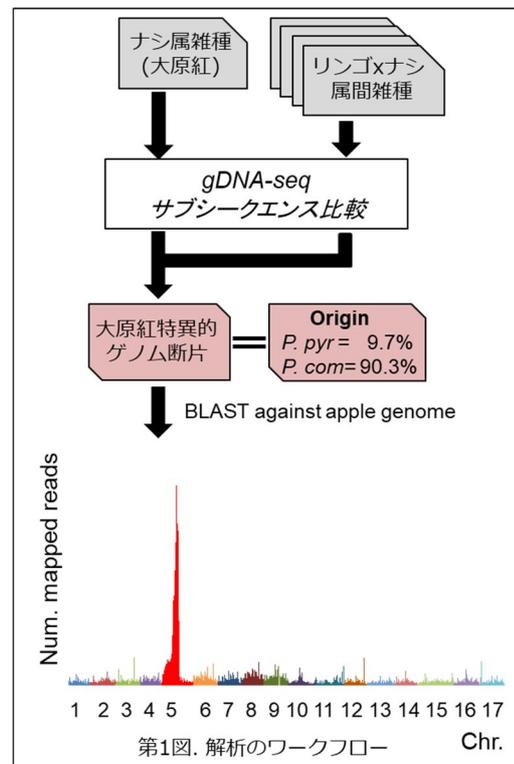
をもたらず遺伝因子を特定するために、リンゴを種子親としてニホンナシとセイヨウナシの種間雑種である‘大原紅’の花粉を交雑することを考えた。この場合、交雑障壁の原因領域において、ニホンナシ由来の対立遺伝子を有する花粉が優先的にリンゴと交雑可能になるため、属間雑種後代では原因領域の対立遺伝子の分離比に歪みが生じると推定される。この遺伝モデルにもとづいて、実際に属間雑種（約 80 個体）を作出して SSR マーカーによるジェノタイプピングを行ったところ、第 5 染色体上に位置するマーカーにおいて、‘大原紅’由来の対立遺伝子の分離比が著しく歪むことを確認した（第 1 表）。

第1表 第5染色体に座乗するSSRマーカーを用いた‘大原紅’由来の対立遺伝子の分離比の解析

マーカー名	Fj	×	Ob num.	観察値		期待値	P	χ ²	% MRB allele	
				MRB	石井早生					
1 TsuENH018	aa	×	cd	53 =	(15 38)	26.5	26.5	1.58E-03	9.98113	28.3
2 CH04g09	aa	×	cd	62 =	(15 47)	31	31	4.82E-05	16.5161	24.2
3 CH05e06	aa	×	cn	78 =	(22 56)	39	39	1.18E-04	14.8205	28.2
4 CTG1067456	aa	×	cd	54 =	(11 43)	27	27	1.33E-05	18.963	20.4
5 TsuENH086	aa	×	cd	58 =	(10 48)	29	29	6.05E-07	24.8966	17.2
6 EMPc106	--	×	cd	51 =	(11 40)	25.5	25.5	4.89E-05	16.4902	21.6
7 Hi04d02	ab	×	cd	74 =	(11 63)	37	37	1.50E-09	36.5405	14.9
8 CH05f06	ab	×	ab	60 =	(2 58)	30	30	4.85E-13	52.2668	3.3
9 NB103a	--	×	cd	82 =	(4 78)	41	41	3.03E-16	67.3965	4.9
10 NH020a	--	×	cd	75 =	(3 72)	37.5	37.5	1.62E-15	63.5616	4.0
11 CH02b12	--	×	cd	78 =	(13 65)	39	39	3.91E-09	34.6667	16.7
12 CH02a08	an	×	bn	58 =	(7 51)	29	29	7.58E-09	33.3793	12.1
13 CH03a04	ab	×	cn	59 =	(9 50)	29.5	29.5	9.41E-08	28.4915	15.3
14 CH04e03	ab	×	cd	63 =	(15 48)	31.5	31.5	3.22E-05	17.2857	23.8

次に、全ゲノムシーケンス解析によるゲノムワイドな解析を行った。サブシーケンスの比較により、第 1 図に示すように、‘大原紅’と属間雑種から得られたゲノム配列を比較することで、‘大原紅’から後代へ遺伝しないゲノム断片が特定された。これらの特異的なゲノム断片は‘大原紅’ゲノム配列の 2.2% に相当し、BLAST 検索によりその大部分は第 5 染色体中部に相同性を示すことを確認した（第 1 図）。さらに、ニホンナシおよびセイヨウナシゲノム配列との比較により、後代に遺伝しなかったゲノム断片の大部分はセイヨウナシ由来であることを確認した。これらの結果から、‘大原紅’の第 5 染色体中部の領域では、ニホンナシ（石井早生）由来の対立遺伝子が優先的に遺伝しており、上記の遺伝モデルに適合する結果が得られた。

以上の結果からリンゴとナシの属間障壁は第 5 染色体上の単一遺伝子座によって支配されることを明らかとした。本成果は学会発表ならびに原著論文として発表済みである（Morimoto et al., 2020, Tree Genetics and Genomics）。マッピングによって絞り込まれた領域はリンゴおよびナシゲノムを参照した場合に 2.7Mb-4.0Mb と推定され、100 個以上の遺伝子がアノテーションされていた。



属間交雑に関与するゲノム領域の解析

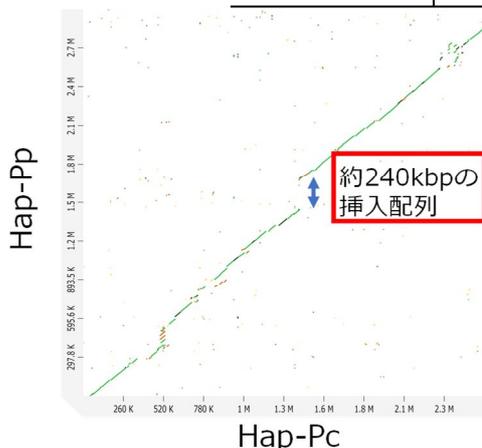
※本実験の一部は、本研究は新学術領域研究「先進ゲノム支援」の支援を受けて実施した。

実験 で推定されたゲノム領域において、リンゴゲノム、ニホンナシゲノム、セイヨウナシゲノムを参照して候補遺伝子の探索を行ったが、有力な遺伝子の同定には至らなかった。この原因として、品種間でのゲノム配列の差異が考えられたため、‘大原紅’のドラフトゲノムの構築を試みた。ショートリード配列データを用いた解析の結果、‘大原紅’のゲノムサイズは 539.94 Mb と推定された。ゲノムアセンブルの結果、ニホンナシハプロタイプ Hap-Pp で全長 502.07 Mb（Scaffold 数: 296, N50: 11.37 Mb）、セイヨウナシハプロタイプ Hap-Pc で全長 532.96 Mb（Scaffold 数: 669, N50: 14.11 Mb）の配列が得られた。第 5 染色体上の種間障壁関連領域は Hap-Pp で約 2.98 Mb、Hap-Pc で約 2.69 Mb であり、相同性比較の結果から約 240 kb の大きな挿入配列がニホンナシのハプロタイプ上に検出された（第 2 図）。一方で、この挿入配列はセイヨウナシ（‘Bartlett DH’, Linsmith ら, 2019）およびニホンナシ（‘Nijisseiki’, Shirasawa ら, 2021）では検出されなかったため、PCR によってナシ属品種コレクションでの有無を調査した。その結果、セイヨウナ

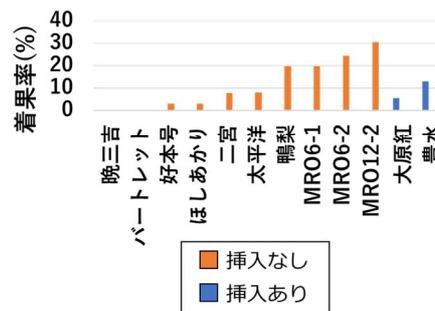
シでは供試したいずれの品種（25 品種）でも挿入配列は検出されなかったが，ニホンナシでは 54 品種中 16 品種で挿入配列の存在が確認された．しかし，挿入配列の有無と着果率との関連はみられなかった．また，ニホンナシ品種において，挿入配列をホモ型で有する品種は確認されなかったため，挿入配列が個体の生育に何らかの影響を与える可能性が推察された．

第2表. ナシ品種における挿入配列の有無

	-/-	-/+	+/+
ニホンナシ	38	16	0
セイヨウナシ	25	0	0



第2図. 第5染色体の種間障壁関連領域のドットプロット解析



第3図. ふじ×ナシ品種における着果率

次に，‘大原紅’ゲノムでの遺伝子アノテーションを行ったところ，Hap-Pp に 36,260 個，Hap-Pc に 36,836 個の遺伝子が予測された．BUSCO を指標とした解析を行ったところ，Hap-Pp は 98.5%，Hap-Pc は 98.54% となり，非常に高い値を示した．既報のリファレンスゲノムと比較した場合，ニホンナシ‘二十世紀’（Shirasawa et al., 2021）は 96.21%，セイヨウナシ‘Bartlett’（Linsmith et al., 2019）は 81.34%，リンゴ‘ゴールデン・デリシャス DH’（Daccord et al., 2017）は 97.72% であり，これらのゲノムと比較しても非常に精度が高いことが示された．

‘大原紅’の遺伝子アノテーションによって得られた遺伝子リストのうち，種間障壁関連領域に座乗する遺伝子は，ニホンナシ Hap-Pp で 192 個，セイヨウナシ Hap-Pc で 202 個であった．その内，Blast 解析においてニホンナシ セイヨウナシの双方向にベストヒットする遺伝子ペア（オーソログ遺伝子）が 168 個，片側のみベストヒットする遺伝子（片方のゲノム中で遺伝子重複がある場合）がニホンナシで 9 個，セイヨウナシで 8 個あった．さらに，ニホンナシ Hap-Pp に特異的な遺伝子が 15 個，セイヨウナシ Hap-Pc に特異的な遺伝子が 26 個確認された．

種間障壁関連領域に座乗する遺伝子について‘大原紅’の成熟葯由来の RNA-seq データを用いることで遺伝子の発現量を調査した．まず，Hap-Pp 特異的な遺伝子に関しては，‘大原紅’花粉での発現が非常に低いことが示された．これら遺伝子には，上述した 240kb の挿入配列上に座乗する遺伝子も存在したが，総じて発現量が低く，花粉での発現量が低いことから候補遺伝子の可能性は低いと考えられた．また，Hap-Pc 特異的な遺伝子に関しては，いくつかの遺伝子で TPM（Transcripts per million）が 10 を超えており，中には自家不和合性に関与するとされる F-box タンパク質をコードする遺伝子も含まれていた．

双方向に Best hit する遺伝子の多くは，Total TPM による比較では，セイヨウナシ品種とニホンナシ品種の花粉における発現量の違いに大きな差はみられなかったが，実際にはアレル間での発現量の差がみられる可能性が考えられる．つまり，‘大原紅’が持つニホンナシ由来とセイヨウナシ由来のアレルで発現バランスが異なる可能性である．そこで，RNA-seq で得られたリードを確認して，花粉発現遺伝子における Hap-Pp, Hap-Pc 由来のアレル別の発現割合を求めた．TPM が 10 以上の遺伝子を対象とし，Hap-Pp と Hap-Pc のオーソログペアを相同性比較し，SNPs の場所を特定し，その位置に当たる RNA-seq リードを確認することで，アレルの由来を調べた．計測はリード数が 10 以上の場所のみで行い，期待値を 50:50 として χ^2 検定を行った．その結果，種間障壁関連領域では，全体的に Hap-Pp アレルの方が Hap-Pc アレルよりも発現量が多かった．また，Hap-Pp アレルの割合が 90% を超える遺伝子が 3 つみられた（第 3 表）．この中には，S-RNase 型自家不和合性の花粉側因子である F-box タンパク質と相互作用して自家不和合性に関与する遺伝子 SBP に類似する遺伝子（Pp0008656）がみられた．他にも，186bp の挿入がみられた遺伝子（Pp0008671）がみられるなど，いくつかの候補遺伝子が確認された．

第3表 候補遺伝子のアレル別発現量比率

'大原紅'花粉 TPM		Function	Hap-Ppリード割合(%)	Hap-Pcリード割合(%)	2	2 p値	t検定 p値
Pp0008536	35.61	ATARLA1C, ARLA1C ; ADP-ribosylation factor-like A1C	82.00	18.17	40.74722	1.73E-10	4.69E-06
Pp0008537	1474.16	WLIM1 ; GATA type zinc finger transcription factor family protein	73.67	26.00	22.72222	1.87E-06	7.26E-08
Pp0008541	22.84	NA	63.80	36.20	7.6176	0.00578	0.207128
Pp0008545	119.23	MGT4, MRS2-3 ; magnesium transporter 4	53.57	46.29	0.53102	0.466178	0.608821
Pp0008550	19.30	F-box family protein	84.63	15.38	47.95563	4.36E-12	3.21E-07
Pp0008553	756.85	TUA6 ; Tubulin/FtsZ family protein	56.73	43.00	1.885124	0.169753	0.228323
Pp0008564	647.26	CAP (Cysteine-rich secretory proteins) superfamily protein	24.50	75.17	25.67222	4.05E-07	0.001205
Pp0008568	16.68	RLK4 ; receptor-like protein kinase 4					
Pp0008569	3496.68	CAP (Cysteine-rich secretory proteins) superfamily protein	70.27	29.45	16.66198	4.47E-05	0.004084
Pp0008576	20.19	unknown protein	69.25	30.75	14.8225	0.000118	0.045237
Pp0008587	312.61	unknown protein	59.00	40.83	3.300556	0.069256	9.31E-06
Pp0008588	170.04	BAS1, CYP734A1, CYP72B1 ; Cytochrome P450 superfamily protein	67.00	32.67	11.78889	0.000596	0.003469
Pp0008599	19.52	Calcium-binding EF-hand family protein	55.40	44.60	1.1664	0.280142	0.296028
Pp0008603	87.29	ER lumen protein retaining receptor family protein	70.50	29.50	16.81	4.13E-05	0.276263
Pp0008607	88.98	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein	50.60	49.00	0.0272	0.869004	0.779923
Pp0008611	25.47	NA	60.93	38.50	5.033673	0.024859	0.00921
Pp0008613	29.45	ROC2 ; rotamase cyclophilin 2	76.40	23.60	27.8784	1.29E-07	0.000675
Pp0008622	17.36	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein	98.00	2.00	92.16	7.99E-22	7.78E-08
Pp0008630	69.47	ARO1 ; armadillo repeat only 1	68.05	31.90	13.06825	0.0003	3.69E-10
Pp0008636	11.81	Major facilitator superfamily protein	99.25	0.75	97.0225	6.85E-23	7.78E-06
Pp0008637	49.06	Major facilitator superfamily protein	78.07	21.64	31.84265	1.67E-08	2.48E-07
Pp0008644	12.38	ATMYB4, MYB4 ; myb domain protein 4	20.50	79.50	34.81	3.64E-09	0.255153
Pp0008645	35.34	SYTA ; synaptotagmin A	74.00	26.00	23.04	1.59E-06	0.000203
Pp0008646	13.55	APX3 ; ascorbate peroxidase 3	62.00	38.13	5.700313	0.016962	0.030232
Pp0008647	18.91	KAK, UPL3 ; HEAT repeat ;HECT-domain (ubiquitin-transferase)	54.93	45.20	0.947556	0.330342	0.144118
Pp0008648	2609.05	BGAL13 ; glycosyl hydrolase family 35 protein	67.63	32.19	12.55852	0.000394	7.11E-07
Pp0008650	14.80	UBC28 ; ubiquitin-conjugating enzyme 28					
Pp0008651	185.64	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain	50.27	49.67	0.003644	0.951862	0.92893
Pp0008654	63.81	ATFP6, HIPP26, FP6 ; farnesylated protein 6	67.17	32.83	11.78778	0.000596	0.015313
Pp0008655	446.09	BGLU13 ; beta glucosidase 13	47.46	52.46	0.250059	0.617033	0.191552
Pp0008656	23.42	SBP (S-ribonuclease binding protein) family protein	97.67	2.33	90.88444	1.52E-21	0.002388
Pp0008658	24.03	ATPIS1, ATPIS, PIS1 ; phosphatidylinositol synthase 1	60.83	39.17	4.694444	0.03026	0.060064
Pp0008661	81.87	SKP1, ASK1, ATSKP1, SKP1A, UIP1 ; S phase kinase-associated protein 1	71.50	28.50	18.49	1.71E-05	0.044343
Pp0008664	18.71	PIP3B, PIP2:8 ; plasma membrane intrinsic protein 2:8	74.10	25.90	23.2324	1.44E-06	4.25E-06
Pp0008665	20.73	GCIP-interacting family protein	67.25	32.75	11.9025	0.000561	0.010011
Pp0008671	18.33	UBC23, PFU2 ; ubiquitin-conjugating enzyme 23	66.10	33.67	10.51669	0.001183	2.33E-05
Pp0008680	10.74	Protein of unknown function (DUF3353)	71.83	28.17	19.06778	1.26E-05	0.017047

参考文献：

- Akagi T, Henry IM, Tao R, Comai L (2014) A Y-chromosome-encoded small RNA acts as a sex determinant in persimmons. *Science* 346: 646–650
- Banno K, Hirano Y, Ishikawa H, Kakegawa M (2003) Breeding and characteristics of symmetric intergeneric hybrids between apple and pear. *Acta Hort* 622:265–276
- Daccord N, Celton JM, Linsmith G et al (2017) High-quality de novo assembly of the apple genome and methylome dynamics of early fruit development. *Nature Genet* 49:1099
- Linsmith G, Rombauts S, Montanari S et al (2019) Pseudo-chromosome length genome assembly of a double haploid 'Bartlett' pear (*Pyrus communis* L.). doi: <https://doi.org/10.1101/651778>
- Shirasawa K, Itai A, Isobe S. 2021. Chromosome-scale genome assembly of Japanese pear (*Pyrus pyrifolia*) variety 'Nijisseiki'. *DNA research*, doi: 10.1093/dnares/dsab001.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 3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 Morimoto Takuya, Kitamura Yuto, Numaguchi Koji, Akagi Takashi, Tao Ryutaro	4. 巻 246
2. 論文標題 Characterization of post-mating interspecific cross-compatibility in Prunus (Rosaceae)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientia Horticulturae	6. 最初と最後の頁 693 ~ 699
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.scienta.2018.11.045	査読の有無 有
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 -

1. 著者名 Morimoto Takuya, Inaoka Maia, Banno Kiyoshi, Itai Akihiro	4. 巻 16
2. 論文標題 Genetic mapping of a locus controlling the intergeneric hybridization barrier between apple and pear	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Tree Genetics & Genomes	6. 最初と最後の頁 1~11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11295-019-1397-7	査読の有無 有
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 -

1. 著者名 Morimoto Takuya, Kitamura Yuto, Numaguchi Koji, Itai Akihiro	4. 巻 34
2. 論文標題 Characterization of transcriptomic response in ovules derived from inter-subgeneric hybridization in Prunus (Rosaceae) species	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Plant Reproduction	6. 最初と最後の頁 255 ~ 266
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00497-021-00423-2	査読の有無 有
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5件（うち招待講演 0件／うち国際学会 2件）

1. 発表者名 Ryo Sekiguchi, Takuya Morimoto, Akihiro Itai
2. 発表標題 Characterization of intergeneric cross-compatibility between apple and pear
3. 学会等名 3rd DLSAU International Multidisciplinary Research Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 松田悠之介, 森本拓也, 関口遼, 板井章浩
2. 発表標題 バラ科リンゴ亜連果樹における異種間交雑親和性
3. 学会等名 園芸学会春季大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 森本拓也, 稲岡麻衣亜, 伴野潔, 板井章浩
2. 発表標題 リンゴ属とナシ属の交雑(不)和合性を支配するゲノム領域の同定
3. 学会等名 園芸学会秋季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 関口遼, 森本拓也, 板井章浩
2. 発表標題 リンゴとナシの属間交雑を制御するゲノム領域の解析
3. 学会等名 園芸学会秋季大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Takuya Morimoto, Akihiro Itai
2. 発表標題 Genetic mapping of a locus controlling the intergeneric hybridization barrier between apple and pear
3. 学会等名 American Society for Horticulture Science Annual Conference (国際学会)
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

京都府立大学 果樹園芸学研究室【森本研究室】
<https://eureka.kpu.ac.jp/~morimoto/publications.html>

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

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