

機関番号：16201

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2008～2010

課題番号：20780022

研究課題名(和文) スモモの自家和合性に関わるS遺伝子の同定と和合化の機構解明およびその育種学的利用

研究課題名(英文) Identification of S-haplotype involved in self-compatibility of plum, elucidation of mechanism for the compatibilization, and their utilization for breeding

研究代表者

別府 賢治 (BEPPU KENJI)

香川大学・農学部・教授

研究者番号：30281174

研究成果の概要(和文)： スモモの自家和合性に関わる S 遺伝子を特定するとともに、自家和合化のメカニズムを解明した。また、S 遺伝子による自家和合性の遺伝を確認するとともに、自家和合性個体選抜のための DNA マーカーを作出した。これにより、スモモの自家和合性品種の育種を効率的に行うことが可能となり、このことは園芸的意義の大きいものである。

研究成果の概要(英文)： S-haplotypes involved in self-compatibility of plum were identified, and mechanism for the self-compatibilization was elucidated. In addition, inheritance of self-compatibility conferred by the S-haplotypes was confirmed, and DNA markers for selection of self-compatible seedlings were developed. These results made it possible to breed self-compatible plum cultivars efficiently, which is valuable for horticulture.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008年度	1,700,000	510,000	2,210,000
2009年度	700,000	210,000	910,000
2010年度	900,000	270,000	1,170,000
年度			
年度			
総計	3,300,000	990,000	4,290,000

研究分野：果樹園芸学

科研費の分科・細目：農学・園芸学・造園学

キーワード：スモモ、自家和合性、S 遺伝子、育種

1. 研究開始当初の背景

ニホンスモモは、機能性や食べやすさから、最近、その価値が見直され、栽培面積も広がりつつある。しかしながら、ほとんどの品種が配偶体型自家不和合性(S遺伝子)であることから、結実の確保には授粉樹の混植や受粉作業が必要となり、このことが生産の不安定要因となっている。さらに、近年増加しつつあるハウスでの加温栽培では、品種間の開花期のばらつきがより大きくなる傾向があり、受粉の障害となっている。地球温暖化が

進行すれば、露地栽培でも同様の問題が懸念される。

一方、ニホンスモモには自家和合性品種もいくつか存在するものの、これらは果実品質等の問題から経済的栽培には不向きであり、果実品質等の形質の優れた自家和合性品種の育成が望まれている。しかしながら、育種において、幼樹期には自家和合・不和合の識別はできず、また和合性のメカニズムや遺伝特性もわかっていないことから、効率的な育種が進んでいない。そこで、スモモにおける

自家和合性のメカニズムや遺伝特性を明らかにし、得られたデータをもとに自家和合性判別用の分子マーカーを作出できれば、効率的な育種が可能になる。

サクラ属果樹における配偶体型自家不和合性の雌ずい側因子である *S*-RNase 遺伝子の研究は、近年世界中で盛んに行われており、これまでオウトウやウメ、アーモンドに関する報告が特に多いが(総説:杉浦・田尾, 2002)、スモモの *S*-RNase 遺伝子の研究に関しては我々の研究が世界で最も進んでおり、これまでに我々は 14 種類のスモモの *S*-RNase 遺伝子を発見するとともに (Beppu ら, 2002)、同一 *S* 遺伝子型品種による他家不和合性の存在をスモモで初めて確認した (Beppu ら, 2003)。

一方、花粉側因子はこれまでモデル植物でも解明されていなかったが、最近、サクラ属果樹のアーモンド、ウメ、オウトウでその候補遺伝子として *SFB* (*S* haplotype-specific F-box protein gene) が初めて明らかにされ、注目されている (Ushijima ら, 2003)。スモモでは、我々がこの *SFB* について現在分析中であり、本研究で *SFB* の変異と自家和合化の関係を示すことができれば、*SFB* が花粉因子であることの証明につながる。

一方、*S* 遺伝子の異常による自家和合化は、雌ずい側因子の異常として酸果オウトウの *S*-RNase 遺伝子の非転写 (Yamane ら, 2003) が、花粉側因子の異常として甘果オウトウやウメにおける *SFB* 遺伝子の塩基配列の部分的変異が報告されている (Ushijima ら, 2004)。我々はスモモにおける和合化のメカニズムの分析を進行中であり、一部の品種については少しながら知見を得ているが (Beppu ら, 2005 ; Watari ら, 2007)、この和合化のメカニズムは他のサクラ属果樹のものとは異なることが推測されており、非常に興味深い。

2. 研究の目的

本研究では、まず、ニホンスモモの自家和合性品種の *S* 遺伝子型を分析し、自家不和合性品種の *S* 遺伝子型との比較や、自家、他家交配して得た後代実生の *S* 遺伝子型やそれらの自家和合性の判別により、自家和合性に関わる *S* 遺伝子を特定する。さらに、これまでに自家和合・不和合性が確認されていなかった多くの品種について自家和合性の検定を行って新たに自家和合性品種を見出し、これについても同様に自家和合性に関わる *S* 遺伝子の特定を行う。こうして自家和合性への関わりが特定された *S* 遺伝子について、雌ずい側因子の *S*-RNase と花粉側候補因子の *SFB* の mRNA やタンパクの発現の有無をそれぞれ調べるとともに、これらの cDNA やゲノム DNA を単離し塩基配列を正常なものと比較して変異の有無を調べることで、自家和合

化の原因やそれに関わるゲノム上の領域を特定する。さらに、これらの結果をもとにして、自家和合性に関わる *S* 遺伝子に特異的な分子マーカーの作出を行って、分子マーカーによる自家和合性個体の早期識別を可能にする。本研究期間終了後も作出個体の形質調査を継続し、果実品質の優れた自家和合性品種の育種を実現する。

スモモの自家和合化の機構解明は、*S* 遺伝子による自家不和合性のメカニズムのさらなる解明につながる学術上非常に有意義なものであり、特に、まだ未知の部分の多い花粉側候補因子 (*SFB*) の解明や、配偶体型自家不和合性における自己非自己認識の分子機構の解明にも大きく貢献するものと思われる。

一方、本研究でスモモの自家和合性に関わる *S* 遺伝子が特定され、そのゲノム解析の結果をもとに自家和合性識別マーカーが作成されれば、自家和合性品種育成における育種年限の短縮や労力の軽減等が期待される。また、将来的には分子育種による自家和合性品種の開発にもこの研究の成果が利用されることが期待される。

3. 研究の方法

(1) 自家和合性品種の探索

既知のもの以外にも自家和合性品種を探し出すために、農研機構果樹研の千代田圃場にある品種のうち自家和合・不和合性が確認されていないものについて、自家受粉を行った。自家受粉後、花柱内の花粉管伸長の分析および結実率の調査により、自家和合・不和合性を判定した。

(2) 自家和合性に関わる *S* 遺伝子の決定

既知の自家和合性品種および新たに自家和合性と判別された品種の *S* 遺伝子型を、2 種類のプライマーセット (Pru-C2 と PCE-R) による PCR 法 (Beppu ら, 2002) により *S*-RNase から決定した。

これら自家和合性品種の自家受粉により得られた後代実生について、その *S* 遺伝子型を PCR 法で分析することにより、どの *S* 遺伝子の花粉管が伸長阻害されなかったのか、すなわちどの *S* 遺伝子の機能が損なわれていたかを特定した。

(3) 自家和合性の機構解明

① *S*-RNase および *SFB* の発現解析

既知のものとして新たに発見した自家和合性品種の花柱および花粉を採取し、RNA を抽出して cDNA を合成した。RT-PCR を行って *S*-RNase 遺伝子や *SFB* 遺伝子の発現分析を行った。

② *S*-RNase 遺伝子および *SFB* 遺伝子の塩基配

列の分析

この自家和合性に関わるとみられる S 遺伝子について、ゲノム DNA や cDNA のクローニングを行い、S-RNase 遺伝子および SFB 遺伝子の塩基配列および推定アミノ酸配列を分析した。これを正常な S 遺伝子のものと比較し、和合化を招く挿入や欠損によるストップコドンの発生などの変異の有無を調べた。

③自家和合化に関わる雌ずい側、雄ずい側の特定

‘メスレー’と自家不和合性品種である‘ソルダム’、‘ホワイトプラム’との正逆交雑を行って、得られた種子を層積貯蔵後、播種した。発芽した実生から葉を採取し、DNA を抽出して、Pru-C2 と PCE-R のプライマーセットによる PCR で S 遺伝子型を特定した。

(4)自家和合性の遺伝様式の解明

自家和合性品種の自殖実生および他の品種との交配実生について、自家和合・不和合性検定を、受粉・花粉管伸長試験により行った。また、これら実生の S 遺伝子型を PCR で分析した。和合性と S 遺伝子型との比較から、自家和合性の遺伝様式を調べた。

(5)自家和合性個体選抜のための特異プライマーの作出

S^o-RNase 遺伝子の可変領域に挿入されているイントロン部位からセンスプライマー Se-Fw1-Plum (5'-TCA ATG TAA TGA CTT TCA TTG AGC C-3') とアンチセンスプライマー Se-Rv1-Plum (5'-CAT GGA CAT ATG AGT TGA TAC C-3') を作成した。S^o~S^o-RNase 遺伝子のいずれかを含むニホンスモモ 16 品種の葉 DNA について、このプライマーセットによる PCR を行った。さらに、上述の交雑実生についても同様に PCR を行った。

(6)果実品質の優れた自家和合性品種の育成

前述の方法により、早期に選抜し育成した自家和合性個体について、果実品質等の形質を分析して、優良なものの選抜を試みた。

4. 研究成果

(1)自家和合性品種の探索

自家受粉により花粉管伸長や結実が確認されたのは、‘李王’、‘ハニーローザ’、‘サントローザ’、‘ビューティ’、‘メスレー’、‘花

表1 各品種のS遺伝子型と自家結実率

品種	S遺伝子型	自家結実率%	自家和合性
サントローザ	ScSe	10.4	和合
ビューティ	ScSe	21.0	和合
李王	SaSe	11.9	和合
メスレー	SbSg	36.7	和合
ハニーローザ	SbSg	11.2	和合
花螺李	SbSt	6.8	和合
ソルダム	SaSb	0	不和合
大石早生李	ScSd	0	不和合
ホワイトプラム	SfSg	0	不和合

螺李’であった(表 1)。このうち、‘李王’と‘ハニーローザ’は本研究により初めて自家和合性であることが明らかになった。

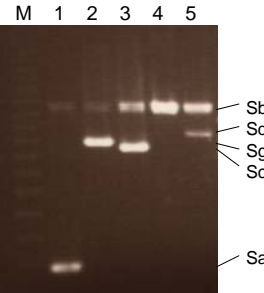
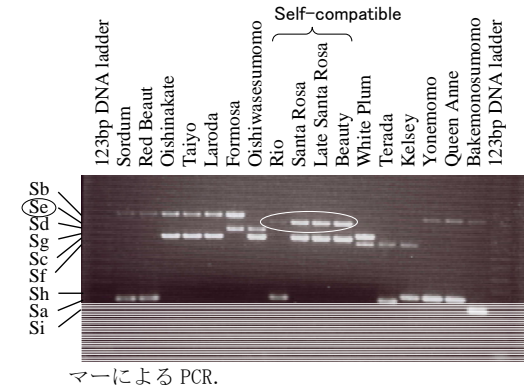


図1 スモモ 5 品種の Pru-C2 と PCE-R プライマーによる PCR.

M: 123bp ラダー, 1: ソルダム, 2: メスレー, 3: 紅秀, 4: 花螺李, 5: フォーモサ

図2 スモモ 17 品種の Pru-C2 と PCE-R プライ



マーによる PCR.

(2)自家和合性に関わる S 遺伝子の決定

自家和合性、不和合性品種の S 遺伝子型を特定し、比較した。その結果、自家和合性である‘サントローザ’ (S^oS^o)、‘李王’ (S^oS^o)、‘ビューティ’ (S^oS^o)には、S^o遺伝子が共通して存在することが明らかとなった(表 1、図 2)。この自家和合性品種の自家受粉により得られた種子を播種し、実生の S 遺伝子型を分析した結果、S^oS^o型の自殖後代が S^oS^o型と S^oS^o型に分離した(表 2)。このことから、S^o遺伝子の花粉管が自己雌ずい内で伸長阻害されておらず、S^o遺伝子が自家和合性に関係していることが明らかになった。

表2 自家和合性品種の自殖後代実生のS遺伝子型の分離

品種	S遺伝子型	自殖実生のS遺伝子型の分離		
サントローザ	ScSe	1 (ScSe)	3 (SeSe)	
ビューティ	ScSe	15 (ScSe)	4 (SeSe)	
メスレー	SbSg	9 (SbSb)	11 (SbSg)	10 (SgSg)
ハニーローザ	SbSg	8 (SbSb)	17 (SbSg)	
花螺李	SbSt	2 (SbSb)	2 (SbSt)	6 (StSt)

一方、他の自家和合性である‘メスレー’ (S^oS^o)、‘ハニーローザ’ (S^oS^o)、‘花螺李’ (S^oS^o)、‘紅秀’ (S^oS^o)には、S^o遺伝子が共通して存在することが明らかとなった(表 1、図 1)。このうち、‘ハニーローザ’ (S^oS^o)では、自殖実生の S 遺伝子型が S^oS^oと S^oS^oに分離したことから、S^o遺伝子が自家和合性に関わって

いることが示された。一方、‘メスレー’ ($S^b S^e$) の自殖実生の S 遺伝子型は $S^b S^e$ 、 $S^b S^e$ 、 $S^e S^e$ に分離したことから、 S^b 、 S^e 遺伝子ともに自家和合性に関わっていることが示された。‘花螺李’ ($S^b S^e$) の自殖実生の S 遺伝子型は $S^b S^e$ 、 $S^b S^e$ 、 $S^e S^e$ に分離したことから、 S^b 、 S^e 遺伝子ともに自家和合性に関わっていることが示された(表 2)。

(3) 自家和合性の機構解明

① S -RNase および SFB の発現解析

‘サンタローザ’、‘李王’、‘ビューティ’に共通してみられ、自家和合化を招いている S 遺伝子について発現解析を行った。雌ずい側因子である S -RNase は、花柱で発現しているものの、その量が極めて少ないことから、このことが S 遺伝子による和合化の原因であると考えられた(図 3)。

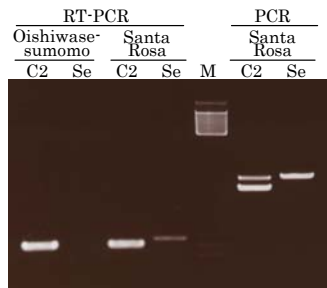


図3 花柱 cDNA の RT-PCR と PCR.
C2: Pru-C2 と PCE-R プライマー.
Se: S^e -RNase 特異的プライマー.
C2: Pru-C2 と PCE-R プライマー.
M: 123bp DNA ladder.

S^b 遺伝子を共通に有している ‘メスレー’、‘ハニーローザ’ について発現解析を行った。‘メスレー’ では、 S^b 、 S^e 遺伝子ともに花柱の S -RNase(図 4)、花粉の SFB (図 5)いずれも発現しているのが確認された。‘ハニーローザ’でも、 S^b 、 S^e 遺伝子ともに花柱で S -RNase が発現しているのが確認された(図 6)。これらのことから、‘メスレー’、‘ハニーローザ’、‘花螺李’については、 S -RNase や SFB の発現に問題はなく、これらは自家和合化の原因ではないことが示された。

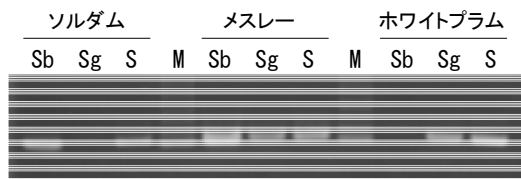


図4 花柱 cDNA の RT-PCR. Sb: S^b -RNase 特異的プライマー. Sg: S^e -RNase 特異的プライマー. S: Pru-C2 と PCE-R プライマー. M: 123bp DNA ladder.

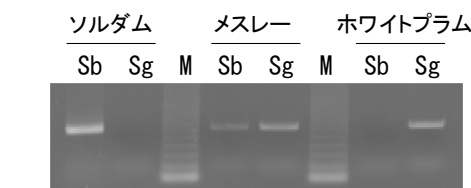


図5 花粉 cDNA の RT-PCR. Sb: SFB^b 特異的プライマー. Sg: SFB^e 特異的プライマー. M: 123bp DNA ladder.

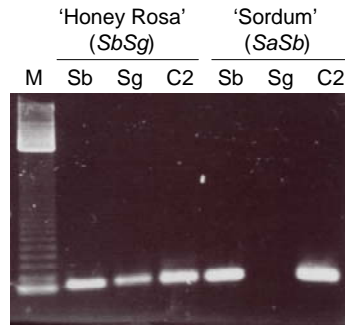


図6 花柱 cDNA の RT-PCR. Sb: S^b -RNase 特異的プライマー. Sg: S^e -RNase 特異的プライマー. C2: Pru-C2 と PCE-R プライマー. M: 123bp DNA ladder.

② S -RNase 遺伝子および SFB 遺伝子の塩基配列の分析

自家和合性に関わる S -RNase 遺伝子について、ゲノム DNA と cDNA の塩基配列、推定アミノ酸配列を分析した。 S -RNase 遺伝子の推定アミノ酸配列は、他の S -RNase 遺伝子のもと同様の構造をしており、途中に挿入や欠損によるストップコドンの発生は見られなかった。

‘メスレー’ ($S^b S^e$) についても、塩基配列と推定アミノ酸配列の分析を行った。 S^b 、 S^e 遺伝子ともに、花柱の S -RNase と花粉の SFB のいずれも他の自家不和合性品種のもと同推定アミノ酸配列が同じであり、挿入や欠損によるストップコドンの発生がないことが確認された。

これらのことから、コード領域のアミノ酸配列には変異がなく、自家和合化に関わっていないことが示唆された。

③ 自家和合化に関わる雌ずい側、雄ずい側の特定

‘メスレー’ の雌ずいに ‘ソルダム’、‘ホワイトプラム’ の花粉を授粉したところ、ほとんど結実しなかったが、‘ソルダム’、‘ホワイトプラム’ の雌ずいに ‘メスレー’ の花粉を授粉したところ、結実した。得られた実生の S 遺伝子型は、‘ソルダム’ × ‘メスレー’ では $S^a S^b$ 、 $S^b S^b$ 、 $S^a S^e$ 、 $S^b S^e$ に分離したことから、‘メスレー’ の S^b 花粉が正常な S^b -RNase を有する雌ずいにおいても伸長を阻害されないことが示された。一方、‘ホワイトプラム’ × ‘メスレー’ では $S^b S^e$ 、 $S^e S^e$ 、 $S^f S^g$ 、 $S^e S^e$ に分離したことから、‘メスレー’ の S^e 花粉が正常な S^e -RNase を有する雌ずいにおいても伸長を阻害されないことが示された(表 3)。これらのことから、‘メスレー’ の S^b 、 S^e ハプロタイプによる自家和合性はいずれも花粉側因子の異常によるものである可能性が示唆された。

表3 ‘メスレー’ と ‘ソルダム’、‘ホワイトプラム’ の交配実生の S 遺伝子型

雌ずい親	花粉親	交配実生の S 遺伝子型と個体数			
‘ソルダム’ ($S^a S^b$)	‘メスレー’ ($S^b S^e$)	$S^a S^b$ 4	$S^a S^e$ 4	$S^b S^b$ 2	$S^b S^e$ 9
‘ホワイトプラム’ ($S^f S^g$)	‘メスレー’ ($S^b S^e$)	$S^b S^e$ 4	$S^b S^e$ 2	$S^f S^g$ 4	$S^e S^e$ 4

(4) 自家和合性の遺伝様式の解明

自家和合性に関わる S^a ハプロタイプを有する品種同士およびこれらと自家不和合性の品種との交配を行い、得られた実生の S ハプロタイプを分析するとともに、自家和合性、不和合性を調査した。その結果、後代は S^a ハプロタイプを有する個体と有しない個体に分離し、 S^a ハプロタイプを有する個体のみ自家和合性を示したことから、 S^a ハプロタイプによる自家和合性は後代にも遺伝することが実証された(表 4)。

表4 スモモの交配実生のS遺伝子型と自家結実率

実生	S遺伝子型	自家結実率(%)	種子親	花粉親
SB1	$S^b S^c$	19.2	ソルダム ($S^a S^b$)	ビューティ ($S^c S^c$)
SB2	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	ビューティ ($S^c S^c$)
SB3	$S^a S^c$	21.2	ソルダム ($S^a S^b$)	ビューティ ($S^c S^c$)
SB4	$S^b S^c$	17.3	ソルダム ($S^a S^b$)	ビューティ ($S^c S^c$)
SB5	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	ビューティ ($S^c S^c$)
SSr1	$S^b S^c$	7.1	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr2	$S^b S^c$	2.3	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr3	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr4	$S^b S^c$	9.6	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr5	$S^b S^c$	11.4	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr6	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr7	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr8	$S^b S^c$	11.2	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr9	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
SSr10	$S^b S^c$	0	ソルダム ($S^a S^b$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
BSr1	$S^c S^c$	8.6	ビューティ ($S^c S^c$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
BSr2	$S^c S^c$	1.4	ビューティ ($S^c S^c$)	サンタローザ ($S^c S^c$)
BR1	$S^c S^c$	18.2	ビューティ ($S^c S^c$)	李王 ($S^a S^a$)
BR2	$S^c S^c$	2.8	ビューティ ($S^c S^c$)	李王 ($S^a S^a$)
WR1	$S^a S^a$	4.8	ホワイトプラム ($S^a S^a$)	李王 ($S^a S^a$)
WR2	$S^a S^a$	4.2	ホワイトプラム ($S^a S^a$)	李王 ($S^a S^a$)

(5) 自家和合性個体選抜のための特異プライマーの作出

Se-Fw1-PlumとSe-Rv1-PlumのプライマーセットによるPCR分析を行ったところ、Se-RNase遺伝子を有する自家和合性品種でPCR増幅が認められた(図6)。一方、 S^a -RNase遺伝子を有しない自家不和合性品種ではPCR増幅は認められなかった。交雑実生についても、 S^a -RNase遺伝子を有する個体のみPCR増幅が認められた(図7)。このことから、Se-Fw1-PlumとSe-Rv1-Plumのプライマーセットは S^a -RNase遺伝子のみを特異的に増幅することが確認された。よって、ニホンスモモの自家和合性品種の育種において、Se-Fw1-PlumとSe-Rv1-Plumのプライマーセットを用いたPCR分析による S^a ハプロタイプを有する実生の選抜が有効であることが示唆された。

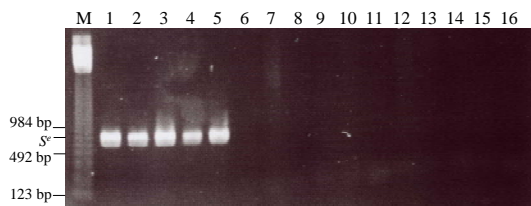


図6 S^a -RNase 特異プライマー(Se-Fw1-PlumとSe-Rv1-Plum)によるPCR. M:123bp DNA ladder. (1) サンタローザ ($S^a S^a$), (2) ビューティ ($S^c S^c$), (3) レイトサンタローザ ($S^a S^a$), (4) 李王

($S^a S^a$), (5) シムカ ($S^a S^a$), (6) 米桃 ($S^a S^a$), (7) 化物李 ($S^a S^a$), (8) 大石早生李 ($S^a S^a$), (9) ホワイトプラム ($S^a S^a$), (10) ティカムサ ($S^a S^a$), (11) ランツ ($S^a S^a$), (12) ボタン ($S^a S^a$), (13) スベリア ($S^a S^a$), (14) サマークイーン ($S^a S^a$), (15) スタークゴールド ($S^a S^a$), (16) フロンティア ($S^a S^a$).

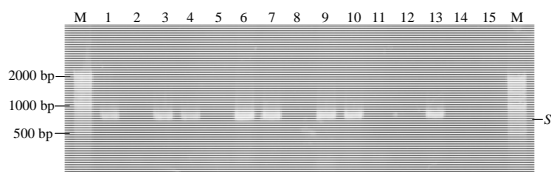


図7 スモモの交配実生のSe-RNase 特異プライマーによるPCR. M:100 (100-1000) and 200 (1200-2000) bp DNA ladder. (1) SB1 ($S^a S^a$), (2) SB2 ($S^a S^a$), (3) SB3 ($S^a S^a$), (4) SB4 ($S^a S^a$), (5) SB5 ($S^a S^a$), (6) SSr1 ($S^a S^a$), (7) SSr2 ($S^a S^a$), (8) SSr3 ($S^a S^a$), (9) SSr4 ($S^a S^a$), (10) SSr5 ($S^a S^a$), (11) SSr6 ($S^a S^a$), (12) SSr7 ($S^a S^a$), (13) SSr8 ($S^a S^a$), (14) SSr9 ($S^a S^a$), (15) SSr10 ($S^a S^a$).

(6) 果実品質の優れた自家和合性品種の育成

特異的プライマーにより選抜した自家和合性実生について、果実品質を分析した。その結果、ソルダムとサンタローザ、ビューティの交配実生の一部に、自家和合性で糖度が高く食味の非常に優れた系統があった。今後、これらを栄養繁殖して後代の果実形質も調査し、最も優れるものを品種登録する予定である。

このように、本研究により、スモモの自家和合性に関わるS遺伝子や自家和合化のメカニズム、遺伝様式の解明が進展するとともに、自家和合性個体選抜のためのDNAマーカーが作出された。これにより、自家和合性品種の育種を効率的に行うことが可能となり、園芸的意義は非常に大きい。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計3件)

①Beppu, K., Syogase, K., Yamane, H., Tao, R. and Kataoka, I. : Inheritance of self-compatibility conferred by the S^a -haplotype of Japanese plum and development of S^a -RNase gene-specific PCR primers, Journal of Horticultural Science & Biotechnology **85**, 215-218, 有 (2010).

②Beppu, K., Endo, I. and Kataoka, I. : Self-compatibility in the Japanese Plum Cultivar 'Honey Rosa', Acta Horticulturae **874**, 157-162, 無 (2010).

③Beppu, K., Konishi, K. and Kataoka, I. : S^a -haplotypes and self-compatibility of the Japanese plum cultivar 'Karari' Acta Horticulturae, 無 (in press).

〔学会発表〕(計4件)

- ①別府賢治, 熊井 恵, 山根久代, 田尾龍太郎, 片岡郁雄: ニホンスモモ ‘メスレー’ の自家和合性に関する研究, 園芸学研究 **9**, 別冊(2), 393, 大分大学 (2010年9月20日).
- ②Beppu, K., Konishi, K. and Kataoka, I. : *S*-haplotypes and self-compatibility of the Japanese plum cultivar ‘Karari’, 28th International Horticultural Congress, Abstracts II, 268, Lisboa Congress Centre (Portugal), (2010年8月26日).
- ③Beppu, K., Syogase, K., Yamane, H., Tao, R. and Kataoka, I. : Inheritance of self-compatibility conferred by the *S*^e-haplotype of Japanese plum and development of *S*^e-*RNase* gene-specific PCR primers, 28th International Horticultural Congress, Abstracts II, 248, Lisboa Congress Centre (Portugal), (2010年8月24日).
- ④別府賢治, 熊井 恵, 勝賀瀬 香, 山根久代, 八重垣英明, 山口正己, 田尾龍太郎, 片岡郁雄: ニホンスモモの *S*^eハプロタイプによる自家和合性の後代への遺伝と *S*^e-*RNase* 遺伝子特異的プライマーの開発, 園芸学研究 **8**, 別冊(2), 422, 秋田大学 (2009年9月26日).

6. 研究組織

(1) 研究代表者

別府 賢治 (BEPPU KENJI)

香川大学・農学部・教授

研究者番号: 30281174