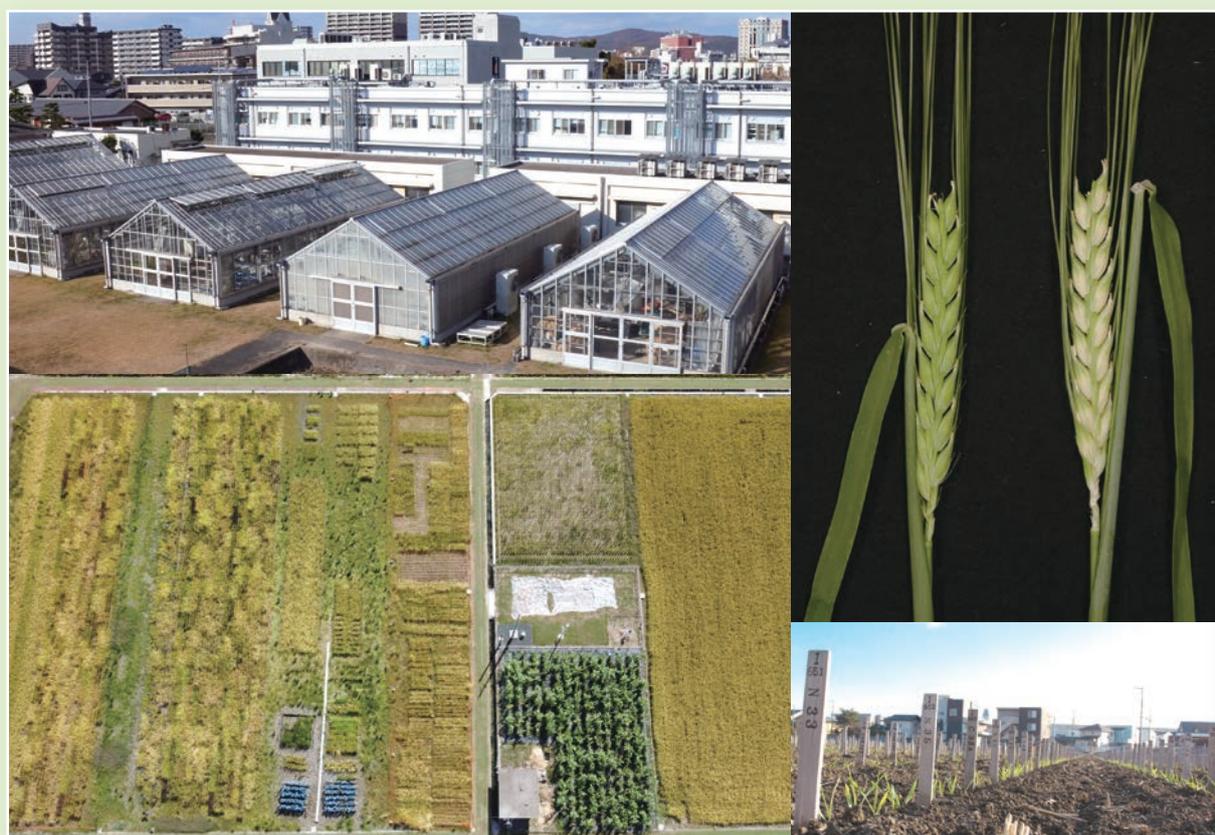


岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2020)
— 第28卷 —



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



表紙の写真：

ドローン撮影による、研究所（左上）と夏季の南圃場（左下）遠景。

オオムギの野生型及びalbino lemma変異体（右上）。大麦系統保存圃場（右下）。

目 次 (Contents)

研究活動 (Research Activity)

植物ストレス科学共同研究コア (Research Core for Plant Stress Science)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)

光環境適応研究グループ

(Plant Light Acclimation Research Group) 1

環境応答機構研究グループ

(Group of Environmental Response Systems) 2

環境機能分子開発グループ

(Group of Functional Biomolecular Discovery) 3

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ

(Group of Plant Stress Physiology) 4

植物分子生理学グループ

(Group of Plant Molecular Physiology) 5

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ

(Group of Plant-Microbe Interactions) 6

植物・昆虫間相互作用グループ

(Group of Plant-Insect Interactions) 7

植物免疫デザイングループ

(Plant Immune Design Group) 8

植物環境微生物学グループ

(Group of Plant Environmental Microbiology) 9

大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ

(Group of Genome Diversity) 10

野生植物グループ

(Group of Wild Plant Science) 11

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

遺伝資源機能解析グループ

(Group of Genetic Resources and Functions) 12

統合ゲノム育種グループ

(Group of Integrated Genomic Breeding) 13

次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)

作物デザイン研究チーム

(Crop Design Research Team) 14

国際共同研究チーム

(International Collaboration Team) 14

エコフィジオロジー研究チーム (Ecophysiology Research Team)

根圏生態班

(Rhizosphere Microbiome Section) 15

作物イノベーション研究チーム (Crop Innovation Research Team)

オオムギ遺伝子改変班

(Barley Genetic Modification Section) 15

RECTOR プログラム (RECTOR Program) 16

構成員	
(Staff)	17
出版物リスト	
(List of Publication)	24
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	33
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	35
研究所員が主催したシンポジウム等	
(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	42
学会賞等	
(Awards)	46
共同研究リスト (共同利用・共同研究拠点事業)	
(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)	47
拠点事業以外の共同研究 (国内／国際)	
(List of Collaborations besides the Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center (Domestic/ International))	52

研究活動 (Research Activity)

大気環境ストレスユニット 光環境適応研究グループ

(Atmospheric Stress Unit) Plant Light Acclimation Research Group

本グループでは、光合成機能を担うオルガネラである葉緑体（色素体）の分化と維持の分子機構に注目し、環境ストレス下での葉緑体の機能解析ならびに色素体の多面的な機能について様々な手法を用いて研究を行っている。

1. 光化学系 II サブユニットタンパク質の翻訳後修飾に関する研究

光化学系 II は光エネルギー転換の初期反応を担うが、光障害を最も受けやすく、障害を受けた反応中心タンパク質 D1 の迅速な分解による PSII 修復が光合成の維持に重要である。葉緑体では D1 を含む PSII 反応中心タンパク質がリン酸化され、複合体の形成と D1 分解に関わることが示唆されている。そこで、光化学系 II を中心とした、チラコイド膜タンパク質のリン酸化を Phos-tag により検出する方法を確立した。また、PSII 修復と関連するタンパク質の翻訳後修飾としてトリプトファン残基の酸化修飾に着目した研究を進め、D1 分解の主要プロテアーゼである FtsH と関連した D1 の酸化修飾の解析を進めている。

2. ステイグリーンと作物生産性の向上に関する解析

植物において、葉の光合成能が持続するステイグリーン形質は農業上有用な形質になり得る。我々はソルガム (*Sorghum bicolor*) の 2 系統 (NOG 及び BTx623) から作出した組換え自殖系統を用いて QTL 解析を進めており、新規なステイグリーン遺伝子の同定及びステイグリーンに関する分子機構の解明を行っている。

3. オルガネラ DNA の代謝機構に関する研究

葉緑体内部に保持されている葉緑体 DNA は、葉の老化初期に分解されている。我々が花粉において同定したオルガネラ DNA 分解酵素 (DPD1 エキソヌクレアーゼ) は老化葉においてもその発現が誘導されており、老化葉で何らかの生理学的機能を持つことが予想された。シロイヌナズナ突然変異体を用いた解析の結果、変異体はステイグリーンを示し、葉老化における葉緑体遺伝子発現の抑制が遅延することが明らかとなった。葉緑体 DNA の老化葉での積極的な分解が、新たな養分転流に寄与する可能性について現在解析を進めている。

4. 澱粉粒の形状に異常を示す突然変異体の単離とその利用

植物において合成された澱粉は、我々の主食としてだけでなく、糖化製品、食品添加物、工業製品などの加工製品として利用されている。澱粉は、細胞内では不溶性の粒子である澱粉粒を形成する。澱粉粒の形状が変化した突然変異体には、その澱粉特性が変化しているものが存在している。我々は、澱粉粒の形状に異常を示す突然変異体のスクリーニングをオオムギとイネを用いて行い、新規の澱粉特性を持つ系統の作出を進めている。

Our group has been studying plant adaptation to environmental stresses at the molecular level. Especially, we have been focusing on chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. Studies in the post-translational protein modification of Photosystem II

A major target site of photo-damage is a reaction center protein D1 in Photosystem II (PSII), and rapid degradation of D1 is prerequisite for maintaining entire photosynthetic electron transfer. Post-translational modification (PTM) of amino acid residues in the PSII reaction center proteins, such as phosphorylation in D1, is known to play critical roles. We investigate phosphorylation of proteins in thylakoid membranes, using the Phos-tag-based electrophoresis. We focus on another type of PTM, oxidation of tryptophan residues in PSII, which correlates with D1 degradation mediated by FtsH protease. The studies are underway using *Chlamydomonas reinhardtii* as a model.

2. Quantitative trait locus (QTL) analysis of stay-green phenotype in sorghum

Stay-green is an important agronomic trait for plants, possibly leading to higher yield and biomass. Currently, we are trying to identify new QTLs of sorghum stay-green by using 252 recombinant inbred lines (RILs), which were obtained from a cross between a stay-green parent (BTx623) and a faster senescing parent (NOG).

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during plant senescence

In plant cells, mitochondria and plastids contain their own genomes derived from the ancestral bacteria endosymbiont. Despite their limited genetic capacity, these multicopy organelle genomes account for a substantial fraction of total cellular DNA, raising the question of whether and how organelle DNA quantity is controlled spatially or temporally. Now, we are studying the organelle DNA degradation in leaves during senescence using *Arabidopsis* mutants.

4. Isolation and use of mutants with various shapes of starch grains

Starch synthesized in plants is used not only as our staple food, but also as processed products such as saccharified products, food additives, and industrial applications. Starch forms starch grains, which are insoluble particles inside cells. Mutants developing starch grains with altered shapes sometimes shows a different starch properties compared to the wild type. We are trying to isolate mutants showing various shapes of starch grains to create breeding materials with a broad range of starch properties.

本グループでは、植物の非生物的ストレスに対する応答について、遺伝子レベルから個体レベルまで、広くシステムを理解することを目指して研究を行っている。特に、植物ホルモン応答機構に着目し、生理学、分子生物学、分子遺伝学的手法により解析を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 鉄欠乏応答に関与する新規短鎖ペプチドの解析

様々なストレス応答と関連する鉄欠乏応答に関与する新規短鎖ペプチドの FEP1/IMA3 の解析を行っている。今年度は、昨年度抽出した FEP1 ネットワークを元に FEP1 の組織特異的役割を推定、それを確認するための生理学的研究および遺伝学的解析を行い、予想に近い機能を確認した。昨年度同定した変異株の原因遺伝子探索を進めた。さらに、シロイヌナズナ近縁植物ではみられない特有の構造を持つ FEP1 類似遺伝子の機能解析を開始した。

2. オオムギ出穂期予測モデル構築による作物デザイン技術基盤の開発

ライフコースデータからオオムギの出穂予測モデルを構築し、最適遺伝要因をデザインする技術開発を進めている。RNAseq データ、ホルモノームデータを元にトラジェクトリ描出を試みた。また、予測モデルに利用する遺伝要因の同定を新たな GWAS 解析手法を取り入れながら進めた。

3. 亜硫酸による障害回避機構に関する研究

植物は亜硫酸ガスから身を守るために、気孔を閉口することで葉内への侵入を抑制する。過去の論文では、この過程への植物ホルモンの関与が示唆されている。今年度は亜硫酸ガス暴露後の葉内のホルモノームを解析し、変動のあったジャスモン酸について非感受性変異体および過去に報告のあったアブシシン酸の非感受性変異体の気孔運動の解析を行い、これらのホルモンが亜硫酸ガス誘導気孔閉口運動に関係ないことを証明した。

4. ゼニゴケ生殖過程における DNA メチル化制御機構の解析

ゼニゴケの生活環において、DNA メチル化がゲノムワイドに変化していることが示唆されている。我々はゼニゴケ生殖過程における DNA 脱メチル化酵素の機能に着目し、ゼニゴケ生殖過程における DNA メチル化のダイナミクスの解析を行なっている。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we have been analyzing the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Analysis of novel short peptide involved in iron-deficiency response

Iron deficiency response is involved in many stress responses in plants. We are studying a novel short peptide FEP1/IMA3, that is involved in iron-deficiency response in Arabidopsis. In this year, we tried the tissue specific function of FEP1 that was deduced from the gene network analysis conducted last year and found our estimation is almost consistent with the obtained data. We also studied the novel FEP1-like genes in other plants.

2. Establishment of crop design technology using a model to predict agronomical traits

We are conducting a research project to establish a process to build a model to predict agronomical traits using the flowering regulation of barely as a research subject. We tried to deduce the growth trajectory from the sequential transcriptome data and hormone data. We also identified genetic elements which is useful for the trait predicting model.

3. Study of plant response mechanism against sulfurous acid gas

Plants protect themselves from sulfurous acid gas by closing stomatal aperture. Earlier studies suggested the involvement of some plant hormones. This year we took advantage of plant hormone analysis to gain insight into the role of hormones in the sulfurous acid gas response. Jasmonate increased after sulfurous acid gas exposure in leaves. However, analysis of stomatal behavior of jasmonate-insensitive mutants rejected the hypothesis that jasmonate is involved in sulfurous gas-induced stomatal closure.

4. Analysis of DNA methylation regulatory mechanism of reproductive stage in Marchantia

Genome-wide DNA methylation changes were suggested during the liverwort *Marchantia polymorpha* life cycles. We focus on the function of DNA demethylase in Marchantia reproductive stages and are analyzing DNA methylation dynamics in Marchantia reproduction.

本グループでは、環境ストレスに対する植物の耐性獲得に関与する酵素、タンパク質、発現制御因子の機能について生化学的分子生物学的手法を用いて解析し、劣悪環境で生育可能な作物の開発を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 異なる大気環境下で太陽光に曝露した大麦種子の農業形質

大麦種子を宇宙空間環境と火星地表環境の下で太陽光に曝露し、その生存能力について検討を行った。種子をロシア国際宇宙ステーション船外に設置している装置 EXPORE-R 2 のトレイにセットした。トレイ 1 (宇宙空間環境) は MgF_2 製の蓋で封印し窒素ガスを充填、トレイ 2 (火星地表環境) は石英製の蓋で封印し火星大気ガスを充填した。船外にトレイを設置後、トレイ 1 にあるバルブを開きトレイ内を真空にした。15 ヶ月間船外曝露した後にトレイを回収し地上へ搬送した。地上で $4^\circ C$ で同期間保管した大麦種子 (GS) をコントロールとした。宇宙空間環境に曝露した種子 (SG) の表面は火星地表環境に曝露種子 (MS) や GS にくらべ焦げたように茶色になっていた。SG と MS の発芽率は 67 %、100 % であった。発芽した種子をワグネルポットで温室で 5 ヶ月間栽培した。SG と MS は GS と同様に生育し、1000g 粒重や稔実率などの農業特性に有意な差が認められなかった。これらの結果、オオムギ種子は紫外線防御や気候制御すること無く宇宙空間や火星環境で 15 ヶ月間生存できることが明らかとなった。

2. コムギの種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 の発達中種子におけるトランスクリプトーム解析

コムギ栽培に甚大な経済的損失を引き起こす穂発芽の主要な制御因子は種子休眠性である。Reduced Seed Dormancy 32 (RSD32) は穂発芽耐性品種である普通系コムギ農林 61 号より作成された種子休眠性低下突然変異系統で、種子特異的に発現する単因子劣性の変異である。農林 61 号と RSD32 の異なる発達段階 (開花後 20 日、30 日、40 日; DAP20、DAP30、DAP40) の種子胚における遺伝子発現を RNA-seq により比較した。RSD32 で発現が上昇した遺伝子の数は、発達段階の間で差がなかった。それに対して、RSD32 で発現が低下した遺伝子の数は、DAP40 に比べて DAP20 および DAP30 で多かった。概日時計制御に関わる朝発現型の遺伝子は、農林 61 号に比べて RSD32 で発現が低下したが、夜発現型の遺伝子は RSD32 で発現が上昇した。Ca²⁺ シグナル伝達関連遺伝子は、農林 61 号では DAP20 で特異的に発現したが、RSD32 ではこれら遺伝子の発現が低下した。以上の結果は、RSD32 変異遺伝子が DAP20 もしくはそれより早い発育ステージで発現することを示唆する。また、コムギの種子休眠性の制御には概日時計制御および Ca²⁺ シグナル伝達に関わると考えられた。

Our group has elucidated the function of enzymes, proteins, and gene regulation factors associated with the stress tolerance of plant cells using biochemical and molecular biological techniques, and their application to development of stress-tolerant plants. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Agronomical properties of barley seeds exposed to sunlight under different atmosphere environments

Barley seeds were exposed to sun light under outer space and Mars atmosphere conditions and analyzed seed viability. Seeds were set in the trays of EXPORE-R2 platform outside of International Space Station. Tray 1 covered with MgF_2 lid and Tray 2 covered quartz lid were filled with N_2 gas and Mars gas, respectively. The valve of Tray 1 was opened to evacuate after setting to the outside space. Seeds stored at $4^\circ C$ on the ground were used as a control (GS). After 15-month exposure to outer space, seeds were transported to the ground. The surface color of seeds exposed to space vacuum (SG) turned into brown as it burned, compared with Mars gas (MS) and GS. The germination percentages of SG and MS were 67 and 100%, respectively. The germinated seeds were transplanted to the Wagner pot and cultivated for 5 months in the greenhouse. Plants from SG and MS grew as well as that from GS, and the agronomic properties of SG and MS, such as 1,000 grain weight and ripening ratio, were not different significantly from those of GS. From these results, barley seeds could survive outer space and Mars environments for 15 months without protection from UV and climate control.

2. Transcriptomic analysis of developing seeds in a wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant RSD32 with reduced seed dormancy

Seed dormancy, a major factor regulating pre-harvest sprouting, can severely hinder wheat cultivation. Reduced Seed Dormancy 32 (RSD32), a wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant with reduced seed dormancy, is derived from the pre-harvest sprouting tolerant cultivar, 'Norin61'. RSD32 is regulated by a single recessive gene and mutant phenotype expressed in a seed-specific manner. Gene expressions in embryos of 'Norin61' and RSD32 were compared using RNA sequencing (RNA-seq) analysis at different developmental stages of 20, 30, and 40 days after pollination (DAP). Numbers of up-regulated genes in RSD32 are equivalent in all developmental stages. However, down-regulated genes in RSD32 are more numerous on DAP20 and DAP30 than on DAP40. In central components affecting the circadian clock, homologues to the morning-expressed genes are expressed at lower levels in RSD32. However, higher expressions of homologues acting as evening-expressed genes are observed in RSD32. Homologues of Ca²⁺ signaling pathway related genes are specifically expressed on DAP20 in 'Norin61'. Lower expression is shown in RSD32. These results suggest that RSD32 mutation expresses on DAP20 and earlier seed developmental stages and suggest that circadian clock regulation and Ca²⁺ signaling pathway are involved in the regulation of wheat seed dormancy.

本グループでは植物の必須元素、有益元素及び有害元素の吸収・集積機構、ミネラルストレスに対する植物の応答反応や耐性機構について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. オオムギカドミウム集積機構の解明

オオムギのカドミウム集積の品種間差を利用して、5H染色体に座乗する遺伝子 *HvHMA3* を同定した。*HvHMA3* は液胞膜に局在するカドミウム輸送体をコードするが、*HvHMA3* の輸送活性や細胞内局在には品種間の違いが認められなかった。しかし、カドミウム低集積品種の *HvHMA3* 遺伝子の発現量は常に高集積品種の2倍近く高かった。この発現量の違いは低集積品種の *HvHMA3* の上流に挿入された3.3kbの長さのトランスポゾン的一种に起因する。この挿入はプロモーターの役割をして、*HvHMA3* 遺伝子の発現を高めていた。さらに、この挿入をもつ *HvHMA3* 遺伝子を繰り返し交配で日本の主な醸造用オオムギ品種（はるな二条）に導入したところ、カドミウム汚染土壌で栽培しても生育や収量に対する影響を与えることなく、種子中のカドミウム濃度を大幅に低下させることができた。

2. イネ亜鉛吸収機構の解明

イネの亜鉛吸収に必要な輸送体 *OsZIP9* を同定した。*OsZIP9* は主に根の外皮と内皮に局在し、その発現は亜鉛欠乏によって大きく誘導された。またこの遺伝子を破壊すると、低亜鉛条件下で亜鉛の吸収が著しく低下した。水田土壌で栽培した変異体のイネの亜鉛濃度は野生型イネの半分程度であった。

またイネの亜鉛吸収はケイ素によって低下するが、その原因は地上部に集積するケイ素が根で発現する亜鉛輸送体 *OsZIP1* の発現を抑制するためであることを突き止めた。

3. 節におけるミネラル分配機構の解明

イネの節で高発現するいくつかの遺伝子の機能解析を行った。リン酸輸送体遺伝子 *OsPHO1;1* と *OsPHO1;2* は種子へのリンの分配に関与していることを明らかにした。*OsPHO1;1* は主に節の分散維管束節部に、*OsPHO1;2* は肥大維管束の木部柔細胞に発現していた。この遺伝子を破壊すると、種子の発育が著しく悪くなり、収量も低下した。一方、二つのメタロチオンイン遺伝子 *OsMT2b*、*OsMT2c* は節の肥大維管束及び分散維管束の節部に恒常的に高発現していた。これらの遺伝子を破壊すると、特に種子への亜鉛の分配が減少した。

4. 光合成に寄与するマグネシウム輸送体の同定

イネの葉緑体へのマグネシウム輸送を担う輸送体 *OsMGT3* を同定した。*OsMGT3* は葉肉細胞の葉緑体包膜に局在し、マグネシウムを細胞質から葉緑体へ輸送する。また *OsMGT3* の発現は日周性を示し、ルビスコの活性変動と一致していることを見出した。この遺伝子を過剰発現すると、イネの光合成活性が向上した。

5. トマトのケイ酸吸収機構

ケイ素低集積植物のトマトから内向きケイ酸輸送体遺伝子 *Lsi1* を単離し、ケイ酸輸送活性を持つことを突き止めた。また、トマトのケイ素低集積は外向きケイ素輸送体 *Lsi2* の欠如によることを明らかにした。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Identification of a gene responsible for differential Cd accumulation in barley

Based on the genotypic difference in Cd accumulation in barley, we identified a responsible gene, *HvHMA3* on chromosome 5H. *HvHMA3* encodes a tonoplast-localized transporter for Cd, but there was no difference in the transport activity and subcellular localization between low- and high-Cd accumulating varieties. However, the expression level of *HvHMA3* was double in the low-Cd variety than in the high-Cd variety. A 3.3-kb Sukkula-like transposable element was found to be inserted in the upstream of the gene in the low-Cd variety, which functioned as a promoter and enhanced the expression of *HvHMA3*. Introgression of this *HvHMA3* gene with the insertion to an elite barley cultivar through backcrossing resulted in decreased Cd accumulation in the grain grown in Cd-contaminated soil without yield penalty.

2. Identification of transporter for zinc uptake in rice

We identified a transporter, *OsZIP9* for zinc (Zn) uptake in rice. *OsZIP9* was expressed in the exodermis and endodermis of root mature regions and its expression was up-regulated by Zn-deficiency. Knockout of *OsZIP9* significantly reduced Zn uptake under Zn-limited conditions. When grown in soil, Zn concentrations in the shoots and grains of knockout lines were decreased to half of wild-type rice.

In addition, we found that Si-induced decrease of Zn in rice is caused by down-regulation of Zn transporter gene *OsZIP1* in the roots.

3. Molecular mechanisms for distribution of mineral elements in rice nodes

We functionally characterized several genes highly expressed in rice nodes. We found that two phosphorus (P) transporter genes, *OsPHO1;1* and *OsPHO1;2* are involved in distribution of P to the grains. *OsPHO1;1* is mainly localized at the phloem region of diffuse vascular bundles of node, while *OsPHO1;2* was expressed in the xylem parenchyma cells of the enlarged vascular bundles. Knockout of these genes decreased the distribution of P to the grains, resulting in decreased seed size and delayed germination.

On the other hand, two metallothionein genes, *OsMT2b* and *OsMT2c* were mainly expressed in the phloem region of enlarged and diffuse vascular bundles in the nodes. Knockout of either *OsMT2b* or *OsMT2c* increased Zn accumulation in nodes, but decreased Zn distribution to the panicle, resulting in decreased grain yield.

4. Identification of a Mg transporter contributing to photosynthesis

We identified a chloroplast-localized Mg^{2+} transporter gene *OsMGT3*, which is rhythmically expressed in leaf mesophyll cells. Knockout of *OsMGT3* significantly reduced Mg^{2+} transport to the chloroplasts and a consequent decline of photosynthetic rate. Mesophyll-specific overexpression of *OsMGT3* markedly improved photosynthetic efficiency and growth performance in rice.

5. Identification of Si transporter in tomato

We identified a functional influx transporter for Si in tomato, a non Si-accumulating species. We found that low Si accumulation in tomato is attributed to the lack of functional Si efflux transporter *Lsi2* required for active Si uptake.

本グループでは環境ストレスに対する植物の応答と適応機構を分子、細胞、生理学的に研究している。水チャネル・アクアポリンの新機能であるイオン輸送性や種子形成における役割、酸性土壌で植物の生育を阻害するアルミニウム (Al) の影響、Al 耐性遺伝子である ALMT とそのファミリー遺伝子の生理機能を研究している。

1. アクアポリンの機能解析

アフリカツメガエル卵母細胞発現系を用いてイネの PIP2 型アクアポリンのイオン輸送性を調べた。イネ PIP2 型は 8 種類あり、いずれも水透過性を持つが、イオン輸送性を示したのは OsPIP2;4 のみであった。K⁺ と Na⁺ を透過し、Ca²⁺ によって輸送活性が強く抑制された。水透過性とイオン透過性の分子機構を探るため、1 アミノ酸置換を施した変異 OsPIP2;4 を複数作成した。そのなかで水透過性を失ったがイオンは透過するもの、あるいは逆に水は透過するがイオン透過性を失った変異 OsPIP2;4 を見出した。

さらに種子登熟と乾燥に関与するシロイヌナズナの液胞膜型アクアポリン AtTIP3 の解析を行った。AtTIP3 サブファミリーには、2 種類のホモログ AtTIP3;1 と AtTIP3;2 が存在しており、アフリカツメガエル卵母細胞発現系で AtTIP3;1 は水透過しないが、AtTIP3;2 は水透過することが明らかとなった。また、シロイヌナズナ AtTIP3;1 は、オオムギ HvTIP3;1 とは異なり、水透過性の分子種 (例えば AtTIP3;2) と共発現させても水透過性はほとんど増加しなかった。AtTIP3;1 と AtTIP3;2 の配列を置換した実験により、AtTIP3 の C 末側に水透過能力に関する領域があることが推定された。この領域で水透過に関わっているアミノ酸残基を決定するための解析を進めている。

2. タバコ培養細胞の Al 耐性機構とトマト ALMT 遺伝子ファミリーの解析

タバコ培養細胞から選抜された Al 耐性系統 (ALT301) と野生系統間でトランスクリプトームと定量的 RT-PCR 解析を行った。ALT301 では、低酸素応答に関与する RAP2.3 様転写調節因子の遺伝子発現が高く、さらにこのタンパク質分解経路に関与する一酸化窒素 (NO) の生成に関わる硝酸還元酵素 (NR) の遺伝子発現、NR 酵素活性、NO 生産が ALT301 で低い事を見出した。これらのことから、ALT301 では NR 遺伝子の発現低下を介した NO の生産低下により引き起こされる低酸素様代謝の促進が、Al 耐性の表現型に関与すると考えられた。

一方、トマト ALMT ファミリー遺伝子の一つが Micro-Tom 品種の果実で発現しており、その機能がリンゴ酸の他にフマル酸やコハク酸を輸送することを明らかにした。さらに、その SIALMT 遺伝子の発現抑制トマト系統と野生系統間でのメタボローム解析を行い、果実におけるリンゴ酸とフマル酸、コハク酸含量に変化はなかったが、GABA が遺伝子発現系統で優位に増加していた。そのため、トマト SIALMT が GABA 輸送に関与する可能性が示されたため、現在この GABA 透過性を検証している。

Our research has been focused on the molecular, cellular and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. We have studied new functions of water channel aquaporins as ion transporters and the role of aquaporins in seed formation. We also are focusing on the aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant growth in acid soils. We are studying Al-sensitive and Al-tolerant mechanisms in plants, the ALMT genes which is an Al-tolerant gene, and the ALMT-family genes in several plant species.

1. Functional analysis of aquaporins

We examined rice PIP2-type aquaporins and revealed that only OsPIP2;4 showed ion permeability among OsPIP2 all of which showed water permeability in the expression system using *Xenopus* oocytes. OsPIP2;4 showed permeability for K⁺ and Na⁺, but not for Cl⁻. The channel activity was inhibited strongly by Ca²⁺. Single amino-acid-exchanged mutated OsPIP2;4 proteins were generated to investigate the molecular mechanisms of water and ion permeability. We detected one mutated OsPIP2;4 protein that showed water but not ion permeability, and another one that showed ion but not water permeability.

We also analyzed *Arabidopsis* tonoplast intrinsic proteins 3, AtTIP3s, which participated in ripening and desiccation of seeds. There were two homologs, AtTIP3;1 and AtTIP3;2, in the AtTIP3 subfamily. The analysis using the *Xenopus* oocyte expression system revealed that AtTIP3;2 showed clearly water permeability but AtTIP3;1 did not. In addition, AtTIP3;1 could not increase the water permeability by co-expression with other molecular species (e.g., AtTIP3;2) which showed the water permeability unlike barley HvTIP3;1. An AtTIP3;1 mutant with the amino acid sequence of the C-terminal replaced with that of AtTIP3;2 showed water permeability, suggesting that AtTIP3s contain the region to control the water transport in the C-terminal region. We are investigating amino acid residue(s) essential to the water transport in this region.

2. Analyses of Al-tolerant mechanism in tobacco cultured cells, and an ALMT-family gene in tomato

Transcriptome and qRT-PCR analyses between wild-type and aluminum (Al)-tolerant (ALT301) tobacco cell lines indicated the upregulation of the gene encoding RAP2.3-like protein in ALT301. RAP2.3-like protein is involved in hypoxia response and is degraded by NO (nitric oxide)-dependent proteolysis, where NO is produced by nitrate reductase (NR). Levels of NR gene expression, NR activity, and NO production were all lower in ALT301, compared to the wild type. These results suggest that hypoxia-like metabolism enhanced by the repression of the NO-dependent proteolysis is associated with the Al-tolerant phenotype of ALT301.

On the other hand, we found that one ALMT-family gene is expressed in fruit of tomato (Micro-Tom), and the protein showed the function of transport fumarate and succinate as well as malate. Furthermore, metabolomic analyses showed no change of malate, fumarate and succinate contents, but the GABA contents in fruit was increased. Therefore, it is possible that the SIALMT protein might be involved in GABA transport in fruit. Now, we are analyzing the GABA permeable function for this transporter.

植物の生育は、ウイルスや微生物との相互作用により大きく影響を受ける。本グループでは、ウイルスが主役として有害なあるいは有益な影響を及ぼすいくつかの系を用いて、植物・微生物間相互作用を分子、細胞、個体レベルで解析している。以下に本年の成果を記す。

1. ハダカウイルス1: 植物病原糸状菌 *Fusarium oxysporum* から見つかった風変わりなキャプシドレス 11 分節 (+) RNA ウイルス

植物病原糸状菌は様々なウイルスの宿主になっている。いくつかのウイルスは、宿主菌の植物に対する病原力を低下させ、ヴァイロコントロール因子として実用化され、あるいは研究対象になっている。それらのウイルスの中には、1 から 12 分節 RNA が粒子化される 2 本鎖 (ds) RNA ウイルス、あるいは粒子を作らないキャプシドレス (+) 1 本鎖 RNA ウイルスが含まれる。最近、粒子を作るウイルスとキャプシドレスウイルスの中間型を示すポリマイコウイルスが報告された。ポリマイコウイルスゲノムは 4 ~ 8 分節 dsRNA からなるが、RNA 合成酵素は分子系統学的に動物 (+) RNA ウイルスとの親和性を示す。ゲノム dsRNA は、ウイルスにコードされた富プロリン-アラニン-セリン・タンパク質 (PASrp) と複合体を形成して存在する。この精製複合体あるいは驚くべきことに精製 dsRNA までもが感染性を有する。当研究室でも、パキスタン産 *Fusarium oxysporum* からポリマイコウイルスと類縁関係の深い *Fusarium oxysporum* multi-segmented RNA virus 1 (FoMRV1) を発見した。このウイルスは、なんと 11 本の分節をもつ (+) RNA ウイルスであることを明らかにした。FoMRV1 はポリマイコウイルスとは大きく異なり、PASrp 遺伝子を保有せず、裸の RNA で存在しているようである。宿主菌 *Fusarium oxysporum* への影響は、これまで調べた限りなさそうである。

2. オオムギアブラムシのウイルス叢解析

アブラムシは作物にとって主要な害虫の一つであり、多くの植物ウイルスを保持しそれらを媒介する。さらに、アブラムシに特異的に感染する昆虫ウイルスの存在も知られている。しかし、野外 (圃場) におけるアブラムシ個体群にどのようなウイルス叢が存在するかはほとんど分かっていない。そこで、本研究では、同一オオムギ圃場 (植物研実験圃場) で 3 年間にわたりアブラムシ個体群採取し、RNAseq によりそれらのウイルス叢を解析した。その結果、ネゲ/キタ様ウイルス、フラビ様ウイルス、ルテウイルスなどの RNA ウイルス由来の少なくとも 56 の配列コンティグを検出し、その中には 8 種類の新規 RNA ウイルス由来のコンティグも含まれていた。さらに、同一のネゲ/キタ様ウイルスがオオムギに寄生する異なるアブラムシ種やオオムギ個体から検出されることも確認された。これらの知見から、圃場ではオオムギが昆虫 (アブラムシ) ウイルスのリザーバーとなり、アブラムシ種間のウイルス伝播に関与するのではないかと推測された。本研究の結果は、昆虫 (アブラムシ) ウイルスの多様性や進化、さらに圃場における伝播についての知見を深めるものである。

Plant growth is influenced by various viruses and microorganisms. Our group explores, at molecular, cellular and individual levels, the plant/microbe interplays of several selected pathosystems in which viruses as main players exert beneficial or harmful effects on plants.

1. Hadaka virus 1: A capsidless 11-segmented (+)RNA virus from a phytopathogenic fungus *Fusarium oxysporum*

Fungi collectively host various RNA viruses. Examples include encapsidated double-stranded (ds) RNA viruses with diverse genomic segment numbers (from one to twelve) and capsidless viruses with non-segmented positive-sense (+) single-stranded [(+)RNA] genomes. Recently, viruses with unusual intermediate features of infectious entity between encapsidated dsRNA viruses and capsidless (+)RNA viruses were found. They are called polymycoviruses that typically have four to eight dsRNA genomic segments associated with one of the virus-encoded proteins, and are phylogenetically distantly related to animal (+)RNA caliciviruses. Here we identified a novel virus phylogenetically related to polymycoviruses, from the phytopathogenic fungus *Fusarium oxysporum*. The virus termed *Fusarium oxysporum* multi-segmented RNA virus 1 (FoMRV1) has eleven (+)RNA genomic segments, the largest number in known (+)RNA viruses. Nevertheless, FoMRV1 lacked a typical structural protein of polymycoviruses and was not pelleted by standard ultracentrifugation, implying an unusual capsidless nature of FoMRV1. This study reveals a potential novel lifestyle of multi-segmented RNA viruses.

2. Virome analysis of barley aphid populations

Aphids are important insect pests affecting a wide range of crops and also vectors of many agriculturally important plant viruses. Aside from harboring numerous plant viruses, aphids are known to host several insect-specific viruses. Nevertheless, there is still limited information about the viromes of aphid populations, particularly those that infest cereal plants in the field. In this study, a metatranscriptomic approach was used to investigate the viromes of aphid populations collected from a barley field for consecutive three years. From the aphid transcriptomes, we identified at least 56 virus-like sequence contigs related to RNA viruses such as nege/kita-, flavi/jingmen-, and luteoviruses including eight putative novel RNA viruses. In addition, we also discovered that some aphid-associated viruses including nege/kita-like viruses are present in different aphid species and plant samples. This raises the speculation that aphid-associated viruses may be distributed to varieties of aphid species via plants as the reservoirs. The results of our study enhance our knowledge on the diversity, spread and evolution of insect viruses that are related to plant viral pathogens.

本グループでは、植食性昆虫に対する植物の防御機構に注目し、圃場研究、分子生物学的アプローチで研究を進めている。

1. イネにおけるエチレンの新しい機能を発見

エチレンは植物の成長やストレス耐性において多様な役割を持つ植物ホルモンである。イネは水の中で成長することができるが、エチレンは洪水（水没）ストレスを受けたイネの伸長促進に必要であることが知られている。1 ppmのエチレン処理や人為的に水没させたイネ（播種後5-7週間）の揮発性物質（VOCs）を測定したところ、いずれも揮発性物質の放出量の低下が顕著に認められた。植物ホルモン量と、植物ホルモンのマーカー遺伝子の解析により、エチレンや水没処理が若いイネの揮発性物質の産生を転写レベルで抑制することを明らかにした。この現象は、イネが水没時に揮発性物質を過剰に蓄積することを防ぐためと推察される。さらに、エチレンは登熟期へ移行後のイネの揮発性物質にも抑制的な関与がみられ、イネの成長にともなう揮発性物質の産生制御におけるエチレンの新規な役割を見出した。我々の結果は、特にイネがストレスにตอบสนองする際のエチレンの機能に関して複数の新しい視点を与える。

2. イネの物理的防御機構の解析

植物の化学的防御機構は植食性昆虫に対する効果的な障壁となるが、種特異的な防御機構であることが多い。化学的防御に加えて、トゲやスパイク状の構造など、構造的・物理的な植食性昆虫に対する防御機構を有している。我々の最近の研究で、アジアイネとアフリカイネ (*Oryza glaberrima*) の種間交雑により開発されたネリカ (NERICA) を水田で栽培した際に、バッタによる食害が相対的に大きいことが観察された。ネリカの防御機構を詳細に解析したところ、通常イネの葉表層で観察されるケイ素 (Si) が含浸した針状突起がネリカでは見られなかった。日本晴の葉から人為的に針状突起を除いた実験や、植物ストレス学グループとの共同研究としてケイ素含有量の低下した *lsi1* 変異体イネとの比較実験により、我々は貪食なバッタへの強い耐虫性に針状突起が重要であること、また針状突起へのケイ素の取り込みが不可欠であることを示した。ネリカの針状突起のない形質を遺伝的に解析した後、ネリカへの針状突起形質の導入によるネリカの耐虫性向上が考えられる。また最近、ケイ素の使用とイネの防御の向上に関する文献が発表されているが、本研究においても、イネの防御機構におけるケイ素の供給の重要性を示した。

3. 咀嚼性植食性昆虫の細菌叢の解析

昆虫からの新しいエリシターの同定にむけて継続的に研究を進めている。我々は、植物と昆虫のインターフェースにおいてエリシター産生関与する因子として、昆虫吐き戻し液に含まれる共生微生物に注目している。イネに対してエリシター活性を示す植物細胞壁由来オリゴ糖が昆虫食害により生じると考えられているが、今年度はオリゴ糖産生に関わると推定される複数の微生物株を取得した。

The group is focusing on plant defense against herbivores using field research approaches combined with the advanced molecular biology methods.

1. Discovery of novel aspects in ethylene function in rice

Ethylene is plant hormone with multiple roles in growth and stress resistance. Although rice can grow easily in water, ethylene is required to promote elongation of rice seedlings subjected to excessive flooding (submergence) stress. When we examined the volatile organic compounds (VOCs) in rice leaves treated with ethylene (1 ppm) or artificial flooding, VOC levels dramatically decreased in ethylene-treated/flooded rice seedlings (5-7 weeks). By analyzing hormonal contents and marker gene expressions, we found that exo- and endogenous ethylene/flooding specifically suppresses production of VOCs at transcriptional level that can be interpreted as efficient protective measure against over-accumulation of VOCs during submergence in the young rice plants. In addition, ethylene also suppressed VOCs in older plants after transition to maturity, revealing a new ontogenetic role of ethylene in rice. Our data bring multiple new viewpoints on ethylene function in rice, in particular when the rice plants are responding to stress.

2. Study focusing on mechanical defense in rice

Chemical defenses form an effective barrier to herbivores that is often species-specific. In addition, plants use structural (mechanical) features such as thorns or spikes to fend off herbivores. In our current study with NERICA (New Rice for Africa) rice, which is an interspecies hybrid between Japonica rice and *Oryza glaberrima* of African origin, we found that NERICAs are conspicuously susceptible to grasshopper damage in the paddy fields. From detailed analysis of NERICA defense traits, NERICA leaves lacked sharp spikes on their leaves that would normally be impregnated with silicon (Si). By artificial removal of silicified spikes from Nipponbare leaves, and by comparison to silica-deficient *lsi1* mutant used in the collaboration with the Group of Plant Stress Physiology, we were able to demonstrate that incorporation of Si into spiky trichomes is indispensable for durable resistance of rice to voracious grasshoppers. We propose that NERICAs could be improved by introgression of “spiky” trait into their genome, after genetic dissection of their spike-less nature. Our results also suggest that supply of Si is crucial for rice defense, as it has been reported in the recent literature on the use of Si for amelioration of defense in various crops.

3. Screening of chewing herbivore-associated microbiota

In continuation of group efforts to identify new elicitors from insects, we monitored bacterial symbionts in herbivore oral secretions as potential source of elicitor-generating factors at plant-insect interface. This year, we identified several microbial strains capable of producing oligomeric sugars from herbivore-ingested plant cell walls that showed elicitor activity in rice cell bioassays.

我々の究極の目標は、重要な農業形質である生物的・非生物的ストレスに対する抵抗性を向上させた新しいイネを設計することである。この目標を遂行するために、これまでにイネの免疫の主要な構成因子である免疫受容体と低分子量 G タンパク質 OsRac1 の研究を行ってきた。2020 年の研究成果の一部は以下の通りである。

1. イネ免疫に関与する内因性ペプチドの同定

動物では、サイトカインと呼ばれる内因性ペプチドがシグナル伝達物質として作用し、炎症などの免疫応答の調節に重要な役割を果たしている。植物においては、動物のサイトカインに類似した内因性ペプチドに関する情報は限られており、植物におけるサイトカイン様ペプチドの同定は重要かつ挑戦的な目標である。本研究では、植物免疫に関与するサイトカイン様ペプチドを同定するための効率的なパイプラインの確立を試みた。トランスクリプトーム解析だけでは発現変化の少ない遺伝子がコードするタンパク質を捉えることができず、プロテオーム解析だけでは発現量の少ないタンパク質を捉えることが困難である。そこで、トランスクリプトーム解析とプロテオーム解析を組み合わせた「マルチオミックス解析」を用いてデータセットを統合的に解析することで、相補的な情報が得られ、より多くの新規ペプチド同定が可能になると考えた。マルチオミックスに基づいたスクリーニングを用いて、イネいもち病菌とそのエリシターであるキチンによって誘導された 236 個の内因性分泌ペプチド (SSP) を同定した。これらの SSP には、既知の 2 つの免疫ペプチドファミリー、RALF と PSK が含まれていた。さらに、イネの免疫に関与する新規 SSP ファミリーとして IRP を同定した。本研究は、植物が内因性ペプチドを介して免疫を制御する仕組みの理解に大きく貢献すると考えられた。

2. 免疫スイッチ OsRac1 は、2 つの異なる免疫受容体複合体を形成する

一般に、細胞膜に局在するパターン認識受容体 (PRR) と細胞内受容体である nucleotide-binding and leucine-rich repeat containing proteins (NLRs) は、異なる活性化メカニズムによって制御されていると考えられている。我々は、イネの低分子量 G タンパク質 OsRac1 が、OsCERK1 という PRR と Pit という NLR の両方によって引き起こされる免疫に重要な役割を果たすことを報告している。しかし、免疫受容体である OsCERK1 と Pit、OsRac1 と OsRac1 の結合パートナーがどのようなタンパク質複合体を構成しているのかは不明であった。我々は、複数の生化学と細胞生物学実験を組み合わせることにより、OsRac1 が OsCERK1 と Pit との 2 つの異なる免疫受容体複合体を形成していること、さらに OsRac1 を活性化すると、高分子タンパク質複合体が形成されることを見出した。また、シャペロン Hsp90 は、Pit の細胞膜での適切な局在化と Pit の免疫誘導に寄与することを発見した。我々の知る限りでは、本研究はイネの PRR と NLR 受容体の構成因子を比較した最初の研究である。この研究は、イネの PRR と NLR を介した免疫制御メカニズムの理解を大きく前進させると考えられる。

Our ultimate goal is to design new rice plants to cope with biotic and abiotic stresses and improve important agronomic traits. We have been working on immune receptors and the small GTPase OsRac1, which are major components of rice immunity. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Identification of phytocytokines involved in rice immunity

In animals, numerous endogenous (self) small polypeptides called cytokines act as signaling mediators to play important roles in the modulation of immune responses such as inflammation. In plants, information regarding endogenous small peptides analogous to animal cytokines is limited, and identification of cytokine-like peptides in plants is an important and challenging goal. In this study, we tried to establish an efficient pipeline to identify cytokine-like peptides involved in plant immunity. Transcriptome analysis alone is unable to capture proteins that are encoded by genes with no obvious change in expression, and with proteome analysis alone cannot capture low-abundance proteins. Integrative analysis of these two “omics” datasets may yield complementary information and help to identify novel small peptides. Using our transcriptomics- and proteomics-based screening, we identified 236 small secreted proteins (SSPs) that were induced by rice blast fungus and its elicitor, chitin. These SSPs include two previously studied immune peptide families, RALF and PSK. Moreover, we identified a novel SSP named IRP that plays a role in rice immunity. Our work contributes to further understanding of how plants control immunity through endogenous peptides.

2. The immune switch OsRac1 forms two distinct immune receptor complexes

It is generally believed that pattern recognition receptors (PRRs) and intracellular nucleotide-binding and leucine-rich repeat containing proteins (NLRs) are governed by distinct activation mechanisms. We have previously reported that the rice small GTPase OsRac1 plays key roles in immunity triggered by both a PRR named OsCERK1 and an NLR named Pit. Many components are involved in immune complex(es) with OsRac1; however, how the immune receptors OsCERK1 and Pit, OsRac1, and OsRac1's binding partners organize the protein complex(es) remains to be explored. Here, we reveal that OsRac1 assembled into two distinct immune receptor complexes with OsCERK1 and Pit. Activation of OsRac1 led to the assembly of a large protein complex. Chaperone Hsp90 contributed to the proper localization of Pit at the plasma membrane and the immune induction of Pit. As far as we know, this is the first study that has systemically clarified the components of PRR and NLR receptors in rice. We therefore believe that this study contributes substantially to our understanding of how PRRs and NLRs orchestrate rice immunity.

本グループでは植物に共生しその生育を助けるような細菌の分離・分類や機能解析、また赤潮原因藻の生理機能や共生細菌やウイルスとの生物学的相互作用についての研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. *Methylobacterium* 属細菌におけるランタノイド (Ln) 存在下でのメタノール代謝経路制御

Methylobacterium 属細菌は植物葉上の主要な共生細菌であり、植物が放出するメタノールを利用して生育する。本属細菌はカルシウム (Ca) 依存と Ln 依存の二つのメタノール脱水素酵素を持つ。Ln 存在下では Ln 依存酵素が発現し、メタノールだけでなくホルムアルデヒドも本酵素が酸化する。本属細菌の中にはホルムアルデヒド代謝経路として H₄MPT 経路だけでなくグルタチオン依存経路を持つものがあり、これが機能していることも示した。また、Ca 依存 MDH と Ln 依存 MDH の発現切り替えを起こすセンサーキナーゼを見いだした。

2. *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノールへの走化性

細菌は生育物質など好ましい物質の濃度の高い方へ泳動することができ、これは走化性と呼ばれる。本属細菌においてメタノールへの走化性を示すことを見だし、センサーとなるタンパク質を 3 種類同定した。これらはランタノイドの存在に応答し、細胞内の局在が異なり、認識基質も違うことを明らかにした。

3. エルゴチオネインの微生物生産

エルゴチオネイン (EGT) はヒトの血液にも含まれる抗酸化アミノ酸であり、限られた微生物種だけが生産できると考えられていた。*Methylobacterium* 属細菌はメタノール生育時に著量の EGT を生産することを見いだした。EGT 合成遺伝子の発現強化、前駆体となるヒスチジンの分解酵素遺伝子欠失により EGT 生産能を向上させた。また、EGT 生産性の高いカビ、酵母株をスクリーニングし、非組み換え体による生産への糸口を掴んでいる。

4. 植物プランクトンと細菌の共生と相互作用についての研究

植物プランクトンの一種ヘテロシグマは、世界中の浅海に生息し、条件が揃うと非常に高い密度に増殖して『赤潮』を形成する。赤潮の形成、すなわち赤潮原因藻の異常増殖の要因として、特に窒素、リン、鉄などを含む化合物濃度の上昇、すなわち富栄養化があげられる。

当グループは、ヘテロシグマに随伴する細菌がヘテロシグマ増殖を促進する可能性に着目して研究を行ってきた。その一環として、これまでに自然界で発生したヘテロシグマ赤潮に含まれる細菌類を 80 株以上の細菌を単離したが、興味深いことに、これらの細菌のうちの多くが窒素、およびビタミン B 類が欠損した培地で、ヘテロシグマ増殖を促進することが明らかになった。また、ヘテロシグマをはじめ多くの植物プランクトンは、3 価鉄イオンを細胞内に取り込み代謝するが、リン酸や塩素との 3 価鉄化合物は解離しにくいいため利用されにくいことが知られている。上述の単離細菌の多くが、低水溶性 3 価鉄塩存在下でヘテロシグマ増殖を促進することが明らかになった。これは、細菌類が生合成するシデロフォアと言う天然の鉄キレート分子の作用によると考えられる。以上の結果は、自然界でのヘテロシグマ赤潮発生に、様々な栄養代謝に関わる細菌が寄与している可能性を示しており、赤潮形成過程における藻類・細菌間の栄養代謝を介した相互作用の重要性を示唆している。

1. Regulation of lanthanide (Ln)-dependent methylotrophic pathway in *Methylobacterium* species

Methylobacterium species are ubiquitous bacteria living on the plant surface, and they utilize methanol emitted from plants. They have two different methanol dehydrogenases (MDHs), which are either calcium (Ca)-dependent or lanthanide (Ln)-dependent. In the presence of Ln, Ln-dependent MDH is expressed and the enzyme oxidize not only methanol but also formaldehyde. We revealed that some species contain functional glutathione-dependent formaldehyde oxidation pathways in addition to a well-conserved H₄MPT pathway. On the other hand, we identified a sensor kinase that switches the expression of MDHs.

2. Chemotaxis toward methanol in *Methylobacterium* species

Bacteria can swim toward higher concentrations of favorable substances such as growth substances, and this phenomenon is called chemotaxis. We found that *Methylobacterium* species exhibit methanol chemotaxis and identified three sensors responsible for it. These proteins respond to the presence of lanthanides, showing different subcellular localization and different ligands.

3. Microbial production of ergothioneine

Ergothioneine is an anti-oxidative amino acid derived from histidine. Though it has been believed that only limited microorganisms can synthesize it, we found that *Methylobacterium* species are also capable of production. We enhanced the expression of synthetic genes and deleted the His degradation gene, which resulted in increased production of ergothioneine by recombinant *Methylobacterium*. We also screened ergothioneine-productive fungus and yeasts, which are non-recombinant.

4. Study about symbiotic interaction between phytoplankton and bacteria

Heterosigma akashiwo is a cosmopolitan phytoplankton species that occasionally causes dense bloom in thalassic sea. The bloom formation, or aberrant rapid propagation of the alga, is linked to eutrophication of the area, particularly to the increase in the concentrations of nitrogen, phosphorous, and ferric compounds.

Our group has focused on the possibilities that the interaction between *H. akashiwo* and accomplice bacteria resulting in the growth promotion of the former. To date, we have isolated more than 80 strains of marine bacteria from *H. akashiwo* bloom. Interestingly, several of the isolated bacteria promoted growth of the algae under nitrogen and/or vitamin Bs-limiting conditions. Also, many phytoplankton including *H. akashiwo* uptake Fe³⁺ ion and utilize it for metabolism. Some Fe³⁺-compounds, such as FePO₄ and FeCl₃, are poorly-soluble, thus are hardly utilized by algae; several of the isolated bacterial strains promoted the growth of *H. akashiwo* in the media with such ferric compounds. This is potentially due to the 'siderophores', natural iron chelating agents, that are produced by the bacteria. These observations suggest that the metabolic pathways of bacteria associated with *H. akashiwo* bloom participate in shaping the nutritional conditions for the alga, thus playing crucial roles for bloom formation in nature.

ゲノム多様性グループでは、実験系統を含む栽培オオムギ約 14,000 系統と野生オオムギ約 900 系統を保有し、(1) 種子の増殖、収集、保存および種子配布等の系統保存事業、(2) 遺伝的多様性の評価ならびに特性形質のデータベース化、(3) ゲノム解析の諸手法を用いたオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

1. オオムギ遺伝資源の系統保存事業

当グループは、ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) に参画し、オオムギ種子ならびにオオムギゲノムリソースの配布事業を担っている。

(a) 系統種子の配布と保存

当事業では、在来系統、実験系統および野生系統を含むオオムギ種子の増殖ならびに配布を行っている。ノルウェー・スバルバル世界種子貯蔵庫へのオオムギ種子預託も実施している。これらのオオムギ種子は、未来の食糧確保のために必要な品種改良の基礎となる重要な遺伝資源であり、重複保存によって長期的な食糧安全を保証することに繋がる。

(b) ゲノムリソースの配布

保有するゲノムリソースは、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲している。これらのリソースは、BAC ライブラリーの全クローンセット、選抜用プール DNA、高密度フィルターならびに完全長 cDNA クローン、保存系統のゲノム DNA 等が含まれている。

2. オオムギ遺伝資源の評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた有用形質の原因遺伝子単離と解析を進めている。

(a) オオムギのゲノム解析

岡山大学を含む国際コンソシアムは、最新の塩基解読法および整列技術によって 20 品種のオオムギにおける染色体単位のゲノム配列を公開した。

(b) オオムギ種子の形状多様性の観測技術の開発

JST さきがけ、名古屋大学、大阪大学などとの共同研究によって、合成画像を AI の学習に使うことで作物種子の形態評価法を効率化し、オオムギ種子形状 (長さ、幅、縦横比、等) の多様性を大量・迅速に検出する基盤技術を開発した。

3. オオムギの雑種強勢に関する研究

オオムギの新規開花性変異を活用した雑種種子生産技術を開発するとともに、ゲノム編集技術による開花性変異の新規アレルの創出を進めている。これらの技術により、生育地の拡大に伴う不良環境での良質なバイオマス生産を確保し、二酸化炭素の資源化を目指している。

4. オオムギの形質転換とゲノム編集

当グループでは、オオムギの形質転換効率に関わる遺伝子の探索を行っている。現在、安定して形質転換が可能な品種「Golden Promise」と形質転換が困難な品種「はるな二条」および「Full Pint」の交雑後代を用いて、関連遺伝子の同定を進めている。また、オオムギ種子休眠性遺伝子 *Qsd1* および *Qsd2* へのゲノム編集による変異導入に成功しており、穂発芽耐性育種などへの応用が期待される。

Our group has preserved ca. 14,000 accessions of cultivated barley including experimental lines and ca. 900 accessions of wild relatives. The objectives of our research are 1) collection, multiplication, preservation and distribution of barley germplasm, 2) evaluation of genetic diversity and establishment of genotype and phenotype databases; and, 3) application of barley genetic resources to breeding and basic research by the genome analysis using new technologies, e.g., NGS, microarray genotyping and genetic transformation.

1. Preservation and distribution of barley genetic resources
Our group has been taking part in the National BioResource Project (NBRP) and has been preserving and distributing barley seeds and DNA clones.

(a) Preservation and distribution of barley germplasms

We are multiplying and distributing the barley germplasms including landraces, experimental lines, and wild relatives. We are depositing barley seeds in the Svalbard Global Seed Vault in Spitsbergen, Norway. These barley seeds are important genetic resources to be utilized as barley breeding materials for food security, and the samples should be stored in duplicate.

(b) Distribution of barley genome resources

We are distributing the barley genome resources to domestic and international institutions and researchers upon request. These resources include the complete BAC clone sets, pooled BAC DNA for clone screening, its high-density replica membranes, full-length cDNA clones and genomic DNA samples from the barley accessions.

2. Evaluation of barley germplasm

Our group is focusing on the isolation and characterization of the genes involved in agronomically important traits using barley genetic resources.

(a) Genome analysis in barley

The international consortium including Okayama University has sequenced the chromosome level assemblies of 20 diverse barley genotypes using advanced sequencing and alignment techniques.

(b) Development of phenotyping techniques for barley seed shape diversity

A Collaboration project with JST PRESTO, Nagoya University, Osaka University, and others, has developed a basic technology for efficient evaluation of crop seed morphology using AI-based learning of synthetic images to detect a large amount of diversity in barley seed shape (length, width, aspect ratio, etc.).

3. Research for the hybrid vigor and flowering traits of barley

Our group is developing seed production technology using a new flowering mutation of barley and producing new alleles of flowering mutations by genome editing technology. Combining these technologies, we aim to ensure high quality biomass production in poor environments due to the expansion of arable land, and reduction of carbon dioxide emissions.

4. Genetic transformation and genome editing in barley

Our group is searching for the genes related to the efficiency of genetic transformation in barley. To identify those genes, we are using the population derived from the crosses between “Golden Promise”, an amenable cultivar for transformation, and “Haruna Nijo” or “Full Pint”, recalcitrant for transformation. In addition, we have succeeded in site-directed mutagenesis of barley seed dormancy genes *Qsd1* and *Qsd2* by genome editing, which will be applied to the breeding of tolerant lines for preharvest sprouting.

本グループでは、地球上に植物の多様性が進化した仕組みの理解を目指した研究を行っている。また、併せてこれまでに収集された野生植物の遺伝資源を保存している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構の解明を目指した研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。この適応に関わる仕組みを理解することを目指し、北極圏から温帯の高山帯にかけて広範囲の緯度に分布する2種の姉妹種 (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; アブラナ科) を材料に研究を進めている。これまでに、両種がアミノ酸配列の大きく異なる光受容体 (フィトクロム: PHYB) をもち、低緯度に生育する *Cardamine nipponica* の PHYB (CnPHYB) が、*Cardamine bellidifolia* の PHYB (CbPHYB) よりも温度に対する感受性の高いことを明らかにしてきた。モデル植物の形質転換体を用いたこれまでの研究に加え、本年度は両種を用いた赤色光に対する生理応答を詳細に調べる実験を行った。その結果、両種は PHYB の性質から期待される生理応答の違いをもつことを裏付け、フィトクロムにおける温度感受性の進化が、緯度によって異なる環境への適応に重要な役割をもつことを裏付ける成果を得てきた。

2. 絶滅危惧種の保全に関する研究

タデ科ギシギシ属の絶滅危惧種キブネダイオウ、ノダイオウなどについて岡山県集団の生息域外保全を進めている。キブネダイオウは11集団から約50個体、ノダイオウは1集団から約10個体を栽培すると共に、長期保存のための種子をキブネダイオウ約200個体、ノダイオウ約30個体から収集した。また、遺伝的攪乱が危惧される県内のキブネダイオウ集団並びに本種と同属他種との新2雑種について、核DNA量から判定を進めると共に、DNA塩基配列の解析を進めている。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of the diversity of plant species. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. Our main achievements during 2020 are described below.

1. Unraveling the mechanisms of adaptation to the local environment that changes along latitude

Adaptation to environments that change along latitude such as photoperiod and temperature are important for the plant's life cycle as well as reproductive success. To understand how plants adapt to different environments along latitude, we are investigating two sister species of arctic-alpine plants (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; Brassicaceae). Until this year, we found that (1) the lower latitude *C. nipponica* have diverged alleles from the higher latitude *C. bellidifolia* in PHYB and that (2) PHYB from *Cardamine bellidifolia* (CbPHYB) and *Cardamine nipponica* (CnPHYB) have differences in thermal sensitivity. Instead of physiological experiments using transgenic Arabidopsis, we conducted further physiological experiments using the two *Cardamine* species and demonstrated that these species have light and thermal responses as expected from transgenic plants.

2. A study on conservation of endangered *Rumex* species

Rumex nepalensis Spreng. subsp. *andreaeanus* (Makino) Yonek. and *R. longifolius* DC. are endangered species in Japan. Ex-situ conservation has started on the populations which were located in Okayama Pref. In our institute, ca. 50 individuals of *R. nepalensis* from 11 populations and ca. 10 *R. longifolius* from 1 population have been cultivated. Seeds from ca. 200 individuals of *R. nepalensis* and 30 of *R. longifolius* have been preserved. *Rumex nepalensis* and new hybrids have been analyzed by flow cytometry and DNA sequencing for evaluating genetic disturbance among them.

本グループではオオムギを中心とするイネ科作物の形態や種子成分を制御する有用遺伝子の特定と機能解析を行っている。本年度の主要成果は以下の通りである。

1. オオムギの白穎変異体の分子遺伝生理学的解析

オオムギの白穎変異体は内外穎のクロロフィルが欠損する明瞭な表現型を示す。内穎と外穎は穂の上で種子を包む役割を持つ。白穎変異体はそれ以外に、穎果、稈の節、および葉鞘下部も白い表現型を示すが、葉身ならびに芒は正常な緑色である。白穎変異体は単一劣性の核遺伝子支配であることが知られていたが、その分子実体は不明であった。本研究ではポジショナルクローニングにより有力な原因遺伝子を明らかにした。透過型電子顕微鏡観察により正常型の外穎ではグラナが積層したチラコイド膜が形成されたが、白穎変異体の外穎では退化した葉緑体のみが観察され、葉緑体形成不全が起こっていた。白穎変異体の幼苗の葉身での光合成は正常型とほぼ同じ水準であったが、穂での光合成は有意に低下した。白穎変異体では穀粒重が正常型に比べ有意に小さくなっていたことから、登熟期の穂での光合成がオオムギの種子充実に重要な貢献を果たすとみられる。

2. イネ科雑穀アワにおけるフェノール着色反応の分子多様性

これまでの拠点共同研究により、アワ (*Setaria italica*) ではポリフェノール酸化酵素 (PPO) 遺伝子 Si7 が穀粒のフェノール着色反応を支配することが明らかになっている。Si7PPO 遺伝子の多様性と進化過程をより詳細に明らかにするために、32 の在来系統および祖先野生種亜種 *viridis* 7 系統の遺伝子ゲノム配列を解読した。これらの材料はヨーロッパおよびアジアの様々な地域から収集したものである。Si7PPO 遺伝子は正常型 (フェノール着色性) と 3 タイプの機能欠損型でフェノール非着色性を含んでいた。非着色性には、早期終始コドン型、1 型トランスポゾン挿入型および 6 塩基重複型が含まれ、これら 3 型は以前の研究でも見出されたものである。塩基配列に基づいて分子系統樹を作成したところ、フェノール着色型系統の遺伝的多様性が高いことがわかった。3 種類のフェノール非着色の栽培型は、栽培型および祖先野生種を含む別々のクラスターに属していたことから、それらは 3 種類の異なる系列において Si7PPO 遺伝子に独立の突然変異が生じたことに由来すると推察される。本研究は県立広島大学の福永博士との共同研究の成果である。

Our group has been identifying and characterizing important genes controlling morphogenesis and seed chemical compositions of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Our research mainly focuses to reveal molecular mechanisms underlying beneficial agricultural traits. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Molecular genetic and physiological analyses of albino lemma mutants of barley

The *albino lemma 1 (alm1)* mutants of barley (*Hordeum vulgare* L.) exhibit obvious chlorophyll-deficient hulls. Hulls are seed-enclosing tissues on the spike, consisting of the lemma and palea. The *alm1* phenotype is also expressed in the pericarp, culm nodes, and basal leaf sheaths, but leaf blades and awns are normal green. A single recessive nuclear gene controls tissue-specific *alm1* phenotypic expression. Positional cloning revealed a strong candidate of the causal gene. Transmission electron microscopy revealed that, in lemmas of an *alm1* mutant, the chloroplasts lacked thylakoid membranes. Compared with wild type, *alm1* plants were similar in leaf photosynthesis, but declined in spike photosynthesis. The *alm1* mutant significantly declined in 100-grain weight, indicating the important contribution of spike photosynthesis to grain filling.

2. Molecular diversity of phenol color reaction in foxtail millet

To elucidate the diversity and evolution of the *Si7PPO* gene that controls phenol color reaction (Phr) in foxtail millet, *Setaria italica*, we analyzed sequence polymorphisms of the *Si7PPO* gene in 39 accessions consisting of foxtail millet landraces (32 accessions) and their wild ancestor ssp. *viridis* (seven accessions) collected from various regions in Europe and Asia. The accessions included wild type (positive Phr) and three different types of loss-of-function phenotype (negative Phr), “stop codon type”, “TE1-insertion type” and “6-bp duplication type”, found in our previous study. We constructed a phylogenetic tree of the gene and found that accessions with positive Phr showed higher genetic diversity at the nucleotide sequence level. We also found that the three different loss-of-function types formed different clusters, suggesting that landraces with negative Phr have multiple origins from three different lineages including both landrace and ssp. *viridis* accessions with positive Phr. The results were obtained in collaboration with Dr. Fukunaga, Prefectural University of Hiroshima.

各種環境ストレスに適応した画期的な作物の開発に貢献するため、アフリカ栽培イネおよび野生イネに注目した有用遺伝子の探索と、限られた育種母本から有用な遺伝変異を創出する新しい育種法の研究開発を行っている。また、動原体の機能低下を利用した普遍的かつ効率的な半数体誘導系統の作出系の開発を行っている。2020年の研究進捗は以下のとおりである。

1. 多様なイネ遺伝資源が持つ有用農業形質の探索と育種への活用

高温ストレス耐性に寄与する有用遺伝子を探索するため、アフリカ栽培イネ（オリザグラベリマ）172系統を用いて、登熟期における高温ストレスの有無と不稔率の関係を調査した。また、葉サイズや草丈など基本的な農業形質についても表現型データを収集した。野生イネ（オリザロンギスタミナータ）とアジア栽培イネ（オリザサティバ）のF₂雑種144個体においては、幼苗における葉形成パターンや開花時の穎花構造の観察を実施し、表現型に大きな多様性があり複雑な遺伝的制御が示唆された。

オリザグラベリマとアジア栽培イネ（オリザサティバ）のF₁の薬培養で得られた種子稔性を有する雑種4倍体系統群は、自殖によって両親型にホモ化された領域と3種類のヘテロ接合領域を持ちながら両ゲノムを均等に保持していることを明らかにした。また高稔性系統の後代集団では高稔性が維持されることを明らかにした。

8種類の多収イネに由来する多系交雑（MAGIC）集団の出穂性には遺伝子座および地域との相互作用が見いだされ、台湾品種に起源をもつ飼料イネ品種のハプロタイプが貢献している可能性が示された。多型交雑後にさらに相互交雑を加えたゲノムシャッフリング集団においてMAGIC集団では見られなかった出穂期および稈長の超越分離系統が見いだされた。

2. 簡易画像機械学習パイプラインの構築

研究で得られる画像の自動分類・解析は、多くの分野で必要とされている。一方、現状では、機械学習を用いた画像分類にはデータサイエンスの知識もしくは高価なアプリケーションが必要で、これが非データサイエンティストが機械学習を用いた画像分類に参入する際の障壁となっている。この障壁を打破するために、Apple社がアプリケーション開発者向けに無料配布しているCreate MLを用いた簡易画像機械学習パイプラインを構築し、自身で撮影した顕微鏡画像を用いて、その有効性を評価した。その結果、このパイプラインは、顕微鏡画像の分類および画像中の物体検出に有効であることが示された。

Our goal is the development of innovative crop varieties which enable stable food production even under harsh environments. For the sake, we explore useful gene(s) inherent in diverse germplasm such as African rice cultivars and wild rice, and try to establish a novel rice breeding system creating useful genetic variations from restricted breeding materials. In addition, we have been conducting molecular cytogenetic studies on the structure and function of nuclei and chromosomes using plant species. Our progress in the year 2020 are described below.

1. Exploring and utilizing useful genes from diverse rice genetic resources

A core collection consisting of 172 African rice (*Oryza glaberrima*) accessions was evaluated by comparing fertilities under field condition and under heat stress during the maturation stage to identify useful genes improving yield under the condition of global warming. We also collected phenotypic data of basic agricultural traits such as leaf size and plant heights. Phenotypic analyses on leaf shape and spikelet structure were conducted in a population of 144 F₂ plants derived from a cross between Asian rice *O. sativa* and wild rice *O. longistaminata* and the phenotype data suggested a large phenotypic variation and complex regulation by multiple genes.

Whole genome sequencing revealed that the fertile tetraploid (4X) lines generated from anther culture of F₁ plant between African rice cultivar, *O. glaberrima* (2X), and Asian cultivar, *O. sativa* (2X), possesses two parental genomes equally with combination of two homozygous and three heterozygous genotypes. The progeny of the tetraploid with relatively higher seed fertility tended to show higher seed fertility.

Both genotype by genotype (G x G) and genotype by environmental interaction (G x E) were observed by the analysis of heading date in 8-way MAGIC (multi-parent advanced generation intercross) population at two locations (Kurashiki and Tsukuba). The G x E was suggested to be caused by specific haplotype of one forage rice variety that is originated from Taiwanese rice.

2. Construction of a simple image machine learning pipeline

Automatic classification and analysis of obtained images is required in many research fields. On the other hand, at present, image classification using machine learning requires knowledge of data science or expensive applications, which is a barrier for non-data scientists to enter image classification using machine learning. To overcome this barrier, we constructed a simple image machine learning pipeline with Create ML, which Apple distributes free for application developers, and used microscopic images taken by ourselves to evaluate its effectiveness in science. As a result, it was shown that this pipeline is effective for classification of the microscopic images and detection of objects in the images.

次世代作物共同研究コア 作物デザイン研究チーム

本グループでは、研究所が保有する遺伝資源を活用して、これまで蓄積してきた環境応答データや植物の様々な生理応答に関する知見を統合し、作物の生産性に有用な鍵遺伝子の探索を推進している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. オオムギのゲノム多様性と農業形質の関連解析

研究所が保有するオオムギ系統の生育データおよびゲノム多型データに基づいて出穂日を予測する統計・機械学習モデルによる解析により、オオムギの遺伝的多様性と出穂期との関連性の一部を明らかにした。

2. マルチオミックス解析による植物-環境相互作用の解明

時系列マルチオミックス解析により、オオムギ遺伝資源の圃場環境におけるトランスクリプトームやホルモンの変動の多様性を明らかにした。

そのほかに、次世代シーケンスデータの解析をはじめとするバイオインフォマティクスに関連する技術等を所内外の研究者に提供している。

(Research Core for Future Crops) Crop Design Research Team

With the genetic resources in IPSR, our group has been integrating a broad range of data and knowledge related to the physiological responses in plants, and promoting the research to discover genes that contribute to improve crop productivity. Our main achievements in 2020 are described below.

1. Association study between genetic diversity and agronomic traits in barley

Using datasets of heading date and genome-scale genetic polymorphisms of barley accessions in IPSR, through statistical and machine learning-based modeling, we revealed the genetic association between genetic diversity and heading date under field condition in barley.

2. Elucidation of plant-environment interaction with multi-omics data analysis

With datasets from multiple omics spectrums, such as transcriptome and hormonome, we revealed diversity of dynamics of such omics spectrums among barley accessions under field conditions, and provided possible relationships between physiological and environmental changes.

Furthermore, we provide various bioinformatics techniques in bioinformatics to researchers inside and outside IPSR.

国際共同研究チーム

本チームでは植物研と農学部教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。特に、SDGs達成のための、東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発に資する共同研究を継続的に進めている。令和2年度は、ケニアからの留学生4名が、国際留学生として光環境適応研究グループ（坂本）、植物微生物相互作用グループ（鈴木）および植物環境微生物学グループ（谷）にそれぞれ在籍し、研究を進めている。国際交流に関しては、新型コロナウイルスの影響により、令和2年度は実質的な派遣や招へいが行われていない。日本学術振興会におけるケニアとの二国間共同研究（代表：久保）が採択され、トマトの遺伝資源に関するジョモケニアツア農工大学との共同研究も計画されたが、来年度以降に延期される予定である。

International Collaboration Team

This group consists of concurrent faculty members, and aims to establish an international hub and/or exchange program on Plant Genetic Resources and Stress Science. Four Kenyan young researchers are currently enrolled at the Graduate School of Environmental and Life Science as students in the Master and Doctor courses (Supervised by Professors Sakamoto, Suzuki, and Tani). This year the program was partly supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Bi-national Collaborative Research Program (granted to Professor Kubo). Under this program, collaborative research on tomato resource was supposed to be conducted with Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT). Due to the pandemic of coronavirus COVID-19, however, all exchange programs were cancelled in the fiscal year 2020, and were to be rescheduled in the fiscal year 2021.

根圏生態班

本班はイネ、オオムギを対象として年間を通じた植物の生長とその根圏の微生物叢、並びに環境要因としてイオンや野生植物の測定・観察を通じ、これら要因が複雑に絡み合うネットワークの変動を明らかにしていくことで、病徴や金属イオンストレスに関わる重要な因子を見いだすことを目的としている。今年度は2019年度に採取したイネ、オオムギサンプルを主に解析した。イネのサンプルでは相対的に多様かつ酸素要求性の異なる微生物が検出された。オオムギのサンプルでは微生物叢の季節による変遷と優占化する主要細菌を見いだした。2020年度もオオムギ、イネのサンプリングを継続して行っている。

Rhizosphere Microbiome Section

This section was started with the aim to analyze the plant growth and rhizosphere microbiome of rice and barley in relation to environmental factors such as diseases and metal ion stress and to find changes in the complex network of these factors throughout the year. This year we analyzed rice and barley samples sampled in 2019. We found that the rice samples contain relatively diverse microorganisms that have different oxygen requirements. In barley samples we detected seasonal changes in microbiome structure and major predominant bacterial groups. We will continue sampling this year to confirm the reproducibility.

作物イノベーション研究チーム

Crop Innovation Research Team

オオムギ遺伝子改変班

本研究班は、オオムギの遺伝子改変技術の高度化とオオムギを利用した作物イノベーション研究拠点の構築を行っている。オオムギ-微生物間相互作用、種子澱粉工学、環境ストレス耐性育種などの分野で共同研究体制を整え、資源植物科学の発展に寄与することを目的としている。

Barley Genetic Modification Section

Our research aims to upgrade the genetic modification technology in barley and to establish a research core for crop innovation using barley. We are conducting joint research in the fields of barley-microbial interaction, seed starch engineering and environmental stress tolerance breeding.

1. オオムギの遺伝子改変技術の高度化

オオムギの形質転換を高度化するために、培養適性の遺伝学的解析を行っている。一方、オオムギのゲノム編集効率の向上のための手法開発を進めている。

1. Sophistication of barley genome modification technology

We are analyzing the genetic mechanisms of barley tissue culture responses which are the essential of transformation. In addition, we are developing the methods for efficient genome editing in barley.

2. オオムギ生存圏におけるウイルス叢の解明

オオムギの生存圏に存在するウイルスを網羅的に解析し、カタログ化を行っている。これらの成果を元に、オオムギの遺伝子解析・改変に有効なウイルスベクターの構築ならびにオオムギの耐病性メカニズムや生物間相互作用研究への応用を目指している。

2. Analysis of viromes in the ecosphere of barley

We are comprehensively analyzing the viromes in the barley ecosphere to construct effective viral vectors for genetic transformation and to understand the disease resistance and biological interaction in barley.

3. オオムギ種子の澱粉粒の形状育種

オオムギ種子の澱粉粒の形状の改変を行い、新しい澱粉特性を有するオオムギの開発を行なっている。また、オオムギの澱粉粒の形成機構の解明を目指した基盤研究を行っている。

3. Morphological breeding of starch grains in barley seeds

Modification of starch grain morphology of barley seeds is in progress. It will develop barley plants with novel starch properties and increase the availability of barley. Basic research to elucidate the molecular mechanism of starch grain formation is also conducted.

4. オオムギの環境ストレス耐性育種のための基盤研究

高/低温ストレス耐性遺伝子の導入やミネラルストレス関連遺伝子を改変した形質転換オオムギのセットを作製し、オオムギの環境ストレス耐性機構の網羅的解析を目指している。

4. Elucidation of environmental stress tolerance in barley

Introduction of environmental stress-related genes, such as mineral absorption/exclusion-related genes into barley is in progress. We will develop transgenic barley plants over-/down-regulating these genes to analyze the stress tolerance mechanism comprehensively.

本グループでは本研究所の光環境適応グループ、本学の異分野基礎科学研究所の光合成・構造生物学研究コア及びドイミュンスター大学のミハエルヒップラー教授の研究室と研究協力・支援体制を整え、植物の生育に重要な光合成反応を起点として植物で行われる多くの代謝反応との関わりを明らかにし、光合成反応で得られたエネルギーが植物に利用される機構を明らかにする。とりわけ光合成における光エネルギー利用機構を遺伝学・分子生物学・生化学・構造生物学を駆使して研究を進めている。今年度の研究成果は以下の通りである。

1. Q-cycle を介した直鎖型電子伝達 (LEF) と環状型電子伝達 (CEF) の制御

光合成の電子伝達反応では、シトクロム b_6f 複合体の Q-cycle 過程で電子伝達経路が分岐する。Q-cycle は一電子あたりのプロトン輸送量を増加させチラコイド膜ルーメンの酸性化を促し光合成電子伝達速度制御に関わる。緑藻クラミドモナスの *pgr5* 変異株を用いて Q-cycle の LEF における制御機構を検証した。Q-cycle の制御機構は LEF から CEF への切り替えに直接関わることで両者で異なる方式を使い分けること、この切替は PGR5 に関連し葉緑体ストロマに局在する未知の電子伝達因子に依存すること、がわかった。このような柔軟なシトクロム b_6f 制御機構を解明するためクライオ電子顕微鏡による構造解析の準備を進めている。

2. 光合成電子伝達速度制御と光防御に関わる制御タンパク質と翻訳後修飾

我々は細胞内酸化還元状態と活性酸素を介した光合成の制御に興味を持って研究を行っている。カルシウム依存性葉緑体局在型チオレドキシシンである calredoxin (CRX) に着目し機能解析を行うと、CRX は STT7 キナーゼの制御に関与していることがわかった。また、酵素反応により制御されタンパク質輸送に重要な翻訳後修飾の1つである N 結合型糖鎖付加反応に着目した。緑藻クラミドモナスにおいて、N 結合型糖鎖の組成を変化させる xylosyltransferase 1A 遺伝子を破壊した変異株を入手するとともに CRISPR/Cas9 による変異株作出も行い、これら全てで N 型糖鎖組成変化を確認した。続いて緑藻クラミドモナス細胞表面に存在する鞭毛に着目した。鞭毛タンパク質の細胞表面への輸送と鞭毛の構築に影響はないが鞭毛の物性を原子間力顕微鏡で解析したところ鞭毛の細胞表面への接着性が妨げられていることがわかった。このことから N 型糖鎖付加反応は生体膜へのタンパク質接着に重要であると結論づけた。緑藻クラミドモナスでは生体膜へのタンパク質接着は青色光に依存するという報告があり、青色光は光合成光防御機構を駆動するために重要であることが示されている。そこで我々は生体膜へのタンパク質接着と光合成光防御反応との関わりを見据えて、保有する N 結合型糖鎖付加反応変異体ライブラリを駆使し解析を行っている。

In this RECTOR program, we have established a research collaboration system with three research groups; the laboratory of photo-environmental adaptation group in Institute of Plant Science and Resources, photosynthesis/structural biology research core in the Research Institute of Interdisciplinary Science, and the laboratory of Professor Michael Hippler in the University of Münster, Germany. We will clarify how the photosynthesis participates as an essential energy supplier with other numerous numbers of metabolic processes taking place in plant cell. To achieve this aim, we are studying the mechanism of light energy utilization in photosynthesis using genetics, molecular biology, biochemistry, and structural biology. The results of this year's research are as follows.

1. Regulation of linear and cyclic photosynthetic electron transfer via the Q-cycle

Photosynthetic electron transfer within the Cyt b_6f complex includes electron bifurcation in the so-called the Q-cycle process that takes place within all Cyt b_6f complexes. The Q-cycle increases the number of pumped protons per electron, thereby accelerating lumen acidification and thus photosynthetic control. The impact of the Q-cycle on linear electron flow (LEF) is studied via the *Chlamydomonas reinhardtii* mutant *pgr5*. There is evidence that regulation of the Q-cycle is directly linked to the onset of cyclic electron flow (CEF) by changing from a canonical Q cycle during LEF to an alternative Q cycle during CEF (Buchert et al., 2020). A switch between the two Q cycle modes was dependent on PGR5 and relied on unknown stromal electron carrier(s), which were a general requirement for b_6f activity. Moreover, we are applying structural analyses via cryo-electron microscopy to understand regulation within Cyt b_6f at high resolution.

2. Regulatory proteins and post-translational modifications (PTMs) involved in photosynthetic control and photoprotection

We are interested in regulation photosynthesis via redox and reactive oxygen species (ROS). Here we are investigating oxidative modification in the photosynthetic apparatus via mass spectrometry and redox regulation in relation to the function of a calcium-dependent chloroplast-localized thioredoxin, named calredoxin (CRX). Our functional data indicate that CRX is involved in regulation of the STT7 kinase. We are further interested in *N*-glycosylation as PTM. To this end, we tested several *C. reinhardtii* insertional mutants and a CRISPR/Cas9 knockout mutant of xylosyltransferase 1A, all possessing altered *N*-glycan compositions. Taking advantage of atomic force microscopy and micropipette force measurements, our data revealed that reduction in *N*-glycan complexity impedes the adhesion force required for binding the flagella to surfaces. Notably, assembly, intraflagellar transport and protein import into flagella are not affected by altered *N*-glycosylation. Thus, we conclude that proper *N*-glycosylation of flagellar proteins is crucial for adhering *C. reinhardtii* cells onto surfaces, indicating that *N*-glycans mediate surface adhesion via direct surface contact. As adhesion is blue-light dependent in *C. reinhardtii*, we are currently investigating a link between adhesion and photoprotection taking advantage of mutants in *N*-glycosylation.

RECTOR Program: (International Research Center Formation Program to Accelerate Okayama University Reform)

出版物リスト (*List of Publication*)

大気環境ストレスユニット (*Atmospheric Stress Unit*)

光環境適応研究グループ (*Plant Light Acclimation Research Group*)

- (1) Kajiya-Kanegae, H., Takanashi, H., Fujimoto, M., Ishimori, M., Ohnishi, N., Wacera, F. W., Omollo, E. A., Kobayashi, M., Yano, K., Nakano, M., Kozuka, T., Kusaba, M., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. RAD-seq-Based High-Density Linkage Map Construction and QTL Mapping of Biomass-Related Traits in Sorghum using the Japanese Landrace Takakibi NOG. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1262-1272. (2020. 7.)
- (2) Islam, M. S., Nguyen, T. V., Sakamoto, W. and Takagi, S. Phototropin- and photosynthesis-dependent mitochondrial positioning in Arabidopsis thaliana mesophyll cells. *J. Integr. Plant Biol.* **62**: 1352-1371. (2020. 9.)
- (3) Nishioka, K., Kato, Y., Ozawa, S. I., Takahashi, Y. and Sakamoto, W. Phos-tag-based approach to study protein phosphorylation in the thylakoid membrane. *Photosynth. Res.* doi.org/10.1007/s11120-020-00803-1 (2020. 12. Online preview)

環境応答機構研究グループ (*Group of Environmental Response Systems*)

- (1) Khew, C. Y., Mori, I. C., Matsuura, T., Hirayama, T., Harikrishna, J. A., Lau, E. T., Mercer, Z. J. A. and Hwang, S. S. Hormonal and transcriptional analyses of fruit development and ripening in different varieties of black pepper (*Piper nigrum*). *Journal of Plant Research* **133**: 73-94. (2020. 1.)
- (2) Kanazawa, M., Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Lee, N-H., Yamato, K. T., Kohchi, T. and Hirayama, T. Regulation of the poly (A) status of mitochondrial mRNA by poly (A)-specific ribonuclease is conserved among land plants. *Plant Cell Physiol.* **61**: 470-480. (2020. 3.)
- (3) Ooi, L., Okazaki, K., Arias-Barreiro, C. R., Lee, Y. H. and Mori, I. C. Application of the cellular oxidation to toxicity identification and evaluations for high-throughput toxicity assessment of river water. *Chemosphere* **247**: 125933. (2020. 5.)
- (4) Hirano, T., Kimura, S., Sakamoto, T., Okamoto, A., Nakayama, T., Matsuura, T., Ikeda, Y., Takeda, S., Suzuki, Y., Ohshima, I. and Sato, M. H. Reprogramming of the Developmental Program of Rhus javanica During Initial Stage of Gall Induction by Schlechtendalia chinensis. *Front. Plant Sci.* **11**: 471. (2020. 5.)
- (5) Jannat, R., Senba, T., Muroyama, D., Uraji, M., Hossain, M. A., Islam, M. M., Nakamura, Y., Munemasa, S., Mori, I. C. and Murata, Y. Interaction of intracellular hydrogen peroxide accumulation with nitric oxide production in abscisic acid signaling in guard cells. *Bioscience Biotechnology and Biochemistry* **84**: 1418-1426. (2020. 7.)
- (6) Song, Q., Ando, A., Jiang, N., Ikeda, Y. and Chen, Z. J. Single-cell RNA-seq analysis reveals ploidy-dependent and cell-specific transcriptome changes in Arabidopsis female gametophytes. *Genome Biol.* **21**: 178. (2020. 7.)
- (7) Mitali, O.W., Otsuki, T., Okada, R., Obitsu, S., Matsuda, K., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I. C., Abe, D., Asiche, W. O., Akagi, T., Kubo, Y. and Ushijima, K. Low temperature modulates natural peel degreening in lemon fruit independently of endogenous ethylene. *Journal of Experimental Botany* **71**: 4778-4796. (2020. 8.)
- (8) Mochida, K., Lipka, A. E. and Hirayama, T. Exploration of life-course factors influencing phenotypic outcomes in crops. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1381-1383. (2020. 8.)
- (9) Hirayama, T., Saisho, D., Matsuura, T., Okada, S., Takahagi, K., Kanatani, A., Ito, J., Tsuji, H., Ikeda, Y. and Mochida, K. Life-course monitoring of endogenous phytohormone levels under field conditions reveals diversity of physiological states among barley accessions. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1438-1448. (2020. 8.)
- (10) Mochida, K., Nishii, R. and Hirayama, T. Decoding plant-environment interactions that influence crop agronomic traits. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1408-1418. (2020. 8.)
- (11) Kouzai, Y., Shimizu, M., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Takahagi, K., Nakayama, R., Matsuura, T., Mori, I. C., Hirayama, T., Abdlsalam, S. S. H., Noutoshi, Y. and Mochida, K. BdWRKY38 is required for the incompatible interaction of *Brachypodium distachyon* with the necrotrophic fungus *Rhizoctonia solani*. *The Plant Journal* **104**: 995-1008. (2020. 11.)
- (12) Lux, T., Kamal, N., Lang, D., Himmelbach, A., Ens, H., Zhang, X-Q., Angessa, T. T. Zhou, G., Tan, C., Hill, C., Wang, P., Schreiber, M., Boston, L. B., Plott, C., Jenkins, J., Guo, Y., Fiebig, A., Budak, H., Xu, D., Zhang, J., Wang, C., Grimwood, J., Schmutz, J., Guo, G., Zhang, G., Mochida, K., Hirayama, T., Sato, K., Chalmers, K. J., Langridge, P., Waugh, R., Pozniak, C. J., Scholz, U., Mayer, K. F. X., Spannagl, M., Li, C., Mascher, M. and Stein, N. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature* **588**: 284-289. doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8 (2020. 11.)

環境機能分子開発グループ (*Group of Functional Biomolecular Discovery*)

- (1) 杉本 学 宇宙環境による作物の生存能力と遺伝子発現への影響. *BSJ-Review* **11**: 75-82. (2020. 2.)
- (2) Sugimoto, M. and Murakami, N. Transformation of major ginsenosides into minor ginsenosides in ginseng by pickling in salted rice malt paste. *Adv. Nut. Food Sci.* **5**: 27-32. (2020. 5.)
- (3) Kang, B., Maeshige, T., Okamoto, A., Kataoka, Y., Yamamoto, S., Rikiishi, K., Tani, A., Sawada, H. and Suzuki, K. The presence of the hairy-root-disease-inducing (Ri) plasmid in wheat endophytic rhizobia explains a pathogen reservoir function of healthy resistant plants. *Appl. Environ. Microbiol.* **86**: e00671-20. doi.org/10.1128/AEM.00671-20 (2020. 8.)

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

植物ストレス学グループ (*Group of Plant Stress Physiology*)

- (1) Ding, G., Lei, G. J., Yamaji, N., Yokosho, K., Mitani-Ueno, N., Huang, S. and Ma, J. F. Vascular cambium-localized AtSPDT mediates xylem-to-phloem transfer of phosphorus for its preferential distribution in *Arabidopsis*. *Molecular Plant* **13**: 99-111. doi.org/10.1016/j.molp.2019.10.002 (2020. 1.)
- (2) Wang, S., Li, L., Ying, Y., Wang, J., Shao, J. F., Yamaji, N., Whelan, J., Ma, J. F. and Shou, H. A transcription factor OsbHLH156 regulates Strategy II iron acquisition through localizing IRO2 to the nucleus in rice. *New Phytologist* **225**: 1247-1260. doi.org/10.1111/nph.16232 (2020. 2.)
- (3) Pommerrenig, B., Diehn, T. A., Bernhardt, N., Bienert, M. D., Mitani-Ueno, N., Fuge, J., Bieber, A., Spitzer, C., Brütigam, A., Ma, J. F., Chaumont, F. and Bienert, G. P. Functional evolution of nodulin26-like Intrinsic proteins: from bacterial arsenic detoxification to plant nutrient transport. *New Phytologist* **225**: 1383-1396. doi.org/10.1111/nph.16217 (2020. 2.)
- (4) Sun, H., Duan, Y., Mitani-Ueno, N., Che, J., Jia, J., Liu, J., Guo, J., Ma, J. F. and Gong, H. Tomato roots have a functional silicon influx transporter, but not a functional silicon efflux transporter. *Plant, Cell & Environment* **43**: 732-744. doi.org/10.1111/pce.13679 (2020. 3.)
- (5) Yu, E., Yamaji, N. and Ma, J. F. Altered root structure affects both expression and cellular localization of transporters for mineral element uptake in rice. *Plant and Cell Physiology* **61**: 481-491. doi.org/10.1093/pcp/pcz213 (2020. 3.)
- (6) Nagaki, K. and Yamaji, N. Decrosslinking enables visualization of RNA-guided endonuclease-*in situ* labeling signals for DNA sequences in plant tissues. *J. Exp. Bot.* **71**: 1792-1800. doi.org/10.1093/jxb/erz534 (2020. 3.)
- (7) Wang, P., Yamaji, N., Inoue, K., Mochida, K. and Ma, J. F. Plastic transport systems of rice for mineral elements in response to diverse soil environmental changes. *New Phytologist* **226**: 156-169. doi.org/10.1111/nph.16335 (2020. 4.)
- (8) Li, J., Yokosho, K., Liu, S., Cao, H. R., Yamaji, N., Zhu, X. G., Liao, H., Ma, J. F. and Chen, Z. C. Diel magnesium fluctuations in chloroplasts contribute to photosynthesis in rice. *Nature Plants* **6**: 848-859. doi.org/10.1038/s41477-020-0686-3 (2020. 6.)
- (9) Wang, C., Zheng, L., Tang, Z., Sun, S., Ma, J. F., Huang, X. Y. and Zhao, F. J. OASTL-A1 functions as a cytosolic cysteine synthase and affects arsenic tolerance in rice. *J. Exp. Bot.* **71**: 3678-3689. doi.org/10.1093/jxb/eraa113 (2020. 6.)
- (10) Huang, S., Wang, P., Yamaji, N. and Ma, J. F. Plant nutrition for human nutrition: hints from rice research and future perspectives. *Molecular Plant* **13**: 825-835. doi.org/10.1016/j.molp.2020.05.007 (2020. 6.)
- (11) Huang, S., Sasaki, A., Yamaji, N., Okada, H., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. The ZIP transporter family member OsZIP9 contributes to root zinc uptake in rice under zinc-limited conditions. *Plant Physiol.* **183**: 1224-1234. doi.org/10.1104/pp.20.00125 (2020. 7.)
- (12) Lei, G. J., Fujii-Kashino, M., Wu, D. Z., Hisano, H., Saisho, D., Deng, F., Yamaji, N., Sato, K., Zhao, F. J. and Ma, J. F. Breeding for low cadmium barley by introgression of a Sukkula-like transposable element. *Nature Food* **1**: 489-499. doi.org/10.1038/s43016-020-0130-x (2020. 8.)
- (13) Che, J., Yamaji, N., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Kato, Y., Shen, R. F. and Ma, J. F. Node-localized transporters of phosphorus essential for seed development in rice. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1387-1398. doi.org/10.1093/pcp/pcaa074 (2020. 8.)
- (14) Chang, J. D., Huang, S., Konishi, N., Wang, P., Chen, J., Huang, X. Y., Ma, J. F. and Zhao, F. J. Overexpression of the manganese/cadmium transporter *OsNRAMP5* reduces cadmium accumulation in rice grain. *J. Exp. Bot.* **71**: 5705-5715. doi.org/10.1093/jxb/eraa287 (2020. 9.)
- (15) Chikoti, Y. F., Supriadi, Duangkhet, M., Chungopast, S., Tajima, S., Ma, J. F. and Nomura, M. Effect of ferritin on nitrogen fixation in *Lotus japonicus* nodules under various iron concentrations. *Journal of Plant Physiology* **252**: 153247. doi.org/10.1016/j.jplph.2020.153247 (2020. 9.)
- (16) Chang, J. D., Huang, S., Yamaji, N., Zhang, W., Ma, J. F. and Zhao, F. J. OsNRAMP1 transporter contributes to cadmium

-
- and manganese uptake in rice. *Plant, Cell & Environment* **43**: 2476-2491. doi.org/10.1111/pce.13843 (2020. 10.)
- (17) Wang, S., Liu, S., Wang, J., Yokosho, K., Zhou, B., Yu, Y. C., Liu, Z., Frommer, W. B., Ma, J. F., Chen, L. Q., Guan, Y., Shou, H. and Tian, Z. Simultaneous changes in seed size, oil content, and protein content driven by selection of *SWEET* homologues during soybean domestication. *National Science Review* **7**: 1776-1786. doi.org/10.1093/nsr/nwaa110 (2020. 11.)
- (18) Noronha, H., Silva, A., Mitani-Ueno, N., Conde, C., Sabir, F., Prista, C., Soveral, G., Isenring, P., Ma, J. F., Bélanger, R. R. and Gerós, H. The grapevine NIP2;1 aquaporin is a silicon channel. *J. Exp. Bot.* doi.org/10.1093/jxb/eraa294 (2020. 6. Online preview)
- (19) Lei, G. J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Two metallothionein genes highly expressed in rice nodes are involved in distribution of Zn to the grain. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.16860 (2020. 8. Online preview)
- (20) Huang, S. and Ma, J. F. Silicon suppresses zinc uptake through down-regulating zinc transporter gene in rice. *Physiologia Plantarum* doi.org/10.1111/ppl.13196 (2020. 8. Online preview)
- (21) Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Linking transport system of silicon with its accumulation in different plant species. *Soil Sci. Plant Nutr.* doi.org/10.1080/00380768.2020.1845972 (2020. 11. Online preview)
- (22) Mu, S., Yamaji, N., Sasaki, A., Le, L., Du, B., Che, J., Shi, H., Zhao, H., Huang, S., Deng, F., Shen, Z., Lou Guerinot, M., Zheng, L. and Ma, J. F. A transporter for delivering zinc to the developing tiller bud and panicle in rice. *Plant J.* doi.org/10.1111/tpl.15073 (2020. 11. Online preview)

植物分子生理学グループ (Group of Plant Molecular Physiology)

- (1) Imran, S., Horie, T. and Katsuhara, M. Expression and Ion Transport Activity of Rice OsHKT1;1 Variants. *Plants* **9**: 16. (2020. 1.)
- (2) Utsugi, S., Ashikawa, I., Nakamura, S. and Shibasaka, M. TaABI5, a wheat homolog of *Arabidopsis thaliana* ABA insensitive 5, controls seed germination. *Journal of Plant Research* **133**: 245-256. (2020. 2.)
- (3) Liu, S., Fukumoto, T., Gena, P., Feng, P., Sun, Q., Li, Q., Matsumoto, T., Kaneko, T., Zhang, H., Zhang, Y., Zhong, S., Zeng, W., Katsuhara, M., Kitagawa, Y., Wang, A., Calamita, G. and Ding, X. Ectopic expression of a rice plasma membrane intrinsic protein (OsPIP1;3) promotes plant growth and water uptake. *The Plant Journal* **102**: 779-796. (2020. 4.)
- (4) Kawakami, Y., Imran, S., Katsuhara, M. and Tada, Y. Na⁺ Transporter SvHKT1;1 from a Halophytic turf grass is specifically upregulated by high Na⁺ concentration and regulates shoot Na⁺ concentration. *International Journal of Molecular Science* **21**: 6100. (2020. 8.)
- (5) Tran, S. T. H., Horie, T., Imran, S., Qiu, J., McGaughey, S., Byrt, C. S., Tyerman, S. D. and Katsuhara, M. A survey of barley PIP aquaporin ionic conductance reveals Ca²⁺-sensitive HvPIP2;8 Na⁺ and K⁺ conductance. *International Journal of Molecular Sciences* **21**: 7135. (2020. 9.)
- (6) Kodama, A., Watanabe, T., Yamaguchi, M., Narita, R., Katsuhara, M., Sato, K., Ookawa, T. and Hirasawa, T. Accession difference in leaf photosynthesis, root hydraulic conductance and gene expression of root aquaporins under salt stress in barley seedlings. *Plant Production Science* doi.org/10.1080/1343943X.2020.1794915 (2020. 7. Online preview)
- (7) Shibasaka, M., Horie, T. and Katsuhara, M. Mechanisms activating latent functions of PIP aquaporin water channels via the interaction between PIP1 and PIP2 proteins. *Plant Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcaa142 (2020. 11. Online preview)

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) Sun, L., Suzuki, N., Jiang, D., Turina, M. and Xie, J. Editorial: Frontiers in fungal virus research. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* **9**: 456. doi: 10.3389/fcimb.2019.00456 (2020. 1.)
- (2) Kotta-Loizou, I., Castón J. R., Coutts, R. H. A., Hillman, B. I., Jiang, D., Kim, D.-H., Moriyama, H., Suzuki, N. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Chrysoviridae*. *Journal of General Virology* **101**: 143-144. doi: 10.1099/jgv.0.001383 (2020. 1.)
- (3) Bian, R., Andika, I. B., Pang, T., Lian, Z., Wei, S., Niu, E., Wu, Y., Kondo, H., Liu, X. and Sun, L. Facilitative and synergistic interactions between fungal and plant viruses. *PNAS USA* **117**: 3779-3788. (2020. 2.)
- (4) 近藤秀樹 ラン:病害虫対策-ウイルス病(井上成信著・改訂版). 最新農業技術 花卉(農文協編) **12**: 211-219. (2020. 3.)
- (5) 鈴木信弘・大木理・上田一郎 ウイルス(分担執筆). 植物病理学第2版(眞山滋志・土佐幸雄編) ISBN **9784830041389** (2020. 3.)
- (6) Kondo, H., Fujita, M., Hisano, H., Hyodo, K., Andika, I. B. and Suzuki, N. Virome analysis of aphid populations that infest

- the barley field: the discovery of two novel groups of nege/kita-like viruses and other novel RNA viruses. *Frontiers in Microbiology* **11**: 509. (2020. 4.)
- (7) Dietzgen, R. Bejerman, N. B., Goodin, M. M., Higgins, C. M., Huot, O. B. Kondo, H., Martin, L. M. and Whitfield, A. E. Diversity and epidemiology of plant rhabdoviruses. *Virus Research* **281**: 197942. (2020. 4.)
 - (8) Sato, Y., Shamsi, W., Jamal, A., Bhatti, M. F., Kondo, H. and Suzuki, N. Hadaka virus 1: A capsidless 11-segmented (+) RNA virus from a phytopathogenic fungus *Fusarium oxysporum*. *mBio* **11**: e0045-20. doi:10.1128/mBio.00450-20 (2020. 5.)
 - (9) Hyodo, K. and Okuno, T. Chapter Two - Hijacking of host cellular components as proviral factors by plant-infecting viruses. *Advances in Virus Research* **107**: 37-86. (2020. 5.)
 - (10) Telengech, P., Micheni, C. M., Hisano, S., Kondo, H., Arjona-López, J. M., López-Herrera, C., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Diverse partitiviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. *Frontiers in Microbiology* **11**: 1064. doi:10.3389/fmicb.2020.01064 (2020. 6.)
 - (11) Aulia, A., Tabara, M., Telengech, P., Fukuhara, T. and Suzuki, N. Dicer monitoring in a model filamentous fungus host, *Cryphonectria parasitica*. *Current Research in Virological Science* **1**: 100001. doi.org/10.1016/j.crviro. 2020.100001 (2020. 9.)
 - (12) Arjona-López, J. M., Telengech, P., Suzuki, N. and López-Herrera, C. Coinfection of *Rosellinia necatrix* by a partitivirus and a virga-like virus is associated with hypovirulence. *European Journal of Plant Pathology* **158**: 111-119. doi.org/10.1007/s10658-020-02058-x (2020. 9.)
 - (13) Sato, Y., Jamal, A., Kondo, H. and Suzuki, N. Molecular characterization of a novel polymycovirus from *Penicillium janthinellum* with a focus on its genome-associated PASrp. *Frontiers in Microbiology* **11**: 592789. doi.org/10.3389/fmicb.2020.592789 (2020. 10.)
 - (14) Mata, C. P., Rodríguez, J. M., Suzuki, N. and Caston, J. R. Structure and assembly of double-stranded RNA mycovirus. *Advances in Virus Research* **108**: 213-247. doi.org/10.1016/bs.aivir.2020.08.001 (2020. 11.)
 - (15) Honda, S., Ana Eusebio-Cope, A., Miyashita, S., Yokoyama, A., Aulia, A., Shahi, S., Kondo, H. and Suzuki, N. Establishment of *Neurospora crassa* as a model organism for fungal virology. *Nature Communications* **11**: 5627. doi.org/10.1038/s41467-020-19355-y (2020. 11.)
 - (16) Kuhn et al. 2020 Taxonomic update for phylum *Negarnaviricota* (*Riboviria*: *Orthornavirae*), including the large orders *Bunyavirales* and *Mononegavirales*. *Archives of Virology* **165(12)**: 3023-3072. (2020. 12.)
 - (17) Arjona-López, J. M., Telengech, P., Suzuki, N. and López-Herrera, C. A moderate level of hypovirulence conferred by a hypovirus in the avocado white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*. *Fungal Biology* doi.org/10.1016/j.funbio.2020.10.007 (2020. 10. Online preview)

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) Takafuji, K., Rim, H., Kawauchi, K., Mujiono, K., Shimokawa, S., Ando, Y., Shiojiri, K., Galis, I. and Arimura, G-I. Evidence that ERF transcriptional regulators serve as possible key molecules for natural variation in defense against herbivores in tall goldenrod. *Scientific Reports* **10**: 5352. doi.org/10.1038/s41598-020-62142-4 (2020. 3.)
- (2) Shinya, T., Shibuya, N. and Kaku, H. Affinity labeling and purification of plant chitin-binding LysM receptor with chitin octasaccharide derivatives. In: Hirabayashi J. (eds) *Lectin Purification and Analysis. Methods in Molecular Biology* **2132**: 401-412. doi.org/10.1007/978-1-0716-0430-4_39 (2020. 4.)
- (3) Uemura, T., Hachisu, M., Desaki, Y., Ito, A., Hoshino, R., Sano, Y., Nozawa, A., Mujiono, K., Galis, I., Yoshida, A., Nemoto, K., Miura, S., Nishiyama, M., Nishiyama, C., Horito, S., Sawasaki, T. and Arimura, G-I. Soy and Arabidopsis receptor-like kinases respond to polysaccharide signals from *Spodoptera* species and mediate herbivore resistance. *Communications Biology* **3**: 224. doi.org/10.1038/s42003-020-0959-4 (2020. 5.)
- (4) Khadka, J., Raviv, B., Swetha, B., Grandhi, R., Singiri, J. R., Novoplansky, N., Gutterman, Y., Galis, I., Huang, Z. and Grafi, G. Maternal environment alters dead pericarp biochemical properties of the desert annual plant *Anastatica hierochuntica* L. *PLOS ONE* **15**: e0237045. doi.org/10.1371/journal.pone.0237045 (2020. 7.)
- (5) Raviv, B., Khadka, J., Swetha, B., Singiri, J. R., Grandhi, R., Shapira, E., Novoplansky, N., Gutterman, Y., Galis, I., Sternberg, M. and Grafi, G. Extreme drought alters progeny dispersal unit properties of winter wild oat (*Avena sterilis* L.). *Planta* **252**: 77. doi.org/10.1007/s0042 5-020-03491-2 (2020. 7.)
- (6) Kiba, A., Nakano, M., Hosokawa, M., Galis, I., Nakatani, H., Shinya, T., Ohnishi, H. and Hikichi, Y. Phosphatidylinositol-phospholipase C2 regulates pattern-triggered immunity in *Nicotiana benthamiana*. *J. Exp. Bot.* **71**: 5027-5038. doi.org/10.1093/jxb/eraa233 (2020. 8.)
- (7) Ye, W., Munemasa, S., Shinya, T., Wu, W., Ma, T., Lu, J., Kinoshita, T., Kaku, H., Shibuya, N. and Murata, Y. Stomatal immunity against fungal invasion comprises not only chitin-induced stomatal closure but also chitosan-induced guard cell death. *PNAS USA* **117**: 20932-20942. doi.org/10.1073/pnas.1922319117 (2020. 8.)

-
- (8) Kiba, A., Fukui, K., Mitani, M., Galis, I., Hojo, Y., Shinya, T., Ohnishi, K. and Hikichi, Y. Silencing of phosphoinositide dependent protein kinase orthologs reduces hypersensitive cell death in *Nicotiana benthamiana*. *Plant Biotechnology Journal* **37**: 363-367. doi.org/10.5511/plantbiotechnology.20.0511b (2020. 9.)
 - (9) Andama, J. B., Mujiono, K., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Non-glandular silicified trichomes are essential for rice defense against chewing herbivores. *Plant, Cell and Environment* **43**: 2019-2032. doi.org/10.1111/pce.13775 (2020. 9.)
 - (10) Mujiono, K., Tohi, T., Sobhy, S. I., Hojo, Y., Ho, T. N., Shinya, T. and Galis, I. Ethylene functions as a suppressor of volatile production in rice. *J. Exp. Bot.* **71**: 6494-6511. doi: 10.1093/jxb/eraa341 (2020. 10.)
 - (11) Aboshi, T., Iitsuka, C., Galis, I., Teraishi, M., Kamo, M., Nishimura, A., Ishihara, A., Mori, N. and Murayama, T. Isopentylamine is a novel defence compound induced by insect feeding in rice. *Plant, Cell & Environment* **44**: 247-256. doi.org/10.1111/pce.13902 (2020. 10.)

植物免疫デザイングループ (*Plant Immune Design Group*)

- (1) Wang, P., Yao, S., Kosami, K., Guo, T., Li, J., Zhang, Y., Fukao, Y., Kaneko-Kawano, T., Zhang, H., She, Y. M., Wang, P., Xing, W., Hanada, K., Liu, R. and Kawano, Y. Identification of endogenous small peptides involved in rice immunity through transcriptomics- and proteomics-based screening. *Plant Biotechnol. J.* **18**: 415-428. (2020. 2.)

植物環境微生物学グループ (*Group of Plant Environmental Microbiology*)

- (1) Wang, L., Hibino, A., Sukanuma, S., Ebihara, A., Iwanoto S., Mitsui, R., Tani, A., Shimada, M., Hayakawa, T. and Nakagawa, T. Preference for particular lanthanide species and thermal stability of XoxFs in *Methylobacterium extorquens* strain AM1. *Enzym Microbial. Technol.* **136**: 09518. (2020. 5.)
- (2) Lv, H., Sahin, N. and Tani, A. *Methylobacterium oryzisoli* sp. nov., a lanthanide-dependent methylotrophic bacteria isolated from rice field soil. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **70**: 2713-2718. (2020. 5.)
- (3) Yanpirat, P., Nakatsuji, Y., Hiraga, S., Fujitani, Y., Izumi, T., Masuda, S., Mitsui, R., Nakagawa, T. and Tani, A. Lanthanide-dependent methanol and formaldehyde oxidation in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *Microorganisms* **8**: 822. (2020. 5.)
- (4) Lau, E. T., Tani, A., Khew, C. Y., Chua, Y. Q. and Hwang, S. S. Plant growth-promoting bacteria as potential bio-inoculants and biocontrol agents to promote black pepper plant cultivation. *Microbiological Res.* **240**: 126549. (2020. 7.)
- (5) Kang, B., Maeshige, T., Okamoto, A., Kataoka, Y., Yamamoto, S., Rikiishi, K., Tani, A., Sawada, H. and Suzuki, K. Presence of hairy-root-disease inducing (Ri) plasmid in wheat endophytic rhizobia explains a pathogen-reservoir function by healthy resistant plants. *Appl. Environ. Microbiol.* **86**: e00671-20. (2020. 8.)
- (6) Pastawan, V., Sukanuma, S., Mizuno, K., Wang, L., Tani, A., Mitsui, R., Nakamura, K., Shimada, M., Hayakawa, T., Fitriyanto, N. A. and Nakagawa, T. Regulation of lanthanide-dependent methanol oxidation pathway in the legume symbiotic nitrogen-fixing bacterium *Bradyrhizobium* sp. strain Ce-3. *J. Biosci. Bioeng.* **130**: 582-587. (2020. 8.)
- (7) Yarimizu, K., Fujiyoshi, S., Kawai, M., Norambuena-Subiabre, L., Cascales, E.-K., Rilling, J.-I., Vilugrón, J., Cameron, H., Vergara, K., Morón-López, J., Acuña, J. J., Gajardo, G., Espinoza-González, O., Guzmán, L., Jorquera, M. A., Nagai, S., Pizarro, G., Riquelme, C., Ueki, S. and Maruyama, F. Protocols for Monitoring Harmful Algal Blooms for Sustainable Aquaculture and Coastal Fisheries in Chile. *International Journal of Environmental Research and Public Health* **17(20)**: 7642. (2020. 10.)
- (8) Fujiyoshi, S., Yarimizu, K., Miyashita, Y., Rilling, J., Acuña, J. J., Ueki, S., Gajardo, G., Espinoza-González, O., Guzmán, L., Jorquera, M. A., Nagai, S. and Maruyama, F. Suitcase Lab: new, portable, and deployable equipment for rapid detection of specific harmful algae in Chilean coastal waters. *Environmental Science and Pollution Research* doi.org/10.1007/s11356-020-11567-5 (2020. 11. Online preview)

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

ゲノム多様性グループ (*Group of Genome Diversity*)

- (1) Takumi, S., Mitta, S., Komura, S., Ikeda, T. M., Matsunaka, H., Sato, K., Yoshida, K. and Murai, K. Introgression of chromosomal segments conferring early heading date from wheat diploid progenitor, *Aegilops tauschii* Coss., into Japanese elite wheat cultivars. *PLOS One* **15**(1): e0228397. (2020. 1.)
- (2) Wei, B., Moscou, B. J., Sato, K., Strelkov, S. and Aboukhaddour, R. Identification of a locus conferring dominant susceptibility to *Pyrenophora tritici-repentis* in barley. *Front. Plant Sci.* **11**: 158. doi.org/10.3389/fpls.2020.00158 (2020. 2.)
- (3) Tanaka, S., Yoshida, K., Sato, K. and Takumi, S. Diploid genome differentiation conferred by RNA sequencing-based survey of genome-wide polymorphisms throughout homoeologous loci in *Triticum* and *Aegilops*. *BMC Genomics* **21**: 246. (2020. 3.)
- (4) 佐藤和広 学術機関における遺伝資源の保存と活用. *アグリバイオ* **4**: 185-189. (2020. 3.)
- (5) Kondo, H., Fujita, M., Hisano, H., Hyodo, K., Andika, I. B. and Suzuki, N. Virome Analysis of Aphid Populations That Infest the Barley Field: The Discovery of Two Novel Groups of Nege/Kita-Like Viruses and Other Novel RNA Viruses. *Frontiers in Microbiology* **11**: 509. (2020. 4.)
- (6) Toda, Y., Okura, F., Ito, J., Okada, S., Kinoshita, T., Tsuji, H. and Saisho, D. Training instance segmentation neural network with synthetic datasets for crop seed phenotyping. *Commun. Biol.* **3**: 173. doi.org/10.1038/s42003-020-0905-5 (2020. 4.)
- (7) Okano, N., Goto, R., Kato, T., *et al.* Spanish spelt is unique germplasm for improvement of root hair length in hexaploid wheat. *Plant Soil* **452**: 171-184. doi.org/10.1007/s11104-020-04555-8 (2020. 5.)
- (8) 安倍史高・佐藤和広 ゲノム編集で迅速にコムギの穂発芽耐性を改良. *グリーンテクノ情報* **16**(1): 11-15. (2020. 6.)
- (9) Sato, K., Ishii, M., Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Nishii, R. and Mochida, K. Genetic factors associated with heading responses revealed by field evaluation of 274 barley accessions for twenty seasons. *iScience* **23**: 101146. (2020. 6.)
- (10) Abe, F., Ishida, Y., Hisano, H., Endo, M., Komari, T., Toki, S. and Sato, K. Using Genome Editing to Produce Multiple Mutants in Wheat. *StarProtocols* **1**: 100053. (2020. 6.)
- (11) Ikeda, H., Yakubov, V., Barkalov, V., Sato, K. and Fujii, N. East Asia origin of the widespread distribution of an alpine snow-bed herb, *Primula cuneifolia* (Primulaceae), in the northern Pacific region. *J. Biogeography* **47**: 2181-2193. (2020. 7.)
- (12) Lei, G. J., Fujii-Kashino, M., Wu, D. Z., Hisano, H., Saisho, D., Deng, F., Yamaji, N., Sato, K., Zhao, F. and Ma, J. F. Breeding low cadmium barley through introgression of a Sukkula-like transposable element for human health. *Nat. Food* **1**: 489-499. (2020. 8.)
- (13) Nagai, K., Mori, Y., Ishikawa, S., Furuta, T., Gamuyao, R., Niimi, Y., Hobo, T., Fukuda, M., Kojima, M., Takebayashi, Y., Fukushima, A., Himuro, Y., Kobayashi, M., Ackley, W., Hisano, H., Sato, K., Yoshida, A., Wu, J., Sakakibara, H., Sato, Y., Tsuji, H., Akagi, T. and Ashikari, M. Antagonistic regulation of the gibberellic acid response during stem growth in rice. *Nature* **584**: 109-114. (2020. 8.)
- (14) Hirayama, T., Saisho, D., Matsuura, T., Okada, S., Takahagi, K., Kanatani, A., Ito, J., Tsuji, H., Ikeda, Y. and Mochida, K. Life-Course monitoring of endogenous phytohormone levels under field conditions reveals diversity of physiological states among barley accessions. *Plant and Cell Physiology* **61**(8): 1438-1448. doi.org/10.1093/pcp/pcaa046 (2020. 8.)
- (15) 安倍史高・佐藤和広 小麦の新規穂発芽耐性をゲノム編集により導入. *JATAFF* ジャーナル **8** (10): 26-31. (2020. 10.)
- (16) Jayakodi, M., Padmarasu, S., Haberer, G., Bonthala, V. S., Gundlach, H., Monat, C., Lux, T., Kamal, N., Lang, D., Himmelbach, A., Ens, J., Zhang, X. Q., Angessa, T. T., Zhou, G., Tan, C., Hill, C., Wang, P., Schreiber, M., Boston, L. B., Plott, C., Jenkins, J., Guo, Y., Fiebig, A., Budak, H., Xu, D., Zhang, J., Wang, C., Grimwood, J., Schmutz, J., Guo, G., Zhang, G., Mochida, K., Hirayama, T., Sato, K., Chalmers, K. J., Langridge, P., Waugh, R., Pozniak, C. J., Scholz, U., Mayer, K. F. X., Spannagel, M., Li, C., Mascher, M. and Stein, N. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature* **588**: 284-289. doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8 (2020. 11.)
- (17) Kodama, A., Watanabe, T., Yamaguchi, M., Narita, R., Katsuhara, M., Sato, K., Ookawa, T. and Hirasawa, T. Accession difference in leaf photosynthesis, root hydraulic conductance and gene expression of root aquaporins under salt stress in barley seedlings. *Plant Production Sci.* doi.org/10.1080/1343943X.2020.1794915. (2020. 7. Online preview)
- (18) Munoz-Amatriain, M., Hernandez, F. J., Herb, D., Baenziger, S., Bochar, A. M., Capettini, F., Casas, A., Cuesta-Marcos, A., Einfeldt, C., Fisk, S., Genty, A., Helgerson, L., Herz, M., Hu, G., Igartua, E., Karsai, I., Nakamura, T., Sato, K., Smith, K., Stockinger, E., Thomas, W. and Hayes, P. Perspectives on low temperature tolerance and vernalization sensitivity in barley: prospects for facultative growth habit. *Front. Plant Sci.* doi.org/10.3389/fpls.2020.585927 (2020. 9. Online preview)
- (19) Sato, K. History and Future Perspectives of Barley Genomics. *DNA Res.* doi.org/10.1093/dnares/dsaa023 (2020. 9.)

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) Noda, H., Yamashita, J., Fuse, S., Pooma, R., Poopath, M., Tobe, H. and Tamura, M. N. A large-scale phylogenetic analysis of *Dioscorea* (Dioscoreaceae), with reference to character evolution and subgeneric recognition. *Acta Phytotaxonomica et Geobotanica* **71(2)**: 103-128. (2020. 6.)
- (2) Ikeda, H., Yakubov, V., Barkalov, V., Sato, K. and Fujii, N. East Asian origin of the widespread alpine snow-bed herb, *Primula cuneifolia* (Primulaceae), in the northern Pacific region. *Journal of Biogeography* **47**: 2181-2193. (2020. 7.)
- (3) Shimono, A., Kanbe, H., Nakamura, S., Ueno, S., Yamashita, J. and Asai, M. Initial invasion of glyphosate-resistant *Amaranthus palmeri* around grain-import ports in Japan. *Plant, People, Planet* **2(6)**: 640-648. (2020. 9.)
- (4) Noda, H., Fuse, S., Yamashita, J., Pooma, R., Poopath, M., Tobe, H. and Tamura, M. N. A revised infrageneric classification of old world species of *Dioscorea* (Dioscoreaceae). *Acta Phytotaxonomica et Geobotanica* **71(3)**: 187-199. (2020. 10.)

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)

- (1) Fukunaga, K., Nur, M. Z., Inoue, T., Taketa, S. and Ichitani, K. Phylogenetic analysis of the *Si7PPO* gene in foxtail millet, *Setaria italica*, provides further evidence for multiple origins of the negative phenol color reaction phenotype. *Genes and Genetic Systems* **95**: 191-199. (2020. 9.)
- (2) Taketa, S., Hattori, M., Takami, T., Himi, E. and Sakamoto, W. Barley *albino lemma 1* resulted from mutations in a *Golden2-like* gene reduces seed weight. *Plant and Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcab001 (2020. 12. Online preview)

統合ゲノム育種グループ (Group of Integrated Genomic Breeding)

- (1) Adachi, S., Ohkubo, S., San, N. S. and Yamamoto, T. Genetic determination for source capacity to support breeding of high-yielding rice (*Oryza sativa*). *Molecular Breeding* **40**: 20. doi.org/10.1007/s11032-020-1101-5 (2020. 2.)
- (2) Nagaki, K. and Yamaji, N. Decrosslinking enables visualization of RNA-guided endonuclease-in situ labeling signals for DNA sequences in plant tissues. *J. Exp. Bot.* **71**: 1792-1800. (2020. 3.)
- (3) Okada, M., Michikawa, A., Yoshida, K., Nagaki, K., Ikeda, T. M. and Takumi, S. Phenotypic effects of the U-genome variation in nascent synthetic hexaploids derived from interspecific crosses between durum wheat and its diploid relative *Aegilops umbellulata*. *PLOS One* **15**: e0231129. (2020. 4.)
- (4) Nagai, K., Mori, Y., Ishikawa, S., Furuta, T., Gamuyao, R., Niimi, Y., Hobo, T., Fukuda, M., Kojima, M., Takebayashi, Y., Fukushima, A., Himuro, Y., Kobayashi, M., Ackley, W., Hisano, H., Sato, K., Yoshida, A., Wu, J., Sakakibara, H., Sato, Y., Tsuji, H., Akagi, T. and Ashikari, M. Antagonistic regulation of the gibberellic acid response during stem growth in rice. *Nature* **584**: 109-114. doi: 10.1038/s41586-020-2501-8. (2020. 8.)
- (5) Inoue, K., Takahagi, K., Kouzai, Y., Koda, S., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Nakayama, R., Kita, T., Onda, Y., Nomura, T., Matsui, H., Nagaki, K., Nishii, R. and Mochida, K. Parental legacy and regulatory novelty in *Brachypodium* diurnal transcriptomes accompanying their polyploidy. *NAR Genomics and Bioinformatics* **2**: 1-14. (2020. 9.)
- (6) 山本敏央・古田智敬・小川大輔・米丸淳一・國吉大地・貴島祐治 イネ育種における遺伝的多様性を拡大するための2,3のアプローチ. *作物研究* **65**: 83-87. (2020. 10.)
- (7) 石井孝佳・長岐清孝・菊池真司 細胞遺伝学の新潮流—より速く,より広く,より細かく,そして創出へ,古くて新しいゲノムの見える化技術. *化学と生物* **58**: 606-613. (2020. 11.)
- (8) Kuniyoshi, D., Masuda, I., Kanaoka, Y., Shimazaki-Kishi, Y., Okamoto, Y., Yasui, H., Yamamoto, T., Nagaki, K., Hoshino, Y., Koide, Y., Takamura, I. and Kishima, Y. Diploid male gametes circumvent hybrid sterility between Asian and African rice. *Frontiers in Plant Science* doi: 3389/fpls.2020.579305. (2020. 11. Online preview)

次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)

作物デザイン研究チーム (Crop Design Research Team)

- (1) Sato, K., Ishii, M., Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Nishii, R. and Mochida, K. Genetic factors associated with heading responses revealed by field evaluation of 274 barley accessions for 20 Seasons. *iScience* **23(6)**: 101146. doi: 10.1016/j.isci.2020.101146 (2020. 6.)
- (2) Mochida, K., Lipka, A. E. and Hirayama, T. Exploration of life-course factors influencing phenotypic outcomes in crops. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1381-1383. (2020. 8.)
- (3) Hirayama, T. Saisho, D., Matsuura, T., Okada, S., Takahagi, K., Kanatani, A., Ito, J., Tsuji, H., Ikeda, Y. and Mochida, K. Life-course monitoring of endogenous phytohormone levels under field conditions reveals diversity of physiological states among barley accessions. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1438-1448. (2020. 8.)
- (4) Mochida, K., Nishii, R. and Hirayama, T. Decoding plant–environment interactions that influence crop agronomic traits. *Plant Cell Physiol.* **61**: 1408-1418. (2020. 8.)
- (5) Inoue, K., Takahagi, K., Kouzai, Y., Koda, S., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Nakayama, R., Kita, T., Onda, Y., Nomura, T., Matsui, H., Nagaki, K., Nishii, R. and Mochida, K. Parental legacy and regulatory novelty in *Brachypodium* diurnal transcriptomes accompanying their polyploidy. *NAR Genomics and Bioinformatics* **2**: 1-14. doi.org/10.1093/nargab/lqaa067 (2020. 9.)
- (6) Abdelsalam, S. S. H., Kouzai, Y., Watanabe, M., Inoue, K., Matsui, H., Yamamoto, M., Ichinose, Y., Toyoda, K., Tsuge, S., Mochida, K. and Noutoshi, Y. Identification of effector candidate genes of *Rhizoctonia solani* AG-1 IA expressed during infection in *Brachypodium distachyon*. *Sci. Rep.* **10(1)**: 14889. doi: 10.1038/s41598-020-71968-x (2020. 9.)
- (7) Kouzai, Y., Shimizu, M., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Takahagi, K., Nakayama, R., Matsuura, T., Mori, I. C., Hirayama, T., Abdelsalam, S. S. H., Noutoshi, Y. and Mochida, K. BdWRKY38 is required for the incompatible interaction of *Brachypodium distachyon* with the necrotrophic fungus *Rhizoctonia solani*. *Plant Journal* **104**: 995-1008. (2020. 11.)
- (8) Lux, T., Kamal, N., Lang, D., Himmelbach, A., Ens, H., Zhang, X-Q., Angessa, T. T. Zhou, G., Tan, C., Hill, C., Wang, P., Schreiber, M., Boston, L. B., Plott, C., Jenkins, J., Guo, Y., Fiebig, A., Budak, H., Xu, D., Zhang, J., Wang, C., Grimwood, J., Schmutz, J., Guo, G., Zhang, G., Mochida, K., Hirayama, T., Sato, K., Chalmers, K. J., Langridge, P., Waugh, R., Pozniak, C. J., Scholz, U., Mayer, K. F. X., Spannagl, M., Li, C., Mascher, M. and Stein, N. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding. *Nature* **588**: 284-289. doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8 (2020. 11.)
- (9) Nasr, Esfahani, M., Inoue, K., Nguyen, K. H., Chu, H. D., Watanabe, Y., Kanatani, A., Burritt D. J., Mochida, K. and Tran, L. P. Phosphate or nitrate imbalance induces stronger molecular responses than combined nutrient deprivation in roots and leaves of chickpea plants. *Plant Cell Environ.* doi: 10.1111/pce.13935 (2020. 11. Online preview)

RECTOR プログラム (RECTOR Program)

- (1) Charoenwattanasatien, R., Zinzius, K., Scholz, M., Wicke, S., Tanaka, H., Brandenburg, J. S., Marchetti, G. M., Ikegami, T., Matsumoto, T., Oda, T., Sato, M., Hippler, M. and Kurisu, G. Calcium sensing via EF-hand 4 enables thioredoxin activity in the sensor-responder protein calredoxin in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Biol. Chem.* **295**: 170-180. (2020. 1.)
- (2) Oltmanns, A., Hoepfner, L., Scholz, M., Zinzius, K., Schulze, S. and Hippler, M. Novel Insights Into *N*-Glycan Fucosylation and Core Xylosylation in *C. reinhardtii*. *Front. Plant Sci.* **10**: 1686. (2020. 1.)
- (3) Kosugi, M., Ozawa, S. I., Takahashi, Y., Kamei, Y., Itoh, S., Kudoh, S., Kashino, Y. and Koike, H. Red-shifted chlorophyll a bands allow uphill energy transfer to photosystem II reaction centers in an aerial green alga, *Prasiola crispa*, harvested in Antarctica. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) -Bioenergetics* **1861**: 148139-148147. (2020. 2.)
- (4) Bujaldon, S., Kodama, N., Rathod, M. K., Tourasse, N., Ozawa, S.-I., Sellés, J., Vallon, O., Takahashi, Y. and Wollman, F.-A. The BF4 and p71 antenna mutants from *Chlamydomonas reinhardtii*. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) -Bioenergetics* **1861**: 148085. (2020. 4.)
- (5) Ozawa, S. I., Cavaiuolo, M., Jarrige, D., Kuras, R., Rutgers, M., Eberhard, S., Drapier, D., Wollman, F. A. and Choquet, Y. The OPR Protein MTHI1 Controls the Expression of Two Different Subunits of ATP Synthase CFo in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell* **32**: 1179-1203. (2020. 4.)
- (6) Lucas, P. L., Mathieu-Rivet, E., Chan Tchi Song, P., Oltmanns, A., Loutelier-Bourhis, C., Plasson, C., Afonso, C., Hippler, M., Lerouge, P., Mati-Baouche, N. and Bardor, M. Multiple xylosyltransferases heterogeneously xylosylate protein *N*-linked glycans in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant J.* **102**: 230-245. (2020. 4.)

-
- (7) Buchert, F., Mosebach, L., Gabelein, P. and Hippler, M. PGR5 is required for efficient Q cycle in the cytochrome *b₆f* complex during cyclic electron flow. *Biochem. J.* **477**: 1631-1650. (2020. 5.)
 - (8) Redekop, P., Rothhausen, N., Rothhausen, N., Melzer, M., Mosebach, L., Dulger, E., Bovdilova, A., Caffarri, S., Hippler, M. and Jahns, P. PsbS contributes to photoprotection in *Chlamydomonas reinhardtii* independently of energy dissipation. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) – Bioenergetics* **1861**: 148183. (2020. 6.)
 - (9) Schulze, S., Adams, Z., Cerletti, M., De Castro, R., Ferreira-Cerca, S., Fufezan, C., Gimenez, M. I., Hippler, M., Jevtic, Z., Knuppel, R., Legerme, G., Lenz, C., Marchfelder, A., Maupin-Furlow, J., Paggi, R. A., Pfeiffer, F., Poetsch, A., Urlaub, H. and Pohlschroder, M. The Archaeal Proteome Project advances knowledge about archaeal cell biology through comprehensive proteomics. *Nat. Commun.* **11**: 3145. (2020. 6.)
 - (10) Muller-Schussele, S. J., Wang, R., Gutle, D. D., Romer, J., Rodriguez-Franco, M., Scholz, M., Buchert, F., Luth, V. M., Kopriva, S., Dormann, P., Schwarzlander, M., Reski, R., Hippler, M. and Meyer, A. J. Chloroplasts require glutathione reductase to balance reactive oxygen species and maintain efficient photosynthesis. *Plant J.* **103**: 1140-1154. (2020. 8.)
 - (11) Schulze, S., Oltmanns, A., Fufezan, C., Krägenbring, J., Mormann, M., Pohlschroder, M. and Hippler, M. SugarPy facilitates the universal, discovery-driven analysis of intact glycopeptides. *Bioinformatics* btaa1042. doi:10.1093/bioinformatics/btaa1042 (2020. 12.)
 - (12) Ramundo, S., Asakura, Y., Salome, P. A., Strenkert, D., Boone, M., Mackinder, L. C. M., Takafuji, K., Dinc, E., Rahire, M., Crevecoeur, M., Magneschi, L., Schaad, O., Hippler, M., Jonikas, M. C., Merchant, S., Nakai, M., Rochaix, J-D. and Walter, P. Coexpressed subunits of dual genetic origin define a conserved supercomplex mediating essential protein import into chloroplasts. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* doi: 10.1073/pnas.2014294117 (2020. 12. Online preview)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)

環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)

- (1) Ooi, L., Ikeda, Y. and Mori, I. C. New insights on the evolution of sulfur dioxide-resistant mechanisms in land plants. American Society of Plant Biologist Annual Meeting: Plant Biology 2020 World Summit, Online, July 27-31, 2020.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)

- (1) Ma, J. F. Cadmium accumulation in cereal crops. International Forum on Soil, Fertilizer, Crop and Environment, Xi'an, China (Online), Dec. 9-10, 2020.

植物分子生理学グループ (Group of Plant Molecular Physiology)

- (1) Katsuhara, M. Regulation in root hydraulic conductivity (L_p) and PIP aquaporins under salt stress. International Workshop: Aquaporins Solutions - Exploring how Aquaporins can Solve Food and Water Challenges -, Adelaide, Australia (Online), Nov. 2, 10, 16, 23, 2020.
- (2) Tran, S. T. H. Survey of Barley PIP Aquaporin Ionic Conductance Reveals Ca^{2+} -Sensitive HvPIP2;8 Na^+ and K^+ Conductance. International Workshop: Aquaporins Solutions - Exploring how Aquaporins can Solve Food and Water Challenges -, Adelaide, Australia (Online), Nov. 2, 10, 16, 23, 2020.

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) Sato, Y., Shamsi, W., Jamal, A., Bhatti, M. F., Kondo, H. and Suzuki, N. Maintenance and loss of dispensable genomic segments of a polomyco-like capsidless fungal virus with an eleven-segmented RNA genome during its infection cycle. The 39th Annual Meeting of the American Society for Virology 2020, Fort Collins, USA, June 13-17, 2020.
- (2) Das, S., Alam, M., Zhang, R., Hisano, S., Sato, Y., Kondo, H. and Suzuki, N. 2A-mediated co-translational cleavage is prerequisite for the viability of yado-kari virus 1 hosted by yado-nushi virus 1. The 39th Annual Meeting of the American Society for Virology 2020, Fort Collins, USA, June 13-17, 2020.
- (3) Suzuki, N., Aulia, A., Shahi, S., Hillman, B. I., Cornerjo, C. and Rigling, D. In-tree behavior of diverse viruses infecting the chestnut blight fungus. The 39th Annual Meeting of the American Society for Virology 2020, Fort Collins, USA, June 13-17, 2020.
- (4) Sato, Y. A capsidless eleven-segmented RNA virus from a phytopathogenic fungus, *Fusarium oxysporum*. 2020 Japan-US Early Career Online Symposium in 12th Japan-US Seminar in Plant Pathology, Ithaca, USA (Online), Sep. 28-29 and Oct. 5-6, 2020.

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) Galis, I. Crop protection from herbivores by implementation of eco-friendly approaches and natural diversity. Agriculture Technology Webinar: Translating Plant Science into Food Security, Malaysia (Online), August 25, 2020.

植物免疫デザイングループ (Plant Immune Design Group)

- (1) Fukada, F. A secreted small protein of *Ustilago maydis* is used as a mediator of hydrophobicity for hyphal aggregates formation after plant colonization. 2020 Japan-US Early Career Online Symposium, Ithaca, USA (Online), Sep. 29-30, Oct. 6-7, 2020.

植物環境微生物学グループ (Group of Plant Environmental Microbiology)

- (1) Nakayama, N., Satoh, A. and Ueki, S. A method for gene transfer in *Heterosigma akashiwo*, a causative organism of harmful algal blooms. CELL BIO virtual 2020, Online, December 2-16, 2020.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

遺伝資源機能解析グループ (*Group of Genetic Resources and Functions*)

- (1) Taketa, S. IPSR and barley. IPSR International web-Forum 2020 on Plant Science and Genetic Resources, Online, October 8, 2020.

次世代作物共同研究コア (*Research Core for Future Crops*)

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Hippler, M. PSI structure and function. Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel, Jan. 20-24, 2020.
- (2) Hippler, M. Solar Energy to Biomass 2020: Optimization of Light Energy Conversion in Plants and Microalgae. Porto, Portuga, Feb. 11-14, 2020.

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)

大気環境ストレスユニット (*Atmospheric Stress Unit*)

光環境適応研究グループ (*Plant Light Acclimation Research Group*)

- (1) 大西紀和・張 林剛・坂本 亘 葉緑体膜の形成および機能維持に重要な VIPP1 が示す新奇 ATPase 活性の解析. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (2) 高見常明・坂本 亘 var2 変異体の斑入りセクタートランスクリプトームデータの再検討. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (3) Ozawa, S., Gäbelein, P., Buchert, F., Mosebach, L., Hawat, S., Scholz, M., Sakamoto, W. and Hippler, M. Chemical crosslinking combined with mass spectrometric analyses revealed dynamic photosynthetic membrane protein complex interactions. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (4) Florian A. Busch・富永 淳・高橋俊一・矢守 航・Sara E. Milward・西村浩二・戸田陽介・高見常明・渡邊俊介・木下俊則・坂本 亘・坂本 敦・島田裕士 BSD2 は酸化失活ルビスコを還元再活性化し, 光合成活性を増強する. 第 6 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (5) 荊子桓・坂本 亘 QTL analysis of stay green in sorghum using a RIL population derived from Takakibi NOG. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (6) ワセラ フィオナ・藤原 徹・山崎清志・高梨秀樹・堤 伸浩・鐘ヶ江弘美・坂本 亘 たかきび RIL のイオノームを用いたソルガム種子の元素含量に関する QTL 解析. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (7) Omollo, E., Ohnishi, N., Hunja, M., Kanegae, H., Galis, I. and Sakamoto, W. Genetic Dissection of Aphid Resistance in a Sorghum Cultivar. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (8) 松島 良・久野 裕・三浦聡子・クロフツ尚子・保坂優子・藤田直子・佐藤和広 複粒型澱粉粒を発達させるオオムギ変異体の単離と解析. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (9) 永松志朗・和田卓也・松島 良・藤田直子・三浦聡子・クロフツ尚子・保坂優子・熊丸敏博 イネデンプン構造変異系統の胚乳特性解析および原因遺伝子探索. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (10) 井田圭美・クロフツ尚子・三浦聡子・保坂優子・松島 良・藤田直子 スターチシンターゼ (SS) IIa と枝作り酵素 (BE) IIb の二重変異体米の澱粉構造とその性質. 日本応用糖質科学会第 69 回講演会, オンライン, 9 月 9-11 日, 2020.
- (11) Ozawa, S., Gäbelein, P., Buchert, F., Mosebach, L., Hawat, S., Scholz, M., Sakamoto, W. and Hippler, M. Chemical crosslinking combined with MS revealed dynamic interactions on photosynthetic machineries. 日本植物学会第 84 回大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
- (12) Jing, Z., Takami, T., Takanashi, H., Wacera F. W., Kajiya-Kanegae, H., Ohnishi, N., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto W. Characterization of a QTL for stay-green trait associated with organophosphate pesticide resistance. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (13) Omollo, E. A., Kajiya-Kanegae, H., Takami, T., Kondo, H., Ohnishi, N., Murage, H., Galis, I. and Sakamoto, W. Resistance to *M. sacchari* in sorghum. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (14) Wacera, F. W., Yamazaki, K., Fujiwara, T., Takanashi, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. Elemental profiling of sorghum seeds to detect QTLs for seed quality traits. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (15) 山内卓樹・高梨秀樹・藤本 優・西村明日香・鐘ヶ江弘美・矢野健太郎・岩田洋佳・坂本 亘・堤 伸浩 ソルガム RIL 集団を用いた根の組織サイズに関する QTL 解析. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (16) 松島 良・久野 裕・三浦聡子・保坂優子・追留那緒子・高橋里香・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の遺伝学的解析. 日本育種学会 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (17) 井田圭美・クロフツ尚子・三浦聡子・保坂優子・松島 良・藤田直子 スターチシンターゼ (SS) IIa と枝作り酵素 (BE) IIb の二重変異体米が登熟胚乳で形成する澱粉生合成関連酵素の超高分子量タンパク質複合体の解析. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
- (18) Wacera, F. W. Elemental profiling of sorghum seeds to detect QTLs for enhanced seed quality. ソルガム WEB ワークショップ, オンライン, 12 月 1 日, 2020.
- (19) 松島 良・久野 裕・追留那緒子・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の澱粉特性評価. 第 12 回中国地域育種談話会, オンライン, 12 月 12 日, 2020.
- (20) 松島 良・久野 裕・追留那緒子・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の表現型解析. 第 15 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 26 日, 2020.

環境応答機構研究グループ (*Group of Environmental Response Systems*)

- (1) 持田恵一・高萩航太郎・上原由紀子・井上小楨・金谷麻加・清水みなみ・最相大輔・平山隆志 野外生育環境におけるオオムギ成長過程の多様性. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (2) 平山隆志・高萩航太郎・井上小楨・山口由紀子・金谷麻加・最相大輔・松浦恭和・岡田聡史・井藤 純・池田陽子・松下康弘・辻 寛之・持田恵一 圃場環境におけるオオムギ系統間の生理状態の多様性. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (3) Ikeda, Y. and Mathieu, O. Analysis for Gene Silencing Mechanism by Plant Mobile Domain Proteins in Arabidopsis. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (4) Ooi, L., Ikeda, Y. and Mori, I. C. Evolutional implication of sulfur dioxide-resistant mechanisms in plants. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (5) 中山拓己・斉藤悠馬・大島一正・鈴木義人・木村成介・松浦恭和・池田陽子・武田征士・平野朋子・佐藤雅彦 Ab-GALFA 法を用いたヌルデの虫こぶ形成機構の解明. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (6) 麻生哲平・武井敬仁・池田陽子・渡邊雄一郎・濱田隆宏 植物の細胞外小胞に含まれる small RNA の解析. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (7) 佐々木孝行・森 泉・有吉美智代・山本洋子 孔辺細胞で発現する ALMT リンゴ酸輸送体の機能解析. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (8) 岡田聡史・最相大輔・井藤 純・辻 寛之・高萩航太郎・持田恵一・平山隆志 世界のオオムギコアコレクションの複数環境下での出穂期に関する遺伝解析. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (9) 最相大輔・岡田聡史・井藤 純・辻 寛之・高萩航太郎・持田恵一・平山隆志 オオムギの圃場生長動態の種内変異. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (10) 池田陽子・十川太輔・西浜竜一・山岡尚平・荒木 崇・河内孝之・平山隆志・大和勝幸 ゼニゴケの新規 DNA メチル化制御機構: 植物と動物の狭間で. 第 84 回日本植物学会年会, オンライン, 9 月 19-21 日, 2020.
- (11) 井藤 純・久下修平・新井駿一・佐藤奈緒・鷲見典克・服部公央亮・野村有子・赤司裕子・田中真理・最相大輔・梅崎太造・平山隆志・辻 寛之 イメージングから探るオオムギシュート頂メリステムの発生過程. 第 84 回日本植物学会年会, オンライン, 9 月 19-21 日, 2020.
- (12) 間宮章仁・大塚蔵嵩・山本荷葉子・小林健人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・杉山宗隆 植物ミトコンドリアにおける mRNA 編集とポリ A 付加の関係性について. 第 84 回日本植物学会年会, オンライン, 9 月 19-21 日, 2020.
- (13) 池田陽子 植物の進化とエピゲノム制御 (DNA メチル化を中心に). 植物科学フロンティア研究会 2020, オンライン, 10 月 18 日, 2020.
- (14) 池田陽子 植物のエピゲノム制御メカニズムとその利用に向けて. 令和 2 年度植物科学 4 拠点アライアンス交流会, オンライン, 11 月 9 日, 2020.
- (15) 池田陽子 環境によって変わる遺伝子のはたらきー「エピジェネティクス」とは?ー. 岡山大学資源植物科学研究所 オンライン (Summer) Science School, オンライン, 11 月 21 日, 2020.
- (16) 池田陽子 植物の進化と DNA メチル化制御. 埼玉大学・岡山大学若手合同シンポジウム, オンライン, 11 月 26 日, 2020.
- (17) 平山隆志 データ科学に基づく作物設計基盤技術の構築. 戦略的創造研究推進事業 CREST 研究領域「環境変動に対する植物の頑健性の解明と応用に向けた基盤技術の創出」. 第一回成果報告会「環境変動に対する頑健性のメカニズム解明に向けて」, オンライン, 12 月 2 日, 2020.

環境機能分子開発グループ (*Group of Functional Biomolecular Discovery*)

- (1) 横堀伸一・鳴海一成・時下進一・志賀靖弘・杉本 学・三田 肇・橋本博文 地球生物の宇宙生存可能性検証のための短期宇宙曝露実証実験システムの構築. 第 34 回宇宙環境利用シンポジウム, 相模, 1 月 21-22 日, 2020.

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

植物ストレス学グループ (*Group of Plant Stress Physiology*)

- (1) Konishi, N. and Ma, J. F. Role of ammonium transporters in ammonium uptake by rice roots. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020. (イネ根のアンモニウム吸収におけるアンモニウム輸送体 1 ファミリーの役割. 第 61 回日本植物生理学会年会)
- (2) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Mutation of *OsVIT2* alters iron distribution in rice. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020.
- (3) Lei, G. J., Hisano, H., Saisho, D., Yamaji, N., Sato, K. and Ma, J. F. Mechanism underlying differential expression of

-
- HvHMA3 involved in cadmium accumulation in barley. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020.
- (4) Huang, S., Yamaji, N., Xia, J. X. and Ma, J. F. Functional characterization of OsCASPI1 involved in formation of Casparian strip in rice. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020.
 - (5) Yamamoto, S., Kawai, Y., Okumura, M., You, T., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Ma, J. F. and Kinoshita, T. Plasma membrane H⁺-ATPase is required for active Si uptake in rice. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020. (イネ細胞膜 H⁺-ATPase の能動的な Si 取り込みへの関与. 第 61 回日本植物生理学会年会)
 - (6) Ding, G., Lei, G. J., Yamaji, N., Yokosho, K., Mitani-Ueno, N., Huang, S. and Ma, J. F. Identification of a transporter for preferential distribution of phosphorus in Arabidopsis. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020.
 - (7) 井上晋一郎・林 真妃・奥村将樹・後藤栄治・横正健剛・馬 建鋒・木下俊則 植物の光合成と蒸散を調節する Mg ホメオスタシス維持機構. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (8) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒 ケイ酸輸送体 Lsi2 の相同遺伝子 SIET3,4,5 の機能解析. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (9) 小西範幸・馬 建鋒 ケイ酸輸送体 Lsi1 の極性分布に関与するモチーフの同定. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (10) 上野大勢・古田富大・三宅親弘・車 景・山地直樹・馬 建鋒・岩崎貢三 イネのマンガン欠乏感受性に関与する輸送体. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (11) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒 ソバのマンガン高集積に関与する FeNramp5 の機能解析. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (12) 黄 勝・佐々木明正・山地直樹・三谷奈見季・馬 建鋒 Identification of a transporter responsible for Zn uptake in rice. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (13) 雷 貴傑・馬 建鋒 Different roles of two variants of a half-size ABC transporter in Al accumulation and detoxification of buckwheat. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (14) Supriadi, S., Chikoti, Y. F., Duangkhet, M., Chungopast, S., Tajima, S., Ma, J. F. and Nomura, M. Effect of ferritin for nitrogen fixation in *Lotus japonicas* nodule under various iron conditions. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (15) 山地直樹 レーザーアブレーション-ICP-MS による植物組織の元素イメージング. 多元素/安定同位体の定性/定量イメージング. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, シンポジウム I 植物のイメージング, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
 - (16) 山地直樹 節のミネラル分配を理解してコメの栄養価を高める. 埼玉大学・岡山大学若手合同シンポジウム, 埼玉 (オンライン), 11 月 26 日, 2020.
 - (17) 小西範幸・馬 建鋒 イネのアンモニウム吸収におけるアンモニウム輸送体 1 ファミリーの役割. 日本土壤肥料学会 関西支部講演会, 松山 (オンライン), 12 月 3 日, 2020.

植物分子生理学グループ (*Group of Plant Molecular Physiology*)

- (1) 大西亜耶・且原真木 塩ストレス初期段階でのオオムギアクアポリン HvPIP2;1 のリン酸修飾による根水透過性 (L_p) の下方制御機構. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (2) 河村敏貴・小林奈通子・グエンタンハオ・石川 亮・且原真木・田野井慶太郎・松坂弘明・熊丸敏博・センチナックヘルベ・ベリーアナリエナ・堀江智明 イネの TILLING 変異系統を用いた OsHKT1;4 Na⁺ 輸送体の塩ストレス下における生理機能の解明. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (3) 宇都木繁子・且原真木 シロイヌナズナ液胞膜型アクアポリン (AtTIPs) の水輸送活性の解析. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (4) 佐々木孝行・森 泉・有吉美智代・山本洋子 Functional analyses of ALMT malate transporters expressed in guard cells. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (5) Imran, S., Katsuhara, M. and Horie, T. Expression and Ion Transport Activity of Salt Tolerant Pokkali Rice OsHKT1;1 Variants. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (6) Tran, S. T. H., Katsuhara, M. and Horie, T. Ca²⁺-sensitive and non-selective Na⁺/K⁺ channel activity in a barley aquaporin HvPIP2;8. 第 61 回日本植物生理学会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (7) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 植物の気孔で発現するリンゴ酸輸送体の特徴. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
- (8) 土屋善幸・佐々木孝行・且原真木・山本洋子 タバコ培養細胞を用いたアルミニウム耐性における硝酸還元酵素の関わり. 日本土壤肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
- (9) 坂口文香・吉井健祐・丸山隼人・佐々木孝行・西田 翔・和崎 淳・信濃卓郎・渡部敏裕 アルミニウム集積植物

-
- Melastoma marabathricum* における MATE 遺伝子の機能解析. 日本土壌肥料学会 2020 年度岡山大会, 倉敷 (オンライン), 9 月 8-10 日, 2020.
- (10) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 気孔 ALMT チャネルの輸送制御メカニズム. 日本植物学会第 84 回大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
- (11) 柴坂三根夫・堀江智明・且原真木 PIP1 型アクアポリン水輸送機能の新しい活性化メカニズム. 日本植物学会第 84 回大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
- (12) 大西亜耶・且原真木 イネアクアポリン OsPIP2;4 の発現量と根水透過性 (L_p) の相関性. 第 52 回根研究集会, 熊本 (オンライン), 11 月 21-22 日, 2020.

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) 佐藤有希代・Shamsi Wajeeha・Jamal Atif・Bhatti Muhammad Faraz・近藤秀樹・鈴木信弘 キャプシドレス 11 分節 RNA ウイルスは宿主 *Fusarium oxysporum* 株間を伝搬する際に全てのゲノム分節を維持するか? 令和 2 年度日本植物病理学会大会, 鹿児島, 3 月 19-21 日, 2020.
- (2) 藤田美貴・林 諭希・鈴木信弘・近藤秀樹 栽培シイタケにより見出された新規フェニューイ様ウイルスについて. 令和 2 年度日本植物病理学会大会, 鹿児島, 3 月 19-21 日, 2020.
- (3) Telengech, P. K., Micheni, C. M., Hisano, S., Kondo, H., Arjona-Lopez, J. M., Lopez-Herrera, C., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Diverse partitiroviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. 令和 2 年度日本植物病理学会大会, 鹿児島, 3 月 19-21 日, 2020.
- (4) 村田佳乃子・Matteo Calassanzio・久保弘法・Atif Jamal・鈴木信弘・千葉壮太郎 糸状菌ウイルスゲノム中の新規 IRES の探索とゲノム比較. 令和 2 年度日本植物病理学会大会, 鹿児島, 3 月 19-21 日, 2020.
- (5) 佐藤有希代・Shamsi Wajeeha・Jamal Atif・Bhatti Muhammad Faraz・近藤秀樹・鈴木信弘 Hadaka virus 1: A capsidless 11-segmented (+) RNA virus from a phytopathogenic fungus. 第 35 回中国四国ウイルス研究会, 島根, 9 月 19-20 日, 2020.
- (6) 佐藤有希代・Shamsi Wajeeha・Jamal Atif・Bhatti Muhammad Faraz・近藤秀樹・鈴木信弘 糸状菌の新規キャプシドレス RNA ウイルス 2 種 (ポリマイコウイルスとハダカウイルス) の性状比較. 令和 2 年度日本植物病理学会関西西部会, 島根 (オンライン), 11 月 7-8 日, 2020.
- (7) 佐藤優貴子・生川千晶・佐藤育男・竹本大吾・鈴木信弘・千葉壮太郎 植物共生菌 *Epichloë festucae* の抗ウイルス防御機構. 令和 2 年度日本植物病理学会関西西部会, 島根 (オンライン), 11 月 7-8 日, 2020.
- (8) Neang, S., Mizutani, Y., Das, S., Kondo, H., Suzuki, N., Arakawa, M., Rattanakreetakul, C., Pongpisutta, R. and Chiba, S. Characterization of novel alphapartitviruses infecting the rice pathogen *Rhizoctonia oryzae-sativae* in Thailand. 令和 2 年度日本植物病理学会関西西部会, 島根 (オンライン), 11 月 7-8 日, 2020.
- (9) 佐藤有希代・鈴木信弘 糸状菌の新奇キャプシドレス多分節型 RNA ウイルスの存在様式. ウイルス学若手研究集会 2020, オンライン, 12 月 18-19 日, 2020.
- (10) Das, S. Proof of concept for the neo-viral lifestyle of yado-kari virus 1 being hosted by yado-nushi virus 1. ウイルス学若手研究集会 2020, オンライン, 12 月 18-19 日, 2020.

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) 網干貴子・一刀阜平・Galis Ivan・新屋友規・村山哲也 アミンを介したイネ科植物の食害応答の解析. 日本農薬学会第 45 回大会, 堺, 3 月 8-10 日, 2020.
- (2) Tohi, T., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Characterization of a novel jasmonic acid-induced amino acid-like transporter in rice. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (3) Ho, Thanh, N., Shinya, T. and Galis, I. Investigation of mechanisms of host plant selection by rice brown planthopper *Nilaparvata lugens*. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (4) Mujiono, K., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Plant response to flooding stress impairs rice defense systems against herbivores. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (5) 伊藤綾華・上村卓矢・佐野友香・星野稜介・出崎能丈・Galis Ivan・Mujiono Kadis・野澤 彰・澤崎達也・有村源一郎 食害応答における受容体型細胞内タンパク質キナーゼ PBL27 の機能解明. 第 61 回日本植物生理学会年会, 大阪, 3 月 19-21 日, 2020.
- (6) Omollo, A. E., Kajiya-Kanegae, H., Takami, T., Kondo, H., Ohnishi, N., Murage, H., Galis, I. and Sakamoto, W. Resistance to *M. sacchari* in sorghum. The 138th Meeting of the Japanese Society of Breeding, Online, October 10-11, 2020.
- (7) 瀧口麻由・木原侑香・上村卓矢・住岡裕香・山崎廉予・新屋友規・Ivan Galis・有村源一郎 ハスモンヨトウ唾液内共生菌によるシロイヌナズナ害虫抵抗性への作用メカニズムの解明. 生物環境イノベーション研究部門・第一回

公開シンポジウム, 東京, 11月12日, 2020.

- (8) Takiguchi, M., Uemura, T., Sumioka, H., Yamasaki, Y., Kihara, Y., Shinya, T., Galis, I. and Arimura, G-I. Functional characterization of symbiotic bacteria existing in the saliva of *Spodoptera litura* on defense response of Arabidopsis. 第43回分子生物学会年会, 神戸 (オンライン), 12月24日, 2020.
- (9) 佐野友香・森島実奈美・上村卓矢・伊藤綾華・星野稜介・出崎能丈・野澤彰・澤崎達也・Ivan Galis・根本圭一郎・有村源一郎 シロイヌナズナの食害エリシター応答分子 HAK を介したシグナル伝達機構の解明. 第43回分子生物学会年会, 神戸 (オンライン), 12月24日, 2020.

植物免疫デザイングループ (*Plant Immune Design Group*)

- (1) 深田史美 A small *Ustilago maydis* effector acts as a novel adhesin for hyphal aggregation in plant tumors. 糸状菌分子生物学会若手の会第8回ワークショップ, 福岡 (オンライン), 11月13日, 2020.
- (2) 河野洋治 ペア NLR 型免疫受容体 Pit1 と Pit2 の進化解析. 埼玉大学・岡山大学若手合同シンポジウム, 埼玉 (オンライン), 11月26日, 2020.

植物環境微生物学グループ (*Group of Plant Environmental Microbiology*)

- (1) 山下颯太・吉川友理・谷明生・中川智行・矢野嵩典・三井亮司 植物葉上共生細菌 *Methylobacterium extorquens* AM1 のランタノイド依存型メタノールデヒドロゲナーゼアイソザイムのレポーター遺伝子を用いた発現解析. 農芸化学会中四国支部第56回講演会, 愛媛 (オンライン), 1月25日, 2020.
- (2) 水野洗介・原田雄斗・岩本悟志・谷明生・三井亮司・島田昌也・早川享志・中川智行 *Methylobacterium* 属細菌の低栄養環境下におけるランタノイド応答の分子メカニズムの解明. 2020年度日本農芸化学会大会, 福岡, 3月24日, 2020.
- (3) 藤谷良子・谷明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A 株における Lanmodulin の機能解析. 2020年度日本農芸化学会大会, 福岡, 3月24日, 2020.
- (4) 宮本稚子・谷明生 *Methylobacterium aquaticum* strain 22A におけるランタノイドスイッチのメカニズム. 2020年度日本農芸化学会大会, 福岡, 3月24日, 2020.
- (5) Yanpirat, P. and Tani, A. Lanthanide-dependent methylotrophic pathway in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 2020年度日本農芸化学会大会, 福岡, 3月24日, 2020.
- (6) 竹内赴登・山下颯太・谷明生・中川智行・矢野嵩典・三井亮司 植物葉上共生細菌 *Methylobacterium extorquens* AM1 のランタノイド依存型メタノールデヒドロゲナーゼアイソザイム XoxF2 の解析. 農芸化学会中四国支部第57回講演会, 徳島 (オンライン), 9月17日, 2020.
- (7) 菊池志保・谷明生 *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノール走化性の分子メカニズムの解明. 岡山バイオアクティブ研究会第57回シンポジウム, 岡山 (オンライン), 10月21日, 2020.
- (8) 木代勝元・谷明生 オオムギの根圏に生息する微生物の調査. 岡山バイオアクティブ研究会第57回シンポジウム, 岡山 (オンライン), 10月21日, 2020.
- (9) 中山七海・植木尚子・佐藤あやの 赤潮原因種 *Heterosigma akashiwo* の遺伝子操作技術. 日本生物工学会西日本支部大会 (第5回講演会), 岡山, 11月14日, 2020.
- (10) 中山七海・植木尚子・佐藤あやの 赤潮原因藻類 *Heterosigma akashiwo* の遺伝子操作技術. 第43回日本分子生物学会年会, 神戸 (オンライン), 12月24日, 2020.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

ゲノム多様性グループ (*Group of Genome Diversity*)

- (1) Lei, G. J., Hisano, H., Saisho, D., Yamaji, N., Sato, K. and Ma, J. F. Mechanism underlying differential expression of HvHMA3 involved in cadmium accumulation in barley. The 61st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Osaka, March 19-21, 2020.
- (2) 持田恵一・高萩航太郎・上原由紀子・井上小楨・金谷麻加・清水みなみ・最相大輔・平山隆志 野外生育環境におけるオオムギ成長過程の多様性. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (3) 平山隆志・高萩航太郎・井上小楨・山口由紀子・金谷麻加・最相大輔・松浦恭和・岡田聡史・井藤純・池田陽子・松下康弘・辻寛之・持田恵一 圃場環境におけるオオムギ系統間の生理状態の多様性. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (4) 中山理央・Mohammad Taheb Safi・Waisuddin Ahmadzai・佐藤和広・川浦香奈子 耐塩性を示す合成コムギと在来コムギにおけるトランスクリプトームの比較解析. 日本育種学会第137回講演会, 東京, 3月28-29日, 2020.
- (5) Areej Sakkour・佐藤和広 オオムギのダイアレル交雑 F1 におけるバイオマスとゲノムワイド SNPs の解析. 日本育

-
- 種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
- (6) 久野 裕・Robert Hoffie・山根美樹・宗森広美・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギ種子休眠性遺伝子の標的ゲノム改変による発芽抑制. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
 - (7) 松島 良・久野 裕・三浦聡子・クロフツ尚子・保坂優子・藤田直子・佐藤和広 複粒型澱粉粒を産達させるオオムギ変異体の単離と解析. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
 - (8) 最相大輔・岡田聡史・井藤 純・辻 寛之・高萩航太郎・持田恵一・平山隆志 オオムギの圃場生長動態の種内変異. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
 - (9) 岡田聡史・最相大輔・井藤 純・辻 寛之・高萩航太郎・持田恵一・平山隆志 世界のオオムギコアコレクションの複数環境下での出穂期に関する遺伝解析. 日本育種学会第 137 回講演会, 東京, 3 月 28-29 日, 2020.
 - (10) 佐久間 俊・Martin Mascher・Jey Rajaraman・山地直樹・馬 建鋒・佐藤和広・小松田隆夫・Thorsten Schnurbusch なぜオオムギ属の花序の単位は三小穂なのか. 第 84 回日本植物学会大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
 - (11) 芦荊基行・森 欣順・石川 慎・Rico Gamuyao・新美陽子・保浦徳典・福田 萌・榊原 均・古田智敬・久野 裕・佐藤和広・赤木剛士・吉田 綾・辻 寛之・佐藤 豊・小嶋美紀・竹林裕美子・福島敦史・氷室泰代・小林正智・呉 健忠・アキリ 亘・永井啓祐 ACE1 と DEC1 によるイネ節間伸長の antagonistic 制御 1. 第 84 回日本植物学会大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
 - (12) 永井啓祐・森 欣順・石川 慎・Rico Gamuyao・新美陽子・保浦徳典・福田 萌・榊原 均・古田智敬・久野 裕・佐藤和広・赤木剛士・吉田 綾・辻 寛之・佐藤 豊・小嶋美紀・竹林裕美子・福島敦史・氷室泰代・小林正智・呉 健忠・アキリ 亘・芦荊基行 ACE1 と DEC1 によるイネ節間伸長の antagonistic 制御 2. 第 84 回日本植物学会大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
 - (13) 井上 博・久野 裕・松島 良・小林括平・山岡直人・西内 巧・中神弘史・八丈野 孝 病原菌侵入による宿主表皮プラスチド内デンプンの動態変化の解析. 第 84 回日本植物学会大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
 - (14) 永井啓祐・森 欣順・石川 慎・Rico Gamuyao・新美陽子・保浦徳典・福田 萌・榊原 均・古田智敬・久野 裕・佐藤和広・赤木剛士・吉田 綾・辻 寛之・佐藤 豊・小嶋美紀・竹林裕美子・福島敦史・氷室泰代・小林正智・呉 健忠・アキリ 亘・芦荊基行 イネ節間伸長の開始制御機構の解明. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (15) 中山理央・佐藤和広・山地奈美・川浦香奈子 耐塩性合成コムギにおける耐塩性関連遺伝子の探索. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (16) 松島 良・久野 裕・三浦聡子・保坂優子・追留那緒子・高橋里香・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の遺伝学的解析. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (17) 佐藤和広・石井 誠・持田恵一 オオムギ遺伝資源の出穂期年次変動を制御する遺伝要因. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (18) 聶 紀魯・村田和樹・久野 裕・安倍史高・那須田周平 パンコムギの Agrobacterium 法による形質転換能に関連するゲノム領域の探索. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (19) 岡野なつみ・後藤 稜・加藤 拓・最相大輔・加藤鎌司・三浦秀穂・谷 昌幸・大西一光 スペイン由来のスペルトコムギを用いて同定した 2A 染色体の根毛長 QTL. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (20) 最相大輔・岡田吉弘 沖縄におけるオオムギの栽培特性. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (21) 新井駿一・久下修平・佐藤奈緒・野村有子・杉村みどり・最相大輔・井藤 純・辻 寛之 野外環境下におけるオオムギシュート頂メリステムの一細胞動態解析. 日本育種学会第 138 回講演会, オンライン, 10 月 10-11 日, 2020.
 - (22) 松島 良・久野 裕・追留那緒子・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の澱粉特性評価. 第 12 回中国地域育種談話会, オンライン, 12 月 12 日, 2020.
 - (23) 佐藤和広 オオムギパンゲノム解析. 第 15 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 26 日, 2020.
 - (24) 松島 良・久野 裕・追留那緒子・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状に異常を示すオオムギ突然変異体の表現型解析. 第 15 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 26 日, 2020.
 - (25) 久野 裕・宗森広美・佐藤和広 オオムギ 2H 染色体に座乗する形質転換効率に関わる TFA3 遺伝子座の機能. 第 15 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 26 日, 2020.

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) 池田 啓 高山植物を例にした植物の適応進化機構に関する研究. 第 84 回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
- (2) 孫田佳奈・後藤栄治・池田 啓・阪口翔太・瀬戸口浩彰 ダイモンジソウにおける明暗集団間の光合成特性の分化と遺伝構造. 第 84 回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2020.
- (3) 池田 啓 分子データと GBIF データから紐解く植物の分布変遷プロセス. 第 15 回ワークショップ 21 世紀の生物多様性研究「加速する GBIF データの利活用」, 東京 (オンライン), 12 月 5 日, 2020.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

遺伝資源機能解析グループ (*Group of Genetic Resources and Functions*)

- (1) 梶原健一郎・武田 真・伊藤純一 オオムギ *MANY-NODED DWARF* 遺伝子群による葉間期制御. 日本育種学会第137回講演会, 東京, 3月29日, 2020.
- (2) 宇部尚樹・勝山由郁・假谷佳祐・手林慎一・武田 真・上野琴巳・石原 亨 オオムギにおけるフラボノイド型ファイトアレキシン. 日本農芸化学会中四国支部大会, オンライン, 9月17-18日, 2020.

統合ゲノム育種グループ (*Group of Integrated Genomic Breeding*)

- (1) 古田智敬・芦荊基行・佐藤 豊・山本敏央 アフリカ栽培イネのゲノム育種利用を目指した基盤構築. 日本育種学会第137回講演会, 東京, 3月28-29日, 2020.
- (2) 山本敏央・柏原忝成・古田智敬・小川大輔・野々上慈徳・常松浩史・米丸淳一 異なる地点でのイネ MAGIC 集団の出穂期評価で検出された遺伝子型 x 環境相互作用. 日本育種学会第138回講演会, オンライン, 10月10-11日, 2020.
- (3) 長岐清孝・山地直樹 In-house 機械学習した人工知能 (AI) による染色体画像解析の半自動化. 日本遺伝学会第92回大会, 熊本, 9月16-18日, 2020.
- (4) 古田智敬・芦荊基行・山本敏央 アフリカイネ遺伝資源を利用した育種学研究をしていたらバイオインフォマティシャンになった話. 第12回中国地域育種談話会, オンライン, 12月12日, 2020.

次世代作物共同研究コア (*Research Core for Future Crops*)

作物デザイン研究チーム (*Crop Design Research Team*)

- (1) Mochida, K., Takahagi, K., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Shimizu, M., Kanatani, A., Saisho, D., Matsushita, Y. and Hirayama T. Diversity of developmental trajectory in barley under field conditions. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (2) Hirayama T., Takahagi, K., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Saisho, D., Matsuura, T., Ito, J., Matsushita, Y., Tsuji, H. and Mochida, K. Diversity of physiological states in diverse barley accessions under field conditions. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Takagi, M., Ozawa, S. I. and Takahashi, Y. Effects of LHCA3 and LHCA7 subunit deletion on the structure and function of the photosystem I Light-harvesting complex in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (2) Hippler, M., Mosebach, L., Ozawa, S. I., Takahashi, Y. and Buchert, F. Photosynthetic Electron Transport Regulation in Microalgae. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (3) Ozawa, S. I., Gäbelein, P., Buchert, F., Mosebach, L., Hawat, S., Scholz, M., Sakamoto, W. and Hippler, M. Chemical crosslinking combined with mass spectrometric analyses revealed dynamic photosynthetic membrane protein complex interactions. 第61回日本植物生理学会年会, 大阪, 3月19-21日, 2020.
- (4) 高木理世・小澤真一郎・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナスの光化学系 I アンテナサブユニット LHCA3 及び LHCA7 の欠損による PSI-LHCI の構造への影響. 第84回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9月19-21日, 2020.
- (5) Ozawa S. I., Gäbelein, P., Buchert, F., Mosebach, L., Hawat, S., Scholz, M., Sakamoto, W. and Hippler, M. Chemical crosslinking combined with MS revealed dynamic interactions on photosynthetic machineries. 第84回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9月19-21日, 2020.
- (6) Rathod Kumar Mithun・小澤真一郎・Nellaepalli Sreedhar・黒田洋詩・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナスの集光性複合体アポタンパクの分子集合装置の生化学的解析. 第84回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9月19-21日, 2020.
- (7) 前田華希・高橋小春・植野嘉文・秋本誠志・小澤真一郎・高橋裕一郎・明賀史純・篠崎一雄・田中 歩・高林厚史・田中亮一光 化学系 II アセンブリ複合体の構成と機能. 第84回日本植物学会年会, 名古屋 (オンライン), 9月19-21日, 2020.
- (8) 小澤真一郎 光合成の光捕集の柔軟性. 埼玉大学・岡山大学若手合同シンポジウム, 埼玉大学 (オンライン), 11月26日, 2020.

研究所員が主催したシンポジウム等

(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)

共同利用・共同研究ワークショップ・第2回オオムギ資源開発セミナー 「種子成分から考えるオオムギの機能性」

日程：2020年1月15日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：久野 裕・松島 良・近藤秀樹・三谷奈見季（岡山大学・植物研）

1. β -グルカンに関する大麦育種について
杉田知彦（農研機構西日本農研センター）
2. 健康増進を目的としたもち麦摂取普及の実際
谷口啓子（美作市保健福祉部健康づくり推進課）
3. 大麦の生産現場と6次産業化への取り組み ～兵庫県福崎町の特産もち麦の例～
吉高美鈴（兵庫県福崎町役場農林振興課）
4. 植物個体内の物質輸送に着目した生産性向上へのアプローチ
荒木卓哉（愛媛大学）
5. 種子胚乳の澱粉粒の形から見たオオムギの特徴
松島 良（岡山大学・植物研）
6. オオムギの越冬性と機能性多糖フルクタン
中田 克（農研機構中央農研センター）

第3回作物イノベーション研究セミナー 「植物機能性成分研究の最前線」

日程：2020年1月28日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：久野 裕・松島 良（岡山大学・植物研）

1. イネ科バイオマスの特徴付けるリグニンの構造多様性とその形成制御
飛松裕基（京都大学）
2. 植物細胞壁ペクチン生合成と植物の陸上進出
石水 毅（立命館大学）

日本土壤肥料学会 2020年度岡山大会 シンポジウム I：植物の元素イメージング

日程：2020年9月10日

場所：オンライン

オーガナイザー：馬 建鋒（岡山大学・植物研）・山地直樹（岡山大学・植物研）・古川 純（筑波大学）

1. 植物の長距離輸送を調べるための β -線放出核種の非破壊イメージング手法
田野井慶太郎（東京大学）
2. ガンマ線イメージングを用いた植物における金属動態解析
－複数核種を対象とした同時解析を目指して－
古川 純（筑波大学）
3. ポジトロンイメージングを用いた器官間の元素輸送の解析
鈴井伸郎（量子科学技術研究開発機構・高崎量子応用研究所）
4. Visualizing Elements in Plants Using X-ray Fluorescence Microscopy (μ -XRF)
Peng Wang (Nanjing Agricultural University)

-
5. レーザーアブレーション- ICP-MS による植物組織の元素イメージング
ー多元素/安定同位体の定性/定量イメージングー
山地直樹 (岡山大学・植物研)
 6. 細胞質ホウ酸バイオセンサーの開発と利用
高野順平 (大阪府立大学)

第 84 回日本植物学会年会シンポジウム 「エピゲノムの継承と刷新～有性生殖から器官再生まで」

日程：2020 年 9 月 19 日

場所：オンライン

オーガナイザー：池内桃子 (新潟大学)・池田陽子 (岡山大学・植物研)

1. はじめに
池内桃子 (新潟大学)
2. 茎頂分裂組織の成長相転換におけるエピゲノムの動態～生殖細胞の分化の理解に向けて
肥後あすか (横浜市立大学・木原生物学研)
3. 茎頂幹細胞におけるトランスポゾンの制御機構
伊藤秀臣 (北海道大学)
4. 植物における遺伝子内トランスポゾン配列の抑制的クロマチン修飾の維持機構
佐瀬英俊 (沖縄科学技術大学院大学)
5. 裸子植物におけるエピゲノミクス：被子植物の常識は通用するのか？
中村みゆき (スウェーデン農業科学大学)
6. ゼニゴケの新規 DNA メチル化制御機構：植物と動物の狭間で
池田陽子・十川太輔・西浜竜一・山岡尚平・荒木崇・河内孝之・平山隆志・大和勝幸 (岡山大学・植物研 ほか)
7. 器官再生の鍵を握るエピゲノムの再構築
石川雅樹・青山剛士・長谷部光泰 (基礎生物学研究所, 総合研究大学院大学)
8. 器官再生における細胞リプログラミングの制御機構
池内桃子 (新潟大学)
9. まとめと展望
池田陽子 (岡山大学・植物研)

IPSR International web-Forum 2020 “Genetic resources and plant science”

October 8, 2020

Venue: IPSR, Okayama University, Japan (Online)

Organizers: Shin Taketa and Maki Katsuhara (IPSR, Okayama University)

Session 1:

Introduction “IPSR and barley”

Shin TAKETA (IPSR, Okayama University)

Keynote Lecture “The challenges of using diverse genetic resources for crop improvement”

Peter LANGRIDGE (The University of Adelaide)

Session 2:

Young participants' presentations

1. *LARGE GRAIN* encodes a putative RNA-binding protein that regulates spikelet hull length in rice
Wan-Yi CHIOU (National Chung Hsing University)
2. An intrinsically disordered protein serves as integrator of abiotic and biotic stress responses in rice
Meng-Chun LIN (Institute of Plant and Microbial Biology, Academia Sinica)
3. Plant 22nt siRNA mediated translational repression

-
- Bosheng LI (Southern University of Science and Technology)
4. Chemical biology is a toolkit for plant science and agriculture
Kai JIANG (Southern University of Science and Technology)
5. Evolutionary changes in defensive specialized metabolism in the genus *Hordeum*
Naoki UBE (Arid Land Research Center, Tottori University)
6. The influence of prenyltransferases on the development of *Marchantia polymorpha*
Lia VALEEVA (Kazan (Volga region) Federal University)
7. Establishment of Chinese yam (*Dioscorea polystachya*) as a crop plant in Europe
Janina EPPING (Institute of Plant Biology and Biotechnology, University of Münster)

令和2年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム (倉敷市大学連携講座)

日程：2020年10月17日
場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. ストップ！食糧危機 植物と水のチカラ
且原真木（岡山大学・植物研）
2. より美味しく！大きく！をめざして 植物の適応するチカラ
森泉（岡山大学・植物研）

共同利用・共同研究ワークショップ 「植物における無機元素のイメージング技術—現状と展望」

日程：2020年10月23日
場所：岡山大学資源植物科学研究所（オンライン）
オーガナイザー：馬建鋒（岡山大学・植物研）

1. 植物の長距離輸送を調べるための β -線放出核種の非破壊イメージング手法
田野井慶太郎（東京大学）
2. ガンマ線イメージングを用いた植物における金属動態解析
古川純（筑波大学）
3. ポジトロンイメージングを用いた器官間の元素輸送の解析
鈴木伸郎（量子科学技術研究開発機構・高崎量子応用研究所）
4. レーザーアブレーション-ICP-MSによる植物組織の元素イメージング
山地直樹（岡山大学・植物研）
5. 細胞質ホウ酸バイオセンサーの開発と利用
高野順平（大阪府立大学）

高校生向け (Summer) Science School

日程：2020年10月24日, 11月21日
場所：岡山大学資源植物科学研究所（オンライン）

テーマ：植物科学の世界を学んでみよう！

- 10月24日 身近な作物と植物科学
1. 光合成：これだけは知っておこう
坂本亘（岡山大学・植物研）

-
2. 植物がつくるエネルギー源「デンプン」の科学
松島 良 (岡山大学・植物研)
 3. 食欲の秋、スーパーに並ぶ新米を遺伝学的に眺めてみる
山本敏央 (岡山大学・植物研)
 4. 「ゲノム編集」作物が開く未来の農業
久野 裕 (岡山大学・植物研)

11月21日 身近な環境と植物科学

1. ウイルスと生きる：SARS-CoV-2
鈴木信弘 (岡山大学・植物研)
2. 環境によって変わる遺伝子の働きー「エピジェネティクス」とは？ー
池田陽子 (岡山大学・植物研)
3. 世界の水問題と植物の水利用の仕組み
且原真木 (岡山大学・植物研)
4. 食糧危機を救うかも!?ー植物の巧みな生存戦略から学ぶー
三谷奈見季 (岡山大学・植物研)

ウイルス学若手研究集会 2020

日程：2020年12月18-19日

場所：オンライン

オーガナイザー：鳥居志保 (大阪大学)・小嶋将平 (理化学研究所)・高橋迪子 (高知大学)
伊東潤平 (東京大学)・佐藤有希代 (岡山大学・植物研)・岩本将士 (九州大学)

1. 基調講演「コロナウイルス研究を通して考える Next ウイルス学」
神谷 亘 (群馬大学)
中川 草 (東海大学)
古瀬祐気 (京都大学)
2. 海外研究者特別講演「コロナ禍留学体験談」
巽 奏 (Strasbourg University)
津島綾子 (John Innes Centre)
森山美優 (Yale University)
大石康平 (Icahn School of Medicine at Mount Sinai)
3. 一般講演 34 演題
<https://youngvirologistnw.weebly.com/program.html>

学会賞等 (*Awards*)

植物ストレス学グループ, 黄勝 (博士後期課程3年), 岡山大学第3回金光賞, 4月1日, 2020.

植物・微生物相互作用グループ, 佐藤有希代 (日本学術振興会特別研究員 PD), American Society for Virology Postdoctoral Scholar Travel Award, Maintenance and loss of dispensable genomic segments of a polomyco-like capsidless fungal virus with an eleven-segmented RNA genome during its infection cycle, 4月14日, 2020.

野生植物グループ, 池田 啓 (准教授), 2020年度日本植物学会奨励賞, 「高山植物を例にした植物の適応進化機構に関する研究」, 9月20日, 2020.

植物・微生物相互作用グループ, Das Subha (特別契約職員 助教), 優秀発表賞, Proof of concept for the neo-viral lifestyle of yado-kari virus 1 being hosted by yado-nushi virus 1. ウィルス学若手研究集会 2020, オンライン, 12月18-19日, 2020.

共同研究リスト (共同利用・共同研究拠点事業) (List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)

国内プログラム (Domestic programs)

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
広島大学・大学院統合生命科学 研究科	特任助教	伊藤 岳	ステイグリーン形質に関与する GSC1 遺伝子の光合成機能に関する解析	Analysis of photosynthetic function of GSC1 gene involved in stay-green phenotype	坂本
広島大学・大学院統合生命科学 研究科	准教授	島田 裕士	CY01/CY02 遺伝子高発現による高収量イネ作出の試み	Breeding of high yield rice by over-expression of CY01/CY02 genes	坂本
大阪大学・大学院理学研究科	教授	高木 慎吾	ゼニゴケのオルガネラ動態、形態形成におけるアクチン結合蛋白質ピリンの役割	Roles of actin-binding protein villin in organelle behavior and morphogenesis in Marchantia polymorpha	坂本
福岡県農林業総合試験場・生産環境部バイオテクノロジーセンター	主任技師	永松 志朗	イネデンプン構造変異系統の原因遺伝子探索と特性解析	Analysis and characterization of responsible genes for starch structure mutated rice strains	松島
東京大学・大学院新領域創成科学研究科	准教授	大谷 美沙都	植物ストレス応答における snRNA キヤップ修飾制御の意義の解明	Elucidation of roles for snRNA cap modification in plant stress response	平山
岩手生物工学研究センター・園芸資源研究部	主任研究員	藤崎 恒喜	リンドウ F3'5'H 遺伝子の植物防御応答における機能解析	Functional analysis of gentian F3'5'H gene in plant defense responses	平山
京都府立大学・生命環境科学研究科	教授	板井 章浩	受粉のストレスがバラ科果樹の着果および果実肥大に及ぼす影響	The Effect of pollen-pistil interaction stress at fertilization on the fruiting and fruit growth in Rosaceae fruit species	平山
理化学研究所・バイオ生産情報研究チーム	研究員	香西 雄介	ミナトカモジグサ突然変異体リソースを用いた病害罹病性遺伝子の探索	Screening of sheath blight-susceptible gene from Brachypodium distachyon	平山
立命館大学・生命科学部生命情報学	教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナゲノム上で推定された新奇ペプチドが亜鉛恒常性維持に果たす役割の解明	Understanding roles of predicated peptides on Arabidopsis genome in zinc homeostasis	森
山口大学・大学研究推進機構	教授	真野 純一	グルタチオントランスフェラーゼは植物体内で本当は何を解毒しているのか	A quest for the endogenous substrates of glutathione transferases in plants	森
岡山大学・大学院理学研究院	准教授	赤木 剛士	植物における性の揺らぎを規定するエピソードネティックススイッチの分子機作	Mechanism for epigenetic switches regulating flexibility of the sex in plants	池田 ^剛

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
岡山理科大学・理学部生物化学科	准教授	濱田 隆宏	植物の細胞外小胞に含まれる微量ヌクレオチドの解析	Analysis of nucleotides in extracellular vesicles of plants	池田 ^陽
吉備国際大学・農学部地域創成農学科	准教授	水見 英子	コムギ新規休眠関連遺伝子の解析	Analysis of novel dormancy-related genes on wheat	力石
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	白武 勝裕	接ぎ木接着におけるホウ素とホウ素輸送体の役割	The role of boron and boron transporter in grafting	馬
神戸大学・大学院農学研究科	准教授	石川 亮	イネの種子における稔性と亜鉛濃度の関係性	Balancing grain zinc concentration and fertility in rice, <i>Oryza sativa</i> L.	馬
高知大学・農林海洋科学部	准教授	上野 大勢	イネのマンガン欠乏耐性に関わる輸送体遺伝子の解析	Analysis of transporter genes for Mn deficiency tolerance in rice	馬・山地
香川大学・農学部	教授	野村 美加	ミヤコサ根粒における光誘導あるいは光抑制転写因子の局在解析	Cellular localization of light-inducible and light-suppressed transcription factors in <i>Lotus japonicus</i>	馬・山地
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	助教	國枝 正	金属ストレス耐性における種子ムシレージの機能解析	Study on role of seed coat mucilage in metal stress tolerance	馬・横正
筑波大学・生命環境系	准教授	古川 純	モデル樹木ポプラにおけるカリウム輸送体の局在解析	Localization analysis of potassium transporters in model tree poplar	山地・馬
東京大学・大学院農学生命科学研究科	助教	杉田 亮平	シロイヌナズナの根におけるNa ⁺ 排出メカニズムの解析	The mechanism of sodium efflux in <i>Arabidopsis</i> root	山地
九州大学・大学院農学研究院	准教授	丸山 明子	硫黄不足に応じた地上部リン酸増加の分子機構と生理的意義	Molecular mechanism and physiological role of the increased phosphate accumulation in plant shoots responding to sulfur deficiency	三谷・山地・馬
鳥取大学・農学部	助教	佐久間 俊	環境に適応する穂形質の分子遺伝機構の解明	Elucidating molecular genetic mechanism of inflorescence traits adapted to environments	横正
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	特別研究員	安田 盛貴	植物免疫における細胞膜アクアポリンのリン酸化活性調節機構の解析	Functional analysis of <i>Arabidopsis</i> plasma membrane aquaporin phosphorylation in plant immunity	且原
信州大学・繊維学部応用生物科学科附属農場	准教授	堀江 智明	新しいNa ⁺ およびCl ⁻ 透過性チャネル/輸送体の塩耐性機構における役割の解明	Elucidation of the roles of novel channel/transporters permeable to Na ⁺ and Cl ⁻ in the mechanism of salt tolerance	且原

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名(英語名)	受入教員名
帝京大学・理工学部バイオサイエンス学科	博士研究員	佐藤 良介	サボテンの全アクアポリンにおける水輸送活性の解析	Analysis of water permeability of all aquaporins in cactus	且原
北海道大学・大学院農学研究院	助教	丸山 隼人	植物の酸性土壌耐性に関わるトランスポーターの分子機構の解析	Analysis of molecular mechanism of transporters involved in acid soil tolerance of plants	佐々木
岡山大学・大学院環境生命科学研究所	助教	宗正 晋太郎	イオンチャネル・トランスポーターを利用した環境ストレス耐性作物作出技術の開発	Using ion channels and transporters to engineer crop stress resistance	佐々木・森
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	ユニット長	中村 信吾	種子休眠制御に関わる MFT 遺伝子の機能解析	Functional analysis of MFT gene involved in seed dormancy regulation	宇都木
福井大学・学術研究院医学系部門	助教	本田 信治	モデル糸状菌アカパンカビを利用した植物病原糸状菌とウィルスの相互作用の研究	Study of fungal plant pathogen/virus interactions in the model filamentous fungi <i>Neurospora crassa</i>	鈴木
東北大学・大学院農学研究所	助教	宮下 脩平	RNA ウィルスをを用いた <i>Verticillium</i> 属菌の病原性制御	Use of RNA viruses to control the pathogenicity of <i>Verticillium</i> sp.	鈴木
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	千葉 壮太郎	ヴァイロコントロール因子(菌類ウィルス)の宿主糸状菌感染機構	Mechanism underlying infection of virocontrol factors (mycoviruses) to host filamentous fungi	鈴木
東京家政大学・家政学部環境教育学科	教授	藤森 文啓	食品生産に用いられる有用菌類のウィルス叢の解析	Virome analysis of the useful fungi for the food industry	近藤
岐阜大学・応用生物科学部	教授	中川 智行	植物共生細菌のランタノイドに対する生理的応答と植物生育促進技術への応用	Physiological response of plant symbiotic bacteria to Lanthanides, and its application to plant growth promotion technology	谷
京都大学・大学院農学研究所	准教授	由里本 博也	環境保全型農業での活用を目指した C1 細菌-植物共生系の共生原理説明	Elucidation of principles of C1-microbe-plant interactions applicable for environmental conservation agriculture	谷
山形大学・農学部	准教授	網干 貴子	アミンを介したイネ科植物の食害応答の解析	Amine-mediated regulation of responses to herbivory in <i>Poaceae</i>	ガリス
立命館大学・立命館グローバルイノベーション研究機構	助教	木村 幸恵	植物の免疫応答に寄与する糖トランスポーターの活性制御機構の解明	Understanding the regulatory mechanisms for sugar transporters in plant immunity	ガリス
東京理科大学・基礎工学部	助教	出崎 能丈	植物の害虫抵抗性シグナル伝達機構の解析	Characterization of herbivore-derived elicitor signaling system	新屋

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
横浜市立大学・木原生物学研究所	准教授	川浦 香奈子	ムギ類の耐塩性に関わる候補遺伝子の同定	Identification of genes related to salt-stress tolerance in Triticeae	佐藤
神戸大学・大学院農学研究科	教授	上佐 幸雄	オオムギのいもち病抵抗性遺伝子座 Rmo2 の進化過程の解析	Analyses of evolutionary processes of the Rmo2 locus conditioning resistance of barley to Pyricularia oryzae	佐藤・久野
福岡県農林業総合試験場・農産部 麦類育種チーム	主任技師	轟 貴智	傾斜場施設を用いたオオムギ耐湿害耐性評価法の最適化	Optimization of the barley waterlogging tolerance evaluation method using sloping field facility	最相
横浜市立大学・木原生物学研究所	准教授	辻 寛之	オオムギの蛍光レポーター系統のイメージング解析	Imaging of transgenic reporter lines of barley	久野
愛媛大学・大学院農学研究科	准教授	八丈野 孝	ムギ類うどんこ病菌感染と宿主細胞内カルシウムシグナルの時間解析	Spatiotemporal analysis of calcium signals in host cells infected by barley powdery mildew fungus	久野・松島
信州大学・理学部	准教授	高梨 功次郎	葉緑体ゲノムと共生根粒菌ゲノムから見たマメ科高山植物イワオウギの日本への移動分散	Analysis of migration route of a Japanese alpine legume, Hedyarum vicoides, using both chloroplast genome and its symbiont genome	池田 ^啓
熊本大学・大学院先端科学研究部	准教授	藤井 紀行	大陸系遺存植物の遺伝資源としての多様性の解析	Genetic diversity of plant species representing the continental-grassland relicts	池田 ^啓
京都大学・大学院地球環境学学	教授	瀬戸口 浩彰	林床植物の強光と弱光下における光合成特性と機能適応の解析	Analyses of photosynthetic ability and adaptation to light-environment of understory plants under strong and weak light conditions	池田 ^啓
東邦大学・理学部生物学科	講師	下野 綾子	グリホサート抵抗性オオホナガアオゲイトウの由来を探る	Origin of glyphosate-resistant Amaranthus palmeri in Japan	山下
名古屋大学・生物機能開発利用 研究センター	教授	芦苺 基行	アフリカ栽培イネ Oryza glaberrima における節間伸長性の分子メカニズム解明	Elucidating stem elongation mechanism in African rice Oryza glaberrima.	山本・古田
北海道大学・大学院農学研究院	教授	貴島 祐治	イネの倍体化に関する遺伝・育種学的研究	Genetic study on the polyploidy in rice	山本・古田
神戸大学・大学院農学研究科	准教授	吉田 健太郎	合成倍数体コムギ染色体のクロマチン構造とエピジェネティックス修飾の解析	Structural and epigenetic modification of wheat chromosomes in synthetic hexaploid lines	長岐
東京都立大学・理学研究科	教授	岡本 龍史	異質倍数性受精卵の発生過程における染色体動態	Dynamics of chromosome during development of allopolyploid zygote	長岐

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
宮城大学・食産業学群	講師	鳥羽 大陽	作物の葉プロポーション制御に向けた遺伝資源利用と分子基盤解明	Improvement of crop leaf proportion by using genetic resources	古田
農業・食品産業技術総合研究機構・生物機能利用研究部門	任期付研究員	黒羽 剛	アフリカイネ及び野生イネの花形態における遺伝的多様性の解析	Genetic diversity analysis of floral traits in African and wild rice.	古田

国際サポート (受け入れ型) (International support, Invitation type)

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Germany	Group Leader	Dragan Perovic	オオムギ 5H 染色体に座乗する大麦萎縮病抵抗性遺伝子のドイツ連邦国と日本間の比較解析	Comparative analyses of barley yellow mosaic virus (BaYMV) resistance genes on chromosomes 5H between Germany and Japan	武田
Hawassa University, School of Plant and Horticulture Science, Ethiopia	Assistant Professor	Hewan Demissie Degu	エチオピアにおけるストレス耐性オオムギの開発	Development of stress tolerant barley germplasm in Ethiopia	佐藤
Swiss Federal Research Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Switzerland	Group Leader	Daniel Rigling	クリ胸枯病菌感染に感染したウイルスのクマリ樹体内挙動の解析	In-tree behavior of diverse viruses harbored in the chestnut blight fungus	鈴木
Centre National de la Recherche Scientifique, Laboratoire de Biochimie et Physiologie Moléculaire des Plante, France	Group Leader	Catherine Curie	シロイヌナズナのマンガン輸送体 Nramp1 の細胞局在	Cellular localization of manganese transporter Nramp1 in Arabidopsis	馬

国際サポート (派遣型) (International support, Overseas travel type)

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
Inner Mongolia University, School of Life Science, China	Professor	Lingang Zhang	環境ストレス下において葉緑体の膜機能維持に重要である VIPP1 タンパク質の解析	Studies on VIPP1, the chloroplast membrane-remodeling protein under abiotic stresses	大西
Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden	Associate Professor	Ramesh Raju Vetukuri	イネサイトカイン RALF7 が転写レベルで制御するシグナル伝達経路の解明	Elucidation of signaling pathways regulated by the rice cytokine RALF7 at the transcriptional level	深田

拠点事業以外の共同研究（国内）
 (List of Collaborations besides the Joint Usage/Research Center (Domestic))

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
岡山大学・異分野基礎科学研究所	高橋 裕一郎・教授	チラコイド膜リン酸化タンパク質の解析	シロイヌナズナ・クラミドモナス等のチラコイド膜タンパク質リン酸化を質量分析により解析する	坂本 亘
東京大学・先端科学技術研究センター	石北 央・教授, 斎藤 圭亮・助教	D1 タンパク質酸化修飾のモデル構造解析	光阻害における D1 の酸化修飾による光化学系 II の安定性を構造モデルにより検討する	坂本 亘
東京大学・農学生命科学研究科	堤 伸浩・教授	ソルガム有用形質 QTL の解析	たかきび由来 RIL を用いた有用形質 QTL の検出とゲノム解析による遺伝子同定	坂本 亘
広島大学・理学研究科	草場 信・教授	イネ DPD1 変異体の解析	CRISPR-CAS9 を用いたイネへの変異導入法による DPD1 ヌクレアーゼ欠失変異体の作出と解析	坂本 亘
東京大学・農学生命科学研究科	藤原 徹・教授	ソルガムの木質化とバイオコロールの開発利用	ソルガムのネットワーク解析による木質化とペレックト作成に関する共同研究	坂本 亘
秋田県立大学大学院・生物資源科学研究科	藤田 直子・教授	澱粉粒の形状に異常を示す突然変異体の解析	双方が独自に単離したデンプン粒の形状に異常を示すイネの突然変異体の解析を行っている。澱粉物性の測定ならびに顕微鏡観察を分担して行っている	松島 良
農研機構・次世代作物開発研究センター	西村 宣之・主任研究員	発芽制御機能の解明	発芽制御に関わる制御機構の解明を目指す研究	平山 隆志
東京大学・理学系研究科	杉山 宗隆・准教授	側根形成に関わるミトコンドリア RNA プロセッシング因子の解析	側根形成に関わるミトコンドリア RNA プロセッシング因子の解析	平山 隆志
理化学研究所・環境資源科学研究センター	持田 恵一・チームリーダー	ゲノム科学に基づく作物設計基盤技術の構築	圃場オオムギの生長動態モデル構築	平山 隆志
理化学研究所・環境資源科学研究センター	持田 恵一・チームリーダー	植物短鎖機能性ペプチド遺伝子の探索・解析基盤の開発	機械学習モデル構築	平山 隆志
横浜市立大学・植物遺伝資源部門	辻 寛之・准教授	ゲノム科学に基づく作物設計基盤技術の構築	圃場オオムギの生長動態解析	平山 隆志
名古屋工業大学・情報工学教育類メディア情報分野	梅崎 太造・教授	ゲノム科学に基づく作物設計基盤技術の構築	圃場植物の画像解析手法の開発	平山 隆志

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
理化学研究所・環境資源科学研究センター	高橋 史憲・研究員	短鎖ペプチド機能解析	短鎖ペプチド機能解析	平山 隆志
理化学研究所・岩崎RNAシステム生化学研究室	岩崎 信太郎・主任研究員	短鎖ペプチド遺伝子の探索	ribo-seq, RNAseq により新規短鎖ペプチド遺伝子の同定	平山 隆志
岡山大学・自然科学研究科	林 靖彦・教授	CNT 生体ナノセンサーの開発	CNT を用いた生体物質認識ナノセンサーを開発	平山 隆志
高知大学, 株式会社林原	西村 安代・准教授, その他	ナス科作物へのトレハロースの影響に関する研究	トレハロースによるナス科の短花柱花の割合の抑制の機構を解明する	平山 隆志・森 泉
宮崎大学・植物生産環境科学科	稲葉 丈人・准教授	合成生物学的手法を用いた高効率 CO ₂ 流入経路の構築とそれに基づく光合成能の改良	合成生物学的手法を用い, 高効率 CO ₂ 流入経路を構築することにより光合成能を改良した植物を作出する	森 泉
岡山大学・大学院自然科学研究科	村田 芳行・教授, 宗正 晋太郎・助教	気孔の環境応答に関する研究	サリチル酸, イソチオシアネート, 光, アブジシン酸, ジャヤモモン酸による気孔閉口に関する信号伝達機構を解明する	森 泉
岡山大学・大学院環境生命科学研究科	平井 儀彦・准教授, 村田 芳行・教授	イネのカドミウム吸収に関する研究	イネのアポプラステックバイパスフローによるカドミウムの導管負荷現象を解析する	森 泉
山口大学・大学研究推進機構	真野 純一・教授	過酸化脂質ストレス応答に関する研究	過酸化脂質ストレスに応答した側根形成における植物ホルモンの役割を解析する。	森 泉
京都大学・大学院生命科学研究所	河内 孝之・教授, 西浜 竜一・准教授, 山岡 尚平・准教授	ゼニゴケにおける遺伝子発現調節制御に関する研究	ゼニゴケにおける DNA メチル化制御やミトコンドリアポロリ A 阻制御機構についてゲノム編集による変異体を作成し解析する	池田 陽子・平山 隆志
近畿大学・生物工学科	大和 勝幸・教授	ゼニゴケにおける遺伝子発現調節制御に関する研究	同上	池田 陽子・平山 隆志
京都府立大学・生命環境科学研究科	武田 征士・准教授, 大島 一正・准教授, 佐藤 雅彦・准教授	ゴール (虫こぶ) 形成機構に関する研究	ゴール (虫こぶ) 形成に関わる植物ホルモンを同定する	池田 陽子
基礎生物学研究所・進化多様性生物学領域	星野 敦・助教	作物におけるエビゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づき DNA メチル化の書換え技術を開発する	池田 陽子

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
長岡技術科学大学大学院・工学(系)研究科	西村 泰介・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づくDNAメチル化の書換え技術を開発する	池田 陽子
愛媛大学・大学院農学研究科	賀屋 秀隆・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	同上	池田 陽子
東京薬科大学・生命科学学部	横堀 伸一・准教授	地球生物の宇宙生存可能性検証のための短期宇宙曝露実験システムの構築	短期宇宙曝露実験システムの構築と「非」極限環境生物の宇宙曝露における生存に関する解析	杉本 学
広島大学・統合生命科学部	鈴木 克周・教授	ムギ類由来のアグロバクテリア内生菌による穀類植物の形質転換	アグロバクテリア内生菌を利用した穀類植物の形質転換効率の向上を目指す	力石 和英
東京大学・農学生命科学研究科	吉田 薫・教授	種子フェニチン酸の解析	イネ種子中のフェニチン酸の測定	馬 建鋒
神戸大学・大学院理学研究科	三村 徹郎・教授	植物のリン酸輸体の研究	シヤクモ節間細胞から単離した細胞膜リン酸輸送体の遺伝子を、アフリカツメガエル未受精卵に入れ、その共役輸送イオンの同定を行った	且原 真木
北川科学総合研究所	北川 良親・代表社員	低分子化合物輸送性アクアポリンの研究	アフリカツメガエル卵母細胞を使ってアクアポリンの低分子化合物に対する輸送活性を調べる	且原 真木
東京工科大学・応用生物学部	多田 雄一・教授	耐塩性雑草 <i>Sporobolus virginicus</i> の耐塩性の解析	耐塩性シバ(ソナシバ)の耐塩性に関わる輸送体HKTの解析	且原 真木
広島大学・大学院生物圏科学研究科	和崎 淳・教授	低リン耐性植物の耐性メカニズムの解析	低リン耐性植物の輸送体特性の解析	佐々木 孝行
農研機構・次世代作物開発研究センター	中村 信吾・ユニット長	種子休眠遺伝子 <i>MFT</i> の機能解析	種子休眠性の自然変異の主要な原因遺伝子の一つである <i>MFT</i> 遺伝子の働きを解析する	宇都木 繁子
神戸大学・大学院農学研究科	中屋 敷均・教授	イネいもち病菌のRNAサイレンシング	イネいもち病菌にはAGOタンパク質が3つあるが、その中の一つAGO2の機能解析を進める	鈴木 信弘
岐阜大学・科学研究基盤センター	須賀 晴久・准教授	エチオピア産 <i>Fusarium</i> 属菌の解析	エチオピア産 <i>Fusarium</i> spp. に感染しているウイルスの宿主菌への影響の解明	鈴木 信弘
NARO 果樹茶業研究部門・リンゴ研究領域	八重 輝元・研究員	白紋羽病菌のRNAサイレンシング	パルティティウイルスに対するRNAサイレンシング機構の解明	鈴木 信弘

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
NARO 果樹茶業研究部門・リンゴ研究領域	兼松 聡子・室長	白紋羽病菌のウイルスの探索	日本産白紋羽病菌のウイルスの性格付け	鈴木 信弘
大阪大学・タンパク質研究所	宮崎 直幸・助教	メガビルナウイルスの構造解析	メガビルナウイルスのクライオ電子顕微鏡観察による構造解析	鈴木 信弘
京都大学・ウイルス研究所	朝長 啓造・教授	内在化ウイルスの機能解析	真核生物の核内在化ウイルスの機能解析	鈴木 信弘
名古屋大学・大学院生命農学研究科	千葉 壮太郎・准教授	生物ゲノムに存在するウイルス化石の解析	新規植物・昆虫アルファ様ウイルスの昆虫ゲノムへの内在化イベントの探索	近藤 秀樹
東京家政大学・家政学部	藤森 文啓・教授	菌類ウイルスハンテイング	有用糸状菌類のウイルスを探索、新規ウイルスについてはその特徴付けを行っている	近藤 秀樹
埼玉大学・理工学研究科	小竹 敬久・教授	植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析	クサシロキヨトウ食害認識に関わるイネ細胞壁由来エリシターを解析する	Galis Ivan・新屋 友規
信州大学・繊維学部	秋山 佳丈・准教授	植食性昆虫の蛹室作りの解析	植食性昆虫の植物素材接着剤を使った蛹室作りの解析と3次元造形への応用	新屋 友規・Galis Ivan
大阪府立大学・理学系研究科	森 英樹・准教授	植食性昆虫の蛹室作りの解析	植食性昆虫の植物素材接着剤を使った蛹室作りの解析と3次元造形への応用	新屋 友規・Galis Ivan
京都大学・農学研究科	寺内 良平・教授	いもち病菌エフェクター-Avr-Pitの同定	バイオインフォマテイクス技術を用いた、いもち病菌エフェクター-Avr-Pitの同定	河野 洋治
九州工業大学・情報工学部	花田 耕介・准教授	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	バイオインフォマテイクス技術を用いた、植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの同定	河野 洋治
立命館大学・生命科学部	深尾 陽一朗・教授	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	質量分析を用いた、植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの同定	河野 洋治
岡山理科大学・理学部	三井 亮司・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存性メタノール代謝	モデル細菌を用いたメタノール資化経路に関わる酵素のランタノイド依存性に関する研究	谷 明生
北海道大学・農学研究科	佐藤 昌直・助教	植物プラントン ヘテロシグマの発現遺伝子配列の網羅的解析	ヘテロシグマのトランスクリプトーム解析により、発現遺伝子配列のデータベース作成を行っている	植木 尚子
神戸大学・農学部	宅見 薫雄・教授	オオムギ RNA-Seq 法のコムギ解析への応用	コムギの遺伝子配列取得にオオムギで確立した RNA-Seq 解析法を応用する	佐藤 和広

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
京都大学・農学部	富永達・教授	チガヤのRNA-Seq法によるマーカー作成	チガヤの分子マーカー開発による生態型解析への応用	佐藤和広
農研機構・次世代作物開発研究センター	小松田隆夫・主席研究員	オオムギ有用形質遺伝子の単離	オオムギの病害抵抗性等遺伝子の単離と機能説明	佐藤和広
神戸大学・農学部	宅見薫雄・教授	形質転換オオムギを用いた環境適応性に関する研究	コムギ細胞外排出シグナルと乾燥誘導性プロモーターを導入したオオムギの解析	久野裕・佐藤和広
名古屋大学・農学部	芦荻基行・教授，永井啓祐・助教	ジベレリン関連遺伝子の機能解析	ジベレリン関連遺伝子をオオムギに導入し、表現型を解析する	久野裕・佐藤和広
京都大学・農学部	岩上哲史・助教	オオムギにおける除草剤成分に対する応答	除草剤の成分に応答する遺伝子を機能低下させたオオムギの作出	久野裕・佐藤和広
名古屋大学トランスオーム・バイオテクノロジー研究所・JSTさきがけ	戸田陽介・特任助教	画像定量技術による植物フェノタイプング	深層学習を使ったオオムギ種子形態の表現型解析	最相大輔
東京大学・農学部	高梨秀樹・助教	オオムギの形態形成に関わる遺伝子の機能解析	ソルガムで見いだされた花器の形態形成に関わる遺伝子の機能解析	久野裕・坂本亘
京都大学・農学部	吉川貴徳・助教	オオムギの形態形成に関わる遺伝子の機能解析	オオムギの穂の形態形成に関わる遺伝子機能の解析	久野裕・武田真
愛媛大学・農学部	八丈野孝・准教授	形質転換オオムギを用いたうどんこ病抵抗性に関する研究	オオムギの形質転換体を用いて、うどんこ病菌の感染時の生理現象について調査している	久野裕・松島良・近藤秀樹・三谷奈見季
岡山大学・農学部	能年義輝・准教授	オオムギと紋枯病菌の感染生理学的研究	オオムギ遺伝資源を用いて、紋枯病菌に対する抵抗性の評価を行っている	久野裕・松島良・近藤秀樹・三谷奈見季
東京農工大学・グローバルイノベーション研究院	笠原博幸・教授	高温障害耐性オオムギの作出	高温障害による不稔を克服するためのオオムギ形質転換体を作成している	久野裕・松島良・近藤秀樹・三谷奈見季
信州大学・繊維学部	堀江智明・准教授	気候変動に伴う土壌劣化に対応する穀類耐性品種開発	オオムギ遺伝資源を用いた耐塩性機構の理解と新規耐塩性遺伝資源探索を実施している	最相大輔・且原真木

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
農研機構・次世代作物 開発研究センター	米丸 淳一・ ユニット長	限られた育種母本から高能率に遺伝的多様 性を生み出す多系交雑育種システムの開発	自殖性作物において表現型選抜効率に優れた高能率 のゲノム選抜育種技術を構築する	山本 敏央・古田 智敬
北海道大学・大学院農 学研究大学院	貴島 祐治・教授	イネ小胞子に潜在する個体分化能と倍数化 能を活用した育種基盤の新構築	アジアイネとアフリカイネの4倍体がなぜ雑種不稔 性を回避できたのか倍数化能と関連させて探る	山本 敏央・長岐 清孝
北海道大学・大学院農 学研究大学院	貴島 祐治・教授	四倍体飼料用イネの開発事業	薬培養技術を利用してバイオオマス（作物資源量）が 大きく成長が旺盛な四倍体飼料用イネを育成する	山本 敏央
九州大学・大学院農学 研究院	吉村 淳・特任教授	ミヤンマーにおけるイネゲノム育種システ ム強化	ミヤンマーにおいてイネゲノム育種を実施する基盤 を構築する	古田 智敬
岡山県生物科学研究所	鳴坂 義弘・ グループ長	月桃の遺伝学的解析	月桃のゲノム情報を整備し、その倍数性、ゲノムサ イズなどを明らかにする	長岐 清孝

拠点事業以外の共同研究（国際）

(List of Collaborations besides the Joint Usage/Research Center (International))

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology, Chinese Academy of Sciences	Chanhong Kim, Principal Investigator	Characterization of photodamaged D1 in the Photosystem II repair cycle	Specific oxidation of amino acid residues in D1 protein is being characterized by mass spectrometry	坂本 亘
Kenya	International Livestock Research Institute	Josiah Musembi Mutuku, Researcher	Development of bio-pellets using sorghum	Establishment of collaborative platform for sorghum field tests in Kakamega, Kenya	坂本 亘
China	Inner Mongolia University of Science and Technology	Lingang Zhang, Professor	Characterization of GTPase activity in VIPP1 protein	GTP-hydrolysis activity detected in VIPP1 protein in vitro is being characterized	坂本 亘
France	Institute de Biologie Physico-Chimique, CNRS	Cathrine de Vitry, Senior Researcher	Influence of FtsH in oxidatadae D1 protein in <i>Chlamydomonas</i>	Degradation of D1 reaction center protein is being characterized in <i>Chlamydomonas ffsH</i> mutant	坂本 亘
Spain	Plant Biotechnology and Genomics Centre	Jose A. Jarillo, Professor	新規環境応答制御因子の機能解析	新規環境応答制御因子の機能を明らかにする	平山 隆志
USA	University of California, Riverside	Juan Pablo Giraldo, Assistant Professor	CNT を用いた生体センサー開発研究	CNT 生体センサーの野外での利用方法構築	平山 隆志
China	Sun Yat Sen University	Yin Ye, Lecturer	孔辺細胞におけるアブシシン酸受容体の多様性に関する研究	アブシシン酸が気孔開口に及ぼす影響について分枝遺伝学的に解析している	森 泉
France	Atomic Energy and Alternative Energies Commission	Nathalie Leonhardt, Scientist	Studies on the effect of air pollutants on plants	Molecular biological analysis of the impact of sulfur dioxide on stomatal behavior	森 泉
France	Universite Clermont Auvergne, CNRS	Olivier Mathieu, Principal Investigator	Analysis of gene silencing mechanism	Functional analysis of gene silencing mutant in Arabidopsis	池田 陽子
USA	The University of Texas at Austin	Z. Jeffrey Chen, Professor	Employment of single cell RNA-seq analysis	Revealing the relationship between polyploidy and transcriptome changes using single cell RNA-seq	池田 陽子
Russia	Institute of Biomedical Problems, Russian Academy of Science	Vladimir Sychev, Vice President	Effect of space environment on plant viability and adaptation	Barley seeds exposed to outer space were examined for seed germination and gene expression	杉本 学

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Russia	Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan Federal University	Rushan Sabirov, Professor	Function of genes and proteins in plants produced under extreme environment	Genes expressed in <i>Brachypodium</i> under UV irradiation were identified to examined function	杉本 学
China	中国南京農業大学	Fangjie Zhao, Professor	イネ重金属集積に関する研究	イネカドミウムやヒ素の集積に関与する遺伝子の同定	馬 建鋒
China	中国科学院南京土壤研究所	Renfang Shen, Professor	植物アルミニウム耐性機構の研究	イネを中心に植物のアルミニウム耐性に関する生理、分子生物学的研究	馬 建鋒
China	福建農林大学	Zhichang Chen, Professor	イネマグネシウム輸送に関する研究	イネのマグネシウム輸送体の同定と機能解析	馬 建鋒
England	University of Nottingham	David Salt, Professor	イネ根系に関する研究	根の形態と養分吸収に及ぼす影響に関する研究	馬 建鋒
Switzerland	Institute of Agricultural Sciences, ETH Zurich	Matthias Wiggerhauser, Researcher	カドミウムの輸送経路に関する研究	同位元素比を用いてカドミウムの輸送経路を明らかにする	馬 建鋒
France	Centre National de la Recherche Scientifique	Catherine Curie, Professor	マンガン輸送体の機能解析	マンガン輸送体の AtNramp1 の細胞局在に関する研究	馬 建鋒
Australia	Australian National University	Caitlin S. Byrt, ARC Future Fellow	Boosting barley and rice stress tolerance in Australia and Japan	Studies on ion permeable aquaporins in barley and rice to improve crop stress tolerance	且原 真木
USA	Center for Plant Science Innovation, University of Nebraska Lincoln	Toshihiro Obata, Assistant Professor	Metabolome analysis in tomato fruit which suppressed or over-expressed <i>SI/ALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SI/ALMT</i> genes	佐々木 孝行
USA	Plant Biology and Pathology, Rutgers University	Bradley I. Hillman, Professor	Characterization of mitoviruses infecting the chestnut blight fungus	Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus	鈴木 信弘
UK	Faculty of Natural Sciences, Imperial College London	Ioly Kotta-Loizou, Assistant Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal and plant chrysovirus	鈴木 信弘
Spain	Centro Nacional Biotecnología/CSIC	José R. Castón, Professor	Quadrivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of Rosellinia necatrix quadriviruses	鈴木 信弘

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Spain	Instituto de Agricultura Sostenible C.S.I.C.	Carlos José López Herrera, Researcher	Utilization of fungal viruses as biocontrol of the white root rot disease	Search for fungal viruses with potential as biocontrol agents against white root rot in avocado	鈴木 信弘
Finland	Natural Resources Institute Finland (Luke), Forest health and biodiversity	Eeva Vainio, Researcher	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal partitiviruses	鈴木 信弘
China	College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University	Jiatao Xie, Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal megabirnavirus	鈴木 信弘
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Daniel Rigling, Group Leader	Virocontrol of chestnut blight	Examination of various viruses for their biocontrol potential	鈴木 信弘
Philippines	International Rice Research Institute	Ana Eusebio-Cope, Program Manager	Characterization of viruses infecting rice-associated fungi	Virus hunting of rice blight fungal isolates and their characterization	鈴木 信弘
Bangladesh	Plant Pathology Division, Bangladesh Agricultural Research Institute	Md. Iqbal Faruk, Senior Scientific Officer	Characterization of viruses soil-inhabitant fungi	Molecular haracterization of viruses isolated from Bangladeshi isolates of plant pathogenic soil-inhabitant fungi	鈴木 信弘
Pakistan	Crop Diseases Research Institute (CDRI), National Agricultural Research Centre (NARC)	Atif Jamal, Senior Scientific Officer	Characterization of megabirnaviruses	Identification of internal ribosomal entry sites in fungal megabirnaviruses	鈴木 信弘
Pakistan	Atta-ur-Rahman School of Applied Biosciences (ASAB), National University of Sciences and Technology	Muhammad Faraz Bhatti, Professor	Characterization of fungal viruses	Molecular and biological characterization of a novel botybirnavirus identified from a Pakistani isolate of Alternaria alternata	鈴木 信弘

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	Northwest A&F University	Liyang Sun, Professor	Synergistic interactions between fungal and plant virus	We are investigating two-way facilitative interactions between the plant and fungal viruses that promote cross-kingdom virus infections	近藤 秀樹
Australia	University of Queensland	Ralf Dietzgen, Associated Professor	Study of the diversity and epidemiology of plant rhabdoviruses	Phylogenetic analyses of plant rhabdoviruses based on the L (RdRp) proteins	近藤 秀樹
China	Qingdao Agricultural University	Ida Bagus Andika, Professor	Cross-kingdom virus transmission	Studies on cross-kingdom virus infections of plant, insect and fungal viruses	近藤 秀樹
Australia	University of Queensland	Peter Walker, Professor	Taxonomy of <i>Rhabdoviridae</i>	Study Group for the family <i>Rhabdoviridae</i> in the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV)	近藤 秀樹
China	Fujian Agriculture and Forestry University	Renyi Liu, Professor	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	バイオインフォマテイクス技術を用いた, 植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの同定	河野 洋治
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology	Heng Zhang, Principal Investigator	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	次世代シーケンサーを用いた, 植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの同定	河野 洋治
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology	Pengcheng Wang, Principal Investigator	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	質量分析器を用いた, 植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの同定	河野 洋治
USA	University of Arizona	Rod A. Wing, Professor	ペア NLR タンパク質の機能解析	ゲノム情報を用いた, ペア NLR タンパク質の機能解析	河野 洋治
China	South China Agricultural University	Letian Chen, Professor	解糖系酵素 GAPC1 を介したヒストンアセチル化の制御機構	解糖系酵素 GAPC1 を介したヒストンアセチル化の制御機構の解析	河野 洋治
Turkey	Mugla Sıtkı Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylotrophs	Isolation of halotolerant C1-compound utilizing bacteria from mangrove forest trees	谷 明生
Chile	Los Lagos University	Gonzalo Gajardo, Professor	Isolation and characterization of marine microbe that affect algal bloom dynamics	Marine bacteria that promote or terminate algal bloom are being isolated and their effect on algal growth is being characterized	植木 尚子
Germany	IPK	Nils Stein, Professor	Barley pan-genome project	De novo assembly of principal barley haplotypes	佐藤 和広
Germany	IPK	Nils Stein, Professor	Sequencing analysis of barley genetic resources	Partial sequencing analysis of barley accessions in genebanks	佐藤 和広

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
U.K.	The Sainsbury Institute	Matthew Moscou, Doctor	Cloning of barley disease resistance genes	Isolation and annotation of barley disease resistance genes	佐藤 和広
U.S.A	Oregon State University	Patrick Hayes, Professor	Food barley development	Development of functional food barley cultivar in the USA	佐藤 和広
International	Swedish University of Agriculture	Roland von Bothmer, Professor	International Barley Core Collection	Establishment and utilization of core set of barley genetic resources in the world	佐藤 和広
Kazakhstan	Institute of plant biology and biotechnology	Yerlan Turuspekov, Doctor	Evaluation of barley in semi-arid environment	Evaluation and analysis of barley germplasm in the dry land conditions in Kazakhstan	佐藤 和広
Ethiopia	Hawassa University	Degu Hewan Demissie, Doctor	Development of acid soil tolerant barley	Introduction of acid soil tolerant barley and molecular selection techniques in Ethiopia	佐藤 和広
U.S.A	Oregon State University	Patrick Hayes, Professor	Genome editing for producing hull-less barley	Genome editing method is performed to produce hull-less barley using lines generated in OSU	久野 裕・佐藤 和広
Germany	IPK	Jochen Kumlehn, Doctor	Genome editing of the genes related to seed dormancy in barley	Site-directed mutagenesis is performed for modification of the genes related to seed dormancy in barley	久野 裕・佐藤 和広
China	Chinese Academy of Sciences	Chunxiang Fu, Professor	Genetic modification of liginin biosynthesis in barley	Genetic modification of liginin biosynthesis is performed to increase the efficiency of processing for biomass in barley	久野 裕

Annual Report 2020

Director: Wataru Sakamoto
Editorial Members: Kazuyuki Maruyama
Sanae Rikiishi
Manabu Sugimoto

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
Chuo 2-20-1, Kurashiki 710-0046, Japan
TEL: +81-86-424-1661
FAX: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告 第28卷 (Annual Report 2020)

令和3年3月25日 印刷
令和3年3月31日 発行

発行所 岡山大学資源植物科学研究所
710-0046 倉敷市中央2丁目20-1
TEL : 086-424-1661
FAX : 086-434-1249

編集委員 丸山 和之
力石 早苗
杉本 学

印刷所 友野印刷株式会社

