

岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2021)
— 第29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：
左下：昭和4年（1929年）頃のソテツ（農業図書館前）
右上：令和3年（2021年）現在のソテツ（研究所本館前）

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)

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) 14

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) 14

RECTOR プログラム (RECTOR Program) 15

構成員	
(Member)	16
出版物リスト	
(List of Publication)	23
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	31
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	34
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)	41
学会賞等	
(Awards)	47
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)	48
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))	53

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 タンパク質の機能維持に関する研究

光化学系 II (PSII) の迅速な分解から始まる修復機構は光合成の維持に重要である。D1 を含む PSII 反応中心タンパク質のリン酸化が、複合体の形成と D1 分解に関わることが示唆されている。我々は PSII 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、D1 分解の主要プロテアーゼである FtsH と関連した D1 の酸化修飾に着目した解析を進めている。

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、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 に関する研究

葉緑体に存在する葉緑体 DNA は、葉の老化初期に分解される。我々が花粉において同定したオルガネラ DNA 分解酵素は老化葉においても発現しており、老化葉でも機能していることが予想された。現在、老化葉での葉緑体 DNA 分解が、新たな養分転流に寄与する可能性について解析を進めている。

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、様々な加工製品としても利用されている。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。

5. 植物の光合成と環境耐性を支えるタンパク質 VIPP1 の研究

VIPP1 は植物や藻類に広く見出されるタンパク質で、葉緑体を形作る膜（チラコイド膜、包膜）の機能維持に重要である。そのメカニズムの解明を目指し、我々はこのタンパク質の非典型 GTP/ATPase 活性と高次多量体構造に注目して解析を進めている。ドイツのグループとの共同研究による電子顕微鏡解析から、VIPP1 の立体構造は動物や酵母で生体膜の修復に関わる ESCRT-III と酷似しており、以前考えられていた以上に動植物の枠を越えて重要な機能を担っていることが明らかになった。

6. 光合成電子伝達の制御に関する研究

PSI サイクリック電子伝達は光合成と光ストレス防御機構の誘導に重要である。シロイヌナズナの突然変異株を用いた解析からサイクリック電子伝達の活性制御が炭酸固定反応の効率的な活性化に必要であることを明らかにした。またその制御機構を明らかにするために電子伝達経路に関わる PGR5 と PGRL1 の解析を進めている。

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 D1 protein in Photosystem II (PSII), and rapid degradation of D1 is prerequisite for maintaining photosynthesis. Post-translational modification (PTM) of amino acid residues in the PSII, 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 also focus on another type of PTM, oxidation of tryptophan residues in PSII, which correlates with D1 degradation mediated by FtsH protease.

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. 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.

5. Studies for the chloroplast membrane-maintaining protein VIPP1

VIPP1 protein is widely found through photosynthesis organisms and known to be required for maintaining chloroplast membranes. To understand the mechanisms of the action of VIPP1, we are currently analyzing its non-canonical GTP/ATPase activity and high-ordered oligomer structure. Based on cryo-electron microscopic analyses, we found that the structure of VIPP1 closely resembled ESCRT-III, the membrane remodeling protein in animals and yeasts, indicating the importance of VIPP1/ESCRT-III machineries over the species.

6. Study on the regulatory mechanism of photosynthetic electron transport

PSI cyclic electron transport is important for photosynthesis and induction of photoprotection mechanisms. Analysis of Arabidopsis mutants showed that the regulation of cyclic electron transport activity is required for the efficient activation of the carbon fixation reactions. To clarify the regulatory mechanism of cyclic electron transport, we also analyze PGR5 and PGRL1 involved in this process.

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、FEP1 の組織特異的役割について遺伝学および生理学的解析を行い成果をまとめた。また、これまでに得た 2 つの変異株候補のうち一つの原因遺伝子の同定に成功した。この遺伝子の機能解析研究を開始した。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進めている。

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。トランスクリプトームデータを元にトラジェクトリを描出し、これを用いてホルモノームとの関連を詳細に解析し、オオムギ成長と密に関連するホルモンとその変動を担うと予測される遺伝子を抽出した。また、環境要因を考慮した出穂期 GWAS により環境刺激授受に関わる遺伝要因候補を得た。

3. 圃場オオムギにおけるヒストン修飾のゲノムワイド時系列解析

ヒストン修飾の変化は花成誘導に重要であることが知られており、オオムギの出穂には環境条件に応じたヒストン修飾の変化も重要な要因であると考えられる。圃場環境におけるヒストン修飾の変化による出穂の制御機構を明らかにするため、2ヶ所の圃場で育成したオオムギを用いて経時的なヒストン修飾のゲノムワイド解析を行った。さらにヒストン修飾と遺伝子発現の変化の関係について解析を進め、その結果を作物デザイン技術にも役立てることを計画している。

4. アポプラスティックバイパスフローによるカドミウムの取り込み

根による水の吸収には、生体膜横断・シンプラスト経由・アポプラスト経由の 3 つの経路が知られている。アポプラスト経由の水の取り込み経路はアポプラスティックバイパスフローと呼ばれる。イネにおいてはアポプラスティックバイパスフローが中心柱組織へのナトリウムイオン取り込みの主要な経路と考えられている。しかし、ナトリウム以外の有害ミネラル取り込みへのアポプラスティックバイパスフローの関与を研究した例はこれまでなかった。本研究では、塩害などのストレス下でアポプラスティックバイパスフローが促進されると、それに伴い土壌中のカドミウムの取り込みが促進されることを証明した。

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 2021 are described below.

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

The 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 responses in Arabidopsis. This year, we confirmed the tissue-specific roles of FEP1 with physiological and genetical approaches. We successfully identified one of two suppressor mutants for *ahg2-1*, which exhibits constitutive iron deficiency. We also studied the novel FEP1-like genes in other plant species.

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 barley as a research subject. We obtained the growth trajectory based on the sequential transcriptome data. Using this growth trajectory, we found tight linkages between the transcriptome and hormone profiles and demonstrated that some of the plant hormone fluctuations can be predicted with transcriptome data of several genes. We also identified genetic loci involved in the regulation of heading time responsive to environmental stimuli by G x E GWAS.

3. Genome-wide chronological analysis of histone modifications using field barley

Histone modification change is one of the important factors regulating flowering. To understand the relationship between chromatin state change and barley flowering under field conditions, we analyzed the genome-wide histone modification profiles along their life cycle using two barley accessions grown under two different field conditions. We further analyzed the relationship between histone modification profiles and transcriptome profiles along their life course and intend to utilize it for crop design technology.

4. Uptake of cadmium via apoplastic bypass flow

Radial water uptake in roots has three distinct routes: transmembrane, symplastic and apoplastic bypass flow. Apoplastic bypass flow is postulated to be the main route of sodium ion uptake to the stele in rice. However, the involvement of apoplastic bypass flow in the uptake of hazardous minerals other than sodium has not been investigated. In this study, we provided evidence that cadmium uptake was promoted in the condition stimulating apoplastic bypass flow such as salinity in rice.

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. 光環境攪乱による作物の極早生化と花成制御関連遺伝子の発現

宇宙環境に適した作物の開発や十分な食料を迅速に宇宙で供給するには、作物の生育期間を短縮することが求められる。大麦 6 品種を発芽後に温度一定条件下で赤色光（波長 660nm）を補光し連続照射したところ、蛍光灯連続照射下では 50 日以内に止め葉が出現しない大麦 3 品種で止め葉が 50 日以内に出現し、他の 3 品種でも止め葉出現が早まった。遠赤色光（波長 730nm）を補光し連続照射して栽培したところ、大麦 6 品種全てが発芽後 30 日以内に止め葉が出現した。蛍光灯連続照射下では 100% 不稔となる 3 品種は赤色光補光、遠赤色光補光により稔実性が回復した。ひと株あたりの粒数は、蛍光灯単独照射と比べ、赤色光補光では 5 品種が増加し 1 品種で変化無し、遠赤色光補光では 4 品種が増加し 2 品種で減少した。赤色光と遠赤色光連続照射した大麦ではそれぞれ止め葉出現の約 15 日前に花成促進遺伝子 *FT1* の発現量がピークとなった。Phytochrome A, B, C 遺伝子は *FT1* 遺伝子発現量がピークとなる時期よりも前では発現量が非常に少なかった。

2. イネの *pyl-stb* 変異体における光応答の解析

光合成をおこなう植物にとって光は重要なエネルギー源であるとともに、葉緑体のチラコイド膜に存在する光合成装置に対する光障害の原因にもなりうる。葉緑体内では光障害を修復するために FtsH, Deg, Clp などのプロテアーゼが重要な役割を果たす。イネの *pyl-stb* 変異体は DNA トランスポゾン *nDart1* の挿入により、*OsClpP5* の転写が抑制された機能欠失型のアルビノ様葉緑素変異体である。*pyl-stb* を通常の栽培条件（白色光、25°C、12 時間日長）で生育させると第 3 葉期で枯死する。ところが、*pyl-stb* を赤色光と青色光照射下で生育させると、赤色光照射では白色光と同様に黄白色の第 3 葉を展開したのち枯死したが、青色光を照射した植物体では第 4 葉から緑化をはじめ、生育が回復した。RNA-seq 解析の結果より、*pyl-stb* は青色光照射下で複数の *early light-inducible protein (ELIP)* を高発現していることが明らかとなった。*ELIP* の光応答性を調査したところ、*ELIP* の発現は赤色光下では認められず、青色光下で生育させた植物体でのみ発現していた。青色光下における *ELIP* の発現量は野生型に比べて *pyl-stb* で著しく高かった。一方で、*OsClpP5* と同じ Clp ファミリーに属する *OsClpC1* や *OsClpP6* の発現は青色光下では野生型と *pyl-stb* の間に差は認められなかったが、赤色光下では *pyl-stb* で高い発現が認められた。*pyl-stb* における光応答性には *OsClp* と *ELIP* が関与している可能性が考えられた。

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 2021 are described below.

1. Change to super early-ripening barley and expression of flowering-control genes by disturbance of lighting condition

It is necessary to shorten the growing period of crops to develop crops suitable for the space environment and to supply sufficient food quickly in space. After germination, 6 barley varieties were continuously irradiated with fluorescent light and red light (660 nm) under constant temperature. The flag leaves appeared within 50 days in the three barley varieties that did not appear the flag leaves within 50 days under continuous irradiation with fluorescent light. When cultivated continuously irradiated with fluorescent light and far-red light (730 nm), the flag leaves appeared within 30 days after germination of all 6 barley varieties. The fertility of the three varieties, which became 100% sterile under continuous irradiation with fluorescent light, was restored by the addition of red light or far-red light irradiation. The number of grains per plant increased in 5 varieties and remained unchanged in 1 variety by the addition of red light irradiation, and increased in 4 varieties and decreased in 2 varieties by the addition of far-red light irradiation, as compared with fluorescent light irradiation. In barley continuously irradiated with fluorescent light and red or far-red light, the expression level of the flowering-promoting gene *FT1* peaked about 15 days before the appearance of flag leaves. Expression levels of phytochrome A, B, and C genes were very low before the expression peak of *FT1* gene.

2. Analysis of light response in a rice *pyl-stb* mutant

Light has an essential role for plants as an energy source of photosynthesis but also induces photo-damage on photosynthetic machinery. Photo-damages are repaired by several proteases, such as FtsH, Deg and Clp, in chloroplasts. The *pale yellow leaf-stable (pyl-stb)* is albino-like rice mutant which is caused by the disruption of nuclear-coded chloroplast protease, *OsClpP5*, due to insertion of DNA transposon, *non-autonomous DNA-based active transposon one (nDart1)*. The *pyl-stb* plants died at the third-leaf stage under normal growth condition (white light, 12-h photoperiod, 25°C). However, *pyl-stb* plants were continuously growing with greening leaves under blue light irradiation, nevertheless they died at the third-leaf stage under red light irradiation same as the white light irradiation. Light quality affected the growth of *pyl-stb*. In RNA-seq analysis, the *pyl-stb* plants showed the higher expressions of *early light-inducible proteins (ELIPs)* under blue light irradiation. *ELIPs* were specifically expressed in plants grown under blue light irradiation, and the expressions of *ELIPs* were not detected under red light irradiation. The *pyl-stb* plants showed remarkably higher expressions of *ELIPs* than wild type. Although expressions of *OsClpC1* and *OsClpP6*, which were belonged in Clp family same as *OsClpP5*, showed no significant differences between wild type and *pyl-stb* under blue light irradiation, their expressions were higher in *pyl-stb* than in wild type under red light irradiation. Light response in growth habit of *pyl-stb* plants might be caused by the abundant expressions of *ELIPs* and *Clps*.

本グループでは植物の必須元素、有用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. イネ節で高発現する2種類のメタロチオネインの役割の解明

イネの節での発現がもっとも高い遺伝子のうち、2種類のメタロチオネイン *OsMT2b* と *OsMT2c* について様々な機能解析を行い、穀粒への亜鉛の分配に関与していることを明らかにした。*OsMT2b* と *OsMT2c* はともに亜鉛とのキレート能を持ち、主に節の肥大維管束と分散維管束の節部に局在していた。これらの遺伝子を破壊すると、穀粒への亜鉛の分配が減少し、種子の稔性にも影響を与えた。*OsMT2b* と *OsMT2c* は亜鉛の節部輸送を介して穀粒への亜鉛の分配に関与していることを突き止めた。

2. イネ分げつや穂への亜鉛の分配に必要な輸送体の同定

ZIP ファミリーに属する *OsZIP4* が亜鉛を優先的に分げつや穂に分配することを突き止めた。*OsZIP4* は分げつと節で高発現し、亜鉛欠乏によって発現が誘導された。また主に節の分散維管束の節部と腋芽分裂組織に発現していた。この遺伝子を破壊すると、栄養成長期では、分げつと新葉への亜鉛の分配が減少し、基部節での亜鉛の蓄積が増加した。また生殖成長期では、種子への亜鉛の分配が減少し、穂の発育の遅延を引き起こした。したがって、*OsZIP4* は節において分散維管束の節部への亜鉛の輸送を通じて、分げつや穂への亜鉛の優先的分配に関与している。

3. イネ穀粒への鉄の分配における *OsVIT2* の役割の解明

イネの節で高発現している *OsVIT2* が穀粒への鉄の集積に関わっていることを明らかにした。*OsVIT2* は鉄を液胞に輸送するトランスポーターで、節の維管束柔細胞だけではなく、葉鞘や糊粉層の液胞膜に局在している。この遺伝子を破壊すると、液胞への鉄の隔離が減少するため、穀粒への鉄の分配が増加した。特に精米中の鉄濃度が増加した。

4. イネにおけるホウ素の精密分配機構の解明

環境中のホウ素濃度の変動に対応して、イネの各器官や組織へ最適なホウ素の分配を行うためのメカニズムを解明した。節や葉鞘に発現する排出型ホウ酸輸送体 *OsBOR1* を解析したところ、*OsBOR1* は極性局在を示し、環境中のホウ素濃度に応じてタンパク質レベルで調節されていることを突き止めた。これまでに我々が報告した *OsNIP3;1* と協同でホウ素の分配システムを構成していることを明らかにした。

5. イネのアンモニウム輸送体の同定

イネの主な窒素吸収形態であるアンモニウムの吸収に関わる3種類の *AMT1* 輸送体を同定した。3種類とも根において細胞膜に極性局在をしていた。また3種類の輸送体を同時に破壊すると、低アンモニウム条件下でアンモニウムの吸収がほとんどなくなり、この3種類の輸送体がアンモニウムの吸収を担っていることを示している。さらにアンモニウムに応答して、遺伝子発現レベルだけではなく、タンパク質の細胞内局在にも変化があることを突き止めた。

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 2021 are described below.

1. Functional characterization of two metallothionein genes in rice nodes

We functionally characterized two metallothionein genes, *OsMT2b* and *OsMT2c* and found that they are involved in distribution of Zn to the grain. Both peptides showed binding ability with Zn and 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. These results suggest that both *OsMT2b* and *OsMT2c* play an important role mainly in the distribution of Zn to grain through chelation and subsequent transport of Zn in the phloem in rice.

2. Identification of a transporter for delivering zinc to the developing tiller bud and panicle in rice

We identified a transporter for the distribution of Zn to tiller buds (TB), *OsZIP4*. *OsZIP4* was mainly expressed in phloem region of diffuse vascular bundles (VBs) in the nodes and the axillary meristem. Knockout of *OsZIP4* resulted in delayed development of panicles, which is associated with decreased Zn distribution to the panicles. These results indicate that *OsZIP4* is involved in transporting Zn to the phloem of diffuse VBs in the nodes for subsequent distribution to the TBs and other developing tissues.

3. Role of *OsVIT2* in distribution of Fe to the rice grains

We functionally characterized a vacuolar iron transporter gene, *OsVIT2* and found that it is involved in the distribution of Fe to the grains in rice. *OsVIT2* was expressed in the parenchyma cell bridges of nodes. Mutation of *OsVIT2* resulted in decreased Fe accumulation in the nodes and increased Fe accumulation in the polished rice without yield penalty.

4. Fine regulation system for distribution of boron to different tissues in rice

We investigated the role of *OsBOR1* in distribution of B to different tissues under different B supplies. *OsBOR1* was highly expressed in the nodes at all growth stages. Furthermore, the expression of *OsBOR1* was not affected by external B fluctuations, but the *OsBOR1* protein was gradually degraded in response to high B. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of B to new leaves and panicles, but increased B distribution to old leaves. *OsBOR1* cooperated with *OsNIP3;1* is involved in the proper distribution of B to different tissues in rice.

5. Identification of ammonium transporters in rice

We identified three members belonging to ammonium transporter 1 (*AMT1*). All *OsAMT1* members were polarly localized at the distal side of exodermis in the mature root region. Knockout of all three genes resulted in 95% reduction of ammonium uptake. Upon exposure to ammonium, both their subcellular localization and expression were altered. Therefore, three *OsAMT1* members are cooperatively required for uptake of low ammonium in rice roots and that they undergo a distinct regulatory mechanism in response to ammonium.

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。今年度は耐塩性に関与するイオン輸送系や種子形成における水チャネル・アクアポリン、酸性土壌における作物の生育阻害の主因であるアルミニウム (Al) について植物の Al 毒性と耐性機構、Al 耐性遺伝子の *ALMT* とそのファミリー輸送体の機能についての研究成果を報告する。

1. イネの耐塩性機構に関与すると考えられているイオン輸送系 OsHKT1;1 と OsHKT1;3

これらの mRNA は完全長以外に長さの異なる複数のバリエーションが知られているがイオン輸送性等の機能は不明であった。アフリカツメガエル卵母細胞発現系を用いて調べたところ、完全長の OsHKT1;1 は Na⁺ を輸送したが K⁺ は輸送しなかった。N 末端が欠損したバリエーション V2 は Na⁺ に加えて K⁺ も輸送した。さらに V2 の mRNA は植物体で多く発現していた。OsHKT1;3 については、完全長 OsHKT1;3 はイオン輸送活性を示さなかったがバリエーションのいくつかは弱い Na⁺ 輸送活性を示した。しかし OsHKT1;3 のバリエーションは植物体での発現は少なかった。

2. アクアポリンの機能解析

種子発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、共に種子で発現するが、それぞれ水の透過性が異なることが明らかになった。これらの AtTIP3;1 と AtTIP3;2 の配列を置換したキメラタンパク質の水透過実験により、少なくとも AtTIP3 の Loop C に水透過を制御する領域があると推測された。

3. タバコ培養細胞の Al 毒性機構と ALMT ファミリー輸送体の解析

細胞内 NO (nitric oxide) 生成の Al 毒性機構における役割について、Al 処理したタバコ培養細胞において解析した。細胞イメージング解析から、Al 処理した細胞では時間経過に依存した Al 誘導性の NO 生成の増加が、活性酸素種 (ROS) よりも初期の段階で観察された。しかしながら、NO 生成に関わる硝酸還元酵素 (NR) の遺伝子発現および NR 酵素活性は、Al 処理によって低下した。したがって、NR 経路以外の Al による NO 生成の増加が ROS 生成を誘導することが示唆された。

植物特異的 ALMT ファミリーの生理機能の一つに気孔閉口への関与がある。そこで、トマトの気孔 *SIALMT* 遺伝子の発現抑制形質転換体 (RNAi 系統) と野生系統とで気孔閉口への影響を比較解析した。アブシジン酸処理による気孔閉口は、野生系統と RNAi 系統とに差は無かったが、葉のリンゴ酸処理で野生系統の気孔閉口が起り、RNAi 系統では抑えられた。また、シロイヌナズナでも葉のリンゴ酸処理により同様の気孔閉口の形質を示した。電気生理学的解析から、外液リンゴ酸による気孔 ALMT 輸送体の活性化が確認されていた。従って、植物のアポプラスト側リンゴ酸が気孔閉口を引き起こし、その過程への気孔 ALMT 輸送体の関与が示唆された。

Our research has been focused on the molecular, cellular and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. This year we report ion transporters in salt tolerance, aquaporins in seed formation, Al-toxic and tolerant mechanisms in plants, an Al-tolerant gene, *ALMT*, and the *ALMT*-family genes in several plant species.

1. OsOsHKT1;1 and OsHKT1;3 involved in salt tolerance in rice

We analyzed rice OsHKT1;1 and its variants. Full-length (FL) OsHKT1;1 showed transport activity for Na⁺, but not for K⁺, in the expression system using *Xenopus* oocytes. A variant V2 showed activities both for Na⁺ and K⁺, and its expression in plants were high. Ion transport activity was not detected in OsHKT1;3 FL, but weak Na⁺ transport activities were detected in several OsHKT1;3 variant, although their expression were low.

2. Functional analysis of aquaporins

We analyzed *Arabidopsis* tonoplast intrinsic protein 3, AtTIP3, which participated in ripening and desiccation of seeds. The AtTIP3 subfamily had two homologs, AtTIP3;1 and AtTIP3;2, and they were expressed in seeds. However, they showed clear differences in water permeability: AtTIP3;2 could transport water in *Xenopus* oocytes but AtTIP3;1 could not. Some AtTIP3;1 chimeric mutants had amino acid sequences replaced with those of AtTIP3;2. This suggested that AtTIP3s contain the region for controlling water transport in Loop C. We are investigating the amino acid residue(s) essential to the water transport in this region to understand the gating mechanism in TIP3s.

3. Analyses of Al-toxic mechanism in tobacco cultured cells, and transport function of ALMT family

The role of nitric oxide (NO) production in the mechanisms of Al toxicity was investigated using cultured tobacco cell line SL. Cell-imaging analyses showed that time-dependent NO production occurred earlier than reactive oxygen species (ROS) generation in cultured tobacco cells during Al treatment. However, the gene expression and enzyme activity of nitrate reductase (NR) which was involved in NO production decreased in cells treated with Al compared to the cells without Al treatment. These results suggest that Al-induced NO production which is independent of the NR pathway triggers ROS generation.

Plant-specific ALMT family genes encode the anion channel which is involved in stomatal closure in plants. We compared stomatal closure between wild-type tomato and RNAi lines which are suppressing gene expression of stomatal *SIALMT*. Abscissic acid induced stomatal closure similarly in wild type and RNAi lines, while exogenous malate induced stomatal closure in the wild type, which was impaired in RNAi lines. In *Arabidopsis*, exogenous malate showed similar stomatal phenotypes. Electrophysiological analyses indicated that transport functions of stomatal ALMT proteins were activated by exogenous malate. These findings suggest that apoplastic malate induces stomatal closure in plants, which is mediated by stomatal ALMT proteins.

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. クリ樹体内での多様なウイルス（感染クリ胴枯病菌）の挙動

クリ胴枯病は、ニレ立ち枯病、五葉松類発疹さび病とともに世界3大樹病に数えられているが、病原力を衰退させる菌類ウイルスを用いることで制御可能である。クリ／クリ胴枯菌／ウイルスの3者は、樹体内菌糸融合で起こる菌類ウイルス、宿主菌のミトコンドリア・核ゲノムの水平伝搬により、それらの遺伝因子間でダイナミックに相互作用している。そこで本研究では、多様なクリ胴枯菌感染性のウイルスが宿主菌に示す病原力衰退能、生物防除能、水平伝搬能を生きたクリ樹（欧州クリ、*Castanea sativa*）を用いて調べた。供試したウイルスには、ゲノムタイプ（一本鎖 or 二本鎖 RNA）や構造、粒子化能力（粒子の有無）、病徴発現能、複製部位（ミトコンドリア、細胞質、ウイルス粒子）が異なり、生物防除因子として既に実用化されているハイポウイルス1も含まれている。実験の結果、供試したウイルス間で、自身の伝搬効率や病原力を衰退させる能力が大きく異なることが示された。優れた生物防除能を発揮するためには、ウイルスが病原力を衰退させる能力を持つだけでなく、樹体内で菌体間を効率的に水平伝搬する必要もあることが判明した。野生型ハイポウイルス1に加え、抗ウイルス RNAi 抑制タンパク質を欠失させたハイポウイルス1変異株（野生型ハイポウイルスに比べ感染菌の環境適応能が高まる）、ハイポウイルス2がクリ樹で高い生物防除活性を示した。

2. コムギに感染する新規 RNA ウイルスを発見

縞萎縮病は本邦や中国においてコムギの重要なウイルス病害の一つとされている。病原としてコムギ縞萎縮ウイルス（WYMV、バイモウイルス）が知られているが、それ以外にも本病害に関連（あるいは随伴）するウイルスが存在するかはよくわかっていない。そこで、縞萎縮病の発生が確認されている北海道の実験圃場でコムギ個体をサンプリングし、RNA-seq 解析によるウイルスの調査を2シーズンにわたり行った。その結果、WYMVに加え、新規ウイルス（コムギQウイルス、WVQ）がいずれのシーズンでも見出された。WVQの配列解析の結果、少なくとも3系統が存在し、同一圃場のライ麦への感染も確認された。さらに、その配列相同性・系統解析より、WVQは *Quinvirinae* 亜科 (*Betaflexiviridae* 科) の新規メンバー（おそらく新属）と考えられ、穀類に感染する2例目のベータフレキシウイルス (*Quinvirinae* 亜科) であった。WVQは土壌伝染性と考えられたが、その媒介者あるいは媒介機構は不明である。今後はWVQの発生生態や伝搬機構に加え、縞萎縮病への影響を調査する必要がある。

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. In-tree behavior of diverse viruses harbored in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*

The ascomycete *Cryphonectria parasitica* causes destructive chestnut blight, which is controllable by hypovirulence-conferring viruses infecting the fungus. The tripartite chestnut/*C. parasitica*/virus pathosystem involves the dynamic interactions of their genetic elements, i.e., virus transmission and lateral transfer of nuclear and mitochondrial genomes between fungal strains via anastomosis occurring in trees. Here we tested diverse RNA viruses for their hypovirulence induction, biocontrol potential, and transmission properties between two vegetatively compatible but molecularly distinguishable fungal strains in live chestnut trees. The tested viruses, which are different in genome type (single-stranded or double-stranded RNA) and organization, replication site (cytosol, mitochondria or virion), virus form (encapsidated or capsidless) and/or symptomatology, have been unexplored in the aforementioned aspects in controlled conditions. This study showed intriguing different in-tree behaviors of the seven viruses and suggested that to exert great biocontrol effects viruses must be able to induce hypovirulence and spread efficiently in the fungus infecting the chestnut trees.

2. A novel betaflexivirus infecting wheat plants

Yellow mosaic is one of the important wheat diseases in East Asian countries; however, there is still limited information on viral communities that are associated with this disease. In this study, a meta-RNA-seq analysis was used to investigate the virome associated with yellow mosaic disease in Hokkaido, Japan. We identified wheat yellow mosaic virus (a bymovirus) and three strains of a novel betaflexivirus (named wheat virus Q, WVQ) from two pooled samples obtained in two consecutive years. The sequence and phylogenetic analyses support the taxonomic status of WVQ as a distant evolutionary lineage (a member of the new genus) in the subfamily *Quinvirinae* (family *Betaflexiviridae*). WVQ was also found in the rye plants in the same field. WVQ is the second quinvirus found to infect cereal crops and both cereal quinviruses are soil transmissible via an unknown mechanism. Overall, WVQ seems to be a novel soil-borne virus worthy of further investigation.

本グループでは、植食性昆虫に対するイネの防御機構の解明に向けて、防御関連代謝物の蓄積を制御するシグナル伝達経路に注目して研究を進めている。2021年に行った主要な3課題を以下に記す。

1. イネの揮発性物質放出における食害と概日周期による制御

イネは害虫の天敵を誘引するために大量の揮発性物質を放出することが知られているが、放出制御の分子機構は不明な点も多い。本研究では、食害を受けたイネの揮発性物質質量の変化を、イネ葉内およびヘッドスペースで解析した。食害応答性の揮発性物質質量をイネ葉内外で比較解析したところ、分子量が比較的小さい揮発性物質（例：リナロール）の多くは植物体外に放出されていた。一方、分子量が比較的大きい揮発性物質（例：ネロリドール、ゲラニルリナロール）はイネ葉内に保持されていた。その他の食害により影響を受けなかった揮発性物質には、リモネンや β -カリオフィレンのように概日周期で放出制御された物質があった。また、食害誘導性の揮発性物質の一部のみがジャスモン酸により制御されるのに対して、概日周期で放出される揮発性物質は他のホルモンによる制御が示唆された。概日周期で放出される β -カリオフィレンの制御因子候補の一つとして、ジャスモン酸前駆体であるOPDAが示唆された。本研究により、植物が外環境との効果的なコミュニケーションに利用する揮発性物質ブレンドの制御の複雑性が明らかになった。

2. イネの二次代謝物の制御因子の候補であるOPDA複合体の解析

イネは病原菌に対する応答として、多様な二次代謝物を蓄積し病原菌の感染や病気の拡大を防いでいる。イネの防御関連二次代謝物の一種であるフェノールアミドは、病原菌感染、害虫寄生や傷害に応答して産生される。今回、代表的な真菌エリシターであるキチンオリゴ糖を用いて、イネのフェノールアミドの産生制御機構の解析を行った。イネ培養細胞を用いたモデル実験系において、キチンエリシター処理によりフェノールアミド蓄積が誘導されるとともに、制御因子候補となるオキシリピンの蓄積誘導が見られた。しかし、防御反応誘導能が知られているジャスモン酸やジャスモン酸イソロイシンを培養細胞に処理したところ、フェノールアミド誘導が認められなかった。一方で、ジャスモン酸前駆体であるOPDAはフェノールアミドを誘導した。さらに遺伝学的解析により、OPDAアミノ酸複合体化がイネ細胞内のOPDAの生物活性に必要であることが示唆された。我々の結果は、イネにおいてOPDAがOPDA以外のエリシター誘導性シグナルと相互作用するという新たな役割を示唆している。

3. 植食性昆虫に対するイネの防御機構におけるミネラル元素の役割

咀嚼性昆虫に対するイネの防御機構においてケイ素の重要性を示した前年度の研究成果を発展させて、植食性昆虫に攻撃された植物中の様々なミネラルの分布や変化の解析を開始した。本研究は、植物が生物学的ストレス存在下で防御と成長の最適なバランスを維持するために、どのようにミネラルを分配し利用するのか理解することを目的としている。

We are studying mechanisms of plant defense against herbivores, including accumulation of defense metabolites and their regulation by defense-related signaling pathways in rice. Three main topics investigated in 2021 are listed below.

1. Regulation of rice volatiles induced by herbivory and diurnal clock

Rice plants produce large amounts of volatile compounds as signals that attract natural enemies of herbivores, however mechanisms involved in the release of volatiles are not well known. We analyzed dynamics of volatiles in untreated (control) and herbivore-attacked rice plants, using whole leaf sampling and headspace collection of released volatiles. By comparing herbivore-induced volatiles in the leaves (internal) and headspace (external), we found that volatiles with a smaller molecular weight (e.g., linalool) are mostly released outside of plants, while larger molecules (e.g., nerolidol, geranylinalool) are effectively retained in the plant tissues. Other volatiles were not affected by herbivory but released from plants in a diurnal rhythm (e.g., limonene, β -caryophyllene). Our data suggest that only a subset of herbivory-induced volatiles is regulated by jasmonic acid, while diurnal volatiles are more likely controlled by other hormones. One of the candidate regulators of diurnally emitted β -caryophyllene was identified as a direct precursor of jasmonic acid, 12-oxo-phytodienoic acid (OPDA). Overall, our experiments reveal complexity in regulation of volatile blends released from plants that are used for effective communication of plants with the external environment.

2. Identification of OPDA conjugates as possible regulators of secondary metabolism in rice

Rice plants respond to pathogens by accumulation of various secondary metabolites that counteract infection process and disease development. One of the defensive groups of metabolites in rice are phenolamides, which are produced upon wounding, as well as herbivore and pathogen attacks. Here we used a well characterized fungal elicitor, chitoooligosaccharide, to investigate the regulation of phenolamides in rice. In our model system, rice cells were treated with the elicitor, which elevated both regulatory oxylipin and phenolamide levels. However, exogenous treatment of cell with classical oxylipin regulators, such as jasmonic acid (JA) and jasmonoyl-L-isoleucine (JA-Ile), could not elicit phenolamide levels. In contrast, OPDA which is a precursor of JA, was capable of inducing this secondary metabolite. By genetic analysis, we further revealed that conjugation of OPDA to amino acids is most likely required for biological activity of OPDA in the rice cells. Our results show a novel role of OPDA which is closely interconnected with the canonical elicitor signaling pathways in rice.

3. Role of mineral elements in rice defense against herbivores

Inspired by previous year findings of silicon (Si) importance in rice defense against chewing herbivores, we expanded our scope and initiated experiments to analyze distribution and changes of various minerals in herbivore attacked plants. The aim of this ongoing project is to understand how plants mobilize and use the minerals to maintain optimal defense and growth balance during biotic stress conditions.

我々の究極の目標は、生物学的ストレスに対する抵抗性を向上させた新しい植物を設計することである。この目標を遂行するために、私たちは、植物と微生物の相互作用のメカニズムの解明を試みている。2021年の主な成果は以下の通りである。

1. OsRac1 は、PRR OsCERK1 と NLR Pit を含む2つの免疫受容体複合体を形成する

植物は、細胞表面のパターン認識受容体 (PRR) と細胞内の NLR 型免疫受容体という2種類の受容体を用いて、病原体の侵入を認識する。PRR と NLR は、非常に類似した免疫反応を誘導するが、PRR と NLR が同じタンパク質複合体を形成しているのか、それとも異なる2つの受容体複合体を形成しているのかは不明である。私達はこれまでに、低分子量 G タンパク質 OsRac1 が PRR である OsCERK1 と NLR である Pit の両方の下流で働く、重要な免疫スイッチ分子であることが明らかにされており、これらの免疫受容体と直接または間接的に結合することも報告している。本研究でははじめに、OsCERK1 と Pit が同じタンパク質複合体に含まれるのか、あるいは異なる2つの免疫受容体複合体を形成するか検証を行った。その結果、OsCERK1 と Pit は、2つの異なる受容体複合体を形成していることが明らかになった。この結果をサポートするデータとして、OsCERK1 と Pit は異なる細胞内輸送システムを利用して細胞膜に輸送されることを見出した。OsCERK1 と Pit が活性化されると OsRac1 も活性化され、同時に OsRac1 は大きなタンパク質複合体を形成することを発見した。さらに、シャペロン Hsp90 は、Pit の細胞膜への適切な局在化と Pit の免疫誘導に寄与することを見出した。本研究の知見は、PRR と NLR によるイネ免疫の制御の理解に大きく貢献するものである。

2. トウモロコシ黒穂病菌が分泌するエフェクターは植物腫瘍中で新規の接着分子として機能する

植物病原菌は宿主植物への感染の際に多数の分泌タンパク質 (エフェクターと呼ばれる) を分泌し、自身の感染を有利にする。トウモロコシ黒穂病菌は、トウモロコシに感染して巨大な腫瘍を誘導する植物病原糸状菌である。本菌が分泌するエフェクターは、植物への侵入時に発現が上昇するものと、腫瘍形成時に発現が上昇するものに大別される。前者のエフェクターの理解が進む一方で、後者に関する知見は皆無である。本研究では、黒穂病菌の腫瘍形成時特異的に発現が上昇するエフェクター Lep1 を新規に同定し、その機能を解析した。まず Lep1 破壊株は腫瘍形成能、孢子形成能ともに激減すること、さらに菌糸同士の接着能が失われていることが減少の原因であることを見出した。質量分析の結果から Lep1 は黒穂病菌の疎水性タンパク質 Rep1 と相互作用することを示し、Lep1 過剰発現株の結果から、Lep1 は菌糸同士の接着を高める機能を果たすことを明らかにした。以上の結果はこれまでに報告されているエフェクターの機能とは異なる、全く新規の機能を提唱するものであり、病原菌の感染生理の理解に貢献するものである。

Our ultimate goal is to design new plants to cope with biotic stresses and improve important agronomic traits. To accomplish this goal, we have been trying to decipher the mechanisms of plant-microbe interactions. Our main achievements in 2021 are described below.

1. OsRac1 forms two immune receptor complexes containing the PRR OsCERK1 and the NLR Pit

Plants employ two different types of immune receptors, cell surface pattern recognition receptors (PRRs) and intracellular nucleotide-binding and leucine-rich repeat-containing proteins (NLRs), to cope with pathogen invasion. Both immune receptors often share similar downstream components and responses but it remains unknown whether a PRR and an NLR assemble into the same protein complex or two distinct receptor complexes. We have already found that the small GTPase OsRac1 plays key roles in the signaling of OsCERK1, a PRR for fungal chitin, and in that of Pit, an NLR for rice blast fungus, and it is associated directly and indirectly with both of these immune receptors. In this study, we first tested whether OsCERK1, Pit, and OsRac1 are in the same protein complex or in two different immune receptor complexes. Using biochemical and bioimaging approaches, we revealed that OsRac1 formed two distinct receptor complexes, one with OsCERK1 and another with Pit. Supporting this result, OsCERK1 and Pit utilized different transport systems for anchorage to the plasma membrane. Activation of OsCERK1 and Pit led to OsRac1 activation and, concomitantly, OsRac1 shifted from a small to a large protein complex fraction, implying that a dynamic remodeling of the OsRac1 complex occurs during these distinct immune responses. Chaperone Hsp90 contributed to the proper localization of Pit at the plasma membrane and the immune induction of Pit. We believe that this study represents a substantial advance in our understanding of how PRRs and NLRs orchestrate rice immunity.

2. A small *Ustilago maydis* effector acts as a novel adhesin in plant tumors

Plant pathogens secrete numerous effector proteins to promote their colonization inside the plant tissue. In *Ustilago maydis*, a fungal pathogen causing smut disease in maize, the expressions of the effector proteins are enriched in two modules associated with the establishment of the infection and subsequent tumor formation. Although the *U. maydis* effectors belonging to the former module have been well characterized, none of the latter module effectors have been identified. In this study, we functionally characterized a novel effector protein Lep1 which is highly expressed during tumor formation and contributes to virulence. Inside the plant tissues, *lep1* mutants could not induce tumors because of their attenuated hyphal aggregation. We showed that Lep1 associates with the *U. maydis* repellent protein Rep1 by mass spectrometry analysis and that Lep1 induces cell aggregation upon constitutive expression. Different from the known effectors which either downregulate or inhibit plant defense responses, our work uncovers a novel effector function acting as a cell adhesin which is important for hyphal aggregation and subsequent tumor formation.

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* 属細菌のゲノムから見た分類と表現型

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し、植物の生育を促進する。現在約 60 種が知られており、系統的に 3 つのサブグループに分かれている。しかし約半数のゲノム情報しか明らかになっていなかったため、詳細な系統分類はなされていなかった。そこで本属細菌の全ての種についてゲノム情報を整備し、比較ゲノム解析を行った。本属細菌はカルシウム (Ca) 依存とランタノイド (Ln) 依存の二つのメタノール脱水素酵素を持っているが、後者のみを持つ種も存在し、Ln 依存のメタノール代謝の方が重要であることが示唆された。またホルムアルデヒド代謝経路として H_4MPT 経路だけでなくグルタチオン依存経路を持つグループが存在すること、メチルアミンを利用できるグループも存在することなどが、ゲノム情報からも明らかになった。

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ตอบสนองし、細胞内の局在が異なる。またホルムアルデヒドに対しても走化性を示すことと、メタノール走化性に関わるセンサーがホルムアルデヒド走化性にも関わることをメタノール脱水素酵素遺伝子欠失株を用いて明らかにした。

3. 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。本年は、リン欠損培地にてヘテロシグマ増殖を促進する細菌を同定したが、このとき、ヘテロシグマが増殖促進する細菌を貪食していることが明らかになった。これは、ヘテロシグマが貪食したバクテリアが持つ主に有機リンを自らの増殖に利用することを意味する。これまでに、リン欠乏培地にてバクテリア貪食を示す藻類は多数知られているが、一方で、バクテリアを貪食することにより増殖を促進する藻類は知られていなかった。ヘテロシグマは、条件が揃えば環境中で高密度まで増殖し赤潮を形成するが、そのような高密度増殖を可能にする分子機構には不明な点が多かった。環境中にてリンは藻類増殖を制限する栄養素であること、他の藻類でバクテリア貪食により増殖が促進される種の報告がないことは、ヘテロシグマがリン欠乏条件にてバクテリア貪食により他の種よりも優位にリンを利用し増殖し得ることを示している。この結果は、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とともに、細菌由来の含リン化合物が赤潮発生に重要な役割を果たす可能性を示唆する。

1. Classification and different phenotypes in *Methylobacterium* species

Methylobacterium species are ubiquitous bacteria living on the plant surface, and they utilize methanol emitted from plants, promoting plant growth. The genus is comprised of 60~ different species, and they are divided into three major subgroups. However so far, only a half of their genome information was available. We sequenced the genomes of all species for comparative genomics. They have two different methanol dehydrogenases (MDHs), which are either calcium (Ca)-dependent or lanthanide (Ln)-dependent. Some species have only the latter, suggesting that Ln-dependent methylotrophy is of more importance. Some species contain functional glutathione-dependent formaldehyde oxidation pathways in addition to a well-conserved H_4MPT pathway. Some other species are capable of utilizing methylamine.

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. We also found that the strain exhibits taxis toward formaldehyde, and one of the methanol chemotaxis sensor is responsible for formaldehyde taxis.

3. 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 (P), 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. This year, we identified several bacterial strains that facilitate growth of the alga under P-limited condition. Importantly, *H. akashiwo* phagocytose bacteria under the condition. This implies that *H. akashiwo* utilize P, presumably organic phosphate-containing substances, for its propagation. Several studies to date demonstrated that various algal species express bacterivory activities under P-limited conditions, while none of them showed enhanced propagation based on the bacterivory. *H. akashiwo* often forms blooms under appropriate environmental conditions, whereas molecular mechanisms support such propagation to high density was obscure. Because P is one of the major growth limiting factors for algae, and no other algal species are shown to propagate based on the bacterivory under P-limited conditions, *H. akashiwo* may be able to dominate the population based on the bacterivory-mediated P uptake. These results suggest the importance of bacterial-derived P-containing compounds may play the crucial role for *H. akashiwo* bloom formation.

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、パンコムギの全ゲノム解読

野生オオムギやパンコムギの全ゲノム配列を取最新の塩基解読法および整列技術によって解読し、ムギ類のゲノム多様性解明に大きく貢献した。

(b) 亜熱帯環境におけるオオムギ栽培特性の評価

農研機構などとの共同研究によって、オオムギ遺伝資源の南西諸島での栽培特性評価に取り組み、大規模な栽培実績のない亜熱帯気候地域での栽培にも適性を持つ遺伝資源を見出した。

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。ゲノム編集技術 (CRISPR/Cas9 法) により、種子発芽を促進する遺伝子 *Qsd1* および *Qsd2* が働かない変異オオムギを作成し、現代品種の種子の休眠が長くなっていることを示した。この成果はビール醸造に適した品種や収穫前に発芽してしまう「穂発芽」に強い品種の開発に貢献することが期待される。

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 development of the database of genotype and phenotype data, 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 the 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 storage of duplicate samples is important.

(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 genetic resources

Our group is working on the isolation and analysis of genes responsible for useful traits using barley genetic resources.

(a) Whole genome sequencing of barley and bread wheat

The whole genome sequences of wild barley and bread wheat have been sequenced using the latest sequencing and alignment techniques, and have contributed significantly to the understanding of the genome diversity of Triticeae species.

(b) Evaluation of barley cultivation characteristics in subtropical environments

In collaboration with the Kyushu-Okinawa Agricultural Research Center, NARO and other organizations, we are working on the evaluation of barley genetic resources for cultivation in a subtropical climate.

3. Study on hybrid vigor in barley

We are developing hybrid seed production technology using novel flowering mutations in barley, and creating new alleles of flowering mutations using genome editing technology. Through these technologies, we aim to ensure high-quality biomass production in poor environments due to the expansion of growing areas and to convert carbon dioxide into resources.

4. Transformation and genome editing of barley

Our group is trying to find the genes related to the efficiency of genetic transformation in barley. In addition, we have succeeded in site-directed mutagenesis of barley seed dormancy genes *Qsd1* and *Qsd2* by genome editing. The results are expected to contribute to the development of varieties suitable for malting varieties 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に関する研究

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。こうした緯度に伴い変化する環境の違いに植物が適応する中で獲得した仕組みを明らかにすることを目指し、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周北極－高山植物を材料に研究を進めている。本年度は2種の姉妹種(*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; アブラナ科)が温度に対する感受性の異なるフィトクロム (phyB) を持つことを明らかにした成果を論文として発表した。また、屋外環境と人工気象期における環境のいずれにおいても、両種の開花特性が異なり、日本列島の環境では *C. nipponica* のみが開花することを観察し、phyB における性質の変化と植物の適応進化機構を結びつけて理解するための糸口を確立した。その一方で、ゲノムワイドな遺伝子の配列を解析し、*Cardamine nipponica* と *Cardamine bellidifolia* が種分化したプロセスを明らかにするとともに、*Cardamine nipponica* の適応進化には *PHYB* 以外に複数の遺伝子が関わった可能性を明らかにした。

2. 絶滅危惧種の保全に関する調査研究

絶滅危惧種の種子による生息域外保全と分布調査に取り組んでいる。京都府のほか岡山県・広島県にのみ分布が知られるキブネダイオウ (タデ科) について、今年は広島県を中心に調査を行い、9 地点で 100 個体以上を確認し、うち 81 個体の各々から種子などの遺伝資源を収集した。さらに、岡山県の 11 集団の現存と、新たな 1 地点の分布を確認した。また、岡山県では数個体のみ現存が確認され絶滅危惧 I 類とされるマダイオウ (タデ科) は、隣接する広島県では複数箇所合計 100 個体以上が現存することが分かった。このほか、キク科フクドの 2 集団において、それぞれの現存個体数 (推定数百個体) の約 1 割程度から個体ごとに種子などの遺伝資源を保存した。

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. The followings are our main achievements during 2021.

1. Study on mechanisms of adaptation to environments varying along latitude

Adaptation to environments varying along latitude such as photoperiod and temperature are important for regulating the plant's life cycle and reproductive success. To understand how plants adapt to different environments along latitude, we are focusing on arctic-alpine plants, whose distributions encompass high mountains in temperate regions and circumarctic region. In this year, we published our findings that two sister species (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; Brassicaceae) have phyB with different thermal stability (sensitivity). In addition, we observed differences in flowering traits between the two species and open new avenue for future study to explore the association of thermal stability of phyB with ecologically important traits. Furthermore, we investigated genome-wide polymorphisms between the two sister species and revealed their speciation processes together with candidate genes for adaptive divergence of *C. nipponica*.

2. Field survey for conservation of endangered plant species

Endangered *Rumex nepalensis* subsp. *andreaeanus* (Polygonaceae) is probably endemic to Japan (Kyoto, Okayama, and Hiroshima prefectures). Hiroshima is adjacent to Okayama. In this year, over 100 individuals were surveyed at nine sites in Hiroshima prefecture, and their seeds and genetic resources from 81 individuals were preserved. In Okayama prefecture, 11 known populations and new one population were surveyed. *Rumex madaio* is endangered in Okayama prefecture, and only one population (several individuals) is surviving in the west of Okayama. In the east of Hiroshima, over 100 individuals were found at several sites. However, the seeds did not mature due to damage. Seeds of *Artemisia fukudo* (Asteraceae), *Paliurus ramosissimus* (Rhamnaceae), etc. were preserved too.

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。本年度の主要成果として、オオムギの顕著な突然変異体の一種である、多節矮性突然変異体の分子遺伝学的解析があげられる。オオムギ多節矮性突然変異体が3種のグループに分類できることを示し、それぞれの原因遺伝子を解明した。

葉間期とは、連続する2枚の葉が形成される間隔をさし、植物体の形状を決定する重要因子であって、多節矮性突然変異体では葉間期の短縮がみられる。これまで、オオムギ多節矮性突然変異体には *mnd1* ~ *mnd7* の7種類の遺伝子座が報告されていた。本研究で詳細な遺伝的解析と表現型の定量解析を行った結果、3遺伝子座 (*MND1*, *MND4*, *MND8*) に収束することを明らかにした。岡山大学資源植物科学研究所でオオムギ品種「赤神力」のEMS処理により誘発された多節矮性突然変異体 OUM165 は既報のいずれの遺伝子と異なる新規の遺伝子座であることがわかった。そのため、*mnd8* 遺伝子座と命名し、さらに *i* を付して本遺伝子座の標準アレル (*mnd8i*) であることを示す。イネでは葉間期変異体として *pla1*, *pla2* および *pla3* の3遺伝子座が明らかになっている。今回オオムギで特定した葉間期に関する3遺伝子座のうち、*MND4* (HOR5Hr1G081060) はイネ *PLA1* の同祖遺伝子でチトクローム P450 ファミリーをコードするものと同一であった。しかし、オオムギで葉間期を支配する残りの2遺伝子 (*MND1* および *MND8*) はイネの *pla2* および *pla3* のいずれとも異なっていた。我々は *MND1* (HORVU7Hr1G113480) と *MND8* (HORVU5Hr1G103900) がそれぞれ N-アセチル トランスフェラーゼ様タンパク質および MATE トランスポーター ファミリータンパク質をコードし、それらのオーソログが *GRAIN WEIGHT6a* (*GW6a*) およびトウモロコシ *BIG EMBRYO1* (*BIGE1*) 遺伝子であることを明らかにした。*MND1* および *MND4* 遺伝子は茎頂分裂組織および葉原基の下部で発現していることがわかった。しかし、*MND8* 遺伝子は発現レベルが低いためか、茎頂での発現部位を *in situ* RNA ハイブリダイゼーションで検出することができなかった。まとめると、本研究でオオムギとイネの間で葉間期に関係する遺伝子のうち、1個は共通していたが、他の2個は異なっていた。イネ科の重要作物であるオオムギとイネとの比較研究により葉間期の遺伝制御機構を一層深く理解できると期待される。本研究は東京大学 伊藤純一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 the molecular mechanisms underlying beneficial agricultural traits. Our major achievements in 2021 are molecular dissection of *many-noded dwarf* mutants of barley. These barley mutants show obvious leaf phenotypes, but their responsible genes have not been fully clarified.

The plastochron, the time interval between the formation of two successive leaves, is an important determinant of plant architecture. We genetically and phenotypically investigated *many-noded dwarf* (*mnd*) mutants of barley. The *mnd* mutants exhibited a shortened plastochron and a decreased leaf blade length, and resembled previously reported plastochron1 (*pla1*), *pla2*, and *pla3* mutants in rice. Moreover, the maturation of *mnd* leaves was accelerated. We demonstrated that available barley *mnd* loci were grouped into three loci—*MND1*, *MND4*, and *MND8*. By means of genetic mapping and plural mutant allele sequencing, we revealed the causal genes of respective *mnd* loci. *MND4* (HOR5Hr1G081060) coincided with a *cytochrome P450* family gene which is a homolog of rice *PLA1*. We newly clarified that *MND1* (HORVU7Hr1G113480) and *MND8* (HORVU5Hr1G103900) encode an N-acetyltransferase-like protein and a MATE transporter-family protein, which are respectively orthologs of rice *GRAIN WEIGHT6a* (*GW6a*) and maize *BIG EMBRYO1* (*BIGE1*) and irrelevant to *PLA2* or *PLA3* of rice. Expression analyses of the three *MND* genes revealed that *MND1* and *MND4* were expressed in restricted regions of the shoot apical meristem and leaf primordia, but *MND8* expression around the shoot apex was below detection limit. Genetic analyses using the double mutants *mnd4mnd8* and *mnd1mnd8* indicated that *MND1* and *MND4* regulate the plastochron independently of *MND8*, suggesting that the plastochron in barley is controlled by multiple genetic pathways involving *MND1*, *MND4*, and *MND8*. We propose that *MND* genes function in the regulation of the plastochron and leaf growth. In conclusion, comparative analyses between barley and rice revealed conserved and diverse aspects of plastochron regulation. These findings were achieved in collaboration with Dr. Jun-Ichi Itoh, the University of Tokyo.

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。2021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、葯長および葯幅を調査しQTL解析を行った結果いくつかの有力な葯長制御QTLの存在が示唆された。

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の葯培養で得られた種子稔性を有する雑種4倍体系統の自殖分離集団を用いて、NGS情報から推定した両親ゲノムのdosage情報を利用してQTL解析を実施し、グラベリマゲノムが出穂を遅延させる作用力の強いQTLを第7染色体長腕に見い出した。

8種類の多収イネに由来する多系交雑集団（MAGIC）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の貢献が確認された。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集団と比較して連鎖不平衡程度がやや解消されるととも親品種ゲノムの偏りが観察された。

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 2021 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. QTL analyses on anther length and width were conducted in a population of 144 F₂ plants derived from a cross between Asian rice *O. sativa* and wild rice *O. longistaminata* and suggested a reliable candidate QTLs controlling anther length in rice.

QTL analysis of self-pollinated progeny of the fertile tetraploid (4X) line derived from African rice cultivar, *O. glaberrima* (2X), and Asian cultivar, *O. sativa* (2X) was carried out. By making use of dosage information estimated by NGS of each progeny, the large effect QTL involving extremely late heading at *O. glaberrima* allele was estimated on long arm of chromosome 7.

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 confirmed to be caused by specific haplotype of one forage rice variety that is originated from Taiwanese rice. Compared with MAGIC population, genome shuffling population tended to show lower linkage disequilibrium and slight distortion of some parental genomes.

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.

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土壌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2020、2021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、2021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。

作物イノベーション研究チーム

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。

1. オオムギの遺伝子改変技術の高度化

オオムギ研究の加速化を目指して遺伝子改変技術（形質転換およびゲノム編集技術）の高度化を行っている。

2. ムギ類生存圏におけるウイルス叢の解明

オオムギおよびコ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、イネ科作物の遺伝子解析・改変に有効なウイルスベクターの構築ならびにそ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。

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。

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。

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 2020 and 2021. 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 to confirm the reproducibility.

Crop Innovation Research Team

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. Advancement of genetic modification technology in barley

We are upgrading the genetic modification technologies (genetic transformation and genome editing technologies) to accelerate barley research.

2. Analysis of viromes in the ecosphere of Triticeae species

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

3. Morphological breeding of starch grains in barley seeds

Modification of starch grain morphology of barley seeds is in progress. The aim is to 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. Elucidation of environmental stress tolerance in barley

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

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、ドイツ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. 光合成電子伝達速度制御機構の種間普遍性と細胞増殖への影響

光合成のシトクロム b_6f 複合体の電子伝達反応では、リスキ鉄硫黄クラスターを配位したタンパク質ドメインが機械的に運動しリスキ鉄からヘム f へと電子を受け渡すと同時にプロトンをチラコイド膜ルーメンへ放出し酸性化する。そしてルーメンの酸性化は電子伝達速度を低下させ過度な光合成電子伝達を抑制する防御機構である Photosynthetic control を誘導する。リスキ鉄の近傍に位置するプロリンをロイシンに置換すると Photosynthetic control が失われることがシロイヌナズナで報告されたが、他の光合成生物での普遍性、生物個体への影響、生体膜構造を維持した状態での生理学的な応答は不明な点が多かった。そこで緑藻クラミドモナスに相当する変異を導入したところ、Photosynthetic control は、普遍的な制御機構であり、細胞増殖速度維持に重要であり、膜構造を利用したプロトン濃度勾配の維持が必要であることを示した。

2. 光化学系 I 複合体における詳細な電子伝達の分子機構を原子解像度の構造生物学で解明

光化学系 I 複合体 (PSI) はチラコイド膜ルーメン側でプラストシアニン (Pc) から電子を受け取る。この現象はこれまでよく記述されてきたものの、Pc が PSI に結合し電子を受け渡す分子的反応機構は不明な点が多かった。PSI と Pc の相互作用に関わる部位特異的な変異を PSI 側に導入した緑藻クラミドモナスを用いた生物物理学測定と、Pc と結合した豆の PSI 構造を高分解能で解析する、の2つを組み合わせることで Pc が PSI に結合し電子伝達を行う分子メカニズムが以下の順序で進行することがわかった。(1) 静電的相互作用による Pc と PSI の結合、(2) 疎水相互作用による Pc と PSI 結合の安定化、(3) Pc から PSI への分子内での電子伝達反応、(4) Pc が PSI から解離する。また緑藻クラミドモナスから単離した二量体 PSI の構造解析をクライオ電顕で行った。その結果、40 サブユニット、118 膜貫通ヘリックス、568 色素分子をもつ複合体の構造解析に成功し光捕集タンパク質の LHCA9 が二量体化に重要であることを見いだした。二量体 PSI の存在は植物でも報告されているが分子構造まで解析された例は今回が初であり構造情報を基にした今後の研究進展が期待される。

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, 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. Interspecies universality and impact on cellular growth of photosynthetic electron transfer rate regulation

Within the $Cytb_6f$ complex, the soluble domain ligating Rieske Iron Sulfur Cluster (Rieske ISC) interconnects electron transfer between the Q_o site, facilitating oxidation of plastoquinol, and $Cyt f$, which donates the electron to plastocyanin, coupled with proton release at thylakoid lumen and contributes to its acidification, generating proton gradient across thylakoid membrane. The luminal acidification is essential to induce, "photosynthetic control", where oxidation of plastoquinol is slowed down to protect photosynthesis. A substitution from Pro to Leu close to the Rieske ISC impacts photosynthetic control in Arabidopsis. By introducing the corresponding mutation into the green algae *Chlamydomonas*, we found that it has a significant impact on cellular growth under carbon source limitation and the onset of photosynthetic control is strongly correlated with a partitioning of electron transfer towards cyclic electron transfer.

2. Molecular mechanistic insight for electron transfer of Photosystem I revealed by atomic resolution structural biology

After photo-oxidation, $P700^+$ of photosystem I (PSI) is reduced by an electron from plastocyanin (Pc) at thylakoid luminal side. By employing reversed genetics with the green alga *Chlamydomonas* and high resolution cryogenic electron microscopy (cryo-EM) of a PSI-Pc complex from pea, we revealed mechanical steps of electron transfer process between Pc and PSI. The mechanical steps are summarized in the following steps, (i) electrostatic interactions, (ii) stabilized by hydrophobic interaction, (iii) electron transfer from Pc to PSI within the intermolecular complex, (iv) dissociation. In addition, we revealed a PSI from the green alga *C. reinhardtii* that is organized as a homodimer, comprising 40 protein subunits with 118 transmembrane helices that provide scaffold for 568 pigments. Our cryo-EM structure identified the light-harvesting protein LHCA9 as the key element for the dimerization. This first discovery of a PSI-dimer opens several questions.

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) 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.* **147** (1): 107-124. (2021. 1.)
- (2) Takanashi, H., Shichijo, M., Sakamoto, L., Kajiya-Kanegae, H., Iwata, H., Sakamoto, W. and Tsutsumi, N. Genetic dissection of QTLs associated with spikelet-related traits and grain size in sorghum. *Sci. Rep.* **11** (1): 9398. (2021. 4.)
- (3) Ida, T., Crofts, N., Miura, S., Matsushima, R. and Fujita, N. Structure and Properties of Starch in Rice Double Mutants Lacking Starch Synthase (SS) IIa and Starch Branching Enzyme (BE) Iib. *J. Appl. Glycosci.* **68**: 31-39. (2021. 4.)
- (4) Sakamoto, W. With Greetings and Hope for a Recoverable 2021: From the PCP Editor-In-Chief. *Plant Cell Physiol.* **62** (2): 219-221. (2021. 5.)
- (5) Sakamoto, W. Editorial Feature: Meet the PCP Editor-In-Chief-Wataru Sakamoto. *Plant Cell Physiol.* **62** (2): 222-223. (2021. 5.)
- (6) Gupta, T. K., Klumpe, S., Gries, K., Heinz, S., Wietrzynski, W., Ohnishi, N., Niemeyer, J., Spaniol, B., Schaffer, M., Rast, A., Ostermeier, M., Strauss, M., Plitzko, J. M., Baumeister, W., Rudack, T., Sakamoto, W., Nickelsen, J., Schuller, J. M., Schroda, M. and Engel, B. D. Structural basis for VIPP1 oligomerization and maintenance of thylakoid membrane integrity. *Cell* **184** (14): 3643-3659. (2021. 7.)
- (7) Taketa, S., Hattori, M., Takami, T., Himi, E. and Sakamoto, W. Mutations in a *Golden2-Like* Gene Cause Reduced Seed Weight in Barley *albino lemma 1* Mutants. *Plant Cell Physiol.* **62** (3): 447-457. (2021. 7.)
- (8) Jing, Z., Wacera, F. W., Takami, T., Takanashi, H., Fukada, F., Kawano, Y., Kajiya-Kanegae, H., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. NB-LRR-encoding genes conferring susceptibility to organophosphate pesticides in sorghum. *Sci. Rep.* **11** (1): 19828. (2021. 10.)
- (9) 坂本 亘 光合成装置のアッセンブリと分解によるダイナミクス. 光合成 pp.189-193. (日本光合成学会編) ISBN **9784254171761** (2021. 12.)
- (10) 桶川友季 シロイヌナズナにおいて光化学系Iサイクリック電子伝達は厳密に制御されている. 光合成研究 **31** (3): 154-161. (2021. 12.)
- (11) Okegawa, Y., Tsuda, N., Sakamoto, W. and Motohashi, K. Maintaining the Chloroplast Redox Balance Through the PGR5-Dependent Pathway and the Trx System is Required for Light-Dependent Activation of Photosynthetic Reactions. *Plant Cell Physiol.* doi: 10.1093/pcp/pcab148. (2021. 10. Online preview)

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

- (1) Hori, K., Saisho, D., Nagata, K., Nonoue, Y., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Shu, K., Hirayama, T., Yonemaru, J., Fukuoka, S. and Mochida, K. Genetic Elucidation for Response of Flowering Time to Ambient Temperatures in Asian Rice Cultivars. *Int. J. Mol. Sci.* **22**: 1024. (2021. 1.)
- (2) Otsuka, K., Mamiya, A., Konishi, M., Nozaki, M., Kinoshita, A., Tamaki, H., Arita, M., Saito, M., Yamamoto, K., Hachiya, T., Noguchi, K., Ueda, T., Yagi, Y., Kobayashi, T., Nakamura, T., Sato, Y., Hirayama, T. and Sugiyama, M. Temperature-dependent fasciation mutants provide a link between mitochondrial RNA processing and lateral root morphogenesis. *eLife* **10**: e61611. (2021. 1.)
- (3) Wakamatsu, A., Mori, I. C., Matsuura, T., Taniwaki, Y., Ishii, R. and Yoshida, R. Possible roles for phytohormones in controlling the stomatal behavior of *Mesembryanthemum crystallinum* during the salt-induced transition from C3 to crassulacean acid metabolism. *J. Plant Physiol.* **262**: 153448. doi.org/10.1016/j.jplph.2021.153448 (2021. 7.)
- (4) Mori, I. C., Arias-Barreiro, C. R., Ooi, L., Lee, N. H., Sobahan, M. A., Nakamura, Y., Hirai, Y. and Murata, Y. Cadmium uptake via apoplastic bypass flow in *Oryza sativa*. *J. Plant Res.* **134**: 1139-1148. doi.org/10.1007/s10265-021-01319-y (2021. 9.)
- (5) Hirayama, T. PARN-like Proteins Regulate Gene Expression in Land Plant Mitochondria by Modulating mRNA Polyadenylation. *Int. J. Mol. Sci.* **22**: 10766. (2021. 10.)
- (6) Hirosawa, Y., Tada, A., Matsuura, T., Mori, I. C., Ogura, Y., Hayashi, T., Uehara, S., Ito-Inaba, Y. and Inaba, T. Salicylic Acid Acts Antagonistically to Plastid Retrograde Signaling by Promoting the Accumulation of Photosynthesis-associated Proteins in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol.* **62**: 1728-1744. (2021. 12.)
- (7) Hisano, H., Hoffie, R. E., Abe, F., Munemori, H., Matsuura, T., Endo, M., Mikami, M., Nakamura, S., Kumlehn, J. and Sato, K. Regulation of germination by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley. *Plant Biotechnol. J.* doi: 10.1111/pbi.13692 (2021. 8. Online preview)
- (8) Shiono, K., Yoshikawa, M., Kreszies, T., Yamasa, S., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I. C., Schreiber, L. and Yoshioka, T. Absciscic acid is required for exodermal suberization to form a barrier to radical oxygen loss in the adventitious roots of rice (*Oryza sativa*). *New Phytol.* doi.org/10.1111/nph.17751 (2021. 11. Online preview)

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

- (1) Rikiishi, K., Sugimoto, M. and Maekawa, M. Transcriptomic analysis of developing seeds in a wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant RSD32 with reduced seed dormancy. *Breed. Sci.* **71**: 155-166. doi:10.1270/jsbbs.20016 (2021. 4.)
- (2) Sugimoto, M., Watanabe, T., Takaoka, M., Suzuki, K., Muakami, T., Murakami, N. and Sumikawa, S. Anti-inflammatory effect on colitis and modulation of microbiota by fermented plant extract supplementation. *Fermentation* **7**: 27-32. (2021. 4.)

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. Profile. *New Phytologist* **229**: 673-674. doi.org/10.1111/nph.17066 (2021. 1.)
- (2) 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* **229**: 1007-1020. doi.org/10.1111/nph.16860 (2021. 1.)
- (3) Wigenhauser, M., Aucour, A.M., Bureau, S., Campillo, S., Telouk, P., Romani, M., Ma, J. F., Landrot, G. and Sarret, G. Cadmium transfer in contaminated soil-rice systems: Insights from solid-state speciation analysis and stable isotope fractionation. *Environmental Pollution* **269**: 115934. doi: 10.1016/j.envpol.2020.115934 (2021. 1.)
- (4) Huang, S. and Ma, J. F. Chapter 3. Transport of mineral elements from soil and human health. *In* The Soil-Human Health Nexus. 12pages, Ed. R. Lal. CRC Press. ISBN 9780367422134 (2021. 1.)
- (5) Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Linking transport system of silicon with its accumulation in different plant species. *Soil Sci. Plant Nutr.* **67**: 10-17. doi.org/10.1080/00380768.2020.1845972 (2021. 2.)
- (6) 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.* **105**: 786-799. doi.org/10.1111/tpj.15073 (2021. 2.)
- (7) Ma, J. F., Shen, R. F. and Shao, J. F. Transport of cadmium from soil to grain in cereal crops: A review. *Pedosphere* **31**: 3-10. doi: 10.1016/S1002-0160(20)60015-7 (2021. 2.)
- (8) Ogawa, D., Suzuki, Y., Yokoo, T., Katoh, E., Teruya, M., Muramatsu, M., Ma, J. F., Yoshida, Y., Isaji, S., Ogo, Y., Miyao, M., Kim, J-M., Kojima, M., Takebayashi, Y., Sakakibara, H., Takeda, S., Okada, K., Mori, N., Seki, M. and Habu, Y. Acetic-acid-induced jasmonate signaling in root enhances drought avoidance in rice. *Scientific Reports* **11**: 6280. doi: 10.1038/s41598-021-85355-7 (2021. 3.)
- (9) Shao, J. F., Yamaji, N., Huang, S. and Ma, J. F. Fine regulation system for distribution of boron to different tissues in rice. *New Phytologist* **230**: 656-668. doi.org/10.1111/nph.17169 (2021. 4.)
- (10) Ma, J. F. and Tsay, Y. F. Transport systems of mineral elements in plants: transporters, regulation and utilization. *Plant and Cell Physiology* **62**: 539-540. doi.org/10.1093/pcp/pcab026 (2021. 4.)
- (11) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Buckwheat FeNramp5 mediates high manganese uptake in roots. *Plant and Cell Physiology* **62**: 600-609. doi.org/10.1093/pcp/pcaa153 (2021. 4.)
- (12) Sun, L. M., Che, J., Ma, J. F. and Shen, R. F. Expression level of transcription factor *ART1* is responsible for differential aluminum tolerance in *Indica* rice. *Plants* **10**: 634. doi.org/10.3390/plants10040634 (2021. 4.)
- (13) 馬 建鋒 進歩総説「植物のミネラル輸送研究最前線」の掲載にあたり. *日本土壌肥科学雑誌* **92**: 69. doi.org/10.20710/dojo.92.2_69 (2021. 4.)
- (14) 黄 勝・山地直樹・馬 建鋒 亜鉛の輸送機構. *日本土壌肥科学雑誌* **92**: 136-140. doi.org/10.20710/dojo.92.2_136 (2021. 4.)
- (15) 三谷奈見季・馬 建鋒 ケイ素の輸送機構. *日本土壌肥科学雑誌* **92**: 160-165. doi.org/10.20710/dojo.92.2_160 (2021. 4.)
- (16) 馬 建鋒・田野井慶太郎・古川 純・鈴井伸郎・Wang Peng・山地直樹・高野順平 植物の元素イメージング. *日本土壌肥科学雑誌* **92**: 213-218. doi.org/10.20710/dojo.92.2_213 (2021. 4.)
- (17) Zhang, X. L., Wu, Q., Tao, Y., Zhu, X. F., Takahashi, N., Umeda, M., Shen, R. F. and Ma, J. F. ANAC044 is associated with P reutilization in P deficient *Arabidopsis thaliana* root cell wall in an ethylene dependent manner. *Environmental and Experimental Botany* **185**: 104386. doi.org/10.1016/j.envexpbot.2021.104386 (2021. 5.)
- (18) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Role of a vacuolar iron transporter OsVIT2 in the distribution of iron to rice grains. *New Phytologist* **230**: 1049-1062. doi.org/10.1111/nph.17219 (2021. 5.)
- (19) 馬 建鋒 穀物におけるカドミウムの集積機構：安全な作物の作出の作出に向けて. *清淵* **868**: 24-26. (渋沢栄一記念財団機関誌) (2021. 7.)
- (20) Sato, K., Takeda, K. and Ma, J. F. Germplasm evaluation for crop improvement: analysis of grain quality and cadmium toxicity in barley. *Journal of Cereal Science* **101**: 103297. doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103297 (2021. 9.)
- (21) Ogasawara, M., Miyazaki, N., Monden, G., Taniko, K., Lim, S., Iwata, M., Ishii, T., Ma, J. F. and Ishikawa, R. Role of *qGZn9a* in controlling grain zinc concentration in rice, *Oryza sativa* L. *Theoretical and Applied Genetics* **134**: 3013-

3022. doi.org/10.1007/s00122-021-03873-4 (2021. 9.)
- (22) Yu, E., Yamaji, N., Mochida, K., Galis, I., Asaka, K. and Ma, J. F. *LYSINE KETOGLUTARATE REDUCTASE TRANS-SPLICING RELATED 1* is involved in a temperature-dependent root growth in rice. *Journal of Experimental Botany* **72**: 6336-6349. doi.org/10.1093/jxb/erab240 (2021. 9.)
- (23) Yu, E., Yamaji, N., Mao, C., Wang, H. and Ma, J. F. Lateral roots but not root hairs contribute to high uptake of manganese and cadmium in rice. *Journal of Experimental Botany* **72**: 7219-7228. doi.org/10.1093/jxb/erab329 (2021. 10.)
- (24) Saitoh, Y., Mitani-Ueno, N., Saito, K., Matsuki, K., Huang, S., Yang, L., Yamaji, N., Ishikita, H., Shen, J. R., Ma, J. F.*, and Suga, M.* Structural basis for high selectivity of a rice silicon channel Lsi1. *Nature Communications* **12**: 6236. doi.org/10.1038/s41467-021-26535-x (*co-corresponding author) (2021. 10.)
- (25) Konishi, N. and Ma, J. F. Three polarly localized ammonium transporter 1 members are cooperatively responsible for ammonium uptake in rice under low ammonium condition. *New Phytologist* **232**: 1778-1792. doi.org/10.1111/nph.17679 (2021. 11.)
- (26) Yamaji, N. and Ma, J. F. Metalloid transporters and their regulation in plants. *Plant Physiology* **187**: 1929-1939. doi.org/10.1093/plphys/kiab326 (2021. 12.)
- (27) Huang, S., Yamaji, N. and Ma, J. F. Zinc Transport in Rice: Dilemma between optimal plant requirement and human nutrition. *Journal of Experimental Botany* doi.org/10.1093/jxb/erab478 (2021. 11. Online preview)
- (28) Huang, S., Konishi, N., Yamaji, N., Shao, J. F., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Boron uptake in rice is regulated posttranslationally via a clathrin-independent pathway. *Plant Physiology* doi.org/10.1093/plphys/kiab575 (2021. 12. Online preview)

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

- (1) 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 Physiol.* **62**: 92-99. doi.org/10.1093/pcp/pcaa142 (2021. 1.)
- (2) 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 Prod. Sci.* **24**: 73-82. doi.org/10.1080/1343943X.2020.1794915 (2021. 2.)
- (3) 且原真木 植物のアクアポリン. *脳神経内科* **94**: 635-641. (2021. 5.)
- (4) Tazawa, M., Katsuhara, M. and Wayne, R. Age dependence of the hydraulic resistances of the plasma membrane and the tonoplast (vacuolar membrane) in cells of *Chara corallina*. *Protoplasma* **258**: 793-801. doi.org/10.1007/s00709-020-01596-9 (2021. 6.)
- (5) Imran, S., Tsuchiya, Y., Tran, S. T. H. and Katsuhara, M. Identification and characterization of rice OsHKT1;3 Variants. *Plants* **10**: 2006. doi:10.3390/plants10102006 (2021. 9.)
- (6) Tsuchiya, Y., Nakamura, T., Izumi, Y., Okazaki, K., Shinano, T., Kubo, Y., Katsuhara, M., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Physiological Role of Aerobic Fermentation Constitutively Expressed in an Aluminum-Tolerant Cell Line of Tobacco (*Nicotiana tabacum*). *Plant Cell Physiol.* **62**: 1460-1477. doi.org/10.1093/pcp/pcab098 (2021. 9.)

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) Aulia, A., Hyodo, K., Hisano, S., Kondo, H., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Identification of an RNA silencing suppressor encoded by a symptomless fungal hypovirus, CHV4. *Biology* **10**: 100. doi.org/10.3390/biology10020100 (2021. 1.)
- (2) Tamada, T., Uchino, U., Kusume, T., Saito, M., Chiba, C., Andika, I. B. and Kondo, H. Pathogenetic roles of beet necrotic yellow vein virus RNA5: exacerbation of symptoms and yield reduction, development of scab-like symptom and involvement in *Rz1*-resistance breaking. *Plant Pathology* **70**: 219-232. doi.org/10.1111/ppa.13266 (2021. 1.)
- (3) Tabara, M., Koiwa, H., Suzuki, N. and Fukuhara, T. Biochemical characterization of the dicing activity of Dicer-like 2 in the model filamentous fungus *Neurospora crassa*. *Fungal Genetics and Biology* **146**: 103488. doi.org/10.1016/j.fgb.2020.103488 (2021. 1.)
- (4) Arjona-López, J. M., Telengech, P., Suzuki, N. and López-Herrera, C. J. A moderate level of hypovirulence conferred by a hypovirus in the avocado white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*. *Fungal Biology* **125**: 69-76. doi.org/10.1016/j.funbio.2020.10.007 (2021. 1.)
- (5) Suzuki, N., Cornejo, C., Aulia, A., Shahi, S., Hillman, B. I. and Rigling, D. In-tree behavior of diverse viruses harbored in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. *Journal of Virology* **95**: e01962-20. doi.org/10.1128/JVI.01962-20 (2021. 2.)

- (6) Shahi, S., Chiba, S., Kondo, H. and Suzuki, N. Cryphonectria nitschkei chrysovirus 1 with unique molecular features and a very narrow host range. *Virology* **554**: 55-65. doi.org/10.1016/j.virol.2020.11.011 (2021. 2.)
- (7) Suzuki, N. An introduction to fungal viruses. *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.4**: 431-442. (In memory of Professor Said A. Ghabrial) doi.org/10.1016/B978-0-12-814515-9.00045-X (2021. 3.)
- (8) Sun, L., Kondo, H. and Andika, I. B. Cross-kingdom virus transmission. *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.4**: 443-449. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.21320-4 (2021. 3.)
- (9) Caston, J. R., Suzuki, N. and Said, G. Structure of dsRNA mycoviruses. *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.4**: 504-512. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.21275-2 (2021. 3.)
- (10) Sato, Y. and Suzuki, N. Megabirnaviruses (*Megabirnaviridae*). *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.4**: 594-600. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20947-3 (2021. 3.)
- (11) Kondo, H., Castón, J. R. and Suzuki, N. Quadrviruses. *Encyclopedia of Virology 4th edition* **Vol.4**: 642-647. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20948-5 (2021. 3.)
- (12) Das, S. and Suzuki, N. Yado-kari virus 1 and yado-nushi virus 1 (Unassigned). *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.4**: 658-663. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20949-7 (2021. 3.)
- (13) Hyodo, K. and Kaido, M. Dianthovirus (*Tombusviridae*). *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Vol.3**: 383-387. doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.21263-6 (2021. 3.)
- (14) Suzuki, N., Krell, P., Feiss, M. and Prangishvili, M. Volume 4 (edit). *Encyclopedia of Virology 4th edition* (Editor-in-Chiefs: D. Bamford & M. Zuckerman) **Hardcover ISBN: 9780128145159, EBook ISBN: 9780128145166** (2021. 3.)
- (15) 鈴木信弘 (分担) 第3章 さまざまなウイルスたち. 「ヤドカリ」「ヤドヌシ」と呼ばれるウイルスの共生関係. ネオウイルス学 (河岡義裕編) **ISBN 978-4-08-721159-7** (2021. 3.)
- (16) Shahi, S. Experimental introduction of mycoviruses into phytopathogenic filamentous fungi and their biologic characterization. 博士学位論文 (岡山大学) (2021. 3.)
- (17) Khan, H. A., Sato, Y., Kondo, H., Jamal, A., Bhatti, M. F. and Suzuki, N. A second capsidless hadakavirus strain with a 10 positive-sense single-stranded RNA genomic segments from *Fusarium nygamai*. *Archives of Virology* **166**: 2711-2722. doi: 10.1007/s00705-021-05176-x (2021. 7.)
- (18) Das, S., Alam, Md. M., Zhang, R., Hisano, S. and Suzuki, N. Proof-of-concept of the yadokari nature: a capsidless replicase-encoding but replication-dependent positive-sense single-stranded RNA virus hosted by an unrelated double-stranded RNA virus. *Journal of Virology* **95**: e00467-21. doi.org/10.1128/JVI.00467-21 (2021. 8.)
- (19) Kondo, H., Yoshida, N., Fujita, M., Maruyama, K., Hyodo, K., Hiasno, H., Tamada, T., Andika, I. B. and Suzuki, N. Identification of a novel quinvirus in family *Betaflexiviridae* that infects winter wheat. *Frontiers in Microbiology* **12**: 715545. doi.org/10.3389/fmicb.2021.715545 (2021. 8.)
- (20) Walker, P. J. et al. (Suzuki, N.) Changes to virus taxonomy and to the International Code of Virus Classification and Nomenclature ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses. *Archives of virology* **166**: 2633-2648. doi.org/10.1007/s00705-021-05156-1 (2021. 9.)
- (21) Telengech, P. Molecular and biological properties of diverse fungal and plant partitiviruses. 博士学位論文 (岡山大学) (2021. 9.)
- (22) Cornejo, C., Hisano, S., Braganca, H., Suzuki, N. and Rigling, D. A new double-stranded RNA mycovirus in *Cryphonectria naterciae* is able to cross the species barrier and is deleterious to a new host. *Journal of Fungi* **7**: 861. doi.org/10.3390/jof7100861 (2021. 10.)
- (23) Hyodo, K. Identification and characterization of host factors involved in plant RNA virus replication. *Journal of General Plant Pathology* **87**: 415-417. doi.org/10.1007/s10327-021-01022-9 (2021. 11.)
- (24) Neang, S., Bincader, S., Rangsuwan, S., Keawmanee, P., Rin, S., Salaipeth, L., Das, S., Kondo, H., Suzuki, N., Sato, I., Takemoto, D., Rattanakreetakul, C., Pongpisutta, R., Arakawa, M. and Chiba, S. Omnipresence of partitiviruses in rice aggregate sheath spot symptom-associated fungal strains isolated from paddies in Thailand. *Viruses* **13**: 2269. doi.org/10.3390/v13112269 (2021. 11.)
- (25) Dietzgen, R.G., Jiāng, D., Junglen, S., Kondo, H., Kuhn, J. H. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Nyamiviridae* 2021. *Journal of General Virology* **102**: 001681. doi:10.1099/jgv.0.001681 (2021. 11.)
- (26) Kuhn, J. H., et al. (Kondo, H.) 2021 taxonomic update for phylum *Negarnaviricota* (*Riboviria*: *Orthornavirae*), including the large orders *Bunyavirales* and *Mononegavirales*. *Archives of Virology* **166**: 3513-3566. doi.org/10.1007/s00705-021-05143-6 (2021. 12.)
- (27) Khan, H. A., Shamsi, W., Jamal, J., Javaied, M., Sadiq, M., Fatma, T., Ahmed, A., Arshad, M., Waseem, M., Babar, S., Dogar, M. M., Virk, N., Janjua, H. A., Kondo, H., Suzuki, N. and Bhatti, M. F. Assessment of mycoviral diversity in Pakistani fungal isolates revealed infection by 11 novel viruses of a single strain of *Fusarium mangiferae*. *Journal of General Virology* **102**: 001690. doi 10.1099/jgv.0.001690 (2021. 12.)

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

- (1) Aboshi, T., Iitsuka, C., Galis, I., Teraishi, M., Kamo, M., Nishimura, A., Ishihara, A., Mori, N. and Murayama, T. Isopentylamine is a novel defense compound induced by insect feeding in rice. *Plant Cell Environ.* **44**: 247-256. doi.org/10.1111/pce.13902 (2021. 1.)
- (2) Wari, D., Kuramitsu, K. and Kavallieratos, N. G. Sap-sucking pests; they do matter. *Insects* **12**: 363. doi: 10.3390/insects12040363 (2021. 4.)
- (3) Inagaki, H., Miyamoto, K., Ando, N., Murakami, K., Sugisawa, K., Morita, S., Yumoto, E., Teruya, M., Uchida, K., Kato, N., Kaji, T., Takaoka, Y., Hojo, Y., Shinya, T., Galis, I., Nozawa, A., Sawasaki, T., Nojiri, H., Ueda, U. and Okada, K. Deciphering OPDA signaling components in the momilactone-producing moss *Calohyphnum plumiforme*. *Front. Plant Sci.* **12**: 688565. doi.org/10.3389/fpls.2021.688565 (2021. 5.)
- (4) Mujiono, K., Tohi, T., Sobhy, I. S., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Herbivore-induced and constitutive volatiles are controlled by different oxylipin-dependent mechanisms in rice. *Plant Cell Environ.* **44**: 2687-2699. doi.org/10.1111/pce.14126 (2021. 8.)
- (5) Swetha, B., Singiri, J. R., Novoplansky, N., Grandhi, R., Srinivasan, J., Khadka, J., Galis, I. and Grafi, G. Single and combined salinity and heat stresses impact yield and dead pericarp priming activity. *Plants* **10**: 1627. doi.org/10.3390/plants10081627 (2021. 8.)
- (6) Yamasaki, Y., Sumioka, H., Takiguchi, M., Uemura, T., Kihara, Y., Shinya, T., Galis, I. and Arimura, G. I. Phytohormone-dependent plant defense signaling orchestrated by oral bacteria of the herbivore *Spodoptera litura*. *New Phytol.* **231**: 2029-2038. doi.org/10.1111/nph.17444 (2021. 9.)
- (7) Yu, E., Yamaji, N., Mochida, K., Galis, I., Asaka, K. and Ma, J. F. *LYSINE KETOGLUTARATE REDUCTASE TRANS-SPLICING RELATED 1* is involved in a temperature-dependent root growth in rice. *J. Exp. Bot.* **72**: 6336-6349. doi.org/10.1093/jxb/erab240 (2021. 9.)
- (8) Morita, M., Yamasaki, Y., Shinya, T., Galis, I. and Arimura, G. I. Phytohormone elicitation in maize by oral secretions of specialist *Mythimna separata* and generalist *Spodoptera litura*. *J. Plant Interact.* **16**: 587-590. doi.org/10.1080/17429145.2021.2006334 (2021. 12.)
- (9) Valea, I., Motegi, A., Kawamura, N., Kawamoto, K., Miyao, A., Ozawa, R., Takabayashi, J., Gomi, K., Nemoto, K., Nozawa, A., Sawasaki, T., Shinya, T., Galis, I., Miyamoto, K., Nojiri, H. and Okada, K. The rice wound-inducible transcription factor *RERJ1* sharing same signal transduction pathway with OsMYC2 is necessary for defense response to herbivory and bacterial blight. *Plant Mol. Biol.* doi: 10.1007/s11103-021-01186-0 (2021. 9. Online preview)
- (10) Shiono, K., Yoshikawa, M., Kreszies, T., Yamada, S., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I. C., Schreiber, L. and Yoshioka, T. Absciscic acid is required for exodermal suberization to form a barrier to radial oxygen loss in the adventitious roots of rice (*Oryza sativa*). *New Phytol.* doi:10.1111/nph.17751 (2021. 11. Online preview)
- (11) Shinya, T., Miyamoto, K., Uchida, K., Hojo, Y., Yumoto, E., Okada, K., Yamane, H. and Galis, I. Chitooligosaccharide elicitor and oxylipins synergistically elevate phytoalexin production in rice. *Plant Mol. Biol.* https://doi.org/10.1007/s11103-021-01217-w (2021. 11. Online preview)

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

- (1) Fukada, F., Rössel, N., Münch, K., Glatter, T. and Kahmann, R. A small *Ustilago maydis* effector acts as a novel adhesin for hyphal aggregation in plant tumors. *New Phytol.* **231**: 416-431. doi: 10.1111/nph.17389 (2021. 7.)
- (2) Jing, Z., Wacera, W. F., Takami, T., Takanashi, H., Fukada, F., Kawano, Y., Kajiya-Kanegae, H., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. NB-LRR-encoding genes conferring susceptibility to organophosphate pesticides in sorghum. *Sci. Rep.* **11**: 19828. doi: 10.1038/s41598-021-98908-7 (2021. 10.)
- (3) Akamatsu, A., Fujiwara, M., Hamada, S., Wakabayashi, M., Yao, A., Wang, Q., Kosami, K. I., Dang, T. T., Kaneko-Kawano, T., Fukada, F., Shimamoto, K. and Kawano, Y. The Small GTPase OsRac1 Forms Two Distinct Immune Receptor Complexes Containing the PRR OsCERK1 and the NLR Pit. *Plant Cell Physiol.* doi: 10.1093/pcp/pcab121 (2021. 7. Online preview)
- (4) Kawano, Y. Fine-tuning ROS homeostasis by ROD1 is a battleground between rice and *Magnaporthe oryzae*. *Mol. Plant* doi.org/10.1016/j.molp.2021.11.005 (2021. 11. Online preview)

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

- (1) Tani, A., Mitsui, R. and Nakagawa, T. Discovery of lanthanide-dependent methylotrophy and screening methods for lanthanide-dependent methylotrophs. *Meth. Enzymol.* **650**: 1-18. (2021. 2.)
- (2) Yurimoto, H., Iguchi, H., Tani, A., Okumoto, Y. and Sakai, Y. Methanol bioeconomy: Promotion of rice crop yield in paddy

-
- fields with microbial cells prepared from natural-gas derived C1-compound. *Microbial Biotechnology* **14** (4): 1385-1396. (2021. 7.)
- (3) Alessa, O., Ogura, Y., Fujitani, Y., Takami, H., Hayashi, T., Sahin, N. and Tani, A. Comprehensive comparative genomics and phenotyping of *Methylobacterium* species. *Front. Microbiol.* **12**: 740610. doi: 10.3389/fmicb.2021.740610. (2021. 10.)

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) Hori, K., Saisho, D., Nagata, K., Nonoue, Y., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Shu, K., Hirayama, T., Yonemaru, J., Fukuoka, S. and Mochida, K. Genetic Elucidation for Response of Flowering Time to Ambient Temperatures in Asian Rice Cultivars. *International Journal of Molecular Sciences* **22** (3): 1024. DOI: 10.3390/ijms22031024 (2021. 1.)
- (2) 安倍史高・佐藤和広 穂発芽耐性コムギの開発. ゲノム編集食品 (田部井豊監修). エヌ・ティー・エス, 東京, pp.175-183. (2021. 2.)
- (3) Liu, Y., Luo, W., Linghu, Q., Abe, F., Hisano, H., Sato, K., Kamiya, Y., Kawamura, K., Onishi, K., Endo, M., Toki, S., Hamada, H., Nagira, Y., Taoka, N. and Imai, R. *In planta* genome editing in commercial wheat varieties. *Front. Plant Sci.* **12**: 648841. DOI: 10.3389/fpls.2021.648841 (2021. 3.)
- (4) 佐藤和広 醸造用大麦のゲノム解析. 醸造の事典 (北本勝ひこ他編) ISBN 97842544312544 (2021. 6.)
- (5) Sato, K., Abe, F., Mascher, M., Haberer, G., Gundlach, H., Spannagl, M., Shirasawa, K. and Isobe, S. Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar 'Fielder'. *DNA Res.* **28** (3): dsab008. DOI: 10.1093/dnares/dsab008 (2021. 6.)
- (6) Hoffie, R. E., Otto, I., Hisano, H. and Kumlehn, J. Site-Directed Mutagenesis in Barley Using RNA-Guided Cas Endonucleases During Microspore-Derived Generation of Doubled Haploids. In: Segui-Simarro J.M. (eds) *Doubled Haploid Technology. Methods in Molecular Biology*, vol **2287**. Humana, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1315-3_9 (2021.7.)
- (7) Sato, K., Yoshida, K. and Takumi, S. RNA-Seq-based DNA marker analysis of the genetics and molecular evolution of Triticeae species. *Funct. Integr. Genomics* **21**: 535-542. <https://doi.org/10.1007/s10142-021-00799-4> (2021. 8.)
- (8) Yaeno, T., Wahara, M., Nagano, M., Wanezaki, H., Toda, H., Inoue, H., Eishima, A., Nishiguchi, M., Hisano, H., Kobayashi, K., Sato, K. and Yamaoka, N. RACE1, a Japanese *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* isolate, is capable of overcoming the *mlo*-mediated penetration resistance in barley. *PLOS ONE* **16** (8): e0256574. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256574> (2021. 8.)
- (9) Kondo, H., Yoshida, N., Fujita, M., Maruyama, K., Hyodo, K., Hisano, H., Tamada, T., Andika, I. B. and Suzuki, N. Identification of a novel Quinvirus in the family *Betaflexiviridae* that infects winter wheat. *Front. Microbiol.* **12**: 715545. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.715545> (2021.8.)
- (10) 佐藤和広 栽培植物の起源と進化. 植物育種学 (奥本員敏編) ISBN 9784254405712 (2021. 8)
- (11) Sato, K., Takeda, K. and Ma, J. F. Germplasm evaluation for crop improvement: Analysis of grain quality and cadmium accumulation in barley. *J. Cereal Sci.* **101**: 103297. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103297> (2021. 9.)
- (12) Almerikova, S., Genievskaya, Y., Abugaliev, S., Sato, K. and Turuspek, Y. Phylogenetic assessment and genetic diversity of two-rowed barley accessions from Kazakhstan based on SNP genotyping data. *Plants* **10** (10): 2025. <https://doi.org/10.3390/plants10102025> (2021. 9.)
- (13) Sato, K., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Spannagl, M. and Stein, N. Chromosome-scale assembly of wild barley accession 'OUH602'. *G3 Genes|Genomes|Genetics* **11** (10): jkab244. 10.1093/g3journal/jkab244 (2021. 10.)
- (14) Hisano, H., Abe, F., Hoffie, R. E. and Kumlehn, J. Targeted genome modifications in cereal crops. *Breeding Sci.* **71**: 405-416. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.21019> (2021. 10.)
- (15) Zhang, J., Matsuo, T., Hamasaki, I. and Sato, K. Whole Exome-Sequencing of Pooled Genomic DNA Samples to Detect Quantitative Trait Loci in Esotropia and Exotropia of Strabismus in Japanese. *Life* **2022**(12): 41. (2021. 12.)
- (16) Hisano, H., Hoffie, R. E., Abe, F., Munemori, H., Matsuura, T., Endo, M., Mikami, M., Nakamura, S., Kumlehn, J. and Sato, K. Regulation of germination by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley. *Plant Biotechnol. J.* <https://doi.org/10.1111/pbi.13692> (2021. 8. Online preview)

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

- (1) Ikeda, H., Suzuki, T., Oka, Y., Gustafsson, L. A. S., Brochmann, C., Mochizuki, N. and Nagatani, A. Divergence in red light responses associated with thermal reversion of phytochrome B between high- and low-latitude species. *New Phytologist* **231**: 75-84. <https://doi.org/10.1111/nph.17381> (2021. 7.)

-
- (2) Sata, H., Shimizu, M., Iwasaki, T., Ikeda, H., Soejima, A., Kozhevnikov, A. E., Kozhevnikova, Z. V., Im, H. T., Jang, S. K., Azuma, T., Nagano, A. J. and Fujii, N. Phylogeography of the East Asian grassland plant, *Viola orientalis* (Violaceae), inferred from plastid and nuclear restriction site-associated DNA sequencing data. *Journal of Plant Research* **134**: 1181-1194. (2021. 11.)
 - (3) Noda, H., Fuse, S., Yamashita, J., Poopath, M., Pooma, R. and Tamura, M. N. Phylogenetic analysis of *Dioscorea* (Dioscoreaceae) from Japan and adjacent regions based on plastid and nuclear DNA sequences, with special reference to the taxonomic status of selected taxa. *Bot. J. Linn. Soc.* doi.org/10.1093/botlinnean/boab052 (2021.10. Online preview)
 - (4) Gustafsson, L. A. S., Gussarova, G., Borgen, L., Ikeda, H., Antonelli, A., Marie-Orleach, L., Rieseberg, L. H. and Brochmann, C. Rapid evolution of post-zygotic reproductive isolation is widespread in Arctic plant lineages. *Annals of Botany* <https://doi.org/10.1093/aob/mcab128> (2021. 10. Online preview)

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) Ube, N., Katsuyama, Y., Kariya, K., Tebayashi, S., Sue, M., Tohnooka, T., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Identification of methoxylchalcones produced in response to CuCl₂ treatment and pathogen infection in barley. *Phytochemistry* **184**: 112650. (2021. 1.)
- (2) Hibara, K-I., Miya, M., Benvenuto, S. A., Hibara-Matsuo, N., Mimura, M., Yoshikawa, T., Suzuki, M., Kusaba, M., Taketa, S. and Itoh, J. Regulation of the plastochron by three *MANY-NODED DWARF* genes in barley. *PLOS Genetics* **17** (5): e1009292. (2021. 4.)
- (3) Taketa, S., Hattori, M., Takami, T., Himi, E. and Sakamoto, W. Mutations in a *Golden2-like* gene cause reduced seed weight in barley *albino lemma 1* mutants. *Plant and Cell Physiology* **62**: 447-457. (2021. 7.)
- (4) 武田 真 オオムギの穂を白くする遺伝子と光合成. *アグリバイオ* **5** (14): 54-55. (2021. 12.)

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

- (1) 長岐清孝 第5章 ヒト染色体と染色体のふるまい (分担執筆). エッセンシャル遺伝学・ゲノム科学 [原著第7版] (中村千春・岡田清孝編) ISBN 978-4-7598-20 (2021. 1.)
- (2) Ishii, T., Nagaki, K. and Houben, A. Application of CRISPR/Cas9 to visualize defined genomic sequences in fixed chromosomes and nuclei. (分担執筆) *Cytogenomics* ISBN 9780128235799 (2021. 5.)
- (3) 上田忠正・石丸 健・後藤明俊・一家崇志・近藤勝彦・松原一樹・林 武司・山本敏央・田中淳一 日本のイネ品種を背景とした準同質遺伝子系統の比較栽培による収量関連9対立遺伝子の遺伝的効果. *育種学研究* **23**: 16-27. (2021. 5.)
- (4) Zhang, G., Liu, Z., Liu, Y., Kuya N., Hua, Y., Shi, H., Zhao, W., Han, Y., Yamamoto, T., Chen, W. and Sun, J. iTRAQ-Based Proteomics Investigation of Critical Response Proteins in Embryo and Coleoptile During Rice Anaerobic Germination. *Rice Science* **28**: 391-401. (2021. 7.)
- (5) Nagaki, K., Furuta, T., Yamaji, N., Kuniyoshi, D., Ishihara, M., Kishima, Y., Murata, M., Hoshino, A. and Takatsuka, H. Effectiveness of Create ML in microscopy image classifications: A simple and inexpensive deep learning pipeline for non-data scientists. *Chromosome Res.* doi.org/10.1007/s10577-021-09676-z (2021. 10. Online preview)

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) 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.* **147**: 107-124. doi.org/10.1007/s11120-020-00803-1 (2021. 1.)
 - (2) Caspy, I., Fadeeva, M., Kuhlert, S., Borovikova-Sheinker, A., Klaiman, D., Masrati, G., Drepper, F., Ben-Tal, N., Hippler, M. and Nelson, N. Structure of plant photosystem I-plastocyanin complex reveals strong hydrophobic interactions. *Biochem. J.* **478**: 2371-2384. doi.org/10.1042/BCJ20210267 (2021. 6.)
 - (3) Hippler, M., Minagawa, J. and Takahashi, Y. Photosynthesis and Chloroplast Regulation-Balancing Photosynthesis and Photoprotection under Changing Environments. *Plant Cell Physiol.* **62**: 1059-1062. doi.org/10.1093/pcp/pcab139 (2021. 7.)
-

-
- (4) Hippler, M. and Nelson, N. The Plasticity of Photosystem I. *Plant Cell Physiol.* **62**: 1073-1081. doi.org/10.1093/pcp/pcab046 (2021. 7.)
 - (5) Richardson, K. H., Wright, J. J., Simenas, M., Thiemann, J., Esteves, A. M., McGuire, G., Myers, W. K., Morton, J. J. L., Hippler, M., Nowaczyk, M. M., Hanke, G. T. and Roessler, M. M. Functional basis of electron transport within photosynthetic complex I. *Nat. Commun.* **12**: 5387. doi.org/10.1038/s41467-021-25527-1 (2021. 9.)
 - (6) Rathod, M. K., Sreedhar, N., Ozawa, S. I., Kuroda, H., Kodama, N., Bujaldon, S., Wollman, F. A. and Takahashi, Y. Assembly Apparatus of Light-Harvesting Complexes; Identification of Alb3.1-cpSRP-LHCP Complexes in the Green Alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol.* doi.org/10.1093/pcp/pcab146 (2021. 10. 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)

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

- (1) Sakamoto, W. Revisiting photo-oxidative damage of D1 protein in the PSII repair cycle. Finland-Japan Seminar 2021 Understanding the integrative systems to coordinate paradoxes between enhanced efficiency and stress tolerance of photosynthesis, Hyogo (Online), Aug. 26, 2021.
- (2) Okegawa, Y. The *m*-type thioredoxin regulates PGR5/PGRL1-dependent PSI cyclic electron transport. Finland-Japan Seminar 2021 Understanding the integrative systems to coordinate paradoxes between enhanced efficiency and stress tolerance of photosynthesis, Hyogo (Online), Aug. 26, 2021.
- (3) Jing, Z., Wacera, F. W., Takami, T., Takanashi, H., Fukada, F., Kawano, Y., Kajiya-Kanegae, H., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. Identification of a QTL for leaf greenness trait associated with organophosphate pesticide resistance in sorghum. Institute of Plant Science and Resources International Plant Web Forum, Okayama (Online), Sep. 6, 2021.
- (4) Wacera, F. W. Studies on QTLs associated with differential seed ionome profiles in a recombinant inbred population of sorghum (*Sorghum bicolor*). Institute of Plant Science and Resources International Plant Web Forum, Okayama (Online), Sep. 6, 2021.
- (5) Jing, Z., Wacera, F. W., Takami, T., Takanashi, H., Fukada, F., Kawano, Y., Kajiya-Kanegae, H., Iwata, H., Tsutsumi, N. and Sakamoto, W. Organophosphate sensitivity caused by NB-LRR in sorghum. 10th Asian Crop Science Association Conference, Nagoya (Online), Sep. 9, 2021.
- (6) Matsushima, R. Cytological studies of starch grain morphologies of cereals - Towards the understanding of the morphological diversity of starch grains. 2021 Starch Round Table, Online, Oct. 4-10, 2021.
- (7) Okegawa Y. Thioredoxin regulates the PGR5-dependent photosystem I cyclic electron transport. 2nd On-line Joint Seminar between Okayama and Hyderabad, Okayama (Online), Nov. 18, 2021.

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

- (1) Masuda, K., Ikeda, Y., Matsuura, T., Kawakatsu, T., Tao, R., Kubo, Y., Ushijima, K. and Akagi, T. Reinvention of hermaphroditism triggered by activation of *RADIALIS-like* gene in hexaploid persimmon. 7th International Symposium on Persimmon, Online, Sep. 22-25, 2021.

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

- (1) Sugimoto, M., Tanaka, M., Iamshchikov, I., Kato, Y., Sakamoto, W., Gusev, O. and Sabirov, R. *Brachypodium* nudix hydrolase gene induced by UV irradiation. 43rd Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Sydney, Australia (Online), Jan. 28- Feb. 4, 2021.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

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

- (1) Tran, S. Ca²⁺-sensitive and non-selective Na⁺/K⁺ channel activity of aquaporins HvPIP2;8 and OsPIP2;4. International Plant WEB Forum 2021, Kurashiki (Online), September 6-7, 2021.
- (2) Ohnishi, A. Expression level and location of OsPIP2;4 in relation to root water permeability (*L_p*). International Plant WEB Forum 2021, Kurashiki (Online), September 6-7, 2021.

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) Guinto, T., Cope, A., Urzo, M., Budot, B., Yanoria, M. J., Jonson, G., Oliva, R., Kondo, H. and Suzuki, N. Prevalence, diversity and impact of mycoviruses infecting plant pathogenic fungi of rice in the Philippines. Philippine Phytopathological Society Pest Management Council of the Philippines, Inc. PMCP 2021, Online, July 6-7, 2021.
- (2) Sato, Y., Hisano, S., López-Herrera, C., Kondo, H. and Suzuki, N. Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous? The 40th Annual Meeting of the American Society for Virology, USA (Online), July 19-23, 2021.

-
- (3) Telengech, P., Hisano, S., Micheni, C. M., Hyodo, K., Arjona-López, J. M., López-Herrera, C., Kanematsu, S., Kondo, H. and Suzuki, N. Diverse partitiviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. The 40th Annual Meeting of the American Society for Virology, USA (Online), July 19-23, 2021.
 - (4) Suzuki, N. Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous? Awaji International Forum on Immunity and Infection, Symposium IV “neovirology”, Hokkaido University (Online), Sep. 29-Oct. 1, 2021.
 - (5) Suzuki, N. Experimental and practical control measures for white root rot in fruit trees in Japan. Yangling International Agri-science Forum, Northwest Agricultural and Forestry University (Online), Oct. 23-24, 2021.

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

- (1) Wang, P. and Kawano, Y. The secreted peptide IRP functions as a phytocytokine in rice immunity. IS-MPMI Congress, eSymposia Series, Minnesota, USA (Online), July 12-13, 2021.
- (2) Wang, P. and Kawano, Y. The secreted peptide IRP functions as a phytocytokine in rice immunity. IPSR International Plant Web Forum 2021, Kurashiki, Japan (Online), Sep. 6-7, 2021.
- (3) Minami, Y., Wang, P. and Kawano, Y. Decipher unannotated peptide-mediated immunity in rice. IPSR International Plant Web Forum 2021, Kurashiki, Japan (Online), Sep. 6-7, 2021.
- (4) Fukada, F., Rössel, N., Münch, K., Glatzer, T. and Kahmann, R. *Ustilago maydis* secretes the novel virulence-promoting Lep1 effector for hyphal aggregation in plant tumors. IS-MPMI Congress, eSymposia Series, Minnesota, USA (Online), Sep. 15-16, 2021.

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

- (1) Alessa, O., Ogura, Y., Fujitani, Y., Takami, H., Hayashi, T. and Tani, A. Comparative genomic analysis of the pink pigmented facultative methylotrophs (PPFMs). Galaxy Community Conference, Ghent, Belgium (Online), July 6, 2021.
- (2) Juma, P., Alessa, O., Fujitani, Y., Oyama, T., Yurimoto, H., Sakai, Y. and Tani, A. Functional analysis of siderophore in *Methylobacterium aquaticum* 22A. Phyllosphere Fortnight 2021, Univ. California Davis, USA (Online), July 16-21, 2021.
- (3) Alessa, O., Ogura, Y., Fujitani, Y., Hayashi, T., Sahin, N. and Tani, A. Comparative genomics and phenotyping approach on *Methylobacterium* species. Phyllosphere Fortnight 2021, Univ. California Davis, USA (Online), July 16-21, 2021.
- (4) Kishiro, K., Saisho, D., Yamashita, J., Yamaji, N., Yamamoto, T., Monden, Y., Mochida, K., Nakagawa, T. and Tani, A. Isolation and identification of novel barley endophytes. Phyllosphere Fortnight 2021, Univ. California Davis, USA (Online), July 16-21, 2021.
- (5) Usami, F., Ohara S., Onduka, T., Kondo, K., Nakajima, M., Vergara, K., Gajardo, G., Koike, K. and Ueki, S. Characterization of Marine Bacteria that support growth of harmful algae under nutritionally limiting conditions. XLIII Reunión Anual de la Sociedad de Microbiología de Chile 2021, Sociedad de Microbiología de Chile (Online), Nov. 30 - Dec. 2, 2021.

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., Hattori, M., Takami, T., Himi, E. and Sakamoto, W. Barley *albino lemma* 1 mutations reduce spike photosynthesis and seed weight. The 13th Triennial Meeting of the International Society for Seed Science, Royal Botanic Gardens, Kew, UK (Online), Aug. 9-13, 2021.

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

根圏生態班 (*Rhizosphere Microbiome Section*)

- (1) Kishiro, K., Saisho, D., Yamashita, J., Yamaji, N., Yamamoto, T., Monden, Y., Mochida, K., Nakagawa, T. and Tani, A. Isolation and identification of novel barley endophytes. Phyllosphere Fortnight 2021, Univ. California Davis, USA (Online), July 16-21, 2021.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Younas, M., Kuhlert, S., Gäbelein, P., Vidal-Meireles, A., Naschberger, A., Mosebach, L., Jacobsen, T., Drepper, F., Scholz, M., Amunts, A. and Hippler, M. Phosphorylation of plastocyanin modulates electron transfer between photosystem I and plastocyanin. 19th International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Six-Fours-les-Plages, France, Aug. 29- Sep. 3, 2021.
- (2) Buchert, F., Scholz, M. and Hippler, M. Electron transfer via cytochrome b6f complex is sensitive to Antimycin A and requires STT7 kinase activation. 19th International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Six-Fours-les-Plages, France, Aug. 29- Sep. 3, 2021.
- (3) Zaeem, A., Scholz, M., Hippler, M. and Buchert, F. A possible role of subunit phosphorylation of the cytochrome b6f complex in the activation of cyclic electron flow. 19th International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Six-Fours-les-Plages, France, Aug. 29- Sep. 3, 2021.
- (4) Ozawa, S. I. Structure and function of Photosystem I - With contribution on this research field. International e-Conference On New Horizons And Multidisciplinary Applications In Science And Technology, Shri Vitthal Rukhmini College, Sawana, India (Online), Oct. 11-13, 2021.

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) 坂本 亘・大西紀和 プロトン駆動力を維持するチラコイド膜リモデリングの VIPP1 による理解. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (2) 小澤真一郎・Philipp Gäbelein・Felix Buchert・Laura Mosebach・Susan Hawat・Martin Scholz・坂本 亘・Michael Hippler 緑藻クラミドモナスの外縁 LHCI 欠損による光捕集複合体再構成能力の生化学的解析. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) 大西紀和・杉本 学・張 林剛・坂本 亘 葉緑体膜の形成と機能維持に重要な VIPP1 が示す新奇 ATPase および GTPase 活性の異なる特徴. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (4) 高見常明・坂本 亘 dpd1 変異はオートファジー変異体の早枯れ表現型を抑制する. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (5) 武田 真・服部桃子・高見常明・氷見英子・坂本 亘 オオムギ白穎 (*albino lemma 1*) 変異は、GLK2 転写因子の異常で引き起こされ、種子重を低下させる. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (6) 桶川友季 チオレドキシンによる多様な葉緑体機能の酸化還元制御. 第 11 回日本光合成学会年会, 静岡 (オンライン), 5 月 28 日, 2021.
- (7) 西岡佳司・坂本 亘・加藤裕介 Phos-tag を用いた葉緑体チラコイド膜におけるタンパク質リン酸化の解析. 第 72 回日本電気泳動学会, 東京 (オンライン), 7 月 14-16 日, 2021.
- (8) 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. 日本応用糖質科学会 2021 年度大会, 北海道 (オンライン), 8 月 26 日-9 月 10 日, 2021.
- (9) 在間玄香・井上 博・久野 裕・松島 良・小林括平・山岡直人・中神弘史・八丈野 孝 オオムギうどんこ病菌による宿主表皮細胞プラスチド内在デンプンの分解メカニズムの解析. 第 85 回日本植物学会, 東京 (オンライン), 9 月 16-20 日, 2021.
- (10) 松島 良 澱粉蓄積量可変のオオムギの開発と機能性多糖の蓄積への応用. 岡山大学新技術説明会, オンライン, 9 月 30 日, 2021.
- (11) 村井亮太・桶川友季・佐藤 望・本橋 健 シロイヌナズナにおけるチオレドキシン制御因子としての CBSX. 第 94 回日本生化学大会, 神奈川 (オンライン), 11 月 3-5 日, 2021.
- (12) Wacera, F. W. Identification and characterization of QTLs for seed ionome in a sorghum recombinant inbred population. 2021 ソルガムワークショップ, 茨城 (オンライン), 11 月 17 日, 2021.
- (13) Jing, Z. Study on a cluster of NLR genes responsive to organophosphate pesticide sensitivity in sorghum. 2021 ソルガムワークショップ, 茨城 (オンライン), 11 月 17 日, 2021.
- (14) 久野 裕・松島 良・佐藤和広 遺伝子改変能を付与した低澱粉オオムギ変異系統の開発. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.
- (15) 松島 良・久野 裕・Ivan Galis・竹中悠人・追留那緒子・石水 毅・藤田直子 澱粉が減少し、糖が高蓄積するオオムギ変異体の単離. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.

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

- (1) Hirayama, T., Saisho, D., Matsuura, T., Ito, J., Okada, S., Kanatani, A., Tsuji, H. and Mochida, K. Life-course phytohormone profiling of field barley for seasons reveals unique fluctuations along with environmental responses and developmental progress under the field conditions. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (2) 池田陽子・岡田聡史・金谷麻加・井上小楨・最相大輔・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・平山隆志 圃場オオムギにおけるヒストン修飾と遺伝子発現のゲノムワイド時系列解析. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) 菊楽香奈・三富 弦・松浦恭和・森 泉・小川貴央・石川孝博・丸田隆典 強光ストレス下における H_2O_2 誘導性細胞死の調節機構. 第 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (4) 間宮章仁・大塚蔵嵩・山本荷葉子・小林建人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・杉山宗隆 シロイヌナズナの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 62 回日本植物生理学会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (5) 最相大輔・岡田聡史・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・平山隆志 圃場でのオオムギ生活環の擬時間変遷. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (6) 岡田聡史・最相大輔・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・井上小楨・上原由紀子・清水みなみ・持田恵一・平

-
- 山隆志 圃場トランスクリプトームデータを用いたオオムギ生活環の生長トラジェクトリ解析. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (7) 高松鮎美・長岐清孝・池田陽子・宅見薫雄・吉田健太郎 異質倍数体植物の種間交雑種子における ChIP-seq 解析. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (8) 久野 裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽の制御. 第 38 回日本バイオテクノロジー学会, 筑波大学 (オンライン), 9 月 9-11 日, 2021.
- (9) 増田佳苗・池田陽子・松浦恭和・川勝泰二・田尾龍太郎・久保康隆・牛島幸一郎・Isabelle M. Henry・赤木剛士 六倍体カキにおける *RADIALIS* 様遺伝子を介した両性花性の再構築. 園芸学会令和 3 年度秋季大会, オンライン, 9 月 11-12 日, 2021.
- (10) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 トマトとシロイヌナズナの ALMT 輸送体による気孔閉口制御機構の解析. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
- (11) 平田峻也・大河優奈・若林荘太郎・高橋広夫・町田千代子・池田陽子・西村泰介・小林括平・賀屋秀隆 シロイヌナズナにおける脱メチル化酵素を用いた DNA メチル化編集技術の開発. 日本植物学会第 85 回大会, オンライン, 9 月 18-20 日, 2021.
- (12) 武井敬仁・麻生哲平・濱川正英・奥村友貴・今見考志・池田陽子・渡邊雄一郎・濱田隆宏 植物細胞間における細胞外小胞を介した small RNA 輸送の検証. 日本植物学会第 85 回大会, オンライン, 9 月 18-20 日, 2021.
- (13) 最相大輔・岡田聡史・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・平山隆志 ‘先制育種’を指向する生活環横断的なオオムギのゲノム研究. 日本育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 21-23 日, 2021.
- (14) 井藤 純・野村有子・佐藤奈緒・岡田聡史・高萩航太郎・杉村みどり・関 緑・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 シングルメリステムトランスクリプトームによるオオムギ茎頂部の発生トラジェクトリ解析. 日本育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 21-23 日, 2021.
- (15) 久野 裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽制御. 育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.
- (16) 平山隆志・岡田聡史・最相大輔・井藤 純・服部公央亮・池田陽子・梅崎太造・辻 寛之・持田恵一 状態形質を利用したデータ科学に基づく新たな形質予測モデル構築手法の開発. 第 44 回日本分子生物学会年会, 横浜 (ハイブリッド), 12 月 1-3 日, 2021.

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

- (1) 三田 肇・矢野 創・左近 樹・小林憲正・癸生川陽子・横谷香織・中川和道・杉本 学・Tetyana Mилоjevic・山岸明彦・別所義隆 ポストたんばぼ計画の進捗状況: 主として曝露実験について. 第 21 回宇宙科学シンポジウム, 相模原 (オンライン), 1 月 6-7 日, 2021.
- (2) 大西紀和・杉本 学・張 林剛・坂本 亘 葉緑体膜の形成と機能維持に重要な VIPP1 が示す新奇 ATPase および GTPase 活性の異なる特徴. 第 62 回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) 杉本 学・村上允唯 麴床を用いた高麗人参含有メジャージンセノサイドのマイナージンセノサイドへの変換. 日本農芸化学会 2021 年度大会, 仙台 (オンライン), 3 月 18-21 日, 2021.
- (4) 杉本 学 光環境攪乱による作物の極早生化と花成制御関連遺伝子の発現. 日本宇宙生物科学会第 35 回大会, 金沢 (オンライン), 9 月 24-26 日, 2021.

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. Transporters for loading mineral elements to rice grains. The 62st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Symposium 05: Mineral element transport systems in plants: transporters, regulation and utilization, Matsue (Online), March 14-16, 2021.
- (2) Shao Ji Feng・山地直樹・Huang Sheng・馬 建鋒 イネ OsBOR1 は器官・組織毎のホウ素分配に関与する. 第 62 回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) Huang, S. and Ma, J. F. Functional characterization of a ZIP family transporter OsZIP2 in rice. The 62st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Matsue (Online), March 14-16, 2021.
- (4) 小西範幸・馬 建鋒 クラスリン依存性エンドサイトーシスはイネのミネラル輸送体の偏在に関与しない. 第 62 回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (5) 長山照樹・斉藤大夢・中村敦子・山地直樹・佐藤 忍・古川 純・岩井宏暁 イネにおける細胞壁多糖類のアルミニウム適応応答. 第 62 回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.

-
- (6) 山地直樹・三谷奈見季・馬 建鋒 ケイ素蓄積に伴うイネ葉身のトランスクリプトーム解析. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (7) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒 イネのケイ素蓄積に関わる輸送体 SIET4 の更なる解析. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (8) 小西範幸・馬 建鋒 ケイ酸輸送体 Lsi1 の極性形成に関わる制御因子の探索. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (9) 王 珮同・山地直樹・馬 建鋒 A glycosyltransferase gene is required for tolerance to acidic stress in rice. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (10) 黄 勝・山地直樹・小西範幸・邵 継鋒・馬 建鋒 イネにおけるホウ素吸収の制御機構. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (11) 黄 勝・山地直樹・三谷奈見季・馬 建鋒 Role of OsLsi6 in B distribution under B-sufficient condition in rice. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (12) 余 恩・山地直樹・馬 建鋒 Role of lateral roots and root hairs in high uptake of manganese and cadmium in rice. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.
 - (13) 井上晋一郎・横正健剛・吉成 晃・林 真妃・後藤栄治・馬 建鋒・木下俊則 植物の Mg ホメオスタシス維持を調節するシグナル伝達機構の解析. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 札幌 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.

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 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 62 回日本植物生理学会, 島根 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (2) Tran, S., Horie, T., Imran, S., Qiu, J., McGaughey, S., Byrt, S. C., Tyerman, S. D. and Katsuhara, M. Ca^{2+} -sensitive and non-selective Na^+/K^+ channel activity of a barley aquaporin HvPIP2;8. 第 62 回日本植物生理学会, 島根 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) 山成由佳・中原由揮・藤本緋菜・本廣夕佳・桑形恒男・半場祐子・且原真木・奈良久美 シロイヌナズナの液胞膜型アクアポリン TIP2;2 の機能解析. 第 62 回日本植物生理学会, 島根 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (4) 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 AtTIP3 の水輸送活性をコントロールする C 末端領域の解析. 第 62 回日本植物生理学会, 島根 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (5) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 トマトとシロイヌナズナの ALMT 輸送体による気孔閉口制御機構の解析. 日本土壌肥料学会 2021 年度北海道大会, 北海道 (オンライン), 9 月 14-16 日, 2021.

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) 兵頭 究 植物ウイルス感染の抗細菌／糸状菌免疫への影響. 第 36 回資源植物科学シンポジウム及び第 12 回植物ストレス科学研究シンポジウム～SDGs の実現に向けて～, オンライン, 3 月 5 日, 2021.
- (2) 兵頭 究 植物 RNA ウイルスの複製に関わる宿主因子の研究. 令和 3 年度日本植物病理学会大会, 津 (オンライン), 3 月 17-19 日, 2021.
- (3) 近藤秀樹・藤田美貴・久野 裕・兵頭 究・鈴木信弘 オオムギ圃場に生息するアブラムシのウイルス叢解析. 令和 3 年度日本植物病理学会大会, 津 (オンライン), 3 月 17-19 日, 2021.
- (4) Shahi, S., Chiba, S., Kondo, H. and Suzuki, N. Cryphonectria nitschkei chrysovirus 1 with unique molecular features and a very narrow host range. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Tsu (Online), Mar. 17-19, 2021.
- (5) Telengech, P., Hyodo, K., Wang, W-Q., Natsuaki, T. and Suzuki, N. Subcellular localization of carrot temperate virus 1 capsid protein in the nucleus and cytoplasm. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Tsu (Online), Mar. 17-19, 2021.
- (6) 村田佳乃・Matteo Calassanzio・鈴木信弘・千葉壮太郎 菌類ウイルス新規 IRES エLEMENT の探索および多重遺伝子発現系への応用. 令和 3 年度日本植物病理学会大会, 津 (オンライン), 3 月 17-19 日, 2021.
- (7) 佐藤有希代・鈴木信弘 クリ胴枯病菌における Argonaute 不要の抗ウイルス RNA 干渉機構. 令和 3 年度日本植物病理学会大会, 津 (オンライン), 3 月 17-19 日, 2021.
- (8) 佐藤有希代 Argonaute 不要なクリ胴枯病菌での抗ウイルス RNA 干渉機構. 第 51 回岡山植物病理セミナー, 倉敷 (オンライン), 5 月 15 日, 2021.
- (9) 佐藤有希代 菌類 virome の中から見出されたウイルス同士の共生関係. Plant Microbiota Research Network (PMRN) 第 1 回オンラインシンポジウム, オンライン, 8 月 27 日, 2021.
- (10) Sato, Y., Hisano, S., López-Herrera, C., Kondo, H. and Suzuki, N. Viruses host viruses: Diverse dsRNA viruses host

specific capsidless(+)ssRNA yadokariviruses. The 68th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Kobe (Online and Onsite), Nov. 16-18, 2021.

- (11) Hyodo, K. A plant virus infection affects secondary bacterial/fungal infections through plant innate immunity. The 68th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Symposium IV, Neo-virology, Kobe (Online and Onsite), Nov. 16-18, 2021.
- (12) 田原 緑・原田真侑子・天竺桂弘子・鈴木信弘・福原敏行 タンパク質粗抽出液中での3真核生物界(植物、菌類、動物)由来のDicerの生化学的性状とそれらの比較. 第44回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月1-3日, 2021.
- (13) 佐藤有希代・鈴木信弘 ウイルス in ウイルス in 糸状菌 in 植物の四者共生・寄生関係. ウイルス学若手研究集会 2021, オンライン, 12月10-11日, 2021.
- (14) 兵頭 究 宿主因子から見るウイルスと植物の相互作用. 第52回岡山病理セミナー, オンライン, 12月11日, 2021.

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

- (1) Wari, D., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Brown planthopper honeydew-associated microbes induce defense response in rice. 第62回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3月14-16日, 2021.
- (2) 桑原大芽・北條優子・新屋友規・Galis Ivan イネ葉における食害部位とその周辺での防御応答の比較. 第62回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3月14-16日, 2021.
- (3) 新屋友規 植物の昆虫食害認識機構から探る耐虫性作物作成への展望. 日本農芸化学会中四国支部 支部創立20周年記念・第33回若手研究者シンポジウム「農芸化学応用研究の新潮流」, オンライン, 10月21日, 2021.
- (4) 瀧口麻由・上村卓矢・住岡裕香・山崎廉予・木原侑香・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 シロイヌナズナの虫害応答シグナル伝達系におけるハスモンヨトウ唾液内細菌の機能の解明. 第44回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月1-3日, 2021.
- (5) 田中未来・谷村香織・若谷晃汰・小澤理香・北條優子・新屋友規・Galis Ivan・出崎能丈・有村源一郎 ナミハダニのタンパク質エリシター「テトラニン」の機能解析. 第44回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月1-3日, 2021.
- (6) 森島実奈美・佐野友香・上村卓矢・出崎能丈・伊藤綾華・根本圭一郎・Galis Ivan・野澤 彰・澤崎達也・有村源一郎 シロイヌナズナにおけるPBL27-CRK2を介した虫害防御応答機構の解明. 第44回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月1-3日, 2021.
- (7) 松島 良・久野 裕・Galis Ivan・竹中悠人・追留那緒子・石水 毅・藤田直子・佐藤和広 澱粉が減少し、糖が高蓄積するオオムギ変異体の単離. 第16回ムギ類研究会, オンライン, 12月25日, 2021.

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

- (1) 深田史美・Rössel, N.・Münch, K.・Glatter, T.・Kahmann, R. トウモロコシ黒穂病菌が分泌するエフェクターLep1は植物腫瘍組織中で新規アドヘンシンとして機能する. 第62回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3月14-16日, 2021.
- (2) 河野洋治 マルチオミクス解析を用いた植物サイトカインの同定と機能解析. 令和3年度日本植物病理学会大会, 三重 (オンライン), 3月17-19日, 2021.
- (3) 深田史美・Rössel, N.・Münch, K.・Glatter, T.・Kahmann, R. トウモロコシ黒穂病菌は植物腫瘍において菌糸接着を促すためにエフェクターを新規のアドヘンシンとして利用する. 令和3年度日本植物病理学会大会, 三重 (オンライン), 3月17-19日, 2021.
- (4) 河野洋治 ペアNLR型免疫受容体Pit1とPit2の進化解析. 岡山植物病理セミナー, 岡山 (オンライン), 5月15日, 2021.
- (5) 深田史美 植物腫瘍内で黒穂病菌の増殖を促進するエフェクター. 第41回日本植物病理学会関西支部若手の会, 石川 (オンライン), 9月17日, 2021.
- (6) 深田史美 植物-病原糸状菌相互作用における分泌タンパク質・ペプチドの機能解析. 岡山植物病理セミナー, 岡山 (オンライン), 12月11日, 2021.

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

- (1) 菊池志保・藤谷良子・加藤純一・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. 日本農芸化学会2021年度大会, 仙台 (オンライン), 3月18-21日, 2021.
- (2) Alessa, O., Sahin, N., Ogura, Y., Hayashi, T. and Tani, A. Comparative genomic analysis of the pink pigmented facultative methylotrophs (PPFM). 日本農芸化学会2021年度大会, 仙台 (オンライン), 3月18-21日, 2021.
- (3) 木代勝元・最相大輔・山下 純・山地直樹・山本敏夫・門田有希・持田恵一・中川智行・谷 明生 オオムギ根圏の共生微生物の単離と同定. 日本農芸化学会2021年度大会, 仙台 (オンライン), 3月18-21日, 2021.
- (4) Juma, P., Alessa, O., Fujitani, Y., Oyama, T., Yurimoto, H., Sakai, Y. and Tani, A. Genetic and functional analysis of

-
- siderophore in *Methylobacterium aquaticum* 22A. 日本農芸化学会 2021 年度大会, 仙台 (オンライン), 3 月 18-21 日, 2021.
- (5) 片山志織・由里本博也・谷 明生・阪井康能 蛍光タンパク質を発現させた *Methylobacterium* 属細菌のアカシソ上での動態解析. 日本農芸化学会 2021 年度大会, 仙台 (オンライン), 3 月 18-21 日, 2021.
- (6) 谷 明生 植物表層共生細菌の生態と応用. 第 2 回生物刺激制御研究会, オンライン, 6 月 11 日, 2021.
- (7) 森田翔太・任 家宜・谷 明生・中川智行・阿野嘉孝・矢野嵩典・三井亮司 グラム陽性メチロトロフ細菌 *Arthrobacter* sp. YM1 の新規ランタノイド依存型メタノールデヒドロゲナーゼの精製と諸性質. 日本農芸化学会 西日本・中四国・関西支部合同大会 (第 60 回講演会), 鹿児島 (オンライン), 9 月 24-25 日, 2021.
- (8) Alessa, O., Ogura, Y., Fujitani, Y., Takami, H., Hayashi, T., Sahin, N. and Tani, A. Genomic insights into the PPFMs phylogeny and unique features. 日本農芸化学会西日本・中四国・関西支部合同大会 (第 60 回講演会), 鹿児島 (オンライン), 9 月 24-25 日, 2021.
- (9) 菊池志保・藤谷良子・加藤純一・谷 明生 メチロバクテリウム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. 日本農芸化学会西日本・中四国・関西支部合同大会 (第 60 回講演会), 鹿児島 (オンライン), 9 月 24-25 日, 2021.
- (10) 木代勝元・最相大輔・山下 純・山地直樹・山本敏央・門田有希・持田恵一・中川智行・谷 明生 オオムギ根から分離された新種細菌 *Rugamonas* sp. の性質. 日本農芸化学会西日本・中四国・関西支部合同大会 (第 60 回講演会), 鹿児島 (オンライン), 9 月 24-25 日, 2021.
- (11) 根本侑知・水野洸介・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 低栄養下における *Methylobacterium* 属細菌のランタノイドによる生育促進応答に関する研究. 日本生物工学会大会, 沖縄 (オンライン), 10 月 27-29 日, 2021.
- (12) 宇佐美文子・小原静香・隠塚俊満・近藤 健・中嶋昌紀・小池一彦・植木尚子 リン欠乏条件下において *Heterosigma akashiwo* がリン源とするポリリン酸合成細菌の発見. 第 34 回微生物生態学会年会, 新潟 (オンライン), 10 月 30 日-11 月 2 日, 2021.

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) 近藤秀樹・藤田美貴・久野 裕・兵頭 究・鈴木信弘 オオムギ圃場に生息するアブラムシのウイルス叢解析. 令和 3 年度日本植物病理学会大会, 三重大学 (オンライン), 3 月 17-19 日, 2021.
- (2) 永井啓祐・森 欣順・石川 慎・ガムヤオリコ・新美陽子・保浦徳昇・福田萌莉・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・小嶋美紀子・竹林裕美子・福島敦史・氷室泰代・小林正智・呉 健忠・アキリ亘・芦荻基行 イネ節間におけるジベレリンに応答した拮抗的伸長制御機構. 育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (3) 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感受性に関わる遺伝子座 TFA3 の特性. 育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (4) 掛田克行・加藤謙司・柳部七海・Agetha Nanape・富士原悠里・渡邊聖柁・小松田隆夫・佐藤和広 閉花性オオムギから誘発された新規開花性突然変異体. 育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (5) Sakkour, A., Hisano, H. and Sato, K. Field evaluation of heterosis in the top crosses of barley. 育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (6) 最相大輔・岡田聡史・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・平山隆志 圃場でのオオムギ生活環の擬時間変遷. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (7) 岡田聡史・最相大輔・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・井上小槇・上原由紀子・清水みなみ・持田恵一ら 圃場トランスクリプトームデータを用いたオオムギ生活環の生長トラジェクトリ解析. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (8) 久野 裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽の制御. 第 38 回日本バイオテクノロジー学会, 筑波大学 (オンライン), 9 月 9-11 日, 2021.
- (9) 在間玄香・井上 博・久野 裕・松島 良・小林括平・山岡直人・中神弘史・八丈野 孝 オオムギうどんこ病菌による宿主表皮細胞プラスチド内在デンプンの分解メカニズムの解析. 日本植物学会第 84 回大会, 名古屋大学 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2021.
- (10) 佐藤和広・安倍史高・白澤健太・磯部祥子 コムギ品種「Fielder」の染色体スケールジェノムアッセムブリ. 育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.
- (11) 久野 裕・Robert Hoffie・安倍史高・宗森広美・松浦恭和・遠藤真咲・三上雅史・中村信吾・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギ種子休眠遺伝子の標的変異導入による発芽制御. 育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.

-
- (12) 井藤 純・野村有子・佐藤奈緒・岡田聡史・高萩航太郎・杉村みどり・関 緑・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 シングルメリステムトランスクリプトームによるオオムギ茎頂部の発生トラジェクトリ解析. 日本育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.
 - (13) 松本大輝・井藤 純・新井駿一・野村有子・杉村みどり・佐藤奈緒・関 緑・宇野何岸・佐藤良勝・最相大輔・辻 寛之 オオムギ花序メリステムの細胞死過程の一細胞解像度動態解析. 日本育種学会第 140 回講演会, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.
 - (14) 最相大輔・岡田聡史・金谷麻加・池田陽子・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・平山隆志 ‘先制育種’を指向する生活環境横断的なオオムギのゲノム研究. 日本育種学会第 140 回講演会 W03 『「品種育成」にコミットするゲノム研究とは (2)』, オンライン, 9 月 23-25 日, 2021.
 - (15) 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・森山 力・田部井 豊・久野 裕・佐藤和広 種子休眠性を改変したゲノム編集コムギの野外栽培実験の紹介. 第 14 回穂発芽研究会, オンライン, 11 月 6 日, 2021.
 - (16) 久野 裕 バイオテクノロジー研究が切り拓くオオムギの未来. 裸麦が創る食と農の未来フォーラム, 愛媛大学 (オンライン), 12 月 12 日, 2021.
 - (17) 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・森山 力・田部井 豊・久野 裕・佐藤和広 休眠性を改変したゲノム編集コムギの野外栽培試験. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.
 - (18) 久野 裕・松島 良・佐藤和広 遺伝子改変能を付与した低澱粉オオムギ変異系統の開発. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.
 - (19) 松島 良・久野 裕・Ivan Galis・竹中悠人・迫留那緒子・石水 毅・藤田直子・佐藤和広 澱粉が減少し、糖が高蓄積するオオムギ変異体の単離. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.
 - (20) 最相大輔・岡田吉弘 南西諸島におけるオオムギ生育特性の多様性. 第 16 回ムギ類研究会, オンライン, 12 月 25 日, 2021.

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

- (1) 孫田佳奈・後藤栄治・阪口翔太・池田 啓・瀬戸口浩彰 異なる光環境下に生育するダイモンジソウ集団間の遺伝構造と光合成特性の分化. 第 20 回日本生態学会年会, オンライン, 3 月 8-10 日, 2021.
- (2) 孫田佳奈・後藤栄治・阪口翔太・池田 啓・瀬戸口浩彰 ダイモンジソウの明暗集団における表現型可塑性と局所適応. 第 68 回日本生態学会年会, 岡山 (オンライン), 3 月 17-21 日, 2021.
- (3) 池田 啓 植物の光受容体フィトクロムにおける自然変異と環境感受性の進化. 第 23 回日本進化学会年次大会, 東京 (オンライン), 8 月 18-21 日, 2021.
- (4) 池田 啓・Lovisa Gustafsson・Christian Brochmann 北日本のミヤマタネツケバナで見られた姉妹種からの遺伝子浸透と進化的意義. 第 85 回日本植物学会年会, 東京 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2021.
- (5) 孫田佳奈・後藤栄治・阪口翔太・池田 啓・瀬戸口浩彰 ダイモンジソウの明暗適応における表現型可塑性と局所適応の役割. 第 85 回日本植物学会年会, 東京 (オンライン), 9 月 19-21 日, 2021.

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) 桧原健一郎・味谷雅之・桧原 (松尾) 直子・三村真生・吉川貴徳・スズキマサハル・草場 信・武田 真・伊藤 純一 オオムギ多節矮性変異体を用いた葉間期制御に関わる 3 遺伝子座の同定. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19 日, 2021.
- (2) 武田 真・服部桃子・高見常明・坂本 亘 オオムギ白穎 (*albino lemma 1*) 変異は、GLK2 転写因子の異常で引き起こされ、種子重を低下させる. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19 日, 2021.
- (3) 武田 真・五月女敏範・吉川貴徳 オオムギ内穎裂開突然変異体の解析. 日本育種学会第 140 回講演会, 育種学研究 23 (別 2) 93, 2021., オンライン, 9 月 23 日, 2021.

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

- (1) 古田智敬・長岐清孝・柏原孝成・國吉大地・北島克哉・小出陽平・貴島祐治・山本敏央 アジアとアフリカの栽培イネからなる 4 倍体雑種イネのゲノム構成. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (2) 古田智敬・佐藤 豊・芦荻基行 アフリカイネ *Oryza glaberrima* 品種群を用いたゲノム育種基盤構築. 日本育種学会第 139 回講演会, オンライン, 3 月 19-21 日, 2021.
- (3) 長岐清孝 「Mac で機械学習」のススめやすいぞ、はやいぞ、うまいぞ！. 染色体学会第 72 回年会, オンライン, 9 月 16-17 日, 2021.
- (4) 長岐清孝 AI による染色体解析ー染色体にも Society 5.0 ?ー. 染色体学会第 72 回年会公開講座, オンライン, 9 月

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

根圏生態班 (*Rhizosphere Microbiome Section*)

- (1) 木代勝元・最相大輔・山下 純・山地直樹・山本敏夫・門田有希・持田恵一・中川智行・谷 明生 オオムギ根圏の共生微生物の単離と同定. 日本農芸化学会 2021 年度大会, 仙台 (オンライン), 3 月 18-21 日, 2021.
- (2) 木代勝元・最相大輔・山下 純・山地直樹・山本敏夫・門田有希・持田恵一・中川智行・谷 明生 オオムギ根から分離された新種細菌 *Rugamonas* sp. の性質. 日本農芸化学会西日本・中四国・関西支部合同大会 (第 60 回講演会), 鹿児島 (オンライン), 9 月 24-25 日, 2021.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Guoxian Zhang・坂本 亘・Michael Hippler・小澤真一郎 Characterization of CEF/chloroplast protease double mutant in *Chlamydomonas*. 第 14 回クラミドモナス研究会, オンライン, 3 月 5 日, 2021.
- (2) 小澤真一郎・Philipp Gäbelein・Felix Buchert・Laura Mosebach・Susan Hawat・Martin Scholz・坂本 亘・Michael Hippler 緑藻クラミドモナスの外縁 LHCI 欠損による光捕集複合体再構成能力の生化学的解析. 第 62 回日本植物生理学会年会, 松江 (オンライン), 3 月 14-16 日, 2021.
- (3) Guoxian Zhang・坂本 亘・Michael Hippler・小澤真一郎 環状電子伝達変異と葉緑体プロテアーゼ変異との二重変異株の解析. 第 11 回日本光合成学会年会・公開シンポジウム, 静岡 (オンライン), 5 月 28-29 日, 2021.
- (4) 田辺初希・小澤真一郎・川本晃大・田中秀明・高橋裕一郎・栗栖源嗣 緑藻クラミドモナス由来シトクロム b6f 複合体の pH 依存的活性調節機構の構造基盤. 日本結晶学会 2021 年度年会, 北海道 (オンライン), 11 月 19-21 日, 2021.

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

「多様な光合成研究による植物の環境応答機構解明への挑戦」

日程：2021 年 1 月 18 日

場所：オンライン

オーガナイザー：小澤真一郎（岡山大学・植物研）

1. 分光学的解析による光合成挙動の可視化
上妻馨梨（東北大学）
2. 植物工場における野菜生産
伊藤善一（明治大学）
3. チオレドキシンによる光化学系 I サイクリック電子伝達の制御
桶川友季（京都産業大学）
4. 南極における環境ストレスと光合成生物の適応戦略
小杉真貴子（自然科学研究機構・アストロバイオロジーセンター，国立天文台併任）
5. 光合成の活性調節機構における膜脂質の機能
神保晴彦（東京大学）
6. 蛋白質複合体の立体構造解析とその評価
川上恵典（理化学研究所）

第 36 回資源植物科学シンポジウム及び第 12 回植物ストレス科学研究シンポジウム － SDGs の実現にむけて－

日程：2021 年 3 月 5 日

場所：オンライン（Webex Events）

オーガナイザー：馬 建鋒（岡山大学・植物研）

1. ダイズの長日に対する適応－開花と開花後の生殖生長
阿部 純（北海道大学）
2. 根粒菌とマメ科植物の攻防とゲノム進化
南澤 究（東北大学）
3. コムギいもち病菌の進化と抵抗性遺伝子の探索
土佐幸雄（神戸大学）
4. 二本鎖 RNA をめぐる植物とウイルスの攻防
石橋和大（農業・食品産業技術総合研究機構）
5. 光合成水分解反応の分子機構
沈 建仁（岡山大学）
6. オオムギのパンゲノム解析
佐藤和広（岡山大学・植物研）
7. レドックスを基盤とした光合成機能のオン・オフ制御
吉田啓亮（東京工業大学）
8. 植物ウイルス感染の抗細菌／抗糸状菌免疫への影響
兵頭 究（岡山大学・植物研）
9. ペプチドの長距離シグナルによる植物の乾燥ストレス応答
高橋史憲（理化学研究所）
10. 土壌養分変動に対するイネの可塑的応答
馬 建鋒（岡山大学・植物研）

高校生向け Summer Science School

日程：2021 年 8 月 2 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所（オンライン）

テーマ：植物をとりまくウイルス・微生物や昆虫類：表の顔と裏の顔を調べてみよう

1. ミクロの世界へようこそ、ウイルス学入門
鈴木信弘（岡山大学・植物研）
2. ウイルスだって役に立つ！
近藤秀樹（岡山大学・植物研）・兵頭 究（岡山大学・植物研）
3. *Methylobacterium* はメタノールが好き？
谷 明生（岡山大学・植物研）
4. 赤潮の原因となる植物プランクトンとは？
植木尚子（岡山大学・植物研）
5. 植物やムシの蛋白質をみてみよう！
新屋友規（岡山大学・植物研）

Plant Microbiota Research Network (PMRN) 第 1 回オンラインシンポジウム

日程：2021 年 8 月 27 日

場所：オンライン

オーガナイザー：大津美奈（奈良先端科学技術大学院大学）・岡野夕香里（福島大学）
川原田泰之（岩手大学）・亀岡 啓（東北大学）・杉山暁史（京都大学）・深田史美（岡山大学・植物研）
中野亮平トーマス（マックスプランク植物育種学研究所）

招待講演

1. 樹木をとりまく菌類群集の形成要因－葉の内生菌群集を例に－
福田健二（東京大学）
2. 木（=bacteria）を見て森（=microbiome）も見るために
増田曜子（東京大学）
3. 菌類 virome の中から見出されたウイルス同士の共生関係
佐藤有希代（岡山大学・植物研）
4. 植物だけでなく真菌にも寄生する青枯病菌の感染戦術
甲斐建次（大阪府立大学）
5. 共生菌にも病原菌にもなる植物糸状菌の感染戦略の決定要因の発見
晝間 敬（東京大学）

パネルディスカッション「植物マイクロバイオータ研究の未来」

ポスター発表 23 演題

<https://rtnakanolab.wixsite.com/home/pmrn-symposium>

IPSR International Plant Web Forum 2021

September 6-7, 2021

Venue: IPSR, Okayama University, Japan (Online)

Organizers: Maki Katsuhara, Yoji Kawano, Fumi Fukada, Yukiyo Sato, David Wari (IPSR, Okayama University)

September 6

Session 1:

New Approaches for Plant Molecular Biology

1. Genomic behaviors triggering the convergent evolution of plants sexualities
Takashi Akagi (Okayama University, Japan)
2. Plant cell volume changes and regulation of aquaporins
Caitlin Byrt (Australian National University, Australia)
3. Development of base editing technology for plant molecular biology and breeding
Keiji Nishida (Kobe University, Japan)
4. A florigen Hd3a gradient controls the reproductive transition in the rice inflorescence meristem
Hiroyuki Tsuji (Yokohama City University, Japan)

Session 2:

IPSR International Workshop by Early Career Researchers

1. Three polarly localized ammonium transporter 1 members are cooperatively responsible for ammonium uptake in rice under low ammonium condition
Noriyuki Konishi (IPSR, Okayama University, Japan)
2. Functional analysis of the ABC transporter gene BcatrB of gray mold fungus *Botrytis cinerea* induced by various phytoalexin treatments
Abriel Bulasag (Nagoya University, Japan)
3. Towards the identification of components of the putative BAM1-associated RNAi spread-promoting protein complex
Shuyi Luo (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
4. SVR75, a novel pentatricopeptide repeat protein located in chloroplast nucleoid, is indispensable for 23S and 16S rRNA processing in *Arabidopsis*
Zhang Siyuan (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
5. Salicylic acid-dependent antagonistic modules, SIB1 and LSD1, regulate PhANGs via GOLDEN2-LIKE transcription factors
Mengping Li (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)

Keynote Lecture:

A protein complex for effector delivery in smut fungi?

Regine Kahmann (Max Planck Institute for Terrestrial Microbiology, Germany)

Open Discussion I: How to enjoy academic life for early career researchers

Moderators: Ana Eusebio-Cope, (Philippines) Subha Das (India) (Alumni of IPSR)

Panelists: Regine Kahmann, Takashi Akagi, Caitlin Byrt, Keiji Nishida, Hiroyuki Tsuji, Abriel Bulasag, Noriyuki Konishi, Mengping Li, Shuyi Luo, Zhang Siyuan

Open Discussion II: How can microbes be beneficial to us?

Derib Alemu Abebe, Kei Hiruma, Yen-Ping Hsueh, Kenichi Tsuda, Ertao Wang, Satoko Yoshida

September 7

Session 3:

Plant-Microbe Interactions I

1. Genetic analyses of predator-prey interactions between carnivorous fungi and the nematode *C. elegans*
Yen-Ping Hsueh (Academia Sinica, Taiwan)
2. How parasitic plants recognize their hosts
Satoko Yoshida (Nara Institute of Science and Technology, Japan)
3. Individual death resulted from inefficient induction of *R*-gene-mediated antiviral resistance may confer suicidal population resistance in land plants
Derib Alemu Abebe (Tohoku University, Japan)

Session 4:

Plant-Microbe Interactions II

1. Activation of fungal ABA biosynthetic cluster genes switches a beneficial plant fungus to a pathogen
Kei Hiruma (The University of Tokyo, Japan)
2. Mechanisms underlying beneficial plant-microbe interactions
Ertao Wang (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
3. Plant interactions with pathogenic and commensal bacteria
Kenichi Tsuda (Huazhong Agricultural University, China)

Poster presentation: 40 posters

<https://www.rib.okayama-u.ac.jp/information/webforum2021/>

The 19th Awaji International Forum on Infection and Immunity Symposium VI Neovirology

September 30, 2021

Venue: Online

Conveners: Yoshihiro Kawaoka (IMS, University of Tokyo) and Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Introduction to Neovirology
Yoshihiro Kawaoka (University of Tokyo)
2. Cross-kingdom infection: An alternative route of fungal viruses spread in nature
Lying Sun (Northwest A&F University)
3. The emergence of mosquito-borne viral diseases: preparing for the unexpected
Roy A Hall (The University of Queensland)
4. Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous?
Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

令和3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：2021年10月16日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 農作物の品種改良のいま①～しくみや技術、めざすもの～
山本敏央（岡山大学・植物研）
2. 農作物の品種改良のいま②～IT革命がもたらした技術革新！～
古田智敬（岡山大学・植物研）

植物科学シンポジウム 2021 「植物科学からグリーンイノベーションへ」

日程：2021 年 11 月 30 日

場所：東京大学、岡山大学資源植物科学研究所（ハイブリッド）

オーガナイザー：坂本 亘（岡山大学・植物研）

主催：農業・食品産業技術総合研究機構、理化学研究所環境資源科学研究センター、
大学植物科学研究者ネットワーク、産業技術総合研究所

第1部：植物研究のカッティングエッジ

1. 葉緑体とミトコンドリアのゲノム編集技術の開発と展望
有村慎一（東京大学）
2. グリーンイノベーションに資する植物精密ゲノム編集技術
横井彩子・遠藤真咲（農研機構）
3. 植物と病原体の相互作用
白須 賢（理化学研究所）
4. ストリゴラクトンの二面的機能の起源と進化
経塚淳子（東北大学）

第2部：グリーンイノベーションへの研究動向

1. 植物の不均一環境への適応を支える転写開始点制御機構
松下智直（京都大学）
2. ゲノム編集植物はグリーンイノベーションを牽引できるか？
江面 浩（筑波大学）
3. 微生物による地球冷却ー農地からの温室効果ガス削減を目指してー
南澤 究（東北大学）

第3部：各省庁からの取組について

1. 文部科学省における植物科学に関する取組
辻山 隆（ライフサイエンス課）
2. 経済産業省
森田雅宗（生物化学産業課）
3. 農林水産省
若生忠幸（農林水産技術会議事務局）

総合討論

ウイルス学若手研究集会 2021 「飛び込め！飛び出せ！ウイルス学！」

日程：2021 年 12 月 10-11 日

場所：オンライン

オーガナイザー：小嶋将平（理化学研究所）・鳥居志保（Institut Pasteur）・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）・
中里晃太（ミシガン州立大学）・岸本麻衣（北海道大学）・関口 佳（東京医科歯科大学）・
藤田 滋（日本大学）・麻生啓文（京都大学）・山形優太郎（長崎大学）

招待講演

1. おめーらウイルスかぶれの常識はオレには通用しねえ!! シロートだからよ!!
高井 研（国立研究開発法人海洋研究開発機構）
2. 飛び込んだ！飛び出した？ファージと合成生物学の世界
安藤弘樹（岐阜大学）
3. Arthropods and the evolution of RNA viruses
Tianyi Chang（University of British Columbia）

海外研究者特別講演

1. アメリカポスドク、10年越しの帰国体験談
田畝修平（大阪大学）
2. フランスポスドク体験談
栗木麻央（Institut Pasteur）
3. アメリカ大学院留学体験談
中里晃太（Michigan State University）
4. アメリカポスドク、ファカルティ体験談
照井 慧（University of North Carolina at Greensboro）

特別企画「パネルディスカッションーウイルス学のこれからを考える」

河岡義裕（東京大学）
渡士幸一（国立感染症研究所）

一般講演

口頭発表 15 題
ワールドポスター発表 40 題

その他詳細

<https://youngvirologistnw.weebly.com/meeting2021.html>

「裸麦が創る食と農の未来フォーラム」 第3回オオムギ資源開発研究セミナー 愛媛大学大学院農学研究科附属ハダカムギ開発研究センター設立シンポジウム

日程：2021年12月12日

場所：愛媛大学・オンライン

オーガナイザー：荒木卓哉（愛媛大学）・八丈野 孝（愛媛大学）・神田龍平（中国四国農政局）・
浦松亮輔（農研機構）・久野 裕（岡山大学・植物研）

講演会

1. 裸麦を活用した健康社会を目指して
荒木卓哉（愛媛大学）
2. 大麦のある生活～時代が求める大麦～
浦松亮輔（農研機構）
3. バイオテクノロジー研究が切り拓くオオムギの未来
久野 裕（岡山大学・植物研）
4. 精麦業者から見た裸麦とは
高畑光宏（（株）高畑精麦）
5. 裸麦が食卓に届くまで
大森陽平（（有）ジェイ・ウィングファーム）

クロストーク

パネラー：荒木、浦松、久野、高畑、大森、松岡謙二（中国四国農政局）

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), 仁科賞, 3 月 15 日, 2021.

植物・微生物相互作用グループ, 兵頭 究 (准教授), 2021 年度日本植物病理学会学術奨励賞, 「植物 RNA ウイルスの複製に関わる宿主因子の研究」, 3 月 18 日, 2021.

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), ASV2021 Postdoctoral scholars Registration Awards, Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous?, 4 月 7 日, 2021.

植物・微生物相互作用グループ, Telengech Paul Kipkemboi (博士後期課程 3 年), ASV2021 Students Registration Awards, Diverse partitiviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*, 4 月 7 日, 2021.

ゲノム多様性グループ, 佐藤和広 (教授), 遺伝学奨励賞, 公益財団法人 遠州頌徳会, 5 月 29 日, 2021.

植物免疫デザイングループ, 南 康隆 (博士前期課程 1 年), Best Poster Award For Masters, Decipher unannotated peptide-mediated immunity in rice., IPSR International Plant Web Forum 2021, 9 月 6-7 日, 2021.

植物ストレス学グループ, 車 景 (特別契約職員助教) ほか 6 名, PCP 論文賞, Node-Localized Transporters of Phosphorus Essential for Seed Development in Rice., 11 月 4 日, 2021.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), Highly Cited Researchers, 高被引用論文著者リスト 2021 年版, Clarivate Analytics 社 (旧トムソン・ロイター IP & Science), 11 月 16 日, 2021.

植物ストレス学グループ, 山地直樹 (准教授), Highly Cited Researchers, 高被引用論文著者リスト 2021 年版, Clarivate Analytics 社 (旧トムソン・ロイター IP & Science), 11 月 16 日, 2021.

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)

重点研究

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
福井大学・学術研究院医学系部門	助教	本田 信治	モデル生物アカパンカビを利用した植物病原糸状菌・ウイルス相互作用研究のフロンティア	Frontier in fungal phytopathogen/virus interaction study utilizing a model organism, <i>Neurospora crassa</i>	鈴木
名古屋大学・大学院理学研究科	講師	井上 晋一郎	シロイヌナズナの Mg ストレス症状とストレス耐性機構の特徴づけ	Characterization of the Mg-stress symptoms and resistance in Arabidopsis	横正・馬
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

若手奨励研究

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	助教	富永 淳	光阻害が CYO1/CYO2 高発現イネの光合成および生長に与える影響の解析	Effects of photoinhibition on photosynthesis and growth in CYO1/CYO2 overexpressing rice	坂本
関西学院大学・生命環境学部	任期制助教	赤松 明	ミヤコグサ膜脂質による微生物感染制御機構の解明	The role of membrane lipid during plant-microbe interaction	河野
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
名古屋大学・アイソトープ総合センター	講師	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 Arabidopsis root	山地

一般研究

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
名古屋大学・大学院理学研究科	准教授	吉岡 泰	葉緑体 BamA, BamB 相同タンパク質の機能解明	Functional analysis of chloroplast BamA and BamB homologous proteins	坂本

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
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	鉄を介したオルガネラ間情報伝達が側根形態形成に果たす役割の解明	Elucidation of roles for iron-mediated organelle signal transduction in lateral root formation	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
立命館大学・生命科学部生命情報学科	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
愛媛大学・大学院農学研究科	教授	小林 括平	誘導型退緑モデルタバコにおける退緑発症と N' トバモウイルス抵抗性におけるサリチル酸合成制御系の役割	Roles of salicylic acid biosynthetic and regulatory pathways in chlorosis development in inducible chlorosis model tobacco and N' tobamovirus resistance	森
北海道大学・大学院理学研究院	准教授	伊藤 秀臣	ヒストン脱アセチル化酵素による新規トランスポゾン抑制機構の解明	Analysis of a Novel Transposon Suppression Mechanism by Histone Deacetylases	池田陽
岡山大学・大学院環境生命科学研究科	研究教授	赤木 剛士	植物における性の揺らぎを規定するエピジェネティックスイッチの分子機作	Mechanism for epigenetic switches regulating flexibility of the sex in plants	池田陽
愛媛大学・大学院農学研究科	准教授	賀屋 秀隆	植物における DNA メチル化編集技術開発	Development of Epigenome Editing Technology in Plants	池田陽
吉備国際大学・農学部地域創成農学科	准教授	氷見 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
広島大学・大学院統合生命科学研究科	教授	鈴木 克周	小麦内生菌アグロバクテリアで見つかった Ri プラスミドの構造決定と活用	Structural characterization of the hairy-root-disease inducing (Ri) plasmid of wheat endophyte bacteria	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
香川大学・農学部	教授	野村 美加	ミヤコグサ根粒形成に関与する遺伝子群の局在解析	Cellular localization of the nodulation genes in Lotus japonicus	馬・山地

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
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
農業・食品産業技術総合研究機構・農業環境研究部門	上級研究員	櫻井 玄	イネ葉身におけるミネラル輸送と蓄積過程のモデル化	Developing mathematical models for mineral transportation and accumulation in leaf blades in rice	山地・三谷
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量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
森林研究・整備機構・森林総合研究所森林バイオ研究センター	特別研究員	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
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	博士研究員	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 Arabidopsis plasma membrane aquaporin phosphorylation in plant immunity	且原
岡山大学・大学院環境生命科学研究科	准教授	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・作物研究部門	主席研究員	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
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	千葉 壮太郎	RNA ウイルス因子を利用した植物病原糸状菌における多重遺伝子発現系の構築	Development of a multiple gene expression system using RNA viral elements in phytopathogenic 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イルス叢の解析	Virome analysis of the useful fungi for the food industry	近藤
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・先進工学部	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・ガリス
九州工業大学・生命化学情報工学研究系	教授	花田 耕介	イネで新奇に同定した短い遺伝子の抗病原性効果の検証	Anti-biotic effects of newly identified small genes in Oryza sativa	河野

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
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・大学院農学研究科	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解明	Elucidation of principles of C1-microbe-plant interactions applicable for environmental conservation agriculture	谷
理化学研究所・バイオリソース研究センター	専任研究員	安部 洋	モデル植物を用いたメチロバクテリウムと植物の相互作用についての研究	Study on interaction of <i>Methylobacterium</i> and plants using a model plant, <i>Arabidopsis</i>	谷
岡山大学・学術研究院医歯薬学域（薬学系）	教授	久保田 高明	微細藻類と共生細菌の相互作用機構の解明	Understanding the mechanisms of symbiotic interactions between microalgae and bacteria	植木
広島大学・大学院統合生命科学研究所	教授	小池 一彦	栄養塩欠乏条件下における微細藻類の強光防御機構	Photoprotection in microalgae under nutrient depletions	植木
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 Triticaceae	佐藤
神戸大学・大学院農学研究科	教授	土佐 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 <i>Pyricularia oryzae</i>	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
熊本大学・大学院先端科学研究部	准教授	藤井 紀行	高山植物ハクサンイチゲを用いた分子系統地理学的研究～日本産高山植物の北方起源を再検証する～	Molecular phylogeographic study using alpine plant <i>Anemone narcissiflora</i> -Reexamination of the northern origin of Japanese alpine flora-	池田 ^啓
京都大学・大学院地球環境学堂	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
三重大学・大学院生物資源学研究科	准教授	水野 隆文	植物標本と蛍光 X 線分析計を用いた野生植物の元素集積データベースの構築	Construction of an element accumulation database for wild plants using herbarium and X-ray fluorescence analyzer	山下
鳥取大学・農学部	教授	石原 亨	イネ科植物におけるストレス応答性二次代謝の進化	Evolution of stress responsive secondary metabolism in Poaceae	武田

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
東京大学・大学院農学生命科学研究科	准教授	伊藤 純一	オオムギおよびイネの形態形成過程における比較分子遺伝学的解析	Comparative molecular genetics of morphogenetic pathways between barley and rice	武田
名古屋大学・生物機能開発利用研究センター	助教	永井 啓祐	アフリカ栽培イネ <i>Oryza glaberrima</i> の洪水耐性機構の解明	Elucidation of flood tolerance mechanism of African rice <i>Oryza glaberrima</i>	山本・古田
北海道大学・大学院農学研究院	教授	貴島 祐治	イネの倍数化に関する遺伝・育種学的研究	Genetic study on the polyploidy in rice	山本・古田
岡山県農林水産総合センター・生物科学研究所	専門研究員	鳴坂 義弘	月桃の遺伝学的解析	Genetic analysis of <i>Alpinia zerumbet</i>	長岐
京都大学・大学院農学研究科	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修飾の解析	Structural and epigenetic modification of wheat chromosomes in synthetic hexaploid lines	長岐・池田 ^陽
農業・食品産業技術総合研究機構・生物機能利用研究部門	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
愛媛大学・大学院農学研究科	准教授	八丈野 孝	病原及び共生糸状菌との相互作用研究に向けた侵入部位集積宿主因子の機能解明	Elucidation of the functions of host factors accumulating at a penetration site for the study of interactions with pathogenic and symbiotic fungi	久野・松島

国際共同研究 (*International 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
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
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縞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

拠点事業以外の共同研究（国内）

(List of Collaborations besides the Joint Projects at 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
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	データ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	データ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	データ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
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

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
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、アブシシン酸、ジャスモン酸による気孔閉口に関与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	イネのアポプラスチ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
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
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
東京薬科大学・ 生命科学部	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証実験システムの構築	短期宇宙曝露実証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 学研究科	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	種子フェチン酸の解析	イネ種子中のフェチン酸の測定	馬 建鋒
神戸大学	三村 徹郎・名誉教授	植物のリン酸輸体の研究	シャジクモ節間細胞から単離した細胞膜リン酸輸送体の共役輸送イオンの同定	且原 真木
山形大学・農学部	我妻 忠雄・客員教授	H ₂ O ₂ 高分泌植物種の網羅的探索、細胞壁高 H ₂ O ₂ 機構の解析	H ₂ O ₂ 高分泌機構におけるアクアポリンの役割の解明	且原 真木
信州大学・ 繊維学部附属農場	堀江 智明・准教授	ゼニゴケのイオン輸送体 MpHKT3;1 の解析	HKT のうち機能解析が進んでいないサブグループ 3 に属する MpHKT3;1 の新しい活性調製機構の解明	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
広島大学・大学院総合生命科学研究科	和崎 淳・教授	持続的作物生産に向けたクラスター根の形成能とリン供給能の活用	クラスター根形成作物の有機酸輸送体特性の解析	佐々木 孝行
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	八重樫 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
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	テンサイ叢根病の原因ウイルス BNYVV の病原学的研究	テンサイ叢根病の原因ウイルス BNYVV が保持するサテライト様ゲノム RNA5 の病原学的解析	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ィング	有用糸状菌類の新規ウイルスの探索と特徴付け	近藤 秀樹
山形大学・農学部	網干 貴子・准教授	昆虫食害時のイネの窒素蓄積量の解析	植食性昆虫の食害によるイネの窒素蓄積量の変化を解析する	Galis Ivan
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	クサシロキョ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・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ィクス技術を用いた、いもち病菌エフェクター Avr-Pit の同定	河野 洋治

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
近畿大学・農学部	川崎 努・教授	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドのシグナル伝達の解析	河野 洋治
愛媛県農林水産研究所・果樹研究センター	小佐見 謙一・研究員	解糖系酵素 GAPC1 を介したヒストンアセチル化の制御機構	イネ免疫に関わる分子の立体構造解析	河野 洋治
北海道大学・大学院理学研究院	高橋 幸弘・教授	スマホ分光器による病原菌潜在感染の解析	スマホ分光器を用いて、イネいもち病菌感染時のイネの光波長を解析する	深田 史美
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
岐阜大学・応用生物科学部	中川 智行・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存的貧栄養生育	メタノール資化性細菌が持つ貧栄養条件での生育におけるランタノイドの役割の特定	谷 明生
京都大学・大学院応用生命科学	由里本 博也・准教授	メチロトロフ細菌を用いたイネ生育促進	酒米におけるメタノール資化性細菌製材の生育促進効果	谷 明生
理化学研究所・環境資源科学研究センター	安部 洋・専任研究員	メタノール資化性細菌とモデル植物における相互作用	シロイヌナズナと <i>Methylobacterium</i> 属細菌における生育促進効果のメカニズムの解明	谷 明生
広島大学・統合生命科学研究科	加藤 純一・教授	メタノール資化性細菌におけるメタノールへの走化性の分子機構解析	<i>Methylobacterium</i> 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	谷 明生
京都大学・大学院応用生命科学	由里本 博也・准教授	メチロトロフ細菌におけるシデロフォア	<i>Methylobacterium</i> 属細菌における鉄吸収に関わるシデロフォアの分子解析	谷 明生
京都大学・理学部	小山 時隆・教授	メチロトロフ細菌におけるシデロフォア	<i>Methylobacterium</i> 属細菌における鉄吸収に関わるシデロフォアの分子解析	谷 明生
北海道大学・農学研究院	佐藤 昌直・助教	植物プランクトン 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なっている	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
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解明	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
名古屋大学トランスフォーマティブ生命分子研究所・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ピング	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
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
NARO 農業・食品産業技術総合研究機構	塔野岡 卓司・プロジェクトリーダー	オオムギ種子の機能性成分を制御する遺伝子の解明	オオムギ種子の水溶性食物繊維含量等にかかわる遺伝子を探索し、実証試験をしている	武田 真
栃木県農業試験場	渡邊 浩久・室長	大麦萎縮病抵抗性とビール醸造特性の遺伝解析	土壌伝染性の大麦萎縮病の抵抗性とビール醸造特性の原因遺伝子の特定を目指している	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
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	ミャンマーにおけるイネゲノム育種システム強化	ミャ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 Projects at 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 oxidatad D1 protein in <i>Chlamydomonas</i>	Degradation of D1 reaction center protein is being characterized in <i>Chlamydomonas ftsh</i> mutant	坂本 亘
Germany, etc	IPK, etc	Nils Stein, professor, et al.	Barley pan-genome project	Determination of the genome structure of 20 accessions	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
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
Russia	Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan Federal University	Rushan Sabirov, Professor	Function of genes and proteins in plnats produced under extreme environment	Genes expressed in Brachypodium 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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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>SLALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SLALMT</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 chrysoviruses	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
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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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 <i>Alternaria alternata</i>	鈴木 信弘
China	Northwest A&F University	Liyang Sun, Professor	Analysie of synergistic interactions between fungal and plant viruses	Studies on facilitative interactions between the plant and fungal viruses	近藤 秀樹
Australia	University of Queensland	Ralf Dietzgen, Associated Professor	Studies on the diversity of plant rhabdoviruses	Phylogenetic analyses of plant rhaviruses based on the L (RdRp) proteins	近藤 秀樹
China	Qingdao Agricultural University	Ida Bagus Andika, Professor	Characterization of 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>	Virus classification in the family <i>Rhabdoviridae</i>	近藤 秀樹
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology	Daisuke Miki, Principal Investigator	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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	Yangzhou University	Qiong Wang, Assistant Professor	NLR 型受容体によるイネ免疫の制御機構の解析	NLR 型受容体の分子生物学的、生化学的解析	河野 洋治
China	Chinese Academy of Agricultural Sciences	Yuying Li, Doctoral Research Fellow	NLR 型受容体によるイネ免疫の制御機構の解析	NLR 型受容体の分子生物学的、生化学的解析	河野 洋治
China	Jiangxi Agricultural University	Huimin Jia Assistant Professor	NLR 型受容体によるイネ免疫の制御機構の解析	NLR 型受容体のバイオインフォマティクス解析	河野 洋治
China	Jiangxi Agricultural University	Pingyu Wang Doctoral Research Fellow	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドの解析	植物免疫に関わるホルモン様ペプチドのシグナル伝達の解析	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 Sitki 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
Qatar	Qatar University	Helmi Hamdi, Research Assistant Professor	Conventional and non-conventional organic amendments to improve soil structure and productivity in Qatar	Reuse of treated sewage effluent for fodder production	谷 明生
Thailand	Prince of Songkla University	Suppasil Maneerat, Associate Professor	Survival and stability of <i>Lactobacillus plantarum</i> as a freeze-dried autochthonous starter culture for stink bean fermentation	Investigation of stability of <i>Lactobacillus</i> for production of fermented food	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
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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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 lignin biosynthesis in barley	Genetic modification of lignin biosynthesis is performed to increase the efficiency of processing for biomass in barley	久野 裕

Annual Report 2021

Director: Takashi Hirayama
Editorial Members: Sanae Rikiishi
Yuko Hojo
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 29 卷 (Annual Report 2021)

令和 4 年 3 月 25 日 印刷
令和 4 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 力石 早苗
北條 優子
杉本 学

印 刷 所 友野印刷株式会社

