

岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2022)
— 第30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：

上：令和3年（2021年）の研究所の全景

下：昭和30年（1955年）頃の研究所の全景

目 次 (Contents)

研究活動 (Research Activity)

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

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

光環境適応研究グループ

(Plant Light Acclimation Research Group) 1

環境応答機構研究グループ

(Group of Environmental Response Systems) 2

環境機能分子開発グループ

(Group of Functional Biomolecular Discovery) 3

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ

(Group of Plant Stress Physiology) 4

植物分子生理学グループ

(Group of Plant Molecular Physiology) 5

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ

(Group of Plant-Microbe Interactions) 6

植物・昆虫間相互作用グループ

(Group of Plant-Insect Interactions) 7

植物免疫デザイングループ

(Plant Immune Design Group) 8

植物環境微生物学グループ

(Group of Plant Environmental Microbiology) 9

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

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ

(Group of Genome Diversity) 10

野生植物グループ

(Group of Wild Plant Science) 11

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

遺伝資源機能解析グループ

(Group of Genetic Resources and Functions) 12

統合ゲノム育種グループ

(Group of Integrated Genomic Breeding) 13

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

作物デザイン研究チーム

(Crop Design Research Team) 14

フィールドフローラ研究チーム

(Field Flora Research Team) 14

作物イノベーションデザイン研究チーム

(Crop Innovative Design Research Team) 15

作物・環境デザイン研究チーム

(Crop x Environment Design Research Team) 15

RECTOR プログラム (RECTOR Program) 16

構成員	
(Member)	17
出版物リスト	
(List of Publication)	25
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	32
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	36
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)	43
学会賞等	
(Awards)	52
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)	53
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))	59

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植系統を用いて 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

鉄欠乏応答に関与する短鎖ペプチド FEP1/IMA3 の生理機能の解明を目的に、FEP1 機能欠損株と FEP1 発現誘導株を用いた網羅的転写物解析を行った。その結果、FEP1 は維管束系組織で活性のある鉄欠乏応答遺伝子の発現に関与することが明らかとなった。今後、分子レベルの機能解析を推進する。また、*ahg2-1* の恒常的鉄欠乏応答の抑圧変異 *ags2* の解析を進め、これが *ahg2-1* 変異で蓄積される polyA 付加ミトコンドリア mRNA には影響しない一方、少なくとも一部のミトコンドリア転写物のスプライシングパターンに影響することを明らかにした。今後、AGS2 の生理機能を明らかにしていく。

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農業形質予測モデルを構築し、最適遺伝的要因をデザインする技術開発を進めている。圃場オオムギの一斉ホルモン分析から、各種ホルモンの動態と成長度合いや環境要因への応答との関連について解析を行った。その結果、野外環境において、気温上昇に伴う成長や防御応答等に伴う、これまであまり報告がないホルモン変動が認められた。今後、人工的環境下で再現実験を行う予定である。

3. トマトおよびシロイヌナズナの気孔閉口運動におけるアニオンチャネルの役割の解明

気孔閉口において、孔辺細胞からのアニオン放出は重要である。今年度は、アブシシン酸およびリンゴ酸による気孔閉口誘導におけるアニオンチャネルの関与について、トマトおよびシロイヌナズナの孔辺細胞型 ALMT アニオンチャネル変異体を解析した。このアニオンチャネルは両植物においてリンゴ酸誘導気孔閉口に関わる一方、アブシシン酸誘導気孔閉口では両植物で役割が異なることが明らかになった。

4. ゼニゴケ DNA 脱メチル化酵素の機能解析

ゼニゴケの生活環において、DNA メチル化がゲノムワイドに変化していることが示唆されている。我々はゼニゴケ生殖過程における DNA 脱メチル化酵素の機能を解析するため、DNA 脱メチル化酵素変異体を作成し、表現型解析を行った。その結果、胞子の形成や発芽に影響を与えることから、ゼニゴケの初期発生過程に DNA 脱メチル化が重要な機能を果たしていると考えられた。

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 the plant hormone response system and have been analyzing the system using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2022 are described below.

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

To understand the physiological function of a short peptide FEP1/IMA3 involved in the iron-deficiency response in Arabidopsis, we performed RNA sequence analysis using the *feh1* defective mutant and FEP1 inducible lines. Analysis of transcriptome data revealed that FEP1 is implicated in the expression of iron deficiency responsive genes active in the vascular tissue. An *ags2* mutation that suppresses the iron deficiency response of *ahg2-1* did not affect the polyadenylation of mitochondrial mRNA but affected the splicing pattern of some of them. We will be analyzing the molecular function of FEP1 and AGS2 further.

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 determined the life course plant hormone profile of field-grown barley. Detailed analysis of these data revealed that most plant hormones fluctuate with the growth process or environmental stress responses. In addition, we found that some hormones have additional physiological functions besides their known functions in the field.

3. Analysis of the roles of anion channels in stomatal closure in tomato and Arabidopsis

Anion efflux is a critical event in stomatal closure. This year we analyzed the involvement of guard cell type ALMT anion channels in abscisic acid- and malate-induced stomatal closure in tomato and Arabidopsis. We revealed that the anion channels play a similar role in malate-induced stomatal closure in tomato and Arabidopsis. On the other hand, its role in abscisic acid-induced closure was shown to be divergent from each other.

4. Functional analysis of DNA demethylase in Marchantia

Genome-wide DNA methylation changes were suggested during the liverwort *Marchantia polymorpha* life cycle. We focused on the function of DNA demethylase in *Marchantia* and analyzed their function using *Marchantia* DNA demethylase mutants. The mutants showed defects in sporing and spore germination. Therefore, DNA demethylase was suggested to be required in the early development process in *Marchantia*.

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。日長や春化に関与するオオムギ相同性遺伝子(VRN1, VRN2, CO1, CO2, Ppd-H1)について遺伝子発現量の経時変化をリアルタイム PCR 法により解析したところ、遠赤色光補光連続照射で Ppd-H1 遺伝子の発現ピークが FT1 遺伝子の発現ピークより約 5 日前に出現するが、赤色光補光連続照射では VRN1 遺伝子の発現ピークが FT1 遺伝子の発現ピークより約 5 日前に出現した。

2. コムギの種子休眠性に及ぼす *R* 遺伝子の影響

コムギの種子休眠性は種子色と深くかかわっており、赤粒系統は白粒系統に比べて休眠性が高いことが知られている。プロアントシアニジンなどの赤色系色素は種皮に蓄積され、その生合成は *R* 遺伝子(*Tamyb10*)により制御される。しかしながら、*R* 遺伝子と休眠性の関係には未だ不明な点が多い。本研究では、白粒系統である Fielder に *Tamyb10* を導入した形質転換体を作製し、開花後 30 日の種子におけるホルモン含量と遺伝子発現を原品種である Fielder と比較した。形質転換体では種子が赤粒となり、休眠性は低下していたが、植物ホルモン含量に関しては両系統間に違いは認められなかった。しかし、形質転換体では複数の遺伝子の発現が変化しており、これら遺伝子は新規の種子休眠関連遺伝子であると考えられた。これら遺伝子の一つである *TaLTP2.128* は non-specific lipid transfer proteins (nsLTPs) ファミリーに属し、赤粒系統に比べて白粒系統においてその発現は高かった。*TaLTP2.128* はイネの低温発芽性を制御する *OsHyPRP5* (*qLTG3-1*) と相同性を示した。*TaLTP2.128* の発現は吸水時の種子において上昇したが、発現の上昇レベルは他の白粒系統でも高かった。また、このような急激な発現上昇は、非休眠状態の赤粒系統においても認められた。*TaLTP2.128* は発芽の早い時期に発現することから、休眠を解除し、発芽を引き起こす起点となる可能性がある。

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 2022 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. Time course of the expression levels of barley homologous genes (VRN1, VRN2, CO1, CO2, Ppd-H1) related to photoperiod and vernalization were analyzed by real-time PCR. The expression peak of Ppd-H1 gene appeared about 5 days before the expression peak of the FT1 gene under continuous irradiation with fluorescent light and far-red light, but the expression peak of the VRN1 gene appeared about 5 days before the expression peak of the FT1 gene under continuous irradiation with fluorescent light and red light.

2. Effects of *R* gene on seed dormancy in wheat

Grain dormancy of wheat is closely associated with grain color; red-grained lines show higher dormancy than white-grained line. Red pigments are accumulated in testa and the production is regulated by *R-1*, *Tamyb10* gene. However, the relation between grain color and dormancy is still unknown. In this study, we generated a *Tamyb10* induced transgenic red-grained line and compared plant hormones contents and gene expression of embryos of 30 days after pollination (DAP) grains with an original white-grained line. No differences were observed on contents of plant hormones, but several genes were differentially expressed among these lines and thought to be candidates for novel dormancy-related genes. One of the genes, *TaLTP2.128*, is a member of non-specific lipid transfer proteins (nsLTPs) and it was expressed higher in white grains than red grains. A putative amino acid sequence of the gene showed similarity to that of *OsHyPRP5* (*qLTG3-1*) which controls low-temperature germinability. Expression of *TaLTP2.128* was increased by grain imbibition, and the increasing levels were higher in not only other white-grained lines, but also non-dormant red-grained lines. *TaLTP2.128* was expressed at quite early stage of germination and the results indicated that this gene may act a role as a trigger of a transition of dormancy release to germination.

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。今年度の主な研究成果は以下の通りである。

1. イネのホウ素吸収に関与する輸送体の制御機構

ホウ素は植物の生育に欠かせない必須元素であるが、不足と過剰の幅が狭いため、環境中のホウ素濃度の変化に素早く対応する必要がある。イネのホウ素吸収に必要な二つの輸送体 *Lsi1* と *OsBOR1* のホウ素濃度変化への応答機構を調べた結果、*Lsi1* は環境中のホウ素濃度変化にตอบสนองしなかったが、*OsBOR1* は高濃度のホウ素に対して遺伝子転写レベルではなく、タンパク質が素早く分解されることがわかった。しかも、シロイヌナズナとは異なり、高ホウ素濃度による *OsBOR1* の分解はクラスリン非依存性経路を介している。

2. イネのケイ酸の導管液へのローディングに関与する輸送体の同定

イネの安定多収に必要なケイ素について導管への積み込み（ローディング）に関与する輸送体 *Lsi3* を同定した。*Lsi3* は根の内鞘細胞に局在し、極性局在を示さない。また *Lsi3* 遺伝子は主に根の基部に発現し、ケイ酸の供給によって発現が抑えられた。*Lsi3* を破壊すると、導管へのケイ酸のローディングが20%程度減少した。これは数理モデリングの結果と一致していた。

3. イネ低カドミウム集積機構の解明

イネのカドミウム集積機構を明らかにするために、カドミウム集積が低い品種 Pokkali に着目して、その低集積に関わる仕組みを調べた。様々な手法で関連遺伝子を同定した結果、カドミウムとマンガンの輸送体として知られている *OsNramp5* 遺伝子が Pokkali で重複していることを明らかにした。この遺伝子の重複はカドミウムとマンガンの根細胞内への取り込みを増加させるが、地上部へのカドミウムの転流をマンガンが競合して阻害し、地上部へのカドミウムの集積が減少することを明らかにした。またこの遺伝子を繰り返し交配でコシヒカリに導入し、収量や食味に影響を与えず、精米中のカドミウムのみが6割近く減少する系統の作出に成功した。

4. オオムギにおけるリン酸分配機構の解明

オオムギにおいて吸収されたリンの6割以上は最終的に種子へ転流されるが、種子へのリンの転流に関する分子機構はまだ不明である。オオムギの節で高発現する新規リン酸輸送体 *HvSPDT* の機能を解析したところ、*HvSPDT* は節の肥大維管束と分散維管束の木部と節部に発現していた。この遺伝子を破壊すると、種子へのリンの転流が大幅に減少した。また種子が小さくなり、収量が劇的に低下した。オオムギ節で発現する *HvSPDT* は種子へのリン酸の転流に重要な役割を果たしている。

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 various levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2022 are described below.

1. Regulatory mechanism of transporters involved in boron uptake in rice

Boron (B) is an essential element for plants, but the range between deficiency and excess is very narrow. Therefore, plants need to cope with fluctuations of B in the soil. We investigated the response of two transporters (*Lsi1* and *OsBOR1*) involved in B uptake in rice and found that *Lsi1* did not respond to the changes in B concentrations. However, *OsBOR1* responded to high B at the protein level, but not at the transcriptional level. *OsBOR1* is immediately degraded in response to high B. Furthermore, unlike *Arabidopsis*, the degradation is mediated by the Clathrin-independent pathway.

2. Identification of a transporter involved in xylem loading of silicon in rice

We identified a transporter (*Lsi3*) involved in xylem loading of silicon (Si), which is required for high and stable production of rice. *Lsi3* is localized at the root pericycle cells, but does not show polar localization. *Lsi3* gene is mainly expressed in the root mature region and its expression is down-regulated by Si supply. Knockout of this gene resulted in about 20% decrease of Si in the xylem sap, which is consistent with the mathematic modelling result.

3. Molecular mechanism of low cadmium accumulation in rice

To understand the mechanisms involved in low cadmium (Cd) accumulation in rice, we mapped the responsible gene using a low Cd-accumulating rice cultivar, Pokkali. We found that a gene (*OsNramp5*) encoding the Mn/Cd transporter is duplicated in this cultivar. This duplication increased the uptake of both Cd and Mn into the root cells, but decreased Cd translocation to the shoots due to competition between Cd and Mn. Through multiple backcrosses with an elite rice cultivar, Koshihikari, we succeeded in breeding a line with low Cd accumulation, but without any penalty in yield and eating quality.

4. Molecular mechanisms for the distribution of phosphorus to the grain in barley

Approximately 60% of total phosphorus (P) taken up is finally delivered to the grains of barley, but the mechanism underlying the distribution of P to the grains is unknown. We functionally characterized a P transporter gene, *HvSPDT*, which is highly expressed in the node. *HvSPDT* is expressed in both the xylem and phloem regions of enlarged- and diffuse-vascular bundles. Knockout of this gene significantly reduced P distribution to the grains. The grain size was also decreased, indicating the important role of *HvSPDT* in loading P to the grains in barley.

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。今年度は原形質膜型のイオン輸送性アクアポリン、水輸送活性の異なる液胞膜型のアクアポリン、気孔を構成する孔辺細胞の「気孔タイプ ALMT」のリンゴ酸輸送の機能と構造についての研究成果を報告する。

1. アクアポリンの機能と機構

イオン輸送性アクアポリンであるイネ OsPIP2;4 とオオムギ HvPIP2;8 は、Na⁺ および K⁺ を輸送するとともに水も輸送する。両アクアポリン分子種ともに、水輸送経路にアミノ酸変異を導入して水輸送活性を喪失させてもイオン輸送活性は維持されたことから、水とイオンの輸送経路は異なるものであることが示された。水輸送経路である単量体の孔とは別のイオン輸送経路が、アクアポリンが4量体を形成する際に形成されるとの仮説がたてられ、この仮説的経路にそってアミノ酸変異を導入して実証実験を進めている。

シロイヌナズナの液胞膜型アクアポリン AtTIP3 サブファミリーには、水輸送活性の異なる2種類のホモログ AtTIP3;1 と AtTIP3;2 が存在している。AtTIP3;1 と AtTIP3;2 のアミノ酸配列と構造を比較し、アミノ酸置換をした置換型 AtTIP3 を解析することにより、その水透過能力を調節する領域を同定した。

2. 気孔タイプ ALMT の輸送機能の解析

シロイヌナズナおよびトマトの ALMT ファミリー遺伝子 AtALMT12 と SIALMT11 は、アポプラスト側のリンゴ酸により誘導される気孔閉口に関与する。今回わたしたちは、これら2つの気孔タイプ ALMT の輸送機能特性を、アフリカツメガエル卵母細胞を用いた電気生理学的手法により調査した。SIALMT11 と AtALMT12 は外液のリンゴ酸、フマル酸そしてクエン酸に依存した「バル型」の電流・電圧パターンを示した。そして両 ALMT タンパク質はリンゴ酸、フマル酸、コハク酸を輸送するがクエン酸は放出しないことを明らかにした。そのため、気孔タイプ ALMT は外液の有機酸により活性化されるジカルボン酸輸送体であることが示された。さらに、タンパク質の C 末端に共通する酸性アミノ酸（アスパラギン酸、グルタミン酸）を欠損することで、SIALMT11 と AtALMT12 にみられた「バル型」の電流・電圧パターンが消失した。このことから、シロイヌナズナとトマトの気孔タイプ ALMT チャネルの C 末端の酸性アミノ酸は、膜電位センサーとして機能することが示唆された。

Our research has been focusing on the molecular, cellular and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. We report ion conduction in the plasma membrane and water conducting aquaporins in the tonoplast. We also report the relationship of transport function and structure regarding guard-cell-type ALMT family malate transporters.

1. Molecular mechanisms and functions of aquaporins

The ion-conducting aquaporins rice OsPIP2;4 and barley HvPIP2;8 transport Na⁺ and K⁺ as well as water. In both aquaporins, amino acid mutations in the water transport pathway resulted in loss of water transport activity, but ion transport activity was maintained, indicating that the water and ion transport pathways are distinct. We hypothesized that the ion transport pathway is formed when aquaporins form tetramers differently from a monomer pore for the water transport pathway. We are now testing this hypothesis by introducing amino acid mutations along this hypothetical pathway.

Arabidopsis tonoplast intrinsic protein3, AtTIP3, subfamily contains two homologs, AtTIP3;1 and AtTIP3;2, which showed clear differences in water permeability. We analyzed the water permeability of some AtTIP3;1 chimeric mutants that had amino acid sequences replaced with those of AtTIP3;2, and identified two regions that controlled the water transport in AtTIP3s.

2. Functional analyses of guard-cell-type ALMT channels.

The ortholog genes of a wheat ALMT1, the guard-cell-type ALMT genes: AtALMT12 and SIALMT11 are involved in stomatal closure induced by apoplast malate in tomato and Arabidopsis. In this study, we focused on the electrophysiological properties of guard-cell-type ALMT functions by measuring the two-electrode voltage clamp in *Xenopus* oocytes. SIALMT11 and AtALMT12 exhibited characteristic bell-shaped current-voltage patterns dependent on extracellular malate, fumarate, and citrate. Both ALMTs could transport malate, fumarate, and succinate, but not citrate. Therefore, the guard-cell-type ALMTs might be dicarboxylic anion channels activated by extracellular organic acids. Moreover, the truncation of acidic amino acids, Asp or Glu, from the C-terminal end of SIALMT11 or AtALMT12 led to the disappearance of the bell-shaped current-voltage patterns. This finding suggested that guard-cell-type ALMT channels in both Arabidopsis and tomato require an acidic amino acid in the C-terminus as a candidate voltage sensor.

本グループでは、ウイルスを主役として宿主へ有害あるいは有益な影響を及ぼすいくつかの系を解析することで、植物・微生物間相互作用の分子、細胞、個体レベルでの理解を目指している。以下に本年の成果を記す。

1. キャプシドレス 1 本鎖 RNA ウイルス・2 本鎖 RNA ウイルス・植物病原糸状菌間の複雑な 3 者間相互作用

子のう菌（日本産白紋羽病菌）に感染するキャプシドレスプラス 1 本鎖 RNA ウイルス・ヤドカリウイルス 1 (YkV1、ヤドカリウイルス科) は、無関係のキャプシド型 2 本鎖 RNA ウイルス・ヤドヌシウイルス 1 (YnV1、ヤドヌシウイルス科) のキャプシド粒子をハイジャックし、複製の場として転用する。一方、YkV1 は YnV1 の複製を高めることが知られている。さらに、YkV1 と異なる 3 種のヤドカリウイルス (YkV3、YkV4a、YkV4b) を 2018 年にスペイン産白紋羽病菌から発見している。本研究では、まずこれら 3 種ヤドカリウイルスのパートナー (YnV1 とは亜目レベルで異なる本鎖 RNA ウイルス) を同定した。YkV4a および YkV4b はメガトティウイルス (RnMTV1、メガトティウイルス科) 3 系統とパートナー関係を結ぶことが可能であったが、YnV1 (YkV1 のパートナー) あるいは RnMBV3 (YkV3 のパートナー、メガビルナウイルス科) 存在下では複製できなかった。YkV3 も RnMBV3 以外とはパートナーシップを結ぶことはできなかった。YkV1 とは異なり、YkV4 はパートナーである RnMTV1 の蓄積量を減少させ、RnMTV1 が引き起こす宿主菌の病徴を低減させた。YkV3 は、パートナーの RnMBV3 や宿主菌へは影響を及ぼさなかった。以上の結果は、それぞれのヤドカリウイルス種はガブリウイルス目の非常に多様な 2 本鎖 RNA ウイルスと種特異的なパートナーシップを結ぶことが証明された。また、ヤドカリウイルス／パートナーウイルス／宿主菌の相互作用は、相利共生的から拮抗的關係と複雑であることが示された。

2. コムギに感染する新規クロステロウイルスの発見とゲノム解析

1970 年代に植物研圃場（倉敷市）で初めて確認されたコムギ黄葉ウイルス (WYLV) は、アブラムシが媒介するクロステロウイルス属 (*Closteroviridae* 科) のメンバーと考えられている。しかし、その発生状況やウイルスゲノム配列に関しては不明のままであった。本研究では、植物研圃場で黄化症状を示すコムギ葉の RNA-seq 解析により、クロステロウイルスを再発見し、wheat yellow leaf-associated virus 1 (WYLaV1) と仮称した。配列相同性および系統解析の結果、WYLaV1 はクロステロウイルス属の新種に属することが示唆された。WYLV と同様、WYLaV1 はアブラムシにより媒介されその粒子は典型的な紐状形態であり、しばしばルテオウイルス属のオオムギ黄萎ウイルス PAV と共感染していた。植物研圃場は市街地の比較的閉鎖的な環境であることから、見出された WYLaV1 は WYLV と同種のウイルスである可能性が考えられる。以上、本研究はムギ類や穀物に感染するクロステロウイルス属の初めてのゲノム解析となるが、圃場でのコムギへ及ぼす影響などについては調査が必要である。

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

1. Three-layered complex interactions among capsidless (+)ssRNA yadokariviruses, dsRNA viruses, and a phytopathogenic fungus

A capsidless (+)ssRNA virus YkV1 (a yadokarivirus, family *Yadokariviridae*) hijacks the capsid of an unrelated dsRNA virus YnV1 (proposed family “Yadonushiviridae”) in a phytopathogenic ascomycete, while YkV1 trans-enhances YnV1 replication. Herein, we identified the dsRNA virus partners of three yadokariviruses (YkV3, YkV4a, and YkV4b) with genome organization different from YkV1 as being different from YnV1 at the suborder level. Their partners were mutually interchangeable between the two YkV4 strains (a and b) and three strains of the partner virus RnMTV1 (proposed family “Megatotiviridae”) but not between other combinations involving YkV1 or YkV3. Unlike YkV1, YkV4s reduced RnMTV1 accumulation and rescued the host fungus from impaired growth induced by RnMTV1. YkV3 exerted no apparent effect on its partner (RnMBV3, family *Megabirnaviridae*) or host fungus. These revealed that while each yadokarivirus has a species-specific partnership with a dsRNA virus, yadokariviruses collectively partner extremely diverse dsRNA viruses and show three-layered complex mutualistic/antagonistic interactions in a fungus.

2. Discovery and genome characterization of a novel closterovirus infecting wheat plants

In the 1970s, an aphid-transmitted clostero-like virus, named wheat yellow leaf virus (WYLV), was first detected to have infected wheat plants in the IPSR experimental field in Kurashiki, Japan. Since then, its viral genome sequence and occurrence in the field have not been reported. In this study, we discovered two variants of a closterovirus tentatively named “wheat yellow leaf-associated virus 1 (WYLaV1)” from yellowing leaf samples of wheat plants in the IPSR field through RNA-seq analysis. BLAST and phylogenetic analyses suggest that WYLaV1 represents a member of a novel species in the genus *Closterovirus* (family *Closteroviridae*). Similar to WYLV, WYLaV1 had aphid transmissibility and typical filamentous virion. WYLaV1-infected wheat plants were occasionally co-infected with barley yellow dwarf-PAV. Considering that the IPSR field is in a relatively closed condition, WYLV populations may have been reserved, and thus WYLaV1 and WYLV will be potential members of the same species. However, we are unable to verify it because the WYLV sample in the 1970s. Our results provide the first genome information of a closterovirus that infects wheat and potentially other cereal crops, but further investigations are needed to understand the impact of WYLaV1 infection on their production.

本グループでは、代表的な単子葉のモデル植物であり日本の主要穀物であるイネの植食性昆虫に対する防御機構の解析を行っている。2022年に行った主要な2課題を以下に記す。

1. 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の理解

作物が土壌中のミネラルを利用できるかどうかは、作物の成長や収量に大きく影響することが知られている。しかしながら、ミネラル元素が植物の植食性昆虫に対する防御応答に影響するかどうかは不明な点も多い。私たちは昨年までに、ケイ素 (Si) が圃場で栽培したイネのバツタに対する防御に重要な役割を果たすことを見出していた。そこで現在、ケイ素の機能をより詳細に解析するために、ケイ素を添加または無添加条件で水耕栽培したイネを用いて、咀嚼性植食性昆虫であるクサシロキヨトウ (*Mythimna loreyi*) の幼虫に対する防御応答の解析を行っている。ケイ素欠乏のイネを餌とした場合、幼虫がより早く成長するのに対し、ケイ素を添加したイネを餌とした場合は、昆虫の成長はほぼ完全に抑えられた。我々はケイ素が直接的に植食性昆虫に働く可能性に加え、イネが周囲へ発するシグナル産生など、なんらかの防御応答の調節にケイ素が関与する可能性を検証した。植食性昆虫による傷害を受けたイネは、特定のブレン드의揮発性物質を放出することが知られており、この揮発性物質は植食性昆虫の天敵となる捕食者、寄生蜂を誘引する。解析の結果、ケイ素の添加が揮発性物質の放出に重要であることを見出した。ケイ素の有無はイネのヘッドスペースの揮発性物質の産生量に関与するため、イネの天敵誘引を伴う間接的防御や周辺環境との相互作用にケイ素が影響する可能性が示唆された。

2. 昆虫共生微生物により誘導されるイネの防御応答のさらなる研究

以前に我々は、イネが吸汁性昆虫のトビイロウンカ (*Nilaparvata lugens*) の甘露に含まれる微生物を特異的に認識し、防御応答を誘導することを示していた。現在、我々は甘露中から単離した微生物を、総合的害虫管理 (IPM) において新たな生物的防除ツールとして利用できる可能性を考えた。有用な微生物を得るために、日本の複数の地域でトビイロウンカを採取し、甘露中の微生物を解析した。次世代シーケンス (NGS) 解析により、各採取地のトビイロウンカの甘露中の微生物叢を明らかにするとともに、多くの微生物種を甘露から新たに単離することができた。イネの防御機構活性化が最も期待できる甘露中の微生物種に注目し、圃場における予備的試験として、イネに対して栽培期間中に定期的に当該微生物の培養液を散布し、植食性昆虫による加害の程度を観察した。その結果、圃場でのイネの防御応答の促進など、イネの防御機構への影響が認められた。しかしながら、今年度の実験では圃場の植食性昆虫の発生数が少なかったため、結論には至っていない。次年度も実験を継続し、最終的な結論を得ることで、総合的害虫管理技術の開発に貢献することを期待する。

We are studying mechanisms of plant defense against herbivores using rice as an important monocot model and major crop in Japan. Two topics investigated in 2022 are highlighted below.

1. Understanding the role of mineral elements in rice defense against herbivores

Availability of minerals in soil is known to largely affect plant growth and yield of crops. However, it is not clear if mineral elements can also affect the plant defense responses against herbivores. In previous years, we found that silicon (Si) plays an important role in field-grown rice defense against grasshoppers. To understand the role of Si in more detail, we currently developed hydroponically grown rice plants supplied with Si, and plants without Si, and examined their defense properties against larvae of chewing herbivore, *Mythimna loreyi*. While Si-deficient plants allowed rapid growth of insects, Si supplementation almost completely inhibited their growth. While Si could directly act on herbivores, we also wanted to know if Si could be modulating other defense responses, such as environmental signaling in rice. It is known that herbivore-damaged rice plants release a specific blend of volatiles that attracts natural enemies of herbivores, predators and parasitoid wasps. Our current results suggest that Si supplementation is important for volatile release. The presence and absence of Si affected the amounts of volatiles in the rice headspace, which is then likely to affect the indirect rice defense and interactions of rice with the environment.

2. Further studies on insect symbiont-induced rice defense

Previously, we demonstrated that rice plants can specifically recognize microbes contained in brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) honeydew, which then elicits rice innate defense against this damaging sucking pest. We then proposed that microbes from honeydew could be isolated and used as a new promising biocontrol tool in the Integrated Pest Management (IPM) systems. In order to expand the range of potentially useful microbes from honeydew, we further investigated the composition of microbial symbiont communities in *N. lugens* collected from several different geographical regions in Japan. New generation sequencing (NGS) was used to estimate a total diversity of microbes in the honeydew, and many additional microbial strains have been isolated from the geographically diverse honeydew sources. The most promising bacterial inducers of rice defense were then used in a pilot field experiment where rice plants were periodically sprayed with the selected microbial cultures and damage from the field-occurring herbivores was observed throughout the cultivation season. Although treatments of rice with microbes showed some differential effects on rice defense in the field (including higher defense capacity), this year experiments remained inconclusive due to a low occurrence of the field herbivores. The experiments will be continued in the following years to obtain more conclusive results and contribute to IPM methods.

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。2022年の主な成果は以下の通りである。

1. NLR型免疫受容体 Pit の CC ドメインに保存された3つの疎水性残基は、細胞膜への局在と免疫誘導に寄与している

Nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR) タンパク質は、重要な細胞内免疫受容体として機能している。NLR の N 末端は、coiled-coil (CC) と Toll-interleukin 1 receptor ドメインの2つに分類され、シグナル伝達や病害抵抗性において重要な役割を担っている。しかし、NLR タンパク質の N 末端がどのようにして免疫誘導に関与しているかは、ほとんど明らかにされていない。本年度、我々は、イネの最重要病害であるいもち病菌に対する NLR 型免疫受容体 Pit の CC ドメインが自己会合に寄与していることを明らかにした。Pit の CC ドメインには、オオムギの MLA10 とシロイヌナズナの RPM1 の2つの NLR 型免疫受容体でオリゴマー形成に関与することが知られている保存された3つの疎水性残基が存在する。興味深いことに、Pit におけるこれらの残基の機能は、MLA10 や RPM1 とは異っており、3つの疎水性残基は Pit が誘導するイネいもち病菌に対する病害抵抗性に重要であるが、自己会合や下流のシグナル分子との結合には関与していないことを明らかにした。我々は、シロイヌナズナ NLR 型免疫受容体 ZAR1 構造を用いた Pit のホモロジーモデリングにより、3つの保存された疎水性残基の役割の解明を試み、それらが Pit CC ドメインの $\alpha 2$ -ヘリックスと予測される残基に位置し、細胞膜局在に関与することを見出した。今回の発見は、NLR の活性化機構や、細胞内局在と免疫誘導の関係を理解する上で、新たな知見をもたらした。

2. 炭疽病菌における細胞内ステロールの輸送は植物感染に重要である

炭疽病菌は多くの植物種を宿主として壊疽病斑を引き起こす、重要な植物病原糸状菌である。本菌は宿主への侵入の際に、メラニン化した付着器と呼ばれる特徴的な感染器官を形成し、そこから貫穿糸を宿主表皮に貫入させ、宿主内に侵入する。本研究では、ウリ科植物を宿主とするウリ類炭疽病菌において、Niemann-Pick type C (NPC) タンパク質を介した適切なステロールの輸送・分配が、付着器における貫穿糸形成に重要であることを明らかにした。蛍光顕微鏡や走査型電子顕微鏡を用いた詳細な観察から、付着器内の細胞膜にステロールが適切に分配されることで、貫穿糸形成に必要なタンパク質が適切な部位に集積することを見出した。本研究は植物病原菌の感染時において、NPC タンパク質を介したステロール輸送の仕組みを初めて示したものであり、ステロール輸送機構をターゲットとした新たな防除薬剤の開発に繋がる可能性が期待される。

Our ultimate goal is to design new plants that can cope with biotic stresses and to improve important agronomic traits. To accomplish this goal, we have been trying to decipher the mechanism of the plant-microbe interactions. Our main achievements in 2022 are described below.

1. Three conserved hydrophobic residues in the CC domain of Pit contribute to its plasma membrane localization and immune induction

Nucleotide-binding leucine-rich repeat (NLR) proteins work as crucial intracellular immune receptors. N-terminal domains of NLRs fall into two groups, coiled-coil (CC) and Toll-interleukin 1 receptor domains, which play critical roles in signal transduction and disease resistance. However, the activation mechanisms of NLRs, and how their N-termini function in immune induction, remain largely unknown. Here, we revealed that the CC domain of a rice NLR Pit contributes to self-association. The Pit CC domain possesses three conserved hydrophobic residues that are known to be involved in oligomer formation in two NLRs, barley MLA10 and Arabidopsis RPM1. Interestingly, the function of these residues in Pit differs from that in MLA10 and RPM1. Although three hydrophobic residues are important for Pit-induced disease resistance against rice blast fungus, they do not participate in self-association or binding to downstream signaling molecules. By homology modelling of Pit using the Arabidopsis ZAR1 structure, we examined the role of three conserved hydrophobic residues and found that they are located in the predicted $\alpha 2$ -helix of the Pit CC domain and involved in plasma membrane localization. Our findings provide insight into the mechanisms of NLR activation as well as the relationship between subcellular localization and immune induction.

2. Intracellular sterol transport in plant infection in the anthracnose fungus, *Colletotrichum orbiculare*

Anthracnose caused by plant-pathogenic *Colletotrichum* fungi is a serious disease that causes damage in many plant species. During infection, *Colletotrichum* species develop a specialized infection structure called appressorium, and penetrate the host cuticle and epidermal cells through a narrow penetration peg produced at the bottom of the appressorium. In this study, we revealed that the sterol transport and proper distribution mediated by Niemann-Pick type C (NPC) proteins are critical for the formation of the penetration peg in the cucumber anthracnose fungus, *C. orbiculare*. The fluorescent and transmission electron microscope observations revealed the membrane integrity and curvature with actin assembly formed after proper sterol distribution to the plasma membrane in the appressorium, leading to emergence of the penetration peg. Our results revealed the mechanism by which NPC proteins regulate appressorium-mediated plant infection.

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その共生細菌・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* 属細菌のランタノイド取り込み、排出に関わる因子の機能解析

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。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 (MDH) を持っている。一方で、細菌が鉄を取り込む際に利用する分子、シデロフォアは植物の鉄の取り込みにも関わっている。*M. aquaticum* 22A 株は Staphyloferrin B 様シデロフォア合成遺伝子を持っており、その破壊株は当然鉄取り込み能力を失うだけでなく、Ln の取り込み能力及び植物生育促進能も失ったことから、シデロフォアの多様な役割が示された。またペリプラズム空間で Ln を結合する Lanmodulin タンパク質は Ln の取り込み及び排出に関わっているが、メタノール生育や Ln 依存的 MDH の発現調節機構には関わっていないことがわかった。

2. 赤潮原因藻ヘテロシグマの増殖を促進する海洋細菌の探索と、増殖促進機序の解明

『赤潮』とは、植物プランクトンが異常に増殖し、海水が着色する現象を指す。赤潮は、水温、海水塩度、栄養塩含量など、様々な要因によって誘発される。近年、これらに加え、環境細菌が赤潮発生を誘発する可能性が指摘されている。例えば、海水・底泥中の細菌による含窒素・含リン化合物の化学的変換により、植物プランクトンが N/P を含む化合物を利用しやすくなる可能性も指摘されている。

当グループは、赤潮原因藻ヘテロシグマの増殖への促進作用を示す海洋細菌の同定を目指して、自然界で通常よりも高い細胞密度に増殖したヘテロシグマを含む海水（～20,000 cells/mL）や同地点の底泥を採取し、200 株近い細菌を単離し、ヘテロシグマ増殖を貧栄養状態にて促進する細菌の同定を目指したスクリーニングを行なった。その結果、リン欠乏培地中でヘテロシグマや他の植物プランクトン増殖を促進する細菌を単離した。増殖促進機構を精査したところ、本細菌は、ヘテロシグマに貪食され、栄養源として利用されることが明らかになった。光合成を行う植物プランクトンは、正リン酸や可溶性有機含リン化合物を利用するとともに、細菌貪食を、貧栄養条件を生き延びるために利用することは知られてきたが、細菌貪食により摂取したリン化合物を利用して増殖するという報告は例がなく、現在詳しい解析を進めている。

Our group mainly focuses on (1) isolation, identification, and functional analysis of plant-associated growth-promoting bacteria and (2) physiological function of algal bloom and its biological interaction with symbiotic bacteria and viruses. Our major achievements in 2022 are described below.

1. Functional analysis of the factors involved in lanthanide uptake and excretion

Methylobacterium species, ubiquitous bacteria living on the plant surface can utilize methanol emitted from plants and promote plant growth. They have two different methanol dehydrogenases (MDHs), which are either calcium (Ca)-dependent or lanthanide (Ln)-dependent. On the other hand, siderophores, iron-chelating compounds, secreted by bacteria also promote plant growth. The *M. aquaticum* strain 22A genome encodes the staphyloferrin B gene cluster, and the gene deletion mutant lost Ln uptake activity and plant growth promoting capacity as well as iron uptake ability, which suggested the diverse roles of the *Methylobacterium* siderophore. A periplasmic Ln-binding protein, lanmodulin, was found to be involved in Ln uptake and excretion but not in methanol growth and Ln-dependent regulation of MDHs.

2. Search for marine bacteria that promote the growth of the bloom-causative phytoplankton, *Heterosigma akashiwo*

Algal bloom refers to the phenomenon that phytoplankton proliferate abnormally to cause water discoloration. Bloom formation is induced by various factors such as water temperature, salinity, and eutrophication. Various environmental bacteria may also contribute to the bloom occurrence. For example, bacteria in seawater and bottom sediments are suggested to convert nitrogen- and phosphorus-containing compounds to biologically available forms for phytoplankton, thus facilitate the growth of the organisms.

To identify marine bacteria that promote the growth of the bloom-causative alga *H. akashiwo*, we collected seawater and bottom sediment containing the alga propagated to abnormally high cell densities, and isolated > 200 bacterial strains. As a result, we isolated a bacterial strain that promoted the growth of *Heterosigma* and other phytoplankton in phosphorus-deficient conditions. We found that the bacterium was phagocytosed by *Heterosigma* and was utilized as a nutrient source. Photosynthetic phytoplankton, in general, utilize orthophosphate and soluble organic phosphorous compounds, and also several reports demonstrated that they phagocytose bacteria to survive under oligotrophic conditions. However, there have been no reports of phytoplankton utilizing phosphorous compounds ingested by bacterial phagocytosis for cell proliferation. We are currently conducting detailed analysis to elucidate the mechanism underlying the 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) オオムギの全ゲノム解読

日本の醸造用オオムギ「はるな二条」や栽培オオムギの祖先野生種 OUH602 の全ゲノム配列を最新の塩基解読法および整列技術を駆使して高精度に解読した。この成果によってオオムギの品種開発の加速化が期待される。

(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やゲノム編集効率の改善に取り組んでいる。一方、ゲノム編集技術 (CRISPR/Cas9 法) により、種子休眠性遺伝子、リン輸送に関わる遺伝子、うどん粉病感染に関わる遺伝子等の改変に成功した。

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

The chromosome-scale genome assemblies of the Japanese elite malting variety 'Haruna Nijo' and the wild ancestor of cultivated barley 'OUH602' with precision nucleotide sequencing and alignment techniques have been released. This achievement is expected to facilitate the breeding of new barley varieties.

(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 and to improve the efficiency of genome editing in barley. In addition, we have succeeded in site-directed mutagenesis of barley grain dormancy genes, phosphorus transporter gene, and powdery mildew resistance gene by genome editing.

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するとともに、岡山県を中心とした絶滅危惧種の保全に関する調査研究を行っている。

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応進化機構に関する研究

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ための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。本年度はこれまでに明らかにした「異なる緯度に生育する植物が温度や光に対する感受性の異なるフィトクロム (phyB) を持つこと」の一般性を検証することを目指し、日本列島から北極圏に分布する様々な高山植物を対象にフィトクロム遺伝子の塩基配列を解読する研究に取り組んだ。野外に生育する植物から採取したサンプルを用いた RNA-seq 解析を行うことで、ツツジ科植物を中心に約5種におけるフィトクロム遺伝子の塩基配列を解読した。そして、様々な地域に由来するサンプルにおける塩基配列を比較することで、ツガザクラ属の進化においては、フィトクロムの環境感受性に関連するドメイン (PHY ドメイン) におけるアミノ酸配列の変化が生育地の緯度に関連することが明らかになった。

2. 岡山県の絶滅危惧種に関する調査研究

岡山県における絶滅危惧種の分布状況について、岩角地と溪流帯に重点を置いて調査した。キブネダイオウの定点調査地では、河川氾濫による大規模な流失から4年を経過し、全体では氾濫前と比べて減少したが、漂着あるいは新生したと推定される個体群も確認された。また、県内ではごく少数の生育地が確認されていたアオガネシダ、シモツケヌリトラノオ、コガネシダ、セッコク、マメヅタラン、マダイオウなど、18種について新分布地点を見いだした。数種の既知集団の衰退または消滅が確認された。少なくとも6種においてレッドリストカテゴリーの変更が妥当であると考えられた。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of the diversity of plant species. In addition, by preserving resources of wild plant seeds, we are assessing and conserving endangered plant species in Okayama Prefecture.

1. Study on mechanisms of adaptation evolution 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 focus on examining whether adaptive change of thermal stability of phytochrome is commonly applicable for evolution of plants. To this aim, we explored polymorphisms on phytochrome genes in various species of alpine plants. We performed RNA-seq using plant materials grown in wild habitats and identified nucleotide sequences of phytochrome genes in about five species, especially species in Ericaceae. Using numerous samples originating from populations located in different latitude, we found that polymorphisms causing amino acid replacements at the PHY domain, which may influence thermal reversion of phytochrome, occur in association with latitude in *Phyllodoce*.

2. Field surveys on endangered plants of Okayama Prefecture

Endangered species were surveyed focusing on rocky places and riversides in Okayama Prefecture. Since 2017, rheophytic *Rumex nepalensis* subsp. *andreaeanus* has decreased at all populations, but some new individuals, which were probably carried down from the upper stream or germinated from seeds, were also detected. Besides, new localities of 18 endangered species (*Asplenium boreale*, *A. wilfordii*, *Bulbophyllum drymoglossum*, *Dendrobium moniliforme*, *Rumex madaio*, *Woodsia macrochlaena*, etc.) were found. A few known populations declined. At least on six species, the red list categories in Okayama should be changed.

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。これまでに葉間期が短縮し葉が多数発生する *many-noded-dwarf* 多節矮性突然変異体の解析を行い、原因遺伝子が3遺伝子座 *MND1* (7H)、*MND4* (5H) および *MND8* (5H) に区分できることを解明し、そのうちの2遺伝子はイネの多節矮性遺伝子と異なるオオムギ固有の遺伝子の異常によることを示した。本年度の主要成果として、オオムギの顕著な形態突然変異体の一種である、内穎裂開突然変異体の分子遺伝学的解析があげられる。

我々は以前の研究で *WUSCHEL-RELATED HOMEBOX 3* (*WOX3*) 遺伝子がオオムギゲノム中に2個存在することを示した。そのうちの1個 *NARROW LEAFED DWARF1* (*NLD1*) の特性解析を行ったところ、側性器官の発達に極めて重要な役割を担うことを明らかにした。今回の研究ではもう一方の *WOX3* 遺伝子である、オオムギの内穎裂開突然変異体 *bifurcated palea* (*bip*) の花器官と葉の表現型に注目して研究を実施した。*bip* 突然変異体の内穎は2つに裂開し、外穎側に向かって発達し、心皮と葯を包んでいた。また、*bip* 突然変異体は鱗被を欠いていた。正常なオオムギでは鱗被は外穎内部の雄ずい基部に1対存在する。鱗被の欠損は、*bip* 突然変異体における花器官の重要な形態変異である。さらに、*bip* 突然変異体は葉が細葉となる形態異常を示し、葉身長が短く、葉縁のトリコーム密度が低下していた。マップベースクローニングと遺伝子発現解析の結果、*BIP* 遺伝子はオオムギゲノム中に存在する2個目の *WOX3* 遺伝子と同一であることがわかり、*HvWOX3* と命名した。さらに *bip nld1* の二重突然変異体を交配によって作成し、表現型を調査したところ、葉身幅が著しく減少し、葉縁のトリコームも激減していることがわかった。多様な植物種の種々の *WOX3* 突然変異体における表現型ならびに遺伝子発現パターンと比較した結果、オオムギでは *NLD1* と *HvWOX3* の両方によって葉の両縁方向への成長とトリコーム発達が促進されると結論した。しかし、*HvWOX3* は *NLD1* とはオオムギの発生の基幹的な役割において機能分化していると考えられた。本研究は京都大学大学院農学研究科 吉川貴徳博士との共同研究の成果である。

Our group has been identifying and characterizing important genes that control morphogenesis and seed chemical compositions of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Barley, the fourth most highly produced cereal in the world after wheat, rice and maize is mainly utilized as malt, human food and animal feed. Barley, a model crop of the tribe Triticeae, is important in the comparative analyses of Poaceae. However, the molecular understanding about the developmental processes including leaves and flower organs is limited in barley. By exploiting ample mutants of barley either spontaneous or induced in origin, we have been conducting molecular investigation of unique morphological mutants of barley. Our research mainly focuses on the molecular mechanisms underlying beneficial agricultural traits. Our major achievement in 2022 is molecular dissection of a *bifurcated* mutant of barley. These barley mutants show obvious phenotypes in the palea, but their responsible genes have not been fully clarified.

Our previous work characterized one of two *WUSCHEL-RELATED HOMEBOX 3* (*WOX3*) genes present in the barley genome: *NARROW LEAFED DWARF1* (*NLD1*). We demonstrated that *NLD1* plays a pivotal role in the development of lateral organs. In the present study, we describe a *bifurcated palea* (*bip*) mutant of barley focusing on flower and leaf phenotypes. The palea in the *bip* mutant was split into two and developed inside the lemma surrounding the carpels and anthers. The *bip* mutant is devoid of lodicules, which develop in pairs at the base of the stamen within the lemma in normal barley. The *bip* mutant also exhibited malformation of leaves, such as narrow leaf due to underdeveloped leaf-blade width, and reduced trichome density. Map-based cloning and expression analysis indicated that *BIP* is identical to another barley *WOX3* gene, named *HvWOX3*. The *bip nld1* double mutant exhibited greater reduction in leaf-blade width and number of trichomes. By comparing the phenotypes and gene expression patterns of various *WOX3* mutants, we concluded that leaf bilateral outgrowth and trichome development are promoted by both *NLD1* and *HvWOX3*, but that *HvWOX3* serves unique and pivotal functions in barley development that differ from those of *NLD1*. This achievement was obtained in collaboration with Dr. Takanori Yoshikawa, Kyoto University.

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。2022年の研究進捗は以下のとおりである。

1. エラーを低減した新たな遺伝子型判定パイプラインの構築

Genotyping-by-sequencing を初めとする次世代シーケンサーを用いた遺伝子型判定法は、迅速かつ多検体を一度に処理できる反面、データに大量のエラーを含んでいる。本年度は、ゲノム比較情報に基づきエラー検出率を低減し遺伝子型判定を行う解析パイプライン「MCPTagg」を新たに構築した。また、当該解析パイプラインをデータ解析環境 R でパッケージ化し「MCPTaggR」として GitHub (<https://github.com/tomoyukif/MCPTaggR>) で公開した。さらに、遺伝子型判定後のデータに含まれるエラーを修正するツール GBScleanR も開発し、Bioconductor (<https://doi.org/doi:10.18129/B9.bioc.GBScleanR>) および GitHub (<https://github.com/tomoyukif/GBScleanR>) で R パッケージを公開した。

2. 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

オリザグラバ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 QTL 解析を実施した。GBS に基づく両親ゲノムの dosage 情報を利用して、種子稔性や稈長および脱粒性に関する有意な QTL を見出した。

8 種類の多収イネに由来する多系交雑集団 (MAGIC) のワラおよび玄米の元素分析を行った。ハプロタイプと表現型が一致するゲノム領域を検索することにより、これまでに報告されている主要な遺伝子座を確認するとともに、亜鉛、銅、モリブデンの吸収に関与する有望な新規遺伝子座を検出した。

3. 簡易画像機械学習を用いた顕微鏡画像中の物体検出モデルの構築

研究で得られる画像の自動解析は、多くの分野で必要とされている。このための手法のひとつとして機械学習を用いた画像解析が注目されているが、現状では、機械学習を用いた画像解析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解析を利用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、顕微鏡画像中の細胞や花粉などの物体を検出するためのモデルを構築した。これらを用いることにより、非データサイエンティストが容易に顕微鏡画像中の物体を検出することが可能となった。

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.

1. Establishment of a novel genotyping pipeline

Next generation sequencing-based genotyping methods, including genotyping-by-sequencing, allow us to obtain genotype data from a large number of samples in one sequencing run simultaneously. Nevertheless, these obtained genotype data usually contain unignorable amount of error. In this year, we developed an R package “MCPTaggR” that provides a novel genotype calling pipeline, in which error-prone markers can be eliminated based on comparative genomic information. In addition, we also released another R package “GBScleanR” that enable us genotype estimation from error-rich genotype data via the error-pattern aware hidden Markov model.

2. Development of a novel breeding systems to create useful genetic variants from restricted materials

QTL analysis was conducted using a selfed segregating population of hybrid tetraploid lines obtained from anther culture of F₁ of *Oryza glaberrima* and Asian cultivated rice (*Oryza sativa*). Significant QTL for seed fertility, culm length and dehiscence were found using dosage information of the parents' genomes based on GBS (genotyping by sequence) information.

Elemental analysis of straw and brown rice in the MAGIC population consisting of eight high-yielding rice varieties were conducted. By searching for genomic regions with matching haplotype and phenotype patterns, we detected not only key loci previously reported, but also promising new loci involving zinc, copper, or molybdenum absorption.

3. Construction of models for object detection in microscope images using simple image machine learning

Automatic analysis of images obtained in research is needed in many fields. Image analysis using machine learning has been attracting attention as one of the automatic analysis methods. However, image analysis using machine learning requires knowledge of data science or expensive applications, which is a barrier to the use of image analysis using machine learning by non-data scientists. To break down this barrier, we built a simple image machine learning pipeline using Create ML, which Apple distributes free of charge to application developers, and constructed models to detect objects such as cells and pollens in microscope images. Using these models, non-data scientists can easily detect those objects in microscope images.

次世代作物共同研究コア 作物デザイン研究チーム

本グループでは、研究所が保有する植物に関するさまざまなデータや遺伝資源を活用して、植物の様々な生理応答に関する知見を統合し、作物の生産性に有用な鍵遺伝子の探索やその機能の理解を推進している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

本年度は、データ科学的アプローチでオオムギ遺伝資源を活用したゲノム科学および遺伝学的研究に取り組んだ。具体的には、SV274 コアーコレクションの遺伝変異情報と形質情報を整理しゲノムワイド関連解析 (GWAS) を実施し遺伝領域の特定に成功した。また、ストレスによる成長抑制における小胞体ストレス応答の役割を理解する分子遺伝学研究を進めた。今後、これらの研究を継続しながらより多くの所員との共同研究を進めていく。

(Research Core for Future Crops) Crop Design Research Team

Our group endeavors to identify key genes for crop productivity and to understand their physiological and genetic functions by utilizing germplasms kept at IPSR. In the 2022 fiscal year, we have conducted genomic and genetic research on a barley worldwide collection SV274. The exome-wide genetic variations were obtained and subjected to genome-wide association studies (GWAS) for ten agronomic traits, including grain-size-related awn length and glume length. In parallel, we have conducted molecular genetic research to understand the role of the unfolded protein response (UPR), a stress-responsive transcription regulatory system against diverse stress categories, to the stress-responsive growth inhibition. Next year, we will continue these studies and make further efforts to strengthen our collaborative network to pursue our research.

フィールドフローラ研究チーム

本班はイネ、オオムギを対象として二毛作体系における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施肥、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。3年間のサンプリングと微生物叢の解析を通じて、3年間の二毛作圃場では微生物叢の構成変化が繰り返されること、オオムギ・イネに特有の細菌、共通するもの、根にまたは根圏土壌に多く存在する細菌が見つかるなど、生育環境に応じた生息域に特異的な微生物が存在することが明らかになった。本年は新たに酸性・中性・アルカリ性の圃場サンプルを用い解析を行っている。

Field Flora Research Team

This team was started with the aim to analyze the plant growth and rhizosphere microbiome of double-cropping of rice and barley in relation to environmental factors such as fertilization, diseases and metal ion stress and to find changes in the complex network of these factors throughout the year. Through 3 years of sampling and analysis of the microbiome we found that the microbiome structure stably cycled in 3 years. Also, we found specific bacteria each in barley and rice, or common in both plants, and root or soil-specific bacteria, suggesting their specificity to environmental niches. This year we started sampling and analysis of the microbiome in acid, neutral, and alkali soils.

作物イノベティブデザイン研究チーム

Crop Innovative Design Research Team

本研究チームは、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、種子成分工学、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なっている。また、オオムギの澱粉粒の形成機構の解明を目指した基盤研究を行っている。

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。

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, grain component 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.

作物・環境デザイン研究チーム

Crop x Environment Design Research Team

岡山県を含む西南暖地では季節毎に複数の作物を同一圃場で栽培する二毛作が伝統的に実践されている。持続的な農業生産のためには、栽培環境の季節変動、適応的な作物の遺伝子型そしてそれらの相互作用を理解し育種に繋げていくことが必要である。2022年に開始した本チームでは、植物研で継続的に取得してきたオオムギのコア・コレクションの複数年、複数環境での農業形質データおよび、イネ・オオムギの二毛作圃場における土壌ミネラル、根圏微生物叢、圃場環境データをプロジェクトの原資として、作物x環境相互作用に遺伝構造に関する理解を深化させ、数理モデルによる形質影響予測から多系交配集団などのリソースを使った検証研究への展開を図る。2022年着任のクロスアポイントメント教員を含むユニット横断的な共同研究体制を構築して、以下の課題に協働して取り組む。

1. 作物遺伝資源の多環境栽培データの継続取得
2. 作物x環境相互作用のゲノム構造基盤解明
3. 数理モデル予測と遺伝資源を使った POC 実証

In the southwest region including Okayama Prefecture, double cropping, in which multiple crops are grown in the same field each season, is traditionally practiced. For sustainable agricultural production, it is important to understand the seasonal transition of the field environment, adaptive crop genotypes, and their interactions; and, connect them to crop breeding.

We have been analyzing the multi-year, multi-environment agronomic trait data obtained on the barley germplasm at IPSR, as well as the soil minerals and rhizosphere microbiota in double-cropping fields of rice and barley.

This team was started in 2022 to deepen our understanding of the genetic structure of crop x environment interactions, and pursue verification research using resources such as multi-parent populations and mathematical models predicting the effect on agronomic traits. We will build a cross-unit joint research system including cross-appointed faculty members who will be appointed in 2022, and work together to tackle the following issues:

1. Continuous acquisition of multi-environment cultivation data for crop genetic resources
2. Elucidation of genome structural basis of crop x environment interaction
3. POC demonstration using mathematical model prediction and genetic resources

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. 光捕集タンパク質をチラコイド膜に組み込む分子集合装置の作用機序を提案

光捕集タンパク質 (LHC) はより多くの光を捕集するとともに余剰な光のエネルギーを除去することで、適切な量の光のエネルギーを効率的に光合成が利用するために貢献する。LHC の葉緑体オルガネラへの輸送ならびにチラコイド膜への組み込み機構には不明な点が多い。CpSRP 経路がチラコイド膜への組み込み経路として提案されていたがクロロフィル合成欠損株ならびに CpSRP 経路欠損株を用いた生化学的解析により未知の経路の存在が示唆された。ここで CpSRP 経路を構成する因子の 1 つである ALB3.1 タンパク質に HA アフィニティータグを融合した変異株から ALB3.1 複合体を高度精製し生化学的分析を行なう事で、ALB3.1 は SRP54 と SRP43 と相互作用し LHC の組み込みを行うことを示した。

2. 光化学系 I 複合体における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が構造情報に基づく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 構造の高分解能構造解析を組み合わせることで PSI に Pc が結合し電子伝達を行う反応機構を明らかにした：(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二量体 PSI を単離しクライオ電顕で構造解析を行った。二量体 PSI は 40 サブユニットと 118 膜貫通ヘリックスと 568 の色素分子から構成され、単量体の PSAH/LHCA2 サブユニットが脱落した部分で単量体が接触し二量体となる。この接触部位に LHCI が結合し PSI の光捕集能力が一時的に増加する (ステート遷移) ことから PSI の機能的な超複合体再構築に重要な構造部位と期待される。PGR5 を欠損させるとサイクリック電子伝達経路が減少し水素発生経路が増加するが、LHCA2 も欠損させた *lhca2/pgr5* の二重欠損株は *lhca2* または *pgr5* の一重欠損株よりも水素発生能力が高いことを見いだした。今後、PSAH/LHCA2 部位に着目し PSI 超分子複合体構造が動的に再構築する構造と機能に関する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. Propose new insight for the assembly apparatus which incorporates light harvesting complex subunits into thylakoid membrane

Light harvesting complex (LHC) contributes efficient light energy usage on photosynthesis by increasing the yield of light energy and dissipating excess light energy. So far, CpSRP pathway has been proposed to regulate thylakoid membrane incorporation for the nuclear gene encoded LHC subunits while biochemical characterization has to be elucidated. Recent work suggested that additional pathway would exist by using CpSRP pathway deficient mutant and/or chlorophyll synthesis deficient mutant. The ALB3.1 protein is reported as a component of CpSRP pathway. Here we generated the mutant expressing HA tagged ALB3.1 protein and characterized isolated ALB3.1 protein complex biochemically. We found that ALB3.1 protein functions for LHC incorporation interacting with SRP54 and SRP43.

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. The interface between the monomers is lacking PSAH/LHCA2 and thus partially overlaps with the surface area that would bind one of the LHCI complexes in state transition. These findings imply that PSAH/LHCA2 may play a regulatory role in defining the macromolecular organization of PSI-LHCI. Indeed, the depletion of LHCA2 in conjunction with PGR5 alters the regulation of photosynthetic electron transfer and hydrogen production *in vivo*, whereby H₂ production was significantly increased in the double mutant in comparison to the single mutants *lhca2* and *pgr5*, indicating physiological consequences of PSI-LHCI structural dynamics.

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) Okegawa, Y., Tsuda, N., Sakamoto, W., 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.* **63**: 92-103. doi.org/10.1093/pcp/pcab148 (2022. 1.)
- (2) Nagamatsu, S., Wada, T., Matsushima, R., Fujita, N., Miura, S., Crofts, N., Hosaka, Y., Yamaguchi, O., Kumamaru, T. Mutation in BEIIb mitigates the negative effect of the mutation in ISA1 on grain filling and amyloplast formation in rice. *Plant Mol. Biol.* **108**: 497-512. doi.org/10.1007/s11103-022-01242-3 (2022. 3.)
- (3) Yamatani, H., Ito, T., Nishimura, K., Yamada, T., Sakamoto, W., Kusaba, M. Genetic analysis of chlorophyll synthesis and degradation regulated by BALANCE of CHLOROPHYLL METABOLISM. *Plant Physiol.* **189**: 419-432. doi.org/10.1093/plphys/kiac059 (2022. 5.)
- (4) Wahinya, F. W., Yamazaki, K., Jing, Z., Takami, T., Kamiya, T., Kajiya-Kanegae, H., Takanashi, H., Iwata, H., Tsutsumi, N., Fujiwara, T., Sakamoto, W. Sorghum Ionomics Reveals the Functional SbHMA3a Allele that Limits Excess Cadmium Accumulation in Grains. *Plant Cell Physiol.* **63**: 713-728. doi.org/10.1093/pcp/pcac035 (2022. 5.)
- (5) Ida, T., Crofts, N., Miura, S., Matsushima, R., Fujita, N. Starch Biosynthetic Protein Complex Formation in Rice ss2a be2b (+) Double Mutant Differs from Their Parental Single Mutants. *J. Appl. Glycosci.* **69**: 23-33. doi.org/10.5458/jag.jag.JAG-2021_0015 (2022. 5.)
- (6) Ohnishi, N., Sugimoto, M., Kondo, H., Shioya, K. I., Zhang, L., Sakamoto, W. Distinctive *in vitro* ATP Hydrolysis Activity of AtVIPPI, a Chloroplastic ESCRT-III Superfamily Protein in *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* **13**: 949578. doi.org/10.3389/fpls.2022.949578 (2022. 7.)
- (7) Takanashi, H., Kajiya-Kanegae, H., Nishimura, A., Yamada, J., Ishimori, M., Kobayashi, M., Yano, K., Iwata, H., Tsutsumi, N., Sakamoto, W. DOMINANT AWN INHIBITOR Encodes the ALOG Protein Originating from Gene Duplication and Inhibits AWN Elongation by Suppressing Cell Proliferation and Elongation in Sorghum. *Plant Cell Physiol.* **63**: 901-918. doi.org/10.1093/pcp/pcac057 (2022. 7.)
- (8) Okegawa, Y., Sakamoto, W., Motohashi, K. Functional division of f-type and m-type thioredoxins to regulate the Calvin cycle and cyclic electron transport around photosystem I. *J. Plant Res.* **135**: 543-553. doi.org/10.1007/s10265-022-01388-7 (2022. 7.)
- (9) 小川 由・坂本 亘 チラコイド膜の形成と構造維持に関与する膜リモデリング分子. *光合成研究* **32**: 64-74. (2022. 8.)
- (10) Osinde, C., Sakamoto, W., Kajiya-Kanegae, H., Sobhy, I. S., Tugume, A. K., Nsubuga, A. M., Galis, I. Identification of quantitative trait loci associated with sorghum susceptibility to Asian stem borer damage. *J. Plant Interact.* **18**: 2153182. doi.org/10.1080/17429145.2022.2153182 (2022. 12.)

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

- (1) Matsuura, M., Nomoto, M., Itaya, T., Aratani, Y., Iwamoto, M., Matsuura, T., Hayashi, Y., Mori, T., Skelly, M. J., Yamamoto, Y. Y., Kinoshita, T., Mori, I. C., Suzuki, T., Betsuyaku, S., Spoel, S. H., Toyota, M., Tada, Y. Mechanosensory trichome cells evoke a mechanical stimuli-induced immune response in *Arabidopsis thaliana*. *Nat. Commun.* **13**: 1216. doi.org/10.1038/s41467-022-28813-8 (2022. 3.)
- (2) Masuda, K., Ikeda, Y., Matsuura, T., Kawakatsu, T., Tao, R., Kubo, Y., Ushijima, K., Henry, I. M., Akagi, T. Reinvention of hermaphroditism via activation of a RADIALIS-like gene in hexaploid persimmon. *Nat. Plants* **8**: 217-224. doi.org/10.1038/s41477-022-01107-z (2022. 3.)
- (3) Cho, L., Yoon, J., Tun, W., Baek, G., Peng, X., Hong, W., Mori, I. C., Hojo, Y., Matsuura, T., Kim, S., Kwon, S., Jeon, J., An, G. Cytokinin increases vegetative growth period by suppressing florigen expression in rice and maize. *Plant J.* **110**: 1619-1635. doi.org/10.1111/tpj.15760 (2022. 6.)
- (4) Nozawa, K., Masuda, S., Saze, H., Ikeda, Y., Suzuki, T., Takagi, H., Tanaka, K., Ohama, N., Niu, X., Kato, A., Ito, H. Epigenetic regulation of ecotype-specific expression of the heat-activated transposon *ONSEN*. *Front. Plant Sci.* **13**: 899105. doi.org/10.3389/fpls.2022.899105. (2022. 7.)
- (5) Sasaki, T., Ariyoshi, M., Yamamoto, Y., Mori, I. C. Functional roles of ALMT-type anion channels in malate-induced stomatal closure in tomato and *Arabidopsis*. *Plant Cell Environ.* **45**: 2337-2350. doi.org/10.1111/pce.14373 (2022. 8.)
- (6) Okada, S., Lei, G. J., Yamaji, N., Huang, S., Ma, J. F., Mochida, K., Hirayama, T. FE UPTAKE-INDUCING PEPTIDE1 maintains Fe translocation by controlling Fe deficiency response genes in the vascular tissue of *Arabidopsis*. *Plant Cell Environ.* **45**: 3322-3337. doi.org/10.1111/pce.14424 (2022. 11.)
- (7) Hirayama, T., Mochida, K. Plant hormonomics: a key tool for deep physiological phenotyping to improve crop productivity. *Plant Cell Physiol.* doi.org/10.1093/pcp/pcac067 (2022. 5. Online preview)

-
- (8) Kim, J. S., Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Saisho, D., Nishii, R., Lipka, A. E., Hirayama, T., Sato, K., Mochida, K. Exome-wide variation in a diverse barley panel reveals genetic associations with ten agronomic traits in Eastern landraces. *J. Genet. Genomics*. doi.org/10.1016/j.jgg.2022.12.001 (2022. 12. Online preview)

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

- (1) Ohnishi, N., Sugimoto, M., Kondo, H., Shioya, K., Zhang, L., Sakamoto, W. Distinctive *in vitro* ATP hydrolysis activity of AtVIPP1, a chloroplastic ESCRT-III superfamily protein in *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* **13**: 949578. doi.org/10.3389/fpls.2022.949578 (2022. 7.)
- (2) Kondo, Y., Rikiishi, K., Sugimoto, M. Rice nudix hydrolase OsNUDX2 sanitizes oxidized nucleotides. *Antioxidants* **11**: 1805. doi.org/10.3390/antiox11091805 (2022. 9.)

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) Huang, S., Yamaji, N., Ma, J. F. Zinc Transport in Rice: Dilemma between optimal plant requirement and human nutrition. *J. Exp. Bot.* **73**: 1800-1808. doi.org/10.1093/jxb/erab478 (2022. 3.)
- (2) Huang, S., Konishi, N., Yamaji, N., Shao, J. F., Mitani-Ueno, N., Ma, J. F. Boron uptake in rice is regulated posttranslationally via a clathrin-independent pathway. *Plant Physiol.* **188**: 1649-1664. doi.org/10.1093/plphys/kiab575 (2022. 3.)
- (3) Huang, S., Ma, J. F. Role of calcium signaling in aluminum tolerance in *Arabidopsis*. *New Phytol.* **233**: 2327-2329. doi.org/10.1111/nph.17953 (2022. 3.)
- (4) Huang, S., Yamaji, N., Sakurai, G., Mitani-Ueno, N., Konishi, N., Ma, J. F. A pericycle-localized silicon transporter for efficient xylem loading in rice. *New Phytol.* **234**: 197-208. doi.org/10.1111/nph.17959 (2022. 4.)
- (5) Gu, M., Huang, H., Hisano, H., Ding, G., Huang, S., Mitani-Ueno, N., Yokosho, K., Sato, K., Yamaji, N., Ma, J. F. A crucial role of a node-localized transporter, HvSPDT, in loading phosphorus into barley grains. *New Phytol.* **234**: 1249-1261. doi.org/10.1111/nph.18057 (2022. 5.)
- (6) Konishi, N., Huang, S., Yamaji, N., Ma, J. F. Cell-Type-Dependent but CME-Independent Polar Localization of Silicon Transporters in Rice. *Plant Cell Physiol.* **63**: 699-712. doi.org/10.1093/pcp/pcac032 (2022. 5.)
- (7) Li, L., Zhu, Z., Liao, Y., Yang, C., Fan, N., Zhang, J., Yamaji, N., Dirick, L., Ma, J. F., Curie, C., Huang, C. F. NRAMP6 and NRAMP1 cooperatively regulate root growth and manganese translocation under manganese deficiency in *Arabidopsis*. *Plant J.* **110**: 1564-1577. doi.org/10.1111/tpj.15754 (2022. 6.)
- (8) 馬建鋒・山地直樹 根におけるミネラルとその輸送体の可視化. *アグリバイオ* **6**: 502-506. (2022. 6.)
- (9) Yu, E., Wang, W., Yamaji, N., Fukuoka, S., Che, J., Ueno, D., Ando, T., Deng, F., Hori, K., Yano, M., Shen, R. F., Ma, J. F. Duplication of a manganese/cadmium transporter gene reduces cadmium accumulation in rice grain. *Nat. Food* **3**: 597-607. doi.org/10.1038/s43016-022-00569-w (2022. 8.)
- (10) Liu, X. P., Gao, L. J., She, B. T., Li, G. X., Wu, Y. R., Xu, J. M., Ding, Z. J., Ma, J. F., Zheng, S. J. A novel kinase subverts aluminium resistance by boosting ornithine decarboxylase-dependent putrescine biosynthesis. *Plant Cell Environ.* **45**: 2520-2532. doi.org/10.1111/pce.14371 (2022. 8.)
- (11) Wang, P., Yamaji, N., Ma, J. F. A Golgi-localized glycosyltransferase, OsGT14;1, is required for growth of both roots and shoots in rice. *Plant J.* **111**: 923-935. doi.org/10.1111/tpj.15897 (2022. 8.)
- (12) Inoue, S. I., Hayashi, M., Huang, S., Yokosho, K., Gotoh, E., Ikematsu, S., Okumura, M., Suzuki, T., Kamura, T., Kinoshita, T., Ma, J. F. A tonoplast-localized magnesium transporter is crucial for stomatal opening in *Arabidopsis* under high Mg^{2+} conditions. *New Phytol.* **236**: 864-877. doi.org/10.1111/nph.18410 (2022. 11.)
- (13) Okada, S., Lei, G. J., Yamaji, N., Huang, S., Ma, J. F., Mochida, K., Hirayama, T. FE UPTAKE-INDUCING PEPTIDE1 maintains Fe translocation by controlling Fe deficiency response genes in the vascular tissue of *Arabidopsis*. *Plant Cell Environ.* **45**: 3322-3337. doi.org/10.1111/pce.14424 (2022. 11.)
- (14) Yu, E., Yamaji, N., Ma, J. F. Linking root morphology and anatomy with transporters for mineral element uptake in plants. *Plant Soil* doi.org/10.1007/s11104-022-05692-y (2022. 9. Online preview)
- (15) Kawaguchi, K., Nakaune, M., Ma, J. F., Kojima, M., Takebayashi, Y., Sakakibara, H., Otagaki, S., Matsumoto, S., Shiratake, K. Plant hormone and inorganic ion concentrations in the xylem exudate of grafted plants depend on the scion-rootstock combination. *Plants* **11**: 2594. doi.org/10.3390/plants11192594 (2022. 10. Online preview)

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

- (1) Imran, S., Oyama, M., Horie, R., Kobayashi, N. I., Costa, A., Kumano, R., Hirata, C., Tran, S. T. H., Katsuhara, M., Tanoi, K., Kohchi, K., Ishizaki, K., Horie, T. Distinct Functions of the Atypical Terminal Hydrophilic Domain of the HKT Transporter in the Liverwort *Marchantia polymorpha*. *Plant Cell Physiol.* **63**: 802-816. doi.org/10.1093/pcp/pcac044 (2022. 4.)
- (2) 且原真木 水ストレスが植物に与える影響と植物の応答. バイオステイミュラントハンドブック. (山内靖雄・須藤 修・和田哲夫 監修) pp. 61-64. ISBN 9784860437695 (2022. 4.)
- (3) Sasaki, T., Ariyoshi, M., Yamamoto, Y., Mori, I. C. Functional roles of ALMT-type anion channels in malate-induced stomatal closure in tomato and Arabidopsis. *Plant Cell Environ.* **45**: 2337-2350. doi.org/10.1111/pce.14373 (2022. 8.)
- (4) Tazawa, M., Katsuhara, M., Wayne, R. Calcium Control of the Hydraulic Resistances in Cells of *Chara corallina*. *Protoplasma* doi.org/10.1007/s00709-022-01772-z (2022. 6. Online preview)

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

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

- (1) Sato, Y., Shahi, S., Telengech, P., Hisano, S., Cornejo, C., Rigling, D., Kondo, H., Suzuki, N. A new tetra-segmented splipalmivirus with divided RdRP domains from *Cryphonectria naterciae*, a fungus found on chestnut and cork oak trees in Europe. *Virus Res.* **307**: 19860. doi.org/10.1016/j.virusres.2021 (2022. 1.)
- (2) Fuji, S., Mochizuki, T., et al. (Kondo, H., Suzuki, N.) Plant viruses reported from Japan. *J. Gen. Plant Pathol.* **88**: 105-127. doi.org/10.1007/s10327-022-01051-y (2022. 1.)
- (3) Khan, H. A., Sato, Y., Kondo, H., Jamal, A., Bhatti, M. F., Suzuki, N. A novel victorivirus from the phytopathogenic fungus *Neofusicoccum parvum*. *Arch. Virol.* **167**: 923-929. doi.org/10.1007/s00705-021-05304-7 (2022. 3.)
- (4) Nakagami, R., Chiba, S., Yoshida, N., Senoo, Y., Iketani-Saito, M., Iketani, S., Kondo, H., Tamada, T. Epidemic progress of beet necrotic yellow vein virus: evidence from an investigation in Japan spanning half a century. *Plant Pathol.* **71**: 715-728. doi.org/10.1111/ppa.13504 (2022. 3.)
- (5) Telengech, P., Shahi, S., Kondo, H., Suzuki, N. A novel deltapartitivirus from red clover. *Arch. Virol.* **167**: 1201-1204. doi.org/10.1007/s00705-022-05372-3 (2022. 4.)
- (6) Zerbini, F. M., et al. (Suzuki, N.) Differentiating between viruses and virus species by writing their names correctly. *Arch. Virol.* **167**: 1231-1234. doi.org/10.1007/s00705-021-05323-4 (2022. 4.)
- (7) Ramos-González, P. L., Kondo, H., Morozov, S., Vasilakis, N., Varsani, A., Cao, M., Freitas-Astúa, J. Editorial: The border between kitavirids and nege-like viruses: Tracking the evolutionary pace of plant- and arthropod-infecting viruses. *Front. Plant Sci.* **13**: 932523. doi.org/10.3389/fpls.2022.932523 (2022. 5.)
- (8) Khan, H. A., Kondo, H., Bhatti, M. F., Suzuki, N. Mycovirus hunting revealed the presence of diverse viruses in a single isolate of phytopathogenic fungus *Diplodia seriata* from Pakistan. *Front. Cell Infect. Microbiol.* **12**: 913619. doi.org/10.3389/fcimb.2022.913619 (2022. 6.)
- (9) Walker, P. J., Freitas-Astúa, J., Bejerman, N., Blasdel, K. R., Breyta, R., Dietzgen, R. G., Fooks, A. R., Kondo, H., Kurath, G., Ivan, V., Kuzmin, I. V., Ramos-González, P. L., Shi, M., Stone, D. M., Tesh, R. B., Tordo, N., Vasilakis, N., Whitfield, A. E. ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Rhabdoviridae* 2022. *J. Gen. Virol.* **103**: 001689. doi.org/10.1099/jgv.0.001689 (2022. 6.)
- (10) Ohnishi, N., Sugimoto, M., Kondo, H., Shioya, K., Zhang, L., Sakamoto, W. Distinctive *in vitro* ATP hydrolysis activity of VIPP1, a chloroplastic ESCRT-III superfamily protein in *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* **13**: 949578. doi.org/10.3389/fpls.2022.949578 (2022. 7.)
- (11) Kondo, H., Maejima, H., Maruyama, K., Fujita, M., Ohki, T. First report of Chinese wheat mosaic virus infecting barley in Japan. *Plant Dis.* **106**: 2272. doi.org/10.1094/PDIS-12-21-2803-PDN (2022. 7.)
- (12) Das, S., Hisano, S., Eusebio-Cope, A., Kondo, H., Suzuki, N. A transfectable fusagravirus from *Cryphonectria carpnicola* with spherical particles. *Viruses* **14**: 1836546. doi.org/10.3390/v14081722 (2022. 8.)
- (13) Niua, E., Ye, C., Luo, L., Kondo, H., Wu, Y., Chen, J., Andika, I. B., Sun, L. Coat protein of Chinese wheat mosaic virus upregulates and interacts with cytosolic glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, a negative regulator of plant autophagy, to promote virus infection. *J. Integr. Plant Biol.* **64**: 1631-1645. doi.org/10.1111/jipb.13313 (2022. 8.)
- (14) Kondo, H., Botella, L., Suzuki, N. Mycovirus diversity and evolution revealed/inferred from recent studies. *Annu. Rev. Phytopathol.* **60**: 307-336. doi.org/10.1146/annurev-phyto-021621-122122 (2022. 8.)
- (15) 佐藤有希代・近藤秀樹・鈴木信弘 植物病原糸状菌ウイルスのライフスタイル多様性. 植物感染生理談話会論文集 **56**: 19-28. (2022. 9.)

- (16) Shamsi, W., Kondo, H., Ulrich, S., Rigling, D., Prospero, S. Novel RNA viruses from the native range of *Hymenoscyphus fraxineus* the causal fungal agent of ash dieback. *Virus Res.* **320**: 198901. doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198901 (2022. 10.)
- (17) Sato, Y., Hisano, S., Lopez-Herrera, C., Kondo, H., Suzuki, N. Three-layered complex interactions among capsidless (+) ssRNA yadokariviruses, dsRNA viruses, and a fungus. *mBio* **13**: e0168522. doi.org/10.1128/mbio.01685-22 (2022. 10.)
- (18) Cao, X., Liu, J., Pang, J., Kondo, H., Chi, S., Zhang, J., Sun, L., Andika, I. B. Common but nonpersistent acquisitions of plant viruses by plant-associated fungi. *Viruses* **14**: 2279. doi.org/10.3390/v14102279 (2022. 10.)
- (19) Matthijnssens, J., Attoui, H., Bányai, K., Brussaard, C. P., Danthi, P., Del, V. M., Dermody, T. S., Duncan, R., Fāng, Q., Johne, R., Mertens, P. P. C., Jaafar, F. M., Patton, J. T., Sasaya, T., Suzuki, N., Wei, T. ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Sedoreoviridae* 2022. *J. Gen. Virol.* **103**: 1782. doi.org/10.1099/jgv.0.001782 (2022. 10.)
- (20) Walker, P. J., et al. (Suzuki, N.) Recent changes to virus taxonomy ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2022). *Arch. Virol.* **167**: 2429-2440. doi.org/10.1007/s00705-022-05516-5 (2022. 11.)
- (21) Matthijnssens, J., Attoui, H., Bányai, K., Brussaard, C. P., Danthi, P., Del Vas, M., Dermody, T. S., Duncan, R., Fāng, Q., Johne, R., Mertens, P. P. C., Jaafar, F. M., Patton, J. T., Sasaya, T., Suzuki, N., Wei, T. ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Spinareoviridae* 2022. *J. Gen. Virol.* **103**: 1787. doi.org/10.1099/jgv.0.001787 (2022. 11.)
- (22) Jiāng, D., Ayllón, M. A., Marzano, S-Y. L., Kondo, H., Turina, M., ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Mymonaviridae*. *J. Gen. Virol.* **103**: 1787. doi.org/10.1099/jgv.0.001787 (2022. 11.)
- (23) Pang, T., Peng, J., Bian, R., Liu, Y., Zhang, D., Andika, I. B., Sun, L. Similar characteristics of siRNAs of plant viruses which replicate in plant and fungal hosts. *Biology* **11**: 1672. doi.org/10.3390/biology11111672 (2022. 11.)
- (24) Tian, M., Wei, S., Bian, R., Luo, J., Khan, H. A., Tai, H., Kondo, H., Hadidi, A., Andika, I. B., Sun, L. Nature cross-kingdom spread of apple scar skin viroid from apple plants to fungi. *Cells* **11**: 3686. doi.org/10.3390/cells11223686 (2022. 11.)
- (25) Khan, H. A., Kondo, H., Shahi, S., Bhatti, M. F., Suzuki, N. Identification of novel totiviruses from the ascomycetous fungus *Geotrichum candidum*. *Arch. Virol.* **167**: 2833-2838. doi.org/10.1007/s00705-022-05611-7 (2022. 12.)
- (26) Kuhn, J. H., et al. (Kondo, H.). 2022 taxonomic update of phylum *Negarnaviricota* (*Riboviria*: *Orthornavirae*), including the large orders *Bunyavirales* and *Mononegavirales*. *Arch. Virol.* **167**: 2857-2906. doi.org/10.1007/s00705-022-05546-z (2022. 12.)

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

- (1) Shiono, K., Yoshikawa, M., Kreszies, T., Yamada, S., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I. C., Schreiber, L., 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.* **233**: 655-669. doi.org/10.1111/nph.17751 (2022. 1.)
- (2) Wari, D., Aboshi, T., Shinya, T., Galis, I. Integrated view of plant metabolic defense with particular focus on chewing herbivores. *J. Integr. Plant Biol.* **64**: 449-475. doi.org/10.1111/jipb.13204 (2022. 2.)
- (3) Onosato, H., Fujimoto, G., Higami, T., Sakamoto, T., Yamada, A., Suzuki, T., Ozawa, R., Matsunaga, S., Seki, M., Ueda, M., Sako, K., Galis, I., Arimura, G. I. Sustained defense response via volatile signaling and its epigenetic transcriptional regulation. *Plant Physiol.* **189**: 922-933. doi.org/10.1093/plphys/kiac077 (2022. 6.)
- (4) Cho, L. H., Yoon, J., Tun, W., Baek, G., Peng, X., Hong, W. J., Mori, I. C., Hojo, Y., Matsuura, T., Kim, S. R., Kim, S. T., Kwon, S. W., Jung, K. H., Jeon, J. S., An, G. Cytokinin increases vegetative growth period by suppressing florigen expression in rice and maize. *Plant J.* **110**: 1619-1635. doi.org/10.1111/tpj.15760 (2022. 6.)
- (5) Shinya, T., Miyamoto, K., Uchida, K., Hojo, Y., Yumoto, E., Okada, K., Yamane, H., Galis, I. Chitoooligosaccharide elicitor and oxylipins synergistically elevate phytoalexin production in rice. *Plant Mol. Biol.* **109**: 595-609. doi.org/10.1007/s11103-021-01217-w (2022. 7.)
- (6) 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., 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.* **109**: 651-666. doi.org/10.1007/s11103-021-01186-0 (2022. 7.)
- (7) 新屋友規・小竹敬久・Galis Ivan 植物の自己損傷感知による昆虫食害認識機構. *日本農薬学会誌* **47**: 74-77. doi.org/10.1584/jpestics.W22-17 (2022. 8.)
- (8) Osinde, C., Sakamoto, W., Kajiya-Kanegae, H., Sobhy, I. S., Tugume, A. K., Nsubuga, A. M., Galis, I. Identification of quantitative trait loci associated with sorghum susceptibility to Asian stem borer damage. *J. Plant Interact.* **18**: 2153182. doi.org/10.1080/17429145.2022.2153182 (2022. 12.)

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

- (1) Wang, Q., Li, Y., Kosami, K. I., Liu, C., Li, J., Zhang, D., Miki, D., Kawano, Y. Three highly conserved hydrophobic residues in the predicted α 2-helix of rice NLR protein Pit contribute to its localization and immune induction. *Plant Cell Environ.* **45**: 1876-1890. doi.org/10.1111/pce.14315 (2022. 6.)
- (2) Kodama, S., Kajikawa, N., Fukada, F., Kubo, Y. Niemann-Pick type C proteins are required for sterol transport and appressorium-mediated plant penetration of *Colletotrichum orbiculare*. *mBio* **13**: e0223622. doi.org/10.1128/mbio.02236-22 (2022. 10.)
- (3) Wang, Q., Kawano, Y. Improving disease resistance to rice false smut without yield penalty by manipulating the expression of effector target. *Mol. Plant.* **15**: 1834-1837. doi.org/10.1016/j.molp.2022.11.009 (2022. 12.)
- (4) Wang, P., Jia, H., Guo, T., Zhang, Y., Wang, W., Nishimura, H., Li, Z., Kawano, Y. The secreted peptide IRP1 functions as a phytocytokine in rice immunity. *J. Exp. Bot.* doi.org/10.1093/jxb/erac455 (2022. 11. Online preview)

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

- (1) Nuylert, A., Jampaphaeng, K., Tani, A., Maneerat, S. Survival and stability of *Lactobacillus plantarum* KJ03 as a freeze-dried autochthonous starter culture for application in stink bean fermentation (Sataw-Dong). *J. Food Process. Preserv.* **46**: e16367. doi.org/10.1111/jfpp.16367 (2022. 1.)
- (2) Alessa, O. The taxonomic and phenotypic diversity of *Methylobacterium* species. 博士学位論文 (岡山大学) (2022. 3.)
- (3) Liu, Y., Wang, R., Zhao, L., Huo, S., Liu, S., Zhang, H., Tani, A., Lv, H. The antifungal activity of cinnamon-litsea combined essential oil against dominant fungal strains of moldy peanut kernels. *Foods* **11**: 1586. doi.org/10.3390/foods11111586 (2022. 5.)
- (4) Fujitani, Y., Shibata, T., Tani, A. A periplasmic lanthanide mediator, lanmodulin, in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *Front. Microbiol.* **13**: 921636. doi.org/10.3389/fmicb.2022.921636 (2022. 6.)
- (5) Juma, O. P., Fujitani, Y., Alessa, O., Oyama, T., Yurimoto, H., Sakai, Y., Tani, A. Siderophore for lanthanide and iron uptake for methylotrophy and plant growth promotion in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *Front. Microbiol.* **13**: 921635. doi.org/10.3389/fmicb.2022.921635 (2022. 7.)
- (6) Morón-López, J., Vergara, K., Sato, M., Gajardo, G., Ueki, S. Intraspecies variation of the mitochondrial genome: An evaluation for phylogenetic approaches based on the conventional choices of genes and segments on mitogenome. *PLoS One* **17**: e0273330. doi.org/10.1371/journal.pone.0273330 (2022. 8.)
- (7) Juma, O. P. Diverse roles of a siderophore in a plant growth promoting methylotroph, *Methylobacterium aquaitcum* strain 22A. 博士学位論文 (岡山大学) (2022. 9.)

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) Sakkour, A., Mascher, M., Himmelbach, A., Haberer, G., Lux, T., Spannagl, M., Stein, N., Kawamoto, S., Sato, K. Chromosome-scale assembly of barley cv. 'Haruna Nijo' as a resource for barley genetics. *DNA Research* **29**: dsac001. doi.org/10.1093/dnares/dsac001 (2022. 2.)
- (2) 最相大輔 亜熱帯気候を活用した温暖化環境下での安定生産を目指した作物の遺伝育種研究. *アグリバイオ* **6**: 63-65. ISBN 01327-02 (2022. 2.)
- (3) 久野 裕 オオムギの形質転換およびゲノム編集. ひとりではじめる植物バイオテクノロジー入門 組織培養からゲノム編集まで. (田部井豊ほか編) 国際文献社. pp. 37-47. ISBN 978-4910603032 (2022. 3.)
- (4) Nomura, Y., Shimono, Y., Mizuno, N., Miyoshi, I., Iwakami, S., Sato, K., Tominaga, T. Drastic shift in flowering phenology of F₁ hybrids causing rapid reproductive isolation in *Imperata cylindrica* in Japan. *J. Ecol.* **110**: 1548-1560. doi.org/10.1111/1365-2745.13890 (2022. 4.)
- (5) Gu, M., Huang, H., Hisano, H., Ding, G., Huang, S., Mitani-Ueno, N., Yokosho, K., Sato, K., Yamaji, N., Ma, J. F. A crucial role for a node-localized transporter, HvSPDT, in loading phosphorus into barley grains. *New Phytol.* **234**: 1249-1261. doi.org/10.1111/nph.18057 (2022. 5.)
- (6) Yoshikawa, T., Hisano, H., Hibara, K-I., Nie, J., Tanaka, Y., Itoh, J-I., Taketa, S. A *bifurcated palea* mutant infers functional differentiation of *WOX3* genes in flower and leaf morphogenesis of barley. *AoB PLANTS* **14**: plac019. doi.org/10.1093/aobpla/plac019 (2022. 6.)
- (7) Nakayama, R., Safi, M. T., Ahmadzai, W., Sato, K., Kawaura, K. Comparative transcriptome analysis of synthetic and common wheat in response to salt stress. *Sci. Rep.* **12**: 11534. doi.org/ 10.1038/s41598-022-15733-2 (2022. 7.)
- (8) 安倍史高・加星光子・佐藤和広 ゲノム編集コムギの実用化に向けて. *アグリバイオ* **6**: 791-795. (2022. 8.)

-
- (9) Sakkour, A. Analysis of heterosis based on barley genome. 博士学位論文 (岡山大学) (2022. 9.)
 - (10) Voyron, S., Tonon, C., Guglielmone, L., Celi, L., Comina, C., Ikeda, H., Matsumoto, N., Petrella, D., Ryan, J., Sato, K., Seike, A., Varriale, I., Yamashita, J., Longo, S. Diversity and structure of soil fungal communities unveil the past building history of a burial mound of ancient Japan (Tobiotsuka Kofun, Okayama Prefecture). *J. Archaeol. Sci.* **146**: 105656. doi.org/10.1016/j.jas.2022.105656 (2022. 10.)
 - (11) 佐藤和広 ナショナルバイオリソースプロジェクトとオオムギ遺伝資源. 学術の動向 **27**: 44-47. (2022. 11.)
 - (12) 久野 裕 オオムギの標的変異. 失敗を防ぐコツが満載 植物のゲノム編集実験プロトコル. (原 奈保・雑賀啓明・土岐精一編) 化学同人. pp. 218-227. ISBN 978-4759820881 (2022. 12.)
 - (13) Okada, K., Tanaka, T., Fukuoka, S., Oono, Y., Mishina, K., Oikawa, T., Sato, K., Kato, T., Komatsuda, T., Nama, K. Two dominant genes in barley (*Hordeum vulgare* L.) complementarily encode perfect resistance to Japanese soil-borne wheat mosaic virus. *Breed. Sci.* **72**: 372-382. doi.org/10.1270/jsbbs.22046 (2022.12.)
 - (14) 加星光子・安倍史高・佐藤和広 穂発芽しないコムギを目指して. 植物バイオテクノロジーでめざすSDGs. (小泉 望・加藤 晃編) 化学同人. pp. 76-88. ISBN 978-4759820867 (2022. 12.)
 - (15) Kim, J. S., Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Saisho, D., Nishii, R., Lipka, A. E., Hirayama, T., Sato, K., Mochida, K. Exome-wide variation in a diverse barley panel reveals genetic associations with ten agronomic traits in Eastern landraces. *J. Genet. Genomics*. doi.org/10.1016/j.jgg.2022.12.001 (2022. 12. Online preview)

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

- (1) Noda, H., Fuse, S., Yamashita, J., Poopath, M., Pooma, R., 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. Linnean Soc.* **198**: 186-214. doi.org/10.1093/botlinnean/boab052 (2022. 2.)
- (2) Ikeda, H. Decades-long phylogeographic issues: complex historical processes and ecological factors on genetic structure of alpine plants in the Japanese Archipelago. *J. Plant Res.* **135**: 191-201. doi.org/10.1007/s10265-022-01377-w (2022. 3.)
- (3) Kurata, S., Sakaguchi, S., Ikeda, H., Hirota, S. K., Kurashima, O., Suyama, Y., Ito, M. From East Asia to Beringia: reconstructed range dynamics of *Geranium erianthum* (Geraniaceae) during the last glacial period in the northern Pacific region. *Plant Syst. Evol.* **308**: 28. doi.org/10.1007/s00606-022-01820-4 (2022. 8.)
- (4) Voyron, S., Tonon, C., Guglielmone, L., Celi, L., Comina, C., Ikeda, H., Matsumoto, N., Petrella, D., Ryan, J., Sato, K., Seike, A., Varriale, I., Yamashita, J., Favero-Longo, S. E., Bonifacio, E. Diversity and structure of soil fungal communities unveil the building history of a burial mound of ancient Japan (Tobiotsuka Kofun, Okayama Prefecture). *J. Archaeol. Sci.* **146**: 105656. doi.org/10.1016/j.jas.2022.105656 (2022. 10.)

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

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

- (1) Yoshikawa, T., Hisano, H., Hibara, K-I., Nie, J., Tanaka, Y., Itoh, J-I., Taketa, S. A *bifurcated palea* mutant infers functional differentiation of *WOX3* genes in flower and leaf morphogenesis of barley. *AoB PLANTS* **14**: plac019. doi.org/10.1093/aobpla/plac019 (2022. 6.)
- (2) 武田 真 観賞用オオムギの開発に利用可能な遺伝子源. *アグリバイオ* **6**: 867-878. (2022. 8.)

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

- (1) Hori, K., Okunishi, T., Nakamura, K., Iijima, K., Hagimoto, M., Hayakawa, K., Shu, K., Ikka, T., Yamashita, H., Yamasaki, M., Takeuchi, Y., Koyama, S., Tsujii, Y., Kayano, T., Ishii, T., Kumamaru, T., Kawagoe, Y., Yamamoto, T. Genetic Background Negates Improvements in Rice Flour Characteristics and Food Processing Properties Caused by a Mutant Allele of the *PDIL1-1* Seed Storage Protein Gene. *Rice* **15**: 13. doi.org/10.1186/s12284-022-00560-w (2022. 5.)
- (2) Yamashita, M., Ootsuka, C., Kubota, H., Adachi, S., Yamaguchi, T., Murata, K., Yamamoto, T., Ueda, T., Ookawa, T., Hirasawa, T. Alleles of high-yielding indica rice that improve root hydraulic conductance also increase flag leaf photosynthesis, biomass, and grain production of japonica rice in the paddy field. *Field Crop. Res.* **289**: 108725. doi.org/10.1016/j.fcr.2022.108725 (2022. 10.)

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

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

- (1) Kim, J. S., Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Kanatani, A., Saisho, D., Nishii, R., Lipka, A. E., Hirayama, T., Sato, K., Mochida, K. Exome-wide variation in a diverse barley panel reveals genetic associations with ten agronomic traits in Eastern landraces. *J. Genet. Genomics*. doi.org/10.1016/j.jgg.2022.12.001 (2022. 12. Online preview)

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Buchert, F., Scholz, M., Hippler, M. Electron transfer via cytochrome *b₆f* complex displays sensitivity to antimycin A upon STT7 kinase activation. *Biochem. J.* **479**: 111-127. doi.org/10.1042/BCJ20210802 (2022. 1.)
- (2) Rathod, M. K., Nellaepalli, S., Ozawa, S. I., Kuroda, H., Kodama, N., Bujaldon, S., Wollman, F. A., Takahashi, Y. Assembly Apparatus of Light-Harvesting Complexes: Identification of Alb3.1-cpSRP-LHCP Complexes in the Green Alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol.* **63**: 70-81. doi.org/10.1093/pcp/pcab146 (2022. 1.)
- (3) Marchetti, G. M., Fusser, F., Singh, R. K., Brummel, M., Koch, O., Kummel, D., Hippler, M. Structural analysis revealed a novel conformation of the NTRC reductase domain from *Chlamydomonas reinhardtii*. *J. Struct. Biol.* **214**: 107829. doi.org/10.1016/j.jsb.2021.107829 (2022. 1.)
- (4) Maeda, H., Takahashi, K., Ueno, Y., Sakata, K., Yokoyama, A., Yarimizu, K., Myouga, F., Shinozaki, K., Ozawa, S. I., Takahashi, Y., Tanaka, A., Ito, H., Akimoto, S., Takabayashi, A., Tanaka, R. Characterization of photosystem II assembly complexes containing ONE-HELIX PROTEIN1 in *Arabidopsis thaliana*. *J. Plant Res.* **135**: 361-376. doi.org/10.1007/s10265-022-01376-x (2022. 2.)
- (5) Elman, T., Ho, T. T. H., Milrad, Y., Hippler, M., Yacoby, I. Enhanced chloroplast-mitochondria crosstalk promotes ambient algal-H₂ production. *Cell Rep. Phys. Sci.* **3**: 100828. doi.org/10.1016/j.xcrp.2022.100828 (2022. 4.)
- (6) Ho, T. T. H., Schwier, C., Elman, T., Fleuter, V., Zinzus, K., Scholz, M., Yacoby, I., Buchert, F., Hippler, M. Photosystem I light-harvesting proteins regulate photosynthetic electron transfer and hydrogen production. *Plant Physiol.* **189**: 329-343. doi.org/10.1093/plphys/kiac055 (2022. 5.)
- (7) Naschberger, A., Mosebach, L., Tobiasson, V., Kuhlger, S., Scholz, M., Perez-Boerema, A., Ho, T. T. H., Vidal-Meireles, A., Takahashi, Y., Hippler, M., Amunts, A. Algal photosystem I dimer and high-resolution model of PSI-plastocyanin complex. *Nat. Plants* **8**: 1191-1201. doi.org/10.1038/s41477-022-01253-4 (2022. 10.)

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) Wacera, F., W. Elemental profiling of sorghum grains reveals a functional cadmium transporter in Japanese Takakibi. Plant Biology 2022, Portland, Oregon, USA, July 9-13, 2022.
- (2) Gupta, T., Klumpe, S., Gries, K., Heinz, S., Wietrzynski, W., Ohnishi, N., Sakamoto, W., Nickelsen, J., Schuller, J., Schroda, M., Benjamin Engel, B. The role of VIPP1 in thylakoid biogenesis and maintenance. 18th International Congress on Photosynthesis Research, Dunedin, New Zealand (Hybrid), July 31-Aug. 5, 2022.
- (3) Ogawa, Y., Iwano, M., Kawamoto, A., Peng, L., Myouga, F., Kurisu, G., Shikanai, T. The function of the FZL protein, a dynamin-like protein localized to the grana margin, to maintain the effective photosynthesis. 18th International Congress on Photosynthesis Research, Dunedin, New Zealand (Hybrid), July 31-Aug. 5, 2022.
- (4) Okegawa, Y., Motohashi, K., Sakamoto, W. Impaired PGR5-dependent photosystem I cyclic electron transport alleviates the growth defects in the ntrc mutant by redirecting electron distribution from ferredoxin. 18th International Congress on Photosynthesis Research, Dunedin, New Zealand (Hybrid), July 31-Aug. 5, 2022.
- (5) Sakamoto, W. Basics in chloroplast biogenesis and photosynthesis. 2022 CANR full english International featureseries speech & lecture, Taichung, Taiwan, Nov. 3, 2022.
- (6) Sakamoto, W. Gene hunting of novel agronomical traits in sorghum with a high-density mapping population. Seminar in advances in plant science research, Tainan, Taiwan, Nov. 4, 2022.
- (7) Sakamoto, W. Thylakogenesis: maintenance of thylakoid membrane architecture and integrity in Arabidopsis. Seminar at Agricultural Biotechnology Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, Nov. 10, 2022.
- (8) Sakamoto, W. QTL analysis of novel agronomical traits using a high-density mapping population in sorghum. 16th International Symposium on Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, Taichung, Taiwan, Nov. 9-11, 2022.
- (9) Okegawa, Y. Balanced regulation of PGR5-dependent PSI cyclic electron transport is required for normal plant growth. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Regulation, Kobe, JAPAN, Nov. 15-18, 2022.
- (10) Sakamoto, W. Maintenance of thylakoid membrane architecture and integrity in Arabidopsis. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Regulation, Kobe, JAPAN, Nov. 15-18, 2022.
- (11) Matsushima, R. Cytological and genetic studies of starch granule morphology using barley. Biochemistry and Metabolism Special Seminar at John Inness Centre, Norwich, UK, Nov. 22, 2022.

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

- (1) Mamiya, A., Otsuka, K., Kobayashi, T., Yagi, Y., Nakamura, T., Hirayama, T., Fukaki, H., Sugiyama, M. Interaction between polyadenylation and C-to-U editing of mitochondrial mRNA involved in cytochrome c maturation, 12th International Conference for Plant Mitochondrial Biology, Sweden (online), May 22-27, 2022.
- (2) Ooi, L., Mori, I. C., Matsuura, T., Nishimura, Y., Hirayama, T. Mitigation of short-styled flowers in *Solanum lycopersicum* by trehalose treatment. Plant Biology 2022, Portland, OR, USA, July 8-13, 2022.
- (3) Ikeda, Y., Nakamura, K., Togawa, T., Nishihama, R., Yamaoka, S., Araki, T., Kohchi, T., Mathieu, O., Yamato, K. T. Regulatory system of DNA methylation in Marchantia: a demethylation mechanism distinct from that of flowering plants. CSHA meeting on Integrative Epigenetics in Plants, Awaji, Japan, Dec. 12-15, 2022.
- (4) Nakamura, K., Kikuchi, Y., Shiraga, M., Kotake, T., Taketa, S., Ikeda, Y. Functional characterization of a putative epigenetic regulator that affects awn elongation in barley. CSHA meeting on Integrative Epigenetics in Plants, Awaji, Japan, Dec. 12-15, 2022.

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

- (1) Sugimoto, M. Change to super early-ripening barley and expression of flowering-control genes by disturbance of lighting condition. 44th Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Greece (Online), July 16-24, 2022.
- (2) Sugimoto, M., Murakami, N. Transformation of major ginsenosides into minor ginsenosides in ginseng by pickling in salted rice malt paste. 22nd International Congress of Nutrition, Tokyo, Japan, Dec. 6-11, 2022.

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) Ma, J. F. Cadmium accumulation in cereal crops-from molecular mechanisms to breeding. Plant Nutrition 2022, 54th Annual Conference of the German Society of Plant Nutrition, From Molecules to Traits-How Plants Feed the Future, Raitenhaslach, Germany, Oct. 4-5, 2022.
- (2) Huang, S., Mu, S., Yamaji, N., Zheng, L. Q. and Ma, J. F. Role of ZIP family transporters in zinc uptake and distribution in rice. Plant Nutrition 2022, 54th Annual Conference of the German Society of Plant Nutrition, From Molecules to Traits-How Plants Feed the Future, Raitenhaslach, Germany, Oct. 4-5, 2022.

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

- (1) Onishi, A. Knockout of OsPIP2;4, a rice aquaporin, changes root water permeability but not overexpression. IPSR International Web Forum on Plant Stress Science by Early-Career Scientists 2022, Kurashiki, Japan, Sep. 14, 2022.
- (2) Ono, S. Na⁺ and K⁺ transport mechanism of ion channel aquaporins. IPSR International Web Forum on Plant Stress Science by Early-Career Scientists 2022, Kurashiki, Japan, Sep. 14, 2022.

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) Shamsi, W., Kondo, H., Rigling, D., Prospero, S. Novel, diverse RNA viruses in the Japanese population of the ash dieback fungus, *Hymenoscyphus fraxineus*. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (2) Cornejo, C., Gaehwiler, S., Shamsi, W., Kondo, H., Suzuki, N., Rigling, D. Fusagraviruses in *Cryphonectria* species. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (3) Sato, Y., Hisano, S., Lopez Herrera, C., Kondo, H., Suzuki, N. Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous? 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (4) Sokty, N., Kondo, H., Suzuki, N., Sato, I., Takemoto, D., Arakawa, M., Chiba, C. Biological impact of multiple partitivirus infections on *Rhizoctonia oryzaesativae*. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30- June 2, 2022.
- (5) Hisano, S., Das, S., Kondo, H., Suzuki, N. A transfectable fusagravirus from *Cryphonectria carpnicola* with spherical particles. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (6) Sato, Y., Suzuki, N. Argonaute-independent antiviral RNA interference in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (7) Shahi, S., Chiba, S., Takaki, Y., Suzuki, N. Low-level IRES activity likely contributes to the replication restriction of Cryphonectria hypovirus 1 in *Cryphonectria carpnicola*. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (8) Telengech, P., Sato, Y., Shahi, S., Hisano, S., Cornejo, C., Rigling, D., Kondo, H., Suzuki, N. A new tetra-segmented splipalmivirus with divided RdRP domains from *Cryphonectria naterciae*, a fungus found on chestnut and cork oak trees in Europe. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (9) Zahid, Z., Cohen, A. B., Suzuki, N., Hillman, B. I. Synonymous codon usage bias in *Cryphonectria parasitica* viruses: Insights on evolution and host adaptation. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (10) Kubo, H., Sato, I., Takemoto, D., Suzuki, N., Chiba, S. The internal ribosome entry site of Cryphonectria hypovirus 1 contributes to the viral viability. 5th mycovirus symposium, Gargnano, Italy, May 30-June 2, 2022.
- (11) Hyodo, K. A virus infection modulates plant immunity against bacterial and fungal pathogens. 12th Japan-US seminar in Plant Pathology, NY, USA, Aug. 29- Sep. 2, 2022.
- (12) Hatvani, L., Kondo, H., Shahi, S., Suzuki, N., Grogan, H. Mycoviruses: A novel approach for controlling mushroom pathogenic fungi. Power of Fungi and Mycotoxins in Climate Change (imi.hr), Koprivnica, Croatia (Online), Sep. 16-17, 2022.

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

- (1) Galis, I., Kuwabara, T., Hojo, Y., Wari, D., Shinya, T. Systemic defense against herbivores in rice: Not really the case. 3rd ISCE-APACE Joint Meeting, Kuala Lumpur, Malaysia (Online), Aug. 8-12, 2022.

-
- (2) Wari, D., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Galis, I. Brown planthopper honeydew-associated microbes and their role in rice defense; a laboratory and field approach. 3rd ISCE-APACE Joint Meeting, Kuala Lumpur, Malaysia (Online), Aug. 8-12, 2022.
 - (3) Osibe, D. A., Hojo, Y., Shinya, T., Galis, I. Dynamics of Silicification and the Role of Silicon in Rice Defense against Chewing and Sucking Herbivores. 3rd ISCE-APACE Joint Meeting, Kuala Lumpur, Malaysia (Online), Aug. 8-12, 2022.

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

- (1) Fukada, F., Guo, T., Wang, W., Nishimura, H., Ono, N., Minakuchi, Y., Toyoda, A., Kawano, Y. A secreted RALF peptide modulates rice immune response upon *Magnaporthe oryzae* infection. 12th Japan-US Seminar in Plant Pathology, Ithaca, NY, USA, Aug. 28-Sep. 2, 2022.

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

- (1) Wari, D., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Galis, I. Brown planthopper honeydew-associated microbes and their role in rice defense; a laboratory and field approach. 3rd ISCE-APACE Joint Meeting, Kuala Lumpur, Malaysia, Aug. 8-12, 2022.
- (2) Kishiro, K., Saisho, D., Yamashita, J., Yamaji, N., Yamamoto, T., Monden, Y., Mochida, K., Nakagawa, T., Tani, A. Identification and characterization of barley root endophytic microorganisms. International Society of Microbial Ecology 18, Lausanne, Switzerland, Aug. 14-19, 2022.
- (3) Tani, A., Iga, T., Haruna, Y., Kikuchi, S., Masuda, S., Fujitani, Y., Kato, J. Metabolism-linked methanol chemotaxis in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. International Society of Microbial Ecology 18, Lausanne, Switzerland. Aug. 14-19, 2022.
- (4) Juma, P., Fujitani, Y., Alessa, O., Oyama, T., Yurimoto, H., Sakai, Y., Tani, A. Role of a siderophore in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. IPSR International Web Forum on Plant Stress Science by Early-Career Scientists 2022, Kurashiki, Japan, Sep. 14, 2022.

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) Hisano, H. Enhanced tolerance to pre-harvest sprouting by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley. Advances in Barley Genomics and Genetics (workshop), Plant and Animal Genome Conference (PAG ASIA 2022) China (Online), June 22-24, 2022.
- (2) Saito, A., Hisano, H., Ohshima, T., Higuchi, K. Multiple physiological mechanisms and factors responsible for proper photosynthesis in barley under iron-deficient conditions. The 20th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants (ISINIP), Reims, France, July 4-8, 2022.
- (3) Hisano, H., Sato, K. National Bioresource Project -Barley-, Resources for understanding barley genome diversity. The 13th International Meeting of Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC 2022), Japan (Online), Nov. 8-9, 2022.

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) Nakamura, K., Kikuchi, Y., Shiraga, M., Kotake, T., Taketa, S., Ikeda, Y. Functional characterization of a putative epigenetic regulator that affects awn elongation in barley. CSHA meeting on Integrative Epigenetics in Plants, Awaji, Japan, Dec. 12-15, 2022.

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

- (1) Furuta, T., Yamamoto, T. Pipeline for accurate Genotype-by-Sequencing via eliminating error prone markers. The 19th International Symposium on Rice Functional Genomics, Thailand, Nov. 4-7, 2022.

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

フィールドフローラ研究チーム (*Field Flora Research Team*)

- (1) Kishiro, K., Saisho, D., Yamashita, J., Yamaji, N., Yamamoto, T., Monden, Y., Mochida, K., Nakagawa, T., Tani, A. Identification and characterization of barley root endophytic microorganisms. International Society of Microbial Ecology 18, Lausanne, Switzerland, Aug. 14-19, 2022.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Ozawa, S. I., Takagi, M., Vidal-Meireles, A., Buchert, F., Hippler, M., Takahashi, Y. Effects of the LHCA3 or LHCA7 subunit deletion on the structure and function of the Photosystem I Light-Harvesting Complex I in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. International Congress on Photosynthesis Research 2022, Ōtepoti dunedin, Aotearoa New Zealand (Hybrid), July 31-Aug. 5, 2022.
- (2) Hippler, M. New insights into a dimeric PSI structure, a high resolution model of PSI: plastocyanin complex and PSI dependent hydrogen production. International Congress on Photosynthesis Research 2022, Ōtepoti dunedin, Aotearoa New Zealand (Hybrid), July 31-Aug. 5, 2022.
- (3) Hippler, M. European Bioenergetics Conference, EBEC2022, Aix-en-Provence, France, Aug. 20-25, 2022.
- (4) Hippler, M., Mosebach, L., Thu, H. H. T., Younas, M., Buchert, F., Scholz, M., Takahashi, Y., Elman, T., Yacoby, I., Nachberger, A., Amunts, A. Dynamic remodeling of photosystem I with implications in structure and function. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Regulation, Kobe, Hyogo, Japan, Nov. 15-18, 2022.
- (5) Ozawa, S. I., Buchert, F., Reuys, R., Hippler, M., Takahashi, Y. The algal PETC-Pro171-Leu suppresses electron transfer in the cytochrome b_6f complex under acidic lumenal condition. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Regulation, Kobe, Hyogo, Japan, Nov. 15-18, 2022.

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) 松島 良 澱粉粒の形状多様性とオオムギの種子澱粉改変に向けての取り組み. 第2回植物研究拠点アライアンス公開シンポジウム, オンライン, 1月27日, 2022.
- (2) 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 種子中の澱粉量が減少し, 糖を高蓄積するオオムギ変異体の作出. 日本育種学会第141回講演会, 大阪 (オンライン), 3月20-21日, 2022.
- (3) 高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・西村明日香・山田淳子・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・岩田洋佳・堤 伸浩・坂本 亘 ソルガムにおける優性芒抑制遺伝子 DAI の同定. 日本育種学会第141回講演会, 大阪 (オンライン), 3月20-21日, 2022.
- (4) Wacera, F. W., Yamazaki, K., Takanashi, H., Fujiwara, T., Tsutsumi, N., Sakamoto, W. Mapping and characterization of QTLs for sorghum seed ionome reveals differential cadmium accumulation in a recombinant inbred population. 第63回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (5) 小川 由・田草川真理・岩野 恵・彭 连伟・明賀史純・鹿内利治・坂本 亘 シロイヌナズナ FZL タンパク質によるグラナマージンにおけるチラコイド膜リモデリングの生理機能. 第63回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (6) 桶川友季・本橋 健・坂本 亘 PGR5 の欠損はフェレドキシンからの電子の流れを変えることによって *ntrc* 変異株の生育阻害を回復させる. 第63回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (7) Sakamoto, W. The changing landscape of peer-review. 第63回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (8) 高見常明・Islam Md. Faridul・坂本 亘 オルガネラ DNA 分解の異常はオートファジー変異体の早枯れ表現型を抑制する. 第63回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (9) 小川 由 チラコイド膜グラナマージンに局在する膜リモデリング因子 FZL の機能解析. 第12回日本光合成学会年会およびシンポジウム, オンライン, 5月20-21日, 2022.
- (10) 桶川友季 f 型と m 型チオレドキシンの光合成制御における機能分担. 第12回日本光合成学会年会およびシンポジウム, オンライン, 5月20-21日, 2022.
- (11) 坂本 亘 葉緑体膜の維持に関わる VIPP1 タンパク質の解析. 第12回日本光合成学会年会およびシンポジウム, オンライン, 5月20-21日, 2022.
- (12) 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侵入細胞におけるプラスチド崩壊メカニズムの解析. 日本植物学会第86回大会, 京都, 9月15-19日, 2022.
- (13) 松島 良・久野 裕・Ivan Galis・三浦聡子・クロフツ尚子・迫留那緒子・藤田直子・佐藤和広 オオムギ多重変異体を用いた澱粉関連遺伝子の遺伝的相互作用解析. 第17回ムギ類研究会, つくば, 12月16-17日, 2022.

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

- (1) 平山隆志・最相大輔・井藤 純・服部公央亮・岡田聡史・池田陽子・梅崎太造・辻 寛之・持田恵一 ライフコースデータを用いたデータ科学に基づく形質予測モデル構築. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (2) 持田恵一・金 俊植・高萩航太郎・金谷麻加・井上小楨・上原由紀子・清水みなみ・最相大輔・井藤 純・服部公央亮・岡田聡史・池田陽子・梅崎太造・辻 寛之・平山隆志 ディープフェノタイピングによるオオムギの成長トラジェクトリの多様性の解明. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (3) 井藤 純・野村有子・高萩航太郎・岡田聡史・久下修平・佐藤奈緒・新井駿一・松本大輝・杉村みどり・関 緑・服部公央亮・梅崎太造・池田陽子・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 形質予測モデル構築にむけた茎頂メリステムの連続的な発生状態推移の解明. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (4) Sorokin, A., Hirayama, T. Diversity of FEP/IMA genes across higher plants. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (5) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 ALMT リンゴ酸輸送体による気孔閉口メカニズムの解析. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (6) 銀 叶・佐々木孝行・中村宜督・宗正晋太郎・村田芳行・森 泉 ジャスモン酸メチル誘導性気孔閉口への PYL5 および PYL8 ABA 受容体の関与. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (7) Ooi, L., Filleur, S., Mori, I. C. Cytosolic pH homeostasis protects guard cells from SO₂-induced cell death. 日本植物生理学会第63回大会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (8) 平田峻也・大河優奈・池田陽子・高橋広夫・西村泰介・町田千代子・小林括平・賀屋秀隆 シロイヌナズナにおける

-
- CRISPR/Cas9 システムを用いた DNA メチル化 編集技術の開発. 日本植物生理学会第 63 回大会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (9) 中村光希・十川太輔・西浜竜一・山岡尚平・荒木 崇・河内孝之・大和勝幸・平山隆志・池田陽子 ゼニゴケにおける植物型 DNA 脱メチル化酵素の機能解析. 第 15 回日本エピジェネティクス研究会年会, 福岡, 6 月 9-10 日, 2022.
- (10) 間宮章仁・大塚蔵嵩・山本荷葉子・小林健人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・深城英弘・杉山宗隆 植物ミトコンドリアにおけるシトクロム C 成熟に関わる mRNA 編集とポリ A 付加の関係性について. 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (11) 池田陽子・中村光希・十川太輔・西浜竜一・山岡尚平・荒木 崇・河内孝之・大和勝幸 ゼニゴケ MpROS1a, MpROS1x による DNA 脱メチル化制御. 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (12) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・小竹敬久・武田 真・池田陽子 オオムギの芒形成に関わるエピゲノム制御因子の解析. 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (13) 森 愛理・Valerie Gaudin・松浦恭和・池田陽子・田村謙太郎 防御応答を制御する核輸送因子インポーチン α . 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (14) 井藤 純・佐藤奈緒・野村有子・新井駿一・高萩航太郎・岡田聡史・武田 (神谷) 紀子・豊岡公徳・最相大輔・平山隆志・持田恵一・辻 寛之 オオムギのユニークな花序構造に関する遺伝子発現解析. 日本育種学会第 142 回大会, 帯広, 9 月 23-25 日, 2022.
- (15) 福島七海・松浦恭和・門田有希・西田英隆・平山隆志・加藤謙司 オオムギ匍匐性は作用が異なる 3 つの QTL が制御する複合形質である. 日本育種学会第 142 回大会, 帯広, 9 月 23-25 日, 2022.
- (16) 池田陽子 植物におけるエピゲノム制御. 植物科学フロンティア研究会 2022, 岡山, 9 月 23-25 日, 2022.
- (17) 池田陽子・中村光希・十川太輔・西浜竜一・山岡尚平・荒木 崇・河内孝之・Mathieu Olivier・大和勝幸 植物における DNA メチル化制御システムの変化: 苔類ゼニゴケを例に. 第 45 回日本分子生物学会年会ワークショップ ‘分子-自然集団のスケールから見えてくる頑強かつ柔軟なエピジェネティクス’, 千葉, 11 月 30 日-12 月 2 日, 2022.
- (18) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・武田 真・池田陽子 オオムギの芒形成に関わる推定エピゲノム制御因子の解析. NGS 発生生物学現場の会 2022, 岡崎, 12 月 6-7 日, 2022.

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

- (1) 鈴木克周・清川一矢・谷 明生・力石和英 コムギの根から単離したアグロバクテリア菌株 NR3 の特性とゲノム. 第 7 回デザイン生命工学研究会, 岩手 (オンライン), 3 月 10 日, 2022.
- (2) 氷見英子・栗原志保・安倍史高・高橋秀和・田中啓介・松浦恭和・前川雅彦・力石和英 コムギ種子休眠に関わる lipid transfer protein 遺伝子について. 日本育種学会第 141 回講演会, 大阪 (オンライン), 3 月 20-21 日, 2022.
- (3) 近藤雄基・力石和英・杉本 学 酸化ヌクレオチド消去に関与するイネ Nudix hydrolase の探索. 日本宇宙生物科学学会第 36 回大会, 名古屋 (オンライン), 9 月 16-18 日, 2022.
- (4) 力石和英・小野蒼生・前川雅彦・杉本 学 イネアルビノ様葉緑素変異体 pyl-stb の幼苗致死性に関する光応答制御機構の解析. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-25 日, 2022.

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) 馬 建鋒 作物のミネラル輸送機構に関する研究. 日本植物生理学会賞受賞講演, 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (2) Che, J., Yamaji, N., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Kato, Y., Shen, R. F., Ma, J. F. Node-localized transporters of Phosphorus Essential for Seed Development in Rice. PCP Best Paper Award, 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (3) 小西範幸・馬 建鋒 イネケイ酸輸送体 Lsi1 の偏在は複数領域によって制御される. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (4) Huang, S., Konishi, N., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Ma, J. F. Regulation mechanism of boron uptake in rice. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (5) 黄 勝・山地直樹・櫻井 玄・三谷奈見季・小西範幸・馬 建鋒 イネの根における効率的なケイ酸ローディングに寄与する輸送体 Lsi3. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (6) 井上晋一郎・林 真妃・黄 勝・横正健剛・後藤栄治・池松朱夏・奥村将樹・鈴木孝征・木下俊則・馬 建鋒 新奇液胞膜型マグネシウム輸送体の気孔開口への関与. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.

-
- (7) 三谷奈見季・山地直樹・吉岡佑真・宮地孝明・馬 建鋒 イネの SIET4 輸送体は細胞特異的ケイ素蓄積に関与する. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
 - (8) 山地直樹・藤井理樹・三谷奈見季・馬 建鋒 蛍光染色によるイネ葉のケイ素蓄積過程の解析. 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
 - (9) 黄 勝・山地直樹・馬 建鋒 OsZIP2 mediates xylem loading and preferential distribution of Zn in rice. 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
 - (10) 余 恩・山地直樹・馬 建鋒 Duplication of a manganese/cadmium transporter gene leads to low cadmium accumulation in rice grain. 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
 - (11) 王 珮同・馬 建鋒 Identification and functional characterization of a gene responsible for differential As accumulation in rice roots. 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
 - (12) 黄 衡亮・久野 裕・黄 勝・三谷奈見季・佐藤和広・山地直樹・馬 建鋒 Identification of a gene involved in loading phosphorus into barley grains. 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
 - (13) 張 乾・古田智敬・柏原壱成・小川大輔・米丸淳一・馬 建鋒・山本敏央 イネ多系交雑集団を用いたワラと玄米の元素含量に関する GWAS 解析. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.

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

- (1) Sasaki, T., Ariyoshi, M., Yamamoto, Y., Mori, I. C. Analyses of stomatal closure mediated by ALMT-type malate transporters. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (2) Yin, Y., Sasaki, T., Nakamura, Y., Munemasa, S., Murata, Y., Mori, I. C. Involvement of PYL5 and PYL8 ABA receptors on methyl jasmonate induced stomatal closure. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (3) 佐藤良介・鈴木孝征・朝比奈雅志・堀部貴紀・柘植尚志・且原真木・前島正義 サボテンの高い環境耐性に対するアクアポリンの生理的役割の解明. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (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 ファミリーの水輸送活性の制御. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (5) 中嶋智子・丸山隼人・氷見英子・山本洋子・佐々木孝行 コムギの根端における TaALMT1 輸送体タンパク質の安定的発現機構の解析. 日本土壌肥料学会 2022 年度大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
- (6) 坂口文香・丸山隼人・佐々木孝行・西田 翔・和崎 淳・信濃卓郎・渡部敏裕 アルミニウム集積植物メラストーマにおける FRD3 タイプ MATE のアルミニウム輸送への関与. 日本土壌肥料学会 2022 年度大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
- (7) 我妻忠雄・田原 恒・且原真木・土屋善幸・俵谷圭太郎 鉄との協同による植物の新規な根圏改変機能 – 根圏フェントン反応による有機環境の改変・ストレスの回避①. 日本土壌肥料学会 2022 年度大会, 東京, 9 月 13-15 日, 2022.
- (8) 且原真木・Sen Tran・堀江智明 イネにおけるイオン輸送性アクアポリンの同定と機能解析. 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (9) 大西亜耶・且原真木 塩ストレス初期段階における耐塩性オオムギ K305 の根水透過性 (L_p) 下方制御とオオムギアクアポリン HvPIP2;1 のリン酸化の解析. 第 56 回根研究集会, 福岡 (オンライン) 9 月 17-18 日, 2022.
- (10) Sasaki, T. Functional diversity of ALMT-type malate transporters in tomato. 18th Japan Solanaceae Consortium Symposium, Okayama (Okayama University), Oct. 8-9, 2022.

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) Telengech, P., Ssuzuki, N. Cross-kingdom infection of a bipartite double-stranded RNA virus. FY2021 International Symposium on Environmental and Life Science, Okayama (Online), Jan. 24, 2022.
- (2) Iida, E., Tabara, M., Kuriyama, K., Atsushi Takeda, A., Suzuki, N., Moriyama, H., Fukuhara, T. Effects of T-DNA structures on the induction of plant gene silencing in agroinfiltration. 第 63 回植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (3) 近藤秀樹・吉田直人・兵頭 究・久野 裕・玉田哲男・鈴木信弘 コムギに感染するベータフレキシ科の新規 RNA ウイルス. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
- (4) 佐藤友理沙・水谷行善・神谷萌々子・上坂一馬・Vanshika・佐藤育男・竹本大吾・近藤秀樹・須賀晴久・鈴木信弘・千葉壮太郎 Fusarium boothii large flexivirus 1 defective RNA による宿主赤カビ病菌病原性の抑制. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
- (5) Sato, Y., Shahi, S., Telengech, P., Hisano, S., Cornejo, C., Rigling, D., Kondo, H., Suzuki, N. A new tetra-segmented

-
- splipalmiviruses with divided RdRP domains from a Portuguese isolate of *Cryphonectria naterciae*. The Online Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Sapporo (Online), March 27-29, 2022.
- (6) 兵頭 究・首藤丘宇・近藤秀樹・鈴木信弘 宿主液胞型 H⁺-ATPase のハイジャックによるダイアンソウイルスの増殖戦略. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
 - (7) 佐藤有希代・近藤秀樹・鈴木信弘 白紋羽病菌で繰り返される RNA ウイルスのネオ・ライフスタイル植物病原糸状菌でのウイルスライフスタイルの多様性. 第 56 回植物感染生理談話会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2022.
 - (8) 上田 茜・村田佳乃子・佐藤育男・竹本大吾・鈴木信弘・千葉壮太郎 ウイルス由来の IRES を利用した糸状菌での多重遺伝子発現系の構築. 令和 4 年度日本植物病理学会関西西部会, 高知, 9 月 21-22 日, 2022.
 - (9) Sato, Y., Hisano, H., Lopez-Herrera, C., Kondo, H., Suzuki, N. Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous? The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, Kochi, Sep. 21-22, 2022.
 - (10) Hatvani, L., Kondo, H., Shahi, S., Hisano, S., Grogan, H., Suzuki, N. Detection of double-stranded RNA elements in the fungal pathogens of mushrooms. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, Kochi, Sep. 21-22, 2022.
 - (11) Fadli, M., Hisano, S., Kondo, H., Suzuki, N. Identification of the new yadonusi and yadokari interplay from *Aspergillus foetidus* Japanese strain NBRC 4031. The 36th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Tokushima, Oct. 29-30, 2022.

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

- (1) 網干貴子・一刀阜平・Galis Ivan・新屋友規・村山哲也 食害されたトウモロコシにおける DOPA 配糖体の誘導. 日本農業学会第 47 回大会, 岡山 (オンライン), 3 月 7-9 日, 2022.
- (2) 新屋友規・小竹敬久・Galis Ivan 植物の自己損傷感知による昆虫食害認識機構. 日本農業学会第 47 回大会, 岡山 (オンライン), 3 月 7-9 日, 2022.
- (3) 桑原大芽・北條優子・新屋友規・Galis Ivan イネ葉におけるジャスモン酸を介したシステム的な防御応答. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (4) Wari David・北條優子・谷 明生・新屋友規・Galis Ivan Characterization of honeydew-associated microbes of brown planthoppers and their role in rice defense. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (5) 神田恭和・新屋友規・前田 哲・Galis Ivan・鎌倉高志・森 昌樹 イネ複合病害抵抗性遺伝子 *BSR1* は食害昆虫に対する防御応答にも関与する. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
- (6) 田中未来・遠藤有希子・谷村香織・出崎能丈・小澤理香・Maffei Massimo. E.・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 ナミハダニの分泌性エリシター「テトラニン」の同定. 生物環境イノベーション研究部門 第 3 回シンポジウム, 東京, 11 月 22 日, 2022.
- (7) 吉岡裕司・二宮直也・小倉菜桜・中島 慈・野澤 彰・新屋友規・Galis Ivan・澤崎達也・出崎能丈・有村源一郎 RALF/Malectin 型受容体キナーゼを介した虫害抵抗性シグナル伝達機構の解明. 生物環境イノベーション研究部門 第 3 回シンポジウム, 東京, 11 月 22 日, 2022.
- (8) 岡田憲典・宮本皓司・宮崎 翔・新屋友規・Galis Ivan イネの化学防御における環境ストレスセンシング. 生物環境イノベーション研究部門第 3 回シンポジウム, 東京, 11 月 22 日, 2022.
- (9) 田中未来・谷村香織・遠藤有希子・出崎能丈・小澤理香・Maffei Massimo. E.・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 ナミハダニの分泌性タンパク質エリシター「テトラニン」の同定. 第 45 回日本分子生物学会年会, 千葉, 11 月 30 日 -12 月 2 日, 2022.

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

- (1) 深田史美 病原菌に対する植物の分泌ペプチドを介した防御戦略. 令和 3 年度女性研究者シーズ発信会, 岡山, 3 月 1 日, 2022.
- (2) 赤松 明・藤原正幸・濱田 聡・島本 功・河野洋治 The Small GTPase OsRac1 Forms Two Distinct Immune Receptor Complexes Containing the PRR OsCERK1 and the NLR Pit. 第 63 回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (3) 赤松 明・藤原正幸・濱田 聡・島本 功・河野洋治 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. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
- (4) 深田史美・Ting Guo・Wanqing Wang・西村秀希・小野奈津子・水口洋平・豊田 敦・古田智敬・河野洋治 イネ免疫を制御する RALF ファミリーペプチドの機能解析. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
- (5) 深田史美・Ting Guo・Pingyu Wang・河野洋治 植物-病原糸状菌相互作用における分泌タンパク質・ペプチドの解析.

令和4年度植物感染生理談話会, 仙台, 9月5-7日, 2022.

- (6) 深田史美 植物サイトカイン RALFa による免疫制御と病原菌との相互作用. 岩手生物工学研究センター所内セミナー, 北上, 9月9日, 2022.
- (7) 深田史美 Secreted proteins and peptides used for the interaction between plant cell and plant pathogenic fungi. 第57回インターゲノミクスセミナー, 神戸, 11月11日, 2022.

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

- (1) 鈴木克周・清川一矢・谷 明生・力石和英 コムギの根から単離したアグロバクテリア菌株 NR3 の特性とゲノム. 第7回デザイン生命工学会, 岩手 (オンライン), 3月10日, 2022.
- (2) 高橋莉史・矢野嵩典・中川智行・谷 明生・三井亮司 植物共生メチロトロフ細菌 *Methylobacterium extorquens* AM1 のランタノイドに応答したメタノールデヒドロゲナーゼ XoxF1 の発現調節機構の解析. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3月15-18日, 2022.
- (3) 森田翔太・八木 茜・矢野嵩典・谷 明生・中川智行・阿野嘉孝・三井亮司 グラム陽性メチロトロフ細菌 *Arthrobacter* sp. YM1 のランタノイド依存的メタノール生育に関する研究. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3月15-18日, 2022.
- (4) 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 オオムギ根内生微生物の同定と役割の解明. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3月15-18日, 2022.
- (5) 菊池志保・藤谷良子・加藤純一・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A 株におけるメタノール走化性の分子機構の解明. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3月15-18日, 2022.
- (6) 加地奏絵・川端和弥・片山志織・谷 明生・由里本博也・阪井康能 *Methylobacterium* sp. OR01 株におけるメタノール走化性に関わる MCP タンパク質の同定. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3月15-18日, 2022.
- (7) Wari, D., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Galis, I. Characterization of honeydew-associated microbes of brown planthoppers and their role in rice defense. 第63回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (8) 最相大輔・木代勝元・山地直樹・谷 明生 二毛作体系における栽培環境がオオムギ栽培に与える影響. 日本育種学会第142回講演会, 帯広, 9月23-25日, 2022.
- (9) 谷 明生 オオムギの生育促進細菌の発見と応用. JST 新技術説明会, オンライン, 9月29日, 2022.
- (10) 久田健司・野村颯人・根本侑知・水野洗介・三井亮司・谷 明生・井口博之・清水将文・島田昌也・中川智行 ランタノイド依存型 C1 細菌の植物共生と生育促進技術への応用. 日本生物工学会第74回大会, オンライン, 10月17-20日, 2022.
- (11) 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 オオムギ根内生微生物の同定と役割の解明. 日本微生物生態学会第35回大会, 札幌, 10月31日-11月3日, 2022.
- (12) 宇佐美文子・小原静夏・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* が細菌 *Vibrio comitans* をリン源として利用する機構の解明. 日本微生物生態学会年会第35回大会, 札幌, 10月31日-11月3日, 2022.
- (13) 高橋莉史・矢野嵩典・谷 明生・中川智行・三井亮司 植物共生メチロトロフ細菌 *Methylobacterium extorquens* AM1 のメタノールデヒドロゲナーゼアイソザイムの発現制御に関わる二成分制御系の解析. 日本生物工学会西日本支部大会, 高知, 11月26日, 2022.

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) 久野 裕 ゲノム編集技術による高品質オオムギの作出. 第37回資源植物科学シンポジウム/第13回植物ストレス科学研究シンポジウム, 岡山大植物研 (オンライン), 2月28日-3月1日, 2022.
- (2) 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 種子中の澱粉量が減少し, 糖を高蓄積するオオムギ変異体の作出. 日本育種学会第141回講演会, 大阪 (オンライン), 3月20-21日, 2022.
- (3) 加星光子・安倍史高・神谷容子・川浦香奈子・久野 裕・佐藤和広 コムギにおける gRNA 発現プロモーターと培養温度のゲノム編集効率への影響. 日本育種学会第141回講演会, 大阪 (オンライン), 3月20-21日, 2022.
- (4) 齋藤彰宏・古幡万由子・久野 裕・大山卓爾・樋口恭子 光合成鉄利用効率「PIUE」はオオムギ光化学系の鉄欠乏適応性を評価できる新たな量的形質である. 第63回日本植物生理学会年会, つくば (オンライン), 3月22-24日, 2022.
- (5) 足助聡一郎・庭本大輔・堀江晶子・Analiza Grubanzo Tagle・久野 裕・佐藤和広・土佐幸雄 いもち病菌非病原力遺伝子 *PWT7* に対するコムギの抵抗性遺伝子 *Rwt7* の単離. 令和4年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3月27-29日, 2022.

-
- (6) 近藤秀樹・吉田直人・兵頭 究・久野 裕・玉田哲男・鈴木信弘 コムギに感染するベータフレキシ科の新規 RNA ウィルス. 令和 4 年度日本植物病理学会大会, 札幌 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2022.
 - (7) 佐藤和広 遺伝資源のゲノム解析にもとづく育種学の将来. 日本育種学会第 63 回シンポジウム, 帯広, 9 月 23 日, 2022.
 - (8) 久野 裕・宗森広美・佐藤和広 種子休眠遺伝子に標的変異導入されたオオムギの遺伝子発現解析. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (9) 森田真帆・佐藤和広 不斉条オオムギのジェノムワイド関連解析. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (10) 最相大輔・木代勝元・山地直樹・谷 明生 二毛作体系における栽培環境がオオムギ栽培に与える影響. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (11) 甲斐浩臣・田中 剛・原口雄飛・轟 貴智・安彦友美・最相大輔 機械脱穀による種子休眠の覚醒に関与するオオムギの遺伝領域解明. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (12) 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・若崎真由美・佐藤繭子・武田(神谷) 紀子・宇野何岸・佐藤良勝・最相大輔・豊岡公德・辻 寛之 オオムギ花序メリステムの細胞死過程における細胞内構造変化. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (13) 井藤 純・佐藤奈緒・野村有子・新井駿一・高萩航太郎・岡田聡史・武田(神谷) 紀子・豊岡公德・最相大輔・平山隆志・持田恵一・辻 寛之 オオムギのユニークな花序構造に関する遺伝子発現解析. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
 - (14) 江畑龍太郎・ヤシール シディク・中野正貴・玉置大介・加星光子・安部史高・佐藤和広・西内 巧 コムギ *TaNFxL1* による赤かび病抵抗性の制御機構の解析. 第 4 回北陸線植物バイオサイエンス研究会, 金沢, 11 月 20 日, 2022.
 - (15) 蝶野真喜子・安倍史高・加星光子・佐藤和広 ゲノム編集を利用したコムギの穂発芽耐性の向上. 植物化学調節学会, 福井, 11 月 25-27 日, 2022.
 - (16) 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・久野 裕・佐藤和広 ゲノム編集による TaQsd1 三重変異体の野外栽培での休眠性評価. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.
 - (17) 松島 良・久野 裕・Ivan Galis・三浦聡子・クロフツ尚子・追留那緒子・藤田直子・佐藤和広 オオムギ多重変異体を用いた澱粉関連遺伝子の遺伝的相互作用解析. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.
 - (18) 吉川貴徳・久野 裕・松原健一郎・Jilu Nie・田中裕己・伊藤純一・武田 真 オオムギ葉身形成における *WOX3* 遺伝子の機能解析. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.
 - (19) 森田真帆・佐藤和広 オオムギ多重オオムギの不斉条性に関するジェノムワイド関連解析. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.
 - (20) 最相大輔・岡田吉弘 温暖化環境下での安定生産を実現するオオムギ育種の可能性. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.

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

- (1) 池田 啓・Polina Volkova・Kendrick L. Marr・Christian Brochman 北太平洋地域におけるイワギキョウ *Campanula lasiocarpa* の分布拡大経路の推定. 第 21 回日本植物分類学会, 東京 (オンライン), 3 月 4-6 日, 2022.
- (2) 若林智美・Cathrine K. Skovbjerg・壽崎拓哉・西田帆那・池田 啓・瀬戸口浩彰・川口正代司・Stig U. Andersen・佐藤 修正 ミヤコグサ *GF14* 遺伝子の開花時期への寄与と進化. 第 21 回日本植物分類学会, 東京 (オンライン), 3 月 4-6 日, 2022.
- (3) 吉原拓郎・辻畑征弥・陶山佳久・廣田 峻・副島顕子・池田 啓・岩崎貴也・竹下香織・Andrey E. Kozhevnikov・Zoya V. Kozhevnikova・Tian-Gang Gao・Hongfeng Wang・Jae-Hong Pak・Kyung Choi・Young-Tak Im・藤井紀行 満鮮要素植物タムラソウの分子系統地理学的研究. 第 86 回日本植物学会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (4) 孫田佳奈・池田 啓・永野 惇・瀬戸口浩彰 日本アルプスにおける高山型ダイヤモンドソウの系統的起源. 第 86 回日本植物学会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.

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) 武田 真・白神美津穂・大関美香・五月女敏範 オオムギ丸粒突然変異体の遺伝解析. 日本育種学会第 141 回大会, オンライン, 3 月 20 日, 2022.
- (2) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・小竹敬久・武田 真・池田陽子 オオムギの芒形成に関わるエピゲノム制御因子の解析. 日本植物学会第 86 回大会, 京都, 9 月 15-19 日, 2022.
- (3) 吉川貴徳・久野 裕・松原健一郎・Jilu Nie・田中裕己・伊藤純一・武田 真 オオムギ葉身形成における *WOX3* 遺伝子の機能解析. 第 17 回ムギ類研究会, つくば, 12 月 16-17 日, 2022.

-
- (4) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・武田 真・池田陽子 オオムギの芒形成に関わる推定エピゲノム制御因子の解析. NGS 発生生物学現場の会 2022, 岡崎, 12 月 16-17 日, 2022.
 - (5) 武田 真 イネ科作物の穂先突起の形態を制御する遺伝子. 岡山大学植物研共同研究拠点ワークショップ, オンライン, 12 月 21 日, 2022.

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

- (1) 古田智敬・芦荻基行・山本敏央 他殖性作物の多系交雑集団にも対応した遺伝子型データエラー修正ツール「GBScleanR」の開発. 日本育種学会 141 回講演会, オンライン, 5 月 13 日, 2022.
- (2) 山本敏央・古田智敬・柏原壱成・張 乾・野々上慈徳・小川大輔・米丸淳一 イネ MAGIC 集団の複数環境栽培から算出した発育速度に関するパラメータの GWAS 解析. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
- (3) 張 乾・古田智敬・柏原壱成・小川大輔・米丸淳一・馬 建鋒・山本敏央 イネ多系交雑集団を用いたワラと玄米の元素含量に関する GWAS 解析. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
- (4) 岡 大晴・古田智敬・柏原壱成・貴島裕治・山本敏央 *O. sativa* と *O. glaberrima* の稔実 4 倍体雑種後代を用いた農業形質に関する遺伝解析. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
- (5) 石原 萌・國吉大地・小出陽平・長岐清孝・貴島裕治 アジアイネとアフリカイネの種間雑種における免疫染色法を用いた減数分裂異常の検出. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
- (6) 古田智敬・鳥羽太陽・貴島裕治・山本敏央 次世代シーケンズを用いたジェノタイピングにおける比較ゲノム情報に基づく誤判定の低減法. 日本育種学会 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-24 日, 2022.
- (7) 古田智敬 Pipeline for accurate genotype calling via eliminating error prone markers. 第 18 回日本ナス科コンソーシアム年会, 岡山, 10 月 8-9 日, 2022.
- (8) 長岐清孝・鳴坂真理・鳴坂義弘 南西諸島に自生する *Alpinia* 属植物の核型解析. 染色体学会第 73 回年会, オンライン, 10 月 14-16 日, 2022.

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

フィールドフローラ研究チーム (*Field Flora Team*)

- (1) 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 オオムギ根内生微生物の同定と役割の解明. 日本農芸化学会 2022 年度大会, 京都 (オンライン), 3 月 15-18 日, 2022.
- (2) 最相大輔・木代勝元・山地直樹・谷 明生 二毛作体系における栽培環境がオオムギ栽培に与える影響. 日本育種学会第 142 回講演会, 帯広, 9 月 23-25 日, 2022.
- (3) 谷 明生 オオムギの生育促進細菌の発見と応用. JST 新技術説明会, オンライン, 9 月 29 日, 2022.
- (4) 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 オオムギ根内生微生物の同定と役割の解明. 日本微生物生態学会第 35 回大会, 札幌, 10 月 31 日-11 月 3 日, 2022.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) 小澤真一郎・高木理世・高橋裕一郎 LHCA3 または LHCA7 欠損株における PSII-LHCI の生化学的解析. 第 15 回クラミドモナス研究会, 倉敷 (オンライン), 3 月 5 日, 2022.
- (2) 黒田洋詩・小澤真一郎・濱尾志乃・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナス cpSRP は cpSRP43 と cpSRP54 から構成され, ALB3.1 を介してチラコイド膜に結合する. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (3) 小澤真一郎・ブッハート フェリックス・ルイス ルビー・ヒップラー ミヒャエル・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナスのシトクロム b_6f の PETC-171-Pro を Leu に置換した変異株はルーメン酸性条件下で電子伝達速度を強く抑制する. 第 63 回日本植物生理学会, つくば (オンライン), 3 月 22-24 日, 2022.
- (4) 小澤真一郎・Felix Buchert・Ruby Reuys・Michael Hippler・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナスのシトクロム b_6f の PETC-Pro171-Leu 変異株解析. 第 12 回日本光合成学会年会, 横浜 (オンライン), 5 月 20-21 日, 2022.
- (5) 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 b_6f 複合体のクライオ電子顕微鏡構造が示す Rieske 鉄硫黄蛋白質の機能的構造変化. 第 60 回日本生物物理学会年会, 函館, 9 月 28-30 日, 2022.

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)

第 37 回資源植物科学シンポジウム及び第 13 回植物ストレス科学研究シンポジウム ー夢が広がる新植物の作出へー

日時：2022 年 2 月 28 日, 3 月 1 日

場所：オンライン

オーガナイザー：馬 建鋒（岡山大学・植物研）

2 月 28 日

1. 植物ゲノム編集技術の新展開と未来への可能性
刑部祐里子（東京工業大学）
2. GABA 高蓄積トマト：我が国初のゲノム編集作物の開発と社会実装
江面 浩（筑波大学）
3. ゲノム編集技術による高品質オオムギの作出
久野 裕（岡山大学・植物研）
4. 『花き』がより魅力的になるようなゲノム編集の利用について
佐々木克友（農研機構）
5. ジャガイモにおけるゲノム編集技術の現状と今後の応用展開
村中俊哉（大阪大学）
6. 異科接木で広げる植物科学と植物資源の利用
野田口理孝（名古屋大学）
7. ジャポニカイネ由来の複数除草剤耐性遺伝子の発見とその利用
戸澤 譲（埼玉大学）

3 月 1 日

8. 新しいイネの創造を目指して：低分子量 G タンパク質 OsRac1 によるイネ免疫の制御機構の解明
河野洋治（岡山大学・植物研）
9. ネオウイルス学から見える植物糸状菌病ヴァイロコントロールの可能性
鈴木信弘（岡山大学・植物研）
10. 脱炭素社会構築に向けた実効性のある植物研究とは：エネルギー作物ソルガムの例
佐塚隆志（名古屋大学）
11. イネのいもち病抵抗性：paired NLR 遺伝子の機能と進化
寺内良平（京都大学）

第 5 回植物病理を紡ぐ会

日程：2022 年 3 月 26 日

場所：オンライン

オーガナイザー：浅井秀太（理化学研究所）・鶴家綾香（国際農研）
深田史美（岡山大学・植物研）・峯 彰（京都大学）

招待講演

1. ナス科植物の免疫受容体ネットワークの進化と制御機構の解明に向けて
安達広明（奈良先端大学）
2. 植物病理研究の幅広さ ～大地から天空へ～
丹羽昌信（ホクレン農業協同組合連合会）
3. 植物病原真菌のゲノム情報の取得と活用
津島綾子（ジョン・イネス・センター）
4. 箱入り研究者、「愛ある世界」を知る
小松 健（東京農工大学）
5. 感染の成否を担う物質を追って
白石友紀（岡山大学）

The Fifth International Mycovirus Symposium

May 30-June 2, 2022

Venue: Gargnano, Italy

Organizers: Emanuela Gobbi (University of Brescia, Italy), Bradley Hillman (Rutgers University, UAS),
Daohong Jiang (Huazhong Agricultural University, China), Claudio Ratti (University of Bologna, Italy),
Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University), Massimo Turina (IPSP-CNR, Italy)

OPENING LECTURE

Anti-prion systems in yeast cooperate to cure or prevent the generation of nearly all prions
Moonil Son and Reed B. Wickner

MYCOVIRUS BIODIVERSITY I

Metatranscriptomic mining of RNA Viruses provides a community-wide resource

Uri Neri, Yuri I. Wolf, Simon Roux, Antonio Pedro Camargo, Benjamin Lee, Darius Kazlauskas, I. Min Chen, Natalia Ivanova, Lisa Zeigler Allen, David Paez-Espino, Donald A. Bryant, Devaki Bhaya, RNA Virus Discovery Consortium, Mart Krupovic, Valerian V. Dolja, Nikos C. Kyrpides, Eugene V. Koonin, Uri Gophna

Investigating the mycoviruses infecting the obligatory biotroph oomycetes *Bremia lactucae*

M. Forgia, M. Chiapello, S. Daghino, M. Turina

Fusagraviruses in *Cryphonectria* species

Carolina Cornejo, Sandra Gaehwiler, Wajeeha Shamsi, Hideki Kondo, Nobuhiro Suzuki, Daniel Rigling

Czech populations of *Heterobasidion* harbor taxonomically diverse single-stranded RNA viruses

László Benedek Dálya, Leticia Botella

High frequent co-infection of mycoviruses among strains of *Botrytis cinerea* isolated from Israel

Jie Duan, Jialing Xu, Anmeng Zhang, Yuduo Yao, Xin Luo, Xiaojing Kong, Yang Lin, Jiatao Xie, Jiasen Cheng, Bo Li, Tao Chen, Yanping Fu, Amir Sharon, Daohong Jiang

Polymycoviruses in fungal endophytes isolated from vines of exception

Augustine Jaccard, Isabelle Kellenberger, Mathieu Mahillon, Dominique Sanglard, Sylvain Schnee, Katia Gindro, Olivier Schumpp

'*Phytophthora palustris* complex' harbors a highly diverse virome in its natural environment

Leticia Botella, Marilia Horta Jung, Michael Rost, Thomas Jung

Extreme diversity of mycoviruses present in four isolates of *Rhizoctonia cerealis*, the pathogen of wheat sharp eyespot

Wei Li, Haotian Zhang, Haiyan Sun, Shulin Cao, Huaigu Chen

Mycovirus screening of a collection of *Botryosphaeriaceae* isolates involved in grapevine trunk diseases

Armelle Marais, Gwenaelle Comont, Chantal Faure, Thierry Candresse, Aurélien Bulme, Sébastien Gambier, Marie Lefebvre, Marie-France Corio-Costet

MYCOVIRUS AND HYPOVIRULENCE

Exploration of mycoviruses-mediated hypovirulent strain as plant vaccine to control fungal diseases of field crops

Daohong Jiang, Jiatao Xie, Jiasen Cheng, Bo Li, Yanping Fu

Mycovirome analysis explores a unique RNA mycovirus in a hypovirulent strain of *Sclerotinia sclerotiorum*

Zhijun Liu, Qiangqiang Pan, Dan Zheng, Yanping Fu, Jiasen Chen, Yang Lin, Daohong Jiang, Jiatao Xie

Identification of the viral determinant of hypovirulence and host range in sclerotiniaceae of a genomovirus reconstructed from the plant metagenome

Chenchen Feng, Jiuhuan Feng, Ziyi Wang, Connor Pedersen, Xiuqing Wang, Huma Saleem, Leslie Domier, Shin-Yi Lee Marzano

A novel alphaflexivirus confers declining virulence to *Sclerotinia sclerotiorum* with four +ssRNA viruses

Ting Ye, Zhongbo Lu, Jie Duan, Han Li, Yang Lin, Jiatao Xie, Jiasen Cheng, Bo Li, Tao Chen, Yanping Fu, Weidong Chen, Daohong Jiang

VIRUS MOLECULAR BIOLOGY I

A new tetra-segmented splipalmivirus with divided RdRP domains from *Cryphonectria naterciae*, a fungus found on chestnut and cork oak trees in Europe

Paul Telengech, Yukiyo Sato, Sabitree Shahi, Sakae Hisano, Carolina Cornejo, Daniel Rigling, Hideki Kondo, Nobuhiro Suzuki

The unique molecular characteristics of *Alternaria alternata* virus 1 (AaV1): 5' m⁷G-cap / 3' Poly (A : U) structure, specific

defective dsRNA genomes

Chien-Fu Wu, Toshiyuki Fukuhara, Okada Ryo, Hiromitsu Moriyama

Isolation and characterization of mycovirus FiAV1

Dongwei Liu, Jiaqing song, Xin pan, Shuwei yan, Ke Li, Yuan Xie, Fei Gao, Junli Dai, Honglian Li, Xiaoting Zhang

Differential enzymes activity among virus-free and virus-infected *Cryphonectria parasitica* strains in solid state fermentation on wastes

Daniela Bulgari, Salvatore Savino, Eugenio Monti, Emanuela Gobbi

VIRUS MOLECULAR BIOLOGY II

Partnership between capsidless (+)ssRNA yadokariviruses and their host dsRNA viruses: Promiscuous or virtuous?

Yukiyo Sato, Sakae Hisano, Carlos Lopez Herrera, Hideki Kondo, Nobuhiro Suzuki

Construction and characterization of an infectious clone of Botrytis virus F

Laura Córdoba, Ana Ruiz-Padilla, Julio Rodríguez-Romero, María A. Ayllón

The internal ribosome entry site of Cryphonectria hypovirus 1 contributes to the viral viability

Hironori Kubo, Ikuo Sato, Daigo Takemoto, Nobuhiro Suzuki, Sotaro Chiba

A bipartite hypovirus is the link to the emergence of the mega-hypoviruses carrying helicases from nidovirales

Marco Forgia, Addolorata Colariccio, Maria Aurea Saboya Chiaradia Picarelli, Eliana Borges Rivas, Massimo Turina

Molecular characterization of Ambiviruses is revealing a so far unreported replication/transcription mechanism

Stefania Daghighino, Marco Forgia, Silvia Perotto, Massimo Turina

Ambiviruses code for active self-cleaving ribozymes likely involved in their replication through a rolling-circle mechanism

Beatriz Navarro, Marco Forgia, Andreas Gisel, Stefania Daghighino, Massimo Turina, Francesco Di Serio

Properties of Fusarium graminearum virus China 9 (FgV-ch9)

Cornelia Heinze

Molecular characterization of a novel hypovirus from a fungal host *Fusarium incarnatum* isolated from the banana stalk

Yiting Ye, Yijuan Wu, Hongxia Cheng, Yunfeng Li, Huaping Li, Pengfei Li

Site-specific cleavages occurred in both RNA genome of phytophthora endornavirus, and its full-length, plus-strand RNA transcribed in yeast

Kohei Sakuta, Keiko Uchida, Toshiyuki Fukuhara, Ryo Okada, Hiromitsu Moriyama

MYCOVIRUS BIODIVERSITY II

Studies on virus diversity and effects in plant pathogens *Phytophthora* and *Heterobasidion*

Anna Poimala, Päivi Parikka, Milica Raco, Mohammad Kashif, Elina Roininen, Jarkko Hantula, Eeva J. Vainio

Diverse virome of a native population of a tree pathogen *Phytophthora castaneae* revealed by high-throughput sequencing of total and small RNA

Milica Raco, Eeva J. Vainio, Suvi Sutela, Aleš Eichmeier, Eliška Hakalová, Thomas Jung, Leticia Botella

Characterization of novel mycoviruses of *Botrytis cinerea* infecting grapevine

Ana Ruiz-Padilla, Julio Rodríguez-Romero, Irene Gómez-Cid, Davide Pacifico and María A. Ayllón

Novel, diverse RNA viruses in the Japanese population of the ash dieback fungus, *Hymenoscyphus fraxineus*

Wajeeha Shamsi, Hideki Kondo, Daniel Rigling, Simone Prospero

Detection of multiple viral infections in *Dothistroma septosporum*, the causal agent of Dothistroma Needle Blight (DNB)

Miloš Trifković, Ondřej Hejna, Libor Jankovský, Leticia Botella

Viruses of fungi associated with boreal conifers

Eeva J. Vainio, Suvi Sutela, Tiia Drenkhan, Riikka Linnakoski, Jarkko Hantula, Mohammad Kashif, Anna Poimala, Tuula Piri

Molecular detection and characterization of mycoviruses in the genus *Armillaria* in Central Europe

Lucie Walterová, Tomáš Tonka, Ondřej Hejna, Leticia Botella, Vladislav Čurn

Mycovirus diversity and new mycoviruses identification in phytopathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*

Jiatao Xie, Fan Mu, Jichun Jia, Daohong Jiang, Jiasen Cheng, Yanping Fu

Searching for the virome of two *Fusarium* collections using metagenomics

Jing Zhang, Francesco Cuppone, Riccardo Baroncelli, Antonio Prodi, Claudio Ratti

Metatranscriptomics reveals the mycoviral diversity of three major fungal pathogens on rice

Zhenrui He, Xiaotong Huang, Yu Fan, Erxun Zhou

MYCOVIRUS HOST INTERACTIONS I

The establishment of FgGMTV1-induced gene silencing system in *Fusarium graminearum*

Shaojian Ruan, Lihang Zhang, Shuangchao Wang, Lihua Guo

A transfectable fusagravirus from *Cryphonectria carpinicola* with spherical particles

Sakae Hisano, Subha Das, Hideki Kondo, Nobuhiro Suzuki

A novel hypovirus identified from phytopathogenic fungus *Valsa mali*, with a deletion variant having enhanced replicative potential and pathogenicity

Shian Yang, Ruoyin Dai, Ida Bagus Andika, Liying Sun

Comparing fungal response to mycovirus infection between some strain of *Aspergillus flavus*

Misa Kuroki, Syun-ichi Urayama, Takashi Yaguchi, Daisuke Hagiwara

MYCOVIRAL TAXA ADAPTING TO PLANTS AND INSECTS

Agrobacterium mediated production of viral particles of a *Bethapartitivirus* in *N. benthamiana*

Miotti Niccolo', Nicola Zampolli, Mattia Dall'Ara, David Baldo, Roberta Paris, Claudio Ratti, Paola Casati

Mitoviruses in Plants and Insects

Marina Ciuffo, Turina Massimo, Sara Ottati, Dario Di-Silvestre, Giulia Passignani, Rossana Rossi, Mauri Pierluigi, Vigani Giampiero

MYCOVIRUS HOST INTERACTIONS II

Variable effect of *Cryphonectria hypovirus 1* infection on laccase activity in chestnut blight fungus

Lucija Nuskern, Mirta Tkalec, Bruno Srezović, Marin Ježić, Martina Gačar, Mirna Ćurković Perica

Biological impact of multiple partitivirus infections on *Rhizoctonia oryzae-sativae*

Sokty Neang, Hideki Kondo, Nobuhiro Suzuki, Ikuo Sato, Daigo Takemoto, Masao Arakawa, Sotaro Chiba

Argonate-independent antiviral RNA interference in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*

Yukiyo Sato, Nobuhiro Suzuki

Low-level IRES activity likely contributes to the replication restriction of *Cryphonectria hypovirus 1* in *Cryphonectria carpinicola*

Sabitree Shahi, Sotaro Chiba, Yoshihiro Takaki, Nobuhiro Suzuki

Research on the functions of mycoviruses in *Trichoderma* spp. from Inner Mongolia and Xinjiang, China

Beilei Wu, Chenchen Liu, Rongqun Wang, Zhaoyan Tan, Xiliang Jiang

Fusarium graminearum virus 1 ORF2 protein-mediated transcriptional repression of *FgDICER-2* and *FgAGO-1* genes in *Fusarium graminearum*

Jisuk Yu, Gudam Kwon, Kook-Hyung Kim

Challenges to elucidating how mycoviruses influence fungal hosts: residual effects after the loss of a mitovirus

Cristina Zamora-Ballesteros, Brenda D. Wingfield, Michael J. Wingfield, Jorge Martín-García, Julio J. Diez

VIRUS ECOLOGICAL SIGNIFICANCE AND EVOLUTION

Synonymous codon usage bias in *Cryphonectria parasitica* viruses: Insights on evolution and host adaptation

Zeeshan Zahid, Alanna B. Cohen, Nobuhiro Suzuki, Bradley I. Hillman

Occurrences of natural cross-infection of plant viruses to fungi

Liu Jie, Cao Xinran, Sun Liying, Ida Bagus Andika

HiFi sequencing of *Cryphonectria hypovirus 1* intra-host populations uncovers dynamic evolution of viral variants in natural infections

Marin Ježić, Deborah M. Leigh, Karla Peranić, Simone Prospero, Carolina Cornejo, Mirna Ćurković-Perica, Quirin Kupper, Lucija Nuskern, Daniel Rigling

The virome of arbuscular mycorrhizal fungi

Luisa Lanfranco, Alessandro Silvestri, Massimo Turina

Dynamics of natural hypovirulence in the chestnut blight fungus in Europe

Daniel Rigling, Janine Melanie Schwarz, Marin Ježić, Kiril Sotirovski, Mihajlo Risteski, Mirna Ćurković-Perica, Deborah Leigh, Simone Prospero

A Beneficial Mycovirus in an Animal Disease

Marilyn J Roossinck, Vaskar Thapa

Dynamics of mycoviruses in the lab and field conditions.

Syun-ichi Urayama, Yuto Chiba, Yanjie Zhao, Daisuke Hagiwara

The biogeography of mycoviruses infecting *Leptosphaeria biglobosa* in oilseed rape growing areas of China

Kang Zhou, Mingde Wu, Jing Zhang, Long Yang, Guoqing Li

Fusarium graminearum virus 1 ORF2 protein-mediated transcriptional repression of *FgDICER-2* and *FgAGO-1* genes in *Fusarium graminearum*

Jisuk Yu, Gudam Kwon, Kook-Hyung Kim

PAG ASIA 2022 Plant and Animal Genome Conference (June 22-24, 2022)

Workshop: Advances in Barley Genomics and Genetics

June 23, 2022

Venue: Online

Organizers: Ramamurthy Mahalingam (USDA-ARS), Hiroshi Hisano (IPSR, Okayama University)

1. Six-rowed wild-growing barleys are hybrids of diverse origins
Yu Guo (Leibniz Institute, Germany)
2. Enhanced tolerance to pre-harvest sprouting by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley
Hiroshi Hisano (IPSR, Okayama University, Japan)
3. Establishment of a genotype-flexible, meristem-based transformation system for barley targeting storable explants
Heidi F. Kaeppler (University of Wisconsin, USA)
4. Feeding the world safely: Proteomics for enhanced barley lines
Michelle L. Colgrave (CSIRO, Australia)
5. Transcriptome analysis of barley lines with contrasting responses to abiotic stresses
Ramamurthy Mahalingam (USDA-ARS, USA)

高校生向け Summer Science School 2022

日程：2022 年 8 月 1 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 遺伝子の変異を検出してみよう
松島 良（岡山大学・植物研）
2. 植物の栄養の摂り方
山地直樹・三谷奈見季（岡山大学・植物研）
3. 遺伝子を切り貼り，操作しよう！
佐々木孝行（岡山大学・植物研）
4. 葉と根の違いは？～遺伝子発現から考える～
力石和英（岡山大学・植物研）
5. 植物ホルモンを測る
松浦恭和・森 泉（岡山大学・植物研）
6. ここまで見える！植物の細胞分裂
長岐清孝（岡山大学・植物研）
7. “麦”って何？～コムギ vs. オオムギ 徹底比較～
最相大輔・久野 裕（岡山大学・植物研）
8. ウイルスだって役に立つ！
近藤秀樹・兵頭 究（岡山大学・植物研）

Plant Microbiota Research Network (PMRN) 第2回オンラインシンポジウム

日程：2022年8月22日

場所：オンライン

オーガナイザー：大津美奈（奈良先端大学）・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. 見過ごされてきた訪花者：花をめぐる細菌とその役割
酒井章子（京都大学）
2. 統合ネットワーク解析から探る植物-土壤微生物共生系の養分適応戦略
菅井徹人（森林総研）
3. 菌集合体を活用した生物防除の実現に向けた取り組み
田中江梨子（ヤンマーホールディングス株式会社）
4. 他者との関わり方を変える植物病原真菌のCD 染色体
鮎川 侑（マックスプランク植物育種学研究所，理化学研究所）

ポスター発表 22 演題

<https://rtnakanolab.com/pmrn/pmrn2022/>

IPSR International Web Forum on Plant Stress Science by Early-Career Scientists 2022

September 14, 2022

Venue: IPSR, Okayama University, Japan (Online)

Organizers: Yoji Kawano, Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

Opening Remarks

Takashi Hirayama (IPSR, Okayama University, Japan)

[1] Biotic Stress

1. Examination of viruses in mushroom pathogenic fungi
Lorant Hatvani (Teagasc, Ireland)
2. Role of a siderophore in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A
Juma Patrick (IPSR, Okayama University, Japan)
3. Feeding behavior of golden apple snail on rice and subsequent rice defense responses
Mafrikhul Muttaqin (Nara Institute of Science and Technology, Japan)
4. An m6A reader limits salicylic acid-mediated plant stress responses
Kaiwei Liu (CAS center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
5. Roles of DEMETER in regulating DNA methylation in vegetative tissues and pathogen resistance
Yongping Ke (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
6. Elicitation and suppression of plant immunity by *R. solanacearum* effectors
Wenjia Yu (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
7. Leucine-rich repeats and nucleotide-binding domain determine sensor-helper specificity in the NRC network
Ching-Yi Huang (Institute of Plant and Microbial Biology, Taiwan)
8. Exploring how *Ustilago maydis* glycosylated effector negates the plant counter-attack at the apoplast
Chibbhi Bhaskar (Institute of Plant and Microbial Biology, Taiwan)

[2] Abiotic Stress

1. Lipid peroxide-derived reactive carbonyl species are the regulator of plant growth and stress responses
Md Sanaullah Biswas (Yamaguchi University, Japan)
2. Diversification of heat shock transcription factors expanded thermal stress responses during early plant evolution
Ting-Ying Wu (Temasek Life Science, Singapore)
3. CAMTA12 in soybean is an efficient transcription factor positively regulating drought stress
Muhammad Noman (UFLA, Brazil)
4. Knockout of OsPIP2;4, a rice aquaporin, changes root water permeability but not overexpression
Aya Onishi (IPSR, Okayama University, Japan)
5. Na⁺ and K⁺ transport mechanism of ion channel aquaporins
Shuntaro Ono (IPSR, Okayama University, Japan)
6. HOMEODOMAIN-containing protein mediates chromatin organization and modulates leaf epidermal patterning
Ansar Ali (Institute of Plant and Microbial Biology, Taiwan)
7. Developing cold tolerant plant through modulating actin isovariant ACT8-mediated cellular auxin homeostasis
Aya Hanzawa (Iwate University, Japan)

Open Discussion: How to enjoy academic life for early career scientists

Roberto Solano (National Centre for Biotechnology, Spain)
Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University, Japan)
Lay-Sun Ma (Institute of Plant and Microbial Biology, Taiwan)
Alberto Macho (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)
Muhammad Noman (UFLA, Brazil)
Ting-Ying Wu (Temasek Life Science, Singapore)
Ansar Ali (Institute of Plant and Microbial Biology, Taiwan)
Mafrikhul Muttaqin (Nara Institute of Science and Technology, Japan)
Kaiwei Liu (CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, China)

日本育種学会第 142 回講演会 ワークショップ 麦学オンサイトセミナー：研究成果をどう育種に活かすのか？

日程：2022 年 9 月 23 日

場所：帯広畜産大学

オーガナイザー：佐久間 俊（鳥取大学農学部）・久野 裕（岡山大学・植物研）

はじめに

佐久間 俊（鳥取大学）

1. 穀類における子実登熟環境と次世代成長
石橋勇志・濱岡範光・スリヤサック チェットピリン（九州大学）
2. 異種染色体による染色体切断と、切断を抑制するパンコムギゲノム上の因子について
村田和樹・那須田周平（京都大学）
3. 実用育種と基礎・応用研究の密な関係
大西志全（北海道立総合研究機構）
4. 先端研究と育種現場のギャップ：CIMMYT 内で話された事
岸井正浩（国際農林水産業研究センター）
5. ムギ類における出穂期不安定性の遺伝研究と育種
加藤鎌司（岡山大学）

総合討論 久野 裕（岡山大学・植物研）

第 42 回日本植物病理学会関西西部会若手の会

日程：2022 年 9 月 30 日

場所：オンライン

オーガナイザー：安達広明（京都大学）・大津美奈（奈良先端大学）

大崎久美子（鳥取大学）・佐藤育夫（名古屋大学）・兵頭 究（岡山大学・植物研）

深田史美（岡山大学・植物研）・松井英謨（岡山大学）・峯 彰（京都大学）・山口公志（近畿大学）

講演会

1. 遺伝子発現プロファイルから見た青枯病菌の植物感染機構
都筑正行（高知大学）
2. 植物が病原菌特有の脂質を感知するしくみの研究
加藤大明（京都大学）
3. イネと白葉枯病菌が繰り広げる遺伝的攻防
吉久采花（近畿大学）
4. ナス科植物の病害抵抗性における分泌型ペプチドの機能
今野沙弥香（名古屋大学）
5. 農業試験場に求められる研究～高知県を例に～
林 一沙（高知県農業技術センター）
6. 農機メーカーが有用菌を用いて生物防除へ取り組む意味とは
藤原正幸・梅木大輔（ヤンマーホールディングス株式会社）

令和 4 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：2022 年 10 月 1 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 植物の病気を防ぐしくみ
河野洋治（岡山大学・植物研）
2. 顕微鏡でのぞくデンプンの世界
松島 良（岡山大学・植物研）

第 10 回糸状菌分子生物学会若手の会ワークショップ

日程：2022 年 11 月 23 日

場所：オンライン

オーガナイザー：荒木康子（キッコーマン株式会社）・國武絵美（三重大学）田中瑞己（東京農工大学）

戸所健彦（月桂冠株式会社）・深田史美（岡山大学・植物研）・守田湧貴（九州大学）

招待講演

1. ゲノムから見る麹菌の家畜化進化
酒井香奈江（大阪大学）
2. 植物病原糸状菌研究の壁～炭疽病菌の事例～
熊倉直祐（理化学研究所）
3. 麹菌におけるゲノム編集技術の確立と応用
片山琢也（東京大学）
4. カビ・キノコとともに 40 年～この先は？
高木 忍（農水省）

グループワーク「10 年後の夢の糸状菌を考える」

岡山大学資源植物科学研究所 令和4年度共同研究拠点オンラインワークショップ 「イネ科作物の穂先突起の形態を制御する遺伝子」

日程：2022年12月21日

場所：オンライン

オーガナイザー：武田 真（岡山大学・植物研）

はじめに

武田 真（岡山大学・植物研）

1. オオムギ・コムギの芒の長さを決める遺伝子

武田 真（岡山大学・植物研）

招待講演

2. ソルガムの芒伸長を顕性で抑制する *DAI* 遺伝子の同定とこの先の展望

高梨秀樹（東京大学）

3. イネにおける芒の形作りのしくみ

鳥羽太陽（宮城大学）

4. アワ・エノコログサの刺毛（しもう）に関わる遺伝子

福永健二（県立広島大学）

総合討論

学会賞等 (Awards)

統合ゲノム育種グループ, 古田智敬 (助教), 優秀発表賞, 他殖性作物の多系交雑集団にも対応した遺伝子型データエラー修正ツール「GBScleanR」の開発, 日本育種学会 141 回講演会, 3 月 21 日, 2022.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 第 63 回日本植物生理学会賞, 作物のミネラル輸送機構に関する研究, 3 月 23 日, 2022.

植物ストレス学グループ, Che, J., Yamaji, N., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Kato, Y., Shen, R. F., Ma, J. F. (教授), 第 63 回日本植物生理学会 PCP Best Paper Award, Node-Localized Transporters of Phosphorus Essential for Seed Development in Rice, 3 月 23 日, 2022.

ゲノム多様性グループ, 佐藤和広 (教授), 2022 年度日本農学賞・読売農学賞, 日本農学会・読売新聞社「オオムギゲノム多様性の解析と分子育種への応用」, 4 月 5 日, 2022.

植物ストレス学グループ, 黄 勝 (特別契約職員助教), 日本土壌肥料学会 2022 年度東京大会若手口頭発表優秀賞, OsZIP2 mediates xylem loading and preferential distribution of Zn in rice, 9 月 15 日, 2022.

環境機能分子開発グループ, 近藤雄基 (博士前期課程 2 年), 日本宇宙生物科学会第 36 回大会発表奨励賞, 「酸化ヌクレオチド消去に関与するイネ Nudix hydrolase の探索」, 9 月 17 日, 2022.

植物・微生物相互作用グループ, Muhammad Fadli (Doctor course Student), Best Presentation Award, Identification of the new yadonusi and yadokari interplay from *Aspergillus foetidus* Japanese strain NBRC 4031, The 36th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Oct. 29-30, 2022.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 紫綬褒章, 11 月 2 日, 2022.

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 2022 年版, Clarivate 社 (旧トムソン・ロイター IP & Science), 11 月 15 日, 2022.

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 2022 年版, Clarivate 社 (旧トムソン・ロイター IP & Science), 11 月 15 日, 2022.

統合ゲノム育種グループ, 岡 大晴 (博士前期課程 1 年), 第 14 回中国地域育種談話会優秀発表賞, 「アジアイネとアフリカイネの稔実 4 倍体雑種を用いた農業形質に関する遺伝解析法の検討」, 12 月 11 日, 2022.

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
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	アフリカイネおよ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
鳥取大学・農学部	助教	佐久間 俊	オオムギのゲノム編集技術の高度化	Upgrading barley genome editing technology	久野・松島

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
九州大学・大学院農学研究院	准教授	後藤 栄治	光合成依存の葉緑体運動の分子機構解明	Study on molecular mechanisms of photosynthesis-induced chloroplast movements	桶川
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	田原 緑	トウガラシに潜伏する新規ナルナ様ウイルスの性状解析	The characterization of a novel narna-like virus in pepper	鈴木
北海道大学・大学院農学研究院	助教	丸山 隼人	土壌難利用性リン獲得およびアルミニウム集積に関わる有機酸輸送体の機能解析	Functional analysis of organic acid transporters involved in soil-insoluble phosphorus acquisition and aluminum accumulation	佐々木

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
明治大学・農学部	教授	吉本 光希	外部栄養環境に応答する葉緑体分解機構の解析	Analysis of the mechanism of plastid degradation responding to external nutrients	坂本
甲南大学・理工学部	准教授	上田 晴子	モデル植物から採取した溢泌液の成分解析	Compositional analysis of guttation droplets collected from model plants	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
東京農業大学・応用生物科学部	教授	阿久澤 さゆり	カタクリ (Erythronium japonicum DENCE.) 鱗茎から分離した澱粉の微細構造および糊液の物性解析	Fine structure and rheological properties of separated starch from Katakuri (Erythronium japonicum DENCE) bulbs	松島
東京大学・大学院新領域創成科学研究科	准教授	大谷 美沙都	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
立命館大学・生命科学部	教授	深尾 陽一郎	シロイヌナズナの根において亜鉛欠乏時に発現量が上昇する DEFL ペプチドの解析	Analysis of Zn deficiency inducible DEFL peptides in Arabidopsis roots	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
国立環境研究所・福島地域協働研究拠点	室長	玉置 雅紀	低線量放射線による花成促進における植物ホルモンの関与	Role of phytohormones on early flowering induced by low level of radiation	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
京都大学・大学院理学研究科	助教	槻木 竜二	植物幹細胞の分化制御に関わる遺伝子の解析	Studies on genes involved in stem-cell differentiation in Arabidopsis	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・長岐
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・大学院理学研究科	講師	井上 晋一郎	シロイヌナズナの Mg ホメオスタシス維持機構の解明と Mg ストレス耐性植物の開発	Elucidation of the maintenance mechanism of Arabidopsis Mg homeostasis and development of Mg stress-tolerant plants	馬
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マンガンとマンガン輸送体の役割	The role of manganese and manganese transporter in grafting	馬

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
香川大学・農学部	教授	野村 美加	ミヤコグサ根粒形成に關与する遺伝子群の局在解析	Cellular localization of the nodulation genes in <i>Lotus japonicus</i>	馬・山地
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
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 <i>Arabidopsis</i> root	山地
九州大学・大学院農学研究院	准教授	丸山 明子	硫黄不足に応じた地上部リン酸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・山地
信州大学・繊維学部	教授	堀江 智明	イネの Na ⁺ 透過性チャネルの輸送特性と活性制御機構の解明	Elucidation of transport property and regulatory mechanism of transport activity of Na ⁺ permeable channels in rice	且原
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	助教	安田 盛貴	植物免疫における細胞膜アクアポリンのリン酸化活性調節機構の解析	Functional analysis of <i>Arabidopsis</i> plasma membrane aquaporin phosphorylation in plant immunity	且原
岡山大学・学術研究院環境生命科学学域	准教授	宗正 晋太郎	イオンチャネル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 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
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用いた植物病原糸状菌とウイルスの相互作用の包括的解析	Comprehensive analysis of interactions between fungal plant pathogens and viruses using the model organism <i>Neurospora crassa</i>	鈴木
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	千葉 壮太郎	RNA ウィ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	教授	藤森 文啓	食品利用の有用菌類に見出されたマイコウィルスの分子生物学的解析	Molecular characterization of mycoviruses infecting the useful food fungi	近藤

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
山形大学・農学部	准教授	網干 貴子	イネにおけるイソペンチルアミン生合成遺伝子の解明	Investigation of the gene to produce isopentylamine in rice	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 <i>Oryza sativa</i>	河野
愛媛県農林水産研究所・果樹研究センター	研究員	小佐見 謙一	ウンシュウミカンの浮き皮に関わる原因遺伝子の探索	Search for genes to be related to peel puffing in Satsuma mandarin fruit	河野
東京大学・農学生命科学研究科	教授	青木 直大	稲体内の糖代謝の遺伝的変化が根圏のイオン組成および微生物叢に及ぼす影響	Effects of genetic modification of sugar metabolism within rice plants on ion composition and microbiome in the rhizosphere	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科	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
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
長崎大学・情報データ科学部	教授	持田 恵一	一細胞解像度での日本の圃場メタゲノムユニバースの描出	The atlas of single-cell level “metagenome universe” of crop fields in Japan	最相・谷
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

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
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	塩性湿地に生育するヨモギ属フクド（キク科）の耐塩性特性	Salinity tolerance of salt marsh mugwort <i>Artemisia fukudo</i> (Asteraceae)	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 mentalism in Poaceae	武田
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	イネの四倍体における遺伝的問題点の解決と育種利用に関する研究	The studies on the rice tetraploidy in the genetic issues and breeding utilities	山本・長岐・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

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	Associate 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
University of the Philippines, Los Baños, Philippine	Master course student	Michael Louie Ramirez URZO	イネ病原性菌類に感染するウイルスの分子生物学的性格付け	Molecular characterization of fungal viruses infecting fungi pathogenic to rice	鈴木

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular, Argentine	Postdoctoral fellow	Cecilia Eugenia María Grossi	作物管理の改良に有用な植物生育促進細菌である新規 <i>Methylobacterium</i> 属細菌の特性	Characterization of a novel <i>Methylobacterium</i> isolate which is a plant growth-promoting rhizobacteria that emerges as a potential strategy to improve crop management	谷
Swedish University of Agricultural Science, Sweden	Professor emeritus and senior advisor	Roland von Bothmer	植物遺伝資源、育種および遺伝子組換え作物に関する調査と著作	Research and writing on plant genetic resources, breeding and genetically modified crops	佐藤

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・特任教授	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
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
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
岡山大学・ 大学院自然科学研究科	赤木 剛士・研究教授	カキにおけるエピゲノムを介した雌雄の制御	カキにおけるエピゲノム制御を介した花の性の制御について解析する	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
神戸大学・ 農学生命科学研究科	石川 亮・准教授	イネ亜鉛集積機構の解明	イネ種子中の亜鉛の測定	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
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
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

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
岩手大学・農学部	八重樫 元・准教授	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 植物防疫研究部門・果樹茶病害虫防除研究領域	兼松 聡子・領域長	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
大塚製薬・創薬基盤研究所	宮崎 直幸・研究員	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
名古屋大学・大学院生命農学研究科	千葉 壮太郎・准教授	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 RNA 分節の解析	近藤 秀樹
長野県農業試験場	前島 秀和・主任研究員	ムギ類に発生するウイルスの解析	コムギモザイクウイルスのオオムギでの初発生の確認とその性状解析	近藤 秀樹
埼玉大学・理工学研究科	小竹 敬久・教授	植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析	クサシロキ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
東京大学・アグロバイオテクノロジー研究センター	岡田 憲典・准教授	イネファイトアレキシンの機能解析	イネにおけるファイトアレキシンの耐虫性に関する機能解析	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
大阪公立大学・大学院理学研究科	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
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
京都大学・農学部	吉田 健太郎・教授	NLR タンパク質の進化解析	バイオインフォマティクス技術を用いた、NLR の進化解析	河野 洋治
立命館大学・生命科学部	深尾 陽一朗・教授	イネ免疫のシグナル伝達に関与する分子の同定	イネ免疫のシグナル伝達に関与する分子のプロテオミクス解析	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
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
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
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・名誉教授	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
名古屋大学・農学部	芦荻 基行・教授, 永井 啓祐・助教	ジベレリン関連遺伝子の機能解析	オオムギのジベレリン関連遺伝子を同定し、形質転換オオムギの表現型を解析する	久野 裕・佐藤 和広
大阪公立大学・理学部	小林 康一・准教授	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの組織分化転換における色素体の制御機構を解明する	久野 裕
理化学研究所・環境資源科学研究センター	岩瀬 哲・上級研究員	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの脱分化・再分化における色素体の制御機構を解明する	久野 裕
愛媛大学・農学部	八丈野 孝・准教授	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの絶対寄生菌侵入時における色素体の制御機構を解明する	久野 裕
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

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
栃木県農業試験場	渡邊 浩久・室長	大麦縞萎縮病抵抗性とビール醸造特性の遺伝解析	土壌伝染性の大麦縞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	絶対寄生および半活物寄生に対する Ca^{2+} 流動の制御機構と生理的意義の解明	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
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
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
東京農業大学・農学部	和久井 健司・教授 杉山 立志・准教授 田中 啓介・准教授	ChIP-Seq 解析によるショウガ目植物の動原体 DNA 配列の同定	ChIP-Seq 解析によりショウガ目植物の動原体 DNA 配列を明らかにする	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 oxidatated 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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	中国南京農業大学	Fangjie Zhao, Professor	イネ重金属集積に関する研究	イネカドミウムやヒ素の集積に関与する遺伝子の同定	馬 建鋒
China	中国科学院南京土壤研究所	Renfang Shen, Professor	植物アルミニウム耐性機構の研究	イネを中心に植物のアルミニウム耐性に関する生理、分子生物学的研究	馬 建鋒
China	福建農林大学	Zhichang Chen, Professor	イネマグネシウム輸送に関する研究	イネのマグネシウム輸送体の同定と機能解析	馬 建鋒
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
Germany	Leibniz-Institute of Plant Genetics & Crop Plant Research	Nicolaus von Wirén, Professor	オオムギマンガン集積機構の解析	オオムギマンガン輸送体の機能解析	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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Finland	Natural Resources Institute Finland (Luke), Forest health and biodiversity	Eeva Vainio, Researcher	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal partitiviruses	鈴木 信弘
China	College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University	Jiatao Xie, Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal megabirnavirus	鈴木 信弘
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Daniel Rigling, Group Leader	Virocontrol of chestnut blight	Examination of various viruses for their biocontrol potential	鈴木 信弘
Philippines	International Rice Research Institute	Ana Eusebio-Cope, Program Manager	Characterization of viruses infecting rice-associated fungi	Virus hunting of rice blight fungal isolates and their characterization	鈴木 信弘
Bangladesh	Plant Pathology Division, Bangladesh Agricultural Research Institute	Md. Iqbal Faruk, Senior Scientific Officer	Characterization of viruses soil-inhabitant fungi	Molecular haracterization of viruses isolated from Bangladeshi isolates of plant pathogenic soil-inhabitant fungi	鈴木 信弘
Pakistan	Crop Diseases Research Institute (CDRI), National Agricultural Research Centre (NARC)	Atif Jamal, Senior Scientific Office	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	Molecular interactions between plant and pathogenic viruses	Coat protein of Chinese wheat mosaic virus interferes with autophagy and promotes virus infection	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	Nonpersistent acquisitions of plant viruses by plant-associated fungi	近藤 秀樹

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Australia	University of Queensland	Peter Walker, Professor	Taxonomy of <i>Rhabdoviridae</i>	Virus classification in the family <i>Rhabdoviridae</i>	近藤 秀樹
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Wajeeha Shamsi, Postdoctoral Researcher	Study on the virus diversity in <i>Hymenoscyphus fraxineus</i>	Five RNA mycoviruses were detected in two native populations of <i>H. fraxineus</i> , the causal fungal agent of ash dieback	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
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
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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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
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
Germany	IPK	Jochen Kumlehn, Doctor	オオムギの内穎裂開遺伝子の機能解析	オオムギ内穎裂開遺伝子のゲノム編集を利用した遺伝形態学的解析	武田 真
UK	Queen Mary University of London	Guy Hanke, Doctor	オオムギの <i>GLK2</i> 遺伝子の機能解析	オオムギ <i>GLK2</i> 遺伝子の CRISPER 系統を利用した遺伝生理学的解析	武田 真

Annual Report 2022

Director: Takashi Hirayama
Editorial Members: Yuko Hojo
Sanae Rikiishi
Manabu Sugimoto

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

岡山大学資源植物科学研究所報告 第30巻 (Annual Report 2022)

令和5年3月25日 印刷
令和5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 北條 優子
力石 早苗
杉本 学

印刷所 友野印刷株式会社

