

岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2023)
— 第31卷 —



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



表紙の写真：
左：昭和初期の昭和天皇行啓の記念碑と樟
右：令和5年の記念碑と樟

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

作物機能イノベーション研究チーム

(Crop Functional Innovation Research Team) 15

作物・環境デザイン研究チーム

(Crop and Environmental 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)	31
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	37
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)	51
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. 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。シロイヌナズナの形質転換体を使った解析から、N 末端側のヘリックスが機能的な VIPP1 の形成に必要であることを示唆する結果を得ている。また共免疫沈降解析から VIPP1 がヒートショックタンパク質である HSP70 と相互作用することが明らかになった。

2. 葉緑体膜の形状を支えるタンパク質 FZL の研究

光合成反応場である葉緑体内部の膜構造チラコイド膜は、ネットワークのような複雑な構造をしている。シロイヌナズナの突然変異株を解析することで、FZL タンパク質がこの構造を保つのに必要であることが明らかになった。現在はその生理的な影響を詳細に解析している。

3. 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。我々は PSII の反応中心タンパク質である 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。クラミドモナスの形質転換体を用いた解析から、D1 の N 末端のトリプトファン残基の酸化が PSII の修復において重要な酸化であることを明らかにした。

4. 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。

5. 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。

6. 変動する光環境下での光防御機構に関する研究

光合成には光が必要だが、強すぎる光は植物にとってストレスとなり、光合成の能力を低下させる。植物はこれらのストレスに対応するために様々な仕組みを備えている。我々は光合成の調節因子であるチオレドキシンに注目し、チオレドキシンが変動する光ストレス環境条件下で光合成装置を守ることを明らかにした。現在はその防御機構について研究を進めている。

Our group studies plant adaptation to environmental stresses at the molecular level. Especially, we focus on chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. Studies for the chloroplast membrane-maintaining protein VIPP1

VIPP1 (Vesicle Inducing Protein in Plastid1) 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. Analysis using Arabidopsis transformants suggests that its N-terminal helix is important for the formation of functional VIPP1, and co-immunoprecipitation analysis reveals that VIPP1 interacts with chloroplastic HSP70.

2. Studies on FZL, a protein sustaining the structure of chloroplast membranes

The thylakoid membranes of chloroplasts display unique network-like structures. Using Arabidopsis mutants, we found that a protein called FZL is required to maintain the intricate structures likely by interconnecting subdomains of thylakoids. Currently, we are also genetically investigating the physiological impacts of lack of FZL to reveal the biological significance of the peculiar structures of thylakoids.

3. 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. We focus on the oxidation of tryptophan residues in PSII, which correlates with D1 degradation mediated by FtsH protease. Using Chlamydomonas transformants, we found that oxidation of the N-terminal tryptophan residue of D1 is crucial in PSII repair.

4. 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.

5. 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 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.

6. Studies on the photoprotective mechanism under fluctuating light conditions

Light is necessary for photosynthesis, but excess light causes severe oxidative damage and decreases photosynthetic capacity. Plants use various mechanisms to cope with these stresses. We focused on thioredoxin protein, a regulator of photosynthesis, and found that thioredoxin protects the photosynthetic apparatus under fluctuating light stress conditions. We are currently studying its photoprotective mechanism.

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. 植物ミトコンドリア mRNA 転写後調節機構の解析

昨年までに、*ahg2-1* の表現型を抑圧する *ags2* 変異は、*ahg2-1* の表現型の原因と考えられる polyA 付加ミトコンドリア (mt) mRNA の蓄積には影響しないことが示唆された。本年度は、これを確認するため網羅的転写物解析を実施した。その結果、*ags2* は全ての mt-mRNA の polyA 付加には影響しないことが確認された。一方、*ahg2-1* において一部の mt-mRNA で RNA 編集の効率が低下しており *ags2* では回復傾向にあることが見出された。今後は、mt で機能する RNA helicase である AGS2 の酵素活性や相互作用因子の解析を進め、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

昨年度までに、野外環境において気温変化に伴う新規といえるホルモン変動を見出した。このホルモン変動の生理的意義を明らかにするため、今年度は、人工的環境下での再現実験を行った。その結果、野外で観測したような気温に応答したホルモン変動が確認された。今後、網羅的転写物解析を行いホルモン変動の機作について調査する予定である。

3. ナス科植物の着果量に及ぼすトレハロースの効果

トレハロースがストレス条件下においてピーマンのようなナス科作物の着果量を増加させることが知られていたが、その作用機作は不明だった。本研究では、トレハロースがナスおよびトマトの雌蕊の伸長を促進し、着果に不利である短花柱花の発生を抑制することを明らかにした。

4. オオムギ芒形成に関与するエピゲノム制御因子の解析

オオムギにおける芒が短く曲がった変異体の原因遺伝子候補として、エピゲノム制御因子が同定された。野生型と変異体の芒における遺伝子発現を RNA-seq 解析により比較し、特定の花器官形成遺伝子の発現が有意に上昇していることを見出した。さらに、これらの遺伝子のエピゲノム変化を解析し、芒形成に関与するエピゲノム制御因子の機能を明らかにしていく。

5. 低アポプラスチックバイパスフローイネの作出

イネにおいてアポプラスチックバイパスフローは、ナトリウムイオンの主要な取込み経路であるとともに、カドミウムの侵入経路のひとつである。本年度は、日本晴 / カサラスの交配系統集団を用いて、日本晴よりも低いカサラスのバイパスフロー形質に関連する遺伝子座が、第5染色体に座乗していることを明らかにした。今後は交配後代を解析していく。

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 2023 are described below.

1. Analysis of the post-transcriptional mitochondrial mRNA regulation

Until last year, *ags2* was not known to affect the accumulation of polyadenylated mitochondrial (mt) mRNA in *ahg2-1*, despite repressing the *ahg2-1* phenotype. This year, we first investigated the impact of *ahg2-1* and *ags2* on the structure of mt-mRNA through comprehensive transcriptome analysis. As a result, we confirmed that *ags2* does not influence polyadenylation. However, in some mt-mRNA, a decrease in RNA editing efficiency was observed in *ahg2-1*, with a tendency for recovery in *ags2*. Moving forward, we will further analyze the enzymatic activity of AGS2, an RNA helicase functioning in the mitochondria, and explore interaction factors to elucidate the physiological functions of AGS2.

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

Last year, we identified hormone fluctuations associated with temperature-induced growth in the outdoor environment. This year, we conducted controlled experiments in artificial environments and confirmed the hormone fluctuations responsive to temperature changes. In our future studies, we will conduct comprehensive transcriptome analysis to investigate the mechanism underlying the hormone fluctuations.

3. Effects of trehalose on the alleviation of short-styled flowers in Solanaceous plants

While positive effects of trehalose on enhancing crop yields in Solanaceous crop like bell peppers under stressed conditions are well known among farmers, the underlying mechanisms have remained elusive. Our studies revealed that trehalose treatment promoted style elongation in eggplants and tomatoes, consequently mitigating the occurrence of short-styled flowers.

4. Analysis of epigenome regulator involved in awn formation in barley

In barley, the mutants which show short awn phenotype were identified and one epigenome regulator have been found as a candidate gene responsible for the mutants. RNA-seq analysis using WT and mutant awn shows up-regulation of specific floral identity genes. Next, we will analyze the epigenome change in the target genes to elucidate the regulatory mechanism of awn formation through the epigenome regulator.

5. Development of a low apoplastic bypass flow in rice

Apoplastic bypass flow is the primary pathway for sodium ion entry and constitutes one of the mechanisms for cadmium ion uptake in rice. This year, we analyzed the bypass flow rate within the genetic population of chromosome segment substitution lines, comprising Nipponbare as the recurrent parent and Kasalath as the donor parent. Our finding indicates that the loci responsible for Kasalath's low bypass flow rate are located on the 5th chromosome of rice. We will subsequently analyze the offspring generations to identify the specific genes responsible for this trait.

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. イネ Nudix hydrolase 遺伝子の環境ストレス応答と機能解析

Nudix hydrolase (NUDX) は 8-oxo-(d) GTP を加水分解して細胞内の酸化ヌクレオチドのレベルを低下させる。ROS によって生成される 8-oxo-(d) GTP は DNA/RNA に取り込まれアデニンと誤って対合し複製エラーや転写エラーを引き起こす。そこで UV-C 照射下で発現量が 15 倍に増加するイネ OsNUDX2 遺伝子を同定した。776 アミノ酸残基をコードする OsNUDX2 遺伝子の ORF 領域を大腸菌で発現し 100kDa のタンパク質を精製した。組換えタンパク質はシロイヌナズナ AtNUDX1 と同様に DMAPP と IPP に加え 8-oxo-dGTP を加水分解した。OsNUDX2 のアミノ酸配列は AtNUDX1 と 18% の相同性を示し、8-oxo-dGTP および ApnA を加水分解するオオムギ HvNUDX12 と 14% の相同性を示した。8-oxo-GTP の mRNA への組み込みにより引き起こされる *lacZ* アンバー変異は、OsNUDX2 を *mutT* 欠損大腸菌細胞で発現させると大きく阻止された。これらの結果、植物の 8-oxo-dGTP 加水分解 NUDX と OsNUDX2 の間で異なる基質特異性と相同性があり、OsNUDX2 は酸化ヌクレオチドを除去することにより UV ストレスを軽減することが示唆された。

2. MutMap 法を用いたコムギの種子休眠性低下突然変異 RSD32 の同定

コムギ栽培に甚大な経済的損失を引き起こす穂発芽の主要な制御因子は種子休眠性である。Reduced Seed Dormancy 32 (RSD32) は穂発芽耐性品種である普通系コムギ農林 61 号より作成された種子休眠性低下突然変異系統で、種子特異的に発現する単因子劣性の変異である。本研究では MutMap 法による RSD32 の同定を試みた。変異原処理により作出された系統には多数の変異が挿入される。MutMap 法とはこれら多数の変異と突然変異形質の連鎖解析を行い、突然変異形質の原因遺伝子を迅速に同定する技術である。まず、原品種である農林 61 号と RSD32 を交配し、F₂ 集団を作成した。F₂ 集団より変異型(低休眠性)を示す 20 個体を選抜し、そのゲノム DNA を均等に混合し、次世代シーケンサーにより塩基配列を決定した。得られたリードの配列を農林 61 号の基準配列にアライメントし、SNP-index を計算した。SNP-index とは、アライメントされたリード全体のうち、基準配列と異なる塩基を持つリードの割合である。変異形質を示す F₂ 個体では、すべての個体の変異の原因 SNP をホモ接合で持っていることから、バルクした DNA では SNP-index は 1 となる。一方で、変異形質と無関係の SNP はランダムに分離することから 0.5 になる。MutMap 解析の結果、多数の SNP が検出されたが、SNP-index が 1 になる領域は 3A 染色体短腕末端部だけであった。

Our group has elucidated the function of enzymes, proteins, and gene regulation factors associated with the stress tolerance of plant cells using biochemical and molecular biological techniques, and their application to development of stress-tolerant plants. Our main achievements in 2023 are described below.

1. Environmental stress response and functional analysis of rice nudix hydrolase gene

Nudix hydrolase (NUDX) hydrolyzes 8-oxo-(d)GTP to reduce the levels of oxidized nucleotides in the cells. 8-oxo-(d)GTP produced by ROS is incorporated into DNA/RNA and mispaired with adenine, causing replicational and transcriptional errors. Here, we identified a rice *OsNUDX2*, whose expression level was increased 15-fold under UV-C irradiation. The open reading frame of the *OsNUDX2*, which encodes 776 amino acid residues, was cloned into *E. coli* cells to produce the protein of 100 kDa. The recombinant protein hydrolyzed 8-oxo-dGTP, in addition to DMAPP and IPP, as did *Arabidopsis* AtNUDX1; whereas the amino acid sequence of *OsNUDX2* had 18% identity with AtNUDX1. *OsNUDX2* had 14% identity with barley HvNUDX12, which hydrolyzes 8-oxo-dGTP and ApnA. Suppression of the *lacZ* amber mutation caused by the incorporation of 8-oxo-GTP into mRNA was prevented to a significant degree when the *OsNUDX2* was expressed in *mutT*-deficient *E. coli* cells. These results suggest that the different substrate specificity and identity among plant 8-oxo-dGTP-hydrolyzing NUDXs and *OsNUDX2* reduces UV stress by sanitizing the oxidized nucleotides.

2. Identification of wheat mutant RSD32 with reduced seed dormancy by MutMap

Seed dormancy, a major factor regulating pre-harvest sprouting, can severely hinder wheat cultivation. Reduced Seed Dormancy 32 (RSD32), a wheat mutant with reduced seed dormancy, is derived from the pre-harvest sprouting tolerant cultivar, Norin61. RSD32 is regulated by a single recessive gene and mutant phenotype expressed in a seed-specific manner. In this study, we examined the identification of RSD32 by MutMap method. Mutagen treatment induces numerous mutations (SNP and indel) throughout the entire genome. MutMap method proves to be a valuable technique for efficiently identifying the causal genes of mutation, conducting linkage analysis between mutations and mutant phenotypes. Initially, Norin61 and RSD32 were crossed to produce an F₂ population. Twenty F₂ plants representing the mutant phenotype were selected. The genomic DNA of these F₂ plants was equally mixed (bulk DNA) and sequenced using NGS. The resulting reads were aligned to genome sequence of Norin61 as a reference, and the SNP-index was calculated. SNP-index indicates the ratio of reads with different nucleotides from the reference sequence to all aligned reads. Given that all selected 20 F₂ plants with the mutant phenotype possess homozygous alleles for the causal SNP responsible for the mutation, the bulked DNA exhibited an SNP-index equal to 1. In contrast, SNPs independent of the mutant phenotype were randomly segregated, resulting in an SNP-index close to 0.5. Although numerous SNPs were detected in bulked DNA, the region with an SNP-index equal to 1 was confined to the terminal of chromosome 3A.

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の研究を行っている。今年度の主な研究成果は以下の通りである。

1. イネのケイ素蓄積に関与する輸送体遺伝子の同定

イネを含む多くの植物は、ケイ素を特定の組織に積極的に蓄積することで、さまざまなストレスから身を守っている。我々は、イネの特定の細胞へのケイ素の蓄積に必要な輸送体タンパク質 *SIET4* (Silicon Efflux Transporter 4) を同定し、イネの正常な生育には適切なケイ素の蓄積が不可欠であることを明らかにした。*SIET4* 遺伝子はすべての生育期間を通じて恒常的に葉に高発現し、細胞膜タンパク質をコードする。また *SIET4* タンパク質はケイ酸を排出する活性を持ち、ケイ素が蓄積する葉の表皮細胞とケイ化機動細胞の隣の細胞に局在する。すなわち *SIET4* は葉の表面やケイ化機動細胞へとケイ素を排出する役割を持つ。*SIET4* 遺伝子を破壊したイネは、ケイ素のない水耕液で栽培した場合、野生型イネと変わらない生育を示したが、土耕栽培やケイ素を添加した水耕液で栽培した場合は、生育が著しく抑制され、最後は死に至った。通常はケイ素が蓄積しない葉の内部の葉肉細胞にケイ素が蓄積してしまい、さまざまなストレス応答に関わる数百の遺伝子の発現が誘導され、この異常で不必要なストレス応答によって生育が著しく抑制された。

2. ケイ素輸送体 *Lsi1* の極性局在機構の解析

ケイ素の高集積はイネの安定多収に欠かせない。イネのケイ素吸収には根の外皮と内皮で遠心側に偏在する輸送体 *Lsi1* が関与する。我々はこの極性局在に必要なアミノ酸残基を同定した。種々の欠失や部分置換を加えた変異型 *Lsi1* を *lsi1* 変異体に導入し、得られた形質転換イネを用いた局在解析から、N末端の18番とC末端の285番のイソロイシン残基とC末端の正電荷を持つアミノ酸のクラスターが *Lsi1* の偏在に必要であることを突き止めた。また極性を持たない *Lsi1* を導入したイネはケイ酸吸収能が大きく低下したことから、*Lsi1* の極性局在が効率的なケイ酸吸収に必要であることを証明した。さらにリン酸化やリジン残基の修飾は *Lsi1* の極性局在に関与しないことを示した。

3. イネ葉鞘へのマンガン分配に関与する輸送体 *Nramp5* の同定

根によって吸収されたマンガンは各器官・組織へ分配する必要があるが、イネの *Nramp5* が根のマンガン吸収だけでなく、葉鞘へのマンガン分配に関与していることを突き止めた。*Nramp5* は葉鞘の維管束柔細胞の導管側に極性を持って偏在し、導管からマンガンを選び出す役割をしている。この遺伝子を破壊すると、葉鞘へのマンガンの分配が減少し、その結果葉身へのマンガンの分配が増加した。また変異体の葉鞘の成長が培養液中のマンガン濃度に関わらず阻害された。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2023 are described below.

1. Identification of a gene involved in proper accumulation of silicon in rice

Silicon protects the rice plant from various stresses through accumulation in specific tissues. We identified a gene (*SIET4*) required for the cell-specific deposition of Si in rice, and demonstrated that proper accumulation of Si is essential for normal growth of rice. *SIET4* is constitutively expressed in leaves throughout the growth period. It encodes a plasma membrane-localized transporter of Si, which is polarly localized at the distal side of epidermal cells and cells surrounding the bulliform cells (motor cells) of the leaf blade, where Si is deposited. Knockout of *SIET4* led to the death of rice grown in soil or nutrient solution containing Si, but not in that without Si supplied. Further analysis showed that knockout of *SIET4* induced abnormal Si deposition in the mesophyll cells, resulting in induction of hundreds of genes involved in various biotic/abiotic stress responses.

2. Mechanism controlling polar localization of *Lsi1*

High silicon (Si) accumulation is important for stable and high yields in rice. Si uptake is mediated by *Lsi1*, which is polarly localized at the distal side of cells of the root exodermis and endodermis. We identified amino acid residues critical for the polar localization of *Lsi1*. Detailed site-directed mutagenesis analysis showed that Ile18 at the N-terminal region and Ile285 at the C-terminal region were essential for the polar localization of *Lsi1*. Moreover, a cluster of positively charged residues at the C-terminal region is also required for polar localization. Phosphorylation and Lys modifications of *Lsi1* are unlikely to be involved in its polar localization. We also demonstrated that the polar localization of *Lsi1* is required for efficient uptake of Si.

3. Identification of a transporter involved in local distribution of manganese

After taken up by the roots, manganese (Mn) is delivered to different organs and tissues for its physiological functions. We found that *Nramp5*, a Mn transporter for root Mn uptake is also involved in the local distribution of Mn to the leaf sheath in rice. *Nramp5* is polarly localized at the parenchyma cells of the vascular bundles of the leaf sheath. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of Mn to the leaf sheath, but increased distribution to the leaf blade. As a result, the growth of the leaf sheath was inhibited in the mutants irrespective of the Mn concentration in the nutrient solution. Our results indicate that *OsNramp5* is required for local distribution of Mn to the leaf sheath for its growth.

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。今年度はアクアポリンの輸送基質に関する研究、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. アクアポリンの輸送基質

アクアポリンは水輸送体として知られているが、アクアポリン分子種の中には水以外の低分子を輸送するものも存在する。シグナル伝達物質としての H_2O_2 を輸送するアクアポリン HvPIP2;5 を私たちは酵母実験系を使って以前に同定しているが、今年度は蛍光試薬によって植物根が放出する H_2O_2 を高感度で検出する実験系の構築を進めた。また CO_2 透過性アクアポリンについては森准教授らとともに研究している。さらに Na^+ や K^+ を輸送するアクアポリンの分子機構に関してアクアポリン四量体に存在する未知のイオン透過経路の解明を進めている。

2. アクアポリンの構造と機能解析

種子登熟と乾燥に関与するシロイヌナズナの液胞膜型アクアポリン AtTIP3 の解析を行った。AtTIP3 サブファミリーには 2 種類のホモログ AtTIP3;1 と AtTIP3;2 が存在しており、共に発達後期の種子で発現するが、それぞれ水の透過性が異なることが明らかになった。これらの AtTIP3;1 と AtTIP3;2 の配列を置換したキメラタンパク質の解析から、シロイヌナズナ AtTIP3;1 は、54 番目のアミノ酸をヒスチジンからスレオニンに、142-143 番目のアミノ酸をアルギニン-ロイシンからヒスチジン-バリンに置換することで、AtTIP3;2 と同等の水輸送活性を示すことが明らかとなった。また、少なくともこれらの領域は、リン酸化修飾や酸性条件による AtTIP3s の活性化には関与しないことを確認した。このことから、AtTIP3 ファミリーの水輸送活性は、これらの Loop 領域の立体構造の変化により調節されていると推測された。

3. 気孔タイプ ALMT 活性化の相互作用因子

気孔タイプ ALMT のシロイヌナズナ AtALMT12 とトマト SIALMT11 について、乾燥時に上昇するアブシジン酸 (ABA) に応答した気孔閉口応答が異なったため、植物間で ABA シグナル伝達因子に違いがあると推測された。そのメカニズム解明のため、気孔タイプ ALMT と相互作用する因子の探索を行った。最初に、プロテインキナーゼの Open Stomata 1 (OST1) を AtALMT12 とアフリカツメガエル卵母細胞に共発現させ、電気生理学的にリンゴ酸放出活性を測定した。しかし、OST1 それ自体は AtALMT12 の活性化を示さず、それぞれにスプリット蛍光タンパク質を融合して相互作用を促すことで、AtALMT12 のリンゴ酸放出の活性化が確認できた。従って、AtALMT12 の活性化には OST1 の強い相互作用が必要であると示唆された。現在、他の因子についても解析を進めている。

Our research has been focusing on the molecular, cellular and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. We report substrates of aquaporins, 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. Transport substrates of aquaporins

Although aquaporins are known as water transporters, some aquaporin molecules transport small molecules other than water. We have previously identified aquaporin HvPIP2;5, which transports H_2O_2 , using a yeast experimental system. This year we constructed an experimental system to detect H_2O_2 released from plant roots with high sensitivity using fluorescent reagents. We have also been studying CO_2 -permeable aquaporins together with Associate Professor Mori and his colleagues. We have examined the molecular mechanism of a previously unknown ion-transporting pathway in the tetramer of aquaporins that transport Na^+ and K^+ .

2. Structural and functional analysis of aquaporins

We analyzed *Arabidopsis* tonoplast intrinsic proteins 3, AtTIP3s, which participated in ripening and desiccation of seeds. There were two homologs, AtTIP3;1 and AtTIP3;2, in the AtTIP3 subfamily, and they were expressed in the late stage of seed development. However, in *Xenopus* oocytes, they showed clearly different water permeabilities: AtTIP3;2 could transport water but AtTIP3;1 could not. Analysis of chimeric proteins based on the sequence information of AtTIP3;1 and AtTIP3;2 revealed that mutated AtTIP3;1 replaced 54th, 142nd and 143rd amino acids, histidine, arginine and leucine with threonine, histidine and valine could transport water at same level as that of AtTIP3;2. We also confirmed that these regions were not involved in the activation of AtTIP3s by phosphorylation or under acidic conditions. This suggests that the water transport activity of the AtTIP3 family is controlled by conformational changes in these Loop regions.

3. Interactive factor activating of guard-cell-type ALMT proteins

Guard-cell-type ALMT proteins, AtALMT1 of *Arabidopsis* and SIALMT11 of tomato showed differences in stomatal closure in response to abscisic acid (ABA). To reveal the mechanisms, we explored the factor(s) required to accept ABA signaling by the guard-cell-type ALMT proteins. We examined the role of a SnRK2 protein kinase, Open Stomata 1 (OST1), by co-expression with AtALMT12 in *Xenopus* oocytes and measured the malate transport function by electrophysiological measurements. However, malate efflux through AtALMT12 did not seem to be enhanced by co-expression of native protein of OST1. In contrast, malate efflux was activated by co-expression of a split fluorescent protein fused to AtALMT12 and OST1, which may enhance the interaction between them. These findings suggest that AtALMT12 activation requires imposed linkage of the OST1 protein kinase. We also examined another possible factor for its ability to enhance guard-cell-type ALMT proteins.

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YkV3・2本鎖RNAウイルスRnMBV3が織りなす宿借性／宿主性の解析

宿借性／宿主性は、最近発見された新規ウイルスライフスタイルの一つである。宿借性は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）が無関係のキャプシド型2本鎖(ds)RNAウイルス（パートナーウイルス）のキャプシドをハイジャックし、複製場所として利用する性質をさし、宿主性はヤドカリウイルスにキャプシドを提供する性質である。ヤドカリウイルスは複製サイクルにパートナーウイルスを必要とするが、パートナーdsRNAウイルスはヤドカリウイルスを必要としない。このウイルス間相互作用（宿借性／宿主性）は一部の系が証明されているに過ぎない。本研究では、ヤドカリウイルスYkV3とヤドヌシウイルスRnMBV3の相互作用を自然宿主（白紋羽病菌）とモデル糸状菌宿主（クリ胴枯病菌）系で解析した。YkV3ゲノムは約4.3kbのRNA合成酵素と2A様プロテアーゼドメインをコードする単一のORFを持つ。逆遺伝学を用いた白紋羽病菌宿主での結果から、1) 5'末端の塩基をUからCに置換してもYkV3複製能を保持すること、2) 2A様プロテアーゼドメインで切断される下流のタンパク質は複製に必須であること、を証明した。白紋羽病菌からYkV3／RnMBV3粒子画分を得、クリ胴枯病菌2系統（野生型株と抗ウイルスRNAサイレンシング欠損株）に導入し、両系統でのウイルス蓄積量を比較した。その結果、YkV3、RnMBV3はクリ胴枯病菌中で抗ウイルスRNAサイレンシングに対し、感受性であることが示された。以上の結果は、宿借性／宿主性を解析するための遺伝学的に変異可能な宿主・ウイルスを開発したことになる。

2. 植物と糸状菌間の生物界を跨ぐウイルス感染

植物と糸状菌類（カビ）は遺伝的・構造的に大きな相違が存在することから、この2つの生物界間でのウイルス往来は妨げられると考えられてきた。しかし、植物や糸状菌ウイルス（菌類ウイルス）の系統学的解析に加え、自然界で植物ウイルスが糸状菌に感染している事実から、植物と菌類間でウイルスの生物界を跨ぐ水平伝搬（感染）が起こりうるということが理解されつつある。さらに、人工的なウイルス接種実験でも、いくつかの植物ウイルスが糸状菌類で複製する能力を有すること、またその逆の能力が菌類ウイルスでも証明されている。そこで、この新しいウイルス学的なトピックに注目し、植物と糸状菌間の生物界を跨ぐウイルス感染に関連する最新の知見を網羅することで、新たに総説として取りまとめた。そこでは、特にウイルスの拡散、出現、病原性、進化、さらには宿主である植物と菌類の相互作用にこの生物界を跨ぐウイルス感染がどのように関与しているかを論じた。また、自然界における植物と菌類間ウイルス伝播の想定されるメカニズムや、病原性糸状菌の制御（ヴァイロコントロール）へ菌類ウイルスの新たな活用開発へ向けた可能性についても議論を行った。

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. Exploration of the yadokari / yadonushi nature of YkV3 and RnMBV3 in the original host and a model filamentous fungus

The yadokari / yadonushi nature is a recently discovered virus lifestyle; “yadokari” refers to the ability of capsidless positive-sense (+) RNA viruses (yadokariviruses) to utilize the capsids of phylogenetically distant double-stranded RNA (dsRNA) viruses possibly as the replication site, while “yadonushi” refers to the ability of dsRNA viruses to provide capsids to yadokariviruses. This virus-virus interaction, however, has been only studied with limited pathosystems. Here, we established a new study model with a capsidless (+) RNA yadokarivirus YkV3 (family *Yadokariviridae*) and its capsid donor RnMBV3 (family *Megabirnaviridae*) in the original host fungus *Rosellinia necatrix* and a model filamentous fungal host *Cryphonectria parasitica*. YkV3 has a simple genome structure with one open reading frame of 4305 nucleotides encoding a single polyprotein with an RNA-dependent RNA polymerase and a 2A-like self-cleavage peptide domain. Reverse genetics of YkV3 in *R. necatrix* showed that YkV3 tolerates a nucleotide substitution in the extreme 5'-terminus. The insertion of two termination codons immediately downstream of the 2A-like cleavage site abolished YkV3 viability, suggesting the importance of the C-terminal portion of the polyprotein of unknown function. Transfection of RnMBV3 and YkV3 into an RNA silencing-deficient mutant $\Delta dcl2$ of *C. parasitica* showed the replication competency of both viruses. Comparison between the wild-type and $\Delta dcl2$ strains of *C. parasitica* in virus accumulation suggested that RnMBV3 and YkV3 are susceptible to RNA silencing in *C. parasitica*. Taken together, we have established a platform to further explore the yadokari / yadonushi nature using genetically manipulable host fungal and virus strains.

2. Cross-kingdom virus infections between plants and fungi

The genetic and structural differences between plants and fungi (or fungal-like organisms) suggest that these differences may prevent virus transmission between the two kingdoms. However, recent evidence from virus phylogenetic analyses and the observation of natural virus cross-infections indicate the occurrence of virus transmission between plants and plant-associated fungi. Artificial virus inoculation experiments also demonstrate the ability of several plant viruses to replicate in fungi and vice versa. We have attempted to summarize the current knowledge on cross-kingdom virus infection between plants and fungi and to discuss this emerging virological topic. We have highlighted the importance of viral cross-infection (via horizontal virus transmission) in the spread, emergence and evolution of plant and fungal viruses and in promoting interactions between the two kingdoms. We also discuss in detail the possible mechanisms of virus transmission between plants and fungi in nature and the development of strategies to control plant diseases using fungal viruses as biocontrol agents.

本グループでは植食性昆虫に対する防御機構の解析を、代表的な単子葉のモデル植物であるイネを用いて行っている。2023 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ケイ素の幅広い役割

ミネラルは植物の成長に不可欠であるが、植物の防御にどのように寄与しているかは不明な点も多い。我々はこの数年間で、咀嚼性植食性昆虫に対するイネの防御の一つである物理的障壁の形成において、ケイ素 (Si) が重要な役割を果たすことを明らかにしている。防御機構におけるケイ素の役割を十分に理解するために、我々はケイ素添加時および欠乏時のイネを用いて、様々な要素の解析を行った。特に、イネがケイ素を介した防御を構築するのにどの程度の時間を要するのかを調べた。さらに、揮発性有機化合物の放出に対してケイ素欠乏がおよぼす影響を解析した。揮発性有機化合物は害虫に対する天敵を誘引する重要な環境シグナルとして働くことが知られている。解析の結果、我々はケイ素が存在することにより揮発性有機化合物の放出が促進されることを見出した。この結果は、ケイ素は植食性昆虫に対する防御機構を増強することを示唆している。また、メタボリックフィンガープリンティングを行うことで、我々は培養液中のケイ素の有無に関連する重要な代謝物シグネチャーを発見し、イネが代謝を最適に行うためにケイ素が必要であることが示唆された。同じことがストレス誘導性の防御関連代謝物にも当てはまり、一部の防御関連代謝物はケイ素により蓄積が促進された。全体として、ケイ素はイネの防御機構と代謝系に多面的に影響しており、イネの成長や収量に関連したケイ素の役割を完全に理解するには、さらなる研究が必要である。

2. ソルガムバイオリソースの開発

ソルガム (*Sorghum bicolor*) は重要な作物であるが、植食性昆虫による大きな被害を受けている。そこで我々は、ヒエノアブラムシ (*Melanaphis sacchari*) などの吸汁性昆虫に対する抵抗性を向上させたソルガム系統の開発を目的とした。以前に我々は、サブサハラアフリカ在来種からアブラムシに高い抵抗性を示すソルガム遺伝資源を同定した。今年度は、アブラムシ抵抗性の分子解析が可能な F₅ 世代までの組換え自殖系統 (RILs) の構築を完了した。このリソースは、アブラムシ抵抗性に関連する量的形質遺伝子座 (QTL) の同定に向けて、2024 年に予備的な圃場試験に用いる。

We are studying mechanisms of plant defense against herbivores using rice as an important monocot model plant. Two main topics investigated in 2023 are highlighted below.

1. Extended role of silicon in rice defense against herbivores

Minerals are essential for plant growth but it is less known how minerals contribute to plant defense. In the past years, we established the importance of silicon (Si) in formation of mechanical barriers against chewing herbivores in rice. In order to fully understand the role of silicon in defense, we conducted further studies on various parameters in plants growing under Si-supplemented and Si-deprived conditions. Among others, we investigated the minimal time required for establishment of Si-mediated defense in rice. Furthermore, we investigated the impact of Si deficiency on emissions of volatile compounds from rice plants, which serve as important environmental signals to attract natural enemies of herbivores to plants. As a result, we found that Si presence facilitates higher release of defense volatiles that is likely to enhance the rice protection against herbivores. In metabolomics fingerprints, we found many important signatures associated with the presence and absence of Si in nutritional media, suggesting that rice plants need silicon for their optimal metabolic performance. The same applied to the accumulation of stress-induced defense metabolites in rice, some of which have been promoted by Si. Overall, Si shows pleiotropic effects on rice defense and metabolism that warrants further investigations to assure our full understanding of Si role in the improvement of rice growth and yield performance.

2. Development of sorghum bio-resources

Sorghum (*Sorghum bicolor*) is an important crop that, however, significantly suffers from herbivore damage. Therefore, we aim on development of sorghum lines with improved resistance to sucking herbivores, such as sugarcane aphids (*Melanaphis sacchari*). Previously, we identified sorghum germplasm that is highly resistant to aphids amongst landraces originating from the Sub-Saharan Africa. This year, we have completed the construction of recombinant inbred lines (RILs) up to F₅ generation that are now ready for molecular analysis of aphid resistance. This resource will be used in pilot field study in 2024 to identify the quantitative trait loci (QTLs) associated with aphid resistance.

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。2023 年の主な成果は以下の通りである。

Immune response peptide 1 はイネ免疫における植物サイトカインとして機能する

植物の内因性ペプチドは、発生、免疫、共生などの細胞機能を規定する重要な分子である。しかしながら、新奇内因性ペプチドを同定し、その機能を解明することは非常に困難である。パターン誘導性免疫では、細胞表面に局在するパターン認識受容体が病原体由来の病原体関連分子パターンを検知し、防御遺伝子発現、MAPK 活性化、ROS 産生などのさまざまな免疫応答を誘導する。さらに、パターン認識受容体は、植物サイトカインと呼ばれる内因性ペプチドの発現も誘導する。植物サイトカインは、前駆体ペプチドがプロセッシングを受けると成熟型になりアポプラストに分泌され、受容体を介してパターン誘導性免疫を増幅させる。我々の知る限りでは、イネにおいては、1 種類の植物サイトカインファミリーに関する報告しかなく、イネサイトカインの下流のシグナル伝達に関する研究は限られていた。

最近、我々は、プロテオームとトランスクリプトームを組み合わせた解析法を開発し、イネ免疫に関与する植物サイトカインを同定する手法として用いた (Wang et al., *Plant Biotech J* 2020)。我々は、いもち病菌の細胞壁の構成成分であるキチンにより誘導される分泌ペプチドを同定し、これを Immune response peptide 1 (IRP1) と名付けた (Wang et al., *J Exp Bot.* 2023)。本研究により、IRP1 のイネ免疫における機能をさらに明らかにし、IRP1 がキチンシグナルの下流で植物サイトカインとして機能することを明らかにした。IRP1 は、MAPK 活性化と WRKY 転写因子の発現を調節し、イネ免疫を強化していた。IRP1 はイネいもち病菌に対する抵抗性に関与することが報告された最初の植物サイトカインである。本研究は、植物がサイトカインを介して免疫を制御するメカニズムの理解に貢献した。

Our ultimate goal is to design new plants to cope with biotic stresses and improve important agronomic traits. To accomplish this goal, we have been trying to decipher the mechanisms of plant-microbe interactions. Our main achievements in 2023 are described below.

The secreted immune response peptide 1 functions as a phyto cytokine in rice immunity

Plant endogenous peptides are key components to coordinate and specify cellular functions such as development, immunity, and symbiosis. Identifying novel hormone-like peptide families and, moreover, deciphering their functions are challenging goals. In pattern-triggered immunity (PTI), surface-localized pattern recognition receptors (PRRs) sense microbe-associated molecular patterns (MAMPs) and trigger various immune responses such as defense gene expression, MAPK activation, and ROS production. In addition, PRRs also induce several endogenous peptides termed phyto cytokines. Phyto cytokines are processed from larger precursors and secreted into the apoplast to amplify PTI responses through their receptors. A few peptides have been characterized as phyto cytokines in plants, but to our knowledge, there is only one report on phyto cytokine in rice. Thus, our understanding of the signaling downstream of the phyto cytokines is limited.

We have very recently developed a pipeline by combining proteome and transcriptome analyses as an approach to isolating hormone-like peptides involved in rice immunity (Wang et al., *Plant Biotech J* 2020). We successfully identified one novel small secreted protein induced by the fungal PAMP chitin and named it an immune response peptide (IRP). In this project, we further clarified its functions in rice immunity and revealed that IRP serves as a phyto cytokine, working downstream of chitin signaling. IRP evidently regulates MAPK activation and the expression of WRKY transcription factors, resulting in enhanced rice immunity. IRP is the first peptide phyto cytokine found to be involved in resistance to rice blast fungus. Our study broadens and deepens our understanding of how plants control immunity through endogenous peptides.

1. *Methylobacterium* 属細菌のランタノイドに応答したメタノール代謝とメタノールへの走化性

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。*M. aquaticum* 22A 株はメタノールに走化性を示す。細菌の走化性には Methyl-Accepting Chemotaxis Protein (MCP) がセンサーとして働く。*M. aquaticum* 22A 株ゲノムには 52 個もの MCP 遺伝子が存在する。これまでメタノール走化性に関わる MCP は全く同定されていなかった。メタノール生育時の遺伝子発現プロファイルから、メタノールで誘導される MCP 遺伝子を順次欠失させると 3 つの遺伝子に関わることが分かった。また二つの MDH との関わり、MCP タンパク質の局在解析などから、一つは細胞内でホルムアルデヒドの感知に関わるセンサー、一つは Ln 存在下で誘導され Ln 依存 MDH の活性に依存するセンサー、そしてもう一つは Ln 非存在下で Ca 依存 MDH の活性に依存するセンサーであることが分かった。さらに 3 つの MCP 遺伝子欠失株は植物の根に対する走化性を失ったことから、植物が放出するメタノールとメタノールへの走化性が両者の共生開始に関わっていることが分かった。

2. 赤潮原因藻ヘテロシグマの細菌食食に関する研究

ヘテロシグマ (学名 *Heterosigma akashiwo*) は、光合成を行う微細藻であり、時に爆発的に増殖して赤潮を引き起こす。ヘテロシグマが、細菌を食食するという報告が過去に散見されるが、その生理的な重要性については不明であった。本グループは、リン酸飢餓状態にあるヘテロシグマが多様な細菌を食食し、それを栄養源として増殖すること、細菌種によって、増殖促進能に顕著な違いがあること、特に無機リン酸のポリマーであるポリリン酸を蓄積する細菌が、顕著なヘテロシグマ増殖能を有することを見出した。以上より、ヘテロシグマが、溶存栄養素の摂取に加えて、細菌の食食により増殖に必要な栄養を摂取する能力を保つこと、特に細菌が蓄積するポリリン酸をリン源として活用する能力があることが明らかになった。赤潮の原因としては、富栄養化、つまり海水中の溶存栄養素濃度の上昇が重要な要素と認識されてきたが、本研究は、水域に生存する細菌種がヘテロシグマ赤潮の発生しやすさに影響を与え得ることを示唆する。

1. Lanthanide-dependent methanol metabolism and chemotaxis for methanol in *Methylobacterium* species

Methylobacterium species, ubiquitous bacteria living on the plant surface can utilize the methanol emitted from plants and promote plant growth. Generally, *Methylobacterium* species have two different methanol dehydrogenases (MDHs), which are either calcium (Ca)-dependent or lanthanide (Ln)-dependent. *M. aquaticum* strain 22A exhibits chemotaxis for methanol. Methyl-Accepting Chemotaxis Protein (MCP) plays a crucial role in bacterial chemotaxis. There are 52 MCP genes encoded in the genome of strain 22A. There have been no reports on methanol chemotaxis sensors. We identified three MCPs that participate in methanol chemotaxis, by phenotyping MCP gene mutants. Through protein localization analysis combined with MDH gene mutations, we found a sensor for formaldehyde in the cell, a sensor associated with Ln-dependent MDH, and a sensor associated with Ca-dependent MDH. In addition, the triple gene mutant lost taxis toward the plant root, indicating that methanol emitted from plants and methanol chemotaxis mediates the initiation of plant-*Methylobacterium* symbiosis.

2. Study on the bacterivory activity of a bloom-forming phytoplankton, *Heterosigma akashiwo*

A bloom-forming phytoplankton *H. akashiwo* is known to conduct bacterivory, while its physiological importance has not been studied in detail. We found that *H. akashiwo* under a phosphate-depleted condition phagocytosed various species of bacteria and propagated to an extent depending on the prey species. Particularly, a bacterial strain that accumulated polyphosphate at a high level promoted the growth of *H. akashiwo*, suggesting that the phytoplankton can utilize bacterial polyphosphate as a phosphorous source. Eutrophication, i.e., accumulation of dissolved nutritional source, has been regarded to be the main cause of algal bloom. Our findings suggest that the microbiome structure in the area has an important role in *H. akashiwo* bloom occurrence.

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) エチオピア南部の在来品種の収集・評価

エチオピア南部グマ地区のオオムギ在来品種を収集し、その遺伝的多様性と集団構造をゲノム科学の手法を用いて解明し、現地向けの育種と保全にむけて活用する基盤を構築した。

(b) 亜熱帯環境におけるオオムギ栽培特性の評価

地球温暖化に先制的に対応する育種を進めるために、亜熱帯気候の圃場を地球温暖化環境に見立てて、オオムギの温暖化環境下での安定生産に必要な遺伝構造の解明に取り組んでおり、現代品種の収量性を改善する QTL を見出した。

3. 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。オオムギの CRISPR/Cas9 法によるゲノム編集については、複数のガイド RNA を発現するマルチターゲットシステムの構築により、複数遺伝子への同時変異導入が可能となり、その変異導入効率も向上した。

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) Collection and evaluation of landrace in southern Ethiopia

The group has collected and characterized the genetic diversity and population structure of the barley landraces in the Guma district of southern Ethiopia using genomic technology, and has established a foundation to be used for breeding and conservation of local varieties.

(b) Evaluation of barley cultivation characteristics in subtropical environments

To promote breeding that preemptively responds to global warming, we have been working to elucidate the genetic structure required for stable production of barley under a warming environment by simulating a subtropical climate field as a global warming environment, and have found QTL that improves the yield potential of modern varieties.

3. Transformation and genome editing of barley

Our group is researching the genes involved in transformation efficiency and improving the efficiency of genome editing in barley. The construction of a multi-target system that expresses multiple guide RNAs in the CRISPR/Cas9 system for genome editing has enabled simultaneous mutagenesis of multiple genes and improved the mutagenesis efficiency in barley.

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

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構に関する研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。こうした緯度に伴い変化する環境の違いに植物が適応する中で獲得した仕組みを明らかにすることを目指し、北極圏から温帯の高山帯にかけて広範囲の緯度に分布する周北極—高山植物を材料に研究を進めている。これまでに2種の姉妹種 (*Cardamine nipponica*-*C. bellidifolia*; アブラナ科) が温度に対する感受性の異なるフィトクロム (phyB) を持つことを明らかにしてきた。本年度は両種の *PHYB* (*CnPHYB*/*CbPHYB*) 遺伝子を形質転換したシロイヌナズナを用い、phyB の温度に対する感受性の違いが開花特性に影響するかを調べる栽培実験を行った。野外で想定される光条件 (赤色光: 遠赤色光 = 1 : 1) で植物を育成する環境を整備し、様々な日長や温度における栽培実験を行った。その結果、単色光の LED を光源とした光条件では植物を正常に開花まで成長させることが困難であり、phyB 変異体における早咲きの表現型を明瞭に再現することができなかった。したがって、phyB 変異体の表現型を再現できる光条件 (主に強度と比率) を検討することで *CnphyB*/*CbphyB* における開花への影響を評価する実験を継続することが課題として挙げられた。

2. 岡山県の絶滅危惧種に関する調査研究

岡山県内に生育する絶滅危惧植物および準絶滅危惧植物のうち、岩角地、溪流帯などに生育する種を中心に約20種を対象として、過去の標本や文献から既知の生育地を把握するとともに、集団の現状を調査した。これまでに調査できた集団の多くは現存が確認されたが、イヌイワデングサ、マメヅタランなどの一部の集団は現存が確認できず、恐らく消滅したと考えられた。今回初めて具体的な生育状況が明らかになった集団も多い。また、調査対象種を含む下記の23種について、これまで知られていなかったと思われる35ヶ所の生育地を見だし、集団規模や生育環境を記録した (括弧内は確認地点数): アカハナワラビ (1)、コケシノブ (2)、フジシダ (1)、オオフジシダ (1)、シモツケヌリトラノオ (1)、オクタマシダ (1)、アオガネシダ (1)、コガネシダ (1)、メヤブソテツ (1)、ウスバミヤマノコギリシダ (1)、シロヤマシダ (1)、サクライカグマ (1)、ミヤマクマワラビ (1)、イワイタチシダ (3)、イワオモダカ (1)、ヒメコマツ (1)、マメヅタラン (2)、ムギラン (5)、ナツエビネ (2)、カヤラン (3)、ダイモンジソウ (1)、コギシギシ (1)、ホンシャクナゲ (2)。これらの生育地については、過去の標本や文献等の記録の存在が確認できなかった。これまでの調査で得られた情報に基づき、県内における調査種の絶滅リスクを評価し直す必要がある。

本研究グループは、教員の転出により存続できなくなったため、10月1日付で遺伝資源機能解析グループに統合された。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of the diversity of plant species. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. The followings are our main achievements during 2023.

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

Adaptation to environments varying along latitude such as photoperiod and temperature are important for regulating the plant's life cycle and reproductive success. To understand how plants adapt to different environments along latitude, we are focusing on arctic-alpine plants, whose distributions encompass high mountains in temperate regions and circumarctic region. We have previously reported that two sister species (*Cardamine nipponica*-*C. bellidifolia*; Brassicaceae) have phyB with different thermal stability (sensitivity). In this year, we have attempted to evaluate effects of phyB variation on flowering phenotypes by performing growth experiment of transgenic *Arabidopsis thaliana* overexpressing *PHYB* of *C. nipponica*-*C. bellidifolia* (*CnPHYB*/*CbPHYB*). Although we have repeated multiple experiments including FR-rich light conditions, we did not observe clear phenotypic difference across *A. thaliana* including mutants deficient phyB function. Thus, further careful experiments are required for evaluating functional divergence between *CnphyB* and *CbphyB*.

2. Field surveys on endangered plants of Okayama Prefecture

Focusing on 20 threatened species in Okayama Prefecture growing on rocky places or riversides, their known habitats based on previous records were surveyed. Most of surveyed populations turned to be alive. Some populations of a few species (*Woodsia commixta*, *Bulbophyllum drymoglossum*, etc.) might have become extinct. Some population sizes were revealed for the first time in this study. Besides, 35 populations of 23 threatened species (*Botrychium nipponicum*, *Hymenophyllum wrightii*, *Monachosorum maximowiczii*, *M. nipponicum*, *Asplenium boreale*, *A. pseudowilfordii*, *A. wilfordii*, *Woodsia macrochlaena*, *Cyrtomium caryotideum*, *Diplazium deciduum*, *Di. hachijoense*, *Dryopteris gymnophylla*, *Dr. polylepis*, *Dr. saxifraga*, *Pyrrosia hastata*, *Pinus parviflora* var. *parviflora*, *Bulbophyllum drymoglossum*, *B. inconspicuum*, *Calanthe puberula* var. *reflexa*, *Thrixspermum japonicum*, *Saxifraga fortunei*, *Rumex dentatus* subsp. *klotzschianus*, and *Rhododendron japonheptamerum* var. *hondoense*) were newly found. No record as specimen or article was found about all these populations. It may be necessary to recategorize at least 10 of surveyed species in the red list of Okayama.

“Group of Wild Plant Science” was merged with “Group of Genetic Resources and Functions” on October 1, 2023.

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、種子成分および土壌伝染性のウイルス病抵抗性を制御する有用遺伝子の特定と機能解析を行っている。本年度の主要成果は以下の通りである。

日本産の最近の主力高品質ビールオオムギ2品種、すなわち‘スカイゴールド’と‘サチホゴールド’の開花後20日目の内外穎を含む穎果からRNAを抽出し、RNAシーケンシング解析に供した。シーケンスは東京農業大学生物資源ゲノム解析センター拠点共同研究の支援を受け実施した。配列データは金 俊植ククロスアポイントメント教員の解析支援を受け、オオムギゲノムシーケンスの標準品種‘Morex’および‘はるな二条’のゲノム配列と比較しつつ分析を行った。両品種とも系譜解析から‘はるな二条’と約50%の類縁度を持つとみられるにも拘わらず、2,419個のスカイゴールド固有の一塩基多型（SNP）ならびに3,058個のサチホゴールド固有のSNPがそれぞれ検出された。SNPの顕著なクラスターが2箇所検出された。すなわち、(1) オオムギ縞萎縮病抵抗性育種で非醸造・六条 中国在来系統 木石港3由来の *resistance to yellow mosaic 5* (*rym5*) を導入したことによる3H染色体端部付近の痕跡、(2) アントシアニンレス *anthocyanin-less 2* (*ant2*) をオランダの‘Cambrinus’から導入したことに伴う2H染色体長腕の痕跡が、それぞれ検出された。両方のSNPクラスターとも‘スカイゴールド’だけで検出された。‘イシュクシラズ’と‘ニシノチカラ’の組換え自殖系統F₁₁世代221系統を用い、もう一つのオオムギ縞萎縮病抵抗性遺伝子 *rym3* を5H染色体基部の0.4-cMの範囲にマップした。この抵抗性遺伝子は非醸造・六条品種‘はがねむぎ’に由来するが、両品種には異なる経路で導入されたことが系譜上の品種の解析から判明した。‘スカイゴールド’の方が *rym3* 周辺の抵抗性遺伝子供与親‘はがねむぎ’由来の残存染色体セグメントが大きかった。オオムギ縞萎縮病抵抗性育種の過程で、非醸造かつ六条の抵抗性遺伝子供与親からの残存セグメント内には醸造品質に悪影響を与える遺伝子が少なからず含まれるものと予想される。そのため、マーカー選抜で *rym3* 遺伝子の近傍の希な組換えを選抜し、連鎖染色体セグメントを削減することができれば、醸造品質の一層の改良が期待される。

Our group has been identifying and characterizing important genes controlling morphogenesis, seed chemical compositions and viral disease resistance, of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Our research mainly focuses to reveal molecular mechanisms underlying beneficial agricultural traits. Our main achievements in 2023 are described below.

Two modern high-quality Japanese malting barley cultivars, ‘Sukai Golden’ and ‘Sachiho Golden’, were subjected to RNA-sequencing of transcripts extracted from 20-day-old immature seeds. Despite their close relation, 2,419 Sukai Golden-specific and 3,058 Sachiho Golden-specific SNPs were detected in comparison to the genome sequences of two reference cultivars: ‘Morex’ and ‘Haruna Nijo’. Two single nucleotide polymorphism (SNP) clusters respectively showing the incorporation of (1) the barley yellow mosaic virus (BaYMV) resistance gene *rym5* from six-row non-malting Chinese landrace Mokusekko 3 on the long arm of 3H, and (2) the anthocyanin-less *ant2* gene from a two-row Dutch cultivar on the long arm of 2H were detected specifically in ‘Sukai Golden’. Using 221 recombinant inbred lines of a cross between ‘Ishukushirazu’ and ‘Nishinochikara’, another BaYMV resistance *rym3* gene derived from six-row non-malting Japanese cultivar ‘Haganemugi’ was mapped to a 0.4-cM interval on the proximal region of 5H. Haplotype analysis of progenitor accessions of the two modern malting cultivars revealed that *rym3* of ‘Haganemugi’ was independently introduced into ‘Sukai Golden’ and ‘Sachiho Golden’. Residual chromosome 5H segments of ‘Haganemugi’ surrounding *rym3* were larger in ‘Sukai Golden’. Available results suggest possibilities for malting quality improvement by minimizing residual segments surrounding *rym3*.

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。2023年の研究進捗は以下のとおりである。

1. 遺伝子シンテニーに基づくオーソログ遺伝子同定ツールの開発

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、遺伝子型判定を行う解析パイプライン「MCPTagg」および遺伝子型データのエラー修正ツール「GBScleanR」について論文発表を行った。さらに、2つのゲノム上の遺伝子シンテニーに基づいたオーソログ遺伝子同定ツールを開発した。ゲノム情報の育種利用を考えたとき、異なる品種間や交配可能な近縁種間においてゲノム上に存在するオーソログ遺伝子のペアを可能な限り1対1対応させて同定することで、品種間差や種間を明確に記述し有用遺伝子探索を効率的に行うことができる」と期待される。

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

アフリカ栽培イネ（オリザグラベリマ）とアジア栽培イネ（オリザサティバ）のF₁の雑種4倍体系統に由来する複数の自殖分離集団を用いて12種類の農業形質のGWAS解析を行った。解析モデルに修正を加えることで検出精度を高め、検出QTLの遺伝的効果をタイプ別（相加・優性・量的）に分類することができた。さらに、検出された88個の遺伝子座のいくつかは既報の単離済み遺伝子と対応することが明らかになった。

ゲノムシャッフリング集団では、同じ8系交雑に由来するMAGIC集団と比較してハプロタイプブロックの数が増加することから、集団内の遺伝的組換えが促進されることが示唆された。また、ワラおよび玄米中の元素含量に関するGWAS結果を比較したところ、MAGIC集団よりも検出QTLの数が減少する傾向が見られた。

3. 高精度ゲノム配列を利用したセントロメア領域の再定義

次世代シーケンシング技術の進展により、非モデル生物を含む多くの生物種で、染色体レベルのスcaffoldingをもつ高品質なゲノム配列が得られる様になってきた。特に、ロングリードシーケンシングは、従来法ではアセンブルすることが難しかった高次反復領域のアセンブルも可能にした。これまで部分的に報告されてきた多くの植物のセントロメア領域も高次反復領域を含み解析不能であったが、これらの技術で解析可能となった。そこで、抗セントロメア特異的ヒストンH3抗体を用いたクロマチン免疫沈降により、セントロメア領域の詳細マッピングを行った結果、植物セントロメア領域の多様な形態が明らかになった。

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. Development of a gene-synteny aware orthologous gene identification tool

Genotyping using next-generation sequencers can process multiple samples rapidly at once, but they often contain a significant amount of errors in the data. This year, we published papers on the genotyping pipeline "MCPTagg" and an error correction tool "GBScleanR". Additionally, we have developed a tool that identify orthologous gene based on the conservation of sequence and synteny of genes. Our tool try to identify pairs of orthologous genes on the genomes as much as possible in a one-to-one correspondence. When considering the application of genomic information for breeding, these detailed description of inter-variety and inter-species variations in one-to-one paired orthologous genes will help to identify agriculturally valuable genes and alleles.

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

GWAS of 12 agronomic traits were performed using progenies of tetraploid interspecific hybrids between African rice (*Oryza glaberrima*) and Asian rice (*O. sativa*). Modifications of the statistical model could improve the detection accuracy and allowed to classify the genetic effects of the detected QTL into three types (additive, dominant and quantitative). Furthermore, some of the 88 detected loci were found to correspond to previously isolated genes.

Genetic recombination was enhanced in the genome shuffling population compared to the MAGIC population derived from the same 8-way crosses, as evidenced by an increase in haplotype blocks within the population. Comparison of GWAS results for elemental content in straw and grain revealed a trend toward a reduced number of detected QTLs in the genome shuffling population compared to the MAGIC population.

3. Redefinition of centromere regions using high accuracy genome sequences

Advances in next-generation sequencing technologies have made it possible to obtain high-quality genome sequences with chromosome-level scaffolds for many species, including non-model organisms. In particular, long-read sequencing has made it possible to assemble higher-order repeat regions that have been difficult to assemble using conventional methods. Many plant centromere regions that have been partially reported so far, including higher-order repeat regions, were also unanalyzable, but these technologies have made it possible to analyze them. In this study, detailed mapping of centromere regions by chromatin immunoprecipitation using anti-centromere-specific histone H3 antibodies revealed the diverse morphologies of plant centromere regions.

次世代作物共同研究コア 作物デザイン研究チーム

本チームは、データ科学を中心に、研究所が蓄積する植物に関する多様な情報と遺伝資源を活用し、作物の生産性の鍵となる遺伝子を探索し、その生理学的および遺伝学的機能を理解する研究を推進している。今年度は、冬季の圃場栽培におけるオオムギの時系列トランスクリプトームデータを解析し、出穂との関連性を解明する研究に取り組んだ。同じ冬を経験した冬播性系統に比べて、春播性系統が示すさらに早い出穂に関連する遺伝子の発現パターンを特定し、その遺伝子発現に出穂を促進する効果があることを明らかにした。同時に、所内外との共同研究を通して、いろいろな生物種の遺伝子やゲノム解析研究を推進した。

(Research Core for Future Crops) Crop Design Research Team

Our team leverages data science and diverse plant-related resources of IPSR to identify key genes for enhancing crop productivity and to understand their functions. In this fiscal year, we conducted research aimed at modeling the time-series dynamics of genes in barley during winter field cultivation. We investigated the differential gene expression related to the different heading time of spring and winter barley, even upon the same winter experience. Our analysis revealed unique gene expression patterns specific to spring barley, and we established their significant role in promoting early heading. Additionally, we have been actively engaged in collaborative research with our research partners working in our facility and other institutions; which has contributed to the genetic and genomic analyses of various living organisms.

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。単作区との比較を進めると共に、さらに多くの品種間の比較、酸性・中性・アルカリ性の圃場、一般農家サンプルも含めて解析を行っている。

Field Flora Research Team

This team was started 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 changed stably in a cycle in the 3-year double cropping field. Also, we found bacteria specific to barley or rice, or common to both plants, and root or soil-specific bacteria, suggesting their specificity in their environmental niches. In addition to the comparison with the single-cropping data, we started sampling and analysis of the microbiome in acid, neutral, and alkali soils, using more cultivars including general farmers' samples.

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 the 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. We aim to develop barley plants with novel starch properties and increase the availability of barley. We are also conducting basic research to elucidate the molecular mechanism of starch grain formation.

4. Elucidation of environmental stress tolerance in barley

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

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×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。

2023年には、オオムギのコア・コレクションで取得した施肥条件が異なる複数圃場における農業形質データを分析し、施肥応答を定量化して変異の全体像を明らかにした。その中では、施肥区に対して無施肥環境で形質値が増えるといった特徴的な応答を示す系統群を見出した。現在、全ゲノム関連解析を実施中である。

Double cropping, in which multiple crops are cultivated in the same field each season, is traditionally practiced in southwestern Japan including Okayama Prefecture. 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 collecting 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.

Our team was started in 2022 to deepen our understanding of the genetic structure of crop-environment interactions, and pursue verification research using resources such as multi-parent populations and mathematical models predicting the effect on agronomic traits.

In 2023, we analyzed the agronomic trait data obtained from the barley core collection in multiple plots under different fertilizer conditions to quantify the fertilizer response and to reveal the overall picture of variation. Among them, we found a group of lines that showed a characteristic response, such as an increase in trait values in the no-fertilizer environment relative to the fertilizer-applied zone. Whole genome association analysis is currently underway.

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み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するため遺伝学・分子生物学・生化学・構造生物学を駆使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。また、7月にはヒップラー教授が統括するドイツ科学振興財団の "Dynamic Regulation of the Proton Motive Force in Photosynthesis - GoPMF" 研究プロジェクト (予算名: FOR 5573/1) が採択された。FOR 5573/1 は日独蘭瑞に所属する 15 名の研究者で構成される四年間の国際研究プロジェクトであり、期間合計の予算は 500 万ユーロである。日本からは RECTOR プログラムのヒップラー教授、小澤と異分野基礎科学研究所の高橋裕一郎、大阪大学の栗栖源嗣が参画する。

今年度の研究成果では、1) Photosynthetic control の制御、2) 葉緑体の酸化還元状態に応答した制御、3) PSII の代謝回転の制御について、新たな知見が得られた。

1. Photosynthetic control の誘導に関する新たな知見

光合成の電子伝達と共役する葉緑体ストロマからチラコイド膜内腔へのプロトン移動によって、チラコイド膜内外のプロトン濃度勾配が発生しチラコイド膜内腔は酸化する。Photosynthetic control では、チラコイド膜内腔の過剰な酸化はシトクロム b_6f 複合体によるプラストキノール酸化を抑制し光合成の電子伝達速度が低下する。今回、シロイヌナズナ *pgr1* 株に相当する変異を緑藻クラミドモナスに導入した PETC-P171L 変異株解析で、プラストキノールを人為的に還元させる無酸素状態で Photosynthetic control が誘導される知見を得た (Ozawa *et al*, 2023)。

2. 葉緑体の酸化還元状態に応答した制御

カルレドキシン (CRX) は緑藻クラミドモナスにおいて報告された葉緑体に局在するカルシウムイオン依存型チオレドキシン (TRX) である。葉緑体の NADPH 依存型 TRX 還元酵素 (NTRC) は CRX による制御を受け NADPH-NTRC 複合体の機能もまた CRX の制御を受けることが示された (Zinzus *et al*, 2023)。

3. 翻訳後修飾がもたらすタンパク質機能の制御機構

緑藻クラミドモナスを材料として、リン酸化修飾を解析し動的な変化を記述した (Younas *et al*, 2023)。光化学系 II 複合体の D1 タンパク質の N 末端部分に存在するトリプトファン残基の翻訳後酸化修飾が強光下における FtsH による D1 分解と相関することを見いだした (Kato *et al*, 2023)。

In this RECTOR program, we have established a research collaboration system with three research groups; the laboratory of photo-environmental adaptation group at IPSR, a group at RIIS, and the laboratory of Professor Michael Hippler at the University of Münster, Germany. We aim to provide mechanistic insights into the photosynthetic process. 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.

To this end, the research has focused on three independent aspects (i) the regulation of photosynthetic control, (ii) the modulation of the chloroplast redox poise and (iii) the regulation of photosystem II (PSII) turnover.

In photosynthesis, electron transfer will establish a proton-motive force that consists of a ΔpH and a $\Delta \Psi$ component. In turn, elevated acidification of the lumen, will slow down the oxidation of PQH₂ at the Cyt b_6f leading to a slowdown of overall photosynthetic electron transfer, designated as photosynthetic control. Interestingly, our work provided insights that photosynthetic control is particularly established under anoxic cyclic electron flow (CEF) promoting conditions (Ozawa *et al*, 2023). For this work, we introduced the Pro194Leu substitution in the Cyt b_6f PETC subunit and generated the PETC-P171L mutant in *C. reinhardtii*. In another work, we analyzed the phosphorylation dynamics of proteins from *C. reinhardtii* (Younas *et al*, 2023). To analyze the modulation of the chloroplast redox poise we investigated the function of calredoxin (CRX), a calcium (Ca²⁺)-dependent thioredoxin (TRX) in the chloroplast of *C. reinhardtii*. Our data provided evidence that the chloroplast NADPH-dependent TRX reductase (NTRC) is co-regulated with CRX and that the function of the NADPH-NTRC complex is under strict control of CRX (Zinzus *et al*, 2023). In another work line we revealed that an oxidative post-translational modification of Trp residue at the N-terminal tail of D1 in PSII is correlated with D1 degradation by the protease FtsH during high-light stress (Kato *et al*, 2023). It should also be mentioned that thanks to the efforts of the RECTOR program group, a research group (FOR 5573/1) funded by the German Research Foundation (DFG) entitled "Dynamic Regulation of the Proton Motive Force in Photosynthesis - GoPMF" was approved. This research group (FOR 5573/1) consists of 15 Principal Investigators (PI) working on 10 projects and 2 central projects and will run for four years. Prof Hippler is the spokesperson of FOR 5573/1 and Dr. Ozawa and Prof Takahashi (both Okayama University) are working together with Prof Hippler and Prof Kurisu (Osaka University) on Project 1 (P1). The total financial volume of FOR 5573/1 is around 5 million euros.

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) Matsushima, R., Hisano, H., Galis, I., Miura, S., Crofts, N., Takenaka, Y., Oitome, N. F., Ishimizu, T., Fujita, N., Sato, K. *FLOURY ENDOSPERM 6* mutations enhance the sugary phenotype caused by the loss of ISOAMYLASE1 in barley. *Theor. Appl. Genet.* **136**: 94. doi.org/10.1007/s00122-023-04339-5 (2023. 4.)
- (2) Sakamoto, W., Takami, T. Maternal plastid inheritance: two abating factors identified. *Trends. Genet.* **39**: 342-343. doi.org/10.1016/j.tig.2023.03.002 (2023. 5.)
- (3) Sakamoto, W. Greetings from the PCP Editor-in-Chief. *Plant Cell Physiol.* **64**: 701-703. doi.org/10.1093/pcp/pcad061(2023. 7.)
- (4) Ogawa, Y., Iwano, M., Shikanai, T., Sakamoto, W. FZL, a dynamin-like protein localized to curved grana edges, is required for efficient photosynthetic electron transfer in *Arabidopsis*. *Front. Plant Sci.* **14**: 1279699. doi.org/10.3389/fpls.2023.1279699 (2023. 9.)
- (5) Okegawa, Y. PCP Research Highlights: Regulatory Role of Three Important Post-Translational Modifications in Chloroplast Proteins. *Plant Cell Physiol.* **64**: 1119-1123. doi.org/10.1093/pcp/pcad097 (2023. 10.)
- (6) Okegawa, Y., Sato, N., Nakakura, R., Murai, R., Sakamoto, W., Motohashi, K. κ - and γ -type thioredoxins maintain redox homeostasis on photosystem I acceptor side under fluctuating light. *Plant Physiol.* **193**: 2498-2512. doi.org/10.1093/plphys/kiad466 (2023. 11.)
- (7) Kato, Y., Kuroda, H., Ozawa, S. I., Saito, K., Dogra, V., Scholz, M., Zhang, G., de Vitry, C., Ishikita, H., Kim, C., Hippler, M., Takahashi, Y., Sakamoto, W. Characterization of tryptophan oxidation affecting D1 degradation by FtsH in the photosystem II quality control of chloroplasts. *Elife* **12**: RP88822. doi.org/10.7554/eLife.88822 (2023. 11.)
- (8) Sakamoto, W., Takami, T. Plastid inheritance revisited: emerging role of organelle DNA degradation in angiosperms. *Plant Cell Physiol.* doi.org/10.1093/pcp/pcad104 (2023. 9. Online preview)

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

- (1) Hirano, T., Okamoto, A., Oda, Y., Sakamoto, T., Takeda, S., Matsuura, T., Ikeda, Y., Higaki, T., Kimura, S., Sato, M. H. Ab-GALFA, A bioassay for insect gall formation using the model plant *Arabidopsis thaliana*. *Sci. Rep.* **13**: 2554. doi.org/10.1038/s41598-023-29302-8 (2023. 2.)
- (2) 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. *Journal of Genetics and Genomics* **50**: 241-252. doi.org/10.1016/j.jgg.2022.12.001 (2023. 4.)
- (3) Mori, I. C., Matsuura, T., Otao, M., Ooi, L., Nishimura Y., Hirayama, T. Application of trehalose mitigates short-styled flowers in Solanaceous crops. *J. Agric. Food Chem.* **71**: 5476-5482. doi.org/10.1021/acs.jafc.2c08479 (2023. 4.)
- (4) Himi, E., Matsuura, T., Miura, H., Yoshihara, N., Maekawa, M. A new method for detecting proanthocyanidin content in wheat reveals the relationship between R-1 gene to grain color deepness. *Cereal Chemistry* **100**: 512-521. doi.org/10.1002/cche.10629 (2023. 4.)
- (5) Ishii, C., Nagano, M., Kobayashi, M., Matsuura, T., Konishi, J., Aoki, K., Daimon, H., Mori, I. C., Fukao, Y. Wood vinegar promotes rice growth by increasing gibberellin and cytokinin levels. *The Japan Carbonization Research Society* **1**: 41-50. (2023. 4.)
- (6) Kimura, S., Vaattovaara, A., Ohshita, T., Yokoyama, K., Yoshida, K., Hui, Agnes, Kaya, H., Ozawa, A., Kobayashi, M., Mori, I. C., Ogata, Y., Ishino, Y., Sugano, S. S., Nagano, M., Fukao, Y. Zinc deficiency-induced defensin-like proteins are involved in the inhibition of root growth in *Arabidopsis*. *Plant J.* **115**: 1071-1083. doi.org/10.1111/tpj.16281 (2023. 8.)
- (7) Zhao, M., Nakamura, T., Nakamura, Y., Munemasa, S., Mori, I. C., Murata, Y. The effect of exogenous dihydroxyacetone and methylglyoxal on growth, anthocyanin accumulation, and the glyoxalase system in *Arabidopsis*. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **87**: 1323-1331. doi.org/10.1093/bbb/zbad109 (2023. 8.)
- (8) Ushio, M., Ishikawa, T., Matsuura, T., Mori, I. C., Kawai-Yamada, M., Fukao, Y., Nagano, M. MHP1 and MHL generate odd-chain fatty acids from 2-hydroxy fatty acids in sphingolipids and are related to immunity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Sci.* **336**: 111840. doi.org/10.1016/j.plantsci.2023.111840 (2023. 11.)
- (9) Ichiyanagi, K., Ikeda, Y., Saito, K. The sixth Japanese meeting on biological function and evolution through interactions between hosts and transposable elements. *Mob. DNA.* **14**: 22. doi.org/10.1186/s13100-023-00310-9 (2023. 12.)

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., Zhao, F.-J., Rengel, Z., Cakmak, I. Chapter 8 - Beneficial elements. *In* Marschner's Mineral Nutrition of Plants (Fourth Edition), Elsevier Ltd., Editor(s): Rengel, Z., Cakmak, I., White, P. J. Academic Press, pp. 387-418. **ISBN: 9780128197738** (2023. 1.)
- (2) Yu, E., Yamaji, N., Ma, J. F. Linking root morphology and anatomy with transporters for mineral element uptake in plants. *Plant and Soil* **484**: 1-12. doi.org/10.1007/s11104-022-05692-y (2023. 3.)
- (3) Hu, Y., Zhao, T., Guo, Y., Wang, M., Brachhold, K., Chu, C., Hanson, S., Lin, R., Long, W., Luo, M., Ma, J. F., ... and Zhang, Q. 100 essential questions for the future of agriculture. *Modern Agriculture* **1**: 4-12. doi.org/10.1002/moda.5 (2023. 4.)
- (4) Gao, L. J., Liu, X. P., Gao, K. K., Cui, M. Q., Zhu, H. H., Li, G. X., Yan, J. Y., Wu, Y. R., Ding, Z. J., Chen, X. W., Ma, J. F., Harberd, N. P., Zheng, S. J. ART1 and putrescine contribute to rice aluminum resistance via OsMYB30 in cell wall modification. *Journal of Integrative Plant Biology* **65**: 934-949. doi.org/10.1111/jipb.13429 (2023. 4.)
- (5) Konishi, N., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Ma, J. F. Polar localization of a rice silicon transporter requires isoleucine at both C-and N-termini as well as positively charged residues. *The Plant Cell* **35**: 2232-2250. doi.org/10.1093/plcell/koad073 (2023. 6.)
- (6) Wang, P., Ma, J. F. Knockout of a gene encoding a Gγ protein boosts alkaline tolerance in cereal crops. *aBIOTECH* **4**: 180-183. doi.org/10.1007/s42994-023-00106-8 (2023. 7.)
- (7) Ning, M., Liu, S. J., Deng, F., Huang, L., Li, H., Che, J., Yamaji, N., Hu, F., Lei, G. J. A vacuolar transporter plays important roles in zinc and cadmium accumulation in rice grain. *New Phytologist* **239**: 1919-1934. doi.org/10.1111/nph.19070 (2023. 9.)
- (8) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Huang, S., Yoshioka, Y., Miyaji, T., Ma, J. F. A silicon transporter gene required for healthy growth of rice on land. *Nature Communications* **14**: 6522. doi.org/10.1038/s41467-023-42180-y (2023. 10.)
- (9) 黄勝 イネのミネラル輸送体の機能解明. *日本土壌肥科学雑誌* **94**: 362-363. doi.org/10.20710/dojo.94.5_362 (2023. 10.)
- (10) Chang, J. D., Huang, S., Wiseno, I., Sui, F. Q., Feng, F., Zheng, L., Ma, J. F., Zhao, F. J. Dissecting the promotional effect of zinc on cadmium translocation from roots to shoots in rice. *Journal of Experimental Botany* doi.org/10.1093/jxb/erad330 (2023. 8. Online preview)
- (11) Wang, P., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Ge, J., Ma, J. F. Knockout of a rice *K5. 2* gene increases Ca accumulation in the grain. *Journal of Integrative Plant Biology* doi.org/10.1111/jipb.13587 (2023.11. Online preview)
- (12) Huang, S., Yamaji, N., Konishi, N., Ma, J. F. Local distribution of manganese to leaf sheath is mediated by OsNramp5 in rice. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.19454 (2023. 12. Online preview)

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

- (1) Tazawa, M., Katsuhara, M., Wayne, R. Calcium Control of the Hydraulic Resistances in Cells of *Chara corallina*. *Protoplasma* **260**: 299-306. doi.org/10.1007/s00709-022-01772-z (2023. 1.)
- (2) Morita, S., Tamba, N., Shibasaka, M., Sasano, S., Kadoike, T., Urase, Y., Maruyama, M., Fukuoka, A., Yanai, J., Masumura, T., Ogiwara, Y., Satoh, S., Tanaka, K., Katsuhara, M., Nakayama, H. In planta evidence that the HAK transporter OsHAK2 is involved in Na⁺ transport in rice. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry* **87**: 482-490. doi.org/10.1093/bbb/zbad020 (2023. 4.)
- (3) 且原真木・松波麻耶 根っこはどうやって水を吸収するの。根っこってなんだろう？ (中野明正 監修) pp. 10-11. **ISBN: 978-4-580-82597-0** (2023. 8.)

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., Turina, M., Chiba, S., Okada, R., Bhatti, M. F., Kotta-Loizou, I., Coutts, R. H. A., Kondo, H., Sabanadzovic, S., Suzuki, N., ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Hadakaviridae* 2023. *J. Gen. Virol.* **104**: 001820. doi.org/10.1099/jgv.0.001820 (2023. 1.)
- (2) Sato, Y., Das, S., Velasco, L., Turina, M., Osaki, H., Kotta-Loizou, I., Coutts, R. H. A., Kondo, H., Sabanadzovic, S., Suzuki, N., ICTV Report Consortium. ICTV virus taxonomy profile: *Yadokariviridae* 2023. *J. Gen. Virol.* **104**: 001826. doi.org/10.1099/jgv.0.001826 (2023. 1.)
- (3) Pallas, V., Di Serio, F., Suzuki, N. The simplest RNA replicons, viroids: A tribute to Ricardo Flores. *Virus Res.* **323**: 198996. doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198996 (2023. 1.)
- (4) Wang, H., Salaipeth, L., Miyazaki, N., Suzuki, N., Okamoto, K. Capsid structure of a fungal dsRNA megabirnavirus

- reveals its previously unidentified surface architecture. *PLoS Pathog.* **19**: e1011162. doi.org/10.1371/journal.ppat.1011162 (2023. 2.)
- (5) Kondo, H., Sugahara, H., Fujita, M., Hyodo, K., Andika, I. B., Hisano, H., Suzuki, N. Discovery and genome characterization of a closterovirus from wheat plants with yellowing leaf symptoms in Japan. *Pathogens* **12**: 358. doi.org/10.3390/pathogens12030358 (2023. 2.)
 - (6) Simmonds, P., et al. (Suzuki, N.). Four principles to establish a universal virus taxonomy. *PLoS Biol.* **21**: e3001922. doi.org/10.1371/journal.pbio.3001922 (2023. 2.)
 - (7) Raco, M., Jung, T., Horta Jung, M., Chi, N. M., Botella, L., Suzuki, N. Sequence and phylogenetic analysis of a novel alphaendornavirus, the first virus described from the oomycete plant pathogen *Phytophthora heveae*. *Arch. Virol.* **168**: 158. doi.org/10.1007/s00705-023-05786-7 (2023. 5.)
 - (8) Siddell, S. G., et al. (Suzuki, N.). Virus taxonomy and the role of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *J. Gen. Virol.* **104**: 001840. doi.org/10.1099/jgv.0.001840 (2023. 5.)
 - (9) Chiba, S., Velasco, L., Ayllón, M. A., Suzuki, N., Lee-Marzano, S. Y., Sun, L., Sabanadzovic, S., Turina, M. ICTV virus taxonomy profile: *Hypoviridae* 2023. *J. Gen. Virol.* **104**: 001848. doi.org/10.1099/jgv.0.001848 (2023. 5.)
 - (10) Zerbini, F. M., et al. (Suzuki, N.). Changes to virus taxonomy and the ICTV statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (2023). *Arch. Virol.* **168**: 175. doi.org/10.1007/s00705-023-05797-4 (2023. 6.)
 - (11) Cao, X., Wang, Z., Pang, J., Sun, L., Kondo, H., Andika, I. B. Identification of a novel dicistro-like virus associated with the roots of tomato plants. *Arch. Virol.* **168**: 214. doi.org/10.1007/s00705-023-05843-1 (2023. 7.)
 - (12) Kuhn, J. H., et al. (Kondo, H.). Annual (2023) taxonomic update of RNA-directed RNA polymerase-encoding negative-sense RNA viruses (realm Riboviria: kingdom *Orthornavirae*: phylum *Negarnaviricota*). *J. Gen. Virol.* **104**: 001864. doi.org/10.1099/jgv.0.001864 (2023. 8.)
 - (13) Cornejo, C., Otani, T., Suzuki, N., Beenken, L. *Cryphonectria carpinicola* discovered in Japan: first report of the sexual state on *Carpinus* tree. *Mycoscience* **64**: 123-127. doi.org/10.47371/mycosci.2023.07.001 (2023. 9.)
 - (14) Sato, Y., Hisano, S., Suzuki, N. Exploration of the yadokari/yadonushi nature of YkV3 and RnMBV3 in the original host and a model filamentous fungus. *Virus Res.* **334**: 199155. doi.org/10.1016/j.virusres.2023.199155 (2023. 9.)
 - (15) Andika, I. B., Tian, M., Bian, R., Cao, X., Luo, M., Kondo, H., Sun, L. Cross-kingdom interactions between plant and fungal viruses. *Annu. Rev. Virol.* **10**: 119-138. doi.org/10.1146/annurev-virology-111821-122539 (2023. 9.)
 - (16) Sato, Y., Suzuki, N. Continued mycovirus discovery expanding our understanding of virus lifestyles, symptom expression, and host defense. *Curr. Opin. Microbiol.* **75**: 102337. doi.org/10.1016/j.mib.2023.102337 (2023. 10.)
 - (17) Andika, I. B., Cao, X., Kondo, H., Sun, L. The intriguing phenomenon of cross-kingdom infections of plant and insect viruses to fungi: Can other animal viruses also cross-infect fungi? *PLoS Pathog.* **19**: e1011726. doi.org/10.1371/journal.ppat.1011726 (2023. 10.)

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

- (1) 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 (2023. 1.)
- (2) Matsushima, R., Hisano, H., Galis, I., Miura, S., Crofts, N., Takenaka, Y., Oitome, N. F., Ishimizu, T., Fujita, N., Sato, K. *FLOURY ENDOSPERM 6* mutations enhance the sugary phenotype caused by the loss of ISOAMYLASE1 in barley. *Theor. Appl. Genet.* **136**: 94. doi.org/10.1007/s00122-023-04339-5 (2023. 4.)
- (3) Aboshi, T., Ittou, K., Galis, I., Shinya, T., Murayama, T. Glucosylation prevents autotoxicity of stress inducible DOPA in maize seedlings. *Plant Growth Regul.* **101**: 159-167. doi.org/10.1007/s10725-023-01009-w (2023. 5.)
- (4) Kanda, Y., Shinya, T., Maeda, S., Mujiono, K., Hojo, Y., Tomita, K., Okada, K., Kamakura, T., Galis, I., Mori, M. BSR1, a Rice Receptor-like Cytoplasmic Kinase, Positively Regulates Defense Responses to Herbivory. *Int. J. Mol. Sci.* **24**: 10395. doi.org/10.3390/ijms241210395 (2023. 6.)
- (5) Osinde, C., Sobhy, I. S., Wari, D., Dinh, S. T., Hojo, Y., Osibe, D. A., Shinya, T., Tugume, A. K., Nsubuga, M. A., Galis, I. Comparative analysis of sorghum (C4) and rice (C3) plant headspace volatiles induced by artificial herbivory. *Plant Signal. Behav.* doi.org/10.1080/15592324.2023.2243064 (2023. 8. Online Preview)

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

- (1) Wang, P., Jia, H., Guo, T., Zhang, Y., Wang, W., Nishimura, H., Li, Z., Kawano, Y. The secreted immune response peptide 1 functions as a phytocytokine in rice immunity. *J. Exp. Bot.* **74**: 1059-1073. doi.org/10.1093/jxb/erac455 (2023. 2.)

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

- (1) Gajardo, G., Morón-López, J., Vergara, K., Ueki, S., Guzmán, L., Espinoza-González, O., Sandoval, A., Fuenzalida, G., Murillo, A. A., Riquelme, C., Camerón, H., Nagai, S., Maruyama, F., Fujiyoshi, S., Yarimizu, K., Perera, I., Kawai, M., Ávila, A., Larama, G., Gonzalez, M. A., Jorquera, M. A. The holobiome of marine harmful algal blooms (HABs): A novel ecosystem-based approach for implementing predictive capabilities and managing decisions. *Env. Sci. Pol.* **43**: 44-54. doi.org/10.1016/j.envsci.2023.02.012 (2023. 5.)
- (2) Sato, M., Seki, M., Suzuki, Y., Ueki, S. The dataset of de novo assembly and inferred functional annotation of the transcriptome of *Heterosigma akashiwo*, a bloom-forming, cosmopolitan raphidophyte. *Data in Brief* **48**: 109071. doi.org/10.1016/j.dib.2023.109071 (2023. 6.)
- (3) Tani, A., Masuda, S., Fujitani, Y., Iga, T., Haruna, Y., Kikuchi, S., Shuaile, W., Lv, H., Katayama, S., Yurimoto, H., Sakai, Y., Kato, J. Metabolism-linked methylotaxis sensors responsible for plant colonization in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *Front. Microbiol.* **14**: 1258452. doi.org/10.3389/fmicb.2023.1258452 (2023. 10.)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

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

- (1) 久野 裕・加星光子・安倍史高・佐藤和広 ゲノム編集によるムギ類種子休眠性の改良. *ゲノム編集技術：実験上のポイント／産業利用に向けた研究開発動向と安全性周知*. 情報機構. pp. 183-192. ISBN: 9784865022421 (2023. 1.)
- (2) Degu, H. D., Tehelku, T. F., Kalousova, M., Sato, K. Genetic diversity and population structure of barley landraces from Southern Ethiopia's Gumer district: Utilization for breeding and conservation. *PLoS ONE* **18**: e0279737. doi.org/10.1371/journal.pone.0279737 (2023. 1.)
- (3) Kondo, H., Sugahara, H., Fujita, M., Hyodo, K., Andika, I. B., Hisano, H., Suzuki, N. Discovery and genome characterization of a Closterovirus from wheat plants with yellowing leaf symptoms in Japan. *Pathogens* **12**: 358. doi.org/10.3390/pathogens12030358 (2023. 2.)
- (4) Koide, H., Hisano, H., Yaeno, T. CRISPR/Cas9-based generation of *mlo* mutants for allelic complementation experiments to elucidate MLO function in barley. *Journal of General Plant Pathology* **89**: 153-158. doi.org/10.1007/s10327-023-01120-w (2023. 3.)
- (5) 佐久間 俊・久野 裕 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？ *育種学研究* **25**: 41-43. (2023. 3.)
- (6) 佐藤 豊・草場 信・内藤 健・磯部祥子・有泉 亨・佐藤修正・佐藤和広・新倉 聡・赤木剛士 ゲノムと新技術により輝きを増す遺伝資源と育種学の未来. *育種学研究* **25**: 33-40. (2023. 3.)
- (7) Matsushima, R., Hisano, H., Galis, I., Miura, S., Crofts, N., Takenaka, Y., Oitome, N. F., Ishimizu, T., Fujita, N., Sato, K. *FLOURY ENDOSPERM 6* mutations enhance the sugary phenotype caused by the loss of ISOAMYLASE1 in barley. *Theoretical and Applied Genetics* **136**: 94. doi.org/10.1007/s00122-023-04339-5 (2023. 4.)
- (8) 佐藤和広・草場 信・石井孝佳・中園幹生・久野 裕・門田有希 植物の遺伝と育種 (第3版) (佐藤和広・草場 信・中園幹生 編). 朝倉書店. ISBN-13: 9784254420470 (2023. 4.)
- (9) Sato, K., Kusaba, S., Ishii, T., Nakazono, M., Hisano, H., Monden, Y. Plant Genetics and Breeding (Sato, K., Kusaba, S., Nakazono, M. eds.) Asakura Publishing. ISBN: 9784254420487 (2023. 4.)
- (10) Genievskaya, Y., Almerikova, S., Abugalieva, S., Abugalieva, A., Sato, K., Turuspekov, Y. Identification of SNPs Associated with Grain Quality Traits in Spring Barley Collection Grown in Southeastern Kazakhstan. *Agronomy* **13**: 1560. doi.org/10.3390/agronomy13061560 (2023. 6.)
- (11) Kishi-Kaboshi, M., Abe, F., Kamiya, Y., Kawaura, K., Hisano, H., Sato, K. Optimizing genome editing efficiency in wheat: Effects of heat treatments and different promoters for single guide RNA expression. *Plant Biotechnology* **40**: 237-245. doi.org/10.5511/plantbiotechnology.23.0717a (2023. 9.)
- (12) Brabham, H. J., Gómez, De La Cruz D., Were, V., Shimizu, M., Saitoh, H., Hernández-Pinzón, I., Green, P., Lorang, J., Fujisaki, K., Sato, K., Molnár, I., Šimková, H., Doležel, J., Russell, J., Taylor, J., Smoker, M., Gupta, Y. K., Wolpert, T., Talbot, N. J., Terauchi, R., Moscou, M. J. Barley *MLA3* recognizes the host-specificity effector *Pw12* from *Magnaporthe oryzae*. *Plant Cell* **koad266**. doi.org/10.1093/plcell/koad266 (2023. 10.)
- (13) Degu, H. D., Semahegn, A., Sato, K. Marker-assisted selection of one-kbp insertion at the 5' UTR region of HvAACT1 gene improves plant performance under acidic soil growth conditions in barley (*Hordeum vulgare*). *Euphytica* **219**: 122. doi.org/10.1007/s10681-023-03241-x (2023. 11.)
- (14) 佐藤和広 ムギ類の重要形質と育種. *マイコトキシン*. **74** doi.org/10.2520/myco.74-1-1 (2023. 11.)
- (15) 佐藤和広 スヴァールバル世界種子貯蔵庫. *はなとやさい* **2023** 年 **12** 月号: 29-32. (2023. 12.)
- (16) Abiko, T., Todoroki, T., Thanh, H. P. T., Nakamura, T., Haraguchi, Y., Tanaka, T., Saisho, D., Kai, H. Barley varieties

tolerant to waterlogged reduced soil show the better root growth in hypoxia, *Plant Production Science* **26**: 429-439. doi.org/10.1080/1343943X.2023.2246215 (2023. 8. Online preview)

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) Ube, N., Ishihara, A., Yabuta, Y., Taketa, S., Kato, Y., Nomura, T. Molecular identification of a laccase that catalyzes the oxidative coupling of a hydroxycinnamic acid amide for hordatine biosynthesis in barley. *Plant Journal* **115**: 1037-1050. doi.org/10.1111/tbj.16278 (2023. 5.)
- (2) 武田 真 植物科学とサイエンスコミュニケーション. 岡山大学附属図書館報 楷 **77**: 2-5. ISSN 0911-5587 (2023. 10.)
- (3) Taketa, S., Kim, J. S., Takahashi, H., Yajima, S., Koshiishi, Y., Sotome, T., Kato, T., Mochida, K. Genomic traces of Japanese malting barley breeding in two modern high-quality cultivars, 'Sukai Golden' and 'Sachiho Golden'. *Breeding Science* **73**: 435-444. doi.org/10.1270/jsbbs.23031 (2023. 12.)

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

- (1) Furuta, T., Yamamoto, T., Ashikari, M. GBScleanR: robust genotyping error correction using a hidden Markov model with error pattern recognition, *Genetics* **224**: iyad055. doi.org/10.1093/genetics/iyad055 (2023. 3.)
- (2) Michikawa, A., Okada, M., Ikeda, T. M., Nagaki, K., Yoshida, K., Takumi, S. Phenotypic effects of Am genomes in nascent synthetic hexaploids derived from interspecific crosses between durum and wild einkorn wheat. *PLOS One* **18**: e0284408. doi.org/10.1371/journal.pone.0284408 (2023. 4.)
- (3) Potlapalli, B. P., Ishii, T., Nagaki, K., Somasundaram, S., Houben, A. CRISPR-FISH: A CRISPR/Cas9-based *in situ* labeling method. In *Plant Cytogenetics and Cytogenomics*. Ed. Heitkam, T., Garcia, S. Humana New York. ISBN **9781071632253** doi.org/10.1007/978-1-0716-3226-0 (2023. 6.)
- (4) Nagata, K., Nonoue, Y., Matsubara, K., Mizobuchi, R., Ono, N., Shibaya, T., Ebana, K., Ogiso-Tanaka, E., Tanabata, T., Sugimoto, K., Taguchi-Shiobara, F., Yonemaru, J., Uga, Y., Fukuda, A., Ueda, T., Yamamoto, S., Yamanouchi, U., Takai, T., Ikka, T., Kondo, K., Hoshino, T., Yamamoto, E., Adachi, S., Sun, J., Kuya, N., Kitomi, Y., Iijima, K., Nagasaki, H., Shomura, A., Mizubayashi, T., Kitazawa, N., Hori, K., Ando, T., Yamamoto, T., Fukuoka, S., Yano, M. Development of 12 sets of chromosome segment substitution lines that enhance allele mining in Asian cultivated rice. *Breed. Sci.* **73**: 332-342. doi.org/10.1270/jsbbs.23006 (2023. 7.)
- (5) Kojima, M., Makita, N., Miyata, K., Yoshino, M., Iwase, A., Ohashi, M., Surjana, A., Kudo, T., Takeda-Kamiya, N., Toyooka, K., Miyao, A., Hirochika, H., Ando, T., Shomura, A., Yano, M., Yamamoto, T., Hobo, T., Sakakibara, H. A cell wall-localized cytokinin/purine riboside nucleosidase is involved in apoplastic cytokinin metabolism in *Oryza sativa*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A*. **120**: e2217708120. doi.org/10.1073/pnas.2217708120 (2023. 8.)

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) Uchida, K., Kim, J. S., Sato, M., Tabeta, T., Mochida, K., Hirai, M. Y. A metabolome genome-wide association study implicates histidine N-pi-methyltransferase as a key enzyme in N-methylhistidine biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Front. Plant Sci.* **14**: 1201129. doi.org/10.3389/fpls.2023.1201129 (2023. 6.)
- (2) Mega, R., Kim, J. S., Tanaka, H., Ishii, T., Abe, F., Okamoto, M. Metabolic and transcriptomic profiling during wheat seed development under progressive drought conditions. *Sci. Rep.* **13**: 15001. doi.org/10.1038/s41598-023-42093-2 (2023. 9.)
- (3) Kamal, N. M., Gorafi, Y. S. A., Tomemori, H., Kim, J. S., Elhadi, G. M. I., Tsujimoto, H. Genetic variation for grain nutritional profile and yield potential in sorghum and the possibility of selection for drought tolerance under irrigated conditions. *BMC genom.* **24**: 515. doi.org/10.1186/s12864-023-09613-w (2023. 9.)
- (4) Taketa, S., Kim, J. S., Takahashi, H., Yajima, S., Koshiishi, Y., Sotome, T., Kato, T., Mochida, K. Genomic traces of Japanese malting barley breeding in two modern high-quality cultivars, 'Sukai Golden' and 'Sachiho Golden'. *Breed. Sci.* doi.org/10.1270/jsbbs.23031 (2023. 10. Online preview)

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Scholz, M., Zinzius, K., Hippler, M. Chapter 12 - The chloroplast in a changing environment: from genome to proteome. *In* The Chlamydomonas Sourcebook (Third Edition). Grossman, A.-R., Wollman, F.-A. eds, pp. 413-442. Academic Press. **ISBN 978-0-12-821430-5** doi.org/10.1016/B978-0-12-821430-5.00017-1 (2023. 1.)
- (2) Younas, M., Scholz, M., Marchetti, G.-M., Hippler, M. Remodeling of algal photosystem I through phosphorylation. *Biosci. Rep.* **43**: BSR20220369. doi.org/10.1042/BSR20220369 (2023. 1.)
- (3) Akiyama, K., Ozawa, S.-I., Takahashi, Y., Yoshida, K., Suzuki, T., Kondo, K., Wakabayashi, Ki., Hisabori, T. Two specific domains of the γ subunit of chloroplast F_0F_1 provide redox regulation of the ATP synthesis through conformational changes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* **120**: e2218187120. doi.org/10.1073/pnas.2218187120 (2023. 2.)
- (4) Ozawa, S.-I., Buchert, F., Reuys, R., Hippler, M., Takahashi, Y. Algal PETC-Pro171-Leu suppresses electron transfer in cytochrome b_6f under acidic lumenal conditions. *Plant Physiol.* **191**: 1803-1817. doi.org/10.1093/plphys/kiac575 (2023. 3.)
- (5) Zinzius, K., Marchetti, G.-M., Fischer, R., Milrad, Y., Oltmanns, A., Kelterborn, S., Yacoby, I., Hegemann, P., Scholz, M., Hippler, M. Calredoxin regulates the chloroplast NADPH-dependent thioredoxin reductase in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol.* **193**: 2122-2140. doi.org/10.1093/plphys/kiad426 (2023. 10.)
- (6) Kato, Y., Kuroda, H., Ozawa, S.-I., Saito, K., Dogra, V., Scholz, M., Zhang, G., de Vitry, C., Ishikita, H., Kim, C., Hippler, M., Takahashi, Y., Sakamoto, W. Characterization of tryptophan oxidation affecting D1 degradation by FtsH in the photosystem II quality control of chloroplasts. *Elife* **12**: RP88822. doi.org/10.7554/eLife.88822 (2023. 11.)
- (7) Sommer, K., Reuter, S., Elinkmann, M., Kohrer, A., Quarles, C.-D., Jr., Hippler, M., Karst, U. Species-dependent uptake of gadolinium in *Chlamydomonas reinhardtii* algae. *Sci. Total Environ.* **905**: 166909. doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.166909 (2023. 12.)
- (8) Chaux, F., Jarrige, D., Rodrigues-Azevedo, M., Bujaldon, S., Caspari, O.-D., Ozawa, S.-I., Drapier, D., Vallon, O., Choquet, Y., de Vitry, C. Chloroplast ATP synthase biogenesis requires peripheral stalk subunits AtpF and ATPG and stabilization of *atpE* mRNA by OPR protein MDE1. *The Plant Journal* doi.org/10.1111/tpj.16448 (2023. 10. Online preview)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

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

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

- (1) Ogawa, Y. The function of thylakoid membrane remodeling in plant chloroplasts in optimizing photosynthesis. FY2022 International Symposium on Environmental and Life Science, Okayama, Japan, Jan. 24, 2023.
- (2) Wacera, W. F. Grain ionomics of a sorghum recombinant inbred population reveals a major QTL for differential cadmium accumulation. FY2022 International Symposium on Environmental and Life Science, Okayama, Japan, Jan. 24, 2023.
- (3) Sakamoto, W. Exploiting sorghum, a crop of African origin with cutting-edge genome technology. 60th Anniversary of Kenya-Japan Partnership Commemoration Lecture, Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology, Nairobi, Kenya, March 22, 2023.
- (4) Sakamoto, W. Exploiting sorghum, a crop of African origin with cutting-edge genome technology. Webinar Series on Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, IPB University, Indonesia (online), April 15, 2023.
- (5) Ogawa, Y., Iwano, M., Kawamoto, A., Kurisu, G., Shikanai, T., Sakamoto, W. The function of thylakoid membrane fusion by FZL protein in sustaining optimized photosynthetic electron transfer. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Makuhari, Japan, June 5-9, 2023.
- (6) Matsushima, R., Hisano, H., Galis, I., Fujita, N., Sato, K. *FLOURY ENDOSPERM 6* mutations enhance the sugary phenotype caused by the loss of *ISOAMYLASE1* in barley. The 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Oct. 8-10, 2023.
- (7) Ogawa, Y., Iwano, M., Kawamoto, A., Kurisu, G., Shikanai, T., Sakamoto, W. The functional significance of membrane remodeling at grana edges in photosynthetic responses to different light intensities in Arabidopsis. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.
- (8) Gachie, S.W., Sakamoto, W. Site-directed mutagenesis and in vivo observation of VIPP1, an ESCRT-III super family protein involved in thylakoid membrane remodeling in Arabidopsis chloroplasts. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.
- (9) Li, D., Ozawa, S. I., Sakamoto, W. Thylakoid membrane remodeling molecule VIPP1 interacts with HSP70 through its C-terminal tail in Arabidopsis. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.
- (10) Okegawa, Y., Motohashi, K., Sakamoto, W. α - and γ -type thioredoxins protect photosystem I from photoinhibition under fluctuating light. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.
- (11) Ogawa, Y., Iwano, M., Kawamoto, A., Kurisu, G., Shikanai, T., Sakamoto, W. Maintenance of thylakoid membranes and photosynthesis by FZL, a dynamin-like protein enriched on curved grana edges. Taiwan-Japan Joint Seminar on Photosynthesis Research 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 16, 2023.
- (12) Sakamoto, W. Thylakostasis: versatile roles of thylakoid membrane remodeling proteins Arabidopsis chloroplasts. 2023 International Symposium on Plant Cell and Developmental Biology, Shanghai, Jiao Tong University, Shanghai, China, Nov. 2-3, 2023.
- (13) Sakamoto, W. Thylakostasis and membrane remodeling molecules. US-Japan Binational Photosynthesis Workshop, Tempe, Arizona, USA, Nov. 6-8, 2023.
- (14) Okegawa, Y. Redox regulation of photosynthesis by the thioredoxin system in Arabidopsis. US-Japan Binational Photosynthesis Workshop, Tempe, Arizona, USA, Nov. 6-8, 2023.

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

- (1) Hirayama, T., Kim, J. S., Sorokin, A., Mochida, K. A defect in an RNA metabolic enzyme suppresses the adverse effect of the accumulation of polyadenylated mitochondrial mRNA in Arabidopsis. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
- (2) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Suzuki, N., Hirayama, T., Yamazaki, T. Functional analysis of DOG1-dependent ABA signaling cascade. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
- (3) Mamiya, A., Yamamoto, K., Kobayashi, Y., 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. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
- (4) Takayanagi, N., Arae, T., Shimizu, T., Horiguchi, G., Aida, M., Fukaki, H., Masuda, T., Notaguchi, M., Hirayama, T., Ohtani, M. Role of pre-mRNA splicing in lateral root morphogenesis regulated by plastid signal. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
- (5) Kim, J. S., Ito, J., Takahagi, K., Kanatani, A., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Inoue, K., Okada, S., Matsuura, T., Hattori, K., Ikeda, Y., Saisho, D., Tsuji, H., Hirayama, T., Sato, K., Mochida, K. Field transcriptome dynamics of

-
- barley during winter cultivation. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
- (6) Ushio, M., Ishikawa, T., Matsuura, T., Mori, I. C., Kawai-Yamada M., Fukao, Y., Nagano, M. MHP1 and MHL generate odd-chain fatty acids from 2-hydroxy fatty acids in sphingolipids in *Arabidopsis thaliana*. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), Japan, June 5-9, 2023.
 - (7) Kimura, S., Vaattovaara, A., Kaya H., Kobayashi M., Mori, I. C., Nagano M., Fukao, Y. Defensin-like proteins induced by zinc deficiency are involved in Arabidopsis root elongation. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research. Chiba (Hybrid), Japan, June 5-9, 2023.
 - (8) Ito, H., Niu, X., Ikeda, Y., Saze, H., Kanehira, R., Son, N. Novel mechanism of transposon repression by histone deacetylases. The 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba (Hybrid), June 5-9, 2023.
 - (9) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Suzuki, N., Hirayama, T., Yamazaki, T. Functional analysis of DOG1-dependent ABA signaling cascade. 15th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals, Tsukuba, Oct. 4-6, 2023.
 - (10) Hirayama, T., Saisho, D., Kim, J. S., Okada, S., Ito, J., Matsuura, T., Hattori, K., Tsuji, H., Koda, S., Nishii, R., Umezaki, T., Mochida, K. Life course monitoring of plant hormones of barleys grown in the field conditions. The 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Oct. 8-10, 2023.
 - (11) Nakamura, K., Hisano, H., Ikeda Y. Ectopic expression of *HvMADS58*, an ortholog of *AGAMOUS*, caused homeotic transformations of floral organs in Barley. The 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (12) Ito, J., Nomura, Y., Takahagi, K., Kim, J. S., Kashima, M., Okada, S., Sato, N., Shimizu, M., Saisho, D., Mochida, K., Hirayama, T., Tsuji, H. Dissection of developmental state transition in the shoot apical meristem of barley by single meristem RNA-seq, The 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Oct. 8-10, 2023.
 - (13) Takayanagi, N., Arae, T., Shimizu, T., Horiguchi, G., Aida, M., Fukaki, H. Masuda, T., Notaguchi, M., Hirayama, T., Ohtani, M. Photosynthetic activity regulates lateral root morphogenesis via pre-mRNA splicing. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
 - (14) Ikeda, Y. Regulation of DNA demethylation in *Marchantia polymorpha*. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
 - (15) Tania, S. S., Utsugi, S., Tsuchiya, Y., Sasano, S., Katsuhara, M., Mori, I. Carbon dioxide transport by Arabidopsis PIP2 aquaporins. Taiwan-Japan Plant Biology, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
 - (16) Tamaoki, M., Mori, C. M., Matsuura, T., Aono, M. Low-dose radiation promotes flowering by decreasing the levels of phytohormones. Taiwan-Japan Plant Biology, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
 - (17) Mori, A., Gaudin, V., Matsuura, T., Ikeda, Y., Tamura, K. Importin α , a nuclear transport factor, negatively regulates immunity responses in Arabidopsis. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
 - (18) Ikeda, Y. DNA de-methylation control in *Marchantia polymorpha*. International Research Network France-Japan Frontiers in Plant Biology Symposium, Kyoto, Japan, Oct. 23-24, 2023.

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

- (1) Rikiishi, K., Sugimoto, M., Maekawa, M. RNA-seq analysis of developing seeds in a wheat mutant RSD32 with reduced seed dormancy. 15th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals, Tsukuba, Japan, Oct. 4-6, 2023.
- (2) Sugimoto, M., Mita, H., Yokobori, S. Effect of anthocyanin on viability of rice seeds in space. 7th Global Moon Village Workshop & Symposium, Kurashiki & Tottori, Japan, Dec. 6-10, 2023.

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., Konishi, N. Mechanisms controlling polar localization of Si transporter in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (2) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Huang, S., Yoshioka, Y., Miyaji, T., Ma, J. F. A transporter essential for proper deposition of Si in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (3) Konishi, N., Ma, J. F. Clathrin-mediated endocytosis is not required for maintaining the polar localization of mineral transporters in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (4) Wang, P., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Konishi, N., Ma, J. F. A K^+/Ca^{2+} transporter OsSKOR is involved in Ca accumulation in rice grain. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (5) Huang, S., Yamaji, N., Konishi, N., Ma, J. F. Local distribution of manganese to leaf sheath is mediated by OsNramp5 in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (6) Ge, J., Yu, E., Che, J., Lin, S-H., Tsay, Y-F., Ma, J. F. Functional characterization of a rice NPF member, *OsNPF4.2* with

- high expression in the node. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Taipei, Taiwan, March 27-31, 2023.
- (7) Ma, J. F. Exploring mineral transporter genes for better and safe barley production. 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (8) Huang, H. L., Hisano, H., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Sato, K., Ma, J. F. *HvSPDT-L* is probably involved in redistribution of phosphorus in barley. 3rd Barley Mutant Conference, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (9) Ma, J. F. Molecular mechanisms of crops for high tolerance to mineral stresses in acid soils. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (10) Yamaji, N., Yoshioka, Y., Huang, S., Miyaji, T., Sasaki, A., Ma, J. F. OsOPT7 mediates xylem unloading of Fe for its preferential distribution in rice. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (11) Konishi, N., Ma, J. F. Posttranslational regulation of ART1 in rice. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (12) Huang, H. L., Gu, M., Hisano, H., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Huang, S., Ma, J. F. Functional characterization of two novel phosphorus transporters in barley. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (13) Che, J., Qu, Y. T., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Shen, R. F., Ma, J. F. *OsPHO1;3* mediates redistribution of phosphorus in rice. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (14) Lei, G. J., Zhou, K. X., Ma, J. F. Rice *OsRPY1* plays a negative role in P accumulation and grain yield. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.
 - (15) Liu, Z., Xia, Y., Qu, Y-T., Ma, J. F., Zhao, F-J., Shen, R. F., Che, J. A tonoplast-localized transporter OsNRAMP2 is involved in distribution of manganese to young tissues and grain. The 11th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH (PSILPH), Nanjing, China, Oct. 16-21, 2023.

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

- (1) Utsugi, S., Kawahigashi, H., Tagiri, A., Nakagawa-Kikuchi, R., Mishina, K., Morishige, H., Nakamura, S. Conserved cis-acting motifs and localization of transcripts and proteins of *MFT2* from barley and rice. 15th International Symposium on Pre-harvest Sprouting in Cereals, Tsukuba, Japan, Oct. 4-6, 2023.
- (2) Yamada, H., Bunthara, L. R., Tanaka, A., Kohama, T., Maruyama, H., Tanaka, W., Nishida, S., Sasaki, T., Wasaki, J. HalALMT1 in cluster roots formed by Phosphorus-deficient-tolerant plant, *Hakea laurina*. Royal Society of Western Australia, Student Poster Competition, University Club, University of Western Australia, Perth, Australia, Oct. 6-7, 2023.
- (3) Yamada, H., Bunthara, L. R., Tanaka, A., Kohama, T., Maruyama, H., Tanaka, W., Nishida, S., Sasaki, T., Wasaki, J. HalALMT1 encoding malate transporter in cluster roots formed by *Hakea laurina*. The Biodiversity Conference 2023, Perth, Australia, Oct. 10-12, 2023.
- (4) Tran, T. H. S., Ono, S., Tomoaki, H., Katsuhara, M. Identification, characterization, and molecular mechanisms of ion-channel aquaporins in plants. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct.13-16, 2023.
- (5) Ono, S., Katsuhara, M. Na ion and K ion transport mechanism of ion channel aquaporins. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
- (6) Imran, S., Ono, S., Tomoaki, H., Katsuhara, M. Salt-tolerant Pokkali Rice OsHKT1;1 Variants: Expression and Ion Transport Activity. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct.13-16, 2023.
- (7) Tania, S. S., Utsugi, S., Tsuchiya, Y., Sasano, S., Katsuhara, M., Mori, I. Carbon dioxide transport by Arabidopsis PIP2 aquaporins. Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taipei, Taiwan, Oct. 13-16, 2023.
- (8) Katsuhara, M. Plant molecular physiology of salt stress and salt tolerance mechanisms. The 6th IBOC International Biology Conference 2023, Surabaya, Indonesia (Online), Oct. 25, 2023.
- (9) Yamada, H., Bunthara, L. R., Tanaka, A., Kohama, T., Maruyama, H., Tanaka, W., Nishida, S., Sasaki, T., Wasaki, J. Malate release in cluster root formed by *Hakea laurina*. Australian Society of Plant Scientists Conference 28th Hobart, Australia, Nov. 28 - Dec. 1, 2023.

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) Gil-Cantero, D., Novoa, G., Martínez-Romero, J. M., Luque, D., Suzuki, N., Castón, J. R. Structure and assembly of fungal dsRNA viruses. 8th European Congress of Virology, Gdansk, Poland, May 4-7, 2023.
- (2) Hatvani, L., Kondo, H., Suzuki, N., Kocsubé, S., Grogan, H. Viruses in the causal agents of dry bubble disease: Novel candidates for biological candidates for biological pest management. Mushroom Days, Brabant Hallen 's-Hertogenbosch, Netherlands, May 10-12, 2023.
- (3) Sato, Y., Suzuki, N. Yadokari/yadonushi nature: A virus in a virus in a fungus in a plant. The Second International Molecular Plant Protection Congress, Orhangazi-Türkiye, Turkey, May 14-21, 2023.
- (4) Kondo, H. Screening for viruses in RNA-Seq data. Mini-symposium on *Armillaria* viruses, Swiss Federal Research Institute WSL, Zurich, Switzerland, June 20, 2023.
- (5) Fadli, M., Hisano, S., Kondo, H., Suzuki, N. Possible yadonushi/yadokari nature observed in a Japanese strain NBRC 4031 of *Aspergillus foetidus*. The 42nd Annual Meeting of the American Society for Virology 2023, Athens, Georgia, USA, June 24-28, 2023.
- (6) Telengech, P. K., Hyodo, K., Ichikawa, H., Kondo, H., Suzuki, N. Replication of single partitiviruses in hosts across three kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. The 42nd Annual Meeting of the American Society for Virology 2023, Athens, Georgia, USA, June 24-28, 2023.
- (7) Telengech, P. K., Hyodo, K., Ichikawa, H., Kondo, H., Suzuki, N. Replication of single partitiviruses in hosts across three kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. 2023 IPSR International Forum on Plant Stress Sciences by/for Junior Researchers, IPSR, Kurashiki, Japan, Dec. 1, 2023.

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

- (1) Unoki, M., Inagaki, H., Miyamoto, K., Takaoka, Y., Shinya, T., Galis, I., Nozawa, A., Sawasaki, T., Nojiri, H., Ueda, M., Okada, K. Conserved transcriptional regulation system on the momilactone biosynthetic pathway in the moss with distinct oxylipins as ligands. 24th International Conference on Plant Growth Substances (IPGSA 2023), Gyeongju, Korea, July 4-8, 2023.
- (2) Liu, Y., Yamamoto, N., Mori, M., Kuroda, M., Miyamoto, K., Wari, D., Shinya, T., Galis, I., Arimura, G. I., Sakamoto, T., Nojiri, H., Okada, K. Fate of diterpenoid phytoalexins: from induced biosynthesis to degradation, TERPNET 2023, Davis, CA, Kazakhstan, July 31- Aug. 4, 2023.
- (3) Galis, I. A path for the use of natural products in plant protection against insect herbivores. 3rd International Conference On Tropical Agrifood, Feed & Fuel (ICTAFF) 2023, Balikpapan, Indonesia, Sep. 19, 2023.

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

- (1) Pichaikarn, R., Tani, A. Isolation Characterisation of Barley Root-associated Bacteria. Plant Microbiota Research Network (PMRN), Online. Aug. 25, 2023.
- (2) Grossi, E. M. C., Tani, A., Ulloa, M. R. Signal crosstalk between *Methylobacterium* sp. 2A and *Arabidopsis thaliana*. Plant Microbiota Research Network (PMRN), Online, Aug. 25, 2023.
- (3) Usami, F., Ohara, S., Kondo, K., Onduka, T., Koike, K., Ueki, S. Characterization of marine bacteria that support growth of *Heterosigma akashiwo* under phosphate-limiting conditions. The 20th International Conference on Harmful Algae, Hiroshima, Nov. 5-10, 2023.
- (4) Kishiro, K., Tani, A. Violacein production and its ecological advantages in a barley-root isolate, *Duganella* sp. R57. The 36th JSME and the 13th ASME, Hamamatsu, Shizuoka, Nov. 27-30, 2023.
- (5) Fukuyama, S., Usami, F., Ohara, S., Onduka, T., Kondo, K., Koike, K., Ueki, S. A marine bacterium promotes the growth of a bloom-forming phytoplankton under phosphorus-depletion. The 36th JSME and the 13th ASME, Hamamatsu, Shizuoka, Nov. 27-30, 2023.

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. Regulation of pre-harvest sprouting by targeted mutagenesis of grain dormancy genes in barley. 15th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals, Tsukuba, Japan, Oct. 4-6, 2023.
- (2) Asuke, S., Tagle, G. A., Hyon, G. S., Niwamoto, D., Hisano, H., Sato, K., Tosa, Y. Cloning of *Rmo2*, a gene for resistance

-
- of barley to various host species-specific pathotypes of the blast fungus. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
- (3) Hamada, Y., Anwar, N., Chen, G., Mishina, K., Sakuma, S., Nagano, A. J., Fukuoka, S., Milner, S., Hisano, H., Ning, S., Pourkheirandish, M., Tagiri, A., Kikuchi, S., Sassa, S., Mascher, M., Sato, K., Oono, Y., Koba, T., Komatsuda, T. Identification of *Super-open flowering 1* mutant gene in barley. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (4) Ma, J. F., Fujii-Kashino, M., Lei, G. J., Gu, M., Huang, H. L., Yamaji, N., Hisano, H., Saisho, D., Sato, K. Exploring mineral transporter genes for better and safe barley production. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (5) Abe, F., Kishi-Kaboshi, M., Yamaji, N., Chono, M., Hisano, H., Sato, K. Genome editing of *TaQsd1* in common wheat. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (6) Hisano, H. Regulation of pre-harvest sprouting by site-directed mutagenesis of grain dormancy genes in barley. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (7) Huang, H. L., Hisano, H., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Sato, K., Ma, J. F. *HvSPDT-L* is probably involved in redistribution of phosphorus in barley. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (8) Islam, M. T., Asuke, S., Hisano, H., Sato, K., Tosa, Y. A novel resistance resource found in Sv196, a Turkish accession of barley (*Hordeum vulgare*), conferring resistance against *Triticum* isolates of *Pyricularia oryzae*. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (9) Matsushima, R., Hisano, H., Galis, I., Fujita, N., Sato, K. *FLOURY ENDOSPERM 6* mutations enhance the sugary phenotype caused by the loss of *ISOAMYLASE1* in barley. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (10) Nakamura, K., Hisano, H., Ikeda, Y. Ectopic expression of *HvMADS58*, an ortholog of *AGAMOUS*, caused homeotic transformations of floral organs in barley. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (11) Hisano, H., Sato, K. National Bioresource Project –Barley– Genetic resources for research of barley genome diversity. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (12) Saisho, D., Okada, Y. Empirical genetic research for sustainable barley production under warming environment. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (13) Hirayama, T., Saisho, D., Kim, J. S., Okada, S., Ito, J., Matsuura, T., Hattori, K., Tsuji, H., Koda, S., Nishii, R., Umezaki, T., Mochida, K. Life course monitoring of plant hormones of barleys grown in the field conditions. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 8-10, 2023.
 - (14) Ito, J., Nomura, Y., Takahagi, K., Kim, J. S., Kashima, M., Okada, S., Sato, N., Shimizu, M., Saisho, D., Mochida, K., Hirayama, T., Tsuji, H. Dissection of developmental state transition in the shoot apical meristem of barley by single meristem RNA-seq. The 3rd Barley Mutant Conference 2023, Kurashiki, Japan, Oct. 9-10, 2023.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) Taketa, S. Barley diversity preserved in genebanks is indispensable for gene hunting and pre-breeding. Use of Genetic Resources in Breeding for Climate Change in the Nordic Region- Why Research and Innovation Do Matter, NordGen PPP Conference, Malmö, Sweden (Hybrid), Feb. 1-2, 2023.
- (2) Taketa, S. *Barley albino lemma 1* mutants. The 3rd Barley Mutant Conference (3BMC), Kurashiki, Japan, Oct. 9-10, 2023.

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

- (1) Zhang, Q., Furuta, T., Kashihara, K., Ogawa, D., Yonemaru, J., Ma, J. F., Yamamoto, T. GWAS for elemental composition in rice grain and straw across two multi-parental populations. IPSR International Forum on Plant Stress Sciences 2023, Kurashiki, Okayama, Dec. 1, 2023.

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., Ito, J., Takahagi, K., Kanatani, A., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Inoue, K., Okada, S., Matsuura, T., Hattori, K., Ikeda, Y., Saisho, D., Tsuji, H., Hirayama, T., Sato, K., Mochida, K. Field transcriptome dynamics of barley during winter cultivation. 33rd International Conference on Arabidopsis Research, Chiba, Japan, June 5-9, 2023.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Hippler, M. The 20th International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Princeton, New Jersey, the USA, June 4-9, 2023.
- (2) Hippler, M. Nordic Algae Symposium and the Nordic Photosynthesis Congress, Umeå, Sweden, June 19-21, 2023.
- (3) Hippler, M. European Photosynthesis Workshop 2023, Lautrach, Germany, July 11-17, 2023.
- (4) Hippler, M. Perspectives in Bioenergetics, Study Group "Bioenergetics" of the German Biochemical Society, Rauschholhausen, Germany, Sep. 25-27, 2023.

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) 小川 由・岩野 恵・川本晃大・栗栖源嗣・鹿内利治・坂本 亘 シロイヌナズナのグラナマージン局在性ダイナミン様タンパク質 FZL によるチラコイド膜の維持. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (2) 八木宏樹・吉田善葵・三原衣織・高見常明・坂本 亘・嶋田知生・西村いくこ・上田晴子 ICP-MS によるシロイヌナズナ分泌液のイオノーム解析. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (3) 桶川友季・佐藤 望・本橋 健・坂本 亘 シロイヌナズナの x -型, y -型チオレドキシン欠損変異株の解析. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (4) 高見常明・坂本 亘 オルガネラ DNA 分解異常が引き起こすオートファジー変異株早枯れ表現型の抑制機構について. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (5) Islam, M. F., Yamatani, H., Takami, T., Kusaba, M., Sakamoto W. Characterization of rice mutants lacking organelle exonuclease DPD1. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (6) 松島 良・久野 裕・金 俊植・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 多重変異体を用いたオオムギ澱粉変異の遺伝的相互作用解析. 第 143 回 日本育種学会 (春季大会), 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (7) Li, D., Sakamoto, W. Co-immunoprecipitation analysis of the protein interacting with VIPP1 involved in thylakoid membrane remodeling. 第 13 回日本光合成学会, 名古屋, 6 月 3-4 日, 2023.
- (8) 小川 由・岩野 恵・鹿内利治・坂本 亘 グラナマージン局在性膜リモデリングタンパク質 FZL は過剰な pmf 存在下でチラコイド膜を保護する. 第 13 回日本光合成学会, 名古屋, 6 月 3-4 日, 2023.
- (9) 桶川友季・本橋 健・坂本 亘 x -型および y -型チオレドキシンは光化学系 I の電子受容体側の制御に寄与する. 第 13 回日本光合成学会, 名古屋, 6 月 3-4 日, 2023.
- (10) 小川 由 「光合成の足場」チラコイド膜を整備する膜リモデリングタンパク質. 第 28 回光合成学会若手の会セミナー, 伊東, 11 月 11-12 日, 2023.
- (11) 松島 良・久野 裕・金 俊植・David Seung・藤田直子・佐藤和広 オオムギにおける澱粉関連酵素の多重変異体の解析. 第 18 回ムギ類研究会, 瀬田, 12 月 23-24 日, 2023.

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

- (1) 森 泉 岡山大における植物ホルモン定量解析の取り組み. 第 64 回日本植物生理学会 植物ホルモン分析ワークショップ, 仙台, 3 月 14 日, 2023.
- (2) 光本晏理・宇都木繁子・土屋善幸・且原真木 トマト原形質膜局在型アクアポリンの CO₂ 輸送活性の解析. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (3) 平山隆志・金 俊植・持田恵一 ミトコンドリアにおける polyA 付加 mRNA の蓄積の影響を抑制するシロイヌナズナの変異について. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (4) 間宮章仁・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のシトクロム c 成熟に関わる mRNA 編集とポリ A 付加の関係性について. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (5) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・小竹敬久・武田 真・池田陽子 オオムギの芒形成を担うエピゲノム制御因子. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (6) 平田峻也・大河優奈・池田陽子・西村泰介・小林括平・賀屋秀隆 シロイヌナズナにおける *de novo* DNA メチル化技術の開発. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (7) 槻木竜二・池田陽子・森 仁志 転写伸長過程に着目した幹細胞らしさの生化学的解析. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (8) 氷見英子・松浦恭和・三浦秀穂・吉原尚哉・前川雅彦 コムギの種子色に及ぼす R-1 の遺伝子量効果. 日本育種学会 第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (9) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・小竹敬久・武田 真・池田陽子 エピゲノム制御が担うオオムギの芒形成. 第 1 回植物生理若手の会, 千葉, 8 月 9-10 日, 2023.
- (10) 池田陽子 ゼニゴケの DNA メチル化とトランスポゾン. 転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化 (第 6 回転移因子研究会), 8 月 24-25 日, 2023.
- (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・Mathieu Olivier・大和勝幸 ゼニゴケにおける生殖を介した DNA メチル化の伝達機構. 日本植物学会第 87 回大会, 札幌, 9 月 7-9 日, 2023.
- (12) 平田峻也・大河優奈・池田陽子・西村泰介・小林括平・賀屋秀隆 DNA メチル化酵素を用いたシロイヌナズナにおける *de novo* DNA メチル化技術の試み. 日本植物学会第 87 回大会, 札幌, 9 月 7-9 日, 2023.
- (13) 森 愛理・Gaudin Valerie・松浦恭和・池田陽子・田村謙太郎 植物の免疫応答におけるインポーチン α の役割. 日本植物学会第 87 回大会, 札幌, 9 月 7-9 日, 2023.

-
- (14) 井藤 純・野村有子・高萩航太郎・金 俊植・鹿島 誠・岡田聡史・佐藤奈緒・清水みなみ・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 シングルメリステム RNA-seq 解析によるオオムギ茎頂メリステムの発生ステート推移の解明. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
 - (15) 中村光希・菊池優一・白神美瑞穂・小竹敬久・武田 真・池田陽子 エピゲノム制御を介したオオムギの芒形成機構の解析. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
 - (16) 甲斐浩臣・尾上明日香・松浦恭和・最相大輔・田中 剛・原口雄飛・轟 貴智・安彦友美 オオムギにおける物理的な刺激による種子休眠の覚醒と植物ホルモンの発消長. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
 - (17) 間宮章仁・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 mRNA のポリ A 付加はシトクロム c 成熟因子 ccb3/ccmC の mRNA 編集抑制によりシトクロム呼吸経路を負に制御する. 第 46 回日本分子生物学会, 神戸, 12 月 6-8 日, 2023.

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

- (1) 杉本 学・力石和英・近藤雄基 酸化ヌクレオチド消去をするイネ OsNUDX2 の転写エラー抑制機能. 日本宇宙生物科学会第 37 回大会, 長崎, 9 月 22-24 日, 2023.
- (2) 鈴木克周・清川一矢・山條貴史・力石和英 コムギ内生菌アグロバクテリウムのサイトカイニン合成と合成遺伝子クラスター. 第 46 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 6-8 日, 2023.

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) 山地直樹・三谷奈見季・小西範幸・馬 建鋒 イネのケイ素吸収を制御する長距離シグナルタンパク質の同定. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (2) 小西範幸・馬 建鋒 イネケイ酸輸送体 Lsi1 の偏在制御に対するホスファチジン酸の関与の検討. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (3) Huang, S., Yamaji, N., Ma, J. F. OsMGT2 mediates the translocation and preferential distribution of magnesium in rice. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (4) Huang, H., Hisano, H., Huang, S., Mitani-Ueno, N., Sato, K., Yamaji, N., Ma, J. F. Functional characterization of two genes involved in phosphorus loading into barley grains. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (5) Ge, J., Ma, J. F. Physiological and molecular characterization of high Mn tolerance in Cd/Zn hyperaccumulator *Sedum alfredii*. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (6) 藤井理樹・山地直樹・馬 建鋒 イネのホウ酸吸収と根の形態及び構造との関連. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台, 3 月 15-17 日, 2023.
- (7) 黄 勝 イネのミネラル輸送体の機能解明. 日本土壌肥料学会奨励賞, 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (8) 山地直樹・櫻井 玄・三谷奈見季・黄 勝・馬 建鋒 イネのケイ酸チャネル Lsi6 の変異体を用いたケイ素吸収・分配制御の詳細解析. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (9) 三谷奈見季・山地直樹・小西範幸・馬 建鋒 ケイ素応答性長距離シグナルの同定. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (10) 小西範幸・馬 建鋒 アルミニウム処理による ART1 のリン酸化と核蓄積. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (11) 黄 衡亮・久野 裕・三谷奈見季・馬 建鋒 Functional characterization of a *HvSPDT*-like gene in barley. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (12) 葛 俊・車 景・余 恩・林 珊華・蔡 宜芳・馬 建鋒 Functional characterization of a rice NPF member, OsNPF4.2 with high expression in the node. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (13) 井上晋一郎・林 真妃・黄 勝・横正健剛・奥村将樹・木下俊則・馬 建鋒 シロイヌナズナにおける液胞へのマグネシウム輸送調節機構の解明. 日本土壌肥料学会 2023 年度愛媛大会, 愛媛, 9 月 12-14 日, 2023.
- (14) 馬 建鋒 作物のミネラル輸送機構. 紫綬褒章受賞講演, 第 119 回日本土壌肥料学会関西支部講演会, 神戸, 12 月 7 日, 2023.

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

- (1) 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 サブファミリーの水輸送活性調節と種子発達と発芽への影響. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (オンライン), 3 月 13, 15-17 日, 2023.
- (2) 小野峻太郎・且原真木 イオン透過性アクアポリンの Na⁺ イオンおよび K⁺ イオン輸送メカニズム. 第 64 回日本植物

-
- 生理学会, 仙台 (オンライン), 3月13, 15-17日, 2023.
- (3) 佐藤良介・榊原 光・水口慎太郎・御堂育子・鈴木孝征・堀部貴紀・柘植尚志・且原真木・前島正義 サボテンの高温・乾燥耐性を支えるアクアポリンの組織分布と生理機能の解析. 第64回日本植物生理学会, 仙台 (オンライン), 3月13, 15-17日, 2023.
 - (4) 光本晏理・宇都木繁子・土屋善幸・且原真木・森 泉 トマト原形質膜局在型アクアポリンのCO₂輸送活性の解析. 第64回日本植物生理学会, 仙台 (オンライン), 3月13, 15-17日, 2023.
 - (5) Sasaki, T., Yamamoto, Y., Mori, I. C. Functional analyses of guard-cell-type ALMT proteins. 第64回日本植物生理学会, 仙台, 3月13, 15-17日, 2023.
 - (6) 且原真木・Sen Tran・小野修太郎・堀江智明 植物のイオン輸送性アクアポリン. 第17回トランスポーター研究会, 名古屋, 5月27日, 2023.
 - (7) 大西亜耶・且原真木 耐塩性オオムギの根水透過性 (L_p) 下方制御に関わるアクアポリン HvPIP2;1 の Phos-tag® SDS-PAGE を使ったリン酸化解析. 第17回トランスポーター研究会, 名古屋, 5月27日, 2023.
 - (8) 山田大綱・Lydia Ratna Bunthara・田中 輝・小濱卓郎・丸山隼人・田中若菜・西田 翔・佐々木孝行・和崎 淳 低リン耐性種 *Hakea laurina* のリンゴ酸輸送体 HalALMT1 の機能解析. 植物の栄養研究会, 北海道大学, 9月5-6日, 2023.
 - (9) 我妻忠雄・Toan Nguyen Sy・程 為国・田原 恒・且原真木・土屋善幸・俵谷圭太郎 根圏でのH₂O₂とFeによるFenton反応を制御して、有機質資源利用と地球温暖化阻止を進める. 日本土壌肥料学会2023年度愛媛大会, 松山, 9月12-14日, 2023.
 - (10) 山田大綱・Lydia Ratna Bunthara・田中 輝・小濱卓郎・丸山隼人・田中若菜・西田 翔・佐々木孝行・和崎 淳 低リン耐性植物 *Hakea laurina* が形成するクラスター根における HalALMT1 の機能解析. 日本土壌肥料学会2023年度愛媛大会, 松山, 9月12-14日, 2023.

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) Teklengech, P. K., Hyodo, K., Ichikawa, H., Kondo, H., Suzuki, N. Replication of single partitiviruses in hosts across three kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. The Online Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Tokyo University of Agriculture, Atsugi, Kanagawa (Online), March 27-29, 2023.
- (2) 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*. The Online Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Tokyo University of Agriculture, Atsugi, Kanagawa (Online), March 27-29, 2023.
- (3) Hatvani, L., Kondo, H., Grogan, H., Suzuki, N. Examination of the potential impact of mycoviruses on the mushroom pathogenic fungus *Lecanicillium fungicola*. The 37th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Tokushima University Medical School, Tokushima, Sep. 2-3, 2023.
- (4) 鈴木信弘 部会長講演 ネオウイルス学から植物病理学へ. 令和5年度日本植物病理学会関西西部会, 近畿大学農学部, 奈良, 9月23-24日, 2023.
- (5) Abbhi Vanshika・佐藤友理沙・金森光太郎・水谷行善・佐藤育男・竹本大吾・近藤秀樹・鈴木信弘・須賀晴久・千葉壮太郎 FbLFV1 および D-RNA コードタンパク質は協調的に宿主 *Fusarium boothii* の生育阻害と病原性低下を誘導する. 令和5年度日本植物病理学会関西西部会, 近畿大学農学部, 奈良, 9月23-24日, 2023.
- (6) 上田 茜・ニアン ソックティ・佐藤育男・竹本大吾・鈴木信弘・千葉壮太郎 *Neurospora crassa* 無細胞タンパク質合成系での菌類ウイルス IRES 活性の立証. 令和5年度日本植物病理学会関西西部会, 近畿大学農学部, 奈良, 9月23-24日, 2023.
- (7) 近藤花保・佐藤育男・竹本大吾・近藤秀樹・千葉壮太郎 BNYVV 病原性セグメント RNA3 を標的としたクロスプロテクションの検討. 令和5年度日本植物病理学会関西西部会, 近畿大学農学部, 奈良, 9月23-24日, 2023.
- (8) Hatvani, L., Kondo, H., Grogan, H., Suzuki, N. Viruses host viruses: Diverse dsRNA viruses host specific capsidless(+) ssRNA yadokariviruses. The 70th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Sendai International Center, Sendai, Sep. 26-28, 2023.
- (9) Teklengech, P. K., Hyodo, K., Ichikawa, H., Kondo, H., Suzuki, N. Replication of single partitiviruses in hosts across three terrestrial kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. The 70th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Sendai International Center, Sendai, Sep. 26-28, 2023.

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

- (1) Wari, D., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Galis, I. Brown planthopper harbors an abundance of microbes for utilization as innovative source of plant defense elicitors. 第64回日本植物生理学会年会, 仙台 (ハイブリッド), 3月10-17日,

2023.

- (2) Osibe, D. A., Hojo, Y., Shinya, T., Galis, I. Rapid silicon distribution and defense in rice exposed to herbivory stress. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (3) 松島 良・久野 裕・金 俊植・Galis Ivan・三浦聡子・クロフツ尚子・迫留那緒子・藤田直子・佐藤和広 多重変異体を用いたオオムギ澱粉変異の遺伝的相互作用解析. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (4) 神田恭和・新屋友規・前田 哲・Mujiono Kadis・北條優子・富田啓介・岡田憲典・鎌倉高志・Galis Ivan・森 昌樹 イネ複合病害抵抗性遺伝子 BSR1 の過剰発現は植食性昆虫に対するファイトアレキシン蓄積および抵抗性を向上させる. 令和 5 年度日本植物病理学会大会, 厚木 (オンライン), 3 月 27-29 日, 2023.
- (5) 新屋友規 植物の昆虫食害認識における腸内細菌の関与. 第 120 回醸酵学懇話会, 大阪, 8 月 8 日, 2023.
- (6) 新屋友規 植物はどのような分子を認識することで昆虫食害を感知するのか? 第 17 回関西創農業研究会, 草津, 10 月 13 日, 2023.
- (7) 出崎能丈・吉岡裕司・林 海斗・二宮直也・野澤 彰・澤崎達也・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 RALF ペプチド / マレクチン型受容体キナーゼを介した害虫抵抗性機構の解析. 生物環境イノベーション研究部門 第 4 回シンポジウム, 東京, 10 月 27 日, 2023.
- (8) 遠藤有希子・田中未来・谷村香織・出崎能丈・小澤理香・Maffei Massimo・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 ナミハダニ分泌エリクター「テトラニン」が担う植物防御応答の調整機構. 生物環境イノベーション研究部門 第 4 回シンポジウム, 東京, 10 月 27 日, 2023.
- (9) 遠藤有希子・田中未来・谷村香織・出崎能丈・小澤理香・Maffei Massimo・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 ナミハダニ分泌エリクター「テトラニン」の植物-植食者共適応機構における機能. 植物化学調節学会第 58 回大会, 川崎, 11 月 17-19 日, 2023.
- (10) 出崎能丈・吉岡裕司・林 海斗・二宮直也・野澤 彰・澤崎達也・新屋友規・Galis Ivan・有村源一郎 RALF ペプチド / マレクチン型受容体キナーゼを介した害虫抵抗性機構の解明. 植物化学調節学会第 58 回大会, 川崎, 11 月 17-19 日, 2023.

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

- (1) Fukada, F., Rössel, N., Glatter, T., Münch, K., Happel, P., Kahmann, R. A secreted virulence effector protein of the biotrophic fungal plant pathogen *Ustilago maydis*. 第 96 回日本細菌学会, 姫路, 3 月 16-18 日, 2023.
- (2) Pingyu Wang・河野洋治 分泌ペプチド IRP1 はイネ免疫の サイトカインとして働く. 令和 5 年度日本植物病理学会大会, 神奈川 (オンライン), 3 月 27 日, 2023.

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 harbors an abundance of microbes for utilization as innovative source of plant defense elicitors. 第 64 回日本植物生理学会年会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 10-17 日, 2023.
- (2) 藤谷良子・柴田 猛・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A における Lanmodulin の機能解析. 日本農芸化学会 2023 年度大会, 広島 (オンライン), 3 月 14-17 日, 2023.

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・加星光子・安倍史高・濱岡美香・宗森広美・八丈野 孝・Jochen Kumlehn・佐藤和広 近接ガイド RNA を使用した CRISPR/Cas9 法によるオオムギの高効率標的変異導入. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (2) 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 多重変異体を用いたオオムギ澱粉変異の遺伝的相互作用解析. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (3) 加星光子・安倍史高・蝶野真喜子・久野 裕・佐藤和広 ゲノム編集で作出した *TaQsd1* 三重変異を持つコムギの野外栽培での休眠性評価. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (4) 最相大輔・岡田吉弘 温暖化環境で生じるオオムギ一穂粒数低下に関わる QTL の検出. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (5) 久野 裕 オオムギの組織分化における色素体制御の解明に向けて. 日本植物学会第 87 回大会・シンポジウム, 北海道, 9 月 7-9 日, 2023.
- (6) 加星光子・安倍史高・山地奈美・蝶野真喜子・久野 裕・佐藤和広 ゲノム編集で作出した *TaQsd1* 三重変異を持つコムギの実験環境と野外栽培での形質評価. 第 40 回日本植物バイオテクノロジー学会大会, 千葉, 9 月 10-13 日,

2023

- (7) 久野 裕・坂井寛章・濱岡美香・宗森広美・安倍史高・佐藤和広・Patrick M. Hayes 標的変異導入による醸造用裸性オオムギの創出. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
- (8) 白土寛子・最相大輔・久野 裕 土壌 pH がオオムギの農業関連形質に及ぼす影響. 第 15 回中国地域育種談話会, 鳥取, 9 月 23-24 日, 2023.
- (9) 澤田真衣・久野 裕・佐久間 俊 Golden Promise から新たに見つかった六条突然変異体の遺伝解析. 第 15 回中国地域育種談話会, 鳥取, 9 月 23-24 日, 2023.
- (10) 小出陽菜・長野眞依・渡邊隆文・小林括平・吉田健太郎・久野 裕・八丈野 孝 GCaMP6f を利用したオオムギうどんこ病菌侵入抵抗性におけるカルシウムイオンの動態解析. 令和 5 年度日本植物病理学会関西支部会, 近畿大学, 9 月 23-24 日, 2023.
- (11) 久野 裕・金 俊植・永田典子・松島 良・藤井 祥・岩瀬 哲・八丈野 孝・小林康一 オオムギのプラスチド相転換ダイナミクス ～組織分化における色素体制御を明らかにする～. 第 18 回ムギ類研究会, 龍谷大学, 12 月 23-24 日, 2023.
- (12) 白土寛子・最相大輔・久野 裕 酸性土壌およびアルカリ性土壌で栽培したオオムギの農業関連形質に関する遺伝学的解析. 第 18 回ムギ類研究会, 龍谷大学, 12 月 23-24 日, 2023.
- (13) Rajaei, N., Hisano, H., Taketa, S. Genetic analysis of Japanese semi-dwarf and stiff culm barley accessions with a focus on the cultivar 'Haganemugi'. 第 18 回ムギ類研究会, 龍谷大学, 12 月 23-24 日, 2023.
- (14) 加星光子・安倍史高・神谷容子・川浦香奈子・久野 裕・佐藤和広・水野信之・小林史典・吉田健太郎・松岡由浩・宅見薫雄 コムギのゲノム編集効率の向上と合成コムギのゲノム編集系の開発. 第 18 回ムギ類研究会, 龍谷大学, 12 月 23-24 日, 2023.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) 山本敏央・古田智敬・柏原壱成・張 乾・山本英司・大谷寿一・溝淵律子・小川大輔・米丸淳一・矢野昌裕 イネゲノムシャッフルリング集団の遺伝構造. 日本育種学会第 143 回講演会, 静岡, 3 月 17-18 日, 2023.
- (2) 鳴坂真理・関根健太郎・畑中唯史・長岐清孝・鳴坂義弘 ゲットウ由来プロアントシアニジンを利用した新規抗植物ウイルス剤の開発研究. 令和 5 年度日本植物病理学会大会, オンライン開催, 3 月 27-29 日, 2023.
- (3) 長岐清孝・田中啓介・赤木剛士・杉山立志・和久井健司 ショウガセントロメア領域の解析. 日本遺伝学会第 95 回大会, 熊本, 9 月 6-8 日, 2023.
- (4) 古田智敬・佐藤 豊・吉村 淳・芦荊基行 アジアイネゲノムとの網羅的オーソログ解析に基づくアフリカイネゲノムの特徴づけ. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
- (5) 岡 大晴・古田智敬・牟 竑瑞・柏原壱成・長岐清孝・貴島祐治・山本敏央 イネ種間雑種 4 倍体の後代分離集団の GWAS 結果から予測される QTL の dosage 効果とヘテロシス. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸市, 9 月 16-17 日, 2023.
- (6) Mu, H., Furuta, T., Oka, T., Nagaki, K., Kishima, Y., Yamamoto, T. Comparison of gene expression profiles between interspecific tetraploid rice and its cultivated rice parents. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
- (7) 岡 大晴・古田智敬・柏原壱成・牟 竑瑞・貴島祐治・長岐清孝・山本敏央 *O. sativa* と *O. glaberrima* の 4 倍体種間雑種イネで見いだされた種子および花粉稔性の向上に関わる遺伝領域. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸, 9 月 16-17 日, 2023.
- (8) Zhang, Q., Furuta, T., Kashihara, K., Ogawa, D., Yonemaru, J., Ma, J. F., Yamamoto, T. Comparison of QTLs of elemental content in rice grain and straw estimated by GWAS of two multi-parental populations. 日本育種学会第 144 回講演会, 神戸市, 9 月 16-17 日, 2023.
- (9) Mu, H., Furuta, T., Oka, T., Nagaki, K., Kishima, Y., Kato, H., Koshiishi Y., Yamamoto, T. Differentially expression analysis between synthetic interspecific hybrids and its cultivated parents in rice. 第 15 回中国地区育種談話会, 鳥取, 9 月 23 日, 2023.
- (10) Zhang, Q., Furuta, T., Kashihara, K., Ogawa, D., Yonemaru, J., Ma, J. F., Yamamoto, T. Comparison of phenotypes and haplotypes at candidate gene loci involving elemental contents revealed by rice multi-parental populations. 第 15 回中国地区育種談話会, 鳥取, 9 月 23 日, 2023.
- (11) 岡 大晴・古田智敬・牟 竑瑞・柏原壱成・長岐清孝・貴島祐治・山本敏央 イネ種間雑種 4 倍体の後代分離集団で検出された農業形質関連 QTL の dosage 効果とヘテロシスの予測. 第 15 回中国地区育種談話会, 鳥取, 9 月 23 日, 2023.
- (12) 長岐清孝・鳴坂真理・鳴坂義弘 南西諸島に自生する *Alpinia* 属植物のセントロメア DNA 配列の解析. 染色体学会第 74 回年会, オンライン開催, 10 月 21-22 日, 2023.
- (13) 鳴坂義弘・関根健太郎・長岐清孝・鳴坂真理 月桃由来プロアントシアニジンを利用した新規抗植物ウイルス剤の開

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) 谷 明生・最相大輔・山地直樹・山下 純・小橋理絵子・山本敏央・門田有希・中川智行・持田恵一 イネ・オオムギニ毛作における根圏微生物群集構造の時系列変遷. 日本農芸化学会 2023 年度大会, 広島 (オンライン), 3 月 14-17 日, 2023.
- (2) 谷 明生・最相大輔・山地直樹・山下 純・小橋理絵子・山本敏央・門田有希・中川智行・持田恵一 イネ・オオムギニ毛作における根圏微生物群集構造の時系列変遷と機能. 日本農芸化学会中四国支部西日本支部合同大会, 高知, 9 月 21-22 日, 2023.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) 小澤真一郎 光捕集タンパク質複合体構成サブユニットの安定性. 第 16 回クラミドモナス研究会, 東京 (ハイブリッド), 3 月 3-4 日, 2023.
- (2) Ozawa, S. I., Buchert, F., Reuys, R., Hippler, M., Takahashi, Y. The amino acid substitution, PETC-Pro171Leu, slowdown electron transfer in the cytochrome *b₆f* complex under anoxic conditions in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 15-17 日, 2023.
- (3) 黒田洋詩・小澤真一郎・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナス集光性クロロフィルタンパク質の輸送に関する cpSRP のアフィニティ精製. 第 64 回日本植物生理学会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 15-17 日, 2023.
- (4) Ozawa, S. I., Buchert, F., Reuys, R., Milrad, Y., Baymann, F., Hippler, M., Takahashi, Y. The mutant analysis of amino acid substitution at PETC subunit in the cytochrome *b₆f* complex in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. 第 13 回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 名古屋, 6 月 3-4 日, 2023.
- (5) Sireesha Kodru・Sreedhar Nellaepalli・小澤真一郎・佐藤千紘・黒田洋詩・田中亮一・Krishna K. Niyogi・高橋裕一郎 ラニルゲラニルクロロフィルをもつクロロフィルタンパク複合体の解析. 第 13 回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 名古屋, 6 月 3-4 日, 2023.
- (6) Kodru Sireesha・Nellaepalli Sreedhar・小澤真一郎・佐藤千紘・黒田洋詩・田中亮一・Niyogi Krishuna・高橋裕一郎 LIL3/GGR を欠損した変異株のクロロフィルタンパク質の機能解析. 第 87 回日本植物学会年会, 札幌 (ハイブリッド), 9 月 7-9 日, 2023.
- (7) 小澤真一郎 緑藻クラミドモナスにおける、光捕集タンパク質複合体構成サブユニット欠損株の解析. 第 17 回クラミドモナス研究会, 高知 (ハイブリッド), 9 月 26-27 日, 2023.

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)

オオムギ研究の未来開拓ワークショップ（第5回 作物イノベーション研究WS）

日程：2023年2月8日、9日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

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

1. ゲノム改変技術とライブイメージングの現状
久野 裕（岡山大学・植物研）
2. うどんこ病菌との相互作用
八丈野 孝（愛媛大学）
3. 小麦育種家から見た大麦育種と研究
加藤啓太（農研機構）
4. 穂の形態形成遺伝子
佐久間 俊（鳥取大学）
5. シングルメリステム RNA-seq とイメージングから探る茎頂部の発生ステート遷移
井藤 純（横浜市立大学）
6. 澱粉関連遺伝子間の遺伝的相互作用
松島 良（岡山大学・植物研）
7. 育種につながる大麦研究
中田 克（農研機構）
8. 農業生態系のウイルス叢解明
近藤秀樹（岡山大学・植物研）
9. ウイルス多様性解明と抵抗性遺伝の同定
大野陽子（農研機構）
10. オオムギ遺伝資源 x 環境相互作用の育種利用基盤の開発
最相大輔（岡山大学・植物研）
11. 出穂期チューニングに向けた早生遺伝子の解明
西田英隆（岡山大学）

38th IPSR International Symposium and 14th Symposium on Plant Stress Science -Toward a better understanding of interactions among plants, other organisms and environments-

February 27-28, 2023

Venue: Kurashiki Geibunkan

Organizers: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

Feb. 27

1. Special lecture
Commemorative lecture of receiving national medal with purple ribbon
Transport of mineral elements in plants and me
Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University, Japan)
2. Genomic signatures for environmental adaptation in barley
Chengdao Li (Murdoch University, Australia)
3. Evolution of light sensitivity of phytochrome and plant speciation
Hajime Ikeda (IPSR, Okayama University, Japan)
4. Peptide ligand-mediated trade-off between plant growth and stress response
Yoshikatsu Matsubayashi (Nagoya University, Japan)
5. Silicon in rice: a long journey from uptake to deposition
Namiki Mitani-Ueno (IPSR, Okayama University, Japan)

6. Adaptive mechanisms of leguminous plants to nitrogen environment

Takuya Suzuki (University of Tsukuba, Japan)

7. Cross-kingdom viral infection in agroecosystems

Hideki Kondo (IPSR, Okayama University, Japan)

Feb. 28

8. Lessons from rice defense against herbivores: What really matters?

Ivan Galis (IPSR, Okayama University, Japan)

9. Molecular mechanism of host recognition in parasitic plants

Ken Shirasu (RIKEN Center for Sustainable Resource Science, Japan)

10. Unravelling the plant manipulation by geminiviruses

Rosa Lozano-Duran (Universität Tübingen, Germany)

11. Evolution of plastic sexes in plants : recurrent scrap and rebuild

Takashi Akagi (Okayama University, Japan)

植物ホルモン分析ワークショップ

日程：2023 年 3 月 14 日

場所：仙台市（ハイブリッド）

オーガナイザー：朝比奈雅志（帝京大学）・森 泉（岡山大学・植物研）

始めに

朝比奈雅志

1. 「レーザーマイクロダイセクションを用いた時空間的ホルモン解析」

朝比奈雅志（帝京大学・バイオサイエンス学科）

2. 「ブラシノステロイドとストリゴラクトンの定量分析」

野村崇人（宇都宮大学・バイオサイエンス教育研究センター）

3. 「実は誰も見たことがないオーキシンの細胞間の移動」

土屋雄一郎（名古屋大学・ITbM）

4. 「岡山大学における植物ホルモン定量解析の取り組み」

森 泉（岡山大学・資源植物科学研究所）

5. 「虫こぶ形成のしくみ；ホルモン分析からのヒント」

平野朋子（京都府立大学・生命環境科学研究科）

6. 「植物ホルモンと性における進化の多様性」

赤木剛士（岡山大学・環境生命科学研究科）

総合討論

終わりに

森 泉

第 15 回植物生体膜シンポジウム

日程：2023 年 3 月 17 日

場所：東北大学川内北キャンパス（仙台）

オーガナイザー：且原真木・森 泉（岡山大学・植物研）

招待講演

1. Regulation of vacuolar phosphate transporters and their impact on plant immunity

Tzzy-Jen Chiou（中央研究院）

2. 植物電気生理学から始まった 40 年

三村徹郎（国立成功大学）

第6回 植物病理を紡ぐ会

日程：2023年3月25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）・安達広明（京都大学）・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. 博士号取得までの道のり～経験×選択の積み重ね～
坂田七海（筑波大学）
2. 農機メーカーであるヤンマーが取り組む「植物病理研究」について
藤原正幸（ヤンマーホールディングス株式会社）
3. 発病抑止土壌をつくるという夢を叶えたい
清水将文（岐阜大学）
4. 植物マイクロバイオータ研究の新時代を創り出すために
中野亮平 トーマス（マックスプランク植物育種学研究所）
5. 植物病理学との出会いが創った道
眞山滋志（吉備国際大学）

第55回 岡山植物病理セミナー

日程：2023年5月17日

場所：岡山大学資源植物科学研究所（ハイブリッド）

オーガナイザー：河野洋治（岡山大学・植物研）

招待講演

1. Type III effector の標的から見てきたタバコ野火病菌の感染戦略
松井英譲（岡山大学）
2. 糖は植物の免疫応答の調節を行うカギとなる
山田晃嗣（徳島大学）
3. 微生物を活用した生物防除のヤンマーにおける意義と実際の取組
梅木大輔（ヤンマーホールディングス株式会社）

第6回転移因子研究会：転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化

日程：2023年8月24日、25日

場所：国立遺伝学研究所（ハイブリッド）

オーガナイザー：池田陽子（岡山大学・植物研）・一柳健司（名古屋大学）・齋藤都暁（国立遺伝学研究所）

8月24日

はじめに

一柳健司（名古屋大学）

1. ゼニゴケの DNA メチル化とトランスポゾン
池田陽子（岡山大学・植物研）
2. シロイヌナズナはトランスポゾンと遺伝子をどのように識別するのか
藤 泰子（東京工業大学）
3. ミヤコグサの交雑集団におけるレトロトランスポゾンの活性化
深井英吾（新潟大学）
4. エピジェネティクスの遺伝学—シロイヌナズナ自然集団の一例
佐々木江理子（九州大学）

-
5. アサガオの主要な変異原 Tpn1 ファミリーについて
水成友紀（九州大学）
 6. アズキ近縁種における WOX 転写因子の増殖
内藤 健（遺伝資源研究センター）
 7. 有羊膜動物におけるトランスポゾン由来遺伝子の多様性
北尾晃一（名古屋大学）
 8. ウイルス由来の遺伝子の進化モデル再検証
中川 草（東海大学）
 9. 大規模並列レポーターアッセイ（MPRA）による転移因子エンハンサーの機能解析
井上詞貴（京都大学）

8月25日

10. 哺乳類の SINE の発現制御機構
一柳健司（名古屋大学）
 11. マウス全能性細胞におけるレトロトランスポゾン MERVL の機能
石津大嗣（慶應大学）
 12. テトラヒメナのトランスポゾン排除機構
片岡研介（基礎生物学研究所）
 13. 出芽酵母 Ty1 の +1 Nucleosome はどこにあるか？
増本博司（長崎大学）
 14. 出芽酵母 Ty1 の転移は選択的オートファジーによって抑制される
鈴木邦律（東京大学）
 15. 分断化された tRNA および rRNA 遺伝子と転移因子
金井昭夫（慶應大学）
 16. Torimochi は外来配列を捕獲する piRNA cluster であると同時に、カイコ培養細胞において最も活発に転移しているトランスポゾンである
庄司佳祐（東京大学）
 17. ショウジョウバエ TE 由来タンパク質の動態と機能
齋藤都暁（国立遺伝学研究所）
- おわりに
池田陽子（岡山大学・植物研）

Plant Microbiota Research Network 第3回オンラインシンポジウム

日程：2023年8月25日

場所：オンライン

オーガナイザー：大津美奈（奈良先端科学技術大学院大学）・川原田泰之（岩手大学）・亀岡 啓（CAS-JIC）・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（北海道大学）

1. 植物－微生物相互作用研究から始まったバクテリアゲノム研究のフロンティア
按田瑞恵（東京大学）
2. 微生物が支える米づくり ―養分獲得促進とメタン発生抑制―
新庄莉奈（名古屋大学）
3. 単一の変異で大腸菌は昆虫必須共生細菌へと進化する
古賀隆一（産業技術総合研究所）
4. 従属栄養植物の進化における免疫機能の役割について
富永貴哉（奈良先端科学技術大学院大学）
5. 自然環境下でカブモザイクウイルスのハクサンハタザオへの感染はアブラムシ個体数を減少させる
大坪 雅（京都大学）
6. 細菌から見た植物特化代謝物を介した植物マイクロバイオータ形成
島崎智久（北海道大学）

令和 5 年度日本植物病理学会関西支部会

日程：2023 年 9 月 22 日

場所：近畿大学・農学部

オーガナイザー：安達広明（京都大学）・大津美奈（奈良先端科学技術大学院大学）

・佐藤育夫（名古屋大学）・津島綾子（大阪府立大学）・都筑正行（高知大学）・兵頭 究（岡山大学・植物研）
・深田史美（岡山大学・植物研）・松井英護（岡山大学）・峯 彰（京都大学）・山口公志（近畿大学）

1. 顕微鏡観察から見える植物ウイルスの感染メカニズム
高田昌汰（京都大学）
2. ゲノムから見る *Fusarium oxysporum* の植物病原性 / 非病原性と宿主適応
齊藤大幹（石川県立大学）
3. 小さな大敵、植物に寄生する線虫のはなし
大津美奈（奈良先端科学技術大学院大学／JST さきがけ）

70th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology Symposium III "Viral ways of life: their origin and diversification"

September 27, 2023

Venue: Sendai International Center, Japan

Conveners: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University) and Hideki Takahashi (Tohoku University)

1. Introduction to Symposium III
Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)
2. Cross-kingdom infection: An alternative route of fungal viruses spread in nature Widespread occurrence of viroid-like replicators in fungi: a glimpse at the origin of new viral forms?
Massimo Turina (Institute for Sustainable Plant Protection, National Research Council of Italy)
3. Insight into the evolution of positive-strand RNA viruses through the identification of the membrane-associated domain of a replicase
Ken Komatsu (Graduate School of Agriculture, Tokyo University of Agriculture and Technology)
4. The hunt for 5'-Caps by plant- and animal/human infecting viruses belonging to the segmented Negative Strand RNA Viruses
Richard Kormelink (Department of Plant Sciences, Wageningen University)
5. Unexpected survival strategy of Y-satellite RNA of cucumber mosaic virus
Chikara Masuta (Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University)

The 3rd Barley Mutant Conference (3BMC)

October 8-10, 2023

Venue: IPSR, Okayama University and Kurashiki Geibunkan

Organizers: Kazuhiro Sato (IPSR, Okayama University), Hiroshi Hisano (IPSR, Okayama University), Ryo Matsushima (IPSR, Okayama University), Katsuyuki Kakeda (Mie University), Shun Sakuma (Tottori University)

1. The genetic control of *short rachilla hair 1*
Nils Stein (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK))
2. Identification of a dense spike gene deficient in Japanese landraces and in a Scandinavian barley collection
Mats Hansson (Lund University)
3. Identification of *Super-open flowering 1* mutant gene in barley
Takao Komatsuda (Shandong Academy of Agricultural Sciences)
4. Establishing a genetic blueprint for floral organ development in barley
Matthew Tucker (University of Adelaide)
5. Surgical manipulation of barley inflorescence meristem

-
- Hiroyuki Tsuji (Nagoya University)
6. Genetic factors controlling grain number per spike
Thorsten Schnurbusch (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK))
 7. Hunting the Hidden: Exploring a Developmental Gene in Barley
Agatha Walla (Institute of Plant Genetics, Heinrich Heine University)
 8. Genetic control of awn roughness in barley
Muhammad Awais (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK))
 9. Mutant collections derived from wild barley with chronic irradiation accelerate gene cloning
Shun Sakuma (Tottori University)
 10. Exploring mineral transporter genes for better and safe barley production
Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)
 11. Functional mutations of *HvHKT1;5* influence yield related traits and composition of barley grain
Kelly Houston (The James Hutton Institute)
 12. Ca^{2+} signal pathway negatively regulates barley salt tolerance
Qiufang Shen (Zhejiang University)
 13. Interplay of starch debranching enzyme and its inhibitor is mediated by Redox-Activated SPL transcription factor
Zhou Zhou (McGill University)
 14. Natural and induced variations in the grain dormancy gene *MKK3*
Morten Egevang Jørgensen (Carlsberg Research Laboratory)
 15. How will cheap genome sequences help mutant research?
Martin Mascher (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK))
 16. Cloning of *Rmo2*, a gene for resistance in barley to various host species-specific pathotypes of the blast fungus
Soichiro Asuke (Kobe University)
 17. Genome-wide association mapping of leaf rust resistance in wild barley based on whole genome sequence data
Brian J. Steffenson (University of Minnesota)
 18. Manipulation of mixed-linkage (1,3;1,4)- β -glucan in barley using gene editing technology
Guillermo Garcia Gimenez (La Trobe University)
 19. Using whole genome shotgun sequencing to explore mutants of the Bomwan NIL collection
Miriam Schreiber (The James Hutton Institute)
 20. JUST FIND-IT. Harnessing the powers of induced mutagenesis
Christoph Dockter (Carlsberg Research Laboratory)
 21. Rapid evolution of domesticated barley
Robbie Waugh (The James Hutton Institute)
 22. Boosting photosynthesis to deliver next generation barley plants for the circular bioeconomy
Paolo Pesaresi (University of Milano)
 23. Utilization of mutation genes in Australian barley breeding
Chengdao Li (Murdoch University)
 24. HTX mutagenesis population for forward and reverse genetic studies in barley
Ping Yang (Chinese Academy of Agricultural Sciences)
 25. *HvGA20ox2* synergistically regulates plant height and malt quality traits in barley
Lingzhen Ye (Zhejiang University)

IPSR Joint Usage/Research Center Workshop

October 11, 2023

Venue: IPSR, Okayama University

Organizers: Kazuhiro Sato, Hiroshi Hisano (IPSR, Okayama University)

1. Employing barley mutants to dissect a chlorophyll biosynthetic enzyme
Mats Hansson (Lund University)
2. Pre-breeding for climate-resilient cereals adapted to Nordic growing conditions
Therése Bengtsson (Swedish University of Agricultural Sciences)
3. Metabolic responses to early-season drought stress in Nordic spring wheat
Ronja Wonneberger (Swedish University of Agricultural Sciences)

-
4. Acceleration with a purpose - Trait development for sustainable beer production
Christoph Dockter (Carlsberg Research Laboratory)
 5. Investigating covered smut resistance in naked barley
Brigid Meints (Oregon State University)
 6. High resolution mapping of *Spt2*: a novel hybrid susceptibility locus within barley
Shaun Clare (Washington State University)

令和 5 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：2023 年 10 月 28 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 悪いヤツだけじゃない！植物と関わるウイルスたち
近藤秀樹（岡山大学・植物研）
2. 遺伝子発現スイッチをみる
長岐清孝（岡山大学・植物研）

2023 International Forum on Plant Stress Sciences by/for Junior Researchers

December 1, 2023
Venue: IPSR, Okayama University, Japan (Hybrid)
Organizers: Paul Telengech, Yuki Okegawa, Fumi Fukada, Noriyuki Konishi, Toshio Yamamoto, Nobuhiro Suzuki
(IPSR, Okayama University)

OPENING REMARKS

Sarah Ibiang (IPSR, Okayama University, Japan)

SESSION I

1. Potential of entomopathogenic nematodes of the genus *Heterorhabditis* in controlling fall armyworm pests (*Spodoptera frugiperda* J. E Smith)
Norma Gupita (Mulawarman University, Indonesia) – Onsite
2. Chloroplast envelope protein RER3 maintain chloroplast transcription with nucleoid protein PTAC5 under heat stress in *C₄ Flaveria*
Ryusei Inoue (Kwansei Gakuin University, Japan) – Onsite
3. Replication of single partitivirus in hosts across three kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia
Paul Telengech (IPSR, Okayama University, Japan) – Onsite
4. Effect of abiotic stresses on kimchi cabbage (*Brassica rapa*) production in Korea: Historical patterns, future projections, and adaptation strategies
Kwang-Hyung Kim (Seoul National University, South Korea) – Onsite
5. Effects on the sporogenesis and biocontrol functions of *Trichoderma* spp. by the mycoviruses
Beilei Wu (Chinese Academy of Agricultural Sciences, China) – Online
6. Adapting to adaptive: Evolutionary insights into biological networks and stress homeostasis in land plants
Ting-Ying Wu (Institute of Plant and Microbial Biology, Academia Sinica, Taiwan) – Online

SESSION II

1. GWAS for elemental composition in rice grain and straw using two multi-parental populations
Qian Zhang (IPSR, Okayama University, Japan) – Onsite
2. Effect of the commensal bacterium *Rhizobium vitis* VAR03-1 on arabidopsis root growth under various nutrient deficiency conditions
Niarsi Merry Hemelda (Okayama University, Japan) – Onsite

-
3. Iron deficiency specific enzyme evolved for efficient Fe homeostasis
Jyoti Aggarwal (National Chung Hsing University, Taiwan) – Onsite
 4. Nitrogen deficiency alters cell wall structures of *Sorghum bicolor*
Reza Ramdan Rivai (Kyoto University, Japan) – Onsite
 5. Revealing the secrets of plant viral genomes: New starts for protein synthesis and their pathogenesis
Ching-Wen Chiu (Biotechnology Center in Southern Taiwan, Academia Sinica, Taiwan) – Online
 6. Chromosomal engineering of a plant pathogenic fungus *Verticillium dahliae* to investigate its genome evolution process
Yukiyo Sato (University of Cologne, Germany) – Online

KEYNOTE LECTURE

Plant stress sciences with a focus on plant/virus interactions

Aiming Wang (Agriculture and Agri-Food Canada - AAFC and University of Western Ontario, Canada) – Onsite

OPEN DISCUSSION: HOW TO ENJOY YOUR ACADEMIC LIFE AND NAVIGATE YOUR CAREER PATH

Panelists:

Aiming Wang (Agriculture and Agri-Food Canada - AAFC and University of Western Ontario, Canada)
– Onsite

Ivan Galis (IPSR, Okayama University) – Onsite

Massimo Turina (IPSP-CNR, Italy) – Online

Carolina Cornejo (Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Switzerland)
– Online

Ting-Yang Wu (Institute of Plant and Microbial Biology, Academia Sinica, Taiwan) – Online

第 56 回岡山植物病理セミナー

日程：2023 年 12 月 9 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所（ハイブリッド）

オーガナイザー：兵頭 究（岡山大学・植物研）

1. ER—細胞膜接着部位と植物ウイルス細胞間移行の関係
石川一也（岡山大学 学術研究院医歯薬学域）
2. 六倍体サツマイモにおける線虫抵抗性遺伝子の同定と育種基盤の構築
門田有希（岡山大学 学術研究院環境生命自然科学学域）

学会賞等 (Awards)

光環境適応研究グループ, Ogawa, Yu. (Doctor course Student), Best Poster Award, The function of thylakoid membrane remodeling in plant chloroplasts in optimizing photosynthesis. FY2022 International Symposium on Environmental and Life Science, Japan, Jan. 24, 2023.

光環境適応研究グループ, Wacera Fiona Wahinya (Technical Assistant), Best Poster Award, Grain ionomics of a sorghum recombinant inbred population reveals a major QTL for differential cadmium accumulation. FY2022 International Symposium on Environmental and Life Science, Okayama, Japan, Jan. 24, 2023.

植物ストレス学グループ, Konishi Noriyuki (Assistant Professor), Best Poster Award, Clathrin-mediated endocytosis is not required for maintaining the polar localization of mineral transporters in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, March 27-31, 2023.

植物ストレス学グループ, Huang Sheng (Special Contract Personnel: Assistant Professor), Best Poster Award, Local distribution of manganese to leaf sheath is mediated by OsNramp5 in rice. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, March 27-31, 2023.

植物ストレス学グループ, Wang Pei Tong (JSPS Foreign Postdoctoral Fellow), Best Poster Award, A K⁺/Ca²⁺ transporter OsSKOR is involved in Ca accumulation in rice grain. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, March 27-31, 2023.

植物ストレス学グループ, Ma Jian Feng (Professor), Frontiers Planet Prize, Frontiers Research Foundation, April 27, 2023.

植物・微生物相互作用グループ, Paul Telengech (JSPS Fellow), American Society for Virology Postdoctoral Scholar Travel Award, Replication of single partitiviruses in hosts across three kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. The 42nd Annual Meeting of the American Society for Virology 2023, Athens, Georgia, USA, June 24-28, 2023.

環境応答機構研究グループ, 中村光希 (博士後期課程2年), 第1回植物生理若手の会 アグロデザインスタジオ賞 副賞, エピゲノム制御が担うオオムギの芒形成, 8月10日, 2023.

植物ストレス学グループ, 黄 勝 (特別契約職員助教), 日本土壤肥料学会奨励賞, 日本土壤肥料学会 2023 年度愛媛大会, イネのミネラル輸送体の機能解明, 9月12-14日, 2023.

植物ストレス学グループ, 黄 衡亮 (博士後期課程3年), 日本土壤肥料学会優秀発表賞, 日本土壤肥料学会 2023 年度愛媛大会, Functional characterization of a HvSPDT-like gene in barley, 9月12-14日, 2023.

統合ゲノム育種グループ, 古田智敬 (助教), 日本育種学会第144回講演会優秀発表賞, 「アジアイネゲノムとの網羅的オーソログ解析に基づくアフリカイネゲノムの特徴づけ」, 9月16日, 2023.

統合ゲノム育種グループ, 岡 大晴 (博士前期課程2年), 日本育種学会第144回講演会優秀発表賞, 「*O. sativa* と *O. glaberrima* の4倍体種間雑種イネで見いだされた種子および花粉稔性の向上に関わる遺伝領域」, 9月17日, 2023.

統合ゲノム育種グループ, 岡 大晴 (博士前期課程2年), 第15回中国地区育種談話会優秀発表賞, 「イネ種間雑種4倍体の後代分離集団で検出された農業形質関連 QTL の dosage 効果とヘテロシスの予測」, 9月23日, 2023.

植物・微生物相互作用グループ, Paul Telengech (JSPS Fellow), Japanese Society for Virology Young Researchers Excellent Presentation Award, Replication of single partitiviruses in hosts across three terrestrial kingdoms; Fungi, Plantae and Animalia. The 70th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Sendai, Sep. 26-28, 2023.

光環境適応研究グループ, 坂本 亘 (教授), 米国植物生物学会 (American Society of Plant Biologists, ASPB), 在外終身名誉会員賞 (Enid MacRobbie Corresponding Membership Award), 9月29日, 2023.

環境応答機構研究グループ, 中村光希 (博士後期課程2年), The 3rd Barley Mutant Conference Poster Award, Ectopic expression of *HvMADS58*, an ortholog of *AGAMOUS*, caused homeotic transformations of floral organs in barley. Oct. 10, 2023.

光環境適応研究グループ, Gachie Sarah Wanjiru (Doctor course Student), Poster Presentation Honorable Mention Award, Site-directed mutagenesis and in vivo observation of VIPP1, an ESCRT-III super family protein involved in thylakoid membrane remodeling in Arabidopsis chloroplasts, Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.

光環境適応研究グループ, Di Li (Doctor course Student), Poster Presentation Excellence Award, Thylakoid membrane remodeling molecule VIPP1 interacts with HSP70 through its C-terminal tail in Arabidopsis, Taiwan-Japan Plant Biology 2023, Taiwan, Oct. 13-15, 2023.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 第 6 回金光功労賞, 10 月 21 日, 2023.

ゲノム多様性グループ, 佐藤和広 (教授), 紫綬褒章, 11 月 3 日, 2023.

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 2023 年版, Clarivate 社, 11 月 15 日, 2023.

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 2023 年版, Clarivate 社, 11 月 15 日, 2023.

植物ストレス学グループ, Ma Jian Feng (Professor), The IFA Norman Borlaug Plant Nutrition Award, International Fertilizer Association (IFA), Nov. 29, 2023.

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
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	教授	吉田 聡子	スクミリンゴガイ耐性育種に向けたイネ代謝物の解析	Analysis of rice metabolites for breeding of golden apple snail resistant crops	Galis
長崎大学・情報データ科学部	助教	Muthu Subash Kavitha	自己教師あり学習による作物成長画像に対するセグメンテーション法の開発	Development of segmentation methods for crop growth image by self-supervised learning	最相

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
東京大学・大学院総合文化研究科	助教	神保 晴彦	植物の強光ストレス応答における膜脂質代謝回転の役割	Role of lipid turnover in the plant response to strong light	坂本
量子科学技術研究開発機構・高崎量子応用研究所・量子ビーム科学部門 高崎量子応用研究所量子バイオ基盤研究部	主任研究員	山谷 浩史	イネステイグリーン突然変異体に関する解析	Analysis of rice stay green mutants	坂本
立命館大学・立命館グローバル・イノベーション研究機構 (R-GIRO)	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

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
明治大学・農学部生命科学科	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
農業・食品産業技術総合研究機構・九州沖縄農業研究センター 暖地水田輪作研究領域	上級研究員	中田 克	オオムギ穀粒のデンプン特性が変化した変異体の解析	Analysis of mutant lines with altered grain starch properties in barley	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
富山県立大学・工学部教養教育センター	助教	孫田 佳奈	光適応を介した野生植物の多様化機構の解明	Adaptive divergence of photosynthetic variation in wild plants	桶川
広島大学・大学院統合生命科学研究科	助教	中川 直樹	植物化学調節剤 fencloirim が示す新規なホルモン作用の分析	Analysis of novel hormonal effects exerted by the plant growth regulator fencloirim	平山
東京大学・大学院新領域創成科学研究科先端生命科学専攻	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
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	助教	加藤 壮英	ゼニコケを用いた植物細胞の乾燥耐性機構の新規因子の遺伝学的探索	Genetic approach to novel factors of drought tolerance mechanisms in plant cells using <i>Marchantia polymorpha</i>	平山
立命館大学・生命科学部生命情報学科	教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナ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 <i>Arabidopsis</i> 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・生物多様性領域・環境ストレス機構研究室	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
京都大学・大学院理学院研究科	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 <i>Arabidopsis</i>	池田
国際農林水産業研究センター・林業領域	主任研究員	小林 正樹	コナラ時計遺伝子の地域変異が温度応答性成長に与える影響の評価	Evaluation of the effects of natural variations of clock genes on temperature-responsive growth in <i>Quercus serrata</i>	池田
北海道大学・大学院理学院研究科	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
吉備国際大学・農学部海洋水産生物学科	教授	氷見 英子	コムギ新規体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	特任教授	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

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	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
神戸大学・大学院農学研究科	准教授	石川 亮	イネの種子亜鉛濃度向上に働く qGZn9b の遺伝学的解析	Genetic analysis on qGZn9b increasing grain zinc concentration in rice	馬
九州大学・大学院農学研究科	准教授	丸山 明子	硫黄不足によるヒ素耐性低下機構	Decreased arsenate tolerance under sulfur limitation	三谷・山地
東京大学・大学院農学生命科学研究科	教授	田野井 慶太郎	Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター SOS1 輸送体の植物根における局在解析	Analysis of the localization of the Na ⁺ /H ⁺ antiporter SOS1 in plant roots	山地
農業・食品産業技術総合研究機構・農業環境研究部門土壌環境管理研究領域	上級研究員	櫻井 玄	イネにおけるケイ酸輸送過程とフィードバック機構のモデル化	Modeling of the system of silicon transportation and the feedback mechanism in rice	山地
信州大学・繊維学部応用生物科学科	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
名古屋大学・高等研究院	准教授	菅野 里美	PHT1 遺伝子のリン輸送機能の起源を探る	Exploring the origin of the phosphorus transport function of the PHT1 gene	且原
筑波大学・生命環境系	准教授	古川 純	ナトリウムによって発現が制御されるイネ HKT 輸送体の機能と局在の解析	Functions and localizations of OsHKTs regulated by sodium in rice	且原・山地
農業・食品産業技術総合研究機構・果樹茶業研究部門果樹品種育成研究領域・果樹茶育種基盤グループ	主席研究員	川東 広幸	糖輸送に関わる sweet 遺伝子の機能解析	Functional analysis of sugar transporter, sweet family genes	宇都木・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
北海道大学・農学研究科	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
岐阜大学・応用生物科学部	准教授	小林 佑理子	リンゴ酸トランスポーター ALMT1 の遊離アミノ酸による活性化	Activation of the malate transporter ALMT1 by amino acids	佐々木

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
農業・食品産業技術総合研究機構・作物デザイン研究領域	主席研究員	中村 信吾	種子休眠制御に関わる <i>MFT</i> 遺伝子の機能解析	Functional analysis of <i>MFT</i> 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 ウイルス因子を利用した植物病原糸状菌における多重遺伝子発現系の構築	Development of a multiple gene expression system using RNA viral elements in phytopathogenic filamentous fungi	鈴木
岡山理科大学・獣医学部獣医学科	准教授	鎌田 龍星	植物と昆虫ウイルスの接点を探る	Exploring the interface between plant and insect virus	鈴木・近藤
東京家政大学・家政学部環境教育学科	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イルスの分子生物学的解析	Molecular characterization of mycoviruses infecting the useful food fungi	近藤
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	Galis・新屋
立命館大学・生命科学部生命情報学科	講師	長野 稔	シロイヌナズナの2-ヒドロキシ脂肪酸分解酵素 MPO の解析	Analysis of 2-hydroxy fatty acid catabolic enzymes, MPO, in <i>Arabidopsis thaliana</i>	河野
東京農業大学・生命科学部バイオサイエンス学科	准教授	渡辺 智	植物共生 <i>Methylobacterium</i> 属細菌のゲノム構造進化に関する研究	Studies on the structural evolution of plant-symbiotic <i>Methylobacterium</i> sp. Genome	谷
京都先端科学大学・バイオ環境学部	准教授	井口 博之	植物葉面細菌が保有するバクテリオクロロフィルの葉上での機能に関する研究	Study on the function of bacteriochlorophyll in the phyllosphere bacteria	谷
理化学研究所・バイオリソース研究センター実験植物開発室	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との相互作用メカニズムの研究	Study of interaction mechanism between <i>Methylobacterium</i> and plants using model systems	谷
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 <i>Rmo2</i> の分子進化的解析	Molecular analyses of evolutionary processes of the <i>Rmo2</i> locus conditioning resistance of barley to <i>Piricularia oryzae</i>	佐藤・久野
京都大学・大学院農学研究科	教授	那須田 周平	コムギの交雑親和性を支配する遺伝子座 <i>Kr</i> のリアルタイム画像解析	Real-time imaging analysis of the crossability locus <i>Kr</i> in wheat	久野
吉備国際大学・農学部地域創成農学科	准教授	松原 健一郎	オオムギにおける胚サイズ制御機構の解析	Embryo size control in barley	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
近畿大学・農学部農業生産科学科	准教授	築山 拓司	イネ科植物におけるキチナーゼ遺伝子ファミリーの機能分化の解明	Analysis of functional differentiation of the chitinase gene family in Poaceae	最相
国立遺伝学研究所・植物遺伝研究室	特命助教	吉川 貴徳	オオムギ内穎裂開変異体 split palea の解析	Genetic analysis of barley <i>split palea</i> mutants	武田
鳥取大学・農学部	教授	石原 亨	イネ科植物におけるストレス応答性二次代謝の進化	Evolution of stress responsive secondary metabolism in Poaceae	武田
自然科学研究機構基礎生物学研究所・IBBP センター	助教	榎根 一夫	短寿命種子の長期保存法の開発	Development of cryopreservation method for drought sensitive (recalcitrant) seeds	山下
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	山下
三重大学・大学院生物資源学研究所	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
信州大学・理学部	准教授	高梨 功次郎	オヤマノエンドウ属植物の系統地理学的解析	Phylogeographic analysis of plants of the genus <i>Oxytropis</i>	山下
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
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
愛媛県農林水産研究所・果樹研究センター栽培開発室	研究員	小佐見 謙一	カンキツの交雑種子を用いたカンキツかいよう病抵抗性に関する遺伝的解析	Genetic analysis of the bacterial disease citrus canker resistance using citrus crossbreeds	古田・山本
岡山県農林水産総合センター生物科学研究所・植物活性化合物研究グループ	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
Swiss Federal Research Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Forest Health and Biotic Interactions, Switzerland	Group Leader	Simone Prospero	ウイルス導入によるトネリコダイバック(枝枯) 病原糸状菌の病原力衰退系統株の作出	Creation of hypovirulent <i>Hymenoscyphus fraxineus</i> strains via experimental virus introduction	鈴木
Swedish University of Agricultural Science, Department of Plant Breeding, Sweden	Professor emeritus and senior advisor	Roland von Bothmer	植物遺伝資源およびストレス科学に関する共同研究 (部局間協定締結に向けて)	Collaborative research on plant genetic resources and stress science (toward the establishment of an interdepartmental agreement)	佐藤
Oregon State University, Crop Science, USA	Professor	Patrick Hayes	オオムギの育種と変異体に関する共同研究	Collaborative research on barley breeding and mutations	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・クラウ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
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
大阪大学・蛋白質研究所	川本 晃大・助教	チラコイド膜リモデリングタンパク質の構造解析	クライオ電子顕微鏡トモグラフィにより VIPP1 タンパク質と FZL タンパク質の構造を解析する	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
京都産業大学・生命科学部	寺地 徹・教授	マーカーフリーな葉緑体の遺伝子組換え植物の作出	タバコの psbA 遺伝子の欠失変異体を用いて、光合成の電子伝達、光損傷を解析する	桶川 友季
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
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

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・ 大学院自然科学研究科	村田 芳行・教授, 宗正 晋太郎・ 准教授	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・ 大学院自然科学研究科	後藤 丹十郎・教授	花卉の八重咲におけるホルモンの役割の解明	花器官の形成過程における植物ホルモン含量の解析	森 泉
京都府立大学・ 生命環境科学研究科	森田 重人・准教授	イネの成長におけるホルモンの役割の解析	イネ幼苗の成長過程における植物ホルモンの含量を解析する	森 泉
宮崎大学・農学部	稲葉 丈人・准教授	植物の CO ₂ 応答の解析	CO ₂ 濃度変動における植物ホルモンの役割を解析する	森 泉
東京農工大学・生物システム応用科学府	梅澤 泰史・教授	気孔閉口運動の解析	気孔運動におけるイオンチャネル活性調節の解析	森 泉
鹿児島大学・農学部	鶴川 信・准教授	スギの休眠の解析	スギの休眠の深さの変動における植物ホルモン含量の解析	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パ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
愛媛大学・ 大学院農学研究科	賀屋 秀隆・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	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・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性について解析する	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・ 統合生命科学研究所	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

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
神戸大学	三村 徹郎・名誉教授	植物のリン酸輸体の研究	シヤ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
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
埼玉大学・理工学研究科	小竹 敬久・教授	植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析	クサシロキヨトウ食害認識に関わるイネ細胞壁由来エリシターを解析する	Galis Ivan・新屋 友規
東京大学・アグロバイオテクノロジーセンター	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

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
京都大学・農学部	寺内 良平・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
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
岐阜大学・応用生物科学部	中川 智行・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存性メタノール代謝	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
北海道大学・農学研究院	佐藤 昌直・助教	植物プラントクトン 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
京都大学・農学部	富永 達・名誉教授	チガヤのゲノム解読	チガヤのゲノム解読による生態型解析への応用	佐藤 和広
名古屋大学・農学部	芦苺 基行・教授， 辻 寛之・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・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
日本女子大学・理学部	永田 典子・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状態を観察する	久野 裕
弘前大学・農学生命科学部	藤井 祥・助教	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遺伝子を解明する	久野 裕

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
NARO 農業・食品産業 技術総合研究機構	塔野岡 卓司・ プロジェクトリーダー	オオムギ種子の機能性成分を制御する遺伝 子の解明	オオムギ種子の水溶性食物繊維含量等にかかわる遺 伝子を探索し、実証試験をしている	武田 真
栃木県農業試験場	渡邊 浩久・室長	大麦萎縮病抵抗性とビール醸造特性の遺 伝解析	土壌伝染性の大麦萎縮病の抵抗性とビール醸造特 性の原因遺伝子の特定を目指している	武田 真
愛媛大学・農学部	八丈野 孝・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・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・ 大学院農学研究学院	貴島 祐治・教授	アジアとアフリカ栽培イネの異種間4倍体 雑種の生殖維持機構と育種利用に関する研 究	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・ 大学院農学研究学院	吉村 淳・特任教授	ミヤンマーにおけるイネゲノム育種システ ム強化	ミヤンマーにおいてイネゲノム育種を実施する基盤 を構築する	古田 智敬
東京農業大学・生物資 源ゲノム解析センター・ ゲザイン農学科	興石 雄一・研究員， 加藤 浩・教授	雑種稔実4倍体イネを利用したヘテロ接合 性と倍数性が引き起こす遺伝子発現変動の 解析	種間雑種の倍化個体を用いて倍加とヘテロシスによ る遺伝子発現の変化の違いを明らかにする	山本 敏央・ 長岐 清孝・ 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 解析によるシヨウガ目植物の動 原体 DNA 配列の同定	ChIP-Seq 解析によりシヨウガ目植物の動原体 DNA 配列を明らかにする	長岐 清孝
名古屋大学・農学部	永井 啓祐・助教	有用遺伝子探索を革新するオミクスベース クロマニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づく効率的遺 伝子探索手法を確立する	古田 智敬
国立研究開発法人農業 食品産業技術総合研究 機構・生物機能利用研 究部門	黒羽 剛・ 上級研究員	有用遺伝子探索を革新するオミクスベース クロマニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づく効率的遺 伝子探索手法を確立する	古田 智敬
宮城大学・食産業学群	鳥羽 大陽・准教授	有用遺伝子探索を革新するオミクスベース クロマニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づく効率的遺 伝子探索手法を確立する	古田 智敬

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
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 oxidized D1 protein in <i>Chlamydomonas</i>	Degradation of D1 reaction center protein is being characterized in <i>Chlamydomonas ffish</i> mutant	坂本 亘
England	The John Innes Centre	David Seung, Group Leader	Characterization of starch-related mutations of barley	The size distribution and morphological quantification of starch granules in barley mutants were analyzed	松島 良
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	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 plants produced under extreme environment	Genes expressed in Brachypodium under UV irradiation were identified to examined function	杉本 学
China	中国南京農業大学	Fangjie Zhao, Professor	イネ重金属集積に関する研究	イネカドミウムやヒ素の集積に関与する遺伝子の同定	馬 建鋒
China	中国科学院南京土壤研究所	Renfang Shen, Jing Che, Professor	植物ミネラル輸送機構に関する研究	イネを中心に植物のミネラル輸送に関する生理、分子生物学的研究	馬 建鋒

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	福建农林大学	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
China	雲南大学	Guijie Lei, Professor	イネのリン酸集積機構の解析	イネのリン酸高集積変異体の解析と遺伝子の同定	馬建鋒
Taiwan	National Chung Hsing University	Hungchen Emilie Yen, Professor	耐塩性植物のイノシトール輸送体に関する研究	Ice Plant 由来のイノシトール輸送体の機能解析	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>SIALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SIALMT</i> genes	佐々木 孝行
USA	Plant Biology and Pathology, Rutgers University	Bradley I. Hillman, Professor	Characterization of mitoviruses infecting the chestnut blight fungus	Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus	鈴木 信弘
UK	Faculty of Natural Sciences, Imperial College London	Ioly Kotta-Loizou, Assistant Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal and plant chrysovirus	鈴木 信弘
Spain	Centro Nacional Biotecnología/CSIC	José R. Castón, Professor	Quadrivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of Rosellinia necatrix quadriviruses	鈴木 信弘
Spain	Instituto de Agricultura Sostenible C.S.I.C.	Carlos José López Herrera, Researcher	Utilization of fungal viruses as biocontrol of the white root rot disease	Search for fungal viruses with potential as biocontrol agents against white root rot in avocado	鈴木 信弘
Finland	Natural Resources Institute Finland (Luke), Forest health and biodiversity	Eeva Vainio, Researcher	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal partitiviruses	鈴木 信弘

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University	Jiatao Xie, Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal megabirnavirus	鈴木 信弘
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Daniel Rigling, Group Leader	Virocontrol of chestnut blight	Examination of various viruses for their biocontrol potential	鈴木 信弘
Philippines	International Rice Research Institute	Ana Eusebio-Cope, Program Manager	Characterization of viruses infecting rice-associated fungi	Virus hunting of rice blight fungal isolates and their characterization	鈴木 信弘
Bangladesh	Plant Pathology Division, Bangladesh Agricultural Research Institute	Md. Iqbal Faruk, Senior Scientific Officer	Characterization of viruses soil-inhabitant fungi	Molecular haracterization of viruses isolated from Bangladeshi isolates of plant pathogenic soil-inhabitant fungi	鈴木 信弘
Sweden	Department of Cell and Molecular Biology, Uppsala University	Kenta Okamoto, Forskare (Researcher)	Megabirnavirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of Rosellinia necatrix megabirnaviruses	鈴木 信弘
Pakistan	Atta-ur-Rahman School of Applied Biosciences (ASAB), National University of Sciences and Technology	Muhammad Faraz Bhatti, Professor	Characterization of fungal viruses	Molecular and biological characterization of a novel botybirnavirus identified from a Pakistani isolate of Alternaria alternata	鈴木 信弘
China	Northwest A&F University	Living Sun, Professor	Characterization of cross-kingdom virus transmission	Investigation of cross-kingdom virus infections between plants and fungi	近藤 秀樹
China	Qingdao Agricultural University	Ida Bagus Andika, Professor	Analysis of the crop virome in the fields	Identification of a novel dicistro-like virus from the tomato roots	近藤 秀樹
Australia	University of Queensland	Peter Walker, Professor, Ralf Dietzgen, Associated 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	Carolina Cornejo, Principal Investigator	Study on the virus diversity in <i>Armillaria</i> spp.	Deep sequencing analysis of viral communities in the soil-borne fungi <i>Armillaria</i> spp.	近藤 秀樹

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Wajeeha Shamsi, Postdoctoral Researcher Simone Prospero, Principal Investigator	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の解析	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, 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 型受容体のバイオフィンフォマティクス解析	河野 洋治
China	Jiangxi Agricultural University	Pingyu Wang, Associate Professor	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 Sıtkı Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylophs	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
Argentina	Laboratorio de Transducción de Señales en Plantas, Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular (INGEBI), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET)	Cecilia Grossi, PostDoc; Rita María Ulloa, Professor	Plant growth promoting ability of <i>Methylobacterium</i> sp. A2	Analysis on the plant growth promoting ability of <i>Methylobacterium</i> sp. A2	谷 明生

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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
U.K.	The James Hutton Institute	Robbie Waugh, Professor	Barley pan-transcriptome project	De novo analysis of barley haplotypes	佐藤 和広
Germany	IPK	Nils Stein, Professor	Sequencing analysis of barley genetic resources	Partial sequencing analysis of barley accessions in genebanks	佐藤 和広
U.K.	The Sainsbury Institute	Matthew Moscou, Doctor	Cloning of barley disease resistance genes	Isolation and annotation of barley disease resistance genes	佐藤 和広
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	オオムギの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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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 2023

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31巻 (Annual Report 2023)

令和6年3月25日 印刷
令和6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

