

# 岡山大学

## 資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2024)  
- 第32卷 -



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources  
Okayama University





---

# 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

##### 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) ..... 11

##### 統合ゲノム育種グループ

(Group of Integrated Genomic Breeding) ..... 12

### 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) ..... 13

#### フィールドフローラ研究チーム

(Field Flora Research Team) ..... 13

#### 作物・環境デザイン研究チーム

(Crop and Environmental Design Research Team) ..... 14

RECTOR プログラム (RECTOR Program) ..... 14

---

---

構成員	
(Member) .....	15
出版物リスト	
(List of Publication) .....	23
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia) .....	28
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia) .....	32
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) .....	39
学会賞等	
(Awards) .....	44
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) .....	45
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)) .....	50

---

# 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。我々はそのメカニズムの解明を目指し、VIPP1 の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を明らかにした。

### 2. チラコイド膜の形状を支えるタンパク質 CURT1 の研究

光合成反応の場である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。我々は光合成生物においてチラコイド膜の形態制御に関与すると想定される CURT1 タンパク質に着目しており、そのメカニズムの解明を目指して解析を進めている。現在はシロイヌナズナの形質転換体を用いて CURT1 相互作用因子や CURT1 の局在を解析しているところである。

### 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. 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が変動する光ストレス環境条件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。

### 6. 澱粉粒の形状決定機構についての研究

澱粉は光合成産物として合成されたグルコースの多量体であり、細胞内では不溶性の粒子である澱粉粒を形成する。澱粉粒の形状は澱粉の産業利用上重要な形質であり、植物種によって多様性を示すが、その形状決定機構は分かっていない。我々は、澱粉粒の形状決定機構を解明するために、澱粉粒の形に異常を示すオオムギ変異体と澱粉粒の大きさに多様性を示すマメ科植物を用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 is required for maintaining chloroplast membranes. To understand the mechanisms of the action of VIPP1, we are currently analyzing its 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 CURT1, a protein regulating the architecture of thylakoid membranes

The thylakoid membrane serves as the site of photosynthesis and exhibits a highly intricate, network-like structure. We focus on CURT1 protein, which plays a key role in regulating the morphology of the thylakoid membrane in photosynthetic organisms. We are currently investigating the underlying mechanisms of this process. To this end, we are utilizing transgenic *Arabidopsis thaliana* to analyze the interaction partners of CURT1 as well as its subcellular localization.

### 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. Studies on the photoprotective mechanism under fluctuating light

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.

### 6. Studies on the mechanism determining starch granule morphology

Starch, a glucose polymer synthesized by plants, forms insoluble particles called starch granules (SGs) within plant cells. The shapes and sizes of SGs in seeds are critical traits for industrial applications of starch and vary significantly among plant species. However, the mechanism determining the SG morphology remains poorly understood. To investigate this, we are studying barley and rice mutants with abnormal SG shapes and leguminous plants exhibiting diverse SG sizes.

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

昨年度までの研究で、我々が取得した *ags2* 変異は *ahg2* の表現型を抑圧するが、*ahg2* 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。一方、*ahg2* で低下している一部の mt mRNA の RNA 編集効率を回復する。このことから、mt mRNA の polyA 付加と RNA 編集の間には何らかの連携があり、AGS2 はそこで重要な役割を演じていると考えられる。本年度は、polyA 付加による RNA 編集の影響が *ahg2* の表現型と関連しているかどうかを確認する研究を行った。その結果、Cytc の成熟に関わる機能がその標的と考えられ、mt mRNA プロセッシングによる、細胞機能制御機構の存在が示唆された。

#### 2. オオムギ出穂期予測モデル構築による作物デザイン技術基盤の開発

昨年度まで行ってきた圃場オオムギライフコースデータに基づく作物デザイン研究については、オオムギの環境に応答した開花における遺伝要因の同定に関する論文の投稿と、成長および環境に応答したホルモン変動に関する論文の準備を行った。

#### 3. 二酸化炭素を透過するアクアポリンの解析

気孔から葉内に入った二酸化炭素は、その後組織内を拡散する。この際、二酸化炭素を輸送する膜タンパク質が重要な役割をすることが予想されている。アクアポリン分子には二酸化炭素を透過するものと透過しないものがあることが知られているが、両者の間の構造的な違いについてはわかっていない。本研究では二酸化炭素を透過するアクアポリンと透過しないアクアポリンのキメラタンパク質を作成し、二酸化炭素の透過選択性を決定するアミノ酸残基の同定を行った。

#### 4. オオムギ芒形成に関与するヒストン修飾制御因子の解析

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として、ヒストン修飾制御因子が同定された。野生型と変異体の芒を比較したところ、細胞数や細胞壁構成成分に影響が見られた。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、既知の芒形成関連遺伝子や植物ホルモン関連遺伝子、細胞壁合成関連遺伝子が変動していること、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。さらに変異体の芒では野生型と比べ特定のヒストン修飾が変化していた。これらのことより、芒形成に関わるヒストン修飾の制御が示唆された。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in the plant hormone response system and have been analyzing the system using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2024 are described below.

#### 1. Analysis of the post-transcriptional mitochondrial mRNA regulation.

In our research until last fiscal year, we found that the *ags2* mutation suppresses the *ahg2* phenotype but does not affect the accumulation of polyadenylated mitochondrial (mt) mRNA, which is considered the cause of the *ahg2* phenotype. On the other hand, it restores the reduced RNA editing efficiency of some mt mRNAs in *ahg2*. These results suggest that there is some interaction between mt mRNA polyadenylation and RNA editing, and AGS2 plays a critical role in this process. This fiscal year, we conducted research to verify whether the effects of RNA editing via polyadenylation are related to the *ahg2* phenotype. The results indicate that the function involved in the maturation of Cytc is likely its target, suggesting the existence of a cellular function regulatory mechanism mediated by mt mRNA processing.

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

Regarding the crop design research based on the life-course data of field-grown barley conducted until last fiscal year, we submitted a paper on the identification of genetic factors related to barley flowering in response to environmental conditions and prepared another paper on hormonal fluctuations related to growth and environmental responses.

#### 3. Analysis of carbon dioxide-permeating aquaporins

Carbon dioxide diffuses within the leaf tissue following its entry through the stomatal opening. In this diffusion process, carbon dioxide permeating proteins integrated in biomembranes are postulated to play a crucial role in absorption of carbon dioxide into the cell. While it is known that some aquaporins permeate carbon dioxide and others do not, the structural difference between them remains unclear. In this study, we created chimeric proteins of aquaporins and examined their carbon dioxide permeability to identify the amino acid residues responsible for determining the selectivity of carbon dioxide permeability.

#### 4. Analysis of the regulator of histone modification involved in awn development in barley

In barley, the mutants which show short awn phenotype were identified, and we found that the causal gene encodes the regulator of histone modification. The mutant awn shows the effect on cell number and cell wall synthesis. RNA-seq analysis using WT and mutant awn shows differential expression of known awn related genes, hormone related genes, and cell wall synthesis related genes, and up-regulation of specific floral identity genes. Furthermore, specific histone modifications were altered in the mutant awns compared to the wild type, suggesting the regulation of histone modifications involved in awn development.

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. 酸化ヌクレオチド除去に関与するトマト nudix hydrolase 遺伝子の探索

生物的非生物的環境ストレスで生じる活性酸素種により細胞内で生成する酸化ヌクレオチド 8-oxo-dGTP は DNA や RNA に取り込まれ、アデニンと塩基対を形成し複製や転写エラーを引き起こす。毒性分子やシグナル分子を分解し、生物的非生物的環境ストレスに対する応答防御に重要な役割を持つ Nudix hydrolase (NUDX) について、酸化ヌクレオチドを除去するトマト由来 NUDX 遺伝子 (*SINUDX*) の探索と機能について解析した。モデル植物トマトであるマイクロトムのデータベースから 14 種類の *SINUDX* を見出し、9 種類のサブファミリーに属することと推定した。このうち、8-oxo-dGTP を加水分解するシロイヌナズナ由来 AtNUDX1 に 57% の相同性を示す *SINUDX1* を得た。*SINUDX1* のオープンリードフレーム領域を大腸菌で発現させ精製した *SINUDX1* は、Mg<sup>2+</sup> 存在下 pH 8.0 で 8-oxo-dGTP を加水分解した。酸化ストレスを誘発する乾燥、塩、UV-C に曝露したマイクロトムの葉では *SINUDX1* の発現誘導は認められなかった。

### 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。*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。MutMap 法は、原品種と突然変異系統を交配した F<sub>2</sub> 系統について、表現型に関連する 1 塩基多型 (SNP) を見出し、原因遺伝子を特定する方法である。野生型である農林 61 号と *rsd32* の交配により得られた F<sub>2</sub> 集団の中から、*rsd32* 型の表現型を示す 20 系統を選抜した。これら選抜系統からゲノム DNA を抽出し、等量混合したものをバルク DNA とし、野生型である農林 61 号とともに次世代シーケンサーにより塩基配列の解読を行った。MutMap 解析の結果、3A 染色体短腕末端部に原因遺伝子が存在すると考えられた。この領域 (約 4 Mbp) には 118 個の SNP があったが、CDS 内に存在し、かつアミノ酸置換を起こすものは 2 つだけであった。一つは *MOTHER of FT and TFL1 homolog 2-like (MFT)* で、SNP は exon1 にあった。もう一方は retrotransposon であった。*MFT* はコムギの種子休眠性制御において重要な役割を果たすことから、*MFT* が *rsd32* の原因遺伝子の有力候補であると考えられた。

Our group has elucidated the function of enzymes, proteins, and gene regulation factors associated with the stress tolerance of plant cells using biochemical and molecular biological techniques, and their application to development of stress-tolerant plants. Our main achievements in 2024 are described below.

### 1. Identification of tomato nudix hydrolase genes sanitizing oxidized nucleotides

The oxidized nucleotide, 8-oxo-dGTP, generated in cells by reactive oxygen species produced by biotic and abiotic environmental stress is incorporated into DNA and RNA, where it forms a base pair with adenine and causes replication and transcription errors. Nudix hydrolase (NUDX) plays an important role in the response defense against biotic and abiotic stress by degrading toxic molecules and signal molecules. Here, the tomato NUDX gene (*SINUDX*), which removes oxidized nucleotides, was identified and its function was analyzed. Fourteen *SINUDXs* was identified from a database of Micro-Tom, a model plant tomato, and they classified into 9 subfamilies. Among them, *SINUDX1*, encoded NUDX showing 57% homology to AtNUDX1 from *Arabidopsis thaliana*, which hydrolyzes 8-oxo-dGTP. *SINUDX1* purified by expressing the open reading frame region of *SINUDX1* in *E. coli*, hydrolyzed 8-oxo-dGTP at pH 8.0 in the presence of Mg<sup>2+</sup>. No induction of *SINUDX1* expression was observed in Micro-Tom leaves exposed to oxidative stress-inducing conditions such as drought, salt, and UV-C.

### 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. *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. MutMap is a technique for identifying causative genes by finding single nucleotide polymorphisms (SNPs) associated with the phenotype in an F<sub>2</sub> population derived from a cross between the original variety and the mutant line. We selected 20 F<sub>2</sub> lines with the *rsd32* phenotype from the cross between Norin61 (wild type) and *rsd32*. Genomic DNA was extracted from these selected lines, pooled in equal amounts to create bulk DNA, and sequenced along with Norin61 using next-generation sequencing. MutMap analysis indicated that the causative gene is located at the terminal end of the short arm of chromosome 3A. In this region (approximately 4 Mbp), 118 SNPs were identified; however, only two were located within coding sequences and caused amino acid substitutions. One was in the *MOTHER of FT and TFL1 homolog 2-like (MFT)* gene, with the SNP located in exon 1 and the other was in a retrotransposon. Since *MFT* plays a critical role in regulating seed dormancy in wheat, it is considered a strong candidate for the causal gene of *rsd32*.

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

#### 1. イネの鉄の優先的分配に関与する輸送体 *OsOPT7* の同定

鉄は植物の必須元素であり、さまざまな生理機能を発揮するために、根に吸収されたあと、地上部のさまざまな器官や組織に運ばれる必要がある。本研究では、オリゴペプチドトランスポーターファミリーに属する *OsOPT7* が鉄の分配に関与することを明らかにした。*OsOPT7* は節、特に最上位の節 I で高発現しており、その発現は鉄欠乏によって誘導された。*OsOPT7* は主に節の肥大維管束の木部柔細胞と葉の維管束組織に局在し、*OsOPT7* を破壊すると、鉄の吸収には影響しなかったが、新葉、上位節、発達中の穂への鉄の分配は減少した。また古い葉への鉄の分配は増加した。さらに *OsOPT7* の破壊により、葉鞘への鉄の分配が減少し、葉身への鉄の分配が増加した。これらの結果は、*OsOPT7* は、イネの発達中の器官への長距離分配と葉での局所分配の両方において、木部からの鉄の排出に関与していることを示している。

#### 2. イネのアンチモンの吸収に関与する輸送体の同定

アンチモンは植物の生育に必要な元素ではないが、可食部分に高蓄積すると、健康被害を引き起こす。本研究では、イネのアンチモンの蓄積に関する機構を生理学的及び分子生物学的に解析した。その結果、三価のアンチモンが主なアンチモンの吸収形態であることを明らかにした。また吸収されたアンチモンのほとんどが根の外皮細胞に蓄積し、根の細胞質内のアンチモンは三価の形態で存在していることを突きとめた。ケイ酸輸送体 *Lsi1* が三価のアンチモンの吸収に関与する輸送体であることを明らかにした。

#### 3. イネ種子へのカルシウム集積に関与する遺伝子の同定

主食であるコメは我々のカルシウム摂取源の一つであるが、精白米中のカルシウム濃度は低い。本研究では、カルシウム集積の高いイネ変異体を単離し、その原因遺伝子 *OsK.2* を同定した。*OsK.2* は根の内鞘細胞に局在し、この遺伝子を破壊すると、導管液中のカリウム濃度が減少したが、カルシウムの濃度が高くなった。また種子のカルシウム濃度を比較したところ、野生型イネと比べ、変異体のほうが25%以上高くなった。しかし、収量などの農業形質はほとんど変わらなかった。

#### 4. アルミニウム耐性オオムギ品種の育成と特性解析

オオムギはアルミニウム毒性に弱い、品種間差が存在する。我々のこれまでの研究では、アルミニウム耐性の品種間差は根からのクエン酸分泌を司る輸送体遺伝子 *HvAACT1* の発現の違いにより、またこの発現の差は上流への1kbのトランスポゾン様配列の挿入に起因する。本研究では、繰り返し交配により、この1kbの挿入を持つ *HvAACT1* 遺伝子をアルミニウム耐性の弱い日本の主要醸造品種はるな二条に導入した。育成された BC<sub>2</sub>F<sub>10</sub> を用いて解析した結果、元の品種と比べ *HvAACT1* の発現量やクエン酸分泌量が大幅に増加し、根端のアルミニウム結合量が減少した。また複数年の圃場試験を行った結果、育成された品種は酸性土壌において元の品種より収量が2倍以上増加した。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2024 are described below.

#### 1. Identification of a transporter required for preferential distribution of iron in rice

Iron (Fe) is an essential element for plant growth, which needs to be delivered to different organs and tissues after uptake. Here, we found that *OsOPT7*, a member of the oligo peptide transporter family is involved in the preferential distribution of Fe in rice. *OsOPT7* was highly expressed in the nodes, and its expression was upregulated by Fe-deficiency. *OsOPT7* transports ferrous iron. *OsOPT7* is mainly localized in the xylem parenchyma cells of the enlarged vascular bundles in the nodes and vascular tissues in the leaves. Knockdown of *OsOPT7* did not affect the Fe uptake, but altered Fe distribution; less Fe was distributed to the new leaves, upper nodes and developing panicle, but more Fe was distributed to the old leaves. Furthermore, knockdown of *OsOPT7* also resulted in less Fe distribution to the leaf sheath, but more Fe to the leaf blade. Taken together, *OsOPT7* is involved in the xylem unloading of Fe for both long-distance distribution to the developing organs and local distribution within the leaf in rice.

#### 2. Identification of a transporter involved in antimony uptake in rice

Antimony (Sb) is a toxic metalloid, which poses a risk to health. Through detailed physiological and molecular characterization, we found that Sb(III) is the preferential form of Sb uptake in rice, but most Sb is deposited at the root exodermis. Furthermore, we found that Sb(III) uptake is mediated by Low silicon rice 1 (*Lsi1*), a Si permeable transporter.

#### 3. Identification of a transporter for high calcium accumulation in rice grain

Rice as a staple food is a major source of calcium (Ca) intake, but the polished rice grain is low in Ca. In this study, we obtained a rice mutant with high shoot Ca accumulation. There was no difference in the agronomic traits between the WT and mutant, but the amount of Ca in the polished grain was 25% higher in the mutant than in the WT. We found that the gene responsible for the mutation was *OsK5.2*, a member belonging to the Shaker-like K<sup>+</sup> channel family. *OsK5.2* was highly expressed in the mature region of the roots and the protein was mainly expressed in the pericycle of the roots. Knockout of this gene resulted in increased Ca in the xylem sap.

#### 4. Breeding of a barley cultivar with aluminum tolerance

Barley is sensitive to aluminum (Al) toxicity, but there was a large natural variation in the Al tolerance. We have shown previously that the natural variation results from a 1-kb insertion upstream of *HvAACT1* that encodes a citrate transporter. In the present study, we bred a malting barley cultivar with enhanced Al tolerance by introgression of a 1-kb transposon regulating the expression of *HvAACT1* into an elite malting cultivar through multiple backcrossing. The line selected showed increased expression of *HvAACT1*, enhanced citrate secretion from the roots and decreased Al binding to the roots. This line produced a grain yield more than two to three times that of the original cultivar when grown on acidic soil.

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。今年度はアフリカツメガエル卵母細胞を用いた各種輸送体の機能解析、アクアポリンの構造と機能に関する研究、コムギのアルミニウム耐性に関わる ALMT1 の輸送機能における制御メカニズムについて、研究成果を報告する。

### 1. アフリカツメガエル卵母細胞異種機能発現系を用いた各種輸送体の機能解析

ラジオアイソトープを用いた実験系で各種輸送体の基質同定や活性測定を行った。その結果、はじめて古細菌由来の輸送体 PHT1 にリン酸輸送活性があることを明らかにした。また果実の糖輸送体 SWEET によるスクロース、グルコースそしてソルビトールの輸送活性を測定した。二電極電圧固定法 (TEVC) による実験では、イネ OsHKT1;1 の全長では Na<sup>+</sup> を輸送するがスプライシングバリエーションの一つが Cl<sup>-</sup> も輸送すること、トマトの PIP2 型アクアポリンの中に Na<sup>+</sup> や K<sup>+</sup> を輸送するイオン輸送性アクアポリンがあることを明らかにした。

### 2. アクアポリンの構造と機能の関係

イネのイオン輸送性アクアポリンである OsPIP2;4 の分子構造解析からイオン透過経路として未知の経路が輸送体タンパク質内に存在する可能性を見出した。この経路に沿って位置するバリンを側鎖の大きなイソロイシンに置換するとイオン透過が阻害された。

種子登熟と乾燥に関与する液膜型アクアポリン TIP3 の立体モデル解析を行った。イネ科とアブラナ科では、膜内に位置する NPA モチーフの両側の構造が大きく異なっており、アクアポリンによる種子の水分調節のメカニズムが異なっていることが示唆された。

### 3. コムギの根端からの ALMT1 を介したリンゴ酸放出に関わる相互作用因子

酸性土壌ではアルミニウム (Al) が溶出し、コムギの根端に集積するため根伸長を抑制する。コムギの Al 耐性機構としてリンゴ酸の放出が知られる。リンゴ酸は Al と錯体をつくることで根を保護する。我々は、ALMT1 遺伝子発現が根端 (0-5 mm) と基部側 (10-15 mm) で変わらないにも関わらず、タンパク質量および Al で活性化されるリンゴ酸放出が根端に限られることを明らかにし、根端には ALMT1 の機能を維持する因子が存在すると推測した。さらに、コムギ根端をタンパク質合成阻害剤処理とリン酸化阻害剤処理を行い、リンゴ酸放出は抑制されるが、ALMT1 タンパク質量およびリン酸化には影響しないことを明らかにした。そのため、ALMT1 によるリンゴ酸放出には、ALMT1 以外の未知のタンパク質合成とリン酸化が必要であると考えられた。現在、その相互作用タンパク質因子を探索している。

Our research has been focusing on the molecular, cellular and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. We report the results of our functional analysis of various transporters using *X. leavis* oocytes and studies on the structure-function relationship of aquaporins. We also report the regulation mechanisms for transport function of ALMT1 involved in aluminum tolerance in wheat.

### 1. Transporter analysis in the *X. leavis* oocyte heterologous expression system.

Using radioisotopes, we identified the activity of phosphate transport by the archaea PHT1 transporter. Sucrose, glucose, and sorbitol transport by the fruit sugar transporters, SWEETs, was measured, and the substrate and characteristics of each transporter were clarified.

The two-electrode voltage-clamp experiments revealed that the full length of rice OsHKT1;1 transports Na<sup>+</sup> but also Cl<sup>-</sup> in a splicing variant, and that there are ion-channel aquaporins that transport Na<sup>+</sup> and K<sup>+</sup> among tomato PIP2-type aquaporins.

### 2. Structural and functional analysis of aquaporins

Molecular structure analysis of OsPIP2;4, an ion-channel aquaporin in rice, revealed the possibility that a hidden ion-transporting pathway exists within the transporter protein. Replacement of valine with bulky isoleucine along this pathway inhibited ion permeation.

The tertiary structure of tonoplast intrinsic proteins 3, TIP3s, which is involved in seed ripening and drying, was analyzed. The structures of both sides of the NPA motives located in the membrane in the grass family and the brassica family were not the same, which suggested that the mechanism of water control in these seeds by aquaporins is different.

### 3. Interaction factor for maintaining malate transport function through ALMT1 in root apex of wheat.

Aluminum (Al) is solubilized in acidic soils and accumulates at the root apices of wheat, then inhibits root elongation. The efflux of malate from root apices is involved in the Al tolerant mechanism in wheat. Malate protects roots by chelating with Al. We found that ALMT1 gene expression was the same at the root apices (0-5 mm) and the basal region (10-15 mm), although the amount of protein and Al-activated malate efflux were restricted to the root apices, suggesting that the interaction factors maintained the ALMT1 function at the root apices. Furthermore, treatment of wheat root apices with inhibitors for protein synthesis and protein phosphorylation suppressed malate efflux, but did not affect the ALMT1 protein amount and phosphorylation level, suggesting that ALMT1-mediated malate efflux requires *de novo* synthesis and phosphorylation of an unknown protein other than ALMT1. Determination of the interaction factors is in progress.

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. 単一ウイルスによる3つの生物界（菌界、植物界、動物界）を跨いだ感染

現代ウイルス学の定説では、ウイルスには厳然とした宿主範囲が存在するとされてきた。新型コロナウイルスは自然宿主であるコウモリからヒトへ広がったとされるが、それは哺乳類という動物界での限定的なスピルオーバー（宿主の乗り換え）である。しかし、真核生物のウイルスは、その進化の過程で陸上の主要三生物界（動・植物・菌）の間を何度も往来してきたことが分子系統学やウイルス化石（内在化ウイルス配列）により示唆されている。本研究では、普段は目立つことのない謎に満ちたパルティティウイルス（2分節型2本鎖RNAウイルス）を用いて、3つの生物界（植物界、菌界、動物界）を跨いでウイルスが複製可能であるかを検証した。パルティティウイルス科は、5つの属を含み、その中の2つのウイルス属（アルファパルティティウイルス属とベータパルティティウイルス属）は、植物あるいは真菌類に感染するメンバーを持つ特徴がある。そこで、植物病原糸状菌である白紋羽病菌から分離された上記2属に属する複数のパルティティウイルスの精製粒子を用い、細胞へのトランスフェクションによる感染実験を行った。モデル糸状菌宿主のクリ桐枯病菌、ニンジン (*Daucus carota*)、野生タバコ (*Nicotiana benthamiana*) 並びにタバコ (*N. tabacum*) のプロトプラスト、さらに2種の昆虫 (*Spodoptera frugiperda*, *Drosophila melanogaster*) 培養細胞における複製をRT-qPCRとノーザン解析により検討した。その結果、ウイルスの属により生物種への感受性の違いが認められたが、上記生物種でのウイルス複製が確認された。また、ニンジン感染プロトプラストから植物体の再生に成功し、真菌パルティティウイルスの全身持続感染を確認した。以上は、単一のウイルスが3生物界の細胞で複製可能であることを示す世界ではじめての証明となり、ウイルスの適応、ホストスイッチ、進化の理解に大きく貢献できると期待される。

### 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。本年度は中国グループとの共同研究で、*Phenuiviridae* 科のマイナス鎖RNAマイコウイルス (VmNSRV1) をリンゴの病原糸状菌 (*Valsa canker*) から発見した。VmNSRV1は宿主菌の病原性を低下させ、調査した菌集団に広く蔓延していた。このウイルスの分節は、植物の細胞間移行タンパク質と同じ機能を持つ遺伝子をコードしており、植物に全身感染すること、さらに果樹園のリンゴ樹へ自然感染することが確認された。このウイルスは植物と菌類を宿主とし、自然界で2つの生物界を往来可能であることから、植物の真菌病に対する生物学的防除因子として利用できる可能性がある。

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

### 1. Replication of single viruses across the kingdoms, Fungi, Plantae, and Animalia

It is a rule of modern virology that every virus can infect only limited organisms within single kingdoms, whether its host range is broad or narrow. SARS-CoV-2, still occurring in humans, is assumed to have originated from a bat (mammalian) and spilled over to humans, a host jump within the kingdom Animalia. It is extremely rare that a single virus crosses host barriers across multiple kingdoms. Based on phylogenetic and paleovirological analyses, it has previously been hypothesized that single members of the family *Partitiviridae* could cross multiple kingdoms. Partitivirids characterized by their simple bisegmented double-stranded RNA genome; asymptomatic infections of host organisms; the absence of an extracellular route for entry in nature; and collectively broad host range. Herein, we show the replicability of single fungal partitiviruses in three kingdoms of host organisms: Fungi, Plantae, and Animalia. Betapartitiviruses of the phytopathogenic fungus *Rosellinia necatrix* could replicate in protoplasts of the three plants (Plantae)—carrot (*Daucus carota*), *Nicotiana benthamiana* and *N. tabacum*—in some cases reaching a level detectable by agarose gel electrophoresis. Moreover, betapartitiviruses showed more robust replication than the tested alphapartitiviruses. One of the fungal betapartitiviruses, RnPV18, could persistently and stably infect carrot plants regenerated from virion-transfected protoplasts. Both alphapartitiviruses and betapartitiviruses, although with different host preference, could replicate in two insect (Animalia) cell lines Sf9 and S2 derived from the fall armyworm *Spodoptera frugiperda* and the fruit fly *Drosophila melanogaster*. Our results indicate the replicability of single partitiviruses in members of three kingdoms, Fungi, Plantae, and Animalia and provide insights into virus adaptation, host jumping, and evolution.

### 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. In collaboration with a Chinese group, we discovered a negative-stranded RNA mycovirus (VmNSRV1) related to members of the family *Phenuiviridae*. VmNSRV1 caused hypovirulence and was widespread in the phytopathogenic fungal population of apple *Valsa canker* (*Valsa mali*) infesting apple orchards. One of the 3 virus segments encodes a protein with the same function as cell-to-cell movement proteins and infects plants systemically. This virus was detected in apple trees collected in orchards. This virus appears to adapt to both plant and fungal hosts, shuttling between the two kingdoms in nature, and has the potential to be used as a biological control agent against plant fungal diseases.

我々は植食性昆虫に対する防御機構の解析を、単子葉の代表的なモデル植物であるイネを用いて行っている。2024年に行った主要な2課題を以下に記す。

### 1. 昆虫吐き戻し液を介したイネの防御応答誘導に関する研究

植物は、食害にともなう機械的損傷（傷害）により咀嚼性植食性昆虫を認識するだけでなく、植食性昆虫関連分子パターン（Herbivore-associated molecular patterns, HAMPs）を認識することで、防御応答を調節している。HAMPsは様々な害虫の吐き戻し液に広く存在することが知られている。我々は農業・食品産業技術総合研究機構（NARO）の森博士らのグループとの共同研究により、イネの受容体様細胞質キナーゼである BROAD SPECTRUM RESISTANCE 1（BSR1）が、吐き戻し液認識にともない活性化される細胞内シグナル伝達に寄与することを示した。BSR1は、様々な病原菌由来エリシターで誘導される防御応答に関与することが知られており、イネの細胞内防御シグナルを統合する重要なハブの一つであることが明らかになった。イネにおいて BSR1 遺伝子を過剰発現させると、食害時に複数の防御関連二次代謝産物の産生量が増加するとともに、咀嚼性植食性昆虫である *Mythimna loreyi* に対する抵抗性を増強できることを示した (*Int. J. Mol. Sci.*, 2023)。さらに本共同研究を進展させ、今年度は、吐き戻し液に含まれるキチンオリゴ糖が BSR1 遺伝子上流の受容体で認識されるエリシターとして働くことを見出した。本発見により、典型的な真菌エリシターとして知られていたキチンが植物-昆虫間相互作用に関わる新規の HAMP として機能することが明らかになった (*Plant J.*, 2024)。

### 2. 世界のイネコアコレクションを用いた植食性昆虫の宿主選択性の解析

イネを加害する咀嚼性および吸汁性植食性昆虫は、イネ品種の違いにより加害レベルや害虫密度が異なる。特に圃場において、トビイロウンカ (*Nilaparvata lugens*) による品種間の加害レベルは、植物・昆虫間相互作用グループの実験室でも繰り返し観察されていたように、大きく異なることがある。我々は、イネのトビイロウンカに対する誘引性や忌避性に関わる遺伝的基盤を明らかにするために、今回、世界各地の代表的なイネ 69 品種を含む世界のイネコアコレクション (World rice collection, WRC) を利用した。NARO より WRC 種子を入手し、2024 年に 69 系統を資源植物科学研究所圃場で栽培し、種子の採取を行うとともに、トビイロウンカ加害に注目した予備的スクリーニング実験を行った。予想通り、トビイロウンカは品種に応じて異なる加害レベルを示したことから、吸汁性昆虫による宿主選択に関連する形質の同定に WRC が有用であることが示された。本研究は、イネにおける重要な昆虫関連形質に焦点を当てた様々なゲノムワイド関連解析 (GWAS) を開始するために継続する予定である。

We are studying mechanisms of plant defense against herbivores using rice that is the most important monocot crop in Japan. Two major areas investigated in 2024 are listed below.

### 1. Studies on rice defense responses mediated by insect oral secretions (OS)

Plants recognize chewing herbivores based on mechanical damage (wounding) that is fine-tuned by detection of herbivore-associated molecular patterns (HAMPs) contained in the OS of larvae across various insect pest species. In collaboration with the group of Dr. Mori at National Agriculture and Food Research Organization (NARO), we showed that a receptor-like cytoplasmic kinase BROAD SPECTRUM RESISTANCE 1 (BSR1), a known regulator of defense induced by various pathogen-derived elicitors, functions as an important hub for integration of the OS-derived signals in rice cells. It is shown that the overexpression of BSR1 can enhance the resistance of rice to chewing herbivore *Mythimna loreyi* by increasing the levels of multiple defense metabolites in rice (IMJS, 2023). In continuation of this collaboration, we show this year that chitin oligosaccharides in OS function as rice defense elicitors perceived upstream of BSR1 gene. This extends the function of the typical fungal elicitor chitin as a novel type of HAMP that mediates the plant-insect interactions (The Plant Journal, 2024).

### 2. Understanding of herbivore host preference using the World Rice Collection

Both chewing and sucking-piercing herbivores attack rice but show different damage levels and pest densities on variable rice cultivars. In particular, the infestation level of rice plants by rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in the field can differ substantially, as repeatedly observed in the laboratory of Plant-Insect Interactions. In order to elucidate the genetic basis of rice attractiveness and/or repellency to planthoppers, we now employ the World rice collection (WRC) that contains 69 representative rice varieties from diverse world locations. After obtaining the seeds from NARO, 69 lines were planted in the paddy field of Institute of Plant Science and Resources in 2024 for seed multiplication and preliminary screening of rice brown planthopper infestation. As predicted, our results show that the brown planthoppers variably infested rice plants, demonstrating the usefulness of WRC lines for identification of traits associated with selection of preferred host plant by sucking-piercing insects. The study will be continued in the future to initiate various genome-wide association studies (GWAS) focusing on the important insect-related traits in rice.

我々の究極の目標は、生物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メカニズムの解明を試みている。2024年の主な成果は以下の通りである。

Nucleotide-binding domain and leucine-rich repeat (NLR) ファミリーの抵抗性タンパク質は、様々な生物において重要な細胞内免疫受容体として機能している。動物などと比較して、植物は多数の NLR 遺伝子を保持しており、そのゲノムあたりの遺伝子数は約 50 から 1000 に及ぶ。かつては、NLR タンパク質は単独で機能すると考えられていたが、近年の報告により、エフェクター誘導免疫のために、1つ以上の NLR タンパク質とペアあるいはネットワークを形成することで機能する NLR タンパク質の存在が明らかになってきた。興味深いことに、2つの NLR ペアの一般的な特徴として、免疫誘導に関して拮抗的な関係性を有することが挙げられる。遺伝子重複とそれに続く進化が、NLR タンパク質シグナルの複雑性に寄与していると推測される。しかしながら、最初の NLR 型抵抗性遺伝子が同定されてから四半世紀が経過したにもかかわらず、遺伝子重複した NLR 遺伝子が植物免疫を制御するために、進化の過程でどのようにして複雑性を獲得したのかは未だ解明されていない。

我々は他の研究グループとの共同研究により、ペア NLR タンパク質である RGA4 と RGA5 がいもち病菌に対する病害抵抗性を付与するメカニズムを実証した。さらに、低分子量 G タンパク質 OsRac1 とその活性化因子 OsSPK1 が、NLR 型タンパク質 Pit1 の直接的な下流ターゲットであり、いもち病菌に対する病害抵抗性を誘導することを明らかにした。これらは、NLR タンパク質ペアの活性化機構を理解する上で重要なマイルストーンとなっている。本研究において、我々は抵抗性遺伝子のペアである *Pit1* とそのパラログ *Pit2* が、祖先型 *Pit1* 遺伝子から遺伝子重複により生み出されたことを発見し、*Pit1* と *Pit2* 間の機能の違いを決定する運命決定残基を同定した。*Pit1* と *Pit2* は共にいもち病菌に対する抵抗性に必要であるが、拮抗的な機能を有しており、*Pit1* は免疫誘導の役割を果たし、*Pit2* は *Pit1* 誘導性の免疫を抑制するセンサーとして機能する可能性を見出した。この機能の違いは、*Pit2* における P300 と F415 残基の変異によって生じており、これらの変異は *Pit2* の形質膜局在を消失させ、*Pit1* を細胞質に留める新たな機能を付与している。我々の知る限り、本研究は NLR タンパク質ペアの運命決定残基を同定し、これらの残基が NLR タンパク質に拮抗的機能を付与する機構を説明した最初の研究である。本研究は、NLR 遺伝子が進化し植物免疫を制御する機構の理解を大きく前進させるものである。

Our ultimate goal is to design new plants that can 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 2024 are described below.

The nucleotide-binding domain and leucine-rich repeat-containing (NLR) family of resistance (R) proteins function as important intracellular immune receptors in a wide variety of organisms. In contrast to other taxa, plants possess a large number of NLRs, with anywhere from about 50 to 1000 encoded per genome. Although NLR proteins were initially thought to work alone, recent studies have revealed various NLR proteins that function with one or more NLR proteins, with which they can pair or network to initiate effector-triggered immunity. Interestingly, the general feature of two NLR pairs are that they have antagonistic relationships on immune induction. It is assumed that gene duplication followed by evolution of duplicated *NLR* genes contributes to the complexities of NLR protein. However, although several decades have passed since the first NLR-type *R* gene was identified, how the duplicated *NLR* genes generate such behavioral complexity during evolution to orchestrate plant immunity remains to be clarified.

In collaboration with other groups, we have demonstrated how a pair of NLR proteins, RGA4 and RGA5, confer disease resistance to rice blast fungus. We have also revealed that the small GTPase OsRac1 and its activator OsSPK1, which is a direct downstream target of the NLR-type R protein Pit1, induce disease resistance to rice blast fungus. These are important milestones in understanding the activation mechanism of pairs of NLR proteins. In this study, we found that the pair of *R* genes *Pit1* and its paralog *Pit2* were tandemly duplicated from an ancestral *Pit1* gene, and we identified the fate-determining residues between *Pit1* and *Pit2*. *Pit1* and *Pit2* are both required for the resistance to rice blast fungus but specialized in antagonistic functions: *Pit1* acts as an executor of immunity and *Pit2* may be a sensor to suppress *Pit1*-induced cell death. This difference is generated by two mutations at P300 and F415 in *Pit2*, which abolish plasma membrane localization and confer new functions that allow *Pit2* to capture *Pit1* in the cytosol. This novel study identified the fate-determining residues of a pair of NLR proteins and elucidated how they provide the NLR protein with antagonistic functions. We believe that our study has contributed substantially to our understanding of how *NLR* genes evolve and orchestrate plant immunity.

### 1. *Methylobacterium* 属細菌のランタノイドに応答したメタノール代謝

*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 MxaF とランタノイド (Ln) 依存 XoxF の二つのメタノール脱水素酵素 (MDH) を持っている。両者は Ln の存在により発現が切りかわる (Ln スイッチ)。Ln スイッチの本体分子は二成分制御系である MxbDM が担う。XoxF 遺伝子と MxbDM 遺伝子欠失株では、MxaF の発現が起こらない。センサータンパク質である MxbD は、ペリプラズム局在性の活性化していない (Ln を含んでホロ化していない) XoxF タンパク質を認識していることを BioLayer Interferometry で明らかにした。MxbM は MxbD によりリン酸化され、酸化もされて活性化し、MxaF 遺伝子プロモーターに結合して MxaF を発現する。さらに、別の二成分制御系 MxcQE 及び Orphan 制御因子 MxaB も Ln 非存在下でのメタノール生育に関与することから、MxaF の発現はこれらの制御因子に複雑に制御されていることが分かってきた。

### 2. 赤潮原因藻ヘテロシグマのゲノム配列解読

『赤潮』とは、植物プランクトンが異常に増殖し、海水が着色する現象を指す。赤潮は、水温、海水塩度、栄養塩含量など、様々な要因によって誘発されるが、その詳細は不明な点が多い。

当グループは、赤潮原因藻の一種ヘテロシグマ (学名 *Heterosigma akashiwo*) の生態生理を分子・細胞レベルで理解することを目指して研究を行っている。本年度は、*H. akashiwo* のゲノム解読を完了した。*H. akashiwo* のゲノムサイズは 1.2Gbp 程度と予想されたが、本研究により冗長配列や、オルガネラ由来の配列を除いた contig が 84 本 (33 本がテロメアを含む) に収束し、総計 1.19 Gbp となった。このドラフト配列をもとに、昨年度までに終了したトランスクリプトームを参照し、遺伝子領域予測とアノテーションを完了した。本成果は、今後の *H. akashiwo* の分子生物学的研究に重要な基盤を与える。

### 1. Lanthanide-dependent methanol metabolism in *Methylobacterium* species.

*Methylobacterium* species, ubiquitous bacteria living on the plant surface can utilize methanol emitted from plants and promote plant growth. Generally, *Methylobacterium* species have two different methanol dehydrogenases (MDHs), i.e., calcium (Ca)-dependent MxaF and lanthanide (Ln)-dependent XoxF. Their expression is switched by the presence of Ln (Ln switch). This molecular switch is regulated by MxbDM, a two-component signaling system. The XoxF- and MxbDM-deficient mutants do not express MxaF. The sensor protein, MxbD, recognizes the periplasmic inactive XoxF (holo-XoxF lacking Ln), which was revealed through Bio-Layer Interferometry analysis. MxbM is phosphorylated by MxbD, and further oxidized, to bind to the MxaF gene promoter. Furthermore, another two-component system, MxbQE and an orphan regulator MxaB also participate in regulation of the MxaF expression, which comprise a complex regulatory system.

### 2. Genome assembly and annotation of *Heterosigma akashiwo*

‘Red tide’ or ‘algal bloom’ refers to the phenomenon that phytoplankton proliferate abnormally to cause water discoloration. Bloom formation is assumed to be induced by various factors such as water temperature, salinity, and eutrophication, while the detailed mechanisms still remain elusive.

Our group focuses on characterizing ecophysiology of *H. akashiwo* at molecular and cellular levels. This year, we completed the assembly and annotation of *H. akashiwo* nuclear genome. After removing redundant sequences and organelles genomes, we obtained the 84 contigs (33 of them contained telomeres), 1.19 Gbp in total length, while the genome size was predicted to be around 1.2 Gbp. We conducted the gene prediction and the genome sequence based on the transcriptome we previously obtained and finalized the annotation. This study will provide an important foundation for the molecular-based research of *H. akashiwo* ecophysiology.

ゲノム多様性グループでは、世界中で収集されたオオムギ遺伝資源を保有し、維持・管理および配布等の系統保存事業を行っている。さらに、その遺伝資源を活用した多様性の評価ならびに特性形質のデータベース化を進めている。一方、ゲノム解析技術ならびにゲノム改変技術を用いたオオムギ遺伝資源の機能開発および重要遺伝子の機能解析に取り組んでいる。

### 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保存および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、在来系統や実験系統等を含む栽培オオムギ約 14,000 系統と野生オオムギ約 900 系統の種子を保有し、これらのリソースの増殖および新規リソースの収集を行っている。また、これらのリソースの配布を行い、研究者を支援している。本年度は、ノルウェー・スバルバル世界種子貯蔵庫への新たなオオムギ種子預託を実施した。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には、BAC ライブラリーの全クローンセット、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。近年は、クローンの配布は減少しており、保存系統のゲノム DNA が主な配布リソースとなっている。

### 2. オオムギ遺伝資源の多様性評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた多様性評価および有用形質の原因遺伝子単離および解析を進めている。

#### (a) オオムギ遺伝資源の大規模遺伝子型解析

未公開の遺伝資源の利用促進を目的として、中央アジア～東アジアに由来する栽培オオムギおよび野生オオムギのジェノタイプングを進めている。本研究は NBRP 中核的拠点整備プログラム「ゲノム情報等整備」による支援を受けている。

#### (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。現在、種子休眠性遺伝子、動原体関連遺伝子、オオムギうどんこ病抵抗性遺伝子、色素体関連遺伝子などへの変異導入による遺伝子機能の解析を行っている。

Our group preserves barley genetic resources collected worldwide and maintains, manages, and distributes these resources. In addition, we are evaluating the diversity of these genetic resources and developing a database of these genotypes and phenotypes. On the other hand, we are developing new technologies in barley and analyzing the functions of important genes using genome analysis technology and genome modification technology.

### 1. The Project for the Preservation and Distribution of Barley Genetic Resources

Our group participates in the National BioResource Project (NBRP) and is responsible for preserving and distributing barley germplasm and genome resources.

#### (a) Preservation and Distribution of Barley Germplasms

This project preserves approximately 14,000 cultivated barley germplasms, including landraces and experimental lines, and approximately 900 wild barley and relatives, and is propagating these resources and collecting novel resources. This project also supports researchers by distributing these resources. A new barley seed batch was deposited to the Svalbard Global Seed Vault in Spitsbergen, Norway. These barley seeds are important genetic resources to be utilized as breeding material for the future, and this duplicate storage will help ensure long-term food security.

#### (b) Distribution of Genomic Resources

The genomic resources in our group include the clone set of the BAC library, full-length cDNA clones, and genomic DNA samples of the barley accessions. In recent years, the distribution of clones has been decreasing, and genomic DNA samples of the barley accessions are the distributed main resource.

### 2. Evaluation of the Diversity of Barley Genetic Resources

Our group evaluates the diversity of barley genetic resources and isolates and analyzes the causal genes for useful traits using these resources.

#### (a) Large-scale genotyping of barley genetic resources

Genotyping of cultivated and wild barleys from Central and East Asia is conducted to promote the use of undisclosed genetic resources. The NBRP supports this research.

#### (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. Barley Transformation and Genome Editing

Our group is researching the genes involved in transformation amenability and improving transformation and genome editing efficiency in barley. For CRISPR/Cas9 genome editing of barley, the construction of a multi-target system has enabled simultaneous mutagenesis of multiple genes and improved the mutagenesis efficiency. Currently, we are targeting grain dormancy genes, kinetochore-related genes, disease resistance genes, and plastid-related genes.

本グループではオオムギの種子の形態形質の遺伝制御機構ならびに野生植物の多様性について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。本年度の主要な研究成果は以下の通りである。

#### 1. オオムギ極短芒突然変異体の遺伝・細胞学的解析

オオムギの芒は葉緑体を有し光合成を行い収量に貢献するが、雨滴が付着し倒伏や病害虫発生の発生源ともなる。オオムギの育種において芒長ならびに芒の剛柔を適切に遺伝制御することが重要である。今回は芒が正常の約1/4程度と大幅に短縮した、極短芒突然変異体の遺伝解析を行った。極短芒突然変異体は自然突然変異由来で、単因子劣性の遺伝様式を示すことがわかっている。この遺伝子を北米の飼料オオムギ品種 Bowman に戻し交雑で導入した極短芒準同質遺伝子系統 (NIL) を形態学的実験に供試した。極短芒遺伝子を保有する系統 (BM38) と長芒系統 (NC117) との交雑 F<sub>2</sub> 集団 153 個体でマッピングを行った。また、同座のアレルを対立性検定により探索した。さらに、以前我々が報告したオオムギの半芒突然変異体 *lks2* の Bowman NIL 系統と交配し、極短芒と *lks2* の二重突然変異体を Bowman の遺伝的背景で養成した。出穂後約2-3週の芒の徒手切片を作成し、芒の組織学的観察を光学ならびに蛍光顕微鏡で行い、芒の柔細胞長や断面長を測定した。植物体の稈長等の表現型形質を計測した。極短芒性は単一の劣性遺伝子支配であることが確認でき、ラフマッピングした。アレルも複数特定した。この極短芒突然変異体の表現型と、マップ位置情報を総合的に判断することで、極短芒性の原因遺伝子の有力な候補が特定できた。芒切片の観察から、芒の柔細胞長は Bowman と極短芒変異体で有意差がないが、芒の細胞数が極短芒変異体で著しく減少していた。このことから極短芒性は芒での細胞分裂の抑制が原因とみられた。

#### 2. 岡山県とその周辺の絶滅危惧種に関する調査研究

岡山県および広島県において、絶滅が危惧されている植物 (準絶滅危惧種を含む) の調査を続けている。2024 年には、以下の 22 種について、これまで知られていなかったと思われる 36 ケ所 (岡山県 28 ケ所、広島県 8 ケ所) 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): シモツケヌリトラノオ (1)、オクタマシダ (3)、ミヤコイヌワラビ (1)、エビネ (1)、ヒロハヤブソテツ (1)、セッコク (1)、シロヤマシダ (1)、イヌナチクジャク (1)、サクライカグマ (1)、アツギノヌカイトチシダマガイ (2)、ナガサキシダ (1)、ヒナラン (1)、フジシダ (3)、キシウシダ (従来のオオフジシダ) (3)、イワオモダカ (1)、ホンシャクナゲ (1)、キブネダイオウ (3)、ホソベリミズゴケ (2)、ヨコグラヒメワラビ (1)、カヤラン (2)、コガネシダ (2)、フクロシダ (3)。これらの生育地に関する過去の記録 (文献や標本) は、存在が確認出来なかった。また、個体数などの情報が無かった既知の生育地についても、現状を調査した。これらの地域では、岩角地や溪流帯に生育する種について、情報の蓄積がいまだ不十分であると考えられる。

Our group has been investigating the barley genes that control seed morphology and physiology, using various mutants including spontaneous and induced origins. Our aim is to identify genes that are beneficial for cereal crop improvement. Furthermore, wild plants are being investigated from the view point of diversity. Our main achievements in 2024 are described below.

#### 1. Genetical and cytological investigation of an extremely short awn mutant of barley.

We investigated an extremely short awn mutant with almost 75% length reduction. This mutant originated spontaneously. Genetic analysis revealed that the extremely short awn trait was controlled by a single recessive gene. Genetic mapping was conducted using a cross between line BM38 with the extremely short awn gene and a long awn line (NC117). The extremely short awn gene was mapped at 1.0-cM intervals 0.3 cM from the proximal marker to 0.7 cM from the distal marker. By consulting the public barley cv. Morex genome sequence database, we identified a strong candidate gene. The near isogenic line with the introduced extreme short awn gene into cv. Bowman genetic background was used for cytological analysis together with the wild type Bowman with long awns. A pair of Bowman parents and a near isogenic line with the extremely short awn gene that was produced by successive backcrossing. Cytological investigations of awn longitudinal sections revealed that the wild type and extremely short awn mutant had similar parenchyma cell lengths. Consequently, a significant reduction in cell number is likely responsible for the extremely short awn length. Genetic mapping identified a strong candidate gene for the extremely short awn mutant. The candidacy of this gene was validated by multiple allelic mutants with a non-synonymous mutation(s).

#### 2. Field survey on endangered plants in Okayama Pref. and adjacent areas

Threatened and near threatened plant species have been surveyed in Okayama and Hiroshima Prefectures. In these areas, there is insufficient information on the species growing on rocky places or riversides. In this year, 36 populations (28 in Okayama; 8 in Hiroshima) of the following 22 species were newly found: *Asplenium boreale*, *A. pseudowilfordii*, *Athyrium imbricatum*, *Calanthe discolor*, *Cyrtomium macrophyllum* var. *macrophyllum*, *Dendrobium moniliforme*, *Diplazium hachijoense*, *Dryopteris decipiens* var. *diplazioides*, *Dr. gymnophylla*, *Dr. paomowanensis*, *Dr. sieboldii*, *Hemipilia gracilis*, *Monachosorum maximowiczii*, *M. nipponicum*, *Pyrrosia hastata*, *Rhododendron japonoheptamerum* var. *hondoense*, *Rumex nepalensis* subsp. *andreaeanus*, *Sphagnum junghuhnianum* subsp. *pseudomolle*, *Thelypteris hattorii*, *Thrixspermum japonicum*, *Woodsia macrochlaena*, *W. manchuriensis*. The previous records (herbarium specimens or literatures) on these populations were not found.

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、世界各地のイネ遺伝資源に注目したゲノム解読と有用遺伝子探索、限られた育種母本から有用な遺伝変異を創出する倍数性育種法の基礎研究、さらには種の壁を越えた作物創出を念頭に置いたセントロメア領域のゲノム動態の解明と再定義を行っている。2024年の研究進捗は以下のとおりである。

### 1. ミャンマー農業研究所との共同研究による新奇イネゲノム構築と遺伝解析

ミャンマーは世界第7位のコメ生産国であるが長きにわたる政治的混乱の影響から、保有するイネ遺伝資源に対する先進的な遺伝解析は実施例がないと言える状態であった。そこで、九州大学の吉村淳教授を筆頭にミャンマー農業研究所との共同研究が開始された。古田は2020年から当該プロジェクトに参画し、同国の主要イネ品種「インマイエボウ」の参照ゲノム配列構築を実施した。また、ミャンマー栽培品種群の全ゲノム多型データおよび共同研究者らが収集した農業形質データを用いて、全ゲノム連関解析を実施した。その結果、収集したデータの正確性を示す結果とともに新奇農業形質関連遺伝子の存在を示唆する結果が得られた。

### 2. 限られた育種母本から有用な遺伝変異を創出する新しい育種法の研究開発

アジアとアフリカの栽培イネの4倍体雑種稔実システムを用いてトランスクリプトーム解析を行い、異質倍数化とともに遺伝子発現変化を調査した。differential expressed genes (DEG) の数は、両サブゲノムにおいて同質倍数化<雑種化<異質倍数化の順に増加した。またいずれも発現を低下させる側に多く見いだされ、GO解析の結果それらには細胞分裂や複製等の機能に関するもの (genetic regulation) が多かった。differential splicing genes (DSG) の数は同質倍数化<雑種化=異質倍数化の順で増加するとともに、アフリカイネサブゲノムと比較してアジアイネサブゲノムにおいて増加する傾向が見られた。DEGとDSGの内訳に共通性がないことから、4倍体雑種稔実システムのゲノムでは、多数の遺伝子で多様な遺伝子発現変化が並行して起こっていることが示唆された。

### 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、染色体全長レベルの高品質なゲノム配列の取得が可能になってきた。特に、従来法では難しかった高次反復領域のアセンブルも可能になり、これらを含むセントロメア領域も、新技術により解析可能となった。これらを利用して、我々は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再定義を行っている。本年度は、ネギ属植物の解析を行い、タマネギのセントロメアが個体レベルで頻繁に移動していること、および、ニンニクが、これまで報告された局在型のセントロメアで最大の平均 10Mb サイズのセントロメアをもつことなど、同属のセントロメアの多様性が明らかになった。

### 1. Rice Reference Genome Assembly and Genetic Analysis in Collaboration with the Department of Agricultural Research in Myanmar

Myanmar is the 7th largest rice-producing country in the world, but due to prolonged political instability, its rice genetic resources have remained largely untapped. Prof. Atsushi Yoshimura of Kyushu University initiated a collaborative research project with the Department of Agricultural Research in Myanmar. Furuta participated in 2020 in this project and constructed a reference genome assembly for Myanmar's leading rice variety, "Inn Ma Yebow." Additionally, Furuta conducted genome-wide association study using whole-genome variant data from Myanmar's cultivars and agronomic trait data collected by the collaborators. The results demonstrated the accuracy of the collected data and suggested the presence of novel genes related to agricultural traits.

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

Transcriptome analysis using interspecific tetraploid hybrid rice lines was carried out to investigate changes in gene expression caused by hybridization and polyploidization. The number of differentially expressed genes (DEGs) increased in the order of polyploidization (P) < hybridization (H) < interspecific polyploidization (PH) in both subgenomes. In addition, most of them were found to be down-regulated, and related to functions such as cell division and replication (genetic regulation) by GO analysis. The number of differential splicing genes (DSG) increased in the order of P < H = PH. The different types of genes belonging to DEG and DSG suggest that diverse changes in gene expression are occurring in parallel in the genome of the interspecific tetraploid hybrid rice.

### 3. Redefinition of centromere regions using high-quality genome sequences

Advances in next-generation sequencing technology have made it possible to obtain high-quality genome sequences at the entire chromosome length level for many species, including non-model organisms. In particular, assembly of higher-order repetitive regions, which has been difficult with conventional methods, is now possible, and centromere regions including these repetitive regions can also be analyzed with the new techniques. Using these techniques, centromere regions are redefined by chromatin immunoprecipitation using anti-centromere-specific histone H3 antibodies. In this year, the centromere analysis of *Allium* species revealed diverged centromeres in the genus, including frequent movement of onion centromeres at the individual level and the largest localized centromere size ever reported in garlic (10 Mb).

## 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、作物の生産性に鍵となる遺伝子を探索し、その生理学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、生命現象の多層的な特性に着目し、マルチオミクスデータの収集と解析を実施した。その結果、生産性向上に寄与する可能性のある代謝産物やエピジェネティクスマーカーを同定した。同時に、所内外との共同研究を通して、いろん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 understanding their functions. This year, we focused on collecting and analyzing multi-omics data from diverse plant species under varying environmental conditions. As a result, we identified metabolites and epigenetic markers with the potential to significantly enhance biological productivity. Furthermore, we actively collaborate with internal and external research partners, advancing genetic and genomic analyses across a variety of 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。本年度はオオムギの根圏から分離されたピオラセイン生産性・低温生育性 *Duganella* 属細菌の特徴付け、並びに根圏由来微生物の相互作用について検討を加えている。

## *Field Flora Research Team*

This team was started with the aim to analyze the plant growth and rhizosphere microbiome of double-cropping of rice and barley in relation to environmental factors such as fertilization, diseases and metal ion stress and to find changes in the complex network of these factors throughout the year. Through 3 years of sampling and analysis of the microbiome we found that the microbiome structure stably cycled in 3 years. Also, we found specific bacteria each in barley and rice, or common in both plants, and root or soil-specific bacteria, which suggested their specificity to environmental niches. This year we characterized violacein-producing psychrophilic *Duganella* species isolated from barley roots, and we are also investigating the interaction among bacterial isolates from the barley rhizosphere.

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

2024年には、慣行および無施肥栽培区での栽培試験の結果に基づいて、施肥応答性が異なるイネ品種対を選抜し、ポット試験による詳細な品種間差について記述した。また、複数年にわたる根圏微生物叢データを分析し、イネおよびオオムギで冗長性が異なる微生物群を明らかにした。

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

This 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 2024, based on the results of cultivation trials in conventional and non-fertilized plots, we selected rice variety pairs with different fertilization responses and described detailed inter-varietal differences through pot experiments. Additionally, we analyzed the multi-year rhizosphere microbiome data to identify microbial groups differing in redundancy in rice and barley.

## RECTOR プログラム

本グループでは本研究所の光環境適応グループ、大学の異分野基礎科学研究所の光合成・構造生物学研究コア、ドイツミュンスター大学のミハエルヒップラー教授、の研究室と研究協力・支援体制を整え、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遺伝学・分子生物学・生化学・構造生物学を駆使し明らかにする。今年度は緑藻クラミドモナスと他の光合成生物を材料として行い、光合成生物の機能の多様性について基礎的な研究を進めるとともに応用的な生物工学的な研究を目的とした研究活動も行った。質量分析を駆使し、LHCI, LHCII, LHCSR3の相互作用からアンテナタンパク質のダイナミクスを明らかにした (Mosebach et al, 2024)。葉緑体プロテアーゼ機能欠損は *pgr5* の表現型を緩和することから葉緑体プロテアーゼの新たな側面を提案した (Ozawa et al, 2024)。クラミドモナスを使い、水素発生の工学的な知見を得た (Hippler & Khosravitarab, 2024)。また、ciliary glycolyx の構造と機能を明らかにした (Hoepfner et al, 2024)。紅藻の *Porphyridium* を用いたタンパク質生産技術開発も寄与した (Hammel et al, 2024)。窒素欠乏下でのクラミドモナスにおけるサイクリックと偽サイクリック電子伝達の役割について知見を深め (Dao et al, 2024)、葉緑体 acetyltransferase GNAT1 を解析した (Brunje et al, 2024)。

## RECTOR program

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. Recent publications highlight advancements in photosynthesis research, molecular farming, and bioengineering, particularly involving *Chlamydomonas reinhardtii* and other photosynthetic organisms. Mosebach et al. (2024) revealed interactions between LHCI, LHCII, and LHCSR3 using protein crosslinking and mass spectrometry, providing insights into light-harvesting dynamics (Mosebach et al, 2024). Ozawa et al. (2024) showed that dysfunctional chloroplast protease activity mitigates the *pgr5* phenotype, highlighting protease function in photosynthetic regulation (Ozawa et al, 2024). Hydrogen production in *C. reinhardtii* was reviewed focusing on photosynthesis engineering. (Hippler & Khosravitarab, 2024). Another study analyzed the ciliary glycolyx, detailing its structure and function (Hoepfner et al, 2024). The RECTOR programme contributed to work on molecular farming using red alga *Porphyridium* (Hammel et al, 2024), the roles of cyclic and pseudo-cyclic electron pathways in *C. reinhardtii* under nitrogen deficiency (Dao et al, 2024), and characterization of the plastidial protein acetyltransferase GNAT1 (Brunje et al, 2024). These studies demonstrate the versatility of photosynthetic organisms in fundamental research and applied biotechnology.

## 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) Ozawa S.I, Zhang G, Sakamoto W. Dysfunction of Chloroplast Protease Activity Mitigates *pgr5* Phenotype in the Green Algae *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plants (Basel)* **13**: 606. doi.org/10.3390/plants13050606 (2024. 2.)
- (2) 小川 由 シロイヌナズナの FZL タンパク質による葉緑体膜リモデリングの遺伝生理学的解析. 博士学位論文 (岡山大学) (2024. 3.)
- (3) Sakamoto W, Takami T. Plastid Inheritance Revisited: Emerging Role of Organelle DNA Degradation in Angiosperms. *Plant Cell Physiol.* **65**: 484-492. doi.org/10.1093/pcp/pcad104 (2024. 4.)
- (4) Kumari P, Matsushima R, Hirayama T, Mikami K. Responses of the marine filamentous red alga '*Bangia*' sp. ESS1 to recurrent changes in seawater concentration. *Algal Res.* **80**: 103551. doi.org/10.1016/j.algal.2024.103551 (2024. 5.)
- (5) Islam M.F, Yamatani H, Takami T, Kusaba M, Sakamoto W. Characterization of organelle DNA degradation mediated by DPD1 exonuclease in the rice genome-edited line. *Plant Mol. Biol.* **114**: 71. doi.org/10.1007/s11103-024-01452-x (2024. 6.)
- (6) Matsushima R, Hisano H, Kim J.S, McNelly R, Oitome N.F, Seung D, Fujita N, Sato, K. Mutations in starch *BRANCHING ENZYME 2a* suppress the traits caused by the loss of ISOAMYLASE1 in barley. *Theor. Appl. Genet.* **137**: 212. doi.org/10.1007/s00122-024-04725-7 (2024. 8.)
- (7) 加藤裕介・坂本 亘 光合成反応における光損傷と修復のメカニズムの解明. 光アライアンス **35**: 9-12. (2024.9.)
- (8) Islam M.F. Studies on the role of organelle DNA degradation mediated by DPD1 nuclease in rice. 博士学位論文 (岡山大学) (2024. 9.)
- (9) Brunje A, Fussl M, Eirich J, Boyer J, Heinkow P, Neumann U, Konert M, Ivanauskaite A, Seidel J, Ozawa S, Sakamoto W, Meinnel T, Schwarzer D, Mulo P, Giglione C, Finkemeier I. The plastidial protein acetyltransferase GNAT1 forms a complex with GNAT2, yet their interaction is dispensable for state transitions. *Mol. Cell Proteomics.* **23**: 100850. doi.org/10.1016/j.mcpro.2024.100850 (2024. 11.)

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

- (1) Himi E, Kurihara-Yonemoto S, Abe F, Takahashi H, Tanaka K, Matsuura T, Maekawa M, Sasaki T, Rikiishi K. *Tamyb10-D1* restores red grain color and increases grain dormancy via suppressing expression of *TaLTP2.128, non-specific lipid transfer protein* in wheat. *Euphytica.* **220**: 16. doi.org/10.1007/s10681-023-03265-3 (2024. 1.)
- (2) Kumari P, Matsushima R, Hirayama T, Mikami K. Responses of the marine filamentous red alga '*Bangia*' sp. ESS1 to recurrent changes in seawater concentration, *Algal Research* **80**: 103551. doi.org/10.1016/j.algal.2024.103551 (2024. 6.)
- (3) Unung O.O, Bensedira H.E.S, Matsuura T, Mori I.C, Shimomura Y, Yaeno T, Kaya H, Kobayashi, K. Possible roles of immunity-related response in modulating chlorosis induced by the silencing of chloroplast *HSP90C* in tobacco models. *J. Gen. Plant Pathol.* **90**: 298-308. doi.org/10.1007/s10327-024-01191-3 (2024. 7.)
- (4) 平山隆志 成長過程の理解と農業形質予測. *アグリバイオ* **8**: 34-38. (2024. 7.)
- (5) 池田陽子・植村美代子・森泉 第4章 ChIP 用調整プロトコール 2 植物組織② ChIP-seq とその応用編 (カキ). 誰でも再現できる NGS 「前」 サンプル調整プロトコール 実験医学別冊 ISBN 978-4-7581-2272-6 (2024. 7.)
- (6) Hsiang T.F, Chen Y.Y, Nakano R, Oikawa A, Matsuura T, Ikeda Y, Yamane H. Dormancy regulator *Prunus mume* DAM6 promotes ethylene-mediated leaf senescence and abscission. *Plant Mol. Biol.* **114**: 99. doi.org/10.1007/s11103-024-01497-y (2024. 9.)
- (7) Mozhgani M, Ooi L, Espagne C, Filleur S, Mori I.C. Cytosolic acidification and oxidation are the toxic mechanisms of SO<sub>2</sub> in *Arabidopsis* guard cells. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **88**: 1164-1171. doi.org/10.1093/bbb/zbae092 (2024. 10.)
- (8) Grossi C.E.M, Tani A, Mori I.C, Matsuura T, Ulloa R.M. Plant Growth-Promoting Abilities of *Methylobacterium* sp. 2A Involve Auxin-Mediated Regulation of the Root Architecture *Plant Cell Environ.* **47**: 5343-5357. doi.org/10.1111/pce.15116 (2024. 12.)
- (9) Mori A, Nakagawa S, Suzuki T, Suzuki T, Gaudin V, Matsuura T, Ikeda Y, Tamura K. The importin  $\alpha$  proteins IMPA1, IMPA2, and IMPA4 play redundant roles in suppressing autoimmunity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* doi.org/10.1111/tjpi.17203 (2024. 12. Online preview)
- (10) Nakamura K, Kikuchi Y, Shiraga M, Kotake T, Hyodo K, Taketa S, Ikeda Y. *SHORT AND CROOKED AWN*, Encoding an Epigenetic Regulator EMF1, Promotes Barley Awn Development. *Plant Cell Physiol.* doi.org/10.1093/pcp/pcae150 (2024. 12. Online preview)

---

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

- (1) Himi E, Kurihara-Yonemoto S, Abe F, Takahashi H, Tanaka K, Matsuura T, Maekawa M, Sasaki T, Rikiishi K. Tamyb10-D1 restores red grain color and increases grain dormancy via suppressing expression of TaLTP2.128, *Non-specific Lipid Transfer Protein* in wheat. *Euphytica* **220**: 16. doi.org/10.1007/s10681-023-03265-3 (2024. 1.)
- (2) Sugimoto M. Blue Light-Emitting Diode Lighting Improves Antioxidant Potential in Barley Germinated Seeds. *J. Plant Biochem. Physiol.* **12**: 345. doi.org/10.35248/2329-9029.24.12.345 (2024. 9.)
- (3) Sugimoto M, Maekawa M, Mita H, Yokobori S. Anthocyanin can improve the survival of rice seeds from solar light outside the international space station. *Life Sci. Space Res.* doi.org/10.1016/j.lssr.2024.10.010 (2024. 10. Online preview)

---

## 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) 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. *J Integr. Plant Biol.* **66**: 252-264. doi.org/10.1111/jipb.13587 (2024. 2.)
- (2) 馬建鋒 私と作物のミネラル輸送機構. *肥料科学* **45**: 109-139. (2024. 2.)
- (3) Huang S, Konishi N, Yamaji N, Ma J.F. Local distribution of manganese to leaf sheath is mediated by OsNramp5 in rice. *New Phytol.* **241**: 1708-1719. doi.org/10.1111/nph.19454 (2024. 2.)
- (4) Huang S, Yamaji N, Ma J.F. Metal Transport Systems in Plants. *Annu. Rev. Plant Biol.* **75**: 1-25. doi.org/10.1146/annurev-arplant-062923-021424 (2024. 2.)
- (5) Yamaji N, Yoshioka Y, Huang S, Miyaji T, Sasaki A, Ma J.F. An oligo peptide transporter family member, OsOPT7, mediates xylem unloading of Fe for its preferential distribution in rice. *New Phytol.* **242**: 2620-2634. doi.org/10.1111/nph.19756 (2024. 6.)
- (6) Huang H, Yamaji N, Ma J.F. Tissue-specific deposition, speciation and transport of antimony in rice. *Plant Physiol.* **195**: 2683-2693. doi.org/10.1093/plphys/kiac289 (2024. 6.)
- (7) 馬建鋒・信濃卓郎・高野順平 植物栄養学 第3版. 文栄堂出版 ISBN:978-4-8300-4145-7 (2024. 7.)
- (8) Huang S, Sato K, Ma J.F. Breeding for an elite malting barley cultivar with acid soil tolerance. *Commun. Biol.* **7**: 1203. doi.org/10.1038/s42003-024-06903-1 (2024. 9.)
- (9) Huang H. Identification of transporters involved in uptake of non-essential microelements in rice. 博士学位論文 (岡山大学) (2024. 9.)
- (10) Che J, Yamaji N, Wang S.F, Xia Y, Yang S.Y, Su Y.H, Shen R.F, Ma J.F. OsHAK4 functions in retrieving sodium from the phloem at the reproductive stage of rice. *Plant J.* **120**: 76-90. doi.org/10.1111/tpj.16971 (2024. 10.)
- (11) Yamaji N, Mitani-Ueno N, Fujii T, Shinya T, Shao J.F, Watanuki S, Saitoh Y, Ma J.F. Shoot-Silicon-Signal protein to regulate root silicon uptake in rice. *Nature Communications* **15**: 10712. doi.org/10.1038/s41467-024-55322-7 (2024. 12.)
- (12) Guo Z, Örædd F, Bågenholm V, Grønberg C, Ma J.F, Ott P, Wang Y, Andersson M, Pedersen P.A, Wang K, Gourdon P. Diverse roles of the metal binding domains and transport mechanism of copper transporting P-type ATPases. *Nat. Commun.* **15**: 2690. doi.org/10.1038/s41467-024-47001-4 (2024. 3. Online preview.)
- (13) Yamamoto T, Kashihara K, Furuta T, Zhang Q, Yu E, Ma J.F. Genetic background influences mineral accumulation in rice straw and grains under different soil pH conditions. *Sci. Rep.* **14**: 15139. doi.org/10.1038/s41598-024-66036-7 (2024. 7. Online preview.)
- (14) Huang H, Yamaji N, Huang S, Ma J.F. Uptake and accumulation of cobalt is mediated by OsNramp5 in rice. *Plant Cell Environ.* doi.org/10.1111/pce.15130 (2024. 9. Online preview.)

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

- (1) 且原真木 第2章 植物の構造と水, 植物栄養素の輸送 2. 水ポテンシャルと水の吸収. 植物栄養学 第3版 文栄堂出版 (馬建鋒・信濃卓郎・高野順平編) pp. 37-42. ISBN 978-4-8300-4145-7 (2024. 7.)
- (2) 小山博之・佐々木孝行 第7章 植物の有害元素 1. アルミニウム. 植物栄養学 第3版 文栄堂出版 (馬建鋒・信濃卓郎・高野順平編) pp. 219-232. ISBN 978-4-8300-4145-7 (2024. 7.)
- (3) Tazawa M, Wayne R, Katsuhara M. Analysis of the effect of permeant solutes on the hydraulic resistance of the plasma membrane in cells of *Chara corallina*. *Protoplasma* doi.org/10.1007/s00709-024-02000-6 (2024. 10. Online preview)

---

## 環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Shamsi W, Heinzelmann R, Ulrich, S, Kondo H, Cornejo C. Decoding the RNA virome of the tree parasite *Armillaria* provides new insights into the viral community of soil-borne fungi. *Environ. Microbiol.* **26**: e16583. doi.org/10.1111/1462-2920.16583 (2024. 2.)
- (2) Dai R, Yang S, Pang T, Tian M, Wang H, Zhang D, Wu Y, Kondo H, Andika I.B, Kang Z, Sun, L. Identification of a negative-strand RNA virus with natural plant and fungal hosts. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **121**: e2319582121. doi.org/10.1073/pnas.2319582121 (2024. 3.)
- (3) Chiba S, Suzuki N, Velasco L, Ayllón M.A, Lee-Marzano S.Y, Sun L, Sabanadzovic S, Turina M. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Fusariviridae* 2024. *J. Gen. Virol.* **105**: 001973. doi.org/10.1099/jgv.0.001973 (2024. 4.)
- (4) Shamsi W, Mittelstrass J, Ulrich S, Kondo H, Rigling D, Prospero S. Possible biological control of ash dieback using the mycoparasite *Hymenoscyphus fraxineus* mitovirus 2. *Phytopathology* **114**: 1020-1027. doi.org/10.1094/PHYTO-09-23-0346-KC (2024. 4.)
- (5) 鈴木信弘 別種のウイルスから「殻」を借りる:「ヤドカリ」ウイルスのなぞ. *Milsil*「ミルシル」第17巻第3号(通巻99号) pp. 26-29. ISSN1882-5745 (2024. 5.)
- (6) Telengech P, Hyodo K, Ichikawa H, Kuwata R, Kondo H, Suzuki N. Replication of single viruses across the kingdoms, Fungi, Plantae, and Animalia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **121**: e2318150121. doi.org/10.1073/pnas.2318150121 (2024. 6.)
- (7) Sato Y, Kondo H, Suzuki N. Argonaute-independent, Dicer-dependent antiviral defense against RNA viruses. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **121**: e2322765121. doi.org/10.1073/pnas.2322765121 (2024. 6.)
- (8) Andika I.B, Cao X, Liu B, Pang T, Sun L, Kondo H, Li J, Andika I.B, Chiba S. Identification of a novel member of the genus *Laulavirus* (family *Phenuiviridae*) from the entomopathogenic ascomycete fungus *Cordyceps javanica*. *Arch. Virol.* **169**: 166. doi.org/10.1007/s00705-024-06069-5 (2024. 6.)
- (9) Urzo M.L.R, Guinto T.D, Eusebio-Cope A, Budot B.O, Yanoria M.J.T, Jonson G.B, Arakawa M, Kondo H, Suzuki N. Metatranscriptomic sequencing of sheath blight-associated isolates of *Rhizoctonia solani* revealed multi-infection by diverse groups of RNA viruses. *Viruses* **16**: 1152. doi.org/10.3390/v16071152 (2024. 7.)
- (10) Sa'diyah W, Zhao Y.J, Chiba Y, Kondo, H, Suzuki N, Ban S, Yaguchi T, Urayama S-i, Hagiwara D. New lineages of RNA viruses from clinical isolates of *Rhizopus microsporus* revealed by fragmented and primer-ligated dsRNA sequencing (FLDS) analysis. *Mosphere* **9**: e00345-24. doi.org/10.1128/msphere.00345-24 (2024. 8.)
- (11) Simmonds P, Adriaenssens E.M, Lefkowitz E.J, Oksanen H.M, Siddell S.G, Zerbini F.M, (Suzuki N.) et al. Changes to virus taxonomy and the ICTV Statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses. *Arch. Virol.* **169**: 236. doi.org/10.1007/s00705-024-06143-y (2024. 11.)
- (12) Berkhout B, Domingo E, Suzuki N. Virus Research: 40 years and still going strong. *Virus Res.* **350**: 199493. doi.org/10.1016/j.virusres.2024.199493 (2024.12.)
- (13) 鈴木信弘・岩谷靖雅・松野啓太・西村秀一・渡辺登喜子・山田雅夫 ウイルス命名作業部会報告2024:背景, 活動内容, 役割. *ウイルス* 第74巻第2号. ISSN-L 0042-6857 (2024. In Printing)

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

- (1) Osibe D.A, Hojo Y, Shinya T, Mitani-Ueno N, Galis I. Comprehensive analysis of silicon impact on defense and metabolic responses in rice exposed to herbivory stress. *Front. Plant Sci.* **15**: 1399562. doi.org/10.3389/fpls.2024.1399562 (2024. 5.)
- (2) Osibe D.A. Study on the role of mineral elements in rice defense against herbivores. 博士学位論文(岡山大学) (2024. 9.)
- (3) Yamaji N, Mitani-Ueno N, Fujii T, Shinya T, Shao J.F, Watanuki S, Saitoh Y, Ma J.F. Shoot-Silicon-Signal protein to regulate root silicon uptake in rice. *Nature Communications* **15**: 10712. doi.org/10.1038/s41467-024-55322-7 (2024. 12.)
- (4) Kanda Y, Shinya T, Wari D, Hojo Y, Fujiwara Y, Tsuchiya W, Fujimoto Z, Thomma B.P.H.J, Nishizawa Y, Kamakura T, Galis I, Mori M. Chitin-signaling dependent responses to insect oral secretions in rice cells propose the involvement of chitoooligosaccharides in plant defense against herbivores. *Plant J.* **121**: e17157. doi.org/10.1111/tpj.17157 (2024. 11. Online preview.)

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

- (1) Fukada F. Mitigating the trade-off between growth and stress resistance in plants by fungal volatile compounds. *Plant Cell Physiol.* **65**: 175-178. doi.org/10.1093/pcp/pcae005 (2024. 2.)
- (2) Li Y, Wang Q, Jia H, Ishikawa K, Kosami K.I, Ueba T, Tsujimoto A, Yamanaka M, Yabumoto Y, Miki D, Sasaki E, Fukao Y, Fujiwara M, Kaneko-Kawano T, Tan L, Kojima C, Wing R.A, Sebastian A, Nishimura H, Fukada F, Niu Q, Shimizu

- 
- M, Yoshida K, Terauchi R, Shimamoto K, Kawano Y. An NLR paralog Pit2 generated from tandem duplication of Pit1 fine-tunes Pit1 localization and function. *Nat. Commun.* **15**: 4610. doi.org/10.1038/s41467-024-48943-5 (2024. 5.)
- (3) Fukada F. Morphogenesis and adaptive strategies for infection in plant pathogenic fungi. *J. Gen. Plant Pathol.* **90**: 371-373. doi.org/10.1007/s10327-024-01194-0 (2024. 8.)
- (4) 深田史美 植物病原糸状菌の形態形成と感染適応戦略. *日本植物病理学会報* **90**: 144. doi.org/10.3186/jjphytopath.90.144 (2024. 8.)
- (5) Wang Q, Kawano Y. The mutual regulation between the pattern recognition receptor OsCERK1 and the E3 ubiquitin ligase OsCIE1 controls induction and homeostasis of immunity. *Sci. Bull. (Beijing)* **69**: 3172-3175. doi.org/10.1016/j.scib.2024.07.002 (2024. 10.)
- (6) Liang D, Yang D, Li T, Zhu Z, Yan B, He Y, Li X, Zhai K, Liu J, Kawano Y, Deng Y, Wu XN, Liu J, He Z. A PRA-Rab trafficking machinery modulates NLR immune receptor plasma membrane microdomain anchoring and blast resistance in rice. *Sci Bull (Beijing)* doi.org/10.1016/j.scib.2024.12.007 (2024. 12. Online Preview)

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

- (1) Sonphakdi T, Tani A, Sayaka A, Ungcharoenwivat P. Antibacterial and toxicity studies of phytochemical from Piper belt leaf extract. *J. King Saud Univ. - Sci.* **36**: 103430. doi.org/10.1016/j.jksus.2024.103430 (2024. 11.)
- (2) Grossi C.E.M, Tani A, Mori I.C, Matsuura T, Ulloa R.M. Plant growth-promoting abilities of *Methylobacterium* sp. 2A involve auxin-mediated regulation of the root architecture. *Plant Cell Environ.* **47**: 5343-5357. doi.org/10.1111/pce.15116 (2024. 12.)
- (3) Hu J, Camerón H, Rilling J.I, Campos M, Ruiz-Gil T, Gonzalez M.A, Gajardo G, Vergara K, Guzmán L, Espinoza-González O, Fuenzalida G, Riquelme C, Ueki S, Nagai S, Maruyama F, Fujiyoshi S, Yarimizu K, Perera I.U, Ávila A, Acuña J.J, Zhang Q, Jorquera M. Differentiation of microbial community in coastal seawater before and during an Akashiwo sanguinea (Dinophyceae) bloom in the urban area of Antofagasta city (northern Chile) *Harmful Algae* (2024. 12. Online Preview)

### 遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

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

- (1) Hisano H, Hoffie R.E, Kumlehn J, Sato K. Targeted Modification of Grain Dormancy Genes in Barley. *In Seed Dormancy: Methods and Protocols*, Ed. by N. Kawakami and K. Sato. *Springer Nature* pp. 149-161. doi.org/10.1007/978-1-0716-3965-8\_14 (2024.7.)
- (2) Abe F, Kamiya Y, Ishida Y, Hisano H, Kawaura K, Komari T, Sato K. Genome Editing to Produce Knockout Mutations of Seed Dormancy Genes in Wheat. *In Seed Dormancy: Methods and Protocols*, Ed. by N. Kawakami and K. Sato. *Springer Nature* pp. 137-148. doi.org/10.1007/978-1-0716-3965-8\_13 (2024. 7.)
- (3) Matsushima R, Hisano H, Kim J.S, McNelly R, Oitome N.F, Seung D, Fujita N, Sato K. Mutations in starch *BRANCHING ENZYME 2a* suppress the traits caused by the loss of *ISOAMYLASE1* in barley. *Theor. Appl. Genet.* **137**: 212. doi.org/10.1007/s00122-024-04725-7 (2024. 8.)
- (4) Kishi-Kaboshi M, Abe F, Chono M, Yamaji N, Sato, K. Evaluation of grain dormancy under field conditions in a wheat (*Triticum aestivum*) *qsd1* triple mutant. *Crop Science* **2024**: 1-11. doi.org/10.1002/csc.2.21403 (2024. 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)

- (1) Mizuno T, Kondo D, Kasai H, Yamashita J, Ito T, Murai Y, van der Ent A, Hashimoto A, Watanabe T. Effects of soil and phylogeny on sulfur and phosphorus concentrations in wild plants on volcanic and non-volcanic soils in Japan. *Soil Science and Plant Nutrition* **70**: 424-434. doi.org/10.1080/00380768.2024.2381636 (2024. 7.)
- (2) Mizuno T, Kondo D, Kasai H, Kuwabara K, Yamashita J, Ito T, Murai Y, van der Ent A, Hashimoto A, Watanabe T. Concentrations and inter-element correlations of even essential elements in wild plants of Japan. *Ecol. Res.* doi.org/10.1111/1440-1703.12533 (2024. 10. Online preview)

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

- (1) Furuta T, Saw O.M, Moe S, Win K.T, Hlaing M.M, Hlaing A.L.L, Thein M.S, Yasui H, Ashikari M, Yoshimura A, Yamagata Y. Development of genomic and genetic resources facilitating molecular genetic studies on untapped Myanmar rice germplasms. *Breed. Sci.* **74**: 124-137. doi.org/10.1270/jsbbs.23077 (2024. 4.)

- 
- (2) Hlaing M.M, Yamagata Y, Furuta T, Win K.T, Saw O.M, Ozaki A, Yasui H, Yoshimura A. Genetic variation in heading dates and phenological parameters of Myanmar rice. *Plant Prod. Sci.* **27**: 125-136. doi.org/10.1080/1343943X.2024.2308336 (2024. 4.)
  - (3) Yamamoto T, Kashihara K, Furuta T, Zhang Q, Yu E, Ma J.F. Genetic background influences mineral accumulation in rice straw and grains under different soil pH conditions. *Sci. Rep.* **14**: 15139. doi.org/10.1038/s41598-024-66036-7 (2024.7.)
  - (4) Toriyama K, Iwai Y, Takeda S, Takatsuka A, Igarashi K, Furuta T, Chen S, Kanaoka Y, Kishima Y, Arimura Si, Kazama T. Cryptic cytoplasmic male sterility-causing gene in the mitochondrial genome of common japonica rice. *Plant J.* **120**: 941-949. doi.org/10.1111/tpj.17028 (2024. 9.)
  - (5) Tek A.L, Nagaki K, Akkamis Y.H, Tanaka K, Kobayashi H. Chromosome-specific barcode system with centromeric repeat in cultivated soybean and wild progenitor. *Life Sci. Alliance.* **7**: 10. doi.org/10.26508/lsa.202402802 (2024.10.)

---

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

---

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

---

- (1) Nomura T, Kim J.S, Ishikawa M, Suzuki K, Mochida K. High-efficiency genome editing by Cas12a ribonucleoprotein complex in *Euglena gracilis*. *Microbiol. Biotechnol.* **17**: e14393. doi.org/10.1111/1751-7915.14393 (2024. 4.)
- (2) Kim J.S, Kidokoro S, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K. Regulatory networks in plant responses to drought and cold stress. *Plant Physiol.* **195**: 170-189. doi.org/10.1093/plphys/kiac105 (2024. 5.)
- (3) Matsushima R, Hisano H, Kim J.S, McNelly R, Oitome N.F, Seung D, Fujita N, Sato K. Mutations in starch BRANCHING ENZYME 2a suppress the traits caused by the loss of ISOAMYLASE1 in barley. *Theor. Appl. Genet.* **137**: 212. doi.org/10.1007/s00122-024-04725-7 (2024. 8.)
- (4) Kim J.S, Sato M, Kojima M, Asrori M.I, et al. Multi-omics signatures of diverse plant callus cultures. *Plant Biotechnol.* **41**: 309-314. doi.org/10.5511/plantbiotechnology.24.0719a (2024. 9.)

### 作物・環境デザイン研究チーム (Crop and Environmental Design Research Team)

---

- (1) Furuta T, Saw O.M, Moe S, Win K.T, Hlaing M.M, Hlaing A.L.L, Thein M.S, Yasui H, Ashikari M, Yoshimura A, Yamagata Y. Development of genomic and genetic resources facilitating molecular genetic studies on untapped Myanmar rice germplasms. *Breed. Sci.* **74**: 124-137. doi.org/10.1270/jsbbs.23077 (2024. 4.)

---

## RECTOR プログラム (RECTOR Program)

---

- (1) Ozawa S.I, Zhang G, Sakamoto W. Dysfunction of Chloroplast Protease Activity Mitigates *pgp5* Phenotype in the Green Algae *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plants (Basel)* **13**: 606. doi.org/10.3390/plants13050606 (2024. 2.)
- (2) Kosugi M, Ohtani S, Hara K, Toyoda A, Nishide H, Ozawa S.I, Takahashi Y, Kashino Y, Kudoh S, Koike H, Minagawa J. Characterization of the far-red light absorbing light-harvesting chlorophyll *a/b* binding complex, a derivative of the distinctive Lhca gene family in green algae. *Front. Plant Sci.* **15**: 1409116. doi.org/10.3389/fpls.2024.1409116 (2024. 6.)
- (3) Hammel A, Cucos L.M, Caras I, Ionescu I, Tucureanu C, Tofan V, Costache A, Onu A, Hoepfner L, Hippler M, Neupert J, Popescu C.I, Stavaru C, Branza-Nichita N, Bock R. The red alga *Porphyridium* as a host for molecular farming: Efficient production of immunologically active hepatitis C virus glycoprotein. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **121**: e2400145121. doi.org/10.1073/pnas.2400145121 (2024. 6.)
- (4) Mosebach L, Ozawa S.I, Younas M, Xue H, Scholz M, Takahashi Y, Hippler M. Chemical Protein Crosslinking-Coupled Mass Spectrometry Reveals Interaction of LHCI with LHCII and LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plants (Basel)* **13**: 1632. doi.org/10.3390/plants13121632 (2024. 6.13)
- (5) Hippler M, Khosravitarab F. Light-Driven H<sub>2</sub> Production in *Chlamydomonas reinhardtii*: Lessons from Engineering of Photosynthesis. *Plants (Basel)* **13**: 2114. doi.org/10.3390/plants13152114 (2024. 7.)
- (6) Brunje A, Fussl M, Eirich J, Boyer J.B, Heinkow P, Neumann U, Konert M, Ivanauskaite A, Seidel J, Ozawa S.I, Sakamoto W, Meinnel T, Schwarzer D, Mulo P, Giglione C, Finkemeier I. The Plastidial Protein Acetyltransferase GNAT1 Forms a Complex With GNAT2, yet Their Interaction Is Dispensable for State Transitions. *Mol. Cell Proteomics* **23**: 100850. doi.org/10.1016/j.mcpro.2024.100850 (2024. 9.)
- (7) Kodru S, Nellaepalli S, Ozawa S.I, Satoh C, Kuroda H, Tanaka R, Guan K, Kobayashi M, Tran P, McCarthy S, Wakao S, Niyogi K.K, Takahashi Y. Geranylgeranylated-chlorophyll-protein complexes in *lhl3* mutant of the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant J.* **120**: 1577-1590. doi.org/10.1111/tpj.17071 (2024. 11.)

## 国際会議およびシンポジウム

### **(List of International Conferences and Symposia)**

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

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

- (1) Sakamoto W. Organelle DNA degradation by DPD1 exonuclease: its implication in plant development. 13<sup>th</sup> International Conference for Plant Mitochondrial Biology, Saint-Malo, France, May 26-30, 2024.
- (2) Sakamoto W, Li D, Gachie S, Wibawa R.F.C. Thylakostasis and membrane remodeling molecules in photosynthetic organisms. International Plant Molecular Biology Conference 2024, Cairns, Australia, Jun. 24-28, 2024.
- (3) Sakamoto W. Thylakoid membrane biogenesis, remodeling, and homeostasis in photosynthetic organisms. IPMB special seminar, Taipei, Taiwan, Aug. 14, 2024.
- (4) Sakamoto W. Thylakogenesis in Arabidopsis chloroplasts: VIPP1 as a key player in membrane remodeling and protection. International Symposium on Photosynthesis Research in Honor of Eva-Mari Aro 2024, (EMA2024), Turku, Finland, Sep. 8-11, 2024.
- (5) Okegawa Y, Sakamoto W. Analysis of the role of PSI cyclic electron transport and thioredoxin system in PSI photoprotection under fluctuating light conditions. International Symposium on Photosynthesis Research in Honor of Eva-Mari Aro 2024, (EMA2024), Turku, Finland, Sep. 8-11, 2024.
- (6) Kato Y, Kuroda H, Ozawa S, Hippler M, Takahashi Y, Sakamoto W. Characterization of tryptophan oxidation affecting D1 degradation by FtsH in Photosystem II repair. 2<sup>nd</sup> Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis, Kobe, Japan, Sep. 18-21, 2024.
- (7) Okegawa Y, Motohashi K, Sakamoto W. Photoprotective mechanism of Photosystem I by the thioredoxin system under fluctuating light conditions. 2<sup>nd</sup> Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis, Kobe, Japan, Sep. 18-21, 2024.
- (8) Sakamoto W. How plastids are inherited in angiosperms? Revisiting an emerging role of plastid DNA degradation. 45<sup>th</sup> Frontiers in Cell Development and Future Agriculture Forum, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China, Dec. 4, 2024.
- (9) Sakamoto W. Revisiting an emerging role of plastid DNA degradation. International Cooperation Forum, "Production and utilization of high-quality crop genetic resources in Zhejiang" Zhejiang, China, Dec. 5, 2024.
- (10) Sakamoto W. Thylakoid membrane biogenesis, remodeling, and homeostasis in chloroplasts. Lecture Series in Modern Biology, CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, Shanghai, China, Dec. 6, 2024.
- (11) Sakamoto W. Thylakoid membrane biogenesis, remodeling, and homeostasis in chloroplasts. Special Seminar, Shanghai Normal University, Shanghai, China, Dec. 7, 2024.

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

- (1) Mamiya A, Yamamoto K, Kobayashi T, Yagi Y, Nakamura T, Fukaki H, Nakazato I, Arimura S, Hirayama T, Sugiyama M. Polyadenylation negatively regulates cytochrome c maturation through the modulation of C-to-U editing of ccb3/ccmC mRNA in plant mitochondria. 13<sup>th</sup> International Conference for Plant Mitochondrial Biology, St-Malo, France, May 26-30, 2024.
- (2) Nakamura K, Kikuchi K, Shiraga M, Ito J, Tsuji H, Kotake T, Hisano H, Taketa S, Ikeda Y. Barley Awn Development through the Epigenetic Regulation. The 13<sup>th</sup> International Congress on Plant Molecular Biology (IPMB) 2024 Congress, Queensland, Australia, Jun. 24-28, 2024.
- (3) Nishimura N, Tsuchiya W, Yano R, Suzuki N, Hirayama T, Yamazaki T. Characterization and functional analyses of DOG1-dependent ABA signaling cascade. 2024 International Conference on Arabidopsis Research, San Diego, USA, July 15-19, 2024.
- (4) Mori I.C. Guard cell-type ALMTs: Structural insight into bell-shaped voltage-dependency and stomatal movement. 34<sup>th</sup> International Conference on Arabidopsis Research, San Diego, USA, July 16, 2024.
- (5) Iida M, Takano T, Matuura T, Mori I, Takagi S. Circumnutation and distribution of phytohormones in *Vigna angularis* epicotyl. JPR International Symposium, Cellular Dynamics and Calcium Signaling, The 88<sup>th</sup> Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, Utsunomiya 2024, Utsunomiya, Japan, Sep. 14, 2024.
- (6) Ikeda Y. Regulation of DNA methylation in *Marchantia polymorpha*. International Marchantia Workshop 2024, Hiroshima, Japan, Nov. 18-21, 2024.

---

## 土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

---

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

- (1) Huang S. Role of OsNramp5 in local distribution of manganese to leaf sheath in rice. International workshop on plant mineral transport, Kurashiki, Japan, Jan. 16, 2024.
- (2) Mitani-Ueno N. Functional analysis of SIET5 in rice. International workshop on plant mineral transport, Kurashiki, Japan, Jan. 16, 2024.
- (3) Ma J.F. Breeding of an elite malting barley cultivar with enhanced acid soil tolerance. Plant Biology 2024, Honolulu, Hawaii, Jun. 22-25, 2024.
- (4) Ge J. Physiological and molecular characterization of high Mn accumulation in the roots of *Sedum alfredii*. Plant Biology 2024, Honolulu, Hawaii, Jun. 22-25, 2024.
- (5) Huang S. Identification of a transporter responsible for translocation and distribution of magnesium in rice. Plant Biology 2024, Honolulu, Hawaii, Jun. 22-25, 2024.
- (6) Huang H. Tissue-specific deposition, speciation and transport of antimony in rice. Plant Biology 2024, Honolulu, Hawaii, Jun. 22-25, 2024.

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

- (1) Yamada H, Bunthara L.R, Tanaka A, Kohama T, Maruyama H, Tanaka W, Nishida S, Sasaki T, Wasaki J. HalALMT1 in cluster roots of *Hakea laurina* in response to P deficiency and activated by Al exposure. International Society of Root Research 12<sup>th</sup> International Symposium Leipzig, Germany, Jun. 2-7, 2024.

---

## 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) Hatvani L, Kondo H, Kocsubé S, Suzuki N, Grogan H. Mushroom dry bubble disease: Novel pathogens, and mycoviruses as potential biocontrol agents. The International Society for Mushroom Science Congr 2024, Las Vegas, USA, Feb. 26-29, 2024.
- (2) Suzuki, N. Multipartite interactions involving viruses, fungi and plants. The First International Symposium on Future Agriculture. Northwest A & F University, Exchange Center, Yangling, Shaanxi, China, Aug.13-14, 2024.
- (3) Fadli M, Hisano S, Kondo H, Suzuki N. A new yadonushi-yadokari interplay in the Japanese strain NBRC 4031 of *Aspergillus foetidus*. The 3<sup>rd</sup> ASIC 2024 Agrifood System International Conference: “*Cultivating Resilience: Harnessing the Power of Regenerative Agriculture for a Sustainable Future*”, Santika Premiere Hotel Padang, Padang, West Sumatra, Indonesia (Hybrid), Sep. 5-7, 2024.
- (4) Suzuki N. The world of fungal viruses. Rob Goldbach Lecture 2024, Wageningen University, Netherlands, Oct. 31, 2024.

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

- (1) Liu Y, Wada M, Mori M, Galis I, Shinya T, Nojiri H, Okada K. Balancing responses to pathogen infection and herbivory in rice terpenoid biosynthesis. 26<sup>th</sup> Biannual International Plant Resistance to Insects (IPRI) Symposium 2024, Tainan, Taiwan, Apr. 22-25, 2024.

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

- (1) Grossi C.E.M, Tani A, Mori I.C, Matsuura T, Ulloa R.M. Plant growth enhancement via auxin-mediated root regulation by *Methylobacterium* sp. 2A. Congreso de la Sociedad Argentina de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Buenos Aires, Argentina, Nov. 5-8, 2024.

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

- (1) Kawano Y. Unraveling and Engineering Rice Immunity. 2024 Global Summit on Plant Science and Modern Agriculture, Guangzhou, China, Oct. 17, 2024.
- (2) Kawano Y. Signaling and Evolution of NLR Proteins in Rice. The 10<sup>th</sup> National Seminar of Biotechnology, Yogyakarta, Indonesia, Oct. 26, 2024.

---

## 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. Site-directed genome modification of grain dormancy genes in barley. International Conference on Plant biology and Biotechnology 2024 (ICPBB 2024), Almaty, Kazakhstan, Jun. 3-6, 2024.
- (2) Saisho D. Genetic Diversity and Application in Barley. CANR Full English Speech & Courses (on-site) in National Chung Hsing Univeristy, Taichung, Taiwan, Jul. 11, 2024.
- (3) Hisano H. Genetic modification of environmental stress tolerance genes in barley. Plant molecular genetics and breeding seminar, Swedish University of Agricultural Sciences (SLU), Alnarp, Sweden, Sep. 3, 2024.
- (4) Hisano H, Sakai H, Hamaoka M, Munemori H, Abe F, Meints B, Sato K, Hayes P.M. Rapid development of naked malting barley through targeted mutagenesis. The 14<sup>th</sup> International Barley Genetics Symposium (IBGS14), Rosario, Argentina, Oct. 27-31, 2024.

---

## 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) Giannakopoulos V, Chen J, Edge R, Hochholdinger F, Taketa S, Yang J, Dodd I.C. Root hairs enhanced rhizosheath formation of three cereal species but only affected shoot water relations of rice grown in drying soil. 12<sup>th</sup> International Society of Root Research, Leipzig, Germany, Jun. 2-7, 2024.

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

- (1) Furuta T. Development of R packages for accurate genotype calling and error correction in reduced representation sequencing based genotyping. Plant and Animal Genome 31, CA, USA, Jan. 12-17, 2024.
- (2) Mu H, Furuta T, Nagaki K, Kishima Y, Kato H, Koshiishi Y, Yamamoto T. Gene expression and alternative splicing in tetraploid hybrid rice from Asian and African cultivars. IPSR International Forum on Plant Stress Sciences by/for Junior Researchers 2024, Kurashiki (Hybrid), Japan, Dec. 6, 2024.

---

## 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, Hirota A, Watanabe Y, Hayashi M, Mochida K. Single-nucleus transcriptome profiling of impaired root growth due to defective unfolded protein response in *Arabidopsis thaliana*. The 2024 Cold Spring Harbor Asia Conference, Awaji, Japan, Nov. 5-8, 2024.

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

---

- (1) Kishiro K, Saisho D, Yamashita J, Yamaji N, Yamamoto T, Monden Y, Mochida K, Nakagawa T, Tani A. The ecological function of violacein production in barley root-associated *Duganella vulcania* strain R57. The 19<sup>th</sup> International Symposium on Microbial Ecology, ISME19. Cape Town, South Africa, Aug 18-23, 2024.

### 作物・環境デザイン研究チーム (*Crop and Environmental Design Research Team*)

---

- (1) Saisho D. Genetic Diversity and Application in Barley. CANR Full English Speech & Courses (on-site) in National Chung Hsing Univeristy, Taichung, Taiwan, Jul. 11, 2024.

---

## RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

---

- (1) Tanabe H, Ozawa S.I, Kawamoto A, Tanaka H, Takahashi Y, Kurisu G. Structural basis for the pH-dependent functional regulation of cytochrome *b<sub>6</sub>f* complex from *Chlamydomonas reinhardtii*. International Union of Pure and Applied Biophysics 2024, Kyoto International Conference Center, Kyoto, Japan, Jun. 24-28, 2024.
- (2) Zaeem A, Scholz M, Buchert F, Hipper M. The distribution of cytochrome *b<sub>6</sub>f* complexes in stroma and grana thylakoid membranes is crucial for regulation of photosynthetic electron transfer. 2<sup>nd</sup> European Conference on Photosynthesis, Padova, Italy, Jun. 25-28, 2024.

- 
- (3) Milrad Y, Zaeem A, Wegemann D, Scholz M, Younas M, Buchert F, Hippler M. A dynamic pair: Photosystem I and the cytochrome *b<sub>6</sub>f* complex in focus. 18<sup>th</sup> International Congress on Photobiology 2024, Perth, Australia, Aug. 25-29, 2024.
- (4) Mosebach L, Ozawa S.I, Younas M, Xue H, Scholz M, Takahashi Y, Hippler M. Chemical protein crosslinking-coupled mass spectrometry reveals interaction of LHCI with LHCII and LHCSR3 in *Chlamydomonas reinhardtii*. 2<sup>nd</sup> Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis Fashion Mart, Kobe, Japan, Sep.18-21, 2024.

## 講演およびシンポジウム発表

### (List of Domestic Conferences and Symposia)

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

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

- (1) 松島 良 穀類胚乳の澱粉合成に関する 遺伝学的研究. 第 39 回資源植物科学シンポジウム及び 第 15 回植物ストレス科学研究シンポジウム 植物科学の基礎から応用まで, 倉敷, 2月26日, 2024.
- (2) 松島 良, 久野 裕, Rose McNelly, 金 俊植, Brendan Fahy, 迫留那緒子, David Seung, 藤田直子, 佐藤和広 胚乳と花粉において異なる澱粉関連変異の遺伝的相互作用. 第 145 回日本育種学会 (春季大会), 東京, 3月16-17日, 2024.
- (3) 小川 由, 岩野 恵, 川本晃大, 栗栖源嗣, 鹿内利治, 坂本 亘 チラコイドに局在するダイナミン様タンパク質 FZL の多面的な生理機能. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (4) 高見常明, 坂本 亘 オートファジー変異株早枯れ表現型の *dpd1* 変異による抑制に関するトランスクリプトーム解析. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (5) 桶川友季, 坂本 亘 PSI サイクリック電子伝達とチオレドキシニンシステムの PSI 光防御における関係. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (6) Islam M.F, Yamatani H, Takami T, Kusaba M, Sakamoto W. Phenotypic and Transcriptomic characterization of the rice mutant defective in organelle exonuclease DPD1. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (7) Li D, Ozawa S, Hippler M, Sakamoto W. Characterization of the proteins interacting with VIPP1 involved in thylakoid membrane remodeling in *Arabidopsis* chloroplasts. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (8) Gachie, S.W, Sakamoto W. Site-directed mutagenesis, purification and structural analysis of VIPP1, an ESCRT-III super family protein involved in thylakoid membrane remodeling. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (9) 松島 良, 山下 純 マメ科ササゲ属 (*Vigna*) における種子澱粉粒の形状多様性についての解析. 第 146 回日本育種学会 (秋季大会), 広島, 9月19-20日, 2024.
- (10) 中田 克, 松島 良, 平 将人, 谷中美貴子, 清水浩晶 穀粒の澱粉特性が変化したオオムギ変異体の解析. 第 146 回日本育種学会 (秋季大会), 広島, 9月19-20日, 2024.
- (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 オオムギの培養組織における色素体遺伝子の発現. 第 146 回日本育種学会 (秋季大会), 広島, 9月19-20日, 2024.
- (12) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 QTL 解析から STS 化へ: GRAS-Di 技術の応用. 第 146 回日本育種学会 (秋季大会), 広島, 9月19-20日, 2024.
- (13) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 オオムギにおける GRAS-Di 技術を使ったターゲット・ジェノタイプピング. 第 146 回日本育種学会 (秋季大会), 広島, 9月19-20日, 2024.
- (14) 松島 良 澱粉粒の形状に関する遺伝学的・細胞生物学的解析. 第 19 回ムギ類研究会, 厚木, 12月21-20日, 2024.

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

- (1) Hiejima S, Seino H, Hachisuka R, Watanabe Y, Matsuura T, Mori I.C, Ugawa S. Physiological characteristics of *Cryptomeria Japonica* during the dormant season in the warm-temperate region. 第 135 回日本森林学会大会, 東京, 3月9-11日, 2024.
- (2) Mamiya A, Yamamoto K, Kobayashi T, Yagi Y, Nakamura T, Fukaki H, Kim J.S, Nakazato I, Arimura S, Hirayama T, Sugiyama M. Uncovering the link between RNA editing and polyadenylation, two mysterious modifications of plant mitochondrial mRNA. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (3) Ishibashi K, Arae T, Yoshizumi T, Kurihara Y, Kuromori T, Szweykowska-Kulińska Z, Jarmolowski A, Hirayama T, Matsui M, Ohtani M. Arabidopsis SD5/DROL1 protein, a subunit of U5 snRNP, regulates nutrient response through pre-mRNA splicing and jasmonic acid signaling. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (4) Kaita H, Kim J.S, Mamiya A, Sugiyama M, Mochida K, Hirayama T. Analysis of AGS2 RNA helicase implicated in the post-transcriptional regulation of mitochondria mRNA. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (5) Kim June-Sik, 井藤 純, 上原由紀子, 高萩航太郎, 金谷麻加, 清水みなみ, 井上小楨, 岡田聡史, 松浦恭和, 服部公央亮, 池田陽子, 最相大輔, 辻 寛之, 平山隆志, 佐藤和広, 持田恵一 野外トランスクリプトーム解析による, オオムギ開花の新たな遺伝子制御機構の発見. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (6) Tania S, Mori I.C. CO<sub>2</sub> transport by aquaporin. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (7) 山下昂太, 大石 杏, 高瀬緋奈乃, 片桐荘太郎, 李 揚丹, 神山佳明, 山内翔太, 武宮淳史, 森 泉, 梅澤泰史 第 65

- 
- 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
- (8) 佐々木孝行, 森 泉 気孔タイプ ALMT を活性化する相互作用因子の探索. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
  - (9) Mozhgani M, Ooi L, Mori I.C. Toxic mechanism of SO<sub>2</sub> in plants. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
  - (10) 中村光希, 菊池優一, 白神美瑞穂, 小竹敬久, 久野 裕, 武田 真, 池田陽子. ヒストン修飾を介したオオムギの芒形成機構. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
  - (11) 槻木竜二, 池田陽子, 森 仁志, 青柳優太, 平川英樹 幹細胞らしさの抑制に関わる遺伝子の解析. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.
  - (12) 平山隆志 圃場作物ライフコースホルモン一斉分析で見えてきたもの. 第 65 回日本植物生理学会年会関連集会; 植物ホルモン分析ワークショップ, 神戸, 3月19日, 2024
  - (13) 森 泉 岡山大学・資源植物科学研究所における植物ホルモン分析. 第 65 回日本植物生理学会年会関連集会; 植物ホルモン分析ワークショップ, 神戸, 3月19日, 2024.
  - (14) 提箸祥幸, 岡崎圭毅, 北條優子, 松浦恭和, 森 泉 イネの低温順化処理により誘導される高度な低温耐性の分子機構. 日本農芸化学会創立 100 周年記念大会, 東京, 3月24-27日, 2024.
  - (15) 中村光希, 久野 裕, 池田陽子 AGAMOUS オルソログである *HvMADS58* が担うオオムギの花器官形成. 中国四国地区生物系三学会合同大会, 岡山, 5月11-12日, 2024.
  - (16) 中村光希, 菊池優一, 白神美瑞穂, 井藤 純, 辻 寛之, 小竹敬久, 久野 裕, 武田 真, 池田陽子 ヒストン H3Lys27 トリメチル化を介したオオムギの芒形成機構. 日本エピジェネティクス研究会, 大阪, 6月13-14日, 2024.
  - (17) 平田峻也, 安里 隼, 望月暁登, 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 DNA メチル化編集技術の開発. 日本植物バイオテクノロジー学会, 仙台, 8月30日-9月1日, 2024.
  - (18) Puja Kumari, 松島 良, 平山隆志, 三上浩司 原始紅藻 '*Bangia*' sp. ESS1 が持つ高度な海水希釈ストレス耐性は細胞形態と脂肪酸組成の可逆的变化を伴う. 日本応用藻類学会第 22 回大会, 東京, 9月7-8日, 2024.
  - (19) 玉置雅紀, 森 泉, 松浦恭和, 青野光子 低線量放射線による花性誘導は植物ホルモンバランスの崩壊によっておきる. 第 65 回大気環境学会年会, 横浜, 9月11-13日, 2024.
  - (20) 森 太志, 野元美佳, 岡本奎花, 岡田絵美, 毛利一葉, 松浦恭和, 森 毅, 板谷知健, 長江拓也, 藤原寸及礼, 筒井大貴, 高木 紘, 小川尊也, 東山哲也, 光田展隆, 吉岡博文, 森 泉, 山本義治, 多田安臣 多様な環境ストレス情報を統合し植物免疫応答を活性化する WRKY 転写因子の同定. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9月14-16日, 2024.
  - (21) 中村光希, 武田 真, 池田陽子 オオムギのヒストン H3K27me3 修飾による抑制機構と形態形成における役割. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9月14-16日, 2024.
  - (22) 久能理子, Olivier Mathieu, 池田陽子 ゼニゴケ *Mpmet* 変異体を用いた DNA メチル化とヒストン修飾の解析. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9月14-16日, 2024.

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

- (1) 横山聡太郎, 力石和英, 杉本 学 酸化ヌクレオチド除去に関与するトマト Nudix hydrolase の探索. 日本農芸化学会 2024 年度, 東京, 3月24-27日, 2024.
- (2) 力石和英, 土屋江利, 杉本 学 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. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島, 9月19-20日, 2024.
- (3) 杉本 学 宇宙での栽培を可能とする植物の環境適応ポテンシャル. 日本宇宙生物科学会第 38 回大会, 山形, 9月20-22日, 2024.
- (4) 力石和英, 土屋江利, 杉本 学 MutMap 法によるコムギの種子休眠性低下突然変異の原因遺伝子 *rsd32* の同定. 第 42 回種子生理生化学研究会年会, 京都, 11月21-22日, 2024.
- (5) 力石和英, 土屋江利, 杉本 学 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. 令和 6 年度穂発芽研究会, 福岡, 12月10日, 2024.

## 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) 小西範幸, 馬 建鋒 イネマンガン輸送体 OsNramp5 の偏在と膜輸送に関わる領域の同定. 第 65 回日本植物生理学会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (2) 山地直樹, 新屋友規, 三谷奈見季, Ivan Galis, 馬 建鋒 DIY インセクトレーザ装置によるイネ篩管液採取法の開発. 第 65 回日本植物生理学会, 神戸 (ハイブリッド), 3月17-19日, 2024.
- (3) 黄 勝, 馬 建鋒 A magnesium transporter OsMGR2 is required for seed development in rice. 日本土壌肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9月3-5日, 2024.

- 
- (4) 黄 衡亮, 山地直樹, 馬 建鋒 Tissue-specific deposition, speciation and transporter of antimony in rice. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
  - (5) 馬 建鋒 植物と人の健康をつなぐ金属輸送. 第 33 回金属の関与する生体関連反応シンポジウム, 岡山, 6 月 7 日, 2024.
  - (6) 小西範幸, 馬 建鋒 イネの効率的マンガン吸収における輸送体 OsNramp5 の偏在性の重要性. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
  - (7) 藤井理樹, 山地直樹, 馬 建鋒 イネのマンガン吸収における根内皮カスパリ一線の役割. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
  - (8) 山地直樹, 三谷奈見季, 馬 建鋒 イネケイ酸応答初期過程のトランスクリプトーム解析. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
  - (9) 三谷奈見季, 山地直樹, 小西範幸, 馬 建鋒 ケイ酸応答性長距離シグナル SSS 相互作用因子の探索. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.

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

- (1) 佐々木孝行, 森 泉 Exploring for interactive factors activating guard-cell-type ALMT proteins. 第 65 回日本植物生理学会, 神戸, 3 月 17-19 日, 2024.
- (2) 三戸祐之輔, Sen Tran, 大西亜耶, 小野峻太郎, 且原真木, 堀江智明 イネのイオンチャネルアクアポリン icAQP の同定と生理機能の解析. 第 65 回日本植物生理学会, 神戸, 3 月 17-19 日, 2024.
- (3) 三村徹郎, 藤原ひとみ, 村西直樹, 大西美輪, 西山智明, 菅野里美, 石崎公庸, 深城英弘, 坂山英俊, Robert Reid, 且原真木 シャジクモ (*Chara braunii*) 細胞膜 Na<sup>+</sup> 共役型リン酸輸送体分子の機能解析. 第 65 回日本植物生理学会, 神戸, 3 月 17-19 日, 2024.
- (4) 中嶋智子, 丸山隼人, 山本洋子, 佐々木孝行 コムギにおけるリンゴ酸輸送体 TaALMT1 の活性化に関わるタンパク質因子. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
- (5) 我妻忠雄, 且原真木, 土屋善幸, 田原 恒, Toan Nguyen Sy, 程 為国, 俵谷圭太郎, 塩野義人, 本間 幸 根圏の H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>・鉄・有機物を制御して環境修復・地球温暖化阻止・有機物利用を進める. 日本土壤肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9 月 3-5 日, 2024.
- (6) 且原真木, Sen Tran, 小野峻太郎, 大西亜耶, 三戸祐之輔, 堀江智明 OsPIP2;4 イオンチャネルアクアポリン OsPIP2;4 の分子機構と生理機能. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9 月 14-16 日, 2024.
- (7) 佐々木孝行, 森 泉 気孔タイプ ALMT の活性化機構. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9 月 14-16 日, 2024.

### 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) 近藤秀樹, 兵頭 究, 鈴木信弘 黄葉症状を呈するコムギから見出されたクロステロウイルス. 令和 6 年度日本植物病理学会大会, 仙台市, 3 月 13-15 日, 2024.
- (2) 鈴木信弘 ウイルスいろいろ. 岡山大学先端研究講座一般公開講座. 岡山大学教育共創コモンズ, 岡山市, 6 月 1 日, 2024.
- (3) Fadli M, Hisano S, Kondo H, Suzuki N. A new yadonushi-yadokari interplay in the Japanese strain NBRC 4031 of *Aspergillus foetidus*. The 38<sup>th</sup> Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Ehime University Proteo-Science Center, Matsuyama, July 27-28, 2024.
- (4) Telengech P, Hyodo K, Ichikawa H, Kondo H, Suzuki N. Fungal partitiviruses able to replicate across three kingdoms. The 38<sup>th</sup> Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Ehime University Proteo-Science Center, Matsuyama, July 27-28, 2024.
- (5) 近藤花保, 中上 涼, 竹本大吾, 近藤秀樹, 玉田哲男, 千葉壮太郎 本邦における Rz1 テンサイ抵抗性打破 BNYVV の動向および新規防除方法の探索. 植物感染生理談話会, 名古屋大学, 名古屋市, 9 月 1-3 日, 2024.
- (6) Abbihi V, Sato Y, Mizutani Y, Sato I, Takemoto D, Suzuki N, Chiba, S. Scrutinizing the mechanism of hypovirulence by virus-pair, the parent virus FbLFV1 and its defective RNA in *Fusarium boothii*. 第 58 回植物感染生理談話会, 名古屋大学, 名古屋市, 9 月 1-3 日, 2024.
- (7) 山内健太郎, 村田佳乃子, 佐藤育男, 竹本大吾, 鈴木信弘, 千葉壮太郎 RnMBV1 dsRNA1 5' 非翻訳領域に備わる IRES とリボザイムの発見. 第 58 回植物感染生理談話会, 名古屋大学, 名古屋市, 9 月 1-3 日, 2024.
- (8) 山内健太郎, 村田佳乃子, 佐藤育男, 竹本大吾, 鈴木信弘, 千葉壮太郎 RnMBV1 の 5' 非翻訳領域に IRES と自己切断リボザイムが共存する可能性. 令和 6 年度日本植物病理学会関西西部会, 愛媛大学農学部, 松山市, 9 月 19-20 日, 2024.
- (9) 王 鈺寧, 久野 昌, Bradley I. Hillman, Daniel Rigling, 鈴木信弘 クリ胴枯病菌に感染したハイポウイルス 3 の樹体内,

---

試験内挙動を支配する欠損 RNA. 令和 6 年度日本植物病理学会関西支部会, 愛媛大学農学部, 松山市, 9 月 19-20 日, 2024.

- (10) Telengech P, Hyodo K, Ichikawa H, Kondo H, Suzuki N. Fungal partitiviruses able to replicate across kingdoms. The 71<sup>st</sup> Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Winc Aichi, Nagoya, Nov. 4-6, 2024.
- (11) Fadli M, Hisano S, Kondo H, Suzuki N. A new yadonushi-yadokari interplay in a Japanese strain of *Aspergillus foetidus*. The 71<sup>st</sup> Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Winc Aichi, Nagoya, Nov. 4-6, 2024.

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

- (1) 神田恭和, 新屋友規, Wari David, 北條優子, 土屋 渉, 藤本 瑞, 西澤洋子, 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 6 年度日本植物病理学会大会, 仙台 (ハイブリッド), 3 月 13-15 日, 2024.
- (2) 山地直樹, 新屋友規, 三谷奈見季, ガリス イバン, 馬 建鋒 DIY インセクトレーザ装置によるイネの篩管液採取法の開発. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3 月 17-19 日, 2024.
- (3) Osibe D.A, Hojo Y, Shinya T, Galis I. Indirect defense in rice: role of silicon in rice volatile production under herbivory stress. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸 (ハイブリッド), 3 月 17-19 日, 2024.
- (4) 提箸祥幸, 岡崎圭毅, 北條優子, 松浦恭和, 森 泉 イネの低温順化処理により誘導される高度な低温耐性の分子機構. 日本農芸化学会創立 100 周年記念大会, 東京, 3 月 24-27 日, 2024.
- (5) 遠藤有希子, 田中未来, 谷村香織, 出崎能丈, 上村卓矢, 小澤理香, Maffei Massimo, 新屋友規, Galis Ivan, 有村源一郎 宿主と環境の変化に対する防御反応の調整を担うハダニエリシター・テトラニン. 日本昆虫学会第 84 回大会・第 68 回日本応用動物昆虫学会大会合同大会, 仙台, 3 月 28-31 日, 2024.
- (6) 網干貴子, 寺石政義, Galis Ivan, 吉川貴徳, 新屋友規 イネにおけるイソペンチルアミン生合成遺伝子の解明. 日本農芸化学会東北支部 第 159 回大会, 福島, 9 月 28 日, 2024.
- (7) 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 ナミハダニのタンパク質型エリシター“テトラニン”の機能の解明. 生物環境イノベーション研究部門 第 5 回シンポジウム, 東京, 11 月 9 日, 2024.
- (8) 新屋友規 イネの昆虫食害応答を誘導する分子パターン. 第 58 回岡山植物病理セミナー, 倉敷, 12 月 7 日, 2024.

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

- (1) 深田史美 イネの免疫を制御する RALF ペプチドの機能解析. 第 39 回資源植物科学シンポジウム及び第 15 回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 2 月 26-27 日, 2024.
- (2) Yuying Li, Qiong Wang, Humin Jia, 河野洋治 遺伝子重複により形成された NLR ペアによるイネいもち病菌抵抗性の解析. 令和 6 年度日本植物病理学会大会, 3 月 13 日, 2024.
- (3) 深田史美 植物病原糸状菌の形態形成と感染適応戦略. 令和 6 年度日本植物病理学会大会, 仙台, 3 月 13 日, 2024.
- (4) 深田史美, Ting Guo, 藤井巳芳子, 小西直美, Falk-Fooken Decker, Pingyu Wang, 西村秀希, 小野奈津子, 河野洋治 イネいもち病菌はイネ由来の RALF ペプチドを認識して付着器形成を誘導する. 令和 6 年度日本植物病理学会大会, 仙台, 3 月 13-15 日, 2024.
- (5) Yuying Li, Qiong Wang, Humin Jia, 河野洋治 Tandem gene duplication generates a paralog that forms an NLR pair to confer resistance to rice blast fungus. 第 65 回日本植物生理学会年会, 3 月 17 日, 2024.
- (6) Yuying Li, Qiong Wang, Humin Jia, 河野洋治 遺伝子重複により形成された NLR ペアによるイネいもち病菌抵抗性の解析. イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ 2024, 7 月 4 日, 2024.
- (7) 深田 史美 植物病原糸状菌と共に〜ドイツから学んだこと. 第 33 回植物微生物研究会若手の会, 高知 (オンライン), 8 月 29 日, 2024.

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

- (1) 井口博之, 宮部 業, 吉田朱里, 谷 明生 葉面細菌 *Methylobacterium* のバクテリオクロフィル生産と遺伝子発現. 日本農芸化学会 2024 年度大会, 東京, 3 月 24-27 日, 2024.
- (2) 井口博之, 谷 明生 葉面細菌 *Methylobacterium* のバクテリオクロフィルの ATP 産生機能. 日本農芸化学会関西支部大会, 京都, 9 月 28 日, 2024.
- (3) 上村直輝, 植木尚子, 中根大介 赤潮原因藻 *Heterosigma akashiwo* の概日リズム依存的な走光性. 日本微生物生態学会第 37 回大会, 広島, 10 月 29-31 日, 2024.
- (4) 福山誠也, 小原静夏, 隠塚俊満, 近藤 健, 廣田隆一, 小池一彦, 植木 尚子 赤潮原因藻ヘテロシグマによる細菌貪食と栄養摂取についての研究. 令和 6 年度漁場環境保全関係研究開発推進会議 赤潮・貝毒部会, 広島, 12 月 3-4 日, 2024.

---

## 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, 白土寛子 異なる土壌 pH に調整したストレス圃場におけるオオムギコアコレクションの栽培. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京大学, 3 月 16-17 日, 2024.
- (2) 松島 良, 久野 裕, Rose McNelly, 金 俊植, Brendan Fahy, 追留那緒子, David Seung, 藤田直子, 佐藤和広 胚乳と花粉において異なる澱粉関連変異の遺伝的相互作用. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京大学, 3 月 16-17 日, 2024.
- (3) 松本大輝, 井藤 純, 野村有子, 若崎真由美, 佐藤蘭子, 武田 (神谷) 紀子, 最相大輔, 豊岡公徳, 辻 寛之 オオムギ花序の abortion における幹細胞機能の低下および細胞死の細胞生物学的解析. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京大学, 3 月 16-17 日, 2024.
- (4) 中村光希, 菊池優一, 白神美瑞穂, 小竹敬久, 久野 裕, 武田 真, 池田陽子 ヒストン修飾を介したオオムギの芒形成機構. 日本植物生理学会第 65 回年会, 神戸 (ハイブリッド), 3 月 17-19 日, 2024.
- (5) KIM June-Sik, 井藤 純, 上原由紀子, 高萩航太郎, 金谷麻加, 清水みなみ, 井上小楨, 岡田聡史, 松浦恭和, 服部公央亮, 池田陽子, 最相大輔, 辻 寛之, 平山隆志, 佐藤和広, 持田恵一 野外トランスクリプトーム解析によるオオムギ開花の新たな遺伝子制御機構の発見. 日本植物生理学会第 65 回年会, 神戸 (ハイブリッド), 3 月 17-19 日, 2024.
- (6) 最相大輔, 窪田竜太, 岡田柊一, 轟 貴智 傾斜圃場を利用した土壌水分勾配に対するオオムギ生長の自然変異. 第 59 回根研究集会, 福井市, 7 月 20-21 日, 2024.
- (7) 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 オオムギの培養組織における色素体遺伝子の発現. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (8) 白土寛子, 最相大輔, 久野 裕 酸性またはアルカリ性土壌がオオムギの農業形質に及ぼす影響. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (9) 井藤 純, 野村有子, 永井啓祐, 久野 裕, 鹿島 誠, 芦荻基行, 辻 寛之 イネ *DECELERATOR OF INTERNODE ELONGATION1 (DECI)* 過剰発現オオムギでは開花が抑制される. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (10) 武田良太, 井藤 純, 野村有子, 佐藤奈緒, 廣田敦子, 林 誠, 久野 裕, 内野智樹, 那須田周平, 辻 寛之 Single-nucleus RNA-sequencing に向けたオオムギ茎頂の核単離の条件検討. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (11) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 オオムギにおける GRAS-Di 技術を使ったターゲット・ジェノタイプング. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (12) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 QTL 解析から STS 化へ: GRAS-Di 技術の応用. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (13) 久野 裕 ゲノム編集技術を用いたオオムギの種子休眠性の制御. 令和 6 年度 穂発芽研究会, 福岡市, 12 月 10-11 日, 2024.
- (14) 白土寛子, 最相大輔, 久野 裕 酸性またはアルカリ性ストレス条件で栽培したオオムギの農業形質に関する QTL 解析. 第 16 回中国地域育種談話会, 瀬戸内市, 12 月 14-15 日, 2024.
- (15) 岡田柊一, 岡田吉弘, 最相大輔 亜熱帯環境で生じるオオムギ不稔発生の原因解明. 第 16 回中国地域育種談話会, 瀬戸内市, 12 月 14-15 日, 2024.
- (16) 白土寛子, 最相大輔, 久野 裕 オオムギの酸性またはアルカリ性ストレス耐性 QTL の探索. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.
- (17) 窪田竜太, 最相大輔 土壌水分勾配に対するオオムギ生長の品種間差の評価. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.
- (18) 岡田柊一, 岡田吉弘, 最相大輔 亜熱帯環境におけるオオムギの生長可塑性を引き起こす環境要因の探索. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.
- (19) 井藤 純, 野村有子, 高萩航太郎, 金 俊植, 鹿島 誠, 佐藤奈緒, 安川新平, 半田裕一, 久野 裕, 最相大輔, 持田恵一, 平山隆志, 辻 寛之 ムギ類の花芽分化と茎伸長を制御する移動性シグナル因子の探索. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.
- (20) 武田良太, 井藤 純, 野村有子, 佐藤奈緒, 廣田敦子, 林 誠, 久野 裕, 内野智樹, 那須田周平, 殿崎 薫, 木下 哲, 鹿島 誠, 辻 寛之 Single-nucleus RNA-seq に向けたオオムギ茎頂の核単離の条件検討. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.
- (21) 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 不良形質除去に向けた合成コムギのゲノム編集系の開発. 第 19 回ムギ類研究会, 東京農業大学厚木キャンパス, 12 月 21-22 日, 2024.

---

## ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

---

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

- (1) 武田 真 コムギ・エギロプス属における穎果と穎の接着・非接着に関する遺伝変異—オオムギ属との比較. 日本育種学会, 東京, 3月17日, 2024.
- (2) 宇部尚樹, 石原 亨, 藪田行哲, 武田 真, 加藤康夫, 野村泰治 オオムギにおけるホルダチン合成酵素の同定. 日本農芸化学会, 東京, 3月24-27日, 2024.
- (3) 水野隆文, 桑原康輔, 安原 輝, 山下 純, 橋本 篤, 上野大勢, 中村進一, 渡部敏裕 植物標本と蛍光 X 線分析を用いた野生植物の元素集積傾向の解析 (6) 新規マンガン超集積性植物 (群) の発見とその元素集積傾向. 日本土壌肥料学会 2024 年度福岡大会, 福岡, 9月3-5日, 2024.
- (4) 山下 純 岡山大学資源植物科学研究所が保有する利用可能な野生植物遺伝資源. 日本植物学会第 88 回大会, 宇都宮, 9月14-16日, 2024.
- (5) 武田 真, 仁科友希, 白神美津穂 オオムギの極短芒突然変異体の遺伝・細胞学的解析. 日本育種学会, 東広島, 9月19日, 2024.

### 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, 張 乾, 柏原彦成, 余 恩, 馬 建鋒 土壌 pH 条件で変化する稲ワラおよび玄米の元素吸収量とその遺伝的差異. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京都文京区, 3月16-17日, 2024.
- (2) 古田智敬 種間ゲノムワイドオーソログ解析に基づくゲノム情報の移転. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京, 3月16-17日, 2024.
- (3) 長岐清孝 エピジェネティックに徘徊、逃避するセントロメア. 第 65 回日本生化学会中国四国支部例会シンポジウム, 松江市, 6月1-2日, 2024.
- (4) 長岐清孝 植物の「そぞろ歩くセントロメア」. 日本進化学会第 26 回大会ワークショップ, 平塚市, 8月22-23日, 2024.
- (5) 長岐清孝, 牛島幸一郎, 赤木剛士, 田中啓介, 小林久人 ネギ属植物種のパンセントロメア解析によって明らかになったタマネギの散策するセントロメア. 日本遺伝学会第 96 回大会, 高知市, 9月4-6日, 2024.
- (6) 山本敏央, 牟 竝瑞, 古田智敬, 長岐清孝, 加藤 浩, 興石雄一 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. 東京農業大学生物資源ゲノム解析拠点研究報告会, 東京都世田谷区, 9月6日, 2024.
- (7) 長岐清孝 植物染色体の E pur si muove! ~それでも、それは、動く~. 日本遺伝学会第 96 回大会公開市民講座, 高知市, 9月7日, 2024.
- (8) 山本敏央 倉敷で植物資源の可能性を考える. 倉敷芸術科学大学 FD 講演会, 倉敷市, 9月10日, 2024.
- (9) 岡 大晴, 古田智敬, 柏原彦成, 牟 竝瑞, 貴島祐治, 長岐清孝, 山本 敏央 4 倍体栽培種間雑種イネ後代分離集団を用いたゲノムワイドな分離の歪みの解析. 日本育種学会第 146 回講演会, 東広島市, 9月18-19日, 2024.
- (10) Zhang Q, Furuta T, Kashihara K, Ogawa D, Yonemaru J, Ma J.F, Yamamoto T. Influence of soil pH and fertilizer level on grain mineral accumulation in MAGIC population. 日本育種学会第 146 回講演会, 東広島市, 9月18-19日, 2024.
- (11) Mu H, Furuta T, Nagaki K, Kishima Y, Kato H, Koshiishi Y, Yamamoto T. Heterozygosity and ploidy effects on alternative splicing revealed by transcriptome analysis of interspecific tetraploid rice. 日本育種学会第 146 回講演会, 東広島市, 9月18-19日, 2024.
- (12) 古田智敬 茎頂由来カルスを用いた野生イネ形質転換系の確立. 日本育種学会第 146 回講演会, 東広島市, 9月19-20日, 2024.
- (13) 長岐清孝, 牛島幸一郎, 赤木剛士, 田中啓介, 小林久人 ネギ属植物種のパンセントロメア解析によって明らかになったセントロメアサイズの多様性. 染色体学会第 75 回年会, 横浜市, 10月26-27日, 2024.
- (14) 山本敏央 手間いらずの耕作放棄地利用を目指す「野良イネ」の開発. 岡山大学 R&D Showcase, 岡山市, 12月3日, 2024.

---

## 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, Uehara-Yamaguchi Y, Takahagi K, et al. 野外トランスクリプトーム解析による、オオムギ開花の新たな遺伝子制御機構の発見. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸, 3月17-19日, 2024.

---

### フィールドフローラ研究チーム (*Field Flora 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・オオムギ二毛作における根圏微生物叢の機能とネットワーク. 日本農芸化学会 2024 年度大会, 東京, 3 月 24-27 日, 2024.
- (2) 木代勝元, 谷 明生, 最相大輔, 山地直樹, 山下 純, 門田有希, 中川智行, 持田恵一 オオムギ根由来 *Duganella* 属細菌のビオラセイン生産の向上と意義の探索. 岡山バイオアクティブ研究会, 岡山, 6 月 6 日, 2024.
- (3) MAHAMUD M.D. A, Pichaikarn R, Tani A. Functional characterization of synthetic community of barley rhizosphere microbiome. 日本微生物生態学会第 37 回大会, 広島, 10 月 29-31 日, 2024.

---

### 作物・環境デザイン研究チーム (*Crop and Environmental Design Research Team*)

---

- (1) 古田智敬 種間ゲノムワイドオーソログ解析に基づくゲノム情報の移転. 日本育種学会第 145 回講演会, 東京, 3 月 16-17 日, 2024.
- (2) 白土寛子, 最相大輔, 久野 裕 酸性またはアルカリ性土壌がオオムギの農業形質に及ぼす影響. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (3) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 オオムギにおける GRAS-Di 技術を使ったターゲット・ジェノタイピング. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.
- (4) 鈴木一代, 木村達郎, 多田宣紀, 古田智敬, 松島 良, 榎 宏征, 最相大輔 QTL 解析から STS 化へ: GRAS-Di 技術の応用. 日本育種学会第 146 回講演会, 広島大学, 9 月 19-20 日, 2024.

---

### RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

---

- (1) 小澤真一郎 集光アンテナ複合体の多様性から考えるモデル生物の立ち位置. 第 65 回日本植物生理学会年会, 神戸(ハイブリッド), 兵庫県, 3 月 17-19 日, 2024.
- (2) Milrad Y, Zaem A, Wegemann D, Scholz M, Younas M, Buchert F, Hippler M. Regulative phosphorylation of plastocyanin and cytochrome *b<sub>6</sub>f* subunit IV: Insights into photosynthetic electron transfer and STT7 kinase feedback control. Invited Speaker, National Institute for Basic Biology, Nov. 17<sup>th</sup>, 2024.

## 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)*

#### International workshop on plant mineral transport

January 16, 2024

Venue: Ohara Conference Room

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

Welcome address: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

1. Application of attapulgit in improving crop growth in acid soils  
Renfang Shen (The Institute of Soil Science, CAS)
2. Role of qGZn9a in controlling grain zinc concentration in rice, *Oryza sativa* L.  
Ryo Ishikawa (Kobe University)
3. Functional characterization of two MTP transporter genes in rice  
Guijie Lei (Yunnan University)
4. Role of OsNramp5 in local distribution of manganese to leaf sheath in rice  
Sheng Huang (IPSR, Okayama University)
5. Ion-conducting aquaporin (icAQP) in rice: ion permeability and physiological roles  
Tomoaki Horie (Shinshu University)
6. A single-cell transcriptome atlas of rice node  
Jing Che (The Institute of Soil Science, CAS)
7. Microbial diversity of sugarcane for production of Wasanbon sugar in Kagawa, Japan  
Mika Nomura (Kagawa University)
8. Developing mathematical models for plant mineral transportation from root to leaf  
Gen Sakurai (NARO)
9. The universal evaluation system of plant mineral transporters by purification and reconstitution into liposomes  
Takaaki Miyaji (Okayama University)
10. Altered magnesium uptake and movement in rice due to mutations in the RZF1 zinc-finger protein.  
Keitaro Tanoi (University of Tokyo)
11. Magnesium transport to the vacuoles in guard cells is involved in stomatal opening  
Shinichiro Inoue (Nagoya University)
12. High resolution CryoEM single particle analysis of OsNramp5  
Yasunori Saito (Okayama University)
13. Functional analysis of SIET5 in rice  
Namiki Mitani-Ueno (IPSR, Okayama University)
14. Trace Elements in Soil-Plant System: Biogeochemistry, Plant Accumulation, and Human Health  
Peng Wang (Nanjing Agricultural University)

### 第 39 回資源植物科学シンポジウム及び第 15 回植物ストレス科学研究シンポジウム —植物科学の基礎から応用まで—

日程：2024 年 2 月 26 日、27 日

場所：倉敷市芸文館アイシアター

オーガナイザー：馬 建鋒 (岡山大学・植物研)

2 月 26 日 (月)

1. 植物の栄養繁殖の制御  
経塚淳子 (東北大学)
2. 重力屈性における重力感知機構  
森田美代 (基礎生物学研究所)
3. 葉緑体とミトコンドリアのゲノム編集  
有村慎一 (東京大学)
4. 植物と糸状菌の共生から寄生と多様かつ連続的な相互作用

- 
- 晝間 敬 (東京大学)
5. 農業生態系のマルチオミクス研究  
市橋泰範 (理化学研究所)
  6. オオムギの野外栽培における春播性の遺伝解析  
金 俊植 (岡山大学 / 理化学研究所)
  7. 穀類胚乳の澱粉合成に関する遺伝学的研究  
松島 良 (岡山大学・植物研)

2月27日 (火)

1. 植物感染性線虫の感染機構の解析構の解明  
澤 進一郎 (熊本大学)
2. NLR タンパク質による植物免疫機構の包括的理解を目指して  
安達 広明 (京都大学 / JST さきがけ)
3. イネの免疫を制御する RALF ペプチドの機能解析  
深田史美 (岡山大学・植物研)
4. 効率的な養分吸収に必要な輸送体極性局在の解析  
小西範幸 (岡山大学・植物研)
5. 香り化合物を用いた植物の環境適応戦略  
松井健二 (山口大学)

## 第7回植物病理を紡ぐ会

日程：2024年3月9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)・鶴家綾香 (国際農研)  
坂田七海 (華中農業大)・深田史美 (岡山大学・植物研)・峯 彰 (京都大学)

招待講演

1. 植物と微生物、解体と再構築  
登 達也 (ソーク研究所)
2. シストセンチュウは破壊者か？建築家か？  
大津美奈 (奈良先端大)
3. アグリバイオスタートアップ企業における研究者としての仕事  
森 毅 (グランドグリーン株式会社)
4. ～育種学から植物病理学へ～ イネいもち病抵抗性遺伝子 Pias の発見から分かったこと  
清水元樹 (岩手生工研)
5. 植物病理を科学する醍醐味  
露無慎二 (静岡大学名誉教授)

## 第65回日本植物生理学会年会 シンポジウム：気孔応答研究の最前線 一分子から個体まで

日程：2024年3月17日

場所：神戸

オーガナイザー：林 優紀 (名古屋大学)・村田芳行 (岡山大学)・森 泉 (岡山大学・植物研)

はじめに

林 優紀 (名古屋大学)

1. 孔辺細胞原形質膜イオンチャネルの活性制御機構  
宗正晋太郎・村田芳行 (岡山大学)
2. 気孔における二酸化炭素センシングとシグナル伝達

- 
- 高橋洋平 (名古屋大学)
3. 気孔葉緑体プロテオーム解析から見えてきた気孔葉緑体の成り立ちと機能  
 称宜淳太郎 (九州大学)
  4. 気孔孔辺細胞における光シグナル伝達ネットワーク  
 武宮淳史 (山口大学)
  5. 気孔開口のシグナル伝達と気孔開度制御  
 林 優紀・深津孝平・木下俊則 (名古屋大学)
  6. 葉の水分特性が気孔開閉制御に与える影響  
 溝上祐介・高井菜々咲・野口 航 (東京薬科大学)
  7. CO<sub>2</sub> Transport by Aquaporin  
 Shaïla Shermin Tania, Izumi Mori (IPSR, Okayama University)
  8. 個葉・個体・群落スケールで評価する C<sub>3</sub>・C<sub>4</sub> 作物の気孔応答・水利用特性  
 杉浦大輔 (名古屋大学)
  9. Recent Methods in Stomatal Trait Phenotyping  
 Yosuke Toda (Pytometrics Co. Ltd.)
- 総合討論

## 34<sup>th</sup> International Conference on Arabidopsis Research Tiny Pores with Global Impact

July 16, 2024

Venue: San Diego, CA, USA

Organizers: Toshinori Kinoshita (Nagoya University), Izumi Mori (IPSR, Okayama University), Hannes Kollist (University of Tartu), Julian I Schroeder (University of California San Diego)

1. Warming temperature triggers stomatal opening by enhancement of photosynthesis and ensuing guard cell CO<sub>2</sub> sensing and signaling  
 Nattiwong Pankasem (University of California San Diego, USA)
2. Guard cell starch degradation and fast stomatal opening in plants  
 Diana Santelia (ETH Zurich, Switzerland)
3. Utilizing stomatal CO<sub>2</sub> signaling by HT1 kinase for manipulating plant water use  
 Hannes Kollist (University of Tartu, Estonia)
4. Light-induced stomatal opening through the regulation of plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase in guard cells  
 Toshinori Kinoshita (Nagoya University, Japan)
5. Heterotrimeric G protein regulation of the stomatal response to CO<sub>2</sub>  
 Sarah Assmann (Penn State University, USA)
6. Guard cell-type ALMTs: Structural insight into bell-shaped voltage-dependency and stomatal movement  
 Izumi Mori (Okayama University, Japan)
7. ERC Sympro project: New insights into composition, structure and transport mechanisms of plasmodesmata  
 Wolf Frommer (Heinrich Heine University, Germany)

## JPR 国際シンポジウム Cellular Dynamics and Calcium Signaling

September 14, 2024

Venue: Utsunomiya

Organizers: Izumi Mori (IPSR, Okayama University),  
Akiko Harada (Osaka Medical and Pharmaceutical University)

1. Remembering Professor Emeritus Shingo Takagi  
 Akiko Harada<sup>1</sup>, Teruyuki Hayashi<sup>2</sup> (<sup>1</sup>Osaka Medical and Pharmaceutical University, <sup>2</sup>Koshien University)
2. Circumnutation and distribution of phytohormones in *Vigna angularis* epicotyl

---

Motoyuki Iida<sup>1</sup>, Toshihiko Takano<sup>1</sup>, Takakazu Matsuura<sup>2</sup>, Izumi Mori<sup>2</sup>, Shingo Takagi<sup>1</sup> (<sup>1</sup>Osaka University, <sup>2</sup>Okayama University)

3. Light-dependent mitochondrial intracellular positioning in *Arabidopsis thaliana* leaf palisade cells  
Md. Sayeedul Islam<sup>1</sup>, Motoki Tominaga<sup>2</sup>, Shingo Takagi<sup>1</sup> (<sup>1</sup>Osaka University, <sup>2</sup>Waseda University)
4. Mechanosensory cellular and calcium dynamics in plants – tribute to Professor Shingo Takagi –  
Masatsugu Toyota<sup>1,2,3</sup> (<sup>1</sup>Saitama University, <sup>2</sup>Suntory Foundation for Life Science, <sup>3</sup>Huazhong Agricultural University)
5. Deciphering Ca<sup>2+</sup> signaling for ABA-induced stomatal closure and drought tolerance in Arabidopsis  
Yan-Qiu Tan, Yang Yang, Xinyong Wang, Xin Shen, Mei-Jun Zhu, Jia-Jun Li, Bo-Ya Du, Jianlin Shen, Honghong Hu, Pengcheng Wang, Wei Zhang, Yong-Fei Wang (Chinese Academy of Sciences)

## International Plant Stress Science Mini-Workshop 2024

September 24, 2024

Venue: Ohara Conference Room, Institute of Plant Science and Resources, Okayama University

Chairs: Yoji Kawano (IPSR, Okayama University), Qiong Wang (Yangzhou Univ.)

= Abiotic Stress session =

1. Oxidative Modifications of Chloroplast Macromolecules: Their emerging roles in signaling and proteostasis  
Chanhong Kim (CAS CEMPS, China)
2. RNA Silencing in Rice Reproduction  
Reina Komiya (OIST/Riken, Japan)

= Biotic Stress session =

3. Cytosolic Calcium Signals: Key elements driving intra- and inter-plant communication  
Masatsugu Toyota (Saitama Univ., Japan)
4. Manipulation of Plant Cellular Functions by the Bacterial Pathogen *Ralstonia Solanacearum*  
Alberto Macho (CAS CEMPS, China)

## 令和6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：2024年10月26日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 生命のみなもと『光合成』(1) 基本編 しくみと環境への適応  
坂本 亘 (岡山大学・植物研)
2. 生命のみなもと『光合成』(2) 深掘り編 光合成装置のひみつ  
小澤真一郎 (岡山大学・植物研)

## 第71回ウイルス学会 学術集会 シンポジウム4 ウイルスの驚異的な多様性と生態

日程：2024年11月5日

場所：ウインク愛知

オーガナイザー：長崎慶三 (高知大学)・鈴木信弘 (岡山大学・植物研)

招待講演

1. オス殺しウイルスの発見—昆虫のオスのみを殺す寄生者の多様性と普遍性について  
陰山大輔<sup>1</sup>, 春本敏之<sup>2</sup>, 和多田正義<sup>3</sup>, 長峯啓佑<sup>1</sup>, 新谷喜紀<sup>4</sup>

---

(<sup>1</sup> 農研機構, <sup>2</sup> 京都大学, <sup>3</sup> 愛媛大学, <sup>4</sup> 南九州大学)

2. 極限環境から見つかった第3のRNAウイルス  
浦山俊一 (筑波大学)
3. どこまでわかった? 巨大ウイルスの生態・進化  
緒方博之 (京都大学)

## IPSR International Forum on Plant Stress Sciences by/for Junior Researchers 2024

December 6, 2024

Venue: IPSR, Okayama University

Organizers: Tomoyuki Furuta, Yuki Okegawa, Shinichiro Ozawa, Hiroshi Hisano,  
Toshio Yamamoto (IPSR, Okayama University)

1. Innovation and application of germplasm resources in weedy rice  
Jian Sun (Shenyang Agricultural University / Yazhouwan National Laboratory, China)
2. Waking up peach to combat warm winter stress: evaluating foliar urea application as a safer alternative to hydrogen cyanamide for flower budbreak in subtropical conditions  
Syuan-You Lin (National Chung Hsing University, Taiwan)
3. Characterization of the virulence mechanism and exploration of resistance/susceptibility genes to *Rhizoctonia solani* using a cultivar collection  
Neranjana Mahadevan (Okayama University, Japan)
4. Novel bioinformatics tools for enhanced safety and activity estimation of genome editing in plant science  
Kazuki Nakamae (Hiroshima University, Japan)
5. Genome editing for stay-green phenotype in zoysiagrass  
Hwan May Ng (University of Miyazaki, Japan)
6. Improvement of an NGS library construction method from unpurified DNA to accelerate analysis of plant genetic resources  
Nishimura Kazusa (Okayama University, Japan)
7. Marker-assisted breeding of barley in Kazakhstan  
Yuliya Geniyevskaya (Institute of Plant Biology and Biotechnology, Kazakhstan)
8. Genome assembly of *Oryza coarctata*, a salt-tolerant allotetraploid wild *Oryza*, and its salt-responsive gene expression  
Norihide Nishiyama (National Institute of Genetics, Japan)
9. Gene expression and alternative splicing in tetraploid hybrid rice from Asian and African cultivars  
Hongrui Mu (Okayama University, Japan)
10. Exploring the phenotype-specific drought and salt stress responsive genes in *Oryza sativa* through meta-analysis of public transcriptome data  
Mitsuo Shintani (Hiroshima University, Japan)

## 学会賞等 (Awards)

---

植物免疫デザイングループ, 深田史美 (特別契約職員助教), 日本植物病理学会 学術奨励賞, 令和6年度 日本植物病理学会大会 (仙台), 植物病原糸状菌の形態形成と感染適応戦略, 3月13日, 2024.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), Dennis R. Hoagland Award, 米国植物生物学会年会 (ホノルル), 6月22-26日, 2024.

環境応答機構研究グループ, 中村光希 (大学院生), 13th International Congress on Plant Molecular Biology (クイーンズランド), Poster Presentation Award, 6月28日, 2024.

植物ストレス学グループ, 黄 衡亮 (大学院生), 最優秀発表賞, 日本土壌肥料学会 (福岡), 9月3-5日, 2024.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 遠山椿吉記念 第9回食と環境の科学賞 (遠山椿吉賞), 一般財団法人東京顕微鏡院, 10月, 2024.

植物・微生物相互作用グループ, 鈴木信弘 (教授), Rob Goldbach Lecture Award, Wageningen University, 10月31日, 2024.

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 2024年版, Clarivate 社, 11月19日, 2024.

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 2024年版, Clarivate 社, 11月19日, 2024.

ゲノム多様性グループ, 白土寛子 (大学院生), 優秀ポスター発表賞, 第19回ムギ類研究会 (東京農業大学), 12月22日, 2024.

## 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	受入教員名
埼玉大学	大学院理工学研究科	准教授	井上晋一郎	オミックス解析を用いたシロイヌナズナのマグネシウム恒常性維持機構の解明	馬

### 若手奨励研究

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
量子科学技術研究開発機構 高崎量子応用研究所	量子技術基礎研究部門 高崎量子応用研究所 量子バイオ基礎研究部	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	坂本
東京農工大学	大学院農学研究科	日本学術振興会特別研究員 PD	作田康平	アグロインフィルトレーション法によるエンドオルナウイルスの新規人工感染法の確立と <i>Phytophthora</i> 属菌における持続的なエンドオルナウイルス感染をマレットとする生命現象機構の解明	鈴木
埼玉大学	大学院理工学研究科	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	坂本・ 桶川

### 一般研究

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
摂南大学	農学部	准教授	加藤裕介	葉緑体 S2P ファミリープロテアーゼ EGY1 の相互作用因子の探索	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	オオムギ穀粒のゼンブン特性が変化した変異体の解析	松島
埼玉大学	理工学研究科生命科学部門 分子生物学領域	助教	高橋拓子	NPQ 関連遺伝子プロモーター変換植物の解析	桶川

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
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DEF1ペプチドの解析	森
国立環境研究所	生物多様性領域	領域長	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	森
岡山大学	自然生命科学支援センター	客員研究員	黒森崇	生体膜機能活用によるムギ類植物の水利用効率向上	平山
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	池田
愛媛大学	大学院農学研究科	教授	小林括平	コーヒー粕による植物成長抑制と病害抵抗性誘導の機構解析	森
京都大学	大学院理学研究科	助教	槻木竜二	植物幹細胞の分化制御に関わる遺伝子の解析	池田
神戸大学	大学院理学研究科	特命助教(PD)	間宮章仁	植物の発生を支えるメリステム形成・維持の分子機構	平山
広島大学	大学院統合生命科学研究所	研究員	鈴木克周	小麦内生菌アグロバクテリア株NR3のサイトカイニン合成遺伝子クラスターの解析	力石
摂南大学	農学部	准教授	牛島智一	ムギ類のミネラル輸送遺伝子の改変と応用	馬・久野
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	馬
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	山地・且原
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 <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> アンチポーターSOS1輸送体の植物根における局在解析	山地
北海道大学	農学研究院	助教	丸山隼人	土壌難利用性リン獲得およびアルミニウム集積に関わる有機酸輸送体の機能解析	佐々木
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	宇都木・且原

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
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索	且原
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 <sup>+</sup> 透過性チャネルの輸送特性と活性制御機構の解明	且原
摂南大学	農学部	教授	椎名 隆	葉緑体の機械受容チャネル MSL2 の電気生理学的解析	且原
福井大学	学術研究院医学系部門	准教授	本田 信治	モデル生物アカバシ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	鈴木
東京家政大学	家政学部 環境教育学科	教授	藤森 文啓	食品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	近藤
東京理科大学	先進工学部生命システム工学科	嘱託助教	上村 卓矢	水陸両生植物 <i>Rorippa aquatica</i> の水陸環境変動下における食害応答および生物間相互作用の環境適応機構に関する研究	Galis
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成遺伝子の解明	Galis ・新屋
立命館大学	生命科学部	講師	長野 稔	植物のスフィンゴ脂質合成調節機構の解析	河野
岡山大学	学術研究院ヘルスシステム統合科学学域	准教授	佐藤 あやの	ヘテロシグマの細菌貪食機構の細胞生物学的・分子生物学的研究	植木
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> 属細菌のゲノム複製因子に関する研究	谷
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 Kr のリアルタイム画像解析	久野
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> の分子進化的解明	久野
山口大学	大学院創成科学研究科	准教授	妻鹿 良亮	傾斜圃場を利用した合成コムギ派生系統の乾燥ストレス耐性寄与遺伝子の同定	最相
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	最相

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
宮城大学	食産業学群	准教授	鳥羽 大陽	オオムギおよびイネ小穂器官の形態形成に関する比較分子遺伝学的解析	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	梅根 一夫	短寿命種子の長期保存法の開発	山下
京都大学	大学院人間・環境学研究所	教授	瀬戸口 浩彰	蛇紋岩土壌における植物の生理生態と適応機構	山下
鳥取大学	農学部	教授	石原 亨	オオムギにおける生物間相互作用に関わる二次代謝の種内多様性の解明	武田
千葉大学	大学院園芸学研究院	准教授	菊池 真司	ソバ属3種のセントロメア進化に関する研究	長岐
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	古田・ 山本
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	山本・ 長岐・ 古田
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	久野・ 松島
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	坂本
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	山地
名古屋大学	大学院生命農学研究科	准教授	千葉 壮太郎	ウイルス mRNA の自己切断触媒活性が翻訳調節に果たす役割	鈴木
岡山理科大学	獣医学部獣医学科	教授	鎌田 龍星	植物と昆虫ウイルスの接点を探る	鈴木・ 近藤
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	Galis・ 新屋
秋田県立大学	生物資源科学部	教授	藤田 直子	栽培地が異なる米澱粉の構造、物性および食味の関係	山本・ 松島

国際共同研究 (International programs)

〈受入〉

申請者	国	所属・職名	Project Title	課題名	推薦 教員
Ying-Wen Huang	台湾	National Chung Hsing University・Researcher	Utilizing Foxtail Mosaic Virus for High-Efficiency and Non-Transgenic Genome Editing in Barley	高効率な非組換え型ゲノム編集に向けた Foxtail Mosaic Virus のオオムギへの利用	久野
You-Xian Li	台湾	National Chung Hsing University・Ph.D. Candidate	Characterization of thylakoid membrane dynamics in Arabidopsis chloroplasts	シロイヌナズナ葉緑体におけるチラコイド膜ダイナミクスの解析	坂本
Kadis Muijono	インドネシア	Department of Agroecotechnology, Faculty of Agriculture, Mulawarman University・Lecturer-Assistant Professor	Induction of lowland rice plants defense against herbivores using indigenous PGPR rhizobacteria from East Kalimantan, Indonesia	インドネシア東カリマンタン在来 PGPR 根圏細菌を用いた低地稲の植食性昆虫に対する防御誘導	Galis

〈派遣〉

申請者	国	受入教員・所属・職名	Project Title	課題名
最相 大輔	台湾	Wan- Yi Chiou・National Chung Hsing University・Assistant Professor	Development of barley for stable production in subtropical climates	亜熱帯気候での安定生産を実現するオオムギ育成基盤の構築
Alfino Sebastian (植物免疫デザイングループ大学院生, 指導教員: 河野洋治)	Indonesia	Yekti Asih Purwestri・Universitas Gadjah Mada (UGM)・Associate Professor	Analysis of immune induction and evolution of the rice NLR-type immunoreceptors	イネ NLR 型免疫受容体の免疫誘導と進化の解析

拠点事業以外の共同研究（国内）

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

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
岡山大学・異分野基礎科学研究所	高橋裕一郎・特任教授	チラコイド膜リン酸化タンパク質の解析	シロイヌナズナ・クラミドモナス等のチラコイド膜タンパク質リン酸化を質量分析により解析する	坂本 亘
東京大学・先端科学技術研究センター	石北 央・教授 斎藤 圭亮・助教	D1 タンパク質酸化修飾のモデル構造解析	光阻害における D1 の酸化修飾による光化学系 II の安定性を構造モデルにより検討する	坂本 亘
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イア情報分野	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	花器首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 <sub>2</sub> 応答の解析	CO <sub>2</sub> 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 生命科学研究所	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 研究所	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
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
香川大学・ 農学部	野村 美加・教授	マメ科植物の鉄集積機構の解明	根粒や植物体内の鉄の測定	馬 建鋒
山形大学・農学部	我妻 忠雄・客員教授	H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> 高分泌植物種の網羅的探索、細胞壁高 H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> 機構の解析	H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> 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

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
広島大学・大学院総合生命科学研究科	和崎 淳・教授	持続的作物生産に向けたクラスタースター根の形成能とリン供給能の活用	クラスター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
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構	鈴木 倫太郎・上級研究員 加藤 有介・研究員	アアポリンのモデリング	植物アアポリンのタンパク質立体構造モデルを解析する	宇都木 繁子
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	イネフアイトアレキシシンの機能解析	イネにおけるフアイトアレキシ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する分子の同定	イネ免疫のシグナル伝達に関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する酵素のランタノイド依存性に関する研究	谷明生
京都先端科学大学・バイオ環境学部	井口博之・准教授	<i>Methylobacterium</i> 属細菌のバクテリオクロロフィルに関する研究	<i>Methylobacterium</i> 属細菌のバクテリオクロロフィルに関する研究	谷明生
東京農工大学・農学研究科	渡辺智・准教授	<i>Methylobacterium</i> 属細菌のゲノム構造に関する研究	<i>Methylobacterium</i> 属細菌のゲノム構造に関する研究	谷明生
理化学研究所バイオリソース研究センター	安部洋・専任研究員	<i>Methylobacterium</i> 属細菌による植物生育促進機構の解析	<i>Methylobacterium</i> 属細菌による植物生育促進機構の解析	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する酵素のランタノイド依存性に関する研究	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
国立遺伝学研究所・大量遺伝情報研究室	坂本美佳研究員	赤潮原因藻ヘテロシグマのゲノム配列の解読と配列多様性についての研究	赤潮原因藻ヘテロシグマの核ゲノム配列新規解読と、異なる水域由来の株間の配列多様性の解析	植木尚子
名古屋大学・農学部	芦荀基行・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
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

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
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
鳥取大学・農学部	岩崎崇・准教授	遺伝子組換えを使わないう高速農作物育種技術『タンパク質駆動型育種』の基盤開発	遺伝子組換えをせずに標的変異導入を可能にする技術の開発	久野裕
摂南大学・農学部	佐藤和広・教授	ムギ類種子休眠性の精密制御と分子育種法の確立	オオムギの種子休眠性遺伝子を変異導入して穂発芽耐性を向上させる	久野裕
東京農業大学・農学部	西尾善太・教授	コムギ・エギロプス属における種子と殻が接する遺伝機構の解析	コムギ染色体置換系統の類果からの転写産物を網羅的に解読し、原因遺伝子を探索している	武田真
栃木県農業総合研究センター 研究開発部 委類研究室	桑川晃伸・室長	オオムギの種子醸造形質ならびに耐病性に関する遺伝解析	オオムギの種子製麦特性およびウイルス病抵抗性の遺伝解析を行っている	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 <sup>2+</sup> 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
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
農研機構・作物研究部 専門	小川大輔・上級研究員	限られた育種母本から高能率に遺伝的多様性を生み出す多系交雑育種システムの開発	自殖性作物において表現型選抜効率に優れた高能率のゲノム選抜育種技術を構築する	山本敏央・古田智敬
北海道大学・大学院農学研究院	貴島祐治・教授	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・デザイン農学科	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
農研機構・作物研究部 専門	溝淵律子・グループ長 補佐	化学肥料の削減および水環境におけるリン汚染の低減を目指したリン資源循環型イネ品種の開発	リンの吸収に関わるイネ突然変異体を異なる土壌pHのストレス圃場で栽培して特性調査を行う	山本敏央

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
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ーニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づき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ーニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づき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ーニング法の実証	ゲノム情報を中心にオミクス情報に基づき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
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	Münster University	Michael Hippler	植物の光合成装置が野外の生育環境下において光ストレスに対処するメカニズムの解明	変動する光ストレス条件で植物がどのように光障害を受けているかを解析している	桶川 友季
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	DNA methylation mechanism in Marchantia	Unique regulatory mechanism of DNA methylation through the life cycle in Marchantia	池田 陽子
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
China	福建農林大学	Zhichang Chen, Professor	イネマグネシウム輸送に関する研究	イネのマグネシウム輸送体の同定と機能解析	馬 建鋒
Germany	Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK)	Nils Stein, Professor	オオムギミネラル輸送体の解析	オオムギ各種ミネラル輸送体の機構解明	馬 建鋒

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Italy	University of Bologna	Adamo Domenico Rombolà, Professor	ブドウのケイ酸吸収機構	台木として使われているブドウ品種のケイ酸集積機構の解析	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>SlALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SlALMT</i> genes	佐々木孝行
USA	Plant Biology and Pathology, Rutgers University	Bradley I. Hillman, Professor	Characterization of mitoviruses infecting the chestnut blight fungus	Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus	鈴木信弘
UK	Faculty of Natural Sciences, Imperial College London	Ioly Kotta-Loizou, Assistant Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal and plant 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
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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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	Liyang 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 Andilka, Professor	Analysis of the virome in the fields	Identification of a novel member of the genus <i>Laulavirus</i> (family <i>Phenuiviridae</i> ) from the entomopathogenic ascomycete fungus <i>Cordyceps javanica</i>	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
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Simone Prospero, Principal Investigator	Biological control of ash dieback fungus, <i>Hymenoscyphus fraxineus</i>	Possible biological control of ash dieback using the mycoparasite <i>Hymenoscyphus fraxineus</i> mitovirus 2	近藤 秀樹

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
USA	USDA ARS	Ronald Ochoa, Principal Investigator	Transmission of plant rhabdovirus	Study on the transmission of a plant rhabdovirus by the <i>Brevipalpus</i> mite	近藤 秀樹
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ックス解析	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 Sifki Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylophrophs	Isolation of halotolerant C1-compound utilizing bacteria from mangrove forest trees	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
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
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	久野 裕
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	久野 裕

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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
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
China	Chinese Academy of Sciences	Chunxiang Fu, Professor	Genetic modification of liginin biosynthesis in barley	Genetic modification of liginin biosynthesis is performed to increase the efficiency of processing for biomass in barley	久野 裕
Sweden	Lund University	Mats Hansson, Professor	Isolation of the semi-dwarf genes in barley	Analysis of the semi-dwarf genes in Japanese barley germplasm.	久野 裕
Taiwan	National Chung Hsing University	Wan- Yi Chiou, Assistant Professor	Development of barley for stable production in subtropical climates	To establish a foundation for stable barley production in subtropical climates through field evaluations in Taiwan	最相 大輔
Taiwan	National Taiwan University	Yann-Rong Lin, Professor	未利用遺伝資源の活用に向けた日台シヤトルル・ブリーディング	オオムギ、ソルガム属、ダイズ属の遺伝資源交流とその共同開発基盤の構築	最相 大輔
Germany	IPK	Jochen Kumlehn, Doctor	オオムギの内穎裂開遺伝子の機能解析	オオムギ内穎裂開遺伝子のゲノム編集を利用した遺伝形態学的解析	武田 真
UK	Queen Mary University of London	Guy Hanke, Doctor	オオムギの <i>GLK2</i> 遺伝子の機能解析	オオムギ <i>GLK2</i> 遺伝子の CRISPER 系統を利用した遺伝生理学的解析	武田 真

# Annual Report 2024

Director: Takashi Hirayama  
Editorial Members: Yuko Hojo  
Tsuneaki Takami

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32卷 (Annual Report 2024)

令和7年3月25日 印刷  
令和7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  
高見 常明

印刷所 友野印刷株式会社





