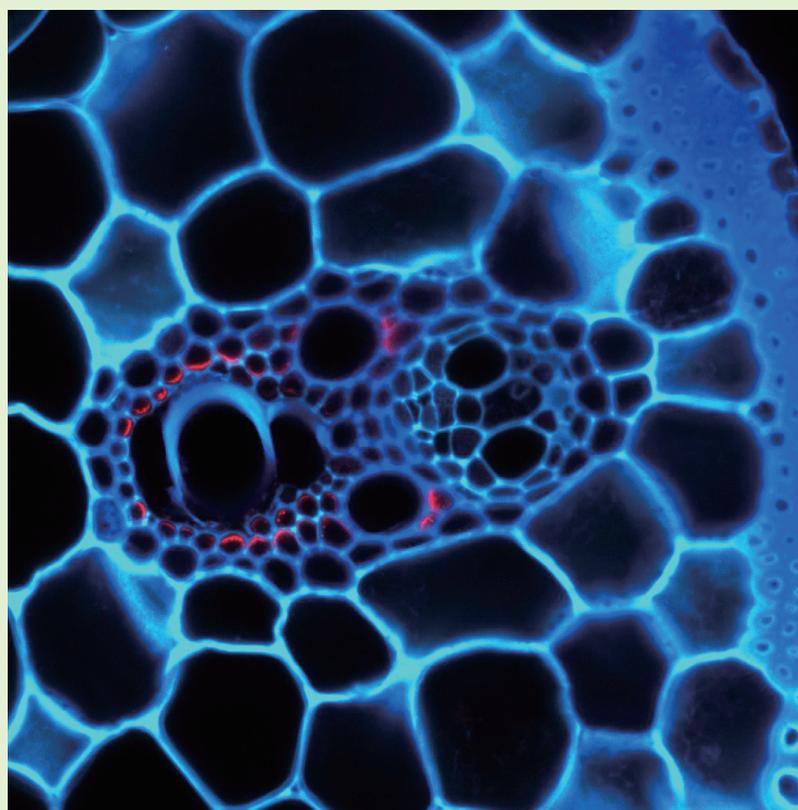


岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2025)
- 第33卷 -



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



表紙の写真：

OsLsi6タンパク質（赤色）はイネの葉鞘の木部柔細胞に極性局在し、
葉身-葉鞘間におけるケイ素の局所的な分配を媒介する
(Huang *et al.*, *New Phytol.* 247(3):1280-1289.)

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
植物レジリエンス研究グループ	
(Group of Plant Resilience Research)	6
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)	7
植物・昆虫間相互作用グループ	
(Group of Plant-Insect Interactions)	8
植物免疫デザイングループ	
(Plant Immune Design Group)	9
植物環境微生物学グループ	
(Group of Plant Environmental Microbiology)	10
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)	11
ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)	
遺伝資源機能解析グループ	
(Group of Genetic Resources and Functions)	12
統合ゲノム育種グループ	
(Group of Integrated Genomic Breeding)	13
次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)	
作物デザイン研究チーム	
(Crop Design Research Team)	14
フィールドフローラ研究チーム	
(Field Flora Research Team)	14
作物・環境デザイン研究チーム	
(Crop and Environmental Design Research Team)	15
高次オミクス情報統合解析研究チーム	
(Integrative Pan-omics Analytics Team)	15
RECTOR プログラム (RECTOR Program)	16

構成員	
(Member)	17
出版物リスト	
(List of Publication)	25
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	32
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	36
研究所員が主催したシンポジウム等	
(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	44
学会賞等	
(Awards)	52
共同研究リスト (共同利用・共同研究拠点事業)	
(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)	53
拠点事業以外の共同研究 (国内/国際)	
(List of Collaborations besides the Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center (Domestic/ International))	59

研究活動 (Research Activity)

大気環境ストレスユニット 光環境適応研究グループ

(Atmospheric Stress Unit) Plant Light Acclimation Research Group

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

1. 膜のリモデリング分子 VIPP1 タンパク質の構造と機能解析

VIPP1 は植物や藻類に広く存在するタンパク質で、葉緑体を構成する膜（チラコイド膜、包膜）の機能維持に重要である。我々は、VIPP1 を GFP と融合した AtVIPP1-GFP をタバコ葉緑体で発現させ、電子線トモグラフィーにより、VIPP1 がフィラメント状のオリゴマーが束化した構造を形成することを明らかにした。また、この VIPP1 フィラメント状の構造は、高温ストレス下の葉緑体内でダイナミックに形態を変化させることを観察した。さらに、AtVIPP1 過剰発現タバコが野生株と比べて高温耐性を示すことを明らかにした。

2. VIPP1 タンパク質の C 末端領域の役割解析

VIPP1 のオリゴマー化状態は、VIPP1 フィラメントの外側にある C 末端天然変性領域によって制御されると考えられている。我々は、C 末端領域の VIPP1 オリゴマー形成における役割を調べるため、シロイヌナズナの形質転換体を使って共免疫沈降解析をおこない、VIPP1 の相互作用因子としてヒートショックタンパク質である cpHsc70-1 を同定した。さらに VIPP1 と cpHsc70-1 がストレス条件下における VIPP1 の解離を協調的に制御することを明らかにした。

3. オルガネラ DNA 分解とその生理的意義に関する研究

ミトコンドリアや葉緑体などの色素体には独自の DNA（オルガネラ DNA）が存在しており、花粉の発達過程や葉の老化過程において DPD1 タンパク質により分解される。DPD1 タンパク質は本本植物のポプラやモデル植物であるイネやシロイヌナズナ、さらには地衣類のゼニゴケなど地上植物に広く保存されており、これらの植物を使って葉緑体 DNA 分解が、新たな養分転流に寄与する可能性について解析を進めている。

4. 変動する光環境下での光防御機構に関する研究

光合成には光が必須だが、植物の光合成能を超える過剰な光は活性酸素種を発生させ、光合成装置にダメージを与える。植物は光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 (Trx) に注目し、Trx が変動する光ストレス環境条件下で光合成装置を守ることを明らかにした。現在、Trx による光防御機構を分子レベルで解明するため、Trx の標的タンパク質の同定を進めている。

5. 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. Structural and functional analysis of the thylakoid remodeling protein VIPP1

VIPP1 (Vesicle-Inducing Protein in Plastids 1) is widely conserved among photosynthetic organisms and is essential for maintaining chloroplast membranes. To elucidate the mechanism of VIPP1 action, we analyzed its highly ordered oligomeric structures using electron tomography. In addition, we observed that VIPP1 oligomers responded dynamically to heat stress, potentially facilitating thylakoid remodeling. Furthermore, we found that tobacco plants overexpressing AtVIPP1 exhibit enhanced heat tolerance compared with wild-type plants.

2. Studies on the role of the C-terminal region of VIPP1

The oligomerization state is thought to be modulated by the intrinsically disordered C-terminal region. To examine its role in VIPP1 assembly, we performed co-immunoprecipitation assays in Arabidopsis chloroplasts and identified the heat shock protein cpHsc70-1 as a major interactor. Moreover, we found that the C-terminal region of VIPP1 and cpHsc70-1 act together to coordinate VIPP1 disassembly under stress conditions.

3. Physiological function of organellar DNA degradation in land plants

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 using Arabidopsis mutants, rice mutant, Poplar and liverwort.

4. Studies on the photoprotective mechanism under fluctuating light

Light is essential for photosynthesis; however, excess light can cause oxidative damage and decrease photosynthetic capacity. To cope with stress, plants employ various protective mechanisms. We focused on thioredoxin (Trx), a key regulator of photosynthesis, and found that Trx protects the photosynthetic apparatus under fluctuating light conditions. We are currently investigating Trx targets to clarify the molecular mechanisms underlying photoprotection mediated by Trx.

5. 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、植物の非生物学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、*ahg2-1* とその抑制変異 *ags1*, *ags2* の解析から、ミトコンドリア mRNA の polyA 付加と RNA 編集の間には密接な関係があり、特に Cytochrome C (CytC) の成熟 (ヘム結合) に関わる *ccmC* などの複合体構成因子群の mRNA では、polyA 付加が mRNA の安定性に大きく影響することが示唆された。そこで、*ahg2-1* 変異が見せる多様な表現型と CytC の成熟との関係を明らかにするため、シダ由来の CytC 成熟を触媒する酵素 CHHS の遺伝子を *ahg2-1* に導入し表現型を調査したところ、形質転換体では調べた限りすべての *ahg2-1* の表現型は回復していた。この結果から、*ahg2-1* の多様な表現形は、*ccmC* mRNA の polyA 鎖が除かれられないために不安定化し、CytC の成熟が妨げられているためと考えられた。では、AHG2/PARN の機能は、CytC 成熟に限定されるのかを調べるために、*ahg2* 破壊株の致死性を CHHS が抑制できるかを調査したところ、抑制できないことが判明した。このことから、AHG2/PARN は、他の mRNA のプロセッシングにも必要であることが示唆された。

2. 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。本研究ではあらたにイネの PIP2 アクアポリンの二酸化炭素透過性を検討し、イネのアクアポリンにおいても二酸化炭素透過性の多様性があることを明らかにした。

3. オオムギにおけるヒストン修飾を介した芒形成制御

オオムギ *short and crooked awn (sca)* 変異体は芒が短く湾曲した表現型を示す。原因遺伝子として、ヒストン修飾制御関連因子であるシロイヌナズナ *EMBRYONIC FLOWER1 (EMF1)* のオルソログが同定された。オオムギ EMF1 による芒形成制御の分子機構を明らかにするため、野生型と変異体の芒における遺伝子発現を RNA-seq 解析により比較した。さらにクロマチン免疫沈降により、野生型と変異体の芒におけるゲノムワイドなヒストン修飾の変化を解析し、遺伝子発現変化との比較を行った。これらの解析を通して、オオムギ EMF1 が抑制的ヒストン修飾 H3K27me3 に関与すること、下流の特定の器官形成や細胞分裂、細胞壁合成等に関与する遺伝子群の発現制御を通してオオムギにおける芒形成に関与することを明らかにした。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in the plant hormone response system and have been analyzing the system using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2025 are described below.

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

Our previous studies, including analyses of *ahg2-1* and its suppressor mutants *ags1* and *ags2*, revealed a close relationship between mitochondrial mRNA polyadenylation and RNA editing. In particular, it was suggested that poly(A) addition has a profound impact on the stability of mRNAs encoding components of the cytochrome c maturation (CytC) machinery, such as *ccmC*, which is involved in CytC maturation (heme attachment). To clarify the relationship between the diverse phenotypes exhibited by the *ahg2-1* mutant and CytC maturation, we introduced into the *ahg2-1* mutant the gene for CHHS, a fern-derived enzyme that catalyzes CytC maturation, and examined its phenotypes. In the transformants, all the *ahg2-1* phenotypes tested were fully restored. These results suggest that the pleiotropic phenotypes of the *ahg2-1* mutant arise from destabilization of *ccmC* mRNA due to defective poly(A) tail removal, leading to impaired CytC maturation. To test whether the function of AHG2/PARN is strictly limited to CytC maturation, we examined whether CHHS expression could suppress the lethality observed in the *AHG2* knockout line. The *CHHS* transgene failed to suppress this lethality, indicating that AHG2/PARN is also required for the processing of other mitochondrial mRNAs.

2. 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 examined carbon dioxide permeability of rice PIP2 aquaporins and demonstrated that rice aquaporins exhibit diversity in their carbon dioxide transport capability.

3. Histone modification mediated control of awn development in barley

Barley *short and crooked awn (sca)* mutant exhibits shortened and curved awns. The causal gene was identified as the ortholog of Arabidopsis *EMBRYONIC FLOWER 1 (EMF1)*, a factor involved in histone modification-mediated gene regulation. To elucidate the molecular mechanism by which barley EMF1 regulates awn development, we compared gene expression profiles in the awns of wild-type and *sca* mutant by RNA-seq. We further analyzed genome-wide changes in histone modifications through chromatin immunoprecipitation and compared these with the transcriptional changes. These analyses revealed that barley EMF1 contributes to the regulation of repressive histone modification H3K27me3 and regulates awn formation by modulating the expression of downstream genes involved in flower organ development, cell division, and cell wall biosynthesis.

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. 宇宙で太陽光に曝露したイネ種子の生存に及ぼすアントシアニンの影響

宇宙環境は植物内で活性酸素種を発生させ DNA や細胞にダメージを与え、成長阻害や死に至らしめる。紫色色素アントシアニンを含むイネ種子と、その遺伝的同質な白色のイネ種子を国際宇宙ステーション (ISS) 船外に曝露させ、アントシアニンが宇宙空間での種子の発芽に与える影響を検討した。種子を太陽光遮光となるサンプルプレート下層と太陽光曝露となるサンプルプレート上層に配置して ISS 船外曝露施設にセットして 440 日間宇宙空間に曝露した。曝露後の紫色種子と白色種子の重量は両方とも減少したが、上層の紫色種子と白色種子の発芽後の成長率はそれぞれ 55% と 15% であったのに対し、下層ではそれぞれ 100% と 70% であった。RNA-seq 分析の結果、上層と下層の白色種子ではそれぞれ 1,590 種類と 1,546 種類の種子貯蔵 mRNA が減少したのに対し、上層と下層の紫色種子ではそれぞれ 548 種類と 303 種類減少した。これらの結果から、アントシアニンが太陽光と宇宙放射線から種子と種子貯蔵 mRNA を保護し、種子の生存能力を高めることが示唆された。

2. コムギの種子休眠性低下突然変異 *rsd32* の原因遺伝子の同定

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。MutMap 解析の結果より *rsd32* の原因遺伝子は 3A 染色体に座する *MOTHER of FT and TFL1* (*MFT-3A*) であると考えられた。*MFT-3A* を野生型 (*MFT-3Aw*) および *rsd32* (*MFT-3Ar*) よりクローニングしたところ、*MFT-3Ar* には二つの SNP があり、exon1 に含まれる SNP はアミノ酸置換を起こしていた。この SNP が *MFT-3A* の機能に及ぼす影響を明らかにするために、それぞれの *MFT-3A* をトウモロコシユビキチンプロモーターに連結した発現ベクターを作製した。各プラスミドベクターをパーティクルガンにより農林 61 号の開花後約 2 週間の未熟胚に照射し、胚の発芽率を調査した。ユビキチンプロモーターに *GUS* 遺伝子を連結したプラスミドを導入した未熟胚では旺盛な発芽が認められ、パーティクルガン照射は未熟胚の発芽能力に影響しないと考えられた。一方で、*MFT-3Aw* を導入した未熟胚では発芽の遅延が認められた。*MFT-3Ar* を導入した場合は *GUS* 遺伝子と同様に旺盛な発芽が認められ、*MFT-3Aw* が有する発芽の抑制作用が欠失していることが明らかとなった。以上の結果より、*rsd32* 変異系統における種子休眠性の低下は *MFT-3A* の機能欠損によるものと考えられた。

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. Effect of anthocyanins on the survival of rice seeds exposed to sunlight in space

The space environment generates reactive oxygen species within plants, causing damage to DNA and cells, which can lead to growth inhibition or death. To investigate the effect of anthocyanins (purple pigments) on seed germination in space, rice seeds containing anthocyanins (purple seeds) and genetically identical white rice seeds were exposed outside the International Space Station (ISS). The seeds were placed on the lower sample plate (shielded from sunlight) and the upper sample plate (exposed to sunlight) of the exposure facility and were exposed to the space environment for 440 days. After exposure, both purple and white seeds showed reduced weight. However, the growth rates after germination were 55 and 15% for the purple and white seeds in the upper (sunlight-exposed) layer, respectively, and 100 and 70% in the lower (sunlight-shielded) layer, respectively. RNA-seq analysis revealed that 1,590 and 1,546 types of seed storage mRNAs decreased in the upper and lower white seeds, respectively, whereas only 548 and 303 types decreased in the upper and lower purple seeds, respectively. These results suggest that anthocyanins protect seeds and their stored mRNAs from sunlight and cosmic radiation, thereby enhancing seed viability in the space environment.

2. Identification of the causal gene for the reduced seed dormancy mutant *rsd32* in wheat

Seed dormancy is the primary regulatory factor of pre-harvest sprouting, which causes substantial economic losses in wheat cultivation. The wheat mutant *rsd32*, exhibiting reduced seed dormancy, was derived from the pre-harvest sprouting-tolerant cultivar Norin61. This mutation is controlled by a single recessive gene and expressed in a seed-specific manner. MutMap analysis identified *MOTHER of FT and TFL1* located on chromosome 3A (*MFT-3A*) as a strong candidate for the causal gene of *rsd32*. Cloning of *MFT-3A* from the wild type (*MFT-3Aw*) and *rsd32* (*MFT-3Ar*) revealed two SNPs in *MFT-3Ar*, one of which, located in exon 1, resulted in an amino acid substitution. To investigate the functional impact of this SNP, expression vectors were constructed by fusing each *MFT-3A* allele to the maize ubiquitin promoter. These vectors were introduced into immature embryos approximately two weeks after flowering in Norin61 by particle bombardment, and germination rates were evaluated. Immature embryos delivered with a plasmid carrying the *GUS* gene under the ubiquitin promoter exhibited vigorous germination, indicating that bombardment procedure did not impair germination ability. In contrast, embryos delivered with *MFT-3Aw* showed delayed germination. When *MFT-3Ar* was introduced, vigorous germination similar to that observed *GUS*-delivered embryos occurred, demonstrating that the germination-suppressing function of *MFT-3Aw* was lost in *MFT-3Ar*. Collectively, these results suggest that the reduced seed dormancy observed in *rsd32* is caused by a loss of function of *MFT-3A*.

本グループでは植物の必須元素、有益元素および有害元素の吸収・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. イネ葉におけるケイ素の局所分配に関与する輸送体

ケイ素 (Si) はイネの葉身と葉鞘の両方に高濃度に蓄積されているが、これら2つの組織間のケイ素の局所分配を媒介する輸送体は未だ同定されていなかった。我々は *OsLsi6* がその局所分配に関与することを解明した。*OsLsi6* は、葉身と葉鞘の大小両方の維管束の木部柔細胞に局在する。また *OsLsi6* の発現は、ケイ素の供給によって葉鞘では減少するが、葉身ではその影響を受けなかった。*OsLsi6* の遺伝子破壊は、葉身へのケイ素の分配を増加させ、葉鞘への分配を減少させた。また維管束を囲むメストーム鞘細胞は、葉鞘および葉身の大維管束においてスベリン化されていたが、葉身の小維管束ではスベリン化されていなかった。本研究の結果は、ケイ素の局所分配において2つの経路が存在することを示している。すなわち、葉鞘および葉身の大維管束における *OsLsi6* 依存性シンプラスト経路と、葉身の小維管束におけるアポプラスト経路である。

2. イネのメタロイドの吸収におけるケイ素輸送体 *OsLsi1* の極性局在の役割

OsLsi1 はケイ酸の輸送体として同定されたが、他のメタロイドも透過することが知られている。*OsLsi1* は、根の外皮および内皮の遠心側に極性局在するが、本研究では、極性局在型または非極性局在変異型の *OsLsi1* 形質転換植物を用いて、極性局在がメタロイドの吸収に及ぼす影響を調べた。その結果、*OsLsi1* の極性局在の喪失は、地上部の Ge、B、As の蓄積を減少させたが、Sb の蓄積を逆に増加させた。一方、Se の蓄積は通常条件下では影響を受けなかった。また異なる B 濃度で調べた結果、低 B 濃度 (0.3 ~ 3 μ M) では B の吸収が著しく低下したが、高 B 濃度 (300 μ M) では B の吸収が上昇した。これらの結果を総合すると、*OsLsi1* の極性局在は、*OsLsi1* と協力する排出輸送体の有無や濃度に依存して、メタロイドの吸収制御において重要な役割を果たしていることが明らかになった。

3. イネの鉄の分配に関与する外向き輸送体の同定

鉄は植物の必須元素であるが、体内に移動しにくいいため、根から吸収された鉄は優先的に新しい組織に分配する必要がある。しかし、その分配の仕組みはまだ十分明らかになっていない。本研究では、イネの節で高発現する *IET1* (Iron Efflux Transporter 1) が優先的な鉄分配に関与していることを明らかにした。*IET1* は同じグループの液胞膜に局在するタンパク質とは異なり、細胞膜に局在していた。また、膜の内外の水素イオン (H^+ /プロトン) 濃度勾配に依存して二価鉄イオン (Fe^{2+}) を排出する輸送活性を持つ。*IET1* 遺伝子は主にイネの節の分散維管束に局在し、その発現は鉄によって誘導される。*IET1* 遺伝子を破壊すると、上位葉 (新葉) や穂の鉄濃度が減少したが、下位葉 (古葉) と節の鉄濃度が増加し、節において多くの鉄の蓄積が観察された。また変異イネでは草丈や分げつ数、千粒重が減少し、一株あたりの種子の収量が大幅に減少した。このことは、*IET1* による鉄の分配制御がイネの正常な生育に欠かせないことを示している。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2025 are described below.

1. Symplastic and apoplastic pathways for local distribution of silicon in rice leaves.

Silicon (Si) is highly accumulated in both the leaf blade and sheath of rice. In the present study, we found that *OsLsi6* is involved in the local distribution of Si in rice leaves. *OsLsi6* is polarly localized at the xylem parenchyma cells of both large and small vascular bundles of leaf blade and sheath. *OsLsi6* was downregulated by Si supply at the leaf sheath but not in the leaf blade. Knockout of *OsLsi6* increased the distribution of Si to the leaf blade while reducing their distribution to the leaf sheath. The mestome sheath surrounding the vascular bundle was suberized in the leaf sheaths as well as in large vascular bundles of leaf blades, but not in small vascular bundles of leaf blades. Our results indicate that there are two pathways for xylem unloading of Si for its local distribution; *OsLsi6*-dependent symplastic pathway in the leaf sheath and large vascular bundles of leaf blade, and apoplastic pathway in the small vascular bundle of the leaf blade.

2. Role of polar localization of *OsLsi1* in metalloid uptake by rice roots

OsLsi1 is a key transporter mediating Si uptake in rice, but is also permeable to other metalloids. *OsLsi1* is polarly localized at the distal side of the root exodermis and endodermis. In this study, we investigated the role of its polar localization in metalloid uptake. Loss of *OsLsi1* polar localization resulted in decreased the accumulation of Ge, B, and As in the shoot but increased Sb accumulation, while Se accumulation remained unaffected under normal conditions. Experiments with varying B concentrations revealed that B uptake is significantly lower at low B concentrations (0.3–3 μ M) but higher at high B concentrations (300 μ M) in plants expressing non-polarly localized *OsLsi1*. Taken together, our findings demonstrate that the polar localization of *OsLsi1* plays a critical role in regulating metalloid uptake, depending on the presence or absence of efflux transporters cooperating with *OsLsi1*.

3. Identification of an efflux transporter involved in iron distribution in rice

Iron (Fe) is an essential micronutrient for plants, but the molecular mechanisms governing its distribution to the above-ground parts after root uptake remain unclear. In this study, we revealed that *OsIET1* (*Oryza sativa* Iron Efflux Transporter 1) is involved in Fe distribution. *OsIET1* encodes a plasma membrane-localized protein, which shows efflux transport activity for ferrous iron. It is predominantly expressed in the xylem regions of diffuse vascular bundles of nodes and its expression is upregulated under high Fe conditions. Disruption of *OsIET1* impairs Fe allocation; reducing Fe transport to developing tissues (young leaves and grains), while increasing accumulation in nodes and older leaves. This misdistribution causes chlorosis in young leaves and decreases grain yield, especially under Fe-deficient conditions. Given the pivotal role of nodes in mineral distribution, our results indicate that *OsIET1* mediates inter-vascular Fe transfer by facilitating Fe loading into the xylem of diffuse vascular bundles.

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。今年度はイオン輸送性アクアポリン (icAQP) の一つであるイネ OsPIP2;4 の植物体における機能、アクアポリンによる根での過酸化水素輸送、ソルガムの糖輸送体 SbSWEET、気孔閉口に関わる AtALMT12 の輸送機能の制御についての研究成果を報告する。

1. OsPIP2;4 のイネにおける機能解析

多くの植物アクアポリンのうち、限られた分子種が icAQP である。イネの icAQP である *OsPIP2;4* 遺伝子に T-DNA を挿入してノックアウト (KO) したイネでは Na⁺ と K⁺ の恒常性維持ができなくなり、収量が減少することを明らかにした。また *OsPIP2;4* のイオン透過性のみ、あるいは水透過性のみを独立して抑制した変異 *OsPIP2;4* を KO イネに導入した。現在これらの系統の確立を進めており、今後これらを使って塩ストレス下での水吸収とイオン吸収の機能を分離して解析する予定である。

2. アクアポリンによる過酸化水素輸送

H₂O₂ 特異的蛍光指示薬とアクアポリン阻害剤を用いた実験から、H₂O₂ 高分泌植物の根においてアルカリ条件下でアポプラストへ放出される H₂O₂ の経路にアクアポリンが関与することが示唆された。

3. ソルガムの糖輸送体 SbSWEET の茎における糖蓄積と機能解析

ソルガムのトランスクリプトーム解析により、茎で発現する2つの糖輸送体遺伝子 *SbSWEET4A* および *SbSWEET13A* が同定された。*SbSWEET4A* は茎における篩部からの糖流出の重要遺伝子であり、茎で高濃度の糖蓄積を示すイネ科植物で独自に進化したものである。*SbSWEET4A* は高いショ糖およびグルコース輸送活性を示し、*SbSWEET13A* は低い輸送活性を示すが、*SbSWEET13A* は開花後の茎で高発現することにより糖蓄積に寄与すると推測された。

4. リン酸化による気孔タイプ ALMT の活性化機構

気孔タイプ ALMT のシロイヌナズナ AtALMT12 は、細胞内のリン酸化酵素の作用で活性化され、気孔閉口を促進すると考えられる。本年度は、AtALMT12 に対するカルシウム依存性リン酸化酵素 (CPK) の影響を解析した。アフリカツメガエル卵母細胞に CPK の一つを AtALMT12 と共発現させ、電気生理学的にリンゴ酸放出活性を測定した結果、CPK は AtALMT12 を活性化した。さらに CPK のリン酸化機能に重要なアミノ酸を変異させてリン酸化機能を示さない CPK、そして CPK の N 末にありミリスチル化とアシル化により細胞膜局在に必要なアミノ酸を変異させた CPK は、AtALMT12 を活性化しなかった。そのため、この CPK が孔辺細胞の AtALMT12 を介したリンゴ酸放出の活性化に重要な役割を示すことが明らかとなった。さらに現在、CPK がどのように相互作用して、どの Ser/Thr 残基をリン酸化するかを解析している。

Our research is focused on the molecular, cellular, and physiological response and adaptation mechanisms of plants under environmental stresses. We report the results of our functional analysis of ion-conducting aquaporins (icAQPs), H₂O₂ transporting aquaporins, Sorghum sugar transporters SbSWEETs, and activation mechanisms of guard-cell-type ALMT.

1. Functional analysis of OsPIP2;4 in rice plants

Among the many plant aquaporins, only a limited number are icAQPs. OsPIP2;4 is an icAQP in rice. We showed that knock-out (KO) rice plants with T-DNA insertion in OsPIP2;4 could no longer maintain Na⁺ and K⁺ homeostasis, resulting in reduced yield. Additionally, mutants of OsPIP2;4 that independently suppress either ion permeability or water permeability were introduced into the KO rice. We are currently developing these lines and plan to use them to separately analyze the functions of water and ion uptake under salt stress.

2. H₂O₂ Transport by Aquaporins

Experiments using H₂O₂-specific fluorescent indicators and aquaporin inhibitors suggest that aquaporins are involved in the H₂O₂ released into the apoplast under alkaline conditions in the roots of plants with high H₂O₂ secretion.

3. Sugar accumulation and functional analysis of sorghum sugar transporters SbSWEETs in stems

Transcriptome analysis of sorghum identified two sugar transporter genes, *SbSWEET4A* and *SbSWEET13A*, that were expressed in the stem. *SbSWEET4A* is a key gene in the first step of sugar efflux from the phloem in the stem that has evolved uniquely in grasses with high sugar accumulation in their stems. While *SbSWEET4A* showed high sucrose and glucose transport activity, *SbSWEET13A* showed low sucrose and glucose transport activity but was highly expressed in stems after flowering. These results suggest that *SbSWEET13A* contributes to sugar accumulation at this stage.

4. Activation mechanisms for phosphorylation of guard-cell-type ALMT

A guard-cell-type ALMT, AtALMT12, might be activated by protein kinases and enhance stomatal closure in Arabidopsis. We examined the effects of calcium-dependent protein kinase (CPK) on the activation of AtALMT12. When CPK and AtALMT12 are co-expressed in *Xenopus laevis* oocytes, CPK activated AtALMT12-dependent malate efflux. Furthermore, CPK lacking phosphorylation function due to mutations in key amino acids, and CPK with mutations in the N-terminal amino acid essential for membrane localization via N-myristoylation and S-acylation, failed to activate AtALMT12. This clearly demonstrates that CPK plays a crucial role in activating malate efflux mediated by AtALMT12. We are currently analyzing how CPK interacts and which Ser/Thr residues are phosphorylated.

本グループでは、植物が環境変化にシなやかに対応する力「環境レジリエンス」に注目し、とりわけ植物が多量に必要とし、不足が成長や生産性の制限要因になりやすい窒素栄養の変動に対して植物がレジリエンスを発揮する仕組みを、分子レベルから個体レベルまで包括的に理解することを目指している。今年度の研究成果の一部を以下に示す。

1. 窒素獲得・利用の最適化の分子機構

植物は、環境に応じて正の制御系と負の制御系のバランスを調節することで、窒素の獲得・利用を最適化していると考えられている。本研究では、シロイヌナズナの Lateral organ Boundaries Domain 型の一群の転写因子 (LBDs) が負の制御系において重要な役割を果たすことを明らかにした。LBDs 変異体では、硝酸吸収および還元を担う主要遺伝子に加えて、全身的窒素要求シグナル伝達系の遺伝子の発現が大幅に上昇し、硝酸イオンおよびアミノ酸が高蓄積していた。これらの結果に加えて、野生株と LBDs 変異体間の接木植物解析や、全身的窒素要求シグナル伝達系の出力因子の変異体との遺伝的相互作用解析により、LBDs は局所的な窒素栄養状態に基づいて硝酸吸収・還元系遺伝子の発現を抑制するだけでなく、その状態を全身的窒素要求シグナル伝達系に入力することで、個体レベルで窒素獲得・利用を抑制的に調節することが示された。本研究は、植物が全身の窒素栄養状態を統合し、個体レベルでの窒素獲得・利用の最適化を実現する仕組みの一端を明らかにしたものである。

2. 植物ホルモン・サイトカイニンの導管を介した長距離輸送機構

サイトカイニンは、維管束を介して長距離輸送され、環境変化に応じた個体レベルの成長制御に関わる植物ホルモンである。特に、導管を介した根から地上部への *trans-zeatin* (tZ) 型サイトカイニンの長距離輸送は、窒素栄養環境に応答した成長制御において重要な役割を果たす。本研究では、導管への tZ 型サイトカイニン積み込み機構の解明を目指し、鍵因子であるシロイヌナズナの ATP binding cassette transporter subfamily G 14 (ABCG14) の分子生物学的および薬理学的解析を行った。組織特異的に ABCG14 を発現させた形質転換体の導管液分析より、tZ 型サイトカイニンの積み込みには、導管に隣接する tZ 型生合成組織 (前形成層) での ABCG14 の働きがあれば十分であることが明らかとなった。さらに、ABCG14 を高発現させたシロイヌナズナ培養細胞およびタバコ葉において ABCG14 依存的なサイトカイニン関連分子の排出活性を捉え、阻害剤処理による排出挙動の比較から、輸送基質がサイトカイニン前駆体であることを強く示唆する結果を得た。現在、基質確定のため、アフリカツメガエル卵母細胞異種機能発現系による解析を進めている。

Our group aims to elucidate the mechanisms underlying the “environmental resilience” of plants, which enables them to respond flexibly and robustly to environmental fluctuations. In particular, we are investigating, from the molecular to the whole-plant level, how plants exhibit resilience to changes in nitrogen availability, a nutrient crucial for plant growth and agricultural productivity. Below, two main research topics investigated in 2024 are highlighted.

1. The molecular mechanism for optimization of nitrogen acquisition and utilization

Plants optimize nitrogen acquisition and utilization by balancing positive and negative regulatory systems in response to environment. In this study, we revealed that a group of *Arabidopsis* transcription factors of the Lateral organ Boundaries Domain (LBD) family constitutes a major component of the negative regulatory system. LBD mutants exhibited markedly upregulated expression of key genes involved not only in nitrate uptake and reduction but also in the systemic nitrogen-demand signaling pathway, accompanied by increased accumulation of nitrate ions and amino acids and by a higher total nitrogen content. Furthermore, grafting experiments between wild type and LBD mutants, together with genetic interaction analyses with mutants defective in output factors of the systemic nitrogen-demand signaling pathway, demonstrated that LBDs suppress nitrogen acquisition and utilization through direct and indirect mechanisms. LBDs directly repress nitrogen acquisition and utilization in both roots and shoots according to local nitrogen status, and they indirectly suppress it by downregulating the systemic nitrogen-demand signaling pathway. Collectively, these findings uncover a key mechanism by which plants integrate local nitrogen nutritional status into whole-plant regulation to achieve optimal nitrogen acquisition and utilization.

2. Xylem-mediated long-distance transport of cytokinins

Cytokinins, a class of plant hormones, function as long-distance signals that convey root nitrogen status to the shoot and coordinate root-shoot growth balance in response to nitrogen availability. Plants achieve this systemic regulation by transporting cytokinins through the vascular network, particularly via xylem. In this context, *trans-zeatin* (tZ)-type cytokinins transported from roots to shoots play a central role in nitrogen-responsive growth regulation. In this study, we performed molecular biological and pharmacological analyses of *Arabidopsis* ATP-binding cassette transporter subfamily G 14 (ABCG14), a key factor responsible for loading tZ-type cytokinins into xylem. Xylem sap analysis of transgenic lines expressing ABCG14 in a tissue-specific manner revealed that ABCG14 activity in tZ-biosynthetic tissues adjacent to the xylem (procambium) is sufficient for the loading of tZ-type cytokinins into the xylem. In addition, a plant cell-based transport assay using *Arabidopsis* cultured cells and *tobacco* leaves overexpressing ABCG14 was established, and pharmacological transport-inhibition assays suggested that the transported substrates are cytokinin precursors. At present, substrate identification is ongoing using a heterologous expression system in *Xenopus laevis* oocytes.

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. ゲノム近傍の RNA 編集酵素・転写因子遺伝子による真菌の抗ウイルス応答の制御

本研究では、真菌の普遍的な新規抗ウイルス機構「RNA 編集が隣接する転写因子を介して抗ウイルス応答を制御する」を、モデル生物であるアカパンカビ (*Neurospora crassa*) を用いて解明した。すなわち、ウイルス感染時に発現が誘導される A-to-I RNA 編集酵素である OLD-1 および OLD-2 と、その標的となる近傍の亜鉛フィンガー型転写因子 ZAO-1 および ZAO-2 を同定し、これらの遺伝子群が協調して抗ウイルス応答・病徴発現を制御する重要な役割を担うことを示した。*old-1/2* と隣接遺伝子 *zao-1/2* が分子モジュール (*old-zao* モジュール) を形成し、ウイルス感染時の転写応答を包括的に制御する。ウイルス *Neurospora crassa fusarivirus 1* (NcFV1) 感染により *old-1/2* が劇的に誘導され、*zao-1/2* の mRNA を編集して STOP → Trp に変換することで、全長型転写因子 ZAO-1FL / ZAO-2FL が産生される。ZAO-1/2 は抗ウイルス転写プログラムを司るマスター転写因子であり、特に編集された ZAO-2 の過剰蓄積は代謝異常や成長停止を引き起こし、植物の過敏反応に類似した重度の病徴を発現させる。一方、ZAO-1C と呼ばれる短縮型タンパク質は、症状を抑制する役割を持ち、ウイルス感染下の無症状状態維持に寄与する。さらに、RNAi 欠損株では editing が過度に活性化し、ZAO-2 の過剰発現を介して症状が誘導されることから、RNAi と RNA 編集が協調して抗ウイルス応答の強度を調節することが示唆された。*old-zao* モジュールは、*Cryphonectria parasitica* や *Fusarium graminearum* を含む主要糸状菌群で進化的に保存されており、広く抗ウイルス防御に関与する普遍的機構である可能性が高い。本研究は、RNA 編集が真核生物の抗ウイルス戦略に深く組み込まれていることを示し、ウイルス共生/病原化の理解および新規生物工学的応用への重要な手がかりを提供する。

2. 昆虫以外のウイルス媒介生物 (節足動物・ダニ) における植物ウイルスの増殖

植物 RNA ウイルスのうち、マイナス鎖 RNA ウイルス (オルソトスポウイルス、テヌイウイルス、植物ラブドウイルスなど) や二本鎖 RNA ウイルス (植物レオウイルス) などは媒介昆虫の体内でウイルスが増殖すること (生物界を跨いだウイルスの感染) が知られている。しかし、これまで昆虫以外のウイルス媒介者で植物ウイルスが増殖できるかは不明であった。そこで、分節型タイプの植物ラブドウイルスであるランエそ斑紋ウイルス (OFV) を用いて、媒介者である節足動物のオンシツヒメハダニ (*Brevipalpus californicus* s.l.) でのウイルス増殖能を検証した。具体的には、実験宿主植物 (フダンソウ) から獲得された OFV 分離株のヒメハダニ系統での蓄積量を RT-qPCR およびウエスタンブロット解析により確認した。その結果、ダニ体内でのウイルス蓄積量が経時的に増加することが示された。さらに、RNA-seq 解析により、ヒメハダニでも OFV の遺伝子発現や小分子 RNA の蓄積が示唆された。以上、昆虫以外の媒介節足動物 (ダニ) でも植物ウイルスの増殖が確認され、RNA サイレンシング機構の標的となることが示された。

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

1. RNA editing of genomic neighbors controls antiviral response in fungi

Virus symptom expression involves complex interactions between viruses and their hosts, including antiviral defenses and counter-defenses, many of which are not well understood. This study utilizes the ascomycete *Neurospora crassa* as a model organism and a positive-sense, single-stranded RNA virus, *Neurospora crassa fusarivirus 1* (NcFV1) to investigate the role of RNA editing in the fungal antiviral response. We identify two adjacent genes in the genome: the A-to-I RNA-editing enzyme, *OTT_1508-like deaminase (old)*, and its target, *zinc fingers adjacent to old (zao)*. The RNA-editor genes (*old-1/2*) and transcription factors genes (*zao-1/2*) are highly up-regulated upon NcFV1 infection. These genes regulate the transcriptional response to viral infection, with *old* modulating the expression of *zao*, which functions as a master transcription factor. This regulation contributes to asymptomatic infections by maintaining normal growth and development. However, in RNAi-deficient conditions, the overactivation of these genes leads to severe symptoms, akin to hypersensitive responses observed in plants. Additionally, homologs of *zao-old* are found as genomic neighbors in various filamentous ascomycetes, suggesting that this RNA-editing system may represent an evolutionarily conserved antiviral mechanism.

2. Replication of a plant virus in a non-insect arthropod vector (mite)

Cross-kingdom virus infections have long been observed between plant RNA viruses and their insect vectors, as exemplified by several plant negative-sense RNA viruses (such as orthospo-, tenui- and plant rhabdoviruses) and double-stranded RNA viruses (plant reoviruses). However, it is unclear whether similar virus-vector relationships that act as vectors, such as arthropod mites. In this study, we investigated the possible replication of orchid fleck virus (OFV), a segmented plant rhabdovirus, within its mite vector (*Brevipalpus californicus* s.l.) using quantitative RT-qPCR, western blotting and next-generation sequencing. Time-course RT-qPCR and western blot analyses showed an increasing OFV accumulation pattern in mites after virus acquisition. Since OFV genome expression requires the transcription of polyadenylated mRNAs, polyadenylated RNA fractions extracted from the viruliferous mite samples and OFV-infected plant leaves were used for RNA-seq analysis. In the mite and plant datasets, a large number of sequence reads were aligned to genomic regions of OFV RNA1 and RNA2 corresponding to transcribed viral gene mRNAs. This includes the short polyadenylated transcripts originating from the leader and trailer regions at the ends of the viral genome, which are believed to play a crucial role in viral transcription/replication. In contrast, a low number of reads were mapped to the non-transcribed regions (gene junctions). These results strongly suggested that OFV gene expression occurs both in mites and plants. Additionally, deep sequencing revealed the accumulation of OFV-derived small RNAs in mites, although their size profiles differ from those found in plants. Taken together, our results indicated that OFV replicates within a mite vector and is targeted by the RNA-silencing mechanism.

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。2025年に行った主要な2課題を以下に記す。

1. 昆虫の吐き戻し液を介したイネの防御応答誘導に関する継続的な研究

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、幼虫の吐き戻し液に含まれる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、防御応答強度が調節している。2025年は、イネを食害する咀嚼性植食性昆虫であるクサシロキヨトウ (*Mythimna loreyi*) の吐き戻し液より、新規 HAMP であるガラクトオリゴ糖エリシターを同定し、その特性解析を完了した。注目すべき点として、エリシター活性を示すガラクトオリゴ糖が、昆虫腸内の共生細菌によって産生されていたことであり、この結果は、腸内細菌の二面的な関与を示唆している。すなわち、腸内細菌は、植物の多様な高分子の分解により昆虫の摂食に積極的に寄与する一方で、このような分解活性により産生したガラクトオリゴマー化が、植食性昆虫に対する植物の防御応答を引き起こすことが示唆された。

2. 世界のイネコアコレクションにおける揮発性物質応答の解析

昨年、我々は圃場におけるトビイロウンカ (*Nilaparvata lugens*) による加害レベルが、イネの系統間で大きく異なることを明らかにした。この異なる加害レベルが生じるメカニズムの一つとして、我々はイネの揮発性有機化合物 (VOCs) が関与する可能性を考え、農業・食品産業技術総合研究機構が提供する世界のイネコアコレクション (WRC) を活用して研究を実施した。VOCs は、植食性昆虫の天敵を誘引するだけでなく、植食性昆虫自体を誘引や忌避する働きがあるため、植物-植食性昆虫間の相互作用や防御において中心的な役割を果たすことが知られている。圃場および実験室で栽培したイネを人工的な食害模倣処理に供し、MonoTrap 捕集剤を用いて葉の VOCs を抽出し、溶出した VOCs は Orbitrap Exploris GC-MS を用いて分析した。その結果、未処理葉の基底レベル VOCs および人工的食害処理葉の誘導性 VOCs において、WRC 系統間で驚くほど大きな差異が認められた。特に、一部の系統は非常に高い基底レベル VOCs が検出され、これら系統では恒常的な防御モードが活性化されている可能性が示唆された。現在、我々は、ゲノムワイド関連解析 (GWAS) により、イネにおける VOCs の蓄積と放出の制御に関わる重要な制御因子の遺伝子の同定を進めている。この知見を、VOCs 量を最適化したイネ品種の作出に活用することで、植食性昆虫の加害や被害に対する防御機構の向上につながることを期待される。

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 2025 are listed below.

1. Continued studies on rice defense responses mediated by insect oral secretions (OS)

Plants recognize chewing herbivores based on mechanical damage (wounding) that is further fine-tuned by perception of herbivore-associated molecular patterns (HAMPs) from the larval oral secretions (OS) in various insect pests. This year, we completed our work on the characterization of novel HAMP type, oligogalactan elicitors, isolated from the larval OS of chewing rice herbivore, *Mythimna loreyi*. Notably, we found that active elicitor molecules are generated by bacterial symbionts in the insect gut, suggesting a dual role of these microorganisms. While positively contributing to insect feeding by digestion of various plant polymers, this activity also results in the production of oligomeric galactan molecules that trigger stronger plant defense responses against herbivores.

2. Monitoring of volatile responses in World Rice Collection

In previous year, we showed that infestation levels of rice plants by rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) in the field are substantially variable. As one of the possible mechanisms for differential levels of herbivory, we focused on rice volatile organic compounds (VOCs), using the advantage of the World Rice Collection (WRC) distributed by NARO. VOCs are known to attract natural enemies of herbivores, as well as they repel and attract herbivores themselves, thus playing a central role in the area of plant-insect interactions and defense. Rice plants in the field and laboratory were induced with artificial herbivory, leaf volatiles were extracted by MonoTrap devices, and eluted volatiles were examined by Orbitrap Exploris GC-MS. Surprisingly large differences in basal volatiles in untreated leaves as well as artificial herbivory treated leaves (induced volatiles) were observed among the WRC lines. In particular, some rice varieties contained already a very high basal level volatiles that suggested a constitutive defense mode to be activated in these plants. We are now using the Genome-Wide Association Study (GWAS) approach to identify crucial regulatory genes involved in the control of volatile accumulation and emission in rice. This information will be used for the construction of rice cultivars with optimized VOC levels, and therefore improved defense properties against herbivore infestation and damage.

私達の究極の目標は、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、私達は、植物-微生物相互作用のメカニズムの解明を試みている。2025年の主な成果は以下の通りである。

パターン認識受容体 (PRRs)、受容体様細胞質キナーゼ (RLCKs)、および転写因子 (TFs) は、植物の免疫応答を統御する重要なシグナル伝達モジュールを形成しており、いずれも精密な制御を必要とする。これらの転写プロファイルをサブファミリーレベルの分類と統合することは、免疫関連遺伝子ファミリーの特性解析および機能検証のための候補遺伝子のスクリーニングにおいて有効な手法となる。しかしながら、生物的ストレス下におけるイネのこれら制御因子に関する包括的なサブファミリー解析は前例がない。さらに、RNA-seq 解析を用いた、現行の標的遺伝子の同定手法には重大な限界が存在する。例えば、遺伝子オントロジー (GO) エンリッチメント解析はデータベースの不完全性により制約を受け、また大規模な候補遺伝子群の機能検証は実験的に困難が伴う。したがって、機能解析のための標的遺伝子のスクリーニングに有効な新たな手法の開発が求められている。

本研究では、生物的ストレス下における PRRs、RLCKs、および TFs の転写パターンをサブファミリーレベルで解析した。RLK-LRR-XII および RLCK-VII といった確立されたサブファミリーの重要性を確認することに加え、候補遺伝子選択における GO エンリッチメントなどの一般的手法の限界を考慮しつつ、RLK-LRR-VIII-1、RLK-LRR-XI-2、および RLK-RKF3 を含む、イネ免疫に関連する複数の新規サブファミリー候補を同定した。さらに、標的遺伝子のスクリーニングに利用できる、いもち病菌感染イネ植物体とキチン処理イネ培養細胞の両方のサンプルにおいて発現変動する遺伝子に着目する新手法を確立した。特筆すべきことに、この新手法で同定した3つの遺伝子全てが、イネ免疫に実際に関与することが感染実験によって確認された。

本研究の成果の意義は、イネにおける生物的ストレスに対する重要な免疫制御因子の包括的転写応答に関する新たな知見を提供する点にある。また、本研究のオリジナリティは、サブファミリーレベルのトランスクリプトーム解析と、私達の確立した RNA-seq データを用いた標的遺伝子のスクリーニング法の統合にある。この統合的アプローチの有意性は、イネいもち病抵抗性の新たな正および負の制御因子の同定により実証された。したがって、私達は、本研究が貴重なトランスクリプトーム資源および広範に適用可能な統合的アプローチを提供し得ると確信している。

Our ultimate goal is to design new plants to cope with biotic stresses and improve important agronomic traits. To accomplish this goal, we have been trying to decipher the mechanisms of plant-microbe interactions. Our main achievements in 2025 are described below.

Pattern recognition receptors (PRRs), receptor-like cytoplasmic kinases (RLCKs), and transcription factors (TFs), which together form key signaling modules that orchestrate plant immune responses, all require precise regulation. Integrating their transcriptional profiles with subfamily-level classification offers a powerful approach for characterizing immunity-related gene families and prioritizing candidates for functional validation. However, no comprehensive subfamily-wide transcriptional overview of these regulators in rice under biotic stress is currently available.

The current approaches using RNA-seq for identifying target genes have significant limitations. For example, Gene Ontology (GO) enrichment analysis is constrained by incomplete databases, and the functional validation of large candidate gene sets remains experimentally challenging. Thus, new targeted strategies for prioritizing genes for functional characterization are required.

In this study, we analyzed the transcriptional patterns of PRRs, RLCKs, and TFs under biotic stress at the subfamily level. In addition, to confirm the importance of well-established subfamilies, such as RLK-LRR-XII and RLCK-VII, we identified several novel subfamily candidates related to rice immunity, including RLK-LRR-VIII-1, RLK-LRR-XI-2, and RLK-RKF3, while taking into account the limitations of common approaches such as GO enrichment for candidate gene selection. Furthermore, we established a novel method of overlapping differentially expressed genes to compare gene expression in rice plants infected with *Magnaporthe oryzae* with that in chitin-treated suspension cells. Notably, all three overlapping DEGs examined in the infection assay were confirmed to play a role in rice immunity.

The primary achievement of this study is that it has filled the critical knowledge gap concerning the comprehensive transcriptional responses of key immune regulators to biotic stress in rice. The originality of our study lies in the integration of transcriptomics with subfamily-level analysis and our establishment of a novel approach to screen target genes using RNA-seq data. The significance of this framework was demonstrated by our successful functional validation of novel positive and negative regulators of rice blast resistance. Therefore, we are confident that this research provides a valuable transcriptomic resource and a broadly applicable methodological pipeline.

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 と MxcQE が担う。MxbM は MxbD によりリン酸化されるだけでなく、システイン残基が酸化されて活性化し、MxaF 遺伝子プロモーターに結合して MxaF を発現する。また *mxoF*, *xoxF* の両プロモーターを異なる蛍光タンパク質遺伝子に繋いだ Dual reporter ベクターを構築し、どちらの MDH 遺伝子プロモーターが Ln 濃度依存的、かつ経時的に応答しているかを解析した。

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

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

当グループは、ヘテロシグマ増殖を貧栄養状態で促進する細菌の同定を目指して 200 株近い細菌を単離・スクリーニングした。その結果、リン欠乏培地中でヘテロシグマや他の植物プランクトン増殖を促進する細菌を数株単離した。このうち、特に *Vibrio comitans* はヘテロシグマへの増殖促進を示した。本細菌は、ポリリン酸を蓄積し、ヘテロシグマに貪食されることでリン酸源として利用されることが明らかになった。光合成を行う植物プランクトンは、正リン酸や可溶性有機含リン化合物を利用するとともに、細菌貪食を、貧栄養条件を生き延びるために利用することは知られてきたが、細菌貪食により摂取したリン化合物を利用して増殖するという報告は例がない。本研究は、従属栄養性細菌である *V. comitans* が、有機物をポリリン酸というヘテロシグマに活用されやすい化学形態に変換することで、ヘテロシグマによる光合成、すなわち一次生産に利用されることを初めて示した。この結果は、リンの生態系循環における藻類による細菌貪食の役割の重要性を示唆する。

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

Methylobacterium species, which are 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), which are 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 and MxcQE, both of which are a two-component signaling system. MxbM is phosphorylated by MxbD, and further oxidized depending on its Cys residue, to bind to the MxaF gene promoter. In addition, we developed a dual reporter vector that contains promoters of *mxoF* and *xoxF* linked to different fluorescent protein genes, to reveal the Ln concentration- and time-dependent expression of MDH genes.

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

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

We isolated more than 200 marine bacterial strains and screened for the strains that promote the growth of *H. akashiwo*, a bloom-causative alga. As a result, we identified *Vibrio comitans* which promoted the growth of *Heterosigma* and other phytoplankton in phosphorus-deficient conditions. We found that the bacterium accumulates polyphosphate, and is phagocytosed by *Heterosigma* to be utilized as a nutrient source. Photosynthetic phytoplankton, in general, utilize orthophosphate and soluble organic phosphorous compounds: at the same time, several reports demonstrated that they phagocytose bacteria to survive under oligotrophic conditions. Our study demonstrated for the first time that *V. comitans*, a heterotrophic bacterium, converts organic matters into polyphosphate, the readily accessible phosphate source for *Heterosigma*, and contributes the primary production by the alga. Algal phagocytosis and utilization of bacteria may play an important role in phosphorus cycling in the ecosystem.

ゲノム多様性グループでは、世界各地から収集されたオオムギ遺伝資源の保存・維持管理・配布・情報付加などを含む系統保存事業を推進している。これらの遺伝資源に対して形質評価および多様性解析を行い、得られた情報のデータベース化を進めている。さらに、次世代シーケンシング技術やゲノム編集技術を活用し、有用遺伝子の同定および機能解析を進めている。これらの活動は、育種素材の高度化と作物改良への応用を目的とし、持続可能な農業の実現に貢献する基盤的研究として位置づけられる。

1. オオムギ遺伝資源の系統保存事業

当グループは、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) に参画し、オオムギ種子および関連するゲノムリソースの提供を行っている。当グループでは、在来品種、実験系統、野生系統を含む約 20,000 系統のオオムギ遺伝資源を保有しており、本事業ではこれらの増殖・更新・新規収集を継続的に実施している。

また、BAC ライブラリー、完全長 cDNA クローン、保存系統由来のゲノム DNA などのゲノムリソースも提供しており、近年では保存系統のゲノム DNA が主な配布対象となっている。これらは分子育種や系統解析研究に広く活用されており、国内外の研究者による遺伝資源の有効活用を支援している。

2. オオムギ遺伝資源の多様性評価

当グループでは、保有するオオムギ遺伝資源を活用し、遺伝的多様性の評価および有用形質に関与する原因遺伝子の単離・解析を進めている。これらの取り組みは、新規育種素材の開発や環境適応性の向上を目指す植物ストレス科学の基盤的研究として位置づけられる。

(a) オオムギ遺伝資源の大規模遺伝子型解析

未公開遺伝資源の利活用促進を目的として、中央アジアから東アジアに由来する栽培オオムギおよび野生オオムギを対象にジェノタイピングを実施している。本研究は、NBRP 中核的拠点整備プログラム・ゲノム情報等整備の支援を受けており、地域的多様性の解明と新規遺伝資源の発掘に資する情報基盤の構築を目指している。また、当該系統の生殖関連形質と環境適応性に着目した研究を推進している。

(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 を見いだした。

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与する遺伝子の探索およびゲノム編集技術の高度化に取り組んでいる。特に CRISPR/Cas9 法を用いたゲノム編集では、複数のガイド RNA を同時に発現させるマルチターゲットシステムを構築し、複数遺伝子への同時変異導入とその効率向上を実現している。

現在は、種子休眠性に関わる遺伝子を中心に標的ゲノムの変換を進めており、育種上重要な形質の分子基盤解明に貢献している。

Our group promotes systematic conservation of barley genetic resources collected from around the world. Our efforts encompass preservation, maintenance, distribution, and data enrichment. We conduct trait evaluation and diversity analysis of these resources and are developing a comprehensive database of the resulting information. Additionally, we utilize next-generation sequencing and genome editing technologies to identify and characterize the genes of interest. These activities constitute foundational research aimed at enhancing breeding materials and applying them to crop improvement, thereby contributing to the realization of sustainable agriculture.

1. Systematic Conservation of Barley Genetic Resources

Our group participates in the National BioResource Project (NBRP) of the MEXT, providing barley germplasms. Our group maintains approximately 20,000 barley accessions, including landraces, experimental lines, and wild relatives. Through this project, we continuously propagate, renew, and collect new genetic resources.

We also provide genomic resources such as BAC libraries, full-length cDNA clones, and genomic DNA derived from these accessions. Recently, genomic DNA from these preserved lines has become a primary distribution item, widely utilized in molecular breeding and phylogenetic studies. Through these distributions, we support the effective use of genetic resources by researchers both in Japan and abroad.

2. Diversity Evaluation of Barley Genetic Resources

Our group utilizes our barley genetic resources to evaluate genetic diversity and to isolate and analyze the genes responsible for valuable traits. These efforts serve as foundational research in plant stress science, aiming to develop novel breeding materials and improve environmental adaptability.

(a) Large-Scale Genotyping of Barley Resources

To promote the use of previously unpublished genetic resources, we conduct genotyping of cultivated and wild barley originating from Central to East Asia. The additional project of NBRP supports this research and aims to build an information infrastructure that facilitates the discovery of regional diversity and novel genetic resources. We also promote studies focusing on reproductive traits and the environmental adaptability of these accessions.

(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 improve the yield potential of modern varieties.

3. Barley Transformation and Genome Editing

Our group is working to identify the genes involved in transformation efficiency in barley and to advance genome editing technologies. We have developed a multi-target system using CRISPR/Cas9 that enables the simultaneous expression of multiple guide RNAs, allowing efficient introduction of mutations into multiple genes.

Currently, we are focusing on targeted genome modification of genes for seed dormancy, which will contribute to the elucidation of the molecular basis of agriculturally important traits.

本グループではオオムギを中心とする有用形質の原因遺伝子を探索するとともに、野生植物の多様性を研究している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. オオムギのプロアントシアニジンレス変異体の遺伝解析

プロアントシアニジンは重合型タンニンともよばれる。種子に多く含まれ、酸化すると褐変を引き起こし、食用オオムギの外観を損ねるばかりか、ビールの濁りも引き起こすことから、育種的には含量がひくいことが望まれる。本研究では種子の褐変が顕著に低減される *ant25*, *ant21* および *ant13* 遺伝子座の原因遺伝子の探索を行った。これらの遺伝子はいずれも 6H 染色体基部寄りにマップされ、総当たり交配した種子の水酸化ナトリウム染色による検定で、同座であることが明らかになった。原因遺伝子は候補領域を絞り込み、データベース解析によっておこなった。植物の色素合成に関係することが知られている WD40 転写因子が有望な候補遺伝子としてみつかった。合計 22 種類の突然変異体をシーケンスしたところ、非同義置換がみつかった。このことから *ant25*, *ant21* および *ant13* 遺伝子座は WD40 転写因子をコードすると結論した。オオムギの *ant25*, *ant21* および *ant13* 遺伝子は種子色以外に葉鞘基部の紫着色が低減し、緑化する特徴が一般にみられる。しかし、*ant25* は葉鞘基部が僅かに薄紫に着色することから、遺伝子作用が他の 2 アレルとは異なることがわかった。

2. 岡山県の絶滅危惧種に関する調査研究

岡山県において、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。2025 年には、以下の 25 種について、これまで知られていなかったと思われる 45 ヶ所の生育地を見だし、集団規模や生育環境を記録した（括弧内は確認地点数）：ミヤコイヌワラビ (1)、アカハナワラビ (3)、マメヅタラン (2)、ムギラン (4)、エビネ (7)、ヒメウラジロ (1)、ツチアケビ (1)、セッコク (1)、シロヤマシダ (2)、ミヤマノコギリシダ (4)、サクライカグマ (1)、ミヤマクマワラビ (1)、ヒナラン (1)、オオフジシダ (キシウシダ) (1)、ツメレンゲ (1)、オオサンショウソウ (2)、オオハンゲ (1)、オニイノデ (1)、アマクサシダ (2)、マツサカシダ (1)、マダイオウ (1)、ダイモンジソウ (1)、ホソベリミズゴケ (2)、アオイカズラ (2)、カヤラン (1)。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、1969 年に記録された後に所在が分からなくなっていたフジシダとオオフジシダの自生地を再発見した。岡山県準絶滅危惧種のハイチゴザサは、2022 年以降の調査で十分な集団数と個体数があることが分かり、現時点では絶滅の恐れは無いと考えられた。ほかに幾つかの種について、これまでの調査結果に基づき、カテゴリの見直しを検討中である。このほか、県内新産 2 種を発見した（投稿準備中）。

Our group has been analyzing the barley genes underlying agricultural traits, and diversity of wild plants. Our main achievements in 2025 are described below.

1. Genetic analysis of proanthocyanidin-less mutants in barley

Browning of barley grain is known to be caused by proanthocyanidins (tannins). Reduction of proanthocyanidins is important in barley breeding. In this research, three proanthocyanidin-less mutant loci, namely, *ant25*, *ant21* and *ant13* of barley were analyzed because of their significantly bright whiter grain color. Several independent mutant alleles for each of the three loci were previously induced by mutagenesis, and selected by NaOH or vanillin staining. Molecular mapping localized these three genes (*ant25*, *ant21* and *ant13*) to the proximal region of barley chromosome 6H. Allelism tests demonstrated that *ant25*, *ant21* and *ant13* are allelic. Candidate gene search suggested that the three genes commonly encode a WD40 transcription factor (TF), which is one of the key TFs for flavonoid pigment synthesis. Twenty-two mutants sequenced carried a non synonymous mutation or premature stop codon relative to the wild type or recurrent parents. Consequently, this study validated that the *ant25*, *ant21* and *ant13* loci encodes WD40 transcription factor. The WD40 is reported to form an MYB-bHLH-WD (MBW) complex for pigment regulation. The *ant25*, *ant21* and *ant13* mutants of barley characterized in this study could be beneficial gene sources for quality improvement of food as well as malting usages.

2. Field survey on endangered plants in Okayama Pref.

Threatened and near threatened plant species have been surveyed in Okayama Prefecture. In this year, 45 populations of 25 species were newly found (*Athyrium imbricatum*, *Botrychium nipponicum*, *Bulbophyllum drymoglossum*, *Bu. inconspicuum*, *Cheilanthes argentea*, *Cyrtosia septentrionalis*, *Dendrobium moniliforme*, *Diplazium hachijoense*, *Dryopteris gymnohylla*, *Dr. polylepis*, *Hemipilia gracilis*, *Monachosorum nipponicum*, *Orostachys japonica*, *Pellionia radicans* var. *radicans*, *Pinellia tripartita*, *Rumex madaio*, *Saxifraga fortunei*, *Sphagnum junghuhnianum* subsp. *pseudomolle*, *Streptolirion lineare*, *Thrixspermum japonicum*, etc.). The previous records (herbarium specimens or literatures) on these populations were not found. In addition, one habitat of *M. maximowiczii* and *M. nipponicum*, which had been recorded by S. Namba in 1969 and then lost, was found to be existence. Surveys conducted from 2022 have revealed that *Isachne nipponensis* (near-threatened species; Okayama Pref. 2020) have sufficient number of populations and individuals, and it was not considered to be at risk of extinction. Red List categories for more several species should be reevaluated based on previous field survey. Two species were newly recorded in Okayama Prefecture (in prep.).

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。2025年の研究進捗は以下のとおりである。

1. 野生イネゲノム編集個体の作出

野生イネは、栽培イネには無いストレス耐性を持つことが知られているが、それらを従来の育種法で栽培種に取り込むのは困難が伴う。地球規模の気候変動に備えることが喫緊の課題である今、迅速に様々なストレス耐性食用イネ品種を揃えておくことは、食料安全保障上重要な戦略である。そこで、かつて野生イネから栽培イネが栽培化された過程で、機能欠失により栽培化形質が得られたことが報告されている遺伝子群について、野生イネでそれらの遺伝子をゲノム編集により破壊することで、迅速に栽培化することを試みた。その結果、よく知られる栽培化関連遺伝子8個を同時に CRISPR/CAS9 法により破壊した系統を得ることに成功した。

2. 限られた育種母本から有用な遺伝変異を創出する新しい育種法の研究開発

8系交雑に由来する多系交雑集団 (MAGIC 集団) を用いて、異なる土壌 pH および無施肥の圃場における各元素濃度の変動および元素間の関係性を調査するとともに関与する遺伝因子の探索を行った。土壌 pH については、稲わらでは pH が高くなるにつれて Cd, Fe, Mn, P, Zn で濃度が低下し、Mg で上昇した。玄米では pH が高くなるにつれて As, Cd, Mn, Ni, Zn で濃度が低下し、K で上昇した。無施肥圃場については、稲わらでは Cr, K, Ni で濃度が低下し、As, Mo で上昇した。また玄米では As, Fe, Mo で濃度が上昇した。GWAS によって検出された QTL には、稲わらとの玄米のいずれにおいても土壌条件間で共通に検出されるものと、特定の土壌条件で検出される (されない) ものが見出された。

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、ネギ属植物の解析範囲を拡大し、他の分類群の植物種についても抗セントロメア特異的ヒストン H3 抗体の作製および評価を行った。

1. Genome Editing–Facilitated Domestication of Wild Rice

Although wild rice species possess stress tolerances that are absent in cultivated rice, introducing these traits into cultivars through conventional breeding is challenging. Given the urgent need to prepare for global climate change, rapidly developing stress-tolerant rice varieties is an important strategy for food security. We focused on genes reported to have lost their functions during domestication and thereby contributed to domestication-related traits. Disrupting these genes through genome editing may convert wild rice into a “domesticated” form. As a result, we successfully generated genome-edited lines in which eight well-known domestication-related genes were simultaneously knocked out using the CRISPR/Cas9 system.

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

Utilizing a rice MAGIC population derived from eight founders, we examined variations in element concentrations and inter-element relationships under different soil pH levels and in unfertilized fields. In addition, we conducted GWAS to identify associated genetic factors. With respect to soil pH, concentrations of Cd, Fe, Mn, P, and Zn decreased as pH increased in straw, while Mg concentration increased. Concentrations of As, Cd, Mn, Ni, and Zn in grain decreased with increasing pH, while K increased. In the unfertilized field, concentrations of Cr, K, and Ni decreased with increasing pH in straw, while As and Mo increased. Concentrations of As, Fe, and Mo increased in grain. Among the QTLs detected by GWAS, some were identified consistently across different soil conditions for both straw and grain, while others were detected (or not detected) only under specific soil conditions.

3. Redefinition of Centromere Regions Using High-Quality Genome Sequences

Advances in next-generation sequencing technologies have enabled the acquisition of high-quality, chromosome-level genome assemblies for many species, including non-model organisms. In particular, recent methods now allow the assembly of higher-order repetitive regions that were previously difficult to resolve, thereby facilitating detailed analyses of centromere regions that include these repeats. By applying these advanced techniques, centromere regions can be redefined through chromatin immunoprecipitation using anti-centromere-specific histone H3 (CENH3) antibodies. This year, we broadened the scope of our analysis to include worldwide collections of *Allium* species. In addition, we generated and evaluated anti-CENH3 antibodies applicable to plant species belonging to other taxonomic groups.

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、データ科学を基盤として、研究所が蓄積してきた植物に関する多様な情報と遺伝資源を活用し、作物の生産性向上に重要な役割を果たす遺伝子の探索とその生理学的・遺伝学的機能の解明を推進しています。今年度は、年次間の気象環境変動が作物生育に及ぼす影響に着目し、圃場栽培条件下における生育状態、植物ホルモン動態、および関連遺伝子の経時的発現変化を統合的に追跡しました。特に、冬季温度環境の違いが栄養成長と春化反応の両方に与える影響を詳細に解析し、環境ストレスに対する補償的成長メカニズムの遺伝的基盤の解明に取り組んでいます。さらに、単一細胞トランスクリプトーム解析技術を活用することで、遺伝子発現の時空間的パターンおよび細胞種特異的な応答の理解を深めています。加えて、所内外の研究機関との共同研究を通じて、モデル作物から新規生物種まで幅広い対象におけるゲノム解析および遺伝子機能解析研究を積極的に展開しています。

(Research Core for Future Crops) Crop Design Research Team

Our team utilizes data science to harness the diverse plant information and genetic resources accumulated by the institute. We identify genes crucial for crop productivity improvement and elucidate their physiological and genetic functions. This year, we focused on the impacts of interannual climatic variations on crop growth, comprehensively tracking growth status, plant hormone dynamics, and temporal expression changes of related genes under field cultivation conditions. In particular, we conducted detailed analyses of how winter temperature differences affect both vegetative and reproductive development, working to elucidate the genetic basis of compensatory growth mechanisms in response to environmental challenges. Furthermore, by utilizing single-cell transcriptome analysis technology, we are deepening our understanding of spatiotemporal gene expression patterns and cell-type-specific responses. Additionally, through collaborations with internal and external research institutions, we actively advance genomic and gene function analyses across a broad range of organisms, from model crops to novel species.

フィールドフローラ研究チーム

本班はイネ、オオムギの二毛作体系における3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た。オオムギの根圏から分離されたビオラセイン生産性・低温生育性 *Duganella* 属細菌が新種であることを見いだした。また無施肥区で生育したオオムギの根圏から細菌を網羅的に分離し、それぞれのオオムギ生育への影響を調べ、オオムギに正・負の影響を及ぼす細菌を同定した。代表的な菌株からなる SynCom を構築し、細菌同士の拮抗的生育阻害が起こることを見いだした。

Field Flora Research Team

Our team has been investigating plant growth and the rhizosphere microbiome over a three-year rice-barley double-cropping system, alongside environmental factors such as fertilization regimes, soil ion composition, and the presence of wild plants. Through these measurements and observations, we elucidated the dynamics of the complex, intertwined network formed by these factors. From the barley rhizosphere, we discovered that a violacein-producing, cold-tolerant *Duganella* strain represents a novel species. In addition, we comprehensively isolated bacteria from the rhizosphere of barley grown under no-fertilizer conditions and evaluated their individual effects on barley growth, identifying bacterial strains that exert either positive or negative influences. We further constructed a representative SynCom from these strains and demonstrated that antagonistic growth inhibition occurs among the constituent bacteria.

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。2022～2024年度にわたって本チームでは、植物研で継続的に取得してきたオオムギのコア・コレクションの複数年、複数環境での農業形質データおよび、イネ・オオムギの二毛作圃場における土壌ミネラル、根圏微生物叢、圃場環境データをプロジェクトの原資として、作物×環境相互作用に遺伝構造に関する理解を目指して活動した。

2024年には、前年度までに選抜した施肥応答性が異なるイネおよびオオムギ系統を片親に持つ組換え近交系統群を整備し、慣行および無施肥栽培区での栽培試験を実施した。現在、農業形質や根圏微生物叢の解析に取り組んでいる。

In the warm southwestern regions of Japan, including Okayama Prefecture, double cropping—growing two different crops on the same field within a year—has long been practiced. To ensure sustainable agricultural production, it is essential to understand seasonal fluctuations in cultivation environments, crop genotypes that adapt to these fluctuations, and the interactions between them, and to apply this knowledge to breeding. From FY 2022 to 2024, our team has worked to elucidate the genetic architecture of crop × environment interactions by using, as core project resources, multi-year and multi-environment agronomic data for a barley core collection that has been continuously evaluated at our institute, together with soil mineral profiles, rhizosphere microbiomes, and field environmental data obtained from rice–barley double-cropping fields.

In 2024, we established recombinant inbred line populations derived from crosses in which one parent was a rice or barley line previously selected for contrasting responses to fertilizer application, and we conducted field trials under both conventional fertilization and no-fertilizer conditions. We are currently analyzing agronomic traits and rhizosphere microbiome composition in these trials.

高次オミクス情報統合解析研究チーム

Integrative Pan-omics Analytics Team

本チームは、次世代作物共同研究コアとして2025年11月より発足した新しいチームである。資源植物科学研究所は、GC-MS、LC-MS、ICP-MSと3種の質量分析器を保有しており、これまで植物が産生する揮発性物質や植物ホルモンの定量、植物体内に蓄積したミネラルの定量などに利用されてきた。これらの質量分析計をさらに活用するため、得られるデータに基づき体系的なパンオミクス解析を行うプラットフォームを構築することを目指し、試料の準備や測定手法の確立、そしてデータ解析パイプラインの構築を本チームの主たる目標と位置付けている。2025年には、まず基本的な解析パイプラインの整備を完了することを目指した。具体的には、whole-genome resequencing、RNA-seq、whole-genome DNAメチル化解析、およびプロテオーム解析を行うためのデータ解析パイプラインの構築を完了した。これにより、取得したデータを解析パイプラインによって処理することで、詳細な統計解析や可視化が可能なデータを出力でき、データ取得後の迅速かつ再現性の高いデータ処理を可能にした。また、低コストかつ効率的なアンプリコンシーケンスを可能にするNanoporeシーケンサーを利用したDNA配列解析システムを開発した。これにより、PCR増幅が可能なDNA断片ならば多検体（現行システムでは最大1,024検体）において任意の配列を一度に解析することが可能になった。

This team is a newly established group launched in November 2025 as a part of Research Core for Future Crops. The Institute of Plant Science and Resources possesses three types of mass spectrometers, GC-MS, LC-MS, and ICP-MS, which have been used for quantifying plant-derived volatile compounds, plant hormones, and minerals accumulated in plant tissues. To further maximize the use of these mass spectrometers, the team aims to develop a platform for systematic pan-omics analysis based on the data obtained from these instruments. Our primary goals are to establish standardized procedures for sample preparation and measurement, as well as to build the corresponding data analysis pipelines. In 2025, we focused on completing the foundation of these analytical pipelines. Specifically, we developed data analysis pipelines for whole-genome resequencing, RNA-seq, whole-genome DNA methylation analysis, and proteome analysis. By processing acquired datasets through these pipelines, it is now possible to generate data suitable for detailed statistical analysis and visualization, enabling rapid and highly reproducible data processing following data acquisition. In addition, we developed a DNA sequencing system using a Nanopore sequencer, which enables low-cost and efficient amplicon sequencing. This system allows simultaneous sequencing of arbitrary PCR-amplifiable DNA fragments from a large number of samples (up to 1,024 samples with the current setup), greatly enhancing throughput and flexibility in sequence analysis.

本グループでは光環境適応グループ、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ヒャエル・ヒップラー教授の研究室と研究協力・支援体制を構築している。光合成で得られたエネルギーが植物に利用される機構と、より広く真核生物における分子制御システムを、遺伝学・分子生物学・生化学・構造生物学的手法で明らかにしている。今年度は緑藻クラミドモナスを中心とした光合成生物の機能多様性に関する基礎研究に加え、生物工学的応用を目指した研究も進めた。Milrad らは、プラストシアニンのリン酸化がシトクロム *b₆f* 複合体との相互作用を調節し酸化還元状態に応じた電子伝達制御に寄与することを示した。Emrich-Mills らは、*ferredoxin-NADP⁺ reductase* と *Photosystem I* を融合した変異株ではサイクリック電子伝達が亢進し ATP 合成が増強されることを明らかにし、効率的なエネルギー変換系の生物学モデルの構築に貢献した。さらに Hoepfner らは、繊毛グリコカリックスの高解像度構造を解明し、繊毛の安定性・接着・シグナル伝達を制御することを示した。これらの研究は、タンパク質構造・分子の動的制御・細胞小器官の機能との関係を明確にし、光合成効率および細胞構造の理解を再定義するものとなった。

Our group analyzes the mechanisms governing uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, as well as plant responses and tolerance to mineral stresses from whole-plant to gene levels. Our main achievements in 2025 are described below. In this RECTOR program, we established collaborations with three groups: the photo-environmental adaptation group at IPSR, a group at RIIS, and Professor Michael Hippler's laboratory at the University of Münster, Germany. Recent studies by Hippler's group and collaborators show how structural organization, post-translational modification, and spatial regulation shape the efficiency and adaptability of photosynthetic and eukaryotic systems, particularly those involving *Chlamydomonas reinhardtii*. In Milrad et al. (Plant Physiology, 2025), the authors showed that plastocyanin phosphorylation modulates its interaction with cytochrome *b₆f*, enabling redox-dependent tuning of electron transfer. Emrich-Mills et al. (Plant Cell, 2025) demonstrated that tethering *ferredoxin-NADP⁺ reductase (FNR)* to *photosystem I (PSI)* enhances cyclic electron flow and ATP synthesis, offering a model for bioengineering efficient energy-conversion systems. Finally, Hoepfner et al. (Advanced Science, 2025) resolved the high-resolution structure of the *ciliary glycoalyx*, showing that its organized glycoprotein coat regulates ciliary stability, adhesion, and signaling. Together, these studies link protein structure, dynamic regulation, and organelle function, redefining our understanding of photosynthetic efficiency and cellular architecture across diverse biological systems.

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) 加藤裕介・坂本 亘 光化学系 II 修復におけるタンパク質修飾と D1 タンパク質分解. *低温科学* **83** pp. 135-141. ISSN 1880-7593. doi.org/10.14943/lowtemsci. 83.135 (2025. 3.)
- (2) 高見常明・坂本 亘 オルガネラ DNA 分解の多様化と植物の成長戦略. *低温科学* **83** pp. 157-163. ISSN 1880-7593. doi.org/10.14943/lowtemsci. 83.157 (2025. 3.)
- (3) 桶川友季 植物における光化学系 I の光阻害とその防御機構. *低温科学* **83** pp. 181-188. ISSN 1880-7593. doi.org/10.14943/lowtemsci. 83.181 (2025. 3.)
- (4) Gachie SW, Muhire A, Li D, Kawamoto A, Takeda-Kamiya N, Goto Y, Sato M, Toyooka K, Yoshimura R, Takami T, Zhang L, Kurisu G, Terachi T, Sakamoto W. The thylakoid membrane remodeling protein VIPP1 forms bundled oligomers in tobacco chloroplasts. *Plant Physiol.* **198**: kiaf137. doi.org/10.1093/plphys/kiaf137 (2025. 4.)
- (5) McNelly R, Briffa A, Yiasoumi G, Uauy C, Matsushima R, Seung D. A curve fitting method for analysing starch granule size distributions in cereals. *Cereal Chem.* **102**: 438-450. doi.org/10.1002/cche.10888 (2025. 5.)
- (6) Sakamoto W. Thylakostasis: Key Factors in Thylakoid Membrane Organization with Emphasis on Biogenesis and Remodeling Proteins in Vascular Plants. *Plant Cell Physiol.* **66**: pcaf098. doi.org/10.1093/pcp/pcaf098 (2025. 8.)
- (7) Ma L, Dong B, Sun M, Hao R, Wang X, Yu H, Han C, Muhire A, Gachie SW, Li D, Sakamoto W, Zhang L. VESICLE-INDUCING PROTEIN IN PLASTIDS 1 from thylakoid-lacking *Gloeobacter* promotes thylakoid formation in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* **199**: kiaf359. doi.org/10.1093/plphys/kiaf359 (2025. 9.)
- (8) Li D, Gachie S.W, Ozawa S.I, Scholz M, Hippler M, Sakamoto W. Chloroplast heat shock protein cpHsc70-1 interacts with thylakoid membrane remodeling protein VIPP1 C-terminal tail and controls VIPP1 oligomer assembly. *PNAS Nexus*. doi: 10.1093/pnasnexus/pgaf393 (2025.12 Online preview)
- (9) Okegawa Y, Sakamoto W. The thioredoxin system protects PSI from photoinhibition in coordination with PSI cyclic electron transport under fluctuating light conditions. *Plant Cell Physiol.* doi: 10.1093/pcp/pcaf172 (2025.12 Online preview)

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

- (1) Mori A, Nakagawa S, Suzuki T, Suzuki T, Gaudin V, Matsuura T, Ikeda Y, Tamura K. The importin α proteins IMPA1, IMPA2, and IMPA4 play redundant roles in suppressing autoimmunity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* **121**: e17203. doi.org/10.1111/tbj.17203 (2025. 1.)
- (2) Akagi T, Fujita N, Shirasawa K, Tanaka H, Nagaki K, Masuda K, Horiuchi A, Kuwada E, Kawai K, Kunou R, Nakamura K, Ikeda Y, Toyoda A, Itoh T, Ushijima K, Charlesworth D. Rapid and dynamic evolution of a giant Y chromosome in *Silene latifolia*. *Science.* **387**: 637-643. doi.org/10.1126/science.adk9074 (2025. 2.)
- (3) Oumaima K, Hossain M.S, Ye W, Okuma E, Issak M, Islam M.M, Uraji M, Nakamura Y, Mori I.C, Munemasa S, Murata Y. TGG1 and TGG2 mutations impair allyl isothiocyanate-mediated stomatal closure in *Arabidopsis thaliana*. *Protoplasma.* **262**: 1023-1027. doi.org/10.1007/s00709-025-02039-z (2025. 2.)
- (4) Nishimura N, Tsuchiya W, Suzuki N, Hirayama T, Yamazaki T. Identification and characterization of functional DOG1 residues regulating the abscisic acid response in *Arabidopsis*. *Plant J.* **122**: e70180. doi.org/10.1111/tbj.70180 (2025. 4.)
- (5) Nakamura K, Kikuchi Y, Shiraga M, Kotake T, Hyodo K, Taketa S, Ikeda Y. *SHORT AND CROOKED AWN*, Encoding the Epigenetic Regulator EMF1, Promotes Barley Awn Development. *Plant Cell Physiol.* **66**: 705-721. doi.org/10.1093/pcp/pcae150 (2025. 5.)
- (6) Hiejima S, Seino H, Hachisuka R, Watanabe Y, Matsuura T, Mori IC, Ugawa S. Physiological and Biochemical Traits of Dormancy Release and Growth Resumption in Japanese Cedar in the Warm-Temperate Zone. *For Sci.* **71**: 321-343. doi.org/10.1007/s44391-025-00016-w (2025. 6.)
- (7) Ooi L, Matsuura T, Mori IC. Sulfur dioxide-induced guard cell death and stomatal closure are attenuated in nitrate/proton antiporter *AtCLCa* mutants. *Plant Cell Physiol.* **66**: 1076-1085. doi.org/10.1093/pcp/pcaf042 (2025. 7.)
- (8) Yoneda K, Uehara S, Matsuura T, Mori IC, Ito-Inaba Y, Inaba T. Role of salicylic acid in low CO₂ response in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol.* **66**: 1005-1019. doi.org/10.1093/pcp/pcaf052 (2025. 7.)
- (9) Akter R, Inoue Y, Masumoto S, Mimata Y, Matsuura T, Mori IC, Nakamura T, Nakamura Y, Murata Y, Munemasa S. CNGC2 Negatively Regulates Stomatal Closure and Is Not Required for flg22- and H₂O₂-Induced Guard Cell [Ca²⁺]_{cyt} Elevation in *Arabidopsis thaliana*. *Physiol Plant.* **177**: e70396. doi.org/10.1111/ppl.70396 (2025. 7.)
- (10) Paul NC, Imran S, Mitsumoto A, Mori IC, Katsuhara M. Discovery and Functional Characterization of Novel Aquaporins in Tomato (*Solanum lycopersicum*): Implications for Ion Transport and Salinity Tolerance. *Cells.* **14**: 1305. doi.org/10.3390/cells14171305 (2025. 8.)

-
- (11) Yin Y, Hayashi Y, Sirajam M, Shaiek O, Munemasa S, Nakamura Y, Kinoshita T, Murata Y, Mori IC. ABA receptor isoforms differently regulate stomatal movements and generation of reactive oxygen species in ABA signaling in Arabidopsis guard cells. *Plant Cell Physiol.* doi.org/10.1093/pcp/pcaf102 (2025. 8, Online preview)
 - (12) Tania S. S, Utsugi S, Tsuchiya Y, Sasano S, Katsuhara M, Mori IC. Amino Acid Substitutions in Loop C of Arabidopsis PIP2 Aquaporins Alters the Permeability of CO₂. *Plant Cell Environ.* **48**: 6835–6846. doi.org/10.1111/pce.15635 (2025. 9.)

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

- (1) 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.* **44**: 79-85. doi.org/10.1016/j.lssr.2024.10.010 (2025.2.)
- (2) Sugimoto M, Murakami N, Obayashi M, Murakami T. Potential of fermented plant extract for removing microplastics in artificial gastric and intestinal juices. *Curr Nutr Food Sci.* **21**: 1085-1089. doi.org/10.2174/0115734013404286250806063403 (2025. 8.)

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

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

- (1) Huang S, Ma JF. Silicon transport and its “homeostasis” in rice. *Quant Plant Biol.* **5**: e15. doi.org/10.1017/qpb.2024.19 (2025. 1.)
- (2) Huang S, Yamaji N, Konishi N, Mitani-Ueno N, Ma JF. Symplastic and apoplastic pathways for local distribution of silicon in rice leaves. *New Phytol.* **247**: 1280-1289. doi.org/10.1111/nph.70110 (2025. 3.)
- (3) Konishi N, Mitani-Ueno N, Ma JF. Role of polar localization of the silicon transporter OsLsi1 in metalloid uptake by rice roots. *Plant Physiol.* **198**: k1af196. doi.org/10.1093/plphys/k1af196 (2025. 5.)
- (4) Ge J, Lu L, Ma JF. Elevated expression of *SaMTP8.1* is involved in internal Mn detoxification in the hyperaccumulating ecotype of *Sedum alfredii*. *Plant J.* **122**: e70240. doi.org/10.1111/tbj.70240 (2025. 5.)
- (5) Wang M. Q, Wang YT, Peng JS, Yu YX, Wen TT, Liu ZJ, Qi ZA, Zhang XY, He SY, Fang ZJ, Ma JF, Gong JM. OsNIP3;1 mediates diurnal boron oscillation at rice vasculature tip. *New Phytol.* **247**: 1493-1502. doi.org/10.1111/nph.70201 (2025. 6.)
- (6) Fujii T, Yamaji N, Ma JF. Dual roles of suberin deposition at the endodermal Casparian strip in manganese uptake of rice. *J Exp Bot.* **76**: 6064-6074. doi.org/10.1093/jxb/eraf302 (2025. 7.)
- (7) Thao TN, Mitani-Ueno N, Urano R, Saitoh Y, Wang P, Yamaji N, Shen JR, Shinoda W, Ma JF, Suga M. Structural insights into a citrate transporter that mediates aluminum tolerance in barley. *Proc Natl Acad Sci U S A.* **122**: e2501933122. doi.org/10.1073/pnas.2501933122 (2025. 8.)
- (8) Che J, Huang S, Qu Y, Yoshioka Y, Tomita C, Miyaji T, Liu Z, Shen R, Yamaji N, Ma JF. A node-localized efflux transporter for loading iron to developing tissues in rice. *Nat. Commun.* **16**: 9916. doi.org/10.1038/s41467-025-64863-4 (2025. 11.)
- (9) Liu Z, Xia Y, Cheng J, Chang JD, Zheng Q, Qu YT, Duan X, Deng F, Ma JF, Zhao F-J, Shen RF, Che J. OsNRAMP2 mediates preferential manganese distribution and remobilization to developing tissues in rice. *Plant Cell Environ.* doi.org/10.1111/pce.70337 (2025.12.)

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

- (1) Utsugi S, Kawahigashi H, Tagiri A, Kikuchi R, Mishina K, Morishige H, Nakamura S. Conserved cis-acting motifs and localization of MFT2 transcripts and MFT2 protein in barley and rice. *Crop Sci.* **65**: 1. doi.org/10.1002/csc2.70007 (2025. 1.)
- (2) 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* **262**: 385-395. doi.org/10.1007/s00709-024-02000-6 (2025. 3.)
- (3) Tran STH, Katsuhara M, Mito Y, Onishi A, Higa A, Ono S, Paul NP, Horie R, Harada Y, Horie T. OsPIP2;4 aquaporin water channel primary expressed in roots of rice mediates both water and nonselective Na⁺ and K⁺ conductance. *Sci Rep.* **15**: 12857. doi.org/10.1038/s41598-025-96259-1 (2025. 4.)
- (4) Yamada H, Bunthara LR, Tanaka A, Kohama T, Maruyama H, Tanaka W, Nishida S, Tantriani NA, Oikawa A, Tawaraya K, Watanabe T, Liu ST, Finnegan PM, Lambers H, Sasaki T, Wasaki J. HalALMT1 mediates malate efflux in the cortex of mature cluster rootlets of *Hakea laurina*, occurring naturally in severely phosphorus-impooverished soil. *New*

-
- Phytol.* **246**: 2597-2616. doi.org/10.1111/nph.70010 (2025. 6.)
- (5) Tania SS, Utsugi S, Tsuchiya Y, Sasano S, Katsuhara M, Mori IC. Amino acid substitutions in Loop C of Arabidopsis PIP2 aquaporins alters the permeability of CO₂. *Plant Cell Environ.* **48**: 6835-6846. doi.org/10.1111/pce.15635 (2025. 6.)
 - (6) Ono S, Tran STH, Saitoh Y, Utsugi S, Horie T, Katsuhara M. The hidden cation-selective pore in ion-conducting aquaporin OsPIP2;4 from rice. *Plant Physiol Biochem.* **227**: 110168. doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.110168 (2025. 6.)
 - (7) Tsuchiya Y, Katsuhara M, Sasaki T, Yamamoto Y. Oxygen supply is a prerequisite for response to aluminum in cultured cells of tobacco (*Nicotiana tabacum*). *Plant Cell Physiol.* **66**: 1044-1060. doi.org/10.1093/pcp/pcaf055 (2025. 7.)
 - (8) Paul NC, Imran S, Mitsumoto A, Mori IC, Katsuhara M. Discovery and functional characterization of novel aquaporins in tomato (*Solanum lycopersicum*): Implications for ion transport and salinity tolerance. *Cells* **14**: 1305. doi.org/10.3390/cells14171305 (2025. 8.)
 - (9) 小野峻太郎 イネおよびオオムギのイオン透過性アクアポリンにおける構造と透過機能の連関の分子生理学的研究 博士学位論文 (岡山大学) (2025. 9.)

植物レジリエンス研究グループ (Group of Plant Resilience Research)

- (1) Uragami T, Kiba T, Kojima M, Takebayashi Y, Tozawa Y, Hayashi Y, Kinoshita T, Sakakibara H. The cytokinin efflux transporter ABCC4 participates in Arabidopsis root system development. *Plant Physiol.* **197**: kiae628. doi.org/10.1093/plphys/kiae628 (2025. 1.)
- (2) Takagi H, Ito S, Shim JS, Kubota A, Hempton AK, Lee N, Suzuki T, Yang C, Nolan CT, Bubb KL, Alexandre CM, Kurihara D, Sato Y, Tada Y, Kiba T, Pruneda-Paz JL, Queitsch C, Cuperus JT, Imaizumi T. A florigen-expressing subpopulation of companion cells expresses other small proteins and reveals a nitrogen-sensitive FT repressor. *eLife.* **14**: RP102529. doi.org/10.7554/eLife.102529 (2025. 10.)
- (3) Bellegarde F, Tjahjono O, Yoshino-Kida M, Kiba T, Shibutani M, Kuriyama M, Irving LJ, Kojima M, Miyata K, Sakakibara H. Fluctuations in nitrate availability impact cytokinin biosynthesis through histone modifications of *IPT3* in *Arabidopsis* roots for growth acclimation. *Plant Commun.* **6**: 101531. doi.org/10.1016/j.xplc.2025.101531 (2025. 11.)

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) Kondo H, Fujita M, Telengech P, Maruyam K, Hyodo K, Tassi AD, Ochoa R, Andika IB, Suzuki N. Evidence for the replication of a plant rhabdovirus in its arthropod mite vector. *Virus Res.* **351**: 199522. doi.org/10.1016/j.virusres.2024.199522 (2025. 1.)
- (2) Fadli M, Hisano S, Novoa G, Castón JR, Kondo H, Suzuki N. A capsidless (+) RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. *J. Virology.* e02166-24. doi.org/10.1128/jvi.02166-24 (2025. 2.)
- (3) Williams AD, Leung VW, Tang JW, Hidekazu N, Suzuki N, Clarke A. C, Pearce DA, Lam TTY. Ancient environmental microbiomes and the cryosphere. *Trends Microbiol.* **33**: 233-249. doi.org/10.1016/j.tim.2024.09.010 (2025. 2.)
- (4) 鈴木信弘 国際ウイルス分類委員会による植物ウイルスの分類と命名. *植物防疫* **79** 巻 **8** 月号 : 442-446. (2025. 2.)
- (5) Nakamura K, Kikuchi Y, Shiraga M, Kotake T, Hyodo K, Taketa S, Ikeda Y. SHORT AND CROOKED AWN, encoding the epigenetic regulator EMF1, promotes barley awn development. *Plant Cell Physiol.* **66(5)**: 705-721. doi.org/10.1093/pcp/pcae150 (2025. 3.)
- (6) Honda S, Yokoyama A, Suzuki N. RNA editing of genomic neighbors controls antiviral response in fungi. *Cell Host Microbe.* **33(4)**:545-559. doi.org/10.1016/j.chom.2025.02.016 (2025. 4.)
- (7) Zerbini FM. (Suzuki N.) et al. Virus species names have been standardized; virus names remain unchanged. *mSphere* **10(5)**: e00020-25. doi.org/10.1128/msphere.00020-25 (2025. 4.)
- (8) Hatvani L, Suzuki N, Fitzpatrick D, Grogan H. Go viral: How viruses can help fight mushroom pathogens. *TRResearch* **20**: 8-9. ISSN **1649-8917** (2025. 4.)
- (9) Kuhn JH. (Kondo H.) et al. Annual (2024) taxonomic update of RNA-directed RNA polymerase-encoding negative-sense RNA viruses (realm *Riboviria*: kingdom *Orthornavirae*: phylum *Negarnaviricota*). *J Gen Virol.* **106(6)**: 002077. doi.org/10.1099/jgv.0.002077 (2025. 6.)
- (10) Mayne R, (Suzuki N.) et al. Virus taxonomy proposal summaries: a searchable and citable resource to disseminate virus taxonomy advances. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002079. doi.org/10.1099/jgv.0.002079 (2025. 6.)
- (11) Turner D. (Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Bacterial Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002111. doi.org/10.1099/jgv.0.002111 (2025. 6.)
- (12) Hughes HR, (Kondo H.—Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on

-
- Taxonomy of Viruses from the Animal dsRNA and ssRNA (–) Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002112. doi.org/10.1099/jgv.0.002112 (2025. 6.)
- (13) Varsani A, (Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Animal DNA Viruses and Retroviruses Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002113. doi.org/10.1099/jgv.0.002113 (2025. 6.)
- (14) Rubino L, (Kondo H.–Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Plant Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002114. doi.org/10.1099/jgv.0.002114 (2025. 6.)
- (15) Sabanadzovic S, (Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Fungal and Protist Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002115. doi.org/10.1099/jgv.0.002115 (2025. 6.)
- (16) Zerbini FM, (Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) – General taxonomy proposals, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002116. doi.org/10.1099/jgv.0.002116 (2025. 6.)
- (17) Baquero DP, (Suzuki N.) et al. Summary of taxonomy changes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses from the Archaeal Viruses Subcommittee, 2025. *J Gen Virol.* **106(7)**: 002117. doi.org/10.1099/jgv.0.002117 (2025. 6.)
- (18) Zhai S, Pang T, Peng S, Zou S, Deng Z, Suzuki N, Kang Z, Andika IB, Sun, L. A viral RNA silencing suppressor modulates reactive oxygen species levels to induce the autophagic degradation of Dicer-Like and Argonaute-Like proteins. *Advanced Science.* e06572. doi.org/10.1002/advs.202506572 (2025. 9. in press)
- (19) 本田信治・鈴木信弘 ゲノム近傍の RNA 編集酵素・転写因子遺伝子による真菌の抗ウイルス応答の制御 *実験医学* **43**: p2261-2264. ISBN-10:4758125953 (2025. 9.)
- (20) Fadli F. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA victorivirus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. 博士学位論文 (岡山大学) (2025. 10.)
- (21) Shahi S, Hisano S, Sa'diyah W, Takaki Y, Kondo H, Suzuki N. Thorough characterization of a new curvulavirid from a Japanese strain of *Cryphonectria nitschkei*. *J Gen Virol.* **106**: 002177. doi.org/10.1099/jgv.0.002177 (2025.12.)

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

- (1) 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 chitooligosaccharides in plant defense against herbivores. *Plant J.* **121(1)**: e17157. doi.org/10.1111/tpj.17157 (2025. 1.)
- (2) Endo Y, Tanaka M, Uemura T, Tanimura K, Desaki Y, Ozawa R, Bonzano S, Maffei ME, Shinya T, Galis I, Arimura G.I. Spider mite tetranins elicit different defense responses in different host habitats. *Plant J.* **121(5)**: e70046. doi.org/10.1111/tpj.70046 (2025. 3.)
- (3) Fukumoto K, Hojo Y, Nakatani H, Wari D, Shinya T, Galis I. Flower jasmonates control fertility but largely disconnect from defense metabolites in reproductive tissues of rice (*Oryza sativa* L.). *J Exp Bot.* **76(10)**: 2846-2863. doi.org/10.1093/jxb/eraf073 (2025. 7.)
- (4) Rahimian S, Ozawa R, Uemura T, Galis I, Arimura GI. Bush basil companion plants act as plant defense potentiators for cultivated plants. *J Agric Food Chem.* **73(28)**: 17542-17549. doi.org/ 10.1021/acs.jafc.5c05179 (2025. 7.)
- (5) Aboshi T, Teraishi M, Galis I, Yoshikawa T, Shinya T. Natural variation-based genetic screen in rice identifies the isopentylamine biosynthetic gene that modulates brown planthopper behaviour. *Plant Biol (Stuttg).* **27(5)**: 873-882. doi.org/10.1111/plb.70041 (2025. 8.)
- (6) 神田恭和・新屋友規・森 昌樹 イネにおけるキチン受容体を介した害虫の食害感知機構. *バイオサイエンスとインダストリー* **83**: 390-391 (2025. 9.)

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

- (1) Di L, Dongyong Y, Tai L, Zhe Z, Bingxiao Y, Yang H, Xiaoyuan L, Keran Z, Jiyun L, Kawano Y, Yiwen D, Xu NW, Junzhong L, Zuhua H. A PRA-Rab trafficking machinery modulates NLR immune receptor plasma membrane microdomain anchoring and blast resistance in rice. *Sci Bull (Beijing).* **70(5)**: 733-747. doi.org/10.1016/j.scib.2024.12.007 (2025. 3.)
- (2) Yuli J, Jian L, Chunyan W, Li T, Kawano Y, Nagawa S. Stem Cell Factors BAM1 and WOX1 Suppressing Longitudinal Cell Division of Margin Cells Evoked by Low-Concentration Auxin in Young Cotyledon of Arabidopsis. *Int J Mol Sci.* **26(10)**: 4724. doi.org/10.3390/ijms26104724 (2025. 5.)

-
- (3) Wahyu AP, Aprilia SS, Cahyo W, Mifta PR, Alfino S, Abdul RS, Tyas IH, Dwi SP, Neng TS, Yekti AP, Husna N, Anjar TW. Global Perspectives on Environmental Microbiome Research: Current Status and Future Directions. *J Multidiscip Appl Nat Sci.* **5(2)**:603-617. doi.org/10.47352/jmans.2774-3047.266 (2025. 5.)
 - (4) Yanjun K, Kawano Y. The OsATG8-OsATG1-SPIN6 module: Linking nutrient sensing to OsRac1-mediated rice immunity via autophagy-independent mechanisms. *Mol Plant.* **18(10)**: 1623-1625. doi.org/10.1016/j.molp.2025.08.016 (2025. 10.)
 - (5) Akamatsu A, Ishikawa T, Tanaka H, Kawano Y, Hayashi M, Takeda N. Accumulation of phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate inhibits the excessive infection of rhizobia in *Lotus japonicus*. *New Phytol.* **248(4)**:2005-2020. doi.org/10.1111/nph.70527 (2025. 11.)

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

- (1) Sahin N, Watanabe S, Tani A. *Neptunitalea lumnitzerae* sp. nov. isolated from the phyllosphere of the mangrove *Lumnitzera racemosa* Willd. *Antonie van Leeuwenhoek* **118(3)**: 50. doi.org/10.1007/s10482-025-02062-3 (2025. 1.)
- (2) Hu J, Camerón H, Rilling JI, Campos M, Ruiz-Gil T, Gonzalez MA, Gajardo G, Vergara K, Guzmán L, Espinoza-González O, Fuenzalida G, Riquelme C, Ueki S, Nagai S, Maruyama F, Fujiyoshi S, Yarimizu K, Perera IU, Ávila A, Acuña JJ, Zhang Q, Jorquera MA. Differentiation of microbial communities in coastal seawater before and during an *Akashiwo sanguinea* (Dinophyceae) bloom in the urban area of Antofagasta city (northern Chile). *Harmful Algae* **142**: 102782. doi.org/10.1016/j.hal.2024.102782 (2025. 2.)
- (3) Katayama S, Shiraiishi K, Kaji K, Kawabata K, Tamura N, Tani A, Yurimoto H, Sakai Y. Methanol chemoreceptor MtpA- and flagellin protein FliC-dependent methylotaxis determines the spatial colonization of PPFM in the phyllosphere. *ISME Comm.* **5**: ycaf092. doi.org/10.1093/ismeco/ycaf092 (2025. 5.)
- (4) Grossi CEM, Ulloa RM, Sahin N, Tani A. *Methylobacterium* as a Key Symbiont in Plant-Microbe Interactions: Its Ecological and Agricultural Significance. *Plant Biotech.* **42**: 229-241. doi.org/10.5511/plantbiotechnology.25.0309a (2025. 9.)
- (5) Kishiro K, Sahin N, Saisho D, Yamaji N, Yamashita J, Monden Y, Nakagawa T, Mochida K, Tani A. *Duganella hordei* sp. nov., *Duganella caerulea* sp. nov., and *Duganella rhizosphaerae* sp. nov., isolated from barley rhizosphere. *Antonie van Leeuwenhoek* **118(10)**: 146. doi.org/10.1007/s10482-025-02160-2 (2025. 9.)
- (6) Fukuyama S, Usami F, Hirota R, Satoh A, Ohara S, Kondo K, Gomibuchi Y, Yasunaga T, Onduka T, Kuroda A, Koike K, Ueki S. Proliferation of a bloom-forming phytoplankton via uptake of polyphosphate-accumulating bacteria under phosphate-limiting conditions. *ISME Comm.* **5**: ycaf192, doi.org/10.1093/ismeco/ycaf192 (2025. 12.)

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) Mahadevan N, Fernanda R, Kouzai Y, Kohno N, Nagao R, Nyein KT, Watanabe M, Sakata N, Matsui H, Toyoda K, Ichinose Y, Mochida K, Hisano H, Noutoshi Y. Distinct Infection Mechanisms of *Rhizoctonia solani* AG-1 IA and AG-4 HG-I+II in *Brachypodium distachyon* and Barley. *Life(Basel)*. **15(2)**: 235. doi.org/10.3390/life15020235 (2025. 2.)
- (2) Hisano H, Sakai H, Hamaoka M, Munemori H, Abe F, Meints B, Sato K, Hayes PM. Rapid development of naked malting barley germplasm through targeted mutagenesis. *Mol Breed.* **45**: 32. doi.org/10.1007/s11032-025-01553-5 (2025. 3.)
- (3) Tanaka T, Haraguchi Y, Todoroki T, Saisho D, Abiko T, Kai H Reference-based chromosome-scale assembly of Japanese barley (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) cultivar Hayakiso 2. *DNA Res.* **32(4)**: dsaf016. doi.org/10.1093/dnares/dsaf016 (2025. 7.)
- (4) Abiko T, Todoroki T, Thi Thanh HP, Nakamura T, Haraguchi Y, Tanaka T, Saisho D, Kai H Barley varieties tolerant to waterlogged reduced soil show the better root growth in hypoxia. *Plant Prod Sci.* **26(4)**: 1-11. doi.org/10.1080/1343943x.2023.2246215 (2025. 8.)
- (5) Krause MR, Arbelaez JD, Asdal Å, Belkodja R, Boury N, Blake VC, Brown PJ, Casas A, Cistué L, Farré-Martínez A, Fisk S, Fuerst GS, Giménez E, Guijarro-Real C, Guthrie K, Halstead M, Helgersson L, Hisano H, Igartua E, Lillemo M, Martínez-García M, Martínez-Subirà M, McCouch S, McGhee L, Nickols T, Peters N, Porter R, Romagosa I, Ruud AK, Sato K, Salvi S, Sangiorgi G, Schüller R, Sen TZ, Soriano JM, Stupar RM, Ting T-C, Vining K, von Korff M, Walla A, Wang DR, Waugh R, Wise RP, Wolfe R, Yao E, Hayes PM Oregon Wolfe barley genetic stocks – Research and teaching tools for next generation scientists. *J Plant Regist.* **19**: e70004. doi.org/10.1002/plr2.70004 (2025. 9.)
- (6) Lubba KM, Yamamori K, Kishima Y. Haplotype shifts in the lipid-related *OsGELP* gene family underpin rice adaptation to

-
- high latitudes. *Sci Rep.* **15(1)**: 32293. doi.org/10.1038/s41598-025-15488-6 (2025. 9.)
- (7) Kishiro K, Sahin N, Saisho D, Yamaji N, Yamashita J, Monden Y, Nakagawa T, Mochida K, Tani A. *Duganella hordei* sp. nov., *Duganella caerulea* sp. nov., and *Duganella rhizosphaerae* sp. nov., isolated from barley rhizosphere. *Antonie Van Leeuwenhoek.* **118(10)**: 146. doi.org/10.1007/s10482-025-02160-2 (2025. 9.)

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) Nakamura K, Kikuchi Y, Shiraga M, Kotake T, Taketa S, Ikeda Y. *SHORT AND CROOKED AWN*, encoding an epigenetic regulator EMF1, promotes barley awn development. *Plant Cell Physiol.* **66(5)**: 705-721. doi.org/10.1093/pcp/pcae150 (2025. 5.)
- (2) Chen J, Taketa S, Yang J, Dodd IC. Root hairs and lateral root proliferation enhance rice seedling rhizosheath development and ABA accumulation under soil water deficit. *Crop J.* doi.org/10.1016/j.cj.2025.09.009 (2025. 10. Online preview)
- (3) Oda J, Fuse S, Yamashita J, Katsuyama T, Tamura MN. Phylogeny and taxonomy of *Carex* (Cyperaceae) in Japan II. New subsect. *Multifoliae* separated from subsect. *Pisiformes* s.l. (sect. *Mitratae*) *J Jap Bot.* **100(6)**: 489-514. doi.org/10.51033/jjapbot.ID0338 (2025. 12. in press)

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

- (1) Tsukahara S, Bousios A, Kreszies T, Perez-Roman E, Yamaguchi S, Leduque B, Nakano A, Naish M, Osakabe A, Toyoda A, Ito H, Edera A, Tominaga S, Juliarni, Kato K, Oda S, Inagaki S, Lorković Z, Nagaki K, Berger F, Kawabe A, Quadrana L, Henderson I, Kakutani T. Centrophilic retrotransposon integration via CENH3 chromatin in *Arabidopsis*. *Nature.* **637**: 744-748. doi.org/10.1038/s41586-024-08319-7 (2025. 1.)
- (2) Akagi T, Fujita N, Shirasawa K, Tanaka H, Nagaki K, Masuda K, Horiuchi A, Kuwada E, Kawai K, Kunou R, Nakamura K, Ikeda Y, Toyoda A, Itoh T, Ushijima K, Charlesworth D. Rapid and dynamic evolution of a giant Y chromosome in *Silene latifolia*. *Science.* **387**: 637-643. doi.org/10.1126/science.adk9074 (2025. 2.)
- (3) Nagaki K, Narusaka M, Narusaka Y. Elucidation of the phylogenetic relationships among *Alpinia* species native to the Nansei Islands, Japan. *Cytologia.* **90**: 29-36. doi.org/10.1508/cytologia.90.29 (2025. 3.)
- (4) Nagaki K, Ushijima K, Akagi T, Tanaka K, Kobayashi H. Pancentromere analysis of *Allium* species reveals diverse centromere positions in onion and gigantic centromeres in garlic. *Plant Cell.* **37**: koaf142. doi.org/10.1093/plcell/koaf142 (2025. 6.)
- (5) Takeuchi Y, Yamamoto T, Yonemaru J, Takemoto-Kuno Y, Fukuoka S, Kuroki M, Goto A, Matsubara K, Sato H, Hirabayashi H, Kobayashi N, Yamaguchi M, Ishii T, Ando I. Good eating quality QTLs, detected in two breeding populations by genome-wide association mapping, increase eating quality of an elite Japanese rice cultivar Koshihikari. *Breed. Sci.* **75**: 358-368. doi.org/10.1270/jsbbs.25025 (2025. 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*)

- (1) Nomura T, Kim JS, Iwata O, Yamada K, Atsui K, et al. Genetic dissection of nonconventional introns reveals codominant noncanonical splicing code in *Euglena*. *Proc Natl Acad Sci U S A* **122(39)**: e2509937122. doi.org/10.1073/pnas.2509937122 (2025. 9.)

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

- (1) Sahin N, Watanabe S, Tani A. *Neptunitalea lumnitzerae* sp. nov. isolated from the phyllosphere of the mangrove *Lumnitzera racemosa* Willd. *Antonie van Leeuwenhoek* **118(3)**: 50. doi.org/10.1007/s10482-025-02062-3 (2025. 1.).
- (2) Mori A, Nakagawa S, Suzuki T, Suzuki T, Gaudin V, Matsuura T, Ikeda Y, Tamura K. The importin α proteins IMPA1, IMPA2, and IMPA4 play redundant roles in suppressing autoimmunity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* **121**: e17203. doi.org/10.1111/tbj.17203 (2025. 1.)
- (3) Akagi T, Fujita N, Shirasawa K, Tanaka H, Nagaki K, Masuda K, Horiuchi A, Kuwada E, Kawai K, Kunou R, Nakamura K, Ikeda Y, Toyoda A, Itoh T, Ushijima K, Charlesworth D. Rapid and dynamic evolution of a giant Y chromosome

- in *Silene latifolia*. *Science*. **387**: 637-643. doi.org/10.1126/science.adk9074 (2025. 2.)
- (4) Huang S, Yamaji N, Konishi N, Mitani-Ueno N, Ma JF. Symplastic and apoplastic pathways for local distribution of silicon in rice leaves. *New Phytol*. **247**: 1280-1289. doi.org/10.1111/nph.70110. (2025. 3.)
- (5) Katayama S, Shiraishi K, Kaji K, Kawabata K, Tamura N, Tani A, Yurimoto H, Sakai Y. Methanol chemoreceptor MtpA and flagellin protein FliC-dependent methylotaxis determines the spatial colonization of PPFM in the phyllosphere. *ISME Comm*. **5**: ycaf092. doi.org/10.1093/ismeco/ycaf092 (2025. 5).
- (6) Nakamura K, Kikuchi Y, Shiraga M, Kotake T, Hyodo K, Taketa S, Ikeda Y. *SHORT AND CROOKED AWN*, Encoding the Epigenetic Regulator EMF1, Promotes Barley Awn Development. *Plant Cell Physiol*. **66**: 705-721. doi.org/10.1093/pcp/pcae150 (2025. 5.)
- (7) Tanaka T, Haraguchi Y, Todoroki T, Saisho D, Abiko T, Kai H Reference-based chromosome-scale assembly of Japanese barley (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) cultivar Hayakiso 2. *DNA Res*. **32(4)**: dsaf016. doi.org/10.1093/dnares/dsaf016 (2025. 7.)
- (8) Fujii T, Yamaji N, Ma JF. Dual roles of suberin deposition at the endodermal Casparian strip in manganese uptake of rice. *J Exp Bot*. **76**: 6064-6074. doi.org/10.1093/jxb/eraf302 (2025. 7.)
- (9) Abiko T, Todoroki T, Thi Thanh HP, Nakamura T, Haraguchi Y, Tanaka T, Saisho D, Kai H Barley varieties tolerant to waterlogged reduced soil show the better root growth in hypoxia. *Plant Prod Sci*. **26(4)**: 1-11. doi.org/10.1080/1343943x.2023.2246215 (2025. 8.)
- (10) Thao TN, Mitani-Ueno N, Urano R, Saitoh Y, Wang P, Yamaji N, Shen JR, Shinoda W, Ma JF, Suga M. Structural insights into a citrate transporter that mediates aluminum tolerance in barley. *Proc Natl Acad Sci U S A*. **122**: e2501933122. doi.org/10.1073/pnas.2501933122 (2025. 8.)
- (11) Kishiro K, Sahin N, Saisho D, Yamaji N, Yamashita J, Monden Y, Nakagawa T, Mochida K, Tani A. *Duganella hordei* sp. nov., *Duganella caerulea* sp. nov., and *Duganella rhizosphaerae* sp. nov., isolated from barley rhizosphere. *Antonie van Leeuwenhoek* **118(10)**: 146. doi.org/10.1007/s10482-025-02160-2 (2025. 9.)
- (12) Nomura T, Kim JS, Iwata O, Yamada K, Atsugi K, et al. Genetic dissection of nonconventional introns reveals codominant noncanonical splicing code in *Euglena*. *Proc Natl Acad Sci U S A* **122(39)**: e2509937122. doi.org/10.1073/pnas.2509937122 (2025. 9.)
- (13) Grossi CEM, Ulloa RM, Sahin N, Tani A. *Methylobacterium* as a Key Symbiont in Plant-Microbe Interactions: Its Ecological and Agricultural Significance. *Plant Biotech*. **42**: 229-241. doi.org/10.5511/plantbiotechnology.25.0309a (2025. 9.)
- (14) Che J, Huang S, Qu Y, Yoshioka Y, Tomita C, Miyaji T, Liu Z, Shen R, Yamaji N, Ma JF. A node-localized efflux transporter for loading iron to developing tissues in rice. *Nat. Commun*. **16**: 9916. doi.org/10.1038/s41467-025-64863-4 (2025. 11.)

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Dao O, Burlacot A, Buchert F, Bertrand M, Auroy P, Stoffel C, Madireddi SK, Irby J, Hippler M, Peltier G, Li-Beisson Y. Cyclic and pseudo-cyclic electron pathways play antagonistic roles during nitrogen deficiency in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol*. **197**: kiae617. doi.org/10.1093/plphys/kiae617 (2025. 1.)
- (2) Emrich-Mills TZ, Proctor MS, Degen GE, Jackson PJ, Richardson KH, Hawkings FR, Buchert F, Hitchcock A, Hunter CN, Mackinder LCM, Hippler M, Johnson MP. Tethering ferredoxin-NADP⁺ reductase to photosystem I promotes photosynthetic cyclic electron transfer. *Plant Cell* **37**: koaf042. doi.org/10.1093/plcell/koaf042 (2025. 3.)
- (3) 小澤真一郎 光合成研究におけるモデル生物のシトクロム *b₆f* 複合体変異株. *低温科学* **83**: 143-155. doi.org/10.14943/lowtemsci.83.143 (2025. 3.)
- (4) Hoepfner LM, Nievergelt AP, Matrino F, Scholz M, Foster HE, Rodenfels J, von Appen A, Hippler M, Pigino G. Unwrapping the Ciliary Coat: High-Resolution Structure and Function of the Ciliary Glycocalyx. *Adv Sci (Weinh)*: e2413355. doi.org/10.1002/advs.202413355 (2025. 4.)
- (5) Milrad Y, Wegemann D, Kuhlert S, Scholz M, Younas M, Vidal-Meireles A, Hippler M. Insights into plastocyanin-cytochrome *b₆f* complex formation: The role of plastocyanin phosphorylation. *Plant Physiol*. **198**: kiaf269. doi.org/10.1093/plphys/kiaf269 (2025. 8.)
- (6) Ruaud S, Notzold SI, Waller M, Galbier F, Mousavi SS, Charran M, Mateos JM, Zeeman S, Bailly A, Baroux C, Hippler M, Wicke S, Szovenyi P. Molecular underpinnings of hornwort CO₂ concentrating mechanisms: subcellular localization of putative key molecular components in the model hornwort *Anthoceros agrestis*. *New Phytol*. **247**: 1244-1262. doi.org/10.1111/nph.70167 (2025. 8.)

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) Okegawa Y. Redox regulation of photosynthesis by the thioredoxin system in Arabidopsis. Plant Biology Colloquia, University of Münster, Münster, Germany, Feb. 25, 2025.
- (2) Sakamoto W. Thylakoid membrane homeostasis and the evolution of a key membrane remodeling molecule VIPP1 against harsh environments. International meeting of the SfPhi and GdR IBCO2: The many facets of photosynthesis, Paris, France, May. 26-28, 2025.
- (3) Tanigawa K, Okegawa Y, Shikanai T, Yamori W. Moderate overexpression of PROTON GRADIENT REGULATION 5 improves photosynthetic performance and plant growth under fluctuating light in *Arabidopsis thaliana*. Plant Biology 2025, Milwaukee, Wisconsin, The United States of America, Jul. 26-30, 2025.
- (4) Okegawa Y. Redox regulation of photosynthesis by the thioredoxin system in Arabidopsis thaliana. TRR175 International “Chloroplast: From Molecular to Complex Systems”, Seeon-Seebruck, Germany, Aug. 25-29, 2025.
- (5) Sakamoto W. Key Factors in Thylakoid Membrane Organization and Homeostasis in Chloroplasts. Special Seminar, College of Biological Sciences, Northeast Forestry University, Harbin, China, Nov. 10, 2025.
- (6) Sakamoto W. How plastids are inherited in angiosperms? Special Seminar, College of Biological Sciences, Shanghai Normal University, Shanghai, China, Nov. 13, 2025.
- (7) Sakamoto W. Involvement of chloroplast HSP70 in controlling thylakoid membrane dynamics through VIPP1. 2025 International Symposium on Plant Organelles Frontiers and Future Agriculture. Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China, Nov. 15, 2025.
- (8) Sakamoto W. Thylakostasis and membrane remodeling proteins in chloroplasts. Japan-US binational photosynthesis workshop 2025 ~From Molecules to Physiology~, Matsue, Japan, Nov. 16-19, 2025.
- (9) Okegawa Y, Sakamoto W. Thioredoxin system coordinates with PSI cyclic electron transport to protect PSI under fluctuating light. Japan-US Binational Photosynthesis Workshop 2025 ~From Molecules to Physiology~, Matsue, Japan, Nov. 16-19, 2025.
- (10) Sakamoto W. Chloroplast Biology: General View on Thylakoid Membrane Organization and Homeostasis. AS-BCST SEMINAR, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, Dec 15, 2025.
- (11) Sakamoto W. THYLAKOID MEMBRANES: BIOGENESIS, ORGANIZATION AND HOMEOSTASIS. Special Seminar, National Cheng Kung University, Tainan, Taiwan, Dec 16, 2025.

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

- (1) Hirayama T. Life-course Hormone Profile Analysis of Field Barley. Japan-China Bilateral Symposium on Plant Growth Regulation, Yunnan, China, Jul. 13, 2025.
- (2) Nakamura K, Hisano H, Ito J, Tsuji H, Ito T, Ikeda Y. Histone modifications underlying awn development in barley. 2025 Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology ‘Plant Epigenetics and Epigenome Engineering’, Fort Collins, The United States of America, Oct. 13-16, 2025.
- (3) Ikeda Y. Epigenetic control of awn development in Barley. IRN France-Japan Frontiers in Plant Biology Symposium 2025, Strasbourg, France, Nov. 19-21, 2025.

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) Yamaji N. Xylem to xylem inter-vascular transfer in node, Xylem to phloem in filtration in leaf, and phloem mobile long-distance signaling to root for silicon accumulation in rice. Plant Vascular Biology 2025, Osaka, Japan, Jul. 7-11, 2025.
- (2) Ma JF. An Efficient Transport System for Mineral Nutrients in Rice. 20th International Plant Nutrition Colloquium, Porto, Portugal, Jun. 22-25, 2025.
- (3) Fujii T. Role of root endodermal Casparian strip in mineral element uptake in rice. 20th International Plant Nutrition Colloquium, Porto, Portugal, Jun. 22-25, 2025.
- (4) Yamaji N. Shoot-Silicon-Signal protein regulating silicon uptake in rice. 20th International Plant Nutrition Colloquium, Porto, Portugal, Jun. 22-25, 2025.
- (5) Konishi N, Ma JF. Identification of critical residues required for polar localization of rice manganese transporter,

-
- OsNramp5. 20th International Workshop on Plant Membrane Biology, Elsinore/Copenhagen, Denmark, Aug. 18-22, 2025.
- (6) Yamaji N. Strategy of rice to utilize silicon in soil. International Conference on Cross-border Soil Remediation and Fertile Soil Cultivation Successfully Held, Nanjing, China, Aug. 21-23, 2025.
 - (7) Ma JF. Silicon transport, accumulation and regulation in rice. 9th International Conference on Silicon in Agriculture, Belgrade, Serbia, Sep. 15-19, 2025.
 - (8) Mitani-Ueno N. A transporter required for cell-specific deposition of silicon in rice. 9th International Conference on Silicon in Agriculture, Belgrade, Serbia, Sep. 15-19, 2025.
 - (9) Yamaji N. Shoot-Silicon-Signal, a phloem mobile protein to optimize silicon accumulation in rice. 9th International Conference on Silicon in Agriculture, Belgrade, Serbia, Sep. 15-19, 2025.
 - (10) Huang S. Transporters involved in xylem loading, local distribution and deposition of silicon in rice. 9th International Conference on Silicon in Agriculture, Belgrade, Serbia, Sep. 15-19, 2025.

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) Hyodo K, Kondo H, Suzuki N. Co-option of host V-ATPase and autophagy pathways for the replication of a plant RNA virus. The 5th Korea-Japan Joint Symposium on Plant Pathology, Takamatsu, Japan, Mar. 25-26, 2025.
- (2) Kondo H, Hyodo K, Suzuki N. Evidence for the replication of a bipartite plant rhabdovirus in its arthropod mite vector. The 5th Korea-Japan Joint Symposium on Plant Pathology, Takamatsu, Japan, Mar. 25-26, 2025.
- (3) Zhang Z. Fungal invasion-induced accumulation of salicylic acid promotes anthocyanin biosynthesis through MdNPR1-MdTGA2.2 module in apple fruits. 16th PSJ Plant Virus Disease Workshop, The Interface between plant and fungal viruses III, Kurashiki, Japan, Mar. 29-30, 2025.
- (4) Ibiang S. The endophytic fungus *Penicillium pinophilum* in a tripartite interaction confers protection to host plants against cucumber mosaic virus. 16th PSJ Plant Virus Disease Workshop, The Interface between plant and fungal viruses III, Kurashiki, Japan, Mar. 29-30, 2025.
- (5) Fadli M. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. 16th PSJ Plant Virus Disease Workshop, The Interface between plant and fungal viruses III, Kurashiki, Japan, Mar. 29-30, 2025.
- (6) Castón J. R, Novoa G, Suzuki N. Cryo-EM structure of yadonushi / yadokari viruses in *Rosellinia necatrix* and *Aspergillus foetidus*. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (7) Kondo H, Nanaji M, Fujita M, Sugahara H, Suzuki N, Fujimori F. Mycoviruses in *Aspergillus luchuensis* isolated from fermentation environments in Japan. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (8) Shahi S, Hisano S, Sa'diyah W, Takaki Y, Kondo H, Suzuki N. Thorough characterization of a new curvulavirid from Japanese strains of *Cryphonectria nitschkei*. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (9) Sato Y, Suzuki N. Virus-mediated transposon regulation in the chestnut blight fungus. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (10) Fadli M, Hisano S, Novoa G, Castón J. R, Kondo H, Suzuki N. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (11) Honda S, Yokoyama A, Suzuki N. RNA editing of genomic neighbors controls antiviral response in fungi. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (12) Zhang Z, Honda S, Suzuki N. Transcription factor ZAO1 plays a key role in antiviral symptom mitigation in *Cryphonectria parasitica*. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (13) Benito-Delgado A, Pastor-Durántez E, del Campo-Calvo R, Suzuki N, Diez JJ. Effects of several mycoviruses on gene expression in different isolates of *Cryphonectria parasitica*. The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (14) Cornejo C, Shamsi W, Heinzlmann R, Ulrich S, Kondo H. Unveiling the RNA virome: do mycoviruses shape the feeding behavior of root rot fungi *Armillaria*? The 6th International Mycovirus Symposium, Helsinki, Finland, Jun. 11-13, 2025.
- (15) Kondo H, Andika I. B, Sun L, Suzuki N. Viruses spread without borders: Cross-kingdom infections in agroecosystems. Symposium: Plant viruses and viroids on the move: Old routes, new insights. The 71st Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Hamamatsu, Japan, Oct. 19, 2025.

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

- (1) Ho NT, Shinya T, Galis I. Assessment of diversity in volatiles of World Rice Core Collection as basis for the understanding of crop indirect defense. 40th annual International Society of Chemical Ecology (ISCE) meeting, Christchurch, New Zealand, Aug. 18-22, 2025.

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

- (1) Kawano Y. An NLR paralog Pit2 generated from tandem duplication of Pit1 fine-tunes Pit1 localization and function. 2025 Korea-MPMI International Symposium, Seoul, Korea, Feb. 24, 2025.
- (2) Alfino S. Identification and Characterization of the Effector for the Paired NLR Pit1 and Pit2. 2025 Korea-MPMI International Symposium, Seoul, Korea, Feb. 24, 2025.
- (3) Kawano Y. An NLR paralog Pit2 generated from tandem duplication of Pit1 fine-tunes Pit1 localization and function. The 5th Korea-Japan Joint Symposium on Plant Pathology, Kagawa, Japan, Mar. 25, 2025.
- (4) Fukuhara R. Functional evaluation of plant-derived extracellular vesicles. The 5th Korea-Japan Joint Symposium on Plant Pathology, Kagawa, Japan, Mar. 25, 2025.
- (5) Kawano Y. An NLR paralog Pit2 generated from tandem duplication of Pit1 fine-tunes Pit1 localization and function 2025 International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions, Cologne, Germany, Jun. 15, 2025.
- (6) Kawano Y. An NLR paralog Pit2 generated from tandem duplication of Pit1 fine-tunes Pit1 localization and function 22nd International Symposium on Rice Functional Genomics, Chengdu, China, Aug. 24, 2025.

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

- (1) Tani A. *Methylobacterium* on the move: Methylo taxis and motility. Phyllosphere 12, Okinawa, Japan, Jun. 5-9, 2025.
- (2) Latif MA, Watanabe S, Miyake K, Tani A. Exploring replication mechanisms and structural adaptations in *Methylobacterium* genomes. Phyllosphere 12, Okinawa, Japan, Jun. 5-9, 2025.

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. Targeted genetic modification of grain traits in barley. The International Workshop on Crop Translational Genomics, IPK, Gatersleben, Germany, Apr. 28-30, 2025.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) Zhang Q, Furuta F, Kashihara K, Ogawa D, Yonemaru J, Yu E, Ma JF, Yamamoto T. Genome-wide association and candidate gene analysis of elemental accumulation under different soil pH conditions by using a rice mapping population. 2025 International Symposium on Rice Functional Genomics, Chengdu, China, Aug. 23-26, 2025.

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

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

- (1) Mahamud MA, Pichaikarn R, Tani A. Interactions within barley rhizosphere-associated bacteria. Phyllosphere 12, Okinawa, Japan, Jun. 5-9, 2025.

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

- (1) Tani A. *Methylobacterium* on the move: Methylo taxis and motility. Phyllosphere 12, Okinawa, Japan, Jun. 5-9, 2025.
- (2) Latif MA, Watanabe S, Miyake K, Tani A. Exploring replication mechanisms and structural adaptations in

-
- Methylobacterium* genomes. Phyllosphere 12, Okinawa, Japan, Jun. 5-9, 2025.
- (3) Yamaji N. Shoot-Silicon-Signal protein regulating silicon uptake in rice. 20th International Plant Nutrition Colloquium, Porto, Portugal, Jun. 22-25, 2025.
 - (4) Yamaji N. Xylem to xylem inter-vascular transfer in node, Xylem to phloem in filtration in leaf, and phloem mobile long-distance signaling to root for silicon accumulation in rice. Plant Vascular Biology 2025, Osaka, Japan, Jul. 7-11, 2025.
 - (5) Yamaji N. Strategy of rice to utilize silicon in soil. International Conference on Cross-border Soil Remediation and Fertile Soil Cultivation Successfully Held, Nanjing, China, Aug. 21-23, 2025.
 - (6) Zhang Q, Furuta F, Kashiwara K, Ogawa D, Yonemaru J, Yu E, Ma JF, Yamamoto T. Genome-wide association and candidate gene analysis of elemental accumulation under different soil pH conditions by using a rice mapping population. 2025 International Symposium on Rice Functional Genomics, Chengdu, China, Aug. 23-26, 2025.
 - (7) Yamaji N. Shoot-Silicon-Signal, a phloem mobile protein to optimize silicon accumulation in rice. 9th International Conference on Silicon in Agriculture, Belgrade, Serbia, Sep. 15-19, 2025.
 - (8) Nakamura K, Hisano H, Ito J, Tsuji H, Ito T, Ikeda Y. Histone modifications underlying awn development in barley. 2025 Keystone Symposia on Molecular and Cellular Biology 'Plant Epigenetics and Epigenome Engineering', Fort Collins, The United States of America, Oct. 13-16, 2025.
 - (9) Ikeda Y. Epigenetic control of awn development in Barley. IRN France-Japan Frontiers in Plant Biology Symposium 2025, Strasbourg, France, Nov. 19-21, 2025.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Ozawa SI. The molecular machinery of photosynthesis – electron transfer regulation mechanics of the cytochrome *b₆f* complex. 40th IPSR International Symposium and 16th Symposium on Plant Stress Sciences, Kurashiki, Japan, Mar. 3-4, 2025.
- (2) Ozawa SI, Jünemann O, Hippler M. Functional Characterization of PETC K111 Carboxylation in CO₂-Dependent Electron Transfer Modulation. The 21st International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Münster University, Münster, Germany, Aug. 24-29, 2025.
- (3) Jünemann O, Scholz M, Ozawa SI, Grossman A, Hippler M. Exploring CO₂-Dependent Carboxylation in Photosynthetic Protein Complexes of *Chlamydomonas reinhardtii*. The 21st International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas, Münster University, Münster, Germany, Aug. 24-29, 2025.

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) Li D, Ozawa SI, Hippler M, Sakamoto W. Chloroplastic HSP70 affects dynamic behavior of VIPP1 by interacting with VIPP1 C-terminal tail. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (2) Gachie SW, Muhire A, Kawamoto A, Takeda-Kamiya N, Goto Y, Sato M, Toyooka K, Yoshimura R, Takami T, Zhang L, Kurisu G, Terachi T, Wataru Sakamoto W. Characterization of VIPP1 protein C-terminally tagged by GFP and overexpressed in tobacco chloroplasts. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (3) 桶川友季, 山本 宏, 鹿内利治, 坂本 亘 光化学系I電子供与体および電子受容体側の制御が光化学系I光阻害に与える影響. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (4) 高見常明, 坂本 亘 植物の進化過程におけるDPD1ヌクレアーゼの変遷について. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (5) 松島 良, 金 俊植, 石井孝佳, 山下 純 ササゲ属における澱粉粒サイズの多様性についての解析. 日本育種学会第147回講演会, 仙台, 3月20-21日, 2025.
- (6) Gachie SW, Muhire A, Li D, Kawamoto A, Takeda-Kamiya N, Goto Y, Sato M, Toyooka K, Yoshimura R, Takami T, Zhang L, Kurisu G, Terachi T, Wataru Sakamoto W. Oligomerization and bundling of AtVIPP1-GFP in tobacco chloroplasts. 第15回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 埼玉, 6月7-8日, 2025.
- (7) 桶川友季 PTOXとFlvタンパク質はx型チオレドキシシン欠損変異株の光阻害を緩和する. 第15回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 埼玉, 6月7-8日, 2025.
- (8) 黒星夏華, 桶川友季, 小澤真一郎, 坂本 亘, 西山佳孝, 神保晴彦 PSII光阻害におけるPG代謝回転の役割. 第15回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 埼玉, 6月7-8日, 2025.
- (9) 藤田直子, クロフツ尚子, 三浦聡子, 追留那緒子, 保坂優子, 松島 良, 山本敏央 栽培地が異なる米の澱粉の構造, 物性および食味の関係. 第74回日本応用糖質科学会, 岡山, 9月3-5日, 2025.
- (10) 山谷浩史, 小澤真一郎, 高見常明, 坂本 亘, 草場 信 イネLHCI四重欠損変異体の分子遺伝学的解析. 日本育種学会第148回講演会, 札幌, 9月10-11日, 2025.
- (11) 坂本 亘 チラコイド膜リモデリング分子のダイナミクス. 日本植物学会第89回大会, 福岡, 9月18-20日, 2025.
- (12) 松島 良 多様性に注目した澱粉粒の形態形成機構の解析. 遺伝学研究所研究集会, 三島, 12月19-20日, 2025.

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

- (1) 松浦恭和 ホルモン一斉分析はこうする! 「はじめてさん」向けミニ講座 ~岡山大学における植物ホルモン解析について. 第3回植物ホルモンワークショップ. 金沢, 3月13日, 2025.
- (2) 海田晴子, 間宮章仁, Kim June-Sik, 杉山宗隆, 持田恵一, 平山隆志 RNAヘリケースAGS2の解析により示されたミトコンドリアmRNA転写後調節の生理的意義. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (3) 井藤 純, 野村有子, 高萩航太, 金 俊植, 鹿島 誠, 久野 裕, 佐藤奈緒, 安川新平, 半田裕一, 最相大輔, 持田恵一, 平山隆志, 辻 寛之 ムギ類のフロリゲンは花成と茎伸長を促進する. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (4) Nishimura N, Tsuchiya W, Yano R, Suzuki N, Hirayama T, Yamazaki T. DOG1依存のABA情報伝達機構の解析. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (5) Tania SS, Mori IC. Key amino acid residues governing CO₂ permeability in Arabidopsis PIP2 aquaporins. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (6) 佐々木孝行, 高瀬緋奈乃, 梅澤泰史, 森 泉 AtALMT12のリン酸化はリンゴ酸輸送機能を活性化する. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (7) 加藤諒祐, 高橋直紀, 森 泉, 小林麻美, 深尾陽一郎 シロイヌナズナの根における亜鉛欠乏時の細胞周期進行抑制に関与するDEFLペプチドの役割. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (8) Paul NC, Imran S, Mori IC, Katsuhara M. Identification and characterization of ion channel aquaporins on tomato SIPIP2s. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (9) 森 崇志, 野元美佳, 岡田絵美, 上原 習, 岡本至花, 毛利一葉, 松浦恭和, 森 毅, 板谷知健, 長江拓也, 齊藤 雄, 藤原すみれ, 筒井大貴, 高木 紘, 小川淳也, 東山哲也, 光田展隆, 吉田博文, 森 泉, 山本義治, 多田安臣 多様な環境ストレスに対する植物のレジリエンスを制御する分子機構の解明. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.

-
- (10) 中村光希, 久野 裕, 池田陽子 胚発生から栄養成長への運命決定を司るクロマチン制御因子の種間比較解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
 - (11) 久能理子, Olivier Mathieu, 池田陽子 ゼニゴケ *Mpmet* 変異体における DNA メチル化とヒストン修飾状態の解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
 - (12) 平田峻也, 小園大成, 河合顕真, 池田陽子, 小林括平, 西村泰介, 賀屋秀隆 シロイヌナズナにおける DNA メチル化編集技術開発の試み. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
 - (13) 槻木竜二, 池田陽子, 森 仁志, 青柳優太, 平川英樹 シロイヌナズナ *VAH* 遺伝子は幹細胞らしさの抑制に関わる. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
 - (14) 檜迫拓海, 平田峻也, 池田陽子, 西村泰介, 小林括平, 賀屋秀隆 CRISPR/Cas9 システムを用いたシロイヌナズナ *FLC* 遺伝子のエピゲノム編集の試み. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5月17-18日, 2025.
 - (15) 三木葵葉, 池田陽子, 秋山樹菜, 島谷真奈, 石川 歩, 小林括平, 西浜竜一, 賀屋秀隆 シロイヌナズナ, ゼニゴケ, イネの形質転換において薬剤耐性マーカーとしての *SmR* 遺伝子利用の検討. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5月17-18日, 2025.
 - (16) 鈴木克周, 力石和英, 池田陽子 ムギ類植物から単離した内生菌アグロバクテリア菌株が生産する植物ホルモンの分析. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5月17-18日, 2025.
 - (17) 池田陽子 植物の進化とエピジェネティクス. 研究集会「京大植物東奔西走」, 京都, 7月5-6日, 2025.
 - (18) Mamiya A, Fukaki H, Toyoda A, Hirayama T, Sugiyama M. Long-read sequencing reveals poly(A)-dependent regulation of C-to-U editing of *ccb3/ccmC* mRNA in plant mitochondria. 第 26 回日本 RNA 学会年会シンポジウム, 7月10日, 2025.
 - (19) 平田峻也, 池田陽子, 小林括平, 西村泰介, 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汎用性向上に向けた取り組み. 第 42 回日本植物バイオテクノロジー学会大会, 神戸, 9月5-7日, 2025.
 - (20) 赤木剛士, 最相大輔, 吉田英樹, 高橋秀和, 池田陽子, 松田 幹, 田宮 元, 小林麻子, 松岡 信 完全ゲノムがもたらす遺伝学のパラダイムシフト: 遺伝子領域と非遺伝子領域における突然変異バイアス. 日本育種学会第 148 回講演会, 北海道, 9月10-11日, 2025.
 - (21) 池田陽子 ゼニゴケのライフサイクルとエピゲノム制御. 日本遺伝学会第 97 回大会シンポジウム「植物エピジェネティクス: 分子から自然集団」, 神戸, 9月10-12日, 2025.
 - (22) Rahmadani PA, 池田陽子, 松浦恭和, Buzas DM, 伊藤秀臣 Physiological and Molecular Responses to Drought in Four Japanese Capsicum annuum Varieties. 日本遺伝学会第 97 回大会, 神戸, 9月10-12日, 2025.
 - (23) 中村光希, 久野 裕, 池田陽子 オオムギ *EMF1* によるヒストン修飾制御. 日本植物学会第 89 回大会, 福岡, 9月18-20日, 2025.
 - (24) 池田陽子 ヒストン修飾を介したオオムギ芒形成制御. 第 98 回日本生化学会大会シンポジウム「微生物と植物に学ぶエピゲノム制御」, 11月3-5日, 京都, 2025.

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

- (1) 杉本 学, 前川雅彦, 三田 肇, 横堀伸一 アントシアニンが太陽光曝露イネ種子の生存に及ぼす影響. 日本宇宙生物科学会第 39 回大会, 東京, 9月12-14日, 2025.
- (2) 杉本 学, 村上允唯, 大林真帆 植物発酵エキスによるマイクロプラスチック体外排除の可能性. 日本農芸化学会 2025 年度関西・中四国・西日本支部合同大会, 岡山, 9月18-19日, 2025.

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 イネのホウ素吸収における *OsLsi1* の極性局在の意義. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (2) Hengliang Huang, Naoki Yamaji, Sheng Huang, Jian Feng Ma. Identification of a transporter for cobalt ion uptake in rice. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (3) 藤井理樹, 山地直樹, 馬 建鋒 イネのマンガンを吸収に対する根の外皮のスベリン蓄積の影響. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (4) 山地直樹, 三谷奈見季, 小西範幸, 新屋友規, 馬 建鋒 イネ篩管液中に検出される高濃度ケイ素に関する考察. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (5) 馬 建鋒 植物のミネラル輸送体研究—分子構造の解明から育種まで. 第 19 回トランスポーター研究会, 岡山, 5月31日~6月1日, 2025.
- (6) 黄 勝, 山地直樹, 小西範幸, 三谷奈見季, 馬 建鋒 Transporters involved in xylem loading and local distribution of

-
- silicon in rice. 第 19 回トランスポーター研究会, 岡山, 5 月 31 日-6 月 1 日, 2025.
- (7) 葛 俊, 馬 建鋒 Elevated expression of *SaMTP8.1* is involved in internal manganese detoxification in the hyperaccumulating ecotype of *Sedum alfredii*. 第 19 回トランスポーター研究会, 岡山, 5 月 31 日-6 月 1 日, 2025.
 - (8) Hengliang Huang, Naoki Yamaji, Sheng Huang, Jian Feng Ma. Identification of a transporter for cobalt ion uptake in rice. 第 19 回トランスポーター研究会, 岡山, 5 月 31 日-6 月 1 日, 2025.
 - (9) 山地直樹, 新屋友規 節管輸送の実態解明に向けた DIY インセクトレーザー法の開発. 第 19 回トランスポーター研究会, 岡山, 5 月 31 日-6 月 1 日, 2025.
 - (10) 小西範幸, 馬 建鋒 アルミニウムによるイネ ART1 の活性化におけるリン酸化と ROS シグナルの関与. 日本土壌肥料学会 2025 年度新潟大会, 新潟, 9 月 17-20 日, 2025.

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

- (1) Imran S, Ono S, Horie T, Katsuhara M. Functional Analysis of Rice OsHKT1;1-V2 Variant. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (2) Paul NC, Imran S, Mori IC, Katsuhara M. Identification and Characterization of Ion Channel Aquaporins of Tomato SIPIP2s. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (3) 宇都木繁子, 且原真木 オオムギ種子の水輸送を調節する液胞膜型アクアポリン (HvTIPs) の構造と機能の関係. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (4) 高縁拓実, 竹上千尋, 石崎公庸, Shahin Imran, 且原真木, 河内孝之, 小林奈通子, 田野井慶太郎, 堀江智明 ゼニゴケの Na⁺ 透過性チャネルをコードする *MpHKT1* 遺伝子のスプライシングバリエーションの発見とその機能解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (5) 山崎ひかり, 且原真木, 小林奈通子, 田野井慶太郎, 堀江智明 イネ (*Oriza sativa*) の必須耐塩性因子 OsHKT1;5 への変異導入による Na⁺ 輸送活性変化の試み. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (6) 佐々木孝行, 高瀬緋奈乃, 梅澤泰史, 森 泉 Phosphorylation of AtALMT12 activate malate transport function. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (7) 中嶋智子, 丸山隼人, 佐々木孝行 コムギのリンゴ酸輸送体 TaALMT1 と相互作用するタンパク質因子の探索. 日本土壌肥料学会 2025 年度新潟大会, 新潟, 9 月 17-19 日, 2025.
- (8) 我妻忠雄, 且原真木, 土屋善幸, 田原 恒, Nguyen Sy Toan, 程 為国, 和崎 淳, 山村卓也, 青山正和, 山田美奈, 俵谷圭太郎 根分泌 H₂O₂ の高 Na⁺ アルカリ性根圏改善, 鉄と H₂O₂ による汚染有機物消去・土壌有機態リン可給化・脱窒抑制に関する研究の総括. 日本土壌肥料学会 2025 年度新潟大会, 新潟, 9 月 17-19 日, 2025.
- (9) 且原真木 アクアポリン研究によって明らかにされる水輸送の分子機構と今後の展望. 植物と水の研究会 (日本植物学会第 89 回大会関連集会), 福岡, 9 月 18-20 日, 2025.
- (10) 且原真木 水輸送と水ストレス応答の生理・細胞・分子生物学. 鳥取大学乾燥地研究センター令和 7 年度共同研究発表会特別講演, 鳥取, 12 月 6 日, 2025.

植物レジリエンス研究グループ (*Group of Plant Resilience Research*)

- (1) Niwa T, Goto A, Waku M, Kamiya T, Oishi S, Mizuta Y, Tsutsui H, Miwa K, Nagano A, Higashiyama T, Kiba T, Sakakibara H, Tabata R. Functional analysis of the cysteine-rich peptide involved in the environmental stress response. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (2) Monden K, Suzuki T, Kojima M, Takebayashi Y, Kiba T, Sakakibara H, Nakagawa T, Hachiya T. Cytokinin receptor AHK3 controls the long-distance transport of cytokinin. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (3) Bellegarde F, Kiba T, Sakakibara H. The cytokinin biosynthesis gene, IPT3, plays a key role in plant growth acclimation to a fluctuating nitrate environment. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢, 3 月 16 日, 2025.
- (4) 木羽隆敏 植物ホルモン・サイトカイニンの移動を制御する ABC 輸送体. 第 19 回トランスポーター研究会年会, 岡山, 5 月 31 日, 2025.
- (5) 木羽隆敏, 高橋 花, 定 雪乃 硝酸応答機構および窒素欠乏応答機構における LBD と NIGT1 転写因子群の役割. 日本土壌肥料学会 2025 年度新潟大会, 新潟, 9 月 17 日, 2025.

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) 丹羽健成, 山内健太郎, 上田 茜, 佐藤育男, 竹本大吾, 鈴木信弘, 千葉壮太郎 クライソウイルス HvV145S 5'-UTR に存在するリボザイム及び IRES の性状解析. 令和7年度日本植物病理学会大会, 高松, 3月26-28日, 2025.
- (2) 近藤秀樹, 兵頭 究, 鈴木信弘 分節型植物ラウドウイルスは媒介者である節足動物のダニ体内で増殖する. 令和7年度日本植物病理学会大会, 高松, 3月26-28日, 2025.
- (3) 吉田直人, 二井本ちさと, 近藤秀樹 コムギQウイルスの病原性とコムギ縞萎縮病との関連性. 令和7年度日本植物病理学会大会, 高松, 3月26-28日, 2025.
- (4) Fadli M, Hisano S, Novoa G, Castón J.R, Kondo H, Suzuki N. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. The 39th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Kouchi, August 30-31, 2025.
- (5) 鎌田龍星, Paul Telengech, 下田 宙, 伊澤晴彦, 近藤秀樹, 前田 健, 鈴木信弘 山口捕集蚊から分離され植物ウイルスに近縁なヒメヤマウイルスの蛋白解析ならびに植物細胞を用いた解析. 第39回中四国ウイルス研究会, 高知, 8月30-31日, 2025.
- (6) 丹羽健成, 山内健太郎, 上田 茜, 佐藤育男, 竹本大吾, 鈴木信弘, 千葉壮太郎 クライソウイルス HvV145S 5'-UTR に存在するリボザイム及び IRES の性状解析. 令和7年度日本植物病理学会関西支部会, 京都, 9月18-19日, 2025.
- (7) Ibiang R.S, Galis I, Kondo H, Suzuki N. *Penicillium pinophilum* in a tripartite interaction confers protection to hosts against cucumber mosaic virus-yellow strain. The 71st Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Hamamatsu, Japan, Oct. 19, 2025.
- (8) Suzuki N, Fadli M, Hisano S, Novoa G, Castón J. R, Kondo H. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA. The 71st Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Hamamatsu, Japan, Oct. 19, 2025.
- (9) Zhang Z, Honda S, Suzuki N. Transcription factor ZAO1 plays a key role in antiviral symptom mitigation in *Cryphonectria parasitica*. The 71st Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Hamamatsu, Japan, Oct. 19, 2025.
- (10) 鈴木信弘 ネオウイルス学～倉敷でのウイルスとの出会い～. 第60回岡山植物病理セミナー, 倉敷, 12月13日, 2025.

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

- (1) 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2025年度大会, 札幌, 3月4-8日, 2025.
- (2) Galis I, Hojo Y, Wari D, Shinya T. Analysis of whole plant systemic defense responses against herbivores in rice. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (3) Yang X, Hojo Y, Shinya T, Galis I. Morphological and chemical defense variation in two *Oryza* cultivars under brown planthopper infestation. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (4) Ho NT, Shinya T, Galis I. A pilot study to evaluate the use of World Rice Core Collection in study of plant-insect interactions. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (5) Mttaqin Mafrikhu, 安原 樹, 奥見元晴, 新屋友規, Galis Ivan, 吉田聡子 侵略的外来動物スクミリンゴガイに対するイネの応答と耐性イネの探索. 令和7年度日本植物病理学会大会, 高松, 3月26-28日, 2025.
- (6) 上村卓矢, 岡村滉大, 橋本采佳, Galis Ivan, 坂本智昭, 木村成介, 有村源一郎 *Rorippa aquatica* の水陸環境変動における防御応答スイッチ機構. 植物化学調節学会第60回大会, 宇都宮, 11月1-3日, 2025.
- (7) 橋本采佳, 上村卓矢, 岡村滉大, 根本竜之介, Galis Ivan, 木村成介, 坂本智昭, 有村源一郎 水陸両生植物 *Rorippa aquatica* の水陸環境における防御応答スイッチ機構. 生命のゆらぎ研究部門公開シンポジウム, 東京, 11月7日, 2025.

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

- (1) Alfino Sebastian. Identification and Characterization of the Effector for the Paired NLR Pit1 and Pit2. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (2) Wanqing Wang. Transcriptional landscape of PRRs-RLCKs-TFs involved in rice immunity. 第66回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3月14-16日, 2025.
- (3) 深田史美 植物の免疫シグナル因子を利用した病原菌の感染戦略. 日本植物学会第89回大会, 福岡, 9月18-20日, 2025.

-
- (4) 深田史美, Ting Guo, 古田智敬, 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 いもち病菌は宿主由来の免疫ペプチドを感染開始シグナルとして利用する. 第 24 回糸状菌分子生物学コンファレンス, 名古屋, 11 月 17-18 日, 2025.
 - (5) 福原遼一郎, 小西直美, 西村秀希, 河野洋治, 深田史美 植物由来の細胞外小胞が感染戦略の異なる病原糸状菌にもたらす作用の解析. 第 24 回糸状菌分子生物学コンファレンス, 名古屋, 11 月 17-18 日, 2025.

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

- (1) Latif MA, Watanabe S, Miyake K, Tani A. Investigation of Unique Genome Structure of *Methylobacterium* and XerD-Mediated Genetic Element. 日本農芸化学会中四国支部・西日本支部・関西支部合同大会, 岡山, 9 月 18-19 日, 2025.
- (2) Mniialoh RI, Watanabe S, Nanami S, Tani A. Has lanthanide gradient in plants contributed to the evolutionary change in the metal requirement of bacterial methanol dehydrogenase? 日本農芸化学会中四国支部・西日本支部・関西支部合同大会, 岡山, 9 月 18-19 日, 2025.
- (3) Uemura N, Ueki S, Nakane D. Phototaxis and light-driven accumulation in wild isolates of *Heterosigma akashiwo*. 第 63 回日本生物物理学会, 奈良, 9 月 24-26 日, 2025

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) 岩瀬 哲, 永田典子, 藤井 祥, 竹林有理佳, 久野 裕, 八丈野 孝, 小林康一, 杉本慶子 カルス形成に伴う色素体の変化と制御機構. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (2) 中村光希, 久野 裕, 池田陽子 胚発生から栄養成長への運命決定を司るクロマチン制御因子の種間比較解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (3) 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 オオムギ茎頂の single-nucleus RNA-seq のための核単離および 1 細胞解像度 3D イメージングの実験系開発. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (4) 井藤 純, 野村有子, 高萩航太郎, 金 俊植, 鹿島 誠, 久野 裕, 佐藤奈緒, 安川新平, 半田裕一, 最相大輔, 持田恵一, 平山隆志, 辻 寛之 ムギ類のフロリゲンは花成と茎伸長を促進する. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (5) 久野 裕, 宗森広美, 濱岡美香, 山地奈美 半数体誘導株の開発に向けたオオムギ CENH3 遺伝子への標的変異導入. 日本育種学会第 147 回講演会, 東北大学, 3 月 20-21 日, 2025.
- (6) 加古凜花, 森田真帆, 山地奈美, 久野 裕, 佐藤和広 オオムギにおけるオレンジレンマ変異の原因遺伝子 CAD の絞り込み. 日本育種学会第 147 回講演会, 東北大学, 3 月 20-21 日, 2025.
- (7) 加星光子, 安倍史高, 蝶野真喜子, 山地奈美, 久野 裕, 佐藤和広 ゲノム編集で作出した TaQsd1 三重変異を持つコムギの 3 年間の野外栽培での種子休眠性評価. 日本育種学会第 147 回講演会, 東北大学, 3 月 20-21 日, 2025.
- (8) 久野 裕, 山地奈美, 濱岡美香, 佐藤和広 *HvMFT1* への標的変異導入によるオオムギの発芽制御. 日本育種学会第 148 回講演会, 札幌, 9 月 10-11 日, 2025.
- (9) 武田良太, 井藤 純, 野村有子, 佐藤奈緒, 廣田敦子, 林 誠, 石東 博, 佐々井洋祐, Kao Ping, 杉本慶子, 最相大輔, 久野 裕, 内野智樹, 那須田周平, 殿崎 薫, 木下 哲, 天海花菜, 鹿島 誠, 辻 寛之 オオムギ茎頂における single-nucleus RNA-seq の実験系開発および 1 細胞解像度 3D イメージング解析. 日本育種学会第 148 回講演会, 札幌, 9 月 10-11 日, 2025.
- (10) 山森晃一, 村田和樹, 角井宏行, 吉川貴徳, 那須田周平 コムギ配偶子致死作用の解明に向けた時系列 single pollen RNA-seq 解析. 日本育種学会第 148 回講演会, 札幌, 9 月 10-11 日, 2025.
- (11) 山森晃一 作物の雄性配偶子形成の攪乱に注目した遺伝育種学研究. 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (12) 小久保裕貴, 山森晃一, 白土寛子, 久野 裕 酸性・アルカリ性条件がオオムギの発芽および初期生育に及ぼす影響. 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (13) 岡田柊一, 岡田吉弘, 最相大輔 温度環境の差異がオオムギの稔実性に与える影響. 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (14) 小久保裕貴, 白土寛子, 山森晃一, 久野 裕 半水耕栽培システムによるオオムギの酸性・アルカリ性ストレス応答の評価. 第 20 回ムギ類研究会, 福井, 12 月 13-14 日, 2025.
- (15) 森田智大, 秋山仁美, 久野 裕, 土佐幸雄, 足助聡一郎 オオムギの抵抗性遺伝子 Rmo2 によって認識されるアワいもち病菌の非病原力遺伝子の探索. 第 20 回ムギ類研究会, 福井, 12 月 13-14 日, 2025.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) 張 乾, 古田智敬, 柏原壱成, 小川大輔, 米丸淳一, 馬 建鋒, 山本敏央 異なる土壌 pH と低肥料条件が稲わらと玄米中の元素蓄積に関わる QTL の検出に及ぼす影響. 日本育種学会第 148 回講演会, 札幌, 9 月 10-11 日, 2025.
- (2) 牟 竑瑞, 古田智敬, 柏原壱成, 岡 大晴, 長岐清孝, Wongla Wongsakorn, 岡本龍史, 貴島祐治, 山本敏央 *Oryza sativa* × *Oryza glaberrima* 雑種におけるホメオログ遺伝子対の発現非対称性と転移因子 (TE) の集積との関連 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (3) Zhang Q, Furuta F, Kashiara K, Ogawa D, Yonemaru J, Ma JF, Yamamoto T. Influence of soil pH and fertilizer level on straw and grain elemental accumulation in rice MAGIC population. 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (4) 岡 大晴, 古田智敬, 柏原壱成, 牟 竑瑞, 貴島祐治, 長岐清孝, 山本敏央 4 倍体種間雑種イネから分離する異数体の NGS 情報を用いた検出. 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (5) 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 (2) ~現状と見込み 岡山大学 R&D Showcase, 岡山, 12 月 2 日, 2025.
- (6) 長岐清孝 Centromeres on the move! ~ E pur si muove of chromosome ~ 遺伝研研究会「染色体構成と核型からみるゲノムの多様性とその理解」, 三島, 9 月 29-30 日, 2025.
- (7) 長岐清孝 巨大セントロメアをもつ植物種の探索 染色体学会第 76 回年会, 大阪, 11 月 29-30 日, 2025.
- (8) 長岐清孝 Centromeres on the shift! ~染色体の“E pur si muove”~ 第 17 回中国地域育種談話会, 倉敷, 11 月 29-30 日, 2025.
- (9) 古田智敬 OrthoPaiR による網羅的オーソロジー解析に基づくゲノム情報の統合. 第 48 回日本分子生物学会年会, 横浜, 12 月 3-5 日, 2025.

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

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

- (1) Mahamud MA, Pichaikarn R, Tani A. Exploring interactions among bacteria associated with the barley rhizosphere using a synthetic community approach. 日本農芸化学会中四国支部・西日本支部・関西支部合同大会, 岡山, 9 月 18-19 日, 2025.

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

- (1) 井藤 純, 野村有子, 高萩航太, 金 俊植, 鹿島 誠, 久野 裕, 佐藤奈緒, 安川新平, 半田裕一, 最相大輔, 持田恵一, 平山隆志, 辻 寛之 ムギ類のフロリゲンは花成と茎伸長を促進する. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (2) 中村光希, 久野 裕, 池田陽子 胚発生から栄養成長への運命決定を司るクロマチン制御因子の種間比較解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (3) 久能理子, Olivier Mathieu, 池田陽子 ゼニゴケ *Mpmet* 変異体における DNA メチル化とヒストン修飾状態の解析. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (4) 平田峻也, 小園大成, 河合顕真, 池田陽子, 小林括平, 西村泰介, 賀屋秀隆 シロイヌナズナにおける DNA メチル化編集技術開発の試み. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (5) 槻木竜二, 池田陽子, 森 仁志, 青柳優太, 平川英樹 シロイヌナズナ *VAH* 遺伝子は幹細胞らしさの抑制に関わる. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (6) 藤井理樹, 山地直樹, 馬 建鋒. イネのマンガン吸収に対する根の外皮のスベリン蓄積の影響. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (7) 山地直樹, 三谷奈見季, 小西範幸, 新屋友規, 馬 建鋒. イネ篩管液中に検出される高濃度ケイ素に関する考察. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (8) 檜迫拓海, 平田峻也, 池田陽子, 西村泰介, 小林括平, 賀屋秀隆 CRISPR/Cas9 システムを用いたシロイヌナズナ *FLC* 遺伝子のエピゲノム編集の試み. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5 月 17-18 日, 2025.
- (9) 三木葵葉, 池田陽子, 秋山樹菜, 島谷真奈, 石川 歩, 小林括平, 西浜竜一, 賀屋秀隆 シロイヌナズナ, ゼニゴケ, イネの形質転換において薬剤耐性マーカーとしての *SmR* 遺伝子利用の検討. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5 月 17-18 日, 2025.
- (10) 鈴木克周, 力石和英, 池田陽子 ムギ類植物から単離した内生菌アグロバクテリア菌株が生産する植物ホルモンの分析. 第 81 回中国四国植物学会大会, 愛媛, 5 月 17-18 日, 2025.

-
- (11) 黄勝, 山地直樹, 小西範幸, 三谷奈見季, 馬建鋒 Transporters involved in xylem loading and local distribution of silicon in rice. 第19回トランスポーター研究会, 岡山, 5月31日-6月1日, 2025.
- (12) Hengliang Huang, Naoki Yamaji, Sheng Huang, Jian Feng Ma. Identification of a transporter for cobalt ion uptake in rice. 第19回トランスポーター研究会, 岡山, 5月31日-6月1日, 2025.
- (13) 山地直樹, 新屋友規 篩管輸送の実態解明に向けたDIYインセクトレーザー法の開発. 第19回トランスポーター研究会, 岡山, 5月31日-6月1日, 2025.
- (14) 池田陽子 植物の進化とエピジェネティクス. 研究集会「京大植物東奔西走」, 京都, 7月5-6日, 2025.
- (15) Mamiya A, Fukaki H, Toyoda A, Hirayama T, Sugiyama M. Long-read sequencing reveals poly(A)-dependent regulation of C-to-U editing of ccb3/ccmC mRNA in plant mitochondria. 第26回日本RNA学会年会シンポジウム, 7月10日, 2025.
- (16) 平田峻也, 池田陽子, 小林括平, 西村泰介, 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汎用性向上に向けた取り組み. 第42回日本植物バイオテクノロジー学会大会, 神戸, 9月5-7日, 2025.
- (17) 赤木剛士, 最相大輔, 吉田英樹, 高橋秀和, 池田陽子, 松田幹, 田宮元, 小林麻子, 松岡信 完全ゲノムがもたらす遺伝学のパラダイムシフト: 遺伝子領域と非遺伝子領域における突然変異バイアス. 日本育種学会第148回講演会, 北海道, 9月10-11日, 2025.
- (18) 武田良太, 井藤純, 野村有子, 佐藤奈緒, 廣田敦子, 林誠, 石東博, 佐々井洋祐, Kao Ping, 杉本慶子, 最相大輔, 久野裕, 内野智樹, 那須田周平, 殿崎薫, 木下哲, 天海花菜, 鹿島誠, 辻寛之 オオムギ茎頂におけるsingle-nucleus RNA-seqの実験系開発および1細胞解像度3Dイメージング解析. 日本育種学会第148回講演会, 札幌, 9月10-11日, 2025.
- (19) 張乾, 古田智敬, 柏原壱成, 小川大輔, 米丸淳一, 馬建鋒, 山本敏央 異なる土壌pHと低肥料条件が稲わらと玄米中の元素蓄積に関わるQTLの検出に及ぼす影響. 日本育種学会第148回講演会, 札幌, 9月10-11日, 2025.
- (20) 池田陽子 ゼニゴケのライフサイクルとエピゲノム制御. 日本遺伝学会第97回大会シンポジウム「植物エピジェネティクス: 分子から自然集団」, 神戸, 9月10-12日, 2025.
- (21) Rahmadani PA, 池田陽子, 松浦恭和, Buzas DM, 伊藤秀臣 Physiological and Molecular Responses to Drought in Four Japanese Capsicum annum Varieties. 日本遺伝学会第97回大会, 神戸, 9月10-12日, 2025.
- (22) Latif MA, Watanabe S, Miyake K, Tani A. Investigation of Unique Genome Structure of *Methylobacterium* and XerD-Mediated Genetic Element. 日本農芸化学会中四国支部・西日本支部・関西支部合同大会, 岡山, 9月18-19日, 2025.
- (23) Mnialoh RI, Watanabe S, Nanami S, Tani A. Has lanthanide gradient in plants contributed to the evolutionary change in the metal requirement of bacterial methanol dehydrogenase? 日本農芸化学会中四国支部・西日本支部・関西支部合同大会, 岡山, 9月18-19日, 2025.
- (24) 中村光希, 久野裕, 池田陽子 オオムギEMF1によるヒストン修飾制御. 日本植物学会第89回大会, 福岡, 9月18-20日, 2025.
- (25) 池田陽子 ヒストン修飾を介したオオムギ芒形成制御. 第98回日本生化学会大会シンポジウム「微生物と植物に学ぶエピゲノム制御」, 11月3-5日, 京都, 2025.
- (26) 深田史美, Ting Guo, 古田智敬, 藤井巳芳子, 小西直美, Falk-Fookon Decker, Pingyu Wang, 西村秀希, 小野奈津子, 河野洋治 いもち病菌は宿主由来の免疫ペプチドを感染開始シグナルとして利用する. 第24回糸状菌分子生物学コンファレンス, 名古屋, 11月17-18日, 2025.
- (27) 岡田柁一, 岡田吉弘, 最相大輔 温度環境の差異がオオムギの稔実性に与える影響. 第17回中国地域育種談話会, 倉敷, 11月29-30日, 2025.
- (28) 牟竑瑞, 古田智敬, 柏原壱成, 岡大晴, 長岐清孝, Wongla Wongsakorn, 岡本龍史, 貴島祐治, 山本敏央 *Oryza sativa* × *Oryza glaberrima* 雑種におけるホメオログ遺伝子対の発現非対称性と転移因子(TE)の集積との関連. 第17回中国地域育種談話会, 倉敷, 11月29-30日, 2025.
- (29) 岡大晴, 古田智敬, 柏原壱成, 牟竑瑞, 貴島祐治, 長岐清孝, 山本敏央 4倍体種間雑種イネから分離する異数体のNGS情報を用いた検出. 第17回中国地域育種談話会, 倉敷, 11月29-30日, 2025.
- (30) 古田智敬 OrthoPaiRによる網羅的オーソロジー解析に基づくゲノム情報の統合. 第48回日本分子生物学会年会, 横浜, 12月3-5日, 2025.
-

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Di Li, Shin-Ichiro Ozawa, Michael Hippler, and Wataru Sakamoto Chloroplastic HSP 70 affects dynamic behavior of VIPP1 by interacting with VIPP1 C-terminal tail. 第 66 回日本植物生理学会年会, 金沢 (ハイブリッド), 3 月 14-16 日, 2025.
- (2) 山谷浩史, 小澤真一郎, 高見常明, 坂本 亘, 草場 信 伊ネ LHCI 四重欠損変異体の分子遺伝学的解析. 日本育種学会第 148 回講演会, 札幌, 9 月 10-11 日, 2025.

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)

40th IPSR International Symposium and 16th Symposium on Plant Stress Sciences

March 3-4, 2025

Kurashiki, Japan

Organizing Committee: Tomoyuki Furuta, Yoji Kawano, Noriyuiki Konishi, Yuki Okegawa, Kazuhide Rikiishi, Takayuki Sasaki, Shoko Ueki (IPSR, Okayama University)

1. Finding new and useful genetic diversity in wheat landraces
Simon Griffiths (John Innes Centre)
2. Exploring valuable genes in genomes using comprehensive orthology graphs
Tomoyuki Furuta (IPSR, Okayama University)
3. The molecular machinery of photosynthesis - electron transfer regulation mechanics of the cytochrome b_6f complex
Shin-Ichiro Ozawa (IPSR, Okayama University)
4. A novel osmosensing mechanism mediated by cytoplasmic crowding-sensitive DCP5
Hongwei Guo (Southern University of Science and Technology)
5. Periodic cytokinin response in leguminous root nodule symbiosis
Takashi Soyano (National Institute for Basic Biology)
6. Host parasitic plant response to the hyperparasite inducing gall development
Kanao Bessho-Uehara (Tohoku University)
7. How plant host cells recognize invasion virus and initiate antiviral defense
Yi Li (Fujian Agriculture and Forestry University)
8. Evo-devo studies on leaf shape diversity
Hirokazu Tsukaya (The University of Tokyo)
9. Stem development and evolution: how nodes and internodes are formed?
Katsutoshi Tsuda (National Institute of Genetics)
10. Light regulation of stomatal opening and plasma membrane H^+ -ATPase
Yuki Hayashi (Nagoya University)
11. Molecular mechanism of plant growth optimization through cytokinin biosynthesis and translocation
Hitoshi Sakakibara (Nagoya University)

第3回植物ホルモン分析ワークショップ

日程：2025年3月13日

場所：金沢市

オーガナイザー：朝比奈雅志（帝京大）・森泉（岡山大）

1. はじめに
朝比奈雅志（帝京大・バイオサイエンス学科）
2. 植物ホルモン分析を検討されている方へ：帝京大学・先端機器分析センターの紹介
湯本絵美（帝京大・先端機器分析センター）
3. 理研 CSRS での植物ホルモン分析プラットフォームの紹介
小嶋美紀子¹，竹林裕美子¹，榎原均²（¹理研・CSRS，²名古屋大・生命農学院）
4. nano-LC/MS と LMD を用いたトウモロコシ幼葉鞘の微量サンプルから IAA 定量分析
鈴木洋弥^{1,2}，竹林裕美子²，瀬尾光範^{2,3}（¹東京工科大学・応用生物学部，²理研・環境資源科学研究センター，³琉球大熱帯生物圏研究センター）
5. ホルモン一斉分析はこうする！「はじめてさん」向けミニ講座岡山大学における植物ホルモン解析について
松浦恭和（岡山大・植物研）
6. 非ホルモン研究者の自分たちがホルモン解析に助けられた体験談
高木 紘^{1,2}，今泉貴裕¹（¹ワシントン大・生物，²名古屋大・遺伝子）
7. 植物の傷害応答と麻酔
岩淵モカ¹，朝比奈雅史^{1,2,3}（¹帝京大・理工学研究科，²帝京大・バイオサイエンス学科，³帝京大・先端機器分析センター）

-
8. 植物ホルモンによる環境刺激感知メカニズムの解析
野元美佳^{1,2,3}, 多田安臣^{1,2} (¹名古屋大・遺伝子, ²名古屋大・院理, ³JST・さきがけ)
 9. 厚形質連鎖カロースの蓄積とオーキシン輸送・応答性の関係性の解明に向けて
大場裕介 (帝京大・バイオサイエンス学科)
 10. 終わりに
森 泉 (岡山大・植物研)

令和7年度日本植物病理学会大会

日程：2025年3月26-28日

場所：香川

大会委員長：秋光和也 (香川大学 理事・副学長)

運営委員：鮎川 侑・市村和也・上野 誠・大崎久美子・大西浩平・片山貴博・上中弘典・北沢優悟・河野洋治・生咲 巖・木戸一孝・木原淳一・木場章範・桐野菜美子・児玉基一朗・小林括平・五味剣二・近藤秀樹・坂田七海・佐々木一紀・下元祥史・鈴木信弘・竹村知夏・都筑正行・豊田和弘・西村文宏・能年義輝・林 一沙・曳地康史・兵頭 究・深田史美・松井英讓・望月 進・森 充隆・森田剛成・八丈野 孝・米本謙悟

3月26日 (水)

- 9:00 開会式・総会・理事会
代表理事 (新会長) 講演・令和7年度学会賞受賞者講演
- 12:15 日本植物病理学会 第3回ダイバーシティ推進セミナー
- 14:00 令和7年度学術奨励賞受賞者講演, 一般講演
- 18:30 情報交換会

3月27日 (木)

- 9:00 一般講演
- 12:30 ロックライフジャパン (旧農薬工業会) ランチョンセミナー
- 14:00 一般講演
- 14:30 Disease note セミナー
- 15:30 技術士 (農業部門・植物保護) 試験対策セミナー

3月28日 (金)

- 9:30 一般講演
- 12:30 閉会式

第8回植物病理を紡ぐ会

日程：2025年3月28日

場所：サンポートホール高松

オーガナイザー：安達広明 (京都大学)・鮎川 侑 (愛媛大学)・鶴家綾香 (国際農研)
坂田七海 (岡山大学)・深田史美 (岡山大学・植物研)

招待講演

1. 植物病理とウイルスと宿主の多様な関係
佐藤有希代 (ケルン大)
2. 岡山県職員の植物病理に関わる仕事と私 ~生産現場の問題解決に向けて~
畔柳康典 (岡山県農林水産総合センター農業研究所、岡山県病害虫防除所)
3. 植物ウイルスから根圏微生物叢に至るまでに考えてきたこと
橋本将典 (静岡大)
4. 境界領域“pathogenetics”を亀が行く
土佐幸雄 (神戸大)

16th PSJ Plant Virus Disease Workshop

The Interface between plant and fungal viruses III

March 29-30, 2025

Venue: Auditorium of the Kurashiki City Art Museum

Organizer: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Antiviral defense and counter-defense strategies in insects
Raul ANDINO (UCSF, US)
2. AGO5 restricts virus vertical transmission in plant gametes
Marco INCARBONE (Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, DE)
3. Plant modifies fungal non-self recognition to facilitate mycovirus transmission
Jiatao XIE (Huazhong Agricultural University, CN)
4. Potexvirus-mediated delivery of CRISPR-Cas9 components for transgene-free multiplexed genome editing in plants
Ying Wen HUANG (National Chung Hsing University, TW)
5. Host ESCRT components are required for TSWV ribonucleoprotein complex formation in the yeast replicon system
Kazuhiro ISHIBASHI (Institute of Agrobiological Sciences NARO, JP)
6. Facilitative effect of tobacco remorin NtREM1.2 on intercellular movement of plant viruses of different genera
Nobumitsu SASAKI (Tokyo University of Agriculture and Technology, JP)
7. Rab proteins involved in intracellular movement of bamboo mosaic virus RNA in *Nicotiana benthamiana*
Chi-Ping CHENG (Tzu Chi University, TW)
8. Endornaviruses in rice, malabar spinach, and *Phytophthora* spp.: Epigenetic factors Influencing host growth and development
Hiromitsu MORIYAMA (Tokyo University of Agriculture and Technology, JP)
9. Deep insights into biogenesis of tombusvirus replication organelles
Peter D. NAGY (University of Kentucky, US)
10. The role and diversity of plant antiviral jacalin genes
Yasuyuki YAMAJI (University of Tokyo, JP)
11. Genome and virulence evolution mediated by *Starship* giant transposons in a plant pathogenic fungus
Yukiyo SATO (University of Koeln, DE)
12. Plant antiviral defense: Coordination of salicylic acid immunity and RNAi by stress-associated proteins
Hsin-Hung YEH (ABRC, Academia Sinica, TW)
13. Cross-kingdom transmission of viruses between plant and fungus; What has been known so far ?
Liyang SUN (Northwest A&F University, CN)
14. Hostile takeover – Viral strategies to hijack a plant
Rosa LOZANO-DURAN (Eberhard Karls University, DE)
15. Mechanism of SsHADV1-induced hypovirulence on *Sclerotinia sclerotiorum*
Aur lie RAKOTONDRAFARA (University of Wisconsin-Madison, US)
16. Live-Cell imaging of a plant virus replicase during infection using a genetically encoded, antibody-based probe
Ken KOMATSU (Tokyo University of Agriculture and Technology, JP)
17. Role of chloroplast-localized editosome in negatively regulating bamboo mosaic virus RNA replication
Ching-Hsiu TSAI (National Chung Hsing University, TW)
18. The epitranscriptomic methylation components have a profound effect on the infection cycle of a plant RNA virus
Vicente PALLAS (IBMCP, CSIC-UPV, ES)
19. At the crossroad between organelle perturbation and immunity – Selective autophagy senses viral replication to control plant cell death
Marion CLAVEL (Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, DE)
20. Cryphonectria hypovirus 1 p29 modulates ROS levels to induce the autophagic degradation of dicer and argonaute proteins
Ida Bagus ANDIKA (NWAUFU, CN)

Poster Session

1. Training a traitor RNA to disrupt a majority decision system of a plant RNA virus
Shuhei MIYASHITA (Tohoku University, JP)
2. Detection of an uncharacterized mycovirus that potentially changes lifestyles of plant pathogenic fungus *Colletotrichum higginsianum*
Ren UJIMATSU (The University of Tokyo, JP)
3. A mycovirus shuttles between *Sclerotinia sclerotiorum* and its Mycoparasite *Coniothyrium minitans*

-
- Hongyan DU (Huazhong Agricultural University, CN)
4. A mutualistic relationship between a fungal endornavirus and phytopathogenic fungus *Rhizoctonia solani*
Tianxing PANG (Northwest A&F University, CN)
5. Bamboo mosaic virus hitchhikes a ride on clathrin-coated vesicles for cell-to-cell movement
Pei-Yu HOU (Tzu Chi University, TW)
6. Fungal invasion-induced accumulation of salicylic acid promotes anthocyanin biosynthesis through MdNPR1-MdTGA2.2 module in apple fruits
Zhenlu ZHANG (IPSR, Okayama University, JP)
7. The endophytic fungus *Penicillium pinophilum* in a tripartite interaction confers protection to host plants against cucumber mosaic virus
Sarah IBIANG (IPSR, Okayama University, JP)
8. A capsidless (+)RNA yadokarivirus hosted by a dsRNA virus is infectious as particles, cDNA, and dsRNA
Muhammad FADLI (IPSR, Okayama University, JP)
9. Discovery of icosahedral virion of a novel “Flexivirus”-Related virus sheds light on evolutionary trajectories of coat proteins of *Tymovirales*
Chien-Fu WU (USDA-ARS ORISE, US)
10. A hypovirulent strain of *Sclerotinia sclerotiorum* with three mycoviruses have potential to develop a virocontrol agent
Weimeng LI (Huazhong Agricultural University, CN)
11. The characterization of a novel persistent virus in pepper (*Capsicum annuum*)
Midori TABARA (Ritsumeikan University, JP)

The 21st International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas

August 24-29, 2025

Venue: Münster University, Münster, Germany

Organizers: Gaia Pigino (Human Technopole Milano), Michael Schroda (RPTU Kaiserslautern-Landau), Michael Hippler (University of Münster, IPSR, Okayama University)

Sessions

1. Photosynthesis – Structure and function
Chair: Xenie Johnson (Institute of Biosciences and Biotechnology of Aix Marseille, BIAM, CEA Cadarache, France)
2. Photosynthesis – Physiology and Metabolism
Chair: Wojciech Nawrocki (Institute of Physical and Chemical Biology, CNRS, France)
3. Systems and Synthetic Biology
Chair: Saul Purton (University College London, GB)
4. Cilia and basal body structure and function
Chair: Takashi Ishikawa (Paul-Scherrer-Institute, Switzerland)
5. Metabolism and responses to the environment I
Chair: Yonghua Li-Beisson (Institute of Biosciences and Biotechnology of Aix Marseille, BIAM, CEA Cadarache, France)
6. Metabolism and responses to the environment II
Chair: Claire Remacle (University of Liege, Belgium)
7. Biotic interaction
Chair: Alison Smith (University of Cambridge, GB)
8. Novel methodologies I
Chair: Kaiyao Huang (Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, China)
9. Novel methodologies II
Chair: Adrian Nievergelt (Max Planck Institute of Molecular Cell Biology and Genetics, Germany)
10. Organelle biogenesis
Chair: Katja Wostrikoff (Institute of Physical and Chemical Biology, CNRS, France)
11. Cilia and basal body (dis) assembly
Chair: Karl Lechtreck (University of Georgia, USA)
12. Cell and sexual cycles, multicellularity, diurnal behaviour

-
- Chair: Jim Umen (Donald Danforth Plant Science Center, USA)
13. Biotechnology and applications
Chair: Thomas Baier (University of Bielefeld, Germany)
14. Chlamydomonas as a model for structural biology
Chair: Ben Engel (University of Basel, Switzerland)
15. Community resources
Chairs: Olivier Vallon (Institute of Physical and Chemical Biology, CNRS, France), Paul A. Lefebvre (University of Minnesota, USA)

International Workshop on Genome Modification for Sustainable Crop Development

August 28, 2025

Venue: Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
Organizers: Hiroshi Hisano, Ivan Galis, Ryo Matsushima (IPSR, Okayama University)

1. Healthier plants; healthier people. Improving the nutritional quality of tomato
Cathie Martin (John Innes Centre)
2. Gene Editing Products from Research to Farmers: The Case of High-GABA Tomatoes
Minako Sumiyoshi (Sanatech Life Science Co., Ltd.)
3. Expanding the frontiers of genome editing technology in plant engineering
Yuriko Osakabe (Institute of Science Tokyo)

第7回転移因子研究会：転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化

日程：2025年9月1-2日

場所：国立遺伝学研究所（ハイブリッド）

オーガナイザー：一柳健司（名古屋大）・池田陽子（岡山大・植物研）・齋藤都暁（遺伝研）

9月1日（月）

1. はじめに
一柳健司（名古屋大）
2. 利己的遺伝因子の進化分類学
小島健司（GIRI）
3. シロイヌナズナのトランスポゾン識別とヘテロクロマチン形成機構
藤 泰子（東京科学大）
4. 非モデル昆虫コナカイガラムシのゲノムとトランスポゾンの多様性
石川峻遥（名古屋大）
5. ゲノムを書き換えて非コード領域の意味を知る
相澤康則（東京科学大）
6. LTRレトロトランスポゾン MAGGY はなぜコピー数依存的に DNA メチル化を受けるのか？
中屋敷 均（神戸大）
7. 感染能力を持ったレトロトランスポゾンの進化と生存戦略に関する新たな知見
林立平（オーストラリア国立大学）
8. トランスポゾンを排除するクロマチン凝集体形成機構
片岡研介（基生研）
9. RNA 依存性 DNA 組換え酵素の作動メカニズム
西増弘志（東京大）

9月2日（火）

10. ヒト死後脳におけるレトロトランスポゾンの Genetic/Epigenetic な多様性の解析
渡邊理紗（マウントサイナイ大）

-
11. Alu レトロトランスポゾンの可視化・検出法の開発
三好知一郎 (理研 IMS)
 12. プライミングによるトランスポゾン ONSEN の発現誘導
伊藤秀臣 (北海道大)
 13. 3' 側トランスポゾンによる新規遺伝子発現制御機構の解析
武井敬仁 (産総研)
 14. マウス胎仔期生殖細胞におけるトランスポゾン制御
山中総一郎 (東京大)
 15. トランスポゾンとゲノム進化と縦列型反復配列 (ランチョンセミナー)
角谷徹仁 (東京大)
 16. イネ自律性因子 Ping は宿主による制御機構を回避しているのか
築山拓司 (近畿大)
 17. PIWI 近接標識法からみえてきた生殖細胞テロメアトランスポゾン制御
井木太一郎 (大阪大)
 18. セントロメア特異的に転移するレトロトランスポゾンの転移機構
塚原小百合 (東京大)
 19. おわりに
池田陽子 (岡山大・植物研)

第 44 回日本植物病理学会関西西部会若手の会

日程：2025 年 9 月 17 日

場所：京都大学

オーガナイザー：足助総一郎 (神戸大学)・大津美奈 (奈良先端大学)・佐藤育夫 (名古屋大学)
深田史美 (岡山大学・植物研)・峯 彰 (京都大学)・山口公志 (近畿大学)・都築正行 (高知大学)
津島綾子 (大阪公立大学)・坂田七海 (岡山大学)・佐々木一紀 (山口大学)

講演会およびパネルディスカッション

1. 活性酸素シグナルを介した植物免疫制御機構
日野雄太 (名古屋大学)
2. *Fusarium oxysporum* f. sp. *cepae* のネギ属植物に対する病原性 ～ひとつのジグザグ人生モデルとして～
坂根光星 (石川県立大学)
3. 気孔における病原細菌と共生細菌の振る舞い
平田梨佳子 (京都大学)

令和 7 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：2025 年 10 月 18 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 植物のミネラル輸送と私たちの健康
馬 建鋒 (岡山大学・植物研)
2. 植物のオンオフスイッチ～光合成の観点から～
桶川友季 (岡山大学・植物研)

第 98 回日本生化学会大会シンポジウム：微生物と植物に学ぶエピゲノム制御

日程：2025 年 11 月 5 日

場所：京都国際会館

オーガナイザー：河内孝之（京都大）・池田陽子（岡山大・植物研）

1. イントロダクション
河内孝之（京都大）
2. エピジェネティック制御を介した大規模ゲノム再編機構
片岡研介（基礎生物学研究所）
3. Epigenetic regulation in complex red macroalgae
Borg Michael (Max Planck Institute for Biology)
4. Exploring non-canonical functions of Polycomb Repressive Complex 2 in the bryophyte *Marchantia polymorpha*
久永哲也^{1,2}, 中島敬二¹, Berger Frederic² (¹奈良先端大, ²Gregor Mendel Institute)
5. pre-mRNA splicing-mediated genome stability regulation would be a common mechanism of stem cell regulation in multicellular organisms
王 佑恒¹, 向井麻衣², 平尾明日香², 中塚星来¹, 秋吉信宏¹, 高柳なつ¹, 大谷美沙都^{1,2,3} (¹東京大 ²奈良先端大 ³理研 CSRS)
6. ヒストン修飾を介したオオムギ芒形成制御
池田陽子（岡山大・植物研）

第 17 回中国地域育種談話会

日程：2025 年 11 月 29 – 30 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所 大原カンファレンスルーム

オーガナイザー：久野 裕・力石和英・松島 良・古田智敬・山森晃一・石井 誠（岡山大植物研）

講演

1. 作物の雄性配偶子形成の攪乱に注目した遺伝育種学研究
山森晃一（岡山大学 資源植物科学研究所）
2. 様々な植物における、花粉の“数”と“生死”を制御する遺伝子の解析
角井宏行（岡山大学大学院 環境生命自然科学研究科）
3. Centromeres on the shift! ~染色体の“E pur si muove”~
長岐清孝（岡山大学 資源植物科学研究所）

口頭発表

4. イネの腋芽メリステム形成を制御する TAB1 と ASP1 の解析
大山歩弥（広島大学大学院 統合生命科学研究科）
5. 分げつ形成におけるストリゴラクトンの新機能
相森颯馬（広島大学大学院 統合生命科学研究科）
6. 植物細胞におけるシングルコピー遺伝子可視化への *in situ hybridization chain reaction* 法の応用
村重佑樹（鳥取大学大学院 持続性社会創生科学研究科）
7. パンコムギ 6A 染色体における光合成と収量性に関する QTL の同定とその周辺遺伝子の解明
日名弘貴（山口大学大学院 創成科学研究科）
8. キクタニギク白花変異体 *wpo1* の原因遺伝子探索と機能解析
夏目弘樹（広島大学大学院 統合生命科学研究科）
9. CRISPR-Cas9 を用いたプロモーターゲノム編集によるシス領域の探索
津田宏生（広島大学大学院附属植物遺伝子保管実験施設）
10. オオムギ出穂期突然変異系統における原因遺伝子 *HvHY2* の同定と表現型解析
大熊眞歩（岡山大学大学院 環境生命自然科学研究科）
11. ナノポアシーケンスを用いた同質六倍体サツマイモのゲノムアセンブリと構造変異アレルの解析
中原貴臣（岡山大学大学院 環境生命自然科学研究科）
12. 4 倍体種間雑種イネから分離する異数体の NGS 情報を用いた検出
岡 大晴（岡山大学大学院 環境生命自然科学研究科/植物研）

-
13. *Oryza sativa* × *O. glaberrima* 雑種におけるホメオログ遺伝子対の発現非対称性と転移因子 (TE) の集積との関連
MU HONGRUI (Grad. Sch. Environ, Life, Nat. Sci. & Technol./IPSR, Okayama University)

ポスター発表 36 課題

第 60 回岡山植物病理セミナー (一瀬・鈴木シンポジウム)

日程：2025 年 12 月 13 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所・大原カンファレンスルーム

オーガナイザー：豊田和弘 (岡山大学)・近藤秀樹 (岡山大学・植物研)

1. 細菌と植物の相互作用研究に魅せられて
竹内香純 (農業・食品産業技術総合研究機構)
2. 岡山から始まった病原菌の戦略を解き明かす旅
石賀康博 (筑波大学)
3. タバコ野火病菌が持つ病原力の正体とは? : ゲノム解析からのアプローチ
松井英譲 (岡山大学)
4. 応用遺伝子工学から遺伝子細胞工学へ, そしてこれから
一瀬勇規 (岡山大学)
5. 思いがけない道～倉敷 (菌類ウイルス学) から東南アジア (植物保護学) へ
千葉壮太郎 (名古屋大学)
6. 鈴木先生とマイコウイルスの出会い (ビデオメッセージ)
Ida Bagus Andika, Sun Liying (西北農林科技大学)
7. マイコウイルス研究の道を拓き導いてくださった鈴木信弘先生への敬意と感謝
森山裕充 (東京農工大)
8. ネオウイルス学～倉敷でのウイルスとの出会い～
鈴木信弘 (岡山大学・植物研)

学会賞等 (Awards)

植物・微生物相互作用グループ, 鈴木信弘 (教授), Editor of Distinction Awards (Editorial Contribution Award 2025 および Author Service Award 2025), Springer Nature, 5月29日, 2025.

植物ストレス学グループ, 黄勝 (特別契約職員助教), 優秀発表賞, Transporters involved in xylem loading and local distribution of silicon in rice, 第19回トランスポーター研究会 (岡山), 6月1日, 2025.

植物ストレス学グループ, 黄勝 (特別契約職員助教), Epstein Award, 9th International Conference on Silicon in Agriculture (セルビア), 9月18日, 2025.

植物・微生物相互作用グループ, 鈴木信弘 (教授), 第8回金光功労賞, 岡山大学 (創立五十周年記念館・金光ホール), 11月1日, 2025.

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 2025年版, Clarivate社, 11月17日, 2025.

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 2025年版, Clarivate社, 11月17日, 2025.

統合ゲノム育種グループ, 岡大晴 (大学院生), 優秀発表賞, 4倍体種間雑種イネから分離する異数体のNGS情報を用いた検出, 第17回中国地域育種談話会 (倉敷), 11月30日, 2025.

ゲノム多様性グループ, 岡田柊一 (大学院生), 優秀発表賞, 温度環境の差異がオオムギの稔実性に与える影響, 第17回中国地域育種談話会 (倉敷), 11月30日, 2025.

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)

アライアンス・プラチナ枠

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
国立大学法人山口大学	大学院創成科学研究科 (農学系学域)	准教授	妻鹿良亮	高い水利用効率を有するコムギ系統の水環境広域適応性の調査	最相

重点研究

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
国立大学法人東京大学	大学院農学生命科学研究科 農学部 生産・環境生物学専攻	准教授	藤本 優	オオムギの耐湿性向上に寄与する分子育種ツールの開発	久野

若手奨励研究

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
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
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の特定と解析	古田・ 山本
国立大学法人神戸大学	大学院農学研究科	助教	足助 聡一郎	ムギ類が保有するタンデムキナーゼ型病害抵抗性遺伝子のエフェクター認識能の改変	久野
国立研究開発法人量子科学技術 研究開発機構 高崎量子応用研究所	量子技術基盤研究部門 量子バイオ基盤研究部	主任研究員	山谷 浩史	イネステイグリーン突然変異体に関する解析	坂本・ 小澤
国立大学法人東京大学	大学院総合文化研究科	助教	高木 桃子	共生型糸状菌 <i>Colletotrichum tofieldiae</i> による植物ホルモニングナールの調節機構	新屋・ Galis

一般研究

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
国立大学法人埼玉大学	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
国立大学法人東京大学	大学院総合文化研究科	准教授	池田 啓	周北極－高山植物を用いた冷夏環境への適応進化機構の解明	桶川
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構	九州沖縄農業研究センター 暖地水田輪作研究領域	上級研究員	中田 克	オオムギ穀粒のデンプン特性が変化した変異体の解析	松島
国立大学法人埼玉大学	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改変植物の解析	小澤・ 桶川
国立大学法人鹿児島大学	農学部農学科	准教授	鶴川 信	亜熱帯常緑広葉樹林を構成する樹木の休眠期における生理的特徴	森
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	上級研究員	吉川 学	ポテイウイルス属 HC-Pro タンパク質の二本鎖 siRNA 結合に重要な二価金属イオンの同定	平山
国立研究開発法人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
立命館大学	生命科学部・生命情報学科	教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナ種子の亜鉛蓄積における転写因子 bZIP19 と bZIP23 の役割	山地
摂南大学	農学部	教授	佐藤 和広	ムギ類のミネラル輸送遺伝子の改変と応用	馬・ 久野
国立大学法人東京大学	大学院農学生命科学研究科	教授	田野井 慶太郎	Na ⁺ /H ⁺ アンチポーター SOS1 輸送体の植物根における局在解析	山地
国立大学法人神戸大学	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 <i>qGZn9b</i> の遺伝学的解析	馬
国立大学法人埼玉大学	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
国立大学法人香川大学	農学部	教授	野村 美加	不良土壌における微生物と植物共生のメカニズム	馬・ 山地

所属機関	局 部 局	職 名	氏 名	課題名	受入 教員名
国立大学法人東京大学	大学院農学生命科学研究科	教授	青木直大	穂の形成に関わるSP1トランスポーターのイネ幼穂における局在解析	小西
国立研究開発法人農業・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
国立大学法人北海道大学	農学研究院	助教	丸山 隼人	硫黄がイネのリン欠乏応答に与える影響とその作用機序の解明	佐々木
国立大学法人広島大学	大学院統合生命科学研究科	特任助教 (R7.4～見込み)	山田 大綱	クラスター根特異的有機酸トランスポーターによる有機酸分泌機構の解明	佐々木
国立大学法人信州大学	繊維学部応用生物科学科	教授	堀江 智明	植物の Na ⁺ 透過性チャネルの生理的役割の解明と輸送活性化増強型チャネルの創出	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
国立大学法人筑波大学	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	且原・ 山地
国立大学法人福井大学	学術研究院医学系部門	准教授	本田 信治	菌類ウイルス学モデルを用いた抗ウイルス応答の転写制御機構の解析	鈴木
国立大学法人東海国立大学機構 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
帝京大学	理工学部バイオサイエンス学科	博士研究員	大場 裕介	食害・傷害応答における原形質連絡の関与	新屋・ Galis
立命館大学	生命科学部	講師	長野 稔	シロイヌナズナにおけるイノシトールグリカンの機能解析	河野
国立大学法人東京科学大学	生命理工学院	助教	折田 和泉	植物葉上微生物のポリヒドロキシアルカン酸生産が共生植物の酸化ストレス応答および生育に及ぼす影響評価	谷
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

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入教員名
国立大学法人京都大学	大学院農学研究科	教授	那須田 周平	コムギの交雑親和性を支配する遺伝子座 <i>Kx</i> のリアルタイム画像解析	久野
吉備国際大学	農学部地域創成農学科	教授	桧原 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
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
国立大学法人東京大学	大学院農学生命科学研究科	助教	森田 隆太郎	オオムギにおける澱粉合成酵素 IV の機能解析	久野・松島
国立大学法人京都大学	大学院人間・環境学研究科	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
国立大学法人鳥取大学	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
大学共同利用機関法人自然科学研究機構 基礎生物学研究所	IBBP センター	助教	梶根 一夫	短寿命種子の長期保存法の開発	山下
公立大学法人宮城大学	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
国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 作物研究部門	オーダーメイド育種基盤グループ	グループ長 補佐	溝淵 律子	イネにおけるリンの利用効率に関わる遺伝子の解析	山本
国立大学法人千葉大学	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
公立大学法人秋田県立大学	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
岡山県農林水産総合センター 生物科学研究所	植物活性化研究グループ	専門研究員	鳴坂 義弘	月桃ゲノム配列を用いたプロアントシニジン合成関連遺伝子の解析	長岐
国立大学法人東京大学	大学院新領域創成科学研究科	教授	大谷 美沙都	バイオポリマーダイナミクスが制御する植物環境応答の解明	平山
国立大学法人愛媛大学	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

所属機関	部局	職名	氏名	課題名	受入 教員名
国立大学法人京都大学	大学院理学研究科	助教	槻木 竜二	エピジェネティック遺伝子発現制御に関わる新規遺伝子の解析	池田
国立大学法人広島大学	大学院統合生命科学研究科	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・ 池田
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
県立広島大学	生物資源科学部	教授	福永 健二	イネ科穀物のモチ性の起源に関する比較研究	山本・ 最相

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
Odit Ferry Kurniadinata	インドネシア	Department Agroecotechnology Department, The Faculty of Agriculture Mulawarman University	Collaborative research on plant defense: Functional analysis of raphid crystals in Alocasia macrorrhiza	植物防御に関する共同研究： <i>Alocasia macrorrhiza</i> におけるラフィド結晶の機能解析	Galis
Ida Bagus Andika	中国	Northwestern Agricultural and Forestry Science and Technology University (NWAUFU)	The establishment of an international research platform to study cross- kingdom viral infections	生物界をまたぐウイルス感染に関する国際研究プ ラットフォームの構築に向けた取り組み	近藤

〈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

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VIPPI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
京都大学・理学研究科	鹿内 利治・教授	植物の光合成電子伝達解析	シロイヌナズナの変異体を光合成測定装置で測定し、光合成制御機構を解析する	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
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
農研機構・ 生物機能利用研究部門	西村 宜之・ 上級研究員	アブシシン酸を介する種子休眠制御の分子機構	シロイヌナズナ発芽制御に関わるAHG1, DOG1などの機能解析	平山 隆志
京都大学・ 大学院応用生命科学	間宮 章仁・特任助教	ミトコンドリア mRNA 動体と細胞機能間相互作用の分子機構解明	ミトコンドリア mRNA のプロセシング制御機構の解明	平山 隆志
宮崎大学・農学部	稲葉 丈人・准教授	植物のCO ₂ 応答の解析	CO ₂ 濃度変動における植物ホルモン役割を解析する	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

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
岡山ガス	風早 淳平・ 脱炭素推進チーム	モリガンのCO ₂ 吸収能力に関する実証実験	モリガン群落の光合成量の推定	森 泉
岡山大学・大学院環境生命自然科学研究科	関本 敦・准教授	アクアポリンの構造シミュレーション	アクアポリンのタンパク質立体構造のシミュレーション解析	森 泉
基礎生物学研究所・進化多様性生物学領域	星野 敦・助教	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づくDNAメチル化の書換え技術を開発する	池田 陽子
長岡技術科学大学大学院・工学(系)研究科	西村 泰介・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づくDNAメチル化の書換え技術を開発する	池田 陽子
愛媛大学・大学院農学研究科	賀屋 秀隆・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づくDNAメチル化の書換え技術を開発する	池田 陽子
東京薬科大学・生命科学部	横堀 伸一・准教授	地球生物の宇宙生存可能性検証のための短期宇宙曝露実証実験システムの構築	短期宇宙曝露実証実験システムの構築と「非」極限環境生物の宇宙曝露における生存に関する解析	杉本 学
広島大学・統合生命科学研究科	鈴木 克周・教授	ムギ類由来のアグロバクテリア内生菌による穀類植物の形質転換	アグロバクテリア内生菌を利用した穀類植物の形質転換効率の向上を目指す	力石 和英
山形大学・農学部	我妻 忠雄・客員教授	H ₂ O ₂ 高分泌植物種の網羅的探索、細胞壁高H ₂ O ₂ 機構の解析	H ₂ O ₂ 高分泌機構におけるアクアポリンの役割の解明	且原 真木
埼玉大学・理工学研究科	小川 哲史・准教授 小野 峻太郎・特定研究員	Ca ²⁺ シグナリングを誘導する緑葉揮発性物質(GLVs)レセプターの電気生理学的解析	アフリカツメガエル卵母細胞発現系で、(α)-3-hexanal(Z-3-HAL)によって誘導されるHECAレセプターのイオン電流を解析する	且原 真木
広島大学・大学院総合生命科学研究科	和崎 淳・教授	持続的作物生産に向けたクラスタースター根の形成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	アクアポリンのモデリング	植物アク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
奈良女子大学	奈良 久美・准教授	ストレス環境下における液胞膜型アクアポリンの水および小分子輸送の変化と植物心臓	液胞膜型アクアポリンによる物質輸送、および植物のストレス適応の解明	宇都木 繁子
東京大学・大学院総合文化研究科	晝間 敬・准教授	環境変動下の植物微生物相互作用に関する研究	植物微生物相互作用における硝酸イオン輸送体の役割の解析	木羽 隆敏

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
島根大学・総合科学研究支援センター	峰谷 卓士・准教授	植物の全身的な窒素源応答機構に関する研究	接木を用いた窒素情報の長距離伝搬機構の解析	木羽 隆敏
名古屋大学・生命農学研究科	榊原 均・教授	植物の全身的な窒素源応答機構に関する研究	植物ホルモンを介した窒素情報の長距離伝搬機構の解析	木羽 隆敏
名古屋大学・生命農学研究科	Fanny Bellegarde・助教	植物の窒素源応答機構に関する研究	窒素応答におけるエピジェネティック制御機構の解析	木羽 隆敏
明治大学・農学部農芸化学科	田畑 亮・准教授	植物の環境ストレス応答を担う RALF ペプチドの機能に関する研究	RALF ペプチドと受容体の相互作用解析	木羽 隆敏
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 spp.</i> 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
東京家政大学・家政学部	藤森 文啓・教授	有用菌類におけるマイコウイルスの研究	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 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研究センター	岡田 憲典・准教授	イネファイトアレキシシンの機能解析	イネにおけるファ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	バイオフィームマテイクス技術を用いた、NLR の進化解析	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
岩手生物工学研究センター	清水 元樹・主任研究員 根本 圭一郎・主席研究員	いもち病菌におけるペプチド受容体の探索	いもち病菌においてイネ由来ペプチドに対する受容体の同定を行う	深田 史美
岡山理科大学・理学部	三井 亮司・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存性メタノール代謝	モデル細菌を用いたメタノール資化経路に関わる酵素のランタノイド依存性に関する研究	谷 明生
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
東京農業大学・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
琉球大学	渡辺 信・准教授	植物のランタノイド量	植物のランタノイド量、特にマングローブ植物を調べる	谷 明生
大阪公立大学植物園	名波 哲・教授	植物のランタノイド量	植物のランタノイド量、一般植物を調べる	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核ゲノム配列新規解読と、異なる水域由来株間の配列多様性の解析	植木 尚子
名古屋大学・農学部	芦荻 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

所属機関・部局	共同研究者名・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
理化学研究所・環境資源科学研究センター	岩瀬 哲・上級研究員	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの脱分化・再分化における色素体の制御機構を解明する	久野 裕
愛媛大学・農学部	八丈野 孝・教授	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの絶対寄生菌侵入時における色素体の制御機構を解明する	久野 裕
日本女子大学・理学部	永田 典子・教授	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの組織分化転換における色素体状態を観察する	久野 裕
弘前大学・農学生命科学部	藤井 祥・助教	プラスチド相転換ダイナミクス	オオムギの脱分化・再分化における色素体の制御機構遺伝子を解明する	久野 裕
鳥取大学・農学部	岩崎 崇・准教授	遺伝子組換えを使わない高速農作物育種技術『タンパク質駆動型育種』の基盤開発	遺伝子組換えを使わ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穀が接着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 研究開発部麦類研究室	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 ²⁺ 流動の制御機構と生理的意義の解明	オオムギの形質転換体を用いて、うどんこ病菌の感染時の生理現象について調査している	久野 裕・ 松島 良
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・作物研究部門	小川 大輔・ 上級研究員	限られた育種母本から高効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効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
株式会社廣榮堂 秋田県立大学・生物資源学部 岡山大学・農学部	頓宮 義記・取締役営業部長 藤田 直子・教授 大仲 克俊・准教授	もち米を用いた菓子製品の、食味と原材料育成条件の相関に関する研究開発	品種の違いと生育環境の違いがもち菓子の品質に与える影響を評価する	山本 敏央

拠点事業以外の共同研究（国際）

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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology, Chinese Academy of Sciences	Chanhong Kim, Principal Investigator	Characterization of photodamaged D1 in the Photosystem II repair cycle	Specific oxidation of amino acid residues in D1 protein is being characterized by mass spectrometry	坂本 亘
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	University of Münster	Michael Hippler, Professor	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下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ジン酸受容体の多様性に関する研究	アブシジ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
Switzerland	University of Zurich	Ueli Grossniklaus, Professor	Epigenetic gene regulation in Marchantia	Analysis of embryogenesis and early development by epigenetic regulation 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	中国科学院南京土壤研究所	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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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
Italy	University of Bologna	Adamo Domenico Rombola, 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>SIALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SIALMT</i> genes	佐々木孝行
USA	Plant Biology and Pathology, Rutgers University	Bradley I. Hillman, Professor	Characterization of mitoviruses infecting the chestnut blight fungus	Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus	鈴木信弘
UK	Faculty of Natural Sciences, Imperial College London	Ioly Kotta-Loizou, Assistant Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal and plant chrysovirus	鈴木信弘
Spain	Centro Nacional Biotecnología/CSIC	José R. Castón, Professor	Quadrivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of Rosellinia necatrix quadriviruses	鈴木信弘
Spain	Instituto de Agricultura Sostenible C.S.I.C.	Carlos José López Herrera, Researcher	Utilization of fungal viruses as biocontrol of the white root rot disease	Search for fungal viruses with potential as biocontrol agents against white root rot in avocado	鈴木信弘
Finland	Natural Resources Institute Finland (Luke), Forest health and biodiversity	Eeva Vainio, Researcher	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal partitiviruses	鈴木信弘

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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Simone Prospero, Principal Investigator	Biological control of ash dieback fungus, <i>Hymenoscyphus fraxineus</i>	Possible biological control of ash dieback using the mycoviruses	近藤 秀樹
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, Associate 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	Southwest 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
UK	John Innes Centre	Mark J Banfield, Professor	NLR 型受容体によるイネ免疫の制御機構の解析	NLR 型受容体の構造解析	河野 洋治
Turkey	Mugla Sıtkı Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylotrophs	Isolation of halotolerant C1-compound utilizing bacteria from mangrove forest trees	谷 明生
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 germplasms.	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 2025

Director:
Jian Feng MA

Editorial Members:
Kazunari KASHIHARA
Tomonori SHINYA
Tsuneaki TAKAMI
Yuko HOJO

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33卷 (Annual Report 2025)

令和8年3月25日 印刷
令和8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 柏原 壱成
新屋 友規
高見 常明
北條 優子

印刷所 友野印刷株式会社

