# 第43回
# 日本植物バイオテクノロジー学会（鳥取）大会

**要　旨　集**

2026年9月4日（金）～ 9月6日（日）
鳥取市民会館・とりぎん文化会館

# プログラム

## 受賞講演

**日時** 9 月 5 日（土）14:00–16:45

**会場** A 会場

### ●学術賞

15:10 **2RpJ1** 植物オルガネラゲノム編集技術の開発・応用と学術的貢献

有村 慎一（東京大・院農学生命科学）

### ●学術賞

15:40 **2RpJ2** 植物の環境ストレス応答と耐性強化に関わる化学生物学的研究

関 原明（理研 CSRS，横市大・木原生研，埼玉大・院理工）

### ●奨励賞

16:10 **2RpJ3** ケミカルバイオテクノロジーを基盤としたパラゴムノキの天然ゴム生産機構に関する研究

栗原（大窪）恵美子（慶應・商・生物学教室 / 自然セ）

### ●学生奨励賞

16:30 **2RpJ4** 光化学系 II の活性と安定性の制御に関する分子機構の解析：ゲノム編集と阻害剤によるアプローチ

今泉 滉（京都大・院農，現：岡山大・異分野基礎研）

# シンポジウム 1

## 雷刺激の科学 - プラズマによる種子の発芽・成長制御機構に迫る

**Science of lightning stimulation: The mechanism of plasma-mediated regulation of seed germination and growth**

**オーガナイザー：**柳川 由紀（千葉大），國枝 正（奈良先端大）

**日時** 9 月 4 日（金）午後 13:30–16:45

**会場** C 会場

**概要** 「雷が多い年は豊作」という言い伝えがあるように，プラズマである雷が植物の生育に影響を与えていることが知られている．近年，種子へのプラズマ照射で発芽・生長の促進，収量が増加するなどが明らかになった．本シンポジウムでは，物理化学，分子生物学，生化学などの手法を用いた雷刺激による種子の制御機構解析の最新情報を提供したい．

**後援** 学術変革領域研究（A）「プラズマ駆動種子記憶操作：プラズマが駆動する種子内分子動態の学理創成」

| | | |
|---|---|---|
| 13:30 | | はじめに |
| 13:35 | **1RpS1** | プラズマ活性種の定量に基づく種子発芽応答制御の理解<br>奥村 賢直（九州大学大学院システム情報科学研究院，九州大学九州大学プラズマナノ界面工学センター） |
| 14:00 | **1RpS2** | イメージング質量分析による低温プラズマ照射した種皮成分の分布解析<br>松下 祥子（日大理工） |
| 14:25 | **1RpS3** | 電子スピン共鳴によるラジカル計測を用いたプラズマ – 種子相互作用の解析<br>井上 健一（名古屋大学　低温プラズマ科学研究センター） |
| 14:50 | **1RpS4** | 空気プラズマ照射によるソルガムの発芽・生育促進機構の解析<br>柳川 由紀（千葉大・院園芸 /Grad. Sch. Hort., Chiba Univ） |
| 15:15 | | 休憩 |
| 15:20 | **1RpS5** | プラズマ照射によるエピジェネティック制御を介した種子発芽機構<br>Chetphilin Suriyasak（九州大学大学院農学研究院） |
| 15:45 | **1RpS6** | プラズマ生成 $N_2O_5$ のイネ種子発芽における生理効果<br>東谷 篤志（東北大・院生命科学） |
| 16:10 | **1RpS7** | シロイヌナズナ初期成長促進におけるプラズマ作用効果の解析<br>國枝 正（京都府大・院生命環境，奈良先端大・バイオ） |
| 16:35 | | 総合討論 |

# シンポジウム 2

## バイオスティミュラントの開発，実証および普及戦略

**Strategies for the Development, Validation, and Promotion of Biostimulants**

**オーガナイザー：**佐々木 克友（農研機構）

**日時** 9 月 5 日（土）午前 9:00–12:00

**会場** C 会場

**概要** バイオスティミュラント（BS）は，植物において高温・乾燥・塩害等の，主に非生物ストレス耐性を高める効果があり，新しい農業資材に分類される（植物の活性強化による生物ストレス耐性付与に関する資材は，BS となる可能性あり）．国内では近年，地政学的観点から化学肥料・農薬に関する課題が浮上し，企業を含め農業界全体で BS への関心が非常に高い．一方，現在，市場には様々な効果を謳う BS 資材が供給されていることもあり, 2025 年 5 月に農林水産省から,「バイオスティミュラントの表示等に係るガイドライン」が策定された．また，EU，ASEAN においても脱化学肥料・農薬の観点から BS への関心が高く，輸出面からも開発企業等の関心は非常に高い．本シンポジウムでは，国内における BS 開発のみならず，それらの利用や実証に関して紹介したい．

| | | |
|---|---|---|
| 9:00 | | はじめに<br>佐々木 克友（農研機構） |
| 9:05 | **2RaS1** | 乳酸菌培養液による植物成長促進効果の検証と作用機序<br>佐藤 長緒（北大院・理） |
| 9:30 | **2RaS2** | 雪印種苗における乳酸菌培養液由来バイオスティミュラントの実証事例<br>小鑓 亮介（雪印種苗株式会社／Snow brand seed Co., Ltd.） |
| 9:55 | **2RaS3** | 緑の香りを活用したバイオスティミュラントの開発<br>河合 博（(株）ファイトクローム／ PHYTOCHROME INC.） |
| 10:20 | | 休憩 |
| 10:30 | **2RaS4** | 渡辺パイプの暑さ対策資材について<br>市川 真二（渡辺パイプ㈱） |
| 10:55 | **2RaS5** | BS の効果的利活用に向けた商業的施設園芸におけるリアルタイム光合成計測に基づく検証<br>高山 弘太郎（豊橋技科大・院工学，愛媛大・院農学） |
| 11:20 | **2RaS6** | Eco-LAB 自主規格に準じたバイオスティミュラント資材の大規模圃場試験<br>栗原 志夫（(株）AGRI SMILE） |
| 11:45 | | 総合討論 |
| 11:55 | | おわりに<br>佐々木 克友（農研機構） |

# シンポジウム 3

## 次世代植物科学を支える研究基盤としての AI ― データ統合と知識化の革新に向けて ―

**AI as a Research Foundation for Next-Generation Plant Science: Toward Innovation in Data Integration and Knowledge Creation**

**オーガナイザー：**福島 敦史（京都府立大），庄司 翼（富山大）

**日時** 9 月 5 日（土）午前 9:00–12:00

**会場** D 会場

**概要** 人工知能（AI）を単なる便利な道具として使うのではなく，科学研究を支える基盤として捉えます．実験や観測から得られる多様なデータをつなぎ，知識として整理し，研究結果を確かめ直せる研究の基盤やアプローチ例を紹介します．生成 AI やバイオインフォマティクスが，遺伝子や表現型データの解析，文献知識の整理，研究アイデアの創出にどのように活用できるのかを，植物バイオテクノロジーの応用展開とともに議論します．

| | | |
|---|---|---|
| 9:00 | | はじめに<br>福島 敦史（京都府立大） |
| 9:05 | **3RaS1** | 2026 年の AI ホットトピックと最新技術動向の共有<br>久米 慧嗣（Bio“Pack”athon） |
| 9:35 | **3RaS2** | 研究データの知識化と大規模言語モデルによる利便性の高い検索―個人知・組織知・根拠提示をつなぐ動的知識基盤の実現に向けて―<br>小林 紀郎（理研・情報統合本部） |
| 10:05 | **3RaS3** | 植物ストレス応答・代謝研究における生成 AI とバイオインフォマティクスの可能性<br>竹本 和広（九州工大・院情報工学） |
| 10:35 | | 休憩 |
| 10:45 | **3RaS4** | 公開メタボロミクスデータをつなぐ：横断的統合と再利用のためのデータ基盤<br>早川 英介（九工大・院生命情報） |
| 11:15 | **3RaS5** | AI 時代の原著論文作成と査読をどう考えるか：Plant Biotechnology 誌におけるガイドライン構築に向けて<br>七里 吉彦（森林機構・森林バイオ，農工大院・BASE） |
| 11:30 | **3RaS6** | AI とチームサイエンス時代に“卓越”は測れるのかー IF から C スコアへ：それでも測れないものー<br>庄司 翼（富山大・和漢研） |
| 11:45 | | 総合討論 |

# シンポジウム 4

## ネイチャーポジティブを牽引する植物バイオテクノロジー

**Advancing Nature-Positive Outcomes through Plant Biotechnology**

**オーガナイザー：**本橋 令子（静岡大）

**日時** 9 月 6 日（日）午前 9:00–11:55

**会場** C 会場

**概要** ネイチャーポジティブ（自然再興）は経済界のメガトレンドであり，世界的に農学，植物バイオテクノロジーの研究者が産学官連携を始めており，生物多様性の保全，地球環境（プラネタリーバウンダリー）を守る活動とリンクした大きな経済効果が期待されている．一方，国内アカデミアでの認知度が低く，多くの研究者がこの好機を逃している．本シンポジウムでは，国連生物多様性条約第 15 回締約国会議（COP15，2022 年 12 月，モントリオール）での国際目標ネイチャーポジティブの採択，世界経済フォーラム（通称，ダボス会議）の認識，2023 年 9 月から始まった TNFD（自然関連財務情報開示タスクフォース）への企業の対応を紹介し，植物バイオテクノロジーの研究者が貢献できることは何か，激動する世界情勢のなかで若い研究者が直面する課題としてのバイオエコノミーとは何かを考える．

| | | |
|---|---|---|
| 9:00 | | はじめに<br>本橋 令子（静岡大） |
| 9:05 | **4RaS1** | 経済メガトレンド：ネイチャーポジティブの概要と産学連携の必要性<br>柴田 大輔（JST 研究開発戦略センター，静岡大学農学部，京都大学エネルギー理工学研究所） |
| 9:35 | **4RaS2** | ネイチャーポジティブを支えるサントリーの水資源の保全活動<br>瀬田 玄通（サントリーホールディングス（株）） |
| 10:05 | **4RaS3** | ブルーオーシャンにおけるネイチャーポジティブ　―アマモ場の保全―<br>本橋 令子（静大・農学，グリーン科学技術研究所，静岡海洋環境研究所） |
| 10:35 | | 休憩 |
| 10:40 | **4RaS4** | 未来の農と食を守る植物遺伝資源保存 ― バイオテクノロジー時代の基盤として ―<br>田中 大介（農研機構・遺伝資源研究センター，筑波大・生命環境系） |
| 11:10 | **4RaS5** | ネイチャーポジティブなバイオエコノミー推進に貢献する研究開発<br>桑原 明日香（科学技術振興機構　研究開発戦略センター） |
| 11:40 | | 総合討論 |
| 11:50 | | おわりに<br>柴田 大輔（JST 研究開発戦略センター，静岡大学農学部，京都大学エネルギー理工学研究所） |

# シンポジウム 5

## カーボンニュートラルな循環型社会の実現に向けた $CO_2$ 資源化作物の研究開発

**Research and Development of $CO_2$-Utilizing Crops toward the Realization of a Carbon-Neutral Circular Society**

**オーガナイザー：**関 原明（理化学研究所），平井 優美（理化学研究所）

**日時** 9 月 6 日（日）午前 9:00–11:50

**会場** D 会場

**概要** 地球規模で進行する気候変動や大気中 $CO_2$ 濃度の上昇を背景に，カーボンニュートラルな循環型社会の実現に向けた研究が強く求められている．本シンポジウムでは，$CO_2$ を資源として活用する作物の分子育種・生理・微生物相互作用研究の最前線を紹介する．糖蜜高収量性ソルガム，油糧作物カメリナ，澱粉資源作物キャッサバを対象としたゲノミクス・分子育種研究に加え，種子の環境履歴制御，気孔機能を介した植物―細菌相互作用，葉圏 C1 酵母，エタノールによる環境ストレス耐性強化技術（EGAO）など，多様な植物バイオテクノロジー的アプローチを通じ，基礎から応用・社会実装への展開について議論する．

| | | |
|---|---|---|
| 9:00 | | はじめに<br>関 原明（理化学研究所） |
| 9:05 | **5RaS1** | 植物ゲノミクスに基づく高糖蜜収量性ソルガムの育種戦略的ポテンシャル<br>佐塚 隆志（名古屋大・生物センター） |
| 9:25 | **5RaS2** | 油脂植物カメリナを用いた代謝エンジニアリングによる油脂高蓄積株の開発<br>中村 友輝（理研 CSRS，東大・院理） |
| 9:45 | **5RaS3** | カーボンニュートラルな循環型社会の実現に向けたキャッサバの研究開発<br>武田 智之（理研 CSRS） |
| 10:05 | **5RaS4** | 作物の登熟環境を利用した新たなバイオマス生産技術の構築<br>石橋 勇志（九州大・農） |
| 10:25 | **5RaS5** | 気孔機能の拡張に向けた植物ー細菌相互作用の理解<br>峯 彰（京大院農） |
| 10:45 | **5RaS6** | 炭素循環を支える葉圏 C1 酵母の細胞生理機能とその利用<br>白石 晃將（京都大学大学院農学研究科） |
| 11:05 | **5RaS7** | エタノールによる植物の環境ストレス耐性強化技術（EGAO）の $CO_2$ 資源化作物への応用<br>戸高 大輔（理研） |
| 11:25 | **5RaS8** | 持続可能なバイオ燃料の社会実装に向けて：環境と経済の統合評価<br>豊田 知世（島根県立大学） |
| 11:45 | | おわりに<br>平井 優美（理化学研究所） |

# シンポジウム 6

## 遺伝子組換え作物 30 年 ー教訓と期待ー

**Thirty Years of Genetically Modified Crops: Lessons Learned and Future Prospects**

**オーガナイザー：**田部井 豊（東洋大），小泉 望（大阪公立大）

**日時** 9 月 6 日（日）午後 13:00–15:00

**会場** A 会場

**概要** 1996 年，遺伝子組換え作物の本格的な商業栽培が始まった．過去には日本でも遺伝子組換え作物の研究開発が盛んに行われた時期もあった．しかし，現在は遺伝子組換え作物が大量に輸入・消費され日本の食は GM 作物に支えられていると言っても過言では無いにも関わらず商業栽培は見られない．実用化を目指した研究開発も皆無に近い．一方，世界では遺伝子組換え作物の研究開発，商業栽培が増えている．30 年間を振り返るとともに今後について考える．

| | | |
|---|---|---|
| 13:00 | | はじめに<br>矢崎 一史（京都大学・生存圏研究所） |
| 13:02 | **6RpS1** | 遺伝子組換え作物の研究開発の黎明期から現在までを振り返る<br>田部井 豊（東洋大学） |
| 13:25 | **6RpS2** | 世界の遺伝子組換え作物の現状と展望<br>中井 秀一（バイエル クロップサイエンス株式会社） |
| 13:50 | **6RpS3** | 遺伝子組換え作物の需要と受容<br>小泉 望（大阪公立大・農学研究科） |
| 14:05 | **6RpS4** | 国内栽培は何故進まない？<br>徳本 修一（トゥリーアンドノーフ） |
| 14:30 | | 総合討論 |

# ランチョンセミナー 1

## DNA フリー植物ゲノム編集の新展開

**日時** 9 月 4 日（金）12:30–13:30

**会場** D 会場

**概要** 植物ゲノム編集では，gRNA，Cas9 および選抜マーカーを DNA として植物細胞に導入・発現させる方法が広く用いられている．一方，実用化に向けては外来 DNA の残存や除去が課題であり，Cas9 タンパク質と gRNA からなる RNP を直接導入する DNA フリーゲノム編集技術が注目されている．
Single Cellome™ Unit SU10 は，先端外径が数十 nm の微細なガラス針「ナノピペット」を精密に制御し，細胞表面検知，穿刺，注入，抜去を自動化した物質デリバリー装置であり，従来法では困難であった植物細胞・組織への直接デリバリーを可能にする新技術である．
本セミナーでは，SU10 を用いた「ナノデリバリー法」により，Cas9 RNP を植物細胞へ直接導入し，DNA フリーゲノム編集を実証した事例を紹介する．さらに，細胞透過性ペプチド（CPP）や新たなスクリーニングマーカーとの組合せによる編集細胞・編集個体の取得効率化の試みや，茎頂分裂組織などを標的とした DNA フリーの in planta 植物ゲノム編集への取り組みも紹介する．

■構成

1）イントロダクション：
横河電機㈱より，演者の先生ご紹介とナノデリバリー法概要のご説明

2）前半：鳥取大学　農学部　岩崎先生によるご発表
・ナノデリバリー法と細胞透過性ペプチドを組合せたスギゲノム編集へのチャレンジのご紹介

3）後半：インプランタイノベーションズ社によるナノデリバリー法応用事例の紹介
・ナノデリバリー法による DNA フリーのイネゲノム編集事例の紹介
・スクリーニングの新技術とその応用例の紹介

■演者：
岩崎　崇　先生（鳥取大学　農学部）
矢野　翼　主任研究員（株式会社インプランタイノベーションズ）

■司会：
木内　高信（横河電機株式会社　ライフ事業本部）

# ランチョンセミナー 2

## キャリアのかたち

**オーガナイザー**：日本植物バイオテクノロジー学会
男女共同参画・キャリア支援委員会
（委員長：三浦　謙治（筑波大学））

**日時**　9 月 5 日（土）12:30–13:30

**会場**　D 会場

**概要**　本学会は男女共同参画・キャリア支援の推進に取り組んでおります．これまで，アカデミア，企業などの各方面でご活躍の先生方をお招きし，研究生活やライフスタイルについてのご講演を通じて，若手研究者のキャリアパスの考察の一助となる活動を行ってきました．本ランチョンセミナーでは，学位取得後に企業に就職された方，社会人ドクターなど，これまでの様々なキャリアが存在します．このようなキャリアについてお話をしていただくことで，学生や若手研究者にとっても，今後のキャリアを考える上で，本セミナーが良いきっかけになればと考えております．

シンポジスト
平井　正良　氏（サントリービバレッジ＆フード株式会社／キャリアコンサルタント）
眞木　祐子　氏（雪印種苗株式会社）
坂本　美佳　氏（国立遺伝学研究所）

| 時間 | A会場 | B会場 |
|---|---|---|
| | **特化代謝** | **ホルモン・シグナル伝達** |
| 9:30 | **1Aa1** ENTRY<br>Functional characterization of P450 genes involved in the triterpenoid biosynthesis in *Perilla frutescens*<br>Shiyue Zhang[1], Hidemasa Bono[2,3], Hikaru Seki[1,4], Keita Tamura[1,2] ([1]Grad. Sch. Eng., UOsaka, [2]Genome Editing Innovation Center, Hiroshima Univ., [3]Grad. Sch. Integr. Sci. Life, Hiroshima Univ., [4]OTRI, UOsaka) | **1Ba1** ENTRY<br>MdDOX-Co 相同酵素群における GA 水酸化位置決定機構の解析<br>Functional Divergence of Gibberellin Hydroxylases in the MdDOX-Co Clade<br>井上 太喜[1]，烏野 祐作[1]，若林 孝俊[1]，岡田 和馬[2]，宮崎 翔[3]，髙橋 郁夫[1]，岡田 憲典[4]，葛山 智久[1,5]，中嶋 正敏[1]（[1]東大院・農生科，[2]農研機構，[3]東京電機大・理工，[4]東洋大・生命科学，[5]東大・微生物連携機構） |
| 9:45 | **1Aa2** ENTRY<br>*hise1* 変異体のテルペノイド生産プラットフォームとしての有用性検証<br>Evaluation of the utility of the *high sterol ester 1* mutants as a platform for triterpenoid production<br>加藤 勇稀[1]，Fanani Muchammad[1]，島田 貴士[2]，關 光[1,3]（[1]阪大・院工，[2]千葉大・院園芸，[3]阪大・先導的学際研機構） | **1Ba2** ENTRY<br>低分子化合物 AG126 およびその誘導体を用いた細胞膜 $H^+$-ATPase リン酸化制御機構の解析と気孔開度制御剤への応用<br>Analysis of the Regulatory Mechanism of PM $H^+$-ATPase Phosphorylation Using AG126 and Its Derivatives Toward Their Application as Stomatal Aperture Regulators<br>桑山 翔悟[1]，高橋 宏二[1]，林 真妃[2]，林 優紀[1]，深津 孝平[1]，相原 悠介[3]，村上 慧[4]，佐藤 伸哉[5]，加納 圭子[5]，三城 恵美[5]，佐藤 綾人[5]，木下 俊則[1,5]（[1]名古屋大・院理，[2]東北大・院生命，[3]神戸大・院理，[4]関西学院大・院理，[5]名古屋大・ITbM） |
| 10:00 | **1Aa3** ENTRY<br>イネにおけるフェアリー化合物の生合成とその機能<br>Biosynthesis and Biological Functions of Fairy Chemicals in Rice<br>矢嶋 雪乃[1]，崔 宰熏[1,2,3,5]，David C. Nelson[6]，川南 智也[1]，間瀬 暢之[2]，平井 浩文[1,2,3,5]，河岸 洋和[3,4]（[1]静大・総科技，[2]静大・グリーン研，[3]静大・キノコ科研，[4]静大・農，[5]静大・共創，[6]UCR・Botany） | **1Ba3** ENTRY<br>ABA 代謝酵素阻害剤 BP*p*NC を用いたチャ萌芽期の化学的制御<br>Chemical Control Of Bud Burst Timing In Tea Using The ABA Catabolic Enzyme Inhibitor BP*p*NC<br>西ヶ塙 楓[1]，石井 貴也[2]，大井 彩子[2]，山下 寛人[1,3,4]，轟 泰司[1]，大西 利幸[1,3,4]，竹内 純[1,3,4]（[1]静岡大学大学院農学専攻，[2]農研機構・果樹茶業研究部門，[3]静岡大学グリーン研，[4]静岡大学ティーサイエンス研） |
| | | **遺伝子発現** |
| 10:15 | **1Aa4** ENTRY<br>シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物非感受性変異体の解析<br>Analysis of Fairy Chemical-Insensitive Mutants in *Arabidopsis thaliana*<br>川上 璃子[1]，崔 宰熏[1,2,3,4]，David C. Nelson[5]，道羅 英夫[1,3,4]，平井 浩文[1,2,3,4]，河岸 洋和[4,6]（[1]静大・総科技，[2]静大・共創，[3]静大・グリーン研，[4]静大・キノコ科研，[5]UCR・Botany，[6]静大・農） | **1Ba4** ENTRY<br>Prx34 はヒメツリガネゴケにおける主要なクラスⅢペルオキシダーゼである<br>Prx34 is a major class III peroxidase in *Physcomitrium patens* subsp. *patens*<br>中 雄輝[1]，岩橋 優里[2]，秋田 求[2]（[1]近大・院生物理工，[2]近大・生物理工） |
| 10:30 | **1Aa5** ENTRY<br>ダイズにおける代謝型受容を担う香気二糖配糖化酵素の機能解析<br>Functional characterization of aroma diglycosyltransferases involved in airborne volatile reception in Soybean<br>池田 有沙[1]，渡邊 駒ち[1]，竹内 愛莉[2]，大澤 月穂[3]，竹原 港[4]，上村 卓矢[4]，有村 源一郎[4]，竹内 純[2,5]，西山 康太郎[2]，大西 利幸[2,5]（[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]サントリー生科財団，[4]東理大・先進工，[5]静大・グリーン研） | **1Ba5** ENTRY<br>暗所処理により誘導されるタンパク質高発現システムの開発<br>Development of a high-level protein expression system induced by dark treatment<br>井窪 勇気[1]，坂本 真吾[2]，Isura Nagahage[3]，山口 雅利[1]（[1]埼玉大・院理工，[2]産業技術総合研究所・バイオものづくり研究センター，[3]ケンタッキー大学・植物土壌科学科(Department of Plant and Soil Sciences, University of Kentucky)） |

| C会場 | D会場 | E会場 | 時間 |
|---|---|---|---|
| **一次代謝** | **発生・分化・形態形成** | **有用物質生産・バイオマス** | |
| **1Ca1** ENTRY<br>シロイヌナズナ根における窒素欠乏応答の制御におけるホメオボックス型転写因子 HB52 の役割<br>The role of HOMEOBOX PROTEIN52 transcription factor in regulating nitrogen responses in Arabidopsis roots<br>赤池 ひな子，秋岡 恵理菜，櫻庭 康仁，柳澤 修一（東大院・農学生命・アグテック） | **1Da1** ENTRY<br>シロイヌナズナ *FT* 遺伝子 CCAAT1 *cis*-element の accession 間比較から見た花成制御機構<br>Flowering regulation mechanism viewed from a comparison of the CCAAT1 *cis*-element in the *FT* gene among *Arabidopsis* accessions<br>三木 葵葉[1]，大野 奈津美[1]，原田 悟[2]，根岸 克弥[3]，遠藤 真咲[4]，小林 括平[1]，土岐 精一[4,5,6,7]，阿部 光知[8]，賀屋 秀隆[1]（[1]愛媛大・院農，[2]愛媛大・農，[3]農研機構・果茶研，[4]農研機構・生物機能利用，[5]龍谷大学・農学部・植物生命，[6]横浜市大・生命ナノ，[7]横浜市大・木原生研，[8]東京大学大学院・総合文化） | **1Ea1** ENTRY<br>放線菌由来ゲラニル基転移酵素 NphB を基盤とした植物由来ゲラニルカルバゾール類の合成と膠芽腫治療薬開発研究<br>Synthesis of plant-derived geranylcarbazoles and glioblastoma drug development using the Streptomyces-derived prenyltransferase NphB<br>辻川 茜，山村 来輝，三浦 里唯，毛利 心哉，増本 梨那，太田 智絵，中村 誠宏（京都薬科大・生薬学） | 9:30 |
| **1Ca2** ENTRY<br>栄養欠乏時に起こる miRNA ダイナミクスにおける HASTY タンパク質の役割<br>The role of HASTY protein in miRNA dynamics during nutrient deficiency in Arabidopsis<br>鳥居 あすか，田中 健太郎，楊 麥倫，大槻 並枝，櫻庭 康仁，柳澤 修一（東大院・農学生命・アグテック） | **1Da2** ENTRY<br>VNI2 と篩部形成を制御する ANAC045, ANAC086 の相互作用および役割の解析<br>Interactions of VNI2 with ANAC045 and ANAC086, and their roles in regulating phloem development<br>林 夏生[1]，水辺 慈詠[1]，向井 陸馬[1]，坂本 真吾[2]，光田 展隆[2]，宮城 敦子[3]，石川 寿樹[1]，川合 真紀[1]，山口 雅利[1]（[1]埼玉大・院・理工，[2]産総研・バイオものづくり，[3]山形大・農） | **1Ea2** ENTRY<br>細胞農業によるイネ培養細胞の食品原料化に向けたデンプン合成前駆体量測定とデンプン蓄積量増加のための試み<br>Quantification of Starch Biosynthesis Precursors and Approaches for Enhanced Starch Accumulation in Rice Cultured Cells for Application in Cellular Agriculture<br>菊地 怜[1]，日渡 祐二[2]，阿久津 光紹[3]，五十嵐 圭介[1]（[1]東北大・院農，[2]宮城大・食産業学，[3]青葉化成(株)） | 9:45 |
| | | **遺伝子組換え・ゲノム編集** | |
| **1Ca3** ENTRY<br>窒素欠乏下での遺伝子発現制御に関与する新規因子の同定と機能解析<br>Identification and functional analysis of regulatory factors involved in plant responses to nitrogen deficiency<br>小椋 円花[1]，眞木 美帆[2]，稲垣 宗一[3]，高木 純平[2]，佐藤 長緒[2]（[1]北大院・生命，[2]北大院・理，[3]東大院・理） | **1Da3** ENTRY<br>ストックにおける有毛個体を用いたトライコーム形成機構の解析<br>Analysis of Trichome Formation Mechanisms in a Hairy Line of *Matthiola incana*<br>小木曽 颯希，中塚 貴司，富永 晃好（静岡大・院総合科学技術） | **1Ea3** ENTRY<br>形質転換リンドウの長期培養における 35S プロモーター配列特異的な *de novo* DNA メチル化の維持<br>Persistent maintenance of *de novo* DNA methylation within the 35S promoter in gentian plants throughout long-term *in vitro* culture<br>坂口 彰都[1]，北 鳳統[2]，牛山 雅結[2]，西原 昌宏[3]，三柴 啓一郎[2]（[1]龍谷大・院農学，[2]龍谷大・農学，[3]福井県立大・生物資源） | 10:00 |
| **1Ca4** ENTRY<br>シロイヌナズナ CCR4 family CCR4H・CCR4I は NADPH phosphatase である<br>*Arabidopsis thaliana* CCR4 family proteins CCR4H and CCR4I are NADPH phosphatases<br>上篭 美希，藤本 貴文，坂口 浩朗，石川 寿樹，川合 真紀（埼玉大・院理工） | **1Da4** ENTRY<br>FLYING SAUCER はシロイヌナズナ種子ムシレージ多糖分子の可溶化に関与する<br>Involvement of FLYING SAUCER in Solubilization of Polysaccharides of Arabidopsis Seed Coat Mucilage<br>佐保 建之介[1]，出村 拓[1]，國枝 正[1,2]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境） | **1Ea4** ENTRY<br>細菌由来の有機塩素系殺虫剤分解酵素を発現する形質転換シロイヌナズナの作製と実用化に向けた課題<br>Generation of Transgenic Arabidopsis thaliana Expressing Bacterial Organochlorine Insecticide-Degrading Enzymes and Challenges Toward Practical Application<br>小嶋 華，鄧 文昊，高田 美信，林 真紀，岸田 康平，大坪 嘉行，渡辺 正夫，永田 裕二（東北大・院生命科学） | 10:15 |
| **1Ca5** ENTRY<br>サイトゾル局在性シロイヌナズナ $Ca^{2+}$/CaM 依存性 NAD キナーゼの機能解析<br>Functional analysis of a cytosolic $Ca^{2+}$/calmodulin-dependent NAD kinase in *Arabidopsis thaliana*<br>坂口 浩朗[1]，児玉 豊[2]，石川 俊樹[1]，山口 雅利[1]，川合 真紀[1]（[1]埼玉大・院・理工，[2]宇都宮大・バイオセンター） | **1Da5** ENTRY<br>ポプラ CUC 遺伝子はシュート再生制御に関与する<br>Poplar CUC genes are involved in regulation of shoot regeneration<br>天野 悦郎[1]，國枝 正[1,2]，石川 和也[1]，田村 泰造[1]，出村 拓[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境） | **1Ea5** ENTRY<br>RSV ワクチン抗原を発現する組換えイネの作出および解析<br>Development and analysis of transgenic rice expressing RSV vaccine antigen<br>西尾 勇人[1]，野澤 彰[3]，澤崎 達也[3]，賀屋 秀隆[4]，黒田 昌治[5]，清野 宏[6]，中橋 理佳[6]，幸 義和[6]，森田 重人[1,2]，増村 威宏[1]（[1]京都府大院・生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]愛媛大学・PROS，[4]愛媛大・院農，[5]農研機構，[6]千葉大・医） | 10:30 |

| 時間 | A会場 | B会場 |
|---|---|---|
| | **特化代謝** | **遺伝子発現** |
| 10:45 | **1Aa6** ENTRY<br>トマトにおける大気由来(*Z*)-3-hexenol の代謝型受容と HexVic の根圏分泌<br>Metabolic reception of airborne (*Z*)-3-hexenol leads to rhizosphere secretion of HexVic in tomato<br>吉田 剛瑠[1]，藤田 阿紅亜[1]，本間 駿一[1]，水野 翼[2]，竹内 純[2,3]，西山 康太郎[2]，杉山 暁史[4]，大西 利幸[2,3]（[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]静大・グリーン研，[4]京大・生存研） | **1Ba6** ENTRY<br>ダリアにおける老化に関与する *NAC* 転写因子の探索および *DvNAC3*-RNAi 形質転換体の作出<br>Identification of *NAC* transcription factors involved in *Dahlia variabilis* flower senescence and generation of *DvNAC3*-RNAi transgenic plants<br>坂田 忠大[1]，東 未来[2]，百瀬 博文[2]，小野崎 隆[3]，藤本 卓生[4]，上吉原 裕亮[1]，立石 亮[1]（[1]日本大院・生物資源科学研究科，[2]日本大・生物資源科学部，[3]東京農業大・農学部，[4]農研機構野菜花き研究部門） |
| 11:00 | **1Aa7** ENTRY<br>ペチュニア花弁における香気マロニル配糖体生成に関与するマロニル基転移酵素の機能解明<br>Functional characterization of malonyltransferases involved in aroma malonyl glycosides biosynthesis in Petunia<br>宮里 真琴[1]，小掠 由樹[1]，小木曽 こはる[1]，肥塚 崇男[2]，佐藤 浩平[3,5]，間瀬 暢之[3,5]，西山 康太郎[4]，竹内 純[4,5]，轟 泰司[4,6]，渡辺 修治[4,6]，大西 利幸[4,5]（[1]静大院・総科技，[2]山口大院・創成科学，[3]静大・工，[4]静大・農，[5]静大・グリーン研，[6]静大院・創造） | **1Ba7** ENTRY<br>新規高性能プロモーターの設計<br>Design of novel high-performance promoters<br>堀木 文歌[1]，山木 淳正[1]，加藤 壮英[1]，田村 泰造[1]，加藤 晃[1,2]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG） |
| 11:15 | **1Aa8** ENTRY<br>複数の起源を持つコケ植物由来イソプレン合成酵素の機能解析<br>Multiple origins of isoprene synthase in mosses<br>川上 哲也[1]，宮崎 翔[2]，井上 侑哉[3]，川出 洋[1]（[1]東農工大院・連合，[2]東電機大・理工，[3]科博・植物） | **1Ba8** ENTRY<br>シロイヌナズナ mRNA の 3'UTR プロセシングにかかわる配列特徴の探索<br>Exploration of Sequence Features Involved in 3'UTR Processing of Arabidopsis thaliana mRNAs<br>池原 諒[1]，田村 泰造[1]，加藤 晃[1,2]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG） |
| 11:30 | **1Aa9** ENTRY<br>シロイヌナズナにおける *cis*-ケイヒ酸の代謝・不活性化経路の解明<br>Studies on the deactivation pathway of *cis*-cinnamic acid in Arabidopsis<br>都筑 惠[1]，鈴木 泰輝[2]，西山 康太郎[3]，林 謙一郎[4]，瀬戸 義哉[5]（[1]明治大・院農学，[2]理研CSRS，[3]静大・農学，[4]岡山理大・生命科学，[5]明治大・農学） | **1Ba9** ENTRY<br>クラミドモナスにおける 3'UTR プロセシング過程の制御メカニズムの解明<br>Investigation of the mechanisms regulationg 3'UTR Processing in *Chlamydomonas reinhardtii*<br>福田 修大[1]，田村 泰造[1]，西尾 拓真[2]，鬼丸 洸[2]，加藤 晃[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]株式会社ちとせ研究所　Tech & Biz Development Div.） |
| | | **その他** |
| 11:45 | **1Aa10** ENTRY<br>カンレンボク(*Camptotheca acuminata*)花部の発達に応じたカンプトテシン含量および遺伝子発現変化の解析研究<br>Quantitative analysis of camptothecin content changes and corresponding gene expression alterations across development of floral units in *Camptotheca acuminata*<br>荒木 康佑，月岡 淳子，太田 智絵，中村 誠宏（京都薬大） | **1Ba10** ENTRY<br>分光光度計を用いたシソおよびバジルの色彩特性と心理評価<br>Color characteristics and psychological evaluation of shiso and basil using a spectrophotometer<br>今野 峻吾（東京バイオテクノロジー専門） |

| C 会場 | D 会場 | E 会場 | 時間 |
|---|---|---|---|
| **一次代謝** | **発生・分化・形態形成** | **遺伝子組換え・ゲノム編集** | |
| **1Ca6** ENTRY<br>油脂産生藻類 *Nannochloropsis* が有する 3 種類の NAD kinase の同定と機能解析<br>Identification and Functional Characterization of Three NAD Kinases in the Oleaginous Alga *Nannochloropsis*<br>大橋 そら[1]，児玉 豊[2]，石川 寿樹[1]，川合 真紀[1]（[1]埼玉大・院理工，[2]宇都宮大・バイオセンター） | **1Da6** ENTRY<br>浸透圧ストレス下におけるシロイヌナズナ道管細胞の細胞壁形成制御<br>Cell Wall Formation of Arabidopsis Xylem Vessel Cells under Osmotic Stress Conditions<br>黒瀬 飛揚[1]，國枝 正[1,2]，水元 康裕[1]，出村 拓[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境） | **1Ea6** ENTRY<br>エピゲノム編集によるシロイヌナズナの春化記憶の解除と花成制御の試み<br>Attempted flowering induction without vernalization treatment by epigenome editing in Arabidopsis<br>樫迫 拓海[1]，平田 峻也[2]，池田 陽子[3]，西村 泰介[4]，小林 括平[1]，賀屋 秀隆[1]（[1]愛媛大・院農，[2]愛媛大・連合農学，[3]岡山大・植物研，[4]長岡技科大・院工） | 10:45 |
| **細胞・組織培養** | | | |
| **1Ca7** ENTRY<br>DR 遺伝子発現を利用した PGR フリー条件下での植物細胞分化制御システム<br>Plant Cellular Differentiation Control System using DR genes expression under non-PGR culture condition<br>小山 翔平[1]，井川 智子[2,3,4]（[1]千葉大学　大学院園芸学研究科，[2]千葉大学　大学院園芸学研究院，[3]千葉大学　植物分子科学研究センター，[4]千葉大学　宇宙園芸研究センター） | **1Da7** ENTRY<br>生育阻害を伴わずにキシラン量が低下した植物体の作出に向けて<br>Generation of plants with reduced xylan content without growth defects<br>樽林 翼，関口 颯，榊原 章太，石川 寿樹，川合 真紀，小竹 敬久，山口 雅利（埼玉大・院理工） | **1Ea7** ENTRY<br>'プリンセチア'（*Euphorbia pulcherrima* × *Euphorbia cornastra*）に高頻度で生じる T-DNA 切断への DNA ポリメラーゼ θ と Mre11 の関与<br>Involvement of DNA polymerase theta and Mre11 in the high-frequency T-DNA truncation observed in "Princettia" (*Euphorbia pulcherrima* × *Euphorbia cornastra*)<br>伊藤 皓矢[1]，小岸 玲子[1]，進藤 沙弥香[1]，志茂 里菜[1]，新保 由紀子[1]，大坪 真樹[1]，松井 啓祐[2]，鈴木 賢一[2]，友松 康一[2]，大坪 憲弘[1]（[1]京都府大・院生命環境，[2]サントリーフラワーズ（株）・開発部） | 11:00 |
| | **新技術・バイオインフォマティクス** | | |
| **1Ca8** ENTRY<br>*in vitro* コルヒチン処理によるガーベラ（*Gerbera hybrida*）の倍数体作出および特徴解析<br>Induction and Characterization of Polyploids in Gerbera (*Gerbera hybrida*) through *in vitro* colchicine treatment<br>安藤 凌[1]，服部 太郎[1]，長倉 萌[2]，島田 理暉[3]，内田 敦夫[4]，福岡 新一[4]，富永 晃好[1,2]（[1]静岡大・院総合科学技術，[2]静岡大・農学，[3]岐阜連大・農学，[4]グリーンテック） | **1Da8** ENTRY<br>発光レポーターによる dCas9 融合タンパク質を用いた病原体検出系について<br>A Pathogen Detection System Using dCas9 Fusion Proteins by the bioluminescent Reporter<br>堀 圭佑[1]，堀 夏佳[1]，市川 寛人[1]，青池 勇汰[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]（[1]横浜国大・環境情報，[2]横浜国大・先端研，[3]YBT） | **1Ea8** ENTRY<br>インフルエンザ A 型ワクチン抗原を発現する形質転換イネの育成と解析<br>Development and Analysis of Transgenic Rice Expressing Influenza A Vaccine Antigen<br>小西 翔也[1]，野澤 彰[3]，澤崎 達也[3]，賀屋 秀隆[4]，黒田 昌治[5]，清野 宏[6]，中橋 理佳[6]，幸 義和[6]，森田 重人[1,2]，増村 威宏[1]（[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]愛媛大・PROS，[4]愛媛大・院農，[5]農研機構，[6]千葉大・医） | 11:15 |
| **1Ca9** ENTRY<br>植物細胞農業における食品製造に適した安全な植物細胞培養技術の探索<br>Exploration of Safe Plant Cell Culture Technologies Suitable for Food Production in Plant Cellular Agriculture<br>井岡 隼人[1]，日渡 祐二[2]，阿久津 光紹[3]，五十嵐 圭介[1]（[1]東北大・院農，[2]宮城大・食産業学，[3]青葉化成（株））| **1Da9** ENTRY<br>高効率発現系への応用を目的とした新規生理活性物質スクリーニング系の構築に関する研究<br>Development of a Novel Screening System for Bioactive Compounds Toward Application in High-Efficiency Expression Systems<br>大黒 陽太[1]，鈴木 爽馬[1]，木下 正貴[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]（[1]横浜国大・環境情報，[2]横浜国大・先端研，[3]YBT） | **1Ea9** ENTRY<br>シロイヌナズナ葉緑体・ミトコンドリアゲノム特異的なランダム A-to-G 変異導入技術の開発<br>Organelle-genome-specific Random A-to-G Mutagenesis in *Arabidopsis*<br>小坂 七海[1]，中里 一星[1]，阿部 佳澄[2]，関森 悦子[2]，金井 昭教[2]，鈴木 穣[2]，有村 慎一[1]（[1]東京大・院農学生命科学，[2]東京大・院新領域創成科学） | 11:30 |
| | **1Da10** ENTRY<br>新規休眠打破物質による落葉果樹の開花促進効果と処理条件の評価<br>Evaluation of Flowering Promotion and Optimization of Treatment Conditions in Deciduous Fruit Trees by a Novel Dormancy-Breaking Compound<br>鈴木 珠音，坪井 大智，富永 晃好（静岡大・院総合科学技術） | **1Ea10** ENTRY<br>ジャガイモ *CYP88B1* 遺伝子のゲノム編集によるステロイドグリコアルカロイド生合成の代謝改変<br>Metabolic Reprogramming of Steroidal Glycoalkaloid Biosynthesis in Potato through *CYP88B1* Genome Editing<br>井上 嵩也[1]，安本 周平[1]，田村 啓太[1]，關 光[1,2]，村中 俊哉[2]（[1]阪大・院工，[2]阪大・先導的学際研機構） | 11:45 |

| 時間 | A会場 | B会場 | |
|---|---|---|---|
| | **特化代謝** | | |
| 12:00 | **1Aa11** ENTRY<br>グルコシノレート分解経路におけるラファヌサム酸生成機構の酵素化学的検証<br>Biochemical Reactions Responsible for Raphanusamic Acid Formation during Glucosinolate Sulfur Recycling<br>菊地 ひめか[1]，杉山 龍介[1,2]，山崎 真巳[1,2]（[1]千葉大・院・薬，[2]千葉大植物分子科学セ） | | |

| | C会場 | D会場 | E会場 | 時間 |
|---|---|---|---|---|
| | | | **遺伝子組換え・ゲノム編集** | |
| | | | **1Ea11** ENTRY<br>WA 型 CMS イネの CMS 原因遺伝子 *WA352* は稔性回復系統 RT98C が持つ複数の PPR 遺伝子によって発現制御される<br>Expression of the CMS-causing Gene *WA352* is Regulated by Multiple PPR Genes from the Restorer Line RT98C in WA-type CMS Rice<br>小和田 篤熙，鳥山 欽哉，五十嵐 圭介（東北大･院農） | 12:00 |

| 時間 | A会場 | B会場 | C会場 |
|---|---|---|---|
| | **特化代謝** | | |
| 13:30 | **1Ap1** ENTRY<br>パラゴムノキ（*Hevea brasiliensis*）由来天然ゴム生合成酵素の相互作用タンパク質群の機能解析<br>Functional Analysis of Natural Rubber Biosynthetic Enzyme-Interinteracting Proteins from *Hevea brasiliensis*<br>大山 真実[1]，今泉 璃城[1]，Nur Shazana Binti Talib Khan Nadia[1]，廣森 美樹[1]，三上 智世[1]，小島 幸治[1]，山口 晴彦[2]，和氣 駿介[1]，山下 哲[3]，戸澤 譲[4]，坂口 祐美[2]，中山 亨[1]，高橋 征司[1]（[1]東北大学・院工，[2]住友ゴム工業（株），[3]金沢大・院・自然科学，[4]埼玉大・院・理工） | | |
| 13:45 | **1Ap2** ENTRY<br>コケ植物由来カルコン合成酵素ホモログに対する CoA 阻害様式の解析<br>Analysis of CoA inhibition mechanisms in chalcone synthase homologs from bryophytes<br>廣居 桜子，今泉 璃城，軽石 貴大，高橋 征司，中山 亨，和氣 駿之（東北大・院工/Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ） | | |
| 14:00 | **1Ap3** ENTRY<br>クズ（葛）が産生する特化代謝物の器官特異的な産生機構の解析<br>Metabolomic analysis of tissue-specificity of specialized metabolites in Pueraria lobata<br>Zhixuan Huang，小牧 伸一郎，渡邉 むつみ，峠 隆之（奈良先端大・先端科学技術） | | |
| 14:15 | **1Ap4** ENTRY<br>Exploring the Accumulation and Stage-Dependent Changes of Volatile Organic Compounds During Flowering in Four *Cerasus speciosa* Cultivars<br>Yongqing Cai[1], Shuri Kato[2], Asako Matsumoto[2], Miyako Kusano[3,4,5]<br>([1]Grad.sch.of Life and Envi. Sci., Univ. Tsukuba, [2]FFPRI, [3]RIKEN CSRS, [4]Faculty of Life and Envi. Sci., Univ. Tsukuba, [5]T-PIRC) | | |
| 14:30 | **1Ap5** ENTRY<br>カーネーションにおけるリンゴ酸糖転移酵素（MGT）活性の検出<br>Detection of acyl-glucose:malic acid glucosyltransferase (MGT) activity in carnations<br>大山 綾香[1]，川末 慎葉[2]，阿部 裕[2]，佐々木 伸大[1]（[1]大公大・農・応用，[2]国立医薬品食品衛生研究所） | | |
| 14:45 | **1Ap6** ENTRY<br>サポジラ（*Manilkara zapota*）由来ファルネシル二リン酸合成酵素の触媒重要残基の解明<br>Structure-based identification of catalytically critical residues in a farnesyl diphosphate synthase from sapodilla (*Manilkara zapota*)<br>佐藤 誠一郎[1]，今泉 璃城[1]，山田 悠介[2]，櫻井 啓介[2]，廣森 美樹[1]，青木 裕一[3]，和氣 駿之[1]，竹下 浩平[4]，山口 晴彦[5]，坂口 祐美[5]，山下 哲[6]，中山 亨[1]，高橋 征司[1]（[1]東北大・院・工，[2]東北大・SRIS，[3]東北大・東北メディカルメガバンク，[4]理研・SPring-8，[5]住友ゴム工業（株），[6]金沢大・院・自然科学） | | |

| D 会場 | E 会場 | 時間 |
|---|---|---|
| **ホルモン・シグナル伝達** | **遺伝子発現** | |
| **1Dp1**<br>植物ペプチドホルモン受容体アセンブリのホモジニアス *in vitro* アッセイ<br>A Homogeneous *in vitro* Assay for Plant Peptide Hormone Receptor Assembly<br>西山 康太郎[1]，新開 千紘[2]，佐藤 綾人[3,4]，瀬戸 義哉[5]（[1]静大・農，[2]明治大・院農，[3]名大・ITbM，[4]名大・COMIT，[5]明治大・農） | **1Ep1** ENTRY<br>トマト果実成熟に関与するリポカリンのカロテノイド結合及びその組織発現の解明<br>Carotenoid binding of lipocalin involved in tomato fruit maturation and its tissue specific expression analysis<br>小久保 祥子[1]，日野 真吾[2]，加藤 主税[2]，中村 彰彦[2]，深沢 知加子[2]，本橋 令子[1,2]（[1]静岡大・創造科学技術大学院・バイオサイエンス専攻，[2]静岡大・農・応用生命） | 13:30 |
| | **環境応答・非生物ストレス** | |
| **1Dp2**<br>イネ系統間で異なるエチレン応答の分子機構の解析<br>Analysis of molecular mechanisms of differential ethylene response among rice accessions<br>池辺 彩乃[1]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]（[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ） | **1Ep2**<br>日本国内のアマモ（*Zostera marina*）・コアマモ（*Zostera japonica*）の遺伝的多様性<br>Genetic Diversity of Eelgrass (*Zostera marina*) and dwarf eelgrass (*Zostera japonica*) in Japan<br>赤見 颯真[1,2]，谷口 有希[1,2]，山下 寛人[2]，久保 篤史[3]，本橋 令子[2]（[1]静大・院応生科，[2]静大・農学，[3]静大・理学） | 13:45 |
| **1Dp3**<br>サニーレタスのアントシアニン生合成におけるストリゴラクトン関連化合物の影響<br>Effects of strigolactone-related compounds on anthocyanin biosynthesis in red leaf lettuce<br>梅原 三貴久[1]，原田 快斗[2]，田中 諒太郎[3]，竹内 純[4]，福井 康祐[3]，浅見 忠男[5]（[1]東洋大・生命科学・生物資源，[2]東洋大・生命科学・応用生物，[3]東京理科大・院理学，[4]静岡大・農・応用生命科学，[5]横浜市立大・木原研） | **1Ep3** ENTRY<br>シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物処理と非生物的ストレス耐性付与のメカニズム解明<br>Elucidating the Mechanism of the Abiotic Stress Tolerance Induced by Fairy Chemical Treatment in Arabidopsis thaliana<br>谷口 有希[1,2]，廣瀬 万祐[2]，岩本 耕太郎[2]，圓山 恭之進[3]，謝 肖男[4]，竹内 純[2]，轟 泰司[2]，崔 宰熏[5]，河岸 洋和[2]，本橋 令子[2]（[1]静岡大・院創造科学，[2]静岡大・農，[3]国際農研，[4]宇都宮大・バイオサイエンス教育研究センター，[5]静岡大・グロ共） | 14:00 |
| **新技術・バイオインフォマティクス** | | |
| **1Dp4**<br>太陽誘起蛍光画像を利用したスマート農業のイノベーション<br>Innovations in Smart Agriculture Using Solar-Induced Fluorescence Imaging<br>増田 健二，飯尾 淳弘（静岡大・農） | **1Ep4** ENTRY<br>過剰発現によりゼニゴケに高浸透圧ストレス耐性を付与する *SWEET* 遺伝子の機能解析<br>Functional analysis of the *MpSWEET* Gene, which gives Marchantia polymorpha tolerance to hyperosmotic stress through overexpression<br>竹島 杏[1]，前田 智恵[1]，橋本 隆[1]，加藤 晃[1,2]，加藤 壮英[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG） | 14:15 |
| **1Dp5**<br>生成 AI による植物病害防除用抗菌ペプチドの設計<br>Generative AI-Based Design of Antimicrobial Peptides for Plant Disease Control<br>平岡 信之，河内 正治，中山 明，栗原 志夫，蒔田 由布子（前橋工科大） | **1Ep5** ENTRY<br>ゼニゴケ葉状体において高浸透圧ストレス処理より発現が変化する遺伝子の探索<br>Identification of genes expressed in response to hyperosmotic stress in the thallus of *Marchantia polymorpha*<br>田村 圭[1]，岸本 知也[1]，加藤 晃[1,2]，加藤 壮英[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG） | 14:30 |
| **1Dp6**<br>Quantifying the auxin-induced interaction between TIR1 and IAA7 using a high-throughput *in vitro* assay<br>Jekson Robertlee, Shinya Hagihara (RIKEN CSRS) | **1Ep6** ENTRY<br>*LjFTs* の開花時期への寄与と機能分化<br>Contribution of *LjFTs* to flowering time and functional differentiation<br>西村 翔陽[1]，加藤 晃[2]，佐藤 修正[3]，田中 幸子[4]，川口 正代司[4]，若林 智美[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・バイオ，奈良先端大・CDG，[3]東北大・院・生命科学，[4]基生研・共生） | 14:45 |

| 時間 | A会場 | B会場 | C会場 |
|---|---|---|---|
| | **特化代謝** | | |
| 15:00 | **1Ap7** ENTRY<br>シダ植物におけるイソプレン合成酵素遺伝子の探索と分子進化解析<br>Screening and molecular evolutionary analysis of isoprene synthase genes in ferns<br>小板 青空[1]，棟方 涼介[1]，福島 健児[2]，野下 浩司[3]，佐竹 暁子[3]，楠見 淳子[4]，杉山 暁史[1]，矢﨑 一史[1]（[1]京大・生存研，[2]遺伝研，[3]九大・院理，[4]九大・院比文） | | |
| 15:15 | **1Ap8** ENTRY<br>ペチュニアのエルゴスタン型ステロイド生合成に関わるシトクロム P450 酵素の機能解析<br>Functional characterization of cytochrome P450 enzymes involved in ergostane-type steroid biosynthesis in *Petunia hybrida*<br>沢田 元樹[1]，庄司 翼[2]，澤井 学[2]（[1]富山大・院・医薬理工，[2]富山大・和漢研） | | |
| 15:30 | **1Ap9** ENTRY<br>カンプトテシン生合成における新規推定中間体の構造, 植物間プロファイル, および酵素変換<br>Structural Characterization, Distribution among Camptothecin-Producing Plants, and Enzymatic Conversion of a Novel Putative Intermediate in Camptothecin Biosynthesis<br>河西 俊介[1]，遠藤 寿伶希[1]，杉山 龍介[1,2,3]，山崎 真巳[1,3]（[1]千葉大院薬，[2]千葉大植物分子科学セ，[3]理研CSRS） | | |
| 15:45 | **1Ap10** ENTRY<br>ヒノキにおけるモノテルペン合成酵素の機能解析<br>Functional characterization of the monoterpene synthases in *Chamaecyparis obtusa*<br>尾﨑 桃子[1]，小牧 龍波[1]，山田 彩水[2]，原田 尚志[3]，花岡 創[2]，平川 英樹[4]，永野 惇[5,6]，西山 康太郎[2]，大西 利幸[2,7]（[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]鳥取大・工，[4]九大院・農，[5]名大・生物機能センター，[6]慶應大・先端生命研，[7]静大・グリーン研） | | |
| 16:00 | **1Ap11** ENTRY<br>苔類ゼニゴケに蓄積するビスビベンジル類生合成中間体の探索<br>The research for the bisbibenzyls intermediates using metabolome analysis of knockout lines of candidate bisbibenzyl pathway gene in *Marchantia polymorpha*<br>水田 珠希[1]，橘 美沙希[1]，中村 幸誠[1]，石崎 公庸[2]，高梨 功次郎[3]，水谷 正治[1]（[1]神戸大・院農学，[2]神戸大・院理学，[3]信州大・院総合理工） | | |
| 16:15 | **1Ap12** ENTRY<br>タムシバにおけるグアイアコール *O*-メチル化酵素の生化学的および構造生物学的解析<br>Biochemical and Structural Characterization of a Guaiacol *O*-Methyltransferase from *Magnolia salicifolia*<br>後藤 佳音[1]，前野 慎太朗[1]，鈴木 聖治[2]，鈴木 史朗[2,3]，岡澤 敦司[4]，高梨 功次郎[5]，肥塚 崇男[1]（[1]山口大院・創成科学，[2]岐阜大院・連合農学，[3]岐阜大・応用生物科学，[4]大阪公立大院・農，[5]信州大・理） | | |
| 16:30 | **1Ap13** ENTRY<br>ステロールエステル生合成酵素 PSAT1 の相互作用タンパク質の網羅的解析<br>Comprehensive analysis of proteins interacting with the sterol ester biosynthesis enzyme PSAT1<br>河田 朋果，杉江 歩美，小川 拓水，岡澤 敦司（大阪公立大院・農） | | |

| D 会場 | E 会場 | 時間 |
|---|---|---|
| **新技術・バイオインフォマティクス** | **環境応答・非生物ストレス** | |
| **1Dp7**<br>ダイズの完全ギャップレスゲノム解読とデータベース「Daizu-net」のアップデート<br>Telomere-to-Telomere Soybean Genome Assembly and Updates to the Database "Daizu-net"<br>矢野 亮一[1]，李 鋒[2]，栗田 加奈子[2]，小林 光智衣[3]，平賀 勧[2]，石本 政男[2]（[1]農研機構・分析研，[2]農研機構・作物研，[3]農研機構・生物研） | **1Ep7** ENTRY<br>ミヤコグサにおける培地濃度に応じた shoot/root 比の表現型可塑性と環境適応<br>Phenotypic plasticity of shoot/root ratio under different medium concentrations and its relationship to environmental adaptation in *Lotus japonicus*<br>崎山 稜平[1]，片山 瑛斗[1]，佐藤 修正[2]，加藤 晃[1,3]，若林 智美[1]（[1]奈良先端大・バイオ，[2]東北大・院・生命科学，[3]奈良先端大・CDG） | 15:00 |
| **1Dp8**<br>植物シングル核 RNA-seq 解析の多重化へ向けて<br>Toward multiplexing of single nucleus RNA-seq analysis in plants<br>栗山 朋子[1]，郷 達明[2]，中島 敬二[2]，石 東博[1]（[1]理研CSRS，[2]NAIST・植物発生シグナル研究室） | **1Ep8** ENTRY<br>イネのストレス応答遺伝子を一望する *Oryza sativa* Stress Responsive Gene Atlas（OsSRGA）の開発<br>Development of the *Oryza sativa* Stress Responsive Gene Atlas (OsSRGA) for Overviewing Rice Stress-Responsive Genes<br>大林 俊太[1]，福田 由介[1]，福島 敦史[1,2]（[1]京都府大・院生命環境，[2]理研・情報統合本部） | 15:15 |
| **1Dp9**<br>先進ゲノム支援による植物ゲノム情報解析支援<br>Support for Plant Genome Analysis through the Platform for Advanced Genome Science (PAGS)<br>中村 保一（遺伝研） | **1Ep9** ENTRY<br>麦踏み応答によるミナトカモジグサおよびコムギの形態変化と遺伝子発現変動の解析<br>Analysis of Morphological and Gene Expression Responses to Treading Wheat 'Mugifumi' in *Brachypodium distachyon* and *Triticum aestivum*<br>武田 侑己[1]，加藤 謙太郎[2]，鳥羽 大陽[2]，中村 聡[2]，日渡 祐二[1,2]（[1]宮城大・院食産業，[2]宮城大・食産業） | 15:30 |
| | **バイオスティミュラント** | |
| | **1Ep10** ENTRY<br>アグロバクテリウム法による一過的ノックダウン系を用いた抵抗性誘導剤の作用機序推測<br>Prediction of the mechanism of action of plant activators using an *Agrobacterium*-mediated transient knockdown system<br>桐原 理利[1]，中村 哲太郎[1]，石田 和希[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]（[1]横浜国大・環境情報，[2]横浜国大・先端研，[3]YBT） | 15:45 |
| | **1Ep11**<br>乾燥ストレス耐性獲得を誘導する新規化合物の探索・評価系に関する研究<br>Development of System for the Discovery and Evaluation of Novel Compounds That Induce Drought Tolerance<br>石田 楓子[1]，桐原 理利[1]，赤城 怜奈[1]，中村 哲太郎[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]（[1]横浜国大・環境情報，[2]横浜国大・先端研，[3]YBT） | 16:00 |
| | | 16:15 |
| | | 16:30 |

| 時間 | A会場 | B会場 |
|---|---|---|
| | **有用物質生産・バイオマス** | **細胞・組織培養** |
| 9:30 | **3Aa1**<br>植物宿主を用いたアデノ随伴ウイルス(AAV)ベクター産生系の基盤技術確立に向けた研究<br>Study on Establishing a Plant-Based Production System for Adeno-Associated Virus (AAV) Vectors<br>黒岩 風，大塚 早真，橋本 佳和，田邉 和子，小宮山 寛，小原 一朗，山村 栄虎（キリンホールディングス(株)） | **3Ba1**<br>センブリバイオナーサリーシステムの構築とさび病研究への活用<br>Development of a bio-nursery system and its application for a study of the rust in *Swertia japonica*<br>山本 和彦[1]，佐藤 豊三[1,2]，金子 倫久[3]，吉松 嘉代[1]，河野 徳昭[1]（[1]医薬健栄研薬植セ，[2]新潟食農大，[3]日本粉末薬品） |
| | | **遺伝子組換え・ゲノム編集** |
| 9:45 | **3Aa2**<br>宿主に有害な抗菌ペプチドの生産手法の開発の試み<br>Development of a production system of an antimicrobial peptide toxic to a host plant<br>板垣 実菜子[1]，藤田 岳[1]，下田 蒼[1,2]，戸部 隆太[1]，米山 裕[1]，伊藤 幸博[1]（[1]東北大・農，[2]現・農研機構・動衛研） | **3Ba2**<br>シロイヌナズナ葉緑体ゲノムの標的遺伝子におけるランダム A-to-G 塩基置換導入<br>Gene-targeted random A-to-G base substitution in the *Arabidopsis thaliana* chloroplast genome<br>中里 一星，矢守 航，兒玉 大昌，田村 美子，増田 麗子，有村 慎一（東大・院農生） |
| 10:00 | **3Aa3**<br>半夏の薬効多糖アラバンの生合成遺伝子の探索<br>Exploration of the biosynthetic genes of the medicinal polysaccharide Araban in Hange<br>山口 尚輝[1]，山本 健太[1]，栗木 淳寛[1]，下川 響[1]，青木 達大[1]，佐藤 春菜[1]，田中 宏幸[3]，江口 壽彦[4]，松岡 健[1,2,4]（[1]九大・院生資環，[2]九大・院農，[3]山陽小野田大・薬，[4]九大・実生環セ） | **3Ba3**<br>A phytohormone-responsive AP2/ERF transcription factor controls plant development, defense mechanism, and allergenic Fra protein production in strawberry<br>Chonprakun Thagun, Yoshinori Fukasawa, Masayo Nakamura, Tomohiro Suzuki, Yutaka Kodama (Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya University) |
| 10:15 | **3Aa4**<br>サリチル酸による抵抗性機構を改変した一過性発現のための新規宿主植物の開発<br>Development of novel host plants with modified SA-mediated defense responses for transient expression<br>福澤 徳穂[1]，厚見 剛[1]，田坂 恭嗣[1]，松村 健[2]（[1]産総研 BPRC，[2]産総研 BPRI） | **3Ba4**<br>TAS3 逆反復配列導入による *RDR6* 遺伝子ノックアウト表現型の回復<br>Recovery of *RDR6* gene-knockout phenotypes in *Nicotiana benthamiana* via *in vivo* generation of inverted repeat construct of the TAS3 sequence<br>松尾 幸毅（産総研・バイオものづくり） |
| 10:30 | **3Aa5**<br>アグロバクテリウムによる *Nicotiana benthamiana* での一過性発現における宿主応答の解析<br>Analysis of host response against agrobacterium-mediated transient expression in *Nicotina benthamiana*<br>厚見 剛[1]，福澤 徳穂[1]，田坂 恭嗣[1]，松村 健[2]（[1]産総研BPRC，[2]産総研BPRI） | **3Ba5**<br>極矮性イネ系統の利用に向けたジベレリン欠損イネ系統の解析<br>Analysis of gibberellin-deficient rice lines for utilization of ultra-dwarf rice<br>田井 彩乃[1]，寺迫 鷹[1]，佐藤 壮一郎[1,2]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]（[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ） |
| | **発生・分化・形態形成** | |
| 10:45 | **3Aa6**<br>ヨモギ虫こぶの多様性と機能性成分の解析<br>Diversity and bioactive potential of galls formed on *Artemisia indica*<br>武田 征士[1]，前野 哲輝[2]，坂本 智昭[3]，木村 成介[3]（[1]安田女子大・理工，[2]国立遺伝研，[3]京産大・生命） | **3Ba6**<br>ウイルスベクターを用いた難形質転換植物ホウレンソウの組織培養不要ゲノム編集<br>Viral delivery of a compact Cas12f enables tissue-culture-free heritable gene editing in spinach<br>石橋 和大，渡邊 希香（農研機構生物研） |

| C 会場 | D 会場 | E 会場 | 時間 |
|---|---|---|---|
| | | **特化代謝** | |
| | | **3Ea1**<br>チューリッポシド変換酵素の分子多様性：原種チューリップからの酵素の同定と性状解析<br>Molecular Diversity of Tuliposide-Convrting Enzyme: Identification and Characterization of the Enzyme in a Wild Tulip Species<br>野村 泰治[1,2]，加藤 康夫[1,2]（[1]富山県大・工，[2]富山県大・生医工研セ） | 9:30 |
| | | **3Ea2**<br>*Cuscuta* 属のゲノム解析が明らかにした *CYP81Q* 遺伝子の水平伝播によるリグナン特化代謝の進化<br>Genome analysis of *Cuscuta* spp. reveals the evolution of *CYP81Q*-mediated specialized metabolism through horizontal gene transfer<br>小埜 栄一郎[1]，清水 皇稀[2]，瀬川 天太[1]，村田 純[3]，豊永 宏美[3]，白石 慧[3]，高川 仁起[4]，堀川 学[3]，横山 隆亮[4]，星野 敦[5,6]，青木 考[2]（[1]サントリーグローバルイノベーションセンター（株），[2]大阪公立大・院農，[3](公財)サントリー生有研，[4]東北大・院・生命科学，[5]基生研，[6]総研大） | 9:45 |
| | | **3Ea3**<br>ジンチョウゲ科植物における右旋性ジベンジルブチロラクトンリグナン生成の特異な立体化学制御機構<br>The unique stereochemical mechanism for the selective formation of (+)-dibenzylbutyrolactone lignans in Thymelaeaceae plants<br>ツチハシ フェルナンド サトシ[1]，廣田 光希[1]，山村 正臣[1,2]，小林 慶亮[1]，服部 武文[2]，三上 文三[1]，飛松 裕基[1]，Björn Robert Hamberger[3]，梅澤 俊明[1]（[1]京大・生存研，[2]徳大・生物資源，[3]ミシガン州立大学） | 10:00 |
| | | **3Ea4**<br>メタボロン形成に伴う一過性タンパク質間相互作用によるカルコン合成酵素の反応制御メカニズムの解明<br>Elucidating the Regulatory Mechanisms of Chalcone Synthase through Transient Protein-Protein Interactions Involved in Metabolon Formation<br>今泉 璃城[1]，和氣 駿之[1]，竹下 浩平[2,3]，廣居 桜子[1]，川口 一朋[4]，安田 あおい[4]，松浦 滉明[3]，矢内 太朗[4]，坂井 直樹[5]，片岡 邦重[4]，高橋 征司[1]，山本 雅貴[2]，山下 哲[4]，中山 亨[1]（[1]東北大院工，[2]理研SC，[3]兵県大院理，[4]金沢大院自然科学，[5]JASRI） | 10:15 |
| | | **3Ea5**<br>アブラナ科植物におけるフェニルアシル化フラボノイド代謝の多様化機構の解明<br>Diversification of phenylacylated flavonoid metabolism in Brassicaceae<br>渡邉 むつみ，安川 小百合，金 陽喜，阿部 友美，峠 隆之（奈良先端大・バイオ） | 10:30 |
| | | **3Ea6**<br>芳香族香気成分フェニルプロペンのメチレンジオキシ環形成に関わるシトクロム P450 酵素の探索<br>Exploration of cytochrome P450 enzymes involved in the formation of the methylenedioxy ring in volatile phenylpropenes<br>山田 泰之[1]，杉本 綾香[1]，山下 紗輝[1]，藤田 優花[1]，足立 実優[1]，士反 伸和[1]，肥塚 崇男[2]，小埜 栄一郎[3]，奥山 雄大[4]（[1]神戸薬大・医薬細胞，[2]山口大院・創成科学，[3]サントリーグローバルイノベーションセンター（株），[4]科博・筑波実験植物園） | 10:45 |

| 時間 | A会場 | B会場 |
|---|---|---|
| | **発生・分化・形態形成** | **遺伝子組換え・ゲノム編集** |
| 11:00 | **3Aa7**<br>暗条件に応じた TCP3 依存的酸成長による胚軸伸長制御の解析<br>Analysis of TCP3-dependent acid growth in the regulation of hypocotyl elongation under dark conditions<br>小山 知嗣[1]，田原 悠平[2]，曽我 康一[2]，豊永 宏美[1]，延原 美香[1]，宮田 真人[2]，高橋 宏二[3,4]，木下 俊則[3,4]（[1]サントリー生命科学財団・生有研，[2]大阪公立大学・大学院理学研究科，[3]名古屋大学大学院・理学研究科，[4]名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所） | **3Ba7**<br>Type I-D CRISPR-Cas（TiD-X）を基盤とした新規ゲノム編集ツールの開発<br>Development of novel genome editing tools based on Type I-D CRISPR-Cas for plants<br>刑部 祐里子[1]，室本 翔太[1]，後藤 空吾[1]，加藤 むうむ[1]，和田 直樹[2]，城所 聡[1]，刑部 敬史[2]（[1]東京科大・生命理工，[2]徳島大院・社会産業理工学） |
| | **環境応答・非生物ストレス** | |
| 11:15 | **3Aa8**<br>根寄生植物ヤセウツボの発芽フェノロジーに基づく発芽制御機構の解析と防除法の検討<br>Analysis of germination phenology and regulatory mechanisms of the root-parasitic plant *Orobanche minor* for weed management<br>大谷 真彦[1]，鈴木 泰輝[2,3]，北洞 心晴[1]，神尾 明日香[4]，伊藤 晋作[5]，瀬戸 義哉[1,2]（[1]明治大・農，[2]明治大・院農，[3]理研CSRS，[4]東農大NGRC，[5]東農大・生命） | **3Ba8**<br>アグロバクテリア由来小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼを用いたゲノム編集ツール開発<br>Identification of a novel compact RNA-guided nuclease from *Agrobacterium* and its engineering as a genome editing tool<br>中村 彰良[1]，山本 宏[1]，長谷川 玲花[2]，矢野 翼[2]，光田 展隆[1]，寺川 輝彦[2]，伊藤 誠一郎[3]，菅野 茂夫[1]（[1]産総研・バイオものづくり，[2]インプランタイノベーションズ，[3]TOPPANホールディングス） |
| 11:30 | **3Aa9**<br>長期高温生育条件下におけるムギ類植物の鉄欠乏応答機構の解明<br>Prolonged heat stress–induced iron deficiency is mitigated by chelation-based iron uptake in wheat (*Triticum aestivum*) and *Brachypodium distachyon*<br>南 杏鶴[1,2]，清水 みなみ[1,2]，山口（上原）由紀子[1]，野副 朋子[3,4]，鈴木 基史[5]，田野井 慶太朗[4]，持田 恵一[1,2,6]（[1]理研・環境資源科学研究センター，[2]横浜市立大学・木原生物学研究所，[3]明治学院大学・教養教育センター，[4]東京大学・農学生命科学研究科，[5]愛知製鋼，[6]長崎大学・情報データ科学部） | **3Ba9**<br>小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼを用いたゲノム編集ツールの植物への適用性<br>Application of a novel compact RNA-guided nuclease for genome editing in plants<br>長谷川 玲花[1]，中村 彰良[2]，菅野 茂夫[2]，山本 宏[2]，矢野 翼[1]，伊藤 誠一郎[3]，光田 展隆[2]，寺川 輝彦[1]（[1]インプランタイノベーションズ，[2]産総研・バイオものづくり，[3]TOPPANホールディングス（株）） |

| | C 会場 | D 会場 | E 会場 | 時間 |
|---|---|---|---|---|
| | | | **バイオスティミュラント** | |
| | | | **3Ea7**<br>植物の鉄吸収機構を利用したバイオスティミュラント資材の開発<br>Development of biostimulants based on iron uptake mechanisms in plants<br>鈴木 基史（愛知製鋼株式会社） | 11:00<br>11:15<br>11:30 |

**奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00**

**P1**

低リン応答におけるゼニゴケ GAPR 型転写因子の機能の解析

Functional analysis of GAPR-Type transcription factor to low phosphorus in *Marchantia polymorpha*

大槻 並枝[1]，石崎 公庸[2]，柳澤 修一[1]（[1]東大・農，[2]神大・理）

**P2**

イネ種子の貯蔵物質含量の分子育種に向けた PEPC 遺伝子の機能解析

Functional analysis of *PEPCs* for molecular breeding of seed storage substances in rice

砂川 果穂[1]，山本 直樹[1,2]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,3]（[1]京都府大・院生命環境，[2]西華師範大，[3]京都府農技セ生資セ）

**P3**

ヒユ科植物の葉組織における対照的なスフィンゴ脂質代謝パターンの解明

Elucidation of Contrasting Sphingolipid Metabolic Patterns in Leaf Tissues of Amaranthaceae Plants

山川 琉太[1]，時水 洋和[1]，石川 寿樹[2]，今井 博之[1]（[1]甲南大・院自然科学，[2]埼玉大・院理工学）

**P4**

ヒメツリガネゴケのシュウ酸蓄積におけるイソクエン酸リアーゼの影響

The contribution of isocitrate lyase to oxalate accumulation in *Physcomitrella patens*

納冨 栞之子[1]，野村 俊尚[2]，村山 秀樹[2]，宮城 敦子[2]（[1]山形大・院農，[2]山形大・農）

**P5**

ペチュニアにおける揮発性ベンゼノイド配糖化酵素の機能解析

Functional characterization of glycosyltransferases involved in volatile benzenoid glycosylation in Petunia

山本 新之助[1]，矢羽田 琳[1]，北島 佐紀人[2]，肥塚 崇男[1]（[1]山口大・院創成科学，[2]京工繊大）

**P6**

ムラサキゴテンの tradescantin 生合成に関与する arabinofuranosyltransferase の同定と機能解析

Identification and functional analysis of arabinofuranosyltransferase involved in tradescantin biosynthesis in *Tradescantia pallida*

内田 開，平井 優美（理研CSRS）

**P7**

ホウライチク培養細胞におけるエピジェネティック修飾剤投与による休眠二次代謝覚醒：各種薬剤の効果と投与方法の検討

Activation of Cryptic Secondary Metabolism by Epigenetic Modifiers in Cultured Cells of Bamboo (*Bambusa multiplex*): Effectiveness of Various Compounds and Administration Methods

鳥居 由暉[1]，宇部 尚樹[2,3]，加藤 悠一[2,3]，野村 泰治[2,3]（[1]富山県大院・工，[2]富山県大・工，[3]富山県大・生医工研セ）

**P8**

ナデシコ科におけるフラボン *C*-配糖体生合成に関与する 2-水酸化ナリンゲニン 6-*C*-グルコシド脱水酵素の構造解析および同遺伝子のペチュニアでの発現

Structural analysis of 2-hydroxynaringenin 6-*C*-glucoside dehydratase involved in flavone *C*-glucoside biosynthesis in Caryophyllaceae and its expression in petunia

田中 良和[1]，中村 典子[1]，槙嶋 理華子[1]，村山 和隆[2]（[1]サントリーグローバルイノベーションセンター(株)，[2]東北大学 医工学研究科）

**P9**

メトキシフラボン *C*ー配糖体 エンビゲニンの生合成に関わるメチル基転移酵素遺伝子の同定と機能解析

Identification and Functional Analysis of Methyltransferase Genes Involved in the Biosynthesis of the Methoxylated Flavone *C*-Glycoside Embigenin

槙嶋 理華子[1]，中村 典子[1]，田中 良和[1]，菅原 孝太郎[2]，勝元 幸久[1]，興津 奈央子[1]，村山 和隆[3]（[1]サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社／Suntory Global Innovation Center Ltd.，[2]公益財団法人サントリー生命科学財団／Suntory Found. Life Sci.，[3]東北大・院医工学／Grad. Sch. Biomed. Eng., Univ. Tohoku）

**P10**

*AtMYB72* を用いたフェニルプロパノイド代謝活性化によるベンサミアナタバコでの揮発性芳香族化合物生産

Production of Volatile Aromatic Compounds in *Nicotiana benthamiana via AtMYB72*-Mediated Activation of Phenylpropanoid Metabolism

内海 咲矢南[1]，野村 泰治[2]，肥塚 崇男[1]（[1]山口大院・創成科学，[2]富山県大・工）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P11**

クマリン非生合成植物におけるケイヒ酸の異性化触媒因子の探索

Identification of the factors catalyzing cinnamic acid isomerization in non-coumarin-producing plants

大串 空[1]，都筑 恵[1]，西山 康太郎[2]，鈴木 泰輝[3]，瀬戸 義哉[1]（[1]明大院・農，[2]静大院・農，[3]理研・CSRS）

**P12**

ハマウツボ科根寄生植物が生産するフェニルエタノイド配糖体の生合成に関する研究

Identification of biosynthetic genes for phenylethanoid glycosides produced by Orobanchaceae family root parasites

小野寺 唯[1]，大野 春香[1]，大谷 真彦[1]，西山 康太郎[2]，瀬戸 義哉[1]（[1]明大・院農，[2]静大・院農）

**P13**

高アルミニウム耐性樹木 *Eucalyptus camaldulensis* が含むアルミニウム無毒化タンニン

Aluminium-detoxifying tannins contained in a high aluminium-resistant tree *Eucalyptus camaldulensis*

田原 恒[1]，西口 満[1]，伊東 秀之[2,3]，植盛 晴菜[3,4]，岩岡 裕二[3]，山下 広美[3]，村上 敏之[4]，山溝 千尋[1]（[1]森林総研，[2]医薬基盤・健康・栄養研究所，[3]岡山県立大院，[4]丸善製薬総合研）

**P14**

ゲノム編集ダイズ毛状根を用いたサポニン生合成制御因子 GmTSAR1 の機能解析

Functional analysis of GmTSAR1, a regulator of saponin biosynthesis, using genome-edited soybean hairy roots

西村 悠希[1]，森田 遥絵[1]，北村 美紗子[1]，松本 杏樹[1]，岡本 有平[1]，田村 啓太[1,2]，坊農 秀雅[2,3]，村中 俊哉[4]，關 光[1,4]（[1]阪大・院工，[2]広島大・ゲノム編集イノベーションセ，[3]広島大・院統合生命，[4]阪大・先導的学際研機構）

**P15**

ブルーベリー由来アントシアニンの生合成に関わる配糖化酵素遺伝子のクローニングと機能解析

Cloning and functional characterization of a glycosyltransferase involved in anthocyanin biosynthesis in blueberry

安田 遥，明石 智義（日本大・生物資源）

**P16**

ミカン科分泌腔への脂溶性二次代謝産物の蓄積を担う輸送体遺伝子のインシリコ探索

In silico screening of transporter genes responsible for the accumulation of lipophilic secondary metabolites into the oil cavity in Rutaceae

釜田 陽光[1]，市川 公康[1]，松下 修平[1]，松川 哲也[2,3]，矢﨑 一史[1]，杉山 暁史[1]，棟方 涼介[1]（[1]京大・生存研，[2]近大・地創農研，[3]近大・生物理工）

**P17**

シングル核トランスクリプトーム解析によるセリ科植物の油管関連因子の探索

Screening for oil duct-related factors in Apiaceae plants by single-nucleus transcriptome analysis

新屋 和花[1]，大塚 菜那[2]，上岡 澪奈[1]，前田 太郎[3]，永野 惇[4,5]，杉山 暁史[1]，白川 一[2,6]，棟方 涼介[1]（[1]京大・生存研，[2]奈良先端大・先端科学技術，[3]慶大・SFC-MG，[4]慶大・先端生命，[5]名大・生機研，[6]中研院・植微所）

**P18**

青パパイヤの発達段階と機能性成分の関係性

Relationship between developmental stages of unripe papaya and functional components

解良 康太，相馬 孝亮，杉本 七海，井上 陽菜（東農大・応生）

**P19**

植物 2-オキソグルタル酸依存性ジオキシゲナーゼの分子系統解析による分類体系の再検討

Phylogenetic Reassessment of Plant 2-Oxoglutarate-Dependent Dioxygenase Classification

須澤 尚太，秋山 遼太，水谷 正治（神戸大院・農）

**P20**

コケ植物における 4-クマロイル CoA リガーゼの分子進化と細胞内局在

Molecular evolution and subcellular localization of 4-coumaroyl-CoA ligases in bryophytes

中西 浩平[1]，守屋 健太[2]，橘 美紗希[1]，高梨 功次郎[3]，石崎 公庸[2]，水谷 正治[1]（[1]神戸大・院農，[2]神戸大・院理，[3]信州大院・総合理工）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P21**

理化学研究所 CSRS における植物特化代謝物解析のための質量分析の技術開発と研究支援

Technology development and research support for plant specialized metabolite analysis using mass spectrometry at RIKEN CSRS

森 哲哉，武田 紀子，桜井 都子，大髙 きぬ香，小林 誠，豊岡 公徳，平井 優美（理研CSRS）

**P22**

トマトにおける代謝型受容を介した香気二糖配糖体の多様化と化学防御能

Metabolic reception-mediated diversification of aroma diglycosides and chemical defense in tomato

大西 利幸[1,2]，水越 佑太[3]，吉田 剛瑠[3]，本間 駿一[3]，稲葉 環[3]，竹原 港[4]，上村 卓矢[4]，有村 源一郎[4]（[1]静大･グリーン研，[2]静大･農，[3]静大院･総科技，[4]東理大･先進工）

**P23**

月桃および近縁種のゲノム解析とプロアントシアニジンを基盤とした機能性資材の開発

Genome analysis of *Alpinia zerumbet* and related species, and development of functional materials based on proanthocyanidins

鳴坂 義弘[1]，長岐 清孝[2]，牛島 幸一郎[3]，鳴坂 真理[1]（[1]岡山生物研･植物活性化G，[2]岡大･植物研，[3]岡大･院環境生命自然）

**P24**

高速型キメラミオシン XI 導入カメリナにおける花成促進と種子バイオマス増加の関係

Evaluation of Floral Transition Acceleration and Seed Biomass Increase in Camelina Expressing a High-speed Chimeric Myosin XI

半田 藍[1]，高野 俊介[1]，富永 基樹[2]，伊藤 光二[3]，小口 太一[4,5]（[1]筑波大･院･生物資源科学，[2]早稲田大･教育･総合科学学術院，[3]千葉大･理学研究院，[4]筑波大･生命環境系，[5]筑波大･T-PIRC）

**P25**

ルテイン合成酵素遺伝子の過剰発現による葉緑体色素組成の改変

Alteration of Chloroplast Pigment Composition by Overexpression of Lutein Biosynthesis Enzyme Genes

鎌谷 諒（大公大･院創薬科学）

**P26**

MATE 型輸送体の導入によるゲノム挿入型大腸菌のレチクリン分泌促進と高生産化

Enhanced secretion of reticuline in genome-integrated *Escherichia coli* by MATE-type transporters

土反 伸和[1]，平谷 万里[1]，倉田 和音[1]，山田 泰之[1]，中川 明[2]，南 博道[2,3]（[1]神戸薬大･医薬細胞，[2]ファーメランタ株式会社，[3]石川県大 応用微生物）

**P27**

ミシマサイコにおける細胞培養系の確立とサイコサポニン類の効率的生産

Establishment of cell culture systems for *Bupleurum falcatum* and efficient production of saikosaponins

藤野 伊吹[1]，佐藤 朱莉[1]，阿部 栞[1]，髙嶋 咲羅紗[1]，北村 璃菜[1]，田浦 太志[1]，野路 征昭[2]，浅野 孝[1]（[1]岩手医大･薬，[2]徳島文理大･薬）

**P28**

トマトの *ghost white* 変異の原因タンパク質 GW の機能解析

Functional analysis of the GW protein responsible for the ghost white phenotype in tomato

河野 颯大[1]，肖 瀲煒[1]，小久保 祥子[2]，深沢 知加子[1]，和氣 駿之[3]，高橋 征司[3]，本橋 令子[1]（[1]静大･院農学，[2]静大･創造科学技術大学院，[3]東北大院工学研究科）

**P29**

リンゴカラムナー遺伝子導入組換えリンゴの解析

Analysis of transgenic apple with the columnar gene

和田 雅人[1]，今井 悠人[1]，岡田 和馬[2]，川原田 泰之[1]，小森 貞男[1]（[1]岩手大学･農学部，[2]農研機構･果樹茶業研究部門）

**P30**

2 つのタンパク質をコードするシロイヌナズナ核コード mRNA の短い 5′非翻訳領域が関与する翻訳制御機構

Translational regulatory mechanism involving a short 5'-untranslated region of an Arabidopsis bicistronic mRNA

宇野 憧人，村上 達，中尾 晃大，垣内 俊哉，平郡 雄太，内藤 哲，尾之内 均（北大･院農）

**奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00**

**P31**

小胞体ストレスセンサー IRE1 による mRNA 分解効率を決める特徴

Determinants of mRNA Degradation Efficiency by the Endoplasmic Reticulum Stress Sensor IRE1

松本 帆夏，小泉 望，岩田 雄二（大阪公大・院農学）

**P32**

オダマキ属 2 種におけるトランスクリプトーム解析および色素成分関連遺伝子の発現比較

Transcriptome analysis and comparison of gene expressions related to pigments components in two species of the genus Aquilegia

坂田 脩羽[1]，金 相完[1]，本多 和茂[2]，秦 奇[3]，水野 貴行[4]，田中 良和[4]，平川 英樹[1]（[1]九州大・院農，[2]弘前大・農学生命科学部，[3]東農大院・連合農学研究科，[4]国立科博・植物研究部）

**P33**

ブナ科植物スダジイのハプロイドゲノム構築及びハプロイド間の遺伝子比較

Haploid Genome Assembly and Comparative Gene Analysis in Fagaceae Species *Castanopsis sieboldii*

實下 愛梨[1]，金 相完[2]，田島 直幸[3]，磯部 祥子[3,4]，佐竹 暁子[5]，平川 英樹[1,2]（[1]九大院・生資環，[2]九大院・農，[3]かずさDNA研，[4]東大院・農，[5]九大院・理）

**P34**

ブナ科樹木 3 種の新規ゲノム解読及び遺伝子比較

*De novo* genome assembly and gene comparison of three Japanese oaks in the family Fagaceae

金 相完[1]，實下 愛梨[2]，田島 直之[3]，磯部 祥子[3,4]，佐竹 暁子[5]，平川 英樹[1,2]（[1]九大院農，[2]九大院生資環，[3]かずさDNA研，[4]東大院農，[5]九大院理）

**P35**

ストック花弁細状化変異体の育種利用および分子機構解析

Breeding Application and Molecular Mechanism Analysis of a Narrow Petal Mutant in *Matthiola incana*

志熊 恵二，藤田 知也，富永 晃好（静岡大・院総合科学技術）

**P36**

Organ specific Chemical Structure of Cell Wall-Cuticle Continuum in *Arabidopsis thaliana* by Microscopic Attenuated-Total-Reflection Infrared Spectroscopy

Hidemasa Teraoka[3], Yoshimi Oshima[1,2], Shota Saito[3], Atsuki Ishibashi[4], Tetsuya Hama[3] ([1]BPRC, AIST, [2]PRESTO, JST, [3]Grad. Sch. Arts & Sci., Univ. Tokyo, [4]Inst. Low Temp. Sci., Hokkaido Univ.)

**P37**

dual *R* 遺伝子と non-NLR 型 *R* 遺伝子が拓く植物多層免疫機構：シロイヌナズナ炭疽病抵抗性の新展開

Dual *R* genes and non-NLR *R* genes reveal multilayered plant immunity: Insights into *Arabidopsis* resistance to *Colletotrichum* pathogens

鳴坂 真理[1]，井内 聖[2]，井内 敦子[2]，鳴坂 義弘[1]（[1]岡山生物研・植物活性化G，[2]理研・BRC）

**P38**

セリ科薬用植物の特化代謝にキュウリモザイクウイルスが与える影響

Effects of Cucumber Mosaic Virus on Specialized Metabolism in Medicinal Plants of the Apiaceae Family

川上 寛子[1]，上之郷 玉星[1]，今 辰哉[1]，河下 美都里[2]，藤 晋一[1]（[1]秋田県大・生物資源，[2](株)ツムラ）

**P39**

ナガエツルノゲイトウの地上部における鉛直方向への伸長が節での発根に及ぼす影響について

The effect of vertical elongation of the aboveground parts of Alternanthera philoxeroides on rooting at nodes

上村 隼生[1]，前田 莉望愛[2]，今井 博之[1,2]（[1]甲南大・院自然科学，[2]甲南大・理工）

**P40**

シロイヌナズナの HSFA2 は 5 分の熱ストレスの記憶を制御する

HSFA2 regulates memory of 5-min heat stress in *Arabidopsis thaliana*

小野 莉子[1]，湯瀬 真衣[2]，鈴木 伸洋[2]（[1]上智大院　理工学研究科，[2]上智大　理工学部）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P41**

シロイヌナズナ *Elm2 Domain Protein* 遺伝子に関する変異体の熱ー乾燥複合ストレス応答

Respponses of Arabidopsis mutants deficient in *Elm2 domain protein* gene to heat-drought combination

小室 一喜，Rita Rose Chacko，鈴木 伸洋（上智大院・理工学専攻）

**P42**

短時間熱ストレスの記憶がトマトおよびコマツナの熱ストレス応答に与える影響

Effects of memory of short-term heat stress on tomato and Komatsuna

竹澤 芽生[1]，鈴木 伸洋[2]（[1]上智大院・理工学研究科，[2]上智大・理工学部）

**P43**

シロイヌナズナにおける短時間熱ストレスの記憶の制御への Ios1 遺伝子の関与

Involvement of *Ios1* gene in the regulation of memory of short-term heat stress in *Arabidopsis thaliana*

有吉 沙耶香[1]，湯瀬 真衣[2]，鈴木 伸洋[2]（[1]上智大院　理工学研究科，[2]上智大　理工学部）

**P44**

アイスプラント由来 RNA シャペロン導入によるポプラの塩, 乾燥, 高温ストレス耐性向上の評価

Improved Salt, Drought, and Heat Stress Tolerance in Poplar by an Ice Plant–Derived RNA Chaperone

柏 志承[1]，鹿倉 悠平[1]，小口 太一[2,3]（[1]筑波大・院・生命資源科学，[2]筑波大・生命環境，[3]筑波大・T-PIRC）

**P45**

環境シミュレーターを活用したキヌア栽培条件の検討と開花制御機構の解析

Investigation of Quinoa Cultivation Conditions Using an Environmental Simulator and Analysis of Flowering Control Mechanisms

小賀田 拓也[1]，永利 友佳理[1]，田中 ファン[2]，小林 安文[1]，Meseret Gutema[3]，Hatairat Dangjarean[1,4]，Sara Neyrot[1,4]，Mariel Bonifacio[1,4]，村田 善則[1]，西原 英治[3]，坪 充[5]，藤田 泰成[6,7]（[1]国際農研・生物資源利用，[2]国際農研・生産環境畜産，[3]鳥取大・農，[4]筑波大院・生命地球，[5]鳥取大・乾燥地研，[6]国際農研・食料栄養，[7]筑波大・生命環境）

**P46**

トマト MADS-box 遺伝子 *Jointless* による低温ストレス応答

Low-temperature stress response mediated by the tomato MADS-box gene *Jointless*

岡 夏実，Xiaohan Li，三浦 謙治（筑波大・生命地球科学）

**P47**

Synthetic microbial community enhance salt stress tolerance of *Arabidopsis thaliana*by reshaping salt stress responsive regulatory pathways

Hatairat Dangjarean[1,2], Yoshinori Murata[1], Yasufumi Kobayashi[1], Yasunari Fujita[1,2] ([1]Biological Resources and Post-harvest Division, Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), [2]Graduated School of Science and Technology, University of Tsukuba)

**P48**

マーガレット由来 *FT-like* 遺伝子の単離および発現解析

Isolation and expression analysis of *FLOWERING LOCUS T-like* genes in marguerite

山地 母恵[1]，田中 真優子[2]，山﨑 未紗[2]，深井 誠一[1]，鳴海 貴子[1]（[1]香川大・院農学，[2]香川大・農学）

**P49**

フジ属植物における培養技術の検討

Investigation of *in vitro* propagation techniques for *Wisteria* spp.

幅 裕香梨[1]，深尾 賢志[2]，富永 晃好[1,2]（[1]静岡大・院総合科学技術研究科，[2]岐阜大・院連合農学研究科）

**P50**

エゾマツの不定胚形成における不定胚形成細胞系統間の再生効率評価

Evaluation of regeneration efficiencies among embryogenic tissue lines in somatic embryogenesis in *Picea jezoensis*

丸山 莉生[1,2]，中田 了五[3]，船田 良[4]，半 智史[5]，杉本 慶子[1,2]（[1]理研CSRS，[2]東大院理，[3]森林総研林育セ，[4]静岡県立農林環境専門職大，[5]農工大・院農）

**P51**

クコの組織培養による有用物質生産に関する基礎的研究 I

Fundamental Study I on Production of Bioactive Compounds by the Tissue Culture of *Lycium chinense*

茅野 光世，原 光二郎，小峰 正史，川上 寛子（秋田県大院・生物資源）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P52**

シロイヌナズナにおける光による不定胚形成促進に対する過酸化水素の働きについて

The effect of hydrogen peroxide on the promotion of somatic embryo formation by light in *Arabidopsis thaliana*

徳永 天弥[1]，東 克己[1,2]（[1]帝京科学大学・院・理工学，[2]帝京科学大学・生命環境・生命科学）

**P53**

ウニコナゾールおよび $GA_3$がエビネの種子発芽および初期成長に及ぼす影響

Effects of uniconazole and $GA_3$ on seed germination and early seedling growth of *Calanthe discolor*

里見 拓飛[1]，神戸 敏成[1,2]（[1]龍谷大・院農，[2]龍谷大・農）

**P54**

バイオ燃料植物ジャトロファの不定芽誘導過程における形態形成および遺伝子発現動態

Morphogenesis and gene expression dynamics during leaf-disc-derived shoot regeneration in a biofuel crop *Jatropha curcas*

河合 弘太[1]，松尾 真子[2]，明石 欣也[1,2]（[1]鳥取大院・連農，[2]鳥取大・農）

**P55**

サツマイモの細胞農業に関する検討

Cellular agricultural approach of sweet potatoes

荻田 信二郎[1]，政光 俊佑[1]，山本 幸弘[1]，葉 顓銘[2]（[1]県立広島大・生物資源，[2]國立中興大學・生命科学院）

**P56**

イネ細胞農業に向けた食品グレード低コスト培地 FG-N6CI の開発

Development of a Cost-Effective Food-Grade Medium FG-N6CI for Rice Cellular Agriculture

五十嵐 圭介，松本 萌人（東北大・院農）

**P57**

クルード原料を含む食品グレード培地の pH 予測プログラムの検証 —植物細胞農業に向けて

Verification of a pH Prediction Program for Food-Grade Media Containing Crude Ingredients toward Plant Cellular Agriculture

竹本 好花，浦川 めぐみ，五十嵐 圭介（東北大・院農）

**P58**

リンゴにおける GFP 形質転換体の作出と効率的なゲノム編集系開発への可能性

Generation Of GFP-transgenic Apple Plants And Their Potential For The Development Of An Efficient Genome Editing System

今井 悠人[1]，和田 雅人[2]，小森 貞男[2]，川原田 泰之[2]（[1]岩手大・院総合科学，[2]岩手大・農）

**P59**

コムギゲノム編集の効率化に向けた変異検出法及び変異頻度迅速評価法の開発

Development of methods for detection and quantification of genome-editing as a basis for improving wheat genome editing

神田 恭和[1]，髙木 健輔[1]，安倍 史高[2]，佐藤 和広[1]，加星 光子[1]（[1]かずさDNA研，[2]農研機構・生物研）

**P60**

レタスにおける *Restorer-of-fertility like pentatricopeptide repeat* 遺伝子のノックアウト

Knockout of *Restorer-of-fertility like pentatricopeptide repeat* genes in lettuce

鳥山 欽哉，岩井 裕子，五十嵐 圭介（東北大・院農）

**P61**

モモ(白鳳)の形質転換系の開発

Development of a transformation system for peach (*Prunus persica* cv. Hakuhou)

遠藤 奏登[1]，福岡 里菜[2]，秋田 求[2]，三浦 謙治[3]，大和 勝幸[2]（[1]近大・院生物理工，[2]近大・生物理工，[3]筑波大学・生命環境系）

**P62**

SSPF 法の応用拡張：大型実生への遺伝子導入と形質転換適性スクリーニング

Advancement of the SSPF Method for Gene Delivery to Large Seedlings and Screening of Transformability

河合 桃矢[1]，五十嵐 由依[1]，松井 啓祐[2]，辻 拓也[2]，中谷 暢克[2]，岩見 知歩[2]，池田 美穂[1]（[1]福井県大・生物資源，[2]サントリーフラワーズ(株)）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P63**

野生イネプロラミン遺伝子を導入した形質転換イネの作出と解析

Generation and analysis of transgenic rice expressing prolamin from wild rice

矢木 孝佑[1]，黒田 昌治[3]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]（[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]農研機構）

**P64**

植物におけるタンパク質の一過的発現システム用いたヒノキ花粉アレルゲンの生産

Production of cypress pollen allergens using a transient expression system for proteins in plants

長嶋 玲[1]，神谷 駿太[1]，中村 貴子[2]，佐々木 大和[2]，野口 恵美子[2]，岡野 光博[3]，三浦 謙治[1]（[1]筑波大・生命地球，[2]筑波大・医学医療，[3]国際医療福祉大・医）

**P65**

葉緑体工学を用いたキメラ VLP ワクチン大量生産法の検討

Development of a Method for Mass Production of Chimeric VLP Vaccines Using Plastid Engineering

大森 美玲[1]，竹内 薫[2]，中平 洋一[3]（[1]茨大・院農学，[2]筑波大・医学，[3]茨大・農学）

**P66**

葉緑体工学を用いたマダイイリドウイルス病抗原タンパク質大量生産の試み

Attempted Large-Scale Production of an Antigen Protein for Red Sea Bream Iridoviral Disease Using Chloroplast Engineering

櫻井 佳奈[1]，中平 洋一[2]（[1]茨大・院農学，[2]茨大・農学）

**P67**

ウイスカー超音波法と非 DNA マーカー選抜による DNA フリーなゲノム編集イネの作出

Production of DNA-free genome-edited rice via the sonication-assisted whisker method and non-DNA marker selection

長谷川 玲花[1]，矢野 翼[1]，菅野 茂夫[2]，中村 彰良[2]，長谷川 久和[1]，光田 展隆[2]，寺川 輝彦[1]（[1]株式会社インプランタイノベーションズ，[2]産総研・バイオものづくり研究センター）

**P68**

SU10 自動ナノデリバリーと RNA マーカー選抜による DNA フリーゲノム編集イネ再分化個体の作出

Production of DNA-free genome-edited rice regenerants using SU10 automated nano-delivery and RNA marker selection

矢野 翼[1]，長谷川 玲花[1]，長谷川 久和[1]，寺川 輝彦[1]，木内 高信[2]，名護 しほ[2]，高井 浩典[2]（[1](株)インプランタイノベーションズ，[2]横河電機(株)）

**P69**

ユーストマ(*Eustoma grandiflorum*)*EgAP2* 相同遺伝子のゲノム編集による稔性を維持した八重化技術の確立

Establishment of a Fertile Double Flowering Technology in *Eustoma grandiflorum* by Genome Editing of the *EgAP2* Homologous Gene

坂元 栞[1]，新保 由紀子[1]，大沼 紀子[2]，池田 有理子[1]，矢野 翼[3]，大坪 真樹[1]，坂口 公敏[2]，河西 崇[2]，長谷川 玲花[3]，寺川 輝彦[3]，藤田 和義[4]，武田 征士[1,5]，大坪 憲弘[1]（[1]京都府大・院生命環境，[2]ミヨシ，[3]インプランタイノベーションズ，[4]三好アグリテック，[5]安田女子大・理工）

**P70**

虫こぶ研究に向けたヨモギ(*Artemisia indica* var. *maximowiczii*)の組織培養系および形質転換系の構築

Establishment of tissue culture and transformation systems of *Artemisia indica* var. *maximowiczii* for insect gall research

塗木 彩花，大坪 憲弘（京都府大・院生命環境）

**P71**

Replicon 等を用いた Prime Editing による高効率精密ゲノム編集

High-Efficiency Precise Genome Editing by Prime Editing Using Replicons and Related Technologies

熊木 佑真[1]，横井 彩子[2]，山木 淳正[3]，笹本 智史[3]，雑賀 啓明[2]，土岐 精一[1,4,5]（[1]龍谷大・院農学，[2]農研機構・生物研，[3]龍谷大・農，[4]横浜市大・院生命ナノ，[5]横浜市大・木原生研）

**P72**

タバコ NI 細胞の形質転換法の確立とニコチンフリータバコ培養細胞株の作出

Establishment of transformation method for Tobacco NI cells and Development of nicotine-free Tobacco cultured cells

堀井 陽子[1]，小田原 真樹[2]，沼田 圭司[1,2]（[1]理研CSRS，[2]京都大・院工学研究科）

奇数 9:00–10:30　偶数 10:30–12:00

**P73**

ヒヨコマメにおける *in planta* Particle Bombardment(iPB)法を用いた DNA-free ゲノム編集系の開発

Development of a DNA-free genome editing system in chickpea using *in planta* Particle Bombardment (iPB)

今井 亮三[1]，平山 裕美子[1]，Pankaj Bhowmik[2]（[1]農研機構・生物研，[2]NRC Canada）

**P74**

Cre/*loxP* 部位特異的組換え反応を利用した植物ゲノムのスカーレス相同組換え技術

Development of a Scarless Recombination Technology in Plant Genomes Using Cre/*loxP* Assisted Precision Excision (CLAPE)

中曽根 光，大西 徹，石田 亘広（(株)豊田中研）

**P75**

天然植物由来ヒスチジンリッチタンパク質を基盤とした高効率タンパク質輸送キャリアーの開発

Development of a highly efficient protein delivery carrier based on plant histidine-rich proteins

黒瀬 雅人[1]，七里 吉彦[2]，河野 強[1]，岩崎 崇[1]（[1]鳥取大・院連合農学，[2]森林機構・森林バイオ）

**P76**

タンパク質導入技術を利用した薬剤選抜可能なトランスジーンフリー・ゲノム編集の開発

Development of selectable and transgene-free genome editing using protein delivery technology

堀川 歩里[1]，七里 吉彦[2]，河野 強[1]，岩崎 崇[1]（[1]鳥取大・院持続性社会創生科学，[2]森林機構・森林バイオ）

**P77**

新規休眠打破物資処理によるニホンナシ葉芽の発芽促進効果の検証

Verification of the Effects of a Novel Dormancy-Breaking Substance on Promoting Bud Break in Japanese Pears

坪井 大智，花井 大貴，富永 晃好（静岡大・院総合科学技術）

**P78**

葉緑体におけるテオフィリン誘導型人工リボスイッチの性能制約要因の解析

Analysis of Performance-Limiting Factors of Theophylline-Dependent Synthetic Riboswitches for Plastid Gene Expression

塚本 結衣[1]，藤原 未来[1]，山根 里佳[1]，小川 敦司[2]，中平 洋一[3]（[1]茨大・院農学，[2]愛大・PROS，[3]茨大・農学）

**P79**

生きた植物細胞におけるタンパク質-タンパク質間相互作用解析を容易にする改良型 BiFC システムの開発

Development Of An Improved BiFC System To Facilitate Protein-Protein Interaction Analysis In Living Plant Cells

西村 浩二[1]，呉 禹昌[1]，木戸 陽哉[2]（[1]島根大・生物資源，[2]島根大院・自然科学）

**P80**

バイオサーファクタント「ソホロリピッド」による植物の乾燥ストレス軽減と水分動態制御

Mitigation of Plant Drought Stress and Regulation of Water Dynamics by the Biosurfactant Sophorolipids

李 秋実，片渕 由佳子，廣田 真（アライドカーボンソリューションズ株式会社）

**P81**

理研 BRC における 2026 年度の植物培養細胞リソースの収集・提供・品質管理

RIKEN BRC FY2026 Activities for the Collection, Distribution, and Quality Control of Plant Cell Resources

小林 俊弘，菅原 真由美，蔀 有里，香西 麻美子，川勝 泰二（理研・BRC）

# 2RpJ1 学術賞

## 植物オルガネラゲノム編集技術の開発・応用と学術的貢献

Development and Application of Plant Organelle Genome Editing Technologies and Their Contributions to Plant Biotechnology

有村 慎一

東京大・院農学生命科学

植物ミトコンドリアおよび葉緑体は，呼吸，光合成，代謝，雄性稔性の制御など，植物の生命活動と農業形質を支える重要なオルガネラである．一方で，これらが保持するオルガネラゲノムは，多コピー性，ヘテロプラスミー，独自の DNA 修復・組換え機構，母性遺伝など，核ゲノムとは大きく異なる特徴を持つ．そのため，核ゲノム編集が急速に発展する中にあっても，植物ミトコンドリアや葉緑体ゲノムの標的改変は長らく困難な課題として残されていた．本講演では，私たちが進めてきた植物オルガネラゲノム編集技術の開発と，その基礎・応用研究への展開について紹介する．私たちは，TALE 型人工ヌクレアーゼを植物ミトコンドリアへ標的化する mitoTALEN 技術を開発し，植物ミトコンドリアゲノムの標的改変を実現した．この技術により，特定のミトコンドリア遺伝子やゲノム領域を直接改変し，その機能を検証することが可能となった．特に，細胞質雄性不稔に関わるミトコンドリア遺伝子の機能解析や，ミトコンドリアゲノム構造変化の誘導は，植物ミトコンドリア研究に新たな実験的基盤を与える成果となった．さらに私たちは，TALEN 技術を基盤として，植物ミトコンドリアおよび葉緑体における塩基編集技術の開発にも取り組んできた．C-to-T 型および A-to-G 型のオルガネラ塩基編集により，遺伝子破壊だけでなく，特定アミノ酸置換や機能改変を目的とした精密なゲノム改変が可能となっている．これらの成果は，植物オルガネラゲノムを単に「読む」対象から，「設計し，改変し」，機能検証と応用展開する対象へと転換するものである．葉緑体ゲノム編集においては，光合成の中心酵素である Rubisco 大サブユニット遺伝子 rbcL を標的とした研究を進めている．rbcL への特定アミノ酸置換導入により，Rubisco 活性，光合成能，植物成長に影響を与える変異を実証し, 葉緑体ゲノム編集が光合成機能の改良や作物生産性向上に応用可能であることを示した．また，除草剤耐性，細胞質雄性不稔，ミトコンドリア機能，オルガネラ DNA 修復・組換え機構など，多様な研究対象への展開を通じて，植物オルガネラゲノム編集の汎用性と有用性を検証している．これらの研究は，多くの国内外の共同研究者，学生，研究室メンバーとの協働によって進められてきた．本講演では，植物オルガネラゲノム編集技術の開発過程を振り返るとともに，本技術が植物科学，植物バイオテクノロジー，さらには将来的な作物改良にどのような可能性をもたらすのかについて議論したい．植物オルガネラゲノム編集という新たな研究領域を通じて，基礎生物学と応用研究をつなぐ今後の展望を紹介する．

# 2RpJ2 学術賞

## 植物の環境ストレス応答と耐性強化に関わる化学生物学的研究

Chemical biology studies on plant environmental stress responses and the enhancement of stress tolerance

関 原明[1,2,3]

[1]理研CSRS, [2]横市大・木原生研, [3]埼玉大・院理工

地球温暖化などの環境変動に伴う干ばつや熱波の増加は，作物生産に深刻な被害をもたらしており，環境ストレス応答の分子機構の解明と，簡便に利用可能なストレス耐性強化技術の開発は喫緊の課題である．私は，乾燥・高温・塩・低温などの環境ストレス応答と耐性強化について，化学生物学的視点から研究を展開してきた．特に，エタノールや酢酸などの植物代謝産物処理により，植物が本来備える乾燥・高温・塩ストレス耐性機構を引き出し，実際に耐性を強化できること，およびその分子機構を明らかにした．

エタノールについては，アブシジン酸シグナル伝達を介した気孔閉鎖の促進による乾燥耐性強化，熱ショックタンパク質遺伝子などの発現上昇と小胞体ストレス応答の促進による高温耐性強化，活性酸素蓄積の抑制による耐塩性強化，糖やアミノ酸などの代謝物蓄積の促進を見いだした．また，酢酸処理による乾燥耐性付与にヒストン脱アセチル化酵素 HDA6 が関与すること，さらに酢酸がヒストンのアセチル化やジャスモン酸応答性遺伝子の活性化を介して乾燥耐性を強化することを明らかにした．

エタノールや酢酸は，環境に優しく安価で広く利用可能であり，作物を原料とした循環型農業への展開も期待できる．近年では，大学・研究所，企業，農業法人，都道府県の農業試験場・普及機関，JA，農家等と連携し，エタノール処理による高温･乾燥ストレス耐性付与について, 種々の作物への応用研究と社会実装を推進している．その成果は多くのニュース番組でも紹介され，国内外から高い関心を集めている．本研究は，農作物の環境ストレス耐性を強化する肥料や技術の開発を通じて，温暖化下における食料の安定供給に資するものと期待される．

さらに，乾燥・高温・塩ストレス耐性に関与するヒストン脱アセチル化酵素 HDA19 や HDAC 阻害剤を同定し，クラス I HDAC の活性阻害がストレス耐性向上につながること，クラス I HDAC 阻害剤 Ky-2 が塩排出能を高めて耐塩性を強化することを明らかにした．また，ストレスにより発現誘導される遺伝子や非翻訳型 RNA を 10,000 個以上同定し，環境ストレス下で非翻訳型アンチセンス RNA がセンス RNA 分解を促進するという，植物の新しい環境ストレス適応機構を発見した．

以上の研究により，環境に優しい植物代謝産物，ヒストン修飾，非翻訳型 RNA が関与する植物の環境ストレス応答および耐性強化の分子機構について重要な知見を得た．さらに，2023 年には国際シロイヌナズナ研究会議 ICAR の開催に携わり，2019 年以降 Plant Molecular Biology 誌の編集長を務めるなど，植物科学および植物バイオテクノロジーの発展にも貢献してきた．

謝辞：以上の成果は，多くの共同研究者，研究室の研究員，大学院学生，技術員等と共に得られたものであり，ご尽力いただいたすべての方々に深く感謝申し上げます．

# 2RpJ3 奨励賞

## ケミカルバイオテクノロジーを基盤としたパラゴムノキの天然ゴム生産機構に関する研究

Studies on the Mechanism of Natural Rubber Production in *Hevea brasiliensis* Based on Chemical Biotechnology

栗原（大窪） 恵美子

慶應・商・生物学教室 / 自然セ

天然ゴムは，タイヤや医療材料をはじめとする多様な工業製品に不可欠な生物資源である．しかし，主要供給源であるパラゴムノキ（*Hevea brasiliensis*）は，遺伝的多様性の乏しさ，病害リスク，栽培地域の偏在など，持続的供給に向けた課題を抱えている．私は，化合物をツールとして生命現象を解析・制御するケミカルバイオロジーを基盤に，マルチオミクス解析や細胞生物学を融合し，天然ゴム生産の基盤解明と安定供給に向けた研究を進めている．

近年，東南アジアで甚大な被害をもたらしているゴムノキ葉枯病（LFD）に対し，インドネシアゴム研究所との国際共同研究において，国内農薬ライブラリーを用いた化合物スクリーニングを実施した．その結果，原因菌に対して高い防除効果を示す薬剤の選抜に成功し，現在は現地での登録・実装に向けた実証試験を進めている．

化合物の作用などを植物個体レベルで適切に評価・比較するためには，生理状態や代謝特性を規定する基盤情報の整備も不可欠である．そこで私は，Hevea 属近縁種を対象とした大規模マルチオミクス解析を実施し，ゴム粒子の品質に関与すると考えられる脂質組成や，高生産性を支えるエネルギー代謝関連因子をデータ駆動型に解析した．これにより，化合物処理によって誘導される変化を客観的に評価するためのリファレンス基盤を構築した．

一方で，天然ゴム生合成，特にゴム粒子形成機構については，樹木植物であるがゆえに細胞レベルでの解析が難しく，未解明な点が多く残されている．そこで私は，パラゴムノキ由来の培養細胞系を独自に樹立し，樹木個体では困難であった詳細な細胞生物学的解析を可能にした．現在は，この細胞工学基盤にケミカルバイオロジー的手法を組み合わせ，化学刺激に応答したゴム粒子形成の有無や，ゴム合成関連因子の動態解析を進めている．本研究は，将来的には環境条件に左右されない「植物細胞工場」による新規天然ゴム生産技術への展開を視野に入れたものである．

以上の成果は，国内外の共同研究者や技術スタッフの方々の支援と助言によって得られたものであり，ここに深く感謝申し上げる．今後も，化合物を起点としたケミカルバイオテクノロジーを深化させ，植物が秘める高度な物質生産能力を自在に制御・活用できる技術基盤を構築することで，資源問題の解決と生命科学の発展に貢献する所存である．

# 2RpJ4 学生奨励賞

## 光化学系 II の活性と安定性の制御に関する分子機構の解析：ゲノム編集と阻害剤によるアプローチ

Molecular mechanisms underlying the regulation of photosystem II activity and stability: approaches using genome editing and chemical inhibitors

今泉 滉[1,2]

[1]京都大・院農，[2]現：岡山大・異分野基礎研

光化学系 II（PSII）は，光合成の光エネルギー変換を担うタンパク質複合体である．PSII のドナー側では，光エネルギーを用いて，水から電子を引き抜き酸素を生じる水分解-酸素発生反応が触媒される．また，PSII のアクセプター側では，プラストキノンを介して，光合成電子伝達鎖に電子を供給する．近年，様々な生物種由来の PSII の立体構造が報告され，水分解反応の原子レベルでのメカニズム解明が進むなど，PSII に関する研究は著しく進展したが，まだ未解明な点も多い．例えば，PSII の酸素発生中心の構造や機能は膜表在性サブユニットにより制御・安定化されるが，その詳細な分子機構は不明である．また，PSII のアクセプター側近傍にはシトクロム（Cyt）$b_{559}$ があり，PSII のドナー側とアクセプター側間の調節への関与が提唱されているが，その分子機能もよくわかっていない．そこで，標的一塩基置換によるゲノム編集と阻害剤の利用という 2 つのアプローチにより，PSII の活性や安定性の制御に関わる上記の課題に取り組んだ．

① PSII の水分解反応に重要な膜表在性サブユニット PsbP について，PsbP の保存されたループ領域が酸素発生中心付近に挿入されることに注目した．In vitro 再構成系やシロイヌナズナの核ゲノムの標的一塩基置換により，当該ループの重要性を明らかにするとともに，水分解反応の活性を向上させる新奇なアミノ酸変異を発見した（Imaizumi et al, *PNAS Nexus*, 2022; Imaizumi et al, *in prep*）．その活性向上メカニズムを調べる過程で，酸素発生中心にある機能未知の塩化物イオン（Cl-2）の重要性を示唆した．

② PsbP はアクセプター側近傍の Cyt $b_{559}$ とも相互作用する．同様の相互作用が，PsbP を持たない光合成生物にもあることを見出し，Cyt $b_{559}$ と膜表在性サブユニットとの相互作用に普遍的な機能的重要性があることを示唆した．さらに，シロイヌナズナの葉緑体ゲノムの標的一塩基置換により，Cyt $b_{559}$ の当該領域に変異を導入することで，この相互作用が機能的な PSII の安定蓄積に重要なことを明らかにした（Imaizumi et al, *Photosynth Res*, 2025）．

③ アンチマイシン A（AA）は，光合成反応の中で，PSII が関与しない PSI 循環的電子伝達経路に特異的な阻害剤として頻繁に用いられているが，半世紀以上前に Cyt $b_{559}$ の性質が AA の影響を受けるとの報告もあった．そこで，AA の PSII への影響を精査した結果，AA が PSII に直接結合し，PSII 内部の電子伝達を抑制することを明確にした（Imaizumi et al, *Plant Physiol*, 2025; Imaizumi & Ifuku, *Biosci Biotechnol Biochem*, 2025）．また，AA は，PSII から下流への電子伝達の阻害時に顕著な PSII 光損傷を引き起こすことを認め，AA が PSII を過剰な光から保護する未知の機構を阻害することを示唆した．さらに，化合物 AA3 を用いれば，PSII に影響せずに PSI 循環的電子伝達経路を阻害できることも発見した．

本研究の遂行にあたり多大なご指導を賜りました伊福健太郎教授（京都大学），並びに共同研究者の皆様に深く御礼申し上げます．

# 1RpS1

## プラズマ活性種の定量に基づく種子発芽応答制御の理解

Understanding Seed Germination Responses Based on Quantification of Plasma-Generated Reactive Species

奥村 賢直[1,2]，アタリ パンカジ[2]，古閑 一憲[1,2]，白谷 正治[1,2]

[1]九州大学大学院システム情報科学研究院，[2]九州大学九州大学プラズマナノ界面工学センター

植物は多様な刺激に応答しながら，自らの発芽や成長を柔軟に制御している．雷が多い年は豊作になると古くから言われているように，植物は雷に起因する刺激によっても応答を変化させる．雷は自然界に存在する代表的なプラズマであり，近年では種子へのプラズマ照射による発芽促進や生育向上，環境応答性変化などの誘導が報告されている[P. Attri et al., Processes 8 (2020)]．一方で，プラズマにより生成された活性種がどのように種子内部へ到達し，植物応答を制御するのかについては未解明な点が多い．本研究では，大気圧プラズマを用い，主にイネ（*Oryza sativa* L. cv. Nipponbare）種子を対象として，種子発芽応答制御と活性種輸送との関係について検討した．これまでに我々は，種皮への顕著な物理損傷なしにプラズマ由来活性種が内部へ透過することを実験的に示している[H. Shi et al., Appl. Phys. Express 18 (2025)]．さらに，活性種の透過挙動の照射条件や照射時間による変化を見出しており，種皮が外部刺激と種子内部をつなぐ重要な界面として機能する可能性が示唆されている．最近では，LC-MS や FT-IR 等を用いた気相・種子内の化学種の定量評価を進めており，プラズマ中で生成される活性種組成と植物応答との対応関係について解析を進めている[Okumura et al., Sci. Rep. 12 (2022)]．特に，酸素原子（O）を含む特定活性種に対し，植物が選択的に応答する可能性が見出されつつある[H. Shi et al., Appl. Phys. Express 19 (2026)]．本講演では，活性種の種皮透過，化学種定量，発芽・生育応答，環境応答性変化など，これまでに得られている知見を紹介し，プラズマ駆動植物応答について議論する．

# 1RpS2

## イメージング質量分析による低温プラズマ照射した種皮成分の分布解析

Imaging Mass Spectrometry for Analyzing Component Distribution in Seed Coats Irradiated with Low-Temperature Plasma

松下 祥子[1]，嶋 良祐[2]，宮内 直弥[3]，鈴木 龍馬[1]，鈴木 佑典[1,2]

[1]日大理工，[2]日大理工･大学院，[3]物質材料機構

【背景・目的】低温プラズマ照射した複数種の種子において，発芽率や成長率の向上が報告されている．この機序には細胞内の DNA メチル化変化の関与が考えられており，照射時に生じた活性酸素種や活性窒素種が種皮や種子の分子組成を変化させ，種子内部へシグナルを伝達させている可能性が示唆されている．そこで本研究では，イメージング質量分析を用いて，低温プラズマ照射の有無による種皮中の分子分布を評価し，活性種の種皮透過に関する知見を得ることを目的とした．

【方法】ジェット型大気圧ヘリウムガスプラズマ装置を用いて，カイワレ大根（*Raphanus sativus* var. *longipinnatus*）の種皮にプラズマを照射した．その種皮を導電性テープでスライドガラス上に貼付し，飛行時間型二次イオン質量分析装置を用いて *m/z* 0-1850 の陰イオンを測定した．また，アルゴンイオンスパッタリングによる深度方向の分析を行った．

【結果・考察】低温プラズマ照射した種皮を測定したところ，表層より脂肪酸に相当するイオンが強く検出されたことが分かった．また，スパッタリングを行った試料からも表層で観察された脂肪酸と同様のイオンが検出された．このことからプラズマ照射の影響は，ある程度の深さまで及んでいることが示唆された．これらの脂肪酸の変化は，生成した活性種や熱により中性脂質などから遊離した結果と考えられ，増加した脂質が吸水時に取り込まれることで発芽や成長促進に寄与している可能性について議論したい．

# 1RpS3

## 電子スピン共鳴によるラジカル計測を用いたプラズマ–種子相互作用の解析

Analysis of Plasma–Seed Interactions Using Radical Measurement via Electron Spin Resonance

井上 健一[1]，仲田（狩野）麻奈[2]，江原 宏[2]，石川 健治[1]

[1]名古屋大学　低温プラズマ科学研究センター，[2]名古屋大学　農学国際教育研究センター

持続的農業を支える技術として，再生可能エネルギーを植物成長・活性化の誘発刺激に直接転換できる低温プラズマが注目されている．放電現象によって生成するプラズマは加速された電子を含み，原子・分子の電子衝突励起を通じて様々な活性化学種を瞬間的に供給する．特に近年は，真空容器を必要とせず高温化も抑制された大気圧低温プラズマが開発され，熱の授受を伴わない，高速電子を起点としたプラズマ化学反応の生体への適用も進められている．プラズマ化学反応を特徴づける重要な化学種にラジカルがある．プラズマを直接種子に照射する系では，空気を原料とした短寿命ラジカル（・OH や・NO）が供給されるだけでなく，種子の外皮等でもラジカルが生成する．プラズマ照射は発芽促進[1]や DNA メチル化変動[2]などを種子にもたらす一方，その機構には未解明な点が多い．外部から供給されたラジカルが種子内代謝を駆動し，照射後も残る生理応答を引き起こす可能性があるが，種子内ラジカル分布や生化学反応への影響は十分検証されていない．

本発表では，電子スピン共鳴（ESR）分析により，プラズマが生成する短寿命ラジカルおよび種子内ラジカルを直接検出した結果を紹介する．大気圧プラズマをササゲ（V. unguiculata ver. sesquipedalis）等の種子に直接照射し，ESR イメージングを行うことで，種子内でのラジカル分布の可視化にも成功した．これらの成果が，プラズマという特殊環境下での植物応答機構の理解と，持続的農業への展開に寄与することを期待する．

[1] H. Hashizume et al., Plasma Process Polym., 18:e2000181 (2021).
[2] C. Suriyasak et al., ACS Agric. Sci. Technol., 1, 5−10 (2021).

# 1RpS4

## 空気プラズマ照射によるソルガムの発芽・生育促進機構の解析

Effects and mechanisms of air plasma irradiation on sorghum germination and growth

柳川 由紀[1]，蒔田 由布子[2,3]，奥村 賢直[4]，小嶋 美紀子[3]，加納 圭子[5]，平岡 信之[2]，河内 正治[2]，三城 恵美[5]，榊原 均[3,6]，古閑 一憲[4]

[1]千葉大・院園芸/Grad. Sch. Hort., Chiba Univ，[2]前橋工大・工学部/Eng., Maebashi Inst. Tech.，[3]理研 CSRS/RIKEN CSRS，[4]九大・シス情報/ ISEE, Kyushu Univ.，[5]名古屋大・WPI-ITbM/ WPI-ITbM, Nagoya Univ.，[6]名古屋大・院生命農学/Grad. Sch. Bioagric. Sci., Nagoya Univ.

イネ科のソルガムは高温，乾燥に強いことから，世界五大穀物として世界で広く栽培されている．また，ソルガムはサトウキビが属する *Saccharinae* であり，糖・バイオマス作物としての需要も高い．プラズマは固体，液体，気体に並ぶ物質の第 4 の状態であり，気体に高い電圧をかけることでプラズマを発生させることができる．

我々のこれまでの研究から，大気圧下で生成する空気プラズマをソルガム（BTx623）種子に照射すると発芽及び生育が促進することを明らかになった．そこで，種子への空気プラズマ照射による発芽・生育促進機構を明らかにすべく，本研究を行った．これまでの大会で，我々は空気プラズマ照射したソルガム種子を用いた遺伝子発現解析について報告した．そこで，今回は，遺伝子発現に加え，タンパク質レベルの解析，さらに植物ホルモン分析の結果を含め，最新の成果を報告する．

# 1RpS5

## プラズマ照射によるエピジェネティック制御を介した種子発芽機構

Epigenetic mechanism of seed germination enhancement by cold atmospheric plasma treatment

Chetphilin Suriyasak，石橋 勇志

九州大学大学院農学研究院

作物種子の発芽は，その後の生育や収量性に直結する重要な農業形質の一つである．そのため，作物種子の休眠状態および発芽能力に関与する生理的なメカニズムの解明が農業生産に繋がると考えられる．これまでに，種子発芽を制御する要因として，吸水後の NADPH oxidases により生成された活性酸素（ROS）が，植物ホルモンであるジベレリン（GA）を促進し，アブシジン酸（ABA）を抑制することで種子の発芽が制御されること，外部から与えられた ROS はエピジェネティック制御を介して GA・ABA 関連遺伝子の発現を調節することを明らかにしている．加えて，ROS を含む活性種を産生することが知られているプラズマを種子に照射することで，種子内のエピジェネティック状態の変化が確認されたことから，本研究では，低温大気圧プラズマが，オオムギの種子発芽特性に及ぼす影響を調査し，ROS 経路を介してエピジェネティック変動を引き起こすかを検証した．結果として，プラズマ照射をしたオオムギ種子は未照射（Control）種子と比べて有意に発芽の促進が確認された．また，Control と比べて，発芽途中の NADPH oxidases 遺伝子発現がプラズマ種子で上昇したと共に，種子胚の ROS 含量の上昇も見られた．ROS の下流である GA/ABA 関連遺伝子の発現変動も見られ，その発現変動は発芽促進に関与すると考えられた．最後に，プラズマ照射による遺伝子の発現変動は DNA メチル化やヒストン修飾状態に制御されていたことから，プラズマ照射は ROS を介して，種子内のエピジェネティック変動を引き起こし，発芽を促進することが示唆された．

# 1RpS6

## プラズマ生成 $N_2O_5$ のイネ種子発芽における生理効果

Physiological effects of plasma-generated $N_2O_5$ on seed germination

東谷 篤志[1]，Keriman Sekerci[1]，東谷 なほ子[1]，佐々木 渉太[2]，金子 俊郎[2]

[1]東北大･院生命科学，[2]東北大･院工学

近年，本領域の研究者をはじめ，国内外の研究者により，常温大気圧プラズマなどを種子に照射することで，発芽率やその後の生長が促進されることが報告されている．一方で，プラズマ照射時に生成されるどのような活性種が関与しているのか，またそれらが植物種子に対して分子レベルでどのような変化を引き起こし，発芽や生長促進につながるのかについては，未だ不明な点が多く残されている．そこで本研究では，開発したプラズマ生成 $N_2O_5$ ガスや $O_3$ ガスなどの高純度成分をイネ成熟乾燥種子に曝露し，種子発芽およびその後の生長への影響に加え，貯蔵タンパク質をはじめとする各種酵素タンパク質の翻訳後修飾や，給水後の分解制御について解析することで，発芽および生長促進メカニズムの一端を明らかにすることを目的とした．

その結果，$N_2O_5$ ガス曝露において，有意な発芽率の促進効果が観察され，それらは，低温でより顕著になることが示された．一方，$O_3$ ガス曝露では発芽促進の効果は観察されなかった．さらに，発芽した種子を引き続き生育させたところ，$N_2O_5$ ガス曝露種子では特に根の発達が顕著に促進することが示された．

$N_2O_5$ ガスは，in vitro で水と強く反応し硝酸を，またチロシンと反応しニトロチロシンを生成することが知られている．そこで，イネ乾燥種子への $N_2O_5$ ガスの曝露により，種子タンパクにニトロ化修飾が生じているかどうか，抗ニトロチロシン抗体を用いた WB 法により調べた．その結果，曝露時間に応じて複数のイネ種子タンパクのニトロ化が生じることも明らかになった．本発表では，これらニトロ化されたタンパクについても議論する．

# 1RpS7

## シロイヌナズナ初期成長促進におけるプラズマ作用効果の解析

Effect of an Atmospheric-Pressure Plasma on the Early Development of Arabidopsis Seedlings

國枝 正[1,2]，奥村 賢直[3]，石川 和也[4]，野村 真未[5]，小竹 敬久[6]，古閑 一憲[3]

[1]京都府大・院生命環境，[2]奈良先端大・バイオ，[3]九州大・システム情報，[4]名古屋大・低温プラズマ研究センター，[5]山形大・理，[6]埼玉大・院理工

植物は，光や温度，重力や栄養といった環境中からの様々な刺激に応答しながら，自らの成長を環境に合わせて柔軟に制御している．「雷が多い年は豊作になる」と古くから言われているように，植物は雷に起因する刺激によっても成長を変化させている．雷は自然界における“プラズマ”であり，大気圧プラズマ装置を使った近年の研究において，プラズマ照射が植物の発芽や成長を促進する効果をもつことが報告されている．しかしながら，プラズマ照射による植物の成長促進効果について，その生理および分子メカニズムには不明な点が多い．

我々は，シロイヌナズナ（*Arabidopsis thaliana*）を対象にして，発芽直後の初期成長における大気圧プラズマの効果を検証した．プラズマ処理区と非処理のコントロール区との比較において，播種後 5 日目の幼植物体では 30 秒間照射したプラズマ処理区の植物体が顕著に大きくなっていた．このとき，プラズマ処理区では子葉表皮細胞の大きさが増大していたことから，大気圧プラズマの照射によって，細胞成長が促進されたことが示唆された．また，原子間力顕微鏡解析によって，子葉表皮細胞の垂層壁の弾性率がプラズマ照射区において低下することを示す結果を得た．細胞壁の硬さは植物細胞の成長において重要な要素の一つであり，これらの結果から，プラズマ照射が細胞壁の硬さを変化させることで細胞，ひいては個体の成長を促進させている可能性が示唆された．本発表では，プラズマ照射によって引き起こされる細胞壁の構造変化に着目しながら，プラズマによる植物の成長促進の作用メカニズムについて議論したい．

# 2RaS1

## 乳酸菌培養液による植物成長促進効果の検証と作用機序

Plant growth-promoting effects of lactic acid bacteria-derived metabolites and their mechanisms

佐藤 長緒

北大院･理

乳酸菌による発酵は，日本古来の有機農業資材であるボカシ肥料として活用されてきた．ボカシ肥料は，植物成長調節作用，作物の品質向上などの効果を有することが指摘されており，日本の伝統的バイオスティミュラントと呼び得る存在である．しかしながら，その作用メカニズムは謎のままであった．講演者らは，乳酸菌培養液が植物に与える影響に関して研究に取組んでいる．特に，乳酸菌培養液由来成分による植物の発根促進およびイネ子葉鞘伸長効果について，その作用機序に関する研究を行ってきた．乳酸菌抽出液の発根促進効果については，その一端がフェニル乳酸による効果であり，フェニル乳酸が植物体内で植物ホルモン「オーキシン」に変換されることを明らかにした（Maki et al., 2021；Plant Biotechnology）．また最近は，イネ直播栽培への貢献という観点から研究を進め，乳酸菌抽出液処理が，冠水条件下でのイネ子葉鞘伸長促進効果を有することを見出している（Kubo et al., 2025, Plant Biotechnology）．本講演では，こうした乳酸菌抽出液によるバイオスティミュラント効果や作用メカニズムの研究について報告する．

# 2RaS2

## 雪印種苗における乳酸菌培養液由来バイオスティミュラントの実証事例

Case Studies of a Biostimulant Derived from Lactic Acid Bacteria Culture Broth at Snow Brand Seed Co., Ltd.

小鑓 亮介

雪印種苗株式会社／Snow brand seed Co., Ltd.

近年，農業分野においては持続可能性や環境負荷低減を重視した取り組みが加速する一方で，常態化しつつある高温・干ばつ等の異常気象への対応策が求められている．こうした背景から，非生物的ストレスの軽減や肥料の利用効率改善に寄与するバイオスティミュラント（BS）が注目を集めている．2025 年 5 月には農林水産省より「バイオスティミュラントの表示に係るガイドライン」が公表され，使用者が適切に BS を使用できる環境整備が進められている．

雪印種苗（株）では 1984 年から微生物事業を開始し，乳酸菌に着目した研究開発に取り組んできた．ボカシ肥料の機能性に関する一連の研究において，発酵初期に働く乳酸菌に着目したところ，植物の生育に対して有用な機能が見出された．その知見を応用して，根張りをサポートする乳酸菌培養液由来の植物活力資材「闘根シリーズ」を製品化した．同シリーズは BS として，主に「養水分吸収の改善」および「湿害からの回復改善」効果を発揮することが期待される．本講演では，「闘根シリーズ」を中心に，生産現場における自社試験に加え，第三者機関や共同研究による試験を通じて得られた実証事例について紹介する．

# 2RaS3

## 緑の香りを活用したバイオスティミュラントの開発

Development of Biostimulants Utilizing Green Leaf Volatiles (GLVs)

河合 博

(株)ファイトクローム／PHYTOCHROME INC.

近年，気候変動などに伴う高温や乾燥といった「非生物的ストレス」は，農作物の収量を 60%以上も低下させる要因と言われている．この課題に対するアプローチとして，植物が本来持つストレス抵抗力を引き出し，より良い生理状態をもたらす「バイオスティミュラント（BS）」が注目を集めている．

本研究では，植物が傷ついた際に発する「緑の香り」，中でも代表的な成分である「trans-2-ヘキセナール（青葉アルデヒド）」に注目した．植物は環境ストレスや外敵の被害を受けると，揮発性の香り成分を放出し，集団的に防御力を高める自然のシステムを持っている．

本発表では，この仕組みを活用した画期的な BS 開発のプロセスについて報告する．神戸大学との共同研究による DNA マイクロアレイ解析の結果，植物がヘキセナールを受容することで，高温や乾燥，塩害などに対するストレス耐性遺伝子のスイッチが入ることが明らかになった．さらに，東京農業大学での試験において，極めて低濃度（0.01ppm 等）のヘキセナールへの暴露により，気孔の開閉が制御され，高温ストレスによる萎凋が有意に軽減されることが実証された．実際の圃場試験（ミズナ，ズッキーニ等）においても，生育改善効果が確認されている．

ヘキセナールは食品フレーバー等にも使われる既存化学物質であり，安全性が極めて高い．植物の五感（嗅覚）に直接訴えかける新しい BS 製品の開発は，今後の持続可能な農業に大きく貢献する可能性を秘めている．

# 2RaS4

## 渡辺パイプの暑さ対策資材について

Watanabe Pipe’s Heat Protection Solutions

市川 真二

渡辺パイプ㈱

近年の気候変動に伴い，夏季の高温化が進行し，農業生産現場においては水稲および施設園芸の双方で高温ストレスによる生育不良や収量・品質低下が大きな課題となっている．特に育苗期や定植初期における高温障害は，その後の生育全体に影響を及ぼすことから，実効性のある暑熱対策技術の導入が求められている．

本講演では, 渡辺パイプが提案する暑さ対策のうちバイオステミュラント資材を活用した事例を中心に紹介する． 具体的にはハウスに吊るすだけの匂いのバイオステミュラント資材「クール＆アップ」，水稲や果菜類の育苗時期の散布でストレス耐性が向上する「アツミノリ」，さらにいちごの育苗期に特化した保水材配合の「土壌保水材入りいちご育苗培土」を取り上げ，それぞれの特性と活用方法を発表する．その他の暑さ対策資材として赤外線（熱線）を吸収する遮熱 PO フィルム「エコクール涼」についても実例と共に紹介する．

これらの資材は，施設園芸において植物自身の耐性向上，根圏環境の安定化に加え，夏場のハウス内温度上昇を抑制させることができるので，作物や栽培体系を問わず幅広い農場現場での利用が可能である．特に過去からのハウス遮光・遮熱資材と組み合わせることにより，総合的に生育安定化が図れることが期待できる．

本講演では，各資材の作用特性と現場での活用事例を提示し，水稲および施設園芸の両分野における暑熱対策の実践的な提案として，持続的な農業生産の実現に貢献できればと考えている．

# 2RaS5

## BS の効果的利活用に向けた商業的施設園芸におけるリアルタイム光合成計測に基づく検証

Real-Time Canopy Photosynthesis-Based Verification of Biostimulant Effects in Commercial Greenhouse

高山 弘太郎[1,2]

[1]豊橋技科大･院工学，[2]愛媛大･院農学

バイオスティミュラント（BS）は，光合成促進やストレス耐性向上を通じて，高収益・安定生産を支援する資材として施設園芸分野に急速に普及しつつある．一方で，実際の商業的生産環境において，BS がどのような条件下で期待される効果を発揮するのかについては，必ずしも整理されているとは言い難い．特に，「光合成を促進する」という表現一つを取っても，その実態は大きく二つに分類される．すなわち，非ストレス条件下において対照区を上回る光合成機能を示す場合と，ストレス条件下において，本来低下するはずの光合成機能を維持あるいは速やかに回復させる場合である．前者は「収量を増加させる資材」，後者は「収量低下を抑制する資材」として，本質的に異なる役割を有していると言える．この違いを明確にすることが，BS の適切な利活用に向けて極めて重要である．本講演では，商業的施設園芸環境において，群落（個体群）レベルの光合成機能を長期間・連続的にリアルタイム計測可能な光合成計測チャンバーを活用し，BS の効果を定量的に評価するための考え方と解析事例について紹介する．具体的には，LED 補光や $CO_2$施用による光合成促進効果の解析で用いてきた評価手法を基盤として，BS が群落光合成に及ぼす影響を解析した事例を紹介する．本講演を通じて，生産現場レベルでのリアルタイム群落光合成計測に基づく BS の効果検証が，BS に対する科学的妥当性を付与するとともに，効果を最大化する適切な利活用場面の明確化に貢献しうることを示したい．

# 2RaS6

## Eco-LAB 自主規格に準じたバイオスティミュラント資材の大規模圃場試験

Large-scale field trials of biostimulants based on Eco-LAB voluntary standard

栗原 志夫

(株)AGRI SMILE

バイオスティミュラント（BS）は，植物に刺激を与え，植物の元来持つ能力を引き出す作用をもつ農業資材です．BS の施用は，環境ストレスによるダメージを軽減できるため，育種に代わる環境ストレス対処法して注目されています．

「Eco-LAB」は，BS の普及を推進するために各農業協同組合（JA）を主体として設立された協議会です．BS 資材は種類ごとに作用機序が異なるため，根拠データが不可欠です．作用機序が解明されていない場合，圃場での効果の再現性が安定せず，現場で受け入れられないことがあります．Eco-LAB では，効果の再現性を高めるために，圃場の栽培データと BS 資材の根拠データとを組み合わせ，作物・環境に応じた最適な BS 使用条件について議論してきました．そして，Eco-LAB では，昨年 5 月の「バイオスティミュラントの表示等に係るガイドライン」の策定後に，一早く農業現場で効果を示す BS 資材の基準を定めた「Eco-LAB 自主規格」を発表しました．

AGRI SMILE では，自主規格に準拠した栄養対策 BS「ルートアップ」と高温対策 BS「ヒートプロテクト」の 2 つの BS 資材を販売しています．また，これらの BS 資材は，農業現場などで発生する食品残渣を原料として製造されており，産地への還元としてのグリーントランスフォーメーションの実現に資する資材です．

2025 年度には，これらの Eco-LAB 認定 BS 資材の大規模圃場試験（106 の JA 内の 318 圃場，延べ面積 1,500ha 分で，69 品目に対して試験）を実施し，80%の圃場で収量・品質のいずれかに改善を確認しました．さらに，それらの圃場での資材費に対する費用対効果は 2-47 倍に上りました．本発表では，以上の結果について実例を交えながら発表させていただきます．

# 3RaS1

## 2026 年の AI ホットトピックと最新技術動向の共有

Sharing AI Hot Topics and the Latest Technology Trends in 2026

久米 慧嗣

Bio"Pack"athon

人工知能（AI）研究は，1950 年代の記号推論に始まり，機械学習，深層学習を経て，2022 年以降の大規模言語モデル（LLM）の登場により新たな転換期を迎えている．とりわけここ数年は，AI が受動的な分析ツールから，人間と協働しつつ自律的に推論・行動するエージェントへと進化している．昨年 2025 年の同学会神戸大会では，ChatGPT をメインフォーカスとし，生成 AI の利活用と知的生産への応用の可能性について，同学会のメンバーと一緒に議論した．2026 年に発表された注目モデル（GPT-5.5，Opus 4.7 など，2026 年 5 月現在）もこれまで同様に産業界発であり，引き続き，OpenAI 社，Anthropic 社，Google 社が AI 業界全体をリードしている状況は続いている．同時に，オープンソースモデルやローカル LLM の技術進化によって，研究開発や社会実装上でも，Qwen や Gemma といったスモールモデルの普及が進み出しつつあり，これらモデルの中にはスマートフォン上で動作できるモデル規格も存在する．今年の最大の注目領域は引き続き，AI エージェントであるものの，その適用範囲は以前にも増して拡大している．マルチエージェント協調によるタスク分解と自律的推論の枠組みが急速に発展し，単一モデルの性能向上から複数エージェント間のオーケストレーション，つまりは AI 組織へと研究開発の重心が移行しつつある．本発表では，2026 年に発表された注目モデルや最新技術動向の解説に加えて，複数エージェント間のオーケストレーションの活用方法について議論します．

# 3RaS2

## 研究データの知識化と大規模言語モデルによる利便性の高い検索—個人知・組織知・根拠提示をつなぐ動的知識基盤の実現に向けて—

Transforming research data into knowledge and user-friendly search using large language models — Towards a dynamic knowledge infrastructure linking personal knowledge, organisational knowledge and evidence traceability —

小林 紀郎

理研･情報統合本部

本講演では，AI を単なる検索・要約ツールではなく，研究データを知識へ変換し，再利用・再検証可能にする研究基盤として捉える．ここでは，植物実験そのものの詳細に踏み込むのではなく，植物科学を含む研究現場で生まれるデータ，文献，解析結果，研究者の判断，研究室や組織に蓄積される知見を，どのように検索可能で検証可能な知識として扱うかを論じる．研究データの知識化とは，データを単に集めることではない．実験条件，解析手順，解釈，根拠，失敗経験，判断の背景などを関係として結び，問いに応じてたどれるようにすることである．特に，論文や公開データベースに現れる形式知だけでなく，個人知，組織知，暗黙知をどのように扱うかは，AI 時代の研究基盤における重要な課題である．現在開発中のメタデータ検索システム AUROA は，RDF 等の意味的データ表現と大規模言語モデルを組み合わせ，自然言語による根拠つき知識探索を目指す試みである．AUROA が目指すのは，もっともらしい回答を返す AI ではなく，どのデータ，文献，条件，判断からその知見が支持されるのかを提示する検索である．研究データの固定的な大規模統合のみならず，研究者の問いに応じて必要な知を動的に接続する基盤のあり方を議論する．

# 3RaS3

## 植物ストレス応答・代謝研究における生成 AI とバイオインフォマティクスの可能性

Generative AI and Bioinformatics for Plant Stress Response and Metabolism Research

竹本 和広

九州工大･院情報工学

近年，大規模言語モデルに代表される生成 AI の急速な発展は，生命科学研究のあり方を大きく変えつつある．大規模データによる事前学習を経た基盤モデル（Foundation Model）は幅広い問題に柔軟に適用できる汎用ツールとして注目を集めており，ゲノム・トランスクリプトーム・メタボロームといったオミクスデータへの応用が急速に進んでいる．細胞タイプの同定・注釈，遺伝子発現の予測，遺伝子摂動への応答予測，遺伝子制御ネットワークの推定，さらには質量分析データを用いた代謝物の探索など，これまでの研究に新たな視点と可能性を切り拓きつつある．特に植物分野では，持続可能な社会の実現に向けた気候変動への適応や有用物質生産といった重要課題に向けてストレス応答・代謝研究が盛んに行われており，膨大なオミクスデータが蓄積されている．これらのデータに生成 AI と基盤モデルを活用することへの期待は大きく，両分野の融合が生み出す可能性は計り知れない．本講演では最新動向を紹介しつつ，これらの技術が植物バイオテクノロジー研究にどのように役立てられるか，参加者の皆さんとともに議論できればと考えている．

# 3RaS4

## 公開メタボロミクスデータをつなぐ：横断的統合と再利用のためのデータ基盤

Connecting Public Metabolomics Data: A Platform for Cross-Study Integration and Reuse

早川 英介

九工大･院生命情報

メタボロミクスは生体内の数千もの代謝物を一度に捉える手法であり，植物・動物・微生物にわたり生命現象の理解を支える基盤となっている．世界中の研究データが公開リポジトリや Open Access（OA）論文として蓄積される一方，機器分析の環境依存性やデータフォーマット・品質のばらつきにより，研究を越えた統合活用は進まず，データ量の増大が知見の増大に直結しない構造的限界が存在する．

本発表では，この課題への解として「群間比較」，すなわち生物学的に対比される条件（例：野生型と変異体）で起きる代謝物の増減，というデータ表現で公開データを捉え直す視点を提案する．

玉石混交の公共データから群間比較を組織的に取り出すには，研究背景情報の整理・メタデータ化，分析データの信頼性評価と生物学的に意味のある群間比較の生成といった，従来膨大な人手を要したタスクを処理する必要がある．本研究では，公共リポジトリおよび OA 論文のデータに対し，これらを自然言語処理と大規模言語モデル（LLM），人間によるキュレーションを組み合わせたパイプラインで自動化し，大規模変換を実用化した．生成されるデータは，生物種・実験条件・代謝物変動・代謝経路といった多層的な情報を内包する構造として整備される．これにより，特定の代謝物セットの変動を研究横断的に探索したり，ある生物学的変化に伴う代謝物・パスウェイを抽出するなど，単一研究では到達し得ない代謝の全景が捉えられる．この多層的データ構造は人手による解析だけでなく，機械学習や LLM を用いた解析の基盤としても活用が期待され，代謝の理解を通じた生命現象の解明に新たな道を拓くことが期待される．

# 3RaS5

## AI 時代の原著論文作成と査読をどう考えるか： Plant Biotechnology 誌におけるガイドライン構築に向けて

Rethinking approaches to writing and reviewing research papers in the era of AI: Towards the development of guidelines for using AI in Plant Biotechnology

七里 吉彦[1,2]

[1]森林機構・森林バイオ，[2]農工大院・BASE

英語は長年にわたり原著論文作成における大きな障壁であった．近年，生成 AI の登場により，英語論文作成のあり方は大きく変化しつつある．これまで多くの研究者は，辞書を参照し文献や教科書の表現を応用する「英借文」により英文を構築してきたが，『英辞郎』に代表されるオンライン辞典や，ライフサイエンス分野に特化しコーパス検索を可能とした WebLSD の普及により，その効率は大きく向上した．一方，過去の翻訳ソフトは不自然な英文しか生成できず実用性は限定的であったが，Google 翻訳に代表される統計的機械翻訳の発展を経て，DeepL の登場は自然な英文生成における転換点となった．さらに近年の ChatGPT や Gemini などの生成 AI は，単なる翻訳にとどまらず論理構成や文章推敲までも支援する段階に至っている．これらの進展は，英語表現の補助から論文の構造や思考を支援する段階への移行を示している．現在は AI を使うか否かではなく，いかに活用するかが問われる実践的段階にある．一方で，AI の不適切な利用は盗用や情報漏洩などの問題を引き起こし得る．Plant Biotechnology 誌（以下，本誌）においても生成 AI による架空図の作成が疑われる事例が確認されており，AI の適切な利用指針の整備が急務となっていた．そこで本誌編集委員による検討を踏まえ，AI の利点を活かしつつ適正な利用を促すガイドライン草案を作成した．本シンポジウムではこれを紹介し，原著論文作成および査読における AI の適切な利用範囲について議論を深める機会としたい．

# 3RaS6

## AI とチームサイエンス時代に“卓越”は測れるのかー IF から C スコアへ：それでも測れないものー

Beyond Metrics: Measuring Excellence in the Age of AI and Team Science

庄司 翼

富山大・和漢研

AI とチームサイエンスの進展により，研究評価は「何を数えるか」を再考する局面にある．従来の Journal Impact Factor や h-index は，研究の可視性を示す有用な手がかりである一方，論文単位の評価にとどまり，多著者論文における個人の役割を十分に反映しにくい．その限界を補う試みとして注目されるのが C-score である．これは，引用数や h-index に加え，単著・第一著者・最終著者など著者位置に由来する情報を組み込んだ合成指標であり，いわゆる世界 Top 2%研究者リストにも採用されている．特定の著者位置にあらかじめ恣意的な重みを与えず，複数の指標を統合することで，共著構造の中での貢献をより立体的に捉えようとする点に特徴がある．しかし，C-score への展開は研究評価の終着点ではない．著者位置の効果は式の構造上おおむね数倍程度に圧縮され，研究の構想，実験遂行，統括，責任著者としての役割差を十分に表しきれるわけではない．さらに，データ整備，植物資源の維持，解析基盤の構築，チーム内での知的貢献，若手育成，長期的研究基盤の継承といった貢献は，引用指標が精緻化されてもなお見えにくい．生成 AI は，こうした多様な貢献を可視化する可能性を持つ一方，論文生産や指標への過剰適応を加速する危険もある．本講演では，DORA に代表される責任ある研究評価の議論やナラティブ CV の方向性も踏まえ，IF から C-score へと進む指標の高度化が何を見える化し，なお何を測り残すのかを考える．AI 時代に問われるのは，研究をより精密に数える技術だけでなく，数えられない貢献を研究共同体としてどう認識し，支えるかである．

# 4RaS1

## 経済メガトレンド：ネイチャーポジティブの概要と産学連携の必要性

Economic Megatrends: An Overview of Nature-Positive and the Need for Industry-Academia Collaboration

柴田 大輔[1,2,3]

[1]JST研究開発戦略センター，[2]静岡大学農学部，[3]京都大学エネルギー理工学研究所

地球上の自然資本は生物多様性に支えられているが，その消失による経済的損失は極めて大きい．IPBES（生物多様性版IPCC）によれば，世界経済の約 50%（約 44 兆ドル）が自然に中～高度に依存しており，生物多様性損失による被害は年間数兆ドル規模と推定される．依存度が特に高い産業としては，農業，林業，漁業，建設，食品・飲料，繊維産業などがあり, 植物バイオテクノロジーとの接点が多く, 本学会として積極的に関わるべき課題である．世界経済フォーラム（WEF）「グローバルリスク報告書 2025」では，生物多様性の損失と生態系崩壊が，今後 10 年で世界経済に甚大な影響を与えるリスクの第 2 位とされています． 生物多様性条約第 15 回締約国会議 COP15（2022 年）では「昆明・モントリオール生物多様性枠組（GBF)」が採択され，2050 年までの世界共通目標としてネイチャーポジティブ（自然の損失を止め，回復させる ）の実現が掲げられた．この目標には，2030 年までに陸域・海域の 30%以上を保全 （30by30 目標），気候変動の影響を自然を活用して最小化，侵略的外来種の導入・定着を半減することなどと共に，企業の生物多様性リスク評価・情報開示 が含まれる．これを受け，企業では TNFD（自然関連財務情報開示タスクフォース）に基づく情報開示が始まっている．一方で，ネイチャーポジティブを新産業創出の機会と捉える動きもあり，WEF は 2030 年までに年間 10.1 兆ドルの新たな経済価値と 3 億 9500 万人の雇用創出が可能としている．ただ，生物多様性の定量評価には課題も多く，アカデミアの関与と議論が重要である．本シンポジウムでは，課題解決を進めるための産学連携の必要性について議論したい．

# 4RaS2

## ネイチャーポジティブを支えるサントリーの水資源の保全活動

Water Security as a Foundation for Nature Positive: Suntory's Watershed Approach

瀬田 玄通

サントリーホールディングス(株)

サントリーグループは「水のサステナビリティの実現」を環境基本方針の最上位に掲げ，水を最も重要な原料かつ共有資源と位置づける「水理念」のもと，20 年以上にわたり流域社会の一員として多様なステークホルダーと手を携え，水資源の保全に取り組んできた． 水源涵養と生物多様性の再生を目的とする「天然水の森」活動は 2003 年に開始し，現在 16 都府県 27 カ所・12,000ha を超える規模で，国内工場で汲み上げる地下水量の 2 倍以上を涵養している．各分野第一線の専門家と連携し，科学的根拠に基づき 100 年先を見据えて展開している．サステナブルな水資源管理の国際認証 Alliance for Water Stewardship（AWS）では，2018 年に国内初取得，2025 年までに「サントリー天然水」4 工場すべてで最高位「Platinum」認証を完了した．

ネイチャーポジティブは 2030 年までに自然損失を反転させる国際目標であり，TNFD や SBTN の情報開示・科学的目標設定の枠組みを通じて経済メガトレンドとなりつつある．本講演では，さらに新たな取り組みとして，東京大学社会連携講座『グローバル水循環社会連携講座』において共同開発した「Water Security Compass」，ならびに雨庭等のグリーンインフラ普及と水の経済取引の枠組み開発を目指す「熊本ウォーターポジティブ・アクション」を紹介する． 「天然水の森」活動や流域の水資源保全において，多様な研究者や専門家との連携という側面から産業界の現場実装が共有すべき課題を提示し，産学連携によるネイチャーポジティブ実装の方向性を議論したい．

# 4RaS3

## ブルーオーシャンにおけるネイチャーポジティブ　―アマモ場の保全―

Toward a Nature-Positive Blue Ocean: Conservation of Seagrass Beds

本橋 令子[1,2,3]，赤見 颯真[1]，谷口 有希[1]，山下 寛人[1,2,3]，久保 篤史[2,3,4]

[1]静大･農学，[2]グリーン科学技術研究所，[3]静岡海洋環境研究所，[4]静大･理学

近年，海洋生態系の保全と持続的利用を両立する「ネイチャーポジティブ」の概念が国際的に注目されている．特に沿岸域に形成されるアマモ場は，ブルーカーボン生態系として二酸化炭素の吸収・固定に寄与するだけでなく，多様な海洋生物の生息場や産卵場として重要な役割を果たしている．しかし，沿岸開発や水質悪化，気候変動の影響により，世界的にアマモ場の減少が進行している．本シンポジュウムでは，ブルーオーシャンにおけるネイチャーポジティブ実現に向けたアマモ場保全の重要性について概説する．アマモ科は 2 属 2 亜属 21 種からなり，日本沿岸にはアマモ属（2 亜属 6 分類群）とスガモ属（3 分類群）が分布している．東海地域では，アマモ亜属のアマモ（*Zostera marina*）およびコアマモ亜属のコアマモが頻繁に観察される．コアマモ（*Zostera japonica*）はその学名が示す通り日本起源と考えられる重要な海草であり，東海地域では温暖化の影響とみられるアマモからコアマモへの優占種交代が観察される．干潮時には水上に姿を現すコアマモの環境応答は非常に劇的であり，学術的にも極めて魅力的な研究対象である．日本のアマモ，コアマモのゲノム解読を進め，研究基盤整備を行なっている．

また，現在，日本全国でアマモ場の再生が試みられているが，その試みの多くは苗の移植法と種子繁殖法によるものである．アマモ場の再生には，日本沿岸に自生するアマモおよびコアマモの遺伝的多様性と環境ストレス応答機構の解明が重要な鍵になると考え，研究を進めているので紹介する．

# 4RaS4

## 未来の農と食を守る植物遺伝資源保存 ― バイオテクノロジー時代の基盤として ―

Conserving Plant Genetic Resources to Secure the Future of Agriculture and Food

田中 大介[1,2]

[1]農研機構･遺伝資源研究センター，[2]筑波大･生命環境系

植物遺伝資源は，各地域の自然環境や栽培条件，さらには人々の暮らしや農耕文化のなかで育まれ，守り継がれてきた多様な生物資源である．これらは，現在の農業生産を支えるだけでなく，将来の品種改良や新たな技術開発に活用される潜在的な能力を有しており，未来の農と食を支える基盤として極めて重要である．農業生物資源ジーンバンク事業は，このような植物遺伝資源を次世代へ継承するための社会的基盤である．一方で，高齢化，離農，栽培体系や需要の変化は，地域で維持されてきた在来品種や系統の消失を加速させている．さらに，気候変動に伴う高温化や異常気象の頻発は，圃場で維持される栄養繁殖性作物や永年性植物の保存に大きな負荷を与え，現在保有している遺伝資源さえ失われかねない状況を生みつつある．遺伝資源の滅失は，将来の品種改良や環境変動への適応に必要な選択肢を失うことを意味する．このような課題に対し，種子保存に加えて，液体窒素を用いる超低温保存は，植物遺伝資源を長期かつ安定的に保存し，再生するための有力な手段である．特に，種子での長期保存が難しい栄養繁殖性作物やクローン性を維持すべき材料では，超低温保存により遺伝的変化や災害・病害虫リスクを抑えつつ，将来世代への継承可能性を高めることができる．これは，失われつつある多様性を守るだけでなく，将来の利用可能性を確保するための積極的な基盤整備でもある．本講演では，未来へ確実に引き継ぐための方策として，超低温保存技術の現状と可能性，そして今後の展望について述べる．

# 4RaS5

## ネイチャーポジティブなバイオエコノミー推進に貢献する研究開発

Beyond Bio-Based Substitution: Research and Innovation for a Nature-Positive Bioeconomy

桑原 明日香

科学技術振興機構　研究開発戦略センター

ネイチャーポジティブとは，2020 年頃を基準として自然損失を止め，2030 年までに反転させ，2050 年までに回復軌道に乗せることを目指す概念である．この概念は，生物多様性条約および昆明・モントリオール生物多様性枠組みを背景に，カーボンニュートラルに対応する自然分野の目標として，企業，金融，政策領域に広がってきた．しかし，自然の回復や劣化をどのように評価するのか，その基準や方法論は十分に確立されていない．また，生態系サービス低下が企業財務，産業リスク，保険･金融コストに及ぼす影響についても，そのメカニズム解明や実損評価方法は未成熟である．ネイチャーポジティブを推進するには，自然資本，生態系機能，生態系サービスを統合的に観測するデータ基盤，社会経済影響に至る因果メカニズムの解明，自然関連リスクの定量モデル，企業・金融・政策に接続可能なシナリオ構築，回復に向けた介入技術の効果検証が必要である．特に，自然資本の損失抑止と回復に資する定量化技術やバイオ技術は，ネイチャーポジティブへの貢献であると同時に，バイオエコノミーの新たな産業基盤となり得る．気候変動対策を主眼としてきた日本のバイオエコノミー関連研究開発では，土壌微生物，環境 DNA，生物農薬，バイオスティミュラント，藻場・湿地再生，資源管理，自然関連データ基盤といった研究課題は，これまで重点的に支援されてこなかったが，今後の発展が期待される．海外で展開されるネイチャーポジティブ関連クレジットや，研究開発投資を資金使途に含むグリーンボンドにも触れつつ，バイオエコノミーが目指すべき方向性を議論する．

# 5RaS1

## 植物ゲノミクスに基づく高糖蜜収量性ソルガムの育種戦略的ポテンシャル

Strategic Breeding Potential of High-Sugar-Yield Sorghum Based on Plant Genomics

佐塚 隆志

名古屋大・生物センター

ソルガムは，アフリカ北東部周辺が原産とされる大型イネ科 $C_4$ 作物であり，日本（国内栽培面積約 1 万 ha）を含む世界各地で栽培されている．日本ではこれまで家畜飼料用の育種が主に行われ，高い茎葉バイオマス収量が得られる品種群（高バイオマスソルガム）が育成されてきた．これら品種は雑種強勢を活用した雑種一代（$F_1$）であるが，その遺伝的原理は不明であった．

この不明だった高バイオマスソルガムの雑種強勢の遺伝的原理については，ゲノム情報と遺伝学を駆使して解明した結果，この現象が 6 つの遺伝子で制御されていることを明らかにした（Hashimoto et al. 2021; Okada et al. 2025）．

一方，サトウキビのように茎に糖液を蓄積する品種群（スイートソルガム）は，主に米国の近代育種が進められてきた．我々はこの高糖性の遺伝的制御にも興味を持ち，日本のスイートソルガム品種について搾汁液高糖性の遺伝学的研究を進め，その遺伝子座も同定にした．

さらに，これら計 7 つの遺伝子座を $F_1$ 品種に集積することに成功した結果，高バイオマス性と高糖性を併せ持つ，糖蜜高収量性ソルガム（名大品種「炎龍」）の育種創出に成功した．この品種は高い品質の家畜飼料となることから，その栽培面積が拡大しつつある．それに加え，この高い糖蜜収量性は非食の未利用資源として注目されており，搾汁糖液をバイオエタノールの原料とする研究も進んできた．本シンポジウムでは，このソルガム雑種強勢のメカニズム，その育種戦略的ポテンシャル，そして社会実装を含めた今後の展望について概説する．

（参考文献）

Hashimoto et al. 2021, Sci. Rep. 11: 4532.

Okada et al. 2025, Sci. Rep. 15: 39880.

# 5RaS2

## 油脂植物カメリナを用いた代謝エンジニアリングによる油脂高蓄積株の開発

Metabolic engineering to enhance triacylglycerol production in Camelina sativa

中村 友輝[1,2]，アンカウィジャヤ アルティックエリザ[1]，シャオ チオン[1]，ディン ナ[1]

[1]理研CSRS，[2]東大・院理

*Camelina sativa*（カメリナ）は，産業利用に適したバイオ由来油脂の生産作物として注目されている．近年では，カメリナ種子油を既存の石油精製設備で持続可能な航空燃料（Sustainable Aviation Fuel: SAF）へ転換する商業規模での実証試験と実用化への国際的な研究開発が加速している．カメリナ油の大部分はトリアシルグリセロール（TAG）から構成されるため, 油脂生産性の向上には TAG 生合成経路の代謝改変が重要である．TAG 生合成の最終段階を担う酵素ジアシルグリセロールアシルトランスフェラーゼ（DGAT）は，油脂増産における代謝改変の重要な酵素として知られている．これまでに我々は，緑藻 *Chlamydomonas reinhardtii* 由来の DGAT である DGTT2 が，酵母において高い TAG 蓄積能を示すことを明らかにした．さらに，DGTT2 の過剰発現とグリセロ脂質代謝経路の改変を組み合わせることで，酵母の TAG 含量を約 70 倍まで増加させることに成功している．そこで本研究では，高い形質転換効率を有するカメリナを代謝工学プラットフォームとして利用し，種子特異的 phaseolin プロモーター制御下で DGTT2 を過剰発現させた．その結果，形質転換体種子では TAG 含量が有意に増加し，生育や発達への顕著な悪影響は認められなかった．これらの結果から，DGTT2 はカメリナの油脂増産に利用可能な有望な遺伝子資源の一つであることが示された．

# 5RaS3

## カーボンニュートラルな循環型社会の実現に向けたキャッサバの研究開発

Research and Development on a Platform Crop for the Realization of a Carbon-Neutral Circular Economy

武田 智之[1]，内海 好規[1,2]，岩瀬 哲[1]，徳永 浩樹[1,3]，岩崎 崇[4]，田中 真帆[1]，岡本 芳恵[1]，竹林 有理佳[1]，内海 稚佳子[1]，三浦 謙治[5]，杉本 慶子[1]，関 原明[1,6,7]

[1]理研CSRS，[2]福山大学・生命工学部，[3]国際農林水産業研究センター，[4]鳥取大学農学部，[5]筑波大学・つくば機能植物イノベーション研究センター，[6]横浜市立大学・木原生物学研究所，[7]埼玉大学・理工学研究科

産業革命以来，大気中の温室効果ガス濃度は増加の一途をたどり，地球温暖化をはじめとする様々な異常気象を引き起こしている．これに対し，世界各国ではカーボンニュートラルの実現が掲げられており，その一環として植物を利用した炭素固定能力の強化が期待されている．一方で，過酷化する環境条件は植生環境に大きな影響を及ぼしている．

そこで我々は，熱帯・亜熱帯地域を中心に栽培されているキャッサバに着目した．キャッサバは貧栄養土壌でも生育可能であり，高温や干ばつなどの過酷な環境下においても，年間約 1 億 5000 万トンの $CO_2$を吸収している（FAO, 2021）．さらに，葉・茎・塊根のすべてが様々な一次産業用途に利用可能であることに加え，収穫時に地下深くまで伸長した繊維根が土壌中に残存するため，長期的な炭素貯蔵が期待される作物として注目されている．

これまで我々は，$CO_2$の吸収・固定に関連する複数の候補遺伝子に着目し，分子育種におけるターゲット遺伝子としての機能および有用性を評価してきた．また我々は，形質転換およびゲノム編集技術の開発にも取り組んできた．しかし，キャッサバは開花頻度が低いため，ヌルセグリガントの獲得が困難である．この点は，ゲノム編集作物の社会的受容性を確立する上で重要な課題である．そこで現在，キャッサバにおける「トランスジェニックフリー」なノックアウト技術の開発を進めている．本報告では，これらの研究成果の一例を紹介する．

# 5RaS4

## 作物の登熟環境を利用した新たなバイオマス生産技術の構築

Development of a Novel Biomass Production through Manipulation of the Grain-filling Environment in Crops

石橋 勇志，Chetphilin Suriyasak

九州大・農

地球規模で進行する環境変動は農業生産に深刻な影響を与えており，特に作物の登熟期における高温は収量や品質の低下を引き起こす重大な要因となっている一方で，登熟期の環境が次世代作物の生育や形質にどのような影響を及ぼすのか，その分子機構は十分に解明されていなかった．近年，親世代が受けた環境ストレスの情報が後代に伝わる「ストレスメモリー（環境記憶）」の存在が報告され，DNA メチル化などのエピジェネティック修飾がその基盤であると考えられている．本研究では，イネを対象に登熟期高温が種子ゲノムの DNA メチル化状態を変化させ，そのエピジェネティック修飾が後代の遺伝子発現および農業形質に影響を与えることを明らかにした．高温条件下で成熟した種子ではゲノムワイドな DNA メチル化変動が確認され，後代では約 2,800 以上の遺伝子で発現変動が生じた．その結果，分げつ数の増加，気孔密度の上昇，早朝開花性の促進など高温耐性に関連する形質変化が観察され，圃場試験では約 10%の収量増加が確認された．さらに，種子で形成された DNA メチル化状態は後代の複数器官においても維持されており，環境情報が安定的に記憶・継承される可能性が示唆された．これらの成果は，DNA 配列を改変することなく，登熟環境の制御によって作物形質を戦略的に調節できる可能性を示すものであり，気候変動下における持続的なバイオマス・食料生産技術の新たな方向性を提示するものである．

# 5RaS5

## 気孔機能の拡張に向けた植物ー細菌相互作用の理解

Elucidating plant-bacteria interactions toward engineering stomatal function

峯 彰

京大院農

気孔は，葉の表面に存在する孔辺細胞に囲まれた自然開口部であり，光合成に必須のガス交換を通じて植物の生長を支える器官である．同時に，気孔は植物と病原細菌の攻防の最前線でもある．植物は細菌を感知すると気孔を閉鎖して細菌の侵入を阻止する免疫機構を備えているが, 病原細菌 *Pseudomonas syringae* は植物毒素コロナチンを分泌することで気孔を再開口させ，植物体内に侵入する．その結果，植物は発病し，植物生産に甚大な被害が生じる．コロナチンによる気孔開口の仕組みは，十分に解明されていなかった．我々は，コロナチンが植物のジャスモン酸経路を活性化し，それを介して孔辺細胞におけるアブシジン酸分解酵素遺伝子の発現を誘導することで，気孔を開かせることを明らかにした．このような気孔開口能は病原体の専売特許と考えられてきたが，我々は最近，気孔開口の律速過程を促進し，植物の生長を促す共生細菌 *Pseudomonas paralactis* を発見した．興味深いことに，*P. paralactis* による気孔開口は，ジャスモン酸経路の活性化とは異なる仕組みで起こることが分かった．本講演では，このような植物—細菌相互作用の理解を踏まえて，病原細菌に対する植物の抵抗性を強化しつつ, 共生細菌による気孔機能の拡張を活用するバイオテクノロジーの展望を議論したい.

# 5RaS6

## 炭素循環を支える葉圏 C1 酵母の細胞生理機能とその利用

Phyllosphere C1 yeasts: physiological functions, applications and their contribution to the carbon cycle

白石 晃將，由里本 博也

京都大学大学院農学研究科

地球表面積の 2 倍に匹敵する広大な微生物棲息圏である葉圏には，多様な微生物群が共存し，独自の生態系を形成している．近年，持続可能な農業の実現に向け，これら葉圏微生物の機能を活用し，植物の環境ストレス耐性向上や生長促進を図るバイオスティミュラントへの注目が高まっている．我々はこれまで，植物が生成するメタノールを主な炭素・エネルギー源として葉圏で増殖可能なメタノール資化性微生物（C1 微生物）に着目し，その生理機能と植物との相互作用について研究を進めてきた．先行研究において，C1 細菌による植物生長促進効果を報告しているが（Yurimoto et al. Microb Biotechnol 2021），近年の解析により，特定の葉圏 C1 酵母においても顕著な生長促進ポテンシャルを有することを見出した．さらに，葉圏における酵母同士の協調的な定着メカニズムが植物の生理応答に及ぼす影響についても解析を進めている（Shigeta et al. Front Microbiol 2025）．本発表では，これら葉圏 C1 酵母が有するユニークな細胞生理機能を紹介するとともに，炭素循環型農業への貢献を目指した次世代型農業資材としての活用の可能性について，最新の知見を交えて議論したい.

# 5RaS7

## エタノールによる植物の環境ストレス耐性強化技術（EGAO）の $CO_2$ 資源化作物への応用

Application of EGAO (Ethanol-based Global Agricultural Optimization) for the realization of carbon-neutral crop production systems

戸高 大輔[1]，山根 美代[1]，内海 好規[2]，武田 智之[1]，Huong Thi Pham[1]，徳永 浩樹[3]，佐古 香織[4]，Khurram Bashir[5]，吉原 晶子[1]，中村 友輝[1]，岡田 聡史[6]，佐塚 隆志[6]，豊田 知世[7]，関 原明[1]

[1]理研，[2]福山大，[3]JIRCAS，[4]近畿大，[5]ラホール経営科学大，[6]名古屋大，[7]島根県立大

カーボンニュートラル社会の実現に向けて，$CO_2$資源化作物の開発が注目されている．一方，近年の気候変動に伴う温暖化の進行により，干ばつや極端な高温，土壌の塩類集積といった環境ストレスの発生頻度が増加し，農業生産に深刻な影響を及ぼしている．こうしたストレスは単独で作用する場合に加え，複合的に発生することも多く，農作物の生育不良や収量の低下，さらには品質の劣化を引き起こす主要因となっている．持続的な食料生産を実現するためには，単一のストレス耐性にとどまらず，複数の環境ストレスに対応可能な技術の開発が求められる．我々は，植物に低濃度のエタノールを投与することで，乾燥，高温，塩，強光といった複数の環境ストレスに対する耐性が強化されることを見出した．エタノールを投与された植物では，エタノール代謝を基盤とするエネルギーおよび炭素供給による代謝再編成に加え，活性酸素の抑制，気孔制御による水利用効率の向上，さらにストレス応答性遺伝子や二次代謝産物の誘導が統合的に機能していることを明らかにしている．このエタノール投与による環境ストレス耐性強化技術は有用性が高いと判断し，この技術をEGAO（Ethanol-based Global Agricultural Optimization）（https://pgn.riken.jp/egao/index.html）と名付けその応用研究にも取り組んでいる．この EGAO 技術は環境ストレス耐性を強化する持続的農業の社会実装を加速する有望なアプローチであると考えている．本発表では，これまでの研究事例や EGAO 技術を司る分子機構の解明についての取り組み，EGAO 技術のキャッサバなどの $CO_2$資源化作物への応用研究について紹介する．

# 5RaS8

## 持続可能なバイオ燃料の社会実装に向けて：環境と経済の統合評価

Towards the Social Implementation of Sustainable Biofuels: Integrated Environmental and Economic Assessment

豊田 知世

島根県立大学

気候変動対策の切り札として，植物ゲノミクスや代謝エンジニアリング，環境ストレス耐性強化などの最先端バイオテクノロジーを駆使した高効率な CO2 資源化作物の創出に期待が寄せられている．このような技術革新が「カーボンニュートラルな循環型社会」の実現に寄与するためには，商用化や実用化を見据えた社会実装プロセスにおける多角的な評価が不可欠である．特に，新技術に由来するバイオ燃料の導入にあたっては，原材料の栽培から加工，流通，消費に至るライフサイクル全体において，温室効果ガス（GHG）の削減効果と，生産コストや市場競争力の双方が成立していなければならない．

本演題では，これら先端植物バイオテクノロジーの成果を社会へとつなぐ架け橋として，環境性と経済性を同時に可視化・分析する「統合評価」の重要性について議論する．ライフサイクルアセスメント（LCA）を用いた環境影響評価と経済性評価を統合的にアプローチすることで，技術開発の初期段階から環境負荷のトレードオフやコストのボトルネックを特定し，社会実装の成功率を高める評価指針や，最先端の作物が地域社会や経済循環をもたらす波及効果について展望する．

# 6RpS1

## 遺伝子組換え作物の研究開発の黎明期から現在までを振り返る

Looking Back on the Research and Development of Genetically Modified Crops: From the Dawn of the Technology to the Present Day

田部井 豊

東洋大学

1983 年，アグロバクテリウムを用いた形質転換技術により世界初の遺伝子組換え（GM）タバコが作製された．これが近代農業バイオテクノロジーの幕開けとなり，1986 年には米国ウィスコンシン州で GM タバコの世界初の野外試験が実施された．

日本でも 1986 年より農林水産省「バイテク植物育種 2000 年計画」が始動し，1991 年には農業環境技術研究所で国内初の GM 植物（トマト）の隔離ほ場栽培試験が実施された．その後，イネゲノム解読プロジェクト（1991～2004 年度），アグリバイオ実用化・産業化研究プロジェクト（2004～2008 年度）など，国家プロジェクトが体系的に積み重ねられた．

世界では 1996 年に GM 作物の商業栽培が開始されて以来，栽培面積は爆発的に拡大し，2024 年には 27 カ国・約 2 億 980 万ヘクタールに達している．世界的に見てダイズの約 75%，ワタの約 78%，トウモロコシの約 34%，ナタネの約 24%が GM 品種となっている．日本は GM 作物の商業栽培を行っていない一方で，世界有数の輸入消費国という矛盾を抱える．トウモロコシ・ダイズ・ナタネ・ワタの 4 品目合計で年間約 2,064 万トンを輸入し，そのうち推定約 1,849 万トン（約 90%）が GM 作物と試算される．

日本で商業栽培が実現しない原因として，消費者・市民団体の強い反対運動と「遺伝子組換えでない」表示が事実上のネガティブマーケティングであったこと，GM 作物を導入しなくても国内生産に支障ない状況であったことから，行政や農家，産業界が栽培に踏み切れない構造的な問題が続いている．これらについて，さらに研究者の視点から，日本で実用的な GM 作物が開発されず，商業栽培が進まない原因等を考察したい．

# 6RpS2

## 世界の遺伝子組換え作物の現状と展望

The Current Status and Future Prospects of Genetically Modified Crops Worldwide

中井 秀一

バイエル クロップサイエンス株式会社

バイエルクロップサイエンスは，バイオテクノロジーを活用し，環境負荷の低減と安全な食料供給の両立を目指す企業です．本講演では，当社の取り組みを中心に，遺伝子組換え作物（GM 作物）の商業栽培の現状について詳しく考察します．具体的には，これまでに商業栽培されてきた GM 作物の実例を挙げ，それらがどのように農業生産性の向上や持続可能な農業の実現に寄与してきたかを紹介します．加えて，米国の生産者がどのような基準で自らが栽培する GM 作物を選択しているのか，その選択基準を示し，実際の農業現場における意思決定プロセスについて紹介します．最後に今後の展望として，栽培が予定されている GM 作物の事例と，その導入によって期待される効果についても言及します．

# 6RpS3

## 遺伝子組換え作物の需要と受容

Consumption and Public Acceptance of Genetically Modified Crops

小泉 望

大阪公立大･農学研究科

日本のカロリーベースの食料自給率は約 40%であり，多くの食料を輸入に頼っている．穀物ではトウモロコシ，コムギ，ダイズ，ナタネ，オオムギなどの占める割合が多い．輸入先で栽培されている穀物が遺伝子組換えである割合から推定すると輸入されるトウモロコシ，ダイズ，ナタネの 9 割程度は遺伝子組換と考えられる．コムギは世界的にも遺伝子組換え品種の栽培は限定的で輸入は無い．オオムギは世界的に遺伝子組換え品種の栽培は無い．結局，主たる輸入穀物のうち 6 割以上が遺伝子組換え品種と推定される．つまり，日本における遺伝子組換え作物の需要は多い．もっとも，トウモロコシの多くは飼料，ダイズやナタネの多くは表示義務の無い植物油等に使用されている．また，遺伝子組換えの表示は 2023 年 4 月までは分別生産流通管理していれば，5%以下の意図しない混入があっても，「遺伝子組換えでない」という表示が認めれられていた．こうした状況から遺伝子組換え作物を大量に消費しているが，その事実が消費者に十分に伝わっていない．一方で，遺伝子組換え食品に対するイメージは良くない．ある調査では 2004 年と比べて 2025 年には好意的，中立的なイメージを持つ人の割合は約 2.5 に増加したが，依然として約半分の人がネガティブなイメージを持っている．つまり，遺伝子組換え作物あるいはそれから作られる食品を大量に消費している一方で，心理的な受容は限定的である．遺伝子組換え作物の本格的商業栽培から 30 年にあたり，日本における受容の変化について考えてみたい．

# 6RpS4

## 国内栽培は何故進まない？

Why can't we grow GM Crops?

徳本 修一

トゥリーアンドノーフ

遺伝子組換え作物（GM 作物）の栽培が日本で進まない理由として，制度や社会受容の問題がしばしば挙げられる．しかし，農業現場の視点から見ると，それだけでは十分に説明できない．世界で普及した GM 作物は，農業経営の改善や環境負荷低減に大きく貢献してきたにもかかわらず，その実態や価値は日本では十分共有されていない．例えば，北南米で広く導入されている除草剤耐性作物は，不耕起栽培を可能にし，土壌保全，燃料消費削減，作業時間短縮など多面的な効果をもたらしている．また, フィリピンで栽培が広がっている Bt コーンは生産性向上と農家所得の改善に貢献している．これらは単なる増収技術ではなく，持続可能な農業を支える基盤技術として機能している．日本では大規模農業は限定的ではあるものの不耕起栽培のメリットはあり，この点では GM 作物導入の意義はある．本講演では，海外での実践事例と日本の農業現場の課題を踏まえながら，なぜ日本で GM 作物栽培が進まなかったのかを考察する．また，ゲノム編集技術を含む新たな育種技術が，食料安全保障や農業競争力の強化にどのように貢献できるのかについて議論したい．

# 1Aa1 ENTRY

## Functional characterization of P450 genes involved in the triterpenoid biosynthesis in *Perilla frutescens*

Shiyue Zhang[1], Hidemasa Bono[2,3], Hikaru Seki[1,4], Keita Tamura[1,2]

[1]Grad. Sch. Eng., UOsaka, [2]Genome Editing Innovation Center, Hiroshima Univ., [3]Grad. Sch. Integr. Sci. Life, Hiroshima Univ., [4]OTRI, UOsaka

Triterpenoids are a diverse group of bioactive compounds derived from the mevalonate pathway, with 2,3-oxidosqualene as the common precursor. Cyclization of oxidosqualenes by oxidosqualene cyclases generates the triterpene scaffolds, which are further modified by cytochrome P450 monooxygenases (CYPs) and glycosyltransferases at different sites through oxidation and glycosylation, respectively. Plant triterpenoids serve important roles for both plants and humans. Triterpenoids extracted from leaves of *Perilla frutescens*, an annual herbal plant widely used in East Asian cuisine and traditional medicine and known for its perillaldehyde and rosmarinic acid, exhibited anti-inflammatory and anti-tumor-promoting activity. However, biosynthetic pathways of these essential triterpenoids remain uncharacterized. In this study, we aim to elucidate the biosynthetic pathway of the triterpenoids, including the C-19 oxidized tormentic acid. CYPs were identified by querying Triterpene RDF with Perilla genome sequences. Seven CYP716A and two CYP716C subfamily genes were cloned from Perilla leaves and functionally validated by heterologous production in yeast, revealing that five CYP716A genes catalyze C-28 oxidation of α-amyrin. The findings will provide a foundation for metabolic engineering and pharmacological application of Perilla triterpenoids.

# 1Aa2 ENTRY

## *hise1* 変異体のテルペノイド生産プラットフォームとしての有用性検証

Evaluation of the utility of the *high sterol ester 1* mutants as a platform for triterpenoid production

加藤 勇稀[1]，Fanani Muchammad[1]，島田 貴士[2]，關 光[1,3]

[1]阪大・院工，[2]千葉大・院園芸，[3]阪大・先導的学際研機構

シロイヌナズナの *high sterol ester 1*（*hise1*）変異体の葉では，メバロン酸経路の律速酵素である HMG-CoA 還元酵素（HMGR）が野生型の 100 倍以上蓄積することが報告されている．ステロールおよびトリテルペノイドの共通前駆体である 2,3-oxidosqualene はメバロン酸経路を経て合成されるため，*HISE1* 変異の導入によりトリテルペノイド産生量の増加が期待される．そこで本研究では，シロイヌナズナ *hise1* 変異体をモデルに，*HISE1* 変異体のテルペノイド生産プラットフォームとしての有用性を検証すべく，以下の実験を行った．

甘草由来トリテルペノイドであるグリチルリチンの生合成に関与する β-アミリン合成酵素（bAS）および β-amyrin 11 位酸化酵素（CYP88D6）遺伝子の同時過剰発現コンストラクトを *hise1-2* 変異体，*hise1-3* 変異体，および野生型シロイヌナズナにそれぞれ導入した．得られた T1 個体の葉における β-amyrin および 11-oxo-β-amyrin の量を測定した結果，両 *hise1* 変異体では野生型バックグラウンドと比較して，これらの量が有意に増加していた．また，ステロールについては，stigmasterol と cycloartenol は全てのラインで検出されず，campesterol と β-sitosterol については，野生型と *hise1-3* バックグラウンドの間に有意な差は見られなかったものの，*hise1-2* ではこれらのステロールが他のバックグラウンドと比較して多量に蓄積していた．現在，T2 個体を用いたより詳細な解析を行っている．

# 1Aa3 ENTRY

## イネにおけるフェアリー化合物の生合成とその機能

Biosynthesis and Biological Functions of Fairy Chemicals in Rice

矢嶋 雪乃[1]，崔 宰熏[1,2,3,5]，David C. Nelson[6]，川南 智也[1]，間瀬 暢之[2]，平井 浩文[1,2,3,5]，河岸 洋和[3,4]

[1]静大・総科技，[2]静大・グリーン研，[3]静大・キノコ科研，[4]静大・農，[5]静大・共創，[6]UCR・Botany

フェアリーリングとは，芝草が輪状に繁茂あるいは枯死した後にキノコが発生する現象である．当研究室では，その惹起物質として 2-azahypoxanthine（AHX），imidazole-4-carboxamide（ICA），および 2-aza-8-oxohypoxanthine（AOH）を発見し，フェアリー化合物（fairy chemicals: FCs）と総称している．FCs は植物成長調節活性を示すことから，農業分野への応用が期待されている [1-2]．

イネではプリン代謝中間体である 5-aminoimidazole-4-carboxamide（AICA）から AHX および ICA が生合成されることが明らかとなっているが，その生合成機構には未解明な点が残されている．そこで本研究では，FCs の機能解明および生合成関連酵素の探索を目的とした．

これまでに，AICA の大部分が FCs 以外の化合物へ変換されること，その反応にイネ由来ペルオキシダーゼが関与することを明らかにした．現在は AICA 分解産物の構造解明に向けて，HPLC による単離・精製を行っている．また，ICA の化学合成では 4-diazoimidazole-5-carboxamide（DICA）を経由して ICA へ変換されることが知られていることから，生体内でも DICA を中間体とする経路の存在を仮定し，DICA から ICA への変換を触媒する酵素の探索を進めている．

さらに，AICA 処理したイネでは FCs の蓄積とともにファイトアレキシン生合成系の活性化が認められた．このことから，AICA および FCs が植物の生物的ストレス応答に関与する可能性が示唆されており，現在，LC-MS/MS を用いた網羅的代謝解析によってその作用機構の解明を進めている．

1. Kawagishi, H., *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 82, 752–758 (2018)
2. Kawagishi, H., *Proc. Jpn. Acad. Ser. B*, 95, 29–38 (2019)

# 1Aa4 ENTRY

## シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物非感受性変異体の解析

Analysis of Fairy Chemical-Insensitive Mutants in *Arabidopsis thaliana*

川上 璃子[1]，崔 宰熏[1,2,3,4]，David C. Nelson[5]，道羅 英夫[1,3,4]，平井 浩文[1,2,3,4]，河岸 洋和[4,6]

[1]静大・総科技，[2]静大・共創，[3]静大・グリーン研，[4]静大・キノコ科研，[5]UCR・Botany，[6]静大・農

当研究室は過去に，芝生がリング状に繁茂するフェアリーリング現象の原因物質として 2-azahypoxanthine (AHX)，imidazole-4-carboxamide (ICA)，2-aza-8-oxohypoxanthine (AOH)の 3 つの化合物を発見した．これら 3 つの化合物をフェアリー化合物（fairy chemicals；FCs）と総称している [1,2)]．これまでの研究により，FCs は多くの植物に成長調節活性を有し，様々な植物種に普遍的に内生していることが明らかになった．これらの知見から，FCs の農業利用や新規植物ホルモンとしての確立が期待される．しかし，生合成経路や受容・シグナル伝達に関しては完全には解明されていない．そこで，生合成経路および作用機構の解明を目的として，シロイヌナズナを用いた FCs 非感受性の変異体解析に着手した．

FCs をシロイヌナズナに処理したところ，濃度依存的に成長が阻害されることが明らかとなった．その中でも特に強い成長阻害を示した ICA に着目し，ICA 非感受性株の獲得を試みた．エチルメタンスルホン酸（EMS）処理によって突然変異を導入した約 48,000 株のシロイヌナズナをスクリーニングした結果，3 株の ICA 非感受性候補株を選抜することに成功した．これらの株を野生型株と交配して選抜した 100 個体以上の ICA 非感受性を示す個体からゲノム DNA を抽出し，次世代シーケンス解析に供して原因遺伝子の同定を行った．さらに，同定した遺伝子の欠損変異体を用いた追加解析と，組み換えタンパク質を用いた酵素学的解析を実施し，その結果に基づく考察についても併せて報告する．

1. Kawagishi, H., *Proc. Japan Acad. Ser. B*, 95, 29–38 (2019)
2. Kawagishi, H., *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 82, 752–758 (2018)

# 1Aa5 ENTRY

## ダイズにおける代謝型受容を担う香気二糖配糖化酵素の機能解析

Functional characterization of aroma diglycosyltransferases involved in airborne volatile reception in Soybean

池田 有沙[1]，渡邊 駒ち[1]，竹内 愛莉[2]，大澤 月穂[3]，竹原 港[4]，上村 卓矢[4]，有村 源一郎[4]，竹内 純[2,5]，西山 康太郎[2]，大西 利幸[2,5]

[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]サントリー生科財団，[4]東理大・先進工，[5]静大・グリーン研

植物は大気中の揮発性有機化合物（volatile organic compounds; VOCs）を情報シグナルとして受容し，取り込んだ VOCs を配糖化して香気配糖体を生成し，防御応答を強化する（*Nat. Commun.*, 2023）．発表者らは，ダイズ（*Glycine max*）葉に VOCs である linalool を曝露すると，香気二糖配糖体 linalyl β-vicianoside（LinVic）が蓄積し，その葉を摂食したハスモンヨトウ幼虫の成長が抑制されることを報告した（*Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 2025）．このことは，ダイズが大気由来 VOCs を取り込み，香気配糖体へ変換して防御物質として利用する「代謝型受容」を行うことを示唆した．しかし，LinVic 生成酵素は未同定であり，LinVic を介した化学防御の強化に関与するかは明らかになっていない．

そこで本研究は，大気由来 VOCs の代謝型受容を担う分子機構と，それに基づく植食性昆虫に対する化学防御機構を明らかにすることを目的とした．ダイズ RNA-seq データベースより香気二糖配糖化酵素の候補遺伝子を探索し，*GmdiUGT1* を選抜した．大腸菌異種発現系により組換え GmdiUGT1 を調製し，単糖配糖体 linalyl β-D-glucoside および UDP-arabinose を基質として糖転移活性試験を行った．その結果，GmdiUGT1 が LinVic を生成することを明らかにした．また GmdiUGT1 が LinVic を介した化学防御に関与するかを評価するため，GmdiUGT1 過剰発現タバコを作出した．GmdiUGT1 過剰発現タバコでは LinVic の蓄積が認められ，その葉を摂食したハスモンヨトウ幼虫の体重増加は，対照区と比較して有意に抑制された．

以上より，本研究は，ダイズにおける大気由来 VOCs の代謝型受容と，それに基づく化学防御機構の分子基盤の一端を明らかにした．

# 1Aa6 ENTRY

## トマトにおける大気由来（*Z*)-3-hexenol の代謝型受容と HexVic の根圏分泌

Metabolic reception of airborne (*Z*)-3-hexenol leads to rhizosphere secretion of HexVic in tomato

吉田 剛瑠[1]，藤田 阿紅亜[1]，本間 駿一[1]，水野 翼[2]，竹内 純[2,3]，西山 康太郎[2]，杉山 暁史[4]，大西 利幸[2,3]

[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]静大・グリーン研，[4]京大・生存研

植物は環境中の揮発性有機化合物（volatile organic compounds; VOCs）を取り込み，代謝することで化学防御を強化する．トマト葉は大気中の(*Z*)-3-hexenol を取り込み，香気二糖配糖体である(*Z*)-3-hexenyl β-vicianoside（HexVic）を生成する．HexVic はハスモンヨトウ幼虫の成長を抑制する化学防御物質として機能する（*Nat. Commun.*, 2023）．発表者らはこれまでに，HexVic がトマト根にも蓄積することを見出した．このことから，トマトは大気中の VOC シグナルを葉で受容し，HexVic として地下部へ輸送・分泌することで，地上部で受容した情報を根圏へ伝達している可能性が考えられた．

そこで本研究では，トマトにおける HexVic の根への蓄積および根圏への分泌を明らかにするため，根および土壌中の HexVic 量の定量と，重水素標識体(*Z*)-3-hexenol-$d_2$ を用いた動態解析を行った．まず，トマトに(*Z*)-3-hexenol を曝露し，根および土壌中の HexVic 量を定量した．その結果，土壌中から HexVic が検出され，HexVic が根から外部へ分泌される可能性が示された．次に，無菌寒天培地で育成したトマトに(*Z*)-3-hexenol-$d_2$ を曝露し，根および培地中の HexVic-$d_2$ 内生量を測定した．その結果，根および培地中の HexVic-$d_2$ 量が顕著に増加した．これらの結果から，大気由来の(*Z*)-3-hexenol は葉で取り込まれた後，HexVic へ代謝され，根へ輸送されたのち根圏へ分泌されることが示唆された．

以上より，トマトは大気中の(*Z*)-3-hexenol を受容・代謝し，生成した HexVic を根に蓄積するとともに根圏へ分泌することで，地上部で受容した VOC 情報を地下部へ伝達している可能性が示された．

# 1Aa7 ENTRY

## ペチュニア花弁における香気マロニル配糖体生成に関与するマロニル基転移酵素の機能解明

Functional characterization of malonyltransferases involved in aroma malonyl glycosides biosynthesis in Petunia

宮里 真琴[1]，小掠 由樹[1]，小木曽 こはる[1]，肥塚 崇男[2]，佐藤 浩平[3,5]，間瀬 暢之[3,5]，西山 康太郎[4]，竹内 純[4,5]，轟 泰司[4,6]，渡辺 修治[4,6]，大西 利幸[4,5]

[1]静大院･総科技，[2]山口大院･創成科学，[3]静大･工，[4]静大･農，[5]静大･グリーン研，[6]静大院･創造

ペチュニア（*Petunia hybrida*）は，揮発性芳香族化合物を花弁から放散する．ペチュニア花弁では，これらが糖転移酵素 PhUGT85As によって香気単糖配糖体へと代謝され，花弁中に蓄積することが報告された（*J. Plant Physiol.,* 2020）．発表者らは，この研究過程においてペチュニア花弁では香気単糖配糖体だけでなく，そのマロニル化体である香気マロニル配糖体も蓄積すること，その生成に関与する候補マロニル基転移酵素遺伝子として，PhMaT1 および PhMaT2 を見出した．

植物における揮発性有機化合物（volatile organic compounds; VOCs）の貯蔵形態として，糖部分に二糖をもつ香気二糖配糖体が多く報告されている．一方，VOCs が香気マロニル配糖体として蓄積する例は限られており，その蓄積や生成酵素の機能は十分に明らかでない．そこで本研究では，香気マロニル配糖体の蓄積動態と，その生成に関与する PhMaT1 および PhMaT2 の機能解明を目的とした．蕾期，開花初期，開花中期，開花後期の花弁を解析した結果，香気マロニル配糖体の内生量は花弁の発達に伴って増加した．さらに，PhMaT1 および PhMaT2 の発現量も花弁の発達に伴って増加した．次に，両酵素の機能を解析した結果，芳香族配糖体に対してマロニル基転移活性を示し，特に PhMAT2 は主要な香気成分由来配糖体であるイソオイゲノールを非糖部にもつ isoeugenyl β-D-glucopyranoside に対して高い活性を示した．以上より，ペチュニア花弁では，花弁の発達に伴って PhMaT1 および PhMaT2 の発現が上昇し，これらの酵素が芳香族単糖配糖体をマロニル化することで，香気マロニル配糖体の蓄積に寄与することが示唆された．

# 1Aa8 ENTRY

## 複数の起源を持つコケ植物由来イソプレン合成酵素の機能解析

Multiple origins of isoprene synthase in mosses

川上 哲也[1]，宮崎 翔[2]，井上 侑哉[3]，川出 洋[1]

[1]東農工大院･連合，[2]東電機大･理工，[3]科博･植物

イソプレンは，陸上植物で広く生産が確認されているテルペン系特化代謝産物であり，その生合成はイソプレン合成酵素（ISPS）によって反応が進行する．植物の ISPS 遺伝子は系統ごとに異なるテルペン合成酵素（TPS）から派生したことが知られており，被子植物 ISPS ではモノテルペン合成酵素派生である．一方，我々はこれまでにコケ植物（蘚類）ハイゴケ（*Calohypnum plumiforme*）の ISPS が，ジテルペン合成酵素から派生したことを示している（diterpene-type ISPS）．しかし，蘚類における ISPS の報告はハイゴケのみであり，その進化起源の全体像は不明であった．本研究では，複数のイソプレン生産蘚類を用いて，ISPS 遺伝子を探索した．その結果，ウマスギゴケ（*Polytrichum commune*）では Microbial-type terpene synthase-like（MTPSL）ファミリーに属する PcMTPSL1 が ISPS 活性を示し，既知 ISPS とは異なる系統の MTPSL-type ISPS であることを明らかにした．また，ヘチマゴケ（*Pohlia nutans*）では diterpene-type ISPS，ホソバオキナゴケ（*Leucobryum juniperoideum*）では MTPSL-type ISPS が確認された．以上より，蘚類 ISPS では少なくとも 2 系統の異なる進化起源を有すことが示された．本研究は，植物におけるイソプレン生合成の分子進化の理解に貢献するものである．

# 1Aa9 ENTRY

## シロイヌナズナにおける *cis*-ケイヒ酸の代謝・不活性化経路の解明

Studies on the deactivation pathway of *cis*-cinnamic acid in Arabidopsis

都筑 惠[1]，鈴木 泰輝[2]，西山 康太郎[3]，林 謙一郎[4]，瀬戸 義哉[5]

[1]明治大・院農学，[2]理研CSRS，[3]静大・農学，[4]岡山理大・生命科学，[5]明治大・農学

*cis*-ケイヒ酸（*cis*-CA）は，周辺の植物の成長を抑制するアレロケミカルとして同定された植物代謝物である．*cis*-CA はオーキシン輸送体を阻害することで，側根発生促進などの植物成長制御活性を有することが報告されている．さらに私たちは，*cis*-CA が様々な植物において，内生分子として存在することを見出した．これらの知見から，*cis*-CA は内生の生理活性分子として植物において，重要な役割を果たすと考えられる．既知の植物ホルモンには，特異的な代謝・不活性経路が存在し，内生量が厳密に制御されている．一方，*cis*-CA の代謝に関してはこれまでに報告がないため，私たちはシロイヌナズナにおける *cis*-CA の代謝メカニズムを調べることとした．

まず，*cis*-CA 処理後のシロイヌナズナにおけるトランスクリプトーム解析を行った．その結果，オーキシンを不活性型であるアミノ酸縮合体に変換する *GH3* ファミリー遺伝子の発現が，*cis*-CA 処理によって上昇することを見出した．種々の機能解析の結果，外部投与した *cis*-CA は，オーキシン信号伝達の活性化を介して *GH3* の遺伝子発現を誘導することが示唆された．さらに，GH3 はオーキシンのみならず，*cis*-CA とアミノ酸との縮合体（*cis*-CA-aa）への変換を触媒することを明らかにした．加えて，オーキシンの一種であるインドール-3-酢酸（IAA）とアミノ酸との縮合体を，IAA とアミノ酸に分解する酵素である ILR ファミリー酵素が，*cis*-CA-aa に対しても作用する可能性が示唆された．以上の結果から，*cis*-CA はオーキシンと類似した経路によって代謝・不活性化されることを明らかにした．

# 1Aa10 ENTRY

## カンレンボク（*Camptotheca acuminata*）花部の発達に応じたカンプトテシン含量および遺伝子発現変化の解析研究

Quantitative analysis of camptothecin content changes and corresponding gene expression alterations across development of floral units in *Camptotheca acuminata*

荒木 康佑，月岡 淳子，太田 智絵，中村 誠宏

京都薬大

【目的】ヌマミズキ科カンレンボク（*Camptotheca acuminata*）は，中国中南部原産の落葉樹であり，含有アルカロイドであるカンプトテシン（**1**）や 10-ヒドロキシカンプトテシン（**2**）は抗がん作用を有する．それらの誘導体イリノテカンやトポテカンは肺がんなどの治療に用いられる．カンレンボク花部の最終形態である果実は **1** の主要な供給源として利用されており，代謝物解析においても **1** やその誘導体が高蓄積していることが報告されている．一方，果実形成前の蕾や開花期などの発達段階における **1** の含量変動は十分に検討されていない．これは，花部の形態分類が整理されておらず，発達段階に基づく比較が行われていないためと考えられる．そこで発表者は，カンレンボク花部を 8 種に分類し，**1** とその代謝物である **2** の定量および選抜したサンプル 3 種の RNA-seq 解析を行うことで，それらの含量と遺伝子発現の関連性を検討した．
【方法および結果】植物サンプルは京都薬科大学薬用植物園にて栽培され，2025 年 8 月に採取したものを使用した．8 種類に分類したそれぞれの花部を，メタノールを用いて超音波抽出を行い，**1** および **2** を抽出した．化合物 **1** および **2** の含有量を HPLC 分析により定量したところ，**1** の含量は蕾に多く，発達に従い減少する傾向が見られた．一方で，**2** は蕾において含量が少なく，発達に伴い増加傾向を示すことが明らかとなった．また，RNA-seq 解析により，果実形成期において **1** の代謝に関わる 10-ヒドロキシカンプトテシン合成酵素および 10-ヒドロキシカンプトテシン *O*-メチル化酵素をコードする遺伝子が高発現することが示唆された．

# 1Aa11 ENTRY

## グルコシノレート分解経路におけるラファヌサム酸生成機構の酵素化学的検証

Biochemical Reactions Responsible for Raphanusamic Acid Formation during Glucosinolate Sulfur Recycling

菊地 ひめか[1]，杉山 龍介[1,2]，山崎 真巳[1,2]

[1]千葉大･院･薬，[2]千葉大植物分子科学セ

グルコシノレートは主にアブラナ科植物が生産する二次代謝産物であり，昆虫などの外敵に対する防御物質としてはたらく．また，硫黄欠乏条件下のシロイヌナズナでは，グルコシノレートが硫黄の貯蔵源として分解・再利用されることが最近明らかとなった．硫黄欠乏条件では，グルコシノレートの分解により生じたイソチオシアネート（ITC）がグルタチオンと反応し，Cys 誘導体である raphanusamic acid（RA）へと変換される．その後，RA が Cys へと再生する過程で ITC 由来の硫黄原子が遊離すると考えられている．本研究では，ITC から RA に至る一連の反応機構解明を目的として，各反応における酵素の関与を検証した．

硫黄十分または硫黄欠乏条件で 3 週間栽培したシロイヌナズナからタンパク質粗抽出液を調製した．ITC を各種チオールと混合してジチオカルバメートを生成後，粗抽出タンパク質を加えてインキュベートし，反応生成物を HPLC および LCMS で分析した．抽出緩衝液の pH，反応液の pH，反応の温度・時間，基質となる ITC・チオールを種々変更して条件検討を行った．

その結果，ITC-Cys から RA が生成する分子内環化は D-Cys やホモシステインなどでは進行しないことから，L-Cys に特異的な酵素反応であることが強く示唆された．また，ITC-Cys-Gly からグリシンが遊離する加水分解反応は，$Mn^{2+}$または$Co^{2+}$存在下で反応が加速することから，メタロプロテアーゼの関与が示唆された．さらに，硫黄欠乏条件のシロイヌナズナから調製した粗抽出タンパク質では基質の消失が速い傾向が見られた．現在，各反応の責任酵素同定に向けて，分子サイズや塩析による粗分画条件の検討を進めている．

# 1Ap1 ENTRY

## パラゴムノキ（*Hevea brasiliensis*）由来天然ゴム生合成酵素の相互作用タンパク質群の機能解析

Functional Analysis of Natural Rubber Biosynthetic Enzyme-Interinteracting Proteins from *Hevea brasiliensis*

大山 真実[1]，今泉 璃城[1]，Nur Shazana Binti Talib Khan Nadia[1]，廣森 美樹[1]，三上 智世[1]，小島 幸治[1]，山口 晴彦[2]，和氣 駿介[1]，山下 哲[3]，戸澤 譲[4]，坂口 祐美[2]，中山 亨[1]，高橋 征司[1]

[1]東北大学･院工，[2]住友ゴム工業(株)，[3]金沢大･院･自然科学，[4]埼玉大･院･理工

天然ゴム（NR）は優れた物性を持ち，様々な工業製品に利用される天然材料である．しかし，その原料はパラゴムノキのラテックス（乳管細胞の細胞質）に依存しており，持続可能性に課題を抱えている．その対策として，遺伝子工学的手法を用いた NR 高生産系の構築が求められているが，NR 生合成経路には未解明な点が多く残されている．NR の基本炭素骨格は，乳管細胞内の脂質単層膜オルガネラであるゴム粒子（RP）の膜上で *cis* 型プレニルトランスフェラーゼ（cPT）によって合成される．パラゴムノキの cPT である HRT1 は RP 膜上で HRBP や REF と複合体を形成しているが，それらを大腸菌や NR 非生産植物で発現させても NR 合成活性が検出されないことから，未知のタンパク質の NR 生合成への関与が示唆されていた．近年，我々は新規 NR 生合成関連タンパク質探索のため，RP 膜を両親媒性コポリマーで可溶化させ抗 HRT 抗体で免疫沈降することで，HRT1-HRBP と相互作用し NR 合成活性を増強する 7 種のタンパク質を同定した．本発表では，それらの詳細な機能解析を行った結果を報告する．各タンパク質をベンサミアナタバコの葉において一過的に発現させたところ，2 種のタンパク質は脂肪滴（LD）形成を誘導することが示された．また，それらの配列のうち，比較的短いユニークなモチーフが LD 形成誘導に寄与していることが明らかとなった．RP と LD の構造的類似性から，これらのタンパク質の RP 形成及び NR 生合成への関与が示唆された．この他に，RP の凝集を抑制する効果を示すタンパク質も見出されたため，そちらに関する詳細な機能解析の結果についても報告する．

# 1Ap2 ENTRY

## コケ植物由来カルコン合成酵素ホモログに対する CoA 阻害様式の解析

Analysis of CoA inhibition mechanisms in chalcone synthase homologs from bryophytes

廣居 桜子，今泉 璃城，軽石 貴大，高橋 征司，中山 亨，和氣 駿之

東北大・院工/Grad. Sch. Eng., Tohoku Univ

フラボノイドなどの植物特化代謝産物の生合成は，酵素間のタンパク質-タンパク質間相互作用（PPI）を介して形成される代謝酵素集合体（メタボロン）により精密に制御されている．我々はこれまでに，フラボノイド生合成の初発酵素であるカルコン合成酵素（CHS）の相互作用因子としてカルコン異性化酵素類似タンパク質（CHIL）を同定し，CHS が CHIL との一過的な PPI を介して活性化されるとともに，その生成物特異性が制御されることを明らかにした．さらに，ヒメツリガネゴケ由来 CHS-CHIL 複合体の構造解析から，CHIL が CHS の触媒部位構造に影響を与え，反応中間体をクライゼン環化に適した状態で安定化する可能性を示した．一方，我々は先行研究において，ダイズ由来 CHS では遊離 CoA が分子内クライゼン環化を選択的に阻害することも見出している．本研究では，CoA による CHS 活性阻害の様式と，その阻害に対する CHIL の影響を解明することを目的とし，CHIL の作用を強く受けるコケ植物由来 CHS-CHIL に着目して，CoA 阻害様式の解析を行った．

ヒメツリガネゴケおよびゼニゴケ由来の CHIL と CHS ホモログに着目し，それぞれ大腸菌組換えタンパク質として調製した．CoA 濃度の変化に伴う生成物量および生成物プロファイル変化を解析したところ，クライゼン環化により生じるカルコン生成量は CoA 濃度依存的に大きく低下した一方，副生成物の生成量には大きな変化は認められなかった．また，MpCHIL の添加により，この CoA 阻害が部分的に緩和されることが示された．

# 1Ap3 ENTRY

## クズ（葛）が産生する特化代謝物の器官特異的な産生機構の解析

Metabolomic analysis of tissue-specificity of specialized metabolites in Pueraria lobata

Zhixuan Huang，小牧 伸一郎，渡邉 むつみ，峠 隆之

奈良先端大・先端科学技術

クズ（*Pueraria lobata*）はマメ科のつる性植物で，主に日本，中国と東南アジアに分布しており，根は漢方薬として用いられてきた．近年の研究では，クズの根に含まれる薬効成分が心血管疾患や糖尿病に有効であることが報告されている．クズの根には，フラボノイド類，ポリフェノール類，サポニン類などの代謝物が豊富に含まれている．主要成分として知られるフラボノイド類のうち，イソフラボノイド配糖体であるプエラリン（8-*C*-グリコシルイソフラボン）は，根に特異的に産生される化合物であることが知られているが，プエラリンのメチル化体や配糖体などの多様な誘導体が報告されていることから，同様の活性をもつ数多くの誘導体が産生されていると考えられる．また，クズの葉にはフラボノール類，花にはアントシアニジン類，つるにはイソフラボノイド類が多く蓄積することが知られいるが，それらの生合成経路や修飾酵素遺伝子は十分に解明されていない．クズの代謝経路を明らかにするには，根以外の器官や生育段階ごとの二次代謝物を包括的に解析する必要がある．そこで，本研究では液体クロマトグラフィーと紫外検出器および質量分析計（UPLC-PDA-MS）を用いて，クズの各器官および生育段階ごとのフラボノイド類の蓄積パターンを解析し，フラボノイド類の生合成経路を構築する．さらに，ゲノムデータを用いた統合解析によって，器官特異的なイソフラボノイド類の修飾酵素遺伝子の候補を絞り込み，遺伝子発現解析および組み換え酵素活性試験を用いた機能解析を行った．

# 1Ap4 ENTRY

## Exploring the Accumulation and Stage-Dependent Changes of Volatile Organic Compounds During Flowering in Four *Cerasus speciosa* Cultivars

Yongqing Cai[1], Shuri Kato[2], Asako Matsumoto[2], Miyako Kusano[3,4,5]

[1]Grad.sch.of Life and Envi. Sci., Univ. Tsukuba, [2]FFPRI, [3]RIKEN CSRS, [4]Faculty of Life and Envi. Sci., Univ. Tsukuba, [5]T-PIRC

*Cerasus speciosa* is one of the most important *sakura* species in Japan, and some of its cultivars have a distinctive fragrance. Our previous study demonstrated that volatile organic compound (VOC) profiles are associated with fragrance differences among *Cerasus* cultivars. However, VOC dynamics during flower development remain unclear. Therefore, this study investigated VOC changes during flower development in four *C. speciosa* clones exhibiting representative *sakura* phenotypes. Four flowering stages were examined, from the swollen bud stage through the half-open and full-open stages to early senescence. We found that differences among cultivars were greater than developmental-stage variation, suggesting that each cultivar maintained a unique VOC profile throughout flower development. Further analysis revealed that the bud stage is not dormant for VOC production, as substantial synthesis and accumulation had already occurred. During flower development, some VOCs changed dynamically, while others showed little variation. Overall, although VOC levels changed during flowering, each cultivar maintained a stable VOC profile. Thus, this study improves our understanding of VOC dynamics during *C. speciosa* flower development. Future studies on transcriptional regulation during the early stage of flower development may facilitate the breeding of highly fragrant cultivars.

# 1Ap5 ENTRY

## カーネーションにおけるリンゴ酸糖転移酵素（MGT）活性の検出

Detection of acyl-glucose:malic acid glucosyltransferase (MGT) activity in carnations

大山 綾香[1]，川末 慎葉[2]，阿部 裕[2]，佐々木 伸大[1]

[1]大公大･農･応用，[2]国立医薬品食品衛生研究所

カーネーション（*Dianthus caryophyllus*）はナデシコ科ナデシコ属の植物で，世界的に主要な産業用花きである．鮮赤色カーネーションの主要アントシアニンは pelargonidin 3-malylglucoside であり，リンゴ酸による修飾を持つアントシアニンはナデシコ科ナデシコ属に特有であることが知られている（Terahara et al, *Phytochem*. 1986, 25: 2906–2907）．鮮赤色カーネーションが持つアントシアニンの 3 位のグルコースへのリンゴ酸転移反応は，リンゴ酸グルコース（MG）をアシル基供与体とした液胞局在型の anthocyanin malyltransferase（AMalT）によって触媒されることが報告されている（Abe et al, *BBRC* 2008, 373: 473–477）．一方で，基質となる MG を合成する酵素は報告されていない．MG は糖転移酵素によってリンゴ酸にグルコースが転移することで合成されると考えられた．そこでカーネーション花弁粗酵素液を用いて，リンゴ酸への糖転移酵素（MGT）活性の検討を行った．MG を HPLC で直接検出することは困難であったため，MGT 反応生成物を AMalT 反応の基質として用いた二段階反応を行い，生成した cyanidin 3-malylglucoside（Cy3MG）を検出することで，MGT 活性の検出を行った．その結果，acyl-glucose を糖供与体とした場合に Cy3MG の生成が確認された．このことから，カーネーションでは acyl-glucose 依存型糖転移酵素（AGT）によって MG が生合成されることが示唆された．MGT 候補遺伝子を探索するために RNA-seq 解析を行ったところ，4 種類の候補遺伝子が獲得された．現在，これらの候補遺伝子について，ベンサミアナタバコを用いてアグロインフィルトレーション法による組換え活性を検討中である．

# 1Ap6 ENTRY

## サポジラ（*Manilkara zapota*）由来ファルネシルニリン酸合成酵素の触媒重要残基の解明

Structure-based identification of catalytically critical residues in a farnesyl diphosphate synthase from sapodilla (*Manilkara zapota*)

佐藤 誠一郎[1]，今泉 璃城[1]，山田 悠介[2]，櫻井 啓介[2]，廣森 美樹[1]，青木 裕一[3]，和氣 駿之[1]，竹下 浩平[4]，山口 晴彦[5]，坂口 祐美[5]，山下 哲[6]，中山 亨[1]，高橋 征司[1]

[1]東北大・院・工，[2]東北大・SRIS，[3]東北大・東北メディカルメガバンク，[4]理研・SPring-8，[5]住友ゴム工業（株），[6]金沢大・院・自然科学

ファルネシルニリン酸（FPP，$C_{15}$）は，セスキ／トリテルペノイド，ポリイソプレノイド，ステロイド，ユビキノン等の多様なイソプレノイドの共通前駆体となるハブ化合物である．FPP は，ジメチルアリルニリン酸（DMAPP, $C_5$）を開始基質とした 2 分子のイソペンテニルニリン酸（IPP, $C_5$）の縮重合反応で合成され，その反応は FPP 合成酵素（FPS）により触媒される．FPS の研究の歴史は長いが，その触媒反応の詳細な分子機構については不明な点が残されており，とりわけ，IPP 縮合反応のターンオーバーの制御機構はほとんど未解明のままであった．そこで本研究では，植物由来 FPS の触媒機構解明を目的として，ポリイソプレノイドを豊富に蓄積するサポジラ（*Manilkara zapota*）由来 FPS（MzFPS1）の結晶構造解析を行った．

大腸菌内で異種発現させ精製した MzFPS1 について結晶化の条件検討を行い，得られた結晶の X 線回折データを NanoTerasu BL09U にて取得した．その結果，2.6 Å の分解能で MzFPS1 の構造決定に成功した．さらに，アポ体結晶に対して非反応性の DMAPP アナログと IPP をソーキングすることで，酵素–2 基質複合体の結晶構造も決定した．基質複合体から得られた配位構造では，これまで報告されていた微生物や動物の FPS とは異なる特徴的な位置で IPP が保持されていることが明らかとなった．それに寄与する残基を置換した変異酵素の活性は著しく低下していたことから，これらの残基が触媒反応に重要であることが示された．本発表では，これらの結果をもとに MzFPS1 の触媒機構について考察する．

# 1Ap7 ENTRY

## シダ植物におけるイソプレン合成酵素遺伝子の探索と分子進化解析

Screening and molecular evolutionary analysis of isoprene synthase genes in ferns

小板 青空[1]，棟方 涼介[1]，福島 健児[2]，野下 浩司[3]，佐竹 暁子[3]，楠見 淳子[4]，杉山 暁史[1]，矢﨑 一史[1]

[1]京大・生存研，[2]遺伝研，[3]九大・院理，[4]九大・院比文

植物が大気中に放出する揮発性有機化合物（Volatile Organic Compounds, VOCs）のフラックスは全球レベルで年間 10 億トン（炭素換算）に及び，気候にまで影響を及ぼすことが知られる．具体的には，VOC はその化学反応性の高さにより二次粒子を形成してエアロゾルとなり，雨雲の形成促進や大気の冷却などに関与する．中でもヘミテルペンであるイソプレンは大気中の植物由来 VOC の約半分を占めるため，量的な観点からも気候への影響が大きいと認識されている．植物界においてイソプレンを放出する種は，被子，裸子，シダ，またコケ植物など広範囲に点在する．これまでに被子植物，裸子植物，コケ植物からはイソプレン合成酵素遺伝子（*IspS*）が見出され，これらの分子進化解析などから，各植物系統で *IspS* が独立に獲得されたと考えられている．しかし，シダ植物における *IspS* は未同定であるため，植物界におけるイソプレン生合成能の獲得過程の全貌は不明であった．そこで本研究では，シダ植物における *IspS* の同定と分子進化過程の解明を目的とした．イソプレン放出種であるヒカゲヘゴのトランスクリプトーム解析によってテルペン合成酵素ファミリーから候補遺伝子を探索し，祖先配列の解析を含めた分子系統解析により，シダ植物におけるイソプレン生合成能の獲得過程を調べた．シダ植物の中には，ヒカゲヘゴをはじめ，亜熱帯地域におけるイソプレン放出量への貢献度が大きいとされる種が含まれる．そのため本研究は，イソプレン生合成の理解の深化だけでなく，気候に対するイソプレンの影響予測においても重要な知見を与えるものと期待される．

# 1Ap8 ENTRY

## ペチュニアのエルゴスタン型ステロイド生合成に関わるシトクロム P450 酵素の機能解析

Functional characterization of cytochrome P450 enzymes involved in ergostane-type steroid biosynthesis in *Petunia hybrida*

沢田 元樹[1]，庄司 翼[2]，澤井 学[2]

[1]富山大･院･医薬理工，[2]富山大･和漢研

ナス科ペチュニア（*Petunia hybrida*）は生体防御物質としてエルゴスタン型ステロイドであるペチュニアステロンなどを生成すると考えられている．転写因子 PhERF1 の過剰発現はこれらステロイドの生成を誘導する．また，ゲノム上では PhERF1 によって発現が誘導される多数の遺伝子が複数のクラスターを形成している．中でもペチュニア特異なステロイド生合成初発酵素遺伝子である *Sterol 24-isomerase*（*24ISO*）を含むクラスターには複数のシトクロム P450 酵素（CYP）遺伝子が存在している．最近，これら CYP のホモログがアシュワガンダ特異なステロイド代謝に関わることが報告された．本研究ではペチュニア特異なステロイド生合成機構の全容解明を目指し，それら CYP の機能解析を行った．

CYP の機能解析にはベンサミアナタバコでのアグロインフィルトレーション法を用いた．代謝経路上で，24ISO の次に働く CYP87G の基質である 24-メチルデスモステロールを十分量供給するため，シロイヌナズナの HMGR から DWF5 までの酵素とペチュニア 24ISO を解析対象の CYP とともに葉で共発現させ, 抽出物を GC-MS 分析に供した．その結果, アシュワガンダの CYP87G との比較から，ペチュニア CYP87G も 24-メチルデスモステロールの 22 位水酸化酵素であることが示唆された．

今後，本生合成機構の全容解明に向けた研究を続けるとともに，ペチュニアにおける有用ステロイド生産に向けた代謝改変に取り組む．転写因子や植物ホルモンを活用した代謝経路全体の活性化，及びゲノム編集による下流遺伝子の破壊などを組み合わせ，目的となるステロイド化合物を高収量で得るための手法を確立する．

# 1Ap9 ENTRY

## カンプトテシン生合成における新規推定中間体の構造，植物間プロファイル，および酵素変換

Structural Characterization, Distribution among Camptothecin-Producing Plants, and Enzymatic Conversion of a Novel Putative Intermediate in Camptothecin Biosynthesis

河西 俊介[1]，遠藤 寿伶希[1]，杉山 龍介[1,2,3]，山崎 真巳[1,3]

[1]千葉大院薬，[2]千葉大植物分子科学セ，[3]理研CSRS

カンプトテシン（CPT）は，キジュ，クサミズキおよびチャボイナモリ等の植物種において生産されるモノテルペノイドインドールアルカロイドであり，I 型トポイソメラーゼを強力に阻害する抗腫瘍剤原料として利用されている．我々はこれまでにチャボイナモリを用いて CPT 生合成研究を行ってきたが，未だに生合成後半部分については不明であった．本研究では，チャボイナモリ毛状根において，二次代謝を誘導するシグナル物質であるジャスモン酸メチル（MeJA）に応答して蓄積量が変動する CPT 生合成の最終中間体を明らかにしたので報告する．

チャボイナモリ毛状根に 50 μM MeJA を添加し 3 日間培養後，毛状根を MeOH 抽出し，蛍光 HPLC および LC-MS を用いて代謝物分析を行った．その結果，MeJA 添加により CPT 含有量が増加するとともに，CPT 増加に相反して減少する未知代謝物ピークが観測された．本化合物はその蛍光特性ならびに MS/MS パターンの類似性から CPT 関連化合物であると予測されたためこれを単離し，NMR 解析等によりこれを 17-*O*-acetylcamptothecinic acid（CPT-17OAc）と同定した．この化合物は，チャボイナモリの地上部・地下部およびクサミズキの根に高蓄積していた．一方，キジュには蓄積が全く見られなかった．CPT-17OAc をチャボイナモリ毛状根のタンパク質粗抽出物と反応させると，脱アセチル化が進行してほぼ定量的に CPT に変換された．これらのことから，本化合物が CPT 生合成の最終中間体であり，MeJA 誘導により内在性の酵素による脱アセチル化が進んで CPT が生成する可能性が示唆された．

# 1Ap10 ENTRY

## ヒノキにおけるモノテルペン合成酵素の機能解析

Functional characterization of the monoterpene synthases in *Chamaecyparis obtusa*

尾﨑 桃子[1]，小牧 龍波[1]，山田 彩水[2]，原田 尚志[3]，花岡 創[2]，平川 英樹[4]，永野 惇[5,6]，西山 康太郎[2]，大西 利幸[2,7]

[1]静大院・総科技，[2]静大・農，[3]鳥取大・工，[4]九大院・農，[5]名大・生物機能センター，[6]慶應大・先端生命研，[7]静大・グリーン研

植物が大気中に放散する揮発性有機化合物（Biogenic volatile organic compounds; BVOCs）は，大気中でオゾンや NOx と反応して二次有機エアロゾルを形成し，気候変動に影響を及ぼす．BVOCs の年間放散量は約 600–800 Tg C と推定されており，モノテルペンは主要な成分の一つである．モノテルペンは植物体内で生合成・蓄積された後に大気中へ放散されるため，その放散特性を理解するには，モノテルペン生合成機構の解明が重要である．しかし，国内の主要な針葉樹であるヒノキ（*Chamaecyparis obtuse*）では，多様なモノテルペンの生成を担うモノテルペン合成酵素（monoTPSs）およびその生成物プロファイルは十分に解明されていない．

そこで本研究では，ヒノキにおけるモノテルペン生合成機構の分子基盤を明らかにすることを目的とし，内生モノテルペンの定量分析および monoTPS の機能解析を行った．ヒノキ葉に内生するモノテルペンを定量した結果，sabinene を主要成分として，limonene，terpinolene などのモノテルペンを検出した．また RNA-seq 解析により，78 分子種の TPS 遺伝子を抽出し，階層クラスタリング解析により，8 分子種（*CoTPS01–08*）を monoTPS 候補遺伝子として選抜した．選抜した候補遺伝子について，代謝改変大腸菌を用いた酵素機能解析を行った結果，CoTPS01 は limonene を，CoTPS02 は terpinolene を生成した．以上より，CoTPS01 および CoTPS02 は，ヒノキにおけるモノテルペン生合成に関与する monoTPS であることを示した．本研究により，CoTPS01 および CoTPS02 がヒノキのモノテルペン生成物プロファイルの形成に関与することが示され，BVOCs 放散特性を分子レベルで理解するための基盤が得られた．

# 1Ap11 ENTRY

## 苔類ゼニゴケに蓄積するビスビベンジル類生合成中間体の探索

The research for the bisbibenzyls intermediates using metabolome analysis of knockout lines of candidate bisbibenzyl pathway gene in *Marchantia polymorpha*

水田 珠希[1]，橘 美沙希[1]，中村 幸誠[1]，石崎 公庸[2]，高梨 功次郎[3]，水谷 正治[1]

[1]神戸大・院農学，[2]神戸大・院理学，[3]信州大・院総合理工

苔類は系統特有のオルガネラである油体を有する．苔類ゼニゴケ油体では，セスキテルペンや marchantin A に代表されるビスビベンジル（BBZ）を高濃度で蓄積し，植食者に対する抵抗性に寄与している．BBZ 生合成はフェニルプロパノイド（PP）生合成経路により生成された *p*-coumaric acid を経由すること，ビスビベンジル骨格形成に CYP が関与することが予想されているが，未だ BBZ 生合成経路の全貌は解明されていない．本研究ではゼニゴケの BBZ 生合成への関与が予想される候補遺伝子破壊株のメタボローム解析を通じ，ビスビベンジル生合成経路を包括的に探索する．

先行研究においてゲノム編集によりビスビベンジルおよびフラボン類が有意に減少する Mp*cyp73a1-ge* 株，marchaninA を含めた marchantin 類が消失する *cyp4* 株，ゼニゴケ主要 BBZ の isoriccardinC が減少する *cyp-irs* 株，isoriccardinC の構造異性体 isoriccardinD と推定される化合物が減少する *cyp6* 株を獲得している．marchantin 類が消失する *cyp4* 株では大環状 BBZ エーテルの直鎖状類縁体と推定されるピーク（PE）が増加したが，isoriccardin 類が減少する *cyp-irs* および cyp6 株では PE は増加しなかった．更に，*p*-coumaroyl-CoA の側鎖二重結合を還元する MpDBR1 ゲノム編集株（*Mpdbr1*）は marchanitn 類および isoriccardinC ピークが減少した一方，CYP6 産物が増加した．これらの結果から BBZ 生合成経路などについて総合的に考察する．

# 1Ap12 ENTRY

## タムシバにおけるグアイアコール *O*-メチル化酵素の生化学的および構造生物学的解析

Biochemical and Structural Characterization of a Guaiacol *O*-Methyltransferase from *Magnolia salicifolia*

後藤 佳音[1]，前野 慎太朗[1]，鈴木 聖治[2]，鈴木 史朗[2,3]，岡澤 敦司[4]，高梨 功次郎[5]，肥塚 崇男[1]

[1]山口大院･創成科学，[2]岐阜大院･連合農学，[3]岐阜大･応用生物科学，[4]大阪公立大院･農，[5]信州大･理

モクレン科植物タムシバ（*Magnolia salicifolia*）は，veratrol や methyleugenol などの揮発性ベンゼノイドおよびテルペン類を花香成分として生成し，地域によって花香組成が異なることが知られている．しかし，その生成機構や地域差を生み出す制御機構については不明な点が多い．そこで本研究では，タムシバ花弁から揮発性ベンゼノイドのメチル化に関与すると考えられる *O*-メチル化酵素 MsOMT を単離し，その酵素学的および構造生物学的特性を解析した．大腸菌発現系を用いて調製した組換え MsOMT は，guaiacol および eugenol に対して高いメチル化活性（$K_m$ = 16–18 μM）を示した．一方，同じグアイアコール骨格を有するフラボノイドやスチルベノイドに対してはほとんど活性を示さず，比較的低分子の芳香族化合物を選択的に認識することが明らかとなった．さらに，ドッキングシュミレーションによる構造解析の結果，MsOMT の基質結合ポケットは比較的狭く，低分子基質に適した構造を有することが示された．この特徴は他植物由来の guaiacol OMT（GOMT）にも保存されており，GOMT ファミリーが低分子グアイアコール類縁体のメチル化に特化した酵素群である可能性が示唆された．加えて，揮発性ベンゼノイドをほとんど生成しないタムシバ変種からも MsOMT ホモログが同定されたことから，地域間の花香差異は MsOMT 遺伝子の有無ではなく，前駆体供給を含む上流代謝経路の違いに起因する可能性が考えられた．本研究は，基部被子植物における揮発性ベンゼノイド OMT の初めての機能解析例である．

# 1Ap13 ENTRY

## ステロールエステル生合成酵素 PSAT1 の相互作用タンパク質の網羅的解析

Comprehensive analysis of proteins interacting with the sterol ester biosynthesis enzyme PSAT1

河田 朋果，杉江 歩美，小川 拓水，岡澤 敦司

大阪公立大院･農

植物細胞において, ステロールは膜の物性維持および細胞機能の制御の両面で中心的な役割を担う．シロイヌナズナでは，細胞内の過剰なステロールは，小胞体に局在する **Phospholipid Sterol Acyltransferase 1 (PSAT1)**によって中性脂質の一種であるステロールエステルへ変換され，細胞内に貯蔵されると考えられている[1]．一方で，PSAT1 局在部位周辺に中性脂質の蓄積が認められない場合もあることから，ステロールエステルが単なる貯蔵形態だけでなく，細胞内機能にも関与する可能性が示唆される．そこで本研究は，PSAT1 と相互作用するタンパク質を網羅的に探索することで，ステロール代謝の細胞内機能に関する新知見を得ることを目的とし，共免疫沈降（Co-IP）および LC–MS/MS を用いたタンパク質の同定を行った．PSAT1-mGFP を一過性発現させたベンサミアナタバコ葉からタンパク質を抽出し，GFP 抗体を固定化したアガロースビーズを用いて共免疫沈降実験を行った．陰性対照として，小胞体局在化シグナル配列 HDEL を付加した mGFP（mGFP-HDEL）を用い，同様の実験を行った．同定されたタンパク質のうち，一定の検出強度以上であり，かつ PSAT1-mGFP 発現によって特異的に検出された 600 個のタンパク質を PSAT1 相互作用タンパク質候補とした．PSAT1 相互作用タンパク質候補に対する Gene Ontology 解析（Molecular function）の結果，P-type calcium transporter activity や monooxygenase activity を含む 6 つのタームに有意な濃縮が認められた．この結果から，PSAT1 は **$Ca^{2+}$輸送体**や**シトクローム P450** などの酸化酵素の近傍で機能する可能性が示唆された．

[1] Shimada *et al.*, Nat. Plants, 5, 1154–1166 (2019)

# 1Ba1 ENTRY

## MdDOX-Co 相同酵素群における GA 水酸化位置決定機構の解析

Functional Divergence of Gibberellin Hydroxylases in the MdDOX-Co Clade

井上 太喜[1]，烏野 祐作[1]，若林 孝俊[1]，岡田 和馬[2]，宮崎 翔[3]，髙橋 郁夫[1]，岡田 憲典[4]，葛山 智久[1,5]，中嶋 正敏[1]

[1]東大院・農生科，[2]農研機構，[3]東京電機大・理工，[4]東洋大・生命科学，[5]東大・微生物連携機構

【背景・目的】ジベレリン（GA）の不活性化は，一般に 2-オキソグルタル酸依存性ジオキシゲナーゼ（2ODD, DOX）に属する GA 2-oxidase（GA2ox）による 2 位水酸化によって進行する．一方で近年，系統的に GA2ox とは隔たりのある **MdDOX-Co が，非典型的な 12 位水酸化を GA に対して触媒する**ことが報告された［Watanabe et al., 2021］．本研究では，この特異な GA 代謝クレードに属する相同酵素群に着目し，機能的多様性の実態を明らかにするとともに，GA 代謝酵素における水酸化位置決定機構の解明を目的とした．

【方法・結果】まず，MdDOX-Co をクエリとして相同性検索を行い，配列類似性の高い複数の相同酵素候補を選抜した．これらを大腸菌発現系により組換え酵素として調製し，GA を基質とした酵素反応試験を実施した．反応生成物は GC-MS により解析して GA 代謝活性を評価した．結果，MdDOX-Co 相同酵素群の中に，**GA の 12 位を水酸化する酵素と，GA2ox 同様の 2 位を水酸化する酵素が混在する**ことを明らかにした．次に，この触媒位置の違いを規定する要因を探索するため，立体構造予測および分子動力学（MD）シミュレーションを実施した．その結果，GA 認識や基質配置に関与すると考えられる複数のアミノ酸残基が抽出された．そこで，その予測に基づき点変異型 MdDOX-Co を作製し，GA 代謝活性を評価した．その結果，**単一のアミノ酸残基の置換によって触媒位置が変化する**ことを見出した．現在は，この残基置換が基質選択性や代謝物の立体配向性に与える影響について，詳細な解析を進めている．

# 1Ba2 ENTRY

## 低分子化合物 AG126 およびその誘導体を用いた細胞膜 $H^+$-ATPase リン酸化制御機構の解析と気孔開度制御剤への応用

Analysis of the Regulatory Mechanism of PM $H^+$-ATPase Phosphorylation Using AG126 and Its Derivatives Toward Their Application as Stomatal Aperture Regulators

桑山 翔悟[1]，高橋 宏二[1]，林 真妃[2]，林 優紀[1]，深津 孝平[1]，相原 悠介[3]，村上 慧[4]，佐藤 伸哉[5]，加納 圭子[5]，三城 恵美[5]，佐藤 綾人[5]，木下 俊則[1,5]

[1]名古屋大・院理，[2]東北大・院生命，[3]神戸大・院理，[4]関西学院大・院理，[5]名古屋大・ITbM

青色光による気孔開口には，孔辺細胞における細胞膜 $H^+$-ATPase の C 末端近傍のスレオニン残基（Thr948）および 881 番目のスレオニン残基（Thr881）のリン酸化が重要である．しかし，Thr948 リン酸化を制御する分子機構には未解明な点が多い．そこで, 本研究では孔辺細胞における Thr948 リン酸化を阻害する化合物をケミカルスクリーニングによって選抜し，その作用機序の解析を通じてリン酸化制御メカニズムの解明に取り組んだ．

動物キナーゼ阻害剤ライブラリを用いたスクリーニングによって，低分子化合物 AG126 を青色光およびカビ毒素フシコクシンによって誘導される Thr948 リン酸化と気孔開口を阻害する化合物として同定した．次に，誘導体の合成および構造活性相関解析を行った結果，AG126 の C-5 位ヒドロキシ基が活性に重要であることが明らかになり，青色光誘導性の気孔開口を $IC_{50}$ = 2.0 μM で阻害する誘導体 AGD-1 を得た．また, 細胞透過性の向上を目的としてアセチル化 AGD-1（AcAGD-1）を合成し，リーフディスクにおいてリン酸化阻害効果を評価したところ，Thr948 リン酸化を選択的に抑制する可能性が示唆された．加えて，AG126 誘導体プローブを用いたアフィニティープルダウンにより，標的候補タンパク質を同定した．

本発表では，AG126 およびその誘導体の作用機序解析に加え，モデル植物以外への外部投与による気孔開口阻害効果についても報告し，気孔開度制御を介した乾燥耐性付与剤としての応用可能性について議論する．

# 1Ba3 ENTRY

## ABA 代謝酵素阻害剤 BP*p*NC を用いたチャ萌芽期の化学的制御

Chemical Control Of Bud Burst Timing In Tea Using The ABA Catabolic Enzyme Inhibitor BP*p*NC

西ヶ塙 楓[1]，石井 貴也[2]，大井 彩子[2]，山下 寛人[1,3,4]，轟 泰司[1]，大西 利幸[1,3,4]，竹内 純[1,3,4]

[1]静岡大学大学院農学専攻，[2]農研機構･果樹茶業研究部門，[3]静岡大学グリーン研，[4]静岡大学ティーサイエンス研

チャ栽培においては，冬芽が低温に遭遇することで発生する凍霜害が深刻な問題となっており，萌芽が近づくほど凍霜害のリスクが増大するため，萌芽期制御手法の開発が求められている．冬芽の休眠維持に関与する植物ホルモン・アブシシン酸（ABA）処理は，チャの萌芽期を化学的に調節する有効な手段となり得るが，ABA は植物内で速やかに代謝不活性化されるため，効果持続性が課題である．そこで本研究では，ABA の主要代謝酵素である CYP707A に着目し，ABA と CYP707A 阻害剤の併用によりチャ萌芽期を化学的に制御する基盤技術の開発を目指した．

金属酵素に配位するイソシアニド基の性質に基づき，ABA の側鎖ジエン酸をフェニルイソシアニドで置換した BP*p*NC およびその類縁体を設計・合成した．チャ切り枝を用いた萌芽試験の結果，BP*p*NC および一部の類縁体が，ABA による萌芽遅延効果を増強・持続させることを見出した．次に，チャの CYP707A に対する BP*p*NC およびその類縁体の阻害活性を評価するため，春先にかけて発現量が増加する *Cs*CYP707A4 に着目し，同酵素の大腸菌発現系を構築した．BP*p*NC および評価した類縁体は *Cs*CYP707A4 による ABA 代謝を阻害し，特に BP*p*NC は ABA の $K_m$ 値（14.9 μM）の 1/20 以下となる $K_i$ 値（0.57 μM）を示し，強力な *Cs*CYP707A4 阻害剤として機能することが分かった．以上より，BP*p*NC は ABA 代謝阻害を介したチャ萌芽期制御のための化学ツールとなり得ることが示された．現在，実用的な処理条件の確立に向け，チャ挿し木への噴霧試験を計画している．

# 1Ba4 ENTRY

## Prx34 はヒメツリガネゴケにおける主要なクラスIIIペルオキシダーゼである

Prx34 is a major class III peroxidase in *Physcomitrium patens* subsp. *patens*

中 雄輝[1]，岩橋 優里[2]，秋田 求[2]

[1]近大･院生物理工，[2]近大･生物理工

クラスIIIペルオキシダーゼ（EC 1.11.1.7）は，病害応答やシグナル伝達など，植物においてさまざまな役割を担っている．*Physcomitrium patens*. subsp. *patens*（ヒメツリガネゴケ）のクラスIIIペルオキシダーゼである Prx34 は，キトサン処理により培地中へ速やかに分泌されること，アポプラストに局在すること，糸状菌の抵抗に重要な役割を果たすことなどが報告されている．しかし，ヒメツリガネゴケにおける Prx34 の機能については，いまだ明らかでないことが多い．そこで，私達は，Prx34 遺伝子破壊株（Prx34$^{KO}$）および Prx34 過剰発現株（Prx34$^{OE}$）を作製し観察している．可溶性画分における総ペルオキシダーゼ活性を ABTS を基質として測定した結果，Prx34$^{KO}$ では野生株（WT）の約 10%まで有意に低下していた．さらに，茎葉体における過酸化水素の生成を DAB 染色により調べたところ，液体培養した WT および Prx34$^{OE}$ の茎葉体では染色が認められなかった一方で，Prx34$^{KO}$ では染色が認められた．これらの結果は，Prx34 がヒメツリガネゴケにおける主要な可溶性ペルオキシダーゼであり，内因性活性酸素種の代謝に重要な役割を果たしていることを強く示唆している．ヒメツリガネゴケのゲノム中には，*prx34* 遺伝子が同一配列として 2 コピー存在している．これら 2 コピーでは，5' UTR を含む上流 720 bp の塩基配列も一致していた．そこで，この 720 bp 領域を Prx34 の推定プロモーター領域として GUS 遺伝子に連結した株を作製し，プロモーター解析を行った．

# 1Ba5 ENTRY

## 暗所処理により誘導されるタンパク質高発現システムの開発

Development of a high-level protein expression system induced by dark treatment

井窪 勇気[1]，坂本 真吾[2]，Isura Nagahage[3]，山口 雅利[1]

[1]埼玉大・院理工，[2]産業技術総合研究所・バイオものづくり研究センター，[3]ケンタッキー大学・植物土壌科学科（Department of Plant and Soil Sciences, University of Kentucky）

システインプロテアーゼをコードする *SAG12*（*SENESCENCE-ASSOCIATED GENE 12*）遺伝子は，葉の老化の指標として広く利用されており，葉を暗所処理することにより発現が著しく上昇する．私たちの研究室では，NAC 転写因子である VNI2（VND-INTERACTING 2）が葉の老化の進行を抑制すること，暗所処理した *vni2* 変異体の葉において誘導される *SAG12* の発現量が，野生型に比べてさらに高くなることを明らかにした．本研究は，これらの知見を基盤として，*SAG12* の発現制御機構を詳細に解析するとともに，*SAG12* プロモーターを利用したタンパク質高発現システムの確立を目指している．

まず，野生型および *vni2* 変異体に *SAG12* プロモーターと *GUS* 遺伝子を連結したコンストラクトを導入した形質転換体を作出した．切除した葉に一定期間暗所処理を施した結果，*vni2* 変異体背景の形質転換体において，強い GUS による染色が確認された．そこで次に，植物体全体を一定期間，暗所処理を行い，レポーター遺伝子の発現が誘導されるか検証した．その結果，切除した葉と同様に，*vni2* 変異体背景の形質転換体において，強い GUS 染色が検出された．また，暗所処理期間を長くすることで，若い葉においても強いレポーター遺伝子の発現が観察された．

現在，レポーター遺伝子の発現を誘導させるための至適条件を調べるために，さまざまな生育状態の植物体の異なる期間の暗所処理を行なっている．また GUS 活性の定量評価についても試みており，これらの結果についても報告したい．

# 1Ba6 ENTRY

## ダリアにおける老化に関与する *NAC* 転写因子の探索および *DvNAC3*-RNAi 形質転換体の作出

Identification of *NAC* transcription factors involved in *Dahlia variabilis* flower senescence and generation of *DvNAC3*-RNAi transgenic plants

坂田 忠大[1]，東 未来[2]，百瀬 博文[2]，小野崎 隆[3]，藤本 卓生[4]，上吉原 裕亮[1]，立石 亮[1]

[1]日本大院・生物資源科学研究科，[2]日本大・生物資源科学部，[3]東京農業大・農学部，[4]農研機構野菜花き研究部門

ダリア（*Dahlia variabilis*）は切り花として利用される重要な花きであるが，開花から老化までの期間が短い．一般に，キク科植物の花の老化はエチレン非依存的とされるが，ダリアはキクに比べ花の老化時におけるエチレン生成量や感受性が高い．しかし，エチレン阻害剤を処理した場合でも，ダリアの花の老化は完全には抑制されず，エチレン以外の老化制御機構の存在が示唆されている．一方で，エチレン非依存的な老化を示す花きであるアサガオでは，*NAC* 転写因子ファミリーに属する *EPHEMERAL1*（*EPH1*）がプログラム細胞死を誘導し，花弁の老化を誘導することが報告されている．本研究では，ダリアの花の老化メカニズムを明らかにするため，老化を促進する *NAC* 転写因子の探索とその *NAC* 転写因子の機能解析を試みた．ダリアの開花ステージ別花弁を用いて RNA-seq 解析を行った結果，114 個の *NAC* 転写因子が検出され，その中には開花後から老化にかけて発現が上昇するものも見つかった．それらの *NAC* 転写因子を対象として，開花前から老化するまでの発現パターンをリアルタイム PCR で解析した結果，*DvNAC1*～*3* は老化直前に劇的な発現上昇が見られた．さらにエチレン処理区では，*DvNAC1*～*3* および *5* が無処理区に比べ発現上昇のタイミングが早まることが明らかになった．以上のことから，これら *NAC* 転写因子は老化を促進する因子であると示唆された．これらの *NAC* 転写因子の中で，特に老化直前に劇的な発現上昇が見られ，エチレンによる発現誘導が強く促進された *DvNAC3* については，RNAi 形質転換体の作出を試みたため，その結果を報告する．

# 1Ba7 ENTRY

## 新規高性能プロモーターの設計

Design of novel high-performance promoters

堀木 文歌[1]，山木 淳正[1]，加藤 壮英[1]，田村 泰造[1]，加藤 晃[1,2]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG

広く利用されている植物用遺伝子発現ベクター系の多くは，プロモーターを原型のまま利用しているため，転写開始点にはばらつきがみられる．5' UTR は翻訳効率を規定するため，転写開始点の異なる転写産物はそれぞれ翻訳効率が異なり，翻訳効率の低い転写産物を含む可能性がある．そこで，本研究では CaMV35S プロモーターに着目し，転写開始点を特定の位置に収束するよう改変し，高発現システムの構築を目指す．当研究室では，以前にシロイヌナズナ培養細胞から取得した翻訳効率と転写開始点に関する mRNA 大規模データを学習し，転写開始点の位置と使用頻度を予測する CNN モデルが構築された．さらに，35S プロモーター下流に翻訳エンハンサー *AtCOR47*, *AtADH* の 5' UTR を連結し CDS を発現することを想定し，この予測モデルに遺伝的アルゴリズムを組み合わせ，転写開始点を収束させるための 35S プロモーターのコアプロモーター配列の最適化予測が行われた．本大会においては，最適化 35S プロモーターの検証について報告する．予備的実験において，*AtCOR47* 5' UTR に対して最適化した CaMV35S プロモーターを用いた場合については，原型のプロモーターと比較して，転写開始点の収束率が大きく向上した．一方で，Dual-luciferase assay による Luciferase 活性値の解析の結果，翻訳効率の向上には直結しなかった．本大会では，*AtADH* 5' UTR に対して最適化した 35S プロモーターを用いた場合についても，転写開始点の収束率と収束が実際に翻訳効率の向上に寄与するか検証した結果について報告する．

# 1Ba8 ENTRY

## シロイヌナズナ mRNA の 3'UTR プロセシングにかかわる配列特徴の探索

Exploration of Sequence Features Involved in 3′UTR Processing of Arabidopsis thaliana mRNAs

池原 諒[1]，田村 泰造[1]，加藤 晃[1,2]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG

真核生物の mRNA における 3'非翻訳領域（3'UTR）は，Cleavage and Polyadenylation Site（CPS）での切断とポリ（A）付加によって形成され，mRNA の安定性や翻訳効率，細胞局在に関与する重要な調節領域である．真核生物では，同一遺伝子から長さの異なる 3′UTR を持つ mRNA バリアントが複数転写されることが知られており，これらの多様性は遺伝子発現の転写後調節に関与する．

3′UTR 長の多様化には，Alternative Polyadenylation（APA）による代替 CPS の利用と，CPS 微小分散による数塩基単位の不均一な切断が関与する．APA は数十〜数百塩基規模の 3′UTR 長変化を生じる様式であり，哺乳類や酵母では AAUAAA 配列を中心としたシス配列群による CPS 位置決定機構が知られている．一方，CPS 微小分散は数塩基程度の切断位置のずれを生じる現象であり，わずか一塩基の差異でも mRNA 安定性に影響を及ぼすことが報告されているが，その制御機構は未解明である．先行研究ではシス配列の保存性が CPS 位置決定に関与することが示されており，CPS 分散の大きさに応じて切断位置制御に関与するシス配列が存在する可能性が考えられた．

そこで本研究では，植物における CPS 微小分散に関わるシス配列特徴の解明を目的として，3′UTR 末端領域における CPS 分散の大きさを定量的に評価し，周辺配列を解析した．その結果，CPS 切断制御に関連する既報のシス配列について，保存配列からの逸脱が大きいほど CPS 分散が増大する傾向が認められた．以上より，植物における CPS 微小分散は，切断因子群によるシス配列認識精度と関連して変化する可能性が示唆された．

# 1Ba9 ENTRY

## クラミドモナスにおける 3′UTR プロセシング過程の制御メカニズムの解明

Investigation of the mechanisms regulationg 3′UTR Processing in *Chlamydomonas reinhardtii*

福田 修大[1]，田村 泰造[1]，西尾 拓真[2]，鬼丸 洸[2]，加藤 晃[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]株式会社ちとせ研究所　Tech & Biz Development Div.

クラミドモナスは，光合成による独立栄養条件と有機炭素源を利用した混合栄養条件下で増殖可能である．さらに，遺伝子導入技術の発達により，発現ベクター設計を含む有用物質生産の宿主として注目されている．

しかし，実際の物質生産においては核ゲノムでの外来遺伝子発現が不安定あるいは低発現となる傾向にあり，実用化に向けた高効率な発現ベクターの開発が求められている．これまでベクター改良は主にプロモーター等による転写調節が中心であったが，遺伝子発現量を最大化するためには，非翻訳領域（UTR）を介した転写後調節の最適化も重要な設計指針となっている．

mRNA の 3′非翻訳領域（3′UTR）は，mRNA の安定性，翻訳効率や細胞内局在などに関与する重要な調節領域である．藻類を含む真核生物では単一遺伝子から複数の 3′UTR バリアントが転写され，これが遺伝子発現制御に大きく影響する．この 3′末端の多様化は preRNA の切断およびポリ A 付加により形成され，ポリ A 付加シグナル等の複数のシス配列によって調節される．哺乳類や酵母ではシス配列の保存性が高く解明が進んでいる一方で，クラミドモナスでは既知シス配列の保存性が低く，独自の配列が存在する可能性が示唆されている．そのため，3′末端プロセシングを規定するシス配列や調節機構は未だ十分に明らかになっていない．

そこで本研究では，クラミドモナスにおける 3′UTR 形成機構の解明を目的として，大規模トランスクリプトームデータを用いた 3′切断部位の網羅的解析を行った．mRNA の 3′末端における切断部位の収束性を切断精度の指標として定量化し，微細藻類における 3′UTR の精密な切断制御に寄与するシス配列の探索を試みた．

# 1Ba10 ENTRY

## 分光光度計を用いたシソおよびバジルの色彩特性と心理評価

Color characteristics and psychological evaluation of shiso and basil using a spectrophotometer

今野 峻吾

東京バイオテクノロジー専門

近年，植物の色彩が人の心理に及ぼす影響が注目されているが，植物の色彩を客観的な数値として評価し，心理との関連を検討した研究は多くない．本研究では，シソおよびバジルを対象とし，分光光度計を用いて反射スペクトルや吸光特性を測定し，色彩特性を数値化した．また，被験者に植物を観察してもらい，アンケート調査によって心理的印象を評価した．得られた分光データと心理評価を比較することで，色彩特性と心理的効果との関連性を検討した．本研究により，植物の色彩を科学的に評価するとともに，園芸，植物利用，ストレス軽減やリラクゼーションなどへの応用の可能性を示すことを目的とした．

# 1Ca1 ENTRY

## シロイヌナズナ根における窒素欠乏応答の制御におけるホメオボックス型転写因子 HB52 の役割

The role of HOMEOBOX PROTEIN52 transcription factor in regulating nitrogen responses in Arabidopsis roots

赤池 ひな子，秋岡 恵理菜，櫻庭 康仁，柳澤 修一

東大院･農学生命･アグテック

シロイヌナズナのホメオボックス型転写因子 HB52 は，葉では硝酸シグナルのマスター制御因子 NLP の制御下で，特に低窒素環境での光障害への耐性機構に寄与することが明らかになっている [1]．一方，*HB52* は葉よりも根で高発現しているが，根における機能についての知見は限られている．本年会では，HB52 が低窒素環境での根系構造の変化に重要であることを報告する．*hb52* 変異株は，低窒素環境下で根の伸長角度に異常が見られた．また，*hb52* 変異株と野生型株を用いた接木実験により，根の *HB52* 遺伝子の変異が低窒素環境下の根系構造の制御に影響することが示唆された．*hb52* 変異株の根を用いた DNA マイクロアレイ解析により，HB52 が重力屈性に関わる 3 つの *LAZY* 遺伝子（*LAZY2, LAZY3, LAZY4*）の発現制御に関与することが示唆されたことから，プロトプラストを用いた一過的発現系解析およびクロマチン免疫沈降アッセイを行った．その結果，HB52 は 3 つの *LAZY* 遺伝子のプロモーターに結合し，その発現を促進することが示唆された．さらに，*HB52* と *LAZY4* のエピスタシス解析から，*LAZY4* は *HB52* の下流で機能し，HB52-LAZY4 制御モジュールが側根の伸長角度の調節に関与することが示唆された．また，*DR5-GUS* 株と *hb52* 変異株の掛け合わせ体の解析により，*hb52* 変異が根におけるオーキシン蓄積パターンを変化させることが示唆された．これらの結果を基に，低窒素環境下での根系構造制御における HB52 の役割ついて議論する．(1) Curr. Biol., 32: 5344-5353, 2022.

# 1Ca2 ENTRY

## 栄養欠乏時に起こる miRNA ダイナミクスにおける HASTY タンパク質の役割

The role of HASTY protein in miRNA dynamics during nutrient deficiency in Arabidopsis

鳥居 あすか，田中 健太郎，楊 麥倫，大槻 並枝，櫻庭 康仁，柳澤 修一

東大院･農学生命･アグテック

窒素，リン，カリウムは植物の成長に最も多く必要な三大栄養素に数えられ，これらが不足した環境に対する植物の適応機構を理解することは重要である．これまでに，我々は低窒素環境に晒されたシロイヌナズナでは大規模な miRNA の蓄積変動（miRNA ダイナミクス）が起こり，この変動に miRNA の生合成に関わる HASTY が重要な働きを担うことを報告している [1]．今回，リン欠乏時およびカリウム欠乏時の miRNA の蓄積変動にも HASTY が関わっていることを報告する．低リン条件および低カリウム条件で育成したシロイヌナズナの *hasty* 機能欠損株は，窒素欠乏時と同様に，葉の早期黄化の表現型を示し，一方，低カリウム条件で育成した *HASTY* 過剰発現株は野生型よりも葉の黄化の進行が顕著に遅延した．さらに，Col-0 野生型株および *hasty* 機能欠損株を用いた miRNA-seq 解析により，低リン条件および低カリウム条件において miRNA の大規模な蓄積変動が起きており，その多くが *hasty* 変異の影響を強く受けていた．このことから，HASTY は miRNA の蓄積制御を介して，窒素欠乏応答に加え，リン欠乏応答およびカリウム欠乏応答にも影響を及ぼすことが示唆された．さらに，イネ *oshasty* 変異株および *OsHASTY* 過剰発現株を用いた表現型解析から，窒素欠乏応答，カリウム欠乏応答およびリン欠乏応答における HASTY の役割はイネにおいても保存されている可能性が示唆された．以上の結果を踏まえ，栄養欠乏応答における HASTY の役割について議論する．1. *Nat. Commun.*, 15:7913, 2024.

# 1Ca3 ENTRY

## 窒素欠乏下での遺伝子発現制御に関与する新規因子の同定と機能解析

Identification and functional analysis of regulatory factors involved in plant responses to nitrogen deficiency

小椋 円花[1]，眞木 美帆[2]，稲垣 宗一[3]，高木 純平[2]，佐藤 長緒[2]

[1]北大院・生命，[2]北大院・理，[3]東大院・理

窒素は植物の成長と発育に重要な栄養素であり，窒素欠乏環境では花成が早まることが知られている．私たちは，この窒素欠乏時の早期花成を制御する転写因子として FLOWERING BHLH 4（FBH4）を同定した．FBH4 は，低窒素環境でより核に局在するようになり，*CONSTANS*（*CO*）およびフロリゲンである *FLOWERING LOCUS T*（*FT*）の遺伝子発現を上昇させることで花成を誘導している．また，花成制御に加え，FBH4 は窒素欠乏時の代謝変化も制御することが示唆されているが，その詳細なメカニズムは不明である．そこで，本研究では，FBH4 が窒素欠乏環境でどのように代謝の変化を制御しているのかを明らかにするために，FBH4 の新規標的遺伝子を探索し，その候補として GIGANTEA（GI）を同定した．GI は植物固有の時計因子で，CO-FT 経路を介した花成の制御を行っていることが分かっている．そこで私たちは，GI が FBH4 の下流で窒素欠乏応答性の花成および代謝制御に関与する可能性について検証を行っている．本発表では，FBH4 による *GI* 遺伝子発現制御の詳細ならびに，窒素欠乏応答における GI 機能解析の結果について紹介する．

# 1Ca4 ENTRY

## シロイヌナズナ CCR4 family CCR4H・CCR4I は NADPH phosphatase である

*Arabidopsis thaliana* CCR4 family proteins CCR4H and CCR4I are NADPH phosphatases

上篭 美希，藤本 貴文，坂口 浩朗，石川 寿樹，川合 真紀

埼玉大・院理工

NAD(P)(H)は，生体物質の代謝に関与する酸化還元物質である．非リン酸型の NAD(H)は呼吸などの異化反応に，リン酸型の NADP(H)は光合成などの同化反応に主に使用され，これらの量やバランスは植物の成長や環境ストレス応答において重要である．NADP(H)を脱リン酸化して NAD(H)を生成する反応を触媒している酵素が NADP phosphatase である．当研究室の先行研究により，シロイヌナズナの CCR4（Carbon Catabolite Repressor 4）family の一員である CCR4C が葉緑体局在の NADP phosphatase であることが明らかとなった．シロイヌナズナには 9 つの CCR4 family タンパク質が存在している．このうち，CCR4A と CCR4B はサイトゾルで poly A 鎖の分解を行い，mRNA の安定性制御に関与することが報告されている．また，CCR4C に加え，CCR4E と CCR4F はミトコンドリア局在の NADP phosphatase であることが当研究室の先行研究で明らかとなった．しかし，それ以外の CCR4 family の機能は不明であることから，本研究では，CCR4H と CCR4I に注目し，シロイヌナズナにおける役割を明らかにすることを目的として研究を行った．CCR4H と CCR4I は EF hand モチーフを有するという特徴を持ち，明暗に応答して発現が変化することが示された．また，*CCR4H* は植物体全体で発現するのに対し，*CCR4I* は成熟した花粉で多く発現していた．GFP を用いた細胞内局在解析を行った結果，CCR4H はサイトゾル局在であることが示された．また，リコンビナントタンパク質を用いた酵素活性測定の結果，どちらも $NADP^+$を基質とした場合では活性が検出されず，NADPH を基質とした場合でのみ活性が検出され，CCR4H と CCR4I は NADPH phosphatase であることが明らかとなった．

# 1Ca5 ENTRY

## サイトゾル局在性シロイヌナズナ $Ca^{2+}$/CaM 依存性 NAD キナーゼの機能解析

Functional analysis of a cytosolic $Ca^{2+}$/calmodulin-dependent NAD kinase in *Arabidopsis thaliana*

坂口 浩朗[1]，児玉 豊[2]，石川 俊樹[1]，山口 雅利[1]，川合 真紀[1]

[1]埼玉大・院・理工，[2]宇都宮大・バイオセンター

ニコチンアミドアデニンジヌクレオチド（NAD(P)(H)）は様々な生体内代謝に関与する酸化還元物質である．NAD(H)が呼吸などの異化反応，NADP(H)が光合成や脂質合成などの同化反応や活性酸素種の生成や消去における電子伝達体として機能する．植物では，環境変化や成長段階に応じて NAD(P)(H)量およびそのバランスが変動するが，その制御機構は十分に理解されていない．近年，シロイヌナズナでは $Ca^{2+}$/カルモジュリン（CaM）依存性 NAD キナーゼ（NADKc; At1g04280）が同定された．本研究では，*NADKc* 遺伝子から生じる転写産物の同定と機能解析を行った．まず完全長 *NADKc* 転写産物をクローン化し 5′側の塩基配列を解析した結果，*NADKc* には，複数の転写開始点および選択的スプライシングにより，複数の転写産物が存在することが示された．さらに，4 つの推定翻訳産物（NADKc.1-NADKc.4）の GFP 融合タンパク質を用いた細胞内局在解析を行った結果，最も長い N 末端領域をもつ NADKc.1 は主にミトコンドリアに局在した一方，N 末端領域を欠く NADKc.2-NADKc.4 はサイトゾルに局在した．組換えタンパク質を用いた酵素活性解析の結果，NADKc.1 および NADKc.2 は $Ca^{2+}$/CaM 依存的な NADK 活性を示した．また, シロイヌナズナのサイトゾル画分を用いた酵素活性解析では，野生型で検出された $Ca^{2+}$/CaM 依存性 NADK 活性が *nadkc* 変異体で消失した．以上より，*NADKc* 遺伝子の転写産物から，これまで知られていなかったサイトゾル局在性の $Ca^{2+}$/CaM 依存性 NAD キナーゼが生じることが示された．

# 1Ca6 ENTRY

## 油脂産生藻類 *Nannochloropsis* が有する 3 種類の NAD kinase の同定と機能解析

Identification and Functional Characterization of Three NAD Kinases in the Oleaginous Alga *Nannochloropsis*

大橋 そら[1]，児玉 豊[2]，石川 寿樹[1]，川合 真紀[1]

[1]埼玉大・院理工，[2]宇都宮大・バイオセンター

*Nannochloropsis* は，バイオマス燃料原料となるトリアシルグリセロール（TAG）を高蓄積することから，近年バイオ資源として注目されている．応用利用に向けて，脂質代謝酵素を中心に様々なタンパク質の機能解析と代謝改変が進められている．一方，TAG をはじめとする脂質合成や光合成などの同化反応，および酸化ストレス応答には，電子運搬体として主に NADP(H)が用いられる．NADP(H)は NAD(H)をリン酸化する酵素である NAD kinase（NADK）によって生成される．動物および陸上植物を用いた研究から，NADK による NAD(P)(H)のリン酸化比の制御は，呼吸や光合成を含む様々な代謝の調節に重要であることが示唆されている．そこで我々は，*Nannochloropsis oceanica* が有する NADK の同定と機能解明を目的として研究を行った．まず配列解析により，*N. oceanica* が 3 種類の NADK（NADKa–c）を有することを明らかにした．このうち NADKc は，N 末端側に phosphoglycerate mutase-like motif を有する新規タイプの NADK であることが示された．さらに細胞内局在解析の結果，NADKa はミトコンドリアに，NADKb は葉緑体に局在することが示唆された．また，シロイヌナズナの葉緑体局在型 NADK の変異体（*nadk2*）を用いた相補実験の結果, 葉緑体移行シグナルを付加した NADKb を発現させた系統で *nadk2* に見られる生育阻害の表現型が回復した．以上の結果から，二次共生藻 *Nannochloropsis* ではミトコンドリアおよび葉緑体において，NADK による NAD(P)(H)リン酸化比制御の存在が示唆された．

# 1Ca7 ENTRY

## DR 遺伝子発現を利用した PGR フリー条件下での植物細胞分化制御システム

Plant Cellular Differentiation Control System using DR genes expression under non-PGR culture condition

小山 翔平[1]，井川 智子[2,3,4]

[1]千葉大学　大学院園芸学研究科，[2]千葉大学　大学院園芸学研究院，[3]千葉大学　植物分子科学研究センター，[4]千葉大学　宇宙園芸研究センター

植物組織培養では，培地中に植物ホルモンなどの植物成長調節物質（PGR）を添加することで，細胞分化を誘導し植物体を再生させることができる．この方法を基盤とした細胞への遺伝子導入によって遺伝子組換え植物を獲得できるが，分化誘導に必要な PGR の種類や濃度などの条件は使用する植物種や組織によって異なる．現在でも PGR 条件が確立されていない植物種が多く存在し，有用な遺伝子組換え植物作出や，これらを基盤とするゲノム編集植物の作出を妨げる要因の一つとなっている．

これまでに植物の形態形成や胚発生に関する遺伝子（Developmental Regulator genes; 以下 DR 遺伝子）を過剰発現させた組換え植物体の体細胞組織から自発的な分化が誘導される研究報告はあったが，所属研究室では 2 種類の DR 遺伝子（*BABY BOOM*，*WUSCHEL*）を発現させることで，PGR フリー培養条件下で組換え細胞からの分化誘導に成功した（Sato et al. 2024）．しかし分化後も DR 遺伝子の恒常的な発現が高レベルで続くと再生植物体が奇形になる課題を残したため，分化誘導後に DR 遺伝子を植物ゲノム上から脱落させ，恒常発現を停止させて形態異常を回避する 2 種類のシステムを構築した．そのうちの一つで有意な DR 遺伝子脱落が確認でき，次世代で形態異常を示さない DR 遺伝子フリーの遺伝子組換え植物体が獲得できた．本発表で進捗状況を報告する．

# 1Ca8 ENTRY

## *in vitro* コルヒチン処理によるガーベラ（*Gerbera hybrida*）の倍数体作出および特徴解析

Induction and Characterization of Polyploids in Gerbera (*Gerbera hybrida*) through *in vitro* colchicine treatment

安藤 凌[1]，服部 太郎[1]，長倉 萌[2]，島田 理暉[3]，内田 敦夫[4]，福岡 新一[4]，富永 晃好[1,2]

[1]静岡大･院総合科学技術，[2]静岡大･農学，[3]岐阜連大･農学，[4]グリーンテック

ガーベラ（*Gerbera hybrida*）は多様な花色や花型を有する重要な花卉であり，主に交雑育種により品種改良が行われている．一方で，倍数性育種を利用した形態の変化に関する知見は限られている．倍数化は花の大型化や草姿の変化など，新たな観賞価値の付与に有効であると考えられるが，ガーベラにおける効率的な倍数体作出条件および倍数体の特徴に関する知見は十分に確立されていない．本研究では，ガーベラの複数の系統を材料として，*in vitro* 条件下でコルヒチン処理を行い，四倍体誘導に適した処理条件を検討した．さらに，得られた四倍体の形態を二倍体と比較し，四倍体における形態的特徴を明らかにすることを目的とした．

植物材料には，ガーベラ‘オパール’，マリモ状変異体，および‘オパール’由来雄性不稔変異体を供試した．これらの培養個体に異なる濃度および処理時間で *in vitro* コルヒチン処理を行い，処理後の生存率および倍数体誘発率を調査した．処理した植物体をフローサイトメトリーにより倍数性を判定した．また，得られた四倍体の花冠径，花茎長，花茎径などの形態的特徴を二倍体と比較した．

コルヒチン処理後の生存率はいずれの系統も濃度が高くなるにつれ低下した．コルヒチン処理濃度として 0.05％～0.2％の範囲で倍数体誘発率が 48.0～72.0％と高い傾向を示した．また，得られた四倍体は，二倍体と比較して花冠径の増大，花茎の肥大および短縮が認められた．これらの結果から，ガーベラにおいてコルヒチン処理による四倍体作出が可能であり，倍加により観賞形質に関わる明瞭な形態変化が生じることが明らかとなった．

# 1Ca9 ENTRY

## 植物細胞農業における食品製造に適した安全な植物細胞培養技術の探索

Exploration of Safe Plant Cell Culture Technologies Suitable for Food Production in Plant Cellular Agriculture

井岡 隼人[1]，日渡 祐二[2]，阿久津 光紹[3]，五十嵐 圭介[1]

[1]東北大・院農，[2]宮城大・食産業学，[3]青葉化成(株)

「細胞農業」は，動植物の細胞を培養し可食部のみを生産する次世代の食料生産システムである．植物分野では「カルス」の培養が基本となるが，その誘導・維持に汎用される合成オーキシン（2,4-D）は人体への有害性が懸念されている．将来的な食品応用には 2,4-D に依存しない安全な培養技術の開発が急務である．本研究ではイネをモデルに，2 つの手法から 2,4-D フリーカルス培養系の確立を試みた．

1 つ目の手法は，安全な代替物質の探索である．食経験のある物質で代替するため，オーキシン様活性を指標にシナモンを選抜した．シナモン添加培地でカルス様組織の形成が認められたが，維持過程において組織が枯死するという課題が生じた．現在は，有効成分と推測されるトランス桂皮酸（*trans*-cinnamic acid）に着目し，枯死を抑制し増殖可能な条件を検討している．

2 つ目の手法は，遺伝学的手法による細胞への自律的増殖能力の付与である．脱分化過程で高発現する内在遺伝子 *X* に着目した．本遺伝子を過剰発現させた形質転換イネ（T0 個体）を用い，2,4-D 無添加でのカルスの増殖の維持に成功した．さらに LC-MS/MS により内生 IAA 濃度を定量した結果，2,4-D 添加カルスと同等の IAA 蓄積量を確認した．

今後は，シナモンを用いた培養条件の最適化に加え，食品としての安全性を考慮し，外来遺伝子配列を含まないイントラジェネシス法による遺伝子 *X* の過剰発現体を作出することで，完全な 2,4-D フリー培養系の確立を目指す．

# 1Da1 ENTRY

## シロイヌナズナ *FT* 遺伝子 CCAAT1 *cis*-element の accession 間比較から見た花成制御機構

Flowering regulation mechanism viewed from a comparison of the CCAAT1 *cis*-element in the *FT* gene among *Arabidopsis* accessions

三木 葵葉[1]，大野 奈津美[1]，原田 悟[2]，根岸 克弥[3]，遠藤 真咲[4]，小林 括平[1]，土岐 精一[4,5,6,7]，阿部 光知[8]，賀屋 秀隆[1]

[1]愛媛大・院農，[2]愛媛大・農，[3]農研機構・果茶研，[4]農研機構・生物機能利用，[5]龍谷大学・農学部・植物生命，[6]横浜市大・生命ナノ，[7]横浜市大・木原生研，[8]東京大学大学院・総合文化

*FT* 遺伝子はシロイヌナズナにおいて花成を促進する主たる遺伝子であり，その発現量は花成時期を大きく左右する．しかし，*FT* 遺伝子の promoter 上の *cis*-element の機能や，それらが自然系統間でどの程度共通して働くのかについては，十分に明らかになっていない．我々はこれまで，PAM 制限を緩和したゲノム編集システム SpCas9-NGv1 を用いて，*FT* 遺伝子上流に存在する CCAAT モチーフの機能解析を進めてきた．先行研究において，Col 系統の翻訳開始点上流約 5.3 kb に位置する CCAAT1 *cis*-element に一塩基挿入や小規模欠失を導入した結果，*FT* 発現量が著しく低下し，*ft* 機能欠損変異体と同程度の強い花成遅延を示すことを明らかにした．本研究では，CCAAT1 の機能が，Col とは遺伝的背景や花成特性の異なる L. *er*，Ws，C24 においても保存されているかを検証した．各 accession において SpCas9-NGv1 を用いて CCAAT1 への変異導入を行い，各変異体での FT 発現量および花成測定をおこなった．本発表では，これらの結果を基に，シロイヌナズナ自然系統間に共通する花成制御機構について議論する．

# 1Da2 ENTRY

## VNI2 と篩部形成を制御する ANAC045，ANAC086 の相互作用および役割の解析

Interactions of VNI2 with ANAC045 and ANAC086, and their roles in regulating phloem development

林 夏生[1]，水辺 慈詠[1]，向井 陸馬[1]，坂本 真吾[2]，光田 展隆[2]，宮城 敦子[3]，石川 寿樹[1]，川合 真紀[1]，山口 雅利[1]

[1]埼玉大・院・理工，[2]産総研・バイオものづくり，[3]山形大・農

VND-INTERACTING2（VNI2）は NAC 転写因子の一つであり，同じく NAC 転写因子で道管要素分化のマスター因子である VND7 や，老化促進因子である ATAF2 との複合体形成を通じて，道管要素分化や老化の進行を負に制御する．さらに，VNI2 と相互作用する転写因子を網羅的に調べた結果，篩部形成を制御する ANAC045 と ANAC086 が単離された．これらのことから，VNI2 は，異なる相互作用因子と複合体を形成することで，多様なプロセスを統合的に制御する可能性が示唆されている．

本研究は，VNI2 の分子機能の全容を解明する目的で，VNI2 と相互作用因子との作用機構や，篩部形成における VNI2 の役割を明らかにすることを目指している．AlphaFold3 を用いて，NAC ドメイン転写因子の各ホモ二量体，およびそれらと VNI2 によって形成されるヘテロ二量体の構造予測を行った．その結果，二量体形成部位における共通の構造基盤として，一対のイオン結合と界面周辺の疎水性相互作用が確認された．その一方で，特定の組合せにおいて π-π 相互作用が形成されていた．

一過的発現解析の結果，VNI2 は ANAC045，ANAC086 と相互作用することでそれらの転写活性を抑制することが明らかとなった．また，*VNI2*，*ANAC045*，*ANAC086* との発現部位の比較解析や，機能亢進型の VNI2 を篩部特異的なプロモーターで発現させた形質転換体の作出も進めており，これらの結果についても報告する．

# 1Da3 ENTRY

## ストックにおける有毛個体を用いたトライコーム形成機構の解析

Analysis of Trichome Formation Mechanisms in a Hairy Line of *Matthiola incana*

小木曽 颯希，中塚 貴司，富永 晃好

静岡大・院総合科学技術

ストックは，冬季の代表的な花卉である．葉にトライコームを形成する有毛系統と形成しない照り葉系統が存在するが，その形成機構には未解明な点が残されている．これまでに，アントシアニン生合成を制御する WDR1 と bHLH2 がトライコーム形成にも関与することが報告されている．本研究では，赤花・照り葉品種である‘ピグミーローズ’の栽培集団中から見出した薄赤花・有毛個体を用い，トライコーム形成機構の解明を試みた．有毛個体の展開葉向軸面のトライコームは，長さ約 0.5 mm の 6〜8 叉に分岐した形態を示し，密度は 25 個/mm$^2$ であった．自殖後代では，薄赤花・有毛，薄赤花・照り葉，白花・有毛，白花・照り葉が分離し，花色と有毛形質の独立した分離が示された．白花化を引き起こす既知の *MiANS* と *MibHLH2* の変異を各表現型個体で調査した結果，白花個体はいずれも *MiANS* または *MibHLH2* 変異をホモ接合で有していた．一方，有毛性は *bHLH2* 変異の有無と一致せず，既知の *bHLH2* 変異のみでは説明できなかった．薄赤花・有毛個体と赤花・照り葉の ‘ピグミーローズ’について，花色の薄色化および有毛性に関与する可能性がある 6 遺伝子（*MiGL1*，*MiGL2*，*MiANS*，*MibHLH2*，*MiCHS*，*MiWDR1*）の CDS を比較した結果，塩基配列の違いは認められなかった．また，葉から RNA を抽出し，上述の遺伝子について発現解析を行った結果，*MiGL1* の発現上昇が認められたが，プロモーター領域と想定される *MiGL1* の上流約 2 kb に塩基配列の差異は見られなかった．以上より，本研究で用いた有毛個体におけるトライコーム形成には，既知の *WDR1* および *bHLH2* 変異とは異なる機構が関与し，MiGL1 を含む遺伝子発現制御の変化が関与する可能性が示唆された．

# 1Da4 ENTRY

## FLYING SAUCER はシロイヌナズナ種子ムシレージ多糖分子の可溶化に関与する

Involvement of FLYING SAUCER in Solubilization of Polysaccharides of Arabidopsis Seed Coat Mucilage

佐保 建之介[1]，出村 拓[1]，國枝 正[1,2]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境

植物細胞壁を構成するペクチンの主要ドメインの一つであるホモガラクツロナン（HG）は，脱メチルエステル化されたカルボキシ基を介してカルシウム架橋を形成し, 細胞壁の構造を制御することで, 植物の形態形成に深く関与している．我々はこれまでに，RING 型ユビキチン E3 リガーゼである FLYING SAUCER 1（FLY1）および FLY2 が，HG のメチルエステル化度調節をすることで，シロイヌナズナの種子ムシレージのカプセル形成を制御することを明らかにした．種子ムシレージの主成分のペクチンは，乾燥種子の吸水後に体積を著しく増大させ，素早く種皮表皮細胞から放出される．しかしながら，ペクチンの脱メチルエステル化状態の変化がムシレージカプセルの形成にどのように作用するかについては，種子におけるその物性を含めて不明な点が多い．

野生型と各 *fly* 単独変異体, および *fly1 fly2* 二重変異体のムシレージに含まれる全糖量をフェノール硫酸法により定量したところ，撹拌によってカプセルから遊離した細胞壁多糖分子の総量は，野生型と各変異体で有意な差は見られなかった．一方，撹拌を行っていない処理区の二重変異体では，野生型および単独変異体と比較して遊離量が有意差に低下していた．吸水による種皮からの放出のタイミングには顕著な違いが見られていないことから，*fly1 fly2* 二重変異体における脱メチルエステル化ペクチンの亢進によって，ムシレージの可溶性層を構成する多糖分子の粘着層への転換，あるいはムシレージカプセル粘着層との相互作用の増加によって遊離が抑制されたことが示唆された．

# 1Da5 ENTRY

## ポプラ CUC 遺伝子はシュート再生制御に関与する

Poplar CUC genes are involved in regulation of shoot regeneration

天野 悦郎[1]，國枝 正[1,2]，石川 和也[1]，田村 泰造[1]，出村 拓[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境

遺伝子組換えやゲノム編集といった技術の発展により，人為的に有用形質を付与させた遺伝子組換え植物の作出が可能となっている．一方で，高い再生能力をもつ植物では，意図しない組織片からの個体再生が遺伝子組換え植物の社会的な普及の障壁の一つとなっている．したがって，植物組織の再生メカニズムの解明は，遺伝子組換え植物の社会実装のために必要不可欠である．

交雑ポプラ（*Populus tremula* × *P. tremuloides*）は，形質転換法が確立されており，樹木における遺伝子の機能解析などにおいてモデル樹木の一つとして広く用いられている．しかしながら，当該ポプラにおけるカルスからシュートへの再分化の制御メカニズムには未解明な点が多い．ポプラでのシュート再生の分子メカニズムを明らかにするため，シロイヌナズナにおいて器官再生を制御する *CUP-SHAPED COTYLEDON 2（CUC2）* に着目した．シロイヌナズナの CUC2 と相同性のある交雑ポプラの遺伝子を探索し，それらの中の 2 つの遺伝子を標的にゲノム編集による変異体を作出した．現在までに得られた変異体候補系統を対象にして，カルス誘導からシュート再生までの日数や形態を評価したところ，いずれの候補 *CUC2* においても，シュート再生において一部の系統で再生の開始時期が顕著に遅延し，再生効率が低下する傾向が見られた．さらに，シュート形成数にも差が見られる傾向が確認された．これらの結果は，交雑ポプラにおいて解析対象とした *CUC2* 遺伝子がシュート再生に関与することを示唆している．本発表では，当該 *CUC2* の遺伝子発現部位などの解析の結果を交えながら，再生制御における機能について議論したい．

# 1Da6 ENTRY

## 浸透圧ストレス下におけるシロイヌナズナ道管細胞の細胞壁形成制御

Cell Wall Formation of Arabidopsis Xylem Vessel Cells under Osmotic Stress Conditions

黒瀬 飛揚[1]，國枝 正[1,2]，水元 康裕[1]，出村 拓[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]京都府立大・生命環境

植物は生育中に接触や風，重力といった多様な力学刺激を受けている．細胞膜外に形成される細胞壁は，それらをはじめとする力学的な刺激に応答して植物体の形態を維持，あるいは適応するための構造体としての役割を担う．植物体の組織内部に位置する道管は，分化の過程で隣接細胞から加わる圧力に耐えながら，通水のための中空構造として形成される．このことは，道管形成において細胞弾性の制御が重要であることを示唆しているが，道管細胞を取り巻く力学的な環境が道管細胞の分化，特に細胞壁の形成制御メカニズムに及ぼす影響については未解明な点が多い．

我々は，浸透圧ストレスを細胞の力学的環境変化のトリガーとして，シロイヌナズナの原生木部道管細胞誘導系における細胞壁形成への影響を検証した．道管細胞分化のマスター転写因子である VND7 の転写活性を利用した VND7-VP16-GR システムを導入したシロイヌナズナの実生に対して，0 M，0.4 M，0.8 M の異なるマンニトール濃度条件下で分化誘導処理を行った．子葉表皮細胞における異所的な道管様細胞壁の形成を観察すると，マンニトール濃度依存的に細胞壁形成が著しく阻害された．細胞壁形成とプログラム細胞死の関連遺伝子として，それぞれ *CESA7* と *XCP1* の遺伝子発現量を定量 PCR で検証したところ，分化誘導後 16 時間目でピークを示していた発現量は，0.8 M マンニトール処理で低下した．一方で，0.4 M の処理では特筆すべき変化は認められなかった．これらの結果は，外因的な細胞膨圧の変化が道管細胞壁の形成に影響し，それに伴い細胞弾性も変化している可能性を示唆している．

# 1Da7 ENTRY

## 生育阻害を伴わずにキシラン量が低下した植物体の作出に向けて

Generation of plants with reduced xylan content without growth defects

樽林 翼，関口 颯，榊原 章太，石川 寿樹，川合 真紀，小竹 敬久，山口 雅利

埼玉大・院理工

維管束木部を構成する繊維細胞や道管要素では，一次細胞壁の内側に肥厚した二次細胞壁が形成される．二次細胞壁は近年，木質バイオマス利活用の主要なターゲットとしても注目されている．二次細胞壁の構成要素の一つであるキシランは，セルロースと相互作用し，植物の力学的強度を高めている．しかし，利活用の観点からは，その相互作用によってセルロースの抽出効率を低下させる要因と考えることもできる．

シロイヌナズナの転写因子である，BLH6 と KNAT7 を同時に欠損させた *blh6 knat7* 二重変異体は，異常な形状の道管（irregular xylem, irx）が形成される．先行研究において，この irx 形成の原因は，*IRX10* の発現量の減少であることが明らかになった．IRX10 は，キシラン主鎖を合成する酵素である．

そこで，*blh6 knat7* 二重変異体のキシラン量を調べるため，花茎の糖組成を解析した．その結果，*blh6 knat7* 二重変異体と，野生型の間には，変化が認められなかった．この要因として，IRX10 と同等の機能を有する，IRX10-L が，*IRX10* の発現量の減少を補っていると考えられた．そこで，*blh6 knat7* 二重変異体を背景に，ゲノム編集技術を用いて *IRX10-L* を欠損させた，*blh6 knat7 irx10-l* 三重変異体を作出した．作出した *blh6 knat7 irx10-l* 三重変異体は，著しい生育阻害は見られない一方で，二重変異体よりもシビアな irx の表現型を示した．花茎の糖組成の解析も進めており，これらの結果について報告したい．

# 1Da8 ENTRY

## 発光レポーターによる dCas9 融合タンパク質を用いた病原体検出系について

A Pathogen Detection System Using dCas9 Fusion Proteins by the bioluminescent Reporter

堀 圭佑[1]，堀 夏佳[1]，市川 寛人[1]，青池 勇汰[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]

[1]横浜国大･環境情報，[2]横浜国大･先端研，[3]YBT

我々は病原体検出方法の一つとして，発光レポーター法に着目し，これまでに抗体分子と選択的に結合する Protein A とホタルルシフェラーゼ Firefly luciferase（Fluc）の融合タンパク質を用いた系については，他の検出系よりも優れた SN 比を示す高感度検出系であることなどを植物病原を用いた例で示してきた．一方，新規な病原体検出手段の一つとして，CRISPR/Cas9 システムを利用して病原体の由来核酸を選択的に検出する方法が知られている．Cas9 ヌクレアーゼ活性を失活させた dCas9 は，標的配列に相補的に結合する sgRNA を介して病原体 DNA 配列に結合するため，これをレポーターにより検出することで病原体検出への応用が可能である．本研究では，発光レポーターとして Fluc をアミノ酸配列の N 末端および C 末端に分割した split Fluc を用い，それぞれを dCas9 と融合させたタンパク質（split Fluc-dCas9）を病原体検出に用いた．その結果，BY-2 細胞を用いた遺伝子銃による一過的発現系において，検出標的とした炭疽病菌（*Colletotrichum higginsianum*）の ITS 配列を含む DNA の有無により，発光量に有意な差が確認された．現在，融合タンパク質と sgRNA の量比，ならびに植物細胞からのタンパク質抽出方法について検討を行っている．また，dCas9 の遺伝子配列内に存在する核移行シグナルを改変することで，抽出時に回収されるタンパク質量の増加を試みており，それらについても報告したい．

# 1Da9 ENTRY

## 高効率発現系への応用を目的とした新規生理活性物質スクリーニング系の構築に関する研究

Development of a Novel Screening System for Bioactive Compounds Toward Application in High-Efficiency Expression Systems

大黒 陽太[1]，鈴木 爽馬[1]，木下 正貴[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]

[1]横浜国大･環境情報，[2]横浜国大･先端研，[3]YBT

導入外来遺伝子を植物細胞で高発現させる方法として，カリフラワーモザイクウイルス（Cauliflower mosaic virus: CaMV）由来 *35S* プロモーターが多く用いられている．一方，転写を選択的に制御するツールとして，DNA 切断能を欠く CRISPR/Cas9 である dCas9 に転写活性化ドメインを融合させた人工転写因子が有効であることが知られている．我々は dCas9 にタバコ由来 NtGRAS1 の転写活性化ドメインを融合した人工転写因子を *35S* プロモーターにリクルートすることで，外来遺伝子のさらなる高発現を誘導することを見出している．そこで，本研究では *35S* プロモーターと人工転写因子の転写活性化能をさらに向上させることを目的として，化合物ライブラリーを用いた生理活性物質の網羅的な探索を可能とする系の構築を試みた．具体的には，我々が確立してきたハイスループットスクリーニング系を応用し，*35S* プロモーターの下流にホタルルシフェラーゼ遺伝子（*Firefly luciferase* : *Fluc*）を連結したレポーター遺伝子と，これを標的とした人工転写因子が共導入されたシロイヌナズナ形質転換体を用いる．多穴プレート中のシロイヌナズナ芽生えに化合物を処理し，その前後の発光量の変化を非破壊的に連続測定することで，生理活性物質のハイスループットな探索・評価が可能となる．今回はこのアッセイ系の構成について説明し，その検証プロセスを中心に報告する．

# 1Da10 ENTRY

## 新規休眠打破物質による落葉果樹の開花促進効果と処理条件の評価

Evaluation of Flowering Promotion and Optimization of Treatment Conditions in Deciduous Fruit Trees by a Novel Dormancy-Breaking Compound

鈴木 珠音，坪井 大智，富永 晃好

静岡大・院総合科学技術

落葉果樹は冬季に一定時間の低温に遭遇することで休眠が打破され，発芽・開花へ移行する．しかし近年，地球温暖化に伴う低温不足により休眠異常が多発し，発芽不良や眠り症による生産性低下が深刻化している．従来，休眠打破にはシアナミド剤などが利用されてきたが，効果の不安定さ，毒性および薬害のリスクを有しており，安全かつ持続可能な代替技術の開発が求められている．このような中，私たちは新規休眠打破剤の探索を行い，ニホンナシにおいて高い活性を示す既知の合成有機化合物（物質 X）を独自に見出した．本研究では，物質 X を用いた新規休眠制御技術の実用化に向け，その開花促進効果および適切な処理条件を評価した．

静岡大学農学部藤枝フィールドに植栽されている露地栽培ニホンナシ‘幸水’に対する処理試験の結果，物質 X は既存剤処理区（シアナミド処理区および BA 処理区）および無処理区と比較して開花を顕著に促進し，満開日を約 5 日前進させた．特に，自発休眠期に相当する時期（満開期の約 2〜2.5 か月前）に処理した場合に効果が安定し，$10^{-5}$%という極低濃度でも開花促進が認められた．

さらに，福岡県における露地，加温ハウス，無加温ハウスの各条件下でも同様の促進効果が再現され，眠り症発生樹においても改善傾向が確認された．また，本物質はリンゴやカキなど他の落葉果樹に対しても効果を示しており，樹種間で保存された休眠制御機構に作用する可能性が示唆された．以上より，物質 X は温暖化に伴う果樹生産上の課題を解決しうる新規休眠制御物質であり，今後，その作用機構を解明することで，落葉果樹に共通する休眠制御基盤の理解につながることが期待される．

# 1Dp1

## 植物ペプチドホルモン受容体アセンブリのホモジニアス *in vitro* アッセイ

A Homogeneous *in vitro* Assay for Plant Peptide Hormone Receptor Assembly

西山 康太郎[1]，新開 千紘[2]，佐藤 綾人[3,4]，瀬戸 義哉[5]

[1]静大・農，[2]明治大・院農，[3]名大・ITbM，[4]名大・COMIT，[5]明治大・農

植物ペプチドホルモンは，発生や成長，免疫など，多様なシグナルをダイナミックに制御しており，新奇な創農薬ターゲットとして有望である．ペプチド自体を薬剤として用いる場合，化学的安定性の低さや製造コストの高さが課題となる．解決策の一つとして，非ペプチド性かつ低分子性の人工アゴニストの開発が望まれる．しかし，人工アゴニストの指向的なハイスループットスクリーニング法は報告されておらず，技術的な制約があった．ペプチドホルモンは，細胞表層の受容体へ結合すると，共受容体との相互作用を誘導してリン酸化カスケードを駆動する．そこで，アゴニスト活性の指標となる受容体–共受容体ヘテロダイマーの形成を生物発光共鳴エネルギー移動（BRET）の原理に基づいて試験管内計測する手法をデザインした．一般的に，BRET 法は，スループット性や定量性，頑健性に優れ，洗浄や分離の操作が不要なホモジニアスアッセイの一種として利用されている．実際に，ペプチドホルモンの一種である PSK をモデルとして，その受容体と共受容体の細胞外ドメインへそれぞれ発光タンパク質と蛍光タンパク質を融合した精製タンパク質を調製した．さらに，プレートリーダーを用いてそれぞれのレポーターの発光波長に対応するフィルターを用いて発光測定し，それら発光強度比を BRET シグナルとして算出した．その結果，PSK を添加すると，受容体と共受容体に依存して BRET シグナルが上昇することが確認され，相互作用解析に成功した．本発表では，BRET アッセイによる PSK アゴニスト活性の定量解析や，ケミカルスクリーニングの予備的な結果についても議論する．

# 1Dp2

## イネ系統間で異なるエチレン応答の分子機構の解析

Analysis of molecular mechanisms of differential ethylene response among rice accessions

池辺 彩乃[1]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]

[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ

植物ホルモンの一種であるエチレンは，発芽，伸長，開花，老化，器官の離脱といった植物の発達・生長において重要な役割を果たしている．シロイヌナズナなどの多くの植物において，エチレン処理により暗所でシュート及び根の伸長抑制が見られるが，イネ（日本晴）では根の伸長が抑制される一方でシュートの伸長が促進される．これはイネの進化の過程で獲得した特有の表現型であると考えられる．

当研究室の先行研究において，多様なイネ系統の集団である世界のイネコアコレクション（WRC）について黄化芽生えのシュートのエチレン応答を調査した結果，系統間でエチレン応答に違いがあることが示された．その遺伝的基盤を解明するために，シュートのエチレン応答の調査結果と WRC 系統のゲノム配列情報を用いてゲノムワイド関連解析（GWAS）を行い，エチレン応答の原因遺伝子候補を探索した．その結果，シュートのエチレン応答と有意な相関を示す SNP が 2 個検出された．これらの SNP の近傍に位置する候補遺伝子について qRT-PCR により発現解析を行ったところ，エチレンで伸長が促進される系統と抑制される系統で異なる発現パターンを示す遺伝子が 3 個見つかり，有望な原因遺伝子候補であると考えられた．現在，これらの遺伝子についてゲノム編集変異体の作製を進めており，今後，エチレン応答における機能を解析する予定である．

# 1Dp3

## サニーレタスのアントシアニン生合成におけるストリゴラクトン関連化合物の影響

Effects of strigolactone-related compounds on anthocyanin biosynthesis in red leaf lettuce

梅原 三貴久[1]，原田 快斗[2]，田中 諒太郎[3]，竹内 純[4]，福井 康祐[3]，浅見 忠男[5]

[1]東洋大・生命科学・生物資源，[2]東洋大・生命科学・応用生物，[3]東京理科大・院理学，[4]静岡大・農・応用生命科学，[5]横浜市立大・木原研

サニーレタスはアントシアニンを豊富に含み，植物工場で広く栽培されているが，人工光環境ではアントシアニン蓄積が不足しやすい．本研究では，植物ホルモンであるストリゴラクトン（SL）およびその関連化合物が，サニーレタスのアントシアニン蓄積を促進できるか検討した．実験材料にはサニーレタス‘スーパーレッド’を用いた．まず, 本葉の新鮮重量と総アントシアニン量の経時変化を測定し，栽培 15 日目の本葉 2〜4 枚目を評価対象と決めた．SL 関連化合物として，*rac*-GR24 とその光学異性体，各種デブラノン類を栽培 11 日目と 13 日目に処理し，本葉の新鮮重量と総アントシアニン量を測定した．最も高いアントシアニン蓄積効果を示した化合物については，アントシアニン生合成関連遺伝子の発現解析を行った．その結果，GR24 処理，デブラノン類，いずれも総アントシアニン量を有意に増加させ，その効果は濃度依存的であった．特に 2,3-DCD，3,4-DCD，3,5-DCD は高いアントシアニン増加効果を示したが，その中で 2,3-DCD は新鮮重量への悪影響が比較的小さかった．デブラノン類をグリーンレタスにも処理したが，アントシアニン蓄積は確認できなかった．さらに，2,3-DCD 処理では CHI，CHS，F3H，F3'H，DFR，ANS などのアントシアニン生合成遺伝子の発現が有意に増加した．今回処理した化合物の中では, 2,3-DCD がサニーレタスのアントシアニン蓄積を最も効果的に促進する SL 関連化合物であり，デブラノンの 3 位炭素上のクロロ基がその活性に重要である可能性が示された．これらの結果は，植物工場におけるサニーレタスの品質向上および高付加価値化へ応用可能性を示している．

# 1Dp4

## 太陽誘起蛍光画像を利用したスマート農業のイノベーション

Innovations in Smart Agriculture Using Solar-Induced Fluorescence Imaging

増田 健二，飯尾 淳弘

静岡大･農

国際公開広報（WO 2025/105135）を補足説明する．本発明は，植物の生育状況の診断に有用な太陽誘起蛍光（SIF）画像取得装置に関するものである．従来，広域（圃場レベル）での作物の生育状況（光合成活性）を診断する技術として，反射率から正規化植生指数（NDVI）を求める方法などが使われてきたが，NDVI などは，反射率から求めるため変化率が小さくなり，生育状況の微妙な変化を見分けることが難しく，生育状況の情報の精度については十分とはいえなかった．SIF は，生育状況の診断指標として知られているが，太陽光の反射光と重畳されて観測される蛍光強度は微小（反射光強度の3%未満）であり，反射光と SIF を識別することは難かしく，反射光をキャンセルする方法が課題となっていた．本発明は，上記課題を解決することを目的としている．具体的には，SIF の波長を含まないフィルタ（第 1 フィルタ）と，SIF の波長を含むフィルタ（第 2 フィルタ）で得られた画像に対し，各フィルタの波長帯域の太陽照度と CCD 素子の受光感度の違いを画像補正した上で差分を取ることにより，反射光を除去した精度の高い SIF 画像の取得を可能としたものである．マルチスペクトルカメラは，作物のモニタリング，収量最適化において有用なツールであることが実証されている．画像スケーリング技術（特許）とリモートセンシング技術を組み合わせた本手法は，広域（圃場レベル）の SIF 画像を瞬時に取得できることや NDVI に比べて測定精度が格段に向上することにより，作物の生育状況のモニタリング精度を向上させ，スマート農業のメリットにも適合したものとなっている．

# 1Dp5

## 生成 AI による植物病害防除用抗菌ペプチドの設計

Generative AI-Based Design of Antimicrobial Peptides for Plant Disease Control

平岡 信之，河内 正治，中山 明，栗原 志夫，蒔田 由布子

前橋工科大

近年，植物病害は多様な病原体の出現や気候変動などの環境変化の影響を受けて深刻化しており，新規病害に迅速に対応可能な防除技術の開発が求められている．抗菌ペプチド（Antimicrobial Peptide, AMP）は，広範な抗菌活性を示すものから特定の菌に対して選択的に作用するものまで多様な機能を有しており，環境負荷の低いバイオ農薬候補として注目されている．一方で, 新規 AMP の探索効率の低さが課題となっている．そこで本研究では, 変分オートエンコーダ（Variational Autoencoder: VAE）を用いた生成 AI モデルにより，新規 AMP 配列の設計を試みた．

まず，既知 AMP 配列を学習データとして VAE モデルを構築し，新規候補配列を生成した．さらに，植物由来リボソームプロファイリングデータから短鎖翻訳産物候補を抽出し，AMP 候補探索に利用した．その結果，VAE 由来 20,610 配列，リボソームプロファイリング由来 4,907 配列の合計 25,517 配列を取得した．次に，複数の既存 AMP 予測ツールを用いて抗菌活性や物理化学的特性を評価し，95 種の有望な AMP 候補を選抜した．

得られた AMP 候補の多くは，既知 AMP と比較してアミノ酸配列の類似性が低かった一方で，立体構造や電荷，疎水性などの物理化学的特徴には共通性が認められた．これらの結果は，VAE を用いた AMP 設計により，従来探索では得られにくい新規 AMP 候補を効率的に取得できる可能性を示している．今後は，植物病原菌に対する抗菌活性評価を進めることで，植物病害防除に利用可能な抗菌ペプチド型バイオ農薬の開発への応用が期待される．

# 1Dp6

## Quantifying the auxin-induced interaction between TIR1 and IAA7 using a high-throughput *in vitro* assay

Jekson Robertlee, Shinya Hagihara

RIKEN CSRS

Auxin is crucial for plant growth, development, and sensing environmental cues. Quantifying the interactions between auxin co-receptors provides the molecular basis for understanding cellular environmental sensing. Although several assays are available, a more high-throughput method is required to efficiently evaluate the auxin-induced binding of co-receptors. In this study, we utilized a *Nicotiana benthamiana* transient expression system to obtain the TRANSPORT INHIBITOR RESPONSE 1 (TIR1) protein. We then developed an enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and a homogeneous time-resolved fluorescence (HTRF) assay to evaluate the binding between TIR1 and indole-3-acetic acid 7 (IAA7) *in vitro*. Our results demonstrate similar sensitivities for both ELISA and HTRF assays, comparable to other established techniques. Notably, the evaluation of biochemically active TIR1 obtained using the transient plant expression system has not been previously reported. Furthermore, the HTRF assay effectively evaluated the potency of various auxin analogs in inducing the binding between TIR1 and IAA7. We also observed that a mild increase in temperature impairs the binding activity of TIR1 to IAA7. The strategy presented in this study provides a rapid, robust, and accessible tool to evaluate auxin co-receptor interactions.

# 1Dp7

## ダイズの完全ギャップレスゲノム解読とデータベース「Daizu-net」のアップデート

Telomere-to-Telomere Soybean Genome Assembly and Updates to the Database “Daizu-net"

矢野 亮一[1]，李 鋒[2]，栗田 加奈子[2]，小林 光智衣[3]，平賀 勧[2]，石本 政男[2]

[1]農研機構・分析研，[2]農研機構・作物研，[3]農研機構・生物研

大豆は食料安全保障上重要な作物であり，世界的には油脂生産や家畜飼料として広く利用される一方，日本では豆腐，納豆，味噌，醤油，枝豆など伝統的食文化との結び付きが深い．本研究ではこれまでに，Pangenome 解析と呼ばれる比較ゲノム研究を用いることで，日本と世界のダイズのゲノムの違いを探求してきた(*1)．今回，さらなる高精度ゲノム解析を目標として，国産大豆標準品種「エンレイ」の両端テロメア付ギャップレスリファレンスゲノム（T2TGF）を構築したので報告する．昨年公表した V3 ゲノムでは，セントロメアやリピート領域に未決定配列が残存し，実際の構造や長さが不明な領域が存在していた．そこで，100 kb 超の ultra long read を含む 133 Gb のナノポアシークエンスデータを取得し，塩基品質やラン時間を考慮した厳密な QC を行った上で，Hifiasm を用いたアセンブリを新たに実施した．その結果，20 本すべての染色体が，両端テロメアを含む単一 contig として再構築された．完成した V4 ゲノムは 20 染色体・1021 Mb から成り，V3 ゲノムで認められた 288 箇所の不連続領域が解消された．アノテーションでは約 58,000 遺伝子を同定し，BUSCO complete 値 99.8%という高い完全性を示した．エンレイ V4 は，品種間に存在する構造変異を対象とした Pangenome 解析の高精度化に有用であり，公開ゲノムデータベース「Daizu-net」についても，V4 基準へのアップデートを進めている．

*1 Yano et al. (2025) *Nature Genetics*, vol. 57, 973–985

*本研究は，戦略的イノベーション創造プログラム（SIP 第 3 期「豊かな食が提供される持続可能なフードチェーンの構築（JPJ012287)」の支援によって実施された．

# 1Dp8

## 植物シングル核 RNA-seq 解析の多重化へ向けて

Toward multiplexing of single nucleus RNA-seq analysis in plants

栗山 朋子[1]，郷 達明[2]，中島 敬二[2]，石 東博[1]

[1]理研CSRS，[2]NAIST・植物発生シグナル研究室

シングルセル・シングル核解析技術は，多数の細胞の遺伝子発現情報を個別に取得することでバルク解析ではわからなかった細胞種ごとの遺伝子変化や分化軌跡を解析することができる強力なツールである．近年は植物でも様々な研究に用いられ，私達も二次成長過程における形成層幹細胞特異的な遺伝子発現などを明らかにしてきた（Zhao et al., 2025）．しかし解析に必要な費用の高さ（一解析あたり約 50 万円）により，多検体や時系列のサンプルを扱う際には多大な経済的負担が生じる．

この問題を解決するため，私たちは各細胞が由来するサンプルを識別し，複数サンプルを同時に解析することで 1 サンプルあたりのコストを下げる多重化手法の開発に取り組んでいる．サンプル識別用バーコード配列を含む mRNA を発現する Arabidopsis thaliana を複数系統作出し，これらの根端サンプルを用いてシングル核 RNA シーケンス（snRNA-seq）解析を行った．データ空間に形成された細胞（核）クラスターについて既知のマーカー遺伝子発現を解析した結果，根組織を構成する主要な細胞型に対応するクラスターを同定することができた．一方で，バーコード配列を検出できた核の数は限られており由来サンプルの識別に利用可能な核数が不足していた．今後は多重化の実現に向けバーコード領域を特異的に増幅するステップを追加するなどの改良を加える計画であり本発表ではその経過についても紹介する．本手法は時系列や生育条件の異なる複数のサンプルから比較的低コストでシングル核遺伝子発現データを取得することを可能にするものであり，植物の発生や環境適応に伴う遺伝的応答を高い時空間解像度で理解することに貢献すると期待される．

# 1Dp9

## 先進ゲノム支援による植物ゲノム情報解析支援

Support for Plant Genome Analysis through the Platform for Advanced Genome Science (PAGS)

中村 保一

遺伝研

学術変革領域研究「先進ゲノム支援（PAGS; https://www.genome-sci.jp）」は，最先端のゲノム解析技術を駆使した研究支援を展開している．シーケンス技術の進歩により膨大なデータ取得が可能となった一方，とくに植物のゲノム解析においては，大きなゲノムサイズや高度な重複配列，倍数性といった複雑な構造が障壁となり，データ解析の専門知識や計算リソースの確保が個々の研究室で深刻なボトルネックとなっている．

本支援は，国内の大学・公的研究機関等に所属する科研費採択者（研究代表者・分担者），および日本学術振興会特別研究員を対象としている．高度なノウハウを持たなくとも，優れたアイデアやサンプルを持つすべての植物科学研究者が応募可能であり，採択されると無料で配列解析や情報解析の支援を得ることができる．

本発表ではこれまで中村研究室が手がけた植物ゲノム情報解析支援の具体的な取り組みと成果を紹介する．本支援では，高品質な新規ゲノムアセンブリ，高精度な遺伝子予測など，植物の特性に応じたオーダーメイド型の情報解析を行ってきた．特にモデル植物であるゼニゴケのゲノム解析や，パンゲノムをを見据えたゲノムデータベース（MarpolBase: https://marchantia.info）の開発・拡充を強力に推進している．本発表を通じ，植物科学発展のための本支援の活用可能性と，今後の解析基盤の展望を議論したい．

# 1Ea1 ENTRY

## 放線菌由来ゲラニル基転移酵素 NphB を基盤とした植物由来ゲラニルカルバゾール類の合成と膠芽腫治療薬開発研究

Synthesis of plant-derived geranylcarbazoles and glioblastoma drug development using the Streptomyces-derived prenyltransferase NphB

辻川 茜，山村 来輝，三浦 里唯，毛利 心哉，増本 梨那，太田 智絵，中村 誠宏

京都薬科大・生薬学

神経膠芽腫は，極めて予後不良の悪性脳腫瘍であり，現在臨床で著効を示す薬剤はテモゾロミドに限られることから，新規治療薬の創出が喫緊の課題となっている．我々はこれまでに，ミカン科植物 *Bergera koenigii* 葉部から単離されたゲラニルカルバゾール mahanimbicine がヒト神経膠芽腫がん幹細胞に対して顕著な駆逐作用を示すことを見出し，さらに構造活性相関研究からゲラニル基の存在が活性発現に重要であることを明らかにしてきた．一方，植物や微生物由来のゲラニル基転移酵素は多数報告されているものの，多くは基質特異性が厳密であり，カルバゾール類を含むアルカロイドに対するゲラニル化には適用が困難であった．そこで我々は，植物成分フラボノイドやポリケチドに対して比較的広い基質許容性を示す放線菌 *Streptomyces* 属 CL190 株由来ゲラニル基転移酵素 NphB に着目し，この酵素を利用することで，カルバゾール類のゲラニル化が可能であると仮説をたてた．NphB 発現プラスミドを大腸菌に導入して組換えタンパク質 Strep-NphB-His を精製し，カルバゾールを基質としたゲラニル二リン酸との試験管内酵素反応を行い，反応条件の最適化を進めた．その結果，複数のゲラニルカルバゾールの合成に成功した．我々の知る限り，酵素触媒によりカルバゾールにゲラニル基を導入した初めての例である．本成果は，従来の化学合成では困難であった位置選択的ゲラニル化修飾を可能にする新たな酵素化学合成的手法を提供するものであり，多様なゲラニルカルバゾールの迅速な創製を通じて，神経膠芽腫治療薬候補の探索に資する基盤技術となり得る．

# 1Ea2 ENTRY

## 細胞農業によるイネ培養細胞の食品原料化に向けたデンプン合成前駆体量測定とデンプン蓄積量増加のための試み

Quantification of Starch Biosynthesis Precursors and Approaches for Enhanced Starch Accumulation in Rice Cultured Cells for Application in Cellular Agriculture

菊地 怜[1]，日渡 祐二[2]，阿久津 光紹[3]，五十嵐 圭介[1]

[1]東北大・院農，[2]宮城大・食産業学，[3]青葉化成（株）

細胞農業（cellular agriculture）とは，細胞培養技術を用いた食料等の資源生産システムであり，従来動植物の育成によって行われてきた生産を工業的プロセスへ置き換えることで, 安定供給と生産効率の向上を目指す手法である．細胞農業において生産物に食料としての価値を持たせるためには, 栄養価や希少価値の高い有用成分を蓄積した培養細胞の作出が課題となる．本研究では対象成分として，世界人口の半数以上の主食であるイネのデンプンに着目した．

イネ培養細胞中のデンプン含有率は約 1%であり，約 80%がデンプンで構成される玄米と比べて著しく低い．そこで，培養細胞中のデンプン合成前駆体（G6P・G1P・ADP-Glc）含有量を LC-MS/MS により定量し，ボトルネック解析を行った．

その結果，G1P 含有量は ADP-Glc の約 120 倍であり，発達中胚乳・種子の報告値と比較して G1P から ADP-Glc への変換効率が著しく低いことが示された．また，ADP-Glc 含有量が発達中胚乳・種子と比較して高く，ADP-Glc からデンプンへの合成過程も律速となっている可能性が示唆された．

これらの結果から，G1P から ADP-Glc への変換を触媒する AGPase，および ADP-Glc からデンプンへの合成に寄与する酵素群の活性不足が，培養細胞におけるデンプン低蓄積の主因であると推察された．

将来的な食品原料化を見据え，安全性の高い食品グレード培地を用いてこれらのボトルネック解消を図り，デンプン高蓄積イネ培養細胞の作出に向けた培地成分の検討を行う．

# 1Ea3 ENTRY

## 形質転換リンドウの長期培養における 35S プロモーター配列特異的な *de novo* DNA メチル化の維持

Persistent maintenance of *de novo* DNA methylation within the 35S promoter in gentian plants throughout long-term *in vitro* culture

坂口 彰都[1]，北 鳳統[2]，牛山 雅結[2]，西原 昌宏[3]，三柴 啓一郎[2]

[1]龍谷大･院農学，[2]龍谷大･農学，[3]福井県立大･生物資源

リンドウでは（CaMV）35S プロモーター配列特異的な *de novo* DNA メチル化によりサイレンシングを受けるが，この状態が長期間どの程度安定に維持されるかは未解明である．本研究では，14 年以上無菌培養で維持された組換えリンドウ（*Gentiana triflora* × *G. scabra*）を用いて，エピジェネティック状態の長期安定性について検証した．ノーザンブロットおよびバイサルファイトシーケンスにより，導入遺伝子（35S-*sGFP* および NOS-*bar*）の mRNA 発現やプロモーター領域の DNA メチル化状態を解析した．その結果，35S プロモーターに連結した *sGFP* 遺伝子は全系統で完全にサイレンシングされていた．一方，NOS プロモーターに連結した *bar* 遺伝子は，系統間で異なる mRNA 発現が示された．35S プロモーター領域では CG/CWG メチル化が高頻度で維持・蓄積され，−298〜−241 および−148〜−85 に対応する 2 つの CHH メチル化ピークが長期間にわたり厳密に維持されていた．特に，同一の CHH 配列でメチル化が維持されていたことは，*de novo* メチル化機構の継続的かつ正確な関与を示している．一方，NOS プロモーターおよび *bar* 領域では，CHH メチル化は低頻度かつ流動的であり，明確なピークは認められなかった．以上の結果は，35S プロモーターにおける配列特異的 *de novo* DNA メチル化が恒久的なエピジェネティック記憶として維持されることを示すとともに，隣接領域への DNA メチル化の拡散が流動的であることを示唆している．

# 1Ea4 ENTRY

## 細菌由来の有機塩素系殺虫剤分解酵素を発現する形質転換シロイヌナズナの作製と実用化に向けた課題

Generation of Transgenic Arabidopsis thaliana Expressing Bacterial Organochlorine Insecticide-Degrading Enzymes and Challenges Toward Practical Application

小嶋 華，鄧 文昊，高田 美信，林 真紀，岸田 康平，大坪 嘉行，渡辺 正夫，永田 裕二

東北大･院生命科学

有機塩素系殺虫剤 γ-HCH は，その使用は原則禁止されているが，残留汚染が未だ深刻であり，残留性有機汚染物質（POPs）にも指定されている．γ-HCH を分解資化する細菌株の汚染土壌への接種によるバイオオーグメンテーションが検討されているものの，分解細菌株の土壌での生残性や定着性に問題がある．そこで，我々は，γ-HCH 分解細菌由来の分解酵素を発現する形質転換植物を利用したファイトレメディエーションの可能性について検討している．これまでに，γ-HCH 初発分解酵素 LinA を良好に発現する形質転換シロイヌナズナの作製に成功し，本植物体（A5 系統）が液体中の γ-HCH を分解できることを確認した（Deng et al., BMC Biotechnology, **24**: 42, 2024）．さらに，A5 系統を γ-HCH 人工汚染土壌で栽培した結果，植物体中の γ-HCH 量は A5 系統で WT より有意に少なかったが，土壌の γ-HCH 残量は WT と有意な差がみられなかった．人工汚染土壌からの γ-HCH の抽出・検出が十分ではない可能性が考えられたため，抽出・検出の方法を再検討したところ，抽出前に界面活性剤で処理することで抽出効率が向上した．改善後の方法を用いて，改めて A5 系統の人工汚染土壌栽培実験を行ったところ，土壌の γ-HCH 残量は WT と比較して有意に少なかった．以上，LinA を発現する形質転換植物によるファイトレメディエーションの可能性が示された．現在，（i）形質転換植物の土壌からの γ-HCH の吸収能の強化，（ii）LinA に続く反応を触媒し，β-HCH（γ-HCH の工業原体に含まれる異性体で POPs にも指定）の分解能も有する LinB を発現する形質転換植物の作製など，土壌からの疎水性有機汚染物質を効率的に除去する総合的なシステムの構築を目指している．

# 1Ea5 ENTRY

## RSV ワクチン抗原を発現する組換えイネの作出および解析

Development and analysis of transgenic rice expressing RSV vaccine antigen

西尾 勇人[1]，野澤 彰[3]，澤崎 達也[3]，賀屋 秀隆[4]，黒田 昌治[5]，清野 宏[6]，中橋 理佳[6]，幸 義和[6]，森田 重人[1,2]，増村 威宏[1]

[1]京都府大院・生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]愛媛大学・PROS，[4]愛媛大・院農，[5]農研機構，[6]千葉大・医

感染症は人類社会に大きな影響を及ぼしてきた．その予防にはワクチンが有効であるが，従来型ワクチンには高コストや低温輸送・保存の必要性などの課題がある．近年，これらの課題を克服可能な新規ワクチンとして，粘膜免疫を誘導できる植物由来経口ワクチンが注目されている．

本研究では，イネ種子が常温でも貯蔵物質を長期間安定して保存できる性質に着目し，備蓄型経口ワクチン生産システムの構築を目指して，下気道感染症の病原ウイルスである RSV に対するワクチン抗原を発現するイネの作出を行った．種子貯蔵タンパク質（13 kDa プロラミンおよびグルテリン A）を抑制する RNAi カセット，および RSV 由来抗原領域を共導入した Ti プラスミドベクターを作製し，アグロバクテリウム法によりイネ（日本晴）を形質転換した．抗原領域には，アジュバント機能を持つコレラ毒素サブユニット B（CTB）と RSV-A，RSV-B 由来疎水性タンパク質の細胞外ドメイン（SHe）を融合するように設計した．その結果，RSV-B 系統ではウェスタンブロッティングにより 3 系統の $T_2$ 種子で CTB の高発現が確認された．また半定量ウェスタンブロッティング解析の結果，種子重量当たりの CTB 含量は 0.19-0.53μg/mg であった．また免疫蛍光染色法を用いて，イネ種子内における抗原タンパク質の局在性について解析を実施する予定である．一方，RSV-A 系統では 2 系統の $T_3$ 種子で CTB の発現が確認された．現在，これらの系統の後代育成を進めており，今後，得られた後代種子を用いて経口ワクチンとしての免疫原性評価を実施する予定である．

# 1Ea6 ENTRY

## エピゲノム編集によるシロイヌナズナの春化記憶の解除と花成制御の試み

Attempted flowering induction without vernalization treatment by epigenome editing in Arabidopsis

樫迫 拓海[1]，平田 峻也[2]，池田 陽子[3]，西村 泰介[4]，小林 括平[1]，賀屋 秀隆[1]

[1]愛媛大・院農，[2]愛媛大・連合農学，[3]岡山大・植物研，[4]長岡技科大・院工

本研究では，CRISPR/Cas9 システムを利用したエピゲノム編集技術により，シロイヌナズナの春化記憶の解除と花成制御を目的とする．アブラナ科植物では，*FLOWERING LOCUS C*（*FLC*）が花成遺伝子 *FT* の発現を抑制することで，花成を抑制している．シロイヌナズナの春化要求性系統では，*FLC* が高発現しており，春化処理なしでは半年以上も花成が認められない．しかし，春化処理をおこなうと *FLC* 遺伝子の 1st intron 領域を中心に H3K27me3 が蓄積し，これを起点として *FLC* 遺伝子全体にヘテロクロマチン状態が広がる．*FLC* の発現が抑制されると，抑制されていた *FT* 遺伝子発現が誘導され，花成が誘導される．本研究では，*FLC* promoter 領域および 1st intron 領域を標的に sgRNA を設計し，DNA メチル化酵素 MQ1v と nSpCas9 を融合した MQ1v-nSpCas9 を春化要求性系統で発現させた．バイサルファイトシークエンス解析の結果，*FLC* の標的領域における DNA メチル化レベルの上昇が確認された．今後，*FLC* 発現量解析および花成測定により，DNA メチル化による人為的な *FLC* 発現抑制の可否を検証する．

# 1Ea7 ENTRY

## ‘プリンセチア’（*Euphorbia pulcherrima* × *Euphorbia cornastra*）に高頻度で生じる T-DNA 切断への DNA ポリメラーゼ θ と Mre11 の関与

Involvement of DNA polymerase theta and Mre11 in the high-frequency T-DNA truncation observed in “Princettia” (*Euphorbia pulcherrima* × *Euphorbia cornastra*)

伊藤 皓矢[1]，小岸 玲子[1]，進藤 沙弥香[1]，志茂 里菜[1]，新保 由紀子[1]，大坪 真樹[1]，松井 啓祐[2]，鈴木 賢一[2]，友松 康一[2]，大坪 憲弘[1]

[1]京都府大・院生命環境，[2]サントリーフラワーズ（株）・開発部

アグロバクテリウム法による植物の形質転換において，T-DNA の切断は効率的な遺伝子導入を阻害する要因となっている．ポインセチアの種間雑種‘プリンセチア’（*Euphorbia pulcherrima* × *Euphorbia cornastra*）では，最大 50%という高頻度で切断が生じることが確認され，この特徴は花粉親である *E. cornastra* に由来する可能性が示唆された．切断発生のメカニズムとして，植物ゲノムに組込まれる前の T-DNA が自身の逆位反復（IR）配列を介してステムループ構造を形成し，その部位で切断が引き起こされるというモデルがこれまでの調査から予想されている．さらに近年，T-DNA 組込みにはヘアピン構造の切断活性を持つ Mre11 や，相同配列の探索およびアニーリングを促進するヘリカーゼドメインを有する polθ が関与することが報告された．そこで本研究では，T-DNA 切断に関与する候補遺伝子としてこの *Mre11* および *polθ* に着目し，‘プリンセチア’とその両親系統におけるこれら遺伝子の配列解析を行った．*Mre11* では，花粉親と種子親間で conserved residues に配列差異は認められなかった一方，ヌクレアーゼドメインおよび DNA 結合ドメイン内において複数の差異が確認された．また，‘プリンセチア’では両親由来の配列をともに保持していることが明らかとなった．現在 *polθ* について解析を進めており，配列差異がタンパク質立体構造とその機能へ及ぼす影響について調査した結果も併せて報告する．一方，昨年度に報告した T-DNA 切断における IR 配列依存性および種特異性についても引き続き調査を進めている．本発表では，同一ベクター導入時における系統間の切断頻度の差異について新たに得られた知見を報告する．

# 1Ea8 ENTRY

## インフルエンザ A 型ワクチン抗原を発現する形質転換イネの育成と解析

Development and Analysis of Transgenic Rice Expressing Influenza A Vaccine Antigen

小西 翔也[1]，野澤 彰[3]，澤崎 達也[3]，賀屋 秀隆[4]，黒田 昌治[5]，清野 宏[6]，中橋 理佳[6]，幸 義和[6]，森田 重人[1,2]，増村 威宏[1]

[1]京都府大・院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]愛媛大・PROS，[4]愛媛大・院農，[5]農研機構，[6]千葉大・医

感染症に対する対策として，発症予防や重症化抑制が可能なワクチンの重要性が注目を集めている．しかし，従来のワクチンには，低温での保存，輸送が必要である，長期保存が困難であるなどの課題がある．これに対して，イネ種子を用いて生産したワクチン（コメ型ワクチン）は常温で長期保存可能であることが先行研究で示されている．またイネ種子は，粘膜免疫と全身免疫の両方を誘導し，病原体の侵入阻止が期待される経口ワクチンの生産プラットフォームとして利用可能である．本研究では，イネ種子を用いた呼吸器感染症に対する常温備蓄可能な経口ワクチンの開発を目的として，インフルエンザワクチン抗原を発現する形質転換イネの作出と評価を行った．

ワクチン抗原として，インフルエンザウイルス A 型の亜型間で共通な M2 タンパク質の細胞外ドメイン M2e を用いた．アジュバントの機能を持つコレラ毒素サブユニット B（CTB）と M2e の融合タンパク質の発現カセット，および種子貯蔵タンパク質（13 kDa プロラミンおよびグルテリン A）の発現抑制カセットを導入した形質転換イネ系統を作出した．得られた $T_2$ 種子について，抗 CTB 抗体および抗 M2e 抗体を用いたウェスタンブロッティングで CTB-M2e 融合タンパク質の発現を確認した．また，発現量の高い 3 系統について半定量ウェスタンブロッティング解析を行った結果，種子重量当たりの CTB 含量は 0.25-0.69 μg/mg であった．今後，マウス免疫試験によって生産した種子のワクチンとしての有効性を検証する．また，ホモ系統の選抜と高発現系統の確立を行う予定である．

# 1Ea9 ENTRY

## シロイヌナズナ葉緑体・ミトコンドリアゲノム特異的なランダム A-to-G 変異導入技術の開発

Organelle-genome-specific Random A-to-G Mutagenesis in *Arabidopsis*

小坂 七海[1]，中里 一星[1]，阿部 佳澄[2]，関森 悦子[2]，金井 昭教[2]，鈴木 穣[2]，有村 慎一[1]

[1]東京大・院農学生命科学，[2]東京大・院新領域創成科学

植物オルガネラゲノムは細胞質雄性不稔や除草剤耐性，エネルギー生産など重要な作物形質に関連する遺伝子をコードしており，育種の有効なターゲットとなりうる．しかし，オルガネラゲノムの表現型と遺伝子型の対応情報は不足しており，どこをゲノム編集で改良すればよいか不透明である．最近，農業的・生理学的に興味深い変異体を順遺伝学的に単離するためのオルガネラゲノム特異的なランダム変異導入技術が報告されたが，C-to-T 塩基置換に特化していた．本研究は，新たな種類の塩基置換を順遺伝学へ適用可能にすることを目指して，ランダム A-to-G 変異導入技術の開発を目的とした．

ランダム変異導入を実現するために，人工融合タンパク質の発現カセットをシロイヌナズナ Col-0 に導入するという手法をとった．タンパク質は，葉緑体/ミトコンドリア標的シグナルペプチド，配列非特異的 DNA 結合タンパク質，アデニンデアミナーゼから構成される．標的されたオルガネラのゲノムにおける不特定位置への A-to-G 塩基置換導入を狙った．

$T_1$ 植物の全ゲノム解析の結果，シグナルペプチドが標的とする葉緑体またはミトコンドリアいずれかのゲノムに，導入したタンパク質の構造に応じた様々な量の A-to-G 突然変異導入が確認された．ただし葉緑体ゲノムランダム変異導入では，一部サンプルでミトコンドリアゲノムからも人工タンパク質に由来すると考えられる A-to-G 変異が検出された．シグナルペプチドが特定の条件下で移行オルガネラを変化させる可能性がある．今後は $T_2$ 世代以降を解析し，変異がホモに固定された個体の単離や変異体スクリーニングの実行可能性を検討する．

# 1Ea10 ENTRY

## ジャガイモ *CYP88B1* 遺伝子のゲノム編集によるステロイドグリコアルカロイド生合成の代謝改変

Metabolic Reprogramming of Steroidal Glycoalkaloid Biosynthesis in Potato through *CYP88B1* Genome Editing

井上 嵩也[1]，安本 周平[1]，田村 啓太[1]，關 光[1,2]，村中 俊哉[2]

[1]阪大・院工，[2]阪大・先導的学際研機構

ジャガイモ（*Solanum tuberosum*）は，特有の苦味を呈し，過剰摂取により食中毒を引き起こすステロイドグリコアルカロイド（SGAs）を生合成する．SGAs はコレステロールを前駆体とする多段階酵素反応により合成される．当研究室の先行研究により，SGA 生合成酵素遺伝子の一つである *CYP88B1* をノックアウトしたジャガイモでは，SGAs 量が大幅に低減する一方, ステロイド系医薬品の原料としての価値があるステロイドサポニンが蓄積することが判明した．しかしながら，本ノックアウト体は, アグロバクテリウム法によりゲノムに組み込まれた TALEN 発現カセットが残存している遺伝子組換え体であるため，その応用展開には制約がある．そこで本研究では，TALEN 発現カセットを保持するアグロバクテリウムをジャガイモ品種さやかの茎切片に接種した後，抗生物質を含まない培地で非選抜的に再分化を行い，得られたシュートを網羅的に解析する Non-selection 法を用いることで，外来遺伝子を含まない *CYP88B1* 変異体の獲得を目指した．計 1650 本のシュートに対してヘテロ二本鎖移動度分析を実施し，*CYP88B1* 変異体の候補を一系統得た．LC-MS 分析により，本系統では野生型と比較して各組織で SGA 量が有意に減少していることが判明した．また, アンプリコンシーケンスにより標的配列部分の塩基配列を解析した結果，本系統では，未編集の配列がほとんど検出されず，全アレルへの変異導入が示唆された．さらに，全ゲノム解析ならびに *k*-mer 解析を行ったところ，当該系統ではゲノム編集に使用したベクター上の配列が挿入されておらず，一過的発現でゲノム編集が起き，細胞外で加工した核酸の残存は無いと考えられる．

# 1Ea11 ENTRY

## WA 型 CMS イネの CMS 原因遺伝子 *WA352* は稔性回復系統 RT98C が持つ複数の PPR 遺伝子によって発現制御される

Expression of the CMS-causing Gene *WA352* is Regulated by Multiple PPR Genes from the Restorer Line RT98C in WA-type CMS Rice

小和田 篤熙，鳥山 欽哉，五十嵐 圭介

東北大･院農

細胞質雄性不稔性（CMS）は，ミトコンドリアゲノムにコードされる原因遺伝子によって引き起こされる．一方，核ゲノムにコードされる稔性回復遺伝子は, CMS 原因遺伝子の働きを抑制して稔性を回復させる．稔性回復遺伝子の多くは, RNA 結合タンパク質の一種である Pentatricopeptide Repeat（PPR）タンパク質をコードする．イネの WA 型 CMS は原因遺伝子 *WA352* によって引き起こされ（Luo *et al.,* 2013），これに対する稔性回復遺伝子として *Rf4*（*PPR782_IR24*）が同定されている（Kazama *et al.,* 2014）．

稔性回復系統 RT98C は WA 型 CMS の稔性を回復させるが，RT98C 由来の *Rf4* アレル（*PPR782_RT98C*）のみの導入では花粉発達は回復するものの種子稔性は回復しなかった．このことから，RT98C による完全な稔性回復には，*PPR782_RT98C* に加えて他の PPR 遺伝子による *WA352* の発現制御が関与していると考えられた．

そこで，RT98 型 CMS の稔性回復遺伝子として報告されている *PPR762_RT98C*（Igarashi et al., 2016）に着目し，WA 型 CMS イネへの導入を行った．その結果，*PPR762_RT98C* の単独導入によって *WA352* の発現量が減少することが確認された．さらに，*PPR782_RT98C* と *PPR762_RT98C* を共導入した系統では，*WA352* の発現が強力に抑制され，種子稔性の回復した個体も出現した．以上の結果から，稔性回復系統 RT98C においては，単一の遺伝子ではなく，*PPR782* および *PPR762* という複数の PPR 遺伝子が協調して CMS 原因遺伝子 *WA352* の発現を制御することが明らかとなった．

# 1Ep1 ENTRY

## トマト果実成熟に関与するリポカリンのカロテノイド結合及びその組織発現の解明

Carotenoid binding of lipocalin involved in tomato fruit maturation and its tissue specific expression analysis

小久保 祥子[1]，日野 真吾[2]，加藤 主税[2]，中村 彰彦[2]，深沢 知加子[2]，本橋 令子[1,2]

[1]静岡大･創造科学技術大学院･バイオサイエンス専攻，[2]静岡大･農･応用生命

トマトの果実成熟および環境ストレス応答に関与するリポカリンタンパク質（SlTIL1，SlTIL2，SlCHL）の機能解明を通じ，果実着色や果実成熟制御メカニズムを明らかにする事を試みている．我々はトマト果実のプラスチドプロテオーム解析により，果実色の異なる 3 種のトマトにおいて TILs（Temperature induced Lipocalins）の発現量や等電点が異なることを示した．そこでリポカリン遺伝子の過剰発現体および発現抑制体を作出したところ，リポカリン過剰発現体では果実肥大，成熟促進が見られ，発現抑制体では開花数減少や成熟遅延が生じた．またエチレン，ABA 等の植物ホルモン処理により *SlTILs* の発現が早急に誘導された為，ストレス応答への関与が示された．加えて，*SlTILs* の上流約 1.8kbp のプロモーター GUS アッセイにより組織別発現解析の結果，*SlTIL1* は果実成熟初期（MG 期）の中果皮，胎座，種皮及び胚で強く発現し，*SlTIL2* は果実の Yellow 期の種皮，維管束，中果皮で高発現した．従って *SlTILs* は果実成熟と種子発達に伴う浸透圧ストレスの防御に寄与すると考えられた．更に果実色とリポカリンとの相互作用を検証のため，カロテノイド類と SlTILs との結合構造予測より，SlTIL1 の方が SlTIL2 よりも強く $\beta$-カロテンやリコペンと結合し，両 SlTILs がレチナール類と結合することが予測された．また，$\beta$-カロテンとリポカリンの結合試験では，SlTILs においてタンパク質の濃度依存的に色調が濃くなり，タンパク質との結合によりカロテノイドの安定化が認められた．本研究成果は植物においてリポカリンとカロテノイドの結合を示した初めての報告であり，果実色制御や環境ストレス耐性を兼備えた新品種育成への応用が期待される．

# 1Ep2

## 日本国内のアマモ（*Zostera marina*）・コアマモ（*Zostera japonica*）の遺伝的多様性

Genetic Diversity of Eelgrass (*Zostera marina*) and dwarf eelgrass (*Zostera japonica*) in Japan

赤見 颯真[1,2]，谷口 有希[1,2]，山下 寛人[2]，久保 篤史[3]，本橋 令子[2]

[1]静大・院応生科，[2]静大・農学，[3]静大・理学

アマモ（*Zostera marina*）は，沿岸域に広大な藻場を形成する海草であり，水質浄化，生物多様性維持，二酸化炭素を長期的に固定するブルーカーボン生態系として重要な役割を担う．しかし近年では，地球温暖化や海洋熱波の頻発に伴い，国内外でアマモ場の衰退が深刻化している．本研究では，日本沿岸に分布するアマモ属植物であるアマモ，コアマモ（*Zostera japonica*），タチアマモ（*Zostera caulescens*）およびトチカガミ科リュウキュウスガモ属植物であるリュウキュウスガモ（*Thalassia hemprichii*）を対象に，遺伝的多様性評価を行い，保全・再生に向けた基盤情報の整備を目的とした．遺伝的多様性解析では，日本各地から収集した全 58 サンプルに対して ddRAD-seq 解析を実施し，SNP を網羅的に検出した．そこから，地域ごとに 2〜3 サンプルになるように選別し，サンプルを 37 サンプルにした．結果，10,910 個の変異を検出し，染色体末端部に高い多様性が認められた一方，セントロメア周辺では LTR 型レトロトランスポゾンの挿入配列により変異検出が困難であった．SNP を用いた主成分分析の結果，潮間帯環境に適応するコアマモが他種から明瞭に分離し，独自の適応戦略を有する可能性が示唆された．また，系統解析結果から，植物種ごとに明瞭なクレード形成が確認され，種間の遺伝的分化が示された．さらに，北方生息集団と南方生息集団の間で遺伝的分化が認められ，地域環境に応じた適応的分化が進行している可能性が示唆された．加えて，葉緑体ゲノム内の非コード領域である PS-ID 領域（Plastid Subtype ID）を用いた系統解析および母系追跡解析を実施し，種間および地域集団間における系統関係の把握を試みたので報告する．

# 1Ep3 ENTRY

## シロイヌナズナにおけるフェアリー化合物処理と非生物的ストレス耐性付与のメカニズム解明

Elucidating the Mechanism of the Abiotic Stress Tolerance Induced by Fairy Chemical Treatment in Arabidopsis thaliana

谷口 有希[1,2]，廣瀬 万祐[2]，岩本 耕太郎[2]，圓山 恭之進[3]，謝 肖男[4]，竹内 純[2]，轟 泰司[2]，崔 宰熏[5]，河岸 洋和[2]，本橋 令子[2]

[1]静岡大・院創造科学，[2]静岡大・農，[3]国際農研，[4]宇都宮大・バイオサイエンス教育研究センター，[5]静岡大・グロ共

芝が円状に生育促進または抑制される現象はフェアリーリングと呼ばれ，糸状菌によって引き起こされる．この現象の原因菌の 1 種であるコムラサキシメジ（*Lepista sordida*）からフェアリーリング現象を惹起する物質として AHX（2-azahypoxanthine）と ICA（imidazole-4-carboxamide）が発見された．AHX は植物体内で代謝され，AOH（2-aza-8-oxohypoxanthine）に変換されることが明らかになっている．これら 3 種の化合物をフェアリー化合物（fairy chemicals）と総称している．

フェアリー化合物処理は植物に非生物的ストレス耐性を付与することが知られている．本研究では，モデル植物のシロイヌナズナを用いて，非生物的ストレス耐性が付与されるメカニズムを調べた．シロイヌナズナでは 100 μM AHX や 100 μM AOH 処理によって乾燥ストレス耐性や高温ストレス耐性が付与される傾向にあった．100 μM AOH 処理したシロイヌナズナで，通常条件下にも関わらず，アブシシン酸（以下，ABA）の蓄積が観察された．また AHX や AOH 処理で観察された主根伸長の阻害は，ABA シグナル伝達阻害剤との共処理によって回復した．これらの結果より，AHX や AOH の効果は ABA に起因している可能性が考えられた．

マイクロアレイにより発現誘導された上位 100 遺伝子の上流配列には，ABRE だけでなく，DRE や HSE の部分配列が有意に保存されていた．通常条件下における 100 μM AOH 処理 12 時間により，*HSFA2* や *sHSP* の発現誘導が認められた．これらの結果から，AHX および AOH は植物に取り込まれた後，ABA の蓄積およびストレス応答関連遺伝子の発現制御を介して，ストレス応答のプライミングが誘導され，様々な環境ストレス耐性の獲得につながったと考えられる．

# 1Ep4 ENTRY

## 過剰発現によりゼニゴケに高浸透圧ストレス耐性を付与する *SWEET* 遺伝子の機能解析

Functional analysis of the *MpSWEET* Gene, which gives Marchantia polymorpha tolerance to hyperosmotic stress through overexpression

竹島 杏[1]，前田 智恵[1]，橋本 隆[1]，加藤 晃[1,2]，加藤 壮英[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG

植物は様々な環境に適応し，さらにその変化を敏感に感じ，応答する能力を持っている．水環境が変化し乾燥状態に晒された場合でも，生き延びるためにそのストレスに最適な応答を示す．コケ植物は，植物が陸上化した後に最初に分岐した陸上植物の基部植物と考えられており，ゼニゴケは陸上化した植物の環境ストレス応答の共通したメカニズムを知る上で重要なモデル植物である．

先行研究では，高浸透圧ストレス下，ゼニゴケ標準系統株 Tak-1 が成長阻害を受けることを見出した．そこで高浸透圧ストレス関連遺伝子を単離するため，T-DNA タギング法により高浸透圧ストレス下成長阻害に対して耐性を示す変異株のスクリーニングを行った．候補株を複数単離し，T-DNA 挿入により，シロイヌナズナにおいて糖輸送体 *SWEET* タンパク質をコードすると報告されている遺伝子と相同な遺伝子が過剰に発現している系統を見出した．本研究では，当該 *SWEET* 遺伝子と高浸透圧ストレス耐性との関係を明らかにすることを目指している．初めに，選抜された *SWEET* 遺伝子過剰発現株に対して，当遺伝子をターゲットに CRISPR-Cas9 により作出した機能欠損株は，高浸透圧ストレスに対する耐性が弱くなる事を示した．さらに，Tak-1 に対して 35S プロモーターで当遺伝子を過剰発現すると，高浸透圧ストレスに対して耐性を示し，当遺伝子がゼニゴケに高浸透圧ストレス耐性を付与することが示された．ゼニゴケには当遺伝子と高い相同性を示す遺伝子が存在し，現在それらの発現様式に加え，高浸透圧ストレスに発現が影響を受けるか解析を進めており，当大会ではその進捗を報告する．

# 1Ep5 ENTRY

## ゼニゴケ葉状体において高浸透圧ストレス処理より発現が変化する遺伝子の探索

Identification of genes expressed in response to hyperosmotic stress in the thallus of *Marchantia polymorpha*

田村 圭[1]，岸本 知也[1]，加藤 晃[1,2]，加藤 壮英[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・CDG

乾燥や高塩濃度などのストレスは，植物に脱水状態を引き起こす．これらストレスに強い植物を作出するためには，その応答機構の理解を深めることが重要である．高浸透圧ストレス下，基部陸上植物であるゼニゴケ標準系統株 Tak-1 と Tak-2 葉状体は，共に成長が抑制される．ところが系統間に程度差があり，Tak-2 に比べ Tak-1 は強く抑制される．本研究は，この系統間の高浸透圧ストレスに対する応答性の違いを遺伝子発現レベルで特徴づけることを目的とする．先行研究では，通常培地で 2 週間生育した葉状体をソルビトール添加有／無の液体培地へ移行し，24 時間後 2 条件間で RNA-seq を行い，発現量に差が生じる遺伝子群を Tak-1，Tak-2 間で比較した．系統間で共通して複数の細胞壁関連遺伝子が同様のストレス応答性を示した．一方で，系統間で応答性の異なる遺伝子群も見出された．ところが，それら遺伝子群には，植物体をソルビトール無添加培地へ移行する前／後で発現変動する遺伝子が含まれ，液体培地への移行に伴う冠水操作自体が遺伝子発現変動を誘発し，高浸透圧ストレス応答遺伝子と共通する可能性が強く示唆された．そこで，実験操作によるノイズを極力排除するため，ソルビトール添加有／無の寒天培地上で 2 週間生育し，継続的にストレス処理を行った Tak-1，Tak-2 葉状体に対して RNA-seq 解析を行い，発現変動遺伝子の両系統間差異について現在解析を行っている．本学会では，これら実験系の再検証の結果に加え，2 つの RNA-seq データを統合した解析の状況についても報告する予定である．

# 1Ep6 ENTRY

## *LjFTs* の開花時期への寄与と機能分化

Contribution of *LjFTs* to flowering time and functional differentiation

西村 翔陽[1]，加藤 晃[2]，佐藤 修正[3]，田中 幸子[4]，川口 正代司[4]，若林 智美[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]奈良先端大・バイオ，奈良先端大・CDG，[3]東北大・院・生命科学，[4]基生研・共生

花成制御因子 *FLOWERING LOCUS T（FT）* 遺伝子がコードする FT タンパク質は，葉で発現し茎頂へ移行するフロリゲンとして知られ，植物の開花時期制御に重要な役割を担う．一方，マメ科植物では *FT* 遺伝子群が冗長的に重複しており，3 つのファミリーに属する遺伝子系統が存在することが知られている．これらは系統関係に加え，発現部位や発現時期の違いから機能分化している可能性が示されているが，各 *FT* 遺伝子の役割分担についてはいまだ不明な点が多い．本研究ではマメ科のモデル植物であるミヤコグサを用いて，各 *LjFT* 遺伝子の時空間的な発現解析および変異体解析を行い，マメ科における *FT* 遺伝子群の機能分化を推定することを目的とした．本研究は，マメ科植物における花成制御ネットワークの多様化性の理解に貢献することが期待される．

まず，広く解析に用いられている Gifu 系統を対象として，*LjFTa1*，*LjFTa2*，*LjFTb*，*LjFTc* について，葉および根における日内の経時的な遺伝子発現変動解析を行なった．その結果，各 *FT* 遺伝子は時空間で異なる発現パターンを示した．さらに，系統解析においてシロイヌナズナ *FT* と同一クレードに分類された *LjFTa1*，*LjFTa2*，*LjFTb* について，ゲノム編集によるノックアウト系統を作出し，同一環境下における栽培実験により開花所要日数を評価した．その結果，*LjFTa2* 欠損体では開花が認められなかった．これらの結果から，*LjFTa2* がミヤコグサにおいて主要なフロリゲンとして機能する可能性が示された．加えて，各ノックアウト系統を用いた RNA-seq によるゲノム網羅的遺伝子発現解析を行い，発現変動遺伝子を検出し，GO enrichment 解析を通じて *LjFT* 遺伝子群の機能分化について考察を行う．

# 1Ep7 ENTRY

## ミヤコグサにおける培地濃度に応じた shoot/root 比の表現型可塑性と環境適応

Phenotypic plasticity of shoot/root ratio under different medium concentrations and its relationship to environmental adaptation in *Lotus japonicus*

崎山 稜平[1]，片山 瑛斗[1]，佐藤 修正[2]，加藤 晃[1,3]，若林 智美[1]

[1]奈良先端大・バイオ，[2]東北大・院・生命科学，[3]奈良先端大・CDG

野外環境において植物は，生育地の環境変化に応じて地上部と地下部への資源配分を調節する．異なる生育地では，環境変動の大きさに違いがあり，同種であっても系統間で，この調節能力である表現型可塑性の程度が異なる場合がある．この系統間差異は，異なる環境への適応の結果を反映すると考えられる．ミヤコグサは環境勾配の大きい日本列島に広く分布しており，各地の多様な環境に由来する 200 以上の系統が保存されているモデル植物である．本研究では，2 つの培地濃度条件下での初期成長段階における地上部・地下部比に着目し，表現型可塑性多型解析と由来地環境との関連を解析した．さらに，全ゲノム関連解析（GWAS）による遺伝要因の検出を試みた．これにより，地上部と地下部への資源配分の表現型可塑性を介した環境適応機構を，環境要因と遺伝的要因の両面から解明することを目的とした．

野生系統 116 系統を 1/8 MS および 1/2 MS 培地で栽培し，播種後 2 週間の地上部および地下部生重量および地上部・地下部比を取得した．表現型値の分布から，低栄養条件では地上部および地下部の絶対成長量は全体として抑制される一方，地上部・地下部比では分布の拡大が認められた．1/2 MS 条件では 1/8MS と比較して，地上部・地下部比が有意に低下，もしくは上昇する系統，あるいは有意な変化が認められない系統が認められ，資源配分応答に種内多型が存在することが示された．

次に，各培地濃度における表現型多型情報をそれぞれ用いた GWAS により，いくつかの候補遺伝子を検出した．発表では 2 条件間の表現型可塑性を考慮した GWAS の結果も合わせて報告し，本種における資源配分可塑性と環境適応機構について議論する．

# 1Ep8 ENTRY

## イネのストレス応答遺伝子を一望する *Oryza sativa* Stress Responsive Gene Atlas（OsSRGA）の開発

Development of the *Oryza sativa* Stress Responsive Gene Atlas (OsSRGA) for Overviewing Rice Stress-Responsive Genes

大林 俊太[1]，福田 由介[1]，福島 敦史[1,2]

[1]京都府大･院生命環境，[2]理研･情報統合本部

近年，気候変動により作物生産が不安定化し，食料問題への対応が求められている．主要穀物であるイネでは，洪水ストレスのような特有の環境要因が存在するため，特性を踏まえたストレス応答遺伝子の体系的な整理が求められている．公共データベースに蓄積された複数のトランスクリプトームデータを統合的に再解析（メタ解析）することで，再現性高くストレス応答遺伝子を探索できる．本研究ではイネの多様なストレス条件下の発現変動遺伝子を整理した情報基盤の開発を目的とした．公共データベースから乾燥，低温，洪水，白葉枯病ストレスを含む 10 種類以上のストレスに関するマイクロアレイおよび RNA-seq データを収集した．異なるデータセットにわたる発現変動を Stress Response score（SRscore）としてストレス条件ごとに評価し，遺伝子のストレス応答性を調査した．結果として，各遺伝子における SRscore の応答パターンは乾燥，塩，低温，高温などの非生物ストレス間で高い相関が見られ，病原菌ストレス間でも同様の傾向が見られた．また *DREB1, DREB2* を含む既知のストレス応答遺伝子群の SRscore パターンは既報の知見と概ね整合していた．これらのメタ解析結果に基づき，イネのストレス応答遺伝子をワンクリックで探索できるウェブアプリ OsSRGA を開発した．OsSRGA では，各ストレスにおける SRscore の閲覧に加え，任意の遺伝子群を特徴づける機能エンリッチメント解析や選択した遺伝子と類似した応答パターンの遺伝子群を探索するテンプレートマッチング機能を搭載した．今後は他作物へ展開した横断的比較や，拡張性に優れたデータ形式と収集法の確立を目指す．

# 1Ep9 ENTRY

## 麦踏み応答によるミナトカモジグサおよびコムギの形態変化と遺伝子発現変動の解析

Analysis of Morphological and Gene Expression Responses to Treading Wheat ‘Mugifumi’ in *Brachypodium distachyon* and *Triticum aestivum*

武田 侑己[1]，加藤 謙太郎[2]，鳥羽 大陽[2]，中村 聡[2]，日渡 祐二[1,2]

[1]宮城大･院食産業，[2]宮城大･食産業

秋播きのムギ類では生育初期の段階でムギ類を踏圧する「麦踏み」を行うことにより，分げつの増加や耐寒性の向上がもたらされる．これまでに麦踏みによりエチレン生成などの生理的応答は知られているが，麦踏みで生じる刺激に対する分子応答機構には未解明な点が多い．本研究では麦踏み応答の分子機構を明らかにするために，コムギ（*Triticum aestivum*）を 1 系統，コムギと同じイチゴツナギ亜科のモデル植物ミナトカモジグサ（*Brachypodium distachyon*）を 2 系統（Bd21, Bd3-1）用い，踏圧区と対照区に分けて栽培した．その後，形態観察およびトランスクリプトーム解析を行い，麦踏みに応答する形質および遺伝子発現の変化を解析した．

その結果，コムギでは草丈と千粒重に差は認められなかったが，分げつ数は踏圧区で増加傾向であった．ミナトカモジグサは前述の項目に加え乾物量も測定した．Bd21 では全ての項目で有意差は認められなかったものの, 分げつ数と乾物量が増加傾向を示した．一方，Bd3-1 では分げつ数と乾物量が有意に増加し，生育初期の草丈で有意に減少した．また，コムギとミナトカモジグサ Bd21 において踏圧約 1 時間後の発現変動遺伝子（DEGs）を解析したところ，コムギでは 41 遺伝子，ミナトカモジグサ Bd21 では 241 遺伝子が抽出された．両種とも発現上昇した遺伝子群には複数の DREB 遺伝子が含まれていた．以上より，ミナトカモジグサの解析はムギ類の麦踏み応答の分子機構解明に有用であり，麦踏みによる耐寒性の向上には DREB 遺伝子群が関与する可能性が示唆された．

# 1Ep10 ENTRY

## アグロバクテリウム法による一過的ノックダウン系を用いた抵抗性誘導剤の作用機序推測

Prediction of the mechanism of action of plant activators using an *Agrobacterium*-mediated transient knockdown system

桐原 理利[1]，中村 哲太郎[1]，石田 和希[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]

[1]横浜国大･環境情報，[2]横浜国大･先端研，[3]YBT

我々はこれまでに，アグロインフィルトレーション法を応用した一過性発現系により，形質転換植物体を作製することなく，発光レポーター法による非破壊的連続モニタリング系を構築してきた．加えて，本系に多穴プレートを併用することで，病害応答シグナル伝達経路に関わる生理活性物質等を評価できるハイスループットスクリーニング系の開発を進めてきた．

本研究では，この系をさらに発展させ，アグロインフィルトレーション法によって標的遺伝子を一過的にノックダウンすることで，抵抗性誘導剤候補化合物の作用機序を推測する手法の確立を目的とした．今回は，検証対象としてジャスモン酸（JA）シグナル伝達経路に着目し，本系を適用した．具体的には，JA 経路のシグナル伝達における重要因子である *COI1* 遺伝子を標的とし，その発現を抑制する配列として *COI1i* を設計し，これを恒常発現型 *35S* プロモーターに連結した遺伝子カセットを作製した．次に，JA 応答性遺伝子である *VSP1* 遺伝子のプロモーターと発光レポーター遺伝子との融合遺伝子を有する形質転換シロイヌナズナに対して，*35S::COI1i* 遺伝子カセットを導入した．その結果，陰性対照に比べ，*COI1i* を導入した植物体では化合物処理後の相対発光活性の低下が観察された．これは *COI1* 遺伝子のノックダウンによって JA シグナルの応答が抑制されたことに起因すると考えられ，本系を用いることで標的遺伝子の発現量を一過的に低下させ，その下流のシグナル伝達経路に及ぼす影響を評価する手法として機能する可能性が示唆された．本発表では，本系を用いた抵抗性誘導剤またはバイオスティミュラント等の作用機序解析における有効性と今後の展望について議論する．

# 1Ep11

## 乾燥ストレス耐性獲得を誘導する新規化合物の探索・評価系に関する研究

Development of System for the Discovery and Evaluation of Novel Compounds That Induce Drought Tolerance

石田 楓子[1]，桐原 理利[1]，赤城 怜奈[1]，中村 哲太郎[1]，小倉 里江子[2,3]，平塚 和之[2,3]

[1]横浜国大･環境情報，[2]横浜国大･先端研，[3]YBT

一般的に高等植物は乾燥ストレス耐性と病害耐性を最大限同時に獲得することは難しいとされている．この背景には，乾燥ストレス応答を担う経路の一つであるアブシシン酸経路（ABA）と病害ストレス応答を担う経路の一つであるサリチル酸経路（SA）経路が拮抗的関係にあることがあげられる．

そこで本研究では SA を介した病害応答系に影響せずに乾燥ストレス耐性獲得を誘導する生理活性物質の探索を目指した．そこで候補化合物を，低分子化合物ライブラリー等を含む各種対象から効率良く探索することを目的として多穴プレートを用いたスクリーニング系の確立を試みた．具体的には，乾燥ストレス応答に関与する遺伝子として，ABA 非依存的経路を介しても乾燥応答遺伝子の誘導が可能なシロイヌナズナ *DRE-binding protein 2A*（*AtDREB2A*）遺伝子に着目し，その転写開始点上流約 2kb のプロモーター領域をホタル発光遺伝子（firefly luciferase）に連結したものをシロイヌナズナに導入し，候補物質等の処理後の芽生えからの発光を *AtDREB2A* 遺伝子発現レベルとして間接的に連続モニタリングする系を確立した．今回は 96 および 384 穴プレートを用いたアグロインフィルトレーションによる一過性発現系と，形質転換シロイヌナズナを用いた実験系について検討した結果について報告する．

# 3Aa1

## 植物宿主を用いたアデノ随伴ウイルス（AAV）ベクター産生系の基盤技術確立に向けた研究

Study on Establishing a Plant-Based Production System for Adeno-Associated Virus (AAV) Vectors

黒岩 風，大塚 早真，橋本 佳和，田邉 和子，小宮山 寛，小原 一朗，山村 栄虎

キリンホールディングス（株）

アデノ随伴ウイルス（AAV）は遺伝子治療における有望なベクターとして注目されている．従来の AAV 製造は哺乳類細胞あるいは昆虫細胞系に依存しているが，急増する需要に対して，柔軟かつスケーラブルな製造ポートフォリオの拡充が求められている．こうした背景を受けて，我々は植物を用いた分子農業に注目し，新たな AAV 生産プラットフォームとしての有用性検討に着手した．本研究において，植物における AAV8 産生の実証に初めて成功したため，本講演にて報告する．

タバコ（*Nicotiana benthamiana*）におけるアグロバクテリウム媒介一過性発現系を用いて，植物葉での AAV 産生を試みた．AAV 形成は，カプシドタンパク質の 60 量体化による粒子形成に加え，ゲノム DNA の複製・プロセシング・パッケージングを伴う複雑な過程である．ヒト細胞での AAV 発現系にて標準的に用いられる遺伝子群の導入のみでは，植物での効率的な AAV 産生は確認されなかったが，遺伝子セットを最適化することで AAV 産生が顕著に向上した．AAV 産生株でのトランスクリプトーム解析により，(i) ジェミニウイルスシステム導入による S 期誘導および DNA 複製・翻訳関連遺伝子の発現上昇，(ii) AAV 産生に伴うタンパク質の折りたたみや多量体形成，核内移行に関連する遺伝子の発現上昇が観られた．興味深いことに，AAV 生産株では (iii) 防御応答が活性化しているにもかかわらず細胞死実行に係る遺伝子群の発現が抑制されており，分子農業に適した細胞状態にある可能性が示唆された．本研究は，植物による AAV 生産の基盤技術を確立し，植物細胞が AAV 製造の新規かつ有望なプラットフォームとなり得る可能性を示す．

# 3Aa2

## 宿主に有害な抗菌ペプチドの生産手法の開発の試み

Development of a production system of an antimicrobial peptide toxic to a host plant

板垣 実菜子[1]，藤田 岳[1]，下田 蒼[1,2]，戸部 隆太[1]，米山 裕[1]，伊藤 幸博[1]

[1]東北大・農，[2]現・農研機構・動衛研

抗生物質の大量使用に伴い多剤耐性菌が蔓延し，公衆衛生や家畜生産上での脅威となっている．抗菌タンパク質／抗菌ペプチドは抗生物質の代替薬として期待されている．私たちは，家畜感染症の治療に抗菌タンパク質／抗菌ペプチドを使うことを目指し，そのイネを用いた生産方法の開発に取り組んでいる．今回は，イネに有害な抗菌ペプチドをイネを用いて生産する方法の開発状況を報告する．

シュルツェマダニ由来の抗菌ペプチド persulcatusin（IP）はグラム陽性菌に強い抗菌活性を示す．この遺伝子をイネに導入したところ，形質転換効率が低く，イネに負の影響を与えていると推定された．そこで，IP をカルモジュリンとの融合タンパク質（CaM-IP）として発現し，融合部位を TEV プロテアーゼで切断することにより IP を生産することを考えた．CaM-IP 遺伝子を導入したイネの粗抽出液を市販の TEV プロテアーゼで処理したところ，抗菌活性が見られた．そこで，TEV プロテアーゼもイネで生産することを考え，プラスチド局在型と細胞外分泌型の遺伝子をイネに導入したところ，プラスチド局在型でわずかな生産が見られた．CaM-IP 粗抽出液と TEV 粗抽出液を混合したが，CaM-IP の切断は見られなかった．TEV プロテアーゼの生産が十分ではなかったと考えられた．また，分泌型 CaM-IP 遺伝子とプラスチド局在型 TEV プロテアーゼ遺伝子の両方を導入したイネを作出したところ，RNA レベルでは両者の発現が見られたが，タンパク質レベルでは CaM-IP の生産だけが見られた．TEV プロテアーゼの生産量を増加させることが必要である．

# 3Aa3

## 半夏の薬効多糖アラバンの生合成遺伝子の探索

Exploration of the biosynthetic genes of the medicinal polysaccharide Araban in Hange

山口 尚輝[1]，山本 健太[1]，栗木 淳寛[1]，下川 響[1]，青木 達大[1]，佐藤 春菜[1]，田中 宏幸[3]，江口 壽彦[4]，松岡 健[1,2,4]

[1]九大・院生資環，[2]九大・院農，[3]山陽小野田大・薬，[4]九大・実生環セ

カラスビシャク（*Pinellia ternata*）は塊茎による栄養繁殖，種子繁殖と共に，葉柄にムカゴを形成し繁殖する植物であり，またこの塊茎を加工した「半夏」は制吐性を持ち多くの漢方処方に用いられる重要な生薬である．制吐作用の主成分として，アラビノース，グルコース，ガラクトース，フコース，ガラクチュロン酸を構成要素とし 16 種の糖-糖結合を持つ水溶性多糖「アラバン」が単離されているが，その生合成遺伝子群は未同定である．そこで我々は，アラバンを含有するムカゴの形成過程の解析を通じて，その生合成遺伝子の探索を進めている．

これまでに我々は，植物体が大きく塊茎に多量のアラバンを蓄積し，また登録品種「九大たまゆたか」の母系統である Y4 系統と，塊茎の大きさが標準サイズである A4 系統において，共に幼若葉の塊茎からの伸長，葉の展開，葉柄への幼ムカゴの形成，生長及び成熟からなるムカゴの形成過程が 6 段階に区分されることを報告し，またこの過程でのムカゴへのアラバン蓄積量の変化も報告してきた．さらに，Y4 系統を対象に複数の II 型膜タンパク質構造を持つ糖転移酵素遺伝子の発現変動について報告してきた．

今回実施した，A4 系統を対象にした糖転移酵素遺伝子のむかご発達過程での発現変動解析の結果と，Y4 系統での結果を照らし合わせると，GT10 ファミリーに属するフコース転移酵素オルソログ遺伝子の発現変動が，最も良くアラバンの蓄積経過を説明できることを見出した．アラバンの構成糖にはフコースが含まれるため，このフコース転移酵素オルソログがアラバンの生合成に関わる可能性が考えられる．

# 3Aa4

## サリチル酸による抵抗性機構を改変した一過性発現のための新規宿主植物の開発

Development of novel host plants with modified SA-mediated defense responses for transient expression

福澤 徳穂[1]，厚見 剛[1]，田坂 恭嗣[1]，松村 健[2]

[1]産総研 BPRC，[2]産総研 BPRI

植物を用いた目的タンパク質の発現には一過性発現系を用いた手法が近年主流となっている．当該技術には植物病原体を使用するため，サリチル酸（SA）等を介した植物の抵抗性応答を誘導し，その結果，目的タンパク質の発現量が抑制されることが考えられる．本研究では，一過性発現系において世界的に共通利用されている *Nicotiana benthamiana* を用いて，SA を介した経路を阻害する目的で，SA 合成の主要酵素である phenylalanine ammonialyase（PAL）遺伝子の発現を RNAi で抑制した植物体（PAL-KD），および isochorismate synthase（ICS）遺伝子をゲノム編集した植物体（ICS-KO），SA 受容体である NPR1 遺伝子の発現を RNAi で抑制した植物体（NPR1-KD）およびゲノム編集した植物体（NPR1-KO）を作出した．さらに，SA の代謝促進を助長する目的で，salicylic acid glucosyltransferase（SGT）遺伝子を過剰発現した植物体（SGT-OE）を作出した．これらの植物体に一過性発現（アグロインフィルトレーション法等）を行って，野生型植物体との目的タンパク質発現量の比較解析を実施したところ，生葉重量あたりの目的タンパク質の発現量の増加が認められた．これらの改変植物体は，一過性発現系を用いた有用物質生産のための基盤植物体として利用可能であることが示唆されたので，解析結果について報告する．

本研究は，NEDO 事業「遺伝子組換え植物を利用した大規模有用物質生産システムの実証開発」において実施した．

# 3Aa5

## アグロバクテリウムによる *Nicotiana benthamiana* での一過性発現における宿主応答の解析

Analysis of host response against agrobacterium-mediated transient expression in *Nicotina benthamiana*

厚見 剛[1]，福澤 徳穂[1]，田坂 恭嗣[1]，松村 健[2]

[1]産総研BPRC，[2]産総研BPRI

アグロバクテリウムを用いた一過性発現（以下，アグロインフィルトレーション）において，植物のサリチル酸（SA）を介した抵抗性機構が一過性発現効率を抑制している可能性が示唆されている．我々はこれまでに，SA 経路に関わる遺伝子を操作をした *Nicotiana benthamiana* 植物体を作成し，アグロインフィルトレーションにより発現させた目的タンパク質の蓄積量が増加することを明らかにした．本研究では，SA 合成経路の phenylalanine ammonia lyase（PAL）遺伝子の発現を RNAi で抑制した植物体（PAL-KD），SA 代謝経路の salicylic acid glucosyltransferase（SGT）遺伝子を過剰発現させた植物体（SGT-OE），SA 受容体をコードする NPR1 遺伝子をゲノム編集で破壊した植物体（NPR1-KO）を用いて，減圧浸潤法によるアグロインフィルトレーション後の経時的な SA 量およびトランスクリプトームの変化を解析した．野生型植物ではアグロインフィルトレーション後に顕著な SA 量の上昇が認められた一方，PAL-KD および SGT-OE 植物では野生型植物と比較して SA 量の低下が認められた．次に，RNA-seq によりトランスクリプトーム変化を解析したところ，野生型植物で防御応答関係の遺伝子群の変動が認められた．また，野生型植物と PAL-KD，SGT-OE または NPR1-KO の間で遺伝子発現に差異が認められ，その解析結果について報告する．本研究は，NEDO 事業「遺伝子組換え植物を利用した大規模有用物質生産システムの実証開発」において実施した．

# 3Aa6

## ヨモギ虫こぶの多様性と機能性成分の解析

Diversity and bioactive potential of galls formed on *Artemisia indica*

武田 征士[1]，前野 哲輝[2]，坂本 智昭[3]，木村 成介[3]

[1]安田女子大･理工，[2]国立遺伝研，[3]京産大･生命

虫こぶは，昆虫などが植物に形成させる特殊な構造物であり，その内部に生息する昆虫にとってシェルターと食料源の役割を果たす．その特異で興味深い形態から，博物学的な記載は数多く存在する一方で，形態形成に関わる分子機構については未解明な点が多い．ヨモギには，葉や茎などに多様な形態の虫こぶが形成される．これらは近縁種のタマバエによって誘導されるが，サイズや極性に基づく形態，腺毛の量などに違いが見られる．我々は，同一ホスト植物内における虫こぶ形態の多様性という観点から，これらの虫こぶについて形態および遺伝子発現の比較解析を進めてきた．その結果，各虫こぶに特徴的な虫室形態や維管束形成パターンを明らかにするとともに，虫こぶの共通性および多様性構築に関与する発現遺伝子を見出した．ヨモギ葉は，民間医療や食材として利用されており，抗酸化物質などの機能性成分を含むことが知られている．特に葉の腺毛は，お灸の材料である「もぐさ」として利用される．ヨモギクキワタフシに形成される異常に長い腺毛にも機能性成分が含まれると予想し，メタボローム解析を行った結果，虫こぶ由来の腺毛にも機能性成分が含まれることが示唆された．本発表では，虫こぶの形態形成，遺伝子発現，および応用利用に向けた研究成果について報告する．

# 3Aa7

## 暗条件に応じた TCP3 依存的酸成長による胚軸伸長制御の解析

Analysis of TCP3-dependent acid growth in the regulation of hypocotyl elongation under dark conditions

小山 知嗣[1]，田原 悠平[2]，曽我 康一[2]，豊永 宏美[1]，延原 美香[1]，宮田 真人[2]，高橋 宏二[3,4]，木下 俊則[3,4]

[1]サントリー生命科学財団・生有研，[2]大阪公立大学・大学院理学研究科，[3]名古屋大学大学院・理学研究科，[4]名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所

植物器官の形態形成には細胞伸長の適切な制御が不可欠であり，その主要な駆動力の一つがアポプラスト酸性化を介した酸成長である．これまで我々は，シロイヌナズナの TCP 転写因子が SAUR 遺伝子および細胞壁弛緩関連遺伝子を誘導し，細胞膜 $H^+$-ATPase の活性化，アポプラスト酸性化，細胞壁物性の調節を通じて，明所での胚軸伸長を促進することを示した．一方，暗所では胚軸伸長が顕著に促進されるが，この過程に TCP がどのように関与するかは不明であった．本研究では，暗所で育成した tcp 六重変異体および Pro35S:mTCP3 植物を用い，胚軸伸長，遺伝子発現，$H^+$-ATPase 活性，アポプラスト pH，細胞壁伸展性を解析した．その結果，tcp 六重変異体だけでなく Pro35S:mTCP3 植物も野生型より短い胚軸を示した．これは明所で Pro35S:mTCP3 が胚軸伸長を促進する結果とは対照的であった．さらに，両系統では SAUR20/65 の発現低下，$H^+$-ATPase リン酸化レベルの低下，アポプラスト pH の上昇，細胞壁伸展性の低下が共通して認められた．これらの結果は，TCP3 活性が単純に成長を促進するのではなく，光環境に応じて酸成長モジュールの出力を調節することを示している．本発表では，TCP3 を介した転写制御がアポプラスト pH 動態と細胞壁物性を結びつけ，暗所胚軸伸長の制御について議論する．

# 3Aa8

## 根寄生植物ヤセウツボの発芽フェノロジーに基づく発芽制御機構の解析と防除法の検討

Analysis of germination phenology and regulatory mechanisms of the root-parasitic plant *Orobanche minor* for weed management

大谷 真彦[1]，鈴木 泰輝[2,3]，北洞 心晴[1]，神尾 明日香[4]，伊藤 晋作[5]，瀬戸 義哉[1,2]

[1]明治大・農，[2]明治大・院農，[3]理研CSRS，[4]東農大NGRC，[5]東農大・生命

根寄生植物は，宿主根が分泌するストリゴラクトン（SL）を感知して発芽し，作物根に寄生することで深刻な農業被害をもたらす．このため，SL に類似した作用を示す低分子化合物を土壌中に散布し，宿主非存在下で寄生植物の人為的な発芽を誘導する自殺発芽誘導法が提案されてきた．一方で，土壌中の種子がいつ発芽可能な状態となり，どの時期に防除介入が有効となるのかについてはほとんど明らかになっていない．本研究では，日本に帰化した根寄生植物であるヤセウツボを材料として，温度条件と季節変化が発芽応答性に与える影響を解析し，発芽フェノロジーに基づく制御法の確立を目指した．ヤセウツボ種子をさまざまな温度条件で処理し，SL 応答性を評価したところ，SL に対する発芽応答性が温度に大きく依存することが明らかになった．また，屋外条件下で土壌中種子の発芽可能性を経時的に調べた結果，SL 誘導性発芽が確認される期間には明瞭な季節性が認められた．本発表では，根寄生植物の発芽時期を規定する温度応答機構と，その知見を防除技術へ展開するための課題について報告する．

# 3Aa9

## 長期高温生育条件下におけるムギ類植物の鉄欠乏応答機構の解明

Prolonged heat stress–induced iron deficiency is mitigated by chelation-based iron uptake in wheat (*Triticum aestivum*) and *Brachypodium distachyon*

南 杏鶴[1,2]，清水 みなみ[1,2]，山口（上原）由紀子[1]，野副 朋子[3,4]，鈴木 基史[5]，田野井 慶太朗[4]，持田 恵一[1,2,6]

[1]理研・環境資源科学研究センター，[2]横浜市立大学・木原生物学研究所，[3]明治学院大学・教養教育センター，[4]東京大学・農学生命科学研究科，[5]愛知製鋼，[6]長崎大学・情報データ科学部

地球温暖化は，コムギなどの温帯性穀物の生産性に深刻な影響を及ぼす．本研究では，中程度の高温が長期間持続する高温生育条件下における植物の適応機構を解析し，その環境下で鉄欠乏が誘導され，コムギ（*Triticum aestivum*）およびモデル植物ブラキポディウム（*Brachypodium distachyon*）の新葉に生育障害が生じることを明らかにした．イネ科植物は鉄欠乏時にムギネ酸類を根圏に分泌して鉄を吸収するが，高温生育条件下におけるその役割は不明であった．そこで，ブラキポディウムを用いた QTL 解析を行い，高温耐性関連領域の候補遺伝子としてムギネ酸トランスポーター *BdTOM1* を見出した．さらにブラキポディウム 153 系統を用いた GWAS 解析でも *BdTOM1* 近傍に有意な関連ピークが検出され，BdTOM1 が高温耐性に関与することが支持された．高温耐性系統では，高温生育条件下で BdTOM1 および鉄欠乏応答関連遺伝子の発現が上昇し，ムギネ酸分泌量が増加した．一方，*Bdtom1* 変異体では重度の鉄欠乏症状と生育阻害が認められたが，ムギネ酸類縁体プロリンデオキシムギネ酸（PDMA）処理により軽減された．さらに PDMA はブラキポディウムおよびコムギの鉄欠乏を改善し，生育を促進した．以上の結果から，高温生育条件下では鉄欠乏が生育制限要因となること，また BdTOM1 を介したムギネ酸分泌と鉄獲得機構がその適応に重要な役割を果たすことが示された．これらの知見は，鉄利用効率の向上を通じた熱ストレス耐性作物の開発に向けた新たな戦略となる可能性を示唆している．

# 3Ba1

## センブリバイオナーサリーシステムの構築とさび病研究への活用

Development of a bio-nursery system and its application for a study of the rust in *Swertia japonica*

山本 和彦[1]，佐藤 豊三[1,2]，金子 倫久[3]，吉松 嘉代[1]，河野 徳昭[1]

[1]医薬健栄研薬植セ，[2]新潟食農大，[3]日本粉末薬品

センブリはリンドウ科の二年草で，整腸剤や胃腸薬，育毛剤等に利用される．センブリの需要は年々増加しているものの，栽培の難しさや生産者の高齢化などから今後の安定供給が危惧されている．センブリの生産においては，優良品種が少ないことや安定した種苗供給のシステムがないことが課題の一つとなっている． 我々は，そのような種苗供給の課題解決に貢献するため，組織培養技術を活用したバイオナーサリシステムの開発を進めており，これまでに，センブリ培養シュートの長期間の維持が可能な培養条件を報告している [1,2]．しかしながら，上記の条件ではガラス化した個体が増加したため，今回ゲル化剤の条件を検討した．その結果，ゲル化剤を 0.8% Agar に変更することでガラス化が改善できることを見出した．次に，培養シュートの発根率向上のため，1-ナフタレン酢酸（NAA）濃度の検討を行った．その結果，0.05 mg $l^{-1}$ 及び 0.1 mg $l^{-1}$ の NAA 添加により発根率が改善した．さらに，本バイオナーサリーシステムを活用したセンブリさび病の接種試験系を構築し，現在センブリさび病菌の感染機構の解明や抵抗性系統の選抜を進めており，それらの結果についても併せて報告する予定である．

[1] 吉松嘉代ほか，日本薬学会第 142 回年会（2022）
[2] 山本和彦ほか，日本植物バイオテクノロジー学会第 41 回年会（2024）

【謝辞】本研究は AMED 課題 JP18ak0101104 及び JP23ak0101218 の支援を受けた．センブリさび病罹病株の採取にあたり，長野県野菜花き試験場佐久支場にご協力いただいた．関係各位に厚く御礼申し上げる．

# 3Ba2

## シロイヌナズナ葉緑体ゲノムの標的遺伝子におけるランダム A-to-G 塩基置換導入

Gene-targeted random A-to-G base substitution in the *Arabidopsis thaliana* chloroplast genome

中里 一星，矢守 航，兒玉 大昌，田村 美子，増田 麗子，有村 慎一

東大･院農生

光合成関連遺伝子を有する葉緑体ゲノムは，作物育種の改変標的になり得る．発表者らは自らが開発した葉緑体ゲノム編集技術を用いて，シロイヌナズナの除草剤耐性付与やバイオマス増産を達成した．しかし，葉緑体ゲノムのどの塩基を置換すれば農業形質が強化されるかという情報は依然乏しい．有用変異を効率よく同定するためには，有望な標的遺伝子で多様な変異体を効率的に作る必要がある．発表者らは既報の A-to-G 置換酵素 TALED が本来の標的領域約 14 bp に加えて，その近傍数~数百 bp の範囲の塩基も置換することを見出した．本研究では，TALED とその塩基置換ドメインを改変した TALEDr を用いて，シロイヌナズナ葉緑体ゲノムの標的遺伝子 で変異体集団の作出を試みた．同一配列を認識する TALED と TALEDr 各 6 コンストラクトをコードするベクターを核ゲノムに導入し，$T_1$ 世代で塩基置換の有無を調べた．変異が確認された個体の次世代 $T_2$ 個体のうち，核ゲノムの外来遺伝子が交配により除かれたヌルセグリガントを選抜し，塩基置換の有無を調べた．ヌルセグリガントでは親で見られた変異のいくつかはホモ化し，残りは野生型配列に戻り，また親で見られなかった変異も検出された．結果的にヌルセグリガントにおいて，一〜十重変異体が計 64 種類得られた．同一配列を認識する TALED と TALEDr が共通して置換した塩基は，置換された塩基全体の 9-16%に過ぎず，TALED と TALEDr を併用することで多様な変異体が得られることが示唆された．1 コンストラクトから得られた変異体の種類は，正確性の高い C-to-T 置換酵素（1 コンストラクトあたり 1-3 種類）よりも多く，標的遺伝子の変異体集団を効率的に作出できることが示された．

# 3Ba3

## A phytohormone-responsive AP2/ERF transcription factor controls plant development, defense mechanism, and allergenic Fra protein production in strawberry

Chonprakun Thagun, Yoshinori Fukasawa, Masayo Nakamura, Tomohiro Suzuki, Yutaka Kodama

Center for Bioscience Research and Education, Utsunomiya University

Cultivated strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) has been intensively domesticated for improved fruit quality and productivity, yet the mechanisms underlying development and stress adaptation remain poorly understood. Here, we identified the AP2/ERF-type transcription factor Excessive Number of Organs (ENO) as a key regulator of developmental and defense pathways in wild strawberry (*Fragariavesca*). Functional analyses revealed that strawberry ENOs evolutionarily conserve the ability to repress the WUSCHEL/CLAVATA3 (WUS/CLV3) signaling pathway, a central regulator of floral meristem maintenance and fruit development. ENO overexpression in *F. vesca* suppressed WUS/CLV3 signaling and altered flower and runner formation. Transcriptome profiling disclosed broad repression of genes in defense response, cell wall biosynthesis, and ion transport, whereas photosynthesis pathways were enhanced in ENO-expressing plants. Notably, ABA-induced ENO suppressed a chromosome-4 cluster of allergenic *Fra* genes associated with strawberry allergenicity. In contrast, CRISPR/Cas-generated *eno* mutants displayed elevated Fra production and improved agronomic traits. These findings establish ENO as an integrator of developmental and stress-response signaling and provide a molecular basis for engineering strawberry cultivars with improved quality, enhanced stress resilience, and optimized allergen profiles.

# 3Ba4

## TAS3 逆反復配列導入による *RDR6* 遺伝子ノックアウト表現型の回復

Recovery of *RDR6* gene-knockout phenotypes in *Nicotiana benthamiana* via *in vivo* generation of inverted repeat construct of the TAS3 sequence

松尾 幸毅

産総研･バイオものづくり

植物を用いた組換えタンパク質生産技術は，安全性や低コスト性の観点から注目されているが，生産量の低さが課題に一つとなっている．その原因の一つとして，植物には外来因子から防御機構として「RNA サイレンシング機構」が備わっており，本機構により目的タンパク質生産のための mRNA も分解されるため，目的タンパク質の生産量低下を引き起こすことが挙げられる．

これまでに，RNA サイレンシング機構の主要因子である *RDR6* 遺伝子に変異を導入することで，組換えタンパク質生産能を向上させた植物体（*rdr6* 植物体）を作出したが，矮小化や不稔などの形態異常が生じる問題があった(1)．これは，*RDR6* が，植物の形態形成などに関与する「miR390–TAS3–ARF 経路」においても重要な機能を担っており，*rdr6* 植物体では本経路の不全のため形態異常などが生じていると推定された．

本研究では，*rdr6* 植物体において *RDR6* に依存せずに「miR390–TAS3–ARF 経路」を回復するために，TAS3 配列由来の二本鎖 RNA を生成する TAS3i 植物体を作出した．遺伝子発現解析の結果，TAS3i 植物体では *rdr6* 植物体に比べて *ARF* 遺伝子発現が抑制されるなど，「miR390–TAS3–ARF 経路」の回復が示された．さらに，葉形や全体の生育，花の形態，種子形成は野生型と同程度に回復した．加えて，各種組換えタンパク質の一過性発現試験においても，野生型植物体に比べて高い組換えタンパク質生産能が確認された(2)．以上より，TAS3i 植物体は形態正常性と高い組換えタンパク質生産能を両立した有用な植物体であることが明らかとなった．

(1) Matsuo K, Atsumi G. Planta 250 (2019) 463-473.
(2) Matsuo K. Plant J. 123 (2025) e70350.

# 3Ba5

## 極矮性イネ系統の利用に向けたジベレリン欠損イネ系統の解析

Analysis of gibberellin-deficient rice lines for utilization of ultra-dwarf rice

田井 彩乃[1]，寺迫 鷹[1]，佐藤 壮一郎[1,2]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]

[1]京都府大･院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ

遺伝子組換え植物による有用物質生産を実用化する場合，植物工場等の屋内で生産することが求められる．そのためには省スペースで生産が可能な矮性品種が有利である．イネ種子の貯蔵機能はワクチン抗原や抗体医薬などの有用タンパク質生産に利用できることから，我々は極矮性イネを遺伝子組換えの宿主として利用する研究を進めている．当研究室で保有している極矮性イネ品種京のゆめは，草丈が約 20cm と超短稈であり世代時間が短いといった利点を持つが，一斉収穫ができない，乾燥耐性が低いなどの不利な生育特性を持つ．我々の先行研究で，京のゆめはジベレリン生合成経路の GA3ox2（*D18*）遺伝子に変異を持つジベレリン欠損系統であると示唆されている．京のゆめの持つ不良形質がジベレリン欠損によるものであるかどうかを検討するため，本研究では *D18* 遺伝子のノックアウト系統の作出と解析を行っている．

日本晴の *D18* 遺伝子を CRISPR/Cas9 システムにより変異させたゲノム編集系統を作出した．$T_0$ 世代，$T_1$ 世代で，標的遺伝子にホモ接合で変異が導入された個体は，いずれも極矮性を示した．またホモ変異体の $T_2$ 個体を育成し，生育特性を調査したところ，変異体系統は，日本晴，京のゆめに比べ開花が遅いことが明らかとなった．よって *D18* 遺伝子のノックアウトが生殖成長に影響を与えることが示唆された．今後，上記変異体系統の種子生産性についても調査を行う予定である．

# 3Ba6

## ウイルスベクターを用いた難形質転換植物ホウレンソウの組織培養不要ゲノム編集

Viral delivery of a compact Cas12f enables tissue-culture-free heritable gene editing in spinach

石橋 和大，渡邊 希香

農研機構生物研

ホウレンソウ（*Spinacia oleracea* L.）は，組織培養が困難であるため，形質転換の成功例は少なく，ゲノム編集技術の適用が限定されてきた．近年，ウイルスベクターを用いてゲノム編集酵素を分裂組織を含む植物体全体に送達し，組織培養を介さずにゲノム編集個体を得る手法が開発され，複数のモデル植物でその有効性が示されている．本研究では，植物ウイルスベクターを用いたゲノム編集系のホウレンソウへの適用を検討した．小型のゲノム編集酵素である AsCas12f およびガイド RNA 配列を搭載したウイルスベクターを幼植物に接種し，非接種上位葉においてゲノム編集効率の高いガイド RNA を選抜した．ウイルスベクターを接種した雄株と雌株を交配して後代を解析したところ，標的遺伝子に変異を有する個体が得られた．モデル植物においてウイルスベクターの生長点への移行を促進すると報告されている配列を付加することで，後代におけるゲノム編集個体の出現頻度は向上し，約 10%の個体でモノアレリックな変異が認められた．これらのモノアレリック変異個体のさらに後代において，メンデル遺伝に従いバイアレリック変異体が得られ，標的遺伝子の機能欠損が確認された．接種したウイルスベクターの種子伝染率は 10%程度であり，多くの後代個体においてウイルス由来核酸は検出されなかった．本手法はホウレンソウにおける組織培養非依存的なゲノム編集法として，基礎研究および育種研究への応用が期待できる．

# 3Ba7

## Type I-D CRISPR-Cas（TiD-X）を基盤とした新規ゲノム編集ツールの開発

Development of novel genome editing tools based on Type I-D CRISPR-Cas for plants

刑部 祐里子[1]，室本 翔太[1]，後藤 空吾[1]，加藤 むうむ[1]，和田 直樹[2]，城所 聡[1]，刑部 敬史[2]

[1]東京科大･生命理工，[2]徳島大院･社会産業理工学

我々はシアノバクテリア由来 Type I-D CRISPR-Cas を利用したゲノム編集ツール TiD を開発した．TiD は長い標的認識配列（35-36 nt）によるオフターゲット効果の低減や，Cas10d タンパク質による双方向の長鎖欠失を誘導する独自の活性を有する．最近，我々は別の菌株由来の TiD が様々な生物で高活性を有することを示し，TiD-X と名付け応用技術開発を進めている．植物遺伝子の高効率ゲノム編集構築として，TiD-X はイネやシロイヌナズナにおいて高効率で遺伝子欠損の誘導に利用できることを示した．イネ *DEP1* を標的とする変異誘導実験では，カルスにおいて長鎖欠失変異は 80%以上の頻度で検出された．再分化個体では 24~64%の頻度でバイアレリック変異が検出され，*DEP1* 変異体の半矮性の表現型を示す個体を形質転換当代で高効率で確立できることが示された．Nanopore シーケンスによる長鎖欠失の網羅的な解析では，解析に供した個体の多くが単一の変異配列をもっており，次世代系統の解析からもホモ変異を含む個体であることが示された．我々は，さらに，TiD-X を基盤とした応用技術として，複数のエフェクターを同時に融合が可能となる高活性 CRISPRa の構築を行った．植物個体における高活性 CRISPRa の開発は遅延していたが，TiD-X を用いた CRISPRa により，植物個体において高い遺伝子発現誘導活性を恒常的に誘導できるツール構築が可能となった．今後，新規に確立された植物 TiD-X プラットフォームを活用することで植物の様々な遺伝子改変による新品種創生への応用と産業応用への展開が期待される．

# 3Ba8

## アグロバクテリア由来小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼを用いたゲノム編集ツール開発

Identification of a novel compact RNA-guided nuclease from *Agrobacterium* and its engineering as a genome editing tool

中村 彰良[1]，山本 宏[1]，長谷川 玲花[2]，矢野 翼[2]，光田 展隆[1]，寺川 輝彦[2]，伊藤 誠一郎[3]，菅野 茂夫[1]

[1]産総研･バイオものづくり，[2]インプランタイノベーションズ，[3]TOPPANホールディングス

CRISPR-Cas9/Cas12 に代表される RNA 誘導型ヌクレアーゼは，高精度なゲノム改変を可能にし，医療分野や農学・バイオものづくり分野においても革新技術として期待されている．しかし，Cas ヌクレアーゼの分子サイズに起因するウイルスベクターへの搭載制約制約や免疫原性などの課題が in vivo 応用における障壁となっている．本研究では，これらの課題克服に資する新奇な小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼの探索と，ゲノム編集ツールとしての開発を目的とした．

Agrobacterium/Rhizobium 属のゲノムにコードされるタンパク質群を対象に予測構造解析を行った結果，OMEGA 系 RNA 誘導型ヌクレアーゼである TnpB 様の構造を有し，約 600 アミノ酸からなるタンパク質群を同定した．さらに，*Agrobacterium salinotolerance* 由来の TnpB 様タンパク質について，in vitro においてプログラム可能な RNA 誘導型ヌクレアーゼ活性を有することを確認した．続いて，ヒト培養細胞 HEK293T における挿入・欠失変異（indel）導入効率を指標として，RNA スキャフォールド配列およびタンパク質配列の改変による高活性化を試みた．その結果，オリジナル配列では 1%未満であったゲノム編集効率が，改変型ヌクレアーゼでは大幅に向上し，複数の遺伝子座に対する標的化が可能となった．

本成果は，これまで十分に注目されてこなかった大型 TnpB が有効なゲノム編集ツールとなり得ることを示すとともに，OMEGA 系酵素の応用可能性を拡張するものである．現在，植物ゲノム編集への適用を進めている．

# 3Ba9

## 小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼを用いたゲノム編集ツールの植物への適用性

Application of a novel compact RNA-guided nuclease for genome editing in plants

長谷川 玲花[1]，中村 彰良[2]，菅野 茂夫[2]，山本 宏[2]，矢野 翼[1]，伊藤 誠一郎[3]，光田 展隆[2]，寺川 輝彦[1]

[1]インプランタイノベーションズ，[2]産総研･バイオものづくり，[3]TOPPANホールディングス（株）

CRISPR-Cas9 に代表されるゲノム編集技術は，作物の迅速な品種改良やバイオものづくりなど，植物科学・農学分野における不可欠な基盤技術となり，特に Cas9 ヌクレアーゼは植物においても高効率で高精度な改変が可能である．一方で，その分子サイズや免疫原性などの課題があることから，発表者らは新規小型 RNA 誘導型ヌクレアーゼの探索を行い，*Agrobacterium/Rhizobium* 属のゲノムにコードされるタンパク質群の中から新規 TnpB 様タンパクを同定した．その後，ヒト培養細胞への変異導入効率を指標に改変を進め，高活性化された改変型ヌクレアーゼの開発に成功した．本研究では，改変型ヌクレアーゼが植物ゲノムに変異を導入することが可能かを検証した．まず，植物ゲノム編集用にヌクレアーゼ遺伝子のコドン最適化を行い，ガイド RNA と共発現するバイナリベクターを構築した．次に，トマト（マイクロトム）のカロテノイド合成に関与する酵素遺伝子 *SlLCYe* に対するターゲット配列を組み込み，トマトへの遺伝子導入を行った．その結果，形質転換体（$T_0$ 世代）において標的遺伝子座に有意な挿入・欠失変異（indel）が確認され，ゲノム編集植物体の取得に成功した．さらに，他の植物種でのゲノム編集適用性を確認している．本成果は，*Agrobacterium* 由来の新規 TnpB 様ヌクレアーゼが植物において有効なゲノム編集ツールとして機能し得ることを示し，将来的には農作物育種における新たな基盤技術としての展開が期待される．

# 3Ea1

## チューリッポシド変換酵素の分子多様性：原種チューリップからの酵素の同定と性状解析

Molecular Diversity of Tuliposide-Convrting Enzyme: Identification and Characterization of the Enzyme in a Wild Tulip Species

野村 泰治[1,2]，加藤 康夫[1,2]

[1]富山県大･工，[2]富山県大･生医工研セ

チューリップの栽培品種の組織中には，6-アシルグルコース類であるチューリッポシド（Pos）類（6-PosA，B）が二次代謝産物として著量蓄積している．生物不活性な貯蔵物質である 6-PosA と 6-PosB は，組織中の PosA 変換酵素および PosB 変換酵素によって，抗菌活性物質であるチューリッパリン（Pa）類（PaA，B）にそれぞれ変換される．一方，栽培品種とは同属異種である原種では，6-Pos 類に加えて 1,6-ジアシル型 Pos 類（PosD，F）が高濃度で存在していることから，原種・栽培品種間での Pos 変換酵素の諸性質の差異に興味がもたれた．そこで本研究では，原種から Pos 変換酵素を同定し，栽培品種の酵素との性状比較を行うことを目的とした．

チューリップ原種「トルケスタニカ」の葉から，PosA 変換酵素と PosB 変換酵素を均一に精製した．いずれの酵素も，6-Pos 類より 1,6-ジアシル型 Pos 類に対して高い活性を示した．PosA 変換酵素は栽培品種の酵素と同じく 2 量体酵素であったが，興味深いことに PosB 変換酵素は，2 量体酵素である栽培品種のものとは異なり，40 量体前後（分子質量 2000 kDa 程度）の巨大分子であることが判明した．酵素遺伝子の同定と機能解析の結果，原種の Pos 変換酵素はいずれも栽培品種のものと同じくプラスチド局在型のカルボキシルエステラーゼファミリー酵素であることが分かった．両酵素の四次構造は大腸菌において発現させた組換え酵素でも再現された．原種の PosB 変換酵素の多量体形成機構は不明であるが，天然および組換え酵素のいずれにおいても多量体が形成されたことから，人為的に起こった無秩序なアグリゲーションではなく，サブユニットの秩序立った会合によって形成されていると考えられた．

# 3Ea2

## *Cuscuta* 属のゲノム解析が明らかにした *CYP81Q* 遺伝子の水平伝播によるリグナン特化代謝の進化

Genome analysis of *Cuscuta* spp. reveals the evolution of *CYP81Q*-mediated specialized metabolism through horizontal gene transfer

小埜 栄一郎[1]，清水 皇稀[2]，瀬川 天太[1]，村田 純[3]，豊永 宏美[3]，白石 慧[3]，高川 仁起[4]，堀川 学[3]，横山 隆亮[4]，星野 敦[5,6]，青木 考[2]

[1]サントリーグローバルイノベーションセンター(株)，[2]大阪公立大･院農，[3](公財)サントリー生有研，[4]東北大･院･生命科学，[5]基生研，[6]総研大

寄生植物のナス目ヒルガオ科ネナシカズラ属植物は同科では例外的にセサミンから派生する特化リグナン代謝物を生成する．同属は多様な寄生元のホストから遺伝子水平伝播（HGT）で様々な外来遺伝子を獲得していることが知られている．複数のネナシカズラのゲノム解析を通じて [1]，シソ目ゴマ科のセサミン合成酵素（PSS）遺伝子と例外的に相同性の高い *CYP81Q* 遺伝子が見いだされた．ネナシカズラの *CYP81Q* 遺伝子はナス目のゲノム内に保存されている遺伝子シンテニーに異所的に挿入されて存在しており，セサミン関連リグナン代謝物が蓄積する種子で発現し，酵母で発現させると PSS 活性が保持していた．さらに，ネナシカズラに寄生されたゴマは被寄生部位において PSS 遺伝子を発現誘導し，この転写物はネナシカズラの茎中に輸送されていた．また，ゴマをホストとしてネナシカズラは開花し，結実することができた．これらの結果から，ネナシカズラの *CYP81Q* 遺伝子はかつてホスト植物の PSS であり，寄生を介した HGT によってネナシカズラゲノムにもたらされ，現在も PSS として機能しているというユニークな代謝進化の軌跡が示唆される．興味深いことに，ネナシカズラは PSS と基質競合するピノレジノール還元酵素（PLR）遺伝子をゲノム中から欠失していた．さらに，*CYP81Q* 遺伝子は HGT 後にイントロンを増加させており，そこに特定のトランスポゾンおよびその痕跡が共通して観察された [2]．これはパラサイトゲノム中で外来起源の HGT 遺伝子が内生トランスポゾンによって構造変化が生じたことを示している．

Segawa, T. *et al.,* (2026) *Plant Cell Physiol.* **67**, 614–627.

Ono, E. *et al.,* (2026) *Plant Physiol.* **in press**

# 3Ea3

## ジンチョウゲ科植物における右旋性ジベンジルブチロラクトンリグナン生成の特異な立体化学制御機構

The unique stereochemical mechanism for the selective formation of (+)-dibenzylbutyrolactone lignans in Thymelaeaceae plants

ツチハシ フェルナンド サトシ[1]，廣田 光希[1]，山村 正臣[1,2]，小林 慶亮[1]，服部 武文[2]，三上 文三[1]，飛松 裕基[1]，Björn Robert Hamberger[3]，梅澤 俊明[1]

[1]京大･生存研，[2]徳大･生物資源，[3]ミシガン州立大学

リグナンは種々の生物活性を持ち，且つ，その生合成反応が独特の立体化学制御機構を有することから，長らくその生合成に関心が持たれて来た．リグナン生合成経路の最上流部に位置するピノレジノール（PR）とラリシレジノール（LR）のエナンチオマー組成は植物種により大きく異なり，常に両エナンチオマーの混合物となっている．次の中間体であるセコイソラリシレジノール（SIR）のエナンチオマー組成も植物種によって異なり，光学的に純粋な場合とそうでない場合が知られている．一方，生合成経路上の次の化合物であるマタイレジノール（MR）は常に一方のエナンチオマーから構成されており，殆どの場合(−)-体であるが，フジモドキ（*Daphne genkwa*）等のジンチョウゲ科植物の場合は特徴的に(+)-体である．PR から LR を経て SIR へ至る変換は，PR／LR 還元酵素（PLR）によって触媒される．その後，SIR は SIR 脱水素酵素（SIRD）により MR へ変換される．本研究では，DgPLR が(+)-LR ではなく(−)-LR を選択的に還元することにより，(+)-SIR が生成すること，さらに，DgSIRD が(−)-SIR より(+)-SIR を選択的に酸化することにより，(+)-MR が生成することが示された．以上により *D. genkwa* における(+)-MR の特異的な生成・蓄積は，DgPLR と DgSIRD の基質のエナンチオマーの選択性に帰することが出来ることが示された．さらに，同様の機構が他のジンチョウゲ科植物の(+)-ジベンジルブチロラクトンリグナン生成の場合にも適用できることが，組換え酵素を用いた実験に基づき強く示唆された．

# 3Ea4

## メタボロン形成に伴う一過性タンパク質間相互作用によるカルコン合成酵素の反応制御メカニズムの解明

Elucidating the Regulatory Mechanisms of Chalcone Synthase through Transient Protein-Protein Interactions Involved in Metabolon Formation

今泉 璃城[1]，和氣 駿之[1]，竹下 浩平[2,3]，廣居 桜子[1]，川口 一朋[4]，安田 あおい[4]，松浦 滉明[3]，矢内 太朗[4]，坂井 直樹[5]，片岡 邦重[4]，高橋 征司[1]，山本 雅貴[2]，山下 哲[4]，中山 亨[1]

[1]東北大院工，[2]理研SC，[3]兵県大院理，[4]金沢大院自然科学，[5]JASRI

フラボノイドは，フラバンを基本骨格とするフェノール性化合物の総称であり，植物特化代謝により生産される．強い抗酸化作用やヒトに対する有用な生理活性から，化粧品やサプリメントに配合されているほか，医薬品のシード化合物としても注目されている．生合成はカルコン合成酵素（CHS）が産生するナリンゲニンカルコン（NC）より開始され，その後多数の酵素が関与する複雑な経路を持つ．CHS は，まず *p*-クマロイル CoA に対するマロニル CoA 3 分子の連続的な縮合反応，続いてクライゼン縮合を伴う環化反応を触媒することで NC を合成する．しかしながら CHS の試験管内反応では，ラクトン化による副生成物が多量に生じることが知られてきた．我々は以前，酵素活性を持たないカルコン異性化酵素類似タンパク質（CHIL）が CHS のラクトン化を抑制し，反応速度も上昇させるアクティベーター的な作用を有することを見出している．加えて CHIL と CHS が直接的な相互作用を有することも報告したが，作用機序については不明であった．本発表では，我々が近年解明したヒメツリガネゴケ由来 CHS-CHIL 複合体の X 線結晶構造に加え，BLI，MST 法を用いた相互作用解析，中間体の Covalent Docking や MD シミュレーションの計算結果を総合し，CHIL が CHS の酵素活性を矯正する分子メカニズムについて考察する．

Ref.

1) T. Waki et al., *Nat.Comm.* (2020), **11**, 870

2) R. Imaizumi et al., *Nat. Catal.* (2026), *in press* (doi: 10.1038/s41929-026-01551-6)

# 3Ea5

## アブラナ科植物におけるフェニルアシル化フラボノイド代謝の多様化機構の解明

Diversification of phenylacylated flavonoid metabolism in Brassicaceae

渡邉 むつみ，安川 小百合，金 陽喜，阿部 友美，峠 隆之

奈良先端大･バイオ

フラボノイドは植物に広く存在する二次代謝産物であり，紫外線防御や抗酸化作用など多様な機能を持つ．先行研究において，シロイヌナズナ自然変異体を用いた比較メタボロミクス解析から，フェニルアシル化フラボノイド（phenylacylflavonoids: PhaFlvs）が高い紫外線吸収能を有し，環境適応に関与することが示されている．一方，PhaFlvs の生合成や化学構造の多様化を担う分子機構については十分に明らかになっていない．そこで，アブラナ科植物における PhaFlvs 代謝の多様化機構を調べるため，約 120 種のアブラナ科植物を対象に LC-PDA-MS による網羅的代謝物解析を行った．その結果，100 以上の PhaFlvs 候補化合物が検出された．さらに PhaFlvs を多く蓄積する植物種について詳細に解析し，種間，品種間および組織間で PhaFlvs の蓄積パターンが大きく異なることを認めた．これらの代謝物蓄積パターンに加え，遺伝子発現情報，ゲノム解析およびアミノ酸配列に基づく系統解析を組み合わせることで，PhaFlvs 生合成に関与するフェニルアシル基転移酵素遺伝子の候補を抽出した．候補遺伝子の過剰発現体を用いた機能解析の結果，PhaFlvs 生合成に関与する複数の遺伝子を同定した．以上のことから，アブラナ科植物における PhaFlvs 代謝は種ごとに特徴的な代謝プロファイルを示し，その背景にはフェニルアシル基転移酵素遺伝子群の機能分化が関与していることを示唆された．

# 3Ea6

## 芳香族香気成分フェニルプロペンのメチレンジオキシ環形成に関わるシトクロム P450 酵素の探索

Exploration of cytochrome P450 enzymes involved in the formation of the methylenedioxy ring in volatile phenylpropenes

山田 泰之[1]，杉本 綾香[1]，山下 紗輝[1]，藤田 優花[1]，足立 実優[1]，士反 伸和[1]，肥塚 崇男[2]，小埜 栄一郎[3]，奥山 雄大[4]

[1]神戸薬大･医薬細胞，[2]山口大院･創成科学，[3]サントリーグローバルイノベーションセンター(株)，[4]科博･筑波実験植物園

【目的】フェニルプロペン（PP）は香辛料や医薬品などにも利用される芳香族香気成分であるが，その生合成機構の一部は今も未解明である．ウマノスズクサ科カンアオイ属植物は PP を産生しており，生産する PP が品種ごとに異なる．本研究では，カンアオイが産生する PP の多様性に着目し，PP 生合成経路の解明，特に，CYP719A や CYP80Q ファミリーによって触媒されるメチレンジオキシ環形成反応に関わる新規シトクロム P450 の単離・同定を試みた．

【方法】Apiole を産生するヤエヤマカンアオイ（*Asarum yaeyamense*）や，safrole を産生するランヨウアオイ（*Asarum blumei*）の RNA-seq データから候補遺伝子を複数単離し（*AyCYP719A_1, 2*，*AbCYP719A_1-3*），メタノール資化性酵母（*Komagataella phaffii*）異種発現系を利用したバイオコンバージョンアッセイを行った．

【結果・考察】ヤエヤマカンアオイ由来の *AyCYP719A_1* 導入酵母において，5-methoxyeugenol（5-MEu）の添加により，apiole の前駆体である myristicin が生成された．一方，eugenol（Eu）を添加しても生成物は見られなかった．また，ランヨウアオイ由来の *AbCYP719A_1* 導入酵母においては，Eu の添加により safrole が生成された一方，5-MEu を添加しても生成物は見られなかった．よって，AyCYP719A_1 と AbCYP719A_1 がそれぞれ apiole，safrole 生成に関わることが示唆され，CYP719A の機能が産生する PP の構造多様性に寄与している可能性も考えられた．さらに，活性の見られなかった AbCYP719A_2 のアミノ酸残基を 1 ヶ所ずつ AbCYP719A_1 のものに置換して同様に解析した結果，L282M 変異体で safrole の生成が確認され，282 番目の Met が Eu の認識に重要である可能性も示唆された．

# 3Ea7

## 植物の鉄吸収機構を利用したバイオスティミュラント資材の開発

Development of biostimulants based on iron uptake mechanisms in plants

鈴木 基史

愛知製鋼株式会社

植物が鉄を吸収する機構は 2 種類あり，一つは Strategy-I と呼ばれる 2 価鉄イオンを吸収する機構である．土壌中の鉄分は難溶態の 3 価の鉄であり，根酸などで溶けてきた 3 価鉄イオンは植物はそのままでは吸収できない．植物は根の表面にある鉄還元酵素で 2 価鉄に還元してから，トランスポーターで吸収するメカニズムを持っている．

鉄還元酵素は低温や低日照などの非生物的ストレスによって活性が低下する．そのため，根圏に可溶性の鉄分があっても吸収できずに鉄欠乏が起こることがある．愛知製鋼㈱が開発した鉄力®シリーズは，2 価鉄イオンを含むとともに，根の鉄還元力を高める働きがあり，環境ストレス時においても鉄分を供給することができる．このため，鉄栄養の吸収効率を向上し，非生物的ストレスの緩和の効果ももつバイオスティミュラント資材と呼べる．

イネ科植物はムギネ酸類と呼ばれる鉄キレート物質を根から分泌し，「ムギネ酸類-鉄錯体」をそのままトランスポーターで吸収する機構（Strategy-II）を持っている．ムギネ酸類の誘導体であるプロリンデオキシムギネ酸（PDMA）は，天然のムギネ酸類と同様に土壌中の鉄分を錯体化し，植物が鉄分を吸収しやすくする化合物として開発された [1]．最近では，ムギ類の高温耐性にムギネ酸類の分泌能が関わっていることが報告され，PDMA の投与が高温ストレス耐性に貢献できることが示された [2]．PDMA もバイオスティミュラント資材としての特性を持っている．

[1] Suzuki *et al.* (2021) *Nat. Commun.***12**, 1558, [2] Minami *et al.* (2025) *Nat. Commun.* **16**, 7709

# P1

## 低リン応答におけるゼニゴケ GAPR 型転写因子の機能の解析

Functional analysis of GAPR-Type transcription factor to low phosphorus in *Marchantia polymorpha*

大槻 並枝[1]，石崎 公庸[2]，柳澤 修一[1]

[1]東大・農，[2]神大・理

植物は，土壌中のリン酸イオンを根から吸収し，自身の成長に必須なリン化合物を生合成している．植物が利用可能なリン酸イオンは不足していることが多く，このような環境において植物は深刻な成長異常を示す．植物特異的な GARP 型転写因子ファミリータンパク質は様々な生理的プロセスの制御に関与していることが知られる．GAPR 型転写因子ファミリーのサブファミリーである NIGT1/HHO ファミリーに属する転写因子は，リンと窒素の栄養状態を統合して成長を最適化するネットワークにおいて重要な役割を果たしていることがシロイヌナズナやイネを用いた研究で明らかになっている．本研究では，ゼニゴケの栄養応答における GARP 型転写因子の役割を理解するために，ゼニゴケの唯一の GARP 型転写因子を *MpHHO1* と命名し解析を行なった．まず，*MpHHO1* の機能欠損（KO）株および過剰発現（OX）株を作製し，通常リン条件および低リン条件における成長を Tak-1 野生型株と比較した．結果，通常リン条件おいて OX 株は葉状体の野生型株よりも黄緑色でクロロフィル含量も低く，一方で，KO 株ではクロロフィル含量が高く保たれていた．さらに，低リン条件下で見られるバイオマスの減少が KO 株で緩和された．これらのことから，MpHHO1 がリンの取り込み，輸送，利用等に関与する可能性が示唆された．*MpHHO1* の KO 株と OX 株の低窒素条件における表現型についても報告を予定しており，本発表では，低栄養条件下での応答における MpHHO1 転写因子の役割をシロイヌナズナやイネの NIGT1/HHO 型転写因子と比較して議論する．

# P2

## イネ種子の貯蔵物質含量の分子育種に向けた PEPC 遺伝子の機能解析

Functional analysis of *PEPCs* for molecular breeding of seed storage substances in rice

砂川 果穂[1]，山本 直樹[1,2]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,3]

[1]京都府大・院生命環境，[2]西華師範大，[3]京都府農技セ生資セ

ホスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ（PEPC）はホスホエノールピルビン酸と重炭酸イオンを基質としてオキサロ酢酸と無機リン酸を合成する反応を触媒する酵素である．$C_3$ 植物において PEPC は，アミノ酸合成や脂肪酸合成で消費される TCA 回路の炭素骨格の補充を行う酵素であると考えられている．また PEPC は登熟種子におけるエネルギー獲得やタンパク質，脂肪酸などの物質の合成に関与することが示唆されている．イネには 6 種類の PEPC 遺伝子が存在し，その中で *Osppc4* のみはアンモニア同化に機能することが分かっているが，その他の遺伝子の生理的機能は解明されていない．先行研究で *Osppc3* には脂質合成に関与する 24 個の共発現遺伝子が見つかっており，*Osppc3* が登熟種子において脂質合成に関与する可能性が示唆されている．本研究では同遺伝子の貯蔵物質集積における機能を明らかにする目的で *Osppc3* のゲノム編集系統の作製を試みた．

CRISPR/Cas9 システムの標的配列 3 種類を設計し，コンストラクト作製を行い，アグロバクテリウム法を用いてイネカルスへの遺伝子導入を行った．3 種類の標的配列はいずれもアミノ酸配列上で 2 つの活性部位間に位置している．現在，再分化個体を育成中であり，$T_1$ 種子が得られ次第，Osppc3 の発現抑制と種子形質に及ぼす影響を調査する予定である．

# P3

## ヒユ科植物の葉組織における対照的なスフィンゴ脂質代謝パターンの解明

Elucidation of Contrasting Sphingolipid Metabolic Patterns in Leaf Tissues of Amaranthaceae Plants

山川 琉太[1]，時水 洋和[1]，石川 寿樹[2]，今井 博之[1]

[1]甲南大・院自然科学，[2]埼玉大・院理工学

スフィンゴ脂質は細胞膜の構成要素であり，その分子構造は環境や部位によって変動する．本研究では，葉を試料としたヒユ科植物 5 種（ナガエツルノゲイトウ，ホソバツルノゲイトウ，ケイトウを AC グループ，ホウレンソウおよびビートを SB グループとする）を対象に，葉組織におけるスフィンゴ脂質代謝プロファイルを包括的に比較し，構造的差異パターンを解析した．その結果，両グループは対照的な二つのスフィンゴ脂質組成パターンを示し，この差異は C-4 位における生合成修飾経路の違いに起因することが明らかとなった．SB グループでは，d18:2（4,8）など二重結合を持つ長鎖塩基が多い「不飽和優位型」の代謝傾向を示した．一方，AC グループでは，t18:1 など C-4 水酸化反応に由来する分子種（GIPC が蓄積する「4-hydroxy 型」）が顕著であった．さらに，この違いは長鎖塩基組成だけでなく，極性頭部残基群やアシル化パターンにも及び，ヘキサミン型や N-アセチル型など複数の代謝選択性が関与することを示した．以上より，同じ葉組織由来であっても，植物群ごとに明確なスフィンゴ脂質分子パターンが存在することが示され，この代謝傾向の違いは高い応用価値を持つ資源情報となる．

# P4

## ヒメツリガネゴケのシュウ酸蓄積におけるイソクエン酸リアーゼの影響

The contribution of isocitrate lyase to oxalate accumulation in *Physcomitrella patens*

納冨 栞之子[1]，野村 俊尚[2]，村山 秀樹[2]，宮城 敦子[2]

[1]山形大・院農，[2]山形大・農

シュウ酸は植物の主に地上部に蓄積し，カルシウムや鉄，亜鉛などの 2 価の陽イオンと結合すると不溶化する．そのため，農産物に含まれるシュウ酸はヒトや家畜に尿路結石症やミネラル不足をもたらすおそれがある．一方，植物にとってシュウ酸は動物からの被食防御や根圏のアルミニウムイオン耐性に役立ち，老化や障害応答時のシグナル分子である過酸化水素の基質になるなど，重要な生理活性物質である．植物のシュウ酸合成経路として，主に 3 つの合成経路（イソクエン酸経路，グリコール酸経路，アスコルビン酸経路）が報告されている．我々はイネやエゾノギシギシを用いた代謝物解析により，明所ではアスコルビン酸経路が，暗所ではイソクエン酸経路が葉のシュウ酸合成における主要経路であることを見出した．本研究では，このような明暗によるシュウ酸合成経路の切替がコケ植物でも行われているのかを明らかにするため，可溶性シュウ酸を蓄積するヒメツリガネゴケを用いた解析を実施した．イソクエン酸合成経路の主要酵素イソクエン酸リアーゼ（ICL）の阻害剤であるイタコン酸を寒天培地に加えて暗所で培養したヒメツリガネゴケから水溶性代謝物を抽出し，CE-MS/MS を用いてシュウ酸および周辺代謝物を定量した．その結果，イタコン酸を培地に加えて暗所で育成したヒメツリガネゴケのシュウ酸含量は，イタコン酸を加えなかったものと変わらなかった．一方で，イソクエン酸やクエン酸，アミノ酸が蓄積しており，イタコン酸による ICL の阻害の影響が認められた．これらのことから，ヒメツリガネゴケの暗所におけるシュウ酸蓄積はイネやギシギシと異なり，イソクエン酸経路が主要経路ではない可能性が示された．

# P5

## ペチュニアにおける揮発性ベンゼノイド配糖化酵素の機能解析

Functional characterization of glycosyltransferases involved in volatile benzenoid glycosylation in Petunia

山本 新之助[1]，矢羽田 琳[1]，北島 佐紀人[2]，肥塚 崇男[1]

[1]山口大・院創成科学，[2]京工繊大

植物が放散する花香成分は，受粉媒介者の誘引や化学防衛に関わる重要な揮発性化合物であり，その一部は配糖体として体内に貯蔵される．しかしながら，生殖器官である花における配糖化機構やその生理学的意義については未解明な点が多い．本研究では，夜間に揮発性ベンゼノイドを花香成分として放散するペチュニアを用い，花香配糖体の生成機構の解明を目的とした．異なる開花段階および昼夜の時間帯における代謝物分析と RNA-seq データを統合し，開花に伴い夜間特異的に発現する配糖化酵素遺伝子を探索した．さらに，大腸菌発現系により組換え酵素を調製し，各種基質に対する酵素活性を評価するとともに，LC-MS/MS 解析により反応生成物の同定を行った．その結果，花香成分および配糖体は開花後夜間の花冠において高蓄積することが明らかとなった．また，配糖化酵素として PhUGT74BK20 および PhUGT85A96 を同定し，前者は isoeugenol や vanillin および類縁化合物である benzoic acid を，後者は第一級アルコールである benzyl alcohol や 2-phenylethanol を基質として配糖化することを見出した．さらに，PhUGT74BK20 の活性中心に位置する His20 および Tyr187 残基に変異を導入した結果，酵素活性が消失したことから，これらアミノ酸残基の触媒機構における重要性が示唆された．以上より，PhUGT74BK20，PhUGT85A96 がペチュニア花香成分の配糖化に関与することが考えられた．

# P6

## ムラサキゴテンの tradescantin 生合成に関与する arabinofuranosyltransferase の同定と機能解析

Identification and functional analysis of arabinofuranosyltransferase involved in tradescantin biosynthesis in *Tradescantia pallida*

内田 開，平井 優美

理研CSRS

ムラサキゴテンは cyanidin を基本骨格とする tradescantin と呼ばれる高度アシル化アントシアニンを蓄積する．Tradescantin に含まれるアラビノースはフラボノイドのアラビノース配糖体としては希少なフラノース型である．これまでに，特化代謝におけるフラノース型のアラビノース転移酵素はサポニン代謝での UGT73CZ2 のみが単離されており，フラボノイド代謝においては単離されていない．よって，本研究では tradescantin 生合成に関与するフラノース型のアラビノース転移酵素の同定と機能解析を行った．

ムラサキゴテンは明所ではアントシアニンを高度に蓄積する一方, 暗所ではアントシアニンの蓄積が著しく減少するため, 明所・暗所それぞれの環境で生育したものについて RNA-seq を行い，de novo アセンブリ後にトランスクリプトーム解析を行った．明所でのみ有意に発現しているコンティグを抽出したところ，2 つの UDP-glycosyltransferase が含まれ，1 つは多くの植物に保存されている anthocyanidin 3-*O*-glycosyltransferase であった．もう 1 つは anthocyanidin 3-*O*-glucoside rhamnosyltransferase とアノテーションがついており，配糖体の糖にさらに糖を付加する酵素であることが予想された．この遺伝子をクローニング後, 大腸菌発現系で調製した精製タンパク質と cyanidin 3-*O*-glucoside および UDP-arabinofuranose を用いてアッセイを行ったところ，新規ピークが検出され，これが anthocyanidin 3-*O*-glucoside arabinofuranosyltransferase であることが明らかになった．現在，糖の付加位置や UDP-sugar の選択性，および in planta での機能解析を進めている．

# P7

## ホウライチク培養細胞におけるエピジェネティック修飾剤投与による休眠二次代謝覚醒：各種薬剤の効果と投与方法の検討

Activation of Cryptic Secondary Metabolism by Epigenetic Modifiers in Cultured Cells of Bamboo (*Bambusa multiplex*): Effectiveness of Various Compounds and Administration Methods

鳥居 由暉[1]，宇部 尚樹[2,3]，加藤 悠一[2,3]，野村 泰治[2,3]

[1]富山県大院・工，[2]富山県大・工，[3]富山県大・生医工研セ

植物培養細胞における二次代謝の休眠現象は，植物培養細胞を利用した有用物質生産の実用化を妨げる主要な要因の一つである．我々は以前，ヒストン脱アセチル化酵素（HDAC）阻害剤および DNA メチル化酵素（DNMT）阻害剤などのエピジェネティック修飾剤（EM 剤）の投与が，植物培養細胞の休眠二次代謝の覚醒に有効であることを見いだした．本研究では，同現象を最初に報告したホウライチク（*Bambusa multiplex*）Bm 懸濁培養細胞をモデルとし，各種 EM 剤の効果の比較ならびに投与方法の最適化検討を行った．

複数の HDAC 阻害剤の投与実験の結果，特に，ヒドロキサム酸系 HDAC 阻害剤の効果が高いことが分かった．一方，DNMT 阻害剤の投与によっても HDAC 阻害剤の投与時と同様の休眠二次代謝覚醒が確認された．そこで，両阻害剤の同時投与による効果について検証した結果，単独投与時に比べて休眠二次代謝の覚醒レベルが顕著に上昇した．このことから，Bm 細胞における二次代謝の休眠には，ヒストンの低アセチル化と DNA の高メチル化の双方が関与していることが強く示唆された．さらに，二次代謝の休眠へのヒストンタンパク質のメチル化の関与を調べるため，ヒストンメチル化酵素阻害剤の投与を行った．その結果，休眠二次代謝の覚醒はみとめられなかったことから，ヒストンのメチル化は Bm 細胞における二次代謝の休眠には関与していないと考えられた．EM 剤の投与方法の最適化の一環として，EM 剤投与によって覚醒した二次代謝の EM 剤除去後の維持について調べた結果，EM 剤除去後も 4 週間程度は覚醒状態が維持されることが確認された．

# P8

## ナデシコ科におけるフラボン *C*-配糖体生合成に関与する 2-水酸化ナリンゲニン 6-*C*-グルコシド脱水酵素の構造解析および同遺伝子のペチュニアでの発現

Structural analysis of 2-hydroxynaringenin 6-*C*-glucoside dehydratase involved in flavone *C*-glucoside biosynthesis in Caryophyllaceae and its expression in petunia

田中 良和[1]，中村 典子[1]，槙嶋 理華子[1]，村山 和隆[2]

[1]サントリーグローバルイノベーションセンター（株），[2]東北大学 医工学研究科

フラボン *C*-配糖体は多くの植物に存在し，花の青色化など多様な機能を担っており，複数の生合成経路がある．ナデシコ科では，イソビテキシンなどのフラボン *C*-配糖体は，ナリンゲニンから 2ー水酸化ナリンゲニン（2HN），2-水酸化ナリンゲニン 6-*C*-グルコシド（2HNG）を経て，2-水酸化ナリンゲニン 6-*C*-グルコシド脱水酵素（2HDH）により，生合成される．一昨年の本大会ではナデシコ，カーネーション，*Silene*，*Heliosperma* の 2HDH 遺伝子のクローニングについて報告した．

大腸菌で発現させた *Silene* 由来 2HDH の結晶の X 線構造解析から，2HDH は，樽状の cupin ドメインを二個有する bicupin 蛋白質で，ホモ三量体を形成していることが明らかとなった．多くの cupin 蛋白質に含まれる金属イオンは観察されなかった．2HDH は，一次・高次構造ともに，種子の貯蔵蛋白質である 7S グロブリンに類似していた．2HDH に相同な bicupin 蛋白質は多数存在するが，これらも同様の立体構造を有し，未同定の酵素活性や機能を担っていると推察される．

2HDH の異種植物での機能を検証するために，ナデシコのフラバノン 2-水酸化酵素，2HN 糖転移酵素，2HDH の 3 つの遺伝子をペチュニアに導入した．形質転換ペチュニアの花弁ではイソビテキシンなどのフラボン *C*-配糖体が検出され，花色（色相角度）が青方向にシフトした．この結果から，得られた 2HDH 遺伝子は異種植物で機能し，花色改変のための有用なツールであることが示された．

# P9

## メトキシフラボン *C*ー配糖体 エンビゲニンの生合成に関わるメチル基転移酵素遺伝子の同定と機能解析

Identification and Functional Analysis of Methyltransferase Genes Involved in the Biosynthesis of the Methoxylated Flavone *C*-Glycoside Embigenin

槙嶋 理華子[1]，中村 典子[1]，田中 良和[1]，菅原 孝太郎[2]，勝元 幸久[1]，興津 奈央子[1]，村山 和隆[3]

[1]サントリーグローバルイノベーションセンター株式会社／Suntory Global Innovation Center Ltd.，[2]公益財団法人サントリー生命科学財団／Suntory Found. Life Sci.，[3]東北大・院医工学／Grad. Sch. Biomed. Eng., Univ. Tohoku

メトキシフラボン *C*-配糖体（M-CFn）は，シャガ（*Iris japonica*）などにおいて花色の青色化に寄与するコピグメントとして機能するが，その生合成に関与するメチル基転移酵素遺伝子（*FMT*）は未同定であった．そこで本研究では，M-CFn の一つであるエンビゲニン（Emb）に着目し，その生合成に関与する *FMT* の同定と機能解析を行った．

まず，デルフィニジン型アントシアニンとの色再構成試験を行った結果，マルビジン 3,5-ジグルコシドを用いた場合，イソビテキシン（Ivx）の 7 位がメチル化されたスウェルチシン（Swe）が青色化に有効であり，さらに 4′位もメチル化された Emb によって青色が増強された．次に，Emb 生合成に関与する *FMT* を同定するため，花弁のトランスクリプトーム解析を行い，フラボン 4′-*O*-メチル基転移酵素遺伝子（*F4′MT*）候補をシャガから，フラボン 7-*O*-メチル基転移酵素遺伝子（*F7MT*）候補をオオボウシバナ（*Commelina communis* var. *hortensis*）から取得した．これらの cDNA を大腸菌で発現させることにより，Ivx から Swe を生成する *F7MT*，および Swe から Emb を生成する *F4′MT* を同定した．

さらに，両遺伝子を導入したペチュニアでは酵素活性は確認されたものの，Emb の蓄積量は低かった．*In vitro* 活性測定の結果，フラボン 4′-*O*-メチル基転移酵素の Swe に対する活性が低いことが一因であると考えられた．このため現在，基質特異性の理解を目的として，両酵素の立体構造解析を進めている．

# P10

## *AtMYB72* を用いたフェニルプロパノイド代謝活性化によるベンサミアナタバコでの揮発性芳香族化合物生産

Production of Volatile Aromatic Compounds in *Nicotiana benthamiana via AtMYB72*-Mediated Activation of Phenylpropanoid Metabolism

内海 咲矢南[1]，野村 泰治[2]，肥塚 崇男[1]

[1]山口大院・創成科学，[2]富山県大・工

揮発性の芳香族化合物であるスコポレチンやラズベリーケトンは，特徴的な香気を呈するだけでなく，脂肪燃焼促進作用や抗酸化・抗炎症作用を有することから，香粧品原料として注目されている．しかし，これら化合物は限られた植物種でのみ生産されるため，安定供給や効率的生産技術の開発が求められている．これまでに酵母や大腸菌，植物培養細胞を用いた生産例が報告されているが，外部から多量の炭素源供給が必要となる点が課題となっている．そこで本研究では，植物内在性基質を利用した揮発性芳香族化合物の生産を目的として，ベンサミアナタバコにおける一過的タンパク質高発現系「つくばシステム」を用いた代謝工学を行った．フェニルプロパノイド経路における *p*-クマロイル-CoA の生合成関連遺伝子群を活性化するシロイヌナズナ由来転写因子 *AtMYB72* と，スコポレチン生合成の鍵酵素 Feruloyl-CoA 6'-hydroxylase 1 を共発現させた結果，スコポレチン配糖体であるスコポリンの蓄積が認められた．また，*p*-クマロイル-CoA からのラズベリーケトン生成に関与する Benzalacetone synthase を *AtMYB72* と共発現させた際には，ラズベリーケトンが配糖体として蓄積した．以上より，*AtMYB72* によるフェニルプロパノイド代謝の活性化は，揮発性芳香族化合物の生産に有効であることが示された．本一過的発現系は，植物の潜在的代謝能を利用した恒常的発現系構築に向けた迅速な評価系として有用であり，現在は *p*-クマロイル-CoA を前駆体とする他の芳香族化合物生産への応用展開を進めている．

# P11

## クマリン非生合成植物におけるケイヒ酸の異性化触媒因子の探索

Identification of the factors catalyzing cinnamic acid isomerization in non-coumarin-producing plants

大串 空[1]，都筑 恵[1]，西山 康太郎[2]，鈴木 泰輝[3]，瀬戸 義哉[1]

[1]明大院・農，[2]静大院・農，[3]理研・CSRS

ケイヒ酸（CA）は，フェニルプロパノイド経路上流において生合成される代謝産物であり，同経路下流においてリグニンやフラボノイドいった植物の生育に重要な化合物が生合成される．CA は植物体内において，そのほとんどが *trans* 型で存在する（*trans*-CA）が，一部側鎖二重結合が *cis* 型に異性化した状態（*cis*-CA）で存在する．*cis*-CA は，周辺植物の成長を抑制する化合物として見出されたが，低濃度で植物体に投与した際には側根や根毛の発達を促進し，結果的に地上部のバイオマス上昇を引き起こすことが知られている．また，当研究室先行研究より広範な植物種において *cis*-CA は，内生分子として存在すること，シロイヌナズナにおいて二次代謝産物の一種であるクマリン類が光増感反応によって CA の異性化を触媒することが明らかとなっている．そこで，クマリン類を含まない植物ではどのような因子によって CA 異性化が触媒されるのかを明らかにするため，クマリン類を生合成しないと考えられるイネを用いて異性化因子の探索を行った．

# P12

## ハマウツボ科根寄生植物が生産するフェニルエタノイド配糖体の生合成に関する研究

Identification of biosynthetic genes for phenylethanoid glycosides produced by Orobanchaceae family root parasites

小野寺 唯[1]，大野 春香[1]，大谷 真彦[1]，西山 康太郎[2]，瀬戸 義哉[1]

[1]明大・院農，[2]静大・院農

根寄生植物は宿主植物の根に寄生し，水分や養分を奪って生育する．なかでもストライガは，アフリカ等の地域において，農地に侵入し，深刻な農業被害をもたらしている．国内では農業被害は報告されていないものの，外来種であるヤセウツボが様々な地域で観測され潜在的な脅威となっている．我々は，ヤセウツボがその体内にフェニルエタノイド配糖体を多量に蓄積していることを明らかにしてきた．フェニルエタノイド配糖体は様々な薬理的作用が報告されている．根寄生植物の有効利用を見据え，本研究では，ハマウツボ科根寄生植物が生産する二次代謝産物であるフェニルエタノイド配糖体の生合成経路の解明を行った．

アクテオシド生合成においては，チロソールの配糖化にはじまり，アシル基転移，ラムノース転移により骨格が構築され，2 個のフェノール部分の水酸化により 2 個のカテコール構造が構築されると推定される．既に同定されている他の植物のアクテオシド生合成酵素のアミノ酸配列をクエリにした BLAST 解析により候補遺伝子を選定した．続いて，候補遺伝子を大腸菌によって発現させた組み換えタンパク質を用いた機能解析により，いずれも予想した機能を有していることを明らかにした．さらに，ベンサミアナタバコを用いた一過発現系を利用して同定した遺伝子を共発現させることにより，ベンサミアナ葉内における de novo 全合成を達成した．

# P13

## 高アルミニウム耐性樹木 *Eucalyptus camaldulensis* が含むアルミニウム無毒化タンニン

Aluminium-detoxifying tannins contained in a high aluminium-resistant tree *Eucalyptus camaldulensis*

田原 恒[1]，西口 満[1]，伊東 秀之[2,3]，植盛 晴菜[3,4]，岩岡 裕二[3]，山下 広美[3]，村上 敏之[4]，山溝 千尋[1]

[1]森林総研，[2]医薬基盤・健康・栄養研究所，[3]岡山県立大院，[4]丸善製薬総合研

*Eucalyptus camaldulensis*（ユーカリ）は，酸性土壌で問題となるアルミニウム（Al）過剰害に非常に強い耐性を持つ．我々は，これまでユーカリから Al 無毒化能を持つ加水分解性タンニン（以下，タンニン）oenothein B を単離・同定している．本研究では，Al 無毒化能を持つタンニンをユーカリでさらに探索した．ユーカリの葉や根から含水アセトンでタンニンを抽出し，各種カラムクロマトグラフィーによって単離した．NMR や質量分析によって，新規構造を持つタンニン 2 種（eucarpanin $D_2$，eucamalin A）と既知タンニン 15 種を同定した．UPLC-Q-TOF-MS 分析によってタンニンを定量し，ユーカリの根端では oenothein B と pedunculagin が主要なタンニンであることを明らかにした．タンニンの Al 無毒化能を *Arabidopsis thaliana* を用いた生物検定（タンニン添加が Al による根の伸長阻害をどの程度緩和するか）で評価したところ，すべてのタンニンで Al 無毒化能が確認され，分子量が大きいほど無毒化能が高い傾向にあった．タンニンの Al 耐性における役割を明らかにするために，タンニン生合成の上流遺伝子 *UGT84A25* と *UGT84A26* をアンチセンス法あるいは RNAi 法によってノックダウンした遺伝子組換えユーカリを作製し，Al 耐性を評価した．いくつかのノックダウン系統は，対照系統よりも低い総タンニン濃度と Al 耐性を示した．これらの結果から，ユーカリでは，oenothein B だけでなく多様なタンニンが Al 無毒化と Al 耐性に寄与していると考えられた．

# P14

## ゲノム編集ダイズ毛状根を用いたサポニン生合成制御因子 GmTSAR1 の機能解析

Functional analysis of GmTSAR1, a regulator of saponin biosynthesis, using genome-edited soybean hairy roots

西村 悠希[1]，森田 遥絵[1]，北村 美紗子[1]，松本 杏樹[1]，岡本 有平[1]，田村 啓太[1,2]，坊農 秀雅[2,3]，村中 俊哉[4]，關 光[1,4]

[1]阪大・院工，[2]広島大・ゲノム編集イノベーションセ，[3]広島大・院統合生命，[4]阪大・先導的学際研機構

ソヤサポニンはダイズをはじめとするマメ科植物に特徴的なトリテルペノイドサポニンであり，β-アミリンが酸化や配糖化などの修飾を受けて生合成される．これまでの研究により，その生合成酵素（シトクロム P450 モノオキシゲナーゼや糖転移酵素など）のほとんどが同定されているが，生合成制御機構については未だ明らかになっていない．当研究室では，マメ科薬用植物カンゾウから単離された basic helix-loop-helix 型転写因子 GubHLH3（Tamura et al., 2018）のオルソログとして Glycine max Triterpene Saponin Activating Regulator 1（GmTSAR1）を同定し，GmTSAR1 を過剰発現する毛状根においてソヤサポニン量が有意に増加することを報告してきた．また転写抑制ドメイン SRDX を付加したキメラリプレッサーを過剰発現する形質転換毛状根を作出し，GmTSAR1 の機能解析を進めてきた．本研究では，CRISPR/Cas9 を用いたゲノム編集により GmTSAR1 ノックアウト毛状根の作出を試みた．ハイグロマイシン耐性遺伝子を利用した薬剤選抜を行い，得られた形質転換ラインをヘテロ二本鎖移動度分析およびアンプリコンシーケンシング解析に供した．その結果，標的遺伝子に変異が導入された毛状根を 3 ライン選抜することができた．今後は，これら GmTSAR1 を標的としたゲノム編集毛状根におけるソヤサポニン蓄積量および関連する生合成遺伝子の発現レベルを定量的に解析する．

# P15

## ブルーベリー由来アントシアニンの生合成に関わる配糖化酵素遺伝子のクローニングと機能解析

Cloning and functional characterization of a glycosyltransferase involved in anthocyanin biosynthesis in blueberry

安田 遥，明石 智義

日本大･生物資源

ツツジ科スノキ属（*Vaccinium*）のブルーベリーやビルベリーの果実は，アントシアニンを多く蓄積し，その抽出物は抗酸化活性を有する機能性食品素材として利用されている．中でも cyanidin-3-*O*-arabinoside は，スノキ属植物が特徴的に蓄積するアントシアニンの一つである．両植物のアントシアニン代謝に関しては，これまで物質・遺伝子の両面から多くの知見が得られている．しかし，本化合物の配糖化様式については，その生合成を担う UDP-糖転移酵素（UGT）の同定を含め不明な点が多い．本研究では，ブルーベリー（*V. virgatum*）果皮のトランスクリプトームデータを解析し，アントシアニン生合成系 UGT との配列相同性，および発現量を基準に候補遺伝子（*UGT1*，*UGT2*）を選抜した．大腸菌発現系で生産した組換えタンパク質を用い，cyanidin および各種 UDP-糖を基質とした *in vitro* 酵素アッセイを行った結果，UGT2 が cyanidin への配糖化活性を示すことがわかった．さらに反応速度論的解析により，UGT2 は UDP-galactose および UDP-arabinose を優先的な糖供与体とし，cyanidin-3-*O*-galactoside および cyanidin-3-*O*-arabinoside の生合成に関与する UGT であることが示唆された．現在，大腸菌発現系を用いた cyanidin-3-*O*-arabinoside 生産を試みている．

# P16

## ミカン科分泌腔への脂溶性二次代謝産物の蓄積を担う輸送体遺伝子のインシリコ探索

In silico screening of transporter genes responsible for the accumulation of lipophilic secondary metabolites into the oil cavity in Rutaceae

釜田 陽光[1]，市川 公康[1]，松下 修平[1]，松川 哲也[2,3]，矢﨑 一史[1]，杉山 暁史[1]，棟方 涼介[1]

[1]京大･生存研，[2]近大･地創農研，[3]近大･生物理工

植物の中には，脂溶性の二次代謝産物を細胞と細胞の隙間に蓄積する種が存在する．この脂溶性代謝産物の蓄積に特化した細胞間隙の形態は植物系統によって形が異なり，柑橘類などのミカン科植物では球状の分泌腔がを外果皮や葉に発達する．一方させ，セリ科やマツ科植物は管状の油管や樹脂道を全身に持つ．分泌腔や油管，樹脂道に蓄積する成分の中には，病原菌や植食性昆虫などの外敵に対する防御に関連する機能を有するもの，また作物や薬用植物に付加の価値に直結を与えるするものも多い．しかしながら，このような細胞間隙に脂溶性成分が蓄積する分子メカニズムは未だ不明である．

そこで本研究では，主要な果樹の一つ作物であるミカン科柑橘類を実験材料として，分泌腔への脂溶性代謝産物のローディングを担う輸送体遺伝子の同定を目指した．当研究室では，グレープフルーツについて，分泌腔を持つ外果皮（フラベド）や，これを持たない中果皮（アルベド）を含む器官別トランスクリプトームデータを構築している．本データセット及び公共データを用いて，分泌腔蓄積成分の生合成遺伝子をクエリーとした共発現解析を行い，候補となる輸送体遺伝子の絞り込みを行った．

# P17

## シングル核トランスクリプトーム解析によるセリ科植物の油管関連因子の探索

Screening for oil duct-related factors in Apiaceae plants by single-nucleus transcriptome analysis

新屋 和花[1]，大塚 菜那[2]，上岡 澪奈[1]，前田 太郎[3]，永野 惇[4,5]，杉山 暁史[1]，白川 一[2,6]，棟方 涼介[1]

[1]京大・生存研，[2]奈良先端大・先端科学技術，[3]慶大・SFC-MG，[4]慶大・先端生命，[5]名大・生機研，[6]中研院・植微所

植物が生合成する脂溶性の特化代謝産物は，しばしば細胞内から分泌され，特殊な細胞間隙に蓄積する．このような現象は，ミカン科柑橘類の分泌腔，オトギリソウ科セイヨウオトギリソウの油点，さらにセリ科植物の油管で観察されている．このような細胞間隙に蓄積する成分の中には，外敵に対する化学防御に寄与するだけでなく，ヒトに有用な薬理活性を示すものも多い．しかし，特化代謝産物の蓄積に特化した細胞間隙の形成を担う分子機構の大部分が未解明である．そこで本研究では，ニンジン，セロリ，パセリなどの野菜や，トウキ，センキュウなどの生薬原料として利用されるセリ科植物に着目した．セリ科の油管は，維管束に沿って形成され，油管を囲う上皮細胞が疎水性特化代謝産物の生合成と，それらの油管内への分泌を担うと考えられている．本研究では，この油管上皮細胞を標的としたシングル核トランスクリプトーム解析を行い，上皮細胞と推定される細胞の遺伝子発現データを得た．さらに，それらの細胞で特異的に高発現する遺伝子に着目し，細胞間隙の形成や蓄積成分の生合成・分泌に関連する遺伝子の候補リストを得た．本研究の成果は，疎水性特化代謝産物の生産機構の理解を深めるだけでなく，有用物質生産における新規技術の基盤となることが期待される．

# P18

## 青パパイヤの発達段階と機能性成分の関係性

Relationship between developmental stages of unripe papaya and functional components

解良 康太，相馬 孝亮，杉本 七海，井上 陽菜

東農大・応生

【目的】

パパイヤはアブラナ目パパイヤ科に属する植物である．世界的には，パパイヤといえばフルーツとして果実を食べることが一般的であるが，アジア圏ではパパイヤ未熟果である青パパイヤを食べる文化がある．青パパイヤにはフルーツパパイヤと異なる機能性成分があることが知られている．市販の青パパイヤは成長段階（果実の大きさ）が様々であり，それらと機能性との関係は不明であった．本発表では，成分分析の観点から報告する．

【方法】

茨城県で露地栽培されたパパイヤの木から，果実を採取した．同一日に同一の木から成長段階（果実の大きさ）の異なる果実を採取し，これを複数の木について実施した．成分抽出は 80%メタノールで行い，LC/Q-TOF により分析を行った．

【結果】

パパイヤ特異的な機能性成分であるカルパインおよびその誘導体に着目したところ, 成長段階の違いによる違いの他に，果皮，果肉，種子で蓄積パターンが異なっていた．また，機能性関与成分として知られる γ-アミノ酪酸（GABA）は，果実の成長に伴い増加傾向があった．プロテアーゼ活性については，成長段階による違いはほとんどなかった．一般に青パパイヤとまとめられているが，青パパイヤの成長段階にも違いがあることが示唆された．

# P19

## 植物 2-オキソグルタル酸依存性ジオキシゲナーゼの分子系統解析による分類体系の再検討

Phylogenetic Reassessment of Plant 2-Oxoglutarate-Dependent Dioxygenase Classification

須澤 尚太，秋山 遼太，水谷 正治

神戸大院・農

2-オキソグルタル酸依存性ジオキシゲナーゼ（2-oxoglutarate-dependent dioxygenase; DOX）は，二価鉄を補因子として含む水溶性ジオキシゲナーゼであり，多様な生体分子に対して，水酸化や脱メチル化などの酸化反応を触媒する．植物 DOX 遺伝子は，P450 に匹敵する大規模な酵素ファミリーを形成しており，植物ゲノム中の約 0.5%を占めることが知られている．2014 年には，進化系統解析に基づく植物 DOX の分類・命名法が報告され，植物 DOX は，相同性が低い 3 つのクラスである DOXA，DOXB，DOXC，および機能未知群に分類された．なかでも DOXC は，植物二次代謝に関与する多様な DOX から構成されるクラスであり，分子系統解析により 57 のクレード（DOXC1–57）に分類されている．しかし，2014 年以降，植物 DOX の分類体系は大きく更新されていない．また，近年利用可能な植物ゲノム情報が大幅に増加している一方で，DOX 分類の細分化は，P450 などの他の大規模酵素ファミリーと比較して十分に進んでいない．そこで本研究では，植物 DOX，とくに DOXC クラスの分類体系を再検討することを目的とした．

当時の解析対象であった 6 種に加え，新たに 8 種の植物ゲノムを解析対象として分子系統解析を行った．その結果，DOXC クラスにおいて，既知クレードのいずれにも分類されない新規クレードを十数個同定した．さらに，各クレード内において，分子系統樹上で明瞭に区別される単系統性のまとまりをサブクレードとして定義した．今後は，本研究で得られた分類情報を基盤として植物 DOX データベースを構築・公開し，任意の DOX 配列について，DOXC 内のどのクレードまたはサブクレードに属するかを検索できるシステムの整備を目指す．

# P20

## コケ植物における 4-クマロイル CoA リガーゼの分子進化と細胞内局在

Molecular evolution and subcellular localization of 4-coumaroyl-CoA ligases in bryophytes

中西 浩平[1]，守屋 健太[2]，橘 美紗希[1]，高梨 功次郎[3]，石崎 公庸[2]，水谷 正治[1]

[1]神戸大・院農，[2]神戸大・院理，[3]信州大院・総合理工

維管束植物において 4-クマルロイル CoA リガーゼ（4CL）は，フラボノイドやリグニンなどのフェニルプロパノイド代謝における鍵酵素として位置付けられる．また近年は，シロイヌナズナにおいてペルオキシソーム局在の 4CL が報告されており，ユビキノン生合成への関与が示されている．さらに我々は，ムラサキ（*Lithospermum erythrorhizon*）において，ペルオキシソーム型 4CL が種特異的な特化代謝であるシコニン生合成に関与していることを明らかにした．これらの知見は，シコニン代謝を担う 4CL がユビキノン系統から進化したことを示唆した．そこで本研究では，陸上植物における 4CL の分子進化を解明するため，苔類ゼニゴケ（*Marchantia polymorpha*）を中心にコケ植物における 4CL の分子系統解析と細胞内局在解析を行った．ゼニゴケに保存される 5 つの 4CL は，フラボノイド，ユビキノン，および unknown クレードに分類され，さらに各クレード内で苔類，蘚類，およびツノゴケ類がそれぞれ独立したサブクレードを形成した．ユビキノンクレードに属する Mp4CL2 と Mp4CL4 はペルオキシソーム標的シグナル PTS1 を有しており，ベンサミアナタバコにおける細胞内局在解析の結果，ペルオキシソーム局在を示した．また，unknown クレードの Mp4CL5 は非典型的な PTS1 を有したが，同じくペルオキシソーム局在を示した．一方，フラボノイドクレードの Mp4CL3 はサイトゾルに局在した．興味深いことに，ユビキノンクレードには PTS1 を持たない 4CL 分子が苔類および蘚類に 1 コピーずつ存在し，そのサブクレードに属する Mp4CL1 はサイトゾル局在であった．以上の結果は，4CL の局在性の違いが陸上植物において広く保存されていることを示唆した．

# P21

## 理化学研究所 CSRS における植物特化代謝物解析のための質量分析の技術開発と研究支援

Technology development and research support for plant specialized metabolite analysis using mass spectrometry at RIKEN CSRS

森 哲哉，武田 紀子，桜井 都子，大髙 きぬ香，小林 誠，豊岡 公徳，平井 優美

理研CSRS

理化学研究所環境資源科学研究センター（CSRS）では，多様な高性能質量分析装置と専門的な解析技術を活用し，植物を中心としたメタボローム解析および植物ホルモン解析の技術支援を行っている（https://prime.psc.riken.jp/support/index.html）．近年，植物科学分野では，特化代謝物の量的変動に加えて，組織内における局在情報を取得する重要性が高まっており，発表者らは，液体クロマトグラフ質量分析計（LC-MS）および質量分析イメージング（MSI）を用いた特化代謝物解析の技術開発と研究支援を進めている．

LC-MS は 3 年前に更新した装置を用い，多様な特化代謝物を高感度に検出するための測定条件およびデータ解析手法の開発に取り組んでいる．一方，MSI では，2 年前に更新した装置を活用し，植物組織中における特化代謝物の空間分布を可視化するための測定・解析技術の高度化を進めている．特に，イオンモビリティーを利用した測定系の構築により，同一の組成式を持つ異性体や質量が近接した分子種を識別し，特化代謝物をより詳細に解析することを目指している．

これらの研究支援は，依頼者と分析担当者が密に連携する共同研究として実施しており，研究目的の共有から試料調製，測定，データ解析までを協力して進めることが重要である．LC-MS および MSI による分析・解析では，試料の品質や前処理条件が検出感度や再現性に大きく影響し，さらに MSI では空間情報の保持も重要となるため，研究目的に応じた実験設計と手法選択が求められる．本発表では，CSRS における植物特化代謝物解析のための質量分析の技術開発と共同研究型の支援体制を中心に紹介する．

# P22

## トマトにおける代謝型受容を介した香気二糖配糖体の多様化と化学防御能

Metabolic reception-mediated diversification of aroma diglycosides and chemical defense in tomato

大西 利幸[1,2]，水越 佑太[3]，吉田 剛瑠[3]，本間 駿一[3]，稲葉 環[3]，竹原 港[4]，上村 卓矢[4]，有村 源一郎[4]

[1]静大･グリーン研，[2]静大･農，[3]静大院･総科技，[4]東理大･先進工

植物は環境中の揮発性有機化合物（VOCs）を取り込み，代謝変換することで植物間コミュニケーションや誘導防御を成立させる．本発表では，VOCs が代謝経路に組み込まれ，代謝プロセスそのものが受容の初動となって機能分子を生み出す仕組みを「代謝型受容」と位置づけ，トマトにおける香気二糖配糖体を介した昆虫防御機構の解明を試みた．トマト葉では，大気中の(*Z*)-3-hexenol (Hex)が取り込まれ，単糖配糖体 HexGlc を経て二糖配糖体(*Z*)-3-hexenyl β-vicianoside (HexVic)が蓄積する．HexVic はハスモンヨトウ幼虫の成長を抑制する防御物質であり，UGT91R1 により生成される（*Nat. Commun.,* 2023）．また Hex 曝露トマト葉では，HexVic に加えて(*Z*)-3-hexenyl β-primeveroside（HexPri）も蓄積する．HexPri も防御活性を示すなら，二糖目糖の違いは防御活性の有無を単純に決定するものではなく，単一の VOCs から複数の防御性二糖配糖体を生み出す機能多様化の仕組みとして捉えられる．本研究では，HexPri 生成酵素の同定，HexVic/HexPri の作り分けを規定する糖供与体選択性の分子基盤，および HexPri の昆虫防御機能の解明を目的とした．トマト第 11 染色体上の UGT クラスターに着目し，発現解析と大腸菌組換え酵素による *in vitro* 酵素試験を行った結果，UGT91A7 が主として HexPri を生成した．UGT91A7 過剰発現タバコでは HexPri が選択的に蓄積し，その葉を摂食した 2 週齢ハスモンヨトウ幼虫の体重増加は有意に抑制された．以上より，UGT クラスター内の機能分化と糖供与体選択性は，揮発性情報を単一の防御物質へ変換するだけでなく，複数の防御性二糖配糖体へ展開する代謝型受容の分子基盤であることが示された．

# P23

## 月桃および近縁種のゲノム解析とプロアントシアニジンを基盤とした機能性資材の開発

Genome analysis of *Alpinia zerumbet* and related species, and development of functional materials based on proanthocyanidins

鳴坂 義弘[1]，長岐 清孝[2]，牛島 幸一郎[3]，鳴坂 真理[1]

[1]岡山生物研・植物活性化G，[2]岡大・植物研，[3]岡大・院環境生命自然

南西諸島に自生するショウガ科ハナミョウガ属の多年生植物である月桃（ゲットウ，*Alpinia zerumbet*）には，多様な生理活性成分が含まれることが知られている．演者らは，月桃に高い抗植物ウイルス活性を示す成分が豊富に含まれることを発見し，その活性本体がプロアントシアニジン（PAC）であることを明らかにした．一方で，月桃および近縁種については，遺伝的背景や系統関係に関する知見が乏しく，育種や資源利用の基盤情報が十分に整備されていなかった．そこで本研究では，月桃を新たな農業資源として活用することを目的に，月桃および近縁種のゲノム情報整備と系統解析を進めた．南西諸島各地を調査した結果，シマ月桃，クマタケラン，アオノクマタケラン，大東月桃（タイリン月桃）ならびにそれらの交雑系統が自生していることを明らかにした．これらについて次世代シーケンシング解析および GRAS-Di 法による遺伝解析を行った結果，クマタケランはシマ月桃とアオノクマタケラン，大東月桃はシマ月桃とウライ月桃との交雑に由来する可能性が示唆された．さらに，各系統から PAC を抽出して抗ウイルス活性を比較したところ，シマ月桃由来 PAC が最も高い活性を示した．月桃由来 PAC は，トマトモザイクウイルスなどの植物 RNA ウイルスに加え，インフルエンザウイルス，コロナウイルス，ノロウイルスなどに対しても不活化効果を示した．作用機作の解析から，PAC がウイルス粒子あるいはウイルス RNA に直接作用し，感染性を低下させることが示唆された．本発表では，月桃および近縁種の遺伝資源解析，PAC の機能性資材としての社会実装に向けた研究展開について報告する．

# P24

## 高速型キメラミオシン XI 導入カメリナにおける花成促進と種子バイオマス増加の関係

Evaluation of Floral Transition Acceleration and Seed Biomass Increase in Camelina Expressing a High-speed Chimeric Myosin XI

半田 藍[1]，高野 俊介[1]，富永 基樹[2]，伊藤 光二[3]，小口 太一[4,5]

[1]筑波大・院・生物資源科学，[2]早稲田大・教育・総合科学学術院，[3]千葉大・理学研究院，[4]筑波大・生命環境系，[5]筑波大・T-PIRC

植物特有のミオシン XI は原形質流動の主な駆動力として知られている．先行研究では，ミオシン XI のモータードメインを原形質流動が速いシャジクモ類由来配列に置換したキメラミオシン（高速型ミオシン）をシロイヌナズナへ導入すると，細胞サイズの大型化を介して茎葉サイズが増大することが報告されている．一方，アブラナ科の油糧種子作物であるカメリナでは，高速型ミオシンの導入により種子バイオマスが有意に増加する．この増加は細胞の大型化だけでは説明が難しく，そのメカニズムは未解明である．そこで本研究では，種子バイオマスの増加と花成との関連に着目し，高速型ミオシン導入組換えカメリナ 2 系統と非組換え体を用い，春蒔き（長日条件）および秋蒔き（短日条件）の 2 条件で，つくば市の特定網室で栽培し，開花特性を比較した．

非組換え体の開花到達日数および開花時葉数は，春蒔きで 49.2 日および 20.2 枚，秋蒔きで 74.8 日および 39.2 枚であった．一方，組換え系統では，開花到達日数は春蒔きで 46.2〜49.4 日，秋蒔きで 69.6〜69.9 となり，いずれの条件でも短縮傾向を示した．また，開花時葉数は春蒔きで 18.2〜21.0 枚，秋蒔きで 34.2〜35.7 枚となり，減少傾向を示した．さらに，組換え系統では花序数および短角果数が非組換え体と比較し，約 15〜20%および 30%増加した．

これらの結果から，カメリナでは高速型ミオシン導入により花成が促進されている可能性があり，その結果として種子バイオマスが増加に寄与していると示唆された．今後は，花成関連遺伝子の発現解析を進め，ミオシン高速化と花成促進との因果関係を検証する．

# P25

## ルテイン合成酵素遺伝子の過剰発現による葉緑体色素組成の改変

Alteration of Chloroplast Pigment Composition by Overexpression of Lutein Biosynthesis Enzyme Genes

鎌谷 諒

大公大･院創薬科学

葉緑体色素カロテノイドは抗酸化作用をもつとともに，過剰光ストレスの緩和に重要である．緑葉に最も多量に蓄積するカロテノイドであるルテインは，ヒトにおいても白内障や加齢黄斑変性症の予防効果があるとされることから機能性成分として注目され，サプリメント等として広く市販されている．本研究ではルテインを高蓄積する作物の育成を目指し，カロテノイド合成酵素遺伝子の過剰発現によるカロテノイド組成の改変を試みている．

リコペンからのルテイン生合成に関わる酵素（遺伝子）として，リコペン β-シクラーゼ（*LcyB*），リコペン ε-シクラーゼ（*LcyE*），CYP97A3（*Lut5*），CYP97C1（*Lut1*）が同定されている．これまでに，ルテイン蓄積量増加に最も重要な酵素を特定するため，これら遺伝子をそれぞれ一過的高発現ベクター pBYR2HS に組み込み，ベンザミアナタバコの緑葉にアグロインフィルトレーション法により各遺伝子を導入し，一過的過剰発現させた．その結果，各遺伝子単独ではルテイン含量の有意な増加は認められなかったが，*LcyE* と *Lut5* を同時に導入した葉では，クロロフィルあたりのルテイン含量が対照よりも 20%以上増加したことから，複数の遺伝子を組み合わせて発現させることが重要であることを見出した．

そこで，今回はこれら遺伝子の安定的形質転換による葉緑体色素組成の変化を調べるため，*LcyE*，*Lut5* をそれぞれ単独，または *LcyE* と *Lut5* 両方を形質転換ベクター pRI201-AN に組み込み，ベンザミアナタバコの培養細胞およびタバコ植物体をアグロバクテリウムによって形質転換した．得られた形質転換体における各遺伝子の発現と葉緑体色素組成について報告する．

# P26

## MATE 型輸送体の導入によるゲノム挿入型大腸菌のレチクリン分泌促進と高生産化

Enhanced secretion of reticuline in genome-integrated *Escherichia coli* by MATE-type transporters

士反 伸和[1]，平谷 万里[1]，倉田 和音[1]，山田 泰之[1]，中川 明[2]，南 博道[2,3]

[1]神戸薬大･医薬細胞，[2]ファーメランタ株式会社，[3]石川県大 応用微生物

【目的】植物由来の医薬品原料（特化代謝産物）は安定供給に課題があり，微生物による合成生物学的生産が期待されている．しかし，化合物毒性や宿主への負荷による生産量低下が課題である．当研究室はこれまでに，プラスミド型レチクリン生産大腸菌に排出輸送体（AtDTX1，NtJAT1）を導入し生産性を向上させてきた．近年，より安定な「ゲノム挿入型レチクリン生産株」が作出されたため，本研究では同株にこれら輸送体を導入し，生産性のさらなる向上を目指した．

【方法】ゲノム挿入型生産大腸菌（BL21 由来）に，*AtDTX1* または *NtJAT1* 遺伝子をプラスミドで導入した．ウエスタンブロットで発現確認後，LB および TB 培地で培養し，UPLC-MS によりレチクリン量を経時的に定量した．

【結果】膜画分において両輸送体の発現を確認した．最大レチクリン排出量は，コントロール株と比較して，LB 培地では AtDTX1 発現株で約 1.5 倍，NtJAT1 発現株で約 1.6 倍に向上した．TB 培地では LB 培地よりも生産性が高く，かつ，AtDTX1 発現株で約 1.7 倍，NtJAT1 発現株で約 1.6 倍と増加していた．

【考察】ゲノム挿入型株は抗生物質不要で安定生産に適していた．また，LB 培地の約 3 倍の生産量を示した TB 培地が高生産に有効であった．この高生産条件下でも輸送体導入による培地への放出促進が認められ，本株における輸送工学の有用性が実証された．今後は，下流の有用アルカロイド生産株との共培養への応用が期待される．

# P27

## ミシマサイコにおける細胞培養系の確立とサイコサポニン類の効率的生産

Establishment of cell culture systems for *Bupleurum falcatum* and efficient production of saikosaponins

藤野 伊吹[1]，佐藤 朱莉[1]，阿部 栞[1]，髙嶋 咲羅紗[1]，北村 璃菜[1]，田浦 太志[1]，野路 征昭[2]，浅野 孝[1]

[1]岩手医大・薬，[2]徳島文理大・薬

生薬「柴胡」の基原植物であるミシマサイコは，オレアナン型トリテルペンサポニンのサイコサポニン類を主要薬効成分として豊富に含み，慢性肝炎における肝機能障害の改善に効果がある小柴胡湯の薬効に大きく寄与する重要な薬用植物である．また，サイコサポニン類には，中枢抑制による強い鎮痛・鎮静作用，抗炎症，コレステロール低下作用などが認められており，医薬品シーズとしても大きな可能性を秘めている．そこで今回，植物細胞培養技術によるサイコサポニン類の効率的生産を目指し，ミシマサイコにおけるカルス並びに毛状根の培養系構築を行った．

ミシマサイコ無菌植物体切片をカルス誘導用 MS 固形培地に置床して培養した結果，植物ホルモンとして Picloram 1 μM と 2-ip 10 μM を添加した培地でカルスを最も効率よく誘導でき，固形培地にて長期に安定的に継代可能なカルスを 58 クローン，さらに液体培養にて安定的に増殖可能な懸濁培養細胞を 1 クローン得ることができた．次に，ミシマサイコ無菌植物体切片に SAAT 法を用いて *Agrobacterium rhizogenes 15834* 株を感染させた結果，固形培地にて継代可能な毛状根を 7 クローン，さらに液体培養にて安定的に増殖可能な 1 クローンを得ることができた．得られたカルスと毛状根について，HPLC を用いてサイコサポニン類の生産率を解析した結果，カルスでは総生産率が 50 ng/mg D.W.を超えるクローンが 6 クローンあり，毛状根では，液体培養 6 週間で総生産率が約 5.8 μg/mg D.W.に到達し，サイコサポニン類の効率的な生産系としての有用性を示すことができた．

# P28

## トマトの *ghost white* 変異の原因タンパク質 GW の機能解析

Functional analysis of the GW protein responsible for the ghost white phenotype in tomato

河野 颯大[1]，肖 渝煒[1]，小久保 祥子[2]，深沢 知加子[1]，和氣 駿之[3]，高橋 征司[3]，本橋 令子[1]

[1]静大・院農学，[2]静大・創造科学技術大学院，[3]東北大院工学研究科

トマト‘Micro-tom’の自然突然変異体 *ghost white*（*gw*）は，成熟緑期（MG 期）果実の白色化，葉の早期黄化，種子休眠性の低下などの表現型を示す．また，先行研究より，*gw* の MG 期果実は野生型（WT）と比べ，葉緑体内のチラコイド膜が早期に消失することが明らかとなっている．さらに，*gw* の果実のペリカープと種子のアブシジン酸（ABA）とカロテノイド類の含量の減少が確認されている．そこで本研究では，ABA 生合成酵素 SlNCED1，カロテノイド合成酵素 SlPSY1 およびクロロフィル分解関連因子 SlSGR1 の三つのタンパク質に着目し，GW とのタンパク質間相互作用を二分子蛍光補完（BiFC）法を用いて調べた．その結果，GW は SlNCED1，SlPSY1 および SlSGR1 と結合することが確認された．これらの結果から，GW はカロテノイド生合成を介しつつ，ABA 生合成およびクロロフィル分解にも関与し，植物の生育制御に関与する可能性が示唆された．また，*GW* 上流領域のシス配列解析の結果，ABA，オーキシン，ジベレリン，エチレン，メチルジャスモン酸応答に関与するシス配列が確認された．特に ABA 応答に関するシス配列は 6 個，オーキシン応答に関するシス配列では 7 個検出され，*GW* は ABA やオーキシンをはじめとする多様な植物ホルモンによって調節されている可能性が示唆された．また，WT，*gw* および *GW* 過剰発現体（*GW*OX）を用いて根長および根乾重量測定を実施した．WT と *gw* 間では有意差は認められなかった一方で，*GW*OX では WT と比較して根長の短縮が認められた．*GW* 上流には複数のホルモン応答に関するシス配列が存在することから，GW はホルモン応答を介して根の伸長制御に関与する可能性が示唆された．

# P29

## リンゴカラムナー遺伝子導入組換えリンゴの解析

Analysis of transgenic apple with the columnar gene

和田 雅人[1]，今井 悠人[1]，岡田 和馬[2]，川原田 泰之[1]，小森 貞男[1]

[1]岩手大学・農学部，[2]農研機構・果樹茶業研究部門

リンゴカラムナー樹は，側枝が少なく，直立した枝により円柱状をした特徴的な樹形を示す．'旭'の枝変わり品種'Wijcik'が知られている．我々のこれまでの研究から，MdDOX-Co 遺伝子の上流にトランスポゾンが挿入し，通常樹では根で発現していた MdDOX-Co がカラムナー樹では地上部でも発現するようになり，特に茎頂部での活性型ジベレリン濃度を低下させる事が樹形変化の原因であることを証明した．しかし, MdDOX-Co の根での役割は明らかになっていない．そこで 35S: MdDOX-Co 組換えリンゴを作出し，その培養シュートから不定根を発出させ，その不定根の数や生育を解析した．その結果 35S: MdDOX-Co 組換えリンゴでは，不定根数が対照に比べ減少し，不定根長は大きくなる傾向を示した．しかし，ジベレリン（1nM～10μM）を加えても不定根の数や生育に影響は見られなかった．ジベレリン合成阻害剤パクロブトラゾール添加（100nM～5μM）条件下，発根培地での非組換体リンゴの不定根は不定根数に差は認められないが，伸長を強く抑制した．しかし，ジベレリン（10nM 以上）を加えると回復した．これらのことは，MdDOX-Co の根での働きとジベレリンは直接関与していない事を示唆している．さらに *A. rhizogenes* に 35S:MdDOX-Co または 35S:Antisense-MdDOX-Co それぞれ導入し, 毛状根を形成させ形態を観察したが, 長さ, 側根数などに影響は見られなかった．以上のことから MdDOX-Co はジベレリンとは異なる反応系で根の分化や伸長に影響することが分かった．

# P30

## 2 つのタンパク質をコードするシロイヌナズナ核コード mRNA の短い 5'非翻訳領域が関与する翻訳制御機構

Translational regulatory mechanism involving a short 5'-untranslated region of an Arabidopsis bicistronic mRNA

宇野 憧人，村上 達，中尾 晃大，垣内 俊哉，平郡 雄太，内藤 哲，尾之内 均

北大・院農

真核生物のほとんどの核コード mRNA は機能を持つタンパク質を 1 つしかコードしないが, シロイヌナズナの *At2g11890* 遺伝子の mRNA には機能性タンパク質をコードする ORF が 2 つ存在する．上流側の ORF は，細胞周期を制御する後期促進複合体の構成因子である CDC26 をコードする．一方，下流側の *TTM3* ORF は三リン酸トンネルメタロエンザイムをコードする．本研究では，*At2g11890* mRNA の 2 つの ORF が翻訳される機構を明らかにするために，*CDC26* ORF 周辺に様々な変異を導入し，*TTM3* ORF の翻訳への影響をレポーターアッセイにより調べた．その結果，リーキースキャニングによって *CDC26* の開始コドンがある頻度でリボソームに読み飛ばされることにより *TTM3* ORF が翻訳されることが明らかになった．*CDC26* の 5'非翻訳領域の長さはわずか 11 塩基であるが，5'非翻訳領域が短いことがリーキースキャニングに重要であることを見出した．次に, *CDC26* ORF の存在が *TTM3* ORF の翻訳に与える影響が栄養欠乏などの条件によって変化するかを調べた．シロイヌナズナを光合成阻害剤で処理することにより糖飢餓を誘導したところ, *CDC26* ORF が存在しない場合は，糖飢餓により *TTM3* ORF の翻訳効率が著しく低下した．一方，*TTM3* ORF の上流に *CDC26* ORF が存在する場合は，そのような低下は見られなかった．このことから，*At2g11890* mRNA のバイシストロニック構造は，糖飢餓によって翻訳活性が全体的に低下する中で TTM3 の発現を維持するために重要であることが示唆された．

# P31

## 小胞体ストレスセンサー IRE1 による mRNA 分解効率を決める特徴

Determinants of mRNA Degradation Efficiency by the Endoplasmic Reticulum Stress Sensor IRE1

松本 帆夏，小泉 望，岩田 雄二

大阪公大･院農学

シロイヌナズナの小胞体ストレスセンサー IRE1 は小胞体膜に局在する RNase であり，転写因子 bZIP60 をコードする mRNA のスプライシングと，分泌タンパク質や膜タンパク質をコードする mRNA の分解（RIDD: Regulated Ire1-Dependent Decay）を触媒する．IRE1 は熱ストレス応答や塩ストレス応答，花粉や根の発達など多くの現象において重要であることが分かっている．*bZIP60* mRNA のスプライシングは IRE1 が認識して切断する塩基配列や二次構造が明らかにされている．一方，RIDD においては分泌タンパク質や膜タンパク質をコードする mRNA の大半が IRE1 による分解の標的となるが，その全てが同程度に分解されるわけではなく，mRNA のどのような特徴が分解のされやすさを決めているかは不明である．

本研究ではまず，mRNA がコードするタンパク質の性質に着目して mRNA の種類を分類し，既報のマイクロアレイデータを用いて IRE1 による mRNA の分解のされやすさを調べた．その結果，mRNA がコードするシグナルペプチドの有無や膜貫通領域の数が，mRNA の分解のされやすさに影響する可能性が示唆された．現在，これらの可能性について，GFP-mCherry 融合タンパク質をコードする mRNA をモデルとして実験的な検証に取り組んでいる．さらに，IRE1 による mRNA の切断位置および周辺配列の解析を進めている．GFP や複数の内在性遺伝子の mRNA をモデルとし，IRE1 による認識や切断に関わる配列・二次構造上の特徴について検討している．

# P32

## オダマキ属 2 種におけるトランスクリプトーム解析および色素成分関連遺伝子の発現比較

Transcriptome analysis and comparison of gene expressions related to pigments components in two species of the genus Aquilegia

坂田 脩羽[1]，金 相完[1]，本多 和茂[2]，秦 奇[3]，水野 貴行[4]，田中 良和[4]，平川 英樹[1]

[1]九州大･院農，[2]弘前大･農学生命科学部，[3]東農大院･連合農学研究科，[4]国立科博･植物研究部

オダマキ属は花色の多様性が高い植物として知られており，日本固有のオダマキ属植物としてミヤマオダマキ（*A. flabellata*）とオオヤマオダマキ（*A. buergeriana* var. *oxysepala*）がある．この 2 種は形態的に類縁でありながら異なる花色表現型を示し，着色に関わる色素の発現差を解明することはオダマキ属の花色多様化機構を理解する上で重要である．

本研究では，ミヤマオダマキおよびオオヤマオダマキを対象に *de novo* トランスクリプトーム解析を行い，発達段階および器官間における転写産物の多様性，色素関連遺伝子群の発現様式を比較，解明することを目的とした．ミヤマオダマキ（蕾 stage1 と開花中 stage2 の萼片，葉），オオヤマオダマキ（stage1 と stage2 の萼片）から RNA-Seq リードを取得した．Trinity を用いた *de novo* アセンブルを行い，代表参照配列 Unigene を構築した後，TransDecoder を用いた ORF 予測，UniProtKB，EggNOG，Araport を用いたアノテーションを実施した．その後，差次的発現遺伝子（DEGs）を抽出し，KEGG パスウェイ解析を行った．Unigene を構築する際，最長の isoform を採用した結果オオヤマオダマキではアントシアニジン還元酵素（ANR）遺伝子が抜け落ちるという問題が発生した．そこで 2 種を合わせて構築した参照配列に対して解析を進めた．本発表では，複数の isoform を統合して遺伝子の網羅性を上げた Supertranscript を代表参照配列として用いた場合の結果を発表する．

# P33

## ブナ科植物スダジイのハプロイドゲノム構築及びハプロイド間の遺伝子比較

Haploid Genome Assembly and Comparative Gene Analysis in Fagaceae Species *Castanopsis sieboldii*

實下 愛梨[1]，金 相完[2]，田島 直幸[3]，磯部 祥子[3,4]，佐竹 暁子[5]，平川 英樹[1,2]

[1]九大院・生資環，[2]九大院・農，[3]かずさDNA研，[4]東大院・農，[5]九大院・理

植物が放出する揮発性有機化合物（BVOC）は，大気中でエアロゾルを形成し，放射収支や降水パターンを変化させる．BVOC は，同属でも種ごとに化学組成や排出量に違いがあり，多様性が注目されている．本研究は，ブナ科植物であるスダジイが産生する BVOC のうち代表的なテルペン類の生合成関連遺伝子の遺伝的多様性を明らかにするため，ハプロイドレベルでのゲノム配列を解読し，ハプロイド間の遺伝子発現の違いと各器官の遺伝子発現の季節変動について調べる．Pacific Biosciences 社製 Revio で得られた HiFi リードをアセンブルし，12 本の染色体に対応する primary（総延長 929.0Mb），haplotype1（877.8Mb），haplotype2（888.8Mb）を得た．Braker3 と GeMoMa の結果，primary では 38,337，haplotype1 では 36,626，haplotype2 では 35,188 の遺伝子が予測された．それぞれで 61，56，48 個のテルペン生合成関連遺伝子（IspS）候補を見出し，MCScanX を用いてハプロイド間で遺伝子の並びが保存されたシンテニー領域を検出した．IspS 候補のハプロイド間での発現を比較した結果，発現様式に違いがある対立遺伝子が観察された．さらに，全遺伝子の発現の季節変動を見るため，葉と芽の各季節の RNA-Seq リードをハプロタイプゲノムへマッピングしてアレル特異的遺伝子発現量（ASE）を算出した．組織や季節による全体的な発現動態を調べることで，同じ器官でも季節ごとに発現の周期性をもつ遺伝子群が確認された．

# P34

## ブナ科樹木 3 種の新規ゲノム解読及び遺伝子比較

*De novo* genome assembly and gene comparison of three Japanese oaks in the family Fagaceae

金 相完[1]，實下 愛梨[2]，田島 直之[3]，磯部 祥子[3,4]，佐竹 暁子[5]，平川 英樹[1,2]

[1]九大院農，[2]九大院生資環，[3]かずさDNA研，[4]東大院農，[5]九大院理

ブナ科樹木に多くみられる揮発性有機化合物（BVOC : Biogenic Volatile Organic Compounds）の大気放出は，大気組成や気候だけでなく，生態系や健康にも重要な影響を及ぼしていると考えられている．特にイソプレンは大気中に放出される BVOC の大半を占めており，環境変化による放出量の変化や合成関連酵素の詳細な作用機構はまだ完全に解明されていない．本研究では，ゲノム配列情報からブナ科に特異的なイソプレン合成関酵素群の探索およびその発現機構を明らかにすることを目的とした．まず，ブナ科樹木 3 種のミズナラ（*Quercus crispula*），アカガシ（*Quercus acuta*），シリブカガシ（*Lithocarpus glaber*）において T2T レベルの完全なゲノム配列解読を実施した．Pacific Biosciences 社製 Revio から得られた HiFi リードに対して Hifiasm を用いて haplotype を考慮した *de novo* ゲノムアセンブリを行った結果，ミズナラでは 822Mb，アカガシでは 937Mb，シリブカガシでは 942Mb の primary ゲノム配列が得られた．さらに近縁種のコナラ（*Quercus serrata*）のゲノム配列を参照して Scaffolding を行うことで，最終的にそれぞれの樹種において 12 本の染色体とミトコンドリアおよび葉緑体のゲノム配列が得られた．また，BRAKER3 による遺伝子予測を行い，primary でミズナラでは 30,515，アカガシでは 32,617，シリブカガシでは 30,481 の遺伝子を予測し，比較解析を行った．

# P35

## ストック花弁細状化変異体の育種利用および分子機構解析

Breeding Application and Molecular Mechanism Analysis of a Narrow Petal Mutant in *Matthiola incana*

志熊 恵二，藤田 知也，富永 晃好

静岡大・院総合科学技術

ストック（*Matthiola incana*）は冬季に開花し，0℃以下になることが少ない地域であれば無加温栽培可能な省エネルギー性の花卉として重宝されている．一方で花形の多様性に乏しく，近年は新規性の高い花形を有する品種開発が停滞している．そのため，新たな花形変異の開発と育種利用が求められている．本研究では，ストック乾燥種子へのイオンビーム照射により作出された花弁細状化変異体を用い，交配系統の作出と形態観察を行った．また，変異体ではジャスモン酸メチル（MeJA）処理により野生型に近い表現型への回復が認められた．そこで，MeJA 処理後の遺伝子発現解析を行い分子機構の解析を試みた．変異体と鉢花用品種‘キスミーシリーズ’3 品種を交配した結果，$F_1$ 世代はいずれも野生型表現型を示した．一方，$F_2$ 世代では，野生型表現型と花弁細状化表現型がおよそ 3：1 に分離した．さらに $F_3$ 世代では，様々な花色を有し花弁細状化表現型を示す個体が出現し，一部系統では両表現型がおよそ 3：1 に分離した．以上より，本変異は多様な花色背景での交雑育種に利用可能な形質であり，単一遺伝子による潜性形質であると考えられた．遺伝子発現解析では，MeJA 処理 24 時間後の蕾から RNA を抽出し，ジャスモン酸（JA）生合成関連遺伝子である *AOS* および *ACX1* の発現を解析した．その結果，*AOS* の発現量は対照区で野生型より変異体で有意に高く，MeJA 処理により両者で有意に増加した．一方，*ACX1* の発現量は対照区で両者間に差は認められなかったが，MeJA 処理により変異体においてのみ有意に低下した．以上より，変異体では JA 生合成経路における *ACX1*，あるいは *AOS* から *ACX1* に至る過程に異常が生じている可能性が示唆された．

# P36

## Organ specific Chemical Structure of Cell Wall-Cuticle Continuum in *Arabidopsis thaliana* by Microscopic Attenuated-Total-Reflection Infrared Spectroscopy

Hidemasa Teraoka[3], Yoshimi Oshima[1,2], Shota Saito[3], Atsuki Ishibashi[4], Tetsuya Hama[3]

[1]BPRC, AIST, [2]PRESTO, JST, [3]Grad. Sch. Arts & Sci., Univ. Tokyo, [4]Inst. Low Temp. Sci., Hokkaido Univ.

Most aerial plant organs are covered with a lipidic layer called cuticle, which protects plants from drought and other environmental stresses. Cuticle consists mainly of wax and cutin and forms a continuum with the epidermal cell wall. However, little is known about the molecular arrangement of the intact cell wall-cuticle continuum or its organ specificity, despite its importance for understanding cuticle multifunctionality. Here, we characterized intact cuticles of leaf, petal, stigma, and style of *Arabidopsis thaliana* using attenuated total reflection-Fourier transform-infrared (ATR-FTIR) microspectroscopy. Although Arabidopsis leaf cuticular waxes have often been suggested to be amorphous based on electron microscopy, our analysis showed that all four organs, including leaf, have crystalline waxes with the orthorhombic subcell structure at the surfaces. In addition, petal and stigma cuticles were richer in cutin than leaf and style cuticle. ATR-FTIR microspectroscopy also detected pectin and cellulose in all four organs within a depth of about 300-600 nm. These results provide key fundamental information on the chemical composition and molecular arrangement of the intact plant cell wall-cuticle continuum, including in small and soft organs, and provide a basis for integrated understanding of cuticular lipids and the epidermal cell wall across organs.

# P37

## dual *R* 遺伝子と non-NLR 型 *R* 遺伝子が拓く植物多層免疫機構：シロイヌナズナ炭疽病抵抗性の新展開

Dual *R* genes and non-NLR *R* genes reveal multilayered plant immunity: Insights into *Arabidopsis* resistance to *Colletotrichum* pathogens

鳴坂 真理[1]，井内 聖[2]，井内 敦子[2]，鳴坂 義弘[1]

[1]岡山生物研・植物活性化G，[2]理研・BRC

植物は抵抗性（*R*）遺伝子産物を介して病原菌由来エフェクターを認識し，防御応答を誘導する．これまで多くの *R* 遺伝子は NLR（Nucleotide-binding leucine-rich repeat）型として理解されてきたが，その多様性や進化機構には未解明な点が多い．私たちはモデル植物シロイヌナズナを用い，炭疽病菌に対する複数の新規 *R* 遺伝子を同定した．まず，アブラナ科野菜類炭疽病菌 *Colletotrichum higginsianum* に対しては，隣接する 2 つの NLR 型遺伝子 *RPS4* と *RRS1* が協調して機能する dual *R* 遺伝子システムを明らかにした．さらに，同菌に対する新規抵抗性遺伝子座 *RCH1*（Recognition of *C. higginsianum*）を発見した．*RCH1* は既知の NLR ドメインを持たない新規 non-NLR 型 *R* 遺伝子であり，一部生態型では dual *R* 遺伝子と *RCH1* を併せ持つことで，より強い抵抗性を示すことを明らかにした．加えて，ダイコン炭疽病菌 *Colletotrichum incanum* に対する *R* 遺伝子 *RCI1*（Recognition of *C. incanum*）を単離した．*RCI1* も新規 non-NLR 型 *R* 遺伝子であり，EDS1 非依存的に機能することから，従来とは異なる防御経路の存在が示唆された．これらの成果は，植物免疫が単一の NLR 型受容体だけでなく，dual *R* 遺伝子や non-NLR 型 *R* 遺伝子を含む多層的な認識システムによって成立していることを示す．今後，これらの知見は炭疽病抵抗性作物の分子育種や新規植物保護技術の開発に資するものと期待される．

# P38

## セリ科薬用植物の特化代謝にキュウリモザイクウイルスが与える影響

Effects of Cucumber Mosaic Virus on Specialized Metabolism in Medicinal Plants of the Apiaceae Family

川上 寛子[1]，上之郷 玉星[1]，今 辰哉[1]，河下 美都里[2]，藤 晋一[1]

[1]秋田県大・生物資源，[2](株)ツムラ

セリ科のセンキュウ（川芎）やトウキ（当帰）は，根茎が婦人薬などに用いられる重要な生薬植物である．近年，センキュウには複数の植物ウイルスが感染することが報告されており，特に，キュウリモザイクウイルス（CMV）の感染レベルの上昇は，植物体の枯死と関連する可能性が示された一方で，特化代謝への影響は不明であった．本研究では，CMV がセリ科薬用植物の特化代謝に与える影響を明らかにすることを目的とした．

まず，センキュウカルスにセンキュウ由来 CMV を接種したところ，処理後 10 日の Ligstilide（LIG）及び 3-*O*-caffeoylquinic acid（3-CQA）量は対照区で多く，処理区では有意に蓄積が抑制された．さらに 3-CQA の産生は CMV 処理直後から抑制される傾向がみられた．

さらに，トウキ植物体を用いて，汁液接種及びアブラムシ接種によってセンキュウ由来 CMV を接種した．その結果，アブラムシ接種において処理後 14 日目で葉脈の黄化を観察した．地上部の LIG 量は 7 日目で CMV 処理区において増加傾向を示した．3-CQA 量は CMV 処理区において 4 日目で有意に減少し，21 日目で増加した．また地下部では 30 日目の 3-CQA 量が CMV 処理区で有意に増加した．

以上より，CMV 処理したセンキュウカルスおよびトウキでは，LIG および 3-CQA の産生パターンに一部共通した変動が確認された．これらの知見は，セリ科薬用植物の抵抗性応答において，LIG および 3-CQA が重要な鍵物質として機能する可能性を初めて示すものである．

# P39

## ナガエツルノゲイトウの地上部における鉛直方向への伸長が節での発根に及ぼす影響について

The effect of vertical elongation of the aboveground parts of Alternanthera philoxeroides on rooting at nodes

上村 隼生[1]，前田 莉望愛[2]，今井 博之[1,2]

[1]甲南大･院自然科学，[2]甲南大･理工

ナガエツルノゲイトウ（Alternanthera philoxeroides）は，南米原産のヒユ科の侵略植物である．本種は中空の茎を持ち，節から高い再生能力を発揮する．先行研究により，デンプン粒による重力感知機構が報告されており，ナガエツルノゲイトウにおいても重力を感じるアミロプラストの局在が確認されている（Shibsankar et al., 2023）．本研究では，その発根メカニズムを解明するため，二つの視点から調査を行った．まず，節からの発根に着目し，地上部の傾斜角の影響を調査した結果，強い方向性が示唆された．地表と平行な穏やかな角度（25°以下）で伸長させた場合は 97%の発根が確認されたのに対し，鉛直方向に伸長させた場合（約 80%）では発根が抑制されることが明らかになった．統計解析の結果，ナガエツルノゲイトウの発根は，地上部の角度，ひいては重力的な環境因子に強く依存することが示された．次に，ホルモンシグナルによる影響を評価するため，対生葉を含む断片を液体培地でシュート化させ，インドール-3-酪酸（IBA）を添加したところ，シュート節からの明確な発根が確認された．これらの結果から，ナガエツルノゲイトウの発根は，単なる環境因子への受動的な応答に留まらないことが示唆される．むしろ，重力などの物理的環境シグナルと，IBA 添加によるホルモンシグナルという二つの要素が協働することで，「特定の部位（節）」で高い出芽能が誘導されていると考えられる．今後の課題として，本節での根の発生に特異的に関わる分子メカニズムを解明することが極めて重要である．

# P40

## シロイヌナズナの HSFA2 は 5 分の熱ストレスの記憶を制御する

HSFA2 regulates memory of 5-min heat stress in *Arabidopsis thaliana*

小野 莉子[1]，湯瀬 真衣[2]，鈴木 伸洋[2]

[1]上智大院　理工学研究科，[2]上智大　理工学部

地球温暖化の進行による作物の収量の低下が懸念される中，植物の熱ストレス応答機構の解明は，作物の収量維持に繋がる重要な課題と考えられる．弱い高温にさらされた植物は，通常の温度に戻っても，一度活性化された熱応答機構を維持する熱記憶により，その後の致死的な熱に対する耐性を獲得する．当研究室では，シロイヌナズナは 5 分という短時間の熱ストレスを記憶できることがわかっており，本研究ではそのメカニズムに注目した．まず，5 分の熱ストレスおよびその後の 1 時間回復処理を行ったシロイヌナズナ野生型植物体（WT）のトランスクリプトーム解析を行ったところ，Hsf 遺伝子群の中で唯一，HsfA2 の発現がストレス直後および回復時の両方で上昇することが明らかとなり，この遺伝子の重要性が示唆された．また，1 時間回復時には病害応答遺伝子の発現も上昇することがわかった．次に同様のストレスおよび回復処理を行った WT および HSFA2 欠損変異体（hsfA2）について，病害応答遺伝子，Dreb や Erf などのストレス応答性転写制御因子，並びにいくつかの Hsp の発現を解析した．その結果，WT と比較して，hsfA2 植物体においてこれら多くの遺伝子の発現が 5 分の熱ストレス直後または 1 時間回復後に低下した．これらの結果から，HSFA2 が病害応答機構および多様な転写因子を介して，5 分の熱ストレスの記憶を制御することが示された．

# P41

## シロイヌナズナ *Elm2 Domain Protein* 遺伝子に関する変異体の熱ー乾燥複合ストレス応答

Respponses of Arabidopsis mutants deficient in *Elm2 domain protein* gene to heat-drought combination

小室 一喜，Rita Rose Chacko，鈴木 伸洋

上智大院･理工学専攻

これまでの多くの研究から，様々な単一のストレスに対する応答機構が明らかになっている．しかし，実際の自然環境における植物は複数のストレスが同時に発生した環境に晒されることが多いため，それに対する応答機構の解明が近年，重要視されている．先行研究より，シロイヌナズナの *Elm2 domain protein* 遺伝子（*Elm2dp*）は熱-乾燥複合ストレス（以下，複合ストレス）条件下で発現が上昇することが示されており，このストレス条件下において重要な役割を担うと考えられる．そこで本研究では，*Elm2dp* 遺伝子を欠損したシロイヌナズナ変異体の解析から，複合ストレス応答メカニズムの一端の解明を試みた．

シロイヌナズナ野生型（WT）および *Elm2dp* 遺伝子の 5'-UTR または Exon に T-DNA が挿入された変異体（*elm2dp-utr*, *elm2dp-ex*）を熱，乾燥および複合ストレス条件で処理し，ストレス耐性，並びに ROS およびエネルギー制御に関するパラメータを調査した．その結果，いずれの変異体も WT と比較して強い複合ストレス耐性を示した．また，これらの変異体は WT よりも低いレベル $O_2^-$蓄積の低下および高いレベルの光合成活性を示した．一方，ATP 含有量，並びにミトコンドリア電子伝達系及び解糖系関連遺伝子の発現量に WT と変異体の間に明確な差は見られなかった．これらの結果から，*Elm2dp* 欠損変異体の複合ストレス耐性の向上は主に，ROS の制御および葉緑体の機能維持によるものと考えられる．

# P42

## 短時間熱ストレスの記憶がトマトおよびコマツナの熱ストレス応答に与える影響

Effects of memory of short-term heat stress on tomato and Komatsuna

竹澤 芽生[1]，鈴木 伸洋[2]

[1]上智大院･理工学研究科，[2]上智大･理工学部

地球温暖化に伴う熱ストレスは作物の収量に悪影響を及ぼすため，その対策は重要な課題である．植物が一度高温にさらされる際に活性化される熱応答は，通常の温度に戻った後もしばらく高いレベルで維持される．これは熱記憶と呼ばれ，高温馴化につながる重要な反応である．先行研究では，シロイヌナズナにおいて，5 分の熱ストレスとその後の 3 時間の回復が高温馴化能を向上させることが示された．本研究では，同様の処理がシロイヌナズナ以外の植物種でも有効かどうかを検証した．トマト（Micro-Tom）およびコマツナ（江戸の舞）に，5 分の熱処理を行い，通常条件で 0，1 および 3 時間回復させた後，致死的な熱処理を行った．トマトおよびコマツナの両方で熱および回復の前処理を行っていない植物，並びに 5 分の熱処理のみを行った植物で葉の枯死が見られた．一方，このような葉へのダメージは 5 分の熱処理後に 1 時間または 3 時間の回復処理を行った場合には軽減され，短時間熱ストレスの記憶がトマトおよびコマツナでも高温馴化に有効であることが示された．また，$H_2O_2$ 含有量，光合成量子収率および光合成速度も測定した．トマトでは，$H_2O_2$ 含有量に処理区間で差が見られなかったものの，光合成量子収率，光合成速度ともに，3 時間回復処理を行った場合，ストレス処理前と同等のレベルにまで回復した．また，コマツナでは，3 時間回復処理を行ったもので H2O2 含有量の低下および光合成速度の向上が見られた．これらの結果から，トマトおよびコマツナにおける短時間熱ストレス記憶による熱ストレス耐性向上に ROS 制御または光合成能の維持が関与していることが示された．

# P43

## シロイヌナズナにおける短時間熱ストレスの記憶の制御への Ios1 遺伝子の関与

Involvement of *Ios1* gene in the regulation of memory of short-term heat stress in *Arabidopsis thaliana*

有吉 沙耶香[1]，湯瀬 真衣[2]，鈴木 伸洋[2]

[1]上智大院　理工学研究科，[2]上智大　理工学部

近年の地球温暖化による熱ストレスは作物生産に深刻な影響を与えており，その対策は急務である．植物は弱い熱ストレスを経験すると，一度活性化された熱ストレス応答機構を通常条件に戻った後も維持する熱記憶の能力をもち，これは獲得熱耐性につながる重要な応答である．先行研究では，モデル植物のシロイヌナズナが 5 分という短時間の熱ストレスを記憶することができ，それが獲得熱耐性の向上につながることが示された．本研究ではその詳細なメカニズムの一端を解明することを目的としている．まず，5 分の熱ストレスおよびその後の 1 時間の回復処理を行ったシロイヌナズナ野生型植物体（WT）でトランスクリプトーム解析を行ったところ，熱応答遺伝子に加え，*Ios1* を含む病害応答遺伝子の発現も 5 分の熱ストレス処理後 1 時間回復させたときに著しく上昇することがわかり，この結果は，病害応答機構も短時間の熱ストレスの記憶の制御に関与することを示している．次に，*Ios1* を欠損したシロイヌナズナ変異体に 5 分の熱ストレス並びに 0，1 および 3 時間の回復処理を行い，*Hsps* の発現を解析したところ，WT では 1 時間回復時にピークが見られた *Hsps* の発現が，変異体で低くなる傾向が見られた．また，熱記憶の重要因子として知られる *HsfA2* もこの発現パターンを示した．この結果から，*Ios1* が短時間の熱ストレス記憶において，*Hsps* の発現の制御に関与する可能性がある．さらに，病害応答のシグナルとして働く $H_2O_2$ の蓄積も調査したところ，WT では 3 時間回復時に上昇したのに対し，変異体では減少する傾向がみられ，ROS シグナルと短時間熱記憶の間の関連も示唆された．

# P44

## アイスプラント由来 RNA シャペロン導入によるポプラの塩，乾燥，高温ストレス耐性向上の評価

Improved Salt, Drought, and Heat Stress Tolerance in Poplar by an Ice Plant–Derived RNA Chaperone

柏 志承[1]，鹿倉 悠平[1]，小口 太一[2,3]

[1]筑波大･院･生命資源科学，[2]筑波大･生命環境，[3]筑波大･T-PIRC

ポプラ属林木は北半球温帯域における重要な造林樹種であるが, 塩や乾燥などの環境ストレスに脆弱である．本研究では，塩生植物アイスプラント（*Mesembryanthemum crystallinum*）から単離された RNA シャペロン遺伝子 *McRBP* に着目し，ポプラにおける環境ストレス耐性付与効果を検証した．*McRBP* の導入はユーカリにおいて塩ストレス耐性を有意に向上させることが報告されているが，ポプラにおける機能評価や，塩以外の環境ストレスに対する関与は不明である．そこで本研究では，先行研究で作出された *McRBP* 導入ポプラ（*Populus tremula*×*P. tremuloides* T89）19 系統から，発現量の異なる 3 系統を選抜し，特定網室および *in vitro* 系で表現型解析を行った．特定網室での塩（NaCl）ストレス試験において，組換え系統は非組換え体と比較して光合成量子収率（QY）の低下およびイオンリーケージ（IL）の上昇が抑制され，塩ストレス耐性の向上が認められた．さらに，リーフディスクを用いた乾燥および高温ストレス耐性試験においても，組換え系統では QY の低下および IL の上昇が抑制され，塩以外の環境ストレスに対する耐性向上の可能性が示唆された．以上の結果から，*McRBP* の導入はポプラにおいて塩だけでなく，乾燥や高温を含む複数の環境ストレス耐性向上に寄与することが示唆された．

# P45

## 環境シミュレーターを活用したキヌア栽培条件の検討と開花制御機構の解析

Investigation of Quinoa Cultivation Conditions Using an Environmental Simulator and Analysis of Flowering Control Mechanisms

小賀田 拓也[1], 永利 友佳理[1], 田中 ファン[2], 小林 安文[1], Meseret Gutema[3], Hatairat Dangjarean[1,4], Sara Neyrot[1,4], Mariel Bonifacio[1,4], 村田 善則[1], 西原 英治[3], 坪 充[5], 藤田 泰成[6,7]

[1]国際農研･生物資源利用, [2]国際農研･生産環境畜産, [3]鳥取大･農, [4]筑波大院･生命地球, [5]鳥取大･乾燥地研, [6]国際農研･食料栄養, [7]筑波大･生命環境

南米原産のヒユ科擬穀類 *Chenopodium quinoa* （キヌア） は，優れた栄養特性と環境適応力を有することが知られている．標高約 3,800 メートルのアルティプラーノに位置するボリビア南部高地は，高原砂漠性の厳しい気象条件に加え，ウユニ塩湖周辺では高塩濃度土壌が形成されるなど, 作物栽培にとって過酷な環境である．キヌアはこうした条件下でも栽培が可能であり，同地域は「レアル（Real)」と呼ばれる大粒・高品質キヌアの一大産地となっている．近年，キヌアのゲノム解読と情報基盤の整備が進み，その特異な生理機能が徐々に明らかにされている．また，キヌアの機能ゲノミクス解析手法として，ウイルスベクターを用いた遺伝子機能解析系が確立されている．キヌアはアンデス山脈に沿った広範な地域で栽培され，異なる環境や光周期に適応した系統が形成されてきたと考えられる．キヌアの系統進化と開花制御機構の理解は，有用品種等の開発や利用拡大に寄与すると期待される．一方，一般的な人工気象器では高原砂漠性気象の再現が難しく，日本の環境においては，特にレアル品種の育成や花成関連因子の解析が困難であった．そこで本研究では，亜熱帯砂漠シミュレーターを用いてボリビア南部高地の環境を一定程度模倣し, 南米高地で栽培される複数のキヌア系統および交配育種系統を用いた栽培試験を行い，生育や収量に関する評価を行った．その結果，同シミュレーター条件下ではレアル品種は良好に生育し，収量評価が可能であった．現在，栽培条件を制御し，高地系統における開花制御因子の機能解析を進めている．

# P46

## トマト MADS-box 遺伝子 *Jointless* による低温ストレス応答

Low-temperature stress response mediated by the tomato MADS-box gene *Jointless*

岡 夏実，Xiaohan Li，三浦 謙治

筑波大･生命地球科学

本研究では，MADS-box 遺伝子である *Jointless* がトマトにおいて寒冷ストレス耐性を負に制御する可能性を示した．MADS-box 遺伝子群は，植物の花器官形成や開花時期などの発達を制御する転写因子群である．*Jointless* は離層形成に関与する遺伝子であり，そのナンセンス変異体は離層を形成しないため，果実収穫の効率化を目的としてトマト産業で広く利用されている．

近年，MADS-box 遺伝子群が植物の発達制御のみならず，非生物ストレス応答にも関与することが報告されている．*Jointless* はトマトにおける MADS-box 遺伝子であることから，*Jointless* のストレス応答性について明らかにすることとした．本研究では，*Jointless* ナンセンス変異体および野生型（WT）を 4 ℃条件下で処理し，寒冷ストレス応答を評価した．その結果，*Jointless* 変異体では WT と比較して電解質漏出量（EL 量）およびマロンジアルデヒド（MDA）量が減少した．また，葉面積の減少も WT より抑制されていた．これらの結果から，*Jointless* 変異体では寒冷ストレスによる細胞損傷が軽減され，寒冷ストレス応答が向上していることが示唆された．*Jointless* は栄養成長期から生殖期の移行時に植物内の生理学的反応に影響を与え，非生物ストレス応答に影響を与えるのではないかと考える．以上より，*Jointless* は離層形成などの発達制御に加え，寒冷ストレス応答にも関与することが示唆された．さらに，本研究は MADS-box 遺伝子群と非生物ストレス応答との新たな関連性を示す知見であり，発達制御と環境応答を結びつける分子機構の理解に貢献すると考えられる．

# P47

## Synthetic microbial community enhance salt stress tolerance of *Arabidopsis thaliana* by reshaping salt stress responsive regulatory pathways

Hatairat Dangjarean[1,2], Yoshinori Murata[1], Yasufumi Kobayashi[1], Yasunari Fujita[1,2]

[1]Biological Resources and Post-harvest Division, Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), [2]Graduated School of Science and Technology, University of Tsukuba

Climate change is intensifying abiotic and biotic stresses, particularly soil salinization, which has become a major global constraint on crop productivity. Synthetic microbial community (SynCom) have been reported to enhance plant tolerance to salt stress, however, their synergistic effects and underlying plant microbe interactions remain largely unexplored. In this study, SynComs was constructed from endophytic bacteria isolated from *Chenopodium quinoa*. SynCom significantly improved salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*, resulting in increases root length, fresh and dry weights compared with untreated. The transcriptome analysis was performed to elucidate the molecular mechanisms underlying plant microbe interaction. SynCom treatment profoundly reshaped salt stress-responsive regulatory pathways in *Arabidopsis*. Notably, the phenylpropanoid biosynthesis was significantly upregulated, whereas glutathione metabolism was downregulated, suggesting a coordinated reprogramming of key pathways associated with salt stress adaptation. These findings provide molecular insights into SynCom-mediated salt tolerance and highlight their potential as bioinoculants for enhancing plant salinity tolerance.

# P48

## マーガレット由来 *FT-like* 遺伝子の単離および発現解析

Isolation and expression analysis of *FLOWERING LOCUS T-like* genes in marguerite

山地 母恵[1]，田中 真優子[2]，山﨑 未紗[2]，深井 誠一[1]，鳴海 貴子[1]

[1]香川大・院農学，[2]香川大・農学

マーガレット（*Argyranthemum frutescens* (L.) Sch. Bip.）の花成は，日長よりも温度の影響を強く受け，高温条件下ではマーガレットの開花が遅延することが知られている．キクにおいて，高温による開花遅延に *FLOWERING LOCUS T*（*FT*）*-like* 遺伝子 *CmFTL3* の発現抑制が関与することが報告されている．マーガレットにおいても，高温による開花遅延に *FT-like* 遺伝子が関与する可能性がある．そこで本研究では，マーガレットにおける高温による開花遅延機構を明らかにすることを目的として，*FT-like* 遺伝子の単離および発現解析を行った．

既知のキク科植物の *FT-like* 遺伝子配列を基にディジェネレイトプライマーを設計し，‘在来白’から PCR 法により 2 種類の *FT-like* 遺伝子の部分配列を単離した．20℃一定区および 25℃一定区で栽培した‘在来白’を用いて，両遺伝子の発現解析をリアルタイム PCR 法により行った．内部標準にはマーガレット由来の *AfEF1α* を用いた．その結果，20℃一定区では両遺伝子の発現量は発蕾に向けて増加し，蕾の成長とともに減少した．一方，発蕾が著しく抑制された 25℃一定区では，両遺伝子ともに顕著な発現量の増加は認められなかった．以上の結果から，単離した *FT-like* 遺伝子はマーガレットの花成に関与し，高温条件下での開花遅延に両遺伝子の発現抑制が関与することが示唆された．現在，マーガレット由来の *AfFTL1* および *AfFTL2* 遺伝子の機能解析を行うため全長 cDNA の単離を進めている．

# P49

## フジ属植物における培養技術の検討

Investigation of *in vitro* propagation techniques for *Wisteria* spp.

幅 裕香梨[1]，深尾 賢志[2]，富永 晃好[1,2]

[1]静岡大・院総合科学技術研究科，[2]岐阜大・院連合農学研究科

フジ属植物（*Wisteria* spp.）は，マメ科の木本性つる植物であり，東アジアおよび北アメリカの温帯地域に自生する．園芸品種には，ノダフジ（*W. floribunda*），ヤマフジ（*W. brachybotrys*），シナフジ（*W. sinensis*）およびアメリカフジ（*W. frutescens*）の 4 種が主に利用されている．フジ属植物は，観賞価値の高い庭園樹として広く利用され，我が国において古くから親しまれてきた伝統的かつ重要な園芸植物である．一方で，花色および花型の多様性に乏しく，新品種育成事例は限られている．我々はフジ属植物の新品種作出に向けた育種研究を進めており，将来的には優良系統を効率的かつ安定的に増殖する技術の確立が求められる．

フジ属植物の培養技術に関しては，アメリカフジにおける腋芽培養による増殖（West & Jahnke，2015）が報告されているが，その他のフジ属植物に関する報告は少ない．そこで本研究では，育種親として利用しているノダフジを対象に，*in vitro* 条件下での培養技術の確立を目的とした．本発表では，(1) 培養物の切り出し方法，(2) 培地組成，(3) 殺菌条件について検討した結果を報告する．

生長点および腋芽培養では，カルス形成および新芽形成が認められたものの，その後の顕著な生育は認められず，効率的な増殖には課題が残った．一方，緑枝挿し培養では培養開始 1 週間後から発芽が認められ，増殖方法としての有用性が示唆された．しかし，カビの発生による汚染率は，殺菌条件によって 40〜80%と高かった．以上より，今後は緑枝挿し培養を中心に，培地条件および殺菌条件の最適化を進める必要があると考えられた．

# P50

## エゾマツの不定胚形成における不定胚形成細胞系統間の再生効率評価

Evaluation of regeneration efficiencies among embryogenic tissue lines in somatic embryogenesis in *Picea jezoensis*

丸山 莉生[1,2]，中田 了五[3]，船田 良[4]，半 智史[5]，杉本 慶子[1,2]

[1]理研CSRS，[2]東大院理，[3]森林総研林育セ，[4]静岡県立農林環境専門職大，[5]農工大・院農

針葉樹の不定胚形成では，不定胚形成細胞（ET）の増殖率や不定胚の成熟効率は，誘導元である種子胚の遺伝子型に強く依存することが知られている．不定胚形成系の実用化においては増殖・成熟効率の高い系統を選抜することが安定的な苗木生産につながるため，細胞系統間における再生効率の評価は重要である．本研究では，エゾマツ（*Picea jezoensis*）の未成熟種子胚を初期材料として複数の ET 系統を誘導し，ET の維持・増殖から植物体への転換までの各段階における細胞系統間の再生効率を評価した．

森林総合研究所林木育種センターの林木遺伝資源配布により同北海道育種場に生育するエゾマツ 3 母樹から球果を採取し，600 個の未成熟種子胚を供試した結果，25 の ET 系統が誘導された（ET 平均誘導率：4.2%）．このうち，約 1 年間安定して維持・増殖した系統は 15 系統であり，これらの ET 系統を対象に同一の培地培養条件にて ET の増殖率，不定胚の成熟効率，発芽率・発根率・植物体への転換率を測定した．各 ET 系統の培養 3 週間における増殖率は約 150〜350%であった．不定胚の成熟試験では，9 系統から成熟不定胚が誘導され，ET 1 g あたり 30〜1002 個の不定胚が得られた．発芽試験では，発芽率・発根率は全系統で 92〜100%と高く，植物体への転換率は 7 系統で 70〜96%という高い転換率が得られた．以上より，ET 系統間で再生効率の各指標に差異が認められた．

今後は，今回誘導したエゾマツの複数の ET 系統を用いて，不定胚を初期材料として ET を誘導する二次不定胚形成系の確立を試みる．本系は不定胚形成誘導過程の分子機構解明において有用な実験系となり，あらゆる遺伝子型における不定胚形成系の再生効率向上への貢献が期待される．

# P51

## クコの組織培養による有用物質生産に関する基礎的研究 I

Fundamental Study I on Production of Bioactive Compounds by the Tissue Culture of *Lycium chinense*

茅野 光世，原 光二郎，小峰 正史，川上 寛子

秋田県大院･生物資源

クコ（*Lycium chinense*）は果実（枸杞子）の他，根（地骨皮）も生薬原料として利用される薬用植物である．これまで，クコ葉由来カルスの誘導条件と 3-*O*-caffeoyl quinic acid（3-CQA）産生条件について明らかにした一方，カルスが継代培養過程で褐変し，持続的な培養が困難であった．そこで，本研究では褐変抑制に最適な培養条件を検討し，さらには 3-CQA 産生に与える影響を明らかにした．まず，アメリカ，遠州，千成の 3 品種の茎をカルス誘導培地に植え付け，20 ℃または 25 ℃で培養し，植え付けから約 20 日おきにカルス誘導率を算出した．次に，吸着剤がカルスの褐変に与える影響を調べた．0.5，1.0 %活性炭，0.05，0.2 %シリカゲル，0.2，0.5，1.0，1.2 %アンバーライト XAD（AL-XAD）の計 8 試験区にアメリカの茎を植え付け，カルス誘導した．また，カルスのメタノール抽出物を LC-MS 分析し，3-CQA 含有量を算出した．その結果，25 ℃条件下のアメリカで最も高いカルス誘導率を示し，3-CQA 含有量が増加した．吸着剤添加試験では植え付けから 1 ヶ月で活性炭 0.5 %添加区のカルスで褐変が最も抑制された．シリカゲル及び AL-XAD はどの試験区でも植え付けから 1 ヶ月で褐変した．一方，植え付けから 2 ヶ月後には活性炭添加区の一部で褐変したものの，0.5 %以上の AL-XAD 添加区の一部カルスでは褐変の改善がみられた．3-CQA 産生は吸着剤添加によって減少し，特に AL-XAD 添加区で顕著であった．本研究では品種及び培養温度によってカルス誘導率や 3-CQA 産生量に差が生じることを初めて明らかにした．また，クコの組織培養において活性炭及び AL-XAD の添加が褐変抑制に有効であることを初めて明らかにした．

# P52

## シロイヌナズナにおける光による不定胚形成促進に対する過酸化水素の働きについて

The effect of hydrogen peroxide on the promotion of somatic embryo formation by light in *Arabidopsis thaliana*

徳永 天弥[1]，東 克己[1,2]

[1]帝京科学大学･院･理工学，[2]帝京科学大学･生命環境･生命科学

植物における体細胞からの不定胚形成は，植物細胞の分化全能性を証明する現象であり，また，植物の大量繁殖技術の一つとしても重要な現象である．著者らは，ニンジンやシロイヌナズナの不定胚形成において，光の促進効果を見出した．この光による不定胚形成促進効果の要因について調べたところ，ニンジンでは光照射により，外植片内に過酸化水素等の活性酸素種が蓄積することを見出した．また，ニンジン胚軸への過酸化水素の添加は，不定胚形成を促進することから，光照射は，過酸化水素の蓄積を介して不定胚形成に影響していると考えられた．そこで本研究では，同様に光による不定胚形成促進効果が見られるシロイヌナズナにおいても，過酸化水素が不定胚形成を促進するかについて解析した．吸水種子からの不定胚形成において，2,4-D を含む B5 培地に置床後，過酸化水素を 24 時間おきに 3 回添加して，その効果を調べた．その結果，光による不定胚形成促進が見られた実験回においては，過酸化水素添加により不定胚形成が有意に促進していた．一方，一部の実験回では，光による促進効果が認められず，過酸化水素の促進効果も見られなかった．この結果の不安定さについて調べるために，異なる不定胚誘導系である，未熟胚からの不定胚形成で，同様の解析を行なったところ，有意差は見られないものの，吸水種子からの不定胚形成同様の不安定な傾向が認められた．これらの結果をもとに，光や過酸化水素の不定胚形成への作用のメカニズムについて考察を行なった．

# P53

## ウニコナゾールおよび $GA_3$がエビネの種子発芽および初期成長に及ぼす影響

Effects of uniconazole and $GA_3$ on seed germination and early seedling growth of *Calanthe discolor*

里見 拓飛[1]，神戸 敏成[1,2]

[1]龍谷大･院農，[2]龍谷大･農

地生ランであるエビネ（*Calanthe discolor*）は絶滅危惧種に指定されており，効率的な種子発芽技術の確立が求められている．ジベレリン（GA）は多くの植物で種子発芽を促進するが，ラン科植物では抑制することが報告されている．同じ地生ランであるシラン（*Bletilla striata*）では，GA 生合成阻害剤の添加が種子発芽を促進することが示されているが，エビネでの報告はない．そこで本研究では，GA 生合成阻害剤であるウニコナゾール（UCZ）および $GA_3$がエビネの種子発芽と初期成長に及ぼす影響を調査した．

種子を有効塩素 1%の次亜塩素酸ナトリウムで殺菌後，NEW 堂ヶ島培地に $GA_3$（0.035，0.35，3.5 mg/L）または UCZ（0.03，0.3，3.0 mg/L）を添加した区および無添加区の計 7 区に播種し，25℃，暗黒条件で培養した．播種後 140 日間経時的に観察し，発芽個体数および初期成長段階を 5 段階（発芽前期，発芽期，プロトコーム期，仮根期，シュート期）に分類して評価した．

播種 140 日後の発芽率は，UCZ 0.03 および 0.3 mg/L 添加区でそれぞれ 61.9%，62.2%となり無添加区（52.1%）より高く，$GA_3$ 3.5 mg/L 添加区では 42.8%と低かった．成長段階別割合では，UCZ 0.3 mg/L 添加区においてプロトコーム期（12.0%），仮根期（4.0%），シュート期（7.3%）が無添加区（4.3%，1.0%，0.6%）より高く，UCZ 0.03 mg/L 添加区でもプロトコーム期（9.1%）が高かった．$GA_3$添加区では成長割合に差は認められなかった．以上の結果から，UCZ はエビネの種子発芽および初期成長を促進し，$GA_3$は種子発芽を阻害することが示された．

# P54

## バイオ燃料植物ジャトロファの不定芽誘導過程における形態形成および遺伝子発現動態

Morphogenesis and gene expression dynamics during leaf-disc-derived shoot regeneration in a biofuel crop *Jatropha curcas*

河合 弘太[1]，松尾 真子[2]，明石 欣也[1,2]

[1]鳥取大院･連農，[2]鳥取大･農

【目的・方法】ジャトロファは乾燥耐性と高い種子油含量を有するバイオ燃料植物として有望であるが，遺伝子導入効率や再分化効率の低さが分子育種技術の利用を制限している．再分化過程では，分化した細胞が器官形成能を再獲得しシュートメリステムを形成するが，その分子機構は十分に解明されていない．本研究では，ジャトロファ子葉リーフディスクから TDZ により誘導される不定芽の形成過程について．形態学的変化と時系列トランスクリプトーム変動を統合的に解析し，再分化を制御する遺伝子ネットワークに関する基盤情報の取得を目的とした．

【結果】TDZ 添加培地での培養 10 日目には切断面周辺に約 50 μm 径の淡黄色の粒状細胞塊が形成され，細胞分裂の活性化を伴うカルス形成が確認された．20 日目にはカルスが局所的に隆起し，高さ約 5 mm の不定形組織を形成するとともに，表面に約 50 μm 径の円盤状，球状，または繊維状の微細突起を多数生じ，白色のカルス外観を呈した．30 日目にはアントシアニン様の着色を示す葉原基様構造が観察され，TDZ 誘導下におけるシュート形成過程の形態変化を段階的に整理できた．RNA-Seq 解析では，培養初期に切断に伴うストレス応答や ROS 制御に関連する遺伝子群の変動が認められ，中期以降には細胞壁や植物成長調整物質応答に関わる遺伝子群の発現変化が顕著であった．また各発生段階に特異的な転写因子や情報伝達因子の転写活性化が見いだされ，不定芽形成に伴う発生プログラムおよび代謝制御の段階的な制御機構の存在が示唆された．

# P55

## サツマイモの細胞農業に関する検討

Cellular agricultural approach of sweet potatoes

荻田 信二郎[1]，政光 俊佑[1]，山本 幸弘[1]，葉 顥銘[2]

[1]県立広島大･生物資源，[2]國立中興大學･生命科学院

【はじめに】 細胞農業とは，本来は動物や植物から収穫される産物を，対象生物の細胞を培養することで生産する技術体系を指す．21 世紀型の革新的フードテックとして期待されており，動物細胞培養食品は 2020 年以降，社会実装が加速している．一方，植物細胞を用いた食品開発は，海外でコーヒーやカカオの事例が報告されているものの，その進展は緩やかである．本研究では，塊根および茎葉が食用として用いられるサツマイモの細胞農業技術を整備する目的で，細胞・組織培養方法の整備を行った．

【研究概要】 皮色，糖度，食味など品種特性により選定した 8 品種のサツマイモについて，無菌苗を増殖維持する方法を検討した．次に，葉，茎，根由来の細胞株（カルス）をそれぞれの品種で誘導し，増殖性や分化性などを詳細に調査し，食用細胞候補株として選抜を試みた．

【結　　果】 屋外の農場で栽培している各種サツマイモの蔓を，長さ約 30−40cm で採取し，屋内のバットで水耕栽培に供した．およそ 1 か月の栽培で各節から発生した新茎葉を材料として，ホルモン無添加の MS 培地で旺盛に増殖するサツマイモの無菌苗を作成することができた．次に，無菌苗から葉，茎，根を切り出してサイトカイニンである BA やオーキシンである NAA や 2,4-D を含有した MS 培地に植え付けた．概ね 2 週間以内に，各種植物切片からカルスの誘導が認められ，すべての品種において BA の単独添加条件がカルスの増殖に有効であった．なお，カルスの色調や分化特性は，品種によって異なる傾向を示し，不定胚を形成しやすい品種や，黄白色や橙色，赤色など色素の蓄積しやすい品種などが確認できた．

# P56

## イネ細胞農業に向けた食品グレード低コスト培地 FG-N6CI の開発

Development of a Cost-Effective Food-Grade Medium FG-N6CI for Rice Cellular Agriculture

五十嵐 圭介，松本 萌人

東北大･院農

植物細胞農業は，環境負荷を抑えた新たな食料生産基盤として期待される一方，従来の試薬グレード培地は原料コストと食品利用時の規制対応が課題である．本研究では，イネ（*Oryza sativa* L. 'Taichung 65'）カルス培養に用いる N6CI 培地を基盤に，食品添加物規格または食品原料で構成した食品グレード基礎培地 FG-N6CI を設計した．食品添加物として認められない $MnSO_4$，$H_3BO_3$，KI，カザミノ酸は，それぞれマンガン酵母，ホウ素サプリメント，昆布粉末，酵母エキスに置換し，植物ホルモンとして 2,4-D を添加した．初期新鮮重 0.1 g のカルスを 35 日間培養したところ，FG-N6CI 区の新鮮重は 7.1 g に達し，標準 N6CI 区の 5.8 g を有意に上回った．さらに，カルス形成に関わる OsHDA710 および OsTIR1 の発現量に有意差は認められず，食品グレード化による主要な分子応答の攪乱は限定的であることが示唆された．FG-N6CI の原料費は約 219 円/L で，市販 N6CI 塩類混合物を用いた場合の約 795 円/L から 72%低減した．以上より，FG-N6CI はイネ細胞農業のスケールアップに向けて，増殖性能，経済性，食品利用適性を両立する培地候補である．

# P57

## クルード原料を含む食品グレード培地の pH 予測プログラムの検証 —植物細胞農業に向けて

Verification of a pH Prediction Program for Food-Grade Media Containing Crude Ingredients toward Plant Cellular Agriculture

竹本 好花，浦川 めぐみ，五十嵐 圭介

東北大･院農

気候変動や人口増加への対応策として，植物細胞を培養して食料とする植物細胞農業が注目されている．当研究室では安全性の観点から食品グレード原料で構成する培地を開発し，今後は組成最適化のためのスクリーニング系の構築を目指している．しかしこの培地は昆布など化学式で表せないクルード（粗）原料を含み，純粋化合物のように pH を理論計算できないため，組成を変えるスクリーニング段階で pH を事前推定できないことが課題であった．そこで本研究ではイネのカルス培養用標準培地 N6CI を食品グレード化した FG-N6CI 培地を対象に，クルード原料の滴定実測をパラメータ化した独自の pH 予測プログラムの予測値と実測値の乖離要因を明らかにし，高精度な pH 予測ツール構築に向けた実験的アプローチの確立を目的とした．

FG-N6CI 培地を（1）純粋化合物系，（2）8 種のクルード原料，（3）完全培地として調製した．純粋化合物系の pH 実測値と予測値を比較し，各クルードを 0.1 M NaOH で pH 10 まで滴定して緩衝特性をプログラムに反映した．予測した完全培地 pH を実測値（n=3）と比較した．

純粋化合物系では実測値が予測値より約 0.5 低かった．クルードは 8 種とも $R^2 \geq 0.93$ で特性化でき，ビタミン類やホウ素の推定 pKa は文献値とほぼ一致した．一方，緩衝能の小さい原料では溶存 $CO_2$のバックグラウンドや平衡到達の遅れが誤差源として示唆された．

今後は水のみのブランク補正・サンプル濃度の倍化・平衡時間の標準化・双方向滴定を盛り込んだ検証を行い，データをプログラムへ反映して他の植物種にも展開可能な高精度培地 pH 予測システムの構築を目指す．

# P58

## リンゴにおける GFP 形質転換体の作出と効率的なゲノム編集系開発への可能性

Generation Of GFP-transgenic Apple Plants And Their Potential For The Development Of An Efficient Genome Editing System

今井 悠人[1]，和田 雅人[2]，小森 貞男[2]，川原田 泰之[2]

[1]岩手大･院総合科学，[2]岩手大･農

リンゴ（*Malus* × *domestica* Borkh.）はカンキツに次いで第 2 位の国内生産量を誇る果樹であり，国内外ともに商品価値の高い果物である．リンゴを含む果樹は永年性で遺伝的に雑駁で，育種に要する年月が長いため目的とする遺伝子のみの機能改変を行える形質転換技術の開発が試みられてきた．また，*Agrobacterium* 法でリンゴのゲノム編集に成功して以来，シュート再分化能の高いリンゴ品種にはゲノム編集技術が適用可能になっているが，難培養性の栽培品種においての研究は進んでいない．本研究では緑色蛍光タンパク質の GFP を用いて，リンゴでの葉切片からのシュート再分化過程を観察するとともに，形質転換した遺伝子（GFP）が発現する細胞や組織を明らかにすることで，今後のリンゴのゲノム編集系の開発に資することを目的に実験を行った．リンゴ台木品種'JM2'を供試し，植物全体で GFP が発現するようにベクターには 35S プロモーターを組み込んだ．*Agrobacterium* 感染初期に'JM2'形質転換体で GFP の蛍光スポットが観察できたものに番号を振り，約 1 週間ごとに経過観察した．感染後 78 日時点で GFP 蛍光を示す再分化シュートを 32 個体（形質転換率 2.32%）獲得した．また，組織の一部のみで蛍光を示す個体も確認されたため，それらの部位を含む葉切片から再度，再分化を誘導したところ，シュート再分化しやすい葉柄部分や葉脈の先端部分で顕著な GFP 蛍光が観察された．獲得できた GFP 形質転換シュートは，今後ゲノム編集過程を可視化するための実験材料としての利用を考えており，シュート形成能の高い葉切片の形態的特徴の把握やシュート再分化過程を明らかにし，効率的なゲノム編集系の開発に貢献していきたいと考える．

# P59

## コムギゲノム編集の効率化に向けた変異検出法及び変異頻度迅速評価法の開発

Development of methods for detection and quantification of genome-editing as a basis for improving wheat genome editing

神田 恭和[1]，髙木 健輔[1]，安倍 史高[2]，佐藤 和広[1]，加星 光子[1]

[1]かずさDNA研，[2]農研機構・生物研

ゲノム編集技術の植物への適用が進む一方，多くの作物種ではゲノム編集の頻度が低く，特にコムギ等の高次倍数性植物ではゲノム編集個体の選抜に労力を要する．本研究ではゲノム編集コムギの作出を効率化することを目的とし，解析手法の改善を進めた．

第一に，簡便な変異検出法である高解像度融解曲線（High-Resolution Melting，HRM）解析によって変異体選抜を省力化した．ゲノム編集コムギ（1 塩基挿入変異系統）をモデルとして HRM 解析を行ったところ，ゲノム編集系統は野生型系統と明確に異なる融解曲線を示し，両者を判別できた．さらに，六倍体であるコムギが有する三つのホメオログ遺伝子に対する共通プライマーを用いた同時解析や，低純度 DNA の解析も可能であった．従来法（PCR 後の酵素反応と電気泳動）と比べ，HRM 解析はエンドポイントの蛍光測定のみで完結するため，労力と時間の大幅な削減が可能となった．

第二に，編集条件（ベクター，gRNA 配列，培養条件等）の最適化を加速するために，個体再生を待たずに編集頻度を定量する手法の開発を試みた．極めて高い検出感度・特異性・定量性を併せ持つデジタル PCR（dPCR）を用い，ベクター導入 7 日後の未熟胚を解析したところ，改変された標的配列を検出できた．検出された頻度は通常の導入条件では約 0.05%，編集頻度が増加する条件では約 0.15%であった．これにより，従来は 4 か月以上を要していた *in vivo* の効率比較が約 1 週間で可能であることが示唆された．最終的には再分化個体における検証が必要であるが，上記 HRM 解析との組み合わせにより，編集条件の最適化を加速できると考えられる．さらに，本手法は他の植物種への展開も期待できる．

# P60

## レタスにおける *Restorer-of-fertility like pentatricopeptide repeat* 遺伝子のノックアウト

Knockout of *Restorer-of-fertility like pentatricopeptide repeat* genes in lettuce

鳥山 欽哉，岩井 裕子，五十嵐 圭介

東北大・院農

多くの野菜は F1 品種であり，その採種には細胞質雄性不稔性（CMS）が有用である．しかし，レタスでは産業利用可能な CMS 系統がなく，CMS 系統の作出が望まれている．我々は，日本型の栽培イネのミトコンドリアゲノムに潜在的 CMS 誘導遺伝子として *orf288* が存在しているが，普段は核に存在する稔性回復遺伝子（*Restorer-of-fertility like pentatricopeptide repeat；Rf-like PPR*）により発現が抑制されて顕在化しないことを発見した．*orf288* 相同遺伝子はレタスのミトコンドリアゲノムにも存在することから，レタスにおいて *Rf-like PPR* 遺伝子をゲノム編集によりノックアウトすることで，*orf288* 相同遺伝子の発現を誘導して CMS 系統を作出することを目的とした．レタスには *Rf-like PPR* 遺伝子が 16 個報告されている．本研究では，第 3 染色体にクラスターをなして存在している 4 個の *Rf-like PPR* 遺伝子に注目し，同時にノックアウトするために共通配列に gRNA を設計して CRISPR-Cas9 ベクターをレタスに導入した．*Rf-like PPR* 遺伝子として *LOC111898322* で 4 塩基欠失，*LOC111898323* で 54 塩基欠失，*LOC111898327* で一塩基挿入，*LOC111898328* で 1 塩基挿入のホモ型変異個体を得た．しかし，クアドラプルノックアウト個体において *orf288* 相同遺伝子の発現誘導はみられず，自殖で結実した．CMS 系統の作出には至らなかった．イネにおいては，*Rf-like PPR* 遺伝子以外の遺伝子も *orf288* 遺伝子の発現抑制に関わっていることが示唆されており，ターゲットとした 4 個の *Rf-like PPR* 遺伝子のノックアウトでは不充分であると考えられた．

# P61

## モモ（白鳳）の形質転換系の開発

Development of a transformation system for peach (*Prunus persica* cv. Hakuhou)

遠藤 奏登[1]，福岡 里菜[2]，秋田 求[2]，三浦 謙治[3]，大和 勝幸[2]

[1]近大･院生物理工，[2]近大･生物理工，[3]筑波大学･生命環境系

**【背景・目的】**

品種改良や遺伝子機能解析には遺伝子操作が有効であるが，モモのカルスからの再分化能は低く，形質転換法も確立されていない．本研究では主要品種「白鳳」を供試し，誘導因子を用いた再分化条件の最適化，および高発現ベクターによる一過的遺伝子発現系の構築を試みた．これによりモモにおける遺伝子機能解析・改変プラットフォームの基盤確立を目指した．

**【方法】**

白鳳の葉由来カルスを用い，低分子化合物フィペキシド（FPX）および各種植物ホルモン（IAA，IBA，BA，TDZ，KIN）を組み合わせた 5 条件で不定根の再分化率を比較した．また, 細胞内で外来遺伝子を高コピーに複製させるジェミニウイルス由来レプリコンとダブルターミネーターをもつ高発現ベクター pTKB3-EGFP（つくばシステム）を *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 株に導入し，葉およびカルスへの一過的導入を試みた．

**【結果・考察】**

再化誘導の検討の結果，1.5 mg/L FPX を添加した条件において，再分化率 39%（19/48）で不定根誘導が認められた．この数値は既報に基づく条件（IBA/TDZ）（Bekir et al. 2014）および一般的な植物ホルモン（IBA，BA など）を用いた独自条件（いずれも 7%以下）を大きく上回る．また FPX により誘導された根は，上記対照条件によるものと比較して太く，明瞭な根毛形成が観察された．形質転換については，つくばシステムを適用することで，モモの葉およびカルスの双方において EGFP の一過的高発現を観察することに成功した．以上の成果は，モモにおける効率的な組織再生と高レベルな外来遺伝子発現を可能にするものであり，ゲノム編集を含む今後の品種改良に寄与することが期待される．

# P62

## SSPF 法の応用拡張：大型実生への遺伝子導入と形質転換適性スクリーニング

Advancement of the SSPF Method for Gene Delivery to Large Seedlings and Screening of Transformability

河合 桃矢[1]，五十嵐 由依[1]，松井 啓祐[2]，辻 拓也[2]，中谷 暢克[2]，岩見 知歩[2]，池田 美穂[1]

[1]福井県大･生物資源，[2]サントリーフラワーズ(株)

植物細胞への遺伝子導入は分子育種に必須だが, 難形質転換植物では未だ導入効率や, 形質転換の時間に課題がある．我々は，簡便かつ短期間で形質転換細胞の取得が可能な SSPF（Seedling Syringe Pull-Filtration）法を開発した．この方法では，若い実生に対して針なしの 10 ml シリンジで負圧をかけてアグロバクテリウムを感染，高効率で遺伝子を導入する．昨年度は，本法により難形質転換植物のハクサンハタザオ，金ゴマなどについて，播種後約 2 週間で形質転換細胞が得られることを報告した．本研究では SSPF 法の用途拡大を目的に 2 つの研究を行った．

まず，大型の実生への SSPF 法適用を目的として，シリンジのサイズアップを検討した．その結果，30 ml，50 ml シリンジでも負圧を適切に調整することで従来の 10 ml シリンジと同等の効率でシロイヌナズナの実生に遺伝子導入が可能であった．さらに，実生サイズが大きい難形質転換植物のソバに 50 ml シリンジを用いて *Pro35S:GFP* 遺伝子を導入した結果，導入 2 日後には GFP 蛍光を観察，蛍光は 3 週間にわたって維持された．

次に，SSPF 法による高効率形質転換系統の迅速探索を検証した．マンデビラ 3 系統のリーフディスク，および，茎頂組織（若い葉を含む）に対して SSPF 法で *Pro35S:GFP* 遺伝子を導入した結果，系統間で GFP 導入効率に差がみられ，形質転換に最適な組織も系統ごとに異なることが示された．この結果から，SSPF 法を用いることで，系統ごと組織ごとの遺伝子導入効率を短期間で簡便に比較し，最適な系統・組織を選抜し得ることが示された．

# P63

## 野生イネプロラミン遺伝子を導入した形質転換イネの作出と解析

Generation and analysis of transgenic rice expressing prolamin from wild rice

矢木 孝佑[1]，黒田 昌治[3]，増村 威宏[1]，森田 重人[1,2]

[1]京都府大･院生命環境，[2]京都府農技セ生資セ，[3]農研機構

近年，世界の人口増加や新興国の経済発展によって食糧のタンパク質の需要が増大している中，植物由来タンパク質の利用拡大の機運が高まっている．イネは日本で唯一自給率が 100%近い穀物であり，国内で安定生産が可能であるが，イネ種子に含まれる貯蔵タンパク質のうちプロラミンは難消化性であり，ヒトの栄養として利用されていない．したがってその消化性を改善できれば米タンパク質の利用効率が上がると期待される．また，その難消化性はプロラミンの貯蔵オルガネラである I 型プロテインボディ（PB-I）の構造に由来する可能性がある．栽培イネ *Oryza sativa* の祖先種である野生イネ *O. rufipogon* は栽培イネにない有用形質を持っており，イネ育種の重要な遺伝資源である．本研究では，米タンパク質の利用拡大を目指し，*O. rufipogon* 由来のプロラミン遺伝子を栽培イネに導入した場合，PB-I の構造およびプロラミンの消化性に変化が見られるかを検討した．

野生イネのゲノム配列データベース OryzaGenome をサーチし，栽培イネと大きく異なるアミノ酸配列を示す変異型プロラミン遺伝子を探索した．それらの変異型プロラミン遺伝子をゲノミック PCR により増幅し，T-DNA プラスミドに導入した．得られたコンストラクトをアグロバクテリウム法で極矮性栽培イネ品種'京のゆめ'に導入し，形質転換体の作出を行った．現在，再分化個体の育成を行っており，今後種子が得られ次第，導入遺伝子産物の発現を確認する．

# P64

## 植物におけるタンパク質の一過的発現システム用いたヒノキ花粉アレルゲンの生産

Production of cypress pollen allergens using a transient expression system for proteins in plants

長嶋 玲[1]，神谷 駿太[1]，中村 貴子[2]，佐々木 大和[2]，野口 恵美子[2]，岡野 光博[3]，三浦 謙治[1]

[1]筑波大･生命地球，[2]筑波大･医学医療，[3]国際医療福祉大･医

スギ花粉症患者の多くが交差反応を示すヒノキ花粉症を含め，花粉症は国民の 40%超が罹患する深刻な社会問題である．その根本的治療法として，アレルゲンを投与し免疫寛容を誘導するアレルゲン免疫療法が注目されている．現在，同療法に用いられる花粉アレルゲンは主に花粉エキスから抽出されているが，必要な量の花粉を直接集めることは困難である．代替策として遺伝子組換えタンパク質の利用も検討されているが，大腸菌などでの生産には課題がある．そこで本研究では，花粉アレルゲンが植物由来のタンパク質であることに着目し，植物を利用した一過的高発現システム「つくばシステム」を用いたヒノキ花粉アレルゲン（Cha o 1）の大量生産と精製を目的とした．同システムは短期間で大量のタンパク質の生産が可能である．

目的遺伝子および His タグを組み込んだベクターを作製し，アグロインフィルトレーション法によりタバコ葉へ導入した．感染 4 日後の葉を破砕し，超音波処理および硫安分画を行った後，TARON レジンを用いたアフィニティークロマトグラフィーによる精製を実施した．溶出画分についてウエスタンブロッティングを行った結果，Cha o 1 のタンパク質の精製に成功したことが確認された．今後は，夾雑物をさらに減らすため精製条件を最適化するとともに，ELISA 等を用いたアレルゲンとしての活性評価を行う．本研究により，植物発現システムを活用することでアレルゲン免疫療法に必要な花粉アレルゲンの安定供給が可能となり，低コストで安全な花粉症治療への貢献が期待される．

# P65

## 葉緑体工学を用いたキメラ VLP ワクチン大量生産法の検討

Development of a Method for Mass Production of Chimeric VLP Vaccines Using Plastid Engineering

大森 美玲[1]，竹内 薫[2]，中平 洋一[3]

[1]茨大・院農学，[2]筑波大・医学，[3]茨大・農学

ウイルス様粒子（VLP）は，ウイルスと同等の構造を有しながらも感染性がないことから，高い免疫原性と安全性を兼ね備えたワクチンとして注目されている．さらに，異種抗原を粒子表面に提示した「キメラ VLP」は，抗原の免疫原性を高めるデリバリーシステムとしても有用であり，感染症のみならず慢性疾患の予防を目的としたワクチンの開発にも応用されている．我々は，葉緑体工学（葉緑体形質転換）を用いて，キメラ VLP ワクチンを大量かつ低コストで生産する基盤技術の開発を進めている．

本研究では，葉緑体で大量発現可能な魚病ウイルス由来の VLP（RGNNV-VLP）の表面に，モデル抗原として黄色蛍光タンパク質（Venus）を安定に提示する方法を検討した．RGNNV-VLP の構成タンパク質である RGNNV-CP に Venus を直接融合して発現させたところ，その大部分は不溶化した．一般的に，不溶性のキメラ VLP には高い免疫原性は期待できない．そこで，RGNNV-CP に SpyTag（ST）を融合させた RGNNV-CP-ST と，SpyCatcher（SC）を融合した SC-Venus をそれぞれ個別の葉緑体形質転換タバコで大量発現させ，抽出・精製した．両者を適切な量比で混合したところ，ST と SC の自発的なイソペプチド結合により，可溶性の「Venus 表面提示型キメラ RGNNV-VLP」を得ることができた．今後は実験動物（マウスなど）に投与することで，キメラ VLP ワクチンの有効性を評価する予定である．

# P66

## 葉緑体工学を用いたマダイイリドウイルス病抗原タンパク質大量生産の試み

Attempted Large-Scale Production of an Antigen Protein for Red Sea Bream Iridoviral Disease Using Chloroplast Engineering

櫻井 佳奈[1]，中平 洋一[2]

[1]茨大・院農学，[2]茨大・農学

ブリ類やマダイは国内生産量が多い養殖魚である．これらの魚種が罹患する「マダイイリドウイルス（RSIV）病」は養殖業に大きな被害をもたらす魚病の一つである．注射型不活化ワクチンの実用化により被害は低減したものの，現行のワクチンにもなお課題が残されている．とりわけ，不活化ワクチンは注射投与でしか十分な免疫原性を示さず，仔稚魚への接種は困難である．そのため, ワクチンが接種できない小型魚で感染が拡大し, 未だに大流行に至ることもある．そこで我々は，可食性植物を宿主としてマダイイリドウイルス病由来の抗原タンパク質を大量発現させ，当該植物を飼料に混合して投与することで高い免疫原性を発揮する「経口ワクチン植物」の創出を目指している．

本研究では，その端緒として，葉緑体工学（葉緑体形質転換）を用いて，RSIV 由来の主要カプシドタンパク質（major capsid protein: MCP）を大量発現できるか，検証した．MCP 全長を発現する葉緑体形質転換ベクター（pIKS01），葉緑体で大量発現することを確認済みの黄色蛍光タンパク質（Venus）と MCP 全長との融合タンパク質を発現するベクター（pIKS02），および，Venus と MCP の推定エピトープ領域との融合タンパク質を発現するベクター（pIKS03）を作製し，タバコ葉緑体に遺伝子導入した．その結果，IKS02 および IKS03 については，形質転換系統の取得に成功した．現在これらの系統の個体再生を進めており，完了後に目的タンパク質の発現量を解析し，報告する予定である．

# P67

## ウイスカー超音波法と非 DNA マーカー選抜による DNA フリーなゲノム編集イネの作出

Production of DNA-free genome-edited rice via the sonication-assisted whisker method and non-DNA marker selection

長谷川 玲花[1]，矢野 翼[1]，菅野 茂夫[2]，中村 彰良[2]，長谷川 久和[1]，光田 展隆[2]，寺川 輝彦[1]

[1]株式会社インプランタイノベーションズ，[2]産総研･バイオものづくり研究センター

CRISPR/Cas9 システムを用いてゲノム編集植物を作成する場合，ガイド RNA と Cas9 タンパク質および選抜マーカーを DNA として植物の細胞へ導入，発現させた後，ゲノム編集が生じた細胞をマーカーにより選抜して植物体を再生させる方法が一般的だが，ゲノム編集体の実用化を考慮した場合，最終的に導入した外来 DNA を取り除く必要があり，また栄養繁殖性植物では DNA の分離が難しい．ウイスカー超音波法は，Cas9-gRNA 複合体（リボヌクレオタンパク質，RNP）を植物細胞に直接導入して，変異導入されたゲノム編集植物体を単離することができる．ADH（アルコールデヒドロゲナーゼ）はアルコールをアセトアルデヒドに分解する酵素であり，ADH が機能しなくなると，通常は植物に対して生育阻害を起こす薬剤アリルアルコールに対する耐性を獲得する．本研究では，変異を導入することでアリルアルコール耐性を付与する OsAdh1 遺伝子をターゲットとした RNP の非 DNA マーカーとしての適用性を検証した．さらに，変異導入を目的とする対象遺伝子をターゲットとした RNP と OsAdh1/RNP の 2 種類を混合してウイスカー超音波法によりイネ細胞に導入し，アリルアルコール選抜することで同時に標的遺伝子の変異誘発に成功した．本法は選抜マーカーとして DNA を用いることなく，ゲノム編集イネを作出する手段として有効であると考えられる．

# P68

## SU10 自動ナノデリバリーと RNA マーカー選抜による DNA フリーゲノム編集イネ再分化個体の作出

Production of DNA-free genome-edited rice regenerants using SU10 automated nano-delivery and RNA marker selection

矢野 翼[1]，長谷川 玲花[1]，長谷川 久和[1]，寺川 輝彦[1]，木内 高信[2]，名護 しほ[2]，高井 浩典[2]

[1](株)インプランタイノベーションズ，[2]横河電機(株)

CRISPR/Cas9 による植物ゲノム編集では，gRNA，Cas9 および選抜マーカーを DNA として導入・発現させる方法が用いられるが，実用化時には外来 DNA の除去・確認が課題となる．Single Cellome™ Unit SU10 は，先端外径が数十 nm のガラスナノピペットを用い，細胞表面検知，穿刺，注入，抜去を自動化することで，単一細胞レベルで細胞質または核へ物質を直接導入できる自動ナノデリバリー装置である．本研究では，外来 DNA を介さないゲノム編集植物体作出法の確立を目的に，イネ品種「日本晴」種子由来液体培養カルス（2〜3 mm）へ CRISPR/Cas9 RNP を SU10 で導入した．RNP は，選抜マーカー標的である *OsAdh1* 単独，または *OsAdh1* と表現型確認用標的 *PDS* の組合せとし，1 カルスあたり 20 回導入後，37℃で一晩処理し，28℃暗所で回復培養した．*OsAdh1* はアルコールデヒドロゲナーゼをコードし，機能低下変異によりアリルアルコール耐性を示すことから，自社開発の RNA マーカー（非 DNA マーカー）選抜系として利用した．導入後のカルスは 200 μM アリルアルコールで一次選抜し，耐性カルスを 250 μM で継代選抜後，再分化・発根培養に供した．その結果，両導入区から耐性カルスが得られ，複数のイネ再分化個体を取得した．取得個体では *OsAdh1* 標的領域に配列変化が確認され，一部個体では *PDS* 標的領域にも変異が検出された．以上より，SU10 による RNP 直接導入と RNA マーカー選抜の組合せは，外来 DNA を用いないゲノム編集イネ作出に利用できる可能性が示された．

# P69

## ユーストマ（*Eustoma grandiflorum*）*EgAP2* 相同遺伝子のゲノム編集による稔性を維持した八重化技術の確立

Establishment of a Fertile Double Flowering Technology in *Eustoma grandiflorum* by Genome Editing of the *EgAP2* Homologous Gene

坂元 栞[1]，新保 由紀子[1]，大沼 紀子[2]，池田 有理子[1]，矢野 翼[3]，大坪 真樹[1]，坂口 公敏[2]，河西 崇[2]，長谷川 玲花[3]，寺川 輝彦[3]，藤田 和義[4]，武田 征士[1,5]，大坪 憲弘[1]

[1]京都府大・院生命環境，[2]ミヨシ，[3]インプランタイノベーションズ，[4]三好アグリテック，[5]安田女子大・理工

*APETALA2*（*AP2*）遺伝子は，花器官のアイデンティティ制御において重要な役割を果たすことが知られ，この *AP2* 遺伝子の miR172 結合サイトの変異が八重咲きに関わることが複数種の花き園芸植物で示されている．その多くは雄ずいおよび雌ずいを正常に保ったまま，花弁数だけが増加する．我々はゲノム編集によりこの変異を人為的に導入することで，稔性を維持した八重咲き系統の作出に成功した．ユーストマ由来の *AP2* ホモログである *EgAP2b* の miR172 結合サイトを CRISPR/Cas9 ゲノム編集の標的としたベクターをユーストマ市販品種に導入したところ，7 系統で稔性の正常な雄ずいおよび雌ずいを形成しつつ花弁数が 3 倍以上に増加した．さらに，変異系統の自殖により外来遺伝子を分離した，ヌルセグリガントを取得した．この八重化変異は顕性遺伝することから，F1 親系統の育種へ有用性が期待される．変異解析を行った結果，*AP2* ホモログである *EgAP2a, EgAP2b, EgAP2d* への変異導入が確認され，このうち *EgAP2d* の変異が顕性八重変異と完全に相関することがわかった．この配列は，他の花き園芸植物において八重咲き性との関連が指摘された *AP2*-like 配列と相同性が高いことから，上記八重化変異の主要因であると考えられた．そこで現在，*EgAP2d* の miR172 結合サイトを編集標的としたベクターを用いて変異系統を作出し，複数品種において八重咲き形質の再現性の確認を進めており，それらについても一部報告する．今後さらに，他の植物種への汎用性についても変異体作出を通して検討を進める予定である．

# P70

## 虫こぶ研究に向けたヨモギ（*Artemisia indica* var. *maximowiczii*）の組織培養系および形質転換系の構築

Establishment of tissue culture and transformation systems of *Artemisia indica* var. *maximowiczii* for insect gall research

塗木 彩花，大坪 憲弘

京都府大・院生命環境

ヨモギ（*Artemisia indica* var. *maximowiczii*）は，キク科の多年性草本であり，食用のほか，乾燥葉は生薬「艾葉（ガイヨウ）」や灸用のもぐさとして利用される．Rhopalomyia 属の複数種のタマバエによって多様な虫こぶが形成されることから，近縁種間における虫こぶ形成機構の共通性および多様性を解析する上で重要な研究材料となっている．一方，ヨモギでは組織培養系および形質転換系が確立されておらず，分子生物学的手法を用いた解析は進んでいない．そこで本研究では，ヨモギの組織培養系およびアグロバクテリウム法による形質転換系の構築を目指した．

葉，茎および根の外植片を用いて，0-2.0 mg/L BA および 0-1.0 mg/L NAA または IBA を添加した 1/2MS 培地での不定芽および不定根の誘導を試みた．その結果，BA とオーキシンの併用により緑色カルスの増殖が認められたが，不定芽形成は確認されなかった．一方，NAA または IBA の単独添加では培養開始 7 日後から不定根形成が認められた．なかでも 0.5 mg/L IBA で高い誘導効率を示し，培養 3 週間後には葉切片で 4.1 ± 3.5 本，茎切片で 13.7 ± 4.0 本の不定根が形成されたことから，これを以降のアグロバクテリウム形質転換の基本条件として用いた．*CpYGFP* 高発現ベクターを用い，0, 3, 5 日間の前培養期間で不定根誘導を比較調査した結果，茎および根切片において 5 日間前培養条件で感染 4 日後から誘導された不定根の一部で根全体から緑色蛍光を示すものが観察された．以上よりヨモギでは約 7 日間という短期間で不定根が誘導されることから，迅速な形質転換体取得系として有用である可能性が示された．今後は，不定根からの植物体再生条件の検討を行う．

# P71

## Replicon 等を用いた Prime Editing による高効率精密ゲノム編集

High-Efficiency Precise Genome Editing by Prime Editing Using Replicons and Related Technologies

熊木 佑真[1]，横井 彩子[2]，山木 淳正[3]，笹本 智史[3]，雑賀 啓明[2]，土岐 精一[1,4,5]

[1]龍谷大・院農学，[2]農研機構・生物研，[3]龍谷大・農，[4]横浜市大・院生命ナノ，[5]横浜市大・木原生研

近年開発された Prime Editing（PE）法は，RNA を鋳型として用いて，デザイン通りの編集を可能にするが，PE による編集効率は低く，その適用範囲はイネ，シロイヌナズナ等に限られている．

PE は，通常の single guide RNA（sgRNA）に，標的配列改変に必要な鋳型配列を接続した prime editing guide RNA（pegRNA）と呼ばれる RNA 分子と，ニッカーゼ型の Cas9（nCas9）の複合体を用いて行う．まず pegRNA 上の 20 塩基の spacer 配列が標的配列を認識し, nCas9 が認識鎖の逆鎖にニックを入れる．その後, pegRNA 末端に配置したニックによって生じた DNA 末端と相補的な RNA 配列が DNA 末端にアニーリングし，さらに逆転写酵素が鋳型配列を逆転写することにより変異を導入する．

本研究では，Gemini virus 由来の Replicon 機能を用いて染色体外で PE コンストラクトを高コピー複製させ，PE 酵素の発現量を増大させることで高効率なゲノム編集を目指す．尚，Replicon はサイズが小さいほど複製しやすく，また Replicon の複製開始に必須とされていた SIR 配列を欠失させても複製可能なことを我々は見出している（PCT/JP2023/039320）．そこで，複製酵素遺伝子 Rep を Replicon の外側に配置し，かつ SIR を削除した Replicon に pegRNA 発現カセットを搭載した．タバコを材料とし，アセト乳酸合成酵素（ALS）遺伝子を PE により除草剤抵抗性型に編集することを試みたところ，編集効率の向上が見られたので報告する．

# P72

## タバコ NI 細胞の形質転換法の確立とニコチンフリータバコ培養細胞株の作出

Establishment of transformation method for Tobacco NI cells and Development of nicotine-free Tobacco cultured cells

堀井 陽子[1]，小田原 真樹[2]，沼田 圭司[1,2]

[1]理研CSRS，[2]京都大・院工学研究科

ニコチンは主にナス科植物で合成される強い毒性を有するアルカロイドであり，生理活性が高いことでも知られている．害虫に対しても強い神経毒性を示し，天然由来成分の農業用殺虫剤として使われていた過去もある．一方で，植物自身にとっても潜在的に有毒な物質であるため，タバコ植物はニコチンの合成・輸送・蓄積を厳密に制御することで自らの細胞を保護しつつ，害虫に対する防御物質として利用している．

我々は植物培養細胞を用いた有用物質生産に取り組んでいるが，毒性を有するニコチンは目的タンパク質の精製過程において除去が必要な夾雑物となる．そこで本研究では，ニコチンを合成しないタバコ培養細胞株の作出を目的とした．ニコチン生合成経路の最終段階を担う重要な酵素群である Berberine Bridge-Like enzyme（*BBL*）遺伝子ファミリーに着目し，Cas9 を用いたゲノム編集によって複数の遺伝子を同時に変異させることを目指した．アグロバクテリウム法により Cas9-gRNA カセットを含むプラスミド DNA をタバコ BY−2 細胞に導入し，抗生物質による選抜培養を経て形質転換カルスを得た．これらのカルスについて Genotyping PCR を行った結果，いくつかのカルスにおいて *BBLa*，*BBLb*，*BBLc*，*BBLd.1*，*BBLd.2* および *BBLe* の全ての遺伝子に変異が導入されていることを確認した．これらの細胞については，LC-MS を用いたニコチン含有量の定量解析・評価を行う予定である．さらに，葉緑体を有するタバコ NI 細胞においても形質転換法を確立し，同様の手法によってニコチンフリー細胞株の作出を進めている．

# P73

## ヒヨコマメにおける *in planta* Particle Bombardment（iPB）法を用いた DNA-free ゲノム編集系の開発

Development of a DNA-free genome editing system in chickpea using *in planta* Particle Bombardment (iPB)

今井 亮三[1]，平山 裕美子[1]，Pankaj Bhowmik[2]

[1]農研機構・生物研，[2]NRC Canada

ヒヨコマメ（*Cicer arietinum* L.）は世界的に重要なマメ科作物であるが，形質転換および植物体再生の効率が低いため，ゲノム編集技術の適用は限定的である．本研究では，茎頂組織への直接導入を利用した in planta particle bombardment（iPB）法による DNA-free ゲノム編集系の確立を目的とした．

まず，茎頂露出条件を検討し，35S-GFP 遺伝子をパーティクルボンバードメントを用いて導入したところ，茎頂領域において一過的な GFP 発現が確認された．これにより適切な茎頂の調整と茎頂細胞への効率的なデリバリーが可能であることが示された．次に，phytoene desaturase（PDS）遺伝子を標的とする Cas9 リボヌクレオタンパク質（RNP）を構成し，iPB 法により導入した結果，CAPS 解析により導入当代（E0）における変異体が検出された．一部の個体では葉組織にキメラ状の白化が認められ，白化部および隣接する緑色部の遺伝子型解析から，それぞれ変異アレルおよび野生型アレルが検出されたことにより，iPB 法により生じた遺伝的キメラ状態が示された．

さらに，種子中の raffinose family oligosaccharides（RFOs）含量の低減による品質の改良を目的として，ガラクチノール合成酵素遺伝子 *GolS1* および *GolS2* を標的としたゲノム編集を実施した．両遺伝子に対する Cas9 RNP を計 988 個の茎頂へ導入した結果，53 個体の E0 陽性個体を検出した．現在までの後代解析により，*GolS1* 変異体 1 系統，*GolS2* 変異体 1 系統，および *GolS1*/*GolS2* 二重変異体 1 系統を獲得している．

以上の結果から，ヒヨコマメにおいて iPB 法を用いた効率的な DNA-free ゲノム編集系を確立するとともに，低 RFO 品種の育成に向けた有用変異体の作出に成功した．

# P74

## Cre/*loxP* 部位特異的組換え反応を利用した植物ゲノムのスカーレス相同組換え技術

Development of a Scarless Recombination Technology in Plant Genomes Using Cre/*loxP* Assisted Precision Excision (CLAPE)

中曽根 光，大西 徹，石田 亘広

(株)豊田中研

遺伝子組換え植物の社会実装には，作製過程で導入される選抜マーカー遺伝子を痕跡なく除去する技術の確立が重要である．Cre/*loxP* 部位特異的組換え系では，対向配置した *loxP* 配列間で DNA 領域の反転が起こることが知られている．我々はこれまでに，*loxP* カセット外側へ相同配列を配置することで相同組換えを誘導し，*loxP* 配列自体も痕跡なく除去される現象を酵母で見出し，Cre/*loxP* Assisted Precision Excision（CLAPE）反応と命名した．本研究では，植物における CLAPE 反応の成立性および誘導条件を検証するため，CLAPE カセットを導入したシロイヌナズナ形質転換体を用いて解析を行った．組換え前後の指標として，それぞれ *E2-Crimson* および *EGFP* をレポーター遺伝子に用い，Cre リコンビナーゼはヒートショックプロモーター（p*AtHSP18.2*）制御下で発現させた．熱処理後の植物体では根において EGFP 蛍光の出現が確認され，さらに PCR およびサンガーシークエンス解析により，相同組換えを介して *EGFP* 配列が欠失や変異を伴わず正確に再構築されていることを確認した．一方で，過度な熱処理条件では生育阻害や枯死も認められ，反応効率と植物体健全性を両立する条件設定の重要性が示唆された．以上より，植物においても CLAPE 反応による相同組換えが成立することが示された．

# P75

## 天然植物由来ヒスチジンリッチタンパク質を基盤とした高効率タンパク質輸送キャリアーの開発

Development of a highly efficient protein delivery carrier based on plant histidine-rich proteins

黒瀬 雅人[1]，七里 吉彦[2]，河野 強[1]，岩崎 崇[1]

[1]鳥取大・院連合農学，[2]森林機構・森林バイオ

植物バイオテクノロジーにおいて，外来分子の植物細胞内への効率的な送達は重要な基盤技術である．しかし植物細胞は細胞膜の外側に強固な細胞壁を有するため，その送達効率は著しく低い．我々はこれまでに，ヒスチジンが連続した人工ヒスチジンリッチペプチド（人工 HRP）が植物細胞へのタンパク質輸送キャリアーとして機能し，ゲノム編集酵素の細胞内輸送によるトランスジーンフリーなゲノム編集が可能であることを実証してきた．しかしそのゲノム編集効率は依然不十分であり，より高効率なタンパク質輸送キャリアーの開発が課題であった．そこで本研究では，天然の植物由来ヒスチジンリッチタンパク質（PHRP）に着目し，人工 HRP を凌駕するタンパク質輸送キャリアーの開発を目指した．

BLASTP 検索により植物全般に存在する約 70 種の PHRP 配列を抽出し，蛍光タンパク質を融合した PHRP ライブラリーを構築した．タバコ・オオムギ・スギ細胞に対する細胞膜透過を指標に高活性 PHRP を選抜し，さらに変異体スクリーニングによる分子改良を試みた．

その結果，人工 HRP を凌駕するタンパク質輸送能を持つ PHRP を複数同定し，効率的なタンパク質輸送に必須の最小配列の特定に成功した．改良型 PHRP はタバコ・オオムギ・スギ細胞に対して一貫して高い輸送能を示し，人工 HRP と比較して最大約 10 倍の輸送効率を達成した．改良型 PHRP は多様な植物種に適用可能であり，トランスジーンフリーなゲノム編集をはじめとする植物バイオテクノロジーへの応用が期待される．なお，PHRP のアミノ酸配列は現在特許出願中のため，要旨中では非公開とさせていただく．

# P76

## タンパク質導入技術を利用した薬剤選抜可能なトランスジーンフリー・ゲノム編集の開発

Development of selectable and transgene-free genome editing using protein delivery technology

堀川 歩里[1]，七里 吉彦[2]，河野 強[1]，岩崎 崇[1]

[1]鳥取大・院持続性社会創生科学，[2]森林機構・森林バイオ

本研究では，タンパク質駆動型育種（Protein-driven breeding）の開発を目指した．タンパク質駆動型育種とは，複数の機能性タンパク質（ゲノム編集酵素と薬剤耐性タンパク質）の植物細胞内への同時導入により，遺伝子組換え技術を一切使わずに, 植物細胞のゲノム編集と薬剤選抜を同時に実現する新しい育種技術である．遺伝子組換え技術は, 研究者にとっては生命線ともいえる存在であるが，一方で我が国の一般社会からは受容され難いのも現実である．そこで，タンパク質駆動型育種を開発することで，農作物育種を遺伝子組換えの制約から解放し，研究者と一般社会の双方にとって親和性の高い農作物の高速育種を実現する．タンパク質駆動型育種を確立するために，独自に開発したタンパク質輸送キャリアーであるポリヒスチジンペプチド（PolyHis）を利用して，植物細胞内へ複数の機能性タンパク質の同時導入を試みた．まず，足場タンパク質として四量体形成タンパク質である Streptavidin（SA）にハイグロマイシン耐性タンパク質 APH(4)-Ia を融合した組換えタンパク質 APH(4)-Ia-SA を設計・合成した．次いで，APH(4)-Ia-SA を足場として，biotin 標識したタンパク質輸送キャリアー PolyHis とゲノム編集酵素 CRISPR-Cas9 を複合体化し，植物細胞内（スギ培養細胞）へ効率的にデリバリーする条件を確立した．現在，機能性タンパク質複合体を同時導入した植物細胞の薬剤選抜ならびにゲノム編集効率の評価を進めている．

# P77

## 新規休眠打破物資処理によるニホンナシ葉芽の発芽促進効果の検証

Verification of the Effects of a Novel Dormancy-Breaking Substance on Promoting Bud Break in Japanese Pears

坪井 大智，花井 大貴，富永 晃好

静岡大･院総合科学技術

ニホンナシでは，新梢発生の不安定性が栽培上の課題となっており，葉芽の発芽には相関休眠・自発休眠・他発休眠といった休眠状態を打破する必要がある．このような中，私たちは新規休眠打破剤の探索を行い，ニホンナシにおいて高い活性を示す既知の合成有機化合物（物質 X）を独自に見出した．本研究では，ニホンナシにおける安定した新梢発生技術の確立を目的として，物質 X の発芽促進効果を検証した．供試材料には，静岡大学農学部附属地域フィールド科学教育研究センター藤枝フィールドの露地栽培およびハウス栽培の‘幸水’を用いた．物質 X を 0.1%から $1.0\times10^{-5}$%まで段階的に調製し，2025 年 2 月，5 月および 6 月に各溶液を葉芽へ塗布し，その後の発芽率や生育を調査した．その結果，自発休眠期である 2 月の試験では，物質 X 処理区で高い発芽促進効果が確認された．無加温ハウス栽培では，無処理区の発芽率が 7%であったのに対し，0.1%物質 X 処理区では 78%を示した．また，加温ハウス栽培では，無処理区の 33.6%に対して 0.1%処理区では 100%の発芽率となった．さらに，露地栽培においても濃度依存的に発芽率が上昇する傾向が認められ，高濃度ほど効果が高かった．発芽後の葉芽は正常に生育しており，物質 X が健全な発芽を促進することが示唆された．一方，相関休眠期である 5〜6 月の試験では，発芽が確認されたものの，その後の伸長は認められず，正常な生育には至らなかった．以上より，物質 X はニホンナシ葉芽の発芽促進に有効であり，特に自発休眠期において高い効果を示すことが明らかとなった．今後は RNA-Seq 解析や植物ホルモン分析を通じて，物質 X による発芽促進メカニズムの解明を進める必要がある．

# P78

## 葉緑体におけるテオフィリン誘導型人工リボスイッチの性能制約要因の解析

Analysis of Performance-Limiting Factors of Theophylline-Dependent Synthetic Riboswitches for Plastid Gene Expression

塚本 結衣[1]，藤原 未来[1]，山根 里佳[1]，小川 敦司[2]，中平 洋一[3]

[1]茨大･院農学，[2]愛大･PROS，[3]茨大･農学

葉緑体工学（葉緑体形質転換）は，葉緑体ゲノムの高コピー性を背景に，高付加価値タンパク質や有用代謝産物を低コストで生産できる技術として注目されている．しかし，植物に負荷を与える化合物の生産にも適用可能な，利便性の高い遺伝子発現誘導系は十分に整備されていない．我々は，テオフィリン依存的に翻訳段階で遺伝子発現を制御できる「人工リボスイッチ」を用いた遺伝子発現誘導系の開発を進めている．これまでに，10 倍以上の発現誘導効率（ON/OFF 比）を示す 3 種のリボスイッチ（RS-D，RS-E，RS-E*）を見出したが，最も高い ON 値を示す RS-E でも，内在性 *psbA* 由来 5′-UTR を用いた恒常的発現レベルの 2%未満にとどまる．その原因として，①テオフィリンの細胞毒性により投与濃度が制限され，発現した mRNA 全体に十分行き渡らないこと，②リボスイッチ自体の翻訳活性が低いこと，が考えられた．そこで，RS-E の ON 状態と同等の標準生成自由エネルギーをもつ stem-loop を有する“仮想 ON”配列で制御される発光レポーター系統（タバコ）を作出し，RS-E および *psbA* 5′-UTR と比較した．その結果，テオフィリンの有無にかかわらず，仮想 ON 系統の発光レベルは RS-E 系統の ON 値と同程度であった．これは，RS-E の制御配列自体が葉緑体翻訳装置に認識されにくいことを示唆している．最近，我々はシアノバクテリアにおいて RS-E の ON 値を約 2 倍に高めるシス配列の改変に成功しており，葉緑体においても同様の改変による ON 値の向上が期待される．今後はシス配列の最適化を通じて，より実用的なシステムの確立を目指す．

# P79

## 生きた植物細胞におけるタンパク質-タンパク質間相互作用解析を容易にする改良型 BiFC システムの開発

Development Of An Improved BiFC System To Facilitate Protein-Protein Interaction Analysis In Living Plant Cells

西村 浩二[1]，呉 禹昌[1]，木戸 陽哉[2]

[1]島根大･生物資源，[2]島根大院･自然科学

タンパク質-タンパク質間相互作用（Protein-protein interaction, PPI）解析は，植物の成長・分化や環境応答の分子機構を理解する上で非常に重要である．スプリット蛍光タンパク質対を用いた二分子蛍光相補（Bimolecular fluorescence complementation）法は，蛍光バイオイメージングにより生細胞における PPI の強さやその細胞内局在性を解析できる．さらにアグロインフィルトレーションや遺伝子銃を用いた一過的発現系を用いた BiFC 解析では, 安定形質転換植物を作成することなく，迅速に PPI に関する情報を得ることが可能である．しかしスプリット蛍光タンパク質自体は蛍光を発しないために，特にアグロインフィルトレーションを用いた一過的発現系では BiFC 蛍光が観察されなかった場合，PPI が生じなかったのか, スプリット蛍光タンパク質が発現しなかったのかを識別するのは困難である．そこで本研究では, スプリット蛍光融合タンパク質遺伝子に加えて異なる色の蛍光タンパク質遺伝子を共発現する二重遺伝子発現ベクターを用いて，アグロインフィルトレーションによる一過的発現系においても，各スプリット蛍光融合タンパク質遺伝子の導入を識別できる改良型 BiFC システム（iBiFC システム）を開発した．一過的発現系を用いた iBiFC システムの PPI 解析における有用性を検討したので報告する．

# P80

## バイオサーファクタント「ソホロリピッド」による植物の乾燥ストレス軽減と水分動態制御

Mitigation of Plant Drought Stress and Regulation of Water Dynamics by the Biosurfactant Sophorolipids

李 秋実，片渕 由佳子，廣田 真

アライドカーボンソリューションズ株式会社

【背景・目的】

地球温暖化に伴う干ばつや急激な降雨は, 作物の収量低下や品質劣化を引き起こす．微生物由来のバイオサーファクタントであるソホロリピッド（SLs）は，植物の環境ストレスを軽減することが報告されている（特許第 7599243 号）．本研究では，SLs による植物の乾燥ストレス軽減効果を評価するとともに, 収穫期の急激な水分変動に伴うダイコンの裂根障害に対する抑制効果を検証し，農業利用に向けた有効性を評価した．

【方法・結果】

キャベツ，セルリーおよびブロッコリーを対象に 30℃，無潅水の乾燥ストレス試験を実施した．無処理区では著しい萎凋や枯死が認められたのに対し，SLs 処理区では高い生存率と再潅水後の回復が確認された．ブロッコリーでは，SLs 処理により葉面温度が約 2℃上昇し，気孔開口率が約 42%低下したことから，水分蒸散の抑制が示唆された．また，処理区では乾燥期間中の水分減少量も低く推移し，植物体内の水分保持能力が向上していることが確認された．さらに収穫期ダイコンの圃場試験では，乾燥後の降雨による急激な水分変動条件下において，SLs 処理区で裂根の発生が抑制された．根部観察では，縦スジや肉質の硬化，コルク化が軽減され，品質の向上が認められた．

【考察】

以上より，SLs は気孔制御を介して植物体内の水分保持に寄与し，乾燥ストレスを軽減することが示された．また，急激な水分変動に伴う裂根障害を抑制することから, 作物の生育および品質の安定化に寄与するバイオスティミュラント素材として有用であることが示された．

# P81

## 理研 BRC における 2026 年度の植物培養細胞リソースの収集・提供・品質管理

RIKEN BRC FY2026 Activities for the Collection, Distribution, and Quality Control of Plant Cell Resources

小林 俊弘，菅原 真由美，蔀 有里，香西 麻美子，川勝 泰二

理研・BRC

理研バイオリソース研究センター（BRC）実験植物開発室はナショナルバイオリソースプロジェクト「シロイヌナズナ／植物培養細胞・遺伝子」の中核機関として，植物バイオリソースの収集，維持および提供事業を行っている．植物培養細胞は主要な植物バイオリソースの一つであり，細胞生物学的解析のモデル実験系として広く利用されてきた．現在，実験植物開発室では 43 植物種 99 細胞株を保有しており，そのうち 90 細胞株を公開している．その中には，タバコ BY-2 をはじめ，シロイヌナズナやイネなどモデル植物の細胞株や二次代謝産物を産生する物質生産株が含まれており，さらに最近では蛍光タンパク質を導入した細胞株や遺伝子組換え技術により二次代謝を改変した細胞株が加わっている．多数の細胞株を定期的な継代によって維持する場合，細胞株の取り違えが懸念される．植物種を同定可能な DNA バーコーディング技術と同一植物種内の細胞株を判別する DNA マーカーを組み合わせることにより，遺伝型によって細胞株の由来を確認している．これらの細胞株の特性情報はカタログデータベース「Exp-Plant Catalog」で公開するとともに，培養方法に関するオンラインマニュアルを整備して利用者へ提供している．植物培養細胞リソースの充実を目的として，2025 年度末にマングローブ植物の高塩耐性細胞株 L46，L63 および苔類のアズレン誘導体生産株 SUN1001P の 3 細胞株を新規に公開した．細胞株の選択範囲が広がり，研究目的に適した細胞株の利用が可能になると期待される．

**あ**

相原　悠介 1Ba2
青池　勇汰 1Da8
青木　　考 3Ea2
青木　達大 3Aa3
青木　裕一 1Ap6
赤池ひな子 1Ca1
赤城　怜奈 1Ep11
明石　欣也 P54
明石　智義 P15
赤見　颯真 4RaS3
1Ep2
秋岡恵理菜 1Ca1
秋田　　求 1Ba4
P61
秋山　遼太 P19
阿久津光紹 1Ca9
1Ea2
浅野　　孝 P27
浅見　忠男 1Dp3
東　　未来 1Ba6
足立　実優 3Ea6
アタリ パンカジ 1RpS1
厚見　　剛 3Aa4
3Aa5
阿部　佳澄 1Ea9
阿部　　栞 P27
阿部　友美 3Ea5
安倍　史高 P59
阿部　光知 1Da1
阿部　　裕 1Ap5
天野　悦郎 1Da5
荒木　康佑 1Aa10
有村源一郎 1Aa5
P22
有村　慎一 2RpJ1
1Ea9
3Ba2
有吉沙耶香 P43
アンカウィジャヤ アルティックエリザ 5RaS2
安藤　　凌 1Ca8

**い**

飯尾　淳弘 1Dp4
井内　敦子 P37
井内　　聖 P37
葉　　顓銘 P55
井岡　隼人 1Ca9
五十嵐圭介 1Ca9
1Ea2
1Ea11
P56
P57
P60
五十嵐由依 P62
井川　智子 1Ca7
井窪　勇気 1Ba5
池田　有沙 1Aa5
池田　美穂 P62
池田有理子 P69
池田　陽子 1Ea6
池原　　諒 1Ba8
池辺　彩乃 1Dp2
石井　貴也 1Ba3
石川　和也 1RpS7
1Da5
石川　健治 1RpS3
石川　寿樹 1Ca4
1Ca5
1Ca6
1Da2
1Da7
P3
石崎　公庸 1Ap11
P1
P20
石田　和希 1Ep10
石田　亘広 P74
石田　楓子 1Ep11
石橋　和大 3Ba6
石橋　勇志 1RpS5
5RaS4
石本　政男 1Dp7
磯部　祥子 P33
P34
板垣実菜子 3Aa2
市川　公康 P16
市川　真二 2RaS4
市川　寛人 1Da8
伊藤　光二 P24
伊藤　皓矢 1Ea7
伊藤　晋作 3Aa8
伊藤誠一郎 3Ba8
3Ba9
伊東　秀之 P13
伊藤　幸博 3Aa2
稲垣　宗一 1Ca3
稲葉　　環 P22
井上　健一 1RpS3
井上　太喜 1Ba1
井上　嵩也 1Ea10
井上　陽菜 P18
井上　侑哉 1Aa8
今井　博之 P3
P39
今井　悠人 P29
P58
今井　亮三 P73
今泉　　滉 2RpJ4
今泉　璃城 1Ap1
1Ap2
1Ap6
3Ea4
岩井　裕子 P60
岩岡　裕二 P13
岩崎　　崇 5RaS3
P75
P76
岩瀬　　哲 5RaS3
岩田　雄二 P31
岩橋　優里 1Ba4
岩見　知歩 P62
岩本耕太郎 1Ep3

**う**

上篭　美希 1Ca4
上村　隼生 P39
上村　卓矢 1Aa5
P22
植盛　晴菜 P13
牛島幸一郎 P23
牛山　雅結 1Ea3
内田　敦夫 1Ca8
内田　　開 P6
内海咲矢南 P10
内海稚佳子 5RaS3
内海　好規 5RaS3
5RaS7
宇野　憧人 P30
宇部　尚樹 P7
梅澤　俊明 3Ea3
梅原三貴久 1Dp3
浦川めぐみ P57

**え**

江口　壽彦 3Aa3
江原　　宏 1RpS3
遠藤　奏登 P61
遠藤寿伶希 1Ap9
遠藤　真咲 1Da1

**お**

呉　　禹昌 P79
大井　彩子 1Ba3
大串　　空 P11
大黒　陽太 1Da9
大澤　月穂 1Aa5
太田　智絵 1Aa10
1Ea1
大髙きぬ香 P21
大谷　真彦 3Aa8
P12
大塚　菜那 P17
大塚　早真 3Aa1
大槻　並枝 1Ca2
P1
大坪　憲弘 1Ea7
P69
P70
大坪　真樹 1Ea7
P69
大坪　嘉行 1Ea4
大西　　徹 P74
大西　利幸 1Aa5
1Aa6
1Aa7
1Ap10
1Ba3
P22
大沼　紀子 P69
大野奈津美 1Da1
大野　春香 P12
大橋　そら 1Ca6
大林　俊太 1Ep8
大森　美玲 P65
大山　綾香 1Ap5
大山　真実 1Ap1
岡　　夏実 P46
岡澤　敦司 1Ap12
1Ap13
岡田　憲典 1Ba1
岡田　和馬 1Ba1
P29
岡田　聡史 5RaS7
小賀田拓也 P45
岡野　光博 P64
岡本　有平 P14
岡本　芳恵 5RaS3
小川　敦司 P78
小川　拓水 1Ap13
小木曽こはる 1Aa7
荻田信二郎 P55
興津奈央子 P9
小口　太一 P24
P44
奥村　賢直 1RpS1
1RpS4
1RpS7
奥山　雄大 3Ea6
小椋　円花 1Ca3
小掠　由樹 1Aa7
小倉里江子 1Da8
1Da9
1Ep10

1Ep11
刑部　敬史 3Ba7
刑部祐里子 3Ba7
尾﨑　桃子 1Ap10
小田原真樹 P72
鬼丸　　洸 1Ba9
小埜栄一郎 3Ea2
3Ea6
小野　莉子 P40
尾之内　均 P30
小野崎　隆 1Ba6
小野寺　唯 P12
小原　一朗 3Aa1
小和田篤熙 1Ea11

## か

垣内　俊哉 P30
河西　俊介 1Ap9
河西　　崇 P69
樫迫　拓海 1Ea6
片岡　邦重 3Ea4
片渕由佳子 P80
片山　瑛斗 1Ep7
勝元　幸久 P9
加藤謙太郎 1Ep9
加藤　　晃 1Ba7
1Ba8
1Ba9
1Ep4
1Ep5
1Ep6
1Ep7
加藤　壮英 1Ba7
1Ep4
1Ep5
加藤　主税 1Ep1
加藤むうむ 3Ba7
加藤　康夫 3Ea1
加藤　悠一 P7
加藤　勇稀 1Aa2
金井　昭教 1Ea9
金子　俊郎 1RpS6
金子　倫久 3Ba1
加納　圭子 1RpS4
1Ba2
加星　光子 P59
釜田　陽光 P16
鎌谷　　諒 P25
神尾明日香 3Aa8
上岡　澪奈 P17
上之郷玉星 P38
神谷　駿太 P64
上吉原裕亮 1Ba6
賀屋　秀隆 1Da1
1Ea5
1Ea6
1Ea8
茅野　光世 P51
烏野　祐作 1Ba1
軽石　貴大 1Ap2
河合　弘太 P54
河合　桃矢 P62
河合　　博 2RaS3
川合　真紀 1Ca4
1Ca5
1Ca6
1Da2
1Da7
川出　　洋 1Aa8
河内　正治 1RpS4
1Dp5
川勝　泰二 P81
川上　哲也 1Aa8
川上　寛子 P38
P51
川上　璃子 1Aa4
河岸　洋和 1Aa3
1Aa4
1Ep3
川口　一朋 3Ea4
川口正代司 1Ep6
河下美都里 P38
川末　慎葉 1Ap5
河田　朋果 1Ap13
河野　颯大 P28
河野　　強 P75
P76
河野　徳昭 3Ba1
川原田泰之 P29
P58
川南　智也 1Aa3
神田　恭和 P59

## き

木内　高信 P68
菊地ひめか 1Aa11
菊地　　怜 1Ea2
岸田　康平 1Ea4
岸本　知也 1Ep5
北　　鳳統 1Ea3
北島佐紀人 P5
北洞　心晴 3Aa8
北村美紗子 P14
北村　璃菜 P27
木戸　陽哉 P79
城所　　聡 3Ba7
木下　俊則 1Ba2
3Aa7
木下　正貴 1Da9
金　　相完 P32
P33
P34
金　　陽喜 3Ea5
木村　成介 3Aa6
清野　　宏 1Ea5
1Ea8
桐原　理利 1Ep10
1Ep11

## く

楠見　淳子 1Ap7
葛山　智久 1Ba1
國枝　　正 1RpS7
1Da4
1Da5
1Da6
久保　篤史 4RaS3
1Ep2
熊木　佑真 P71
久米　慧嗣 3RaS1
倉田　和音 P26
栗木　淳寛 3Aa3
栗田加奈子 1Dp7
栗原　志夫 2RaS6
1Dp5
栗原（大窪）恵美子 2RpJ3
栗山　朋子 1Dp8
槫林　　翼 1Da7
黒岩　　風 3Aa1
黒瀬　飛揚 1Da6
黒瀬　雅人 P75
黒田　昌治 1Ea5
1Ea8
P63
桑原明日香 4RaS5
桑山　翔悟 1Ba2

## け

解良　康太 P18

## こ

小泉　　望 6RpS3
P31
小板　青空 1Ap7
郷　　達明 1Dp8
香西麻美子 P81
神戸　敏成 P53
肥塚　崇男 1Aa7
1Ap12
3Ea6
P5
P10
古閑　一憲 1RpS1
1RpS4
1RpS7
小岸　玲子 1Ea7
小木曽颯希 1Da3
小久保祥子 1Ep1
P28
小坂　七海 1Ea9
小嶋　　華 1Ea4
小嶋美紀子 1RpS4
小島　幸治 1Ap1
小竹　敬久 1RpS7
1Da7
兒玉　大昌 3Ba2
児玉　　豊 1Ca5
1Ca6
後藤　佳音 1Ap12
後藤　空吾 3Ba7
小西　翔也 1Ea8
小林　括平 1Da1
1Ea6
小林　慶亮 3Ea3
小林　俊弘 P81
小林　紀郎 3RaS2
小林　　誠 P21
小林光智衣 1Dp7
小林　安文 P45
小牧伸一郎 1Ap3
小牧　龍波 1Ap10
小峰　正史 P51
小宮山　寛 3Aa1
小室　一喜 P41
小森　貞男 P29
P58
小山　翔平 1Ca7
小山　知嗣 3Aa7
小鑓　亮介 2RaS2
今　　辰哉 P38
今野　峻吾 1Ba10

## さ

雑賀　啓明 P71
坂井　直樹 3Ea4
榊原　章太 1Da7
榊原　　均 1RpS4
坂口　彰都 1Ea3
坂口　公敏 P69
坂口　浩朗 1Ca4
1Ca5
坂口　祐美 1Ap1
1Ap6
坂田　忠大 1Ba6

坂田　脩羽　P32
坂元　栞　P69
坂本　真吾　1Ba5
1Da2
坂本　智昭　3Aa6
崎山　稜平　1Ep7
櫻井　佳奈　P66
櫻井　啓介　1Ap6
桜井　都子　P21
櫻庭　康仁　1Ca1
1Ca2
佐古　香織　5RaS7
佐々木渉太　1RpS6
佐々木伸大　1Ap5
佐々木大和　P64
笹本　智史　P71
佐塚　隆志　5RaS7
佐竹　暁子　1Ap7
P33
P34
佐塚　隆志　5RaS1
佐藤　綾人　1Ba2
1Dp1
佐藤　和広　P59
佐藤　浩平　1Aa7
佐藤　修正　1Ep6
1Ep7
佐藤　朱莉　P27
佐藤　伸哉　1Ba2
佐藤誠一郎　1Ap6
佐藤壮一郎　3Ba5
佐藤　長緒　2RaS1
1Ca3
佐藤　豊三　3Ba1
佐藤　春菜　3Aa3
里見　拓飛　P53
眞木　美帆　1Ca3
佐保建之介　1Da4
澤井　学　1Ap8
澤崎　達也　1Ea5
1Ea8
沢田　元樹　1Ap8

## し

鹿倉　悠平　P44
志熊　恵二　P35
士反　伸和　3Ea6
P26
實下　愛梨　P33
P34
蔀　有里　P81
柴田　大輔　4RaS1
嶋　良祐　1RpS2
島田　貴士　1Aa2
島田　理暉　1Ca8
清水　皇稀　3Ea2
清水みなみ　3Aa9
志茂　里菜　1Ea7
下川　響　3Aa3
下田　蒼　3Aa2
シャオ チオン　5RaS2
肖　渝煒　P28
庄司　翼　3RaS6
1Ap8
白石　慧　3Ea2
白石　晃將　5RaS6
白川　一　P17
白谷　正治　1RpS1
秦　奇　P32
新開　千紘　1Dp1
進藤沙弥香　1Ea7
新保由紀子　1Ea7
P69
新屋　和花　P17

## す

菅野　茂夫　3Ba8
3Ba9
P67
菅原孝太郎　P9
菅原真由美　P81
杉江　歩美　1Ap13
杉本　綾香　3Ea6
杉本　慶子　5RaS3
P50
杉本　七海　P18
杉山　暁史　1Aa6
1Ap7
P16
P17
杉山　龍介　1Aa11
1Ap9
須澤　尚太　P19
鈴木　賢一　1Ea7
鈴木　史朗　1Ap12
鈴木　聖治　1Ap12
鈴木　爽馬　1Da9
鈴木　泰輝　1Aa9
3Aa8
P11
鈴木　珠音　1Da10
鈴木　伸洋　P40
P41
P42
P43
鈴木　基史　3Aa9
3Ea7
鈴木　佑典　1RpS2
鈴木　穣　1Ea9
鈴木　龍馬　1RpS2
砂川　果穂　P2

## せ

瀬川　天太　3Ea2
石　東博　1Dp8
關　光　1Aa2
1Ea10
P14
関　原明　2RpJ2
5RaS3
5RaS7
関口　颯　1Da7
関森　悦子　1Ea9
瀬田　玄通　4RaS2
瀬戸　義哉　1Aa9
1Dp1
3Aa8
P11
P12

## そ

相馬　孝亮　P18
曽我　康一　3Aa7

## た

田井　彩乃　3Ba5
田浦　太志　P27
高井　浩典　P68
高川　仁起　3Ea2
髙木　健輔　P59
高木　純平　1Ca3
髙嶋咲羅紗　P27
高田　美信　1Ea4
高梨功次郎　1Ap11
1Ap12
P20
高野　俊介　P24
髙橋　郁夫　1Ba1
高橋　宏二　1Ba2
3Aa7
高橋　征司　1Ap1
1Ap2
1Ap6
3Ea4
P28
高山弘太郎　2RaS5
竹内　愛莉　1Aa5
竹内　薫　P65
竹内　純　1Aa5
1Aa6
1Aa7
1Ba3
1Dp3
1Ep3
竹澤　芽生　P42
竹下　浩平　1Ap6
3Ea4
竹島　杏　1Ep4
武田　征士　3Aa6
P69
武田　智之　5RaS3
5RaS7
武田　紀子　P21
武田　侑己　1Ep9
竹林有理佳　5RaS3
竹原　港　1Aa5
P22
竹本　和広　3RaS3
竹本　好花　P57
田坂　恭嗣　3Aa4
3Aa5
田島　直幸　P33
P34
橘　美沙希　1Ap11
P20
立石　亮　1Ba6
田中健太郎　1Ca2
田中　幸子　1Ep6
田中　大介　4RaS4
田中　宏幸　3Aa3
田中ファン　P45
田中　真帆　5RaS3
田中真優子　P48
田中　良和　P8
P9
P32
田中諒太郎　1Dp3
田邉　和子　3Aa1
谷口　有希　4RaS3
1Ep2
1Ep3
田野井慶太朗　3Aa9
田原　恒　P13
田原　悠平　3Aa7
田部井　豊　6RpS1
田村　圭　1Ep5
田村　啓太　1Ea10
P14
田村　泰造　1Ba7
1Ba8
1Ba9
1Da5
田村　美子　3Ba2

**ち**

崔　宰熏　1Aa3
　　1Aa4

**つ**

塚本　結衣　P78
月岡　淳子　1Aa10
辻　拓也　P62
辻川　茜　1Ea1
ツチハシ フェルナンド サトシ　3Ea3
都筑　恵　1Aa9
　　P11
坪　充　P45
坪井　大智　1Da10
　　P77

**て**

ディン ナ　5RaS2
出村　拓　1Da4
　　1Da5
　　1Da6
寺川　輝彦　3Ba8
　　3Ba9
　　P67
　　P68
　　P69
寺迫　鷹　3Ba5
鄧　文昊　1Ea4

**と**

峠　隆之　1Ap3
　　3Ea5
道羅　英夫　1Aa4
土岐　精一　1Da1
　　P71
時水　洋和　P3
徳永　天弥　P52
徳永　浩樹　5RaS3
　　5RaS7
徳本　修一　6RpS4
戸澤　譲　1Ap1
戸高　大輔　5RaS7
轟　泰司　1Aa7
　　1Ba3
　　1Ep3
飛松　裕基　3Ea3
戸部　隆太　3Aa2
富永　晃好　1Ca8
　　1Da3
　　1Da10
　　P35
　　P49
　　P77
富永　基樹　P24
友松　康一　1Ea7
豊岡　公徳　P21
豊田　知世　5RaS7
　　5RaS8
豊永　宏美　3Aa7
　　3Ea2
鳥居あすか　1Ca2
鳥居　由暉　P7
鳥羽　大陽　1Ep9
鳥山　欽哉　1Ea11
　　P60

**な**

内藤　哲　P30
中　雄輝　1Ba4
中井　秀一　6RpS2
中尾　晃大　P30
中川　明　P26
長岐　清孝　P23
長倉　萌　1Ca8
中里　一星　1Ea9
　　3Ba2
中島　敬二　1Dp8
中嶋　正敏　1Ba1
長嶋　玲　P64
中曽根　光　P74
永田　裕二　1Ea4
中田　了五　P50
仲田（狩野）麻奈　1RpS3
中塚　貴司　1Da3
永利友佳理　P45
中西　浩平　P20
永野　惇　1Ap10
　　P17
半　智史　P50
中橋　理佳　1Ea5
　　1Ea8
中平　洋一　P65
　　P66
　　P78
中村　彰彦　1Ep1
中村　彰良　3Ba8
　　3Ba9
　　P67
中村　幸誠　1Ap11
中村　聡　1Ep9
中村　誠宏　1Aa10
　　1Ea1
中村　貴子　P64
中村哲太郎　1Ep10
　　1Ep11
中村　典子　P8
　　P9
中村　保一　1Dp9
中村　友輝　5RaS2
　　5RaS7
中谷　暢克　P62
中山　明　1Dp5
中山　亨　1Ap1
　　1Ap2
　　1Ap6
　　3Ea4
名護　しほ　P68
七里　吉彦　3RaS5
　　P75
　　P76
鳴坂　真理　P23
　　P37
鳴坂　義弘　P23
　　P37
鳴海　貴子　P48

**に**

西尾　拓真　1Ba9
西尾　勇人　1Ea5
西ヶ塙　楓　1Ba3
西口　満　P13
西原　英治　P45
西原　昌宏　1Ea3
西村　浩二　P79
西村　翔陽　1Ep6
西村　泰介　1Ea6
西村　悠希　P14
西山康太郎　1Aa5
　　1Aa6
　　1Aa7
　　1Aa9
　　1Ap10
　　1Dp1
　　P11
　　P12

**ぬ**

沼田　圭司　P72
塗木　彩花　P70

**ね**

根岸　克弥　1Da1

**の**

納冨栞之子　P4
野口恵美子　P64
野澤　彰　1Ea5
　　1Ea8
野路　征昭　P27
野下　浩司　1Ap7
野副　朋子　3Aa9
光田　展隆　3Ba9
延原　美香　3Aa7
野村　泰治　3Ea1
　　P7
　　P10
野村　俊尚　P4
野村　真未　1RpS7

**は**

柏　志承　P44
橋本　隆　1Ep4
橋本　佳和　3Aa1
長谷川久和　P67
　　P68
長谷川玲花　3Ba8
　　3Ba9
　　P67
　　P68
　　P69
服部　武文　3Ea3
服部　太郎　1Ca8
花井　大貴　P77
花岡　創　1Ap10
幅　裕香梨　P49
早川　英介　3RaS4
林　謙一郎　1Aa9
林　夏生　1Da2
林　真妃　1Ba2
　　1Ea4
林　優紀　1Ba2
原　光二郎　P51
原田　快斗　1Dp3
原田　悟　1Da1
原田　尚志　1Ap10
半田　藍　P24

**ひ**

東　克己　P52
東谷　篤志　1RpS6
東谷なほ子　1RpS6
日野　真吾　1Ep1
平井　浩文　1Aa3
　　1Aa4
平井　優美　P6
　　P21
平岡　信之　1RpS4
　　1Dp5

平賀　勧 1Dp7
平川　英樹 1Ap10
P32
P33
P34
平郡　雄太 P30
平田　峻也 1Ea6
平谷　万里 P26
平塚　和之 1Da8
1Da9
1Ep10
1Ep11
平山裕美子 P73
廣居　桜子 1Ap2
3Ea4
廣瀬　万祐 1Ep3
廣田　真 P80
廣田　光希 3Ea3
廣森　美樹 1Ap1
1Ap6
日渡　祐二 1Ca9
1Ea2
1Ep9

**ふ**

深井　誠一 P48
深尾　賢志 P49
深沢知加子 1Ep1
P28
深津　孝平 1Ba2
福井　康祐 1Dp3
福岡　新一 1Ca8
福岡　里菜 P61
福澤　徳穂 3Aa4
3Aa5
福島　敦史 1Ep8
福島　健児 1Ap7
福田　修大 1Ba9
福田　由介 1Ep8
藤　晋一 P38
藤田阿紅亜 1Aa6
藤田　岳 3Aa2
藤田　和義 P69
藤田　知也 P35
藤田　泰成 P45
藤田　優花 3Ea6
藤野　伊吹 P27
藤本　貴文 1Ca4
藤本　卓生 1Ba6
藤原　未来 P78
船田　良 P50

**ほ**

坊農　秀雅 P14
星野　敦 3Ea2
堀　圭佑 1Da8
堀　夏佳 1Da8
堀井　陽子 P72
堀川　歩里 P76
堀川　学 3Ea2
堀木　文歌 1Ba7
本多　和茂 P32
本間　駿一 1Aa6
P22

**ま**

前田　太郎 P17
前田　智恵 1Ep4
前田莉望愛 P39
前野　哲輝 3Aa6
前野慎太朗 1Ap12
槇嶋理華子 P8
P9
蒔田由布子 1RpS4
1Dp5
政光　俊佑 P55
増田　健二 1Dp4
増田　麗子 3Ba2
増村　威宏 1Dp2
1Ea5
1Ea8
3Ba5
P2
P63
増本　梨那 1Ea1
間瀬　暢之 1Aa3
1Aa7
松井　啓祐 1Ea7
P62
松浦　滉明 3Ea4
松尾　幸毅 3Ba4
松尾　真子 P54
松岡　健 3Aa3
松川　哲也 P16
松下　修平 P16
松下　祥子 1RpS2
松村　健 3Aa4
3Aa5
松本　杏樹 P14
松本　帆夏 P31
松本　萌人 P56
圓山恭之進 1Ep3
丸山　莉生 P50

**み**

三浦　謙治 5RaS3
P46
P61
P64
三浦　里唯 1Ea1
三上　智世 1Ap1
三上　文三 3Ea3
三木　葵葉 1Da1
三柴啓一郎 1Ea3
三城　恵美 1RpS4
1Ba2
水越　佑太 P22
水田　珠希 1Ap11
水谷　正治 1Ap11
P19
P20
水野　貴行 P32
水野　翼 1Aa6
水辺　慈詠 1Da2
水元　康裕 1Da6
光田　展隆 1Da2
3Ba8
P67
南　杏鶴 3Aa9
南　博道 P26
峯　彰 5RaS5
宮内　直弥 1RpS2
宮城　敦子 1Da2
P4
宮崎　翔 1Aa8
1Ba1
宮里　真琴 1Aa7
宮田　真人 3Aa7

**む**

向井　陸馬 1Da2
棟方　涼介 1Ap7
P16
P17
村上　達 P30
村上　敏之 P13
村田　純 3Ea2
村田　善則 P45
村中　俊哉 1Ea10
P14
村山　和隆 P8
P9
村山　秀樹 P4
村上　慧 1Ba2
室本　翔太 3Ba7

**も**

毛利　心哉 1Ea1
持田　恵一 3Aa9
本橋　令子 4RaS3
1Ep1
1Ep2
1Ep3
P28
百瀬　博文 1Ba6
森　哲哉 P21
森田　重人 1Dp2
1Ea5
1Ea8
3Ba5
P2
P63
森田　遥絵 P14
守屋　健太 P20

**や**

矢木　孝佑 P63
矢﨑　一史 1Ap7
P16
矢嶋　雪乃 1Aa3
安川小百合 3Ea5
安田あおい 3Ea4
安田　遥 P15
安本　周平 1Ea10
矢内　太朗 3Ea4
柳川　由紀 1RpS4
柳澤　修一 1Ca1
1Ca2
P1
矢野　翼 3Ba8
3Ba9
P67
P68
P69
矢野　亮一 1Dp7
矢羽田　琳 P5
山川　琉太 P3
山木　淳正 1Ba7
P71
山口　尚輝 3Aa3
山口　晴彦 1Ap1
1Ap6
山口　雅利 1Ba5
1Ca5
1Da2
1Da7
山口（上原）由紀子 3Aa9
山崎　真巳 1Aa11
1Ap9

山﨑　未紗　P48
山地　母恵　P48
山下　紗輝　3Ea6
山下　　哲　1Ap1
　　1Ap6
　　3Ea4
山下　寛人　4RaS3
　　1Ba3
　　1Ep2
山下　広美　P13
山田　彩水　1Ap10
山田　泰之　3Ea6
　　P26
山田　悠介　1Ap6
大和　勝幸　P61
山根　美代　5RaS7
山根　里佳　P78
山溝　千尋　P13
山村　栄虎　3Aa1
山村　正臣　3Ea3
山村　来輝　1Ea1
山本　和彦　3Ba1
山本　健太　3Aa3
山本新之助　P5
山本　直樹　P2
山本　　宏　3Ba8
　　3Ba9
山本　雅貴　3Ea4
山本　幸弘　P55
矢守　　航　3Ba2
楊　　麥倫　1Ca2

**ゆ**

幸　　義和　1Ea5
　　1Ea8
湯瀬　真衣　P40
　　P43
由里本博也　5RaS6

**よ**

横井　彩子　P71
横山　隆亮　3Ea2
吉田　剛瑠　1Aa6
　　P22
吉原　晶子　5RaS7
吉松　嘉代　3Ba1
米山　　裕　3Aa2

**り**

李　　秋実　P80
李　　鋒　1Dp7

**わ**

若林　孝俊　1Ba1
若林　智美　1Ep6
　　1Ep7
和氣　駿介　1Ap1
　　1Ap2
　　1Ap6
　　3Ea4
　　P28
和田　直樹　3Ba7
和田　雅人　P29
　　P58
渡邊　希香　3Ba6
渡邊　駒ち　1Aa5
渡辺　修治　1Aa7
渡辺　正夫　1Ea4
渡邉むつみ　1Ap3
　　3Ea5

**A-Z**

Bashir, Khurram　5RaS7
Bhowmik, Pankaj　P73
Bonifacio, Mariel　P45
Bono, Hidemasa　1Aa1
Cai, Yongqing　1Ap4
Chacko, Rita Rose　P41
Choi, Jae-Hoon　1Ep3
Dangjarean, Hatairat　P45
　　P47
Fujita, Yasunari　P47
Fukasawa, Yoshinori　3Ba3
Gutema, Meseret　P45
Hagihara, Shinya　1Dp6
Hama, Tetsuya　P36
Hamberger, Björn Robert　3Ea3
Huang, Zhixuan　1Ap3
Ishibashi, Atsuki　P36
Kato, Shuri　1Ap4
Kobayashi, Yasufumi　P47
Kodama, Yutaka　3Ba3
Kusano, Miyako　1Ap4
Li, Xiaohan　P46
Matsumoto, Asako　1Ap4
Muchammad, Fanani　1Aa2
Murata, Yoshinori　P47
Nadia, Nur Shazana Binti Talib Khan　1Ap1
Nagahage, Isura　1Ba5
Nakamura, Masayo　3Ba3
Nelson, David C.　1Aa3
　　1Aa4
Neyrot, Sara　P45
Oshima, Yoshimi　P36
Pham, Huong Thi　5RaS7
Robertlee, Jekson　1Dp6
Saito, Shota　P36
Sekerci, Keriman　1RpS6
Seki, Hikaru　1Aa1
Suriyasak, Chetphilin　1RpS5
　　5RaS4
Suzuki, Tomohiro　3Ba3
Tamura, Keita　1Aa1
Teraoka, Hidemasa　P36
Thagun, Chonprakun　3Ba3
Xie, Xiaonan　1Ep3
Zhang, Shiyue　1Aa1

**第43回日本植物バイオテクノロジー学会（鳥取）大会　講演要旨集**

発行日：2026年8月29日
発行者：第43回日本植物バイオテクノロジー学会（鳥取）大会　実行委員会
〒680-8553　鳥取県鳥取市湖山町南4丁目101
鳥取大学農学部内
印　刷：中西印刷株式会社