

令和 4 年 6 月 10 日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19H02936

研究課題名(和文) 土壌養水分ストレスの変動に動じない根系形態を持ったイネの開発

研究課題名(英文) Genetic improvement of root system architecture which is robust for soil nutrient and water stresses in rice

研究代表者

宇賀 優作 (Uga, Yusaku)

国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究部門・グループ長

研究者番号：00391566

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,900,000円

研究成果の概要(和文)：作物根系を環境ストレスに適応した形に改良することは安定生産にとって重要である。本研究では、イネ根伸長角度QTL(qSOR1)の上流または下流で働く遺伝子の同定を試みた。qSOR1の異なるアリル系統を用いた重力刺激や乾燥ストレス試験の結果、根端部で複数の熱ショック転写因子の遺伝子発現が環境刺激によって異なることが分かった。これら遺伝子は重力屈性と水分屈性応答の両方に何らかの作用を及ぼす可能性が高いと推察されるため、ゲノム編集によりノックアウト系統を作出した。今後、これらの遺伝子が根系形態の制御に及ぼす影響を明らかにする。

研究成果の学術的意義や社会的意義

イネ根伸長角度QTL(qSOR1)の相同遺伝子は、単子葉植物だけでなく、双子葉植物にも広く存在する。そのため、qSOR1周辺の遺伝子群の同定は、陸上植物の環境適応における根張りの役割を解明するうえで重要な知見を提供する。これまで根系形態が環境ストレス耐性に貢献することが分かっていたが、遺伝的改良は困難であった。本知見は、根系形態を育種対象として扱ううえで、貴重な情報を提供するものであり、今後不安定化する地球規模の農地劣化に対応した農作物の品種改良への寄与が期待できる。

研究成果の概要(英文)：Genetic improvement of the root system in crops to adapt to environmental stresses is important for stable crop production. In this study, we attempted to identify genes that act upstream or downstream of the rice QTL for root growth angle (qSOR1). Using rice lines with different alleles of qSOR1, we found that gene expression levels of several heat shock transcription factors (HSFs) at root tips varied with different environmental stimuli such as gravity change and drought stress. Since we speculated that these HSFs are likely to have some roles in both gravitropic and hydrotropic responses, we developed a knockout line by genome editing. In the future, we will clarify the effects of these genes on the regulation of root growth angle.

研究分野：植物遺伝育種学

キーワード：根系形態 環境ストレス 伝子発現 重力屈性 水分屈性 QTL

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

根は植物が土壤中の養水分を吸収するために必須の器官であり、その効率を左右する重要な根系分布はおもに根伸長角度と根長によって決定する。イネでは、根伸長角度に関する QTL (量的形質遺伝子座)として *DRO1* (Uga et al. 2013) と *qSOR1* が単離された。両遺伝子は相同遺伝子であり、共に重力屈性に関与し、機能型アリルで深根性を示す。両遺伝子の機能型アリルおよび非機能型アリルを組み合わせた 4 つの *DRO1/qSOR1* 集積系統の根系を観察したところ、これら系統は浅根から深根まで 4 つの異なる根系分布を示した。以上のことより、両遺伝子を組み合わせることで様々な根伸長角度を作り出すことがイネでは可能である。*DRO1* を導入した準同質遺伝子系統 (*Dro1-NIL*) を用いたフィールド研究から、深根化が干ばつ耐性の向上、収量性や耐倒伏性の改善、重金属からの忌避に有効であることを分かった (Uga et al. 2015)。一連の研究の中で、水分状態の異なる水耕栽培と畑圃場で多数のイネ品種の根伸長角度を調査したところ、多くの品種が水耕栽培よりも畑で浅根になる傾向にあった (Uga et al. 2012)。また、窒素濃度の異なる条件でイネを栽培すると *Dro1-NIL* を含む多くの品種で窒素濃度の違いに伴って根伸長角度に変化が見られた (Ogawa et al. 2014)。このように、根伸長角度の遺伝的改良がイネ生産の向上に有効であることが実証された一方で、養水分の異なる土壤環境において希望通りの根系分布に制御することは依然難しい。

この原因の 1 つは、根において乾燥や低窒素などの環境ストレスシグナルが特定の遺伝子を介して、根系分布を制御する遺伝子に働きかけた結果と推察される。そこで、ストレスシグナル伝達経路に関わる遺伝子のうち、根特異的に働く遺伝子を見出すことができれば、ストレスシグナルによる根の変化を回避し、環境ストレスに頑健な根系を持ったイネを開発できるのではないかと考えた。そのためには、イネにおいて環境ストレスシグナルと根系分布を制御する経路をつなぐ遺伝子を明らかにする必要がある。

2. 研究の目的

環境ストレスにより変化する根系形態を不良土壤に適応した形に制御することはこれまで困難であった。本研究では、環境ストレスシグナル応答経路と根伸長角度を制御する経路に関する遺伝子の同定を通して、環境ストレスに頑健な根系の作出を目指した。本目的達成のため、環境ストレスシグナルと根伸長角度に関与する経路をつなぐ遺伝子の同定 (課題 1)、根伸長角度を自在に改変するための遺伝子ネットワークの解明 (課題 2) の 2 つ課題を主に実施した。課題 1 では環境ストレスのうち水 (乾燥) ストレスに対する根の可塑性に関与する水分屈性関連の遺伝子をイネで同定することを試みた。具体的には、寒天培地上で根に乾燥処理を施した際に、乾燥ストレスに応じて根端で発現変動する遺伝子を RNA-seq により網羅的に解析した。つぎに、水分屈性への関与が推定された遺伝子群に対しゲノム編集を用いてノックアウト系統を作製後、水屈性反応への影響を評価する。課題 2 では申請者がイネで単離した根重力屈性遺伝子 *qSOR1* を中心に重力屈性に関与する遺伝子ネットワークの解明を試みた。具体的には、*qSOR1* とオーキシン極性輸送関連遺伝子 (*OsPINs*) や *AtRLD1-4* のイネ相同遺伝子との相互作用の有無について解析した。近年、*qSOR1* のシロイヌナズナ相同遺伝子と推定される *AtLZY2* や *AtLZY3* と *AtRLD1-4* がコードするタンパク質は相互作用することが報告されている (Furutani et al. 2020)。また、*qSOR1* の上流もしくは下流で働く遺伝子の同定を目指し、疑似微小重力処理後に重力刺激を与えた根に対して RNA-Seq を行い、発現変動する遺伝子の探索を行った。

3. 研究の方法

(1) 環境ストレスシグナルと根伸長角度に関与する経路をつなぐ遺伝子の同定

簡易水分屈性評価法の構築および網羅的な遺伝子発現解析

最初に、寒天培地を用いた簡易水分屈性評価法の確立を行った。供試材料として、水稻品種 IR64 (重力屈性遺伝子 *DRO1* の非機能型アリルを持つ) に *qSOR1* の非機能型アリルを導入した準同質遺伝子系統 (*qsor1-NIL*[IR64]) を用いた。本 *NIL* は重力屈性反応が異常となり、播種後土中から根が地表面に伸長するなどの非重力感受性を示す。玄米種子を消毒し、30℃ に一晩置いて催芽した種子を 1% 寒天培地に播種した。30℃ で 1 日培養後、別途作製した 1% 寒天培地上に種子根の伸長した芽生えを種子根が水平になるように置床した。水分屈性反応を観察するため、コントロール区では培地に置いた根に水分を含ませたる紙をかけ、乾燥区では紙をかけずに培養することで、培地接地面の反対の根の表面が乾燥状態になるように処理した。本評価法を用いて、コントロール区と乾燥区における経時的な遺伝子発現解析した。両区とも 0、0.5、1、2、4、8 時間後に根端 3-4mm をサンプリングした。サンプリングした根端から RNA を抽出し cDNA ライブラリを作製後、RNA-Seq 解析を行った。

ノックアウト系統の作出および水分屈性の定量化

RNA-Seq 解析に基づき、水分屈性に関与すると推定された遺伝子のうち、これまでに水分屈性への関与が報告されていない遺伝子について、ゲノム編集を用いてノックアウト系統を作製した。*DRO1* と *qSOR1* の機能型アリルを持つササニシキ背景に作製したコンストラクトを形質転換した。

簡易水分屈性評価法では、ノックアウト系統の屈性反応を定量化 (数値化) することが難しいため、新たに水分屈性を定量化できる評価法を構築した。これまでにシロイヌナズナで報告のあった水分勾配法 (Takahashi et al. 2002) を参考にイネでの条件検討を実施した。試験中の乾燥状態を一定にするため、水槽の上部はアクリル板で密封した。乾燥区は、水槽内部に水分勾配を作るために、500 mL の飽和炭酸カリウム水溶液を入れたタイトボックスを中央に配置した。本処理により、サンプルを寒天に載せて水槽側面に置いた場合、寒天から飽和炭酸カリウム水溶液のある中央に向かって乾燥の程度が強くなる。コントロール区は飽和炭酸カリウム水溶液の代わりに水の入ったタイトボックスを中央に置いた。両

区とも、水槽側面に帯状に切った 1%寒天培地を固定し、1-2 cm の長さの根の根端 0.5-1 mm が寒天から出るようにして並べ、密封した水槽に入れて 25 °C で培養した。

(2) 根伸長角度を自在に改変するための遺伝子ネットワークの解明

本課題では、*qSOR1* の上流および下流に位置する遺伝子を同定・改変することで、根伸長角度を遺伝的に制御することを目指し、以下の課題を実施した。各課題の位置づけは図 1 の通りである。

qSOR1 との相互作用の可能性がある OsPINs の解析

qSOR1 はオーキシンにより負に制御され、重力屈性に影響する。このことから、*qSOR1* はオーキシンの極性輸送に関与することが推察された。オーキシン極性輸送に関与する遺伝子としてシロイヌナズナでは *PINs* が報告されているが、イネではほとんど知見が無い。そこで、*PINs* のイネ相同遺伝子と *qSOR1* がコードするタンパク質の相互作用を Bimolecular fluorescence complementation (BiFC) 法により調べた。はじめに、機能型 *qSOR1* と非機能型 *qsor1* の細胞内局在性について解析した。cDNA ライブラリからクローニングした *qSOR1* と *qsor1* を *GFP* コンストラクトに導入した。イネからプロトプラストを単離し、本コンストラクトを細胞膜マーカーとして用いられるコンストラクトとともにプロトプラストに導入した。1 晩 28 °C で培養し、共焦点顕微鏡を用いて観察を行った。つぎに、イネの培養細胞である *Oc* 細胞を用いた BiFC 法により、*qSOR1* と 7 個の *OsPINs* との一過的な細胞内局在解析を行った。BiFC の結果、*OsPINs* のうち、*qSOR1* と *OsPIN10b* は相互作用する可能性が推察された。そこで、ゲノム編集により *OsPIN10b* のノックアウト系統を作出し、*OsPIN10b* の重力屈性への関与を調べた。

qSOR1 との相互作用の可能性がある OsRLDs の解析

シロイヌナズナにおいて *AtLZY2* や *AtLZY3* と *AtRLD1-4* は相互作用し、オーキシンの極性輸送に関与することが報告されている (Furutani et al. 2020)。そこで、*qSOR1* と *AtRLD1-4* のイネ相同遺伝子が相互作用し重力屈性に関与しているかを明らかにすることを目指した。シロイヌナズナの *AtRLD1-4* のイネ相同遺伝子 *OsRLDs* を cDNA ライブラリなどからクローニングした。*OsRLDs* の細胞内局在解析を行うために、クローニングした *OsRLDs* を *GFP* 融合コンストラクトに導入し、共焦点顕微鏡を用いて観察を行った。*OsRLDs* の多重変異体を含むノックアウト系統の表現型を解析するため、ササニシキを背景にゲノム編集を行った。

疑似微小重力処理を用いた重力刺激に対するイネ根端部の網羅的な発現解析

ササニシキとササニシキ背景に非機能型 *qSOR1* を導入した NIL (*qsor1-NIL[SA]*) を用いて、疑似微小重力処理後の重力刺激に応答して発現変動する遺伝子を RNA-Seq を用いて網羅的に解析した。催芽したササニシキと NIL の種子を 0.4%アガロースゲルに播種し、28 °C で 14 時間培養後、3D クリノスタットを用いて 6 時間疑似微小重力処理を行った。処理後、1g の重力刺激を与えて 0、0.5、1.5、3 時間後に根端をサンプリングした。コントロール区として疑似微小重力処理を行わず 6 時間静置した個体からもサンプリングした。サンプリングした根端から RNA を抽出し cDNA ライブラリを作製後、RNA-Seq 解析を行った。

4. 研究成果

(1) 環境ストレスシグナルと根伸長角度に関する経路をつなぐ遺伝子の同定

簡易水分屈性評価法の構築および網羅的な遺伝子発現解析

NIL の根は、コントロール区では乾燥ストレスの影響がないため、寒天の上を水平に伸長した。一方、乾燥区では時間の経過とともに寒天中に根が屈曲した。本条件下の根から根端をサンプリングし、RNA-Seq 解析を行った結果、乾燥区で遺伝子発現が上昇した 874 遺伝子と発現が減少した 963 遺伝子をそれぞれ Differentially Expressed Gene (DEG) として見出した。DEG の検出基準としては、乾燥区とコントロール区を比較して、ストレス処理後 0、0.5、1、2、4、8 時間目の遺伝子発現量が 1/2 以下または 2 倍以上になった遺伝子をそれぞれ発現が減少、または、上昇した DEG とし、閾値は False Discovery Rate (FDR) < 0.05 とした。このうち、シロイヌナズナで水分屈性に関与することが報告されている植物ホルモン関連遺伝子のイネ相同遺伝子が 5 つ見つかった。このことから確立した評価法で水分屈性関連遺伝子がスクリーニングで

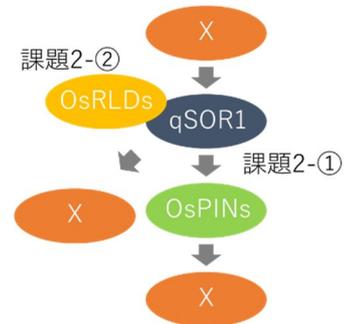


図 1. 各課題が目指すネットワークの解明 (概要図)

X は課題 2-① で検出を期待している遺伝子

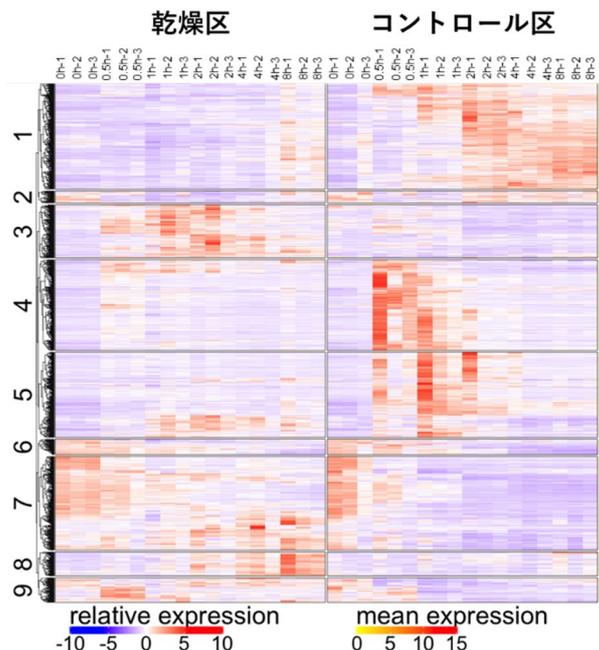


図 2. 水分屈性試験で検出された DEG のクラスター解析の結果

relative expression は TPM の Z-score、mean expression (右端) は全条件の TPM 平均値の log2 を表す。上段は処理後時間と反復数を示す。

きることが期待できた。つぎに、DEG を用いたクラスター解析から、DEG は 9 つのクラスターに分かれた (図 2)。既報の水分屈性や乾燥ストレスに関わる遺伝子以外にユニークな発現変動を示すクラスターに着目した。クラスター 3 に含まれる遺伝子のうち、乾燥処理で発現が上昇する遺伝子の中に、後述する課題 2 の疑似微小重力試験でも DEG として検出された *HSF* (*HEAT STRESS TRANSCRIPTION FACTOR*) ファミリーに属する遺伝子が 2 つ含まれた。これら遺伝子の一つは、疑似微小重力試験では発現が減少する DEG として検出された。他方の遺伝子は発現量が低く、RNA-Seq の検出限界以下だった。一方、疑似微小重力試験で発現が上昇した *HSF* のうち 3 つの遺伝子は本試験では発現が減少した。本結果から、これらの遺伝子は重力屈性と水分屈性応答の両方に何らかの作用を及ぼす遺伝子の可能性が高いと推察した。

ノックアウト系統の作出および水分屈性の定量化

上記の結果から、*HSF* ファミリーに属する 9 つの遺伝子とその多重変異体合わせて 12 のノックアウト系統を作出した。同時に、飽和炭酸カリウム水溶液を用いた湿度勾配条件下でササニシキの根端は寒天がある水平方向に屈曲することが確認できた。本方法によりイネ根端の屈曲角度を定量化することが可能となった。現在ノックアウト系統のホモ個体を選抜しており、選抜・固定ができ次第、本定量化にて、水分屈性への影響を測定する。

(2) 根伸長角度を自在に改変するための遺伝子ネットワークの解明

qSOR1 との相互作用の可能性のある OsPINs の解析

機能型 qSOR1 と非機能型 *qsor1* の細胞内局在を調べた。*EGFP* を融合した機能型 *qSOR1* と非機能型 *qsor1* をイネプロトプラストに導入した。その結果、機能型 qSOR1 は細胞膜に局在し、非機能型 *qsor1* は細胞膜に局在しなかった。このことから、qSOR1 の細胞膜局在が qSOR1 の機能発現に関与することが推察された。つぎに、Oc 細胞を用いた BiFC の結果、qSOR1 と OsPIN10b が同じように細胞膜に局在していることが分かり、両遺伝子が相互作用する可能性が高いと予想した。そこで、OsPIN10b のノックアウト系統を作出した。複数の変異型ホモ系統に対し寒天培地を用いた重力屈性試験を行ったが、ノックアウト系統と元親との間に有意な差を見られなかった。そこで、新たに 6 個の OsPINs をクローニングし、qSOR1 との相互作用について、BiFC や Split Luciferase などを用いて解析した。しかし、qSOR1 とこれら OsPINs との直接的な相互作用を示す結果は得られなかった。以上の結果から、qSOR1 は OsPINs とは直接的な相互作用を持っていないことが推察された。

qSOR1 との相互作用の可能性のある OsRLDs の解析

AtRLD1-4 のイネホモログと考えた OsRLDs の細胞内局在を調べるために、cDNA ライブラリーから *OsRLDs* の全長をクローニングし、蛍光タンパク質と融合したコンストラクトを作製した。イネの *OsRLDs* の細胞内局在は現在調査中である。シロイヌナズナで AtLZYs との相互作用に重要であると報告された AtRLD の BRX ドメイン (Furutani et al. 2020) と相同な配列を破壊するように、*OsRLDs* のノックアウト系統を作出した。現在、これらの変異型ホモ系統の選抜を進めており、完成次第表現型への影響を調査する。

疑似微小重力処理を用いた重力刺激に対するイネ根端部の網羅的な発現解析

3D クリノスタットを用いた疑似微小重力処理後の重力刺激試験の条件検討を行い、再現性を確認した。つぎに、本条件でササニシキと NIL に対して RNA-Seq 解析を行った。その結果、ササニシキと NIL で処理後の DEG がほとんどないことが分かった。DEG の検出基準としては、ササニシキと NIL を比較して、疑似微小重力処理後 0、0.5、1.5、3 時間目の遺伝子発現量が 1/2 以下または 2 倍以上になった遺伝子をそれぞれ発現が減少、または、上昇した DEG とし、閾値は $FDR < 0.05$ とした。そこで、ササニシキと NIL で共通の DEG に着目した。ここではクリノスタット停止直後 0 時間と比較して、0.5、1.5、3.0 時間目の遺伝子発現量が 1/2 以下または 2 倍以上になった遺伝子をそれぞれ疑似微小重力処理後に発現が減少、または、上昇した DEG とし、閾値は $FDR < 0.05$ とした。両系統で処理直後の 0h から発現が減少する転写因子 19 個の中に 7 個の *HSF* が含まれていた (図 3)。これら遺伝子には、*HSFA2D* が含まれていた。*HSFA2D* はシュートの重力屈性に関与する *OsLazy1* の上流で働くことがイネで報告されている (Zhang et al. 2018)。アミノ酸配列比較から *OsLazy1* と *qSOR1* は同じファミリーに属していることが分かっており、*HSFA2D* が根の重力屈性にも関与している可能性が推察された。これら *HSF* はクリノスタット処理直後 0h で発現上昇が見られたことから、疑似微小重力処理中にすでに発現が上昇していたことが考えられた。他にも同様な発現パターンを示す *Heat shock protein* (*HSP*) が 31 個見つかった。これらの *HSP* がコードするタンパク質は、シロイヌナズナで AtLZY2 や AtLZY3 の共免疫沈降で検出されたもの (Furutani et al. 2020) や AtPIN1 の細胞内局在に影響するもの (Samakovli et al. 2021) などのイネ相同遺伝子であった。今後、これら遺伝子についてもゲノム編集によるノックアウト系統を作出し、表現型への影響を調査する。

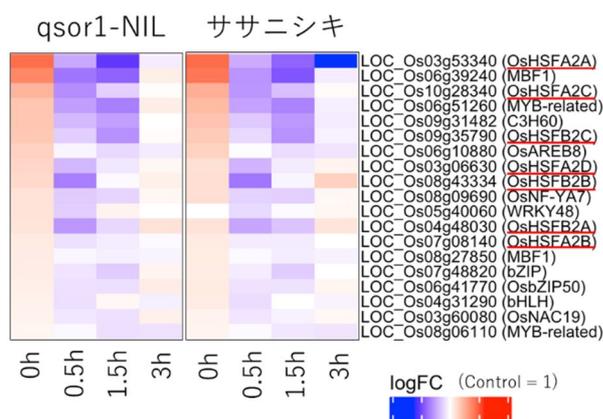


図 3. 疑似微小重力処理後に両系統で発現が減少した転写因子

<引用文献>

- Uga Y. et al. (2013) Control of root system architecture by *DEEPER ROOTING 1* increases rice yield under drought conditions. *Nat. Genet.* 45: 1097-1102.
- Uga Y. et al. (2015) Genetic improvement for root growth angle to enhance crop production. *Breed. Sci.* 65: 111-119.
- Uga Y. (2012) Quantitative measurement of root growth angle by using the basket method. in *Methodologies for root drought studies in rice.* 22-26.
- Ogawa S. et al. (2014) Root system architecture variation in response to different NH₄⁺ concentrations and its association with nitrogen-deficient tolerance traits in rice. *Acta. Physiol. Plant* 36: 2361-2372.
- Furutani M. et al. (2020) Polar recruitment of RLD by LAZY1-like protein during gravity signaling in root branch angle control. *Nat. Commun.* 11(1):76.
- Takahashi N. et al. (2002) Hydrotropism in abscisic acid, wavy, and gravitropic mutants of *Arabidopsis thaliana*. *Planta* 216: 203-211.
- Zhang N. et al., (2018) A Core Regulatory Pathway Controlling Rice Tiller Angle Mediated by the LAZY1-Dependent Asymmetric Distribution of Auxin. *Plant Cell* 30(7):1461-1475.
- Samakovli D et al. (2021) HSP90 affects root growth in Arabidopsis by regulating the polar distribution of PIN1. *New Phytol.* 231(5):1814-1831.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Kitomi Yuka, Hanzawa Eiko, Kuya Noriyuki, Inoue Haruhiko, Hara Naho, Kawai Sawako, Kanno Noriko, Endo Masaki, Sugimoto Kazuhiko, Yamazaki Toshimasa, Sakamoto Shingo, Sentoku Naoki, Wu Jianzhong, Kanno Hitoshi, Mitsuda Nobutaka, Toriyama Kinya, Sato Tadashi, Uga Yusaku	4. 巻 117
2. 論文標題 Root angle modifications by theDR01homolog improve rice yields in saline paddy fields	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Proceedings of the National Academy of Sciences	6. 最初と最後の頁 21242 ~ 21250
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1073/pnas.2005911117	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Uga Yusaku	4. 巻 71
2. 論文標題 Challenges to design-oriented breeding of root system architecture adapted to climate change	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Breeding Science	6. 最初と最後の頁 3 ~ 12
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1270/jsbbs.20118	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Plett Darren C, Ranathunge Kosala, Melino Vanessa J, Kuya Noriyuki, Uga Yusaku, Kronzucker Herbert J	4. 巻 71
2. 論文標題 The intersection of nitrogen nutrition and water use in plants: new paths toward improved crop productivity	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Experimental Botany	6. 最初と最後の頁 4452 ~ 4468
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jxb/eraa049	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Hanzawa Eiko, Kitomi Yuka, Uga Yusaku, Sato Tadashi	4. 巻 12
2. 論文標題 Quantification of soil-surface roots in seedlings and mature rice plants	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bio-protocol	6. 最初と最後の頁 e4409
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.21769/BioProtoc.4409	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計9件（うち招待講演 5件 / うち国際学会 5件）

1. 発表者名 久家徳之, 木富悠花, 西嶋遼, 川勝泰二, 宇賀優作
2. 発表標題 3D クリノスタットによる微小重力処理後のイネ根端における重力刺激応答遺伝子の網羅的探索
3. 学会等名 日本育種学会第139回講演会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宇賀優作, 木富悠花, 半澤栄子, 久家徳之, 井上晴彦, 原奈穂, 河合佐和子, 菅野徳子, 遠藤真咲, 杉本和彦, 山崎俊正, 坂本真吾, 千徳直樹, 呉健忠, 光田展隆, 佐藤雅志
2. 発表標題 地表根形成遺伝子qSOR1はイネの根系形態を制御する重要な遺伝子ファミリーに属する
3. 学会等名 日本育種学会第138回講演会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 宇賀優作
2. 発表標題 Towards genetic improvement of root system architecture for developing of climate-resilient rice
3. 学会等名 2019 KSBS & SABRAO International Conference (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 木富悠花, 原奈穂・半澤栄子, 河合佐和子, 菅野徳子, 藤澤弘子, 金森裕之, 呉健忠, 佐藤雅志, 宇賀優作
2. 発表標題 イネの根の形はDR01 ファミリー遺伝子によってデザインすることができる
3. 学会等名 イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宇賀優作
2. 発表標題 Desired control of root system architecture to develop climate-resilient rice
3. 学会等名 6th International Symposium on Genomics and Crop Genetic Improvement - Molecular Breeding (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宇賀優作
2. 発表標題 干ばつ耐性向上をめざした稲の根系改良の試みと今後の展望
3. 学会等名 日本熱帯農業学会第126回講演会公開シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宇賀優作
2. 発表標題 Challenges to design-oriented breeding of root system architecture adapted to abiotic stress
3. 学会等名 11th Symposium of the International Society of Root Research and Rooting 2021 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 久家徳之, 木富悠花, 西嶋遼, 川勝泰二, 宇賀優作
2. 発表標題 Comprehensive search for gravity-responsive genes of rice root tip after simulated microgravity condition generated by a three-dimensional clinostat
3. 学会等名 11th Symposium of the International Society of Root Research and Rooting 2021 (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 宇賀優作
2. 発表標題 Towards designed genetic improvement of root system architecture for developing of climate-resilient rice
3. 学会等名 10th Asian Crop Science Association Conference (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

(研究成果) 世界初、根の改良により塩害に強いイネを開発 https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/nics/136355.html

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	井上 晴彦 (Inoue Haruhiko) (10435612)	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構・生物機能利用研究部門・上級研究員 (82111)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	川勝 泰二 (Kawakatsu Taiji)		
研究協力者	西嶋 遼 (Nishijima Ryo)		

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	木富 悠花 (Kitomi Yuka)		

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関