

令和 6 年 6 月 2 日現在

機関番号：17102

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2021～2023

課題番号：21K19120

研究課題名（和文）CAM型光合成の進化をなぞる：ゲノム特定領域の編集による作物の炭酸固定能の改変

研究課題名（英文）Tracing the evolution of CAM-type photosynthesis: modification of carbon dioxide fixation of crops by genome editing

研究代表者

東江 栄（Agarie, Sakae）

九州大学・農学研究院・教授

研究者番号：50304879

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,600,000円

研究成果の概要（和文）：本研究は、作物の光合成を改変して作物に極耐乾性及び耐塩性を持たせることを最終目標とする。作物（C3植物）にCAMを駆動させるため、C3植物のもつCAM遺伝子の転写制御配列を編集して、関連遺伝子を時計遺伝子の制御下におく。編集部位を特定するために、CAM遺伝子の発現を制御するシスエレメント及び転写調節因子を同定し、CAMの駆動に必要な因子を明確にすることを目的とする。C3植物のCAM関連遺伝子の発現調節因子を同定し、ゲノム編集によって改変すべき配列を特定した。プライム編集を行うためのベクターを作成した。また、アイスプラントのC3-CAM変換に関与するシス因子および転写調節因子を同定した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

CAM植物はC3植物から進化したと考えられている。C3植物のもつCAM光合成遺伝子はCAM植物と同じ反応を触媒するが、発現する時間が異なる。CAM型光合成の進化は、生物時計の制御する転写調節機構を獲得した過程とみなされる。本研究は、新しいゲノム機能解析及びゲノム編集技術を駆使して、植物が本来もっている遺伝子の発現調節部位に比較的小さな変異を挿入して炭酸固定能を改変しようとした。その成果は、ストレス耐性作物の創出、CAMの進化過程の分子機構及びCAMの生理学的意義の解明等にとって重要な知見となる。光合成の進化の過程を追認し再現するという挑戦的研究として高い可能性を有する研究である。

研究成果の概要（英文）：This research aims to modify crop photosynthesis to confer extreme drought and salt tolerance. To introduce CAM into C3 plants, the researchers will edit the transcriptional regulatory sequences of CAM genes in C3 plants to place the associated genes under the control of clock genes. To identify the editing sites, they will identify cis-elements and transcription factors that control CAM gene expression and elucidate the factors required for CAM activation. They identified transcriptional regulators of CAM-related genes in C3 plants and identified sequences to be modified by genome editing. They also created vectors for prime editing and identified cis-factors and transcription factors involved in the C3-CAM transition in the common ice plant.

研究分野：植物生産生理学

キーワード：CAM 概日リズム ゲノム編集 光合成 シスエレメント DMS-PCR プライム編集

様式 C - 19 , F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

光合成様式のうち C4 及び CAM (Crassulacean Acid Metabolism: ベンケイソウ型有機酸代謝) は, C3 から進化したと考えられている。多くの作物は C3 光合成を行う C3 植物である。CAM は夜に気孔を開き昼は気孔が閉じる。そのため, 耐乾性及び耐塩性が他の光合成型の植物より著しく高い。C3 植物に CAM を駆動させるために本研究では, C3 植物が本来持っている CAM 遺伝子() の発現調節部位を編集して, 発現する時間を昼から夜に変換することを目標とする。具体的には, 転写因子及び概日時計遺伝子発現データベース, 及び DMS-seq 法を用いて, 改変する遺伝子のシスエレメントを特定し, CRISPR-Cas9 システムを用いて編集する。これまで, C3 植物に CAM を駆動させた例はなく, ゲノム編集技術で植物の炭酸固定能を改変させた例はない。

応募者らはこれまでに, C4 光合成関連遺伝子をイネに高発現させることに成功した。この成果は, 当該遺伝子の発現調節機構を C3 および C4 植物で比較することで得た知見を基盤として実現した (Ku et al., 1999)。CAM は光合成の駆動に, C4 のように維管束鞘細胞を必要としない。したがって, 光合成関連遺伝子の発現に概日リズムを持たせる (例えば, 昼に発現している遺伝子を夜に発現させる) ことができれば, CAM を駆動できると期待された。この着想をもとに, 夜に遺伝子の発現を誘導する時計遺伝子のプロモーターを CAM 遺伝子の翻訳領域と連結したベクターを C3 植物に導入した。その結果, 元の植物では昼に発現していた遺伝子が, 形質転換体では夜に発現し, 発現量は CAM 植物の 2.9 倍高かった (若林ら, 2018)。しかし, 酵素活性が低く, 翻訳後修飾を受けている可能性が示唆された。C3 植物のもつ CAM 遺伝子の発現を昼間に誘導するゲノム上の領域を, 夜に発現誘導する塩基配列に編集すれば, わずかな変異の挿入だけで CAM を駆動させることができ, 翻訳後修飾も防ぐことができると期待された。

応募者らは, 上述したように, プラスミドベクターを用いる従来の遺伝子導入法で, 夜間に CAM 遺伝子を CAM 植物よりも高く発現させることに成功した (若林ら, 2018)。本研究はこれをさらに発展させ, 発現制御部位を編集して炭酸固定系を付与することを目的とした。これまで, CAM の CO₂ 固定酵素 (PEPC) を C3 植物 (ダイズ) から単離し, シロイヌナズナの暗所誘導性プロモーターに連結してシロイヌナズナに導入した例や (Kebeish et al., 2012), 遺伝子の恒常的な発現を誘導する 35S プロモーターに, CAM 遺伝子を連結してシロイヌナズナに導入した例はあるが (Lim et al., 2019), CO₂ 固定の位相 (発現時間) の改変には至っていない。また, 編集技術を用いて植物の炭酸固定能を改変する試みは応募者の知る限りまだない。CAM 光合成の進化は, C3 植物における CAM 遺伝子の発現が概日リズムを獲得した過程とみなされ, C3 植物のもつ CAM 遺伝子の発現調節領域に, 時計遺伝子の制御を受ける配列が付与されたと考えられる。

応募者らは, C3 植物の CAM 遺伝子の転写開始点上流を単離し, CAM 植物との比較から, CAM の時計遺伝子制御に関するシスエレメントを特定した (西川ら, 2018)。本研究は, 応募者のこれまでの CAM 遺伝子の転写調節機構に関する先駆的な知見を基に, 最新のゲノム機能解析及びゲノム編集技術を駆使して, 植物が本来もっている遺伝子の発現調節部位に比較的小さな変異を挿入することで, 炭酸固定能を改変することを目標とする。本研究は, ストレス耐性作物の創出, CAM の進化過程の分子機構, 及び CAM の生理学的意義の解明等, 多面的な成果につながる創造性の高い研究であり, C3 植物が CAM 植物に進化した過程を追認し再現するという挑戦的研究として高い可能性を有する研究である。

C3 植物の有する, CAM 型光合成に関与している遺伝子と同一性の高く, 同様の機能をもつ遺伝子 CAM 遺伝子とよんだ。

2. 研究の目的

本研究の最終目標は, 作物の光合成を改変して作物に極耐乾性及び耐塩性を持たせることである。本研究は, これまで明らかにした CAM の概日リズム制御の分子機構を基に, 作物 (C3 植物) に CAM を駆動させるため, C3 植物のもつ CAM 遺伝子の転写制御配列を編集して, 関連遺伝子を時計遺伝子の制御下におくことを試みる。編集部位を特定するために, CAM 遺伝子の発現を制御するシスエレメント及び転写調節因子を同定し, CAM の駆動に必要な因子を明確にすることを目的とする。

3. 研究の方法

ストレスによって光合成型を C3 型から CAM 型に変換するアイスプラントと C3 植物 (シロイヌナズナ及びイネ) における CAM 遺伝子の発現位相を比較し, C3 と CAM で発現位相が大きく異なる遺伝子についてその転写調節領域を特定した。

編集部位の特定 (C3 植物のゲノム上における編集部位の特定)

C3 植物の葉身における CAM 遺伝子の発現量の変化を, RNA-seq, リアルタイム PCR あるいは

RiceXPro で調べ、CAM 植物の CAM 型光合成遺伝子の発現パターンとの比較から、改変すべき遺伝子とそれが発現する時間帯を確認する。これら遺伝子の転写開始点上流（約 1500 bp）における転写因子の結合予測配列及び転写因子を、転写因子データベース（JASPER, <http://jaspar.genereg.net/>）を用いて推定する。ついで、推定された転写因子の機能する時間帯を、概日時計遺伝子発現データベース（CircadiaNet, <http://viridiplantae.ibvf.csic.es/hcircadiaNet/>）で調べ、昼に発現を誘導している転写因子を特定する。さらに、この結果の正否を DMS-PCR 法で確認する。本法は、転写因子が結合した部位がジメチル硫酸（DMS）によるメチル化を免れることを利用した転写因子結合部位特定法である。転写因子の結合部位の塩基配列をもとに転写因子を特定できる。昼と夜に DMS 処理した葉身から DNA を抽出し、メチル化部位を切断する処理を施した後、次世代シーケンサーで塩基配列を決定する。これで、CAM 遺伝子の昼の遺伝子発現を誘導する転写因子が特定され、C3 植物の改変すべきシスエレメントが明確になる。

C3 植物に付与する配列の特定

C3 植物に付与する配列は以下のように特定する。C3 植物において CAM 関連遺伝子は昼に発現するため、それ以外の夜に発現する遺伝子のシスエレメントを参考にする。の RNA-seq, RT-PCR, RiceXPro 等の結果と、既知の時計遺伝子制御遺伝子の発現パターンから遺伝子を選定する。この遺伝子の発現を制御しているシスエレメントを、上述した 2 つのデータベースと DMS-seq 解析によって特定する。これで、ゲノム編集によって C3 植物のゲノムに付与する配列が決定される。

一過的発現解析による発現パターンの確認及びゲノム編集

選定した配列が正しく機能するか調べるために、葉身を用いた一過的発現解析を行う。上記のように編集した DNA 断片とレポーター遺伝子を連結したベクターを作成し、これをアグロインフィльтраーション法で葉身に導入し、一過的発現解析により発現する時間帯を確認する。この結果を基に、C3 植物のゲノムを CRISPR/Cas9 システム（プライム編集）を用いて編集する。

4. 研究成果

ゲノム編集によって改変する部位を特定するために、C3 植物はシロイヌナズナとイネ、CAM 植物としてアイスプラントを用い、それぞれの CAM 関連遺伝子 PEPC キナーゼの転写開始点上流約 2000 bp を対象に、DMS-PCR 法と PlantDHS によってシス因子を推定し、転写調節因子の結合コンセンサス配列データベース JASPAR の情報を基にトランス因子を推定した。

イネについては、イネアノテーションデータベース RAP-DB を用い、アミノ酸配列の相同性を基に CAM 型光合成関連遺伝子として、*Os CA2*, *OsPPC2a*, 及び *OsPPCK3*, 他 8 種を選定した。これらの発現日変化パターンを RiceXPro から入手し、アイスプラントと比較した。その結果、上記 3 種にホスホエノールピルビン酸カルボキシキナーゼ (*OsPCK*) を加えた合計 4 種の遺伝子の発現パターンが、アイスプラントの相同遺伝子と逆の位相を示すことが明らかとなった。これらの遺伝子の転写調節因子結合部位を、DNase I 高感受性領域 (DHSs) データベース PlantDHS を用いて推定し、結合する転写調節因子を NewPLACE で推定した。その結果、*Os CA2*, *OsPPC2a*, *OsPPCK3*, *OsPCK* の発現の制御に関わるシス因子の候補としてそれぞれ 15 種類、19 種類、14 種類、24 種類を見出した。

イネについては、イネの CAM 関連遺伝子 PPCK (*OsPPCK3*) と発現パターンが類似する遺伝子群のモチーフ比較及び DCM-PCR 法によって、*OsPPCK3* の転写開始点上流 2000 bp からシスエレメント配列の範囲を約 20~40 bp の 7 か所に絞った。転写調節因子結合配列データベース PlantPan, イネ遺伝子発現データベース RiceXpro を用いた発現位相と転写因子をコードする遺伝子の発現位相の比較により、TCP ファミリーが *OsPPCK3* の転写因子である可能性が高いことを明らかにした。逆に入れ替える配列を同定するために、アイスプラントの PPCK 遺伝子 (*McPPCK*) と同じ発現位相を持つイネ光合成関連遺伝子 *Os CA* に着目し、数種イネ科植物 CA の転写開始点上流におけるモチーフ解析の結果や概日時計中心要素結合配列等を考慮して、シス因子を特定した。この情報を基にプライム編集用 pegRNA を合成し一過的発現解析を行った。

シロイヌナズナは PEPC キナーゼ (*AtPPCK1*) の転写開始点 5' 上流 2000 bp を対象に、DMS-PCR 法と PlantDHS によってシス因子を推定し、転写調節因子の結合コンセンサス配列データベース JASPAR の情報を基に 9 種類のトランス因子を同定し、1 日の遺伝子発現プロファイリングデータベース Dirmal の情報を基に 3 種に絞った。DMS-PCR 法により、転写開始点上流 -761 bp ~ -1002 bp に発現調節部位があり、この領域には光誘導に関するシス因子 SORLIP や G-box が多数存在することが明らかになった。さらに、*AtPPCK* の欠失プロモーターと GUS 遺伝子を連結させた融合遺伝子を作成し、アグロインフィльтраーションによって一過的発現解析を行った。その結果、転写開始点上流 -656 bp ~ -899 bp の領域が発現制御に関与すること、またこの領域には光誘導性シス因子 SORLIP, G-box が存在することを明らかにした。また、ピルビン酸・リン酸ジキナーゼ (*AtPPDK*) についても解析し、転写開始点 5' 上流 -1190 bp ~ -1376 bp プロモーター領域に AGL42, NAC025, MYB92 の結合配列が本遺伝子の発現制御シス因子であることを明らかにした。

アイスプラントでは、RNA-seq の結果から、アイスプラント PEPC キナーゼ (*Mcppck1*) と同様

に発現量の変化が大きかった転写因子が、COL1 であること、アイスプラント及び近縁種 4 種の *ppck1* 転写開始点上流約 250 bp に、3 つの共通モチーフがあることが明らかになった。このモチーフに結合する転写因子は、GATA, MYB, ATHOOK, NF-YA であった。他種による既報の結果及び COL が NF-Y と複合体を形成し、CCAAA に結合するという特性を考慮すると、これらの因子が *ppck1* の発現を制御していると考えられた。他の CAM 関連酵素 (PEPC) 遺伝子についても同様に、DMS-PCR, モチーフ解析, RNA-seq 等の結果から、アイスプラントの PEPC 遺伝子 *Ppc1* のプロモーターに存在するエンハンサー領域を特定し、関与する転写調節因子のファミリー及び遺伝子を特定した。

以上のように、C3 植物の CAM 関連遺伝子の発現調節因子を同定し、ゲノム編集によって改変すべき配列を特定した。プライム編集を行うためのベクターを作成し、プロトプラスト実験系を確立した。また、アイスプラントの C3-CAM 変換に関与するシス因子および転写調節因子を同定した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Hong, H.T.K., Trang, P.T.H., Ho, T.-T., Dang, J., Sato, R., Yoshida, K., Silaguntsuti, P., Agarie, S.	4. 巻 331
2. 論文標題 Reproductive growth characteristics of <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> L. in High-Salinity stress conditions	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 <i>Scientia Horticulturae</i>	6. 最初と最後の頁 113172
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.scienta.2024.113172	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 Sato, R., Kondo, Y., and Agarie, S.	4. 巻 1
2. 論文標題 A whole-genome shotgun assembly for genome characterization of the common ice plant (<i>Mesembryanthemum crystallinum</i> L.)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Research Square	6. 最初と最後の頁 1-2
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.21203/rs.3.rs-2013540/v1	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 Sato, R., Tran, D.Q., Yoshida, K., Dang, J., Konishi, A., Ohnishi, S., Cushman, J.C. and Agarie, S.	4. 巻 67
2. 論文標題 NaCl-promoted respiration and cell division in halophilism of a halophyte, the common ice plant <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> L.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University	6. 最初と最後の頁 153-164
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
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 Vu, N.Q.H., Quang, H.T., Hong, H.T.K. and Agarie	4. 巻 67
2. 論文標題 Microbiology associated with disease on white lotus (<i>Nelumbo nucifera</i> Gaertn.) and application of silver nanoparticles for the control of plant pathogens <i>In vitro</i>	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of the Faculty of Agriculture, Kyushu University	6. 最初と最後の頁 165-172
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
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 Agarie Sakae, Sato Ryoma, Saito Kazuyuki, Morokuma Masahiro	4. 巻 90
2. 論文標題 Potential of Halophyte as a Crop and Genetic Resource	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Crop Science	6. 最初と最後の頁 373 ~ 381
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1626/jcs.90.373	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22件(うち招待講演 0件/うち国際学会 4件)

1. 発表者名 近藤侑梨, 佐藤稜真, 東江栄, 齋藤和幸
2. 発表標題 アイズプラントCAM 型光合成関連遺伝子の発現制御機構に関する研究
3. 学会等名 第65回日本植物生理学会
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 Sato, R., Takeuchi, K., Kondo, Y., Hirakawa, H., Isobe, S., Shirasawa, K., Agarie, S.
2. 発表標題 Updated chromosome-level complete genome of Mesembryanthemum crystallinum L.: insights into genome structure, molecular evolution, and non-coding regions
3. 学会等名 Taiwan-Japan Plant Biology 2023 (国際学会)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 宇都宮花菜子, 北川桜子, 脇紀元, 高倉脩, 東江 栄, 齋藤和幸
2. 発表標題 イネのRubisco小サブユニット遺伝子の窒素に応答した発現制御における転写因子OsDREB1Gの役割
3. 学会等名 第256回日本作物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 近藤侑梨, 佐藤稜真, John C. Cushman, 齋藤和幸, 東江 栄
2. 発表標題 DMS法及びバイサルファイト法によるCAM型光合成関連遺伝子の発現制御機構の解明
3. 学会等名 第256回日本作物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐藤稜真, 宗岡真美, 高木若葉, 齋藤和幸, 東江 栄
2. 発表標題 トランスクリプトーム解析を用いたイネの概日時計制御下にある遺伝子及び発現制御因子の探索
3. 学会等名 第256回日本作物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 神田れんげ, 大串康太, 佐藤稜真, 東江栄
2. 発表標題 アイスプラントの地上部再分化に関わる要因解析
3. 学会等名 第40回 日本植物バイオテクノロジー学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐藤稜真, 竹内敬香, 近藤侑梨, John C. Cushman, 平川秀樹, 磯部祥子, 白澤健太, 齋藤和幸, 東江 栄
2. 発表標題 通性CAM植物アイスプラントのC3-CAM光合成変換を制御する遺伝子群の網羅的探索
3. 学会等名 第13回 日本光合成学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 近藤侑梨, 佐藤稜真, 竹内敬香, John Cushman, 齋藤和幸, 東江 栄
2. 発表標題 DMS法によるアイズプラントCAM関連遺伝子の発現制御領域の同定
3. 学会等名 第255回日本作物学会講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐藤稜真, 竹内敬香, 近藤侑梨, John Cushman, 齋藤和幸, 東江 栄
2. 発表標題 トランスクリプトーム解析によるアイズプラントのCAM型光合成駆動を制御する遺伝子群の探索
3. 学会等名 第255回日本作物学会講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 高倉 脩, 余 文軒, 宇都宮花菜子, 東江 栄, 齋藤和幸
2. 発表標題 イネにおけるヒストンアセチル化酵素GCN5を介した窒素によるRubisco小サブユニット遺伝子の発現制御機構
3. 学会等名 第255回日本作物学会講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 吉田和貴, 齋藤和幸, 川満芳信, 東江 栄
2. 発表標題 塩生植物アイズプラントの光合成における好塩性
3. 学会等名 第255回日本作物学会講演会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 佐藤稜真・近藤侑梨・John C. Cushman・齋藤和幸・東江栄
2. 発表標題 ショートリードを用いたアイスプラントにおけるde novo ゲノムアセンブル法の確立
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大林拓司・小槇誠人・工藤りか・齋藤和幸・東江栄
2. 発表標題 アイスプラントの機能性に対する緑色光の効果
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 吉田侃生・佐藤稜真・齋藤和幸・上野修・東江栄
2. 発表標題 機能ゲノミクスを用いたエレオカリス(<i>Eleocharis vivipara</i>)における光合成変換機構関連遺伝子の解析
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 佐藤稜真・党健・近藤侑梨・John C. Cushman・齋藤和幸・東江栄
2. 発表標題 機能ゲノミクスを用いたアイスプラントの好塩性機構の解明
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 党健・Dan Q Tran・佐藤稜真・吉田和貴・小西絢・大西茂彦・John C. Cushman・Hoang Thi Kim Hong・齋藤和幸・東江栄
2. 発表標題 アイスプラントのNaClによる呼吸と細胞分裂の促進
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 東江栄
2. 発表標題 作物の好塩性機構
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大林 拓司・小楨 誠人・福崎 詩織・齋藤 和幸・東江 栄
2. 発表標題 機能性を高めたアイスプラント新品種の開発
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Hoang Thi Kim Hong, Matthew D. Wheatley, Sakae Agarie, John C. Cushman
2. 発表標題 Chloroplast protein expression on two dimension electronic analysis (2DE) gels from ice plant under normal and drought stressed conditions
3. 学会等名 第253回日本作物学会講演会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Sakae Agarie, Kento Kuroda, Kasumi Nishikawa, Nanako Isshiki, Yoko Ide, Kazuyuki Saito, John C. Cushman
2. 発表標題 Transcriptional Regulation of the Stress-Inducible Photosynthesis in the Common Ice Plant, <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> L.
3. 学会等名 The 10th Asian Crop Science Association Conference (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ryoma Sato, Kazuki Yoshida, Ayako Konishi, Dan Q. Tran, Kazuyuki Saito, John C. Cushman, Sakae Agarie
2. 発表標題 NaCl-Stimulated ATP Synthesis in a Halophyte (<i>Mesembryanthemum crystallinum</i> L.)
3. 学会等名 The 10th Asian Crop Science Association Conference (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Aoi Saito, Mie Wakabayashi, Shiori Terai, Shiori Yamabe, Satoko Kobayashi, Kazuyuki Saito, John C. Cushman, Sakae Agarie
2. 発表標題 Engineering CAM Traits into C3 crops
3. 学会等名 The 10th Asian Crop Science Association Conference (国際学会)
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計1件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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
---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------