

ISSN 0916-930X
CODEN : OSSHEN

岡山大学
資源生物科学研究所報告 第17卷
(Annual Report 2009)

岡山大学資源生物科学研究所
Research Institute for Bioresources
Okayama University



研究活動目次

Contents of Research Activities

研究活動

(Research Activity)

機能開発・制御部門

(Division of Functional Biology and Genetics)

核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)	1
植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)	2
分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)	3
作物ゲノム育種グループ (Group of Crop Genome Modification)	4
環境シグナル伝達機構グループ (Group of Environmental Signaling Systems)	5
細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)	6
植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)	7

環境反応解析部門

(Division of Environmental Response Analysis)

環境昆虫機能グループ (Group of Insect Physiology and Molecular Biology)	8
植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)	9
微生物機能開発グループ (Group of Applied Microbiology)	10
生命環境適応グループ (Group of Adaptation to Bioenvironment)	11

大麦・野生植物資源研究センター

(Barley and Wild Plant Resource Center)

大麦グループ (Group of Barley Resources)	12
野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)	13
遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)	14

構成員

(Staff)

出版物リスト (List of Publication)	17
国際会議およびシンポジウム (List of International Conferences and Symposia)	25
講演およびシンポジウム発表 (List of Domestic Conferences and Symposia)	29
研究所員が主催したシンポジウム等 (List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	38

研究活動 (Research Activity)

機能開発・制御部門

核機能分子解析グループ

本研究グループでは、植物を主たる材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞学的および分子遺伝学的研究を行っている。現在は主として、植物の染色体機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）の構造解析を行っており、植物人工染色体の創出を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. シロイスナズナの新核型系統に見出されたミニ染色体安定性

シロイスナズナ形質転換体の後代に、2種の新しい核型系統（RK1とRK2）を分離、確立した。両系統とも染色体数（ $2n$ ）は12で、RK1は $2n=1''+3''+4''+5''+\alpha''+\gamma''$ 、RK2は $2n=3''+4''+5''+\alpha''+\beta''+\gamma''$ の染色体構成をとっている。これらの核型は比較的安定であり、減数分裂での対合は、相同染色体同士に限られていた。一般的に、 α のようなミニ染色体（サイズ約8.8 Mb）は、減数分裂の第一中期に早期に分離する傾向があり、この現象は、RK2や α を野生型に添加した系統でも確認された。しかし、RK1においては、ミニ染色体 α の早期分離はほとんど観察されなかった。この安定性は、RK1に特異的な1番染色体末端の重複に起因している可能性があり、現在、原因遺伝子を探査している。

2. タバコ動原体特異的DNAの解析

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に配分するために必須である。その機能は、酵母から動物、植物に至るまで保存的であるのに対して、動原体領域に存在し、その機能と関連するDNAは、ごく近縁な種の間でも異なることが知られている。タバコは、長鎖DNAを形質転換できる植物であることから、人工染色体構築のためのモデル植物となる可能性を秘めている。しかし、人工染色体構築およびその解析に必須である動原体DNA配列および動原体タンパク質の解析は、これまで全く行われていなかった。そこで、我々は、人工染色体構築のために、タバコの動原体特異的タンパク質およびDNAの解析を行っている。本年度は、タバコ動原体領域のDNA構成を調べるためにタバコBACライブラリー（16000クローン）を作製し、昨年度に単離したタバコ動原体特異的DNA（Nt2-7）特異的なプライマーを用いて5つの動原体領域由来のBACクローンを選抜した。これらのクローンをプローブに用いた *in situ*ハイブリダイゼーションでは、2クローンがゲノム特異的動原体シグナルを示した。これら2クローンの塩基配列を決定した結果、Nt2-7はレトロトランスポゾンのLTRの一部を含み、このレトロトランスポゾンが動原体に局在していることが示された。

(Division of Functional Biology and Genetics)

Group of Nuclear Genomics

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. Our current goal is to construct plant artificial chromosomes by analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins. Our main achievements in 2008 are described below.

1. Minichromosome stability induced by partial genome duplication in *Arabidopsis thaliana*

Two partially reconstructed karyotypes (RK1 and RK2) of *Arabidopsis thaliana* have been established from a transformant, in which four structurally changed chromosomes (α , β , γ and δ) were involved. Both karyotypes are composed of twelve chromosomes, $2n=1''+3''+4''+5''+\alpha''+\gamma''$ in RK1 and $2n=3''+4''+5''+\alpha''+\beta''+\gamma''$ in RK2, and these chromosome constitutions were relatively stable at least for three generations. Pairing at meiosis was limited to the homologues (1, 3, 4, 5, α , β or γ), and no pairing occurred among non-homologous chromosomes in both karyotypes. Precocious separation of minichromosome α at metaphase I was frequently observed in RK2, as in other minichromosomes. However, it rarely occurred in RK1. This stable paring of minichromosome α was possibly caused by duplication of the terminal tip of chromosome 1 that is characteristic of RK1.

2. Analysis of a centromere-specific DNA sequences in tobacco

Centromeres play an important role in segregating chromatids into daughter cells at mitosis and meiosis. Though the centromere function have been conserved among all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are diverged among closely related species. Since long DNA can be transformed to tobacco, tobacco has a potential to be a model plant for artificial chromosomes construction. However, centromeric DNA and proteins which are necessary to construct and characterize artificial chromosomes had not been analyzed in tobacco. Hence, we have been isolated and characterized centromere specific histone H3 variants in tobacco (NtCENH3) and a centromeric DNA sequence (Nt2-7) from tobacco by a chromatin immunoprecipitation using an antibody against the NtCENH3. This year, we constructed a BAC library composed of 16000 clones and screened five BAC clones containing the Nt2-7 sequence. Localization of the BAC clones was investigated by fluorescence *in situ* hybridization. Since two of them showed genome-specific centromeric signals in the hybridization, we determined DNA sequences of the clones. These sequence data suggest that the Nt2-7 is a part of LTR of a retrotransposon, and the retrotransposon is located on the centromeres of the species.

植物ストレス学グループ

本グループではミネラルストレスに対する植物の応答反応や耐性機構について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 維管束間のケイ酸の輸送に関するトランスポーターの同定

ケイ酸の維管束間の移動に必要なイネのトランスポーター Lsi6 を同定した。Lsi6 の発現は第 I 節で一番強く、主に肥大維管束木部柔組織の転送細胞に極性を持って局在している。Lsi6 を破壊すると、根から吸収されたケイ酸の多くが穂に行かず、止葉に輸送される。その結果、Lsi6 破壊株では、穂からの蒸散が多くなり、白穂になりやすくなる。これらの結果は、Lsi6 が肥大維管束から運ばれてきたケイ酸を穂へと通じる分散維管束へ維管束間輸送するために機能しているトランスポーターであることを示している。

2. オオムギとトウモロコシから外向きケイ酸トランスポーターの同定

オオムギとトウモロコシからケイ酸外向きトランスポーター HvLsi2/ZmLsi2 を同定した。HvLsi2/ZmLsi2 はイネの Lsi2 と同様にケイ酸を輸送する活性を持つが、イネの Lsi2 とは異なり、根の内皮細胞にしか局在せず、細胞内極在性も示さなかった。これらの違いはイネとトウモロコシ・オオムギのケイ酸吸収の違いの一因である可能性を示している。また HvLsi2 の発現量は根によるケイ酸の吸収量と強い相関がある。

3. イネカドミウム集積に関する QTL の同定

地上部のカドミウム集積量の違うイネ品種から作成した二つのマッピング集団を用いてカドミウム集積に関する QTL 解析を行い、それぞれ染色体 7 番と 11 番に効果の大きい QTL を検出した。また生理学的な解析をした結果、地上部へのカドミウムの集積の違いは根から地上部への輸送能力に起因することを明らかにした。

4. イネアルミニウム耐性転写因子の同定

イネのアルミニウム耐性を制御する転写因子 ART1 を同定した。ART1 は C2H2 型 zinc finger 型の転写因子で、核に局在していた。また ART1 の発現はアルミニウムによって誘導されず、恒常に発現していた。マイクロアレイを用いて解析した結果、ART1 の下流にある遺伝子 30 種類を見だした。これらの遺伝子の多くはアルミニウムの耐性に関与している。

5. メチルヒ素トランスポーターの同定

イネの内向きケイ酸トランスポーター Lsi1 がメチル化されたヒ素 (MMA と DMA) をも輸送することを突き止めた。またケイ酸外向きトランスポーター Lsi2 は MMA と DMA の吸収に関与しないことも明らかにした。

Group of Plant Stress Physiology

Our group focuses on the response and tolerant mechanisms of plants to mineral stresses, at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2009 are described below.

1. Identification of transporter for inter-vascular transfer of silicon in rice

We identified a transporter Lsi6, which is responsible for the inter-vascular transfer of Si in rice. Lsi6 shows the greatest expression at the node I and is polarly localized in the transfer cells surrounding the parenchyma of enlarged vascular bundles. Knockout of Lsi6 results in decreased accumulation of Si in the panicles and increased accumulation in the flag leaf. It also causes "white head" due to low accumulation of Si in the husk and subsequently excess water loss from the panicles.

2. Identification of silicon efflux transporters in maize and barley

We identified a silicon efflux transporter (ZmLsi2/HvLsi2) in maize and barley. Both ZmLsi2 and HvLsi2 show efflux transport activity for Si, like rice efflux transporter OsLsi2. However, differing from OsLsi2, ZmLsi2 and HvLsi2 are only localized in the endodermis of the roots without polarity. This difference in cell-specificity of localization may be one of the reasons for the different uptake of Si in rice and barley/maize.

3. Identification of QTL for Cd accumulation in rice

We identified two QTLs with large effect on chromosome 11 and 7, which are responsible for Cd accumulation in the shoots of rice by using two mapping populations derived from high- and low Cd-accumulating cultivars. Physiological analysis showed that the difference in the shoot Cd accumulation results from that in the capacity of root-to-shoot translocation.

4. Identification of a transcription factor for Al tolerance

We identified a transcription factor ART1 regulating Al tolerance in rice. ART1 is a novel C2H2-type zinc-finger transcription factor and localized in the nucleus. The expression of ART1 is not affected by Al. Microarray analysis revealed about 30 genes regulated by ART1. These genes are supposed to be involved in the Al tolerance of rice.

5. Identification of methylated arsenic transporter

We found that Si influx transporter is also able to transport methylated arsenic (MMA and DMA) in rice. In addition, we found that the Si efflux transporter Lsi2 is not involved in the uptake of MMA and DMA.

本グループでは、生体膜を含む、植物細胞の分子生理学的な研究を環境応答機構との関係から進めている。今年度の研究成果の概要は以下の通りである。

1. 高浸透圧ストレス下におけるオオムギ根の水輸送活性

塩ストレスによって引き起こされる浸透圧変化の刺激を受容して、オオムギ耐塩性品種ではストレス開始後1時間で水輸送活性は急速に低下し、4時間で一過的な回復が起こることが、プレッシャーチャンバー法を用いた研究によって示された。これらの変化は膜タンパク質(おそらくアクアポリン)のリン酸化、およびエンドサイトーシスを伴ったリサイクリングによって引き起こされている可能性が各種阻害剤を用いた実験結果から示唆された。

2. オオムギ原形質膜型水チャネル・アクアポリン(HvPIP)の水輸送活性制御の分子機構

アフリカツメガエル卵母細胞を利用した遺伝子発現・機能解析系によると、オオムギ HvPIP1型は単独では水輸送活性が極めて乏しいが、2型と共に発現させると水輸送活性が増強する。水輸送活性を失わせた変異体タンパク質を用いて解析した結果、PIP2とヘテロ四量体を形成することによってPIP1は水輸送活性を示すことになること、また、PIP2もPIP1とヘテロ四量体を形成することによってPIP2のホモ四量体の時より活性が増加していることが分かった。また5種類ある1型のうちHvPIP1;3野生型ではPIP2との共発現による活性増強能がないが、HvPIP1;3のみで異なっていた1型のN末端付近の2アミノ酸を他のPIP分子とおなじアミノ酸に置換した(18番目のHis→Arg、43番目のPhe→Leu)変異型HvPIP1;3では共発現による水輸送活性増強が認められた。これらのアミノ酸が、活性増強機構に重要であると考えられる。

3. 酵母細胞によるアクアポリンの二酸化炭素透過性測定系構築

酵母細胞ゲノムにカーボニックアンヒドライゼ(CA)とpH感受性GFPの遺伝子を組み込んだ。この酵母に各種アクアポリン分子種を導入して二酸化炭素透過性が上昇すれば、CAによって細胞内で重炭酸が生成されてpH低下がおこり、この変化をGFPの蛍光発光で検出する。

4. 孔辺細胞の環境刺激認識気孔の解明

気孔開閉運動に関与する細胞内情報統御機構を解明するために、シロイヌナズナを用いて逆遺伝学解析を行っている。ミロシナーゼ遺伝子TGG1およびTGG2等がアブシジン酸誘導気孔閉口に関与していることを明らかにした。

5. イネのNa⁺透過性HKT輸送体に関する研究

アミノ酸レベルで91%一致するイネのNa⁺選択性の輸送体OsHKT2;1と、K⁺/Na⁺共輸送体OsHKT2;2をタバコ培養細胞BY2で発現させた。トレーサー流入実験などで、両OsHKTはBY2細胞内でもK⁺に対する輸送能の差を示す事を証明した。また、アフリカツメガエルの卵母細胞を用いた電気生理解析によって、OsHKT2;1のNa⁺輸送は、外環境のCa²⁺に濃度依存的に阻害される事を明らかにした。

We have been conducting molecular and cellular studies on the responses of plant cells including membranes, to environmental stress. The following topics are under investigation.

1. Water permeability of barley root under hypertonic stress

Root water permeability of salt-tolerant cultivars exposed to 100 mM NaCl was found to be extremely down-regulated after 1 h. Interestingly, however, water permeability was partially recovered after 4 h, which was followed by a re-down-regulation. Further experiments using various inhibitors indicated that protein phosphorylation and recycling play an essential role in the regulation mechanism.

2. The molecular mechanism of heteromerization of HvPIP water channels in barley

Plant PIP water channels are divided into 2 subfamilies, PIP1 and PIP2. Barley PIP1s (HvPIP1) show a very poor if any water transport activity when expressed alone in *Xenopus laevis* oocytes. However, the water transport in oocytes was enhanced when HvPIP1 and HvPIP2 were co-expressed presumably via heteromerization. Using inactivated mutant protein, we showed that PIP1 was activated by co-expression with the inactivated PIP2 mutant, and also that PIP2 was activated with the inactivated PIP1 mutant, as well. HvPIP1;3 is a unique HvPIP1 protein among 5 identified HvPIP proteins because of the lack of the ability to enhance water transport in co-expression with HvPIP2. An amino acid sequence alignment of HvPIP1 proteins highlighted 2 amino acids in the vicinity of the N-terminal, which are conserved in all the other 4 HvPIP1 proteins but HvPIP1;3. When the amino acids (18th and 43th) of HvPIP1;3 were replaced by the conserved types, Arg from His and Leu from Phe, respectively, the mutated HvPIP1;3 exhibited enhancement of water transport when co-expressed with HvPIP2. These results demonstrated that the 2 amino acids play an important role in enhancement of water transport under co-expression with HvPIP2, thus in heteromerization.

3. New yeast system to detect the CO₂ permeability of aquaporins

We introduced a carbonic anhydrase (CA) gene and a pH-sensitive GFP gene into yeast genome. Further introduction of aquaporins may increase CO₂, and then CA may produce bicarbonate in the cells resulting in intracellular acidification. This change may be detected by GFP emission.

4. Studies on environmental signal recognition mechanism in guard cells

We have been analyzing the function of stomata reverse-genetically using *Arabidopsis* as the model plant to dissect the intracellular signal integration process in stomatal movement. Genes encoding myrosinase, TGG1 and TGG2 were found to be involved in abscisic acid-induced stomatal closure.

5. Na⁺ permeable HKT transporters in rice

Rice OsHKT2;1 is a Na⁺ selective transporter and OsHKT2;2 is a K⁺-Na⁺ co-transporter, which share 91% identity at the amino acid sequence level. Both cDNAs were expressed in cultured tobacco cells, tobacco bright yellow 2 (BY2), under the control of 35S promoter to investigate whether the difference in the K⁺ transport activity that has been found using heterologous expression systems can be reproduced in the plant cell system. Radioactive tracer influx experiments and measurements of ion contents demonstrated that OsHKT2;2 but not OsHKT2;1 shows significant K⁺ transport activity in BY2 cells, which well fits to the results obtained using heterologous cells. Furthermore, electrophysiological analyses of OsHKT2;1 using *Xenopus* oocytes showed that the extracellular Ca²⁺ inhibits Na⁺ transport via OsHKT2;1.

作物ゲノム育種グループ

本グループでは、トランスポゾンタギング系統の利用や野生種の遺伝子による効率的な食料生産のために必要な遺伝要因の解明および植物ホルモンによる遺伝子発現制御機構の解明を目的とする。

1. イネの内在性 DNA トランスポゾン *nDart* 挿入による機能獲得型変異体

全塩基配列が明らかになったイネにおいて各遺伝子の機能解析が重要である。我々が見つけたDNAトランスポゾン、*nDart1-0* (*non-autonomous DNA-based active rice transposon*) は自然栽培条件下で転移挿入を繰り返す活性のある非自律性因子であり、大規模なタギング集団の育成が可能でイネ遺伝子の機能解析のために有用である。これまでに、8984 復帰変異体由来穗別系統について変異体の収集を行ってきた。これらの系統中に、優性遺伝子支配による変異体がいくつか見出されてきた。合計で、3 遺伝子座で 7 対立遺伝子を見つけた。そのうちの一つは、穎花数を有意に増加させるもので、育種母材としての有用性が考えられた。*nDart1-0* 插入変異が機能喪失型ばかりではなく、機能獲得型変異体を生ずることが明らかになった。今後、さらにタギング系統を増やし、多くの挿入変異体の取得を目指すと共に、データベース構築を目指す。

2. イネの自律性因子 *aDart* 活性抑制因子のマッピング

自然栽培条件下で活発に転移する非自律性のトランスポゾンである *nDart1-0* を転移制御できる自律性因子 *aDart* として、現在までに 2 種類が同定されている。品種の形質安定性のためには活性のある自律性因子の抑制機構を明らかにすることは重要である。我々は、*aDart* の活性を抑制する優性遺伝子 *Dac* (*Dart canceller*) を *O. longistaminata* 由来の交雑後代と *pyl-v* を交雑した後代から見出し、マッピングの結果、第 5 染色体に座乗していることを明らかにした。

3. *TaABF* (*ABA response element binding factor*) がコムギの種子休眠性に及ぼす影響

TaABF は種子特異的な bZIP タイプの転写制御因子であり、コムギにおける種子での ABA シグナル伝達に関わる。本研究では種子休眠性および ABA 感受性の異なる品種における *TaABF* の発現を調査した。これら品種における種子休眠性と ABA 感受性の間には高い相関が認められた ($r=0.92$)。また、種子胚での *TaABF* の発現量は、種子休眠性 ($r=0.75$) および ABA 感受性 ($r=0.79$) と高い相関を示した。以上のことは、*TaABF* の発現が種子休眠に関する品種変異に対して重要であることを示唆する。

4. コムギ非休眠突然変異体で発現変動される液胞型アカポリン (*TIP*) 遺伝子の解析

種子の休眠形成メカニズムの一端を明らかにすることを目的として、コムギ非休眠突然変異体 EH47-1 とその親系統である北系 1354 由来の遺伝子発現パターンを網羅的に解析した。その結果、EH47-1 変異体において顕著に発現量が高い *TIP* 遺伝子が見いだされた。パンコムギで発現している 4 つの *TIP* 遺伝子をクローニングし、それぞれ *TaTIP1;2*, *TaTIP2;2*, *TaTIP3;1*, *TaTIP4;1* と名付けた。RT-PCR によりこれらの発現解析を行ったところ、*TaTIP1;2* は維管束を含めた植物体全体で恒常的に発現し、*TaTIP2;2*, *TaTIP3;1*, *TaTIP4;1* はそれぞれ根、種子、そして葉で特異的に発現することが明らかとなった。今後は、これらの水や低分子化合物の輸送などの生理学的解析および形質転換体を用いた機能解析を行っていく予定である。

Group of Crop Genome Modification

We have been analyzing the genetic factors necessary for efficient production by using transposon-tagging lines and introgression from wild species, and also studying the mechanism of gene expression by phytohormone.

1. Gain-of-function mutants in *nDart1-0*-tagged lines

Functional analysis of rice in which genomic sequencing has been completed is important. An endogenous DNA transposon, *nDart1-0* (*non-autonomous DNA-based active rice transposon*) frequently transposed under natural growth condition is a powerful tool for functional analyses of rice genes. So far, 8984 *nDart*-tagged lines have been cultivated and many mutants have been obtained. Among them, several mutants controlled in a dominant manner were found and 7 alleles at 3 loci, were found to have gain-of-function. One of them increased spikelet number and is expected to be useful as a breeding material. It was revealed that gain-of-function mutants as well as loss-of-function mutants could be induced by *nDart* insertion. Thus, we are planning to increase *nDart*-tagged lines and construct the database for mutant phenotypes and insertion sites.

2. Mapping of suppressor for the autonomous element *aDart*, *Dac* (*Dart canceller*)

Phenotypic stability is important for quality control and high yield in crops. In rice, active autonomous transposable elements, *aDarts*, responsible for mobility of non-autonomous element *nDart1-0* have been identified. We studied the mechanism of the suppression of active transposability of autonomous elements. We found a dominant Suppressor, *Dac* (*Dart canceller*) which inactivates *aDarts* in the F_2 of the cross between *O. longistaminata*-derived progeny and *pyl-v* plant carrying active *aDart1-27*. Linkage analysis indicated that *Dac* resides on Chromosome 5.

3. Effect of *TaABF*, *ABA response element binding factor*, on wheat seeds

A seed-specific bZIP type transcription factor involved in the ABA signal transduction in developing wheat seeds is *TaABF*, *abscisic acid (ABA) response element binding factor*. The expression of *TaABF* was examined in wheat cultivars representing different levels of seed dormancy and ABA sensitivity at 40–50 days after pollination. The relation between seed dormancy and ABA sensitivity was high ($r=0.92$) in these cultivars. Relative amounts of *TaABF* transcripts in embryos were closely correlated with seed dormancy ($r=0.75$) and ABA sensitivity ($r=0.79$). These results indicate that *TaABF* plays a fundamental role in the regulation of seed dormancy and ABA sensitivity in wheat.

4. Analysis of tonoplast intrinsic protein (*TIP*) genes expressed in a non-dormant wheat mutant.

To reveal the mechanism of seed dormancy in wheat, we analyzed the profiles of gene expression in the seed at different developmental stages in a non-dormant mutant, EH47-1, in comparison with those in the dormant control, Kitakei-1354, by large-scale analysis of expressed sequence tag. As a result, some *TIP* genes were found to be up-regulated in the mutant, and we cloned four *TIP* genes (*TaTIP1;2*, *TaTIP2;2*, *TaTIP3;1* and *TaTIP4;1*). *TaTIP1;2* was expressed constantly in whole plants, and *TaTIP2;2*, *TaTIP3;1* and *TaTIP4;1* were expressed in tissue-specific manners in roots, seeds and leaves, respectively. Now, we are planning to reveal their physiological functions such as water and other small solute transport ability and to perform the molecular analysis of the transformants.

環境シグナル伝達機構グループ

本グループでは、光合成機能を担うオルガネラである葉緑体（色素体）に注目し、環境ストレス下での葉緑体の機能解析ならびに色素体の多面的な機能について研究を行っている。

1. 強光ストレス下における植物の光障害適応機構の解析

光合成において過剰な光エネルギーは光化学系IIに障害を与え、光合成機能の低下を引き起こす。これを回避するため、植物は障害を受けた光化学系II反応中心タンパク質D1を分解／修復して系全体の機能維持を行う。D1分解機構は、植物の光ストレス応答において最も重要であり、我々はこれまでに葉緑体に局在するATP依存型メタロプロテアーゼFtsHがD1分解に関与していることを明らかにした。一方、D1を含む幾つかの光化学系タンパク質が光によってリン酸化され、リン酸化による分解調節機構が提唱されている。我々は現在、FtsHの欠損した突然変異体ならびにD1のリン酸化に異常を示す突然変異体とを解析し、光障害におけるD1分解機構の全体像の解明を目指している。

2. 斑入り変異体における活性酸素生成と病原細菌抵抗性の関連性

シロイスナズナ斑入り変異体は、上記のメタロプロテアーゼFtsH2を欠損している。我々は、変異体において活性酸素が葉緑体内に多量に蓄積していることを発見した。活性酸素は主に緑色部位において検出されるのに対し、APXやSODなどの抗酸化酵素は、白色部位で高発現していた。活性酸素は、植物の病害抵抗性に関するシグナル分子としての機能も報告されており、現在、斑入り葉における病害抵抗性の有無について検証している。病害細菌接種実験の結果、緑色部位では細菌の増殖抑制が観察され、葉緑体内に蓄積した活性酸素が直接的な抗菌効果を発揮した可能性が示唆された。これは、葉緑体機能と病原細菌抵抗性を関連づけた最初の結果である。

3. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

オルガネラ内部に保持されているオルガネラDNAの量は、植物の発生段階によって変動し一定では無い。特に、花粉の発生過程においてオルガネラDNAが劇的に減少することが知られているが、その分子機構ならびに生物学的意義は不明である。我々は、花粉におけるオルガネラDNAの減少が起きないシロイスナズナ突然変異体を用いて、オルガネラDNA分解に直接関与する分子を同定し解析を行っている。

4. デンプン粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

デンプン粒は、植物が光合成産物として色素体内に蓄積するグルコース多量体である。デンプン粒の形状は植物種によって大きく異なるが、その形状多様性を支配する分子機構は現在まで不明である。我々は、デンプン粒の形状に異常を示すイネ突然変異体を単離し解析を行っている。

Group of Environmental Signaling Systems

We have been studying how plants adapt to environmental stresses at the molecular level. Especially, we have been examining the chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. Plant adaptation mechanism for photoinhibition

An efficient degradation of D1protein in the repair cycle of photosystem II is important to avoid photoinhibition., FtsH, an ATP-dependent metalloprotease in thylakoid membranes, plays a key role in this process. On the other hand, light-induced phosphorylation of D1 is suggested to regulate D1 degradation, provided that phosphorylated D1 is a poor substrate of proteases. During light irradiation, phosphorylated-D1 level was assayed in mature leaves of *Arabidopsis var2* (lacking FtsH2) using immuno-blot against anti-phosphothreonine antibodies. These assays showed that the phosphorylated D1 was readily accumulated in *var2* compared with wild-type, suggesting the connection between D1 degradation and phosphorylation. We further attempt to assess the role of phosphorylation, mediated by a novel kinase in D1 degradation. Currently we are performing phenotypic analysis of a double mutant lacking FtsH2 and the kinase.

2. The leaf variegated mutant accumulates ROS and exhibits pathogen resistance

Leaf variegation is derived from a formation of sectors that contain either chloroplasts or undifferentiated plastids. Due to the presence of chlorophyll-deficient white sectors, leaf variegation negatively affects the photosynthetic capacity and growth. However, because leaf variegation is naturally found in many plant species, it might be advantageous for plant survival to compensate for lack of photosynthetic activity. *Arabidopsis* leaf-variegated mutant *var2* causes the accumulation of ROS in chloroplasts of green sectors, and ROS have the effect as a bactericide. Interestingly, both green and white sectors repressed proliferation of pathogenic bacteria, although the increased resistance was not associated with higher levels of salicylic acid or defense-related genes. We will propose a novel plant resistant mechanism against pathogen in variegated plants.

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during pollen development

The drastic degradation of organellar DNAs is known to occur during pollen maturation. This degradation process is easily visualized by staining organellar DNAs with a DNA-specific fluorescent dye, DAPI. However, the underlying molecular mechanism for organellar DNA degradation is not known so far. We focused on the pollen maturation process and performed screening for mutants defective in organellar DNA degradation. We isolated *Arabidopsis* mutants in which DAPI-stained signals were observed in the cytoplasm of pollen vegetative cells. Such signals were not observed in wild type. Phenotypic analysis of the mutants and the functional analysis of the responsible genes are currently undertaken.

4. Molecular mechanism underling starch grain morphologies diversified among plant species

Starch is a biologically and commercially important polymer of glucose and is synthesized to form starch grains (SGs) inside the plastids (amyloplasts). Despite the simple composition of glucose polymer, SG exhibits various morphologies and sizes depending on plant species. However, molecular mechanisms underling this SG diversity remain unknown. To answer this question, we are now analyzing several rice mutants defective in SG morphology.

細胞分子生化学グループ

植物の生長過程における細胞の生理機能や植物の有する多様性などを解明するために、細胞を構成する物質を、生化学的手法を用いて、分子レベルで解析している。

1. イスノキカルスの產生する β -ガラクトシダーゼの精製とその諸性質

イスノキ (*Distylium racemosum*) カルス細胞から調製したリン酸緩衝液可溶性画分と塩化リチウム可溶性画分に、多数のグリコシダーゼとグルカナーゼ活性が検出された。緩衝液可溶性蛋白質画分に存在する2種の β -ガラクトシダーゼをCM-セファロース、セファクリルS-200HR、DEAE-セファロース、調製用電気泳動により高度に精製した。精製された2つの酵素(β -Gal-Iと β -Gal-II)の諸性質(分子量、等電点、最適pH、最適温度、温度安定性、Km値)などについて検討した。また両酵素とも1mMのガラクトノ-1,5-ラクtonにて、80～90%の活性阻害を受けた。

2. 宇宙環境で生育する大麦の酸化ストレス

微小重力、宇宙放射線、電磁場等の地球上とは全く異なる宇宙環境が植物の発生、生長、世代交代等に与える影響は不明であるが、宇宙放射線と微小重力の相乗効果によりフリーラジカルが多量に発生し、植物に酸化ストレスを引き起こすことが予測されている。そこで、国際宇宙ステーション(ISS)で生育する大麦におけるストレス応答・防御遺伝子の発現を検討した。大麦種子をISSのロシア実験棟「ズヴェズダ」内に設置されている植物栽培装置「LADA」のルートユニットにセットして日照24時間、気温25℃、湿度70%の条件下で30日間栽培した。収穫した大麦はすぐにISSの米国実験棟「デスティニー」内に設置されている超低温フリーザー「MELFI」に保存し、スペースシャトルエンデバー(STS-126)搭載の超低温冷凍庫「GLACIER」に保管し地上へ搬送した。大麦葉から全RNAを抽出し、精製したpoly(A)+ RNAからcDNAを合成し、Real-Time PCR法によりreactive oxygen species(ROS)-scavenging geneの発現量を検討した。宇宙環境で生育した大麦葉におけるGST遺伝子の発現量は地上で生育した通常の大麦と比較して約2.8倍増加していたが、SOD、CAT、APX遺伝子の発現量はそれぞれ約0.8、1、1.2倍であり発現誘導は認められなかった。一方、大麦葉におけるDPPH消去能と銅還元能の測定結果から、宇宙環境で生育する大麦ではフリーラジカル消去能と抗酸化能の増加は認められなかった。以上の結果から、ISS内の宇宙環境は生育する植物に酸化ストレスを引き起こさないことが示唆された。

Group of Cytomolecular Biochemistry

We have been studying the physiological function and diversity of cells during plant growth at the molecular level using biochemical techniques.

1. Purification of β -galactosidases from *Distylium racemosum* callus and its properties

Several glycosidase and glycanase activities have been detected in the homogenates of *Distylium racemosum* callus after successive extraction with the buffer and the buffer containing 3 M LiCl. The major β -galactosidases (β -Gal-I and β -Gal-II) present in the buffer-soluble protein fraction were purified by CM-Sepharose, Sephadryl S-200HR, DEAE-Sepharose and the preparative polyacrylamide gel electrophoresis. The enzymatic properties (molecular mass, isoelectric point, optimum pH, optimum temperature, temperature stability and Km value) of β -Gal-I and β -Gal-II were determined. Galactono-1,5-lactone at 1 mM reduced the enzyme activity by 80-90%.

2. Oxidative stress in barley grown in space

In orbital lunar and martian bases environmental conditions for plant cultivation such as temperature, light, air, and water could be controlled, however, it would be hard to eliminate space radiation and microgravity, which are suspected to induce oxidative stress synergistically. The changes in the physiological response, biochemical metabolism, and gene expression pattern in the plants in space have been reported. However, current understanding of oxidative stress in plants caused by real space environment is limited to a few experiments. In this study, barley seeds were germinated and cultured for one month in the plant growth chamber, "LADA", onboard "Zvezda" of International Space Station (ISS). The harvested plants were stored in the Minus Eighty-Degree Laboratory Freezer for ISS (MELFI) onboard "Destiny" module of ISS and transported to the Earth in the General Laboratory Active Cryogenic ISS Experiment Refrigerator (GLACIER) onboard Space Shuttle Endeavor STS-126. Gene expression levels of reactive oxygen species-scavenging proteins in space-grown barley were compared with those in ground-grown barley by quantitative RT-PCR. Glutathione transferase gene level was increased in the space-grown barley about 2.8 times, however, gene levels of superoxide dismutase, catalase, and ascorbate peroxidase genes in space-grown barley were 1, 0.8, and 0.3 times, respectively. Free radical-scavenging potential and anti-oxidant potential were not increased in the extract of the leaf from space-grown barley. These results suggest that space environment in ISS does not induce oxidative stress in plants.

植物成長制御グループ

本グループでは、国内外で最も広範囲に広がる問題土壌である酸性土壌のアルミニウム（Al）ストレスに着目し、Alによる細胞障害（伸長阻害や細胞死）とAl耐性の分子機構を培養細胞や幼植物を用いて解析し、Alストレスに応答した成長制御機構を植物体全体で解明することを目的としている。

1. Alの糖代謝への影響：糖の取り込みと消費への影響

Alによる初期の細胞障害は、伸長阻害である。細胞伸長すなわち水吸収の駆動力の一つに液胞内の遊離糖があり、これまでの解析で、Alが細胞内の遊離糖含量を低下させることを見出していた。そこで、遊離糖低下の原因を、糖の吸収と糖の消費の両面から、タバコ培養細胞とタバコの根で解析した。

タバコ培養細胞は、培地に添加したスクロースの一部を、細胞壁のインペルターゼでグルコースとフルクトースに分解し取り込むが、Alは、これらヘキソースの取り込みを阻害した。次に、¹⁴Cでラベルしたスクロースをあらかじめ細胞内に取り込ませた後にAl処理を行い、糖の消費に対する影響を調べたところ、Al処理により遊離糖含量の低下が加速された。同様の応答反応が、タバコ幼植物の根端でも見られた。

以上の結果から、Alはアポプラスト経由の糖の吸収を阻害し、さらに遊離糖の消費を促進することを明らかにした。従って、Alによる遊離糖の減少は、細胞伸長阻害の原因である可能性が高いと考えている。

2. 異種発現系を用いたコムギ ALMT1 タンパク質の精製

コムギのAl耐性は、主に細胞膜に局在するAl活性化型リンゴ酸トランスポーターALMT1により制御されている。植物にはALMT相同タンパク質が広く存在し、発現する組織、Alによる活性化の有無や輸送基質の違いなど、その機能の多様性が明らかになってきた。しかし、ALMTタイプの遺伝子ファミリーは植物にのみ存在し、また知られているどのタイプのイオン輸送体とも相同性を示さないため不明な点が多い。これら輸送活性の性質をタンパク質の立体構造から明らかにするため、ALMTタンパク質の安定的発現系を構築し、さらにタンパク質の精製を行っている。

タバコ培養細胞(BY-2)にC末端Hisタグ融合ALMT1を発現させた。この形質転換タバコ細胞は、Alで活性化されるリンゴ酸輸送を示したことから、His融合タンパク質は機能を持つ構造を保っていると考えられた。しかし、ALMT1は膜に局在し、界面活性剤を用いても十分な可溶化・精製は困難であった。そこで、コムギ胚芽無細胞タンパク質合成系を用いてALMT1タンパク質合成を試みた結果、高効率でタンパク質合成が可能であることが示された。さらに、合成ALMT1を人工リポソームに融合し、アフリカツメガエル卵母細胞に導入した後に、電気生理学的に輸送体の機能を測定した。その結果、合成されたALMT1がAlで活性化される陰イオン輸送活性を示したことから、合成タンパク質が輸送機能を保持していることが示された。現在、ゲルfiltrationカラムを用いてさらに精製を進めており、構造解析に用いるタンパク質の量の確保を目指している。

Group of Plant Growth Regulation

Aluminum (Al) stress in plants is widely observed in acidic soils around the world. We have been investigating the molecular mechanisms of Al toxicity (cell elongation inhibition, cell death) and tolerance in cultured plant cells and seedlings. Our goal is to understand growth control mechanisms in a whole plant level under Al stress.

1. Effects of aluminum on sugar metabolisms: sugar uptake and sugar consumption.

Primary toxic effect of aluminum at cellular level is elongation inhibition. One of the motive forces of cell elongation, namely water uptake, is soluble sugar in vacuole, and we have found that Al decreases the content of soluble sugar in cultured tobacco cells. In this study, we investigated the mechanisms of the Al-induced decrease in soluble sugar content, focusing on sugar uptake and sugar consumption in cultured cells and seedlings of tobacco. In tobacco cells, the invertase localized on the cell walls digested sucrose into glucose and fructose, and the uptake of these hexoses was inhibited by Al. By pulse-labeling tobacco cells with ¹⁴C-sucrose, it was revealed that the consumption rate of soluble sugar was enhanced by Al. Similar responses were observed in root apices of tobacco seedlings.

These results indicate that Al inhibits the sugar uptake via apoplastic pathway and enhances the consumption of soluble sugar, which could be a cause of Al-induced cell elongation inhibition.

2. Characterization of the wheat ALMT1 protein expressed in heterologous systems

Aluminum resistance in wheat is primarily controlled by the ALMT1 protein, Al-activated malate transporter, which was localized on the plasma membrane. Several ALMT homologues were found only in plant species, and differ in tissue localization, Al activation and ion selectivity. It is, therefore, suggested that the ALMT-transporter family has functional diversity.

To elucidate the function and structure of wheat ALMT1 protein, we tried to purify the protein using heterologous expression systems as follows. The functional expression of the ALMT1 with a C-terminal 6-histidine tag was confirmed in tobacco cultured cells. However, it is difficult to purify the ALMT1 protein with high efficiency. Therefore, we performed protein synthesis using a wheat germ cell-free protein synthesis system. In this system, the ALMT1 protein was effectively synthesized. The electrophysiological analysis demonstrated that the synthesized protein possessed a function as anion transporter.

Further purification of the protein is in progress to characterize the ALMT1 structure and functions.

本グループでは、昆虫の生理・生化学的機能とそれに関わる遺伝子の解析を通じて、植物保護における新技術の開発を目指している。

1. コナガにおける感受性の低下と解毒分解酵素活性の増大による合成ピレスロイド剤抵抗性の解析

コナガの室内および野外系統を用いて、合成ピレスロイド剤抵抗性に関するナトリウムチャネルのアミノ酸変異の頻度とチトクローム P450 遺伝子 (*CYP6BG1*) の発現レベルの関係を調べた。室内系統を用いた解析では、合成ピレスロイド剤に対して抵抗性を示す系統の *CYP6BG1* の発現は感受性系統よりも有意に高いことが示された。一方、野外系統では *CYP6BG1* の発現は個体間で大きく異なっており、アミノ酸変異の頻度と *CYP6BG1* 遺伝子の発現には明確な関連性がないことが明らかとなった。

2. ニカメイガ幼虫リン脂質の季節適応に関する研究

ニカメイガ幼虫において、細胞膜の低温への適応がどのように変化するのかを明らかにするために、細胞膜の構成脂質であるリン脂質の調査を行った。非休眠幼虫でも越冬幼虫でも総リン脂質量に変化は認められなかつた。また、フォスファチジルコリン (PC) とフォスファチジルエタノールアミン (PE) の合計は常に総リン脂質量の約 85% を占めていた。非休眠幼虫では PC と PE の量はほぼ等量であったが、越冬幼虫では外気温が低下するに従って、PC の量が減少し、それと対照的に PE の量が増加した。PC, PE それぞれの脂肪酸組成を分析した。PC の不飽和度は 50% を超えることはなかったが、PE では外気温の低下に従ってオレイン酸が増加し、それにより不飽和度は増加した。これらの結果からニカメイガ幼虫は、低温における細胞膜の液晶相からゲル相への転移をふせぎ、細胞膜の流動性を維持し冬期の低温に適応していると考えられた。

3. オオタバコガの寄主植物選好性と学習行動

オオタバコガは重要な害虫の一つであり、非常に広食性で、世界的に分布し薬剤耐性が高い。寄主植物選好性を調べるために、幼虫をインセクタ LFS(日本農産株式会社の人工飼料)で 3 歳が終わるまで飼育し、その後、一方のグループはキュウリの果実(品種ははやみどり)で 5 歳になる直前まで飼育し、5 歳になった後、キュウリの果実とインセクタ LFS との間で選好試験を行った。他方はキュウリの代わりにインセクタ LFS で飼育し、同様に 5 歳になってから選好性を調べた。その結果、4 歳でキュウリ果実を摂食した個体は 5 歳になってからキュウリを選好した。逆に、4 歳でインセクタ LFS を選好した個体はインセクタ LFS を選好した。これらの結果から、学習行動が本虫の寄主植物選好性に関与していることが示唆された。さらに、4 歳で寄主植物から得られた情報は 5 歳脱皮の直前の眠の期間にも保持されていることが明らかになった。

The physiological and biochemical functions in insects and the related genes are analyzed to develop new techniques for plant protection.

1. Molecular analysis of pyrethroid resistance conferred by decreased sensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella*

Frequencies of pyrethroid-resistant alleles at the sodium channel and expression levels of the cytochrome P450 gene *CYP6BG1* were examined individually using laboratory and field strains of the diamondback moth, *P. xylostella*. Analysis with the laboratory strains revealed the level of expression in larvae of the resistant strain, homozygous to the pyrethroid-resistant alleles, was significantly higher than in the susceptible strain. In the field strains, the expression levels in insects having the same resistant alleles varied greatly among individuals, and there was no significant relationship between the frequency of pyrethroid-resistant alleles and the expression of *CYP6BG1*.

2. Seasonal changes in phospholipids in last instar larvae of the rice stem borer, *Chilo suppressalis* Walker

The qualitative and quantitative changes in phospholipids in the last instar larvae of the rice stem borer were examined in summer and winter. There was no significant difference in the total amount of phospholipids between summer and winter and the sum of phosphatidylcholine (PC) and phosphatidylethanolamine (PE) occupied about 85% of the total phospholipids. In summer, the ratio of the PE to PC was almost one, while from autumn to mid winter it increased and reached three in February. The fatty acid compositions of PC hardly changed, and their percentage of unsaturated fatty acids did not exceed 50%. In contrast, the percentage of unsaturated fatty acids of PE in overwintering larvae increased up to 80% as the ambient temperature fell and oleic acid mainly contributed to the high percentage of unsaturation.

3. Host plant preference and learning behavior of larvae of *Helicoverpa armigera*

H. armigera is one of the most important insect pest. They are very polyphagous, distributed world-wide, and highly tolerant to insecticides. To elucidate their preference for host plants, larvae were reared with "Insecta LFS" (an artificial diet commercially available from Nosan Corporation, Japan) from the 1st to 3rd instar. Then, one group of larvae was reared with pieces of cucumber fruit ("Hayamidori") until just before moulting for 5th instar. Another group of larvae was reared with Insecta LFS during the 4th instar in the same way. The newly-ecdysed 5th instar larvae were tested for their choice between a piece of cucumber and Insecta LFS. The larvae reared with cucumber in the 4th instar preferred cucumber and those reared with Insecta LFS in the 4th instar preferred Insecta LFS. These data suggest that learning behavior is involved in host plant preference of larvae, and the memory of the host information at the 4th instar is kept through the moulting stage from 4th to 5th instar.

植物・微生物相互作用グループ

当グループでは、植物ウイルスおよび植物病原糸状菌感染性ウイルスを主要研究材料として用い、ウイルスとウイルス間、ウイルスと宿主間およびウイルスと媒介者間との相互関係を分子、細胞レベルで解析している。

1. 白紋羽病菌から分離されたヴァイロコントロール潜在力を持つ新規ウイルス

白紋羽病は子のう菌 *Rosellinia necatrix* により引き起こされる植物土壌病害のひとつで、世界中、特に日本の果樹に重大な被害を齎す。以前、松本らのグループは、ヴァイロコントロール（菌類ウイルスを用いて植物糸状菌病を防除する）因子の探索を目的に多数の自然発生白紋羽病菌を収集し、それらの約 20% の株からウイルスが検出されることを報告した。茨城県の土壌から分離された白紋羽病菌 W779 株もその中の 1 株である。本研究では、W779 株から分離された新規のウイルスの詳細な性格付けを行なった。W779 株には 2 本の dsRNA (1 & 2) を包含する球形粒子（直径約 50 nm）が感染していた。精製球形粒子を W779 菌株とは細胞質不和合性（対峙培養で細胞融合が起らない）の菌株 (W97 株, W370T1 株) に導入した結果、生育遅延および病原力低下が観察された。一方、W779 からウイルスを除去した W1015 株は親株 W779 とは異なり、植物に対する病原力が回復し、培地上での生育も旺盛であった。以上の結果は、新規ウイルスはヴァイロコントロール因子として有望であることを示す。

一方、ゲノム dsRNA1、2 の両セグメントは各々、極めて長い 5' 非翻訳領域 (UTR, ca. 1.6 kb)、2 つの大きい ORF、比較的短い 3' 非翻訳領域 (UTR) をもつ。dsRNA1 の 3' 末端側の ORF は RNA 依存 RNA 合成酵素 (RDRP) をコードし、それはマイコウイルスの RDRP と 20 ~ 30% 程度の低い配列相同性を示した。他の ORF にコードされている蛋白質は既知の配列との類似性は示さなかった。以上の結果より、本ウイルスを *Rosellinia necatrix megabirnavirus 1* と命名し、新しいウイルス科、Megabirnaviridae (大きいサイズの 2 分節 dsRNA ウイルスという意味) のタイプ種とすることを提案している。

2. ランえそ斑紋ウイルス (OFV) の分子系統および診断技術に関する研究

OFV は世界のラン栽培地域に広く発生すると考えられている。我が国でも本ウイルスが広く分布すると考えられているが、今回 OFV 7 分離株を新たに同定し、その N 遺伝子の部分塩基配列を決定した。OFV の分子系統解析では、塩基配列レベルで 2 つのサブグループの存在が示唆された。日本産の分離株は徳島分離株以外はサブグループ I であり、徳島分離株とほとんどの外国産分離株はサブグループ II であった。OFV の遺伝子診断を行うために、RT-PCR 用プライマーのデザインを行った。二つのグループに属す分離株を共に検出できるユニバーサルプライマーセットと、それぞれのサブグループに特異的なプライマーセットについて検証し、ウイルス罹病シンビジウム個体よりウイルスの検出が可能であることを示した。

Group of Plant-Microbe Interactions

1. A novel bipartite dsRNA mycovirus from the white root rot fungus *Rosellinia necatrix*: Molecular and biological characterization, taxonomic considerations, and potential for biological control

White root rot, caused by the ascomycete *Rosellinia necatrix*, is a devastating disease worldwide particularly in fruit trees in Japan. Here we report on the biological and molecular properties of a novel bipartite dsRNA virus encompassing dsRNA-1 (8931 bp) and dsRNA-2 (7180 bp), which was isolated from a field strain of *R. necatrix*, W779. Besides the strictly conserved 5' (24 nts) and 3' (8 nts) terminal sequences, both segments show high levels of sequence similarities at the long 5' untranslated region of approximately 1.6 kbp. DsRNA-1 and -2 each possess two open reading frames (ORFs) termed 1 to 4. Although the protein encoded by the 3' proximal ORF2 on dsRNA-1 shares sequence identities of 20-25% with RNA-dependent RNA-polymerases from members of the families *Totiviridae* and *Chrysoviridae*, the remaining three virally-encoded proteins lack sequence similarities with any reported mycovirus proteins. Phylogenetic analysis showed that the W779 virus belongs to a separate clade distinct from those of other known mycoviruses. Purified virions of ~50 nm in diameter consisted of dsRNA-1 and -2, and a single major capsid protein of 135 kDa, which was shown by peptide mass fingerprinting to be encoded by dsRNA-1 ORF1. We developed a transfection protocol using purified virions to show that the virus was responsible for reduction of virulence and mycelial growth in several host strains. These combined results indicate that the W779 virus is a novel bipartite dsRNA virus, with potential for biological control (virocontrol), named *Rosellinia necatrix megabirnavirus 1* (RnMBV1) that possibly belongs to a new virus family.

2. Molecular phylogeny and diagnosis of Orchid fleck virus

Orchid fleck virus (OFV) causes necrotic or chlorotic ring spots and fleck symptoms in many orchid species worldwide. Phylogenetic analyses of the partial nucleocapsid protein (N) gene sequences of 8 OFV isolates from Japan and 6 isolates from different countries revealed two distinct subgroups. All the Japanese isolates with the exception of one isolate from Tokushima Prefecture (CyT1) were grouped together (named subgroup I). This subgroup also included a Germany isolate (023). A second subgroup (named subgroup II) consisted of geographically distinct isolates from Australia, Brazil, Germany (047), South Africa and Japan (CyT1). Based on the sequence information of OFV isolates, we designed primer pairs for detection of OFV using reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR). Two primer pairs (N1F and N1R, N2F and N2R) for detection of all OFV isolates were selected in the conserved sequences of the OFV N gene. These primer pairs can be used to detect the OFV isolates of both subgroups I and II from infected *Cymbidium* plants. Another primer pair for specific detection of subgroup I (Nsb1-2F and Nsu1-2R) and subgroup II (Nsb2F and Nsb2R) are based on subgroup-specific nucleotide-stretches of N gene. The specificity of the subgroup-specific primer pairs was tested on selected OFV isolates.

微生物機能開発グループ

我々のグループは、環境汚染物質を分解する微生物ならびに植物の生育を促進する微生物を中心として、その生き様の解明、環境メタゲノムの解析、および微生物と植物との相互作用を研究している。

「微生物の生き様の解明」は、微生物生理を解析して、汚染物質を分解する微生物の環境中の役割を明らかにする研究である。また、その成果を利用して環境改善を目指している。「環境メタゲノムの解析」は、特異的な機能を持つ微生物遺伝子を環境中から探索する研究であり、微生物資源の獲得とその活用がコンセプトの中心である。「微生物と植物の相互作用」は、植物と共生する微生物が、植物の成長を強力に促進することを、農作物の増産に利用する研究である。

これらの研究は、これまで我々のグループが追求してきた、独自の微生物生理活性解析技術を応用している。また、いずれの研究も、当研究所の特徴である、資源植物の持続的な生産を目指したものである。植物が繁茂している実際の土壌には、無数の微生物が生存している。植物との相互作用を抜きにして、環境中の微生物の生き様を解明し、環境を改善することは出来ないと考えている。

1. 機能特異的に微生物を獲得する試み

簡便でハイスクローットな機能特異的微生物取得方法の確立を目指して、蛍光物質を指標とした単離法を開発した。ビフェニルの代謝で生じる蛍光性代謝産物を指標として、フローサイトメトリのソーティング機能を用いて、目的微生物細胞を地下水から分取することに成功した。

2. プラスミドの水平伝播の検出

カルバゾール分解プラスミド pCAR1 は、環境において水平伝播することが知られている。本研究は、赤色蛍光タンパク質 (RFP) を発現する pCAR1::rfp を用いて、自然界での水平伝播の検出と、受容菌の性質を検討することを目的として行った。地下水中の土着の細菌を用い、供与菌を混合し、静置して接合を行った。プラスミドが接合伝達した受容菌が RFP を発現して赤色の蛍光を発することを指標とし、フローサイトメトリによりソーティングを行った。得られた細胞をフィルター上にトラップして蛍光顕微鏡で観察した結果、蛍光が検出されたことが分かった。

3. 植物と共生する微生物の応用

植物は様々な物質を放出しており、それが炭素源またはシグナルとなり、周囲の微生物を引き寄せることが分かっている。このような菌の中には植物ホルモンを合成するなどして植物の生育を促進する能力を持つものがいる。この共生関係を利用して、主に作物の成長を促進し、収量を上げることを目的として、植物から様々な微生物を分離して、16SrDNA 解析を行うなど、網羅的な解析を行った。その結果、ある種の植物に対して、成長を促進する微生物の単離に成功した。

4. MALDI-TOF/MS を用いた *Methylobacterium* 属細菌のタイピング

植物に多く共生して存在するメタノール資化性菌である *Methylobacterium* 属細菌の網羅的な系統解析を行った。系統解析には新しい分析手法である質量分析器を用い、高解像度な系統樹を作成すると共に、新種の分離を行った。

Group of Applied Microbiology

We have been conducting microbiological research on bacterial behavior in the environment, metagenomic analysis of environmental bacteria, and the beneficial relationship between microorganisms and plants.

Monitoring bacterial behavior in the environment helps us evaluate the physiological status of bacteria of interest, such as those that are able to degrade toxic chemicals in environmental matrices.

Metagenomic analysis is a recent discipline in environmental microbiology used to isolate genetic material directly from environmental samples. We are using this approach to study bacterial community structures and to screen useful genes from these resources.

Studies on the interaction between microorganisms and plants can lead to the enhancement of crop production.

These studies are based on our previous research in which we developed a novel method for the monitoring of bacterial physiological activity. Since application of biotechnology is almost limitless, improvement of the global environment can be achieved through the studies on microorganisms and their interaction in the environment.

1. Establishment of the method to isolate bacteria with specific functions

We have developed a high-throughput method for isolating a specific bacterium by fluorescence probe. A metabolite of biphenyl, 2,3-dihydroxybiphenyl, emits green fluorescence. The compound was used as a probe for isolation. With the aid of a flow cytometry with sorting apparatus, we successfully isolated biphenyl-degrading organisms from underground water.

2. Detection of horizontal transfer of plasmid in the natural environment

Horizontal transfer of carbazole-degradative plasmid, pCAR1, was investigated in a natural environment. We constructed a method to detect horizontal transfer of pCAR1 by using a RFP gene-containing plasmid, pCAR1::rfp. Conjugation was performed by mixing the donor strain containing pCAR1::rfp with underground water. Transconjugants which emit green fluorescence were sorted by flow cytometry, collected on a membrane filter and observed by fluorescent microscopy. Red fluorescence originating from the expression of RFP was observed.

3. Application of symbiotic relationship between plants and microorganisms

Plants emit various substances, which can be carbon sources or signals attracting microorganisms. Among plant-surface microorganisms, there are bacteria that can enhance plant growth by synthesizing plant hormones or by unknown mechanisms. Many kinds of bacteria were isolated from plant samples and characterized in terms of their growth promotion activity towards crops.

4. Phylogenetic typing of *Methylobacterium* by MALDI-TOF/MS

Members of the *Methylobacterium* species are ubiquitous plant-colonizers, which have plant-growth promoting activity. We isolated hundreds of species from plant samples and analyzed their phylogenetic type by mass spectrometry. The result was of high-resolution and we could isolate novel species.

生命環境適応グループ

当研究グループでは大腸菌、糸状体ラン藻、酵母、高等植物（特に野生植物）等を対象として、生命環境での様々なストレスに対する応答反応や適応反応を解明しようとしている。

1. 野生植物メリケンカルカヤの金属ストレス及び酸化ストレスに対する応答機構や耐性機構の解析

Al、重金属及び酸化ストレスに耐性を示す野生有用植物メリケンカルカヤから、これらのストレスに誘導性や耐性を示す遺伝子群の単離を個別に試み、多種ストレス応答性遺伝子として ABC transporter 様蛋白質遺伝子などを、また多種耐性遺伝子として S-adenosyl methionine syntase 遺伝子などを得た。

2. 多種のストレスに応答するアラビドプシスの *AtGST11* 遺伝子の発現に関わる転写調節因子の単離と解析

アラビドプシスの Al 誘導性遺伝子 *AtGST11* は重金属ストレスや酸化ストレスでも誘導される。その共通した発現応答機構、特にプロモーター結合性転写調節因子 (Transcription Factor ; TF) を介したこの遺伝子の発現制御を解析することを目的として、TF をコードする遺伝子群の単離を試みた。その結果、プロモーター領域と結合する 4 つの TF 候補の完全長 cDNA が得られた。現在、各候補の転写における機能についてタバコ細胞を用いて、ルシフェラーゼアッセイで転写活性測定を解析中である。

3. 重金属ストレスに対するラン藻の BxmR や Bxa1 蛋白の機能に関する分子遺伝学的解析

水生ラン藻 *O. brevis* のリプレッサー蛋白 BxmR は *bmtA* と *bxmR* 遺伝子の上流域の 12-2-12 inverted repeat 領域に結合して両遺伝子の発現を制御するが、変異を導入した 12-2-12 領域の場合、その結合力が低下した。また Au 存在下でも BxmR 蛋白が 12-2-12 領域より解離することがわかった。さらに *O. brevis* 細胞内では Au ストレスで *bmtA* と *bxa1* 遺伝子発現量の上昇が見られ、in vivo と in vitro の結果が非常に良く一致した。

4. サクラソウ科の耐凍性に関する研究

サクラソウ科の *Primula malacoides* Franch. を用いて、耐凍性の検討を行い、3℃の全処理で耐凍性が増大することを明らかにした。また、-3℃の連続処理または-2、-4、-6℃の変温処理の低温処理により葉の光合成速度が徐々に低下し 8 日目でほぼ枯死することが明らかになった。

5. 倉敷における酸性雨の動態解析

過去 22 年間の倉敷における酸性雨の結果、降雨の酸性化が著しく、最近 10 年でさらに酸性化が進んでいることが明らかになった。また、降雨をもたらす低気圧の通過位置と降雨の酸性度の検討を行った結果、倉敷の南側を通過するものによる降雨の酸性度が北側を通過するものより高くその傾向は寒候期に著しいことが明らかになった。

Group of Adaptation to Bioenvironment

We have been investigating the mechanism of adaptation to bioenvironmental stresses, using *E. coli*, filamentous cyanobacteria, yeast and higher plants especially wild plants.

1. Characterization of response mechanism and tolerant mechanism against metal stress and oxidative stress in a wild plants, *Andropogon*

Andropogon virginicus L. is a wild plant which shows a multiple tolerance to Al, Zn and diamide and can be used as a model plant to characterize the multiple tolerant mechanism or the multiple response mechanism for abiotic stresses. In this study, we isolated 7 stress-inducible genes including an ABC transporter like gene and 5 multiple tolerant genes (including the S-adenosyl methionine syntase gene).

2. Isolation and characterization of transcription factors involved in gene-response mechanisms in *A. thaliana* *AtGST11* (glutathione S-transferase) gene

As *AtGST11* gene is induced by Al stress, heavy metal stress, oxidative stress and so on, we have isolated and characterized the transcription factors (TF) related to its expression. Four cDNA clones which can bind to the promoter of *AtGST11* gene were isolated and supplied to DNA sequence analysis. *AtGST11* promoter activity assay based on a dual luciferase assay was furthermore performed in tobacco culture cells to estimate the effect of these 4 clones in the gene-expression of the *AtGST11*.

3. Characterization of gene response mechanisms under heavy metal stress in a cyanobacterium *Oscillatoria brevis*

The repressor protein of *O. brevis*, BxmR, strongly binds to the two 12-2-12 domains in the upstream region of the *bmtA* and *bxmR* gene and represses the expression of these genes under non-stress condition, but very weakly binds to the point-mutated 12-2-12 domain in our gel-shift assay. Moreover, we showed that BxmR is released from the 12-2-12 domain by Au treatment and induces the expression of these two genes in *O. brevis* cells. Au stress increased the gene-expression of *bxa1*, *bmtA* and *bxmR* in vivo. These results indicate that the phenomenon observed in vivo and in vitro are well consistent each other.

4. Study on freeze-tolerance of Primula.

Pre-treatment at 3℃ for 8 days increased freeze tolerance of *Primula malacoides* Franch. Photosynthetic rate of leaves gradually declined during constant -3℃ treatment or changing temperature treatment from -2 to -6℃, and the rate becomes zero at the end of the 8-day treatment.

5. Analysis of acid rain in Kurashiki

Observation of rain acidity in Kurashiki for 22 years from 1986 to 2007 showed an increase in acidification of rain water in the recent 10 years. Acidity of rain water from the low pressure passing by the southern side of Japan island was high compared with that passing by the northern side. This tendency is clear in the cold seasons.

大麦・野生植物資源研究センター

大麦グループ

大麦グループでは、実験系等を含む栽培オオムギ約14,000系統と野生オオムギ約600系統を保有し、(1)種子の増殖、遺伝的多様性の評価、(2)特性データのデータベース化、種子配布等の系統保存事業、(3)ゲノム解析の諸手法を使ったオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

1. オオムギ遺伝資源の評価

(a)休眠性のQTL解析

穂発芽性の育種的な対応の一つとしての利用が期待されるオオムギの休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換置換系統(RCSL)に由来する大規模分離集団を用いて5HL染色体上のQTLの遺伝子候補を同定した。現在この遺伝子の形質転換および機能解析を行っている。

(b)六条性の進化過程

vrs1 遺伝子が呈す六条性は、側列を稔実させ一穂あたりの着粒数を増加させる。六条性は栽培オオムギを特徴づける代表的な形質の一つであり、栽培オオムギの成立を考える上で、六条性の起源とその伝播は最も重要な進化イベントである。*vrs1* 遺伝子の塩基配列多型の解析を行い、六条性を示すハプロタイプの系統関係とそれらの地理的分布を調査した。その結果六条性は少なくとも4度の独立した起源を持ち、それらが時間的・空間的に独立した伝播経路を経てユーラシア大陸全域に分布したことが示唆された。

2. オオムギ遺伝資源の分譲・配布

ナショナルバイオリソースプロジェクトによってオオムギ種子、cDNA、BACライブラリーの配布事業を担っている。

(a)系統種子の配布

在来系統を中心とするオオムギ種子の配布を行った。

(b) cDNA クローンの配布

独自に開発したオオムギESTへの国内外からのリクエストに対しての分譲業務を実施している。

(c) BAC クローンおよびライブラリーの分譲

独自に作製した国産の醸造用オオムギ品種「はるな二条」を材料として作製したBACライブラリーの各クローン、選抜用プールDNA、高密度フィルターおよびライブラリーの全クローンセットについて、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲した。

3. オオムギのゲノム解析

生研センター「新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業」に採択された「オオムギ重要形質に関する遺伝子の同定と育種への応用」によって、オオムギ染色体3Hに座乗する遺伝子の配列解析、醸造およびストレス耐性に関わる遺伝子の単離を進めている。また、ナショナルバイオリソースプロジェクトおよび農水省多様性ゲノム解析プロジェクトによって、オオムギの完全長cDNA解析を進めている。

(Barley and Wild Plant Resource Center)

Group of Barley Resources

We have preserved ca. 14,000 accessions of cultivated barley including experimental lines and ca. 600 accessions of wild relatives. The subjects of our research are 1) evaluation of genetic diversity and characteristics, construction of the barley germplasm database and worldwide sample distribution, 2) collection and preservation of barley germplasm and 3) efficient use of the resources for genome analysis including EST, molecular markers and DNA libraries to study the genome-based barley diversity and the genetic analysis of important traits in barley.

1. Evaluation of barley germplasm

(a) QTL analysis of barley seed dormancy

A candidate for barley seed dormancy QTL on the long arm of chromosome 5H, which may be associated with pre-harvest sprouting in small grains including barley, was identified using a high density linkage map a large segregating population from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). The transformation and functional analysis of this candidate are underway.

(b) Evolutionary process of six-rowed spike in domesticated barley

The origin of six-rowed spike was one of the most seminal evolutionary events in domesticated barley. The six-rowed spike morphology was caused by a recessive mutation in *Vrs1* locus, which encoded homeodomain-leucine zipper I homeobox gene. In order to investigate the evolutionary process of the six-rowed barley, we performed comprehensive molecular polymorphic analysis using wild and domesticated barley accessions collected from all over the world. The polymorphic data and the data from the haplotype analysis indicated that the *vrs1* mutation events had repeatedly occurred in the process of barley domestication and that the repetition of the migration westward and / or eastward in the Old World could generate the geographic distribution patterns of *vrs1* alleles revealed in this study.

2. Collection and distribution of barley genetic resources

In addition to seed samples, cDNA and BAC clones (including individual clones, pooled BAC DNA for screening, high-density replica membranes and complete clone set of barley) were distributed with the support of the National Bio-resource Project (NBRP).

3. Barley genome analysis

The project 'Identification of genes of important traits and their application in barley breeding' started with support of Bio-oriented Technology Research Advancement Institution (BRAIN). The project aims to sequence genes on chromosome 3H and isolate genes responsible for brewing traits and stress tolerances. The full length cDNA projects on barley are also conducted by National Bioresource Project and genome diversity analysis project by MAFF.

野生植物グループ

1. 炭素安定同位体比を用いたイネ科植物のC3・C4判定

当研究所に保管されている国内のイネ科植物383種の標本を元に質量分析計を用いて葉の炭素安定同位体比を測定した。その結果、C3植物とC4植物は明瞭に分離された。C4植物の割合は北から南に向かって増加し、採集場所の年平均気温と正の相関があった。海岸ではC4植物の割合が高く、日陰ではC3植物の割合が高かった。炭素安定同位体比は標本が採集された70年あまりの間に徐々に減少していることも判明した。

2. 野生植物種子画像データベースの構築とインターネットへの公開

すでにインターネットに公開している種子画像は外来植物に限られていたため、これを雑草全体に広げる準備を行っている。この一年間に収集し増加した点数は生存種子586点、さく葉標本2,207点であった。それらの種子画像の撮影も順調に進んでおり、この科研費による研究が終了する2011年には公開できる。

3. ヒエ属植物の国際雑草化に関する共同研究

ヒエ属植物の雑草化に関して世界のヒエ属植物を調査している。私たちは南アジア担当で、スリランカ、インド、バングラデシュの種子や標本の画像データベースを作成した。

4. 分子系統解析

単子葉植物の初期進化、カヤツリグサ科の分類学的問題、イネ科帰化雑草種子の同定などを解決するために、ミトコンドリア7遺伝子、葉緑体8遺伝子、核3遺伝子のDNA解析を進めている。

5. 海外調査

ロシア国立North-East大学、ロシア科学アカデミー極東支部からの協力を得て、田端英雄氏（応用里山研究所）らと共に、カムチャッカ半島中南部とシベリアのマガダン州で植生調査をおこなった。同地域は東アジアの北方系植物を研究する上で重要な地域であるが、外国人による調査例が殆どない。針葉樹林とダケカンバ林でライントランセクト調査を実施し、海岸砂丘、高山ツンドラなど多様な環境での維管束植物の貴重な資料を多数収集した。資料はロシア側の研究者に依頼して通関手続き中。

6. その他

雑草学辞典の編集・執筆、韓国雑草図鑑の改訂、岡山県生物目録の改訂、岡山県レッドデータブックの改訂、岡山市植生調査など

Group of Wild Plant Science

Table 1. Preservation of wild plant seeds and voucher specimens (As of November 25, 2009)

	Herbarium	Seed	Live seed
Family	258	225	208
Species	6,460	5,260	3,782
Accession	61,883	30,761	16,566

1. Distinguishing C3 from C4 Poaceae plants using leaf stable carbon isotope ratio

For 383 Poaceae species harvested over the Japanese Islands and stored as herbarium specimens along several decades, we determined C3 and C4 types of photosynthesis from leaf stable carbon isotope ratio ($\delta^{13}\text{C}$). The C4 species richness increased from northern to southern islands in Japan, positively correlated with mean annual air temperature. C4 species richness was greater in the seashore habitats and smaller in the shaded habitat. Leaf δ -value decreased gradually during the 70 sampling years, and it was higher in the densely inhabited district both C3 and C4.

2. Image database of weed seeds

We are planning to enlarge our on-line database of seed-images, which have been limited to the naturalized weeds, to the seed-image database including native weeds.

3. Project on the genus *Echinochloa* spreading as international weeds

As a project on the *Echinochloa* species we have surveyed in South Asia. We constructed an image database of seeds and voucher specimens of *Echinochloa* spp.

4. Molecular phylogeny analysis

To reveal the phylogenetic relationships among entire monocotyledons, and phylogeny of the family Cyperaceae and to identify the seeds from naturalized grasses, we have analyzed DNA sequences of 18 genes from three genomes (nuclear, plastid and mitochondria).

5. Field survey in overseas

With the support by Russia North-East State University and Far-Eastern Branch of Russian Academy of Sciences, we conducted field investigations on the natural vegetation through the south to middle part of Kamchatka and the mountains in Magadan. Although these areas are important for studies on the subalpine and alpine vegetations in Japan, few foreign botanists have investigated these areas. In this research, we surveyed some coniferous forests and *Betula* forests by the line-transect method, and collected plant materials in various ecosystems (sand hill at the seaside, meadow, alpine tundra, forest tundra and some forest types).

6. Others

We have worked as editors or authors of the Dictionary on Weed Science, Weeds of Korea, 2009's, Red Data Book of Okayama Pref., a revision of A List of Vascular Plants of Okayama City, etc.

遺伝資源機能解析グループ

本グループではオオムギ属の進化、さらにはオオムギの穂および花形態や種子成分に関わる遺伝子の機能について個体レベルから遺伝子レベルで解析している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. オオムギ属四倍体2種 (*Hordeum secalinum* および *H. capense*) の起源に関する分子細胞遺伝学的研究

H. secalinum および *H. capense* は *H. marinum* の Xa ゲノムおよび未同定の I ゲノム 2 倍種のゲノムを保有する異質四倍体であることを明らかにしてきた。本研究では、それぞれの四倍種におけるゲノム間転座および 2 種類のリボソーマル DNA(rDNA) サイトの数と分布に関する種内変異を調査した。ゲノミック *in situ* ハイブリダイゼーションにより *H. secalinum* の 3 系統はゲノム間転座を保有しないが、*H. capense* では調査した 3 系統中 2 系統が 1 対のゲノム間転座を有することが明らかになった。多色蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーションにより *H. secalinum* には 2 つのタイプの rDNA パターンがあることがわかった。その 2 つの rDNA パターンでは Xa ゲノム由来のサブメタセントリック染色体対で余分な 5S rDNA サイトの有無で異なっていた。この余分な 5S rDNA サイトは *H. marinum* ssp. *gussoneanum* に特徴的で *ssp. marinum* には観察されないものである。5S rDNA サイトの多型から、*H. secalinum* は 2 つのタイプを含んでおり、一つは *H. marinum* ssp. *gussoneanum* を Xa ゲノムの供与親とし、もう一つは *ssp. marinum* を Xa ゲノムの供与親とすることが示唆される。本研究の結果から、*H. capense* はおそらく渡り鳥の長距離移動などによって限られた *H. secalinum* の系統が南アメリカに導入されて生じたと結論した。

2. コムギにおいて倍数性の増加に伴って小穂あたり穀粒数が増える仕組みの解析

イネ科植物の生殖器官である穂は、小穂と呼ばれる房の集合体である。1 小穂に形成される穎花の数は様々であり、イネやオオムギでは基本的に 1 小花 / 1 小穂である。一方でコムギの場合は倍数化に伴って小花数や穀粒(稔実種子)数が増加するという現象が知られており、1 小穂あたりの穀粒数は一般的に 2 倍体コムギ(ヒツヅコムギ)で 1 ~ 2 粒、4 倍性コムギ(フタツヅコムギ)で 2 ~ 3 粒、6 倍性コムギ(パンコムギ)では 3 粒以上が形成される。本研究では、2 倍性、4 倍性、6 倍性コムギの穀粒数の違いが、小穂分裂組織から小花分裂組織が分化する“タイミング”の差異によるものであることを明らかにした。

Group of Genetic Resources and Functions

1. Molecular cytogenetic phylogeny of two tetraploid *Hordeum* species, *H. secalinum* and *H. capense*

We previously showed that *H. secalinum* and *H. capense* are allotetraploids carrying the Xa genome of *H. marinum* and the I genome of an unidentified diploid species. In this study, intraspecific variation in each tetraploid species was investigated with regard to intergenomic translocations and chromosomal distribution of rDNA sites. Genomic *in situ* hybridization revealed that three *H. secalinum* accessions examined did not carry intergenomic translocations, but that two of three *H. capense* accessions analyzed carried a pair of intergenomic translocations. Multicolour fluorescence *in situ* hybridization showed that *H. secalinum* included two types of rDNA pattern differing in the presence or absence of an extra 5S rDNA site in a submetacentric chromosome pair of the Xa-genome origin. The extra 5S rDNA site was found in all *H. capense* accessions examined. This 5S rDNA site is characteristic of *H. marinum* ssp. *gussoneanum*, but is absent in ssp. *marinum*. Polymorphisms in the 5S rDNA site infer that *H. secalinum* included two types, one having ssp. *gussoneanum* 2x and the other having ssp. *marinum*, as the Xa-genome donor. We conclude that *H. capense* originated from a limited number of *H. secalinum* accessions introduced probably by migrating birds to South Africa.

2. Mechanism of the increase in grain number per spikelet in proportion to elevated ploidy levels

The inflorescence of grass species such as wheat, rice and maize consists of a unique reproductive structure called the spikelet, which is comprised of one, a few, or several florets (individual flowers). Interestingly, in wheat, the number of fertile florets per spikelet is associated with ploidy level: one or two florets in diploid, two or three in tetraploid, and more than three in hexaploid wheats. In this study, we found that heterochronic development of the floret meristems at different ploidy levels might cause the difference in the number of florets. Increase in the number of florets is an important character leading to the success of polyploids in nature and in agriculture, since it directly increases seed production.

構成員 (*Staff*)

機能開発・制御部門

核機能分子解析グループ

教	授	村	稔
准	授	長	孝
助	手	岐	豊
技	員	倉	成
術		原	子
非常勤	職員	中	
勤研究		崎	(21.8.17~)
派遣職員		谷	
派遣職員		尾	一
外国人客員研究員		金	(21.10.1~)
大学院・自(博士後期2年)		Ahmet Latif Tek	
横田悦子			

植物ストレス学グループ

教	授	馬	建	鋒
助	教	山	直	樹
技	職	地	早	苗
術	員	石	大	勢
	(助教)	野	友	和
特別契約職員	(助教)	井	美	帆
特別契約職員	(助教)	井	繼	星
特別契約職員	(助教)	藤		
特別契約職員	(助教)	夏		
特別契約職員	(助教)	谷	奈見季	(21.4.1 ~)
特別契約職員	(助教)	三	朝	鋒 (21.10.1 ~)
特別契約職員	(助教)	黃	錄	慶 (21.10.1 ~)
特別契約職員	(助教)	鄭		
特別契約職員	(助教)	桜	井	勇 (~ 21.2.28)
外国人客員研究員		路	運	才 (21.7.27 ~)
日本學術振興會		Tijen Demiral		
外国人特別研究員				(~ 21.7.14)
非常勤職員		森	明	美
非常勤職員		田	和	惠
大学院・自 (博士後期1年)	横	松	健	剛
大学院・自 (博士前期2年)	小	正	絵	美
大学院・自 (博士前期1年)	佐々木	山	明	正

分子生理機能解析グループ

准	教	授	木
助		教	夫
助		教	泉明之香紀
特別契約職員	(助教)		
特別契約職員	(助教)		
非常勤研究員		原坂	真三根
非常勤研究員		江子野潤	智智靜真

作物ゲノム育種グループ

教	授	前	彦
助	教	川	英子
助	教	石	希
技	術	都	子
特	別	木	(~ 21.3.31)
別	契	村	子
契	約	見	(~ 21.3.31)
約	職	野	英
職	員	松	聖
(助教)		林	和
		松	洋
			翠
非	常	平	惠
非	常	小	(~ 21.3.31)
非	常	小	子
非	常	中	(~ 21.4.15)
非	常	中	史
非	常	中	

環境シグナル伝達機構グループ

教 授 坂 本 亘

助教	松島	良介
技術職員	加藤	裕介
非常勤職員	小童谷	恵子
日本学術振興会特別研究員	三浦	栄子
日本学術振興会	張林	剛
外国人特別研究員		(21.11.24~)
大学院・自(博士後期2年)	Tang Lay Yin	
大学院・自(博士前期1年)	高祖崇	好
大学院・自(博士前期1年)	山田浩	史
大学院・自(博士前期1年)	佐野新	悟
大学院・自(博士前期1年)	西郷浩	司
特別研究学生	張迪	(~21.9.18)

細胞分子生化学グループ

准教授 晴義
准教授 野本孝
非常勤職員 中根
大学院・自(博士前期2年)三

植物成長制御グループ

教	授	本	洋	子
助	教	木	孝	行
技	員	山	洋	平
術	(助教)	佐	卓	也
特別契約職員		々	英	子
非常勤研究員		泉	善	幸
非常勤研究員		古	美	代
非常勤職員		冰	智	枝
非常勤職員		土	和	子
非常勤職員		有	美	和
非常勤職員		小	和	奇
大学院・自 (博士前期 2 年)		藤	雪	子
研究所研究生		齊		
		山		

環境反應解析部門

環境昆虫機能グループ

司哉子子学樂
昌英陽雅文日
園吉小藤包欽格
田田原川
授教員
准助常勤職員
非常勤職員
大学院・自(博士前期1年)包
大学院・自(博士前期1年)斯

植物・微生物相互作用グループ

教	授	鈴木信弘
助	教	近藤秀樹
技	術	丸山和之
職	員	Said A Ghabrial
外	國人客員研究員	(21.4.2 ~ 5.30)
外	國人客員研究員	Ida Bagus Andika (~ 21.5.4)
特	別契約職員	千葉壯太郎
大	學院・自 (博士後期 3 年)	Ana E. Cope
大	學院・自 (博士後期 1 年)	田中徹
大	學院・自 (博士後期 1 年)	Lakha Salaipeth
大	學院・自 (博士後期 1 年)	Lin Yu-hsin
大	學院・自 (博士前期 1 年)	Alain Gumarang

微生物機能開発グループ

准 教 授 金 原 和 秀
助 教 谷 明 生
非 常 勤 職 員 藤 谷 良 子
非 常 勤 職 員 加 藤 亜 紀 子
非 常 勤 職 員 岩 本 靖 子
大 学 院 ・ 自 (博士後期 3 年) 飯 島 想
大 学 院 ・ 自 (博士後期 3 年) 張 弦
大 学 院 ・ 自 (博士後期 3 年) Carlos R. Arias-Barreiro
大 学 院 ・ 自 (博士後期 1 年) Faisal H. M. Koua
(~ 21.11.30)

大 学 院 ・ 自 (博士後期 1 年) Zoe Kuizon Sanchez
(21.10.1 ~)

大 学 院 ・ 自 (博士前期 2 年) 神 原 将 希
大 学 院 ・ 自 (博士前期 1 年) 奥 村 麻理絵

生命環境適応グループ

准 教 授 江 崎 文 一
准 教 授 田 中 丸 重 美
外 国 人 客 員 研 究 員 Ashraf Metwally
(~ 21.11.20)
外 国 人 客 員 研 究 員 Helmi Hamdi (~ 21.3.31)
外 国 人 客 員 研 究 員 Jayaram Kottapalli
非 常 勤 職 員 東 蘭 子
大 学 院 ・ 自 (博士後期 3 年) 田 川 進 也 (~ 21.9.30)
大 学 院 ・ 自 (博士後期 2 年) 河 野 貴 文
大 学 院 ・ 自 (博士前期 2 年) 高 橋 憲 公
大 学 院 ・ 自 (博士前期 2 年) 一 色 隆 太 郎
大 学 院 ・ 自 (博士前期・ 研究生) 热比葉木 吐尔尼牙孜
(21.4.1 ~)

大麦・野生植物資源研究センター

大麦グループ

教 授 佐 藤 和 広
助 教 最 相 大 輔
技 術 職 員 石 井 誠
特別契約職員(助教) 大 江 夏 子
特別契約職員(助教) 南 角 奈 美
特別契約職員(助教) 元 井 由 加
非常勤研究員 山 根 美 樹
非常勤職員 山 田 道 子
非常勤職員 辻 本 由 佳
非常勤職員 篠 原 真 由
非常勤職員 三 宅 美 智 子

野生植物グループ

准 教 授 榎 本 敬
助 教 山 下 純
非 常 勤 職 員 林 智 子
非 常 勤 職 員 仁 木 葉 子
非 常 勤 職 員 小 橋 理 絵 子
非 常 勤 職 員 河 野 幸 世 (~ 21.9.30)
非 常 勤 職 員 島 岡 浩 恵
(21.10.16 ~)

非常勤職員

裾 分 由 美 子
(21.10.16 ~)
大 学 院 ・ 自 (博士前期 1 年) 吉 野 将 史

遺伝資源機能解析グループ

教 授 武 田 真
助 教 漆 川 直 希 (21.4.1 ~)
技 術 職 員 山 下 優 子 (21.4.1 ~)
非常勤研究員 湯 尾 崇 央 (21.4.1 ~)
大 学 院 ・ 自 (博士前期 2 年) 辻 野 泰 弘

事務部

事 務 長 川 本 章 仁
專 門 職 員 渋 谷 浩 史
專 門 職 員 三 宅 敦 敦
會 計 主 任 竹 内 哲 也
非 常 勤 職 員 室 山 由 利 子
非 常 勤 職 員 黒 岡 昌 子
非 常 勤 職 員 岡 本 里 美
非 常 勤 職 員 柳 沢 光 江
非 常 勤 職 員 桐 山 美 幸
非 常 勤 職 員 片 山 佳 代 子 (21.4.1 ~)
派 遣 職 員 坂 口 律 子 (21.9.1 ~)
派 遣 職 員 山 本 優 子
(21.4.1 ~ 21.8.31)

図書館

図 書 職 員 遠 矢 厚 志
非 常 勤 職 員 田 中 智 子
非 常 勤 職 員 三 好 美 砂 子

出版物リスト (*List of Publication*)

機能開発・制御部門 (Division of Functional Biology and Genetics) 核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)

- (1) Nagaki, K., Walling, J., Hirsch, C., Jiang, J. and Murata, M. 2009. Structure and evolution of plant centromeres. In: Centromere-Structure and Evolution (Ed. D. Ugarkovic), Progress in Molecular and Subcellular Biology, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, pp.153-179.
- (2) Nagaki, K., Kashihara, K. and Murata, M. 2009. A centromeric DNA sequence colocalized with a centromere-specific histone H3 in tobacco. *Chromosoma* 118: 249-257.
- (3) Nagaki, K., Kashihara, K. and Murata, M. 2009. Characterization of the two centromeric proteins CENP-C and MIS12 in *Nicotiana* species. *Chromosome Res.* 17: 719-726.
- (4) 村田稔・長岐清孝. 2009. 人工染色体－植物の染色体を作る：人工染色体研究の最前線. 「生物の科学 遺伝」 63:61-65. (Murata, M. and Nagaki, K. 2009. Recent progress in plant artificial chromosomes. *Seibutsu-no-Kagaku Iden* 63:61-65.)
- (5) Nagaki, K. Components and structures of plant centromeres. *Chromosome Science* (in press)
- (6) Nagaki, K., Terada, E., Wakimoto, M., Kashihara, K. and Murata, M. Centromere targeting of alien CENH3s in *Arabidopsis* and tobacco cells. *Chromosome Res.* (in press)

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

- (1) Yamaji, N., Huang, C. F., Nagao, S., Yano, M., Sato, Y., Nagamura, Y. and Ma, J. F. 2009. A Zn-finger transcription factor ART1 regulates multiple genes implicated in aluminum tolerance in rice. *Plant Cell* 21: 3339-3349.
- (2) Ueno, D., Koyama, E., Kono, I., Ando, T., Yano, M. and Ma, J. F. 2009. Identification of a novel major quantitative trait locus controlling distribution of Cd between roots and shoots in rice. *Plant Cell Physiol.* 50: 2223-2233.
- (3) Ma, J. F. and Ling, H. Q. 2009. Iron for plants and humans. *Plant Soil* 325: 1-3.
- (4) Yamaji, N. and Ma, J. F. 2009. A transporter at the node responsible for inter-vascular transfer of silicon in rice. *Plant Cell* 21: 2878-2883.
- (5) Ueno, D. and Ma, J. F. 2009. Secretion time of phytosiderophore differs in two perennial grasses and is controlled by temperature. *Plant Soil* 323: 335-341.
- (6) Li, R.Y., Ago, Y., Liu, W. J., Mitani, N., Feldmann, J., McGrath, S. P., Ma, J. F. and Zhao, F. J. 2009. The rice aquaporin Lsi1 mediates uptake of methylated arsenic species. *Plant Physiol.* 150: 2071-2080.
- (7) Mitani, N., Chiba, Y., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2009. Identification and characterization of maize and barley Lsi2-like silicon efflux transporters reveals a distinct silicon uptake system from that in rice. *Plant Cell* 21: 2133-2142.
- (8) Ueno, D., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2009. Further characterization of ferric-phytosiderophore transporters ZmYS1 and HvYS1 in maize and barley. *J. Exp. Bot.* 60: 3513-3520.
- (9) Brunings, A.M., Datnoff, L.E., Ma, J.F., Mitani, N., Nagamura, Y., Rathinasabapathi, B. and Kirst, M. 2009. Differential gene expression of rice in response to silicon and rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. *Ann. Appl. Biol.* 155: 161-170.
- (10) Li, R. Y., Stroud, J. L., Ma, J. F., McGrath, S. P. and Zhao, F. J. 2009. Mitigation of arsenic accumulation in rice with water management and silicon fertilization. *Environ. Sci. Technol.* 43: 3778-3783.
- (11) Huang, C. F., Yamaji, N., Nishimura, M., Tajima, S. and Ma, J. F. 2009. A rice mutant sensitive to Al toxicity is defective in the specification of root outer cell layers. *Plant Cell Physiol.* 50: 976-985.
- (12) Ueno, D., Kono, I., Yokosho, K., Ando, T., Yano, M. and Ma, J. F. 2009. A major quantitative trait locus controlling cadmium translocation in rice (*Oryza sativa*). *New Phytologist* 182: 644-653.
- (13) Kamiya, T., Tanaka, M., Mitani, N., Ma, J. F., Maeshima, M. and Fujiwara, T. 2009. NIP1;1, an aquaporin homolog, determines the arsenite sensitivity of *Arabidopsis thaliana*. *J. Biol. Chem.* 284: 2114-2120.
- (14) Koster, J. R., Bol, R., Leng, M. J., Parker, A. G., Sloane, H. J. and Ma, J. F. 2009. Effects of active silicon uptake by rice on ^{29}Si fractionation in various plant parts. *Rapid Commun. Mass Spectrom.* 23: 2398-2402.
- (15) Zhao, F. J., Ma, J. F., Meharg, A. A. and McGrath, S. P. 2009. Arsenic uptake and metabolism in plants. *New Phytol.* 181: 777-794.
- (16) Dallagnol, L. J., Rodrigues, F. A., Mielli, M. V. B., Ma, J. F. and Datnoff, L. E. 2009. Defective active silicon uptake affects some components of rice resistance to brown spot. *Phytopathology* 99: 116-121.

-
- (17) Huang, C. F., Yamaji, N., Mitani, N., Yano, M., Nagamura, Y. and Ma, J. F. 2009. A bacterial-type ABC transporter is involved in aluminum tolerance in rice. *Plant Cell* 21: 655–667.
 - (18) Chiba, Y., Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J. F. 2009. HvLsi1 is a silicon influx transporter in barley. *Plant J.* 57: 810-818.
 - (19) Mitani, N., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2009. Identification of maize silicon influx transporters. *Plant Cell Physiol.* 50: 5-12.
 - (20) Yokosho, K., Yamaji, N., Ueno, D., Mitani, N. and Ma, J. F. 2009. OsFRDL1 is a citrate transporter required for efficient translocation of iron in rice. *Plant Physiol.* 149: 297-305.

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) Tungnogn, K., Kongsawadworakul, P., Viboonjun, U., Katsuhara, M., Brunel, N., Sakr, S., Narangajavana, J. and Chrestin, H. 2009. Involvement of HbPIP2;1 and HbTIP1;1 Aquaporins in ethylene stimulation of latex yield through regulation of water exchanges between inner liber and latex cells in *Hevea brasiliensis*. *Plant Physiology* 151: 843-856.
- (2) Horie, T., Hauser, F. and Schroeder, J. I. 2009. HKT transporter-mediated salinity resistance mechanisms in *Arabidopsis* and monocot crop plants. *Trends in Plant Science* 14: 660-668.
- (3) Kaneko, T., Takahashi, N. and Kikuyama, M. 2009. Membrane Stretching Triggers Mechanosensitive Ca^{2+} Channel Activation in *Chara*. *Journal of Membrane Biology* 228: 33-42.
- (4) Mori, I. C., Murata, Y. and Uraji, M. 2009. Integration of ROS and hormone signaling. In *Reactive oxygen species in plant signaling*. [Eds.] L.A. del Rio and A. Puppo, Springer-Verlag, Berlin Heidergerg.
- (5) Sobahan, M.A., Arias, C. R., Okuma, E., Shimoishi, Y., Nakamura, Y., Hirai, Y., Mori, I. C. and Murata, Y. 2009. Exogenous proline and glycinebetaine suppress apoplastic flow to reduce Na^+ uptake in rice seedlings. *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry* 73: 2037-2042.
- (6) Islam, M. M., Tani, C., Watanabe-Sugimoto, M., Uraji, M., Jahan, M. S., Masuda, C., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y. 2009. Myrosinases, TGG1 and TGG2, redundantly function in ABA and MeJA signaling in *Arabidopsis* guard cells. *Plant and Cell Physiology* 50: 1171-1175.
- (7) Saito, N., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y. 2009. Nitric oxide functions in both methyl jasmonate signaling and abscisic acid signaling in *Arabidopsis* guard cells. *Plant Signal Behavior* 4: 119-120.
- (8) Mori, I. C., Utsugi, S., Tanakamaru, S., Tani, A., Enomoto, T. and Katsuhara, M. 2009. Biomarkers of green roof vegetation: anthocyanin and chlorophyll as stress marker pigments for plant stresses of roof environments. *Journal of Environment Engineering and Management* 19: 21-27.
- (9) 且原真木. 2009. 新しい緑化ブロック作成技術. 環境浄化技術 8(3):32-36. (Katsuhatra, M. 2009. New production method for greening concrete blocks. Environmental clean-up technology 8(3):32-36.)
- (10) 且原真木・田中丸重美・森泉・谷明生・宇都木繁子・榎本敬・米谷俊彦. 2009. 岡山大学資源生物科学研究所における屋上緑化による建物冷却効果. 環境制御 31: 21-25. (Katsuhatra, M., Tanakamaru, S., Mori, I.C., Tani, A., Utsugi, S., Enomoto, T. and Maitani, T. 2009. Cooling effect on buildings by the roof greening at Research Institute for Bioresources, Okayama University. Environment Research and Control 31:21-25.)

作物ゲノム育種グループ (Group of Crop Genome Modification)

- (1) Shimatani, Z., Takagi, K., Eun, C. H., Maekawa, M., Takahara, H., Hoshino, A., Qian, Q., Terada, R., Johzuka-Hisatomi, Y., Iida, S. and Tsugane, K. 2009. Characterization of autonomous Dart1 transposons belonging to the hAT superfamily in rice. *Mol Genet Genomics*. 281: 329-44.
- (2) Ikeda-Kawakatsu, K., Yasuno, N., Oikawa, T., Iida, S., Nagato, Y., Maekawa, M. and Kyozuka, J. 2009. Expression level of ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 1 determines rice inflorescence form through control of cell proliferation in the meristem. *Plant Physiol.* 150: 736-747.
- (3) Arite, T., Umehara, M., Ishikawa, S., Hanada, A., Maekawa, M., Yamaguchi, S. and Kyozuka, J. 2009. d14, a strigolactone-insensitive mutant of rice, shows an accelerated outgrowth of tillers. *Plant Cell Physiol.* 50: 1416-1424.
- (4) Mori, I. C., Utsugi, S., Tanakamaru, S., Tani, A., Enomoto, T. and Katsuhara, M. 2009. Biomarkers of green roof vegetation: anthocyanin and chlorophyll as stress marker pigments for plant stresses of roof environments. *J. Environ. Eng. Manage.* 19: 21-27.

-
- (5) Rikiishi, K. and Maekawa, M. Characterization of a novel wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant with reduced seed dormancy. *J. Cereal Sci.* (in press)

環境シグナル伝達機構グループ (Group of Environmental Signaling Systems)

- (1) Kato, Y., Miura, E., Ido, K., Ifuku, K. and Sakamoto, W. 2009. The variegated mutants lacking chloroplastic FtsHs are defective in D1 degradation and accumulate reactive oxygen species. *Plant Physiology* 151:1790-1801.
- (2) Kato, Y. and Sakamoto, W. 2009. Protein quality control in chloroplasts: a current model of D1 protein degradation in the photosystem II repair cycle. *The Journal of Biochemistry* 146:463-469.
- (3) Miura, E., Kato, Y. and Sakamoto, W. Reactive oxygen species derived from impaired quality control of photosystem II are irrelevant to plasma-membrane NADPH oxidases. *Plant Signaling & Behavior* (in press)
- (4) Tang, L. Y., Nagata, N., Matsushima, R., Chen, Y., Yoshioka, Y. and Sakamoto, W. 2009. Visualization of plastids in pollen grains: Involvement of FtsZ1 in pollen plastid division. *Plant and Cell Physiology* 50: 904-908.
- (5) Zhang, L., Wei, Q., Wu, W., Cheng, Y., Hu, G., Hu, F., Sun, Y., Zhu, Y., Sakamoto, W. and Huang, J. 2009. Activation of the heterotrimeric G protein alpha subunit, GPA1, suppresses ftsH-mediated inhibition of chloroplast development in *Arabidopsis*. *Plant Journal* 58: 1041-1053.
- (6) Gibala, M., Kicia, M., Sakamoto, W., Gola, E. M., Kubrakiewicz, J., Smakowska, E. and Janska, H. 2009. The lack of mitochondrial AtFtsH4 protease alters *Arabidopsis* leaf morphology at the late stage of rosette development under short-day photoperiod. *Plant Journal* 59: 685-699.
- (7) Sakamoto, W., Uno, Y., Zhang, Q., Miura, E., Kato, Y. and Sodmergen. 2009. Arrested differentiation of proplastids into chloroplasts in variegated leaves characterized by plastid ultrastructure and nucleoid morphology. *Plant Cell Physiology* (in press)
- (8) Kato, Y. and Sakamoto, W. New insights into the types and function of proteases in plastids. *International Review of Cell and Molecular Biology* (in press)
- (9) Nakano, R. T., Matsushima, R., Ueda, H., Tamura, K., Shimada, T., Li, L., Hayashi, Y., Kondo, M., Nishimura, M. and Hara-Nishimura, I. GNOM-LIKE1/ERMO1 and SEC24a/ERMO2 are required for maintenance of endoplasmic reticulum morphology in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell* (in press)

細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)

- (1) Tsumuki, H., Ikegami, N., Maeda, T. and Konno, H. 2009. Purification of ice nucleating agents produced by *Fusarium moniliforme* var. *subglutinans* isolated from the gut of the rice stem borer, *Chilo suppressalis* Walker (Lepidoptera, Pyralidae). *Chugoku Kontyu* 23: 65-74.
- (2) 今野晴義・中戸孝子・中島進・積木久明. 2009. イヌノキ培養細胞の產生するβ-ガラクトシダーゼのイオン交換およびゲル濾過クロマトグラフィーによる精製とその酵素学的諸性質. 分取クロマトグラフィー研究会誌 印刷中. (Konno, H., Nakato, T., Nakashima, S. and Tsumuki, H. 2009. β-Galactosidase purified by sequential ion-exchange and gel-permeation chromatography from *Distylium racemosum* callus and its enzymatic properties. *Journal of Preparative Chromatography* 4: in press)
- (3) Konno, H., Nakashima, S. and Katoh, K. Metal-tolerant moss *Scopelophila cataractae* accumulates copper in the cell wall pectin of the protonema. *Journal of Plant Physiology* (in press)
- (4) Sugimoto, M., Sakamoto, W. and Fujitani, Y. 2009. Localization and expression of serine racemase in *Arabidopsis thaliana*. *Amino Acids* 36: 587-590.
- (5) Baranov, V.M., Novikova, N.D., Polikarpov, N.A., Sychev, V.N., Levinskikh, M.A., Alekseev, V.R., Okuda, T., Sugimoto, M., Gusev, O.A. and Grigoriev, A.I. 2009. The Biorisk experiment: 13-month exposure of resting forms of organism on the outer side of the Russian segment of the international space station. *Doklady Biological Sciences* 426: 267-270.
- (6) Sugimoto, M. and Takeda, K. 2009. Proteomic analysis of specific proteins in the root of salt-tolerant barley. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 73: 2762-2765.
- (7) 杉本学. 2009. 安全で安心な遺伝子組換え植物作製のための新規選択マーカー系の開発. 生物学に関する試験研究論叢 24: 93-97. (Sugimoto, M. 2009. Development of a new selection marker for production of safe transgenic plants. 24: 93-97)

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) Yamamoto, Y., Abdel-Basset, R., Rikiishi, S., Ozuka, S., Demiral, T., Furuichi, T., Sawatani, I., Baskin, T. I., Matsumoto, H. and Sasaki, T. 2009. Aluminum reduces sugar uptake in tobacco: a potential cause of cell elongation inhibition but not of cell death. *In: Plant-Soil Interactions at low pH: A Nutriomic Approach (Proceedings of the 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH)*, pp93-94, eds. Liao, H., Yan, X., Kochian L., South China University of Technology Press.
- (2) Khatoon, M., Inagawa, K., Pospisil, P., Yamashita, A., Yoshioka, M., Lundin, B., Horie, J., Morita, N., Jajoo, A., Yamamoto, Y. and Yamamoto, Y. 2009. Quality control of photosystem II: Thylakoid unstacking is necessary to avoid further damage to the D1 protein and to facilitate D1 degradation under light stress in spinach thylakoids. *J. Biol. Chem.* 284: 25343-25352.
- (3) Asai, N., Nishioka, T., Takabayashi, J. and Furuichi, T. 2009. Plant volatiles regulate the activities of Ca²⁺-permeable channels and promote cytoplasmic calcium transients in *Arabidopsis* leaf cells. *Plant Signaling and Behavior*. 4: 294-300.
- (4) Tani, A., Kawahara, T., Yamamoto, Y., Kimbara, K. and Kawai, F. 2009. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. *J. Biosci. Bioeng.* (in press)
- (5) Yin, L., Wang, S., Eltayeb, A.E., Uddin, Md. I., Yamamoto, Y., Tsuji, W., Takeuchi, Y. and Tanaka, K. 2009. Overexpression of dehydroascorbate reductase, but not monodehydroascorbate reductase, confers tolerance to aluminum stress in transgenic tobacco. *Planta* (in press)
- (6) Kim, Y.-S., Park, W., Nian, H., Sasaki, T., Ezaki, B., Jang, Y.-S., Chung, G.-C., Bae, H.-J. and Ahn, S.-J. 2009. Aluminum tolerance associated with enhancement of plasma membrane H⁺-ATPase in soybean root apex. *Soil Sci. Plant Nutr.* (in press)
- (7) Furuichi, T. 2009. Expression of epitope-tagged protein in plants. *In: Immunoelectron Microscopy: Methods and Protocols*, eds. Schwarzbach, S.D. and Osafune, T., Humana Press (in press)

環境反応解析部門 (Division of Environmental Response Analysis) 環境昆虫機能グループ (Group of Insect Physiology and Molecular Biology)

- (1) Sonoda, S. 2009. Alternative splicing of *para*-sodium channel α -subunit genes from diamondback moth strains with different sensitivity to a pyrethroid. *J. Pestic. Sci.* 34: 173-176.
- (2) Sonoda, S. and Tsumuki, H. Characterization of alternatively spliced transcripts encoding heat shock transcription factor in cultured cells of the cabbage armyworm, *Mamestra brassicae*. *Arch. Insect Biochem. Physiol.* (in press)
- (3) Sonoda, S. Molecular analysis of pyrethroid resistance conferred by target insensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella*. *Pest Manag. Sci.* (in press)
- (4) 積木久明・田 睿林・泉 洋平. 2009. 忌避剤を用いた果実吸蛾類によるモモ果実への被害防止に関する研究. *植物防疫* 63: 26-30. (Tsumuki, H., Tian, R. and Izumi, Y. Protection of peach fruits from fruit-piercing moths using repellent. *Plant Protection* 63: 26-30.)
- (5) Matsukura, K., Tsumuki, H., Izumi, Y. and Wada, T. 2009. Temperature and water availability affect decrease of cold hardiness in the apple snail, *Pomacea canaliculata*. *Malacologia* 51: 263 – 269.
- (6) Matsukura, K., Tsumuki, H., Izumi, Y. and Wada, T. 2009. Physiological response to low temperature in freshwater apple snail, *Pomacea canaliculata* (Gastropoda: Ampullariidae). *J. Exp. Biol.* 212: 2558-2563.
- (7) 泉 洋平・吉田英哉. 2009. オオタバコガの異なる二つの休眠誘導とその耐寒性. *昆虫と自然* 44:20-23. (Izumi, Y. and Yoshida, H. 2009. Two different diapause induction and cold tolerance in the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. *The Nature and Insects* 44:20-23.)
- (8) Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H. 2009. Seasonal changes of phospholipids in last instar larvae of the rice stem borer, *Chilo suppressalis* Walker (Lepidoptera: Pyralidae). *Entomol. Sci.* 12: 376-381.
- (9) 泉 洋平・片桐千仞・園田昌司・積木久明. 2009. ニカメイガ幼虫リン脂質の季節適応. *低温生物学* (印刷中). (Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H. 2009. Seasonal changes of phospholipids in larvae of the rice stem borer. *Cryobiology and Cryotechnology* (in press))

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

- (1) Eusebio-Cope, A., Sun, L.-Y., Hillman, B. I. and Suzuki, N. *Mycoreovirus 1* S4-coded protein is dispensable for viral replication but necessary for efficient vertical transmission and normal symptom induction. *Virology* (in press)
- (2) Chiba, S., L Salaipeth, Lin, Y.-H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. 2009. A novel bipartite dsRNA mycovirus from the white root rot fungus *Rosellinia necatrix*: Molecular and biological characterization, taxonomic considerations, and potential for biological control. *Journal of Virology* 83: 12801-12812.
- (3) Guo, L., Sun, L.-Y., Chiba, S., Araki, H. and Suzuki, N. 2009. Coupled termination/reinitiation for translation of the downstream open reading frame B of the prototypic hypovirus CHV1-EP713. *Nucleic Acids Research* 37: 3645-3659.
- (4) Eusebio-Cope, A., Suzuki1, N., Sadeghi-Garmaroodi, H. and Taga, M. 2009. Electrophoretic and cytological karyotyping of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. *Fungal Genetics and Biology* 46: 342-351.
- (5) Suzuki, N. and Kanematsu, S. The genus Mycoreovirus In The Springer Index of Viruses, 2nd Edition C. Tidona, C. Buchen-Osmond, G. Darai (eds.) Springer, Heidelberg, Germany (in press)
- (6) Ghabrial, S. A. and Suzuki, N. 2009. Viruses of plant pathogenic fungi. *Annual Review of Phytopathology* 47: 353-384.
- (7) 近藤秀樹・前田孚憲・野田瑞紀・鈴木信弘・玉田哲男 . 2009. ランえそ斑紋ウイルスのダニ伝搬様式、分子系統および診断技術に関する研究 . 名古屋国際ラン会議 2009 記録 p8-13 (NIOC 奨励賞)(Kondo, H., Maeda,T., Noda, M., Suzuki, N. and Tamada, T. 2009. Orchid fleck virus: mite transmission, molecular phylogeny and diagnosis. Proceedings of Nagoya International Orchid Congress (NIOC) 2009 p.8-13 (NIOC Encouragement Prize)
- (8) Kondo, H., Maeda, T. and Tamada, T. 2009. Identification and characterization of structural proteins of orchid fleck virus. *Archives of Virology* 154: 37-45.
- (9) Nakakihara, E., Kondo, H., Nakashima, S. and Ezaki, B. 2009. Role of N-terminal His-rich domain of *Oscillatoria brevis Bxa1* in both Ag(I)/Cu(I) and Cd(II)/Zn(II) tolerance. *The Open Microbiology Journal* 3: pp.15-22.
- (10) Andika, I.B., Rahim, M. D., Kondo, H. and Tamada, T. 2009. Evidence that beet necrotic yellow vein virus has an enhanced activity of RNA silencing suppression in roots. Proc. 7th Symposium of the International Working Group on Plant Viruses with Fungal Vectors (IWGPVFV). 17-21.
- (11) Tamada, T., Chiba, S., Miyanishi, M., Andika I. B. and Kondo, H. 2009. The p25 protein of beet necrotic yellow vein virus has a dual function as a virulence and avirulence determinant in leaves of *Beta vulgaris* plants. Proc. 7th Symp. IWGPVFV. 22-26.

微生物機能開発グループ (Group of Applied Microbiology)

- (1) Iijima, S., Shimomura, Y., Haba, Y., Kawai, F., Tani, A. and Kimbara, K. Flow cytometry-based method for isolating live bacteria with meta-cleavage activity on dihydroxy compounds of biphenyl. *J. Biosci. Bioeng.* (in press)
- (2) Tani, A., Kawahara, T., Yamamoto, Y., Kimbara, K. and Kawai, F. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. *J. Biosci. Bioeng.* (in press)
- (3) Charoenpanich, J., Tani, A. and Kawai, F. Identification of the PEG-induced proteins by 2D-gel electrophoresis and mass spectrometry in *Sphingopyxis macrogoltabida* strain 103. *CMU J. Nat. Sci.* (in press)
- (4) 且原真木・田中丸重美・森泉・谷明生・宇都木繁子・榎本敬・米谷俊彦. 2009. 岡山大学資源生物科学研究所における屋上緑化による建物冷却効果. *環境制御* 31: 21-25.
- (5) Musikasang, H., Tani, A., H-Kitikun A. and Maneerat, S. 2009. Probiotic potential of lactic acid bacteria isolated from chicken gastrointestinal digestive tract. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 25: 1337-1345.
- (6) Mori, I. C., Utsugi, S., Tanakamaru, S., Tani, A., Enomoto T. and Katsuhara, M. 2009. Biomarkers of green roof vegetation: anthocyanin and chlorophyll as stress marker pigments for plant stresses of roof environments. *J. Environ. Eng. Management* 19: 21-27.
- (7) 飯島想・谷明生・金原和秀. 2009. 土壌中の細菌の検出技術. *生物工学会誌* 87: 425-427.
- (8) 金原和秀. 2009. 耐酸性菌・好酸性菌について. (惣田昱夫・河合富佐子編「特殊環境微生物の発見」) p. 107-120、合同出版

生命環境適応グループ (Group of Adaptation to Bioenvironment)

- (1) Nakakihara, E., Kondo, H., Nakashima, S. and Ezaki, B. 2009. Role of N-terminal His-rich domain of *Oscillatoria brevis* Bxa1 in both Ag(I)/Cu(I) and Cd(II)/Zn(II) tolerance. *The Open Microbiology Journal* 3:15-22.
- (2) Tagawa, S., Nakashima, S. and Ezaki, B. 2009. Gold induces a metallothionein gene and a CPx-ATPase gene through regulation of a repressor BxmR in *Oscillatoria brevis*. *Japanese Journal of Water Treatment Biology*. 45: 107-113.
- (3) Mori, I C, Utsugi, S., Tanakamaru,S., Tani, A., Enomoto T. and Katsuhara, M. 2009. Biomarkers of green roof vegetation: anthocyanin and chlorophyll as stress marker pigments for plant stresses of roof environments. *J. Environm. Engineer. Managem.* 19: 21-27.
- (4) 且原真木・田中丸重美・森泉・谷明生・宇都木繁子・榎本敬・米谷俊彦. 2009. 岡山大学資源生物科学研究所における屋上緑化による建物冷却効果. 環境制御 31: 21-25. (Katsuhara, M., Tanakamaru,S., Mori, I. C., Tani, A., Utsugi, S., Enomoto, T. and Maitani, T. 2009. Cooling effect on buildings by the roof greening at Research Institute for Bioresources, Okayama University. Environment Research and Control 31: 21-25.)
- (5) 中木原江利. 2009. ラン藻 *Oscillatoria brevis* の bxa1 遺伝子と *Saccharomyces cerevisiae* の sec19 遺伝子の重金属耐性機構における機能解析. 博士論文
- (6) 田川進也. 2009. ラン藻 *Oscillatoria brevis* のリプレッサータンパク質 BxmR による重金属ストレス下での遺伝子発現調節に関する研究. 博士論文

大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center) 大麦グループ (Group of Barley Resources)

- (1) Iimure, T., Nankaku, N., Watanabe-Sugimoto, M., Hirota, N., Tiansu, Z., Kihara, M., Hayashi, K., Ito, K. and Sato, K. 2009. Identification of novel beer haze-active proteins originating from barley through proteome analysis. *Journal of Cereal Science* 49:141-147.
- (2) Schulte, D., Schulman, A., Graner, A., Muehlbauer, G., Sato, K., Stein, N., Langridge, P., Waugh, R., Wise, R. P., Matsumoto, T. and Close, T. J. 2009. Plant Physiology Focus Issue on Grasses –barley-. *Plant Physiology* 149: 142-147.
- (3) Wicker, T., Krattinger, S., Lagudah, E. S., Komatsuda, T., Pourkheirandish, M., Matsumoto, T., Cloutier, S., Kanamori, H., Sato, K., Perovic, D., Stein, N. and Keller, B. 2009. Analysis of intraspecies diversity in wheat and barley genomes identifies breakpoints of ancient haplotypes and provides insight in the structure of diploid and hexaploid Triticeae gene pools. *Plant Physiology* 149: 258-270.
- (4) Sato, K., Shin-I, T., Seki, M., Shinozaki, K., Yoshida, H., Takeda, K., Yamazaki, Y. and Kohara, Y. 2009. 5,006 full length cDNA collection to access genome resources in barley. *DNA Research* 16: 81-89.
- (5) Chen, G., Komatsuda, T., Pourkheirandish, M., Sameri, M., Sato, K., Krugman, T., Fahima, T., Korol, A. B. and Nevo, E. 2009. Mapping of the gene responsible for the drought hypersensitive cuticle eibi1 mutation in wild barley (*Hordeum spontaneum*). *Breeding Science* 59:21-26.
- (6) Sakai, K., Nasuda, S., Sato, K. and Endo, T. R. 2009. Dissection of barley chromosome 3H in common wheat and a comparison of 3H physical and genetic maps. *Genes and Genetic Systems* 85: 25-34.
- (7) Sato, K., Nankaku, N. and Takeda, K. 2009. A high density transcript linkage map of barley derived from a single population. *Heredity* 103: 110-117.
- (8) Sato, K. and Takeda, K. 2009. An application of high-throughput SNP genotyping for barley genome mapping and characterization of recombinant chromosome substitution lines. *Theor. Appl. Genet.* 119: 613-619.
- (9) Iimure, T., Nankaku, N., Hirota, N., Tiansu, Z., Hoki, T., Kihara, M., Hayashi, K., Ito, K. and Sato, K. 2009. Construction of a novel beer proteome map and its use in beer quality control. *Food Chemistry* 118: 566-574.
- (10) Close, T. J., Bhat, P. R., Lonardi, S., Wu, Y., Rostoks, N., Ramsay, L., Druka, A., Stein, N., Svensson, J. T., Wanamaker, S., Bozdag, S., Roose, M. L., Moscou, M. J., Chao, S., Varshney, R., Szucs, P., Sato, K., Hayes, P. M., Matthews, D. E., Kleinhofs, A., Muehlbauer, G. J., DeYoung, J., Marshall, D. F., Madishetty, K., Fenton, R. D., Condamine, P., Graner, A. and Waugh, R. 2009. Development and implementation of high-throughput SNP genotyping in barley. *BMC Genomics* 10:582
- (11) Kongprakhon, P., Cuesta-Marcos, A., Hayes, P. M., Richardson, K. L., Sirithunya, P., Sato, K., Steffenson, B. and Toojinda, T. 2009. Validation of rice blast resistance genes in barley using a QTL mapping population and near-

-
- isolines. Breed. Sci. 59:341-350.
- (12) Sato, K., Matsumoto, T., Ooe, N. and Takeda, K. 2009. Genetic analysis of seed dormancy QTL in barley. Breed. Sci. 59: 645-650.
- (13) Saisho, D., Pourkheirandish, M., Kanamori, H., Matsumoto, T. and Komatsuda, T. 2009. Allelic variation of row type gene *Vrs1* in barley and implication of the functional divergence. Breed. Sci. 59: 621-628.
- (14) Yamazaki, Y., Akashi, R., Banno, Y., Endo, T., Ezura, H., Fukami-Kobayashi, K., Inaba, K., Isa, T., Kamei, K., Kasai, F., Kobayashi, M., Kurata, N., Kusaba, M., Matuzawa, T., Mitani, S., Nakamura, T., Nakamura, Y., Nakatsuji, N., Naruse, K., Niki, H., Nitasaka, E., Obata, Y., Okamoto, H., Okuma, M., Sato, K., Serikawa, T., Shiroishi, T., Sugawara, H., Urushibara, H., Yamamoto, M., Yaoita, Y., Yoshiki, A. and Kohara, Y. 2009. NBRP databases: Databases of biological resources in Japan. Nucleic Acid Res. (in press)
- (15) Shahinnia, F., Sayed-Tabatabaei, B. E., Sato, K., Pourkheirandish, M. and Komatsuda, T. 2009. Mapping of QTL for intermedium spike on barley chromosome 4H using EST-based markers. Breed. Sci. 59: 383-390.

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) Hanba, T.Y., Kobayashi, T. and Enomoto, T. 2009. Variations in the foliar $\delta_{13}\text{C}$ and C3/C4 species richness in the Japanese flora of Poaceae among climates and habitat types under human activity. Ecological Research (in press)
- (2) 菅原幸哉・Christopher L. Schardl・榎本 敬・山下 純・岡部郁子・月星隆雄. 2009. 日本国内のイネ科野草数種から見出された本邦未報告の *Neotyphodium* エンドファイト. 日本植物病理学会報 75: 232-233. (Sugawara, K., Schardl, C.L., Enomoto, T., Yamashita, J., Okabe, I. and Tsukiboshi, T. 2009. *Neotyphodium* grass endophytes newly found from Japanese wild grasses. Japanese Journal of Phytopathology 75: 232-233.)
- (3) Mori, I.C., Utsugi, S., Tanakamaru, S., Tani, A., Enomoto, T. and Katsuhara, M. 2009. Biomarkers of green roof vegetation: Anthocyanin and chlorophyll as stress markers pigments for plant stresses of roof environments. J. Environ. Eng. Manage. 19(1): 21-27.
- (4) 寺山俊悟・小畠裕子・榎本 敬. 2009. 岡山県新産の帰化植物 (20). 倉敷市立自然史博物館研究報告 24: 83-85. (Kariyama, S., Kobatake, H. and Enomoto, T. 2009. New records of naturalized plants of Okayama Prefecture, Southwest honsyu, Japan (20). Bull. Kurashiki Mus. Nat. Hist. 24: 83-85.)
- (5) 清多佳子・高溝 忠・山田敏彦・榎本 敬. 2009. D N Aマーカーを用いたクリーピングベントグラスと我が国に自生する *Agrostis* 属との交雑後代の同定. 日本草地学会誌 55(別): 141. (Kiyoshi, T., Takamizo, T., Yamada, T. and Enomoto, T. 2009. Identification of hybrid between creeping bent grass and native *Agrostis* in Japan with DNA marker. Grassland Science 55(Suppl.):141.
- (6) Nishida, T., Yamashita, N., Asai, M., Kurokawa, S., Enomoto, T., Pheloung, P. C., Groves, R. H. 2009. Developing a pre-entry weed risk assessment system for use in Japan. Biol. Invasions 11: 1319-1333.
- (7) 浅井元朗・黒川俊二・清水矩宏・榎本 敬. 2009. 1995年に輸入された乾草中に混入していた雑草種子. 雜草研究 54(4): 219-225. (Asai, M., Kurokawa, S., Shimizu, N. and Enomoto, T. 2009. Hay imported into Japan 1995 contained exotic weed seeds. Journal of Weed Science and Technology 54(4): 219-225.)
- (8) 且原真木・田中丸重美・森 泉・谷 明生・宇都木繁子・榎本 敬・米谷俊彦. 2009. 岡山大学資源生物科学研究所における屋上緑化による建物冷却効果. 環境制御 31: 21-25. (Katsuhara, M., Tanakamaru, S., Mori, I.C., Tani, A., Utsugi, S., Enomoto, T. and Maitani, T. 2009. Cooling effect on buildings by the roof greening at Research Institute for Bioresources, Okayama University. Environment Research and Control 31: 21-25.)
- (9) 山口裕文・松川慎平・大野朋子・副島顕子・種坂英次・伊藤一幸・榎本 敬・秋本正博・佐合隆一. 2009. 葉緑体DNA系図からみた世界の多年生雑草ヒエの系統的位置づけ. 雜草研究 54(別): 86. (Yamaguchi, H., Matsukawa, S., Ono, T., Soejima, A., Tanesaka, E., Ito, K., Enomoto, T., Akimoto, M. and Sago, R. 2009. Position of perennial *Echinochloa* on a cpDNA molecular phylogenetic tree. J. Weed Sci. Tech. 54(Sup.): 86.)
- (10) Yamashita, J. and Tamura, M.N. Dioscoreaceae. In: Iwatsuki, K., Boufford, D.E. and Ohba, H. (eds.), Flora of Japan, vol. IVb. Kodansha, Tokyo (in press)
- (11) Yamashita, J. and Tamura, M.N. *Asparagus* L. (Liliaceae). In: Iwatsuki, K., Boufford, D.E. and Ohba, H. (eds.), Flora of Japan, vol. IVb. Kodansha, Tokyo (in press)
- (12) Yamashita, J. and Tamura, M.N. *Liriopae* Lour. (Liliaceae). In: Iwatsuki, K., Boufford, D.E. and Ohba, H. (eds.), Flora of Japan, vol. IVb. Kodansha, Tokyo (in press)
- (13) Yamashita, J. and Tamura, M.N. *Ophiopogon* Ker Gawl. (Liliaceae). In: Iwatsuki, K., Boufford, D.E. and Ohba, H. (eds.),

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

- (1) Tohnooka, T., Aoki, E., Yoshioka, T. and Taketa, S. 2009. A novel mutant gene for (1-3, 1-4)- β -D-glucanless grain on barley (*Hordeum vulgare* L.) chromosome 7H. Breeding Science 59: 47-54.
- (2) Yuo, T., Toyota, M., Ichii, M. and Taketa, S. 2009. Molecular cloning of a root hairless gene *rth1* in rice. Breeding Science 59: 13-20.
- (3) Yao, S-G., Kodama, R., Wang, H., Ichii, M., Taketa, S. and Yoshida, H. 2009. Analysis of the rice SHORT-ROOT5 gene revealed functional diversification of plant neutral/alkaline invertase family. Plant Science 176: 627-634.
- (4) Javaid, A., Ikeda, S., Kataoka, I. and Taketa, S. 2009. Fine mapping of short rachilla hair gene (*srh*) in barley and an association study using flanking molecular markers and world germplasms. Asian Journal of Plant Sciences 8: 400-408.
- (5) Shimada, S., Ogawa, T., Kitagawa, S., Suzuki, T., Ikari, C., Shitsukawa, N., Abe, T., Kawahigashi, H., Kikuchi, R., Handa, H. and Murai, K. 2009. A genetic network of flowering time genes in wheat leaves, in which an APETALA1/FRUITFULL-like gene, VRN1, is upstream of FLOWERING LOCUS T. Plant J. 58: 668-681.
- (6) Yamada, K., Saraike, T., Shitsukawa, N., Hirabayashi, C., Takumi, S. and Murai, K. 2009. Class D and B (sister) MADS-box genes are associated with ectopic ovule formation in the pistil-like stamens of alloplasmic wheat (*Triticum aestivum* L.). Plant Mol. Biol. 71: 1-14.
- (7) Shitsukawa, N., Kinjo, H., Takumi, S. and Murai, K. 2009. Heterochronic development of the floret meristem determines grain number per spikelet in diploid, tetraploid and hexaploid wheats. Annals of Botany 104: 243-251.
- (8) Omori, H., Hosokawa, M., Shiba, H., Shitsukawa, N., Murai, K. and Yazawa, S. 2009. Screening of Chrysanthemum Plants with Strong Resistance to Chrysanthemum Stunt Viroid. J. Japan. Soc. Hort. Sci. 78: 350-355.
- (9) Taketa, S., Nakuchi, Y. and Bothmer, R. von. 2009. Phylogeny of two tetraploid *Hordeum* species, *H. secalinum* and *H. capense* inferred from physical mapping of 5S and 18S-25S rDNA. Breeding Science 59: 589-594.
- (10) Kakeda, K., Taketa, S. and Komatsuda, T. 2009. Molecular phylogeny of the genus *Hordeum* using thioredoxin-like gene sequences. Breeding Science 59: 595-601.
- (11) Faiyue, B., Vijayalakshmi, C., Nawaz, S., Nagato, Y., Taketa, S., Ichii, M., Al-Azzawi, M. J. and Flowers, T. J. Studies of sodium bypass flow in lateral rootless mutants *lrl1*, *lrl2* and crown rootless mutant *crl1* of rice (*Oryza sativa* L.). Plant, Cell and Environment (in press)

国際会議およびシンポジウム (*List of International Conferences and Symposia*)

機能開発・制御部門 (Division of Functional Biology and Genetics) 植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)

- (1) Ma, J.F., Huang, C.F., Furukawa, J. and Yamaji, N. Transporters involved in Al resistance in gramineous crops. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (2) Huang, C.F., Yamaji, N., Tajima, S., Yano, M. and Ma, J.F. Isolation and characterization of an Al-tolerance gene *STAR1* in rice. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (3) Yamaji, N., Huang, C.F., Nagamura, Y. and Ma, J.F. Identification of a transcription factor regulating high Al resistance in rice. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (4) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J.F. Functional analysis of OsFRDL4, a citrate transporter gene induced by aluminum. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (5) Tsutsui, T., Huang, C.F., Yamaji, N., Nagamura, Y. and Ma, J.F. Genome-wide transcriptional analysis of Al-responsive genes in rice. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (6) Fujii, M., Yamaji, N., Sato, K. and Ma, J.F. Mechanism regulating *HvAACT1* expression in barley. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (7) Shen, R.F., Dong, X.Y., Sun, Q.B., Chen, R.F. and Ma, J.F. Al resistance mechanisms in *Lespedeza Bicolor*. 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Guangzhou, China. May 17-21, 2009.
- (8) Ma, J.F., Yamaji, N. and Mitani, N. Transporters involved in uptake and distribution of silicon in rice. Plant Biology 2009. Honolulu, Hawaii. July 18-22, 2009.
- (9) Fujii, M., Yamaji, N., Sato, K. and Ma, J.F. Mechanism regulating *HvAACT1* expression in barley. Plant Biology 2009. Honolulu, Hawaii. July 18-22, 2009.
- (10) Yokosho, K., Ueno, D., Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J.F. Functional analysis of *MATE* family, citrate transporter genes in rice. Plant Biology 2009. Honolulu, Hawaii. July 18-22, 2009.
- (11) Ma, J.F. Silicon uptake and translocation in plants. XVI International Plant Nutrition Colloquium 2009. California, USA. August 26-30, 2009.
- (12) Ueno, D., Kono, I., Yokosho, K., Ando, T., Yano, M. and Ma, J.F. Identification of a novel QTL for shoot Cd accumulation in rice. XVI International Plant Nutrition Colloquium 2009. California, USA. August 26-30, 2009.
- (13) Mitani, N., Yamaji, N. and Ma, J.F. Maize silicon transporters. XVI International Plant Nutrition Colloquium 2009. California, USA. August 26-30, 2009.
- (14) Ma, J.F. Transporters involved in the uptake and detoxification of minerals in higher plants. XVIII Reunion de la Sociedad Espanola de Fisiologia Vegetal (SEFV). Zaragoza, Spain. Sep. 8-11, 2009.
- (15) Ma, J.F. and Yamaji, N. Plant silicon transporters. 3rd Workshop on the Aqueous Chemistry and Biochemistry of Silicon. San Diego, USA. Dec. 9-11, 2009.
- (16) Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J.F. Silicon distribution by a rice aquaporin, Lsi6. 3rd Workshop on the Aqueous Chemistry and Biochemistry of Silicon. San Diego, USA. Dec. 9-11, 2009.
- (17) Mitani, N., Chiba, Y., Yamaji, N. and Ma, J.F. An efflux transporter of silicon in barley roots. 3rd Workshop on the Aqueous Chemistry and Biochemistry of Silicon. San Diego, USA. Dec. 9-11, 2009.

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) Watanabe, T., Sato, K., Katsuhara, M., Yamaguchi, M., Ookawa, T., Takeda, K., Hirasawa, T. Varietal differences in the rates of root growth and leaf photosynthesis, hydraulic conductivity and expressions of aquaporins in barley seedlings under salt stress conditions. Plant Biology 2009. Hawaii, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (2) Islam, M. M., Munemasa, S., Hossain, M.A., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Functions of Vacuolar Two Pore Channel 1 (TPC1), in Arabidopsis Stomatal Closure. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (3) Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Arabidopsis Calcium Dependent Protein Kinase, CPK6 Functions in Methyl Jasmonate Signaling in Guard Cells. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (4) Mori, I. C., Sugiyama, Y., Munemasa, S., Uraji, M., Watanabe-Sugimoto, M., Nakamura, Y., Iwai, S., Murata, Y. Analysis of guard cell signaling events of fia, the ABA-insensitive mutant of Vicia faba. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul.

18-22, 2009.

- (5) Uraji, M., Islam, M. M., Tani, C., Watanabe-Sugimoto, M., Jahan, S., Masuda, C., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. TGG1 and TGG2 redundantly function in ABA and MeJA signaling in Arabidopsis guard cells. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (6) Okuma, E., Jahan, S., Munemasa, S., Ogawa, K., Watanabe-Sugimoto, M., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Role of glutathione in ABA-induced stomatal closure in Arabidopsis thaliana. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (7) Okamoto, H., Saito, N., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Roles of RCN1, Regulatory A Subunit of Protein Phosphatase 2A, in Methyl Jasmonate Signaling and Signal Crosstalk between Methyl Jasmonate and Abscisic Acid. Plant Biology 2009. Honolulu, USA, Jul. 18-22, 2009.
- (8) Arias-Barreiro, C. R., Nishizaki, H., Okubo, K., Aoyama, I., Hirai, Y., Murata, Y., Mori, I. C. Heavy metal pollution in Bangladesh and effects of heavy metals on rice plants. 4th Group 4seminar "Environmental Toxicity Evaluation and Risk management" Melaka, Malaysia, Oct. 14-16, 2009.
- (9) Arias-Barreiro, C. R., Kousaftis, A., Okazaki, K., Aoyama, I., Mori, I. C. Development of an oxidative stress biosensor using a redox-sensitive GFP probe. 4th Group 4seminar "Environmental Toxicity Evaluation and Risk management" Meleka, Malaysia, Oct. 14-16, 2009.

環境シグナル伝達機構グループ (Group of Environmental Signaling Systems)

- (1) Sakamoto, W. Dissection of an Arabidopsis leaf-variegated mutant unravels important roles of metalloprotease FtsHs in photosynthesis and chloroplast development. A special lecture at Shanghai Institute of Plant Physiology and Ecology, Chinese Academy of Science, Shanghai, China, April 14, 2009.
- (2) Sakamoto W. Dynamic behavior of organellar DNAs during pollen development: cytological and genetic studies in Arabidopsis. International Conference for Plant Mitochondrial Biology, Lake Tahoe, California, USA, May 9-14, 2009.
- (3) Sakamoto, W. Quality Control of chloroplast proteins and importance of prokaryotic proteases. 5th Germany-Japan Binational Seminar, From Photoreaction to Biomass: Phototrophs in Ecosystems and Biotechnology, Tsukuba, Ibaraki, Japan, June 3-7, 2009.
- (4) Sakamoto, W. Dissection of an Arabidopsis leaf-variegated mutant unravels important roles of metalloprotease FtsHs in photosynthesis and chloroplast development. A special lecture at Institute of Botany, Chinese Academy of Science, Beijing, China, June 22, 2009.

細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)

- (1) Shagimardanova, E., Gusev, O., Bingham, G. Levinskikh, M., Sychev, V., Podolsky, I. and Sugimoto, M. Space environment in international space station is not stressful for barley. 17th IAA Humans in Space Symposium, Moscow, Russia, June 7-11, 2009.
- (2) Sugimoto, M. Growth and gene expression of barley exposed to space. The 26th RIB International Symposium. Okayama, Japan, November 28, 2009.

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) Yamamoto, Y., Abdel-Basset, R., Rikiishi, S., Ozuka, S., Demiral, T., Furuichi, T., Sawatani, I., Baskin, T. I., Matsumoto, H. and Sasaki, T. Aluminum reduces sugar uptake in tobacco: a potential cause of cell elongation inhibition but not of cell death. The 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH, Guangzhou, China. May, 17-21, 2009.
- (2) Ryan, P.R., Raman, H., Sasaki, T., Yamamoto, Y., Gupta, S., Lagudah, E. and Delhaize, E. Evolution of aluminium resistance in hexaploid wheat. The 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH, Guangzhou, China. May, 17-21, 2009.

-
- (3) Babourina, O., Rengel, Z., Yamamoto, Y. and Matsumoto, H. Aluminium stress alters physiological oscillations in intracellular Ca^{2+} . The 7th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH, Guangzhou, China. May, 17-21, 2009.
 - (4) Furuchi, T., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Electrophysiological Analysis of ALMT1, Plant-Specific Anion Channel. The 40th NIPS International Symposium, Physiology of Anion Transport and Cell Volume Regulation (PAT-CVR 2009), Okazaki, Japan. Aug., 3-6, 2009.

環境反応解析部門 (Division of Environmental Response Analysis)
環境昆虫機能グループ (Group of Insect Physiology and Molecular Biology)

- (1) Sonoda, S., Yoshida, H. and Izumi, Y. Identification of indicator species useful for measuring biodiversity in peach orchards of Western Japan. The 6th Asia-Pacific Congress of Entomology. Beijing, China, Oct. 18-22, 2009.
- (2) Yoshida, H. and Sonoda, S. Host plant preference and learning behavior of *Helicoverpa armigera*. The 6th Asia-Pacific Congress of Entomology. Beijing, China, Oct. 18-22, 2009.
- (3) Sonoda, S. Molecular analysis of pyrethroid resistance conferred by target insensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella*. Japan-Korea Joint Seminar – New Trends in Insecticide Resistance Management – , Seoul, Korea, Nov.19-21, 2009.
- (4) Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H. Seasonal changes of phospholipids in last instar larvae of the rice stem borer, *Chilo suppressalis* Walker (Lepidoptera : Pyralidae). 46th Annual Meeting of the Society for Cryobiology. Sapporo, Japan, Jul. 19-23, 2009.
- (5) Matsukura, K., Tsumuki, H., Izumi, Y. and Wada, T. Lethal factor at low temperature in freshwater apple snail, *Pomacea canaliculata* (Gastropoda: Ampullariidae). 46th Annual Meeting of the Society for Cryobiology. Sapporo, Japan, Jul. 19-23, 2009.
- (6) Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H. Triacylglycerols of diapausing and non-diapausing larvae of the rice stem borer, *Chilo suppressalis*; their fatty acid composition and thermal properties. 3rd International Symposium on the Environmental Physiology of Ectotherms and Plants. Tsukuba, Japan, Aug. 24-28, 2009.

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

- (1) Eusebio-Cope, A., Suzuki, N., Sadeghi-Garmaroodi, H., and Taga, M. 2009. Electrophoretic and cytological karyotyping of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. The Annual Meeting of Fungal Genetics Society. March 3-5, Asilomar, CA, USA.
- (2) Liying Sun, Toru Tanaka and Nobuhiro Suzuki. 2009. Rearrangements of genome segments S1 to S3 of *Mycoreovirus 1* induced by the multifunctional protein p29 encoded by the prototypic hypovirus CHV1-EP713. Tenth International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses. June 21st-25th, Hamilton Island, Great Barrier Reef Australia.
- (3) Sotaro Chiba, Lakha Salaipeth, Yu-Hsin Lin, Satoko Kanematsu, Atsuko Sasaki, and Nobuhiro Suzuki 2009 A novel virus, with virocontrol agent potential, isolated from the white root rot disease fungus, *Rosellinia necatrix*. Tenth International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses. June 21st-25th, Hamilton Island, Great Barrier Reef Australia.
- (4) Lakha Salaipeth, Lin Yu-Hsin, Ana Eusebio-Cope, Toru Tanaka, Sotaro Chiba, and Nobuhiro Suzuki. 2009. Viral and host factors involved in symptom induction and replication of RNA viruses infecting phytopathogenic fungi. International Symposium on Fungal Genetics and Genomics. Nov 13, Seoul National University, Korea.

微生物機能開発グループ (Group of Applied Microbiology)

- (1) Kimbara, K., Iijima, S., Kanesaka, T., and Tani A. Detection and assessment of physiological activity of thermophilic bacteria during aromatic compounds degradation. JSPS-NRCT Asian Core Program Joint Seminar, Bangkok, Thailand, March 18-19, 2009.
- (2) Somyoontsap, P., Tani, A., Minami, T., Kimbara, K., and Kawai, F.: Involvement of PEG-carboxylate dehydrogenase in

PEG metabolism by *Sphingopyxis macrogoltabida* strain 103. JSPS-NRCT Asian Core Program Joint Seminar, Bangkok, Thailand, March 18-19, 2009.

- (3) Tani, A. and Kimbara, K. MALDI-TOF/MS-based phylogenetic analysis of *Methylobacterium* species collected from plant samples. NIAES International Symposium on Challenges for Agro-Environmental Research in Monsoon Asia, Tsukuba, Japan, October 5-7, 2009
- (4) Iijima, S., Shimomura, Y., Tani, A. and Kimbara, K. Flow cytometry and cell-sorting method for isolating live bacteria with *meta*-cleavage activity on dihydroxy compounds of biphenyl. Asia Pacific Biochemical Engineering Conference, Kobe, Japan, November 24-28, 2009.

大麦・野生植物資源研究センター（Barley and Wild Plant Resource Center）
大麦グループ（Group of Barley Resources）

- (1) Sato K, Matsumoto, T., Ooe, N. and Takeda K. Map based cloning of dormancy QTL in barley. 6th International Triticeae Symposium, Kyoto, May 30 – June5, 2009
- (2) Sato, K. and Takeda, K. Features of East Asian barley and their genetic analyses. 6th International Triticeae Symposium, Kyoto, May 30 – June5, 2009
- (3) Saisho D, Pourkheirandish M, Komatsuda T: Evolutionary process of six-rowed spike in domesticated barley. 6th International Triticeae Symposium. Kyoto, Japan, May 31 – June 5, 2009.
- (4) Sato, K. and Endo, T. Sequencing of bulked BAC clones on chromosome 3H of barley physical and genetic maps. 19th International Triticeae Mapping Initiative - 3rd COST TritigenITMI-COST Tritigen joint meeting 2009, Clermont-Ferrand, France, August 31 - September 4, 2009.

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

- (1) Taketa, S., Y. Nakauchi and R. von Bothmer. Molecular cytogenetic investigation on the origin of two tetraploid *Hordeum* species, *H. secalinum* and *H. capense*. 6th Int. Triticeae Symp. Kyoto, June 1-5, abstract p.10. 2009.
- (2) Kakeda, K., S. Taketa and T. Komatsuda. Molecular phylogeny of the genus *Hordeum* using thioredoxin-like gene sequences. 6th Int. Triticeae Symp. Kyoto, June 1-5, abstract p.12. 2009.
- (3) Tonooka, T., E. Aoki, T. Yoshioka, S. Taketa and C. Kiribuchi-Otobe. Characterization of a β -glucanless mutant in barley. 6th Int. Triticeae Symp. Kyoto, June 1-5, abstract p.105. 2009.

講演およびシンポジウム発表 (*List of Domestic Conferences and Symposia*)

機能開発・制御部門 (Division of Functional Biology and Genetics) 核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)

- (1) 長岐清孝：植物の染色体構造に関する研究（日本遺伝学会奨励賞受賞講演）、日本遺伝学会第81回大会、松本市、2009年9月16-18日。(Nagaki, K.: Analysis of chromosome structures in plants. 81st Annual Meeting of the Genetics Society of Japan, Sept. 16-18, 2009, Matsumoto)
- (2) 長岐清孝・柏原壱成・村田稔：クロマチン免疫沈降によるタバコ動原体DNA配列の単離。日本遺伝学会第81回大会、松本市、2009年9月16-18日。(Nagaki, K., Kashihara, K. and Murata, M.: Isolation of a tobacco centromeric DNA sequence using chromatin immunoprecipitation. 81st Annual Meeting of the Genetics Society of Japan, Sept. 16-18, 2009, Matsumoto)
- (3) 長岐清孝・柏原壱成・村田稔：タバコにおける動原体タンパク質MIS12ホモログの解析。第60回染色体学会、松江市、2009年11月12-14日。(Nagaki, K., Kashihara, K. and Murata, M.: Characterization of the centromeric proteins MIS12 in tobacco. 60th Annual Meeting of the Chromosome Society of Japan, Nov. 12-14, 2009, Matsue)
- (4) 村田稔・横田悦子・長岐清孝：T-DNAの挿入によって引き起こされた染色体変異とその誘発機構。Possible mechanism for induction of chromosomal aberrations through T-DNA insertions in *Arabidopsis thaliana*. 60th Annual Meeting of the Chromosome Society of Japan, Nov. 12-14, 2009, Matsue)

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

- (1) 馬 建鋒：植物ミネラルストレス耐性とトランスポーター。植物ストレス科学研究ネットワーク発足シンポジウム「ストレスと戦う植物の戦略と次世代作物の作出」、倉敷、2009年2月23日～24日
- (2) 上野大勢・山地直樹・馬 建鋒：カドミウム超集積植物 *Thlaspi caerulescens* (ecotype, Ganges) 由来のP-type ATPase HMA3の単離と機能解析。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (3) 筒井友和・黄 朝鋒・山地直樹・長村吉晃・馬 建鋒：マイクロアレイによるイネアルミニウム応答遺伝子の網羅的解析。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (4) 三谷奈見季・山地直樹・千葉由佳子・馬 建鋒：オオムギ由来排出型ケイ酸輸送体 HvLsi2の更なる機能解析。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (5) 藤井美帆・山地直樹・佐藤和広・馬 建鋒：オオムギアルミニウム活性型クエン酸トランスポーター遺伝子 (*HvAACT1*) の発現調節機構に関する研究。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (6) 山地直樹・馬 建鋒：ケイ酸輸送体 Lsi6 によるイネ生殖生长期のケイ酸分配。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (7) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒：イネアルミニウム耐性におけるOsFRDL4の機能解析。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (8) 神谷岳洋・田中真幸・三谷奈見季・馬 建鋒・前島正義・藤原 徹：亜ヒ酸の輸送と耐性に関与するアクリアポリン、NIP1;1。第50回日本植物生理学会年会、名古屋、2009年3月21日～24日
- (9) 馬 建鋒：アルミニウム耐性に関与する細菌型ABCトランスポーター。トランスポーター研究会、東京、2009年5月23日～24日
- (10) Huang, C.F., Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J.F.: A bacterial-type ABC transporter is involved in the aluminum tolerance in rice. 第5回武田科学振興財団薬科学シンポジウム、東京、2009年5月25日～26日
- (11) 馬 建鋒：アルミニウムストレス耐性の分子機構。日本土壤肥料学会シンポジウム講演、京都、2009年9月15日～18日
- (12) 馬 建鋒・吾郷幸子・山地直樹・三谷奈見季・岩崎貢三：ブルームレスキュウリ用カボチャ台木のケイ酸吸収特性のさらなる解析。日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (13) 山地直樹・馬 建鋒：イネのケイ素分配の分子機構（I）。日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (14) 上野大勢・山地直樹・馬 建鋒：Cd超集積植物 *Thlaspi caerulescens* (ecotype, Ganges) 由来のP-type ATPase HMA3の機能。日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (15) 小山絵美・上野大勢・河野いづみ・横正健剛・安藤 露・矢野昌裕・馬 建鋒：イネカドミウム集積に関与する新規QTLの解析。日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (16) 黄 朝鋒・山地直樹・田島茂行・矢野昌裕・馬 建鋒：Cloning and functional analysis of a rice gene involved in the

- tolerance to multiple metal toxicity. 日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (17) Jixing Xia・山地直樹・馬 建鋒: A rice Nramp gene is involved in Al tolerance. 日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (18) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒: イネの鉄輸送とアルミニウム無毒化における OsFRDL2 の役割. 日本土壤肥料学会年会、京都、2009年9月15日～18日
- (19) 三谷奈見季: ケイ酸輸送体の更なる解析. 特定領域研究「植物膜輸送」ワークショップ、伊豆、2009年10月1日～3日
- (20) 山地直樹: 節のケイ酸分配機構. 特定領域研究「植物膜輸送」ワークショップ、伊豆、2009年10月1日～3日
- (21) 馬 建鋒: アルミニウム耐性に関与するトランスポーター. 特定領域研究「植物膜輸送」ワークショップ、伊豆、2009年10月1日～3日
- (22) 上野大勢・小山絵美・馬 建鋒: イネカドミウム高集積系統 Jarjan の生理学的解析. 2009年度日本土壤肥料学会関西支部会、高知、2009年12月11日

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) Islam, M. M., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Changes in cytosolic calcium and cytosolic pH during ABA- and MeJA-induced stomatal closure in Arabidopsis. 日本農芸化学会中四国支部第23回講演会、高知、1月24日、2009. (23th Meeting of Chu-shikoku branch, Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Jan. 24, 2009, Kochi)
- (2) Sobahan, M. A., Arias, C. R., Okuma, E., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Effects of exogenous proline and glycinebetaine on antioxidant enzyme activity in rice seedlings under salt stress. 日本農芸化学会中四国支部第23回講演会、高知、1月24日、2009. (23th Meeting of Chu-shikoku branch, Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Jan. 24, 2009, Kochi)
- (3) 白武勝裕・水野祐輔・宮下嘉代子・森智治・榎原郁恵・中川喜夫・安田拓史・後藤陽加・小八重善裕・且原真木・篠野静香・山木昭平: 花と果実におけるアクアポリンの発現・調節と機能. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009. (Shiratake, K., Mizuno, Y., Miyashita, K., Mori, C., Sakakibara, I., Nakagawa, Y., Yasuda, T., Goto, H., Kobae, Y., Katsuhara, M., Sasano, S., Yamaki, S. Expression, Regulation and Function of Aquaporin in Flower and Fruit. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi)
- (4) 堀江智明・金子智之・杉本元氣・柴坂三根夫・且原真木: オオムギアクアポリンの機能と塩ストレス応答. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009. (Horie, T., Kaneko, T., Sugimoto, G., Shibasaki, M., Katsuhara, M. Function and regulation of PIP-type water channels in roots of barley under salinity stress. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi)
- (5) 金子智之・堀江智明・且原真木: オオムギ根の水輸送活性は塩ストレス下において翻訳後修飾によって抑制されている. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009. (Kaneko, T., Horie, T., Katsuhara, M. Water permeability of barley roots is down-regulated by post-translational modification under salinity stress. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi)
- (6) 柴坂三根夫・堀江智明・且原真木: 原形質膜局在型アクアポリンPIP1とPIP2の共発現による活性化メカニズムの解析. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009. (Shibasaki, M., Horie, T., Katsuhara, M. Studies on Activation Mechanism of Water Channel by Coexpression of PIP1 and PIP2. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi)
- (7) 宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行: ロイヌナズナ AHK5は孔辺細胞内のABAシグナルリングにおいて負の制御因子として機能する. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009 (Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Arabidopsis histidine kinase AHK5 functions as a negative regulator of ABA signaling in guard cells. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi).
- (8) 斎藤直毅・中村宜督・森 泉・村田芳行: ロイヌナズナにおけるジャスモン酸シグナル伝達経路でのプロテインホスファターゼ2Aの役割. 日本植物生理学会2009年度年会、愛知、3月21日-24日、2009 (Saito, N., Nakamura, Y., Mori, I. C., Murata, Y. Roles of RCN1, a Protein Phosphatase 2A A subunit, in Methyl Jasmonate Signaling in Arabidopsis Guard Cells. Annual Meeting 2009 of The Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 21-24, 2009, Aichi).

-
- (9) 森 泉（屋上緑化プロジェクト）：倉敷地域に自生する絶滅危惧植物を用いた屋上緑化. 花博記念協会基調講演・助成事業成果発表会 2009、東京、11月 21 日、2009. (Mori, I. C. Roof greening using threatened plants in Kurashiki area. 2009 symposium and meeting of Expo '90 Foundation, Nov. 21, 2009, Tokyo)
- (10) 且原真木：水と植物の 2 つの視点から、見えること 考えること . 第四回岡山大学いちょう並木研究サロン、岡山、11月 25 日、2009. (Katsuhara, M., View and insights through water and plants. 4th academic salon of icho-namiki, Okayama University, Nov. 25, 2009, Okayama)
- (11) 河瀬美姫・半場祐子・且原真木：アクアポリンが光合成機能に果たす役割の定量的評価 . 日本生態学会近畿地区会 2009 年第 2 回例会、滋賀、12月 13 日、2009. (Kawase, M., Hanba, Y. T., Katsuhara, M. Quantitative evaluation of aquaporins in photosynthetic functions. 2nd meeting of Kinki branch 2009, Ecological Society of Japan Dec. 13, 2009, Shiga)

作物ゲノム育種グループ (Group of Crop Genome Modification)

- (1) 力石和英・松浦恭和・前川雅彦：コムギ種子休眠性の制御に関する遺伝子の解析 . 日本育種学会第 116 回講演会、札幌、9月 25 日 – 26 日、2009. p214. (Rikiishi, K., Matsuura, T. and Maekawa, M. Analysis of the genes involved in regulation of wheat seed dormancy. The 116th meeting of Japanese Society of Breeding. Sep. 25-26, 2009, Sapporo)
- (2) 西村秀希・梅根一夫・飯田滋・前川雅彦：イネの *aDart* 活性を制御する *Dart canceller (Dac)* のマッピング . 日本育種学会第 116 回講演会、札幌、9月 25 日 – 26 日、2009. P169. (Nishimura, H., Tsugane, K., Iida, S. and Maekawa, M. Mapping of a *Dart canceller (Dac)* suppressing the transposase activity of *aDart* in rice. The 116th meeting of Japanese Society of Breeding. Sep. 25-26, 2009, Sapporo)
- (3) 宇都木繁子・前川雅彦：コムギにおける水チャネル遺伝子ファミリーの解析 . 日本育種学会第 115 回講演会、つくば、3月 27-3 月 28 日 (ポスター発表)、2009. (Utsugi, S., and Maekawa, M. Analysis of the water channel gene family in wheat. The 115th meeting of Japanese Society of Breeding. Mar. 27-28, 2009, Tsukuba)
- (4) 宇都木繁子・且原真木・前川雅彦：コムギ種子特異的な液胞型アクアポリン (TIP) の解析 . 日本育種学会第 116 回講演会、札幌、9月 25 日 – 26 日 (ポスター発表)、2009. (Utsugi, S., Katsuhara, M. and Maekawa, M. Analysis of a seed-specific tonoplast intrinsic protein (TIP) in wheat. The 116th meeting of Japanese Society of Breeding. Sep. 25-26, 2009, Sapporo)

環境シグナル伝達機構グループ (Group of Environmental Signaling Systems)

- (1) 三浦栄子・加藤裕介・坂本亘・一瀬勇規：シロイスナズナ斑入り変異体の葉緑体における活性酸素の生成と病害細菌抵抗性 . 第 50 回日本植物生理学会年会、名古屋、3月 21 – 24 日、2009. (Miura, E., Kato, Y., Sakamoto, W., Ichinose, Y. : The leaf variegated *Arabidopsis var2* mutant accumulates ROS and exhibits pathogen resistance. 50th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 21-24, 2009, Nagoya)
- (2) 加藤裕介・三浦栄子・坂本亘：D1 タンパク質分解の調節機構における STN8 リン酸化酵素の影響 . 第 50 回日本植物生理学会年会、名古屋、3月 21 – 24 日、2009. (Kato, Y., Miura, E., Sakamoto, W. : A possible role of phosphorylation mediated by STN8 in D1 degradation. 50th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 21-24, 2009, Nagoya)
- (3) 松島 良・Lay Yin Tang・蘇都莫日根・David Twell・坂本亘：花粉においてオルガネラ DNA の分解を担う遺伝子の単離と解析 . 第 50 回日本植物生理学会年会、名古屋、3月 21 日 – 3 月 24 日、2009. (Matsushima, R., Tang, L. Y., Sodmergen2, Twell, T., Sakamoto, W. : Molecular dissection of organellar DNA degradation during *Arabidopsis* pollen development. 50th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 21-24, 2009, Nagoya)
- (4) 中野亮平・松島 良・上田晴子・林八寿子・田村謙太郎・嶋田知生・西村いくこ：小胞体の形態と細胞内分布に異常を示す *endoplasmic reticulum morphology (ermo)* 変異体の解析、第 50 回日本植物生理学会年会、名古屋、3月 21 日 – 3 月 24 日、2009. (Nakano, R. T., Matsushima, R., Ueda, H., Hayashi, Y., Tamura, K., Shimada, T., Hara-Nishimura, I. : Analysis of *endoplasmic reticulum morphology (ermo)* mutants that show defects of ER morphology and distribution. 50th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 21-24, 2009, Nagoya)

-
- (5) 坂本亘・松島良：植物の雄性配偶体形成におけるオルガネラDNAのダイナミクス．第81回日本遺伝学会、松本、9月16日－9月18日、2009. (Sakamoto, W., Matsushima, R. : Dynamic behavior of organellar DNA during plant male gametogenesis. 81th Annual Meeting of the Genetics Society of Japan, September 16-18, 2009, Matsumoto)
- (6) 高祖崇好・加藤裕介・坂本亘：*FtsH*遺伝子のノックダウンによる斑入りタバコ系統の作出．第81回日本遺伝学会、松本、9月16日－9月18日、2009. (Construction of variegated Tobacco plant by the knockdown of *FtsH* gene. 81th Annual Meeting of the Genetics Society of Japan, September 16-18, 2009, Matsumoto)
- (7) 松島良・前川雅彦・藤田直子・山下純・坂本亘：デンプン粒の形状多様性を支配する分子機構の解明にむけて．植物細胞生物学若手の会、奈良、12月21日－22日、2009. (Matsushima, R., Maekawa, M., Fujita, N., Yamashita, J., Sakamoto, W. : Molecular mechanism to determine the starch granule morphologies in cereals. Plant Cell Biology Meeting of Young scientists. December 21-22, 2009, Nara)

細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)

- (1) 今野晴義・中戸孝子・中島進．イスノキ培養細胞の產生する β -ガラクトシダーゼのイオン交換およびゲル濾過クロマトグラフィーによる精製．第4回分取クロマトグラフィー研究発表会、倉敷、2009年11月14日．(Konno, H., Nakato, T. and Nakashima, S. 2009. Purification of β -galactosidase by sequential ion-exchange and gel-permeation chromatography from *Distylium racemosum* callus. The Fourth Meeting of Preparative Chromatography Association, Kurashiki, November 14, 2009)
- (2) 今野晴義・中島進．コケ・シダ植物細胞壁における銅応答の分子機構．第4回分取クロマトグラフィー研究発表会、倉敷、2009年11月14日．(Konno, H. and Nakashima, S. The mechanism of copper response on the moss and fern. The Fourth Meeting of Preparative Chromatography Association, Kurashiki, November 14, 2009)
- (3) 木原誠・清水千賀子・林勝弘・伊藤一敏・Gusev, O.・Levinskikh, M.・Sychev, V.・杉本学．宇宙大麦の特性解析II：宇宙環境に曝露した大麦種子の後代における食品安全性試験．日本農芸化学会2009年度大会、福岡，3月27-29日，2009. (Kihara, M., Shimizu, C., Hayashi, K., Ito, K., Gusev, O., Levinskikh, M., Sychev, V. and Sugimoto, M. Analysis of space barley II : Food safety assessment of the progeny of space barley (*Hordeum vulgare* L. cv. Haruna Nijo) – . Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry 2009, Fukuoka, March 27-29, 2009.)
- (4) 木原誠・保木健宏・島瀬雅行・林勝弘・伊藤一敏・Gusev, O.・Levinskikh, M.・Sychev, V.・杉本学．宇宙大麦の特性解析III：宇宙環境に曝露した大麦種子の後代より醸造されたビール「Space Barley」の特性評価．日本育種学会第116回講演会、札幌、9月25-26日、2009.(Kihara, M., Houki, T., Shimase, M., Hayashi, M., Ito, K., Gusev, O., Levinskikh, M., Sychev, V. and Sugimoto, M. Analysis of space barley III: Characteristics of 'Space Barley' brewed from progeny of Space Barley (*Hordeum vulgare* L. cv. Haruna Nijo). 116th Annual meeting of Japanese Society of Breeding, Sapporo, September 25-26, 2009)
- (5) Sugimoto, M., Shagimardanova, E., Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Tiansu, Z., Kihara, M., Hayashi, K. and Ito, K. Oxidative Stress to Barley Grown in International Space Station. 日本宇宙生物科学会第23回大会，つくば，10月2-3日，2009. (Sugimoto, M., Shagimardanova, E., Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Tiansu, Z., Kihara, M., Hayashi, K. and Ito, K. Oxidative Stress to Barley Grown in International Space Station. 22th Annual meeting of Japanese Society for Biological Science in Space, Tsukuba, October 2-3, 2009)

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) 山本洋子、藤川雅子、古市卓也、佐々木孝行：植物細胞におけるアルミニウムの糖代謝への影響．日本植物生理学会年会、名古屋、3月21日-24日、2009. (Yamamoto, Y., Fujikawa, M., Furuchi, T. and Sasaki, T.: Effects of aluminum on sugar metabolism in plant cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 21-24, 2009, Nagoya)
- (2) 古市卓也、佐々木孝行、土屋善幸、山本洋子：コムギALMT1の電気生理学的機能解析．日本植物生理学会年会、名古屋、3月21日-24日，2009. (Furuchi, T., Sasaki, T., Tsuchiya Y. and Yamamoto, Y.: Electrophysiological analyses of wheat ALMT1 malate transporter. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 21-24, 2009, Nagoya)
- (3) 佐々木孝行、古市卓也、源治尚久、戸澤譲、山本洋子：異種発現系を用いたコムギALMT1タンパク質の精製．日本

-
- 植物生理学会年会、名古屋、3月21日-24日、2009. (Sasaki, T., Furuich, T., Genji, T., Tozawa, Y. and Yamamoto, Y.: Characterization of the wheat ALMT1 protein expressed in heterologous systems. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 21-24, 2009, Nagoya)
- (4) 古市卓也：高等植物における機会刺激受容チャネルの役割、第28回植物生理若手の会、名古屋、3月22日、2009. (Furuichi, T.; Physiological roles of mechanosensitive channels in plants, Annual Meeting of the Society of Young Plant Physiologists, March 22, 2009, Nagoya)
- (5) 山本洋子、齊格奇 白、藤川雅子、小松和枝、古市卓也、佐々木孝行：植物におけるアルミニウムの糖代謝への影響（1）糖の取り込みと消費への影響。日本土壤肥料学会年会、京都、9月15日-18日、2009. (Yamamoto, Y. Qi Ge Qi, H., Fujikawa, M., Komatsu, K., Furuichi, T. and Sasaki, T.; Effects of aluminum on sugar metabolism (1) : Uptake and consumption of sugars. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. September 15-18, 2009, Nagoya)
- (6) 齊格奇 白、佐々木孝行、山本洋子：植物におけるアルミニウムの糖代謝への影響（2）インベルターゼ活性への影響。日本土壤肥料学会年会、京都、9月15日-18日、2009. (Qi Ge Qi, H., Sasaki, T. and Yamamoto, Y.; Effects of aluminum on sugar metabolism (2) : Invertase activities. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. September 15-18, 2009, Nagoya)

環境反応解析部門 (Division of Environmental Response Analysis)
環境昆虫機能グループ (Group of Insect Physiology and Molecular Biology)

- (1) 園田昌司・井垣智賀子・積木久明：コナガの合成ピレスロイド剤抵抗性に関する新たなナトリウムチャネルの変異について。日本応用動物昆虫学会大会、札幌、3月28日-30日、2009. (Sonoda, S., Igaki, C. and Tsumuki, H.: A novel mutation in the sodium channel gene involving in pyrethroid resistance of the diamondback moth. Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. Mar. 28-30, 2009, Sapporo)
- (2) 園田昌司：コナガの合成ピレスロイド剤抵抗性とナトリウムチャネルの発現。日本応用動物昆虫学会大会、札幌、3月28日-30日、2009. (Sonoda, S.: Pyrethroid resistance and expression of the sodium channel in the diamondback moth. Annual Meeting of the Japanese Society of Zoology. Mar. 28-30, 2009, Sapporo)
- (3) 園田昌司：殺虫剤抵抗性害虫の出現とその対策。吉備創生カレッジ－病害虫防除の最前線－、岡山、5月23日、2009. (Sonoda, S.: Guideline for appearance of insects resistant to insecticides. The Consortium of Universities in Okayama. May 23, 2009, Okayama)
- (4) 泉洋平、舟山健、中田健、積木久明：クサギカメムシとチャバネアオカメムシの低温耐性の比較。第53回日本応用動物昆虫学会大会、札幌、3月28日-30日、2009. (Izumi, Y., Funayama, K., Nakata, K. and Tsumuki, H.: Comparison of cold hardiness between *Halyomorpha halys* and *Plautia crossota stali*. Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. Mar. 28-30, 2009, Sapporo)
- (5) 泉洋平、吉田英哉、園田昌司：休眠誘導の異なるオオタバコガ蛹の低温耐性の比較。日本昆虫学会第69回大会、津、10月9日-12日、2009. (Izumi, Y., Yoshida, H. and Sonoda, S.: Comparison of cold hardiness between two different diapause induction pupae of the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. Annual Meeting of the Entomological Society of Japan, Oct. 9-12, 2009, Tsu)
- (6) 大庭伸也、泉 洋平、積木久明、宮竹貴久：タガメの繁殖に適した餌の解明。日本昆虫学会第69回大会、津、10月9日-12日、2009. (Ohba, S., Izumi, Y., Tsumuki, H. and Miyatake T.: Clarification of best food for breeding of giant water bug. Annual Meeting of the Entomological Society of Japan, Oct. 9-12, 2009, Tsu)
- (7) 泉 洋平、片桐千仞、園田昌司、積木久明：ニカメイガ幼虫のトリアシルグリセロールの脂肪酸組成と熱物性。日本昆虫学会・日本応用動物昆虫学会中国支部合同例会、福山、10月22日、2009. (Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H.: Fatty acid composition and thermal properties of triacylglycerols in larvae of the rice stem borer, *Chilo suppressalis*. Joint Meeting of the Cugoku Branch of Japanese Society of Applied Entomology and Zoology, and Entomological Society of Japan, Oct. 22, 2009, Fukuyama)
- (8) 吉田英哉・積木久明：オオタバコガ幼虫の寄主植物選好性と学習（II）。第53回日本応用動物昆虫学会大会、札幌、3月28日-30日、2009. (Yoshida, H. and Tsumuki, H.: Host plant preference and learning behavior of larvae of *Helicoverpa armigera* (II). Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. Mar. 28-30, 2009, Sapporo)

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

- (1) イダ バクス アンディカ・近藤秀樹・鈴木信弘 シロイヌナズナ Dicer-like 遺伝子の変異が *Potato virus X* (PVX) の蓄積に及ぼす影響 平成 21 年度日本植物病理学会大会 山形大学、2009 年 3 月 26 ~ 28 日 (Andika, I. B., Kondo, H. and Suzuki, N.: Effect of Mutation in Dicer-like Genes on *Potato virus X* Accumulation in *Arabidopsis*. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. March 26-28, 2009. Yamagata.)
- (2) 近藤秀樹・野田瑞紀・広田恵介・前田孚憲・玉田哲男・鈴木信弘 徳島県のシンビジウムから分離されたランえそ斑紋ウイルス (OFV) の塩基配列の解析 平成 21 年度日本植物病理学会大会 山形大学、2009 年 3 月 26 ~ 28 日 (Kondo, H., Noda, M., Hirota, K., Maeda, T., Tamada, T. and Suzuki, N.: Nucleotide Sequence of the Orchid Fleck Virus Isolated from *Cymbidium* sp. in Tokushima Prefecture. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. March 26-28, 2009. Yamagata.)
- (3) 田中徹・孫麗英・鈴木信弘 ハイポウイルスの多機能性蛋白質 p29 により誘発されたマイコレオウイルスのゲノム再編成株 平成 21 年度日本植物病理学会大会 山形大学、2009 年 3 月 26 ~ 28 日 (Tanaka, T., Sun L.-Y., and Suzuki, N.: *Mycoreovirus 1* variants with genome rearrangements induced by the multifunctional protein p29 of the prototype hypovirus CHV1-EP713. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. March 26-28, 2009. Yamagata.)
- (4) 多賀正節・Ana Eusebio-Cope・Hamid Sadeghi-Garmaroodi・鈴木信弘 クリ胴枯病菌の細胞学的核型解析と染色体数の訂正 平成 21 年度日本植物病理学会大会 山形大学、2009 年 3 月 26 ~ 28 日 (Taga, M., Cope, A.E., Garmaroodi, H.S. and Suzuki, N.: Reexamination of the Cytological Karyotype of *Cryphonectria parasitica* and Correction of the Previously Reported Chromosome Number. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. March 26-28, 2009. Yamagata.)
- (5) 田中徹・孫麗英・鈴木信弘 ハイポウイルス多機能性蛋白質 p29 により誘導されたマイコレオウイルス 1 ゲノム再編成 第 24 回中国四国ウイルス研究会 2009 年 7 月 4-5 日 岡山市 ピュアリティまきび (Tanaka, T., Sun, L., Suzuki, N. MyRV1 genome rearrangements induced by the multifunctional protein p29 encoded by the prototype hypovirus. The 24th Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. July 4-5, 2009. Okayama)
- (6) 千葉壯太郎・Lakha Salaipeth・Yu-Hsin Lin・兼松聰子・佐々木厚子・鈴木信弘 白紋羽病菌から分離されたヴァイロコントロール能を有すると期待される新規ウイルスの性格付け 第 24 回中国四国ウイルス研究会 2009 年 7 月 4-5 日 岡山市 ピュアリティまきび (Chiba, S., L Salaipeth., Lin, Y.-H., Kanematsu, S Sasaki, A., Suzuki, N Characterization of a novel mycovirus with virocontrol potential from the white root rot fungus. The 24th Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. July 4-5, 2009. Okayama)
- (7) 千葉壯太郎・Li-hua Guo・Sun Liying・荒木浩行・鈴木信弘 ハイポウイルスゲノム長 mRNA の下流 ORF B の翻訳機構 第 24 回中国四国ウイルス研究会 2009 年 7 月 4-5 日 岡山市 ピュアリティまきび (Chiba, S., Guo, L-H., Sun, L-Y., Araki, H., Suzuki, N Translation mechanism of the downstream ORF B on the hypovirus genome-size mRNA. The 24th Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. July 4-5, 2009. Okayama)
- (8) Ana Eusebio-Cope・鈴木信弘 遺伝子再編成を利用したクリ胴枯病菌感染性マイコレオウイルスゲノムセグメント S4 の機能解析 日本植物病理学会関西部会 2009 年 10 月 17 - 18 日 神戸大学 (Eusebio-Cope, A., and Suzuki, N.: Functional analysis using rearrangements of the genome segment S4 of *Mycoreovirus 1* infecting the chestnut blight fungus. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of the Japanese Phytopathological Society. October 17-18, 2009. Kobe.)
- (9) 田中徹・孫麗英・鈴木信弘 ハイポウイルス多機能性蛋白質 p29 により誘導されるレオウイルスのゲノム再編成 第 57 回日本ウイルス学会学術集会 東京都市センター 2009 年 10 月 26-28 日 (Tanaka T., Sun, L., Suzuki, N. Genome rearrangements of *Mycoreovirus 1* induced by the hypoviral multifunctional protein p29. 57th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, October 26-28, 2009. Tokyo.)
- (10) 千葉壯太郎・Lakha Salaipeth・Yu-Hsin Lin・兼松聰子・佐々木厚子、鈴木信弘 白紋羽病菌から分離されたヴァイロコントロール潜在力を持つ新規ウイルス 第 57 回日本ウイルス学会学術集会 東京都市センター 2009 年 10 月 26-28 日 (Chiba, S., L Salaipeth, Lin, Y-H., Kanematsu, S., Sasaki, A., Suzuki, N A novel mycovirus, with virocontrol potential, isolated from the white root rot fungus. 57th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, October 26-28, 2009. Tokyo.)
- (11) 中村友紀・伊藤徳臣・近藤秀樹・井村喜之・前田孚憲 テッポウユリから分離された新規 *Carlavirus* のゲノム構造の解析 日本植物病理学会 平成 21 年度関東部会 藤沢市 2009 年 9 月 10 日 -11 日 (Kanto Division Meeting of the Phytopathological Society of Japan. September 9-11, 2009, Fujisawa)

微生物機能開発グループ (Group of Applied Microbiology)

- (1) 谷明生・金原和秀：MALDI-TOF/MS による *Methylobacterium* 属細菌のタイピング. 日本農芸化学会 2009 年度大会、福岡、2009 年 3 月 27-29 日. (Tani, A., and Kimbara, K. MALDI-TOF/MS-based phylogenetic analysis of *Methylobacterium* species collected from plant samples. Annual meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. March 27-29, 2009, Fukuoka)
- (2) 飯島想・谷 明生・金原和秀：フローサイトメトリを用いた代謝産物の蛍光に基づく微生物単離法の開発. 日本農芸化学会 2009 年度大会、福岡、2009 年 3 月 27-29 日. (Iijima, S., Tani, A. and Kimbara, K. Flow cytometry and cell-sorting method for isolating live bacteria with meta-cleavage activity on dihydroxy compounds of biphenyl. Annual meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. March 27-29, 2009, Fukuoka)
- (3) 金原和秀・狩山玲子・光畠律子・高野和潔・妹尾典久・大森啓士・桐田泰三・公文裕巳：バイオフィルム観察用新規マイクロデバイスの開発. 環境バイオテクノロジー学会 2009 年度大会、東京、2009 年 6 月 23-24 日. (Kimbara, K., Kariyama, R., Mitsuhashita, R., Takano, K., Seno, N., Omori K., Kiritia, T., and Kumon, H. Development of a microdevice for biofilm observation. Annual meeting of Japan Society for Environmental Biotechnology. June 23-24, 2009, Tsukuba)
- (4) 松井一泰・神原将希・新谷政己・谷明生・金原和秀・山根久和・野尻秀昭：IncP-7 群カルバゾール分解プラスミド pCAR1 の宿主域の解析. 環境バイオテクノロジー学会 2009 年度大会、つくば、2009 年 6 月 23-24 日. (Matsui, K., Shintani, M., Tani, A., Kimbara, K., Yamane, H., and Nojiri, H. Analysis of host-range of Carbazole degradative plasmid pCAR1 which belong to IncP-7. Annual meeting of Japan Society for Environmental Biotechnology. June 23-24, 2009, Tsukuba)
- (5) 金原和秀・狩山玲子・光畠律子・高野和潔・妹尾典久・大森啓士・桐田泰三・公文裕巳：新規マイクロデバイスを用いたバイオフィルムの観察. 日本生物工学会大会、名古屋、2009 年 9 月 23-25 日. (Kimbara, K., Kariyama, R., Mitsuhashita, R., Takano, K., Seno, N., Omori K., Kiritia, T., and Kumon, H. Observation of biofilm with a newly developed microdevice. Annual meeting of The Society for Biotechnology, Japan. September 23-25, 2009, Nagoya)
- (6) 谷明生・金原和秀：MALDI-TOF/MS による *Methylobacterium* 属細菌のタイピングと生化学的特長. 日本生物工学会大会、名古屋、2009 年 9 月 23-25 日. (Tani, A., and Kimbara, K. MALDI-TOF/MS-based phylogenetic analysis of *Methylobacterium* species collected from plant samples. Annual meeting of The Society for Biotechnology, Japan. September 23-25, 2009, Nagoya)
- (7) 金原和秀、飯島想、新谷政己、野尻秀明、谷明生、環境細菌の生き様を探る、化学工学会東海支部「第 42 回研究交流セミナー」、2009.10.16、浜松 (Kimbara, K., Iijima, S., Shintani M., Nojiri H., Tani, A. Investigation of way of bacterial life in the environment. Research Exchange Seminar of The society of Chemical engineers, Japan, Tokai Branch. October 16, 2009, Hamamatsu)
- (8) 谷明生・金原和秀：コケ植物に共生する微生物群集構造とその役割. 日本農芸化学会 2009 年度中四国支部合同大会、沖縄、2009 年 10 月 30-31 日. (Tani, A., and Kimbara, K. Microbial consortium associated with bryophytes and their roles. Annual meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, Chugoku Branch. October 30-31, 2009, Okinawa)
- (9) 松井一泰・神原将希・新谷政己・谷明生・金原和秀・山根久和・野尻秀昭：IncP-7 群カルバゾール分解プラスミド pCAR1 の宿主域の解析. 日本農芸化学会 2009 年度関東支部大会、東京、2009 年 10 月 31 日. (Matsui, K., Shintani, M., Tani, A., Kimbara, K., Ymane, H., and Nojiri, H. Analysis of host-range of carbazole degradative plasmid pCAR1 which belongs to IncP-7. Annual meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, Kanto Branch. October 31, 2009, Tokyo)

生命環境適応グループ (Group of Adaptation to Bioenvironment)

- (1) 河野貴文、Kumumadewi Yulita、中島進、江崎文一：金属ストレスや酸化ストレス等の多種のストレスに応答するアラビドブシスの *AtGST11* 遺伝子の応答に関わる転写調節因子の単離と解析. (Isolation and characterization of the genes encoding transcription factors which are related to the gene response mechanism of the Arabidopsis multiple response *AtGST11* gene against metal stress and oxidative stress) 第 50 回日本植物生理学会、名古屋、3 月 21 日 – 24 日
- (2) 田川進也、中島進、江崎文一：重金属ストレスに対するラン藻 *Oscillatoria brevis* のリプレッサー蛋白 BxmR の機能に関する分子遺伝学的解析. (Function of the repressor protein, BxmR, derived from *Oscillatoria brevis*)

-
- against heavy metal stress) 第 50 回日本植物生理学会、名古屋、3 月 21 日 – 24 日
- (3) 高橋憲公、河野貴文、東藍子、中島進、江崎文一：野生植物メリケンカルカヤ (*Andropogon virginicus* L.) の持つ金属ストレス及び酸化ストレス耐性遺伝子群の単離と解析. (Isolation and characterization of tolerance genes against metal stresses and oxidative stresses in a wild plant, *Andropogon virginicus* L) 第 50 回日本植物生理学会、名古屋、3 月 21 日 – 24 日
- (4) 田中丸重美、杉本奈保、一色隆太郎、青山勲：倉敷における酸性雨の動態解析. 日本農業気象学会 福島 2009 年 3 月 26-28 日 (Analysis of acid rain in Kurashiki. Tanakamaru, S., Sugimoto, N., Issiki, R., and Aoyama, I., Annual Meeting of Japanese Society of Agricultural Meteorology, Mar. 26-28 2009. Fukushima)
- (5) 一色隆太郎、田中丸重美 森泉：サクラソウ科の耐凍性に関する研究. 農業環境工学関連学会 2009 年合同大会 東京 9 月 15 – 18 日 (Study on freeze-tolerance of Primula. Issiki, R., Tanakamaru, S., and Mori, I. C., Joint Conference on Environmental Engineering in Agriculture 2009. Spt. 15-18, 2009. Tokyo)

大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center)

大麦グループ (Group of Barley Resources)

- (1) 佐藤和広：ゲノムに基づくムギ類育種. 日本育種学会シンポジウム、札幌、9 月 25-26 日 (Sato, K. Genome based breeding in barley and wheat. Symposium of Japanese Society of Breeding, September 25, 2009, Sapporo)
- (2) 飯牟礼隆・木原誠・伊藤一敏・林勝弘・佐藤和広・武田和義：ビールの泡持ちに関連する大麦育種 DNA マーカーの開発. 日本育種学会講演会、札幌、9 月 25-26 日 (Iimure, T., Kihara, M., Ito, K., Hayashi, K., Sato, K. and Takeda, K. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 25-26, 2009, Sapporo)
- (3) 最相大輔・Pourkheirandish M・小松田隆夫：栽培オオムギにおける六条性の進化過程. 日本育種学会第 116 回講演会、札幌、9 月 25-26 日、2009. (Saisho, D., M. Pourkheirandish, T. Komatsuda: Evolutionary process of six-rowed spike in domesticated barley. Ikushugaku Kenkyu 11: Suppl. 2: 193, 2009)
- (4) 南角奈美・元井由加・佐藤和広：オオムギ全ゲノムショットガン解析における Cot フィルトレーションの利用（予報）. ムギ類研究会、福井、11 月 27-28 日 (Nankaku, N., Motoi, Y. and Sato, K. Preliminary report for the use of Cot filtration in barley whole genome shot-gun analysis. Triticeae workshop, November 27-28, Fukui)

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) 榎本 敬：総社市の植物. 総社、3 月 22 日、2009. (Enomoto, T. Higher plants in new Sojya city. Sojya City, Japan. March 22, 2009.)
- (2) 榎本 敬：希少植物の保護. 岡山県立高梁城南高校校外学習プログラム、岡山大学資源生物科学研究所、6 月 4 日、2009. (Enomoto, T. Preservation of rare plants. Learning program at outside of Takahashi Jyonan high school. Kurashiki, June 6, 2009.)

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

- (1) 武田 真・湯尾崇央・辻野泰弘・中村和弘・前島秀和・細野哲・牛山智彦. オオムギ皮性品種 ‘ファイバースノウ’において誘発された裸性突然変異体の分子遺伝学的解析. 日本育種学会第 115 回講演会. つくば 育種学研究 11 (別 1) : 184. 2009 年 3 月 28 日 (Taketa, S., Yuo, T., Tsujino, Y., Nakamura, K., Maejima, H., Hosono, T. and Ushiyama T.: Molecular genetic analyses of a naked-caryopsis mutant induced in a covered barley cultivar Fibersnow. The 115th meeting of Japanese Society of Breeding. Sapporo March 28, 2009.)
- (2) 武田 真・松木佳奈子・天野里子・氷見英子・野田和彦・武田和義. オオムギにおける種子特異的ポリフェノール酸化酵素遺伝子の単離と解析. 日本育種学会第 116 回講演会 育種学研究 11 (別 2) 153 (2009). 札幌市 2009 年 9 月 26 日 (Taketa, S., Matsuki, K., Amano, S., Himi, E., Noda, K. and Takeda, K. Isolation and characterization of seed-specific polyphenol oxidase genes in barley. The 116th meeting of Japanese Society of Breeding. Sapporo September 26, 2009)
- (3) 湯尾崇央・塔野岡卓司・山下優子・武田 真. オオムギにおける (1-3, 1-4)- β -D- グルカンレス突然変異の原因遺伝子の特定. 日本育種学会第 116 回講演会 育種学研究 11 (別 2) 154 (2009) 札幌市 2009 年 9 月 26 日 (Yuo, T.,

-
- Toonoka, T., Yamashita, Y. and Taketa, S. Identification of a causal gene for (1-3, 1-4)- β -D-glucanless mutant in barley. The 116th meeting of Japanese Society of Breeding. September 26, 2009)
- (4) 漆川直希・村井耕二・武田真：リンピが雄ずいへと転換したオオムギ5本葯変異体 five anthers の解析とクラス A 機能遺伝子の単離に向けてのアプローチ、日本育種学会 第116回講演会、札幌市、9月25-26日 (Shitsukawa, N., Murai, K and Taketa, S., Analyses of a barley five-anther mutant, which shows transformation of lodicules into stamen, and approaches for the identification of class-A function gene. Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, Sapporo, September 25-26, 2009)
- (5) 村井耕二、漆川直希、金城博子、嶋田早苗、宅見薰雄：小花分裂組織の異時的形成が2倍体、4倍体、6倍体コムギの小穂あたりの着粒数を決定する、日本育種学会 第116回講演会、札幌市、9月25-26日 (Murai, K., Shitsukawa, N., Kinjo, H., Shimads, S. and Takumi, S. Heterochronic development of the floret meristem determines grain number per spikelet in diploid, tetraploid and hexaploid wheats. Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding. Sapporo, September 25-26, 2009)
- (6) 漆川直希、村井耕二：倍数性コムギにおける同祖遺伝子間相互作用の分子機構、特定ゲノム4領域横断植物研究会、岡崎市、8月5-6日 (Meeting of the Grants-in-Aid for Scientific Research on four Priority Areas of Plant Genome, Okazaki, August 5-6, 2009)
- (7) 漆川直希、村井耕二、武田真：オオムギにおける花器官形成遺伝子群の解析、第4回ムギ類研究会、11月27-28日、あわら市 (The 4th Triticeae Workshop of Japan, Awara, November 27-28, 2009)

研究所員が主催したシンポジウム等

(*List of Symposium Superintended by the Member of Institute*)

International Plant and Animal Genome XVII Barley Workshop

10 January 2009

Town & Country Hotel, San Diego, USA

Organizers: Alan H. Schulman, MTT & University of Helsinki and Kazuhiro Sato, Okayama University

1. Not guilty of association: Finding genes in a SNP haystack.

Alfonso Cuesta-Marcos (Department of Crop and Soil Science, Oregon State University, Corvallis OR, USA)

2. High-throughput genotyping and chromosome sorting facilitate assignment of genes and markers to barley chromosomes and their arms.

Jaroslav Dozele (Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic)

3. Barley genome sequencing: First steps.

Nils Stein (Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany)

4. Map-based cloning of the cleistogamy locus.

Ning Wang (National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS), Tsukuba, Japan)

5. Blufensin1 negatively regulates basal defense in response to barley powdery mildew.

Roger Wise (USDA-ARS / Iowa State University, Ames IA, USA)

6. The effect of introns on transgene expression in barley.

Wendy Harwood (John Innes Centre, Norwich, UK)

植物ストレス科学研究ネットワーク発足シンポジウム

日程：平成 21 年 2 月 23 日～24 日

場所：倉敷市芸文館

テーマ：ストレスと戦う植物の戦略と次世代作物の作出

オーガナイザー：馬 建鋒・鈴木信弘・坂本亘（岡山大・資生研）

1. 篠崎一雄（理研）

「植物のストレス科学研究の発展と今後の展望」

2. 馬 建鋒（岡山大学）

「植物ミネラルストレス耐性とトランスポーター」

3. 山谷知行（東北大学）

「イネのアンモニウムイオン欠乏に対する応答機構」

4. 藤原徹（東京大学）

「ホウ素トランスポーターの発現強化によるホウ素欠乏およびホウ素過剰ストレス耐性植物の作出」

5. 芦苅基行（名古屋大学）

「イネの茎葉伸長と環境適応性」

6. 上村 松生（岩手大学）

「植物細胞膜の寒冷応答：細胞膜マイクロドメインの役割」

7. 射場 厚（九州大学）

「地球温暖化と植物の環境適応の分子機構」

8. 鹿内利治（京都大学）

「光化学系 I サイクリック電子伝達による光合成の環境適応」

9. 重岡 成（近畿大学）

「HsfA2 および Nudix hydrolase を介した環境ストレス応答・耐性機構」

10. 奥野哲郎（京都大学）

「ウイルスの感染戦略から見るストレス」

11. 高橋英樹（東北大学）

「キュウリモザイクウイルス抵抗性を制御する RCY1 タンパク質の機能解析」

-
12. 石川雅之（農業生物資源研究所）
「トマトモザイクウイルス抵抗性遺伝子 Tm-1 の解析」
 13. 今野 浩太郎（農業生物資源研究所）
「植物の耐虫性防御と昆虫の適応の分子機構 – 植物と昆虫の食うか食われないかのせめぎ合い – 」

1st Symposium of Plant Stress Sciences

Strategies of Plants for Combating Stresses and Development of New Crops

Organizers: Jian Feng MA, Nobuhiro Suzuki, and Wataru Sakamoto (Okayama University)

February 23-24, 2009, Kurashiki

1. Progress of plant stress sciences research and future prospects
K. Shinozaki (Riken)
2. Plant mineral stress tolerance and transporters
J. F. Ma (RIB, Okayama Univ.)
3. Response mechanisms of rice to ammonia deficiency
T. Yamaya (Tohoku Univ.)
4. Generation of plants tolerant to boron deficiency and toxicity by manipulating boron transporters
T. Fujiwara (Univ. Tokyo)
5. Rice shoot growth and environment adaptation
M. Ashikari (Nagoya Univ.)
6. Response of plant plasma membrane to cold stress: role of plasma membrane micro domain
M. Uemura (Iwate Univ.)
7. Global warming and molecular mechanisms of environment adaptation in plants
K. Iba (Kyushu Univ.)
8. Environmental adaptation of photosynthesis through cyclic electron transduction of photochemical system I
T. Shikanai (Kyoto Univ.)
9. Responses and tolerance to environmental stresses through HsfA2 and Nudix hydrolase
S. Shigeoka (Kinki Univ.)
10. Stresses seen by virus infection strategies
T. Okuno (Kyoto Univ.)
11. Functional analysis of RCY1 protein regulating tolerance of cucumber mosaic virus
H. Takahashi (Tohoku Univ.)
12. Analysis of Tm-1, a tolerant gene for tomato mosaic virus
M. Ishikawa (NAIS)
13. Tolerant mechanism of plants to insects and molecular mechanisms of insect adaptation
K. Konno (NIAS)

日本植物生理学会第 50 回年会シンポジウム

日程：平成 21 年 3 月 21 日

場所：名古屋大学東山キャンパス

テーマ：アクアポリン研究が明らかにするさまざまな細胞生理機能と分子機構

オーガナイザー：且原真木（岡山大学資源生物科学研究所）、前島正義（名古屋大学大学院生命農学研究科）

1. 堀江 智明（岡山大学資源生物科学研究所）
「オオムギアクアポリンの機能と塩ストレス応答」
2. 北川 良親（秋田県立大学大学院生物資源科学研究所）
「微生物アクアポリンの特徴」
3. 桜井 淳子（東北農業研究センター）
「イネアクアポリンの環境ストレス下における機能」

-
4. 白武 勝裕（名古屋大学大学院生命農学研究科）
「花と果実におけるアクアポリンの発現・調節と機能」
 5. 神谷 岳洋（東京大学生物生産工学センター）
「亜ヒ酸の輸送と耐性に関するアクアポリン、NIP1;1」
 6. 岩野 恵（奈良先端大学院大学バイオサイエンス研究科）
「アブラナ科植物の受粉過程において機能するアクアポリンの探索」

Symposium in The 50th Annual Meeting of JSPP

Diverse physiological functions of aquaporins and their molecular mechanisms.

Organizers: Maki Katsuhara (Okayama University), Masayoshi Maeshima (Nagoya University)
March 21, 2009, Nagoya University

1. Function and regulation of PIP-type water channels in roots of barley under salinity stress
T. Horie (Okayama University)
2. Characterization of microorganism
Y. Kitagawa (Akita Prefectural University)
3. Function of rice aquaporins under environmental stress
J. Sakurai (National Agricultural Research Center for Tohoku Region)
4. Expression, regulation and function of aquaporin in flower and fruit
K. Shiratake (Nagoya University).
5. Identification of an aquaporin involved in arsenite transport and tolerance
T. Kamiya (University of Tokyo)
6. Identification of aquaporins essential for pollination in Brassicaceae
M. Iwano (Nara Institute of Science and Technology)

植物生理若手の会 2009（第 28 回講演会）

日程：平成 21 年 3 月 22 日

場所：名古屋大学東山キャンパス

テーマ：植物はどのようにして刺激を感じ、化学シグナルに転換するか？

オーガナイザー：古市卓也（岡山大学資源生物科学研究所）

1. 高等植物における機械刺激受容チャネルの役割
古市 卓也（岡山大学資源生物科学研究所）
2. 計算機シミュレーションを用いた大腸菌機械受容チャネル MscL のゲーティングに関する物理化学機構の解明
澤田 康之（名古屋大学大学院医学系研究科）
3. キチン受容体を介した植物の微生物認識機構
新屋 友規（明治大学農学部生命科学科）
4. 機械的傷害とは異なる被食防御メカニズム
有村 源一郎（京都大学生態学研究センター）

Annual Meeting of the Society of Young Plant Physiologists 2009 (the 28th)

How plants sense external stimuli and convert to chemical processes?

Organizer: Takuya Furuichi (RIB, Okayama University)

March 22, 2009, Nagoya University

1. Physiological roles of mechanosensitive channels in plants
Takuya Furuichi (RIB, Okayama University)

-
- 2. Analysis of gating mechanism of the E-coli mechanosensitive channel, MscL, using molecular dynamics simulation
Yasuyuki Sawada (Nagoya University)
 - 3. Physiological roles of Chitin receptor in plant-microbe interaction
Tomonori Shinya (Meiji University)
 - 4. Herbivore-induced plant defense - distinct from mechanosensing -
Gen-ichiro Arimura (Kyoto University)

日本雑草学会第 48 回大会

日程：平成 21 年 4 月 10 – 12 日

場所：倉敷市芸文館

オーガナイザー：榎本 敬（岡山大・資生研）伏見昭秀（近畿中国四国農業研究センター）
大谷一郎（近畿中国四国農業研究センター）山下 純（岡山大・資生研）

日本雑草学会賞受賞講演

業績賞. 浅野 紘臣（日本大学短期大学部）

「アイガモによる除草作用の解明と環境負担などの評価に関する研究」

技術賞. 徐 錫元（バイエルクロップサイエンス株）

「水田畦畔雑草の管理に関する現地情報の収集と除草剤使用指針の提示」

一般講演 78 題

ポスター発表 57 題

The 48th annual meeting of Weed Science Society of Japan.

Organizers: Takashi Enomoto (Okayama University),

Akihide Fushimi (The National Agricultural Research Center for the Western Region),

Ichiro Otani (The National Agricultural Research Center for the Western Region), Jun Yamashita (Okayama University)

April 10-12, 2009 at Kurashiki-shi Geibunkan

Memorial Lectures

Studies on weeding and environmental impact in Aigamo duck farming.

H. Asano (Nihon University Junior College)

Information collection on practical weed management of paddy levees in Japan and presentation of guidance of herbicide application.

S. W. Seo (Bayer Crop Science K. K.)

Presentation

Oral presentation 78

Poster presentation 57

日本育種学会第 52 回シンポジウム

日程：平成 21 年 9 月 25 日

場所：北海道大学

テーマ：ムギ類の育種－重要遺伝子－ゲノム

オーガナイザー：小松田隆夫（農業生物資源研究所）、那須田周平（京都大学大学院農学研究科）、
佐藤和広（岡山大学資源生物科学研究所）

-
1. ゲノムに基づくムギ類育種
佐藤和広（岡山大学資源生物科学研究所）
 2. コムギ赤かび病抵抗性育種への遺伝子およびゲノム情報の利用
坂智広（横浜市立大学木原生物学研究所）・半田裕一（農業生物資源研究所）
 3. 北海道におけるコムギ穂発芽抵抗性育種とゲノム研究との接点
舟田淳史（ホクレン農業総合研究所）
 4. 高性能コムギ品種の育成
吉村康弘（北海道立北見農業試験場作物研究部麦類科）
 5. NBRP・コムギ DNA マーカーの多型調査プロジェクト
那須田周平・新田みゆき（京都大学大学院農学研究科）
 6. イネ科作物ゲノム情報の統合化とその利用
持田恵一・篠崎一雄（理化学研究所植物科学研究センター）

The 52nd Symposium of Japanese Society of Breeding

September 25, 2009, Hokkaido University

Breeding – Genes of importance – Genome in wheat and barley

Organizers: Takao Komatsuda (National Institute of Agrobiological Sciences), Shuhei Nasuda (Kyoto University) and Kazuhiro Sato (Okayama University)

1. Genome based breeding in barley and wheat
K. Sato (RIB, Okayama University)
2. Application of gene and genome information for improvement of Fusarium head blight resistance in wheat
T. Ban (Kihara Insitute for Biological Research, Yokohama City Univ.) and H. Handa (National Institute of Agrobiological Sciences)
3. Connection between breeding for pre-harvest sprouting resistance in Hokkaido and genome analysis in wheat
A. Torada (HOKUREN Agricultural Research Institute)
4. Breeding of high-performance wheat varieties
Y. Yoshimura (Kitami Agri. Exp. Sta.)
5. A NBRP-Wheat project “Survey of DNA polymorphisms among wheat accessions by SSR markers”
S. Nasuda and M. Nitta (Kyoto University)
6. Integration and application of genome information resources in Gramineae
K. Mochida and K. Shinozaki (RIKEN PSC)

平成 21 年度岡山大学資源生物科学研究所公開講座プログラム

日程：平成 21 年 9 月 26 日

場所：岡山大学資源生物科学研究所大会議室

講座名：ストレスと戦う作物の能力と生物多様性

- | | | |
|----------------------------|-------|-----------|
| 1. 植物の栄養獲得戦略 | 馬 建鋒 | 資源生物科学研究所 |
| 2. 植物と光合成：光を使うしくみと光から守るしくみ | 坂本 豊 | 資源生物科学研究所 |
| 3. 害虫管理と農業に有用な生物多様性 | 園田 昌司 | 資源生物科学研究所 |

Program of RIB Open Lectures, Okayama University 2009 (September 26, 2009, RIB)

Title: Coping with stress - Ability of crops and biodiversity

1. Strategies of plants for nutrient acquisition Jian Feng Ma (RIB)

-
- | | |
|---|-----------------------|
| 2. Photosynthesis: How plants use and acclimate to light? | Wataru Sakamoto (RIB) |
| 3. Pest management and functional biodiversity | Shoji Sonoda (RIB) |

Japan-Korea Joint Seminar

New Trends in Insecticide Resistance Management

Organizers: Si Hyeock Lee (Seoul National University), Shoji Sonoda (Okayama University)
November 19-21, 2009, Seoul National University

1. Monitoring and management of acaricide resistance of *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) in Korea
Joon-Ho Lee (Seoul National University)
2. Recent status of insecticide resistance in Asian rice planthoppers
Masaya Matsumura (National Agricultural Research Center for Kyushu Okinawa Region)
3. Profiling of arthropod pest resistance to insecticides in Korea
Siwoo Lee (National Academy of Agricultural Science, RDA) et al.
4. Different responses of a solitary (*Meteorus pulchricornis*: Braconidae) and a gregarious (*Cotesia kariyai*: Braconidae) endoparasitoid to four insecticides in the host *Pseudaletia separate* (Noctuidae: Lepidoptera)
Toshiharu Tanaka and Shingo Kanzaki (Nagoya University)
5. Mechanisms and detection of the two-spotted spider mite resistance to monocrotophos, fenpropathrin and abamectin
Deak Ho Kwon (Seoul National University)
6. Two amino acid substitutions found in acetylcholinesterases of pirimicarb-resistant *Aphis gossypii* and their frequencies in Japanese orchard populations
Satoshi Toda and Shinkichi Komazaki (National Institute for Fruit Tree Science)
7. Induced transcription of detoxification genes by insecticides in the diamondback moth and body louse
Ji Hyeong Baek (Seoul National University)
8. Molecular analysis of pyrethroid resistance conferred by target insensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella*
Shoji Sonoda (RIB, Okayama University)
9. Decreased detoxification genes and genome size make the human body louse an efficient model to study xenobiotic metabolism and resistance
Si Hyeock Lee (Seoul National University)
10. Genomic studies of rice planthoppers for insecticide resistance
Horoaki Noda (National Institute of Agrobiological Sciences)
11. Molecular mechanism and detection of pyrethroid resistance in the common bed bug, *Cimex lectularius*
Keon Mook Seong (Seoul National University) et al.

第 25 回日本微生物生態学会大会シンポジウム

日 程：平成 21 年 11 月 23 日

場 所：広島大学工学部

テマ：持続的社会の創造と微生物生態－環境バイオの今後－

オーガナイザー：金原和秀（岡山大・資生研）、加藤純一（広島大院・先端）

1. 食料生産と環境保全を目指した植物共生菌の多様性と機能の解明
南澤 究（東北大院）
2. 水田土壤で機能する脱窒細菌群集の特定と Single-Cell Isolation
妹尾啓史・石井聰・多胡香奈子・吉田愛美・大塚重人（東京大院）
3. シロアリ共生微生物のゲノム解析とセルロース資源の高効率な利用
大熊盛也（理研 JCM）
4. 微生物群集機能の効果的な利用を目指した生態学的解析
春田 伸（首都大学東京院）

5. 微生物の糖質代謝に着目した海の豊かさの評価技術と利用技術の開発
内田基晴（水産総合研究センター）

The 25th Annual Meeting of Japanese Society of Microbial Ecology Symposium on
“Construction of Sustainable Society and Microbial Ecology
-Future of Environmental Microbiology-”

At Department of Engineering, Hiroshima University
Hiroshima, Japan, November 23, 2009

1. Study on diversity and functions of plant symbiotic bacteria for food production and environmental protection
Kiwamu Minamisawa (Tohoku University, Grad. School Science)
2. Analysis of denitrification bacterial community in a paddy field and single-cell isolation
Keishi Senoo et al. (The University of Tokyo, Grad. school agriculture)
3. Genome analysis of symbiotic bacteria in termite and application for efficient utilization of cellulose
Moriya Ohkuma (Riken JCM)
4. Ecological analysis of function of microbial community for efficient utilization
Shin Haruta (Tokyo Metropolitan University, Grad. School Engineering)
5. Development of techniques for evaluation of richness of sea and application by using of metabolism of sugar by microorganisms
Motoharu Uchida (Nat. Res. Inst. Fisheries and Environ. Inland Sea)

第 26 回資源生物科学国際シンポジウム

日程：平成 21 年 11 月 28 日

場所：岡山大学創立五十周年記念館

テーマ：宇宙植物科学研究最前線 - 宇宙での生活を目指して -

オーガナイザー：杉本 学（岡山大・資生研）

1. 杉本 学（岡山大学資源生物科学研究所）
「宇宙環境に曝露した大麦の生育と遺伝子発現」
2. Vladimir N. Sychev（ロシア科学アカデミー生物医学研究所）
「有人宇宙飛行における生命支援のための植物栽培研究」
3. 高橋 秀幸（東北大学大学院生命科学研究所）
「重力が影響する植物の成長現象を理解するための宇宙実験」
4. Boris Morukov（ロシア科学アカデミー生物医学研究所）
「有人火星探査シミュレーション長期閉鎖実験 "マース 500" とトライアル実験」
5. 片山直美（名古屋女子大学家政学部）
「宇宙での生活における食料資源循環の必要性と栄養管理の重要性」
6. Raymond M. Wheeler（アメリカ航空宇宙局ケネディ宇宙センター）
「宇宙探査のための資源再生生命支援に関する NASA の研究」
7. 奥田 隆（農業生物資源研究所乾燥耐性研究ユニット）
「ネムリュスリカの極限環境耐性機構とその宇宙生活への応用」

The 26th RIB International Symposium

Date: November 28, 2009

Place: Okayama University 50th Anniversary Hall

Title: Advanced Space Plant Science Research - for Living in Space -

Organizers: Manabu Sugimoto (RIB, Okayama University)

1. Growth and gene expression of barley exposed to space

Manabu Sugimoto (Research Institute for Bioresources, Okayama University, Japan)

2. Life support plant growth research for manned spaceflight

Vladimir N. Sychev (Institute of Biomedical Problems, RAS, Russia)

3. Spaceflight experiments for understanding the gravity-influenced growth and development in plants

Hideyuki Takahashi (Tohoku University, Japan)

4. Human mars mission simulation "Mars-500" and the initial trial

Boris Morukov (Institute of Biomedical Problems, RAS, Russia)

5. For the space-life, necessity of the food resources recycling and importance of the nourishment management

Naomi Katayama (Nagoya Women's University, Japan)

6. NASA's research in bioregenerative life support for space exploration

Raymond M. Wheeler (Kennedy Space Center, NASA, USA)

7. Molecular mechanism of tolerance to extreme environments in *Polypedilum vanderplanki* and its application for human life in space

Takashi Okuda (National Institute of Agrobiological Sciences, Japan)

Annual Report 2009

Director: Minoru Murata

Editorial Members: Sanae Rikiishi
Takashi Enomoto

Published by Research Institute for Bioresources, Okayama University
Chuo 2-20-1, Kurashiki 710-0046, Japan
Tel: +81-86-424-1661
Fax: +81-86-434-1249

岡山大学資源生物科学研究所報告 第17卷 (Annual Report 2009)

平成 22 年 3 月 25 日 印刷
平成 22 年 3 月 31 日 発行

発 行 所 岡山大学資源生物科学研究所
710-0046 倉敷市中央 2 丁目 20-1
TEL : 086-424-1661
FAX : 086-434-1249

編 集 委 員 力石 早苗
榎本 敬

印 刷 所 昭和印刷株式会社

