

岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2016)

— 第24卷 —

岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



研究活動目次

Contents of Research Activities

研究活動 (Research Activity)

植物ストレス科学共同研究コア (Research Core for Plant Stress Science)	
大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)	
光環境適応研究グループ	
(Plant Light Acclimation Research Group)	1
環境応答機構研究グループ	
(Group of Environmental Response Systems)	2
土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)	
植物ストレス学グループ	
(Group of Plant Stress Physiology)	3
植物成長制御グループ	
(Group of Plant Growth Regulation)	4
分子生理機能解析グループ	
(Group of Molecular and Functional Plant Biology)	5
環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)	
植物・微生物相互作用グループ	
(Group of Plant-Microbe Interactions)	6
植物・昆虫間相互作用グループ	
(Group of Plant-Insect Interactions)	7
大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center)	
遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)	
ゲノム多様性グループ	
(Group of Genome Diversity)	8
遺伝資源機能解析グループ	
(Group of Genetic Resources and Functions)	9
野生植物グループ	
(Group of Wild Plant Science)	10
ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)	
核機能分子解析グループ	
(Group of Nuclear Genomics)	11
ゲノム制御グループ	
(Group of Genome Regulation)	12
次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)	
萌芽的・学際的新展開グループ	
(Innovative Research Group)	13
国際的新展開グループ	
(International Collaboration Group)	14
作物デザイン研究グループ	
(Crop Design Research Group)	15

構成員	
(Staff)	16
出版物リスト	
(List of Publication)	22
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	30
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	34
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)	43
学会賞等	
(Awards)	54
共同研究リスト (共同利用・共同研究拠点事業)	
(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)	

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

1. ステイグリーンと作物生産性の向上に関する解析

植物において、葉の光合成能が持続するステイグリーン形質は農業上有用な形質になり得る。我々はソルガム(*Sorghum bicolor*)の2系統(NOQ及びBTx623)から作出した組換え自植系統を用いてQTL解析を進めており、新規なステイグリーン遺伝子の同定及びステイグリーンに関する分子機構の解明を行っている。

2. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

葉緑体内部に保持されている葉緑体DNAは、葉の老化初期に分解されている。我々が花粉において同定したオルガネラDNA分解酵素(DPD1エキソヌクレアーゼ)は老化葉においてもその発現が誘導されており、老化葉で何らかの生理学的機能を持つことが予想された。シロイヌナズナ突然変異体を用いた解析の結果、変異体はステイグリーンを示し、葉老化における葉緑体遺伝子発現の抑制が遅延することが明らかとなった。葉緑体DNAの老化葉での積極的な分解が、新たな養分転流に寄与する可能性について現在解析を進めている。

3. 光色の違いによる光化学系IIタンパク質分解メカニズムの変化

光化学系IIは光エネルギー転換の初期反応を担うが、光傷害を最も受けやすい。光損傷メカニズムは過剰な光エネルギーによる損傷とMnクラスターの崩壊が引き金となる損傷(Two-step説)が提唱されており、後者は短波長の光(紫外光~青色)で起き易い。異なる光色が反応中心タンパク質D1の分解に及ぼす影響を解析した結果、青色光下でD1断片化が促進される一方、赤色光下で断片化が抑制された。この結果はTwo-step説による損傷がD1断片化に関連することを示唆した。

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

澱粉粒は、植物が光合成産物として植物オルガネラであるアミロプラスト内に蓄積するグルコース多量体である。澱粉粒の形状と大きさは植物種によって異なっている。その形状を決定する分子機構の解明を目指して研究を進めている。今年度は、澱粉粒の大きさを制御する遺伝子であるSSG6遺伝子を新しく同定した。SSG6タンパク質はアミロプラストの包膜に局在する膜タンパク質であることを明らかにした。SSG6タンパク質はアミノ基転移酵素と相同性があり、現在その機能解析を進めている。

Our group has been studying how the plant adapts to environmental stresses at the molecular level. Especially, we have been focusing on chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. QTL analysis of the stay-green phenotype in sorghum

Stay-green is an important agronomic trait for plants, possibly leading to higher yield and biomass. Currently, we are trying to identify new quantitative trait loci (QTL) of sorghum stay-green by using 252 recombinant inbred lines (RILs), which were obtained from a cross between a stay-green parent BTx623 and a faster senescing parent NOQ.

2. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during plant senescence

In plant cells, mitochondria and plastids contain their own genomes derived from ancestral bacteria endosymbionts. Despite their limited genetic capacity, these multicopy organelle genomes account for a substantial fraction of total cellular DNA, raising the question of whether and how organelle DNA quantity is controlled spatially or temporally. Now, we are studying the organelle DNA degradation in leaves during senescence using Arabidopsis mutants.

3. D1 fragmentation in photosystem II repair under different photo-damage

A major target site of photo-damage is the reaction center protein, D1 in photosystem II. We tested whether the D1 degradation process can be affected by qualitatively different photo-damage that occurs according to a two-step model. The significant increase of D1 fragmentation under blue light irradiation strongly suggested that the primary damage resulting from the absorption of light energy in the Mn-cluster in two-step model was involved in D1 fragmentation.

4. Molecular mechanism underlying the diversity of starch grain morphologies 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 the plant species. However, the molecular mechanisms underlying this SG diversity remain unknown. To answer this question, we have been analyzing several rice mutants defective in SG morphologies and sizes. Here, we report the *ssg6* mutant, which develops enlarged SGs in endosperm. SSG6 encodes a protein homologous to aminotransferase. SSG6-green fluorescent protein is localized in the amyloplast membrane surrounding SGs. The results suggest that SSG6 is a novel protein that controls SG size. SSG6 will be a useful molecular tool for future starch breeding and applications.

本グループでは、植物の非生物ストレスに対する応答について、遺伝子レベルから個体レベルまで、広くシステムを理解することを目指して研究を行っている。特に、植物ホルモン応答機構に着目し、生理学、分子生物学、分子遺伝学的手法により解析を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. ABA応答に関わる因子、細胞機能に関する研究

環境応答に関わる植物ホルモンのアブシジン酸 (ABA) の作用機作を理解するためにシロイヌナズナを用いて分子遺伝学的解析を行っている。これ迄に、poly(A)特異的RNA分解酵素(PARN:AHG2)とpoly(A)ポリメラーゼ(PAP:AGS1)が直接ミトコンドリアのmRNAのpoly(A)鎖長を調節し、その異常がABAやサリチル酸応答に影響する事を明らかにしている。本年度は、PARNの発現が低下した*ahg2-1*変異株が及ぼす影響を詳細に調査し、新奇短鎖ペプチドがその下流で機能していることを見出した。また、AHG2-AGS1によるミトコンドリアmRNAのpoly(A)調節機構が、陸上植物で保存されているかを知る為に、進化的に陸上植物の基部に近いとされるゼニゴケのPARNおよびPAP遺伝子を解析した。その結果、ゼニゴケでもAHG2, AGS1と同様の因子が同様に機能していることを見出した。このことから陸上植物では、PARNが直接関与するという他の真核生物では報告がないミトコンドリアmRNAのpoly(A) 調節機構があることが示された。

2. ジャスモン酸メチル誘導性気孔閉口に関する研究

気孔はジャスモン酸メチルに応答し閉口するが、この際に低濃度のABAが同時に存在することにより、気孔を構成する孔辺細胞がジャスモン酸メチルに応答できるように準備する必要があることが知られている。このことはABAが孔辺細胞に感知され、ジャスモン酸メチル応答シグナル経路に影響していると考えられるが、この過程に関与するABA受容体は未同定である。本研究では複数のABA受容体遺伝子が欠損しているシロイヌナズナ変異体の気孔のジャスモン酸メチル応答を解析することにより、ジャスモン酸誘導気孔閉口を可能にする機能を持つABA受容体の探索を行った。

3. ゼニゴケにおけるDNAメチル化の機能解析

DNAメチル化は、遺伝子やトランスポゾンの発現制御に関与しており、発生、分化、環境応答などに重要な役割を果たしている。植物が進化の過程で、どのようにDNAメチル化の制御機構を発達させて来たかを明らかにするため、植物の進化過程の基部に位置し、解析ツールが整っている苔類ゼニゴケを用い、DNAメチル化の機能解析を行った。ゼニゴケには植物型DNAメチル化/脱メチル化酵素が保存されており、特定の器官及び生長ステージで発現している事が明らかになった。さらに、CRISPR/Casによるゲノム編集システムを用いてDNAメチル化関連酵素変異体を作成し、機能解析を行っている。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we have been analyzing the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2016 are described below.

1. Analysis of components involved in the ABA response

To understand the ABA response mechanisms, we have been studying ABA-related mutants of Arabidopsis. We identified two important components for mitochondrial mRNA stability, AHG2/PARN and AGS1/PAP, whose adequate balance is required for normal ABA and salicylic acid responses. This year, we analyzed further the effect of *ahg2-1* in which the *AHG2* expression is reduced, and found that a novel short peptide is involved in the induction of the *ahg2-1* phenotype. We also addressed how much the AHG2-AGS1 regulatory system is conserved among plants. We identified the liverwort counterparts of AHG2 and AGS1. Analyses of the loss of function mutants, over-expressing transgenic plants, and in vitro properties strongly suggested that they have functions similar to AHG2 and AGS1 have, and that AHG2-AGS1 system is conserved at least in land plants.

2. Analysis of methyljasmonate-induced stomatal closure

The stomatal aperture closes in response to methyljasmonate. A low concentration of ABA is a prerequisite for this process, indicating that a certain ABA receptor is involved in the potentiation of the methyljasmonate signaling pathway in guard cells. Two candidate ABA receptor genes, which are involved in potentiation of the methyljasmonate signaling, were found.

3. Functional analysis of DNA methylation in liverwort, *Marchantia polymorpha*

DNA methylation is an epigenetic modification that affects gene expression and transposon silencing. Therefore, DNA methylation plays an important role in the development, differentiation and environmental response of many organisms. To elucidate the DNA methylation function in plant evolution, we used liverwort, *Marchantia polymorpha*, which is a model species for studying plant evolution, and in a basal lineage of land plants. We identified *Marchantia* orthologs of plant DNA methylase and demethylase genes. We are analyzing the function of DNA methylation in *M. polymorpha* by mutant analysis of DNA methylase and demethylase genes using the CRISPR/Cas9 genome editing system.

本グループでは植物の必須元素、有益元素及び有害元素の輸送・集積機構、ミネラルストレスに対する植物の応答反応や耐性機構について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. カドミウム集積機構

オオムギのHvNramp5を解析した結果、カドミウムの吸収に関与していることを明らかにした。HvNramp5は細胞膜に局在する輸送体で、カドミウムとマンガンの吸収能を示すが、鉄の輸送能を示さない。抗体染色を行った結果、オオムギの根の表皮細胞に局在していた。さらにこの遺伝子の発現を抑制すると、カドミウムとマンガンの吸収が著しく抑制された。一方、カドミウム高集積イネ系統TCM213を選抜した。様々な解析の結果、この系統は根の液胞膜に局在するカドミウム輸送体OsHMA3の機能が欠損していることを明らかにした。またこの系統のカドミウムの集積量が多いことから、ファイトレメディエーション(植物を利用した環境浄化)への可能性が示された。

2. イネ節におけるミネラル分配機構

イネ科植物の節はミネラルの分配において重要な役割を果たしている。節で高発現するSPDT (Sultr-like Phosphate Distribution Transporter) 遺伝子について解析した結果、SPDTは、節の肥大維管束および分散維管束の両方で木部領域に発現し、細胞膜局在型リン酸輸送体をコードする。イネでこの遺伝子を破壊すると、穀粒へのリン分配が減少したが、莖への分配が増加した。変異体の玄米中のリンおよびフィチン酸の濃度は20~30%低下したが、収量、種子の発芽率、および初期成長への影響は認められなかった。したがって、SPDTがリンを穀粒へ選択的に配分するスイッチとしてイネの節で機能することを示している。

一方、イネの節で発現するクエン酸輸送体遺伝子OsFRDL1の役割を解析した。OsFRDL1は肥大維管束および分散維管束など多くの細胞に発現していて、この遺伝子を破壊すると、種子への鉄の分配が減少し、花粉の発育や種子の稔実歩合の低下を引き起こした。

3. イネの銅集積に関与する輸送体OsHMA4の同定

異なるイネ系統の種子中の銅の濃度の違いから、OsHMA4という遺伝子を突き止めた。OsHMA4は根の内鞘細胞の液胞膜に局在していた。OsHMA4を破壊すると、種子への銅の蓄積が増加したが、銅毒性に対する耐性が弱くなった。また一部のイネ品種はこのタンパク質の一アミノ酸の変異により、銅の輸送活性が無くなり、種子への銅の蓄積が高くなった。したがって、OsHMA4の役割は根が吸収した銅を液胞に隔離して、地上部や種子への輸送を抑制する。

4. アルミニウム耐性遺伝子の機能解析

MATEファミリーに属する輸送体遺伝子OsFRDL2とOsFRDL4の機能解析を行った。OsFRDL2は細胞質内の未知の小胞に局在する。この遺伝子を破壊すると、クエン酸の分泌が減少したが、アルミニウム耐性に対する影響はほとんどなかった。一方、OsFRDL4遺伝子の発現は品種によって異なり、その違いの一因はプロモーター上の1.2kbのレトランスポゾンの挿入によることを明らかにした。また様々な品種を解析した結果、この挿入は栽培化の初期に起こったことが示唆された。さらにソバから単離したIREG1の機能を解析した結果、根において液胞へのアルミニウム隔離に関与していることを明らかにした。

Our group has been analyzing the mechanisms of transport and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2016 are described below.

1. Molecular mechanisms of cadmium accumulation

We characterized the function of HvNramp5 in barley and found that this gene is involved in Cd uptake. HvNramp5 is localized to the plasma membrane and shows transport activity for Cd and Mn, but not for Fe. Immunostaining analysis showed that HvNramp5 is localized in the epidermal cells of the roots. Suppression of this gene expression resulted in decreased uptake of both Mn and Cd. On the other hand, we isolated and characterized a rice accession with high Cd accumulation. This high accumulation is due to the mutation in OsHMA3, a tonoplast-localized transporter for Cd. Since this accession is able to accumulate high Cd, it has a potential for use in phytoremediation.

2. Distribution mechanism of mineral elements in rice nodes

Nodes in gramineous plants play an important role in the distribution of mineral elements. We characterized the function of SPDT (Sultr-like Phosphate Distribution Transporter), which showed high expression in rice nodes. This gene is expressed in the xylem region of both enlarged and diffuse vascular bundles of the nodes and encodes a plasma membrane-localized transporter for P. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of P to the grains, but increased P distribution to the straw. Furthermore, the contents of total P and phytic acid were decreased by 20-30% in the mutant grains, but neither the germination rate nor earth growth were affected. SPDT therefore, functions as a switch for distribution of P to the grains.

On the other hand, we found that OsFRDL1, a gene encoding citrate transporter, also showed high expression in rice node. OsFRDL1 is expressed in many cells of enlarged and diffuse vascular bundles. Knockout of this gene decreased the distribution of Fe to the grain and negatively affected the anther development and fertility.

3. Identification of a transporter involved in Cu accumulation in rice

We identified a transporter (OsHMA4) based on the genotypic difference in Cu accumulation in rice grains. OsHMA4 is localized to the tonoplast of the root pericycle cells. Knockout of this gene increased Cu accumulation in the grain, but decreased tolerance to Cu toxicity. Furthermore, we found that the genotypic difference in grain Cu accumulation was caused by one amino acid substitution. Therefore, OsHMA4 is involved in vacuolar sequestration of Cu in the roots, thereby reducing translocation of Cu to the shoots and grains.

4. Functional analysis of Al-tolerance genes

We investigated the role of OsFRDL2 in Al tolerance in rice. OsFRDL2 is localized to unidentified vesicles. Knockout of this gene resulted in decreased citrate secretion, but the effect on Al tolerance was small. On the other hand, we found that the genotypic difference in the expression of OsFRDL4 is caused by a 1.2 kb re-transposon insertion in the promoter region of this gene. Functional analysis of IREG1 in buckwheat revealed that this gene is involved in vacuolar sequestration of Al in the roots.

酸性土壌において植物の生育を阻害するアルミニウム (Al) イオンに着目し、培養細胞と植物体を用いて毒性機構と耐性機構を解析している。特に、Al による活性酸素ストレスや細胞死の誘発機構に関連して、糖代謝と液胞の機能に焦点を当てた解析を行っている。一方、コムギの主要な耐性遺伝子である Al 活性化型リンゴ酸輸送体遺伝子 *ALMT* の機能と構造解析を進めると共に、植物特異的 *ALMT* ファミリーの機能多様性の解明をめざしている。本年度の研究内容は次の通りである。

1. タバコ培養細胞における細胞死誘発機構 – 液胞プロセシング酵素遺伝子 *VPE* の関わり –

VPE は液胞に局在しカスパーゼ-1 様活性を持つプロテアーゼである。野生系統と *VPE* 遺伝子抑制系統の Al 応答を比較することにより、*VPE* が Al による細胞死誘発の一つの実行因子である事が示唆された。

2. タバコの根で発現する ショ糖-H⁺ 共輸送体遺伝子 *NtSUT1* の機能解析

根の生育には光合成産物のショ糖が必要であり、ショ糖は篩管を通して根端に供給される。*SUT1* 輸送体は細胞膜に局在し、細胞外 (アポプラスト) のショ糖を細胞内に取り込む。根端で発現している *SUT1* の機能について、野生系統と *SUT1* の高発現系統ならびに発現抑制系統を用い、明所、暗所、Al 処理条件で各々根伸長を比較した。その結果、*SUT1* の発現が根伸長を正に制御すること、*SUT1* 過剰発現が Al による根伸長阻害に対して耐性を示す事が明らかになった。

3. タバコ培養細胞における Al 耐性機構の解析 – ミトコンドリアの呼吸に関わる *COX* 遺伝子と *AOX* 遺伝子の発現解析 –

Al 処理に伴い呼吸量 (酸素消費) が低下し活性酸素種 (ROS) が生成することから、シトクロムオキシダーゼ (*COX*) とオルタナティブオキシダーゼ (*AOX*) の転写量を、通常の増殖条件と Al 処理条件で比較した。その結果、*AOX* の発現量は対数増殖期や Al ストレスで増加するが、*COX* の発現量は常に一定であった。従って、*COX* により構成的な酸素消費がなされ、*AOX* によって酸素消費量の調節、ひいては ROS 生成が抑制される事が示唆された。

4. トマト果実で発現する *SIALMT* リンゴ酸輸送体の発現と機能

リンゴ酸は多くの果実において主要な有機酸である。そこで、トマトの 16 の *ALMT* の解析を行い、2 つの遺伝子 *SIALMT4*, *SIALMT5* が果実の発育過程で発現する事を明らかにした。プロモーター-GUS 解析の結果、これらの遺伝子は果実内の維管束と発達中の種子、完熟種子の胚で発現を示した。GFP 融合 *SIALMT* 蛋白質の一過的発現系で、*SIALMT4* は小胞体 (ER) 膜、*SIALMT5* は ER 膜及び他内膜への局在を示した。電気生理学的解析により、これら *SIALMT* のリンゴ酸輸送能を明らかにした。*SIALMT5* の OX 系統では、WT と比較して乾燥種子のリンゴ酸およびクエン酸含量の増大が認められた。これらの結果より、*SIALMT5* の輸送活性が果実の発育過程で種子の有機酸含量に影響を与える事が示唆された。

Our research has been focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor in plant growth in acidic soils, and we have been analyzing the mechanisms of Al toxicity and tolerance, using a cultured cell system and whole plants. Concerning the mechanisms of Al-induced oxidative stress and cell death, sugar metabolism and vacuolar functions have been investigated. On the other hand, the functional and structural features of the Al-activated malate transporter gene *ALMT*, a major Al tolerance gene in wheat, and functional diversity of *ALMT* family have been studied. The research conducted this year is outlined:

1. Induction mechanism of cell death by Al in cultured tobacco cells - The involvement of *VPE* gene encoding the vacuolar processing enzyme -

VPE is localized in the vacuole and exhibits caspase-1-like protease activity. A comparative study of Al responses between wild-type and the *VPE*-repression lines suggested that *VPE* is one of the executors of cell death under Al stress.

2. Functional analysis of the *NtSUT1* encoding sucrose-H⁺ symporter expressed at root apex of tobacco

Sucrose, photoassimilate, is essential for root growth, and is provided for root apex via phloem. *SUT1* is located in the plasma membrane and transports sucrose from outside (apoplast) to inside cell. Function of *SUT1* at root apex in root elongation was investigated by use of wild-type, over-expression (OX) lines, and repression lines by comparison of root elongation under various conditions (in the light or dark, with or without Al). These results indicated that the expression level of *NtSUT1* is positively related to root elongation. Furthermore, the OX lines exhibit a tolerance phenotype to Al-induced root elongation.

3. Al-tolerance mechanism in cultured tobacco cells - Gene expression analyses of *COX* and *AOX* involved in respiration of mitochondria -

In tobacco cells under Al stress, respiration rate (consumption rate of O₂) is reduced and reactive oxygen species (ROS) is produced. Therefore, the expression levels of the genes encoding cytochrome oxidase (*COX*) and alternative oxidase (*AOX*) were investigated under normal and Al treatment conditions. The *AOX* level increased during the logarithmically growing phase and under Al stress, while the *COX* level did not change. Thus, it seems that *COX* contributes to constitutive O₂ consumption, while *AOX* contributes to the regulation of O₂ consumption, in order to repress ROS production.

4. Expression and function of *SIALMT* malate transporters in fruit of tomato

Malate is a predominant organic anion in many fruits (e.g. tomato). We investigated sixteen *ALMT* genes in tomato, and identified two genes *SIALMT4* and *SIALMT5* that were expressed in fruit throughout development. The promoter::GUS analysis showed that *SIALMT4* and *SIALMT5* were expressed in the vascular bundles of fruit, developing seeds and embryos of mature seeds. Transient expression of the *SIALMTs* using green fluorescent protein in plant protoplasts indicated that *SIALMT4* was localized to the endoplasmic reticulum (ER) and that *SIALMT5* was localized to the ER and other endomembranes. Electrophysiological analysis showed that both *SIALMTs* transported malate. Transgenic tomato overexpressing *SIALMT5* showed higher malate and citrate contents in dry seeds, compared to the wild type. These results suggest that the transport activity of *SIALMT5* during fruit development alters the organic acid contents of tomato seeds.

本グループでは、植物細胞の環境ストレス応答機構を分子、細胞、生理学的に研究している。塩ストレス環境下でのイオン輸送や、アクアポリンによる中性低分子の輸送機能の研究を進めている。

1. 過酸化水素輸送性のアクアポリン

過酸化水素感受性の変異酵母株を用いたスクリーニングによりイネとオオムギから過酸化水素透過性アクアポリンを同定した。そのようなアクアポリンの一つであるオオムギのHvPIP2;5にある126番目のセリン残基が過酸化水素輸送活性に大きな影響を持つが、水透過性にはこのセリンの影響は小さかった。そのほかイネおよびオオムギの液胞膜型のアクアポリンのなかにも過酸化水素輸送性を持つ分子種が4つあることを見出した。

2. 二酸化炭素透過性イネアクアポリンOsTIP2;2

カーボニックアンヒドラーゼと共発現させた酵母株を用いて二酸化炭素透過性アクアポリンを同定するスクリーニング系を確立した。この系を用いて原形質膜型アクアポリン以外では初めてOsTIP2;2が二酸化炭素透過性を持つことを見出した。アミノ酸配列からはOsTIP2;2は液胞膜型と分類されるが、GFP融合タンパクを用いてイネ細胞内での局在を調べたところ、OsTIP2;2は葉緑体包膜および葉緑体近傍にある細胞内小器官に局在していることが観察された。

3. アフリカツメガエル卵母細胞 oocyte を用いた輸送体のイオン輸送活性の検定

植物の輸送体をoocyteに発現させ、放射性同位体を用いて迅速にイオン輸送活性の有無を検定する系をつくった。この系によって高耐塩性ソナレシバから同定されたいくつかの輸送体がNaやK (Rb) の輸送活性を持つことを明らかにした。

4. 特異なアクアポリン PIP1 の起原に関する研究

陸上植物はそのゲノムに多くのアクアポリンを持っている。その中でPIPグループは外界からの水吸収に主要な役割を果たしている。これまで緑藻類のゲノムにはPIPのアイソマーは見つかっていない。PIPは更にPIP1とPIP2の2つのサブグループに分類できるが、PIP1は働く場所である原形質膜に単独では移行することができない特異な分子として知られている。最初に陸上に進出した植物と最も近いと考えられているシャジクモ類の*K. flaccidum*にはPIP2サブグループに属するPIPの遺伝子が見つかることが分かった。一方、3種のコケのゲノムにはそれぞれ複数のPIP1遺伝子が見つかった。*K. flaccidum*は解剖学的には緑藻と同じ体制で陸上植物との共通点がない。このことはPIP1は植物が陸上に適応するために獲得した遺伝子の一つである可能性を示している。

We have been conducting molecular, cellular, and physiological studies on the responses of plant cells to environmental stresses. Now our focus is on the ion transporters under salt stress and the function of aquaporins as transporters for low molecular weight neutral compounds.

1. Hydrogenperoxide (H₂O₂) permeable aquaporins

H₂O₂ permeable aquaporins in rice and barleys have been identified in the heterologous expression system using a H₂O₂-sensitive yeast strain. One such plasma membrane-type aquaporin in barley, HvPIP2;5 contains Ser-126 that has a large impact on H₂O₂ transport with a minor influence on the HvPIP2;5-mediated water transport. We also found 4 other H₂O₂ permeable aquaporins classified as tonoplast (vacuolar membrane) type aquaporins in rice and barley.

2. CO₂-permeable rice aquaporin OsTIP2;2

We established a screening-system to identify CO₂-permeable aquaporins using yeast cells co-expressing carbonic anhydrase with aquaporins. Besides previously reported PIP aquaporins, we found that rice OsTIP2;2 has a CO₂-transporting activity. This is the first identification of TIP aquaporins transporting CO₂. The amino acids sequence suggests that OsTIP2;2 localizes in the tonoplast, but GFP-fusion OsTIP2;2 was observed in the chloroplast envelope and/or some intracellular organelles near chloroplasts in rice leaves.

3. Ion-transporting assay using *Xenopus* oocytes

Oocytes were injected with cRNAs of putative ion transporters, and then ion-transporting activity was estimated using radioisotopes. With this rapid screening system to identify the ion-transporting activity, we found some Na⁺ and/or K(Rb)-permeable transporters from a salt tolerant grass, *Sporobolus virginicus*.

4. Studies on the origin of unique aquaporin PIP1

Land plants have many aquaporin genes in their genome. Among them, the PIP group plays a major role in absorbing water from the outside world. No PIP isomer has been found in the green alga genome. Although PIP can be further classified into two subgroups, PIP1 and PIP2, PIP1 is known as a unique molecule that cannot migrate singly to the plasma membrane where it is working. It was found that *K. flaccidum*, a primitive Charophyte, which are thought to be the closest to the first land plant, has only one gene of PIP belonging to the PIP2 subgroup. On the other hand, multiple PIP1 genes were found in the genome of three moss species examined. *K. flaccidum* has the same anatomy as green algae and has no similarities with land plants. This indicates the possibility that PIP1 is one of the genes that plants acquired for adapting to land.

植物の生育は、病原微生物あるいは共生微生物との相互作用により大きく影響を受ける。本グループでは、いくつかの系でそれらの相互作用を分子、細胞、個体レベルで解析している。以下に本年の成果を記す。

1. 白紋羽病菌で見つかった新しいウイルスライフスタイル

白紋羽病菌の病原力衰退系統(W1032)でウイルスの混合感染が見つかった。本菌からは少なくとも yado-nushi virus 1(YnV1)、yado-kari virus 1(YkV1)が検出される(両者はそれぞれ新規ウイルス科を構成する)。YnV1 は非分節型2本鎖RNA(dsRNA)ウイルスで、キャプシド蛋白質と RNA 依存 RNA 合成酵素(RdRp)をコードする2つの ORF をもつこと、一方、YkV1 は RdRp をコードする単一の ORF をもち、系統学的にカリシウイルス(プラス(+))1本鎖 RNA ウイルス)との類縁性を示す。一連の研究により、両者の生活環が非常にユニークなウイルス間相互作用(互利共生)により成り立つことを示唆するデータを得た。すなわち、「粒子を持たない(+))1本鎖 RNA ウイルス(YkV1)が dsRNA ウイルス(YnV1)のキャプシドを複製の場としてハイジャックするというヤドカリ様の感染戦略を示し、その代わりにヤドヌシである YnV1 の複製を促進する」という全く新しいウイルスのライフスタイルを明らかにした。

2. ディープシーケンスによる菌類ウイルスハンティング

新規の菌類ウイルスを探索することは、ウイルスの多様性や進化を理解する上で重要な知見を提供する。本研究では野外で発生したクローバうどんこ病菌(*Erysiphe trifoliorum*, 子嚢菌の一種で人工培養できない)に見いだされる dsRNA のディープシーケンス解析を行い、10 種に及ぶ新規トティウイルスのゲノム配列を網羅的に決定した。さらに、類似のウイルス様配列が、他の菌類や植物・昆虫類の転写物配列にも見出された。これらのウイルスやウイルス様配列は、系統学的にはトティウイルス属のメンバー(主に酵母に感染するウイルス)に近縁であり、ビクトリウイルス属(菌類に多く存在する)とは遠縁であった。うどんこ病菌における菌類ウイルスの報告は今回が初めてであり、トティウイルス属のウイルスが多様な生物種に存在することが示唆された。

3. 植物共生メタノール資化性菌の機能解析

植物の表面には植物の気孔から放出されるメタノールを資化する *Methylobacterium* 属細菌が多く存在する。本属細菌には植物の生育促進作用があることが知られているが、その分子メカニズムはよく分かっていない。またメタノールを酸化するメタノール脱水素酵素をコードする遺伝子は複数存在し、そのうちの 하나가ランタノイド元素に依存する酵素であることを見いだしており、カルシウム依存型の酵素との切り替え機構を解析している。また本属細菌においてエルゴチオネインという抗酸化アミノ酸が高蓄積し太陽光や温度変化など植物上での生育時に重要なストレス耐性に関わっていることを明らかにした。

Plant growth is influenced by various microorganisms including mutualistic and pathogenic ones. Our group explores, at molecular, cellular and individual levels, the interplay of mutualistic and pathogenic microorganisms occurring in some selected plant/microorganism systems.

1. A new virus life style observed in a phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*

We found a mixed viral infection in a hypovirulent strain of *Rosellinia necatrix*. Novel co-infecting viruses are termed yado-kari virus 1 (YkV1) with a (+) RNA genome of approximately 6 kb and yado-nushi virus 1 (YnV1) with a dsRNA genome of approximately 9 kb. YkV1 possesses one single ORF encoding RNA-dependent RNA polymerase (RdRp), while YnV1 has two ORFs, each encoding capsid protein (CP) and RdRp. Immunological and molecular analyses revealed trans-encapsidation of not only YkV1 RNA but also RdRp by the major CP of the other virus, YnV1. Virion transfection assay and previous epidemiological data strongly suggest that YkV1 depends on YnV1 for viability, although it probably encodes functional RdRp. This hypothesis was confirmed by establishing infectious full-length cDNA of YkV1. We propose that the capsidless (+) RNA virus, YkV1 highjacks CP of the dsRNA virus, YnV1, for the trans-encapsidation of its genome and RNA polymerase at the replication site.

2. Mycovirus hunting by a deep sequencing approach

The identification of novel mycoviruses contributes greatly to understanding of the diversity and evolutionary aspects of viruses. In this study, we report new ten complete or near-complete totivirus (dsRNA genome, family *Totiviridae*)-like genome sequences determined by deep sequencing on dsRNA isolated from field-collected powdery mildew fungus (*Erysiphe trifoliorum*) that infected red clover plants. Similar totivirus-like sequences are found in transcriptome shotgun assembly libraries of the fungi, plants and insects. These viruses and virus-like sequences are phylogenetically clustered with yeast totiviruses (genus *Totivirus*), but not fungal totiviruses (genus *Victorivirus*). This study represents the first report of mycovirus infection of powdery mildew fungi and provides new insights into totivirus evolution.

3. Function of methylophsymbiotic to plants

Methylobacterium species is one of the most predominant bacterial species in the phyllosphere and utilize methanol emitted from plant stomata. They are capable of promoting plants' growth but its mechanism is remained unclear. We identified multiple genes encoding methanol dehydrogenases in the bacteria, one of which was found to be lanthanide dependent, in addition to calcium-dependent enzyme. The switching mechanism of the gene expression for calcium and lanthanide-dependent enzymes are now under investigation. We also found that they accumulate an anti-oxidative amino acid, ergothioneine, which was revealed to be important for them to resist against phyllospheric stresses including sunlight and temperature shifts.

本グループでは植物が外敵となる植食性昆虫との生存競争の中で、どのように植食性昆虫を認識し、防御システムを活性化するのか、その分子機構に注目し研究を行っている。

1. イネにおけるフェノールアミド生成機構の解析

咀嚼性昆虫や吸汁性昆虫の食害により、ポリアミンとヒドロキシケイ皮酸からなる多様なフェノールアミドが産生される。今回、フェノールアミド生成に関わる3種の生成遺伝子を見出した。このうちアシルトランスフェラーゼ Os09g0543900 と Os04g0664600 は、基質として用いるポリアミンに対して高い基質特異性を示し、それぞれプタレシンまたはアグマチンを基質とする一方で、Os09g0544000 はいずれのポリアミンも基質とした。これら3種の生成遺伝子は、イネの根、花において高い発現を示した。また Os09g0544000 は傷害により発現誘導された。フェノールアミドは昆虫に対する防御や、非生物的なストレス応答として機能すると考えられているが、本研究はストレス応答における恒常的および誘導的なフェノールアミド産生機構の理解に寄与する。現在、イネの多様なフェノールアミドの産生に関わるフェノールアミド生成遺伝子のマスター制御因子の同定を試みている。

2. ソルガムにおける植食性昆虫抵抗性形質の解析

光環境適応グループとの共同研究により、ソルガム (*Sorghum bicolor*) における主要な害虫に対する防御機構の解析を行っている。ソルガムはアフリカにおける重要な穀物であり、高バイオマス量で乾燥に強い。害虫であるメイガ (*Ostrinia nubilalis*) に対する耐虫性を、ソルガム2品種 BTx623 と NOG を用いて調べたところ、BTx623 がより強い耐虫性を示した。さらにこれら2品種から作出した組み換え自殖系統約250個体を用いた解析より、*Ostrinia nubilalis* 抵抗性に関与する3つのQTL候補を検出した。一方で複数のソルガム品種を用いた解析から、アブラムシに対して抵抗性を示す複数の品種を見出した。これら品種は、新たな脅威として世界的に認知されつつあるサトウキビアブラムシのようなアブラムシに対する耐虫性ソルガムの研究を行う上での重要な遺伝資源となりうる。

3. イネを食害する植食性昆虫由来エリシターの特性解析

植物が植食性昆虫を認識することは防御応答を誘導する上で重要な過程である。我々は、イネを食害する植食性昆虫の吐き戻し液に新規のエリシターが存在することを見出した。本エリシターを含む画分を、既知の昆虫エリシターである fatty acid amino acid conjugates と同時処理する事で、相加・相乗的な応答が誘導された。このような複数の昆虫エリシターの同時処理による応答の解析例は無く、得られた結果からは、植物が昆虫由来の複数のエリシターを認識することで、より強固な防御応答を誘導することが推察された。現在、傷害によって誘導されるシグナルと昆虫エリシター応答の関係について解析を進めている。

Our group is focusing on basic questions of how plants perceive herbivores and how they induce their defense systems to survive under the natural competition with their natural enemies.

1. Characterization of phenolamide biosynthesis in rice

Last year, we identified several polyamine conjugates with hydroxycinnamic acids (phenolamides) that were strongly induced by herbivore feeding in rice, including chewing insects and sucking insects. This year, we identified three genes involved in the biosynthesis of phenolamides in rice plant. Two genes were highly specific for their polyamine substrates, encoding putrescine N-hydroxycinnamoyltransferase (Os09g0543900) and agmatine N-hydroxycinnamoyltransferase (Os04g0664600), while the third enzyme (Os09g0544000) could use both polyamines. All three genes were preferentially expressed in the rice roots and developing flowers, and in addition, the Os09g0544000 transcripts were strongly induced by wounding. Our results provide mechanistic explanation for both constitutive and inducible accumulation of phenolamides as major defense compounds against insect, and possibly other biotic stress conditions in rice plants. We are now working on the identification of the master regulators of phenolamide genes to produce plants with higher phenolamide content, and thus stronger defense capabilities under adverse environments.

2. Analysis of herbivore resistance traits in grain sorghum

In collaboration with the Plant Light Acclimation Research Group, we continued our research on the mechanisms of defense of grain sorghum (*Sorghum bicolor*) against insect pests. Sorghum is an important crop in Africa for its drought resistance and high biomass. In 2016, we analyzed the resistance to European corn borer (*Ostrinia nubilalis*) of grain sorghum hybrids from two parental genotypes (BTx623, NOG) featuring distinctive resistance. While the BTx623 parent genotype showed higher resistance to the pest, NOG (no-stay-green) was highly susceptible. Analysis of approximately 250 hybrids between BTx623 and NOG revealed three potential QTLs for stem borer resistance. In another experiment, we found several varieties of grain sorghum with superior resistance to aphids, which may provide an important germplasm for the studies on the resistance to aphids, such as the sugar cane aphids considered as new threat for the worldwide sorghum production.

3. Characterization of insect elicitors from rice herbivores

Perception of herbivory is essential for plant defense. We found a novel type of the elicitor fraction in the oral secretions prepared from the rice herbivore, *Mythimna loreyi* larvae. In addition to its strong elicitor activity, we found that this fraction enhances the effect of other known insect elicitors, fatty acid amino acid conjugates in the rice cells. This work provides the first documented example of positive interaction between two independent insect elicitors in plants. It shows that plants rely on multiple signals from the environment to induce strong defense responses. Currently, we are focusing on other damage-associated signals in plants and their interaction with the newly identified insect-derived elicitors.

遺伝資源ユニット

ゲノム多様性グループ

ゲノム多様性グループでは、実験系統を含む栽培オオムギ約 14,000 系統と野生オオムギ約 900 系統を保有し、(1) 種子の増殖、収集、保存および種子配布等の系統保存事業、(2) 遺伝的多様性の評価ならびに特性形質のデータベース化、(3) ゲノム解析の諸手法を用い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系統保存事業

当グループは、ナショナルバイオリソースプロジェクト (NBRP) に参画し、オオムギ種子ならびにオオムギゲノムリソースの配布事業を担っている。

(a) 系統種子の配布と保存

当事業では、在来系統、実験系統および野生系統を含むオオムギ種子の増殖ならびに配布を行っている。一方で、ノルウェー国スバルバル世界種子貯蔵庫へのオオムギ種子預託も進めている。これらのオオムギ種子は、人類の食糧確保のために必要な品種改良の基礎となる重要な遺伝資源で、重複保存することで、長期的な安全性を保証されることになる。

(b) ゲノムリソースの配布

保有するゲノムリソースについて、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲している。それらのリソースには、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 ライブラリーの全クローンセット、選抜用プール DNA、高密度フィルターならびに EST および完全長 cDNA クローンなどが含まれている。

2. オオムギ遺伝資源の評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた有用形質の原因遺伝子単離と解析を進めている。その一例として、穂発芽耐性の育種利用が期待されるオオムギの種子休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換え置換系統(RCSL)に由来する大規模分離集団を用いて 5HL 染色体上の QTL (*Qsd1*) の原因遺伝子を同定した。さらに形質転換実験により、種子休眠性の関わりを証明した。

3. オオムギのゲノム解析

(a) オオムギのゲノム解析とマーカー開発

このプロジェクトでは、複数の研究資金を受けて国際オオムギシーケンスコンソーシアム (IBSC) に参画して、オオムギのゲノム解析を進めている。これまでに、オオムギゲノムの物理地図、遺伝地図を統合し、全長 cDNA リソースを開発し、公表した。現在、高速シーケンサーを用いた RNA-seq 解析を多数品種で実施し、多型解析を進めている。

(b) オオムギの形質転換とゲノム編集

オオムギのポストゲノム研究の効率化を目的として、その形質転換効率に関わる遺伝子の探索を行っている。現在、安定して形質転換が可能な品種「Golden Promise」と形質転換が困難であるがゲノム情報が充実している品種「はるな二条」の交雑後代を用いて、遺伝的評価を行っている。また、育種や遺伝子機能解析への応用が期待されるオオムギのゲノム編集技術の開発を進めている。

(Genetic Resources Unit)

Group of Genome Diversity

Our group has preserved ca. 14,000 accessions of cultivated barley including experimental lines and ca. 900 accessions of wild relatives. The objectives of our research are 1) collection, multiplication, preservation and distribution of barley germplasm, 2) evaluation of genetic diversity and development of the database of genotype and phenotype data, and 3) application of barley genetic resources to breeding and basic research by the genome analysis using new technologies, e.g., next generation sequencing (NGS), microarray genotyping and genetic transformation.

1. Preservation and distribution of barley genetic resources

Our group has been taking part in the National BioResource Project (NBRP) and has been preserving and distributing the barley seeds and DNA clones.

(a) Preservation and distribution of barley germplasms

We are multiplying and distributing the barley germplasms including landraces, experimental lines and wild relatives. We are depositing barley seeds in the Svalbard Global Seed Vault in Spitsbergen, Norway. These barley seeds are important genetic resources to be utilized as barley breeding materials for food security, and storage of duplicate samples is important.

(b) Distribution of barley genome resources

We are distributing the barley genome resources to domestic and international institutions and researchers upon request. These resources include complete BAC clone set, pooled BAC DNA for clone screening, its high-density replica membranes, expressed sequence tag (EST) clone and full-length cDNA derived from the Japanese cultivar “Haruna Nijo”.

2. Evaluation of barley germplasm

Our group is focusing on isolation and characterization of the genes involved in agronomically important traits using barley genetic resources. For example, we identified a candidate gene for barley seed dormancy quantitative trait locus (QTL) (*Qsd1*) on the long arm of chromosome 5H, which may be associated with pre-harvest sprouting using a high-density linkage map of a large segregating population from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). The relationship between *Qsd1* gene and seed dormancy were validated by transformation test.

3. Barley genome analysis

(a) Genome analysis and marker development in barley

This project incorporated The International Barley Sequencing Consortium (IBSC) to develop the barley reference genome. We have integrated the physical and genetic maps, and developed full-length cDNA resources. Recently, we performed RNA-seq analysis using NGS technology using several barley varieties; and conducted single nucleotide polymorphism (SNP) analysis.

(b) Genetic transformation and genome editing in barley

For post-genome analysis, we are searching for the genes related to the efficiency of transformation in barley. For genetic analysis, we use the progenies derived from a cross between “Golden Promise”, a variety that can be transformed, and “Haruna Nijo”, a variety that is difficult to transform. We are now developing a method of mutagenesis by genome editing for future breeding and functional genomics in barley.

本グループではオオムギ(*Hordeum vulgare* L.)を中心とするイネ科作物の形態や品質を制御する有用遺伝子の特定と機能解析を行っている。本年度の主要成果は以下の通りである。

1. オオムギ細葉矮性*NARROW LEAFED DWARF1*遺伝子の特定と側生器官特異的遺伝子発現

オオムギは生産量が世界第4位の禾穀類であり、主に家畜の飼料やビール原料として利用される。近年では食物繊維が豊富なため健康食品として注目されている。しかし、オオムギの葉の発生機構に関しては知見が乏しいのが現状である。本研究において、我々は細葉かつ矮性の表現型を呈するオオムギ *narrow leafed dwarf1 (nld1)* 変異体の調査を行った。詳細な組織学的調査の結果、*nld1* では鋸歯や厚壁細胞のような葉縁組織が欠失しており、*nld1* の細葉表現型は葉の側方末端の発達不良に起因することが示唆された。同様の発達不良は節間や苞穎においても認められた。マップベースクローニングの結果、*NLD1* はトウモロコシの *NARROW SHEATH* 遺伝子とオーソログな WUSCHEL-RELATED HOMEBOX 3 (WOX3) をコードすることが明らかになった。*In situ* ハイブリダイゼーションの結果、*NLD1* の転写産物は葉原基の発生段階から葉縁に局在していた。以上の結果より、*NLD1* 遺伝子はオオムギにおいて側生器官の幅の増大や側方末端組織の発達に主要な役割を担うと考えられた。

2. オオムギ疎穂変異体 *laxatum-a* の原因遺伝子解明と多様性解析

オオムギの疎穂変異体 *lax-a* は鱗被が葯にホメオティック転換する上に、疎穂化や内外穎の辺縁が発達不良になるなどの特徴を示す。*lax-a* の原因遺伝子を多数の人為誘発変異体パネルを用いた解析で特定し、シロイヌナズナの *Blade on Petiole 1/2 (BOP1/2)* 遺伝子のオオムギホモログの一種であることを明らかにした。オオムギゲノム中には *Blade on Petiole 1/2* ホモログが2個存在する。今回特定した *LAX-a* 遺伝子のパラログである、*Cul4* 遺伝子は分げつを抑制する作用があると報告されている。シロイヌナズナで *bop1/2* 二重劣性変異体が葉柄上の葉身発生と花器官異常の表現型をもたらすのに対して、オオムギでは異なる表現型が *BOP* 遺伝子の単独突然変異で生じる点が興味深い。

Our group has been analyzing important genes controlling morphogenesis and the quality of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Our main achievements in 2016 are described below.

1. Cloning and functional characterization of *narrow leafed dwarf1* gene in barley

Barley is the fourth most-produced cereal in the world and is mainly utilized as animal feed and malts. Recently barley attracts considerable attention as a healthy food rich in dietary fiber. However, limited knowledge is available about developmental aspects of barley leaves. In the present study, we investigated barley *narrow leafed dwarf1 (nld1)* mutants, which exhibit thin leaves accompanied by short stature. Detailed histological analysis revealed that leaf marginal tissues, such as saw tooth hairs and sclerenchymatous cells, lacked *nld1*, suggesting that narrowed leaf of *nld1* was attributable to the defective development of the marginal regions in the leaves. The defective marginal developments was also observed in internodes and glumes in spikelets. Map-based cloning revealed that *NLD1* encodes a WUSCHEL-RELATED HOMEBOX3 (WOX3), an ortholog of the maize *NARROW SHEATH* genes. *In situ* hybridization showed that *NLD1* transcripts were localized in the marginal edges of leaf primordia from the initiating stage. From these results, we concluded that *NLD1* plays a pivotal role in the increase of organ width and in the development of marginal tissues in lateral organs in barley.

2. A homolog of *Blade-On-Petiole 1* and *2 (BOP1/2)* controls internode length and homeotic changes of the barley inflorescence

Inflorescence architecture in small-grain cereals has a direct effect on yield and is an important selection target in breeding for yield improvement. We analyzed the recessive mutation *laxatum-a (lax-a)* in barley, which causes pleiotropic changes in spike development, resulting in (1) extended rachis internodes conferring a more relaxed inflorescence, (2) broadened base of the lemma awns, (3) thinner grains that are largely exposed due to reduced marginal growth of the palea and lemma, and (4) and homeotic conversion of lodicules into two stamenoid structures. Map-based cloning enforced by mapping-by-sequencing of the mutant *lax-a* locus enabled the identification of a homolog of *BLADE-ON-PETIOLE1 (BOP1)* and *BOP2* as the causal gene. Interestingly, the recently identified barley unculme4 gene also is a *BOP1/2* homolog and has been shown to regulate tillering and leaf sheath development. While the Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*) *BOP1* and *BOP2* genes act redundantly, the barley genes contribute independent effects in specifying the developmental growth of vegetative and reproductive organs, respectively. Analysis of natural genetic diversity revealed strikingly different haplotype diversity for the two paralogous barley genes, likely affected by the respective genomic environments, since no indication for an active selection process was detected.

本グループでは、地球上に植物の多様性が進化した仕組みの理解を目指した研究を行っている。また、併せてこれまでに収集された野生植物の遺伝資源を保存している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構の解明を目指した研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。こうした環境への適応の仕組みを理解するため、広範囲の緯度に分布する周北極-高山植物を材料に、赤色光受容体フィトクロムに注目した研究を進めている。フィトクロムに注目する理由は、フィトクロムは全ての植物が持つ光受容体であるため、植物に普遍的に当てはまる仕組みを見出すことにつながる可能性があり、幅広い応用への展開が期待されるからである。また、これまでの我々の研究から、異なる緯度に生育する植物（個体）は異なるフィトクロムの対立遺伝子を持つだけでなく、それらが自然選択により分化していることが明らかにされているからである。本年度は、シロイヌナズナの *phyB* 欠損株にアブラナ科ミヤマタネツケバナ類 (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*) の *PHYB* 遺伝子を形質転換させた植物を用いた生理学実験を行った。開花や胚軸といった *PHYB* が関わる表現型に顕著な差は見られなかったが、*CnPHYB* と *CbPHYB* の生理応答には違いがあることを確認した。

2. ヤマノイモ科の分類

日本に産するヤマノイモ科植物について、標本、生品、記載文献の検討に基づいて整理した結果、この度出版された Flora of Japan IVb 巻では、日本に野生するヤマノイモ科植物は16種1変種となった。本巻のヤマノイモ科に関する特色として、アマミタチドコロやユワンオンドコロなど琉球地域に知られる種を網羅したことなどがある。アマミタチドコロは従来ツクシタチドコロと混同され、文献で取り上げられることは殆ど無かったが、本巻では両種の違いを明確に記載した。日本産ヤマノイモ科については残された分類学的課題は多いが、本文献は現時点での日本産全種を比較した唯一のものである。

3. 東日本大震災被災農地復興支援の取り組み（放射能汚染対策）

2012 年より、震災時に起きた原発事故によって放射能汚染を受けた農地の復興を植物科学によって支援するための調査研究に取り組んでいる。福島県伊達郡川俣町の避難指示解除準備区域における除染後の水稲試験栽培農地において、岡山大学自然生命科学研究支援センター、環境理工学部、山陽圏フィールド科学センターと共同で、調査研究を行った。本調査は岡山大学による予算支援を受けた。また、これまでの取り組みによる成果の一部を国際学術誌と国内学会で報告した。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of species diversity of plants. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. Our main achievements during 2016 are described below.

1. Unraveling the mechanisms of adaptation to local environment differing along latitude

Adaptation to environment that differs along latitude such as photoperiod and temperature is important for plants. As mechanisms of such adaptation, we are focusing on phytochromes, red-light photoreceptors, and unraveling its functional differences among local accessions using arctic-alpine plants. There are two reasons we focused on phytochromes. Given that all plants have phytochromes, knowledge of their adaptive functions could be applied to various crops. In addition, our previous study revealed that plants growing in different latitude have alleles that diverged under natural selection. This year we compared the physiological roles of *PHYB* from *Cardamine bellidifolia* (*CbPHYB*) with those from *Cardamine nipponica* (*CnPHYB*) by complementing mutants of *Arabidopsis thaliana* lacking functional *PHYB*. We did not find any significant difference in the phenotypes of traits regulated by *PHYB* (e.g., flowering, germination, hypocotyl length). However, our detailed experiments demonstrated a difference in the biochemical characters of *PHYB* *in vivo*.

2. Taxonomy of the Dioscoreaceae

The Dioscoreaceae in Japan include 16 wild species (Yamashita and Tamura 2016). In the Flora of Japan Volume IVb, we compared all the *Dioscorea* species distributed in 'Ryukyu' region including *Dioscorea zentaroana* Koidz., *D. tabatae* Hatus. ex Yamashita and M.N.Tamura. Hitherto, *Dioscorea zentaroana* had been included in to *D. ascrepiadea* Prain et Burkill due to insufficient understanding of the species. Concerning the Japanese Dioscoreaceae, even though many taxonomic problems still remain, our contribution (Flora of Japan Volume IVb) is currently the only literature describing all the wild species.

3. Project for recovering arable lands devastated by East Japan Earthquake (from radioactive pollution)

Since 2012, we have been conducting a field survey to support the recovery of arable land polluted with radioactive elements from the Fukushima-1 Nuclear Power Station accident. This year, we surveyed decontaminated paddy fields in Kawamata-machi (Fukushima Pref.), in collaboration with the Advanced Science Research Center, the Field Science Center, and Faculty of Environmental Science and Technology (Okayama University). We also presented a few articles on this project at domestic meetings.

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および分子遺伝学的研究を行っている。特に、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、植物人工染色体の作出とその利用に関する研究に取り組んでいる。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 透明化技術を用いた植物組織内におけるエピジェネティック修飾の解析

これまで、エピジェネティック修飾はクロマチン免疫沈降法により解析されてきた。この方法は、1 kb 以下の高解像度をもつ反面、原理上、多くの細胞のバルクをスタート材料とするため、組織内の個々の細胞のエピジェネティック修飾情報を解析することはできない。これらの細胞は個別に制御されているはずであり、これらの情報を得ることは植物の環境応答制御システムを理解するために不可欠である。これらの情報を得るためには、植物組織内で個々の細胞のエピジェネティック修飾を可視化する必要がある。近年、植物においても生体組織から切片を作成すること無しに細胞内構造やタンパク質の細胞内局在を観察する為の透明化法が開発されてきた。しかし、ClearSee 法を含む多くの透明化法は、蛍光色素で染色した核や蛍光タンパク質と融合した標的タンパク質を可視化する為のものであり、そのままでは特異的抗体を用いた解析が必須なエピジェネティック修飾の組織免疫染色には利用できない。これらの内、PEA-CLARITY 法と Sauer 法では組織免疫染色が可能であるが、PEA-CLARITY 法では検出までに 2-3 ヶ月が必要で細胞内に多量に存在するタンパク質の検出例しかない。一方、Sauer 法に必要な期間は 2-3 日であるが、この方法では多くの有害な有機溶媒を用いる必要がある。加えて、この方法では組織深部のエピジェネティック修飾を検出することはできなかった。そこで、我々は ClearSee 法に酵素とプロパノールを用いた細胞壁と細胞膜の部分的除去ステップを追加し、高効率に抗体を組織内部に浸透させることにより、低バックグラウンドで高感度、かつ有害な有機溶媒を一切用いない、植物組織内免疫染色法（ePro-ClearSee 法）を開発した。この方法では、シロイヌナズナ、タバコ、トマト、ヒマワリ、イネ、トウモロコシ、オオムギ、コムギおよびネギにおいて、ヒストン修飾および DNA メチル化等のエピジェネティック修飾が 10 日から 3 週間で検出できた。この結果は、ePro-ClearSee 法がエピジェネティック修飾にダメージを与えることなく、多くの植物種において組織内の個々の細胞のエピジェネティック修飾解析に利用可能であることを示す。

2. 植物人工環状染色体の伝達制御

植物人工染色体は、外来遺伝子の運び屋としての利用が期待されている。しかし、シロイヌナズナで作出された人工環状染色体（Artificial Ring Chromosome 1, ARC1）は、雌性側からの伝達が限られているため、次代に 20%ほどの割合でしか伝達されない。そこで、ARC1 が起源した 2 番染色体部位に座乗する *Mcm9* (Minichromosome maintenance 9) 遺伝子に着目し、その T-DNA ノックアウト個体に ARC1 を導入した。MCM (Mini-Chromosome Maintenance) は DNA の複製開始複合体であり、*Mcm9* はそのサブユニットをコードする遺伝子である。この遺伝子は花粉特異的に発現するため、その T-DNA ノックアウト個体は花粉が不稔となる。しかし、ARC1 にはこの正常遺伝子が座乗しているため、ARC1 を導入すると、花粉の稔性が回復し、次代に得られる種子すべてに ARC1 が伝達された。この系統(M9ARC1)では ARC1 が 100%の割合で伝達されるため、環状染色体の安定性に関与する遺伝的要因の特定に利用できる。

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. We have been analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins, and constructing plant artificial chromosomes for crop improvement. Our main achievements in 2016 are described below.

1. ePro-ClearSee: a simple immunohistochemical method that does not require sectioning of plant samples

Since investigations of epigenetic status of individual cells in tissues can produce not only epigenetic data in different cell-types but also positional information of the cells, the investigations are important to understand intra- and inter-cell control systems for environmental responses in plants. However, a simple and harmless way to detect epigenetic modifications of individual cells in plant tissues had not been developed. In this study, we developed a clearing method for immunohistochemical (ePro-ClearSee) to investigate epigenetic modifications without sectioning. The ePro-ClearSee method could detect modified histones and/or methylated DNA in *Arabidopsis*, tobacco, tomato, sunflower, rice, maize, barley, wheat and green onion for a short period (10 days-3 weeks) suggesting this method provide a simple and universal way to investigate epigenetic modifications in widespread plant species.

2. Transmission control of plant artificial ring chromosomes in *Arabidopsis thaliana*

We generated artificial ring chromosomes in the model plant, *Arabidopsis thaliana* using the Cre/LoxP and *Ac/Ds* system. Despite the ring structure, they were stable during mitotic divisions and could be transmitted to the next generation through meiosis. One of the artificial ring chromosomes, AtARC1, originating from a centromeric edge of the long arm of chromosome 2, is approximately 2.85 Mb in size. Although the centromeric 180-bp repeat array of ARC1 is much shorter than that of the original chromosome 2 (0.25 Mb vs. 3.0 Mb), the transmission rates through the female and male sides were 11% and 28%, respectively, when it was added to wild-type plants (Murata et al. 2103). In this study, ARC1 was transferred to a T-DNA knockout line for *Mcm9* (Minichromosome maintenance 9) gene that is expressed preferentially in pollen. As a result, the transmission of ARC1 increased to 100%, because the *Mcm9* gene on ARC1 complemented the recessive allele (*mcm9*) on chromosome 2 and restored pollen viability. This line, M9ARC1, is useful for identifying a genetic factor(s) that controls the stability of ring chromosomes in *A. thaliana*.

本グループでは、効率的な食糧生産あるいは種子品質向上のために必要な遺伝要因の解明や、金属や酸化ストレスあるいは宇宙環境等で生育可能な植物の耐性遺伝子の解明を目的とする。

1. バスマティイネの pLIA-1 染色体断片導入系統 (LCSILs) の育成

アフリカ在来の野生種、*Oryza longistaminata* と台中 65 の交雑後代から無肥料条件化で大きなバイオマスをつくる低投入適応系統 (pLIA-1) を育成してきた。バスマティイネの低収量性を改良するために、pLIA-1 の染色体断片を SSR マーカーを用いた戻し交雑によって導入を行い、50 系統の染色体導入系統を育成できた。今後は、これらの LCSILs の形質評価を行い、導入断片の効果を明らかにする予定である。

2. オオムギ未熟胚培養系の植物体再分化における光制御機構のマクロアレイ解析

オオムギ栽培品種の関東二条 5 号 (KN5) は、16 時間日長条件下でカルスを誘導すると再分化が抑制される。一方で、Lenins (LN) は 16 時間日長条件下で誘導したカルスで再分化が高くなる。これら品種について、16 時間日長と暗黒条件下で培養したカルスにおける遺伝子発現の変化をマクロアレイによって比較した。暗黒条件下で培養したカルスにおいて、KN5 では複数の転写制御因子の発現が上昇したが、これら遺伝子の発現は LN では光条件の影響を受けなかった。これら転写制御因子は KN5 における植物体再分化の光抑制に関わる可能性がある。

3. 国際宇宙ステーション船外に長期間曝露したイネ種子の生存能力とトランスクリプトーム解析

宇宙環境が種子の生存能力に及ぼす影響を明らかにする目的で、国際宇宙ステーション (ISS) 船外にイネ種子を 13、20 ヶ月保管し、その発芽と発現遺伝子を網羅的に解析した。その結果、ISS 船外での保管期間の長さに伴いイネ種子の発芽率が低下し発芽が遅延した。20 カ月船外保管種子では発芽に関与する貯蔵型 mRNA 量が減少し、宇宙環境による貯蔵型 mRNA のダメージが種子の生存能力に関与することを明らかにした。

4. Al ストレス応答機構としてのエピジェネティックな遺伝子発現制御機構について

Al ストレスではエピジェネティックな遺伝子発現が引き起こされるが、そこには Al ストレス誘導遺伝子 S-adenosyl methionine synthase (*SAMS*) が強く関わり、「DNA とヒストンのメチル化状況」に変化を及ぼすことを明らかにした。さらにマクロアレイ解析で、ヒストンメチル基転移酵素遺伝子の 1 つである *Suvh4* の欠損変異株が、Al 処理下でコントロール株とは異なった発現パターンを示したことから、Al ストレス下でのエピジェネティックな発現制御に関与することが示唆された。

5. オオムギ種子における液胞型アクアポリン (TIP) の水輸送調節

種子は登熟過程で胚を形成し、養分を貯め、乾燥し、発芽に最適な条件になるまで維持される。種子はこの期間 (劇的に変化する) 細胞内水環境をコントロールするメカニズムをもっていると推測される。本研究では、そのメカニズムの一端を明らかにすることを目的として、オオムギ種子で発現する TIP の水輸送調節について解析している。今年度は、種子で特異的に発現する HvTIP3;1 と種子で発現する他のアクアポリン分子種との相互作用について解析した。

This group analyzed the genetic factors for greater production of crops and improvement of seed quality and also tolerance genes for metal or oxidation stresses and a spacegrowing.

1. Development of chromosome segments introduced lines (LCSILs) of pLIA-1 in Basmati rice

We developed a potential Low Input-Adaptable (pLIA-1) line derived from the cross between *Oryza longistaminata*, an African wild species and T-65 showing large biomass under non-fertilized conditions. For improvement of low productivity of Basmati, 50 LCSILs were developed by backcrossing using simple sequence repeat (SSR) markers in Basmati background. Phenotypes of LCSILs will be evaluated and the effects of chromosome segments of pLIA-1 will be examined.

2. Microarray analysis for photo-regulation of shoot regeneration in callus cultures derived from barley immature embryos

Efficiency of shoot regeneration in barley cultivar Kanto Nijo-5 was lower under a 16-h photoperiod during callus-induction than in continuous darkness. However, Lenins showed higher shoot regeneration frequency in calli cultured under a 16-h photoperiod. Light effects on gene expression were investigated by microarray analysis in these cultivars. Although several transcription factors were up-regulated in KantoNijo-5 calli cultured in continuous darkness, light condition had no effects on the expression of these genes in Lenins. These transcription factors may play important roles in the inhibition of shoot regeneration by light in Kanto Nijo-5.

3. Transcriptome Analysis of Rice Seeds after Long-term Exposure to Outside of International Space Station

Rice seeds exposed to outside of the International Space Station (ISS) for 13 and 20 months were examined for seed germination and gene expression in order to elucidate the effect of space environment on seed viability. Seed germination was delayed with the increased duration of exposure. The amount of long-lived mRNA that is required for germination was decreased in the seeds exposed for 20 months, suggesting that damage to long-lived mRNA in seeds in outer space environment reduces seed viability.

4. An epigenetic gene-regulation as Al stress response-mechanism in Arabidopsis

We have found that the *AvSAMS1* (S-adenosyl methionine synthase) gene-dependent epigenetic gene-regulation occurred under Al stress in Arabidopsis. Moreover, this gene can stimulate an alteration of methylation status in DNA and histone H3 protein under the stress. Recently, we performed microarray analyses and found that a histone methyl transferase gene, *Suvh4*, disrupted mutant line shows a genome-wide change in gene-expression under Al stress, compared with a control line. This result suggested that the gene is also strongly related to the epigenetic gene-regulation as Al response-mechanism in Arabidopsis.

5. Control of the water transport activity of tonoplast intrinsic proteins (TIPs) in barley seeds

Most seeds form an embryo, store starch and nutrients during ripening, are then desiccated and maintain a desiccated condition until germination. This suggests the existence of a mechanism controlling the inner water condition of cells during the development and subsequent desiccation of seeds. To reveal the molecular mechanism controlling water transport in the ripening and desiccation of seeds, we analyzed some TIPs expressed in barley seeds, especially HvTIP3;1, which accumulates in barley seeds and changes the water transport activity with other TIPs. This year we advanced our research on the interaction between HvTIP3;1 and other aquaporin species.

当グループでは、西日本近海域で発生する赤潮の原因藻類の一種、ヘテロシグマ（学名 *Heterosigma akashiwo*）の研究を行っている。本年度の研究成果を以下にまとめる。

1. ヘテロシグマと海洋細菌の共生についての研究

赤潮は、多くの場合、1種類の赤潮原因藻が急激に優占した状態を指す。赤潮発生の原因としては、水温や富栄養化などの環境要因と相関があるとされているが、赤潮形成を引き起こす原因にはいまだに不明な点が多い。

私たちは *Alphaproteobacteria* 綱の海洋細菌 *Altererythrobacter ishigakiensis* がヘテロシグマの増殖を促進することを見出した。この細菌は、ヘテロシグマと同じく赤潮原因藻でラフィド藻綱に属するシャトネラの増殖には影響を与えないことから、種特異的にヘテロシグマの増殖を促進することが明らかとなった。また、ヘテロシグマとシャトネラを共培養すると、ヘテロシグマは増殖する一方、シャトネラの増殖は抑制されるが、ヘテロシグマのシャトネラに対する増殖抑制効果は、*A. ishigakiensis* により増強されることが明らかとなった。このような海洋細菌との共生によるヘテロシグマ増殖・優占強化は、ヘテロシグマ赤潮発生時の一種優占のメカニズムを理解する上で重要であると考えられる。

2. *Heterosigma akashiwo* virus の全長配列解読および解析

赤潮は、殺藻細菌やウイルスなどの感染により終結することが知られている。*Heterosigma akashiwo* virus (*HaV*) は、このようなヘテロシグマ赤潮終結因子の一つとして単離された。*HaV* は、ゲノムサイズ約 290 kb 程度的大型二本鎖 DNA ウィルスということが知られてきた。

私たちは、*HaV53* 系統の全ゲノム配列を解読し、*HaV* と近縁とされる *Mimiviridae* および *Phycodnaviridae* との比較解析を行った。*HaV53* 各遺伝子と他の大型ウイルス因子とを比較すると、*HaV53* 遺伝子の多くは他の大型ウイルス因子との相同性を示さないことから、大型ウイルスの中でもユニークな位置を占めることが示唆された。私たちが行った解析によると、*Mimiviridae*・*Phycodnaviridae*・*HaV53* は *Megaviridae* (Mimivirus-like), *Chlorovirus*-type, and *Coccolitho/Phaeovirus*-type groups, の3つのグループと、それらとは独立した *HaV53* というサブファミリーに分類できることが明らかとなった。また、それぞれにサブファミリーに特異的なウイルス因子を同定した。以上の結果より、*Mimiviridae*・*Phycodnaviridae* の新たな分類を提示し、系統学的関係を明らかにした。

Our group focuses on the study of *Heterosigma akashiwo*, a unicellular algae that forms harmful algal bloom (commonly termed 'red tide'), frequently observed in the western part of Japan. The outline of our research activity during the present year is summarized below:

1. Characterization of mutualistic relationship between *H. akashiwo* and a marine bacterium

Algal bloom is typically caused by aberrant propagation of a single species, resulting in its predominance in the local population. While environmental factors including temperature and eutrophication are linked to bloom, the precise mechanism of its formation process is still obscure. We isolated a bacterial strain, *Altererythrobacter ishigakiensis*, a member of the class *Alphaproteobacteria*, that promotes growth of *Heterosigma akashiwo*, a *Raphidophyceae* that causes harmful algal blooms. When added to the culture, this strain facilitated the growth of *H. akashiwo* and increased its cell culture yield significantly. Importantly, this strain did not affect the growth of other raphidophytes, *Chattonella ovate* and *C. antiqua*, indicating that it promotes growth of *H. akashiwo* in a species-specific manner. We also found that, in co-culture, *H. akashiwo* suppressed the growth of *C. ovate*. When *A. ishigakiensis* was added to the mixed culture, *H. akashiwo* growth was facilitated while *C. ovate* propagation was markedly suppressed, indicating that the presence of the bacterium enhances the dominance of *H. akashiwo* over *C. ovate*. This is the first example of selective growth promotion of *H. akashiwo* by a marine bacterium, and may exemplify importance of symbiotic bacterium on algal bloom forming process in general.

2. Characterization of *Heterosigma akashiwo* virus

H. akashiwo bloom is known to be terminated by algicidal bacteria and viruses. *Heterosigma akashiwo* virus (*HaV*) was identified as one of such bloom-terminating factors. Its genome was characterized to be a linear double stranded DNA (dsDNA), with an estimated size of ~290 kbp. It is a member of *Phycodnaviridae*, one of the viral families regarded as "giant dsDNA viruses" that possess genomes larger than several hundred-kbp in size.

We sequenced the whole genome of *HaV* strain 53, and studied *Mimiviridae*–*Phycodnaviridae* phylogeny including *HaV53*. Gene-to-gene comparison of *HaV53* with other giant dsDNA viruses showed that only a small proportion of *HaV53* genes show similarities with the others, revealing its uniqueness among *Phycodnaviridae*. Phylogenetic/genomic analysis of *Phycodnaviridae* including *HaV53* revealed that the family can be classified into four distinctive subfamilies, namely, *Megaviridae* (Mimivirus-like), *Chlorovirus*-type, and *Coccolitho/Phaeovirus*-type groups, and *HaV53* independent of the other three groups. Several orthologs found in specific subfamilies while absent from the others were identified, providing potential family marker genes. Our study illustrates the phylogeny and evolution of *Mimiviridae*–*Phycodnaviridae* and proposes classifications that better represent phyletic relationships among the family members.

本グループでは植物研と農学部の教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。平成 22-24 年度は日本学術振興会アジア・アフリカ学術基盤形成事業「東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発」、平成 26-28 年度は日本学術振興会拠点形成事業（アジア・アフリカ型）「汎アフリカ大学院と協働する資源植物科学イノベーション研究拠点」が採択されたので、平成 28 年度まではこの事業に基づいて交流を行う。ジョモケニアッタ農工大学（JKUAT）を中心に汎アフリカ大学院を支援する JICA「JAPAN-ai-Africa プロジェクト」の国内支援機関として国際共同研究のサポートも行っている。さらに平成 28 年はウガンダのマケレレ大学と大学間交流を締結し交流を拡大することになった。

1. ケニア・ウガンダ研究者の受入れと共同研究、研究集会の開催

平成 28 年度は、JKUAT とマケレレ大学から研究員 2 名を植物・昆虫間相互作用グループ（1 名、平成 28 年 7～10 月）、光環境適応研究グループ（1 名、平成 28 年 8～10 月）に受入れ、それぞれ 2～3 ヶ月間、研究の指導や共同研究を行った。平成 29 年 2 月～5 月にかけてケニアおよびウガンダの研究員 2 名を招へいし、共同研究を行う予定である。平成 28 年 10 月にはケニア・アフリカデー 2016 を開催し、平成 29 年 2 月にはプロジェクト最終報告会を行う予定である。

2. ケニアへの研究者派遣とシンポジウム開催

平成 28 年度は植物研から 3 名の教員（坂本、ガリス、谷）と環境生命科学研究科から 2 名（久保、田中）がウガンダとケニアを、環境生命科学研究科から 2 名（西野、後藤）と学生 1 名（土佐）がケニアを訪問した。学生は約 2 ヶ月 JKUAT に滞在して実習を行った。平成 28 年 11 月には JKUAT にて開催された第 11 回ジョモケニアッタ農工大学学術会議において「Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for Sustainable Food Production and Security」と題したシンポジウムを開催した。

This group consists of concurrent faculty members, and aims to establish an international hub and/or exchange program on Plant Genetic Resources and Stress Science. Our program is supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Asia-Africa Science Platform (AASP) program under the title “Establishment of crop stress science network for increase of food production in eastern Africa” (2010-2012) and “Plant Science and Resource Innovative Research Core with Pan African University” (2014-2016). In addition, Okayama University has been selected as one of the supporting institutions for JICA JAPAN-ai-Africa project initiated in 2014. To enhance our exchange in eastern Africa, MOU between Okayama University and Makerere University in Uganda has been signed in 2016 under our initiative. Our group aims in promoting international exchange through these programs.

1. Accepting Kenyan and Ugandan researchers and international collaboration

We invited two researchers from Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT) and Makerere University to Plant-Insect Interaction Group (Prof. Galis) and Plant Light Acclimation Research Group (Prof. Sakamoto). During their stay at Okayama University for about two months, they achieved advanced experimental skills in their disciplines and performed collaborative projects. To promote networking of young researchers, we organized the “Kenya Africa Day 2016” in October, 2016. We also organize AASP final report meeting scheduled in February, 2017.

2. Visiting east African countries

To promote exchange between IPSR and other east African universities, three faculty members from IPSR (Sakamoto, Galis and Tani) and two faculty members from the Faculty of Agriculture (Kubo and Tanaka) visited Uganda (Makerere and NaCRRI) and Kenya (JKUAT), and two faculty members from the Faculty of Agriculture (Nishino and Goto) and a graduate student (Tosa) visited Kenya (JKUAT). We organized a symposium “Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for Sustainable Food Production and Security” held at JKUAT in November, 2016. Future collaborations with Makerere and NaCRRI have been discussed.

本グループでは、研究所が保有する遺伝資源を活用して、これまで蓄積してきた環境応答データや植物の様々な生理応答に関する知見を統合し、作物の生産性に有用な鍵遺伝子の探索を計算機的に加速させることで「次世代ストレス耐性作物デザイン研究」を推進している。

1. アジア型オオムギの遺伝的特徴のゲノムワイドな描出

近年の多型解析研究から、現在の栽培オオムギ集団は大きく東洋型（アジア型）と西洋型に分化していることが示唆されている。アジア型オオムギの遺伝的分化の特徴を知ること、は、アジア圏の気候への適応の過程を理解することで、アジア圏の環境下で生存することに必要な性質やその性質に関連する遺伝子の発見に繋がると考えられる。そこで、オオムギ集団において地理的に代表と考えられる系統のDNA多型の比較解析を、発現遺伝子について網羅的に行い、アジア型オオムギの遺伝的な特徴の描出を行った。オオムギ集団における生物地理的代表系統（20系統）について、発現遺伝子のDNA配列を網羅的に収集できるRNA-seq法による解析を行い、38,729-79,949箇所のDNA多型データの収集を行った。公共データとして利用できるオオムギ系統（14系統）のExome-seq解析のデータを統合して解析し、アジア型オオムギと西洋型オオムギの明快な分類を確認した。また、RNA-seq解析データおよびExome-seq解析データから得られた多型データに基づいて、アジア型オオムギと西洋型オオムギの分集団間の比較を行い、アジア型オオムギの遺伝的な特徴とそのゲノム上の位置やDNA配列レベルでの分化の程度を明らかにした（Takahagi et al. 2016）。

2. オオムギ系統のフィールドトランスクリプトームの描出

野外環境で生育する作物が生育期間を通してどのように周囲の環境変化にตอบสนองするかを明らかにするために、野外環境で育成したオオムギ2系統に関する時系列トランスクリプトームの解析を進めた。収集したRNA-seqデータを用いて*De novo*トランスクリプトーム解析を行い、リファレンスゲノムであるMorex系統の遺伝子アノテーションには無い多くの転写単位を同定した。また、高等植物において既知の開花関連遺伝子の同祖遺伝子に由来すると考えられる転写物を、それぞれの系統で探索し、それらの野外環境での発現プロファイルを明らかにした。これらの遺伝子の発現パターンを時系列に沿って分類し、オオムギの生育ステージの進み方とオオムギの開花関連遺伝子の発現状態との関連を描出した。

そのほかに、次世代シーケンサーの出力データを解析するための計算機基盤を整備し、所内の研究者に提供を行っている。

With the genetic resources in IPSR, our group has been integrating a broad range of data and knowledge related to the physiological responses in plants, and promoting the research to discover genes that contribute to higher crop productivity for next-generation crop design by integrated use of approaches in bioinformatics and data science.

1. Genome-scale analysis of genetic polymorphisms in the oriental barley population

Recent polymorphism studies suggested the domesticated the barley population is primarily differentiated into the western and subpopulations. Valuable genes and allelic variations should be involved in the traits of the eastern varieties to particular environmental conditions in Asia. Therefore, exploration of genetic diversity from the Asian landraces will enable us to identify valuable variations that can be easily used to improve the productivity of barley under various environmental conditions. To examine the genome-scale properties of genetic polymorphisms of oriental barley landraces, we carried out RNA-seq based polymorphism analysis of 19 diverse accessions of domesticated barley and one wild barley variety, *H. vulgare* ssp. *spontaneum* H602, and compared the genome-wide patterns of DNA variations between these accessions based on the datasets of 38,729-79,949 SNPs. Furthermore, using the RNA-seq based SNP dataset and another generated using a publicly available exome-sequencing dataset, we performed a population structure analysis of domesticated barley accessions. Based on the estimated population structure, we revealed the genomic diversity in the eastern subpopulation in a genomic context (Takahagi et al. 2016).

2. Field transcriptome of barley accession

To better understand the physiological responses of crops under field conditions throughout the life cycle, we performed time-series transcriptome analysis of two different barley accessions grown under field conditions. With the RNA-seq dataset, we performed *de novo* transcriptome analysis, and identified a number of transcripts that are not annotated in the Morex reference genome. Moreover, we analyzed seasonal gene expression profiles of barley transcripts putatively encoding proteins involved in the flowering process. Then, we classified the genes based on their time-course expression patterns, and figured out relations of the barley developmental stages and combinatorial properties of expressions of the flowering related genes in the barley accessions.

Furthermore, we developed an analytical infrastructure to analyze data from next-generation sequencers, and started to provide the service to researchers in IPSR.

出版物リスト (*List of Publication*)

大気環境ストレスユニット (*Atmospheric Stress Unit*)

光環境適応研究グループ (*Plant Light Acclimation Research Group*)

- (1) Matsushima, R., Maekawa, M., Kusano, M., Tomita, K., Kondo, H., Nishimura, H., Crofts, N., Fujita, N. and Sakamoto, W. Amyloplast membrane protein SUBSTANDARD STARCH GRAIN6 controls starch grain size in rice endosperm. *Plant Physiol.* **170**: 1445-1459. (2016. 1.)
- (2) Toyosawa, Y., Kawagoe, Y., Matsushima, R., Crofts, N., Ogawa, M., Fukuda, M., Kumamaru, T., Okazaki, Y., Kusano, M., Saito, K., Toyooka, K., Sato, M., Ai, Y., Jane, J.-L., Nakamura, Y. and Fujita, N. Deficiency of Starch Synthase IIIa and IVb alters starch granule morphology from polyhedral to spherical in rice endosperm. *Plant Physiol.* **170**: 1225-1270. (2016. 1.)
- (3) 坂本亘 光合成の効率向上とスーパーバイオマス. スーパーバイオマス: 植物に学ぶ、植物を活かす (福田裕穂、稲田のりこ編), 慶應大学出版会 pp. 19-39. (2016. 3.)
- (4) Zhang, L., Kusaba, M., Tanaka, A. and Sakamoto, W. Protection of Chloroplast Membranes by VIPP1 Rescues Aberrant Seedling Development in Arabidopsis nyc1 Mutant. *Front Plant Sci.* **28**; 7: 533. (2016. 4.)
- (5) Zhang, L., Kondo, H., Kamikubo, H., Kataoka, M. and Sakamoto, W. VIPP1 Has a Disordered C-Terminal Tail Necessary for Protecting Photosynthetic Membranes against Stress. *Plant Physiol.* **171**: 1983-95. (2016. 7.)
- (6) Nishimura, K., Kato, Y. and Sakamoto, W. Chloroplast Proteases: Updates on Proteolysis within and across Suborganellar Compartments. *Plant Physiol.* **171**: 2280-93. (2016. 8.)
- (7) Nishimura, K., Kato, Y. and Sakamoto, W. Essentials of Proteolytic Machineries in Chloroplasts. *Mol. Plant.* **16**: 30166-6. (2016. 8.)
- (8) Tominaga, J., Mizutani, H., Horikawa, D., Nakahara, Y., Takami, T., Sakamoto, W., Sakamoto, A. and Shimada, H. Rice CYO1, an ortholog of Arabidopsis thaliana cotyledon chloroplast biogenesis factor AtCYO1, is expressed in leaves and involved in photosynthetic performance. *J. Plant Physiol.* **207**: 78-83. (2016. 12.)

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

- (1) Fukao, Y., Kobayashi, M., Zarger, S.M., Kurata, R., Fukui, R., Mori, I.C. and Ogata, Y. Quantitative proteomic analysis of the response to zinc, magnesium, and calcium deficiency in specific cell types of Arabidopsis roots. *Proteomics* **4**: 1. (2016. 1.)
- (2) Yoshida, R., Mori, I.C., Kamizono, N., Shichiri, Y., Shimatani, T., Miyata, F., Honda, K. and Iwai, S. Glutamate functions in stomatal closure in Arabidopsis and fava bean. *J. Plant Res.* **129**: 39-49. (2016. 1.)
- (3) Hisano, H., Matsuura, T., Mori, I.C., Yamane, M. and Sato, K. Endogenous hormone levels affect the regeneration ability of callus derived from different organs in barley. *Plant Physiology and Biochemistry* **99**: 66-72. (2016. 2.)
- (4) Takagi, H., Ishiga, H., Watanabe, S., Konishi, T., Egusa, M., Akiyoshi, N., Matsuura, T., Mori, I.C., Hirayama, T., Kaminaka, H., Shimada, H. and Sakamoto, A. Allantoin, a stress-related purine metabolite, can activate jasmonate signaling in a MYC2-regulated and abscisic acid-dependent manner, *J. Exp. Bot.* **67**: 2519-2532. (2016. 3.)
- (5) Hayashi, S. and Hirayama, T. *ahg12* is a dominant proteasome mutant that affects multiple regulatory systems for germination of Arabidopsis. *Scientific Rep.* **6**: 25351. (2016. 4.)
- (6) Ishiga, Y., Ishiga, T., Ikeda, Y., Matsuura, T. and Mysore, K.S. NADPH-dependent thioredoxin reductase C plays a role in nonhost disease resistance against *Pseudomonas syringae* pathogens by regulating chloroplast-generated reactive oxygen species. *Peer J.* **4**: e1938. (2016. 4.)
- (7) Rigal, M., Becker, C., Pélissier T., Pogorelnik, R., Devos, J., Ikeda, Y., Weigel, D. and Mathieu, O. Epigenome confrontation triggers immediate reprogramming of DNA methylation and transposon silencing in *Arabidopsis thaliana* F1 epihybrids. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **113**: 2083-2092. (2016. 4.)

- (8) Mikami, K., Mori, I.C., Matsuura, T., Ikeda, Y., Kojima, M., Sakakibara, H. and Hirayama, T. Comprehensive quantification and genome survey reveal the presence of novel phytohormone action modes in red seaweeds. *J. Applied Phycology* **28**: 2539-2548. (2016. 8.)
- (9) Yin, Y., Adachi, Y., Nakamura, Y., Munemasa, S., Mori, I.C. and Murata, Y. Involvement of OST1 protein kinase and PYR/PYL/RCAR receptors in methyl jasmonate-induced stomatal closure in Arabidopsis guard cells. *Plant Cell Physiol.* **57**: 1779-1790. (2016. 8.)

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) Suzuki, K., Yamaji, N., Costa, A., Okuma, E., Kobayashi, N. I., Kashiwagi, T., Katsuhara, M., Wang, C., Tanoi, K., Murata, Y., Schroeder, J. I., Ma, J. F. and Horie, T. OsHKT1;4-mediated Na⁺ transport in stems contributes to Na⁺ exclusion from leaf blades of rice at the reproductive growth stage upon salt stress. *BMC Plant Biol.* **16**: 22. DOI: 10.1186/s12870-016-0709-4 (2016. 1.)
- (2) Che, J., Yamaji, N., Shao, J. F., Ma, J. F. and Shen, R. F. Silicon decreases both uptake and root-to-shoot translocation of manganese in rice. *J. Exp. Bot.* **67**: 1535-1544. doi: 10.1093/jxb/erv545 (2016. 3.)
- (3) Clemens, S. and Ma, J. F. Toxic heavy metal and metalloid accumulation in crop plants and foods. *Annu. Rev. Plant Biol.* **67**: 489-512. Doi: 10.1146/annurev-arplant-043015-112301. (2016. 4.)
- (4) Yokosho, K., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. Functional analysis of a MATE gene *OsFRDL2* revealed its involvement in Al-induced secretion of citrate, but a lower contribution to Al tolerance in rice. *Plant Cell Physiol.* **57**: 976-985. doi: 10.1093/pcp/pcw026 (2016. 5.)
- (5) Chen, Z. C., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. A cation-chloride cotransporter gene is required for cell elongation and osmoregulation in rice. *Plant Physiol.* **171**: 494-507. doi:10.1104/pp.16.00017. (2016. 5.)
- (6) Sasaki, A., Yamaji, N. and Ma, J. F. Transporters involved in mineral nutrient uptake in rice. *J. Exp. Bot.* **67**: 3645-3653. doi: 10.1093/jxb/erw060 (2016. 6.)
- (7) Yokosho, K., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. An aluminum-inducible IREG gene is required for internal detoxification of aluminum in buckwheat. *Plant Cell Physiol.* **57**: 1169-1178. doi: 10.1093/pcp/pcw065 (2016. 6.)
- (8) Toda, Y., Wang, Y., Takahashi, A., Kawai, Y., Tada, Y., Yamaji, N., Ma, J. F., Ashikari, M. and Kinoshita, T. *Oryza sativa* H⁺-ATPase (OSA) is involved in the regulation of dumbbell-shaped guard cells of rice. *Plant Cell Physiol.* **57**: 1220-1230. doi: 10.1093/pcp/pcw070 (2016. 6.)
- (9) Huang, X. Y., Deng, F., Yamaji, N., Pinson, S. R. M., Fujii-Kashino, M., Danku, J., Douglas, A., Guerinot, M. L., Salt, D. E. and Ma, J. F. A heavy metal P-type ATPase OsHMA4 prevents copper accumulation in rice grain. *Nat. Commun.* **7**: 12138. doi: 10.1038/ncomms12138. (2016. 7.)
- (10) Che, J., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. An Al-inducible expansin gene, *OsEXPA10* is involved in root cell elongation of rice. *Plant J.* **88**: 132-142. DOI: 10.1111/tpj.13237. (2016. 10.)
- (11) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. *OsFRDL1* expressed in nodes is required for distribution of iron to grains in rice. *J. Exp. Bot.* **67**: 5485-5494. doi: 10.1093/jxb/erw314 (2016. 10.)
- (12) Wu, D., Yamaji, N., Yamane, M., Kashino-Fujii, M., Sato, K. and Ma, J. F. The HvNramp5 transporter mediates uptake of cadmium and manganese, but not iron. *Plant Physiol.* **172**: 1899-1910. (2016. 11.)
- (13) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N. and Ma, J. F. High silicon accumulation in the shoot is required for down-regulating the expression of Si transporter genes in rice. *Plant Cell Physiol.* **57**: 2510-2518. (2016. 12.)
- (14) Yokosho, K., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. Retrotransposon-mediated aluminum tolerance through enhanced expression of the citrate transporter *OsFRDL4*. *Plant Physiol.* **172**: 2327-2336. (2016. 12.)
- (15) Shao, J. F., Fujii-Kashino, M., Yamaji, N., Fukuoka, S., Shen, R. F. and Ma, J. F. Isolation and characterization of a rice line with high Cd accumulation for potential use in phytoremediation. *Plant Soil* doi: 10.1007/s11104-016-3014-y (2016. 8. Online preview)

- (16) Chungopast, S., Duangkhet, M., Tajima, S., Ma, J. F. and Nomura, M. Iron-induced nitric oxide leads to an increase in the expression of ferritin during the senescence of *Lotus japonicas*. *J. Plant Physiol.* doi: 10.1016/j.jplph.2016.11.004 (2016. 11. Online preview)
- (17) Yamaji, N., Takemoto, Y., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Yoshida, K. T. and *Ma, J. F. Reducing phosphorus accumulation in rice grains with an impaired transporter in the node. *Nature* doi: 10.1038/nature20610 (2016. 12. Online preview)

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

- (1) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Ryan, P.R. and Yamamoto, Y. A chimeric protein of aluminum-activated malate transporter generated from wheat and Arabidopsis shows enhanced response to trivalent cations. *Biochim. Biophys. Acta* **1858**: 1427-1435. (2016. 7.)
- (2) Takanashi, K., Sasaki, T., Kan, T., Saida, Y., Sugiyama, A., Yamamoto, Y. and Yazaki, K. A dicarboxylate transporter, LjALMT4, mainly expressed in nodules of *Lotus japonicas*. *Mol. Plant Microbe Interact.* **29**: 584-592. (2016. 7.)
- (3) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Nakano, R., Ushijima, K., Kubo, Y., Mori, I.C., Higashiizumi, E., Galis, I. and Yamamoto, Y. Two members of the aluminum-activated malate transporter family, SLALMT4 and SLALMT5, are expressed during fruit development and the overexpression of SLALMT5 alters organic acid contents in seeds in tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plant Cell Physiol.* **57**: 2367-2379. (2016. 11.)

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

- (1) Suzuki, K., Costa, A., Nakayama, H., Katsuhara, M., Shinmyo, A. and Horie, T. OsHKT2;2/1-mediated Na⁺ influx over K⁺ uptake in roots potentially increases toxic Na⁺ accumulation in a salt-tolerant landrace of rice Nona Bokra upon salinity stress. *J. Plant Res.* **129**: 67-77. DOI: 10.1007/s10265-015-0764-1 (2016. 1.)
- (2) Mahdieh, M., Mostajeran, A. and Katsuhara, M. Phosphorus Deprivation Effects on Water Relations of *Nicotiana tabacum* Plant via Reducing Plasma Membrane Permeability. *Russ. J. Plant Phys.* **63**: 54-57. DOI: 10.1134/S102144371601012X (2016. 1.)
- (3) Suzuki, K., Yamaji, N., Costa, A., Okuma, E., Kobayashi, N. I., Kashiwagi, T., Katsuhara, M., Wang, C., Tanoi, K., Murata, Y., Schroeder, J. I., Ma, J. F. and Horie, T. OsHKT1;4-mediated Na⁺-selective transport contributes to Na⁺ exclusion from leaf blades of rice at the reproductive growth stage upon salt stress. *BMC Plant Biol.* **16**: 22. DOI: 10.1186/s12870-016-0709-4 (2016. 1.)
- (4) Azad, A. K., Ahmed, J., Alum, M. A., Hasan, M.M., Ishikawa, T., Sawa, Y. and Katsuhara, M. Genome-Wide Characterization of Major Intrinsic Proteins in Four Grass Plants and Their Non-aqua Transport Selectivity Profiles with Comparative Perspective. *PLoS ONE* **11**: e0157735. doi: 10.1371/journal.pone.0157735 (2016. 6.)
- (5) Sharipova, G., Veselov, D., Kudoyarova, G., Fricke, W., Dodd, I., Katsuhara, M., Furuichi, T., Veselova, S. and Veselov, S. Exogenous application of abscisic acid (ABA) increases root and cell hydraulic conductivity and abundance of some aquaporin isoforms in the ABA deficient barley mutant Az34. *Ann. Bot.* **118**: 777-785. doi: 10.1093/aob/mcw117 (2016. 10.)
- (6) Rhee, J., Horie, T., Sasano, S., Nakahara, Y. and Katsuhara, M. Identification of an H₂O₂ permeable PIP aquaporin in barley and a serine residue promoting H₂O₂ transport. *Physiologia Plantarum* Version of Record online DOI: 10.1111/pp1.12508 (2016. 10. Online preview)

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A capsidless ssRNA virus hosted by an unrelated dsRNA virus. *Nature Microbiol.* **1**: 1500. doi:10.1038/nmicrobiol.2015.1 (2016. 1.)
- (2) Keo-oudone, C., Nitiyon, S., Sotitham, P., Tani, A., Noppon, L., Yuangsaard, N., Bounphanmy, S., Limtong, S. and Yamada, M. Isolation and characterization of thermotolerant ethanol-fermenting yeasts from Laos and application of whole-cell MALDI-TOF/MS analysis for their quick identification. *Afr. J. Biotechnol.* **15**: 153-164. (2016. 2.)
- (3) 谷 明生 植物葉面に共生する *Methylobacterium* 属細菌の特性. バイオサイエンスとインダストリー **74**: 135-137. (2016. 2.)
- (4) Watthanasakphuban, N., Tani, A., Benjakul, S. and Maneerat, S. Detection and preliminary characterization of a narrow spectrum bacteriocin produced by *Lacobacillus pentosus* K2N7 from Thai traditional fermented shrimp (Kung-Som). *Songklanakarin J. Sci. Technol.* **38**: 47-55. (2016. 2.)
- (5) Matsushima, R., Maekawa, M., Kusano, M., Tomita, K., Kondo, H., Nishimura, H., Crofts, N., Fujita, N. and Sakamoto, W. Amyloplast membrane protein SUBSTANDARD STARCH GRAIN6 controls starch grain size in rice endosperm. *Plant Physiol.* **170**: 1445-1459. (2016. 3.)
- (6) Hyodo, K. and Okuno, T. Pathogenesis mediated by proviral host factors involved in translation and replication of plant positive-strand RNA viruses. *Curr. Opin. Virol.* **17**: 11-18. (2016. 4.)
- (7) Suzuki, N. Foreword. The world of diverse viruses in the kingdom Fungi (Special Issue “Advances in Fungal Virus Research”). *Virus Res.* **219**: 1. (2016. 7.)
- (8) Chiba, S., Lin, Y.H., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel betapartitivirus RnPV6 tolerates host RNA silencing but is impaired by its defective RNAs. *Virus Res.* **219**: 62-72. (cover featuring) (2016. 7.)
- (9) Kondo, H., Hisano, S., Chiba, S., Maruyama, K., Andika, I.B., Toyoda, K., Fujimori, F. and Suzuki, N. Sequence and phylogenetic analyses of novel totivirus-like double-stranded RNAs from field-collected powdery mildew fungi. *Virus Res.* **219**: 39-50. (cover featuring) (2016. 7.)
- (10) Sasaki, A., Nakamura, H., Suzuki, N. and Kanematsu, S. Characterization of a new megabirnavirus that confers hypovirulence with the aid of a co-infecting partitivirus to the host fungus, *Rosellinia necatrix*. *Virus Res.* **219**: 73-82. (2016. 7.)
- (11) Xie, J., Havens, W. M., Lin, Y. H., Suzuki, N. and Ghabrial, S. A. The victorivirus *Helminthosporium victoriae* virus 190S is the primary cause of disease/hypovirulence in its natural host and a heterologous host. *Virus Res.* **219**: 100-107. (2016. 7.)
- (12) Zhang, L., Kondo, H., Kamikubo, H., Kataoka, M. and Sakamoto, W. VIPP1 has a disordered C-terminal tail necessary for protecting photosynthetic membranes in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* **171**: 1983-1995. (2016. 7.)
- (13) Afonso, C.L., Amarasinghe, G.K., Bányai, K., Baò, Y., Basler, C.F., Bavari, S., Bejerman, N., Blasdel, K., Briand, F., Bries, T., Bukreyev, A., Calisher, C.H., Chandran, K., Che'ng, J., Clawson, A.N., Collins, P.L., Dietzgen, R.G., Dolnik, O., Domier, L.L., Dürrwald, R., Dye, J.M., Easton, A.J., Ebihara, H., Farkas, S.L., Freitas-Astúa, J., Formenty, P., Fouchier, A.M., Fù, Y., Ghedin, E., Goodin, M.M., Hewson, R., Horie, M., Hyndman, T.H., Jiāng, D., Kitajima, E.W., Kobinger, G.P., Kondo, H., et al. Taxonomy of the order Mononegavirales—update 2016. *Arch Virol.* **161**: 2351-2360. (2016. 8.)
- (14) Li, H., Kondo, H., Kühne, T. and Shirako, Y. Barley yellow mosaic virus VPg is the determinant protein for breaking eIF4E-mediated recessive resistance in barley plants. *Front. Plant Sci.* **7**: 1449. doi: 10.3389/fpls.2016.01449 (2016. 9.)
- (15) Andika, I.B., Kondo, H. and Sun, L. Interplays between soil-borne viruses and RNA silencing-mediated antiviral defense in roots. *Front. Microbiol.* **7**: 1458. doi: 10.3389/fmicb.2016.01458 (2016. 9.)
- (16) Tamada, T., Kondo, H. and Chiba, S. Genetic diversity of beet necrotic yellow vein virus (Chapter 5). In *Rhizomania*. Eds, Biancardi, E. and Tamada, T. Springer, Switzerland. pp. 109-131. doi: 10.1007/978-3-319-30678-0 (2016. 9.)
- (17) Higashi, A., Fujitani, Y., Nakayama, N., Tani, A. and Ueki, S. Selective growth promotion of bloom-forming raphidophyte *Heterosigma akashiwo* by a marine bacterial strain. *Harmful Algae.* **60**: 150-156. (2016.11.)

- (18) Luque, D., Mata, C.P., Gonzalez-Camacho, F., Gonzalez, J.M., Gomez-Blanco, J., Alfonso, C., Rivas, G., Havens, W.M., Kanematsu, S., Suzuki, N., Ghabrial, S.A., Trus, B.L. and Caston, J.R. Heterodimers as the structural unit of the T=1 capsid of the fungal dsRNA Rosellinia necatrix quadrivirus. *J. Virology* **90**: 11220-1123. (cover featuring) (2016. 12.)
- (19) Li, Z., Kondo, H., Andika, I.B., Liu, P., Sun, L. and Wu, Y. Identification of the genome recombination events among apple stem pitting virus isolates. *J. Plant Pathol.* **98**: 595-601. (2016. 12.)
- (20) Okumura, M., Fujitani, Y., Maekawa, M., Charoenpanich, J., Murage, H., Kimbara, K., Sahin, N. and Tani, A. Cultivable *Methylobacterium* species diversity in rice seeds identified with whole-cell matrix-assisted laser desorption / ionization time-of-flight mass spectrometric analysis. *J. Biosci. Bioeng* pii: S1389-1723(16)30224-9. (2016. 10. Online preview)
- (21) Lv, H.X., Masuda, S., Fujitani, Y., Sahin, N. and Tani, A. *Oharaeibacter diazotrophicus* gen. nov., sp. nov., a diazotrophic and facultatively methylotrophic bacterium, isolated from rice rhizosphere. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* doi: 10.1099/ijsem.0.001660. (2016. 11. Online preview)

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

- (1) Alamgir, K.M., Hojo, Y., Christeller, J.T., Fukumoto, K., Isshiki, R., Shinya, T., Baldwin, I.T. and Galis, I. Systematic analysis of rice (*Oryza sativa*) metabolic responses to herbivory. *Plant Cell Environ.* **39**: 453-466. doi: 10.1111/pce.12640. (2016. 2.)
- (2) 新屋友規 親和性標識実験. *植物細胞壁実験法* (石井忠ら編), 弘前大学出版会 pp. 374-376. (2016. 2.)
- (3) Sonoda, S. and Kataoka, Y. Genotyping for the G4946E site of ryanodine receptor gene in *Plutella xylostella* (Lepidoptera: Yponomeutidae) considering gene duplication. *Appl. Entomol. Zool.* **51**: 195-204. doi: 10.1007/s13355-015-0385-0. (2016. 5.)
- (4) Kiba, A., Imanaka, Y., Nakano, M., Galis, I., Hojo, Y., Shinya, T., Ohnishi, K. and Hikichi, Y. Silencing of *Nicotiana benthamiana* SEC14 phospholipid transfer protein reduced jasmonic acid dependent defense against *Pseudomonas syringae*. *Plant Biotech.* **33**: 111-115. doi: 10.5511/plantbiotechnology.16.0503a. (2016. 6.)
- (5) Shinya, T., Desaki, Y. and Shibuya, N. Oligosaccharin receptors in plant immunity. *Research Progress in Oligosaccharins*. (Edited by Heng Yin and Yuguang Du). Springer New York. pp. 29-39. doi: 10.1007/978-1-4939-3518-5_3. (2016. 8.)
- (6) Takahara, H., Hacquard, S., Kombrink, A., Hughes, H.B., Hiruma, K., Shinya, T., Neumann, U., Shibuya, N., Thomma, B. and O'Connell, R. Chitin-binding *Colletotrichum higginsianum* extracellular LysM proteins are essential for biotrophic growth in plant cells. *New Phytol.* **211**: 1323-1337. doi: 10.1111/nph.13994. (2016. 9.)
- (7) Shinya, T., Hojo, Y., Desaki, Y., Christeller, J.T., Okada, K., Shibuya, N. and Galis, I. Modulation of plant defense responses to herbivores by simultaneous recognition of different herbivore-associated elicitors in rice. *Sci. Rep.* **6**: 32537. doi: 10.1038/srep32537. (2016. 9.)
- (8) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Nakano, R., Ushijima, K., Kubo, Y., Mori, I.C., Higashiizumi, E., Galis, I. and Yamamoto, Y. Two members of the aluminum-activated malate transporter family, SIALMT4 and SIALMT5, are expressed during fruit development, and the overexpression of SIALMT5 alters organic acid contents in seeds in tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plant Cell Physiol.* **57**: 2367-2379. doi: 10.1093/pcp/pcw157. (2016. 11.)
- (9) Wari, D., Yamashita, J., Kishimoto, H. and Sonoda, S. Utilization of plant food resources by phytoseiid mite species with different feeding habits. *Appl. Entomol. Zool.* **51**: 539-547. doi: 10.1007/s13355-016-0429-0. (2016. 11.)
- (10) Tanabe, K., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Molecular evidence for biochemical diversification of phenolamide biosynthesis in rice plants. *J. Integr. Plant Biol.* **58**: 903-913. doi: 10.1111/jipb.12480. (2016. 11.)
- (11) Aizawa, M., Watanabe, T., Kumano, A., Miyatake, T. and Sonoda, S. Cypermethrin resistance and reproductive types in onion thrips, *Thrips tabaci* (Thysanoptera: Thripidae). *J. Pestic. Sci.* **41**: 167-170. doi: DOI: 10.1584/jpestics.D16-049. (2016. 11.)

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

ゲノム多様性グループ (*Group of Genome Diversity*)

- (1) Sato, K., Tanaka, T., Sigenobu, S., Motoi, Y., Wu, J. and Itoh, T. Improvement of barley genome annotations by deciphering the Haruna Nijo genome. *DNA Res.* **16**: 81-89. (2016. 1.)
- (2) Hisano, H., Matsuura, T., Mori, I.C., Yamane, M. and Sato, K. Endogenous hormone levels affect the regeneration ability of callus derived from different organs in barley. *Plant Physiol. Biochem.* **99**: 66-72. (2016. 2.)
- (3) Nakamura, S., Pourkheirandish, M., Morishige, H., Kubo, Y., Nakamura, M., Ichimura, K., Seo, S., Kanamori, H., Wu, J., Ando, T., Hensel, G., Sameri, M., Stein, N., Sato, K., Matsumoto, T., Yano, M. and Komatsuda, T. Mitogen-Activated Protein Kinase Kinase 3 regulates grain dormancy in barley. *Curr. Biol.* **26**: 775-781. (2016. 3.)
- (4) Sato, K., Yamane, M., Yamaji, N., Kanamori, H., Tagiri, A., Schwerdt, J. G., Fincher, J. B., Matsumoto, T., Takeda, K. and Komatsuda, T. Alanine aminotransferase controls seed dormancy in barley. *Nat. Commun.* **7**: 11625. (2016. 5.)
- (5) Nishijima, R., Yoshida, K., Motoi, Y., Sato, K. and Takumi, S. Genome-wide identification of novel genetic markers from RNA sequencing assembly of diverse *Aegilops tauschii* accessions. *Mol. Genet. Genomics* **291**: 1681-1694. (2016. 5.)
- (6) Takahagi, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Yoshida, T., Sakurai, T., Shinozaki, K., Mochdia, K.* and Saisho, D.* Analysis of single nucleotide polymorphisms based on RNA sequencing data of diverse bio-geographical accessions in barley. *Sci. Rep.* **6**: 33199. (2016. 9.)
- (7) Tagle, A.G., Chuma, I., Hisano, H., Sato, K. and Tosa, Y. Genetic analysis of the resistance of barley to cryptic species of *Pyricularia*. *J. Gen. Plant Pathol.* **82**: 302-306. (2016. 10.)
- (8) Hisano, H., Tsujimura, M., Yoshida, H., Terachi, T. and Sato, K. Mitochondrial genome sequences from wild and cultivated barley (*Hordeum vulgare*). *BMC Genomics* **17**: 824. (2016. 10.)
- (9) Hisano, H. and Sato, K. Genomic regions responsible for amenability to *Agrobacterium*-mediated transformation in barley. *Sci. Rep.* **6**: 37505. (2016. 11.)
- (10) Wu, D., Yamaji, N., Yamane, M., Kashino-Fujii, M., Sato, K. and Ma, J. F. HvNramp5 mediates uptake of cadmium and manganese, but not iron in barley. *Plant Physiol.* **172**: 1899-1910. (2016. 11.)
- (11) Saisho, D., Takumi, S. and Matsuoka, Y. Salt tolerance during germination and seedling growth of wild wheat *Aegilops tauschii* and its impact on the species range expansion. *Sci. Rep.* **6**: 38554 (2016. 12.)
- (12) Iehisa, J. C. M., Okada, M., Sato, K. and Takumi, S. Detection of splicing variants in the leaf and spike transcripts of wild diploid wheat *Aegilops tauschii* and transmission of the splicing patterns to synthetic hexaploid wheat. *Plant Gene* (2016. 11. Online preview)

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

- (1) Jost, M.,* Taketa, S.,* (*co-first authors), Mascher, M., Himmelbach, A., Yuo, T., Shahinnia, F., Rutten, T., Druka, A., Schmutzer, T., Steuernagel, B., Beier, S., Taudien, S., Scholz, U., Morgante, M., Waugh, R. and Stein, N. A homolog of *Blade-On-Petiole 1* and 2 (*BOP1/2*) controls internode length and homeotic changes of the barley inflorescence. *Plant Physiology* **171**: 1113-1127 (2016. 5.)
- (2) Yoshikawa, T., Tanaka, S., Matsumoto, Y., Nobori, N., Ishii, H., Hibara, K., Itoh, J., Tanisaka, T. and Taketa, S. Barley NARROW LEAFED DWARF1 encoding a WUSCHEL-RELATED HOMEODOMAIN 3 (*WOX3*) regulates the marginal development of lateral organs. *Breeding Science* **66**: 416-424. (2016. 6.)
- (3) Taketa, S., Tonooka, T., Himi, E. and Kato, T. Molecular genetic characterization of key genes for utilization of barley as human food and animal feed. pp. 67-70. Short Papers. The 12th International Barley Genetics Symposium. June 26-30, 2016 Minneapolis-St. Paul, Minnesota United States of America, http://ibgs2016.org/resources/IBGS_SHORT_PAPERS.pdf (2016. 6.)
- (4) Kokubo, Y., Nishizaka, M., Ube, N., Yabuta, Y., Tebayashi, S., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Distribution of the tryptophan-pathway-derived defensive secondary metabolites gramine and benzoxazinones in Poaceae. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry* (2016. 11. Online preview)

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

- (1) Ikeda, H., Sakaguchi, S., Yakubov, V., Barkalov, V. and Setoguchi, H. Importance of demographic history for phylogeographic inference on the arctic-alpine plant *Phyllodoce caerulea* in East Asia. *Heredity* **116**: 232-238. (2016. 2.)
- (2) Nishiyama, Y., Hanafusa, T., Yamashita, J., Yamamoto, Y. and Ono, T. Adsorption and removal of strontium in aqueous solution by synthetic hydroxyapatite. *Journal of Radioanalytical and Nuclear Chemistry* **307**: 1279-1285. DOI: 10.1007/s10967-015-4228-9 (2016. 2.)
- (3) Yamashita, J. and Tamura, M. N. Dioscoreaceae. In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan, Vol. IVb Angiospermae Monocotyledoneae(b)*, Kodansha, Tokyo. pp. 171-179. ISBN: 978-4-06-154608-0 (2016. 3.)
- (4) Yamashita, J. and Tamura, M. N. *Asparagus* L., *Liriope* Lour. and *Ophiopogon* Ker Gawler (Liliaceae). In: Iwatsuki, K., Boufford, D. E. and Ohba, H. (eds.), *Flora of Japan, Vol. IVb Angiospermae Monocotyledoneae(b)*, Kodansha, Tokyo. pp. 147-149 and 161-166. ISBN: 978-4-06-154608-0 (2016. 3.)
- (5) Hou, Y., Bjor, C.S., Ikeda, H., Brochmann, C. and Popp, M. From the north into the Himalayan–Hengduan Mountains: fossil-calibrated phylogenetic and biogeographical inference in the arctic-alpine genus *Diapensia* (Diapensiaceae). *Journal of Biogeography* **43**: 1502-1513. (2016. 8.)
- (6) Wari, D., Yamashita, J., Kishimoto, H. and Sonoda, S. Utilization of plant food resources by phytoseiid mite species with different feeding habits. *Applied Entomology Zoology* **51**: 539-547. DOI: 10.1007/s13355-016-0429-0 (2016. 11.)
- (7) Hata, D., Higashi, H., Yakubov, V., Barkalov, V., Ikeda, H. and Setoguchi, H. Phylogeographical insight into the Aleutian flora inferred from the historical range shifts of the alpine shrub *Therorhodon camtschaticum* (Pall.) Small (Ericaceae). *Journal of Biogeography* DOI: 10.1111/jbi.12876 (2016. 10. Online preview)
- (8) Kameoka, S., Sakio, H., Abe, H., Ikeda, H. and Setoguchi, H. Genetic structure of *Hepatica nobilis* var. *japonica*, focusing on within population flower color polymorphism. *Journal of Plant Research* DOI: 10.1007/s10265-016-0893-1 (2016. 12. Online preview)

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

核機能分子解析グループ (*Group of Nuclear Genomics*)

- (1) Murata, M. Artificial chromosome preparation in arabidopsis. *Curr. Protoc. Plant Biol.* **1**: 53-66. doi: 10.1002/cppb.20010. (2016. 5.)
- (2) Murata, M., Kanatani, A. and Kashiwara, K. One-step generation of chromosomal rearrangements in rice. In *Chromosome and Genomic Engineering in Plants: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology* **1469**, Minoru Murata (ed.), Humana Press (Springer Nature), pp. 63-76. doi: 10.1007/978-1-4939-4931-1_5. (2016. 5.)
- (3) Nagaki, K. Chromatin immunoprecipitation for detecting epigenetic marks on plant nucleosomes. In *Chromosome and Genomic Engineering in Plants: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology* **1469**, Minoru Murata (ed.), Humana Press (Springer Nature), pp. 197-206. doi: 10.1007/978-1-4939-4931-1_16. (2016. 5.)
- (4) Fujimoto, S., Matsunaga, S. and Murata, M. Mapping of T-DNA and Ac/Ds by TAIL-PCR to analyze chromosomal rearrangements. In *Chromosome and Genomic Engineering in Plants: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology* **1469**, Minoru Murata (ed.), Humana Press (Springer Nature), pp. 207-216. doi: 10.1007/978-1-4939-4931-1_17. (2016. 5.)

ゲノム制御グループ (*Group of Genome Regulation*)

- (1) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H. and Maekawa, M. Characterization and QTL analysis of *Oryza longistaminata* introgression line, pLIA-1, derived from a cross between *Oryza longistaminata* and *Oryza sativa* (Taichung 65) under non-fertilized conditions. *Rice Research* **4**: 3: 174. DOI: 10.4172/2375-4338.1000174. (2016. 8.)
- (2) Sugimoto, M., Oono, Y., Kawahara, Y., Gusev, O., Maekawa, M., Matsumoto, T., Levinskikh, M., Sychev, V., Novikova, N. and Grigoriev, A. Gene expression of rice seeds surviving 13- and 20-month exposure to space environment. *Life Sciences in Space Research* **11**: 10-17. (2016. 10.)
- (3) Ezaki, B., Higashi, A., Nanba, N. and Nishiuchi, T. An S-adenosyl methionine synthetase (SAMS) gene from *Andropogon virginicus* L. confers aluminum stress tolerance and facilitates epigenetic gene regulation in *Arabidopsis thaliana*. *Frontiers in Plant Science* **7**: doi: 10.3389/fpls.2016.01627 (2016. 11.)
- (4) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H., Zhu, S., Doi, K., Tsugane, K. and Maekawa, M. Identification of QTLs for yield-related traits in RILs derived from the cross between pLIA-1 carrying *Oryza longistaminata* chromosome segments and Norin 18 in rice. *Breeding Science* **66**: 720-733. (2016. 12.)
- (5) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H., Ahmed, N. and Maekawa, M. Preliminary QTL detection for improving Basmati rice in F2 population derived from the cross between Kernel Basmati and pLIA-1 carrying *Oryza longistaminata* chromosome. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* **48** (4): 402-415. (2016. 12.)

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

萌芽的・学際的新展開グループ (*Innovative Research Group*)

- (1) Maruyama, F. and Ueki, S. Evolution and Phylogeny of large DNA viruses, Mimiviridae and Phycodnaviridae including newly characterized Heterosigma akashiwo virus. *Frontiers in Microbiology* doi: 10.3389/fmicb.2016.01942 (2016. 11.)
- (2) Higashi, A., Fujitani, Y., Nakayama, N., Tani, A. and Ueki, S. Selective growth promotion of bloom-forming raphidophyte Heterosigma akashiwo by a marine bacterial strain. *Harmful Algae* **60**: 150-156. (2016. 11.)
- (3) Ogura, Y., Hayashi, T. and Ueki, S. The complete genome sequence of Phycodnavirus, Heterosigma akashiwo virus strain 53. *Genome Announcements* **4**: e01279-16. (2016. 11.)
- (4) Ogura, Y., Nakayama, N., Hayashi, T. and Ueki, S. Mitochondrial genome sequences of four strains of bloom-forming raphidophyceae, Heterosigma akashiwo. *Genome Announcements* **4**: e01288-16. (2016. 12.)

作物デザイン研究グループ (*Crop Design Research Group*)

- (1) Kouzai, Y., Kimura, M., Yamanaka, Y., Watanabe, M., Matsui, H., Yamamoto, M., Ichinose, Y., Toyoda, K., Onda, Y., Mochida, K. and Noutoshi, Y. Expression profiling of marker genes responsive to the defence-associated phytohormones salicylic acid, jasmonic acid and ethylene in *Brachypodium distachyon*. *BMC Plant Biology* **16**: 59. (2016. 3.)
- (2) Onda, Y. and Mochida, K. Exploring Genetic Diversity in Plants by Using High-Throughput Sequencing Techniques. *Current Genomics* **17** (3): 356-365. (2016. 8.)
- (3) Takahagi, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Yoshida, T., Sakurai, T., Shinozaki, K., Mochida, K., et al. Analysis of single nucleotide polymorphisms based on RNA sequencing data of diverse bio-geographical accessions in barley. *Scientific Reports* **6**: 33199. (2016. 9.)
- (4) Mochida, K., Sakurai, T., Seki, H., Yoshida, T., Takahagi, K., Sawai, S., Uchiyama, H., Muranaka, T. and Saito, K. Draft genome assembly and annotation of *Glycyrrhiza uralensis*, a medicinal legume. *The Plant Journal* doi: 10.1111/tpj.13385 (2016. 10. Online preview)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

大気環境ストレスユニット (*Atmospheric Stress Unit*)

光環境適応研究グループ (*Plant Light Acclimation Research Group*)

- (1) Sakamoto, W. Protein Degradation Machineries in Arabidopsis Chloroplasts. Institute of Protein Research International Workshop, Bridging the Gap: from Structure to Functional Dynamics of Photosynthesis Related Protein Complexes, Osaka University, Osaka, Japan, Feb. 2-3, 2016.
- (2) Sakamoto, W. Tissue-specific DNA Degradation in Organelles: Why Chloroplasts Retain DNA. UC Davis Plant Sciences Seminars, Davis, California, USA, March 30, 2016.
- (3) Sakamoto, W. Organelle DNA Degradation in Leaf Senescence: a possible Role of Organelle DNA as Nutrient Reservoir? Kyoto Sangyo University International Symposium on Frontiers in Plant Mitochondrial Genome Research, Kyoto, Japan, July 7, 2016.
- (4) Sakamoto, W. Protein Degradation Machineries in Arabidopsis chloroplasts -Summary and Focus on FtsH-. Finnish-Japanese Symposium 2016 on Integration of Photosynthesis with Cellular Metabolism: Towards Sustainable Bioecenomy, Saariselka, Finland, Sep. 5-10, 2016.
- (5) Wacera, F. and Sakamoto, W. QTL Analysis of the Stay-green Trait Using a Recombinant Inbred Line Population in Sorghum. ComBio2016. Brisbane, Queensland, Australia, Oct. 3-7, 2016.
- (6) Sakamoto, W. DPD1 Nuclease Degrades Chloroplast DNA During Leaf Senescence. 8th International Symposium on Plant Senescence. Seogwipo, Jeju, Korea, Oct. 31-Nov. 4, 2016.
- (7) Wacera, F. and Sakamoto, W. QTL Analysis of Stay-green Trait Using a Recombinant Inbred Population in Sorghum. The 11th JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference. Nairobi, Kenya, Nov. 10-11, 2016.

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

- (1) Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Arteaga-Vazquez M. A., Grimanelli, D., Martienssen R. A., Kohchi, T. and Hirayama, T. DNA methylation is necessary for maintaining differentiated cells in *Marchantia polymorpha*. The EMBO Workshop: New model systems for early land plant evolution. Vienna, Austria, June 22-24, 2016.
- (2) Kanazawa, M., Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Kohchi, T. and Hirayama, T. PARN and PAP regulate the poly(A) status of mitochondrial mRNA in liverwort. The 21st Annual Meeting of the RNA Society. Kyoto, Japan, June 28-July 2, 2016.
- (3) Mamiya, A., Otsuka, K., Yamamoto, K., Nozaki, M., Yagi, Y., Nakamura, T., Ueda, T., Hirayama, T. and Sugiyama, M. Poly(A)-dependent metabolism and editing of mitochondrial RNA are involved in the OFF regulation of formative cell division during lateral root organogenesis in *Arabidopsis thaliana*. The 21st Annual Meeting of the RNA Society. Kyoto, Japan, June 28-July 2, 2016.
- (4) Hieno, A., Hshuna N.A., Hasegawa-Inaba, K., Yokogawa, T., Obata, D., Nomoto, M., Tada, Y., Yokogawa, T., Higuchi, M., Hanada, K., Matsui, M., Hirayama, T., Mitsuda, N. and Yamamoto Y.Y. Empirical identification of the transcriptional network for H₂O₂ responses in Arabidopsis. ICES 2016 Kyoto, Kyoto, Japan, Sep. 10-14, 2016.

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) Ma, J. F. Role of ABC transporters in detoxification and accumulation of toxic elements in rice. 6th Special Meeting on ATP-Binding Cassette (ABC) Proteins: From Multidrug Resistance to Genetic Diseases, Innsbruck, Austria, March 5-11, 2016.
- (2) Ma, J. F., Yamaji, N., Sasaki, A. and Ueno, D. Transporters for uptake, distribution and detoxification of Mn in rice. The 17th International Workshop on Plant Membrane Biology (IWPMB2016), Annapolis, Maryland, USA, June 5-10, 2016.
- (3) Yamaji, N., Takemoto, Y., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. OsSultr3;4 localized in rice node is responsible for preferential distribution of Pi to new leaves and grains. The 17th International Workshop on Plant Membrane Biology (IWPMB2016), Annapolis, Maryland, USA, June 5-10, 2016.
- (4) Ma, J. F. Finding mineral element transporters for better and safe production of rice. 2016 Annual Symposium of Korean Society of Breeding Science, Gene, Genome & New Technology for Plant Breeding, Cheongju, Korea, June 29 - July 1, 2016.
- (5) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. An Al-inducible expansin gene, OsEXPA10 is involved in root elongation of rice. Plant Biology 2016, Austin, Texas, USA, July 9-13, 2016.
- (6) Lei, G., Yokosho, K., Yamaji, N., Kashino, M. and Ma, J. F. Two tonoplast-localized half-size ABC transporters are involved in internal detoxification of Al in buckwheat. Plant Biology 2016, Austin, Texas, USA, July 9-13, 2016.
- (7) Shao, J. F., Kashino, M., Yamaji, N. and Ma, J. F. Isolation and characterization of a rice line with high Cd accumulation. Plant Biology 2016, Austin, Texas, USA, July 9-13, 2016.
- (8) Yamaji, N. Reducing phosphorus accumulation in rice grains with an impaired transporter in the node. International Workshop on Soil-Microbe-Plant Interaction, Kurashiki, Japan, Dec. 3-4, 2016.

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Suzuki, N. Another nude virus: a capsidless ssRNA virus hosted by an unrelated dsRNA virus. International Symposium on Virology and Fungal Genetics, Institute for Bioscience and Biotechnology Research, Rockville, MD, USA, January 15, 2016.
- (2) Chiba, S and Suzuki, N. Vigorous induction of *dicer-like 2* gene by a virus interferes with an unrelated virus in the model phytopathogenic fungus *Cryphonectria parasitica*. 12th PSJ Plant Virus Disease Workshop, Kurashiki, Japan, March 24, 2016.
- (3) Hyodo, K. A role of host second messengers in dianthovirus replication. International Mini-Workshop on Plant Virus Research, Kurashiki, Japan, March 25, 2016.
- (4) Andika, I. B. RNA silencing-mediated antiviral defense in roots. International Mini-Workshop on Plant Virus Research, Kurashiki, Japan, March 25, 2016.
- (5) Suzuki, N. Antiviral defense in the phytopathogenic filamentous ascomycete, *Cryphonectria parasitica*. Swiss Society for Microbiology Annual Assembly and Meeting, Bern, Switzerland, June 13-16, 2016.
- (6) Suzuki, N. Fungal RNA silencing involved in antiviral defense and RNA recombination. ASV 2016 Annual Meeting, Virginia Polytechnic Institute, Blacksburg, VA, USA, June 18-22, 2016.

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

- (1) Shinya, T., Hojo, Y., Desaki, Y., Christeller, J.T., Okada, K., Shibuya, N. and Galis, I. Plant defense responses to herbivores involve recognition of independent herbivore-associated molecular patterns in rice. IS-MPMI (The International Society for Molecular Plant-Microbe Interactions) XVII Congress, Oregon, USA, July 17-21, 2016.
- (2) Yamasaki, Y., Sumioka, H., Galis, I. and Arimura, G. Symbiotic bacteria in oral secretion of *Spodoptera litura* orchestrate host plant defense in Arabidopsis. XXV International Congress of Entomology, Orlando, USA, Sep. 25-30, 2016.
- (3) Motegi, A., Miyamoto, K., Yamane, H., Shinya, T., Galis, I., Nojiri, H. and Okada, K. Rice JA inductive transcription factor RERJ1 regulates linalool emission in response to herbivory, 14th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), Montpellier, France, Sep. 26-29, 2016.
- (4) Galis, I., Sobhy, I., Miyake, A., Tanabe, K., Hojo, Y. and Shinya, T. Direct and indirect defense mechanisms compose efficient protective shield against insect herbivores in rice. Plant Protection Day and National Conference 2016, Jatinangor, Indonesia, Oct. 20, 2016.
- (5) Galis, I., Sobhy, I., Miyake, A., Tanabe, K., Hojo, Y., Wari, D. and Shinya, T. Direct and indirect defense mechanism reveal complex protective shield against insect herbivores in rice. The 11th JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference, Juja, Kenya, Nov. 10-11, 2016.
- (6) Galis, I., Sobhy, I., Miyake, A., Tanabe, K., Hojo, Y., Wari, D. and Shinya, T. No way to run: Importance of direct and indirect defense against herbivorous insects in plants. Joint Seminar Innovations for Harnessing Bio-resources (2), Juja, Kenya, Nov. 14, 2016.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

ゲノム多様性グループ (*Group of Genome Diversity*)

- (1) Hisano, H., Motoi, Y. and Sato, K. Identification of the genomic region responding to amenability of Agrobacterium-mediated transformation in barley. 12th International Barley Genetics Symposium. Minneapolis, MN, USA, June 26-30, 2016.
- (2) Sato, K., Takeda, K., Matsumoto, T. and Komatsuda, T. Isolation of seed dormancy QTL Qsd1 in barley. 12th International Barley Genetics Symposium. Minneapolis, MN, USA, June 26-30, 2016.
- (3) Sato, K. National Bioresource Project -Barley- Resources to access barley genome diversity. 8th International Meeting of Asian Network of Research Resource Centers. Kyoto, Japan, Sep. 20-22, 2016.

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

- (1) Taketa, S., Tonooka, T., Himi, E. and Kato, T. Molecular Genetic Characterization of Key Genes for Utilization of Barley as Human Food and Animal Feed. The 12th International Barley Genetics Symposium. Minneapolis, USA, June 26-30, 2016.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

ゲノム制御グループ (*Group of Genome Regulation*)

- (1) Ezaki, B., Higashi, A., Nanba, N. and Nishiuchi T. An S-adenosyl methionine synthetase (SAMS) gene from *Andropogon virginicus* L. facilitates epigenetic gene regulation under aluminum (Al) stress in *Arabidopsis thaliana*. The 27th International Conference on Arabidopsis Research, Gyeong Ju, Korea, June 29-July 3, 2016.
- (2) Sugimoto, M., Oono, Y., Kawahara, Y., Gusev, O., Maekawa, M., Matsumoto, T., Levinskikh, M., Sychev, V., Novikova, N. and Grigoriev, A. Transcriptome Analysis of Rice Seeds after Long-term Exposure to Outside of International Space Station. 11th Asian Microgravity Symposium, Sapporo, Japan, Oct. 25-29, 2016.
- (3) Gichuhi, E., Himi, E. and Maekawa, M. Practical utilization of pLIA-1 carrying *Oryza longistaminata* chromosome segments for improving Basmati. SATREPS International Symposium. Tailor-made rice breeding and cultivation technology development for sub-Saharan Africa.-Progress and Future prospects of the SATREPS project in Kenya-, Nairobi, Kenya, Dec. 6, 2016.

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

萌芽的・学際的新展開グループ (*Innovative Research Group*)

- (1) Ueki, S. Characterization of genome organization of a phycodnavirus, *Heterosigma akashiwo virus*. The 8th Aquatic Virus Workshop, Plymouth, UK, July 10-13, 2016.

作物デザイン研究グループ (*Crop Design Research Group*)

- (1) Mochida, K. Advances in Omics and Bioinformatics for Gene Discovery in Plants. International Conference VISCEA IV - Plant Genes and "Omics": Technology Development, Vienna, Austria, Feb. 11-12, 2016.

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)

大気環境ストレスユニット (*Atmospheric Stress Unit*)

光環境適応研究グループ (*Plant Light Acclimation Research Group*)

- (1) 坂本 亘 葉緑体の多様な生存戦略: なぜ葉緑体がDNAを維持するのかを考える. 神戸大学理科学研究科生物専攻・学術セミナー, 神戸, 2月23日, 2016.
- (2) 西村健司・加藤裕介・坂本 亘 シロイヌナズナ葉緑体ABCトランスポーターの解析. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (3) 大西紀和・高見常明・坂本 亘 老化葉で発現するヌクレアーゼDPD1はRNAではなく二本鎖および一本鎖DNAを分解する. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (4) ワヒンヤ フィオナ ワセラ・小童谷利恵・鐘ヶ江弘美・高梨秀樹・藤本 優・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・大西紀和・岩田洋佳・草場 信・堤 伸浩・坂本 亘 RILを用いたソルガムステイグリーンQTLの解析. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (5) 高見常明・坂本 亘 オルガネラヌクレアーゼDPD1の欠損は成長に影響する. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (6) 坂本 亘・Fiona Wacera・小童谷利恵・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・大西紀和・岩田洋佳・草場 信・堤 伸浩 ソルガムRILの高密度マップデータの作製とステイグリーン他QTLの解析. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (7) 加藤裕介・森満莉恵・坂本 亘 葉緑体プロテアーゼFtsHの相互作用候補因子EngAの機能解析. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (8) 上妻馨梨・伊藤 寿・渡辺麻衣・池内昌彦・坂本 亘・田中 歩・草場 信 葉老化時におけるLHCII分解への光化学系II小サブユニットの関与. 第57回日本植物生理学会年会, 岩手, 3月18-20日, 2016.
- (9) 松島 良・前川雅彦・草野 都・富田 桂・近藤秀樹・西村秀希・クロフツ尚子・藤田直子・坂本 亘 澱粉粒が巨大化するイネ突然変異体*ssg6*の解析. 第129回日本育種学会年会, 横浜, 3月21-22日, 2016.
- (10) 加藤裕介・坂本 亘 光化学系II修復サイクルに働くFtsHプロテアーゼと相互作用する因子EngAの機能解析. 第7回日本光合成学会年会, 東京, 5月27-28日, 2016.
- (11) 最相大輔・松島 良・本庄三恵・八杉公基・永野 惇・高萩航太郎・持田恵一・武田 真・坂本 亘 野生オオムギと栽培オオムギにおける胚乳細胞壁の厚さに関する解析. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (12) 七条光年・高梨秀樹・佐野悠樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・小林正明・矢野健太郎・小柴太一・徳永 毅・岩田洋佳・坂本 亘・堤 伸浩 ソルガムにおけるアントシアニン着色のGWA解析・QTL解析. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (13) 佐野悠樹・藤本 優・高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・小林正明・矢野健太郎・小柴太一・徳永 毅・岩田洋佳・草場 信・坂本 亘・堤 伸浩 ソルガムの穂の形態に関するQTL解析. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (14) Fiona Wahinya・小童谷利恵・鐘ヶ江弘美・高梨秀樹・藤本 優・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・大西紀和・岩田洋佳・草場 信・堤 伸浩・坂本 亘 ソルガムのRIL系統を用いたステイグリーン形質のQTL解析. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (15) 高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・小童谷利恵・大西紀和・Fiona Wacera・岩田洋佳・堤 伸浩 ソルガムRIL集団を用いた芒長に関するQTL解析II. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (16) 山谷浩史・上妻馨梨・中野道治・林 依子・高見常明・加藤裕介・門田有希・熊丸敏博・奥本 裕・坂本 亘・阿部知子・草場 信 イネstay-green突然変異体*dcd1*の分子遺伝学的解析. 第130回日本育種学会年会, 鳥取, 9月23-24日, 2016.
- (17) 坂本 亘 葉緑体の多様な生存戦略: なぜ葉緑体がDNAを維持するのかを考える. NAISTセミナー, 奈良, 9月30日, 2016.

- (18) 松島 良 穀類の澱粉粒の形状多様性についての研究. 第8回中国地域育種談話会・第11回ムギ類研究会(共催), 倉敷, 12月10-11日, 2016.

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

- (1) Nishimura, N., Moresco, J., Mitsuda, N., Tu, P., Nishimura, H., Hayashi, Y., Hirayama, T., Kinoshita, T., Schroeder, J. I., Yates, J. R. and Satoh, K. A complex ABA signaling network mediated by PP2Cs. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 18 日, 2016.
- (2) 金澤まい・池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケミトコンドリア mRNA ポリ A 尾部長制御因子の解析. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 19 日, 2016.
- (3) Hirayama, T. Transcriptome analysis of *ahg2-1* revealed a unique relation between mitochondrial and cellular functions. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 20 日, 2016.
- (4) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケにおける DNA メチル化の機能解析. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 18-20 日, 2016.
- (5) 廣澤嘉洸・多田朱里・稲葉靖子・松浦恭和・森 泉・稲葉丈人 シロイヌナズナにおけるプラスチドシグナルと植物ホルモンの相互作用の解析. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 18-20 日, 2016.
- (6) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・肥後あすか・大和勝幸・荒木 崇・河内孝之・平山隆志 苔類ゼニゴケを用いた DNA メチル化関連酵素の解析. 第 10 回日本エピジェネティクス研究会年会, 大阪, 5 月 19-20 日, 2016.
- (7) 提箸祥幸・保田 浩・北條優子・松浦恭和・森 泉・佐藤 裕 イネ幼苗期の初期低温伸長性と植物ホルモンの関する解析. 242 回日本作物学会, 岡山, 9 月 10-11 日, 2016.
- (8) 間宮章仁・野崎 守・大塚蔵嵩・山本荷葉子・小林健人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・杉山宗隆 シロイヌナズナの側根形成時に細胞分裂の制限に関わるミトコンドリア mRNA 編集・ポリ A 代謝の解析. 第 80 回日本植物学会年会, 沖縄, 9 月 16 日, 2016.
- (9) 平山隆志 オルガネラ機能と植物ホルモン等情報分子の絡まり. 第 80 回日本植物学会年会, 沖縄, 9 月 17 日, 2016.
- (10) 十川太輔・原田大士朗・池田陽子・塚本成幸・石崎公庸・丹羽優喜・荒木 崇・山口勝司・重信秀治・河内孝之・大和勝幸 ゼニゴケ X 染色体に存在する REPRESSOR OF SILENCING 1 ホモログ MpROS1X の機能解析. 第 80 回日本植物学会年会, 沖縄, 9 月 16-17 日, 2016.
- (11) 塩野克宏・吉川真理奈・山田淑葉・北條優子・松浦恭和・森 泉・吉岡俊人 アブシシン酸はイネの ROL バリア形成に必要である. 第 45 回根研究集会, 倉敷, 9 月 30 日-10 月 1 日, 2016.
- (12) 廣澤嘉洸・多田朱里・稲葉靖子・松浦恭和・森 泉・稲葉丈人 シロイヌナズナにおけるプラスチドシグナルを介したサリチル酸応答の制御. 第 9 回トランスポーター研究会九州部会, 宮崎, 10 月 1 日, 2016.
- (13) Kanazawa, M., Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Kohchi, T. and Hirayama, T. PARN directly regulates the poly(A) status of mitochondrial mRNA in liverwort. 第 39 回日本分子生物学会, 横浜, 12 月 1 日, 2016.
- (14) 池田陽子 植物の環境応答に関わるエピジェネティックな制御システム. 女性研究者シーズ発信会, 岡山, 12 月 20 日, 2016.

土壌環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒 イネの 1 番染色体の Al 耐性 QTL は OsFRDL4 の発現の違いに由来する. 第 57 回日本植物生理学会年会, 盛岡, 3 月 18-20 日, 2016.
- (2) 柏野(藤井)美帆・山地直樹・山根美樹・最相大輔・佐藤和広・馬 建鋒 オオムギアルミニウム耐性遺伝子 HvAACT1 の新規発現調節機構の解析. 第 57 回日本植物生理学会年会, 盛岡, 3 月 18-20 日, 2016.

- (3) 竹本侑馬・山地直樹・馬 建鋒：イネ節に局在する OsSultr3;4 は新葉や穀粒へのリンの優先的分配に関与する。第 57 回日本植物生理学会年会，盛岡，3 月 18-20 日，2016.
- (4) Wang Sheling・三谷奈見季・馬 建鋒・内藤 哲・高野順平 ホウ酸チャネル NIP5;1 の細胞膜内偏在はリン酸に依存しホウ酸の効率的な吸収に寄与する。第 57 回日本植物生理学会年会，盛岡，3 月 18-20 日，2016.
- (5) 山地直樹・竹本侑馬・宮地孝明・三谷奈見季・吉田 薫・馬 建鋒 コメへの優先的リン分配を担うイネの新規リン酸輸送体。第 11 回トランスポーター研究会年会，第 316 回生物圏シンポジウム「多様性が切り拓く膜輸送研究の新時代」，京都，7 月 2-3 日，2016.
- (6) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒 イネの品種間におけるクエン酸トランスポーター OsFRDL4 の発現とその制御機構。イネ 遺伝学・分子生物学ワークショップ 2016，名古屋，7 月 4-5 日，2016.
- (7) 山地直樹・竹本侑馬・宮地孝明・三谷奈見季・吉田 薫・馬 建鋒 イネ節の新規リン酸輸送体と少磷米の可能性。イネ 遺伝学・分子生物学ワークショップ 2016，名古屋，7 月 4-5 日，2016.
- (8) 馬 建鋒 イネにおけるカドミウムとヒ素の輸送機構。日本土壌肥料学会 2016 年度大会シンポジウム“水稲におけるヒ素とカドミウムをめぐる諸問題”，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (9) 山地直樹・柏野美帆・横正健剛・馬 建鋒 イネ科作物の土壌 pH 適応におけるトレードオフの可能性。日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (10) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒 イネ由来ケイ酸輸送体 Lsi1 の更なる解析。日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (11) 呉 徳志・柏野美帆・佐藤和広・馬 建鋒 オオムギのカドミウム集積 QTL の同定。日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (12) 邵 継鋒・沈 仁芳・馬 建鋒 Silicon reduces Cd accumulation in rice by downregulating Cd transporter gene for uptake. 日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (13) 車 景・横正健剛・山地直樹・馬 建鋒 Two genes encoding bacterial-type ABC transporters are required for Al tolerance in buckwheat. 日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (14) 雷 貴傑・横正健剛・山地直樹・馬 建鋒 Further characterization of two Al-inducible MATE genes in buckwheat. 日本土壌肥料学会 2016 年度大会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (15) 馬 建鋒 イネの養分吸収の分子機構。第 45 回根研究集会特別シンポジウム，倉敷，9 月 30 日，2016.
- (16) 馬 建鋒 ミネラルの医食同源，土から種子へのミネラル輸送。平成 28 年度国立大学附置研究所・センター長会議 第 2 部会シンポジウム，医食同源～いま求められるもの～，岡山，10 月 29 日，2016.
- (17) Shao, J. F., Yokosho, K., Shen, R. F. and Ma, J. F. Characterization of Mn accumulation in buckwheat. 日本土壌肥料学会関西支部会，京都，12 月 8 日，2016.

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

- (1) 佐々木孝行・土屋善幸・有吉美智代・山本洋子 Enhanced response to trivalent cations of a chimeric ALMT transporter. 日本植物生理学会，盛岡，3 月 18-20 日，2016.
- (2) 高梨功次郎・佐々木孝行・菅 智博・齊田有桂・杉山暁史・山本洋子・矢崎一史 マメ科植物ミヤコグサの ALMT4 輸送体は根粒内有機酸動態に関与する。第 11 回トランスポーター研究会年会，京都，7 月 2-3 日，2016.
- (3) 高梨功次郎・佐々木孝行・菅 智博・齊田有桂・余湖未笛・杉山暁史・山本洋子・矢崎一史 ミヤコグサ根粒で発現する有機酸輸送体の解析。第 26 回植物微生物研究会，仙台，9 月 7-8 日，2016.
- (4) 土屋善幸・荻谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子 アルミニウム耐性タバコ培養細胞におけるミトコンドリア電子伝達系の解析。日本土壌肥料学会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (5) 荻谷耕輝・Muhammad Sameeullah・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子 タバコにおけるスクロース輸送体遺伝子の高発現とアルミニウム耐性との関わり。日本土壌肥料学会，佐賀，9 月 20-22 日，2016.
- (6) 山本洋子・土屋善幸・佐々木孝行 アルミニウムストレス下の植物におけるエネルギー代謝変換に基づく活性酸素種生成の回避。第 39 回日本分子生物学会，横浜，11 月 30 日-12 月 2 日，2016.

- (7) 名樂 仁・井上寛之・佐々木孝行・山本洋子・戸澤 譲・澤崎達也・野澤 彰 シロイヌナズナ PAPS 輸送体 PAPST2 の解析. 第 39 回日本分子生物学会, 横浜, 11 月 30 日-12 月 2 日, 2016.

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

- (1) 且原真木 地球環境問題と形質転換作物：避けて通れない課題. 倉敷地方新農業経営者クラブ連絡協議会セミナー, 岡山, 1 月 21 日, 2016.
- (2) 大槻達郎・且原真木・森 泉・瀬戸口浩彰 浜植物ハマエンドウのエコタイプ間に見られる環境応答能力の違い. 日本植物分類学会第 15 回大会, 富山, 3 月 5-9 日, 2016.
- (3) 且原真木・中原由揮・篠野静香・堀江智明・Jiye Rhee・柴坂三根夫 Barley and rice aquaporins transporting hydrogenperoxide. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 18-20 日, 2016.
- (4) 開沼 太・中原由揮・且原真木・柴坂三根夫・小栗 秀・坂本 光 Salicornia europaea gene (SeNN43) encodes a novel short peptide that can improve salt tolerance in plants. 第 57 回日本植物生理学会年会, 岩手, 3 月 18-20 日, 2016.
- (5) Katsuhara, M. Water Stress: Global water crisis and water transport mechanism in plants. Kenya-Africa Day 2016, 岡山, 9 月 6 日, 2016.
- (6) 且原真木・柴坂三根夫 オオムギ原形質膜型アクアポリン PIP2 ファミリーの機能と根における発現プロファイル. 日本植物学会第 80 回大会, 沖縄, 9 月 16-18 日, 2016.
- (7) 奥村綾子・且原真木・金子智之・奈良久美 シロイヌナズナ概日時計変異体 *elf3* の根の水透過性. 日本植物学会第 80 回大会, 沖縄, 9 月 16-18 日, 2016.
- (8) 中原由揮・石塚 諒・篠野静香・柴坂三根夫・且原真木 イネの根水透過性 (L_{pr}) に最も影響を及ぼすアクアポリン OsPIP2;4. 第 45 回根研究集会, 岡山, 9 月 30 日-10 月 1 日, 2016.

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) 鈴木信弘 菌類のウイルス防御機構としての RNA サイレncing～植物との違い～. 第 8 回植物ストレス科学シンポジウム, 倉敷, 3 月 7 日, 2016.
- (2) 兵頭 究 植物-ウイルス間相互作用における活性酸素種の役割. 第 8 回植物ストレス科学シンポジウム, 倉敷, 3 月 7 日, 2016.
- (3) 兵頭 究・鈴木信弘・奥野哲郎 活性酸素種は植物 RNA ウイルス増殖を正に制御する. 平成 28 年度年日本植物病理学会大会, 岡山, 3 月 21-23 日, 2016.
- (4) Telengech, R., Hisano, S., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Diverse partitoviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Okayama, March 21-23, 2016.
- (5) Lin, Y-H., Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Interference between distinct mycoviruses is mediated by activation of host antiviral RNA silencing (II). The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Okayama, March 21-23, 2016.
- (6) 千葉壮太郎・鈴木信弘 RNA サイレncing 活性化による異種菌類ウイルス間の干渉作用. 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山, 3 月 21-23 日, 2016.
- (7) 呂 好新・谷 明生 Screening of lanthanum-dependent methylotrophs. 日本農芸化学会 2016 年度大会, 札幌, 3 月 27-30 日, 2016.
- (8) 中辻由加里・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A のメタノール脱水素酵素ホモログの機能解析. 日本農芸化学会 2016 年度大会, 札幌, 3 月 27-30 日, 2016.
- (9) 伊賀俊貴・加藤純一・谷 明生 *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノール走化性センサーの同定. 日本農芸化学会 2016 年度大会, 札幌, 3 月 27-30 日, 2016.

- (10) 谷 明生 植物共生 *Methylobacterium* 属細菌の生態. 日本農芸化学会中四国支部若手シンポジウム, 「第 7 回農芸化学の未来開拓セミナー」, 岡山, 5 月 21-22 日, 2016.
- (11) 近藤秀樹 分節型ラブドウイルスの感染戦略. 第 39 回 岡山植物病理セミナー, 倉敷, 5 月 21 日, 2016.
- (12) Aulia, A., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Different behaviors of mycoreovirus 1 and 2 in the fungal host, *Cryphonectria parasitica*. Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Tottori, July 9-10, 2016.
- (13) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A mutualistic interaction between two novel viruses in a phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Tottori, July 9-10, 2016.
- (14) 鈴木信弘 これでもウイルス?. 第 15 回みちのくウイルス塾, 仙台, 7 月 16-17 日, 2016.
- (15) 兵頭 究 ウイルス感染による植物免疫への干渉作用. 菌類/植物ウイルス研究ミニシンポジウム, 倉敷, 9 月 21 日, 2016.
- (16) Shahi, S. ミトウイルス研究ツールの確立. 菌類/植物ウイルス研究ミニシンポジウム, 倉敷, 9 月 21 日, 2016.
- (17) 王 倫・菅沼宗矢・谷 明生・早川享志・中川智行 植物共生細菌 *Methylobacterium zatmanii* の重希土類元素および Ca に対する生育特性とメタノール脱水素酵素の性質. 日本農芸化学会中部支部例会, 名古屋, 9 月 24 日, 2016.
- (18) 菅沼宗矢・王 倫・日比野歩美・三井亮司・谷 明生・海老原章郎・早川享志・中川智行 根粒菌 *Bradyrhizobium diazoefficiens* は新奇なレアアース依存的メタノール代謝系をもつ. 日本農芸化学会中部支部例会, 名古屋, 9 月 24 日, 2016.
- (19) 王 倫・菅沼宗矢・谷 明生・早川享志・中川智行 低 Ca 環境でもメタノールに生育できる *Methylobacterium zatmanii* のメタノール脱水素酵素の性質について. 第 68 回日本生物工学会大会, 富山, 9 月 28-30 日, 2016.
- (20) 菅沼宗矢・王 倫・日比野歩美・三井亮司・谷 明生・海老原章郎・早川享志・中川智行 *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA110 由来 REE 依存型メタノール脱水素酵素の酵素化学的諸性質. 第 68 回日本生物工学会大会, 富山, 9 月 28-30 日, 2016.
- (21) 一小路貴士・矢野裕之・中川智行・谷 明生・田中三男・三井亮司 *Methylobacterium extorquens* AM1 のメタノール脱水素酵素のアイソザイムに関する研究. 第 68 回日本生物工学会大会, 富山, 9 月 28-30 日, 2016.
- (22) Shahi, S., Hyodo, K., Chiba, S., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Development of molecular and biologic tools for studying a mitovirus from *Cryphonectria parasitica*. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, Shizuoka, Sep. 29-30, 2016.
- (23) 大北修平・池田健一・鈴木信弘・中屋敷 均 コムギいもち病菌における 3 種の新規 ourmiavirus 様マイコウイルスの同定. 平成 28 年度日本植物病理学会関西支部会, 静岡, 9 月 29-30 日, 2016.
- (24) 小松あき子・佐藤真之・近藤秀樹・鈴木信弘・藤森文啓 マイタケに感染するマイコウイルスの機能解析研究. 第 39 回分子生物学会年会, 横浜, 11 月 30 日-12 月 2 日, 2016.
- (25) Andika, I. B. 土壌伝染性ウイルスと RNA サイレンシング抗ウイルス機構の根における相互作用. 第 40 回岡山植物病理セミナー, 岡山, 12 月 17 日, 2016.

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

- (1) Tanabe, K., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Herbivory induced phenolamide biosynthesis in rice. 第 57 回日本植物生理学会年会, 盛岡, 3 月 18-20 日, 2016.
- (2) Galis, I., Sobhy, I., Miyake, A., Tanabe, K., Hojo, Y. and Shinya, T. Direct and indirect defense against herbivores in rice. 第 57 回日本植物生理学会年会, 盛岡, 3 月 18-20 日, 2016.
- (3) 新屋友規・Islam Sobhy・北條優子・三宅純司・出崎能丈・渋谷直人・Galis Ivan 植食性昆虫エリシター組成に依存したイネの特異的防御応答. 平成 28 年度日本植物病理学会大会, 岡山, 3 月 21-23 日, 2016.

- (4) 山崎廉予・住岡裕香・Ivan Galis・有村源一郎 植食者の吐き戻し液内に存在する細菌が寄主植物に与える影響. 日本昆虫学会第 76 回大会・第 60 回日本応用動物昆虫学会大会合同大会, 大阪, 3 月 26-29 日, 2016.
- (5) 茂手木敦史・河村奈央子・宮本皓司・山根久和・小澤理香・高林純示・Ivan Galis・新屋友規・野尻秀昭・岡田憲典 ジャスモン酸応答性転写因子 RERJ1 はイネの虫害抵抗性においてリナロールの生産を制御する. 日本農芸化学会 2016 年度大会, 札幌, 3 月 27-30 日, 2016.
- (6) 提箸祥幸・保田 浩・北條優子・松浦恭和・森 泉・佐藤 裕 イネ幼苗期の初期低温伸長性と植物ホルモンの解析. 第 242 回日本作物学会講演会, 大津, 9 月 10-11 日, 2016.
- (7) 塩野克宏・吉川真理奈・山田淑葉・北條優子・松浦恭和・森 泉・吉岡俊人 アブシシン酸はイネの ROL バリア形成に必要である. 第 45 回根研究集会, 倉敷, 9 月 30 日-10 月 1 日, 2016.
- (8) 新屋友規・北條優子・宮本皓司・内田健一・山根久和・岡田憲典・Galis Ivan イネにおけるオクタデカノイド経路を介したフェノールアミド生産制御. 第 51 回植物化学調節学大会, 南国市, 10 月 28-30 日, 2016.
- (9) 毛利昭博・渡辺真帆・Gupta Meenu1・Galis Ivan・北條優子・新屋友規・大西浩平・曳地康史・木場章範 *Nicotiana benthamiana* における Translationally controlled tumor protein を介したプログラム細胞死制御機構. 第 51 回植物化学調節学大会, 南国市, 10 月 28-30 日, 2016.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

ゲノム多様性グループ(*Group of Genome Diversity*)

- (1) 久野 裕・安東広美・佐藤和広 オオムギにおけるカルス特異的発現遺伝子のプロモーター単離. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (2) 笹沼恒男・田中裕之・佐藤和広・朱 明婧・龍 春林 中国青海省チベット高原におけるムギ類遺伝資源の探索及び収集. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (3) 岡田萌子・吉田健太郎・西嶋 遼・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq 解析によるコムギ近縁 U ゲノム種 *Aegilops umbellulata* のゲノムワイドな多型検出. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (4) 西嶋 遼・坂口晃平・吉田健太郎・水野信之・那須田周平・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq データに基づいた合成パンコムギ D ゲノム上の特定領域へのタルホコムギ scaolds の補充. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (5) 佐藤和広 オオムギ育種用 SNP タイピングシステムの開発. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (6) 児玉明日香・Tammy L. Sage・安達俊輔・大川泰一郎・佐藤和広・平沢 正 長期間の塩ストレス条件におけるオオムギの不稔歩合の品種間差の解析. 日本作物学会第 241 回講演会, 水戸, 3 月 28-29 日, 2016.
- (7) 野村康之・水野信之・下野嘉子・佐藤和広・富永 達 RNA-Seq 解析を利用した日本に分布するチガヤの遺伝的分化の解明. 日本雑草学会第 55 回講演会, 東京, 3 月 29-30 日, 2016.
- (8) 久野 裕・安東広美・元井由加・佐藤和広 オオムギの形質転換効率に関わるゲノム領域の特定. 第 34 回日本植物細胞分子生物学会(上田)大会, 上田, 9 月 1-3 日, 2016.
- (9) 久野 裕・安東広美・元井由加・Patrick M. Hayes・佐藤和広 形質転換可能なオオムギシステムを作る方法. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (10) 村田 稔・佐藤和広 RNA-seq によるライムギミジェット染色体遺伝子. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (11) 佐藤和広・武田和義・松本 隆・小松田隆夫 オオムギ種子休眠性 QTLQsd1 の単離と機能解析. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (12) 小林史典・水野信之・田中 剛・金森裕之・片寄裕一・呉 健忠・佐藤和広・那須田周平・半田裕一 コムギ 6B 染色体上の赤さび病抵抗性遺伝子 LrRW12 領域のゲノム構造解析. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.

演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.

- (13) 岡田香織・加藤常夫・佐藤和広・藤田由美子・三科興平・小田俊介・小松田隆夫・生井 潔 オオムギの萎縮病抵抗性に関する QTL 解析. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (14) 最相大輔・松島 良・本庄三恵・八杉公基・永野 惇・高萩航太郎・持田恵一・武田 真・坂本 亘 野生オオムギと栽培オオムギにおける胚乳細胞壁の厚さに関する解析. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (15) 佐藤和広 オオムギのゲノム情報. 第 11 回ムギ類研究会, 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.
- (16) 松本紗都子・久野 裕・木原 誠・周 天甦・佐藤和広 オオムギの α -アミラーゼ活性に関する QTL 解析. 第 8 回中国地域育種談話会, 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.
- (17) 西嶋 遼・坂口晃平・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 合成パンコムギへの RNA-seq-based BSA の適用. 第 11 回ムギ類研究会, 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.
- (18) 岡田萌子・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 *Aegilops umbellulata* ゲノムワイド多型情報のマッピングへの利用. 第 11 回ムギ類研究会, 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.
- (19) 西垣佳代・吉田健太郎・佐藤和広・渡部信義・宅見薫雄 二粒系コムギのクロリナ変異 NILs の RNA-seq 解析. 第 11 回ムギ類研究会, 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.

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

- (1) 小久保悠・西坂美穂・宇部尚樹・上野琴巳・武田 真・石原 亨 イネ科植物におけるトリプトファン関連二次代謝産物の蓄積. 日本農薬学会第 41 回大会, 松江, 3 月 17-19 日, 2016.
- (2) 宇部尚樹・西坂美穂・上野琴巳・武田 真・石原 亨 オオムギ属植物における防御関連二次代謝産物. 日本農薬学会第 41 回大会, 松江, 3 月 17-19 日, 2016.
- (3) 宇部尚樹・西坂美穂・上野琴巳・武田 真・石原 亨 オオムギ属植物における防御関連二次代謝産物の分布. 日本農芸化学会 2016 年度大会, 札幌, 3 月 27-30 日, 2016.
- (4) 田中慎也・吉川貴徳・武田 真・谷坂隆俊 オオムギ細葉変異体 *narrow leafed dwarf1* の解析. 近畿作物・育種研究会第 181 回例会, 滋賀, 5 月 28 日, 2016.
- (5) 武田 真 オオムギの機能性細胞壁多糖(1:3;1:4)- β -D-グルカン. 日本応用糖質学会平成 28 年度大会 (第 65 回) 応用糖質科学シンポジウム, 特別シンポジウム「機能性糖質の科学」, 福山, 9 月 15 日, 2016.
- (6) 武田 真・M. Jost・湯尾崇央・N. Stein 鱗被が葯にホメオティック転換するオオムギ疎穂突然変異体 *lax-a* の分子遺伝学的解析. 日本育種学会, 鳥取, 9 月 24 日, 2016.
- (7) 最相大輔・松島 良・本庄三恵・八杉公基・永野 惇・高萩航太郎・持田恵一・武田 真・坂本 亘 野生オオムギと栽培オオムギにおける胚乳細胞壁の厚さに関する解析. 日本育種学会, 鳥取, 9 月 25 日, 2016.
- (8) 武田 真 オオムギの突然変異体: 遺伝子単離の強い味方. 第 8 回中国地域育種談話会・第 11 回ムギ類研究会 (共催), 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.
- (9) 服部桃子・高見常明・坂本 亘・武田 真 オオムギ白穎変異体の遺伝子解析と穂の光合成測定. 第 8 回中国地域育種談話会, 倉敷, 12 月 10 日, 2016.

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

- (1) 池田 啓・Pernille Bronken Eidesen・Viachenslav Barkalov・Valentin Yakubov・Christian Brochmann・瀬戸口浩彰 核遺伝子の塩基配列に基づく周北極-高山植物の系統地理. 日本植物分類学会第 16 回大会, 富山, 3 月 6-8 日, 2016.
- (2) Wakai, N., Maeda, M., Hanafusa, T., Ono, T., Yamashita, J. and Saitoh, K. Radiocesium concentration in panicles, leaves and stems of rice in a sandy-soil-dressed paddy field treated with different rates of cattle-manure compost in Kawamata, Fukushima. 日本土壌肥料学会 2016 年度大会, 佐賀, 9 月 20-22 日, 2016.

- (3) 花房直志・永松知洋・作埜秀一・小川 登・山下 純・榎本 敬・山本洋子・小野俊朗 シダ類中の放射性セシウムの解析. 日本放射線安全管理学会第 15 回学術大会, 岡山, 11 月 30 日-12 月 2 日, 2016.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

核機能分子解析グループ (*Group of Nuclear Genomics*)

- (1) 桑原 翼・田中美久・梅北耕典・長岐清孝・村田 稔・村井耕二 パンコムギにおける花器官形成クラス B MADS-box 遺伝子の同祖遺伝子内発現変異とヒストンのメチル化パターン. 日本育種学会第 129 回大会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (2) 梅北耕典・長岐清孝・村田 稔・村井耕二 花成遅延を誘発する細胞質置換パンコムギ系統および正常細胞質系統における VRN1 同祖遺伝子のヒストンメチル化修飾パターン変異. 日本育種学会第 129 回大会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (3) 村田 稔・金谷麻加・柏原壱成・長岐清孝 植物人工環状染色体の伝達制御. 日本遺伝学会第 88 回大会, 三島, 9 月 7-10 日, 2016.
- (4) 長岐清孝・山地直樹・村田 稔 新しい透明化技術を用いた植物組織内におけるエピジェネティック修飾の解析. 日本遺伝学会第 88 回大会, 三島, 9 月 7-10 日, 2016.
- (5) 長岐清孝 動原体改変による半数体作出. 日本育種学会第 130 回大会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (6) 村田 稔・佐藤和広 RNA-seq によるライムギミジェット染色体遺伝子の同定. 日本育種学会第 130 回大会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (7) 桑原 翼・梅北耕典・長岐清孝・村田 稔・村井耕二 パンコムギにおける花器官形成クラス B MADS-box 遺伝子の同祖遺伝子内発現変異はエピジェネティック制御による. 日本育種学会第 130 回大会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (8) 梅北耕典・長岐清孝・村田 稔・村井耕二 パンコムギにおける trithorax-group 遺伝子の同定と発現解析. 日本育種学会第 130 回大会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (9) 岩橋直人・辻村真衣・村田 稔・寺地 徹 ライムギ細胞質を持つ細胞質置換系統コムギのミトコンドリアゲノムの塩基配列の決定. 日本育種学会第 130 回大会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (10) 村田 稔 植物人工染色体の現状と将来展望. 第 8 回中国地域育種談話会 (第 11 回ムギ類研究会共催), 倉敷, 12 月 10-11 日, 2016.

ゲノム制御グループ (*Group of Genome Regulation*)

- (1) Gichuhi, E. and Maekawa, M. QTL analysis for yield traits in F2 of a cross between *Oryza longistaminata* introgression line pLIA-4 and Koshihikari under low input conditions. 日本育種学会第 129 回講演会, 横浜, 3 月 21-22 日, 2016.
- (2) 江崎文一・南葉典恵 AI ストレス下でのエピジェネティックな遺伝子発現制御機構についての解析. 日本土壌肥料学会年会, 佐賀, 9 月 19-22 日, 2016.
- (3) 氷見英子・前川雅彦 コムギのアントシアニン色素合成に関わる Anthocyanidin synthase 遺伝子の構造と発現. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (4) 力石和英・西村秀希・前川雅彦 オオムギ未熟胚培養系の植物体再分化における光制御機構のマイクロアレイ解析. 日本育種学会第 130 回講演会, 鳥取, 9 月 24-25 日, 2016.
- (5) 杉本 学・大野陽子・川原善浩・Gusev, O.・前川雅彦・松本 隆・Levinskikh, M.・Sychev, V.・Novikova, N.・Grigoriev, A. 国際宇宙ステーション船外に長期間曝露したイネ種子の生存能力とトランスクリプトーム解析. 第 62 回日本宇宙航空環境医学会大会日本宇宙生物科学会第 30 回大会合同大会, 愛知, 10 月 13-15 日, 2016.

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

萌芽的・学際的新展開グループ (*Innovative Research Group*)

- (1) 植木尚子 大型二本鎖 DNA ウイルスの感染過程の解析. ゲノム微生物学会, 東京, 3 月 4-6 日, 2016.
- (2) 丸山史人・植木尚子 *Heterosigma akashiwo virus* 遺伝子; その構造と大型 dsDNA ウイルスにおける進化的・分類学的位置付け. ファージ・環境ウイルス合同シンポジウム, 横須賀, 10 月 21-22 日, 2016.

作物デザイン研究グループ (*Crop Design Research Group*)

- (1) 持田恵一・恩田義彦・江田智尊・高萩航太郎・上原由紀子・清水みなみ・吉田拓広・櫻井哲也・松井秀俊・西井龍映 時系列トランスクリプトームデータからのネットワーク推定による植物雑種強勢の解明. 高精度情報抽出のための統計理論・方法論とその応用, 福岡, 11 月 16-18 日, 2016.

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)

共同利用・共同研究ワークショップ

微小生態系の構成原理

Wet/Dry双方からのアプローチによる理解と制御の試み

日程：2016年2月15日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：植木尚子（岡山大学・植物研）

セッション1

1. 植物共生微生物のエコゲノミクスによる物質循環能の解明
南澤 究（東北大学大学院生命科学研究科）
2. 植物細菌は、どのようにして植物に感染し、植物に病気を引き起こすのかー導管病 青枯病を例としてー
曳地康史（高知大学総合科学系生命環境医学部門）

セッション2

3. 腸内環境の制御による新たな疾患予防・治療戦略
福田真嗣（慶應義塾大学先端生命科学研究所）
4. 最も複雑な土壌の微生物集団と恒常性の維持
丸山史人（京都大学医学研究科）
5. 水田土壌の窒素循環に寄与する新規微生物群の発見
伊藤英臣（産業技術総合研究所生物プロセス研究部門）
6. 動的素子から成るネットワークの頑強性と回復力
森野佳生（東京大学情報理工学研究科）
7. 昆虫にみられる共生微生物
菊池義智（産業技術総合研究所生物プロセス研究部門）

生命データ科学による新たな社会的価値の創造 ～医療，農業，環境分野における役割と作物設計への応用～ (第1回岡大 IPSR x 理研 CSRS x 九大 IMI 合同シンポジウム)

日程：2016年2月22-23日

場所：理化学研究所 横浜研究所

オーガナイザー：持田恵一（理化学研究所）・平山隆志（岡山大学・植物研）

1. 経時測定データに対する数理統計的アプローチと医療における遺伝子データ解析
松井秀俊・茅野光範・山口 類・井元清哉・宮野 悟
（九州大学マス・フォア・インダストリー研究所 他）
2. データサイエンスのための数学、統計学、機械学習によるモデリング
西井龍映（九州大学マス・フォア・インダストリー研究所）
3. 情報科学で支える作物栽培の革新
二宮正士（東京大学大学院農学生命科学研究科）
4. 野外トランスクリプトミクスでつなぐ、遺伝子、気象、表現形
永野 惇（龍谷大学農学部）

5. 育種における遺伝統計
田宮 元（東北大学メディカルセンター）
6. 個別現象の予測を可能とする新たな生命科学の構築
桜田一洋（ソニーコンピュータサイエンス研究所）
7. 超高次元スパース回帰法によるゲノムデータ解析
植木優夫・嶋村海人・川野秀一・小西貞則・田宮 元（久留米大学バイオ統計センター 他）
8. 圃場生長動態の自然変異
最相大輔（岡山大学資源植物科学研究所）
9. データ科学と連携した作物研究
持田恵一（理化学研究所環境資源科学研究センター）

第8回植物ストレス科学シンポジウム

人類の未来のための植物科学

日程：2016年 3月 7－8日

場所：倉敷市芸文館 アイシアター

オーガナイザー：ガリスイヴァン（岡山大学・植物研）・平山隆志（岡山大学・植物研）

セッション1：植物の生物的ストレス応答

1. 究極の怠け者細菌「ファイトプラズマ」
難波成任（東京大学大学院農学生命科学研究科）
2. アーバスキュラー菌根共生と根粒共生の進化基盤の解明に向けて
川口正代司（基礎生物学研究所）
3. LysM 受容体を介した植物防御応答機構
賀来華江（明治大学農学部）
4. 植物免疫を制御する転写補助因子の情報伝達経路に依存した機能転換についての解析
多田安臣（名古屋大学遺伝子実験施設）
5. 菌類のウイルス防御機構としての RNA サイレンシング～ 植物との違い～
鈴木信弘（岡山大学資源植物科学研究所）
6. 植物-ウイルス間相互作用における活性酸素種の役割
兵頭 究（岡山大学資源植物科学研究所）

セッション2：植物の非生物的ストレス応答

7. 気孔の CO₂ 応答
射場 厚（九州大学理学院）
8. 陸上植物における水輸送細胞の発達と乾燥ストレス耐性
出村 拓（奈良先端科学技術大学院大学）
9. ヒストン脱アセチル化酵素による植物の中高温応答
伊藤寿朗（奈良先端科学技術大学院大学）
10. フィトクロムによる光依存的遺伝子発現制御機構の新側面
松下智直（九州大学農学研究院）
11. アブシジン酸受容体に作用する人工化合物の開発とその利用
岡本昌憲（鳥取大学乾燥地研究センター）
12. 光ストレス下における葉緑体タンパク質の品質管理メカニズム
加藤裕介（岡山大学資源植物科学研究所）

第 18 回植物オルガネラワークショップ

「雨ニモマケズ 風ニモマケズ 雪ニモ夏ノ暑サニモマケヌ 植物オルガネラの環境適応戦略」

日程：2016 年 3 月 17 日

場所：岩手大学総合教育研究棟（生命系）1 階 7 番講義室

オーガナイザー：小保方潤一（京都府立大学）・加藤裕介（岡山大学・植物研）・河野重行（東京大学）・
楠見健介（九州大学）・小林裕和（静岡県立大学）・西村芳樹（京都大学）・林 秀洋（東北
農業研究センター）・林田信明（信州大学）・宮沢 豊（山形大学）

セッション 1：膜機能とオルガネラ

1. 研究の前に…その GFP は大丈夫？ 弱い GFP 二量体化ニモマケル 液胞膜動態
瀬上紹嗣（名古屋大学大学院生命農学研究科）
2. オートファジーによる光障害葉緑体の除去：選択的クロロファジー
泉 正範（東北大学学際科学フロンティア研究所）
3. 光合成電子伝達の低温感受性が根の温度で大きく変わる
鈴木健策（農研機構東北農業研究センター）

セッション 2：葉緑体の環境応答

4. 植物の成長を制御する葉緑体型緊縮応答
増田真二（東京工業大学バイオ研究基盤支援総合センター）
5. 葉緑体は光に応じてどのように細胞内を移動するのか？
孔 三根^{1,2}・和田正三³（1 九州大学動的構造生命科学研究センター, 2Department of Biological Sciences,
Kongju National University, 3 首都大学東京理工学研究科）
6. 低温応答性葉緑体タンパク質の機能・構造とその利用
稲葉丈人（宮崎大学農学部）

特別講演

7. 「凍結耐性機構に関わる細胞膜の組成、構造、機能の関わり」
上村松生（岩手大学寒冷バイオフィロンティア研究センター）

The 12th PSJ Plant Virus Disease Workshop Interface between plant and fungal viruses II

March 24, 2016

Kurashiki City Art Museum

Organizer: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Virus intracellular movement: Utilizing the host intracellular trafficking network
R. S. Nelson (Samuel Roberts Noble Foundation, Inc.)
2. Molecular mechanisms of intra- and intercellular movement of a dianthovirus
M. Kaido (Kyoto University)
3. The P1 protease modulates potyviral replication and host defense responses
J. A. García (The National Centre for Biotechnology)
4. Spatial and temporal evolution of potyviruses
K. Ohshima (Saga University)

5. Yeast as a genetic platform to explore plant virus–host interactions: from ‘omics’ to functional studies
P. D. Nagy (Kentucky University)
6. Molecular mechanisms of RNA silencing suppression by flexiviruses
Y. Okano (The University of Tokyo)
7. Mycoviruses in fungal crop pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*
D. Jiang (Huazhong Agricultural University)
8. Mycoviruses of the rice blast fungus, *Magnaporthe oryza*
H. Moriyama (Tokyo University of Agriculture and Technology)
9. How to engineer useful mild strains for cross protection, using potyvirus as an example
S-D. Yeh (National Chung Hsing University)
10. Highly activated RNA silencing via strong induction of dicer by one virus can interfere with the replication of an unrelated virus
S. Chiba (Nagoya University)

International Mini-Workshop on Plant Virus Research

March 25, 2016

IPSR, Okayama University

Organizer: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. A role of host second messengers in dianthovirus replication
K. Hyodo (IPSR, Okayama University)
2. RNA silencing-mediated antiviral defense in roots
I. B. Andika (IPSR, Okayama University)
3. Plant pathology research at the College of Natural Sciences, Makerere University, Uganda: past, present, and future
A. Tugume (School of Biosciences, College of Natural Sciences, Makerere University)

植物学会第80回大会シンポジウム 「技術革新が拓く植物の自然史」

日程：2016年9月18日

場所：沖縄コンベンションセンター

オーガナイザー：池田 啓（岡山大学・植物研）・岩崎貴也（京都大学・生態研）

1. 博物学と技術の進歩－周北極－高山植物の歴史生物地理を例に－
池田 啓（岡山大学・植物研）
2. RAD-seq 解析で明らかになったアキノキリンソウの土壌生態的種分化
阪口翔太¹・堀江健二²・石川直子³・永野 惇⁴・本庄三恵⁵・工藤 洋⁵・伊藤元己³（¹京都大学大学院・人間・環境学研究科, ²旭川市・北邦野草園, ³東京大学大学院・総合文化研究科, ⁴龍谷大学・農学部, ⁵京都大学・生態学研究センター）
3. ミヤコグサの開花時期の多型を生む遺伝的要因の探索～全ゲノム情報を利用して～
若林智美¹・Stig U. Andersen²・佐藤修正³・川口正代司⁴・瀬戸口浩彰¹（¹京都大学大学院人間・環境学研究科, ²Department of Molecular biology and Genetics, Aarhus University, ³東北大学生命科学研究科, ⁴基礎生物学研究所共生システム研究部門）

4. 水生植物ヒルムシロ科における生態的多様化-沈水植物ヒロハノエビモはなぜ異形葉を形成しないのか？
飯田聡子（神戸大学・院・理）
5. RAD-Seq を用いた景観ゲノミクス解析：局所適応を地図上で予測する
岩崎貴也（京都大学・生態研）
6. 草地性草本植物の有効集団サイズ動態
成田あゆ¹・山浦悠一²・手塚あゆみ³・永野 惇³・井鷲裕司¹（¹京都大学・院・農,²森林総研・植生,³龍谷大学・農）
7. ゲノムワイドデータと分岐年代推定から探る植物の進化史
江口悟史¹・布施静香¹・手塚あゆみ²・永野 惇²・田村 実¹（¹京都大学・院・理・植物,²龍谷大学・農）
8. 萼裂片長の地理的勾配を示すカンアオイ属サカワサイシン節の進化史
高橋大樹¹・寺峰 孜²・阪口翔太¹・瀬戸口浩彰¹（¹京都大学・院・人環,²高知県高知市）
9. RNA-seq を用いて見えてくる自然植物集団内でのウイルスの動態と宿主遺伝子発現の変動
本庄三恵¹・永野 惇²・川越哲博¹・杉阪次郎¹・栄村奈緒子¹・神谷麻梨¹・工藤 洋¹（¹京都大学・生態研センター,²龍谷大学・農）

菌類／植物ウイルス研究ミニシンポジウム

日程：2016 年 9 月 21 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：鈴木信弘（岡山大学・植物研）

講演 1

1. ウイルス感染による植物免疫への干渉作用
兵頭 究（岡山大学・植物研）

ショートトピックコーナー 1

2. 植物のDCL3,DCL4活性検定法を応用した真菌のダイサーの生化学的解析
田原 緑（東京農工大学農学研究院）
3. 栄養欠乏状態におけるシロイヌナズナの生物ストレスに対するRNA干渉機構について
吉名晃一（東京農工大学農学研究院生）
4. ウイルスサプレッサーがベンサミアナタバコ及びシロイヌナズナのDCL3、DCL4活性に与える影響
澤野 光（東京農工大学農学研究院）

講演 2

5. ゲノムとトランスクリプトーム解析から見出されたアンマップ配列
藤森文啓（東京家政大学）
6. マイタケマイコウイルスの近況報告
小松あき子（東京家政大学）

ショートトピックコーナー 2

7. 赤かび病菌感染ウイルスに関する研究
水谷行善（名古屋大学生命農学研究科）
8. 植物共生糸状菌のウイルス探索
生川千晶（名古屋大学生命農学研究科）
9. ミトウイルス研究ツールの確立
Sabitree Shahi（岡山大学・植物研）

講演 3

10. 果樹重要病原菌のマイコウイルスに関する研究

八重樫 元（農業・食品産業技術総合研究機構 果樹研究所）

植物科学若手研究会 2016

日程：2016 年 9 月 29 日－10 月 1 日

場所：木江ふれあい郷土資料館

オーガナイザー：小塚俊明（広島大学）・池田陽子（岡山大学・植物研）

1. 花卉と毛の話
武田征士（京都府立大学）
2. シロイヌナズナ研究における CRISPR/Cas9 システムの使いどころ
石田喬志（熊本大学）
3. DELLA-GAF1 複合体によるジベレリン信号伝達制御
深澤寿太郎（広島大学）
4. キクと老化
小塚俊明（広島大学）
5. 水中への適応形質としての異形葉生と栄養繁殖の進化
木村成介（京都産業大学）
6. ゼニゴケの胞子発芽に伴う不等分裂のしくみ
酒井友希（東京大学）
7. 接木の基礎研究から起業まで
野田口理孝（名古屋大学）
8. 組織選択的なピロリン酸除去が葉の形態形成に及ぼす影響の総合理解
FERJANI ALI（東京学芸大学）
9. 植物細胞内膜系のライプイメーシング
植村智博（東京大学）
10. カルシウム依存性タンパク質リン酸化酵素 NtCDPK1 の自己リン酸化による機能制御の解析
伊藤 岳（広島大学）
11. 微小管とオルガネラ集積領域と RNA 顆粒
濱田隆宏（東京大学）
12. デザインドバイオマス創製への挑戦
光田展隆（産業技術総合研究所）
13. RGF 情報伝達経路の解明にむけた化合物スクリーニング
篠原秀文（名古屋大学）
14. ライプイメーシングと微細構造解析で迫る重複受精
浜村有希（理化学研究所）
15. コケ植物の受精
嶋村正樹（広島大学）
16. エピジェネティクスと進化の話
池田陽子（岡山大学・植物研）
17. 人生最大の賭け
笠原竜四郎（名古屋大学）

根研究学会特別シンポジウム 「根の構造と機能研究の最前線」

日程：2016年9月30日

場所：倉敷市芸文館203会議室

オーガナイザー：且原真木（岡山大学・植物研）・馬 建鋒（岡山大学・植物研）

1. High Throughput imaging and Quantification of Root Architecture: From the Laboratory to the Field
L. Kochian (University of Saskatchewan)
2. カスパリー線とスベリン：内皮細胞における拡散障壁
神谷岳洋（東京大学）
3. 放射性トレーサーを用いた植物体内の物質分布可視化技術
田野井慶太郎（東京大学）
4. イネの養分吸収の分子機構
馬 建鋒（岡山大学・植物研）

Kenya-Africa Day 2016

October 6, 2016

Okayama University, Faculty of Agriculture, Building 3

Organizers: Wataru Sakamoto, Akio Tani (IPSR, Okayama University) and Yoshiyuki Tanaka (Okayama University)

Lecture Session

1. Regional Integration as Japan's Cooperation Policy to African Development
I. Tambo (Kibi International University)
2. Hunting fossils in Kenya and its implications for human evolution
N. Morimoto (Kyoto University)
3. Water Stress: Global water crisis and water transport mechanism in plants
M. Katsuhara (IPSR, Okayama University)

Poster Session with Flash Talks

The 11th JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference -Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for Sustainable Food Production and Security-

Nov. 10-11, 2016

JKUAT Main Campus, Nairobi, Kenya

Organizer: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

Session 1

1. Comparative Analysis of Ethylene-dependent Ripening and Low-temperature-modulated Ripening in Kiwifruit
Y. Kubo (Okayama University)
2. Low-temperature Modulated Fruit Ripening in Three Kiwifruit Cultivars
Y. Tosa (Okayama University)
3. Spatial Modeling of Weather Variables for Plant Disease Application in Mwea Region
P. O. Ouma (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
4. Effect of 50 hz Magnetic Field on the Chlorophyll Content of *Spinacea oleracea*
S. Biketi (Egerton University)
5. Managing Passionfruit Leaf-miner in the Context of Integrated-pest-management in the Highland of Central Kenya
J. N. Kahinga (Horticulture research institute)
6. Prevalence, Incidence and Distribution of Groundnut Rosette Disease in Western Kenya
E. Osewo (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

Session 2

7. QTL analysis of stay-green trait using a Recombinant Inbred population in sorghum
W. Sakamoto (IPSR, Okayama University)
8. Efficiency of Integrating Seed Treatment and Foliar Sprays in Management of Ascochyta Blight (*Ascochyta rabiei* L.) of Chickpea (*Cicer arietinum* L.)
J. N. Nganga (Egerton University)
9. Generation Mean Analysis for Stem Rust (*Puccinia graminis* f. *Sp. Tritici*) Resistance in Wheat (*Triticum aestivum* L.) in Kenia
H. W. Gitonga (Egerton University)
10. Efficiency of Microbial Antagonists in Nutrient Amended Media for the Control of Bacterial wilt (*Ralstonia solanacearum*) in Tomato (*Solanum lycopersicum*)
M. Turere (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
11. Direct and indirect defense mechanism reveal complex protective shield against insect herbivores in rice
I. Galis (IPSR, Okayama University)
12. Effect of Evaporative and Near-infrared reflection Cooling on the Quality of Mangoes
U. N. Mutwiwa (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

Session 3

13. Evaluation of the Water Quality and Utilization Efficiency of a Recirculating Aquaculture System (ras) Using a Sand Vetiver Biofilter
P. G Home (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
14. Ensiling Total Mixed Ration: A Method of Preserving Wet By-products with Enhanced Aerobic Stability
N. Nishino (Okayama University)
15. Effects of Litter Diversity on the Rate of Decomposition in an Agroforestry System in a Semi-arid Zone in Juja, Kenya
A. O. Bankole (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
16. Spatial Difference in Capsaicinoid Biosynthesis Gene Expression Explains Higher Capsaicinoid Contents in Chili peppers
Y. Tanaka (Okayama University)
17. Evaluating the Performance of Dehumidified Solar Drier in Drying of Pumpkin Slices (*Cucurbita pepo*)
F. G. Kiburi (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

International Workshop on Soil-Microbe-Plant Interaction

December 3-4, 2016

IPSR, Okayama University

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

December 3

1. Development of bioorganic fertilizers and the acting mechanisms of functional microbes added into the products
Q. R. Shen (Nanjing Agricultural University)
2. Strategies towards sustainable use of acid soils
R. F. Shen (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences)
3. Transcriptional biomarker that can evaluate Al-toxicity in acid soil - A case study in a model plant Arabidopsis
H. Koyama (Gifu University)
4. Simultaneous decrease of arsenic and cadmium in rice grains in Japanese paddy field
T. Arao (National Agriculture and Food Research Organization)
5. Microbial processes mediating arsenic transformation in paddy soils
F. J. Zhao (Nanjing Agricultural University)
6. Engineering rice to reduce As accumulation in grain
W-Y. Song (POSTECH)
7. Use efficiency of phosphorus by crop plants
F. Yan (Justus Liebig University)
8. Effects of exudates from cluster roots on the mineral ion uptake and microbial communities in the rhizosphere soil
J. Wasaki (Hiroshima University)
9. Aeolian-dust-derived micaceous minerals control radiocesium transfer from soil to plant in Andosols in Japan
J. Nakao (Kyoto Prefectural University)
10. Correlation between seasonal change of cesium behavior and expression of potassium transport channels in poplar
J. Furukawa, Y. Noda (University of Tsukuba)
11. Iron-induced nitric oxide leads to an increase in the expression of ferritin in Lotus japonicus nodules
M. Nomura (Kagawa University)
12. Radioisotope imaging technique for plant science
K. Tanoi (The University of Tokyo)
13. Reducing phosphorus accumulation in rice grains with an impaired transporter in the node
N. Yamaji (IPSR, Okayama University)

December 4

14. Potassium, sodium and carbon sources affecting the dynamics of fixed ammonium by clay minerals
F. Ke (Yangzhou University)
15. Effects of inorganic ions and organic acids on the release of nonexchangeable potassium from K-bearing minerals
-rhizosphere conditions can enhance nonex-K release from minerals
J. Yanai (Kyoto Prefectural University)
16. Two birds with one stone: How does a high affinity potassium transporter affect rice plant architecture?
L. Yu (Nanjing Agricultural University)
17. Regulation of rice iron deficiency response and possible iron sensing by HRZ ubiquitin ligases
T. Kobayashi (Ishikawa Prefectural University)
18. Ozone impacts on regional rice and wheat production
H. Y. Tang (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences)

19. Early responses of *Arabidopsis* plants to boron deprivation
M. Kobayashi (Kyoto University)
20. Polar localization of boric acid transporters for efficient uptake of B from soil in *Arabidopsis thaliana*
J. Takano (Osaka Prefecture University)
21. A novel strategy to identify genetic mutations to improve boron use efficiency in *Arabidopsis thaliana*
K. Miwa (Hokkaido University)
22. The role of cation diffusion facilitators in manganese homeostasis in rice
D. Ueno (Kochi University)
23. K and Na transporters involved in salt tolerance in rice and regulation by transcription factor and lipid signaling
W. H. Zhang (Nanjing Agricultural University)
24. Mechanisms of Na⁺ exclusion from leaves in rice upon salinity stress
T. Horie (Shinshu University)
25. A single NLR immunity locus underlies species-wide variation in acquired osmotolerance in *Arabidopsis thaliana*
T. Taji (Tokyo University of Agriculture)
26. Identification of quantitative trait loci controlling seed-zinc concentration using Australian wild rice, *Oryza meridionalis*
R. Ishikawa (Kobe University)
27. Modeling mineral transportation and its control
G. Sakurai (National Agriculture and Food Research Organization)
28. The integrative aluminum resistant mechanisms in rice bean
S. J. Zheng (Zhejiang University)

第8回中国地域育種談話会・第11回ムギ類研究会（共催）

日程：2016年12月10－11日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：佐藤和広（岡山大学・植物研）・事務局：久野 裕（岡山大学・植物研）

中国地域育種談話会講演

1. 植物ゲノム編集技術の新展開
刑部敬史（徳島大学生物資源産業学部）
2. 植物人工染色体の現状と将来展望
村田 稔（岡山大学・植物研）
3. トウガラシ遺伝資源を用いた辛味成分カプサイシノイドおよびその類似物質に関する成分育種学研究
田中義行（岡山大学農学部）
4. 穀類の澱粉粒の形状多様性についての研究
松島 良（岡山大学・植物研）

ムギ類研究会・学生ピックアップトーク

5. 異質倍数体植物の環境適応性に関わるゲノム機能の研究
高萩航太郎（横浜市立大学）
6. 配偶子致死遺伝子Gc2-4S^{sh}の遺伝的マッピング
吉岡資洋（京都大学）
7. 合成パンコムギへのRNA-seq BSA (Bulked Segregant Analysis)の適用
西嶋 遼（神戸大学）

ムギ類研究会・ムギ類のゲノム情報とモデル植物からの研究展開

8. オオムギのゲノム情報

佐藤和広（岡山大学・植物研）

9. ブラキポディウム研究とムギ類研究の接点

持田恵一（理研・環境資源科学研究センター）

10. コムギ参照ゲノム配列の現状とポストゲノムの動き

半田裕一（農研機構・次世代作物開発研究センター）

11. ゲノム編集時代への展望：モデル植物とムギ類のリソース

小林正智（理研・バイオリソースセンター）

ムギ類研究会講演

12. オオムギの突然変異体：遺伝子単離の強い味方

武田 真（岡山大学・植物研）

13. ABAシグナリング経路の強化によってもたらされるコムギの節水型乾燥ストレス耐性

妻鹿良亮（鳥取大学・乾燥地研）

14. コムギ6B染色体のゲノム情報の構築とその利用

小林史典（農研機構・次世代作物開発研究センター）

15. 高いパン老化耐性（anti-bread-staling）を持つコムギ開発

中村俊樹（農研機構・東北農研）

16. 西日本農研におけるデュラムコムギの育種について

谷中美貴子（農研機構・西日本農研）

共同利用・共同研究ワークショップ

植物を見る、診る、観る

～植物の内なる生理状態を可視化するには～

（第2回岡大 IPSR x 理研 CSRS x 九大 IMI 合同シンポジウム）

日程：2016 年 12 月 20 日

場所：岡山大学 資源植物科学研究所

オーガナイザー：平山隆志・最相大輔（岡山大学・植物研）・持田恵一（理化学研究所）

1. 能動学習法 CARTA による生物・医用画像の高精度分類

朽名夏磨（東京大学大学院新領域創成科学研究科、Lpixel 株式会社）

2. ドローンからの大規模圃場モニタリング

杉浦 綾（農研機構北海道農業研究センター）

3. 大規模植物工場における成長数理モデルと成長予測

福田弘和（大阪府立大学大学院工学研究科）

4. 放射性同位元素を用いた植物体内物質動態の可視化

田野井慶太郎（東京大学大学院農学生命科学研究科）

5. 光学・画像処理技術を用いた三次元計測と認識技術の実利用化に関する研究

鷺見典克（名古屋工業大学大学院工学研究科）

6. 農業経営におけるデータサイエンスの可能性

久須見健弘（株式会社 JSOL 金融公共ビジネス事業本部）

学会賞等 (*Awards*)

核機能分子解析グループ, 村田 稔 (教授), 遺伝学奨励賞 (財団法人遠州頌徳会遺伝学振興会), 4 月 24 日, 2016.

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), アメリカ植物生物学会在外終身会員賞, 7 月 9 日, 2016. (Group of Plant Stress Physiology, Ma, J. F. (Professor), Corresponding Membership Award of American Society of Plant Biologists. July 9, 2016.)

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 第 49 回岡山県三木記念賞, 8 月 31 日, 2016.

ゲノム多様性グループ, 松本紗都子 (博士前期課程 2 年), 優秀発表賞, 「オオムギの α -アミラーゼ活性に関する QTL 解析」, 第 8 回中国地域育種談話会, 倉敷, 12 月 11 日, 2016. (Group of Genome Diversity, Matsumoto, S. (Master course student), Best presentation award, “QTL analysis of α -amylase activity in barley”, 8th meeting of Chugoku branch, Japanese Society of Breeding, Dec. 11, 2016.)

共同研究リスト（共同利用・共同研究拠点事業） *(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)*

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
広島大学・大学院理学研究科	准教授	島田 裕士	CY01高発現シロイヌナズナの光合成活性測定	Analysis of photosynthesis in Arabidopsis overexpressing of CY01	坂本
大阪大学・大学院理学研究科	教授	高木 慎吾	アクチン結合蛋白質ビリンによるオルガネラ動態の制御機構	Regulatory mechanism of organelle dynamics by actin-binding protein villin	坂本
広島大学・大学院理学研究科	教授	草場 信	老化関連突然変異体の生理・生化学的解析	Physiological and biochemical analysis of senescence-related mutants	坂本
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター・放射線育種場	主任研究員	西村 宜之	アブジン酸シグナルで働くアダプタータンパク質による遺伝子発現制御の解析	Regulatory mechanisms controlling gene expression mediated by adaptor protein in Absciscic acid signaling	平山
奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科	助教	大谷 美沙都	植物の環境ストレス応答における細胞壁合成制御の役割の体系的解明	Study on roles of cell wall biosynthetic regulation in plant abiotic stress responses	平山
福井県立大学・生物資源学部	助教	塩野 克宏	イネの湛水土壌適応に関わる植物ホルモンの機能解明	Study on plant hormones that control to adapt rice to waterlogged conditions	森
立命館大学・生命科学部	准教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナにおいて亜鉛欠乏時に機能するペプチドの機能解析	Molecular mechanisms of peptides under zinc deficiency in Arabidopsis	森
北海道大学・大学院水産科学研究院	准教授	三上 浩司	海藻におけるストレス応答のエピジェネティック制御	Epigenetic regulation of the stress response in seaweeds	池田陽・平山
名古屋大学・トランスフオームティブ生命分子研究所	教授	木下 俊則	イネの細胞膜プロトンポンプの機能解析	Functional analysis of the plasma membrane H ⁺ -ATPase in rice	馬・山地
農業・食品産業技術総合研究機構・農業環境変動研究センター	任期付研究員	櫻井 玄	作物におけるミネラル輸送の調節過程のモデル解析	Modeling of the regulation processes of the mineral transportation in crops	馬
神戸大学・大学院農学研究科	助教	石川 亮	野生イネ由来の種子亜鉛濃度を向上させる遺伝子を用いた高機能性イネの育種	Breeding of high quality rice by a gene increasing zinc concentration of the seed from wild rice	馬

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
岡山大学・大学院環境生命科学研究科	助教	宗正 晋太郎	イオンチャンネルを基盤とした環境ストレス耐性作物作出技術の開発	Engineering crop stress resistance through manipulating ion channels	山本・佐々木
愛媛大学・プロテオサイエンスセンター	講師	野澤 彰	シロイヌナズナPAPS輸送体の解析	Analysis of Arabidopsis PAPS Transporter	山本・佐々木
広島大学・大学院生物圏科学研究科	教授	和崎 淳	低リン耐性の高い植物による有機酸分泌の分子機構の解析	Analyzes of molecular mechanisms involved in organic acid exudation by low-P tolerant plants	佐々木・山本
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	主任研究員	石川 淳子	イネの陽イオン輸送体のセシウム輸送活性の個別評価	Measurement of cesium transport activity of cation transporters in rice	且原
東京大学・大学院理学系研究科	教授	寺島 一郎	シロイヌナズナの細胞膜アクアポリンのCO ₂ 透過性の網羅的解析	Comprehensive analyses of CO ₂ permeability in aquaporins in Arabidopsis thaliana	且原・森
信州大学・繊維学部	准教授	堀江 智明	植物の塩ストレス耐性機構に關与するイオンチャンネル分子の生理機能の解明	Elucidation of the physiological function of ion channels that work in the mechanism of plant salt tolerance	且原
東京農工大学・大学院農学研究院	教授	福原 敏行	菌類ダイサーの2本鎖RNA切断活性の生化学的解析	Biochemical characterization of dsRNA-cleaving activities of fungal Dicers	鈴木
名古屋大学・アジアセライトキャンパス学院	特任准教授	千葉 壮太郎	フザリウム属菌のグアイロコントロールを旨指した菌類ウイルスの探索と同定	Screening for and identification of fungal viruses from Fusarium sp. toward their virocontrol	鈴木
農業・食品産業技術総合研究機構・果樹茶業研究部門	主任研究員	八重樫 元	果樹類病原糸状菌のウイルスの性状解析	Characterization of viruses infecting Phytopathogenic fungus isolated from fruit trees	鈴木・近藤
東京家政大学・家政学部	教授	藤森 文啓	マイタケのウイルスの機能解析研究	Functional analysis of mycoviruses in <i>Grifola frondosa</i>	近藤・鈴木
広島大学・大学院理学研究科	教授	鈴木 克周	ムギ植物体からの内生アグロバクテリア菌株の単離と解析	Isolation and comprehensive characterization of endophytic <i>Agrobacterium</i> strains from wheat	谷

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
高知大学・教育研究部	教授	木場 章範	植物免疫応答における植物ホルモンの役割に関わる研究	Analysis of role of plant hormones on plant immune responses	Galis
奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科	准教授	西條 雄介	エリシター高感度植物体を用いた食害昆虫の接触・摂食により産生されるエリシター成分の探索・性状解析	Screening for herbivore-associated plant elicitors by using elicitor-hypersensitive reporter plants	新屋・Galis
東京理科大学・基礎工学部	准教授	有村 源一郎	植物の害虫誘導性防御における分子シグナルの解明	Molecular mechanisms for induced plant defense against herbivores	Galis・新屋
神戸大学・大学院農学研究科	准教授	宅見 薫雄	オオムギゲノム情報を利用した異質倍数的性コムギゲノム解析	Studies on wheat allopolyploid genomes using the barley genome information	佐藤
東京農工大学・大学院農学研究科	教授	平沢 正	オオムギの耐塩性QTLの単離に関する研究	Identification of a QTL for salt tolerance in barley	佐藤
神戸大学・大学院農学研究科	教授	土佐 幸雄	オオムギの各種いもち病菌抵抗性に関する複合遺伝子座 <i>Rmo2</i> のクローニングと機能解析	Cloning and functional analysis of <i>Rmo2</i> , a complex locus for resistance to various subgroups of <i>Pyricularia oryzae</i> in barley	久野・佐藤
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	ユニット長	半田 裕一	オオムギの日長反応性出穂制御の遺伝的解析	Genetic analysis for the photoperiodic control of heading in barley	最相
鳥取大学・農学部	教授	石原 亨	オオムギ遺伝資源を用いたイネ科植物における二次代謝産物の生合成と生物学的役割の解析	Studies on biosynthesis and biological function of secondary metabolites in grass family plants by using barley collection	武田
龍谷大学・農学部	教授	古本 強	オオムギ遺伝資源を用いた温度不感受変異系統の確立	Screening of ambient temperature-insensitive lines from the barley collection	武田・佐藤
吉備国際大学・地域創成農学部	講師	吉川 貴徳	オオムギおよびイネの細葉変異体および多節矮性変異体の比較分子遺伝学的解析	Comparative molecular genetic analysis of narrow leaf and plastochron mutants between barley and rice	武田
熊本大学・大学院自然科学研究科	教授	副島 顕子	絶滅が危惧される大陸系遺存植物の遺伝的多様性の解析	Genetic diversity of endangered plant species representing the relict Korea-Manchuria grassland elements	池田 (啓)

所属機関・部局	職 名	氏 名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
静岡大学・理学部	准教授	木 寄 暁子	富士山の冬を常緑ですぐすフジハタザオの耐寒メカニズムの解明	Elucidation of cold tolerance mechanism of the alpine plant, <i>Arabis serrata</i> which overwinters with green leaves	池田 (啓)
福井県立大学・生物資源学部	教授	村 井 耕二	倍数性コムギ遺伝資源における同祖遺伝子のエピジェネティック制御機構の解明	Epigenetic regulation mechanism of homoeologous genes in polyploidy wheat genetic resources	村田・長岐
龍谷大学・農学部	教授	遠 藤 隆	オオムギのシヨ糖トランスポーター遺伝子が導入されたパンコムギ染色体の同定	Identification of common wheat chromosomes carrying a barley sucrose transporter gene	村田
奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科	助教	高 塚 大知	エピジェネティック制御によるDNA倍加誘導	Induction of DNA polyploidization by epigenetic regulation	長岐・村田
自然科学研究機構・基礎生物学研究所	助教	星 野 敦	アサガオの遺伝子資源を用いたエピジェネティクス	Epigenetics on the bioresources of the Japanese morning glory	長岐
北海道大学・大学院農学研究院	教授	橋 床 泰之	イネ内生窒素固定細菌Burkholderia kururiensisが低窒素耐性アフリカイネ交雑後代系統イネLIA-1の宿主になる理由を受容体タンパクとイネゲノムに求める	Genetic trait and symbiotic mechanisms of the low nitrogen-tolerant, African wild rice hybrid LIA-1 with endophytic nitrogen-fixing bacterium Burkholderia kururiensis	前川
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	伊 藤 正樹	イネ科植物におけるDNA倍加の制御に関する研究	Study on regulation of endoreplication in species within the grass family	前川・佐藤
北海道大学・大学院農学研究院	助教	佐 藤 昌直	ヘテロシグマウイルスゲノム配列から予測される遺伝子発現解析プラットフォームの構築と検証	Establishment of a platform to validate and quantify mRNA expression of genes predicted on an Heterosigma akashiwo virus genome	植木
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	主任研究員	堀 清純	イネの日長非依存的な出穂期遺伝子の単離と機能解明	Cloning and characterization of flowering time genes involved in photoperiod- independent response	持田・平山
国立高等専門学校機構・熊本高等専門学校・生物化学システム工学科	准教授	木 原 久美子	イグサのストレス応答に関する植物ホルモンの研究	Study of the plant hormone on stress reply of the mat rush (Juncus effuses)	平山

Annual Report 2016

Director: Masahiko Maekawa

Editorial Members: Sanae Rikiishi

Takako Nakato

Naoki Yamaji

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University

Chuo 2-20-1, Kurashiki 710-0046, Japan

TEL: +81-86-424-1661

FAX: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告 第24巻 (Annual Report 2016)

平成29年3月25日 印刷

平成29年3月31日 発行

発行所 岡山大学資源植物科学研究所
710-0046 倉敷市中央2丁目20-1
TEL: 086-424-1661
FAX: 086-434-1249

編集委員 力石 早苗
中戸 孝子
山地 直樹