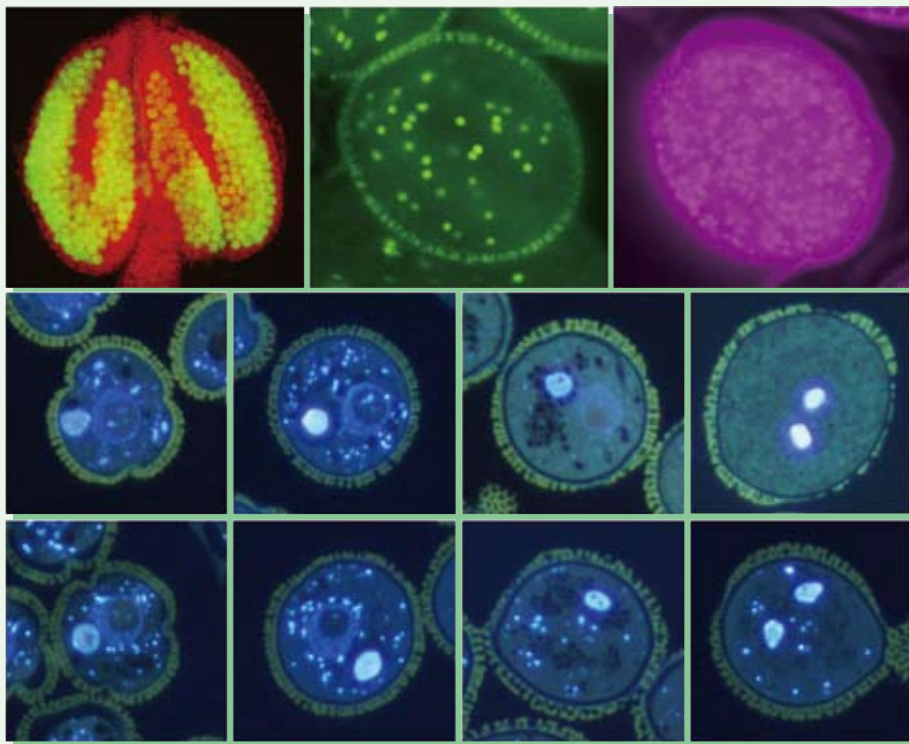


岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2011)

— 第19卷 —



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



表紙の写真（出展）：

Matsushima R., Tang L. Y., Zhang L., Yamada H., Twell D., Sakamoto W. 2011. A conserved, Mg^{2+} -dependent exonuclease degrades organelle DNA during Arabidopsis pollen development. *Plant Cell* 23: 1608-24.

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 (Group of Plant Light Acclimation Research)	1
細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)	2
環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)	3
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)	4
植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)	5
分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)	6
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)	7
植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)	8
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)	
大麦グループ (Group of Barley Resources)	9
遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)	10
野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)	11
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)	12
ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)	13
生命環境適応グループ (Group of Adaptation to Bioenvironmental)	14
構成員 (Staff)	15
出版物リスト (List of Publication)	17
国際会議およびシンポジウム (List of International Conferences and Symposia)	24
講演およびシンポジウム発表 (List of Domestic Conferences and Symposia)	30
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)	40
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)	52

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

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

2. 斑入り変異体における活性酸素生成と病原細菌抵抗性の関連性

シロイヌナズナ斑入り変異体 *var2* は、上記のメタロプロテアーゼFtsH2を欠損している。我々は、*var2* 変異体において活性酸素が葉緑体内に多量に蓄積していることを発見した。活性酸素は主に緑色部位において検出されるのに対し、APXやSODなどの抗酸化酵素は、白色部位で高発現していた。活性酸素は、植物の病害抵抗性に関与するシグナル分子としての機能も報告されており、現在、斑入り葉における病害抵抗性の有無について検証している。病害細菌接種実験の結果、緑色部位では細菌の増殖抑制が観察され、葉緑体内に蓄積した活性酸素が直接的な抗菌効果を発揮した可能性が示唆された。これは、葉緑体機能と病原細菌抵抗性を関連づけた最初の結果である。

3. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

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

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

Our group has been studying the mechanism of plant adaptation to environmental stresses at the molecular level, with focus on chloroplasts that participate in the energy transfer system in photosynthesis.

1. Plant adaptation mechanism for photoinhibition

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

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

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

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during pollen development

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

4. Molecular mechanism underlying the morphological diversity of starch grains among plant species

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

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

1. 国際宇宙ステーション船外に長期曝露した大麦種子の生存能力

人類が宇宙で長期にわたり滞在し活動する場合、食料自給のため宇宙で種子を保存し栽培する必要がある。地上では種子の保存は低温低湿条件下で行なわれるが、宇宙では利用できる電力や建築資材等に制限があり、種子保存施設は可能な限り簡素であることが要求される。しかし、微小重力、宇宙放射線、電磁場等の地球上とは全く異なる宇宙環境が種子の生存能力に与える影響に関する情報は少なく、どの程度の防御レベルが必要であるか判断するのは困難である。本研究では、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、醸造用大麦「はるな二条」種子を金属コンテナにセットし、国際宇宙ステーション (ISS) ロシアドッキング室「Pier」船外に設置した。種子を温度や湿度等のコントロールを全く行わない状態で13ヶ月間放置した後に地上へ搬送した。船外曝露後の種子は重量が19%減少したが、発芽率は82%と顕著な低下は認められなかった。発芽した種子は、地上で同時に保存した種子と同様に生育、出穂、稔実した。生育した大麦の農業形質(稈長、穂長、粒数、穂数、稔実率、種子重量)、収穫した次世代種子の発芽率と農業形質については船外曝露種子と地上保存種子で有意差は認められなかった。また、種子中の β -グルカン量についても差は認められなかった。16組のプライマーを用いた AFLP 分析を行った結果、船外曝露による特異的な DNA フラグメントの出現や消失は認められなかった。以上の結果、大麦種子は13ヶ月間農業特性、品質、遺伝子に変化無く宇宙船外で保存できる可能性が明らかとなった。

2. ホンモンジゴケの細胞壁の機能解析

ホンモンジゴケ (*Scopelophila cataractae*) 原糸体の細胞重は、正常培地や銅含有培地に関わらず、培養開始から90日目まで直線的に増加した。コントロールと銅処理細胞の細胞壁から CDTA、 Na_2CO_3 、1M KOH、4M KOH にて、マトリックス多糖を順次抽出した。銅処理細胞壁からのペクチン含量はコントロール細胞壁の47%に減少した。抽出された多糖は陰イオン交換クロマトグラフィーで5画分に分画され、銅処理細胞壁の主要画分のラムノースがコントロール細胞壁より高い含量を示した。銅処理細胞からの細胞壁中の約43%の銅は、エンド-ペクチン酸リアーゼ処理によって遊離され、蓄積された全銅量の2/5は細胞壁ペクチンに強く結合していることが示唆された。

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

1. Viability of barley seeds after long-term exposure to outer side of the international space station

Storage of seeds for cultivation of plants in space is necessary for supply of food for astronauts staying in space for a long period. Although seed viability is maintained under low temperature and low humidity under climate control systems on the ground, material-saving and energy-saving systems for seed storage are necessary to realize long-term habitation in space because the shipping capacity of construction materials from the Earth and electrical power for seed storage facilities are limited in space. However, the current understanding of the effects of outer space environment on the biological property of seeds is limited and it is difficult to estimate the level of protection necessary to maintain seed viability in outer space. To determine the effects of outer space, we packed seeds of malting barley 'Haruna Nijo' in a metal container for exposure outside of the Russian docking station 'Pier' of International Space Station (ISS). After exposure for 13 months without a climate control such as temperature- and humidity-maintaining systems, the seeds were transported to the Earth. The space-stored seeds showed a germination rate of about 82%, but lost about 20% of their weight by the exposure. The germinated seeds showed normal growth, heading and ripening like the ground-stored seeds. The agronomic properties (culm length, ear length, number of grain, number of ear, ripening rate, grain weight) of the grown barley, and the germination rate and agronomic properties of the next generation barley were not significantly different from those of the ground-stored seeds. Furthermore, the β -glucan content showed no significant difference between the seeds stored in space and those stored on the ground. AFLP analysis with 16 primer combinations revealed no specific fragment that appeared or disappeared significantly in the DNA isolated from the barley grown from the space-stored seeds. These results showed that barley seeds could be preserved in outer space for 13 months without any adverse effect on agronomic properties, seed quality, and genes.

2. Analysis of the cell walls of *Scopelophila cataractae*

Cell mass of *Scopelophila cataractae* protonema increased linearly from the start of culture. up to 90 d, irrespective of whether the cells were cultured in normal or Cu-enriched medium. The matrix polysaccharides were extracted sequentially with CDTA, Na_2CO_3 , 1M KOH and 4MKOH from both control and Cu-treated cell walls. The amount of pectin solubilized from Cu-treated cell walls was 47% of that from the control cell walls. The extracted polysaccharides were fractionated by anion-exchange chromatography into five fractions, and rhamnose, a major fraction of Cu-treated cell walls was present in a larger quantity than in the control cell walls. Approximately 43% of the Cu in the cell walls of Cu-treated cells was released by the endo-pectate lyase treatment, suggesting that two-fifths of total Cu accumulation was tightly bound to the cell wall pectin.

本グループでは、高等植物の主に非生物学的ストレスの認識および応答機構について、遺伝子レベルから個体レベルまでを、特にこれらに関わる植物ホルモンの作用に注目して研究を行っている。これまでに知られている植物ホルモンの中で、アブシジン酸 (ABA) は、乾燥、塩、低温応答に関与していることが知られており、現在は ABA の応答に関して研究に重点を置いている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. ABA 高感受性変異株の及び ABA 情報伝達因子の解析

発芽時に ABA に高感受性を示すシロイヌナズナ変異株 *ahg2-1*, *ahg11-1*, *ahg12-1* の解析を進めた。*ahg2-1* は、ABA のみならずサリチル酸も高蓄積し、高感受性を示す。この変異の原因遺伝子は、polyA 特異的 RNA 分解酵素 PARN をコードし、*ahg2-1* 抑制変異 *ags1* の解析から RNA の polyA 付加による安定性制御がこの変異の表現型発現において重要であることが示された。これまでの解析から、AHG2 の標的 RNA 分子を特定し、現在、AHG2, AGS1 の細胞内機能との相関もほぼ確認できた。AHG11 は PPR と呼ばれる RNA 修飾酵素をコードし、これまでの解析から、AHG11 はミトコンドリアのある mRNA の一つの RNA 編集に関与していることを明らかにした。この編集の有無と ABA 応答との関係については、まだ明らかになっていない。ABA 応答に関与する PP2C のうち、我々が同定した AHG1, AHG3 は他の PP2C と異なり、核局在と種子特異的発現を示す。このため、他の PP2C とは異なる機能を持つことが予想され、それを明らかにする為に AHG1 を用いた相互作用因子探索を行った。その結果、転写抑制複合体を構成する因子との相互作用が確認された。この因子との相互作用は AHG1, AHG3 特異的であり、これらの PP2C 特異的機能が示唆された。現在、この相互作用の生理学的意義及び生化学的意義について解析中である。

2. 気孔の開閉制御機構の解析

シロイヌナズナを用いて、気孔の開閉運動の制御に関わる因子の同定、機能解析を行った。ABA とジャスモン酸誘導性気孔閉口において特徴的な過酸化水素蓄積が関与することをカタラーゼの変異体を用いて証明した。

3. 穂発芽耐性白粒コムギの作出

穂発芽しやすい白粒コムギの穂発芽被害を減少させるために、種子休眠能力を高めることで穂発芽に耐性を示す白粒コムギ系統の確立を試みている。穂発芽耐性赤粒種並に強い種子休眠を示す系統を選抜した。

Our group has been studying the molecular mechanisms for environmental stress responses, mainly the abiotic stress response, in plants at levels from gene expression to individual behavior. Phytohormones such as abscisic acid (ABA) are deeply involved in the various stress responses of plant. Therefore, we focused on the action of plant hormones.

1. Analysis of the ABA hypersensitive mutants and ABA signal transducers

We analyzed ABA hypersensitive mutants *ahg2-1*, *ahg11-1*, and *ahg12-1* to obtain more insight into ABA response mechanisms. The *ahg2-1* mutant exhibits hypersensitivity not only to ABA but also to salicylic acid. The *AHG2* gene encodes polyA specific RNase PARN that is involved in RNA degradation, suggesting that AHG2 is involved in the regulation of RNA stability. Analysis of the *ahg2* suppressor mutant *ags1* strongly supported this idea. We determined candidates for the target RNA molecules through various experiments. We are now confirming these obtained data. AHG11 encodes a PPR protein that is involved in the RNA editing of a mitochondrial mRNA. We tried to physiological linkage between the defect in this RNA editing and the ABA hypersensitive phenotype but could not obtain any clear results. AHG1 and AHG3 have unique features among PP2Cs that are involved in ABA response, they are localized on the nucleus alone and are highly expressed in seeds. To determine whether they have unique functions or not, we investigated their interacting proteins and found that one component of co-repressor complex interacted these PP2Cs specifically. The physiological relevance of this interaction is under exploration.

2. Analysis of the stomata regulation system

We have been investigating the regulation mechanism of stomatal movement in response to environmental stimuli. By using catalase mutants, we showed the involvement of intracellular hydrogen peroxide accumulation in abscisic acid and methyljasmonate signal transduction processes in guard cells.

3. Attempt to establish the white-grained wheat line with pre-harvest sprouting tolerance

In order to reduce the agricultural damage of pre-harvest sprouting of wheat, we are trying to establish white-grained wheat line with deeper seed dormancy. We successfully selected candidate lines that exhibit pre-harvest sprouting tolerance as strong as red-gained wheat this year.

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吸収や集積機構、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. カボチャの内向き及び外向きケイ酸トランスポーターの同定

ブルームレスキュウリとブルームキュウリの台木として使われている2品種のカボチャからそれぞれ内向きケイ酸トランスポーター (*CmLsi1*) と外向きケイ酸トランスポーター2種類 (*CmLsi2-1* と *CmLsi2-2*) を単離した。両品種間に *CmLsi2* の配列や発現には差がなかったが、*CmLsi1* には2アミノ酸の違いが見られた。様々な解析を行った結果、ブルームレスキュウリ用台木では242番目のアミノ酸の変異で、輸送体の細胞膜への局在ができず、ケイ酸の吸収が減少することを明らかにした。

2. イネのアルミニウム耐性の分子機構

イネのアルミニウム耐性に関する転写調節因子 ART1 が結合するシス配列 GGNVSN を同定した。このシス配列は、ART1 が制御する31個の遺伝子のうち29個の遺伝子のプロモーター配列上に確認された。ART1 制御下にある遺伝子 *OsFRDL4* は細胞膜に局在するクエン酸の輸送体をコードし、根からクエン酸の分泌に関与していることを明らかにした。また同じく ART1 下流にある遺伝子 *OsALS1* は液胞膜に局在するハーフサイズの ABC 輸送体をコードし、アルミニウムを液胞に隔離することで、無毒化に関与することを突き止めた。

3. カドミウム輸送体遺伝子の同定

カドミウム超集積植物ゲンバイナズナからカドミウムの無毒化に関わる遺伝子 *TcHMA3* を同定した。*TcHMA3* によってコードされるタンパク質は主に葉の細胞の液胞膜に局在している。その遺伝子の発現量はカドミウムを集積しないシロイヌナズナに比べ8千倍以上にも達し、シロイヌナズナに過剰発現すると、カドミウム耐性が向上した。

イネ高カドミウム集積品種 Jarjan について解析した結果、主に根の細胞の液胞膜に局在するカドミウム輸送体 *OsHMA3* の機能が喪失し、根の液胞へのカドミウムの隔離ができなことが高集積の原因であることを明らかにした。

4. マンガンの無毒化に関する遺伝子の同定

イネは地上部に高濃度のマンガンを集積しても毒性を示さない。そのマンガンの無毒化に *OsYSL6* が関与していることを明らかにした。*OsYSL6* は根と葉のすべての細胞で恒常的に発現していた。*OsYSL6* はマンガン-ニコチアミンの輸送活性を持っていた。この遺伝子を破壊すると、マンガン過剰耐性のみが弱くなった。

Our group has been studying the uptake and accumulation mechanisms of essential, beneficial and toxic minerals in plants, and their mechanisms of response and tolerance to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements during 2011 are described below.

1. Identification of influx and efflux silicon transporters in pumpkin

We cloned an influx Si transporter gene (*CmLsi1*) and two efflux Si transporter genes (*CmLsi2-1* and *Lsi2-2*) from two pumpkin cultivars used for the root stocks of bloom and bloomless cucumber cultivars. There were no differences in either the sequence or expression level of *CmLsi2* between the two cultivars. However, there were two amino acid substitutions in the *CmLsi1*. Functional analysis revealed that substitution at the position of 242 affected the localization on the plasma membrane, resulting in decreased Si uptake.

2. Molecular mechanisms of aluminum tolerance in rice

We identified a cis-element, GGNVSN, of a transcription factor ART1 required for Al tolerance in rice. This core cis-element was found in the promoter region of 29 genes out of 31 gene regulated by ART1. We found that *OsFRDL4*, one of the ART-regulated genes, encodes a citrate transporter and was involved in the Al-induced secretion of citrate. We further identified another ART1-regulated gene, *OsALS1*, which encoded a tonoplast-localized half-size ABC transporter. This gene is involved in sequestration of Al into the vacuoles.

3. Identification of cadmium transporter genes

We identified a gene (*TcHMA3*) involved in detoxification of Cd in a Cd-hyperaccumulating plants, *Thlaspi carealeuens*. *TcHMA3* is mainly localized on the tonoplast of leaf cells. The expression level of *TcHMA3* is more than 8,000 times higher than a homologous gene in Arabidopsis. Over-expression of this gene in Arabidopsis resulted in increased Cd tolerance.

We analyzed a high Cd-accumulating rice cultivar, Jarjan, and found that this is attributed to the loss of function of *OsHMA3*, a tonoplast-localized Cd transporter in the roots, which prevents sequestration of Cd into the vacuoles.

4. Identification of a gene involved in Mn detoxification

Rice is able to accumulate a large amount of Mn in the shoots without showing toxicity symptoms. We identified a gene (*OsYSL6*) involved in the Mn detoxification. *OsYSL6* is constitutively expressed in all cells of both the roots and shoots, and encodes a protein, which shows transport activity for Mn-nicotianamine complex. Knockout of this gene resulted in increased sensitivity to Mn excess

本グループは、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、毒性機構と耐性機構を解析している。毒性機構の詳細は、植物細胞のモデル系である培養細胞を用いて解析し、Al によって誘発される活性酸素種 (ROS) が細胞死に関わることから、ROS の誘発と抑制機構についてエネルギー代謝の面から解析を進めている。一方、Al 耐性機構に関しては、コムギの主要な耐性遺伝子である *ALMT* 遺伝子の機能ならびに構造解析を進めるとともに、*ALMT* 遺伝子が植物にのみ存在するユニークな遺伝子ファミリーを形成していることから、様々な *ALMT* 相同遺伝子の機能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. Al 感受性ならびに耐性タバコ培養細胞株を用いたエネルギー代謝の比較解析

対数増殖期において、代謝物や酵素活性を比較した結果、感受性株のエネルギー代謝は主として解糖系-呼吸であり、耐性株では解糖系-乳酸発酵であることが示唆された。これらの結果から、Al 処理によって、感受性株では呼吸に伴う ROS 発生が促進されるのに対し、耐性株では呼吸を抑制することで ROS の発生を抑制し Al 耐性を獲得している可能性が考えられた。

2. Al 応答におけるスクロース輸送体の関わり

Al に対する初期応答に糖の取り込み阻害がある。その詳細を明らかにするために、タバコ細胞で発現しているスクロース輸送体遺伝子 (*NtSUT1*) をクローニングし、そのアンチセンス DNA を導入することで *SUT1* 発現抑制株を作成した。Al が毒性を示す低 pH 条件で比較したところ、低 pH 条件ではスクロース輸送体に依存してスクロースが吸収されること、Al はそれを阻害することで増殖を抑制することが示唆された。

3. *ALMT* 輸送体の構造解析に向けた蛋白質合成系の確立

コムギ *ALMT1* 遺伝子がコードする *ALMT1* 輸送体は既知の輸送体とも相同性を持たず、植物特異的であることから、構造解析を試みている。これまで、コムギ胚芽無細胞蛋白質合成系を用いた *ALMT1* 蛋白質の精製を試みてきたが、本年度は大腸菌での *ALMT1* 蛋白質の発現系を確立し安価に大量合成が可能となった。今後 2 つの発現系を併用し、構造解析をめざす。

4. *ALMT* 輸送体ファミリーの機能多様性の解析

ALMT ファミリーの一つ、シロイヌナズナの *AtALMT12* は気孔閉口に関わるアニオン輸送体をコードする重要な遺伝子である。細胞外リンゴ酸によるアニオン輸送の活性化が他グループから報告されたが、我々はさらに、細胞外クエン酸も活性化すること、C 末端側親水性領域の改変により細胞外有機酸の存在なしにアニオン放出を示すことを明らかにした。これにより、*AtALMT12* の C 末端側領域が有機酸による活性化に関与すると考えられた。

さらに、数種の植物種から *ALMT* 相同遺伝子を単離し、その発現および機能解析を行った。そしていくつかについてはリンゴ酸輸送機能を明らかにした。この解析により、新たな植物生理機能の解明を目指している。

Our research has been focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant growth in acidic soils, and has been analyzing the mechanisms of Al toxicity and tolerance, using a cultured cell system and whole plants. Since Al-enhanced production of reactive oxygen species (ROS) is related to cell death, the production mechanism of ROS as well as the protection mechanism from ROS have been examined, focusing on energy metabolisms. For Al-tolerance mechanism, the functional and structural features of the *ALMT* gene, a major Al tolerance gene in wheat, have been studied. In addition, since the *ALMT* gene and its homologues have been found only in plants, we are trying to elucidate the functions of individual *ALMT* genes. Research outlines of this year are as follows:

1. Comparative analyses of energy metabolisms in Al-tolerant and Al-sensitive cultured tobacco cell lines.

Biochemical analyses of metabolites and enzymes in Al-tolerant and Al-sensitive tobacco cell lines at log-phase revealed that the Al-sensitive line acquires energy by "glycolysis-respiration", but the Al-resistant line by "glycolysis-lactate fermentation". Under the condition, Al may enhance ROS production via respiration in the Al-sensitive line, but not in the Al-tolerant line.

2. Involvement of sucrose transporter in Al responses

Al inhibits sugar uptake which is one of the early events in cultured tobacco cells. In this study, the sucrose transporter gene, *NtSUT1*, was cloned and anti-sense DNA was used for construction of the *SUT1* repression cell line. Comparative studies between wild type and the repression line suggest that sucrose is absorbed via sucrose transporter under low pH condition, and that Al inhibits the sucrose uptake, leading to growth inhibition.

3. Establishment of *ALMT* synthesis systems aimed to analyze *ALMT*-protein structure

ALMT-transporter family is found only in plant species, and the structure of this protein has not been elucidated. We have been trying to purify Ta*ALMT1* protein by using a wheat germ cell-free protein synthesis system. This year, Ta*ALMT1* protein was effectively synthesized in the *E. coli* system. These heterologous systems will be used for purification and characterization of the *ALMT1* protein.

4. Analyses of the multiple functions of *ALMT*-transporter family

We have already reported that the *AtALMT12* gene, one of Arabidopsis-*ALMT* homologs, is involved in stomatal closure. In addition, another group reported that *AtALMT12*-mediated anion efflux was activated by extracellular malate. We have recently found that *AtALMT12*-mediated anion efflux is activated not only by malate but also by citrate, and that the anion efflux is caused by modification of the hydrophilic carboxyl-terminal half domain of *AtALMT12* protein. These findings suggest that this domain regulates the activation of anion efflux.

Furthermore, we have isolated several *ALMT*-homolog genes from several plant species, and analyzed their expression patterns. We detected malate transport activity in these homologs. Our goal is to elucidate how these *ALMT*-type transporters are related to the variety of physiological functions in plants.

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生物学、細胞生物学、生理学的に研究している。現在は塩ストレスと浸透圧ストレス環境における植物細胞の水輸送機能とアクアポリン、イオン輸送系について研究を進めている。以下に今年度の成果概要を述べる。

1. オオムギにおける新しい原形質膜型アクアポリン (PIP) の同定

2011年初頭リリースされたオオムギ完全長 cDNA データベースを検索して、これまで知られていなかったオオムギ PIP を新たに6種類同定してクローニングした。系統樹解析によるとそれらは PIP1 及び PIP2 とは異なる第3のグループを形成した。このグループはイネ、コムギ、モウソウチクには存在したが双子葉類には存在が確認できなかった。

2. 浸透圧ストレス環境下におけるオオムギ根における PIP の発現制御

発芽後4日齢のオオムギの根に180mM マンニトールを与えて浸透圧ストレスとした場合、原形質膜型アクアポリン (PIP) 遺伝子の調べた10個のいずれにおいても、コントロールと比較して発現レベルに有意な差は見られなかった。より強い浸透圧ストレスとして360mM マンニトールを与えた場合、HvPIP1;2、HvPIP1;4、HvPIP2;1、HvPIP2;2の転写レベルが処理後2時間以降で減少した。これは高濃度の浸透圧ストレスに対し原形質膜における水の透過性を減少させ、細胞外への脱水を防ぐため発現が抑制されると考えられる。塩ストレス下でもほぼ同様のアクアポリンの発現量が大幅に減少することがすでに分かっている。このことから、塩ストレスによる HvPIP 発現量の減少は塩によるイオンストレスの影響ではなく浸透圧ストレスによるものであると考えられた。

3. イネの根水透過性 (L_{pr})

プレッシャーチェンバー法を改良した測定方法によりイネ根の水透過性を測定した。イネ根においては明期および暗期開始2時間目において L_{pr} が高くなった。浸透圧ストレス (180mM マンニトール) を与えても L_{pr} はわずかしき低下せず、これは耐塩性オオムギにおいて L_{pr} の抑制がおこること(既報)とは異なる結果であった。

4. 二酸化炭素透過性アクアポリンのスクリーニング系

昨年までに開発した酵母を利用したシステムを改善して測定的时间分解能を向上させた。現在シロイヌナズナ PIP の二酸化炭素透過性をスクリーニングしている。

5. オオムギ cyclic nucleotide-gated channel (CNGC)

陽イオン輸送体の1グループを構成している CNGC (cyclic nucleotide-gated channel) ファミリーの遺伝子をオオムギから複数単離した。現在これらの解析を進めており、これらが塩ストレスにおいて Na^+ が最初に細胞へ流入するゲートとして CNGC が関与しているかどうかを検討している。

We have been conducting molecular, cellular, and physiological studies on the responses of plant cells to environmental stress. Now we are focusing on the water transport activity, in relation to aquaporins and ion transporters under salt and osmotic stresses. Summary of this year's research results are described as follows.

1. Identification of new PIP (plasma-membrane type) aquaporins in barley.

We identified and cloned new PIPs in the barley full length cDNA database which was released in early 2011. Phylogenetic analysis shows that all of these form a distinct third clade different from either previously recognized PIP1 or PIP2. Although these novel PIPs in the new clade have not been reported to date, we found some PIPs in this clade in databases of rice, wheat and bamboo genome/cDNAs, but not in those of dicot.

2. Expression of PIP aquaporins in barley roots under osmotic stress

We investigated the effects of osmotic stress on the accumulation of HvPIP mRNA in the roots of 4-day-old barley. Mild stress (180 mM mannitol) induced no change in the amounts of HvPIP mRNAs. However, severe osmotic stress (360 mM mannitol) significantly reduced the amount of *HvPIP1;2*, *HvPIP1;4*, *HvPIP2;1*, and *HvPIP2;2* mRNAs among 10 HvPIPs. Such down-regulation of aquaporins was consistent with the reduction of root hydraulic permeability under salt/osmotic stresses, and suggests that plants prevent water loss under severe osmotic stress by such down regulation.

3. Root hydraulic permeability (L_{pr}) of rice

Using an improved pressure chamber method, rice L_{pr} was monitored. High L_{pr} was observed during the light period and at 2 hrs after the start of the dark period. Although L_{pr} is reduced in barley under salt/osmotic stresses, almost no reduction was observed in rice under osmotic (180 mM mannitol) stress. This may be attributed to the fact that rice is less tolerant to water stress than barley.

4. The screening system to detect CO_2 permeability of aquaporins

Using yeast cells, we developed a screening system to detect CO_2 permeability of aquaporins. We improved the time-resolution of this system this year and are now screening CO_2 permeability of *Arabidopsis* PIPs.

5. CNGC (cyclic nucleotide-gated channel) in barley

Cyclic nucleotide-gated channels (CNGCs) are members of cation transporters. Several genes of CNGC members in barley were newly identified. We are analyzing their function as an initial influx gate of Na^+ into cells during salt stress.

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、いくつかの選択された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. 植物染色体に挿入された非レトロ RNA ウイルスの化石配列

DNA ウイルス、レトロ RNA ウイルスや類似のパラレトロウイルス（逆転写酵素をもつ DNA ウイルス）の配列が宿主の染色体に挿入される現象はよく知られていたが、非レトロ RNA ウイルス配列 (NRVS) は挿入されないと考えられていた。我々は、白紋羽病菌から分離された新規 2 本鎖 RNA ウイルス (パルティティウイルス科、非レトロ RNA ウイルス) の性状解析の過程で、パルティティウイルスの外被蛋白質遺伝子の類似配列が少なくとも 9 科に及ぶ植物のゲノム上に存在することを発見した。さらに NRVS の探索を進めた結果、マイナス鎖 RNA ウイルス (ラブドウイルス科とバリコサウイルス属) およびプラス鎖 RNA ウイルス (ベータフレキシウイルス科) 類似の配列が主要な科 (アブラナ科、ナス科、イネ科、マメ科など) の核ゲノム配列データベース中に見つかった。これら NRVS の多くはゲノミック PCR とサザン解析により植物染色体上に存在することが確認された。各種植物での保存パターンと系統解析により、これらの核ゲノム上の NRVS はウイルスから植物へ水平伝搬したことが示唆された。NRVS はこれまで不明であった植物種の系統関係を明らかにするのに、さらには核ゲノム配列を構成する要素として注目に値する。一連の研究で見いだされた植物および菌類 RNA ウイルスに類似した NRVS は、植物およびウイルスの進化、植物/ウイルス相互作用、共進化の一端をひもとく上で有効な情報になると期待される。

2. 植物共生メタノール資化性菌の多様性と植物生長への影響

植物は成長の過程でメタノールを放出しており、その量は地球上で年間 1 億トンに達する。植物の表面にはこのメタノールを資化する微生物が多く存在することが分かかってきており、特に多く存在するのは *Methylobacterium* 属細菌である。本属細菌には 35 種が知られているが、それらの植物との相互作用の特異性は分かっていない。そこで多くの植物種から多様な本属細菌を分離同定し、植物との相互作用特異性を明らかにしようとしている。微生物の分類には多くの情報が必要であるが、MALDI 型の質量分析器を用いて、細胞の構成タンパク質をそのまま分析し、得られる質量スペクトルデータを直接比較することで、種のレベルにまで微生物の分類が可能となる技術が確立されつつある。本研究では本手法を用い、本属細菌の詳細な分類と植物との相互作用特異性を解析し、新種の菌について報告した。また、本属細菌の中で屋上緑化に用いられるスナゴケや、重要な作物について生育促進効果の高い菌をスクリーニングしている。さらに、その効果の高い菌のゲノム配列を解析し、生育促進効果に関わる遺伝子の同定を行っている。

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

1. Widespread endogenization of genome sequences of non-retroviral RNA viruses into plant genomes

Non-retroviral RNA virus sequences (NRVSs) have been found in the chromosomes of vertebrates and fungi, but not plants. Here, we report similarly endogenized NRVSs derived from plus-, negative-, and double-stranded RNA viruses in plant chromosomes. These sequences were found by searching public genomic sequence databases, and, importantly, most NRVSs were subsequently detected by direct molecular analyses of plant DNAs. The most widespread NRVSs were related to the coat protein (CP) genes of the family *Partitiviridae* which have bisegmented dsRNA genomes, and included plant- and fungus-infecting members. The CP of a novel fungal virus (*Rosellinia necatrix partitivirus 2*, RnPV2) had the greatest sequence similarity to *Arabidopsis thaliana* ILR2, which is thought to regulate the activities of the phytohormone auxin, indole-3-acetic acid (IAA). Furthermore, partitivirus CP-like sequences much more closely related to plant partitiviruses than to RnPV2 were identified in a wide range of plant species. In addition the nucleocapsid protein genes of cytorhabdoviruses and varicosaviruses were found in species of over 9 plant families, including Brassicaceae and Solanaceae. A replicase-like sequence of a betaflexivirus was identified in the cucumber genome. The pattern of occurrence of NRVSs and the phylogenetic analyses of NRVSs and related viruses indicate that multiple independent integrations into many plant lineages may have occurred. For example, one of the NRVSs was retained in *Ar. thaliana* but not in *Ar. lyrata* or other related *Camelina* species, whereas another NRVS displayed the reverse pattern. Our study has shown that single- and double-stranded RNA viral sequences are widespread in plant genomes, and shows the potential of genome integrated NRVSs to contribute to resolve unclear phylogenetic relationships of plant species.

2. Diversity of methylotrophs symbiotic to plants and their effect on plant growth

Plants emit methanol in the process of their growth, the amount of which reaches as much as 100 million tons annually. There are many bacteria that assimilate methanol on the plant surface, including *Methylobacterium* species as one of the most predominant species. The genus contains 35 species, but the species-species specificity of interaction between *Methylobacterium* species and plants is not well understood. We isolated up to one thousand strains from various plants, and now we are investigating the relationship between bacterial species and plant species. Although much information is necessary to classify bacteria, recently a new rapid method using MALDI-TOF/MS is being established. In this method, the mass spectra of whole bacterial cell protein mixture are evaluated to classify bacteria at the species level. We applied the method to classify our isolates and used the data for evaluation of species-species specificity, as well as finding many novel bacterial species. We have also been screening for strains that have strong plant-growth promoting ability for important crops as well as a moss that is used for roof greening purposes. Furthermore, we sequenced the genome of one candidate to identify the genes involved in the growth-promoting effect.

植物・昆虫間相互作用グループは、草食性昆虫に対する防御におけるイネの植物ホルモン、遺伝子や代謝物の役割を調べる研究を行っている。当研究グループは2011年4月に発足し、現在までに当研究所における植物と昆虫の相互作用の調査のための基本的なシステムを確立した。現時点での研究の概要は以下の通りである。

1. イネに対する岡山周辺の草食性害虫の特定

当研究グループは、2011年の春・夏に水田における草食性害虫の分布および被害状況を調査した。その結果、少なくともフタオビコヤガ (*Naranga aenescens*)、シロナヨトウ (*Spodoptera mauritia*)、イチモンジセセリ (*Parnara guttata*)、クサシロキヨトウ (*Mythimna loreyi*) とコブノメイガ (*Cnaphalocrocis medinalis*) の5種が岡山周辺のイネの食害を引き起こしていることが明らかとなり、さらに、このうち4昆虫種の実験室での繁殖方法を確立した。イネ品種によって食害の程度の差 (例: 「あきたこまち」は食害耐性だが、「日本晴れ」は食害感受性) が観察されていることから、今後は、これらの昆虫種に対してイネが産生する防御代謝物のプロファイリングを行い、食害耐性・感受性の品種間比較を行うことで、イネが産生する新たな防御代謝物を特定することを計画している。

2. 昆虫からの新規エリシターの同定

植物は、草食性昆虫に攻撃を受けることで、特定のエリシターを生成することが知られている。私たちは、現在、昆虫の幼虫から口腔分泌物を収集するための適切な方法と、イネを用いたバイオアッセイの確立をすすめており、最終的には、イネが草食性昆虫に対する防御反応として生成するエリシターを特定することを目指している。

3. イネの害虫に対する防御代謝物の同定

1で述べた方法でイネから新規の防御代謝物を特定するためのパイロット実験として、イネを食するヨウトガ (*Spodoptera frugiperda*) とイネ (感受性品種である日本晴) をもちいて、イネが生成する防御代謝物の同定を試みた。ドイツのマックスプランク研究所にてUHPLC-ESI/TOF-MSを使用してヨウトガが摂食したイネ苗から採取した組織と対照組織を比較分析したところ、イネが生成する防御代謝物のいくつかの候補物質が見つかった。現在は、ターゲット LC-MS/MS 法を用いての防御代謝物の特定、この代謝物の生合成にかかわる遺伝子の同定、代謝物を欠損したイネ株の探索を進めている。

4. 防御のレギュレータの同定

これまで私たちが行ったタバコを用いた研究により、草食性昆虫に対する防御応答を制御するために重要な役割を担う植物の転写因子が同定された。しかし、このような制御因子は、イネでは知られていない。当グループは、公開されている遺伝子発現プロファイルデータベースを探索することにより、イネの草食性昆虫に対する防御に必要ないくつかの転写因子候補を見出した。現在のところ、これら候補因子の草食性昆虫に対するイネの防御反応における機能の確認を進めている。

We have been examining the role of plant hormones, genes and metabolites in defense of rice plants against insect herbivores. Since the foundation of our laboratory (~ April/2011), we have been establishing basic systems for investigation of plant-insect interactions at IPSR. Our work was focused on the following areas:

1. Identification of rice insect herbivores naturally occurring in Okayama area

We explored the paddy fields with rice to monitor the occurrence of rice pests in spring and summer of 2011. At least five common species of insect herbivores were found to be closely associated with damage to rice plants in Okayama area: rice green caterpillars (*Naranga aenescens*), lawn armyworms (*Spodoptera mauritia*), rice skippers (*Parnara guttata*), loreyi leafworm (*Mythimna loreyi*) and rice leaf folders (*Cnaphalocrocis medinalis*). Laboratory cultures of four insect species were established and they will be used in our future research. A differential frequency of insect damage on different rice varieties planted in the field was observed. This knowledge will be applied to our future search for novel rice defense metabolites against insects, for example by comparing defense metabolite profiles in field resistant (e.g. Akita Komachi) and susceptible (Nipponbare) rice plants.

2. Identification of novel elicitors from insects

Insect herbivores release specific types of elicitors to plant wounds during feeding. To identify novel insect herbivore-associated elicitors that function in rice, we established suitable methods for collecting oral secretions from insect larvae and use them for bioassays with rice plants.

3. Identification of herbivory-regulated defense metabolites in rice

A pilot experiment using rice (*Oryza sativa* var. Nipponbare) seedlings attacked by rice strain of fall armyworms (*Spodoptera frugiperda*) was conducted to identify novel defense metabolites in rice. The samples from insect-attacked and control leaves were comparatively analyzed by UHPLC-ESI/TOF-MS at Max Planck Institute for Chemical Ecology in Germany. The obtained dataset was analyzed and several differentially regulated metabolites were identified. Methods for identification of these metabolites using targeted LC-MS/MS method, evaluation of genes involved in their biosynthesis and inquiry for mutant plants deficient in the accumulation of these metabolites are in progress.

4. Identification of regulators of defense

In our previous research with tobacco, we identified an essential transcription factor that regulates defense responses against insects. However, such regulators are not known in rice. Using public gene expression repositories, we have identified several candidate transcription factors regulated after herbivore attack in rice plants. The functional studies of these genes are underway in order to confirm their predicted function in rice defense against insect herbivores.

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

1. オオムギ遺伝資源の評価

(a) 休眠性の QTL 解析

穂発芽性の育種的な対応の一つとしての利用が期待されるオオムギの休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換え置換系統 (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*) の遺伝子候補を同定した。現在この遺伝子の形質転換および機能解析を行っている。

(b) 播性程度の種内変異

栽培オオムギ5,214系統の播性程度低温要求度 (播性程度) について、起源中心である中近東を境に栽培オオムギの播性程度は、東西で大きく分化していることを見出した。これら知見から、栽培オオムギは伝播の過程で多様な播性程度を持つ系統群を分化させたことが示唆された。

2. オオムギ遺伝資源の分譲・配布

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

(a) 系統種子の配布

在来系統を中心とするオオムギ種子の配布を行った。

(b) cDNA クローンの配布

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

(c) BAC クローンおよびライブラリーの分譲

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

3. オオムギのゲノム解析

次世代シーケンサーを用いたゲノム配列解析 (生研センター「新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業」「オオムギ重要形質に関与する遺伝子の同定と育種への応用」、オオムギの全長 cDNA 解析 (ナショナルバイオリソースプロジェクトおよび農水省多様性ゲノム解析プロジェクト) に取り組み、22,651の全長 cDNA を公開した。現在、これらを統合したゲノムアノテーションを進めている。

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

1. Evaluation of barley germplasm

(a) QTL analysis of barley seed dormancy

A candidate of barley seed dormancy QTL (*Qsd1*) on the long arm of chromosome 5H, which may be associated with pre-harvest sprouting in small grains including barley, was identified using a large segregating population derived from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). The transformation and functional analysis of this candidate are underway.

(b) Natural variation of barley vernalization requirement

We analyzed the natural variation and geographic distribution of vernalization requirements using 5,214 barley accessions collected worldwide. We revealed the biased geographic distribution pattern of vernalization requirements in an entire collection of domesticated barley. This evidence implied that the barley accessions might be genetically differentiated during distribution, resulting in adapting to the local climatic conditions.

2. Collection and distribution of barley genetic resources

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

3. Barley genome analysis

We sequenced barley genome using next generation sequencing technology under the project 'Identification of genes of important traits and their application to barley breeding' started with support of Bio-oriented Technology Research Advancement Institution (BRAIN), and released 22,651 full length (FL) cDNA sequences to public domains (granted by National BioResource Project and genome diversity analysis project by MAFF). We are annotating the barley genome sequence with these comprehensive FL cDNA resources.

本グループではイネの根毛およびオオムギの種子成分に関わる遺伝子の機能について個体レベルから遺伝子レベルで解析している。今年度の研究成果の概要は以下の通りである。

1. イネの無根毛変異体 *root hairless 2* (*rth2*) の分子遺伝学的解析

根毛は養水分の吸収や植物体の支持に重要な役割を担うと考えられている。本研究では、日本晴のミュータントパネルから得た無根毛突然変異体 *rth2* を解析した。ポジショナルクローニングおよび相補性検定の結果、*Cellulose Synthase-like D1* 遺伝子 (*OsCSLD1*) が *rth2* の原因遺伝子であるとわかった。*rth2* では、第1エクソンの連続する2塩基置換により早期に終始コドンが生じる。その結果、D, D, D, QxxRW モチーフおよび8つの膜貫通ドメインを欠く不完全なタンパク質ができると推定される。*rth2* においては、根表皮細胞の不均等分裂によりバルジの形成は正常に開始されるが、バルジは伸長しなかった。そのため、*rth2* は完全に無根毛の表現型を示した。qRT-PCR 解析の結果、*OsCSLD1* は根だけでなく地上部でも発現していた。*in situ* ハイブリダイゼーションにより、*OsCSLD1* は根毛だけでなく表皮細胞壁および皮層細胞壁で発現していたが、中心柱では発現していなかった。ポット実験で農業形質を調査したところ、*rth2* は日本晴と比べて、根乾物重の増加した点を除いて調査した形質で有意差はみられなかった。しかし、圃場実験では、*rth2* は日本晴に比べ農業形質が有意に劣っていた。

2. オオムギ CslF6 は (1,3;1,4)- β -D-グルカン生合成に特異的な役割を果たす

(1,3;1,4)- β -D-グルカン (混合型グルカン) はイネ科の組織でみられ、オオムギで特徴的に高い値を示す。本研究では (1,3;1,4)- β -D-グルカンレス突然変異体を3系統特定し、それらが調査した全ての組織で (1,3;1,4)- β -D-グルカンを完全に欠くことを示した。(1,3;1,4)- β -D-グルカンレスの表現型は7H染色体長腕に座乗する *HvCslF6* の多型と完全に連鎖していた。(1,3;1,4)- β -D-グルカンレス突然変異体のそれぞれはコード領域内の異なる位置に1塩基置換を有し、高度に保存されたアミノ酸残基の置換を引き起こすことがわかった。(1,3;1,4)- β -D-グルカンレス突然変異体では胚乳から抽出した膜画分での (1,3;1,4)- β -D-グルカン合成酵素活性が完全に欠損していた。*Nicotiana benthamiana* の葉に *HvCslF6* cDNA を導入し一過的に発現させた系でも、(1,3;1,4)- β -D-グルカンレス突然変異体の (1,3;1,4)- β -D-グルカン合成酵素活性が欠損していることが確認された。これらの結果より、オオムギゲノム中に存在する7種類の *CslF* および1種類の *CslH* の中で *HvCslF6* は特異的な性質を有しており、(1,3;1,4)- β -D-グルカン合成の鍵となる酵素であることが明らかとなった。

Our group has been conducting on molecular genetic analysis of mutants in rice and barley with special attention to root morphology and grain quality. Our main achievements in 2011 are described below.

1. The *Root hairless 2* (*rth2*) mutant represents a loss-of-function allele of the cellulose synthase-like gene *OsCSLD1* in rice (*Oryza sativa* L.)

Root hair is considered to play an important role in water and nutrient uptake and anchoring the plant to the soil. We isolated *root hairless 2* (*rth2*) mutant from the mutant panel of Nipponbare. Positional cloning and a complementation test revealed that the causal gene of the *rth2* mutant was *Cellulose Synthase-Like D1* (*OsCSLD1*). *rth2* has a premature stop codon in exon 1 as a result of two consecutive nucleotide substitutions and is predicted to produce truncated proteins lacking the D, D, D, QxxRW motif and 8 transmembrane domains. In *rth2*, bulges were normally initiated from asymmetric divisions of root epidermal cells, but bulges did not elongate. Therefore, *rth2* shows a completely root-hairless phenotype. qRT-PCR analysis revealed that *OsCSLD1* was expressed not only in the root but also in the shoot. *In situ* hybridization showed that *OsCSLD1* was expressed not only in root hairs but also in epidermal and cortex cell walls except for stele. Agronomic character evaluation in pot experiments showed that *rth2* did not differ significantly from Nipponbare in all characters examined except for root dry weight, which showed a significant increase in the *rth2* mutant. In the paddy field experiment, *rth2* was significantly inferior to Nipponbare in agronomic performance.

2. Functional characterization of barley betaglucanless mutants demonstrates a unique role of CslF6 in (1,3;1,4)- β -D-glucan biosynthesis

(1,3;1,4)- β -D-glucans (mixed-linkage glucans) are found in tissues of members of Poaceae (grasses), and the contents are particularly high in barley (*Hordeum vulgare*) grains. The present study describes the isolation of three (1,3;1,4)- β -D-glucanless (betaglucanless; *bgl*) mutants of barley which completely lack (1,3;1,4)- β -D-glucan in all tissues tested. The *bgl* phenotype cosegregates with the cellulose synthase like *HvCslF6* gene on chromosome arm 7HL. Each of the *bgl* mutants has a single nucleotide substitution in the coding region of the *HvCslF6* gene resulting in a change of a highly conserved amino acid residue of the *HvCslF6* protein. Microsomal membranes isolated from developing endosperm of the *bgl* mutants lack detectable (1,3;1,4)- β -D-glucan synthase activity indicating that the *HvCslF6* protein is inactive. This was confirmed by transient expression of the *HvCslF6* cDNAs in *Nicotiana benthamiana* leaves. The wild-type *HvCslF6* gene directed the synthesis of high levels of (1,3;1,4)- β -D-glucans, whereas the mutant *HvCslF6* proteins completely lack the ability to synthesize (1,3;1,4)- β -D-glucans. The fine structure of the (1,3;1,4)- β -D-glucan produced in the tobacco leaf was also very different from that found in cereals having an extremely low DP3/DP4 ratio. These results demonstrate that, among the seven *CslF* and one *CslH* genes present in the barley genome, *HvCslF6* has a unique role and is the key determinant controlling biosynthesis of (1,3;1,4)- β -D-glucans. Natural allelic variation in the *HvCslF6* gene was found predominantly within introns among 29 barley accessions studied. Genetic manipulation of the *HvCslF6* gene may enable control of (1,3;1,4)- β -D-glucans in accordance with the purpose of usage.

1. 野生植物種子画像データベースの構築とインターネットへの公開

すでにインターネットに公開している種子画像は外来植物に限られていたため、これを雑草全体に広げる準備を行っている。この一年間に収集し増加した点数は生存種子 356 点、さく葉標本 4,090 点であった。それらの種子画像の撮影も順調に進んでおり、この科研費による研究が終了する 2012 年には公開できる。

2. 分子系統解析

単子葉植物の初期進化、カヤツリグサ科の分類学的再検討、グミ属の系統関係などをテーマに、DNA 解析を進めている。広義カヤツリグサ属に関しては、35 種 2 変種について、葉緑体の *trnK* 遺伝子と核の ITS 領域の DNA 塩基配列を決定して分子系統解析をおこなったところ、葉緑体と核のそれぞれの分子系統は、形態に基づく分類体系と様々な点で食い違っていた。観察した形態的形質の進化傾向を系統樹上で推定したところ、派生的な形質は系統樹上で複数回出現したと考えられた。この分子系統解析の結果を日本雑草学会第 50 回大会で発表した。

3. 量的塩基配列決定法を用いたモモ圃場におけるカブリダニの種構成推定

防除圧の異なるモモ圃場においてカブリダニの個体群動態を調査しようとしたが、分類の問題に直面した。カブリダニの種構成を推定するために、岡山のモモ圃場に生息する 5 種のカブリダニより PCR を用いてリボゾム DNA を増幅した。PCR 産物のクローニングと塩基配列決定により、種特異的な多型部位を検出した。組換えプラスミドより新たに増幅した PCR 産物を様々な割合で混合し、基準となる鋳型 DNA を作成した。ダイレクトシーケンシングを行った後、それぞれの種特異的な塩基配列部位において認められた 2 つのピークの実測値と期待値を比較した。二次元回帰式を用いてカブリダニの種構成を推定した。その結果、カブリダニの種構成は調査期間中に変化し、調査圃場間でも異なることが明らかとなった。

4. 大阪市立大学理学部附属植物園の生物多様性調査

この植物園は、都市近郊の二次的自然環境を利用して作られており、園内はよく管理され、様々な環境に多くの野生植物・野生動物が見られる。この園内で、栽培由来ではないと考えられる高等植物を 2 年間調査したところ、絶滅危惧種や希少種を含む約 400 種が確認された。周辺地域の放棄里山環境に比べて多様性が高く、植物園が野生生物の保全に役立っていることが示唆された。

5. 海外調査など

昆明植物研究所の協力により、中国雲南省の山地森林植物および草甸植物を調査した。

6. 近藤萬太郎先生収集種子データベースの作成

当研究所の初代所長をされた近藤萬太郎先生は日本の農林種子学の開祖のような方である。近藤先生が種子の収集を始めた 1906 年からの種子 3,374 点の種子サンプルのデータをデータベースに入力し、ホームページに公開した。

7. メリケンカルカヤの国内への侵入と分布の拡大

要注意外来生物に指定されているメリケンカルカヤの国内への侵入を標本調査と文献調査で明らかにした。634 点の標本データが得られ、1940 年に京都府で採集されたものが、最古であった。文献では 155 件確認された。侵入後 10 年ごとの分布の変化を図に表し、分布の拡大の様子を明らかにした。現地調査とインターネットによる呼びかけで国内の分布地の現状が明らかになった。2007 年時点での北限は岩手県と秋田県、南限が鹿児島県屋久島であった。

Table 1. Preservation of wild plant seeds and voucher specimens (As of November 30, 2011)

	Herbarium	Seed	Live seed
Family	260	225	212
Species	6,581	5,510	3,864
Accession	67,246	32,568	17,202

1. Image database of weed seeds

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

2. Molecular phylogeny analysis

To reveal the phylogenetic relationships among entire monocotyledons, and phylogeny of the family Cyperaceae and Eragraceae, we have analyzed DNA sequences. The molecular phylogeny of genus *Cyperus sensu lato* based on plastid *trnK* gene and the phylogeny based on nuclear ribosomal ITS region were in conflict with each other, and also with the taxonomic system based on morphological features by Ohwi (1946) and Koyama (1961). Each molecular phylogeny suggested that observed morphological apomorphies of *Cyperus* appeared more than two times in phylogeny.

3. Phytoseiid mite species composition in peach orchards estimated using quantitative sequencing

We conducted a population survey of phytoseiid mites in Japanese peach orchards with different pesticide practices, but had difficulty discriminating phytoseiid mites. To estimate phytoseiid mite species composition, ribosomal gene fragments were amplified from genomic DNA of five phytoseiid mite species using PCR. Cloning and nucleotide sequencing of amplified fragments identified species-specific polymorphic sites. Newly amplified fragments from recombinant plasmids were mixed in various ratios to produce standard DNA template mixtures. After direct sequencing, the signal ratios between two nucleotides at each species-specific polymorphic site were calculated and shown against the corresponding expected ratios. Quadratic regression equations were used to estimate the phytoseiid mite species composition. The results showed that the phytoseiid mite species composition changed during the survey period and varied among study sites.

4. Assessment of biodiversity within Botanical Gardens, Osaka City University

This botanical garden was developed using secondary natural vegetations of "satoyama", and is situated in the suburbs of a large city. Vegetation within the gardens has been well maintained, and we can observe various wild plants, mammals, birds and insects here. In a field survey project conducted during the past two years, about 400 native (not cultivated) vascular plant species including several endangered species were collected from the botanical garden. This diversity level was higher than that in adjacent satoyama areas without maintenance, and suggested that this botanical garden contributes in the preservation of wild plants.

5. Field survey

Collaborating with Kunming Botanical Institute, we conducted field investigations on the natural vegetation of the northern part of Yunnan.

6. Construction of data base of seed collected by Dr. Mantarou Kondo

We constructed the database of seed, which Dr. Mantarou Kondo collected from 1906 to 1944. The data of 3,374 collections is now available on the internet.

7. The invasion and spreading of *Andropogon virginicus* in Japan

We surveyed the specimens of *Andropogon virginicus* stocked in main herbaria of Japan. The oldest specimen was collected at Kyoto Prefecture in 1940. We obtained 634 herbarium data on the species and found 155 data in the literature. We conducted a field survey on the distribution of the species, and we drew a distribution map of *Andropogon virginicus* in Japan for every decade. It showed the state of the spreading of the species in Japan. The northern limit of the distribution was Akita and Iwate Prefecture. The southern limit was Yakushima island in Kagoshima Prefecture.

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。現在は主として、植物の染色体機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）の構造解析を行っており、植物人工染色体の創出を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. シロイヌナズナ環状ミニ染色体の構造と安定性

真核生物の染色体は一般的に線状であるが、環状の染色体が出現することがある。このような環状染色体は、酵母から動植物に至るまで広く見つかっており、組換えにより二動原体化することから、細胞分裂の際、不安定となることが知られている。しかし、我々が発見したシロイヌナズナの環状ミニ染色体 δ (デルタ)は、二動原体化しているにもかかわらず安定で、減数分裂を経て次代に伝達される。今回、このミニ δ を保持する植物体の後代に、より小型の環状ミニ染色体(ミニ δ 1とミニ δ 1-1)を発見した。ミニ δ 1は3.8-5.0 Mbサイズの二動原体型でありミニ δ と同様に、安定に次代へ伝達された。一方で、ミニ δ 1-1は1.7 Mbしかなく一動原体型であることが多く、有糸分裂で数が増減した。これらのデータは、植物人工染色体を作出する際に重要な情報を提供する。

2. タバコ動原体特異的 DNA の解析

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に配分するために必須である。その機能は、酵母から動物、植物に至るまで保存的であるのに対して、動原体領域に存在し、その機能と関連する DNA は、ごく近縁な種の間でも異なることが知られている。タバコは、長鎖 DNA を形質転換できる植物であることから、人工染色体構築のためのモデル植物となる可能性を秘めている。しかし、人工染色体構築およびその解析に必須である動原体 DNA 配列および動原体タンパク質の解析は、これまで全く行われていなかった。そこで、我々は、人工染色体構築のために、タバコの動原体特異的タンパク質および DNA の解析を行っている。本年度は、タバコ動原体 BAC を解析しタバコ動原体領域には2種類の動原体特異的レトロトランスポゾン (NtCR および NtoCR) が存在することを明らかにした。また、HaloTag 融合 NtCENH3 (タバコ動原体特異的ヒストン H3) を用いたクロマチンアフィニティー精製により、新たに3種の染色体特異的動原体 DNA を単離した。これらの結果より、タバコ動原体 DNA はモザイク構造をもつことが明らかになった。

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. Our current goal is to construct plant artificial chromosomes by analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins. Our main achievements in 2011 are described below.

1. Structure and stability of ring minichromosomes in *Arabidopsis thaliana*

The chromosomes of eukaryotes are in general linear, but ring-shaped chromosomes occasionally appear in a wide range of organisms from yeasts to animals and plants. Most of the ring chromosomes are unstable, since they become double-size ring chromosomes containing two centromeres by an odd number of chromatid exchange(s) after replication. These dicentric chromosomes would be broken when each of the two centromeres moves to the opposite poles, and go into the breakage-fusion-breakage (BFB) cycle. However, a ring minichromosome, "mini δ " that we found in *Arabidopsis*, was relatively stable and transmissible to the next generation. Recently, we found smaller ring minichromosomes (mini δ 1 and mini δ 1-1) among the progeny of plants carrying mini δ . Fluorescence *in situ* hybridization analysis revealed that mini δ 1 is dicentric just like mini δ and stable, whereas mini δ 1-1 is monocentric and unstable. The estimated sizes of mini δ 1 and mini δ 1-1 were 3.8~5.0 Mb and 1.7 Mb, respectively. Their monocentric and dicentric structure, and stability provide important information for constructing artificial chromosomes in plants.

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

Centromeres play an important role in segregating chromatids into daughter cells at mitosis and meiosis. Although the centromere function has been conserved among all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are diverged among closely related species. Since long DNA can be transformed into tobacco, tobacco has a potential to be a model plant for artificial chromosomes construction. However, centromeric DNA and proteins, which are necessary to construct and characterize artificial chromosomes, have not been investigated in tobacco. Hence, we have characterized centromere specific proteins and DNA sequences. This year, we analyzed tobacco centromeric BACs, and found two centromeric retrotransposons, NtCR and NtoCR. Additionally, we identified three novel chromosome-specific centromeric DNA sequences from tobacco using HaloTag fused NtCENH3, centromere specific histone H3 variants in tobacco. The discovery of three chromosome-specific centromeric DNA sequences indicates the mosaic structure of tobacco centromeres.

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

1. コシヒカリ *nDart1* タグラインの育成

イネ遺伝子の効率的機能解析のために、我々が発見した内在性トランスポゾン *nDart1* を導入したコシヒカリのタグラインを育成した。本年度は、穂別 1,696 系統を栽培し、幼苗期、移植後、出穂期および成熟期において形質調査を行った。その結果、747 系統で何らかの変異が認められ、その頻度は、44%であった。*nDart1* タグラインにおいて機能獲得型の変異も出現することが判明していたが、本年度も 1 系統で機能獲得型の変異と考えられるものが見出された。また、*nDart1* 挿入領域の解析のためのサンプリングも行い、網羅的な挿入配列解析を行う予定である。

2. 低投入適応型 (LIA) イネの開発

21 世紀の農業では環境との調和を計ることが重要である。そのためには、低投入で最大の効果が得られるような作物を育成する必要がある。これまで、アフリカの野生イネ、*Oryza longistaminata* と日本型 T-65 との交雑後代で、無施肥水田で大きなバイオマスを示す系統を選抜してきた。その要因を明らかにするために、まず選抜系統のジェノタイピングを行った。その結果、第 1, 2, 3, 6, 8, 10, 11 染色体に *O. longistaminata* の染色体領域が導入されていた。特に、第 6 染色体の短腕の多くの領域が導入されていた。今後、選抜系統と農林 18 号を交雑した F2 での生育旺盛性に係わる形質の QTL 解析を行う予定である。

3. 種子成熟制御因子 *LEC2* のコムギオーソログの解析

シロイヌナズナの種子成熟は転写制御因子、*LEC1*、*LEC2*、*ABI3*、*FUS3* により制御されている。また、これら種子成熟制御因子は休眠性の制御にも関わることが明らかとなった。コムギの種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 におけるこれら遺伝子のオーソログの発現を調査した結果、*LEC1*、*ABI3* および *FUS3* のオーソログでは、RSD32 と野生型の間で発現量に差は認められなかった。しかし、*LEC2* と相同性を示す遺伝子 *TaLTL1* (*LEC Two Like 1*) の発現は突然変異系統で低かった。*TaLTL1* は種子で特異的に発現し、種子発達段階の早い時期 (開花後 10 日) に高い発現を示した。*TaLTL1* の組織および時期特異的発現は *LEC2* と同じ傾向を示した。このことから、*TaLTL1* はコムギの種子成熟および種子休眠性の制御に関わる可能性がある。

4. 発芽を制御する因子コムギ MFT と ABI5 ホモログ (TaMFT, TaABI5/TaABF1) の解析

種子の休眠は植物ホルモン ABA および低温の影響を受けることが知られる。我々は、コムギのマイクロアレイを行うことにより、低温で育成された休眠の強いコムギ種子で高発現する *TaMFT* と *TaABI5* を見いだした。*TaMFT* と *TaABI5* はそれぞれ第 3 染色体上に存在し、休眠 QTL とも一致した。これらの遺伝子は胚盤と幼根周辺で発現し、過剰発現させると発芽が抑制されることを確認した。

We have been investigating the genetic factors necessary for greater production efficiency by using transposon-tagging lines and introgressed lines from wild species and have also been studying the genetic regulatory mechanism for seed maturation.

1. Development of *nDart1-0*-tagged lines with the genetic background of Koshihikari

DNA transposon-tagged lines are very useful to efficiently analyze the function of rice genes. We have identified the endogenously active DNA transposon, *nDart1* and developed *nDart1*-tagged lines of Koshihikari. This year, we grew 1,696 panicle-row lines and surveyed several phenotypes at the seedling, post-transplanting, heading and matured stages. Out of 1,696 lines, 747 lines showed mutant phenotypes and the frequency of mutant lines was 44%. One line was considered to be a gain-of-function mutant. We are planning to widely analyze the flanking sequences of *nDart1*-inserted regions.

2. Breeding of Low Input-Adaptable (LIA) rice

In the 21st century, agriculture should be well harmonized with the environment. It is important to breed crops showing maximum efficiency under low input conditions. We have been selecting the progeny showing large biomass production under non-fertilized paddy field from the crosses between *Oryza longistaminata*, African wild species and T-65, japonica rice. In order to reveal the genetic factors necessary for large biomass production under non-fertilized conditions, we genotyped a selected plant. The selected plant was found to carry segments of chromosomes 1, 2, 3, 6, 8, 10 and 11 of *O. longistaminata*. In particular, this plant has a large segment of the short arm of chromosome 6. Further, we are planning to analyze QTLs necessary for large biomass production in the F2 of the cross between the selected plant and No.18.

3. Analysis of wheat orthologue of *LEC2* involved in the control of seed maturation

Seed maturation is regulated by the transcription factors, *LEC1*, *LEC2*, *ABI3* and *FUS3* in Arabidopsis. These genes are also involved in the control of seed dormancy. Wheat orthologues of *LEC1*, *ABI3* and *FUS3* showed similar levels of expression in Norin 61 and RSD32 mutant with reduced seed dormancy. However, the expression of *TaLTL1* (*LEC Two Like 1*) showing higher homology to *LEC2* was lower in RSD32. *TaLTL1* was expressed in a seed-specific manner. Higher expression was observed at 10 days after pollination and the expression was reduced in a later seed developmental stage. The tissue-specific and developmental stage-specific expression of *TaLTL1* were similar to those in *LEC2*. These results suggest that *TaLTL1* affects seed maturation and dormancy in wheat.

4. Analysis of wheat homologues of MFT and ABI5, TaMFT and TaABI5/TaABF1, which regulate seed germination

Phytohormone ABA and lower temperature strongly affect seed dormancy in wheat. We found that *TaMFT* and *TaABI5/TaABF1* were upregulated in dormant wheat seeds grown at the lower temperature by wheat microarray analysis. *TaMFT* and *TaABI5/TaABF1* were expressed in a seed-specific manner, especially during the late seed ripening stage, and were mapped on chromosome 3A colocalized with the QTLs for seed dormancy. We also confirmed that high levels of expression of these genes inhibit the germination.

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

1. イネ科野生植物の金属及び酸化ストレス応答機構や耐性機構に関する解析

メリケンカルカヤはAlストレスに高い耐性を示す。その耐性機構について解析した結果、1) 根でのAl吸収抑制。2) 根から地上部へのAl輸送。3) 抗酸化酵素やポリフェノール類の誘導による酸化ストレスの発生抑制。4) 地上部へ移行したAlを葉の棘状組織等への集積とそこからの排出。5) 抗酸化酵素を誘導するためのシグナル物質としてのNOの生成など、5つのAl耐性機構が存在していた。現在さらにメリケンカルカヤ由来のABC transporter 様蛋白質遺伝子とS-adenosyl methionine syntase (SAMS) をシロイヌナズナに導入した形質転換体を構築しこれらのAlストレス下での機能を解析している。また、新たにイネ科植物180種余りを用いて酸化ストレス耐性植物の選抜を行った。得られた植物に付いてプロテオミクス解析を進めている。

2. アラビドプシスの多種ストレス応答性 *AtGST11* 遺伝子の転写調節に関わる因子群の解析

Al誘導性遺伝子 *AtGST11* は重金属ストレスや酸化ストレスでも誘導される。4つのプロモーター結合性転写調節因子 (TF) (#11-1-1, #11-1-3, #13 及び #43) について、TFを欠損した株または高発現株を用いて解析した結果、#11-1-1は低pHとCdストレスで、#11-1-3は低温ストレスで activator として *AtGST11* 遺伝子の発現を誘導することが、また#13と#43は repressor として恒常的に抑制することが示唆された。

3. サクラソウ属の耐凍性に関する研究

サクラソウ科の *Primula malacoides* Franch. を用いて、耐凍性の検討を行った。葉の凍結温度と植物体の耐凍性には有意な関係があった。*Primula malacoides* を3℃で8日間の低温前処理すると凍結耐性が増大することが明らかになった。また、2倍体品種のほうが4倍体品種より耐凍性が大きかった。

4. 倉敷における酸性雨の動態解析

過去22年間の倉敷における酸性雨の結果、降雨の酸性化が著しく、最近10年でさらに酸性化が進んでいることが明らかになった。酸性雨の原因イオンであるNO₃⁻とSO₄²⁻の降水中の濃度も1990年ころから増大する傾向が認められた。

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

1. Characterization of response mechanism and tolerant mechanism against metal stresses and oxidative stress in Poaceae wild plants

Andropogon virginicus L. is a wild plant which shows a high tolerance to Al. Five tolerance mechanisms shown below were involved in this plant. 1) Low Al uptake in root tip. 2) High transportation of toxic Al from root to shoot not to accumulate it in root. 3) Accumulation of Al in trichomes in leaf. 4) Induction of anti-peroxidation enzymes and poly-phenols by Al stress to suppress oxidative damage. 5) Al dependent NO production as a trigger to stimulate the anti-peroxidation system. Furthermore, ABC transporter gene and S-adenosyl methionine syntase (SAMS) gene were isolated from *Andropogon* and are investigating their gene-functions under Al stress using the constructed Arabidopsis transformants. Recently, we selected several oxidative stress-tolerant plants from a collection of Poaceae wild plants (more than 180 species) and started a proteome analysis to investigate their tolerance mechanisms.

2. Characterization of transcription factors involved in stress-responseable gene of *A. thaliana AtGST11*

The *AtGST11* gene encoding a glutathione S-transferase is induced by Al stress, heavy metal stress, oxidative stress and so on. Four transcription factors (TFs) (#11-1-1, #11-1-3, #13 and #43) which are related to its gene-expression under various stresses were investigated. We are now characterizing which clone can function as TF under stress using disrupted mutants and an over-expressing transformant. The result indicated that #11-1-1 and #11-1-3 function as an activator under a low pH and Cd, and #11-1-3 under a low temperature, while #13 and #43 function as a repressors constitutively under the tested stresses, respectively.

3. Study on freeze-tolerance of *Primula*.

Pre-treatment at 3℃ for 8 days increased freeze tolerance of *Primula malacoides* Franch. A good correlation was observed between freezing temperature of leaves and freezing tolerance of plants. Diploid cultivar was more freeze tolerant than the tetraploid cultivar.

4. Analysis of acid rain in Kurashiki

Observation of rain acidity in Kurashiki for 22 years from 1986 to 2007 showed an increase in acidification of rain water in the recent 10 years. From 1990 to 2002, concentration of acidic ion such as NO₃⁻ and SO₄²⁻ also increased.

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 (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) Matsushima, R., Tang, L. Y., Zhang L., Yamada, H., Twell, D. and Sakamoto, W. 2011. A conserved, Mg²⁺-dependent exonuclease degrades organelle DNA during Arabidopsis pollen development. *Plant Cell* 23: 1608-24.
- (2) Ozawa, R., Matsushima, R., Maffei, M. E. and Takabayashi, J. 2011. Interaction between Phaseolus plants and two strains of Kanzawa spider mites. *Journal of Plant Interactions* 6: 125-128.
- (3) Tang, L.Y. and Sakamoto, W. 2011. Tissue-specific organelle DNA degradation mediated by DPD1 exonuclease. *Plant Signaling Behavior* 6: 1391-1393.
- (4) Kato, Y. and Sakamoto, W. 2011. Plastid protein degradation during leaf development and senescence: Role of protease and chaperones. In *Chloroplast Development during Leaf Growth and Senescence, Advances in Photosynthesis and Respiration Series* (Ed. Govindjee), Springer (in press)
- (5) Sakamoto, W., Miura, E., and Kato, Y. 2011. A novel link between chloroplast development and stress response lessened by leaf-variegated mutant. *Proceedings of the 15th International Congress on Photosynthesis* (in press)
- (6) Zhang, L., Kato, Y., Saigo, K., Vothknecht, U.C., and Sakamoto, W. 2011. The lattice-like structure observed by Vipp1-GFP in Arabidopsis chloroplasts. *Proceedings of the 15th International Congress on Photosynthesis* (in press)

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

- (1) Sugimoto, M., Ishi, M., Mori, I.C., Shagimardanova, E., Gusev, O.A., Kihara, M., Hoki, T., Sychev, V.N., Levinskikh, M.A., Novikova, N.D. and Grigoriev, A.I. 2011. Viability of barley seeds after long-term exposure to outer side of international space station. *Adv. Space Res.* 48: 1155-1160.
- (2) Novikova, N., Gusev, O., Polikarpov, N., Deshevaya, E., Levinskikh, M., Alekseev, V., Okuda, T., Sugimoto, M., Sychev, V. and Grigoriev, A. 2011. Survival of dormant organisms after long-term exposure to the space environment. *Acta Astronautica* 68: 1574-1580.

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

- (1) Umezawa, T., Hirayama, T., Kuromori, T. and Shinozaki, K. 2011. The regulatory network of plant responses to abscisic acid. *Advances in Botanical Research* 57: 201-248.
- (2) Okuma, E., Jahan, M.S., Munemasa, S., Hossain, M.A., Muroyama, D., Islam, M.M., Ogawa, K., Watanabe-Sugimoto, M., Nakamura, Y., Shimoishi, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. Negative regulation of abscisic acid-induced stomatal closure by glutathione in *Arabidopsis*. *J. Plant Physiol.* 168: 2048-2055.
- (3) Jannat, R., Uraji, M., Morofuji, M., Islam, M.M., Bloom, R.E., Nakamura, Y., McClung, C.R., Schroeder, J.I., Mori, I.C. and Murata, Y. 2011. Roles of intracellular hydrogen peroxide accumulation in abscisic acid signaling in *Arabidopsis* guard cells. *J. Plant Physiol.* 168: 1919-1926.
- (4) Hossain, M.A., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. K252a-sensitive protein kinases but not okadaic acid-sensitive protein phosphatases regulate methyl jasmonate-induced cytosolic Ca²⁺ oscillation in guard cells of *Arabidopsis thaliana*. *J. Plant Physiol.* 168: 1901-1908.
- (5) Khokon, M.A.R., Jahan, M.S., Rahman, T., Hossain, M.A., Muroyama, D., Minami, I., Munemasa, S., Mori, I.C., Nakamura, Y. and Murata, Y. 2011. Allyl isothiocyanate (AITC) induces stomatal closure in *Arabidopsis*. *Plant Cell Environ.* 34: 1900-1906.
- (6) Jannat, R., Uraji, M., Morofuji, M., Hossain, M.A., Islam, M.M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. The roles of *CATALASE2* in abscisic acid signaling in *Arabidopsis* guard cells. *Biosci. Biotech. Biochem.* 75: 2034-2036.
- (7) Sugimoto, M., Ishii, M., Mori, I.C., Elena, S., Gusev, O.A., Kihara, M., Hoki, T., Sychev, V.N., Levinskikh, M.A., Novikova, N.D. and Grigoriev, A.I. 2011. Viability of barley seeds after long-term exposure to outer side of international space station. *Adv. Space Res.* 48: 1155-1160.
- (8) Mori, I.C. and Murata, Y. 2011. ABA signaling in stomatal guard cells: lessons from *Commelina* and *Vicia*. *J. Plant Res.* 124: 477-487.

-
- (9) Khokon, M.A.R., Okuma, E., Hossain, M.A., Munemasa, S., Uraji M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. Involvement of extracellular oxidative burst in salicylic acid-induced stomatal closure in *Arabidopsis*. *Plant Cell Environ.* 34: 434-443.
- (10) Munemasa, S., Hossain, M.A., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. The *Arabidopsis* calcium-dependent protein kinase, CPK6, functions as a positive regulator of methyl jasmonate signaling in guard cells. *Plant Physiol.* 155: 553-561.
- (11) Hossain, M.A., Munemasa, S., Uraji M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata Y. 2011. Involvement of endogenous abscisic acid in methyl jasmonate-induced stomatal closure in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 156: 430-438.
- (12) Kim, J.-S., Mizoi, J., Yoshida, T., Fujita, Y., Nakajima, J., Ohori, T., Todaka, D., Nakashima, K., Hirayama, T., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2011. An ABRE promoter sequence is involved in osmotic stress-responsive expression of the DREB2A gene, which encodes a transcription factor regulating drought-inducible genes in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol.* (in press)

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) Xia, J. X., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2011. Further characterization of an aluminum influx transporter in rice. *Plant Signal. Behavior* 6: 160-163.
- (2) Zheng, L. Q., Fujii, M., Yamaji, N., Sasaki, A., Yamane, M., Sakurai, I., Sato, K. and Ma, J. F. 2011. Isolation and characterization of a barley yellow stripe-like gene, *HvYSL5*. *Plant Cell Physiol.* 52: 765-774.
- (3) Mitani, N., Yamaji, N., Ago, Y., Iwasaki, K. and Ma, J. F. 2011. Isolation and functional characterization of an influx silicon transporter in two pumpkin cultivars contrasting in Si accumulation. *Plant Journal* 66: 231-240.
- (4) Ueno, D., Koyama, E., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2011. Physiological, genetic, and molecular characterization of a high-Cd-accumulating rice cultivar, Jarjan. *J. Expt. Bot.* 62: 2265-2272.
- (5) Ueno, D., Milner, M., Yamaji, N., Yokosho, K., Koyama, E., Zambrano, C., Kaskie, M., Ebbs, S., Kochian, L. and Ma, J. F. 2011. Elevated expression of *TcHMA3* plays a key role in the extreme Cd tolerance in a Cd-hyperaccumulating ecotype of *Thlaspi caerulescens*. *Plant Journal* 66: 852-862.
- (6) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2011 Silicon efflux transporters isolated from two pumpkin cultivars contrasting in Si uptake. *Plant Signaling & Behavior* 6: 991-994.
- (7) Moore, K. L., Schroder, M., Wu, Z. C., Martin, B. G. H., Hawes, C. R., Mcgrath, S. P., Hawkesford, M. J., Ma, J. F., Zhao, F. J. and Grovenor, C. R. M. 2011. High resolution secondary ion mass spectrometry reveals the contrasting subcellular distribution of arsenic and silicon in rice roots. *Plant Physiol.* 156: 913-924.
- (8) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Zhao, F. J. and Ma, J. F. 2011. Aromatic/arginine selectivity filter of NIP aquaporins plays a critical role in substrate selectivity for silicon, boron and arsenic. *J. Exp. Bot.* 62: 4391-4398.
- (9) Tsutsui, T., Yamaji, N., and Ma, J. F. 2011. Identification of a cis-acting element of ART1, a C2H2-type zinc-finger transcription factor for aluminum tolerance in rice. *Plant Physiol.* 156: 925-931.
- (10) Yamaji, N. and Ma, J. F. 2011. Further characterization of a rice Si efflux transporter, Lsi2. *Soil Sci. Plant Nutr.* 57: 259-264.
- (11) Ma, J. F., Yamaji, N. and Mitani-Ueno, N. 2011. Transport of silicon from roots to panicles in plants. *Proc. Jpn. Acad., Ser. B*, 87: 377-385.
- (12) Chen, G., Komatsuda, T., Ma, J. F., Christiane Nawrath, C., Pourkheirandish, M., Tagiri, A., Hu, Y. G., Sameri, M., Li, X., Zhao, X., Liu, Y., Li, C., Ma, X., Wang, A., Nair, S., Wang, N., Miyao, A., Sakuma, S., Yamaji, N., Zheng, X. and Nevo, E. 2011. An ATP-binding cassette subfamily G full transporter is essential for the retention of leaf water in both wild barley and rice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 108: 12354-12359.
- (13) Yordem, B. K., Conte, S. S., Ma, J. F., Yokosho, K., Vasques, K. A., Gopalsamy, S. N. and Walker, E. L. 2011. *Brachypodium distachyon* as a new model system for understanding iron homeostasis in grasses: phylogenetic and expression analysis of Yellow Stripe-Like (YSL) transporters. *Ann. Bot.* 108: 821-833.
- (14) Chen, G., Komatsuda, T., Ma, J. F., Li, C., Yamaji, N. and Nevo, E. 2011. A functional cutin matrix is required for plant protection against water loss. *Plant Signaling & Behavior* 6: 1297-1299.
- (15) Ma, J. F. 2011. Silicon. In *Mineral Nutrition of Higher Plants*. Third Edition, Ed, Marschner P. Elsevier. pp. 257-261.
- (16) Ma, J. F. 2011. Aluminum. In *Mineral Nutrition of Higher Plants*. Third Edition, Ed, Marschner P. Elsevier. pp. 268.

-
- (17) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2011. An Al-inducible MATE gene is involved in external detoxification of Al in rice. *Plant Journal* 68: 1061-1069.
 - (18) Sasaki, A., Yamaji, N., Xia, J. X. and Ma, J. F. 2011. OsYSL6 Is involved in the detoxification of excess manganese in rice. *Plant Physiol.* 157: 1832-1840.
 - (19) 牧野 周・馬 建鋒 . 2011. 植物の多量栄養素 日本土壤肥科学雑誌 82(6): 495-499. (Makino, S. and Ma, J. F. : Macronutrients of plants. *Jpn. Soil Sci. Plant Nutr.* 82(6): 495-499.)
 - (20) Huang, C. F., Yamaji, N., Ono, K. and Ma, J. F. 2011. A leucine-rich repeat receptor-like kinase gene is involved in the specification of outer cell layers in rice roots. *Plant Journal* doi: 10.1111/j.1365-313X.2011.04824.x
 - (21) Huang, C. F., Yamaji, N., Chen, Z. and Ma, J. F. 2011. A tonoplast-localized half-size ABC transporter is required for internal detoxification of aluminum in rice. *Plant Journal* doi: 10.1111/j.1365-313X.2011.04837.x

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

- (1) Ryan, P.R., Tyerman, S.D., Sasaki, T., Furuichi, T., Yamamoto, Y., Zhang, W.-H. and Delhaize, E. 2011. The identification of aluminium-resistance genes provides opportunities for enhancing crop production on acid soils. *J. Exp. Bot.* 62: 9-20.
- (2) Kakeda, K., Ishihara, N., Izumi, Y., Sato, K. and Taketa, S. 2011. Expression and functional analysis of the barley *Nud* gene using transgenic rice. *Breed. Sci.* 61: 35-42
- (3) Yamamoto, Y., Shinano, T., Nakamura, T., Okazaki, K., Izumi, I. and Sasaki, T. 2011. A novel mechanism to overcome aluminum toxicity in plants: Repression of ROS production by an enhancement of glycolysis. *Proceedings of Ninth Keele Meeting on Aluminium.* page 36.
- (4) 佐々木孝行・森泉・山本洋子 . 2011. 植物特異的なアルミニウム活性化型リンゴ酸輸送体：ALMT タイプ蛋白質の機能多様性を応用した環境ストレス耐性植物の作出 . 財団法人八雲環境科学振興財団研究レポート集 . 第12号 pp.51-58. (Sasaki, T., Mori, I.C., Yamamoto, Y. 2011. Plant specific aluminum-activated malate transporter: Developmental analysis of tolerant plants to environmental stresses using the multiple functions of ALMT-type proteins. *Annual Report of the Yakumo Foundation for Environmental Science.* pp.51-58)

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

- (1) Tungngoen, K., Viboonjun, U., Kongsawadworakul, P., Katsuhara, M., Julien, J.-L., Sakr, S., Chrestin, H. and Narangajavana, J. 2011. Hormonal treatment of the bark of rubber trees (*Hevea brasiliensis*) increases latex yield through latex dilution in relation with the differential expression of two aquaporin genes. *J. Plant Physiol.* 168: 253-262.
- (2) Horie, T., Sugawara, M., Okada, T., Taira, K., Kaothien-Nakayama, P., Katsuhara, M., Shinmyo, A. and Nakayama, H. 2011. Rice sodium-insensitive potassium transporter, OSHAK5, confers increased salt-tolerance in tobacco BY2 cells. *J. Biosci. Bioeng.* 111: 246-256.
- (3) Ligaba, A., Katsuhara, M., Shibasaka, M. and Djira, G. 2011. Abiotic stresses modulate expression of major intrinsic proteins in barley (*Hordeum vulgare*). *Comptes Rendus Biol.* 334:127-139.
- (4) Katsuhara, M., Rhee, J., Sugimoto, G.. and Chung, G. C. 2011. Early response in water relations influenced by NaCl reflects tolerance or sensitivity of barley plants to salinity stress via aquaporins. *Soil Sci. Plant Nutr.* 57: 50-60.
- (5) Horie, T., Kaneko, T., Sugimoto, G., Sasano, S., Panda, S.K., Shibasaka, M. and Katsuhara, M. 2011. Mechanisms of water transport mediated by PIP aquaporins and their regulation via phosphorylation events under salinity stress in barley roots. *Plant Cell Physiol.* 52: 663-675.
- (6) Horie, T., Brodsky, D.E., Costa, A., Kaneko, T., Schiavo, F.L., Katsuhara, M. and Schroeder, J.I. 2011. K⁺ transport by the OSHKT2;4 transporter from rice (*Oryza sativa*) with atypical Na⁺ transport properties and competition in permeation of K⁺ over Mg²⁺ and Ca²⁺ ions. *Plant Physiol.* 156: 1493-1507.
- (7) Rhee, J., Chung, G.C., Katsuhara, M., Ahn, S.-J. 2011. Effect of Nutrient Deficiencies on the Water Transport Properties in Figleaf Gourd Plants. *Horticul. Environ. Biotech.* 52: 629-634.

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) Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N. 2011. Widespread endogenization of genome sequences of non-retroviral RNA viruses into plant genomes. *PLoS Pathogens* 7: e1002146. doi:10.1371/journal.ppat.1002146. (selected as a Featured Article)
- (2) Tanaka, T., Sun, L., Tsutani, K. and Suzuki, N. 2011. Rearrangements of *Mycoreovirus 1* S1, S2, and S3 induced by a multifunctional protein p29 encoded by the prototypic hypovirus CHV1-EP713. *Journal of General Virology* 92: 1960-1970.
- (3) Pu, Y., Kikuchi, A., Moriyasu, Y., Tomaru, M., Jin, Y., Suga, H., Hagiwara, K., Akita, F., Shimizu, T., Netsu, O., Suzuki, N., Uehara-Ichiki, T., Sasaya, T., Wei, T., Li, Y. and Omura, T. 2011. Rice dwarf viruses with dysfunctional genomes generated in plants are filtered out in vector insects -implications for the virus origin. *Journal of Virology* 85: 2975-2979. doi: 10.1128/JVI.02147-10
- (4) Suzuki, N. and Kanematsu, S. 2011. The genus *Mycoreovirus*. pp1597-1602. In *The Springer Index of Viruses*, 2nd Edition C. Tidona, C. Buchen-Osmond, G. Darai (eds.) Springer, Heidelberg, Germany. ISBN13: 978-0-387-95918-4 ISBN10: 0-387-95918-1
- (5) Attoui, H. and 32 authors. 2011. Family *Reoviridae*. p. 541-637 637e1-e17 in: *Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee for the Taxonomy of Viruses*. A. M. Q. King et al., eds. Elsevier, Academic Press, NY.
- (6) Chiba, S., Kondo, H., Miyanishi, M., Andika, I. B. Han, C. G. and Tamada, T. 2011. The evolutionary history of *Beet necrotic yellow vein virus* deduced from genetic variation, geographical origin and spread, and the breaking of host resistance. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 24: 207-218. doi: 10.1094/MPMI-10-10-0241
- (7) Gibbs, A.J., Torronen, M., Mackenzie A.M., Wood, J.T., Armstrong, J.S., Kondo, H., Tamada, T. and Keese, P.L. 2011. The enigmatic genome of *Chara australis virus*. *Journal of General Virology* 92: 2679-2690. doi: 10.1099/vir.0.033852-0
- (8) 近藤秀樹・丸山和之・前田学憲・井上成信・鈴木信弘. 2011. 温帯性シンビジウム属植物に発生するウイルス. 名古屋国際ラン会議 NIOC2011 記録 p22-27. (Kondo, H., Maruyama, K., Maeda, T., Inouye, N. and Suzuki, N. 2011. Occurrence of viruses in the temperate *Cymbidium* species in Japan. *Proceedings of NIOC 2011* p22-27).
- (9) Sahin, N., Tani, A., Kotan, R., Sedlacek, I., Kimbara, K. and Tamer, A.U. 2011. *Pandoraea oxalativorans* sp. nov., *Pandoraea faecigallinarum* sp. nov. and *Pandoraea vervacti* sp. nov., isolated from oxalate-enriched culture. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 61: 2247-2253.
- (10) Hwanhlem, N., Buradaling, S., Wattanachant, S., Benjakul, S., Tani, A. and Maneerat, S. 2011. Isolation and screening of lactic acid bacteria from Thai traditional fermented fish (Plasom) and production of Plasom from selected strains. *Food Control* 22: 401-407.
- (11) Tani, A., Tanaka, A., Minami, T., Kimbara, K. and Kawai, F. 2011. Characterization of a cryptic plasmid, pSM103mini from polyethylene-glycol degrading *Sphingopyxis macrogoltabida* strain 103. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 75: 295-298.
- (12) Tani, A., Akita, M., Murase, H. and Kimbara, K. 2011. Culturable bacteria in hydroponic cultures of moss *Racomitrium japonicum* and their potential as biofertilizers for moss production. *J. Biosci. Bioeng.* 112: 32-39.
- (13) Suzuki, N. Hypovirus cysteine proteases p29 and p48. In *Handbook of Proteolytic Enzymes 3rd Edition*. N Rawlings and G Salvesen (eds.). Elsevier, Oxford, UK. (in press)
- (14) Tani, A., Sahin, N. and Kimbara, K. 2011. *Methylobacterium oxalidis* sp. nov., isolated from leaves of *Oxalis corniculata*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* (in press)
- (15) 近藤秀樹. 2011. 「シュンラン退緑斑病」. インターネット版日本植物病害大事典 病害新情報. 全農教. (印刷中) (Kondo, H. 2011. *Cymbidium chlorotic mosaic disease*. In *Plant Diseases in Japan - New Disease Information* (on-line). Zennokyo, Tokyo. in press.)
- (16) 近藤秀樹. 2011. 「サギソウ萎縮病」. インターネット版日本植物病害大事典 病害新情報. 全農教. (印刷中) (Kondo, H. 2011. *Habenaria Stunt disease*. In *Plant Diseases in Japan - New Disease Information* (on-line). Zennokyo, Tokyo. in press.)
- (17) Tani, A., Sahin, N. and Kimbara, K. 2011. *Methylobacterium gnaphalii* sp. nov., isolated from leaves of *Gnaphalium spicatum*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* (in press)
- (18) Kawai, F. and Tani, A. 2011. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. *Encyclopedia of Metalloproteins*. Ed. Kretsinger, Robert H., Permyakov, Eugene A., Uversky, Vladimir N. Springer Science and Business Media. (in press)
- (19) Lin, Y-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel quadripartite dsRNA virus

isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*. Virology. (in press)

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

- (1) Colquhoun, T.A., Schwieterman, M.L., Wedde, A.E., Schimmel, B.C.G., Marciniak, D.M., Verdonk, J.C., Kim, J.Y., Oh, Y., Galis, I., Baldwin, I.T. and Clark, D.G. 2011. EOBII controls flower opening by functioning as a general transcriptomic switch. *Plant Physiol.* 156: 974-984.
- (2) Woldemariam, M.G., Baldwin, I.T. and Galis, I. 2011. Transcriptional regulation of plant inducible defenses against herbivores: A mini-review. *J. Plant Int.* 6: 113-119.
- (3) Onkokesung, N., Gaquerel, E., Kotkar, H., Kaur, H., Baldwin, I.T. and Galis, I. MYB8 controls inducible phenolamide levels by activating three novel hydroxycinnamoyl-CoA: polyamine transferases in *Nicotiana attenuata*. *Plant Physiol.* (in press)
- (4) Galis, I., Schuman, M.C., Gase, K., Hettenhausen, C., Hartl, M., Dinh, S.T., Wu, J., Bonaventure, G. and Baldwin, I.T. The use of VIGS technology to study plant-herbivore interactions. In *Virus-Induced Gene Silencing: Methods and Protocols*. Becker A. (ed) Humana Press Inc., Totowa, New Jersey (in press)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

大麦グループ (Group of Barley Resources)

- (1) Iimure, T., Kihara, M., Ichikawa, S., Ito, K., Takeda, K. and Sato, K. 2011. Development of DNA markers associated with beer foam stability for barley breeding. *Theor. Appl. Genet.* 122: 199-210.
- (2) Kakeda, K., Ishihara, N., Izumi, Y., Sato, K. and Taketa, S. 2011. Expression and functional analysis of the barley Nud gene using transgenic rice. *Breed. Sci.* 61:35-42.
- (3) Saisho, D. and Takeda, K. 2011. Barley: Emergence as a New Research Material of Crop Science. *Plant Cell Physiol.* 52(5): 724-727. doi: 10.1093/pcp/pcr049.
- (4) Sato, K., Close, T. J., Bhat, P., Muñoz-Amatriaín, M. and Muehlbauer, G. J. 2011. Development of genetic map and alignment of recombinant chromosome substitution lines from a cross of EST donors by high accuracy SNP typing in barley. *Plant Cell Physiol.* 52: 728-737.
- (5) Zheng, L., Fujii, M., Yamaji, N., Sasaki, A., Yamane, M., Sakurai, I., Sato, K. and Ma, J. F. 2011. Isolation and characterization of a barley yellow stripe-like gene, *HvYSL5*. *Plant Cell Physiol.* 52: 765-774.
- (6) Saisho, D., Ishii, M., Hori, K. and Sato, K. 2011. Natural variation of barley vernalization requirements: Implication of quantitative variation of winter growth habit as an adaptive trait in East Asia. *Plant Cell Physiol.* 52(5): 775-784. doi: 10.1093/pcp/pcr046.
- (7) Matsumoto, T., Tanaka, T., Sakai, H., Amano, N., Kanamori, H., Kurita, H., Kikuta, A., Kamiya, K., Yamamoto, M., Ikawa, H., Fujii, N., Hori, K., Itoh, T., Takeda, K. and Sato, K. 2011. Construction and sequence analysis of barley 24,783 full-length cDNAs. *Plant Physiol.* 156: 20-28.
- (8) Mayer, K. F. X., Martis, M., Hedley, P. E., Šimková, H., Liu, H., Morris, J. A., Steuernagel, B., Taudien, S., Roessner, S., Gundlach, H., Kubaláková, M., Suchánková, P., Murat, F., Felder, M., Graner, A., Salse, J., Endo, T., Sakai, H., Tanaka, T., Itoh, T., Sato, K., Platzer, M., Matsumoto, T., Scholz, U., Doležel, J., Waugh, R. and Stein, N. 2011. Unlocking an archetypal 5.1 Gb Triticeae genome by barley chromosomal genomics. *Plant Cell* 23: 1249-1263.
- (9) Sato, K., Motoi, Y., Yamaji, N. and Yoshida, H. 2011. 454 sequencing of pooled BAC clones on chromosome 3H of barley. *BMC Genomics* 12: 246.
- (10) Zhou, T., Iimure, T., Hirota, N., Kihara, M., Hoki, T., Kanatani, R. and Sato, K. 2011. Malting quality quantitative trait loci on a high density map of Mikamo Golden x Harrington cross in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Mol. Breed.* DOI: 10.1007/s11032-011-9602-x
- (11) Muñoz-Amatriaín, M., Moscou, M. J., Bhat, P. R., Svensson, J. T., Bartoš, J., Suchánková, P., Šimková, H., Endo, T. R., Fenton, R. D., Wu, Y., Lonardi, S., Castillo, A. M., Chao, S., Cistué, L., Cuesta-Marcos, A., Forrest, K., Hayden, M. J., Hayes, P. M., Horsley, R. D., Kleinhofs, A., Kihara, M., Moody, D., Sato, K., Vallés, M. P., Wulff, B. B. H., Muehlbauer, G. J., Doležel, J. and Close, T. J. 2011. An improved consensus linkage map of barley based on flow-sorted chromosomes and SNP markers. *The Plant Genome* Vol. 4 No. 3.

-
- (12) 佐藤和広 . 2011. オオムギの分類・起源・伝播 . 小柳敦史・渡邊好昭編 作物栽培学大系第3巻麦類 . 朝倉書店 p142-148. (Sato, K. 2011. Classification, origin and distribution of barley. In Crop cultivation, vol. 3 Triticeae. Oyanagi, A. and Watanabe, Y. (eds.) Asakura Shoten, Tokyo, p142-148.
- (13) Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N. 2011. Widespread Endogenization of Genome Sequences of Non-Retroviral RNA Viruses into Plant Genomes. PLoS Pathog. July; 7(7): e1002146.
- (14) 最相大輔・堀清純 . 2011. コラム 1 QTL解析の実践：押さえておきたい3つのキーワード「連続分布」「分散」「遺伝率」「ゲノムが拓く生態学 遺伝子の網羅的解析で迫る植物の生きざま」永野惇・森長真一 責任編集, 種生物学研究 第34号 別冊, 文一総合出版. P51-62.

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

- (1) Kakeda, K., Ishihara, N., Izumi, Y., Sato, K. and Taketa, S. 2011. Expression and functional analysis of the barley *Nud* gene using transgenic rice. Breeding Science 61: 35-42.
- (2) Yuo, T., Shiotani, K., Shitsukawa, N., Miyao, A., Hirochika, H., Ichii, M. and Taketa, S. 2011. *Root hairless 2 (rth2)* mutant represents a loss-of-function allele of the cellulose synthase-like gene *OsCSLD1* in rice (*Oryza sativa* L.). Breeding Science 61: 225-233.
- (3) Mizuno, N., Shitsukawa, N., Hosogi, N., Park, P. and Takumi, S. 2011. Autoimmune response and repression of mitotic cell division occur in inter-specific crosses between tetraploid wheat and *Aegilops tauschii* Coss. that show low temperature-induced hybrid necrosis. Plant J. 68: 114-128
- (4) Taketa, S., Yuo, T., Tonooka, T., Tsumuraya, Y., Inagaki, Y., Haruyama, N., Larroque, O. and Jobling, S.A. Functional characterization of barley betaglucanless mutants demonstrates a unique role for CslF6 in (1,3;1,4)- β -D-glucan biosynthesis. Journal of Experimental Botany (in press)
- (5) Himi, E., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T., Maekawa, M. and Taketa, S. *Ant28* gene for proanthocyanidin synthesis encoding the R2R3 MYB domain protein (Hvmyb10) highly affects grain dormancy in barley. Euphytica (in press)

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

- (1) 狩山俊悟・小島裕子・榎本 敬 . 2011. 岡山県新産の帰化植物 (22). 倉敷市立自然史博物館研究報告 26: 35-38. (Kariyama, S., Kobatake, H. and Enomoto, T. 2011. New records of naturalized plants of Okayama Prefecture, southwest honsyu, Japan (22). Bull. Kurashiki Mus. Nat. Hist. 26: 35-38.)
- (2) 榎本 敬 . 2011. 雑草の種子撒布と仕掛け . 雑草学事典 CD解説版 . pp.3-5. 日本雑草学会 . (Enomoto, T. 2011. Dispersal of weed seeds and their methods. Encyclopedia of Weed Science. Explanation Edition by CD. pp.3-5. The weed science society of Japan.)
- (3) 日本雑草学会雑草学事典編集委員会編 . 2011. 雑草学事典 CD版 . (Editorial Comity of Encyclopedia of Weed. 2011. Encyclopedia of Weed. Printed on CD.)
- (4) 榎本 敬 . 2011. ミズアオイとそれを取り巻く生き物たち . しぜんしくらしき 77: 15. (Enomoto, T. 2011. *Monochoria korsakowii* and Flora and Fauna surrounding it. Kurashiki Natural History 77: 15.)
- (5) 榎本 敬 . 2011. 雑草種子の収集と保存 . pp.59-60. 日本雑草学会 50年のあゆみ . 日本雑草学会, 東京 . (Enomoto, T. 2011. Collection of weed seed and preserving of them. pp.59-60. History of Weed Science Society of Japan for these fifty years. The weed science society of Japan, Tokyo.)
- (6) 吉野将史・山下 純・園田昌司・榎本 敬 . 2011. 日本産カヤツリグサ属 (カヤツリグサ科) の分類学的再検討 . 雑草研究 56 (別): 120. (Yoshino, M., Yamashita, J., Sonoda, S. and Enomoto, T. 2011. Taxonomic reexamination of the genus *Cyperus* s. l. (Cyperaceae) from Japan. Journal of Weed Science and Technology 56(Sup.): 120.)
- (7) Sonoda, S., Yamashita, J., Kohara, Y., Izumi, Y., Yoshida, H. and Enomoto, T. 2011. Population survey of spiders using mt-DNA (COI) sequences in Japanese peach orchards. Appl. Entomol. Zool. 46: 81-86.
- (8) Dong, W., Tang, B., Sonoda, S., Liang, P. and Gao, X. 2011. Sequencing and characterization of two cDNA putatively encoding prophenoloxidasases in the diamondback moth, *Plutella xylostella* (L.) (Lepidoptera: Yponomeutidae). Appl. Entomol. Zool. 46: 211-221.
- (9) Sonoda, S., Izumi, Y., Kohara, Y., Koshiyama, Y. and Yoshida, H. 2011. Effects of pesticides on insect biodiversity in peach orchards. Appl. Entomol. Zool. 46: 335-342.

-
- (10) Sonoda, S., Kohara, Y., Siqingerile, Toyoshima, S., Kishimoto, H. and Hinomoto, N. Phytoseiid mite species composition in Japanese peach orchards estimated using quantitative sequencing. *Exp. Appl. Acarol.* (in press)

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) Heckmann, S., Schroeder-Reiter, E., Kumke, K., Ma, L., Nagaki, K., Murata, M., Wanner, G. and Houben, A. 2011. Holocentric chromosomes of *Luzula elegans* are characterized by a longitudinal centromere groove, chromosome bending, and a terminal nucleolus organizer region. *Cytogenet. Genome Res.* 134(3): 220-228.
- (2) Nagaki, K., Shibata, F., Suzuki, G., Kanatani, A., Ozaki, S., Hironaka, A., Kashihara, K. and Murata, M. 2011. Coexistence of NtCENH3 and two retrotransposons in tobacco centromeres. *Chromosome Res.* 19(5): 591-605.
- (3) Ravi, M., Shibata, F., Ramahi, J. S., Nagaki, K., Chen, C., Murata, M. and Chan, S. W. 2011. Meiosis-specific loading of the centromere-specific histone CENH3 in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Genet.* 7(6):e1002121.
- (4) Houben, A., Kumke, K., Nagaki, K. and Hause, G. 2011. CENH3 distribution and differential chromatin modifications during pollen development in rye (*Secale cereale* L.). *Chromosome Res.* 19: 471-480.
- (5) Tek, A. L., Kashihara, K., Murata, M. and Nagaki, K. 2011. Functional centromeres in *Astragalus sinicus* include a compact centromere-specific histone H3 and a 20-bp tandem repeat. *Chromosome Res.* 19(8): 969-978.
- (6) Yokota, E., Shibata, F., Nagaki, K. and Murata, M. 2011. Stability of monocentric and dicentric ring minichromosomes in *Arabidopsis*. *Chromosome Res.* 19(8): 999-1012.
- (7) Nagaki, K., Shibata, F., Kanatani, A., Kashihara, K. and Murata, M. Isolation of centromeric-tandem repetitive DNA sequences by chromatin affinity purification using a HaloTag7-fused centromere-specific histone H3 in tobacco. *Plant Cell Reports* (in press)

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

- (1) Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M., Qian, Q., Kobayashi, H., Iida, S. and Tsugane, K. 2011. A rice mutant displaying a heterochronically elongated internode carries a 100 kb deletion. *J Genet Genomics.* 38(3): 123-128.
- (2) Himi, E., Maekawa, M., Miura, H. and Noda, K. 2011. Development of PCR markers for *Tamyb10* related to *R-1*, red grain color gene in wheat. *Theor Appl Genet.* 122(8): 1561-1576.
- (3) Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M., Kobayashi, H., Iida, S. and Tsugane, K. 2011. Examination of transpositional activity of *nDart1* at different stages of rice development. *Genes Genet Syst.* 86(3): 215-219.
- (4) Himi, E., Maekawa, M. and Noda, K. 2011. Differential expression of three flavanone 3-hydroxylase genes in grains and coleoptiles of wheat. *International Journal of Plant Genomics.* 2011: Article ID 369460.
- (5) Himi, E., Yamashita, Y., Haruyama, Ni., Yanagisawa, T., Maekawa, M. and Taketa S. 2011. *Ant28* gene for proanthocyanidin synthesis encoding the R2R3 MYB domain protein (Hvmyb10) highly affects grain dormancy in barley. *Euphytica.* (in press)
- (6) Ikeda-Kawakatsu, K., Maekawa, M., Izawa, T., Itoh, J. I. and Nagato, Y. 2011. *ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 2/RFL*, the rice ortholog of *Arabidopsis LEAFY*, suppresses the transition from inflorescence meristem to floral meristem through interaction with *APO1*. *Plant J.* (in press)
- (7) Nakamura, S., Abe, F., Kawahigashi, H., Nakazono, K., Tagiri, A., Matsumoto, T., Utsugi, S., Ogawa, T., Handa, H., Ishida, H., Mori, M., Kawaura, K., Ogihara, Y. and Miura, H. 2011. A Wheat Homolog of MOTHER OF FT AND TFL1 Acts in the Regulation of Germination. *Plant Cell* (in press)

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

- (1) Ezaki, B., Nakakihara E., 2011. Possible involvement of GDI1 protein, a GDP dissociation inhibitor related to vesicle transport, in an amelioration of zinc toxicity in *Saccharomyces cerevisiae*. *Yeast* (in press).

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 (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) Sakamoto, W. Dynamic behavior of organellar DNAs during pollen development. 2011 Switzerland-Japan Workshop on Adaptation of the plastids to various environmental conditions: Evolution, acclimation and regulation. Villars-sur-Ollon, Switzerland, January 10-14, 2011.
- (2) Sakamoto, W. Degradation of organelle DNAs mediated by the DPD1 exonuclease in pollen vegetative cells. Plant and Animal Genome XIX, San Diego, U.S.A., January 15-19, 2011.
- (3) Sakamoto, W. Critical role of FtsH protease in photosystem II repair and thylakoid development in higher plants. Japanese-Finnish Seminar 2011, Future prospects of photosynthetic organisms: from genomes to environment. Okayama, Japan, March 1-5, 2011.
- (4) Kato, Y., Zhang, L., and Sakamoto, W. Cooperative roles of FtsH, Deg and phosphorylation in the degradation of D1 protein in Photosystem II. Japanese-Finnish Seminar 2011, Future prospects of photosynthetic organisms: from genomes to environment. Okayama, Japan, March 1-5, 2011.
- (5) Sakamoto, W. Tissue specific organelle DNA degradation and its association with nucleotide metabolism. The 2nd International Conference on Plant Metabolism. Qingdao, China, June 30 -July 3, 2011.
- (6) Sakamoto, W. Tissue-specific organelle DNA degradation as a concept of DNA salvage in angiosperm. Special Seminar, Institute of Plant Physiology and Ecology, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Science, Shanghai, China, November 1, 2011.
- (7) Kato, Y., and Sakamoto, W. Cooperative degradation in the PSII repair mediated by FtsH and Deg proteases in *Arabidopsis* chloroplasts. International Workshop on Photosystem II, Chengdu, China, November 3-6, 2011.
- (8) Sakamoto, W. The FtsH heterocomplex in chloroplasts and its role in photosynthesis. 9th International Conference on AAA proteins, Kumamoto, Japan, November 6-10, 2011.

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

- (1) Sugimoto, M., Ishii, M., Mori, I.C., Watanabe, S., Sakashita, T., Gusev, O., Sychev, V., Levinskikh, M., Novikova, N. and Grigoriev, A. Effect of long-term outer space flight on barley seeds. 11th European Workshop on Astrobiology, Cologne, Germany, July 11-14, 2011.

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

- (1) Hirayama, T., Ushiyama, S., Hayashi S., Matsuura, T. and Mori, I. Analysis of a PARN deficient mutant, *ABA hypersensitive germination2-1*, of *Arabidopsis*. The 16th Annual Meeting of the RNA Society and The 13th Annual Meeting of the RNA Society of Japan. Kyoto, Japan, June 14-18, 2011.
- (2) Hirayama, T. Analysis of a PARN deficient mutant, *ABA hypersensitive germination2-1*, of *Arabidopsis*. International Plant RNA Workshop, Yokohama, Japan, June 20-21, 2011.

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) Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J. F. Preferential Si distribution to the panicles mediated by transporters for inter-vascular transfer at rice node. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011. pp. 48.
- (2) Mitani, N., Yamaji, N., Ago, Y., Iwasaki, K. and Ma, J. F. Isolation and functional characterization of silicon transporters in two pumpkin cultivars contrasting in silicon accumulation. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011. pp. 49.
- (3) Ueno, D., Yamaji, N., Kono, I., Huang, C. F., Ando, T., Yano, M. and Ma, J. F. OshMA3, a transporter limiting Cd

-
- accumulation in rice. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011. pp. 54.
- (4) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Citrate-transporting MATE proteins play two different physiological roles in plants. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011. pp. 58.
 - (5) Ma, J. F. Aluminum transporters in rice. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011. pp. 61.
 - (6) Xia, J. X. and Ma, J. F. A gene encoding a cysteine-rich peptide is involved in rice Al tolerance. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011.
 - (7) Tsutsui, T. and Ma, J. F. Identification of a cis-acting element for ART1, a transcription factor for Al tolerance in rice. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011.
 - (8) Zheng, L.Q. and Ma, J. F. OsYSL16 is a transporter of Cu-nicotianamine complex for Cu translocation in rice. 3rd Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition. Kurashiki, Japan, March 27-29, 2011.
 - (9) Ma, J. F. OsHMA3, a tonoplast-localized transporter for Cd, controls Cd transfer from the roots to the grains in rice. 4th International IUPAC Symposium for Trace Elements in Food (TEF-4). Aberdeen, Scotland, June 19-22, 2011. pp. 24.
 - (10) Ma, J. F., Yamaji, N. and Mitani-Ueno, N. The biology of silicon. The 4th Workshop on the Aqueous Chemistry and Biochemistry of Silicon. London, UK, June 20-23, 2011. pp. 254.
 - (11) Ma, J. F. Transporters involved in accumulation of toxic Cd and As in rice. 2nd International Symposium on Genomics and Crop Genetic Improvement. Wuhan, China, July 4-8, 2011. pp. 28.
 - (12) Ma, J. F., Yamaji, N. and Mitani-Ueno, N. Transport of silicon from roots to panicles in different plant species. 5th International Conference on Silicon in Agriculture. Beijing, China, Sep. 13-18, 2011. pp. 119.
 - (13) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Ago, Y., Iwasaki, K. and Ma, J. F. Isolation and functional analysis of Si transporters in two pumpkin cultivars contrasting in Si uptake. 5th International Conference on Silicon in Agriculture. Beijing, China, Sep. 13-18, 2011. pp. 130.
 - (14) Oogai, H., Yamaji, N. and Ma, J. F. Characterization of Si uptake and identification of Si transporter genes in wild rice. 5th International Conference on Silicon in Agriculture. Beijing, China, Sep. 13-18, 2011. pp. 134.
 - (15) Yamaji, N., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Transporters involved in preferential distribution of Si to the panicles at the node in rice. 5th International Conference on Silicon in Agriculture. Beijing, China, Sep. 13-18, 2011. pp. 210.
 - (16) Ma, J. F. Transporters involved in uptake and detoxification of minerals in plants. Rhizosphere 3 International Conference. Perth, Australia, Sep. 25-30, 2011. pp. 20.
 - (17) Tsutsui, T., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional analysis of a transcription factor ART2 for tolerance to Al rhizotoxicity in rice. Rhizosphere 3 International Conference. Perth, Australia, Sep. 25-30, 2011.
 - (18) Yamaji, N. and Ma, J. F. ART1-regulated genes involved in tolerance to Al rhizotoxicity. Rhizosphere 3 International Conference. Perth, Australia, Sep. 25-30, 2011.
 - (19) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Isolation and characterization of an Al-induced transporter gene in buckwheat. Rhizosphere 3 International Conference. Perth, Australia, Sep. 25-30, 2011.
 - (20) Fujii, M., Yamaji, N. and Ma, J. F. Mechanism regulating HvAACT1 expression in barley. Rhizosphere 3 International Conference. Perth, Australia, Sep. 25-30, 2011.
 - (21) Ma, J. F. Genes involved in the accumulation of toxic Cd and As in rice. International Symposium of Rice functional Genomics 9th ISRFG in Taiwan. Taipei, Taiwan, Nov. 7-9, 2011. pp. 11.
 - (22) Ma, J. F. Strategies of plants to cope with Al toxicity on acid soils. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (23) Yamaji, N. and Ma, J. F. Novel findings of efficient mineral distribution mechanisms in rice node. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (24) Tsutsui, T., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional analysis of a transcription factor ART2 for tolerance to Al rhizotoxicity in rice. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (25) Fujii, M., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Mechanism regulating HvAACT1 expression in barley. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (26) Xia, J. X., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. OsCDT3 encoding a cysteine rich peptide is involved in rice Al tolerance. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
-

-
- (27) Zheng, L. Q., Yamaji, N. and Ma, J. F. OsYSL16 is a phloem-localized transporter for Cu distribution in rice. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (28) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Characterization of FeIREG2, which is an Al-induced transporter gene in buckwheat. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (29) Sasaki, A., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional analysis of OsNramp5, a gene involved in manganese uptake in rice. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.
 - (30) Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. An ER-localized magnesium transporter OsMGT1 is required for aluminum tolerance in rice. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Change". Kurashiki, Japan, Dec. 8-10, 2011.

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

- (1) Yamamoto, Y., Shinano, T., Nakamura, T., Okazaki, K., Izumi, I. and Sasaki, T. A novel mechanism to overcome aluminum toxicity in plants: Repression of ROS production by an enhancement of glycolysis. Ninth Keele Meeting on Aluminium. Aluminium and Life: Living in the aluminium age. Niagara-on-the-lake, Ontario, Canada, February 19-23, 2011.
- (2) Maruyama, H., Sasaki, T., Kojima, S., and Wasaki, J. Analysis of malate transporters induced in roots of phosphorus deficient or aluminum stressed Arabidopsis thaliana. International Conference on Arabidopsis Research 2011. Madison, WI, USA, June, 2011.
- (3) Izumi, Y. and Sonoda, S. Comparison of cold hardiness between short photoperiod and low temperature induced diapausing pupae of *Helicoverpa armigera*. 4th International Symposium of Environmental Physiology of Ectotherms and Plants. Rennes, France, July 18-22, 2011.
- (4) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Nozawa, A., Tozawa, Y., Yamamoto, Y. Characterization of an aluminum-activated malate transporter protein. Protein Island Matsuyama International Symposium 2011, Matsuyama, Ehime, Japan, September 22, 2011.
- (5) Sameeullah, M., Sasaki, T., Yamamoto, Y. Roles of sucrose transporter under aluminum stress in tobacco. International Symposium "Strategies of Plants against Global Environmental Changes". Kurashiki, Japan, December 8-10, 2011.

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

- (1) Kaneko, T., Horie, T., Shibasaka, S. and Katsuhara, M. Dynamic regulation of root hydraulic conductivity and aquaporins under salt stress. The JSRR's 20th Anniversary Symposium. Tokyo, Japan, Nov. 5-6, 2011.
- (2) Kaneko, T., Horie, T., Sugimoto, G., Shibasaka, S. and Katsuhara, M. Dynamic regulation of root hydraulic conductivity and aquaporins under salt stress. International symposium, Strategies of Plants against Global Environmental Change. Kurashiki, Japan, Dec. 8-10.2011.

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) Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Horizontal transfer of genome sequences of non-retroviral RNA viruses into plant genomes. The Joint International Symposium on Japanese Solanaceae/Cucurbitaceae Genomics Initiatives. Okayama, Japan, March 5-6, 2011.
- (2) Charoenpanich, J. and Tani, A. Proteomic analysis of acrylamide degrading *Enterobacter aerogenes*. The 3rd BMB International Conference. ChiangMai, Thailand, April 6-8, 2011.
- (3) Thanyacharoen, U., Buranasilp, K., Phuangtong, V., Tani, A. and Charoenpanich, J. Isolation and characterization of *Kluyvera ascorbata* from wastewater in Thailand and its potential for acrylamide biodegradation. The 3rd BMB International Conference. ChiangMai, Thailand, April 6-8, 2011.

-
- (4) Thanyacharoen, U., Tani, A. and Charoenpanich, J. Potential for acrylamide biodegradation of *Kluyvera ascorbata* isolated from wastewater in Thailand. 7th International Congress on Chemistry for Innovation (PERCH-CIC Congress VII). Chonburi, Thailand, May 4-7, 2011.
 - (5) Tani, A., Okumura, M., Sahin N. and Kimbara, K. Application of whole-cell MALDI-TOF/MS for clustering analysis of *Methylobacterium* species isolated from rice seeds of different rice cultivars. International Union of Microbiology Societies 2011 Congress. Sapporo, Japan, September 6-10, 2011.
 - (6) Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Non- retroviral RNA viruses endogenized on plant genomes. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (7) Kanematsu, S., Yaegashi, H., Sasaki A. and Suzuki, N. Genome rearrangements of a mycovirus *Rosellinia necatrix* megabirnavirus 1 affecting its ability to attenuate the host fungus virulence. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (8) Pu, Y., Kikuchi, A., Moriyasu, Y., Tomaru, M., Jin, Y., Suga, H., Hagiwara, K., Akita, F., Shimizu, T., Netsu, O., Suzuki, N., Uehara-Ichiki, T., Sasaya, T., Wei, T., Li, Y. and Omura, T. Evidences that *Rice dwarf virus* originates in vector insects. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (9) Kondo, H., Hirokado, C., Noda, M., Andika, I.B., Tamada T. and Suzuki, N. Orchid fleck virus N and P proteins form intranuclear viroplasm-like structures in the absence of viral infection. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (10) Lin, Y-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel quadripartite dsRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (11) Tamada, T., Kondo, H., Chiba, S. and Andika, I.B. Geographical origins and worldwide migration of *Beet necrotic yellow vein virus*. The 15th International Congress of Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (12) Salaipeth, L., Chiba, S., Lin, Y-H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Characterization of a novel bipartite dsRNA mycovirus *Rosellinia necatrix* megabirnavirus 1 with virocontrol potential isolated from the white root rot fungus. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (13) Tanaka, T., Sun, L. and Suzuki, N. Rearrangements of *Mycroevirus 1* S1, S2, and S3 induced by a multifunctional protein p29 encoded by the prototypic hypovirus CHV1-EP713. The 15th International Congress on Virology. Sapporo, Japan, September 11-16, 2011.
 - (14) Lin, Y-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel quadripartite dsRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*. The Second International Mycovirus Symposium. Otaru, Japan, September 17-20, 2011.
 - (15) Salaipeth, L., Chiba, S., Lin, Y-H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Characterization of a novel bipartite dsRNA mycovirus, *Rosellinia necatrix* megabirnavirus 1 with potential for virocontrol isolated from the white root rot fungus. The Second International Mycovirus Symposium. Otaru, Japan, September 17-20, 2011.
 - (16) E-Cope, A. and Suzuki, N. *Mycroevirus 1* rearrangements generated in a dcl2 deletion mutant of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. The Second International Mycovirus Symposium. Otaru, Japan, September 17-20, 2011.
 - (17) Tanaka, T., Sun, L. and Suzuki, N. Rearrangements of *Mycroevirus 1* S1, S2, and S3 induced by a multifunctional protein p29 encoded by the prototypic hypovirus CHV1-EP713. The Second International Mycovirus Symposium. Otaru, Japan, September 17-20, 2011.
 - (18) Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Evolutionary history of the family *Partitiviridae*: insight from viewpoint of paleovirology. The Second International Mycovirus Symposium. Otaru, Japan, September 17-20, 2011.
 - (19) Suzuki, N. Viruses as biological control (virocontrol) agents of plant pathogenic fungi. International Seminar and the 21st National Congress of the Indonesian Phytopathology Society. Surakarta, Indonesia, December 3-5, 2011. (invited special lecture)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

大麦グループ (Group of Barley Resources)

- (1) Nakamura, S., Sameri, M., Pourkheirandish, M., Matsumoto, M., Yano, M., Sato, K. and Komatsuda, T. Identifying a candidate for the barley grain dormancy QTL *SD2*. Plant & Animal Genomes XIX Conference, San Diego, USA, January 15-19, 2011.
- (2) Nakamura, S., Pourkheirandish, M., Sameri, M., Sato, K., Matsumoto, M., Yano, M. and Komatsuda, T. Cloning *SD2*, a QTL responsible for grain dormancy in barley. Plant & Animal Genomes XIX Conference, San Diego, USA, January 15-19, 2011.
- (3) Saisho, D., Ishii, M., Hori, K. and Sato, K. Implication of quantitative variation of vernalization requirement as an adaptive trait in barley. SBE, Kyoto, Japan, July 26-30, 2011.
- (4) Sakai, H., Matsumoto, T., Tanaka, T., Kanamori, T., Kurita, K., Kikuta, A., Kamiya, K., Yamamoto, M., Ikawa, H., Nakamura, S., Fujii, N., Hori, K., Itoh, T. and Sato, K. Comprehensive sequence analysis of 24,783 barley full-length cDNAs derived from 12 clone libraries. ITMI workshop, Mexico City, September 5-9, 2011.

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

- (1) Jobling, S. A. and Taketa, S. Characterisation of the *CsLF6* gene and its potential role in increasing dietary fibre of cereals grains by manipulation of 1,3;1,4- β -D-glucan levels. Fourth Conference on Biosynthesis of Plant Cell Wall. Awaji, Japan, October 2-6, 2011.
- (2) Himi, E., Taketa, S., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T. and Maekawa, M. Barley *ant28* gene encodes an R2R3 MYB domain protein that controls proanthocyanidins accumulation in grain. The 12th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. Red Deer, Alberta, Canada. July 24-27, 2011.

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

- (1) Oda, J., Yamashita, J. and Nagamasu, H. Achene micromorphology variations of *Carex* sect. *Rarae* in Japan. East Asian Botany: International Symposium 2011. Tsukuba, Japan, March 18-21, 2011.
- (2) Sonoda, S. Sodium channel mutations associated with pyrethroid resistance and their frequencies in the field strains of the diamondback moth, *Plutella xylostella* collected at different Asian countries. International Symposium on Insecticide Resistance Management. Guiyang, China, Sep. 19-22, 2011.

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) Nagaki, K., Shibata, F., Suzuki, G., Kanatani, A., Ozaki, S., Hironaka, A., Kashihara, K. and Murata, M. BAC sequencing revealed two centromeric retrotransposons in tobacco. Joint International Symposium on Japanese Solanaceae/Cucurbitaceae Genomics Initiatives. Okayama, Japan, March 5-6, 2011.
- (2) Murata, M. *Arabidopsis*. ring minichromosomes: A candidate for artificial chromosome vector. Japan-Germany Joint Seminar "Frontiers of Plant Chromosome Research: Centromeres and Artificial Chromosomes". Gatersleben, Germany, October 31-November 4, 2011.
- (3) Nagaki, K. Variation and compatibility of CENH3 in plant species. Japan-Germany Joint Seminar "Frontiers of Plant Chromosome Research: Centromeres and Artificial Chromosomes". Gatersleben, Germany, October 31-November 4, 2011.

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

- (1) Rikiishi, K., Matsuura, T. and Maekawa, M. Characterization of a novel wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant with reduced seed dormancy. The 12th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. Albata, Canada, July 24-27, 2011.
- (2) Utsugi, S., Nakamura, S., Ashikawa, I. and Maekawa, M. Analysis of a bZIP type transcription factor, TaABF, which promotes seed dormancy in wheat. 12th International Symposium on Pre-harvest Sprouting in Cereals. Albata, Canada, July 24-27, 2011.
- (3) Nakamura, S., Abe, F., Kawahigashi, H., Nakazono, K., Tagiri, A., Matsumoto, T., Utsugi, S., Ogawa, T., Handa, H., Ishida, H., Mori, M., Kawaura, K., Ogihara, Y. and Miura, H. A temperature-dependent seed dormancy (TMS) 2 gene acts in the regulation of germination in wheat. 12th International Symposium on Pre-harvest Sprouting in Cereals. Albata, Canada, July 24-27, 2011.
- (4) Himi, E., Taketa, S., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T. and Maekawa, M. Barley *ant28* gene encodes an R2R3 MYB domain protein that controls proanthocyanidins accumulation in grain. The 12th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. Red Deer, Alberta, Canada, July 24-27, 2011.
- (5) Maekawa, M., Gichuhi, E. W. and Himi, E. Utilization of African wild species for productivity Improvement under stress conditions in rice. 28th IPSR International Symposium Crop Production in East Africa and Innovative Plant Stress Science. Kurashiki, Japan, October 7, 2011.

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

- (1) Issiki, R., Tanakamaru, S., Ezaki, B. and Nakajima, S. The studies on freezing tolerance of Primula plants (*Primulae*) –Effect of flavones on freezing tolerance. International Symposium on Agricultural Meteorology. Kagoshima, Japan, March 16-18, 2011.

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 (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) 加藤裕介・坂本亘：D1 タンパク質分解に関わるプロテアーゼ及び Deg5/Deg8 を欠損する三重変異体における表現型と D1 分解．第 52 回日本植物生理学会年会，仙台，3 月 20-22 日，2011. (Kato, Y., Sakamoto, W.: Degradation of PSII reaction center protein D1 studied by the Arabidopsis mutants lacking FtsH and Deg proteases. 52th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (2) 石堂廣士・兒玉なつ美・三浦栄子・坂本亘・高橋裕一郎：光化学系 I 周辺の電子伝達活性が低下したシロイヌナズナ変異体 32-33 の原因遺伝子は *GUL1* である．第 52 回日本植物生理学会年会，仙台，3 月 20-22 日，2011. (Ishidou, H., Kodama, N., Miura, E., Sakamoto, W., Takahashi, Y.: An Arabidopsis mutant showing decrease in electron transport activity around PSI carries a mutation in the *GUL1* gene. 52th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (3) 石崎龍二・末次舞・加藤裕介・栗野達也・坂本亘・岩瀬剛二・上中弘典：絶対的菌従属栄養植物ギンリョウソウの無葉緑化の分子機構．第 52 回日本植物生理学会年会，仙台，3 月 20-22 日，2011. (Ishizaki, R., Suetsugu, M., Kato, Y., Awano, T., Sakamoto, W., Iwase, T., Kaminaka H.: Molecular characterization of shifting to achlorophyly in obligate myco-heterotrophic plant, *Monotropastrum humile*. 52th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (4) Tang, L.Y., Sakamoto, W.: Molecular genetic characterization of *dpd2*, a mutant defective in pollen organelle DNA degradation. 52th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai
- (5) Zhang, L., Kato, Y., Saigo, K., Vothknecht, U.C., Sakamoto, W.: A possible role of Vipp1 in tethering chloroplast envelopes. 52th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai
- (6) 石堂廣士・兒玉なつ美・三浦栄子・坂本亘・高橋裕一郎：*GUL1* 遺伝子に変異を持つシロイヌナズナの生理・生化学的解析．日本植物学会第 75 回大会，東京，9 月 17-19 日，2011. (Ishidou, H., Kodama, N., Miura, E., Sakamoto, W., Takahashi, Y.: Physiological and biochemical characterization of an Arabidopsis mutant defective in *GUL1* gene. 75th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, September 17-19, 2011, Tokyo)
- (7) 石崎龍二・末次舞・加藤裕介・栗野達也・坂本亘・岩瀬剛二・上中弘典：絶対的菌従属栄養植物ギンリョウソウの無葉緑化の分子機構．日本植物学会第 75 回大会，東京，9 月 17-19 日，2011. (Ishizaki, R., Suetsugu, M., Kato, Y., Awano, T., Sakamoto, W., Iwase, T., Kaminaka H.: Molecular characterization of shifting to achlorophyly in obligate myco-heterotrophic plant, *Monotropastrum humile*. 75th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, September 17-19, 2011, Tokyo)
- (8) 松島 良・前川雅彦・藤田直子・山下純・坂本亘：胚乳の澱粉粒の形状決定に関する分子細胞生物学的研究．第 120 回日本育種学会秋期大会，福井県立大学，9 月 24 日，2011. (Matsushima, R., Maekawa, M., Fujita, N., Yamashita, J., Sakamoto, W.: A rapid observation method to isolate mutants with defects in starch grain morphology. 120th Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, September 24, 2011, Fukui)
- (9) 松島 良・前川雅彦・藤田直子・山下純・坂本亘：胚乳の澱粉粒の形状決定に関する分子細胞生物学的研究．日本応用糖質科学会，福山大学，11 月 18 日，2011. (Matsushima, R., Maekawa, M., Fujita, N., Yamashita, J., Sakamoto, W.: Cell biological studies of starch grain morphology. The Japanese Society of Applied Glycoscience, November 18, 2011, Fukuyama)

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

- (1) 杉本 学・石井 誠・森 泉・Shagimardanova Elena・Oleg Gusev・木原 誠・保木健宏・Margarita Levinskikh・Vladimir Sychev・Natalia Novikova・Anatoly Grigoriev：国際宇宙ステーション船外に曝露した大麦種子の生存能力．日本宇宙生物科学会第 25 回大会，横浜，9 月 30 日 -10 月 1 日，2011. (Sugimoto, M., Ishi, M., Mori, I., Shagimardanova, E., Gusev, O., Kihara, M., Hoki, T., Sychev, V., Levinskikh, M., Novikova, N. and Grigoriev, A. : Viability of barley seeds after exposure to outside of international space station. 25st Annual Meeting of the Japanese Society for Biological Sciences in Space. Sep. 30- Oct. 1, 2011, Yokohama)
- (2) 金森太治郎・Oleg Gusev・Gail Bingham・Margarita Levinskikh・Vladimir Sychev・Mary Hummerick・Raymond Wheeler・杉本 学：宇宙環境で生育するミズナのスレスレス応答・防御遺伝子の発現．日本宇宙生物科学会第 25 回大会，横浜，9 月 30 日 -10 月 1 日，2011. (Kanamori, T., Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Hummerick, M.,

Wheeler, R. and Sugimoto, M.: Expression of stress /defense-related genes in Mizuna grown under space environment. 25st Annual Meeting of the Japanese Society for Biological Sciences in Space. Sep. 30- Oct. 1, 2011, Yokohama)

- (3) 片山直美・長坂恵樹子・杉本 学・木原 誠・荒井正一・橋本 博・山下雅道：血糖値の上がりにくい宇宙食に関する研究 - 麦30%混合玄米の官能試験並びに血糖値測定結果 - . 日本宇宙生物科学会第25回大会, 横浜, 9月30日 -10月1日, 2011. (Katayama, N., Nagasaka, S., Sugimoto, M., Kihara, M., Arai, S., Hashimoto, H. and Yamashita, M.: Studies on space food suppressing the rise of the blood sugar level – Sensory evaluation and blood sugar level after eating the whole rice containing 30% of barley– . 25st Annual Meeting of the Japanese Society for Biological Sciences in Space. Sep. 30- Oct. 1, 2011, Yokohama)

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

- (1) 平山隆志：植物ホルモンの働きとストレス応答 . 第27回資源植物科学シンポジウム並びに第3回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3月7-8日, 2011. (Hirayama, T.: Function of plant hormones in stress response. The 27th IPSR Symposium and The 3rd Plant Stress Science Symposium, March 7-8, 2011, Kurashiki)
- (2) 牛山翔・小田切正人・井野洋子・梅澤泰史・平山隆志：ABA 関連 PP2C AHG1, AHG3 特異的相互作用因子の解析 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Ushiyama, S., Otagiri, M., Ino, Y., Umezawa, T., Hirayama, T.: Identification of the interacting proteins for AHG1 and AHG3, PP2Cs implicated in ABA response. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (3) 岡本真美・坪井裕理・郷田秀樹・嶋田幸久・平山隆志：多重ホルモン処理における遺伝子発現解析 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Okamoto, M., Tsuboi, Y., Goda, H., Shimada, Y., Hirayama, T.: Analysis of the effect of multiple hormone treatments. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (4) 宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行：孔辺細胞内 ABA シグナリングにおけるシロイヌナズナ AHK5 の役割 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I.C., Murata, Y.: Roles of Arabidopsis AHK5 in guard cell ABA signaling. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. March. 20-22, 2011, Sendai)
- (5) Rhee, J., Mori, I., Sasano, S., Katsuhara, M. : Detection of transport activity in barley and rice aquaporins with newly developed yeast system. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Rhee, J., Mori, I.C., Sasano, S., Katsuhara, M.: Detection of transport activity in barley and rice aquaporins with newly developed yeast system. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (6) 佐々木孝行・森 泉・古市卓也・宗正晋太郎・豊岡公德・松岡健・村田芳行・山本洋子：気孔閉口に関する AtALMT12 輸送体 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y., Yamamoto, Y.: Involvement of AtALMT12 transporter in stomatal closure. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (7) 裏地美杉・片桐健・三浦彩・中村宜督・森 泉・篠崎一雄・村田芳行：シロイヌナズナ ABA 誘導気孔閉口における PLD α 1 と PLD δ の機能解析 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Uraji, M., Katagiri, T., Miura, A., Nakamura, Y., Mori, I.C., Shinozaki, K., Murata, Y.: Functional analysis of PLD α 1 and PLD δ in ABA-induced stomatal closure in Arabidopsis. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (8) 森 泉・アリアスバレイロカルロス・ソバハンムハンマド・平井儀彦・村田芳行：イネのアポプラスチックバイパスフローに対するカドミウムの影響 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Mori, I.C., Arias-Barreiro, C.R., Sobahan, M., Hirai, Y., Murata, Y.: Effect of cadmium on apoplastic bypass flow in rice. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (9) 大野美沙緒・裏地美杉・森 泉・中村宜督・村田芳行：セレン耐性 Arabidopsis thaliana 変異体の解析 . 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Ohno, M., Uraji, M., Mori, I.C., Nakamura, Y., Murata, Y.: Analysis of selenium-tolerant mutants of Arabidopsis thaliana. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (10) 森 泉・李志芮・且原真木：アクアポリンの CO₂ 透過性 . 第3回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6月3日, 2011. (Mori, I.C., Rhee, J., Katsuhara, M.: CO₂ permeability of aquaporins. 3rd Workshop on Plant Aquaporin Studies, June 3, 2011, Kurashiki)
- (11) 森 泉：孔辺細胞におけるイオンチャネルの活性制御, 藪田セミナー「化学物質による植物のストレス耐性の制御」,

-
- 東京, 7月14日, 2011. (Mori, I.C.: Regulation of ion channels in guard cells. Yabuta Seminar. July 14, 2011, Tokyo)
- (12) Hossain, M.A.・宗正晋太郎・裏地美杉・中村宜督・森 泉・村田芳行: シロイヌナズナ孔辺細胞のジャスモン酸メチルシグナリングへのアブシジン酸の関与, 平成23年度日本農芸化学会西日本支部・中四国支部合同大会, 宮崎, 9月16-17日, 2011. (Hossain, M.A., Munemasa, S., Uraji, M., Nakamura, Y., Mori, I.C., Murata, Y.: Involvement of abscisic acid in methyljasmonate signaling in Arabidopsis guard cells. Nippon Nogei Kagakkai, Nishinipponshibu-Chushikokushibu Godo Taikai. September 16-17, 2011, Miyazaki)
- (13) 中村由貴・森 泉・鈴木信弘・金原和秀・谷明生: *Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析. 平成23年度日本農芸化学会西日本支部・中四国支部合同大会, 宮崎, 9月16-17日, 2011. (Nakamura, Y., Mori, I.C., Suzuki, N., Kimbara, K., Tani, A.: Analysis of domination mechanism of *Methylobacterium* on plants. Nippon Nogei Kagakkai, Nishinipponshibu-Chushikokushibu Godo Taikai. September 16-17, 2011, Miyazaki)
- (14) 森 泉・村田芳行: 孔辺細胞における ABA シグナリング. 日本植物学会第75回大会, 東京, 9月17-19日, 2011. (Mori, I.C., Murata, Y.: ABA signaling in guard cells. Annual Meeting of the Botanical Society of Japan. September 17-19, 2011, Tokyo)

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) 馬 建鋒・上野大勢・山地直樹・矢野昌裕: イネのカドミウム集積を抑制する遺伝子. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20-22日, 2011. p.91.
- (2) Zheng, L.Q., Yamaji, N., Ma, J. F.: OsYSL16 is a transporter of Cu-nicotianamine complex for Cu translocation in rice. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20日-22日, 2011. p.174.
- (3) 筒井友和・山地直樹・馬 建鋒: イネアルミニウム応答性転写調節因子 ART1 のシス配列の同定. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20日-22日, 2011. p.180.
- (4) Xia, J. X., Yamaji, N., Ma, J. F.: A gene encoding a cysteine-rich peptide is involved in rice Al tolerance. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20日-22日, 2011. p.180.
- (5) 山地直樹・夏 継星・佐々木明正・馬 建鋒: イネの節で高発現する OsNramp3 の機能解析. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20日-22日, 2011. p.251.
- (6) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒: ソバのアルミニウム誘導性輸送体遺伝子の単離と機能解析. 第52回日本植物生理学会年会, 仙台, 3月20日-22日, 2011. p.354.
- (7) 馬 建鋒・山地直樹・三谷奈見季: ケイ酸トランスポーター Lsi1 は亜ヒ酸も亜セレン酸も輸送する. 第3回植物アクトポリン研究検討会, 倉敷, 6月3日, 2011. p.6.
- (8) 三谷奈見季・山地直樹・Zhao, F-J.・馬 建鋒: イネケイ酸輸送体 OsNIP2;1 の基質選択性の解析. 第3回植物アクトポリン研究検討会, 倉敷, 6月3日, 2011. p.7.
- (9) 馬 建鋒: イネのケイ酸栄養と生産性. 日本土壌肥料学会シンポジウム「植物栄養と作物の生産性」, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.230.
- (10) 山地直樹・佐々木明正・夏 継星・馬 建鋒: イネのマンガン分配に関与する OsNramp3 の機能解析. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.74.
- (11) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒: ケイ酸輸送体 Lsi1 の発現制御機構の解析. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.67.
- (12) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒: ソバのアルミニウム誘導性トランスポーターの単離と機能解析. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.87.
- (13) 佐々木明正・山地直樹・馬 建鋒: イネのマンガン吸収に関与する輸送体遺伝子の機能解析. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.77.
- (14) 陳 志長・Fangjie Zhao・馬 建鋒: Al-induced secretion of organic acid anions in two *Holcus lanatus* accessions differing in Al tolerance. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.84.
- (15) 大貝久生・山地直樹・三谷奈見季・馬 建鋒: イネ亜ヒ酸排出能の品種間差. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.91.
- (16) 上野大勢・陳 宗慧・岩崎貢三・加藤伸一郎・馬 建鋒: イネの高マンガン集積に関与するトランスポーター遺伝子の単離と解析. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.76.
- (17) 陳 宗慧・神谷岳洋・岩崎貢三・加藤伸一郎・山地直樹・馬 建鋒・上野大勢: Identification of the transporter involved in Mn tolerance in rice. 日本土壌肥料学会年会, つくば, 8月8日-10日, 2011. p.88.

-
- (18) 馬 建鋒：作物の生産と品質に貢献するミネラルトランスポーター研究. 植物微生物研究会第 21 回研究交流会プログラム, 岡山, 9 月 20 日, 2011. (特別講演)
- (19) 馬 建鋒：イネ有害元素の集積に関与する遺伝子の同定と応用. 日本遺伝学会第 83 回大会, 京都, 9 月 20 日 - 23 日, 2011. p. 74.

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

- (1) 齊格奇白・佐々木孝行・山本洋子：タバコにおけるアルミニウムによる液胞インベルターゼ活性の促進. 日本植物生理学会, 仙台, 3 月 20-22 日, 2011. (Qi Ge Qi, H., Sasaki, T., Yamamoto, Y.: Enhancement of vacuolar invertase activity in tobacco cells under aluminum stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (2) 佐々木孝行・森泉・古市卓也・宗正晋太郎・豊岡公德・松岡健・村田芳行・山本洋子：気孔閉口に関与する AtALMT12 輸送体. 日本植物生理学会, 仙台, 3 月 20-22 日, 2011. (Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y., Yamamoto, Y.: AtALMT12 involved in plant stomatal closure. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (3) 丸山隼人・佐々木孝行・岡崎圭毅・信濃卓郎・和崎 淳：リン欠及びアルミニウム障害時におけるシロイヌナズナ根浸出物の解析. 日本植物生理学会, 仙台, 3 月 20-22 日, 2011. (Maruyama, H., Sasaki, T., Okazaki, K., Shinano, T., Wasaki, J.: Analysis of *Arabidopsis thaliana* root exudates under phosphorus deficiency and aluminum stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (4) 佐々木孝行・森泉・古市卓也・宗正晋太郎・豊岡公德・松岡健・村田芳行・山本洋子：気孔閉口を制御する AtALMT12 輸送体. 日本土壌肥料学会, つくば市, 8 月 8-10 日, 2011. (Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y., Yamamoto, Y.: AtALMT12 regulate plant stomatal closure. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba)
- (5) 泉洋平・佐々木孝行・山本洋子：アルミニウム耐性ならびに感受性タバコ培養細胞における糖代謝の比較解析. 日本土壌肥料学会, つくば市, 8 月 8-10 日, 2011. (Izumi, Y., Sasaki, T., Yamamoto, Y.: Comparative analyses of sugar metabolism between aluminum-tolerant and sensitive cultured tobacco cell lines. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba)
- (6) 山本洋子・信濃卓郎・中村卓司・岡崎圭毅・泉洋平・佐々木孝行：タバコ培養細胞を用いたアルミニウムにตอบสนองした有機酸放出に伴う代謝変動の網羅的解析. 日本土壌肥料学会, つくば市, 8 月 8-10 日, 2011. (Yamamoto, Y., Shinano, T., Nakamura, T., Okazaki, K., Izumi, Y., Sasaki, T.: Metabolome analyses of changes due to organic acid secretion triggered by aluminum in tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba)
- (7) Sameeullah, M., Sasaki, T., Yamamoto, Y.: Role of sucrose transporter (NtSUT1) in aluminum toxicity and tolerance mechanisms in tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba.
- (8) 丸山隼人・佐々木孝行・小島創一・和崎淳：リン欠シロイヌナズナ根からのリンゴ酸およびクエン酸分泌に関わるトランスポーターの解析. 日本土壌肥料学会, つくば市, 8 月 8-10 日, 2011. (Maruyama, H., Sasaki, T., Kojima, S., Wasaki, J.: Analyses of malate and citrate transporters in *Arabidopsis thaliana* roots under phosphorus deficiency. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba)
- (9) 菅智博・佐々木孝行・高梨功次郎・杉山暁史・矢崎一史：根粒形成時に誘導されるミヤコグサ ALMT1 の機能解析. 第 21 回植物微生物研究交流会, 岡山, 9 月 20 ~ 22 日, 2011. (Kan, T., Sasaki, T., Takanashi, K., Sugiyama, A., Yazaki, K.: Functional analysis of LjALMT1 inducible during nodulation in *Lotus japonicus*. The 21th Annual Meeting for Plant-Microbe Interactions, September 20-22, 2011, Okayama)
- (10) 佐々木孝行・森泉・山本洋子：植物特異的なアルミニウム活性化型リンゴ酸輸送体：ALMT タイプ蛋白質の機能多様性を応用した環境ストレス耐性植物の作出. 財団法人八雲環境科学振興財団平成 23 年度研究発表会, 岡山, 10 月 25 日, 2011. (Sasaki, T., Mori, I.C., Yamamoto, Y.: Plant specific aluminum-activated malate transporter: developmental analysis of tolerant plants to environmental stresses using the multiple functions of ALMT-type proteins. Annual Repot Meeting of the Yakumo Foundation for Environmental Science, October 25, 2011, Okayama)

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

- (1) 柴坂三根夫・篠野静香・且原真木：形質膜アクアポリン PIP1 の水チャンネルは PIP2 によって開けられる。日本植物生理学会 2011 年度年会, 仙台, 3 月 20-22 日, 2011. (Shibasaka, M., Sasano, S. and Katsuhara, M.: Plasma-membrane aquaporin PIP2 opens PIP1 water channel. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 20-22, 2011, Sendai)
- (2) 李志芮・森泉・笹野静香・且原真木：Detection of transport activity in barley and rice aquaporins with newly developed yeast system. 日本植物生理学会 2011 年度年会, 仙台, 3 月 20-22 日, 2011. (Rhee, J., Sasano, S. and Katsuhara, M.: Detection of transport activity in barley and rice aquaporins with newly developed yeast system. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 20-22, 2011, Sendai)
- (3) 且原真木・堀江智明・金子智之・篠野静香・古市卓也・柴坂三根：オオムギの根水透過性とアクアポリンの浸透圧ストレス応答。第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Katsuhara, M., Horie, T., Kaneko, T., Sasano, S., Furuich, T. and Shibasaka, S.: Root hydraulic conductivity of barley and osmotic stress response of aquaporins. 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (4) 柴坂三根夫・且原真木：原形質膜局在型アクアポリンの共発現による活性化の分子機構。第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Shibasaka, S. and Katsuhara, M.: Molecular mechanism of activation with co-expression of plasma-membrane type aquaporins. 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (5) 李志芮・森泉・笹野静香・且原真木：Hydrogen peroxide permeability of aquaporin in rice, barley and Arabidopsis. 第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Rhee, J., Sasano, S. and Katsuhara, M.: Hydrogen peroxide permeability of aquaporin in rice, barley and Arabidopsis. 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (6) 辻伸弥・且原真木：浸透圧ストレス環境下におけるオオムギの水利用機能研究。第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Tsuji, N. and Katsuhara, M.: Water transport of barley under osmotic stress, 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (7) 篠野静香・且原真木：亜硫酸輸送活性を持つイネおよびオオムギのアクアポリン。第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Sasano, S. and Katsuhara, M.: Barley and rice aquaporins with arsenite transport activity. 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (8) 森泉・李志芮・且原真木：アクアポリンの CO₂ 透過性。第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Mori, I., Rhee, J. and Katsuhara, M.: CO₂ permeability of aquaporins. 3rd Plant aquaporin research meeting. Jun, 3, 2011, Kurashiki)
- (9) 辻伸弥・且原真木・柴坂三根夫：浸透圧ストレス環境下におけるイネ科作物の水利用機能研究。第 35 回根研究集会, 東京, 11 月 5-6 日, 2011. (Tsuji, N., Katsuhara, M. and Shibasaka, S.: Water transport of barley under osmotic stress, 35th JSRR biannual meeting, Nov. 5-6, 2011, Tokyo)

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) 奥村麻理絵・金原和秀・鈴木信弘・谷 明生：イネ種子内から分離した *Methylobacterium* 属細菌の MALDI-TOF/MS による分類。日本農芸化学会大会, 京都, 3 月 25-28 日, 2011. (Okumura, M., Kimbara, K., Suzuki, N. and Tani, A.: Classification of *Methylobacterium* species isolated from rice seeds. Annual Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 25-28, 2011, Kyoto)
- (2) 秋田 求・小堀 航・谷垣悠介・宇土寛文・森田佳宏・谷 明生・鈴木一行・Lehtonen, M.・Valkonen, J.P.T.・村瀬治比古：スナゴケ (*Racomitrium japonicum*) から単離される微生物とそのスナゴケに対する影響に関する研究。日本農芸化学会大会, 京都, 3 月 25-28 日, 2011. (Akita, M., Kobori, K., Tanigaki, Y., Udo H., Morita, Y., Tani, A., Suzukawa, I., Valkonen, J.P.T. and Murase, H.: Isolation of bacteria from *Racomitrium japonicum* and their effect on the moss. Annual Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 25-28, 2011, Kyoto)
- (3) 水野雅之・吉田奈央子・谷 明生・由里本博也・阪井康能：野菜葉面に生息する *Methylobacterium* 属細菌の分布。日本農芸化学会大会, 京都, 3 月 25-28 日, 2011. (Mizuno, M., Yoshida, N., Tani, A., Yurimoto, H. and Sakai, Y.: Distribution of *Methylobacterium* species on vegetable leaves. Annual Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 25-28, 2011, Kyoto)

-
- (4) 近藤秀樹・千葉壮太郎・谷 明生・最相大輔・坂本 亘・兼松聡子・鈴木信弘：非レトロ RNA ウイルス由来の植物染色体配列. 日本植物病理学会大会, 東京, 3月27-29日, 2011. (Kondo, H., Chiba, S., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N.: Widespread endogenization of genome sequences of non-retroviral RNA viruses into plant genomes. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, March 27-29, 2011, Tokyo)
 - (5) 田中徹・Liyang Sun・Ana Eusebio-Cope・鈴木信弘：ハイポウイルス多機能性蛋白質 p29 のマイコレオウイルスゲノム再編成誘導能. 日本植物病理学会大会, 東京, 3月27-29日, 2011. (Tanaka, T., Sun, L., Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N.: Induction of mycoreoviral genome rearrangements by a multifunctional protein p29 encoded by the prototype hypovirus. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. March 27-29, 2011, Tokyo)
 - (6) Gumarang, A., Shirako, Y., and Suzuki, N.: A Host Factor Interacting with *Mycoreovirus 1* Non-structural Proteins VP9 and VP10 Identified by a Yeast Two-hybrid Assay. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, March 27-29, 2011, Tokyo)
 - (7) 水野雅之・吉田奈央子・谷 明生・由里本博也・阪井康能：シソに生息するメタノール資化性細菌の分布. 日本農芸化学会関西支部例会, 京都, 5月28日, 2011. (Mizuno, M., Yoshida, N., Tani, A., Yurimoto, H. and Sakai, Y.: Distribution of Methylophilic bacteria on *Perilla* leaves. Kansai Branch Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, May 25-28, 2011, Kyoto)
 - (8) 千葉壮太郎・近藤秀樹・谷 明生・最相大輔・坂本 亘・兼松聡子・鈴木信弘：植物ゲノム - RNA ウイルス間の遺伝子水平伝播. 第26回中国四国ウイルス研究会, 徳島, 6月16-18日, 2011. (Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N.: Horizontal gene transfer from non-retroviral RNA viruses to plant genomes. The 26th Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, June 16-18, 2011, Tokushima)
 - (9) 近藤秀樹・鈴木信弘：ランえそ斑紋ウイルスの誘導する核内 viroplasm と粒子形成の関連性. 第26回中国四国ウイルス研究会, 徳島, 6月16-18日, 2011. (Kondo, H. and Suzuki, N.: Assembly of orchid fleck virus particles is associated with formation of nuclear viroplasm-like structure. The 26th Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, June 16-18, 2011, Tokushima)
 - (10) 杉浦和輝・谷明生・二又裕之・金原和秀：植物成長を促進する微生物と廃水を利用した水耕栽培技術の開発. 環境バイオテクノロジー学会, 東京, 6月20-21日, 2011. (Sugiura, K., Tani, A., Futamata, H. and Kimbara, K.: Development of hydroponic culture utilizing plant-growth promoting bacteria and wastewater. Annual Meeting of the Japan Society for Environmental Biotechnology, June 20-21, 2011, Tokyo)
 - (11) 近藤秀樹：ラン植え戻しに際してのウイルス感染の危険性. 第4回「みんなで守ろう日本の野生ラン」シンポジウム, 新宿御苑, 7月30日, 2011. (Kondo, H. Risk of virus infection under conservation-driven propagation of Japanese wild orchids. The 4th symposium of "Help Conserve the Japanese Wild Orchids", July 30, 2011. Shinjuku-Gyoen)
 - (12) 中村由貴・森 泉・鈴木信弘・金原和秀・谷 明生：*Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析. 日本農芸化学会西日本支部・中四国支部合同大会, 宮崎, 9月16-17日, 2011. (Nakamura, Y., Mori, I., Suzuki, N., Kimbara, K. and Tani, A.: Mechanism of predomination by *Methylobacterium* species on plants. West Japan and Chu-Shikoku Branches Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, September 16-17, 2011, Miyazaki)
 - (13) 中村由貴・森 泉・鈴木信弘・金原和秀・谷 明生：*Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析. 植物微生物研究会, 岡山, 9月20-22日, 2011. (Nakamura, Y., Mori, I., Suzuki, N., Kimbara, K. and Tani, A.: Mechanism of predomination by *Methylobacterium* species on plants. Annual Meeting of Japanese Society of Plant Microbe Interactions, September 16-17, 2011, Miyazaki)
 - (14) 谷 明生・奥村麻理絵・金原和秀・鈴木信弘：MALDI-TOF/MS を用いたイネ種子由来 *Methylobacterium* 属細菌の分類法の確立と応用. 日本生物工学会, 東京, 9月26-28日, 2011. (Tani, A., Okumura, M., Kimbara, K. and Suzuki, N.: Establishment and application of MALDI-TOF/MS-based classification of *Methylobacterium* species isolated from rice seeds. Annual Meeting of The Society for Biotechnology, Japan, September 26-28, Tokyo)
 - (15) 田中徹・Liyang Sun・Ana Eusebio-Cope・鈴木信弘：ハイポウイルス多機能性蛋白質 p29 によるレオウイルスゲノム再編成の誘導. 日本植物病理学会関西支部会, 高松, 10月1-2日, 2011. (Tanaka, T., Sun, L., Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N.: Induction of reoviral genome rearrangements by a multifunctional protein p29 encoded by the prototype hypovirus CHV1-EP713. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, October 1-2, 2011, Takamatsu)
 - (16) 千葉壮太郎・近藤秀樹・谷 明生・最相大輔・坂本 亘・兼松聡子・鈴木信弘：植物ゲノムへ水平伝搬された太

古のパーティティウイルス配列. 日本植物病理学会関西部会, 高松, 10月1-2日, 2011. (Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N.: Primeval partitivirus horizontally transferred into plant genomes. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, October 1-2, 2011, Takamatsu)

- (17) 中村由貴・森 泉・鈴木信弘・金原和秀・谷 明生: *Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析. 第30回岡山病理セミナー, 倉敷, 12月10日, 2011. (Nakamura, Y., Mori, I., Suzuki, N., Kimbara, K., Tani, A.: Mechanism of predomination of *Methylobacterium* species in phyllosphere. The 30th Okayama Regional Phytopathology Meeting, December 10, 2011, Kurashiki)

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

- (1) Galis, I.: Plant defense against insects: How long will it take to untangle the jasmonate signaling? The 30th Okayama Regional Phytopathology Meeting, December 10, 2011, Kurashiki.

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

大麦グループ (Group of Barley Resources)

- (1) 田中剛・松本隆・坂井寛章・天野直己・金森裕之・栗田加奈子・菊田有里・神谷梢・山本麻裕・伊川浩司・藤井信之・堀清澄・伊藤剛・佐藤和広: 22,651 のオオムギ完全長 cDNA 配列の作成と機能解析. 日本植物生理学会講演会, 仙台, 3月20-22日, 2011. (Matsumoto, T., Tanaka, T., Sakai, H., Amano, N., Kanamori, H., Kurita, H., Kikuta, A., Kamiya, K., Yamamoto, M., Ikawa, H., Fujii, N., Hori, K., Itoh, T., Takeda, K. and Sato, K.: Development and functional analysis of 22,651 barley full-length cDNAs. Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiology, March 20-22, 2011, Sendai)
- (2) 佐藤和広・元井由加・山地奈美: 低重複度オオムギ全ゲノムショットガン解析とその活用法. 日本育種学会講演会, 横浜, 3月29-30日, 2011. (Sato, K., Motoi, Y. and Yamaji, N. Lower redundancy whole genome shotgun analysis of barley and its application. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2011, Yokohama)
- (3) 渡邊将太・富川咲良・増田真帆・新田みゆき・佐藤和広・那須田周平: 二倍体コムギ連鎖地図への SSR 座位のマッピングはオオムギゲノム情報のコムギへの利用を可能にする. 日本育種学会講演会, 横浜, 3月29-30日, 2011. (Watanabe, S., Tomikawa, S., Masuda, M., Nitta, M., Sato, K. and Nasuda, S.: Genetic mapping of the SSR loci of diploid wheat enables comparison among wheat SSR and barley EST maps. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2011, Yokohama)
- (4) 最相大輔・石井誠・佐藤和広・武田和義: オオムギ種子の耐水性の地理的分布. 日本育種学会講演会, 横浜, 3月29-30日, 2011. (Saisho, D., Ishii, M., Sato, K., Takeda, K.: Geographic distribution of pre-germination flooding tolerance in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2011, Yokohama)
- (5) 佐藤和広・元井由加・山地奈美: オオムギ全ゲノムショットガン解析における極長ペアードエンドリードの効果. 日本育種学会講演会, 福井, 9月23-24日, 2011. (Sato, K., Motoi, Y. and Yamaji, N.: Effect of extremely long paired-end reads on the whole genome shotgun analysis of barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 23-24, 2011, Fukui)
- (6) 高橋飛鳥・武田真・佐藤和広・吉岡藤治・柳澤貴司: オオムギ *amo1* 遺伝子に連鎖する DNA マーカーによる高βグルカン含量系統の選抜. 日本育種学会講演会, 福井, 9月23-24日, 2011. (Takahashi, A., Taketa, S., Sato, K., Yoshioka, T., and Yanagisawa, K. Selection of high beta-gulucan content lines using a DNA marker linked to the *high amylase (amo1)* gene in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 23-24, 2011, Fukui)
- (7) 松本隆・田中剛・坂井寛章・天野直己・金森裕之・栗田加奈子・菊田有里・神谷梢・山本麻裕・伊川浩司・藤井信之・堀清澄・伊藤剛・佐藤和広: オオムギ品種「はるな二条」由来の 24,783 完全長 cDNA 配列とデータベースの公開. 日本育種学会講演会, 福井, 9月23-24日, 2011. (Matsumoto, T., Tanaka, T., Sakai, H., Amano, N., Kanamori, H., Kurita, H., Kikuta, A., Kamiya, K., Yamamoto, M., Ikawa, H., Fujii, N., Hori, K., Itoh, T., Takeda, K. and Sato, K.: Sequencing analysis of 24,783 barley (Haruna Nijo) full-length cDNAs and database construction. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 23-24, 2011, Fukui)
- (8) 最相大輔・石井誠・堀清純・佐藤和広: 栽培オオムギにおける春化要求性の自然変異: 高度秋播性は東アジアに

偏在する. 日本育種学会講演会, 育種学研究 13 (2) p80, 福井, 9月23-24日, 2011. (Saisho, D. Ishii, M., Hori, K., Sato, K.: Natural variation of vernalization requirements in domesticated barley: Higher grades of vernalization requirements are biasedly distributed in East Asia. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, Ikushugaku Kenkyu 13: Suppl. 2: 80, September 23-24, 2011, Fukui)

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

- (1) 武田 真: オオムギ種子関連遺伝子の単離と解析. 第27回資源植物科学シンポジウム並びに第3回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3月7日, p.8-9. 2011. (Taketa, S.: Isolation and characterization of seed related genes in barley. Third Symposium of Plant Stress Research, March 8, 2011, Kurashiki)
- (2) 武田 真・湯尾崇央・櫻井幸恵・三宅頌子・一井眞比古: オオムギ7H染色体上の短芒遺伝子 *short awn 2 (lks2)* の分子マッピング. 日本育種学会第119回講演会, 横浜, 3月29日, 2011. 育種学研究 13 (別1) p.150. (Taketa, S., Yuo, T., Sakurai Y., Miyake, S. and Ichii, M.: Molecular mapping of the short awn 2 (*lks2*) gene on barley chromosome 7H. The 119th meeting of Japanese Society of Breeding. March 29, 2011, Yokohama)
- (3) 湯尾崇央・豊田正範・一井眞比古・武田 真: イネ無根毛変異体 *rth1* の原因遺伝子の単離: 日本育種学会第119回講演会, 横浜, 3月29日, 2011. 育種学研究 13 (別1) p.16. (Yuo, T., Toyota, M., Ichii, M. and Taketa, S.: Isolation of a causal gene for root hairless mutant *rth1* in rice. The 119th meeting of Japanese Society of Breeding, March 29, 2011, Yokohama)
- (4) 武田 真・湯尾崇央・山下優子・櫻井幸恵・三宅頌子・一井眞比古: オオムギ7H染色体上の短芒遺伝子 *short awn 2 (lks2)* の高精度マッピングおよび形質発現. 日本育種学会第120回講演会, 福井, 9月24日, 2011. 育種学研究 13 (別2) p.41. (Taketa, S, Yuo, T. Yamashita, Y., Sakurai, Y., Miyake, S. and Ichii, M.: Fine mapping and character expression of the short awn 2 (*lks2*) gene on barley chromosome 7H. The 120th meeting of Japanese Society of Breeding, September 24, 2011, Fukui)
- (5) 山下優子・高橋飛鳥・柳澤貴司・武田 真: オオムギにおける高リジン突然変異遺伝子 (*lys3a*) のマッピング. 日本育種学会第120回講演会, 福井, 9月24日, 2011. 育種学研究 13 (別2) p.40. (Yamashita, Y., Takahashi, A., Yanagisawa, T. and Taketa, S.: Molecular mapping of a high lysine mutant gene (*lys3.a*) in barley. The 120th meeting of Japanese Society of Breeding, September 24, 2011, Fukui)
- (6) 高橋飛鳥・武田真・佐藤和広・吉岡藤治・柳沢貴司: オオムギ *amo1* 遺伝子に連鎖するDNAマーカーによる高βグルカン含量系統の選抜. 日本育種学会第120回講演会, 福井, 9月23日, 2011. 育種学研究 13 (別2) p.213. (Takahashi, A., Taketa, S., Sato, K., Yoshioka, T. and Yanagisawa, T.: Selection of high β-glucan content lines using a DNA marker linked to the high amylose (*amo1*) gene in barley. The 120th meeting of Japanese Society of Breeding, September 24, 2011, Fukui)
- (7) 湯尾崇央・塩谷健二・宮尾安藝雄・廣近洋彦・一井眞比古・武田 真: イネの無根毛変異体 *root hairless2 (rth2)* はセルロース合成酵素様遺伝子 (*OsCSLD1*) の機能喪失アレルによる. 日本育種学会第120回講演会, 福井, 9月24日, 2011. 育種学研究 13 (別2) p.119. (Yuo, T., Shiotani, K., Miyao, A., Hirochika, H., Ichii, M.: Root hairless2 (*rth2*) mutant represents a loss-of-function allele of the cellulose synthase-like gene *OsCSLD1* in rice (*Oryza sativa* L.). The 120th meeting of Japanese Society of Breeding, September 24, 2011, Fukui)

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

- (1) 榎本 敬: 外来雑草が増加し、在来雑草が絶滅危惧種に. 日本雑草学会創立50周年記念(第26回)シンポジウム, 東京, 9月4日, 2011. (Enomoto, T.: Exotic plants are increasing and some of native weeds are becoming to endangered plants in Japan. Proceedings of the 50th anniversary (26th) symposium of the Weed Science Society of Japan. Sep. 4, 2011, Tokyo)
- (2) 榎本 敬: 外来植物の日本と昆明(中国)への侵入. 東アジア植物遺伝資源シンポジウム, 岡山, 10月4日, 2011. (Enomoto, T.: Weed invasions from other countries into Japan and Kunming in China. Symposium on Plant Genetic Resources in East Asia. Oct. 4, 2011, Okayama)
- (3) 園田昌司・泉 洋平・小原陽子・吉田英哉: 防除圧の違いがモモ圃場における生物多様性に及ぼす影響. 第55回日本応用動物昆虫学会大会, 福岡, 3月27-29日, 2011. (Sonoda, S., Izumi, Y., Kohara, Y. and Yoshida, H.: Effects of pesticide practices on insect biodiversity in Japanese peach orchards. Annual Meeting of the Japanese Society

of Applied Entomology and Zoology. Mar. 27-29, 2011, Fukuoka)

- (4) 包 文学・伊藤政雄・村井 保・奈良井祐隆・園田昌司：ミナミキイロアザミウマの合成ピレスロイド剤抵抗性機構について (II). 第 55 回日本応用動物昆虫学会大会, 福岡, 3 月 27-29 日, 2011. (Bao, W.-X., Ito, M., Murai, T., Narai, Y. and Sonoda, S. : Pyrethroid resistance in *Thrips palmi* (II). Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. Mar. 27-29, 2011, Fukuoka)
- (5) 吉野将史・山下 純・園田昌司・榎本 敬：日本産カヤツリグサ属 (カヤツリグサ科) の分類学的再検討 . 日本雑草学会第 50 回講演会, 2011. 講演要旨のみ . (Yoshino, M., Yamashita, J., Sonoda, S. and Enomoto, T. : Taxonomic reexamination of the genus *Cyperus s. l.* (Cyperaceae) from Japan. 50th annual meeting of the Weed Science Society of Japan. Apr. 2-3, 2011, Tokyo)

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) 長岐清孝・柴田洋・村田稔：タバコ動原体 DNA のモザイク構造. 日本遺伝学会第 83 回大会, 京都市, 9 月 20-23 日 . 2011. (Nagaki, k., Shiobata, F., Murata, M.: A mosaic structure of centromeric DNA in tobacco. Annual meeting of Genetics Society of Japan, September 20-23, 2011, Kyoto)
- (2) 柴田洋・横田悦子・村田稔・長岐清孝：免疫染色 - FISH 法によるタバコの核型分析と小型 B 染色体の発見. 日本遺伝学会第 83 回大会, 京都市, 9 月 20-23 日, 2011. (Shiobata, F., Yokota, E., Murata, M., Nagaki, K.: Karyotyping of tobacco by immunolabeling and FISH, and a discovery of mini B-chromosome. Annual meeting of Genetics Society of Japan, September 20-23, 2011, Kyoto)
- (3) 村田稔・柴田洋・弘中明子・柏原壺成・長岐清孝：Cre/LoxP 組換えによるシロイヌナズナ染色体の大規模再編成. 日本遺伝学会第 83 回大会, 京都市, 9 月 20-23 日, 2011. (Murata, M., Shibata, F., Hironaka, A., Kashiwara, K., Nagaki, K.: Mega-base scale chromosomal rearrangements induced by Cre/LoxP-mediated recombinations in *Arabidopsis thaliana*. Annual meeting of Genetics Society of Japan, September 20-23, 2011, Kyoto)
- (4) 長岐清孝・山本真紀・向井康比己・村田稔：ネギ動原体特異的ヒストン H3 と動原体 DNA の単離, 染色体学会第 62 回年会, 平塚市, 11 月 11-13 日, 2011. (Nagaki, K., Yamamoto, M., Mukai, Y., Murata, M.: Isolation of a centromere-specific histone H3 and centromeric DNA sequences from *Allium fistulosum*. Annual meeting of Chromosome Society of Japan, November 11-13, 2011, Hiratsuka)
- (5) 横田悦子・柴田洋・長岐清孝・村田稔：シロイヌナズナ環状ミニ染色体の構造と安定性. 染色体学会第 62 回年会, 平塚市, 11 月 11-13 日, 2011. (Yokota, E., Shibata, F., Nagaki, K., Murata, M.: Molecular structure and stability of ring minichromosomes in *Arabidopsis thaliana*. Annual meeting of Chromosome Society of Japan, November 11-13, 2011, Hiratsuka)

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

- (1) 前川雅彦：イネの DNA トランスポゾン, *nDart* によるタグラインの育成. 第 3 回植物ストレス科学研究シンポジウム・第 27 回資源植物科学シンポジウム. 倉敷, 3 月 7-8 日, 2011. (Maekawa, M.: Breeding of *nDart*-tagged lines in rice. The 3rd Plant Stress Science Symposium and 27th IPSR Symposium, March 7-8, 2011, Kurashiki)
- (2) 宇都木繁子・柴坂三根夫・且原真木・前川雅彦：オオムギ MIP ファミリーの解析. 日本育種学会第 119 回講演会, 横浜市立大学, 3 月 29-30 日, 2011. (Utsugi, S., Shibasaka, M., Katsuhara, M. and Maekawa, M.: Analysis of a MIP family in barley. Japanese Breeding Society, March 28-30, 2011, Yokohama)
- (3) 氷見英子・前川雅彦：コムギの種子色に関連する *Tamyb10-A1* 遺伝子内で見られたコムギ新規トランスポゾン *GeST* (*Genome Surfing Trader*) について. 第 119 回日本育種学会, 横浜, 3 月 29-30 日, 2011. (Himi, E., Maekawa, M.: *GeST* (*Genome Surfing Trader*), a novel DNA transposon inserted in *Tamyb10-A1* gene related to grain color in wheat. 119th Meeting of the Japanese Society of Breeding. March 29-30, 2011, Kanagawa)
- (4) 宇都木繁子・柴坂三根夫・且原真木・前川雅彦：オオムギにおける TIP ファミリーの特徴と機能解明へのアプローチ. 第 3 回植物アクアポリン研究検討会, 倉敷, 6 月 3 日, 2011. (Utsugi, S., Shibasaka, M., Katsuhara, M. and Maekawa, M.: Analysis of a MIP family in barley. June 3, 2011, Kurashiki)
- (5) 氷見英子・前川雅彦：コムギ種子色に関連する *Tamyb10-A1* 遺伝子内から見出されたコムギ新規トランスポゾン *GeST* (*Genome Surfing Trader*) の特徴について. 第 120 回日本育種学会, 福井, 9 月 23-24 日, 2011. (Himi, E., Maekawa, M.: Characterization of a new transposon, *GeST* (*Genome Surfing Trader*), found in *Tamyb10-A1* for

-
- grain color of wheat. 120th Meeting of The Japanese Society of Breeding. September 23-24, 2011, Fukui.)
- (6) 氷見英子：コムギおよびオオムギにおける種子色と種子休眠の関連性．独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構 作物研究所セミナー，つくば，10月13日，2011。(Himi, E.: The relation between grain color and grain dormancy on wheat and barley. Institute of Crop Science seminar, October 13, 2011, Tsukuba,)
 - (7) 西村秀希・氷見英子・飯田滋・榎根一夫・前川雅彦：アザシチジン処理で活性化した自律性因子 *Dart* の特定．第120回日本育種学会，福井，9月23-24日，2011。(Nishimura, H., Himi, E., Iida, S., Tsugane, K., Maekawa, M.: Identification of *Darts* activated by 5azaC treatment in rice. 120th Meeting of The Japanese Society of Breeding. September 23-24, 2011, Fukui)
 - (8) 前川雅彦・西村秀希・氷見英子・飯田滋・榎根一夫：イオンビーム処理によるイネのDNAトランスポゾン，*Dart* の活性化．第120回日本育種学会，福井，9月23-24日，2011。(Maekawa, M., Nishimura, H., Himi, E., Iida, S., Tsugane, K.: Activation of *Dart*, DNA transposon, by Ion beam irradiation in rice. 120th Meeting of The Japanese Society of Breeding. September 23-24, 2011, Fukui)
 - (9) 前川雅彦：イネの内在性DNAトランスポゾン，*nDart1* の転移制御機構とその利用．第2回「生産科学セミナー」，石川県立大学，10月3日，2011。(Maekawa, M.: Mutants for rice grain and its utilization. The 2nd Industrial Sciences Seminar, Ishikawa Prefectural University, October 3, 2011, Nonoichi)
 - (10) Gichuhi, E. W., Himi, E., Maekawa, M.: Genotyping of LIA rice lines derived from the cross between MwM, an African wild species and T-65. Kenya Day, IPSR, October 21, 2011, Kurashiki.
 - (11) 前川雅彦：お米の突然変異と利用．平成23年度第9回食品栄養科学月例セミナー，静岡県立大学，11月29日，2011。(Maekawa, M.: Mutants for rice grain and its utilization. The 9th Food and Nutritional Sciences Seminar, University of Shizuoka, November 29, 2011. Shizuoka)

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

- (1) 河野 貴文・江崎文一：多種のストレス応答性シロイヌナズナ *AtGST11* 遺伝子の転写に関わる因子群の解析．日本植物生理学会年会，仙台，3月20-22日，2011。(T. Kouno. and Ezaki, B.: Characterization of the factors involved in the transcription of multi-stress-responsible *A. thaliana AtGST11* gene. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (2) 江崎文一・Jayaram Kottapalli・高橋憲公・東 藍子：Alストレスにおけるメリケンカルカヤ (*Andropogon virginicus* L) の4つの耐性機構とNO生成について．日本植物生理学会年会，仙台，3月20-22日 (Ezaki, B., Takahashi, K., Higashi, A. and Jayaram K.: Four tolerant mechanisms and NO production under Al stress in *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 20-22, 2011, Sendai)
- (3) 江崎文一・東 藍子・Jayaram Kottapalli：イネ科野生植物メリケンカルカヤ (*Andropogon virginicus* L) の5つのAlストレス耐性機構について．日本土壌肥科学会，筑波，8月8-10日，2011。(Ezaki, B., Higashi, A. and Jayaram, K.: Al tolerant mechanisms in a Poaceae wild plant, *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, August 8-10, 2011, Tsukuba)
- (4) 河野 貴文・西内 巧・江崎文一：アラビドプシス *AtGST11* 遺伝子の発現・応答に関わる転写調節因子群の単離と解析．日本植物細胞分子生物学会年会，福岡，9月6-8日，2011。(Kouno, T., Nishiuchi, T. and Ezaki, B.: Isolation and characterization of transcription factors involved in gene-expression and response mechanisms in *A. thaliana AtGST11* gene. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Cell Molecular Biology, September 6-8, 2011, Fukuoka)
- (5) 一色隆太郎・田中丸重美：サクラソウ属植物の耐凍性に関する研究—フラボノイドの影響．日本農業気象学会中国・四国支部大会，高松，11月11-12日，2011。(Issiki, R. and Tanakamaru, S.: Studies on freezing tolerance of Primura Plants. Annual Meeting of Chyugoku Shikoku Chapter of Society of Agricultural Meteorology of Japan, December 11-12, 2011, Takamatsu)
- (6) ラビヤ トリニアズ・田中丸重美：倉敷における酸性雨の動的解析．日本農業気象学会中国・四国支部大会，高松，11月11-12日，2011。(Rabiya, T. and Tanakamaru, S.: Studies on Acid rain in Kurashiki. Annual Meeting of Chyugoku Shikoku Chapter of Society of Agricultural Meteorology of Japan, December 11-12, 2011, Takamatsu)

研究所員が主催したシンポジウム等

(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)

International Plant and Animal Genome XXV Barley Workshop

January 15, 2011

Town & Country Hotel, San Diego, USA

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

1. Sequencing the barley genome in 2011
Gary Muehlbauer (Department of Agronomy and Plant Genetics, University of Minnesota)
2. Too many genes and pseudogenes: Runaway amplification of genic sequences in barley and wheat?
Thomas Wicker (Institute of Plant Biology, University Zurich)
3. We shall overcome: An incremental approach towards the barley genome
Klaus Mayer (MIPS, Helmholtz Center Munich)
4. Identifying a candidate for the barley grain dormancy QTL SD2
Shingo Nakamura (National Institute of Crop Science, Tsukuba)
5. CBF gene copy number variation and the role it plays in regulating expression of FR-2 CBF genes
Taniya Dhillon (Department of Horticulture and Crop Science, Ohio State University)

ワークショップ

植物機能の包括的理解を目指して

日程：平成 23 年 2 月 28 日

場所：岡山大学 資源植物科学研究所

テーマ：植物機能の包括的理解を目指して

オーガナイザー：平山隆志（岡山大・資源植物科学研究所）

1. 維管束形成の制御機構
出村 拓（奈良先端科学技術大学院大学）
2. 植物工場における体内時計制御工学
福田 弘和（大阪府立大学）
3. ヒメツリガネゴケの幹細胞化におけるエピゲノム解析
倉田 哲也（奈良先端科学技術大学院大学）
4. 時空間環境変動に対する植物の生態学的・集団遺伝学的応答解析
田中 健太（筑波大学）
5. 概日リズムと環境刺激応答
溝口 剛（筑波大学）
6. デュアル R 遺伝子システムの発見と分子育種への応用技術開発
鳴坂 真理, 鳴坂 義弘（岡山 RIBS）
7. 総合討論

Workshop

Towards the Comprehensive Understanding of Plant Systems

February 28, 2011

Okayama University, IPSR

Organizers: Takashi Hirayama (Okayama Univ., IPSR)

-
1. Molecular mechanisms of the vascular system development
Demura, T. (NAIST)
 2. Control engineering of biological clock in the plant factory
Fukuda, H. (Osaka Pref. Univ.)
 3. Epigenome analysis of *Physcomitrella patens*
Kurata, T. (NAIST)
 4. Ecological and population genetic approaches of the spatiotemporal fluctuation of plant stress response
Tanaka, K. (Tsukuba Univ.)
 5. Circadian rhythm and environmental stress response of plant
Mizoguchi, T. (Tsukuba Univ.)
 6. Identification of the Dual R-gene system and its application for molecular breeding
Narusaka, M. and Narusaka Y. (Okayama RIBS)
 7. Discussion

第 27 回資源植物科学シンポジウム並びに第 3 回植物ストレス科学研究シンポジウム

日程：平成 23 年 3 月 7 日～ 8 日

場所：倉敷市芸文館

オーガナイザー：馬 建鋒・鈴木信弘・坂本 亘（岡山大・植物研）

3 月 7 日

【植物遺伝資源】

1. ゲノミクスを背景としたイネ次世代育種法の開発にむけて
矢野 昌裕（農業生物資源研究所）
2. イネの DNA トランスポゾン, nDart によるタグラインの育成
前川 雅彦（岡山大学）
3. パンコムギにおけるストレス応答の機能ゲノム科学
萩原 保成（横浜市立大学）
4. オオムギ種子関連遺伝子の単離と解析
武田 真（岡山大学）

【植物ストレス科学】

5. ホウ酸トランスポーターの細胞膜内偏在とホウ素濃度に応じた分解制御
高野 順平（北海道大学）
6. ケイ素輸送体研究から見えてきたイネの節におけるミネラル分配の分子機構
山地 直樹（岡山大学）
7. イネ穂発芽耐性 QTL の解析
杉本 和彦（農業生物資源研究所）
8. 植物ホルモンの働きとストレス応答
平山 隆志（岡山大学）
9. 根面・根内微生物の機能性からみた熱帯植物の負荷土壌耐性戦略
橋床 泰之（北海道大学）

3 月 8 日

【植物ストレス科学】

10. かおりの生態学：植物揮発性成分が媒介する生物間の情報・相互作用ネットワーク
高林 純示（京都大学）
11. 植物病原菌の感染における特異性決定機構の解明
秋光 和也（香川大学）
12. 植物免疫応答における MAP キナーゼの役割
吉岡 博文（名古屋大学）

The 27th IPSR Symposium and Third Symposium on Plant Stress Science Research

March 7-8, 2011

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma, Nubuhiro Suzuki, Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama Univ.)

March 7

【Plant Resources】

1. Toward the development of genomics-based next generation breeding system in rice
Masahiro Yano (NIAS)
2. Development of *nDart1* (DNA transposon)-tagged lines in rice
Masahiko Maekawa (Okayama Univ.)
3. Functional genomics for stress responses in bread wheat
Yasunari Ogihara (Yokohama City Univ.)
4. Isolation and characterization of seed related genes in barley.
Shin Taketa (Okayama Univ.)

【Plant Stress Sciences】

5. Polar localization of boron transporter and regulation of boron-dependent degradation
Junpei Takano (Hokkaido Univ.)
6. Molecular mechanisms of mineral distribution at the rice node based on silicon transporter study
Naoki Yamaji (Okayama Univ.)
7. QTL analysis of panicle sprouting tolerance in rice
Kazuhiko Sugimoto (NIAS)
8. Functions of phytohormones and stress responses in plants
Takashi Hirayama (Okayama Univ.)
9. Strategies of tropical plants to adapt to adverse soil, using functionalities of their epiphytic and endophytic microorganisms in the roots
Yasuyuki Hashidoko (Hokaido Univ.)

March 8

【Plant Stress Sciences】

10. Plant volatiles ecology: plant volatiles drive information/interaction networks
Junji Takabayashi (Kyoto Univ.)
11. The mechanisms of specificity determination during infection of phytopathogenic fungi
Kazuya Akimitsu (Kagawa Univ.)
12. MAP kinases: their role in plant immune responses
Hirofumi Yoshioka (Nagoya Univ.)

Third Japan-China Joint Workshop on Plant Nutrition

March 27 - 29, 2011

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama Univ.)

March 27

1. Phytosiderophore efflux transporters crucial for iron acquisition in plants
Naoko Nishizawa (Ishikawa Prefectural Univ.)
2. Fe-deficiency-induced response and its regulation in strategy I plants
Shao Jian Zheng (Zhejiang Univ.)
3. Regulatory mechanism of iron deficiency response by the transcription factor IDEF1
Takanori Kobayashi (The University of Tokyo)
4. Iron xylem transport, the long and short of it

Rellan-Alvarez Ruben (CSIC)

5. Study of iron sensing focusing on primary root elongation in *Arabidopsis*
Ryoichi Araki (Suntory Foundation for Life Sciences)
6. OsYSL16 is a transporter of Cu-nicotianamine complex for Cu translocation in rice
Luqing Zheng (Okayama Univ.)
7. Roles of sulfur-responsive *cis*-acting elements in uptake and root to shoot transport of sulfate
Akiko Maruyama (Kyusyu Univ.)
8. Expression and functional characterization of putative high affinity nitrate transporters in rice
Guohua Xu (Nanjing Agricultural Univ.)
9. Metabolomics data reveal a crucial role of cytosolic glutamine synthetase 1;1 in coordinating metabolic balance in rice
Miyako Kusano (RIKEN Plant Science Center)
10. Nitrogen application and the rhizosphere microbe flora changes in wheat and faba bean intercropping system
Yi Zheng (Yunnan Agricultural Univ.)
11. Nitrate transporters in barley
Kuni Sueyoshi (Niigata Univ.)
12. Regulation of plant growth by bacterial volatile
Jun Murata (Suntory Foundation for Life Sciences)

March 28

13. Plant strategies of phosphorus uptake from unavailable forms
Jun Wasaki (Hiroshima Univ.)
14. HKT transporter-mediated K⁺ homeostasis in *Oryza sativa* plants
Tomoaki Horie (Shinshu Univ.)
15. Ionome analysis with global climate change
Takuro Shinano (National Agricultural Research Center for Hokkaido Region)
16. A novel mechanism of Boron-dependent regulation of gene expression: degradation of NIP5;1 mRNA through 5'UTR
Toru Fujiwara (The University of Tokyo)
17. Polar localization and endocytic degradation of boron transporters in *Arabidopsis thaliana*
Junpei Takano (Hokkaido Univ.)
18. Roles of 5'UTR in B-dependent translation of boron transporter in *Arabidopsis thaliana*
Kyoko Miwa (Hokkaido Univ.)
19. DNA damages are major cause of B toxicity and condensin II is required for reducing the damages
Takuya Sakamoto (The University of Tokyo)
20. Functional study of boron in root elongation of *Arabidopsis mur1*, a fucose-deficient mutant
Yingshi Liang (The University of Tokyo)
21. Isolation and characterization of mutants exhibiting the low activity of the plasma membrane H⁺-ATPase in *Arabidopsis* roots
Shinichi Inoue (Nagoya Univ.)
22. Characterization of open-stomata mutant *rtl1* exhibiting ABA-insensitive phenotype in stomatal guard cells
Tomo Tsuzuki (Nagoya Univ.)
23. Characterization of *in vitro* phosphorylation and dephosphorylation of the plasma membrane H⁺-ATPase
Yuki Hayashi (Nagoya Univ.)
24. Silicon in agriculture – from laboratory to field
Yongchao Liang (Chinese Academy of Agricultural Sciences)
25. Preferential Si distribution to the panicles mediated by transporters for inter-vascular transfer at rice node
Naoki Yamaji (Okayama Univ.)
26. Isolation and functional characterization of silicon transporters in two pumpkin cultivars contrasting in silicon accumulation
Namiki Mitani (Okayama Univ.)
27. Water transport and its transporters in rice and barley
Maki Katsuhara (Okayama Univ.)
28. Effects of nutrient deficiencies on the water relation in Figleaf gourd cellular level
Jiye Rhee (Okayama Univ.)
29. OSHMA3, a transporter limiting Cd accumulation in rice

-
- Daisei Ueno (Kochi Univ.)
30. Citrate-transporting MATE proteins play two different physiological roles in plants
Kengo Yokosho (Okayama Univ.)
31. The role of cell wall polysaccharides in Al toxicity/resistance in plants
Jianli Yang (Zhejiang Univ.)
32. The roles of flavonoid accumulation on strong aluminum-resistance in roots of woody plants
Hiroki Osawa (The University of Tokyo)
33. Identification of a cis-acting element for ART1, a transcription factor for Al tolerance in rice
Tomokazu Tsutsui (Okayama Univ.)
34. A gene encoding a cystein-rich peptide is involved in rice Al tolerance
Ji Xing Xia (Okayama Univ.)
35. Aluminium transporters in rice
Jian Feng Ma (Okayama Univ.)

平成 23 年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム

日程：平成 23 年 5 月 28 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所大会議室
講座名：地球環境と食糧生産

- | | | |
|-----------------------|-------|-----------|
| 1. 植物の成長を制御するイオンの輸送 | 佐々木孝行 | 資源植物科学研究所 |
| 2. 植物は劣悪環境にどう対応するのか | 平山 隆志 | 資源植物科学研究所 |
| 3. イネを元気にするケイ素とヒ素汚染問題 | 山地 直樹 | 資源植物科学研究所 |

Program of IPSR Open Lectures, Okayama University 2011

May 28, 2011, IPSR
Title: Global Environment and Food Production

- | | | |
|--|------------------|--------|
| 1. Ion transport involved in plant growth regulation | Takayuki Sasaki | (IPSR) |
| 2. How plants recognize and respond to unfavorable environment | Takashi Hirayama | (IPSR) |
| 3. Benefit of Silicon to rice growth and relation to arsenic pollution | Naoki Yamaji | (IPSR) |

第 3 回植物アクアポリン研究検討会

日程：平成 23 年 6 月 4 日
場所：倉敷市芸文館
オーガナイザー：且原真木（岡山大・植物研）

(口頭発表)

- オオムギの根水透過性とアクアポリンの浸透圧ストレス応答
且原 真木（岡山大学資源植物科学研究所）
- 原形質膜局在型アクアポリンの共発現による活性化の分子機構
柴坂三根夫（岡山大学資源植物科学研究所）
- 水稻の根の水伝導度を高めて葉の光合成速度を高める形質の遺伝子座
安達 俊輔（東京農工大学大学院連合農学研究科）
- 蒸散要求に対するイネのアクアポリンの発現応答性
村井 麻理（東北農業研究センター）
- ケイ酸トランスポーター Lsi1 は亜ヒ酸も亜セレン酸も輸送する
馬 建鋒（岡山大学資源植物科学研究所）

-
6. イネケイ酸輸送体 OsNIP2;1 の基質選択性の解析
三谷奈見季 (岡山大学資源植物科学研究所)
 7. シロイヌナズナホウ素輸送チャンネル *NIP5;1* 遺伝子のホウ素に応答した mRNA 蓄積の制御機構
田中 真幸 (東京大学農学生命科学研究科)
 8. 海生種子植物アマモにおける原形質膜アクアポリンの研究
塩田 肇 (横浜市立大学生命ナノシステム科学研究科)
 9. Hydrogen peroxide permeability of aquaporin in rice, barley and *Arabidopsis*
李 志芮 (岡山大学資源植物科学研究所)
 10. 湿度環境と根域温度がイネのアクアポリン発現量と成長に及ぼす影響
桑形 恒男 (農業環境技術研究所)
 11. イネアクアポリン OsPIP1 群の水透過性と環境ストレス耐性との関係
北川 良親 (台北川科学総合研究所)
 12. シロイヌナズナの PIP2;3 は高温ストレスに応答する
土平 絢子 (名古屋大学生命農学研究科)
 13. アクアポリンが光合成および水利用効率に与える影響
半場 祐子 (京都工芸繊維大学)
 14. アイスプラントアクアポリンの導入がタバコの光合成機能に果たす役割の評価
河瀬 美姫 (京都工芸繊維)
 15. シロイヌナズナの概日時計突然変異体を利用したアクアポリンの発現制御機構の研究
奈良 久美 (奈良女子大学)
 16. 登熟及び発芽時のイネ籾中におけるアクアポリンの動態
林 秀洋 (東北農業研究センター)
 17. 花と果実におけるアクアポリンの発現と役割
白武 勝裕 (名古屋大学生命農学研究科)

(ポスター発表)

1. 主要作物の細胞膜型及び液胞膜型アクアポリンの系統樹解析とイネとの比較
櫻井 (石川) 淳子 (東北農業研究センター)
2. 水生植物ヒルムシロ属植物における細胞膜型アクアポリン PIP 遺伝子の解析
小菅 桂子 (神戸大学理学研究科)
3. トマトにおけるアクアポリンの網羅的解析および新奇アクアポリン SIXIP の機能解析
秋山 真仁 (名古屋大学生命農学研究科)
4. イネ細胞膜型アクアポリン OsPIP1;1 と 2;1 の細胞内相互作用と局在制御
松本 直 (秋田県立大学 生物資源科学部)
5. オオムギにおける TIP ファミリーの特徴と機能解明へのアプローチ
宇都木繁子 (岡山大学資源植物科学研究所)
6. フィトクロム A の欠損によるアクアポリンの量や局在への影響を探るための試み
岡本 彩花・中林由香里 (奈良女子大学)
7. 中赤外半導体レーザー (QCL) を用いた、気孔と葉内の CO₂ 拡散の短期環境応答の測定 - PIP2 を過剰発現させたユーカリの組み換え体を用いた検証 -
児玉 直美 (農業環境技術研究所)
8. 群落スケールのイネの光合成速度と気孔コンダクタンスの関係
小野 圭介 (農業環境技術研究所)
9. イネの気孔コンダクタンス・光合成能の品種間差異と向上の可能性
近藤 始彦 (作物研究所)
10. アクアポリンの CO₂ 透過性
森 泉 (岡山大学資源植物科学研究所)
11. 浸透圧ストレス環境下におけるオオムギの水利用機能研究
辻 伸弥 (岡山大学資源植物科学研究所)
12. 亜ヒ酸輸送活性を持つイネおよびオオムギのアクアポリン
且原真木 (岡山大学資源植物科学研究所)

The 3rd research meeting for plant aquaporins

June 4, 2011, Kurashiki Geibunkan
Organizer: Maki Katsuhara (IPSR, Okayama Univ.)

(Oral presentation)

1. Root hydraulic conductivity in barley and stress response of aquaporins in barley
M. Katsuhara (IPSR, Okayama University)
2. Molecular mechanism of PIP-activation by co-expression
M. Shibasaka (IPSR, Okayama University)
3. Gene locus enhancing leaf photo-assimilation via high root hydraulic conductivity in rice
S. Adachi (Grad. School Agri. Tokyo Univ. Agri. Tech.,)
4. Expression response of rice aquaporins to the demand of evaporation
M. Murai (Tohoku Agri Res. Center, NARO)
5. Si-transporter Lsi1 also transports arsenite and selenite
J.F. Ma (IPSR, Okayama University)
6. Substrate-specificity of rice Si-transporter Lsi1
N. Mitani (IPSR, Okayama University)
7. Regulatory mechanism of mRNA boron-dependent accumulation according in *A. thaliana* NIP5;1
M. Tanaka (Grad. School Agri. Life Sci., University of Tokyo,)
8. PIP aquaporins of seagrass, *Zostera marina*
H. Shiota (Dep. Nanosystem Science, Yokohama City University)
9. Hydrogen peroxide permeability of aquaporin in rice, barley and *Arabidopsis*
Jiye Rhee (IPSR, Okayama University)
10. Effects of environmental humidity and root temperature on the expression of aquaporins and growth of rice
T. Kuwagata (Nat. Inst. Agro-environmental Sci.)
11. Wtare transport activities of rice OsPIP1 and stress tolerance
Y. Kitagawa (Kitagawa. Res. Inst.)
12. *A. thaliana* PIP2;3 responses to high temperature stress.
A. Tsuchihira (Grad, School Bioagri. Sci., Nagoya University)
13. Aquaporins on photosynthesis and water use efficiency
Y. Hanba (Kyoto Inst. Tech.)
14. Evaluation of photosynthetic functions in tobacco plants over-expressing an aquaporins gene from ice-plant
M. Kawase (Kyoto Inst. Tech.)
15. Regulation of aquaporins expression in biological clock mutant of *A. thaliana*
K. Nara (Nara Woman's University)
16. Dynamics of aquaporins in rice grain during the maturation and germination
H. Hayashi (Tohoku Agri Res. Center , NARO)
17. Expression and role of aquaporins in flowers and fruits
K. Shiratake (Grad, School Bioagri. Sci., Nagoya University)

(Poster Presentation)

1. Phylogenetic analysis of PIP and TIP aquaporins in major crops, and comparison with rice aquaporins
J. Sakurai-Ishikawa (Tohoku Agri Res. Center , NARO)
2. PIP genes in aquatic plants of *Potamogeton*
K. Kosuge (Grad. School Sci.)
3. Expression and functional analysis of whole novel aquaporin SLXIPs in tomato
S. Akiyama (Grad, School Bioagri. Sci., Nagoya University)
4. Intracellular interaction of rice OsPIP1;and 2;1, and regulation of their localization
N. Matsumoto (Biol. Sci., Akita Pref. University)
5. Characteristics and analysis of barley TIP family
S. Utsugi (IPSR, Okayama University)
6. Effect of phytochrome A deficiency on aquaporins accumulation and localization

-
- A. Okamoto, Y. Nakabayashi (Nara Woman's University)
7. Measurement of quick responses of stomatal and internal CO₂ conductance with a quantum cascade laser (QCL) - examinations with Eucalyptus trees over-expressing PIPs -
N. Kodama (Nat. Inst. Agro-environmental Sci.)
8. Stomatal CO₂ conductance and photosynthesis in rice community
K. Ono (Nat. Inst. Agro-environmental Sci.)
9. Differences of stomatal CO₂ conductance and photosynthesis among rice varieties
M. Kondo (Inst. Crop Science, NARO)
10. CO₂ permeability of aquaporins
I. Mori (IPSR, Okayama University)
11. Water transport of barley under osmotic stress
N. Tsuji (IPSR, Okayama University)
12. Barley aquaporins transporting arsenite
M. Katsuhara (IPSR, Okayama University)

The 2nd International Mycovirus Symposium in JAPAN

September 17-20, 2011

Otaru, Japan

Organizer: Nobuhiro Suzuki, Hideki Kondo, Kazuyuki Maruyama, Sotaro Chiba, Ana Eusebio-Cope
(IPSR, Okayama University)

1. Fungal virology: where have we been, where we are now, and where are we going
Bradley I. Hillman (Rutgers University)
2. Characterization of a novel chrysovirus, CnV1-BS122 in Korean *Cryphonectria nitschkei* BS122 strain
Dae-Hyung Kim (Chonbuk National University)
3. A novel mycoreovirus infects plant fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*
Daohong Jiang (Huazhong Agricultural University)
4. A hypovirus related to *Cryphonectria hypovirus 3* infects the plant pathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*
Daohong Jiang (Huazhong Agricultural University)
5. Genome characterization of a victorivirus and two mitoviruses co-infecting the phytopathogenic fungus *Sclerotinia nivalis*
Mingde wu (Huazhong Agricultural University)
6. A novel quadripartite dsRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*.
Yu-hsin Lin (IPSR, Okayama University)
7. Characterization of a novel bipartite dsRNA mycovirus, *Rosellinia necatrix* megabirnavirus 1 with virocontrol potential isolated from the white root rot fungus
Salaipeth Lakha (IPSR, Okayama University)
8. Novel mycoviruses in cultivated mushroom in Korea
Hyun-Sook Lee (Gyeongsang National University)
9. A novel mycovirus in an obligate biotroph arbuscular mycorrhizal fungus: a hidden player in mycorrhizal symbiosis
Tatsyhiro Ezawa (Hokkaido University)
10. Diversity and characterization of viruses in Spanish strains of *Beauveria bassiana*
Inigo Zabalgogea1 (Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca)
11. Transmission, curing, and identification of viruses in the entomopathogenic fungus *Tolypocladium cylindrosporium*
Inigo Zabalgogea1 (Institute of Natural Resources and Agrobiology of Salamanca)
12. Four unrelated RNA viruses of the oomycete plant pathogen that causes late blight of potato and tomato, *Phytophthora infestans*
Bradley I. Hillman (Rutgers University)
13. The presence of mycoviral double-stranded RNAs in *Alternaria alternata* Japanese pear pathotype causes the morphological changes to the host fungus
Kana Takeshita (Tokyo University of Agriculture and Technology)

-
14. Two mitoviruses in a single hypovirulent isolate of the plant pathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*
Mahmoud Khalifa (The University of Auckland)
 15. Double infection by cryptic mycoviruses conferring hypovirulence in the white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*
Atsuko Sasaki (National Institute of Fruit Tree Science, National Agricultural Research Organization)
 16. Heterogenic incompatibility and mycovirus transmission in *Rosellinia necatrix*
Kenichi Ikeda (Kobe University)
 17. Transmission of Botrytis virus X and Botrytis virus F and their phenotypic and metabolic effects in *Botrytis cinerea*
Mike Pearson (The University of Auckland)
 18. Mycophagous nematodes: potential mycovirus vectors
Takuo Sawahata (National Institute of Fruit Tree Science, National Agriculture and Food Research Organization)
 19. A novel colony-print immunoassay reveals differential patterns of distribution and horizontal transmission of four unrelated mycoviruses in *Rosellinia necatrix*
Hajime Yaegashi (Apple Research Station, National Institute of Fruit Tree Science, National Agriculture and Food Research Organization)
 20. Biochemical and functional analyses of viral proteins of Magnaporthe oryzae chrysovirus 1 (MoCV1) in rice blast fungus
Hiromitsu Moriyama (Tokyo University of Agriculture and Technology)
 21. Genome-wide expression profiling reveals transcriptional reprogramming in *Fusarium graminearum* by FgV-DK21 virus infection
Won Kyong Cho (Seoul National University)
 22. Proteomic dissection of the interplay between a hypovirus and its fungal host
Bao Chen (Guangxi University)
 23. Cryphonectria hypovirus 1 (CHV1) infection of *Cryphonectria parasitica*: evidence of indirect interaction with MAP kinase cascades and initial efforts to develop specific markers for CHV1 subcellular localization and cytopathology
Massimo Turina (Institute of Plant Virology, CNR)
 24. Molecular characterization of fungal host factor that responds to dsRNA mycovirus, FgV1-DK21
Moonil Son (Seoul National University)
 25. Genome rearrangement of a mycovirus *Rosellinia necatrix* Megabirnavirus 1 affecting its ability to attenuate the host fungus virulence
Satoko Kanematsu (Apple Research Station, National Institute of Fruit Tree Science, National Agriculture and Food Research Organization)
 26. Rearrangements of Mycoreovirus 1 S1, S2, and S3 induced by a multifunctional protein p29 encoded by the prototypic hypovirus CHV1-EP713
Liyang Sun (Zhejiang Academy of Agricultural Sciences)
 27. Mycoreovirus 1 rearrangements generated in a dcl2 deletion mutant of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*
Ana Eusebio-Cope (IPSR, Okayama University)
 28. Recombinant expression of the Botrytis virus X coat protein and development of an immuno-fluorescent method for the detection and intracellular localisation of Botrytis virus X in *Botrytis cinerea*
Mike Pearson (The University of Auckland)
 29. Spontaneous emergence of mycovirus-like double-stranded RNAs in the white root rot fungus *Rosellinia necatrix* in an apple orchard
Satoko Kanematsu (Apple Research Station, National Institute of Fruit Tree Science, National Agriculture and Food Research Organization)
 30. Ourmiaviruses, a plant virus genus with possible origin through genomic reassortment with mycoviruses of the family Narnaviridae
Massimo Turina (Institute of Plant Virology, CNR)
 31. Structural conservation of the double-stranded RNA genome between plant endornaviruses
Ryo Okada (Tokyo University of Agriculture and Technology)
 32. Evolutionary history of the family Partitiviridae: insight from viewpoint of paleovirology
Sotaro Chiba (IPSR, Okayama University)
 33. Cellular and population level anti-mycovirus defence mechanisms
Gil Choi (University of Maryland)

International Symposium on Management of Insecticide Resistance

September 19-22, 2011

Guiyang, China

Organizers: Shi Xueyan (China Agricultural University), Li Ming (Guizhou University)
and Shoji Sonoda (Okayama University)

1. Management of insecticide resistance development in diamondback moth, *Plutella xylostella* (L.)
Tadashi Miyata (Nagoya University) and Gang Wu (Fujian Agriculture and Forestry University)
2. Insecticide resistance monitoring of rice pests
Li Jianhong (Huazhong Agricultural University)
3. Sodium channel mutations associated with pyrethroid resistance and their frequencies in the field strains of the diamondback moth, *Plutella xylostella* L. collected at different Asian countries
Shoji Sonoda (Okayama University)
4. Control effect of seeds dressing with imidacloprid and thiamethoxam on wheat aphids and the residue dynamics in wheat leaves
Miao Jin, Du Zhen-Bao and Wu Yu-Qing (Henan Academy of Agricultural Sciences)
5. Gene expression profiling in the thiamethoxam resistant and susceptible B-biotype sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci*
Xie Wen, Zhang Youjun (Chinese Academy of Agricultural Sciences)
6. Asian rice planthoppers have developed species- and area-specific insecticide resistance since mid-2000s
Masaya Matsumura (National Agricultural Research Center for Kyushu Okinawa Region)
7. The status of insecticide resistance in Japanese domestic populations of the small brown planthopper, *Laodelphax striatellus* (Homoptera: Delphacidae) after a large oversea migration
Sachiyo Sanada-Morimura (National Agricultural Research Center for Kyushu Okinawa Region)
8. Driving effects of insecticides on the species exclusion between two invasive whiteflies
Pan Huipeng and Zhang Youjun (Chinese Academy of Agricultural Sciences)
9. Characterization of two prophenoloxidases in *Plutella xylostella*
Dong Wei, Tang Baozhen, Shoji Sonoda, Liang Pei, Gao Xiwu (China Agricultural University and Okayama University)
10. The metabolic resistance to pesticides of insect pests
Shi Xueyan, Gao Xiwu, Liang Pei and Song Dunlun (China Agricultural University)

28th IPSR International Symposium

October 7, 2011, Kurashiki Geibunkan Eye Theater

Crop Production in East Africa and Innovative Plant Stress Science

Organizer: Wataru Sakamoto and Maki Katsuhara (IPSR, Okayama Univ.)

1. Transposon activity and the erosion of genomic synteny
T. Wicker (Institute of Plant Biology, University Zurich, Switzerland)
2. Evaluation of stress induced-hydroxycinnamic acid amides of serotonin as nutraceuticals or pharmaceuticals
S-G. Lee (Bioenergy Research Institute, Chonnam National University, Korea)
3. Multilocational wheat trials in selecting for drought and acid soil tolerance in Kenya
P. Njau (Kenya Agricultural Research Institute, Njoro, Kenya)
4. International cooperation between Japan and Kenya in horticulture - Breeding, Production and Transportation
Y. Kubo (Grad. Sch. Natural Science and Technology, Okayama University, Japan)
5. Utilization of African wild species for productivity improvement under stress conditions in rice
M. Maekawa (Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, Japan)
6. Citrullus and Jatropha: Harnessing plant genetic resources for biomass production in Botswana
K. Akashi (Grad. Sch. Biological Sciences, Nara Institute of Science and Technology)
7. Finally- understanding stress tolerance through genomics
H. Bohnert (Department of Plant Biology and Department of Crop Sciences, University of Illinois, USA)

8. Strigolactone function and action: how can we reduce *Striga* infestation?

S. Yamaguchi (Grad. Sch. Life Sciences, Tohoku University; RIKEN Plant Science Center)

International Symposium “Strategies of Plants against Global Environmental Change”

December 8 - 10, 2011

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama Univ.)

December 8

1. How does deepwater rice escape from flood?

Motoyuki Ashikari (Nagoya Univ.)

2. Internal aeration of submerged rice and wetland plants: leaf gas films, underwater photosynthesis, and oxygen transport to roots

Tim Colmer (The University of Western Australia)

3. Molecular mechanism of formations of aerenchyma and a barrier to radial oxygen loss in plant roots

Mikio Nakazono (Nagoya Univ.)

4. Flooding tolerance: escape or quiescence

Rens Voesenek (Utrecht Univ.)

5. Transcriptional profiling during formation of a barrier to radial oxygen loss in rice (*Oryza sativa* L.)

Katsuhiko Shiono (Fukui Prefectural Univ.)

December 9

6. Phytochrome nuclear bodies and light signaling in plants

Meng Chen (Duke Univ.)

7. The molecular mechanism of growth regulation by phytochrome

Akira Nagatani (Kyoto Univ.)

8. PIF proteins control elongation growth in response to changes in the environment

Christian Fankhauser (University of Lausanne)

9. Regulation of stomatal opening by FT

Toshinori Kinoshita (Nagoya Univ.)

10. Phytochrome B signal transduction in Arabidopsis

Tomonao Matsushita (Kyusyu Univ.)

11. Plants responses to increasing metal concentrations in soil

Steve McGrath (Rothamsted Research Centre)

12. Two Arabidopsis ABC transporters important for tolerance to As, Hg and Cd

Youngsook Lee (POSTECH-UZH Cooperative Laboratory)

13. Regulatory networks of gene expression in abiotic stress response and applications for stress tolerance in plants

Kazuko Yamaguchi-Shinozaki (The University of Tokyo)

14. Strategies of plants to cope with Al toxicity on acid soils

Jian Feng Ma (Okayama Univ.)

15. Changes in mRNA stability associated with cold stress response

Yukako Chiba (Hokkaido Univ.)

16. Morphogengineering with auxin

Veronica Grieneisen (John Innes Centre)

17. Transportations of self-driven particles – Introduction to Jamology –

Katsuhiko Nishinari (The University of Tokyo)

18. Phloem transportation model in plant networks

Francois Feugier (Hokkaido Univ.)

19. Identification of genes controlling adaptation of annual growth rhythm in the conifer Norway spruce

Ulf Lagercrants (Uppsala Univ.)

-
20. Studying gene function 'in natura' : Robust control of a flowering-time gene to detect seasons
Hiroshi Kudoh (Kyoto Univ.)

December 10

21. Cell proliferation and differentiation in Arabidopsis are directly linked through the action of the plant homolog of the tumor suppressor protein retinoblastoma
Arp Schnittger (CNRS, France)
22. GIGAS CELLS1, a novel negative regulator of APC/C, is required for proper mitotic progression and cell fate determination in Arabidopsis thaliana
Masaki Ito (Nagoya Univ.)
23. UPB1, which controls transition from proliferation to differentiation in the root tip
Hironaka Tsukagoshi (Nagoya Univ.)
24. Transcriptional control of plant cell growth
Christian Breuer (RIKEN Plant Science Center)
25. Evolution of a cell growth mechanism: genetic regulation and environmental control
Liam Dolan (Oxford Univ.)

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)

研究所教員名 (Corresponding staff)	所属機関・部局 (Institution, Department)	職名 (Position)	氏名 (Name)
	課題名 (Subject title)		
坂本 亘 (Sakamoto, W.)	島根大学・生物資源科学部 (Shimane University, Faculty of Life and Environmental Science)	教授 (Professor)	石川 孝博 (Ishikawa, T.)
	シロイヌナズナ APX 変異体を用いたレドックスシグナル伝達機構の解析 (Analysis of redox signal transduction using Arabidopsis APX mutant)		
	静岡大学・理学部 (Shizuoka University, Faculty of Science)	准教授 (Associate Professor)	天野 豊己 (Amano, T.)
	葉緑体タンパク質の FtsH プロテアーゼによるストレス時における分解機構 (Degradation mechanism of chloroplast FtsH protease under stress condition)		
	広島大学・理学研究科 (Hiroshima University, Faculty of Science)	教授 (Professor)	草場 信 (Kusaba, M.)
	イネ stay-green 突然変異原因遺伝子 NYC4 の生理・生化学的研究 (Physiological and biochemical analysis of NYC4 gene of rice stay green mutant)		
	大阪大学・大学院理学研究科 (Osaka University, Graduate School of Science)	准教授 (Associate Professor)	高木 慎吾 (Takagi, S.)
	ミトコンドリア・葉緑体共局在の生理学的意義の解明 (Co-localization of mitochondria and chloroplasts and its physiological relevance to stresses in Arabidopsis mesophyll cells)		
	京都産業大学・総合生命科学部 (Kyoto Sangyo University, Faculty of Life Science)	教授 (Professor)	寺地 徹 (Terachi, T.)
葉緑体の遺伝子組換え技術を利用したストレス耐性植物の育成 (Chloroplast transformation technology and its practical use for generating stress-resistant plants)			
坂本 亘・ 松島 良 (Sakamoto, W. and Matsushima, R.)	鳥取大学・農学部 (Tottori University, Faculty of Life Science)	准教授 (Associate Professor)	上中 弘典 (Kaminaka, H.)
	菌根菌共生及び無葉緑植物における共生関連因子とストレス応答 (Factors and stress responses associated with symbiosis of Mycorrhizae with the achlorophyllous monotropoid plant)		
平山 隆志 (Hirayama, T.)	岡山大学・自然科学研究科 (Okayama University, Faculty of Science)	助教 (Assistant Professor)	本瀬 宏康 (Motose, H.)
	植物の NimA 関連キナーゼのストレス応答と形態形成における機能解析 (Functional analysis of NimA-related protein kinases in stress response and morphogenesis)		
	筑波大学・遺伝子実験センター (University of Tsukuba., Gene Research Center)	准教授 (Associate Professor)	溝口 剛 (Mizoguchi, T.)
連続光ストレス（強光及び弱光）への応答反応に関する研究 (Analysis of the response to constant light conditions)			
平山 隆志・ 森 泉 (Hirayama, T. and Mori, I.)	広島大学・生物圏科学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Biosphere Science)	助教 (Assistant Professor)	中川 直樹 (Nakagawa, N.)
	ミトコンドリア関連変異による、環境シグナル応答修飾機構の研究 (Analysis of the effects of mitochondrial dysfunction on environmental stress responses)		
森 泉 (Mori, I.)	大阪医科大学・医学部 (Osaka Medical College, Faculty of Medicine)	講師 (Lecturer)	原田 明子 (Harada, A.)
	Ca ²⁺ シグナルに着目した強光ストレス応答反応の分子機構に関する研究 (Studies on Ca ²⁺ signaling mechanisms in light stress)		
	東北大学・大学院工学研究科 (Tohoku University, Graduate School of Engineering)	教授 (Professor)	魚住 信之 (Uozumi, N.)
シロイヌナズナ孔辺細胞で機能するイオンチャネルの輸送活性の解析 (Analysis of ion channel activities in Arabidopsis guard cells)			

馬 建鋒 (Ma, J. F.)	京都大学・生存圏研究所 (Kyoto University, Research Institute for Sustainable Humanosphere)	教授 (Professor)	矢崎 一史 (Yazaki, K.)
	共生窒素固定に応答するミヤコグサ膜輸送体の機能解析 (Functional analysis of a membrane transporter inducible during SNF in <i>Lotus japonicus</i>)		
	農業・食品産業技術総合研究機構作物研究所 (National Agriculture and Food Research Organization, Institute of Crop Science)	主任研究員 (Senior researcher)	廣瀬 咲子 (Hirose, S.)
	遺伝子組換えイネによるヒ素のファイトレメディエーション技術の開発 (Development of transgenic rice for As phytoremediation)		
	北海道大学・創成研究機構 (Hokkaido University, Creative Research Institution)	特任助教 (Specially Appointed Assistant Professor)	三輪 京子 (Miwa, K.)
	ホウ酸輸送体発現上昇による作物へのホウ素栄養ストレス付与 (Enhanced crop B stress tolerance by increasing expression level of B transporters)		
	島根大学・生物資源科学部 (Shimane University, Faculty of Life and Environmental Science)	助教 (Assistant Professor)	秋廣 高志 (Akihiro, T.)
	ヒ素およびカドミウムの輸送に関わる新規トランスポーターの機能解析 (Functional characterization of novel arsenic and cadmium transporters)		
馬 建鋒・ 山地 直樹 (Ma, J. F. and Yamaji, N.)	新潟大学・自然科学系 (農学部) (Niigata University, Faculty of Agriculture)	准教授 (Associate Professor)	末吉 邦 (Sueyoshi, K.)
	硝酸輸送系を介した低窒素ストレスに対する植物の応答機構の解明 (Study of response mechanisms to nitrogen-starvation stress through nitrate transport system in plants)		
	高知大学・教育研究部 (Kochi University Research and Education Faculty)	准教授 (Associate Professor)	上野 大勢 (Ueno, D.)
	イネの高マンガン耐性に関する輸送体の同定 (Identification of transporters involved in high Mn tolerance in rice)		
山本 洋子・ 佐々木孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	京都大学・生存圏研究所 (Kyoto University, Research Institute for Sustainable Humanosphere)	助教 (Assistant Professor)	杉山 暁史 (Sugiyama, A.)
	ミヤコグサ根粒内で機能する ALMT の生理的役割 (Physiological roles of ALMT functioning in nodules of <i>Lotus japonicus</i>)		
	広島大学・大学院生物圏科学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Biosphere Science)	准教授 (Associate Professor)	和崎 淳 (Wazaki, J.)
	リン欠乏誘導型膜輸送タンパク質の機能の解明と応用 (Analyses and applications for transport proteins induced by phosphate-deficiency)		
	京都府立大学・大学院生命環境科学研究科 (Kyoto Prefectural University, Graduate School of Life and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	椎名 隆 (Shiina, T.)
	植物の病害・ストレス応答と葉緑体 Ca ²⁺ シグナル (Biotic and abiotic stress responses in plants and chloroplast Ca ²⁺ signaling)		
佐々木孝行・ 山本 洋子 (Sasaki, T. and Yamamoto, Y.)	愛媛大学・無細胞生命科学工学研究センター (Ehime University, Cell-Free Science and Technology Research Center and Venture Business Laboratory)	教授 (Professor)	戸澤 譲 (Tozawa, Y.)
	膜輸送体蛋白質の合成と機能解析 (In vitro synthesis and functional analyses for the membrane transporter proteins)		
且原 真木 (Katsuhara, M.)	京都府立大学・大学院生命環境科学研究科 (Kyoto Prefectural University, Graduate School of Life and Environmental Sciences)	助教 (Assistant Professor)	森田 重人 (Morita, S.)
	イネのカリウム/ナトリウム輸送体 HKT と HAK の耐塩性における機能の解析 (Functional analysis of potassium and sodium transporter HKTs and HAKs in rice)		

且原 真木 (Katsuhara, M.)	奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科 (Nara Institute of Science and Technology, Graduate School of Biological Sciences)	特任准教授 (Specially Appointed Associate Professor)	深尾陽一朗 (Fukao, Y.)
	シロイヌナズナ根における ABC 輸送体 PDR9 の機能解析 (Functional analysis of an ABC-transporter PDR9 in <i>Arabidopsis</i> roots)		
	東京農業大学・生物産業学部 (Tokyo University of Agriculture, Faculty of Bioindustry)	助教 (Assistant Professor)	坂本 光 (Sakamoto, H.)
	アッケシソウの塩依存的生育に関する遺伝子のクローニング (Cloning of genes corresponding to salt-dependent growth of <i>Salicornia europaea</i>)		
鈴木 信弘 (Suzuki, N.)	宮城大学・食産業学部 (Miyagi University, School of Food, Agricultural and Environmental Sciences)	准教授 (Associate Professor)	笠原 紳 (Kasahara, S.)
	クリ胴枯病菌 MAPK 信号伝達経路とマイコウイルス複製・病徴発現との関係 (Roles for MAPK signaling cascades of the chestnut blight fungus in replication and symptom expression of mycoviruses infecting it.)		
鈴木 信弘・ 近藤 秀樹 (Suzuki, N. and Kondo, H.)	愛媛大学・農学部 (Ehime Univ., Faculty of Agriculture)	教授 (Professor)	西口 正通 (Nishiguchi, M.)
	シロイヌナズナにおけるトバモウイルス病徴決定因子の単離と解析 (Isolation and characterization of host factors responsible for symptom induction in <i>Arabidopsis</i> <i>thaliana</i> by tobamoviruses)		
谷 明生 (Tani, A.)	京都大学・大学院農学研究科 (Kyoto Univ., Graduate School of Agriculture)	教授 (Professor)	阪井 康能 (Sakai, Y.)
	植物表層に棲息する C1 微生物の分離と植物 - 微生物間相互作用の解析 (Isolation of C1 microorganisms inhabiting phyllosphere, and analysis of plant-microbe interaction)		
	静岡大学・工学部 (Shizuoka University, Faculty of Engineering)	教授 (Professor)	金原 和秀 (Kinbara, K.)
	植物成長を促進する微生物を利用した廃水循環による水耕栽培技術の開発 (Development of plant hydroponic cultivation technique utilizing plant-growth promoting bacteria and wastewater circulation.)		
佐藤 和広 (Sato, K.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe Univ., Graduate School of Agricultural Science)	教授 (Professor)	土佐 幸雄 (Tosa, Y.)
	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> の構造解明 (Identification of structure on complex locus <i>Rmo2</i> showing various resistance reactions to barley)		
	金沢大学・学際科学実験センター (Kanazawa University, Advanced Science Research Center)	准教授 (Associate Professor)	西内 巧 (Nishiuchi, T.)
	シロイヌナズナで解明された赤かび病抵抗性遺伝子のオオムギへの応用展開 (Advanced research in barley on Fusarium resistance gene identified in <i>Arabidopsis</i>)		
	理化学研究所・植物科学研究センター (RIKEN Plant Research Center)	研究員 (Researcher)	澤田 有司 (Sawada, Y.)
	オオムギのメタボロームの QTL 解析 (QTL analysis on barley metabolome)		
	京都大学・農学研究科 (Graduate School of Agriculture, Kyoto University)	助教 (Assistant Professor)	那須田周平 (Nasuda, S.)
	オオムギゲノミクスに立脚したコムギゲノム解析基盤の構築 (Construction of basis of wheat genomic analysis based on barley genomics)		
佐藤 和広・ 最相 大輔 (Sato, K. and Saisho, D.)	理化学研究所・植物科学研究センター (RIKEN Plant Research Center)	上級研究員 (Senior Scientist)	持田 恵一 (Mochida, K.)
	オオムギのゲノムワイド多様性解析による有用遺伝子探索 (Gene discovery by genome wide variation analysis in barley)		
最相 大輔・ 佐藤 和広 (Saisho, D. and Sato, K.)	福井県立大学・生物資源学部 (Fukui Prefectural University, The Faculty of Biotechnology)	准教授 (Associate Professor)	松岡 由浩 (Matsuoka, Y.)
	タルホコムギの耐塩性ナチュラルバリエーション (Natural variation for salt tolerance in <i>Aegilops tauschii</i> Coss)		

武田 真 (Taketa, S.)	県立広島大学・生命環境学部 (Prefectural University of Hiroshima, Faculty of Life and Environmental Sciences)	准教授 (Associate Professor)	福永 健二 (Fukunaga, K.)
	アワ <i>PPO</i> 遺伝子の品種間多様性とオオムギ <i>PPO</i> 遺伝子との比較 (Varietal variation of <i>PPO</i> genes in foxtail millet and comparison with barley <i>PPO</i> genes)		
武田 真・ 佐藤 和広 (Taketa, S. and Sato, K.)	三重大学・大学院生物資源学研究科 (Mie University, Graduate School of Bioresources)	教授 (Professor)	掛田 克行 (Kakeda, K.)
	オオムギ皮裸性遺伝子 (<i>Nud</i>) の機能と分化に関する研究 (Function and differentiation of barley covered/naked caryopsis gene (<i>Nud</i>))		
長岐 清孝・ 村田 稔 (Nagaki, K. and Murata, M.)	関西福祉科学大学・健康福祉学部 (Kansai University of Welfare Sciences, Department of Nutritional Science for Well-being)	教授 (Professor)	山本 真紀 (Yamamoto, M.)
	ネギ属植物における動原体配列の解析と人工染色体の作出 (Analyses of centromeres and construction of artificial chromosomes in <i>Allium</i> specie)		
前川 雅彦 (Maekawa, M.)	基礎生物学研究所・個別研究 (National Institute for Basic Biology, Tsugane Group)	助教 (Assistant Professor)	榎根 一夫 (Tsugane, K.)
	内在性 DNA トランポゾンを用いた逆遺伝的手法による環境耐性イネの作出 (Development of environmental stress- tolerant rice by reverse genetic method using endogenous DNA transposon)		
	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	講師 (Lecturer)	高原 浩之 (Takahara, H.)
	環境微生物に対するイネ変異系統の選抜と遺伝子の同定 (Screening of rice transposon-tagged lines showing specific interaction to environmental microbes)		
江崎 文一 (Ezaki, B.)	吉備国際大学・保健福祉研究所 (Kibi International University, Research Institute of Health and Welfare)	教授 (Professor)	加納 良男 (Kanou, Y.)
	高い金属資源回収能をもつヒョウタンゴケ変異体の研究 (Study of high recovery of metal resources in the mutants of <i>Funaria hygrometrica</i>)		

Annual Report 2011

Director: Minoru Murata

Editorial Members: Sanae Rikiishi
Yuko Yamashita
Shoji Sonoda

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19巻 (Annual Report 2011)

平成24年3月25日 印刷

平成24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
山下 優子
園田 昌司

印刷所 昭和印刷株式会社



岡山大学