

岡山大学 資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2014)
— 第22卷 —



創立100周年

100th Anniversary

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）：

1915年当時の研究所員(左)

Members of the Ohara Institute in 1915 (left panel)

現在の研究所員(右)

Members of Institute of Plant Science and Resources in 2014 (right panel)



INSTITUTE OF PLANT SCIENCE AND RESOURCES, OKAYAMA UNIVERSITY

岡山大学 資源植物科学研究所

当研究所は2014年に創立100周年を迎えました。我々は近い将来に起こると予想される食糧、資源、環境問題を解決するため、資源生物の未知の能力を開発し、利用するための基礎となる研究や実用化するための研究を進めています。

In 2014, the Institute celebrated 100th Anniversary of its establishment. In the future, shortage of food is expected to occur due to continuous growth of human population and global environmental changes. This institute conducts basic and applied research closely associated with development and use of novel plant bioresources to find practical approaches in solving the worldwide environmental challenges.

【研究所の歴史】

当研究所は、大原孫三郎氏によって、大正3年(1914年)に財団法人大原奨農会農業研究所として設立されました。“深遠なる学理を研究し、これが実際の応用に依る農事の改善”との理念を掲げ、農民の福祉向上を目指しました。

初代所長の近藤萬太郎博士は作物種子学の権威であり、30年以上に渡って所長職を務め、世界に知られる研究所に育て上げました。



大原孫三郎氏



近藤萬太郎博士



昭和4年に財団法人大原農業研究所と改称し、私立の研究所として存続しましたが、第二次世界大戦後の農地改革により財政基盤を失い、昭和27(1952)年に岡山大学に移管されました。昭和28(1953)年には、岡山大学農業生物研究所(初代所長：西門義一博士)と名称を変え、国立大学附置研究所となりました。昭和63(1988)年には、資源植物科学研究所への改組、さらに、平成22年(2010)には「資源植物科学研究所」と改組し、現在に至ります。



【研究所ゆかりの偉人たち】

植物研ホームページ-植物研ゆかりの偉人たち-より改定

当初は基礎研究だけではなく、多くの農産物の品種を育成しました。当時地元の人たちは研究所のことを「農園」と呼んで親しんでいました。(園芸部の小山益太氏は現在の向山を開墾して果樹園を作り、桃栽培をはじめとした技術指導を行いました。小山氏の功績を記念して大原氏により設立された向山の小山楽山翁石碑は、当研究所100周年記念事業の一環として所内に移転予定です。)

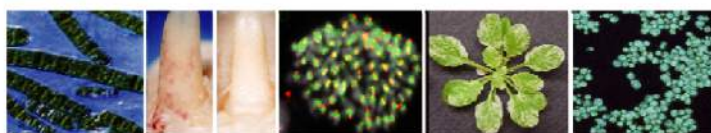
研究所の100年の歴史の中で、日本の農業科学の基礎を作った偉人が多く輩出されました。種子学を確立した初代所長、近藤萬太郎氏、オオムギの種子保存に尽力した高橋隆平氏、イタイイタイ病の原因がカドミウムであることを突き止めた小林純氏、ケイ素の有益効果を世界で初めて発見した小野寺伊勢之助氏、イネ研究の第一人者、岡彦一氏、土壌微生物研究の先駆者、板野新夫氏、等々です。

【現在の研究所】

平成21年、文部科学大臣による新しい認定制度により、本研究所は“植物遺伝資源・ストレス科学研究拠点”として認定され、最先端の設備が整備されています。



植物ストレス科学共同研究コア、次世代作物共同研究コアと大麦・野生植物資源研究センターのもと5つの研究ユニット(大気環境ストレス、土壌環境ストレス、環境生物ストレス、遺伝資源、ゲノム育種)を置き、国内外の研究者と連携し、劣悪環境でも生育可能な作物の創出に向けた基礎研究と実用化に向けた研究を推進しています。



研究活動目次 Contents of Research Activities

研究活動 (Research Activity)

植物ストレス科学共同研究コア (Research Core for Plant Stress Science)

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

光環境適応研究グループ (Plant Light Acclimation Research Group)	1
---	---

環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)	2
---	---

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)	3
---	---

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)	4
--	---

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)	5
---	---

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)	6
---	---

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)	7
--	---

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

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)	8
---	---

遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)	9
--	---

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)	10
---	----

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)	11
--	----

ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)	12
---	----

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

萌芽的・学際的新展開グループ (Innovative Research Group)	13
---	----

国際的新展開グループ (International Collaboration Group)	14
---	----

構成員 (Staff)	15
----------------	----

出版物リスト (List of Publication)	20
---------------------------------	----

国際会議およびシンポジウム (List of International Conferences and Symposia)	26
---	----

講演およびシンポジウム発表 (List of Domestic Conferences and Symposia)	31
--	----

研究所員が主催したシンポジウム等 (List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	43
--	----

学会賞等 (Awards)	56
------------------	----

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)	57
--	----

資源植物科学研究所 創立100周年記念事業 (Events for 100th Anniversary of Institute of Plant Science and Resources)	63
---	----

研究活動 (Research Activity)

大気環境ストレスユニット 光環境適応研究グループ

(Atmospheric Stress Unit) Plant Light Acclimation Research Group

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

1. リン酸化による光化学系IIタンパク質分解制御

葉緑体チラコイド膜にある光化学系IIは光エネルギー転換の初期反応を担う重要な光合成装置であるが、光による傷害を最も受けやすい。その結果光化学系IIは「光阻害」を引き起こし、植物の生育を阻害するが、植物は光阻害を避けるための様々なメカニズムを備えている。我々は光化学系IIの恒常性維持に関わる品質管理システム、特にタンパク質分解酵素に注目し、反応中心タンパク質D1で起きるタンパク質リン酸化が、分解制御に重要であることを明らかにした。つまり植物は、D1のリン酸化により過剰なD1分解産物の蓄積とそれに伴う活性酸素種の生成を抑え、より安全な経路でD1タンパク質を分解している。D1リン酸化は古くから知られていたが、その役割については長く議論が続いていた。我々の結果により、光化学系II分解修復サイクルにおけるリン酸化の重要性が明らかになった。

2. 葉緑体膜の修復に関わるタンパク質VIPP1の解析

葉緑体は過剰な光エネルギーで脂質やタンパク質が損傷を受けやすいため、それらを緩和して環境に適応するための様々なしくみを発達させている。特に、葉緑体膜が損傷を受けやすいが、それらを保持する機能については明らかでない。我々は、VIPP1と呼ばれる葉緑体のタンパク質が、損傷を受けた葉緑体の膜を修復しながら葉緑体機能維持に関わっていることを明らかにした。VIPP1は、葉緑体内包膜に局在して大きな複合体を形成し、ストレス条件での膜修復に関与していることも明らかにした。このタンパク質を強化することで、葉緑体での光合成能を強化させ、環境ストレスに強い作物の育成を目指している。

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。我々はこれまでに花粉においてオルガネラDNA分解を担う分解酵素(DPD1エキソヌクレアーゼ)を同定しているが、その他の組織における寄与の詳細は分かっていない。そこで、老化に伴って観察されるオルガネラDNAの分解機構についてシロイヌナズナ突然変異体を用いて解析を行っている。その結果、葉緑体DNAが葉の老化で積極的に分解されており、DNAをターゲットとする新たな養分転流の仕組みがあることがわかった。dpd1突然変異体はステイググリーンを示し、葉老化における葉緑体遺伝子発現の抑制が遅延することも明らかとなった。

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

澱粉粒は、植物が光合成産物として色素体内に蓄積するグルコース多量体である。澱粉粒の大きさや形状は植物種によって異なっている。その形状を決定する分子機構は現在まで不明である。今年度は、澱粉粒の大きさを制御する新たなタンパク質を同定した。

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

1. Phosphorylation of photosystem II core proteins

contributes to the fine-tuned repair of photosystem II
Photosystem II (PSII) is a primary target for light-induced damage in photosynthetic protein complexes. To avoid photoinhibition, chloroplasts have evolved a repair cycle with efficient degradation of the PSII reaction center protein, D1, by the proteases FtsH and Deg. Earlier reports have described that phosphorylated D1 is a poor substrate for proteolysis, suggesting a mechanistic role for protein phosphorylation in PSII quality control, but its precise role remains elusive. We found that PSII core phosphorylation prevents undesirable cleavage of D1 by Deg proteases, which causes cytotoxicity, thereby balancing efficient linear electron flow and photo-oxidative damage. We propose that PSII core phosphorylation contributes to fine-tuned degradation of D1 to prevent photoinhibition.

2. Essential role of VIPP1 in chloroplast envelope maintenance in Arabidopsis

VESICLE-INDUCING PROTEIN IN PLASTIDS1 (VIPP1), proposed to play a role in thylakoid biogenesis, is conserved in photosynthetic organisms and is closely related to Phage Shock Protein A (PspA), which is involved in plasma membrane integrity in *Escherichia coli*. This study showed that chloroplasts/plastids in *Arabidopsis thaliana vipp1* knockdown and knockout mutants exhibit a unique morphology, forming balloon-like structures. This altered morphology, as well as lethality of *vipp1*, was complemented by expression of VIPP1 fused to green fluorescent protein (VIPP1-GFP). Several lines of evidence show that the balloon chloroplasts result from chloroplast swelling related to osmotic stress, implicating that VIPP1 is involved in the maintenance of plastid envelopes. Our data demonstrate that VIPP1 is a multifunctional protein in chloroplasts that is critically important for envelope maintenance.

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during plant senescence

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

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

Starch is a biologically and commercially important polymer of glucose and is synthesized to form starch grains (SGs) inside the plastids (amyloplasts). Despite the simple composition of glucose polymer, SG exhibits various morphologies and sizes depending on the 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 and sizes.

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

1. ABA応答に関わる因子、細胞機能に関する研究

植物ホルモンのアブシジン酸(ABA)は、非生物的ストレス応答において非常に重要な役割を担っている。この植物ホルモンの作用機作を理解するためにシロイヌナズナを用いて分子遺伝学的解析を行っている。これ迄の研究からミトコンドリアのmRNAのpoly(A)鎖長を調節に直接関わるAHG2(poly(A)特異的RNA分解酵素)およびAGS1(poly(A)ポリメラーゼ)の機能は、間接的にABAおよびサリチル酸応答に関わることを明らかにしている。これらの因子と相互作用する因子を植物体から精製し、それらを同定した。また種子のABA応答に関わるPP2CのAHG1と相互作用する因子の解析を行い、結合に必要な部位の同定、その変異遺伝子、ABA誘導性遺伝子発現における影響を明らかにした。

2. 二酸化炭素透過タンパク質に関する研究

気孔を介して、大気中からとりこまれた二酸化炭素が光合成の場である葉緑体に到達するまでにはいくつかの抵抗が存在する。近年、とりわけ葉肉細胞原形質膜・葉緑体配置、葉緑体包膜に起因する、二酸化炭素に対する葉肉抵抗の調節機構が注目されている。本研究では、原形質膜結合性二酸化炭素透過性アクアポリンの分子を同定した。これまでの報告ではPIP1型アクアポリンが二酸化炭素を透過し、PIP2型アクアポリンは二酸化炭素を透過しないとされていたが、オオムギPIP2型の5分子種のうち4分子種が二酸化炭素を透過することを明らかにした。

3. 環境変化によるトランスポゾン活性化機構の研究

植物では環境条件の変化により、トランスポゾンが活性化することが知られているが、その機構については殆ど知られていない。そこで、シロイヌナズナを用いて高温ストレス下でのトランスポゾンの活性化に着目し、遺伝学的スクリーニングを行うことにより、トランスポゾン制御に関わる変異体を単離し、トランスポゾン活性化機構の解明を試みている。

Our research aim is to understand the molecular system against abiotic stress in plants at levels from gene expression to individual behavior. Our main interest is in plant hormone response systems and we analyzed the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2014 are as follows.

1. Analysis of components involved in the ABA response.

To understand the ABA response mechanisms, we have been studying ABA-related mutants of *Arabidopsis*. We identified two important components for mitochondrial mRNA stability, AHG2/PARN and AGS1/PAP. Imbalance between them causes ABA and salicylic acid hypersensitivity, suggesting that this mechanism is somehow related to stress responses. We have identified interactors for these proteins by co-precipitation analysis. We also identify an interacting protein for ABA-related PP2C, AHG1. We identified the domain and residues for interactions and examined the effect of the mutations on these residues on the physiological functions.

2. A study on carbon dioxide-permeable proteins

Several kinds of resistance exist in the pathway of carbon dioxide flow from atmosphere to chloroplasts, where carboxylation occurs during photosynthesis. Recently, studies on mesophyll carbon-dioxide resistance, consisting of mesophyll plasma membrane, chloroplast placement and chloroplast envelopes, are emerging. In this study, we identified carbon dioxide-permeable plasma membrane-associated aquaporins (coaporins) in the barley genome. Previously, PIP1 aquaporins were proposed to permeate carbon dioxide but not PIP2 aquaporins. However, this study revealed that 4 molecular species out of 5 PIP2 aquaporins of barley permeate carbon dioxide.

3. Analysis of the mechanism of transposon activation responding to environmental changes

In plants, a particular environmental change has been known to lead to the transposon activation. However, the mechanism of transposon activation remains unknown. To understand the mechanism, we focused on transposon activation by heat stress in *Arabidopsis*, and screened the mutants affecting the transposon activation after heat stress.

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・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. 有害ミネラル集積に関与する遺伝子の同定

イネのヒ素集積に関与する遺伝子*OsABCC1*を同定した。*OsABCC1*は根や節などの組織で発現し、そのタンパク質は分散維管束篩部などの液胞膜に局在していた。*OsABCC1*遺伝子を破壊すると、ヒ素毒性に対する感受性が高まった。また節のヒ素集積は減少したが、種子のヒ素集積は増加した。これらのことは*OsABCC1*が節でヒ素を液胞に隔離することによって、種子へのヒ素の集積を抑制していることを示している。

一方、カドミウム集積に関しては、根の液胞膜に局在するカドミウム輸送体*OsHMA3*を過剰発現させたイネを用いて、詳しく解析を行った。その結果、*OsHMA3*の過剰発現はカドミウム耐性をもたらした。また*OsHMA3*は亜鉛も液胞に輸送するが、カドミウムの地上部への転流は大幅に抑制されたのに対し、地上部の亜鉛濃度は一定レベルに保たれていた。

2. アルミニウム耐性と集積に関する研究

イネのアルミニウム耐性遺伝子*OsNr1*は細胞膜に局在するアルミニウム輸送体をコードする。この遺伝子の発現レベルはアルミニウム耐性の品種間差に寄与することを明らかにした。また*OsNr1*の組織・細胞局在や輸送活性には品種間差が認められなかった。

野生ソバと韃靼ソバのアルミニウム耐性と集積を普通ソバと比較した結果、いずれの種もアルミニウムにตอบสนองして根からシュウ酸を分泌し、また地上部と根では、アルミニウム-シュウ酸の錯体、導管液ではアルミニウム-クエン酸の錯体で存在していることを突き止めた。

3. 野生イネのケイ素吸収に関する研究

AA、BB、EEゲノムを持つイネ野生種を用いて、ケイ素の吸収能力、ケイ酸輸送体遺伝子*Lsi1*と*Lsi2*の発現や細胞局在について栽培イネと比較した。その結果、野生イネは栽培イネと比べ、根のケイ素の吸収能力が少し劣るが、地上部のケイ素集積量はほぼ同程度であった。また野生イネにも*Lsi1*、*Lsi2*遺伝子が存在し、すべてケイ酸輸送活性を持っていた。さらに栽培イネと同様、*Lsi1*が外皮と内皮細胞の遠心側、*Lsi2*は同細胞層の向心側に偏在していた。これらのことから、野生イネも栽培イネと同じ高いケイ素集積能を保持していることが明らかとなった。

4. イネの根の成長に関与する遺伝子の同定

イネの根の形成にアルギニン生合成の最後のステップを触媒するargininosuccinate lyase (ASL)をコードする遺伝子*OsASL1*に関与することを明らかにした。*OsASL1*は根と地上部で発現しており、コードされるタンパク質はプラスチドに局在していた。その変異体は根の伸長が著しく低下したが、培地にアルギニンを添加すると回復したことから、イネの根の伸長に*OsASL1*によって合成されたアルギニンが必要であることがわかった。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2014 are described below.

1. Identification of genes involved in accumulation of toxic mineral elements

We have identified a gene *OsABCC1* involved in arsenic (As) accumulation in rice grain. *OsABCC1* was expressed in the roots, nodes and other organs. In the node, the protein was localized at the tonoplast of phloem companion cells of diffuse vascular bundles. Knockout of this gene resulted in increased sensitivity to As toxicity, decreased As accumulation in the nodes, but increased As accumulation in the grains. These results indicate that *OsABCC1* plays an important role in restricting As transport to the grains by sequestering As into the vacuoles in the nodes.

On the other hand, we further characterized an over-expression line of *OsHMA3*, a gene encoding tonoplast-localized Cd transporter. Over-expression of *OsHMA3* resulted in increased tolerance to Cd toxicity. Furthermore, we found that *OsHMA3* was also involved in sequestration of Zn to the root vacuoles. However, unlike Cd, the Zn in the shoots was maintained at a constant level. Analysis of ZIP genes showed that this could be due to the up-regulation of four ZIP genes involved in Zn uptake/translocation in the over-expression line.

2. Mechanisms of Al tolerance and accumulation in plants

OsNr1 is an Al-tolerance gene, which encodes a plasma membrane-localized transporter of Al in rice. We found that the expression of this gene was responsible for the genotypic difference in Al tolerance in rice. However, we found that there was no difference in the tissue and cellular localization and transport activity for Al between cultivars differing in Al tolerance levels.

We compared wild and tartary buckwheat with common buckwheat for Al tolerance and accumulation. We found that similar to common buckwheat, wild and tartary buckwheat also secreted oxalate from the roots in response to Al. Furthermore, we found that Al was present in the form of Al-oxalate complex in the roots and shoots, Al-citrate in the xylem.

3. Silicon uptake in wild rice

We compared Si uptake ability, expression and localization of Si transporters (*Lsi1* and *Lsi2*) between cultivated rice and wild rice species with different genome types (AA, BB and EE). Si uptake by the roots was lower in the wild rice compared with the cultivated rice, but all wild rice species and the cultivated rice showed a similar concentration of Si in the shoots when grown in the field. All wild rice also has *Lsi1* and *Lsi2* although several nucleotide differences were found. Furthermore, similar cellular localization of *Lsi1* at the distal side and *Lsi2* at the proximal side of both exodermal and endodermal cells was observed in all wild rice as the cultivated rice. These results indicate that superior Si uptake is basically conserved in wild and cultivated rice species.

4. Identification of a gene required for rice root growth

We identified a gene, *OsASL1*, which is required for normal root growth in rice. *OsASL1* encodes an argininosuccinate lyase (ASL), catalyzing the last step of arginine biosynthesis. The gene was expressed in both the roots and shoots. *OsASL1* was localized to the plastid. The short root of the mutant was rescued by exogenous addition of arginine, but not by other amino acids. These results indicate that arginine produced by ASL is required for normal root elongation in rice.

1. アルミニウムによる細胞死誘発における液胞プロテアーゼ VPEの関わり

植物細胞におけるプログラム細胞死における実行因子の一つとして、液胞に局在するプロテアーゼ Vacuolar Processing Enzyme (VPE) が報告されている。そこで、Alによる細胞死誘発機構におけるVPEの関わりを、タバコ培養細胞株BY-2ならびにタバコ品種Bright Yellowを用い解析した。その結果、BY-2細胞と根の両方において、AlによるVPE遺伝子の発現上昇が細胞死の誘発と同調して見られたことから、Alによる細胞死誘発の実行因子としてVPEが示唆された。

2. アルミニウム耐性タバコ培養細胞におけるスクロースシンターゼ発現の増加

タバコ細胞株SLとSL株から選抜したアルミニウム (Al) 耐性株ALT301を用いたこれまでの比較解析から、Al耐性株は呼吸から発酵に構成的にシフトすることでミトコンドリアの電子伝達に伴う活性酸素種 (ROS) の生成を抑制していることが示唆されている。その場合、Al耐性株では必要なATPを獲得するためにATP消費の少ない糖代謝の制御が望まれる。スクロースを分解して解糖系に糖を供給する酵素として、インベルターゼはATPを消費しSUSはATPを消費しないことから、野生株とAl耐性株におけるSUS酵素活性および遺伝子発現を比較解析した。その結果、Al耐性株では野生株よりも高いSUS遺伝子発現とSUS活性が見られ、従って、Al耐性株ではSUS活性を高めることで、呼吸から発酵へのシフトをサポートしていると思われる。

3. コムギALMT1輸送体のN末端およびC末端のヘリックスドメインはアルミニウムによって活性化されるリンゴ酸輸送機能に関わる

コムギとシロイヌナズナが持つAlで活性化されるリンゴ酸輸送体 (TaALMT1, AtALMT1) の活性を、アフリカツメガエル卵母細胞を用いて電気生理学的に測定すると、TaALMT1はAlで活性化されAtALMT1では殆ど活性化されないことに着目し、TaALMT1輸送体のAl活性化ドメインの解析を行った。まず、これらALMT1蛋白質のN末側領域とC末側領域を相互に入れ換えたキメラ (Ta::At, At::Ta) を作成し輸送活性を解析したところ、Ta::AtキメラはAlで活性化されAt::Taキメラはされなかった。さらに、AtALMT1のN末端から17個のアミノ酸のみをTaALMT1のN末端から48個のアミノ酸と入れ換えたTa(48)::AtALMT1ではAl活性化がみられたが、Ta(48)中の疎水性領域を含むヘリックスドメインを削ったところAl活性化が消失した。次に、TaALMT1のC末端に近いヘリックス領域に着目し、これを削除したところ輸送能が消失した。これらの結果から、TaALMT1のN末端とC末端にあるヘリックス領域がAlで活性化されるリンゴ酸輸送機能において重要な働きをすることを明らかにした。

1. Involvement of vacuolar protease VPE in induction of cell death by aluminum

One of the executors of programmed cell death in plant cells is vacuolar processing enzyme (VPE), a vacuole-localized protease. In this study, the possible involvement of VPE in Al-induced cell death process was analyzed, using cultured tobacco cell line BY-2 and tobacco plant, cv. Bright Yellow. In both systems, the enhancement of the VPE gene expression and the induction of cell death were detected simultaneously during Al treatment time, suggesting that VPE acts as an executor for Al-induced cell death.

2. Enhancement of sucrose synthase expression in aluminum-tolerant tobacco cell line

Comparative analyses between Tobacco cell line SL and the Al-tolerant cell line ALT301 derived from SL suggest that in the Al-tolerant line, the production of reactive oxygen species (ROS) via electron transport in mitochondria is suppressed by the shift from respiration to fermentation. In this case, sugar metabolism using less ATP should be necessary. In order to supply sugar phosphate from sucrose for glycolysis, sucrose synthase (SUS) does not consume ATP, while invertase does. Comparative analysis of SUS expression and SUS activity between these lines indicated higher expression of SUS in the Al-tolerant line, suggesting that the higher expression of SUS supports the shift from respiration to fermentation.

3. N- and C-terminal helical domains of wheat ALMT1 transporter are functional domains for Al-activated malate efflux.

The genes encoding the Al-activated malate transporters in wheat and Arabidopsis, *TaALMT1* and *AtALMT1* respectively, were expressed in *Xenopus laevis* oocytes and characterized electrophysiologically. The Al-activated malate efflux was detected with *TaALMT1* but not with *AtALMT1*. Based on these findings, we analyzed the functional domains of *TaALMT1*. Firstly, chimeric proteins were generated by swapping the N-terminal and C-terminal halves of *TaALMT1* and *AtALMT1* (*Ta::At* and *At::Ta*). The Al-activated malate efflux was detected with the *Ta::At* but not with *At::Ta*. Furthermore, *Ta(48)::At*, generated by swapping 17 residues from the N-terminus of *AtALMT1* with the equivalent 48 residues from *TaALMT1*, was sufficient to support transport activity, but the deletion of a helical region with a transmembrane domain in the *Ta(48)* led to the complete loss of transport activity. Secondly, the deletion of a putative helical structure at the C-terminal end of *TaALMT1* also led to the loss of transport activity. These results suggest that the helical domains on the both N and C-termini of *TaALMT1* are critical for Al-activated malate transport function.

本グループでは、植物細胞の環境ストレス応答機構を分子、細胞、生理学的に研究している。現在は根の水輸送機能とアクアポリンを中心として研究を進めている。水チャネルであるアクアポリンについては、原形質膜で機能しているPIP型アクアポリンの活性調節機構や過酸化水素輸送活性をもつPIPについて報告する。

1. オオムギ品種の根水透過性制御 L_{pr} の塩/浸透圧ストレスに対する初期反応

耐塩性が強いオオムギ品種K305は塩/浸透圧ストレスの初期反応として L_{pr} の低下を示すが、感受性品種のI743ではこのような L_{pr} の制御は見られないことをこれまで報告してきた。今回、耐塩性品種U070ではK305と同じく100mM NaClストレス処理1時間で L_{pr} が低下すること、また感受性品種であるA627、C613、I186ではI743と同様にストレスを与えても L_{pr} が下方制御されないことを確認した。したがってストレス初期応答としての L_{pr} の制御はオオムギの塩/浸透圧ストレス耐性と密接に関連する機能であると考えられた。

2. PIPアクアポリンの水銀感受性

植物根の水透過性は水銀によって阻害される。しかし、アフリカツメガエル卵母細胞にオオムギのPIP2;1を発現させても水銀による阻害が見られない。他のPIP2も標的と思われるシステインは相同な位置に存在するので、オオムギのPIP2は全て水銀に不感受性であると思われる。ところが、卵母細胞にHvPIP2;1とHvPIP1;2を共発現させると水銀による阻害が見られた。これらの結果から、オオムギの根ではPIP2はホモ四量体で働いているのではなく、PIP1とのヘテロマーとして機能して、このヘテロ四量体が水銀阻害を受けている可能性が考えられた。

3. オオムギHvPIP2;5による過酸化水素輸送活性の分子機構と発現制御

過酸化水素感受性酵母 Δ SKN7株を使ったスクリーニング系で過酸化水素透過性が示されたHvPIP2;5のたんぱく質においてリン酸化の可能性のあるセリン残基についてそれぞれアラニンに置換した人工変異アクアポリンを作成した。それらの透過活性の測定から、126番目のセリンが過酸化水素の輸送に必須であるが、水の輸送には必須ではないことが明らかになった。これは過酸化水素と水の認識・輸送機構が区別されている分子レベルで初めて示したものである。またHvPIP2;5たんぱく質の発現は葉の表皮細胞でやや強く、根では全体的に発現していた。また根でのRNA量は外部から与えた過酸化水素によっては影響されなかった。

We have been conducting molecular, cellular and physiological studies on the responses of plant cells to environmental stress. Now we are focusing on the root function in water transport and aquaporins. As for aquaporin, a water channel, here we report the regulation mechanism of plasma-membrane type aquaporins (PIPs), and the PIP transporting hydrogenperoxides.

1. Root hydraulic water conductivity (L_{pr}) of barley cultivars under salt/osmotic stress.

Previously we reported that salt-tolerant barley cultivar K305 showed reduced L_{pr} as an early reaction after salt/osmotic stress, but such reduction of L_{pr} was not observed in salt-sensitive I743. This time we found that salt-tolerant cultivar U070 showed reduced L_{pr} 1hr after salt stress with 100 mM NaCl like K305, while salt-sensitive cultivars A627, C613, I186 did not show reduced L_{pr} like I743. These results indicated that down-regulation of L_{pr} in the initial phase of salt/osmotic stress is a function closely related with salt tolerance in barley.

2. Mercury sensitivity of PIP aquaporins.

The hydraulic conductivity of plant roots is inhibited by mercury. However, water permeability of oocytes expressing HvPIP2;1 showed no inhibition by mercury. All other PIP2s of barley might be insensitive to mercury because the target cysteine is located at the position homologous to that of HvPIP2;1. On the other hand, in oocytes co-expressing HvPIP2;1 and HvPIP1;2, the water permeability was strongly reduced by mercury. These results suggest that PIP2 might not function as a homomer, but as a heteromer of PIP1 and PIP2 functioning as a Hg-sensitive water channel in vivo.

3. Expression and molecular mechanism of HvPIP2;5 transporting hydrogenperoxide.

HvPIP2;1 was identified as a transporter of hydrogen peroxide in the screening system using hydrogen peroxide-sensitive yeast Δ SKN7. Each serine residue, a possible phosphorylation amino acid in HvPIP2;5, was replaced with alanine residue. The artificially mutated HvPIP2;5 was examined and the results suggested that Ser126 was necessary for hydrogen peroxide transport, but not for water transport. This is the first report on the molecular mechanisms of differentiation of water and hydrogenperoxide transport. HvPIP2;5 protein was weakly expressed in leaf epidermal cells, and all cells in roots. External hydrogen peroxide did not change the RNA amount.

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

1. 白紋羽病菌から分離された新規 (+) 1 本鎖RNAマイコウイルス

白紋羽病菌 (*Rosellinia necatrix*) から分離された初めてのプラス鎖RNAウイルスの生物学および分子生物学的性状を解析した。このウイルスは、*Fusarium graminearum* virus 1 (FgV1) という既報のウイルスとの類縁関係が認められ、クリ胴枯病のヴァイロコントロール (VC) に用いられたハイポウイルス科のメンバーとも進化的に遠縁である。約6.3kbのプラス鎖RNAゲノムは、2つの遺伝子を並列に保持している。前方は複製関連酵素を、後方は比較的小さな機能未知タンパク質をコードすると推測された。FgV1との間で、複製関連酵素保存領域で38-66%、機能未知タンパク質で20数%の配列相同性を示す。また、ゲノム3'末端には細胞由来mRNAのようにpoly(A)を持つほか、粒子を形成しないことも明らかとなった。さらに、菌類トランスクリプトームのデータベース上には類似配列が多数発見され、FgV1と本ウイルスの2種以外にも関連ウイルスの存在が示唆された。以上から、本ウイルスを*Rosellinia necatrix fusarivirus* 1 (RnFV1) と命名した。残念ながらRnFV1にはVCに資する能力は認められなかった。しかし、ウイルスとしての新規性から、FgV1と共に新しいフザリウイルス科の創設を提案した。

2. ランエソ斑紋ウイルスの遺伝子発現様式

ランエソ斑紋ウイルス (OFV) は2分節型のマイナス鎖RNAをゲノムに持ち、特に植物ヌクレオラブドウイルス属 (非分節型のモノネガウイルス) に類似性を示すが、今回はその遺伝子発現様式を解析した。その結果、OFVはヌクレオラブドウイルス同様、遺伝子連結領域の配列が保存されており、モノシストロニック型のmRNAやポリA末端を持つleader RNAの転写も確認された。これらの特徴は、分節ゲノムであるOFVと非分節型のヌクレオラブドウイルスが共通起源から派生したという既報を支持した。

3. 植物共生メタノール資化性菌の機能解析

植物の表面には植物の気孔から放出されるメタノールを資化する*Methylobacterium*属細菌が多く存在する。本属細菌には植物の生育促進作用があることが知られているが、その分子メカニズムはよく分かっていない。本属細菌に植物ホルモンを合成する能力があることを見だし、その遺伝子の同定を行った。またメタノールを酸化するメタノール脱水素酵素をコードする遺伝子は複数存在し、そのうちの 하나가ランタノイド元素に依存する酵素であることを見だし、カルシウム依存型の酵素との切り替え機構を解析している。さらに、本属細菌がメタノール生育時に合成する化合物に、植物の気孔を開く活性があることを発見した。現在この生物学的な意義を検討中である。また本属細菌におけるメタノールに対する走化性を見だし、センサータンパク質の同定に成功した。

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

1. First single-stranded RNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*, with similarity to hypo- like viruses.

A novel positive-sense RNA virus, designated as *Rosellinia necatrix fusarivirus* 1 (RnFV1), isolated from a filamentous phytopathogenic fungus, the white root rot fungus. A biological comparison of the virus-free and -infected isogenic fungal strains suggested that RnFV1 infects latently and thus has no potential as a virocontrol agent. The virus has an undivided positive-sense RNA genome of 6286 nucleotides excluding a poly (A) tail. The genome possesses two non-overlapping open reading frames (ORFs): a large ORF1 that encodes polypeptides with RNA replication functions and a smaller ORF2 that encodes polypeptides of unknown function. A lack of coat protein genes was suggested by the failure of virus particles from infected mycelia. Sequence similarities were found in amino-acid sequence between RnFV1 putative proteins and counterparts of a previously reported mycovirus, *Fusarium graminearum* virus 1 (FgV1). Interestingly, several related sequences were detected by BLAST searches of independent transcriptome assembly databases one of which probably represents an entire virus genome. We proposed a new taxonomic family termed *Fusariviridae* to include RnFV1 and FgV1.

2. Transcriptional mapping of the messenger RNAs of orchid fleck virus

The transcriptional strategy of orchid fleck virus (OFV), which has a two-segmented negative-strand RNA genome and resembles monopartite rhabdoviruses especially plant nucleorhabdoviruses (family *Rhabdoviridae*), were molecularly characterized. Our results showed that the transcription strategies of OFV and plant nucleorhabdoviruses are very similar, with both having the well-conserved gene-junction sequences and generating monocistronic mRNAs and polyadenylated (+)leader RNAs. This finding provides further evidence that OFV and nucleorhabdoviruses might have evolved from a common ancestor, even though OFV has a bipartite genome.

3. Function of methylotrophs symbiotic to plants.

Methylobacterium species is the one of the most predominant bacterial species in the phyllosphere and they utilize methanol emitted from plant stomata. They are capable of promoting plant growth but its mechanism remains unclear. We found and identified the genes responsible for phytohormone synthesis in *Methylobacterium* species. We identified multiple genes encoding methanol dehydrogenases in the bacteria, one of which was found to be lanthanide dependent, in addition to calcium-dependent enzyme. We are investigating the switching mechanisms of the genes for calcium and lanthanide-dependent enzymes. We have found that compounds specifically synthesized when the bacteria are grown on methanol induce plant stomatal opening, the biological significance of which is also under investigation. Furthermore, we identified sensor proteins important for their chemotaxis toward methanol.

本グループでは(1)イネの植食性昆虫に対する防御活性化機構、(2)殺虫剤抵抗性管理と天敵保護に基づく総合的害虫管理、の2つの課題に取り組んでいる。

1.1. イネにおけるジャスモン酸 (JA) 生合成の制御機構

JA生合成の開始や制御には、一連の生合成酵素やそれらの翻訳後修飾に依存した機構が知られている。破碎したイネ葉の抽出物中の解析により、JA生合成酵素群が既に存在していることが明らかになった。またJA経路の制御は、イネ組織の細胞膜から傷害により遊離すると考えられるリノレン酸量に依存した。無処理の細胞では、一連のJA生合成経路が存在したのに対し、破碎した葉ではJA前駆体であるOPDAの蓄積が確認され、生合成経路が制限されていると考えられた。

1.2. イネ葉より放出される揮発性有機化合物 (VOC) の制御

イネ葉より放出されるVOCは、植食性昆虫に対する天敵とイネとの間のコミュニケーション因子として機能すると考えられており、解析を行っている。VOCの種類により、異なる日周制御、および食害による放出制御があることを明らかにした。

1.3. イネを食害する植食性昆虫の新規エリシターの単離

植物は食害時に、傷害に依存した植食性昆虫に対する応答を示す。またエリシターを介して、昆虫種特異的な応答を示すと考えられている。イネを食害する3種の植食性昆虫幼虫の吐き戻し液の、既知・新規エリシターの解析を行ったところ、*M. loreyi*、*S. mauritia*で、昆虫エリシターとして報告のあるFACが確認されたが、*P. guttata*はFACを有していなかった。また、*M. loreyi*には、FAC以外のエリシターが存在し、特性解析を進めている。

2.1. ミナミキイロアザミウマのスピノサド抵抗性機構の解析

ミナミキイロアザミウマのスピノサド抵抗性機構を調べるために、感受性系統と抵抗性系統よりニコチン性アセチルコリン受容体 $\alpha 6$ サブユニット(nAChR $\alpha 6$)の遺伝子断片をクローニングし、推定アミノ酸配列の比較を行った。その結果、抵抗性系統は、275番目のアミノ酸部位に、抵抗性型のアミノ酸 (グルタミン酸) をコードしていることが明らかとなった。また、抵抗性系統にチトクロームP450 (CYP450)の活性阻害剤であるPBOを処理すると、スピノサドに対する抵抗性レベルが低下した。これらの結果は、ミナミキイロアザミウマのスピノサド抵抗性は、nAChR $\alpha 6$ の感受性の低下とCYP450による解毒分解によって付与されていることを示唆している。

2.2. モモ圃場の果そう葉と野生植物におけるカブリダニの種構成

防除圧の異なるモモ圃場において、モモ果そう葉と野生植物のカブリダニの種構成を量的シーケンシング法を用いて調べた。その結果、カブリダニの種構成は、季節的に変動し、圃場間でも異なることが明らかとなった。モモ果そう葉とオオイヌノフグリ、ヤイトバナ、イヌタデ、カタバミなど、カブリダニが多く捕獲される野生植物におけるカブリダニの種構成は似ていたが、その傾向は特に盛夏以降に顕著であった。

We focus on two main areas: (1) mechanisms of rice defense against insect herbivores, and (2) integrated pest management (IPM) using insecticides and natural enemies.

1.1 Control mechanisms of jasmonate (JA) biosynthesis in rice

The flux and initiation of JA biosynthesis in plants depends on an array of enzymes and their post-translation regulation mechanisms. We used homogenized rice leaves and their extracts to show that the enzyme components are ready for JA biosynthesis in rice plants, and the flux into the pathway is mainly controlled by the α -linolenic acid availability/release from the cell membranes upon wounding of rice tissues. Secondly, we found that the complete JA pathway leading to JA and JA-Ile biosynthesis is only operational in intact cells, while the activity in disrupted cells is limited to the synthesis and accumulation of JA precursor OPDA.

1.2 Spectrum and regulation of volatile organic compound (VOC) emissions from rice

We continued characterization of volatile emissions from rice that serve as communication signals between rice plants and natural enemies of rice herbivores. We found that, volatile emissions depending on each volatile group show variable diurnal regulations, which are further modulated by herbivory attained by the rice plants.

1.3. Isolation of novel insect elicitors from rice herbivores

Plants respond to herbivory based on specific wound-derived signals. In addition, higher specificity is attained by recognition of corresponding insect-associated elicitors by plants. We used three types of rice herbivores to investigate already known and novel elicitors present in regurgitate of feeding larvae. Two examined species contained fatty acid-amino acid conjugates already known to act as insect elicitors (*Mythimna loreyi*, *Spodoptera mauritia*), while the third species *Parnara guttata* regurgitate was FAC-elicitor-free. Furthermore, we found additional elicitor activity in *M. loreyi* regurgitate that is now being characterized by various molecular and analytical approaches.

2.1. Analysis of insecticide resistance mechanisms in melon thrips

To examine the resistance mechanisms of *Thrips palmi* against spinosad, we cloned partial nucleotide sequences of the nicotinic acetylcholine receptor $\alpha 6$ subunit (TP $\alpha 6$) gene from susceptible (S) and resistant (R) strains and compared their deduced amino acid sequences. Results showed that the R strain had a resistant amino acid, Glu, at amino acid position 275. The synergist for cytochrome P450 (CYP450), piperonyl butoxide, lowered the resistance level of R strain. These results suggest that spinosad resistance of *T. palmi* is conferred by reduced sensitivity of TP $\alpha 6$ and CYP450-mediated detoxification.

2.2. Phytoseiid mite species composition on peach leaves and wild plants in peach orchards

The phytoseiid mite species composition on peach leaves and wild plants was examined using quantitative sequencing in peach orchards having different pesticide practices. Results showed that the phytoseiid mite species composition on peach leaves and wild plants changed during the survey period and varied among peach orchards. The phytoseiid mite species compositions were similar in peach leaves and some wild plants with larger quantities of phytoseiid mites, such as *Veronica persica*, *Paederia foetida*, *Persicaria longiseta*, and *Oxalis corniculata*, especially after mid-summer.

ゲノム多様性グループでは、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900系統を保有し、(1)種子の増殖、収集、保存、種子配布等の系統保存事業、(2) 遺伝的多様性の評価、特性形質のデータベース化、(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

穂発芽耐性の育種利用が期待されるオオムギの種子休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組置換系統(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) オオムギの形質転換効率に関わる形質遺伝子の解析

オオムギのポストゲノム研究の効率化を目的として、その形質転換効率に関わる遺伝子の解析を行っている。安定して形質転換が可能な品種「Golden Promise」、形質転換が困難であるがゲノム情報が充実している品種「はるな二条」ならびに「Morex」の生理学的、組織培養特性を比較し、遺伝学的、分子生物学的および生理学的研究によって遺伝因子の単離を進めている。

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ならびにオオムギゲノムリソースの配布事業を担っている。

(a) 系統種子の配布

在来系統を中心として、実験系統や野生系統を含めたオオムギ種子の配布を行っている。

(b) ゲノムリソースの配布

独自に開発したオオムギESTおよび完全長cDNAクローン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。また、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ている。

(c) 世界種子貯蔵庫への種子預託

2014年2月、ノルウェー国スバルバル諸島にあるスバルバル世界種子貯蔵庫 (Svalbard Global Seed Vault) へ、575系統のオオムギ種子預託した。これらのオオムギ種子は、人類の食糧確保のために必要な品種改良の基礎となる重要な遺伝資源で、同貯蔵庫に保存することで、長期的な安全性を保証されることになる。

3. オオムギのゲノム解析

いくつかの研究資金を受けて国際オオムギゲノムシークエンسコンソーシアム(IBGSC)に参画して、オオムギゲノムの物理地図、遺伝地図を統合し、オオムギ全ゲノム配列上の全ての機能を見出し、公表した。現在、これまでに開発した全長cDNAリソース情報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. 900 accessions of wild relatives. The subjects of our research are 1) collection, multiplication, preservation and distribution of barley germplasm, 2) evaluation of genetic diversity and characteristics, and the construction of the database of barley resource with these genotype and phenotype data and 3) efficient use of the resources for genome analysis including EST, molecular markers and DNA libraries to study the genome-based barley diversity and the genetic analysis of important traits in barley.

1. Evaluation of barley germplasm

(a) QTL analysis of barley seed dormancy

A candidate for barley seed dormancy QTL (*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 high density linkage map of a large segregating population from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). The transformation and functional analysis of this candidate are underway.

(b) The exploration of the genes involved in transformation efficiency in barley

For the purpose of the high throughput functional genome analysis, we are exploring the genetic factors accompanied with the high transformation efficiency in barley. Several physiological and tissue-culture traits of "Golden Promise", a variety that can be transformed are compared with those of "Haruna Nijo" and "Morex", varieties that show difficulty in transformation but rich in genome information. We are attempting to isolate the genetic factors using the genetic, molecular biological and physiological techniques.

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).

We deposited 575 lines of barley seeds to Norwegian Seed Bank (Svalbard Global Seed Vault) in 2014. These barley seeds are important genetic resources for utilization as barley breeding materials for food security, and they are stored there for long term safely.

3. Barley genome analysis

We have participated in The International Barley Genome Sequencing Consortium to sequence barley genome using next generation sequencing technology under the several financial supports, and published an integrated and ordered physical, genetic and functional sequence resource that describes the barley gene-space in a structured whole-genome context. We are annotating barley genome sequence with these comprehensive full-length cDNA resources.

本グループではオオムギを中心にイネ科作物の種子形態や種子着色を制御する遺伝子を特定し機能解明を目指している。今年度の主要研究成果の概要は以下の通りである。

1. オオムギの栽培化で重要な役割を果たした種子の皮性とはだか性遺伝子の解明

オオムギは一般には成熟時に穎果が内外穎に接着して分離できない皮麦である。しかし、一部のオオムギは穎果が内外穎からきれいに脱穀できる変異種で、はだか麦とよばれる。オオムギの皮性・はだか性は収獲物の用途を決める重要な農業形質である。皮麦は家畜飼料や醸造用に適し、はだか麦は食用に適する。この形質は染色体7HL上の単一遺伝子*nud*に支配されるが分子実体は不明であった。ポジショナルクローニングによりエチレン反応性転写因子(ERF)が種子の皮性・はだか性を支配する原因遺伝子であることを解明した。今年度は、アグロバクテリアウム法による相補性試験が成功し、*Nud*遺伝子の単離が実証できた。

世界各地のはだか麦100系統の調査で*nud*遺伝子全体を含む約17kbの染色体欠失が共通していたことから、はだか麦は単一起源と結論される。一方、皮麦は*Nud*遺伝子配列の多型調査で2タイプに大別され、複数起源とみられる。*Nud*遺伝子はシロイヌナズナの脂質合成経路を制御すると推測された*WIN1/SHN1*転写因子と相同性を示す。開花後約2週間目の脱穎穎果を脂質染色剤ズダンブラックB染色したところ、皮麦では果皮表面が染色されたが、はだか麦では染色されなかった。このことから、皮麦では穎果の表面に脂質が分泌され、それが穎果と内外穎の接着剤の役目を果たすとみられる。穎と穎果の接着に働く脂質の分子構造は未解明であり、現在化学分析により皮麦特異的に分泌される脂質を探索している。

2. オオムギのプロアントシアニン合成に関わる*Ant*遺伝子の分子遺伝学的解析

オオムギは植物体や種子にアントシアニンまたはプロアントシアニンを蓄積するが、それらはビールの品質低下や穀粒褐変を引き起こす要因となる。そのため、これらの色素を欠く突然変異体(*ant*)が多数誘発され、30遺伝子座に分類されている。しかし、遺伝子が特定されたのは4座のみである。本グループは*ant28*が*R2R3 MYB*転写因子を指定することを解明し*Hvmyb10*と命名した。この遺伝子はコムギの穀粒色を決定する*R-1*遺伝子とアミノ酸配列が高度に類似し、両者はオーソログの関係にあると考えられる。さらに、*Ant28*はシロイヌナズナの*TT2*とも高い類似性を示す。オオムギで誘発された*ant28*突然変異体の*Hvmyb10*をシーケンスしたところ、全6系統で非同義置換がみつかった。さらに、変異体*ant28-494*とスカイゴールドの交雑F2でのマッピングにおいて、*ant28-494*と*Hvmyb10*は共分離し、3H染色体長腕末端部に位置した。これらの証拠は、*Ant28*が*Hvmyb10* (*R2R3 MYB*ドメインタンパク)をコードし、コムギの*Tamyb10*が粒色決定に働く*R-1*遺伝子であることの証拠となる。オオムギの*ant28*突然変異体は、原品種に比べて種子休眠性が有意に低下することから、休眠を制御する重要な因子と考えられる。他のオオムギ*ant*変異体の候補遺伝子が比較遺伝マッピングにより特定できた。

Our group is conducting molecular genetic analysis of barley with special attention paid to seed morphology and coloration. Our main achievements during 2014 are described below.

1. Validation of a key domestication gene controlling covered vs. naked caryopsis in barley

Barleys typically have caryopses with adhering hulls at maturity, known as covered (hulled) barley. However, a free-threshing variant called naked (hulless) barley is present. The covered vs. naked caryopsis is an important economic trait that is directly connected to usage of barley seeds. Covered barley is used for animal feed and brewery, whereas naked barley is suitable for human food. A single locus (*nud*) on chromosome arm 7HL controls this trait. By means of positional cloning, we found that an ERF (ethylene response factor) family transcription factor gene controls the covered vs. naked caryopsis phenotype. We have validated this conclusion by genetic complementation experiments with *Agrobacterium* transformation.

Survey of natural DNA sequence variation at the *nud* locus revealed that naked barley has a monophyletic origin resulting from a 17-kb chromosomal deletion including the entire *Nud* gene, but covered barley was classified into two major groups, suggesting plural lineages. The *Nud* gene has homology to the *Arabidopsis* *WIN1/SHN1* transcription factor gene, whose deduced function is control of a lipid biosynthesis pathway. By staining with a lipophilic dye (Sudan Black B), we detected a lipid layer on the pericarp epidermis only in covered barley. This observation indicates that in covered barley, lipids on the surface of caryopses act as a glue for their tight adhesion with hulls. Separation of hulls in naked barley is due to the absence of surface lipids on the caryopses. Lipids that are specifically secreted on the surface of caryopses in covered barley are under investigation.

2. Molecular genetic analyses of *ant* genes for proanthocyanidin synthesis

Many anthocyanin- and proanthocyanidin-free mutants (*ant* mutants) of barley were induced and selected because of breeding interest to reduce proanthocyanidins, which cause degraded beer quality and browning of cooked grains. So far, 30 *Ant* loci (*Ant1* to *Ant30*) that play key roles in anthocyanin or proanthocyanidin synthesis were reported, but only four were molecularly cloned. We found that barley *ant28* encodes an *R2R3 MYB* gene (*Hvmyb10*), an orthologue of the wheat *R-1* gene, a grain color regulator. The predicted amino acid sequences of *Hvmyb10* showed high similarity not only to wheat *Tamyb10* but also to *TT2*, a proanthocyanidin regulator of *Arabidopsis thaliana*.

Nonsynonymous nucleotide substitutions in the *Hvmyb10* gene were found in all six *ant28* mutants tested. Mapping showed that a polymorphism of *Hvmyb10* perfectly cosegregated with the *ant28* phenotype on the distal region of the long arm of chromosome 3H. The reduced grain dormancy of *ant28* mutants compared with those of the respective wild types indicates that *Hvmyb10* is a key factor in grain dormancy in barley. Candidate genes of other *ant* mutants have been identified through comparative genetic mapping approaches.

本グループでは、野生植物の種子を、研究や保全などに役立つ遺伝資源として収集保存し、多様な野生種が持つ特性についての研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 植物科学による東日本大震災被災農地の修復に向けた取り組み

当グループでは、当研究所の複数の研究グループ、および自然生命科学研究支援センター光・放射線情報解析部門鹿田施設と共同し、東日本大震災被災農地の修復に向けた調査研究を行っており、今年は調査を始めてから3年度目にあたる。これまでの成果の一部を国際誌に公表し、国際会議、国内学会および当研究所主催の公開シンポジウムで発表した。また、今年3月には飯館村役場および福島県の関係者に研究調査の経過と今後の計画を説明した。

昨年度に続き、飯館村でサンプリングした様々な野生植物種の放射性セシウム活性を測定し、土壌からの移行率を求めた。また、セイタカアワダチソウ群落地上部のセシウム吸収率を各調査地で測定し、面積あたりのセシウム移行率を算出した。沿岸部の津波被災地域では、ある水田跡に生じた塩生植物や耐塩性植物の放射性物質吸収率は低かったが、そこでは土壌の放射能汚染度も低かった。本年度はまた、昨年度までに高いセシウム吸収率を示した、調査地の周縁部に生じる植物（ヘビノネゴザなど）を重点的にサンプリングして分析している。

今年度から、本学の作物学（山陽圏フィールド科学センター）と土壌学（環境理工学部）の研究者が加わった。現在、調査地における土壌成分がCs移行係数に与える影響について明らかにするために、土壌の化学分析を進めている。

2. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構の解明を目指した研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。こうした環境への適応の仕組みを理解するため、広範囲の緯度に分布する周北極-高山植物を材料に、赤色光受容体フィトクロムに注目した研究を進めている。フィトクロムに注目する理由は、フィトクロムは全ての植物が持つ光受容体であるため、植物に普遍的に当てはまる仕組みを見出すことにつながる可能性があり、幅広い応用への展開が期待されるからである。また、これまでの我々の研究から、異なる緯度に生育する植物（個体）は異なるフィトクロムの対立遺伝子を持つだけでなく、それらが自然選択により分化していることが明らかにされているからである。そこで、アブラナ科ミヤマタネツケバナ類 (*Cardamine nipponica*-*C. bellidifolia*) をモデル系として、それらが持つPHYB遺伝子を単離し、大腸菌で発現させたタンパク質の特性を解析するとともに、フィトクロム欠損シロイヌナズナ(*phyB*)に導入することで、表現型への効果を明らかにすることを目指している。

Our group has been preserving wild plant seeds as potential resources for practical use, and we have been studying various features of wild plant species. Our main achievements during 2014 are described below.

1. Project of plant science and field survey for recovering arable lands devastated by East Japan Earthquake

Since 2012, we have performed this project in collaboration with other laboratories of IPSR, and Department of Radiation Research, Shikata Laboratory, Advanced Science Research Center, Okayama University. In March 2014, we reported our research progress to Iitate-mura Office and Fukushima Prefecture. Our results were partially published as an international paper, and presented at international or domestic symposiums.

Radiocesium concentrations ($[Cs]_{\text{plant}}$ Bq·kgDW⁻¹) in various wild plant species and transfer factors from the soils ($[Cs]_{\text{plant}}/[Cs]_{\text{soil}}$) have been measured at four survey fields in Iitate-mura, Fukushima Prefecture. Besides, we set up small quadrats, and estimated radiocesium extraction rates from ground surface soil to aerial biomass of weed vegetation annually within the quadrats in which the dominant species was *Solidago altissima* L. We also reexamined some ferns and seed plants grown on the edges of surveyed paddy fields, because of high concentrations of radiocesium in those species in 2013. In Soma City on the Pacific coast, at a salt marsh that had been turned from paddy fields by last tsunami disaster, radiocesium concentrations in some examined salt and salt-tolerant plants were low (not detected, or 48 Bq·kgDW⁻¹), though the radioactivity of soil reached only 250 Bq·kgDW⁻¹. Since 2014, a crop scientist (the Field Science Center, Faculty of Agriculture) and a soil scientist (the Department of Environmental Management Engineering, Faculty of Environmental Science and Technology) have joined our project. We are now executing chemical analyses of soil samples from surveyed fields for revealing the relationships between transfer factors and soil constituents.

2. Unraveling mechanisms of adaptation to local environment differing along latitude

Adaptation to environment that differs along latitude such as photoperiod and temperature is important for plants. As mechanisms of such adaptation, we are focusing on phytochromes, red-light photoreceptors, and unraveling its functional differences among local accessions using arctic-alpine plants. There are two reasons we focused on phytochromes. Given that all plants have phytochromes, knowledge of their adaptive functions could be applied to various crops. In addition, our previous works found that plants growing in different latitude have alleles that diverged under natural selection. We used two sister species (*Cardamine nipponica* and *C. bellidifolia*) as model species and extracted their PHYB. By *in vitro* and *in planta* (*Arabidopsis phyB* mutants) assay, we are exploring the functions of PHYB alleles originating from different latitudes.

本研究グループでは、植物を主たる材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞学および分子遺伝学的研究を行っている。特に、植物の染色体機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）の構造解析を行っており、植物人工染色体の作出とその利用に関する研究に取り組んでいる。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. シロイヌナズナ人工環状染色体の創出と安定性

植物の人工染色体は、新しい作物を育成するための新しいベクターとして期待されているが、これまで有効な作出方法は開発されてこなかった。最近、我々はモデル植物であるシロイヌナズナにおいて、Cre/LoxPとAc/Dsシステムを組み合わせることにより、環状の人工染色体AtARC1(*Arabidopsis thaliana* Artificial Ring Chromosome 1)を創出した。しかし、この人工染色体には、2番染色体のセントロメア配列（約250kbの180-bp反復配列ファミリー）以外に、セントロメアに隣接する長腕領域約2.6Mbが含まれているため、この領域に座乗する約150のタンパク質コード遺伝子（トランスポゾン関連遺伝子を除く）の量的効果を見逃すことができない。そこで、同様の手法を用いて、1Mbサイズ以下の人工環状染色体の作出を試みた結果、約970kbサイズのARC2の存在が確認された。ARC1同様、ARC2は環状であるが、有糸分裂中比較的安定で、次代へも減数分裂を経て伝達される。ARC2には依然として28のタンパク質コード遺伝子が含まれているものの、ARC1よりも染色体ベクターとしての有用性が高いと考えられる。

2. クロマチン免疫沈降を必要としない動原体DNA配列単離法の開発

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に分配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。これまで、動原体DNA配列の単離には抗動原体特異的ヒストンH3（CENH3）抗体を用いたクロマチン免疫沈降（ChIP）が用いられてきた。しかし、CENH3は種特異的であるため、種ごとにChIPに利用可能な高品質な抗体を作製する必要があり、動原体DNA配列単離の障壁となっていた。そこで、本研究ではクロマチン免疫沈降を必要としない動原体DNA配列単離法の開発を試みた。まず、モノヌクレオソームレベルまで消化した標本を用いたChIP-Seq解析により、用いた全ての植物種で「CENH3を含むヌクレオソームは通常型に比べてコンパクトである」ことを確認した。続いて、モノヌクレオソームレベルまで消化した標本を単純にアガロースゲル電気泳動により分離し、通常型のモノヌクレオソームより短い分画における動原体DNA配列の濃縮率を調べたところ、有為な濃縮が確認された。これらのことから、このシンプルな方法により、動原体DNA配列が単離可能であることが示された。

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. We are analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins, and constructing plant artificial chromosomes for crop improvement. Our main achievements in 2014 are described below.

1. Generation of a 1-Mb-sized artificial ring minichromosomes in *Arabidopsis*

Plant artificial chromosomes (PACs) have been anticipated as new vectors for the development of new crops. However, PACs have not yet been easily created. Recently, we have developed a novel method for generating PACs in the model plant *Arabidopsis thaliana* using the Cre/LoxP and Ac/Ds systems. The generated PAC, "AtARC1 (*A. thaliana* artificial ring chromosome 1)", contains a short centromere domain consisting of 180-bp repeats of approximately 250 kb in length, and its flanking 2.6-Mb region of chromosome 2 long arm. AtARC1 is stable during mitosis in the absence of selection and is transmissible to the next generation through meiosis. No distinct phenotypic abnormalities appeared in plants when an AtARC1 was added to the wild-type ($2n=2x=10+\text{AtARC1}=11$). However, because AtARC1 contains approximately 150 protein-coding genes derived from the long arm of chromosome 2, the dosage effects are not negligible. In this study, therefore, we attempted to generate a smaller artificial ring chromosomes by the method reported previously for AtARC1. As a result, a 1-Mb-sized ring chromosome was successfully generated. Although AtARC2 still contains 28 protein-coding genes, it was stable during mitosis and transmissible to the next generation. Therefore, it is more suitable as a chromosome vector than AtARC1.

2. Development of a novel isolation method for isolating centromeric DNA sequences

Centromeres have an important role in segregating chromatids into daughter cells at mitosis and meiosis. Though the centromere function has been conserved among all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are divergent even among closely related species. Chromatin immunoprecipitation (ChIP) using anti-CENH3 (centromere-specific histone H3 variant) antibodies has been used for isolation of centromeric DNA sequences. However, ChIP requires high quality antibodies, which are sometimes difficult to raise, making it potentially difficult to isolate centromeric DNA. Here, we tried to develop a novel and easy method for isolating centromeric DNA sequences, based on the fact that canonical and centromeric nucleosomes are different in size. First, we compared the chromatin size of mono-nucleosomes in centromeric sequences with that in non-centromeric sequences by ChIP-Seq analysis. As a result, all plant species used carried shorter DNA fragments in the CENH3 nucleosome than those in the canonical H3 nucleosomes. According to these results, we used a more simple method to isolate centromeric DNA sequences. Mono-nucleosome size DNA was separated using agarose gels. Then monomeric size and shorter DNA fragments were purified, and used as templates of qPCR. In the qPCR, centromeric DNAs were significantly concentrated in the shorter fractions. These results imply the shorter DNA fragments on centromeric nucleosomes is a universal feature at least in plant species, which must be useful for identifying centromeric sequences without using or raising antibodies against CENH3.

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

1. LIAとバスマティ間交雑F2における種々の農業形質に係わるQTL解析

21世紀における持続可能な農業のために、我々は無肥料条件下で大きなバイオマスをつくる低投入適応系統 (LIA) をアフリカ在来の野生種、*Oryza longistaminata*と台中65の交雑後代から育成してきた。LIAが有する1穂多粒数性は世界的に需要が高いバスマティの低収量性改善に有効と考えられる。そこで、LIAとバスマティ間で交雑F2を用いて種々の農業形質に関するQTL解析を行った。その結果、10形質について9染色体上に16個のQTLを検出した。

2. オオムギ未熟胚由来カルスにおける植物体再分化と内生ホルモン含量の光制御

オオムギの未熟胚由来カルスからの植物体再分化は光により制御される。カルスに含まれる各種ホルモン含量を測定した結果、カルス誘導時の光条件はABA含量に影響を及ぼすことが明らかとなった。オオムギ未熟胚由来カルスにおける植物体再分化の光制御は内生ABA含量の変動が主な原因であり、ABAは未熟胚由来カルスからの再分化を抑制すると考えられた。

3. 種子における液胞型アクアポリン(TIP)の解析

種子の発達と乾燥に関わる細胞内水環境を調べるため、オオムギから単離したTIPの解析を行った。これまでに同定された9つのオオムギTIP遺伝子(HvTIPs)のうち、HvTIP1;1, HvTIP2;1, HvTIP3;1が種子で発現していた。HvTIP3;1は単独発現では水輸送活性を示さなかったが、HvTIP3;1はHvTIP1;2と共発現させると相互作用し、水輸送活性をもつことが明らかとなった。一方で、HvTIP3;1はHvTIP2;1と共発現させることにより、HvTIP2;1本来の水輸送活性を低下させることが明らかとなり、オオムギ種子での水輸送のコントロールにかかわる可能性が示唆された。

4. イネ科野生植物の金属及び酸化ストレス耐性機構に関する解析

メリケンカルカヤ (*Andropogon virginicus* L.) のAlストレス耐性機構とS-adenosyl methionine synthase (*AvSAMS1*) 遺伝子の関連性を解析するため、この遺伝子を高発現するシロイヌナズナ形質転換株と非形質転換株で、Al処理によるゲノムDNAやヒストンH3蛋白のメチル基修飾状態をバイサルファイト処理後のDNA配列決定やChIP/RT-PCR法で検討した。その結果、両株間でDNAやH3のメチル基修飾状態にAlストレス下で違いが見られ、これらを介してゲノム全体の遺伝子発現に大きな違いが生ずることが示唆された。

5. 宇宙環境で生育する植物における遺伝子発現

宇宙環境で長期間にわたり栽培した植物における遺伝子発現に関する報告は多くない。そこで、国際宇宙ステーションで27日間栽培したミズナ葉から抽出した全RNAを用いて次世代シーケンサーによるmRNA-Seq解析を行った。その結果、宇宙環境は酸化ストレスを誘導しROS gene networkを構成するabiotic/bioticストレスで誘導される共通の遺伝子や宇宙環境で特異的に誘導される遺伝子が宇宙栽培ミズナで活性化していることが明らかとなった。

This group has been analyzing the genetic factors for greater production of crops and improvement of seed quality and also tolerant genes for metal or oxidation stresses and the space-growing.

1. QTL analysis for several agronomic traits in the F2 of the cross between LIA and Basmati rice

For sustainable agriculture in the 21st century, we developed a Low Input-Adaptable (LIA) line derived from the cross between *Oryza longistaminata*, an African wild species and T-65; it had a large biomass under non-fertilized conditions. A large number of spikelets per panicle of LIA is considered to be useful to improve low productivity of Basmati rice which is highly demanded in the world market. Thus, QTL analysis for several agronomic traits was conducted in F2 of the cross between LIA and Basmati. As a result, 16 QTL for 10 traits were identified on 9 chromosomes.

2. Light control of shoot regeneration and endogenous hormone contents in calli derived from immature barley embryos

Light regulates shoot regeneration in calli derived from barley immature embryos. Endogenous hormone contents of calli were determined by LC/MS, suggesting that the light condition during callus induction affects the ABA contents. Light control of shoot regeneration is caused by the fluctuation of endogenous ABA level in calli, and ABA suppresses shoot regeneration in barley immature embryo culture.

3. Analysis of tonoplast intrinsic proteins (TIPs) in seeds

To investigate the intracellular water condition during the periods of seed development and seed desiccation, we analyzed tonoplast intrinsic proteins (TIPs) from barley. Among nine barley TIP genes (*HvTIPs*) identified, *HvTIP1;2*, *HvTIP2;1* and *HvTIP3;1* were expressed in seeds. *HvTIP3;1* alone did not express the water permeability in *Xenopus* oocytes. However, *HvTIP3;1* coexpressed with *HvTIP1;2* showed water transport activity. On the other hand, *HvTIP3;1* interacted with *HvTIP2;1* decreased the water transport activity in oocytes, suggesting that *HvTIP3;1* controls the water permeability in barley seeds.

4. Mechanisms of tolerance to metal stress and oxidative stress in a wild plant

To clarify the relation between the high Al tolerance mechanism of *Andropogon virginicus* L. and the function of S-adenosyl methionine synthase gene (*AvSAMS1*), the *AvSAMS1* expressing Arabidopsis transformant and non-transformant under Al stress were investigated by bisulphited DNA sequencing and ChIP/RT-PCR. There were differences in methylation status in both DNA and histone H3 between the two lines under Al stress and these differences seemed to be related to a difference in the whole genomic gene-regulation between these lines.

5. Gene expression of plants grown in space

Few studies on gene expression profiles of plants grown in long-term spaceflight have been reported. In this study, total RNA isolated from leaves of Mizuna plants, cultivated in the International Space Station for 27 days, was subjected to mRNA-Seq using next generation sequencing technology. The results demonstrated that the spaceflight environment induced oxidative stress and activated a ROS gene network in the space-grown Mizuna, some of which were common genes up-regulated by abiotic and biotic stresses and some of which were preferentially up-regulated by the spaceflight environment.

当グループでは、西日本近海域で発生する赤潮の原因藻類の一種、ヘテロシグマ（学名 *Heterosigma akashiwo*, 以下 *Ha*）の研究を行っている。平成26年度の研究成果を以下にまとめる。

1. *Ha*による赤潮形成のメカニズム解明

*Ha*は、通常は海水中の植物プランクトンの一部を占めるに過ぎないが、赤潮形成期には24時間で7~8倍という真核生物としては驚異的なスピードで増殖する。この際に、同じ環境下におかれている海水中の多様な植物プランクトンが同時に増殖するわけではなく、*Ha*の増殖が特異的に加速する点が、非常に興味深い。一方で、海水から単離された*Ha*を実験室で純粋培養しても、赤潮形成時に観察される異常増殖は再現されない。赤潮の発生は、水温・栄養塩・照度・日照時間などの環境要因と相関があるとされているが、これらの環境要因を変化させた場合でも、24時間で2倍程度の増殖に留まる。つまり、*Ha*赤潮の形成を引き起こす直接要因はいまだに特定されていないといえる。

最近、当グループは随伴細菌として、いくつかの細菌を単離した。そのうち、*Altererythrobacter*を無菌化した*Ha*に添加して培養したところ、対数増殖期には増殖速度が大幅に促進された。この結果は、これまで見落とされてきた随伴細菌による*Ha*増殖速度の制御という全く新しい観点を提供するものであり、現在、そのメカニズムの解析を進めている。

2. *Heterosigma akashiwo virus* (*HaV*)の感染機構の解明

*Ha*の大発生によって形成された赤潮は、1週間から10日前後で消滅する。この急激な消滅過程には、*Ha*に感染・殺滅するウイルスが重要な役割を果たすことが知られている。当グループは、このうちの一つである*HaV*の感染過程の精査を行っている。*HaV*は、宿主を殺滅するウイルスとして単離されてきたが、我々は、宿主株により、殺滅・潜在感染・非感染・抵抗性と異なる*HaV*感染型を示すことを見いだした。また、随伴細菌の有無により、同じ宿主株でも異なる感染型を示す場合があることを見いだした。これらの現象を分子レベルで解析するために、現在、当グループは*HaV*2系統の総ゲノム配列解読を行っている。

3. *Ha*の分子生物学的研究の基盤整備

*Ha*の他生物との相互作用を分子生物学的に解析すること、さらに、その増殖能をバイオマス生産につなげることを目標として、我々は、*Ha*の総ゲノム配列解析および遺伝子導入技術の確立を目指した条件設定を行っている。

また、ミトコンドリアゲノムの特異性が高い領域の特定を行い、*Ha*の系統特異的マーカーを確立した。この情報を1・2の研究にフィードバックすることで、分子・細胞レベルに置ける*Ha*の生理生態学的研究が可能となる。

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

1. Characterization of mechanism of harmful algal bloom.

Under general conditions, *Ha* accounts for a small part of the whole algal population in the coastal water area. Once bloom formation is triggered, however, *Ha* propagates up to 7~8 times/day in population. On the other hand, such a remarkable propagation is not observed in other photosynthetic planktons occurring in the same area: this suggests that the factor inducing bloom formation exerts its effect on *Ha* in highly specific manner. In addition, the rapid propagation was not reproduced when isolated *Ha* strain was artificially cultured under laboratory condition. Environmental factors, such as water temperature, nutritional salt concentration, light intensity and day length, are known to have some impacts on bloom formation: however, *Ha* growth in laboratory culture are not dramatically affected when these condition are changed. These observations collectively indicate that there is other important factor that triggers the initiation of the bloom.

Our group recently isolated several commensal bacteria from *Ha*. One of these, *Altererythrobacter* markedly accelerated the *Ha* growth when added to axenized *Ha* strains. This observation underscores the importance of commensal bacterium as a regulatory factor for bloom formation. We are currently investigating the detailed mechanism of growth stimulation of *Ha* by the bacterium.

2. Characterization of *Heterosigma akashiwo virus* (*HaV*) infection process

Once the *Ha* bloom is formed, it disappears in a week to ten days. Ecological studies have demonstrated that *Ha* is extinguished due to infection of several viruses that infect and exterminate the unicellular algae. We are currently scrutinizing infection process of one of the viruses, *HaV*. While *HaV* was originally isolated as a pathogen that kills its host, we found out that several *Ha* strains show different phenotypes, such as resistant, uninfected, or shows latent infection, upon *HaV* infection. Moreover, we found that the viral infection symptom is markedly different even in the same host depending on the presence or absence of commensal bacteria. We are currently analyzing the full genome sequence of two *HaV* strains to establish basis for deciphering these phenomena at molecular levels.

3. Establishment of the basis of molecular biology study of *Ha*

To further characterize interaction between *Ha* and other organisms at molecular level, and utilize its fast growth for biomass production, we are currently analyzing the full genome sequence of *Ha* and optimizing genetic transformation protocol for the organism.

In addition, we have established strain specific marker gene based on the highly variable region of mitochondrial genome. This information will be utilized to characterize the population dynamics of *Ha* interacting with commensal bacteria and/or *HaV*.

本グループでは植物研と農学部の教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。平成22-24年度は日本学術振興会アジア・アフリカ学術基盤形成事業「東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発」、平成25年度は学内の「大学機能強化戦略経費（課題名：東アフリカ作物ストレス科学研究教育ネットワークによる国際化の推進）」により交流を進めたが、平成26年度には日本学術振興会拠点形成事業（アジア・アフリカ型）「汎アフリカ大学院と協働する資源植物科学イノベーション研究拠点」が採択されたので、平成28年度まではこの事業に基づいて交流を行う。さらにジョモケニアッタ農工大学(JKUAT)を中心に汎アフリカ大学院を支援するJICA「JAPAN-ai-Africaプロジェクト」の国内支援機関として国際共同研究のサポートも行うことになった。

1. ケニア人研究者の受入れと共同研究、ケニアデー開催

今年度は、ジョモケニアッタ農工大学から研究員4名を植物・昆虫間相互作用グループ（1名、平成26年9～11月）、植物・微生物相互作用グループ（2名、平成26年9～11月）、農学部（1名、平成26年9～11月）に受入れ、2ヶ月間、研究の指導や共同研究を行った。また、若手を中心とした研究交流の場として10月10日に「IPSRケニアデー2014」を行った。

2. ケニアへの研究者派遣とシンポジウム開催

東アフリカでの資源植物科学イノベーション研究拠点とネットワークを広げるため、今年度は植物研から3名の教員（坂本、鈴木、谷）と学生2名、環境生命科学研究科から4名（久保、一瀬、斎藤、田中）と大学本部より4名（森田学長、奥田農学部長、杉本、山本）がケニアを訪問し、シンポジウムを第9回ジョモケニアッタ農工大学カンファレンスの一部として開催した（11月13-14日、サブテーマ：Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for Sustainable Food Production and Security）。本シンポジウムには、ウガンダ（マケレレ大学）から2名、エチオピア（アジスアベバ科学技術大学、ICRISAT）から2名の研究者を招へいして研究発表も行い、今後の研究者招へいと共同研究について情報交換した。

This group consists of concurrent faculty members, and aims to establish an international hub and/or exchange program on Plant Genetic Resources and Stress Science. From 2010 to 2012, our program was supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Asia-Africa Science Platform Program (AASPP) under the title “Establishment of crop stress science network for increase of food production in eastern Africa”. In 2013, we extended our exchange under the intra-university program entitled “Globalization of Crop Stress Science network in eastern Africa”. Currently, the program is being supported by JSPS-AASPP under the title “Plant Science and Resource Innovative Research Core with Pan African University”, which was approved for 2014-2016. In addition, Okayama University has been selected as one of the supporting institutions for JICA JAPAN-ai-Africa project initiated from 2014. Our group aims in promoting international exchange through these programs.

1. Accepting Kenyan researchers and international collaboration

We invited four young researchers from Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT) to Plant-Insect Interaction Group, and Plant-Microbe Interaction Group, and to the Faculty of Agriculture (Prof. Kubo). During their stay at Okayama University for two months (periods from September to November, 2014), they learned advanced experimental skills in their disciplines and performed collaborative projects. To promote networking of young researchers, we organized the “IPSR Kenya Day 2014” on October 10.

2. Visiting east African countries

To promote an exchange between IPSR and other east African universities, two executives including two officers (President Morita, Dean Okuda, Sugimoto and Yamamoto), three faculty members from IPSR (Sakamoto, Suzuki and Tani), two students (Gichuhi and Kamau), and four faculty members from the Faculty of Agriculture (Kubo, Ichinose, Saitoh and Tanaka) visited JKUAT. We organized an international symposium “Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for Sustainable Food Production and Security”, as part of the 9th JKUAT conference held at JKUAT campus from November 13 to 14. To extend our exchange program to other countries, we invited two researchers from Uganda (Makerere University) and two researchers from Ethiopia (Addis Ababa Science and Technology University and ICRISAT), who also presented talks at the symposium and conducted discussion with Japanese participants.

出版物リスト (*List of Publication*)

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

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

- (1) Matsushima, R., Maekawa, M., Kusano, M., Kondo, H., Fujita, N., Kawagoe, Y., and Sakamoto, W. 2014. Amyloplast-localized SUBSTANDARD STARCH GRAIN4 protein influences the size of starch grains in rice endosperm. *Plant Physiol.* 164: 623-636.
- (2) Wudick, M. M., Luu, D.-T., Tournaire-Roux, C., Sakamoto, W., and Maurel, C. 2014. Vegetative and sperm cell-specific aquaporins of Arabidopsis highlight the vacuolar equipment of pollen and contribute to plant reproduction. *Plant Physiol.* 164: 1697-1706.
- (3) 真野昌二・山田（後藤）志野・坂本亘. 2014. 受精とオルガネラ：ミトコンドリア、プラスチド、ペルオキシソーム. 動植物の受精学（澤田均編），化学同人 pp. 301-317.
- (4) Shibata, M., Oikawa, K., Yoshimoto, K., Kondo, M., Mano, S., Yamada, K., Hayashi, M., Sakamoto, W., Ohsumi, Y., and Nishimura, M. 2014. Plant autophagy is responsible for peroxisomal transition and plays an important role in the maintenance of peroxisomal quality. *Autophagy* 10: 936-937.
- (5) Borg, M., Rutley, N., Kagale, S., Hamamura, Y., Gherghinoiu, M., Kumar, S., Sari, U., Esparza-Franco, M. A., Sakamoto, W., Rozwadowski, K., Higashiyama, H. and Twell, D. 2014. An EAR-dependent regulatory module promotes male germ cell division and sperm fertility in Arabidopsis. *Plant Cell* 26: 2098-2113.
- (6) Kato, Y. and Sakamoto, W. 2014. Phosphorylation of photosystem II core proteins prevents undesirable cleavage of D1 and contributes to the fine-tuned repair of photosystem II. *Plant J.* 79: 312-321.
- (7) Sakamoto, W. and Takami, T. 2014. Nucleases in higher plants and their possible involvement in DNA degradation during leaf senescence. *J. Exp. Bot.* 65: 3835-3843.
- (8) Adam, Z. and Sakamoto, W. 2014. Plastid proteases. *Plastid Biology, Advances in Plant Biology Vol.5:* 359-389.
- (9) Asai, H., Abe, N., Matsushima, R., Crofts, N., Oitome, N. F., Nakamura, Y. and Fujita, N. 2014. Deficiencies in both starch synthase IIIa and branching enzyme IIb lead to a significant increase in amylose in SSIIa- inactive japonica rice seeds. *J. Exp. Bot.* 65: 5497-5507.
- (10) 加藤裕介・坂本亘. 2014. 光合成の光阻害：光化学系IIの損傷と修復の分子メカニズム. 光合成研究と産業応用最前線 NST p. 97- 107.
- (11) 足達太郎・山極寿一・山根裕美・坂本亘・山科千里・山越言. 2014. 生物学とアフリカの未来. アフリカ研究 85: 33-50.

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

- (1) Hirayama, T. 2014. A unique system for regulating mitochondrial mRNA poly(A) status and stability in plants. *Plant Signaling & Behavior* DOI: 10.4161/15592324.2014.973809.
- (2) Mori, I. C., Rhee, J., Shibasaka, M., Sasano, S., Kaneko, T., Horie, T. and Katsuhara, M. 2014. CO₂ transport by PIP2 aquaporins of barley. *Plant Cell Physiol.* 55: 251-257.
- (3) Hossain, M. A., Ye, W., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. 2014. Cyclic adenosine 5'-diphosphoribose (cADPR) cyclic guanosine 3',5'-monophosphate positively function in Ca²⁺ elevation in methyl jasmonate-induced stomatal closure, cADPR n required for methyl jasmonate-induced ROS accumulation NO production in guard cells. *Plant Biol.* 16: 1140-1144.
- (4) Iehisa, J. C. M., Matsuura, T., Mori, I. C., Yokota, H., Kobayashi, F. and Takumi, S. 2014. Identification of quantitative trait loci for abscisic acid responsiveness in the D-genome of hexaploid wheat. *J. Plant Physiol.* 171: 830-841.

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) Song, W. Y., Yamaki, T., Yamaji, N., Ko, D., Jung, K. H., Fujii-Kashino, M., An, G., Martinoia, E., Lee, Y. and Ma, J. F. 2014. A rice ABC transporter, OsABCC1, reduces arsenic accumulation in the grain. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 111: 15699-15704.
- (2) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2014. Global transcriptome analysis of Al-induced genes in an Al-accumulating species, common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench). *Plant Cell Physiol.* doi: 10.1093/pcp/pcu135
- (3) Wang, H., Chen, R. F., Iwashita, T., Shen, R. F. and Ma, J. F. 2014. Physiological characterization of aluminum tolerance and accumulation in tartary and wild buckwheat. *New Phytol.* doi: 10.1111/nph.13011

-
- (4) Sasaki, A., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2014. Overexpression of *OsHMA3* enhances Cd tolerance and expression of Zn transporter genes in rice. *J. Exp. Bot.* 65: 6013-6021.
 - (5) Yamaji, N. and Ma, J. F. 2014. The node, a hub for mineral nutrient distribution in graminaceous plants. *Trends in Plant Sci.* 19: 556-563.
 - (6) Xia, J., Yamaji, N., Che, J., Shen, R. F. and Ma, J. F. 2014. Differential expression of *Nrat1* is responsible for Al-tolerance QTL on chromosome 2 in rice. *J. Exp. Bot.* 65: 4297-4304.
 - (7) Dallagnol, L. J., Rodrigues, F. A., Mielli, M. V. B. and Ma, J. F. 2014. Rice grain resistance to brown spot and yield are increased by silicon. *Tropical Plant Pathol.* 39: 056-063.
 - (8) Xia, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2014. An appropriate concentration of arginine is required for normal root growth in rice. *Plant Signaling & Behavior* 9: e28717.
 - (9) Xia, J., Yamaji, N., Che, J., Shen, R. and Ma, J. F. 2014. Normal root elongation requires arginine produced by argininosuccinate lyase in rice. *Plant J.* 78: 215-226.
 - (10) Milner, M., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Yokosho, K., Craft, E., Fei, Z., Ebbs, S., Zambrano, M., Ma, J. F* and Kochian, L*. 2014. Root and shoot transcriptome analysis of two ecotypes of *Noccaea caerulea* uncovers the role of *NcNramp1* in Cd hyperaccumulation. *Plant J.* 78: 398-410. (*co-corresponding author).
 - (11) Ma, J. F., Chen, Z. C. and Shen, R. F. 2014. Molecular mechanisms of Al tolerance in gramineous plants. *Plant Soil* 381: 1-12.
 - (12) Mitani-Ueno, N., Ogai, H., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2014. Physiological and molecular characterization of Si uptake in wild rice species. *Physiol. Plant.* 151: 200-207.

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

- (1) Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y. 2014. Estimation of soil-to-plant transfer factors of radiocesium in 99 wild plant species grown in arable lands one year after the Fukushima 1 Nuclear Power Plant accident. *J. Plant Res.* 127: 11-22.
- (2) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Ryan, P.R., Furuichi, T. and Yamamoto Y. 2014. A domain-based approach for analyzing the function of aluminum-activated malate transporters from wheat (*Triticum aestivum*) and *Arabidopsis thaliana* in *Xenopus* oocytes. *Plant Cell Physiol.* 55: 2126-2138.

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

- (1) Mori, I. C., Rhee, J., Shibasaka, M., Sasano, S., Kaneko, K., Horie, T. and Katsuhara, M. 2014. CO₂ transport by PIP2 aquaporins of barley. *Plant Cell Physiol.* 55: 251-257.
- (2) Katsuhara, M., Sasano, S., Horie, T., Matsuhmoto, T., Rhee, J. and Shibasaka, M. 2014. Functional and molecular characteristics of barley and rice NIP aquaporins transporting water, hydrogen peroxide and arsenite. *Plant Biotech.* 31: 213-219.
- (3) Katsuhara, M., Tsuji, N., Shibasaka, M. and Panda, S.K. 2014. Osmotic stress decreases PIP aquaporin transcripts in barley roots but H₂O₂ is not involved in this process. *J. Plant Res.* 127: 787-792.

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

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

- (1) Zhang, R., Liu, S., Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S., and Suzuki, N. 2014. A novel single-stranded RNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*, with similarity to hypo-like viruses. *Frontiers in Microbiology* 5: 360. doi: 10.3389/fmicb.2014.00360.
- (2) Kondo, H., Maruyama, K., Chiba, S., Andika, I. B., Tamada, T. and Suzuki, N. 2014. Transcriptional mapping of the messenger and leader RNAs of orchid fleck virus, a bisegmented negative-strand RNA virus. *Virology* 452-453: 166-174.
- (3) Kanematsu, S., Shimizu, T., Salaipeth, L., Yaegashi, H., Sasaki, A., Ito, T. and Suzuki, N. 2014. Genome rearrangement of a mycovirus *Rosellinia necatrix* megabirnavirus 1 affecting its ability to attenuate virulence of the host fungus. *Virology* 451: 308-315.

- (4) Kondo, H., Maeda, T., Gara, I. W., Chiba, S., Maruyama, K., Tamada, T. and Suzuki, N. 2014. Complete genome sequence of Habenaria mosaic virus, a new potyvirus species infecting a terrestrial orchid (*Habenaria radiata*) in Japan. *Archives of Virology* 159: 163-166.
- (5) Salaipeth, L., Eusebio-Cope, A., Chiba, S., Kanematsu, S. and Suzuki, N. 2014. Biological properties and expression strategy of Rosellinia necatrix megabirnavirus 1 in an experimental host *Cryphonectria parasitica*. *Journal of General Virology* 95: 740-750.
- (6) Dietzgen, R. G., Kuhn, J. H., Clawson, A. N., Freitas-Astúa, J., Goodin, M. M., Kitajima, E. W., Kondo, H., Wetzel, T. and Whitfield A. E. 2014. *Dichoravirus* - a proposed new genus for *Brevipalpus* mite-transmitted, nuclear, bacilliform, bipartite, negative-strand RNA plant viruses. *Archives of Virology* 159: 607-619.
- (7) Matsushima, R., Maekawa, M., Miyako, K., Kondo, H., Fujita, N., Kawagoe, Y. and Sakamoto, W. 2014. Amyloplast-localized SUBSTANDARD STARCH GRAIN4 protein influences the size of starch grains in rice endosperm. *Plant Physiology* 164: 623-636.
- (8) Kondo, H., Chiba, S. and Suzuki, N. 2014. Discovery of negative-strand RNA virus infection in fungi. *Proc. Symp. 9th Int. Working Group on Plant Viruses with Fungal Vectors*. 55-57.
- (9) Tamada, T., Kondo, H. and Bouzoubaa, S. 2014. Pattern of systemic movement of soil-borne plant viruses: evidence obtained from GFP-tagged beet necrotic yellow vein virus. *Proc. Symp. 9th Int. Working Group on Plant Viruses with Fungal Vectors*. pp. 11-14.
- (10) Chiba, S., Kondo, H., Suzuki, N. and Tamada, T. 2014. Mutational analysis of BNYVV p25 protein for symptom induction in systemic host *Beta macrocarpa*. *Proc. Symp. 9th Int. Working Group on Plant Viruses with Fungal Vectors*. pp. 15-17.
- (11) Dietzgen, R. G., Kuhn, J. H., Clawson, A. N., Freitas-Astúa, J., Goodin, M. M., Kitajima, E. W., Kondo, H., Wetzel, T. and Whitfield A. E. 2014. Create 2 new species, *Orchid fleck dichoravirus* and *Coffee ringspot dichoravirus*, in a new free-floating genus, *Dichoravirus*. *ICTV Taxonomy Proposal (TaxoProp)- Plant*. P.11
- (12) Nibert, M. L., Said A. Ghabrial, Maiss, E., Lesker, T., Vainio, E. J., Jiang, D. and Suzuki, N. 2014. Taxonomic reorganization of family *Partitiviridae* and other recent progress in partitivirus research. *Virus Research* 188: 128-141.
- (13) 玉田哲男・近藤秀樹. 2014. テンサイそう根病の病原ウイルス (BNYVV) の進化と品種抵抗性. *植物防疫* 68: 168-179. (Tamada, T. and Kondo, H. 2014. Sugar beet rhizomania caused by *Beet necrotic yellow vein virus*: evolution and host resistance. *Plant Protection* 68: 168-179.)
- (14) 鈴木信弘. 2014. マイコウイルス宿主としてのクリ胴枯病菌～知られざるマイコウイルスの世界を紐解く新たな解析ツール～ *ウイルス* 64: 11-24. (Suzuki, N. 2014. *Cryphonectria parasitica* as a host of fungal viruses: a tool useful to unravel the mycovirus world. *UIRUS* 64: 11-24)
- (15) Eusebio-Cope, A., Sun, L., Tanaka, T., Chiba, C., Kasahara, S., and Suzuki, N. 2014. The chestnut blight fungus for studies on virus/host and virus/virus interactions: from a natural to a model host. *Virology* doi:10.1016/j.virol.2014.09.024
- (16) 千葉壮太郎・鈴木信弘. 2014. 多様性に満ちた菌類の2本鎖RNAウイルス. *ウイルス* 64: 225-238. (Chiba, S. and Suzuki, N. Diverse double-stranded RNA viruses infecting fungi. *UIRUS*, 64: 225-238)
- (17) Charoenpanich, J. and Tani, A. 2014. Proteome analysis of acrylamide-induced proteins in a novel acrylamide-degrader *Enterobacter aerogenes* by 2D electrophoresis and MALDI-TOF-MS. *CMU J. Nat. Sci.* 13: 11-22.

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

- (1) Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y. 2014. Estimation of soil-to-plant transfer factors of radiocesium in 99 wild plant species grown in arable lands one year after Fukushima Daiichi Nuclear Power Station accident. *J. Plant Res.* 127: 11-22.
- (2) 園田昌司・片岡洋子・小原陽子・中野亮・井村有里・鈴江光良. 2014. 紫外線LEDと水盤トラップを用いた菌床シイタケ栽培施設に発生するハエ目昆虫の捕獲. *応動昆* 58: 32-35.
- (3) Bao, W. X., Kataoka, Y., Kohara, Y. and Sonoda, S. 2014. Genomic analyses of sodium channel α -subunit genes from strains of melon thrips, *Thrips palmi*, with different sensitivities to cypermethrin. *Pestic. Biochem. Physiol.* 108: 80-85.
- (4) Sonoda, S., Shi, X., Song, D., Liang, P., Gao, X., Zhang, Y., Li, J., Liu, Y., Li, M., Matsumura, M., Sanada-Morimura, S., Minakuchi, C., Tanaka, T. and Miyata T. 2014. Duplication of acetylcholinesterase gene in diamondback moth strains with different sensitivities to acephate. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 48: 83-90.
- (5) Wari, D., Yamashita, J., Kataoka, Y., Kohara, Y., Hinomoto, N., Kishimoto, H., Toyoshima, S. and Sonoda, S. 2014. Population survey of phytoseiid mites and spider mites on peach leaves and wild plants in Japanese peach orchard. *Exp. Appl. Acarol.* 63: 313-332.

-
- (6) Bao, W. X., Narai Y., Nakano, A., Kaneda T., Murai, T. and Sonoda, S. 2014. Spinosad resistance of melon thrips, *Thrips palmi*, is conferred by G275E mutation in $\alpha 6$ subunit of nicotinic acetylcholine receptor and cytochrome P450 detoxification. *Pestic. Biochem. Physiol.* 112: 51-55.
 - (7) 塚原佳孝・中筋房夫・園田昌司・積木久明. 2014. 日本におけるコナガの分布域の推定 2. 低温耐性と越冬. 応動昆中国支部会報 56: 1-9.
 - (8) Funayama, K. and Sonoda, S. 2014. *Plantago asiatica* groundcover supports *Amblyseius tsugawai* (Acari: hytoseiidae) 3 populations in apple orchards. *Appl. Entomol. Zool.* 49: 607-611.
 - (9) Shinya, T., Yamaguchi, K., Desaki, Y., Yamada, K., Narisawa, T., Kobayashi, Y., Maeda, K., Suzuki, M., Tanimoto, T., Takeda, J., Nakashima, M., Funama, R., Narusaka, M., Narusaka, Y., Kaku, H., Kawasaki, T. and Shibuya, N. 2014. Selective regulation of chitin-induced defense response by the Arabidopsis receptor-like cytoplasmic kinase PBL27. *Plant J.* 79: 56-66.
 - (10) Christeller, J. T., McGhie, T. K., Poulton, J. and Markwick N. P. 2014. Triterpene acids from apple peel inhibit lepidopteran larval midgut lipases and larval growth. *Arch. Insect. Biochem. Physiol.* 86: 137-150.
 - (11) Sobhy, I. S., Abdul-Hamid, A. M., Sarhan, A. A., Shoukry, A. A., Mandour, N. S. and Reitz, S. R. 2014. Life history traits of *Blaptostethus pallescens* (Hemiptera: Anthocoridae), a candidate for use in augmentative biological control in Egypt. *Appl. Entomol. Zool.* 49: 315-324.
 - (12) Mitsunami, T., Nishihara, M., Galis, I., Alamgir, K.Md., Hojo, Y., Fujita, K., Sasaki, N., Nemoto, K., Sawasaki, T. and Arimura, G. 2014. Overexpression of the PAP1 transcription factor reveals a complex regulation of flavonoid and phenylpropanoid metabolism in *Nicotiana tabacum* plants attacked by *Spodoptera litura*. *PloS One* 9: e108849.
 - (13) Christeller, J. T. and Galis, I. 2014. α -Linolenic acid concentration and not wounding per se is the key regulator of octadecanoid (oxylipin) pathway activity in rice (*Oryza sativa* L.) leaves. *Plant Physiol. Biochem.* 83: 117-125.
 - (14) Kiba, A., Galis, I., Hojo, Y., Ohnishi, K., Yoshioka, H. and Hikichi, Y. 2014. SEC14 phospholipid transfer protein is involved in lipid signaling-mediated plant immune responses in *Nicotiana benthamiana*. *PloS One* 9: e98150.
 - (15) Woldemariam, M. G., Galis, I. and Baldwin, I. T. 2014. Jasmonoyl-L-isoleucine hydrolase 1 (JIH1) contributes to a termination of jasmonate signaling in *N. attenuata*. *Plant Signal. Behav.* 9: e28973. (Short Communication)
 - (16) Sugimoto, K., Matsui, K., Iijima, Y., Akakabe, Y., Muramoto, S., Ozawa, R., Sasaki, R., Alamgir, K. Md., Akitake, S., Nobuke, T., Galis, I., Aoki, K., Shibata, D. and Takabayashi, J. 2014. Intake and transformation to a glycoside of (Z)-3-hexenol from neighbors reveals a new mode of plant odor reception and defense. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 111: 7144-7149.
 - (17) Isshiki, R., Galis, I. and Tanakamaru, S. 2014. Farinose flavonoids are associated with high freezing tolerance in fairy primrose (*Primula malacoides*) plants. *J. Integrat. Plant Biol.* 56: 181-188.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) Iehisa, M., Shimizu, A., Sato, K., Nishijima, R., Sakaguchi, K., Matsuda, R., Nasuda, S. and Takumi, S. 2014. Genome-wide marker development for the wheat D genome based on single nucleotide polymorphisms identified from transcripts in the wild wheat progenitor *Aegilops tauschii*. *Theor. Appl. Genet.* 127: 261-271.
 - (2) Matsumoto, T., Morishige, H., Tanaka, T., Kanamori, H., Komatsuda, T., Sato, K., Itoh, T., Wu, J. and Nakamura, S. 2014. Transcriptome analysis of barley identifies heat shock and HD-Zip I transcription factors up-regulated in response to multiple abiotic stresses. *Mol. Breed.* 34: 761-768.
 - (3) Turuspekov, Y., Abugalieva, S., Ermekbayev, K. and Sato, K. 2014. Genetic characterization of wild barley populations (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) from Kazakhstan based on genome wide SNP analysis. *Breed. Sci.* 64: 399-403.
 - (4) Iimure, T., M. Kihara, K. Sato and K. Ogushi. 2014. Purification of barley dimeric α -amylase inhibitor-1 (BDAl-1) and avenin-like protein-a (ALP) from beer and their impact on beer foam stability. *Food Chemistry* (in press).
 - (5) Deng, W., Casao, M. C., Wang, P., Sato, K., Hayes, P. M., Finnegan, E. J. and Trevaskis, B. 2014. Direct links between the vernalization response and other key traits of cereal crops. *Nat. Commun.* (in press)
 - (6) Hanen, S., Sato, K., Shehzad, T., Harrabi, M. and Okuno, K. 2014. Detection of QTLs for salt tolerance in Asian barley (*Hordeum vulgare* L.) by association analysis with SNP markers. *Breed. Sci.* 64: 378-288.
-

-
- (7) Sato, K., Flavell, A., Russell, J., Bömer, A. and Valkoun, J. 2014. Genetic diversity and germplasm management-wild barley, landraces, breeding materials. (Kumlehn, J. and Stein, N. eds.) *Biotechnological Approaches to Barley Improvement*. Biotechnology in Agriculture and Forestry, Springer pp. 21-36.

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

- (1) Himi, E., Matsuura, T., Maekawa, M. and Taketa, S. 2014. Real-time PCR mediated diagnosis of hemizygosity at the *Tamylb10-D1* locus controlling grain color in wheat. *Molecular Breeding* (in press).
- (2) Himi, E., and Taketa, S. Isolation of candidate genes for the barley *Ant1* and wheat *Rc* genes controlling anthocyanin pigmentation in different vegetative tissues, *Molecular Genetics and Genomics* (in press)

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

- (1) Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y. 2014. Estimation of soil-to-plant transfer factors of radiocesium in 99 wild plant species grown in arable lands one year after the Fukushima 1 Nuclear Power Plant accident. *Journal of Plant Research* 127(1): 11-22.
- (2) Ishikawa, N., Ikeda, H., Yi, T., Takabe-Ito, E., Okada, H. and Tsukaya, H. 2014. Lineage diversification and hybridization in the *Cayratia japonica*-*Cayratia tenuifolia* species complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 75: 227-238. (DOI:10.1016/j.ympev.2014.01.027)
- (3) Ikeda, H., Yakubov, V., Barkalov, V. and Setoguchi, H. 2014. Molecular evidence for ancient relicts of arctic-alpine plants in East Asia. *New Phytologist* 203: 980-988. (DOI: 10.1111/nph.12863)
- (4) Ikeda, H., Higashi, H., Yakubov, V., Barkalov, V. and Setoguchi, H. 2014. Phylogeographic study of the alpine plant *Cassiope lycopodioides* (Ericaceae) suggests a range connection between the Japanese archipelago and Beringia during the Pleistocene. *Biological Journal of Linnean Society* 110: 497-509. (DOI: 10.1111/bij.12342)
- (5) Wakabayashi, T., Oh, H., Kawaguchi, M., Harada, K., Sato, S., Ikeda, H. and Setoguchi, H. 2014. Polymorphisms of *E1* and *GIGANTEA* in wild populations of *Lotus japonicus*. *Journal of Plant Research* 127: 651-660. (DOI:10.1007/s00606-014-1088-7)
- (6) 山下純. 2014. 野生シダ植物の多様性と植物相の変化. In: 植松千代美 (編), 都市・森・人をつなぐ, pp. 76-104, 京都大学学術出版会. (Yamashita, J. 2014. Species diversity of wild pteridophytes and shift of vascular plant flora in botanical Gardens, Osaka City University. In: Uematsu, C. [ed.] *To Make Better Relationships among Forest, City and Human*, pp. 76-104, Kyoto University 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) Tek, A. L., Kashiwara, K., Murata, M. and Nagaki, K. 2014. Identification of the centromere-specific histone H3 variant in *Lotus japonicus*. *Gene* 538: 8-11.
- (2) Murata, M. 2014. Minichromosomes and artificial chromosomes in *Arabidopsis*. *Chromosome Res.* 22: 167-178.
- (3) Tek, A. L., Stupar, R. M. and Nagaki, K. 2014. Modification of centromere structure: a promising approach for haploid line production in plant breeding. *Turkish J. Agri. Forestry* 38: 1-6.
- (4) Habu, Y., Ando, T., Ito, S., Nagaki, K., Kishimoto, N., Taguchi-Shiobara, F., Numa, H., Yamaguchi, K., Shigenobu, S., Murata, M., Meshi, T. and Yano, M. 2014. Epigenomic modification in rice controls meiotic recombination and segregation. *Molecular Breed.* (in press).

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

- (1) Hayashi-Tsugane, M., Takahara, H., Ahmed, N., Himi, E., Takagi, K., Iida, S., Tsugane, K. and Maekawa, M. 2014. A mutable albino allele in rice reveals that formation of thylakoid membranes requires the *snow-white leaf1* gene. *Plant Cell Physiol.* 55: 3-15.
- (2) Rikiishi, K. and Maekawa M. 2014. Seed maturation regulators are related to the control of seed dormancy in wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS ONE* 9(9): e107618; (doi:10.1371/journal.pone.0107618).
- (3) Sugimoto, M., Oono, Y., Gusev, O., Matsumoto, T., Yazawa, T., Levinskikh, M.A., Sychev, V.N., Bingham, G.E., Wheeler, R. and Hummerick, M. 2014. Genome-wide expression analysis of reactive oxygen species gene network in Mizuna plants grown in long-term spaceflight. *BMC Plant Biology* 14: 4.
- (4) Tanaka, S., Kihara, M. and Sugimoto, M. 2014. Structure and molecular characterization of barley nudix hydrolase genes. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* (DOI:10.1080/09168451.2014.978259).

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

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

- (1) Ueki, S. and Citovsky, V. 2014. Plasmodesmata-associated proteins: can we see the whole elephant? *Plant Signaling and Behavior* 9(2): e27899

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

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

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

- (1) Sakamoto, W. Biogenesis and continuity of chloroplasts require various prokaryotic factors: Focus on DPD1, FtsH and VIPP1. IMB special seminar. Institute of Molecular Biology, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, April 24, 2014.
- (2) Sakamoto, W. Versatile role of VIPP1 in chloroplast function and stress resistance. Institute of Plant Physiology and Ecology, Special Seminar, Shanghai Institute of Biological Sciences, Chinese Academy of Science, Shanghai, China, August 14, 2014.
- (3) Kato, Y. and Sakamoto, W. Characterization of a protein interacting with FtsH protease involved in D1 degradation. International Symposium on the Regulation of Photosynthetic Function. Guilin, China, August 16-20, 2014.
- (4) Zhang, L. and Sakamoto, W. Peripherally-attached membrane protein VIPP1 forms a large complex and protects photosynthetic membranes. International Symposium on the Regulation of Photosynthetic Function. Guilin, China, August 16-20, 2014.
- (5) Peter, K. Molecular characterization of an ARC6-like protein involved in chloroplast division and biogenesis in rice. IPSR Kenya Day 2014. Kurashiki, October 10, 2014.
- (6) Sakamoto, W. Improvement of photosynthesis and chloroplast function for food and biomass production. The 9th JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference. Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology. Nairobi, Kenya, November 13-14, 2014.
- (7) Peter, K., Matsushima, R., Maekawa, M. and Sakamoto, W. Molecular characterization of an ARC6-like protein involved in chloroplast division and biogenesis in rice (*Oryza sativa* L.). The 9th JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference. Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology. Nairobi, Kenya, November 13-14, 2014.

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

- (1) Yin, Y., Adachi, Y., Ye, W., Hayashi, M., Nakamura, Y., Kinoshita, T., Mori, I. C. and Murata, Y. Difference in abscisic acid perception mechanism between closure induction and opening inhibition of stomata. Keystone Symposia, Plant Signaling: Dynamic Properties. Breckenridge, CO, USA, February 5-10, 2014.
- (2) Mori, I. C., Rhee, J., Shibasaki, M., Sasano, S., Kaneko, T., Horie, T. and Katsuhara, M. CO₂ permeability of PIP2 aquaporins. Plant Biology 2014. Portland, OR, USA, July 12-16, 2014.
- (3) Ye, W., Adachi, Y., Muroyama, D., Issak, M., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. and Murata, Y. Calcium-dependent protein kinase, CPK6, and Open stomata 1 positively function in yeast elicitor-induced stomatal closure in Arabidopsis. Plant Biology 2014. Portland, OR, USA, July 12-16, 2014.
- (4) Itai, A., Morishita, Y., Mishima, R., Kanetaka, S., Matsuura, T., Mori, I., Hirayama, T., Murayama, H. and Habu, T. Transcriptome analysis reveals the role of plant hormones in pear fruit set. 12th International Pear Symposium. Leuven, Belgium, July 14-18, 2014.
- (5) Hirayama, T., Matsuura, T., Nakagawa, R., Ohtani, M. and Hayashi, H. Unique function of poly(A)-specific ribonuclease of Arabidopsis, International Conference on Arabidopsis Research. Vancouver, Canada, July 28-August 1st, 2014.
- (6) Takatani, S., Hirayama, T., Hashimoto, T., Takahashi, T. and Motose, H. Abscisic acid induces ectopic outgrowth and cortical microtubule reorganization in epidermal cells of *Arabidopsis thaliana*. International Conference on Arabidopsis Research. Vancouver, Canada, July 28-August 1st, 2014.
- (7) Ikeda, Y., Becker, C., López-González, L., Pouch-Pélissier, M., Pogorelnik, R., Weigel, D. and Mathieu, O. Identification of Arabidopsis KUMONOSU gene involved in DNA methylation and heterochromatin-associated silencing. FEBS-EMBO 2014 conference. Paris, France, August 30-September 4, 2014.
- (8) Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Kohchi, T. and Hirayama, T. Towards DNA methylome analysis in *Marchantia polymorpha*. The 38th NAITO conference on Molecule-based biological systems. Sapporo, Japan, October 7-10, 2014.
- (9) Ooi, L., Lee, Y.H., Goh, C.T., Asmat, A. and Mori, I.C. Biosensor for oxidative stress induced by toxic metalloids using *Escherichia coli* roGFP2 cells. JSPS-ACP comprehensive seminar 4. Johor Bahru, Malaysia, December 3-4, 2014.

-
- (10) Ikeda, Y., Kato, M., Nishihama, R., Yamaoka, S., Kohchi, T. and Hirayama T. Towards functional analysis of DNA methylation in *Marchantia polymorpha*. Marchantia workshop 2014, Kobe, Japan, December 8-10, 2014.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

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

- (1) Ma, J. F., Yamaji, N. and Mitani-Ueno, N. Silicon transporters and their role in plants. 6th International Conference on Silicon in Agriculture. Stockholm, Sweden, August 26-30, 2014.
- (2) Yamaji, N., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Transcriptional regulation of Si transporter genes involved in uptake and distribution in rice. 6th International Conference on Silicon in Agriculture. Stockholm, Sweden, August 26-30, 2014.
- (3) Sakurai, G., Satake, A., Yamaji, N., Mitani, N., Yokozawa, M. and Ma, J. F. The role of Casparian strips and Lsi transporter distribution in efficient Si transport in rice. 6th International Conference on Silicon in Agriculture. Stockholm, Sweden, August 26-30, 2014.
- (4) Ma, J. F. Transporters involved in cadmium accumulation in plants. Development of “Knowledge about Agriculture” through the International Collaboration between the University of Tokyo, Japan and the Southwest University, China. Tokyo, Japan, Sep. 12-13, 2014.
- (5) Ma, J. F., Yamaji, N. and Sasaki, A. Molecular mechanisms of mineral element distribution in rice. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics. Arizona, USA, November 16-19, 2014.
- (6) Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Characterization of a gene controlling root growth in rice. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics. Arizona, USA, November 16-19, 2014.

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

- (1) Katsuhara, M. Plant aquaporin: A molecular regulator in plant water relations. 1st Okayama University and King Faisal University’s Workshop on Environmental and Life Science. Okayama, Japan, November 13, 2014.

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) Salaipeeth, L., Chiba, S., Eusebio-Cope, A., Kanematsu, S., and Suzuki, N. Biological control potential of *Rosellinia necatrix* megabirnaviridae 1 against white root rot disease in Japan. The PMCP (Pest Management Council of the Philippines) 45th Anniversary and Annual Scientific Conference. Cebu City, Philippines, May 6-9, 2014.
- (2) Suzuki, N. and Eusebio-Cope, A. RNA genome rearrangements associated with RNA silencing deficiency. EMBO Conference Viruses of microbes: Structure and function, from molecules to communities. ETH Zurich, Switzerland, July 14-18, 2014.
- (3) Suzuki N. The chestnut blight fungus for studies on virus/host and virus/virus interactions: from a natural to a model host. EMBO Conference Viruses of microbes: Structure and function, from molecules to communities. ETH Zurich, Switzerland, July 14-18, 2014.
- (4) Zhang R., Liu, S., Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel ssRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix* with similarity to hypo - like viruses. 16th International Congress of Virology. Montreal, Canada, July 27- August 1, 2014.
- (5) Nibert, M. L., Said A. Ghabrial. and Suzuki, N. Taxonomic reorganization of family *Partitiviridae*. 16th International Congress of Virology. Montreal, Canada, July 27- August 1, 2014.
- (6) Salaipeeth, L., Chiba, S., Eusebio-Cope, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Transfection of the megabirnavirus RnMBV1 into a model filamentous fungus, *Cryphonectria parasitica*: biological significance and expression strategies. 16th International Congress of Virology. Montreal, Canada, July 27- August 1, 2014.
- (7) Kondo, H., Maruyama, K., Chiba, S., Andika, I. B., Tamada, T. and Suzuki, N. Detection and transcriptional mapping of the messenger and leader RNAs of orchid fleck virus, a bisegmented negative - sense RNA virus. 16th International Congress of Virology. Montreal, Canada, July 27- August 1, 2014.

- (8) Chiba, S., Jamal, A., Tanaka, T., Kondo, H. and Suzuki, N. The first evidence for internal ribosomal entry sites in mycovirus genomes. 3rd Int. Mycovirus Symposium. Burlington, USA, August 2-5, 2014.
- (9) Zhang R., Liu, S., Chiba, S. Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A novel ssRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix* with similarity to hypo-like viruses. 3rd Int. Mycovirus Symposium. Burlington, USA, August 2-5, 2014.
- (10) Kondo, H., Hisano, S., Lin, Y-H., Chiba, S. and Suzuki, N. Multiple infection of a single *Botrytis tulipae* isolate by at least nine RNA viruses revealed by a deep sequencing approach. 3rd Int. Mycovirus Symposium. Burlington, USA, August 2-5, 2014.
- (11) Mochizuki, S., Suzuki, N. and Kasahara, S. Glycobiologic approach for dissection of mycovirus/host interactions. 3rd Int. Mycovirus Symposium. Burlington, USA, August 2-5, 2014.
- (12) Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N. Mycoreovirus 1 genome rearrangements generated in RNA-silencing defective strains of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. 3rd Int. Mycovirus Symposium. Burlington, USA, August 2-5, 2014.
- (13) Mitsui, R., Masuda, S., Tani, A., Minamisawa, K. and Tanaka, M. Rare earth elements-dependent methylotrophic autotrophy of *Bradyrhizobium japonicum* USDA110. Gordon Conference. Molecular basis of microbial one-carbon metabolism, MA, USA, August 10-15, 2014.
- (14) Tani, A., Sahin, N., Matsuyama, Y., Enomoto, T., Nishimura, N., Yokota, A. and Kimbara, K. Rapid and accurate identification of microorganisms by whole-cell MALDI-TOF/MS. New Core to Core program A. Advanced research networks on Establishment of an international research core for new bio-research fields with microbes from tropical areas (World-class research hub of tropical microbial resources and their utilization) First joint seminar. Bangkok, Thailand, August 10-11, 2014.
- (15) Charoenpanich, J., Kobtrakool, K., Ketsuk, A., Kaengnam, W., Thakolprajak, P. and Tani, A. A novel metal-tolerant, solvent and surfactant stable protease from marine bacterium *Bacillus megaterium*. New Core to Core program A. Advanced research networks on Establishment of an international research core for new bio-research fields with microbes from tropical areas (World-class research hub of tropical microbial resources and their utilization) First joint seminar. Bangkok, Thailand, August 10-11, 2014.
- (16) Nakagawa, T., Mitsui, R., Tani, A., Hibino, A., Sasa, K., Tashiro, S., Iwama, T., Hayakawa, T. and Kawai, K. Physiological role of methanol dehydrogenase depending on rare earth elements in methylotrophic bacterium. 16th Asian Australasian Animal Production Congress. Yogyakarta, Indonesia, Oct 10-14, 2014.
- (17) Kurniawati, N., Mitsui, R., Tani, A., Fitriyanto, A. N., Pertiwinigrum, A., Hayakawa, T., Nakagawa, T. and Kawai, K. Symbiotic nitrogen-fixing soil bacterium has an ability of methanol utilization depending on rare earth elements. The 16th Asian Australasian Animal Production Congress. Yogyakarta, Indonesia, Oct 10-14, 2014.
- (18) Supyani, S. and Suzuki, N. Characterization of *Mycoreovirus-1* Particles Isolated from a Hypovirulent Strain (9B21) of the Chestnut Blight Fungus. 2nd International Biology Conference (2nd IBOC). Bertempat di Kampus ITS Sukolilo-Surabaya, Pada tanggal, Indonesia, November 8, 2014.
- (19) Tani, A., Masuda, S., Fujitani, Y., Kato, J. and Suzuki, N. Chemotaxis to methanol in *Methylobacterium* sp. 9th JKUAT Scientific and Technological Conference. Nairobi, Kenya, November 13-14, 2014.
- (20) Masuda, S., Nakamura, Y., Mori I. C. and Tani, A. A novel strategy for suppression of plant stomatal defense by *Methylobacterium* sp. 9th JKUAT Scientific and Technological Conference. Nairobi, Kenya, November 13-14, 2014.
- (21) Suzuki, N. Virus interference in plants and fungal hosts. 9th JKUAT Scientific and Technological Conference. Nairobi, Kenya, November 13-14, 2014.

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

- (1) Wari, D. and Sonoda, S. Identification of wild plant species possibly promoting the occurrence of phytoseiid mites in Japanese peach orchards. XIV International Congress of Acarology. Kyoto, Japan, July 13-18, 2014.
- (2) Sonoda, S. and Wari, D. Generalist phytoseiid mite *Euseius sojaensis* contributes to suppression of spider mite densities at organic peach orchard with no chemical application. XIV International Congress of Acarology. Kyoto, Japan, July 13-18, 2014.
- (3) Sonoda, S. Cryptic mechanisms of insecticide resistance in diamondback moth. The 1st International Symposium on Insecticide Toxicology, Guanzhou, China, August 5-7, 2014.
- (4) Shinya, T., Yamaguchi, K., Desaki, Y., Yamada K., Narisawa, T., Kobayashi, Y., Maeda, K., Suzuki, M., Tanimoto, T.,

Takeda, J., Nakashima, M., Funama, R., Narusaka, M., Narusaka, Y., Kaku, H., Kawasaki, T., and Shibuya, N. Selective regulation of chitin-induced defense response by the Arabidopsis receptor-like cytoplasmic kinase PBL27. XVI IS-MPMI. Rhodes, Greece, July 6-10, 2014.

- (5) Galis, I. Development of novel plant protection strategies based on the natural defense mechanisms against herbivores in rice. The 1st Okayama University and King Faisal University's Workshop on Environmental and Life Science. Okayama, Japan, November 13-14, 2014.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) Sato, K. Evaluation and use of stress tolerance in barley genetic resources. Visions for Nordic pre-breeding collaboration, PPP seminar and partner meeting, Radisson SAS, Reykjavik, February 26-28, 2014.
- (2) Hisano, H., Nishimura, H., Matsuura T., Mori I., Yamane M. and Sato K. Microarray and hormone analysis of the calli derived from different organs and genotypes in barley. Cereals for Food, Feed and Fuel, Challenge for Global Improvement, Joint EUCARPIA Cereal Section & I/T/M/I Conference, Wernigerode, Germany, June 29-July 4, 2014.

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

- (1) Taketa, S. BaYMV resistance gene research in Japan. Rym Workshop 2014, Sapporo, Japan, May 12, 2014.
- (2) Jost, M., Mascher, M., Steuernagel, B., Schmutzer, T., Himmelbach, A., Shahinnia, F., Scholz, U., Druka, A., Waugh, R., Taketa, S. and Stein, N. Cloning of the homeotic gene *Laxatum.a (lax.a)* - prospects from an improving barley genomics infrastructure. 1st International Workshop on Barley Mutant Research. Gatersleben, Germany, June 27 - 28, 2014.
- (3) Taketa, S. and Himi, E. Molecular characterization of barley genes relevant to seed morphology and quality. 1st International Workshop on Barley Mutant Research. Gatersleben, Germany, June 27 - 28, 2014.
- (4) Jost, M., Mascher, M., Steuernagel, B., Schmutzer, T., Himmelbach, A., Shahinnia, F., Scholz, U., Druka, A., Waugh, R., Taketa, S. and Stein N. Cloning of the homeotic gene *Laxatum.a (lax.a)* - prospects from an improving barley genomics infrastructure EUCARPIA. Cereal Section- I/T/M/I Joint Conference. Wernigerode Germany, June 29 - July 4, 2014.
- (5) Taketa, S. Barley transcription factors controlling seed morphology and pigments. 5th NIBB-MPIPZ-TLL Symposium. Horizons in Plant biology, Max Planck Institute for Plant Breeding Research Cologne, Germany, November 24 - 26, 2014.

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

- (1) Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y. A study on phytoremediation efficiency of soil radiocesium by wild plants grown in arable lands one year after the Fukushima 1 Nuclear Power Plant Accident. BIT's 7th Annual World Congress of Industrial Biotechnology. Dalian, China, April 25-28, 2014.
- (2) Ikeda, H., Gustafsson, L., Brochmann, C., Nagatani, A. and Setoguchi, H. Molecular evolution of photoreceptor genes between sister species and non-neutral divergence along latitude. Botany 2014. Boise, USA, July 27-31, 2014.
- (3) Ikeda, H. Molecular evolution of phytochromes and their day-length relevant divergence. 5th NIBB-MPIPZ-TLL symposium. Cologne, Germany, November 24-26, 2014.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H. and Maekawa, M. Latent traits of *Oryza longistaminata* could contribute to the realization of a sustainable culture system in rice. International Conference on ENHANCED GENEPOOL UTILIZATION-Capturing wild relative and landrace diversity for crop improvement. Cambridge, United Kingdom, June 16-20, 2014.

-
- (2) Sugimoto, M., Oono, Y., Gusev, O., Matsumoto, T., Yazawa, T., Levinskikh, M.A., Sychev, V.N., Bingham, G.E., Wheeler, R. and Hummerick, M. Genome-wide expression analysis of reactive oxygen species gene network in Mizuna plants grown in long-term spaceflight. 40th Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Moscow, Russia, August 3-9, 2014.
 - (3) Tanaka, S., Kihara, M., and Sugimoto, M. Expression of nudix hydrolase genes in barley under UV irradiation. 40th Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Moscow, Russia, August 3-9, 2014.
 - (4) Katayama, N., Yamashita, M., Sugimoto, M., Kihara, M., and Hashimoto, H. Low GI food with barley in space foods. 40th Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Moscow, Russia, August 3-9, 2014.
 - (5) Novikova, N., Orlov, O., Polikarpov, N., Deshevaya, E., Sychev, V., Levinskikh, M., Poddubko, S., Alekseev, V., Okuda, T., Sugimoto, M., and Gusev, O. Results of studies on long-term exposition of dormant forms of various organisms in outer space environment. 40th Scientific Assembly of the Committee on Space Research, Moscow, Russia, August 3-9, 2014.
 - (6) Gichuhi, E., Himi E. and Maekawa M. Towards basmati rice improvement by introducing *Oryza longistaminata*-derived traits. The Ninth JKUAT Scientific, Technological and Industrialization Conference, Nairobi, Kenya. November 13-14, 2014.

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

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

- (1) Ueki, S. Growth promotion of *Heterosigma akashiwo* by marine microorganisms; implication of marine bacterium in bloom formation. The 16th international conference of Harmful Algae. Wellington, New Zealand, Oct 26-31, 2014.

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)

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

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

- (1) 加藤裕介・坂本 亘：葉緑体プロテアーゼFtsHと共精製されるタンパク質の探索と解析. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Kato, Y. and Sakamoto, W.: Characterization of a protein copurified with the chloroplastic metalloprotease immunologically. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (2) 羽田野和実・加藤裕介・坂本 亘：FtsHプロテアーゼ高発現植物における光合成機能とストレス耐性に関する研究. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Hatano, K., Kato, Y. and Sakamoto, W.: Attempts to improve stress tolerance by overexpression of FtsH protease. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (3) 村上華穂・高見常明・坂本 亘：オルガネラヌクレアーゼDPD1は老化葉において葉緑体DNA分解に関与する. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Murakami, K., Takami, T. and Sakamoto, W.: Organelle nuclease DPD1 is involved in the degradation of chloroplast DNA in senescent leaves. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (4) 高見常明・村上華穂・坂本 亘：DPD1の機能欠損は老化葉の葉緑体遺伝子発現に影響する. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Takami, T., Murakami, K. and Sakamoto, W.: Organelle exonuclease DPD1 affects chloroplast gene expression during leaf senescence. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (5) Zhang, L. and Sakamoto, W.: VIPP1 is a partially disordered protein at the C-terminal extension that confers structural flexibility at the chloroplast envelope upon stress. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (6) 坂本 亘・張林剛・小田知里・高見常明・加藤裕介：バイオマスデザインのための光合成と葉緑体機能の改良. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Sakamoto, W., Zhang, L., Oda, C., Takami, T. and Kato, Y.: Improvement of photosynthesis and chloroplast function for designed biomass. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (7) 松島 良・前川雅彦・草野都・近藤秀樹・藤田直子・坂本 亘：澱粉粒の大きさを制御するSSG4遺伝子の同定と解析. 日本育種学会第125回講演会, 仙台, 3月21-22日, 2014. (Matsushima, R., Maekawa, M., Kusano, M., Kondo, H., Fujita, N. and Sakamoto, W.: Identification of SSG4 gene responsible for the starch grain size control in rice. 125th Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)
- (8) 坂本 亘：光合成と葉緑体：機能分化と制御の遺伝生理学的解析. 国際基督教大学セミナー, 東京, 5月15日, 2014.
- (9) 坂本 亘：東アフリカにおける植物生理学と作物ストレス科学研究の展開 -アフリカ起源作物ソルガムのストレス耐性研究について-. 日本アフリカ学会 第51回学術大会, 京都, 5月23-25日, 2014.
- (10) 坂本 亘：葉緑体の機能強化と作物生産性の向上. 住友化学セミナー, 兵庫, 5月27日, 2014.
- (11) 加藤裕介・森満莉恵・坂本 亘：葉緑体プロテアーゼFtsHと共精製されたタンパク質EngA高発現植物体の表現型解析. 第5回日本光合成学会年会, 奈良, 5月30-31日, 2014.
- (12) 松島 良：穀類の澱粉粒の形状多様性についての研究. おかやまバイオアクティブ研究会 第45回シンポジウム, 倉敷, 6月27日, 2014. (Matsushima, R.: Morphological variation of starch grains in cereals. 45th Okayama bioactive symposium, June 27, 2014, Kurashiki)
- (13) 坂本 亘：葉緑体機能強化因子の同定とステイグリーンの作出. CRESTチーム会議, 北海道, 9月4日, 2014.
- (14) 坂本 亘：ソルガムステイグリーン形質の解析. 第5回ソルガムワークショップ, 東京, 9月22日, 2014.
- (15) 松島 良・坂本 亘：穀類の澱粉粒の形状多様性についての研究. 100周年記念資源植物科学シンポジウム, 倉敷, 10月3日, 2014.
- (16) 加藤裕介・坂本 亘：葉緑体プロテアーゼFtsHと共精製されるタンパク質EngAの機能解析. 100周年記念資源植物科学シンポジウム, 倉敷, 10月3日, 2014.
- (17) 高見常明・坂本 亘：ルガネラヌクレアーゼDPD1は葉の老化過程において葉緑体DNAを分解する. 100周年記念資源植物科学シンポジウム, 倉敷, 10月3日, 2014.
- (18) 張林剛・坂本 亘：葉緑体VIPP1タンパク質による包膜保護と環境ストレス耐性. 100周年記念資源植物科学シンポジウム

ム, 倉敷, 10月3日, 2014.

- (19) 坂本 亘: 葉緑体ゲノムの母性遺伝と組織特異的ゲノム分解: 植物の多様な生存戦略. 大阪市立大学理学部セミナー, 大阪, 10月23日, 2014.
- (20) 坂本 亘: やさしい光合成・光阻害の解説と作物生産性の向上. NC-CARP産学連携コンソーシアム 第6回バイオマスリファナリー研究会, 東京, 10月24日, 2014.
- (21) 坂本 亘: 被子植物のオルガネラゲノムは組織特異的に分解される. 国立遺伝学研究所研究集会 ~オルガネラゲノムに支配される生命現象~, 静岡, 11月7日, 2014.
- (22) 坂本 亘: VIPP1タンパク質による葉緑体の膜保護機能. 植物脂質シンポジウム特別講演, 静岡, 11月28-29日, 2014.

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

- (1) 松浦恭和・氷見英子・力石和英・加藤美奈子・森 泉・平山隆志: 穂発芽抵抗性白粒コムギ1-117のMFTタイプと種子休眠. 穂発芽研究会, 札幌, 1月29日, 2014. (Matsuura, T., Himi, E., Kato, M., Mori, I.C., and Hirayama, T.: MFT type and seed dormancy of pre-harvest sprouting resistance white grain wheat 1-117. 17th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting, January 29, 2014, Sapporo)
- (2) 平山隆志: 植物特異的ミトコンドリアmRNA poly(A)制御機構. 第16回オルガネラワークショップ, 富山, 3月17日, 2014. (Hirayama, T.: Unique regulatory system for mitochondrial mRNA poly(A) status of plants. 16th Plant Organelle Workshop, March 17, 2014, Toyama)
- (3) 平山隆志: poly(A)特異的RNA分解酵素(PARN)の植物特有の機能. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Hirayama, T.: A novel role of poly(A) specific ribonuclease (PARN) of plants, 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (4) 高谷彰吾・橋本 隆・平山隆志・高橋 卓・本瀬宏康: アブシジン酸は表皮細胞の突起形成と微小管の脱重合を引き起こす. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Takaya, S., Hashimoto, T., Hirayama, T., Takahashi, T. and Motose, H.: Absciscic acid induces ectopic outgrowth in epidermal cells through cortical microtubule reorganization in Arabidopsis. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (5) 高木 紘・江草真由美・渡辺俊介・森 泉・平山隆志・島田裕士・上中弘典・坂本 敦: プリン代謝中間体アラントインはジャスモン酸応答を惹起する. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Takagi, T., Egusa, M., Watanabe, S., Mori, I., Hirayama, T., Shimada, Y., Kaminaka, H. and Sakamoto, A.: Allantoin, a purin metabolism intermediate, induces the jasmonic acid response. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (6) Lu, Y., Sato, T., Mori, I., Hirayama, T. and Yamaguchi, J.: ABI1, a negative regulator of absciscic acid signalling, regulates plant growth in response to balance of carbon and nitrogen availability in Arabidopsis. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (7) Niwa, Y., Nishimura, H., Hirayama, T., Sawada, Y., Hirai, M., Nagasaki, H., Nakamura, Y., Kobayashi, E., Watanabe, S., Ogawa, T., Nakamura, Y. and Kobayashi, H.: Expression analysis of tea genes regulated by light using custom microarray. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (8) Saisho, D., Mochida, K., Matsuura, T., Matsushima, R., Shinozaki, R. and Hirayama, T.: Development of TILLING resources using *Brachypodium distachyon* L. 'Bd21'. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (9) Mori, I. C., Rhee, J., Shibasaka, M., Sasano, S., Kaneko, T., Horie, T. and Katsuhara, M.: CO₂ permeability of PIP2 aquaporins. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (10) 宗正晋太郎・室山大地・長橋大樹・中村宜督・森 泉・村田芳行: 孔辺細胞アブシジン酸シグナル伝達におけるグルタチオンの役割. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Munemasa, S., Muroyama, D., Nagahashi, T., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y.: Role of glutathione in guard cell absciscic acid signal transduction. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (11) Ye, W., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y.: Involvement of calcium-dependent protein

- kinase, CPK6, in stomatal closure induced by yeast elicitor in *Arabidopsis thaliana*. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (12) Tsuchihira, A., Prado, K., Hanba, Y., Mori, I. C., Maurel, C. and Maeshima, M.: A unique aquaporin member in plasma membrane contributes to plant-response to heat. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (13) Ikeda, Y., López-González, L., Vaillant, I., Pouch-Pélissier, M. and Mathieu, O.: Identification of the *KUMONOSU* gene involved in heterochromatin-associated silencing. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
- (14) 大槻達郎・森 泉・松浦恭和・且原真木・瀬戸口浩彰：琵琶湖に隔離されたハマエンドウにおける耐塩性低下の検証. 日本植物分類学会第13回大会, 熊本, 3月21-23日, 2014. (Ohtsuki, T., Mori, I. C., Matsuura, T., Katsuhara, M. and Setoguchi, H.: Verification of the decrease of salt tolerance in *Lathyrus japonicus*, isolated in Lake Biwa. 13th Annual Meeting of the Japanese Society for Plant Systematics. March 21-23, 2014, Kumamoto.)
- (15) 宗正晋太郎・室山大地・長橋大樹・中村宜督・森 泉・村田芳行：孔辺細胞アブシジン酸シグナル伝達におけるグルタチオンの役割. 日本農芸化学会2014年度大会, 東京, 3月27-30日, 2014. (Munemasa, S., Muroyama, D., Nagahashi, T., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y.: Role of glutathione in guard cell abscisic acid signal transduction. Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology and Agrochemistry, March, 27-30, 2014, Tokyo)
- (16) 西羅達一朗・中辻由加里・楠 和輝・池田宏介・後藤優太・眞野愛弓・オズボーン アン・松浦恭和・森 泉・平山隆志・能年義輝・豊田和弘・白石友紀・山本幹博・一瀬勇規・稲垣善茂： β -アミリンを蓄積する組換え体イネにおける病害抵抗性亢進のメカニズムに関する解析. 平成26年度植物病理学会, 札幌, 6月2-4日, 2014. (Nishira, T., Nakatsuji, Y., Kusunoki, K., Ikeda, K., Goto, Y., Mano, A., Osbourn, A., Matsuura, T., Mori, I. C., Hirayama, T., Noutoshi, Y., Toyoda, K., Shiraishi, T., Yamamoto, M., Ichinose, Y. and Inagaki, Y.: Study for mechanism of the disease resistance in the transgenic rice accumulated β -amylin. 2014 Annual Meeting of the Phytopathological Society of Japan, June 2-4, 2014, Sapporo)
- (17) 松浦恭和：資源植物科学研究所と技術部. 3共同研究拠点シンポジウム, 鳥取, 6月15日, 2014. (Matsuura T.: IPSR and Technology Department. 3 research center Symposium, June 5, 2014, Tottori)
- (18) 平山隆志・中川れい子・松浦恭和：植物ミトコンドリアmRNAのpoly(A)鎖長制御因子群の探索. 第16回RNAミーティング, 名古屋, 7月23-25日, 2014. (Hirayama, T., Nakagawa, R. and Matsuura, T.: Regulators for plant mitochondrial mRNA poly(A) status, 16th Annual RNA Meeting, July 23-25, 2014, Nagoya).
- (19) 池田陽子：DNA配列によらない遺伝のひみつーエピジェネティクスとは？ー. 第4回おかやまサイエンス・トーク, 清心女子高等学校, 倉敷市, 8月28日, 2014.
- (20) 三上浩司・森 泉・松浦恭和・平山隆志：原始紅藻類における植物ホルモン定量分析法の開発. 平成26年度日本水産学会秋季大会, 福岡市, 9月20-22日, 2014. (Mikami, K., Mori, I., Matsuura, T. and Hirayama, T.: Established method for plant hormone analysis of primitive red algae. 2014 Autumn Meeting of the Japanese Society of Fisheries Science, September 20-22, 2014, Fukuoka)
- (21) 池田陽子：環境変化とエピジェネティクスー細胞記憶は次世代へ伝わるのか？ー. 植物科学若手研究会, 京都, 9月25-26日, 2014.
- (22) 多田朱里・安達ふみ・松浦恭和・森 泉・稲葉丈人：シロイヌナズナにおけるプラスチドシグナル誘発処理に応答した植物ホルモン量の変化. 第37回蛋白質と酵素の構造と機能に関する九州シンポジウム, 福岡, 9月26-28日, 2014.
- (23) 松浦恭和：穂発芽抵抗性白粒コムギの育成. 岡山大学知恵の見本市, 岡山, 11月14日, 2014.
- (24) 池田陽子：植物におけるトランスポゾン制御機構の解析. 平成26年度WTT教員研究発表会, 岡山大学, 12月3日, 2014.

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・夏 継星・山地直樹：OsHMA3輸送体の組織局在の改変による低カドミウム米作出の試み. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
- (2) 山本智央・山地直樹・Won Yong Song・Youngsook Lee・馬 建鋒：イネのヒ素耐性と分配に関与する輸送体の解析. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.

-
- (3) 山地直樹・佐々木明正・柏野美帆・馬 建鋒：イネ節における鉄の分配に関与する輸送体の探索と機能解析. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. 日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (4) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒：イネ地上部の鉄分配に関与するクエン酸トランスポーターOsFRDL1. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (5) Wu, D. and Ma, J. F.: Physiological characterization of two barley cultivars differing in Cd tolerance and accumulation. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (6) Chen, Z. C. and Ma, J. F.: A magnesium transporter OsMGT1 is required for salt stress tolerance in rice. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (7) 佐々木明正・山地直樹・柏野美帆・三谷奈見季・馬 建鋒：イネの節で局在する輸送体OsZIP3は亜鉛の優先的分配に関与する. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (8) 櫻井 玄・馬 建鋒・佐竹暁子・横沢正幸・山地直樹・三谷奈見季：イネのケイ素輸送におけるカスパリー線の役割とトランスポーター配置. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014.
 - (9) 馬 建鋒・山地直樹・竹本侑馬・福岡修一・正村純彦・安藤 露：イネヒ素集積のQTL解析. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (10) 山地直樹・馬 建鋒：環境変動に対する輸送体の応答機構. シンポジウム「植物栄養と数理モデルの接点—数理モデルで植物栄養の仕組みを理解する」, 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (11) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒：アルミニウム集積植物ソバのAl応答遺伝子の網羅的発現解析. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (12) 鄧 鋒林・福岡修一・正村純彦・安藤 露・馬 建鋒：Physiological and genetic characterization of two rice cultivars differing in Cd accumulation. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (13) 陳 志長・山地直樹・馬 建鋒：A possible chloride transporter required for root growth in rice. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (14) 山地直樹・佐々木明正・柏野美帆・馬 建鋒：イネの鉄分配に関与するOsOPT7の解析. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (15) 車 景・山地直樹・馬 建鋒：Dissection of Si-decreased Mn accumulation in rice shoots. 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (16) 櫻井 玄・佐竹暁子・山地直樹・三谷奈見季・横沢正幸・馬 建鋒：イネにおけるケイ素吸収・輸送モデルによる植物体構造とその意義の解明. シンポジウム「植物栄養と数理モデルの接点—数理モデルで植物栄養の仕組みを理解する」, 日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9-11日, 2014.
 - (17) 山本智央・山地直樹・Won Yong Song・Youngsook Lee・馬 建鋒：イネのヒ素耐性と集積に関与する輸送体ABCC1の機能解析. 日本土壌肥料学会関西支部講演会, 高松, 12月11日, 2014.
 - (18) 竹本侑馬・山地直樹・馬 建鋒：イネにおけるリンの分配に関与する輸送体OsSultr3;4の解析. 日本土壌肥料学会関西支部講演会, 高松, 12月11日, 2014.
 - (19) 上野大勢・小竹咲也子・竹本侑馬・山地直樹・馬 建鋒・加藤伸一郎・岩崎貢三：イネのマンガン耐性におけるOsMTP8の生理的意義. 日本土壌肥料学会関西支部講演会, 高松, 12月11日, 2014.
 - (20) 馬 建鋒：環境中のマンガン変動に対処するイネの戦略. 日本土壌肥料学会関西土壌肥料協議会, 高松, 12月12日, 2014.

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

- (1) 佐々木孝行・土屋善幸・有吉美智代・古市卓也・山本洋子：ALMT1輸送体のアルミニウムによる活性化におけるN末端側とC末端側領域の機能解析. 日本植物生理学会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Furuichi, T. and Yamamoto, Y.: Functional analyses of N- and C-terminal domains of ALMT transporters, focusing on aluminum-activation mechanism. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (2) 菊谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子：タバコBY-2細胞におけるアルミニウムによるVPE遺伝子の発現誘導と細胞死. 日本植物生理学会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y.: Inductions of VPE gene expression and cell death by aluminum in BY-2 tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (3) 山下 純・榎本 敬・山田雅夫・小野俊朗・花房直志・永松知洋・園田昌司・山本 洋子：福島第1原発事故から1年

- を経た放射能汚染農地における雑草によるファイトレメディエーションに関する基礎研究. 日本雑草学会第53回講演会, 小金井, 3月28-30日, 2014. (Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y.: A study on phytoremediation efficiency of soil radiocesium by weeds grown in arable lands one year after the Fukushima Dai-ichi Nuclear Power Station accident. 53th Annual Meeting of the Weed Science Society of Japan, March 28-30, 2014, Koganei)
- (4) 高梨功次郎・佐々木孝行・管 智弘・齊田有桂・杉山暁史・山本洋子・矢崎一史：ミヤコグサ根粒で発現するALMTの機能解析. 日本植物細胞分子生物学会, 盛岡, 8月21-22日, 2014. (Takanashi, K., Sasaki, T., Kan, T., Saida, Y., Sugiyama, A., Yamamoto, Y. and Yazaki, K.: Functional analyses of ALMT-type transporter in *Lotus japonicus*. Annual Meeting of Japanese Society for Plant Cell and Molecular Biology. August 21-22, 2014, Morioka)
- (5) 荻谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子：タバコのアルミニウムによる根生育阻害における液胞の関わり. 日本土壌肥料学会, 東京, 9月9-11日, 2014. (Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y.: Involvement of vacuoles in root growth inhibition of tobacco by aluminum. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, September 9-11, 2014, Tokyo)
- (6) 土屋善幸・荻谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子：タバコ培養細胞におけるアルミニウム耐性とスクロースシンターゼとの関係. 日本土壌肥料学会, 東京, 9月9-11日, 2014. (Tsuchiya, Y., Kariya, K., Sasaki, T. and Yamamoto, Y.: Relationship between aluminum tolerance and sucrose synthase in cultured tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society Soil Science and Plant Nutrition, September 9-11, 2014, Tokyo)
- (7) 山本洋子・荻谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行：アルミニウムによる細胞死のメカニズム – 液胞に局在するプロテアーゼVPEの関わり –. 「低炭素社会と食の安全・安心を統合した環境生命学的研究」研究発表会. 食料生産の持続性を担保する循環的な環境管理システムの構築. 岡山, 12月8日, 2014. (Yamamoto, Y., Kariya, K., Tsuchiya, Y. and Sasaki, T.: Cell death mechanism induced by aluminum ion: Involvement of the vacuole-localized protease VPE. Meeting of “Study of environmental and life Science for integration of low carbon society and food security and safety” -Development of environmental managing system which guarantees the sustainability of food production-, Okayama, December 8, 2014)

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

- (1) 中原由揮・柴坂三根夫・且原真木：CO₂輸送体スクリーニング法の開発. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Nakahara, Y., Shibasaka, M. and Katsuhara, M.: Development of the screening method for CO₂ transporters. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (2) 小菅桂子・松本研人・篠野静香・柴坂三根夫・飯田聡子・且原真木：沈水植物ヤナギモにおける水輸送タンパク質PIPの働き. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Kosuge, K., Matsumoto, K., Sasano, S., Shibasaka, M., Iida, S. and Katsuhara, M.: Isolation and expression of four PIP aquaporins from submerged plant, *Potamogetonoxphyllus*. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (3) 宇都木繁子・柴坂三根夫・且原真木：オオムギ種子における液胞膜型アクアポリン水輸送活性の調節. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Utsugi, S., Shibasaka, M. and Katsuhara, M.: Analysis of water transport activity of barley tonoplast intrinsic proteins, HvTIPs, expressed in seeds. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (4) 大槻達郎・森 泉・松浦恭和・且原真木・瀬戸口浩彰：琵琶湖湖岸と海浜に生育するハマエンドウにおける環境ストレスへの適応的な応答. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Ohtsuki, T., Mori, I., Katsuhara, M. and Setoguchi, M.: Habitat change associated with salt/phytophagous stresses promoted local adaptation between coastal and inland race of *Lathyrus jaonicus*. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (5) 森田重人・門池大樹・浦瀬康代・丹波奈津美・柴坂三根夫・篠野静香・丸山雅充・福岡あぐり・矢内純太・増村威宏・田中国介・荻原保成・佐藤茂・且原真木・新名惇彦・仲山英樹：イネOsHAK2およびOsHAK5輸送体の機能解析. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Morita, S., Kadoike, T., Urase, Y., Niwa, N., Shibasaka, M., Sasano, S., Maruyama, M., Fukuoka, A., Yanai, J., Masumura, T., Tanaka, K., Ogihara, Y., Sato, S., Katsuhara, M., Shinmyo, A. and Nakayama, H.: Functional analysis of OsHAK2 and OsHAK5 transporters in rice. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)

-
- (6) 柴坂三根夫・且原真木：原形質膜型アクアポリンPIP1はPIP2水チャンネルの活性を制御する。第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Shibasaka, M. and Katsuhara, M.: Plasma membrane intrinsic protein1 (PIP1) is a modulator of PIP2 water channel. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
 - (7) Mori, I., Rhee, J., Shibasaka, M., Sasano, S., Kaneko, T., Horie, T. and Katsuhara, M.: CO₂ permeability of PIP2 aquaporins. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama
 - (8) Hanba, Y., Kawase, M., Onishi, Y., Tsuchihira, A., Maeshima, M., Katsuhara, M., Kodama, N. and Kawazu, T.: The effect of aquaporin McMIPB and RsPIP2 on leaf photosynthesis of tobacco and eucalyptus plants. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
 - (9) Ding, X., Kitagawa, Y., Katsuhara, M. and Iwasaki, I.: Preliminary dissection of CO₂ permeability of a cyanobacterium. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama.
 - (10) 大槻達郎・森 泉・松浦恭和・且原真木・瀬戸口浩彰：琵琶湖に隔離されたハマエンドウにおける耐塩性低下の検証。第13回日本植物分類学会年会, 熊本, 3月20-23日, 2014. (Ohtsuki, T., Mori, I., Matsuura, T., Katsuhara, M. and Setoguchi, M.: A lowering of salinity tolerance in an inland race of *Lathyrus jaonicus*. 13th Annual Meeting of the Japanese Society for Plant Systematics, March 20-23, 2014, Kumamoto)
 - (11) 且原真木・篠野静香・堀江智明・Jiye Rhee・柴坂三根夫：過酸化水素輸送性アクアポリンの同定と機能/発現解析。第78回日本植物学会年会, 神奈川, 9月12-14日, 2014. (Katsuhara, M., Sasano, S., Horie, T., Rhee, J. and Shibasaka, M.: Identification and functional/expression analysis of aquaporins transporting hydrogen peroxides. 78th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, September 12-14, 2014, Kanagawa)
 - (12) 大槻達郎・森 泉・且原真木・瀬戸口浩彰：淡水域に隔離されたハマエンドウの耐塩性低下に関する比較研究。第78回日本植物学会年会, 神奈川, 9月12-14日, 2014. (Ohtsuki, T., Mori, I., Katsuhara, M. and Setoguchi, M.: Comparative study of lowering salinity tolerance in inland races of *Lathyrus jaonicus*. 78th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, September 12-14, 2014, Kanagawa)
 - (13) 且原真木：世界の水の危機的問題～食糧との関係、植物科学で何ができるか～。スーパーグローバルハイスクール講演会(岡山城東高校), 岡山, 9月22日, 2014. (Katsuhara, M.: Global water crisis. Super global high school lecture in Okayama Joto High School, September 22, 2014, Okayama)

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) 近藤秀樹：植物ゲノム上のRNA感染記録から紐解くウイルス-宿主相互作用。第6回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3月6-7日, 2014. (Kondo, H.: Recent Insights into plant-virus interactions through the genomic fossil record of RNA viral sequences. 6th Symposium of Plant Stress Science Research, March 6-7, 2014, Kurashiki)
 - (2) 三井亮司・峰松由季・桑原朋代・中川智行・谷 明生・田中三男：メチロトロフ細菌*Methylobacterium extorquens* AM1の希土類に対するメタノールデヒドロゲナーゼの応答機構。日本農芸化学会2014年度大会, 東京, 3月27-30日, 2014. (Mitsui, R., Minematsu, Y., Kuwahara, T., Nakagawa, T., Tani, A. and Tanaka, M.: Expression analysis of methanol dehydrogenases by rare earth elements in *Methylobacterium extorquens* AM1. Annual meeting of the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 27-30, 2014, Tokyo)
 - (3) 日比野歩美・三井亮司・谷 明生・田代晋也・早川享志・中川智行：*Methylobacterium extorquens*のメタノール生育におけるレアアース要求性とその役割。日本農芸化学会2014年度大会, 東京, 3月27-30日, 2014. (Hibino, A., Mitsui, R., Tani, A., Tashiro, S., Hayakawa, A. and Nakagawa, T.: Function of rare-earth elements on methanol growth of *Methylobacterium extorquens*. Annual meeting of the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 27-30, 2014, Tokyo)
 - (4) 望月翔子・山内優輝・高橋拓也・鈴木信弘・笠原 紳：糸状菌*Cryphonectria parasitica* 低分子量GTP結合蛋白質。日本農芸化学会2014年度大会, 川崎, 3月27日-31日, 2014. (Mochizuki, S., Yamauchi, Y., Takahashi, T., Suzuki, N. and Kasahara, S.: Small GTP-binding proteins from a filamentous fungus, *Cryphonectria parasitica*. The Annual Meeting 2014 of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 27-31, 2014, Kawasaki)
-

-
- (5) 千葉壮太郎・近藤秀樹・鈴木信弘：糸状菌におけるデュアルルシフェラーゼ実験系の確立と菌類ウイルスIRESエレメントの同定. 平成26年度日本植物病理学会大会, 札幌, 6月2-4日, 2014. (Chiba, S., Kondo, H. and Suzuki, N.: Development of a dual-luciferase assay system in a filamentous fungus and identification of IRES elements in mycovirus genomes. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, July 2-4, 2014, Sapporo)
 - (6) 近藤秀樹・丸山和之・千葉壮太郎・鈴木信弘：2分節マイナス鎖RNAウイルスであるランえそ斑紋ウイルス(OFV)のmRNAおよびleader RNAの特性. 平成26年度日本植物病理学会大会, 札幌, 6月2-4日, 2014. (Kondo, H., Maruyama, K., Chiba, S. and Suzuki, N.: Attributes of the messenger and leader RNAs of orchid fleck virus (OFV), a bisegmented negative-strand RNA virus. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, July 2-4, 2014, Sapporo)
 - (7) 千葉壮太郎・Atif, Jamal・田中 徹・近藤秀樹・鈴木信弘：菌類（糸状菌）で機能するウイルス由来IRESエレメント. 29回中国四国ウイルス研究会, 山口, 6月28-29日, 2014. (Chiba, S., Jamal, A., Tanaka, T., Kondo, H. and Suzuki, N.: Internal ribosome entry site of virus origin functioning in filamentous fungi. 29th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, June 28-29, 2014, Yamaguchi)
 - (8) 近藤秀樹・千葉壮太郎・鈴木信弘：菌類に感染するマイナス鎖RNAウイルス. 29回中国四国ウイルス研究会, 山口, 6月28-29日, 2014. (Kondo, H., Chiba, S. and Suzuki, N.: Negative-strand RNA virus infection in fungi. 29th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, June 28-29, 2014, Yamaguchi)
 - (9) Salaipeh, L., Chiba, S., Eusebio-Cope, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Expression strategy and biological properties of Rosellinia necatrix megabirnavirus 1 analyzed in an experimental host, *Cryphonectria parasitica*. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, June 2-4, 2014, Sapporo.
 - (10) 鈴木信弘：マイコウイルス宿主としてのクリ胴枯病菌～知られざるマイコウイルスの世界を紐解く新たな解析ツール～. 29回中国四国ウイルス研究会, 山口, 6月28-29日, 2014. (Suzuki, N.: *Cryphonectria parasitica* as a host of fungal viruses: a tool useful to unravel the mycovirus world. 29th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, June 28-29, 2014, Yamaguchi)
 - (11) Abraham, A., Kimani, S. K., Jamal, A. and Suzuki, N. Diverse mycoviruses associated with head- and seed-borne mycoflora of wheat from Ethiopia. The Annual Meeting of the Kansai Regional Branch of Japanese Phytopathological Society, September 27-28, Toyama.
 - (12) 増田幸子・中村由貴・森 泉・新屋友規・藤谷良子・岩本靖子・谷 明生：Methylobacterium属細菌が合成するPQQによる活性酸素発生抑制と気孔開閉に関する研究. 環境微生物系学会合同大会, 浜松, 10月21-24日, 2014. (Masuda, S., Nakamura, Y., Mori, IC., Shinya, T., Fujitani, Y., Iwamoto, Y. and Tani, A.: Role of PQQ from *Methylobacterium* species on diminishing reactive oxygen species and stomata movement Joint Meeting on Environmental Microbiology, October 21-24, 2014, Hamamatsu)

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

- (1) 一色隆太郎・森 牧人・能島知宏・Galis, I.: 傾斜茶園における近接3地点間での茶樹耐凍性の季節変化と比較解析. 日本農業気象学会2014年全国大会&International Symposium on Agricultural Meteorology 2014, 札幌, 3月17-21日, 2014.
- (2) 園田昌司・包 文学：ミナミキロアザミウマの各種殺虫剤に対する抵抗性機構について. 平成25年度近畿中国四国農業試験研究推進会議病害虫推進部会問題別研究会, 福山, 3月3-5日, 2014. (Sonoda, S. and Bao, W. X.: Resistance mechanisms of melon thrips, *Thrips palmi*, against various insecticides, Congress on Pest Control in Kinki, Chugoku and Shikoku Districts, March 3-5, 2014, Fukuyama)
- (3) Galis, I., Alamgir, K. Md., Miyake, A., Fukumoto, K., Hojo, Y.: First steps towards understanding of rice defense mechanisms against herbivores. 55th annual meeting of JSPP. March 18-20, 2014, Toyama.
- (4) 新屋友規・山口公志・出崎能丈・山田健太・鈴木丸陽・船岡亮汰・中島正登・小林佳弘・竹田 潤・賀来華江・川崎努・渋谷直人：AtRLCK1によるCERK1を介したキチンシグナリングの選択的な制御. 第55回日本植物生理学会年会, 富山大学, 富山, 3月18-20日, 2014. (Shinya, T., Yamaguchi, K., Desaki, Y., Yamada K., Suzuki, M., Funama, R., Nakashima, M., Kobayashi, Y., Takeda, J., Kaku, H., Kawasaki, T., and Shibuya, N.: Selective regulation of CERK1-mediated defense responses by an Arabidopsis receptor-like cytoplasmic kinase PBL27. 55th annual meeting of JSPP. March 18-20, 2014, Toyama)

- (5) 園田昌司：コナガにおけるAChE1遺伝子の重複と有機リン剤抵抗性. 第58回日本応用動物昆虫学会大会, 高知, 3月26-28日, 2014. (Sonoda, S.: Duplication of AChE1 gene and organophosphate resistance in diamondback moth, *Plutella xylostella*. 58th Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology, March 26-28, 2014, Kochi)
- (6) 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ナトリウムチャネル変異と合成ピレスロイド抵抗性. 第58回日本応用動物昆虫学会大会, 高知, 3月26-28日, 2014. (Bao, W. X., Ito, M., Murai, T., Narai, Y. and Sonoda, S.: Sodium channel mutations and pyrethroid resistance in melon thrips, *Thrips palmi*. 58th Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology, March 26-28, 2014, Kochi)
- (7) Wari, D. and Sonoda, S.: Contribution of generalist phytoseiid mite species, *Euseius sojaensis*, in suppression of spider mite. 58th Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology, March 26-28, 2014, Kochi.
- (8) 園田昌司：耕作放棄地の植生が土着天敵テントウムシに及ぼす影響について. 共同利用・共同研究「植物遺伝資源・植物ストレス科学研究拠点」シンポジウム, 植物による東日本大震災被災農地の修復, 倉敷, 4月11日, 2014. (Sonoda, S.: Effects of vegetation on native ladybirds in abandoned arable lands. Symposium supported by Joint-Usage/Research Center 'Plant Genetic Resources and Stress Science' Restoration of arable lands damaged by Great East Japan earthquake using plants, April 11, 2014, Kurashiki)
- (9) 三竝朋子・西原昌宏・Galis, I.・Alamgir, K. Md.・北條優子・藤田晃平・佐々木伸大・根本圭一郎・澤崎達也・有村源一郎：PAP1転写因子を過剰発現した組換えタバコにおける食害ストレス応答機構. 第32回日本植物細胞分子生物学会, 盛岡, 8月21-22日, 2014.
- (10) 新屋友規：植食性昆虫に対するイネの防御応答および認識機構の解析. 岡山大学資源植物科学研究所創立100周年記念シンポジウム, 倉敷市芸文館, 倉敷, 10月3日, 2014. (Shinya, T.: Perception and defense system to herbivores in rice. IPSR 100th Anniversary symposium, October 3, 2014, Kurashiki)
- (11) 増田幸子・中村由貴・森 泉・新屋友規・藤谷良子・岩本靖子・谷 明生：Methylobacterium 属細菌が合成するPQQ による活性酸素発生抑制と気孔開閉に関する研究. 環境微生物系学会合同大会2014, 静岡大学, 浜松, 10月21-24日, 2014. (Masuda, S., Nakamura, Y., Mori, I. C., Shinya, T., Fujitani, Y., Iwamoto, Y. and Tani, A.: Role of PQQ from *Methylobacterium* species on diminishing reactive oxygen species and stomata movement. Joint Meeting on Environmental Microbiology, October 21-24, 2014, Hamamatsu)
- (12) 園田昌司・山下 純・Wari, D.：岡山県のモモ圃場におけるカブリダニ温存野生植物の探索とコウズケカブリダニのハダニ密度抑制能について. 日本応用動物昆虫学会中国支部・日本昆虫学会中国支部 平成26年度合同例会, 出雲, 10月24日, 2014. (Sonoda, S., Yamashita, J. and Wari, D.: Identification of insectary plants useful for phytoseiid mites and suppression of spider mite densities by *Euseius sojaensis* at peach orchards in Okayama Prefecture. Annual Joint Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology and the Entomological Society of Japan, October 24, 2014, Izumo)
- (13) 森下 祥・相澤美里・十川和士・渡邊丈夫・Gichuhi, J. N.・園田昌司：ネギアザミウマにおけるシベルメトリン抵抗性と生殖型の関連性について. 日本応用動物昆虫学会中国支部・日本昆虫学会中国支部 平成26年度合同例会, 出雲, 10月24日, 2014. (Morishita, S., Aizawa, M., Sogoh, K., Watanabe, T., Gichuhi, J.N. and Sonoda, S.: Relation between cypermethrin resistance and reproductive types in onion thrips, *Thrips tabaci*. Annual Joint Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology and the Entomological Society of Japan, October 24, 2014, Izumo)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ(Group of Genome Diversity)

- (1) 佐藤和広・辻本 壽・田中裕之・加藤謙司・Smekalova, Tamara: 旧ソ連邦地域における祖先型野生オオムギの収集. 日本育種学会講演会, 仙台, 3月21-22日, 2014. (Sato, K., Tsujimoto, H., Tanaka, H., Kato, K. and Smekalova, T.: Collection of ancestral form of wild barley in former Soviet Union areas. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)
- (2) 笹沼恒男・Sadybakasova, Jyldyz・Zhumakadyrova, Nazgul・Kydykbekovich, Usupbaev・Adilet, Kovaleva・Olga, Nikolaevna・佐藤和広・辻本 壽：キルギスにおけるムギ類遺伝資源の探索及び収集. 日本育種学会講演会, 仙台, 3月21-22日, 2014. (Sasanuma, T., Sadybakasova, J., Zhumakadyrova, N., Usupbaev, K. O., Kovaleva, A., Sato, K. and Tsujimoto, H.: Exploration and collection of Triticeae genetic resources in Kyrgyz. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)

-
- (3) 掛田克行・松田彩乃・山根美樹・佐藤和広・武田 真：形質転換によるオオムギ種子の皮裸性決定遺伝子Nudの機能証明。日本育種学会講演会，仙台，3月21-22日，2014。(Kakeda, K., Matusda, A. Yamane, M. Sato, K. and Taketa, S.: *Agrobacterium*-mediated transformation demonstrates the function of barley *Nud* gene in determining the covered vs. naked caryopsis. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)
- (4) 最相大輔・大西一光・伊藤大樹・久保寺秀夫・馬 建鋒・佐藤和広：栽培オオムギのアルミニウム耐性をもたらし東アジアへの適応分化。日本育種学会講演会，仙台，3月21-22日，2014。(Saisho, D., Onishi, K. Ito, T. Kubodera, H. J. F. Ma and Sato, K.: Aluminium tolerance confers local adaptation into East Asia on domesticated barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)
- (5) Hanen, S., Sato, K., Shehzad, T., Harrabi, M. and Okuno, K.: Association mapping for salinity tolerance in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai.
- (6) 久野 裕・西村秀希・佐藤和広：マイクロアレイによるオオムギカルスの網羅的な遺伝子発現解析。日本育種学会講演会，仙台，3月21-22日，2014。(Hisano, H., Nishimura, H. and Sato, K.: A comprehensive analysis of the gene expression in callus of barley by microarray. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Sendai)
- (7) 前田道弘・岡田聡史・末廣美紀・合田 喬・伊藤田鶴子・山本洋・最相大輔・Garcia Arturo・山崎将紀：表現形質評価システム「FieldBook」を用いたイネ稈長と穂長の計測。日本育種学会第125回講演会，東北大学，3月21-22日，2014。(Maeda M., Okada S., Suehiro M., Goda T., Ito T. Hamamoto H., Saisho D., Gracia A., and Yamasaki M.: Phenotyping of rice culm length and panicle length in the system “FieldBook”, Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 21-22, 2014, Tohoku University, Sendai)
- (8) 成田亮平・山口真功・大川泰一郎・佐藤和広・平沢 正。塩ストレス条件下におけるオオムギの稈実歩合の量的形質遺伝子座 (QTL) 解析。日本作物学会講演会，千葉，3月29-30日，2014。(Narita, R., Yamaguchi, M. Okawa, T. Sato K. and Hirasawa, T.: Quantitative trait locus (QTL) analysis of barley fertility under salt stress. Annual Meeting of Japanese Society for Crop Production, March 29-30, 2014, Chiba)
- (9) 佐藤和広：オオムギのRNA-seq解析によるゲノム育種用マーカーの開発。ムギ類研究会，筑後，4月18-19日，2014。(Sato, K.: Development of DNA markers for genomics-assisted breeding of barley by RNA-seq analysis. Triticeae Meeting, April 18-19, 2014, Chikugo)
- (10) 三輪晃敬・澤田有司・平井優美・佐藤和広・西内 巧：ニコチンアミドモノヌクレオチドによる植物の病害抵抗性誘導の解析。植物病理学会大会，札幌，6月2-4日，2014。(Miwa, A., Sawada, Y. Hirai, Y. Sato, K. and Nishiuchi, T.: Analysis of plant resistance induction by Nicotinamide mononucleotide. Annual Meeting of Phytopathological Society, June 2-4, 2014, Sapporo)
- (11) 佐々木亮輔・三輪晃敬・加藤智朗・古賀博則・木村 真・佐藤和広・西内 巧：赤かび病抵抗性及びかび毒感受性に関わるUBQ/RPS27a遺伝子の機能解析。植物病理学会大会，札幌，6月2-4日，2014。(Sasaki, R., Miwa, A. Kato, T. Koga, J. Kimura, M. Sato, K. and Nishiuchi, T.: Functional analysis of UBQ/RPS27a gene related to scab resistance and toxin sensitivity. Annual Meeting of Phytopathological Society, June 2-4, 2014, Sapporo)
- (12) 佐藤和広：オオムギのストレス耐性遺伝子。ガンマーフィールドシンポジウム，水戸，7月16日，2014。(Sato, K.: Stress tolerance genes in barley. Gamma Field Symposia, July 16, 2014, Mito)
- (13) 久野 裕：イネ科作物（スイッチグラスとオオムギ）における形質転換。第32回日本植物細胞分子生物学会（盛岡）大会シンポジウム，盛岡市，8月21-22日，2014。(Hisano, H.: Transformation in monocot plants including switchgrass and barley. Symposium in The 32st Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Cell and Molecular Biology, August 21-22, 2014, Morioka, Japan)
- (14) 佐藤和広・元井由加：オオムギ育種用マーカーデータベースの開発。日本育種学会講演会，都城，9月26-27日，2014 (Sato K. and Motoi, Y.: Development of marker database for barley breeding. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 26-27, 2014, Miyakonojo)
- (15) 水野信之・佐藤和広・那須田周平：RNA-seq解析によるパンコムギ品種間の多型検出。日本育種学会講演会，都城，9月26-27日，2014。(Mizuno, N. Sato, K. and Nasuda, S.: Detection of polymorphisms between common wheat cultivars by RNA-seq analysis. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 26-27, 2014, Miyakonojo)
- (16) 佐藤和広・元井由加：オオムギゲノム育種のためのマーカーデータベース構築。中国地区育種談話会，鳥取，12月20-21日，2014。(Sato K. and Motoi, Y.: Construction of marker database for barley genomics based breeding. Chugoku Branch Meeting of Japanese Society of Breeding, December 20-21, 2014, Tottori)
-

-
- (17) 佐藤和広・坂本和貴・山地奈美・石井 誠・久野 裕：オオムギ黒穎遺伝子座 (*Blp*) のマッピング. 中国地区育種談話会, 鳥取, 12月20-21日, 2014. (Sato, K. Sakamoto, K. Yamaji, N. Ishii, M. and Hisano, H.: Mapping of black hull (*Blp*) locus in barley. Chugoku Branch Meeting of Japanese Society of Breeding, December 20-21, 2014, Tottori)
- (18) 伊藤大樹・最相大輔・佐藤和広：オオムギ発芽時耐塩性の自然変異. 中国地区育種談話会, 鳥取, 12月20-21日, 2014. (Ito, H., Saisho, D., and Sato, K.: Natural variation of salt tolerance at the germination stage in barley, Chugoku Branch Meeting of Japanese Society of Breeding, December 20-21, 2014, Tottori)

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

- (1) 氷見英子・塔野岡卓司・武田 真：オオムギプロアントシアニジンレス(*ant*)遺伝子が種子休眠におよぼす効果の準同質遺伝子系統を用いた解析. 日本育種学会第125回講演会, 東北大学, 3月22日, 2014. 育種学研究16(別1) p.61. (Himi, E., Tonooka, T. and Taketa, S.: Effects of proanthocyanidin-less genes on grain dormancy by comparison of near isogenic lines in barley. The 125th meeting of Japanese Society of Breeding. March 22, 2014. Breeding Research 16 (Suppl. 1), p. 61, Sendai.)
- (2) 武田 真・片山布美子・氷見英子：オオムギ白穎(*albino lemma*)突然変異体の分子遺伝学的解析. 日本育種学会第125回講演会, 東北大学, 3月21日, 2014. 育種学研究16(別1) p.89. (Taketa, S., Katayama, F. and Himi, E.: Molecular genetic analyses of albino lemma mutants in barley. The 125th meeting of Japanese Society of Breeding. March 21, 2014. Breeding Research 16 (Suppl. 1), p.89, Sendai.)
- (3) 掛田克行・松田彩乃・山根美樹・佐藤和広・武田 真：形質転換によるオオムギ種子の皮裸性決定遺伝子*Nud*の機能証明. 日本育種学会第125回講演会, 東北大学, 3月21日, 2014. 育種学研究16(別1) p.90. (Kakedai, K., Matsuda, A., Yamane, M., Sato, K. and Taketa, S.: *Agrobacterium*-mediated transformation demonstrates the function of barley *Nud* gene in determining the covered vs. naked caryopsis. The 125th meeting of Japanese Society of Breeding. March 21, 2014. Breeding Research 16 (Suppl. 1), p. 90, Sendai.)
- (4) 菊池優一・武田 真：オオムギ短芒突然変異体の形質発現とマッピング. 日本育種学会中国支部会談話会, 鳥取大学乾燥地研究センター, 12月20-21日, 2014. (Kikuchi, Y. and Taketa, S.: Character expression and mapping of a short awn mutant in barley. Chugoku region meeting of the Japanese Society of Breeding, December 20-21, 2014, Tottori.)

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

- (1) 池田 啓：野生植物の適応進化: フィトクロムにおける緯度に沿った自然選択. 第30回資源植物科学シンポジウム, 倉敷市, 3月6日, 2014.
- (2) 東 広之・池田 啓・瀬戸口浩彰：イワカガミ属 (*Schizocodon*) 2種の種分化の歴史. 日本植物分類学会第13回大会, 熊本市, 3月21-23日, 2014.
- (3) 池田 啓：遺伝子解析から明らかにされてきた日本産高山植物の生物地理. 日本植物分類学会第13回大会, 熊本市, 3月21-23日, 2014.
- (4) 若林智美・呉 ハナ・川口正代司・原田久也・佐藤修正・池田 啓・瀬戸口浩彰：日本国内のミヤコグサにおける開花関連遺伝子*EL*, *GIGANTEA*の種内多型. 日本植物分類学会第13回大会, 熊本市, 3月21-23日, 2014.
- (5) 山下 純・榎本 敬・山田雅夫・小野俊朗・花房直志・永松知洋・園田昌司・山本洋子：福島第1原発事故から1年を経た放射能汚染農地における雑草によるファイトレメディエーションに関する基礎研究. 日本雑草学会第53回講演会, 小金井, 3月28-30日, 2014. (Yamashita, J., Enomoto, T., Yamada, M., Ono, T., Hanafusa, T., Nagamatsu, T., Sonoda, S. and Yamamoto, Y.: A study on phytoremediation efficiency of soil radiocesium by weeds grown in arable lands one year after the Fukushima Dai-ichi Nuclear Power Station accident. 53th Annual Meeting of the Weed Science Society of Japan, March 28-30, 2014, Koganei)
- (6) 山下 純：福島第1原発事故から1年を経た放射能汚染農地に自生する野生植物による土壌からの放射性セシウム除去効率の評価. 共同利用／共同研究拠点シンポジウムー植物による東日本大震災被災農地の修復ー, 倉敷, 4月11日, 2014. (Estimation of soil-to-plant transfer factors of radiocesium in wild plants species grown in arable lands one year after Fukushima Dai-ichi Nuclear Power Station accident. Symposium supported by Joint Usage/Research Center –Restoration of Arable Lands Damaged by Great East Japan Earthquake Using Plants–, April 11, 2014, Kurashiki)

-
- (7) 池田 啓・阪口翔太・Valentin Yakubov・Viachenslav Barkalov・瀬戸口浩彰：周北極-高山植物エゾツガザクラ *Phyllodoce caerulea* の系統地理. 日本植物学会第78回大会, 川崎市, 9月12-14日, 2014.

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) 村田 稔：植物人工染色体・遺伝子導入のための新プラットフォーム. 第30回資源植物科学シンポジウム及び第6回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3月6-7日, 2014. (Murata, M.: Plant artificial chromosomes: Novel platforms for introducing exogenous genes. The 30th IPSR Symposium and 6th Symposium of Plant Stress Science Research, Kurashiki, March 6-7, 2014)
- (2) 長岐清孝・田中啓介・松島 良・小林久人・村田 稔：クロマチン免疫沈降を必要としない動原体DNA配列推定法の開発. 日本遺伝学会第86回大会, 長浜, 9月17-19日, 2014. (Nagaki, K., Tanaka, K., Matsushima, R., Kobayashi, H. and Murata, M.: Development of a novel method for identifying centromeric DNA sequences. 86th Annual Meeting of the Japanese Society of Genetics, Sep. 17-19, 2014, Nagahama)
- (3) 村田 稔・金谷麻加・柏原孝成・弘中明子・長岐清孝：シロイヌナズナの1Mbサイズ環状人工染色体の作出と安定性. 日本遺伝学会第86回大会, 長浜市, 9月17-19日, 2014. (Murata, M., Kanatani, A., Kashihara, K., Hironaka, A. and Nagaki, K.: Generation of a stable 1-Mb-sized artificial ring chromosome in *Arabidopsis*. 86th Annual Meeting of the Japanese Society of Genetics, Sep. 17-19, 2014, Nagahama)
- (4) 近江戸伸子・植田加奈子・藤井宏栄・長岐清孝・村田 稔：アブラナ科種間雑種における染色体不安定性. 染色体学会第65回年会, 倉敷, 10月24-25日, 2014. (Ohmido, N., Ueda, K., Fujii, H., Nagaki, K. and Murata, M.: Chromosome instability in interspecific hybrids of *Brassicas*. 65th Annual meeting of Chromosome Society of Japan, October 24-25, 2014, Kurashiki)

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

- (1) 江崎文一・稲田真利・内海かおり：イネ科野生植物メリケンカルカヤ由来のSAMS遺伝子とABC transporter遺伝子のAl ストレス耐性機構における機能解析. 日本植物生理学会年会, 富山, 3月18 - 20日, 2014. (Ezaki, B., Inada, M., Utumi, K.: Characterization of SAMS and ABC transporter genes in Al tolerance mechanisms in *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (2) 宇都木繁子・柴坂三根夫・且原真木：オオムギ種子における液胞膜型アクアポリンの水輸送活性の調節. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Utsugi, S., Shibasaka, M. and Katsuhara, M.: Analysis of water transport activity of barley tonoplast intrinsic proteins, HvTIPs, expressed in seeds. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (3) 柴坂三根夫・篠野静香・宇都木繁子・且原真木：原形質膜型アクアポリンPIP1とPIP2の共発現による活性抑制. 第55回日本植物生理学会年会, 富山, 3月18-20日, 2014. (Shibasaka, M., Sasano, S., Utsugi, S., and Katsuhara, M.: Activity Reduction in Co-expression of Hordeum Plasma Membrane Intrinsic Protein 2;7 (HvPIP2;7) and HvPIP1;2. 55th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-20, 2014, Toyama)
- (4) 西村秀希・吉田明希子・梅根一夫・前川雅彦：イネのDNAトランスポゾン. nDart1の転移に係わる自律性因子の探索. 日本育種学会第125回講演会, 仙台, 3月21-22日. 2014. (Nishimura, H., Yoshida, A., Tsugane, K. and Maekawa, M.: Exploitation of autonomous elements for DNA transposon, nDart1 transposition in rice. 125st Meeting of the Japanese Society of Breeding. March 21-22, 2014, Sendai)
- (5) 力石和英・松浦恭和・森 泉・前川雅彦：オオムギ未熟胚由来カルスにおける植物体再分化と内生ホルモン含量の光制御. 日本育種学会第125回講演会, 仙台, 3月21-22日. 2014. (Rikiishi, K., Matsuura, T., Mori, I. C. and Maekawa, M.: Light control of plant regeneration and endogenous hormone contents in calli derived from barley immature embryos. 125st Meeting of the Japanese Society of Breeding. March 21-22, 2014, Sendai)
- (6) 田中小百合・木原 誠・杉本 学：UV-Cで誘導されるオオムギ由来Nudix hydrolase遺伝子の機能解析. 日本農芸化学会2014年度大会, 東京, 3月28-30日, 2014. (Tanaka, S., Kihara, M. and Sugimoto, M.: Function analysis of Nudix hydrolase genes induced by UV-C in barley. 2014 Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 28-30, 2014, Tokyo)

-
- (7) 田中小百合・木原 誠・杉本 学：紫外線で誘導されるオオムギ由来Nudix hydrolase遺伝子は酸化ヌクレオチドを浄化する。おかやまバイオアクティブ研究会第45回シンポジウム, 倉敷, 6月27日, 2014. (Tanaka, S., Kihara, M. and Sugimoto, M.: Nudix hydrolase gene induced by UV-C in barley eliminates oxidized nucleotides. 45th Okayama Bioactive Research Symposium, June 27, 2014, Kurashiki)
- (8) 杉本 学：極限環境ストレスにおけるオオムギの応答反応と生存能力。おかやまバイオアクティブ研究会第45回シンポジウム, 倉敷, 6月27日, 2014. (Sugimoto, M.: Response and viability of barley exposed to extreme environment. 45th Okayama Bioactive Research Symposium, June 27, 2014, Kurashiki)
- (9) 江崎文一・稲田真利・内海かおり：Alストレス下でのAvSAMS1遺伝子によるエピジェネティック発現制御機構とAvABCG1 transporterによるAl集積について。日本土壌肥料学会年会, 東京, 9月9 - 11日, 2014. (Ezaki, B., Inada, M., Utumi, K.: AvSAMS1 gene dependent epigenetic gene-regulation and Al accumulation by the AvABCG1 transporter under Al stress in a poaseae wild plant, *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, September 9-11, 2014, Tokyo)
- (10) 杉本 学・田中小百合・木原 誠：紫外線で誘導されるオオムギNudix hydrolase遺伝子の機能。日本宇宙生物科学会第28回大会, 大阪, 9月22-23日, 2014. (Sugimoto, M., Tanaka, S. and Kihara, M.: Function of Nudix hydrolase genes induced by ultra violet in barley. 28th Annual meeting of Japanese Society for Biological Science in Space, September 22-23, 2014, Osaka)
- (11) 江崎文一：イネ科野生植物メリケンカルカヤにおけるAlストレス下でのエピジェネティックな制御について。日本育種学会年会, ワークショップ「ワイルドはセクシーだ」, 都城 (宮崎), 9月26-28日, 2014. (Ezaki, B.: Epigenetic gene regulation under Al stress in a poaseae wild plant, *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, Workshop “Wild is Sexy!” September 26-27, 2014, Miyakonojyo)
- (12) 江崎文一・内海かおり・稲田真利：Alストレス耐性機構におけるイネ科野生植物メリケンカルカヤのAvSAMS1遺伝子の機能について。土壌肥料学会関西支部講演会, 高松 (香川), 12月11-12日, 2014. (Ezaki, B., Utumi, K., Inada, M.: Characterization of SAMS gene in Al tolerance mechanisms in a poaseae wild plant, *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of Kansai Region of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, December 11-12, 2014, Takamatsu)

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

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

- (1) 植木尚子：赤潮原因藻ヘテロシグマの増殖を促進する海洋バクテリアについて。第1回分子珪藻研究会, 大阪, 12月15日, 2014. (Ueki, S.: Growth promotion of *Heterosigma akashiwo* by marine microorganisms; implication of marine bacterium in bloom formation. The 1st Resarch Workshop of Molecular Studies of Diatom, December 15, 2014, Osaka)

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)

生物系 3 共同研究拠点合同シンポジウム ー拠点の紹介と新展開に向けてー

日程：平成26年2月21日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：村田 稔（岡山大・植物研）

1. 植物遺伝資源とストレス科学共同研究拠点の紹介と展望
山本 洋子（岡山大学資源植物科学研究所）
2. オオムギの遺伝資源とゲノム多様性
佐藤 和広（岡山大学資源植物科学研究所）
3. 環境中のマンガン変動に対処するイネの戦略
馬 建鋒（岡山大学資源植物科学研究所）
4. 乾燥地研究センターおよび乾燥地科学拠点の紹介
恒川 篤史（鳥取大学乾燥地研究センター）
5. 乾燥地植物を用いた持続可能な生態系修復へのとりくみ
山中 典和（鳥取大学乾燥地研究センター）
6. Application of molecular breeding and biotechnology to crop improvement for dryland
Amin Elsadig Eltaybhabora（鳥取大学乾燥地研究センター）
7. 将来の植物研究を見据えた筑波大学遺伝子実験センターの活動
渡邊 和男（筑波大学遺伝子実験センター）
8. 基礎から応用へのつながりとして～筑波大学遺伝子実験センター共同研究拠点における研究状況～
三浦 謙治（筑波大学遺伝子実験センター）
9. 実用利用と社会受容への試み～筑波大学遺伝子実験センター共同研究拠点における研究状況～
菊池 彰（筑波大学遺伝子実験センター）

The shared symposium of three biology-oriented “Joint Usage/Research Centers” (ALRC/GRC/IPSR) ーIntroduction and new development of the “Joint Usage/Research Centers” in the biological fieldー

February 21, 2014

IPSR, Okayama University

Organizer: Minoru Murata (IPSR, Okayama University)

1. Introduction and future of IPSR and “Joint Usage/Research Center of Plant Genetics Resources and Plant Stress Sciences”
Y. Yamamoto (IPSR, Okayama University)
2. Genetic resources and genome diversity in barley
K. Sato (IPSR, Okayama University)
3. Strategy of rice to deal with environmental Mn changes
J. F. Ma (IPSR, Okayama University)
4. Introduction and future of ALRC and “Joint Usage/Research Center of Arid Land Research”
A. Tsunekawa (ALRC, Tottori University)
5. Sustainable ecosystem restoration in arid lands with drought-tolerant plants
N. Yamanaka (ALRC, Tottori University)

-
6. Application of molecular breeding and biotechnology to crop improvement for dryland
A. E. Eltaybhabora (ALRC, Tottori University)
 7. Introduction and future of GRC and “Joint Usage/Research Center of Plant Transgenic Design”
K. Watanabe (GRC, Tsukuba University)
 8. Research activities of GRC for basic and applied plant sciences
K. Miura (GRC, Tsukuba University)
 9. Research activities of GRC for genetic literacy
A. Kikuchi (GRC, Tsukuba University)

第30回資源植物科学シンポジウム及び第6回植物ストレス科学研究シンポジウム

日程：平成26年3月6日～7日

場所：倉敷市芸文館アイシアター

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6日

1. ゲノムに基づく遺伝子共発現
大林 武（東北大学）
2. 植物人工染色体：遺伝子導入のための新プラットフォーム
村田 稔（岡山大学資源植物科学研究所）
3. 野生植物の適応進化：フィトクロムにおける緯度に沿った自然選択
池田 啓（岡山大学資源植物科学研究所）
4. サイトカイニンの構造多様性による質的情報制御
榑原 均（理研 環境資源科学研究センター）
5. 気孔開度制御による植物の成長促進と乾燥耐性の付与
木下 俊則（名古屋大学）
6. 根系形態の制御によりイネの耐乾性を強化する
宇賀 優作（農業生物資源研究所）
7. 植物ゲノム上のRNAウイルス感染記録から紐解くウイルス－宿主相互作用
近藤 秀樹（岡山大学資源植物科学研究所）

3月7日

8. オオムギが正確に三小穂を形成する仕組みについて
小松田 隆夫（農業生物資源研究所）
9. 植物のミトコンドリアmRNA分解制御とストレス応答
平山 隆志（岡山大学資源植物科学研究所）
10. エピゲノム制御を介した植物の環境ストレス適応
関 原明（理研 環境資源科学研究センター）
11. 植物におけるエピジェネティックリプログラミングの役割
木下 哲（長浜バイオ大学）

The 30th IPSR Symposium and Sixth Symposium on Plant Stress Science Research

March 6-7, 2014

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma, Nubuhiko Suzuki, Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

March 6

1. Genome-based co-expression of genes
T. Obayashi (Tohoku University)
2. Plant artificial chromosomes: New platforms for introducing exogenous genes
M. Murata (IPSR, Okayama University)
3. Adaptive evolution of wild plants: natural selection on phytochromes along latitude
H. Ikeda (IPSR, Okayama University)
4. Quantitative regulation of structure diversity of cytokinin
H. Sakakibara (RIKEN, Center for Sustainable Resource Science)
5. Enhancement of drought stress tolerance and plant growth by regulating stomata opening
T. Kinoshita (Nagoya University)
6. Enhancement of rice drought stress tolerance by regulating root architecture
Y. Uga (National Institute of Agrobiological Sciences)
7. Recent Insights into plant-virus interactions through the genomic fossil record of RNA viral sequences
H. Kondo (IPSR, Okayama University)

March 7

8. Mechanisms of precise formation of three spikelets in barley
T. Komatsuda (National Institute of Agrobiological Sciences)
9. Novel mechanisms for plant mitochondrial mRNA stability linked with stress responses
T. Hirayama (IPSR, Okayama University)
10. Adaptation to plant stress environment through epigenetic control
M. Seki (RIKEN, Center for Sustainable Resource Science)
11. Role of epigenetic reprogramming in plants
T. Kinoshita (Nagahama Institute of Bio-Science and Technology)

第55回日本植物生理学会年会 サテライトミーティング 第16回植物オルガネラワークショップ ーオルガネラの遺伝子発現と細胞内シグナリングー

日程：平成26年3月17日

場所：富山大学

オーガナイザー：小保方潤一（京都府立大学）・加藤裕介（岡山大学資源植物科学研究所）・河野重行（東京大学）・
楠見健介（九州大学）・小林裕和（静岡県立大学）・西村芳樹（京都大学）・林田信明（信州大学）・
宮沢 豊（東北大学）・若杉達也（富山大学）

セッション1：オルガネラの遺伝子発現制御

1. 巨大RNA結合タンパク質ファミリーによる転写後制御システム
藤井 壮太¹・佐藤 望¹・鹿内 利治^{1,2}（¹京都大学, ²JST・CREST）
2. 植物特異的ミトコンドリアmRNA poly(A)制御機構

平山隆志 (岡山大学資源植物科学研究所)

3. シロイヌナズナ葉緑体Clpプロテアーゼの基質探索

K. Nishimura, Y. Asakura, G. Friso, J. Kim, S-H. Oh, H. Rutschow, L. Ponnala, K. J. van Wijk (Cornell University)

セッション2 : オルガネラの進化と細胞内ネットワーク形成

4. 単膜系ペルオキシソーム分裂マシンの構造・機能解析とその起源

井元 祐太^{1,2}・大沼 みお^{2,3}・黒岩 晴子^{2,3}・河野 重行^{1,3}・黒岩 常祥^{2,3} (¹東京大学, ²立教大学, ³JST・CREST)

5. 色素体の成立と貯蔵多糖代謝の進化

鈴木 英治 (秋田県立大学)

6. 気孔のCO₂シグナリング, 細胞膜から細胞膜へ

橋本 (杉本) 美海・射場 厚 (九州大学)

7. 色素体分化と概日時計機構を支える核と葉緑体間のシグナル伝達

華岡 光正 (千葉大学)

特別講演

8. 生物発光リアルタイム測定系の開発と生物時計研究

石浦 正寛 (名古屋大学)

55th Annual meeting of the Japanese society of plant physiologists satellite meeting 16th Plant organelle workshop —Gene expression and cellular signaling in organelle—

March 17, 2014

Toyama University

Organizers: Junichi Obokata (Kyoto Prefectural University), Yusuke Kato (IPSR, Okayama University),
Shigeyuki Kawano (The University of Tokyo), Kensuke Kusumi (Kyushu University) Hirokazu Kobayashi
(University of Shizuoka), Yoshiki Nishimura (Kyoto University), Nobuaki Hayashida (Shinshu University),
Yutaka Miyazawa (Tohoku University), Tatsuya Wakasygi (Toyama University)

Session 1 : Regulation of gene expression in organelle

1. Post-transcriptional regulation by RNA-binding protein family

S. Fujii¹, N. Sato¹, T. Shikanai^{1,2} (¹Kyoto University, ²JST・CREST)

2. Unique regulatory system for mitochondrial mRNA poly (A) status of plants

T. Hirayama (IPSR, Okayama University)

3. Searshing for substrate of plastid Clp protease in Arabidopsis

K. Nishimura, Y. Asakura, G. Friso, J. Kim, S-H. Oh, H. Rutschow, L. Ponnala, K. J. van Wijk (Cornell University)

Sessoion 2 : Evolution of organelle and intercellular network system

4. Origin and functional analysis of single-membrane-bounded peroxisome division machinery

Y. Imoto^{1,2}, M. Ohnuma^{2,3}, H. Kuroiwa^{2,3}, S. Kawano^{1,3}, T. Kuroiwa^{3,3} (¹The University of Tokyo,
²Rikkyo University, ³JST・CREST)

5. Establishment of plastids and evolution of storage polysaccharide metabolism

E. Suzuki (Akita Prefectural University)

6. CO₂ signaling in stomata

M. Hashimoto-Sugimoto, K. Iba (Kyushu University)

7. Plastids differentiation, circadian rhythm and retrograde signaling

M. Hanaoka (Chiba University)

Special seminar

8. Study on circadian clock- Developing real-time bioluminescence measurement system -

M. Ishiura (Nagoya University)

第55回日本植物生理学会年会 シンポジウム ー植物科学における“デザインドバイオマス”研究と展望ー

日程：平成26年3月17日

場所：富山大学

オーガナイザー：坂本 亘（岡山大学資源植物科学研究所）・

出村 拓（奈良先端技術科学大学院大学バイオサイエンス研究科）

1. 低肥料などの不良環境に耐えるバイオマスのデザインに向けて

藤原 徹・小八重 善裕・矢野 幸司（東京大学大学院農学生命科学研究科）

2. ソルガムにおけるバイオマス関連重要形質のデザイン

佐塚 隆志（名古屋大学生物機能開発利用研究センター）

3. バイオマスデザインののための光合成と葉緑体機能の改良

坂本 亘・張 林剛・小田 知里・高見 常明・加藤 裕介（岡山大学資源植物科学研究所）

4. 木本におけるデザインドバイオマス

中野 仁美¹・X. Yu²・大谷 美沙都²・出村 拓^{1,2}（¹奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科,
²理化学研究所環境資源科学研究センター）

5. 芳香族バイオポリマー開発への挑戦

高谷 直樹¹・金子 達雄²・老沼 研一¹（¹筑波大学大学院生命環境科学研究科, ²北陸先端科学技術大学院大学
マテリアルサイエンス研究科）

6. バイオマス特性評価法とバイオリファイナリーへの適用

近藤 昭彦・川口 秀夫・中村 聡子・寺村 浩（神戸大学大学院工学研究科応用化学専攻）

55th Annual meeting of the Japanese society of plant physiologists symposium Perspectives of designed biomass research in plant science

March 17, 2014

Toyama University

Organizers: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University), Taku Demura (Graduate school of biological science,
Nara Institute of Science and Technology)

1. Toward designed biomass for productivity under low nutrient and problematic soil

T. Fujiwara, Y. Kobae, K. Yano (Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo)

2. Designing important genetic traits for biomass in sorghum

T. Sazuka (Bioscience and Biotechnology Center, Nagoya University)

3. Improvement of photosynthesis and chloroplast function for designed biomass

W. Sakamoto, L. Zhang, C. Oda, T. Takami, Y. Kato (IPSR, Okayama University)

4. Designed biomass in woody plant

Y. Nakano¹, X. Yu², M. Ohtani², T. Demura^{1,2}（¹Graduate school of biological science, Nara Institute of
YScience and Technology ²Center for Sustainable Resource Science, RIKEN）

5. Developing aromatic biopolymer

N. Takaya¹, T. Kaneko², K. Oinuma¹（¹Graduate School of Life and Environmental Sciences, University
Yof Tsukuba, ²School of Materials Science, Japan Advanced Institute of Science and Technology）

6. Characterization of biomass and application to biorefinery

A. Kondo, H. Kawaguchi, S. Nakamura, H. Teramura (Department of Chemical Science and YEngineering,
YGraduate School of Engineering, Kobe University)

Symposium in The 55th Annual Meeting of JSPP - Aquaporins in the mechanism of hydraulic and CO₂ conductance -

March 19, 2014

University of Toyama

Organizers: Maki Katsuhara (IPSR, Okayama University), Yuko T. Hanba (Kyoto Institute of Technology),
Masayoshi Maeshima (Nagoya University)

1. A unique aquaporin member in plasma membrane in response to heat
A. Tsuchihira (Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University)
2. Possible involvement of aquaporins in responses of mesophyll conductance to ABA and CO₂
Y. Mizokami (Graduate School of Science, University of Tokyo.)
3. The effect of aquaporin McMIPB and RsPIP2 on leaf photosynthesis of tobacco and eucalyptus plants
Yuko T. Hanba (Graduate School of Science and Technology, Kyoto Institute of Technology)
4. CO₂ permeability of PIP2 aquaporins
I. C. Mori (IPSR, Okayama University)
5. Preliminary Dissection of CO₂ permeability of a Cyanobacterium Aquaporin
X. Ding (Department of Neurology, The University of Texas Southwestern Medical Center)

共同利用／共同研究拠点シンポジウム ー植物による東日本大震災被災農地の修復ー

日程：平成26年4月11日

場所：倉敷市芸文館202会議室

オーガナイザー：園田昌司・山本洋子（岡山大・植物研）

1. 津波被災地へのオオムギ栽培に向けて
佐藤 和広（岡山大学資源植物科学研究所）
2. 宮城県における震災復興に向けた農業試験研究の取組みについて
永野 邦明（宮城県古川農業試験場）
3. 大麦による復興一食への利用拡大ー
五月女 敏範（栃木県農業試験場研究開発部）
4. 福島放射能汚染の現状と広島原爆被爆者に関する最近の知見
大瀧 慈（広島大学原爆放射線医科学研究所）
5. 放射性物質の農地からの除去と農作物への移行低減に向けた農研機構の取組み
信濃 卓郎（農研機構東北農業研究センター農業放射研究センター）
6. コムギにおけるセシウムの移行性の解析
久保 堅司（農研機構東北農業研究センター農業放射研究センター）
7. 果樹における放射能汚染の現状とその研究について
阿部 和博（福島県農業総合センター果樹研究所）
8. 福島第1原発事故から1年を経た放射能汚染農地に自生する野生植物による土壌からの放射性セシウム除去効率の評価
山下 純（岡山大学資源植物科学研究所）
9. 耕作放棄地の植生が土着天敵テントウムシに及ぼす影響について
園田 昌司（岡山大学資源植物科学研究所）

Symposium supported by Joint Usage/Research Center
—Restoration of Arable Lands Damaged by Great East Japan Earthquake
Using Plants—

April 11, 2014

Kurashiki Geibunkan Theater, Room 202

Organizers: Shoji Sonoda, Yoko Yamamoto (IPSR, Okayama University)

1. For cultivation of barley in arable lands damaged by tsunami
K. Sato (IPSR, Okayama Univ.)
2. Agricultural researches for restoration from damages of Great East Japan Earthquake in Miyagi Prefecture
K. Nagano (Furukawa Branch Station of Miyagi Prefectural Agricultural Experiment Station)
3. Restoration from damages of Great East Japan Earthquake using barley -Utilization for foods-
T. Sohtome (Tochigi Agricultural Experiment Station)
4. Current radioactivity contamination in Fukushima Prefecture and the latest knowledge on Hiroshima survivors of the atomic bombing
M. Ohtaki (Research Institute for Radiation Biology and Medicine, Hiroshima Univ.)
5. Efforts of NARO for removal of radioactive materials from arable lands and for transfer prevention of radioactive materials to crops
T. Shinano (NARO Tohoku Agricultural Research Center)
6. Analysis of radiocesium transfer in wheat
K. Kubo (NARO Tohoku Agricultural Research Center)
7. Current situation and research activity on radioactive contamination in orchards
K. Abe (Fruit Tree Research Centre, Fukushima Agricultural Technology Centre)
8. Estimation of soil-to-plant transfer factors of radiocesium in wild plant species grown in arable lands one year after Fukushima Daiichi Nuclear Power Station accident
J. Yamashita (IPSR, Okayama Univ.)
9. Effects of vegetation on native ladybirds in abandoned arable lands
S. Sonoda (IPSR, Okayama Univ.)

おかやまバイオアクティブ研究会 第45回シンポジウム
—今、注目される穀類の機能成分とその利用—

日程：平成26年6月27日

場所：倉敷市芸文館アイシアター

オーガナイザー：杉本 学（岡山大・植物研）

基調講演

大麦 β -グルカンの健康価値と最新の研究動向

青江 誠一郎（大妻女子大学家政学部）

講演

1. 穀類の澱粉粒の形状多様性についての研究

松島 良（岡山大学資源植物科学研究所）

2. 極限環境ストレスにおけるオオムギの応答反応と生存能力

杉本 学（岡山大学資源植物科学研究所）

45th Okayama Bioactive Research Symposium – Notable functional ingredient in cereals and its application –

June 27, 2014

Ai-theater, Kurashiki-Geibunkan

Organizer: Manabu Sugimoto (IPSR, Okayama University)

Keynote

Health claims for barley β -glucan and its latest research trend

S. Aoe (Faculty of Home Economics, Otsuma Women's University)

Presentation

1. Morphological variation of starch grain in cereals
R. Matsushima (IPSR, Okayama University)
2. Response and viability of barley exposed to extreme environment
M. Sugimoto (IPSR, Okayama University)

The 3rd Viruses of Microbes EMBO conference

July 14-18, 2014

Zurich, Switzerland

Convener of Session 9 (Viruses/Fungi/Plants- Tripartite Interaction): Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. The chestnut blight fungus for studies on virus/host and virus/virus interactions: from a natural to a model host
N. Suzuki (IPSR, Okayama University)
2. Exploration of *Sclerotinia sclerotiorum* hypovirulence-associated DNA virus to control Crop Sclerotinia diseases, challenges and prospects
D. Jiang (Huazhong Agricultural University)
3. Searching for mycoviruses in a collection of fungal endophytes isolated from the seagrass *Posidonia oceanica*
L. Nerva (Institute of Plant Virology National Research Council of Italy)
4. Ecology and Evolution of *Cryphonectria hypovirus 1*
D. Rigling (WSL Swiss Federal Research Institute)
5. Taxonomical relatedness among alphapartitiviruses infecting *Heterobasidion* wood decay fungi affects the formation of viral co-infections
M. Kashif (Finnish Forest Research Institute)

The 3rd International Mycovirus Symposium

August 2-4, 2014

University of Vermont, Burlington, USA

Organizers: Angus Dawe (New Mexico State University) Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)
Bradley I. Hillman (Rutgers University)

1. Mycoviruses at the fungus-plant interface: How plant pathogenic fungi defend against virus-mediated hypovirulence at the cellular and population levels

-
- D. L. Nuss (IBBR, University of Maryland, USA)
2. Yeast and fungal prions: How can a protein be a gene? And what do cells do about it?
R. B. Wickner (National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases, NIH, USA)
 3. Viruses of the pathogen that causes late blight of potato and tomato, *Phytophthora infestans*
B. I. Hillman (Rutgers University, USA)
 4. Functional analysis of a melanin biosynthetic gene using RNAi-mediated gene silencing in *Rosellinia necatrix*
S. Kanematsu (IFTR, NARO, Japan)
 5. Discovery for novel antifungal proteins from mycoviruses in plant pathogenic fungi
H. Moriyama (Tokyo University of Agriculture & Technology, Japan)
 6. Glycobiologic approach for dissection of mycovirus/host interactions
S. Kasahara (Miyagi University, Japan)
 7. Suppression of RNA silencing by a mycoreovirus in the white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*
H. Yaegashi (IFTR, NARO, Japan)
 8. Mycoreovirus 1 genome rearrangements generated in RNA-silencing defective strains of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*
N. Suzuki (IPSR, Okayama University, Japan)
 9. Two novel viruses in the family *Hypoviridae* from the plant pathogenic fungus *Fusarium graminearum*
L-H. Guo (The Institute of Plant Protection, CAAS, China)
 10. Molecular characterization of a novel virus from entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana*
I. Koloniuk (Biology Centre of Academy of Sciences of the Czech Republic)
 11. A novel ssRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix* with similarity to hypo-like viruses
R. Zhang (IPSR, Okayama University, Japan)
 12. Detection and genetic characterisation of a novel mycovirus in *Hymenoscyphus fraxineus*, the causal agent of ash dieback, with the help of cost action FRAXBACK
C. N. Schoebel (WSL Swiss Federal Research Institute, Switzerland)
 13. Genome segment ratios and gene expression of *Heterobasidion* partitiviruses
J. Hantula (Finnish Forest Research Institute, Finland)
 14. Evidence for internal ribosomal entry sites in mycovirus genomes
S. Chiba (IPSR, Okayama University, Japan)
 15. Structural and Non-Structural Proteins of *Fusarium graminearum* Mycovirus-China 9 (FgV-ch9) and their Processing in the fungal host
C. Heinze (Biocenter Klein Flottbek, University of Hamburg, Germany)
 16. Curing and functional analysis of the mycovirus (LeV) in the edible mushroom *Lentinula edodes*
D-H. Kim (Institute for Molecular Biology and Genetics, Center for Fungal Pathogenesis, Chonbuk National University, Korea)
 17. The Hex1 protein of *Fusarium graminearum* specifically binds to *Fusarium graminearum* virus 1 RNAs that might be important for efficient viral RNA accumulation
K-H. Kim (Seoul National University, Korea)
 18. Investigation on the partial resistance of Cpkk2 knock out strain of *Cryphonectria parasitica* to infection from *Cryphonectria hypovirus 1*
M. Turina (Institute for Sustainable Plant Protection -CNR , Italy)
 19. Virus-mediated changes in the physiology of *Cryphonectria parasitica*
A. Dawe (New Mexico State University, USA)
 20. Molecular and biological characterization of a novel RNA virus in the phytopathogenic fungus *Botrytis cinerea*
M. Wu (College of Plant science and Technology, Huazhong Agricultural University, China)
 21. Molecular characterization of two positive-strand RNA viruses co-infecting hypovirulent strain of *Sclerotinia sclerotiorum*
-

-
- J. Xie (Huazhong Agricultural University, China)
22. Identification and molecular characterization of the hypovirus infecting a hypovirulent isolate of *Sclerotinia sclerotiorum*
S-Y. Lee Marzano (University of Illinois, USA)
23. Molecular characterization of a novel positive sense RNA virus that can transmit via ascospores of the pathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*
D. Jiang (Huazhong Agricultural University, China)
24. Ecology and epidemiology of mycovirus-induced hypovirulence in the chestnut blight fungus *Cryphonectria parasitica*
D. Rigling (WSL Swiss Federal Research Institute, Switzerland)
25. Viruses accumulate in aging infection centers of the fungal forest pathogen *Heterobasidion parviporum*
E. Vainio (Finnish Forest Research Institute, Finland)
26. Multiple infection of a single *Botrytis tulipae* isolate by at least nine RNA viruses revealed by a deep sequencing approach
H. Kondo (IPSR, Okayama University, Japan)
27. Metagenomic identification of fifty novel and diverse mycoviruses infecting prevalent plant pathogenic fungi of major crops
S-Y. Lee Marzano (University of Illinois, USA)
28. Using benchtop genome sequencing to identify mycoviral populations
E. Dobbs (East Malling Research, UK)
29. Different approaches to search for mycoviruses in a collection of fungal endophytes isolated from the marine plant *Posidonia oceanica*
M. Turina (Institute for Sustainable Plant Protection -CNR, Italy)
30. Environmental influences on the virome of *Agaricus bisporus*
Greg Deakin (East Malling Research, UK)
31. Victorivirus *Helminthosporium victoriae* virus 190S as a model system for exploring mechanism of stop/restart translation
S. A. Ghabrial (University of Kentucky, USA)

平成26年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム (倉敷市大学連携講座)

日程：平成26年10月18日
場所：くらしき健康福祉プラザ

1. 日本列島の高山植物：極限環境に生きる植物の生きざまと起源
池田 啓（岡山大学資源植物科学研究所）
2. 病原菌や害虫から身を守る「植物の免疫システム」
新屋 友規（岡山大学資源植物科学研究所）

Program of IPSR Open Lecture, Okayama University 2014

October 18, 2014
Kurashiki-Kenken-Fukushi plaza, Kurashiki city

1. Japanese alpine plants: diverse plants in harsh environments and their origins
H. Ikeda (IPSR, Okayama University)
2. The plant immune system against pathogenic microbes and pests.
T. Shinya (IPSR, Okayama University)

(財) 染色体学会第65回年会 市民公開講演会 ゲノムと性ーオスとメスを決めるからくり

日程：平成26年10月25日（土）

場所：倉敷市芸文館アイシアター

オーガナイザー：村田 稔・長岐清孝（岡山大・植物研）

司会：松田洋一（名古屋大学大学院）・村田 稔（岡山大・植物研）

1. 男性はどこへ？Y染色体の運命
黒岩 麻里（北海道大学大学院理学研究院）
2. カエルのオスとメスはどのように決まるのか
三浦 郁夫（広島大学大学院理学研究科）
3. 昆虫に学ぶ性を決めるスイッチのしくみ
鈴木 雅京（東京大学大学院新領域創成科学研究科）
4. 魚の性ーその柔軟さと強かさ
坂井 陽一（広島大学大学院生物圏科学研究科）
5. 植物のオスとメスはどうやってできたか？
河野 重行（東京大学大学院新領域創成科学研究科）
6. ゲノムから見た人間の進化
斎藤 成也（国立遺伝学研究所集団遺伝研究部門）

Open Lectures at the 65th annual meeting of Chromosome Science Research Sex and genome - male or female?

October 25, 2014

Kurashiki Geibunkan

Organizers: Murata, M., Nagaki, K. (IPSR, Okayama University)

Chairpersons: Matsuda, Y. (Nagoya University), Murata, M. (IPSR, Okayama University)

1. Fate of the human and mammalian Y-chromosomes
A. Kuroiwa (Hokkaido Univ.)
2. Sex determination systems in frogs
I. Miura (Hiroshima Univ.)
3. Switches for determining sexes in insects
M. Suzuki (Univ. Tokyo)
4. Fishes have flexible and tough sex differentiation systems
Y. Sakai (Hiroshima Univ.)
5. Evolution of sex determination systems in plants
S. Kawano (Univ. Tokyo)
6. Genome analyses reveal the human evolution
N. Saito (National Institute of Genetics)

共同利用・共同研究ワークショップ ー植物ゲノム編集ワークショップー

日程：平成26年 11月4日

場所：倉敷市芸文館アイシアター

オーガナイザー：久野 裕（岡山大・植物研）・カ石和英（岡山大・植物研）・刑部敬史（徳島大・農工商連携センター）

1. 植物ゲノム編集研究の現状と展望

雑賀 啓明・土岐 精一（農業生物資源研究所農業生物先端ゲノム研究センター）

2. ペプチド法による植物への遺伝子導入

沼田 圭司（理化学研究所環境資源科学研究センター）

3. PPRタンパク質を用いたゲノム編集技術開発

中村 崇裕（九州大学大学院 農学研究科）

4. 植物病原糸状菌（イネいもち病菌）のゲノム編集および変異機構解析に向けて

荒添 貴之¹・大里 修一¹・佐久間 哲史²・山本 卓²・有江 力³・桑田 茂¹

（1. 明治大学大学院農学研究科, 2. 広島大院・理学, 3. 東京農工大院・農学）

5. ゲノム育種・植物代謝工学研究への TALEN の利用

安本 周平・關 光・福島 エリオデット・村中 俊哉（大阪大学大学院工学研究科）

6. ゼニゴケ・シロイヌナズナにおけるCRISPR/Cas9による遺伝子破壊

菅野 茂夫（徳島大学農工商連携センター）

7. 総合討論

Workshop supported by Joint Usage/Research Center ーWorkshop for Genome Editing in Plantsー

November 4, 2014

Ai-theater, Kurashiki-Geibunkan

Organizers: Hiroshi Hisano (IPSR, Okayama University), Kazuhide Rikiishi (IPSR, Okayama University),

Keishi Osakabe (CCAIC, Tokushima University)

1. Genome engineering in higher plants: current status and future prospects

H. Saika*, S. Toki (National Institute of Agrobiological Sciences, Agrogenomics Research Center)

2. Peptide-based gene delivery system for plants

K. Numata (RIKEN Center for Sustainable Resource Science)

3. Development of PPR-based Genome editing

T. Nakamura (Faculty of Agriculture, Kyushu University)

4. Studies for genome editing and genome evolution in the rice blast fungus using engineered nucleases

T. Arazoe^{1*}, S. Ohsato¹, T. Sakuma², T. Yamamoto², T. Arie³, S. Kuwata¹

（1. Graduate school of Agriculture, Meiji University, 2. Graduate School of Science, Hiroshima University,

3. Graduate school of Agriculture, Tokyo University of Agriculture and Technology）

5. Application of TALEN technology for plant genomic breeding and metabolic engineering

S. Yasumoto*, H. Seki, E. Odette Fukushima, T. Muranaka

（Graduate School of Engineering, Osaka University）

6. CRISPR/Cas9 mediated gene disruptions of Marchantia polymorpha and Arabidopsis thaliana

S. Sugano (CCAIC, University of Tokushima)

7. General discussion

Innovative Agricultural Sciences, Technologies and Global Networking for
Sustainable Food Production and Security
(as a subtheme of The 9th JKUAT Scientific, Technological and
Industrialization Conference)

November 13-14, 2014

JKUAT, Nairobi, Kenya

Organizer: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

1. Innovation in agricultural sector-past, present and future
Y. Kubo (Faculty of Agriculture, Okayama University.)
2. Metagenomic exploration of bacterial and archaeal diversity at Sodere and Filwoha hot water springs, Ethiopia
D. A. Tegegne¹, F. Stomeo², S. Benor², R. Skilton², S. Maina² (¹Addis Ababa Science and Technology University, Addis Ababa, Ethiopia., ²Biosciences east and central Africa, Nairobi, Kenya)
3. Chemotaxis to methanol in *Methylobacterium* sp.
A. Tani¹, S. Masuda¹, Y. Fujitani¹, J. Kato², and N. Suzuki¹ (¹IPSR, Okayama University., ²Department of Molecular Biotechnology, Graduate School of Advanced Sciences of Matter, Hiroshima University.)
4. Towards Basmati rice improvement by introducing *Oryza longistaminata*-derived traits
E. Gichuhi^{1,2}, E. Himi², M. Maekawa² (¹Graduate school of Environmental and Life Sciences, Okayama University., ²IPSR, Okayama University.)
5. *Ralstonia solanacearum* type III secretion system effector Rip36 induces hypersensitive response in the nonhost wild eggplant *Solanum torvum*
Y. Ichinose¹, K. Nahar¹, I. Matsumoto², F. Taguchi¹, and T. Mukaiharu³ (¹Graduate School of Environmental and Life Science, ¹Faculty of Agriculture, Okayama University., ¹Research Institute for Biological Sciences)
6. Impacts of Global Warming on Rice Production and Grain Quality in Southwest Japan
K. Saitoh (Graduate school of Environmental and Life Sciences, Okayama University.)
7. Virus interference in plants and fungal hosts
N. Suzuki (IPSR, Okayama University.)
8. Chickpea breeding for biotic and abiotic stress resilience and adaptation in Eastern and Southern Africa
C. O. Ojiewo (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics Ethiopia)
9. Preliminary Studies on the Restoration of the Pyrite Trail in Queen Elizabeth National Park Area, Uganda
H. Oryem-Origa¹, M. Ntale², A. Makara³, and J. Ssenku¹ (¹Department of Biological Sciences, College of Natural Sciences, Makerere University., ²Department of Chemistry, College of Natural Sciences, Makerere University., ³Nsigo Technologies.)
10. A novel strategy for suppression of plant stomatal defense by *Methylobacterium* sp.
S. Masuda, Y. Nakamura, I. Mori, A. Tani (IPSR, Okayama University.)
11. Improvement of photosynthesis and chloroplast function for food and biomass production
W. Sakamoto (IPSR, Okayama University.)
12. Molecular characterization of an ARC6-like protein involved in chloroplast division and biogenesis in rice (*Oryza sativa* L.)
P. K. Kamau, R. Matsushima, M. Maekawa, W. Sakamoto (IPSR, Okayama University.)
13. Genetic factor controlling low-pungent capsaicinoid analogues biosynthesis in pepper fruits
Y. Tanaka (Okayama University.)

学会賞等 (*Awards*)

植物ストレス学グループ, 馬 建鋒 (教授), 第72回山陽新聞賞 (学術功労), 岡山, 1月9日, 2014. (Group of Plant Stress Physiology, Ma, J. F. (Professor), 72th Sanyo-Shinbun Award, Okayama, January 9, 2014.)

野生植物グループ, 池田 啓 (助教), 第13回日本植物分類学会奨励賞, 課題名「日本産高山植物の系統地理: 分布形成の歴史と地域適応への示唆」, 第13回年次大会, 熊本, 3月22日, 2014. (Group of Wild Plant Science, Ikeda, H. (Assist. Prof.), “Phylogeography of Japanese alpine plants: molecular insights into biogeography and adaptive evolution. 13th Annual Conference, Kumamoto, May 22, 2014.)

植物成長制御グループ, 苅谷耕輝 (博士課程3年生), 大学院環境生命科学研究科長賞, 岡山大学, 3月25日, 2014. (Koki, K. (1st grade of doctor course), Graduate school of environmental and life science award. Okayama University. March, 25, 2014.)

ゲノム制御グループ, 田中小百合 (博士課程3年生), おかやまバイオアクティブ研究会学生奨励賞, 課題名「紫外線で誘導されるオオムギ由来Nudix hydrolase遺伝子は酸化ヌクレオチドを浄化する」, おかやまバイオアクティブ研究会第45回シンポジウム, 岡山, 6月27日, 2014. (Group of Genome Regulation, Tanaka, S. (3rd grade of doctor course), Excellent Student Award of Okayama Bioactive Research Society, Barley Nudix hydrolase, induced by UV irradiation, eliminates oxidized nucleotide. 45th Okayama Bioactive Research Symposium, Okayama, June 27, 2014.)

植物成長制御グループ, 苅谷耕輝 (博士課程3年生), 第9回高校生・大学院生による研究紹介と交流の会, ステージ発表・優秀賞, 岡山大学, 7月31日, 2014. (Koki, K. (1st grade of doctor course), 9th Meeting of Research and exchanges by high school students and graduate students, oral presentation・award of excellence. Okayama University. July, 31, 2014.)

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 satff)	所属機関・部局 (Institution, Department)	職名 (Position)	氏名 (Name)
	課題名 (Subject title)		
坂本 亘 (Sakamoto, W.)	静岡大学・大学院理学研究科 (Shizuoka University, Graduate School of Science)	准教授 (Associate Professor)	天野 豊己 (Amano, T.)
	シロイヌナズナ由来FtsHにおけるタンパク質分解機構の解明 (Protein degradation mechanism of FtsH protease from Arabidopsis)		
	岡山県農林水産総合センター生物科学研究所 (Okayama Prefectural Technology Center for Agriculture, Forestry, and Fisheries, Research Institute for Biological Sciences)	専門研究員 (Principal Investigator)	後藤 弘爾 (Goto, K.)
	植物の連続光ストレスに対する応答機構の遺伝学的解明 (Genetic analyses of plant response mechanisms against continuous-light stress)		
	広島大学・大学院理学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Science)	准教授 (Associate Professor)	島田 裕士 (Shimada, H.)
	CYO1高発現シロイヌナズナの光合成活性測定 (Analysis of photosynthesis in Arabidopsis overexpressing of CYO1)		
	山口大学・大学研究推進機構 (Yamaguchi University, Organization for Research Initiatives)	教授 (Professor)	真野 純一 (Mano, J.)
	環境ストレスにより酸化修飾される葉緑体タンパク質の分解機構の解明 (Elucidation of the mechanism for the degradation of oxidatively modified proteins in chloroplasts)		
	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.)
平山 隆志 (Hirayama, T.)	アクチン結合蛋白質ビリンによるオルガネラ動態の制御機構 (Regulatory mechanism of organelle dynamics by actin-binding protein villin)		
	鳥取大学・農学部 (Tottori University, Faculty of Agriculture)	准教授 (Associate Professor)	板井 章浩 (Itai, A.)
	バラ科果樹の着果制御における植物ホルモンの機能解明 (The study on the role of plant hormones in the fruiting of Rosaceae fruit species)		
	北海道大学・大学院水産科学研究院 (Hokkaido University, Graduate School of Fisheries Sciences)	准教授 (Associate Professor)	三上 浩司 (Mikami, K.)
	海藻における環境ストレス下での植物ホルモンの定量解析 (Quantitative analysis of plant hormones under environmental stress in seaweeds)		
	農業生物資源研究所 (National Institute of Agrobiological Sciences)	主任研究員 (Senior researcher)	西村 宜之 (Nishimura, N.)
	アブシジン酸シグナルで働くアダプタータンパク質による遺伝子発現制御の解析 (Regulatory mechanisms controlling gene expression mediated by adaptor protein in Absciscic acid signaling)		
	静岡県立大学・食品栄養科学部 (University of Shizuoka, School of Food and Nutritional Sciences)	助教 (Assistant Professor)	丹羽 康夫 (Niwa, Y.)
	植物のpHストレス応答に関する研究 (Research on pH stress in plant)		

森 泉 (Mori, I. C.)	宮崎大学・農学部 (Miyazaki University, Faculty of Agriculture)	准教授 (Associate Professor)	稲葉 丈人 (Inaba, T.)
	環境適応におけるプラスチドシグナルと植物ホルモンのクロストーク (Crosstalk between plastid signals and phytohormones during environmental adaptation)		
	東北大学・大学院工学研究科 (Tohoku University, School of Engineering)	助教 (Assistant Professor)	浜本 晋 (Hamamoto, S.)
	気孔の閉口運動に関わるイオンチャネルの活性制御機構の解明 (Characterization of plasma membrane ion channel modulator during closing of stomata)		
馬 建鋒 (Ma, J. F.)	北海道大学・大学院理学研究院 (Hokkaido University, Faculty of Science)	助教 (Assistant Professor)	伊藤 秀臣 (Ito, H.)
	メリステム特異的なストレス活性型トランスポゾン制御機構の解明 (Analysis of meristem specific regulation of a stress activated transposon)		
	農業環境技術研究所 (National Institute for Agro-Environmental Sciences)	研究員 (Researcher)	櫻井 玄 (Sakurai, G.)
	作物における栄養吸収・輸送・蓄積諸過程のモデル解析 (Modeling of processes of uptake, translocation, and distribution of mineral elements in crops)		
	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe University, Graduate School of Agricultural Science)	助教 (Assistant Professor)	石川 亮 (Ishikawa, R.)
	野生イネを用いた種子亜鉛含量に関わる遺伝子の同定 (Identification of a gene responsible for the zinc content in seed using wild rice)		
	信州大学・繊維学部 (Shinshu University, Faculty of Textile Science and Technology)	准教授 (Associate Professor)	堀江 智明 (Horie, T.)
	必須二価陽イオンに透過性を示す膜輸送体の生理機能の解明 (Elucidation of the physiological function of membrane transporters permeable to essential divalent cations)		
	名古屋大学・トランスフォーマティブ生命分子研究所 (Nagoya University, Institute of Transformative Bio-Molecules)	教授 (Professor)	木下 俊則 (Kinoshita, T.)
山本 洋子・佐々木 孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	環境ストレスに応答した気孔開閉のシグナル伝達機構の解析 (Analysis of stomatal movements in response to environmental stress)		
	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.)
	植物のストレス応答におけるミトコンドリアの役割: Ca^{2+} シグナリングの制御機構 (A role of mitochondria in biotic and abiotic stress responses in plants: Regulatory mechanism of Ca^{2+} signaling)		
	京都大学・生存圏研究所 (Kyoto University, Research Institute for Sustainable Humanosphere)	特定助教 (Program-Specific Assistant Professor)	高梨 功次郎 (Takanashi, K.)
	植物二次代謝産物の蓄積に関わる輸送体の解析 (Analyses of transporters involved in the accumulation of secondary metabolite)		

佐々木 孝行・ 山本 洋子 (Sasaki, T. and Yamamoto, Y.)	岡山大学・大学院環境生命科学研究科 (Okayama University, Graduate School of Environmental and Life Science)	教授 (Professor)	村田 芳行 (Murata, Y.)
	イオンチャネルを標的とした耐性植物の創出とその利用に関する研究 (Generation of tolerant plants by engineering of ion channels)		
	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 (Wasaki, J.)
	低リン耐性の高い植物が示す難溶性リン利用能力の解析 (Analyzes of ability to mobilize sparingly soluble phosphate by low-P tolerant plants)		
且原 真木 (Katsuhara, M.)	京都大学・大学院人間・環境学研究科 (Kyoto University, Graduate School of Human and Environmental Studies)	教授 (Professor)	瀬戸口 浩彰 (Setoguchi, H.)
	野生植物の種内における塩性・乾燥ストレスに対する生理特性の適応分化 (Intraspecific differentiation of wild plants in physiological responses to salt/arid stress)		
	信州大学・繊維学部 (Shinshu University, Faculty of Textile Science and Technology)	准教授 (Associate Professor)	堀江 智明 (Horie, T.)
	植物のナトリウム/カリウム透過性輸送体のイオン輸送特性の解明 (Characterization of ion transport properties of sodium and/or potassium permeable transporters from plants)		
	近畿大学・先端技術総合研究所 (Kinki University, Institute of Advanced Technology)	客員教授 (Visiting Professor)	泉井 桂 (Izui, K.)
	ホルムアルデヒドによるストレスに対する植物の分子応答とこの応答におけるシグナル伝達機構 の解析 (Molecular response of plants exposed to formaldehyde stress and analysis of signal transduction pathway for this response)		
	東京工科大学・応用生物学部 (Tokyo University of Technology, School of Bioscience and Biotechnology)	教授 (Professor)	多田 雄一 (Tada, Y.)
	ソナレシバのglycine-rich RNA-binding proteinを発現するシロイヌナズナの解析 (Analysis of Arabidopsis expressing glycine-rich RNA-binding protein from <i>S. virginicus</i>)		
且原 真木・森 泉 (Katsuhara, M. and Mori, I.C.)	名古屋大学・大学院生命農学研究科 (Nagoya University, Graduate School of Bioagricultural Sciences)	教授 (Professor)	前島 正義 (Maeshima, M.)
	シロイヌナズナ細胞膜アควaporinの分子生物学的・生理学的解析 (Studies on the plasma membrane aquaporins of Arabidopsis by molecular genetic and physiological approaches)		
鈴木 信弘 (Suzuki, N.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe University, Graduate School of Agricultural Science)	教授 (Professor)	中屋敷 均 (Nakayashiki, H.)
	イネ科植物いもち病菌におけるマイコウイルスのRNAサイレンシングによる制御機構 (RNA silencing mediated-suppression of mycoviruses in <i>Magnaporthe oryzae</i>)		
鈴木 信弘・ 近藤 秀樹 (Suzuki, N. and Kondo, H.)	愛媛大学・農学部 (Ehime University, 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に対するトレランス／抵抗性遺伝子の分子生物学的解析 (Molecular analysis of tobamovirus tolerance/resistance genes in Arabidopsis)		
近藤 秀樹・ 鈴木 信弘 (Kondo, H. and Suzuki, N.)	東京家政大学・家政学部 (Tokyo Kasei University, Department of Environmental Education)	准教授 (Associate Professor)	藤森 文啓 (Fujimori, F.)
	マイタケPartitivirusの性状と生物学的特性に関する研究 (Molecular and biological properties of a novel partitivirus from <i>Grifola frondosa</i>)		

谷 明生 (Tani, A.)	岐阜大学・応用生物科学部 (Gifu University, Faculty of Applied Biological Science)	教授 (Professor)	中川 智行 (Nakagawa, T.)
	レアアースによるメタノール細菌の代謝活性化機構の解明と植物生育促進技術への応用 (Activation mechanism of methanol metabolism by rare earth elements in the methylophilic bacteria, and its application to plant growth promotion technology)		
	東京大学・大学院農学生命科学研究科 (The University of Tokyo, Graduate School of Agricultural and Life Sciences)	助教 (Assistant Professor)	佐々木 和浩 (Sasaki, K.)
	共生細菌種を規定するイネの遺伝型の解析 (Identification of rice genotype for controlling of symbiotic bacteria)		
ガリス イバン (Galis, I.)	東京大学・大学院理学系研究科 (The University of Tokyo, Graduate School of Science)	助教 (Assistant Professor)	竹内 雅宜 (Takeuchi, M.)
	高等植物の草食性昆虫に対する防御反応系におけるcGMPとcAMPの機能解明 (Functional clarification of cGMP and cAMP in the defense reaction of plants to herbivorous insects)		
	高知大学・教育研究部総合科学系 (Kochi University, Research and Education Faculty, Multidisciplinary Science Cluster)	教授 (Professor)	木場 章範 (Kiba, A.)
	植物免疫応答における植物ホルモンの役割に関わる研究 (Analysis of role of plant hormones on plant immune responses)		
園田 昌司・山下 純 (Sonoda, S. and Yamashita, J.)	秋田県果樹試験場 (Fruit-Tree Experiment Station, Akita Prefectural Agriculture, Forestry and Fisheries Research Center)	主任研究員 (Senior researcher)	舟山 健 (Funayama, K.)
	リンゴ園における植生管理と土着カブリダニの定着に関する研究 (Study on weed management and colonization of phytoseiid mites in apple orchards)		
新屋 友規・ ガリス イバン (Shinya, T. and Galis, I.)	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, Biological Sciences)	准教授 (Associate Professor)	西條 雄介 (Saijo, Y.)
	エリシター高感度植物体を用いた食害昆虫の接触・摂食により産生されるエリシター成分の探索・性状解析 (Screening for herbivore-associated plant elicitors by using elicitor-hypersensitive reporter plants)		
植木 尚子 (Ueki, S.)	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所 (National Research Institute of Fisheries and Environment of Inland Sea)	任期付研究員 (Research fellow)	中山 奈津子 (Nakayama, N.)
	赤潮原因藻類殺藻ウイルスの形態観察および定量系開発 (Quantitative and Morphological analysis of HcRNAV infectious Red- Tide phytoplankton)		
	大阪大学・蛋白質研究所 (Osaka University, Institute for Protein Research)	助教 (Assistant Professor)	佐藤 毅 (Sato, T.)
	赤潮原因藻ヘテロシグマを宿主とするDNAウイルス増殖過程の解析 (Characterization of infection process of a <i>Heterosigma akashiwo virus</i> (HaV))		
佐藤 和広 (Sato, K.)	東京農工大学・大学院農学研究院 (Tokyo University of Agriculture and Technology, The Graduate School of Agriculture)	教授 (Professor)	平沢 正 (Hirasawa, T.)
	オオムギ耐塩性の遺伝解析 (Genetic analysis of salt tolerance in barley)		
	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe University, Graduate School of Agricultural Science)	准教授 (Associate Professor)	宅見 薫雄 (Takumi, S.)
	オオムギゲノム情報を利用した異質倍数性コムギゲノム解析 (Studies on wheat allopolyploid genomes using the barley genome information)		

佐藤 和広・久野 裕 (Sato, K. and Hisano, H.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe University, 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与する複合遺伝子座 <i>Rmo2</i> のクローニングと機能解析 (Cloning and functional analysis of <i>Rmo2</i> , a complex locus for resistance to various subgroups of <i>Pyricularia oryzae</i> in barley)		
最相 大輔 (Saisho, D.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe University, Graduate School of Agricultural Science)	准教授 (Associate Professor)	山崎 将紀 (Yamasaki, M.)
	オオムギ遺伝資源の表現形質の測定と管理システムの開発 (Development of Phenotyping Management System in Barley Genetic Resource)		
	理化学研究所・環境資源科学研究センター (RIKEN Center for Sustainable Resource Science)	副チームリーダー (Deputy Team Leader)	持田 恵一 (Mochida, K.)
	環境応答におけるオオムギ遺伝資源のゲノムおよびトランスクリプトーム多様性の解明 (Genome and transcriptome variations among barley genetic resources in environmental responses)		
久野 裕・佐藤 和広 (Hisano, H. and Sato, K.)	理化学研究所・環境資源科学研究センター (RIKEN Center for Sustainable Resource Science)	上級研究員 (Senior Research Scientist)	笠原 博幸 (Kasahara, H.)
	高温障害耐性オオムギの作出に関する研究 (Study of the generation of high temperature injury-resistant barley)		
武田 真・佐藤 和広 (Taketa, S. and Sato, K.)	龍谷大学・文学部農学研究科 (Ryukoku University, Faculty of Letters)	教授 (Professor)	古本 強 (Furumoto, T.)
	オオムギ遺伝資源からの温度不感受変異系統の探索 (Screening of temperature-insensitive lines from barley collection)		
武田 真 (Taketa, S.)	東京大学・大学院農学生命科学研究科 (The University of Tokyo, Graduate School of Agricultural and Life Sciences)	准教授 (Associate Professor)	伊藤 純一 (Ito, J.)
	オオムギとイネの葉間期変異体の比較分子遺伝学的解析 (Comparative molecular genetics of plastochron mutants in barley and rice)		
	鳥取大学・農学部 (Tottori University, Faculty of Agriculture)	教授 (Professor)	石原 亨 (Ishihara, A.)
	オオムギ遺伝資源を用いたイネ科植物における二次代謝産物の生合成と生物学的役割の解析 (Studies on biosynthesis and biological function of secondary metabolites in grass family plants by using barley collection)		
	吉備国際大学・地域創成農学部 (Kibi International University, School of Agricultural Regional Vitalization)	講師 (Lecturer)	吉川 貴徳 (Yoshikawa, T.)
	オオムギおよびイネの細葉変異体の比較遺伝生理学的解析 (Comparative genetic and physiological analysis between barley and rice narrow leaf mutants)		
山下 純 (Yamashita, J.)	鳥取大学・農学部 (Tottori University, Faculty of Agriculture)	助教 (Assistant Professor)	衣笠 利彦 (Kinugasa, T.)
	根の土壌貫入能力の種間差の解明 (A study on the interspecific variation of plant root penetration ability)		
村田 稔・長岐 清孝 (Murata, M. and Nagaki, K.)	神戸大学・人間発達環境学研究科 (Kobe University, Graduate School of Human Development and Environment)	教授 (Professor)	近江戸 伸子 (Ohmido, N.)
	アブラナ科種間雑種における染色体変異の解析 (Analysis of chromosome variability in Brassica interspecific hybridization)		
	福井県立大学・生物資源学部 (Fukui Prefectural University, Faculty of Biotechnology)	教授 (Professor)	村井 耕二 (Murai, K.)
	倍数性コムギ遺伝資源における同祖遺伝子のエピジェネティック制御機構の解明 (Epigenetic regulation mechanism of homoeologous genes in polyploidy wheat genetic resources)		

長岐 清孝・村田 稔 (Nagaki, K. and Murata, M.)	千葉大学・大学院園芸学研究科 (Chiba University, Graduate School of Horticulture)	助教 (Assistant Professor)	菊池 真司 (Kikuchi, S.)
	トレンニア属植物の動原体構成要素の単離と人工染色体の構築 (Isolation of centromeric DNAs and development of artificial chromosome in <i>Torenia</i>)		
前川 雅彦 (Maekawa, M.)	北海道大学・大学院農学研究院 (Hokkaido University, Graduate School of Agriculture)	教授 (Professor)	橋床 泰之 (Hashidoko, Y.)
	Oryza longistaminata/O. sativa交雑後代系統とイネ内生細菌ならびに水田土壌微生物群集との相互作用解明 (Investigation of relationships among progeny derived from the cross between Oryza longistaminata and O. sativa, paddy endophytes and microbial community in unfertilized paddock soil for effective nitrogen supply)		
	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	関根 政実 (Sekine, M.)
	イネ内在性トランスポゾンを用いた新奇植物ホルモン関連遺伝子の同定 (Isolation of a gene related to plant hormone signaling in rice)		
	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	鈴木 正一 (Suzuki, S.)
	イネ内在性トランスポゾンを用いた白未熟粒関連遺伝子の単離 (Isolation of genes related to milky white kernels in rice)		
	名古屋大学・大学院生命農学研究科 (Nagoya University, Graduate School of Bioagricultural Sciences)	准教授 (Associate Professor)	伊藤 正樹 (Ito, M.)
	DNA型トランスポゾンを利用したイネにおけるDNA倍加の研究 (Study of endoreplication in rice using endogenous DNA transposon)		
江崎 文一 (Ezaki, B.)	山口大学・農学部 (Yamaguchi University, Faculty of Agriculture)	教授 (Professor)	横山 和平 (Yokoyama, K.)
	シロイヌナズナの体内一酸化窒素濃度の変動とストレスへの応答性に対する内生脱窒菌の影響 (Effect of endophytic denitrifying bacteria on in planta NO accumulation and stress responsibility of host plant, Arabidopsis thaliana)		

資源植物科学研究所創立100周年記念行事

(Events for 100th Anniversary of Institute of Plant Science and Resources)

1. 100周年記念誌出版 電子版を研究所ホームページから公開

(現在のアドレス<http://www.rib.okayama-u.ac.jp/100y/100thjp.html>)

2. 記念式典および記念講演会

日 時 平成26年10月2日 15時～17時

場 所 倉敷市芸文館ホール

次 第

前 奏 ヴィヴァルディ「四季」より「夏」

開会の辞

奏 楽 合奏（倉敷アカデミーアンサンブル）

式 辞 岡山大学資源植物科学研究所長 山本 洋子

挨 拶 岡山大学長 森田 潔

祝 辞 文部科学省大臣官房審議官（研究振興局担当） 山脇 良雄

祝 辞 倉敷市長 伊東 香織

講 演 大原奨農会理事長 大原 謙一郎

「大原農研」創業のころ」

講 演 岡山大学資源植物科学研究所長 山本 洋子

「研究所の歴史と現在」

学術講演 岡山大学資源植物科学研究所教授 馬 建鋒

「植物研ゆかりの偉人達と私の研究」

学術講演 スウェーデン農業大学教授 Roland von Bothmer

「世界の植物遺伝資源研究と日本の位置づけ」

閉会の辞

3. 記念祝賀会

日 時 平成26年10月2日 18時～20時

場 所 倉敷アイビースクエア フローラルコート

次 第

前 奏 弦楽四重奏（倉敷アカデミーアンサンブル）

開 会

岡山大学資源植物科学研究所長挨拶

来賓祝辞

乾 杯

研究所関係者スピーチ

閉 会

4. 100周年記念シンポジウム「資源植物科学の現状と展望」

日 時 平成26年10月3日 9時30分～17時30分

場 所 倉敷市芸文館ホール

プログラム

開会挨拶

基調講演

武田 和義 (岡山大学名誉教授)

「オオムギの変異を求めて80 年」

篠崎 一雄 (理化学研究所 環境資源科学研究センター長)

「植物科学研究の新たな展開

ーモデル植物研究から作物研究や多様性研究へー」

矢野 昌裕 (農研機構 作物研究所所長)

「ゲノム情報が拓く新たな作物育種戦略」

松永 和紀 (サイエンスライター)

「新しい農業技術への市民の期待」

研究紹介

大気環境ストレスユニット紹介 坂本 亘

森 泉 「二酸化炭素輸送機構 Cooporin」

土壌環境ストレスユニット紹介 馬 建鋒

山地 直樹 「節とミネラル分配」

環境生物ストレスユニット紹介 鈴木 信弘

新屋 友規 「植食性昆虫に対するイネの防御応答および認識機構の解析」

遺伝資源ユニット紹介 佐藤 和広

最相 大輔 「栽培オオムギにおける春化要求性の自然変異

ー栽培域拡大を実現した春化要求性の遺伝的多様性ー」

ゲノム育種ユニット紹介 前川 雅彦

長岐 清孝 「植物の動原体構成要素の解析とその応用」

次世代作物共同研究コア 萌芽的・学際的新展開グループ

植木 尚子 「藻類の生態系における挙動の理解と活用を目指して：

赤潮原因藻ヘテロシグマの分子生物学的研究基盤の整備」

ポスター成果発表&交流会

Annual Report 2014

Director: Yoko Yamamoto

Editorial Members: Yuko Hojo

Sanae Rikiishi

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22卷 (Annual Report 2014)

平成27年3月25日 印刷

平成27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 北條 優子
力石 早苗
園田 昌司

印 刷 所 活文堂印刷株式会社

