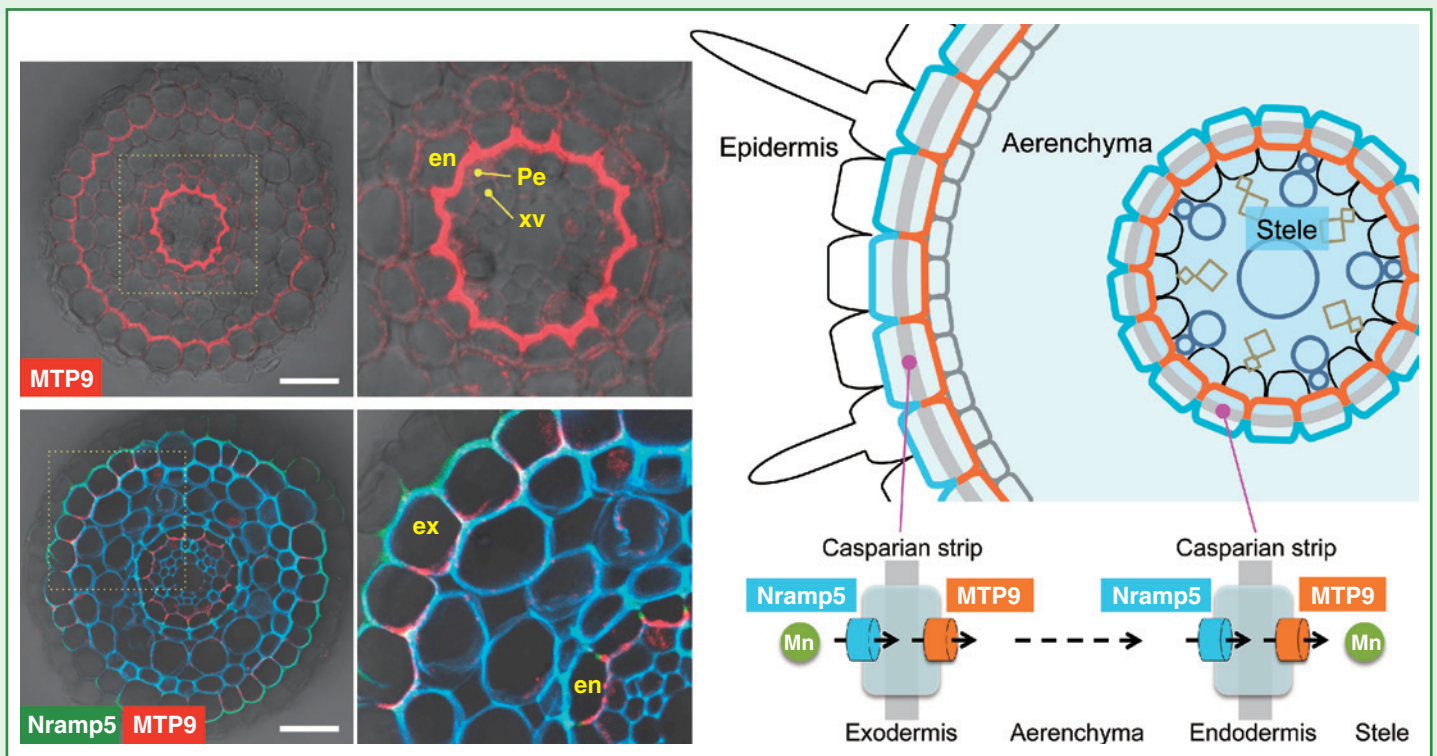


岡山大学

資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2015)
— 第23卷 —



岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



表紙の写真（出展）：

Ueno, D., Sasaki, A., Yamaji, N., Miyaji, T., Fujii, Y., Takemoto, Y., Moriyama, S., Che, J., Moriyama, Y., Iwasaki, K. and Ma, J. F. A polarly localized transporter for efficient manganese uptake in rice. *Nature Plants* DOI: 10.1038/nplants.2015.170

植物の生育に欠かせないマンガンは根によって土壌から吸収する必要があります。これまでに我々は土壌側からイネの根の細胞内に取り込むために必要な輸送体 OsNramp5 を見つけていますが、今回は根の中心柱に向かってマンガンを排出するために必要な輸送体 OsMTP9 を突き止めました。OsMTP9 は OsNramp5 と同じく根の外皮細胞と内皮細胞に存在しますが、OsNramp5 は根の外に向かって、OsMTP9 は根の内側に向かって偏在しています。この遺伝子を破壊すると、マンガンの根への吸収と地上部への転流が大幅に減少し、その結果、イネの収量も低下しました。

研究活動目次 Contents of Research Activities

研究活動 (Research Activity)

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

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

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

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

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

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

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

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

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

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

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

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

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

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

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

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

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

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

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

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

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

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

作物デザイン研究グループ
(Crop Design Research Group) 15

構成員

(Staff) 16

出版物リスト

(List of Publication) 21

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia) 27

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) 39

学会賞等

(Awards) 48

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) 49

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. 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、ストレス条件下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力を強化させ、環境ストレスに強い作物の育成を目指している。

2. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

葉緑体内部に保持されている葉緑体DNAは、葉の老化初期に分解されている。我々が花粉において同定したオルガネラDNA分解酵素(DPD1エキソヌクレアーゼ)は老化葉においてもその発現が誘導されており、老化葉で何らかの生理学的機能を持つことが予想された。DPD1エキソヌクレアーゼを欠損した*dpd1*突然変異体を用いた解析の結果、変異体はステイグリーンを示し、葉老化における葉緑体遺伝子発現の抑制が遅延することが明らかとなった。現在、植物の老化過程における積極的な葉緑体DNAの分解が、新たな養分転流に寄与する可能性について解析を進めている。

3. ステイグリーンと作物生産性の向上に関する解析

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

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

澱粉粒は、植物が光合成産物として色素体内に蓄積するグルコース多量体である。澱粉粒の形状は植物種によって異なっている。その形状を決定する分子機構の解明を目指して研究を進めている。今年度は、澱粉粒の形状がボロノイ分割により規定される事を明らかにした。

5. 光色の違いによる光化学系IIタンパク質分解メカニズムの変化

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

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

1. Essential Role of VIPP1 in Chloroplast Envelope Maintenance in Arabidopsis

VESICLE-INDUCING PROTEIN IN PLASTIDS1 (VIPP1), which is conserved in photosynthetic organisms, has multiple functions. Our recent study shows that VIPP1 becomes highly mobile when chloroplasts receive hypotonic stress, implicating that VIPP1 is involved in the maintenance of plastid envelopes. VIPP1 is tightly bound to lipids, which implies a crucial role of VIPP1 in membrane repair through lipid transfer. Transgenic plants overexpressing VIPP1 showed enhanced tolerance against heat shock. These results suggested that VIPP1 could contribute to tolerance against heat shock and even increase biomass in VIPP1 overexpressors.

2. 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 are studying the organelle DNA degradation in leaves during senescence using Arabidopsis mutants.

3. QTL analysis of stay-green phenotype in sorghum

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

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 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 morphology and size.

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

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

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、植物ではpoly(A)特異的RNA分解酵素(PARN:AHG2)およびpoly(A)ポリメラーゼ(PAP:AGS1)が直接ミトコンドリアのmRNAのpoly(A)鎖長を調節していることを明らかにしている。これらの因子の制御作用を明らかにする目的で、これら因子と相互作用するたんぱく質を同定した。また、変異株*ahg2-1*を用いて、この制御機構に異常がある場合の影響を、RNA一斉解析で調査し、この変異特異的影響を受ける遺伝子を同定した。幾つかの遺伝子については、その発現の影響を調査している。ABA応答が異常になる変異*ahg12-1*の解析を行い、この変異がどのようにプロテアソーム系に影響するのか、さらにそれがこの変異株の様々な表現型にかかわるのかを明らかにした。

2. 生食用温室栽培ブドウへの二酸化炭素施肥の効果の生理学的解析

温室で栽培される生食用ブドウへの二酸化炭素施肥の有効性について岡山県の生産者間で意見が分かれている。そこで、本研究では岡山県の主力品種であるピオーネの光合成および果皮の着色への二酸化炭素施肥の効果を調査した。その結果、継続的に二酸化炭素施肥をした試験区では高二酸化炭素による光合成の下方調節が生じないが、慣行区では高二酸化炭素による光合成の下方調節が生じることが明らかとなった。すなわち、通常慣行栽培をしている園地で曇天時のみ施肥する場合には効果が認められないと考えられた。これが生産者間で意見が異なる理由のひとつかもしれない。また、果皮の着色の優劣は差がないことが示されたが、二酸化炭素施肥により開花が早まることから、一見着色が促進されたようにみえることがわかった。

3. トランスポゾンサイレンシングに関わる新規因子の解析

トランスポゾンはゲノム上を転移することにより転移先の遺伝子発現に影響を与え、種内における遺伝的多様性を生み出す。トランスポゾンの発現はDNAメチル化やヒストン修飾により制御される事や、環境ストレスの影響を受けることが知られているが、その制御機構については不明な点が多い。我々は、トランスポゾン制御機構を明らかにするため、シロイヌナズナを用いた遺伝学的スクリーニングにより、トランスポゾンサイレンシングに関わる新規変異体を単離し、解析を行っている。

Our research aim is to understand the molecular system against abiotic stress in plants at levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we analyzed the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2015 are described below.

1. Analysis of components involved in the ABA response

To understand the ABA response mechanisms, we have been studying ABA-related mutants of *Arabidopsis*. We identified two important components for mitochondrial mRNA stability, AHG2/PARN and AGS1/PAP. We have identified interactors for these proteins by co-precipitation analysis. This year, we analyzed the relationship between these factors genetically and found that some of them have genetic interactions. To address the linkage between poly(A) status regulation and the cellular functions, we investigated the effect of *ahg2-1* in detail by RNA sequencing. Several unique transcripts were detected in the mutants. Now the functions of these products are under investigation. We are also examining how the *ahg12-1* mutation affects proteasome activity and how it affects plant hormone signaling.

2. Physiological analysis of the effect of carbon dioxide fertilization on grapevine

The benefit of carbon dioxide fertilization on greenhouse-grown grapevine is controversial among local farmers in Okayama prefecture. In this study, the physiological effects of carbon dioxide fertilization on photosynthetic property and pericarp pigmentation of a popular grape cultivar, Pione, were examined. In the conventional cultivation practice, exposure to a high carbon dioxide concentration resulted in down-regulation of photosynthetic rate. On the other hand, a consecutive high carbon dioxide cultivation practice cancelled the down regulation, leading to promotion of net assimilation. At first glance, carbon dioxide fertilization seemed to promote pericarp pigmentation; however, precise analyses revealed that carbon dioxide fertilization accelerated flowering timing but not pericarp pigmentation.

3. Analysis of a new factor involved in transposon silencing

Transposon affects the expression level of nearby genes depending on its transposition on the genome and can create genetic diversity among the species. Transposon expression is regulated by DNA methylation and histone modification, and is affected by environmental stress. To understand the transposon regulation mechanism, we performed genetic screening using *Arabidopsis* and isolated the mutants affecting transposon silencing.

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. イネのケイ素分配機構の統合的解析

ケイ素 (Si) は植物の有用元素で、特にイネの安定多収に不可欠である。籾殻にケイ素の沈着が足りないと、高温や乾燥などの非生物的ストレスや、害虫や病原菌などの生物的ストレスに弱くなる。我々は蒸散が少ない籾殻に優先的にケイ素を分配するためには、節で発現する三つの輸送体 (Lsi6, Lsi2, Lsi3) に加え、肥大維管束の肥大やアポプラストバリアーなどの節の構造が必要であることを明らかにした。Lsi6は肥大維管束周縁部の“木部転送細胞”の導管に面した側面に、Lsi2は肥大維管束を包む維管束鞘の外側面に、Lsi3は肥大維管束と分散維管束の間の複数の細胞層に発現していた。Lsi6, Lsi2, Lsi3のいずれかを破壊すると、穂へのケイ素の分配が減少し、逆に止葉への分配が増加した。また数理モデルを構築し、肥大維管束の肥大による蒸散流の減速、木部転送細胞のひだ状構造による表面積と輸送体発現の増加なども、効率的な維管束間輸送に寄与していることを確かめた。特に、Lsi2が発現する肥大維管束の維管束鞘に新たに見出された、細胞間の水や溶質の透過を妨げるバリアーは、Lsi6とLsi2-Lsi3の連携によって分散維管束側へとケイ酸を濃縮するために欠かせない堤防の役割をしていることが明らかになった。

2. イネのマンガン排出輸送体の同定

必須元素マンガン (Mn) の吸収に必要な輸送体OsMTP9をイネから同定した。OsMTP9は細胞膜に局在し、マンガンの排出活性を示した。OsMTP9は根の外皮細胞と内皮細胞に局在し、いずれの細胞層でも向心側に偏在していた。これはこれまでに我々が同定したマンガンの内向き輸送体OsNramp5の反対側となり、二つの輸送体がマンガン吸収に協同的に働いていることを示している。OsNramp5と同じく、OsMTP9遺伝子の発現はマンガンの欠乏や過剰によってほとんど影響されなかった。OsMTP9遺伝子を破壊すると、マンガンの根への吸収と地上部への転流が大幅に減少し、その結果、イネの収量も低下した。

3. イネの亜鉛を優先的分配する輸送体の同定

イネの節で高発現するOsZIP3を同定した。OsZIP3は亜鉛の輸送体の一つで、基部節や上位節の肥大維管束の木部転送細胞に局在していた。OsZIP3の発現は環境中の亜鉛濃度に影響されず恒常的であった。この遺伝子の発現を抑制すると、伸長組織（成長点や穂）への亜鉛の分配が減少し、古い組織や導管液中の亜鉛濃度が増加した。したがって、OsZIP3は節で導管液から亜鉛のアンローディングの役割をしている。

そのほかにオオムギのカドミウム集積QTLの解析やアルミニウム耐性遺伝子の制御機構に関する研究にも取り組んでいる。

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 2015 are described below.

1. Integrated analysis of silicon distribution in rice

Silicon (Si) is a beneficial element for plant growth and is essential for high and sustainable production of rice. When Si accumulation in the husk is not sufficient, the sensitivity to abiotic stress such as high temperature and drought, and to biotic stress including pathogen infection and insect attack, will increase. We found that three transporters (Lsi2, Lsi3 and Lsi6) located in the node are required for the preferential distribution of Si to the husk with low transpiration. Lsi2 was polarly localized in the bundle sheath cell layer around the enlarged vascular bundles, which is next to the xylem transfer cell layer where Lsi6 is localized. Lsi3 was located in the parenchyma tissues between enlarged vascular bundles and diffuse vascular bundles. Knockout of Lsi6, Lsi2 or Lsi3 resulted in decreased distribution of Si to the panicles, but increased distribution of Si to the flag leaf. Furthermore, we constructed a mathematical model for Si distribution and revealed that in addition to co-operation of three transporters, an apoplastic barrier localized in the bundle sheath cells and development of enlarged vascular bundles in the nodes are also required for the hyperaccumulation of Si in the rice husk.

2. Identification of a Mn efflux transporter in rice

We identified a rice transporter (OsMTP9) involved in uptake of manganese (Mn), an essential element for plant growth. OsMTP9 is localized in the plasma membrane and shows efflux transport activity for Mn. It is localized in both the root exodermis and endodermis. Furthermore, it is polarly localized on the proximal side of both cell layers, opposite to OsNramp5, a Mn influx transporter we identified previously. Therefore, Mn uptake in rice is mediated by co-operative transport of OsNramp5 and OsMTP9. Similar to *OsNramp5*, the expression of *OsMTP9* is not affected by deficiency excess of Mn. Knockout of *OsMTP9* resulted in decreased uptake of Mn, less root-to-shoot translocation of Mn, and consequently reduced grain yield.

3. Identification of a transporter involved in preferential distribution of Zn in rice

We identified a transporter (OsZIP3) highly expressed in the nodes of rice. OsZIP3 is a Zn transporter and is localized in the transfer cells of enlarged vascular bundles of both basal and upper nodes. *OsZIP3* is constitutively expressed; neither Zn deficiency nor excess affects its expression. When this gene expression is knocked down, the distribution of Zn to developing tissues such as meristem and panicles is decreased, but distribution to the older leaves is increased. The Zn concentration in the xylem sap is also increased in the knockout lines. These results indicate that OsZIP3 plays a role in unloading Zn from the xylem of enlarged vascular bundles in rice, which is the first step for the preferential distribution of Zn in rice.

In addition, we are also working on the molecular mechanisms of Cd accumulation and Al tolerance in barley.

酸性土壌において植物の生育を阻害するアルミニウム (Al) イオンに着目し、培養細胞と植物体を用いて毒性機構と耐性機構を解析している。特に、Alによる活性酸素ストレスや細胞死の誘発機構に関連して、糖代謝と液胞の機能に焦点を当てた解析を行っている。一方、コムギの主要な耐性遺伝子であるALMT遺伝子の機能ならびに構造解析を進めるとともに、ALMT遺伝子が植物にのみ存在するユニークな遺伝子ファミリーを形成していることから、様々なALMT相同遺伝子の機能解明をめざしている。本年度の研究内容は次の通りである。

1. タバコの培養細胞ならびに根におけるAlによる細胞死に伴うVPE遺伝子の発現解析

タバコ培養細胞におけるAlイオンへの応答反応と、タバコモザイクウイルスがタバコに感染した際の過敏応答 (HR) との間には多くの類似点が見られる。そこで、HRの実行因子として報告されている液胞局在のVacuolar Processing Enzyme (VPE)に着目し、Al処理に伴うVPE遺伝子の発現変動と細胞死の誘発を経時的に比較解析した。その結果、タバコでは、培養細胞と根の両方において、VPE遺伝子の発現上昇が細胞死誘発に数時間先行するか同時に開始することから、Alが誘発する細胞死においてもVPEが実行因子である可能性が示唆された。

2. アルミニウム耐性タバコ培養細胞における高発現遺伝子群の解析

対数増殖期のタバコ培養細胞系統SL (野生株) とSLから選抜したAl耐性株を用いてマイクロアレイ解析を行った結果、Al耐性株では、ショ糖合成酵素(SUS)、ピルビン酸脱水素酵素キナーゼ(PDHK, PDH活性阻害剤)、乳酸脱水素酵素(LDH)などのエネルギー代謝経路に関与する遺伝子が、野生株より高い発現を示した。以上の結果から、Al耐性株では、野生株に比べ、解糖系への糖の供給におけるSUS経路の促進と、TCA回路の抑制ならびに発酵の促進によるミトコンドリアにおけるROS生成の回避を、恒常的に行っている可能性が考えられた。

3. コムギおよびシロイヌナズナALMT1輸送体のNおよびC末側ドメインのキメラ化による三価陽イオンへの応答促進

コムギとシロイヌナズナのAlで活性化されるリンゴ酸輸送体は、各々TaALMT1とAtALMT1でコードされており、Al耐性に関与する。これらの遺伝子をタバコ細胞BY-2で発現させて解析した結果、両ALMT1ともにAlで活性化されるリンゴ酸輸送を示した。興味深いことに、ALMTのN末側とC末側ドメインを相互に入れ換えたキメラのうち、Ta::Atキメラは、元の2つのALMT1よりも、Alならびに数種のランタノイド系の三価イオンに対して高い応答性を示した。従って、ALMT1のキメラ化によって、幅広い3価陽イオンへの応答性が促進されることが明らかとなった。

Our research has been focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant growth in acidic soils, and we have been analyzing the mechanisms of Al toxicity and tolerance, using a cultured cell system and whole plants. Concerning the mechanisms of Al-induced oxidative stress and cell death, we are focusing on sugar metabolism and vacuolar functions. On the other hand, we have studied the functional and structural features of the ALMT gene, a major Al tolerance gene in wheat. In addition, since the ALMT gene and its homologues have been found only in plants, we are trying to elucidate the functions of individual ALMT genes. Research outlines of this year are as follows:

1. Enhancement of the VPE gene expression associated with cell death in both cultured-cells and root system of tobacco

There are many similarities between the response to Al in cultured tobacco cells analyzed by us and the reported hypersensitive response (HR) in tobacco to tobacco mosaic virus infection. In HR, the vacuolar processing enzyme (VPE) localized in the vacuole has been reported to be an execution factor of cell death. Therefore, we focused on VPE and analyzed the expression pattern of the VPE gene together with initiation of cell death during Al exposure. Our results indicate that enhancement of VPE gene expression occurs before the start of cell death or simultaneously with cell death in both cultured cells and roots of tobacco, suggesting that VPE could be an execution factor of cell death under Al stress.

2. Analysis of overexpressed genes in an Al-tolerant tobacco cell line, compared to wild-type

Microarray analysis was performed, using a pair of cultured tobacco cell lines, SL (wild-type) and an Al-tolerant cell line under the logarithmic phase of growth. Compared to the wild-type, enhanced expression was observed in the Al-tolerant cell line in some genes related to energy metabolism such as sucrose synthase (SUS), pyruvate dehydrogenase kinase (PDHK; inhibitor of PDH activity), and lactate dehydrogenase. These results suggest that the Al-tolerant cell line constitutively enhances the sugar supply to glycolysis via SUS and avoids the production of reactive oxygen species in mitochondria by both the repression of TCA cycle and enhancement of fermentation, compared to the wild-type.

3. Enhanced response to trivalent cations of a chimeric ALMT transporter which is swapped N- and C-terminal half domains from wheat and Arabidopsis

Aluminum (Al)-activated malate transporters of wheat and Arabidopsis encoded by TaALMT1 and AtALMT1, respectively, are involved in the Al tolerance mechanism. When these genes were expressed in cultured-tobacco BY-2 cells, Al-activated efflux of malate occurred similarly by both transporters. Interestingly, the Ta::At chimera produced by swapping N- and C-terminal half domain regions of TaALMT1 and AtALMT1 exhibited higher levels of the malate efflux activated by Al and several lanthanide ions than the native proteins. These results suggest that the Ta::At chimera protein has acquired an enhanced response to a broad range of trivalent cations, compared to the native proteins.

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。現在は根の水透過性制御とアクアポリン機能を中心として研究を進めている。

1. イネ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

昨年までにオオムギの耐塩性品種の根水透過性 L_{pr} は塩/浸透圧ストレスに応答してストレス1時間以内に低下することを報告した。今年はいネ品種で L_{pr} の塩/浸透圧ストレスへの初期応答を調べた。水耕栽培法で生育した3-4葉期の植物体において、耐塩性イネ品種のPokkaliとNona Bokraでは耐塩性オオムギと同じく100 mM NaClのストレスに応じて1時間で L_{pr} を低下させることが明らかになった。しかし耐塩性の弱い品種ではこのような L_{pr} の制御は見られなかった。ストレス初期応答としての L_{pr} の下方制御はオオムギでもイネでも塩/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. 原始的シャジクモ類のアクアポリン

初めて陸上に進出した植物に最も近いと思われるシャジク藻類・*Klebsormidium flaccidum*のゲノム配列に存在する全アクアポリンを同定した。これまでに知られている陸上のアクアポリンはPIP, TIP, NIP, SIP, XIPの5つのサブグループからなり、そのうち4つ(PIP, TIP, NIP, SIP)は全ての陸上植物種に見られる。単細胞の緑藻類はゲノム中にアクアポリンアイソマーを2~3つしか持っていない。*K. flaccidum*は特殊化していない細胞が一行に並ぶ単純な構造の繊維状緑藻であるが、アクアポリンファミリーが大きく発達し、陸上高等植物と同じく主要な4つのサブグループが分化していた。興味深いことに、PIPのメンバーは、陸上植物で知られているPIP1とPIP2どちらも異なるクレードを形成する。このことは*K. flaccidum*が現在の陸上植物の直系の祖先の末裔ではないことを示しているのかもしれない。アクアポリンファミリーの発達がどのようにして生じたのかは不明であるが、それが陸上進出に寄与したことは大いに考えられることである。

3. 酵母に発現させたCO₂透過性アクアポリン

炭酸脱水酵素 (Carbonic Anhydrase : CA) を恒常的に発現する酵母株(CA株)にCO₂透過性アクアポリンのAtPIP1;2やHvPIP2;5を共発現させると、生育阻害が見られた。これらのアクアポリンに蛍光タンパクsfGFPを結合させて酵母細胞にタンパク質を発現させて細胞内局在を蛍光観察して調べたところ、CA株で生育阻害を誘起するアクアポリンは、原形質膜に加えて酵母細胞内で扁平で楕円状の特徴的な形態の構造体として認められた。このオルガネラ状のものゝ正体が何で、どのように生育抑制を引き起こされているかについて研究を進めている。

We have been conducting molecular, cellular, and physiological studies on the responses of plant cells to environmental stress. Now our focus is on the regulation of root water permeability and function in aquaporins.

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

Previously we reported that a few salt tolerant barley cultivars had reduced L_{pr} as an early reaction 1 h after salt/osmotic stress. This year we examined rice cultivars grown hydroponically. In salt tolerant rice cultivars at the 3- to 4-leaf stage, Pokkali and Nona Bokra L_{pr} was reduced 1hr after salt stress with 100 mM NaCl as in salt tolerant barley cultivars. However, in salt sensitive rice cultivars it was not reduced. 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 both rice and barley.

2. Aquaporins in a primitive charophyte

We identified all aquaporins present in the genome sequence of a charophyte, *Klebsormidium flaccidum*, which is closely related to the ancestor(s) of current terrestrial plants. Many aquaporin homologues in higher plants are divided into five sub-groups PIP, TIP, NIP, SIP, and XIP. Former four groups (PIP, TIP, NIP, and SIP) are found in all terrestrial plant species examined so far. On the other hand, a few aquaporin isomers are found in the genome of aquatic green algae. *K. flaccidum* is a filamentous green algae with a simple structure arranged in non-specialized cells in a single row and aquaporin homologues in the genome are greatly diverged and consist of four major sub-groups like higher plants. Interestingly, the PIP homologues form a different clade from either PIP1s or PIP2s known in the land plants. This may indicate that *K. flaccidum* is not a descendant of the lineal ancestor of current land plants. Although we do not know how the aquaporin homologues diverged, we assume that diverged aquaporin genes might have helped plants to move to land.

3. CO₂-transporting aquaporins in yeast

Yeast cells expressing carbonic anhydrase (CA) were transformed with additional CO₂-transporting aquaporins, AtPIP1;2 and HvPIP2;5. Co-expression of these aquaporins and CA induced growth inhibition. Intracellular localization of these aquaporins was investigated using yeast cells expressing fluorescent sfGFP-fused aquaporins. Fluorescence was detected as a characteristic intracellular structure that is oval-formed and we are studying this organelle and how it inhibited growth.

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. RNAサイレンシングの高度活性化による異種ウイルス間の干渉効果

ウイルスは高頻度で混合感染している。組み合わせにより、ウイルス間相互作用は相乗的、影響を及ぼさない中立的、あるいは拮抗的になる。RNAサイレンシングは拮抗的相互作用によりもたらされるウイルス干渉あるいはクロスプロテクションに関与するが、その場合の相互作用はウイルスの系統間に限られるとされてきた。本研究では、クリ桐枯病菌宿主で繰り返される「RNAサイレンシングが全く関係のない異種ウイルス間の干渉作用に関与する」という現象を発見し、その詳細を解析した。非分節型の2本鎖RNAゲノムを持つ菌類ウイルス (*Rosellinia necatrix victorivirus 1*, RnVV1) の水平伝搬と複製が別種の菌類ウイルスであるCHV1- Δ p69 (+1本鎖RNAゲノムを持ちサイレンシング抑制蛋白質の欠失型 *Cryphonectria hypovirus 1*) あるいはmycoreovirus 1 (11本の分節2本鎖RNAゲノムを持つ) の感染により強く阻害された。RnVV1に対する阻害効果は、異種ウイルスの感染を伴わない条件下 (宿主内在性遺伝子に対するヘアピンRNAを発現させた系統) でも再現された。この干渉効果は、RNAサイレンシングの鍵因子であるDicer様遺伝子の高発現を必要としたが、Ago様遺伝子は必ずしも必要とはしなかった。本研究は、ゲノム塩基配列に左右されない広範囲のウイルス制御技術を考える上で大きな示唆を与える。

2. 抗ウイルス機構におけるDicer-like protein (DCL)の葉と根での役割

抗ウイルス機構であるRNAサイレンシングでは、Dicer-like protein (DCL, DCL2-4) が鍵酵素の一つとして重要な役割を担っている。植物の根 (地下部) は多くのウイルスの生活環で重要な器官として知られているが、根におけるDCL蛋白質群の役割は不明であった。そこで、ジャガイモXウイルス (PVX) と野生タバコあるいはシロイヌナズナを用いた解析を進めたところ、根では葉に比べるとより多くのDCL種が関与し、さらに冗長的に機能する可能性が示された。この成果は、植物の根により階層的な抗ウイルス機構が存在することを示唆している。

3. 植物共生メタノール資化性菌の機能解析

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

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

1. Highly activated RNA silencing via strong induction of the dicer gene by one virus can interfere with the replication of an unrelated virus

Viruses often coinfect single host organisms in nature. Depending on the combination of viruses in such coinfections, the interplay between them may be synergistic, apparently neutral with no effect on each other, or antagonistic. RNA silencing is responsible for interference or cross-protection between viruses, but such antagonistic interactions are usually restricted to closely related strains of the same viral species. In this study, we present an unprecedented example of RNA silencing-mediated one-way interference between unrelated viruses in a filamentous model fungus, *Cryphonectria parasitica*. Lateral transmission and replication of a totivirus with an undivided dsRNA genome was severely inhibited by a silencing suppressor deletion mutant of the prototype hypovirus with a positive-strand RNA genome (CHV1- Δ p69) or the prototype mycoreovirus with an 11-segmented dsRNA genome (mycoreovirus 1), and even by transgenic expression of hairpin RNA of an endogenous fungal gene. This interference required high-level expression of the key RNA silencing gene, *dicer-like 2* (*dcl2*), but not necessarily *argonaute-like 2* (*agl2*). This study provides insight into broad-spectrum virus control.

2. Differential contributions of plant Dicer-like proteins to antiviral defense in leaves and roots

Members of plant Dicer-like (DCL) proteins (DCL2-4) play crucial roles in RNA silencing-mediated antiviral defense. The root is an important organ for the life cycle of many plant viruses, but little is known about the antiviral activities of DCL proteins in this organ. In *Nicotiana benthamiana* and *Arabidopsis thaliana* plants, we observed that more DCL protein members could contribute to antiviral activities against potato virus X (PVX) in roots than in shoots. Our results suggest that the strong functional redundancies among DCL proteins facilitate potent inhibition of PVX accumulation in roots.

3. Function of methylotrophs symbiotic to plants

Methylobacterium species is 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 the mechanism remains unclear. We identified multiple genes encoding methanol dehydrogenases in the bacteria, one of which was found to be lanthanide-dependent, in addition to calcium-dependent enzyme. The switching mechanism of the gene expression for calcium and lanthanide-dependent enzymes is now under investigation. We also found that they accumulate an anti-oxidative amino acid, ergothioneine, which was revealed to be important for them to resist phyllospheric stresses including sunlight and temperature shifts.

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（本研究課題を推進している園田准教授は宇都宮大学への転出）、の2つの課題に取り組んでいる。

1.1. 植食性昆虫に対する防御機構に関わる代謝物の解析

イネにおける植食性昆虫食害時のメタボローム解析により、イネは食害に強く応答し、多様な代謝物の蓄積を誘導することを明らかにし、学術論文として報告した。この中で、数種のポリアミンとヒドロキシケイ皮酸の複合体であるフェノールアミドが、咀嚼性植食性昆虫であるシロナヨトウやイチモンジセセリの幼虫による食害や、吸汁性植食性昆虫であるトビイロウンカの食害により誘導されていた。実際に、フェノールアミドである *p*-coumaroylputrescine や feruloylputrescine が、トビイロウンカに対して抗昆虫活性を示したことから、フェノールアミドは植食性昆虫に対する防御の一端を担っていると考えられた。現在、イネにおけるフェノールアミド生合成に関わる遺伝子およびその制御機構の解析を行っている。

1.2. イネにおける揮発性物質放出制御

揮発性物質 (Volatile organic compound, VOC) は、植食性昆虫の産卵時期の宿主植物範囲の決定や、宿主植物を食害する植食性昆虫に対する捕食・寄生性昆虫の誘引に重要な役割を果たしていることが知られている。現在までに、狭食性であるイチモンジセセリやトビイロウンカ、広食性であるクサシロキヨトウによる食害によって放出される揮発性物質の解析をGC-MSを用いて進めてきた。今回、日周リズムに依存した揮発性物質放出と、食害により放出誘導される揮発性物質との間の関係について解析を行った。その結果、日周リズムに依存した揮発性物質の多くで、食害による放出量の増加が見られた。また、揮発性物質種によって異なる放出パターンが認められるとともに、それぞれの揮発性物質種に関連した生合成遺伝子の発現パターンが観察された。

一方で、光環境適応グループとの共同研究により、2品種のソルガムが害虫 *Ostrinia nubilalis* に対して異なる抵抗性を示すことを見出した。興味深いことに、食害により放出された揮発性物質のブレンドは2品種間で異なっており、揮発性物質を介した間接的防御が2品種間の抵抗性に関与している可能性がある。

1.3. イネを食害する植食性昆虫由来エリシターの解析

植物による植食性昆虫認識において、食害時に産生する特異的な分子が重要な役割を果たすことが知られている。現在までに我々はクサシロキヨトウの吐き戻し液より、新しいタイプの植食性昆虫由来エリシターを見出しており、既に報告のあるFAC (Fatty acid amino acid conjugate) エリシターと比較して高いエリシター活性を有していた。この新規エリシターは、FACエリシターと協調的に働くことで、防御応答を促進することを明らかにしており、詳細な分子機構の解析を進めている。

We have been focusing on two main areas: (1) mechanisms of rice defense against insect herbivores, and (2) integrated pest management (IPM) using insecticides and natural enemies (this topic ended in November when Assoc. Prof. S. Sonoda moved to a new position at Utsunomiya University).

1.1. Characterization of metabolic defense against herbivores in rice

We published the findings of a three-year study to identify new defense metabolites against insects in rice showing that rice seedlings strongly respond to herbivory stimulus, which elicits profound changes in metabolome of herbivore-attacked rice plants. We identified several polyamine conjugates with hydroxycinnamic acids (phenolamides) to be strongly induced by herbivore feeding, including the chewing insects lawn armyworm (*Spodoptera mauritia*) and rice skipper (*Parnara guttata*), and the sucking insect brown planthopper (*Nilaparvata lugens*). Amongst the active defense phenolamides, *p*-coumaroylputrescine and feruloylputrescine directly suppressed the fitness of the brown planthopper, providing evidence that these compounds are involved in the protection of rice against herbivory. In extension of this work, we are now identifying genes involved in the biosynthesis of phenolamides in rice, and their regulator(s).

1.2. Control of volatile organic compound (VOC) emissions from rice plants

VOCs play important roles in determining the host range of plants for insects during oviposition, as well as acting as mobile signals for predatory insects and parasitoids to locate their prey. Using GC-MS, we have been successfully tracking volatile emissions in response to various rice herbivores, including specialists, *P. guttata* and *N. lugens*, and generalist insect *Mythimna loreyi*. This year, we also investigated interactions between diurnally regulated VOCs and herbivory induced VOCs. We found that conservative diurnal VOC fluctuations are generally enhanced by herbivory stimulus, but the extent of this enhancement depends on each individual group of VOCs. Differential volatile stimulations were reflected in the differential gene expression of the corresponding VOC biosynthetic genes in the rice leaves. In collaboration with the Plant Light Acclimation Research Group in the institute, we expanded our study to sorghum (*Sorghum bicolor*) plants using two varieties with distinct resistance to insect pest, European corn borer (*Ostrinia nubilalis*), under field conditions. Interestingly, we found differential emissions of VOCs between these two sorghum varieties, suggesting that indirect defense mechanisms may be involved in the strikingly different resistance to *O. nubilalis*.

1.3. Characterization of novel insect elicitors from rice herbivores

Perception of herbivory in plants depends on rapid recognition of herbivory-associated patterns in the plant cells. While rice plants can weakly respond to previously reported fatty acid amino acid conjugate (FAC) elicitors, we found an additional novel type of elicitor in the oral secretions prepared from the *M. loreyi* larvae. This novel elicitor positively interacts with the FACs to promote a superior defense response in the rice cell bioassays used in the study. We are now identifying the molecular mechanisms involved in these intriguing elicitor interactions.

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、保存および種子配布等の系統保存事業、(2)遺伝的多様性の評価ならびに特性形質のデータベース化、(3)ゲノム解析の諸手法を用いたオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

1. オオムギ遺伝資源の系統保存事業

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

(a) 系統種子の配布と保存

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

(b) ゲノムリソースの配布

我々は、保有するゲノムリソースについて、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲している。それらのリソースには、国産の醸造用オオムギ品種「はるな二条」を材料として作製したBACライブラリーの全クローンセット、選抜用プールDNA、高密度フィルターならびにESTおよび完全長cDNAクローンなどが含まれている。

2. オオムギ遺伝資源の評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた有用形質の単離と解析を進めている。その一例として、穂発芽耐性の育種利用が期待されるオオムギの種子休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換置換系統(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*)の候補遺伝子を同定した。現在、形質転換による候補遺伝子の機能解析を行っている。

3. オオムギのゲノム解析

(a) オオムギのゲノム解析とマーカー開発

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

(b) オオムギの形質転換

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

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

1. Preservation and distribution of barley genetic resources

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

(a) Preservation and distribution of barley germplasms

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

(b) Distribution of barley genome resources

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

2. Evaluation of barley germplasm

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

3. Barley genome analysis

(a) Genome analysis and marker development in barley

This project incorporated the International Barley Sequencing Consortium (IBSC) to develop the barley reference genome. We have published data on the integration and ordering of physical and genetic maps, and development of full-length cDNA resources. Recently, we performed RNA-seq analysis via NGS technology using several barley varieties and conducted their SNPs analysis.

(b) Genetic transformation in barley

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

本グループではオオムギを中心にイネ科作物の機能性成分や種子褐変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. オオムギ細胞壁多糖 (1;3;1:4)- β -D-glucanの健康効果のラット食餌実験

オオムギ β グルカンは有用な健康効果をもたらすとされるが、詳細な機構は不明である。本研究では、オオムギ β グルカンの発酵産物が他のイネ科作物よりも、膵臓でのインスリン分泌を促すホルモンであるインクレチンの循環を促進し、血糖の制御を改善するとの仮説を検討した。雄ラットを用い、高脂肪食を6週間与えた後、 β グルカンを2週間食餌させた。試験食は β グルカンを0%または3%含むオオムギ全粒で、それぞれLBGとHBGと区分した。呼吸の分析で胃内が空になっていることを確認し、各試験食に対する血糖変化、さらに消化管ホルモンと耐糖能の動向を精査した。食餌実験終了後、屠殺して盲腸内の発酵を評価した。その結果、体重変化に差はなかったが、対照区やLBGと比較して、HBGの食事量は減少していた。つまり、胃内が空の状態が盲腸内容物を増加させ、結果的に総短鎖脂肪酸量が増加することで消化物pHが低下するとみられた。一方、血糖、インスリン、消化管抑制ペプチド、グルカゴン様ペプチド1の循環とラット耐糖能には影響を与えなかった。このように、オオムギ全粒に含まれる β グルカンは食餌量を減少させ、結腸内での発酵を促進させるものの、血糖のコントロールやインスリンの感受性を向上させるまでには至らなかった。本研究はオーストラリアCSIROのS. Jobling博士らとの国際共同研究の成果である。

2. アワのポリフェノール酸化酵素APPO遺の機能欠損突然変異遺伝子は複数起源である

アワのフェノール着色性の原因遺伝子を単離し、それがアワゲノム中に存在する3種類のPPO遺伝子のうちでアワ第7染色体上のPPO遺伝子座(以後、*Si7PPO*と省略する。)であることを立証した。フェノール染色の原因遺伝子の単離は完全解読されたアワゲノムのシーケンス情報からPPO様遺伝子を相同性検索することによって行った。遺伝マッピングからも、*Si7PPO*とフェノール着色性が完全に共分離することが確認された。393系統のフェノール非着色性系統の*Si7PPO*機能欠損型遺伝子は4タイプに分類された。すなわち、(1) 第1エキソンの1塩基置換で早期終始コドンが発生する型、(2) 第2イントロンにトランスポゾン挿入型、(3) 第3エキソンに6塩基の挿入があり2アミノ酸が追加される型、が主要な変異型であった。さらに、希な(4)番目の型として、(1)の早期終始コドン型に、第2イントロンに別の種類のトランスポゾンの挿入が加わった型が、1系統のみでみられた。アワのフェノール非着色性は食用に適した有用形質とみられ、栽培後の、人為的な選抜で優先的に選択されたと考えられる。本研究は県立広島大学福永健二教授との共同研究の成果である。

Our group is focusing on molecular genetic analysis of barley paying special attention to health-enhancing components and browning of seeds. Our main achievements in 2015 are described below.

1. Health benefits of barley (1;3;1:4)- β -D-glucan studied by rat feeding experiments

Fermentation of oat and barley β -glucans is believed to mediate in part their metabolic health benefits, but the exact mechanisms remain unclear. In this study, we examined the hypothesis that barley β -glucan fermentation raises circulating incretin hormone levels and improves glucose control, independent of other grain components. Male Sprague-Dawley rats ($n = 30$) were fed a high-fat diet for 6 weeks and then randomly allocated to 1 of 3 dietary treatments for 2 weeks. The low- (LBG, 0% β -glucan) and high- (HBG, 3% β -glucan) β -glucan diets contained 25% whole-grain barley and similar levels of insoluble dietary fiber, available carbohydrate, and energy. A low-fiber diet (basal) was included for comparison. Immediately prior to the dietary intervention, gastric emptying rate (using the ^{13}C -octanoic breath test) and postprandial glycemic response of each diet were determined. At the end of the study, circulating gut hormone levels were determined; and a glucose tolerance test was performed. The rats were then killed, and indices of cecal fermentation were assessed. Diet did not affect live weight; however, the HBG diet, compared to basal and LBG, reduced food intake, tended to slow gastric emptying, increased cecal digesta mass and individual and total short-chain fatty acid pools, and lowered digesta pH. In contrast, circulating levels of glucose, insulin, gastric-inhibitory peptide, and glucagon-like peptide-1, and glucose tolerance were unaffected by the diet. In conclusion, wholegrain barley β -glucan suppressed feed intake and increased cecal fermentation, but did not improve postprandial glucose control or insulin sensitivity. This study was done in collaboration with Dr. S. Jobling, CSIRO, Australia.

2. Multiple origins of polyphenol oxidase (PPO) genes responsible for phenol color reaction during domestication of foxtail millet

Our research group isolated the polyphenol oxidase (PPO) gene responsible for phenol color reaction (Phr) in foxtail millet (*Setaria italica*) using genome sequence information. First, *in silico* searches for PPO gene homologs in a foxtail millet genome database were performed using a rice PPO gene as a query and found three copies. The PPO gene homologs on chromosome 7 (*Si7PPO*) showed the highest similarity to PPO genes expressed in hulls (grains) of other cereal species including barley. Phr phenotypes and *Si7PPO* genotypes completely co-segregated in a segregating population. A total of 480 accessions of the landraces were investigated; 87 (18.1%) showed a positive Phr, and 393 (81.9%) showed a negative Phr. In the 393 Phr-negative accessions, three types of loss-of-function *Si7PPO* genes were predominant and found in wide locations. One type has an SNP in exon 1 resulting in a premature stop codon, another has an insertion of a transposon (*Si7PPO*-TE1) in intron 2, and the other has a 6-bp duplication in exon 3 resulting in the duplication of 2 amino acids. As a rare variant of the stop codon type, one accession additionally has an insertion of a transposon, *Si7PPO*-TE2, in intron 2. The wild ancestor accessions investigated were all the Phr-positive type, and therefore, we concluded that the Phr-negative type was likely to have originated after domestication of foxtail millet. It was also implied that the Phr-negative type of foxtail millet arose by multiple independent loss of function of the PPO gene through dispersal because of some advantages under some environmental conditions and human selection. The study was conducted in collaboration with Professor Dr. Kenji Fukunaga, Prefectural University of Hiroshima, Japan.

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

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構の解明を目指した研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。こうした環境への適応の仕組みを理解するため、広範囲の緯度に分布する周北極-高山植物を材料に、赤色光受容体フィトクロムに注目した研究を進めている。フィトクロムに注目する理由は、フィトクロムは全ての植物が持つ光受容体であるため、植物に普遍的に当てはまる仕組みを見出すことにつながる可能性があり、幅広い応用への展開が期待されるからである。また、これまでの我々の研究から、異なる緯度に生育する植物（個体）は異なるフィトクロムの対立遺伝子を持つだけでなく、それらが自然選択により分化していることが明らかにされているからである。本年度は、アブラナ科ミヤマタネツケバナ類 (*Cardamine nipponica*-*Carcamine bellidifolia*) のPHYBタンパク質を大腸菌で発現させた生化学実験に関してまとまった結果が得られた。高緯度に分布する *Carcamine bellidifolia* と低緯度に分布する *Cardamine nipponica* では、それぞれが持つPHYBの生化学的な性質が異なり、緯度に相関のある特性を持つことが明らかになった。また、これらの定性的な性質をもたらす生理応答を調べるため、シロイヌナズナ phyB欠損変異体にPHYB遺伝子を導入した系統を作出し、生理実験に着手した。

2. 植物科学による東日本大震災被災農地復興支援の取り組み

2012年より、震災時に起きた原発事故によって放射能汚染を受けた農地の復興を支援するための調査研究に取り組んでいる。昨年度まで調査地としてきた飯舘村では、環境省による除染事業が本格化し、調査区域への立ち入りができなくなった。本年度は、調査地を飯舘村に隣接する川俣町の避難指示解除準備区域へと移し、岡山大学自然生命科学研究支援センター、環境理工学部、山陽圏フィールド科学センターと共同で、調査研究を行った。ここでは、除染後の水稲試験栽培農地において、土壌分析、稲や雑草に含まれる放射性Cs濃度の分析、収穫された米の食味試験を実施し、除染の効果と影響を検討した。12月には、岡山大学50周年記念館で開催された第32回資源植物科学シンポジウムにおいて、これまでの取り組みの内容を報告した。

Our group has been investigating the mechanism of evolution of species diversity of plants. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. Our main achievements during 2015 are described below.

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

Adaptation to environment that differs with the 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 their 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 revealed that plants growing in different latitudes have alleles that diverged under natural selection. This year, we demonstrated that the higher latitude species *Cardamine bellidifolia* harbors PHYB with biochemical characters distinct from its lower latitude sister species *Cardamine nipponica*. The difference is correlated with latitude, implying adaptive evolution. In addition, we have prepared the transgenic *Arabidopsis thaliana* lines with PHYB of *Cardamine nipponica* or *Cardamine bellidifolia* and started physiological investigation of the functional differences of PHYB.

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

Since 2012, we have been performing field surveys to support the recovery of the arable lands polluted with radioactive elements from the Fukushima-1 Nuclear Power Station accident. In Iitate-mura (Fukushima Prefecture), the national project for decontaminating started. Therefore, we had to stop the field survey in Iitate-mura we had been conducting for three years. This year, we surveyed decontaminated paddy fields in Kawamata-machi (Fukushima Pref.), in collaboration with other laboratories of Okayama University (the Advanced Science Research Center, the Field Science Center, and Faculty of Environmental Science and Technology). For estimating the effect of soil decontamination, we analyzed soil constituents, radiocesium concentrations in rice and weeds, and taste of cropped rice. On December 17, we reported on our project in the 32th IPSR Symposium at Okayama Univ.

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. イネ人工環状染色体の創出の試み

我々は、配列特異的組換えシステムCre/LoxPとトランスポゾンAc/Dsシステムを組み合わせることで、モデル植物であるシロイヌナズナにおいて、環状の人工染色体AtARC1（約2.85Mb）とAtARC2（約1 Mb）を作り出すことに成功した。作物であるイネにおいても同様の方法で人工環状染色体を作出できると考えられるが、イネはシロイヌナズナより生育期間が長いこと、より簡易的な方法が必要となった。そこで、LoxPを含む非自律的トランスポゾンDsがAcの転移酵素によって転移すると自動的にCreリコンビナーゼが発現するようデザインしたT-DNAコンストラクトpDLHCを作成し、その有効性を調べた。栽培品種日本晴にAc転移酵素遺伝子を組み込んだ系統の完熟種子から、カルスを誘導し、pDLHCを保持するアグロバクテリウムを感染させ、形質転換体を作成した。これらをPCRで調べたところ、形質転換体（T1）には染色体変異は誘発されなかったが、自殖後代の中に、染色体が短縮化したものが見つかった。これは、LoxPを含むDsカセットが転移した後、2つのLoxP間で特異的組換えが誘発された結果であると推定された。このことから、本法によりワンステップで、染色体再編成を誘発できることが示された。故に、このコンストラクトを用いることにより、人工染色体の創出過程を大幅に短縮できると考えられる。

2. ヒマワリの動原体構成要素の解析

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に配分するために必須である。その機能は、酵母から動物、植物に至るまで保存的であるのに対して、動原体領域に存在し、その機能と関連するDNAは、ごく近縁な種の間でも異なることが知られている。そのため、個々の生物種で機能する人工染色体を作出するためには、その生物種の動原体DNA配列を明らかにする必要がある。本研究では、キク科植物の主要作物であるヒマワリを用いて動原体構成要素を解析した。はじめに、ヒマワリの動原体特異的ヒストンH3（HaCENH3）を単離し、これを認識する抗体を作成した。この抗体を用いてヒマワリの動原体DNA配列をChIP-Seq法により解析したところ、主要なヒマワリ動原体DNA配列はLINE型のレトロトランスポゾンだった。動原体特異的なLINE配列は、これまでにどの生物種でも見つかっておらず、本研究によってLINE配列が動原体DNA配列として機能しうることが明らかになった。加えて、よりCENH3と親和性の高い187bpを反復単位とする縦列型反復配列が1対の染色体にのみ観察された。これらの結果から、ヒマワリの動原体はLINE型から縦列型反復配列への遷移過程にあると考えられた。

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 2015 are described below.

1. Attempts to generate artificial ring chromosomes in rice

In *Arabidopsis thaliana*, we have successfully generated 2.85- and 0.98-Mb artificial ring chromosomes using the Cre/LoxP and Ac/Ds system. Despite the ring structure, they are stable during mitotic divisions and are transmissible to the next generation through meiosis. To confirm the stability of ring minichromosomes, we attempted to generate artificial ring chromosomes in rice. Although a similar strategy is also applicable to rice, more simplified methods need to be developed, because rice takes more time to mature than *A. thaliana*. In the present study, a new binary vector, pDLHC in which a Cre recombinase gene was incorporated with an artificial intron, was constructed. The pDLHC construct was effective in the induction of deletions between two LoxPs at T2 generation of ‘Nihon-bare’ expressing Ac transposase. No stable artificial ring chromosomes have been found, possibly because no centromere DNA sequences had been involved in the circular DNA molecules that was generated by Cre/LoxP system. This suggests that pDLHC has a potential for efficient generation of artificial ring chromosomes in rice and other plant species.

2. Identification of centromere specific histone H3 and centromeric DNA sequences

Centromeres play an important role in the segregation of chromatids to daughter cells at mitosis and meiosis. Though the function of the centromere has been conserved in all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are diverse even in closely related species. In this study, we isolated a centromeric histone H3 (HaCENH3) gene from sunflower, and raised an antibody against a peptide sequence deduced from the gene. Then, we conducted chromatin immunoprecipitation (ChIP) using the anti-HaCENH3 antibody to identify centromeric DNA sequences in sunflower. Consequently, a family of long interspersed nuclear element (LINE) sequence and a tandem repeat family sequence were identified. This is the first report of isolation of a centromeric LINE. The present results suggest that LINE can be used to target centromeres as other types of repetitive element (e.g. gypsy-type retrotransposons). The LINE sequence is a major portion of sunflower centromeres, and the tandem repeat is located on a pair of chromosomes in this species. However, the tandem repeat showed higher association than the LINE. These results suggest that the sunflower centromeres are in a transition process from LINE-type centromeres to tandem repetitive sequence-type centromeres.

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と農林18号間交雑由来RILにおける1穂粒数に係わる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が示す1穂多粒数性は低肥料条件下で有用と考えられる。そこで、LIAと農林18号間交雑から育成したRILを用いて1穂粒数に関するQTL解析を行った。その結果、第1染色体と第8染色体上にQTLを検出した。

2. オオムギ未熟胚由来カルスからの植物体再分化における光抑制は内生ABA含量により制御される

オオムギ栽培品種の関東二条5号とK-3は、16時間日長条件下でカルスを誘導すると、再分化が抑制される。このとき、カルスには高濃度のABAが蓄積される。ABAの培養特性に及ぼす影響を調査したところ、ABAは光条件に関係なくカルス増殖及び植物体再分化を抑制した。また、ABA合成酵素である*HvNCED1*のカルスにおける発現は光条件下で上昇した。以上のことから、光による植物体再分化の抑制は、*HvNCED1*の発現上昇によるABA合成の活性化が原因であると考えられた。

3. オオムギ種子における液胞型アクアポリン (TIP) の水輸送調節

種子は登熟過程で胚を形成し、養分を貯め、乾燥し、発芽に最適な条件になるまで維持される。種子はこの期間 (劇的に変化する) 細胞内水環境をコントロールするメカニズムをもっていると推測される。本研究では、そのメカニズムの一端を明らかにすることを目的として、オオムギ種子で発現するTIPの水輸送調節について解析した。その結果、種子で特異的に発現するHvTIP3;1は単独では水輸送活性をもたないが、HvTIP1;2と共発現することにより水輸送能力が高まること示された。

4. Alストレスにおけるエピジェネティックな遺伝子発現応答機構について

Alストレス下の遺伝子発現応答機構について*AvSAMS1*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を用いて検討した。その結果、Alストレス下では検討した遺伝子毎にDNAのメチル化状況に違いが見られ、さらに両株間でもその状況には違いがあった。またH3K4me3やH3K9me3等のメチル化ヒストンにAlストレス特異的に結合する遺伝子群を単離したが、その中には両株間で結合様式に差異があるものが存在した。これらからAlストレスではSAMSを介したゲノムDNAやヒストンのメチル化を伴うエピジェネティックな遺伝子発現応答が起こると見られる。

5. 紫外線照射におけるオオムギ由来nudix hydrolase遺伝子の発現

環境悪化による紫外線量の増加が、植物の生育に傷害を及ぼすことが危惧される。本研究では、オオムギにおけるnudix hydrolase (NUDX) 遺伝子の探索と紫外線照射における発現について解析を行った。その結果、14個のオオムギ由来NUDX遺伝子 (HvNUDX) を見出し、UV-Aに対しHvNUDX4が、UV-Bに対しHvNUDX4、6が、UV-Cに対しHvNUDX6、7、12、14遺伝子の発現が有意に増加す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 for growing in space.

1. QTL analysis for number of spikelets per panicle in RILs derived from the cross between LIA and Norin 18

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 producing a large biomass under non-fertilized conditions. A high number of spikelets per panicle in LIA is considered to be useful to achieve relatively high productivity in low fertilized conditions. Thus, QTL analysis for the number of spikelets per panicle was conducted in RILs derived from the cross between LIA and Norin 18. As a result, 2 QTL were identified on chromosomes 1 and 8.

2. Light inhibition of shoot regeneration is regulated by endogenous abscisic acid level in calli derived from immature barley embryos

Barley cultivars Kanto Nijo-5 and K-3 showed lower efficiency of shoot regeneration in a 16-h photoperiod during callus-induction than those in continuous darkness. In these cultivars, a larger accumulation of ABA was detected in calli cultured under a 16-h photoperiod. Exogenous ABA inhibited the callus growth and shoot regeneration. Furthermore, expression of ABA biosynthesis gene, *HvNCED1*, in calli was enhanced in a 16-h photoperiod. These results indicate that ABA biosynthesis is activated through the higher expression of *HvNCED1* in a 16-h photoperiod and that the accumulation of ABA inhibits shoot regeneration.

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

Most seeds form an embryo, store starch and nutrients during ripening and are then desiccate and maintain desiccated until germination. This suggests the existence of some mechanism controlling the inner water condition of cells during the development and subsequent desiccation of seeds. To reveal the molecular mechanism controlling water transport in the ripening and desiccation of seeds, we analyzed some TIPs expressed in barley seeds. HvTIP3;1, which specifically accumulates in barley seeds, did not transport water when it was expressed alone in the heterologous expression system of *Xenopus* oocytes. However, our data demonstrate that the water permeability of HvTIP3;1 was activated when co-expressed with HvTIP1;2 in oocytes.

4. Study of the epigenetic gene-regulation under Al stress

The gene response mechanism under Al stress was investigated using the *AvSAMS1* expressing Arabidopsis transformant and its parental non-transformant. Results suggested that every tested gene showed different DNA methylation status under Al stress and that the difference was also observed between the two lines. Furthermore several genes which specifically bound to H3K4me3 or H3K9me3 under Al stress were isolated. Some of the isolated genes showed a difference between the two lines in their binding strength to the methylated histones. These results suggested that the SAMS-related methylation in genomic DNA and histones leads to an epigenetic gene-regulation under Al stress.

5. Expression of nudix hydrolase genes in barley under UV irradiation

The increase in UV level by the environmental deterioration is suspected to damage plant growth. In this study, nudix hydrolase (NUDX) genes found in barley and expression of the genes under UV irradiation were analyzed. As a result, 14 kinds of barley NUDX genes were identified and the expression level of HvNUDX4 was increased significantly by UV-A, those of HvNUDX4, 6 by UV-B, and those of HvNUDX6, 7, 12, 14 by UV-C.

当グループでは、西日本近海域で発生する赤潮の原因藻類の一種、ヘテロシグマ (学名 *Heterosigma akashiwo*) の研究を行っている。平成27年度の研究成果を以下にまとめる。

1. *H. akashiwo*による赤潮形成のメカニズム解明

*H. akashiwo*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、*H. akashiwo*の増殖が特異的に加速する点が、非常に興味深い。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、*H. akashiwo*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。

当グループは随伴細菌として、*Altererythrobacter ishigakiensis*を単離した。この菌を、無菌化した*H. akashiwo*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。一方、*H. akashiwo*と同じラフィド藻科に属するシャトネラにこの細菌を添加したところ、増殖に影響は見られなかった。この結果は、*H. akashiwo*の増殖が*A. ishigakiensis*に特異的に加速されることを表しており、これまで見落とされてきた随伴細菌による*H. akashiwo*増殖速度の制御という全く新しい観点を提供する。さらに、このような種特異的な増殖加速は、赤潮発生の一因となり得るものとして非常に興味深い。

このような知見を踏まえ、本年は、フィールドで発生しているヘテロシグマ赤潮の発生過程を経時的に採取した。今後は、メタゲノム解析によりヘテロシグマ赤潮の随伴細菌叢の変化のモニターにより、随伴細菌叢とヘテロシグマ増殖速度の間の相関の探索を計画している。

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

*H. akashiwo*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、*H. akashiwo*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、ゲノムサイズ273kbとウイルスとしては巨大なサイズの二本鎖DNAをゲノムとして持つ。当グループは、*HaV2*系統のゲノム解読を完了し、全長配列の情報を得るとともに、2系統間の配列の比較を行った。さらに、経時的トランスクリプトーム解析により、殺滅・潜在感染という異なる*HaV*感染型を示す宿主中での感染過程の精査を行っている。

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

1. Characterization of mechanism of harmful algal bloom

Under regular conditions, *H. akashiwo* accounts for a small part of the whole algal population in the coastal water area. Once 'bloom formation' is triggered, however, *H. akashiwo* propagates up to 7-8 times/day. On the other hand, other photosynthetic planktons occurring in the same area do not propagate as rapidly: this suggests that a factor inducing bloom formation exerts its effect on *H. akashiwo* in a highly specific manner. Environmental factors, such as water temperature, nutritional salt concentration, light intensity and day length, are known to have some impacts on bloom formation: however, *H. akashiwo* growth in laboratory culture are not dramatically affected when these condition are changed. These observations collectively indicate that there is another important factor that triggers the initiation of the bloom.

Our group recently isolated a marine bacterium, *Altererythrobacter ishigakiensis*. This bacterium markedly accelerated the *H. akashiwo* growth when added to axenized *H. akashiwo* strains. Importantly, growth of another *Raphidophyceae* member, *Chattonella*, was not affected by the bacterium strain, indicating that the strain promotes algal growth in a species specific manner. This observation underscores the importance of commensal bacterium as a regulatory factor for bloom formation.

Based on these observations, we are currently conducting metagenomic analysis of samples collected during *H. akashiwo* bloom formation to identify a group of marine bacteria that may define the onset of *H. akashiwo* bloom.

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

Once the *H. akashiwo* bloom is formed, it disappears in a week to ten days. Ecological studies have demonstrated that the extinction of *H. akashiwo* is caused by infection with several viruses that infect and exterminate the unicellular algae. We are currently scrutinizing the infection process of one of the viruses, *HaV*. *HaV* possesses double-strand DNA genome as big as 273 kb. Our group completed whole genome sequencing of two strains of *HaV*, and made detailed comparison between the strains. In addition, we are currently conducting transcriptome analysis of *HaV* infection process in two host strains, one shows a lytic phenotype and the other does not show an obvious phenotype during infection process. By completing this analyses, detailed information about the infection mechanism of the giant double stranded DNA virus will be obtained.

本グループでは植物研と農学部の教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。平成22～24年度は日本学術振興会アジア・アフリカ学術基盤形成事業「東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発」、平成26～28年度は日本学術振興会拠点形成事業（アジア・アフリカ型）「汎アフリカ大学院と協働する資源植物科学イノベーション研究拠点」が採択されたので、平成28年度まではこの事業に基づいて交流を行う。さらにジョモケニアアッタ農工大学 (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。平成27年度は新たに、ウガンダのマケレレ大学及び国立作物資源研究所とも交流を進めた。

1. ケニア・ウガンダ研究者の受入れと共同研究、研究集会の開催

今年度は、JKUATとマケレレ大学から研究員7名を植物・微生物相互作用グループ（3名、平成27年6～7月および平成28年1～3月）、植物・昆虫間相互作用グループ（1名、平成27年7～9月）、農学部（1名、平成27年10月）、光環境適応研究グループ（2名、平成27年11～12月および平成28年1～3月）に受入れ、それぞれ2ヶ月間、研究の指導や共同研究を行った。また、6月30日にアフリカセミナー「ケニア国における稲作研究とJICAプロジェクトの紹介」、若手を中心とした研究交流の場として10月9日に「ケニアデー2015」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、ガリス）がウガンダとケニアを、環境生命科学研究科から2名（久保、神崎環境生命科学研究科長）と学生2名がケニアを訪問した。学生2名は1ヶ月JKUATに滞在して実習を行った。マケレレ大学ではワークショップ（Crop stress science and innovation for agriculture, 10月15日）、JKUATではセミナー（Innovations for harnessing bioresources, 10月19日）を開催し、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. Our program is supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Asia-Africa Science Platform (AASP) program under the title “Establishment” of crop stress science network for increase of food production in eastern Africa” (2010-2012) and “Plant Science and Resource Innovative Research Core with Pan African University” (2014-2016). In addition, Okayama University has been selected as one of the supporting institutions for JICA JAPAN-ai-Africa project initiated in 2014. Our group is promoting international exchange through these programs. In 2015, we extended our exchange to researchers in Uganda, at Makerere University and National Crop Resource and Research Institute (NaCRRI).

1. Accepting Kenyan and Ugandan researchers and international collaboration

We invited seven researchers from Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT) to Plant-Insect Interaction Group (Profs. Suzuki and Tani), and Plant-Microbe Interaction Group (Prof. Galis), Plant Light Acclimation Research Group (Prof. Sakamoto), and to the Faculty of Agriculture (Prof. Kubo). During their stay at Okayama University for two months (periods from September to November, 2015), they learned advanced experimental skills in their disciplines and performed collaborative projects. To promote networking of young researchers, we organized the “Kenya Day 2015” on October 9 and “Africa Seminar” on June 30, both at Tsushima Campus.

2. Visiting east African countries

To promote exchange between IPSR and other east African universities, three faculty members from IPSR (Sakamoto, Suzuki and Tani) visited Uganda (Makerere and NaCRRI) and Kenya (JKUAT), and two faculty members (Kubo and Kanzaki) and two students from the Faculty of Agriculture visited Kenya (JKUAT). Future collaboration with Makerere and NaCRRI is under consideration. We organized a workshop “Crop stress science and innovation for agriculture” held at Makerere on October 15, and a seminar “Innovations for harnessing bioresources” held at JKUAT on October 19.

本グループは、理化学研究所とのクロスアポイントメント制度に関する協定に基づいて11月からスタートした。研究所が保有する遺伝資源を活用して、これまで蓄積してきた環境応答データや植物の様々な生理応答に関する知見を統合し、作物の生産性に有用な鍵遺伝子の探索を計算機的に加速させることで「次世代ストレス耐性作物デザイン研究」を推進する。

1. フィールドデータからの知識抽出

作物の環境適応性に関わる有用遺伝子を探索するには、野外環境における作物の遺伝子と環境の相互作用を理解が不可欠である。野外環境で生育する作物が生育期間を通してどのように周囲の環境変化に応答するかを明らかにするために、野外環境で育成したオオムギに関するオミックススナップショットデータの収集を開始した。特に、野外で生育したオオムギに関して、RNA-seq法による時計列トランスクリプトーム解析を行い、トランスクリプトームの年次間差および系統間差の描出を行った。野外で生育するオオムギの、遺伝子発現変動のその系統毎の特徴と環境応答性の違いの概観を明らかにした。野外におけるオオムギの生長過程における生理状態の変化を他のオミックスデータとあわせて統合的に捉えるために、野外生育オオムギについての時系列ホルモーム解析を行っている。

RNA-seqやゲノム再解読など、次世代シーケンサーの多様なアプリケーションに由来するデータの解析基盤は、ゲノム情報に基づいて作物を設計するために不可欠な基盤技術である。そこで、ゲノムおよびトランスクリプトームに関するデータを解析するための計算機基盤を準備するとともに、解析パイプラインの実装を進めている。

2. フィールドデータに基づく作物形質予測モデルの開発

野外で生育する作物に関連する様々なデータに基づいて、作物の農業形質を予測する方法論は、将来環境に適応しうる作物の設計を行う上で重要な要素技術となる。仮説にとらわれることなく、作物のデータに基づいた形質予測モデルを開発するために、ニューラルネットワークなどの機械学習にもとづく学習モデルの構築を行っている。特に、オオムギのゲノム多型データを入力層として圃場出穂期を予測するモデルをニューラルネットワークによって構築した。現在、予測精度の検証や遺伝的連関との比較を行っている。

Our group was launched in November 2015 based on an agreement for a cross-appointment between Okayama University and RIKEN. Taking advantage of genetic resources in IPSR and integrating a broad range of data and knowledge related to the physiological responses of the plant, our group aims to discover key genes that contribute to higher crop productivity. Our group has been promoting the research for next-generation crop design by integrated use of approaches in bioinformatics and data science.

1. Implementation of genome informatics platforms

To discover useful genes involved in adaptation to environmental changes of crops, it is essential to understand gene-environment interactions in crops under field conditions. To elucidate the physiological responses of crops under field conditions throughout the life cycle, we have been acquiring omics-snapshot datasets of barley in field. We carried out transcriptome analysis on field barley samples and figured out global differences of transcriptomes between growth seasons and between two barley accessions. We have also started hormone analysis of field barley samples to perform trans-omics analysis for further understanding of seasonal changes of physiological state of barley under field conditions.

To establish a platform to design crops based on genomic information, a practical genome informatics platform that allows us to analyze sequence datasets derived from high-throughput sequencers. We therefore are setting up computational infrastructures and analytical pipelines to analyze genome and transcriptome datasets.

2. Knowledge extraction from datasets acquired in field conditions

A methodology to predict traits of crops based on various logs of crop life will be an essential component technology for designing crops that can adapt to the future environment. We are developing a model based on machine learning such as neural network for agronomic trait prediction. This year, we developed a neural network model to predict the flowering date of barley accessions based on those genomic polymorphism datasets. Now, we are validating its predictability and comparing the model with the results of genetic association.

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) Oikawa, K., Matsunaga, S., Mano, S., Kondo, M., Yamada, K., Hayashi, M., Kagawa, T., Kadota, A., Sakamoto, W., Higashi, S., Watanabe, M., Mitsui, T., Shigemasa, A., Iino, T., Hosokawa, Y. and Nishimura, M. Physical interaction between peroxisomes and chloroplasts elucidated by *in situ* laser analysis. *Nature Plants* 1: 15035. doi: 10.1038/nplants.2015.35. (2015. 3.)
- (2) Matsushima, R. Chapter 13 Morphological variations of starch grains. In: *Starch: Metabolism and Structure*. Edited by Nakamura, Y. Springer Japan. pp. 425-441. (2015. 4.)
- (3) Kamau, P. K., Sano, S., Takami, T., Matsushima, R., Maekawa, M. and Sakamoto, W. A mutation in *GIANT CHLOROPLAST* encoding a PARC6 homolog affects spikelet fertility in rice. *Plant Cell Physiol.* 56: 977-991. doi: 10.1093/pcp/pcv024. (2015. 5.)
- (4) Crofts, N., Abe, N., Oitome, N. F., Matsushima, R., Hayashi, M., Tetlow, I. J., Emes, M. J., Nakamura, Y. and Fujita, N. Amylopectin biosynthetic enzymes from developing rice seed form enzymatically active protein complexes. *J. Exp. Bot.* 66: 4469-4482. doi: 10.1093/jxb/erv212. (2015. 5.)
- (5) Kim, J., Kimber, M. S., Nishimura, K., Friso, G., Schultz, L., Ponnala, L. and van Wijk, K. J. Structures, Functions, and Interactions of ClpT1 and ClpT2 in the Clp Protease System of Arabidopsis Chloroplasts. *Plant Cell* 27: 1477-1496. doi: 10.1105/tpc.15.00106. (2015. 5.)
- (6) Matsushima, R., Maekawa, M. and Sakamoto, W. Geometrical formation of compound starch grains in rice implements Voronoi diagram. *Plant Cell Physiol.* 56: 2150-2157. doi: 10.1093/pcp/pcv123. (2015. 8.)
- (7) Zhang, L. and Sakamoto, W. Possible function of VIPP1 in maintaining chloroplast membranes. *Biochim. Biophys. Acta* 1847: 831-837. doi: 10.1016/j.bbabi.2015.02.013. (2015. 9.)
- (8) Nishimura, K. and van Wijk, K. J. Organization, function and substrates of the essential Clp protease system in plastids. *Biochim. Biophys. Acta* 1847: 915-930. doi: 10.1016/j.bbabi. (2015. 9.)
- (9) Nishimura, K., Apitz, J., Friso, G., Kim, J., Ponnala, L., Grimm, B. and van Wijk, K. J. Discovery of a Unique Clp Component, ClpF, in Chloroplasts: A Proposed Binary ClpF-ClpS1 Adaptor Complex Functions in Substrate Recognition and Delivery. *Plant Cell* 27: 2677-2691. doi: 10.1105/tpc.15.00574. (2015. 10.)
- (10) Kato, Y., Ozawa, S., Takahashi, Y. and Sakamoto, W. D1 fragmentation in photosystem II repair caused by photo-damage of a two-step model. *Photosynth. Res.* 126: 409-416. doi: 10.1007/s11120-015-0144-7. (2015. 12.)

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

- (1) Murata, Y., Mori, I. C. and Munemasa, S. Diverse stomatal signaling and signal integration mechanism. *Annu. Rev. Plant Biol.* 66: 369-392. (2015. 2.)
- (2) Mori, I. C., Arias-Barreiro, C. R., Koutsaftis, A., Ogo, A., Kawano, T., Yoshizuka, K., Inayat-Hussain, S. H. and Aoyama, I. Toxicity of tetramethylammonium hydroxide to aquatic organisms and its synergistic action with potassium iodide. *Chemosphere* 120: 299-304. (2015. 2.)
- (3) Ooi, L., Heng L.Y. and Mori, I. C. A high-throughput oxidative stress biosensor based on Escherichia coli roGFPs cells immobilized in a k-carrageenan matrix. *Sensors* 15: 2354-2368. (2015. 2.)
- (4) Himi, E., Maekawa, M., Matsuura, T. and Taketa, S. Real-time PCR-mediated diagnosis of hemizyosity at the Tamyb10-D1 locus controlling grain color in wheat. *Molecular Breeding.* 35: (3)5223-5232 DOI: 10.1007/s11032-015-0251-3. (2015. 3.)
- (5) Tsukahara, K., Sawada, H., Kohno, Y., Matsuura, T., Mori, I. C., Terao, T., Ioki, M. and Tamaoki, M. Ozone-induced rice grain yield loss is triggered via a change in panicle morphology that is controlled by *ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 1* gene. *Plos ONE* 10: e0123308. (2015. 4.)
- (6) Lu, Y., Sasaki, Y., Li, X. W., Mori, I. C., Matsuura, T., Hirayama, T., Sato, T. and Yamaguchi, J. ABI1 regulates carbon/nitrogen-nutrient signal transduction independent of ABA biosynthesis and canonical ABA signaling pathways in Arabidopsis. *J. Exp. Bot.* 66: 2763-2771. (2015. 5.)
- (7) Ye, W. X., Adachi, Y., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y. OPEN STOMATA 1 kinase is essential for yeast elicitor-induced stomatal closure in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol.* 56: 1239-1248. (2015. 6.)
- (8) Ikeda, Y. and Nishimura, T. The role of DNA methylation in transposable element silencing and genomic imprinting. *Nuclear Functions in Plant Transcription, Signaling and Development*. Springer. DOI: 10.1007/978-1-4939-2386-1. (2015. 6.)
- (9) Takatani, S., Hirayama, T., Hashimoto, T., Takahashi, T. and Motose, H. Abscisic acid induces ectopic outgrowth in

-
- epidermal cells through cortical microtubule reorganization in *Arabidopsis thaliana*, Scientific Rep, 5: 11364. (2015. 6.)
- (10) Khokon, M. A. R., Salam, M. A., Jammes, F., Ye, W., Hossain, M. A., Uraji, M., Nakamura, Y., Mori, I. C., Kwak, J. M. and Murata, Y. Two guard cell mitogen-activated protein kinases, MPK9 and MPK12, function in methyl jasmonate-induced stomatal closure in *Arabidopsis thaliana*. Plant Biol. 17: 946-952. (2015. 9.)
 - (11) Mochida, K., Saisho, S. and Hirayama, T. Crop improvement using life cycle datasets acquired under field conditions. Frontiers Plant Sci, 6: 740. (2015. 9.)
 - (12) Sobahan, M. A., Akter, N., Okuma, E., Uraji, M., Ye, W. X., Mori, I. C., Nakamura, Y. and Murata, Y. Allyl isothiocyanate induces stomatal closure in *Vicia faba*. Biosci. Biotech. Biochem. 79: 1737-1742. (2015. 10.)
 - (13) Rikiishi, K., Matsuura, T. and Ikeda, Y., Maekawa, M. Light inhibition of shoot regeneration is regulated by endogenous abscisic acid level in calli derived from immature barley embryos. PLoS One. 10: e0145242. (2015. 12.)

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) Miyaji, T., Kuromori, T., Takeuchi, Y., Yamaji, N., Yokosho, K., Shimazawa, A., Sugimoto, E., Omote, H., Ma, J. F., Shinozaki, K. and Moriyama, Y. AtPHT4;4 is a chloroplast-localized ascorbate transporter in *Arabidopsis*. Nature Communications 6: 5928. doi: 10.1038/ncomms 6928. (2015. 1.)
- (2) Wang, H., Chen, R. F., Iwashita, T., Shen, R. F. and Ma, J. F. Physiological characterization of aluminum tolerance and accumulation in tartary and wild buckwheat. New Phytol. 205: 273-279. doi: 10.1111/nph.13011. (2015. 1.)
- (3) Matsunaga, W., Ohama, N., Tanabe, N., Masuta, Y., Masuda, S., Mitani, N., Yamaguchi-Shinozaki, K., Ma, J. F., Kato, A. and Ito, H. A small RNA mediated regulation of a stress-activated retrotransposon and the tissue specific transposition during the reproductive period in *Arabidopsis*. Front. Plant Sci. 6: 48. doi: 10.3389/fpls.2015.00048. (2015. 2.)
- (4) Ashikari, M. and Ma, J. F. Exploring the power of plants to overcome environmental stresses. Rice 8:10, DOI : 10.1186/s12284-014-0037-y. (2015. 2.)
- (5) Chen, J., Wang, Y., Wang, F., Yang, J., Gao, M., Li, C., Liu, Y., Liu, Y., Yamaji, N., Ma, J. F., Paz-Ares, J., Nussaume, L., Zhang, S., Yi, K., Wu, Z. and Wu, P. The rice CK₂ kinase regulates trafficking of phosphate transporters in response to phosphate levels. Plant Cell 27: 711-723. doi: 10.1105/tpc.114.135335. (2015. 3.)
- (6) Sakurai, G., Satake, A., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Yokozawa, M., Feugier, F. G. and Ma, J. F. In silico simulation modeling reveals the importance of the Casparian strip for efficient silicon uptake in rice roots. Plant Cell Physiol. 56: 631-639. (2015. 4.)
- (7) Ma, J. F. Chapter 20 Silicon. In: Handbook of Plant Nutrition, Second Edition. Edited by Barker, A. and Pilbeam, D. CRC Press. pp. 681-695. (2015. 5.)
- (8) 馬 建鋒. 新学術領域研究「大地環境変動に対する植物の生存・成長」日本数理生物学会ニュースレター 76: 1-2. (2015. 5.)
- (9) Wang, W., Zhao, X. Q., Chen, R. F., Dong, X. Y., Lan, P., Ma, J. F. and Shen, R. F. Altered cell wall properties are responsible for ammonium-reduced aluminium accumulation in rice roots. Plant Cell Environ. 38: 1382-1390. DOI: 10.1111/pce.12490. (2015. 7.)
- (10) Chen, Y., Moore, K. L., Miller, A. J., McGrath, S. P., Ma, J. F. and Zhao, F. J. The role of nodes in arsenic storage and distribution in rice. J. Exp. Bot. 66: 3717-3724. doi: 10.1093/jxb/erv164 (2015. 7.)
- (11) Ma, J. F. and Yamaji, N. A cooperative system of silicon transport in plants. Trends Plant Sci. 20: 435-442. doi: org/10.1016/j.tplants.2015.04.007 (2015. 7.)
- (12) 山地直樹・馬 建鋒. 酸性土壌を突破する植物の戦略. 化学と生物 53: 529-534. (2015. 7.)
- (13) Yamaji, N., Sakurai, G., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. Orchestration of three transporters and distinct vascular structures in node for intervascular transfer of silicon in rice. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 112: 11401-11406. doi: 10.1073/pnas.1508987112. (2015. 9.)
- (14) Chen, Z. C. and Ma, J. F. 2015. Improving nitrogen use efficiency in rice through enhancing root nitrate uptake mediated by a nitrate transporter, NRT1.1B. J. Genet. Genomics 42: 463-465. 10.1016/j.jgg.2015.08.003 (2015. 9.)
- (15) Yokosho, K. and Ma, J. F. Transcriptional Regulation of Al Tolerance in Plants. In Signaling, Communication in Plants, Vol. 24, Sanjib Kumar Panda and František Baluška (Eds): Aluminum Stress Adaptation in Plants. pp. 37-46. (2015. 9.)
- (16) Sasaki, A., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Kashino, M. and Ma, J. F. A node-localized transporter OsZIP3 is responsible for the preferential distribution of Zn to developing tissues in rice. Plant J. 84: 374-384. (2015. 10.)

-
- (17) Shao, J. F., Che, J., Chen, R. F., Ma, J. F. and Shen, R. F. Effect of *in planta* phosphorus on aluminum-induced inhibition of root elongation in wheat. *Plant Soil* 395: 307-315. DOI: 10.1007/s11104-015-2566-6 (2015. 10.)
 - (18) Wu, D., Sato, K. and Ma, J. F. Genome-wide association mapping of cadmium accumulation in different organs of barley. *New Phytol.* 208: 817-829. doi: 10.1111/nph.13512 (2015. 11.)
 - (19) Ueno, D., Sasaki, A., Yamaji, N., Miyaji, T., Fujii, Y., Takemoto, Y., Moriyama, S., Che, J., Moriyama, Y., Iwasaki, K. and Ma, J. F. A polarly localized transporter for efficient manganese uptake in rice. *Nature Plants* DOI : 10.1038/nplants.2015.170 (2015. 11. Online preview)

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

- (1) Tsuchiya, Y., Kariya, K., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Transcriptomic analysis of aluminum-tolerant phenotype of a cultured cell line of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *In: Proceedings of the 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH*, pp. 113-114. (2015. 3.)
- (2) Yamamoto, Y., Sameeullah, M., Kariya K., Tsuchiya, Y. and Sasaki, T. Mechanisms of aluminum toxicity and tolerance elucidated by use of cultured tobacco cell lines. *In: Proceedings of the 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH*, pp. 116-117. (2015. 3.)
- (3) Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. An aluminum-induced cell death mechanism involving vacuolar processing enzyme in tobacco. *In: Proceedings of the 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH*, pp. 145-146. (2015. 3.)
- (4) Nishiyama, Y., Hanafusa, T., Yamashita, J., Yamamoto, Y. and Ono, T. Adsorption and removal of strontium in aqueous solution by synthetic hydroxyapatite. *Journal of Radioanalytical and Nuclear Chemistry*. DOI: 10.1007/s10967-015-4228-9. (2015. 6. Online)

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

- (1) Kaneko, T., Horie, T., Nakahara, Y., Tsuji, N., Shibasaka, M. and Katsuhara, M. Dynamic Regulation of the Root Hydraulic Conductivity of Barley Plants in Response to Salinity/Osmotic Stress. *Plant Cell Physiol.* 56: 875-882. doi: 10.1093/pcp/pcv013. (2015. 5.)
- (2) Utsugi, S., Shibasaka, M., Maekawa, M. and Katsuhara, M. Control of the Water Transport Activity of Barley HvTIP3;1 Specifically Expressed in Seeds. *Plant Cell Physiol.* 56: 1831-1840. doi: 10.1093/pcp/pcv104 (2015. 9.)
- (3) Nakahara, Y., Sawabe, S., Kainuma, K., Katsuhara, M., Shibasaka, M., Suzuki, M., Yamamoto, K., Oguri, S. and Sakamoto, H. Yeast functional screen to identify genes conferring salt stress tolerance in *Salicornia europaea*. *Front. Plant Sci.* 6: 920. doi: 10.3389/fpls.2015.00920. (2015. 10.)
- (4) Suzuki, K., Costa, A., Nakayama, H., Katsuhara, M., Shinmyo, A. and Horie, T. OsHKT2;2/1-mediated Na⁺ influx over K⁺ uptake in roots potentially increases toxic Na⁺ accumulation in a salt-tolerant landrace of rice Nona Bokra upon salinity stress. *J. Plant Res.* doi: 10.1007/s10265-015-0764-1 (2015. 11. Online preview)

環境生物ストレスユニット (**Biotic Stress Unit**)

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

- (1) Kondo, H., Chiba, S. and Suzuki, N. Detection and analysis for non-retroviral RNA virus-like elements in plant, fungal and insect genomes. *Methods Mol. Biol.* 1236: 73-88. (2015. 1.)
- (2) Eusebio-Cope, A., Sun, L., Tanaka, T., Chiba, C., Kasahara, S. and Suzuki, N. The chestnut blight fungus for studies on virus/host and virus/virus interactions: from a natural to a model host. *Virology* 477: 164-175. doi. 10.1016/j.virol.2014.09.024. (2015. 3.)
- (3) Andika, I. B., Maruyama, K., Sun, L., Kondo, H., Tamada, T. and Suzuki, N. Differential contributions of plant Dicer-like proteins to antiviral defences against potato virus X in leaves and roots. *Plant J.* 81: 781-793. (2015. 3.)
- (4) Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N. Mycoreovirus genome rearrangements associated with RNA silencing deficiency. *Nuc. Acids Res.* 43: 3802-3813. doi: 10.1093/nar/gkv239. (2015. 4.)
- (5) Tani, A., Ogura, Y., Hayashi, T. and Kimbara, K. Complete genome sequence of *Methylobacterium aquaticum* strain 22A, isolated from *Racomitrium japonicum* moss. *Genome Announc.* 3(2): e00266-15. (2015. 4.)
- (6) Miyazaki, N., Salaipeh, L., Kanematsu, S., Iwasaki, K. and Suzuki, N. Megabirnavirus structure reveals a 120-subunit capsid formed by asymmetric dimers with distinctive large protrusions. *J. Gen. Virol.* 96: 2435-2441. doi: 10.1099/vir.0.000182. (2015. 5.)

-
- (7) Ghabrial, S. A., Caston, J. R., Jiang, D., Nibert, M. L. and Suzuki, N. 50-plus years of fungal viruses. *Virology* 479: 356-368 (60th Anniversary Issue). doi: 10.1016/j.virol.2015.02.034. (2015. 5.)
- (8) Hyodo, K., Taniguchi, T., Manabe, Y., Kaido, M., Mise, K., Sugawara, T., Tanigushi, H. and Okuno, T. Phosphatidic acid produced by phospholipase D promotes RNA replication of a plant RNA virus. *PLoS Pathog.* 11: e1004909. doi: 10.1371/journal.ppat.1004909. (2015. 5.)
- (9) Suzuki, N., Sasaya, T. and Choi, I. -R. Viruses threatening stable production of cereal crops. *Frontiers Microbiol.* DOI: 10.3389/978-2-88919-612-8. (2015. 5.)
- (10) Tani, A., Sahin, N., Fujitani, Y., Kato, A. and Sato, K. *Methylobacterium* species promoting rice and barley growth and interaction specificity revealed with whole-cell matrix-assisted laser desorption / ionization-time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF/MS) analysis. *PLoS ONE* .10(6): e0129509. (2015. 6.)
- (11) Andika, I. B., Maruyama, K., Sun, L., Kondo, H., Tamada, T. and Suzuki, N. Different Dicer-like protein components required for intracellular and systemic antiviral silencing in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Signal. Behav.* 10: e1039214. doi: 10.1080/15592324.2015.1039214. (2015. 8.)
- (12) Kondo, H., Takemoto, S., Maruyama, K., Chiba, S., Andika, I. B. and Suzuki, N. Cymbidium chlorotic mosaic virus, a new sobemovirus isolated from a spring orchid (*Cymbidium goeringii*) in Japan. *Arch. Virol.* 160: 2099-2104. (2015. 8.)
- (13) 近藤秀樹・千葉壮太郎・鈴木信弘. 宿主ゲノム上に存在する RNA ウイルス感染記録を紐解く. 植物感染生理談話会論文集50: 133-142. (2015. 8.)
- (14) Chiba, S. and Suzuki, N. Highly activated RNA silencing via strong induction of dicer by one virus can interfere with the replication of an unrelated virus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 112: E4911-E4918. DOI: 10.1073/pnas.1509151112. E4911-4918. (2015. 9.)
- (15) Zhang, R. Novel mycoviruses isolated from *Rosellinia necatrix*. PhD thesis. (2015. 9.)
- (16) Md. Alamgir, K., Masuda, S., Fujitani, Y., Fukuda, F. and Tani, A. Production of ergothioneine by *Methylobacterium* species. *Front. Microbiol.* 6: 1185. (2015. 10.)
- (17) 中川智行・三井亮司・谷 明生・河合啓一. レアアースを必須因子として要求する新たな代謝系—植物共生細菌達が持つレアアース依存型C1代謝—. *化学と生物* 53: 744-750. (2015. 10.)
- (18) 兵頭 究. 毒薬変じて薬となる? ~植物を助けるウイルス~. *生物工学会誌* 93(10): p630. (2015. 10.)
- (19) 近藤秀樹. デンドロビウムモザイクウイルス. *植物ウイルス大辞典*. 監修, 日比忠明・大木 理. 朝倉書店. p370. (2015. 12.)

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

- (1) Wari, D., Funayama, K., Kishimoto, H., Toyama, M. and Sonoda, S. Molecular verification of dispersal of phytoseiid mites from groundcover plants to tree leaves in Japanese peach orchards. *Biological Control* 80: 143-155. (2015. 1.)
- (2) Funayama, K., Komatsu, M., Sonoda, S., Takahashi, I. and Hara, K. Management of apple orchards to conserve generalist phytoseiid mites suppresses two-spotted spider mite, *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae). *Experimental and Applied Acarology* 65: 43-54. (2015. 1.)
- (3) Meldau, S., Woldemariam M. G., Fatangare, A., Svatos, A. and Galis, I. Using 2-deoxy-2-[18F]fluoro-D-glucose ([18F]FDG) to study carbon allocation in plants after herbivore attack. *BMC Res. Notes* 8: 45. (2015. 2.)
- (4) Sobhy, I. S., Mandour, N. S. and Sarhan, A. A. Tomato treatment with chemical inducers reduces the performance of *Spodoptera littoralis* (Lepidoptera: Noctuidae). *Appl. Entomol. Zool.* 50: 175-182. (2015. 3.)
- (5) Viens, P., Dubeau, M.P., Kimura, A., Desaki, Y., Shinya, T., Shibuya, N., Saito, A. and Brzezinski, R. Uptake of chitosan-derived D-glucosamine oligosaccharides in *Streptomyces coelicolor* A3(2). *FEMS Microbiol. Lett.* 362: doi: 10.1093/femsle/fnv048. (2015. 4.)
- (6) 新屋友規・渋谷直人. 植物免疫と細胞壁. *植物の生長調節* 50, pp. 76 -82. (2015. 5.)
- (7) Bao, W. X., Kataoka, Y., Fukada, K. and Sonoda, S. Imidacloprid resistance of melon thrips, *Thrips palmi*, is conferred by CYP450-mediated detoxification. *Journal of Pesticide Science* 40: 65-68. (2015. 5.)
- (8) Izumi, Y., Tian, R., Sonoda, S., Imayoshi, Y., Iwabuchi, H., Miyashita, Y., Kanazaki, S. and Tsumuki, H. Analysis of peach fruit headspace volatiles and response by the fruit-piercing moth *Oraesia excavate* (Lepidoptera: Noctuidae). *Applied Entomology and Zoology* 50: 231-238. (2015. 5.)
- (9) Shinya, T., Nakagawa, T., Kaku, H. and Shibuya, N. Chitin-mediated plant-fungal interactions: Catching, hiding and handshaking. *Curr. Opin. Plant Biol.* 50: 64-71. (2015. 8.)
- (10) Alamgir, K. M., Hojo, Y., Christeller, J. T., Fukumoto, K., Isshiki, R., Shinya, T., Baldwin, I. T. and Galis, I. Systematic analysis of rice (*Oryza sativa*) metabolic responses to herbivory. *Plant Cell Environ.* doi: 10.1111/pce.12640. (2015. 11.)

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) Deng, W., Casao, M. C. Wang, P., Sato, K., Hayes, P. M., Finnegan, E. J. and Trevaskis, B. Direct links between the vernalization response and other key traits of cereal crops. *Nature Communications* 6: 5882. (2015. 1.)
- (2) Imure, T., Kihara, M., Sato, K. and Ogushi. 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* 172: 257-264. (2015. 4.)
- (3) Tani, A., Sahin, N., Fujitani, Y., Kato, A., Sato, K. and Kimbara, K. Methylobacterium species promoting rice and barley growth and interaction specificity revealed with whole-cell MALDI-TOF/MS analysis. *PLOS ONE* 10(6): e0129509. (2015. 6.)
- (4) Pourkheirandish, M., Hensel, G., Kilian, B., Senthil, N., Chen, G., Sameri, M., Azhaguvel, P., Sakuma, S., Dhanagond, S., Sharma, R., Mascher, M., Himmelbach, A., Gottwald, S., Nair, S. K., Tagiri, A., Yukuhiro, F., Nagamura, Y., Kanamori, H., Matsumoto, T., Willcox, G., Middleton, C. P., Wicker, T., Walther, A., Waugh, R., Fincher, G. B., Stein, N., Kumlehn, J., Sato, K. and Komatsuda, T. Evolution of the seed dispersal system in barley. *Cell* 162: 527-39. (2015. 7.)
- (5) Kobayashi, F., Wu, J., Kanamori, H., Tanaka, T., Katagiri, S., Karasawa, W., Kaneko, S., Watanabe, S., Sakaguchi, T., Hanawa, Y., Fujisawa, H., Kurita, K., Abe, C., Iehisa, J. C. M., Ohno, R., Safár, J., Simková, H., Mukai, Y., Hamada, M., Saito, M., Ishikawa, G., Katayose, Y., Endo, T. R., Takumi, S., Nakamura, T., Sato, K., Ogihara, Y., Hayakawa, K., Dolezel, J., Nasuda, S., Matsumoto, T. and Handa, H. A high-resolution physical map integrating an anchored chromosome with the BAC physical maps of wheat chromosome 6B. *BMC Genomics* 16: 595. (2015. 8.)
- (6) Mochida, K., Saisho, D. and Hirayama, T. Crop improvement using life cycle datasets acquired under field conditions. *Frontiers in Plant Science* 6: 740. (2015. 9.)
- (7) Wu, D., Sato, K. and Ma, J. F. Genome-wide association mapping of cadmium accumulation in different organs of barley. *New Phytologist* 208: 817–829. (2015. 11.)
- (8) Cuesta-Marcos, A., Muñoz-Amatriain, M., Filichkin, T., Karsai, I., Trevaskis, B., Yasuda, S., Hayes, P. and Sato, K. The relationships between development and low temperature tolerance in barley near isogenic lines differing for flowering behavior. *Plant and Cell Physiology* doi: 10.1093/pcp/pcv147. (2015. 10. Online preview)
- (9) Sato, K., Tanaka, T., Sigenobu, S., Motoi, Y., Wu, J. and Itoh, T. Improvement of barley genome annotations by deciphering the Haruna Nijo genome. *DNA Research* doi: 10.1093/dnares/dsv033. (2015. 12. Online preview)

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

- (1) Belobrajdic, D. P., Jobling, S. A., Morell, M. K., Taketa, S. and Bird, A. R. Wholegrain barley β -glucan fermentation does not improve glucose tolerance in rats fed a high-fat diet. *Nutrition Research* 35: 162-168. (2015. 2.)
- (2) Himi, E., Matsuura, T., Maekawa, M. and Taketa, S. Real-time PCR mediated diagnosis of hemizygoty at the *Tamylb10-D1* locus controlling grain color in wheat. *Molecular Breeding* 35: 90. DOI: 10.1007/s11032-015-0251-3. (2015. 3.)
- (3) Himi, E. and Taketa, S. Barley *Ant17*, encoding flavanone 3-hydroxylase (F3H), is a promising target locus for attaining anthocyanin/proanthocyanidin-free plants without pleiotropic reduction of grain dormancy. *Genome* 58: 43-53. (2015. 4.)
- (4) 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* 290: 1287-1298. (2015. 8.)
- (5) Inoue, T., Yuo, T., Ohta, T., Hitomi, E., Ichitani, K., Kawase, M., Taketa, S. and Fukunaga, K. Multiple origins of the phenol reaction negative phenotype in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv., were caused by independent loss-of-function mutations of the *polyphenol oxidase* (*Si7PPO*) gene during domestication. *Molecular Genetics and Genomics* 290: 1563-1574. (2015. 8.)

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

- (1) Ikeda, H., Yoneta, Y., Higashi, H., Eidesen, P., Barkalov, V., Yakubov, V., Brochmann, C. and Setoguchi, H. Persistent history of the bird-dispersed arctic-alpine plant *Vaccinium vitis-idaea* L. (Ericaceae) in Japan. *Journal of Plant Research* 128: 437-444. (2015. 5.)
- (2) Koi, S., Ikeda, H., Rutishauser, R. and Kato, M. Historical biogeography of river-weeds (Podostemaceae). *Aquatic*

Botany 127: 62-69. (2015. 11.)

- (3) Nishiyama, Y., Hanafusa, T., Yamashita, J., Yamamoto, Y. and Ono, T. Adsorption and removal of strontium in aqueous solution by synthetic hydroxyapatite. Journal of Radioanalytical and Nuclear Chemistry DOI: 10. 1007/s10967-015-4228-9 (2015. 6. Online preview)
- (4) Ikeda, H., Sakaguchi, S., Yakubov, V., Barkalov, V. and Setoguchi, H. Importance of demographic history for phylogeographic inference on the arctic-alpine plant *Phyllodoce caerulea* in East Asia. Heredity doi: 10.1038/hdy.2015.95 (2015. 11. Online preview)

ゲノム育種ユニット (**Applied Genomics Unit**)

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

- (1) 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. Epigenomic modification in rice controls meiotic recombination and segregation distortion. Molecular Breeding 35: 644-653. (2015. 3.)
- (2) Tek, A. L., Stupar, R. M. and Nagaki, K. Modification of centromere structure: a promising approach for haploid line production in plant breeding. Turkish J. Agri. Forest. 38: 1-6. (2015. 7.)
- (3) Nagaki, K., Tanaka, K., Yamaji, N., Kobayashi, H. and Murata, M. Sunflower centromeres consist of a centromere-specific LINE and a chromosome-specific tandem repeat. Frontiers in Plant Science, 6: 912. (2015. 10.)

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

- (1) Li, W., Yoshida, A., Takahashi, M., Maekawa, M., Kojima, M., Sakakibara, H. and Kyojuka, J. SAD1, an RNA polymerase I subunit A34.5 of rice, interacts with Mediator and controls various aspects of plant development. Plant J. 81: 282-291. (2015. 1.)
- (2) Tanaka, S., Kihara, M. and Sugimoto, M. Structure and molecular characterization of barley nudix hydrolase genes. Biosci. Biotechnol. Biochem. 79: 394-401. (2015. 3.)
- (3) Ahmed, N., Tetlow, I. J., Nawaz, S., Iqbal, A., Mubin, M., Nawaz, U. I Rehman M. S., Butt A, Lightfoot D. A. and Maekawa, M. Effect of high temperature on grain filling period, yield, amylose content and activity of starch biosynthesis enzymes in endosperm of basmati rice. J Sci Food Agric. 95: 2237-343. (2015. 8.)
- (4) Hayashi-Tsugane, M., Maekawa, M. and Tsugane, K. A gain-of-function Bushy dwarf tiller 1 mutation in rice microRNA gene miR156d caused by insertion of the DNA transposon nDart1. Sci. Rep. 5: 14357. doi: 10.1038/srep14357. (2015. 9.)
- (5) Utsugi, S., Shibasaka, M., Maekawa, M. and Katsuhara, M. Control of the Water Transport Activity of Barley HvTIP3;1 Specifically Expressed in Seeds. Plant Cell Physiol. 56: 1831-1840. (2015. 9.)
- (6) Ezaki, B., Takahashi, K., Utsumi, K. and Higashi, A. A half-type AvABCG1 transporter derived from *Andropogon virginicus* L. confers aluminum tolerance. Environ. Exp. Bot. 118: 21-31. (2015. 10.)
- (7) Aggarwal, A., Ezaki, B. and Tripathi, B. N. Two detoxification mechanisms by external malate detoxification and anti-peroxidation enzymes cooperatively confer aluminum tolerance in the roots of wheat (*Triticum aestivum* L.). Environ. Exp. Bot. 120: 43-54. (2015. 12.)
- (8) Rikiishi, K., Matsuura, T., Ikeda, Y. and Maekawa, M. Light inhibition of shoot regeneration is regulated by endogenous abscisic acid level in calli derived from immature barley embryos. PLOS ONE 10(2): e0145242. doi: 10.1371/journal.pone.0145242. (2015. 12.)
- (9) Aggarwal, A., Ezaki, B., Munjal, A. and Tripathi, B. N. Physiology and Biochemistry of Aluminum Toxicity and Tolerance in Crops. Stress Responses in Plants. eds Bhumi Nath Tripathi, Maria Müller. p35-58. Springer. ISBN 978-3-319-13367-6 ISBN 978-3-319-13368-3 (eBook) DOI 10.1007/978-3-319-13368-3. (2015)

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. Proceedings of the 16th International Conference on Harmful Algae, pp.151-154. (2015. 11.)

(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. and Takami, T. Regulation of chloroplast DNA levels and gene expression by organelle nuclease DPD1. Gordon Research Conferences. Ventura, USA, January 18-23, 2015.
- (2) Islam, Md. S., Nguyen, V. T., Kato, Y., Sakamoto, W. and Takagi, S. Regulation and significance of mitochondria-chloroplasts co-localization in *Arabidopsis thaliana*. Tokyo Tech-HHU Düseldorf Joint Symposium on Photosynthesis as a New Chemical Resource. Tokyo, Japan, March 4-5, 2015.
- (3) Sakamoto, W. Regulation of chloroplast DNA levels by organelle nuclease DPD1 affects leaf longevity. Invited Seminar. Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology, Golm, Germany, April 1, 2015.
- (4) Sakamoto, W. and Takami, T. Regulation of organelle DNA levels and gene expression by organelle nuclease DPD1. 9th International Conference for Plant Mitochondrial Biology. Wrocław, Poland, May 17-22, 2015.
- (5) Islam, Md. S., Nguyen, V. T., Kato, Y., Sakamoto, W. and Takagi, S. Involvement of phototropins and photosynthesis in the colocalization of mitochondria with chloroplasts in *Arabidopsis thaliana* mesophyll cells. International Symposium "Establishing Next-Generation Genetics". Nara, Japan, May 28-29, 2015.
- (6) Sakamoto, W. Versatile role of VIPP1 in protecting photosynthetic membranes in chloroplasts. 2nd FEBS workshop on Plant Organellar Signaling. Primošten, Croatia, September 16-20, 2015.
- (7) Sakamoto, W. Dissecting important QTL traits for molecular breeding in sorghum: a crop of African origin. JSPS-AASP Sponsored Workshop on Crop Stress Science and Innovation for Agriculture. Makerere University, Kampala, Uganda, October 15, 2015.
- (8) Sakamoto, W. Approaches to improve photosynthesis and chloroplast function for crop yield and stress resistance. Innovations for Harnessing Biotresources. Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology, Nairobi, Kenya, October 19, 2015.
- (9) Sakamoto, W. Regulation of chloroplast DNA levels and gene expression by organelle nuclease DPD1: influence on leaf longevity and photosynthesis. Yamada Conference International Symposium on Dynamics and Regulation of Photosynthesis. Nara, Japan, October 29-31, 2015.
- (10) Islam, Md. S., Nguyen, V. T., Kato, Y. and Takagi, S. Functions of phototropins and photosynthesis in the light induced mitochondria chloroplasts co-localization in *Arabidopsis thaliana*. 2nd East-Asia Microscopy Conference. Himeji, Japan, November 24-27, 2015.

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

- (1) Ikeda, Y., Becker, C., López-González, L., Pouch-Périssier, M., Pogorelcnik, R., Weigel, D. and Mathieu, O. Identification of *Arabidopsis KUMONOSU* gene involved in DNA methylation and heterochromatin-associated silencing. Establishing Next-Generation Genetics. Nara, Japan, May 28-29, 2015.
- (2) Ibarra, C., Hsieh, T. F., Schoft, V., Ikeda, Y., Rodrigues, J., Frost, J. M., Nakamura, M., Kinoshita, T., Tamaru, H., Zilberman, D. and Fischer, R. L. Regulation of Plant Reproduction by DNA Demethylation. Establishing Next-Generation Genetics. Nara, Japan, May 28-29, 2015.
- (3) Yin, Y., Adachi, Y., Nakamura, Y., Munemasa, S., Mori, I. and Murata, Y. Involvement of PYR/PYL/RCAR ABA Receptors and OST1 Kinase in MeJA Signaling in Guard Cells. Plant Biology 2015. Minneapolis, USA, July 26-30, 2015.
- (4) Takagi, H., Ishiga, Y., Egusa, M., Watanabe, S., Konishi, T., Akiyoshi, N., Matsuura, T., Mori, I., Hirayama, T., Shimada, H., Kaminaka, H. and Sakamoto, A. The purine metabolite allantoin can activate the MYC2-modulated JA-signaling pathway in an ABA-dependent manner. Plant Biology 2015. Minneapolis, USA, July 26-30, 2015.
- (5) Hirayama, T. Towards understanding plant stress responses and development of new strategies for crop design. Second Myanmar and Japan Symposium, Patheingyi, Myanmar, Dec. 5-6, 2015.

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., Sasaki, A., Ueno, D. and Wu, D. Molecular mechanisms of cadmium accumulation in cereal

-
- crops. 13th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements. Fukuoka, Japan, July 12-16, 2015.
- (2) Deng, F., Yamaki, T., Shomura, A., Ando, T., Fukuoka, S. and Ma, J. F. Detection of novel QTLs controlling Cd accumulation in rice. 13th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements. Fukuoka, Japan, July 12-16, 2015.
 - (3) Song, W-Y., Yamaki, T., Yamaji, N., Ko, D., Fujii, M., Jung, K-H., An, G., Martinoia, E., Ma, J. F. and Lee, Y. Strategy for developing rice with reduced As accumulation in grain. 13th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements. Fukuoka, Japan, July 12-16, 2015.
 - (4) Ueno, D., Takemoto, Y., Kotake, S., Yamaji, N., Ma, J. F., Kato, S. and Iwasaki, K. Vacuolar sequestration of Mn in leaf epidermis by OsMTP8 is required for Mn tolerance in rice. 13th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements. Fukuoka, Japan, July 12-16, 2015.
 - (5) Wang, S., Mitani-Ueno, N., Ma, J. F., Naito, S. and Takano, J. Phosphorylation-mediated polar localization of a boric acid channel is required for efficient uptake of boron in *Arabidopsis thaliana*. 13th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements. Fukuoka, Japan, July 12-16, 2015.
 - (6) Ma, J. F., Sasaki, A., Ueno, D. and Yamaji, N. Molecular mechanisms of cadmium accumulation in rice. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics. Wuhan, China, Sep. 21-24, 2015.
 - (7) Ogawa, D., Kim, J-M., Muramatsu, M., Kato, E., Ma, J. F., Kusano, M., Kaya, H., Miyao, M., Seki, M., Ogo, Y. and Habu, Y. Acetate functions as an effector to express the trait of drought tolerance. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics. Wuhan, China, Sep. 21-24, 2015.
 - (8) Ma, J. F., Yamaji, N., Sasaki, A., Mitani-Ueno, N. and Ueno, D. A co-operated transport system for mineral element uptake in rice roots. International Society of Root Research 9th Symposium. Canberra, Australia, Oct. 6-9, 2015.
 - (9) Ma, J. F., Sasaki, A., Ueno, D. and Yamaji, N. Transport and detoxification of manganese in rice. 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, Oct. 18-23, 2015.
 - (10) Yamaji, N., Kashino-Fujii, M., Yokosho, K. and Ma, J. F. Possibility of trade-off between acidic and alkaline soil adaptation in graminaceous plants. 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, Oct. 18-23, 2015.
 - (11) Takemoto, Y., Yamaji, N. and Ma, J. F. *OsSultr3;4* expressed at the node is involved in phosphorus distribution in rice. 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, Oct. 18-23, 2015.

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

- (1) Tsuchiya, Y., Kariya, K., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Transcriptomic analysis of aluminum-tolerant phenotype of a cultured cell line of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). The 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, October 18-23, 2015.
- (2) Yamamoto, Y., Sameeullah, M., Kariya, K., Tsuchiya, Y. and Sasaki, T. Mechanisms of aluminum toxicity and tolerance elucidated by use of cultured tobacco cell lines. The 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, October 18-23, 2015.
- (3) Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. An aluminum-induced cell death mechanism involving vacuolar processing enzyme in tobacco. The 9th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Dubrovnik, Croatia, October 18-23, 2015.

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

- (1) Kodama, A., Watanabe, T., Yamaguchi, M., Narita, R., Katsuhara, M., Sato, K., Ookawa, T. and Hirasawa, T. Varietal differences in root hydraulic conductivity and aquaporin gene expression under salt stress in barley seedlings. 9th Meeting of the International Society of Root Research Hotel Realm, Canberra, Australia, October 5-9, 2015.

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) Tani, A. Ecology and function of plant leaf-inhabiting *Methylobacterium* species. IPSR International Symposium and Symposium on Plant Stress Sciences. Okayama, Japan, March 3, 2015.
- (2) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. A new virus life style challenging the virus rules and concepts. 13th Spanish Virology Congress. Fábrica Nacional de Moneday Timbre - Real Casa de la

Moneda, Madrid, Spain, June 7-10, 2015.

- (3) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Intimate interactions between two fungal RNA viruses: A capsidless ssRNA virophage hosted by an unrelated novel dsRNA virus. 2015 APS (American Phytopathology Society) Annual Meeting. Pasadena Convention Center, Pasadena, CA, USA, August 1-5, 2015.
- (4) Suzuki, N. From virology to plant disease control. Workshop on Innovations for Harnessing Bio-resources. Venue: SCC100. JKUAT main campus, Nairobi, Kenya, October 19, 2015.

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

- (1) Sonoda, S. Spider mite control using phytoseiid mites reinforced by wild plants, IPSR International Symposium. Kurashiki, Japan, March 2-3, 2015.
- (2) Galis, I., Alamgir, K. M., Tanabe, K., Hojo, Y., Shinya, T. and Christeller, J. T. Emerging role of phenolamides as universal plant defense metabolites. The 31st annual meeting of the ISCE. Stockholm, Sweden, June 29 - July 3, 2015.
- (3) Shinya, T., Hojo, Y., Desaki, Y., Shibuya, N. and Galis, I. Isolation of novel plant-defense-inducing elicitors from rice herbivores. The 31st annual meeting of the ISCE. Stockholm, Sweden, June 29 - July 3, 2015.
- (4) Sobhy, I. S., Miyake, A. and Galis, I. The diurnal emission pattern of constitutive and induced rice volatiles. The 31st annual meeting of the ISCE. Stockholm, Sweden, June 29 - July 3, 2015.
- (5) Galis, I. Molecular mechanisms of rice defense against herbivores: Perception, hormonal signaling and metabolite. Workshop on Crop Stress Science and Innovation for Agriculture. Kampala, Uganda, October 15, 2015.
- (6) Galis, I. Molecular mechanisms of rice defense against herbivores: Perception, hormonal signaling and metabolite. Innovations for harnessing bio-resources. Nairobi, Kenya, October 19, 2015.

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. The backup copy of barley seed at the Svalbard Global Seed Vault. 7th Asian Network of Research Resource Centers meeting. Incheon, Republic of Korea, September 16-18, 2015.

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) Ohmido, N., Ueda, K., Fujii, K., Nagaki, K. and Murata, M. Chromosome instability in the resynthesized *Brassica napus*. The 5th Asian Chromosome Colloquium, Bangkok, Thailand, April 29-30, 2015.
- (2) Yamamoto, M., Nagaki, K., Murata, M. and Mukai, Y. Genome organization and chromosome dynamics in an *Allium* hybrid. The 5th Asian Chromosome Colloquium, Bangkok, Thailand, April 29-30, 2015.
- (3) Hoshino, A., Morita, Y., and Nagaki, K. An epigenetic mutation responsible for flower variegation in Japanese morning glory. International Symposium "Establishing Next-Generation Genetics", Nara, Japan, May 28-29, 2015.
- (4) Murai, K., Tanaka, M., Umekita, K., Kitagawa, S., Takumi, S., Nagaki, K. and Murata, M. Epigenetically regulated homoeologous copy-specific expression patterns of MADS-box genes for floral formation in allopolyploid wheat. Workshop on mechanisms controlling flower development, Girona, Spain, June 7-11, 2015.

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

- (1) Utsugi, S. Analysis of tonoplast intrinsic proteins. New horizons in genetics and education, International symposium. Osaka Kyoiku University, Kashiwara, Japan, March 7, 2015.
- (2) Ezaki, B., Utsumi, K., Inada, M. and Nanba, N. *AvSAMS1* gene of *Andropogon virginicus* L. is related to an epigenetic gene-regulation under Al stress and confers Al tolerance. VISCEAIII Austropa Interconvention (Plant Abiotic Stress Tolerance III), Viena, Austria, June 29- July 1, 2015.
- (3) Ezaki, B., Utsumi, K., Inada, M. and Nanba, N. Characterization of epigenetic gene-regulation through the *AvSAMS1* gene derived from a poaceae wild plant *Andropogon virginicus* L. in Al tolerance. Paris, France, July 5-9, 2015.

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. '*Heterosigma akashiwo*: its behavior as a bloom-forming algae in environment, and potential utilization as a bioreactor'. *invited by* Professor Hyeun-Jong Bae, Bioenergy Research Center, Chonnam National University, Gwanju, Korea, July 8, 2015.
- (2) Ueki, S. Behavior of a bloom-forming algae, *Heterosigma akashiwo*, in environment; possible implication of symbiont during bloom formation *in* mini-Symposia 'Experimental and theoretical approaches to micro-biospheres: the development of artificial ecosystems toward the understanding of real ecosystem', The 5th China-Japan-Korea Colloquium on Mathematical Biology and The Japanese Society for Mathematical Biology, Kyoto, Japan, August 26, 2015.

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・森満莉恵・坂本 亘：葉緑体プロテアーゼFtsHと共精製されたEngAの機能解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (2) 白上典彦・高橋俊一・室谷誠人・北岡拓也・西村浩二・木下俊則・伊東千賀子・村中厚子・高見常明・坂本 亘・渡邊俊・坂本 敦・島田裕士：CYO2によるルビスコの活性化解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (3) 高見常明・坂本 亘：オルガネラDNAを組織特異的に分解するDPD1ヌクレアーゼを欠損した*dpd1*変異体の光合成活性. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (4) 中村咲耶・泉 正範・石田宏幸・坂本 亘・日出間純：シロイヌナズナにおけるクロロファジーの誘導要因の解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (5) 森満莉恵・加藤裕介・坂本 亘：葉緑体FtsHの相互作用候補因子EngAを高発現するシロイヌナズナの解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (6) 松島 良・前川雅彦・坂本 亘：イネ胚乳の澱粉粒形成機構のシミュレーション解析. 第127回日本育種学会年会, 東京, 3月21-22日, 2015.
- (7) 松島 良：植物が澱粉粒の大きさを決定するしくみとその利用. 粉体工学会春期研究発表会, 東京, 5月19日, 2015.
- (8) 加藤裕介・小澤真一郎・高橋裕一郎・坂本 亘：光色の違いによるD1タンパク質分解過程の変化. 第6回日本光合成学会年会, 岡山, 5月22-23日, 2015.
- (9) 高見常明・坂本 亘：葉の老化過程において葉緑体DNA分解は光合成能低下に影響する. 第6回日本光合成学会年会, 岡山, 5月22-23日, 2015.
- (10) 西村健司・Giulia Friso・Klaas J. van Wijk.: A non-canonical pathway of substrate recombination and delivery involving a binary adaptor complex for Clp-driven proteolysis in Arabidopsis plastids. 第6回日本光合成学会年会, 岡山, 5月22-23日, 2015.
- (11) 堀川大輔・中原恭俊・白上典彦・高木 紘・高見常明・坂本 亘・坂本 敦・島田裕士：CYO1高発現によるStay green化とA-Ciカーブ上昇の解析. 第6回日本光合成学会年会, 岡山, 5月22-23日, 2015.
- (12) Fiona Wacera・小童谷利恵・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・大西紀和・岩田洋佳・堤 伸浩・坂本 亘：ソルガムRIL集団を用いたステイグリーン形質評価法の確立とQTLマッピング. 第128回日本育種学会秋季講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (13) 植村香織・森田重人・山本真紀・高見常明・坂本 亘・寺地 徹：葉緑体の遺伝子組換えタバコ作出の過程で得られた斑入り系統の解析III. マルチパーティット構造をとる葉緑体ゲノム. 第128回日本育種学会秋季講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (14) 及川和聡・真野昌二・近藤真紀・坂本 亘・三ツ井俊明・飯野敬矩・細川陽一郎・西村幹夫：形態変化を伴ったオルガネラ間相互作用の解析～オルガネラ間接着剤測定の試み～. 第79回日本植物学会年会, 新潟, 9月6-8日, 2015.
- (15) 高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・小童谷利恵・大西紀和・Fiona Wacera・岩田洋佳・坂本 亘・堤 伸浩：ソルガムRIL集団を用いた芒長に関するQTL解析. 第128回日本育種学会秋季講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (16) 坂本 亘：葉緑体ゲノムの組織特異的分解：なぜ葉緑体がDNAを維持するのか. 大阪大学理学研究科第310回生物科学セミナー, 大阪, 9月30日, 2015.
- (17) Fiona Wacera・小童谷利恵・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・大西紀和・岩田洋佳・草場 信・堤 伸浩・坂本 亘：ソルガムRIL集団の高密度マップを用いたステイグリーンQTLの解析. 第6回ソルガムワークショップ, 名古屋, 11月30日, 2015.
- (18) 大西紀和・坂本 亘：ソルガムのストレス耐性と光合成特性. 第6回ソルガムワークショップ, 名古屋, 11月30日, 2015.
- (19) 高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・小童谷利恵・大西紀和・Fiona Wacera・岩田洋佳・坂本 亘・堤 伸浩：ソルガムRIL集団を用いた芒長に関するQTL解析. 第6回ソルガムワークショップ, 名古屋, 11月30日, 2015.

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

- (1) 平山隆志：シロイヌナズナPARN変異株*ahg2*のミトコンドリアトランスクリプトーム解析. 第4回植物RNA研究者ネットワークシンポジウム, 京都, 1月19-20日, 2015.
- (2) Ikeda, Y.: Identification of a new heterochromatic silencing related factor in *Arabidopsis*. 岡山大学資源植物科学研究所 共同利用・共同研究拠点ワークショップ, 'Plant Epigenetics: From Emerging Phenomena to Novel Molecular Events', 倉敷, 1月31日, 2015.
- (3) Hirayama, T., Nakagawa, R., Yagi, Y., Ma, J. F., Nakamura, T. and Matsuura, T.: Isolation of interacting proteins for AHG2 or AGS1 that is involved in the regulation of poly(A) status of mitochondrial mRNA in plants. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (4) Ikeda, Y., López-González, L., Pouch-Pélissier, M.N., Bourguet, P., Pélissier, T., Pogorelcnik, R. and Mathieu, O.: *KUMONOSU* gene is involved in DNA methylation and heterochromatin-associated silencing. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (5) Mori, I., Murata Y., Munemasa, S. and Ye, W. X.: Ca²⁺ signaling in stomatal guard cells. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (6) Ye, W. X., Adachi, Y., Muroyama, D., Issak, M., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I. and Murata, Y.: A calcium-independent kinase, Open Stomata 1, is essential for yeast elicitor-induced stomata closure. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (7) 牧野宏美・前田祐華・上土井優貴・陶山明子・石田咲子・石崎公庸・西浜竜一・平山隆志・河内孝之・丸山明子：ゼニゴケEILがエチレンおよび硫黄栄養応答に果たす役割. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (8) 西村宜之・James Moresco・光田展隆・Patricia Tu・西村秀希・林 優紀・平山隆志・木下俊則・Julian I. Schroeder, John R. Yates, III・佐藤浩二：アブシジン酸シグナルで働くAHG1の相互作用因子の解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (9) 大塚蔵嵩・山本荷葉子・間宮章仁・斉藤真人・有田真規・玉置裕章・八木祐介・中村崇裕・野崎 守・佐藤 康・上田貴志・平山隆志・杉山宗隆：シロイヌナズナの側根帯化変異体の解析から見えてきたミトコンドリアmRNAのポリA依存的代謝と編集の機能的連関. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (10) 森 泉・カルロスアリアス・ソバハムハマド・中村宜督・平井儀彦・村田芳行：カドミウムによるイネ根のアポプラスチックバイパスフローの活性化. 日本農芸化学会2015年度大会, 岡山, 3月26-29日, 2015.
- (11) 三上浩司・森 泉・松浦恭和・池田陽子・平山隆志：海藻は未知の植物ホルモン情報伝達機構を持つ. 日本応用藻類学会第14回大会, 東京, 5月16日, 2015.
- (12) 森 泉・河西康宏・平松竜一：ピオーネ加温ハウス栽培におけるCO₂施肥の影響. 日本農芸化学会中四国支部第42回講演会, 鳥取, 6月13日, 2015.
- (13) 仙波貴雅・Rayhanur Jannat・森 泉・宗正晋太郎・中村宜督・村田芳行：孔辺細胞内の一酸化窒素レベルと活性酸素種レベルがアブシジン酸誘導気孔閉口に与える影響. 日本農芸化学会中四国支部第42回講演会, 鳥取, 6月13日, 2015.
- (14) 銀 叶・足立優司・宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行：ジャスモン酸メチル誘導気孔閉口におけるアブシジン酸受容体 (PYR/PYL/RCAR) の関与. 日本農芸化学会中四国支部第42回講演会, 鳥取, 6月13日, 2015.
- (15) 横井隆志・宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行：孔辺細胞におけるGSSGに対するGSH比のリアルタイム測定. 日本農芸化学会中四国支部第42回講演会, 鳥取, 6月13日, 2015.
- (16) 叶 文秀・大熊英治・宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行：アリルイソチオシアネートによる内向き整流性K⁺チャネルの抑制と光誘導気孔開口の阻害におけるCa²⁺非依存性信号伝達経路. 日本農芸化学会中四国支部第42回講演会, 鳥取, 6月13日, 2015.
- (17) Ikeda, Y.: Identification of a new heterochromatin related silencing factor in *Arabidopsis*, 国立遺伝学研究所 研究集会: A consortium of plant epigenetics in Japan-First Meeting, 三島, 7月29-30日, 2015.
- (18) 力石和英・松浦恭和・池田陽子・前川雅彦：オオムギ未熟胚由来カルスからの植物体再分化における光抑制は内生ABA含量の増加により引き起こされる. 日本育種学会第128回講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (19) 廣澤嘉洸・多田朱里・稲葉靖子・松浦恭和・森 泉・稲葉丈人；プラスチックシグナル誘発処理に対する植物ホルモン生合成経路の応答. 日本農芸化学会2015年度中四国・西日本支部合同大会, 愛媛, 9月17-18日, 2015.
- (20) 三上浩司・森 泉・池田陽子・松浦恭和・平山隆志：褐藻シオミドロ雄配偶体に優先的なサイトカイニンの蓄積. 平成27年度日本水産学会秋季大会, 仙台, 9月22-25日, 2015.
- (21) Ikeda, Y.: Analysis for the mechanism of heterochromatin-associated silencing in plants. 岡山大学Kenya Day 2015, 岡山, 10月9日, 2015.

-
- (22) 池田陽子：植物の色や形などを支配する動く遺伝子‘トランスポゾン’平成27年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座（倉敷市大学連携講座），倉敷，10月17日，2015.
 - (23) 池田陽子：環境によって変わる遺伝子のはたらき。平成27年度おかやまサイエンス・トーク，岡山県立倉敷中央高校，倉敷，10月26日，2015.
 - (24) 池田陽子・Olivier Mathieu：シロイヌナズナ*KUMONOSU*遺伝子はヘテロクロマチンサイレンシングに関与する。第38回日本分子生物学会年会ワークショップ「植物エピゲノム研究の最前線」，神戸，12月1-4日，2015.
 - (25) 間宮章仁・大塚蔵嵩・山本荷葉子・八木祐介・中村崇裕・野崎 守・佐藤 康・上田貴志・蜂谷卓士・野口 航・平山隆志・杉山宗隆：シロイヌナズナの側根原基形成における非対称細胞分裂の終結制御とミトコンドリア機能および温度との関係。第38回日本分子生物学会年会，神戸，12月1-4日，2015.

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., Lee, Y. and Ma, J. F.: Further characterization of OsABCC1 involved in As accumulation in rice. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (2) Wu, D., Yamaji, N., Yamane, M., Kashino, M., Sato, K. and Ma, J. F.: Cadmium uptake is mediated by a manganese transporter, HvNramp5 in barley. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (3) Chen, Z., Yamaji, N. and Ma, J. F.: Functional characterization of a cation transporter required for root growth in rice. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (4) 佐々木明正・柏野美帆・山地直樹・馬 建鋒：亜鉛欠乏時に根で高発現するイネOsZIP9の機能解析。第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (5) 竹本侑馬・山地直樹・馬 建鋒：イネのリン分配に関与する輸送体OsSultr3;4の機能解析。第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (6) Iwamoto, A., Umemura, C., Ohbayashi, I. and Ma, J. F.: Kinematic analysis and mathematical modeling of the effects of aluminum on root growth in *Arabidopsis*. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (7) Toda, Y., Wang, Y., Takahashi, A., Yamaji, N., Ma, J. F., Ashikari, M. and Kinoshita, T.: Functional characterization of plasma membrane H⁺-ATPase of rice. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (8) Miyaji, T., Kuromori, T., Takeuchi, Y., Yamaji, N., Yokosho, K., Shimazawa, A., Sugimoto, E., Omote, H., Ma, J. F., Shinozaki, K. and Moriyama, Y.: AtPHT4;4 is a chloroplast-localized ascorbate transporter in *Arabidopsis*. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (9) Hirayama, T., Nakagawa, R., Yagi, Y., Ma, J. F., Nakamura, T. and Matsuura, T.: Isolation of interacting proteins for AHG2 or AGS1 that is involved in the regulation of poly(A) status of mitochondrial mRNA in plants. 第56回日本植物生理学会年会，東京，3月16-18日，2015.
- (10) 馬 建鋒：あなたの健康にかかわる植物ミネラル輸送。第41回農芸化学「化学と生物」シンポジウム，「生き物の仕組みを化学する楽しさ」，岡山，3月26日，2015.
- (11) 馬 建鋒：植物のミネラル輸送とヒト健康への影響。第26回日本微量元素学会，札幌，7月4-5日，2015. (学術集会プログラム・抄録集，Vol.26, No.2, p.64)
- (12) Ma, J. F.: Improvement of crop productivity and quality through manipulating transporters. 第33回日本植物細胞分子生物学会シンポジウム，「成長突破力ーラボからフィールドへー」，東京，8月10-12日，2015.
- (13) 馬 建鋒・山地直樹・山本智央：ヒ素輸送体遺伝子OsABCC1の発現量の品種間差解析。日本土壌肥料学会年会，京都，9月9-11日，2015.
- (14) 山地直樹・櫻井 玄・三谷奈見季・馬 建鋒：イネ節におけるケイ酸分配機構の統合解析。日本土壌肥料学会年会，京都，9月9-11日，2015.
- (15) 横正健剛・雷 貴傑・山地直樹・馬 建鋒：アルミニウム処理下のソバの細胞膜と液胞膜のプロテオーム解析。日本土壌肥料学会年会，京都，9月9-11日，2015.
- (16) 竹本侑馬・山地直樹・馬 建鋒：イネ節で高発現する輸送体遺伝子OsSultr3;4の機能解析。日本土壌肥料学会年会，京都，9月9-11日，2015.
- (17) 車 景・山地直樹・馬 建鋒：Functional characterization of an Al-inducible expansin gene, OsEXPA10 in rice. 日本土壌肥料学会年会，京都，9月9-11日，2015.

-
- (18) 雷 貴傑・横正健剛・山地直樹・柏野美帆・馬 建鋒：Characterization of two Al-induced half-size ABC transporters, FeALS1 with different size in buckwheat. 日本土壤肥料学会年会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (19) 馬 建鋒：イネにおけるヒ素集積機構. ヒ素シンポジウム, 徳島, 11月14-15日, 2015.

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

- (1) 土屋善幸・苅谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子：アルミニウム耐性タバコ培養細胞株と野生株に発現する遺伝子群の比較解析. 日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (2) 苅谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子：タバコの培養細胞ならびに根におけるアルミニウムによる細胞死に伴うVPE遺伝子の発現誘導. 日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (3) Hamatani, A., Asakura, C., Mizukami, Y., Yomogihara, S., Shiina T. and Yamamoto, Y.: Identification of mitochondrial calcium transporter MCU and its regulator MICU1 in *Arabidopsis thaliana*. 日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (4) 艾原佐紀・原田尚実・市川美恵・山本洋子・椎名 隆：ミトコンドリア機械受容チャネルMSL1の機能解析. 日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (5) Takanashi, K., Sasaki, T., Kan, T., Saida, Y., Sugiyama, A., Yamamoto, Y. and Yazaki, K.: Involvement of ALMTs in dicarboxylate transport in nodules of *Lotus japonicus*. 日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (6) 土屋善幸・苅谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子：アルミニウム耐性タバコ培養細胞における高発現遺伝子群の解析. 日本土壤肥料学会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (7) 苅谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子：タバコの根においてスクロース輸送体遺伝子 (*NiSUT1*) のアルミニウム応答への関わり. 日本土壤肥料学会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (8) 佐々木孝行・土屋善幸・有吉美智代・東泉恵美・山本洋子：植物特異的リンゴ酸輸送体ALMTの機能多様性の解析. 日本土壤肥料学会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (9) 花房直志・永松知洋・作埜秀一・山下純・榎本 敬・山本洋子・小野俊朗：福島汚染農地から採取した雑草類の放射線画像解析. 日本放射線安全管理学会第14回学術大会, つくば, 12月2-4日, 2015.

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：塩ストレスに対するイネ根水透過 (*Lpr*) の品種間比較. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-19日, 2015.
- (2) 柴坂三根夫・中原由揮・且原真木：アクアポリンの水輸送活性とオオムギ根の水透過性の水銀感受性. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-19日, 2015.
- (3) 奥村綾子・且原真木・奈良久美：シロイヌナズナ概日時計変異体を用いた根の水透過性とアクアポリンPIP2sのリン酸化の解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-19日, 2015.
- (4) 中原由揮・柴坂三根夫・且原真木：酵母を用いたCO₂輸送体スクリーニング法の開発. 日本農芸化学会2015年度岡山大会, 岡山, 3月26-29日, 2015.
- (5) 山内 聡・中原由揮・且原真木・柴坂三根夫・小栗 秀・坂本 光：塩生植物アッケシソウの持つ酸化ストレス耐性関連遺伝子のスクリーニング. 第33回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム, 東京, 8月10-12日, 2015.
- (6) 開沼健太・中原由揮・且原真木・柴坂三根夫・小栗 秀・坂本 光：アッケシソウペプチドSeNN43の植物耐塩性に及ぼす影響. 第33回日本植物細胞分子生物学会大会・シンポジウム, 東京, 8月10-12日, 2015.
- (7) 且原真木・石塚 諒・中原由揮：イネ原形質膜型アクアポリン発現と根水透過性の制御. 日本植物学会第79回大会, 新潟, 9月6-8日, 2015.
- (8) 且原真木：オオムギ原形質膜型アクアポリンPIP2サブファミリー5分子種の根における発現と輸送基質のプロファイル. 第43回根研究集会・特別シンポジウム, 神奈川, 9月30日-10月1日, 2015.
- (9) 中原由揮・柴坂三根夫・且原真木：塩ストレス初期におけるイネ根水透過性 (*Lpr*) の品種間比較. 第43回根研究集会・特別シンポジウム, 神奈川, 9月30日-10月1日, 2015.
- (10) 且原真木・中原由揮：酵母を用いた植物アクアポリンの輸送基質特性の解析. 第33回イーストワークショップ, 岡山, 11月13-14日, 2015.
- (11) 中原由揮・柴坂三根夫・且原真木：出芽酵母を用いたCO₂輸送体スクリーニング法の開発. 第33回イーストワークショップ, 岡山, 11月13-14日, 2015.

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) 日比野歩美・海老原章郎・谷 明生・三井亮司・早川享志・中川智行：*Methylobacterium extorquens* AM1のメタノール脱水素酵素XoxF1の熱安定性は補因子であるレアアースの種類に依存する。日本農芸化学会2015年度大会，岡山，3月26-20日，2015。
- (2) Md. Alamgir, K., Masuda, S., Tani, A.: Production of ergothioneine by methylotrophic bacteria, *Methylobacterium* species. 日本農芸化学会2015年度大会，岡山，3月26-20日，2015。
- (3) 千葉壮太郎・林 諭昕・近藤秀樹・兼松聡子・鈴木信弘：RNAサイレンシングとDI-RNAによるパルティティウイルスRnPV6病原性・複製への影響。平成27年度日本植物病理学会大会，明治大学リバティタワー，東京，3月29-31日，2015。
- (4) 近藤秀樹・久野 昌・林 諭昕・千葉壮太郎・鈴木信弘：Deep sequencing解析により明らかになった*Botrytis tulipae*の9種ウイルスによる混合感染。平成27年度日本植物病理学会大会，明治大学リバティタワー，東京，3月 29-31日，2015。
- (5) 兵頭 究：植物RNAウイルスの複製に関わる宿主因子。第37回岡山病理セミナー，岡山，5月16日，2015。
- (6) 南澤 究・関 謙二郎・包 智華・菅原雅之・篠田 亮・谷 明生・増田幸子・三井亮司：軽希土類元素と細菌C1代謝：*Bradyrhizobium*属細菌のメタノールデヒドロゲナーゼ。日本地球惑星科学連合2015年大会，千葉，5月26日，2015。
- (7) Zhang, R.: A new virus life style challenging the virus rules and concepts. 岡山大学自然科学研究科・環境生命科学科 高大連携・一般公開 第10回「高校生・大学院生による研究紹介と交流会」，岡山大学50周年記念館，岡山，7月31日，2015。
- (8) 近藤秀樹・千葉壮太郎・鈴木信弘：宿主ゲノム上に存在する RNA ウイルス感染記録を紐解く。平成27年度植物感染生理談話会，愛媛，8月24-26日，2015。
- (9) Andika, I.B., Maruyama, K., Sun, L., Kondo, H., Tamada, T. and Suzuki, N.: RNA silencing-mediated strong inhibition of potato virus X replication in roots. 50th PSJ Plant-Microbe Interactions Symposium, August 24-26, 2015, Matsuyama.
- (10) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. : A new virus life style challenging the virus rules and concepts. 50th PSJ Plant-Microbe Interactions Symposium, August 24-26, 2015, Matsuyama.
- (11) 佐藤真之・小松あき子・下田隆史・近藤秀樹・鈴木信弘・西堀耕三・藤森文啓：マイタケ内在マイコウイルスが宿主の形質に及ぼす影響の解析。日本キノコ学会第19回大会，つくば国際会議場，茨城，9月5-6日，2015。
- (12) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. : A new virus life style observed in a phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. 平成27年度日本植物病理学会関西西部会，徳島市あわぎんホール，徳島，9月29-30日，2015。
- (13) 谷 明生：*Methylobacterium*属細菌と植物の共生相互作用。第6回NAMEフォーラム，愛媛，10月24日，2015。
- (14) 一小路貴士・峰松由季・中川智行・谷 明生・田中三男・三井亮司：*Methylobacterium extorquens* AM1のメタノールデヒドロゲナーゼアイソザイムが植物共生に果たす役割。第67回日本生物工学会，鹿児島，10月26-28日，2015。
- (15) Md Alamgir, K.・増田幸子・谷 明生：*Methylobacterium*属細菌によるエルゴチオネインの生産。第67回日本生物工学会，鹿児島，10月26-28日，2015。
- (16) Chiba, S. and Suzuki, N.: Highly activated RNA silencing via strong induction of dicer by one virus can interfere with the replication of an unrelated virus. The 63rd Annual Meeting of the Japanese Society of Virology, Fukuoka Convention Conference Center, November 22-24, 2015, Fukuoka.
- (17) Zhang, R., Hisano, S., Tani, A., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N.: A new virus life style challenging the virus rules and concepts. 63rd Annual Meeting of the Japanese Society for Virology. Fukuoka International Congress Center, November 22-24, 2015, Fukuoka.
- (18) 千葉壮太郎・鈴木信弘：ダイサー遺伝子の発現誘導で活性化されたRNAサイレンシングによる別種ウイルス間の干渉効果。第38回日本分子生物学会年会，神戸ポートアイランド，兵庫，12月1-4日，2015。
- (19) 小松あき子・佐藤真之・角真理子・下田隆史・近藤秀樹・鈴木信弘・西堀耕三・藤森文啓：マイタケから見出されたマイコウイルスの性状解析。第38回日本分子生物学会年会，神戸ポートアイランド，兵庫，12月1-4日，2015。
- (20) Faruk, Md. I.: Soil-borne diseases in Bangladesh and their management. The 38th Okayama Regional Phytopathology Meeting, December 12, 2015, Okayama.

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

- (1) 新屋友規・北條優子・Alamgir, K. M.・出崎能丈・渋谷直人・Galís, I.: イネを食害する植食性昆虫の新規エリシター活性成分の解析. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (2) Tanabe, K., Hojo, Y., Alamgir, K.M., Shinya, T. and Galís, I.: Development of rice protection strategies based on the natural defense mechanisms against herbivores. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (3) Sobhy, I. S., Miyake, A. and Galís, I.: Characterization of herbivore-induced rice volatiles under real and mimic herbivory. 第56回日本植物生理学会年会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (4) Wari, D. and Sonoda, S.: Validation of prey preference of phytoseiid mite and their dispersal from groundcover to tree leaves. 第59回日本応用動物昆虫学会大会, 山形, 3月26日-28日, 2015.
- (5) 園田昌司・デヴィッド ワリ: カブリダニによるハダニ管理に有用な下草の選抜と効果の確認-岡山県倉敷市のモモ圃場における試み-. 第59回日本応用動物昆虫学会大会, 山形, 3月26-28日, 2015.
- (6) 園田昌司: 近年問題となっている殺虫剤抵抗性のメカニズムについて. 第20回農林害虫防除研究会大分大会 (招待講演), 大分, 7月21日, 2015.
- (7) 舟山 健・園田昌司: リンゴ葉でカブリダニは何を食べているのか. 第20回農林害虫防除研究会, 大分, 7月22日, 2015.
- (8) 茂手木敦史・河村奈央子・宮本皓司・山根久和・小澤理香・高林純示・Ivan Galís・新屋友規・野尻秀昭・岡田憲典: イネのジャスモン酸応答性転写因子RERJ1は虫害誘導性の揮発性物質リナロールの生産を制御する. 日本農芸化学会 関東支部2015年度支部大会, 東京, 9月26日, 2015.
- (9) 園田昌司・山下 純・Wari, D.: カブリダニ温存植物ヤイトバナの選抜と評価. 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27年度合同例会, 広島, 10月2日, 2015.
- (10) 園田昌司: 薬剤抵抗性微小害虫の遺伝子レベルでの検出技術の現状とモニタリング手法としての提案. 平成27年度事業化を加速する産学連携支援事業事業化可能性調査, 「微小害虫薬剤感受性検定キットの開発」に関するワークショップ (招待講演), 徳島, 10月16日, 2015.
- (11) Saito, A., Inuma, C., Ohnuma, T., Shinya, T., Kimura, Y., Aoki, Y., Feng, L., Desaki, Y., Shibuya, N., Fukamizo, T., Ando, A., Fujii, T. and Miyashita, K.: Uptake of a chitin-degradation product via the constitutive *N*-acetylglucosamine/*N,N'*-diacetylchitobiose binding protein NgcESCO of an ABC transporter in *Streptomyces coelicolor* A3(2). 日本微生物生態学会第30回大会, 土浦, 10月17-20日, 2015.
- (12) 茂手木敦史・河村奈央子・宮本皓司・山根久和・小澤理香・高林純示・Ivan Galís・新屋友規・野尻秀昭・岡田憲典: ジャスモン酸応答性転写因子RERJ1はイネの虫害抵抗性において揮発性物質の生産を制御する. 植物化学調節学会第50回大会, 東京, 10月23-25日, 2015.
- (13) 相澤美里・渡邊丈夫・熊野明美・渡辺二郎・武部新平・園田昌司: イチゴ産地におけるミカンキイロアザミウマとヒラズハナアザミウマの発生と薬剤感受性について. 第60回四国植物防疫研究協議会大会, 高知, 11月18-19日, 2015.
- (14) 園田昌司: モモ圃場におけるカブリダニの種構成とハダニ密度について. 平成27年度栃木県病害虫研究会, 宇都宮, 12月11日, 2015.

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) 中村信吾・Pourkheirandish Mohammad・森重弘美・久保佑太・中村雅子・市村和也・瀬尾茂美・金森裕之・呉 健忠・安藤 露・H, Goetz・S, Mohammad・S, Nils・佐藤和広・松本 隆・矢野昌裕・小松田隆夫: マップベースクローニングによるオオムギ種子休眠 QTL *SD2* の原因遺伝子の単離. 日本育種学会講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (2) 佐藤和広・元井由加: RNA-Seq 解析により開発したオオムギ育種用マーカー候補. 日本育種学会講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (3) 久野 裕・山根美樹・山地奈美・佐藤和広: 塩ストレス誘導遺伝子を過剰発現したオオムギ形質転換体の作出. 日本育種学会講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (4) 伊藤大樹・最相大輔・本庄三恵・八杉公基・永野 惇・高萩航太郎・持田恵一・佐藤和広: オオムギ発芽時耐塩性の QTL 解析. 日本育種学会講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (5) 高松清史・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄: 二倍体野生コムギ2種の種間交雑により生じる異常種子の RNA-seq 解析. 日本育種学会講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.

- (6) 合田 喬・寺村 浩・末廣美紀・高山隆一・最相大輔・山本 洋・金丸研吾・川口秀夫・荻野千秋・近藤昭彦・山崎将紀：バイオリファイナリー利用に向けた稲わらの多様性. 日本育種学会第127回講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (7) 前田道弘・岡田聡史・合田 喬・佐々木 萌・末廣美紀・横山若菜・高山隆一・最相大輔・山本 洋・堀 清純・Garcia Arturo・土井一行・山崎将紀：「コシヒカリ」と「ヒヨクモチ」との交雑に由来するイネ組換え自殖系統群における出穂期および農業形質のQTL解析. 日本育種学会第127回講演会, 町田, 3月21-22日, 2015.
- (8) Tagle, A.G., Hyon, G.-S., Yamaji, N., Hisano, H., Sato, K., Chuma, I. and Tosa, Y.: Fine-mapping of Rmo2, a resistance locus in barley against the blast fungus. 日本植物病理学会大会, 明治大学, 東京, 3月30日, 2015.
- (9) 佐藤和広：オオムギ種子休眠性Qsd1の同定と解析. 穂発芽研究会, 帯広畜産大学, 6月25日, 2015.
- (10) 最相大輔：オオムギ発芽時耐塩性の種内変異とその遺伝基盤. 鳥取大学乾燥地研究センター 研究集会, 鳥取, 9月1-2日, 2015.
- (11) 久野 裕・元井由加・佐藤和広：オオムギの形質転換に必要なゲノム領域の同定. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (12) 宅見薫雄・Iehisa Cesar Masaru Juli・岡田萌子・佐藤和広：タルホコムギの葉と幼穂の RNA-seq データに基づく選択的スプライシング産物の検出. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (13) 西嶋 遼・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄：タルホコムギ 10 系統の幼苗葉の RNA-seq データからのSNPの検出. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (14) 佐藤 和広・田中 剛・重信秀治・元井由加・呉 健忠・伊藤 剛：はるな二条のゲノム配列によるオオムギ遺伝子情報の高度化. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (15) 坂本和貴・久野 裕・元井由加・佐藤和広：Exome-capture を用いたオオムギ黒穎遺伝子のマッピング. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (16) 田中 剛・岡田香織・加藤常夫・生井 潔・佐藤和広・松本 隆・小田俊介・矢野昌裕：オオムギ RNA-Seqに基づく多型検出とマーカー作成. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (17) 水野信之・佐藤和広・那須田周平：RNA-seq 解析による6倍体コムギの同祖遺伝子間の発現パターン比較. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (18) 合田 喬・寺村 浩・末廣美紀・金丸研吾・堀 清純・前田道弘・高山隆一・最相大輔・山本 洋・小野木章雄・岩田洋佳・川口秀夫・荻野千秋・近藤昭彦・山崎将紀：稲わらのバイオリファイナリー関連形質における遺伝解析. 日本育種学会講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (19) 坂本和貴・久野 裕・元井由加・高木宏樹・寺内良平・佐藤和広：QTL-seqを用いたオオムギ黒穎遺伝子座のマッピング. 麦類研究会, 伊勢, 12月11-12日, 2015.
- (20) 松本紗都子・久野 裕・木原 誠・周天甦・佐藤和広：オオムギアルファアミラーゼのゲノムワイド関連解析 (予報). 麦類研究会, 伊勢, 12月11-12日, 2015.
- (21) 佐藤和広：NBRPオオムギのリソースとその利活用. 麦類研究会, 伊勢, 12月11-12日, 2015.
- (22) 佐藤和広：RNA-Seq解析によるオオムギ品種間SNPsとマーカー開発. 麦類研究会, 伊勢, 12月11-12日, 2015.
- (23) 久野 裕：植物ゲノム編集の現状とオオムギの形質転換. 麦類研究会, 伊勢, 12月11-12日, 2015.
- (24) 坂本和貴・久野 裕・佐藤和広：オオムギ網斑病抵抗性遺伝子のマッピング. 日本育種学会中国地区談話会, 岡山, 12月19-20日, 2015.
- (25) 松本紗都子・久野 裕・木原 誠・周天甦・佐藤和広：オオムギアルファアミラーゼの品種変異と関連解析. 日本育種学会中国地区談話会, 岡山, 12月19-20日, 2015.
- (26) 佐藤和広：中国西省チベット高原におけるムギ類遺伝資源の収集. 日本育種学会中国地区談話会, 岡山, 12月19-20日, 2015.

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

- (1) 武田 真・菊池優一：オオムギ4H染色体長腕端部に座乗する劣性春播性遺伝子の効果と標識遺伝子との位置関係. 日本育種学会第127回講演会, 玉川大学, 東京, 3月21日, 2015. 育種学研究17 (別1) p. 90.
- (2) 武田 真：はだか麦の遺伝学. 日本作物学会四国支部・日本育種学会四国談話会 公開シンポジウム「伊予はだか麦の未来を考える」, 愛媛大学, 11月26日, 2015.
- (3) 武田 真：オオムギの穂先の針状突起 (“芒” ぼう) の長さを決める遺伝子の特定と解析. 日本育種学会四国談話会, 愛媛, 11月27日, 2015.

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

- (1) 秦大二郎・東 広之・Valentin Yakubov・Vyacheslav Barkalov・池田 啓・瀬戸口浩彰：エゾツツジ *Therorhodion camtschaticum* の系統地理と北太平洋地域における分布形成の歴史. 日本植物分類学会第14回大会, 福島, 3月5-9日, 2015.
- (2) 小川真実・田中 薫・上中谷瞳・山下 純・Pamela Gan・白須 賢・多賀正節・久保康之： *Colletotrichum orbiculare* species complex に属する炭疽病菌の細胞学的核型解析と宿主特異性の検討. 日本植物病理学会研究集会2015, 東京, 3月28-31日, 2015.
- (3) 若井ニッターヤ・前田守弘・山下 純・榎本 敬：Effects of soil properties on soil-to-weed transfer factors of ¹³⁷Cs in agricultural soil affected by the Fukushima 1 nuclear power plant accident. 日本土壤肥料学会2015年度大会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (4) 山下 純：福島県の放射能汚染農地に生育する野生植物の放射性セシウム濃度. 第32回資源植物科学シンポジウム：東日本大震災被災農地の営農再開に向けて, 岡山, 12月17日, 2015.

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) 梅北耕典・成田華乃・長岐清孝・村田 稔・村井耕二：花成遅延を誘発する細胞質置換コムキ系統におけるVRN1遺伝子のヒストンのメチル化解析. 日本育種学会第128回大会, 新潟市, 9月11-12日, 2015.
- (2) 長岐清孝・山地直樹・田中啓介・小林久人・村田 稔：Analysis of epigenetic marks on plant chromosomes -from micro to macro-. 日本遺伝学会第87回大会, 仙台市, 9月24-26日, 2015.
- (3) 村田 稔・金谷麻加・柏原壺成・長岐清孝：イネにおける人工環状染色体作出の試み. 日本遺伝学会第87回大会, 仙台市, 9月24-26日, 2015.
- (4) 梅北耕典・成田華乃・長岐清孝・村田 稔・村井耕二：花成遅延を誘発する細胞質置換コムギ系統におけるVRN1遺伝子のヒストンのメチル化解析. 第8回北陸バイオシンポジウム, 野々市, 10月30-31日, 2015.

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

- (1) Tsugane, M., Inoue, C., Tsugane, K., Terauchi, R., Nagasawa, N., Maekawa, M. and Ito, M.: Comprehensive analysis of genes affecting cellular DNA ploidy in rice. 第56回日本植物生理学会, 東京, 3月16-18日, 2015.
- (2) Gichuhi Emily W.・前川雅彦・Murage Hunja・Ahmed Nisar・伏見栄利奈・斉藤大樹・奥本 裕：Agronomic characteristics of early heading mutant of Kernel Basmati of rice. 日本育種学会第127回講演会, 東京, 3月21-22日, 2015.
- (3) 田中小百合・木原 誠・杉本 学：オオムギ由来酸化ヌクレオチド加水分解Nudix hydrolase(HvNUDX12)の構造と機能解析. 日本農芸化学会2015年度大会, 岡山, 3月27-29日, 2015.
- (4) 江崎 文一・南葉典恵・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な遺伝子発現制御について. 日本土壤肥料学会年会, 京都, 9月9-11日, 2015.
- (5) 榎根一夫・榎根美佳・前川雅彦：トランスポゾンDart1のmiR156d 遺伝子への挿入によって生じた優性変異の解析. 日本育種学会第128回講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (6) 力石和英・松浦恭和・池田陽子・前川雅彦：オオムギ未熟胚由来カルスからの植物体再分化における光抑制は内生ABA含量の増加により引き起こされる. 日本育種学会第128回講演会, 新潟, 9月11-12日, 2015.
- (7) 田中基博・Iamshchikov, I.・Sabirov, R.・Oleg, G.・杉本 学：紫外線で誘導されるミナトカモジグサ由来Nudix hydrolase遺伝子. 日本宇宙生物科学会第29回大会, 東京, 9月26-27日, 2015.

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

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

- (1) 植木尚子：大型二本鎖DNAウイルス：多因子・多層制御による宿主感染機序の理解を目指して. 第6回科研費新学術領域『ウイルス感染現象における宿主細胞コンピテンシーの分子基盤』領域会議, 湯河原, 5月26日, 2015.
- (2) 植木尚子：赤潮原因藻ヘテロシグマの環境における挙動とその決定要因について. 第4回エコメテイクス研究会, 京都, 8月25日, 2015.
- (3) 植木尚子：ウイルス・宿主共存機構：宿主個体群構造ダイナミクスの生理生態学的・数理学的解析. ゲノム支援拡大班会議, 京都, 8月28日, 2015.

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)

Workshop supported by Joint Usage/Research Center
— Plant Epigenetics: From Emerging Phenomena to Novel Molecular Events —

January 31st, 2015

Kurashiki Geibunkan 202 room,

Organizers: Yoko Ikeda (IPSR, Okayama University), Diana Buzas (Yokohama City University)

Session 1

1. Genetic and epigenetic approaches for identification of molecular mechanism of heterosis in Brassica
R. Fujimoto (Kobe University)
2. Analysis of global gene expression changes in two Arabidopsis accessions and their reciprocal hybrids
H. Shiba (Tsukuba University)

Session 2

3. Bidirectional interactions between the histone H3K9 demethylase IBM1 (INCREASE IN BONSAI METHYLATION 1) and transcription
A. Hosaka (The Graduate University for Advanced Studies)
4. Epigenetic role for the conserved Fe-S cluster biogenesis protein AtDre2 in Arabidopsis thaliana
D. Buzas (Yokohama City University)
5. Small RNA accumulation and DNA methylation in tandem repeats
T. Sasaki (RIKEN)

Session 3

6. Genome-wide negative feedback drives transgenerational DNA methylation dynamics in Arabidopsis
T. Ito (National Institute of Genetics)
7. Identification of a new heterochromatic silencing related factor in Arabidopsis
Y. Ikeda (IPSR, Okayama University)
8. DNA methylation in gene silencing and cell reprogramming
T. Nishimura (Nagaoka University of Technology)

31th IPSR International Symposium and 7th Symposium on Plant Stress
Sciences

March 2-3, 2015

Kurashiki Geibunkan

Organizers: Jian Feng Ma, Nobuhiro Suzuki, Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

March 2

1. Effects of elevated air CO₂ on leaf photosynthesis
(個葉光合成に及ぼす大気CO₂濃度の影響)
I. Terashima (The University of Tokyo)
2. Perception of root-derived peptides by shoot LRR-RKs mediates systemic N-demand signaling
(変動する窒素環境に応じて硝酸取り込みをシステム的に制御するペプチドホルモン)
Y. Matsubayashi (Nagoya University)
3. Molecular regulatory mechanisms of phosphate starvation response in rice
C. Mao (Zhejiang University)
4. Aluminum toxicity and tolerance mechanisms elucidated by using cultured-cell and whole plant systems
(培養細胞と植物体を用いたアルミニウム毒性と耐性機構の解析)
Y. Yamamoto (IPSR, Okayama University)

5. Challenges to mitigate sustainability hurdles with biotech plants

(バイオテク植物による持続性にかかわる障害の緩和への挑戦)

K. Watanabe (Tsukuba University)

6. Arid Land Research Center and its water stress studies

(乾燥地研究センターとその水ストレス研究の紹介)

A. Tsunekawa (Tottori University)

7. Plant enzyme farming and autohydrolysis

H.J. Bae (Chonnam National University, South Korea)

March 3

8. Spider mite control using phytoselid mites reinforced by wild plants

(野生植物を用いた土着天敵カブリダニの機能強化によるハダニ管理)

S. Sonoda (IPSR, Okayama University)

9. Ecology and function of plant leaf-inhabiting *Methylobacterium* species

(植物葉面に生育する*Methylobacterium*属細菌の生態と機能)

A. Tani (IPSR, Okayama University)

10. Clean biochemical approach reveals physiological function of plant transporter

(クリーンバイオケミカル手法による植物トランスポーターの研究展開)

11. Chloroplast protein maturation and proteolysis

K. van Wijk (Cornell University)

新学術領域シンポジウム 植物環境突破力ー新たなる研究の発展に向けてー

日程：平成27年3月13日

場所：東京大学伊藤国際学術研究センター

オーガナイザー：馬 建鋒（岡山大学資源植物科学研究所）

第一部 環境と植物の生存

1. 酸性土壌を突破する植物の戦略

馬 建鋒（岡山大学資源植物科学研究所）

2. シロイヌナズナにおける光周性花成の分子機構

今泉 貴登（Department of Biology, University of Washington）

3. 環境シグナルに対する気孔開閉制御の分子機構

木下 俊則（名古屋大学トランスフォーメティブ生命分子研究所）

4. 植物の環境ストレス応答と成長制御の分子機構

篠崎 和子（東京大学大学院農学生命科学研究科）

第二部 環境と植物の成長

5. 非モデル生物の生態ゲノミクス：自然変動環境下の熱帯樹木と異質倍数体を例に

清水 健太郎（Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, University of Zurich）

6. ストリゴラクトンが伝える情報、その伝え方

経塚 淳子（東京大学大学院農学生命科学研究科）

7. エチレンージベレリンリレーを介したイネ節間伸長の分子メカニズム

芦刈 基行（名古屋大学生物機能開発利用研究センター）

8. 花芽発生におけるリン脂質の機能

中村 友輝（Institute of Plant and Microbial Biology, Academia Sinica, Taiwan）

第三部 環境と植物の適応

9. 植物の内外環境のインターフェースである気孔の発生とパターン形成

鳥居 啓子（Department of Biology, University of Washington）

-
10. 植物の巧みなデンプンマネジメントにおける概日時計の役割
佐竹 暁子 (北海道大学大学院地球環境科学研究院)

パネルディスカッション： 研究の国際化と植物科学の発展

第13回植物生体膜シンポジウム 「植物生理学における膜輸送研究」

日程：平成27年3月15日

場所：東京農業大学

オーガナイザー：村田芳行 (岡山大学)・森 泉 (岡山大・植物研)・木下俊則 (名古屋大学)

1. 気孔シグナル分子としてのcGMP類縁体
岩井 純夫 (鹿児島大学)
2. 気孔の青色光による開口機構の研究
島崎 研一郎 (九州大学)
3. モデル植物としてのシャジクソウ類 –オオシャジクモをもちいた傷害応答の電気生理学的解析–
新免 輝男 (兵庫県立大学)

13th Plant Membrane Symposium

March 15, 2015

Tokyo University of Agriculture

Organizers: Yoshiyuki Murata (Okayama University), Izumi Mori (IPSR, Okayama University),
Toshinori Kinoshita (Nagoya University)

1. cGMP-derivatives as stomatal signal molecule
Sumio Iwai (Kagoshima University)
2. Studies on blue light-induced stomatal opening mechanism
Ken-ichiro Shimazaki (Kyushu University)
3. Charophyte as a model plant–electrophysiological analysis of injury response using *Chara corallina*
Teruo Shinmen (University of Hyogo)

第56回日本植物生理学会年会 サテライトミーティング 第17回植物オルガネラワークショップ –オルガネラ機能の最適化メカニズム–

日程：平成27年3月15日

場所：東京大学

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)・小林康一 (東京大学)・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)

セッション1：光合成機能のダイナミクス

1. ウミウシにおける外来葉緑体のPSII活性維持機構
前田太郎 (基礎生物学研究所・生物機能解析センター)
2. 緑藻におけるサイクリック電子伝達、それに関わる役者と調整の解析と考察
高橋拓子 (京都大学・理学研究科)

-
3. ライブセルイメージングで葉緑体チラコイド膜についてどこまで理解できるのか
岩井優和^{1,2}・横野牧生³・黒川量雄²・市原 昭²・中野明彦^{2,4}
(¹JST さきがけ, ²理化学研究所・ライブセル分子イメージング研究チーム, ³北海道大学・低温科学研究所,
⁴東京大学・大学院理学系研究科)

セッション2：オルガネラの機能化制御

4. 膜脂質合成が駆動する葉緑体発達とその制御
小林康一・和田 元 (東京大学・大学院総合文化研究科)
5. 植物オルガネラのPPRタンパク質とRNA編集
一瀬瑞穂^{1,2}・杉田 護¹ (¹名古屋大学・遺伝子実験施設, ²日本学術振興会)
6. ポストゴルジオルガネラが担う環境ストレス応答
植村知博 (東京大学・大学院理学系研究科)

特別講演

7. 環境ストレス応答と耐性獲得に関わる葉緑体機能
篠崎一雄 (理化学研究所・環境資源科学研究センター)

56th Annual meeting of the Japanese society of plant physiologists satellite
meeting
17th Plant organelle workshop
—Gene expression and cellular signaling in organelle—

March 15, 2015

The University of Tokyo

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

Session 1 : Dynamics of photosynthesis

1. The mechanisms of long-term PSII activity in kleptoplast of sea slugs
T. Maeda (National Institute for Basic Biology)
2. Analysis of cyclic electron flow in green algae
H. Takahashi (Kyoto University)
3. How far can we understand the chloroplast thylakoid membrane by live cell imaging?
M. Iwai^{1,2}, M. Yokono³, K. Kurokawa², A. Ishihara², A. Nakano^{2,4} (¹JST・Sakigake, ²RIKEN, ³Hokkaido University, ⁴The University of Tokyo)

Session 2 : Regulation of functional organelles

4. Membrane lipid synthesis and chloroplast development
K. Kobayashi, H. Wada (The University of Tokyo)
5. PPR protein and RNA editing in plant organelle
M. Ichinose^{1,2}, M. Sugita¹ (¹Nagoya University, ²JSPS)
6. Post-Golgi organelle function in plant stress response
T. Uemura (The University of Tokyo)

Special seminar

7. Chloroplast functions for response and tolerance of environmental stress
K. Shinozaki (RIKEN)

International workshop on metal and metalloids in plants

July 10, 2015

IPSR, Okayama University

Organizers: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

1. Arsenic biogeochemical cycling from soil to plant
F. J. Zhao (Rothamsted Research / Nanjing Agricultural University)
2. Role of OsABCC1 in node in preventing arsenic accumulation in rice grain
N. Yamaji (IPSR, Okayama University)
3. Detection of novel QTL controlling Cd accumulation in rice
F. Deng (IPSR, Okayama University)
4. Arabidopsis COPPER MODIFIED RESISTANCE 1 (CMR1) gene is essential for growth adaptation to stress and required for mitotic onset control
N. Verbruggen (Universite Libre de Bruxelles)
5. Alternative splicing regulated by mineral nutrition stress in rice
L. Zheng (Nanjing Agricultural University)
6. Molecular mechanism of Mn tolerance in rice
D. Ueno (Kochi University)

Japan Society For The Promotion of Science Core-to-Core Program JSPS-AASP Sponsored —Kenya Day 2015—

日本学術振興会拠点形成事業（アジア・アフリカ基盤形成型）主催
ケニアデー2015

October 9, 2015

Okayama University, Faculty of Agriculture 3, 4F

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

Oral session

1. Introduction to JKUAT and the Africa ai Japan Project
L. Turoop (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
2. Phosphoproteomics-based screening identified novel components in plant immune signaling
H. Matsui (Okayama University)
3. Catalyzing the development of Africa's Agricultural Sector through Agribusiness Innovations
D. Sila (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
4. Studies on comparative analysis of ethylene-dependent and low-temperature-modulated ripening in kiwifruit
A. O. William (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
5. Ecological Restoration and Improvement of Pastoral Dryland Ecosystems
P. Mwangi (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
6. Analysis for the mechanism of heterochromatin-associated silencing in plants
Y. Ikeda (IPSR, Okayama University)
7. Impact of antimicrobial resistance in the environment and the human health
A. Nyerere (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
8. Isothiocyanates: Health promoting phytochemicals derived from Cruciferous vegetables
Y. Nakamura (Okayama University)
9. Enhancing diagnosis of zoonotic protozoa diseases
N. Maina (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

-
10. Biopreservation of animal feed: an update on microbial dynamics during fermentation and spoilage
N. Nishino (Okayama University)
 11. Future collaborative research in animal science and life science with Okayama University and JKUAT
F. K. Njonge (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

Poster presentations

1. Protection against anthracnose disease on *Arabidopsis thaliana* induced by volatile compound limonene
K. Fujioka, H. Gotoh, T. Noumi, A. Yoshida, Y. Noutoshi, M. Yamamoto, Y. Ichinose, T. Shiraishi, K. Toyoda
2. Study on induction of disease tolerance by heat shock treatment of Brassicaceae
L. M. Thanh, P. L. Thi, Y. Noutoshi, Y. Inagaki, M. Yamamoto, Y. Ichinose, T. Shiraishi, K. Toyoda
3. Cytological responses of PsAPY1-silenced pea to host-adapted and nonadapted fungal pathogens
S. Yao, M. Miki, T. Suzuki, N. Yamagishi, N. Yoshikawa, Y. Noutoshi, M. Yamamoto, Y. Ichinose, T. Shiraishi, K. Toyoda
4. Extracellular apyrase (PsAPY1) participates in the peroxidase-catalyzed apoplastic oxidative burst in pea
M. Miki, S. Yao, N. Yamagishi, N. Yoshikawa, Y. Noutoshi, M. Yamamoto, Y. Ichinose, T. Shiraishi, K. Toyoda
5. Role of extracellular apyrase in cell surface immunity
K. Toyoda, K. Tanaka, T. Shiobara-Komatsu, E. Kawakami, Y. Noutoshi, M. Yamamoto, Y. Ichinose, T. Shiraishi
6. Identification of important QTL alleles in non-fertilized conditions from *Oryza longistaminata* using DH and RILs lines
E. Gichuhi
7. RNA silencing-mediated strong inhibition of potato virus X in roots
I.B. Andika
8. Root hydraulic conductivity and its reduction as an initial response to salt/osmotic stress
Y. Nakahara, T. Kaneko, R. Ishitsuka, M. Katsuhara
9. Wounding and oral secretions of the generalist *Mythimna loreyi* induce volatile emissions from rice leaves similar to real herbivory
I. S. Sobhy, A. Miyake, I. Galis
10. Mapping of the black lemma and pericarp locus by exome capture in barley
K. Sakamoto
11. Mapping of the traits by genome wide association and genetic analysis in barley
S. Matsumoto
12. Effect of CO₂ enrichment on growth and fruit quality of grapevine
I. Mori
13. BER incidence in tomato fruits in relation to fractionated Ca concentrations and growth rate
T. D. Vinh, Y. Yoshida, M. Ooyama, T. Goto, K. Yasuba, Y. Tanaka
14. Utilization of *Phaenicia sericata* (Green Blow Fly) as an alternative pollinator to honey bee
A. Hanada, Y. Yoshida, T. Sato, T. Goto, K. Yasuba, Y. Tanaka
15. Night cooling interval under high temperature environment in summer affected by growth and flowering of bedding plants
T. Hayashi, T. Goto, S. Oishi, S. Ishikura, K. Fukushima, S. Kajihara, M. Douzono
16. Loss of pungency in sweet pepper, cv. 'Murasaki' (*Capsicum annuum*), is due to a novel loss of function allele of Pun1
E. Kirii, Y. Tanaka, H. Yoneda, T. Goto, Y. Yoshida, K. Yasuba
17. Studies on long-term cold storage and ripening after cold storage in new high quality kiwifruit cultivars
Y. Kasahara
18. Studies on storability of Hami melon and its hybrid progeny
K. Okamoto
19. Identification and functional analysis of JAZ gene family in climacteric fruit
Y. Unoki
20. Ripening-related genes are differentially induced during storage of 'Rainbow Red®' kiwifruit at different temperatures
O. W. Mitalo
21. Regulation of oviductal functions by mitosis and apoptosis of ciliated and secretory epithelial cells in cattle
S. Ito, Y. Kobayashi, Y. Yamamoto, K. Kimura, K. Okuda
22. Rapid effects of estradiol-17 β on expressions of regulators of smooth muscle activity in the bovine oviductal epithelial cells
T. Nishie, Y. Kobayashi, Y. Yamamoto, K. Kimura, K. Okuda

-
23. Gene expressions of enzymes involved in testosterone synthesis in the bovine corpus luteum
Y. Irie, K. Hashiba, S. Yoshioka, K. Kimura, Y. Yamamoto, K. Okuda
 24. Diversity of lactic acid bacteria in Vietnamese fermented foods
P. T. N. Yen, T. T. Minh, T. T. M. Tu, N. H. Van, N. Nishino
 25. First attempt to obtain well-fermented tropical grass produced in Vietnam
T. T. M. Tu, N. H. Van, N. Nishino
 26. Bacterial community of dairy cow milk with various levels of somatic cell count
W. Haoming, Y. Tanane, N. Nishino
 27. Gut bacterial community during growing stage of Japanese Black cattle
T. T. Minh, N. H. Van, N. Nishino
 28. Diversity of microbiota in grass, legume and whole crop corn conservation
N. Kuikui, N. Nishino
 29. Preliminary genetic study of a large grain mutant from transposon-tagging lines in rice
W. Chiou
 30. Ergothioneine production by *Methylobacterium* species
K. Alamgir, S. Masuda, Y. Fujitani, F. Fukada, A. Tani
 31. Screening for methanotroph dependent on lanthanoids
H. Lyu and A. Tani

Japan Society for The Promotion of Science Core-to-Core Program
Sponsored Workshop on
—Crop Stress Science and Innovation for Agriculture—

October 15, 2015

Makerere University

Organizers: Hannington Oryem-Origa (Makerere University), Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

1. Research Activities at the Department of Biological Sciences
H. Oryem-Origa (Makerere University)
2. Dissecting Important QTL Traits for Molecular Breeding in Sorghum: a Crop of African Origin
W. Sakamoto (IPSR, Okayama University)
3. Biological Control of Aflatoxin in Kenyan Maize
H. Murage (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
4. Molecular Mechanisms of Rice Defense against Herbivores: Perception, Hormonal Signaling and Metabolites
I. Galis (IPSR, Okayama University)
5. From Virology to Agronomy
N. Suzuki (IPSR, Okayama University)
6. Indirect Defense in Rice/Sorghum in Response to Insect Herbivory
C. Osinde (Makerere University)
7. An Overview of Plant Pathology and Virology Research Activities at the Department of Biological Sciences
A. Tugume (Makerere University)

平成27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27年10月17日
場所：倉敷市立美術館 第2会議室

1. 植物のストレス解消法 –植物が秘める生き抜く力を学ぶ–
三谷 奈見季 (岡山大学資源植物科学研究所)
2. 植物の色や形などを支配する動く遺伝子 ‘トランスポゾン’
池田 陽子 (岡山大学資源植物科学研究所)

Program of IPSR Open Lecture, Okayama University 2015

October 17, 2015
Kurashiki City Art Museum, Kurashiki city

1. How to plants get rid of stresses? -Hidden talents of plants for living-
N. Mitani (IPSR, Okayama University)
2. ‘Transposon’ the jumping genes controlling plant color, shape, etc.
Y. Ikeda (IPSR, Okayama University)

–Innovations for Harnessing Bioresources–

October 19, 2015
Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology
Sponsor: JICA Africa-ai-Japan Project, JSPS-AASP program on ‘Plant Science and Resource Innovative Research Core with Pan African University’
Organizers: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University), Shinjiro Shiomi (Africa-ai-Japan Project, JICA)

1. Regulation of fruit ripening, 1-MCP gene engineering, Real Time PCR, NGS
Y. Kubo (Okayama University)
2. A new virus life style challenging the virus rules and concepts
N. Suzuki (IPSR, Okayama University)
3. Dissecting important QTL traits for molecular breeding in Sorghum: a crop of African origin
W. Sakamoto (IPSR, Okayama University)
4. Spider mite-host interactions: Morphological and chemical defense in African nightshades
L. K. Murungi (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
5. Bio-pesticide the future for pest management in horticulture
T. Losenge (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)
6. Power of microbes - from sake brewing to production of bioactive compounds
H. Kanzaki (Okayama University)
7. Molecular mechanisms of rice defense against herbivores: Perception, hormonal signaling and metabolites
I. Galis (IPSR, Okayama University)
8. Probiotic in human health and nutrition
J. M. Maina (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

第32回資源植物科学シンポジウム
「東日本大震災被災農地の営農再開に向けて」

日程：平成27年12月17日

場所：岡山大学50周年記念館

オーガナイザー：齊藤邦行（岡山大学農学部）・佐藤和広（岡山大・植物研）

1. 東日本大震災からの宮城県農業の復興状況
永野邦明（宮城県古川農業試験場）
2. オオムギを用いた津波被災地の復興に向けて
佐藤和広（岡山大学資源植物科学研究所）
3. 福島県における農地除染の現状と農業の復興に向けた取り組み
齋藤 隆（福島県農業総合センター）
4. 土壌侵食に伴う放射性セシウムの流出と除染後農地の管理
太田 健（農研機構東北農業研究センター・農業放射線研究センター）
5. 放射性セシウムの果樹樹体内における動態
高田大輔（東京大学農学生命科学研究科附属生態調和農学機構）
6. 福島県の放射能汚染農地に生育する野生植物の放射性セシウム濃度
山下 純（岡山大学資源植物科学研究所）
7. ヒドロキシアパタイトを用いた放射性ストロンチウムの吸着・除去法
小野俊朗（岡山大学自然生命科学研究支援センター）
8. 土壌中での放射性物質の挙動と福島における岡山大学の取組
前田守弘・Nittaya Wakai（岡山大学環境生命科学研究科）

学会賞等 (*Awards*)

ゲノム制御グループ, 田中小百合 (博士後期課程3年), 2014年度日本農芸化学会中四国支部学生奨励賞, 3月25日, 2015.
(Group of Genome Regulation, Tanaka, S. (Doctor course student), Student award 2014 of Chu-Shikoku branch of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. March 25, 2015.)

植物・微生物相互作用グループ, 谷 明生 (准教授), 2015年度発酵と代謝研究奨励賞, バイオインダストリー協会, 横浜,
課題名「ユニークな抗酸化性アミノ酸、エルゴチオネインの微生物生産」, 10月14日, 2015. (Group of Plant-Microbe Interactions, Tani, A. (Assoc. Prof.), “Microbial production of a unique antioxidative amino acid, ergothioneine”. Fermentation and Metabolism Research Award. Japan Bioindustry Association, Yokohama, October 14, 2015.)

共同研究リスト（共同利用・共同研究拠点事業）

(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)

研究所教員名 (Corresponding staff)	所属機関・部局 (Institution, Department)	職名 (Position)	氏名 (Name)
坂本 亘 (Sakamoto, W.)	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)		
	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)		
	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)	教授 (Professor)	高木 慎吾 (Takagi, S.)
	アクチン結合蛋白質ビリ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)		
	静岡大学・大学院総合科学技術研究科 (Shizuoka University, Graduate School of Integrated Science and Technology)	准教授 (Associate Professor)	天野 豊己 (Amano, T.)
	シロイヌナズナ由来FtsH変異体の生理学的機能の解析 (Analysis of physiological role of FtsH mutants from Arabidopsis)		
	京都産業大学・総合生命科学部 (Kyoto Sangyo University, Faculty of Life Science)	教授 (Professor)	寺地 徹 (Terachi, T.)
葉緑体の形質転換実験により得られた斑入りタバコ系統の温度ストレス応答に関する 研究 (Study on the response to temperature stress in variegated tobacco plants obtained by chloroplast transformation)			
平山 隆志 (Hirayama, T.)	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 Abscisic acid signaling)		
	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)	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)		
	東京農工大学・大学院生物システム応用科学府 (Tokyo University of Agriculture and Technology, Graduate School of Bio-Applications and Systems Engineering)	准教授 (Associate Professor)	梅澤 泰史 (Umezawa, Y.)
Brachypodiumの種子におけるABAシグナル伝達系のリン酸化プロテオーム解析 (Phosphoproteomic analysis of ABA signaling in Brachypodium seeds)			

平山 隆志・ 池田 陽子 (Hirayama, T. and Ikeda, Y.)	北海道大学・大学院水産科学研究所 (Hokkaido University, Graduate School of Fisheries Sciences)	准教授 (Associate Professor)	三上 浩司 (Mikami, K.)
	海藻におけるストレス応答のエピジェネティック制御 (Epigenetic regulation of the stress response in seaweeds)		
森 泉 (Mori, I)	宮崎大学・農学部 (University of Miyazaki, 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)	濱本 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 ion channel activity controlling mechanisms involved in stomatal closure)		
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化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)		
	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)		
	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 analysis of various processes involved in uptake, translocation, and distribution of mineral elements in crop)		
	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)		
熊本大学・大学院自然科学研究科 (Kumamoto University, Graduate School of Science and Technology)	教授 (Professor)	澤 進一郎 (Sawa, S.)	
	植物寄生性線虫の感染過程における分子生物学的解析 (Molecular analysis on the infection processes for plant-parasitic nematode)		
馬 建鋒・ 山地 直樹 (Ma, J. F. and Yamaji, N.)	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.)
	イネの細胞膜プロトンポンプの機能解析 (Functional analysis of the plasma membrane H ⁺ -ATPase in rice)		
山本 洋子・ 佐々木 孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	信州大学・山岳科学研究所 (Shinshu University, Institute of Mountain Science)	助教 (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)		

山本 洋子・ 佐々木 孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	京都府立大学・大学院生命環境科学研究科 (Kyoto Prefectural University, Graduate School of Life and Environmental Sciences)	助教 (Assistant Professor)	椎名 隆 (Shina, 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)		
	愛媛大学・プロテオサイエンスセンター (Ehime University, Proteo-Science Center)	助教 (Assistant Professor)	野澤 彰 (Nozawa, A.)
	シロイヌナズナPAPS輸送体の解析 (Analysis of Arabidopsis PAPS Transporter)		
佐々木 孝行・ 山本 洋子 (Sasaki, T. and Yamamoto, Y.)	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 (Analyses of ability to mobilize sparingly soluble phosphate by low-P tolerant plants)		
	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)	助教 (Assistant Professor)	宗正 晋太郎 (Munemasa, S.)
	イオンチャネルを基盤とした環境ストレス耐性作物作出技術の開発 (Engineering of crop stress resistance through manipulating ion channels)		
且原 真木 (Katsuhara, M.)	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>)		
	農業・食品産業技術総合研究機構・作物研究所 (National Agriculture and Food Research Organization, Institute of Crop Science)	主任研究員 (Senior researcher)	石川 淳子 (Ishikawa, J.)
	イネの陽イオン輸送体のセシウム輸送活性の個別評価 (Measurement of cesium transport activity of cation transporters in rice)		
	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.)
	ハマダイコンとダイコン栽培品種におけるセシウム吸収特性の解析 (Characterization of Cesium uptake in the wild radish and cultivars)		
且原 真木・森 泉 (Katsuhara, M. and Mori, I)	東京大学・大学院理学系研究科 (The University of Tokyo, Graduate School of Science)	教授 (Professor)	寺島 一郎 (Terashima, I.)
	シロイヌナズナの細胞膜アクアポリンのCO ₂ 透過性の網羅的解析 (Comprehensive analyses of CO ₂ permeability in aquaporins in <i>Arabidopsis thaliana</i>)		
	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.)
	アクアポリンによる二酸化炭素輸送への細胞膜プロトンポンプ活性の影響 (Effect of plasma membrane H ⁺ -ATPase activity on CO ₂ transport by PIP2 aquaporin)		

鈴木 信弘 (Suzuki, N.)	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)	福原 敏行 (Fukuhara, T.)
	菌類ダイサーの2本鎖RNA切断活性の生化学的解析 (Biochemical characterization of dsRNA-cleaving activities of fungal Dicers)		
	名古屋大学・アジアサテライトキャンパス学院 (Nagoya University, Asian Satellite Campuses Institute)	特任准教授 (Specially Appointed Associate Professor)	千葉 壮太郎 (Chiba, S.)
	フザリウム属菌のヴァイロコントロールを目指した菌類ウイルスの探索と同定 (Screening for and identification of fungal viruses from <i>Fusarium</i> sp. toward their virocontrol)		
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)	教授 (Professor)	藤森 文啓 (Fujimori, F.)
	マイタケのウイルスの機能解析研究 (Functional analysis of mycoviruses in <i>Grifola frondosa</i>)		
谷 明生 (Tani, A.)	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 controlling symbiotic bacteria)		
	広島大学・大学院理学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Science)	教授 (Professor)	鈴木 克周 (Suzuki, K.)
	ムギ植物体からの内生アグロバクテリア菌株の単離と解析 (Isolation and comprehensive characterization of endophytic <i>Agrobacterium</i> strains from wheat)		
	京都大学・大学院農学研究科 (Kyoto University, Graduate School of Agriculture)	准教授 (Associate Professor)	由里本 博也 (Yurimoto, H.)
	植物起源VOCを利用する葉面微生物の同定と生物間相互作用 (Identification of phyllospheric microorganisms utilizing VOCs emitted from plants and biological interactions)		
ガリス イバン (Galis, I.)	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)		
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)		
園田 昌司 (Sonoda, S.)	香川県農業試験場 (Kagawa Prefectural Agricultural Experiment Station)	主任研究員 (Senior researcher)	相澤 美里 (Aizawa, M.)
	ネギアザミウマの異なる生殖系統における薬剤抵抗性機構および適応度コストの解析 (Characterization of insecticide resistance and fitness cost in different reproductive types of onion thrips, <i>Thrips tabaci</i> Lindeman (Thysanoptera:Thripidae))		

園田 昌司・ 山下 純 (Sonoda, S. and Yamashita, J.)	農業・食品産業技術総合研究機構・果樹研究所 (National Agriculture and Food Research Organization, Institute of Fruit Tree Science)	主任研究員 (Senior researcher)	外山 晶敏 (Toyama, M.)
	果樹園における下草のカブリダニ類の温存効果に関する研究 (Study on ground-cover plants to conserve phytoseiid mites in orchards)		
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)	研究員 (Researcher)	中山 奈津子 (Nakayama, N.)
	赤潮原因藻類殺菌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)	講師 (Lecturer)	佐藤 毅 (Sato, T.)
	タンパク質半合成を応用した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 Heterosigma akashiwo virus (HaV) with the application of protein semi-synthesis)		
	慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科 (Keio University, Graduate School of Media and Governance)	特任助教 (Specially Appointed Assistant Professor)	佐藤 昌直 (Sato, M.)
ヘテロシグマウイルスゲノム配列から予測される遺伝子発現解析プラットフォームの構築 と検証 (Establishment of a platform to validate and quantify mRNA expression of genes predicted on an Heterosigma akashiwo virus genome)			
佐藤 和広 (Sato, K.)	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)		
	岡山大学・大学院医歯薬学総合研究科 (Okayama University, Graduate School of Medicine, Dentistry and Pharmaceutical Sciences)	准教授 (Associate Professor)	松尾 俊彦 (Matsuo, T.)
	植物ゲノム多様性解析手法のヒト疾患 (斜視) 多型解析への応用 (Human genome polymorphism analysis in families with strabismus by approach used for plant genome polymorphism analysis)		
	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)			
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.)	理化学研究所・環境資源科学研究センター (RIKEN Center for Sustainable Resource Science)	チームリーダー (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)		

最相 大輔 (Saisho, D.)	農業生物資源研究所・農業生物先端ゲノム 研究センター (National Institute of Agrobiological Sciences)	ユニット長 (Unit Head)	半田 裕一 (Handa, H.)
	オオムギの日長反応性出穂制御の遺伝的解析 (Genetic analysis for the photoperiodic control of heading in barley)		
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・農学部 (Ryukoku University, Faculty of Agriculture)	教授 (Professor)	古本 強 (Furumoto, T.)
	オオムギ遺伝資源を用いた温度不感受変異系統の確立 (Screening of ambient temperature-insensitive lines from the barley collection)		
武田 真 (Taketa, S.)	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)		
	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)		
	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)		
池田 啓 (Ikeda, H.)	熊本大学・大学院自然科学研究科 (Kumamoto University, Graduate School of Science and Technology)	教授 (Professor)	副島 颯子 (Soejima, A.)
	絶滅が危惧される大陸系遺存植物の遺伝的多様性の解析 (Genetic diversity of endangered plant species representing the relict Korea-Manchuria grassland elements)		
	静岡大学・理学部 (Shizuoka University, Faculty of Science)	准教授 (Associate Professor)	木寄 暁子 (Kozaki, A.)
富士山の冬を常緑ですごすフジハタザオの耐寒メカニズムの解明 (Elucidation of cold tolerance mechanism of the alpine plant, <i>Arabis serrata</i> which overwinters with green leaves)			
村田 稔・ 長岐 清孝 (Murata, M. and Nagaki, K.)	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 (Nagaki, K.)	基礎生物学研究所 (National Institute for Basic Biology)	助教 (Assistant Professor)	星野 敦 (Hoshino, A.)
	アサガオの遺伝子資源を用いたエピジェネティクス (Epigenetics on the bioresources of the Japanese morning glory)		
長岐 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Female Meiotic Driveの解析 (Isolation of centromeric DNAs and observation of female meiotic drive in <i>Torenia</i>)		
	秋田県立大学・生物資源科学部 (Akita Prefectural University, Faculty of Bioresource Sciences)	准教授 (Associate Professor)	渡辺 明夫 (Watanabe, A.)
	シロイヌナズナ異数体様形態異常の発生機構の解明 (Study on molecular mechanisms underlying aneuploid-like phenotypes of Arabidopsis)		
	名古屋大学・大学院生命農学研究科 (Nagoya University, Graduate School of Bioagricultural Sciences)	博士研究員 (Postdoctoral fellow)	高塚 大知 (Takatsuka, H.)
エピジェネティック制御によるDNA倍加誘導 (Induction of DNA polyploidization by epigenetic regulation)			
前川 雅彦 (Maekawa, M.)	名古屋大学・大学院生命農学研究科 (Nagoya University, Graduate School of Bioagricultural Sciences)	助教 (Assistant 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)		
	北海道大学・大学院農学研究科 (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 <i>Oryza longistaminata</i> and <i>O. sativa</i> , paddy endophytes and microbial community in unfertilized paddock soil for effective nitrogen supply)		
	東北大学・大学院生命科学研究所 (Tohoku University, Graduate School of Life Sciences)	教授 (Professor)	経塚 淳子 (Kyojuka, J.)
イネのDNAトランスポゾンタグラインを用いたNCS機能解析 (Functional analysis of NCS using DNA transposon tagged lines of rice)			

Annual Report 2015

Director: Masahiko Maekawa

Editorial Members: Yuko Hojo

Sanae Rikiishi

Takako Nakato

Naoki Yamaji

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University

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

Tel: +81-86-424-1661

Fax: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告 第23卷 (Annual Report 2015)

平成28年3月25日 印刷

平成28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
中戸 孝子
山地 直樹

印刷所 活文堂印刷株式会社



岡山大学