

岡山大学 資源植物科学研究所報告

(Annual Report 2018)
— 第26卷 —

岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



目 次 (Contents)

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
植物分子生理学グループ	
(Group of Plant Molecular Physiology)	4
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)	5
植物・昆虫間相互作用グループ	
(Group of Plant-Insect Interactions)	6
植物環境微生物学グループ	
(Group of Plant Environmental Microbiology)	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)	
作物デザイン研究チーム	
(Crop Design Research Team)	13
国際共同研究チーム	
(International Collaboration Team)	13
エコフィジオロジー研究チーム (Ecophysiology Research Team)	
イオンダイナミクス班	
(Ion Dynamics Section)	14
根圏生態班	
(Rhizosphere Microbiome Section)	14
作物イノベーション研究チーム (Crop Innovation Research Team)	
エピジェネティクス班	
(Epigenetics Section)	15
オオムギ遺伝子改変班	
(Barley Genetic Modification Section)	15

構成員	
(Staff)	16
出版物リスト	
(List of Publication)	23
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	32
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	38
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)	47
学会賞等	
(Awards)	60
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)	61
拠点事業以外の共同研究(国内/国際)	
(List of Collaborations besides the Joint Projects at the Joint Usage/Research Center (Domestic/ International))	65

研究活動 (Research Activity)

大気環境ストレスユニット

光環境適応研究グループ

(Atmospheric Stress Unit)

Plant Light Acclimation Research Group

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

1. ステイグリーンと作物生産性の向上に関する解析

植物において、葉の光合成能が持続するステイグリーン形質は農業上有用な形質になり得る。我々はソルガム(*Sorghum bicolor*)の2系統(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。

2. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

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

3. 光色の違いによる光化学系IIタンパク質分解メカニズムの変化

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

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

澱粉粒は、植物が光合成産物としてアミロプラスト(色素体的一种)内に蓄積するグルコースの多量体である。澱粉粒の形状と大きさは植物種によって異なっている。その形状を決定する分子機構の解明を目指して研究を進めている。これまでに、突然変異体の解析から澱粉粒の大きさを制御する遺伝子であるSSG4遺伝子ならびにSSG6遺伝子をイネで同定した。今年度は、澱粉粒の形状に関する新規の突然変異体を単離するために、イネとオオムギを用いて新しくスクリーニングを開始した。

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

1. Quantitative trait locus (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 QTLs 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).

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. 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 in D1 fragmentation under blue light irradiation suggested that primary damage resulting from the absorption of light energy in the Mn-cluster in the two-step model was involved in D1 fragmentation.

4. Molecular mechanism underlying the diversity of starch grain morphologies among plant species

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

本グループでは、植物の非生物学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

環境応答に関わる植物ホルモンのアブシシン酸 (ABA) の作用機作を理解するためにシロイヌナズナを用いて分子遺伝学的解析を行っている。これ迄に、ミトコンドリア機能異常とストレス応答との関連を明らかにするため、新奇短鎖ペプチド FEP1 の機能解析を行った。ゲノム編集技術で獲得した *feh1* 変異は、地上部での鉄応答の異常がみられ、FEP1 が個体全体の鉄応答の統括に関わる重要な役割を持つことが示唆された。

2. 圃場オオムギの生長解析

植物の表現型を制御する遺伝的要因と環境要因の相互作用を明らかにする方法を確立することを目的として、圃場オオムギの生長をモニターする解析基盤の構築を、理化学研究所、横浜市立大学、名古屋工業大学との共同研究で進めた。我々は、昨年度に引き続き、オオムギ4系統の圃場における経時的生長動態、代謝物動態、ホルモン動態データを取得し、そのデータ解析から農業形質発現までの生長過程の指標となる状態形質候補を抽出した。また、圃場オオムギ経時的エピゲノム解析の作業工程の確立と解析を実施した。

3. 亜硫酸による気孔閉口機構の解析

気孔閉口は有害ガスから植物が身を守るための機構の一つだと考えられているが、亜硫酸ガスによる気孔閉口機構はよくわかっていなかった。本研究では亜硫酸ガスは気孔閉口を誘導するだけでなく、低濃度では気孔開口を誘導し、高濃度になると気孔閉口を誘導することをシロイヌナズナの気孔を通じて明らかにした。さらに、高濃度の亜硫酸ガスによる気孔閉口は孔辺細胞が非アポトーシ的に細胞死することによって生じることを示した。

4. ゼニゴケにおける DNA メチル化制御機構の解析

DNA メチル化は、遺伝子やトランスポゾンの発現に影響を与えるエピジェネティックな修飾である。これまで、種子植物を用いて DNA メチル化の制御機構が明らかにされてきたが、基部植物においては殆ど明らかになっていなかった。我々はゼニゴケにおける CG メチル化酵素変異体の解析により、ゼニゴケにおいて CG メチル化は分化細胞の維持に必要であり、non-CG メチル化を抑制する機能があることを明らかにした。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we have been analyzing the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2018 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 have shown that a mitochondrial defect causes abnormal stress responses in Arabidopsis and that a novel short peptide, FEP1, has a pivotal role in the stress response in such mutants. This year, we characterized the *feh1* mutants of Arabidopsis that were obtained using the genome editing technology. We found that *feh1* was defective in the iron-deficiency response especially in the aerial part. This result suggests that the FEP1 peptide plays a pivotal role in the systemic iron-deficiency response in plants.

2. Establishing a phenomics of field barley

To understand the gene x environment interaction in the field crops, we attempted to establish the phenomics platform to monitor the growth states and physiological fluctuations of the field barley through its life-cycle. According to the procedures in the we used last year, we obtained the weekly data of growth rate, RNAseq, and hormones of field barley. From the analysis of these data, we successfully identified several state traits that are the hallmark of the growth stages toward the important agricultural traits. We also established the epigenome analysis of field barley and started genome wide analysis.

3. Analysis of the mechanism of sulfur dioxide-induced stomatal closure

Closing the stomata is a mechanism in plants used against hazardous gases. However, the mechanism of sulfur dioxide-induced stomatal closure has not been elucidated. This year we revealed that a low concentration of sulfur dioxide induces stomatal opening and, on the contrary, of sulfur dioxide, at a high concentration, induces stomatal closure in *Arabidopsis* stomata. We also found that the high concentration of sulfur dioxide induced stomatal closure by non-apoptotic cell death of guard cells.

4. Analysis of regulatory mechanism of DNA methylation in *Marchantia polymorpha*

DNA methylation is an epigenetic modification that affects gene expression and transposon silencing. In flowering plants, the DNA methylation regulatory mechanism has been characterized considerably, but less is known about DNA methylation regulation in basal land plants. We analyzed a CG methylase mutant in *Marchantia polymorpha* and found that CG methylation is required for maintaining differentiated cellular identities and is necessary for repressing non-CG methylation in *M. polymorpha*.

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. イネのホウ素優先分配に関与する輸送体

ホウ素は植物の生育に欠かせない必須栄養素で、特に成長が活発な新しい組織（新葉や生殖器官）に必要である。イネの節で高発現する *OsNIP3;1* の機能解析を行った結果、*OsNIP3;1* は、根から吸収したホウ素を新葉などの新しい組織に優先的に分配させる役割があることを明らかにした。*OsNIP3;1* タンパク質は節の肥大維管束末部に局在し、導管から細胞内にホウ素を取り込むことによって、ホウ素の維管束間輸送が促進される。この遺伝子を破壊すると、新しい組織へのホウ素の分配が減少する。また、環境中のホウ素濃度の変動に対して、遺伝子レベルとタンパク質レベルで応答することが分かった。環境中のホウ素濃度が高くなると、*OsNIP3;1* 遺伝子の発現が抑制され、また *OsNIP3;1* タンパク質も素早く分解してしまう。ホウ素が不足となると、逆に遺伝子の発現やタンパク質の量が上昇する。

2. イネのカドミウム集積の低減技術

これまでに我々は、*OsHMA3* が根で発現し、カドミウムの液胞への隔離に関与すること、*OsHMA2* は根や節など、他の組織にも高発現し、根から地上部へのカドミウムの輸送や節での分配に関与することを明らかにしてきた。このような発現パターンの違いを利用して *OsHMA2* のプロモーター制御下に *OsHMA3* をイネに発現させると、コメ中のカドミウム濃度を著しく低下させることができた。

3. ソバのアルミニウム耐性に関与する ABC 輸送体遺伝子の解析

ソバのアルミニウム耐性に関わる細菌型 ABC トランスポーター *FeSTAR1* と *FeSTAR2* について機能解析を行った。*FeSTAR1* と *FeSTAR2* の発現ははともにアルミニウムによって誘導され、またその発現レベルはイネやシロイヌナズナの相同遺伝子よりかなり高い。さらに *FeSTAR1* と *FeSTAR2* は複合体を形成して機能していることを明らかにした。*FeSTAR1* と *FeSTAR2* をシロイヌナズナのそれぞれの変異体に導入したところ、アルミニウム耐性を回復させた。これらの結果は、*FeSTAR1* と *FeSTAR2* の高発現がソバのアルミニウム耐性に寄与していることを示している。

4. イネ科植物のアルミニウム耐性機構解析

イネのアルミニウム耐性に関与する転写因子 *ART2* を同定した。*ART2* の発現はアルミニウムによって素早く応答する。またこれまで同定された *ART1* とは異なり、制御する下流の遺伝子も異なって、イネのアルミニウム耐性に新たな経路があることが示唆された。*ART2* を破壊すると、アルミニウム耐性が弱くなるが、耐性への寄与は *ART1* ほど大きくなかった。

一方、オオムギのアルミニウム耐性の主要遺伝子 *HvAACT1* の発現制御機構を調べたところ、耐性品種において *HvAACT1* 上流に 15.3kb の新規レトロトランスポゾン の挿入を見つけた。その挿入はプロモーターの役割をし、*HvAACT1* の発現レベルの向上と根先端への発現を制御する。しかも、この挿入の脱メチル化が *HvAACT1* の発現に関与していることを突き止めた。さらにこの挿入はヨーロッパのオオムギ品種にしか存在しないこともわかった。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic mineral elements, 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 2018 are described below.

1. Identification of a transporter for preferential distribution of boron in rice

Boron (B) is an essential nutrient for plant growth. Especially, the developing tissues require high B for their active growth. We identified a transporter for preferential distribution of B in rice; *OsNIP3;1*. *OsNIP3;1* is localized at the xylem transfer cells of enlarged vascular bundle of nodes and is required for intervascular transfer of B. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of B to the developing tissues. Furthermore, *OsNIP3;1* responded to the external B level at both transcriptional and protein level. At a high B level, the expression of *OsNIP3;1* was down-regulated and the protein was rapidly degraded. Conversely, the expression of *OsNIP3;1* was up-regulated in response to B-deficiency.

2. A new approach for reducing Cd accumulation in rice

We previously found that *OsHMA3* is mainly expressed in the roots and is involved in vacuolar sequestration of cadmium (Cd), while *OsHMA2* is highly expressed in other tissues in addition to the roots. By utilizing such different expression patterns, we generated transgenic rice plants expressing *OsHMA3* under the control of the *OsHMA2* promoter. As a result, the Cd accumulation in rice grains was significantly reduced.

3. Functional characterization of two ABC transporter genes related to Al tolerance in buckwheat

We functionally characterized two genes (*FeSTAR1* and *FeSTAR2*) belonging to the bacterial-type ABC transporter family. The expression of both *FeSTAR1* and *FeSTAR2* was induced by Al toxicity. Furthermore, the expression level was much higher than that of their homologous genes in rice and Arabidopsis. *FeSTAR1* and *FeSTAR2* form a complex when expressed in onion epidermal cells. Introduction of *FeSTAR1* and *FeSTAR2* into their corresponding Arabidopsis mutants rescued the Al tolerance. These results indicate that high expression of *FeSTAR1* and *FeSTAR2* contributes to high Al tolerance in buckwheat.

4. Molecular mechanism of Al tolerance in gramineous plants

We identified a new transcriptional factor for Al tolerance in rice; *ART2*. The expression of *ART2* rapidly responded to Al stress. The downstream genes regulated by *ART2* are different from those regulated by *ART1*, indicating a novel pathway for Al tolerance in rice. Knockout of *ART2* decreased tolerance to Al toxicity, but its contribution was smaller than that of *ART1*.

We also revealed the regulation mechanism for the expression of *HvAACT1*, a major Al tolerance gene in barley. We identified a multiple retrotransposon insertion (15.3 kb) in the upstream of *HvAACT1* in Al-tolerant cultivars. This insertion functions as a promoter, which enhances the expression of *HvAACT1* and changes the location of *HvAACT1* to the root tips. Furthermore, we found that demethylation of this region is also involved in the regulation of *HvAACT1* expression. Interestingly, this insertion was only found in some Al-tolerant barley accessions in Europe.

本グループでは植物細胞の環境ストレス応答機構を分子、細胞、生理学的に研究している。塩ストレス環境での水とイオンの輸送の制御について、アクアポリンと1価陽イオン輸送体の研究を進めている。また、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) イオンへの応答について研究を行っている。Al 耐性機構の解明のため、タバコ培養細胞を用いて、メタボロームおよびトランスクリプトーム解析を行い、活性酸素消去系やエネルギー代謝系の遺伝子に着目して解析を行っている。さらに、コムギ Al 耐性遺伝子の Al 活性化型リンゴ酸輸送体遺伝子 *TaALMT* の機能と構造解析、そして植物における *ALMT* ファミリーの機能多様性を解析している。本年度の研究成果は次の通りである。

1. イオン透過性アクアポリンの同定と解析

アクアポリンは水および低分子中性化合物の輸送体として知られていたが、最近シロイヌナズナのアクアポリン分子種の一部がイオンも輸送すると報告された。当研究室にあるイネとオオムギの原形質膜型アクアポリン20分子種を調べたところ、イネ、オオムギからそれぞれ一分子種ずつのイオン透過性アクアポリンを見出した。卵母細胞二電極電圧固定測定法によって輸送特性を解析した結果、両者とも Na^+ と K^+ に対する輸送性があり、ミリモル程度の濃度の外液カルシウムでイオン輸送活性が部分的に阻害されることが明らかになった。このような特徴は、塩ストレス環境における Na^+ 流入の系として電気生理学的に存在が想定された NSCC (non-selective cation channel) の性質に合致している。

2. イネ OsHKT1;1 の機能解析

耐塩性に関与していると言われているイネの OsHKT1;1 (high-affinity K transporter1;1) には複数のスプライシングバリエーションと考えられる複数の mRNA が報告されているが、それらの機能は不明である。今年度、耐塩生イネ Pokkali から9種類のバリエーションを同定した。そのうちの7つにイオン輸送活性があることがアフリカツメガエル卵母細胞を使った実験系で明らかになった。

3. トマトの果実発現 SIALMT ファミリーの生理機能解析

トマトに存在する16の *ALMT* ファミリー遺伝子のうち、3つの遺伝子が Micro-Tom 品種の果実で発現している。今年度は、そのうちのひとつで、熟成が進む事で発現が減少し、果実の維管束で発現する *SIALMT* 遺伝子に着目した。アフリカツメガエル卵母細胞を用いた電気生理学的測定により、リンゴ酸の高い排出活性を示した。さらに、硝酸イオンと塩素イオンの取り込みもみられたが、酸性アミノ酸のアスパラギン酸・グルタミン酸は排出されなかった。現在、輸送基質の特異性についてさらに解析を進めている。また、この *SIALMT* 遺伝子の発現抑制トマトの作製を行い、2系統を選抜した。現在、この発現抑制系統と野生系統間でのメタボローム解析を進めている。

Our research has been focused on molecular, cellular and physiological mechanisms of plant stress responses. We studied aquaporins and transporters for water and monovalent cations in salt stress. We also focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant root growth in acid soils. We have performed metabolomic and transcriptomic analyses using tobacco-cultured cells, and focused on several genes involved in reactive-oxygen-species scavenging system, and energy metabolism. Furthermore, the functional and structural properties of the Al-activated malate transporter gene *ALMT*, a major Al tolerance gene in wheat, and functional diversity of the *ALMT* family have been studied. Research outlines of this year are as follows:

1. Identification and analysis of aquaporins transporting ions

Aquaporins are known to transport water and low molecular compounds. Recently ion transport activity was reported in some *Arabidopsis* aquaporins. We examined the ion transport activity of 20 plasma-membrane type aquaporins from rice and barley we have. As a result, one rice aquaporin and one barley aquaporin were detected as aquaporins transporting ions. Using the twin-electrode voltage-clamp method in oocytes, we revealed that both aquaporins transport both Na^+ and K^+ and are partially inhibited by external calcium at mM level concentrations. These characteristics are consistent with the Non-Selective Cation Channel (NSCC) that is suggested electrophysiologically as a system for Na^+ influx under salt stress.

2. Functional analysis of OsHKT1;1

Rice OsHKT1;1 (High-Affinity K Transporter1;1) is involved in salt tolerance. Multi-splicing variants are detected as OsHKT1;1 mRNAs but their functions are unknown. This year we isolated 9 variants of OsHKT1;1 in salt tolerance rice Pokkali, and 7 among 9 variants showed ion transport activities in the *Xenopus* oocyte system.

3. Physiological analyses of SIALMT-family transporters in tomato fruit

Tomato possesses 16 *ALMT*-family genes, and we found that 3 of the 16 genes are expressed in fruit. This year, we focused on a *SIALMT* gene expressed in the vascular bundles at an early stage of fruit development. We investigated the transport function using electrophysiological analysis in *Xenopus* oocytes, and found that the *SIALMT* protein performed the efflux of malate, but not aspartate or glutamate, and the influx of nitrate and chloride, suggesting that the *SIALMT* protein functions as an anion transporter of malate and inorganic anions. Furthermore, to assess the physiological function of the gene, we are also investigating the metabolites determined in the wild type and the transgenic suppresser lines in tomato.

植物の生育は、ウイルスや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、ウイルスが主役として有害なあるいは有益な影響を及ぼすいくつかの系を用いて、植物・微生物間相互作用を分子、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. 地中海沿岸諸国産白紋羽病菌に感染している新規ウイルスの多様性

日本産白紋羽病菌のウイルスの中には、潜在的生物防除因子となりうる宿主菌の病原力を衰退させるウイルスが見つかっている。本年は、地中海沿岸から白紋羽病菌約70菌株を収集し、ウイルスの探索を進めた。その結果、日本産白紋羽病菌では検出されてこなかった新規の科あるいは種に属すると考えられる dsRNA ウイルスおよび(+)-ssRNA ウイルス(例えば、メガトテウイルス、ハイポウイルス、フザグラウイルス)が多数検出された。しかし、逆に日本産白紋羽病菌から検出されたウイルスは見つからなかった。潜在的生物防除因子となりうるウイルスや新規のライフスタイルを持つ可能性があるウイルスも見つかった。また、進化の過程で dsRNA ウイルスと(+)-ssRNA ウイルスの間で水平伝搬したと推定される機能領域が見つかった。これらの結果は、白紋羽病菌のウイルスの多様性を明らかにし、さらにそれらの進化についても興味深い洞察を与える。

2. 植物・昆虫アルファ様ウイルスの昆虫ゲノムへの内在化

非レトロRNAウイルスである植物・昆虫アルファ様ウイルスの進化の一端を理解するために、ゲノムDNAデータベース検索によりウイルス内在化配列(古のウイルス感染履歴、ウイルス化石)の探索を行った。tBlastnの結果、新規の昆虫トバモ様ウイルスグループ(植物アルファ様ウイルスに遠縁)に類似するウイルス内在化配列が多様な昆虫種のゲノムから見いだされた。このことから、植物と進化的な類縁関係を示す昆虫アルファ様ウイルス(トバモ様グループ)は既に古の時代に存在し、多様な昆虫種に感染していたことが示唆された。

3. 宿主足場タンパク質 RACK1 のハイジャックによる植物ウイルス増殖機構

RACK1 (receptor for activated C kinase 1) はタンパク質複合体の足場として様々な生理機能に関わる。植物 RACK1 は糸状菌・細菌に対する免疫に関わることが知られていたが、植物-ウイルス間相互作用での役割は未知であった。以前我々は、red clover necrotic mosaic virus (RCNMV) がウイルス複製酵素タンパク質 p27 を介して活性酸素種 (ROS) 産生を誘導し複製を有利に進めることを報告した。今回我々は、RACK1 が RCNMV の増殖を促進する宿主因子であることを見出した。すなわち、RACK1 が、1) p27 と相互作用しウイルス複製の場へとリクルートされ、2) ROS 産生に必要な宿主因子と p27 とのアダプター分子として働き、3) p27 誘導性 ROS 産生を促進し、そして 4) 効率的なウイルスタンパク質の翻訳にも必要であることが明らかとなった。以上のことから、宿主足場タンパク質 RACK1 を介した植物ウイルス複製機構の一端が明らかとなった (Hyodo *et al.*, 2018, *New Phytol.*)。

Plant growth is influenced by various viruses and microorganisms. Our group explores, at molecular, cellular and individual levels, the plant/microbe interplays of several selected pathosystems in which viruses as main players exert beneficial or harmful effects on plants.

1. Novel, diverse RNA viruses from Mediterranean isolates of the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*

In this study, we have shown the great diversity of viruses in Mediterranean field isolates of the phytopathogenic fungus, *R. necatrix*. All newly detected sequenced viruses belong to new species in at least 7 virus families including newly proposed families. Previous extensive virus surveys of Japanese isolates of *R. necatrix* led to the identification of diverse viruses. However, many of the newly detected viruses best matched the viruses reported from soil-inhabitant fungi sympatric to *R. necatrix* instead of viruses of Japanese *R. necatrix*. This fact suggests that there is interspecies horizontal transmission among the soil fungi that has not been well documented to date for fungal viruses. Also presented is very rare horizontal gene transfer between a double-stranded RNA virus and a positive-sense, single-stranded RNA virus. Collectively, these provide novel interesting insight into the evolutionary biology of fungal viruses.

2. Endogenization of plant/insect-infecting alphavirus-like viruses into insect genomes

To gain insight into the long-term history and evolution of plant and insect alpha-like viruses (non-retroviral RNA viruses), we performed *in silico* analyses to search for endogenous viral elements (EVEs) using public DNA databases. The tBlastn search identified a large number of EVEs related to a novel insect tobamo-like group (virgavirus/negevirus-related lineage) in the genome of divergent insect species. Our analyses indicate that there has been prevalent infection by insect virga/nege-related viruses, especially the insect tobamo-like group, since ancient times.

3. Hijacking a host scaffold protein, RACK1, by a plant RNA virus for its replication

Receptor for activated C kinase 1 (RACK1) is strictly conserved across eukaryotes and acts as a versatile scaffold protein involved in various signaling pathways. We show that red clover necrotic mosaic virus (RCNMV), a positive-stranded plant RNA virus, requires RACK1 for viral translation and replication. RACK1 is recruited by viral replication protein p27 into endoplasmic reticulum-derived aggregates that are considered to be the replication sites. RACK1 was shown to be required for p27-mediated induction of ROS, which is essential for robust RCNMV RNA replication. Interestingly, RACK1 mediated bridging between p27 and a host kinase that activates an ROS-generating enzyme. Together, our findings provide an example of a viral strategy that hijacks a host multifaceted scaffold protein for viral replication (Hyodo *et al.*, 2018, *New Phytol.*)

本グループでは、主要穀物をはじめとする植物が、自然界に広く存在する植食性昆虫との生存競争の中で、どのように植食性昆虫に対する防御機構を活性化するのかに注目し研究を行っている。2018年に以下の3研究課題において得られた成果を記載する。

1. 咀嚼性昆虫吐き戻し液由来の新規エリシター

咀嚼性昆虫の吐き戻し液は、植食性昆虫食害時に傷害部位に残存し、植物の防御応答を誘導することが知られている。ここ数年にわたって我々は、新規昆虫由来エリシターの同定に向けて、クサシロキヨトウ (*Mythimna loreyi*) およびイチモンジセセリ (*Parnara gutata*) の吐き戻し液の解析を継続して行っており、これら吐き戻し液の高分子画分にイネに対して防御関連の二次代謝物を強く誘導するエリシター活性を見出している。本画分にはイネの細胞壁由来と推定される分子が含まれており、これら分子が昆虫腸内で分解され、エリシターとして機能する可能性を調べており、現在、オリゴ糖産生過程の詳細な分子機構の解析を進めている。

2. イネに対する新規のエリシターとして吸汁性昆虫の甘露中細菌の同定

トビイロウンカ (*Nilaparvata lugens*) はイネに対して深刻な被害を引き起こす吸汁性昆虫であるが、このような吸汁性昆虫を植物がどのようにして認識するかは不明な点が多い。本研究で、トビイロウンカ食害時にイネ葉に排泄された甘露 (Honeydew) に、数種の共生細菌が含まれていることを見出した。これら共生細菌はイネにより認識され、害虫に対する防御応答を誘導することを明らかにした。さらに抗生物質を用いることで、共生細菌を除いたトビイロウンカを作出したところ、イネはこれらトビイロウンカに対する防御応答誘導能が低下した。これら結果より、植物が環境中で吸汁性昆虫を認識し抵抗性を示す防御戦略において、昆虫共生細菌が重要な一端を担っていると考えられた。

3. アブラムシに抵抗性を示すソルガムの解析

アブラムシは多くの作物に深刻な被害を与える。現在も、アメリカ合衆国のソルガム栽培において、複数の新しい種のアブラムシが深刻な経済的脅威となっている。昨年度、光環境適応研究グループとの共同研究により、数ラインのソルガムが圃場におけるアブラムシ加害に対して耐虫性を示すことを見出した。2017年および2018年に、感受性品種のNOGと新たに見出した耐虫性品種3003を交雑して得たF1から、さらにF2種子を作出した。F2集団のソルガムを圃場で栽培し、アブラムシに対する耐虫性スクリーニング試験を行った後、将来的な遺伝子マッピング関連の解析に向けてF3種子を採取した。近い将来、これら遺伝子資源を用いてアブラムシに対する新規な耐虫性関連遺伝子の同定を目指している。

The group is focusing on basic problems of how plants, including important crops, induce their defense systems to survive in natural competition with the omnipresent herbivorous insects. Here, we report the progress we made in three major areas in 2018.

1. Novel elicitors from chewing herbivore regurgitate

We have been analyzing oral secretions (OS) from chewing rice herbivores *Mythimna loreyi* and *Parnara gutata*, which are released in plant wounds during feeding, to find novel elicitors of plant defense. In particular, we have focused on high molecular weight fraction of OS that can strongly induce accumulation of defensive secondary metabolites in rice. In 2018, we made substantial progress in identifying the elicitor-active components in the fraction as plant cell wall materials that are oligomerized in the insect gut, and thus activated for triggering the plant defense system. We are now studying the molecular mechanisms involved in the oligomerization process to understand how these compounds contribute to plant defense during herbivore attack.

2. Honeydew bacteria identified as a new type of sucking insect-associated elicitors in rice

Sucking insects like the rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) cause serious damage on rice, but it is not clear how the plants can detect their presence. Here we found that feeding residue known as honeydew, which is deposited on rice plants during feeding of *N. lugens*, contains several symbiotic bacterial species that can be recognized by the rice plants, and trigger specific defense responses against the pest. We also show that when bacterial symbionts are removed from the *N. lugens* body by antibiotic treatment, these insects induce less defense responses in rice, demonstrating that microbes are indeed an important part of the plant defense strategy to detect and fight against their insect enemy in nature.

3. Investigations of sorghum resistance to aphids

Aphids cause serious damage to many crops. Currently, some new aphid strains have become a serious economic threat to sorghum production in the US. In the previous year, in collaboration with the Plant Light Acclimation Group, we identified several sorghum lines that show high natural resistance to aphid infestation in the field. In 2017/2018, we prepared F1 hybrids from the susceptible NOG and newly identified resistant line No.3003, and further amplified them to produce the F2 generation seeds. The F2 hybrids plants were then screened for aphid resistance in the field in the summer of 2018, and F3 seeds were collected for future genetic and mapping-related work. With these resources, we hope to identify novel genes for aphid resistance in the near future.

本グループでは植物に共生しその生育を助けるような細菌の分離・分類や機能解析、また赤潮原因藻の生理機能や共生細菌やウイルスとの生物学的相互作用についての研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. ランタノイド(Ln)に依存するメタノール資化性細菌の分離分類

メタノール資化性細菌が持つメタノール脱水素酵素には、Lnに依存する酵素があることが最近分かってきた。そこで、イネの根圏などを分離源として、Lnの存在に依存するメタノール資化性細菌を探索した。Lnにより生育が促進される新属細菌 *Oharaeibacter diazotrophicus* SM30 株のゲノムを完全解読し、Lnに依存するメタノール資化酵素遺伝子を遺伝学的に同定した。また、メタノール生育が完全にLnに依存する新属細菌 *Novimethylophilus kurashikiensis* La2-4 も分離同定した。本細菌のゲノムも解読し、Ln依存酵素遺伝子を同定した。

2. *Methylobacterium* 属細菌における Ln 存在下でのメタノール資化性制御

Methylobacterium 属細菌は植物葉上の主要な共生細菌であり、植物が放出するメタノールを利用して生育する。本属細菌はカルシウム依存とLn依存の両方の酵素を持つ。Ln存在下でトランスクリプトーム解析を行い、メタノールとホルムアルデヒド代謝に関わる酵素遺伝子のスイッチが起ることを明らかにした。

3. エルゴチオネインの微生物生産

エルゴチオネイン(EGT)はヒトの血液にも含まれる抗酸化アミノ酸であり、限られた微生物種だけが生産できると考えられていた。*Methylobacterium* 属細菌はメタノール生育時に著量のEGTを生産することを見いだした。EGT合成遺伝子の発現強化、前駆体となるヒスチジンの分解酵素遺伝子欠失によりEGT生産能を向上させた。また、EGT生産性の高いカビ、酵母株をスクリーニングし、非組み換え体による生産への糸口を掴んでいる。

4. ヘテロシグマのミトコンドリアゲノムの系統地理学的解析

真核性赤潮原因藻ヘテロシグマは、世界中の浅海に生息する。私たちは、ヘテロシグマのミトコンドリアゲノム上に三箇所の超可変領域を見出した。このうち2配列は、タンパク質をコードすると見られ、その配列は株由来水域の緯度と強く相関する。ヘテロシグマは広い気候域に高い適応性を示すが、これらのタンパク質は、異なる緯度における環境へ適合性に関係すると推測している。

5. 赤潮原因藻と環境微生物間の相互作用についての研究

赤潮形成は、赤潮原因藻の異常増殖に基づく。赤潮原因藻の増殖状態は、水温や富栄養化等の環境要因、あるいは海洋細菌との相互作用によっても変化することが明らかとなってきた。本年度より、私たちは、チリ沿海における赤潮原因藻の環境動態の継続モニタリングプログラムに参加している。私たちは、特に時系列モニタリングとともに海洋細菌と赤潮原因藻間の相互作用についての生物学的解析を通し、環境中の赤潮原因藻動態の理解を目指して研究を行なっている。

Our group has been analyzing the mechanisms of plant growth promotion, and isolating and characterizing novel plant-beneficial microorganisms. We have also been studying the ecophysiology of bloom-forming phytoplankton at molecular and cellular levels. Our main achievements in 2018 are described below.

1. Isolation and characterization of lanthanide (Ln)-dependent methylotrophic bacteria

Methanol dehydrogenase involved in methanol oxidation in gram-negative bacteria is a calcium-dependent enzyme. Just recently, another enzyme that is dependent on Ln was found. We explored new bacteria whose growth is dependent on Ln from various isolation sources including rice rhizosphere soil. A novel bacterium, *Oharaeibacter diazotrophicus* SM30 can grow faster in the presence of Ln. We sequenced its complete genome, and genetically analyzed the genes involved in Ln-dependent methylotrophy. Another novel bacterium, *Novimethylophilus kurashikiensis* La2-4, is completely dependent on Ln. The genome sequencing and proteomics analyses revealed the genes involved in its Ln-dependent methylotrophy.

2. Regulation of Ln-dependent methylotrophy in *Methylobacterium* species

Methylobacterium species are plant-epiphytes and utilize methanol emitted from plants. They usually contain both calcium- and Ln-dependent enzymes, and switch their expression depending on the availability of Ln. We conducted transcriptomic analysis and found that the switching of genes involved in methanol and formaldehyde oxidation occurs.

3. Microbial production of ergothioneine

Ergothioneine is an anti-oxidative amino acid derived from histidine. Though it has been believed that only limited microorganisms can synthesize it, we found that *Methylobacterium* species are also capable of production. We enhanced the expression of synthetic genes and deleted His degradation gene, which resulted in increased production of ergothioneine by recombinant *Methylobacterium*. We also screened ergothioneine-productive fungus and yeasts, which are non-recombinant.

4. Phylogeographic character of mitochondrial genes of *Heterosigma akashiwo*

H. akashiwo is a photosynthetic, bloom-forming eukaryotic, cosmopolitan alga. We recently identified three hypervariable regions in the *H. akashiwo* mitochondrial genome, two of which show a strong correlation with the geographic origin of the isolate. They are apparently protein-coding sequences, and show clear correlation with the latitudes of the strain origins, suggesting that the protein may be of physiological importance for adaptation to environments at different latitudes, i.e. different water temperature or day length.

5. Characterization of phytoplankton-marine bacteria interaction and their effect on bloom formation in nature

Algal bloom formation is based on rapid propagation of single or limited species of algae, and the bloom dynamics is determined not only by environmental factors, including water temperature, and eutrophication, but also by marine microbial ecosystem in the area including various marine bacteria. We participate in a binational collaboration project to monitor harmful algal species and associating microorganisms in coastal waters of Chile starting from April 2018. Our mission in the project is to conduct time-series monitoring of marine microbial ecosystem, and to characterize the effect of interaction among the species on bloom dynamics in nature. Understanding interaction among various marine microbes in ecosystem may yield valuable insights into algal bloom formation mechanism.

遺伝資源ユニット

ゲノム多様性グループ

(Genetic Resources Unit)

Group of Genome Diversity

ゲノム多様性グループでは、実験系統を含む栽培オオムギ約 14,000 系統と野生オオムギ約 900 系統を保有し、(1) 種子の増殖、収集、保存および種子配布等の系統保存事業、(2) 遺伝的多様性の評価ならびに特性形質のデータベース化、(3) ゲノム解析の諸手法を用いたオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

1. オオムギ遺伝資源の系統保存事業

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

(a) 系統種子の配布と保存

当事業では、在来系統、実験系統および野生系統を含むオオムギ種子の増殖ならびに配布を行っている。ノルウェー・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、未来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あり、重複保存によって長期的な食糧安全を保証することに繋がる。

(b) ゲノムリソースの配布

保有するゲノムリソースは、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲している。これらのリソースは、国産の醸造用オオムギ品種「はるな二条」の 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完全長 cDNA クローン等が含まれている。

2. オオムギ遺伝資源の評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた有用形質の原因遺伝子単離と解析を進めている。

(a) 醸造形質の新規遺伝資源の探索

醸造過程で重要な役割を担う α -アミラーゼ活性の新規有用アレルの発掘を目的とし、国際オオムギコアコレクションを対象に全ゲノム関連解析を行い、7 本の染色体全てで関連する QTL 領域を見出した。この結果によって日本の近代品種は、高い α -アミラーゼ活性を持つ系統のみならず低活性系統からさえも新規な対立遺伝子を導入することによっても改良できることを示した。

(b) オオムギ生長過程の表現型可塑性

表現型可塑性の種内変異は遺伝子型・環境相互作用 (GxE) として記述され、作物の生産性を向上させる上で重要な要素である。これらの相互作用を理解するために、我々は時系列マルチオミクス戦略によって複数の圃場環境の下、オオムギ生長トラジェクトリの変異を明らかにすることに取り組んでいる。

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

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。また、エキソーム・キャプチャーと QTL-seq とを組合せて、巨大ゲノムを持つ生物種における迅速マッピングの手法を開発した。

(b) オオムギの形質転換とゲノム編集

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

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 institutions and researchers upon request. These resources include the 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 the isolation and characterization of the genes involved in agronomically important traits using barley genetic resources.

(a) Exploring novel alleles for malting traits

To identify QTLs that control α -amylase activity, which is critically important in the brewing industry, we performed a genome-wide association study for the α -amylase activity utilizing the International Barley Core Collection and identified several QTLs located in all the seven chromosomes of barley. These studies showed that the QTL alleles of the Japanese modern varieties could be improved by introducing novel alleles from an accession with high α -amylase activity, and even from an accession with low activity.

(b) Phenotypic plasticity of the barley developmental trajectory

Variation in intra-species phenotypic plasticity is described as genotype-environment interaction (GxE), which is an important factor in improving crop productivity. To understand these interactions, we are now tackling to uncover the barley developmental trajectory under multiple field environments by means of time-series multi-omics strategy.

3. Barley genome analysis

(a) Genome analysis and marker development in barley

Recently, we performed RNA-seq analysis via NGS technology utilizing several barley varieties and conducted their SNPs analysis. We also developed a new NGS-based gene/QTL mapping procedure in organisms with large genomes, designated exome QTL-seq, combined with exome-capture sequencing and QTL-seq.

(b) Genetic transformation and genome editing in barley

For post-genome analysis, we are trying to find 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 currently 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の種子や芒の形態を司る遺伝子の特定と解析を進めている。今年度の主要な研究成果は、オオムギの芒の「粗・滑」を決める *rough awn 1* 遺伝子(*raw1*)のクローニングと特性解析である。

オオムギの穂先の針状器官である芒は、鳥獣害を防止する以外に、光合成を活発に行い収量に10–30%程度貢献するなど、農業的に重要な役割を担う。オオムギの芒には表面に鋸歯(barb)が発達し粗剛な「粗芒」と、鋸歯が少なく滑らかな「滑芒」に大別される。芒表面の鋸歯は脱穀時に粉塵となって飛散し、収穫従事者や周辺環境に悪影響を与える。そのため、滑芒遺伝子を活用し収穫時の粉塵発生を軽減させる、「環境にやさしい大麦育種」が試みられている。

オオムギの芒の粗・滑性は滑性が劣性で単因子遺伝する。滑芒遺伝子 *raw1* はオオムギ5H染色体の長腕基部付近に位置することが従来の研究でわかっていたものの、その分子実態は不明であった。我々は滑芒品種“Morex”と粗芒品種“豊年6号”の交雑F₂世代1,567個体を供試し、独自のDNAマーカーを開発しながら、高精度マッピングを行った。この過程で、オオムギとイネとのマイクロシンテニーを利用した。その結果、*raw1* 遺伝子はオオムギ5HL上の0.42 cMの範囲に絞り込まれた。このオオムギ *raw1* 候補領域の両端の隣接マーカーはイネ9番染色体の約12 Mbの物理領域に対応し、その領域内には単一のイネ遺伝子 LOC_Os09g37540 のみが含まれることがイネデータベース解析からわかった。Ensemble Database で最新のオオムギゲノム配列データベースをBLAST検索したところ、HORVU5Hr1G086520 がオオムギオーソログとみられ、*raw1* の有力な候補遺伝子と考えられた。マッピング親間で *raw1* 候補遺伝子の塩基配列に1アミノ酸置換を引き起こすとみられる1塩基置換が検出された。オオムギ粗・滑遺伝子(*HvRAW1*)はイネの芒長と芒の粗滑を決める (*LONG AND BARBED AWN 1 / An-2*; LOC_Os04g43840) のホモログであるとわかった。イネの *LBA1/An-2* 遺伝子はサイトカイニン合成酵素を指定することが報告されている。このことから、オオムギにおいてもサイトカイニン合成酵素が芒の鋸歯の発達制御に関与することが強く示唆される。まとめると、オオムギとイネの双方で、芒の形態を制御する遺伝機構の一部にサイトカイニンが関与する点で、共通点がみられることが判明した。

Our group has been conducting molecular genetic analysis of barley mutants paying special attention to seed and awn morphology. Our main achievements during 2018 are described below.

Molecular cloning and characterization of the *rough and smooth awn 1 (raw1)* gene in barley

The awn, an apical extension from the lemma of the spikelet, plays important roles in seed dispersal, burial, and photosynthesis. Barley typically has long and rough awns, but smooth awn variants exist. The *smooth awn 1 (raw1)* gene, which reduces barbs on the awns significantly, is a natural variant that is geographically restricted to the Western Region. Smooth awn trait is considered to be a beneficial trait because use of barley cultivars with the *smooth awn 1 (raw1)* gene can reduce the dust derived from awn barbs during the harvest. Thus, use of barley cultivars with the *smooth awn 1 (raw1)* gene would lead to minimize the damages to farmers and to keep the air environment near the farm land cleaner.

Positional cloning revealed that *Raw1* encodes a cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase, which seems to encode a cytokinin synthase. The barley *rough awn 1* gene (*Raw1*; HORVU5Hr1G086520) is the ortholog of a cytokinin synthase gene on rice chromosome 9, which, in turn, is a homolog of the recently reported rice awn gene *LONG AND BARBED AWN1 / An-2 (LBA1/An-2; LOC_Os04g43840)*. The present research demonstrates partial overlapping between barley and rice, in the genetic control mechanisms of awn morphogenesis.

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ことを目指し、広範囲の緯度に分布する周北極-高山植物を材料にした研究を進めている。これまでに異なる緯度に分布する2種の姉妹種 (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; アブラナ科) を用いた研究を行い、両種がアミノ酸配列の大きく異なる光受容体 (フィトクロム) をもつことを見つけてきた。また、シロイヌナズナの形質転換植物を用いた実験から、両種のフィトクロムが温度に対する生理活性に違いをもつ可能性を明らかにしてきた。本年度はこの可能性を裏付けるための実験を進め、観察した生理応答がフィトクロムの生理活性を反映していることを裏付ける傾向を確認してきた。一方で、フィトクロムが関わる生理応答のうち、野外の生育環境への適応を担うと考えられる開花特性については、種間で大きな違いが観察されなかった。

2. 植物標本庫の分類体系の変更

当研究所の植物標本庫には、研究所創立以来収集された、維管束植物の幅広い分類群の腊葉標本が約7万点、種子標本が約3万点登録されている。これらは利用の便宜のために伝統的な新エングレー分類体系に従って整理し配架されてきたが、近年は分子系統樹を基礎にした分類体系が定着しつつあるため、学説との著しい乖離を無くすために配架を変更した。被子植物に関してはAPG分類体系、裸子植物とシダ植物に関してはクリステンフスらの分類体系に従った。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of the diversity of plant species. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. Our main achievements during 2018 are described below.

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

Adaptation to environments that change along latitude such as photoperiod and temperature are important for the plant's life cycle as well as reproductive success. To understand how plants adapt to different environments along latitude, we are investigating arctic-alpine plants that are widely distributed across extensive latitude. Our previous works on two sister species (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*; Brassicaceae) found that the lower latitude *C. nipponica* have diverged alleles from the higher latitude *C. bellidifolia* in *PHYB*, an ortholog of phytochrome genes that encoded red/far-red light receptors, where seven amino acid replacements characterize their divergence. By transforming *Arabidopsis thaliana* lacking functional *PHYB*, we revealed that *PHYB* from *Cardamine bellidifolia* (*CbPHYB*) and *Cardamine nipponica* (*CnPHYB*) have differences in thermal sensitivity. This year, we conducted further experiments to confirm the previous findings. We revealed preliminary evidence for the notion that *PHYB* itself is responsible for the different thermal sensitivity observed in transformed plants. However, our experiments did not show any clear difference in flowering phenotypes between these species nor between transformed plants with *CbPHYB* and *CnPHYB*.

2. Rearrangement of herbarium specimens

The plant specimens preserved in the herbarium of IPSR were rearranged under current taxonomic systems. The angiosperms are arranged under the APG IV (2016) system, and the other vascular plants under the systems by Christenhusz *et al.* (2011). Those specimens had been arranged under the traditional updated Engler system (1964) due to its international convenience. However, the system severely differs from current taxonomic systems based on molecular phylogeny. This herbarium has ca. 70,000 specimens of vascular plants and ca. 30,000 seed specimens which have been collected from Asia and other regions.

本研究グループでは、植物を材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞遺伝学的研究を行っている。染色体の機能要素のうち動原体を主な研究対象として、それらに関する基礎研究およびそれらを利用した応用研究を展開している。また、イネ遺伝資源を活用して、従来にない遺伝的多様性を検出し品種改良手法として確立するための研究を開始した。今年度の研究成果は以下の通りである。

1. 動原体機能改変による半数体誘導系統の作出

「半数体作出とその倍加」による半数体育種法では、1世代で純系を作成することが可能となり、純系の作出期間を大幅に短縮することができる。しかし、これまで半数体は花粉培養や異種交配により作出され、これらの方法を利用できる種はごく僅かであった。そこで、本研究では動原体の機能低下を利用した普遍的かつ効率的な半数体誘導系統の作出系の開発を行っている。具体的には、(1) 真核生物に普遍的に存在する動原体タンパク質をゲノム編集により改変して、その機能を低下させる、(2) この機能低下した動原体をもつ配偶子と正常な動原体をもつ配偶子を交配することにより、受精胚中で選択的に片親由来の染色体セットを脱落させ、半数体を作成する。今年度は、イネ、トマト、ミヤコグサにおいて、動原体に部分的な機能不全を引き起こす改変動原体タンパク質を発現するコンストラクトを導入した系統に対して、内在の同遺伝子のゲノム編集による破壊を試み、ゲノム編集コンストラクトを保有する形質転換体を得た。現在、新たに得られた形質転換体の遺伝子破壊の有無を確認している。

2. 多様なイネ遺伝資源が持つ有用農業形質の探索と育種への活用

農業上重要な表現型変異は多くの遺伝子発現の総体として制御されているが、それらの遺伝的基礎や生物学的機能の多くは依然として不明で、このことがイネ遺伝資源の幅広い活用を妨げている。研究グループでは今年度より、多様なイネ遺伝資源が持つ有用な表現型変異を探索し、ゲノム情報や新しい技術を活用してそれらを活用した次世代育種を提案するための2つの研究を開始した。

- (1) アフリカ栽培種であるオリザグラベリマの遺伝的なポテンシャルを明らかにし、世界の主たる栽培種であるオリザサティバとの不親和性を回避した新しい方法論の開発を目指す。
- (2) 多系交雑集団を用いて作出するこれまでにないハプロタイプ組み合わせが、現在の栽培稲育種が生み出す多様性の限界を超えることを実証する。

We have been conducting molecular cytogenetic studies on the structure and function of nuclei and chromosomes using plant species. Kinetochores have been our main research subjects among functional chromosomal elements. We have been conducting basic research on the kinetochores and applied research utilizing them. Additionally, new research activity aiming establishment of novel rice breeding system producing wide genetic diversity has been started. Our main achievements in 2018 are described below.

1. Construction of haploid-inducer lines by alteration of centromere function

Using doubled-haploid breeding methods by "haploid production and its doubling", it is possible to create pure lines in one generation, and to dramatically shorten the production period of pure lines. However, so far haploids have been produced by pollen cultivation or crossbreeding, and only a few species can be produced by these methods. Therefore, in this study, we are developing a system for producing universal and efficient haploid-inducer lines by declining the function of kinetochores. The following two steps are involved in the haploid production: (1) modification of essential kinetochore proteins by transformation and genome editing to reduce their functions, (2) selective chromosome eliminations in fertilized embryos by mating gametes with this modified kinetochore and gametes with normal kinetochores. This year, we tried destroying the endogenous kinetochore protein genes of rice, tomato and *Lotus japonicus* by genome editing after introducing a construct expressing the protein causing partial function in their kinetochores. As a result, we found some transformants possessing the genome editing construct, and we have been checking for mutations in the transformants.

2. Exploring and utilizing of useful traits from diverse rice genetic resources

Phenotypic variations of agricultural important traits are controlled by the collective function of many genes on the genome. However, the genetic bases and biological functions are still unknown, which has prevented us from wider practical application of germplasms into acral breeding. Our group started two new researches to exploit useful phenotypic variations from a wide range of rice germplasms and to propose next generation crop breeding by aid of recent advances in genome information and technology.

- (1) We elucidate genetic potential of *Oryza glaberrima*, one of two cultivar species in genus *Oryza*, aiming for new breeding methodology overcoming cross incompatibility with *Oryza sativa*, another cultivar species distributing most of rice farming area.
- (2) We demonstrate that phenotypic diversity by novel haplotype combinations produced from multiple parental population consisting ordinary rice varieties is beyond phenotypic variation in current cross breeding.

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、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. 早生カーネルバスマティと pLIA-4d との交雑後代における低肥料条件下での収量関連形質の QTL 解析

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た低投入適応系統 (pLIA-4d) を選抜した。pLIA-4d の形質はバスマティイネの改良に有効であると考えられ、pLIA-4d とバスマティイネの交雑 BC1F1, F3 および F4 を育成し、収量形質に関する QTL 解析を行った。BC1F1 では、第 1 と 3 染色体を除く染色体で 11 形質に関わる 21 の QTL を検出できた。また、長穂 F3 個体由来 F4 では、第 6 染色体には出穂期、穂長、穂首径と 1 次枝梗数に係る QTL が 2 箇所が存在することが判明した。これらの QTL はカーネルバスマティの改良に役立つものと考えられる。

2. 宇宙空間環境下と火星環境下で太陽光に曝露した大麦種子の生存能力

大麦種子をロシア国際宇宙ステーション船外に設置している装置のトレイにセットした。トレイ 1 (宇宙空間環境) は MgF₂製の蓋で封印しトレイ内を真空にし、トレイ 2 (火星地表環境) は石英製の蓋で封印した。15 ヶ月間船外曝露した後トレイを回収し地上へ搬送した。地上で 4°C で同期間保管した大麦種子 (GS) をコントロールとした。宇宙空間環境に曝露した種子 (SG) と火星地表環境に曝露した種子 (MS) の発芽率は 67%、100%であった。SG と MS は GS と同様に生育し、農業特性に有意な差が認められなかった。これらの結果、オオムギ種子は紫外線防御や気候制御すること無く宇宙空間や火星環境で 15 ヶ月間生存できることが明らかとなった。

3. RNA-seq によるコムギ種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 の遺伝子発現解析

RNA-seq 解析により RSD32 と野生型である農林 61 号の種子胚における遺伝子発現の比較を行ったところ、開花後 20-30 日の種子胚において発現が変動した遺伝子の数は、種子休眠性が誘導される開花後 40 日より多かった。RSD32 の開花後 20 日の種子胚では、概日時計遺伝子や Ca²⁺ の信号伝達に関わる遺伝子などの発現が低下していた。以上の結果は、RSD32 が種子発達の初期に発現する種子休眠制御因子であることを示唆する。概日時計やカルシウムシグナルは多くの遺伝子発現系に影響を及ぼすことから、種子発達初期が種子休眠性の制御ネットワークにおいて重要な発育ステージであると考えられた。

4. オオムギ種子における液胞膜型アクアポリン (HvTIPs) の役割の解明

種子の発達と乾燥に関わる細胞内水環境調節を調べるため、オオムギから単離された液胞型アクアポリン TIP (HvTIP) の解析を行っている。オオムギ種子で発現する HvTIPs のうち、主なものは HvTIP3;1 は、他のタンパク質と相互作用し、その水の透過性を変化させて種子の形成に貢献していることが明らかとなった。また、我々は、ABA 合成量が低下している Az34 系統とその親系統 Steptoe を用いて、HvTIP3;1 の発現の変化について解析し、種子形成における HvTIP3;1 の役割と ABA の影響について検証した。

This group analyzes the genetic factors for improving the production of crops and quality of seeds and also searched for tolerant genes to grow crops in space.

1. QTL analysis for yield-related traits in the progenies of a cross between pLIA-4d and early Kernel Basmati under low input conditions

We selected pLIA-4d with few tillers, many spikelets per panicle and dwarf out of pLIA lines derived from the cross between *Oryza longistaminata*, an African wild species and T65 showing. QTLs for yield-related traits were analyzed in 34 BC1F1 plants and 84 F4 plants derived from a cross between pLIA-4d and early Kernel Basmati. In BC1F1 using early Kernel Basmati as pollen parent, 21 QTLs for 11 traits were detected in all chromosomes except for chromosomes 1 and 3. On the other hand, two regions on chromosome 6 were found to locate important QTLs including DH, PL, PBD and PBN in the F4 population from long panicle plant in F3.

2. Viability of barley seeds exposed to sun light in outer space and climate of Mars.

Seeds of barley were set in trays outside of the International Space Station. Tray 1 was covered with an MgF₂ lid in vacuo for the outer space environment, and Tray 2 was covered with a quartz lid for a Martian environment. Seeds stored at 4°C on the ground were used as a control (GS). After left for 15 months in outer space, the seeds were transported back to earth. The germination percentages of seeds in vacuo (SS) and those in the Martian environment (MS) were 67 and 100%, respectively. Plants from SS and MS grew just as well as those from GS, and the agronomic properties of SS and MS were not significantly different from those of GS. These results indicated that barley seeds could survive in the outer space and Martian environments for 15 months unprotected from UV and without climate control.

3. RNA-seq analysis of RSD32 mutant with reduced seed dormancy in wheat

Gene expressions of embryos were compared by RNA-seq analysis between Norin61 (wild type) and RSD32 at different developmental stages of seed. There were more genes that showed different expressions between Norin 61 and RSD32 in the embryos at 20 days and 30 days after pollination (DAP20 and DAP30) than in those at DAP40. Expressions of genes involved in the circadian clock and signal transduction pathway of Ca²⁺ were reduced in embryos of RSD32 at DAP20. These results suggest that RSD32 is a regulation factor expressed at an early developmental stage of the seed. Since the circadian clock and Ca²⁺ signaling affect several expression pathways, the early developmental stage of seed is an important stage for the regulation network of seed dormancy.

4. Investigation of the role of Hordium vulgare tonoplast intrinsic proteins, HvTIPs, in barley seeds.

To investigate the cellular water condition and the mechanism of the control in seeds, we focused on tonoplast intrinsic proteins (TIPs), which transport water and control the intracellular osmotic pressure in a cell, from barley (HvTIPs). Three HvTIPs, HvTIP1;2, HvTIP2;1 and HvTIP3;1, expressed in barley seeds. It was revealed that these HvTIPs, HvTIP1;2, HvTIP2;1 and HvTIP3;1, interacted with each other and changed the water permeability by the formation of hetero-tetramer. We also analyzed the expression pattern of HvTIP3;1, the development and the water contents of the seeds in two barley lines, Steptoe and ABA-deficient mutant, Az34, and verified the role of HvTIP3;1 in the seed formation and influence of ABA.

次世代作物共同研究コア

作物デザイン研究チーム

本グループでは、研究所が保有する遺伝資源を活用して、これまで蓄積してきた環境応答データや植物の様々な生理応答に関する知見を統合し、作物の生産性に有用な鍵遺伝子の探索を推進している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. オオムギ出穂関連要因の同定

研究所が保有するオオムギ系統の生育データ・ゲノム多型データや野外オオムギのトランスクリプトームデータからオオムギの出穂時期への影響が示唆される遺伝要因を推定した。また、推定した遺伝要因を取り入れ、オオムギの出穂日予測モデルの予測精度を向上した。

2. オオムギのオミックス統合解析

野外で生育するオオムギに関して収集されたトランスクリプトームデータやホルモンデータを統合的に解析し、オオムギの成長に沿った生理状態の変化や系統間の差を形質として描出するための統合解析を進めた。

そのほかに、次世代シーケンスデータの解析をはじめとするバイオインフォマティクスに関連する技術等を所内外の研究者に提供している。

国際共同研究チーム

本チームでは植物研と農学部教員が兼任となり、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。これまで、JSPS 国際事業「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 22-24 年度)、「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」(平成 26-28 年度)が採択され、平成 30 年度はこのこれらの事業を引き継いだ交流を進めるとともに、農林水産省戦略的国際共同研究推進委託事業 (MOU 締結支援事業) に採択された。

1. ケニア・ウガンダ研究者の受入れと共同研究

平成 30 年度は、ウガンダ国立作物科学研究所からの留学生 1 名が、博士前期課程学生として植物・昆虫間相互作用グループ (ガリス) に在籍し、ネリカイネの病害虫耐性と揮発物質についての研究を立ち上げた。ケニアからの留学生が国費留学生として採用され、博士後期学生 1 名が植物・微生物相互作用グループ (鈴木) に平成 30 年度進学し、植物病原糸状菌に持続感染するパルティティウイルスの共同研究を進めた。ケニア研究者 1 名が JSPS Bridge Fellowship Program に採択され、植物・微生物相互作用グループ (鈴木) に短期に滞在した。ウガンダ・マケレレ大学の学生 1 名を植物環境微生物学グループ (谷) に受け入れ (H31 年 1 月~H31 年 3 月)、植物根圏における微生物貪食作用について研究を行う。

2. ケニアへの研究者派遣と交流の促進

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 1 名 (坂本) がケニアを訪問し (H31 年 2 月)、ケニア西部におけるソルガムペレットの生産を可能にする試験栽培について国際家畜研究所とケニア農業研究所を訪問し打合せを行う。また、植物研にて若手を中心とした研究交流の場として 11 月 2 日に「アフリカデー 2018」を行った。

(Research Core for Future Crops)

Crop Design Research Team

With the genetic resources in IPSR, our group has been integrating a broad range of data and knowledge related to the physiological responses in plants, and promoting the research to discover genes that are useful to improve crop productivity. Our main achievements in 2018 are described below.

1. Identification of genetic and environmental factors related to barley heading date

Using trait datasets of heading date, genome-scale genetic polymorphisms, and transcriptome under field condition of barley accessions in IPSR, we estimated genetic factors that are related to barley heading date. Then, implementing these genetic factors to our computer model that estimate barley heading, we improved its performance to predict the heading date of barley accessions.

2. Integrated omics analysis in barley

To comprehensively analyze the physiological dynamics during barley growth, we systematically analyzed time-course profiles of plant hormones and transcriptome across barley accessions under field conditions, demonstrated the physiological changes throughout their life-course, and identified physiological signatures described by particular transcriptional and hormonal profiles, which are conserved and specific across genotypes and life-stages in barley.

In addition, we provided various bioinformatics techniques to researchers inside and outside IPSR.

International Collaboration Team

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 has been 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 2018, we continued the collaborative research projects, and received the MAFF grant to support making MOU with Kenyan research institutes.

1. Accepting Kenyan and Ugandan researchers and international collaboration

Two researchers are studying in the Graduate School of Environmental and Life Science, one Ugandan as a master student (Supervisor Galis) and the other as a doctor student (Supervisor Suzuki). One Kenyan researcher visited IPSR under the JSPS Bridge Fellowship (Supervisor Suzuki). One Ugandan student from Makerere University will come to IPSR (Supervisor Tani) for about two months from January, 2019.

2. Visiting Kenya and Meeting

To promote exchange between IPSR and other east African universities, Sakamoto plans to visit the International Livestock Research Institute (ILRI) and Kenyan Agricultural and Livestock Research Organization (KARLO), Kakamega, Kenya. He will inspect sorghum fields in the western Kenya, in January, 2019 to launch a sorghum pellet project. To promote networking of young researchers, we organized the “Africa (Kenya) Day 2018” on November 2, 2018 at IPSR.

イオンダイナミクス班

本研究班では、フィールド環境における作物のレジリエンスを理解するためのイオンダイナミクス研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 塩ストレスフィールドにおける作物のレジリエンスを理解するためのイオンホメオスタシス研究

塩は多くの作物に障害をもたらす。オオムギの根におけるナトリウムイオンの動態の理解を目指し、ナトリウムイオンを輸送するイオン輸送体 HvCNGC2 のアルカリイオンの選択性を電気生理学的手法により解明した。また陸上植物に近縁なシャジクモが持つ輸送体 CbPHT1 について、アフリカツメガエル卵母細胞に発現させた系において CbPHT1 が Na⁺との共輸送によるリン酸取り込み活性を持つことを明らかにした。

2. CO₂ 吸収と蒸散流制御の理解のためのイオンホメオスタシス研究

気孔閉口に関与するイオンチャネルの解析をトマトで行った。トマトの気孔を構成する孔辺細胞に局在する ALMT ファミリー遺伝子を見出し、アニオン輸送特性の電気生理学的解析をさらに進めた。さらに、この遺伝子発現抑制系統トマトの作出を進めている。

3. イオンイメージングとイオン電極を活用した生体イオン計測による細胞シグナリング研究

組織表面のイオンフラックスを非破壊的に測定するための振動微小イオン電極装置を構築した。翌年はこの装置を活用した研究を進める。

Ion Dynamics Section

This research group studies to comprehend resilience of crops in the field through ion dynamics research. Our main achievements in 2018 are described below.

1. Ion homeostasis studies on crop resilience in salt-stressed fields

Sodium ion renders damage to crops. We analyzed alkali ion selectivity of the barley root sodium-permeating transporter, HvCNGC2-3. *Charophyta* are algae, which are close relatives of flowering plants. Using the *Xenopus laevis* oocyte expression system, we revealed that the phosphate transporter of *Chara braunii*, CbPHT1, possesses Na⁺-coupled phosphate import activity, which is distinct from H⁺-coupled phosphate import activity in flowering plants.

2. Ion homeostasis studies to comprehend CO₂ uptake and transpiration control

Analyses of ion channels involved in stomatal closure have been performed in tomato. We identified the ALMT-family gene encoding the anion channel which expressed dominantly in guard cells of tomato, and characterized the ion channel properties by electrophysiological analysis. Furthermore, we are constructing the transgenic suppresser in tomato, to assess stomatal closure.

3. Cell signaling studies by ion imaging and the ion electrode

We newly developed a vibrating micro ion electrode equipment for non-destructive analysis of ion fluxes at the surface of plant tissues.

根圏生態班

本班はイネ、オオムギを対象として年間を通じた植物の生長とその根圏の微生物叢、並びに環境要因としてイオンや野生植物の測定・観察を通じ、これら要因が複雑に絡み合うネットワークの変動を明らかにしていくことで、病徴や金属イオンストレスに関わる重要な因子を見いだすことを目的として発足した。今年度は発足間もないため来年度の研究資金調達、イネの継続的なサンプリング、土壌 pH 及びミネラル測定、アンプリコンシーケンシングのテストラン、野生植物相の方形区調査等を行った。

Rhizosphere Microbiome Section

This section was started last year with the aim to analyze throughout the year the plant growth and rhizosphere microbiome of rice and barley in relation to environmental factors such as diseases and metal ion stress and to find changes in the complex network of these factors. This year we applied for a grant, conducted rice root and rhizospheric soil sampling, measured soil pH and mineral composition, established a sampling method, performed a test run of amplicon sequencing, and conducted quadrat surveys on weed diversity.

エピジェネティクス班

エピジェネティック修飾による遺伝子発現制御は、成長、器官分化、ストレス応答など、植物の様々な生命現象に重要な役割を果たしており、エピジェネティック修飾を各植物において1細胞レベルの解像度で解析を行う必要性が高まっている。しかし、植物種および器官・組織によって細胞のサイズ、構造などが異なり、それぞれに適した解析法を用いる必要がある。本研究班では、モデル植物だけでなく、個々の研究者が研究材料とする多様な植物種に利用可能なエピジェネティック修飾解析法を開発するとともに各器官・組織に適した解析法を on demand に提供していく。本年度は、以下の解析法を開発を行った。

1. 植物組織内におけるエピジェネティック修飾解析法の開発とその自動化

植物器官および組織内の個々の細胞のエピジェネティック修飾は、個別に制御されていると考えられるが、これまで主にこれらの解析に用いられてきたクロマチン免疫沈降法では原理的に組織内の個々の細胞の状態を知ることができない。本研究班では、この問題を解決し、個々の細胞のエピジェネティック修飾情報を得るために、植物器官および組織内の個々の位置情報を保ったまま、俯瞰的かつ細胞レベルの解像度をもつ組織免疫染色を用いたエピジェネティック修飾解析法を開発している。加えて、この方法によって得られる大量のデータの自動解析法の開発も行っている。

今後は、上記手法の開発を行うとともに、他研究者からのニーズに合わせた解析法を開発を共同研究として進めていく。

オオムギ遺伝子改変班

本研究班は、オオムギの遺伝子改変技術の高度化とオオムギを利用した作物イノベーション研究拠点の構築を行っている。オオムギ-微生物間相互作用、種子澱粉工学、環境ストレス耐性育種などの分野で共同研究体制を整え、資源植物科学の発展に寄与することを目的としている。

1. 幹細胞化メカニズムの解明とオオムギの形質転換技術の高度化

オオムギの形質転換技術を高度化するために、再分化過程の要である幹細胞化機構の実態解明を目指している。現在、再分化効率の品種間差に注目した遺伝学的解析を進めており、将来的にはメタボローム解析や再分化効率を向上するためのケミカルスクリーニングを行う予定である。

2. オオムギ生存圏におけるウイルス叢の解明

オオムギの生存圏に存在するウイルスを網羅的に解析し、カタログ化を行っている。これらの成果を元に、オオムギの遺伝子解析・改変に有効なウイルスベクターの構築ならびにオオムギの耐病性メカニズムや生物間相互作用研究への応用を目指している。

3. オオムギ種子の澱粉粒の形状育種

オオムギ種子の澱粉粒の形状の改変を行い、新しい澱粉特性を有するオオムギの開発を行なっている。また、オオムギの澱粉粒の形成機構の解明を目指した基盤研究を行っている。

4. オオムギの環境ストレス耐性育種のための基盤研究

高/低温ストレス耐性遺伝子の導入やミネラルストレス関連遺伝子を改変した形質転換オオムギのセットを作製し、オオムギの環境ストレス耐性機構の網羅的解析を目指している。

Epigenetics Section

Epigenetic gene regulation plays a crucial role in various biological phenomenon including growth, development, and stress responses in plants. The cell size and structure are different in each plant species and organs/tissues. Therefore, it is necessary to use appropriate epigenetic modification analysis methods for each plant species and organs/tissues. Our research team will develop epigenetic modification analysis methods that can be used not only for model plants but also for various plant species that individual researchers use as research materials. In addition, we will provide analysis methods that are suitable for each plant organs/tissues. In 2018, we have tried to develop the following analysis methods.

1. Development of epigenetic modification analysis methods in plant tissue and its automation

Epigenetic modifications of individual cells in plant organs/tissues are thought to be individually controlled, but it is difficult to identify them in each cell by the chromatin immunoprecipitation method, which has been mainly used for these analyses, in principle. In order to solve this problem and to obtain epigenetic modification information on individual cells, we are developing epigenetic modification analysis methods using immunohistochemical methods that should have a bird's-eye view and single cell-level resolution while keeping positional information of individual cells in organs/tissues.

Barley Genetic Modification Section

Our research aims to upgrade the genetic modification technology in barley and to establish a research core for crop innovation using barley. We are conducting joint research in the fields of barley-microbial interaction, seed starch engineering and environmental stress tolerance breeding.

1. Elucidation of stem cell formation mechanism and sophistication of barley transformation technology

We are analyzing the molecular mechanism of barley stem cell formation which is the essential part of the regeneration process. This includes genetic analysis that is focused on varietal differences in totipotency, metabolomic analysis and chemical screening to improve regeneration efficiency.

2. Analysis of viromes in the ecosphere of barley

We are comprehensively analyzing the viromes in the barley ecosphere to construct effective viral vectors for genetic transformation and to understand the disease resistance and biological interaction in barley.

3. Morphological breeding of starch grains in barley seeds

Modification of starch grain morphology of barley seeds is in progress. It will develop barley plants with novel starch properties and increase the availability of barley. Basic research to elucidate the molecular mechanism of starch grain formation is also conducted.

4. Elucidation of environmental stress tolerance in barley

Introduction of environmental stress-related genes, such as temperature-stress genes and mineral absorption/exclusion-related genes into barley is in progress. We will develop transgenic barley plants over-/down-regulating these genes to analyze the stress tolerance mechanism comprehensively in the future. these genes to analyze the stress tolerance mechanism comprehensively in the future.

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) Szymanski, D., Bassham, D., Munnik, T. and Sakamoto, W. Cellular Dynamics: Cellular systems in the time domain. *Plant Physiol.* **176**: 12-15. (2018. 1.)
- (2) Yamatani, H., Kohzuma, K., Nakano, M., Takami, T., Kato, Y., Hayashi, Y., Monden, Y., Okumoto, Y., Abe, T., Kumamaru, T., Tanaka, A., Sakamoto, W. and Kusaba, M. Impairment of Lhca4, a subunit of LHCI, causes high accumulation of chlorophyll and the stay-green phenotype in rice. *J. Exp. Bot.* **69**: 1027-1035. (2018. 2.)
- (3) Ohnishi, N., Zhang, L. and Sakamoto, W. VIPP1 involved in chloroplast membrane integrity has GTPase activity in vitro. *Plant Physiol.* **177**: 328-338. (2018. 5.)
- (4) Tominaga, J., Nakahara, Y., Horikawa, D., Tanaka, A., Kamei, Y., Takami, T., Sakamoto, W., Unno, K., Sakamoto, A. and Shimada H. Overexpression of the protein disulfide isomerase AtCYO1 in chloroplasts slows dark-induced senescence in Arabidopsis. *BMC Plant Biol.* **18**: 80. (2018. 5.)
- (5) Kato, Y. and Sakamoto, W. FtsH protease in the thylakoid membrane: physiological functions and the regulation of protease activity. *Front. Plant Sci.* **9**: 855. doi: 10.3389/fpls.2018.00855. (2018. 6.)
- (6) Nishimura, K., Matsushita, T., Shikanai, T. and Sakamoto, W. Meeting Report – Taiwan -Japan Plant Biology 2017, Spotlight Issue: From light signals/signaling to photosynthesis and chloroplast development. *Plant Cell Physiol.* **59**: 1099-1103. (2018. 6.)
- (7) Sakamoto, W. and Takami, T. Chloroplast DNA dynamics: copy number, quality control, and degradation. *Plant Cell Physiol.* **59**: 1120-1127. (2018. 6.)
- (8) Nakamura, S., Hidema, J., Sakamoto, W., Ishida, H. and Izumi, M. Selective elimination of membrane-damaged chloroplasts via microautophagy. *Plant Physiol.* **177**: 1007-1026. (2018. 7.)
- (9) Tanaka, M., Iamshchikov, I., Kato, Y., Sabirov, R., Gusev, O., Sakamoto, W. and Sugimoto, M. Structure and molecular characterization of diadenosine polyphosphate hydrolase in brachypodium distachyon. *J. Plant Biochem. Physiol.* **6**: 220. (2018. 7.)
- (10) Kato, Y., Hyodo, K. and Sakamoto, W. The photosystem II repair cycle requires FtsH turnover through the EngA GTPase. *Plant Physiol.* **178**: 596-611. (2018. 10.)
- (11) Takami, T., Ohnishi, N., Kurita, Y., Iwamura, S., Ohnishi, M., Kusaba, M., Mimura, T. and Sakamoto, W. Organelle DNA degradation contributes to the efficient use of phosphate in seed plants. *Nat. Plants* **4**: 1044-1055. (2018. 12.)
- (12) Crofts, N., Iizuka, Y., Abe, N., Miura, S., Kikuchi, K., Matsushima, R. and Fujita, N. Rice mutants lacking starch synthase I or branching enzyme IIb activity altered starch biosynthetic protein complexes. *Front. Plant Sci.* **9**: 1817. doi: 10.3389/fpls.2018.01817. (2018. 12.)
- (13) Toyoshima, M., Sakata, M., Ohnishi, K., Tokumaru, Y., Kato, Y., Tokutsu, R., Sakamoto, W., Minagawa, J., Matsuda, F. and Shimizu, H. Targeted proteome analysis of microalgae under high-light conditions by optimized protein extraction of photosynthetic organisms. *J. Biosci. Bioeng.* doi: 10.1016/j.jbiosc.2018.09.001. (2018. 9. Online preview)

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

- (1) Iida, M., Takano, T., Matsuura, T., Mori, I. C. and Takagi, S. Circumnutation and distribution of phytohormones in *Vigna angularis* epicotyls. *J. Plant Res.* **131**: 165-178. doi: 10.1007/s10265-017-0972-y (2018. 1.)
- (2) Kouzai, Y., Kimura, M., Watanabe, M., Kusunoki, K., Osaka, D., Suzuki, T., Matsui, H., Yamamoto, M., Ichinose, Y., Toyoda, K., Matsuura, T., Mori, I. C., Hirayama, T., Minami, E., Nishizawa, Y., Inoue, K., Onda, Y., Mochida, K. and Noutoshi, Y. Salicylic acid-dependent immunity contributes to resistance against

Rhizoctonia solani, a necrotrophic fungal agent of sheath blight, in rice and *Brachypodium distachyon*. *New Phytol.* **217**: 771-783. doi: 10.1111/nph.14849. (2018. 1.)

- (3) Matsuura, T., Mori, I. C., Ikeda Y., Hirayama, T. and Mikami, K. Comprehensive phytohormone quantification in the red alga *Pyropia yezoensis* by liquid chromatography–mass spectrometry. In *Protocols for macroalgae research*. (eds.) B. Charrier, T. Wichard and C.R.K. Reddy. pp. 226 - 236. *CRC Press* (2018. 4.)
- (4) Frost, J. M., Kim, M. Y., Park, G. T., Hsieh, P. H., Nakamura, M., Lin, S. J. H., Yoo, H., Choi, J., Ikeda, Y., Kinoshita, T., Choi, Y., Zilberman, D. and Fischer, R. L. FACT complex is required for DNA demethylation at heterochromatin during reproduction in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **115**: E4720-E4729. (2018. 5.)
- (5) Heng, L.Y., Ooi, L., Mori, I. C. and Futra, D. Environmental toxicity and evaluation. In *Environmental risk analysis for asian-oriented, risk-based watershed management*. (eds.) M. Yoneda and M. Mokhtar. pp. 71-94. *Springer*, Singapore. doi: 10.1007/978-981-10-8090-6_6 (2018. 5.)
- (6) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Moresco, J. J., Hayashi, Y., Satoh, K., Kaiwa, N., Irisa, T., Kinoshita, T., Schroeder, J. I., Yates III, J. R., Hirayama, T. and Yamazaki, T. Control of seed dormancy and germination by DOG1-AHG1 PP2C phosphatase complex via binding to heme. *Nature Commun.* **9**: 2132. (2018. 6.)
- (7) Mori, I. C., Nobukiyo, Y., Nakahara, Y., Shibasaki, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. A cyclic nucleotide-gated channel, HvCNGC2-3, is activated by the co-presence of Na⁺ and K⁺ and permeable to Na⁺ and K⁺ non-selectively. *Plants* **7**: 61. doi: 10.3390/plants7030061 (2018. 7.)
- (8) Hirayama, T., Lei, G. J., Yamaji, N., Nakagawa, N. and Ma, J. F. The putative peptide gene *FEP1* regulates iron deficiency response in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol.* **59**: 1739-1752. (2018. 9.)
- (9) Takagi, H., Watanabe, S., Tanaka, S., Matsuura, T., Mori, I. C., Hirayama, T., Shimada, H. and Sakamoto, A. Disruption of ureide degradation affects plant growth and development during and after transition from vegetative to reproductive stages. *BMC Plant Biol.* **18**: 287. doi: 10.1186/s12870-018-1491-2. (2018. 11.)
- (10) Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Arteaga-Vazquez, M. A., Grimanelli, D., Pogorelcnik, R., Martienssen, R. T., Yamato, K. T., Kohchi, T., Hirayama, T. and Mathieu, O. Loss of CG methylation in *Marchantia polymorpha* caused disorganization of cell division and reveals unique DNA methylation regulatory mechanisms of non-CG methylation. *Plant Cell Physiol.* **59**: 2421–2431. (2018. 12.)
- (11) Ooi, L., Matsuura, T., Munemasa, S., Murata, Y., Katsuhara, M., Hirayama, T. and Mori, I. C. The mechanism of SO₂-induced stomatal closure differs from O₃ and CO₂ responses and is mediated by nonapoptotic cell death in guard cells. *Plant Cell Environ.* doi: 10.1111/pce.13406. (2018. 7. Online preview)
- (12) Mochida, K., Koda, S., Inoue, K., Hirayama, T., Tanaka, S., Nishii, R. and Melgani, F. Computer vision-based phenotyping for improvement of plant productivity: A machine learning perspective. *GigaScience* (2018. 12. Online preview).

土壤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) Oda, Y., Kobayashi, N. I., Tanoi, K., Ma, J. F., Itou, Y., Katsuhara, M., Itou, T. and Horie, T. T-DNA tagging-based gain-of-function of OsHKT1;4 reinforces Na exclusion from leaves and stems but triggers Na toxicity in roots of rice under salt stress. *Int. J. Mol. Sci.* **19**(1): 235. (2018. 1.)
- (2) Tsunemitsu, Y., Yamaji, N., Ma, J. F., Kato, S. I., Iwasaki, K. and Ueno, D. Rice reduces Mn uptake in response to Mn stress. *Plant Signaling & Behavior* **13**: e1422466. (2018. 1.)
- (3) Wei, J., Zheng, Y., Feng, H., Qu, H., Fan, X., Yamaji, N., Ma, J. F. and Xu, G. OsNRT2.4 encodes a dual-affinity nitrate transporter and functions in nitrate-regulated root growth and nitrate distribution in rice. *J. Exp. Bot.* **69**: 1095-1107. (2018. 2.)
- (4) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N. and Ma, J. F. Transport System of Mineral Elements in Rice. In *Rice Genomics, Genetics and Breeding*, p. 223-240. *Springer*, Singapore. (2018. 2.)

- (5) Shao, J. F., Yamaji, N., Liu, X. W., Yokosho, K., Shen, R. F. and Ma, J. F. Preferential distribution of boron to developing tissues is mediated by the intrinsic protein OsNIP3. *Plant Physiol.* **176**: 1739-1750. (2018. 2.)
- (6) Hu, A. Y., Che, J., Shao, J. F., Yokosho, K., Zhao, X. Q., Shen, R. F. and Ma, J. F. Silicon accumulated in the shoots results in down-regulation of phosphorus transporter gene expression and decrease of phosphorus uptake in rice. *Plant Soil* **423**: 317-325. (2018. 2.)
- (7) Shao, J. F., Xia, J. X., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. Effective reduction of cadmium accumulation in rice grain by expressing OsHMA3 under the control of the OsHMA2 promoter. *J. Exp. Bot.* **69**: 2743-2752. doi.org/10.1093/jxb/ery107 (2018. 4.)
- (8) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Efficient and flexible uptake system for mineral elements in plants. *New Phytol.* **219**: 513-517. doi.org/10.1111/nph.15140 (2018. 7.)
- (9) Tsunemitsu, Y., Genga, M., Okada, T., Yamaji, N., Ma, J. F., Miyazaki, A., Kato, S., Iwasaki, K. and Ueno, D. A member of cation diffusion facilitator family, MTP11, is required for manganese tolerance and high fertility in rice. *Planta* **248**: 231-241. (2018. 7.)
- (10) Schjoerring, J. K., Ma, J. F. and von Wirén, N. Plant nutrition for global green growth. *Physiol. Plant.* **163**: 268. (2018. 7.)
- (11) Li, G. Z., Wang, Z. Q., Yokosho, K., Ding, B., Fan, W., Gong, Q. Q., Li, G. X., Wu, Y. R., Yang, J. L., Ma, J. F. and Zheng, S. J. Transcription factor WRKY 22 promotes aluminum tolerance via activation of OsFRDL4 expression and enhancement of citrate secretion in rice (*Oryza sativa*). *New Phytol.* **219**: 149-162. (2018. 7.)
- (12) Sun, S. K., Chen, Y., Che, J., Konishi, N., Tang, Z., Miller, A. J., Ma, J. F. and Zhao, F. J. Decreasing arsenic accumulation in rice by overexpressing OsNIP1;1 and OsNIP3;3 through disrupting arsenite radial transport in roots. *New Phytol.* **219**: 641-653. (2018. 7.)
- (13) Che, J., Tsutsui, T., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of an aluminum (Al)-inducible transcription factor, ART2, revealed a different pathway for Al tolerance in rice. *New Phytol.* **220**: 209-218. doi.org/10.1111/nph.15252 (2018. 8.)
- (14) 馬 建鋒 第6章 ケイ素の人への健康作用についての考察. 渡辺和彦編集, 肥料の夜明け〜肥料・ミネラルと人の健康〜. 化学工業日報社 (2018. 9.)
- (15) Hirayama, T., Lei, G. J., Yamaji, N., Nakagawa, N. and Ma, J. F. The putative peptide gene *FEP1* regulates iron deficiency response in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol.* **59**: 1739-1752. doi.org/10.1093/pcp/pcy145 (2018. 9.)
- (16) Zhang, C., Lu, W., Yang, Y., Shen, Z., Ma, J. F. and Zheng, L. OsYSL16 is required for preferential Cu distribution to floral organs in rice. *Plant Cell Physiol.* **59**: 2039-2051. doi: 10.1093/pcp/pcy124 (2018. 10.)
- (17) Deng, F., Yamaji, N., Ma, J. F., Lee, S. K., Jeon, J. S., Martinoia, E., Lee, Y. and Song, W. Y. Engineering rice with lower grain arsenic. *Plant Biotech. J.* **16**: 1691-1699. doi.org/10.1111/pbi.12905 (2018. 10.)
- (18) Kashino-Fujii, M., Yokosho, K., Yamaji, N., Yamane, M., Saisho, D., Sato, K. and Ma, J. F. Retrotransposon insertion and DNA methylation regulate aluminum tolerance in european barley accessions. *Plant Physiol.* **178**: 716-727. (2018. 10.)
- (19) 馬 建鋒 植物のミネラル制御とヒトの健康. *アグリバイオ* **2**: 1138-1139. (2018. 11.)
- (20) 山地直樹 コメのリン蓄積と少磷米の可能性. *アグリバイオ* **2**: 1145-1148. (2018. 11.)
- (21) Che, J., Yamaji, N., Yokosho, K., Shen, R. F. and Ma, J. F. Two genes encoding a bacterial-type ATP-binding cassette transporter are implicated in aluminum tolerance in buckwheat. *Plant Cell Physiol.* **59**: 2502-2511. doi.org/10.1093/pcp/pcy171 (2018. 12.)
- (22) Coskun, D., Deshmukh, R., Sonah, H., Menzies, J. G., Reynolds, O., Ma, J. F., Kronzucker, H. J. and Bélanger, R. R. The controversies of silicon's role in plant biology. *New Phytol.* **221**: 67-85. doi.org/10.1111/nph.15343 (2018. 7. Online preview)
- (23) Chen, L., Qin, L., Zhou, L., Li, X., Chen, Z., Sun, L., Wang, W., Lin, Z., Zhao, J., Yamaji, N., Ma, J. F., Gu, M., Xu, G. and Liao, H. A nodule-localized phosphate transporter GmPT7 plays an important role in enhancing symbiotic N₂ fixation and yield in soybean. *New Phytol.* doi.org/10.1111/nph.15541 (2018. 10. Online preview)

植物分子生理学グループ (*Group of Plant Molecular Physiology*)

- (1) Oda, Y., Kobayashi, N. I., Tanoi, K., Ma, J. F., Itou, Y., Katsuhara, M., Itou, T. and Horie, T. T-DNA Tagging-Based Gain-of-Function of OsHKT1;4 Reinforces Na Exclusion from Leaves and Stems but Triggers Na Toxicity in Roots of Rice Under Salt Stress. *International Journal of Molecular Science* **19**: 235. doi:10.3390/ijms19010235 (2018. 1.)
- (2) Mori, I. C., Nobukiyo, Y., Nakahara, Y., Shibasaka, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. A cyclic nucleotide-gated channel, HvCNGC2-3, is activated by the co-presence of Na⁺ and K⁺ and permeable to Na⁺ and K⁺ non-selectively. *Plants* **7**: 61. <https://doi.org/10.3390/plants7030061> (2018. 7.)
- (3) Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Aluminium-induced cell death requires upregulation of NtVPE1 gene coding vacuolar processing enzyme in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *J. Inorg. Biochem.* **181**: 152-161. (2018. 9.)
- (4) Maruyama, H., Sasaki, T., Yamamoto, Y. and Wasaki, J. AtALMT3 is involved in malate efflux induced by phosphorus deficiency in *Arabidopsis thaliana* root hairs. *Plant Cell Physiol.* DOI 10.1093/pcp/pcy190. (2018. 9. Online preview)
- (5) Tada, Y., Endo, C., Katsuhara, M., Horie T., Shibasaka, M., Nakahara, Y. and Kurusu, T. High-affinity K⁺ transporters from a halophyte, *Sporobolus virginicus*, mediate both K⁺ and Na⁺ transport in transgenic *Arabidopsis*, *X. laevis* oocytes, and yeast. *Plant Cell Physiology* <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy202> (2018. 10. Online preview)
- (6) Tada, Y., Hirai, M., Sato, M., Sawada, Y., Ozaki, S., Terashima, S., Okamoto, M., Kurusu, T., Endo, C., Kawano, R., Nishimura, H., Katsuhara, M., Yano, K. and Komatsubara, S. Functional screening of salt tolerance genes from a halophyte *Sporobolus virginicus* and transcriptomic and metabolomic analysis of salt tolerant plants expressing glycine-rich RNA-binding protein. *Plant Science* <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2018.10.019> (2018. 10. Online preview)

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Vainio, E. J., Chiba, S., Ghabrial, S. A., Maiss, E., Roossinck, M. J., Sabanadzovic, S., Suzuki, N., Nibert, Xie, J., M. L. and ICTV consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Partitiviridae*. *Journal of General Virology* **99**: 17-18. doi: 10.1099/jgv.0.000985. (2018. 1.)
- (2) Hisano, S., Zhang, R., Faruk, M. I., Kondo, H. and Suzuki, N. A neo-virus-lifestyle exhibited by a (+) ssRNA virus hosted in an unrelated dsRNA virus: taxonomic and evolutionary considerations. *Virus Research* **244**: 75-83. doi: 10.1016/j.virusres.2017.11.006. (2018. 1.)
- (3) Chiba, S., Jamal, A. and Suzuki, N. First evidence for internal ribosomal entry sites in diverse fungal virus genomes. *mBio* **9**: e02350-17. doi:10.1128/mBio.02350-17. (2018. 3.)
- (4) Nguyen, Q., Aritani, A., Ohkita, S., Vu, B. V., Yokoya, K., Matsubara, A., Ikeda, K., Suzuki, N. and Nakayashiki, H. A fungal Argonaute interferes with RNA interference. *Nucleic Acid Research* **46**: 2495-2508. doi: 10.1093/nar/gkx1301. (2018. 3.)
- (5) Arjona-Lopez, J. M., Telengech, P., Jamal, A., Hisano, S., Kondo, H., Yelin, M. D., Arjona-Girona, I., Kanematsu, S., Lopez-Herrera, C. and Suzuki, N. Novel, diverse RNA viruses from Mediterranean isolates of the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*: insights into evolutionary biology of fungal viruses. *Environmental Microbiology* **20**: 1464-1483. doi:10.1111/1462-2920.14065. (2018. 4.)
- (6) Hillman, B. I., Aulia, A. and Suzuki, N. Viruses of plant-interacting fungi. *Advances in Virus Research* **100** (Special Issue): 99-116. doi.org/10.1016/bs.aivir.2017.10.003. (2018. 4.)
- (7) Walker, P. J., Blasdell, K. R., Calisher, C. H., Dietzgen, R. G., Kondo, H., Kurath, G., Longdon, B., Stone, D. M., Tesh, R. B., Tordo, N., Vasilakis, N., Whitfield, A. E. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Rhabdoviridae*. *Journal of General Virology* **99**: 447-448. doi: 10.1099/jgv.0.001020. (2018. 4.)

- (8) Suzuki N., Ghabrial, S. A., Kim, K-H., Pearson, M., Marzano, S-Y., Yaegashi, H., Xie, J., Guo, L., Kondo, H., Koloniuk, I., Hillman, B. I. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Hypoviridae*. *Journal of General Virology* **99**: 615-616. DOI: 10.1099/jgv.0.001055. (2018. 5.)
- (9) Wang, L., He, H., Chen, X., Qiu, D., Kondo, H. and Guo, L. Evidence for a novel negative-stranded RNA mycovirus in the plant pathogenic fungus *Fusarium graminearum*. *Virology* **528**: 232-240. doi: 10.1016/j.virol.2018.03.008. (2018. 5.)
- (10) Shinya, T., Yasuda, S., Hyodo, K., Tani, R., Hojo, Y., Fujiwara, Y., Hiruma, K., Ishizaki, T., Fujita, Y., Saijo, Y. and Galis, I. Integration of danger peptide signals with herbivore-associated molecular pattern signaling amplifies anti-herbivore defense responses in rice. *Plant Journal* **94**: 626-637. DOI: 10.1111/tpj.13883. (2018. 5.)
- (11) Amarasinghe, G. K., et al. Taxonomy of the order Mononegavirales-update 2018. *Archives of Virology* **163**: 2283-2294. doi: 10.1007/s00705-018-3814-x. (2018. 8.)
- (12) Luque, D., Mata, C. P., Ghabrial, S. A., Suzuki, N. and Caston, J. R. Capsid structure of dsRNA fungal viruses. *Viruses* **10(9)**: pii: E481. doi: 10.3390/v10090481. (2018. 9.)
- (13) Dietzgen, R., Freitas-Astúa, J., Chabi-Jesus, C., Ramos-Gonzalez, P. L., Goodin, M., Kondo, H., Tassi, A. D. and Kitajima, E. W. Dichorhviruses in their host plants and mite vectors. *Advances in Virus Research* **102**: 119-148. doi: 10.1016/bs.aivir.2018.06.001. (2018. 9.)
- (14) Mizutani, Y., Abraham, A., Uesaka, K., Kondo, H., Suga, H., Suzuki, N. and Chiba, S. Novel mitoviruses and a unique tymo-like virus in hypovirulent and virulent strains of the Fusarium Head Blight fungus, *Fusarium boothii*. *Viruses-Basel* **10(11)**: pii: E584 doi: 10.3390/v10110584. (2018. 10.)
- (15) Kato, Y., Hyodo, K. and Sakamoto, W. The photosystem II repair cycle requires FtsH turnover through the EngA GTPase. *Plant Physiology* **178(2)**: 596-611. doi: 10.1104/pp.18.00652. (2018. 10.)
- (16) Chiba, S., Castón J. R., Ghabrial, S. A., Suzuki, N. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: *Quadriviridae*. *Journal of General Virology* **99**: 1480-1481. doi: 10.1099/jgv.0.001152. (2018. 11.)
- (17) Sato, Y., Caston, J. and Suzuki, N. The biological attributes, genome architecture and packaging of diverse multi-component fungal viruses. *Current Opinion in Virology* **33**: 55-65. doi.org/10.1016/j.coviro.2018.07.009. (2018. 12.)
- (18) Whitfield, A. E., Huot, O. B., Martin, K. M., Kondo, H. and Dietzgen, R. G. Plant rhabdoviruses: understanding their origins and vector interactions. *Current Opinion in Virology* **33**: 198-207. doi: 10.1016/j.coviro.2018.11.002. (2018. 12.)
- (19) Hyodo, K., Suzuki, N. and Okuno, T. Hijacking a host scaffold protein, RACK1, for replication of a plant RNA virus. *New Phytologist* doi: 10.1111/nph.15412. (2018. 8. Online preview)
- (20) Kondo, H., Chiba, S., Maruyama, K., Andika, I. B. and Suzuki, N. A novel insect-infecting alphavirus-like group and its pervasive endogenization into insect genomes. *Virus Research* <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2017.11.020> (2018. 11. Online preview)

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

- (1) Shinya, T., Yasuda, S., Hyodo, K., Tani, R., Hojo, Y., Fujiwara, Y., Hiruma, K., Ishizaki, T., Fujita, Y., Saijo, Y. and Galis, I. Integration of danger peptide signals with HAMP signaling amplifies the anti-herbivore defense responses in rice. *Plant J.* **94**: 626-637. doi: 10.1111/tpj.13883. (2018. 5.)

植物環境微生物学グループ (*Group of Plant Environmental Microbiology*)

- (1) Masuda, S., Suzuki, Y., Fujitani, Y., Mitsui, R., Nakagawa, T., Shintani, M. and Tani, A. Lanthanide-dependent regulation of methylotrophy in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. *mSphere* **3**: e00462-17. DOI: 10.1128/mSphere.00462-17 (2018. 1.)

- (2) Lv, H., Sahin, N. and Tani, A. Isolation and genomic characterization of *Novimethylophilus kurashikiensis* gen. nov. sp. nov., a new lanthanide-dependent methylotrophic species of *Methylophilaceae*. *Environ. Microbiol.* **20**: 1204-1223. doi.org/10.1111/1462-2920.14062 (2018. 3.)
- (3) Ekimova, G. A., Fedorov, D. N., Tani, A., Doronina, N. V., Trotsenko, Y. A. Distribution of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase and D-cysteine desulphydrase genes among type species of the genus *Methylobacterium*. *Antonie Van Leeuwenhoek.* **111**: 1723-1734. doi: 10.1007/s10482-018-1061-5 (2018. 10.)
- (4) Fujitani, Y., Alamgir, M. K. and Tani, A. Ergothioneine production using *Methylobacterium* species, yeast, and fungi. *J. Biosci. Bioeng.* **126**: 715-722. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2018.05.021 (2018. 12.)
- (5) Lv, H. and Tani, A. Genomic characterization of methylotrophy of *Oharaeibacter diazotrophicus* strain SM30T. *J. Biosci. Bioeng.* **126**: 667-675. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2018.05.023 (2018. 12.)

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., Hisano, H., Matsumoto, S., Zhou, T. and Kihara, M. Detection of QTLs controlling alpha-amylase activity in a diversity panel of 343 barley accessions. *Mol. Breed.* **38**: 14. (2018. 1.)
- (2) Wahibah, N., Tsutsui, T., Tamaoki, D., Sato, K. and Nishiuchi, T. Expression of barley *Glutathione S-Transferase13* gene reduces accumulation of reactive oxygen species by trichothecenes and paraquat in Arabidopsis plants. *Plant Biotech.* **35**: 71-79. (2018. 3.)
- (3) 小松田隆夫・佐藤和広 ムギ類に共通する有用遺伝子の構造と機能. *育種学研究* **20(1)**: 53-58. (2018. 6.)
- (4) 佐藤和広 オオムギ遺伝資源の保全と活用. *農業および園芸* **93**: 698-706. (2018. 8.)
- (5) Masher, M., Sato, K. and Steffenson, B. Genomics Approaches to Mining Barley Germplasm Collections. In *The Barley Genome, Compendium of Plant Genomes*. Stein, N. and Muehlbauer, G. (Eds.) *Springer International* (2018. 9.)
- (6) Kashino-Fujii, M., Yokosho, K., Yamaji, N., Yamane, M., Saisho, D., Sato, K. and Ma, J. F. Retrotransposon insertion and DNA methylation regulate aluminum tolerance in european barley accessions. *Plant Physiol.* **178**: 716-727. (2018. 10.)
- (7) Genievskaya, Y., Almerikova, S., Sariev, B., Chudinov, V., Tokhetova, L., Sereda, G., Ortaev, A., Tsygankov, V., Blake, T., Chao, S., Sato, K., Abugaliyeva, S. and Turuspekov, Y. 2018. Marker-trait associations in two-rowed spring barley accessions from Kazakhstan and USA. *PLOS ONE* **13**: 0205421. (2018. 10.)
- (8) Okada, M., Yoshida, K., Nishijima, R., Michikawa, A., Motoi, Y., Sato, K. and Takumi, S. RNA-seq analysis reveals considerable genetic diversity and provides genetic markers saturating all chromosomes in the diploid wild wheat relative *Aegilops umbellulata*. *BMC Plant Biol.* **18**: 271. (2018. 11.)
- (9) Nishijima, R., Yoshida, K., Sakaguchi, K., Yoshimura, S., Sato, K. and Takumi, S. RNA Sequencing-Based Bulk Segregant Analysis Facilitates Efficient D-genome Marker Development for a Specific Chromosomal Region of Synthetic Hexaploid Wheat. *Int. J. Mol. Sci.* **19(12)**: 3749. (2018. 11.)
- (10) Mashiguchi, K., Hisano, H., Takeda-Kamiya, N., Takebayashi, Y., Ariizumi, T., Gao, Y., Ezura, H., Sato, K., Zhao, Y., Hayashi, K. and Kasahara, H. *Agrobacterium tumefaciens* enhances biosynthesis of two distinct auxins in the formation of crown galls. *Plant Cell Physiol.* (2018. 8. Online preview)
- (11) Wu, Z., Wang, N., Hisano, H., Cao, Y., Wu, F., Liu, W., Bao, Y., Wang, Z.-Y. and Fu, C. Simultaneous regulation of F5H in COMT-RNAi transgenic switchgrass alters effects of COMT suppression on syringyl lignin biosynthesis. *Plant Biotechnol. J.* (2018. 9. Online preview)
- (12) Kodama, A., Narita, R., Yamaguchi, M., Hisano, H., Adachi, S., Takagi, H., Ookawa, T., Sato, K. and Hirasawa, T. Genotypic Difference in Grain Fertility under Salt Stress and the Responsible Quantitative Trait Loci in Barley. *Breed. Sci.* (2018. 11. Online preview)

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

- (1) Milner, S. G., Jost, M., Taketa, S., Mazón, E. R., Himmelbach, A., Oppermann, M., Weise, S., Knüpffer, H., Basterrechea, M., König, P., Schüler, D., Sharma, R., Pasam, R. K., Rutten, T., Guo, G., Xu, D., Zhang, J., Herren, G., Müller, T., Krattinger, S. G., Keller, B., Jiang, Y., Gonzalez, M. Y., Zhao, Y., Habekuß, A., Färber, S., Ordon, F., Lange, M., Börner, A., Graner, A., Reif, J. C., Scholz, U., Mascher, M. and Stein, N. Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics* (オンライン出版 2018年11月12日, <https://www.nature.com/articles/s41588-018-0266-x>)

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

- (1) Ikeda, H., Yakubov, V., Barkalov, V. and Setoguchi, H. Postglacial East Asian origin of the alpine shrub *Phyllodoce aleutica* (Ericaceae) in Beringia. *Journal of Biogeography* **45**: 1261-1274. (2018. 6.)

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) Fukuda, A., Kondo, K., Ikka, T., Takai, T., Tanabata, T. and Yamamoto, T. A novel QTL associated with rice canopy temperature difference affects stomatal conductance and leaf photosynthesis. *Breeding Science* **68(3)**: 305-315. (2018. 8.)
- (2) Matsubara, K., Yonemaru, J., Kobayashi, N., Ishii, T., Yamamoto, E., Mizobuchi, R., Tsunematsu, H., Yamamoto, T., Kato, H. and Yano, M. A follow-up study for biomass yield QTLs in rice. *PLOS ONE* **13(10)**: e0206054. (2018. 10.)
- (3) Ogawa, D., Nonoue, Y., Tsunematsu, H., Kanno, N., Yamamoto, T. and Yonemaru, J. Discovery of QTL Alleles for Grain Shape in the Japan-MAGIC Rice Population Using Haplotype Information. *G3* **8**: 3559-3565. (2018. 11.)
- (4) Jiang, M., Yamamoto, E., Yamamoto, T., Matsubara, K., Kato, H., Adachi, S., Nomura, T., Kamahora, E., Ma, J. and Ookawa, T. Mapping of QTLs associated with lodging resistance in rice (*Oryza sativa* L.) using the recombinant inbred lines derived from two high yielding cultivars, Tachisugata and Hokuriku 193. *Plant Growth Regulation* doi.org/10.1007/s10725-1-10 (2018. 12. Online preview)

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

- (1) 池永幸子・谷口義則・伊藤裕之・平 将人・中村和弘・吉川 亮・前島秀和・中村俊樹・石川吾郎・池田達哉・伊藤美環子・齋藤美香・氷見英子 製パン適性に優れた寒冷地向け強力小麦新品種「夏黄金」の育成. *農研機構研究報告 東北農業研究センター* **120**: 1-20. (2018. 3)
- (2) Chiou, W. Y., Tsugane, K., Kawamoto, T. and Maekawa, M. Easy sectioning of whole grain of rice using cryomicrotome. *Breed. Sci.* **68**: 381-384. (2018. 6.)
- (3) Tanaka, M., Iamshchikov, I., Kato, Y., Sabirov, R., Gusev, O., Sakamoto, W. and Sugimoto, M. Structure and Molecular Characterization of Diadenosine Polyphosphate Hydrolase in *Brachypodium distachyon*. *J. Plant Biochem. Physiol.* **6**: 220 (2018. 7.)
- (4) Sugimoto, M., Houjou, Y., Maekawa, M. and Terada, R. Rice salt-tolerance enhancement by expression of 1-aminocyclopropane-1- carboxylic acid oxidase gene from salt tolerant barley. *J. Plant Biochem. Physiol.* **6**: 226. (2018. 11.)

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

作物デザイン研究チーム (*Crop Design Research Team*)

- (1) Onda, Y., Takahagi, K., Shimizu, M., Inoue, K. and Mochida, K. Multiplex PCR Targeted Amplicon Sequencing (MTA-Seq): Simple, Flexible, and Versatile SNP Genotyping by Highly Multiplexed PCR Amplicon Sequencing. *Front. Plant Sci.* **9**: 201. (2018. 3.)
- (2) Takahagi, K., Inoue, K., Shimizu, M., Uehara-Yamaguchi, Y., Onda, Y. and Mochida, K. Homoeolog-specific activation of genes for heat acclimation in the allopolyploid grass *Brachypodium hybridum*. *Gigascience.* **7**: 1. (2018. 4.)
- (3) Tamura, K., Yoshida, K., Hiraoka, Y., Sakaguchi, D., Chikugo, A., Mochida, K., Kojoma, M., Mitsuda, N., Saito, K., Muranaka, T. and Seki, H. The Basic Helix-Loop-Helix Transcription Factor GubHLH3 Positively Regulates Soyasaponin Biosynthetic Genes in *Glycyrrhiza uralensis*. *Plant Cell Physiol.* **59**: 778. (2018. 4.)
- (4) Ogita, S., Nomura, T., Kato, Y., Uehara-Yamaguchi, Y., Inoue, K., Yoshida, T., Sakurai, T., Shinozaki, K. and Mochida, K. Transcriptional alterations during proliferation and lignification in *Phyllostachys nigra* cells. *Sci. Rep.* **8**: 11347. (2018. 7.)
- (5) Takahagi, K., Inoue, K. and Mochida, K. Gene Co-expression Network Analysis Suggests the Existence of Transcriptional Modules Containing a High Proportion of Transcriptionally Differentiated Homoeologs in Hexaploid Wheat. *Front. Plant. Sci.* **9**: 1163. (2018. 8.)
- (6) Chu, H. D., Nguyen, K. H., Watanabe, Y., Le, D. T., Pham, T. L. T., Mochida, K. and Tran, L. P. Identification, Structural Characterization and Gene Expression Analysis of Members of the Nuclear Factor-Y Family in Chickpea (*Cicer arietinum* L.) under Dehydration and Abscisic Acid Treatments. *Int. J. Mol. Sci.* **19**: E3290. (2018. 10.)
- (7) Mochida, K., Koda, S., Inoue, K. and Nishii, R. Statistical and Machine Learning Approaches to Predict Gene Regulatory Networks From Transcriptome Datasets. *Front. Plant Sci.* **9**: 1770. (2018. 11.)
- (8) Kouzai, Y., Noutoshi, Y., Inoue, K., Shimizu, M., Onda, Y. and Mochida, K. Benzothiadiazole, a plant defense inducer, negatively regulates sheath blight resistance in *Brachypodium distachyon*. *Sci. Rep.* **8**: 17358. (2018. 11.)
- (9) Mochida, K., Koda, S., Inoue, K., Hirayama, T., Tanaka, S., Nishii, R. and Melgani, F. Computer vision-based phenotyping for improvement of plant productivity: a machine learning perspective. *Gigascience.* **8**: 1. (2018. 12. Online preview)

エコフィジオロジー研究チーム (*Ecophysiology Research Team*)

イオンダイナミクス班 (*Ion Dynamics Section*)

- (1) Mori, I. C., Nobukiyo, Y., Nakahara, Y., Shibasaka, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. A cyclic nucleotide-gated channel, HvCNGC2-3, is activated by the co-presence of Na⁺ and K⁺ and permeable to Na⁺ and K⁺ non-selectively. *Plants* **7**: 61. <https://doi.org/10.3390/plants7030061> (2018. 7.)
- (2) Ooi, L., Matsuura, T., Munemasa, S., Murata, Y., Katsuhara, M., Hirayama, T. and Mori, I. C. The mechanism of SO₂-induced stomatal closure differs from O₃ and CO₂ responses and is mediated by nonapoptotic cell death in guard cells. *Plant Cell Environ.* doi: 10.1111/pce.13406. (2018. 7. Online preview)
- (3) Maruyama, H., Sasaki, T., Yamamoto, Y. and Wasaki, J. AtALMT3 is involved in malate efflux induced by phosphorus deficiency in *Arabidopsis thaliana* root hairs. *Plant Cell Physiol.* DOI 10.1093/pcp/pcy190 (2018. 9. Online preview)
- (4) Tada, Y., Endo, C., Katsuhara, M., Horie T., Shibasaka, M., Nakahara, Y. and Kurusu, T. High-affinity K⁺ transporters from a halophyte, *Sporobolus virginicus*, mediate both K⁺ and Na⁺ transport in transgenic *Arabidopsis*, *X. laevis* oocytes, and yeast. *Plant Cell Physiol.* <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy202>. (2018. 10. Online preview)

作物イノベーション研究チーム (*Crop Innovation Research Team*)

エピジェネティクス班 (*Epigenetics Section*)

- (1) Frost, J. M., Kim, M. Y., Park, G. T., Hsieh, P. H., Nakamura, M., Lin, S. J. H., Yoo, H., Choi, J., Ikeda, Y., Kinoshita, T., Choi, Y., Zilberman, D. and Fischer, R. L. FACT complex is required for DNA demethylation at heterochromatin during reproduction in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **115**: E4720-E4729. (2018. 5.)
- (2) Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Arteaga-Vazquez, M. A., Grimanelli, D., Pogorelcnik, R., Martienssen, R. T., Yamato, K. T., Kohchi, T., Hirayama, T. and Mathieu, O. Loss of CG methylation in *Marchantia polymorpha* caused disorganization of cell division and reveals unique DNA methylation regulatory mechanisms of non-CG methylation. *Plant Cell Physiol.* **59**: 2421–2431. (2018. 12.)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

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

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

- (1) Sakamoto, W. Seimei (life) and plants: the potential for improving our food and environment. Keynote Lecture, Royal Holloway. University of London, Egham, UK, April 25, 2018.
- (2) Sakamoto, W. Chloroplast proteostasis controlled by FtsH protease. Special Seminar, Department of Plant Sciences. University of Cambridge, Cambridge, UK, April 26, 2018.
- (3) Sakamoto, W. Protein homeostasis and beyond: The lesson in chloroplasts. Special Seminar, Department of Life Sciences. Imperial College London, London, UK, April 27, 2018.
- (4) Sakamoto, W. Chloroplast: cellular organelle of photosynthesis. Interdisciplinary science conference. Tainan, Taiwan, May 11, 2018.
- (5) Sakamoto, W. Possible role of protein degradation as a signaling mechanism in chloroplasts. 1st Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis. Beijing, China, August 19-23, 2018.
- (6) Kato, Y., Hyodo, K. and Sakamoto, W. Regulation of FtsH function and proper FtsH turnover in the PSII repair cycle. 1st Asia-Oceania International Congress on Photosynthesis. Beijing, China, August 19-23, 2018.
- (7) Sakamoto, W. Protein degradation machineries and its possible role as a signaling mechanism in chloroplast. Special Seminar. Shanghai, China, August 24, 2018.
- (8) Sakamoto, W. and Takami, T. Chloroplast DNA degradation serving as nutrient reservoir in plants. Japan-Finland Seminar 2018 -Shaping photosynthesis against climate change and toward efficient water and nutrient management-. Kobe, Japan, September 24-27, 2018.
- (9) Kato, Y. and Sakamoto, W. Regulation of FtsH function in Photosystem II repair cycle. Japan-Finland Seminar 2018 -Shaping photosynthesis against climate change and toward efficient water and nutrient management-. Kobe, Japan, September 24-27, 2018.
- (10) Takami, T., Ohnishi, N., Kurita, Y., Iwamura, S., Ohnishi, M., Mimura, T. and Sakamoto, W. Physiological role of organelle DNA degradation by DPD1 during starvation. Japan-Finland Seminar 2018 -Shaping photosynthesis against climate change and toward efficient water and nutrient management-. Kobe, Japan, September 24-27, 2018.
- (11) Nakamura, S., Hidema, J., Sakamoto, W., Ishida, H. and Izumi, M. Regulation mechanism of photodamage-induced chlorophagy. Japan-Finland Seminar 2018 -Shaping photosynthesis against climate change and toward efficient water and nutrient management-. Kobe, Japan, September 24-27, 2018.
- (12) Sakamoto, W., Nishimura, K. and Kato, Y. Chloroplast protein degradation and beyond: FtsH and a possible peptide export. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (13) Kato, Y., Dogra, V., Li, M., Kuroda, H., Takahashi, Y., Kim, C. and Sakamoto, W. Effects of oxidative post-translational modification in PSII repair. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (14) Yamatani, H., Takami, T., Kato, Y., Tanaka, A., Sakamoto, W., Kusaba, M. Loss-of-function mutants of LHCI subunits exhibit increased chlorophyll accumulation in rice. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (15) Nishioka, K., Kato, Y., Ozawa, S.I., Takahashi, Y. and Sakamoto, W. Large-scale analysis of protein phosphorylation in thylakoid membranes using Phos-tag. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (16) Nakamura, S., Hidema, J., Sakamoto, W., Ishida, H. and Izumi, M. Selective chlorophagy - microautophagic removal of membrane-damaged chloroplasts. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.

- (17) Takami, T. and Sakamoto, W. Contribution of chloroplast DNA degradation by DPD1 exonuclease under phosphate deficient condition. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (18) Ohnishi, N., Zhang, L. and Sakamoto, W. VIPP1, the membrane integrity-maintaining protein in chloroplasts, has GTPase activity in vitro. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.
- (19) Nishimura, K., Watson, S., Takami, T. and Sakamoto, W. Characterizing ATP-binding cassette transporters on the chloroplast envelope. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.

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

- (1) Hirayama, T. Field omics approach to explore physiological variations decisive for agricultural traits. Workshop : Data driven crop design technology. Fukuoka, Japan, February 20-21, 2018.
- (2) Mori, I. C. Diverse roles of abscisic acid receptors in stomata. Jilin University College of Plant Sciences Seminar. Chang Chun, China, Mar. 19, 2018.
- (3) Ito, J., Saisho, D., Mochida, K., Hirayama, T. and Tsuji, H. Plasticity of flowering time in response to environmental cues at the shoot apex in field-grown barley varieties. 25th International Conference on Sexual Plant Reproduction. Gifu, Japan, June 11-16, 2018.
- (4) Hirayama, T., Lei G. J., Nakagawa, N., Yamaji, N. and Ma J. F. A Novel short Peptide regulates the iron-deficient responsive genes in Arabidopsis. 29th International Conference on Arabidopsis Research. Turku, Finland, June 25-29, 2018.
- (5) Saisho, D., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K., Ikeda, Y., Hirayama, T. Field multi-omics approaches in barley toward robust crop development. Second International Barley Mutants Workshop 2018. Dundee, England, June 25-27, 2018.
- (6) Ooi, L., Matsuura, T., Munemasa, S., Murata, Y., Katsuhara, M., Hirayama, T. and Mori, I. C. Sulfur dioxide-induced stomatal closure is not a protection mechanism and is distinct from ozone- and carbon dioxide-induced closure. International Plant Molecular Biology 2018. Montpellier, France, Aug. 5-10, 2018.
- (7) Mori, I. Differential roles of abscisic acid receptors in stomatal regulation. Japan-Finland Seminar 2018. Kobe, Japan, Sep. 24-27, 2018.
- (8) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Moresco, J. J., Hayashi, Y., Satoh, K., Kaiwa, N., Irisa, T., Kinoshita, T., Schroeder, J. I., Yates III, J. R., Hirayama, T. and Yamazaki, T. Control of seed dormancy and germination by DOG1-AHG1 PP2C Phosphatase complex via binding to heme. 6th Plant Dormancy Symposium 2018. Kyoto, Japan, Oct. 23-26, 2018.

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. Control of node-based mineral element distribution for better and safe crop production. Emerging Technologies for Global Food Security Conference 2018. Saskatchewan, Canada, June 19-21, 2018.
- (2) Ma, J. F., Fujii-Kashino, M., Yamaji, N., Yamane, M., Saisho, D. and Sato, K. Regulation of aluminum tolerance in barley. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.
- (3) Shao, J. F., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. Transporters involved in preferential distribution of boron in rice. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.

- (4) Che, J., Tsutsui, T., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. An Al-inducible transcription factor, ART2 is involved in Al tolerance in rice. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.
- (5) Yokosho, K., Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of OsBBBPI3, a putative ART1-interactive protein in rice. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.
- (6) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. An alternative splicing transcript of *FeALS1.1* is implicated in Al detoxification in buckwheat. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.
- (7) Huang, S., Horst, W. J. and Ma, J. F. Genotypic variation of manganese tolerance in rice. 10th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Putrajaya, Malaysia, June 25-28, 2018.
- (8) Ma, J. F., Song, W. Y., Zhao, F., Shao, J. F. and Yamaji, N. Reducing accumulation of toxic metal and metalloid in rice grain. 16th International Symposium on Rice Functional Genomics. Tokyo, Japan, Sep. 5-7, 2018.
- (9) Huang, S. and Ma, J. F. Physiological and genetic characterization of a rice mutant with short roots. 16th International Symposium on Rice Functional Genomics. Tokyo, Japan, Sep. 5-7, 2018.
- (10) Ma, J. F. Plant nutrition for human health. Agricultural Bioscience International Conference 2018, Technology for Better Life. Weifang, China, Sep. 15-18, 2018.
- (11) Ma, J. F. Transport system of mineral elements in plants: from soil to the seeds. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis. Kurashiki, Japan, Nov. 7-10, 2018.
- (12) Ma, J. F. Molecular mechanisms to cope with metal toxicity stress in plants. The First “Tsung-lo Lo” Symposium. Shanghai, China, Nov. 15-16, 2018.
- (13) Ma, J. F. Strategies for improving nutrient-use efficiency in rice. International Workshop on Cultivated Land Fertility and Enhanced Nutrient Use Efficiency: Theory and Technique. Nanjing, China, Nov. 19-22, 2018.
- (14) Ma, J. F. and Chen, Z. C. Mg transporter and abiotic stress tolerance in rice. 3rd International Magnesium Symposium. Guangzhou, China, Nov. 25-28, 2018.
- (15) Ma, J. F. Efficient uptake system for mineral elements in rice. International Symposium on Root Development and Nutrients/ Water Absorption. Hangzhou, China, Nov. 26-30, 2018.

植物分子生理学グループ (*Group of Plant Molecular Physiology*)

- (1) Katsuhara, M. Regulation of water transport and Na⁺ influx. The 22nd New Phytologist Workshop ‘Energy costs of salinity tolerance in crop plants’. Adelaide, Australia, Apr. 10-12, 2018.
- (2) Furutani, H., Hanashiro, K., Fujii, Y., Maruyama, H., Sasaki, T. and Wasaki, J. Characterization of LaMATE-PI1, a candidate of citrate transporter isolated from cluster roots of white lupin. Symposium on Phosphorus in Soils and Plants. Leuven, Belgium, Sep. 10-13, 2018.

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Suzuki, N. A neo-virus-lifestyle exhibited by a (+)RNA virus hosted by an unrelated dsRNA virus in a phytopathogenic fungus. The Spring Meeting of the Korean Society of Plant Pathology (KSPP 2018). Korea, April 26-27, 2018.
- (2) Suzuki, N. Virocontrol and RNA silencing. KSPP 2018 Satellite Meeting on Fungal Genetics. Korea, April 27, 2018.
- (3) Suzuki, N. and Kanematsu, S. Viruses as biological control (virocontrol) agents of plant fungal pathogens. The First International Congress of Biological Control. Beijing, China, May 14-16, 2018.

- (4) Hisano, S., Zhang, Rui., Faruk, Md. I., Kondo, H. and Suzuki, N. A neo-virus lifestyle exhibited by a (+)ssRNA virus hosted in an unrelated dsRNA virus: taxonomic and evolutionary considerations. American Society for Virology 2018. USA, July 14 -18, 2018.
- (5) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Synergism in the chestnut blight fungus *Cryphonectria parasitica* between two RNA viruses, Cryphonectria hypoviruses 1 and 4. The 17th Awaji International Forum on Infection and Immunity. Hyogo, Japan. September 4-7, 2018.
- (6) Caston, J. R., Mata, C. P., Luque, D., Suzuki, N. and Ghabrial, S. A. Structures of replicative cores of dsRNA viruses. 13th International dsRNA Virus Symposium. Houffalize, Belgium, September 24-28, 2018.
- (7) Suzuki, N. Another nude virus: a capsidless ssRNA virus hosted by an unrelated dsRNA virus. 13th International dsRNA Virus Symposium. Houffalize, Belgium, September 24-28, 2018.
- (8) Shahi, S., Eusebio-Cope, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26- 27, 2018.
- (9) Kondo, H. Widespread endogenization of a novel virga/nege-like virus group into insect genomes. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (10) Das, S. Mutational analyses of Yado-kari virus 1 associated with Yado-nushi virus 1. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (11) Andika, I. B. Dicer functions transcriptionally and posttranscriptionally in a multilayer antiviral defense. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (12) Sato, Y. Characterization of a novel polmycovirus with a potential neo-lifestyle. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (13) Hyodo, K. Hijacking a host ROS-generating machinery by a plant RNA virus for its replication. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (14) Aulia, A. Two related mycoreoviruses behave differently in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (15) Telengech, P. K. Diversity of partitiviruses isolated from the white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*. International Neovirology Mini-symposium Series III. Kurashiki, Japan, October 26-27, 2018.
- (16) Andika, I. B., Wei, S., Cao, C., Salaipeth, L., Kondo, H. and Sun L. The first evidence of natural cross kingdom virus infection from a plant to a fungus (Symposium I Neo-virology: The diversity of viruses on the earth). The 66th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology. Kyoto, Japan, October 28-30, 2018.
- (17) Telengech, P. K., Micheni, C. M., Hisano, S., Kondo, H., Arjona-Lopez, J. M., Lopez-Herrera, C., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Novel diverse *Partitiviruses* from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. Africa Day Symposium 2018. Kurashiki, Japan, November 2, 2018.
- (18) Aulia, A. Cryphonectria hypoviruses 4 (CHV4) suppresses antiviral RNAi induced by a mutant of another hypovirus CHV1 in the chestnut blight fungus. Africa Day Symposium 2018. Kurashiki, Japan, November 2, 2018.
- (19) Shahi, S. Protoplast fusion as a means for horizontal transfer of a mitochondrially replicating positive-sense RNA virus from a filamentous ascomycete, *Cryphonectria parasitica*. Africa Day Symposium 2018. Kurashiki, November 2, 2018.
- (20) Arjona-López, J. M., Suzuki N. and López-Herrera, C. J. Detection and identification of new mycoviruses in *Rosellinia necatrix* isolates from avocado crops. National Congress of the Spanish Society of Phytopathology. Toledo, Spain, November 10, 2018.

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

- (1) Uemura, T., Nemoto, K., Ramadan, A., Miura, S., Hachisu, M., Hoshino, R., Shinya, T., Yoshida, A., Galis, I., Nishiyama, M., Sawasaki, T. and Arimura, G. Oligosaccharide elicitor perception system for herbivory defense in plants. Plant Biology 2018. Québec, Canada, July 14-18, 2018.

- (2) Galis, I., Fukumoto, K., Hojo, Y., Nakatani, H. and Shinya, T. A hormone with many tasks: Jasmonate-related functions in defense and development of rice plants. 34th annual meeting of the ISCE. Budapest, Hungary, August 12-18, 2018.
- (3) Mujiono, K., Sobhy, I., Shinya, T. and Galis, I. Jasmonates ...but who are “the others” in rice defense against herbivores? 34th annual meeting of the ISCE. Budapest, Hungary, Aug. 12-18, 2018.

植物環境微生物学グループ (*Group of Plant Environmental Microbiology*)

- (1) Yanpirat, P. and Tani, A. Formaldehyde oxidation in lanthanide-dependent methylotrophy in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 3rd International conference on biologically active substances, Bioactive Okayama. Okayama, Japan, Oct. 16, 2018.
- (2) Haruna, Y. and Tani, A. Molecular mechanism of methylotaxis in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 3rd International conference on biologically active substances, Bioactive Okayama. Okayama, Japan, Oct. 16, 2018.
- (3) Fujitani, Y. and Tani, A. Functional analysis of lanthanide inducible proteins of *Methylobacterium aquaticum* 22A. 3rd International conference on biologically active substances, Bioactive Okayama. Okayama, Japan, Oct. 16, 2018.
- (4) Ueki, S. A hypervariable mitochondrial gene associated with geographical origin in a cosmopolitan bloom-forming alga, *Heterosigma akashiwo*. The 18th International Conference on Harmful Algae. Nantes, France, Oct. 21-26, 2018.
- (5) Charoenpanich, J., Pantab, J., Supakit J., Saengkla, J., Nithertham, S., Saebea, D. and Tani, A. Exploration of marine bacteria with the potential for biological reduction of hexavalent chromium. Final Joint Seminar of Core to Core Program. Yamaguchi, Japan, Dec. 2, 2018.
- (6) Keo-oudone, C., Nitiyon, S., Sotitham, P., Nurcholis, M., Milavong, K., Thammany, M., Seeyakeo, B., Phoudphong, M., Seulo, H., Sisouvong, K., Chanthavongsa, V., Sayaket, K., Ngothachack, B., Tani, A., Lertwattanasakul, N., Bounphanmy, S., Limtong, S. and Yamada, M. Characterization of thermotolerant ethanologenic yeasts isolated in Lao 81 PDR. Final Joint Seminar of Core to Core Program. Yamaguchi, Japan, Dec. 2, 2018.
- (7) Ueki, S. Toward understanding ecophysiology of a bloom-forming alga, *Heterosigma akashiwo*. International Symposium: “Advances in Environmental Microbiology and Microbial Biotechnology”. Pucon, Chile, Dec. 5-6, 2018.

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) Daisuke, S., Jun, I., Hiroyuki, T., Keiichi, M., Yoko, I. and Takashi, H. Field multi-omics approaches in barley toward robust crop development. 2nd International Barley Mutant Workshop. Dundee, Scotland, June 25-27, 2018.
- (2) Hiroshi, H., Hiromi, M. and Kazuhiro, S. Identification and application of *TFA* genomic regions that confer transformation amenability in barley. 2nd International Barley Mutant Workshop. Dundee, Scotland, June 25-27, 2018.

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

- (1) Ikeda H. The Pleistocene persistence history of alpine plants in the Japanese Archipelago. Mountain Science Center, Tsukuba University 2nd International Symposium. Tsukuba, Japan, Nov. 15, 2018.

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) Kuya, N., Sun, J., Iijima, K., Kanno, N., Yonemaru, J., Ramaiah, V. and Yamamoto T. QTL analysis of anaerobic germination in lowland NERICAs using simple and effective evaluation method. 16th International Symposium on Rice Functional Genomics. Tokyo, Sep. 5-7, 2018.

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

- (1) Sugimoto, M., Ishii, M., Gusev, O., Sychev, V., Levinskikh, M., Novikova, N. and Grigoriev, A. Viability and Biological Properties of Barley Seeds under Space and Mars Environments. 42th Scientific Assembly of the Committee on Space Research. Pasadena, USA, July 14-22, 2018.
- (2) Chiou, W.-Y., Rikiishi, K., Himi, E., Nishimura, H., Kawamoto, T., Tsugane, K. and Maekawa, M. Preliminary Functional Analysis of the *Large grain (Lgg)* Mutant Found in *nDart1*-tagged Lines. 16th International Symposium on Rice Functional Genomics. Tokyo, Japan, September 5-7, 2018.

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

作物デザイン研究チーム (*Crop Design Research Team*)

- (1) Matsui, H. and Mochida, K. Functional regression modeling for agricultural data. CFE-CMStatistics 2018. University of Pisa, Italy, December 14-16, 2018.
- (2) Loudya, N., Mishra, P., Takahagi, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Inoue, K., Bogre, L., Mochida, K. and López-Juez E. Chloroplast and cell differentiation and transcriptome map of the wheat leaf. International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis 2018. Kurashiki, Japan, November 7-10, 2018.

エコフィジオロジー研究チーム (*Ecophysiology Research Team*)

イオンダイナミクス班 (*Ion Dynamics Section*)

- (1) Mori, I. C. Diverse roles of abscisic acid receptors in stomata. Jilin University College of Plant Sciences Seminar. Chang Chun, China, Mar. 19, 2018.
- (2) Ooi, L., Matsuura, T., Munemasa, S., Murata, Y., Katsuhara, M., Hirayama, T. and Mori, I. C. Sulfur dioxide-induced stomatal closure is not a protection mechanism and is distinct from ozone- and carbon dioxide-induced closure. International Plant Molecular Biology 2018. Montpellier, France, Aug. 5-10, 2018.
- (3) Mori, I. C. Differential roles of abscisic acid receptors in stomatal regulation. Japan-Finland Seminar 2018. Kobe, Japan, Sep. 24-27, 2018.

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) 三輪幸哉・七条光年・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・石森元幸・矢野健太郎・山崎清志・藤原 徹・米田淳一・徳永 毅・石綱史子・小童谷利恵・大西紀和・坂本 亘・岩田洋佳・堤 伸浩 ソルガム毛状突起の先端構造に関する遺伝子座の探索. 日本育種学会 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (2) 西村明日香・七条光年・三輪幸哉・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・小林正明・矢野健太郎・小柴太一・徳永 毅・岩田洋佳・坂本 亘・堤 伸浩 ソルガム未熟胚の培養応答性に関する GWA 解析および QTL 解析. 日本育種学会 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (3) 山谷浩史・上妻馨梨・中野道治・高見常明・加藤裕介・田中 歩・坂本 亘・草場 信 イネ LHCI サブユニット機能低下により導かれるクロロフィル高蓄積機構の解析. 日本育種学会 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (4) 西村健司・関谷堂真・石森元幸・Samuel Watson・高見常明・加藤裕介・宮地孝明・坂本 亘 葉緑体ペプチドトランスポーターを介した核遺伝子発現制御の可能性. 第 20 回植物オルガネラワークショップ オルガネラ生化学の最前線, 北海道, 3 月 27 日, 2018.
- (5) 西村健司・関谷堂真・石森元幸・高見常明・加藤裕介・宮地孝明・坂本 亘 シロイヌナズナ葉緑体ペプチドエクスポートの解析. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (6) 西岡佳司・加藤裕介・小澤真一郎・高橋裕一郎・坂本 亘 Phos-tag を用いたチラコイド膜におけるリン酸化タンパク質の網羅的検出法. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (7) 加藤裕介・兵頭 究・坂本 亘 光化学系 II 修復サイクルでの FtsH プロテアーゼ自身の品質管理の重要性. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (8) 高見常明・大西紀和・栗田悠子・岩村青子・大西美輪・三村徹郎・坂本 亘 葉緑体 DNA 分解を介したリン利用効率・分配の最適化. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (9) 山谷浩史・上妻馨梨・中野道治・高見常明・加藤裕介・林 依子・門田有希・奥本 裕・阿部知子・熊丸敏博・田中 歩・坂本 亘・草場 信 イネ stay-green 突然変異体 *dye1* の分子遺伝学的解析. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (10) 大西紀和・坂本 亘 ソルガムの在来種たかきびが出穂後に示す高温・強光耐性の光合成活性による評価. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (11) 富永 淳・田中波累・高見常明・坂本 亘・坂本 敦・島田裕士 A chloroplastic protein disulfide reductase OsCYO1 is essential for short-day growth in rice. 第 59 回日本植物生理学会, 北海道, 3 月 28-30 日, 2018.
- (12) 大西紀和・張 林剛・坂本 亘 環境ストレス下で葉緑体包膜の機能維持に重要な VIPP1 は in vitro で GTPase 活性を示す. 第 9 回日本光合成学会年会, 仙台, 5 月 26-27 日, 2018.
- (13) 加藤裕介・兵頭 究・坂本 亘 光化学系 II 修復サイクルと FtsH プロテアーゼ自身の品質管理の重要性. 第 9 回日本光合成学会年会, 仙台, 5 月 26-27 日, 2018.
- (14) 松島 良 植物細胞の中で澱粉粒の形はいかに決定されるのか? 第 65 回日本食品科学工学会, 仙台, 8 月 24 日, 2018.
- (15) 松島 良・久野 裕・佐藤和広 イネとオオムギにおけるアミロプラストの比較イメージング解析. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-24 日, 2018.
- (16) 山本雅也・西村健司・北柴大泰・坂本 亘・西尾 剛 自家不和合性シロイヌナズナを用いた自家不和合性形質における高温の影響の解析. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-24 日, 2018.
- (17) 坂本莉沙・藤本 優・高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・野下浩司・小林正明・矢野健太郎・小童谷利恵・大西紀和・堤 伸浩・坂本 亘・岩田洋佳 Phenomics に適した QTL 解析手法の提案: ソルガム RIL 集団の葉形態を例に. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-24 日, 2018.
- (18) 植村香織・高見常明・加藤裕介・坂本 亘・寺地 徹 分割された葉緑体ゲノムを持つ葉緑体形質転換タバコの特徴づけと転写・翻訳物の解析. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-24 日, 2018.

- (19) 井上 博・久野 裕・松島 良・小林括平・山岡直人・中神弘史・八丈野 孝 オオムギうどんこ病菌による宿主細胞内デンプン分解メカニズムの解析. 第13回ムギ類研究会, 横浜, 11月26-27日, 2018.
- (20) 大西紀和・坂本 亘 ソルガムの在来種たかきびが示す高温・強光応答の出穂前後における変化の光合成活性測定による解析. 第9回ソルガムワークショップ, 名古屋, 11月29日, 2018.
- (21) 松島 良・久野 裕・佐藤和広 オオムギを用いた澱粉粒形状決定機構についての細胞生物学的研究. 第1回オオムギ資源開発研究セミナー, 愛媛, 12月7日, 2018.

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

- (1) 森 泉 倉敷地方協との共同研究の展望. 倉敷地方新農業経営者クラブ連絡協議会発表会&セミナー, 倉敷, 1月25日, 2018.
- (2) 松井 悠・鷺見典克・服部公央亮・田口 亮・保黒政大・最相大輔・梅崎太造・平山隆志 IR 画像のセグメンテーションによるオオムギの生長度合いの推定. 動的画像処理実利用化ワークショップ 2018, 名古屋, 3月8-9日, 2018.
- (3) 加藤有祐・鷺見典克・服部公央亮・田口 亮・保黒政大・最相大輔・梅崎太造・平山隆志 セマンティックセグメンテーションによるオオムギ領域の抽出. 動的画像処理実利用化ワークショップ 2018, 名古屋, 3月8-9日, 2018.
- (4) 最相大輔・井藤 純・辻 寛之・平山隆志 葉身伸長に基づくオオムギ生長過程の表現型可塑性. 第133回日本育種学会, 千葉, 3月15-17日, 2018.
- (5) 松浦恭和・森 泉・平山隆志 発達中の小麦種子の植物ホルモンの一斉分析. 日本農芸化学会 2018 年度大会, 名古屋, 3月15-18日, 2018.
- (6) Saisho, D., Sumi, N., Hattori, K., Ikeda, Y., Mochida, K., Umezaki, T. and Hirayama, T. Field crop data acquisition for the data driven crop design technology. 第59回日本植物生理学会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (7) Ikeda, Y., Saisho, D., Matsuura, T., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K. and Hirayama, T. Field multi-omics approaches in barley to reveal crop phenology. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (8) 高萩航太郎・松下康弘・井上小慎・山口(上原)由紀子・最相大輔・江田智尊・西井龍映・平山隆志・持田恵一 野外トランスクリプトームデータ解析によるオオムギ成長ステージの遷移およびその多様性の解明. 第59回日本植物生理学会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (9) Mochida, K., Matsui, H., Lipka, A. E., Takahagi, K., Inoue, K., Ishii, M., Sato, K. and Hirayama, T. Functional data analysis applied to identify time-series changes of environmental factors that are related to flowering in barley. 第59回日本植物生理学会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (10) Inoue, K., Takahagi, K., Hirayama, T. and Mochida, K. An integrated genome information resources in Pooideae and its application to identify homoeologous relations of transcription factors in barley and wheat. 第59回日本植物生理学会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (11) 井藤 純・野村有子・最相大輔・平山隆志・辻 寛之 フィールド環境下のオオムギの花芽形成過程における茎頂メリステムの応答性の系統間差. 第59回日本植物生理学会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (12) Mori, I. C., Ooi, L. H₂SO₃ is the chemical species that induces stomatal closure in aqueous solution of sulfur dioxide. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (13) Ooi, L., Munemasa, S., Murata, Y. and Mori, I. C. Sulfur dioxide-induced stomatal closure is mediated by guard cell death and the mechanism is unshared with ozone-induced closure. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (14) Nakahara, Y., Mori, I. C., Taniguchi, Y., Shibasaka, M., Horie, T., Kaneko, T. and Katsuhara, M. CO₂ 輸送体候補アクトポリン OsTIP2;2 の同定と機能解析. 第59回日本植物生理学会年会, 札幌, 3月28-30日, 2018.
- (15) 森 泉 アブシシン酸受容体の孔辺細胞における機能分化. 大阪大学・生物科学セミナー, 吹田, 7月3日, 2018.
- (16) 池田陽子 Plant mobile domain を介した新規サイレンシング機構. 遺伝研研究会「転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化」, 三島, 8月20-21日, 2018.

- (17) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・Arteaga-Vazquez, Mario A・Grimanelli, Daniel・Martienssen, Robert A・Pogorelcnik, Romain・Mathieu, Olivier・大和勝幸・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケにおける DNA メチル化制御. 第 82 回日本植物学会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (18) 松井 悠・鷺見典克・服部公央亮・田口 亮・保黒政大・最相大輔・梅崎太造・平山隆志 IR 画像のセグメンテーションによるオオムギの生長度合いの推定. 第 17 回情報科学技術フォーラム, 福岡, 9 月 19-21 日, 2018.
- (19) 加藤有祐・鷺見典克・服部公央亮・田口 亮・保黒政大・最相大輔・梅崎太造・平山隆志 DNN を用いたオオムギ領域の抽出および生長推定への活用. 第 17 回情報科学技術フォーラム, 福岡, 9 月 19-21 日, 2018.
- (20) 堀 清純・永田和史・福岡修一・最相大輔・平山隆志・持田恵一 水稻品種 Khao Nam Jen に由来する日長非依存的な出穂期 QTL の検出. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (21) 平山隆志 植物の鉄欠乏応答で機能する新規短鎖ペプチド FEP1. 国際基督教大学セミナー, 東京, 9 月 27 日, 2018.
- (22) 最相大輔・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・池田陽子・平山隆志 オオムギ生長過程の表現型可塑性. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (23) 井藤 純・野村有子・最相大輔・平山隆志・辻 寛之 オオムギ茎頂メリステムの発生フェノロジー. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (24) 井藤 純・野村有子・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 野外環境におけるオオムギ茎頂メリステムの成長過程の系統間比較. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

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

- (1) Yamaji, N. and Ma, J. F. Imaging of mineral element distribution in rice node with laser ablation ICP-MS. The 59th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Sapporo, March 28-30, 2018. (レーザーアブレーション ICP-MS によるイネ節の元素分布イメージング. 第 59 回日本植物生理学会年会)
- (2) Shao, J. F., Yamaji, N. and Ma, J. F. Transporters involved in preferential distribution of boron in rice. The 59th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Sapporo, March 28-30, 2018. (ホウ素の優先的分配に関わる輸送体. 第 59 回日本植物生理学会年会)
- (3) Che, J., Tsutsui, T., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of a transcription factor (ART2) implicated in aluminum tolerance of rice. The 59th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Sapporo, March 28-30, 2018.
- (4) Lei, G., Kashino, M., Wu, D., Yamaji, N., Sato, K. and Ma, J. F. Fine mapping of a QTL gene for Cd accumulation in barley. The 59th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Sapporo, March 28-30, 2018. (オオムギのカドミウム集積に関与する QTL 遺伝子のファインマッピング. 第 59 回日本植物生理学会年会)
- (5) 馬 建鋒 人間の栄養に資する植物のミネラル輸送. 第 72 回日本栄養・食糧学会大会, 岡山, 5 月 11-13 日, 2018.
- (6) 山地直樹・馬 建鋒 レーザーアブレーション ICP-MS を用いたイネ節の維管束間輸送過程の解析. 日本土壌肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (7) 横正健剛・陳 志長・山地直樹・馬 建鋒 イネの ART1 と相互作用するタンパク質 OsBBPIs の機能解析. 日本土壌肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (8) Lei, G., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of two metallothionein genes highly expressed in rice nodes. 日本土壌肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (9) 邵 継鋒・山地直樹・馬 建鋒 イネにおけるホウ素の優先的分配に関与する輸送体. 日本土壌肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (10) Wang, W. and Ma, J. F. Mapping of QTL genes for Cd accumulation in rice by using chromosome segment substitution lines (CSSL). 日本土壌肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.

- (11) Yu, E. and Ma, J. F. Physiological characterization of rice mutants with low Cd accumulation and rough mapping of responsible genes. 日本土壤肥料学会 2018 年度神奈川大会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (12) Huang, S. and Ma, J. F. Characterization of a short-root mutant of rice. 日本土壤肥料学会関西支部会講演会, 松江, 12 月 6 日, 2018.
- (13) Wang, P. and Ma, J. F. QTL analysis for As accumulation in rice shoot. 日本土壤肥料学会関西支部会講演会, 松江, 12 月 6 日, 2018.

植物分子生理学グループ (*Group of Plant Molecular Physiology*)

- (1) 且原真木 塩ストレス下でのナトリウム流入と水輸送の制御. 第 34 回資源植物科学シンポジウム及び・第 10 回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3 月 5-6 日, 2018.
- (2) 中原由揮・柴坂三根夫・谷口洋二郎・且原真木 CO₂ 輸送体候補 OsTIP2;2 の細胞内局在. 第 59 回日本植物生理学会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (3) 中原由揮・柴坂三根夫・森 泉・谷口純一郎・堀江智明・金子智之・且原真木 CO₂ 輸送体候補アクアポリン OsTIP2;2 の同定と機能解析. 第 59 回日本植物生理学会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (4) 野澤 彰・名樂 仁・松井 司・井上寛之・佐々木孝行・山本洋子・有村源一郎・澤崎達也 シロイヌナズナ色素体局在型 PAPS 輸送体 PAPST2 の解析. 第 59 回日本植物生理学会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (5) 佐々木孝行・有吉美智代・森 泉・山本洋子 トマトにおけるリンゴ酸輸送体 ALMT ファミリーの多様性. 日本土壤肥料学会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (6) 古谷浩章・花城清俊・藤井友美・西田 翔・佐々木孝行・和崎 淳 シロバナルーピンのクラスター根で発現する MATE ファミリートランスポーターの解析. 第 4 回植物の栄養研究会, 京都, 9 月 7-8 日, 2018.
- (7) 三村徹郎・大西美輪・村西直樹・藤原ひとみ・石崎公康・深城英弘・西山智明・坂山英俊・Rob J.Reid・且原真木 シヤジクモ細胞膜リン酸輸送体の分子機能解析. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (8) 藤田知美・奥村綾子・且原真木・奈良久美 シロイヌナズナの根と根細胞の水透過性測定. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (9) 山成由佳子・中原由揮・且原真木・奈良久美 シロイヌナズナの液胞膜型アクアポリン AtTIP2;2 と AtTIP2;3 の水透過性. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (10) 佐々木孝行・有吉美智代・森 泉・山本洋子 植物の ALMT リンゴ酸輸送体の多様性. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (11) 且原真木・堀江智明 Na⁺/K⁺透過性をもつアクアポリン: イネ OsPIP2;4 およびオオムギ HvPIP2;8 の解析. 第 49 回根研究集会, 盛岡, 10 月 27-28 日, 2018.
- (12) 大西亜耶・且原真木 オオムギの根水透過性制御にかかわる遺伝因子の探求. 第 49 回根研究集会, 盛岡, 10 月 27-28 日, 2018.

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) 近藤秀樹・広田恵介・鈴木信弘 分節型ラウドウイルスに見いだされたゲノムリアソートメント. 平成 30 年度日本植物病理学会大会, 神戸, 3 月 25-27 日, 2018.
- (2) Micheni, C. M., Telengech, P. K., Hisano, S., Kondo, H., Arjona-Lopez, J. M., Lopez-Herrera, C., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Characterization of diverse partitoviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Kobe, March 25-27, 2018.
- (3) 兵頭 究・鈴木信弘・奥野哲郎 宿主足場タンパク質 RACK1 は植物 RNA ウイルスの増殖を正に制御する. 平成 30 年度日本植物病理学会大会, 神戸, 3 月 25-27 日, 2018.

- (4) Shahi, S., Eusebio-Cope, A., Chiba, S., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Host expansion of Cryphonectria mitovirus 1 revealed its avoidance of antiviral RNA silencing. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Kobe, March 25-27, 2018.
- (5) 兵藤 究 植物 RNA ウイルスの複製機構. 第 13 回植物ウイルス病研究会, 神戸, 3 月 28 日, 2018.
- (6) 佐藤有希代 キュウリモザイクウイルスに対する NB-LRR 型抵抗性タンパク質 RCY1 の蓄積量を制御する分子機構の解析. 第 43 回岡山植物病理セミナー, 岡山, 5 月 19 日, 2018.
- (7) 鈴木信弘 今だから聞けるウイルス学講座「菌類ウイルスに魅せられて」. 湯河原ウイルスキャンプ, 静岡, 6 月 6-7 日, 2018.
- (8) Shahi, S., Eusebio-Cope, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Host range expansion of and avoidance of antiviral RNA silencing by a mitochondrially replicating virus, Cryphonectria mitovirus 1. 33rd Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Okayama, June 23-24, 2018.
- (9) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Cryphonectria hypovirus 4 strain C18 exerts synergistic effects in the host fungus *Cryphonectria parasitica*. 33rd Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Okayama, June 23-24, 2018.
- (10) Telengech, P. K., Micheni, C. M., Hisano, S., Kondo, Arjona-Lopez, J. M., Lopez-Herrera, C., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Novel diverse partitiviruses from the phytopathogenic fungus, *Rosellinia necatrix*. 33rd Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Okayama, June 23-24, 2018.
- (11) 近藤秀樹 ウイルスハンティング最前線ー自然界に存在する生物界をまたいだウイルス感染ー. 室内環境学会・微生物分科会ー勉強会ー, 倉敷, 8 月 8 日, 2018.
- (12) 鈴木信弘 ネオウイルス学: ウイルスいろいろ. 室内環境学会・微生物分科会ー勉強会ー, 倉敷, 8 月 8 日, 2018.
- (13) 鈴木信弘 白紋羽病菌で繰り広げられる RNA ウイルスのネオ・ライフスタイル. 第 53 回植物感染生理談話会, 高知, 8 月 21-23 日, 2018.
- (14) 兵頭 究 植物ウイルス感染がパターン誘導性免疫に及ぼす影響. 第 53 回植物感染生理談話会, 高知, 8 月 21-23 日, 2018.
- (15) Shahi, S. Investigation of hostrange of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus. ネオウイルス学シンポジウム I, 倉敷, 9 月 20 日, 2018.
- (16) Aulia, A. Natural variation insusceptibility to viruses in the chestnut blight fungus. ネオウイルス学シンポジウム I, 倉敷, 9 月 20 日, 2018.
- (17) Das, S. Mutational analysis of yado-kari virus 1. ネオウイルス学シンポジウム I, 倉敷, 9 月 20 日, 2018.
- (18) 兵頭 究・鈴木信弘・奥野哲郎 宿主足場タンパク質 RACK1 のハイジャックによる植物ウイルス増殖機構. 平成 30 年度日本植物病理学会関西支部会, 山口, 9 月 27-28 日, 2018.
- (19) 鈴木信弘 (菌類) ウイルスに魅せられて. 第 44 回岡山植物病理セミナー, 岡山, 12 月 18 日, 2018.

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

- (1) 照屋美優・藤原 薫・宮本皓司・山根久和・新屋友規・Ivan Galis・林謙一郎・宮崎 翔・中嶋正敏・野尻秀昭・岡田憲典 蕨類におけるジャスモン酸類の探索と生理活性の追究. 日本農芸化学会 2018 年度大会, 名古屋, 3 月 15-18 日, 2018.
- (2) 叶 文秀・新屋友規・木下俊則・賀来華江・渋谷直人・村田芳行 キチンオリゴ糖は CERK1 を介して気孔閉口を誘導する. 日本農芸化学会 2018 年度大会, 名古屋, 3 月 15-18 日, 2018.
- (3) 新屋友規・北條優子・宮本皓司・内田健一・山根久和・岡田憲典・Galis Ivan イネの防御応答における OPDA シグナルによるフェノールアミド生合成制御. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (4) 高橋弘輝・Andama Joackin B.・北條優子・新屋友規・中谷容子・Galis Ivan イネにおけるフェノールアミド生合成および制御に関わる新規遺伝子の同定. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.

- (5) Galis Ivan・福元華織・北條優子・中谷容子・新屋友規 Phytohormone levels and associated gene expression in developing rice panicles. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (6) Andama B. Joackin・Osinde Cyprian・新屋友規・Galis Ivan Characterization of herbivory resistance traits in NERICA rice varieties. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (7) Andama B. Joackin・新屋友規・Galis Ivan Update on herbivory resistance traits in NERICA rice varieties. Africa Day 2018, Okayama, 11 月 2 日, 2018.
- (8) Mujiono Kadis・新屋友規・Galis Ivan Hormonal crosstalk in regulation of herbivory-induced volatile emissions in rice. Africa Day 2018, Okayama, 11 月 2 日, 2018.
- (9) 高藤健人・林 鎬俊・河内健太郎・下川 咲・安東義乃・塩尻かおり・稲毛直人・小島秀一・Ivan Galis・有村源一郎 セイタカアワダチソウの防御応答におけるエチレン応答因子 ERF の機能解明. 第 40 回日本分子生物学会, Yokohama, 11 月 28-30 日, 2018.

植物環境微生物学グループ (*Group of Plant Environmental Microbiology*)

- (1) 春名優希・加藤純一・谷 明生 *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノール走化性センサーの機能解析. 日本農芸化学会大会, 名古屋, 3 月 15 日, 2018.
- (2) 平賀翔大・藤谷良子・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* strain 22A におけるメタノール脱水素酵素遺伝子のランタノイド依存的制御. 日本農芸化学会大会, 名古屋, 3 月 15 日, 2018.
- (3) Lyu, H. and Tani, A. Draft genome and description of *Novimethylophilus kurashikiensis* gen. nov. sp. nov., a new lanthanide-dependent methylotrophic species of *Methylophilaceae*. 日本農芸化学会大会, 名古屋, 3 月 15 日, 2018.
- (4) Yanpirat, P. and Tani, A. Multiple formaldehyde oxidation pathways in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 日本微生物生態学会第 32 回大会, 沖縄, 7 月 11-13 日, 2018.
- (5) Fujitani, Y. and Tani, A. Functional analysis of lanthanide inducible protein in *Methylobacterium aquaticum* 22A. 日本微生物生態学会第 32 回大会, 沖縄, 7 月 11-13 日, 2018.
- (6) Haruna, Y., Kato, J. and Tani, A. Molecular mechanism of methylotaxis in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 日本微生物生態学会第 32 回大会, 沖縄, 7 月 11-13 日, 2018.
- (7) 吉川友理・北村純一・矢野嵩典・中川智行・谷 明生・三井亮司 *Methylobacterium extorquens* AM1 のランタノイド依存型メタノールデヒドロゲナーゼの解析. 第 70 回日本生物工学会大会, 大阪, 9 月 5-7 日, 2018.
- (8) 王 倫・菅沼宗矢・日比野歩美・谷 明生・三井亮司・海老原章郎・岩本悟志・稲垣瑞穂・島田昌也・早川享志・中川智行 ランタノイド依存型メタノール脱水素酵素 XoxF1 の酵素活性と安定性はランタノイド種に依存する. 農芸化学会中部支部支部例会, 名古屋, 9 月 15 日, 2018.
- (9) 阪口由佳・繁原安美・王 倫・谷 明生・中野浩平・稲垣瑞穂・島田昌也・早川享志・中川智行 ホウレンソウにおける収穫後の *Methylobacterium* 属細菌の挙動とその成育を制御する微生物の探索. 美味技術学会第 18 回大阪例会, 大阪, 11 月 8-9 日, 2018.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) 佐藤和広・大西一光・小松田隆夫・呉 健忠 種子休眠性遺伝子 Qsd1 のコムギゲノムにおける配列の多様性. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (2) 笠澄 望・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 パンコムギ準等質遺伝子系統の RNA-seq 解析によるハイブリッドネクロシスの解析. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.

- (3) 田中 剛・石川吾郎・小木曾映里・柳澤貴司・佐藤和広 RNA-Seq に基づく国内オオムギ品種多様性解析と育種利用. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (4) 道川麻美・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq データに基づく一粒系コムギのゲノムワイド多型の検出とその利用. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (5) 笹沼恒男・澤田小春・田中裕之・佐藤和広・高田兼則・朱 明婧・龍 春林 中国青海省で収集したパンコムギ遺伝資源の基本農業形質及び製パン性関連形質に関する多様性評価. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (6) 三木祐香・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq データからみたエギロプス属 *Sitopsis* 節の種間関係とパンコムギ B ゲノムの起原. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (7) 久野 裕・宗森広美・佐藤和広 形質転換能遺伝子座に関わるオオムギ準同質遺伝子系統の開発. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (8) 最相大輔・井藤 純・辻 寛之・平山隆志 葉身伸長に基づくオオムギ生長過程の表現型可塑性. 日本育種学会第 133 回講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.
- (9) 久野 裕 品種の壁を越える: オオムギの形質転換や再分化を可能にするゲノム領域の同定. 日本植物学会第 82 回大会・シンポジウム「植物細胞のリプログラミング制御 ~その鍵は動的恒常性の維持と打破にあり~」, 広島, 9 月 14-16 日, 2018
- (10) 安倍史高・久野 裕・三上雅史・神谷容子・大西一光・ハク エムダドウル・田中 剛・遠藤真咲・川浦香奈子・佐藤和広 パンコムギにおける CRISPR/Cas9 を用いた TaQsd1 全同祖遺伝子のゲノム編集 1: 編集ホモ系統の効率的な作出. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (11) 神谷容子・川浦香奈子・安倍史高・田中 剛・ハク エムダドウル・三上雅史・遠藤真咲・久野 裕・佐藤和広 パンコムギにおける CRISPR/Cas9 を用いた TaQsd1 全同祖遺伝子のゲノム編集 2: 導入遺伝子の分離除去. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (12) ハク エムダドウル・安倍史高・林 武司・久野 裕・田中 剛・神谷容子・川浦香奈子・佐藤和広 パンコムギにおける CRISPR/Cas9 を用いた TaQsd1 全同祖遺伝子のゲノム編集: 3. 編集ホモ系統の形質評価. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (13) 松島 良・久野 裕・佐藤和広 イネとオオムギにおけるアミロプラストの比較イメージング解析. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (14) 佐藤和広 オオムギリソースの紹介. 日本育種学会第 60 回シンポジウム・ワークショップ, 「バイオリソースと育種学のこれからを考える: NBRP リソースの活用事例から」, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (15) 堀 清純・永田 和・福岡修一・最相大輔・平山隆志・持田恵一 水稻品種 Khao Nam Jen に由来する日長非依存的な出穂期 QTL の検出. 日本育種学会第 134 回講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.
- (16) 久野 裕・宗森広美・関 真秀・鈴木 穰・佐藤和広 幹細胞化関連遺伝子を過剰発現する形質転換オオムギカルスにおいて発現変動する遺伝子の検出. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (17) 文屋慧亮・久野 裕・佐藤和広 オオムギ種子休眠に関わる QTL 間相互作用の解析 (予報). 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (18) 安倍史高・ハク エムダドウル・田中 剛・神谷容子・久野 裕・三上雅史・川浦香奈子・遠藤真咲・大西一光・林 武司・佐藤和広 パンコムギにおける CRISPR/Cas9 を用いたゲノム編集. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (19) 大野良子・久野 裕・山根美樹・佐藤和広・荻野千秋・近藤昭彦・宅見薫雄 外来遺伝子発現用のコムギ細胞外排出シグナルと乾燥誘導性プロモーターの効果. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (20) 最相大輔・井藤 純・辻 寛之・持田恵一・池田陽子・平山隆志 オオムギ生長過程の表現型可塑性. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (21) 井藤 純・野村有子・最相大輔・平山隆志・辻 寛之 オオムギ茎頂メリステムの発生フェノロジー. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (22) 井藤 純・野村有子・最相大輔・持田恵一・平山隆志・辻 寛之 野外環境におけるオオムギ茎頂メリステムの成長過程の系統間比較. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (23) 井上 博・久野 裕・松島 良・小林括平・山岡直人・中神弘史・八丈野孝 オオムギうどんこ病菌による宿主細胞内デンプン分解メカニズムの解析. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.

- (24) 高松鮎美・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq 解析による二粒系コムギと *Aegilops cylindrica* 間の交雑種子の発生異常の解析. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (25) 道川麻美・吉田健太郎・岡田萌子・佐藤和広・宅見薫雄 野生一粒系コムギの RNA-seq データに由来する多型情報の利用. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (26) 田中紗弥夏・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq データに基づくコムギ C, M, N ゲノム 2 倍体近縁種間の遺伝的関係. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (27) 笠澄 望・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 パンコムギハイブリッドネクロシスの RNAseq 解析. 第 13 回ムギ類研究会, 横浜, 11 月 26-27 日, 2018.
- (28) 久野 裕 オオムギの遺伝子改変技術の現状と将来展望. 第 1 回オオムギ資源開発研究セミナー, 松山, 12 月 7 日, 2018.
- (29) 久野 裕・宗森広美・関 真秀・鈴木 穰・佐藤和広 幹細胞化関連遺伝子を過剰発現するオオムギカルスにおける網羅的遺伝子発現解析. 第 10 回中国地域育種談話会, 鳥取, 12 月 15-16 日, 2018.
- (30) 文屋慧亮・久野 裕・佐藤和広 オオムギ種子休眠に関する QTL 間相互作用の解析(予報). 第 10 回中国地域育種談話会, 鳥取, 12 月 15-16 日, 2018.
- (31) 最相大輔・金森裕之・片寄裕一・半田裕一 オオムギ変動日長応答出穂期 QTL の準同質遺伝子系統の作出. 第 10 回中国地域育種談話会, 鳥取, 12 月 15-16 日, 2018.

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

- (1) 長谷川慎平・川井友裕・瀬尾直登・池田 啓・佐藤修正・矢崎一史・高梨功次郎 日本におけるオヤマノエンドウの系統地理学的解析. 日本植物分類学会第 17 回大会, 金沢, 3 月 8-11 日, 2018.
- (2) 佐多陽奈・清水 翠・岩崎貴也・副島頭子・池田 啓・東 隆行・永野 惇・藤井紀行 キスマレの遺伝構造解析と満鮮要素の分布変遷に関する考察. 日本植物分類学会第 17 回大会, 金沢, 3 月 8-11 日, 2018.
- (3) 池田 啓・Pernille Bronken Eidesen・Viachenslav Barkalov・Valentin Yakubov・Christian Brochmann・瀬戸口浩彰 周北極-高山植物コケモモ (*Vaccinium vitis-idaea*) の系統地理. 日本植物分類学会第 17 回大会, 金沢, 3 月 8-11 日, 2018.
- (4) 池田 啓 分子データから見えてきた東北アジアにおける高山植物の生物地理. 日本生態学会第 65 回大会シンポジウム, 札幌, 3 月 14-18 日, 2018.
- (5) 池田 啓 系統地理学が描く分布形成の歴史の進展と制約—高山植物の研究を例に—. 日本進化学会第 20 回大会夏の学校, 東京, 8 月 22-25 日, 2018.
- (6) 池田 啓・鈴木友美・岡 義人・Lovisa Gustafsson・Christian Brochmann・長谷あきら 異なる緯度に生育するタネツケバナ属(*Cardamine*)の姉妹種におけるフィトクロム(PHYB)の環境感受性の進化. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.

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) 山本敏央 タカナリを用いた遺伝解析用の実験系統群の作出と利用. 多収イネ品種タカナリに関する研究会, 東京, 12 月 11 日, 2018.

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

- (1) 邱 琬貽・川本忠文・力石和英・氷見英子・西村秀希・梅根一夫・前川雅彦 Morphological characterization of spikelet and microarray analysis of the Large grain mutant found in transposon-tagged lines in rice (*Oryza sativa* L.). 第 133 回日本育種学会講演会, 福岡, 3 月 25-26 日, 2018.

- (2) 杉本 学・石井 誠・Gusev, O.・Sychev, V.・Levinskikh, M.・Novikova, N.・Grigoriev, A. 宇宙空間環境下と火星地表環境下で太陽光に曝露した大麦種子の生存能力. 日本宇宙生物科学会第 32 回大会, 仙台, 9 月 22-23 日, 2018.
- (3) 氷見英子・栗原志保・安倍史高・田中啓介・高橋秀和・松浦恭和・前川雅彦 RNA-seq 解析によるコムギ *Tamyb10* 遺伝子が制御する種子休眠関連遺伝子の探索. 第 134 回日本育種学会講演会, 岡山, 9 月 22-23 日, 2018.

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

作物デザイン研究チーム (Crop Design Research Team)

- (1) Mochida, K. A life course approach aiming to design climate-resilient crops. Workshop : Data driven crop design technology, 福岡, 2 月 20-21 日, 2018.

エコフィジオロジー研究チーム (Ecophysiology Research Team)

イオンダイナミクス班 (Ion Dynamics Section)

- (1) Mori, I. C., Ooi, L. H₂SO₃ is the chemical species that induces stomatal closure in aqueous solution of sulfur dioxide. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (2) Ooi, L., Munemasa, S., Murata, Y., Mori, I. C. Sulfur dioxide-induced stomatal closure is mediated by guard cell death and the mechanism is unshared with ozone-induced closure. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (3) 森 泉 アブシシン酸受容体の孔辺細胞における機能分化. 大阪大学・生物科学セミナー, 吹田, 7 月 3 日, 2018.
- (4) 佐々木孝行・有吉美智代・森 泉・山本洋子 トマトにおけるリンゴ酸輸送体 ALMT ファミリーの多様性. 日本土壌肥料学会, 神奈川, 8 月 29-31 日, 2018.
- (5) 三村徹郎・大西美輪・村西直樹・藤原ひとみ・石崎公康・深城英弘・西山智明・坂山英俊・Rob J. Reid・且原真木 シャジクモ細胞膜リン酸輸送体の分子機能解析. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.
- (6) 佐々木孝行・有吉美智代・森 泉・山本洋子 植物の ALMT リンゴ酸輸送体の多様性. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.

作物イノベーション研究チーム (Crop Innovation Research Team)

エピジェネティクス班 (Epigenetics Section)

- (1) Ikeda, Y., Saisho, D., Matsuura, T., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K. and Hirayama, T. Field multi-omics approaches in barley to reveal crop phenology. 第 59 回日本植物生理学会年会, 札幌, 3 月 28-30 日, 2018.
- (2) 池田陽子 Plant mobile domain を介した新規サイレンシング機構. 遺伝研研究会「転移因子と宿主の相互作用による生命機能と進化」, 三島, 8 月 20-21 日, 2018.
- (3) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・Mario A. Arteaga-Vazquez・Daniel Grimanelli・Robert A. Martienssen・Romain Pogorelnik・Olivier Mathieu・大和勝幸・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケにおける DNA メチル化制御. 日本植物学会第 82 回大会, 広島, 9 月 14-16 日, 2018.

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)

岡山大植物研・作物イノベーション研究ワークショップ (第1回) 「作物イノベーションのための基盤作り～分子からフィールドまで～」

日程：2018年1月18日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：久野 裕・松島 良・近藤秀樹（岡山大学・植物研・オオムギ遺伝子改変班）

1. 胚-胚乳サイズ制御と新しい植物ホルモン
 梶原健一郎（東京大学・大学院農学生命科学研究科）
2. 植物の高い器官再生能力を支える分子機構～あらたなクローン増殖技術の展開を探る～
 大谷美沙都（奈良先端大・バイオ/理研・CSRS）
3. ゲノムに大規模同義置換を導入した小球形RNAウイルスの病原性と進化、および、ウイルスベクターへの応用の可能性
 望月知史（大阪府立大学・生命環境科学研究科）
4. ウイルス・宿主・媒介者相互関係；圃場観察からみえてきたもの
 玉田哲男（ホクレン農業協同組合連合会・農業総合研究所）

Workshop : Data driven crop design technology

Feb. 20-21, 2018

Venue: Ito Campus, Kyushu University

Organizing Committee: Hirayama, T. (IPSR, Okayama University), Mochida, K. (RIKEN/ IPSR, Okayama University)

Tanaka, S. (Hiroshima University), Nishii, R. (Kyushu University)

February 20

1. Statistical gene data analysis and applications to plant growth
 Koda, S. (Graduate School of Mathematics, Kyushu University), Yoshihiko Onda (RIKEN Center for Sustainable Resource Science), Matsui, H. (Faculty of Data Science, Shiga University), Nishii, R. (Institute of Math for Industry, Kyushu University), Mochida, M. (RIKEN Center for Sustainable Resource Science/ IPSR, Okayama University)
2. Estimation of gene expression from shallow RNA-Seq by topic model
 Iwayama, K. (The Center for Data Science Education and Research, Shiga University), Kashima, M. and J. Nagano, A.
3. Quantification of the Genomic Contribution towards Food and Energy-related Crop Traits
 Alexander E. Lipka (Department of Crop Sciences, University of Illinois)
4. The Plant-Microbe nexus: emerging frontiers in engineering sustainable crop production systems
 Bhalerao, K. (Department of Agricultural and Biological Engineering, University of Illinois, Urbana-Champaign)

February 21

5. A life course approach aiming to design climate-resilient crops
 Mochida, K. (RIKEN Center for Sustainable Resource Science/ IPSR)
6. Field-omics approach to explore physiological variations decisive for agricultural traits
 Hirayama, T. (IPSR, Okayama University)

7. TERRA REF: Open Software, Data, and Computing to Advance High Throughput Phenomics
Shaner LeBauer, D. (Carl R. Woese Institute for Genomic Biology, National Center for Supercomputing Applications, University of Illinois, Urbana-Champaign)
8. Miniaturized Chemical Analyzers for Water Quality Monitoring
Miyake, R. (Institute Graduate school of Engineering, The University of Tokyo)
9. Understanding mushroom fruiting: a data-driven approach
La Porta, N. (Environmental Biotechnology Platform at the Research and Innovation Centre of Fondazione Edmund Mach)

第34回資源植物科学シンポジウム及び第10回植物ストレス科学研究シンポジウム ー植物の多彩なストレス克服戦略ー

日時：2018年3月5-6日

場所：倉敷市芸文館アイシアター

オーガナイザー：馬 建鋒（岡山大学・植物研）

3月5日

1. ゼニゴケゲノム解析から探る陸上植物の進化
河内孝之（京都大学）
2. 全ゲノム解析は品種をどこまで紐解けるか～イチゴの場合～
磯部祥子（かずさDNA研究所）
3. 野生イネ*Oryza longistaminata*の有用性
前川雅彦（岡山大学・植物研）
4. 植物と炭疽病菌の攻防戦
高野義孝（京都大学）
5. 微生物情報と栄養環境情報の統合による植物免疫の制御
西條雄介（奈良先端科学技術大学院大学）
6. 植物が持つ多様な栄養環境適応のための巧妙な仕組み
柳澤修一（東京大学）
7. オオムギの形質転換成否を決めるゲノム領域の特定とその利用
久野 裕（岡山大学・植物研）

3月6日

8. ソルガムのバイオマス生産性に関連する遺伝子のゲノムワイドな同定
藤本 優（東京大学）
9. 塩ストレス下でのナトリウム流入と水輸送の制御
且原真木（岡山大学・植物研）
10. イネ節の効率的な気体透過性による耐水性機構の解明
永井啓祐（名古屋大学）
11. 植物の根への酸素供給システムの制御
中園幹生（名古屋大学）

第20回植物オルガネラワークショップ オルガネラ生化学の最前線

日程：2018年3月27日（火）

場所：北海道大学 低温科学研究所

オーガナイザー：小保方潤一（京都府立大学）・加藤裕介（岡山大学・植物研）・河野重行（東京大学）
・楠見健介（九州大学）・小林裕和（静岡県立大学）・高林厚史（北海道大学）・西村芳樹（京都大学）
・林田信明（信州大学）・宮沢 豊（山形大学）

セッション1

1. 葉緑体ペプチドトランスポーターを介した核遺伝子発現制御の可能性
西村健司¹・関谷堂真¹・石森元幸²・Samuel Watson¹・高見常明¹・加藤裕介¹・宮地孝明¹
・坂本 亘¹（¹岡山大学・植物研,²東京大学）
2. 葉緑体DNA遺伝に必須なHolliday ジャンクション切断機構の発見
小林優介（遺伝学研究所）
3. 細菌学的視点から見た葉緑体成立機構
児島征司（東北大学）

セッション2

1. フィトクロムによるゲノムワイドな転写開始点制御の発見
牛島智一（九州大学）
2. アブラナ科植物のメス側自家不和合性因子 SRK の機能における N 結合型糖鎖修飾の役割の解析
山本雅也¹・June B. Nasrallah²（¹東北大学・²コーネル大学）
3. 植物細胞の極性形成機構の細胞生物学的解析
檜本悟史¹・古谷将彦²・田坂昌生³・福田裕穂⁴・経塚淳子¹（¹東北大学・²名古屋大学・³奈良先端科学技術大学院大学・⁴東京大学）

特別講演

クロロフィル代謝の機能と進化
田中 歩（北海道大学）

第13回 植物ウイルス病研究会

日程：2018年3月28日

場所：神戸大学滝川記念学术交流会館

オーガナイザー：三瀬和之（京都大学）・鈴木信弘（岡山大学・植物研）

1. ラズベリー黄化ウイルスの花粉伝染
磯貝雅道（岩手大学）
2. ブドウとカキから新たに検出されたウイルス・ウイロイド
伊藤隆男（農研機構果茶研）
3. ウメ輪紋ウイルスの宿主範囲と伝染リスク
鍵和田聡（法政大学）
4. イネ縞葉枯ウイルスの多発要因の解明と新たな防除対策への取り組み
奥田 充（農研機構中央農業研究センター）
5. 青しその生産地におけるシソモザイクウイルスと媒介虫シソサビダニの発生生態
久保田健嗣（農研機構中央農業研究センター）

6. ダイズ栽培化で選抜されたかもしれないクローバ葉脈黄化ウイルス抵抗性について
中原健二 (北海道大学)
7. トランスジェニックモデル植物を用いた植物ウイルス病発症機構の解析
小林括平 (愛媛大学)
8. 植物 RNA ウイルスの複製機構
兵頭 究 (岡山大学)
9. テンサイ黄化病とニンジン黄化病に関するウイルスの生物学的・遺伝的特性
吉田直人 (ホクレン農業総合研究所)
10. ポストゲノム時代の病原ウイルス探索の現状と課題
関根健太郎 (琉球大学)

植物生体膜シンポジウム：植物の光応答と物質輸送のダイナミズム

日程：2018年9月14日

場所：広島国際会議場

オーガナイザー：森 泉・且原真木 (岡山大学・植物研) ・村田芳行 (岡山大学・環境生命)

1. 植物における光・ホルモン応答と生体膜機能
飯野盛利 (大阪市立大学)
2. 生体膜で輝く分子：プロトンポンプと Ca 情報変換分子から見えてきたこと
前島正義 (名古屋大学)

ネオウイルス学ミニシンポジウム I

日程: 2018 年 9 月 20 日

場所: 岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：鈴木信弘 (岡山大学・植物研)

1. モデル糸状菌アカパンカビとマイコウイルスの実験系の構築
本田信治 (福井大学)
2. アカパンカビの siRNA 生成酵素 DCL2 の生化学的解析
田原 緑 (東京農工大学)
3. 星咲き品種ペチュニアにおける内在性ウイルス制御機構と RNA 干渉機構の関係
栗山和典 (東京農工大学)
4. 植物病原性 *Verticillium* 属菌の RNA ウイルス
宮下脩平 (東北大学)
5. Investigation of hostrange of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus
Sabitree Shahi (IPSR, Okayama University)
6. Natural variation insusceptibility to viruses in the chestnut blight fungus
Annisa Aulia (IPSR, Okayama University)
7. Mutational analysis of yado-kari virus 1
Subha Das (IPSR, Okayama University)
8. フザリウム属菌から分離された新規 Tymovirus 様マイコウイルス
千葉壮太郎 (名古屋大学)

バイオリソースと育種学のこれからを考える：NBRPリソースの活用事例から Perspectives on the use of bioresources in breeding sciences: Lessons from successful studies

日程：2018年9月22日

場所：日本育種学会第134回講演会・第3会場（岡山大学津島キャンパス）

オーガナイザー：久野 裕（岡山大学・植物研）・佐藤 豊（遺伝研）・那須田周平（京大院・農）

1. オオムギリソースの紹介（Resources of barley）
佐藤和広（岡山大学・植物研）
2. 標準になったオオムギ「標準品種」コレクション（The standard variety of barley collection）
小松田隆夫（農研機構・次世代作物セ）
3. NBRPイネリソースの紹介（Introduction to NBRP RICE resources）
佐藤 豊（遺伝研）
4. イネ育種における野生イネ利用の可能性（Potential of wild rice in rice breeding）
石川 亮¹・宮崎直哉¹・杉山昇平¹・窪田芳生¹・馬 建鋒²・石井尊生¹（¹神戸大院・農，²岡山大学・植物研）
5. マメ科植物における基礎から応用研究のためのミヤコグサ・ダイズバイオリソース（Lotus and Glycine bioresources for basic and applied research in legumes）
橋口正嗣¹・佐藤修正²・橋口拓勇¹・田中秀典³・明石 良^{1,3}（¹宮崎大・農，²東北大院・生命，³宮崎大・IR推進セ）
6. マメ科植物における窒素固定関連遺伝子*SEN1*の多型と表現型（Effect of polymorphism of *SEN1* gene on symbiotic nitrogen fixation）
鈴木章弘¹・江上由佳¹・河野里実¹・中尾隆寛¹・千々岩諒汰¹・中島菜摘¹・原田克哉¹・河津英紀¹・渡邊啓史¹・穴井豊昭¹・菅沼教生²・有馬 進¹（¹佐賀大・農，²愛教大・教育）
7. 果実発達研究のための 'Micro-Tom-Japan' を基盤としたトマトバイオリソース（Tomato Bioresources based on 'Micro-Tom-Japan' to accelerate the fruit biology）
星川 健¹・伊藤直子¹・有泉 亨¹・福田直也¹・金山喜則²・久保康隆³・矢野健太郎^{3,4}・青木 考⁵・江面浩¹（¹筑波大・生命環境，²東北大院・農，³岡山大院・自然科学，⁴明治大・農，⁵大阪府大院・生命環境）
8. マイクロトム果実形成と品質維持における液胞輸送の役割（Function of vacuolar trafficking in fruit development of dwarf tomato cultivar 'Micro-Tom'）
伊藤瑛海¹・崔 勝媛¹・星川 健²・溝口 剛²・江面 浩²（¹国際基督教大・アーツ・サイエンス，²筑波大・生命環境）

一般社団法人 日本育種学会 2018 年秋期 岡山大学 ワークショップ イネとオオムギのボタニカル・トーク(作物対話)：形態篇

日程：2018 年 9 月 22 日

場所：岡山大学一般教育棟

企画者：武田 真（岡山大学・植物研）・吉田 均（農研機構・生物機能利用研究部門）

はじめに 吉田 均

講演

1. イネとオオムギの形態の違い
武田 真（岡山大学・資源植物科学研究所）
2. オオムギ細葉矮性変異体 *narrow leafed dwarf1* の解析
吉川貴徳（京都大学・大学院農学研究科）
3. オオムギ半矮性自然変異体 *uzu* と *brachytic 1* の植物生理学的特徴
本多一郎（前橋工科大学・工学部生物工学科）

4. イネにおける閉花受粉性の分子機構

吉田 均 (農研機構・生物機能利用研究部門)

総合討論 武田 真・吉田 均

Japan-Finland Seminar 2018
-Shaping photosynthesis against climate change and
toward efficient water and nutrient management-

September 24 -27, 2018

Venue: Ikuta Shrine Hall (Kobe, Japan)

Organizers: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University), Eva-Mari Aro (University of Turku)

Session I: Shaping Photosynthesis: Water Splitting and Electron Transport

1. Molecular mechanism of photosynthetic water oxidation
Jian-Ren Shen (Okayama University)
2. The specific roles of photosystem II and photosystem I in chloroplast signalling
Eva-Mari Aro (University of Turku)
3. Machinery and function of pmf regulation
Toshiharu Shikanai (Kyoto University)
4. Photosystem I complex assembly
Yuichiro Takahashi (Okayama University)
5. Acetylation in regulation of photosynthetic reactions
Paula Mulo (University of Turku)

Session II: Shaping Photosynthesis: Regulatory Mechanisms

1. Chloroplasts thioredoxin systems: Regulation of photosynthesis under fluctuating light
Eevi Rintamaki (University of Turku)
2. Dark metabolism probed by chlorophyll fluorescence
Kintake Sonoike (Waseda University)
3. Multiple roles of light-harvesting-like proteins in the regulation and maintenance of the photosynthetic machinery
Ryouichi Tanaka (Hokkaido University)
4. Investigation of S/T/Y phosphorylation signalling network in cyanobacteria
Natalia Battchikova (University of Turku)
5. Roles of lipids in photosynthesis
Hajime Wada (The University of Tokyo)
6. Use of PSI inhibition tool: The effect of PSI photoinhibition for excitation energy and electron transfer and retrograde signaling
Mikko Tikkanen (University of Turku)
7. Effects of visible light wavelengths on the plastoquinone pool: state transitions and gene regulation
Heta Mattila (University of Turku)

Session III: Integrating Photosynthesis: Cellular Orchestration

1. Role of translational regulation in the repair of photosystem II
Yoshitaka Nishiyama (Saitama University)
2. Molecular aspects of CO₂-concentrating mechanism in marine diatoms
Yusuke Matsuda (Kwansei Gakuin University)
3. Light as a modulator of plant secondary metabolism
Sajjaliisa Kangasjärvi (University of Turku)

4. NAD(P)(H) metabolism and photosynthesis
Maki Kawai-Yamada (Saitama University)
5. Post-translational modifications and dynamics of thylakoid proteins in Arabidopsis: what we have learned using a targeted proteomics approach
Andrea Trotta (University of Turku)
6. Role of cyclic electron transport around photosystem I in *C4 Flaveria bidentis*
Yuri N. Munekage (Kwansei Gakuin University)
7. Quick detection of viruses in photosynthetic organisms
Jari Valkonen (University of Helsinki)

Session IV: Challenge toward Climate Change: Stress Response and Signaling

1. Molecular mechanism of blue light signaling for stomatal opening
Atsushi Takemiya (Yamaguchi University)
2. Coordination of Chloroplastic and Mitochondrial retrograde signaling
Jaakko Kangasjarvi (University of Helsinki)
3. Differential roles of abscisic acid receptors in stomatal regulation
Izumi Mori (IPSR, Okayama University)
4. The role of reactive oxygen species in receptor-like kinase signaling
Michael Wrzaczek (University of Helsinki)
5. Regulation of Plant Development, Stress Responses and Programmed Cell Death by the ROS-Ca²⁺ Signal Network
Kazuyuki Kuchitsu (Tokyo University of Science)

Session V: Challenge toward Climate Change: Environmental Adaptation and Development

1. Harnessing transcription for bioproduction in cyanobacteria
Taina Tyystjarvi (University of Turku)
2. Information processing from light reaction to gene expression in cyanobacteria
Kan Tanaka (Tokyo Institute of Technology)
3. Ray parenchymal cells actively contribute to lignification of tracheids in developing xylem of Norway spruce
Kurt Fagerstedt (University of Helsinki)
4. Developmentally and stress controlled stilbene biosynthesis in Scots pine
Teemu Teeri (University of Helsinki)
5. Regulation of leaf nitrogen metabolism at the posttranslational level by ACR11
Atsushi Takabayashi (Hokkaido University)
6. De novo transcriptome of Bilberry a tool for development related studies
Hely Haggman (University of Oulu)
7. Selective turnover of photodamaged chloroplasts by autophagy
Masanori Izumi (Tohoku University)
8. The Arabidopsis MILDEW LOCUS O₂ integrates pathogen response, abiotic stress, and reactive oxygen species signaling
Kirk Overmyer (University of Helsinki)
9. Chloroplast DNA degradation serving as nutrient reservoir in plants
Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

Session VI: Engineering and Systems Biology

1. New approach for sustained hydrogen production by microalgae
Sergey Kosourov (University of Turku)
2. Photosynthetic production of sorbitol: Engineering of carbon flow and NADPH supply and discovery of sorbitol-6-phosphatase
Masahiko Ikeuchi (The University of Tokyo)

3. Cyanobacteria platform for production of high-value chemicals
Kaarina Sivonen (University of Helsinki)
4. Versatile templates from cellulose nanofibrils for photosynthetic microbial chemical production
Yagut Allahverdiyeva-Rinne (University of Turku)
5. Redirecting photosynthetic electron flux to product formation in the cyanobacterium *Synechocystis*
Pauli Kallio (University of Turku)

Session VII: Poster Session by Young Scientists

1. Roles of galactolipids in plastid development during skotomorphogenesis to photomorphogenesis
Koichi Kobayashi (Osaka Pref. University)
2. Regulation of FtsH function in Photosystem II repair cycle
Yusuke Kato (IPSR, Okayama University)
3. Roles of thioredoxin-dependent redox regulation in photosynthesis
Yuki Okegawa (Kyoto Sangyo University)
4. Role of translation factor EF-Tu in the response of photosynthesis to photo-oxidative stress
Haruhiko Jimbo (The University of Tokyo)
5. Physiological role of organelle DNA degradation by DPD1 during starvation
Tsuneaki Takami (IPSR, Okayama University)
6. Structure of aquatic chloroplast enabling CO₂-concentrating mechanism
Yoshinori Tsuji (Kwansei Gakuin University)
7. Regulation mechanism of photodamage-induced chlorophagy
Sakuya Nakamura (Tohoku University)
8. Critical roles of autophagy and ROS in the regulation of tapetal programmed cell death in rice
Takamitsu Kurusu (Suwa University of Science)
9. Analysis of photosynthesis and photoinhibition according to intracellular circadian rhythm in a *cyanobacterium* *Synechococcus elongatus* PCC 7942
Tatsuhiko Tsurumaki (Tokyo Institute of Technology.)
10. C₄-photosynthetic characters in F₂ hybrids between *Flaveria floridana* (C₃-C₄) and *Flaveria brownii* (C₄-like)
Yukimi Y. Taniguchi (Kwansei Gakuin University)
11. Contribution of cyclic electron flow around photosystem I to C₄ photosynthesis in *Flaveria bidentis*
Takako Ogawa (Kwansei Gakuin University)
12. Function of thylakoidal anion transporters in the marine diatom, *Thalassiosira pseudonana*
Ryousuke Amano (Kwansei Gakuin University)
13. Function of thylakoidal anion transporters in the marine diatom, *Phaeodactylum tricorutum*
Kansei Yamagishi (Kwansei Gakuin University)
14. Genetic identification of factors for extracellular cellulose accumulation in the thermophilic cyanobacterium *Thermosynechococcus vulcanus*: proposal of a novel tripartite secretion system
Kaisei Maeda (The University of Tokyo)

13th International dsRNA Symposium
Workshop 1b: Viral Diversity

September 24-28, 2018

Venue: Vayamundo Houffalize, Belgium

Organizers: Andrej Steyer (University of Ljubljana), Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Evolution in the Family Partitiviridae and Novel Aspects of the Polymerases
Marilyn J Roossinck (Penn State University)

2. Bluetongue virus replication in culicoides cells increases the number of genetic variants in the viral population
Joseph Hughes (MRC- University of Glasgow)
3. Impact of host microbiota on enteric RNA virus evolution.
Andrea Kaup Erickson (University of Texas Southwestern Medical Center)
4. The Reovirales a new taxonomic order: families Sedoreoviridae and Spinareoviridae
Houssam Attoui (INRA-ANSES-ENVA)
5. BTV-GLUE: A web-based bioinformatics resource for bluetongue virus sequence data
Kyriaki Nomikou (MRC- University of Glasgow)
6. Rotavirus species tropism: new insights on P-type classification
Samuel Miño (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria)
7. Exploring the diversity and dynamics of the gut virome of infants during the first year of life
Leen Beller (Katholieke Universiteit Leuven)
8. Piscine orthoreovirus (PRV); in vivo propagation in erythrocytes enables virus purification, causality to important disease in farmed Atlantic salmon and protection by inactivated vaccine
Øystein Wessel (Norwegian University of Life Sciences)

**平成 30 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：2018 年 10 月 13 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 植物ホルモンは魔法のクスリ
力石和英 (岡山大学・植物研)
2. 大発見！葉っぱに潜む微生物の意外な働き
谷 明生 (岡山大学・植物研)

International Neovirology Mini-symposium Series III

October 26 - 27, 2018
Venue: IPSR, Okayama University
Organizer: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Chloroviruses as Chemotactic Agents
David Duniagan (University of Nebraska-Lincoln)
2. Mutational analyses of Yado-kari virus 1 associated with Yado-nushi virus 1
Subha Das (IPSR, Okayama University)
3. Dicer functions transcriptionally and posttranscriptionally in a multilayer antiviral defense
Ida Bagus Andika (IPSR, Okayama University)
4. Characterization of a novel polomyovirus with a potential neo-lifestyle
Yukiyo Sato (IPSR, Okayama University)
5. Hijacking a host ROS-generating machinery by a plant RNA virus for its replication
Kiwamu Hyodo (IPSR, Okayama University)
6. Widespread endogenization of a novel virga/nege-like virus group into insect genomes
Hideki Kondo (IPSR, Okayama University)
7. Two related mycoreoviruses behave differently in the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*
Annisa Aulia (IPSR, Okayama University)

8. Diversity of partitiviruses isolated from the white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*
Paul Telegech (IPSR, Okayama University)
9. Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus
Sabitree Shahi (IPSR, Okayama University)
10. Origins and Evolution of the Global RNA Virome
Valeriane Dolja (Oregon State University)
11. The diversity and evolution of RNA viruses
Yongzheng Zhang (CDC China)

Neo-virology: The diversity of viruses on the earth

October 28, 2018

Venue: KYOTO TERRSA

Organizers: Keizo Nagasaki (Kochi University), Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. The diversity and evolution of RNA viruses
Yongzheng Zhang (CDC China)
2. New Concepts in Virus Population Dynamics
David Duniagan (University of Nebraska-Lincoln)
3. The first evidence of natural cross kingdom virus infection from a plant to a fungus
Ida Bagus Andika (IPSR, Okayama University)
4. Viruses from ticks, mosquitoes, animals and human
Ken Maeda (Yamaguchi University)
5. Origins and Evolution of the Global RNA Virome
Valerian Vladimirovich Dolja (Oregon State University)

International Symposium on Photosynthesis and Chloroplast Biogenesis

November 7-10, 2018

Venue: Kurashiki Kokusai Hotel (Nov. 7), Kurashiki Civic Hall (Nov. 8-10)

Organizers: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University), Toshiharu Shikanai (Kyoto University),
Yuichiro Takahashi (Okayama University), Hsou-min Li (Institute of Molecular Biology, Academia Sinica),
Micheal Hippler (University of Muenster), Stefan Hörtensteiner (University of Zurich)

Plenary lectures

1. Mitochondrial biogenesis: machineries and pathways
Toshiya Endo (Kyoto sangyo University)
2. Transport system of mineral elements in plants: from soil to the seeds
Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

Sesson 1 Photosynthetic Machineries: Structure and Assembly

1. Structural biological studies of photosynthetic membrane-protein complexes
Jian-Ren Shen (Okayama University)
2. Structural atlas of the electron transfer complexes of ferredoxin and its partner protein
Genji Kurisu (Osaka University)
3. Photosynthetic reaction centers - Robustness with increased complexity
Nathan Nelson (Tel Aviv University)
4. Structure and assembly of photosystem I complex
Yuichiro Takahashi (Okayama University)

Session 2 Mechanisms of Photosynthetic Regulation I

1. Photoacclimation in *Chlamydomonas reinhardtii*
Roberta Croce (Vrije Universiteit Amsterdam)
2. Algal photoprotection: Mechanism and signal transduction
Jun Minagawa (National Institute for Basic Biology)
3. Molecular players of sustained energy dissipation in plants
Alizée Malnoë (Umeå University)

Session 3 Mechanisms of Photosynthetic Regulation II

1. Redox regulation machineries in photosynthetic organisms
Toru Hisabori (Tokyo Institute of Technology)
2. Regulation of photosynthesis via calredoxin: New insights into a calcium-regulated chloroplast thioredoxin
Michael Hippler (University of Münster)
3. Regulatory network of photosynthetic electron transport
Toshiharu Shikanai (Kyoto University)

Session 4 Gene Expression and Engineering

1. Engineering photosynthesis in C3 plants
Maureen R. Hanson (Cornell University)
2. Regulation and function of thylakoid protein phosphorylation in *Arabidopsis* and *Chlamydomonas*
Michel Goldschmidt-Clermont (University of Geneva)
3. Regulation of chloroplast translation by light
Alice Barkan (University of Oregon)
4. A systems view of chloroplast biogenesis
Ralph Bock (Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology)
5. Systems biology and metabolic engineering of photosynthetic organisms
Hiroshi Shimizu (Osaka University)

Session 5 Chloroplast Biogenesis I

1. Tic236 links the chloroplast outer and inner membrane translocons
Hsou-min Li (Institute of Molecular Biology, Academia Sinica)
2. Molecular machineries for chloroplast protein import and their evolution
Masato Nakai (Osaka University)
3. Protein import into chloroplasts and its regulation by the ubiquitin-proteasome system
Paul Jarvis (University of Oxford)

Session 6 Chloroplast Biogenesis II

1. Evolutionary aspects of chlorophyll breakdown
Stefan Hörtensteiner (University of Zurich)
2. Revealing new structure and functions of the aquatic chloroplast bundling the photosystem and the CO₂-concentrating mechanism
Yusuke Matsuda (Kwansei Gakuin University)
3. Mechanisms and significance of retrograde signaling in higher plants
Lixin Zhang (Institute of Botany, Chinese Academy of Science)

Session 7 Chloroplast Homeostasis

1. FtsH, a major housekeeping and regulatory protease of the thylakoid membrane
Catherine de Vitry (Sorbonne Université)

2. Oxidative PTM: a step toward deciphering ROS sensor residing in chloroplast
Chanhong Kim (Shanghai Center for Plant Stress Biology, Chinese Academy of Sciences)
3. Chloroplast protein degradation and beyond: FtsH and a possible peptide export
Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

5 min presentation from poster session

1. Cryo-EM structures of diatom PSII-FCPII supercomplexes
Ryo Nagao (Okayama University)
2. Proton release and water incorporation in photosystem II
Keisuke Saito (The University of Tokyo)
3. Relaxation of QH1 (ROQH1) functions in sustained energy dissipation in Arabidopsis
Cynthia Amstutz (University of California, Berkeley)
4. Biochemical characterization of Photosystem I assembly apparatus in green alga *Chlamydomonas reinhardtii*
Nellaepalli Sreedhar (Okayama University)
5. Modification of excitation energy-transfer processes of the glaucophyte *Cyanophora paradoxa* in response to different light qualities
Yoshifumi Ueno (Kobe University)
6. The structure of PSI-LHCI complexes in *Chlamydomonas reinhardtii* and potential implications on photosynthetic electron transport regulation
Laura Mosebach (University of Münster)
7. Structural analysis of the homodimeric photosynthetic reaction center from *Helicobacterium modesticaldum*
Tetsuko Nakaniwa (Osaka University)
8. Photosynthesis revisited by fluorescence ATP sensor
Boon Leong Lim (University of Hong Kong)
9. Role of Cyclin-dependent kinase-like protein in the accumulation of *psbA* transcripts in *Chlamydomonas reinhardtii*
Haruhiko Jimbo (The University of Tokyo)
10. Revisiting the origin of photosynthetic eukaryotes and eukaryotic photosynthesis
Shinichiro Maruyama (Tohoku University)
11. Identification of new molecular components supporting active carbon fixation by marine diatoms
Yoshinori Tsuji (Kwansei Gakuin University)
12. Chloroplast carbonic anhydrases function in photosynthesis and plant development
Kevin Hines (Cornell University)
13. Relationship between increased production of PHB and photosynthesis due to overexpression of *ntcA* in *Synechocystis* sp. PCC 6803
Satomi Arisaka (Meiji University)
14. SUMOylation of TOC159 regulates chloroplast biogenesis in early plant development
Sonia Accossato (University of Neuchâtel)
15. Selective chlorophagy – microautophagic removal of membrane-damaged chloroplasts
Sakuya Nakamura (Tohoku University)
16. VIPP1, the membrane integrity-maintaining protein in chloroplasts, has GTPase activity in vitro
Norikazu Ohnishi (IPSR, Okayama University)
17. Role of phosphorylation of chloroplast Ca^{2+} binding protein CAS in the regulation of stomatal movement
Yuna Uemura (Kyoto Prefectural University)

共同利用・共同研究ワークショップ
「植物・微生物相互作用ワークショップ」

日程：2018年11月21日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：兵頭 究（岡山大学・植物研）・新屋友規（岡山大学・植物研）

1. 細胞表面パターン認識受容体を介した免疫シグナル伝達
出崎能丈（東京理科大学・基礎工学部）
2. 糖を巡る植物-病原菌間の攻防の分子メカニズムを探る
ー糖トランスポーター制御を介した植物の防御戦略ー
山田晃嗣（徳島大学・大学院社会産業理工学研究部）
3. 病原菌エフェクターと植物免疫の攻防を分子レベルで紐解く
山口公志（近畿大学・農学部）
4. エフェクター誘導性免疫によるダイズ遺伝型特異的な根粒共生不全
菅原雅之（東北大学・大学院生命科学研究科）
5. 植物と根圏微生物群の協調的及び拮抗的相互作用機構
晝間 敬（奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス領域）

学会賞等 (*Awards*)

植物ストレス学グループ, 黄 勝 (博士後期課程 2 年), 16th International Symposium on Rice Functional Genomics, Best Posters Prize, 9 月 5-7 日 (東京), 2018.

植物ストレス学グループ, 横正健剛 (助教), 第 37 回日本土壤肥料学会奨励賞, 10 月 19 日, 2018.

植物・微生物相互作用グループ, 佐藤有希代 (特別契約職員), ベスト・ポスタープレゼンテーション賞, 「ネオウイルス学」第 5 回領域班会議 (淡路), 「ネオライフスタイル (裸性) を持つ可能性がある新規ポリマイコウイルスの同定」, 11 月 11-13 日, 2018.

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

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名(英語名)	受入教員名
東北大学・大学院農学研究科	助教	山本 雅也	アブラナ科植物の自家不和合性形質が弱くなる高温条件に関する研究	Study on effects of high-temperature growth condition on self-incompatible response in <i>Brassicaceae</i>	坂本
大阪大学・大学院理学研究科	教授	高木 慎吾	ゼニゴケのオルガネラ動態、形態形成におけるアクチン結合蛋白質ピリンの役割	Roles of actin-binding protein villin in organelle behavior and morphogenesis in <i>Marchantia polymorpha</i>	坂本
京都産業大学・総合生命科学部	教授	寺地 徹	葉緑体形質転換用シャトルベクターを用いたストレス耐性植物の作出	Production of stress-tolerant plants using shuttle vector for chloroplast transformation	坂本・高見
広島大学・大学院理学研究科	准教授	島田 裕士	CY01/CY02遺伝子高発現植物の光合成活性測定	Analysis of photosynthesis in CY01/CY02 over-expression plants	坂本・高見
福岡県農林業総合試験場・生産環境部	専門研究員	和田 卓也	難消化性デンプンを保有するイネデンプン構造変異系統の胚乳特性解析	Characterization of starch structure mutated rice strains with resistant starch focusing on endosperm properties	松島
奈良先端科学技術大学院大学・先端科学技術研究科	助教	大谷 美沙都	植物ストレス応答におけるsnRNAキャップ修飾制御の意義の解明	Elucidation of roles for snRNA cap modification in plant stress response	平山
国立高等専門学校機構・熊本高等専門学校・生物化学システム工学科	准教授	木原 久美子	イグサの成長に影響を及ぼすストレス応答と植物ホルモンに関する研究	The growth response of mat rush (<i>Juncus effuses</i>) to environmental stress and plant hormone	平山
東京農工大学・大学院生物システム応用科学府	准教授	梅澤 泰史	シロイヌナズナ種子におけるmRNA選択的スプライシング制御の解析	A large-scale analysis of mRNA alternative splicing patterns in <i>Arabidopsis</i> seeds	平山
立命館大学・生命科学部	准教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナにおいて亜鉛欠乏時に機能するペプチドの機能解析	Molecular mechanisms of peptides under zinc deficiency in <i>Arabidopsis</i>	森
北海道大学・大学院理学研究院	助教	伊藤 秀臣	環境ストレス活性型転移因子を制御するクロマチン構造の解析	Analysis of chromatin structures which regulate an environmental stress-activated transposon	池田 陽
神戸大学・大学院農学研究科	助教	石川 亮	野生イネ由来の種子亜鉛濃度を向上させる遺伝子を用いた高機能性イネの育種	Breeding of high quality rice by a gene increasing zinc concentration of the seed from wild rice	馬

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
奈良先端科学技術大学院大学・ 先端科学技術研究科	助教	國枝 正	インドネシア在来イネのアルミニウムス トレス耐性遺伝子の機能解析	Functional analysis of an aluminum tolerance gene in indonesian local rice	馬
名古屋大学・大学院生命農学研究 研究科	准教授	白武 勝裕	接ぎ木によるトマト果実の高糖度化と低 温ストレス耐性向上の機構解明	Mechanism of increases of fruit Brix and cold stress resistance in tomato by grafting	馬
鳥取大学・農学部	助教	佐久間 俊	イネ科作物の花序形成に関する分子機構 の解明	Deciphering molecular mechanism of inflorescence form in cereal grasses	馬・山地
農業・食品産業技術総合研究機 構・農業環境変動研究センター	研究員	櫻井 玄	作物におけるミネラル輸送の調節過程の モデル解析	Modeling of the regulation processes of the mineral transportation in crops	馬・三谷
筑波大学・生命環境系	准教授	古川 純	モデル樹木ポプラにおけるカリウムチャ ンネルSKORの局在解析	Localization analysis of potassium channel, SKOR, in the model tree poplar	山地・馬
名古屋大学・大学院理学研究科	講師	井上 晋一郎	気孔開口を制御する新規金属イオン輸送 体の機能解析	Functional analysis of the novel metal transporter in stomatal opening	横正・馬
奈良女子大学・研究院自然科学 系生物科学領域	准教授	奈良 久美	シロイヌナズナの液胞膜アクアポリン AtTIP2;2の水及び過酸化水素透過性の測 定	Analysis of the water and hydrogen peroxide permeability of AtTIP2;2 in <i>Arabidopsis thaliana</i>	且原
信州大学・繊維学部	准教授	堀江 智明	植物の塩ストレス耐性機構に関与するイ オンチャンネル分子の生理機能の解明	Elucidation of the physiological function of ion channels that work in the mechanism of plant salt tolerance	且原
広島大学・大学院生物圏科学研究 研究科	教授	和崎 淳	低リン耐性の高い植物による有機酸分泌 の分子機構の解析	Analyzes of molecular mechanisms involved in organic acid exudation by low-P tolerant plants	佐々木
岡山大学・大学院環境生命科学 研究科	助教	宗正 晋太郎	イオンチャンネルを基盤とした環境スト レス耐性作物作出技術の開発	Engineering crop stress resistance through manipulating ion channels	佐々木
東京農工大学・大学院農学研究 院	教授	福原 敏行	クリ胴枯病菌のダイサーの生化学的解析	Biochemical characterization of Dicers in <i>Cryphonectria parasitica</i>	鈴木
福井大学・学術研究員医学系部 門	助教	本田 信治	モデル糸状菌アカパンカビを利用した植 物病原糸状菌とウイルスの相互作用の研 究	Study of fungal plant pathogen/virus interactions in the model filamentous fungi <i>Neurospora crassa</i>	鈴木

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名(英語名)	受入教員名
東北大学・大学院農学研究科	助教	宮下 脩平	RNAウイルスを用いたVerticillium属菌の病原性制御	Use of RNA viruses to control the pathogenicity of Verticillium sp.	鈴木
名古屋大学・アジアサテライトキャンパス学院	特任准教授	千葉 壮太郎	ヴァイロコントロール因子（菌類ウイルス）の宿主糸状菌感染機構	Mechanism underlying infection of virocontrol factors (mycoviruses) to host filamentous fungi	鈴木
山形大学・農学部	助教	網干 貴子	アミン類を介したイネの食害応答の解析	Amine - mediated regulation of responses to herbivory in rice	Galis
岡山大学・農学部	教授	久保 康隆	果実の低温誘導成熟機構の分子生物学的解析	Study on molecular mechanism of low-temperature induced fruit ripening	Galis
東京理科大学・基礎工学部	准教授	有村 源一郎	植物の害虫誘導性防御における分子システムの解明	Molecular mechanisms for induced plant defense against herbivores	Galis・新屋
東京大学・生物生産工学研究センター	准教授	岡田 憲典	植物の化学防御におけるオキシリピン情報伝達の分子機構とその進化	Molecular mechanisms and evolutionary trajectory of oxylipin signaling on chemical defense in plants	新屋・Galis
東京農工大学・大学院農学研究科	教授	大川 泰一郎	オオムギの耐塩性QTLの単離に関する研究	Identification of a QTL for salt tolerance in barley	佐藤
福井県立大学・生物資源学部	准教授	松岡 由浩	耐塩性研究のためのタルホコムギ水耕栽培法の開発	Hydroponics of Aegilops tauschii for salinity tolerance studies	最相
神戸大学・大学院農学研究科	教授	土佐 幸雄	オオムギのいもち病抵抗性遺伝子Rmo2アレルのクローニングと対応する非病原力遺伝子との相互作用解析	Cloning of <i>Rmo2</i> alleles conditioning resistance of barley to <i>Pyricularia oryzae</i> and analyses of their interaction with corresponding avirulence genes	久野・佐藤
京都大学・大学院農学研究科	助教	吉川 貴徳	オオムギおよびイネの細葉変異体および多節矮性変異体の比較分子遺伝学的解析	Comparative molecular genetic analysis of narrow leaf and plastochron mutants between barley and rice	武田
鳥取大学・農学部	教授	石原 亨	抵抗性育種を志向したオオムギにおける防御関連二次代謝とその多様性の解明	Analysis of defensive secondary metabolism and its diversity in barley as the basis of breeding of resistant lines against pathogens and herbivores	武田
龍谷大学・農学部	教授	古本 強	オオムギ温度不感受変異系統の遺伝解析	Genetic Analysis of Barley Resources for Temperature Adaptation	武田・佐藤

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名(英語名)	受入 教員名
信州大学・山岳科学研究所	准教授	高梨 功次郎	マメ科高山植物－根粒菌共生系の分布変遷と宿主特異性	Historical biogeography and host specificity of symbiosis between alpine legumes and rhizobia	池田 啓
熊本大学・大学院先端科学研究部	准教授	藤井 紀行	大陸系遺存植物の遺伝資源としての多様性の解析	Genetic diversity of plant species representing the continental-grassland relicts	池田 啓
首都大学東京・理工学研究科	教授	岡本 龍史	異質倍数性受精卵の発生過程における染色体動態	Dynamics of chromosome during development of allopolyploid zygote	長岐
名古屋大学・生物機能開発利用研究センター	助教	永井 啓祐	イネ突然変異系統を用いた湛水耐性機構の解明と育種的应用	Elucidation of water logging tolerance of rice using mutant library and application for agriculture	前川
情報・システム研究機構・国立遺伝学研究所	准教授	野々村 賢一	イネnDARTタグラインを用いた生殖関連突然変異体の選抜と解析	The analysis of reproduction-related mutants selected from nDART-tagged lines in rice	前川
自然科学研究機構・基礎生物学研究所	助教	榎根 一夫	DNAトランスポゾンnDart1の挿入による優性変異の解析	Analysis of dominant mutations induced by insertion of DNA transposon, <i>nDart1</i> in rice	前川
北海道大学・大学院農学研究院	教授	橋床 泰之	イネ内生窒素固定細菌 <i>Burkholderia kururiensis</i> が低窒素耐性アフリカイネ交雑後代系統イネLIA-1の宿主になる理由を受容体タンパクとイネゲノムに求める	Genetic trait and symbiotic mechanisms of the low nitrogen-tolerant, African wild rice hybrid LIA-1 with endophytic nitrogen-fixing bacterium <i>Burkholderia kururiensis</i>	前川
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	伊藤 正樹	イネ科植物におけるDNA倍加の制御に関する研究	Study on regulation of endoreplication in species within the grass family	前川・佐藤
岡山大学・大学院ヘルスシステム統合科学研究科	准教授	佐藤あやの	ヘテロシグマへの効果的な遺伝子導入方法の開発	Optimization of gene transfection methods for a bloom forming alga, <i>Heterosigma akashiwo</i>	植木

拠点事業以外の共同研究(国内)

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

所属機関 ・部局	共同研究者名 ・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
岡山大学・異分野基礎科学研究所	高橋裕一郎・教授	チラコイド膜リン酸化タンパク質の解析	シロイヌナズナ・クラミドモナス等のチラコイド膜タンパク質リン酸化を質量分析により解析する	坂本 亘・加藤裕介
東京大学・先端科学技術研究センター	石北 央・教授 斎藤圭亮・助教	D1タンパク質酸化修飾のモデル構造解析	光阻害におけるD1の酸化修飾による光化学系IIの安定性を構造モデルにより検討する	坂本 亘・加藤裕介
大阪大学・情報科学研究科	清水 浩・教授	チラコイド膜タンパク質の質量分析による定量化	タンデム型LC質量分析装置によるチラコイド膜タンパク質の定量化	坂本 亘・加藤裕介
東京工業大学・化学生命科学研究所	久堀 徹・教授	葉緑体FoF1ATPaseのリン酸化	Phos-tagを用いた葉緑体ATPaseのリン酸化サブユニットの検出	坂本 亘・加藤裕介
東京大学・農学生命科学研究科	堤 伸浩・教授	ソルガム有用形質QTLの解析	たかきび由来RILを用いた有用形質QTLの検出とゲノム解析による遺伝子同定	坂本 亘
広島大学・理学研究科	草場 信・教授	イネDPD1変異体の解析	CRISPR-CAS9を用いたイネへの変異導入法によるDPD1スクレアーゼ欠失変異体の作出と解析	坂本 亘
神戸大学・理学研究科	三村徹郎・教授	ポプラの落葉におけるオルガネラDNA分解	ポプラの落葉におけるオルガネラDNA分解作用とDPD1スクレアーゼとの関連性を野外サンプルを用いて解析	坂本 亘
東北大学・学際科学フロンティア研究所	泉 正範・助教	クロロファジーによる光阻害を受けた葉緑体の分解	VIPP1タンパク質変異体を用いたクロロファジー現象の検証	坂本 亘
東京大学・農学生命科学研究科	岩田洋佳・准教授	画像解析によるソルガムQTLの解析	たかきび由来RILを用いた画像解析とQTL解析および遺伝子の同定	坂本 亘
東京大学・農学生命科学研究科	藤原 徹・教授	ソルガムの木質化とバイオコールの開発利用	ソルガムのネットワーク解析による木質化とペレット作成に関する共同研究	坂本 亘
秋田県立大学大学院・生物資源科学研究科	藤田直子・教授	澱粉粒の形状に異常を示す突然変異体の解析	双方が独自に単離したデンプン粒の形状に異常を示すイネの突然変異体の解析を行っている。澱粉物性の測定ならびに顕微鏡観察を分担して行っている	松島 良

所属機関 ・部局	共同研究者名 ・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
京都府立大学・生命環境科学部・農学生命科学科	板井章浩・教授	ニホンナシのキセニア現象に関する研究	キセニアによるニホンナシの肥大に関わる因子を解明する	平山隆志
熊本高専・生物化学システム工学科	木原久美子 ・准教授	イグサの栽培化と畳の起源の解明	イグサの花茎伸長に関与する植物ホルモンの探索	平山隆志
農研機構・次世代作物開発研究センター	西村宣之 ・主任研究員	発芽制御機能の解明	発芽制御に関わる制御機構の解明を目指す研究	平山隆志
東京大学・理学系研究科	杉山宗隆・准教授	側根形成に関わるミトコンドリアRNAプロセッシング因子の解析	側根形成に関わるミトコンドリアRNAプロセッシング因子の解析	平山隆志
横浜市立大学・植物遺伝資源部門	辻 寛之・准教授	データ科学に基づく作物設計基盤技術の構築	圃場オオムギの生長動態解析	平山隆志
名古屋工業大学・情報工学教育類メディア情報分野	梅崎太造・教授	データ科学に基づく作物設計基盤技術の構築	圃場植物の画像解析手法の開発	平山隆志
高知大学, 株式会社林原	西村安代・准教授 その他	ナス科作物へのトレハロースの影響に関する研究	トレハロースによるナス科の短花柱花の割合の抑制の機構を解明する	平山隆志・森 泉
大阪大学・理学研究科	高木慎吾・教授	アズキ緑化上胚軸の回旋運動における植物ホルモンの役割に関する研究	アズキの回旋伸長運動における植物ホルモンの動態を解明する	森 泉
宮崎大学・植物生産環境科学科	稲葉丈人・准教授	合成生物学的手法を用いた高効率CO ₂ 流入経路の構築とそれに基づく光合成能の改良	合成生物学的手法を用い、高効率CO ₂ 流入経路を構築することにより光合成能を改良した植物を作出する	森 泉
株式会社平本農園 他	平本純大・社長 他船穂町のブドウ農家	マスカットオブアレキサンドリアの軸ぶくれ障害の解決に関する研究	マスカットオブアレキサンドリアの軸ぶくれ障害の原因を解明する	森 泉
河西ぶどう園 他	河西康宏・専務 他きびじ農業後継者クラブ会員等	ブドウ（ピオーネ）の加温ハウス栽培における二酸化炭素施肥の効果に関する研究	ブドウ（ピオーネ）の加温ハウス栽培における二酸化炭素施肥の効果の検証およびその作用機作を解明する	森 泉
岡山大学・大学院自然科学研究科	村田芳行・教授, 宗正晋太郎・助教	気孔の環境応答に関する研究	サリチル酸, イソチオシアネート, 光, アブシシン酸, ジャスモン酸による気孔閉口に関与する信号伝達機構を解明する	森 泉
岡山大学・大学院自然科学研究科	久保康隆・教授	洋ナシ果実の軟化における植物ホルモンの動態の解析	洋ナシの軟化の温度依存性における植物ホルモンの動態を解明する	森 泉

所属機関 ・部局	共同研究者名 ・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
岡山大学・大学院環境 生命科学研究科	後藤丹十郎・教授	環境要因によるシクラメン花柄の徒長機構 の解明に関する研究	夜温および日照不足によるシクラメンの花茎の徒長 に関わる植物ホルモンの動態を解明する	森 泉
岡山大学・大学院環境 生命科学研究科	平井儀彦・准教授, 村田芳行・教授	イネのカドミウム吸収に関する研究	イネのアポプラスチックバイパスフローによるカド ミウムの導管負荷現象を解析する	森 泉
北海道農業研究セン ター・作物開発研究領 域	提箸祥幸 ・主任研究員	温湯消毒処理による水稻種子の低温発芽促 進効果の分子機構の解析	高温処理による水稻の発芽促進に関与する因子を解 明する	森 泉
岡山県農林水産総合セ ンター, 岡山大学・環 境生命科学研究科	荒木有朋・研究員, 福田文男・准教授	難発芽性モモ台木の種子発芽促進に関する 研究	難発芽性モモ台木を効率よく発芽させる処理方法を 開発しその作用機作を解明する	森 泉
京都府立大学・ 生命環境科学研究科	武田征士・准教授, 大島一正・准教授	ゴール（虫こぶ）形成機構に関わる研究	ゴール（虫こぶ）形成に関わる植物ホルモンを同定 する	池田陽子
京都大学・大学院生命 科学研究科	河内孝之・教授, 西浜竜一・准教授, 山岡尚平・准教授	ゼニゴケDNAメチル化制御機構の解析	ゼニゴケDNAメチル化制御機構についてゲノム編集に よる変異体を作成し解析する	池田陽子
近畿大学・生物工学科	大和勝幸・教授	ゼニゴケDNAメチル化制御機構の解析	同上	池田陽子
基礎生物学研究所・進 化多様性生物学領域	星野 敦・助教	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	作物においてゲノム編集法に基づくDNAメチル化の書 換え技術を開発する	池田陽子
長岡技術科学大学大学 院・工学(系)研究科	西村泰介・准教授	作物におけるエピゲノム編集技術の開発	同上	池田陽子
北海道大学・ 水産科学研究科	三上浩司・准教授	海藻におけるストレス応答のエピジェネ ティック制御	海藻におけるストレス応答に関わるヒストン修飾変 化等のエピジェネティック制御を明らかにする	池田陽子・平山隆志
京都大学・ 大学院農学研究科	山根久代・准教授	リンゴの休眠に関わる植物ホルモンの解析	リンゴの休眠に関わる植物ホルモンを同定する	池田陽子・平山隆志
東京大学・ 農学生命科学研究科	吉田 薫・教授	種子フェチン酸の解析	イネ種子中のフェチン酸の測定	馬 建鋒

所属機関 ・部局	共同研究者名 ・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
神戸大学・ 大学院理学研究科	三村徹郎・教授	植物のリン酸輸体の研究	ジャジクモ節間細胞から単離した細胞膜リン酸輸送体の遺伝子を、アフリカツメガエル未受精卵に入れ、その共役輸送イオンの同定を行った	且原真木
北川科学総合研究所	北川良親 ・代表社員	低分子化合物輸送性アクアポリンの研究	アフリカツメガエル卵母細胞を使ってアクアポリンの低分子化合物に対する輸送活性を調べる	且原真木
神戸大学・ 大学院農学研究科	中屋敷 均・教授	イネいもち病菌のRNA サイレンシング	イネいもち病菌にはAGOタンパク質が3つあるが、その中の一つAGO2の機能解析を進める	鈴木信弘
岐阜大学・ 科学研究基盤センター	須賀晴久・准教授	エチオピア産Fusarium 属菌の解析	エチオピア産Fusarium spp.に感染しているウイルスの宿主菌への影響の解明	鈴木信弘
NARO 果樹茶業研究部門・リンゴ研究領域	八重樫 元・研究員	白紋羽病菌のRNAサイレンシング	パルティティウイルスに対するRNAサイレンシング機構の解明	鈴木信弘
NARO 果樹茶業研究部門・リンゴ研究領域	兼松聡子・室長	白紋羽病菌のウイルスの探索	日本産白紋羽病菌のウイルスの性格付け	鈴木信弘
大阪大学・ タンパク質研究所	宮崎直幸・助教	メガビルナウイルスの構造解析	メガビルナウイルスのクライオ電子顕微鏡観察による構造解析	鈴木信弘
京都大学・ ウイルス研究所	朝長啓造・教授	内在化ウイルスの機能解析	真核生物の核内在化ウイルスの機能解析	鈴木信弘
名古屋大学・大学院生命農学研究科	千葉壮太郎・准教授	生物ゲノムに存在するウイルス化石の解析	新規植物・昆虫アルファ様ウイルスの昆虫ゲノムへの内在化イベントの探索を行った	近藤秀樹
東京家政大学・ 家政学部	藤森文啓・教授	菌類ウイルスハンティング	有用糸状菌類のウイルスを探索、新規ウイルスについてはその特徴付けを行っている	近藤秀樹
埼玉大学・ 理工学研究科	小竹敬久・教授	植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析	クサシロキョトウ食害認識に関わるイネ細胞壁由来エリシターを解析する	Galis Ivan・ 新屋友規
奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス領域	西條雄介・准教授	植食性昆虫認識に関わるデンジャーシグナルの解析	イネを食害するクサシロキョトウ認識に関わるデンジャーシグナルを解析する	Galis Ivan・ 新屋友規

所属機関 ・部局	共同研究者名 ・職名	共同研究課題名	概要	受入研究者名
岡山理科大学・理学部	三井亮司・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存性メタノール代謝	モデル細菌を用いたメタノール資化経路に関わる酵素のランタノイド依存性に関する研究	谷 明生
岐阜大学・応用生物科学部	中川智行・教授	メチロトロフ細菌のランタノイド依存性酵素	モデル細菌を用いたメタノール代謝に関わるランタノイド依存性酵素の特性に関する研究	谷 明生
神戸大学・農学部	宅見薫雄・教授	形質転換オオムギを用いた環境適応性に関する研究	コムギ細胞外排出シグナルと乾燥誘導性プロモーターを導入したオオムギの解析	久野 裕・佐藤和広
神戸大学・農学部	宅見薫雄・教授	オオムギRNA-Seq法のコムギ解析への応用	コムギの遺伝子配列取得にオオムギで確立したRNA-Seq解析法を応用する	佐藤和広
東京大学・農学部	高梨秀樹・助教	オオムギの形態形成に関わる遺伝子の機能解析	ソルガムで見いだされた花器の形態形成に関わる遺伝子の機能解析	久野 裕・坂本 亘
京都大学・農学部	吉川貴徳・助教	オオムギの形態形成に関わる遺伝子の機能解析	オオムギの穂の形態形成に関わる遺伝子機能の解析	久野 裕・武田 真
京都大学・農学部	岩上哲史・助教	オオムギにおける除草剤成分に対する応答	除草剤の成分に応答する遺伝子を機能低下させたオオムギの作出	久野 裕・佐藤和広
秋田県立大学大学院・生物資源科学研究科	高橋秀和・准教授	イネ紫米発現制御遺伝子の解析	イネの玄米にアントシアニンを抑制的に発現させる遺伝子の解明を行う	前川雅彦
愛媛大学・農学部	八丈野 孝・准教授	形質転換オオムギを用いたうどんこ病抵抗性に関する研究	オオムギの形質転換体を用いて、うどんこ病菌の感染時の生理現象について調査している	久野裕・松島 良 ・近藤秀樹 ・三谷奈見季
岡山大学・農学部	能年義輝・准教授	オオムギと紋枯病菌の感染生理学的研究	オオムギ遺伝資源を用いて、紋枯病菌に対する抵抗性の評価を行っている。	久野裕・松島 良 ・近藤秀樹 ・三谷奈見季
東京農工大学・グローバルイノベーション研究院	笠原博幸・教授	高温障害耐性オオムギの作出	高温障害による不稔を克服するためのオオムギ形質転換体を作成している	久野裕・松島 良 ・近藤秀樹 ・三谷奈見季
信州大学・繊維学部	堀江智明・准教授	気候変動に伴う土壌劣化に対応する穀類耐性品種開発	オオムギ遺伝資源を用いた耐塩性機構の理解と新規耐塩性遺伝資源探索を実施している	最相大輔・且原真木

拠点事業以外の共同研究（国際）

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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
China	Shanghai Center for Plant Stress Biology, Chinese Academy of Sciences	Chanhong Kim, Principal Investigator	Characterization of photodamaged D1 in the Photosystem II repair cycle	Specific oxidation of amino acid residues in D1 protein is being characterized by mass spectrometry	坂本 亘
Kenya	International Livestock Research Institute	Josiah Musembi Mutuku, Researcher	Development of bio-pellets using sorghum	Establishment of collaborative platform for sorghum field tests in Kakamega, Kenya	坂本 亘
China	Inner Mongolia University of Science and Technology	Lingang Zhang, Professor	Characterization of GTPase activity in VIPP1 protein	GTP-hydrolysis activity detected in VIPP1 protein in vitro is being characterized	坂本 亘
France	Institute de Biologie Physico-Chimique, CNRS	Cathrine de Vitry, Senior Researcher	Influence of FtsH in oxidatad D1 protein in <i>Chlamydomonas</i>	Degradation of D1 reaction center protein is being characterized in <i>Chlamydomonas ftsh</i> mutant	坂本 亘・加藤裕介
Malaysia	Malaysia Pepper Board/ Swinburn University	Khew, Choy Yuen, Researcher Hwang, Siaw San, Professor	コショウ果実登熟の不均一性の解決に関する研究	コショウの果実の登熟のタイミングをホルモン処理により解決するための研究	平山隆志
Spain	Plant Biotechnology and Genomics Centre	Jose A. Jarillo, Professor	新規環境応答制御因子の機能解析	新規環境応答制御因子の機能を明らかにする	平山隆志
China	Sun Yat Sen University	Yin Ye, Lecturer	孔辺細胞におけるアブシシン酸受容体の多様性に関する研究	アブシシン酸が気孔開口に及ぼす影響について分枝遺伝学的に解析している	森 泉
Korea	Kyung Hee University	An, Gene, Professor	イネの開花時期へのサイトカイニンの影響に関する研究	開花期のイネに合成サイトカイニン进行处理すると開花が遅くなる。この現象について分子生物学的に解析した。その一部として合成サイトカイニンが内生サイトカイニンに及ぼす影響の解析が共同研究の主な内容である	森 泉
France	Universite Clermont Auvergne, CNRS	Olivier Mathieu, Principal Investigator	Analysis of gene silencing mechanism	Functional analysis of gene silencing mutant in Arabidopsis	池田陽子
France	Universite de Montpellier, IRD	Daniel Grimanelli, Senior Researcher	Analysis of DNA methylation function in <i>Marchantia polymorpha</i>	Analysis of CG methylase mutant DNA methylation in <i>Marchantia polymorpha</i>	池田陽子

Country	Affiliation	Researcher's Name • Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Mexico	Universidad Veracruzana, INBIOTECA	Mario A. Arteaga Vazquez, Professor	Analysis of DNA methylation function in <i>Marchantia polymorpha</i>	Analysis of CG methylase mutant DNA methylation in <i>Marchantia polymorpha</i>	池田陽子
USA	Cold Spring Harbor Laboratory	Robert A. Martienssen, Professor	Analysis of DNA methylation function in <i>Marchantia polymorpha</i>	Analysis of CG methylase mutant DNA methylation in <i>Marchantia polymorpha</i>	池田陽子
China	中国南京農業大学	Fangjie Zhao, Professor	イネ重金属集積に関する研究	イネカドミウムやヒ素の集積に関与する遺伝子の同定	馬 建鋒
China	中国科学院南京土壤研究所	Renfang Shen, Professor	植物アルミニウム耐性機構の研究	イネを中心に植物のアルミニウム耐性に関する生理、分子生物学的研究	馬 建鋒
China	福建農林大学	Zhichang Chen, Professor	イネマグネシウム輸送に関する研究	イネのマグネシウム輸送体の同定と機能解析	馬 建鋒
England	University of Nottingham	David Salt, Professor	イネ根系に関する研究	根の形態と養分吸収に及ぼす影響に関する研究	馬 建鋒
USA	Department of Biochemistry/ Center for Plant Science Innovation, University of Nebraska Lincoln	Toshihiro Obata, Assistant Professor	Metabolome analysis in tomato fruit which suppressed or over-expressed <i>SIALMT</i> gene	We are collaborating to determine metabolites in tomato fruit, to assess physiological function of the <i>SIALMT</i> genes	佐々木孝行
USA	Plant Biology and Pathology, Rutgers University	Bradley I. Hillman, Professor	Characterization of mitoviruses infecting the chestnut blight fungus	Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus	鈴木信弘
USA	Plant Pathology, University of Kentucky	Said A. Ghabrial, Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal hypoviruses and quadriviruses.	鈴木信弘
USA	Harvard Medical School	Max Nibert, Professor	Partitivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of <i>Rosellinia necatrix</i> partitivirus 2	鈴木信弘
Spain	Department of Structure of Macromolecules, Centro Nacional Biotecnología/CSIC	José R. Castón, Professor	Quadrivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of <i>Rosellinia necatrix</i> quadriviruses	鈴木信弘

Country	Affiliation	Researcher's Name • Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Spain	Instituto de Agricultura Sostenible C.S.I.C.	Carlos José López Herrera, Researcher	Utilization of fungal viruses as biocontrol of the white root rot disease	Search for fungal viruses with potential as biocontrol agents against white root rot in avocado	鈴木信弘
Finland	Natural Resources Institute Finland (Luke), Forest health and biodiversity	Eeva Vainio, Researcher	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal partitiviruses	鈴木信弘
China	College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University	Jiatao Xie, Professor	Taxonomy of fungal viruses	Taxonomical organization of fungal megabirnavirus	鈴木信弘
Philippines	International Rice Research Institute	Ana Eusebio-Cope, Program Manager	Characterization of viruses infecting rice-associated fungi	Virus hunting of rice blight fungal isolates and their characterization	鈴木信弘
Bangladesh	Plant Pathology Division, Bangladesh Agricultural Research Institute	Md. Iqbal Faruk, Senior Scientific Officer	Characterization of viruses soil-inhabitant fungi	Molecular characterization of viruses isolated from Bangladeshi isolates of plant pathogenic soil-inhabitant fungi	鈴木信弘
Pakistan	Crop Diseases Research Institute (CDRI), National Agricultural Research Centre (NARC)	Atif Jamal, Senior Scientific Officer	Characterization of megabirnaviruses	Identification of internal ribosomal entry sites in fungal megabirnaviruses	鈴木信弘
Pakistan	Atta-ur-Rahman School of Applied Biosciences (ASAB), National University of Sciences and Technology	Muhammad Faraz Bhatti, Professor	Characterization of fungal viruses	Molecular and biological characterization of a novel botybirnavirus identified from a Pakistani isolate of <i>Alternaria alternata</i>	鈴木信弘
China	Chinese Academy of Agricultural Sciences	Lihua Guo, Professor	Molecular characterization of a novel mycovirus of the family <i>Myonaviridae</i>	Evidence for a novel negative-stranded RNA mycovirus, <i>Fusarium graminearum</i> negative-stranded RNA virus 1 (FgNSRV-1), isolated from the plant pathogenic fungus <i>Fusarium graminearum</i>	近藤秀樹
Australia	University of Queensland	Ralf Dietzgen, Associated Professor	Study of the evolutionary relationships among dichorhabdoviruses	Phylogenetic analyses of dichorhaviruses and other plant rhabdoviruses (varicosaviruses, nucleorhabdoviruses and cytorhabdoviruses) based on the L (RdRp) proteins	近藤秀樹
USA	North Carolina State University	Anna Whitfield, Professor	Study of the evolutionary relationships among plant rhabdoviruses	Phylogenetic analyses of plant rhabdoviruses (dichorhaviruses, varicosaviruses, nucleorhabdoviruses and cytorhabdoviruses) based on the L (RdRp) proteins	近藤秀樹
Australia	University of Queensland	Peter Walker, Professor	Taxonomy of <i>Rhabdoviridae</i>	The International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) 10 th Report on the taxonomy of <i>Rhabdoviridae</i> has been published	近藤秀樹

Country	Affiliation	Researcher's Name • Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Chile	Los Lagos University	Gonzalo Gajardo, Professor	Isolation and characterization of marine microbe that affect algal bloom dynamics	Marine bacteria that promote or terminate algal bloom are being isolated and their effect on algal growth is being characterized	植木尚子
Turkey	Mugla Sıtkı Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylotrophs	Isolation of halotolerant C1-compound utilizing bacteria from mangrove forest trees	谷明生
Thailand	Burapha University	Jittima Charoenpanich, Associate professor	Isolation of chromium-reducing bacteria	Isolation and characterization of chromium-reducing bacteria to remove heavy metal contaminants	谷明生
Uganda	Makerere University	Andrew Mutalya, Researcher	Chemotaxis in <i>Oharaeibacter diazotrophicus</i>	Characterization of chemotaxis in <i>Oharaeibacter diazotrophicus</i> , which is a methylotrophic and diazotrophic bacterium	谷明生
Russia	Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms RAS	Dmitry N. Fedorov, Researcher	Distribution of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase and d-cysteine desulhydrase genes among type species of the genus <i>Methylobacterium</i>	ACC deaminase and D-cysteine desulhydrase gene distribution in <i>Methylobacterium</i> species	谷明生
Germany	IPK	Nils Stein, Professor	Barley pan-genome project	De novo assembly of principal barley haplotypes	佐藤和広
Germany	IPK	Nils Stein, Professor	Sequencing analysis of barley genetic resources	Partial sequencing analysis of barley accessions in genebanks	佐藤和広
U.K.	The Sainsbury Institute	Matthew Moscou, Doctor	Cloning of barley disease resistance genes	Isolation and annotation of barley disease resistance genes	佐藤和広
U.S.A	Oregon State University	Patrick Hayes, Professor	Food barley development	Development of functional food barley cultivar in the USA	佐藤和広
International	Swedish University of Agriculture	Roland von Bothmer, Professor	International Barley Core Collection	Establishment and utilization of core set of barley genetic resources in the world	佐藤和広
U.S.A	Oregon State University	Patrick Hayes, Professor	Genome editing for producing hull-less barley	Genome editing method is performed to produce hull-less barley using lines generated in OSU	久野 裕・佐藤和広

Country	Affiliation	Researcher's Name • Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Germany	IPK	Jochen Kumlehn, Doctor	Genome editing of the genes related to seed dormancy in barley	Site-directed mutagenesis is performed for modification of the genes related to seed dormancy in barley	久野 裕・ 佐藤和広
China	Chinese Academy of Sciences	Chunxiang Fu, Professor	Genetic modification of lingnin biosynthesis in barley	Genetic modification of lingnin biosynthesis is performed to increase the efficiency of processing for biomass in barley	久野 裕
Kenya	Kenya Agricultural and Livestock Research Organization	Emily W. Gichuhi, Researcher	Utilization of wild rice species, <i>Oryza longistaminata</i> , for improving Basmati rice in Kenya	Longistaminata Chromosome Segment introgressed lines (LCSILs) bred from the cross between <i>O. longistaminata</i> and Kernel Basmati were evaluated under several conditions in Kenya	前川雅彦
Vietnam	Faculty of Agronomy, University of Agriculture and Forestry, Hue University	Phan Thi Phuong NHI, Associate Professor	Selection of saly-tolerant lines in nDart1-tagged lines of Koshihikari	Screening of salt-tolerant lines from nDart1-tagged lines of Koshihikari under saline paddy fields in Vietnam	前川雅彦
Pakistan	Centre of Agricultural Biochemistry and Biotechnology, University of Agriculture	Nisar Ahmed, Associate Professor	Breeding of nDart1-tagged lines in Basmati	Introduction of nDart1/aDart1-27 system into Basmati to breed nDart1-taggedlines	前川雅彦
Russia	Institute of Biomedical Problems, Russian Academy of Science	Vladimir Sychev, Vice President	Effect of space environment on plant viability and adaptation	Barley seeds exposed to outer space were examined for seed germination and gene expression	杉本 学
Russia	Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan Federal University	Rushan Sabirov, Professor	Function of genes and proteins in plnats produced under extreme environment	Genes expressed in Brachypodium under UV irradiation were identified to examined function	杉本 学

Annual Report 2018

Director: Masahiko Maekawa
Editorial Members: Yuko Hojo
Sanae Rikiishi
Izumi Mori

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26巻 (Annual Report 2018)

平成31年3月25日 印刷
平成31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
森 泉