
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

環境機能分子開発グループ

(Group of Functional Biomolecular Discovery) 3

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ

(Group of Plant Stress Physiology) 4

植物分子生理学グループ

(Group of Plant Molecular Physiology) 5

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ

(Group of Plant-Microbe Interactions) 6

植物・昆虫間相互作用グループ

(Group of Plant-Insect Interactions) 7

植物環境微生物学グループ

(Group of Plant Environmental Microbiology) 8

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

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ

(Group of Genome Diversity) 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)

遺伝資源機能解析グループ

(Group of Genetic Resources and Functions) 11

統合ゲノム育種グループ

(Group of Integrated Genomic Breeding) 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

RECTOR プログラム (RECTOR Program) 16

構成員	
(Staff)	17
出版物リスト	
(List of Publication)	24
国際会議およびシンポジウム	
(List of International Conferences and Symposia)	31
講演およびシンポジウム発表	
(List of Domestic Conferences and Symposia)	35
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)	42
学会賞等	
(Awards)	46
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)	47
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))	52

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殖系統を用いて 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 (色素体の一種) 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 the plant's mechanisms to adapt to environmental stresses at the molecular level. We have been focusing on the chloroplasts which 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 after photo-damage

A major target site of photo-damage is the reaction center protein, D1 in photosystem II. We tested how the D1 degradation process is affected by qualitatively different photo-damage 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. 鉄欠乏応答に関わる短鎖ペプチド FEP1/IMA3 の解析

鉄の欠乏応答で重要な役割をしているシロイヌナズナ短鎖ペプチドの FEP1/IMA3 の解析を行っている。今年度は、ゲノム編集で作成した *fep1* 変異株のトランスクリプトーム解析を行い、*FEP1* を含めた転写物ネットワークを描くことができた。また、*FEP1* の発現や *bHLH39* の発現が変化した変異株を取得した。

2. 圃場オオムギの生長解析及び出穂期予測モデルの構築

ライフコースデータからオオムギの出穂予測モデルを構築し、最適遺伝要因をデザインする技術開発を進めている。各種オミックスデータ (RNA 抽出、ホルモノーム、エピゲノム) を行うとともに、GWAS で見いだされた新奇遺伝要因の特定を進めた。

3. パンコムギの種子発達過程における植物ホルモンの関与の解析

パンコムギは三大穀物のひとつで世界の食糧生産に大きく貢献している。種子発達過程に低温・高湿度にさらされると、未熟な状態で発芽 (穂発芽) し商品の品質が著しく下落する。これまでに、パンコムギの穂発芽耐性の品種間差にアブシシン酸含量が関与するという報告とそれと相反する報告がされている。また、様々な植物において発芽調節に各種の植物ホルモンが関与することが示唆されている。本研究では種子発達過程における穂発芽耐性の異なる 7 系統のパンコムギの植物ホルモン 9 種について経時的に定量分析した。その結果、穂発芽耐性の品種間差は植物ホルモンの含量では説明できないことが明らかとなった。また、アブシシン酸への感受性で 7 系統の穂発芽耐性の品種間差を説明出来ることが示された。

4. Plant mobile domain タンパク質によるサイレンシング機構の解析

遺伝子やトランスポゾンのサイレンシングには DNA メチル化や siRNA など複数の経路が関わることが知られている。我々はこれまでにシロイヌナズナにおいて、Plant mobile domain を持つタンパク質 MAIL1 及び MAIN が未知の経路によりサイレンシングに関与することを明らかにしてきた。MAIL1 及び MAIN は進化の過程でトランスポゾンの転移によりゲノム上に広がった後、サイレンシング機能を獲得したことが示唆され、ゲノム進化における宿主-トランスポゾンの相互作用の興味深いモデルといえる。現在、MAIL1 及び MAIN によるサイレンシングの分子機構を明らかにするため、核内のクロマチン 3D 構造やオープンクロマチン領域を同定する試みを行っている。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we have been analyzing the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2019 are described below.

1. Analysis of short peptide FEP1/IMA3 involved in iron-deficiency response

We are studying the novel short peptide, FEP1/IMA3, that is involved in the iron-deficiency response in Arabidopsis. We conducted RNA-seq analysis of the *fep1* mutant and drew the gene expression network. We isolated several mutants that have a defect in the expression of the *FEP1* or *bHLH39* gene that responds to the iron deficiency conditions.

2. Establishment of phenomics and model to predict flowering using field barley

We are conducting a research project to establish a process to build a model to predict agronomical traits using the flowering regulation of barley as a research subject. We obtained life-course multiomics data of field barley and tried to identify the gene of novel genetic locus identified in GWAS.

3. Analysis of plant hormone contents in seed development of common wheat

Preharvest sprouting (PHS) is precocious germination of seeds in the spike before harvest. In wheat, PHS causes starch hydrolysis by induction of amylase activities; it eventually engenders a marked decline of commercial value of flour produced from the affected wheat. Some earlier studies have been conducted to explain these differences based on diverse ABA contents among cultivars, while some reports contested this. In this study we examined the contents of nine plant hormones in developing seeds of field-grown wheat varieties (*Triticum aestivum* L.) with different seed dormancy using liquid chromatography-mass spectrometry. Our results demonstrate that variation in wheat seed dormancy is attributable to ABA sensitivity of mature seeds, but not to ABA contents in developing seeds.

4. Analysis for gene silencing mechanism by plant mobile domain proteins

Multiple layers of epigenetic regulators including DNA methylation and siRNAs pathway are required for gene and transposon silencing. We have reported that retrotransposon-related plant mobile domain proteins, MAIL1 and MAIN, are required for gene silencing independent of DNA methylation and siRNAs. MAIL1 and MAIN provide a unique model for host-transposon interaction and genome evolution.

本グループでは、環境ストレスに対する植物の耐性獲得に関与する酵素、タンパク質、発現制御因子の機能について生化学的分子生物学的手法を用いて解析し、劣悪環境で生育可能な作物の開発を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 塩耐性オオムギ 1-アミノシクロプロパン-1-カルボン酸オキシダーゼ遺伝子発現によるイネの塩耐性増強

1-アミノシクロプロパン-1-カルボン酸 (ACC) からエチレンを生成する ACC オキシダーゼ (ACO) 遺伝子を塩耐性大麦から単離した。ACO 遺伝子は塩感受性オオムギと比べて塩耐性オオムギでより恒常的に優位に発現していた。T3 世代オオムギ ACO 遺伝子形質転換イネは根の重力屈性が増強することにより、根の巻きが減少し根の伸長が増加した。100 mM NaCl を含む培地での T3 イネは NaCl が含まれない時と同等に根が伸長し生存率が 65% であったが、野生イネは塩処理により根の伸長が阻害され生存率が 47% であった。RT-PCR 解析の結果から、塩や乾燥ストレス耐性に役割を担い塩耐性オオムギで優位に発現する PR-10a 遺伝子が T3 イネで野生イネの 12 倍発現していたが、T3 イネの活性酸素種消去酵素遺伝子の発現レベルは野生イネと違いはなかった。これらの結果は、エチレンが PR-10a の誘導を伴い塩耐性を増強することを示している。

2. イネの *pyl-stb* 変異体における光応答の解析

光合成をおこなう植物にとって光は重要なエネルギー源であるとともに、葉緑体のチラコイド膜に存在する光合成装置に対する光障害の原因にもなりうる。葉緑体内では光障害を修復するために FtsH、Deg、Clp などのプロテアーゼが重要な役割を果たす。イネの *pyl-stb* 変異体は DNA トランスポゾン *nDart1* の挿入により *OsClpP5* の転写が抑制された機能欠失型のアルビノ様葉緑素変異体である。*pyl-stb* を通常の栽培条件（白色光、25°C、12 時間日長）で生育させると第 3 葉期で枯死する。ところが、*pyl-stb* を赤色 LED と青色 LED 照射下で生育させたところ、赤色 LED 照射では白色光と同様に黄白色の第 3 葉を展開したのち枯死したが、青色光を照射した植物体では第 4 葉から緑化をはじめ、生育が回復した。このように育成時の光質は *pyl-stb* 変異体の生育に影響を与えることが明らかとなった。そこで、赤色および青色 LED 照射時の葉における遺伝子発現を RNA-seq により比較した。その結果、青色 LED を照射した植物体では複数の *early light-inducible protein* (*ELIP*) が高発現していることが明らかとなった。*ELIP* は *light harvesting complex* (*LHC*) ファミリーに属し、光防御応答に関連すると考えられている。*pyl-stb* における青色光照射による生育弱性の回復は、*ELIP* の高発現が *OsClpP5* の機能を補償したことにより生じた可能性がある。

Our group has been studying the function of enzymes, proteins, and gene regulation factors associated with the stress tolerance of plant cells using biochemical and molecular biological techniques, and their application to development of stress-tolerant plants. Our main achievements in 2019 are described below.

1. Rice salt-tolerance enhancement by expression of 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid oxidase gene from salt-tolerant barley

A gene encoding 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) oxidase (ACO), which produces ethylene from ACC, was isolated from salt-tolerant barley. The ACO gene was expressed more constitutively and preferentially in salt-tolerant barley root than in salt-sensitive barley. The T3 generation transgenic (T3) rice with barley ACO gene exhibited decreased frequency of root looping response and increased root elongation, thereby producing gravitropic enhancement of roots. T3 rice in the medium with 100 mM NaCl exhibited the root elongation as well as without NaCl, and showed 65% survival, whereas root elongation of wild type (WT) rice was inhibited by salt treatment and the survival percentage was 47%. Subsequent RT-PCR analysis revealed that the pathogenesis related-10a (PR-10a) gene in T3 rice was expressed 12 times more than in WT rice, which is known to play a role in salt and drought stress tolerance and which is known to be expressed preferentially in salt-tolerant barley. However, the gene expression levels of reactive oxygen species-scavenging enzymes in T3 rice, which are required as internal signals for the plant survival response, were not different from those of WT rice. These results demonstrate that ethylene enhances salt tolerance with the induction of PR-10a.

2. Analysis of light response in a rice *pyl-stb* mutant

Light plays an essential role as an energy source in photosynthesis and also induces photo-damage on photosynthetic machinery in the plant. Photo-damage is repaired by several proteases, such as FtsH, Deg and Clp, in chloroplasts. The *pale yellow leaf-stable* (*pyl-stb*) is an albino-like rice mutant which is caused by the disruption of nuclear-coded chloroplast protease, *OsClpP5*, due to insertion of DNA transposon, *non-autonomous DNA-based active transposon one* (*nDart1*). The *pyl-stb* plants died at the third-leaf stage under normal growth conditions (white light, 12-h photoperiod, 25°C). However, *pyl-stb* plants grew vigorously with greening leaves under blue light irradiation, but died at the third-leaf stage under red light irradiation and under white light irradiation. Light quality affected the growth of *pyl-stb*. Gene expression in the leaf of *pyl-stb* plants grown under different light conditions was compared by RNA-seq. The *pyl-stb* plants showed higher expression of *early light-inducible proteins* (*ELIPs*) under blue light irradiation. *ELIPs*, a class of proteins structurally related to the light-harvesting complex (*LHC*), concern a photo-protective function. Recovery from stunting growth in *pyl-stb* under blue light irradiation might be caused by the compensation of abundant *ELIPs* to diminished *OsClpP5* function.

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. イネカスパリー帯の形成機構の解明

イネの根には外皮と内皮に二つのカスパリー帯がある。我々は *OsCASPI* が内皮のカスパリー帯形成に関与し、外皮のカスパリー帯形成には関与しないことを明らかにした。*OsCASPI* は根の伸長領域に強く発現し、そのタンパク質は、内皮細胞同士の接線に沿って細い帯状に局在していた。*OsCASPI* 遺伝子を破壊した変異体では、リグニンを帯状に集中して沈着させることができなくなり、カスパリー帯が完成できなかった。また変異体では、成長が著しく低下し、多くのミネラルの吸収が影響された。特にカルシウムの過剰蓄積が起り、ケイ酸の吸収が著しく低下した。これらの結果はカスパリー帯がミネラルの選択吸収に重要な役割を果たしていることを示している。

2. 精米中の鉄と亜鉛の集積に関与する輸送体 *OsVMT*

イネの節で高発現する輸送体 *VMT* の機能解析を行った。*VMT* は液胞膜に局在し、ムギネ酸を液胞に輸送する。*VMT* は主に節の維管束間柔細胞に発現し、この遺伝子を破壊すると、生育や収量にほとんど影響せず、精白米中の鉄と亜鉛の濃度が増加した。また精白米中のムギネ酸の量も増加し、亜鉛と鉄の利用率も高める可能性がある。

3. LA-ICP-MS による多元素バイオイメージング法の開発

レーザーアブレーション (LA)-ICP-MS を駆使して、高感度でイネ節における多元素の分布パターンを同時にイメージングする方法を開発した。またこの方法を用いて、幾つかの変異体における節での元素分布を調べて、その違いを明らかにした。この方法は、節だけではなく、他の組織における元素分配パターンの調査にも応用できる。

4. 双子葉植物におけるリンの分配機構

イネでは、ミネラル栄養素の分配は節で行われるが、双子葉植物では、その分配機構はまだ明らかにされていない。イネのリン酸の分配を担う輸送体 *OsSPDT* のモデル双子葉植物シロイヌナズナの相同遺伝子 *AtSPDT* の機能解析を通じて、双子葉植物ではイネと異なる分配機構があることを突き止めた。イネ *OsSPDT* が主に節で働くのに対し、シロイヌナズナ *AtSPDT* は茎葉基部と葉柄で発現が高く、いずれの器官でも維管束形成層に主に発現する。変異体では、リンの吸収量は野生型と変わらないにもかかわらず、新葉へのリンの分配が減少し、古い葉へのリンの分配が増加した。これらの結果から、双子葉植物では、導管をミネラルが運ばれる過程で維管束に沿って徐々に篩管へと乗せ換え、発達中のシンク器官へと栄養素を配分する仕組みになっていることが分かった。

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 2019 are described below.

1. Elucidation of mechanism underlying Casparian strip formation in rice

There are two Casparian strips in rice roots; one at the exodermis and the other at the endodermis. We found that *OsCASPI* is involved in the formation of CS at the endodermis, but not at the exodermis. *OsCASPI* is highly expressed in the cell elongation zone of the roots and the protein is localized between two endodermal cells. Knockout of *OsCASPI* resulted in defect of lignin deposition at the position between endodermis and formation of CS. Furthermore, the growth of *OsCASPI* knockout mutants was significantly retarded and uptake of several mineral elements was affected. Especially, knockout of *OsCASPI* resulted in over-accumulation of Ca in the shoots and decreased uptake of Si. These results indicate that CS plays an important role in selective uptake of mineral elements in rice.

2. Involvement of *OsVMT* in accumulation of Fe and Zn in polished rice

We functionally characterized a gene, *OsVMT* (Vacuolar mugineic acid transporter), which is highly expressed in the rice node. *OsVMT* is localized to the tonoplast and transports mugineic acid into the vacuoles. *OsVMT* is mainly expressed at the parenchymal cell bridge in the nodes. Knockout of this gene did not affect the growth and yield of rice, but significantly increased accumulation of Fe and Zn in the polished rice grains. Furthermore, the concentration of DMA was also increased, which may enhance the bioavailability of both Fe and Zn.

3. Development of a method for bioimaging of multiple elements in rice nodes by LA-ICP-MS

By using laser ablation (LA)-ICP-MS, we developed a method for bioimaging of multiple elements in rice nodes with high sensitivity. We applied this method to investigate several mutants and revealed the difference in the distribution of mineral elements. This method could also be applied to investigate distribution patterns of multiple elements in other organs such as roots and leaves.

4. Distribution mechanism of phosphorus in dicots

In rice, distribution of mineral elements occurs in node, but the mechanism underlying mineral element distribution in dicots is unknown. We functionally characterized a gene, *AtSPDT* in Arabidopsis, which is a homolog gene of rice *OsSPDT* involved in distribution of P in the node. We found that the dicots like Arabidopsis have a different mechanism for mineral element distribution. Different from *OsSPDT*, which was mainly expressed in the node, *AtSPDT* was mainly expressed in the rosette basal region and leaf petiole. Furthermore, *AtSPDT* was located at the vascular cambium of these organs. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of P to the developing leaves although the total uptake was not altered. These results indicate that *AtSPDT* localized at the vascular cambium is involved in the preferential distribution of P to the developing tissues through the xylem-to-phloem transfer mainly in rosette basal region and leaf petiole.

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) イオンの影響に関する研究も行っている。タバコ培養細胞の系で、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進めている。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* の解析と、その相同蛋白質である ALMT ファミリー輸送体の多様性について研究している。本年度の研究成果は次の通りである。

1. オオムギ根の塩ストレス応答

耐塩性が強いオオムギ品種 K305 は塩ストレス初期応答として根水透過性の速やかな下方制御をおこなう。この分子機構の一つと考えられる水チャネル・アクアポリンのリン酸化/脱リン酸化状態の変化を塩ストレス後 15 分で解析した。

2. アクアポリンの機能解析

昨年までに明らかにしたイオン輸送性アクアポリン HvPIP2;8 についてその特性の解析を進めて、 Na^+ と K^+ は拮抗的に輸送されること、 Cl^- は透過しないこと、 Ca^{2+} 、 Cd^{2+} 、 Ba^{2+} によって輸送活性が抑制されるが Mg^{2+} は抑制作用が弱いことを明らかにした。

オオムギ種子で発現する HvTIP3;1 については、単一発現によりホモ四量体では水透過能力を示さないが、種子発現する他のアクアポリン分子種との共発現によりヘテロ四量体を形成し、自身が水透過能力を持つようになること、そのヘテロ組み合わせによりアクアポリン四量体としての水透過能力も変化することが明らかとなった。

3. 植物 ALMT ファミリーの輸送機能の解析

今年度は、アフリカツメガエル卵母細胞の発現系を用いた電気生理学的手法により輸送特性の違いを比較した。コムギ根端の ALMT1 は、C 末端にペプチドタグを付加しても、Al 活性化リンゴ酸輸送に影響は示さない。しかし、シロイヌナズナの孔辺細胞で発現する ALMT では、C 末端へのタグ付加や C 末端の数十アミノ酸欠損により、外液へのリンゴ酸の添加で活性化されるリンゴ酸放出の電位依存的な「ベル型電流」に変化がみられた。さらに、トマトの孔辺細胞で発現する ALMT でも同様の蛋白質変異により、ベル型電流が変化した。従って、孔辺細胞の ALMT 輸送体には C 末端ドメインに膜電位と外液リンゴ酸を感じるセンサー部位の存在が示唆された。

Our research has been focusing on the 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 the aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant root growth in acid soils. We also focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant growth in acid soils. To clarify the Al sensitivity and tolerant mechanisms, we analyzed the reactive-oxygen-species scavenging system, and energy metabolism using tobacco-cultured cells. 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 ALMT family have been studied. Research outlines of this year are as follows:

1. Barely root under salt stress

A salt-tolerant barley variety, K305, reduces root hydraulic conductivity in the initial phase of salt stress. To study the molecular mechanisms, we analyzed the phosphorylation/dephosphorylation status in an aquaporin HvPIP2;1 within 1 hour after salt stress.

2. Functional analysis of aquaporins

We detected ion-permeable aquaporins last year. This year, we analyzed one of such aquaporins, HvPIP2;8 and revealed that Na^+ and K^+ were transported competitively, but Cl^- was not transported. The channel activity was inhibited strongly by Ca^{2+} , Cd^{2+} , Ba^{2+} , but weakly by Mg^{2+} .

HvTIP3;1 specifically accumulated in seeds showed no water permeability when only HvTIP3;1 was expressed in *Xenopus* oocytes. However, we revealed that HvTIP3;1 formed heterotetramers by co-expression with other aquaporins, which were expressed in barley seeds, and showed the water permeability. In addition, the heterotetramers containing HvTIP3;1 showed differences in water permeability with the aquaporin combination.

3. Functional analyses of ALMT-family transporters in plants

We analyzed the electrophysiological functions of ALMT transporters using the *Xenopus*-oocyte system. The malate transport function of wheat root TaALMT1 was not affected by addition of peptide tag at the C-terminus. An ALMT expressed in guard cells of Arabidopsis showed the extracellular-malate-activated and membrane-potential-dependent “bell-shape currents” which were derived from the malate efflux from the oocytes. However, the bell-shape currents were changed by addition of peptide-tag or truncation of several amino acid residues at the C-terminus of the Arabidopsis ALMT. Likewise, these protein modifications affected the bell-shape currents of ALMT expressed in tomato guard cells. Taken together, these results suggest that guard-cell-type ALMT proteins conserved a voltage sensor and extracellular malate sensor at the C-terminus regions.

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. 多層性ウイルス防御反応で転写および転写後に機能するダイサー

転写後 RNA サイレンシング (干渉) は真核生物に広く保存されたウイルス防御機構の一種で、RNA 分解酵素であるダイサーとアルゴノートが鍵因子として関与する。モデル糸状菌ウイルス宿主であるクリ朧枯病菌では、ウイルス感染後これら鍵因子 (*dcl2*, *agl2*) の発現が転写レベルで亢進すること、その誘導に転写コアクティベーター SAGA (Spt-Ada-Gcn5 acetyltransferase) が必須であることを明らかにした。本年は、この SAGA が関与する転写調節により、100 以上の宿主遺伝子がウイルス非感染時に比べ 10 倍以上誘導されること、その誘導にダイサー (DCL2) が必須であるがアルゴノート (AGL2) は不要であることを明らかにした。さらに、興味深いことに発現上昇する宿主遺伝子のいくつかがウイルス感染による病徴の軽減に貢献することを明らかにした。従って、ダイサーが、RNA サイレンシングでのウイルス複製阻害と宿主転写調節による病徴軽減に関与すること (二重機能性) を証明した。

2. 菌類から見いだされた二種の新規マイナス鎖 RNA ウイルス

菌類のマイナス鎖 RNA ウイルスは発見からまだまもなく、その多様性に関する情報は未だ限定的である。本研究では、食用きのこ (シイタケ) に感染するウイルスの探索の過程で、二種のマイナス鎖 RNA ウイルス (*Lentinula edodes* negative-strand RNA virus 1 と 2, LeNSRV1、2) を発見した。LeNSRV1 は担子菌類ではじめてのマイモナウイルス科 (モノネガウイルス目) のメンバーと考えられ、既知のマイモナウイルスでもっとも大きなゲノムサイズ (11,563 塩基) とみなされた。LeNSRV2 は、植物の新規マイナス鎖 RNA (ブニヤウイルス目フェニウウイルス科に類縁) に最も近縁であり、菌類ではじめて分節型ゲノム (RNA1 : 7,082 塩基 RNA2 : 2,754 塩基) を持つことを見出した。その短い分節は両極性・アンビセンス様の RNA で、推定のヌクレオキャプシド蛋白質と植物の細胞間移行蛋白質に類似する遺伝子をコードしていた。これらの知見は、菌類におけるマイナス鎖 RNA の多様性や進化、分布様式などに興味深い知見を与える。

Plant growth is influenced by various viruses and microorganisms. Our group has been exploring, 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. Dicer functions transcriptionally and post-transcriptionally in a multilayer antiviral defense

Post-transcriptional RNA interference-mediated antiviral defense is well-conserved, in which the key players, Dicer and Argonaute, act to digest viral mRNAs. Utilizing a filamentous fungus model host, we previously found that the SAGA (Spt-Ada-Gcn5 acetyltransferase) transcriptional co-activator regulates the upregulation of the two main antiviral RNA-silencing components, dicer-like 2 (*dcl2*) and argonaute-like 2 (*agl2*). Here, we showed that DCL2 has an additional distinct functional role in the virus-responsive, SAGA-mediated transcriptional upregulation of a subset of host genes. Strikingly, certain upregulated genes mitigate viral symptom induction. The *agl2* disruption assay suggested that Argonaute is not involved in this Dicer function. Therefore, DCL2 is plays a bifunctional role in the dual-layer antiviral defense: inhibition of viral replication and alleviation of symptom expression.

2. Two novel fungal negative-strand RNA viruses in the fungi

There is still limited information on the diversity of negative sense (-)ssRNA viruses that infect fungi. Here, we have discovered two novel (-)RNA mycoviruses, *Lentinula edodes* negative-strand RNA virus 1 (LeNSRV1) and *Lentinula edodes* negative-strand RNA virus 2 (LeNSRV2), in the shiitake mushroom (*Lentinula edodes*) through deep sequencing. LeNSRV1 is the first example of a mynavirus infecting basidiomycetes and has the largest genome (11,563 nucleotides in length) among known mynaviruses (Order: *Mononegavirales*). LeNSRV2 is the first example of a fungal (-)RNA virus with a segmented genome (RNA1: 7,082, RNA2: 2,754 nucleotides in length) and is related to plant phenui-like viruses (Order: *Bunyavirales*). Its smaller RNA segment encodes a putative nucleocapsid and a plant MP-like protein using a potential ambisense coding strategy. These findings enhance our understanding of the diversity, evolution, and spread of fungal (-)ssRNA viruses.

本グループでは、植物の植食性昆虫に対する防御機構の解明に向けて、圃場研究、分子生物学的アプローチ、トランスクリプトミクス、メタボロミクスを駆使して研究を行っている。

1. イネにおける新規オキシリピンシグナル伝達機構の解明

植物においてオキシリピンは、傷害や食害応答を制御するシグナル伝達因子である。古典的なオキシリピン経路として、ジャスモン酸 (JA) が JA イソロイシンに変換され機能することが知られている一方で、JA 生合成中間体が特異的な生物活性を有する可能性が推察されていた。我々は、JA の生合成中間体である 12-oxo-phytodienoic acid (OPDA) に注目し、イネにおいて OPDA がアミノ酸と縮合体を形成することを見出すとともに、OPDA 類縁体が独自の役割を果たしている可能性を考えた。実際、OPDA によって誘導されるイネの二次代謝物蓄積は、古典的なオキシリピン経路である OPDA から JA イソロイシンの変換によるものではなかった。現在、我々は OPDA による特異的な防御シグナルの役割の解明を目的とし、OPDA-アミノ酸縮合体の活性解析を行うために合成を試みている。

2. トビイロウンカの甘露中細菌は多様な防御関連代謝物を産生誘導する

トビイロウンカ (*Nilaparvata lugens*) は世界中の水田で深刻な被害を引き起こす吸汁性昆虫である。これまでに、イネはトビイロウンカに存在する細菌を介してその食害を認識し、防御関連二次代謝物を誘導することを報告している。昨年度のフェノールアミドに関する報告に加え、最近、トビイロウンカに加害されたイネの葉において、ジテルペンファイトアレキシンの一種であるモミラクトン A やモミラクトン B が蓄積することを報告した。フェノールアミドが傷害により蓄積誘導されるに対して、モミラクトン蓄積は植物体上に甘露とともに放出された共生細菌によってのみ誘導された。昆虫の共生細菌に幅広い防御誘導能があることを明らかにすることで、我々はこのような共生細菌の生物農薬として利用展開の可能性を考えている。植物への散布が容易であり、散布後、野外において害虫による攻撃前に持続的に増殖し、多様な防御関連代謝物を誘導することで作物を守ることが期待される。

3. アブラムシに耐虫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。我々はアブラムシに高い耐虫性を示すソルガム遺伝子型に注目している。光環境適応研究グループとの共同研究により、組換え自殖系統 (RILs) を用いて、耐虫性の原因となる遺伝子のマッピングを進めている。特に今年度は、感受性品種 BTx623 と抵抗性品種 African No. 3003 の交配により F3 種子を採取した。圃場にて F2 集団を試験したところ、耐虫性 / 感受性植物の比がおおよそ 3 : 1 に分離したことから、単一の顕性遺伝子により耐虫性が付与されていると考えられた。

Our group is focusing on plant defense against herbivores using field research combined with molecular tools, transcriptomics and metabolomics.

1. Unraveling novel oxylipin signaling pathway in rice

Oxylipins are signal transduction components mediating wound and herbivory responses in plants. In the canonical pathway, jasmonic acid (JA) is converted to jasmonoyl-L-isoleucine, the key component in plant defense. However, it has been speculated that some of the intermediates in the JA pathway might also have specific biological activities. In our research, we examined the metabolic transformations of 12-oxo-phytodienoic acid (OPDA), JA intermediate, and found that it can be easily converted to amino acid conjugates in rice tissues, suggesting their independent signaling roles. In concert, application of OPDA triggered metabolite production in rice that was not mediated by conversion of OPDA to JA-Ile. We are now preparing various synthetic OPDA-amino-acid conjugates to directly test their activity *in vivo*, in order to understand the intrinsic role(s) of OPDA in defense signaling of plants.

2. Honeydew bacteria from brown planthopper elicit broad range of defense metabolites

Sucking insects like rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) are serious pests in rice paddies worldwide. We reported that bacteria secreted from brown planthoppers can be recognized by rice, which triggers defense metabolite production. In addition to phenolamides reported last year, we now report that brown planthopper infestation also triggers diterpenoid phytoalexins, momilactone A and B, in attacked rice leaves. In contrast to phenolamides, which can be elicited by mechanical wounding, momilactone production was only activated by symbionts released via honeydew on plants. Uncovering the wide elicitor potential of bacterial symbionts from insects, we propose that such bacteria could be used as biocontrol agents, easily applicable to plants and self-amplified over time, thus protecting them by deployment of multiple resistance metabolites prior to actual insect attack in the field.

3. Investigations of sorghum resistance to aphids

Aphids cause serious damage in many commercial crops. We are focusing on sorghum genotypes highly resistant to aphid attack. In collaboration with the Plant Light Acclimation Group, we continue working on recombinant inbred lines (RILs) to map causative aphid resistance genes. This year, in particular, we obtained F3 generation seeds from the cross of susceptible sorghum variety BTx623 and resistant to aphid African No. 3003. F2 population has been tested in the field, showing segregation of resistant and susceptible plants in an approximate 3:1 ratio, thus suggesting a single dominant gene to be involved in the resistance phenotype.

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. *Methylobacterium* 属細菌におけるランタノイド (Ln) 存在下でのメタノール代謝経路制御

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。本属細菌はメタノールを酸化する酵素メタノール脱水素酵素 (MDH) において、カルシウム (Ca) 依存と Ln 依存の両方の酵素を持つ。Ln 存在下では Ln 依存酵素が発現し、メタノールだけでなくホルムアルデヒドも本酵素が酸化し、その他のホルムアルデヒド代謝酵素遺伝子の発現が下がることを見いだした。また、Ca 依存 MDH と Ln 依存 MDH の発現切り替えを起こすセンサーキナーゼを見いだした。

2. *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノールへの走化性

細菌は生育物質など好ましい物質の濃度の高い方へ泳動することができ、これは走化性と呼ばれる。本属細菌においてメタノールへの走化性を示すことを見だし、センサーとなるタンパク質を3種類同定した。

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

赤潮の原因となる植物プランクトンの一種ヘテロシグマは、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、特にそのうち2配列は、株由来水域の緯度と強く相関することを見出した。これらの配列をマーカーとして、世界各地より多数のヘテロシグマ株を入手し、各地のヘテロシグマ集団構造を解析したところ、日本近海およびブラジル リオデジャネイロに分布するヘテロシグマは比較的均一な集団である一方、ノルウェイ・デンマークにおける集団と、米国シアトルのヘテロシグマ集団は多様性高いことが明らかとなった。現在は、ヘテロシグマ集団の広域流動性をより深く理解するために、ゲノムワイドなマーカーの開発を行なっている。

5. 赤潮の原因となる植物プランクトンについての研究

赤潮形成は、赤潮の原因となる植物プランクトンの異常増殖に基づく。私たちは、以前、アスタキサンチンを産生する海洋細菌が、ヘテロシグマの増殖を促進することを見出した。さらに、ヘテロシグマと、本海洋細菌の共生により、ヘテロシグマの強光耐性が増強されることを見出した。これは、ヘテロシグマ葉緑体の非光化学的消光作用の増強によるものであり、現在その分子メカニズムの解明を目指した解析を行なっている。

1. Regulation of lanthanide (Ln)-dependent methylotrophic pathway in *Methylobacterium* species

Methylobacterium species are ubiquitous bacteria living on the plant surface, and they utilize methanol emitted from plants. They have two different methanol dehydrogenases (MDHs), which are either calcium (Ca)-dependent or lanthanide (Ln)-dependent. In the presence of Ln, Ln-dependent MDH is expressed and the enzyme oxidizes not only methanol but also formaldehyde, which results in down-regulation of other formaldehyde-oxidation pathways. On the other hand, we identified a sensor kinase that switches the expression of these enzymes.

2. Chemotaxis toward methanol in *Methylobacterium* species

Bacteria can swim toward a higher concentration of favorable substances such as growth substances, and this phenomenon is called chemotaxis. We found that *Methylobacterium* species exhibit methanol chemotaxis and identified three sensors responsible for it.

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 bloom-forming cosmopolitan phytoplankton. We recently identified three hypervariable regions in *H. akashiwo* mitochondrial genome, two of which show a strong correlation with the geographic origin of the isolate. We analyzed the sequences of the *H. akashiwo* strains obtained from several different regions of the world, and found that *H. akashiwo* populations in Japan coastal waters and in Rio de Janeiro in Brazil are rather uniform, while those in Norway/Denmark and Seattle, USA areas consisted of several different genotypes. We are currently designing genome wide phylogeographic markers to gain deeper insight into this issue.

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

Algal bloom formation is based on rapid propagation of causative phytoplankton. We previously found that an astaxanthin-producing marine bacteria promoted *H. akashiwo* propagation. We also found that the symbiosis of the two organisms induces *H. akashiwo* resistance against strong light. Furthermore, this resistance was based on the enhanced non-photochemical quenching of the *H. akashiwo* chloroplast. We are currently conducting analysis to understand the mechanism of the activity of the bacteria on the algae.

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実施している。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、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、保存系統のゲノム DNA 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) オオムギのゲノム解析

現在、国際オオムギパンジェノム解析プロジェクトに参画して、保有する系統のうち 2 系統の高精度解読ならびに転写産物解析を進めている。

(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」と形質転換が困難な品種「はるな二条」および「Full Pint」の交雑後代を用いて、関連遺伝子の同定を進めている。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効率化を進めている。

(b) オオムギの遺伝子情報とゲノム編集技術を活用したコムギの特性の改良

Agrobacterium を介したゲノム編集技術を使って、オオムギの種子休眠を制御する *Qsd1* のコムギ同祖遺伝子群の一斉機能改変に取り組み、休眠が長い 6 倍体コムギ系統を作出した。

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 the 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 sets, pooled BAC DNA for clone screening, its high-density replica membranes, full-length cDNA clones and genomic DNA samples from the barley accessions.

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) Genome analysis in barley

Under the structure of the International Barley Pan-Genome Consortium, two lines of our barley accessions have been analyzed for high quality genome assemblies and transcript mapping.

(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) Genetic transformation and genome editing in barley

For post-genome analysis, we have been searching for the genes related to the efficiency of genetic transformation in barley. To identify those genes, we are using the population derived from the crosses between “Golden Promise”, an amenable cultivar for transformation, and “Haruna Nijo” or “Full Pint”, recalcitrant for transformation. We are currently developing a method of mutagenesis by genome editing technology for future breeding and functional analysis of the genes in barley.

(b) Improvement of wheat characteristics using barley gene information and genome editing technology

Using genome editing technology via *Agrobacterium*, we attempted simultaneous functional modification of *Qsd1* wheat homologous genes that control barley seed dormancy and produced a hexaploid wheat mutant line with long seed dormancy.

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: PHYB) をもち、低緯度に生育する *Cardamine nipponica* の PHYB (CnPHYB) が、*Cardamine bellidifolia* の PHYB (CbPHYB) よりも温度に対する感受性の高いことを明らかにしてきた。本年度は、この生理的な性質の違いが生理活性をもつフィトクロムの分解によるのではなく、生理的な性質の違いを反映していることを裏付ける成果を得てきた。また、RNAseq のデータを元に、両種がもつ遺伝子の進化様式をゲノムワイドに調べることで、種間において自然選択によって異なる機能が進化したと考えられる遺伝子のうち、PHYB が最も多くの生理機能に関わることを明らかにしてきた。このように異なる緯度に生育する植物の間では、フィトクロムにおける温度感受性の進化が適応的に重要な役割をもつことを裏付ける成果を得てきた。

2. 絶滅危惧種キブネダイオウに関する研究

日本固有とされる絶滅危惧種キブネダイオウ (タデ科) は京都府、岡山県、広島県にのみ分布が知られ、生育環境が限定される。本研究では岡山県内におけるキブネダイオウの詳細な分布調査を行い、未発見の分布地点を多数あきらかにしたほか、同属他種との交雑の状況をあきらかにしつつある。キブネダイオウにはこれまでエゾノギシギシとの雑種が知られているだけであったが、本研究ではこれ以外にも複数の雑種の存在が明らかになった。さらに、平成30年7月豪雨に伴う土砂災害等によって、岡山県で観測したキブネダイオウのおよそ6割が失われた事が分かった。

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 2019 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) revealed 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. In addition, we found that PHYB from *Cardamine bellidifolia* (CbPHYB) and *Cardamine nipponica* (CnPHYB) have differences in thermal sensitivity: CnphyB is more sensitive to warmer temperature than CbphyB. This year, we conducted further experiments and demonstrated that the differences in thermal stability between CnphyB and CbphyB are not caused by differences in their protein degradation but by differences in their thermal stability of active form of phyB (Pfr). Furthermore, we investigated the molecular evolution of genome-wide genes obtained by RNAseq and found that PHYB is gene involved in the most diverse physiological functions among genes whose function likely diverged between the species under natural selection.

2. A study on *Rumex nepalensis* subsp. *andreaeanus*

Rumex nepalensis Spreng. subsp. *andreaeanus* (Makino) Yonek. (Polygonaceae) is endemic to Japan, and is distributed in Kyoto, Okayama, and Hiroshima Prefs. It is a rheophyte, and an endangered plant in Japan, Kyoto Pref. and Okayama Pref. In this study, more than 10 unknown populations of the species, and new hybrids between that and other *Rumex* species were found by field surveys. In Okayama Pref., ca. 60% of 282 *R. nepalensis* subsp. *andreaeanus* at 14 populations were lost by floods in 2018.

本グループではオオムギを中心とするイネ科作物の形態や種子成分を制御する有用遺伝子の特定と機能解析を行っている。本年度の主要成果は以下の通りである。

芒は小花の外穎の先端が伸長した器官で、種子の分散や埋土を助け、光合成を活発に行い収量に貢献する。オオムギは通常、長芒で芒の縁に鋭い鋸歯を多数有する。しかし、粗剛な芒は農業上問題で、収穫時に粉塵を発生させ収穫従事者の健康を害するだけでなく、オオムギ穀粒を飼料として家畜に与えると口周辺や消化器の怪我につながることもある。オオムギの粗芒の分布には地域的な偏りがあり、トルコ周辺地域では自然突然変異で生じたとみられる粗芒が頻繁にみられるが、ネパール以東の東アジア地域では粗芒が優勢である。オオムギの粗芒による問題を軽減するために、芒の鋸歯が少ない滑芒品種の利用が西域で行われてきた。また、アメリカ合衆国では20世紀初頭から滑芒形質の有用性に注目したオオムギ育種が展開され、近代育種法を適用して実用的な滑芒品種が育成され、広く普及している。

オオムギにおいて芒の粗・滑性は極めて重要な形態特性であることから、この形質を支配する遺伝子をポジショナルクローニングした。従来の研究でオオムギ芒の粗・滑性は滑芒が劣性1遺伝子 (*rough awn 1*; *raw1*) に支配されることがわかっていた。滑芒品種“Morex”と粗芒品種“会津裸6号”の交雑F₂集団1,562個体で遺伝マッピングを行い、原因遺伝子 *raw1* を5H染色体長腕上の0.32 cMの範囲にファインマップした。イネとのマイクロコリアリティおよびオオムギのゲノム配列情報を併用して、候補領域内で原因遺伝子を探索したところ、サイトカニン活性化遺伝子が有力な原因遺伝子としてみつかった。この遺伝子をシーケンスしたところ、滑芒遺伝子には非同義置換がみつかった。さらに、オオムギのTILLING系統からスクリーニングした本遺伝子の変異体が粗芒から滑芒に変化したことから、遺伝子単離が実証された。オオムギの *Raw1* 遺伝子 (HORVU5Hr1G086520) はイネの芒遺伝子 *LONG AND BARBED AWN1 (LABA1)* LOC_Os04g43840の相同遺伝子 LOC_Os09g37540であった。*Raw1* 遺伝子はサイトカニン活性化酵素の1種をコードすることが判明した。オオムギの *raw1* 遺伝子は芒の鋸歯を滑らかにするが芒は短縮しないのに対し、イネ *LABA1* 遺伝子は芒の鋸歯と芒長も同時に短縮することから、両作物間で差異があり興味深い。

Our group has been identifying and characterizing important genes that control morphogenesis and seed chemical compositions of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Our research mainly focuses on the molecular mechanisms underlying beneficial agricultural traits. Our main achievements in 2019 are described below.

The awn, an apical extension from the lemma of the spikelet, plays important roles in seed dispersal, burial, and photosynthesis. The contribution of awn photosynthesis to yield is estimated to range from 10 to 30%. Barley typically has long and bristling awns. The rough awn is a nuisance for farmers during manual harvesting and for animals fed with the barley grain with attached awnlets. To minimize the discomfort caused by awns, smooth awn varieties lacking silicified bristles are grown in regions restricted mostly to Western regions of the world. In the USA, intensive efforts have been made to breed new varieties with smooth awns from the 1920's, and practical varieties have been released and cultivated widely.

Because of the importance of awn roughness vs. smoothness in barley breeding, we attempted positional cloning of a gene underlying awn roughness vs. smoothness. Previous studies showed that the smooth awn trait is controlled by a single recessive gene. We genetically mapped the *raw1* gene in 1,562 F₂ plants from a cross between “Morex” (smooth awn) × “Honen 6” (rough awn). The gene was localized to a 0.32 cM interval on the long arm of chromosome 5H. By exploiting microcollinearity with the rice genome sequence and high-quality barley genome sequence information, we searched for plausible candidate genes and came across a gene (HORVU5Hr1G086520) annotated as a cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase, which was homologous to the *LONG AND BARBED AWN1 (LABA1, LOC_Os04g43840)* gene of rice. Rice orthologue of barley *raw1* gene is LOC_Os09g37540, which resided in a region syntenic to the barley *raw1* candidate region. However, there has been no report that this gene affects awn length in rice. The barley *raw1* gene only affects bristle development on the margin of the awn without shortening awn length. In contrast, a mutation of rice *LABA1* gene reduces the lengths of both awns and marginal bristles. The present results indicate that concomitantly in rice and barley, cytokinin plays an important role in the control of awn morphology.

気候変動等による各種環境ストレスに適応した画期的な作物の開発に貢献するため、多様なイネ遺伝資源に存在する有用遺伝子の探索と新しい育種法の開発に関する研究を開始している。また、植物の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。2019年の研究進捗は以下のとおりである。

1. 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

イネ属栽培種のひとつであるオリザグラベリマは、アジア栽培種であるオリザサティバとは異なる進化を経てアフリカに適応した。このためグラベリマ種はサティバ種とは異なる病虫害抵抗性や環境ストレス耐性に関する遺伝子を保持していることが期待される。研究グループでは、オリザグラベリマのゲノム塩基配列情報の解読およびサティバ種との比較を通じて、グラベリマ種のオリザ属内における分子遺伝学的基礎および種内多様性変異を明らかにしている。今年度は、各種ストレス耐性遺伝子のゲノムワイド連関解析による探索に向けて、多数のグラベリマ系統を温室と圃場で栽培して農業特性の評価を行った。

グラベリマ種に見いだされる有用遺伝子をサティバ種に交配によって導入する際は、両種のF₁個体で生じる雑種不稔性が大きな障壁となる。これを回避する手段として倍化系統や半数化系統の活用を検討しており、今年度は両種の雑種4倍体および還元2倍体を栽培して種子稔性を中心とした各種農業特性を評価した。

自殖性作物育種において母集団の遺伝的多様性を高めるうえで、複数の親品種を起点とする多系交雑は有望な手法のひとつである。今年度は、8種類の多収イネに由来する多系交雑 (MAGIC) 集団を栽培して複対立ハプロタイプ遺伝子型と表現型の連関解析および検出QTLの環境との相互作用を評価している。

2. 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、イネにおいて、動原体に部分的な機能不全を引き起こす動原体タンパク質変異体の選抜を行った。

Our goal is the development of innovative crop varieties which enable stable food production even under harsh environments caused by global climate change. We have started to explore useful gene(s) inherent in rice diversity and to establish a novel rice breeding system. In addition, we have been conducting molecular cytogenetic studies on the structure and function of nuclei and chromosomes using plant species. Our progress in the year 2019 are described below.

1. Exploring and utilizing useful genes from diverse rice genetic resources

One of the two cultivated rice species in the world, *Oryza glaberrima*, has been domesticated and adapted in Africa independently of the other one, *O. sativa*, in Asia. Therefore, *O. glaberrima* is expected to have many gene alleles different from those in *O. sativa*. Our group is close to revealing both the molecular basis of *O. glaberrima* in the genus *Oryza* and genetic diversity within the *O. glaberrima* species. This year, we evaluated several agronomic traits in a large number of accessions of *O. glaberrima* in the field and greenhouse, to discoveries of new stress tolerance genes by GWAS (genome wide association study).

Complete sterility in the hybrid between *O. glaberrima* and *O. sativa* is a major barrier to cross breed them. To avoid it, we are looking into polyploidy or haploid lines derived from their F₁ progeny. This year, we cultivated some tetraploid lines and reduced diploid lines originated from the tetraploid, and collected phenotypic data especially in seed fertility.

Multiway crossing derived from more than two parents is a promising method to improve genetic diversity in the breeding population of self-pollination crops. This year, we collected basic growing data of a 8-way MAGIC (multi-parent advanced generation intercross) population, and started analysis of associations among genotypes, phenotypes and growing environments.

2. 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, and (2) selective chromosome eliminations in fertilized embryos by mating gametes with this modified kinetochore and gametes with normal kinetochores. This year, we screened mutants of kinetochore proteins which cause partial dysfunction in kinetochores of rice.

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探索

研究所で収集が進むオオムギ系統の生育データや野外生育オオムギのトランスクリプトームデータやホルモノームデータ等を用いて、オオムギ出穂関連要因の探索を行い、出穂の系統間差への関連が示唆される遺伝子等の要因を推定した。

2. 野外栽培作物に関するデータ統合化技術の開発

野外生育オオムギのトランスクリプトームデータやホルモノームデータやエピゲノムデータを例として、トランスクリプトームに基づいて推定した成長トラジェクトリにそって統合する手法を開発した。

これらに加えて、本年度も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た。

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。特に、SDGs達成のための、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に資する共同研究を継続的に進めている。令和元年度は、ケニアからの留学生3名が、国費留学生として光環境適応研究グループ（坂本）および植物微生物相互作用グループ（鈴木）にそれぞれ在籍し、研究を進めた。加えて、ウガンダ・マケレレ大学の研究員を植物昆虫相互作用グループ（ガリス）および植物環境微生物学グループ（谷）にそれぞれ受け入れる（R1年10月～11月およびR1年11月～R2年1月）とともに、ケニアからの研究員を統合ゲノム育種グループに受け入れる（R2年1月～2月）。また、日本学術振興会におけるケニアとの二国間共同研究（代表：久保）が採択され、トマトの遺伝資源に関するジョモケニアアッタ農工大学との共同研究も行われた。今年度は3名（坂本、久保、谷）がケニアを訪問し（R1年8月）、KARLOにおけるソルガム栽培試験の実施と、ジョモケニアアッタ農工大学、メルー大学、マケレレ大学との共同研究に関する打合せを行った。さらに、若手を中心とした研究交流の場として12月10日に「アフリカデー2019」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 contribute to the improvement of crop productivity. Our main achievements in 2019 are described below.

1. Discovery of factors related to barley heading date

Using datasets based on various omics spectrums such as transcriptome and hormone of barley accessions grown under field conditions, we explored factors associated with barley heading date and estimated genes whose differential expression between accessions could influence the phenotypic differences in their heading date.

2. Development of a method to integrate various omics data from field-grown crops

We developed a method to integrate various omics and growth datasets acquired from field-grown crops by superimposing them to the growth trajectory based on transcriptional states, and applied the method to our barley datasets.

In addition to these activities, we have continued to provide various bioinformatics techniques in bioinformatics 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. This year the program was partly supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Bi-national Collaborative Research Program (granted to Professor Kubo). Under this program, collaborative research on tomato resource is being conducted with Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT). Four Kenyan young researchers are currently enrolled at the Graduate School of Environmental and Life Science as students in the Master and Doctor courses (Supervised by Professors Sakamoto Suzuki, and Tani). Two Ugandan researchers (supervised by Professors Galis and Tani) and one Kenyan researcher (supervised by Yamamoto) visited IPSR to conduct a research project in plant stress and genetic resource, respectively.

To implement exchange between IPSR and east African universities, Sakamoto conducted a field test of sorghum at Kenyan Agricultural and Livestock Research Organization (KARLO), Kakamega, and Kubo and Tani visited JKUAT, Meru University and Makerere University. To promote networking of young researchers, we organized the “Africa (Kenya) Day 2019” on December 10, 2019 at IPSR.

イオンダイナミクス班

本研究班はイオン動態制御（イオンダイナミクス）の理解を通じてフィールド環境における作物の“レジリエンス（回復力）”のメカニズムを明らかにする。

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

植物体へのNa⁺流入過程の解明は圃場でのNa⁺の挙動を理解するために重要である。本年度はオオムギの根においてNa⁺を輸送するチャネルHvCNGC2-3のイオン輸送特性を明らかにした。また、陸上植物に近縁なシャジクモの輸送体CbPHT1のイオン輸送特性について解析しNa⁺とリン酸を共輸送する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

孔辺細胞の陰イオン輸送体は蒸散流制御を介して、植物のイオン動態に重要な働きをする。本年度はトマトの孔辺細胞ALMTがリンゴ酸以外にフマル酸とコハク酸を輸送基質とすることを明らかにした。また、活性化に細胞外のリンゴ酸・フマル酸・クエン酸などの有機酸を必要とすることを明らかにした。

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

生体におけるイオンイメージングはこれまで暗所で計測するほかに手段がなかった。本年度は光照射下においてカルシウムイオン動態をモニタリングするための新規技術の開発に取り組んだ。

Ion Dynamics Section

This group has been studying the mechanism of resilience of crops in the field environment focusing on ion dynamics in crops.

1. Ion homeostasis research on salt-stressed field

Unraveling of sodium uptake pathway in plants is critical for understanding sodium ion behavior in a salt-stressed field. This year, we characterized the ion transport property of the Na⁺-transporting ion channel, HvCNGC2-3, expressed in barley roots. We also characterized the ion transport property of the phosphate transporter of *Chara braunii*, which transports phosphate at the expense of the Na⁺ gradient.

2. Ion homeostasis research on regulation of CO₂ uptake and transpiration

Anion channels play critical roles in stomatal aperture regulation. This year, we investigated the permeable ion substrate and activation mechanism. The ALMT anion channel expressed in tomato guard cells was shown to permeate malate, fumarate and succinate, and to be activated by malate, fumarate and citrate by interacting with its carboxyl terminus.

3. Cell signaling research by means of ion imaging and ion electrodes

Ion imaging in a cell has been done only in the dark due to intrinsic technical problems. In this study, we tackled this issue by inventing novel optical technology. We have obtained the first promising result suggesting red light-induced Ca²⁺ elevation in a cell under photosynthetically active irradiation.

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いる。今年度は2018年度のイネサンプルを主に解析し、季節ごとの根圏土壌イオンの動態、調査圃場の野生植物の変遷、根圏土壌の微生物総の変遷を解析した。肥料の有無、品種の違いでこれらには差が見られた。2019年度もオオムギ、イネのサンプルを解析しており、その再現性を確認する。

Rhizosphere Microbiome Section

This section was started with the aim to analyze 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 throughout the year. This year we surveyed the rhizospheric microbiome composition, soluble ions in the rice samples sampled in 2018, and the change in the wild plants growing in the area. We found some differences with the use of fertilization and with the rice cultivar. We have been continuing the survey this year to confirm the reproducibility.

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。

1. 植物組織内におけるエピジェネティック修飾の網羅的解析法の開発

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、従来の方法では組織内の個々の細胞の状態を知ることはできない。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解析法を開発している。本年度は、DNA鎖の変性を必要としない植物組織内DNA配列可視化法を開発し、様々な植物種および器官由来の組織内で標的座位の検出を可能とした。この方法は、組織免疫染色と併用可能で、この方法とエピジェネティック修飾に対する抗体を用いた免疫染色を組み合わせることにより、組織内の個々の細胞の標的座位のエピジェネティック修飾状況を網羅的に解析することが可能となった。

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.

1. Development of epigenetic modification analysis methods in plant tissue

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 existing methods. In order to solve this problem and to obtain epigenetic modification information on individual cells, we are developing epigenetic modification analysis methods that should have a bird's-eye view and single cell-level resolution in organs/tissues. In 2019, we developed a method for visualizing DNA sequences in non-denatured organs/tissues from various plant species. This method can be used in combination with immunohistochemistry. By combining this method with immunohistochemistry using an antibody against epigenetic modification, the status of epigenetic modification of target loci of individual cells in the tissue is comprehensively analyzed.

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。オオムギー微生物間相互作用、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. オオムギの形質転換・ゲノム編集技術の高度化

オオムギの形質転換・ゲノム編集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、再分化効率を向上するためのケミカルスクリーニングを進めている。

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。

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. Sophistication of barley transformation and genome editing technology

We are analyzing the molecular mechanism of barley stem cell formation which is essential for the regeneration as well as transformation and genome editing process.

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 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.

本グループでは本研究所の光環境適応グループ、本学の異分野基礎科学研究所の光合成・構造生物学研究コア、ドイツミュンスター大学のミハエルヒップラー教授、の研究室と研究協力・支援体制を整え、植物の生育に重要な光合成反応を起点として植物で行われる多くの代謝反応との関わりを明らかにし、光合成反応で得られたエネルギーが植物に利用される機構を明らかにする。とりわけ光合成における光エネルギー利用機構を遺伝学・分子生物学・生化学・構造生物学を駆使して研究を進めている。今年度の研究成果は以下の通りである。

1. 藻類の光化学系 I 複合体の構造解析

藻類は非常に弱い照度からきわめて強い照度まで幅広い強さの照度においても効率的に光合成を行う。とくに代謝反応との関わりがよい光化学系 I 複合体は光エネルギーのアウトプットが代謝反応に直結するため巧みな光エネルギー利用戦略が予想されていた。本研究では葉緑体遺伝子組み換えが可能な緑藻であるクラミドモナスを材料として長鎖ヒスチジンタグを光化学系 I 複合体に融合した変異株を作成し高度に精製しクライオ電子顕微鏡を用い原子レベルで構造解析を行った。その結果、藻類が幅広い照度で高効率に光エネルギーを利用する構造基盤ならびにエネルギー利用の物理的な機構を提案した。

2. アンテナタンパク質の新奇組み込み機構が存在することを示唆

光合成が光を効率的に利用するためにはより多くの光を捕集しエネルギーに変換する機構が必須である。この機構にはアンテナタンパク質が関わっている。これまでアンテナタンパク質の生合成並びに組み込み活性は CpSRP 経路が提案されていた。ところがクロロフィル合成欠損株ならびに CpSRP 経路欠損株を用いて精密な生化学的解析を行ったところ僅かなアンテナタンパク質の蓄積が観察され、さらにそのアンテナタンパク質の蓄積もパラログにより異なることを見出した。よって、アンテナタンパク質の組み込み経路には CpSRP 経路以外に未知の経路が存在することが示唆された。

In this RECTOR program, we have established a research collaboration system with three research groups; the laboratory of photo-environmental adaptation group in Institute of Plant Science and Resources, photosynthesis/structural biology research core in the Research Institute of Interdisciplinary Science, and the laboratory of Professor Michael Hippler at the University of Münster, Germany. Our aim is to clarify how the photosynthesis participates as an essential energy supplier along with numerous other metabolic processes taking place in the plant cell. To reach this goal, we are studying the mechanism of light energy utilization in photosynthesis using genetics, molecular biology, biochemistry, and structural biology. The results of this year's research are as follows.

1. Structural analysis on algal photosystem I complex

Algae can survive by performing photosynthesis efficiently even under various intensities of light irradiance. The enzymatic process in the chloroplast stroma and light-induced reactions of photosynthesis are coupled at the photosystem I complex (PSI) which donates a strong reductant to stroma. Therefore we presumed that the algal PSI complex has a unique structure. Here we purified the ultra-pure PSI complex by using affinity column chromatography and resolved the structure by cryo-Electron microscopy at molecular resolution. From the structure, we propose the mechanism of highly efficient light-utilization in green algae.

2. New insights into the biogenesis process for the Light Harvesting Complex

The Light Harvesting Complex (LHC) is essential to harvest and converts a large amount of light energy. The CpSRP pathway has been recognized to be an important mechanism for LHC biogenesis and incorporation. However, through a series of precise and accurate biochemical analysis, we found that the antenna protein was slightly accumulated even in a CpSRP-pathway deficient strain. Therefore, one could suggest that there are unknown pathways other than the CpSRP pathway for the antenna protein incorporation.

RECTOR Program: (International Research Center Formation Program to Accelerate Okayama University Reform)

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) 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.* **127**: 394-402. (2019. 3.)
- (2) Matsushima, R. and Hisano, H. Imaging Amyloplasts in the Developing Endosperm of Barley and Rice. *Sci. Rep.* **9**: 3745. (2019. 3.)
- (3) Duan, J., Lee, K.P., Dogra, V., Zhang, S., Liu, K., Caceres-Moreno, C., Lv, S., Xing, W., Kato, Y., Sakamoto, W., Liu, R., Macho, A.P. and Kim, C. Impaired PSII proteostasis promotes retrograde signaling via salicylic acid. *Plant Physiol.* **180**: 2182-2197. (2019. 8.)
- (4) 坂本 亘・高見常明 オルガネラ DNA を自己分解して栄養分にする～細胞内共生から生じた種子植物の生存戦略～. *化学と生物* **57**: 478-483. (2019. 8.)
- (5) Kato, Y. and Sakamoto, W. Phosphorylation of the Chloroplastic Metalloprotease FtsH in *Arabidopsis* Characterized by Phos-Tag SDS-PAGE. *Front. Plant Sci.* **10**: 1080. doi: 10.3389/fpls.2019.01080 (2019. 9.)
- (6) Ohnishi, N., Wacera, F. and Sakamoto, W. Photosynthetic Responses to High Temperature and Strong Light Suggest Potential Post-flowering Drought Tolerance of Sorghum Japanese Landrace Takakibi. *Plant Cell Physiol.* **60**: 2086-2099. (2019. 9.)
- (7) Yamamoto, M., Nishimura, K., Kitashiba, H., Sakamoto, W. and Nishio, T. High temperature causes breakdown of S haplotype-dependent stigmatic self-incompatibility in self-incompatible *Arabidopsis thaliana*. *J. Exp. Bot.* **70**: 5745-5751. (2019. 10.)
- (8) 坂本 亘・高見常明 葉緑体 DNA 分解による種子植物のリン再利用戦略. *生化学* **91**: 785-789. (2019. 12.)
- (9) Busch, F.A., Tominaga, J., Muroya, M., Shirakami, N., Takahashi, S., Yamori, W., Kitaoka, T., Milward, S.E., Nishimura, K., Matsunami, E., Toda, Y., Higuchi, C., Muranaka, A., Takami, T., Watanabe, S., Kinoshita, T., Sakamoto, W., Sakamoto, A. and Shimada, H. Overexpression of BUNDLE SHEATH DEFECTIVE 2 improves the efficiency of photosynthesis and growth in *Arabidopsis*. *Plant J.* doi: 10.1111/tpj.14617 (2019. 11. Online preview)

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

- (1) 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 and Environment* **42**: 467-447. DOI: 10.1111/pce.13406 (2019. 2.)
- (2) Yamane, H., Wada, M., Honda, C., Matsuura, T., Ikeda, Y., Hirayama, T., Osako, Y., Gao-Takai, M., Kojima, M., Sakakibara, H. and Tao, R. Overexpression of *Prunus DAM6* inhibits growth, represses bud break competency of dormant buds and delays bud outgrowth in apple plants. *PLoS One* e0214788. doi.org/10.1371/journal.pone.0214788 (2019. 4.)
- (3) 森 泉 アマノリ類の植物ホルモン. *In* アマノリ生物学の最前線, 三上浩司編, *GlobeEdit* pp. 177-206. ISBN: 978-6139413577 (2019. 5.)
- (4) Takino, H., Kitajima, S., Hirano, S., Oka, M., Matsuura, T., Ikeda, Y., Kojima, M., Takebayashi, Y., Sakakibara, H. and Mino, M. Global transcriptome analyses reveal that infection with chrysanthemum stunt viroid (CSVd) affects gene expression profile of chrysanthemum plants, but the genes involved in plant hormone metabolism and signaling may not be silencing target of CSVd-siRNAs. *Plant Gene.* **18**: 100181. doi.org/10.1016/j.plgene.2019.100181 (2019. 6.)
- (5) Hieno, A., Naznin, H.A., Inaba-Hasegawa, K., Yokogawa, T., Hayami, N., Nomoto, M., Tada, Y., Yokogawa, T., Higuchi-Takeuchi, M., Hanada, K., Matsui, M., Ikeda, Y., Hojo, Y., Hirayama, T., Kusunoki, K., Koyama, H., Mitsuda, N. and Yamamoto, Y.Y. Transcriptome analysis and identification of a transcriptional regulatory network in the response to H₂O₂. *Plant Physiology* **160**: 1629-1646. doi.org/10.1104/pp.18.01426 (2019. 7.)
- (6) Biswas, M.S., Fukaki, H., Mori, I.C., Nakahara, K. and Mano, J. Reactive oxygen species and reactive carbonyl species constitute a feed-forward loop in auxin signaling for lateral root formation. *The Plant Journal* **100**: 536-548. doi: 10.1111/tpj.14456 (2019. 11.)
- (7) Mitalo, O., Tosa, Y., Tokiwa, S., Kondo, Y., Azimi, A., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I.C., Nakano, R., Akagi, T., Ushijima, K., Kubo, Y. 2019. 'Passe Crassane' pear fruit (*Pyrus communis* L.) ripening: Revisiting the role of low temperature via integrated physiological and transcriptome analysis. *Postharvest Biology and Technology* **158**: 110949. doi.org/10.1016/j.postharvbio.2019.110949 (2019. 12.)
- (8) 西村宜之・土屋 渉・平山隆志・山崎俊正 アブシシン酸が働くための新たな仕組み, 植物が生育環境の変化に適応するための生存戦略. *化学と生物* **57**: 736-742. (2019. 12.)

-
- (9) Matsuura, T., Mori, I.C., Himi, E. and Hirayama, T. Plant hormone profiling in developing seeds of common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Breeding Science* doi.org/10.1270/jsbbs.19030 (2019. 10. Online preview)
 - (10) Kanazawa, M., Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Lee, N.H., Yamato, K.T., Kohchi, T. and Hirayama, T. Regulation of the poly (A) status of mitochondrial mRNA by poly (A) specific ribonuclease is conserved among land plants. *Plant Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcz212 (2019. 11. Online preview)

環境機能分子開発グループ (Group of Functional Biomolecular Discovery)

- (1) Chiou, W.-Y., Kawamoto, T., Himi, E., Rikiishi, K., Sugimoto, M., Hayashi-Tsugane, M., Tsugane, K. and Maekawa, M. LARGE GRAIN encodes a putative RNA-binding protein that regulates spikelet hull length in rice. *Plant Cell Physiol.* **60**: 503-515. (2019. 1.)
- (2) 力石和英 コムギ種子休眠性遺伝子~突然変異系統の解析から見えてきたこと~穂発芽被害ゼロをめざして. 穂発芽研究会 20周年記念誌 p. 50-57. (2019. 8.)
- (3) Nishimura, H., Himi, E., Rikiishi, K., Tsugane, K. and Maekawa, M. Establishment of nDart1-tagged lines of Koshihikari, an elite variety of rice in Japan. *Breed. Sci.* doi.org/10.1270/jsbbs.19049 (2019. 11. Online preview)

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) 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 (2019. 1.)
- (2) Chang, M., Gu, M., Xia, Y., Dai, X., Dai, C., Zhang, J., Wang, S., Qu, H., Yamaji, N., Ma, J. F. and Xu, G. OsPHT1;3 mediates uptake, translocation, and remobilization of phosphate under extremely low phosphate regimes. *Plant Physiol.* **179**: 656-670. doi.org/10.1104/pp.18.01097 (2019. 2.)
- (3) Wang, W., Yamaji, N. and Ma, J. F. Molecular Mechanism of Cadmium Accumulation in Rice. *Cadmium Toxicity*, pp. 115-124. Springer, Singapore. doi.org/10.1007/978-981-13-3630-0_9 (2019. 2.)
- (4) 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.* **221**: 2013-2025. doi.org/10.1111/nph.15541 (2019. 3.)
- (5) Cai, H., Huang, S., Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. The tonoplast-localized OsHMA3 plays an important role in maintaining Zn homeostasis in rice. *J. Exp. Bot.* **70**: 2717-2725. doi.org/10.1093/jxb/erz091 (2019. 5.)
- (6) Lu, C., Zhang, L., Tang, Z., Huang, X. Y., Ma, J. F. and Zhao, F. J. Producing cadmium-free *Indica* rice by overexpressing *OsHMA3*. *Environment International* **126**: 619-626. doi.org/10.1016/j.envint.2019.03.004 (2019. 5.)
- (7) Coskun, D., Deshmukh, R., Sonah, H., Menzies, J. G., Reynolds, O., Ma, J. F., Kronzucker, H. J. and Bélanger, R. R. In defence of the selective transport and role of silicon in plants. *New Phytol.* **223**: 514-516. doi.org/10.1111/nph.15764 (2019. 7.)
- (8) Wang, S., Yokosho, K., Guo, R., Whelan, J., Ruan, Y. L., Ma, J. F. and Shou, H. The soybean sugar transporter GmSWEET15 mediates sucrose export from endosperm to early embryo. *Plant Physiol.* **180**: 2133-2141. doi.org/10.1104/pp.19.00641 (2019. 8.)
- (9) Yamaji, N. and Ma, J. F. Bioimaging of multiple elements by high-resolution LA-ICP-MS reveals altered distribution of mineral elements in the nodes of rice mutants. *Plant J.* **99**: 1254-1263. doi.org/10.1111/tpj.14410 (2019. 9.)
- (10) Peng, Y. Y., Liao, L. L., Liu, S., Nie, M. M., Li, J., Zhang, L. D., Ma, J. F. and Chen, Z. C. Magnesium deficiency triggers SGR-mediated chlorophyll degradation for magnesium remobilization. *Plant Physiol.* **181**: 262-275. doi.org/10.1104/pp.19.00610 (2019. 9.)
- (11) Che, J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. A vacuolar phytosiderophore transporter alters iron and zinc accumulation in polished rice grains. *Plant Physiol.* **181**: 276-288. doi.org/10.1104/pp.19.00598 (2019. 9.)
- (12) Fu, S., Lu, Y., Zhang, X., Yang, G., Chao, D., Wang, Z., Shi, M., Chen, J., Chao, D., Li, R., Ma, J. F. and Xia, J. The ABC transporter ABCG36 is required for cadmium tolerance in rice. *J. Exp. Bot.* **70**: 5909-5918. doi.org/10.1093/jxb/erz335 (2019. 10.)
- (13) Wang, Z., Yamaji, N., Huang, S., Zhang, X., Shi, M., Fu, S., Yang, G., Ma, J. F. and Xia, J. OsCASP1 is required for Casparian strip formation at endodermal cells of rice roots for selective uptake of mineral elements. *Plant Cell* **31**: 2636-2648. doi.org/10.1105/tpc.19.00296 (2019. 11.)
- (14) Schaller, J., Heimes, R., Ma, J. F., Meunier, J.-D., Shao, J. F., Fujii-Kashino, M. and Knorr, K. H. Silicon accumulation in rice plant aboveground biomass affects leaf carbon quality. *Plant and Soil* **444**: 399-407. doi.org/10.1007/s11104-019-04267-8 (2019. 11.)

-
- (15) Pommerrenig, B., Diehn, T. A., Bernhardt, N., Bienert, M. D., Mitani-Ueno, N., Fuge, J., Bieber, A., Spitzer, C., Bräutigam, A., Ma, J. F., Chaumont, F. and Bienert, G. P. Functional evolution of nodulin26-like Intrinsic proteins: from bacterial arsenic detoxification to plant nutrient transport. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.16217 (2019. 9. Online preview)
- (16) Wang, S., Li, L., Ying, Y., Wang, J., Shao, J. F., Yamaji, N., Whelan, J., Ma, J. F. and Shou, H. A transcription factor OsbHLH156 regulates Strategy II iron acquisition through localizing IRO2 to the nucleus in rice. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.16232 (2019. 10. Online preview)
- (17) Ding, G., Lei, G. J., Yamaji, N., Yokosho, K., Mitani-Ueno, N., Huang, S. and Ma, J. F. Vascular cambium-localized AtSPDT mediates xylem-to-phloem transfer of phosphorus for its preferential distribution in *Arabidopsis*. *Molecular Plant* doi.org/10.1016/j.molp.2019.10.002 (2019. 10. Online preview)
- (18) Sun, H., Duan, Y., Mitani-Ueno, N., Che, J., Jia, J., Liu, J., Guo, J., Ma, J. F. and Gong, H. Tomato roots have a functional silicon influx transporter, but not a functional silicon efflux transporter. *Plant, Cell & Environment* doi.org/10.1111/pce.13679 (2019. 11. Online preview)
- (19) Yu, E., Yamaji, N. and Ma, J. F. Altered root structure affects both expression and cellular localization of transporters for mineral element uptake in rice. *Plant and Cell Physiology* doi.org/10.1093/pcp/pcz213 (2019. 11. Online preview)
- (20) Wang, P., Yamaji, N., Inoue, K., Mochida, K. and Ma, J. F. Plastic transport systems of rice for mineral elements in response to diverse soil environmental changes. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.16335 (2019. 11. Online preview)

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

- (1) 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.* **60**: 107-115. (2019. 1.)
- (2) Tyerman, S.D., Munns, R., Fricke, W., Arsova, B., Bose, J., Bramley, H., Byrt, C., Chen, Z., Colmer, T.D., Cuin, T., Day, D.A., Foster, K.J., Gilliam, M., Henderson, S.W., Horie, T., Jenkins, C.L.D., Kaiser, B.N., Katsuhara, M., Plett, D., Miklavcic, S.J., Roy, S.J., Rubio, F., Shabala, S., Shelden, M., Soole, K., Taylor, N.L., Tester, M., Watt, M., Wege, S., Wegner, L.H. and Wen, Z. Energy costs of salinity tolerance in crop plants. *New Phytologist* **221**: 25-29. (2019. 1.)
- (3) 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* **278**: 54-63. (2019. 1.)
- (4) Tada, Y., Endo, C., Katsuhara, M., Horie, T., Shibasaki, 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* **60**: 176-187. (2019. 1.)
- (5) Seldimirova, O.A., Kudoyarova, G.R., Katsuhara, M., Galin, I.R., Zaitsev, D.Y., Kruglova, N.N., Veselov, D.S. and Veselov, S.Y. Dynamics of the contents and distribution of ABA, auxins and aquaporins in developing caryopses of an ABA-deficient barley mutant and its parental cultivar. *Seed Science Research* **29**: 261-269. (2019. 12.)
- (6) Imran, S., Horie, T. and Katsuhara, M. Expression and Ion Transport Activity of Rice OsHKT1;1 Variants. *Plants* doi.org/10.3390/plants9010016 (2019. 12. 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) Andika, I. B., Kondo, H. and Suzuki, N. Dicer functions transcriptionally and post-transcriptionally in a multilayer antiviral defense. *PNAS USA* **116**: 2274-2281. doi/10.1073/pnas.1812407116 (2019. 2.)
- (2) Shahi, S., Eusebio-Cope, A., Kondo, H., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Investigation of host range of and host defense against a mitochondrially replicating mitovirus. *J. Virol.* **93**: e01503-18. DOI:10.1128/JVI.01503-18 (2019. 3.)
- (3) Yang, Q., Zhang, Y., Andika, I.B., Liao, Z., Kondo, H., Lu, Y., Cheng, Y., Li, L., He, Y., He, Y., Qi, Y., Sun, Z., Wu, Y., Yan, F., Chen, J. and Li, J. Horizontal transfer of a retrotransposon from the rice planthopper to the genome of an insect DNA virus. *J. Virol.* **93**: e01516-18. (2019. 3.)
- (4) Tomonaga, K., Suzuki, N. and Berkhout, B. Integration of viral sequences into eukaryotic host genomes: legacy of ancient infections. *Virus Research* **262**: 1. doi: doi.org/10.1016/j.virusres.2018.12.012 (2019. 3.)
- (5) Shamsi, W., Sato, Y., Atif, J., Shahi, S., Kondo, H., Suzuki, N. and Bhatti, F. M. Molecular and biological characterization of a novel botybirnavirus identified from a Pakistani isolate of *Alternaria alternata*. *Virus Research* **263**: 119-128. (2019. 4.)

-
- (6) Maes, P., et al. Taxonomy of the order *Mononegavirales*—second update 2018. *Archives of Virology* **164**: 1233-1244. (2019. 4.)
 - (7) Aulia, A., Eusebio-Cope, A., Andika, I. B., Kondo, H., Hillman, B. I. and Suzuki, N. A symptomless hypovirus, CHV4, facilitates stable infection of the chestnut blight fungus by a coinfecting reovirus likely through suppression of antiviral RNA silencing. *Virology* **533**: 99-107. doi: 10.1016/j.virol.2019.05.004 (2019. 5.)
 - (8) Huan, L., Bian, R., Liu, Q., Yang, L., Pang, T., Salaipeth, L., Andika, I.B., Kondo, H., and Sun, L. Identification of a novel hypovirulence-inducing hypovirus from *Alternaria alternata*. *Frontiers in Microbiology* **10**: 1076. (2019. 5.)
 - (9) Wei, S., Bian, R., Andika, I.B., Niu, E., Liu, Q., Kondo, H., Yang, L., Zhou, H., Pang, T., Lian, Q., Wu, Y., Liu, X. and Sun, L. Symptomatic plant viroid infections in phytopathogenic fungi. *PNAS USA* **116**: 13042-13050. (2019. 6.)
 - (10) Dietzgen, R.G., Jiāng, D., Kondo, H., Kuhn, J.H., Vasilakis, N. and ICTV Report Consortium. *Nyamiviridae*. Virus Taxonomy: The Classification and Nomenclature of Viruses. *The Online (10th) Report of the ICTV*: www.ictv.global/report/nyamiviridae (2019. 6.)
 - (11) Lin, Y-H., Fujita, M., Hyodo, K., Andika, I.B., Suzuki, N. and Kondo, H. Two novel negative-strand RNA mycoviruses related to mymonaviruses and phenuiviruses in the Shiitake mushroom (*Lentinula edodes*). *Virology* **533**: 125-136. (2019. 7.)
 - (12) Komatsu, A., Kondo, H., Sato, M., Kurahashi, A., Nishibori, K., Suzuki, N. and Fujimoria, F. Isolation and characterization of novel mycovirus from *Grifola frondosa*. *Mycoscience* **60**: 211-220. (2019. 7.)
 - (13) Amarasinghe, G.K. Taxonomy of the order *Mononegavirales*—update 2019. *Archives of Virology* **164**: 1967–12980. (2019. 7.)
 - (14) Jamal, A., Sato, Y., Shahi, S. Shamsi, W., Kondo, H. and Suzuki, N. Novel Victorivirus from a Pakistani isolate of *Alternaria alternata* lacking a typical translational stop/restart sequence signature. *Viruses* **11**: 577. (2019. 7.)
 - (15) Ohkita, S., Lee, Y., Nguyen, Q., Ikeda, K., Suzuki, N. and Nakayashiki, H. Three ourmia-like viruses and their associated RNAs in *Pyricularia oryzae*. *Virology* **534**: 25-35. (2019. 8.)
 - (16) Sato, Y., Miyazaki, N., Kanematsu, S., Ghabrial, S. A., Hillman, B. I., Suzuki, N. and ICTV Report Consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: Megabirnaviridae. *Journal of General Virology* **100**: 1269-1270. doi: 10.1099/jgv.0.001297 (2019. 9.)
 - (17) Watanabe, T., Suzuki, N., Tomonaga, K., Sawa, H., Matsuura, Y., Kwaguchi, Y., Takahashi, H., Nagasaki, K. and Kawaoka, Y. Neo-virology: The raison d'être of viruses. *Virus Research* **274**: 197751. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2019.197751 (2019. 11.)
 - (18) Sun, L., Suzuki, N., Jiang, D., Turina, M. and Xie, J. Editorial: Frontiers in fungal virus research. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* https://www.frontiersin.org/research-topics/7819/frontiers-in-fungal-virus-research (2019. 12.)

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

- (1) Wari, D., Alamgir, KMd., Mujiono, K., Hojo, Y., Shinya, T., Tani, A., Nakatani, H. and Galis, I. Honeydew-associated microbes elicit defense responses against brown planthopper in rice. *J. Exp. Bot.* **70**: 1683-1696. doi.org/10.1093/jxb/erz041 (2019. 2.)
- (2) Iida, J., Desaki, Y., Hata, K., Uemura, T., Yasuno, A., Islam, M., Maffei, M.E., Ozawa, R., Nakajima, T., Galis, I. and Arimura, G. Tetransins: new putative spider mite elicitors of host plant defense. *New Phytologist* **224**: 875-885. doi.org/10.1111/nph.15813 (2019. 3.)
- (3) Mitalo, O.W., Tokiwa, S., Kondo, Y., Otsuki, T., Galis, I., Suezawa, K., Kataoka, I., Doan, A.T., Nakano, R., Ushijima, K. and Kubo, Y. Low temperature storage stimulates fruit softening and sugar accumulation without ethylene and aroma volatile production in kiwifruit. *Frontiers in Plant Science* **10**: 888. doi: 10.3389/fpls.2019.00888 (2019. 7.)
- (4) Wari, D., Alamgir, KMd., Mujiono, K., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Nakatani, H. and Galis, I. Brown planthopper honeydew-associated symbiotic microbes elicit momilactones in rice. *Plant Signaling and Behavior* **14**: 1655335. https://doi.org/10.1080/15592324.2019.1655335 (2019. 8.)
- (5) Mitalo, O.W., Tosab, Y., Tokiwa, S., Kondo, Y., Azimi, A., Hojo, Y., Matsuura, T., Mori, I.C., Nakano, R., Akagi, T., Ushijima, K. and Kubo, Y. 'Passe Crassane' pear fruit (*Pyrus communis* L.) ripening: Revisiting the role of low temperature via integrated physiological and transcriptome analysis. *Postharvest Biology and Technology* **158**: 110949. doi.org/ 10.1016/j.postharvbio.2019.110949 (2019. 12.)

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

- (1) Wari, D., Alamgir, KMd., Mujiono, K., Hojo, Y., Shinya, T., Tani, A., Nakatani, H. and Galis, I. Honeydew-associated microbes elicit defense responses against brown planthopper in rice. *J. Exp. Bot.* **70**: 1683-1696. doi.org/10.1093/jxb/erz041 (2019. 2.)

-
- (2) Hamba, Tola, Y., Fujitani, Y. and Tani, A. Bacteria with natural chemotaxis towards methanol revealed by chemotaxis fishing technique. *Biosci. Biotech. Bioeng.* **83**: 2163-2171 (2019. 7.)
 - (3) Ueki, S. Phylogeographic characteristics of hypervariable regions in the mitochondrial genome of a cosmopolitan, bloom-forming raphidophyte, *Heterosigma akashiwo*. *Journal of Phycology* **55**: 858-867. (2019. 8.)
 - (4) Wari, D., Alamgir, K.Md., Mujiono, K., Hojo, Y., Tani, A., Shinya, T., Nakatani, H. and Galis, I. Brown planthopper honeydew-associated symbiotic microbes elicit momilactones in rice. *Plant Signaling and Behavior* **14**: 1655335. <https://doi.org/10.1080/15592324.2019.1655335> (2019. 8.)
 - (5) Wang, L., Suganuma, S., Hibino, A., Mitsui, R., Tani, A., Matsumoto, T., Ebihara, A., Fitriyanto, A.N., Pertiwinigrum, A., Shimada, M., Hayakawa, T. and Nakagawa, T. Lanthanide-dependent methanol dehydrogenase from the legume symbiotic nitrogen-fixing bacterium *Bradyrhizobium diazoefficiens*. *Enz. Microb. Techn.* **130**: 109371. (2019. 11.)
 - (6) Miyazawa, D., Thanh, L.T.H., Tani, A., Shintani, M., Loc, N.H., Hatta, T. and Kimbara, K. Isolation and characterization of genes responsible for naphthalene degradation from thermophilic naphthalene degrader, *Geobacillus* sp. JF8. *Microorganisms* **8**: E44. (2019. 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) Matsushima, R. and Hisano, H. Imaging Amyloplasts in the Developing Endosperm of Barley and Rice. *Sci. Rep.* **9**: 3745. (2019. 3.)
- (2) 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.* **17**: 836-845. (2019. 4.)
- (3) Miki, Y., Yoshida, K., Mizuno, N., Nasuda, S., Sato, K. and Takum, S. Origin of wheat B-genome chromosomes inferred from RNA sequencing analysis of leaf transcripts from section Sitopsis species of *Aegilops*. *DNA Res.* **26**: 171-182. (2019. 4.)
- (4) Tanaka, T., Ishikawa, G., Ogiso-Tanaka, E., Yanagisawa, T. and Sato, K. Development of Genome-Wide SNP Markers for Barley via Reference-Based RNA-Seq Analysis. *Frontiers in Plant Sci.* **10**: 577. doi: 10.3389/fpls.2019.00577 (2019. 5.)
- (5) 那須田周平・佐藤 豊・久野 裕・佐藤和広・小松田隆夫・石川 亮・橋口正嗣・鈴木章弘・星川 健・伊藤 瑛海 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。 *育種学研究* **21**: 81-85. (2019. 5.)
- (6) Abe, F., Haque, E., Hisano, H., Tanaka, T., Kamiya, Y., Mikami, M., Kawaura, K., Endo, M., Onishi, K., Hayashi, T. and Sato, K. Genome-Edited Triple-Recessive Mutation Alters Seed Dormancy in Wheat. *Cell Rep.* **28**: 1362-1369. (2019. 7.)
- (7) Michikawa, A., Yoshida, K., Okada, M., Sato, K. and Takumi, S. Genome-wide polymorphisms from RNA sequencing assembly of leaf transcripts facilitate phylogenetic analysis and molecular marker development in wild einkorn wheat. *Mol. Genet. Genomics* **294**: 1327-1341. (2019. 10.)

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

- (1) Wakai, N., Yamashita, J., Enomoto, T., Hanafusa, T., Ono, T. and Maeda, M. Factors affecting ¹³⁷Cs concentration in wild plants and soils of different land use in Iitate village after the Fukushima nuclear plant accident. *Radiation Safety Management* **18**: 1-8. (2019. 2.)
- (2) Takaishi, A., Kozhevnikov, A.E., Kozhevnikova, Z.V., Ikeda, H., Fujii, N. and Soejima, A. Phylogeography of *Pulsatilla cernua* (Ranunculaceae), a grassland species, in Japan. *Ecology and Evolution* **9**: 7262-7272. (2019. 6.)
- (3) Oda, J., Fuse, S., Yamashita, J. and Tamura, M. N. Phylogeny and taxonomy of *Carex* (Cyperaceae) in Japan I. C. sect. *Rarae*. *Acta Phytotaxonomica et Geobotanica* **70(2)**: 69-85. (2019. 6.)

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

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* **51**: 319-326. (2019. 2.)

-
- (2) 武田 真・吉川貴徳・本多一郎・吉田 均 イネとオオムギのボタニカルトーク (作物対話) : 形態篇. *育種学研究* **21**: 69-74. (2019. 6)
 - (3) Ube, N., Harada, D., Katsuyama, Y., Osaki, K., Tonooka, T., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Identification of phenylamide phytoalexins and characterization of inducible phenylamide metabolism in wheat. *Phytochemistry* **167**: 112098. (2019. 8.)
 - (4) Ube, N., Yabuta, Y., Tohnooka, T., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Biosynthesis of phenylamide phytoalexins in pathogen-infected barley. *International Journal of Molecular Sciences* **20**: 5541. (2019. 11.)

統合ゲノム育種グループ (*Group of Integrated Genomic Breeding*)

- (1) Samadi, A. F., Suzuki, H., Ueda, T., Yamamoto, T., Adachi, S. and Ookawa, T. Identification of quantitative trait loci for breaking and bending types lodging resistance in rice, using recombinant inbred lines derived from Koshihikari and a strong culm variety, Leaf Star. *Plant Growth Regulation* **89**(1): 83-98. (2019. 1.)
- (2) Sun, J., Ma, D., Tang, L., Zhao, M., Zhang, G., Wang, W., Song, J., Li, X., Liu, Z., Zhang, W., Xu, Q., Zhou, Y., Wu, J., Yamamoto, T., Dai, F., Li, S., Zhou, G., Zheng, H., Xu, Z. and Chen, W. Population Genomic Analysis and De novo Assembly Reveal the Origin of Weedy Rice as an Evolutionary Game. *Mol. Plant* **12**(5): 632-647. (2019. 5.)
- (3) Adachi, S., Yamamoto, T., Nakae, T., Yamashita, M., Uchida, M., Karimata, R., Ichihara, N., Soda, K., Ochiai, T., Ao, R., Otsuka, C., Nakano, R., Takai, T., Ikka, T., Kondo, K., Ueda, T., Ookawa, T. and Hirasawa, T. Genetic architecture of leaf photosynthesis in rice revealed by different types of reciprocal mapping populations. *Journal of Experimental Botany* **70**(19): 5131-5144. (2019. 6.)
- (4) Nomura, T., Arakawa, N., Yamamoto, T., Ueda, T., Adachi, S., Yonemaru, J., Abe, A., Takagi, H. and Ookawa, T. Next generation long-culm rice with superior lodging resistance and high grain yield, Monster Rice 1. *PLoS ONE* **14**(8): e0221424. (2019. 8.)
- (5) Ogawa, D., Sakamoto, T., Tsunematsu, H., Yamamoto, T., Kanno, N., Nonoue, Y. and Yonemaru, J. Surveillance of panicle positions by unmanned aerial vehicle to reveal morphological features of rice. *PLoS ONE* **14**(10): e0224386. (2019. 10.)
- (6) Kuya, N., Sun, J., Iijima, K., Venuprasad, R. and Yamamoto, T. Novel method for evaluation of anaerobic germination in rice and its application to diverse genetic collections. *Breeding Science* <https://doi.org/10.1270/jsbbs.19003> (2019. 10. Online preview)
- (7) San, N. S., Suzuki, K., Soda, K., Adachi, S., Kasahara, H., Yamamoto, T., Ikka, T., Kondo, K., Yamanouchi, U., Sugimoto, K., Nagamura, Y., Hirasawa, T. and Ookawa, T. *Semi-dwarf 1 (sd1)* gene enhances light penetration into the canopy through regulating leaf inclination angle in rice. *Field Crops Research* <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2019.107694> (2019. 12. Online preview)

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) Yamada, K., Nitta, T., Atsugi, K., Shiroyama, M., Inoue, K., Higuchi, C., Nitta, N., Oshiro, S., Mochida, K., Iwata, O., Ohtsu, I. and Suzuki, K. Characterization of sulfur-compound metabolism underlying wax-ester fermentation in *Euglena gracilis*. *Scientific Reports* **9**: 853. (2019. 1.)
- (2) Nomura, T., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Yamada, K., Iwata, O., Suzuki, K. and Mochida, K. Highly efficient transgene-free targeted mutagenesis and single-stranded oligodeoxynucleotide-mediated precise knock-in in the industrial microalga *Euglena gracilis* using Cas9 ribonucleoproteins. *Plant Biotechnology Journal* **17**: 2032-2034. (2019. 5.)
- (3) Onda, Y., Inoue, K., Sawada, Y., Shimizu, M., Takahagi, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Hirai, M. Y., Garvin, D. F. and Mochida, K. Genetic Variation for Seed Metabolite Levels in *Brachypodium distachyon*. *International Journal of Molecular Sciences* **20**: 2348. (2019. 9.)
- (4) Wang, P., Yamaji, N., Inoue, K., Mochida, K. and Ma, J. F. Plastic transport systems of rice for mineral elements in response to diverse soil environmental changes. *New Phytologist* doi.org/10.1111/nph.16335 (2019. 11. 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) 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 and Cell Physiology* **60**: 176-187. (2019. 1.)
- (2) 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* **278**: 54-63. (2019. 1.)
- (3) Tyerman, S.D., Munns, R., Fricke, W., Arsova, B., Bose, J., Bramley, H., Byrt, C., Chen, Z., Colmer, T.D., Cuin, T., Day, D.A., Foster, K.J., Gilliam, M., Henderson, S.W., Horie, T., Jenkins, C.L.D., Kaiser, B.N., Katsuhara, M., Plett, D., Miklavcic, S.J., Roy, S.J., Rubio, F., Shabala, S., Shelden, M., Soole, K., Taylor, N.L., Tester, M., Watt, M., Wege, S., Wegner, L.H. and Wen, Z. Energy costs of salinity tolerance in crop plants. *New Phytologist* **221**: 25-29. (2019. 1.)
- (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.* **60**: 107-115. (2019. 1.)
- (5) 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 and Environment* **42**: 467-447. DOI: 10.1111/pce.13406 (2019. 2.)

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) Nagaki, K. and Yamaji, N. Decrosslinking enabled visualization of RGEN-ISL signals for DNA sequences in plant tissues. *J. Exp. Bot.* doi.org/10.1093/jxb/erz534 (2019. 11. Online preview)

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Suga, M., Ozawa, S. I., Yoshida-Motomura, K., Akita, F., Miyazaki, N. and Takahashi, Y. Structure of the green algal photosystem I supercomplex with a decameric light-harvesting complex I. *Nature Plants* **5(6)**: 626-636. (2019. 6.)
- (2) Bujaldon, S., Kodama, N., Rathod M.K., Tourasse, N., Ozawa, S.-I., Sellés, J., Vallon, O., Takahashi, Y. and Wollman, F.-A. The BF4 and p71 antenna mutants from *Chlamydomonas reinhardtii*. *BBA-Bioenergetics* doi: 10.1016/J.BBABIO.2019.148085 (2019. 10. Online preview)
- (3) Kosugi, M., Ozawa, S.-I., Takahashi, Y., Kamei, Y., Itoh, S., Kudoh, S., Kashino, Y. and Koike, H. Red-shifted chlorophyll a bands allow uphill energy transfer to photosystem II reaction centers in an aerial green alga, *Prasiola crista*, harvested in Antarctica. *BBA-Bioenergetics* doi: 10.1016/J.BBABIO.2019.148139 (2019. 12. Online preview)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

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

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

- (1) Sakamoto, W. Chloroplast DNA Degradation and Phosphate Reservoir. Chloroplast Biotechnology, Gordon Research Conference -Redesigning Plastids for Novel Functions-, Ventura, California, USA, Jan. 6-11, 2019.
- (2) Nishimura, K., Takami, T., Kato, Y. and Sakamoto, W. Chloroplast protein degradation and beyond: FtsH and the possible fate of degradation products. Special Seminar at UC Berkeley, Berkeley, California, USA, Jun. 10, 2019.
- (3) Sakamoto, W. Photo-oxidative damage of Photosystem II and specific degradation of D1 reaction center protein by FtsH protease. The 9th Asia-Oceania Conference on Photobiology, Qingdao, China, Sep. 21-24, 2019.
- (4) Kato, Y. and Sakamoto, W. Degradation of photo-damaged D1 in the PSII repair and FtsH. Japan-America Seminar, Kyoto, Japan, Oct. 1-3, 2019.
- (5) Kato, Y. FtsH and D1 degradation in PSII repair cycle. International Symposium -Photosynthesis Research for the Future-, Okayama, Japan, Nov. 19-20, 2019.
- (6) Sakamoto, W. Inhibition and protection of photosynthetic components in chloroplasts. 2019 Taiwan Society of Plant Biologists Annual Conference, Keynote Speech, Taipei, Taiwan, Nov. 23-24, 2019.
- (7) Sakamoto, W. VIPP1 Protein and its Possible Role in Chloroplasts. Biogenesis of Thylakoid Membranes: Spatiotemporal Organization of Photosynthetic Protein Complex Assembly, 2nd International Meeting DFG, Research Unit FOR2092, Tegernsee, Germany, Nov. 27-30, 2019.

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

- (1) Hirayama, T., Saisho, D., Takahagi, K., Matsuura, T., Kanatani, A., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Shimizu, M. and Mochida, K. Physiological dynamics across diverse barley accessions under field condition illustrated by combined hormone and transcriptome profiling. Phenome 2019, Tucson, Arizona, USA, Feb. 6-9, 2019.
- (2) Saisho, D., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K., Ikeda, Y. and Hirayama, T. Phenotypic plasticity of barley developmental trajectory. Phenome 2019, Tucson, Arizona, USA, Feb. 6-9, 2019.
- (3) Mamiya, A., Otsuka, K., Kobayashi, K., Yagi, Y., Nakamura, T., Hirayama, T. and Sugiyama, M. Analysis of mitochondrial RNA processing factors involved in lateral root development. Post-transcriptional Gene Regulation in Plants 2019 Nara, Nara, Japan, Mar. 18-19, 2019.
- (4) Kanazawa, M., Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, R., Yamato, K.T., Kohchi, T. and Hirayama, T. Regulation of the poly(A) status of mitochondrial mRNA is conserved among land plants. Post-transcriptional Gene Regulation in Plants 2019 Nara, Nara, Japan, Mar. 18-19, 2019.
- (5) Ooi, L., Matsuura, T. and Mori, I.C. The potential involvement of hormonal regulation in SO₂-induced stomatal closure. The Keystone symposia - Climate change-linked stress tolerance in plants. Hannover, Germany, May 13-16, 2019.
- (6) Mori, I.C., Nobukiyo, Y., Nakahara, Y., Shibusaka, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. The Na⁺/K⁺-coactivated Na⁺/K⁺-permeable CNGC in barley. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Glasgow, UK, July 7-12, 2019.
- (7) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Moresco, J.J., Hayashi, Y., Satoh, K., Kaiwa, N., Irisa, T., Kinoshita, T., Schroeder, J.I., Yates, J.R. 3rd, Hirayama, T. and Yamazaki, T. A regulatory system of seed dormancy and germination regulated by abscisic acid signaling. 6th Workshop on the Molecular Aspects of Seed Dormancy and Germination, Wageningen, Netherland, Sep. 22-25, 2019.
- (8) Mori, I. Many ways for cadmium to enter into rice body. Jilin University College of Plant Science Symposium, Jilin, China, Oct. 17, 2019.

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. Reducing accumulation of cadmium and arsenic in rice grain through manipulation of transporters. The 15th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements, Nanjing, China, May 5-9, 2019.
- (2) Ma, J. F., Yamaji, N. and Sasaki, A. Zinc transporters for uptake, translocation and distribution in rice. The 15th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements, Nanjing, China, May 5-9, 2019.
- (3) Huang, S. and Ma, J. F. Silicon accumulated in shoots decreases zinc uptake in rice. The 15th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements, Nanjing, China, May 5-9, 2019.

-
- (4) Wang, P. T. and Ma, J. F. QTL Analysis for As accumulation in rice. The 15th International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements, Nanjing, China, May 5-9, 2019.
 - (5) Ma, J. F. Ion homeostasis in rice. Gordon Research Conference on Organellar Channels and Transporters 2019, Mount Snow, USA, August 4-9, 2019.
 - (6) Che, J., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Miyaji, T. and Ma, J. F. OsPHO1;2 is required for P allocation to the rice grain. Gordon Research Conference on Organellar Channels and Transporters 2019, Mount Snow, USA, August 4-9, 2019.
 - (7) Huang, S. and Ma, J. F. Analysis of metal transporters up- and down-regulated by silicon in rice. Gordon Research Conference on Organellar Channels and Transporters 2019, Mount Snow, USA, August 4-9, 2019.
 - (8) Ma, J. F. Molecular mechanisms of cadmium transport in rice. How to reduce cadmium accumulation in rice grain. The 16th International Phytotechnology Conference: Phytotechnologies for Food Safety & Environmental Health, Changsha, China, Sep. 23-27, 2019.
 - (9) Ma, J. F. New approaches for increasing density and availability of zinc and iron in rice grain. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (10) Yamaji, N., Yokosho, K., Sasaki, A. and Ma, J. F. OsOPT7 involved in Fe distribution. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (11) Yokosho, K., Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of OsBBPIs, a putative ART1-interactive protein in rice. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (12) Lei, G. J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of two metallothionein genes highly expressed in rice nodes. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (13) Yu, E., Yamaji, N. and Ma, J. F. Altered root structure affects both expression and cellular localization of transporters for mineral element uptake in rice. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (14) Huang, S., Yamaji, N., Xia, J. and Ma, J. F. Casparian strip in rice roots play an important role in selective uptake of mineral elements. The 17th International Symposium on Rice Functional Genomics, Taipei, Taiwan, Nov. 4-6, 2019.
 - (15) Ma, J. F. Reducing phytic acid and cadmium in rice grain for human health. The 1st International Symposium of Animal & Plant Health and Quality & Safety of Agro-products, Ningbo, China, Nov. 16-18, 2019.
 - (16) Ma, J. F. Transport system for mineral elements uptake and translocation in plants. Plant Nutrition Workshop, Xishuangbanna, China, Nov. 23-29, 2019.
 - (17) Ma, J. F. Regulation of mineral transporters in response to environmental changes. Plant Nutrition Workshop, Xishuangbanna, China, Nov. 23-29, 2019.
 - (18) Ma, J. F. Manipulation of transporters for better and safe crop production. Plant Nutrition Workshop, Xishuangbanna, China, Nov. 23-29, 2019.

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

- (1) Katsuhara, M. Regulation of water transport and sodium influx in plant cells. Jilin University College of Plant Science Symposium, Jilin, China, Oct. 17, 2019.

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., Andika, I. B. and Kondo, H. Dicer functions transcriptionally and post-transcriptionally in a multilayer antiviral defense. European Congress of Virology, Rotterdam, Netherland, April 29-May 1, 2019.
- (2) Eusebio-Cope, A., Budot, B., Guinto, T., Urzo, M. L., Jonson, G., Yanoria, M. J., Oliva, R., Kondo, H. and Suzuki, N. Detection of mycoviruses in phytopathogenic fungi causing disease of rice. Philippine Phytopathological Society Pest Management Council of the Philippines, Inc. PMCP 2019, Palawan, Philippines, July 2-5, 2019.
- (3) 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. The Annual Meeting of the American Society for Virology 2019, Minneapolis, USA, July 20-24, 2019.
- (4) Sato, Y., Shamsi, W., Jamal, A., Bhatti, M. F., Kondo, H. and Suzuki, N. Characterization of a novel fungal polymycovirus with a potential neo-virus lifestyle. The Annual Meeting of the American Society for Virology 2019, Minneapolis, USA, July 20-24, 2019.
- (5) Suzuki, N., Andika, I. B. and Kondo, H. Dicer-mediated transcriptional and post-transcriptional antiviral defense. The Annual Meeting of the American Society for Virology 2019, Minneapolis, USA, July 20-24, 2019.

-
- (6) Suzuki, N. Dual functionality of fungal Dicer in multilayer antiviral defense. International Symposium on Virus Diseases of Important Crops, Taichung, Taiwan, September 3-5, 2019.
 - (7) Hyodo, K. A virus infection modulates plant immunity against bacterial and fungal pathogens. The 18th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Hyogo, Japan, September 10-13, 2019.
 - (8) Aulia, A., Tabara, M., Andika, I. B., Telengech, P., Fukuhara, T. and Suzuki, N. Reporter system for antiviral RNA silencing in a model filamentous fungus host. Asian Mycological Congress 2019, Tsu, Japan, October 1-4, 2019.
 - (9) Das, S., Alam, M., Zhang, R., Hisano, S., Sato, Y., Kondo, H. and Suzuki, N. 2A-like protease activity is essential for replication and viability of yado-kari virus 1 hosted by yado-nushi virus 1. Asian Mycological Congress 2019, Tsu, Japan, October 1-4, 2019.
 - (10) Aulia, A., Andika, I. B., Kondo, H., Hillman, B. I. and Suzuki, N. A symptomless hypovirus, CHV4, facilitates stable infection of the chestnut blight fungus by a coinfecting reovirus likely through suppression of antiviral RNA silencing. Asian Mycological Congress 2019, Tsu, Japan, October 1-4, 2019.
 - (11) Kondo, H., Lin, Y-H., Fujita, M., Hyodo, K., Andika, I.B. and Suzuki, N. Two novel negative-strand RNA mycoviruses related to mymonaviruses and phenoviruses in the Shiitake mushroom. AMC2019, Satellite Meeting: Neomycovirology, Tsu, Japan, October 4-5, 2019.
 - (12) Suzuki, N. Mycoviruses in *C. parasitica* and their biological control potential. International Symposium on Cryphonectria and Mycoviruses, Birmensdorf, Switzerland, November 14, 2019.

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

- (1) Shinya, T. Sensing of herbivores by plants - self damage and insect elicitors. 35th IPSR International Symposium and 11th Symposium on Plant Stress Science, Kurashiki, Japan, Mar. 4-5, 2019.
- (2) Katsuhiko, S., Marina, Y., Tino, K., Sumiyo, Y., Yuko, H., Takakazu, M., Izumi, C. M., Lukas, S. and Toshihito, Y. Abscisic acid is required for root suberization at the exodermis to form a barrier to radial oxygen loss in rice (*Oryza sativa*). 13th International Society of Plant Anaerobiosis Conference, Taipei, Taiwan. June 2-5, 2019.
- (3) Wada M., Shinya T., Galis I., Ozawa R., Arimura G., Mori M., Nojiri H. and Okada K. Regulators of stress-inducible prenyldiphosphate synthases that define types of terpenoids production in rice. 14th International Meeting on the Biosynthesis, Function and Synthetic Biology of Isoprenoids (TERPNET) 2019, Halle (Saale), Germany, Aug. 26-30, 2019.

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

- (1) Yanpirat, P. and Tani A. Lanthanide-dependent methylotrophic pathways in *Methylobacterium aquaticum* 22A. ASME and TSME Meeting 2019, Taichung, Taiwan, May 11-13, 2019.

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) Saisho, D., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K., Ikeda, Y. and Hirayama, T. Phenotypic plasticity of barley developmental trajectory. Phenome 2019, Tucson, Arizona, USA, Feb. 6-9, 2019.
- (2) Wei, B., Moscou, M., Sato, K., Strelkov, S. and Aboukhaddour, R. The Ptr-barley interaction is specific and is controlled by a single locus. The International Symposium on Cereal Leaf Blights, Dublin, Ireland, May 22-24, 2019.
- (3) Morishige, H., Tanaka, T., Ono, Y., Sato, K., Wu, J., Komatsuda, T. and Nakamura, S. Effects of the two major seed dormancy QTL from wild barley 'H602' (*Hordeum vulgare spontaneum*) in the genetic background of the malting barley cultivar 'Kanto Nakate Gold'. International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals, Chengdu, China, July 30- August 2, 2019.
- (4) Hisano, H. and Sato, K. National Bioresource Project -Barley- Resources to access barley genome diversity. The 11th Asian Network of Research Resource Centers Meeting, Los Banos, Laguna, Philippines, October 16-18, 2019.

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

- (1) Yamashita, J. Wild plant seedbank of the Institute of Plant Science and Resources, Okayama University. International Symposium: Conservation of Plant Diversity in the East Asia Islands: toward Strengthen the Effectiveness of Ex-situ Conservation, Tokyo, Japan, May 13, 2019.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

統合ゲノム育種グループ (*Group of Integrated Genomic Breeding*)

- (1) Kuya, N. and Yamamoto, T. Diversity and QTL analysis of anaerobic germination in lowland NERICA. 35th IPSR Symposium and 11th Plant Stress Symposium, Kurashiki, Japan, Mar. 4-5, 2019.

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

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. The Na⁺/K⁺-coactivated Na⁺/K⁺-permeable CNGC in barley. 19th International Workshop on Plant Membrane Biology, Glasgow, UK, July 7-12, 2019.
- (2) Mori, I.C. Many ways for cadmium to enter into rice body. Jilin University College of Plant Science Symposium, Jilin, China, Oct. 17, 2019.
- (3) Katsuhara, M. Regulation of water transport and sodium influx in plant cells. Jilin University College of Plant Science Symposium, Jilin, China, Oct. 17, 2019.
- (4) Ooi, L, Matsuura, T. and Mori, I.C. The potential involvement of hormonal regulation in SO₂-induced stomatal closure. The Keystone symposia - Climate change-linked stress tolerance in plants. Hannover, Germany, May 13-16, 2019.

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) Takumi, S., Michikawa, A., Miki, Y., Tanaka, S., Okada, M., Nagaki, K., Sato, K., Ikeda, T., Yoshida, K. and Matsuoka, Y. Production and phenotypic analysis of synthetic allohexaploid lines having durum wheat and wild diploid relative genomes. 1st International Wheat Congress, Saskatchewan, Canada, July 21-26, 2019.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) Ozawa, S.I., Suga, M., Bald, T., Takahashi, H., Akita, F., Miyazaki N., Hippler, M. and Takahashi, Y. Antenna of green algal Photosystem I complex. Research Institute for Interdisciplinary Science International symposium-Photosynthesis Research for the Future-, Okayama, Japan, November 19-20, 2019.

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)

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

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

- (1) 加藤裕介・Dogra Vivek・Li Mingyue・黒田洋詩・高橋裕一郎・Kim Chanhong・坂本 亘 光化学系 II 修復サイクルにおける D1 タンパク質の酸化修飾の影. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) 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解析. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (3) 塩屋健一・大西紀和・坂本 亘 葉緑体膜機能維持に関わる VIPP1 の GTPase 活性の解析. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (4) 高見常明・山谷浩史・草場 信・坂本 亘 イネにおけるオルガネラ DNA 分解酵素 DPD1 の機能解析. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (5) 加藤裕介・Dogra Vivek・Li Mingyue・黒田洋詩・高橋裕一郎・齊藤圭亮・石北 央・Kim Chanhong・坂本 亘 D1 タンパク質の酸化修飾が FtsH による基質認識につながる可能性. 第 10 回日本光合成学会年会, 京都, 5 月 25-26 日, 2019.
- (6) 三浦聡子・クロフツ尚子・保坂優子・松島 良・和田卓也・藤田直子 難消化性澱粉 (RS) を多く含む「ちくし粉 85 号」の胚乳澱粉及び澱粉生合成関連酵素の解析. 第 11 回日本応用糖質科学会東北支部会, 秋田, 7 月 20 日, 2019.
- (7) 松島 良・久野 裕・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状が変化したオオムギ突然変異体の単離と解析. 第 136 回日本育種学会秋季大会, 奈良, 9 月 5-8 日, 2019.
- (8) 坂本 亘 オルガネラ DNA の分解現象から考える葉緑体・ミトコンドリアの養分貯蔵機能. 第 136 回日本育種学会秋季大会, ワークショップ「応用展開が進みつつある植物ミトコンドリア基礎研究と今後の課題」, 奈良, 9 月 5-8 日, 2019.
- (9) 和田卓也・松島 良・藤田直子・三浦聡子・クロフツ尚子・保坂優子・永松志朗・熊丸敏博 難消化性澱粉を保有するイネ澱粉構造変異系統の胚乳特性解析. 第 68 回日本応用糖質科学会, 岐阜, 9 月 11-13 日, 2019.
- (10) 三浦聡子・菊池佳奈・クロフツ尚子・保坂優子・阿部美里・松島 良・藤田直子 難消化性澱粉を多く含む, 澱粉構造が異なる 5 つの枝作り酵素 (BE) IIb 変異体米の解析. 第 68 回日本応用糖質科学会, 岐阜, 9 月 11-13 日, 2019.
- (11) Everlyne Adhiambo Omollo・Ivan Galis・坂本 亘 Genetic Dissection of Aphid Resistance in a Sorghum Cultivar. 第 10 回ソルガムワークショップ, 倉敷, 11 月 19 日, 2019.
- (12) 荊子桓・坂本 亘 Identification of a stay-green gene in sorghum. 第 10 回ソルガムワークショップ, 倉敷, 11 月 19 日, 2019.
- (13) 松島 良 澱粉粒の形はいかに決定されるのか? 第 19 回生物生産フロンティアセミナー, 秋田, 12 月 9 日, 2019.

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

- (1) Ikeda, Y., Kanatani, A., Inoue, K., Saisho, D., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K. and Hirayama, T. Chronological Analysis of chromatin modification using barley grown under field conditions. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) Inoue, K., Takahagi, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Shimizu, M., Saisho, D., Matsuura, T., Kanatani, A., Ito, J., Tsuji, H., Hirayama, T. and Mochida, K. Variation of gene regulatory networks of flowering in barley under field conditions. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (3) Hirayama, T., Saisho, D., Takahagi, K., Matsuura, T., Kanatani, A., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Shimizu, M. and Mochida, K. Combined hormone and transcriptome profiling of barley throughout the life-course under field conditions reveals conserved, genotype- and life-stage specific physiological states. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (4) 佐々木孝行・有吉美智代・小幡年弘・森 泉・山本洋子 トマト ALMT ファミリーリンゴ酸輸送隊の機能解析. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (5) Nakahara, K., Biswas, M.S., Fukaki, H., Mori, I. and Mano, J. Feed-forward regulation of auxin signal by reactive oxygen species and reactive carbonyl species in lateral root formation. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (6) Mori, I., Arias-Barreiro, C., Ooi, L., Sobahan, M., Nakamura, Y., Hirai, Y. and Murata, Y. Apoplastic bypass flow is involved in cadmium uptake in rice. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (7) 肖 萌・山口雄司・小林麻美・森 泉・大門弘幸・松林嘉克・花田耕介・深尾陽一郎 CEP5 と CEPR1 はシロイヌナズナにおいて亜鉛恒常性維持に寄与する. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.

-
- (8) 大下智也・横山琴美・小林麻美・森 泉・菅野茂夫・深尾陽一郎 亜鉛欠乏したシロイヌナズナの根において Defensin-like family protein が果たす機能の解明. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
 - (9) Ooi, L., Matsuura, T., Mori, I. Is hormonal regulation involved in sulfur dioxide-induced stomatal closure? 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
 - (10) 鈴木 新・仁藤史乃・曳地康史・松浦恭和・池田陽子・丹生谷博・松下保彦・佐々木信光 過剰発現タバコを用いた Dof 型転写因子 BBF2 の病害抵抗性における機能の解析. 平成 31 年度日本植物病理学会大会, つくば, 3 月 18-20 日, 2019.
 - (11) 森 泉 原始紅藻類が示す植物ホルモン研究の新しい可能性. 日本応用藻類学会第 18 回大会, 東京, 5 月 11 日, 2019.
 - (12) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・Mario A. Arteaga-Vazquez・Daniel Grimanelli・Romain Pogorelnik・Robert A. Martienssen・大和勝幸・河内孝之・平山隆志・Olivier Mathieu ゼニゴケにおける DNA メチル化制御. 日本エビジェネティクス研究会第 13 回年会, 横浜, 5 月 28-29 日, 2019.
 - (13) Ikeda, Y. Analysis for transcriptional regulation mechanism of transposon-like elements in plants. 日本エビジェネティクス研究会第 13 回年会奨励賞受賞講演, 横浜, 5 月 28-29 日, 2019.
 - (14) 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 Mask R-CNN を用いたオオムギの葉に関する形態的特徴の抽出. 画像センシング展 2019, 横浜, 6 月 12-14 日, 2019.
 - (15) 間宮章仁・大塚蔵嵩・小林健人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・杉山宗隆 ミトコンドリア電子伝達系の不具合が引き起こす, 側根形成時の過剰な細胞分裂について. 第 82 回日本植物学会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
 - (16) 平山隆志 任意の圃場環境に最適な作物の育種を可能に~データ科学に基づく作物設計基盤技術の開発~. シンポジウム食農工産業の持続的発展を牽引する次世代植物バイオテクノロジー, 第 71 回日本生物工学会, 岡山, 9 月 16-18 日, 2019.

環境機能分子開発グループ (*Group of Functional Biomolecular Discovery*)

- (1) 杉本 学 宇宙環境における植物の生存能力と遺伝子発現への影響. 日本植物学会第 83 回大会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
- (2) 杉本 学・石井 誠・Gusev, O.・Sychev, V.・Levinskikh, M.・Novikova, N.・Grigoriev, A. 異なる大気環境下で太陽光に曝露した大麦種子の農業形質. 日本宇宙生物科学学会第 33 回大会, 千葉, 9 月 21-22 日, 2019.
- (3) 横堀伸一・時下進一・志賀靖弘・鳴海一成・杉本 学・今井栄一・三田 肇・橋本博文 地球生物の宇宙生存可能性検証のための短期宇宙曝露実験システムの構築. 極限環境生物学会 2019 年度 (第 20 回) 年会, 京都, 11 月 16-17 日, 2019.

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. Node-based transporters for preferential distribution of mineral elements. The 60th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Symposium on 'Plant mineral transporters: from function to structure and modelling', Nagoya, March 13-15, 2019.
- (2) Sakurai, G., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Yokozawa, M., Ono, K. and Ma, J. F. Integrated micro-scale and macro-scale modeling of silicon transportation system in rice. The 60th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Symposium on 'Plant mineral transporters: from function to structure and modelling', Nagoya, March 13-15, 2019.
- (3) Mitani-Ueno, N., Yamaji, N. and Ma, J. F. Identification and functional analysis of transporter genes involved in phosphorus redistribution in rice. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (4) Yokosho, K., Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of OsBBPIs, a putative ART1-interactive protein in rice. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (5) Konishi, N. and Ma, J. F. Role of N- and C-terminal of rice silicon transporter Lsi1 in its polar localization. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (6) Che, J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional analysis of a node-expressed transporter for phytosiderophore in rice. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (7) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. Different roles of two variants of a half-size ABC transporter in Al accumulation and detoxification of buckwheat. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (8) Saitoh, Y., Matsuki, K., Yonekura, S., Yang, L., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Shen, J., Ma, J. F. and Suga, M. Structure of a silicon transporter in plant. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.

-
- (9) 馬 建鋒・山地直樹 作物の持続的な生産に向けた植物栄養からのアプローチ. 日本農芸化学会 2019 年度東京大会, 東京, 3 月 24-27 日, 2019.
 - (10) 馬 建鋒 作物のミネラル輸送機構に関する研究. 2019 年度日本農学賞・読賣農学賞受賞記念講演. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (11) 山地直樹・横正健剛・佐々木明正・馬 建鋒 イネの鉄分配に関与する OsOPT7 の詳細解析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (12) 横正健剛 イネのアルミニウム耐性と鉄輸送に関与する MATE 遺伝子の機能解析. 第 37 回 (2019 年度) 日本土壌肥料学会奨励賞, 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (13) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒 イネの Lsi2 相同遺伝子の機能解析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (14) 小西範幸・馬 建鋒 ケイ酸輸送体 Lsi1 の極性制御に関わる領域の同定. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (15) 邵 継鋒・山地直樹・黄 勝・馬 建鋒 イネにおけるホウ素の優先的分配に関わる輸送体の更なる解析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (16) 雷 貴傑・久野 裕・山地直樹・佐藤和広・馬 建鋒 Functional analysis of a QTL gene controlling Cd accumulation in barley. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (17) 黄 勝・山地直樹・馬 建鋒 Global transcriptomic analysis on Si-improved mineral balance in rice. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (18) 王 珮同・馬 建鋒 Mapping of a QTL gene for As accumulation in rice. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (19) 櫻井 玄・山地直樹・三谷奈見季・小野圭介・横沢正幸・酒井英光・吉本真由美・馬 建鋒 イネにおけるケイ素輸送モデルによる輸送体配置の影響分析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
 - (20) Ma, J. F. Improvement of crop production and quality through manipulation of mineral element transporters in rice and barley. 日本育種学会 2019 年秋季大会ワークショップ 'International Workshop-Leveraging evolution into molecular breeding', 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
 - (21) Huang, S., Yamaji, N., Xia, J. and Ma, J. F. Role of casparian strip in uptake of mineral elements in rice. 2019 年度 (第 115 回) 日本土壌肥料学会関西支部講演会, 鳥取, 12 月 5 日, 2019.

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

- (1) 宇都木繁子・且原真木 オオムギ種子における液胞膜型アクアポリン (HvTIPs) の役割. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) 大西亜耶・且原真木 耐塩性の異なるオオムギ品種の塩ストレス初期応答. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (3) 坂本 光・開沼健太・北村蒼門・中原由揮・且原真木・小栗 秀 塩生植物アッケシソウから単離した新規ペプチドの遺伝子 (SeNN43) は植物の耐塩性を向上させ, 根の細胞を膨張させる. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (4) Imran, S., Katsuhara, M. and Horie, T. Electrophysiological Analysis of Rice OsHKT1; 1 variants. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (5) 佐々木孝行・有吉美智代・小幡年弘・森 泉・山本洋子 トマトの ALMT ファミリーリンゴ酸輸送体の機能解析. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (6) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 トマトの気孔で発現する ALMT 輸送体の機能解析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.
- (7) 山成由佳子・中原由揮・且原真木・奈良久美 シロイヌナズナ液胞膜型アクアポリン AtTIP2; 2 の過酸化水素透過性の検討. 日本植物学会第 83 回大会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
- (8) 藤田知美・奥村綾子・土平絢子・前島正義・且原真木・奈良久美 時計因子 ELF3 は胚軸における水輸送調節にどのように関連しているか? 日本植物学会第 83 回大会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
- (9) 佐々木孝行・有吉美智代・森 泉・山本洋子 植物 ALMT ファミリーの輸送機能の特性. 日本植物学会第 83 回大会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
- (10) 佐々木孝行 植物の ALMT 輸送体研究から解ってきたこと. 植物の栄養研究会・第 5 回研究交流会, 広島, 9 月 20-21 日, 2019.
- (11) 田中福人・且原真木・富岡憲治 デンジソウの就眠運動リズムにおけるアクアポリンの発現解析. 第 26 回日本時間生物学会学術大会, 金沢, 10 月 12-13 日, 2019.

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) Telengech, P. K. and Suzuki, N. Diversity of partitiviruses isolated from the white root rot fungus, *Rosellinia necatrix*, pathogenic to many perennial crops. International Workshop Towards the Sustainable Development of Agriculture and Food Production in Africa, Okayama, Feb. 28, 2019.
- (2) 新屋友規・藤原由佳・兵頭 究・吉見圭永・原 克弥・円谷陽一・小竹敬久・Galis Ivan イネの植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析. 第60回日本植物生理学会年会, 愛知, 3月13-15日, 2019.
- (3) 兵頭 究・鈴木信弘 植物ウイルス感染の抗糸状菌免疫への影響. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (4) 李 唯衣・大北修平・池田健一・鈴木信弘・中屋敷均 コムギいもち病菌に感染している ourmia-like viruses の2種のサテライト RNA 様因子. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (5) Andika, I. B., Kondo, H. and Suzuki, N. Dicer functions transcriptionally and post-transcriptionally in a multilayer antiviral defense. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society, Tsukuba, March 18-20, 2019.
- (6) 水谷行善・Adane Abraham・上坂一馬・近藤秀樹・須賀晴久・鈴木信弘・千葉壮太郎 *Fusarium boothii* 病原性衰退株 BL13 に感染する新規 *Tymovirales* 目ウイルスの性状解析. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (7) 村田佳乃子・Atif Jamal・久保弘法・鈴木信弘・千葉壮太郎 メガビルナウイルス RnMBV1 の IRES 領域の同定. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (8) 佐藤有希代・Wajeeha Shamsi・Atif Jamal・Muhammad Faraz Bhatti・近藤秀樹・鈴木信弘 ネオライフスタイル (裸性) を持つ可能性がある菌類ポリマイコウイルスの新規種の同定. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (9) 近藤秀樹・林 諭昕・藤田美貴・鈴木信弘 栽培シイタケから見いだされた新規菌類マイナス鎖 RNA ウイルスの塩基配列解析. 平成31年度日本植物病理学会大会, つくば, 3月18-20日, 2019.
- (10) 近藤秀樹 ウイルス. 第15回植物病害診断教育プログラム, 岡山, 9月9日, 2019.

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

- (1) 新屋友規・藤原由佳・兵頭 究・吉見圭永・原 克弥・円谷陽一・小竹敬久・Galis Ivan イネの植食性昆虫認識に関わる細胞壁由来エリシターの解析. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (2) Andama, J. B., Shinya, T. and Galis, I. Update on mechanisms of NERICA rice direct defense against insect herbivores. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (3) Mujiono, K., Shinya, T. and Galis, I. The role of jasmonates and ethylene in elicitation of secondary metabolism in rice. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (4) Ho, N. T., Shinya, T. and Galis, I. Pilot field experiments for identification of novel herbivory-related QTLs by the use of rice BIL population. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (5) Tohi, T., Mujiono, K., Shinya, T. and Galis, I. Development of robust method for measurement of internal leaf volatiles in rice. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (6) Takahashi, H., Andama, J. B., Hojo, Y., Shinya, T. and Galis, I. Two rice homologues of tobacco *MYB8* gene do not significantly affect phenolamide levels in herbivory-elicited rice leaves. 第60回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3月13-15日, 2019.
- (7) 井上智晴・Galis Ivan・小田大和人・松岡 健 アブシジン酸はタバコ BY-2 細胞の増殖と細胞死を共に抑制するがタンパク質の分泌は妨げない. 日本農芸化学会 2019 年度大会, 東京, 3月26日, 2019.
- (8) 新屋友規 植物はどのような分子を認識することで昆虫食害を感知するのか? おかやまバイオアクティブ研究会第56回シンポジウム, 岡山, 10月8日, 2019.

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

- (1) 藤谷良子・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A 株における La 誘導性タンパクの機能解析. 日本農芸化学会 2019 年度大会, 東京, 3月24-27日, 2019.
- (2) Patcha Yanpirat・谷 明生 Lanthanide-dependent formaldehyde oxidation pathways in *Methylobacterium aquaticum* strain 22A. 日本農芸化学会 2019 年度大会, 東京, 3月24-27日, 2019.
- (3) 春名優希・加藤純一・谷 明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A 株におけるメチロタキシシの機能解析. 日本農芸化学会 2019 年度大会, 東京, 3月24-27日, 2019.

-
- (4) 宮本稚子・谷明生 *Methylobacterium aquaticum* strain 22A におけるランタノイドスイッチのメカニズム. 日本農芸化学会 2019 年度大会, 東京, 3 月 24-27 日, 2019.
 - (5) 谷明生 メチロトロフのランタノイド依存性研究の最前線. 日本農芸化学会 2019 年度大会シンポジウム, 植物生長促進微生物研究の新潮流, 東京, 3 月 24-27 日, 2019.
 - (6) 宮本稚子・谷明生 *Methylobacterium aquaticum* 22A 株におけるランタノイドスイッチのメカニズム. 日本農芸化学会中四国支部第 54 回講演会 (例会) 岡山, 6 月 1 日, 2019.
 - (7) Lun Wang・繁原安美・阪口由佳・谷明生・中野浩平・島田雅也・早川享志・中川智行 ホウレンソウのポストハーベストにおける菌叢変遷と鮮度劣化への PPFMs の関与. 第 71 回日本生物工学会大会, 岡山, 9 月 16-18 日, 2019.
 - (8) 佐藤あやの・楠本恭平・植木尚子 赤潮原因藻ヘテロシグマのバイオテクノロジー的利用をめざした遺伝子導入法の検討. 第 42 回日本分子生物学会年会, 福岡, 12 月 3-6 日, 2019.

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) Hirayama, T., Saisho, D., Takahagi, K., Matsuura, T., Kanatani, A., Inoue, K., Uehara-Yamaguchi, Y., Shimizu, M. and Mochida, K. Combined hormone and transcriptome profiling of barley throughout the life-course under field conditions reveals conserved, genotype- and life-stage specific physiological states. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) Ikeda, Y., Kanatani, A., Inoue, K., Saisho, D., Ito, J., Tsuji, H., Mochida, K. and Hirayama, T. Chronological Analysis of chromatin modification using barley grown under field conditions. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (3) 最相大輔・榎宏征・鈴木一代 GRAS-Di 法によるオオムギ遺伝資源のゲノム多様性解析. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16-17 日, 2019.
- (4) 児玉明日香・成田亮平・山口真功・久野裕・安達俊輔・高木宏樹・平沢正・佐藤和広・大川泰一郎 塩ストレス下でのオオムギの花粉検性低下に関わる遺伝子の探索. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16-17 日, 2019.
- (5) 岡田萌子・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 コムギ近縁種 *Aegilops umbellulata* がもつ二粒系コムギとの間の雑種矮性原因遺伝子の遺伝解析. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16-17 日, 2019.
- (6) 久野裕・Robert Hoffie・山根美樹・宗森広美・Jochen Kumlehn・佐藤和広 オオムギにおける種子休眠性遺伝子 *Qsd1* および *Qsd2* のゲノム編集. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16-17 日, 2019.
- (7) 井上博・久野裕・松島良・小林括平・山岡直人・西内巧・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機構の解析. 平成 31 年度日本植物病理学会大会, つくば, 3 月 18-20 日, 2019.
- (8) 最相大輔・轟貴智・原口雄飛・甲斐浩臣・半田裕一・佐藤和広 醸造用オオムギの一粒粒数増大に向けた同質遺伝子系統の育成. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (9) 田中紗弥夏・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq によって得られたゲノムワイド多型データに基づくコムギ 2 倍体近縁種間の系統関係. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (10) 古村翔也・吉田健太郎・三田聖人・池田達哉・佐藤和広・村井耕二・宅見薫雄 早生型合成コムギへのパンコムギ品種戻し交配後選抜系統のグラフィカルジェノタイプピング. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (11) 高松鮎美・吉田健太郎・佐藤和広・池田達哉・宅見薫雄 二粒系コムギに *Aegilops cylindrica* の花粉を交雑してできる無胚種子の RNA-seq 解析. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (12) 久野裕・宗森広美・山地奈美・佐藤和広 オオムギ 2H 染色体に座乗する形質転換効率に関わる TFA 遺伝子座のマッピング. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (13) 松島良・久野裕・藤田直子・佐藤和広 澱粉粒の形状が変化したオオムギ突然変異体の単離と解析. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (14) 道川麻美・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 二粒系コムギと一粒系コムギ間の合成コムギにみられる雑種矮性原因遺伝子の遺伝解析. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 6-7 日, 2019.
- (15) 久野裕・Hoffie, R.・山根美樹・宗森広美・Kumlehn, J.・佐藤和広 オオムギ種子休眠性遺伝子 *Qsd1* および *Qsd2* の二重変異体作成. 第 14 回ムギ類研究会, 鳥取, 11 月 2-3 日, 2019.
- (16) 高松鮎美・吉田健太郎・佐藤和広・池田達哉・宅見薫雄 コムギ近縁種間の交雑種子発生異常の RNA-seq 解析. 第 14 回ムギ類研究会, 鳥取, 11 月 2-3 日, 2019.
- (17) 井上博・久野裕・松島良・小林括平・山岡直人・西内巧・中神弘史・八丈野孝 表皮細胞に感染するオオムギうどんこ病菌の栄養吸収メカニズムの解析. 第 14 回ムギ類研究会, 鳥取, 11 月 2-3 日, 2019.
- (18) 文屋慧亮・久野裕・佐藤和広 オオムギ種子休眠性に関する QTL 間相互作用の解析. 第 11 回中国地域育種談話会, 岡山, 12 月 21-22 日, 2019.

-
- (19) 久野 裕・Hoffie, R.・山根美樹・宗森広美・Kumlehn, J.・佐藤和広 オオムギ種子休眠性を制御する Qsd1 および Qsd2 遺伝子の二重変異体の作出. 第 11 回中国地域育種談話会, 岡山, 12 月 21-22 日, 2019.

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

- (1) 池田 啓 遺伝子から紐解く日本列島の高山植物相の歴史. 第 2 回生物群横断系統地理ワークショップ, 長野, 1 月 26-27 日, 2019.
- (2) 藤井紀行・藤本啓嗣・仁木教陽・辻畑征弥・岩崎貴也・池田 啓・副島顕子 満鮮要素植物複数種の葉緑体 DNA を用いた比較系統地理学. 第 18 回日本植物分類学会年会, 東京, 3 月 7-9 日, 2019.
- (3) 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 満鮮要素植物複数種の葉緑体 DNA を用いた比較系統地理学. 第 18 回日本植物分類学会年会, 東京, 3 月 7-9 日, 2019.
- (4) 池田 啓・藤井紀之 高山植物エゾコザクラ *Primula cuneifolia* の系統地理—日本列島に起源をもつ北太平洋地域分布. 第 83 回日本植物学会年会, 宮城, 9 月 15-17 日, 2019.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

統合ゲノム育種グループ (*Group of Integrated Genomic Breeding*)

- (1) 田中淳一・福岡修一・黒木 慎・山本敏央 イネの高速世代促進技術 sBBS による「あきだわら」を遺伝背景とした効率的遺伝子ピラミディング. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16 日, 2019.
- (2) 久家徳之・孫 健・飯島 健・Shi Yuxin・米丸淳一・McCouch Susan・Venuprasad Ramaiah・山本敏央 水稲ネリカから検出された嫌気条件下における発芽・伸長に関する QTL (*qCEA1*) のファインマッピング. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16 日, 2019.
- (3) 常松浩史・小川大輔・坂本利弘・野々上慈徳・菅野徳子・山本敏央・米丸淳一 ドローンを用いたイネ株開きの調査. 日本育種学会第 135 回講演会, 千葉, 3 月 16 日, 2019.
- (4) 生駒樹央・服部 誠・福岡修一・山本敏央・松本由記子・中辻幸奈・畠山吉則・田村泰盛 コシヒカリ遺伝背景でトビイロウンカ抵抗性を示す IR64 由来の遺伝子の解析. 第 63 回日本応用動物昆虫学会大会, つくば, 3 月 27 日, 2019.
- (5) 永松大輝・飯島健・朱 紅加・山本敏央・川越 靖・藤田直子・堀 清純 イネの澱粉合成酵素の多重変異体を用いた遺伝的相互作用. 日本育種学会第 136 回講演会, 奈良, 9 月 7 日, 2019.
- (6) 長岐清孝・山地直樹 RGEN-ISL (RNA-guided endonuclease-in situ labelling) を用いた標的 DNA 配列の植物組織内可視化とエピジェネティック修飾の同時検出. 日本遺伝学会第 91 回大会, 福井, 9 月 11-13 日, 2019.
- (7) 長岐清孝・山地直樹 RGEN-ISL (RNA-guided endonuclease-in situ labelling) を用いた標的 DNA 配列の可視化による植物組織内動原体解析. 一般財団法人染色体学会第 70 回年会, 神戸, 9 月 22-24 日, 2019.
- (8) 山本敏央 イネ育種における遺伝的多様性を拡大するための 2,3 のアプローチ. 近畿作物・育種研究会公開シンポジウム「ゲノムの理解は農学を変えられるか?」, 京都, 11 月 9 日, 2019.
- (9) 古田智敬・芦荻基行・山本敏央 アフリカイネ遺伝的多様性の解析・利用基盤の構築. 遺伝研究会「*Oryza* 属ゲノム情報を活用した遺伝的多様性研究の推進」, 静岡, 12 月 12-13 日, 2019.

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

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., Arias-Barreiro, C., Ooi, L., Sobahan, M., Nakamura, Y., Hirai, Y. and Murata, Y. Apoplastic bypass flow is involved in cadmium uptake in rice. 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) Imran, S., Katsuhara, M. and Horie, T. Electrophysiological Analysis of Rice OsHKT1; 1 variants. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (3) 佐々木孝行・有吉美智代・小幡年弘・森 泉・山本洋子 トマトの ALMT ファミリーリンゴ酸輸送体の機能解析. 第 60 回日本植物生理学会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (4) Ooi, L., Matsuura, T. and Mori, I. Is hormonal regulation involved in sulfur dioxide-induced stomatal closure? 第 60 回日本植物生理学会年会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (5) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子・森 泉 トマトの気孔で発現する ALMT 輸送体の機能解析. 日本土壌肥料学会 2019 年度静岡大会, 静岡, 9 月 3-5 日, 2019.

-
- (6) 佐々木孝行・有吉美智代・森泉・山本洋子 植物 ALMT ファミリーの輸送機能の特性. 日本植物学会第 83 回大会, 仙台, 9 月 15-17 日, 2019.
 - (7) 佐々木孝行 植物の ALMT 輸送体研究から解ってきたこと. 植物の栄養研究会・第 5 回研究交流会, 広島, 9 月 20-21 日, 2019.

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) 池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・Mario A. Arteaga-Vazquez・Daniel Grimanelli・Romain Pogorelnik・Robert A. Martienssen・大和勝幸・河内孝之・平山隆志・Olivier Mathieu ゼニゴケにおける DNA メチル化制御. 日本エピジェネティクス研究会第 13 回年会, 横浜, 5 月 28-29 日, 2019.
- (2) Ikeda, Y. Analysis for transcriptional regulation mechanism of transposon-like elements in plants. 日本エピジェネティクス研究会第 13 回年会奨励賞受賞講演, 横浜, 5 月 28-29 日, 2019.
- (3) 長岐清孝・山地直樹 RGEN-ISL (RNA-guided endonuclease-in situ labelling) を用いた標的 DNA 配列の植物組織内可視化とエピジェネティック修飾の同時検出. 日本遺伝学会第 91 回大会, 福井, 9 月 11-13 日, 2019.
- (4) 長岐清孝・山地直樹 RGEN-ISL (RNA-guided endonuclease-in situ labelling) を用いた標的 DNA 配列の可視化による植物組織内動原体解析. 一般財団法人染色体学会第 70 回年会, 神戸, 9 月 22-24 日, 2019.

RECTOR プログラム (*RECTOR Program*)

- (1) 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解析. 日本植物生理学会第 60 回大会, 名古屋, 3 月 13-15 日, 2019.
- (2) 小澤真一郎・菅 倫寛・吉田香織・秋田総理・宮崎直幸・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナス PSI-LHCI 複合体の構造解析に基づく LHCI サブユニットの機能解析. 第 10 回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 京都, 5 月 25-26 日, 2019.
- (3) 菅 倫寛・小澤真一郎・吉田香織・秋田総理・宮崎直幸・高橋裕一郎 Structure of the green algal photosystem I supercomplex with a decameric light-harvesting complex I at 2.9 Å resolution. 第 10 回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 京都, 5 月 25-26 日, 2019.
- (4) 高木理世・小澤真一郎 緑藻クラミドモナスの光化学系 I アンテナサブユニット LHCA3 欠損による PSI-LHCI の構造への影響. 第 10 回日本光合成学会年会およびシンポジウム, 京都, 5 月 25-26 日, 2019.
- (5) 小澤真一郎・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナス PSI-LHCI 複合体の LHCI サブユニットの機能解析. 第 13 回クラミドモナス研究会, 横浜, 9 月 5-6 日, 2019.
- (6) 高木理世・小澤真一郎・高橋裕一郎 緑藻クラミドモナスの光化学系 I アンテナサブユニット LHCA3 欠損による PSI-LHCI の構造への影響. 第 13 回クラミドモナス研究会, 横浜, 9 月 5-6 日, 2019.
- (7) 菅 倫寛・小澤真一郎・宮崎直幸・高橋裕一郎 緑藻の光化学系 I ー集光アンテナ超複合体の構造. 生理研研究会「クライオ電子顕微鏡によるタンパク質の高分解能単粒子構造解析」～ みんなのクライオ電顕～, 岡崎, 11 月 26-27 日, 2019.

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2回セミナー） 「植物遺伝子改変技術をどう生かすか」

日程：2019年1月16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・三谷奈見季（岡山大学・植物研・オオムギ遺伝子改変班）
（共催 愛媛大学・はだか麦資源研究グループ）

1. オジギソウの形質転換法と運動メカニズム解析への応用
真野弘明（基礎生物学研究所）
2. オオムギうどんこ病菌はどのようにして宿主プラスチド内のデンプンを分解するのか？
八丈野 孝（愛媛大学）
3. 進化する CRISPR/Cas9 システムと作物への応用
賀屋秀隆（愛媛大学）
4. ウイルスベクターを用いた植物のゲノム編集
石橋和夫（農研機構）

35th IPSR International Symposium and 11th Symposium on Plant Stress Science 第35回資源植物科学シンポジウム及び第11回植物ストレス科学研究シンポジウム — Plant stress science: What can we do for future agriculture? —

March 4-5, 2019

Venue: Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

March 4

1. Aquaporins as key regulators of plant water and ion balance
Steve Tyerman (Adelaide University)
2. Targeted genome modification in cereals
Jochen Kumlehn (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research, IPK Gatersleben)
3. Molecular mechanism of adaptation to periodic flooding in rice
Takeshi Kuroha (Tohoku University)
4. Hormones and their crosstalk in plant adaptation to drought: an insight into the functions of strigolactone and karrikin
Lam-Son Phan Tran (RIKEN Center for Sustainable Resource Science)
5. Diversity and QTL analysis of anaerobic germination in lowland NERICA
Toshio Yamamoto (IPSR, Okayama University)
6. Sensing of herbivores by plants: Self damage and insect elicitors
Tomonori Shinya (IPSR, Okayama University)
7. Systemic calcium signaling via glutamate receptor channels in response to mechanical wounding
Masatsugu Toyota (Saitama University)

March 5

8. Getting to the root and rhizo-microbe of successful engineering in agricultural soils
Hong Liao (Fujian Agriculture and Forestry University)
9. Contribution of chloroplast DNA degradation to the efficient use of phosphate
Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)
10. Cold stress sensing by phototropin to control chloroplast positioning
Yutaka Kodama (Utsunomiya University)
11. Autophagy mechanisms in plant-pathogen interactions: future targets for improved disease resistance
Daniel Hofius (Swedish University of Agricultural Sciences)

第21回 植物オルガネラワークショップ オルガネラと膜系の進化

日程：2019年3月12日

場所：名古屋大学

オーガナイザー：小保方潤一（京都府立大学）・加藤裕介（岡山大学・植物研）・河野重行（東京大学）・
楠見健介（九州大学）・小林裕和（静岡県立大学）・西村芳樹（京都大学）・林田信明（信州大学）・
松尾拓哉（名古屋大学）・宮沢豊（山形大学）（50音順）

セッション1

1. 葉緑体蛋白質輸送の分子機構－新たなる展開
中井正人（大阪大学）
2. チラコイド膜脂質合成の人工的制御が解き明かす植物の色素体分化機構
藤井祥（東京大学）
3. 孔辺細胞葉緑体の特異な機能と脂質代謝バランス
柘宜淳太郎（九州大学）
4. 脂質輸送におけるオルガネラ間コンタクトサイトの役割
田村康（山形大学）

セッション2

1. 植物オルガネラの概日制御
松尾拓哉（名古屋大学）
2. 光合成電子伝達系「超」複合体構造の獲得過程：被子植物は二種類の複合体（PSI・NDH）をどのように連結させたのか
加藤義宣・鹿内利治（京都大学）
3. 現在進行形の共生現象から葉緑体の起源を考える
丸山真一郎（東北大学）

特別講演

二重膜オルガネラの起源をめぐる45/135年の歴史
佐藤直樹（東京大学）

The 60th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists Symposium: Plant mineral transporters: from function to structure and modelling

March 14, 2019

Venue: Higashiyama Campus, Nagoya University

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

1. Node-based transporters for preferential distribution of mineral elements
Naoki Yamaji, Jian Feng Ma (IPSR, Okayama Univ.)
2. IRON MAN to the rescue: how plants take up iron
Louis Grillet¹, Ping Lan^{1,2}, Wenfeng Li^{1,3}, Girish Mokkaapati^{4,5}, Wolfgang Schmidt^{1,4}
(¹IPMB, Academia Sinica, ²Chinese Academy of Sciences, ³Nanjing Forestry University, ⁴National Chung-Hsing University, ⁵Academia Sinica and National Chung-Hsing University)
3. Regulation of nitrogen acquisition under low availability and beyond
Takatoshi Kiba (Nagoya University)
4. Sensing external and internal nitrate by transceptors
Yi-Fang Tsay, Hui-Yu Chen (Institute of Molecular Biology, Academia Sinica)
5. Structure of a silicon transporter in plant
Yasunori Saitoh¹, Kengo Matsuki¹, Shin-Ichiro Yonekura¹, Lingli Yang¹, Namiki Mitani-Ueno², Naoki Yamaji², Jian-Ren Shen¹, Jian Feng Ma², Michi Suga¹ (¹Research Institute for Interdisciplinary Science, Okayama University, ²IPSR, Okayama University)

6. Integrated micro-scale and macro-scale modeling of silicon transportation system in rice

Gen Sakurai¹, Naoki Yamaji², Namiki Mitani-Ueno², Masayuki Yokozawa³, Keisuke Ono¹, Jian Feng Ma² (¹Institute for Agro-Environmental Sciences, NARO, ²Institute of Plant Science and Resources, Okayama University, ³Faculty of Human Sciences, Waseda University)

International Symposium on Virus Diseases of Important Crops Section 3: Molecular Virology

September 2-5, 2019

Venue: International Conference Hall, National Chung Hsing University (NCHU), (Taichung, Taiwan)

Moderator: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

1. Current advances on control of plant virus diseases by cross protection
Yeh Shyi-Dong (National Chung Hsing University, Taiwan)
2. Production of epitope vaccines using Bamboo mosaic virus platform
Hsu Yau-Heiu (National Chung Hsing University, Taiwan)
3. MiR398 plays a regulatory role in Bamboo mosaic virus infection
Lin Na-Sheng (Taiwan)
4. The recent discoveries of the host factors involved in Bamboo mosaic virus replication
Tsai Ching-Hsiu (Taiwan)
5. Plant viral vector expressed edible vaccine of American cockroach hypoallergen prevents roach-allergic asthma
Chiang Chu-Hui (Taiwan)

令和元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：2019年9月28日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 食料と水のはなし～水ストレスとたたかう植物たち
宇都木繁子（岡山大学・植物研）
2. マッサンも注目？日本のオオムギ品種改良の歴史
最相大輔（岡山大学・植物研）

共同利用・共同研究ワークショップ 土の健康からヒトの健康まで ～栄養素階層フラックスの理解～

日程：2019年10月16日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：平山隆志（岡山大学・植物研）

1. はじめに 平山隆志
2. アーバスキュラー菌根菌の高精度ゲノム解読と難培養性の分子機構
川口正代司（基礎生物学研究所）
3. 水田土壌の持続的な窒素栄養供給力を担う鉄還元菌窒素固定の発見と応用
妹尾啓史（東京大学）

-
4. 多様な環境での栄養獲得・利用の最適化のための植物メカニズム
柳澤修一（東京大学）
 5. 穀粒へのミネラル蓄積を制御するイネの戦略
山地直樹（岡山大学）
 6. 栄養素階層をつなぐゲノム間ネットワーク
持田恵一（理化学研究所、岡山大学）
 7. 食品成分中の健康機能性成分の探索とその作用機構の解析
後藤 剛（京都大学）
 8. 腸内環境と栄養吸収の質的・量的関係の解明
大野博司（理化学研究所）
 9. おわりに 平山隆志

第 10 回 ソルガムワークショップ

日程：2019 年 11 月 19 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：大西紀和（岡山大学・植物研）・坂本 亘（岡山大学・植物研）

1. 名古屋大学関連の研究紹介
佐塚隆志（名古屋大学）
2. 「天高」種子親の短稈化に関与する矮性遺伝子について
橋本舜平（名古屋大学）
3. 「天高」の雑種強勢は主に優性説で説明される
和氣達朗（名古屋大学）
4. ソルガムの酵素糖化効率品種間差を決定する物理化学特性の探索
川口秀夫（神戸大学）
5. Genetic Dissection of Aphid Resistance in a Sorghum Cultivar
Everlyne Adhiambo Omollo（岡山大学・植物研）
6. ソルガム地上部における Co 高蓄積に寄与する QTL の同定
山崎清志（東京大学）
7. 九沖農研におけるソルガム研究：極晩生品種「風立」の熟性遺伝子型
高井智之（農研機構）
8. Twin-seeded 遺伝子の同定に向けて
高梨秀樹（東京大学）
9. Identification of a stay-green gene in sorghum
荊子桓（岡山大学・植物研）
10. 自動表現型計測機（RIPPS）を用いたソルガム初期成長における乾燥耐性試験
栗山朋子（理化学研究所）
11. 紫斑点病抵抗性、高消化性 DNA マーカーによる F1 交配親系統の選抜
川東広幸（農研機構）
12. ソルガム育種集団の遺伝構造解析
石森元幸（東京大学）
13. ソルガムの転写制御解析と MOROKOSHI データベースの更新
蒔田由布子（理化学研究所）
14. 第 3 回「ソルガム、アノテーションを充実させる会」について
鐘ヶ江弘美（農研機構）

学会賞等 (Awards)

- 植物ストレス学グループ, 馬建鋒 (教授), 平成 30 年度日本農学賞, 「作物のミネラル輸送機構に関する研究」, 2月12日, 2019.
- 植物環境微生物学グループ, 春名優希 (博士前期課程2年), 日本農芸化学会中四国支部奨励賞 (学生部門), 2月26日, 2019.
- ゲノム多様性グループ, 佐藤和広 (教授) および久野裕 (准教授), 2019 年度日本育種学会論文賞, 3月16日, 2019.
- 植物ストレス学グループ, 馬建鋒 (教授), 第56回読売農学賞, 「作物のミネラル輸送機構に関する研究」, 3月26日, 2019.
- 環境応答機構研究グループ, 作物イノベーション研究チーム・エピジェネティクス班 (兼任), 池田陽子 (准教授), 令和元年度日本エピジェネティクス研究会奨励賞, 「植物におけるトランスポゾン様配列の転写制御機構の解析」, 5月29日, 2019.
- 植物・微生物相互作用グループ, 佐藤有希代 (日本学術振興会特別研究員 PD), ベスト・ポスター・プレゼンテーション賞, 科研費新学術領域「ネオウイルス学」第6回領域班会議 (淡路), 「“裸性”を持つポリマイコウイルスに近縁な新規ウイルス2種の性状解析」, 6月10-12日, 2019.
- 植物・微生物相互作用グループ, 佐藤有希代 (日本学術振興会特別研究員 PD), ASV2019 Postdoctoral Scholar Travel Award, 38th Annual American Society for Virology Meeting, 「Characterization of a novel fungal polmycovirus with a potential neo-lifestyle」, 7月20-24日, 2019.
- 植物環境微生物学グループ, 宮本稚子 (博士前期課程2年), 学生奨励賞, 「*Methylobacterium aquaticum* 22A 株におけるラントノイドスイッチのメカニズム」, おかやまバイオアクティブ研究会, 10月8日, 2019.
- 植物・微生物相互作用グループ, 佐藤有希代 (日本学術振興会特別研究員 PD), ベスト・ポスター・プレゼンテーション賞, 科研費新学術領域「ネオウイルス学」第7回領域班会議 (淡路), 「キャプシドレス11分節RNAマイコウイルスの不思議: 菌糸融合による水平伝搬で誘発されるセグメント消失」, 11月6-8日, 2019.

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

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名（英語名）	受入教員名
広島大学・大学院理学研究科	准教授	島田 裕士	CY01/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
広島大学・大学院統合生命科学研究所	教授	草場 信	光合成機能に関連した老化突然変異体の生理・生化学的解析	Physiological and biochemical analysis of senescence-related mutants involving photosynthesis	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ビリンの役割	Roles of actin-binding protein villin in organelle behavior and morphogenesis in Marchantia polymorpha	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
東京大学・新領域創成科学研究科	准教授	大谷 美沙都	植物ストレス応答における snRNA キヤ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
京都府立大学・生命環境科学研究科	教授	板井 章浩	受粉のストレスがバラ科果樹の着果および果実肥大に及ぼす影響	The Effect of pollen-pistil interaction stress at fertilization on the fruiting and fruit growth in Rosaceae fruit species	平山
理化学研究所・環境資源科学研究センター	研究員	香西 雄介	ミナトモジグサ突然変異体リソースを用いた病害罹病性遺伝子の探索	Screening of sheath blight-susceptible gene from Brachypodium distachyon	平山
立命館大学・生命科学部生命情報学	准教授	深尾 陽一朗	木酢液のイネ生育促進効果の解明	Effects of wood vinegar on rice growth	森
宮崎大学・農学部	准教授	稲葉 丈人	葉緑体で発現させたシアノバクテリア重炭酸イオン輸送体の機能解析	Characterization of cyanobacterial bicarbonate transporters expressed in Arabidopsis chloroplasts	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
吉備国際大学・農学部	教授	谷坂 隆俊	コムギの種皮に含まれるプロアントシニジン量と種子休眠との関連性調査	A relation between proanthocyanidin content of seed testa and seed dormancy on wheat	力石
名古屋大学・大学院生命農学研究科	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

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
高知大学・農林海洋科学部	准教授	上野 大勢	イネのマンガングン欠乏耐性に関わる輸送体遺伝子の解析	Analysis of transporter genes for Mn deficiency tolerance in rice	馬・山地
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
筑波大学・生命環境系	准教授	古川 純	モデル樹木プラ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
国際農林水産業研究センター・生産環境・畜産領域	主任研究員	Matthias Wissuwa	イネにおける低リン酸耐性およびリン酸恒常性に関する遺伝・生理学的解析	Genetic and physiological analysis of low-phosphate tolerance and phosphorus homeostasis in rice	山地
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	金属ストレス耐性における種子ムシレージの機能解析	Study on Role of Seed Coat Mucilage in Metal Stress Tolerance	横正・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
信州大学・繊維学部	准教授	堀江 智明	新しいNa ⁺ およびCl ⁻ 透過性チャネル/輸送体の塩耐性機構における役割の解明	Elucidation of the roles of novel channel/transporters permeable to Na ⁺ and Cl ⁻ in the mechanism of salt tolerance	且原
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	シロイヌナズナの水及び過酸化水素透過性の測定	Analysis of the water and hydrogen peroxide permeability of APTIP2:2 in <i>Arabidopsis thaliana</i>	且原
北海道大学・大学院農学研究院	助教	丸山 隼人	植物の酸性土壌耐性に関わるトランスポーターの分子機構の解析	Analysis of molecular mechanism of transporters involved in acid soil tolerance of 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	イオンチャネル・トランスポーターを利用した環境ストレス耐性作物作出技術の開発	Using ion channels and transporters to engineer crop stress resistance	佐々木・森
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
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 <i>Verticillium</i> sp.	鈴木
福井大学・学術研究院医学系部門	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ロ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
名古屋大学・大学院生命農学研究科	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
東京家政大学・家政学部	教授	藤森 文啓	食品生産に用いられる有用菌類のウイルス叢の解析	Virome analysis of the useful fungi for the food industry	近藤
岐阜大学・応用生物科学部	教授	中川 智行	植物共生細菌のランタノイドに対する生理的応答と植物生育促進技術への応用	Physiological response of plant symbiotic bacteria to Lanthanides, and its application to plant growth promotion technology	谷
岡山理科大学・理学部	教授	三井 亮司	根圏における根粒菌のメタノール利用型独立栄養生育に関する研究	Molecular basis study of methylotrophic autotrophy of Rhizobium in the plant rhizosphere	谷
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, Heterosigma akashiwo	植木
岡山大学・大学院環境生命科学研究科	准教授	門田 有希	赤潮原因藻ヘテロシグマの系統地理学的マーカーの確立を目指した研究	Toward establishment of phylogeographic markers for a bloom-forming alga, Heterosigma akashiwo	植木
山形大学・農学部	准教授	網干 貴子	アミンを介したイネ科植物の食害応答の解析	Amine-mediated regulation of responses to herbivory in Poaceae	ガリス
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	ガリス
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・ガリス
横浜国立大学・木原生物学研究所	准教授	川浦 香奈子	ムギ類の耐塩性に関わる候補遺伝子の同定	Identification of genes related to salt-stress tolerance in Triticaceae	佐藤
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	主任研究員	安倍 史高	麦類におけるゲノム編集技術を用いた遺伝子機能解析	Gene functional analyses using genome editing technique in Triticaceae	佐藤
神戸大学・大学院農学研究科	教授	土佐 幸雄	オオムギの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 Rmo2 alleles conditioning resistance of barley to Pyricularia oryzae and analyses of their interaction with corresponding avirulence genes	佐藤・久野

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
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コムギ水耕栽培法の開発	Hydroponics of <i>Aegilops tauschii</i> for salinity tolerance studies	最相
福岡県農業総合試験場・農産部	チーム長	甲斐 浩臣	傾斜場施設を用いたオオムギ湿害耐性の野外試験の最適化	Optimization of the field trials on the barley waterlogging tolerance using sloping field facility	最相
横浜国立大学・木原生物学研究所	准教授	辻 寛之	オオムギの蛍光レポーター系統のイメージング解析	Imaging of transgenic reporter lines of barley	久野
愛媛大学・大学院農学研究科	准教授	八丈野 孝	オオムギうどんこ病菌による宿主表皮細胞内デンプン分解メカニズムの研究	Study on degradation mechanism of host epidermal starch by barley powdery mildew fungus	久野・松島
信州大学・理学部	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
京都大学・大学院地球環境学堂	教授	瀬戸口 浩彰	林床植物の強光と弱光下における光合成特性と機能適応の解析	Analyses of photosynthetic ability and adaptation to light-environment of understory plants under strong and weak light conditions	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
京都大学・大学院農学研究科	助教	吉川 貴徳	オオムギ葉身形成におけるWOX3遺伝子の機能解析	Functional analysis of the WOX3 genes in the development of barley leaf blades	武田
北海道大学・大学院農学研究院	教授	貴島 祐治	イネの倍数化に関する遺伝・育種学的研究	Genetic study on the polyploidy in rice	山本・長岐
名古屋大学・生物機能開発利用研究センター	教授	芦苅 基行	アフリカ栽培イネ <i>Oryza glaberrima</i> における土壌酸性度ストレス耐性遺伝子の探索	Searching for novel genes aiding resistant against soil acidity stress in African rice <i>Oryza glaberrima</i>	山本・古田
首都大学東京・理学研究科	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
神戸大学・大学院農学研究科	教授	宅見 薫雄	合成倍数体コムギ染色体のクロマチン構造とエピジェネティック修飾の解析	Structural and epigenetic modification of wheat chromosomes in synthetic hexaploid lines	長岐

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入教員名
Institute of Plant Biology and Biotechnology, University of Münster, Germany	Postdoctoral Researcher	Felix Eberhard BUCHERT	葉緑体のリン酸レベルとATP合成によるプロトン駆動力制御が葉老化に及ぼす影響の解析	Analysis of proton motive force modulation via chloroplast phosphate mobilization and ATP synthase regulation in the context of senescence and cell death	坂本
College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, China	Associate professor	Mian GU	イネの液胞膜に局在するリン酸輸送体の機能解析	Functional analysis of a tonoplast-localized phosphate transporter in rice	馬
Department Biology, Faculty of Science Institute Technology 10 Nopember Surabaya, Indonesia	Lecturer - Assistant Professor	Mukhammad Muryono	塩ストレス適応におけるNa ⁺ およびK ⁺ 輸送体のイネ品種間における相違の評価	Evaluating rice cultivars with differing salt tolerance on the role of Na ⁺ and K ⁺ transporters in Salt Stress Adaptation	且原
Swiss Federal Research Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL, Switzerland	Permanent Staff Member	Carolina Cornejo	森林の重要病原糸状菌に感染する新規ウイルスの分子生物学的解析	Molecular characterization of novel viruses infecting important fungal forest pathogens	鈴木
Ben-Gurion University of the Negev, Israel	Research Fellow	Janardan Khadka	種子生態：蛋白質や他の物質の長期的な貯蔵における種皮の意義および発芽や苗立ちにおけるその重要性	Seed ecology: The significance of dead seed coats in long-term storage of proteins and other substances and their importance in germination and seedling establishment	ガリス
Microbiology and Biotechnology, College of Natural Sciences, Makerere University, Uganda	Assistant Lecturer	Cyprian OSINDE	抵抗性及び感受性ソルガム品種間において植食性昆虫加害応答時に蓄積する防御関連代謝物の差異の解析：BTx623, NOG およびそれらの雑種後代をモデルケースとして	Identification of differentially accumulated defense metabolites in response to insect attack in susceptible and resistant sorghum cultivars: The model case of BTx623, NOG and their hybrid progeny	ガリス
Faculty of Science/ Universiti Tunku Abdul Rahman (UTAR), Malaysia	Professor, Associate Professor	Minoru Murata, Wong Han Ling	オイルヤシ及びその近縁種におけるセントロメア特異的ヒストンH3の分子解析	Molecular analysis of the centromere-specific histone H3 in oil palms and their relatives	長岐

拠点事業以外の共同研究（国内）
 (List of Collaborations besides 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ントロールの開発利用	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
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
理化学研究所・環境資源科学センター	持田恵一・チームリーダー	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モデル構築	平山隆志
理化学研究所・環境資源科学センター	持田恵一・チームリーダー	植物短鎖機能性ペプチド遺伝子の探索・解析基盤の開発	機械学習モデル構築	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
理化学研究所・環境資源科学センター	高橋史憲・研究員	短鎖ペプチド機能解析	短鎖ペプチド機能解析	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
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	マスカットオブレキサンドリアの軸ぶくれ障害の解明に関する研究	マスカットオブ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（ピオナーネ）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（ピオナーネ）の加温ハウス栽培およびその作用機作を解明する	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, アブジシン酸, 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	レモンの登熟における植物ホルモンの動態の解析	レモンの登熟におけ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所	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	イネのアポプラズマシグナル伝達機構の解析	森 泉
山口大学・大学院推進機構	真野 純一・教授	過酸化脂質ストレス応答に関する研究	過酸化脂質ストレスに応答した側根形成における植物ホルモンの役割を解析する	森 泉
京都大学・大学院生命科学研究所	河内 孝之・教授, 西浜 竜一・准教授, 山岡 尚平・准教授	ゼニゴケにおける遺伝子発現調節制御に関する研究	ゼニゴケにおける DNA メチル化制御やミトコンドリアポリ A 鎖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・平山 隆志
近畿大学・生物工学科	大和 勝幸・教授	ゼニゴケにおける遺伝子発現調節制御に関する研究	同上	池田 陽子・平山 隆志
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, 佐藤 雅彦・准教授	ゴール (虫こぶ) 形成機構に関する研究	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
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
愛媛大学・大学院農学研究科	賀屋 秀隆・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
東京大学・農学生命科学研究科	吉田 薫・教授	種子フェニチン酸の解析	イネ種子中のフェニチン酸の測定	馬 建鋒
神戸大学・大学院理科学研究科	三村 徹郎・教授	植物のリン酸輸体の研究	シヤ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	日原 真木

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
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	アクアポリンがエリトサリン細胞に対し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 寛元・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	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イング	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	クサシロキヨ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
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代謝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
北海道大学・農学研究科	佐藤 昌直・助教	植物プラントン ヘテロシグマの発現遺伝子配列の網羅的解析	ヘテロシグマのトランスクリプトーム解析により、発現遺伝子配列のデータベース作成を行っている	植木 尚子
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

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
京都大学・農学部	富永 達・教授	チガヤの RNA-Seq 法によるマーカー作成	チガヤの分子マーカー開発による生態型解析への応用	佐藤 和広
農研機構・次世代作物 開発研究センター	小松田 隆夫・ 主席研究員	オオムギ有用形質遺伝子の単離	オオムギの病害抵抗性等遺伝子の単離と機能解明	佐藤 和広
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
名古屋大学・農学部	芦 莉 基行・教授, 永井 啓祐・助教	ジベレリン関連遺伝子の機能解析	ジベレリン関連遺伝子をオオムギに導入し、表現型を解析する	久野 裕・佐藤 和広
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
名古屋大学トランス オームゲノム生命分 子研究所・JST さきがけ	戸田 陽介・特任助教	画像定量技術による植物フェノタイプング	深層学習を使ったオオムギ種子形態の表現型解析	最相 大輔
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
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

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
鹿児島大学・農学部	吉田 理一郎・准教授	気孔のグルタミン酸応答に関する共同研究	グルタミン酸誘導気孔閉口の機構を明らかにする	森 泉
広島大学・大学院生物圏科学研究科	和崎 淳・教授	低リン耐性植物の耐性メカニズムの解析	低リン耐性植物の輸送体特性の解析	佐々木 孝行
東京工科大学・応用生物学部	多田 雄一・教授	耐塩性雑草 <i>Sporobolus virginicus</i> の耐塩性の解析	耐塩性シバ (ソナレシバ) の耐塩性に関わる輸送体 HKT の解析	且原 真木
東京大学・大学院農学生命科学研究所	田野井 慶太郎・教授	耐塩性における OsHKT1;4 の生理機能解析	イネの陽イオン輸送体 OsHKT1;4 の輸送特性と耐塩性における生理機能の解析	且原 真木

拠点事業以外の共同研究（国際）

(List of Collaborations besides 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 oxidatadae D1 protein in <i>Chlamydomonas</i>	Degradation of D1 reaction center protein is being characterized in <i>Chlamydomonas ffish</i> mutant	坂本 亘・ 加藤 裕介
Malaysia	Malaysia Pepper Board/ Swinburn University	Khew, Choy Yuen, Researcher Hwang, Siaw San, Professor	コシヨウ果実登熟の不均一性の解決に関する研究	コシヨ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	中国 Agricultural Genome Institute	Shengben Li, Professor	イネ科植物の riboseq 解析	イネ科植物の riboseq 解析	平山 隆志
France	Sorbonne University	Nam-Hee Lee, Student	ゼニゴケにおける遺伝子発現調節制御に関する研究	ゼニゴケにおけるミトコンドリアポリ A 鎖制御機構についてゲノム編集による変異体を解析する	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
France	Atomic Energy and Alternative Energies Commission	Nathalie Leonhardt, Scientist	Studies on the effect of air pollutants on plants	Molecular biological analysis of the impact of sulfur dioxide on stomatal behavior	森 泉

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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
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 plants produced under extreme environment	Genes expressed in Brachypodium under UV irradiation were identified to examined function	杉本 学
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	イネメ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 Rosellinia necatrix partitivirus 2	鈴木 信弘

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Spain	Department of Structure of Macromolecules, Centro Nacional Biotecnología/CSIC	José R. Castón, Professor	Quadrivirus structural analysis	Cryo-EM and 3D-reconstruction of Rosellinia necatrix quadriviruses	鈴木 信弘
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
Switzerland	Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL	Daniel Rigling, Group Leader	Virocontrol of chestnut blight	Examination of various viruses for their biocontrol potential	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 haracterization 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

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
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	Northwest A&F University	Liyang Sun, Professor	Viroid infections in phytopathogenic fungi	We are investigating whether plant viroids can replicate and induce symptoms in filamentous fungi	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 based on the L (RdRp) proteins	近藤 秀樹
China	Qingdao Agricultural University	Ida Bagus Andika, Professor	Cross-kingdom virus transmission	Studies on cross-kingdom virus infections of plant, insect and fungal viruses	近藤 秀樹
China	Ningbo University	Junmin Li, Professor	Horizontal transfer of insect transposon to virus	Horizontal Transfer of Retrotransposon from the Rice Planthopper to the Genome of Insect DNA Virus	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 Rhabdoviridae has been published	近藤 秀樹
Turkey	Mugla Sifki Kocman University	Nurettin Sahin, Professor	Isolation of halotolerant lanthanide-dependent methylophils	Isolation of halotolerant Cl-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>Ochraea</i> bacter diazotrophicus	Characterization of chemotaxis in <i>Ochraea</i> bacter diazotrophicus, which is a methylophilic and diazotrophic bacterium	谷 明生

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Russia	Institute of Biochemistry and Physiology of Microorganisms RAS	Dmitry N. Fedorov, Researcher	Distribution of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase and d-cysteine desulphydrase genes among type species of the genus <i>Methylobacterium</i>	ACC deaminase and D-cysteine desulphydrase gene distribution in <i>Methylobacterium</i> speceis	谷 明生
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
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	Isomation 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
Kazakhstan	Institute of plant biology and biotechnology	Yerlan Turuspekov, Doctor	Evaluation of barley in semi-arid environment	Evaluation and analysis of barley germplasm in the dry land conditions in Kazakhstan	佐藤 和広
Ethiopia	Hawassa University	Degu Hewan Demissie, Doctor	Development of acid soil tolerant barley	Intr-oduction of acid soil tolerant barley and moleceral selection techniques in Ethiopia	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
Germany	IPK	Jochen Kumlehn, Doctor	Genome editing of the genes related to seed dormancy in barley	Site-dircted 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 lignin biosynthesis in barley	Genetic modification of lignin biosynthesis is performed to increase the efficiency of processing for biomass in barley	久野 裕

Country	Affiliation	Researcher's Name, Title	Subject of collaborative research	Summary	Accepted staff
Canada	University of Toronto	Keiko Yoshioka, Professor	病原菌応答に関わるイオンチャンネル活性の測定に関する共同研究	二電極電圧固定法による新規イオンチャンネル活性測定	森 泉・ 且原 真木
USA	Pomona College	Fabien Jammes, Assistant Professor	気孔のサリチル酸応答に関わる MAP キナーゼの解析	気孔のサリチル酸応答に関わる MAP キナーゼの解析	森 泉

Annual Report 2019

Director: Wataru Sakamoto
Editorial Members: Sanae Rikiishi
Kazuyuki Maruyama
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27卷 (Annual Report 2019)

令和2年3月25日 印刷
令和2年3月31日 発行

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

編集委員 力石 早苗
丸山 和之
森 泉

印刷所 友野印刷株式会社