# 研究活動目次
# Contents of Research Activities


研究活動（Research Activity）

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

大気環境ストレスユニット（Atmospheric Stress Unit）

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

細胞分子生化学グループ
（Group of Cytomolecular Biochemistry） …… 2

環境応答機構研究グループ
（Group of Environmental Response Systems） …… 3

土壌環境ストレスユニット（Soil Stress Unit）

植物ストレス学グループ
（Group of Plant Stress Physiology） …… 4

植物成長制御グループ
（Group of Plant Growth Regulation） …… 5

分子生理機能解析グループ
（Group of Molecular and Functional Plant Biology） …… 6

環境生物ストレスユニット（Biotic Stress Unit）

植物・微生物相互作用グループ
（Group of Plant-Microbe Interactions） …… 7

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

遺伝資源ユニット（Genetic Resources Unit）

大麦グループ
（Group of Barley Resources） …… 8

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

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

ゲノム育種ユニット（Applied Genomics Unit）

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

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

生命環境適応グループ
（Group of Adaptation to Bioenvironmental） …… 13

構成員
（Staff） …… 14

出版物リスト
（List of Publication） …… 16

国際会議およびシンポジウム
（List of International Conferences and Symposia） …… 24

講演およびシンポジウム発表
（List of Domestic Conferences and Symposia） …… 28

研究所員が主催したシンポジウム等
（List of Symposium Superintended by the Member of Institute） …… 39

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） …… 43

# 研究活動 （*Research Activity*）

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

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

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

１．強光ストレス下における植物の光障害適応機構の解析

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

２．斑入り変異体における活性酸素生成と病原細菌抵抗性の関連性

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

３．オルガネラ DNA の代謝機構に関する研究

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

４．デンプン粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

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

Our group studies the mechanism of the adaptation to environmental stress in plants at the molecular level. Especially, we focus on chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. Plant's adaptationto photoinhibition

To avoid photoinhibition, an efficient degradation of D1protein in the repair cycle of photosystem II is important. FtsH, an ATP-dependent metalloprotease in thylakoid membranes, plays a key role in this process. On the other hand, light-induced phosphorylation of D1 is suggested to regulate D1 degradation. During light irradiation, phosphorylated-D1 level was assayed in mature leaves of Arabidopsis *var2* (lacking FtsH2) using immuno-blot against anti-phosphothreonine antibodies. These assays showed that the phosphorylated D1 was readily accumulated in *var2* compared with wild-type, suggesting the connection between D1 degradation and phosphorylation. Studies will be conducted to assess the role of phosphorylation, mediated by a novel kinase in D1 degradation. Currently we are performing phenotypic analysis of a double mutant lacking FtsH2 and the kinase.

2. The leaf variegated mutant accumulates reactive oxygen species (ROS) and exhibits pathogen resistance

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

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during pollen development

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

4. Molecular mechanism underlying starch grain morphology diversity 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 differ in morphology and size depending on the plant species. However, the molecular mechanisms underlying this SG diversity remain unknown. To answer this question, we are now analyzing several rice mutants defective in SG morphology.

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

１．宇宙環境に曝露した大麦種子の農業特性

長期にわたる宇宙飛行や月や火星基地での滞在では、植物は乗組員のための食料として必要である。宇宙における植物の生産を数世代にわたり保証するため、種子保存条件を確立することは栽培条件を確立することと同様、次世代宇宙生命支援システムを開発する上で不可欠である。微小重力、宇宙放射線、電磁場等の地球上とは全く異なる宇宙環境が植物種子の休眠、発芽、生育、世代交代等のライフサイクルに与える影響を明らかにする目的で、国際宇宙ステーション（ＩＳＳ）内で保存した大麦種子の農業特性を検討した。フリーザーバックに入れた醸造用大麦「はるな二条」種子をＩＳＳのロシア住居兼実験棟「ズヴェズダ」内に約５ヶ月間保存した後に地上へ搬送した。ＩＳＳ内で保存した種子の発芽率は100％であり、発芽能力に変化はなかった。この第一世代種子から稔実した第二世代種子（宇宙保存大麦）を播種、栽培し、地上で同時に保存、栽培したはるな二条種子の農業特性（地上保存大麦）と比較した。播種後は、宇宙保存大麦と地上保存大麦ともに順調に生育し、出穂、稔実した。生育途中の外観上に差は認められなかった。収穫した大麦の稈長、穂首長、穂長、粒数、不稔粒数、穂数は、宇宙保存大麦が 97.5 ± 7.1、18.8 ± 2.7、6.1 ± 0.4、27.6 ± 1.8、1.0 ± 0.9、9.8 ± 2.6、地上保存大麦で 96.0 ± 8.7、17.6 ± 3.1、6.4 ± 0.4、28.5 ± 1.7、0.8 ± 0.8、10.9 ± 3.1 であり、*t* 検定解析（n=20）により有意差を認められなかった。また、第三世代種子によるエームス試験（変異原性試験）とラットを用いた 28 日間混餌投与毒性試験による食品安全性の評価を行った結果、宇宙保存大麦と地上保存大麦で差異のないことが明らかとなった。以上の結果から、ＩＳＳ内の宇宙環境は、種子の休眠、発芽、生育、世代に影響を及ぼさないことが示唆された。

２．ホンモンジゴケの正常培地と銅含有培地での生育

ホンモンジゴケ（*Scopelophila cataractae*）原糸体の細胞重は、正常培地や銅含有培地に関わらず、培養開始から 90 日目まで直線的に増加した。銅処理細胞に蓄積された全銅量は 90 日目まで増加した。コントロール細胞では生育過程で銅は検出されなかった。カルシウムは 90 日の培養においてコントロール細胞と銅処理細胞の両者に検出された。コントロール細胞の全カルシウム量は培養開始から 90 日目までに 2.7 倍に増加したが、銅処理細胞では培養中に僅かに増加した。培養 60 日目で、コントロール細胞と銅処理細胞からの細胞壁中の銅量は乾燥重 1g 当り 0.1 µmol 以下と 8.4 µmol であった。コントロール細胞壁と銅処理細胞壁中のカルシウム量は 81.2 µmol と 86.7 µmol であった。ウロン酸含量はコントロール細胞壁と銅処理細胞壁で類似していたが、銅処理細胞壁のアラビノースとガラクトースは 60% に減少した。

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

1. Agronomic characteristics of barley seeds exposed to space

Plants are necessary for crew supplied food during long-term space travel and habitation in bases on the Moon and Mars. Establishment of seed storage conditions as well as culture conditions, which assures plant productivity during multiple generations in space, is critical to the development of future advanced space life support system. In order to clarify the effect of space environment on the plant life cycle such as dormancy, germination, growth, and ripening, the seeds of malting barley, “Haruna Nijo”, packed in a freezer bag, were stored in the Russian segment “Zvezda” of the International Space Station (ISS). After exposure to space environment inside of the ISS for 5 months, the seeds were transported to the ground and germinated on the filter paper fill with water. The germination rate of the space-stored seeds was 100 %, the same as that of the ground-stored seeds, showing that the barley seeds survived in the space environment. The seeds harvested from the 1st generation of the space-stored seeds (2nd generation) showed normal growth, heading, and ripening as did the ground-stored seeds. The culm length (cm), spike exsertion length (cm), spike length (cm), seed number, sterile seed number and spike number of the space-stored seeds were 97.5 ± 7.1, 18.8 ± 2.7, 6.1 ± 0.4, 27.6 ± 1.8, 1.0 ± 0.9, and 9.8 ± 2.6, respectively, and those of the ground-stored seeds were 96.0 ± 8 .7, 17.6 ± 3.1, 6.4 ± 0.4, 28.5 ± 1.7, 0.8 ± 0.8, 10.9 ± 3.1, respectively (n=20), showing no significant difference between the space- and the ground-stored seeds by *t*-test. The food safety assessment by Ames test and 28-day repeated dose study using the 3rd generation seeds showed no difference between the space- and the ground-stored seeds. These results indicated that the plant seed could survive the space environment inside of ISS without adverse effect on dormancy, germination, growth, and ripening.

2. The growth of *Scopelophila cataractae* on normal and Cu-enriched medium

Cell mass of *Scopelophila cataractae* protonema increased linearly from the start of culture to 90 d, irrespective of whether the cells were cultured in normal or Cu-enriched medium. Total Cu content accumulated in the Cu-treated cells increased from the start up to 90d. In the control cells, Cu was not detected during cell growth. Ca could be detected in both control and Cu-treated cells throughout the culture period of 90 d. The total Ca content of the control cells had increased 2.7-fold from the start up to 90 d, whereas the Ca content of the Cu-treated cells increased only slightly during the culture period. Copper concentrations in cell walls from the control and Cu-treated cells were below 0.1 µmol and 8.4 µmol/g dwt, respectively, after 60 d of culture. The concentrations of Ca in control and Cu-treated cell walls were 81.2 µmol and 86.7 µmol, respectively. Uronic acids were found in similar amounts in both control and Cu-treated cell walls, whereas arabinose and galactose decreased to 60% in the Cu-treated cell walls.

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

１．ABA高感受性変異株の及びABA情報伝達因子の解析

発芽時にABAに高感受性を示すシロイヌナズナ変異株*ahg2-1*、*ahg11-1*、*ahg12-1*の解析を進めた。*ahg2-1*は、ABAのみならずサリチル酸も高蓄積し、高感受性を示す。この変異の原因遺伝子は、polyA特異的RNA分解酵素PARNをコードしていた。*ahg2-1*抑制変異*ags1*の解析からもRNAの安定性制御がこの変異の表現型発現において重要であることが示された。網羅的転写物解析及び分子生物学的解析から、AHG2の標的RNA分子群をほぼ特定することができた。現在、AHG2、AGS1の細胞内での機能との相関を調査中である。AHG11はPPRと呼ばれるRNA修飾酵素をコードしていることがわかっている。多くの場合オルガネラのRNA編集を行っていることが報告されている。GFP結合蛋白質を用いた解析でAHG11の細胞内局在は特定できなかったが、詳細なRNA編集部位の解析から、AHG11はミトコンドリアのRNA編集に関与していることを明らかにした。今後、この編集の有無がABA応答にどのように影響するかを明らかにしていく。ABA応答に関与するPP2Cのうち、我々が同定したAHG1、AHG3は他のPP2Cと異なり、核局在と種子特異的発現を示す。このため、他のPP2Cとは異なる機能を持つことが予想され、それを明らかにする為にAHG1を用いた相互作用因子探索を行った。その結果、転写抑制複合体を構成する因子との相互作用が確認された。興味深いことに、この因子との相互作用はAHG1、AHG3特異的であり、これらのPP2C独自の機能が示唆された。現在、この相互作用の生理学的意義について解析中である。

２．気孔の開閉制御機構の解析

主にシロイヌナズナを用いた、生化学的、電気生理的解析により、気孔の開閉に関わる因子、特にイオントランスポーターとその制御に関わる因子の同定、機能解析を行っている。本年の研究では、気孔の閉鎖にABAとジャスモン酸が関与すること、ジャスモン酸応答にCDPKの一つCPK6が関与すること、酵母由来のエリシターがperoxidaseを介した活性酸素種と一酸化窒素の生成により、気孔の閉鎖を誘導していることを明らかにした。

３．穂発芽耐性白粒コムギの作出

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

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

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

We are analyzing ABA hypersensitive mutants *ahg2-1*, *ahg11-1*, and *agh12-1* to gain insight into ABA response mechanisms. The *ahg2-1* mutant exhibits hypersensitivity not only to ABA but also to salicylic acid. The *AHG2* gene encodes polyA specific RNase PARN that is involved in RNA degradation, suggesting that AHG2 is involved in the regulation of RNA stability Analysis of the *ahg2* suppressor mutant *ags1* also strongly supported this idea. To identify the target RNAs of these components, we conducted several transcriptome experiments. We identified the target RNA molecules by polyA length analysis. Currently, we are trying to obtain direct evidence to support this finding. AHG11 encodes a PPR protein that is usually implicated in various RNA processing events, mainly in organelles. From detailed analysis of RNA editing sites, we were able to identify the target mRNA of AHG11. We are now studying the relation between ABA response and target gene function. AHG1 and AHG3 have unique features among PP2Cs that are involved in the ABA response: They are localized in the nucleus and are expressed only in seeds. To know whether they have unique functions or not, we investigated their interacting factors and found that one component of co-repressor complex interacted with these PP2Cs specifically. This finding suggests that these two PP2Cs play a pivotal role in the regulation of co-repressor function in ABA response. The physiological relevance of this interaction is under exploration.

2. Analysis of the regulation system for stomata opening

We are studying the regulatory mechanism of stomata opening. Currently, we are investigating the functions of ion-tranporters and their regulators by biochemical and electrophysiological analyses using various plants including Arabidopsis. This year, we successfully demonstrated that the plant hormone jasmonic acid (JA) is required for stomata closure in addition to ABA, one of the CDPKs - CPK6 is necessary for JA responsive stomata closure, and that a yeast derived elicitor is able to induce stomata closure through peroxidase-mediated ROS and NO productions.

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

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

# 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*

本グループでは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．イネカドミウムトランスポーターの同定

カドミウム集積におけるイネの品種間差を利用して、カドミウムの集積に関与するトランスポーター OsHMA3を同定した。OsHMA3 は根のすべての細胞の液胞膜に局在しており、その発現はカドミウムに影響されない。カドミウム低集積品種由来の OsHMA3 はカドミウムの輸送活性を示したのに対して、高集積品種由来のものは輸送活性を示さなかった。また機能型の OsHMA3 を過剰発現すると、カドミウム汚染土壌に栽培しても、玄米中のカドミウムの濃度が大幅に低下した。

２．アルミニウムトランスポーターの同定

イネからアルミニウムを特異的に輸送するトランスポーター Nrat1 を同定した。Nrat1 は Nramp ファミリーに属するが、他のメンバーとは異なり、二価の金属イオンに対する輸送活性を示さず、三価のアルミニウムイオンに輸送活性を示した。Nrat1 は根のほぼすべての細胞の細胞膜に局在し、アルミニウムによって誘導される。またその発現は転写因子 ART １によって制御されている。Nrat1 遺伝子を破壊すると、アルミニウム耐性が弱くなった。

３．ライ麦から MATE 遺伝子の同定

ライ麦から MATE 遺伝子２種（ScFRDL1 と ScFRDL2）を同定した。機能解析した結果、ScFRDL1 と ScFRDL2は共にクエン酸の輸送活性を示した。しかし、ScFRDL1の発現は鉄欠乏によって誘導され、アルミニウム処理による影響を受けなかった。これに対して、ScFRDL2 の発現はアルミニウムによって誘導され、鉄欠乏によって影響されなかった。これらの結果から ScFRDL1 は根から地上部への鉄の輸送に、ScFRDL2 はアルミニウムの無毒化に関与していると考えられる。

４．アルミニウム耐性遺伝子 AtSTAR1 の機能解析

我々がイネで同定した STAR1 のシロイヌナズナでの相同遺伝子 *AtSTAR1* について解析した。*AtSTAR1* を破壊すると、アルミニウム耐性が大きく低下し、花が早咲きになった。また OsSTAR1 とは異なり、アルミニウムによって発現が誘導されず、根と地上部の両方で発現していた。

５．亜セレン酸トランスポーターの同定

イネで亜セレン酸がケイ酸トランスポーター Lsi1 を介して輸送されることを突き止めた。またケイ酸外向きトランスポーター Lsi2 は亜セレン酸の吸収に関与しないことも明らかにした。そのほかに、Lsi1 は亜ヒ酸の排出にも関与していることを明らかにした。

Our group focuses on the response and tolerance mechanisms of plants to mineral stresses. Work has been done at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2010 are described below.

1. Identification of a Cd transporter in rice

We identified a transporter (OsHMA3) responsible for Cd accumulation in rice. OsHMA3 is localized in the tonoplast of all root cells and its expression is unaffected by Cd levels. OsHMA3 from a low Cd-accumulating cultivar showed transport activity for Cd, whereas the allelic one from a high Cd-accumulating cultivar did not. Overexpression of the functional OsHMA3 resulted in significant decrease in Cd concentration in the grain of rice even grown on Cd-contaminated soil.

2. Identification of an aluminum transporter in rice

We identified a transporter (Nrat1) specific to Al ion in rice. Nrat1 belongs to the Nramp family, but different from other members, it transports trivalent Al ion, but not divalent metals. Nrat1 is localized in the plasma membrane of all root cells and its expression is induced by Al. Furthermore, Nrat1 expression is regulated by ART1, a C2H2 zinc finger transcription factor. Knockout of Nrat1 resulted in increased sensitivity to Al.

3. Identification of two MATE genes in rye

We identified two MATE genes (ScFRDL1 and ScFRDL2) from rye. Both proteins encoded by these genes show transport activity for citrate. The expression of ScFRDL1 is induced by Fe deficiency, but not by Al treatment. In contrast, the expression of ScFRDL2 is induced by Al, but not by Fe deficiency. These results suggest that ScFRDL1 is involved in Fe translocation from the roots to the shoots, while ScFRDL2 is responsible for Al detoxification.

4. Functional analysis of an Al-tolerance gene, AtSTAR1

We performed functional analysis of *AtSTAR1*, a homolog of rice STAR1, in Arabidopsis. Knoclout of *AtSTAR1* resulted in increased sensitivity to Al and early flowering. Differing from OsSTAR1, AtSTAR1 was expressed in both the roots and shoots and the expression was not induced by Al.

5. Identification of a transporter for selenite

We found that selenite uptake is mediated by a transporter for Si, Lsi1, in rice. We also found that Lsi2, an efflux Si transporter is not involved in selenite uptake. On the other hand, we found that Lsi1 contributes partially to the efflux of arsenite in rice roots.

アルミニウム（Al）イオンは、酸性土壌に見られる作物生育阻害の主要因子である。本グループでは、Al イオンによる根の伸長阻害機構や耐性機構の解明と、植物体全体での成長制御機構の解明を目指している。

1．タバコにおける Al の液胞インベルターゼ活性の促進

酸性土壌では、Al イオンによる根の生育障害が見られ、その主な原因は、根端分裂組織における細胞伸張阻害である。さらに、Al による細胞伸張阻害は活性酸素の誘発を伴うことを特徴とし、同様の現象が対数増殖期のタバコ培養細胞でも見られる。ところで、細胞伸張に必要な水吸収には、液胞内の溶質濃度（遊離糖、無機イオン、アミノ酸等）の増加による浸透濃度の増加が必要であり、それを駆動力として水が取り込まれる。ここで、液胞局在のインベルターゼは、液胞内のスクロースをグルコースとフラクトースに分解することで、浸透濃度の増加に貢献していると考えられている。本研究では、Al イオンによる細胞伸張阻害に関連して、Al イオンの液胞インベルターゼ活性への影響について、タバコ培養細胞とタバコ幼植物の根を用いて調べた。タバコ培養細胞のインベルターゼ活性は粗酵素液を抽出して測定し、根のインベルターゼ活性は組織化学的染色法を用いて観察した。その結果、いずれの系においても、Al 処理により、液胞に局在するインベルターゼ活性の上昇を見いだした。従って、Al ストレスの下に見られる液胞インベルターゼ活性の上昇は、アルミニウムによる細胞伸張阻害を補う可能性が示唆された。

2．気孔閉口に関与する AtALMT12 輸送体の解析

我々がコムギからクローニングした Al 耐性遺伝子 *ALMT1* は、Al 活性化型リンゴ酸輸送体をコードし、その相同遺伝子は植物のみに見られるユニークな遺伝子である。本研究では、ALMT1 相同遺伝子の一つが気孔の閉口調節に関わることを見出した。

植物では気孔の開閉により二酸化炭素の吸収や水の蒸散が制御されており、それはいくつかのイオンチャネルによって調節されている。我々は、先ず、シロイヌナズナにおける *ALMT1* 相同遺伝子である *AtALMT12* が気孔を構成する孔辺細胞で特異的に発現することを見出した。野生系統ではカルシウムイオン、アブシジン酸、暗所等の処理により誘導される気孔閉口が、*AtALMT12* ノックダウン系統では抑制されており、この表現系は *AtALMT12* 形質転換により相補された。一方で、明条件下においてノックダウン系統の気孔開口の応答は野生系統と同様に見られた。さらに、アフリカツメガエル卵母細胞発現系を用いた電気生理的測定では無機アニオンの輸送活性が認められた。これらのことから、AtALMT12 タンパクは、気孔閉口を調節しているアニオン輸送体と考えられる。さらに、ALMT タンパク質ファミリーは、アニオン輸送体として植物の多様な生理機能を担っていることが明らかとなった。

Aluminum (Al) is a major factor limiting crop productivity in acidic soils. Our objectives are to elucidate the mechanisms of Al toxicity and tolerance and the mechanisms of growth regulation under Al stress at the whole plant level.

1. Enhancement of vacuole invertase activity by Al in tobacco

Aluminum ion inhibits root growth through the inhibition of cell elongation at root apical meristem. Furthermore, cell elongation inhibition by Al accompanies an increase in the production of reactive oxygen species. These responses to Al are also observed in actively growing cultured tobacco cells. Water uptake is necessary for cell elongation. The motive force of water uptake is an increase in osmolality by the increase in solutes such as free sugars, inorganic ions and amino acids in vacuole. Invertase localized in vacuole contributes to an increase in osmolality by hydrolysis of sucrose to glucose and fructose. We examined whether or not Al ion inhibits invertase activity in vacuole, in cultured cells or roots of tobacco by measuring invertase activity in cell-free extracts and histochemical staining, respectively. On the contrary, we found that invertase activity in vacuole was enhanced by Al in both systems, suggesting that an increase in invertase activity in vacuole may alleviate the inhibition of cell elongation under Al stress.

2. Analysis of AtALMT12 involved in plant stomatal closure.

The Al-tolerant gene cloned from wheat, *ALMT1*, encodes Al-activated malate transporter. The *ALMT1* homologues are found only in plants. In this study, we found that one of the *ALMT1* homologues regulates stomatal closure.

Stomatal movement driven by ion transport in guard cells regulates carbon dioxide uptake and transpirational water loss of plants under environmental constraints. Anion channels/transporters have received particular attention due to their key roles in stomatal regulation. Firstly, we found that one of the *ALMT1* homologues in *Arabidopsis thaliana*, *AtALMT12*, was strongly expressed in guard cells. The loss-of-function mutations in *AtALMT12* impaired the stomatal closure induced by calcium ion, abscisic acid or dark-treatments, but did not abolish typical rapid- and slow-type anion currents, major characteristics in anion flux for stomatal closure. AtALMT12 facilitated the transport of inorganic anions in *Xenopus* oocytes. Taken together, we conclude that AtALMT12 is an anion transporter essential for stomatal closure. Furthermore, these findings indicate that ALMT-family proteins have diverse functions as anion transporters in plants.

本グループでは、植物細胞の環境ストレス応答機構を分子生理学的に研究している。現在は植物細胞の水輸送機能とアクアポリンを中心に研究を進めている。以下に今年度の成果概要を述べる。

1．オオムギおよびイネの根における水輸送活性

私たちはオオムギ根における浸透圧ストレス下での水輸送活性がエンドサイトーシスを伴ったリサイクリングによって調節されているとの作業仮説を立てている。このことを裏付けるためにウェスタンブロット法を用いて抗 PIP2;1 抗体で根の膜画分を染色したところ、ストレス時の水輸送活性の変化に応じてフラクションのピークがシフトするという結果を得た。これは浸透圧ストレス受容時に膜の変動が起こっていること示唆している。現在はイネの根における塩ストレス下での水輸送活性の変化を調査中である。

2．オオムギ原形質膜型水チャネル・アクアポリン（HvPIP）の水輸送活性制御の分子機構

PIP2 はアフリカツメガエル卵母細胞機能発現系や酵母の小胞で大きな水輸送活性があるが、PIP1 は活性がないか、あっても非常に小さい。しかし、PIP1 はアフリカツメガエル卵母細胞で単独で発現させると、発現が低レベルであり、原形質膜へターゲティングさせることができないので、PIP1 分子の水チャンネルが本当に閉じているかどうかは疑わしかった。単独で発現しても卵母細胞の原形質膜へターゲットできる HvPIP1;2 キメラタンパク質を作成し、これをエスコートタンパク質として利用して HvPIP1;2 を原形質膜に届けても活性が検出できないことを明らかにした。これは PIP2 とヘテロマーを形成しない PIP1 は活性がないことを示している。

3．二酸化炭素透過性アクアポリンの同定

外部から細胞内に取り込まれる二酸化炭素をカーボニックアンヒドラーゼ（CA）によって重炭酸イオンに変換して、生成される水素イオンを pH 感受性 GFP による蛍光の変化で検出するように設計された酵母細胞を作出した。このシステムを使ってオオムギとイネのアクアポリンをスクリーニングして、二酸化炭素透過性を持つアクアポリンとして HvPIP1;1、HvPIP2;1、HvPIP2;3、OsPIP2;1、OsTIP2;2 を同定した。

4．酵母細胞を用いたアクアポリンの亜ヒ酸および過酸化水素輸送活性の検出

亜ヒ酸に対する高感受性酵母変異系統 *acr3* にアクアポリンを発現させるスクリーニング系によって、すでに亜ヒ酸輸送能が報告されているイネアクアポリン OsNIP2;1 と OsNIP3;2 の他に OsNIP2;2、OsNIP3;3 とオオムギアクアポリン HvNIP2;2 が亜ヒ酸輸送活性を持つことを見いだした。また過酸化水素に対する高感受性酵母変異系統 *skn7* を用いたスクリーニングの結果、過酸化水素を透過させる可能性のあるオオムギアクアポリン HvPIP2;5 および HvTIP2;2 が同定された。

We have been conducting molecular and cellular studies on the responses of plant cells to environmental stress. Now we are mostly focusing on the cellular function of water transport and aquaporins. The achievements of this year's research are described as follows.

1. Water permeability of barley and rice roots

We investigated by immunoblotting the involvement of endocytosis in water transport of barley root under osmotic stress. Interestingly, the peak fraction of plasma membrane intrinsic proteins (PIPs) shifted to a heavier fraction when root water permeability was down-regulated under osmotic stress. This result suggested the possible regulation of endocytosis by osmotic stress. We also investigated the regulation mechanisms in rice under salt stress.

2. The molecular mechanism of heteromerization of HvPIP water channels from barley

Plasma membrane intrinsic proteins (PIPs) can be divided into two major groups, PIP1s and PIP2s, on the basis of their sequence. All PIP2s exhibit high water-channel activity in *Xenopus* oocytes and in yeast vesicles, whereas PIP1s are often inactive or have low activity. Since the level of PIP1s protein is much lower than that of PIP2s, and PIP1s fail to target the plasma membrane in *Xenopus* oocytes, there have been a question whether PIP1 molecules themselves are inactive or not. We made a chimera protein (HvPIP1;2N2C2) derived from HvPIP1;2 which can alone target the plasma membrane of *Xenopus* oocytes. Using HvPIP1;2N2C2 as an escort for the PIP1 protein to the plasma membrane, we demonstrated that the PIP1 molecule without PIP2 molecule had no water-channel activity, suggesting that the water channel of the PIP1 is opened by contacting with a PIP2 molecule.

3. Detection of the $CO_2$ permeability in rice and barley aquaporins

We integrated a carbonic anhydrase gene and a pH-sensitive GFP gene into the yeast genome. In this system, $CO_2$ is converted to bicarbonate and production of proton is detected with the change of pH-dependent EGFP fluorescence. Using this yeast cells, we screened the $CO_2$ permeability of rice and barely aquaporins. In addition to previously reported HvPIP2;1, we newly identified the permeability of HvPIP1;1, HvPIP2;3, OsPIP2;1 and OsTIP2;2 as $CO_2$ transporters.

4. Screening aquaporins that have transport activities for arsenate and hydrogen peroxide

Using arsenate-hypersensitive yeast strain *acr3*, we newly identified OsNIP2;2, OsNIP3;3 and HvNIP2;2 as arsenate transporters in addition to OsNIP2;1and OsNIP3;2 that are previously known to have an arsenate permeability. As for the transport activity of hydrogen peroxide, certain activities were identified in HvPIP2;5 and HvTIP2;2 using the screening system with the hydrogen peroxide-hypersensitive yeast strain *skn7*.

## 植物・微生物相互作用グループ

## Group of Plant-Microbe Interactions

植物の生育は、病原微生物あるいは共生微生物との相互作用により大きく影響を受ける。本グループでは、いくつかの選択された系でそれらの相互作用を分子、細胞、個体レベルで解析している。

1．ヴァイロコントロール潜在力を持つマイコレオウイルス１のセグメント S4 の機能解析

マイコレオウイルス１（MyRV1）は世界３大樹病の一つであるクリ胴枯病の病原糸状菌に感染し、宿主菌のクリに対する病原性を低下させる潜在的ヴァイロコントロール（ウイルス性生物防除）因子である。MyRV1 は 11 本の２本鎖 RNA（S1-S11）をゲノムに持つ。本研究では、S4 の再編成株４種を分離し、機能解析に用いた。再編成ウイルス株に含まれる標準 S4 より短い S4 セグメント(S4ss)は ORF の 80 ～ 90% の内部欠失を持っていた。野生株、以前に分離した再編性株 S10ss と比較すると、S4 再編成株は複製量に顕著な差は認められないが、胞子伝搬効率の著しい低下、病徴型の差異が認められた。遺伝子再集合により S10ss と S4ss 両方を保持するウイルス株の分離に成功した。興味深いことに、本株も複製可能で S4ss を持つ株と同じ表現型を示した。以上より、S4 コードの蛋白質 VP4 は VP10 同様にウイルス複製に不要であるが、効率的ウイルス垂直伝搬、正常なウイルス病徴発現に必要であることが示された。

2．ラン科植物に発生するポティウイルスの分子系統学的解析

ポティウイルス属は農業生産上最も被害をもたらすウイルス群の一つである。我が国のラン科植物では、これまでに７種のポティウイルスが報告されている。しかし，外被蛋白質（CP）遺伝子の情報がほとんどないため、その正確な診断や分類は困難であった。そこで、本研究では、各ウイルスの CP 遺伝子領域を RT-PCR により増幅後、塩基配列を決定した。その結果、DeMV-J、DeSMV、HaMV、CalMMV の４種のポティウイルスはこれまでに報告のない新規のウイルス種であることが確認された。さらに、ウチョウランの新病害として WMV をはじめて同定した。 BYMV や TuMV では、我が国のランの分離株ではじめてその配列を決定し、CalMMV、DeSMV ならびに ClYVV の新たな分離株の配列も決定した。

3．MALDI-TOF/MS を応用した微生物の系統分類法の構築と *Methylobacterium* 属細菌による植物生育促進能力の解析

近年、微生物細胞の総タンパク質抽出液サンプルを用い、タンパク質質量の MALDI スペクトルに基づいて、分類及び同定に用いる技術が確立されつつある。本研究では植物の表面に多く存在してその生育を促進する、*Methylobacterium* 属細菌を網羅的に植物から分離して、重要な作物に効果の高い菌を選抜することを目的として、分離菌の系統を本法によって解析し、新種菌の発見及びスクリーニングの効率化を行った。これまでに屋上緑化に用いられるスナゴケに顕著な生育及び分化の促進作用を持つ菌や、イネ、大麦等に高い効果を持つ菌を選抜した。さらに植物生育促進効果の高い菌を選び出し、その促進作用の分子メカニズムを探るため、効果の高い本属細菌一株のゲノム解析を行った。

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

1. *Mycoreovirus 1* S4-encoded protein is dispensable for viral replication but necessary for efficient vertical transmission and normal symptom induction

The genus *Mycoreovirus*, newly established within the family, contains three members. Among them *Mycoreovirus 1* (MyRV1) infects the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*, and have 11 dsRNA genome segments (S1 to S11, ranging from 4127 to 732 in bp). MyRV1 causes severe reduction in virulence, thus being a potential virocontrol agent. The standard fungal strain EP155 infected with wild type MyRV1 grew slightly slower and was reduced in growth of aerial hyphae relative to virus-free EP155, while producing deep orange-brown pigments. Rearrangements of two segments, S6 (S6L) and S10 (S10ss), of MyRV1 were previously shown to be induced at a high rate by the multifunctional protein p29 encoded by a distinct ssRNA virus, the prototype hypovirus CHV1-EP713. Here we report the occurrence of rearrangements of MyRV1 S4, albeit at a very low frequency, in the absence of CHV1 p29, resulting in internal 80-90% deletions of the open reading frame (ORF) in S4. Comparative analyses of fungal strains infected by wild-type MyRV1 and its variants carrying rearrangements of S4, S4 plus S10 and S10 indicated that S4-encoded VP4, like VP10, is non-essential for virus replication but required for efficient vertical transmission and symptom expression caused by MyRV1. This is the first example of a reovirus variant that carries deletions of over 75% of the ORFs in two genome segments and is still replication-competent.

2. Molecular and phylogenetic analyses of the coat protein gene of orchid-infecting potyviruses in Japan

The genus *Potyvirus* is one of the largest and most economically important groups of plant viruses. Based upon serological biological analyses, five definitive and three tentative members of the genus were identified earlier in orchids in Japan: BYMV, CalMMV, ClYVV, TuMV, WMV (formerly WMV2), DeMV-Japanese isolate, DeSMV, and HaMV. In this study, the CP genes of potyviruses isolated from *Calanthe*, *Dendrobium*, *Habenaria* and *Orchis* orchids in Japan were analyzed by RT-PCR followed by direct sequencing of amplified fragments. Sequence analyses revealed that Japanese isolates, tentatively classified into CalMMV, DeMV-Japan, DeSMV, and HaMV, belong to new species of the genus *Potyvirus*. We also determined the CP gene sequences of several isolates of BYMV, ClYVV, TuMV from *Calanthe*, and WMV from *Orchis* plants.

3. MALDI-TOF/MS-based classification of bacteria and mechanism of plant-growth promoting ability of *Methylobacterium* species

Recently, a method to classify and identify microbial strains by using MALDI-MS spectra of total protein extracts has been established. We applied the method to evaluate taxonomic positions of *Methylobacterium* isolates collected from many plant samples. The species are reported to predominate in phyllosphere and to promote plant growth. We constructed a library of the species and found some strains that were able to promote the growth of rice, barley, and a moss that could be used for roof-greening purposes. Furthermore, we sequenced a genome of a highly potent strain to find genes involved in this promotive activity.

## 大麦グループ

大麦グループでは，実験系等を含む栽培オオムギ約14,000系統と野生オオムギ約600系統を保有し、⑴種子の増殖、遺伝的多様性の評価、⑵特性データのデータベース化、種子配布等の系統保存事業、⑶ゲノム解析の諸手法を使ったオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

### １．オオムギ遺伝資源の評価

⒜休眠性のQTL解析

穂発芽性の育種的な対応の一つとしての利用が期待されるオオムギの休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換置換系統（RCSL）に由来する大規模分離集団を用いて5HL染色体上のQTL（*Qsd1*）の遺伝子候補を同定した。現在この遺伝子の形質転換および機能解析を行っている。

⒝六条性の進化過程

*vrs1* 遺伝子が呈す六条性は、側列を稔実させ一穂あたりの着粒数を増加させる。六条性は栽培オオムギを特徴づける代表的な形質の一つであり、栽培オオムギの成立を考える上で，六条性の起源とその伝播は最も重要な進化イベントである。*vrs1* 遺伝子の塩基配列多型の解析を行い、六条性を示すハプロタイプの系統関係とそれらの地理的分布を調査した。その結果六条性は少なくとも４度の独立した起源を持ち、それらが時間的・空間的に独立した伝播経路を経てユーラシア大陸全域に分布したことが示唆された。

### ２．オオムギ遺伝資源の分譲・配布

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

⒜系統種子の配布

在来系統を中心とするオオムギ種子の配布を行った。

⒝cDNAクローンの配布

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

⒞BACクローンおよびライブラリーの分譲

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

### ３．オオムギのゲノム解析

生研センター「新技術・新分野創出のための基礎研究推進事業」に採択された「オオムギ重要形質に関与する遺伝子の同定と育種への応用」によって、オオムギ染色体3Hおよび5HLに座乗する遺伝子の配列解析、醸造およびストレス耐性に関わる遺伝子の単離を進めている。また、ナショナルバイオリソースプロジェクトおよび農水省多様性ゲノム解析プロジェクトによって，オオムギの完全長cDNA解析を進めている。

## Group of Barley Resources

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

### 1. Evaluation of barley germplasm

(a) QTL analysis of barley seed dormancy

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

(b) Evolutionary process of six-rowed spike in domesticated barley

The origin of six-rowed spike was one of the most seminal evolutionary events in domesticated barley. It was revealed that six-rowed spike morphology was produced by recessive mutation in *vrs1* locus, which encoded homeodomain-lecine zipper I homeobox gene. In order to investigate the evolutionary process of the six-rowed barley, we performed comprehensive molecular polymorphic analysis using wild and domesticated barley accessions collected from all over the world. The polymorphic data and the data from the haplotype analysis indicated that the *vrs1* mutation events were repeatedly occurred in process of the barley domestication and that the repetition of the migrations to westward and / or to eastward in the Old World could generate the geographic distribution patterns of *vrs1* alleles revealed in this study.

### 2. Collection and distribution of barley genetic resources

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

### 3. Barley genome analysis

The project ‘Identification of genes of important traits and their application in barley breeding’ started with support of Bio-oriented Technology Research Advancement Institution (BRAIN). The project aims to sequence genes on chromosome 3H and 5HL and isolate genes responsible for brewing traits and stress tolerances. The full length cDNA projects on barley are also part of the NBRP and the genome diversity analysis project is conducted by Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries.

本グループではオオムギの種子成分や穂形態に関わる遺伝子の機能について個体レベルから遺伝子レベルで解析している。今年度の研究成果の概要は以下の通りである。

1．オオムギのポリフェノール酸化酵素遺伝子の分子遺伝学的研究

ポリフェノール酸化酵素（PPOs）は銅酵素で核遺伝子にコードされ、プラスチドに輸送される。これまでの報告によると PPO はコムギあるいはオオムギ加工製品の時間依存的な褐変を起こす一因とされ、褐変化により品質の低下が起こる。本研究では、コムギ *PPO* 遺伝子の保存領域である銅結合領域に設計したプライマーを用い、オオムギから 2 種のホモログを PCR 増幅した。*PPO* 遺伝子の完全長を BAC ライブラリー、inverse-PCR および 3'-RACE により取得した。連鎖分析により *PPO1* および *PPO2* 遺伝子の多型は芒のフェノール反応性と共分離することがわかった。RT － PCR の結果、*PPO1* は穎および芒で発現し、*PPO2* は穎果で発現していた。芒がフェノール非着色性のオオムギ 51 系統を用い、両遺伝子の多型を調査した。その結果、*PPO1* では 5 種類の変異が機能的に重要な部位に生じており、アミノ酸置換をもたらすと予測された。このことから *PPO1* が芒のフェノール反応を決定する主因子であると結論した。*ppo1 ppo2* の二重突然変異体では芒および穎果がフェノールで着色しないことに加え、黒条線の着色もみられなかった。このことから *PPO2* は粒の腹側の溝で発現するとみられた。*PPO2* のプロモーター領域には hAT 型トランスポゾンの挿入が認められ、これにより発現パターンが変化しているとみられた。

2．オオムギ 7H 染色体上の短芒遺伝子 short awn 2（*lks2*）および密穂遺伝子 dense spike 1（*dsp1*）の分子マッピング

short awn 2（*lks2*）および dense spike 1（*dsp1*）は東アジアのオオムギに固有の遺伝子である。これら 2 つの穂関連形態遺伝子は安定生産および地域適応性に関係するとみられるため重要である。これら遺伝子をポジショナルクローニングする第一歩として、樺太在来と会津裸 3 号の交雑 $F_2$ 98 個体を用いて分子マッピングを行った。*dsp1* は 7H 染色体短腕基部にマップされた。*lks2* は 7H 長腕上で、EST ベースのマーカーである k04151 と k06123 の間にそれぞれ基部側 0.5 cM および末端側 1.0 cM の距離をおいて位置していた。k04151 と k06123 はともにイネ第 6 染色体上の遺伝子と相同性を有し、それらの間の物理距離は 5.6 Mbp であった。この区間において、イネ－オオムギマイクロシンテニーを利用してマーカー開発を試みた。57 個のイネ遺伝子から出発して、15 個（26.3%）の多型を示す EST ベースのマーカーが得られた。*lks2* の候補領域にはマイクロコリニアリティーの乱れが観察されたことから、オオムギとイネが共通祖先から分化する過程で *lks2* 担荷領域に構造変異が生じたことが示唆される。

Our group is focusing on molecular genetic analysis of barley with special attention to grain quality and spike morphology. Our main achievements during 2010 are described below.

1. Molecular genetic analysis of polyphenol oxidase genes in barley

Polyphenol oxidases (PPOs) are copper-containing metalloenzymes encoded in the nucleus and transported to the plastids. PPOs cause time-dependent discoloration (browning) of processed products of wheat and barley, which impairs their appearance quality. In this study, two barley *PPO* homologs were amplified using PCR with a primer pair designed in copper binding domains of the wheat *PPO* genes. The full-lengths of respective *PPO* genes were cloned using a BAC library, inverse-PCR, and 3'-RACE. Linkage analysis showed that the polymorphisms in the *PPO1* and *PPO2* cosegregated with the phenol reaction phenotype of awns. Subsequent RT-PCR experiments showed that *PPO1* was expressed in hulls and awns, and that *PPO2* was expressed in caryopses. Allelic variation of *PPO1* and *PPO2* was analyzed using 51 barley accessions with the negative phenol reaction of awns. In *PPO1*, amino acid substitutions of five types affecting functionally important motif(s) or C-terminal region(s) were identified in 40 of the 51 accessions tested. In *PPO2*, only one mutant allele with a precocious stop codon resulting from 8-bp insertion in the first exon was found in three of the 51 accessions tested. These observations demonstrated that *PPO1* is the major determinant controlling phenol reaction in awns. Comparisons of *PPO1* single mutants with the *PPO1 PPO2* double mutant indicate that *PPO2* controls the phenol reaction in the crease on the ventral side of caryopses. An insertion of a hAT-family transposon into the promoter region of the *PPO2* may be responsible for the different expression patterns of the duplicate *PPO* genes in barley.

2. Molecular mapping of the short awn 2 (*lks2*) and dense spike 1 (*dsp1*) genes on barley chromosome 7H

The short awn 2 (*lks2*) and dense spike 1 (*dsp1*) genes are unique to East Asian barley. These two spike-related morphological genes are important because they are possibly connected to stable production and local adaptation. As the first step of their positional cloning, molecular mapping was conducted in 98 $F_2$ plants derived from a cross between Karafuto Zairai and Aizu Hadaka 3. The *dsp1* gene was mapped to the proximal region of the short arm of chromosome 7H. The *lks2* gene was located on the long arm of 7H and flanked by EST-based markers k04151 and k06123, with distances of 0.5 cM in the proximal side and 1.0 cM in the distal side. Both k04151 and k06123 shared homology to rice genes on chromosome 6 that were separated with the physical distance of 5.6 Mbp. In this interval, rice–barley microsynteny was exploited for marker enrichment. Of 57 rice genes attempted, 15 (26.3%) yielded polymorphic EST-based markers. Breakdown of collinearity was found in the candidate region of *lks2*, suggesting the occurrence of structural changes in the chromosome region harboring *lks2* during divergence of barley and rice from a common ancestor.

１．野生植物種子画像データベースの構築とインターネットへの公開

すでにインターネットに公開している種子画像は外来植物に限られていたため、これを雑草全体に広げる準備を行っている。この一年間に収集し増加した点数は生存種子 280 点、さく葉標本 1,273 点であった。それらの種子画像の撮影も順調に進んでおり、この科研費による研究が終了する 2011 年には公開できる。

２．分子系統解析

単子葉植物の初期進化、カヤツリグサ科の分類学的再検討、イネ科帰化雑草種子の同定、タンポポ属の交雑関係などをテーマに、ミトコンドリア７遺伝子、葉緑体８遺伝子、核３遺伝子の DNA 解析を進めている。カヤツリグサ属の分子系統解析の結果を日本雑草学会第 49 回大会で発表し、ベスト講演賞を受賞した。カヤツリグサ科スゲ属ミヤマカンスゲ類の分子系統解析結果を日本植物学会第 74 回大会で発表した。

３．モモ圃場における生物多様性の解析と農業に有用な指標生物の選抜

農薬の使用が昆虫類の生物多様性に及ぼす影響を調べるために、慣行、減農薬、有機栽培モモ圃場においてピットホールトラップによる昆虫類の個体群調査を行った。調査７圃場において捕獲された 151 種、計 6,489 個体の解析を行った結果、1) 農薬の使用はモモ圃場における昆虫類の生物多様性に悪影響を及ぼす、2) 悪影響の程度は殺虫剤よりも除草剤において大きい可能性が示唆された。また、モモ圃場における農業に有用な指標候補種としてトビイロシワアリ *Tetramorium tsushimae* E. が選抜された。

４．岡山県内の野生植物調査

標本記録の再調査と現地調査の結果から、岡山県レッドデータブックが７年ぶりに改訂された。レッドリスト種の標本の誤同定が訂正されたり、古い標本記録や現地調査から新たな分布地が判明するなど、多くの発見があった。

2007 年～ 2009 年における現地調査と、資源植物科学研究所ならびに倉敷市立自然史博物館に蓄積された標本の再検討の結果から、岡山市植物目録を５年ぶりに増補改訂した。岡山市に新たに合併された建部町と瀬戸町の標本と、旧岡山市内の新たな標本が加わり、収録種数は 177 科 2,077 種、標本点数は 20,032 点である。

５．海外調査など

昆明植物研究所との共同により、中国雲南省北部のダイズ遺伝資源調査に同行し、農村の二次植生および山地森林植生を調査した。

Table 1. Preservation of wild plant seeds and voucher specimens (As of November 24, 2010)

| | Herbarium | Seed | Live seed |
|---|---|---|---|
| Family | 258 | 227 | 209 |
| Species | 6,506 | 5,476 | 3,814 |
| Accession | 63,156 | 32,299 | 16,846 |

1. Image database of weed seeds

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

2. Molecular phylogeny analysis

To reveal the pylogenetic relationships among entire monocotyledons, and phylogeny of the family Cyperaceae and to identify the seeds from naturalized grasses, we have analyzed DNA sequences of 18 genes from three genomes (nuclear, plastid and mitochondria). We are awarded a best-presentation-prize for our presentation on the molecular phylogenetical analysis of the *Cyperus sensu lato* (Cyperaceae) at the 49$^{th}$ annual meeting of Weed Science Society of Japan. We presented a molecular phylogenetic study on the *Carex multifolia*-complex at the 74$^{th}$ annual meeting of the Botanical Society of Japan.

3. Effects of pesticides on insect biodiversity and selection of functional biodiversity indicators in Japanese peach orchards

To examine the effects of pesticides on biodiversity of insects, we conducted a population survey in conventional, low-input and organic peach orchards. Pitfall traps were used to sample a total of 6,489 insects representing 151 species at seven study sites. Results of population survey suggested that pesticide application adversely affected biodiversity of insects in peach orchards and magnitude of the adverse effects might be greater in herbicide application than insecticides. The ant species, *Tetramorium tsushimae* E. was selected as a candidate functional biodiversity indicator in peach orchards.

4. Investigations on flora of Okayama Prefecture

Okayama Red Data Book was revised after an interval of seven years. We found some misidentified voucher specimen as red-data species and many new geographical distribution records of red-data species through the revision.

We also edited the revised "Vascular Plants of Okayama City" based on field surveys from 2007 to 2009 and reexamining herbaria of Institute of Plant Science and Resources and Kurashiki Museum of Natural History. The revised edition records 20,032 voucher specimens of 2,077 taxa (177 families) collected from Okayama City.

5. Field survey

In collaboration with the Kunming Botanical Institute, we conducted field investigations on the natural vegetation of the northern part of Yunnan. In this research trip, we surveyed some natural forests and weed vegetations.

# ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

本研究グループでは、植物を主たる材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞学的および分子遺伝学的研究を行っている。現在は主として、植物の染色体機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）の構造解析を行っており、植物人工染色体の創出を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

１．シロイヌナズナにおける部分的ゲノム重複の遺伝子発現への影響

植物の進化においては、全ゲノム重複とそれに引き続くゲノム再構成が、種分化の主たる要因であると考えられている。しかし、部分的なゲノム重複がどのような影響を及ぼすかについてはよくわかっていない。我々は、４種の異常染色体（$\alpha$, $\beta$, $\gamma$, $\delta$）をもつシロイヌナズナの形質転換体の後代に、新規の核型２種（RK1 と RK2）を分離した。両核型ともに、12 本の染色体を有し（$2n$=12）、染色体構成は、数世代にわたって安定であった。RK1 は、野生型に比べ、１番染色体の上腕の約４Mb（TEL ～ T12C24）が重複しており、RK2 は、２番染色体の短腕領域約７Mb が重複している。また、両核型には共通して、１番染色体の上腕約１Mb（F13K23 ～ F14L17）領域の重複が存在する。そこで、これらの重複が遺伝子発現にどのような影響を及ぼすかについて、マイクロアレイによる発現解析を行った。その結果、重複部位だけでなく、ゲノム全域に渡って遺伝子発現パターンに変化が生じていることがわかった。

２．タバコ動原体特異的 DNA の解析

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に配分するために必須である。その機能は、酵母から動物、植物に至るまで保存的であるのに対して、動原体領域に存在し、その機能と関連する DNA は、ごく近縁な種の間でも異なることが知られている。タバコは、長鎖 DNA を形質転換できる植物であることから、人工染色体構築のためのモデル植物となる可能性を秘めている。しかし、人工染色体構築およびその解析に必須である動原体 DNA 配列および動原体タンパク質の解析は、これまで全く行われていなかった。そこで、我々は人工染色体構築のために、タバコの動原体特異的タンパク質および DNA の解析を行っている。本年度は、タバコ動原体領域の DNA 構成を調べるために抗 -NtCENH3 抗体を用いた免疫沈降によりタバコ祖先種から Nto1 断片を新たに単離した。この配列の反復単位を知るために、昨年度に作成したタバコ BAC ライブラリーの内 4000 クローンから Nto1 特異的なプライマーを用いて 30 の動原体領域由来の BAC クローンを選抜した。これらのクローンをプローブに用いた *in situ* ハイブリダイゼーションでは、10 クローンがゲノム特異的動原体シグナルを示した。これらのうち３クローンの塩基配列を決定した結果、Nto1 はレトロトランスポゾンの LTR の一部を含み、このレトロトランスポゾンが 48 個のタバコ動原体のうち 24 個に局在していることが示された。

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. Our current goal is to construct plant artificial chromosomes by analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins. Our main achievements in 2010 are described below.

1. Effect of partial genome duplication on gene expression in *Arabidopsis thaliana*

Whole-genome duplication (WGD) and subsequent genome reconstruction are thought to be main forces of divergence in the evolution of flowering plants. However, the effect of partial genome duplication remains unclear. Recently, we established two novel karyotypes (RK1 and RK2) from a transgenic *Arabidopsis* plant, which have four structurally changed chromosomes ($\alpha$, $\beta$, $\gamma$ and $\delta$). Both karyotypes were composed of twelve chromosomes ($2n$=12), and these chromosome constitutions were relatively stable at least for three generations. FISH (Fluorescence *in situ* hybridization) revealed that compared with the wild-type, RK1 contains a 4.2-Mb duplication of the terminal tip from TEL1N to T12C24 on chromosome 1, whereas RK2 contains a 7-Mb duplication from TEL2N to F3C11 on the short arm of chromosome 2. Additional duplication (ca. 1Mb) from F13K23 to F14L17 on the top arm of chromosome 1 was found in both RK1 and RK2. To identify those duplication effects, we investigated the gene expression by cDNA microarray. As a result, the alterations were found to have occurred throughout the genome, as well as the duplicated regions.

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

Centromeres play an important role in segregating chromatids into daughter cells at mitosis and meiosis. Though the centromere function has been conserved among all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are diversified among closely related species. Since long DNA can be introduced into tobacco, tobacco has a potential to be a model plant for artificial chromosomes construction. However, we need to know the sequence of the centromeric DNA and proteins to construct and characterize artificial chromosomes in tobacco. This year, we isolated a segment of centromeric DNA (Nto1) from the ancestral diploid of tobacco by a chromatin immunoprecipitation using an antibody against the NtCENH3, a centromere-specific histone H3 variants in tobacco. We screened BAC clones involving Nto1 from 4000 clones of a tobacco BAC library and isolated 30 positive clones. Localization of the BAC clones was investigated by fluorescence *in situ* hybridization, and ten of them were found to be centromeric. We determined DNA sequences of three BAC clones among them. These sequence data suggest that Nto1 is a part of the long terminal repeat (LTR) of a retrotransposon, and this retrotransposon is located on 24 of 48 centromeres of the species.

## ゲノム制御グループ

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

１．コシヒカリ *nDart1* タグラインの育成

全シーケンスがほぼ判明したイネにおいて、遺伝子の機能を解明することは重要である。遺伝子機能解析にあたりトランスポゾンタグラインの利用は有用であり、イネで発見した内在性トランスポゾン *nDart1* を利用したタグラインを育成してきた。このタグラインにおいて機能獲得型の変異も出現することが判明したために、実用品種のタグライン育成を目指し、コシヒカリに *nDart1* を導入した系統を育成した。基礎情報として、いくつのコピーがどの染色体にあるかを調査したところ、少なくとも２コピーの *nDart1-0* が存在していることが判明した。

２．低投入適応型（LIA）イネの開発

21 世紀の農業では環境との調和を計ることが重要である。そのためには、低投入で最大の効果が得られるような作物を育成する必要がある。これまで、アフリカの野生イネ、*Oryza longistaminata* と日本型 T-65 との交雑後代で、無施肥水田で大きなバイオマスを示す系統を選抜してきた。その要因を明らかにするために、選抜系統とコシヒカリ、および農林 18 号との交雑を行い、F1 を育成した。F1 の形態的特徴は両親の中間型を示し、種子稔性も良好で、雑種不稔性は生じていないものと推定された。

３．コムギ種子発芽の光制御と休眠性

光は植物が生存するためのエネルギーとなるだけでなく、様々な遺伝子の発現を制御するシグナルとしても作用する。コムギの種子発芽に及ぼす光の影響を調査するために、半切により休眠打破した農林 61 号の開花後 45 日（DAP45）の種子に対して、様々な光条件下での発芽試験を行った。半切種子の発芽率は暗黒および赤色光下では高かったが、青色光の照射により発芽率は著しく低下した。青色光による発芽抑制効果は DAP70 および種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 では低下した。また、収穫後 15℃で４ヶ月保存した後熟種子では青色光の効果はさらに低下した。以上の結果より、コムギの種子発芽は青色光により抑制され、発芽における光制御は種子休眠性の影響を受けることが明らかとなった。

４．コムギのモノソミックを用いた穂発芽耐性突然変異体のスクリーニング

コムギの第３染色体、第５染色体モノソミックを EMS 処理した集団を作成した。約 3000 系統をスクリーニングした結果、発芽異常を示すもの（48 系統）および種子や穂（花）の形態異常（４系統）を示す変異体が得られた。現在、これらの突然変異体の解析を進めている。

## *Group of Genome Regulation*

In this group, genetic factors for greater production efficiency by using transposon-tagging lines and introgression from wild species and the mechanism of gene expression by phytohormone are been studied.

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

Functional genomics in rice in which genomic sequencing has been completed is important. An endogenous DNA transposon, *nDart1* frequently transposed under natural growth condition is powerful tool for functional analyses of rice genes. So far, many *nDart*-tagged lines have been cultivated and gain-of-function mutants have been obtained. Thus, we tried to introduce *nDart1* into Kosihikari, an elite variety in Japan, and developed a new line carrying *nDart1* and *aDart1-27* with the genetic background of Koshihikari (kosihikari *nDart1-0* line). It was revealed that Koshihikari Ndart1-0 line possesses two copies of nDart1-0 in different chromosomes. Thus, we are planning to increase Kosihikari *nDart1-0*-tagged lines.

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

In the 21th century, agriculture should be well harmonized with the environment. It is important to breed crops showing maximum efficiency under low input conditions. We are selecting the progeny having a large biomass under non-fertilized paddy field from the cross between *Oryza longistaminata*, African wild species and T-65, japonica rice. In order to reveal the genetic factors necessary for large biomass production under non-fertilized conditions, the selected rice plant was crossed with kosihikari and Norin 18. F1 plants represented intermediate phenotypes between the parents and good fertility, suggesting that hybrid sterility was not generated in the F1s.

3. Effects of seed dormancy on the photo control of germination in wheat

Light is important for plant as an energy source, and also as a signal for the regulation of gene expression. Effects of light condition on wheat seed germination were examined using half seeds with broken dormancy at 45 days after pollination (DAP45) in Norin61 under several light conditions. Higher germination percentages were represented in the dark and red light conditions, but blue light irradiation strongly inhibited germination. The inhibitory effects of blue light on the germination of half seeds and RSD32 mutant seeds with reduced seed dormancy diminished at DAP70. In the seeds incubated at 15℃ for 4 months after harvest (ripened seed), the effects of blue light diminished further. These results indicate that blue light inhibits seed germination and that the state of seed dormancy affects the photo control of germination in wheat.

4. Screening of PHS-resistant mutants from EMS-treated monosomics of common wheat

The seeds of monosomic lines of homeologous group Ⅲ and Ⅴ were treated with the mutagen EMS, and approximately 3000 lines from M1 plants were screened for mutations. We obtained 48 candidates for PHS-resistant mutants and four lines showing abnormal morphology of seeds and flowers. We are analyzing these lines genetically and physiologically.

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

１．野生植物メリケンカルカヤの金属及び酸化ストレス応答機構や耐性機構の解析

Al ストレスへの高い耐性機構に関する解析の結果から、この植物は1)根での Al 吸収を極力抑え、根に集積しない。2) Al を根から地上部へ移動させて根中での毒性濃度を下げる。3)地上部へ移行した Al を葉の棘状組織に集積させ、毒性効果の広がりを抑える。4)抗酸化酵素（SOD と catalase など）を高く誘導させることで、体内中の Al 毒性で生じる酸化ストレスの発生を軽減させるなど、４つの Al 耐性機構が存在していた。さらにメリケンカルカヤからは、Al 誘導性の ABC transporter 様蛋白質遺伝子と多種耐性遺伝子 S-adenosyl methionine syntase（SAMS）を単離しているが、前者は根と地上部で、また後者は根で主に誘導されることがわかった。また、酵母形質転換体ではこれら２つの遺伝子が共に金属ストレスや酸化ストレスの耐性機構や毒性機構に関与することが確認された。

２．アラビドプシスの *AtGST11* 遺伝子の発現に関わる転写調節因子群の解析

アラビドプシスの Al 誘導性遺伝子 *AtGST11* は重金属ストレスや酸化ストレスでも誘導される。プロモーター結合性転写調節因子（Transcription Factor ; TF）を介したこの遺伝子の発現制御を解析することを目的として、単離した４つの TF 候補の解析を進めている。各候補の転写における機能についてルシフェラーゼアッセイで転写活性を測定した結果、#11-1-1 と #11-1-3 は activator として、また #13 と #43 は repressor として機能することが示唆された。 現在其々の TF を欠損した株、または高発現株を用いて、どの TF がどのストレス時での転写調節に関わるかを検討している。

３．サクラソウ属の耐凍性に関する研究

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

４．倉敷における酸性雨の動態解析

過去 22 年間の倉敷における酸性雨の結果、降雨の酸性化が著しく、最近 10 年でさらに酸性化が進んでいることが明らかになった。酸性雨の原因イオンである $NO_3$ と $SO_4$ の降水中の濃度も 1990 年ころから増大する傾向が認められた。

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

1. Characterization of response mechanism and tolerance mechanism against metal stress and oxidative stress in a wild plant, Andropogon

*Andropogon virginicus* L. is a wild plant which shows a high tolerance to Al. Four tolerance mechanisms shown below were involved in this plant. 1) Low Al uptake in root tip. 2) High transportation of toxic Al from root to shoot not to accumulate it in root. 3) Accumulation of Al to trichome in leaf. 4) Induction of anti-peroxidation enzymes by Al stress to suppress oxidative damage. An Al-inducible ABC transporter gene and a multiple tolerance gene, S-adenosyl methionine syntase (SAMS) gene were previously isolated from this plant. The former is expressed in both root and shoot, while the latter mainly in root. The sensitivity tests of yeast transformants carrying these two cDNAs suggested that they are related to the tolerance mechanism and/or toxic mechanism of metal stress and oxidative stress.

2. Characterization of transcription factors involved in gene-response mechanisms in *Arabidopsis AtGST11* gene

The *AtGST11* gene is induced by Al stress, heavy metal stress, oxidative stress and so on. Four transcription factors (TFs) which are related to its gene-expression under various stresses were investigated. *AtGST11* promoter activity assay based on a dual luciferase assay indicated that the #11-1-1 and #11-1-3 are activator-type TFs and #13 and #43 are repressor-type TFs. We are now characterizing which TF is related to each stress using disrupted mutants and over-expressing transformants.

3. Study on freeze-tolerance of Primula.

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

4. Analysis of acid rain in Kurashiki

Observation of rain acidity in Kurashiki for 22 years from 1986 to 2007 showed an increase in acidification of rain water in the recent 10 years. From 1990 to 2002, the concentrations of acidic ion such as $NO_3$ and $SO_4$ also increased.

# 出版物リスト（*List of Publication*）

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

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

(1) Matsushima, R., Maekawa, M., Fujita, N. and Sakamoto, W. 2010. A rapid, direct observation method to isolate mutants with defects in starch grain morphology in rice. Plant Cell Physiol. 51: 728-741.

(2) Piechota, J., Kolodziejczak, M., Juszczak, I., Sakamoto, W. and Janska, H. 2010. Identification and characterization of high-molecular-weight complexes by *m*-AAA proteases and prohibitins in mitochondria of *Arabidopsis thaliana*. J. Biol. Chem. 285: 12512-12521.

(3) Kato, Y. and Sakamoto, W. 2010. New insights into the types and function of proteases in plastids. Intl. Rev. Mol. Cell Biol. 161: 185-218.

(4) Miura, E., Kato, Y. and Sakamoto, W. 2010. Comparative transcriptome analysis of green/white variegated sectors in *Arabidopsis yellow variegated2*: responses to oxidative and other stresses in white sectors. J. Exp. Bot. 61: 2433-2445.

(5) Miura E., Kato, Y., and Sakamoto, W. 2010. Reactive oxygen species derived from impaired quality control of photosystem II are irrelevant to plasma-membrane NADPH oxidases. Plant Signaling Behavior. 5: 264-266.

(6) Zhang, D., Kato, Y., Zhang, L., Fujimoto, M., Tsutsumi, N., Sodmergen, and Sakamoto, W. 2010. The FtsH Protease Heterocomplex in Arabidopsis: Dispensability of Type-B Protease Activity for Proper Chloroplast Development. Plant Cell doi/10.1105/tpc.110.079202.

(7) Saika, H., Sakamoto, W., Maekawa, M. and Toki, S. 2010. Highly efficient visual selection of transgenic rice plants using green fluorescent protein or anthocyanin synthetic genes. Plant Biotech. (in press)

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

(1) Shagimardanova, E., Gusev, O., Bingham, G. E., Levinskikh, M. A., Sychev, V. N., Tiansu, Z., Kihara, M., Ito, K. and Sugimoto, M. 2010. Oxidative stress and antioxidant capacity in barley grown under space environment. Biosci. Biotechnol. Biochem. 74: 1479-1482.

(2) Shagimardanova, E. I., Gusev, O. A., Sychev, V. N., Levinskikh, M. A., Sharipova, M. R., Il’inskaya, O. N. and Sugimoto, M. 2010. Expression of stress response genes in Barley *Hordeum vulgare* in a spaceflight environment. Molecular Biology 44: 734-740.

(3) Konno, H., Tsumuki, H. and Nakashima, S. 2010. Characterization of the cell wall matrix polysaccharides and glycoside-hydrolyzing enzymes of *Distylium racemosum* callus. Plant Science 178: 213-220.

(4) Konno, H., Nakashima, S. and Katoh, K. 2010. Metal-tolerant moss *Scopelophila cataractae* accumulates copper in the cell wall pectin of the protonema. Journal of Plant Physiology 167: 358-364.

(5) Novikova, N., Gusev, O., Polikarpov, N., Deshevaya, E., Levinskikh, M., Alekseev, V., Okuda, T., Sugimoto, M., Sychev, V. and Grigoriev, A. Survival of dormant organisms after long-term exposure to the space environment. Acta Astronautica. (in press)

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

(1) Khokon M.A.R., Hossain, M.A., Munemasa, S., Uraji, M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. 2010. Yeast elicitor-induced stomatal closure and peroxidase-mediated ROS production in Arabidopsis. Plant Cell Physiol. 51: 1915-1921.

(2) Hirayama, T. and Umezawa, T. 2010. The PP2C-SnRK2 complex: the central regulator of an abscisic acid signaling pathway. Plant Signaling & Behavior 5: 160-163.

(3) Hirayama, T. and Shinozaki, K. 2010. Research on plant abiotic stress responses in the post-genome era: past, present, and future. Plant J. 61: 1041-1052.

(4) Islam, M.M., Hossain, M.A., Jannat, R., Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. 2010. Cytosolic alkalization and cytosolic calcium oscillation in Arabidopsis guard cells response to ABA and MeJA. Plant Cell Physiol. 51: 1721-1730

(5) Shingu, Y., Mikawa, T., Onuma, M., Hirayama, T. and Shibata, T. 2010 A DNA-binding surface of SPO11-1, An

Arabidopsis SPO11 orthologue required for normal meiosis. FEBS J. 277: 2360-2374.
(6) 上野琴巳・平山隆志 . 2010. アブシジン酸 . 化学と生物 48: 555-563. (Ueno, K. and Hirayama, T. 2010. Abscisic Acid. Kagaku to Seibutsu 48: 555-563).
(7) 王 敬銘・伊藤晋作・浅見忠男・平山隆志・中島正敏 . 2010. エチレン、ジベレリン、ジャスモン酸、ストリゴラクトン . 化学と生物 48: 637-642. (Oh, K., Ito, S., Asami, T., Hirayama, T. and Nakashima, M. 2010. Ethylene, Gibberellin, Jasmonic acid and Strigolactone. Kagakut to Seibutsu 48: 5637-642).
(8) Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Koutsaftis, A., Inayat-Hussain, S.H., Tani, A., Katsuhara, M., Kimbara, K. and Mori, I.C. 2010. A bacterial biosensor for oxidative stress using the constitutively expressed redox-sensitive protein roGFP2. Sensors 10: 6290-6306.
(9) Arias-Barreiro, C.R., Nishizaki, H., Okubo, K., Aoyama, I. and Mori, I.C. 2010. Ecotoxicological characterization of tannery wastewater in Dhaka, Bangladesh. J. Environ. Biol. 31: 471-475.
(10) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y. and Yamamoto, Y. 2010. Closing Plant Stomata Requires a Homolog of an Aluminum-Activated Malate Transporter. Plant Cell Physiol. 51: 354-365.
(11) Islam, M.M., Munemasa, S., Hossain, M.A., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. 2010. Roles of AtTPC1, Vacuolar Two Pore Channel 1, in Arabidopsis Stomatal Closure. Plant Cell Physiol. 51: 302-311.
(12) Rikiishi, K., Matsuura, T. and Maekawa, M. 2010. *TaABF1, ABA response element binding factor 1*, is related to seed dormancy and ABA sensitivity in wheat (*Triticum aestivum* L.) seeds. Journal of Cereal Science 52: 236-238.

## 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) Yokosho, K., Yamaji, N., and Ma, J. F. 2010. Isolation and characterisation of two MATE genes in rye. Funct. Plant Biol. 37: 296-303.
(2) Zhao, F. J., Ago, Y., Mitani, N., Li, R. Y., Su, Y. H., Yamaji, N., McGrath, S. P. and Ma, J. F. 2010. The role of the rice aquaporin Lsi1 in arsenite efflux from roots. New Phytol. 186: 392-399.
(3) Zhao, X.Q., Mitani, N., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. 2010. Involvement of silicon influx transporter OsNIP2;1 in selenite uptake in rice. Plant Physiol. 153: 1871-1877.
(4) Huang, C. F., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2010. Knockout of a bacterial-type ABC transporter gene, AtSTAR1, results in increased Al sensitivity in Arabidopsis. Plant Physiol. 153: 1669-1677.
(5) 馬　建鋒・山地直樹．2010. 植物におけるミネラル関連トランスポーター．植物の生長調節．45: 49-57.（Ma, J. F and Yamaji, N. 2010. Transporters involved in transport and detoxification of minerals in plants. Regulation Plant Growth & Development 45: 49-57.）
(6) 牧野周・山谷知行・鎌田淳・落合久美子・小山博之・馬　建鋒・渡部敏裕．2010. 植物のミネラルストレス応答．日本土壌肥料学雑誌．81: 181-189. (Makino, S., Yamaya, T., Kamada, A., Ochiai, K., Koyama, H., Ma, J. F. and Watanabe, T. 2010. Response of plants to mineral stresses. Jpn., Soil. Sci. Plant Nutr. 81: 181-189.)
(7) Isa, M., Bai, S., Yokoyama, T., Ma, J. F., Ishibashi, Y., Yuasa, T. and Iwaya-Inoue, M. 2010. Silicon enhances growth independent of silica deposition in a low-silica rice mutant, *lis1*. Plant Soil 331: 361-375.
(8) Ma, J. F. 2010. Silicon transporters in higher plants. Ed. T.P. Jahn and G. P. Bienert. Advances in Experimental Medicine and Biology. MIPs and Their Role in the Exchange of Metalloids. Springer. 679: 99-109.
(9) 馬　建鋒．2010. 第３章　植物の必須元素、栄養元素．７．ケイ素．pp. 185-197. 間藤徹・馬　建鋒・藤原徹　編．植物栄養学　第２版．文永堂出版．(Ma, J. F. 2010. Chapter 3. Essential elements of plants. 7. Silicon. pp.185-197. *In* Plant Nutrition, eds. Matoh, T., Ma, J. F. and Fujiwara, T. Second Edition, Bunedo Publisher.)
(10) 馬　建鋒．2010. 第４章　不良土壌に対する植物の応答．１．酸性土壌．pp. 199-209. 間藤徹・馬　建鋒・藤原徹　編．植物栄養学　第２版．文永堂出版．(Ma, J. F. 2010. Chapter 4. Response of plants to problem soils. 1. Acid soil. pp. 199-209. *In* Plant Nutrition, eds. Matoh, T., Ma, J. F. and Fujiwara, T. Second Edition, Bunedo Publisher.)
(11) Xia, J. X., Yamaji, N. and Ma, J. F. 2010. Plasma membrane-localized transporter for aluminum in rice. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107: 18381-18385.
(12) Ueno, D, Yamaji, N., Kono, I., Huang, C. F., Ando, T., Yano, M. and Ma, J. F. 2010. Gene limiting cadmium accumulation in rice. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107: 16500-16505.
(13) 馬　建鋒・山地直樹．2010. アルミニウム耐性に関わるトランスポーター．日本土壌肥料学雑誌 81: 518-522.
(14) Ma, J. F. and Ryan, P. 2010. Understanding how plants cope with acid soils. Funct. Plant Biol. 37: iii-vi.

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


(1) Abdel-Basset, R., Ozuka, S., Demiral, T., Furuichi, T., Sawatani, I., Baskin, T.I., Matsumoto, H. and Yamamoto, Y. 2010. Aluminium reduces sugar uptake in tobacco cell cultures: A potential cause of inhibited elongation but not of toxicity. J. Exp. Bot. 61: 1597-1610.

(2) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa. S., Toyooka, K., Matsuoka. K., Murata, Y. and Yamamoto, Y. 2010. Closing plant stomata requires a homolog of an aluminum-activated malate transporter. Plant Cell Physiol. 51: 354-365.

(3) Furuichi, T., Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ryan, P.R., Delhaize, E. and Yamamoto, Y. 2010. Extracellular hydrophilic carboxy-terminal domain regulates the activity of TaALMT1, the aluminum-activated malate transport protein of wheat. Plant J. 64: 47-55.

(4) Ryan, P.R., Raman, H., Gupta, S., Sasaki, T., Yamamoto, Y. and Delhaize, E. 2010. Multiple origins of aluminium resistance in hexaploid wheat are derived from *Aegilops tauschii* and from more recent *cis* mutations to *TaALMT1*. Plant J. 64: 446-455.

(5) Ryan, P.R., Tyerman, S.D., Sasaki, T., Furuichi, T., Yamamoto, Y., Zhang, W.-H. and Delhaize, E. 2010. The identification of aluminium-resistance genes provides opportunities for enhancing crop production on acid soils. J. Exp. Bot. 62: 9-20.

(6) Yin, L., Wang, S., Eltayeb, A. E., Uddin, M. I., Yamamoto, Y., Tsuji, W., Takeuchi, Y., and Tanaka, K. 2010. Overexpression of dehydroascorbate reductase, but not monodehydroascorbate reductase confers tolerance to aluminum stress in transgenic tobacco. Planta 231: 609-621.

(7) Tani, A., Kawahara, T., Yamamoto, Y., Kimbara, K., and Kawai, F. 2010. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. J. Biosci. Bioeng. 109: 453-458.

(8) 泉　洋平、片桐千仭、園田昌司、積木久明 . 2010. ニカメイガ幼虫リン脂質の季節適応 . 低温生物工学会誌 56(2): 135-138. (Izumi, Y., Katagiri, C., Sonoda, S. and Tsumuki, H. 2010. Seasonal changes of phospholipids in larvae of the rice stem borer. Cryobiol. Cryotech. 56(2):135-138.)

(9) 積木久明、泉洋平 . 2010. 過冷却点の測定 .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.15-20. 岡山大学出版会（Tsumuki, H. and Izumi, Y. 2010. Measurement of super cooling point. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp.15-20.）

(10) 泉洋平、積木久明 . 2010.　低温耐性に及ぼす体内成分 .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.60-65. 岡山大学出版会 (Izumi, Y. and Tsumuki, H. 2010. Role of sugar, amino acid and lipids for cold hardiness. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp.60-65.）

(11) 積木久明、泉洋平 . 2010.　ペーパー・薄層・高速液体クロマトグラフィー .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.66-69. 岡山大学出版会 (Tsumuki, H. and Izumi, Y. 2010. Paper, Thin layer, High performance Liquid Chromatography. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp. 66-69.）

(12) 泉洋平、積木久明 . 2010.　凍結障害を受けた組織・細胞の同定 .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.126-130. 岡山大学出版会 (Izumi, Y. and Tsumuki, H. 2010. Identify of cold and freeze injury. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp.126-130.）

(13) 片桐千仭、泉洋平 . 2010.　細胞膜の低温障害 .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.158-163. 岡山大学出版会 (Katagiri, C. and Izumi, Y. 2010. Cold injury of cell membrane. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp.158-163.）

(14) 片桐千仭、泉洋平 . 2010.　細胞膜の流動性 .（積木久明・田中一裕・後藤三千代編「昆虫の低温耐性－その仕組みと調べ方－」）pp.169-174. 岡山大学出版会 (Katagiri, C. and Izumi, Y. 2010. Fluidity of cell membrane at low temperature. *In* H. Tsumuki et al. eds, Cold tolerance of Insect, Okayama University Press, pp.169-174.）


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


(1) Ligaba, A. and Katsuhara, M. 2010. Insight into the salt tolerance mechanism in barley (*Hordeum vulgare*) from the comparisons of cultivars that differ in salt sensitivity. Journal of Plant Research 123: 105-118.

(2) Yao, X., Horie, T., Xue, S., Leung, H-Y., Katsuhara, M., Brodsky, D.E., Wu, Y. and Schroeder, J.I. 2010. Differential sodium and potassium transport selectivities of the rice OsHKT2;1 and OsHKT2;2 transporters in plant cells. Plant Physiology 152: 341-355.

(3) 且原真木 . 2010. 水の吸収と輸送「植物栄養学　第２判」（間藤 徹、馬 建鋒、藤原 徹　編）pp. 50-54. 文永堂 (Katsuhara,

M., 2010, Water uptake and transport, In "Plant Nutrition (2nd edition)", Matoh, T, Ma, J.F., Fujiwara,T eds. pp. 50-54, Buneido Publishingh)
(4) Rhee, J., Katsuhara, M., Kang, H. S. and Chung, G. C. 2010. Water and $H_2O_2$ Permeability of Aquaporins Isolated from Cucumber and Figleaf Gourd. Horticulture Environmental and Biotechnology 51: 167-172.
(5) Abdel-Basset, R., Ozuka, S., Demiral ,T., Furuichi, T., Sawatari, I., Baskin, T.I., Matsumoto, H. and Yamamoto, Y. 2010. Aluminium reduces sugar uptake in tobacco cell cultures: a potential cause of inhibited elongation but not of toxicity. Journal of Experimental Botany 61: 1597-1610.
(6) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y. and Yamamoto, Y. 2010. Closing plant stomata requires a homolog of an aluminum-activated malate transporter. Plant Cell Physiology 51: 354-365.
(7) Nara, M., Kato, N., Kuwa, S., Furuichi, T. and Ehara, T. 2010. Scanning electron microscopic observation of inhibitory zones in a bacteria and fungi isolated from tatami-mats of a judo hall. Bulletin of Nippon Sport Science University. 32: 131-135.
(8) Furuichi, T., Sasaki, T., Tsuchiya, T., Ryan, P.R., Delhaize, E. and Yamamoto, Y. 2010. Extracellular hydrophilic carboxy-terminal domain regulates the activity of TaALMT1, the aluminum-activated malate transport protein of wheat. Plant Journal 64: 47-55.
(9) Furuichi, T. 2010. Expression of epitope-tagged protein in plants. In "Immunoelectron Microscopy: Methods and Protocols" Schwarzbach, S.D., Osafune, T. eds. Humana Press. 21-31.
(10) Ryan, P.R., Tyerman, S.D., Sasaki, T., Furuichi, T., Yamamoto, Y., Zhang, W.H. and Delhaize, E. 2010. The identification of aluminum-resistance genes provides opportunities for enhancing crop production on acid soils. Journal of Experimantal Botany 62: 9-20.

## 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) Kim, J. Y., Jung, H. J., Lee, H. J., Maruyama, K., Suzuki, N., and Kang, H. 2010. Over expression of microRNA395c and 395e affects differently the seed germination of *Arabidopsis thaliana* under stress conditions. Planta 232: 1447-1454. DOI 10.1007/s00425-010-1267-x.
(2) Eusebio-Cope, A., Sun, L.-Y., Hillman, B. I. and Suzuki, N. 2010. *Mycoreovirus* 1 S4-coded protein is dispensable for viral replication but necessary for efficient vertical transmission and normal symptom induction. Virology 397: 399-408. doi: 10.1016/j.virol.2009.11.035.
(3) 近藤秀樹・I Wayan Gara・前田孚憲・丸山和之・松本純一・井上成信・鈴木信弘 . 2010. ラン科植物に発生するポチウイルスの外被蛋白質遺伝子の同定と分子系統学的解析 . 名古屋国際ラン会議NIOC2010記録 p10-15.(NIOC賞) (Kondo, H., Gara., I.W., Maeda, T., Maruyama, K., Matsumoto, J., Inouye, N. and Suzuki, N. 2010.Molecular and phylogenetic analyses of the coat protein gene of orchid-infecting potyviruses in Japan. Proceedings of Nagoya International Orchid Congress, NIOC 2010 p10-15 (NIOC Prize).
(4) Tani, A., Kawahara, T., Yamamoto Y., Kimbara, K. and Kawai, F. 2010. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. J Biosci. Bioeng. 109: 453-458.
(5) Iijima, S., Shimomura, Y., Haba, Y., Kawai, F., Tani, A. and Kimbara, K. 2010. Flow cytometry-based method for isolating live bacteria with meta-cleavage activity on dihydroxy compounds of biphenyl. J Biosci. Bioeng. 109: 645-651.
(6) Charoenpanich, J., Tani, A. and Kawai, F. 2010. Identification of the PEG-induced proteins by 2D-gel electrophoresis and mass spectrometry in *Sphingopyxis macrogoltabida* strain 103. CMU J. Nat. Sci. 9: 111-124.
(7) Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Koutsaftis, A., Inayat-Hussain, S.H., Tani, A., Katsuhara, M., Kimbara, K. and Mori, I.C. 2010. A bacterial biosensor for oxidative stress using constitutively expressed redox-sensitive protein roGFP2. Sensors 10: 6290-6306.
(8) Zhang, X., Tani, A., Kawai, F. and Kimbara, K. 2010. Rapid and multiple in situ identification and analyses of physiological status of specific bacteria based on fluorescent in situ hybridization. J. Biosci. Bioeng. 110: 716-719.
(9) Sahin, N., Tani, A., Kotan, R. Sedlacek, I., Kimbara, K. and Tamer, A.U. 2010. *Pandoraea oxalativorans* sp. nov., *Pandoraea faecigallinarum* sp. nov. and *Pandoraea vervacti* sp. nov., isolated from oxalate-enriched culture. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. (Epub ahead of print)
(10) Matsufuji, Y., Nakagawa, T., Fujimura, S., Tani, A. and Nakagawa, J. Transcriptional regulation of the genes involved in the pentose phosphate pathway and the glycolysis mediated by Stb5p is essential for acetaldehyde tolerance in

*Saccharomyces cerevisiae*, J. Basic Microbiol. (in press)
(11) Hwanhlem, N., Buradaleng, S., Wattanachant, S., Benjakul, S., Tani, A. and Maneerat, S. Isolation and screening of lactic acid bacteria from Thai traditional fermented fish (Plasom) and production of Plasom from selected strains, Food Control. (in press)
(12) Tani, A., Tanaka, A., Minami, T., Kimbara, K. and Kawai, F. Characterization of a cryptic plasmid, pSM103mini from polyethylene-glycol degrading *Sphingopyxis macrogoltabida* strain 103. Biosci. Biotechnol. Biochem. (in press)
(13) Pu, Y., Kikuchi, A., Moriyasu, Y., Tomaru, M., Jin, Y., Suga, H., Hagiwara, K., Akita, F., Shimizu, T., Netsu, O., Suzuki, N., Uehara-Ichiki, T., Sasaya, T., Wei, T., Li, Y. and Omura, T. Rice dwarf viruses with dysfunctional genomes generated in plants are filtered out in vector insects -implications for the virus origin. J. Virol. (in press)
(14) 千葉壮太郎・近藤秀樹・兼松聡子・鈴木信弘 . 2010. ヴァイロコントロールとマイコウイルス , ウイルス , 60: 163-176. (Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S., and Suzuki, N. 2010. Virocontrol and mycoviruses. Virus 60, 163-176.
(15) Chiba, S., Kondo, H., Miyanishi, M., Andika, I. B. Han, C. G. and Tamada, T. The evolutionary history of *Beet necrotic yellow vein virus* deduced from genetic variation, geographical origin and spread, and the breaking of host resistance. Molecular Plant-Microbe Interactions. (in press) (S. Chiba and H. Kondo contributed equally)

## 遺伝資源ユニット（Genetic Resources Unit）

### 大麦グループ（Group of Barley Resources）

(1) Yamazaki, Y., Akashi, R., Banno, Y., Endo, T., Ezura, H., Fukami-Kobayashi, K., Inaba, K., Isa, T., Kamei, K., Kasai, F., Kobayashi, M., Kurata, N., Kusaba, M., Matuzawa, T., Mitani, S., Nakamura, T., Nakamura, Y., Nakatsuji, N., Naruse, K., Niki, H., Nitasaka, E., Obata, Y., Okamoto, H., Okuma, M., Sato, K., Serikawa, T.,Shiroishi, T., Sugawara, H., Urushibara, H., Yamamoto, M., Yaoita, Y., Yoshiki A.,and Kohara, Y. 2010. NBRP databases: databases of biological resources in Japan. Nucleic Acids Res. 38, D26-D32.
(2) Moroni, J. S., Sato, K., Scott, B. J., Conyers, M., Read, B. J., Fisher R. and Poile, G. 2010. Novel barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm resistant to acidic soil. Crop and Pasture Science 61: 540–553.
(3) 佐藤和広 . オオムギの分類・起源・伝播 . 小柳敦史・渡邊好昭編　作物栽培学大系第３巻麦類 .　朝倉書店（印刷中）(Sato, K. Classification, origin and distribution of barley. In Crop cultivation, vol. 3 Triticeae. Oyanagi, A. and Watanabe, Y. (eds.) Asakura Shoten, Tokyo, in press)
(4) Iimure, T., Kihara, M., Ichikawa, S., Ito, K., Takeda, K. and Sato, K. 2010. Development of DNA Markers Associated with Beer Foam Stability for Barley Breeding. Theor. Appl. Genet. (10.1007/s00122-010-1436-0)
(5) Li, Y., Long, C., Kato, K., Yang, C. and Sato, K. 2010. Indigenous knowledge and traditional conservation of hulless barley germplasm resources in the Tibetan communities of Shangri-la, Yunnan, SW China. Genetic Resour. Crop Evolution (10.1007/s10722-010-9604-2)
(6) Kurata, N., Satoh, H., Kitano, H., Nagato, Y., Endo, T., Sato, K., Akashi, R., Ezura, H., Kusaba, M., Kobayashi, M., Nitasaka, E., Kasai, F., Yamazaki, Y. and Yoshimura, A. 2010. NBRP, National BioResource Project of Japan and plant bioresource management. Breed. Sci. (in press)
(7) Kakeda, K., Ishihara, N., Izumi, Y., Sato K. and Taketa, S. 2010. Expression and functional analysis of the barley *Nud* gene using transgenic rice. Breed. Sci. (in press)
(8) Sato, K., Endo, T. R., and Kurata, N. 2010. Cereal resources in National BioResource Project of Japan. Interdisciplinary Bio Central (in press)
(9) Sato, K., Close, T. J., Bhat, P. R., Muñoz-Amatriaín M., and Muehlbauer, G. J. 2010. Development of genetic map and alignment of recombinant chromosome substitution lines from a cross of EST donors by high accuracy SNP typing in barley. Plant Cell Physiol. (in press)
(10) Zheng, L., Fujii, M., Yamaji, N., Sasaki, A. Yamane, M. Sakurai, I. Sato, K. and Ma, J. F. 2010. Isolation and characterization of a Barley Yellow Stripe-like gene, *HvYSL5*. Plant Cell Physiol. (in press)
(11) Arnis Druka, A., Gary Muelbauer, G. and Sato, K. 2010. Genome Analysis: The State of Knowledge of Barley Genes. In Barley: Improvement, Production, and Uses. Ullrich S. E. (ed.) John Wiley and Sons, Inc., New York (in press)
(12) 佐藤和広 . 品種改良の世界史 . オオムギ . 鵜飼保雄編　悠書館（印刷中）(Sato, K. Barley. In World history of breeding. Ukai, Y. (ed.) Yushokan, Tokyo, in press)
(13) Taketa, S., Matsuki, K., Amano, S., Saisho, D., Himi, E., Shitsukawa, N., Yuo, T., Noda, K. and Takeda, K. 2010. Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of

spikes and grains. Journal of Experimental Botany 61: 3983–3993.

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

(1) Taketa, S., Matsuki, K., Amano, S., Saisho, D., Himi, E., Shitsukawa, N., Yuo, T., Noda, K. and Takeda, K. 2010. Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of spikes and grains. Journal of Experimental Botany 61: 3983–3993.
(2) Faiyue, B., Vijayalakshmi, C., Nawaz, S., Nagato, Y., Taketa, S., Ichii, M., Al-Azzawi, M. J. and Flowers, T. J. 2010. Studies of sodium bypass flow in lateral rootless mutants *lrt1*, *lrt2* and crown rootless mutant *crl1* of rice (*Oryza sativa* L.). Plant, Cell and Environment 33: 687-701.
(3) Taketa, S., Yuo, T., Sakurai, Y., Miyake, S. and Ichii, M. Molecular mapping of the short awn 2 (*lks2*) and dense spike 1 (*dsp1*) genes on barley chromosome 7H. Breeding Science (in press)
(4) Natenapit, J., Taketa, S., Narumi, T. and Fukai, S. Crossing of allotriploid LLO hybrid and Asiatic lilies (*Lilium*). Horticulture Environment and Biotechnology (in press)

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

(1) 星野卓二・正木智美・中村松寿・市原和政・池田　博・狩山俊悟・榎本　敬・任　炯卓 . 2010. 瀬戸内地方に隔離分布する絶滅危惧種アッケシソウの起源 . 植物研究雑誌 85(3): 180-185. (Hoshino, T., Masaki, T., Nakamura, M., Ichihara, K., Ikeda, H., Kariyama, S., Enomoto, T. and Im, H. 2010. The Origin of *Salicornia europaea* L. (Chenopodiaceae) in Seto Inland Sea (Setouchi) area Inferred from DNA Sequences. The Journal of Japanese Botany 85(3): 180-185.)
(2) 清　多佳子・高溝　忠・榎本　敬・山田敏彦 . 2010. ＤＮＡマーカーを用いたクリーピングベントグラスと我が国に自生する *Agrostis* 属との交雑後代の同定 (2)　コヌカグサ、ヤマヌカボ、ヌカボとの交雑について . 日本草地学会誌 56( 別 ): 203. (Kiyoshi, T., Takamizo, T., Enomoto, T. and Yamada, T. 2010. Identification of interspecific hybrids between creeping bent grass and native *Agrostis* spp. by DNA marker (2). Grassland science 56(Suppl.): 203.)
(3) Hanba, Y. T., Kobayashi, T. and Enomoto, T. 2010. Variations in the foliar $\delta$ 13C and C3/C4 species richness in the Japanese flora of Poaceae among climates and habitat types under human activity. Ecological Research 25(1): 213-224.
(4) 榎本　敬 . 2010. ミズアオイの形態と生態 . しぜんしくらしき 72: 2-3. (Enomoto, T. 2010. Morphology and Ecology of *Monochoria korsakowii*. Kurashiki Natural History 72: 2-3.)
(5) 榎本　敬 . 2010. ミズアオイの思い出話 . しぜんしくらしき 72: 15-19. (Enomoto,T. 2010. History of *Monochoria korsakowii* at Kurashiki river. Kurashiki Natural History 72: 15-19.)
(6) 狩山俊悟・榎本　敬・小畠裕子・山下　純 . 2010. 岡山県植物目録（岡山大学農業生物研究所雑草学研究室編, 1980）に追加する植物 (3). 倉敷市立自然史博物館研究報告 25: 33-44. (Kariyama, S., Enomoto, T., Kobatake, H. and Yamashita, J. 2010. Supplement to a List of Plants in the Herbarium of the Institute for Agricultural and Biological Sciences, Okayama University (3). Bull. Kurashiki Mus. Nat. Hist. 25: 33-44.)
(7) 狩山俊悟・小畠裕子・榎本　敬 . 2010. 岡山県新産の帰化植物 (21). 倉敷市立自然史博物館研究報告 25: 73-75. (Kariyama, S., Kobatake, H. and Enomoto, T. 2010. New records of naturalized plants of Okayama Prefecture, Southwest honsyu, Japan (21). Bull. Kurashiki Mus. Nat. Hist. 25: 73-75.)
(8) 山下　純・小畠裕子・狩山俊悟・榎本　敬 . 2010. 岡山市植物目録 . 330pp. 岡山市環境局環境保全課 . (Yamashita, J., Kobatake, H., Kariyama, S. and Enomoto, T. 2010. Vascular Plants of Okayama City. 330pp. Okayama City Office, Okayama.)
(9) 山口裕文・佐合隆一・伊藤一幸・榎本　敬・種坂栄次・秋本正博・副島顕子・大野朋子 . 2010. ヒエ属植物の国際雑草化に関する海外学術調査 . 科学研究費補助金研究成果報告書 pp.1-6. (Yamaguchi, Y., Enomoto, T. et al. 2010. Scientific Research on international weediness of *Echinochloa* species. A report of Grant-in Aid for Scientific Research. 2008-2010. pp.1-6.)
(10) Takeda, K., Kato, K. et al. 2010. Genetic assay and study of crop germplasm in and around China($4^{th}$). A Report of Grant-in-Aid for Scientific Research (A) (2007-2009). pp.1-108.

⑾ 岡山県野生動植物調査検討会委員ほか . 2010. 岡山県版レッドデータブック 2009 植物編 . 岡山県生活環境部自然環境課、岡山 . 354pp. (Organizing Committee of Red Data Book in Okayama. 2010. Red Data Book in Okayama, Plants. 354pp. Okayama Prefecture, Okayama)

⑿ 吉野将史・山下 純・榎本 敬 . 2010. 雑草を含むカヤツリグサ属（カヤツリグサ科）の分類学的再検討 . 雑草研究 55( 別 ): 74. (Yoshino, M., Yamashita, J. and Enomoto, T. 2010. Taxonomic reexamination of genus *Cyperus s. l.* (Cyperaseae) including the weeds. Journal of Weed Science and Technology 55(Sup.): 74.)

⒀ Sonoda, S. and Tsumuki, H. 2010. Characterization of alternatively spliced transcripts encoding heat shock transcription factor in cultured cells of the cabbage armyworm, *Mamestra brassicae*. Arch. Insect Biochem. Physiol. 73: 49-60.

⒁ Sonoda, S. 2010. Molecular analysis of pyrethroid resistance conferred by target insensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella*. Pest Manag. Sci. 66: 572-575.

⒂ Sonoda, S. and Igaki, C. 2010. Characterization of acephate resistance in the diamondback moth *Plutella xylostella*. Pestic. Biochem. Physiol. 98: 121-127.

⒃ 岡山県野生動植物調査検討会委員ほか . 2010. 岡山県のレッドデータ生物 . 倉敷市立自然史博物館、倉敷 . 69pp. (Organizing Committee of Threatened Wildlife of Okayama Prefecture, Japan. 2010. Threatened Wildlife of Okayama Prefecture, Japan. 69pp. Kurashiki Museum of Natural History, Kurashiki)

⒄ Tamura, M.N., Azuma, H., Yamashita, J., Fuse, S. and Ishii, T. 2010. Biosystematic studies on the family Tofieldiaceae II. Phylogeny of species of *Tofieldia* and *Triantha* inferred from plastid and nuclear DNA sequences. Acta Phytotaxonomica et Geobotanica 60(3): 131-140.

⒅ 山下 純・織田二郎・永益英敏 . 2010. 分子系統に基づくカヤツリグサ科スゲ属のミヤマカンスゲと近縁種群の分類学的再検討 . 日本植物学会第 74 回大会研究発表記録 . p.208. 日本植物学会第 74 回大会準備委員会、春日井 . (Yamashita, J., Oda, J. and Nagamasu, H. 2010. Taxonomic revision of *Carex multifolia*-complex (Cyperaceae) based on a molecular phylogenetical analysis. Proceedings of the 74$^{th}$ annual meeting of the Botanical Society of Japan. p. 208. Organizing Committee on the 74$^{th}$ annual meeting of the Botanical Society of Japan, Kasugai.)

⒆ Sonoda, S., Yamashita, J., Kohara, Y., Izumi, Y., Yoshida, H. and Enomoto, T. 2010. Population survey of spiders using mt-DNA (COI) sequences in Japanese peach orchards. Appl. Entomol. Zool. (in press)

## ゲノム育種ユニット（Applied Genomics Unit）

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

(1) Nagaki, K., Terada, K., Wakimoto, M., Kashihara, K. and Murata, M. 2010. Centromere targeting of alien CENH3s in *Arabidopsis* and tobacco cells. Chromosome Res. 18: 203-211.

(2) Tek, A. L., Kashihara, K., Murata, M. and Nagaki, K. 2010. Functional centromeres in soybean include two distinct tandem repeats and a retrotransposon. Chromosome Res. 18: 337-347.

(3) Yokota, E., Nagaki, K. and Murata, M. 2010. Minichromosome stability induced by partial genome duplication in *Arabidopsis thaliana*. Chromosoma 119: 361-369.

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

(1) Kobayashi, K, Maekawa, M., Miyao, A., Hirochika, H., and Kyozuka, J. 2010. PANICLE PHYTOMER2 (PAP2), encoding a SEPALLATA subfamily MADS-box protein, positively controls spikelet meristem identity in rice. Plant Cell Physiol. 51: 47-57.

(2) Hu, Z., Yan, H., Yang, J., Yamaguchi, S., Maekawa, M., Takamure, I., Tsutsumi, N., Kyozuka, J. and Nakazono, M. 2010. Strigolactones negatively regulate mesocotyl elongation in rice during germination and growth in darkness. Plant Cell Physiol. 51: 1136-42.

(3) Takagi, K., Maekawa, M., Tsugane, K., Iida, S. 2010. Transposition and target preferences of an active nonautonomous DNA transposon *nDart1* and its relatives belonging to the *hAT* superfamily in rice. Mol. Genet. Genomics 284: 343-55.

(4) Rikiishi, K. and Maekawa, M. 2010. Characterization of a novel wheat (*Triticum aestivum* L.) mutant with reduced seed dormancy. J. Cereal Sci. 51: 292-298.

(5) Rikiishi, K., T.Matsuura and M.Maekawa. 2010. *TaABF1*, *ABA response element binding factor 1*, is related to seed

dormancy and ABA sensitivity in wheat (*Triticum aestivum* L.) seeds. J. Cereal Sci. 52: 236-238.
(6) Taketa, S., Matsuki, K., Amano, S., Saisho, D., Himi, E., Shitsukawa, N., Yuo, T., Noda, K. and Takeda, K. 2010. Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of spikes and grains. Journal of Experimental Botany 61: 3983-3993.
(7) Maekawa, M., Tsugane, K. and Iida, S. Effective contribution of the *nDart* transposon-tagging system to rice functional genomics. -Adv. Genet. Res. 4: (in press)

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

(1) Kim, Y.S., Park, W., Nian, H., Sasaki, T., Ezaki, B., Jang, Y.S., Chung, G.C., Bae, H.J., and Ahn, S.J. 2010. Aluminum tolerance associated with enhancement of plasma membrane $H^+$-ATPase in the root apex of soybean. Soil Science Plant Nutrition. 56: 140-149.
(2) Kusumadewi, Y., Kouno, T., and Ezaki, B. 2010. A phage display combined with DNA affinity magnetic system can be applied to a screening of DNA binding proteins, such as transcription factors. Electoric Jounal of Biotechnology (DOI: 10.2225/vol13-issue1-fulltext-3).

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

## 大気環境ストレスユニット（Atmospheric Stress Unit）
### 光環境適応研究グループ（Group of Plant Light Acclimation Research）

(1) Kato, Y., Zhang, L., Sakamoto, W. Cooperative roles of FtsH, Deg and phosphorylation in the degradation of D1 protein in photosystem II. The 15th International Congress of Photosynthesis. Beijing, China, August 22-27, 2010.
(2) Zhang, L., Kato, Y., Saigo, K., Vothknecht, U.C., Sakamoto, W. A possible role of Vipp1 in tethering chloroplast envelopes. The 15th International Congress of Photosynthesis. Beijing, China, August 22-27, 2010.
(3) Sakamoto, W. A novel link between chloroplast development and stress response lessoned by the leaf-variegated mutant. The 15th International Congress of Photosynthesis. Beijing, China, August 22-27, 2010.
(4) Matsushima, R., Maekawa, M., Sakamoto, W. Rice mutants with defects in starch grain morphology. The fifth JKUAT scientific, technological and industrialization conference, Nairobi, Kenya, November 17-19, 2010.
(5) Matsushima, R., Maekawa, M., Sakamoto, W. Visualization of starch grains; A rapid observation method to isolate mutants with defects in starch grain morphology. The fifth JKUAT scientific, technological and industrialization conference, Nairobi, Kenya, November 17-19, 2010.
(6) Sakamoto, W. Potential of plant stress science for green innovation: overview. The fifth JKUAT scientific, technological and industrialization conference, Nairobi, Kenya, November 17-19, 2010.
(7) Kato, Y., Zhang, L., Sakamoto, W. Cooperative roles of FtsH, Deg and phosphorylation in the degradation of D1 protein in photosystem II. Japanese-Finnish Seminar 2010 on Future prospects of photosynthetic organisms: from genomes to environment. Okayama, Japan, December 12-16, 2010.
(8) Zhang, L., Kato, Y., Saigo, K., Vothknecht, U.C., Sakamoto, W. A possible role of Vipp1 in tethering chloroplast envelopes. Japanese-Finnish Seminar 2010 on Future prospects of photosynthetic organisms: from genomes to environment. Okayama, Japan, December 12-16, 2010.
(9) Sakamoto, W. Critical Role of FtsH protease in Photosystem II repair and thylakoid development in higher plants. Japanese-Finnish Seminar 2010 on Future prospects of photosynthetic organisms: from genomes to environment. Okayama, Japan, December 12-16, 2010.

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

(1) Sugimoto, M., Ishii, M., Mori, I. C., Shagimardanova, E., Gusev, O. A., Sychev, V. N., Levinskikh, M. A., Novikova, N. D. and Grigoriev, A. I. Viability and Biological Properties of Barley Seeds Expose to Outside of International Space Station. 38th COSPAR Scientific Assembly, Bremen, Germany, July 18-24, 2010.
(2) Kihara, M., Hoki, T., Shimase, M., Shimizu, C., Ito, K., Ichikawa, S., Gusev, O. A., Levinskikh, M. A., Sychev, V. N. and Sugimoto, M. Brewing Performance of 'Space Barley', Grain of Malting Barley Exposed to Space. 38th COSPAR Scientific Assembly, Bremen, Germany, July 18-24, 2010.
(3) Sychev, V. N., Levinskikh, M. A., Podolsky, I. G., Binghem, G. E., Novikova, N. D. and Sugimoto, M. Results of The first stage (2002-2009) of investigation of higher plants onboard RS ISS, as an element of future closed Life Support Systems. 38th COSPAR Scientific Assembly, Bremen, Germany, July 18-24, 2010.
(4) Gusev, O. A., Sakashita, T., Sychev, V. N., Novikova, N. D., Malutina, L., Sugimoto, M., Kikawada, T. and Okuda, T. The sleeping chionomid: an insect survived 18 months of exposure to outer space. 38th COSPAR Scientific Assembly, Bremen, Germany, July 18-24, 2010.

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

(1) Hirayama, T., Ushiyama, S. and Hayashi S. Analysis of a PARN deficient mutant, *ABA hypersensitive germination2-1*, of Arabidopsis. The 19th CDB Meeting: RNA Sciences in Cell and Developmental Biology. Kobe, Japan, May 10-12, 2010.
(2) Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Koutsaftis, A., Aoyama, I., Tani, A., Kimbara, K. and Mori, I.C. A fast bacterial oxidative stress biosensor using a constitutively expressed roGFP2 redox-sensitive probe. Biosensor 2010, Glasgow, UK, May 26-28 2010.

(3) Hirayama, T., Ushiyama, S. and Hayashi S. Analysis of a PARN deficient mutant, *ABA hypersensitive germination2-1*, of Arabidopsis. 21th International Conference of Arabidopsis Research. Yokohama, Japan, June 6-10, 2010.

(4) Umezawa, T., Sugiyama, N., Mizoguchi, M., Hayashi, S., Myouga, F., Shinozaki, K.Y., Ishihama, Y., Hirayama, T. and Shinozaki, K. The PP2C-SnRK2 complex: A central regulatory module of protein phosphorylation networks in abscisic acid signaling. international Conference of Arabidopsis Research. Yokohama, Japan, June 6-10, 2010.

(5) Khokon, M.A.R., Okuma, E., Hossain, M.A., Munemasa, S., Uraji, M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. Involvement of extracellular oxidative burst in salicylic acid-induced stomatal closure in Arabidopsis. International Workshop on Plant Membrane Biology XV. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010.

(6) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa, S., Toyooka, K., Matsuoka, K., Murata, Y. and Yamamoto, Y. An ALMT-type anion transporter is involved in stomatal closure of Arabidopsis guard cells. International Workshop on Plant Membrane Biology XV. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010.

(7) Okuma, E., Jahan, M.S., Hossain, M.A., Munemasa, S., Ogawa, K., Watabnabe-Sugimoto, M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y. Involvement of glutathione in ABA-induced stomatal closure. International Workshop on Plant Membrane Biology XV. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010.

## 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., Huang, C. F. and Yamaji, N. A bacterial-type ABC transporter for detoxification of aluminum in plants. ATP-Binding Cassette (ABC) Proteins: From Multidrug Resistance to Genetic Diseases. 3rd FEBS Special Meeting on ABC Proteins. Innsbruck, Austria, Feb. 27 - March 5, 2010. pp. 53

(2) Ma, J. F. Transport of silicon from soil to panicles in rice. International Symposium on Plant Membrane Transport. Tokyo, Japan, March 12-13, 2010.

(3) Ma, J. F. Isolation and functional characterization of YSL genes in barley. 15th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants. Budapest, Hungary, June 26-30, 2010. pp. 37

(4) Yamaji, N. and Ma, J. F. Expression profiling of metal transporter genes responsible for the preferential distribution in rice node. 15th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants. Budapest, Hungary, June 26-30, 2010. pp. 99.

(5) Ueno, D. and Ma, J. F. Cloning and functional characterization of a tonoplast-localized Cd transporter in rice. 15th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants. Budapest, Hungary, June 26-30, 2010. pp. 145.

(6) Ma, J. F. Strategies for overcoming mineral stress in plants. ISBDS2010, International Symposium on Biodiversity Sciences. Nagoya, Japan, July 31- Aug. 3, 2010. pp. 66-67.

(7) Huang, C. F., Yamaji, N. and Ma, J. F. Role of OsALS1 in Al tolerance in rice. ISBDS2010, International Symposium on Biodiversity Sciences. Nagoya, Japan, July 31- Aug. 3, 2010. pp. 96

(8) Ma, J. F. Control of plant mineral transport for food quality and safety. Bioactive Okayama 2010, 6th Symposium on Food and Nutrition Research in East Asia and the Surrounds. Okayama, Japan, Aug. 11-12, 2010. pp. 3.

(9) Ma, J. F., Ueno, D. and Yamaji, N. Transporters involved in the accumulation and hypertolerance of Cd in plants. Plant Membrane Biology, 15th International Workshop Adelaide 2010. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010. pp. 45.

(10) Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J. F. Transporters involved in inter-vascular transfer of Si at the node of rice. Plant Membrane Biology, 15th International Workshop Adelaide 2010. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010. pp. 74.

(11) Yokosho, K., Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J. F. Functional analysis of three MATE genes encoding citrate transporter in rice. Plant Membrane Biology, 15th International Workshop Adelaide 2010. Adelaide, Australia, Sep. 19-24, 2010. pp.103.

(12) Ma, J. F. Transporters of silicon and arsenic in plants. Genetics of Plant Mineral Nutrition, Hannover, Germany, Sep. 30 – Oct. 2, 2010. pp. 25.

(13) Sasaki, A., Yamaji, N. and Ma, J. F. OsYSL6 is involved in detoxification of excess manganese in rice. Genetics of Plant Mineral Nutrition, Hannover, Germany, Sep. 30 – Oct. 2, 2010. pp. 62.

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

(1) Sasaki, T. Functional diversity of plant specific ALMT-type anion transporter. International symposium on plant membrane transport, The University of Tokyo, March 12-13, 2010.

(2) Izumi, Y., Yoshida, H. and Sonoda, S. Effect of diapause induced at different cues on cold hardiness of pupae of *Helicoverpa armigera*. International Conference on Invertebrate Reproduction and Development in the Age of Genetic Modifications. Prague, Czech Republic, August 16-20, 2010.

(3) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Munemasa. S., Toyooka, K., Matsuoka. K., Murata, Y. and Yamamoto, Y. An ALMT-type anion channel is involved in stomatal closure of *Arabidopsis* guard cells. International Workshop on Plant Membrane Biology XV. Adelaide, South Australia, September 19-24, 2010.

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

(1) Katsuhara, M., Kaneko, T., Horie, T., Shibasaka, M. Regulation of root water permeability in barley under salt stress. Gordon Research Conference – Salt & Water Stress in Plants (Deablerets, Switzerland) June 13-18, 2010.

(2) Shibasaka, M., Horie, T., Katsuhara, M. Studies on water channel activity of a PIP1 aquaporin and its interaction with PIP2 aquaporins. International Workshop on Plant Membrane Biology XV (Adelaide, Australia) September 19-24, 2010.

(3) Katsuhara, M. Cooling effect on buildings by the roof greening at Institute of Plant Science and Resources, Okayama University. The 5$^{th}$ JKUAT Scientific, Technological and Industrialisation Conference. (Nairobi, Kenya) November 17-19, 2010.

(4) Katsuhara, M. Water transport in plants under stresses: from molecules to whole plant. The 5$^{th}$ JKUAT Scientific, Technological and Industrialisation Conference. (Nairobi, Kenya) November 17-19, 2010.

# 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) Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Koufsatis, A., Aoyama, I., Tani, A., Kimbara, K. and Mori, I.C. A fast bacterial oxidative stress biosensor using a constitutively expressed roGFP2 redox-sensitive probe. Biosensors, 20$^{th}$ anniversary World Congress on Biosensors, Glasgow, UK, May 26-28, 2010.

(2) Sahin, N., Jenni B. and Tani, A. Characterization of oxalotrophic bacteria by MALDI-TOF mass spectrometry and comparison with 16S rRNA gene sequence phylogenies. National Biology Congress, Denzil, Turkey, June 21-25, 2010.

(3) Eusebio-Cope, A., Sun, L.-Y., Hillman, B. I. and Suzuki, N. *Mycoreovirus 1* S4-coded protein is dispensable for viral replication but necessary for efficient vertical transmission and normal symptom induction. 29$^{th}$ Annual Meeting of American Society for Virology, Bozeman, Montana, USA, July 17-21, 2010.

(4) Suzuki, N., L Salaipeth, Yu-Hsin Lin, Y.-H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Chiba, S. A novel bipartite dsRNA mycovirus from the white root rot fungus *Rosellinia necatrix*: Molecular and biological characterization, taxonomic considerations, and potential for biological control. 29$^{th}$ Annual Meeting of American Society for Virology, Bozeman, Montana, USA, July 17-21, 2010.

(5) Tani, A. and Kimbara, K. MALDI-TOF/MS-based phylogenetic analysis of *Methylobacterium* species collected from various plants. Gordon Research Conference, Molecular basis of Microbial One-Carbon Metabolism, Bates College, Lewiston, ME USA. Aug 1-6, 2010.

# 遺伝資源ユニット（Genetic Resources Unit）

## 大麦グループ（Group of Barley Resources）

(1) Zhou, T., Hirota, N., Kihara, M., Iimure, T., Hoki, T., Ichikawa, S. and Sato, K. High resolution QTL mapping of malting quality traits in ‘Mikamo Golden’ x ‘Harrington’ cross Master Brewers Association of the Americas Annual

Conference, June 15 – 20, 2010.

(2) Iimure, T., Kihara, M., Ito, K., Ichikawa, S., Takeda, K. and Sato, K. Development of DNA markers for the selection of beer foam stability in barley breeding, Master Brewers Asocciation of the Americas Annual Conference, June 15 – 20, 2010.

(3) Iimure, T., Hoki, T., Zhou, T.S., Hirota, N., Kihara, M., Yamada, S., Takeda, K. and Sato K. Development of DNA Markers Associated with Malting and Brewing Quality for malting barley breeding BMBRI Triennial Barley Improvement Meeting Guelph, June 23-24, 2010.

(4) Tanaka, T., Sakai, H., Kanamori, H., Kurita, K., Kikuta, A., Kamiya, K, Yamamoto, M, Ikawa, H., Nakamura, S., Fujii, N., Hori, K., Itoh, T., Sato, K. and Matsumoto, T. Large-scale transcriptome analysis promoted by barley full-length cDNA sequencing. Gatersleben Research Conference 2010, November 23-24, 2010.

(5) Saisho, D. Molecular phylogeography of domesticated barley: Evidence on the multiple domestications of barley. JSPS, Asian CORE Program. Symposium on Plant Genetic Resources in East Asia, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, China, Aug. 27-28, 2010.

## ゲノム育種ユニット（Applied Genomics Unit）

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

(1) Murata, M. Influence of partial genome duplication on gene expression: a study case in *Arabidopsis*. Gatersleben Research Conference X, Gatersleben, Germany, Nov. 22-24, 2010.

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

(1) Maekawa, M. To develop Low-Input-Adaptable (LIA) rice through introgression from *O. longistaminata.* Challenges of Rice research in Kenya: Towards doubling the rice production by 2015. Juja, Kenya, Nov. 19, 2010.

(2) Maekawa, M. Cryptic Usefulness of *Oryza longistaminata*, African wild species of rice. The 5$^{th}$ JKUAT Scientific, Technological and Industrialisation Conference. Juja, Kenya, Nov. 17-19, 2010.

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

(1) Kouno, T., Ezaki, B., Isolation and characterization of transcription factors involved in gene-response mechanisms in *A. thaliana AtGST11* gene. 21$^{st}$ International Conference on Arabidopsis Research, Yokohama, Japan. June 6-10, 2010.

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

## 大気環境ストレスユニット（Atmospheric Stress Unit）
### 光環境適応研究グループ（Group of Plant Light Acclimation Research）

(1) Sakamoto, W.: Inheritance of organellar DNAs in higher plants: cytological and genetic studies on discriminating organellar DNAs in male gametophytes. The 1381st Biological Symposium, National Institute of Genetics, January 20, 2010, Mishima

(2) 及川和聡・松永茂・真野昌二・林誠・近藤真紀・加川貴俊・坂本亘・東正一・渡辺正勝・西村幹夫：光に依存したペルオキシソームとミトコンドリア、葉緑体のとの接着作用は光合成により制御される . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Oikawa, K., Matunaga, S., Mano, S., Hayamashi, M., Kondo, M., Kagawa, K., Sakamoto, W., Higashi S., Watanabe, M., Nishimura, M. : Light-dependent association of peroxisomes with mitochondria and chloroplasts is regulated by photosynthesis. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(3) Tang, L.Y., Sakamoto, W.: A mutant defective in organellar DNA degradation during pollen maturation. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto.

(4) 三浦栄子・加藤裕介・坂本亘：斑入りの白色セクターにおける抗酸化酵素の高発現と酸化ストレスと金属ストレスの緩和作用 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Miura, E., Kato, Y., Sakamoto, W. : Elevated levels of scavenging enzymes alleviate oxidative and heavy metal stress in white sectors of variegated leaves. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(5) 高祖崇好・加藤裕介・坂本亘：タバコ FtsH ノックダウン系統における表現型と PSII 修復サイクルの欠損 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Kouso, T., Kato, Y., Sakamoto, W. : Phenotype and defect of PSII repair cycle in FtsH knocking-down tobacco plants. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(6) 佐野新悟・前川雅彦・坂本亘：巨大葉緑体を持つイネ変異体 *giant chloroplast* の単離と解析 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Sano, S., Maekawa, M., Sakamoto, W. : Isolation of rice mutants with giant chloroplasts. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(7) 加藤裕介・坂本亘：D1 タンパク質分解におけるリン酸化の意義の考察 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Kato, Y., Sakamoto, W. : A possible role of phosphorylation in Photosystem II repair cycle. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(8) 西郷浩司・坂本亘：チラコイド膜形成に関わる Vipp1 タンパク質のライブイメージングによる解析 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Saigo, K., Sakamoto, W. : Live imaging analysis of Vipp1 protein involved in thylakoid formation. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(9) 山田浩史・丸山和之・鈴木信弘・坂本亘：オルガネラ DNA ヌクレアーゼ DPD1 の機能解析：転写後制御の可能性 . 第 51 回日本植物生理学会年会 , 熊本 , 3 月 18-21 日 , 2010. (Yamada, H., Maruyama, K., Suzuki, N., Sakamoto, W. : Expression of organellar DNA nuclease DPD1 is possibly regulated post-transcriptionally. 51st Annual Meeting of Japanese Society of Plant Physiologists, March 18-21, 2010, Kumamoto)

(10) 松島 良：植物におけるオルガネラ内在性物質の制御機構に関する研究 (DNA と Starch を例に ). 奈良先端科学技術大学院大学 GCOE セミナー , 生駒 , 5 月 25 日 , 2010. (Matsushima, R.: Molecular mechanisms to regulate substances in the plant organelles (Examples of organellar DNA and starch). Nara Institute of Science and Technology Global COE Seminar, May 25, 2010, Ikoma)

(11) 松島 良：胚乳におけるデンプン粒の形状決定に関する分子群の同定にむけて . 植物細胞生物学若手の会，岡崎，7 月 26-27 日，2010.　(Matsushima, R.: Molecular mechanism to determine the starch granule morphologies in cereal endosperm. Plant Cell Biology Meeting of Young scientists. July 26-27, 2010, Okazaki)

(12) 松島 良・前川雅彦・藤田直子・山下純・坂本亘：デンプン粒の形状決定機構に関する分子細胞生物学的研究 . 第 28 回日本植物分子細胞生物学会年会 , 仙台 , 9 月 2-3 日 , 2010. (Matsushima, R., Maekawa, M., Fujita, N., Yamashita, J., Sakamoto, W. : A rapid observation method to isolate mutants with defects in starch grain morphology. 28th Annual Meeting of the Japanese Society for Plant Cell and Molecular Biology, September 2-3, 2010, Sendai)

(13) 佐野新悟・西村秀希・前川雅彦・坂本亘：巨大葉緑体を持つイネ変異体 *gic* の単離と分子育種への利用 . 日本育種学会第 118 会講演会 , 秋田 , 9 月 24-25 日 , 2010. (Sano, S., Nishimura, H., Maekawa, M., Sakamoto, W. : A rice mutant with giant chloroplasts and its potential use for molecular breeding. 118th Meeting of the Japanese Society of Breeding, September 24-25, 2010, Akita)

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

⑴ 松浦恭和：種子休眠極強白粒コムギの育成．第14回穂発芽研究会，北海道，1月25日，2010. (Matsuura T.: Breeding of the strong seed dormancy white-grain wheat. 14th meeting of the society of pre-harvest sprouting in cereals, Hokkaido, January 25, 2010)

⑵ 梅澤泰史・平山隆志・篠崎一雄：蛋白質のリン酸化・脱リン酸化が支配する植物ホルモンアブシジン酸のシグナル伝達経路．第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Umezawa, T., Hirayama, T. and Shinozaki, K.: Protein Phosphorylation/dephosphorylation regulates the abscisic acid signaling pathway. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto)

⑶ Hirayama, T., Ushiyama, S., Narusaka, M., Nakashita, H., Narusaka, Y. and Hayashi, S.: Analysis of suppressor mutants of PARN deficient mutant ABA hypersensitive germination2-1. 第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Hirayama, T., Ushiyama, S., Narusaka, M., Nakashita, H., Narusaka, Y. and Hayashi, S.: Analysis of suppressor mutants of PARN deficient mutant ABA hypersensitive germination2-1 Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto)

⑷ 仲宗根尚子・藤田泰成・吉田拓也・城所 聡・小平憲祐・平山隆志・篠崎一雄・篠崎和子：シロイヌナズナの乾燥ストレス応答に関わるプロテインホスファターゼHAI1の解析．第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Nakasone, N., Fujita, Y., Yoshida, T., Josho, S., Kodaira, N., Hirayama, T., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K.: Analysis of a PP2C, HAI of Arabidopsis. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑸ 代々木江理子・松田史生・草野 都・岡咲洋三・及川 彰・平井優美・福島敦史・平山隆志・山本興太郎・鈴木優志・中村俊哉・山口信次郎・中野雄司・榊原 均・南原英司・浅見忠男・斉藤和季・嶋田幸久：シロイヌナズナのオミクスデータを利用した植物ホルモンによる代謝制御の一斉解析．第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Yoyogi, E., Matsuda, F., Kusano, M., Okazaki, H., Oyobikawa, A., Hirano, Y., Fukushima, A., Hirayama, T., Yamamoto, K., Suzuki, Y., Nakamura, T., Yamaguchi, S., Nakano, T., Sakakibara, H., Nambara, E., Asami, T., Saito, K. and Shimada, Y.: Analysis of the metabolic movement under hormone treatments in Arabidopsis. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑹ Mori, I.C., Munesama, S., Saito, N., Watanabe-Sugimoto, M., Uraji, M., Oda, K. Nakamura Y., Shimoishi, Y., Murata, Y. : Plant hormone signal integration in guard cells. 第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010.（Mori, I.C., Munesama, S., Saito, N., Watanabe-Sugimoto, M., Uraji, M., Oda, K. Nakamura Y., Shimoishi, Y., Murata, Y.: Plant hormone signal integration in guard cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑺ Fabien, J., Dongxiu, Z., Zheng, J., Doyle, E., Mori, I., Schroeder, J.I., Munemasa, S., Murata, Y., Ellis, B., Kwak, J.M.: ROS-mediated ABA signaling in guard cells. 第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Fabien, J., Dongxiu,Z., Zheng, J., Doyle, E., Mori, I., Schroeder, J.I., Munemasa, S., Murata, Y., Ellis, B., Kwak, J.M.: ROS-mediated ABA signaling in guard cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑻ イスラム　モハンマド・谷 千春・渡邊（杉本）恵・裏地美杉・ジャハンMd. サルワル・増田頂二・中村宜督・森 泉・村田芳行：ミロシナーゼTGG1とTGG2はABAおよびMeJAシグナルにおいて冗長的に機能している．第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Islam, M.M., Tani, C., Watanabe-Sugimoto, M., Uraji, M., Sarwar, J.M., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y.: Mirosinase, TGG1 and TGG2 redundantly function in ABA and MeJA signal. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑼ 宗正晋太郎・中村宜督・森 泉・村田芳行：孔辺細胞内のジャスモン酸メチルシグナル伝達におけるシロイヌナズナカルシウム依存性タンパク質リン酸化酵素CPK6の役割．第51回日本植物生理学会年会，熊本，3月18-21日，2010. (Munemasa, S., Nakamura, Y., Mori, I.C. and Murata, Y.: Role of calciu-dependent protein kinase, CPK6, in methyljasmonate signaling in Arabidopsis guard cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

⑽ Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Kousaftis, A., Aoyama, I., Tani, A., Kimbara, K. and Mori, I.C.: Whole cell bacterial biosensor for oxidative stress using a redox sensitive probe. 日本農芸化学会2010年度大会，東京，3月27-30日，2010. (Arias-Barreiro, C.R., Okazaki, K., Kousaftis, A., Aoyama, I., Tani, A., Kimbara, K. and Mori, I.C.: Whole cell bacterial biosensor for oxidative stress using a redox sensitive probe. Annual meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. March 27-30, Tokyo)

⑾ 平山隆志：シロイヌナズナpolyA分解酵素AHG2/PARNの機能と細胞応答統御機構．シンポジウム，RNAから植

物を考える～植物 RNA 研究の最先端～ , 札幌 , 8 月 26-27 日 , 2010. (Hirayama, T.: Function of polyA specific RNase AHG2 and integration system of cellular response. Symposium: Plant RNA research, Sapporo, Aug. 26 & 27, 2010)

⑿ 松浦恭和・森 泉：種子休眠極強白粒コムギの育成 . 第 15 回穂発芽研究会，北海道，11 月 24 日，2010. (Matsuura T. and Mori, I.C.：Breeding of the strong seed dormancy white-grain wheat. 15th meeting of the society of pre-harvest sprouting in cereals, Hokkaido, Nov. 24, 2010)

## 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）

⑴ 馬　建鋒：転写因子の同定から見えてきたイネの多様なアルミニウム耐性機構．第２回植物ストレス科学研究シンポジウム，倉敷，３月８日－９日，2010.

⑵ 馬　建鋒・山地直樹・千葉由佳子・三谷奈見季：オオムギのケイ素分配に関与するトランスポーターの解析．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 140.

⑶ 山地直樹・三谷奈見季・馬　建鋒：イネの新規ケイ酸輸送体 Lsi3 の解析．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 140.

⑷ 上野大勢・山地直樹・河野いづみ・黄　朝鋒・安藤露・矢野昌裕・馬　建鋒：イネのカドミウム集積に関与する輸送体 CASTLE1 の単離と解析．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 112.

⑸ 三谷奈見季・山地直樹・馬　建鋒：オオムギとイネのケイ酸吸収機構の違いに関する研究．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 325.

⑹ 夏　継星・山地直樹・馬　建鋒：イネアルミニウムトランスポーターの同定．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 112.

⑺ 横正健剛・山地直樹・馬　建鋒：ライムギ由来 MATE 遺伝子（ScFRDL1 と ScFRDL2）の単離と機能解析．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 272.

⑻ 山本剛史・古川純・中村敦子・岩井宏暁・石井忠・馬　建鋒・横山隆亮・西谷和彦・佐藤忍：ケイ素がイネの細胞壁多糖類の組成に与える影響．第 51 回日本植物生理学会年会，熊本，３月 18 日－ 21 日，2010．p. 315.

⑼ 馬　建鋒：植物の必須及び有害ミネラルのトランスポーター．日本薬学会第 130 年会，岡山，３月 28 日－ 30 日，2010.（３月 29 日シンポジウム講演）

⑽ 馬　建鋒：Molecular mechanisms of aluminum tolerance in barley and rice. 日本農芸化学会 2010 年度大会，東京，３月 28 日－ 30 日，2010.（３月 30 日シンポジウム講演、要旨集 1 － 153）

⑾ 山地直樹・三谷奈見季・馬　建鋒：イネケイ酸輸送体 Lsi3 の解析．三谷奈見季・山地直樹・馬　建鋒：イネケイ酸輸送体遺伝子 *Lsi1* を過剰発現したシロイヌナズナの解析．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 55.

⑿ 黄　朝鋒・山地直樹・馬　建鋒：イネアルミニウム耐性遺伝子 OsALS1 の機能解析．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 79.

⒀ 上野大勢・山地直樹・河野いづみ・黄　朝鋒・安藤　露・矢野昌裕・馬　建鋒：イネ玄米のカドミウム集積を制御するトランスポーターの同定．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 76.

⒁ 三谷奈見季・山地直樹・馬　建鋒：イネケイ酸輸送体遺伝子 *Lsi1* を過剰発現したシロイヌナズナの解析．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 54.

⒂ 藤井美帆・山地直樹・中園幹生・佐藤和広・馬　建鋒：オオムギアルミニウム活性型クエン酸トランスポーター遺伝子 *HvAACT1* の発現調節機構．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 80.

⒃ 横正健剛・藤井美帆・山地直樹・馬　建鋒：オオムギ HvAACT1 の 5-UTR の挿入配列の解析－イネによる検証．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 80.

⒄ 佐々木明正・山地直樹・馬　建鋒：イネ OsYSL6 はマンガン過剰耐性に関与する．日本土壌肥料学会年会，北海道，９月７日－９日，2010．p. 82.

⒅ 馬　建鋒：カドミウムトランスポーターの機能と構造．第 33 回日本分子生物学会年会，神戸，12 月７日－ 10 日，2010. p. 85.

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

⑴ 山本洋子・藤川雅子・小松和枝・斉格奇　白・古市卓也・佐々木孝行：アルミニウムストレス下の植物細胞における有機酸放出が糖代謝へ与える影響 . 日本植物生理学会年会 , 熊本 , 2010 年 3 月 18-21 日 . p. 271　(Yamamoto, Y., Fujikawa, M., Komatsu, K., Qi Ge Qi, H., Furuichi, T. and Sasaki T. : Effects of organic acid secretion on sugar metabolism in plant cells under aluminum stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. March 18-21, 2010, Kumamoto)

⑵ 古市卓也・佐々木孝行・土屋善幸・山本洋子：アルミニウムによるコムギ ALMT1 の活性制御機構 . 日本植物生理学会年会 , 熊本 , 2010 年 3 月 18-21 日 . p. 111　(Furuichi, T., Sasaki, T., Tsuchiya, Y. and Yamamoto, Y. : Carboxyl terminal domains of wheat ALMT1 regulate Al activation of the transporter. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. March 18-21, 2010, Kumamoto)

⑶ 氷見英子・佐々木孝行・土屋善幸・山本洋子：コムギの ALMT1 活性調節に関与する新奇遺伝子の探索 . 日本植物生理学会年会 , 熊本 , 2010 年 3 月 18-21 日 . p. 326　(Himi, E., Sasaki, T., Tsuchiya, Y. and Yamamoto, Y. : Isolation of genes associated with ALMT1 regulation in wheat. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. March 18-21, 2010, Kumamoto)

⑷ 丸山隼人・佐々木孝行・和崎淳：シロイヌナズナ根におけるリン欠乏誘導型有機酸トランスポーター候補遺伝子の解析 . 日本植物生理学会年会 , 熊本 , 2010 年 3 月 18-21 日 . p. 326　(Maruyama, H., Sasaki, T. and Wasaki, J. : Analysis of candidate genes for organic acid transporters induced in roots of phosphorus starved *Arabidopsis thaliana*. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. March 18-21, 2010, Kumamoto)

⑸ 泉洋平、片桐千仭、園田昌司：ニカメイガ越冬幼虫の乾燥耐性 . 第 54 回日本応用動物昆虫学会大会，千葉 , 2010 年 3 月 26-28 日 . (Izumi, Y., Katagiri, C. and Sonoda, S.: Drought tolerance of overwintering larvae of the rice stem borer. 54th Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. March 26-28, 2010, Chiba)

⑹ 山本洋子・信濃卓郎・中村卓司・岡崎圭毅・泉洋平・佐々木孝行：アルミニウムが糖代謝におよぼす影響 : タバコ細胞における代謝変動の網羅的解析 . 日本土壌肥料学会年会 , 札幌 , 2010 年 9 月 7-9 日 . p. 81. (Yamamoto, Y., Shinano, T., Nakamura, T., Okazaki, K., Izumi, Y. and Sasaki, T. : Effects of aluminum on sugar metabolism: Metabolome analysis of cultured tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. September 7-9, 2010, Sapporo)

⑺ 丸山隼人・佐々木孝行・和崎淳：リン欠乏に応答したシロイヌナズナ根からの有機酸分泌機構 . 日本土壌肥料学会年会 , 札幌 , 2010 年 9 月 7-9 日 . p. 54 (Maruyama, H., Sasaki,T. and Wasaki, J. : Mechanisms for organic acid secretion from *Arabidopsis* roots by phosphorus starvation. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. September 7-9, 2010, Sapporo)

⑻ 古市卓也・佐々木孝行・土屋善幸・山本洋子：コムギのアルミニウム耐性をコードする ALMT1 の活性化機構 . 日本植物学会年会 , シンポジウム「ストレス耐性とイオンチャネル」, 春日井 , 2010 年 9 月 10 日 . p.107 (Furuichi, T., Sasaki, T., Tsuchiya, Y. and Yamamoto, Y. : Activation mechanism of ALMT1 encoding aluminum tolerance gene in wheat. Annual Meeting of the Botanical Society of Japan. September 10, 2010, Kasugai)

⑼ 泉洋平、吉田英哉、園田昌司：休眠誘導の異なるオオタバコガ蛹の低温耐性の比較 2. 日本昆虫学会第 70 回大会，鶴岡，2010 年 9 月 17 日 -20 日 .（Izumi, Y., Yoshida, H. and Sonoda, S.: Comparson of cold hardiness between two different diapuse induction pupae of the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera* Ⅱ. 70th Annual Meeting of the Entomological Society of Japan, September 17-20, 2010, Tsuruoka）

⑽ 泉洋平、吉田英哉、園田昌司：異なる休眠誘導条件によるオオタバコガ休眠蛹の低温耐性 . 日本昆虫学会・日本応用動物昆虫学会中国支部合同例会，鳥取，2010 年 10 月 22 日 -23 日 . (Izumi, Y., Yoshida, H. and Sonoda, S.: Cold hardiness of two different diapuse induction pupae of the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. Joint Meeting of the Chugoku Branch of Japanese Society of Applied Entomology and Zoology, and Entomological Society of Japan, October 22-23, 2010, Tottori)

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

⑴ 柴坂三根夫・且原真木：原形質膜局在型アクアポリン PIP1 と PIP2 の共発現による活性化メカニズムの解析．日本植物生理学会年会 2010 年度年会，熊本，3 月 18-21 日，2010. (Shibasaka, M., Katsuhara,M. Studies on activation mechanism of water channel by coexpression of PIP1 and PIP2. Annual Meeting of the Japanese Society

of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto)

(2) 金子智之・堀江智明・柴坂三根夫・且原真木：高浸透圧ストレス下におけるオオムギ根の水輸送活性制御機構の解明．日本植物生理学会年会 2010 年度年会，熊本，3 月 18-21 日，2010.（Kaneko, T., Horie, T., Shibasaka, M., Katsuhara, M. : Regulation mechanism of water permeability under hypertonic stress in barley root. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto）

(3) 堀江智明・且原真木：オオムギ PIP1 型と 2 型アクアポリンのヘテロマー形成の分子機構． 日本植物生理学会年会 2010 年度年会，熊本，3 月 18-21 日，2010.(Horie, T., Katsuhara, M. The Molecular Mechanism of Heteromerization between PIP1 and PIP2 Aquaporins from Barley. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto)

(4) 古市卓也、佐々木孝行、土屋善幸、山本洋子：アルミニウムによるコムギ ALMT1 の活性制御機構 , 日本植物生理学会 2010 年度年会年会，熊本，3 月 18-21 日，2010.(Furuichi, T., Sasaki, T., Tsuchiya, T., Yamamoto, Y. Regulation of wheat ALMT1 malate transporter activity by aluminum, Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 18-21, 2010, Kumamoto)

(5) 且原真木：植物における水輸送の分子基盤・アクアポリン：動物との共通点と相違点．３部局合同セミナー，岡山，4 月 13 日，2010. (Katsuhara, M. Aquaporin - molecular mechanism of water transport in plants: Common and different characteristics between animals and plants. Joint Seminar of 3 Divisions, Apr.13, 2010, Okayama)

(6) 古市卓也：イオン透過を視る．第 16 回京都バイテクシンポジウム「植物機能を観る、見る、視る、診る、みる」，京都，6 月 17 日，2010.（Furuichi, T. Visualization of Ion Flux, The 16th Kyoto Bio-tech symposium: Visualization of Functions in Plants, June 17, 2010, Kyoto）

(7) 古市卓也、佐々木孝行、山本洋子：コムギのアルミニウム耐性をコードする ALMT1 の活性化機構 , 第 74 回日本植物学会，春日井，9 月 9-11 日 , 2010.（Furuichi, T., Sasaki, T., Yamamoto, Y. Activation mechanism of ALMT1 which encode Al-tolerance in wheat. 74th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, Sept.9-11, 2010, Kasugai）

(8) 古市卓也、松浦宏治：動画解析システムを用いたゼニゴケ精子の運動解析 , 第 74 回日本植物学会 , 春日井 , 9 月 9-11 日 , 2010.（Furuichi, T., Sasaki, T., Yamamoto, K. Quantitative analysis on the motility of *Marchantia polymorpha* L. sperms using a microscopic sperm motility analysis system. 74th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, Sept.9-11, 2010, Kasugai）

(9) 且原真木：緑化ブロックの開発．第 4 回産学官民コミュニティー全国大会 in おかやま，岡山，9 月 11 日，2010. (Katsuhara, M. Newly developed greening concrete blocks. 4th National Conference of San-Kan-Gaku Community in Okayama, Sep. 11, 2010, Okayama)

## 環境生物ストレスユニット（Biotic Stress Unit）
### 植物・微生物相互作用グループ（Group of Plant-Microbe Interactions）

(1) 松井一泰・新谷政己・神原将希・谷明生・金原和秀・山根久和・野尻秀昭：IncP-7 群プラスミドの宿主域の解析 , 日本農芸化学会大会，東京 , 3 月 27-30 日 , 2010. (Iijima, S., Shimomura Y., Tani A., Kimbara, K.: Method for isolation of target bacteria from groundwater based on fluorescence of metabolic intermediate compounds. Annual meeting of the Japan Society of Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 27-30, 2010, Tokyo)

(2) 谷 明生：品種の異なるオオムギに共生するメタノール資化性菌の網羅的ライブラリ作製と宿主生育促進効果の解析 , 日本農芸化学会大会 , 第 7 回農芸化学研究企画賞受賞講演 , 東京 , 3 月 27-30 日 , 2010. (Tani, A.: Library construction of methylotrophs symbiotic to varieties of barley and analysis of host growth promotion effect. Annual meeting of the Japan Society of Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 27-30, 2010, Tokyo)

(3) 飯島想・下村有美・谷 明生・金原和秀：代謝産物の蛍光を指標としたフローサイトメトリによる地下水からの目的菌単離法の構築 , 日本農芸化学会大会 , 東京 , 3 月 27-30 日 , 2010. (Iijima, S., Shimomura Y., Tani A., Kimbara, K.: Method for isolation of target bacteria from groundwater based on fluorescence of metabolic intermediate compounds. Annual meeting of the Japan Society of Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 27-30, 2010, Tokyo)

(4) Arias-Barreiro, C., R., Okazaki, K., Kousaftis, A., Aoyama, I., Tani, A., Kimbara, K., Mori, I.C.: Whole cell bacterial biosensor for oxidative stress using a redox sensitive probe Annual meeting of the Japan Society of Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 27-30, 2010, Tokyo.

(5) Lin Y.-H., Tani, A., Kondo, H., Chiba, S., Sasaki, A, Kanematsu, S and Suzuki N.: Biological and molecular

characterization of a novel quadripartite dsRNA virus isolated from the white root rot fungus strain W89. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto.

(6) Eusebio-Cope, A., Sun, L. Hillman, B. I. and Suzuki N.: *Mycoreovirus 1* S4-coded protein is dispensable for viral replication but necessary for efficient vertical transmission and normal symptom induction. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto.

(7) Salaipeth, L., Chiba, S., Lin, Y.-H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. : A novel bipartite dsRNA mycovirus from the white root rot fungus *Rosellinia necatrix*: Molecular and biological characterization, taxonomic considerations, and potential for viorocontrol. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto.

(8) 近藤秀樹・野田瑞紀・廣門知紗・鈴木信弘：ランえそ斑紋ウイルス (OFV) の核内 viroplasm 形成には N および P 蛋白質が必要である , 平成 22 年度日本植物病理学会大会 , 京都 , 4 月 18-20 日 , 2010. (Kondo, H., Noda, M., Hirokado, C. and Suzuki, N.: Orchid fleck virus N and P proteins are required for formation of nuclear viroplasms. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto)

(9) 丸山和之・近藤秀樹・前田孚憲・鈴木信：サギソウモザイクウイルス RNA の全塩基配列の決定 , 平成 22 年度日本植物病理学会大会 , 京都 , 4 月 18-20 日 , 2010. (Maruyama, K., Kondo, H., Maeda, T. and Suzuki, N.: The Complete Nucleotide Sequence of Habenaria Mosaic Virus Genomic RNA. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto)

(10) 兼松聡子・八重樫元・佐々木厚子・鈴木信弘・伊藤伝：欠失 RNA セグメントを含む Rosellinia necatrix megabirnavirus 1 変異株が白紋羽病菌の病原力に及ぼす影響 , 平成 22 年度日本植物病理学会大会 , 京都 , 4 月 18-20 日 , 2010. (Kanematsu Satoko Yaegashi Hajime Sasaki AtsukoSuzuki Nobuhiro Ito Tsutae .:Effect of an RnMBV1 strain with deleted RNAs on the virulence of *R. necatrix.* The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto)

(11) 佐々木厚子・中村仁・澤畠拓夫・島根孝典・鈴木信弘・兼松聡子：白紋羽病菌 W8 株から検出される L1 及び L2dsRNA のシークエンス解析. 平成 22 年度日本植物病理学会大会 , 京都 , 4 月 18-20 日 , 2010. (Sasaki Atsuko Nakamura Hitoshi Sawahata Takuo Shimane Takanori Suzuki Nobuhiro Kanematsu Satoko.: Sequence analysis of the L1 and L2 dsRNA segments occurring in *Rosellinia necatrix* isolate W8. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. April 18-20, 2010, Kyoto)

(12) Yu-Hsin Lin・千葉壮太郎・谷　明生・近藤秀樹・佐々木厚子・兼松聡子・鈴木信弘：クオドリウイルス：白紋羽病菌から分離された新規 4 分節 2 本鎖 RNA ウイルス , 第 25 回中国四国ウイルス研究会 , 岡山 , 6 月 26-27 日 , 2010. (Lin, Y.-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A, Kanematsu, S and Suzuki N.: uadrivirus: a novel mycovirus isolated from the white root rot fungus strain with a quadripartite dsRNA genome structure. 25$^{th}$ Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. June 26-27, 2010, Okayama.)

(13) 近藤秀樹・野田瑞紀・廣門知紗・鈴木信弘：植物マイナス鎖 RNA ウイルスが誘導する核内 viroplasm 形成に関わるウイルス因子 , 第 25 回中国四国ウイルス研究会 , 岡山 , 6 月 26-27 日 , 2010. (Kondo, H., Noda, M., Hirokado, C. and Suzuki, N.: The 25$^{th}$ Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. June 26-27, 2010, Okayama)

(14) Eusebio-Cope, A., Sun, L.-Y., Hillman, B. I. and Suzuki, N. :Functional analysis of *Mycoreovirus 1* VP4 required for its efficient vertical transmission and normal symptom expression The 25$^{th}$ Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. June 26-27, 2010, Okayama.

(15) 鈴木信弘：ヴァイロコントロールとマイコウイルス , 第 25 回中国四国ウイルス研究会 , 岡山 , 6 月 26-27 日 ,2010. (Nobuhiro Suzuki, N.: Virocontrol and mycoviruses. The 25$^{th}$ Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. June 26-27, 2010, Okayama)

(16) Yu-Hsin Lin・千葉壮太郎・谷　明生・近藤秀樹・佐々木厚子・兼松聡子・鈴木信弘：白紋羽病菌から分離された新規 4 分節 2 本鎖 RNA ウイルス：クオドリウイルス 1, 岡山大学自然科学研究科 , 高大連携・一般公開 ,「高校生・大学院生による研究紹介と交流の会」, 岡山 , 7 月 30 日 , 2010. (Lin Y.-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A, Kanematsu, S and Suzuki N.: A quadrivirus isolated from the white root rot fungus strain with a novel quadripartite dsRNA genome structure. Okayama University GSNST Program for University-High School Cooperation-Retreat for Introduction of Their Research Projects. July 30, 2010, Okayama)

(17) 田中徹・孫　麗英・鈴木信弘：ハイポウイルス多機能性蛋白質 p29 により誘導されるレオウイルスのゲノム再編成 , 岡山大学自然科学研究科 , 高大連携・一般公開 ,「高校生・大学院生による研究紹介と交流の会 , 岡山 , 7 月 30 日 , 2010. (Tanaka, T., Sun, L.-Y., and Suzuki, N. : Reovirus genome rearrangements induced by the multifunctional protein p29 of the prototype hypovirus CHV1-EP713. Okayama University GSNST Program for University-High School Cooperation-Retreat for Introduction of Their Research Projects. July 30, 2010, Okayama)

⒅ Lakha Salaipeth, Sotaro Chiba, Yu-Hsin Lin, Atsuko Sasaki, Satoko Kanematsu, and Nobuhiro Suzuki .: A NOVEL BIPARTITE DSRNA MYCOVIRUS FROM THE WHITE ROOT ROT FUNGUS *ROSELLINIA NECATRIX* Okayama University GSNST Program for University-High School Cooperation-Retreat for Introduction of Their Research Projects. July 30, 2010, Okayama.

⒆ 鈴木信弘：ヴァイロコントロール：悪玉カビを病気にする善玉ウイルス , ウイルス学キャンプ , 湯河原 , 8 月 9-10 日 , 2010. (Nobuhiro Suzuki, N. : Virocontrol: Good viruses pathogenic to bad fungi. The 7th Virology Camp. August 9-10, 2010,Yugawara)

⒇ 谷　明生：品種の異なるオオムギに共生するメタノール資化性菌の網羅的ライブラリ作製と宿主生育促進効果の解析 , 日本農芸化学会中四国支部大会 , 香川 , 9 月 24-25 日 , 2010. (Tani, A.: Library construction of methylotrophs symbiotic to varieties of barley and analysis of host growth promotion effect. Chushikoku Branch meeting of the Japan Society of Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. September 24-25, 2010, Kagawa)

(21) 近藤秀樹・前田孚憲・鈴木信弘：Cymbidium chlorotic mosaic virus はソベモウイルス属の新規ウイルス種である , 日本植物病理学会関西部会 , 福井 , 9 月 30 日 -10 月 1 日 , 2010. (Kondo, H., Maeda, T. and Suzuki, N.: Complete Nucleotide Sequence of Cymbidium chlorotic mosaic virus: A New Species of the Genus Sobemovirus. Kansai Division Meeting of the Japanese Phytopathological Society. September 30-October 1 , 2010, Fukui.)

(22) 佐々木厚子・中村仁・澤畠拓夫・鈴木信弘・兼松聡子：白紋羽病菌 W287 株に感染している L1 dsRNA のシークエンス解析 , 日本植物病理学会関東部会 , つくば , 9 月 16-17 日 , 2010. (Sasaki Atsuko, Nakamura Hitoshi, Sawahata Takuo, Suzuki Nobuhiro, Kanematsu Satoko .: Sequence analysis of L1 dsRNA in *Rosellinia necatrix* isolate W287. Kanto Division Meeting of the Japanese Phytopathological Society. September 16-17, 2010, Tsukuba.)

(23) 近藤秀樹：ランのウイルス病 , 第 62 回ラン談話会大会 , 東京 , 12 月 5 日 , 2010.（Kondo,H.: Virus Diseases of Orchids. The 62th Annual Meeting of the Japanese Society for Orchid Sciences, December 5, 2010, Tokyo）

(24) Gumarang, A. A., Shirako, Y. and Suzuki, N.: A host factor Interacting with Mycoreovirus Non-Structural Proteins VP9 and VP10 identified by a yeast two-hybrid assay. The 28th Okyama Regional Phytopathology Meeting. December 11, 2010, Kurashiki.

(25) Yu-Hsin Lin・千葉壮太郎・谷　明生・近藤秀樹・佐々木厚子・兼松聡子・鈴木信弘：白紋羽病菌 W1075 株から分離された新規２本鎖 RNA ウイルス , 第 28 回岡山病理セミナー , 倉敷 , 12 月 11 日 , 2010. (Lin Y.-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A, Kanematsu, S and Suzuki N.: A novel dsRNA virus isolated from Rosellinia necatrix strain W1075. The 28th Okyama Regional Phytopathology Meeting. December 11, 2010, Kurashiki.)

(26) Lakha Salaipeth, Sotaro Chiba, Yu-Hsin Lin, Atsuko Sasaki, Satoko Kanematsu, and Nobuhiro Suzuki.: A megabirnavirus from the white root rot fungus that has virocontrol potential. The 28th Okyama Regional Phytopathology Meeting. December 11, 2010, Kurashiki.

## 遺伝資源ユニット（Genetic Resources Unit）

### 大麦グループ（Group of Barley Resources）

⑴ 佐藤和広：植物遺伝資源を活用した最先端研究 . 第２回ストレス科学研究シンポジウム . 倉敷 , 2010年３月８日～９日 , 2010.（Sato, K.: Frontier research utilizing plant genetic resources. Stress Science Symposium, March 8-9, 2010, Kurashiki）

⑵ 佐藤和広・馬建鋒：染色体組換え置換によるアルミニウム耐性同質遺伝子系統の開発 . 日本育種学会講演会 . 京都 , 3 月 26 日～ 27 日 , 2010. (Sato, K. and Ma, J. F. : Development of an Aluminium tolerant barley isogenic line by recombinant chromosome substitution. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 26-27, 2010, Kyoto）

⑶ 石井誠・佐藤和広：オオムギコアコレクション南・東アジアサブセットにおける播性の多様性 . 日本育種学会講演会 . 京都 , 3 月 26 日～ 27 日 , 2010. (Ishii, M. and Sato, K.: Diversity of spring-winter growth habit in south and east Asian subset of barley core collection. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 26-27, 2010, Kyoto）

⑷ 佐藤和広・馬建鋒：染色体組換え置換によるアルミニウム耐性同質遺伝子系統の開発 . 日本育種学会講演会 . 京都 , 3 月 26 日～ 27 日 , 2010. (Sato, K. and Ma, J. F.: Development of an Aluminium tolerant barley isogenic line by recombinant chromosome substitution. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 26-27, 2010, Kyoto）

⑸ 高橋飛鳥・柳沢貴司・山下優子・南角奈美・漆川直希・湯尾崇央・佐藤和広・武田真：オオムギβグルカン含量を高める遺伝子amo1のマッピング．日本育種学会講演会．秋田，9月24日～25日，2010. (Takahashi, A., Yanagisawa, K., Yamashita, Y., Nankaku, N., Shitsukawa, N., You, T., Sato, K. and Taketa, S.: Mapping of high amylase (*amo1*) gene increasing beta-glucan content in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, Sep. 24-28, Akita)

⑹ 笹沼恒男・河原太八・M. Zhuk・T. Smekalova・佐藤和広：北コーカサスにおけるムギ類遺伝資源の探索．日本育種学会講演会．秋田，9月24日～25日，2010. (Sasanuma, T., Kawahara, T., Zhuk, M., Smekalova, T., and Sato, K.: Expedition of Triticeae germplasm in Northern Caucasia. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, Sep. 24-28, Akita)

⑺ 佐藤和広：オオムギゲノムデータについて，なにをどのように使えるか？ 日本育種学会グループ研究集会「ムギ類の遺伝・育種学へのデータベース活用」秋田，9月24日～25日，2010. (Sato, K., Takeda, K., Kanamori, H, Komatsuda, T. and Matsumoto, T.: Fine mapping of seed dormancy QTL "*Qsd1*" in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, Sep. 24-28, Akita)

⑻ 佐藤和広・武田和義・金森裕之・小松田隆夫・松本隆：オオムギ種子休眠性QTL"Qsd1"の精密マッピング．日本育種学会講演会．秋田，9月24日～25日，2010. (Sato, K., Takeda, K., Kanamori, H, Komatsuda, T. and Matsumoto, T.: Fine mapping of seed dormancy QTL "Qsd1" in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, Sep. 24-28, Akita)

⑼ 飯牟礼隆・木原 誠・伊藤 一敏・市川 誠一郎・武田 和義・佐藤 和広：オオムギ育種におけるビールの泡持ち程度を選抜するDNAマーカーの開発，Brewing Congress of Japan年次大会，東京，11月11-12日，2010. (Iimure, T., Kihara, M., Ito, K., Ichikawa, S., Takeda, K. and Sato, K. : Development of DNA Markers for the Selection of Beer Foam Stability in Barley Breeding. Brewing Congress of Japan, November11-12, Tokyo)

⑽ 周天甦・廣田直彦・木原誠・飯牟礼隆・保木健宏・市川 誠一郎・佐藤和広：「ミカモゴールデン」と「Harrington」の倍加半数体集団を用いた高密度連鎖地図の構築と麦芽品質のQTL解析 Brewing Congress of Japan年次大会，東京，11月11-12日，2010.（I Zhou, T., Hirota, N., Kihara, M., Iimure, T., Hoki, T., Ichikawa, S., Sato, K.: High resolution QTL mapping of malting quality traits in 'Mikamo Golden' x 'Harrington' cross, Brewing Congress of Japan, November11-12, Tokyo）

⑾ 佐藤和広：オオムギ種子休眠性QTL "*Qsd1*"の単離と機能解明に向けて．穂発芽研究会，帯広，11月24日，2010.（Sato, K.: Toward cloning and functional analysis of seed dormancy QTL "*Qsd1*" in barley. Workshop on pre-harvest sprouting, November 24, Obihiro）

⑿ 佐藤和広・那須田周平：ムギ類リソースの将来．ムギ類研究会，帯広，11月25日，2010.（Sato, K., and Nasuda, S.: Triticeae resoutces in the future. Triticeae workshop, November 25, Obihiro.）

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

⑴ 武田　真・辻野泰弘・湯尾崇央・最相大輔・漆川直希・春山直人・大関美香：皮性・裸性を支配する*Nud*遺伝子の多型からみた栽培オオムギの起源．日本育種学会第117回講演会，京都，3月27日，2010　育種学研究12(別1) p. 99. (Taketa, S., Tsujino, Y., You, T., Saisho, D., Shitsukawa, N., Haruyama N. and Ozeki, M. Origin of domesticated barley as viewed from polymorphisms in the *Nud* gene controlling hulled or naked caryopsis. The 117$^{th}$ meeting of Japanese Society of Breeding. Kyoto March 27, 2010, Kyoto)

⑵ 漆川直希・山下優子・武田　真：オオムギの内頴およびリンピ形成に関わる*BPL*遺伝子のマッピング．日本育種学会第117回講演会，京都，3月27日，2007. 育種学研究12(別1) p.137. (Shitsukawa, N., Yamashita, Y. and Taketa, S. Molecular mapping of the BARLEY PALEA-LESS (*BPL*), which controls the palea and lodicule development in barley. The 117$^{th}$ meeting of Japanese Society of Breeding. Kyoto March 27, 2010, Kyoto)

⑶ 漆川直希・半田裕一・小川泰一・武田 真・村井耕二：コムギクラスB MADS-box遺伝子*WAP3*における同祖遺伝子特異的転写制御システム．日本育種学会第118回講演会，秋田，9月25日，2010. 育種学研究12(別2) p.123. (Shitsukawa, N., Handa, H., Ogawa, T., Taketa, S. and Murai, K. Homeolog-specific regulation systems in wheat class B MADS-box gene, *WAP3*. The 118$^{th}$ meeting of Japanese Society of Breeding. September 25, 2010, Akita)

⑷ 武田　真・菊池慎一・水元若菜：オオムギ皮・裸性遺伝子に関する準同質遺伝子系統でみられた連鎖ひきずり．日本育種学会第118回講演会，秋田，9月25日，2010.　育種学研究12(別2) p.39. (Taketa, S., Kikuchi, S. and Mizumoto, W. Linkage drag observed in the near-isogenic lines for the covered or naked caryopsis gene (*Nud/nud*) in barley. The 118$^{th}$ meeting of Japanese Society of Breeding. September 25, 2010, Akita)

(5) 高橋飛鳥・柳沢貴司・山下優子・南角奈美・漆川直希・湯尾崇央・佐藤和広・武田　真：オオムギβグルカン含量を高める遺伝子 *amo1* のマッピング．日本育種学会第 118 回講演会 , 秋田 , 9 月 25 日 , 2010.　育種学研究 12( 別 2) p.41. (Takahashi, A., Yanagisawa, T., Yamashita, Y., Nankaku, N, Shitsukawa, N., You, T., Sato, K. and Taketa, S. Molecular mapping of *high amylose* (*amo1*) gene increasing β-glucan content in barley. The 118th meeting of Japanese Society of Breeding. September 25, 2010, Akita)

(6) 水野信之・漆川直希・宅見薫雄：二粒系コムギとタルホコムギの雑種にみられ低温応答性ネクローシスの解析 . 日本育種学会第 118 回講演会 , 秋田 , 9 月 25 日 , 2010. 育種学研究 12( 別 2) p.85. (Mizuno, N., Shitsukawa, N. and Takumi, S. Analysis of low temperature-induced necrosis in hybrids between tetraploid wheat and *Aegilops taushii*. The 118th meeting of Japanese Society of Breeding. September 25, 2010, Akita)

(7) 氷見英子・武田　真・山下優子・春山直人・柳沢貴司・前川雅彦：オオムギの *ant28* 遺伝子はプロアントシアニジン蓄積を制御する R2R3 MYB ドメインタンパク質をコードする．穂発芽研究会 , 帯広，11 月 24 日 , 2010. (Himi, E., Taketa, S., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T. and Maekawa, M. Barley *ant28* gene encodes an R2R3 MYB domain protein that controls proanthocyanidin accumulation in grain. Presprouting Research meeting. November 24, 2010, Obihiro)

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

(1) 榎本　敬：倉敷からみた地球環境の現状と未来．倉敷中央ライオンズクラブ，倉敷国際ホテル 3 月 5 日，2010. (Enomoto, T. : Global Environment of now and in the future from the view point of Kurashiki City. March 5, 2010.)

(2) 田村　実・布施静香・東　浩司・山下　純・金　眞玉・李　南淑・石井孝明：ハナゼキショウ（チシマゼキショウ科）の分割．日本植物分類学会第 9 回大会，刈谷，3 月 26 － 28 日，2010. (Tamura, M.N., Fuse, S. Azuma, H., Yamashita, J., Kim, J.-O., Lee, N.-S. and Ishii, T. : Taxonomic division of *Tofieldia nuda* Maxim. (Tofieldiaceae). The 9th annual meeting of the Japanese Society for Plant Systematics. March 26-28, 2010, Kariya)

(3) 野田博士・山下　純・田村　実：日本産ヤマノイモ属（ヤマノイモ科）の分子系統と分類学的再検討．日本植物分類学会第 9 回大会 , 刈谷，3 月 26 日－ 28 日，2010.（Noda, H., Yamashita, J. and Tamura, M.N. : Molecular phylogeny and taxonomic reexamination of Japanese *Dioscorea* (Dioscoreaceae). The 9th annual meeting of the Japanese Society for Plant Systematics. March 26-28, 2010, Kariya)

(4) 園田昌司・吉田英哉・泉　洋平：農業に有用な生物多様性の指標の開発―防除圧の異なる温暖低地モモ園における生物多様性調査―．日本応用動物昆虫学会大会，千葉，3 月 26 日－ 28 日，2010. (Sonoda, S., Yoshida, H. and Izumi, Y.: Selection of functional biodiversity indicators at peach orchards in western Japan. Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. March 26-28, 2010, Chiba)

(5) 包 文学・伊藤政雄・村井　保・奈良井祐隆・園田昌司：ミナミキイロアザミウマの合成ピレスロイド剤抵抗性機構について．日本応用動物昆虫学会大会，千葉，3 月 26 日－ 28 日，2010. (Bao, W.-X., Ito, M., Murai, T., Narai, Y. and Sonoda, S.: Pyrethroid resistance of *Thrips palmi* K., Annual Meeting of the Japanese Society of Applied Entomology and Zoology. March 26-28, 2010, Chiba)

(6) 吉野将史・山下　純・榎本　敬：雑草を含むカヤツリグサ属（カヤツリグサ科）の分類学的再検討．日本雑草学会第 49 回大会，福井，4 月 10 日－ 11 日，2010. (Yoshino, M., Yamashita, J. and Enomoto, T. : Taxonomic Revision of genus *Cyperus s. l.* (Cyperaseae) including the weeds. 49th annual meeting of the Weed Science Society of Japan. April 10-11, 2010, Fukui)

(7) 園田昌司：コナガにおける標的部位の感受性の低下と解毒分解酵素活性の増大による合成ピレスロイド剤抵抗性について．日本農薬学会第 35 回大会，札幌，5 月 28 日 － 30 日，2010. (Sonoda, S. : Pyrethroid resistance conferred by target insensitivity and increased metabolic detoxification in *Plutella xylostella* L., Annual Meeting of the Pesticide Science Society of Japan. May 28-30, 2010, Sapporo)

(8) 山下　純・織田二郎・永益英敏：分子系統に基づくカヤツリグサ科スゲ属のミヤマカンスゲと近縁種群の分類学的再検討．日本植物学会第 74 回大会，春日井，9 月 9 日－ 11 日，2010. (Yamashita, J., Oda, J. and Nagamasu, H. : Taxonomic revision of *Carex multifolia*-complex (Cyperaceae) based on a molecular phylogenetical analysis. The 74th annual meeting of the Botanical Society of Japan. September 9 -11, 2010, Kasugai)

(9) 榎本　敬：岡山大学公開講座 クローズアップ －岡山－ 岡山の植物．岡山大学，10 月 2 日，2010. (Enomoto, T. : Plants in Okayama Prefecture. October 2, 2010)

## ゲノム育種ユニット（Applied Genomics Unit）

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

⑴ 長岐清孝・寺田香里・脇本宗典・柏原壱成・鈴木剛・村田稔：シロイヌナズナおよびタバコ培養細胞における異種 CENH3 の動原体局在．日本遺伝学会第 82 回大会，札幌市，9 月 20-23 日 , 2010. Evolutionally close alien CENH3s are able to target centromeres in *Arabidopsis* and tobacco cells.

⑵ 村田稔・横田悦子・長岐清孝：シロイヌナズナに誘発された部分的ゲノム重複と遺伝子発現．日本遺伝学会第 82 回大会，札幌市 , 9 月 20-23 日 , 2010. Gene expression on induced partial genome duplications in *Arabidopsis thaliana.*

⑶ 土生芳樹・安藤露・伊藤幸恵・長岐清孝・田口文緒・矢野昌裕：クロマチン修飾変化がイネ亜種間交配系統における減数分裂期組換えと分離ひずみに及ぼす影響の解析，日本遺伝学会第 82 回大会，札幌市，9 月 20-23 日 , 2010. Chromatin modification controls segregation distortion.

⑷ 長岐清孝・柴田洋・鈴木剛・村田稔：タバコ動原体由来 BAC の塩基配列解析によるタバコ動原体特異的反復配列の同定，染色体学会第 61 会年会，船橋市，11 月 5-7 日 , 2010. Identification of two centromeric repetitive sequences by sequencing of centromeric BAC clones in tobacco.

⑸ 横田悦子・長岐清孝・村田稔：シロイヌナズナにおいて新規に見出された染色体構造変異とその伝達，染色体学会第 61 会年会，船橋市，11 月 5-7 日 , 2010. Transmission of a structurally changed chromosome in *Arabidopsis thaliana.*

⑹ 長岐清孝：抗体作成から免疫染色・クロマチン免疫沈降まで - 抗体関連染色体研究 a la carte-, 染色体学会第 61 会年会，船橋市，11 月 5-7 日 , 2010. Cytogenetics using antibodies.

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

⑴ 力石和英：突然変異系統を用いたコムギ穂発芽制御機構の解析．第 14 回穂発芽研究会，小樽，1 月 25 − 26 日，2010．(Rikiishi, K. Analysis of wheat mutants in reduced seed dormancy. The 14th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting. Jan. 25-26, 2010, Otaru)

⑵ 力石和英：コムギ種子発芽の光制御と休眠性．第 15 回穂発芽研究会，帯広，11 月 24 日，2010．(Rikiishi, K. Effects of seed dormancy on the light control of germination in wheat. The 15th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting. Nov. 24, 2010, Obihiro)

⑶ 氷見英子・武田　真・山下優子・春山直人・柳沢貴司・前川雅彦：オオムギの ant28 遺伝子はプロアントシアニジン蓄積を制御する R2R3 MYB ドメインタンパク質をコードする．第 15 回穂発芽研究会，帯広，11 月 24 日，2010．(Himi, E., Taketa, S., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T. and Maekawa, M. : Barley ant28 gene encodes an R2R3 MYB domain protein that controls proanthocyanidin accumulation in grain. The 15th meeting of a Society of Pre-Harvest sprouting. November 24, 2010, Obihiro)

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

⑴ 河野　貴文・江崎文一：多種のストレスに応答する AtGST11 遺伝子の応答に関わる転写調節因子の単離と解析 . 日本植物生理学会年会，熊本，3 月 18 日 − 21 日 , 2010. (Kouno, T. and Ezaki, B. : Isolation and characterization of transcription factors involved in gene-response mechanisms in *A. thaliana AtGST11* gene. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Kumamoto, Mar. 18-21, 2010)

⑵ 高橋憲公・東　藍子・江崎文一：野生植物 *Andropogon virginicus* L. の Al ストレスに応答する ABC transporter 様遺伝子と SAMS 遺伝子の解析．日本植物生理学会年会, 熊本, 3 月 18 日 − 21 日 , 2010. (Takahashi, K., Higashi, A. and Ezaki, B. :Characterization of an ABC transporter like gene and SAMS gene which response to Al stress in *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Kumamoto, Mar. 18-21, 2010)

⑶ Jayaram, K. and Ezaki, B. : Aluminum and heavy metals stimulate nitric oxide (NO) production in *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Kumamoto, Mar. 18-21, 2010.

⑷ 江崎文一・高橋憲公・東　藍子・Jayaram Kottapalli：野生植物メリケンカルカヤの Al ストレス耐性機構について．日本土壌肥料学会，札幌，9 月 7 日 − 9 日 , 2010.　(Ezaki, B., Takahashi, K., Higashi, A., Jayaram, K. : Al

tolerant mechanisms in a wild plant, *Andropogon virginicus* L. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, Sapporo, Sep. 7-9, 2010)

(5) 一色隆太郎・田中丸重美・江崎文一：サクラソウ科植物の耐凍性に関する研究第２報．日本農業気象学会 2010 年全国大会，名古屋市，３月 17 日 － 19 日 , 2010. (Issiki, R., Tanakamaru, S. and Ezaki, B. : Studies on freezing resistance of primula plants (Primulae). Annual Meeteing of the Japanese Society of Agricultural Meteorology. Nagoya, Mar.17-19, 2010.)

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

## International Plant and Animal Genome XVIII
## Barley Workshop

January 9 - 13, 2010
Town & Country Hotel, San Diego, USA
Organizers: Alan H. Schulman (MTT & University of Helsinki), Kazuhiro Sato (Okayama University)

1. Multiple WRKY-factor binding sites in the promoters of the GER4 gene cluster of barley cause high transcript dosage upon pathogen attack
   Himmelbach, A. (IPK Germany)
2. Whole genome association scans in stratified germplasm collections
   Waugh, R. (SCRI, UK)
3. Functional evolution of Vrs1, a homeodomain-leucine zipper transcription factor for row number in barley spikes
   Sakuma, S. (Chiba University, Japan)
4. Evolution of fhe (1,3;1,4)-beta-glucan synthase gene family in barley
   Fincher, G. (Adelaide University, Australia)
5. Advancing the barley genome: the American contribution
   Close, T. (University of California, Riverside, USA)
6. Physical mapping and sequencing of the barley genome: IBSC and the GABI program
   Stein N. (IPK Germany)

## 第２回植物ストレス科学研究シンポジウム

日程：平成 22 年３月８日～９日
場所：倉敷市芸文館
テーマ：植物ストレス科学研究と遺伝資源
オーガナイザー：馬　建鋒、鈴木信弘、坂本　亘（岡山大・資生研）

１．植物の環境ストレス応答機構の解明と分子育種への応用
　　篠崎　和子（東京大学）
２．転写因子の同定から見えてきたイネの多様なアルミニウム耐性機構
　　馬　建鋒（岡山大学）
３．バイオ燃料：ストレス科学への期待
　　柴田　大輔（かずさＤＮＡ研究所）
４．植物免疫の分子機構
　　島本　功（奈良先端科学技術大学院大学）
５．イネいもち病圃場抵抗性遺伝子 pi21 の解析 ～ QTL 遺伝子による耐病性の解明 ～
　　福岡　修一（農業生物資源研究所）
６．ヴァイロコントロール因子（RNA マイコウィルス）の病徴発現・複製に関与する宿主およびウィルス因子
　　鈴木　信弘（岡山大学）
７．葉老化の分子遺伝学
　　草場　信（広島大学）
８．葉緑体分化が関わる光酸化ストレス・金属ストレス適応機構の新たな側面
　　坂本　亘（岡山大学）
９．2010 Project で整備が進むシロイヌナズナリソースと次期プロジェクトに向けた研究動向
　　小林　正智（理化学研究所）
10.　植物遺伝資源を活用した最先端研究
　　佐藤　和広（岡山大学）

## Second Symposium on Plant Stress Research

March 8-9, 2010
Kurashiki Geibunkan
Theme: Plant Stress Research and Genetic Resources
Organizer: Jian Feng Ma, Nubuhiro Suzuki and Wataru Sakamoto (RIB, Okayama Univ.)

1. Elucidation of plant mechanisms response to environmental stresses and application to molecular breeding
   Kazuko Shinozaki (Tokyo Univ.)
2. Identification of a transcription factor reveals multiple mechanisms of Al tolerance in rice
   Jian Feng Ma (Okayama Univ.)
3. Biofuel: Expectation for plant stress research
   Daisuke Shibata (Kazusa DNA Res.)
4. Molecular mechanisms of plant immunity
   Koh Shimamoto (NAIST)
5. Analysis of rice blast resistance gene pi21. –Elucidation of disease resistance mechanism through identification of QTL gene
   Shuichi Fukuoka (NIAS)
6. Host and viral factors associated with the symptom expression and replication of virocontrol agents (RNA viruses)
   Nobuhiro Suzuki (Okayama Univ.)
7. Molecular genetics of leaf aging
   Makoto Kusaba (Hiroshima Univ.)
8. Photo-oxidative and metal stresses associated with the status of chloroplast development: a lesson from Arabidopsis var2 mutant
   Wataru Sakamoto (Okayama Univ.)
9. Arabidopsis resources established through 2010 project and research trend for next project
   Masatomo Kobayashi (Riken)
10. Frontier research utilizing plant genetic resources
   Kazuhiro Sato (Okayama Univ.)

## 植物生理若手の会 2010（第 29 回講演会）

日程：平成 22 年 3 月 18 日
場所：熊本大学（第 51 回日本植物生理学会年会会場）
テーマ：高等植物の環境ストレス適応戦略
オーガナイザー：古市　卓也（岡山大・資源生物科学研究所）

１．蛋白質立体構造解析から見えてきた植物の免疫機構
　　門田康弘（理化学研究所植物科学研究センター）
２．植物の凍結耐性における細胞膜タンパク質の役割
　　山崎誠和（東北大学東北大学大学院生命科学研究科）
３．塩ストレス下における水・イオン恒常性機構
　　堀江智明（岡山大学資源生物科学研究所）

## The 29th Annual Meeting of the Japanese Society of Young Plant Physiologists

March 18, 2010, Kumamoto University
Organizers: Takuya Furuichi (Okayama University)

1. New aspect of plant innate immunity: view by crystal structural analysis
Y. Kadota (RIKEN Institute)
2. Role of plasma membrane proteins in plant freeze tolerance
M. Yamazaki (Tohoku University)
3. Water and ion homeostasis under salt stress
T. Horie (Okayama University)

## 日本植物学会第74回年会シンポジウム

日程：平成22年9月10日
場所：中部大学（愛知県春日井市）
テーマ：「植物生理機能のイメージングによる解析」
オーガナイザー：古市　卓也（岡山大・資源植物科学研究所）
藤巻　秀（日本原子力研究開発機構・量子ビーム応用研究部門）

1. 新奇遠心顕微鏡を用いたデンプン平衡石仮説の検証
豊田　正嗣[1], 田坂　昌生[1], 森田（寺尾）美代[1,2]（[1]奈良先端大・バイオ, [2]JST・さきがけ）
2. 血管内皮細胞における力学受容機構のイメージングによる解析
早川公英[1,4], 辰巳仁史[2], 曽我部正博[1,3]（[1]科学技術振興機構・SORST・細胞力覚プロジェクト, [2]名大・医・イメージング生理, [3]名大・医・細胞生物物理, [4]名大・革新ナノバイオデバイス研究センター）
3. 細胞内シグナル伝達機構解明の為の生物発光基質の創出
久世雅樹[1], 田中瑛子[2], 西川俊夫[2]（[1]名大・物質国際セ・化測機, [2]名大院・生命農学・生物有機）
4. 植物免疫応答における葉緑体$Ca^{2+}$シグナルとCASの役割
野村　裕也[1], 椎名　隆[2]（[1]名大・農、[2]京都府立大）
5. ポジトロンイメージング技術（PETIS）による植物体内の栄養／有害物質の動態解析
藤巻　秀[1]（[1]日本原子力研究開発機構）
6. 放射性同位元素イメージング～従来手法の掘り起こしと応用
田野井　慶太朗[1,2], 菅野　里美[2], 中西　友子[2]（[1]東京大・生セ, [2]東京大・院・農・RI）

## Symposium in the 74th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan

September 10, 2010, Chubu University
Recent Advances in bio-imaging techniques for plant science
Organizers: Takuya Furuichi (Okayama University), Shu Fujimaki (Japan Atomic Energy Agency)

1. Verification of starch-statolith hypothesis by the novel centrifuge-microscope
M. Toyota, M. Tasaka and M. Morita-Terao (Nara Institute of Science and Technology)
2. Bio-imaging of mechansensing machinery in cultured human umbilical vein endothelial cells
K. Hayakawa, H. Tatsumi and M. Sokabe (Nagoya University)
3. Innovation of bioluminescent substrate for the bio-imaging of intracellular signal transduction
M. Kuse, E. Tanaka and T. Nishikawa (Nagoya University)
4. Role of $Ca^{2+}$-singaning in chloroplast and CAS protein in plant innate immunity
H. Nomura and T. Shiina (Nagoya University, Kyoto Prefectural University).
5. Real-time imaging of nutrient and toxic compounds in living plants by PETIS
S. Fujimaki (Japan Atomic Energy Agancy)
6. Advanced RI-imaging techniques for plant science
K. Tanoi, S. Kanno and T. Nakanishi (University of Tokyo)

## 平成 22 年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム

日程：平成 22 年 9 月 25 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所大会議室
講座名：生物多様性

| | | |
|---|---|---|
| １．ゲノム解析から見えてきた植物の進化と多様性 | 村田　稔 | 資源植物科学研究所 |
| ２．中国東北地方の森林植生 | 山下　純 | 資源植物科学研究所 |
| ３．生物の多様性で可能となる宇宙での食料生産 | 杉本　学 | 資源植物科学研究所 |

## Program of IPSR Open Lectures, Okayama University 2010

September 25, 2010, IPSR
Title: Biodiversity

| | | |
|---|---|---|
| 1. Plant evolution and diversity revealed by genome analyses | Minoru Murata | (IPSR) |
| 2. An introduction to the forest vegetation and zonation in North East China compared with Japan | Jun Yamashita | (IPSR) |
| 3. Food production in space is supported by biodiversity | Manabu Sugimoto | (IPSR) |

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

| 研究所教員名（Corresponding staff） | 所属機関（Institution） | 部　局（Department） | 職　名（Position） | 氏　名（Name） |
|---|---|---|---|---|
| | 課題名（Subject title） | | | |
| 坂本　　亘（Sakamoto, W.） | 島根大学（Shimane Univ.） | 生物資源科学部（Faculty of Life and Environmental Science） | 准教授（Associate Professor） | 石川　孝博（Ishikawa, T.） |
| | 強光ストレス応答におけるシロイヌナズナレドックスシグナル伝達機構の解析（Studies on redox response and regulatory mechanisms under high-light stress in Arabidopsis） | | | |
| | 京都産業大学（Kyoto Sangyo Univ.） | 総合生命科学部（Faculty of Life Science） | 教授（Professor） | 寺地　　徹（Terachi, T.） |
| | 葉緑体の遺伝子組換え技術を利用したストレス耐性植物の育成（Chloroplast transformation technology and its practical use for generating stress-resitant plants） | | | |
| | 鳥取大学（Tottori Univ.） | 農学部（Faculty of Agriculture） | 准教授（Associate Professor） | 上中　弘典（Kaminaka, H.） |
| | 菌根菌共生及び無葉緑植物における共生関連因子とストレス応答（Factors and stress responses associated with symbiosis of Mycorrhizae with the achlorophyllous monotropoid plant） | | | |
| | 大阪大学（Osaka Univ.） | 大学院理学研究科（Graduate School of Science） | 准教授（Associate Professor） | 高木　慎吾（Takagi, S.） |
| | ミトコンドリア・葉緑体共局在の生理学的意義の解明（Co-localization of mitochondria and chloroplasts and its physiological relevance to stresses in Arabidopsis mesophyll cells） | | | |
| 平山　隆志（Hirayama, T.） | 筑波大学（Univ. of Tsukuba.） | 遺伝子実験センター（Gene Research Center） | 准教授（Associate Professor） | 溝口　　剛（Mizoguchi, T.） |
| | 連続光ストレス（強光及び弱光）への応答反応に関する研究（Analysis of the response to constant light conditions） | | | |
| 森　　泉（Mori, I.） | 東北大学（Tohoku Univ.） | 大学院工学研究科（Graduate School of Engineering） | 教授（Professor） | 魚住　信之（Uozumi T.） |
| | 乾燥・浸透圧ストレスに適応する植物イオンチャネルの制御に関する解析（Analysis of plant ion channel control in response to drought and osmotic stresses） | | | |
| | 大阪医科大学（Osaka Medical College） | 医学部（Faculty of Medicine） | 講師（Lecturer） | 原田　明子（Harada A.） |
| | $Ca^{2+}$ シグナルに着目した強光ストレス応答反応の分子機構に関する研究（A study on $Ca^{2+}$ signaling mechanisms in light stress） | | | |
| 馬　　建鋒（Ma, J. F.） | 神戸大学（Kobe Univ.） | 大学院農学研究科（Graduate School of Agriculture） | 助教（Assistant Professor） | 石川　　亮（Ishikawa, R.） |
| | イネ野生種を用いた新規ミネラルストレス耐性遺伝子の同定に向けて（Towords the identification of novel genes related to mineral stresses using wild rice） | | | |
| | 京都大学（Kyoto Univ.） | 生存圏研究所（Research Institute for Sustainable Humanosphere） | 教授（Professor） | 矢崎　一史（Yazaki, K.） |
| | 共生窒素固定に応答するミヤコグサ膜輸送体の機能解析（Functional analysis of a membrane transporter inducible during SNF in Lotus japonicus） | | | |
| | 北海道大学（Hokkaido Univ.） | 創成研究機構（Creative Research Institution） | 特任助教（Specially Appointed Assistant Professor） | 三輪　京子（Miwa, K.） |
| | ホウ酸輸送体発現によるホウ素栄養ストレス付与と作物からのホウ酸輸送体遺伝子の単離（Improvement of boron stress tolerance by enhanced expression of boron transpoters and identification of boron transporter genes in crop plants） | | | |

<table>
<tr><td rowspan="4">馬　　建鋒<br>(Ma, J. F.)</td><td>新潟大学<br>(Niigata Univ.)</td><td>自然科学系（農学部）<br>(Faculty of Agriculture)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>末吉　　邦<br>(Sueyoshi, K.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">硝酸輸送系を介した低窒素ストレスに対する植物の応答機構の解明<br>(Study of response mechanisms to nitrogen-starvation stress through nitrate transport system in plants)</td></tr>
<tr><td>島根大学<br>(Shimane Univ.)</td><td>生物資源科学部<br>(Faculty of Life and Environmental Science)</td><td>助教<br>(Assistant Professor)</td><td>秋廣　高志<br>(Akihiro, T.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">ヒ素およびカドミウムの輸送に関わる新奇トランスポーターの機能解析<br>(Functional characterization of novel arsenic and cadmium transporters)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">山本　洋子<br>(Yamamoto, Y.)</td><td>京都府立大学<br>(Kyoto Prefectural Univ.)</td><td>大学院生命環境科学研究科<br>(Graduate School of Life and Environmental Sciences)</td><td>教授（Professor）</td><td>椎名　　隆<br>(Shiina, T.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">植物の病害・ストレス応答と葉緑体 Ca$^{2+}$ シグナル<br>(A role of chloroplast Ca$^{2+}$ signaling in biotic and abiotic stress responses in plants)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">佐々木孝行・<br>山本　洋子<br>(Sasaki, T. and Yamamoto, Y.)</td><td>広島大学<br>(Hiroshima Univ.)</td><td>大学院生物圏科学研究科<br>(Graduate School of Biosphere Science)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>和崎　　淳<br>(Wazaki, J.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">リン欠乏誘導型膜輸送タンパク質の機能の解明と応用<br>(Analyses and applications for transport proteins induced by phosphate-deficiency)</td></tr>
<tr><td rowspan="10">且原　真木<br>(Katsuhara, M.)</td><td>秋田県立大学<br>(Akita Prefectural University)</td><td>生物資源科学部<br>(Faculty of Bioresource Sciences)</td><td>特任教授<br>(Specially Appointed Professor)</td><td>北川　良親<br>(Kitagawa, Y.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">イネアクアポリン OsPIP1;1 形質転換イネの耐塩性に関する研究<br>(Study of salt tolerance in transgenic rice plants over-expressing rice OsPIP1;1)</td></tr>
<tr><td>奈良先端科学技術大学院大学<br>(Nara Institute of Science and Technology)</td><td>バイオサイエンス研究科<br>(Graduate School of Biological Sciences)</td><td>特任准教授<br>(Specially Appointed Associate Professor)</td><td>深尾　陽一朗<br>(Fukao, Y.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">シロイヌナズナ根において亜鉛応答する ABC 輸送体の機能解析<br>(Functional analysis of ABC-transporters responding to zinc in Arabidopsis roots)</td></tr>
<tr><td>東京農業大学<br>(Tokyo University of Agriculture)</td><td>生物産業学部<br>(Faculty of Bioindustry)</td><td>助教<br>(Assistant Professor)</td><td>坂本　　光<br>(Sakamoto, H.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">アッケシソウの塩依存的生育に関与する遺伝子のクローニング<br>(Cloning of genes corresponding to salt-dependent growth in Salicornia europaea)</td></tr>
<tr><td>京都府立大学<br>(Kyoto Prefectural University)</td><td>大学院生命環境科学研究科<br>(Graduate School of Life and Environmental Sciences)</td><td>助教<br>(Assistant Professor)</td><td>森田　重人<br>(Morita, S.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">イネのカリウム・ナトリウム輸送体 HKT と HAK の耐塩性における機能の解析<br>(Functional analysis of potassium and sodium transporter HKTs and HAKs in rice)</td></tr>
<tr><td>神戸大学<br>(Kobe University)</td><td>自然科学系先端融合研究環遺伝子実験センター<br>(Organization of Advanced Science and Technology, Research Center for Environmental Genomics)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>小菅　桂子<br>(Kosuge, K.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">水生植物ヒルムシロ属植物における水ストレスに応答した生育型と水輸送系の変化<br>(Changes of water transport activities and growth patterns according to water stress condition in aquatic Potamogeton plants)</td></tr>
</table>

<table>
<tr><td rowspan="2">鈴木　信弘<br>(Suzuki, N.)</td><td>愛媛大学<br>(Ehime Univ.)</td><td>農学部<br>(Faculty of Agriculture)</td><td>教授（Professor）</td><td>西口　正通<br>(Nishiguchi, M.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">シロイヌナズナにおけるトバモウイルス病徴決定因子の単離と解析<br>(Isolation and characterization of host factors responsible for symptom induction in Arabidopsis thaliana by tobamoviruses)</td></tr>
<tr><td rowspan="4">谷　　明生<br>(Tani, A.)</td><td>京都大学<br>(Kyoto Univ.)</td><td>大学院農学研究科<br>(Graduate School of Agriculture)</td><td>教授（Professor）</td><td>阪井　康能<br>(Sakai, Y.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">植物表層に棲息する C1 微生物の分離と植物 - 微生物間相互作用の解析<br>(Isolation of C1 microorganisms inhabiting phyllosphere, and analysis of plant-microbe interaction)</td></tr>
<tr><td>静岡大学<br>(Shizuoka Univ.)</td><td>工学部<br>(Faculty of Engineering)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>二又　裕之<br>(Futamata, H.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">植物成長を促進する微生物を利用した排水循環による水耕栽培技術の開発<br>(Development of hydroponic culture technique using recycling wastewater system and plant-growth promoting bacteria)</td></tr>
<tr><td rowspan="6">佐藤　和広<br>(Sato, K.)</td><td>金沢大学<br>(Kanazawa Univ.)</td><td>学際科学実験センター<br>(Advanced Science Research Center)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>西内　　巧<br>(Nishiuchi, T.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">シロイヌナズナで解明された赤かび病抵抗性遺伝子のオオムギへの応用展開<br>(Advanced research in barely on Fusarium resistance gene identified in Arabidopsis)</td></tr>
<tr><td>神戸大学<br>(Kobe Univ.)</td><td>大学院農学研究科<br>(Graduate School of Agricultural Science)</td><td>教授<br>(Professor)</td><td>土佐　幸雄<br>(Tosa, Y.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">オオムギの各種いもち病菌抵抗性に関与する複合遺伝子座 Rmo2 の構造解析<br>(Structural analysis of complex locus Rmo2 showing various resistance reactions to barley)</td></tr>
<tr><td>独立行政法人理化学研究所<br>横浜研究所<br>(RIKEN Yokomama Institute)</td><td>植物科学研究センター<br>メタボローム研究推進部門<br>(Metabolomics Function Research Group)</td><td>研究員（Researcher）</td><td>澤田　有司<br>(Sawada, Y.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">オオムギ種子代謝産物の高速、高感度、広範囲分析系の構築<br>(Construction of rapid, high sensitive, wide range analysis system of barley metabolome)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">武田　　真<br>(Taketa, S.)</td><td>京都大学<br>(Kyoto Univ.)</td><td>大学院農学研究科<br>(Graduate School of Agriculture)</td><td>助教<br>(Assistant Professor)</td><td>櫻谷　英治<br>(Sakuradani, E.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">オオムギの乾燥耐性ならびに組織癒着に関連する脂質の遺伝・生理学的解析<br>(Genetical and physiological studies on lipids responsible for drought tolerance and organ fusion in barley)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">武田　　真・<br>漆川　直希<br>(Taketa, S. and Shitsukawa, N.)</td><td>神戸大学<br>(Kobe Univ.)</td><td>大学院農学研究科<br>(Graduate School of Agricultural Science)</td><td>准教授<br>(Associate Professor)</td><td>宅見　薫雄<br>(Takumi, S.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">二粒系コムギとタルホコムギの雑種でみられる低温ストレス下での分裂組織の活性低下に関する研究<br>(Studies on reduced SAM division activity under low temperature in hybrids between durum wheat and Aegilops taushii)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">榎本　　敬・<br>山下　　純・<br>佐藤　和広<br>(Enomoto, T., Yamashita J. and Sato, K.)</td><td>鳥取大学<br>(Tottori Univ.)</td><td>農学部<br>(Faculty of Agriculture)</td><td>教授（Professor）</td><td>辻本　　壽<br>(Tsujimoto, H)</td></tr>
<tr><td colspan="4">イネ科野生植物コアコレクションの開発<br>(Creating the database of core colecction of wild Poaceae)</td></tr>
<tr><td rowspan="2">長岐　清孝・<br>村田　　稔<br>(Nagaki, K., and Murata, M.)</td><td>関西福祉科学大学<br>(Kansai University of Welfare Sciences)</td><td>健康福祉学部<br>(Department of Nutritional Science for Well-being)</td><td>教授（Professor）</td><td>山本　真紀<br>(Yamamoto, M.)</td></tr>
<tr><td colspan="4">ネギ属植物の動原体解析とネギ属植物人工染色体の作出<br>(Analyses of centromeres and construction of artificial chromosomes in Allium species)</td></tr>
</table>

| | | | | |
|---|---|---|---|---|
| 前川　雅彦<br>(Maekawa, M.) | 自然科学研究機構<br>基礎生物学研究所<br>(National Institute for Basic Biology) | 個別研究<br>(Tsugane Group) | 助教<br>(Assistant Professor) | 栂根　一夫<br>(Tsugane, K.) |
| | 内在性 DNA トランスポゾンを用いた逆遺伝的手法による環境耐性イネの作出<br>(Development of environmental stress- tolerant rice by reverse genetic method using endogenous DNA transposon) | | | |
| | 石川県立大学<br>(Ishikawa Prefectural University) | 生物資源環境学部<br>(Faculty of Bioresources and Environmental Sciences) | 講師 (Lecturer) | 高原　浩之<br>(Takahara, H.) |
| | 環境微生物に対するイネ変異系統の選抜と遺伝子の同定<br>(Screening of rice transposon-tagged lines showing specific interaction to environmental microbes) | | | |

Annual Report 2010

Director: Minoru Murata

Editorial Members: Sanae Rikiishi
Yuko Yamashita
Shoji Sonoda

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
Chuo 2-20-1, Kurashiki 710-0046, Japan
Tel: +81-86-424-1661
Fax: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告　第18巻
（Annual Report 2010）

平成23年3月25日　印刷
平成23年3月31日　発行

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

編集委員　　力石　早苗
山下　優子
園田　昌司

印　刷　所　　昭和印刷株式会社