

岡山大学
資源植物科学研究所報告
(Annual Report 2017)
— 第25卷 —

岡山大学資源植物科学研究所

Institute of Plant Science and Resources
Okayama University



目 次 (Contents)

研究活動 (Research Activity)

植物ストレス科学共同研究コア (Research Core for Plant Stress Science)	
大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)	
光環境適応研究グループ (Plant Light Acclimation Research Group)	1
環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)	2
土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)	
植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)	3
植物分子生理学グループ (Group of Plant Molecular Physiology)	4
環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)	
植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)	5
植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)	6
大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center)	
遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)	
ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)	7
遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)	8
野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)	9
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)	10
ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)	11
次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)	
作物デザイン研究チーム (Crop Design Research Team)	13
国際共同研究チーム (International Collaboration Team)	13
エコフィジオロジー研究チーム (Ecophysiology Research Team)	
イオンダイナミクス班 (Ion Dynamics Section)	14
根圏生態班 (Rhizosphere Microbiome Section)	14
作物イノベーション研究チーム (Crop Innovation Research Team)	
エピジェネティクス班 (Epigenerics Section)	15
オオムギ遺伝子改変班 (Barley Genetic Modification Section)	15
構成員 (Staff)	16
出版物リスト (List of Publication)	23
国際会議およびシンポジウム (List of International Conferences and Symposia)	30
講演およびシンポジウム発表 (List of Domestic Conferences and Symposia)	35
研究所員が主催したシンポジウム等 (List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	44
学会賞等 (Awards)	53
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)	

研究活動 (Research Activity)

大気環境ストレスユニット

光環境適応研究グループ

(Atmospheric Stress Unit)

Plant Light Acclimation Research Group

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

1. ステイグリーンと作物生産性の向上に関する解析

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

2. オルガネラDNAの代謝機構に関する研究

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

3. 光色の違いによる光化学系IIタンパク質分解メカニズムの変化

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

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

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

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

1. Quantitative trait locus (QTL) analysis of stay-green phenotype in sorghum

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

2. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during plant senescence

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

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

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

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

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

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

1. ABA応答に関わる因子、細胞機能に関する研究

環境応答に関わる植物ホルモンのアブシジン酸 (ABA) の作用機作を理解するためにシロイヌナズナを用いて分子遺伝学的解析を行っている。これ迄に、ミトコンドリア機能異常がアブシジン酸やサリチル酸応答に異常をもたらすことを明らかにした。また、新奇短鎖ペプチドFEP1がミトコンドリア機能低下状況での鉄欠乏応答を誘導していることを示唆する結果を得ていた。本年度は、FEP1がこれまでに明らかにされてきた鉄欠乏応答機構より更に上流で機能する新奇因子であることを明らかにした。また、ゼニゴケのAHG2類似遺伝子の解析を進め、これがシロイヌナズナの*ahg2-1*変異を相補することを明らかにした。

2. 圃場オオムギの生長解析

植物の表現型を制御する遺伝的要因と環境要因の相互作用を明らかにする方法を確立することを目的として、圃場オオムギの生長をモニターする解析基盤の構築をすすめた。実験圃場の8系統のオオムギから毎週、葉のサンプルを取得しRNAseqおよびホルモノーム解析を行うプラットフォームを確立した。また、圃場オオムギの生長過程の形態的変動を捉える画像解析技術の確立を目指し、画像取得方法の確立、教師データの取得を行った。これらの研究は、理化学研究所、横浜市立大学、名古屋工業大学との共同研究で進めている。

3. 亜硫酸による気孔閉口機構の解析

気孔閉口は有害ガスから植物が身を守るための機構のひとつであると考えられている。これまでにオゾン誘導性気孔閉口の分子機構はよく研究されてきたが、亜硫酸による気孔閉口機構はよくわかっていなかった。本研究では亜硫酸ガスがアポプラスト液に溶解した際に生成される3種の水溶性化合物のうち気孔閉口を誘導する化合物種を同定した。さらにオゾン誘導性気孔閉口能を欠損した突然変異体の解析から、有害ガスの中でもオゾン誘導気孔閉口と亜硫酸誘導気孔閉口の分子機構は異なることが示唆された。

4. トランスポゾン関連ドメインを持つ新規サイレンシング因子の同定

転写型遺伝子サイレンシングはエピジェネティックな機構によって遺伝子やトランスポゾンの発現を抑制する現象である。我々は、シロイヌナズナを用いて、トランスポゾン関連ドメイン (PMD) を持つタンパク質が転写型遺伝子サイレンシングに関与することを明らかにした。さらに、これらの因子はDNAメチル化や小分子RNAとは独立の経路でクロマチンの凝縮に関与すること、PMDドメインは植物進化の過程でトランスポゾンに取り込まれてゲノム上に広がり、その後サイレンシング能を獲得したことが示唆された。

Our research aim is to understand the molecular system of the response to abiotic stress in plants at the levels from gene expression to individual behavior. We are mainly interested in plant hormone response systems and we have been analyzing the systems using physiological, molecular biological and molecular genetic approaches. Our main achievements in 2017 are described below.

1. Analysis of components involved in the ABA response

To understand the ABA response mechanisms, we have been studying ABA-related mutants of Arabidopsis, and showed that mitochondrial defects cause abnormal responses to ABA and salicylic acid in Arabidopsis. We found that a novel short peptide named FEP1 is involved in the abnormal iron deficiency response in a mitochondrial defective mutant. This year, we showed that FEP1 has a pivotal function in the iron-deficiency response in Arabidopsis. Remarkably, we found that FEP1 regulates the gene expression upstream of the known iron-deficiency responses that are regulated by FIT. Last year we identified the liverwort counterparts of AHG2 and AGS1, and this year, we analyzed them in detail. For example, we showed that MpAHG2 complements the Arabidopsis *ahg2-1* mutant, confirming the wide conservation of the AHG2-AGS1 system in plants.

2. Establishing the phenomics of field barley

To understand the gene x environment interaction in the field crops, we attempted to establish the phenomics platform to monitor the growth states and physiological fluctuations of the field barley throughout its life-cycle. This year we established an experimental system to analyze RNAseq and hormone in weekly sampled barley leaves (8 lines, n=3). In addition, to obtain morphological phenotype information of field barley, we established an image capturing system for field barley. Using this system, we obtained images of barley grown indoors for machine learning to detect barley plant images and obtain information to determine the growth states.

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

Closing stomata is one of the protection mechanisms of plants against hazardous gasses. The molecular mechanism of ozone-induced stomatal closure has been studied well. However, the mechanism of sulfur dioxide-induced stomatal closure has not been elucidated. This year, we identified the responsible chemical species that induces stomatal closure among aqueous chemical species formed when sulfur dioxide dissolved in the apoplastic fluid. We also analyzed the response of several ozone insensitive mutants, suggesting that the molecular mechanism of sulfur dioxide-induced stomatal closure is distinct from that of ozone-induced stomatal closure.

4. Identification of Arabidopsis protein with a transposon-related domain involved in gene silencing

Transcriptional gene silencing (TGS) is a phenomenon that represses gene and transposon expression by epigenetic mechanisms including DNA methylation and small interfering RNAs (siRNA). We found that the *KUNMAIL1* gene defines an alternative silencing pathway independent of DNA methylation and siRNAs in Arabidopsis. Mutations in *KUNMAIL1* lead to release of silencing and impaired condensation of pericentromeric heterochromatin. Interestingly, the *KUNMAIL1* protein encodes a transposon-related domain, and this suggests that a genic version of a TE-related domain was used in plant evolution to enforce silencing.

本グループでは植物の必須元素、有益元素及び有害元素の吸収・集積機構、ミネラルストレスに対する植物の応答反応や耐性機構について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. イネの節における新規リン酸輸送体の同定

イネの節で高発現する *SPDT*(Sultr-like Phosphate Distribution Transporter) 遺伝子について解析した結果、*SPDT* は、節の肥大維管束および分散維管束の両方で木部に発現し、細胞膜局在型リン酸輸送体をコードすることが分かった。この遺伝子を破壊すると、穀粒へのリンの分配は減少したが、藁への分配は増加した。その結果、変異体の玄米中のリンおよびフィチン酸の濃度は20~30%低下した。しかし、収量、種子の発芽率、および初期の生育への影響は認められなかった。*SPDT* がリンを穀粒へ選択的に配分するスイッチとしてイネの節で機能することを示している。

2. イネの塩耐性に重要なマグネシウム輸送体 *OsMGT1* の同定

イネのマグネシウム輸送体 *OsMGT1* が耐塩性の調節に重要であることを明らかにした。*OsMGT1* 遺伝子は根で塩ストレスによって誘導された。またこの遺伝子を破壊すると、イネの耐塩性が大きく低下した。マグネシウムはイネの耐塩性に関わる主要な輸送体 *OsHKT1;5* の輸送活性を高めることを明らかにした。したがって、*OsMGT1* は *OsHKT1;5* の輸送活性を調節することによって、イネの耐塩性の向上に寄与する。

3. ソバのアルミニウム耐性遺伝子の解析

ソバのアルミニウム耐性に関わる遺伝子 *FeALS1.1*、*FeALS1.2* と *FeMATE1*、*FeMATE2* の機能解析を行った。*FeALS1.1* と *FeALS1.2* とも液胞膜に局在していた。また *FeALS1.1* の発現がアルミニウムによって誘導されたのに対して、*FeALS1.2* はアルミニウムによって誘導されなかった。両遺伝子ともシロイヌナズナの変異体 *atals1* のアルミニウム耐性を回復させた。これらの結果は、*FeALS1.1* と *FeALS1.2* はアルミニウムを根や葉の細胞の液胞に隔離することに機能していることを示している。また *FeALS1.1* と *FeALS1.2* の発現量はシロイヌナズナでの相同遺伝子 *AtALS1* より高く、この高発現量がソバの高いアルミニウム耐性に寄与していることを示した。

一方、*FeMATE1* と *FeMATE2* は共にクエン酸の輸送活性を示したが、*FeMATE1* が細胞膜に局在していたのに対して、*FeMATE2* はゴルジとトランスゴルジに局在していた。また *FeMATE1* の発現は根でアルミニウムに誘導されたが、*FeMATE2* は根と葉の両方で誘導された。*FeMATE1* と *FeMATE2* は共にシロイヌナズナ変異体 *atmate1* のアルミニウム耐性を相補したが、*FeMATE1* のみクエン酸の分泌を相補した。これらの結果は *FeMATE1* と *FeMATE2* がソバのアルミニウム耐性において異なる役割を果たしていることを示唆している。

4. イネのカドミウム集積機構の解析

イネのカドミウム高集積変異体 TCM213 を単離した。またその原因遺伝子が *OsHMA3* であることを突き止めた。さらに、この変異体のカドミウム汚染土壌の修復 (phytoremediation) への可能性を示した。ケイ素によるカドミウム集積の軽減のメカニズムをも明らかにした。ケイ素は直接的にカドミウム毒性を軽減する効果はなかったが、ケイ素がカドミウム吸収に関わる輸送体遺伝子 *OsNramp5* と転流に関わる輸送体遺伝子 *OsHMA2* の発現を低下させることによって、カドミウムの集積を減少させることを明らかにした。

Our group has been analyzing the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic mineral elements, and the mechanisms of the response and tolerance of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements in 2017 are described below.

1. Identification of a novel phosphorus transporter in rice

We functionally characterized a gene expressed in the node, *SPDT* (Sultr-like Phosphate Distribution Transporter) in rice. *SPDT* was expressed in the xylem region of both enlarged and diffuse vascular bundles of the nodes. It encodes a plasma membrane-localized transporter for phosphorus. Knockout of this gene resulted in decreased distribution of phosphorus to the grain, but increased distribution to the straw. As a result, the concentration of inorganic P and phytate in the brown rice was decreased by 20-30% in the mutants. However, there was no effect on the grain yield, germination and early growth. These results indicate that *SPDT* functions as a switch for preferential distribution of phosphorus to the grains.

2. Role of *OsMGT1* in salt-stress tolerance in rice

We found that magnesium transporter *OsMGT1* plays a crucial role in salt-stress tolerance in rice. The expression of *OsMGT1* in the roots was up-regulated by salt stress. Knockout of *OsMGT1* resulted in decreased tolerance to salt stress. We also found that the transport activity of *OsHKT1;5*, a key transporter for salt stress tolerance, was enhanced by magnesium. Therefore, *OsMGT1* contributed to salt stress tolerance by enhancing *OsHKT1;5* transport activity in rice.

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

We functionally characterized four genes: *FeALS1.1*, *FeALS1.2*, *FeMATE1* and *FeMATE2*, which were implicated in Al tolerance in buckwheat. Both *FeALS1.1* and *FeALS1.2* were localized to the tonoplast. The expression of *FeALS1.1* was up-regulated by Al, but that of *FeALS1.2* was not. Both genes complemented Al tolerance of Arabidopsis mutant *atals1*. These results indicate that *FeALS1.1* and *FeALS1.2* are involved in Al tolerance by sequestering Al into the vacuoles of the roots and leaves. Furthermore, we found that the expression level of *FeALS1.1* and *FeALS1.2* in buckwheat was much higher than their homologous gene *AtALS1* in Arabidopsis.

On the other hand, although both *FeMATE1* and *FeMATE2* showed transport activity for citrate, *FeMATE1* was mainly localized to the plasma membrane, whereas *FeMATE2* was localized to trans-Golgi and Golgi. The expression of *FeMATE1* was only induced in the roots by Al, but that of *FeMATE2* was up-regulated in both the roots and leaves. Both *FeMATE1* and *FeMATE2* were able to complement the Al sensitive phenotype of Arabidopsis mutant *atmate1*, but only *FeMATE1* was able to complement the citrate secretion. These results indicate that *FeMATE1* and *FeMATE2* play different roles in Al tolerance in buckwheat.

4. Analysis of cadmium accumulation in rice

We isolated a rice mutant which accumulated large amounts of cadmium. We further found that *OsHMA3* was responsible for the phenotype. This mutant has a potential for phytoremediation of Cd-contaminated soil.

We also dissected the mechanism involved in Si-decreased accumulation of Cd in rice. We found that Si is not able to alleviate Cd toxicity. However, Si is able to down-regulate the expression of *OsNramp5* and *OsHMA2*, which are involved in Cd uptake and root-to-shoot translocation, resulting in Cd accumulation in rice shoots.

本グループは(旧)植物成長制御グループと(旧)分子生理機能解析グループが合同して4月に発足した。本グループでは植物細胞の環境ストレス応答機構を分子、細胞、生理学的に研究している。塩ストレス環境下でのイオン輸送については1価陽イオン輸送体、低分子化合物の輸送についてはアクアポリンの研究を進めている。さらに、酸性土壌において植物の生育を阻害するアルミニウム(Al)イオンについて研究を行っている。Al毒性機構については、液胞が関与する細胞死誘発機構や活性酸素ストレス、糖代謝機構の関与について解析している。Al耐性機構については、コムギのAl耐性遺伝子であるAl活性化型リンゴ酸輸送体遺伝子*ALMT*の機能と構造解析、そして植物に特異的な*ALMT*ファミリーの機能多様性を解析している。本年度の研究成果は次の通りである。

1. 二酸化炭素輸送性アクアポリン OsTIP2;2

これまでに酵母スクリーニング系を用いてイネのアクアポリン OsTIP2;2 が二酸化炭素透過性を持つことを示した。今年度は OsTIP2;2 過剰発現イネの光合成活性を測定した。そのA/Ciカーブの解析から、過剰発現体では光合成活性が野生型に比べて1.45倍有意に上昇していることが確認され、OsTIP2;2は、イネの細胞内で光合成に必要な二酸化炭素を輸送している可能性が高いことが示された。

2. 細胞にナトリウムイオンが流入する経路としてのイオン輸送系

塩ストレス初期応答においてナトリウムイオンが細胞内に流入する経路として、PIPアクアポリンおよびcyclic-nucleotide-gated cation channels (CNGC)についてアフリカツメガエル卵母細胞を使った電気生理学的測定系で解析を進めた。その結果、オオムギのPIP2型アクアポリン分子種のうちHvPIP2;1とHvPIP2;8の2つの分子種がイオン透過性を持つことが示された。またオオムギHvCNGC2-3は外液にナトリウムとカリウムの両イオンが共存するときのみ、ナトリウムによると考えられる内向きのイオン電流が観察されたが、リチウム、ルビジウム、セシウムといった1価陽イオンはナトリウムおよびカリウムの代替はできないことが示された。

3. トマトの果実発現 SIALMT ファミリーの生理機能

トマトには16の*ALMT*ファミリー遺伝子が存在する。これまでに、果実で特に多く発現する2つの*SIALMT4*、*SIALMT5*が果実熟成過程で継続的に、そして未熟種子につながる維管束で発現する事を明らかにした。そして、*SIALMT5*が種子の有機酸含量を調節する事も明らかにした。本年度、果実で発現するもう一つの*SIALMT*遺伝子について解析した。その発現は熟成が進む事で減少し、また、果実の維管束で発現していた。さらに、電気生理学的測定により、他の2つよりも高いリンゴ酸輸送能を示す事が解った。現在、果実と種子の有機酸含量の調査のため、この*SIALMT*遺伝子の高発現と発現抑制体の作製を進めている。

Two previous groups ("Plant Growth Regulation" and "Molecular and Functional Plant Biology") combined to form the present group this April. Our research has been focused on molecular, cellular and physiological mechanisms of plant stress responses. We studied transporters for monovalent cations in salt stress, and aquaporins for the transport of low-molecular weight compounds. We also focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant root growth in acid soils. We mainly investigated the mechanisms of Al toxicity and tolerance in plants. We are now analyzing vacuole-involved cell death, reactive-oxygen-species stress and sugar metabolism in Al toxicity. Furthermore, the functional and structural properties of the Al-activated malate transporter gene *ALMT*, a major Al tolerance gene in wheat, and functional diversity of *ALMT* family have been studied. Research outlines of this year are as follows:

1. OsTIP2;2 promoting CO₂ transport

Rice OsTIP2;2 aquaporin was identified as a putative CO₂ transporter using a yeast screening system. This year we measured the photosynthetic activity of rice plants overexpressing OsTIP2;2. Analysis of the A/Ci curve indicated that this over-expresser has 1.45-fold-enhanced photosynthetic activity than wild-type. This suggests that OsTIP2;2 transports CO₂ that is required for photosynthesis in rice cells.

2. Ion transport systems as the Na⁺-influx path

As possible Na⁺-influx paths into cells in the initial phase of salinity stress, we investigated PIP aquaporins and cyclic-nucleotide-gated cation channels (CNGC) using a heterologous expression system of a frog *Xenopus* oocyte and the electrophysiological measurement system. We detected ion permeability in HvPIP2;1 and HvPIP2;8 among barley PIP2-type aquaporins. As for barley HvCNGC2-3, we detected putative Na⁺-inward currents only in the presence of external both Na⁺ and K⁺. Other monovalent cations (Li⁺, Rb⁺, Cs⁺) could not replace this function of Na⁺ and K⁺.

3. Physiological function of SIALMT-family malate transporters in tomato fruit

We have investigated sixteen *ALMT* genes in tomato, and already identified two genes, *SIALMT4* and *SIALMT5*, which were expressed in fruit throughout development, and in the vascular bundles connected to the seed in fruit. The transport activity of *SIALMT5* during fruit development alters the organic acid contents of tomato seeds. This year, we also identified one more *SIALMT* gene expressed in the vascular bundles at the early stage of fruit development. Electrophysiological analysis showed that this *SIALMT* possesses the highest function for malate efflux than *SIALMT4* and *SIALMT5*. To assess the organic anion contents of the fruit and seed, we are now developing transgenic tomato for the gene over-expression or suppression.

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

1. 植物病原糸状菌の抗ウイルス RNA サイレンシングの転写制御

ウイルス/植物病原性糸状菌宿主間の相互作用は多様である。あるウイルスは宿主菌の病原性を衰退させ、また、別のウイルスは無病徴感染する。一方、真核生物である植物病原糸状菌は2つの抗ウイルス防御機構を有する。一つは、菌類の細胞レベルで機能する RNAi であり、もう一つは集団レベルで機能する菌糸融合不和合性である。モデル糸状菌であるクリ胴枯病菌では、ある種のウイルスの感染により RNAi 鍵因子 (Dicer, Argonaute 遺伝子) の転写レベルでの亢進 (ウイルス防御反応) が認められる。一方、ウイルス側にはその亢進を抑制する RNAi サプレッサーがコードされる (ウイルスによる反撃)。今年は、ウイルス感染に応答性 RNAi 因子の転写亢進に関与する SAGA 複合体 (転写コアクティベーター) の同定に成功した。動物、植物に次ぐ第3極としての菌類のウイルス研究の重要性・魅力がまた一つ明らかになった。

2. 分節型ラドウイルスに見いだされたゲノムリアソートメント

ランエソ斑紋ウイルス (OFV) は2分節型ゲノムを持つユニークなラドウイルスである。我々は、本邦のラン科植物に塩基配列レベルで異なる二つの OFV 系統群 (世界的に分布し、アジアでは未報告であったサブグループ I と日本において広く分布するサブグループ II) の発生を確認した。さらに、OFV サブグループ間における分子系統解析および組換え解析を進めた結果、未知のウイルス系統を含むサブグループ間でゲノム分節のリアソートメント (再集合) が生じたことが示唆された。このことは、分節型ラドウイルスの遺伝的多様性にゲノムリアソートメントが貢献したことを示している。

3. 植物共生メタノール資化性菌の機能解析

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

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

1. Transcriptional up-regulation of antiviral RNA silencing in a phytopathogenic filamentous fungus

Interactions between viruses and plant pathogenic filamentous fungal hosts are diverse. RNAi-mediated antiviral defense is well conserved in the fungal hosts as in other eukaryotic organisms. Although several RNAi key genes are transcriptionally up-regulated upon virus infection in many hosts, little is known about the induction mechanism. Here, we developed a screening method for identification of the genes mediating robust transcriptional up-regulation upon infection by RNA viruses of the dicer-like 2 (*dcl2*) gene of an ascomycetous phytopathogen, chestnut blight fungus. We show that two enzymatic activities of histone acetyltransferase and histone deubiquitinase of the universally conserved SAGA (Spt-Ada-Gcn5 acetyltransferase) complex differentially regulate the transcriptional induction of two main antiviral RNA silencing components, *dcl2* and argonaute-like 2 (*agl2*). A virus-specific pattern requirement of AGL2 and DCL2 as positive feedback players for this transcriptional induction is also noted.

2. A possible occurrence of genome reassortment among bipartite rhabdoviruses

Orchid fleck virus (OFV) is a rhabdovirus with a unique bipartite genome. We have determined that several OFV isolates derived from orchids in Japan belong to two genetically distant subgroups: subgroup I, members of which are distributed worldwide but previously not known in Asia, and subgroup II, which is commonly distributed in Japan. Based on phylogenetic and recombination analyses, a reassortment(s) of genome segments was predicted to occur between OFV subgroups or unknown strains. Our data show that genome reassortment contributes to the genetic diversities of the bipartite rhabdoviruses.

3. Function of methylotrophs symbiotic to plants

Methylobacterium species is one of the most predominant bacterial species in the phyllosphere and they utilize methanol emitted from plant stomata. They promote plant growth but the mechanism remains unclear. We identified multiple genes encoding methanol dehydrogenases in the bacteria, one of which was found to be a lanthanide-dependent enzyme. We are investigating the switching mechanism between the gene expression of the calcium-dependent enzyme and the lanthanide-dependent enzyme. We also found that they accumulate an antioxidant amino acid, ergothioneine, which was important for them to resist against phyllospheric stresses including sunlight and temperature changes.

本グループでは植物が外敵となる植食性昆虫との生存競争の中で、どのように植食性昆虫に対する防御システムを活性化するか、その分子機構に注目し研究を行っている。今年度得られた成果の一部は以下の通りである。

1. イネにおいて狭食性および広食性昆虫の食害により誘導される揮発性物質放出

様々な植食性昆虫がイネを食害した際に、昆虫種に応じた異なる応答を示すかどうかは不明な部分もある。食害時に植物が放出する揮発性物質 (Volatile organic compounds, VOCs) は、植食性昆虫に対する天敵の誘引に関わり、この機構は間接防御と呼ばれ広く知られている。本研究では、イネが狭食性のイチモンジセセリ (*Parnara guttata*) と広食性のクサシロキヨトウ (*Mythimna loreyi*) を見分けて、寄生蜂や捕食者への特異的なシグナルとなり得る異なる特異的な VOCs 応答を示すかどうかを解析した。その結果、放出される揮発性物質の種類に違いは認められなかったが、狭食性昆虫により誘導される VOCs 量は広食性昆虫と比較して極めて少ないことが明らかになった。

2. 食害時の昆虫・植物由来エリシターシグナル間の相互作用に関する新たな知見

植物は植食性昆虫由来の特異的なエリシターを介して植食性昆虫を認識し、強固な防御応答を誘導する。現在までに、イネを食害するクサシロキヨトウの認識において、FACs (Fatty acid amino acid conjugates) と高分子エリシターが関与することを報告しており、これらの同時処理により防御応答が相乗的に増加したことから、複数エリシターシグナルの統合の重要性が示唆された。今年度は、傷害時に産生されるデンジャーペプチドと、昆虫吐き戻し液エリシターを組み合わせた際に誘導される防御応答を解析した。これまでにイネの6種の *PROPEP* 遺伝子産物を前駆体とするペプチドがエリシター活性を示すことを明らかにした。また、各 *PROPEP* 遺伝子がそれぞれ特異的な転写制御を受けること、デンジャーペプチドで活性化される細胞内シグナルが、吐き戻し液で活性化されるシグナルと相互作用することを明らかにした。これらの結果から、食害時の植物-昆虫インターフェースにおける興味深いシグナルネットワークの存在が示唆された。

3. ソルガムの耐虫性向上に向けた取り組み

光環境適応グループとの共同研究により、複数のソルガム (*Sorghum bicolor*) 品種を用いて、害虫となるシンクイムシとアブラムシに注目し、耐虫性の高い品種の探索を昨年度より続けている。本年度はマケレレ大学 (ウガンダ) の Cyprian Osinde 訪問研究員と協力し、ソルガム組み換え自殖系統よりシンクイムシ抵抗性に関わる QTL 候補を検出した。同時にアフリカのソルガム品種を用いてアブラムシに対する抵抗性試験を圃場にて行い、抵抗性の高い品種を見出した。そこでアブラムシ抵抗性遺伝子の同定などの遺伝的解析に向けて、得られた抵抗性品種の内の数種を用いて感受性品種との交配を試みている。

Our group is focusing on the basic question of how plants induce their defense systems to survive in the natural competition with the herbivorous insects. We report the progress in three major areas in 2017 as described below.

1. Emissions of rice volatiles in response to specialist and generalist herbivore

Rice plants are exposed to many herbivores but it is not clear if these herbivores can induce differential responses in rice; for instance, upon herbivore attack, all plants emit volatile organic compounds (VOCs) that attract natural enemies of herbivores (indirect defense response). We used indirect defense to test if specialist (*Parnara guttata*) and generalist (*Mythimna loreyi*) rice herbivores can be distinguished by rice plants, leading to different VOC types, and thus specific signals for parasitoid wasps and predators. We found that, although volatiles were not different in between the two, specialist caterpillars provoked significantly less VOCs compared to generalist. We propose that emitting less VOCs could be an adaptation mechanism of *P. guttata* larvae to thrive on rice plants through the more efficient escape from parasitoids and predators.

2. New insights into interplay between insect- and host-derived elicitors during herbivory

Plants use specific elicitors from insects to detect herbivores and mount strong defense responses. Previously, we reported that herbivore like larvae of *M. loreyi* are recognized through two types of elicitors, fatty acid amino acid conjugates (FACs), and another type of high molecular weight elicitor. When both elicitors are combined, plant defense is synergistically enhanced, suggesting that integration of defense signaling pathways is important for plants. This year, we identified another type of synergy between oral secretion-derived elicitors and danger peptides, which are produced upon wounding in rice plants. We report that danger peptides in rice include six *PROPEP* genes, encoding precursors of corresponding peptides, all of which had elicitor activity in cultured rice cells. In addition, we found that some *PROPEP* genes show specific regulation at transcript level, and their peptides positively interact with the OS-derived elicitors. Our results further highlight intriguing signaling networks that exist at the interface between insects and plants during herbivory.

3. Tools for improvement of sorghum resistance to insects

In collaboration with the Plant Light Acclimation Group, we examined natural diversity in sorghum (*Sorghum bicolor*) associated with the high resistance to herbivores, especially destructive insects like stem borers and aphids. Together with a guest scientist Cyprian Osinde from Makerere University in Uganda, we identified several quantitative trait loci (QTLs) associated with the low stem borer infestation in sorghum hybrids. At the same time, we confirmed resistance of several African lines to aphids in the field, which are now used for crosses with the susceptible lines to conduct genetic analysis and identify aphid resistance genes in this important crop.

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

1. オオムギ遺伝資源の系統保存事業

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

(a) 系統種子の配布と保存

当事業では、在来系統、実験系統および野生系統を含むオオムギ種子の増殖ならびに配布を行っている。ノルウェー・スバルバル世界種子貯蔵庫へのオオムギ種子預託も進めている。これらのオオムギ種子は、未来の食糧確保のために必要な品種改良の基礎となる重要な遺伝資源であり、重複保存によって長期的な食糧安全を保証することに繋がる。

(b) ゲノムリソースの配布

保有するゲノムリソースは、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲している。これらのリソースは、国産の醸造用オオムギ品種「はるな二条」の BAC ライブラリーの全クローンセット、選抜用プール DNA、高密度フィルターならびに完全長 cDNA クローン等が含まれている。

2. オオムギ遺伝資源の評価

当グループでは、オオムギ遺伝資源を用いた有用形質の原因遺伝子単離と解析を進めている。穂発芽耐性の育種利用が期待されるオオムギの種子休眠性の遺伝機構の解明を目的とし、染色体組置換系統 (RCSL) に由来する大規模分離集団を用いて 5HL 染色体上の QTL (*Qsd1*) の原因遺伝子を同定した。野生オオムギの種子休眠性 QTL の遺伝様式やその母性効果や、パンコムギの *Qsd1* 相同遺伝子の多様性を明らかにした。

3. オオムギのゲノム解析

(a) オオムギのゲノム解析とマーカー開発

このプロジェクトでは、オオムギのゲノム解析基盤構築を進めている。これまでに、オオムギゲノムの物理地図、遺伝地図を統合し、全長 cDNA リソースを開発し、公表した。現在、高速シーケンサーを用いた RNA-seq 解析を多数品種で実施し、多型解析を進めている。また、エキソーム・キャプチャーと QTL-seq とを組合せて、巨大ゲノムを持つ生物種における迅速マッピングの手法を開発した。

(b) オオムギの形質転換とゲノム編集

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

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

1. Preservation and distribution of barley genetic resources

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

(a) Preservation and distribution of barley germplasms

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

(b) Distribution of barley genome resources

We are distributing the barley genome resources to domestic and international institutions and researchers upon request. These resources include a complete bacterial artificial chromosome (BAC) clone set, pooled BAC DNA for clone screening, its high-density replica membranes, expressed sequence tag (EST) clone and full-length cDNA derived from the Japanese cultivar "Haruna Nijo".

2. Evaluation of barley germplasm

Our group is focusing on isolation and characterization of the genes involved in agronomically important traits using barley genetic resources. We have isolated a gene corresponding to barley seed dormancy QTL (*Qsd1*) on the long arm of chromosome 5H, which may be associated with pre-harvest sprouting using a high-density linkage map of a large segregating population from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). Our QTL analysis using a wild barley accession harboring a strong grain dormancy revealed novel insight into the genetic mechanism regulating grain dormancy in barley. Comparison analysis among sequences of wheat orthologues in *Qsd1* provided haplotype diversity among sub-genomes and association underlying the phenotypic differences in the seed dormancy.

3. Barley genome analysis

(a) Genome analysis and marker development in barley

This project incorporated The International Barley Sequencing Consortium (IBSC) to develop the barley reference genome. We have published data on the integration and ordering of physical and genetic maps, and development of full-length cDNA resources. Recently, we performed RNA-seq analysis via NGS technology using several barley varieties and conducted their single nucleotide polymorphism (SNP) analysis. We also developed new next generation sequencing (NGS)-based gene/QTL mapping procedure in organisms with large genomes, designated exome QTL-seq, combined with exome-capture sequencing and QTL-seq.

(b) Genetic transformation and genome editing in barley

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

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

1. イネ科作物の葉形態の遺伝制御

葉の形態は植物種の生存に重要な役割を果たすことから、葉の発生を制御する機構の解明は育種学的に重要課題と考えられる。世界的に重要なイネ科作物から多様な細葉変異体が特定されている。細葉になる機構を解明することでイネ科作物の葉形態制御機構を解明できると期待される。これまでに我々が解明した細葉変異体に他研究者の成果を加え、イネ科植物における細葉の分子機構をとりまとめた。イネ科における細葉変異体の原因遺伝子は、(1) オーキシン関連、(2) セルロース合成酵素様 D ファミリー、および(3) 極性関連、に大別される。得られた結果は主要イネ科作物の改良に適用可能とみられ、食糧増産にも寄与すると期待される。

2. オオムギ属の防御関連二次代謝物

オオムギ属はゲノム構成により H, Xu, Xa, および I の 4 種類クレードに分類される。オオムギ属の全てのクレードを含むように選定した代表種について防御関連二次代謝物を調査した。H クレードに含まれるオオムギはホルダチンを蓄積したもののベンゾキサチノンは持たなかった。*H. bulbosum* はホルダチンもベンゾキサチノンも産生しなかった。H クレードの一部の種はグラミンを産生した。I および Xa クレードの種はベンゾキサチノンを蓄積したものの、ホルダチンは持たなかった。H クレードの *H. bulbosum* および Xu クレードの *H. murinum* でこれまで未知の 2 種類の化合物が検出された。立体構造解析により、それらはこれまでに報告のない新規物質であることが判明し、ムリナミド A および B と命名した。これらの新規化合物は *Bipolaris sorokiniana* および *Fusarium asiaticum* に対して抗菌性を示した。ホルダチンはムリナミド A および B と化学構造的に類似の化合物の一群であると考えられることから、H および Xu クレードに属するオオムギ属の種は類縁の化合物を共通して蓄積するとみられる。今回分析した防御関連二次代謝物の構成からみて、オオムギ属の進化の過程で H/Xu クレードの種が I/Xa 種から枝分かれし、それ以降に H/Xu クレードに属する種が新たな防御二次代謝物を獲得したと推察される。

Our group has been analyzing important genes controlling morphogenesis and chemical compounds of cereal crops, particularly barley (*Hordeum vulgare* L.). Our main achievements in 2017 are described below.

1. Genetic control of leaf morphology in cereal crops

Leaf morphology is critical for the survival of plant species. The revelation of mechanisms that control development in the leaf is quite important for plant breeding. A variety of narrow leaf mutants have been identified in the cereal crops of the world. Here, the molecular mechanisms underlying the narrow leaf mutants are surveyed: (1) auxin - related mutants, (2) cellulose synthase - like D - related mutants, and (3) polarity - related mutants. The results obtained from these analyses appear to be applicable to the breeding of major cereal crops, and could contribute to increased food production.

2. Metabolites specialized in defense in the genus *Hordeum*

Hordeum species are classified into four clades, H, Xu, Xa, and I. The presence or absence of metabolites specialized in defense was analyzed in representative *Hordeum* species that included all four clades. In the H clade, *Hordeum vulgare* accumulated hordatines but not benzoxazinones, whereas *H. bulbosum* accumulated neither compound. Some accessions in the H clade accumulated gramine. Species in the clades I and Xa accumulated benzoxazinones but not hordatines. In *H. murinum*, a Xu clade species, neither hordatines nor benzoxazinones were detected. Two hitherto undescribed compounds were found to commonly accumulate in *H. bulbosum* in the H clade and *H. murinum* in the Xu clade. On the basis of spectroscopic analyses, they were identified as dehydrodimers of feruloylagmatine and were designated as murinamides A and B. Radical coupling reactions with feruloylagmatine as a substrate by peroxidase afforded murinamides A and B. These compounds showed antifungal activities against *Bipolaris sorokiniana* and *Fusarium asiaticum*, indicating their defensive roles. Because hordatines are also dehydrodimers of hydroxycinnamic acid amides (HCAAs) of agmatine, both the H and Xu clade species are considered to accumulate the same class of compounds. Thus, when the H/Xu clades split from the I/Xa clades during evolution, the defensive metabolites shifted from benzoxazinones to dehydrodimers of agmatine HCAAs plus gramine in the H/Xu clades.

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

1. 緯度に応じて異なる環境に対する植物の適応機構の解明を目指した研究

日長や気温をはじめとする緯度に応じて変化する環境は植物の生育に大きな影響を与える。こうした環境への適応の仕組みを理解するため、広範囲の緯度に分布する周北極-高山植物を材料に、赤色光受容体フィトクロムに注目した研究を進めている。フィトクロムに注目する理由は、フィトクロムは全ての植物が持つ光受容体であるため、植物に普遍的に当てはまる仕組みを見出すことにつながる可能性があり、幅広い応用への展開が期待されるからである。また、これまでの我々の研究から、異なる緯度に生育する植物（個体）は異なるフィトクロムの対立遺伝子を持つだけでなく、それらが自然選択により分化していることが明らかにされているからである。本年度は、シロイヌナズナの *phyB* 欠損株にアブラナ科ミヤマタネツケバナ類 (*Cardamine nipponica*-*Cardamine bellidifolia*) の *PHYB* 遺伝子を形質転換させた植物を用いた生理学実験を行った。実生における表現型の違いから、*CnPHYB* と *CbPHYB* では *CbPHYB* の方が活性型フィトクロムとしての安定性をより長時間維持することができることが明らかとなった。また、安定性の違いは異なる温度に対する生理活性の違いをもたらすことが明らかになった。

2. 植物標本庫の特色あるコレクションの調査

当研究所の植物標本庫には、研究所創立以来収集された腊葉標本が保存されている。これらを採集年代、採集者、分類群、採集地などに基づいて類別することによって、標本庫の特色を調査した。約7万点の標本のうち、研究所職員による標本が約半数を占め、その中には初代所長近藤萬太郎、同時期職員の三宅千秋、二代所長西門義一、我が国の雑草学を確立した笠原安夫が採集した標本などが含まれる。笠原によるコレクションは国内外の雑草種を中心としながらも、絶滅危惧種や森林の樹木なども数多く含まれる。これら所員による腊葉標本は、これまでその存在が外部に殆ど知られていないが、当研究所に固有の研究資料である。また、世界的な採集家などによって採集された国内希少種のコレクションも存在する。これら調査結果の一部を国際学会で発表した。

Our group has been investigating the mechanistic basis for evolution of diversity of plant species. In addition, we are preserving resources of wild plant seeds. Our main achievements during 2017 are described below.

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

Adaptation to the environment which changes with the latitude such as photoperiod and temperature is important for plants. As mechanisms of such adaptation, we are focusing on the red-light photoreceptors called phytochromes, and unraveling the functional differences among local accessions using arctic-alpine plants. There are two reasons we focused on the phytochromes. Given that all plants have phytochromes, knowledge of their adaptive functions could be applied to various crops. In addition, we previously found that plants growing at different latitudes have alleles that diverged under natural selection. This year, we examined the physiological roles of *PHYB* from *Cardamine bellidifolia* (*CbPHYB*) and *Cardamine nipponica* (*CnPHYB*) by complementing mutants of *Arabidopsis thaliana* lacking functional *PHYB*. Based on the phenotypes of the seedlings, we found that *CnPHYB* and *CbPHYB* differ in stability of active state; that is, *CbPHYB* showed physiological activity longer than *CnPHYB*. In addition, we demonstrated that this difference in physiological activity was correlated with the physiological activity of the phytochrome at different temperatures.

2. Some characteristic collections in the herbarium

The herbarium of IPSR preserves more than 70,000 plant specimens. They were collected since the founding of the institute "Ohara Nougyou Kenkyu-syo", the predecessor of IPSR. The features of the older collection were examined by focusing on its collectors, collected date, taxa, and sampling localities.

Among ca. 60,000 specimens from Japan, ca. 32,000 were from Okayama, and ca. 12,000 from Ryukyu, Bonin, and Hokkaido (distant regions from IPSR). Among the specimens from overseas, ca. 4800 were from Korea.

About half of the specimens were collected by the staffs of our institute including the first director Dr. Kondo, the 2nd director Dr. Nishikado (in his youth), Dr. Kasahara, and so on. Dr. Kasahara, the pioneer of weed science in Japan, collected not only weeds but also other herbs or woody plants. These collections are unique to IPSR. The herbarium is open to research, but the old collection is not widely known to outsiders. We introduced some of the features of the herbarium at an international conference.

本研究グループでは、植物を材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞遺伝学的研究を行っている。染色体の機能要素のうち動原体を主な研究対象として、それらに関する基礎研究およびそれらを利用した応用研究を展開している。今年度の研究成果は以下の通りである。

1. 動原体機能改変による半数体誘導系統の作出

「半数体作出とその倍加」による半数体育種法では、1世代で純系を作成することが可能となり、純系の作出期間を大幅に短縮することができる。しかし、これまで半数体は花粉培養や異種交配により作出され、これらの方法を利用できる種はごく僅かであった。そこで、本研究では動原体の機能低下を利用した普遍的かつ効率的な半数体誘導系統の作出系の開発を行っている。具体的には、(1) 真核生物に普遍的に存在する動原体タンパク質をゲノム編集により改変して、その機能を低下させる、(2) この機能低下した動原体をもつ配偶子と正常な動原体をもつ配偶子を交配することにより、受精胚中で選択的に片親由来の染色体セットを脱落させ、半数体を作成する。今年度は、シロイヌナズナ、イネ、トマト、ミヤコグサにおいて、動原体に部分的な機能不全を引き起こす改変動原体タンパク質を発現するコンストラクトを導入した後に、内在の同遺伝子のゲノム編集による破壊を試みた。その結果、イネとシロイヌナズナにおいて、内在の遺伝子に欠損をヘテロに持つ系統が得られた。現在これらの系統から欠失ホモ系統を作出している。この試みに加えて、シロイヌナズナでは、機能不全コンストラクトの過剰発現により、動原体タンパク質プール中の野生型タンパク質の割合を低下させることによる半数体誘導系統の作出も試みている。

2. 透明化技術を用いた植物組織内におけるエピジェネティック修飾の解析

これまで、エピジェネティック修飾はクロマチン免疫沈降法により解析されてきた。この方法は、1 kb 以下の高解像度をもつ反面、原理上、多くの細胞の混合物を実験材料とするため、組織内の個々の細胞のエピジェネティック修飾情報を解析することはできない。これらの細胞は個別に制御されているはずであり、これらの情報を得ることは植物の環境応答制御システムを理解するために不可欠である。本年度は、我々が開発した簡便な植物組織内免疫染色法である「ePro-ClearSee 法」を用いて、細胞内の個々の細胞でエピジェネティック修飾とともに DNA を可視化する方法について検討した。

We have been conducting molecular cytogenetic studies on the structure and function of nuclei and chromosomes using plant species. Kinetochores have been our main research subjects among functional chromosomal elements. We have been conducting basic research on the kinetochores and applied research utilizing them. Our main achievements in 2017 are described below.

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

Using doubled-haploid breeding methods by "haploid production and its doubling", it is possible to create pure lines in one generation, and to dramatically shorten production period of pure lines. However, so far haploids have been produced by pollen cultivation or crossbreeding, and only a few species can be produced by these methods. Therefore, in this study, we are developing a system for producing universal and efficient haploid-inducer lines by declining the function of kinetochores. The following two steps are involved in the haploid production: (1) modification of essential kinetochore proteins by transformation and genome editing to reduce their functions, (2) selective chromosome eliminations in fertilized embryos by mating gametes with this modified kinetochore and gametes with normal kinetochore. This year, we tried destroying the endogenous kinetochore protein genes of the *Arabidopsis thaliana*, rice, tomato and *Lotus japonicus* by genome editing after introducing a construct expressing the protein causing partial function in their kinetochores. As a result, in rice and *A.thaliana*, heterozygous strains defective of endogenous genes were obtained. Currently, we are trying to isolate homozygous lines from the lines. In addition to this attempt, we have been trying to produce haploid-inducer lines by decreasing the proportion of wild-type protein in the kinetochore protein pool with overexpression of dysfunctional constructs in *A. thaliana*.

2. Analysis of epigenetic modifications in plant tissues using a clearing method

Epigenetic modification has been analyzed by chromatin immunoprecipitation. Although this method has a high resolution of about 1 kb or less, epigenetic modification information of individual cells in the tissue cannot be analyzed because, in principle, a mixture of many cells are used as experimental materials in this method. These cells should be individually controlled, and obtaining these information is indispensable for understanding environmental response control system in the plant. This year, we examined a method to visualize DNA together with epigenetic modification in individual cells using the "ePro-ClearSee method" which is a simple in-situ immunostaining method developed by us.

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

1. バスマティイネと pLIA-4d との交雑 F2 での収量形質に関する QTL 解析

アフリカ在来の野生種、*Oryza longistaminata* と台中 65 の交雑後代から育成した無肥料条件化で大きなバイオマスをしめす低投入適応系統 (pLIA) の中から、穂数は少ないものの、1 穂粒数が多く、矮性の系統 (pLIA-4d) を選抜した。pLIA-4d の形質はバスマティイネの改良に有効であると考えられ、pLIA-4d とバスマティイネの交雑 F2 を育成し、収量形質に関する QTL 解析を行った。その結果、12 形質で、13 の QTL を検出できた。特に、第 1 染色体では、1 次枝梗数と 2 次枝梗数に係る QTL がごく近傍に特定でき、その結果として、1 穂粒数の QTL も近くに検出できた。また、第 6 染色体には稈長、稈基径と 1 次枝梗数に係る QTL が近傍に存在することが判明した。さらに、出穂期と種子稔性に係る QTL も第 6 染色体で検出された。第 8 染色体では、穂長と止葉長の QTL が検出された。今後は、戻し交雑や F3 を用いて有用な QTL を明らかにしていく予定である。

2. Al ストレス応答機構の 1 つとしてのエピジェネティックな遺伝子発現制御機構

シロイヌナズナでは、Al ストレス下でエピジェネティックな遺伝子発現応答がゲノム全体で見られる。今回、エピジェネティック発現機構関連遺伝子である *AvSAMS* (メリケンカルカヤ由来 S-adenosyl methionine syntase) や *Suvh4* (Histone H3 lysine-9 specific N-methyltransferase) が、Al ストレスでの「DNA とヒストンのメチル化状況の変動」に、強く関わることを変異株を用いて明らかにした。さらに同様の制御機構は、Al ストレス下のイネ (日本晴) でも「DNA のメチル化状況の変動」として確認され、広範囲の植物でのこの機構の存在が示唆された。

3. オオムギ由来メチオニン γ -リアーゼ遺伝子の機能と発現

浸透圧ストレスにより植物細胞ではプロリン、ロイシン、イソロイシンの濃度が有意に上昇する。メチオニン γ -リアーゼ (MGL) はイソロイシン生合成の前駆体である α -ケトブチル酸をメチオニンから生成することから、植物由来 MGL は植物の非生物的ストレス耐性のためのイソロイシン生合成に役割を担うと考えられる。そこで、オオムギや単子葉植物から MGL 遺伝子を同定した。植物由来 MGL は遺伝子配列とアミノ酸配列から、単子葉と双子葉で分類できた。オオムギ由来 MGL (HvMGL) は α , β -脱離反応よりも α , γ -脱離反応を触媒した。HvMGL 遺伝子は乾燥ストレスで有意に発現が増加したが、アスパラギン酸ファミリーアミノ酸、特にメチオニンで発現が有意に減少した。これらの結果から、HvMGL 遺伝子は乾燥ストレスで特異的に誘導され、非生物ストレス耐性に役割を担うエチレンやポリアミンの前駆体である S-アデノシルメチオニンやその代謝物の生成に必要なメチオニンを確保するためにメチオニンで抑制されることが示唆された。

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

1. QTL analysis for yield-related traits in F2 of the cross between Basmati and pLIA-4d in rice

We developed potential Low Input-Adaptable (pLIA) lines derived from the cross between *Oryza longistaminata*, an African wild species and T-65 showing large biomass under non-fertilized conditions and selected pLIA-4d with few tillers, many spikelets per panicle and dwarf from pLIA lines. These traits of pLIA-4d were considered to be useful to improve Basmati. Thus, QTLs for yield-related traits were analyzed in F2 of the cross between early-headed Basmati and pLIA-4d. As a result, 13 QTLs for 12 traits were detected. QTLs for primary and second branch numbers were found to be located very closely on chromosome 1, resulting in close location of QTLs for spikelet number per panicle with QTLs for primary and second branch numbers. QTLs for culm length, culm-base diameter and primary branch number were detected closely on chromosome 6. Further, QTLs for heading duration and spikelet fertility were located on chromosome 6. On chromosome 8, there were QTLs for panicle length and flag leaf length. Useful QTLs will be analyzed in backcross and F3 populations.

2. An epigenetic gene-regulation as one of Al stress response-mechanisms in Arabidopsis and rice

Previously we investigated a genome-wide epigenetic gene-regulation under Al stress in Arabidopsis. Recently, we confirmed that two general key-genes in epigenetic regulation, *AvSAMS1* (*A. virginicus* S-adenosyl methionine syntase) and *Suvh4* (Histone H3 lysine-9 specific N-ethyltransferase), are actually related to the alteration of methylation status in both DNA and histone H3 protein under Al stress in this plant. Since an alteration of methylation status in DNA was also observed in rice genome (cultivar Nipponbare) under this stress, we suggest the existence of similar epigenetic gene-regulation systems in various plants under Al stress.

3. Function and expression of barley methionine γ -lyase gene

The concentrations of free proline, leucine, and isoleucine increase significantly in plant cells under osmotic stress. Methionine γ -lyase (MGL) catalyzes methionine to produce α -ketobutyrate, which is a precursor of isoleucine biosynthesis, suggesting that plant MGL plays a role in isoleucine biosynthesis for abiotic stress tolerance in plants. This study identified MGL genes in barley and some monocot plants. Plant MGLs of monocots were distinguishable from those of dicots from their genes and amino acid sequences. Barley MGL (HvMGL) catalyzed α , γ -elimination reaction more than α , β -elimination reaction. HvMGL gene was up-regulated considerably by drought stress, but down-regulated by the aspartate family amino acids, especially by methionine. These results suggest that HvMGL gene should be induced by drought stress specifically and be reduced by methionine to reserve methionine for the production of S-adenosylmethionine and the following metabolites, which are precursors of ethylene and polyamines playing a role in abiotic stress tolerance.

4. 赤潮原因藻ヘテロシグマの生理生態に関する研究

ヘテロシグマ (*Heterosigma akashiwo*) は光合成を行う単細胞藻類で、ラフィド藻綱に属する。ヘテロシグマは、密度の高いブルームを形成し、その結果として水域生態系に悪影響を与えることより、その環境中の挙動が重要視されている。本種はこれまで、温帯に分布すると考えられてきたが、近年、極・熱帯からも見出されるようになった。近年の調査の成果よりより広い生息域が確認された可能性がある一方で、ヘテロシグマ生息域が実際に広がっている可能性がある。種の地理的分布の決定要因を探るには、系統地理的解析に有用な分子マーカーが必要となる。私たちは、ヘテロシグマのミトコンドリアゲノム上に、株の由来水域によりユニークな配列を持つ超可変領域を見出し、MtORFvar と命名した。この分子マーカーは、ヘテロシグマの由来水域の決定と共に、種の長距離伝播の可能性を精査するために有用と考えられる。私たちは、このマーカーを利用して、南北アメリカ沿岸におけるヘテロシグマ分散の歴史を探ると共に、MtORFvar 遺伝子産物がヘテロシグマの適応能力に寄与する可能性を検討したいと考えている。

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

RSD32 は栽培コムギ農林 61 号より作出した種子休眠性の低下した突然変異系統である。本研究では、RNA-seq 解析により RSD32 と農林 61 号の種子胚における遺伝子発現の比較を行った。開花後 20 日 (DAP20) の種子胚では、概日時計に関わる複数の遺伝子の発現が系統間で異なった。概日時計の調節遺伝子の種子発達段階 (DAP20、30、40) に伴う発現の変動をみると、朝発現型の *CCA1* と *LHY* の発現は、DAP20 および 30 では RSD32 が農林 61 号に比べて低く、DAP40 では両系統間に発現量の差は認められなかった。一方、夜発現型の *TOC1* では全ての生育期間を通じて RSD32 で発現が高く、*PHYTOCLOCK1* も DAP30 で RSD32 の発現が高かった。これら遺伝子の RSD32 における発現の変動パターンは、概日時計遺伝子の発現型により異なった。以上の結果より、RSD32 における種子休眠性の低下には、概日時計遺伝子の制御機構が関与する可能性が考えられた。

6. 種子で発現するオオムギ液胞膜型アクアポリン(HvTIPs)のタンパク質間相互作用

液胞膜型アクアポリン (tonoplast intrinsic protein, TIP) は、細胞内で水の輸送や貯蔵、あるいは水ポテンシャルに関わる物質の輸送等により細胞内の浸透圧の調節に関わっている。我々は、アクアポリンによる種子の発達と乾燥に関わる細胞内水環境調節を調べるため、オオムギから単離された TIP の解析を行っている。アクアポリンは膜上で 4 量体を形成し、水を透過する。TIP もまた、単独、あるいは他の分子種とともにホモ四量体、あるいはヘテロ四量体を形成し、水チャネルとしての役割を果たしていると推測される。種子で特異的に発現するオオムギ由来の TIP3;1 (HvTIP3;1) は、アフリカツメガエル卵母細胞を用いた実験において他の HvTIP (異なるアクアポリン分子種) と共発現させることで異なる水輸送活性を示した。本研究では種子で発現する HvTIPs の発現パターンとタンパク質間相互作用について解析した。

4. Ecophysiological study of a bloom-forming alga, *Heterosigma akashiwo*

H. akashiwo is a unicellular, photosynthetic alga that belongs to Raphidophyceae. The alga forms a dense bloom that exerts a negative impact on the local ecosystem, thus its dynamics in nature is of great interest. The species was regarded as a temperate species. However, recent studies revealed that the alga is widely observed in different regions of the world, including the arctic and tropic areas. The identification of the alga over a wider area may be merely the result of recent exhaustive surveillances. Alternatively, the species may have been recently introduced to these areas. We need molecular markers that enable identification of the strain to gain insight into the mechanism and history of its geographic distribution. We identified a hypervariable segment on the mitochondrial genome of *H. akashiwo* that associates with the geographic origin of the strains, and termed MtORFvar. The marker can be utilized to identify geographic origins of the *H. akashiwo* strains, and to understand the history of long-distance dispersion of the species. We will utilize the marker gene to analyze the process of the geographic dispersion of the species in North America and South America, and also would like to understand its potential importance for adaptation of the species to a wide climate range.

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

RSD32 mutant with reduced seed dormancy was screened from the mutagenized Norin61 that showed strong seed dormancy. Gene expressions of embryo in Norin 61 was compared with that in RSD32 by RNA-seq analysis at different developmental stages of the seed. Circadian clock-related genes were differentially expressed in embryos of Norin61 and RSD32. Expression of *CCA1* and *LHY* that act in the morning was higher in Norin61 than in RSD32 at 20 days and 30 days after pollination (DAP20 and DAP30), but both lines showed similar expression at DAP40. On the other hand, *TOC1* and *PHYTOCLOCK1* acting in the evening showed higher expression in RSD32. Expression of these circadian clock related genes changed depending on their expression type; acting in the morning or in the evening. These results suggest that the regulation of the circadian clock is involved in the reduction of seed dormancy in RSD32.

6. Protein-protein interactions of barley tonoplast intrinsic proteins, HvTIPs, expressed in seeds

In seeds, there are some mechanisms to control the water condition of cells during the development and desiccation of seeds. To investigate the cellular water condition and the mechanism of the control in seeds, we analyzed some aquaporins, tonoplast intrinsic proteins (TIPs), which transport water and control the intracellular osmotic pressure in a cell, from barley (HvTIPs). Aquaporins form tetramers on the membranes of cells and transport water. This suggests that HvTIPs also form homotetramers or heterotetramers with other aquaporin species and play a role as a water channel. HvTIP3;1 specifically accumulated in barley seeds showed water permeability when HvTIP3;1 was co-expressed with other TIPs in *Xenopus oocytes*. In this study, we analyzed the expression pattern of some HvTIPs expressed in seeds and the protein-protein interaction. seeds, especially HvTIP3;1, which accumulates in barley seeds and changes the water transport activity with other TIPs. This year we advanced our research on the interaction between HvTIP3;1 and other aquaporin species.

次世代作物共同研究コア

作物デザイン研究チーム

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

1. オオムギ出穂日予測モデルの構築

研究所が保有するオオムギ系統の生育データおよびゲノム多型データに基づいて出穂日を予測する計算機モデルを人工ニューラルネットワークにより構築した。構築したモデルを用いた逆解析によりオオムギの出穂に影響が大きいと考えられる時節を推定した。

2. トランスクリプトームデータに基づく遺伝子ネットワークの推定

時系列のトランスクリプトームデータに基づいて、遺伝子間の依存関係を推定する方法を開発した。また、野外環境で育成したオオムギ2系統に関する時系列トランスクリプトームデータに適用し、遺伝子ネットワークの系統間差を推定した。

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

国際共同研究チーム

本チームでは植物研と農学部の教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。これまで、日本学術振興会国際事業「東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発」(平成22-24年度)、「汎アフリカ大学院と協働する資源植物科学イノベーション研究拠点」(平成26-28年度)が採択され、平成29年度はこのこれらの事業を引き継いだ交流を進めた。

1. ケニア・ウガンダ研究者の受入れと共同研究

平成29年度は、ウガンダ国立作物科学研究所からの留学生1名が、博士前期課程学生として植物・昆虫間相互作用グループ(ガリス)に進学し、ネリカイネの病害虫耐性と揮発物質についての研究を立ち上げた。ウガンダ・マケレレ大学の学生1名を植物・微生物相互作用グループ(谷)に受け入れ(H29年12月~H30年2月、2ヶ月間)、メタノール資化性細菌の走行性について研究を行っている。ケニア・国際熱帯農業研究所から1名の研究者を光環境適応研究グループ(坂本)に受入れ(H30年1月~3月、2ヶ月間)、ソルガム環境耐性に関わるQTL遺伝子の共同研究をおこなう予定である。

2. ケニアへの研究者派遣と交流の促進

東アフリカでの資源植物科学イノベーション研究拠点とネットワークを広げるため、今年度は1名(坂本)がケニアを訪問し(H30年1月)、ケニア西部におけるソルガム栽培の現状視察とケニア農業研究所を訪問する予定である。また、岡山大学津島キャンパスにて若手を中心とした研究交流の場として12月14日に「アフリカ・ケニアデー2017」を行った。

(Research Core for Future Crops)

Crop Design Research Team

With the genetic resources in IPSR, our group has been integrating a broad range of data and knowledge related to the physiological responses in plants, and promoting the research to discover genes that contribute to crop productivity. Our main achievements in 2017 are described below.

1. Development of a model to predict barley heading date

Using datasets of heading date and genome-scale genetic polymorphisms of barley accessions in IPSR, we developed a computer model to estimate barley heading date from genetic and environmental factors that possibly are associated with barley flowering. We applied the model to estimate the seasonal period critical to barley flowering.

2. Inference of gene network based on transcriptome dataset

Using a time series transcriptome dataset, we developed a method to infer the dependencies between genes. We also applied the method to infer the gene network of two barley accessions based on the field transcriptome datasets, and to estimate differences in gene networks between the two barley accessions.

Furthermore, we provided various techniques related to bioinformatics to researchers inside and outside IPSR.

International Collaboration Team

This group consists of concurrent faculty members, and aims to establish an international hub and/or exchange program on Plant Genetic Resources and Stress Science. Our program has been supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS), under the Asia-Africa Science Platform (AASP) program under the title “Establishment of crop stress science network for increase of food production in eastern Africa” (2010-2012) and “Plant Science and Resource Innovative Research Core with Pan African University” (2014-2016). In 2017, we continued the collaborative research projects, accepting researchers from Kenya and Uganda.

1. Accepting Kenyan and Ugandan researchers and international collaboration

Based on the past interaction with the National Crop Research Institute in Uganda, one researcher was enrolled in the Graduate School of Environmental and Life Science, as a master student (Supervisor Galis). We invited two researchers from the International Institute of Tropical Agriculture in Kenya and Makerere University in Uganda, to the Plant-Insect Interaction Group (Tani) and Plant Light Acclimation Research Group (Sakamoto). During their stay at Okayama University for about two months, they are expected to learn advanced experimental skills in their disciplines and performed collaborative projects.

2. Visiting Kenya and Meeting

To promote an exchange between IPSR and other east African universities, Sakamoto plans to visit the International Livestock Research Institute (ILRI) and Kenyan Agricultural and Livestock Research Organization (KARLO), Kakamega, Kenya. He will inspect sorghum fields in the western Kenya, in January, 2018. To promote networking of young researchers, we organized the “Africa (Kenya) Day 2017” on December 14, 2017, at Tsushima Campus.

イオンダイナミクス班

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

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

塩は多くの作物に障害をもたらす。イネおよびオオムギの根におけるナトリウムイオンの動態の理解を目指し、ナトリウムイオンを輸送するイオン輸送体 OsHKT1 および HvCNGC2 の電気生理学的特徴づけを行った。また、イネにおけるナトリウムイオン吸収において無視できない役割をしているアポプラスティックバイパスフローがナトリウムイオン以外に、カドミウムイオンの吸収に関与していることを発見した。

2. CO₂ 吸収と蒸散流制御の理解のためのイオンホメオスタシス研究

気孔は植物のガス交換において中心的な役割を果たす。トマトにおいて機能するアニオン輸送体 ALMT の発現解析を行い、気孔を構成する孔辺細胞で機能する ALMT 輸送体の候補を特定し、電気生理学的特徴づけを行った。

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

イオン電極を用いて、生体膜の二酸化炭素透過性を制御するタンパク質の二酸化炭素透過活性の特徴づけを行った。また、孔辺細胞内のアブシシン酸濃度を定量計測するイメージング技術の開発を行った。

Ion Dynamics Section

This research group studies to comprehend resilience of crops in the field through ion dynamics research. Our main achievements in 2017 are described below.

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

Sodium ion renders damages to crops. We characterized electrophysiological properties of the sodium-permeating transporters in roots of rice and barley, OsHKT1 and HvCNGC2, to understand sodium dynamics in crop roots. In addition, we discovered that apoplastic bypass flow, which plays an indispensable role in sodium ion uptake under salt stress, was involved in cadmium uptake in rice as well as sodium uptake.

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

Stomata play a pivotal role in gas exchange in plants. We identified the ALMT anion channel genes, which were expressed dominantly in guard cells, and electrophysiologically characterized the ion channel.

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

We characterized CO₂-permeating proteins that participate in the permeability of CO₂ across biomembranes using the hydrogen ion electrode technique. We developed a method to analyze abscisic acid concentrations in guard cells.

根圏生態班

本班はイネ、オオムギを対象として年間を通じた植物の生長とその根圏の微生物叢、並びに環境要因としてイオンや野生植物の測定・観察を通じ、これら要因が複雑に絡み合うネットワークの変動を明らかにしていくことで、病徴や金属イオンストレスに関わる重要な因子を見いだすことを目的として発足した。今年度は発足間もないためワークショップの企画、来年度の研究資金調達、サンプリングの手法の確立、シーケンシングのテストラン等を行った。

Rhizosphere Microbiome Section

This section was started this year with the aim to analyze throughout the year the plant growth and rhizosphere microbiome of rice and barley in relation to environmental factors such as diseases and metal ion stress and to find changes in the complex network of these factors. This beginning year we held a workshop, applied for a grant, tested sampling methods, and performed a sequencing test run.

エピジェネティクス班

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

1. 植物組織内におけるエピジェネティック修飾解析法の開発とその自動化

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

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

オオムギ遺伝子改変班

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

1. 幹細胞化メカニズムの解明とオオムギの形質転換技術の高度化

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

2. オオムギ生存圏におけるウイルス叢の解明

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

3. オオムギ種子の澱粉粒の形状育種

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

4. オオムギの環境ストレス耐性育種のための基盤研究

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

Epigenetics Section

Epigenetic gene regulation plays a crucial role in various biological phenomena in plants including growth, development, and stress responses. The cell size and structure vary with the plant species and organs/tissues. Therefore, it is necessary to use an appropriate epigenetic modification analysis method for each plant species and organs/tissues. We are developing epigenetic modification analysis methods which can be used not only for model plants but also for various plant species which are used as research materials. In addition, we will provide analysis methods suitable for each plant organ/tissue. This year, we developed the following analysis methods.

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

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

Barley Genetic Modification Section

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

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

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

2. Analysis of viromes in the ecosphere of barley

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

3. Morphological breeding of starch grains in barley seeds

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

4. Elucidation of environmental stress tolerance in barley

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

出版物リスト (*List of Publication*)

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

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

- (1) Ohnishi, N. Towards understandings the regulation of photosynthesis under natural environments: Analyses for the behavior of photoacclimation processes in the mutant strains of a green alga *Chlamydomonas reinhardtii* under outdoor conditions. *Bull. Plankton Soc. Japan* **64** (1): 40-44. (2017. 2.)
- (2) Kohzuma, K., Sato, Y., Ito, H., Okuzaki, A., Watanabe, M., Kobayashi, H., Nakano, M., Yamatani, H., Masuda, Y., Nagashima, Y., Fukuoka, H., Yamada, T., Kanazawa, A., Kitamura, K., Tabei, Y., Ikeuchi, M., Sakamoto, W., Tanaka, A. and Kusaba, M. The non-Mendelian green cotyledon gene in soybean encodes a small subunit of Photosystem II. *Plant Physiology* **173**: 2138-2147. (2017. 4.)
- (3) Salesse, C., Sharwood, R., Sakamoto, W. and Stern, D. The rubisco chaperone BSD2 may regulate chloroplast coverage in maize bundle sheath cells. *Plant Physiology* **175**: 1624-1633. (2017. 12.)

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

- (1) Mori, I. C., Ikeda, Y., Matsuura, T., Hirayama, T. and Mikami, K. Phytohormones in red seaweeds: a technical review of methods for analysis and a consideration of genomic data. *Botanica Marina*. **60**: 153-170. (2017. 4.)
- (2) Ikeda, Y., Péliissier, T., Bourguet, P., Becker, C., Pouch-Péliissier, M. N., Pogorelnik, R., Weingartner, M., Weigel, D., Deragon, J. M. and Mathieu, O. Arabidopsis proteins with a transposon-related domain act in gene silencing. *Nature Commun.* **8**: 15122. (2017. 5.)
- (3) Shimada, T., Endo, T., Rodríguez, A., Fujii, H., Goto, S., Matsuura, T., Hojo, Y., Ikeda, Y., Mori, I. C., Fujikawa, T., Peña, L. and Omura, M. Ectopic accumulation of linalool confers resistance to *Xanthomonas citri* subsp. *citri* in transgenic sweet orange plants. *Tree Physiol.* **37**: 654-664. (2017. 5.)
- (4) Gupta, A., Hisano, H., Hojo, Y., Matsuura, T., Ikeda, Y., Mori, I. C. and Senthil-Kumar, M. Global profiling of phytohormone dynamics during combined drought and pathogen stress in *Arabidopsis thaliana* reveals ABA and JA as major regulators. *Sci. Rep.* **7**: 4017. (2017. 6.)
- (5) Khokon, M.A.R., Salam, M.A., Jammes, F., Ye, W.X., Hossain, M.A., Okura, E., Nakamura, Y., Mori, I.C., Kwak, J.M. and Murata, Y. MPK9 and MPK12 function in SA-induced stomatal closure in *Arabidopsis thaliana*. *Biosci. Biotech. Biochem.* **81**: 1394-1400. (2017. 7.)
- (6) Ishiga, Y., Watanabe, M., Ishiga, T., Tohge, T., Matsuura, T., Ikeda, Y., Hofgen, R., Fernie, A. R. and Mysore, K. S. The SAL-PAP chloroplast retrograde pathway contributes to plant immunity by regulating glucosinolate pathway and phytohormone signaling. *Mol. Plant Microbe Interact.* **30**: 829-841. (2017. 8.)
- (7) Bowman J. L., et al. (112 名省略, Ikeda, Y. : 47 番目) Insights into land plant evolution garnered from the *Marchantia polymorpha* genome. *Cell* **171**: 287-304. (2017. 10.)
- (8) 提箸祥幸・保田 浩・北條優子・松浦恭和・森 泉・佐藤 裕 イネの低温初期伸長性に植物ホルモンが及ぼす影響. *日本作物学会紀事* **86**: 367-374. (2017. 10.)
- (9) Iida, M., Takano, S., Matsuura, T., Mori, I. C. and Takagi, S. Circumnutation and distribution of phytohormones in *Vigna angularis* epicotyls. *J. Plant Res.* doi: 10.1007/s10265-017-0972-y. (2017. 8. Online preview)

土壤環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) Yamaji, N., Takemoto, Y., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Yoshida, K. T. and Ma, J. F. Reducing phosphorus accumulation in rice grains with an impaired transporter in the node. *Nature* **541**: 92-95. doi: 10.1038/nature20610 (2017. 1.)
- (2) Chungopast, S., Duangkhet, M., Tajima, S., Ma, J. F. and Nomura, M. Iron-induced nitric oxide leads to an increase in the expression of ferritin during the senescence of *Lotus japonicas*. *J. Plant Physiol.* **208**: 40-46. doi: 10.1016/j.jplph.2016.11.004 (2017. 1.)
- (3) Shao, J. F., Fujii-Kashino, M., Yamaji, N., Fukuoka, S., Shen, R. F. and Ma, J. F. Isolation and characterization of a rice line with high Cd accumulation for potential use in phytoremediation. *Plant Soil* **410**: 357-368. doi: 10.1007/s11104-016-3014-y (2017. 1.)
- (4) Shao, J. F., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. The key to Mn homeostasis in plants: Regulation of Mn transporters. *Trends Plant Sci.* **22**: 215-224. (2017. 3.)
- (5) Wang, S., Yoshinari, A., Shimada, T., Hara-Nishimura, I., Mitani-Ueno, N., Ma, J. F., Naito, S. and Takano, J. Polar localization of the NIP5;1 boric acid channel is maintained by endocytosis and facilitates boron transport in Arabidopsis roots. *Plant Cell* **29**: 824-842. (2017. 4.)
- (6) Yamaji, N. and Ma, J. F. Node-controlled allocation of mineral elements in Poaceae. *Current Opin. Plant Biol.* **39**: 18-24. (2017. 5.)
- (7) Ratcliffe, S., Jugdaohsingh, R., Vivancos, J., Marron, A., Deshmukh, R., Ma, J. F., Mitani-Ueno, N., Robertson, J., Wills, J., Boekschoten, M. V., Muller, M., Mawhinney, R. C., Kinrade, S. D., Isenring, P., Belanger, R. R. and Powell, J. J. Identification of a mammalian silicon transporter. *Amer. J. Physiol. - Cell Physiol.* **312**: C550-C561; DOI: 10.1152/ajpcell.00219.2015 (2017. 5.)
- (8) Chen, Z. C., Yamaji, N., Horie, T., Che, J., Li, J., An, G. and Ma, J. F. A magnesium transporter OsMGT1 plays a critical role in salt tolerance in rice. *Plant Physiol.* **174**: 1837-1849. (2017. 7.)
- (9) Sakurai, G., Yamaji, N., Mitani-Ueno, N., Yokozawa, M., Ono, K. and Ma, J. F. A model of silicon dynamics in rice: An analysis of the investment efficiency of Si transporters. *Front Plant Sci.* **8**: 1187. (2017. 7.)
- (10) Kobayashi, N. I., Yamaji, N., Yamamoto, H., Okubo, K., Ueno, H., Costa, A., Tanoi, K., Matsumura, H., Fujii-Kashino, M., Horiuchi, T., Nayef, M. A., Shabala, S., An, G., Ma, J. F. and Horie, T. OsHKT1;5 mediates Na⁺ exclusion in the vasculature to protect leaf blades and reproductive tissues from salt toxicity in rice. *Plant J.* **91**: 657-670. (2017. 8.)
- (11) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N., Fujii-Kashino, M. and Ma, J. F. Functional characterization of two half-size ABC transporter genes in aluminium-accumulating buckwheat. *New Phytol.* **215**: 1080-1089. (2017. 8.)
- (12) Takemoto, Y., Tsunemitsu, Y., Fujii-Kashino, M., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Ma, J. F., Kato, S., Iwasaki, K. and Ueno, D. The tonoplast-localized transporter MTP8.2 contributes to manganese detoxification in the shoots and roots of *Oryza sativa* L. *Plant Cell Physiol.* **58**: 1573-1582. (2017. 9.)
- (13) Deshmukh, R. K., Ma, J. F. and Belanger, R. R. Role of silicon in plants. *Front Plant Sci.* **8**: 1858. (2017. 10.)
- (14) Ishikawa, R., Iwata, M., Taniko, K., Monden, G., Miyazaki, N., Orn, C., Tsujimura, Y., Yoshida, S., Ma, J.F. and Ishii, T. Detection of quantitative trait loci controlling grain zinc concentration using Australian wild rice, *Oryza meridionalis*, a potential genetic resource for biofortification of rice. *PLoS One* **12(10)**: e0187224. doi: 10.1371/journal.pone.0187224 (2017. 10.)
- (15) Li, C., Chen, G., Mishina, K., Yamaji, N., Ma, J. F., Yukuhiro, F., Tagiri, A., Liu, C., Pourkheirandish, M., Anwar, N., Ohta, M., Zhao, P., Lundqvist, U., Li, X. and Komatsuda, T. A GDSL-motif esterase/acyltransferase/lipase is responsible for leaf water retention in barley. *Plant Direct* **1**: 1-12. DOI: 10.1002/pld3.25 (2017. 11.)
- (16) Shao, J. F., Che, J., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. Silicon reduces cadmium accumulation by suppressing expression of transporter genes involved in cadmium uptake and translocation in rice. *J. Exp. Bot.* **68**: 5641-5651. doi: 10.1093/jxb/erx364 (2017. 11.)
- (17) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Two MATE transporters with different subcellular localization are involved in Al tolerance in buckwheat. *Plant Cell Physiol.* **58**: 2179-2189. doi: 10.1093/pcp/pcx152 (2017. 12.)

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

- (1) Rhee, J., Horie, T., Sasano, S., Nakahara, Y. and Katsuhara, M. Identification of an H₂O₂ permeable PIP aquaporin in barley and a serine residue promoting H₂O₂ transport. *Physiologia Plantarum* **159**: 120-128. (2017. 1.)
- (2) Kariya, K., Sameeullah, M., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Overexpression of the sucrose transporter gene *NtSUT1* alleviates aluminum-induced inhibition of root elongation in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Soil Sci. Plant Nutr.* **63**: 45-54. (2017. 2.)
- (3) Takanashi, K., Yamada, Y., Sasaki, T., Yamamoto, Y., Sato, F. and Yazaki, K. A multidrug and toxic compound extrusion transporter mediates berberine accumulation into vacuoles in *Coptis japonica*. *Phytochemistry* **138**: 76-82. (2017. 6.)
- (4) Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Aluminium-induced cell death requires upregulation of *NtVPE1* gene coding vacuolar processing enzyme in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *J. Inorg. Biochem.* doi.org/10.1016/j.jinorgbio.2017.09.008 (2017. 9. Online preview)

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Gilmore, J.L., Yoshida, A., Deguchi, K., Asai, S., Aizaki, S., Kumeta, M., Hyodo, K., Okuno, T., Wakita, T. and Takeyasu, K. Structural Analysis of Long Single-Stranded RNA Molecules with Atomic Force Microscopy Imaging. *Springer Proceedings in Physics* **186**: 3-9. DOI: 10.1007/978-3-319-46601-9_1 (2017. 1.)
- (2) Dietzgen, R., Kondo, H., Goodin, M., Kurath, G. and Vasilakis, N. The family *Rhabdoviridae*: mono- and bipartite negative-sense RNA viruses with diverse genome organization and common evolutionary origins. *Virus Research* **227**: 158-170. (2017. 1.)
- (3) Hyodo, K., Hashimoto, K., Kuchitsu, K., Suzuki, N. and Okuno, T. Harnessing host ROS-generating machinery for the robust genome replication of a plant RNA virus. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **114**: E1282-90. DOI: 10.1073/pnas.1610212114 (2017. 2.)
- (4) Andika, I. B., Jamal, A., Kondo, H. and Suzuki, N. The SAGA complex mediates the transcriptional up-regulation of antiviral RNA silencing in the chestnut blight fungus. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **114**: E1282-E1290 doi: 10.1073/pnas.1610212114 PNAS Plus (2017. 4.)
- (5) Postler, T.S., *et al.* Possibility and challenges of conversion of current virus species names to Linnaean binomials. *Systematic Biology* **66**: 463-473. (2017. 5.)
- (6) Hyodo, K., Suzuki, N., Mise, K. and Okuno, T. Roles of superoxide anion and hydrogen peroxide during replication of two unrelated plant RNA viruses in *Nicotiana benthamiana*. *Plant Signal. Behav.* **12**(6): e1338223. DOI: 10.1080/15592324.2017.1338223 (2017. 6.)
- (7) Kondo, H., Hirota K., Maruyama, K., Andika, I. B. and Suzuki, N. A possible occurrence of genome reassortments among bipartite rhabdoviruses. *Virology* **508**: 18-25. (2017. 8.)
- (8) Amarasinghe, G.K., *et al.* Taxonomy of the order Mononegavirales-update 2017. *Archives of Virology* **162**: 2493-2504. (2017. 8.)
- (9) Suzuki, N. Frontiers in Fungal Virology. *Journal of General Plant Pathology* **83**: 419-423. (2017. 9.)
- (10) Tajima, Y., Iwakawa, HO., Hyodo, K., Kaido, M., Mise, K. and Okuno, T. Requirement for eukaryotic translation initiation factors in cap-independent translation differs between bipartite genomic RNAs of red clover necrotic mosaic virus. *Virology* **509**: 152-158. DOI: 10.1016/j.virol.2017.06.015 (2017. 9.)
- (11) Li, L., Andika, I.B., Xu, Y., Zhang, Y., Xin, X., Hu, L., Sun, Z., Hong, G., Chen, Y., Yan, F., Yang, J., Li, J. and Chen, J. Differential characteristics of viral siRNAs between leaves and roots of wheat plants naturally infected with wheat yellow mosaic virus, a soil-borne virus. *Frontiers in Microbiology* **8**: 1802. (2017. 9.)
- (12) Seoane, S., Hyodo, K. and Ueki, S. Chloroplast genome sequences of seven strains of the bloom-forming raphidophyte *Heterosigma akashiwo*. *Genome Announc.* **5**: e01030-17. DOI: 10.1128/genomeA.01030-17 (2017. 10.)

- (13) Andika, I.B., Wei, S., Cao, C., Salaipeth, L., Kondo, H. and Sun, L. Phytopathogenic fungus hosts a plant virus: a naturally occurring cross-kingdom viral infection. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **114**: 12267-12272. (2017. 11.)
- (14) Hyodo, K., Nagai, H. and Okuno, T. Dual function of a cis-acting RNA element that acts as a replication enhancer and a translation repressor in a plant positive-stranded RNA virus. *Virology* **512**: 74-82. DOI: 10.1016/j.virol.2017.09.008 (2017. 12.)
- (15) Mata, C. P., Luque, D., Gómez-Blanco, J., González-Camacho, F., Rodríguez, J. M., González, J. M., Suzuki, N., Ghabrial, S. A., Carrascosa, J. L. and Castón J. R. Acquisition of functions on the outer capsid surface during evolution of double-stranded RNA fungal viruses. *PLoS Pathogens*. **13(12)**: e1006755. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006755> (2017. 12.)
- (16) Hisano, S., Zhang, R., Faruk, M. I., Kondo, H. and Suzuki, N. A neo-virus-lifestyle exhibited by a (+)ssRNA virus hosted in an unrelated dsRNA virus: taxonomic and evolutionary considerations. *Virus Res.* **244**: 75-83. (2017. 11. Online preview)
- (17) Hillman, B. I., Aulia, A. and Suzuki, N. Viruses of plant-interacting fungi. *Advances in Virus Research 100th Special Issue*. <https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2017.10.003> (2017. 12. Online preview)
- (18) Vainio, E. J., Chiba, S., Ghabrial, S. A., Maiss, E., Roossinck, M. J., Sabanadzovic, S., Suzuki, N., Nibert, M., Xie, J. and ICTV consortium. ICTV Virus Taxonomy Profile: Partitiviridae. *Journal of General Virology* (2017. 12. Online preview)

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

- (1) Tzin, V., Hojo, Y., Strickler, S. R., Bartsch, L. J., Archer, C. M., Ahern, K. R., Zhou, S., Christensen, S. A., Galis, I., Mueller, L. A. and Jander, G. Rapid defense responses in maize leaves induced by *Spodoptera exigua* caterpillar feeding. *J. Exp. Bot.* **68**: 4709-4723. doi: 10.1093/jxb/erx274 (2017. 8.)
- (2) Wari David・佐藤 翼・山下 純・園田昌司 カブリダニ類(ダニ目:カブリダニ科)の天敵温存植物ヤイトバナ(アカネ科)がモモ圃場におけるハダニ類(ダニ目:ハダニ科)の発生に及ぼす影響. *日本応用動物昆虫学会誌* **61**: 178-183. (2017. 8.)
- (3) Sobhy, I. S., Miyake, A., Shinya, T. and Galis, I. Oral secretions affect HIPVs induced by generalist (*Mythimna loreyi*) and specialist (*Parnara guttata*) herbivores in rice. *J. Chem. Ecol.* **43**: 929-943. doi: 10.1007/s10886-017-0882-4 (2017. 9.)
- (4) Sumida, S., Ito, M., Galis, I., Nakatani, H., Shinya, T., Ohnishi, K., Hikichi, Y. and Kiba, A. Phosphoinositide 3-kinase participates in L-methionine sulfoximine-induced cell death via salicylic acid mediated signaling in *Nicotiana benthamiana*. *J. Plant Physiol.* **218**: 167-170. doi: 10.1016/j.jplph.2017.07.016 (2017. 11.)
- (5) Matsumura, M., Sanada-Morimura, S., Otuka, A., Sonoda, S., Van Thanh, D., Van Chien, H., Van Tuong, P., Loc, P. M., Liu, Z. W., Zhu, Z. R., Li, J. H., Wu, G. and Huang, S. H. Insecticide susceptibilities of the two rice planthoppers *Nilaparvata lugens* and *Sogatella furcifera* in East Asia, the Red River Delta, and the Mekong Delta. *Pest Manag. Sci.* doi: 10.1002/ps.4729 (2017. 9. Online preview)

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) 佐藤和広 オオムギの種子休眠性遺伝子の発見. *バイオサイエンスとバイオインダストリー* **75(1)**: 40-41. (2017. 1.)
- (2) 久野 裕 オオムギのゲノム編集. *アグリバイオ* **1**: 19-20. (2017. 1.)
- (3) Hisano, H., Sakamoto, K., Takagi, H., Terauchi, R. and Sato, K. Exome QTL-seq maps monogenic locus and QTLs in barley. *BMC Genomics* **18**: 125. (2017. 2.)
- (4) Julio C. M. Iehisaa, Okada, M., Sato, K. and Takumi, S. Detection of splicing variants in the leaf and spike transcripts of wild diploid wheat *Aegilops tauschii* and transmission of the splicing patterns to synthetic hexaploid wheat. *Plant Gene* **9**: 6-12. (2017. 3.)

- (5) Hisano, H., Meints, B., Moscou, M. J., Cistue, L., Echávarri, B., Sato, K. and Hayes, P. M. Selection of transformation-efficient barley genotypes based on *TFA* (*transformation amenability*) haplotype and higher resolution mapping of the *TFA* loci. *Plant Cell Rep.* **36**: 611-620. (2017. 4.)
- (6) 佐藤和広 オオムギ遺伝資源を活用した風味が劣化しづらいビールの開発. *山陽技術雑誌* **65**: 3-5. (2017. 4.)
- (7) Hirasawa, T., Sato, K., Yamaguchi, M., Narita, R., Kodama, A., Adachi, S., Ookawa, T. and Sato, K. Differences in dry matter production, grain production, and photosynthetic rate in barley cultivars under long-term salinity. *Plant Production Sci.* **20**: 288-299. (2017. 6.)
- (8) Onishi, K., Yamane, M., Yamaji, N., Tokui, M., Kanamori, H., Wu, J., Komatsuda, T. and Sato, K. Sequence differences in the seed dormancy gene *Qsd1* among various wheat genomes. *BMC Genomics* **18**: 497. (2017. 6.)
- (9) Gupta, A., Hisano, H., Hojo, Y., Matsuura, T., Ikeda, Y., Mori, I.C. and Senthil-Kumar, M. Global profiling of phytohormone dynamics during combined drought and pathogen stress in *Arabidopsis thaliana* reveals ABA and JA as major regulators. *Sci. Rep.* **7**: 4017. (2017. 6.)
- (10) Miwa, A., Sawada, Y., Tamaoki, D., Hirai, M., Kimura, M., Sato, K. and Nishiuchi, T. Nicotinamide mononucleotide and related metabolites induce the disease resistance against the fungal phytopathogen, *Fusarium graminearum* in *Arabidopsis thaliana* and *Hordeum vulgare*. *Sci. Rep.* **7**: 6389. (2017. 7.)
- (11) Nakamura, S., Pourkheirandish, M., Morishige, H., Sameri, M., Sato, K. and Komatsuda, T. Quantitative Trait Loci and Maternal Effects Affecting the Strong Grain Dormancy of Wild Barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). *Frontiers Plant Sci.* **8**: 1840. (2017. 10.)
- (12) Kakizaki, A., Kawahara, T., Zhuk, M.A., Smekalova, T.N., Sato, K., Abe, T. and Sasanuma, T. Genetic characterization of genetic resources of *Aegilops tauschii*, wheat D genome donor, newly collected in North Caucasia. *American J. Plant Sci.* **8**: 2769-2784. (2017. 10.)
- (13) 佐藤和広 醸造用オオムギ小史. *日本醸造協会誌* **112**: 799. (2017. 11.)
- (14) Saito, M., Tanaka, T., Sato, K., Vrinten, P. and Nakamura, T. A single nucleotide polymorphism in the “*Fra*” gene results in fractured starch granules in barley. *Theor. Appl. Genet.* DOI: 10.1007/s00122-017-3006-1 (2017. 11. Online preview)

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

- (1) Kokubo, Y., Nishizaka, M., Ube, N., Yabuta, Y., Tebayashi, S., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Distribution of tryptophan-pathway-derived defensive secondary metabolites gramine and benzoxazinones in Poaceae. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry* **81**: 431-440. (2017. 3.)
- (2) Ube, N., Nishizaka, M., Ichianagi, T., Ueno, K., Taketa, S. and Ishihara, A. Evolutionary changes in defensive specialized metabolism in the genus *Hordeum*. *Phytochemistry* **141**: 1-10. (2017. 9.)
- (3) Yoshikawa, T. and Taketa, S. Narrow leaf mutants in the grass family. In Kanauchi, M. (ed.) *Brewing Technology*, InTech, pp. 3-28. (2017. 9.)

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

- (1) 園田昌司・山下 純・岸本英成 モモ圃場におけるカブリダニの植物餌資源の利用. *植物防疫* **71**: 28-34. (2017. 2.)
- (2) Hata, D., Higashi, H., Yakubov, V., Barkalov, V., Ikeda, H. and Setoguchi, H. Phylogeographical insight into the Aleutian flora inferred from the historical range shifts of the alpine shrub *Therorhodium camtschaticum* (Pall.) Small (Ericaceae). *Journal of Biogeography* **44**: 283-293. (2017. 2.)
- (3) Kameoka, S., Sakio, H., Abe, H., Ikeda, H. and Setoguchi, H. Genetic structure of *Hepatica nobilis* var. *japonica*, focusing on within population flower color polymorphism. *Journal of Plant Research* **130**: 263-271. (2017. 3.)

- (4) David Wari・佐藤 翼・山下 純・園田昌司 カブリダニ類(ダニ目:カブリダニ科)の天敵温存植物ヤイトバナ(アカネ科)がモモ圃場におけるハダニ類(ダニ目:ハダニ科)の発生に及ぼす影響. *日本応用動物昆虫学会誌* **61**: 178-183. (2017. 8.)
- (5) Ikeda, H., Eidesen, P., Barkalov, V., Yakubov, V., Brochmann, C. and Setoguchi, H. Late Pleistocene origin of the entire circumarctic range of the arctic-alpine plant *Kalmia procumbens*. *Molecular Ecology* **26**: 5773-5783. (2017. 10.)
- (6) Ikeda, H. and Setoguchi, H. Importance of Beringia for the divergence of two northern Pacific alpine plants, *Phyllodoce aleutica* and *Phyllodoce glanduliflora* (Ericaceae). *Biological Journal of Linnean Society* **122**: 249-257. (2017. 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*)

- (1) Nagaki, K., Yamaji, N. and Murata, M. ePro-ClearSee: a simple immunohistochemical method that does not require sectioning of plant samples. *Scientific Reports* **7**: srep42203. (2017. 2.)

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

- (1) Higashi, A., Nagai, S., Seone, S. and Ueki, S. A hypervariable mitochondrial protein coding sequence associated with geographical origin in a cosmopolitan bloom-forming alga, *Heterosigma akashiwo*. *Biology Letters* DOI: 10.1098/rsbl.2016.0976 (2017. 4.)
- (2) Orlov, O. I., Novikova, N. D., Polikarpov, N. A., Levinskikh, M. A., Deshevaya, E. A., Sugimoto, M., Alekseev, V. R., Okuda, T., Gusev, O. A. and Sychev, V. N. Planetary protection challenges in space exploration missions and ways of their resolution with account of Russian exobiology experiments. *REACH* **6**: 1-34. (2017. 7.)
- (3) Fukushima, A., Ohta, H., Yokogami, N., Tsuda, N., Yoshida, A., Kyozuka, J. and Maekawa, M. Effects of genes increasing the number of spikelets per panicle, TAW1 and APO1, on yield and yield-related traits in rice. *Plant Production Science* DOI: 10.1080/1343943X.2017.1365614 (2017. 8.)
- (4) Sugimoto, M., Tanaka, H. and Murakami, N. Molecular characterization of barley methionine γ -lyase and expression by abiotic stress and aspartate family amino acids. *J. Plant Biochem. Physiol.* **5**: 199. (2017. 10.)
- (5) Seoane, S., Hyodo, K. and Ueki, S. Chloroplast genome sequences of seven strains of bloom-forming raphidophyte, *Heterosigma akashiwo*. *Genome Announcements* DOI:10.1128/genomeA.01030-17 (2017. 10.)
- (6) 力石和英 RNA-seq 解析を用いたコムギ種子休眠制御遺伝子 RSD32 の同定. *公益財団法人エリザベス・アーンルド富士財団 平成 28 年度報告書* pp. 105-115. (2017. 11.)
- (7) Higashi, A., Nagai, S., Salomon, P. S. and Ueki, S. A unique, highly variable mitochondrial gene with coding capacity of *Heterosigma akashiwo*, class Raphidophyceae. *J. Appl. Phycol.* **29**: 2961-2969. doi: 10.1007/s10811-017-1142-2 (2017. 12.)

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

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

- (1) Sano, N., Kim, J.S., Onda, Y., Nomura, T., Mochida, K., Okamoto, M. and Seo, M. RNA-Seq using bulked recombinant inbred line populations uncovers the importance of brassinosteroid for seed longevity after priming treatments. *Sci. Rep.* **7**: 8095. (2017. 8.)

- (2) Nasr Esfahani, M., Inoue, K., Chu, H.D., Nguyen, K.H., Van Ha, C., Watanabe, Y., Burritt, D.J., Herrera-Estrella, L., Mochida, K. and Tran, L.P. Comparative transcriptome analysis of nodules of two Mesorhizobium-chickpea associations with differential symbiotic efficiency under phosphate deficiency. *Plant J.* **91**: 911-926. (2017. 9.)
- (3) Ren, Y., Sekine-Kondo, E., Shibata, R., Kato-Itoh, M., Umino, A., Yanagida, A., Satoh, M., Inoue, K., Yamaguchi, T., Mochida, K., Nakae, S., Van Kaer, L., Iwabuchi, K., Nakauchi, H. and Watarai, H. A Novel Mouse Model of iNKT Cell-deficiency Generated by CRISPR/Cas9 Reveals a Pathogenic Role of iNKT Cells in Metabolic Disease. *Sci. Rep.* **7**: 12765. (2017. 10.)
- (4) Koda, S., Onda, Y., Matsui, H., Takahagi, K., Yamaguchi-Uehara, Y., Shimizu, M., Inoue, K., Yoshida, T., Sakurai, T., Honda, H., Eguchi, S., Nishii, R. and Mochida, K. Diurnal Transcriptome and Gene Network Represented through Sparse Modeling in *Brachypodium distachyon*. *Front Plant Sci.* **28**: 2055. (2017. 11.)
- (5) Mochida, K. and Shinozaki, K. Information Resources for Functional Genomics Studies in *Brachypodium distachyon*. *Methods Mol. Biol.* (2017. 10. Online preview)
- (6) Kouzai, Y., Kimura, M., Watanabe, M., Kusunoki, K., Osaka, D., Suzuki, T., Matsui, H., Yamamoto, M., Ichinose, Y., Toyoda, K., Matsuura, T., Mori, I.C., Hirayama, T., Minami, E., Nishizawa, Y., Inoue, K., Onda, Y., Mochida, K. and Noutoshi, Y. Salicylic acid-dependent immunity contributes to resistance against *Rhizoctonia solani*, a necrotrophic fungal agent of sheath blight, in rice and *Brachypodium distachyon*. *New Phytol.* (2017. 10. Online preview)

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

イオンダイナミクス班 (*Ion Dynamics Section*)

- (1) Kariya, K., Tsuchiya, Y., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. Aluminium-induced cell death requires upregulation of *NtVPE1* gene coding vacuolar processing enzyme in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *J. Inorg. Biochem.* doi.org/10.1016/j.jinorgbio.2017.09.008 (2017. 9. Online preview)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

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

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

- (1) Sakamoto, W. Protein degradation machineries in chloroplasts: basic components and their role in chloroplast biogenesis and homeostasis. PSC invited seminar, Shanghai Center for Plant Stress Biology (PSC), Chinese Academy of Sciences, Shanghai, China, February 23, 2017.
- (2) Sakamoto, W. High-throughput QTL analysis toward understanding stay-green and other important traits in sorghum. Special Seminar, International Livestock Research Center, Nairobi, Kenya, March 20, 2017.
- (3) Sakamoto, W. Chloroplast biogenesis and homeostasis: general view and a recent work in chloroplast DNA degradation during leaf senescence. Special Seminar, China National Rice Research Institute, Hangzhou, China, May 22, 2017.
- (4) Sakamoto, W. Chloroplast DNAs are degraded during leaf senescence: A concept of phosphorus reservoir. Invited Seminar, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan, June 15, 2017.
- (5) Sakamoto, W. and Takami, T. Chloroplast DNA Degradation Mediated by DPD1 Nuclease May Serve as Nutrient Salvage in Flowering Plants. Plant Biology 2017, Honolulu, Hawaii, June 24-28, 2017.
- (6) Sakamoto, W., Ohnishi, N. and Takami, T. Chloroplast DNA and nutrient salvage: a new concept. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (7) Kato, Y. and Sakamoto, W. Possible regulation mechanisms of chloroplastic FtsH metalloprotease by protein phosphorylation. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (8) Ohnishi, N., Zhang, L. and Sakamoto, W. VIPP1, a chloroplast membrane integrity-maintaining protein, has GTP-binding and hydrolysis activities in vitro. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (9) Nishimura, K., Ishimori, M., Sekiya, T., Watson, S., Takami, T., Miyaji, T. and Sakamoto, W. Nuclear transcriptome rewiring involving a peptide-exporting ABC transporter on chloroplast envelopes. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (10) Nishioka, K., Kato, Y., Ozawa, S., Takahashi, Y. and Sakamoto, W. Comprehensive analysis of phosphoprotein in thylakoid membranes. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.

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

- (1) Ikeda, Y. Epigenetic response to various environments in plants and its mechanism. 33rd IPSR International Symposium and 9th Symposium on Plant Stress Sciences, Kurashiki, Japan, March 6-7, 2017.
- (2) Mochida, K., Takahagi, K., Matsuura, T., Ikeda, Y., Saisho, D. and Hirayama, T. Unlocking physiological dynamics throughout crop lifecycles under field condition. 2nd Agriculture and Climate Change Conference, Stiges, Spain, March 26-28, 2017.
- (3) Ooi, L. and Mori, I.C. Stomata response against sulfur dioxide. Plant Biology 2017, Honolulu, Hawaii, USA, June 24-28, 2017.
- (4) Mori, I.C. Cyclic nucleotide gated channel in barley roots – unique characteristics of HvCNGC2-3. Plant Signaling & Behavior 2017, Matsue, Japan, June 26-30, 2017.
- (5) Mori, I.C. Cyclic nucleotide gated channel in barley roots. India-Japan Joint Sakura Science Symposium, Okayama, Japan, September 7-8, 2017.

- (6) Ooi, L. Stomatal response against sulfur dioxide. India-Japan Joint Sakura Science Symposium, Okayama, Japan, September 7-8, 2017.
- (7) Hirayama, T., Saisho, D., Ikeda, Y., Sumi, N., Hattori, K., Hiroyuki, T., Umezaki, T. and Mochida, K. Data driven crop design technology. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (8) Ooi, L. and Mori, I.C. Stomata response against sulfur dioxide. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (9) Mori, I.C. Diverse roles of abscisic acid receptors in stomatal guard cells. Jilin University-Okayama University Joint Sakura Science Workshop, Okayama, Japan, November 29-30, 2017.
- (10) Ikeda, Y., Nishihama, R., Yamaoka, S., Arteaga-Vazquez M. A., Grimaneli, D., Martienssen R. A., Yamato, K. T., Kohchi, T. and Hirayama, T. The role of DNA methylation in *Marchantia polymorpha*. The 65th NIBB Conference: Renaissance of *Marchantia polymorpha* -the genome and beyond-, Okazaki, Japan, December 16-18, 2017.

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. Node-based transporters for mineral element distribution in rice. Plant Biology 2017, Honolulu, Hawaii, U.S.A., June 24-28, 2017.
- (2) Ma, J. F. Genes controlling cadmium and arsenic accumulation in rice. The International Conference on the Biogeochemistry of Trace Elements 2017, ETH Zurich, Switzerland, July 16-20, 2017.
- (3) Ma, J. F., Yamaji, N., Sasaki, A. and Ueno, D. Uptake, distribution and detoxification of manganese in rice. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Manganese satellite meeting, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (4) Ma, J. F. and Yamaji, N. Molecular mechanisms for distribution of mineral elements in plants. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (5) Yokosho, K. Identification of transporters involved in metal stress tolerance in plants. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (6) Yamaji, N., Takemoto, Y., Miyaji, T., Mitani-Ueno, N., Yoshida, K. T. and Ma, J. F. A novel phosphate transporter controlling grain P accumulation in rice. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (7) Yokosho, K., Shao, J. F., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. Functional characterization of Nramp transporter genes in buckwheat. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (8) Che, J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. A member of MFS is involved in phytosiderophore efflux for metal distribution in rice. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (9) Shao, J. F., Yamaji, N., Shen, R. F. and Ma, J. F. Preferential distribution of boron to developing tissues is mediated by OsNIP3;1 localized in rice node. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (10) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Involvement of two MATE transporters with different subcellular localizations in buckwheat Al tolerance. XVIII International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, Denmark, Aug. 19-24, 2017.
- (11) Ma, J. F. Transport system of mineral elements in plants under different environments. International Symposium on Biomolecules controlling cellular function and environmental adaptation in plants, Okayama, Japan, Nov. 22, 2017.

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

- (1) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Ryan, P.R. and Yamamoto, Y. A chimeric ALMT-type malate transporter shows enhanced response to aluminium and lanthanide ions. 12th Keele Meeting on Aluminium: Living in the Aluminium Age, Vancouver, Canada, March 4-8, 2017.
- (2) Yamamoto, Y., Tsuchiya, Y. and Sasaki, T. Avoidance mechanism involving ROS production in plant cells under aluminium stress. 12th Keele Meeting on Aluminium: Living in the Aluminium Age, Vancouver, Canada, March 4-8, 2017.
- (3) Kariya, K., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. A new mechanism of aluminium-induced cell death involving the vacuolar processing enzyme in both cultured-cell and root systems of tobacco. 12th Keele Meeting on Aluminium: Living in the Aluminium Age, Vancouver, Canada, March 4-8, 2017.
- (4) Furutani, H., Hanashiro, K., Fujii, Y., Maruyama, H., Sasaki, T. and Wasaki, J. Organic-acid transporters in cluster roots of white lupin induced under phosphorus deficiency. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (5) Nakahara, Y., Shibusaka, M., Mori, I.C., Horie, T., Kaneko, T., Terashima, I. and Katsuhara, M. Identification of the CO₂ transporters from among the plant aquaporins. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (6) Mori, I.C., Nobukiyo, Y., Shibusaka, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. A barley HvCNGC2-3, is activated by cAMP and the co-presence of external Na⁺ and K⁺, and permeates Na⁺ and K⁺ non-selectively. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.

環境生物ストレスユニット (*Biotic Stress Unit*)

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

- (1) Suzuki, N. Mutualist Interactions between a Capsidless (+) ssRNA Virus and a dsRNA Virus Occurring in a Phytopathogenic Fungus. Plenary Session Microbes in Cross-Kingdom Interactions. ASM2017 (American Society for Microbiology 2017), New Orleans, Louisiana, U.S.A., June 1-5, 2017.
- (2) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Natural variation in antiviral RNA silencing in the chestnut blight fungus. American Society for Virology 2017, Madison, U.S.A., June 24 -28, 2017.
- (3) Andika, I. B., Jamal, A., Kondo, H. and Suzuki, N. The SAGA complex mediates the transcriptional up-regulation of antiviral RNA silencing in the chestnut blight fungus. American Society for Virology 2017, Madison, U.S.A., June 24- 28, 2017.
- (4) Hyodo, K., Suzuki, N. and Okuno, T. A role of reactive oxygen species during the replication of a plant RNA virus. 17th International Congress of Virology, Singapore, July 17-21, 2017.
- (5) Lv, H.X., Sahin, N. and Tani, A. *Methylophilus* sp. La2-4, a lanthanide-dependent methanol-utilizing bacterium isolated from rice rhizosphere soil. IUMS2017 (International Union of Microbiological Societies 2017), Singapore, July 17-21, 2017.
- (6) Lv, H.X. and Tani, A. Screening of lanthanides-dependent methylotrophs. International Joint Seminar Core to Core Program A. Advanced Research Networks, Bangkok, Thailand, Aug. 26, 2017.
- (7) Suzuki, N. A neo-virus-lifestyle exhibited by a (+) RNA virus hosted in an unrelated dsRNA virus. The 16th Awaji International Forum on Infection and Immunity, Awaji, Hyogo, Japan, September 5-8, 2017.
- (8) Suzuki, N. A neo-virus lifestyle exhibited by a (+) ssRNA virus hosted in an unrelated dsRNA virus: taxonomic and evolutionary considerations. Virtual Event 2017 Microbiology & Immunology Virtual Conference, <https://www.labroots.com/virtual-event/microbiology-2017>. September 13-14, 2017.

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

- (1) Galis, I., Shinya, T., Alamgir, K. Md., Sobhy, I., Tanabe, K., Miyake, A., Hojo, Y., Osinde, C., Sakamoto, W., Nakabayashi, R. and Saito, K. Omics everywhere: How about in chemical ecology. 33rd annual meeting of the ISCE and the 9th meeting of the APACE, Kyoto, Japan, August 23-27, 2017.
- (2) Teruya, M., Hayashi, K., Shinya, T., Galis, I., Nojiri, H. and Okada, K. Oxylinin signatures associated with the biosynthesis of chemical defense compound momilactones in moss. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, Nov. 3-6, 2017.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) Hisano, H. Identification of *TFA* genomic regions that confer amenability to *Agrobacterium*-mediated transformation in barley. PAGXXV2017 (Plant and Animal Genome), San Diego, CA, U.S.A., January 14-18, 2017.
- (2) Hisano, H. and Sato, K. *TFA* Genomic Regions Confer Amenability to *Agrobacterium*-Mediated Transformation in Barley. PAGXXV2017 (Plant and Animal Genome), San Diego, CA, U.S.A., January 14-18, 2017.
- (3) Sato, K. Exploring Triticeae genetic resources to adapt crops to climate change. 8th International Triticeae Symposium, Wernigerode, Germany, June 12-16, 2017.

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

- (1) Ikeda, H. Biogeographic history of alpine flora in the Japanese Archipelago. XIX International Botanical Congress, Shenzhen, China, July 23-29, 2017.
- (2) Yamashita, J. A review of the herbarium of Institute of Plant Science and Resources, Okayama University. 26th Asian-Pacific Weed Science Society Conference, Kyoto, Japan, Sept. 19-22, 2017.

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., Kashihara, K., Kanatani, A., Nagaki, K., Endo, T. and Sato, K. Identification of genes on the mid-gut chromosome in a common wheat with rye cytoplasm. 13th International Wheat Genetics Symposium, Tulln, Austria, April 23-28, 2017.

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

- (1) Ezaki, B., Nanba, N. and Nishiuchi, T. Aluminum stress leads an epigenetic gene-regulation in Arabidopsis -Biological functions of the *AvSAMS1* gene and *Suvh4* gene-. Plant Biology 2017, Hawaii, U.S.A., June 24-27, 2017.
- (2) Chiou, W. Y., Rikiishi, K., Himi, E., Nishimura, H., Tsugane, K. and Maekawa, M. Genetic analysis of the large grain mutant found in transposon-tagged lines of rice. Taiwan-Japan Plant Biology 2017, Taipei, Taiwan, Nov. 3-5, 2017.

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

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

- (1) Mochida, K. Homoeolog-specific activation for heat acclimation in the allopolyploid grass *Brachypodium hybridum*. The 3rd international *Brachypodium* Conference, Beijing, China, July 29-31, 2017.
- (2) Hirayama, T., Saisho, D., Ikeda, Y., Sumi, N., Hattori, K., Hiroyuki, T., Umezaki, T. and Mochida, K. Data driven crop design technology. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Taipei, Taiwan, Nov. 3-6, 2017.

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

イオンダイナミクス班 (*Ion Dynamics Section*)

- (1) Ooi, L. and Mori, I.C. Stomata response against sulfur dioxide. *Plant Biology 2017*, Honolulu, Hawaii, USA, June 24-28, 2017.
- (2) Murata, Y., Munemasa, S. and Mori, I.C. Diverse stomatal signaling and the signal integration mechanism. XIX International Botanical Congress in 2017, Shenzhen, China, June 23-29, 2017.
- (3) Mori, I.C. Cyclic nucleotide gated channel in barley roots – unique characteristics of HvCNGC2-3. *Plant Signaling & Behavior 2017*, Matsue, Japan, June 26-30, 2017.
- (4) Mori, I.C. Cyclic nucleotide gated channel in barley roots. *India-Japan Joint Sakura Science Symposium*, Okayama, Japan, September 7-8, 2017.
- (5) Ooi, L. and Mori, I.C. Stomata response against sulfur dioxide. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (6) Furutani, H., Hanashiro, K., Fujii, Y., Maruyama, H., Sasaki, T. and Wasaki, J. Organic-acid transporters in cluster roots of white lupin induced under phosphorus deficiency. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (7) Nakahara, Y., Shibasaka, M., Mori, I.C., Horie, T., Kaneko, T., Terashima, I. and Katsuhara, M. Identification of the CO₂ transporters from among the plant aquaporins. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (8) Mori, I.C., Nobukiyo, Y., Shibasaka, M., Furuichi, T. and Katsuhara, M. A barley HvCNGC2-3, is activated by cAMP and the co-presence of external Na⁺ and K⁺, and permeates Na⁺ and K⁺ non-selectively. *Taiwan-Japan Plant Biology 2017*, Taipei, Taiwan, November 3-6, 2017.
- (9) Mori, I.C. Diverse roles of abscisic acid receptors in stomatal guard cells. *Jilin University-Okayama University Joint Sakura Science Workshop*, Okayama, Japan, November 29-30, 2017.

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)

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

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

- (1) 高見常明・大西紀和・栗田悠子・岩村青子・三村徹郎・坂本 亘 葉の老化及び栄養飢餓応答におけるオルガネラヌクレアーゼ DPD1 によるオルガネラ DNA 分解の生理的意義. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (2) 西村健司・宮地孝明・石森元幸・高見常明・加藤裕介・坂本 亘 シロイヌナズナ葉緑体包膜 ABC トランスポーターの生理学的・生化学的解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (3) ワシラ フィオナ・大西紀和・小童谷利恵・鐘ヶ江弘美・高梨秀樹・藤本 優・石森元幸・岩田洋佳・草場信・堤 伸浩・坂本 亘 在来たかきび由来の RIL 集団を用いたステイグリーン QTL の解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (4) 花田裕昭・谷口 (山本) 幸美・西村健司・坂本 亘・古本 強・宗景 (中島) ゆり C4 種 *Flaveria bidentis* における RETICULATA-RELATED3 の局在解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (5) 加藤裕介・坂本 亘 リン酸化による葉緑体プロテアーゼ FtsH 機能調節の可能性. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (6) 大西紀和・張 林剛・坂本 亘 葉緑体包膜の機能維持に重要な VIPPI は GTPase 活性を示す. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (7) 富永 淳・水谷春香・堀川大輔・中原恭俊・高見常明・坂本 亘・坂本 敦・島田裕史 イネ葉緑体タンパクジスルフィド酸化還元酵素は明暗下で機能する. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (8) 山谷浩史・上妻 馨・中野道治・林 依子・高見常明・門田有希・奥本 裕・坂本 亘・阿部知子・草場 信 イネ stay-green 遺伝子 DCD1 の単離と機能解析. 日本育種学会第 131 回講演会, 名古屋, 3 月 28-30 日, 2017.
- (9) 松島 良・久野 裕 蛍光タンパク質によるイネとオオムギの澱粉粒の可視化. 第 131 回日本育種学会, 名古屋, 3 月 29-30 日, 2017.
- (10) 横山 諒・深尾陽一朗・鹿内利治 シロイヌナズナにおいてグラナスタッキングと集光機能を最適化する新規チラコイドタンパク質 RIQ1, RIQ2 可溶性領域の生化学解析. 第 8 回日本光合成学会年会, 瀬田, 5 月 27-28 日, 2017.
- (11) 坂本莉沙・藤本 優・高梨秀樹・鐘ヶ江弘美・野下浩司・小林正明・矢野健太郎・七条光年・小童谷利恵・大西紀和・堤 伸浩・坂本 亘・岩田洋佳 QTL 解析に価値ある画像解析: ソルガム RIL 集団の葉形態を例に. 日本育種学会第 132 回講演会, 岩手, 10 月 6-9 日, 2017.
- (12) 三輪幸哉・七条光年・高梨秀樹・藤本 優・鐘ヶ江弘美・石森元幸・小林正明・矢野健太郎・山崎清志・藤原 徹・米田淳一・徳永 毅・小童谷利恵・大西紀和・坂本 亘・岩田洋佳・堤 伸浩 ソルガム苞穎毛の先端構造に関する遺伝子座の探索. 日本育種学会第 132 回講演会, 岩手, 10 月 6-9 日, 2017.
- (13) 松島 良・久野 裕・藤田直子・佐藤和広 オオムギを用いた澱粉粒の形についての研究. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.

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

- (1) Hirayama, T., Lei, G.J. and Ma, J.F. A novel peptide involved in the iron homeostasis under a mitochondrial defect in *Arabidopsis*. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (2) Nishimura, N., Tsuchiya, W., Moresco, J.J., Satoh, K., Kaiwa, K., Irida, T., Hayashi, Y., Kinoshita, T., Schroeder, J.I., Yates, J.R.III, Hirayama, T. and Yamazaki, T. Identification and characterization of AHG1-mediated ABA signaling components in *Arabidopsis*. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (3) Ikeda, Y., Pélissier, T., Bourguet, P., Becker, C., Pouch-Pélissier, M. N., Pogorelnik, R., Weigel, D., Deragon, J. M. and Mathieu, O. KUMONOSU protein harboring a transposon-related domain acts in gene silencing in *Arabidopsis*. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (4) 金澤まい・池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・大和勝幸・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケミトコンドリア mRNA ポリ A 鎖長制御因子 MpAHG2 及び MpAGS1 の解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (5) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Nakano, R., Ushijima, K., Kubo, Y., Mori, I., Higashiizumi, E., Galis, I. and Yamamoto, Y. Expression and function of the ALMT-family proteins in tomato. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (6) Takebayashi, K., Kikunaga, H., Kato, M., Yokoyama, R., Nishitani, K., Watabe, H., Suda, T., Kuromori, T., Ishikawa, A., Horie, T., Suzui, N., Yin, Y.G., Kawachi, N., Fujimaki, S., Higuchi, K., Mori, I., Hamamoto, S. and Uozumi, N. Circulation and accumulation of sodium and potassium in *Arabidopsis athkt1* mutant. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (7) Yin, Y., Adachi, Y., Nakamura, Y., Munemasa, S., Mori, I. and Murata, Y. Role of ABA receptors and OST1 protein kinase in methyl jasmonate-induced stomatal closure. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (8) Yamaguchi, Y., Hanada, K., Mori, I. and Fukao, Y. Characterization of small peptides associated with Zinc homeostasis in *Arabidopsis thaliana*. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (9) 廣澤嘉光・多田朱里・稲葉靖子・松浦恭和・森 泉・稲葉丈人 植物ホルモン処理が葉緑体形成阻害を示すシロイヌナズナに及ぼす影響. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (10) 最相大輔・松浦恭和・池田陽子・森 泉・持田恵一・平山隆志 圃場環境下における野生オオムギと栽培オオムギの生長段階と植物ホルモン動態の季節変動. 日本育種学会第 131 回講演会, 名古屋, 3 月 29-30 日, 2017.
- (11) 金澤まい・池田陽子・西浜竜一・山岡尚平・大和勝幸・河内孝之・平山隆志 ゼニゴケの PARN はミトコンドリア mRNA ポリ A 鎖長を制御する. 第 19 回日本 RNA 学会年会, 富山, 7 月 19-21 日, 2017.
- (12) Ikeda, Y. The role of plant mobile domain family protein in gene silencing. 国立遺伝学研究所 研究集会: A consortium of plant epigenetics in Japan— Second Meeting, 三島, 8 月 21 日-9 月 1 日, 2017.
- (13) Ikeda, Y., Pélissier, T., Bourguet, P., Becker, C., Pouch-Pélissier, M. N., Pogorelnik, R., Weingartner, M., Weigel, D., Deragon, J. M. and Mathieu, O. トランスポゾン関連ドメインをもつ新規遺伝子サイレンシング因子の同定. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (14) 間宮章仁・大塚蔵嵩・野崎 守・山本荷葉子・小林健人・八木祐介・中村崇裕・平山隆志・上田貴志・蜂谷卓士・野口 航・杉山宗隆 シロイヌナズナの側根形成初期過程において高温下で過剰な細胞分裂をもたらすミトコンドリア異常の解析. 第 81 回日本植物学会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (15) 飯田幹之・松浦恭和・森 泉・高木慎吾 アズキ上胚軸の回旋運動と植物ホルモンの分布 II. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (16) Ikeda, Y., Pélissier, T., Bourguet, P., Becker, C., Pouch-Pélissier, M. N., Pogorelnik, R., Weingartner, M., Weigel, D., Deragon, J. M. and Mathieu, O. トランスポゾン関連ドメインをもつ新規遺伝子サイレンシング因子の同定. 日本遺伝学会第 89 回大会, 岡山, 9 月 13-16 日, 2017.
- (17) 鷲見典克・服部公央亮・最相大輔・田口 亮・保黒政大・平山隆志・梅崎太造 多視点カメラを用いたオオムギ生長度合いの推定. Vision Engineering Workshop 2017, 12 月 7-8 日, 横浜, 2017.

土壤環境ストレスユニット (*Soil Stress Unit*)

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

- (1) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. OsPHO1;2 is also involved in intervascular transfer of phosphorus in rice node. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (2) Lei, G. J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Role of two genes encoding metallothionein in distribution of metals in rice. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (3) Youngsook Lee, Y., Ma, J. F., Martinoia, E. and Song, W-Y. Transporters for vacuolar sequestration of toxic metals and arsenic. Symposium 'Dynamic Vacuoles in Plants 2017', 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (4) 山地直樹・柏野(藤井)美帆・横正健剛・馬 建鋒 イネ・オオムギ・ライムギの根圏 pH 応答性の比較トランスクリプトーム解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (5) 横正健剛・邵 継鋒・山地直樹・沈 仁芳・馬 建鋒 ソバの Nramp ファミリー遺伝子の機能解析. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (6) 平山隆志・雷 貴傑・馬 建鋒 シロイヌナズナのミトコンドリア機能異常変異株における鉄欠乏応答に関与するペプチド. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (7) 山地直樹 コメのミネラル蓄積を左右する節の輸送制御. シンポジウム『いま注目のトランスポーター研究①』, 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (8) Lei, G. J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Two MATE transporters with different subcellular localization are involved in Al tolerance in buckwheat. 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (9) Shao, J. F., Yamaji, N. and Ma, J. F. Preferential distribution of boron to developing tissues is mediated by OsNIP3;1 localized in rice node. 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (10) Che, J., Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Implication of two genes encoding a bacterial-type ATP-binding cassette transporter in Al tolerance in buckwheat. 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (11) 馬 建鋒 ケイ素の人への健康作用についての考察. シンポジウムⅢ 肥料・ミネラルと人の健康. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (12) 馬 建鋒・柏野美帆・山地直樹 オオムギの新規アルミニウム耐性制御機構. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (13) 山地直樹・馬 建鋒 イネのケイ酸輸送体 Lsi6 の節における著しい高発現は組換えプロモーターでは再現できない. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (14) 横正健剛・邵 継鋒・山地直樹・馬 建鋒 ソバの Nramp ファミリー遺伝子の機能解析. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (15) Che, J., Yamaji, N. and Ma, J. F. Functional characterization of genes involved in P distribution in rice node. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (16) Lei, G. J., Wu, D. Z., Sato, K. and Ma, J. F. Mapping of a gene responsible for Cd tolerance in barley. 日本土壤肥料学会 2017 年度仙台大会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (17) 馬 建鋒 環境と栄養に資する植物のミネラル輸送. シンポジウム「豊かな未来を創造する農芸化学—西からの発信—」, 日本農芸化学会関西・中四国・西日本支部 2017 年度合同大阪大会, 大阪, 9 月 21-22 日, 2017.
- (18) Shao, J. F., Yamaji, N. and Ma, J. F. Molecular mechanisms for preferential distribution of boron in rice. 2017 年度日本土壤肥料学会関西支部会, 橿原(奈良), 12 月 7 日, 2017.
- (19) 常光優太・宮崎 彰・山地直樹・馬 建鋒・加藤伸一郎・岩崎貢三・上野大勢 トランスゴルジ局在型 MTP11 はイネのマンガン耐性に関与する. 2017 年度日本土壤肥料学会関西支部会, 橿原(奈良), 12 月 7 日, 2017.

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

- (1) 且原真木 内膜系におけるアクアポリンの輸送基質と機能. 第 19 回植物オルガネラワークショップ, 鹿児島, 3 月 15 日, 2017.
- (2) 宇都木繁子・柴坂三根夫・且原真木 種子におけるオオムギ液胞膜型アクアポリン (HvTIPs) の相互作用と水輸送活性. 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (3) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Nakano, R., Ushijima, K., Kubo, Y., Mori, I.C., Higashiizumi, E., Galis, I. and Yamamoto, Y. Expression and function of the ALMT-family proteins in tomato. 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (4) Kariya, K., Sasaki, T. and Yamamoto, Y. VPE is an executor of aluminum-induced cell death in cultured tobacco cells. 第 58 回日本植物生理学会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (5) 野澤彰・名楽仁・松井司・井上寛之・佐々木孝行・山本洋子・戸澤譲・有村源一郎・根本圭一郎・澤崎達也 シロイヌナズナ PAPS 輸送体 PAPST2 の解析. 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (6) 山本洋子・荻谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行 アルミニウムの毒性ならびに耐性機構—植物培養細胞を用いたアプローチ. 第 28 回日本微量元素学会学術集会, 仙台, 7 月 29-30 日, 2017.
- (7) 土屋善幸・荻谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子 タバコ培養細胞におけるアルミニウム耐性と ERF (エチレン応答因子) ファミリー転写調節因子との関係. 日本土壌肥料学会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (8) 荻谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子 アルミニウムによるタバコの根伸長阻害におけるスクロース輸送体遺伝子の関わり. 日本土壌肥料学会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (9) 大島七海・且原真木・三村徹郎・大西美輪・瀬戸口浩彰 ハマダイコンにおけるセシウム蓄積特性の解析. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (10) 妹川陽香・且原真木・瀬戸口浩彰 ダイコン野生種ハマダイコンにおける海岸生-琵琶湖陸封生の間での耐塩性分化. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.

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) 谷 明生 抗酸化性アミノ酸エルゴチオネインの微生物生産. 化粧品開発展, 東京, 1 月 25 日, 2017.
- (2) 菅沼宗矢・王 倫・日比野歩美・三井亮司・谷 明生・海老原章郎・早川享志・中川智行 根粒菌 *Bradyrhizobium diazoefficiens* 由来レアアース依存的メタノール脱水素酵素の酵素科学的性質. 日本農芸化学会 2017 年度大会, 京都, 3 月 17 日, 2017.
- (3) 伊賀俊貴・加藤純一・谷 明生 *Methylobacterium* 属細菌におけるメタノール走化性センサーの同定. 日本農芸化学会 2017 年度大会, 京都, 3 月 17 日, 2017.
- (4) Lv, H.X. and Tani, A. Genomic characterization of a new methyloph, *Oharaeibacter diazotrophicus* SM30. 日本農芸化学会 2017 年度大会, 京都, 3 月 17 日, 2017.
- (5) 近藤秀樹・久野 昌・千葉壮太郎・鈴木信弘 アカクロバーうどんこ病菌より見いだされた新規トテウイルス. 平成 29 年度日本植物病理学会大会, 盛岡, 4 月 26-28 日, 2017.
- (6) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Comparison of two related mycoreoviruses reveals natural variation of antiviral RNA silencing in the chestnut blight fungus. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. Morioka, April 26-28, 2017.
- (7) 水谷行善・須賀晴久・鈴木信弘・千葉壮太郎 *Fusarium boothii* BL13 分離株に存在する 3 種の dsRNA 成分の生物学的性状. H29 年度日本植物病理学会大会, 盛岡, 4 月 26-28 日, 2017.

- (8) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Comparison of the behaviors of mycoreovirus 1 and 2 in the fungal host, *Cryphonectria parasitica*, reveals natural variation in antiviral RNAi. 32nd Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Kurashiki, June 10-11, 2017.
- (9) Shahi, S., Hyodo, K., Chiba, S., Hillman, B. I. and Suzuki, N. Properties of a mitochondrially replicating positive-sense RNA virus isolated from a filamentous ascomycete, *Cryphonectria parasitica*. 32nd Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society, Kurashiki, June 10-11, 2017.
- (10) 鈴木信弘 岡山大学先端研究講座 11 ネオウイルス学: ウイルスと生きる. 岡山, 6月17日, 2017.
- (11) 近藤秀樹・鈴木信弘 植物ラブドウイルスの分節化と進化. シンポジウム: 多様なウイルスと進化の世界. 日本進化学会第17回大会, 京都, 8月24-26日, 2017.
- (12) 小松あき子・近藤秀樹・佐藤真之・鈴木信弘・藤森文啓 温度依存的に蓄積する *Grifola frondosa* RNA virus1 (GfRV1) によるマイタケ宿主遺伝子群の発現解析. 環境微生物系学会合同大会 2017, 仙台, 8月29-31日, 2017.
- (13) 鈴木信弘 ウイルスもまた宿を借りる: 驚くべき菌類ウイルスの奸智 シンポジウム「環境ウイルスたちの多様な存在様態 -かつてないウイルス研究がここに集う-」環境微生物系学会合同大会, 仙台, 8月29-31日, 2017.
- (14) 谷 明生 植物共生メタノール産化性細菌 *Methylobacterium* 属細菌におけるエルゴチオネイン生産と役割. 公募シンポ6: 硫黄循環に寄与する微生物と硫黄化合物が持つ新規な機能. 環境微生物系学会合同大会, 仙台, 8月29-31日, 2017.
- (15) 吉川友理・一小路貴士・中川智行・谷 明生・三井亮司 *Methylobacterium extorquens* AM1 のランタノイド濃度に応答したメタノールデヒドロゲナーゼプロモーターのレポーター遺伝子を用いた発現解析. 日本農芸化学会 2017 年度合同大阪大会, 大阪, 9月21-22日, 2017.
- (16) Suzuki, N. A neo-virus-lifestyle: a positive strand RNA virus hosted in an unrelated double-stranded RNA virus. 65th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Osaka, October 24-26, 2017.
- (17) Aulia, A., Andika, I. B., Hillman, B. I. and Suzuki, N. RNA silencing is the determinant of host specificity of mycoreoviruses in the chestnut blight fungus. 65th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology, Osaka, October 24-26, 2017.
- (18) 鈴木信弘 菌類ウイルスの多様性と宿主とのせめぎ合い. アドバンストセミナーシリーズ, 大阪大学微生物病研究所. Diversity of virus/fungus hosts and their interplays. Advanced Seminar Series on Microbiology and Immunology. Research Institute for Microbial Diseases. Osaka, December 8, 2017.
- (19) Kondo, H. Cross-kingdom viral infection between plants and insects: An evolutionary insight into rhabdoviruses Africa Day 2017, Okayama, December 14, 2017.
- (20) 田原 緑・鈴木信弘・森山裕充・福原敏行 植物と菌類の siRNA 生成酵素ダイサーの酵素活性比較. 第7回植物 RNA 研究ネットワークシンポジウム, 国立遺伝学研究所, 12月14日, 2017.

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

- (1) 新屋友規・北條優子・兵頭 究・晝間 敬・西條雄介・Galis Ivan イネの傷害誘導性ペプチド OsPep3 は植食性昆虫エリシター応答を増強する. 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3月16-18日, 2017.
- (2) Sasaki, T., Tsuchiya, Y., Ariyoshi, M., Nakano, R., Ushijima, K., Kubo, Y., Mori, I.C., Higashiizumi, E., Galis, I. and Yamamoto Y. Expression and function of the ALMT-family proteins in tomato. 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3月16-18日, 2017.
- (3) Galis, I., Osinde, C., Tsutsumi, N., Iwata, H., Kanegae, H., Fujimoto, M., Takanashi, H., Ishimori, M., Murage, H. and Sakamoto, W. Assessing the sorghum variability in resistance to insect pests. 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3月16-18日, 2017.

- (4) 今仲優布・イヴァンガリス・北條優子・新屋友規・大西浩平・曳地康史・木場章範 **Sucrose non-Fermenting Related Kinase 1** はホスファチジン酸を介した植物免疫シグナル伝達に関与する. 第 58 回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3 月 16-18 日, 2017.
- (5) 茂手木敦史・宮本皓司・山根久和・新屋友規・Galis Ivan・岡田憲典・野尻秀昭 イネのジャスモン酸誘導性転写因子 **RERJ1** によるリナロール生産制御メカニズムの解明. 日本農芸化学会 2017 年度大会, 京都, 3 月 17-20 日, 2017.
- (6) 照屋美優・藤原 薫・宮本皓司・新屋友規・Galis Ivan・山根久和・林謙一郎・野尻秀昭・岡田憲典 ハイゴケにおける化学防御物質モミラクトン生合成制御機構の解明. 日本農芸化学会 2017 年度大会, 京都, 3 月 17-20 日, 2017.
- (7) 住岡裕香・山崎廉予・Galis Ivan・北条優子・新屋友規・有村源一郎 ハスモンヨトウ唾液内共生菌のシロイヌナズナ誘導防御における作用メカニズムの解明. 第 61 回日本応用動物昆虫学会大会, 小金井, 3 月 27-29 日, 2017.
- (8) 森田美紀・山崎廉予・Galis Ivan・北条優子・新屋友規・有村源一郎 異なる植食者の唾液内共生菌が影響する植物-植食者間相互作用. 第 61 回日本応用動物昆虫学会大会, 小金井, 3 月 27-29 日, 2017.
- (9) 叶 文秀・新屋友規・木下俊則・賀来華江・渋谷直人・村田芳行 シロイヌナズナ孔辺細胞におけるキチン信号伝達. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (10) 照屋美優・藤原 薫・宮本皓司・山根久和・新屋友規・Galis Ivan・白石太郎・葛山智久・林謙一郎・野尻秀昭・岡田憲典 蘚類ハイゴケのモミラクトン生産制御に関与するオキシリピン. 日本農芸化学会関東支部 2017 年度大会, つくば, 9 月 2 日, 2017.
- (11) 照屋美優・藤原 薫・宮本皓司・山根久和・新屋友規・Galis Ivan・林謙一郎・野尻秀昭・岡田憲典 蘚類ハイゴケにおける化学防御物質モミラクトンの生産制御をになうオキシリピンの探索. 第 52 回植物化学調節学大会, 鹿児島, 10 月 27-29 日, 2017.
- (12) Andama, J.B., Osinde, C. and Galis, I. NERICA rice and herbivores: Anything to worry about? Africa Day 2017, Okayama, Dec. 14, 2017.

遺伝資源ユニット (*Genetic Resources Unit*)

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

- (1) 岡田香織・加藤常夫・佐藤和広・中村信吾・生井 潔 オオムギ種子休眠性 DNA マーカーの簡易検出法. 日本育種学会第 131 回講演会, 名古屋, 3 月 29-30 日, 2017.
- (2) 久野 裕・宗森広美・元井由加・新海典夫・瀬々 潤・豊田 敦・佐藤和広 オオムギの形質転換効率に関わる遺伝子単離に向けた DNA マーカー開発. 日本育種学会第 131 回講演会, 名古屋, 3 月 29-30 日, 2017.
- (3) 久野 裕 品種の壁を越える: オオムギの形質転換に必要なゲノム領域の探索と利用. 第 35 回日本植物細胞分子生物学会 (さいたま) 大会 シンポジウム, さいたま, 8 月 29-31 日, 2017.
- (4) 佐藤和広 オオムギの変わりものと私たちの食卓. 日本遺伝学会公開市民講座, 岡山, 9 月 16 日, 2017.
- (5) 石井 誠・佐藤和広・持田恵一・高萩航太・井上小楨 オオムギ遺伝資源における圃場出穂期の年次変動. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (6) 久野 裕・宗森広美・西村秀希・佐藤和広 **Baby boom1** ならびに **Wuschel2** に制御されるオオムギ遺伝子の単離. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (7) 神谷容子・安倍史高・久野 裕・佐藤和広・三上雅史・遠藤真咲・川浦香奈子 パンコムギにおける **CRISPR/Cas9** システムを用いたゲノム編集用ターゲット配列の評価系の確立. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.

- (8) 笹沼恒男・齋藤美帆・田中裕之・佐藤和広・朱 明婧・龍 春林 中国青海省チベット高原で採集した野生コムギ連遺伝資源の遺伝学的特徴付け. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (9) 最相大輔・高萩航太郎・持田恵一・半田裕一・佐藤和広 醸造品種の農業形質改良に向けた日本の在来品種「早木曾 2 号」の染色体部分置換系統群の育成. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (10) 半田裕一・最相大輔 日長変化に反応するオオムギ出穂性 QTL の検出. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (11) 井藤 純・最相大輔・辻 寛之 圃場環境下における野生オオムギと栽培オオムギのメリステムの成長過程. 日本育種学会第 132 回講演会, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (12) 佐藤和広・小松田隆夫 Structure and function of a major seed dormancy gene in barley. 日本育種学会第 132 回講演会ワークショップ, 盛岡, 10 月 7-8 日, 2017.
- (13) 飯牟礼 隆・佐藤和広 ビールの泡品質を良くするためのプロテオーム解析とそのビール大麦育種への応用. 日本醸造学会講演会, 東京, 10 月 11-12 日, 2017.
- (14) 久野 裕・宗森広美・元井由加・佐藤和広 オオムギの形質転換効率に関する遺伝学的解析. 第 9 回中国地域育種談話, 東広島, 11 月 25-26 日, 2017.
- (15) 久野 裕・Patrick M. Hayes・佐藤和広 オオムギの形質転換能に関わるゲノム領域の同定. 分子生物学会, 神戸, 12 月 6-9 日, 2017.
- (16) 佐藤和広 実験用オオムギの栽培. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (17) 久野 裕 品種の壁を越える: オオムギの形質転換効率に関わる遺伝子座の同定とその利用. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (18) 中村俊樹・齋藤美香・田中 剛・佐藤和広・Patricia Vrinten 精麦特性向上に寄与する大麦破碎澱粉粒 (far) 形質 - 変異遺伝子同定と選抜マーカー開発. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (19) 道川麻美・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq による一粒系コムギのゲノムワイド多型の検出. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (20) 三木祐香・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 RNA-seq による Sitopsis 節 5 種のゲノムワイド多型の検出. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (21) 松島 良・久野 裕・藤田直子・佐藤和広 オオムギを用いた澱粉粒の形についての研究. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (22) 笠澄 望・吉田健太郎・佐藤和広・宅見薫雄 コムギ準等質遺伝子系統を用いた RNA-seq による *Ne1* と *Ne2* 染色体領域の検出. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.
- (23) 最相大輔 東アジア地域適応を紐解く Nested Association Mapping (NAM) 集団構築. 第 12 回ムギ類研究会, 京都, 12 月 16-17 日, 2017.

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

- (1) 武田 真・大久保和男 オオムギ 1 4 条自然突然変異体の遺伝解析. 日本育種学会, 名古屋, 3 月 29 日, 2017. 育種学研究 19 (別 1) 103.

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

- (1) 池田 啓・Valentin Yakubov・Vyacheslav Barkalov・瀬戸口浩彰 高山植物アオノツガザクラ (*Phyllodoce aleutica*) の系統地理: 日本列島に起源した可能性のある分布形成の歴史. 日本植物分類学会第 16 回大会, 京都, 3 月 11 日, 2017.

ゲノム育種ユニット (*Applied Genomics Unit*)

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

- (1) 江崎文一・南葉典恵・西内 巧 S-アデノシルメチオニン合成酵素 (SAMS) 遺伝子による AI ストレス耐性の付与とエピジェネティックな発現制御の促進について. 日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3月16-18日, 2017.
- (2) 宇都木繁子・柴坂三根男・且原真木 種子におけるオオムギ液胞膜型アクアポリン(HvTIPs)の相互作用と水輸送活性. 第58回日本植物生理学会年会, 鹿児島, 3月16-18日, 2017.
- (3) Chiou, W. Y., Rikiishi, K., Himi, E., Nishimura, H., Tsugane, K. and Maekawa, M. Genetic analysis of a large grain mutant found in transposon-tagged lines in rice. 日本育種学会第131回講演会, 名古屋, 3月29-30日, 2017.
- (4) 前川雅彦 イネの内在性 DNA トランスポゾン、nDart の育種的利用. 第8回北海道イネ研究会, 札幌, 6月30日, 2017.
- (5) 杉本 学・田中基博・Igor, I.・Rushan, S.・Gusev, O. 紫外線で誘導されるミナトカモジグサ由来 NUDX 遺伝子の機能解析. 日本宇宙生物科学会第31回大会, 前橋, 9月21-22日, 2017.
- (6) 氷見英子・栗原志保・安倍史高・前川雅彦 *Tamyb10* 遺伝子の導入がコムギ種子休眠に与える影響について. 日本育種学会第132回講演会, 岩手, 10月7-8日, 2017.
- (7) 西村秀希・氷見英子・梅根一夫・前川雅彦 イネの 5azaC 処理による DNA トランスポゾン、*Dart* の活性化. 日本育種学会第132回講演会, 岩手, 10月7-8日, 2017.
- (8) Tun, S., Gichuhi, E. and Maekawa, M. QTL analysis for yield traits in F2 of a cross between *Oryza longistaminata* introgression line pLia-4 and Basmati under low input conditions. 日本育種学会第132回講演会, 岩手, 10月7-8日, 2017.
- (9) 力石和英・西村秀希・前川雅彦 RNA-seq によるコムギ種子休眠性低下突然変異系統 RSD32 の遺伝解析. 日本育種学会第132回講演会. 盛岡, 10月7-8日, 2017.
- (10) 杉本 学・田中英彦・村上允唯 オオムギ由来 L-メチオニン γ -リアーゼの構造と機能解析. 第40回日本分子生物学会, 神戸, 12月6-9日, 2017.
- (11) 氷見英子 *Tamyb10* 遺伝子の導入によるコムギ種子休眠の変化. 第21回穂発芽研究会研究会, つくば, 12月18-19日, 2017.
- (12) 力石和英 概日時計遺伝子はコムギの種子休眠性を制御するのか? 第21回穂発芽研究会, つくば, 12月18-19日, 2017.

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

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

- (1) 石井 誠・佐藤和広・持田恵一・高萩航太郎・井上小楨 オオムギ遺伝資源における圃場出穂期の年次変動要因. 第132回日本育種学会講演会, 岩手, 10月6-9日, 2017.
- (2) 最相大輔・高萩航太郎・持田恵一・半田裕一・佐藤和広 醸造品種の農業形質改良に向けた日本の在来品種「早木曾2号」の染色体部分置換系統群の育成. 第132回日本育種学会講演会, 岩手, 10月6-9日, 2017.
- (3) 持田恵一 植物科学とデータ科学を融合したバイオマス増産研究. 第42回近畿バイオ・バイオマスイノベーション研究会, 大阪, 12月15日, 2017.
- (4) 持田恵一 Data science for crop research and agriculture. 研究集会「Developments of Data Science and its applications to real world」, 沖縄, 12月13-14日, 2017.

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

イオンダイナミクス班 (*Ion Dynamics Section*)

- (1) 野澤 彰・名樂 仁・松井 司・井上寛之・佐々木孝行・山本洋子・戸澤 譲・有村源一郎・根本圭一郎・澤崎達也 シロイヌナズナ PAPS 輸送体 PAPST2 の解析. 第 12 回トランスポーター研究会年会, 仙台, 7 月 8-9 日, 2017.
- (2) 山本洋子・苺谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行 アルミニウムの毒性ならびに耐性機構—植物培養細胞を用いたアプローチ—. 第 28 回日本微量元素学会学術集会, 仙台, 7 月 29-30 日, 2017.
- (3) 土屋善幸・苺谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子 タバコ培養細胞におけるアルミニウム耐性と ERF (エチレン応答因子) ファミリー転写調節因子との関係. 日本土壤肥料学会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (4) 苺谷耕輝・土屋善幸・佐々木孝行・山本洋子 アルミニウムによるタバコの根伸長阻害におけるスクロース輸送体遺伝子の関わり. 日本土壤肥料学会, 仙台, 9 月 5-7 日, 2017.
- (5) 大島七海・且原真木・三村徹郎・大西美輪・瀬戸口浩彰 ハマダイコンにおけるセシウム蓄積特性の解析. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.
- (6) 妹川陽香・且原真木・瀬戸口浩彰 ダイコン野生種ハマダイコンにおける海岸生-琵琶湖陸封生の間での耐塩性分化. 日本植物学会第 81 回大会, 野田, 9 月 8-10 日, 2017.

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)

33rd IPSR International Symposium and 9th Symposium on Plant Stress Sciences — Plant Science for sustainable crop production and a friendly environment —

第33回資源植物科学シンポジウム及び第9回植物ストレス科学研究シンポジウム

March 6-7, 2017

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma (IPSR, Okayama University)

March 6

1. Chemical defense tradeoffs in maize-insect interactions may limit breeding for enhanced resistance
Jander, G. (Boyce Thompson Institute, Cornell University)
2. Identification and utilization of brown planthopper resistance genes in rice
Liu, Y. (Nanjing Agriculture University)
3. Alleviating stress in plants through improvement of silicon absorption
Belanger, R. R. (Universite Laval)
4. Towards sustainable production of micronutrient-optimized crops
Clemens, S. (University of Bayreuth)
5. Novel phosphate transporter in rice node and grain P control
(イネ節の新規リン酸輸送体とコメのリンの制御)
Yamaji, N. (IPSR, Okayama University)
6. Barley improvement for human-friendly agriculture, with emphases on awn length and dietary fiber content
(人に優しい農業用のオオムギ品種改良：芒長と食物繊維含量を中心として)
Taketa, S. (IPSR, Okayama University)
7. East Asia is a nursery for Pre-Harvest Sprouting (PHS) tolerance genes in wheat and barley
(東アジアの環境が育んだ麦の穂発芽耐性遺伝子)
Nakamura, S. (Institute of Crop Science, NARO)

March 7

8. Viroids, minimal non-protein-coding genomes: how they infect and cause diseases in their host plants
Flores, R. (Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (UPV-CSIC))
9. Epigenetic response to various environments in plants and its mechanism
(植物における環境に対するエピジェネティックな応答とそのメカニズム)
Ikeda, Y. (IPSR, Okayama University)
10. Breeding of high-yield and superior-quality rice through rational design
Qian, Q. (China National Rice Research Institute)
11. Crop design based on life cycle datasets toward sustainable agriculture
(持続的な農業生産を目指した作物のライフログデータに基づく作物設計)
Mochida, K. (RIKEN / IPSR, Okayama University)

The 29th Fungal Genetics Conference

March 14-19, 2017

Asilomar Conference Center, Pacific Grove, CA, USA

Organizer: Nobuhiro Suzuki (IPSR, Okayama University)

Convener of Plenary Session II: Applied Mycology: Superpowers of Fungal Heroes and Villains

1. Plant biomass conversion by fungi: a highly diverse and complex process
Vries, R. (Utrecht University)
2. Resistance to antifungal drugs in fungal pathogens
Sanglard, D. (University of Lausanne and Hospital Center)
3. Malassezia - what's the turning point from commensal to pathogen?
Scheynius, A. (Karolinska Institutet)
4. Fusarium fujikuroi - a treasure box for new secondary metabolites and non-canonical regulatory mechanisms
Tudzynski, B. (Institute of Biology & Biotechnology of Plants, University Münster)
5. Symbiosis between a bacterial endophyte and the ancient African crop finger millet results in dramatic trapping and killing of the fungal pathogen Fusarium graminearum
Raizada, M. (University of Guelph)

第19回 植物オルガネラワークショップ 植物オルガネラの進化と機能、そして可能性

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

日程：平成29年3月15日

場所：鹿児島大学

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

セッション1：植物オルガネラの成立と機能化

1. 光合成と窒素固定の酸素パラドクスを統御する低酸素適応機構
藤田祐一・山川壽伯・辻本良真（名古屋大学）
2. 真核光合成生物はどのように生まれたか？
合成有殻アメーバのゲノム解析から見えてきた一次細胞内共生進化の初期プロセス
松尾充啓¹・瀧端 篤¹・水口洋平²・野口英樹²・豊田 敦²・藤山秋佐夫²・鈴木 穰³・佐藤壮一郎¹・中山卓郎⁴・神川龍馬⁵・野村真未⁴・稲垣祐司⁴・石田健一郎⁴・小保方潤一¹（¹京都府立大学・²国立遺伝学研究所・³東京大学・⁴筑波大学・⁵京都大学）
3. コケ植物の葉緑体を取り囲むペプチドグリカンと葉緑体分裂
高野博嘉・武智克彰（熊本大学）

セッション2：オルガネラ制御とホメオスタシス

1. 過剰な光を受け流す光合成超分子複合体
得津隆太郎（基礎生物学研究所）
2. オルガネラ機能を操るレドックス制御ネットワーク
吉田啓亮・久堀 徹（東京工業大学）
3. 内膜系におけるアクアポリンの輸送基質と機能
且原真木（岡山大学・植物研）

特別講演

藻類バイオは何をもたらすか：リン、デンプン、オイル、オートファジー
河野重行（東京大学）

2017 IPSR International Forum on Plant Stress Science for Young Researchers

August 8-10, 2017

IPSR, Okayama University

Organizers: Jian Feng Ma and Kazuhiro Sato (IPSR, Okayama University)

August 8

1. Barley genetic diversity to improve stress tolerance
Sato, K. (IPSR, Okayama University)
2. Development of an environmentally friendly system to reduce the use of phosphorus fertilizers and herbicides
Herrera-Estrella, L. (Cinvestav Mexico)
3. Let's present our research work on Plant Stress - Part I
4. Let's present our research work on Plant Stress - Part II

August 9

5. Let's present our research work on Plant Stress - Part III
6. Let's present our research work on Plant Stress - Part IV
7. Let's present our research work on Plant Stress - Part V
8. Let's present our research work on Plant Stress - Part VI
9. Let's talk about Plant Stress -What kind of plants do you dream to have in future? -

August 10

10. Transport system of mineral elements in rice
Ma, J. F. (IPSR, Okayama University)
11. Unraveling the regulatory networks controlling desiccation tolerance in Arabidopsis seeds
Herrera-Estrella, L. (Cinvestav Mexico)

平成 29 年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム
(倉敷市大学連携講座)

日程：平成 29 年 9 月 30 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所

1. 植物のストレス克服法～ミネラルストレスと戦う植物の戦略～
横正健剛（岡山大学・植物研）
2. 世界のオオムギと私たちの食卓
佐藤和広（岡山大学・植物研）

Barley and wheat orthologous genes, their structure, function and application

October 7, 2017

Iwate University, Annual meeting of Japanese Society of Breeding

Organizers: Takao Komatsuda (Institute of Crop Science, NARO) and Kazuhiro Sato (IPSR, Okayama University)

1. Wild emmer genome architecture and diversity elucidate wheat evolution and domestication
Assaf Distelfeld (The Institute for Cereal Crops Improvement, Tel Aviv University)
2. Structure and function of a major seed dormancy gene in barley
Kazuhiro Sato¹, Takao Komatsuda² (¹IPSR, Okayama University, ²Institute of Crop Science, NARO)
3. Impact of nucleotide diversity among homoeologs in wheat breeding
Tsuyoshi Tanaka (Institute of Crop Science, NARO)
4. Genetic basis of grain number in Triticeae
Shun Sakuma^{1,2}, Thorsten Schnurbusch¹, Takao Komatsuda³ (¹IPK, Gatersleben, Germany, ²Tottori University, ³Institute of Crop Science, NARO)
5. Prediction of flowering time and GWAS of yield components of spring wheat in Kazakhstan (Europe 20 Project)
Yerlan Turuspekov (Institute of Plant Biology and Biotechnology, Kazakhstan)
6. Precision mutagenesis of miRNA172 target sequence involved in cleistogamy in rice
Namie Ohtsuki¹, Takao Komatsuda², Hitoshi Yoshida¹, Ayako Nishizawa-Yokoi¹, Keishi Osakabe³, Hiroaki Saika¹, Seiichi Toki^{1,4} (¹Institute of Agrobiological Sciences, NARO, ²Institute of Crop Science, NARO, ³Tokushima University, ⁴Kihara Institute for Biological Research, Yokohama City University)
7. Increasing recombination in the peri-centromeric regions of large barley chromosomes
Robbie Waugh (The James Hutton Institute and University of Dundee, UK)
8. Isolation of a resistance gene against wheat yellow mosaic virus
Takako Suzuki (Hokkaido Research Organization)
9. Pre-harvest sprouting tolerance in barley and wheat
Shingo Nakamura (Institute of Crop Science, NARO)

Taiwan Japan Plant Biology 2017

November 3-6, 2017

Humanities and Social Sciences Building, Academia Sinica, Taipei, Taiwan.

Chair of organizing committee: Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University, Japan) and
Ming-Tsair Chan (ABRC, Academia Sinica, Taiwan)

Keynote

1. Live-Cell Analyses of Key Signaling Molecules in Pollen Tube Guidance
Higashiyama, T. (Nagoya University, Japan)
2. Dissipation of excess light energy for photosynthesis in microalgae
Minagawa, J. (National Institute for Basic Biology, Japan)
3. Molecular manipulation of viral gene silencing suppressor to generate effective mild strains for cross protection
Yeh, S. D. (National Chung Hsing University, Taiwan)
4. Evolution in the cycles of life
Bowman, J. (Monash University, Australia)
5. Systems Approaches to Unravel Plant Gene Regulatory Networks
Grotewold, E. (Michigan State University, USA)
6. MicroRNA-mediated Surveillance of Phosphate Transport– Uptake, Translocation and Storage
Chiou, T. J. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)

Session 1: Environmental responses, Abiotic stresses

7. Blue light-signalling pathway in stomatal guard cells
Kinoshita, T. (Nagoya University, Japan)
8. Signaling pathways and adaptation to drought and heat stress conditions
Yamaguchi-Shinozaki, K. (University of Tokyo, Japan)
9. Temperature and light signals in cold acclimation and freezing tolerance
Uemura, M. (Iwate University, Japan)
10. Novel mechanisms of heat tolerance in plants revealed by studying heat-intolerant mutants
Wu, S. J. (National Central University, Taiwan)

Session 2: Biomembrane, Ion and solute transporters

11. Polar localization and endocytic degradation of boric acid/borate transport proteins
Takano, J. (Osaka Prefecture University, Japan)
12. Roles of Casparian strips and apoplastic barrier in nutrient transport
Kamiya, T. (The University of Tokyo, Japan)
13. Physiological and Molecular Response of Arabidopsis Exposed to technology-critical metals Ga, In and Tl
Yeh, K. C. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)
14. Roles of CIPKs in nitrate transport and signaling
Tsay, Y. F. (IMB/Academia Sinica, Taiwan)

Session 3: Organelles, Cytoskeletons

15. Chloroplast DNA and nutrient salvage: a new concept
Sakamoto, W. (Okayama University, Japan)
16. Dynamics of mitochondria and their nucleoids in Arabidopsis and Marchantia
Arimura, S. (Tokyo University, Japan)
17. Posttranscriptional regulation of mitochondrial gene expression in Arabidopsis Mechanisms of RNA editing in mitochondria

Hsieh, M. H. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

18. Protein import into plastids

Li, H. M. (IMB/Academia Sinica, Taiwan)

Session 4: Plant-microbe interaction

19. Evolution of root nodule symbiosis in legumes

Hayashi, M. (RIKEN, Japan)

20. Phosphate status-dependent control of plant immunity in *Arabidopsis thaliana*

Saijo, Y. (Nara Institute of Science and Technology, Japan)

21. Viral pathogenic synergism in infected *Phalaenopsis* orchid

Lin, N. S. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

22. The *Arabidopsis* defensin gene, AtPDF1.1, mediates anti-bacterial activity via an iron-withholding defense system

Chan, M. T. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)

Session 5: Evolution, Taxonomy, Non-model plant, Education

23. Exploring genetic modules controlling floral symmetry in Darwin's *Gloxinia*, *Sinningia speciosa*

Wang, C. N. (National Taiwan University, Taiwan)

24. Understanding the molecular mechanisms of dimorphic leaf development in response to submergence using non-model plants *Callitriche*

Koga, H. (University of Tokyo, Japan)

25. B- and E-class MADS-box genes involved in regulating orchid flower development

Pan, Z. J. (National Taiwan University, Taiwan)

26. Silvery fir tree, a heirloom tomato showing highly complex leaves, provides insights into leaf development and their breeding history

Nakayama, H. (UC Davis, USA)

Session 6: Photoreceptors, Photoresponses / Clock

27. Phytochrome modulates alternative splicing by silencing spliceosome activity with hnRNPs in plants

Tu, S. L. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

28. The activator complex of the morning gene CCA1 in *Arabidopsis* circadian clock

Wu, S. H. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

29. Photoactivation and inactivation of plant cryptochromes

Oka, Y. (Fujian Agriculture and Forestry University, China)

30. Phytochrome globally modulates protein localization in *Arabidopsis*

Matsushita, M. (Kyushu University, Japan)

Session 7: Plant hormones / Signaling molecules

31. Root-derived trans-zeatin and its precursor control different set of shoot growth traits

Sakakibara, H. (RIKEN, Japan)

32. Manipulation of cellular auxin distribution by chemical biology approach

Hayashi, K. (Okayama University of Science, Japan)

33. The crosstalk of jasmonates and phytochrome A is critical for *Arabidopsis* seedling development

Hsieh, H. L. (National Taiwan University, Taiwan)

34. Mechanism of converging sugar and oxygen deficiency signaling in rice

Yu, S. M. (IMB/Academia Sinica, Taiwan)

Session 8: Membrane trafficking, Cell walls

35. Secondary cell wall patterning in metaxylem vessels

Oda, Y. (National Institute of Genetics, Japan)

36. Diversification of membrane trafficking pathways during land plant evolution
Ueda, T. (National Institute for Basic Biology, Japan)
37. Roles of endomembrane trafficking in regulating the Arabidopsis embryogenesis
Jauh, G. Y. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)
38. Modulators of stomatal signaling and ER-PM contact sites
Ho, C. M. K. (Stanford University, USA)

Session 9: Photosynthesis, Environmental response of photosynthesis and respiration

39. Regulatory network of photosynthetic electron transport via proton motive force
Shikanai, T. (Kyoto University, Japan)
40. Investigating physiological functions of cytochrome b559 and QC in photosystem II
Chu, H. A. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)
41. Molecular mechanisms of chloroplast protein import and their curious evolutionary history
Nakai, M. (Osaka University, Japan)
42. Chlorophyll salvage cycle and its role in photosynthesis
Charnng, Y. Y. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)

Session 10: Vegetative growth

43. Molecular Basis for Developmental Stage Dependent Leaf Morphology of Rice
Kyojuka, J. (Tohoku University, Japan)
44. Transcriptional Regulatory Network of Secondary Cell Wall Biosynthesis Genes in *Populus trichocarpa*
Lin, Y. C. (National Taiwan University, Taiwan)
45. Mechanisms of Auxin-Regulated Lateral Root formation in Arabidopsis
Fukaki, H. (Kobe University, Japan)
46. Dissecting Molecular Function of Arabidopsis Histone Deacetylase 15
Cheng, Y. S. (National Taiwan University, Taiwan)

Session 11: Cell/cycle/Cell division

47. GEMMA CUP-ASSOCIATED MYB1, a homologue of axillary meristem regulator RAXs/Blind, is essential for vegetative reproduction in the liverwort *Marchantia polymorpha*
Ishizaki, K. (Kobe University, Japan)
48. Maintenance of genome integrity in root stem cells
Umeda, M. (Nara Institute of Science and Technology, Japan)
49. Protein-lipid interactions facilitate the inter-cellular movement of cell fate-determining transcription factors in the Arabidopsis root epidermis
Schmidt, W. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)
50. Glutathione-mediated redox regulation of the cell cycle
Fang, S. C. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)

Session 12: Transcriptional and post-transcriptional regulation, Epigenetic regulation, Systems biology, Protein modification and degradation

51. Novel Epigenetic, RNA and Peptide Regulation in Plant Abiotic Stress Adaptation
Seki, M. (RIKEN, Japan)
52. Epigenetic regulation of intronic repeats in plants
Saze, H. (Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Japan)
53. Brassinosteroid-Regulated Phosphorylation Dynamics in Arabidopsis
Juan, H. F. (National Taiwan University, Taiwan)
54. Discovery of Innate Peptide Elicitors for Triggering Plant Defense Responses
Chen, Y. R. (ABRC/Academia Sinica, Taiwan)

Session 13: Reproductive growth, Flowering

55. Modulation of floral meristem identity by mobile AGL24 mRNA in Arabidopsis

Yu, T. S. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

56. Elucidation of unique orchid reproductive growth from the orchid genome comparison

Tsai, W. C. (National Cheng Kung University, Taiwan)

57. Synchronized flowering of plants

Sateke, A. (Kyushu University, Japan)

58. Floral meristem development in Arabidopsis

Yamaguchi, N. (Nara Institute of Science and Technology, Japan)

Session 14: Primary metabolism, Secondary metabolism

59. Phosphatidylcholine in Arabidopsis: metabolism and function in growth and development

Nakamura, Y. (IPMB/Academia Sinica, Taiwan)

60. Complexity generation in the biosynthesis of indole alkaloids

Lin, H. C. (IBC/Academia Sinica, Taiwan)

61. Redesign of terpenoid biosynthesis pathway in plant by genome editing

Muranaka, T. (Osaka University, Japan)

62. Studies for understanding the regulation of amino acid biosynthesis

Hirai, M. Y. (RIKEN, Japan)

Session 15: Ecophysiology, Bioresources, Emerging technologies, Crop and Agriculture

63. Identification of miRNAs and their targets in the liverwort *Marchantia polymorpha* by integrating RNA-Seq and degradome analyses

Lin, S. S. (National Taiwan University, Taiwan)

64. Use of extract from *Bacillus* culture for cell disruption of microalgae and the potential mechanism

Chen, J. C. (National Taiwan University, Taiwan)

65. *Marchantia polymorpha* as an emerging model for comparative genomics and genetics in land plants

Kohchi, T. (Kyoto University, Japan)

66. Tomato genome engineering by targeted nucleotide substitution

Miura, K. (Tsukuba University, Japan)

Africa Day 2017

December 14, 2017

Okayama University, Faculty of Agriculture

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

Lecture Session

1. AFRICA-ai-JAPAN プロジェクト紹介—ケニア、ジョモ・ケニヤッタ農工大学での活動

Shiomi, S. (AFRICA-ai-JAPAN Project)

2. Insights on some of the postharvest related research on fruits and vegetable in Kenya

Owino, W. (Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology)

3. Cross-kingdom viral infection between plants and insects: An evolutionary insight into rhabdoviruses

Kondo, H. (IPSR, Okayama University)

Poster Session with Flash Talks

共同利用・共同研究ワークショップ
「植物体再生技術とその分子基盤」

日程：平成 29 年 12 月 25 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
オーガナイザー：久野 裕（岡山大学・植物研）

1. オオムギの遺伝子改変基盤の構築
久野 裕（岡山大学資源植物科学研究所）
2. 分化全能性を制御する仕組みと応用
岩瀬 哲（理化学研究所 環境資源科学研究センター）
3. 維管束分化のケミカルバイオロジー ～新規な植物ホルモン・サーモスペルミンの機能解析～
本瀬宏康（岡山大学大学院自然科学研究科）
4. 植物の種々の分化能力を用いた大量増殖システム -要素技術と実用例-
大西 昇（キリン株式会社 R&D 本部 基盤技術研究所）

共同利用・共同研究ワークショップ
「圃場の作物を取り巻く根圏生態系の動態」

日程：平成 29 年 12 月 26 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
オーガナイザー：谷 明生（岡山大学・植物研）・最相大輔（岡山大学・植物研）

1. 作物の真の姿を知る！ーイネの葉を用いたフィールドトランスクリプトーム解析ー
井澤 毅（東大院農学生命）
2. フィールドアグリオミクスにより有機農業を科学する
市橋泰範（理化学研究所）
3. 根圏環境で植物由来成分は機能しているのか？
平舘俊太郎（九州大農学研究院）
4. 植物共生細菌が要求する、普通培地に加えない元素ランタノイド
谷 明生（岡山大学・植物研）

学会賞等 (Awards)

植物ストレス学グループ, 山地直樹 (准教授), 平成 29 年度若手科学者賞, 「植物の無機栄養素分配機構に関する研究」, 文部科学大臣表彰, 東京, 4 月 19 日, 2017.

植物・微生物相互作用グループ, 鈴木信弘 (教授), 2017 年度学会賞, 「マイコウイルス研究の新展開」, 日本植物病理学会, 4 月 26 日, 2017.

植物・微生物相互作用グループ, Annisa Aulia (博士後期課程 1 年), 優秀発表賞, “Comparison of the behaviors of mycoreovirus 1 and 2 in the fungal host, *Cryphonectria parasitica*, reveals natural variation in antiviral RNAi.” 第 32 回中国四国ウイルス研究会, 6 月 10 日, 2017.

環境応答機構研究グループ/イオンダイナミクス班, 森 泉 (准教授), 2017 年度 JPR 論文賞 Best paper 賞, 日本植物学会 「Riichiro Yoshida, Izumi C. Mori, Nobuto Kamizono, Yudai Shichiri, Tetsuo Shimatani, Fumika Miyata, Kenji Honda, Sumio Iwai (2016) “Glutamate functions in stomatal closure in *Arabidopsis* and fava bean”. *Journal of Plant Research* 129: 39-49」, 6 月 15 日, 2017

Group of Plant Stress Physiology, Kengo Yokosho (Assistant Professor), Marschner young scientist award, “Identification of transporters involved in metal stress tolerance in plants”, International Plant Nutrition Colloquium 2017, Copenhagen, August 22, 2017.

(植物ストレス学グループ, 横正健剛 (助教), Marschner 若手科学者賞, 「植物の金属ストレス耐性に関与する輸送体の同定」, 国際植物栄養会議, コペンハーゲン, 8 月 22 日, 2017.)

植物成長制御グループ, 山本洋子 (名誉教授), 2017 年度第 62 回 日本土壌肥料学会賞, 「植物細胞におけるアルミニウム障害ならびに耐性機構に関する研究」, 日本土壌肥料学会, 仙台, 9 月 6 日, 2017.

ゲノム多様性グループ, 佐藤和広 (教授), 平成 29 年度日本醸造協会技術賞, 「ビールの泡品質を良くするためのプロテオーム解析とそのビール大麦育種への応用」, 10 月 11 日, 2017.

Group of Genome Regulation (ゲノム制御グループ), Wan-Yi Chiou (3rd year Doctor's course), Taiwan-Japan Plant Biology 2017 Outstanding poster award, “Genetic analysis of the large grain mutant found in transposon-tagged lines of rice”, Nov. 3-5, 2017.

植物ストレス学グループ, Ji Feng Shao (特別契約職員助教), Best Presentation Award, “Molecular mechanisms for preferential distribution of boron in rice”, 2017 年度日本土壌肥料学会関西支部会, 12 月 7 日, 2017.

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

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名（英語名）	受入 教員名
東北大学・大学院農学研究科	助教	山本 雅也	アブラナ科植物の自家不和合性形質が弱くなる高温条件に関する研究	Study on effects of high-temperature growth condition on self-incompatible response in <i>Brassicaceae</i>	坂本
広島大学・大学院理学研究科	准教授	島田 裕士	CY01/CYO2遺伝子高発現植物の光合成活性測定	Analysis of photosynthesis in CY01/CY02 over-expression plants	坂本
京都産業大学・総合生命科学部	教授	寺地 徹	葉緑体形質転換用シヤトルベクターを用いたストレス耐性植物の作出	Production of stress-tolerant plants using shuttle vector for chloroplast transformation	坂本
広島大学・大学院理学研究科	教授	草場 信	老化関連突然変異体の生理・生化学的解析	Physiological and biochemical analysis of senescence-related mutants	坂本
関西学院大学・理工学部	准教授	宗景 ゆり	キク科C ₄ 種 <i>Flaveria bidentis</i> 変異株の作出と光合成特性の解析	Generation of C ₄ <i>Flaveria bidentis</i> mutants and analysis of C ₄ photosynthesis	坂本
立命館大学・生命科学部	准教授	深尾 陽一朗	シロイヌナズナにおいて亜鉛欠乏時に機能するペプチドの機能解析	Molecular mechanisms of peptides under zinc deficiency in <i>Arabidopsis</i>	森
北海道大学・大学院水産科学研究院	准教授	三上 浩司	海藻におけるストレス応答のエピジェネティック制御	Epigenetic regulation of the stress response in seaweeds	池田陽・平山
北海道大学・大学院理学研究院	助教	伊藤 秀臣	環境ストレス活性型転移因子を制御するクロマチン構造の解析	Analysis of chromatin structures which regulate an environmental stress-activated transposon	池田 陽
国立高等専門学校機構・熊本高等専門学校・生物化学システム工学科	准教授	木原 久美子	イグサの成長に影響を及ぼすストレス応答と植物ホルモンの研究	The growth response of mat rush (<i>Juncus effuses</i>) to environmental stress and plant hormone	平山
神戸大学・大学院農学研究科	助教	石川 亮	野生イネ由来の種子亜鉛濃度を向上させる遺伝子を用いた高機能性イネの育種	Breeding of high quality rice by a gene increasing zinc concentration of the seed from wild rice	馬
農業・食品産業技術総合研究機構・農業環境変動研究センター	研究員	櫻井 玄	作物におけるミネラル輸送の調節過程のモデル解析	Modeling of the regulation processes of the mineral transportation in crops	馬

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入 教員名
名古屋大学・大学院理学研究科	助教	井上 晋一郎	気孔開口を制御する新規金属イオン輸送体の機能解析	Functional analysis of the novel metal transporter in stomatal opening	馬
筑波大学・生命環境系	准教授	古川 純	モデル樹木ポプラにおけるカリウムチャンネルSKORの局在解析	Localization analysis of potassium channel, SKOR, in the model tree poplar	馬・山地
岡山大学・大学院環境生命科学 研究科	助教	宗正 晋太郎	イオンチャンネルを基盤とした環境ストレス耐性作物作出技術の開発	Engineering crop stress resistance through manipulating ion channels	佐々木
広島大学・大学院生物圏科学研究 科	教授	和崎 淳	低リン耐性の高い植物による有機酸分泌の分子機構の解析	Analyzes of molecular mechanisms involved in organic acid exudation by low-P tolerant plants	佐々木
奈良女子大学・研究院自然科学 系生物科学領域	准教授	奈良 久美	シロイヌナズナの液胞膜アクアポリンAtTIP2;2の水及び過酸化水素透過性の測定	Analysis of the water and hydrogen peroxide permeability of AtTIP2;2 in <i>Arabidopsis thaliana</i>	且原
東京大学・大学院理学系研究科	教授	寺島 一郎	シロイヌナズナの細胞膜アクアポリンのCO ₂ 透過性の網羅的解析	Comprehensive analyses of CO ₂ permeability in aquaporins in <i>Arabidopsis thaliana</i>	且原・森
信州大学・繊維学部	准教授	堀江 智明	植物の塩ストレス耐性機構に関与するイオンチャンネル分子の生理機能の解明	Elucidation of the physiological function of ion channels that work in the mechanism of plant salt tolerance	且原
東京農工大学・大学院農学研究 院	教授	福原 敏行	菌類ダイサラーの2本鎖RNA切断活性の生化学的解析	Biochemical characterization of dsRNA-cleaving activities of fungal Dicers	鈴木
名古屋大学・アジアサテライト キャンパス学院	特任准教授	千葉 壮太郎	フザリウム属菌のヴァイロコントロールを旨とした菌類ウイルスの探索と同定	Screening for and identification of fungal viruses from <i>Fusarium</i> sp. toward their virocontrol	鈴木
広島大学・大学院理学研究科	教授	鈴木 克周	ムギ植物体からの内生アグロバクテリア菌株の単離と解析	Isolation and comprehensive characterization of endophytic <i>Agrobacterium</i> strains from wheat	谷
東京家政大学・家政学部	教授	藤森 文啓	マイタケのウイルスの機能解析研究	Functional analysis of mycoviruses in <i>Grifola frondosa</i>	近藤・鈴木

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入 教員名
東京理科大学・基礎工学部	准教授	有村 源一郎	植物の害虫誘導性防御における分子シグナルの解明	Molecular mechanisms for induced plant defense against herbivores	Galis・新屋
東京大学・生物生産工学研究センター	准教授	岡田 憲典	植物の化学防御におけるオキシリピン情報伝達の分子機構とその進化	Molecular mechanisms and evolutionary trajectory of oxylipin signaling on chemical defense in plants	新屋・Galis
岡山大学・農学部	教授	久保 康隆	果実の低温誘導成熟機構の分子生物学的解析	Study on molecular mechanism of low-temperature induced fruit ripening	Galis
高知大学・教育研究部	教授	木場 章範	植物免疫応答誘導に関わる細胞内情報伝達機構の解析	Analysis of intracellular signaling mechanisms for plant immune responses	Galis
東京農工大学・大学院農学研究	教授	大川 泰一郎	オオムギの耐塩性QTLの単離に関する研究	Identification of a QTL for salt tolerance in barley	佐藤
農業・食品産業技術総合研究機構・次世代作物開発研究センター	ユニット長	半田 裕一	オオムギの日長反応性出穂制御の遺伝的解析	Genetic analysis for the photoperiodic control of heading in barley	最相
神戸大学・大学院農学研究科	教授	土佐 幸雄	オオムギのいもち病抵抗性遺伝子Rmo2アレルのクローニングと対応する非病原力遺伝子との相互作用解析	Cloning of <i>Rmo2</i> alleles conditioning resistance of barley to <i>Pyricularia oryzae</i> and analyses of their interaction with corresponding avirulence genes	久野・佐藤
神戸大学・大学院農学研究科	教授	宅見 薫雄	ムギ類における異質倍數化過程での選択的スプライシングの変動	Alteration of alternative splicing during allopolyploidization in wheat and relatives	佐藤
吉備国際大学・地域創成農学部	准教授	吉川 貴徳	オオムギおよびイネの細葉変異体および多節矮性変異体の比較分子遺伝学的解析	Comparative molecular genetic analysis of narrow leaf and plastochron mutants between barley and rice	武田
鳥取大学・農学部	教授	石原 亨	抵抗性育種を志向したオオムギにおける防御関連二次代謝とその多様性の解明	Analysis of defensive secondary metabolism and its diversity in barley as the basis of breeding of resistant lines against pathogens and herbivores	武田
龍谷大学・農学部	教授	古本 強	オオムギ遺伝資源を用いた温度不感受変異系統の確立	Screening of ambient temperature-insensitive lines from the barley collection	武田・佐藤

所属機関・部局	職名	氏名	課題名	課題名 (英語名)	受入 教員名
信州大学・先鋭領域融合研究群・山岳科学研究所	助教	高梨 功次郎	マメ科高山植物－根粒菌共生系の分布変遷と宿主特異性	Historical biogeography and host specificity of symbiosis between alpine legumes and rhizobia	池田 啓
静岡大学・理学部	准教授	木寄 暁子	富士山の冬を常緑ですごすフジハタザオの耐寒メカニニズムの解明	Elucidation of cold tolerance mechanism of the alpine plant, <i>Arabis serrata</i> which overwinters with green leaves	池田 啓
熊本大学・大学院先端科学研究部	教授	副島 頸子	絶滅が危惧される大陸系遺存植物の遺伝的多様性の解析	Genetic diversity of endangered plant species representing the relict Korea-Manchuria grassland elements	池田 啓
自然科学研究機構・基礎生物学研究所	助教	星野 敦	アサガオの遺伝子資源を用いたエピジェネティクス	Epigenetics on the bioresources of the Japanese morning glory	長岐
奈良先端科学技術大学院大学・バイオサイエンス研究科	助教	高塚 大知	エピジェネティック制御によるDNA倍加誘導	Induction of DNA polyploidization by epigenetic regulation	長岐
名古屋大学・大学院生命農学研究科	准教授	伊藤 正樹	イネ科植物におけるDNA倍加の制御に関する研究	Study on regulation of endoreplication in species within the grass family	前川・佐藤
東京大学・大学院理学系研究科	教授	平野 博之	イネの花序や花の発生に関する分子遺伝学的研究	Molecular genetic studies on flower and inflorescence development in rice	前川
自然科学研究機構・基礎生物学研究所	助教	梅根 一夫	DNAトランスポゾンnDart1の挿入による優性変異の解析	Analysis of dominant mutations induced by insertion of DNA transposon, <i>nDart1</i> in rice	前川
情報・システム研究機構・国立遺伝学研究所	准教授	野々村 賢一	イネnDARTタグラインを用いた生殖関連突然変異体の選抜と解析	The analysis of reproduction-related mutants selected from nDART-tagged lines in rice	前川
北海道大学・大学院農学研究院	教授	橋床 泰之	イネ内生窒素固定細菌Burkholderia kururiensisが低窒素耐性アフリカイネ交雑後代系統イネLIA-1の宿主になる理由を容体タンパクとイネゲノムに求める	Genetic trait and symbiotic mechanisms of the low nitrogen-tolerant, African wild rice hybrid LIA-1 with endophytic nitrogen-fixing bacterium <i>Burkholderia kururiensis</i>	前川
北海道大学・大学院農学研究院	助教	佐藤 昌直	赤潮原因藻ヘテロシグマの遺伝子配列データベースの構築	Establishment of transcriptome database of a bloom-forming algae, <i>Heterosigma akashiwo</i>	植木

Annual Report 2017

Director: Masahiko Maekawa

Editorial Members: Sanae Rikiishi
Takako Nakato
Naoki Yamaji

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University

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

TEL: +81-86-424-1661

FAX: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告 第25卷 (Annual Report 2017)

平成30年3月25日 印刷

平成30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
中戸 孝子
山地 直樹