

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金
成果報告書

I. 基本情報

事業名： (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名： (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza*

補助事業担当者 (日本語) 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 植物遺伝研究室
所属 役職 氏名： 教授 佐藤 豊
(英語) National Institute of Genetics, Genetic Strains Research Center,
Plant Genetics Laboratory
Professor Yutaka Sato

実施期間： 平成 28 年 4 月 1 日 ～ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究 (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (多様な高品質イネ実験系統
分担課題名： の整備)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Development
of high quality and diversified experimental strains of rice)

補助事業分担者 (日本語) 国立大学法人九州大学大学院農学研究院遺伝子資源開発研究センター
所属 役職 氏名： 教授 熊丸敏博
(英語) Faculty of Agriculture, Kyushu University
Professor Toshihiro Kumamaru,

分担研究 (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (イネ Nested Association 分
担課題名： Mapping 集団の収集・保存・提供)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Collection,
preserve and distribution of rice nested association mapping
populations)

補助事業分担者 (日本語) 国立大学法人名古屋大学大学院生命農学研究科

所属 役職 氏名： 准教授・土井 一行
(英 語) Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
Associate Professor Kazuyuki Doi

II. 成果の概要 (総括成果報告)

イネを対象とした研究分野は、基礎研究から育種を含めた応用研究まで多岐にわたる。イネリソースは、幅広いユーザー層からの多様なニーズに加え、解析技術向上により求められる質や量も年々変化している。例えば、一塩基多型 (SNP) 同定技術のハイスループット化に伴い、自然集団内のSNP変異を利用したアソシエーション解析(GWAS)がイネでも盛んに試みられている。また同法と従来の交配による手法を組み合わせた新たなマッピング法も提唱されており、それに即したリソース収集が求められている。有用遺伝子の同定から単離を促進するイネ実験系統の整備は未だ充分とは言えず、個々の研究室でそれらを体系的に収集し整備することは困難である。したがって、NBRPで体系的に整備し、統括する必要性は非常に高く、コミュニティからのこのような期待に応えることを目的として、本事業を推進した。

事業の運営にあたっては、運営委員会に外部有識者として日本のイネコミュニティを代表する研究者を迎え入れて構成した。委員会での密接な情報交換や助言を得ることで、野生イネや突然変異体系統などNBRPイネリソースの特徴を最大限に活かしつつ、コミュニティの要請に可能な限り応じた形での運営が実現できた。イネリソースは、農水省研究機関との情報交換が必須となる。運営委員会には、同機関に所属、あるいは最近まで所属していた複数の委員が含まれており、農水省の動向・方針を踏まえた上で、取り扱いリソースの重複などを極力避けた形での効率的なプロジェクト推進を行なった。実施機関からは、リソース栽培にかかる実験圃場や温室の使用を全面的にサポートして頂いた。またMTAの締結などの知財関連の作業は、各機関の知財担当部署に全面的にサポート頂くとともに、生物多様性条約への対応など、リソースの権利問題について有益な助言を得ることができた。

NBRPイネのリソースを利用した第3期期間中の成果論文は現時点で66報あり、うちIF3以上の学術誌に掲載されたのは37報であった。この中には、Nature、Nature Genetics、PNAS、Plant Cell、JCS、PLoS Geneticsなどのハイインパクトな一般誌、専門誌への成果が含まれている。イネコミュニティメンバーの研究にNBRPイネリソースが有効に生かされているといえる。

以下に具体的な事業の成果概要を記載する。

(1) 突然変異系統：第3期で収集したMNU突然変異系統の収集を含むリソースの収集・保存・提供数はほぼ目標通りに達成した。TILLINGオープンラボは多くのユーザーが利用した。これまでイネを扱ったことのない新規ユーザーの獲得にも貢献した。

(2) 栽培イネ派生実験系統：RILs、cCSSL、NAM系統は、遺伝子型情報の取得とともに、概ね当初の目標通りの収集・保存・提供数を達成することができた。

(3) 野生イネ派生実験系統：wCSSL系統は、概ね当初の目標通りに収集・保存することができた。MAALs系統はその性質上、保存過程で致死性を示す個体が多く、収集数は目標を大きく下回った。収集できた系統は、分子マーカーを用いて添加染色体の評価を行い、公開に向けて準備を進めている。

(4) 野生イネゲノム解読の公開：「ゲノム情報整備」で野生イネ(AA~FF)約200系統のゲノム配列を解読した。ゲノム構成の複雑さから公開には当初予定以上に時間を要したがOryzabaseでの公開版データベースが完成した。

(5) 新規ユーザー獲得に向けたイネ統合データベース Oryzabase の充実：近縁野生イネ *O. rufipogon*

など 463 系統のゲノム塩基配列および栽培イネ (*O. sativa* 日本晴) ゲノムに対する SNP 情報を OryzaGenome (Oryzabase からアクセス可) で公開し、情報の高度化を含めたユーザーの利便性が向上した。

The rice research covers varieties of research topics including basic sciences to breeding. The demands for rice resources, both in terms of quality and quantity, from researchers in this field increase every year, because the fields cover wide varieties of research topic and the rapid advancement of analytical methods. For example, in recent years, GWAS technique using SNPs found in natural rice populations has become popular in rice research due to ease in massive determination of SNPs by next generation sequencers. In addition, the new mapping technique using both GWAS and conventional outcrossing breeding is developed and our users are looking forward to applying this technique for their research. Thus, upgrading the contents of the resources to support finding and isolating useful genes is still underway. It is almost impossible to prepare all the genetic tools by researchers by themselves. Thus, it is important to line up useful genetic resources systematically by NBRP for researchers using rice as experimental system.

For the operation of this project, we invited leading scientists in the field of rice research as external advisers and organized a committee with project members. In the committee meeting held once in every year, we obtained valuable advises from the committee members and had successfully operated the project so that the users got to use the NBRP rice resources beneficially. The NBRP rice project is one of the two major rice resource centers in Japan. We need to have communication with another center in Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries (MAFF). We have several committee members from MAFF and had exchanged information to avoid duplicated services to users. NBRP rice project was operated under three institutes (NIG, Kyushu University, Nagoya University). All three institutes fully supported the project in terms of facility usage such as experimental farm and greenhouses. In addition, intellectual property houses in these institute also supported the project.

During the third period of NBRP, 66 scientific papers were published using NBRP rice resources. Among them, 37 papers were published in journals with more than IF 3.0. Those include Nature, Nature Genetics, PNAS, Plant Cell, JCS and PLoS Genetics. This manifests that NBRP rice resources are valuable and useful for the scientist in this field.

Following is a list of achievements in specific points during the third period of NBRP rice.

- 1) Mutation lines: We achieved the goal, in terms of the number of collected, preserved and provided lines. TILLING open Lab is used frequently by many researchers.
- 2) Experimental lines derived from land races: We collected, preserved and provided RILs, cCSSLs and NAMs.
- 3) Experimental lines derived from wild species: We collected, preserved and provided wCSSLs. We faced several difficulties in maintaining MAAL, but, by appropriate quality control, those are now ready for distribution.
- 4) Genome sequences of wild species: Genome sequences from more than 200 wild accessions are now ready for release from our database.
- 5) Upgrading Oryzabase: We developed Oryzagenome viewer, which facilitates SNP finding among 463 accessions of *O. rufipogon*.

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 3件、国際誌 63件)

1. Nosaka M, Itoh J, Nagato Y, Ono A, Ishiwata A, Sato Y. Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet.* 2012, 8, e1002953.
2. Huang X, Kurata N, Wei X, Wang ZX, Wang A, Zhao Q, Zhao Y, Liu K, Lu H, Li W, Guo Y, Lu Y, Zhou C, Fan D, Weng Q, Zhu C, Huang T, Zhang L, Wang Y, Feng L, Furuumi H, Kubo T, Miyabayashi T, Yuan X, Xu Q, Dong G, Zhan Q, Li C, Fujiyama A, Toyoda A, Lu T, Feng Q, Qian Q, Li J, Han B. A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature.* 2012, 490, 497-501.
3. Sotowa M, Ootsuka K, Kobayashi Y, Hao Y, Tanaka K, Ichitani K, Flowers JM, Purugganan MD, Nakamura I, Sato YI, Sato T, Crayn D, Simon B, Waters DL, Henry RJ, Ishikawa R. Molecular relationships between Australian annual wild rice, *Oryza meridionalis*, and two related perennial forms. *Rice(N Y).* 2013, 6, 26.
4. Sato Y, Namiki N, Takehisa H, Kamatsuki K, Minami H, Ikawa H, Ohyanagi H, Sugimoto K, Itoh J, Antonio BA, Nagamura Y. RiceFREND: a platform for retrieving coexpressed gene networks in rice. *Nucleic Acids Res.* 2013, 41, D1214-21.
5. Ogiso-Tanaka E, Matsubara K, Yamamoto S, Nonoue Y, Wu J, Fujisawa H, Ishikubo H, Tanaka T, Ando T, Matsumoto T, Yano M. Natural variation of the RICE FLOWERING LOCUS T 1 contributes to flowering time divergence in rice. *PLOS ONE.* 2013, 8, e75959.
6. Yoshida A, Sasao M, Yasuno N, Takagi K, Daimon Y, Chen R, Yamazaki R, Tokunaga H, Kitaguchi Y, Sato Y, Nagamura Y, Ushijima T, Kumamaru T, Iida S, Maekawa M, Kyojuka J. TAWAWA1, a regulator of rice inflorescence architecture, functions through the suppression of meristem phase transition. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 767-72.
7. Wu W, Zheng XM, Lu G, Zhong Z, Gao H, Chen L, Wu C, Wang HJ, Wang Q, Zhou K, Wang JL, Wu F, Zhang X, Guo X, Cheng Z, Lei C, Lin Q, Jiang L, Wang H, Ge S, Wan J. Association of functional nucleotide polymorphisms at DTH2 with the northward expansion of rice cultivation in Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 2775-80.
8. Ishii T, Numaguchi K, Miura K, Yoshida K, Thanh PT, Htun TM, Yamasaki M, Komeda N, Matsumoto T, Terauchi R, Ishikawa R, Ashikari M. OsLG1 regulates a closed panicle trait in domesticated rice. *Nat. Genet.* 2013, 45, 462-5.
9. Cheng X, Zhu L, He G. Towards understanding of molecular interactions between rice and the brown planthopper. *Mol. Plant.* 2013,6, 621-34.
10. Ishimaru K, Hirotsu N, Madoka Y, Murakami N, Hara N, Onodera H, Kashiwagi T, Ujiie K, Shimizu B, Onishi A, Miyagawa H, Katoh E. Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield. *Nat. Genet.* 2013, 45, 707-11.
11. Yi C, Zhang W, Dai X, Li X, Gong Z, Zhou Y, Liang G, Gu M. Identification and diversity of functional centromere satellites in the wild rice species *Oryza brachyantha*. *Chromosome Res.* 2013, 21, 725-37.
12. Fujita D, Trijatmiko KR, Tagle AG, Sapaap MV, Koide Y, Sasaki K, Tsakirpaloglou N,

- Gannaban RB, Nishimura T, Yanagihara S, Fukuta Y, Koshiba T, Slamet-Loedin IH, Ishimaru T, Kobayashi N. NAL1 allele from a rice landrace greatly increases yield in modern indica cultivars. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2013, 110, 20431-6.
13. Komiya R, Ohyanagi H, Niihama M, Watanabe T, Nakano M, Kurata N, Nonomura K. Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J*. 2014, 78, 385-97.
 14. Tsuda K, Kurata N, Ohyanagi H, Hake S. Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. *Plant Cell*. 2014, 26, 3488-500.
 15. Chen S, Liu R, Koyanagi KO, Kishima Y. Rice genomes recorded ancient pararetrovirus activities: Virus genealogy and multiple origins of endogenization during rice speciation. *Virology*. 2014, 471-473, 141-52.
 16. Zhang F, Huang LY, Zhang F, Ali J, Cruz CV, Zhuo DL, Du ZL, Li ZK, Zhou YL. Comparative transcriptome profiling of a rice line carrying Xa39 and its parents triggered by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* provides novel insights into the broad-spectrum hypersensitive response. *BMC Genomics*. 2015, 16, 111.
 17. Copetti D, Zhang J, El Baidouri M, Gao D, Wang J, Barghini E, Cossu RM, Angelova A, Maldonado L CE, Roffler S, Ohyanagi H, Wicker T, Fan C, Zuccolo A, Chen M, Costa de Oliveira A, Han B, Henry R, Hsing YI, Kurata N, Wang W, Jackson SA, Panaud O, Wing RA. RiTE database: a resource database for genus-wide rice genomics and evolutionary biology. *BMC Genomics*. 2015, 16, 538.
 18. Tanaka W, Ohmori Y, Ushijima T, Matsusaka H, Matsushita T, Kumamaru T, Kawano S, Hirano HY. Axillary Meristem Formation in Rice Requires the WUSCHEL Ortholog TILLERS ABSENT1. *Plant Cell*. 2015, 27, 1173-84.
 19. Shenton MR, Ohyanagi H, Wang ZX, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Feng Q, Han B, Kurata N. Rapid turnover of antimicrobial-type cysteine-rich protein genes in closely related *Oryza* genomes. *Mol. Genet. Genomics*. 2015, 290, 1753-70.
 20. Yan J, Aboshi T, Teraishi M, Stricklerb SR, Spindel JE, Tung CW, Takata R, Matsumoto F, Maesaka Y, McCouch SR, Okumoto Y, Mori N, Jandera G. The Tyrosine Aminomutase TAM1 Is Required for β -Tyrosine Biosynthesis in Rice. *Plant Cell*. 2015, 27, 1265-78.
 21. Fujino K, Obara M, Ikegaya T, Tamura K. Genetic shift in local rice populations during rice breeding programs in the northern limit of rice cultivation in the world. *Theor. Appl. Genet.* 2015, 128, 1739-46.
 22. Taguchi-Shiobara F, Ota T, Ebana K, Ookawa T, Yamasaki M, Tanabata T, Yamanouchi U, Wu J, Ono N, Nonoue Y, Nagata K, Fukuoka S, Hirabayashi H, Yamamoto T, Yano M. Natural Variation in the Flag Leaf Morphology of Rice Due to a Mutation of the NARROW LEAF 1 Gene in *Oryza sativa* L. *Genetics*. 2015, 201, 795-808.
 23. Kubo T, Takashi T, Ashikari M, Yoshimura A, Kurata N. Two tightly linked genes at the *hsa1* locus cause both F1 and F2 hybrid sterility in rice. *Mol. Plant*. 2016, 9, 221-32.
 24. Miyamoto K, Fujita M, Shenton MR, Akashi S, Sugawara C, Sakai A, Horie K, Hasegawa M, Kawaide H, Mitsuhashi W, Nojiri H, Yamane H, Kurata N, Okada K, Toyomasu T. Evolutionary trajectory of phytoalexin biosynthetic gene clusters in rice. *Plant J*. 2016, 87,

293-304.

25. Uehara KB, Wang DR, Furuta T, Minami A, Nagai K, Gamuyao R, Asano K, Shim RBA, Shimizu Y, Ayano M, Komeda N, Doi K, Miura K, Toda Y, Kinoshita T, Okuda S, Higashiyama T, Nomoto M, Tada Y, Shinohara H, Matsubayashi Y, Greenberg A, Wu J, Yasui H, Yoshimura A, Mori H, McCouch SR, Ashikari M. Loss of function at RAE2, a previously unidentified EPFL, is required for awnlessness in cultivated Asian rice. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2016, 113, 8969-74.
26. Liu H, Nonomura KI. A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. Journal of Cell Science. 2016, 129, 3553-61.
27. Win KT, Yamagata Y, Doi K, Uyama K, Nagai Y, Toda Y, Kani T, Ashikari M, Yasui H, Yoshimura A. A single base change explains the independent origin of and selection for the nonshattering gene in African rice domestication. New Phytol. 2017, 213, 1925-35.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Construction of MNU-induced mutant pools and high performance TILLING system for detection of SNPs in rice, 口頭, Kumamaru T, BIT's 3rd Annual World, World DNA and Genome Day, 2012/4/26, 国外.
2. Identification of mutants for factors required for the ER-localization of prolamin-mRNAs in rice by TILLING method, ポスター, Kumamaru T, Taniguchi K, Fujimoto W, Okita TW. Plant Biology 2012, American Society of Plant Biologists, 2012/7/21, 国外.
3. 次世代育種に向けた取り組み～高速DNAシーケンシングとデータ解析の遺伝学～, 口頭, 大柳一, 永田俊文, 久保貴彦, 津田勝利, 藤田雅丈, 竹下紗由美, 瓦間淳子, 長崎英樹, 望月孝子, 神沼英里, 中村保一, 五十嵐香里, 矢野健太郎, 会津智幸, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 倉田のり, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/14, 国内.
4. 野生イネ系統群のゲノム種を識別する InDel マーカーの開発, 口頭, 山木辰一郎, 大柳一, 山崎将紀, 宮林登志江, 永口貢, 久保貴彦, 倉田のり, 野々村賢一, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/15, 国内.
5. CC genome pseudomolecule construction for resolving species diversification, 口頭, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
6. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in *Oryza sativa* complex species, ポスター, Shenton M, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
7. CC genome pseudomolecule construction by BAC-supported super scaffolding, ポスター, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
8. イネ種子におけるグルテリンの細胞内輸送に關与する GLUP7 遺伝子の連鎖地図の構築, ポスター, 北原 真衣, 田代 康介, 熊丸 敏博, 日本育種学会第123回講演会, 2013/3/28, 国内.
9. Rab5/GEF system is essential for intracellular transport of proglutelin from the Golgi

- apparatus to the protein storage vacuole in rice endosperm, ポスター, Wen L, Fukuda M, Ogawa M, Okita TW, Sunada M, Ueda T, Kumamaru T. Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
10. Identification of potential effectors for the small regulator Rab5, ポスター, Nagamine A, Kumamaru T, Okita TW, Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
 11. *Oryza glaberrima Steud.* との種間交雑における花粉不稔を緩和する日本型イネの作出, 口頭, 山形悦透, 吉村 淳, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013/10/13, 国内.
 12. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in some Oryza AA genome species, ポスター, Shenton M, Ohyanagi H, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Kurata N. 11th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2013/11/23, 国外.
 13. 近縁イネゲノムにおける抗菌タイプのシステインリッチタンパク質の多様性, 口頭, Shenton Matthew, 大柳一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 永田俊文, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
 14. イネ雑種不稔遺伝子 S35 と EFS の遺伝的関係について, 口頭, 久保貴彦, 吉村淳, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
 15. Physiological role of plastid membrane transporters involved in transport of intermediates of starch biosynthesis in rice, ポスター, Satoh R, Shiraishi S, Okita TW, Maeshima M, Kumamaru T. Plant Biology Europe FESPB/EPSO, 2014/6/23, 国外.
 16. 米の主要なトリアシルグリセロールリパーゼ候補遺伝子の推定と TILLING 法による変異系統候補の選抜, 口頭, 長谷川 陽一, 濱田 茂樹, 熊丸 敏博, 松坂 弘明, 鈴木 保宏. 日本育種学会, 2014/9/26, 国内.
 17. イネ組換え自殖系統への次世代シーケンサーを用いたジェノタイピング法 (Genotyping by Sequencing, GBS) の適用, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 126 回講演会, 2014/9/27, 国内.
 18. Deciphering the Oryza officinalis genome sequence and construction of genomic information infrastructure for Oryza wild accessions, 口頭, Ohyanagi H, Kobayashi M, Fujita M, Shenton M, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Yamazaki Y, Goicoechea JL, Wing RA, Yano K, Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2014/11/17, 国外.
 19. mRNAseq analysis of Oryza sativa and Oryza officinalis pistils, ポスター, Shenton M, Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2014/11/17,19, 国外.
 20. Consideration of O. Rufipogon Diversity with a SNP Database, ポスター, Ohyanagi H, Ebata T, Huang X, Gong H, Fujita M, Toyoda A, Fujiyama A, Wang ZX, Han B, Yamazaki Y, Kurata N. Plant & Animal Genome XXIII, 2015/1/12, 国外.
 21. イネ葉脈パターンの解析と細葉遺伝子 ALM1 の単離, 口頭, 久保 文香, 安居 佑季子, 佐藤 豊, 熊丸 敏博, 平野 博之, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 22. *Oryza sativa* と *O. rufipogon* 交雑後代にて見出された F₁ 花粉不稔の原因となる重複遺伝子座 *DGS1* と *DGS2* の単離, ポスター, Giao Ngoc Nguyen, 山形悦透, 重松 佑布, 渡邊 美弥子, 宮崎 雄太, 土井一行, 伊藤 友子, 金森 裕之, 呉 健忠, 松本 隆, 吉村 淳, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.

23. イネのウンカ・ヨコバイ抵抗性遺伝子に関する近似同質遺伝子系統群の利用, 口頭, 藤田 大輔, 松村 正哉, マイ ヴァン タン, 吉村 淳, 安井 秀, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
24. Genotyping by Sequencing 法を用いたイネ収量関連形質の QTL 解析, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
25. 野生イネ *Oryza* 属 200 ゲノムの解読と多様性・系統関係の解析, 口頭, 倉田のり, 豊田敦, Shentom Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 伊川浩司, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 久保貴彦, 古海弘康, 新濱充, 野々村賢一, Copetti Dario, Rod Wing, 藤山秋佐夫, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
26. 野生イネ *Oryza officinalis* ゲノムの de novo アセンブル, 口頭, 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 矢野健太郎, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
27. *Oryza officinalis* complex についての遺伝的多様性の解析, 口頭, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 倉田のり, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
28. National BioResource Project (NBRP) in Japan; Rice resources for future challenges, 口頭, Nonomura KI, Kurata N. The 7th ANRRC International Meeting, 2015/9/18, 国外.
29. Phenotypic diversity and genetic dissection of adaptive traits of wild rice (*Oryza rufipogon*), ポスター, Onogi A, Wang ZX, Kanegae H, Iwata H, Kubo T, Furuumi H, Ohyanagi H, Fujita M, Shenton M, Huang X, Wang Z, Gong H, Feng Q, HanB, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
30. *Oryza officinalis* pseudomolecules as a reference for CC genome species, ポスター, Ohyanagi H, Kobayashi M, Copetti D, Shenton M, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
31. Phylogenetic analysis in the *Oryza officinalis* complex, ポスター, Shenton M, Fujita M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Toyoda A, Copetti D, Kudrna D, Wing R, Ikawa H, Takano T, Teradhima S, Yano, K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
32. イネにおける Nested Association Mapping 法の適用, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 西内俊策, 土井一行, 第 23 回育種学会中部地区談話会, 2015/11/21, 国内.
33. OryzaGenome and its future perspectives, 口頭, 大柳一, Shenton Matthew, 江端俊伸, 山崎由紀子, 藤田雅丈, 望月孝子, Huang Xuehui, Gong Hao, 神沼英里, 中村保一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Feng Q, Wang ZX, Han B, 倉田のり, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016/3/19, 国内.
34. 炊飯米が高水分吸収性で低糊化温度澱粉の性質をもつスターチシンターゼ SSIIa 欠損変異体米の単離, 口頭, 藤田 直子, 齊藤 雄飛, 三浦 聡子, 保坂 優子, クロフツ 尚子, 渡辺 紀之, 熊丸 敏博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
35. 葉の表皮組織に部分的欠損を持つイネ変異体の解析, 口頭, 松本 光梨, 安居 佑季子, 熊丸 敏博, 平野 博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
36. イネの Nested Association Mapping 集団の作出, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.

37. GBS 法によるイネ Nested Association Mapping 集団の遺伝子型決定, ポスター, 島津瑛久, 森潤一, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.
38. イネ Nested Association Mapping 集団の作出と GBS による遺伝子型決定, ポスター, 春原英彦, 島津瑛久, 森潤一, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ, 2016/7/4, 国内.
39. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. The 8th ANRRC International Meeting, 2016/9/22, 国内.
40. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. 14th International Symposium on Rice Functional Genomics, 2016/9/26, 国外.
41. イネ染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみの遺伝解析, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 西内俊策, 田崎三香子, 土井一行, 第 24 回育種学会中部地区談話会, 2016/11/19, 国内.
42. 日本型栽培イネ台中 65 号と南アメリカ原産野生イネ *O. glumaepatula* 間交雑に見られる F₁ 花粉不稔遺伝子座 *S22A* の原因遺伝子の特定, 口頭, 山形 悦透・安井 秀・吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
43. *Oryza glaberrima* の非脱粒性獲得に関与する *SH3* 座の一塩基置換, ポスター, Khin Thanda Win, 山形 悦透, 土井 一行, 宇山 和宏, 永井 康子, 戸田 陽介, 可児 隆裕, 芦荻基行, 安井 秀, 吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
44. 台中 65 号と aus 型イネの交雑後代で見出された染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみ, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. パーソナルゲノム時代の食料研究, 倉田のり, 日本遺伝学会公開市民講座, 2015/9/26, 国内.
2. お米の来た道行く道～イネ遺伝研究にみる温故知新～, 野々村賢一, 遺伝学講座・みしま, 2015/10/17, 国内.
3. 遺伝研の野生イネとゲノムの研究, 倉田のり, 国立遺伝学研究所公開講演会 2015, 2015/11/7, 国内.
4. カンボジア野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/2/8, 国内.
5. カンボジア野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/2/15, 国内.
6. 野生イネの話 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/5/24, 国内.

7. 野生イネの話 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/5/31, 国内.
8. 中国のイネ国際学会に参加して, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/11/15, 国内.
9. イネの花粉を作る遺伝子の話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/11/22, 国内.
10. ミャンマー野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/1/31, 国内.
11. ミャンマー野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/2/7, 国内.
12. 花の構造に関するお話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/6/26, 国内.
13. バナナと三倍体, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/7/3, 国内.
14. 大隈先生とオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/10/30, 国内.
15. 植物のオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/11/6, 国内.
16. ソメイヨシノにまつわる話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2017/3/5, 国内.
17. 植物が春に花を咲かせる仕組み, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2017/3/12, 国内.

(4) 特許出願

鈴木保宏、長谷川陽一、永田俊文、濱田茂樹、秋田祐介、熊丸敏博、松坂弘明

トリアシルグリセロールリパーゼ変異植物

優先権主張 特願 2014-058474 (平成 26 年 3 月 20 日出願)

特願 2015-52078 (平成 27 年 3 月 16 日出願)

特開 2015-192662 (平成 27 年 11 月 5 日)

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金
成果報告書

I. 基本情報

事業名 : (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名 : (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza*

補助事業担当者 所属 役職 氏名 : (日本語) 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 植物遺伝研究室
教授 佐藤 豊
(英語) National Institute of Genetics, Genetic Strains Research Center,
Plant Genetics Laboratory
Professor Yutaka Sato

実施期間 : 平成 28 年 4 月 1 日 ~ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究 分担課題名 : (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (多様な高品質イネ実験系統
の整備)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Development
of high quality and diversified experimental strains of rice)

補助事業分担者 所属 役職 氏名 : (日本語) 国立大学法人九州大学大学院農学研究院遺伝子資源開発研究センター
教授 熊丸敏博
(英語) Faculty of Agriculture, Kyushu University
Professor Toshihiro Kumamaru,

分担研究 分担課題名 : (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (イネ Nested Association 分
担課題名 : Mapping 集団の収集・保存・提供)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Collection,
preserve and distribution of rice nested association mapping
populations)

補助事業分担者 (日本語) 国立大学法人名古屋大学大学院生命農学研究科
所属 役職 氏名 : 准教授・土井 一行
(英語) Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
Associate Professor Kazuyuki Doi

II. 成果の概要 (総括成果報告)

補助事業代表者 : 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構・国立遺伝学研究所系統生物研究センター植物遺伝研究室・佐藤 豊 総括成果報告を参照。

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 3件、国際誌 63件)

1. Nosaka M, Itoh J, Nagato Y, Ono A, Ishiwata A, Sato Y. Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet.* 2012, 8, e1002953.
2. Huang X, Kurata N, Wei X, Wang ZX, Wang A, Zhao Q, Zhao Y, Liu K, Lu H, Li W, Guo Y, Lu Y, Zhou C, Fan D, Weng Q, Zhu C, Huang T, Zhang L, Wang Y, Feng L, Furuumi H, Kubo T, Miyabayashi T, Yuan X, Xu Q, Dong G, Zhan Q, Li C, Fujiyama A, Toyoda A, Lu T, Feng Q, Qian Q, Li J, Han B. A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature.* 2012, 490, 497-501.
3. Sotowa M, Ootsuka K, Kobayashi Y, Hao Y, Tanaka K, Ichitani K, Flowers JM, Purugganan MD, Nakamura I, Sato YI, Sato T, Crayn D, Simon B, Waters DL, Henry RJ, Ishikawa R. Molecular relationships between Australian annual wild rice, *Oryza meridionalis*, and two related perennial forms. *Rice(N Y).* 2013, 6, 26.
4. Sato Y, Namiki N, Takehisa H, Kamatsuki K, Minami H, Ikawa H, Ohyanagi H, Sugimoto K, Itoh J, Antonio BA, Nagamura Y. RiceFRIEND: a platform for retrieving coexpressed gene networks in rice. *Nucleic Acids Res.* 2013, 41, D1214-21.
5. Ogiso-Tanaka E, Matsubara K, Yamamoto S, Nonoue Y, Wu J, Fujisawa H, Ishikubo H, Tanaka T, Ando T, Matsumoto T, Yano M. Natural variation of the RICE FLOWERING LOCUS T 1 contributes to flowering time divergence in rice. *PLOS ONE.* 2013, 8, e75959.
6. Yoshida A, Sasao M, Yasuno N, Takagi K, Daimon Y, Chen R, Yamazaki R, Tokunaga H, Kitaguchi Y, Sato Y, Nagamura Y, Ushijima T, Kumamaru T, Iida S, Maekawa M, Kyojuka J. TAWAWA1, a regulator of rice inflorescence architecture, functions through the suppression of meristem phase transition. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 767-72.
7. Wu W, Zheng XM, Lu G, Zhong Z, Gao H, Chen L, Wu C, Wang HJ, Wang Q, Zhou K, Wang JL, Wu F, Zhang X, Guo X, Cheng Z, Lei C, Lin Q, Jiang L, Wang H, Ge S, Wan J. Association of functional nucleotide polymorphisms at DTH2 with the northward expansion of rice cultivation in Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 2775-80.
8. Ishii T, Numaguchi K, Miura K, Yoshida K, Thanh PT, Htun TM, Yamasaki M, Komeda N, Matsumoto T, Terauchi R, Ishikawa R, Ashikari M. OsLG1 regulates a closed panicle trait

- in domesticated rice. *Nat. Genet.* 2013, 45, 462-5.
9. Cheng X, Zhu L, He G. Towards understanding of molecular interactions between rice and the brown planthopper. *Mol. Plant.* 2013,6, 621-34.
 10. Ishimaru K, Hirotsu N, Madoka Y, Murakami N, Hara N, Onodera H, Kashiwagi T, Ujiie K, Shimizu B, Onishi A, Miyagawa H, Katoh E. Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield. *Nat. Genet.* 2013, 45, 707-11.
 11. Yi C, Zhang W, Dai X, Li X, Gong Z, Zhou Y, Liang G, Gu M. Identification and diversity of functional centromere satellites in the wild rice species *Oryza brachyantha*. *Chromosome Res.* 2013, 21, 725-37.
 12. Fujita D, Trijatmiko KR, Tagle AG, Sapasap MV, Koide Y, Sasaki K, Tsakirpaloglou N, Gannaban RB, Nishimura T, Yanagihara S, Fukuta Y, Koshiha T, Slamet-Loedin IH, Ishimaru T, Kobayashi N. NAL1 allele from a rice landrace greatly increases yield in modern indica cultivars. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 20431-6.
 13. Komiya R, Ohyanagi H, Niihama M, Watanabe T, Nakano M, Kurata N, Nonomura K. Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J.* 2014, 78, 385-97.
 14. Tsuda K, Kurata N, Ohyanagi H, Hake S. Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. *Plant Cell.* 2014, 26, 3488-500.
 15. Chen S, Liu R, Koyanagi KO, Kishima Y. Rice genomes recorded ancient pararetrovirus activities: Virus genealogy and multiple origins of endogenization during rice speciation. *Virology.* 2014, 471-473, 141-52.
 16. Zhang F, Huang LY, Zhang F, Ali J, Cruz CV, Zhuo DL, Du ZL, Li ZK, Zhou YL. Comparative transcriptome profiling of a rice line carrying Xa39 and its parents triggered by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* provides novel insights into the broad-spectrum hypersensitive response. *BMC Genomics.* 2015, 16, 111.
 17. Copetti D, Zhang J, El Baidouri M, Gao D, Wang J, Barghini E, Cossu RM, Angelova A, Maldonado L CE, Roffler S, Ohyanagi H, Wicker T, Fan C, Zuccolo A, Chen M, Costa de Oliveira A, Han B, Henry R, Hsing YI, Kurata N, Wang W, Jackson SA, Panaud O, Wing RA. RiTE database: a resource database for genus-wide rice genomics and evolutionary biology. *BMC Genomics.* 2015, 16, 538.
 18. Tanaka W, Ohmori Y, Ushijima T, Matsusaka H, Matsushita T, Kumamaru T, Kawano S, Hirano HY. Axillary Meristem Formation in Rice Requires the WUSCHEL Ortholog TILLERS ABSENT1. *Plant Cell.* 2015, 27, 1173-84.
 19. Shenton MR, Ohyanagi H, Wang ZX, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Feng Q, Han B, Kurata N. Rapid turnover of antimicrobial-type cysteine-rich protein genes in closely related *Oryza* genomes. *Mol. Genet. Genomics.* 2015, 290, 1753-70.
 20. Yan J, Aboshi T, Teraishi M, Stricklerb SR, Spindel JE, Tung CW, Takata R, Matsumoto F, Maesaka Y, McCouch SR, Okumoto Y, Mori N, Jandera G. The Tyrosine Aminomutase TAM1 Is Required for β -Tyrosine Biosynthesis in Rice. *Plant Cell.* 2015, 27,1265-78.
 21. Fujino K, Obara M, Ikegaya T, Tamura K. Genetic shift in local rice populations during rice breeding programs in the northern limit of rice cultivation in the world. *Theor. Appl.*

- Geneti. 2015, 128, 1739-46.
22. Taguchi-Shiobara F, Ota T, Eban K, Ookawa T, Yamasaki M, Tanabata T, Yamanouchi U, Wu J, Ono N, Nonoue Y, Nagata K, Fukuoka S, Hirabayashi H, Yamamoto T, Yano M. Natural Variation in the Flag Leaf Morphology of Rice Due to a Mutation of the NARROW LEAF 1 Gene in *Oryza sativa* L. *Genetics*. 2015, 201, 795-808.
 23. Kubo T, Takashi T, Ashikari M, Yoshimura A, Kurata N. Two tightly linked genes at the *hsa1* locus cause both F1 and F2 hybrid sterility in rice. *Mol. Plant*. 2016, 9, 221-32.
 24. Miyamoto K, Fujita M, Shenton MR, Akashi S, Sugawara C, Sakai A, Horie K, Hasegawa M, Kawaide H, Mitsuhashi W, Nojiri H, Yamane H, Kurata N, Okada K, Toyomasu T. Evolutionary trajectory of phytoalexin biosynthetic gene clusters in rice. *Plant J*. 2016, 87, 293-304.
 25. Uehara KB, Wang DR, Furuta T, Minami A, Nagai K, Gamuyao R, Asano K, Shim RBA, Shimizu Y, Ayano M, Komeda N, Doi K, Miura K, Toda Y, Kinoshita T, Okuda S, Higashiyama T, Nomoto M, Tada Y, Shinohara H, Matsubayashi Y, Greenberg A, Wu J, Yasui H, Yoshimura A, Mori H, McCouch SR, Ashikari M. Loss of function at RAE2, a previously unidentified EPFL, is required for awnlessness in cultivated Asian rice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2016, 113, 8969-74.
 26. Liu H, Nonomura KI. A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. *Journal of Cell Science*. 2016, 129, 3553-61.
 27. Win KT, Yamagata Y, Doi K, Uyama K, Nagai Y, Toda Y, Kani T, Ashikari M, Yasui H, Yoshimura A. A single base change explains the independent origin of and selection for the nonshattering gene in African rice domestication. *New Phytol*. 2017, 213, 1925-35.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Construction of MNU-induced mutant pools and high performance TILLING system for detection of SNPs in rice, 口頭, Kumamaru T, BIT's 3rd Annual World, World DNA and Genome Day, 2012/4/26, 国外.
2. Identification of mutants for factors required for the ER-localization of prolamin-mRNAs in rice by TILLING method, ポスター, Kumamaru T, Taniguchi K, Fujimoto W, Okita TW. *Plant Biology 2012*, American Society of Plant Biologists, 2012/7/21, 国外.
3. 次世代育種に向けた取り組み～高速DNAシーケンシングとデータ解析の遺伝学～, 口頭, 大柳一, 永田俊文, 久保貴彦, 津田勝利, 藤田雅丈, 竹下紗由美, 瓦間淳子, 長崎英樹, 望月孝子, 神沼英里, 中村保一, 五十嵐香里, 矢野健太郎, 会津智幸, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 倉田のり, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/14, 国内.
4. 野生イネ系統群のゲノム種を識別する InDel マーカーの開発, 口頭, 山木辰一郎, 大柳一, 山崎将紀, 宮林登志江, 永口貢, 久保貴彦, 倉田のり, 野々村賢一, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/15, 国内.
5. CC genome pseudomolecule construction for resolving species diversification, 口頭, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.

6. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in *Oryza sativa* complex species, ポスター, Shenton M, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
7. CC genome pseudomolecule construction by BAC-supported super scaffolding, ポスター, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
8. イネ種子におけるグルテリンの細胞内輸送に関与する GLUP7 遺伝子の連鎖地図の構築, ポスター, 北原 真衣, 田代 康介, 熊丸 敏博, 日本育種学会第 123 回講演会, 2013/3/28, 国内.
9. Rab5/GEF system is essential for intracellular transport of proglutelin from the Golgi apparatus to the protein storage vacuole in rice endosperm, ポスター, Wen L, Fukuda M, Ogawa M, Okita TW, Sunada M, Ueda T, Kumamaru T. Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
10. Identification of potential effectors for the small regulator Rab5, ポスター, Nagamine A, Kumamaru T, Okita TW, Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
11. *Oryza glaberrima* Steud. との種間交雑における花粉不稔を緩和する日本型イネの作出, 口頭, 山形悦透, 吉村 淳, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013/10/13, 国内.
12. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in some *Oryza* AA genome species, ポスター, Shenton M, Ohyanagi H, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Kurata N. 11th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2013/11/23, 国外.
13. 近縁イネゲノムにおける抗菌タイプのシステインリッチタンパク質の多様性, 口頭, Shenton Matthew, 大柳一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 永田俊文, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
14. イネ雑種不稔遺伝子 S35 と EFS の遺伝的関係について, 口頭, 久保貴彦, 吉村淳, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
15. Physiological role of plastid membrane transporters involved in transport of intermediates of starch biosynthesis in rice, ポスター, Satoh R, Shiraishi S, Okita TW, Maeshima M, Kumamaru T. Plant Biology Europe FESPB/EPSO, 2014/6/23, 国外.
16. 米の主要なトリアシルグリセロールリパーゼ候補遺伝子の推定と TILLING 法による変異系統候補の選抜, 口頭, 長谷川 陽一, 濱田 茂樹, 熊丸 敏博, 松坂 弘明, 鈴木 保宏. 日本育種学会, 2014/9/26, 国内.
17. イネ組換え自殖系統への次世代シーケンサーを用いたジェノタイピング法 (Genotyping by Sequencing, GBS) の適用, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 126 回講演会, 2014/9/27, 国内.
18. Deciphering the *Oryza officinalis* genome sequence and construction of genomic information infrastructure for *Oryza* wild accessions, 口頭, Ohyanagi H, Kobayashi M, Fujita M, Shenton M, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Yamazaki Y, Goicoechea JL, Wing RA, Yano K, Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2014/11/17, 国外.
19. mRNAseq analysis of *Oryza sativa* and *Oryza officinalis* pistils, ポスター, Shenton M., Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG),

- 2014/11/17,19, 国外.
20. Consideration of *O. Rufipogon* Diversity with a SNP Database, ポスター, Ohyanagi H, Ebata T, Huang X, Gong H, Fujita M, Toyoda A, Fujiyama A, Wang ZX, Han B, Yamazaki Y, Kurata N. Plant & Animal Genome XXIII, 2015/1/12, 国外.
 21. イネ葉脈パターンの解析と細葉遺伝子 ALM1 の単離, 口頭, 久保 文香, 安居 佑季子, 佐藤 豊, 熊丸 敏博, 平野 博之, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 22. *Oryza sativa* と *O. rufipogon* 交雑後代にて見出された F₁ 花粉不稔の原因となる重複遺伝子座 *DGS1* と *DGS2* の単離, ポスター, Giao Ngoc Nguyen, 山形 悦透, 重松 佑布, 渡邊 美弥子, 宮崎 雄太, 土井一行, 伊藤 友子, 金森 裕之, 呉 健忠, 松本 隆, 吉村 淳, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 23. イネのウンカ・ヨコバイ抵抗性遺伝子に関する近似同質遺伝子系統群の利用, 口頭, 藤田 大輔, 松村 正哉, マイ ヴァン タン, 吉村 淳, 安井 秀, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 24. Genotyping by Sequencing 法を用いたイネ収量関連形質の QTL 解析, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 25. 野生イネ *Oryza* 属 200 ゲノムの解読と多様性・系統関係の解析, 口頭, 倉田のり, 豊田敦, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 伊川浩司, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 久保貴彦, 古海弘康, 新濱充, 野々村賢一, Copetti Dario, Rod Wing, 藤山秋佐夫, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 26. 野生イネ *Oryza officinalis* ゲノムの de novo アセンブル, 口頭, 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 矢野健太郎, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 27. *Oryza officinalis* complex についての遺伝的多様性の解析, 口頭, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 倉田のり, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 28. National BioResource Project (NBRP) in Japan; Rice resources for future challenges, 口頭, Nonomura KI, Kurata N. The 7th ANRRC International Meeting, 2015/9/18, 国外.
 29. Phenotypic diversity and genetic dissection of adaptive traits of wild rice (*Oryza rufipogon*), ポスター, Onogi A, Wang ZX, Kanegae H, Iwata H, Kubo T, Furuumi H, Ohyanagi H, Fujita M, Shenton M, Huang X, Wang Z, Gong H, Feng Q, HanB, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 30. *Oryza officinalis* pseudomolecules as a reference for CC genome species, ポスター, Ohyanagi H, Kobayashi M, Copetti D, Shenton M, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 31. Phylogenetic analysis in the *Oryza officinalis* complex, ポスター, Shenton M, Fujita M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Toyoda A, Copetti D, Kudrna D, Wing R, Ikawa H, Takano T, Teradhim S, Yano, K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 32. イネにおける Nested Association Mapping 法の適用, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 西内俊策, 土井一行, 第 23 回育種学会中部地区談話会, 2015/11/21, 国内.
 33. *Oryza* Genome and its future perspectives, 口頭, 大柳一, Shenton Matthew, 江端俊伸, 山崎

- 由紀子, 藤田雅丈, 望月孝子, Huang Xuehui, Gong Hao, 神沼英里, 中村保一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Feng Q, Wang ZX, Han B, 倉田のり, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016/3/19, 国内.
34. 炊飯米が高水分吸収性で低糊化温度澱粉の性質をもつスターチシンターゼ SSIIa 欠損変異体米の単離, 口頭, 藤田 直子, 齊藤 雄飛, 三浦 聡子, 保坂 優子, クロフツ 尚子, 渡辺 紀之, 熊丸 敏博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
 35. 葉の表皮組織に部分的欠損を持つイネ変異体の解析, 口頭, 松本 光梨, 安居 佑季子, 熊丸 敏博, 平野 博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
 36. イネの Nested Association Mapping 集団の作出, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.
 37. GBS 法によるイネ Nested Association Mapping 集団の遺伝子型決定, ポスター, 島津瑛久, 森潤一, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.
 38. イネ Nested Association Mapping 集団の作出と GBS による遺伝子型決定, ポスター, 春原英彦, 島津瑛久, 森潤一, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ, 2016/7/4, 国内.
 39. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. The 8th ANRRC International Meeting, 2016/9/22, 国内.
 40. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. 14th International Symposium on Rice Functional Genomics, 2016/9/26, 国外.
 41. イネ染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみの遺伝解析, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 西内俊策, 田崎三香子, 土井一行, 第 24 回育種学会中部地区談話会, 2016/11/19, 国内.
 42. 日本型栽培イネ台中 65 号と南アメリカ原産野生イネ *O. glumaepatula* 間交雑に見られる F₁ 花粉不稔遺伝子座 *S22A* の原因遺伝子の特定, 口頭, 山形 悦透・安井 秀・吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
 43. *Oryza glaberrima* の非脱粒性獲得に関与する *SH3* 座の一塩基置換, ポスター, Khin Thanda Win, 山形 悦透, 土井 一行, 宇山 和宏, 永井 康子, 戸田 陽介, 可児 隆裕, 芦荻基行, 安井 秀, 吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
 44. 台中 65 号と aus 型イネの交雑後代で見出された染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみ, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. パーソナルゲノム時代の食料研究, 倉田のり, 日本遺伝学会公開市民講座, 2015/9/26, 国内.

2. お米の来た道行く道～イネ遺伝研究にみる温故知新～, 野々村賢一, 遺伝学講座・みしま, 2015/10/17, 国内.
3. 遺伝研の野生イネとゲノムの研究, 倉田のり, 国立遺伝学研究所公開講演会 2015, 2015/11/7, 国内.
4. カンボジア野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/2/8, 国内.
5. カンボジア野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/2/15, 国内.
6. 野生イネの話 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/5/24, 国内.
7. 野生イネの話 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/5/31, 国内.
8. 中国のイネ国際学会に参加して, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/11/15, 国内.
9. イネの花粉を作る遺伝子の話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2015/11/22, 国内.
10. ミャンマー野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/1/31, 国内.
11. ミャンマー野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/2/7, 国内.
12. 花の構造に関するお話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/6/26, 国内.
13. バナナと三倍体, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/7/3, 国内.
14. 大隈先生とオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/10/30, 国内.
15. 植物のオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2016/11/6, 国内.
16. ソメイヨシノにまつわる話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2017/3/5, 国内.
17. 植物が春に花を咲かせる仕組み, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー:エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00～12:30), 2017/3/12, 国内.

(4) 特許出願

鈴木保宏、長谷川陽一、永田俊文、濱田茂樹、秋田祐介、熊丸敏博、松坂弘明
 トリアシルグリセロールリパーゼ変異植物
 優先権主張 特願 2014-058474 (平成 26 年 3 月 20 日出願)
 特願 2015-52078 (平成 27 年 3 月 16 日出願)
 特開 2015-192662 (平成 27 年 11 月 5 日)

平成 28 年度 医療研究開発推進事業費補助金
成果報告書

I. 基本情報

事業名 : (日本語) ナショナルバイオリソースプロジェクト
(英語) National Bioresource Project

補助事業課題名 : (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza*

補助事業担当者 (日本語) 国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 植物遺伝研究室
所属 役職 氏名 : 教授 佐藤 豊
(英語) National Institute of Genetics, Genetic Strains Research Center,
Plant Genetics Laboratory
Professor Yutaka Sato

実施期間 : 平成 28 年 4 月 1 日 ~ 平成 29 年 3 月 31 日

分担研究 (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (多様な高品質イネ実験系統
分担課題名 : の整備)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Development
of high quality and diversified experimental strains of rice)

補助事業分担者 (日本語) 国立大学法人九州大学大学院農学研究院遺伝子資源開発研究センター
所属 役職 氏名 : 教授 熊丸敏博
(英語) Faculty of Agriculture, Kyushu University
Professor Toshihiro Kumamaru,

分担研究 (日本語) イネ属の多様性を生かすリソース基盤の構築 (イネ Nested Association 分
担課題名 : Mapping 集団の収集・保存・提供)
(英語) Development of resources for research using genus *Oryza* (Collection,
preserve and distribution of rice nested association mapping
populations)

補助事業分担者 (日本語) 国立大学法人名古屋大学大学院生命農学研究科

所属 役職 氏名 : 准教授・土井 一行
(英 語) Graduate School of Bioagricultural Sciences, Nagoya University
Associate Professor Kazuyuki Doi

II. 成果の概要 (総括成果報告)

補助事業代表者 : 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構・国立遺伝学研究所系統生物研究センター植物遺伝研究室・佐藤 豊 総括成果報告を参照。

III. 成果の外部への発表

(1) 学会誌・雑誌等における論文一覧 (国内誌 3件、国際誌 63件)

1. Nosaka M, Itoh J, Nagato Y, Ono A, Ishiwata A, Sato Y. Role of transposon-derived small RNAs in the interplay between genomes and parasitic DNA in rice. *PLoS Genet.* 2012, 8, e1002953.
2. Huang X, Kurata N, Wei X, Wang ZX, Wang A, Zhao Q, Zhao Y, Liu K, Lu H, Li W, Guo Y, Lu Y, Zhou C, Fan D, Weng Q, Zhu C, Huang T, Zhang L, Wang Y, Feng L, Furuumi H, Kubo T, Miyabayashi T, Yuan X, Xu Q, Dong G, Zhan Q, Li C, Fujiyama A, Toyoda A, Lu T, Feng Q, Qian Q, Li J, Han B. A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature.* 2012, 490, 497-501.
3. Sotowa M, Ootsuka K, Kobayashi Y, Hao Y, Tanaka K, Ichitani K, Flowers JM, Purugganan MD, Nakamura I, Sato YI, Sato T, Crayn D, Simon B, Waters DL, Henry RJ, Ishikawa R. Molecular relationships between Australian annual wild rice, *Oryza meridionalis*, and two related perennial forms. *Rice(N Y).* 2013, 6, 26.
4. Sato Y, Namiki N, Takehisa H, Kamatsuki K, Minami H, Ikawa H, Ohyanagi H, Sugimoto K, Itoh J, Antonio BA, Nagamura Y. RiceFRIEND: a platform for retrieving coexpressed gene networks in rice. *Nucleic Acids Res.* 2013, 41, D1214-21.
5. Ogiso-Tanaka E, Matsubara K, Yamamoto S, Nonoue Y, Wu J, Fujisawa H, Ishikubo H, Tanaka T, Ando T, Matsumoto T, Yano M. Natural variation of the RICE FLOWERING LOCUS T 1 contributes to flowering time divergence in rice. *PLOS ONE.* 2013, 8, e75959.
6. Yoshida A, Sasao M, Yasuno N, Takagi K, Daimon Y, Chen R, Yamazaki R, Tokunaga H, Kitaguchi Y, Sato Y, Nagamura Y, Ushijima T, Kumamaru T, Iida S, Maekawa M, Kyojuka J. TAWAWA1, a regulator of rice inflorescence architecture, functions through the suppression of meristem phase transition. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 767-72.
7. Wu W, Zheng XM, Lu G, Zhong Z, Gao H, Chen L, Wu C, Wang HJ, Wang Q, Zhou K, Wang JL, Wu F, Zhang X, Guo X, Cheng Z, Lei C, Lin Q, Jiang L, Wang H, Ge S, Wan J. Association of functional nucleotide polymorphisms at DTH2 with the northward expansion of rice cultivation in Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 2775-80.
8. Ishii T, Numaguchi K, Miura K, Yoshida K, Thanh PT, Htun TM, Yamasaki M, Komeda N, Matsumoto T, Terauchi R, Ishikawa R, Ashikari M. OsLG1 regulates a closed panicle trait in domesticated rice. *Nat. Genet.* 2013, 45, 462-5.
9. Cheng X, Zhu L, He G. Towards understanding of molecular interactions between rice and

- the brown planthopper. *Mol. Plant.* 2013,6, 621-34.
10. Ishimaru K, Hirotsu N, Madoka Y, Murakami N, Hara N, Onodera H, Kashiwagi T, Ujiie K, Shimizu B, Onishi A, Miyagawa H, Katoh E. Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene *TGW6* enhances rice grain weight and increases yield. *Nat. Genet.* 2013, 45, 707-11.
 11. Yi C, Zhang W, Dai X, Li X, Gong Z, Zhou Y, Liang G, Gu M. Identification and diversity of functional centromere satellites in the wild rice species *Oryza brachyantha*. *Chromosome Res.* 2013, 21, 725-37.
 12. Fujita D, Trijatmiko KR, Tagle AG, Sapaap MV, Koide Y, Sasaki K, Tsakirpaloglou N, Gannaban RB, Nishimura T, Yanagihara S, Fukuta Y, Koshihata T, Slamet-Loedin IH, Ishimaru T, Kobayashi N. *NAL1* allele from a rice landrace greatly increases yield in modern indica cultivars. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2013, 110, 20431-6.
 13. Komiya R, Ohyanagi H, Niihama M, Watanabe T, Nakano M, Kurata N, Nonomura K. Rice germline-specific Argonaute MEL1 protein binds to phasiRNAs generated from more than 700 lincRNAs. *Plant J.* 2014, 78, 385-97.
 14. Tsuda K, Kurata N, Ohyanagi H, Hake S. Genome-wide study of KNOX regulatory network reveals brassinosteroid catabolic genes important for shoot meristem function in rice. *Plant Cell.* 2014, 26, 3488-500.
 15. Chen S, Liu R, Koyanagi KO, Kishima Y. Rice genomes recorded ancient pararetrovirus activities: Virus genealogy and multiple origins of endogenization during rice speciation. *Virology.* 2014, 471-473, 141-52.
 16. Zhang F, Huang LY, Zhang F, Ali J, Cruz CV, Zhuo DL, Du ZL, Li ZK, Zhou YL. Comparative transcriptome profiling of a rice line carrying *Xa39* and its parents triggered by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* provides novel insights into the broad-spectrum hypersensitive response. *BMC Genomics.* 2015, 16, 111.
 17. Copetti D, Zhang J, El Baidouri M, Gao D, Wang J, Barghini E, Cossu RM, Angelova A, Maldonado L CE, Roffler S, Ohyanagi H, Wicker T, Fan C, Zuccolo A, Chen M, Costa de Oliveira A, Han B, Henry R, Hsing YI, Kurata N, Wang W, Jackson SA, Panaud O, Wing RA. RiTE database: a resource database for genus-wide rice genomics and evolutionary biology. *BMC Genomics.* 2015, 16, 538.
 18. Tanaka W, Ohmori Y, Ushijima T, Matsusaka H, Matsushita T, Kumamaru T, Kawano S, Hirano HY. Axillary Meristem Formation in Rice Requires the WUSCHEL Ortholog *TILLERS ABSENT1*. *Plant Cell.* 2015, 27, 1173-84.
 19. Shenton MR, Ohyanagi H, Wang ZX, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Feng Q, Han B, Kurata N. Rapid turnover of antimicrobial-type cysteine-rich protein genes in closely related *Oryza* genomes. *Mol. Genet. Genomics.* 2015, 290, 1753-70.
 20. Yan J, Aboshi T, Teraishi M, Stricklerb SR, Spindel JE, Tung CW, Takata R, Matsumoto F, Maesaka Y, McCouch SR, Okumoto Y, Mori N, Jandera G. The Tyrosine Aminomutase *TAM1* Is Required for β -Tyrosine Biosynthesis in Rice. *Plant Cell.* 2015, 27,1265-78.
 21. Fujino K, Obara M, Ikegaya T, Tamura K. Genetic shift in local rice populations during rice breeding programs in the northern limit of rice cultivation in the world. *Theor. Appl. Genet.* 2015, 128, 1739-46.
 22. Taguchi-Shiobara F, Ota T, Ebana K, Ookawa T, Yamasaki M, Tanabata T, Yamanouchi U,

- Wu J, Ono N, Nonoue Y, Nagata K, Fukuoka S, Hirabayashi H, Yamamoto T, Yano M. Natural Variation in the Flag Leaf Morphology of Rice Due to a Mutation of the NARROW LEAF 1 Gene in *Oryza sativa* L. *Genetics*. 2015, 201, 795-808.
23. Kubo T, Takashi T, Ashikari M, Yoshimura A, Kurata N. Two tightly linked genes at the *hsa1* locus cause both F1 and F2 hybrid sterility in rice. *Mol. Plant*. 2016, 9, 221-32.
 24. Miyamoto K, Fujita M, Shenton MR, Akashi S, Sugawara C, Sakai A, Horie K, Hasegawa M, Kawaide H, Mitsuhashi W, Nojiri H, Yamane H, Kurata N, Okada K, Toyomasu T. Evolutionary trajectory of phytoalexin biosynthetic gene clusters in rice. *Plant J*. 2016, 87, 293-304.
 25. Uehara KB, Wang DR, Furuta T, Minami A, Nagai K, Gamuyao R, Asano K, Shim RBA, Shimizu Y, Ayano M, Komeda N, Doi K, Miura K, Toda Y, Kinoshita T, Okuda S, Higashiyama T, Nomoto M, Tada Y, Shinohara H, Matsubayashi Y, Greenberg A, Wu J, Yasui H, Yoshimura A, Mori H, McCouch SR, Ashikari M. Loss of function at RAE2, a previously unidentified EPFL, is required for awnlessness in cultivated Asian rice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2016, 113, 8969-74.
 26. Liu H, Nonomura KI. A wide reprogramming of histone H3 modifications during male meiosis I in rice is dependent on the Argonaute protein MEL1. *Journal of Cell Science*. 2016, 129, 3553-61.
 27. Win KT, Yamagata Y, Doi K, Uyama K, Nagai Y, Toda Y, Kani T, Ashikari M, Yasui H, Yoshimura A. A single base change explains the independent origin of and selection for the nonshattering gene in African rice domestication. *New Phytol*. 2017, 213, 1925-35.

(2) 学会・シンポジウム等における口頭・ポスター発表

1. Construction of MNU-induced mutant pools and high performance TILLING system for detection of SNPs in rice, 口頭, Kumamaru T, BIT's 3rd Annual World, World DNA and Genome Day, 2012/4/26, 国外.
2. Identification of mutants for factors required for the ER-localization of prolamin-mRNAs in rice by TILLING method, ポスター, Kumamaru T, Taniguchi K, Fujimoto W, Okita TW. *Plant Biology 2012, American Society of Plant Biologists*, 2012/7/21, 国外.
3. 次世代育種に向けた取り組み～高速DNAシーケンシングとデータ解析の遺伝学～, 口頭, 大柳一, 永田俊文, 久保貴彦, 津田勝利, 藤田雅丈, 竹下紗由美, 瓦間淳子, 長崎英樹, 望月孝子, 神沼英里, 中村保一, 五十嵐香里, 矢野健太郎, 会津智幸, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 倉田のり, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/14, 国内.
4. 野生イネ系統群のゲノム種を識別する InDel マーカーの開発, 口頭, 山木辰一郎, 大柳一, 山崎将紀, 宮林登志江, 永口貢, 久保貴彦, 倉田のり, 野々村賢一, 日本育種学会第122回講演会, 2012/9/15, 国内.
5. CC genome pseudomolecule construction for resolving species diversification, 口頭, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
6. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in *Oryza sativa* complex species, ポスター, Shenton M, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics

- (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
7. CC genome pseudomolecule construction by BAC-supported super scaffolding, ポスター, Ohyanagi H, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Fujita M, Igarashi K, Yano K, Goicoechea JL, Wing R, Kurata N. 10th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2012/11/27, 国外.
 8. イネ種子におけるグルテリンの細胞内輸送に関する GLUP7 遺伝子の連鎖地図の構築, ポスター, 北原 真衣, 田代 康介, 熊丸 敏博, 日本育種学会第 123 回講演会, 2013/3/28, 国内.
 9. Rab5/GEF system is essential for intracellular transport of proglutelin from the Golgi apparatus to the protein storage vacuole in rice endosperm, ポスター, Wen L, Fukuda M, Ogawa M, Okita TW, Sunada M, Ueda T, Kumamaru T. Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
 10. Identification of potential effectors for the small regulator Rab5, ポスター, Nagamine A, Kumamaru T, Okita TW, Plant Biology 2013, American Society of Plant Biologists, 2013/7/21, 国外.
 11. *Oryza glaberrima Steud.* との種間交雑における花粉不稔を緩和する日本型イネの作出, 口頭, 山形悦透, 吉村 淳, 日本育種学会第 124 回講演会, 2013/10/13, 国内.
 12. Diversity of cysteine-rich antimicrobial-like peptides in some Oryza AA genome species, ポスター, Shenton M, Ohyanagi H, Toyoda A, Fujiyama A, Nagata T, Kurata N. 11th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2013/11/23, 国外.
 13. 近縁イネゲノムにおける抗菌タイプのシステインリッチタンパク質の多様性, 口頭, Shenton Matthew, 大柳一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 永田俊文, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
 14. イネ雑種不稔遺伝子 S35 と EFS の遺伝的関係について, 口頭, 久保貴彦, 吉村淳, 倉田のり, 日本育種学会第 125 回講演会, 2014/3/22, 国内.
 15. Physiological role of plastid membrane transporters involved in transport of intermediates of starch biosynthesis in rice, ポスター, Satoh R, Shiraishi S, Okita TW, Maeshima M, Kumamaru T. Plant Biology Europe FESPB/EPSO, 2014/6/23, 国外.
 16. 米の主要なトリアシルグリセロールリパーゼ候補遺伝子の推定と TILLING 法による変異系統候補の選抜, 口頭, 長谷川 陽一, 濱田 茂樹, 熊丸 敏博, 松坂 弘明, 鈴木 保宏. 日本育種学会, 2014/9/26, 国内.
 17. イネ組換え自殖系統への次世代シーケンサーを用いたジェノタイピング法 (Genotyping by Sequencing, GBS) の適用, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 126 回講演会, 2014/9/27, 国内.
 18. Deciphering the Oryza officinalis genome sequence and construction of genomic information infrastructure for Oryza wild accessions, 口頭, Ohyanagi H, Kobayashi M, Fujita M, Shenton M, Kubo T, Toyoda A, Fujiyama A, Yamazaki Y, Goicoechea JL, Wing RA, Yano K, Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2014/11/17, 国外.
 19. mRNAseq analysis of Oryza sativa and Oryza officinalis pistils, ポスター, Shenton M, Kurata N. 12th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2014/11/17,19, 国外.
 20. Consideration of O. Rufipogon Diversity with a SNP Database, ポスター, Ohyanagi H,

- Ebata T, Huang X, Gong H, Fujita M, Toyoda A, Fujiyama A, Wang ZX, Han B, Yamazaki Y, Kurata N. *Plant & Animal Genome XXIII*, 2015/1/12, 国外.
21. イネ葉脈パターンの解析と細葉遺伝子 *ALM1* の単離, 口頭, 久保 文香, 安居 佑季子, 佐藤 豊, 熊丸 敏博, 平野 博之, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 22. *Oryza sativa* と *O. rufipogon* 交雑後代にて見出された F₁ 花粉不稔の原因となる重複遺伝子座 *DGS1* と *DGS2* の単離, ポスター, Giao Ngoc Nguyen, 山形 悦透, 重松 佑布, 渡邊 美弥子, 宮崎 雄太, 土井一行, 伊藤 友子, 金森 裕之, 呉 健忠, 松本 隆, 吉村 淳, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 23. イネのウンカ・ヨコバイ抵抗性遺伝子に関する近似同質遺伝子系統群の利用, 口頭, 藤田 大輔, 松村 正哉, マイ ヴァン タン, 吉村 淳, 安井 秀, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 24. Genotyping by Sequencing 法を用いたイネ収量関連形質の QTL 解析, ポスター, 朱新昊, 土井一行, 日本育種学会第 127 回講演会, 2015/3/22, 国内.
 25. 野生イネ *Oryza* 属 200 ゲノムの解読と多様性・系統関係の解析, 口頭, 倉田のり, 豊田敦, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 伊川浩司, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 久保 貴彦, 古海弘康, 新濱充, 野々村賢一, Copetti Dario, Rod Wing, 藤山秋佐夫, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 26. 野生イネ *Oryza officinalis* ゲノムの de novo アセンブル, 口頭, 小林正明, 大柳一, 倉田のり, 藤田雅丈, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 矢野健太郎, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 27. *Oryza officinalis* complex についての遺伝的多様性の解析, 口頭, Shenton Matt, 藤田雅丈, 大柳一, 小林正明, 高野知之, 寺島伸, 矢野健太郎, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Copetti Dario, Wing Rod, 倉田のり, 日本育種学会第 128 回講演会, 2015/9/11, 国内.
 28. National BioResource Project (NBRP) in Japan; Rice resources for future challenges, 口頭, Nonomura KI, Kurata N. The 7th ANRRC International Meeting, 2015/9/18, 国外.
 29. Phenotypic diversity and genetic dissection of adaptive traits of wild rice (*Oryza rufipogon*), ポスター, Onogi A, Wang ZX, Kanegae H, Iwata H, Kubo T, Furuumi H, Ohyanagi H, Fujita M, Shenton M, Huang X, Wang Z, Gong H, Feng Q, Han B, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 30. *Oryza officinalis* pseudomolecules as a reference for CC genome species, ポスター, Ohyanagi H, Kobayashi M, Copetti D, Shenton M, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 31. Phylogenetic analysis in the *Oryza officinalis* complex, ポスター, Shenton M, Fujita M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Toyoda A, Copetti D, Kudrna D, Wing R, Ikawa H, Takano T, Teradhim S, Yano, K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Kurata N. 13th International Symposium on Rice Functional Genomics (ISRFG), 2015/9/23, 国外.
 32. イネにおける Nested Association Mapping 法の適用, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 西内俊策, 土井一行, 第 23 回育種学会中部地区談話会, 2015/11/21, 国内.
 33. *Oryza* Genome and its future perspectives, 口頭, 大柳一, Shenton Matthew, 江端俊伸, 山崎由紀子, 藤田雅丈, 望月孝子, Huang Xuehui, Gong Hao, 神沼英里, 中村保一, 豊田敦, 藤山秋佐夫, Feng Q, Wang ZX, Han B, 倉田のり, 第 57 回日本植物生理学会年会, 2016/3/19, 国

内.

34. 炊飯米が高水分吸収性で低糊化温度澱粉の性質をもつスターチシンターゼ SSIIa 欠損変異体米の単離, 口頭, 藤田 直子, 齊藤 雄飛, 三浦 聡子, 保坂 優子, クロフツ 尚子, 渡辺 紀之, 熊丸 敏博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
35. 葉の表皮組織に部分的欠損を持つイネ変異体の解析, 口頭, 松本 光梨, 安居 佑季子, 熊丸 敏博, 平野 博, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/21, 国内.
36. イネの Nested Association Mapping 集団の作出, ポスター, 森潤一, 島津瑛久, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.
37. GBS 法によるイネ Nested Association Mapping 集団の遺伝子型決定, ポスター, 島津瑛久, 森潤一, 春原英彦, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 129 回講演会, 2016/3/22, 国内.
38. イネ Nested Association Mapping 集団の作出と GBS による遺伝子型決定, ポスター, 春原英彦, 島津瑛久, 森潤一, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, イネ遺伝学・分子生物学ワークショップ, 2016/7/4, 国内.
39. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. The 8th ANRRC International Meeting, 2016/9/22, 国内.
40. Sequencing and assembly of a reference genome for *Oryza officinalis* reveals widespread expansion, disruption and rearrangement in the *Oryza* C genome, 口頭, Shenton M, Ohyanagi H, Kobayashi M, Ohmido N, Copetti D, Hernandez-Hernandez T, Fujita M, Toyoda A, Kudrna D, Wing R, Takano T, Terashima S, Ikawa H, Yano K, Fujiyama A, Furuumi H, Kubo T, Nonomura KI, Sato Y, Kurata N. 14th International Symposium on Rice Functional Genomics, 2016/9/26, 国外.
41. イネ染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみの遺伝解析, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 西内俊策, 田崎三香子, 土井一行, 第 24 回育種学会中部地区談話会, 2016/11/19, 国内.
42. 日本型栽培イネ台中 65 号と南アメリカ原産野生イネ *O. glumaepatula* 間交雑に見られる F₁ 花粉不稔遺伝子座 *S22A* の原因遺伝子の特定, 口頭, 山形 悦透・安井 秀・吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
43. *Oryza glaberrima* の非脱粒性獲得に関与する *SH3* 座の一塩基置換, ポスター, Khin Thanda Win, 山形 悦透, 土井 一行, 宇山 和宏, 永井 康子, 戸田 陽介, 可児 隆裕, 芦苺基行, 安井 秀, 吉村 淳, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.
44. 台中 65 号と aus 型イネの交雑後代で見出された染色体 1 長腕末端領域の分離ゆがみ, ポスター, 國枝真依, 春原英彦, 島津瑛久, 田崎三香子, 西内俊策, 土井一行, 日本育種学会第 131 回講演会, 2017/3/30, 国内.

(3) 「国民との科学・技術対話社会」に対する取り組み

1. パーソナルゲノム時代の食料研究, 倉田のり, 日本遺伝学会公開市民講座, 2015/9/26, 国内.
2. お米の来た道行く道～イネ遺伝研究にみる温故知新～, 野々村賢一, 遺伝学講座・みしま, 2015/10/17, 国内.

3. 遺伝研の野生イネとゲノムの研究, 倉田のり, 国立遺伝学研究所公開講演会 2015, 2015/11/7, 国内.
4. カンボジア野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/2/8, 国内.
5. カンボジア野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/2/15, 国内.
6. 野生イネの話 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/5/24, 国内.
7. 野生イネの話 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/5/31, 国内.
8. 中国のイネ国際学会に参加して, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/11/15, 国内.
9. イネの花粉を作る遺伝子の話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2015/11/22, 国内.
10. ミャンマー野生イネ探索 1, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/1/31, 国内.
11. ミャンマー野生イネ探索 2, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/2/7, 国内.
12. 花の構造に関するお話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/6/26, 国内.
13. バナナと三倍体, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/7/3, 国内.
14. 大隈先生とオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/10/30, 国内.
15. 植物のオートファジー, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2016/11/6, 国内.
16. ソメイヨシノにまつわる話, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2017/3/5, 国内.
17. 植物が春に花を咲かせる仕組み, 野々村賢一, ラジオ『サイエンス NOW』(ボイス・キュー: エフエムみしま・かんなみ 毎週日曜日 12:00~12:30), 2017/3/12, 国内.

(4) 特許出願

鈴木保宏、長谷川陽一、永田俊文、濱田茂樹、秋田祐介、熊丸敏博、松坂弘明

トリアシルグリセロールリパーゼ変異植物

優先権主張 特願 2014-058474 (平成 26 年 3 月 20 日出願)

特願 2015-52078 (平成 27 年 3 月 16 日出願)

特開 2015-192662 (平成 27 年 11 月 5 日)