

令和 3 年 6 月 4 日現在

機関番号：32670

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H04836

研究課題名(和文) ヒメミカヅキモの性染色体様領域から迫る生殖様式進化の遺伝的背景

研究課題名(英文) Genetic background of evolution of sexual reproduction system in *Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex, approached by sex chromosome-like regions

研究代表者

関本 弘之 (SEKIMOTO, Hiroyuki)

日本女子大学・理学部・教授

研究者番号：20281652

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,400,000円

研究成果の概要(和文)：ヘテロタリック株(交配群I-E)のゲノム解読により、-型ゲノムのみが存在する性染色体様領域を見出し、+型ゲノムには特異的領域がないことを明らかにした。さらに交配群II-A, II-Bおよびホモタリック株(naga37s-1, yama58-3)のゲノムも解読した。また、naga37s-1株のCpMinus1オルソログの発現レベルを形質転換により変動させることで、ヘテロタリック化傾向が強まることが示され、CpMinus1の発現が生殖様式決定に影響を与えることも明らかになった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

陸上植物における有性生殖システムは、ミカヅキモを含む接合藻類段階で獲得されたものを基礎としていと考えられる。本研究では、ヘテロタリズムを行うヒメミカヅキモの性決定機構の実態解明が進み、CpMinus1とその周辺の-型特異的なゲノム領域が一義的に性表現を決めることがあきらかになった。さらに生殖様式の進化にもCpMinus1の発現が深く関わることを示唆された。以上の結果は、植物における性分化、生殖機構の進化とゲノム変化との関係を包括的に理解する上でも、極めて重要な情報となりうると評価できる。

研究成果の概要(英文)： We obtained the genome information of the several heterothallic strains and homothallic strains. We found mating-type minus-specific genome regions from mating-group I-E, in which CpMinus1 gene was included. We also found the absence of mating-type plus-specific genome region. Over expression or suppression of orthologous gene of heterothallic CpMinus1 in the homothallic strain suppressed their homothallism and tended to change the mating behavior as to be heterothallism. From the results, we considered that the CpMinus1 was responsible not only for determination of mating-types in heterothallic strains but also for control of mode of sexual reproduction in *Closterium*.

研究分野：植物生殖進化学

キーワード：ミカヅキモ 性染色体 性決定遺伝子 有性生殖 ホモタリズム ヘテロタリズム

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

本研究で注目した単細胞接合藻類であるヒメミカツキモは、分子系統学的解析や微小形態の観察から、陸上植物ともっとも近縁な単細胞藻類であることが支持されている。これまでの研究により、有性生殖、無性生殖の転換の人為的制御系と、逆遺伝学的解析のための形質転換系が確立され(Abe et al. 2011, Plant Cell Physiol)、植物の有性生殖の基本部分解明のためのモデル生物と位置づけられるようになった。これまで、遺伝的に異なる+、-型細胞の間で接合子を形成するヘテロタリック株(ヘテロ株)を用いて、その有性生殖機構を生化学、分子生物学の両面から解析してきた。近年、概要ゲノム解析に取り組み、-型細胞ゲノムのみが存在し、親株どうしの掛け合わせにより得られた子孫株の性表現(-型であること)と完全に連鎖する *CpMinus1* 遺伝子の発見に至った。*CpMinus1* 遺伝子は、bZIP 型の転写因子をコードしており、さらにこの遺伝子を+型細胞で強制発現したところ、+型から-型へと性転換し、+型細胞との混合により接合することが明らかになった。しかしながら、交配相手と混ぜずに形質転換体を単独で接合誘導条件においた場合、極少数ではあるが、予想に反して、クローン内でペアをつくり接合子を形成することが判明した。この事実は、① *CpMinus1* 遺伝子産物により-型細胞としての性質が発揮するようになったこと、② +型細胞としての性質もわずかに保持していること、を示唆している。また、この結果は、+型細胞としての振る舞いに関わる未知遺伝子 *CpPlus1*、またはその振る舞いを抑制する未知遺伝子 *CpMinus2* の、いずれか、または双方が存在し、*CpMinus1* とセットとなり、ヘテロ株の性表現を決定することも示唆しており、この関係が崩れることで、クローン内で接合子をつくるホモタリック株(ホモ株)化する可能性も想定された。

一方、ヒメミカツキモのヘテロ株には、これまで用いてきた基準株(交配群 IE)に加えて、生殖隔離した少なくとも3つの交配群(IIA, IIB, IIC)が存在している。また、それぞれに近縁なホモ株が発見され、交配群 IIB に属するヘテロ株は、近縁なホモ株(kodama20株)と部分的な他家接合反応を示した(Tsuchikane et al. 2012, Sex Plant Reprod.)。さらにホモ株の RNAseq 解析の結果、*CpMinus1* オルソログ遺伝子の発見に至った。この遺伝子の発現を抑制した形質転換体では、自家接合能力が低下し、近縁なヘテロ株との混合により、他家接合する傾向が高まった。

以上の結果は、ヒメミカツキモにおける他殖、自殖といった生殖様式が、性決定遺伝子群の働きにより、比較的容易に転換しうることを示唆している。そこで、ヒメミカツキモの性染色体様領域と性決定遺伝子群に注目し、生殖様式進化に関わった遺伝的背景を解明することを着想した。

2. 研究の目的

本研究では、①標準株の+型、-型細胞それぞれのゲノム解読を完了し、②+型、-型細胞を特徴付ける性染色体様領域を特定する。両性の性染色体を構成する遺伝子群の中から、③ゲノム特異的に存在する遺伝子の発現を抑制、または他方の細胞内で異所的発現させ、性転換が起こるかどうかを検証し、性決定遺伝子群を同定する。④あらたに性決定に関わると判明した遺伝子については、形質転換体の比較 transcriptome 解析を行い、*CpMinus1* との関係性を明らかにする。

さらに、⑤標準株と生殖隔離した関係にある2つの交配群から、1組ずつヘテロ株を選び、それらと近縁な各ホモ株とともにゲノムリシーケンスを行う。生殖システムの進化に伴い、性染色体上の遺伝子群がどのような選択圧を受けたかをグループ毎に解析し、3グループで独立に起こった進化の実体を比較する。

以上より、ヒメミカツキモの性分化、生殖機構の進化に関わる遺伝的背景の解明を目指す。

3. 研究の方法

(1) ヘテロ(基準)株のゲノム解読

P6-C4 ケミストリーを用いた PacBio シークエンサーによる long read data を取得し、FALCON または canu によるアセンブルを行った。Illumina による short read data を十分取得し、データの正確性と厚みを増やした。発現している遺伝子の全長構造を得るために、基準株について PacBio シークエンサーを用いた Isoform sequence を行った。

最新バージョンの FALCON によるゲノムアセンブルを行い、得られた contig data に対して、pilon をかけて indel について Illumina のデータによって補正し、augustus による遺伝子構造予測に用いた。その際、Isoform Sequence, 完全長 cDNA の EST データ, RNA-seq データを hint 情報として与えた。

(2) *CpMinus1* 遺伝子破壊株の作出と表現型解析

ヒメミカヅキモ用 CRISPR/Cas9 システム(Kanda et al. 2017)を適用し、-型株において、*CpMinus1* 遺伝子の破壊を行った。コンストラクトが挿入された薬剤耐性株から、1細胞ずつ単離して、クローン株を確立した。それらから *CpMinus1* を含むゲノム領域を増幅し、配列を確認した。

遺伝子変異を持つ-型株について、+型および-型株と交配し、その性表現を調べた。さらに、これらの変異株を性分化条件にて培養して、RNA を抽出し、野生型由来の RNA とともに、比較 transcriptome 解析を行った。

(3) 交配子孫株の Illumina シーケンシングと性と連鎖するゲノム領域の特定

基準株を交配し、子孫株 (+ 型 14 株、- 型 12 株) を得て、これらからゲノム DNA を調製し、Illumina short read データを取得した。これらのデータをアセンブルされたゲノム contig にマッピングし、一方の性表現と挙動を共にする contig を選抜した。

(4) 生殖隔離したヘテロ系統株および近縁なホモ株のゲノムシーケンシングと比較解析

標準株と生殖隔離した関係にある 2 つの交配群から、NIES-53, 54 株 (交配群 IIA)、NIES-64, 65 株 (交配群 IIB) を選び、それらと近縁な各ホモ株 (naga37s-1 株、yama58-3 株) とともに、ゲノムデータを取得することとした。その際、Illumina による short read data を適宜取得するとともに、NIES-64, 65 株、naga37s-1 株、yama58-3 株については、PacBio による long read data も取得した。得られた配列データをアセンブルし、それぞれ contig および scaffold を得た。さらに Augustus による遺伝子構造予測を行い、それぞれの遺伝子数を集計しつつ、それぞれからオルソログを検索し、コピー数をカウントして、遺伝子重複とゲノム構成について、系統間で比較した。

(5) ホモタリック (naga37s-1) 株における *CpMinus1* 遺伝子オルソログの逆遺伝学的解析

CpMinus1N を恒常的に発現するため、*CpEF3* 遺伝子プロモーターの下流に連結し、異所的な遺伝子過剰発現株を作出することとした。得られた形質転換体を用いて、有性生殖反応に影響が出ているかを調べた。また、この株と近縁なヘテロタリック株である NIES-51 (+ 型)、52 (- 型、*CpMinus1* オルソログを持つ) と混合して接合を誘起させ、カウントした全細胞に対する各有性生殖反応の割合を算出した。

また、ヘテロ株同様に、CRISPR/Cas9 システムを適用し、*CpMinus1* 遺伝子オルソログである *CpMinus1N* 遺伝子の破壊を試みた。その際、Cas9 遺伝子の発現には、*CpHSP70* 遺伝子プロモーターおよび *CpEF3* 遺伝子プロモーターを用いた。得られた薬剤耐性株からゲノム DNA を抽出し、*CpMinus1N* 遺伝子の増幅と変異確認を行った。

4. 研究成果

(1) ヘテロ (基準) 株のゲノム解読

基準株のゲノム情報をさらに改善するために、Illumina short read data を用いたこれまでの解析に、最新の P6-C4 ケミストリーを用いた PacBio シークエンサーによるデータを加えて、最新バージョンの FALCON によるアセンブルを行い、比較的信頼できる contig data を得た。これを持ってしても、N50 は + 型で 351 kb、- 型細胞で 274 kb に留まり、*CpMinus1* を含む contig 自身が 140 kb 程度しかつながらなかった。一方、total contig 長は、それぞれ 360 Mb および 337 Mb となり、Illumina short read データを用いた k-mer 頻度解析結果と遜色ない値となった。

Augustus を用いた遺伝子構造予測により、ゲノム上の遺伝子を同定した。両細胞の遺伝子を比較して、プラス型ゲノムに特異的に存在する遺伝子、マイナス型ゲノムに特異的に存在する遺伝子 (*CpMinus1* を含む) をそれぞれ発見した。これらの中で、転写因子をコードするものは *CpMinus1* のみであった。また、依然としてプラス型細胞の性染色体様領域の確定には至らず、そのような領域が存在しない可能性が高まってきた。

(2) *CpMinus1* 遺伝子破壊株の作出と表現型解析

研究室内で確立したヒメミカヅキモ用 CRISPR/Cas9 システムを適用し、-型の *CpMinus1* 遺伝子の破壊を行った。得られた 5 系統の遺伝子破壊株は、いずれも完全に + 型性表現を示しており、-型特異的発現を示す遺伝子の発現は見られず、+ 型特異的発現を示す遺伝子の発現が高まった。このことより、+ 型ゲノムのみが存在する *CpPlus1* 遺伝子が存在する可能性は否定的となり、*CpMinus1* 遺伝子だけでほぼ性表現が確定することが明らかになった。また、*CpMinus1* と連鎖して、その性決定機能を補助する遺伝子の存在する可能性がますます高まった。

以前に作出していた *CpMinus1* の発現を + 型にて異所的に誘導した株、*CpMinus1* 遺伝子破壊株、野生型 + 型株、野生型 - 型株を用いて、比較 transcriptome 解析を行い、すべての条件において、*CpMinus1* の存在と一致して発現される遺伝子と、発現が抑制される遺伝子を同定した。

(3) 交配子孫株の Illumina シーケンシングと性と連鎖するゲノム領域の特定

基準株の交配によって得られた子孫株のゲノム情報より、- 型性表現と完全に連鎖する 8 のゲノム contig (合計約 2 Mb) を選抜した。その領域には、*CpMinus1* の他に多くの遺伝子が座乗し

ており、その中には+型ゲノムに配列類似性を示さない遺伝子が複数含まれていた。一方、+型性表現と連鎖する+型ゲノム contig は全く得られなかった。このことから、(1)で示唆された可能性を補完し、ヒメミカヅキモの性表現は、-型ゲノム上にある領域のみが関わっており、+型ゲノムそのものは性表現には関わらないことが強く示唆された。

(4) 生殖隔離したヘテロ系統株および近縁なホモ株のゲノムシーケンシングと比較解析

PacBio による long read data を得た 4 株について、それぞれのアセンブルによって得られた contig の合計長と総遺伝子数を算出した。

(5) ホモタリック (naga37s-1) 株における *CpMinus1* 遺伝子オルソログ (*CpMinus1N*) の逆遺伝学的解析

CpMinus1N 遺伝子を、ヘテロ基準株由来の *CpEF3* 遺伝子プロモーター下流に連結し、恒常的な遺伝子発現を試みたところ、3 株の形質転換体 (pN07-2-3-1, pN07-2-3-2, pN07-12-2-1) を得た。これらを野生株と同様の方法で単独で接合誘起したところ、形質転換体では有性生殖反応が低下し、特に接合子形成率の顕著な低下が見られた。pN07-12-2-1 では単独プロトプラスト放出も顕著に低下していた。これらと野生株 (naga37s-1) を、近縁なヘテロタリック株 (交配群 IIA) の NIES-51 (mt⁺), 52 (mt⁻, *CpMinus1*) と混合したところ、野生型では NIES-51, 52 との混合ともに接合子がみられ、NIES-51 との混合よりも *CpMinus1* が存在する NIES-52 との混合でより有性生殖反応が上昇するという傾向が見られた。形質転換体では NIES-51, 52 のいずれと掛け合わせても接合子はほぼ見られなかった。また NIES-51 との混合よりも NIES-52 との混合で、有性生殖反応が上昇するという野生型と同じ傾向が見られたが、遺伝子導入株ではそれがより顕著なものになっていた。特に pN07-12-2-1 では NIES-52 との混合で極端に単独プロトプラスト放出の割合が上昇していた。

また、*CpMinus1N* 遺伝子の破壊を、基準株で確立した CRISPR/Cas9 システムにより試みたが、三カ所の異なる部位をターゲットとして、数多くの形質転換体を得たものの、遺伝子に対して全く変異を導入できなかった。

(6) まとめと今後の展望

-型ゲノムにおける性染色体様領域を見出した。また+型ゲノムには性染色体様領域がないことが強く示唆されたことは大きな成果である。今後は、-型ゲノム上の性染色体様領域に見出された遺伝子から、転写因子をコードするものを性決定遺伝子 *CpMinus2* の候補としてピックアップし、各遺伝子を *CpMinus1* とともに反対の性で強制発現または CRISPR/Cas9 により遺伝子を破壊した形質転換体の作出と表現型解析を行い、性決定における役割を検証する。また、これらの形質転換体を用いて比較 transcriptome 解析を行い、遺伝子間の転写制御の実体を明らかにする。

さらに、基準株で得られた性染色体様領域に注目し、ホモタリック株およびそれと近縁なヘテロタリック株の構造を比較する。*CpMinus1*, *CpMinus2* の有性生殖期の発現変動をモニターすることで、まずはホモ化のメカニズムに迫りたい。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計9件（うち査読付論文 9件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 6件）

1. 著者名 Tsuchikane, Y., Kobayashi, H., Kato, M., Watanabe, J., Wu, J.-T., Sekimoto, H.	4. 巻 131
2. 論文標題 Identification of a new mating group and reproductive isolation in the <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 J. Plant Res.	6. 最初と最後の頁 735-746
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10265-018-1043-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Higo, A., Kawashima, T., , , Sekimoto, H., , , Araki, T. (計25名)	4. 巻 9
2. 論文標題 Transcription factor DU01 generated by neo-functionalization is associated with evolution of sperm differentiation in plants	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Nat. Commun.	6. 最初と最後の頁 5283
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41467-018-07728-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Rahman, H., Toda, E., Kobayashi, M., Kudo, T., Koshimizu, S., Takahara, M., Iwami, M., Watanabe, Y., Sekimoto, H., Yano, K., Okamoto, T.	4. 巻 60
2. 論文標題 Expression of genes from paternal alleles in rice zygotes and involvement of OsASGR-BBML1 in initiation of zygotic development	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Plant Cell Physiol.	6. 最初と最後の頁 725-737
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/pcp/pcz030	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Tsuchikane, Y., Sekimoto, H.	4. 巻 221
2. 論文標題 The genus <i>Closterium</i> , a new model organism to study sexual reproduction in streptophytes	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 New Phytol.	6. 最初と最後の頁 99-104
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/nph.15334	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yamamoto, K., Kawai-Toyooka, H., Hamaji, T., Tsuchikane, Y., Mori, T., Takahashi, F., Sekimoto, H., Ferris, P.J., Nozaki, H.	4. 巻 12
2. 論文標題 Molecular evolutionary analysis of a gender-limited MID ortholog from the homothallic species <i>Volvox africanus</i> with male and monoecious spheroids	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 PLOS One	6. 最初と最後の頁 e0180313
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0180313	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kanda, N., Ichikawa, M., Ono, A., Toyoda, A., Fujiyama, A., Abe, J., Tsuchikane, Y., Nishiyama, T., Sekimoto, H.	4. 巻 7
2. 論文標題 CRISPR/Cas9-based knockouts reveal that CpRLP1 is a negative regulator of the sex pheromone PR-IP in the <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Sci. Rep.	6. 最初と最後の頁 17873
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-017-18251-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Sekimoto, H.	4. 巻 130
2. 論文標題 Sexual reproduction and sex determination in green algae	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 J. Plant Res.	6. 最初と最後の頁 423-431
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10265-017-0908-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Abe, J., Hirano, N., Komiya, A., Kanda, N., Fujiwara, A., Hori, S., Tsuchikane, Y., Sekimoto, H.	4. 巻 6
2. 論文標題 Preparation of knockdown transformants of unicellular charophycean alga, <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Bio-protocol	6. 最初と最後の頁 e1813
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.21769/BioProtoc.1813	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Abe, J., Hori, S., Sato, M., Sekimoto, H.	4. 巻 7
2. 論文標題 Concanavalin A disrupts the release of fibrous material necessary for zygote formation of a unicellular charophycean alga, <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Frontiers in Plant Science	6. 最初と最後の頁 1040
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fpls.2016.01040	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

[学会発表] 計38件(うち招待講演 5件/うち国際学会 13件)

1. 発表者名 Sekimoto, H.
2. 発表標題 CRISPR/Cas9-based knockouts reveal the action mechanism of the sex pheromone PR-IP in unicellular zygnematophycean alga, <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex
3. 学会等名 EMBO Workshop _New shores in land plant evolution (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Roman Skokan, Stanislav Vosolsob, Junko Kawai, Hiroyuki Sekimoto, Henrik Buschmann, Jan Petr__ek
2. 発表標題 Auxin response in conjugating green algae (Zygnematophyceae)
3. 学会等名 EMBO Workshop _New shores in land plant evolution (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 平田優香、土金勇樹、西山智明、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモの有性生殖進行に関わるRWP-RK遺伝子の解析
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 露木奈津美、小宮あゆみ、大槻涼、西山智明、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカヅキモのCpMinus1形質転換体の比較トランスクリプトーム解析
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 川口也和子、土金勇樹、西山智明、関本弘之、土松隆志
2. 発表標題 接合藻ヒメミカヅキモ種内系統間にみられるゲノム構造の変異：生殖様式の進化との関連
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 土金勇樹、小林弘佳、吉田睦未、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカヅキモの性フェロモンPR-IP Inducerによる生殖隔離障壁
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 関本弘之
2. 発表標題 シャジクモ藻類ヒメミカヅキモのモデル植物化
3. 学会等名 日本植物学会第82回大会（招待講演）
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小林弘佳、川口也和子、Mangal Man Shakya、土松隆志、関本弘之、土金勇樹
2. 発表標題 ネパール産ミカヅキモ属の多様性と新規交配群Hの発見
3. 学会等名 日本植物分類学会18回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sekimoto, H., Kanda, N., Kon, S., Nishiyama, T., Tsuchikane, Y.
2. 発表標題 Functional analyses of sex specific receptor-like proteins in Closterium peracerosum-strigosum-littorale complex, using CRISPR/CAS9 system
3. 学会等名 11th International Phycological Congress (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kanda, N., Tsuyuki, N., Kon, S., Nishiyama, T., Tsuchikane, Y., Sekimoto, H.
2. 発表標題 CRISPR/CAS9-induced knockout in unicellular zygmatophycean alga, Closterium peracerosum-strigosum-littorale complex
3. 学会等名 11th International Phycological Congress (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Tsuyuki, N., Komiya, A., Kanda, N., Tsuchikane, Y., Nishiyama, T., Sekimoto, H.
2. 発表標題 CpMinus1, mt- genome specific gene of heterothallic Closterium peracerosum-strigosum-littorale complex, is involved in the sex determination
3. 学会等名 11th International Phycological Congress (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kobayashi, H., Kato, M., Sekimoto, H., Tsuchikane, Y.
2. 発表標題 Reproductive isolation and reproductive interference by sex pheromones in <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex
3. 学会等名 11th International Phycological Congress (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 露木奈津美、神田奈保、小宮あゆみ、川井絢子、土金勇樹、西山智明、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモの性決定におけるCpMinus1遺伝子の逆遺伝学的解析
3. 学会等名 日本植物学会第81回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 神田奈保、今詩織、藤原安理、西山智明、土金勇樹、関本弘之
2. 発表標題 CRISPR/Cas9による、ヒメミカツキモの性特異的受容体型タンパク質の機能解析
3. 学会等名 日本植物学会第81回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 土金 勇樹, 土松 隆志, Shakya Manga I Man, 関本 弘之
2. 発表標題 性特異的遺伝子から明らかにするミカツキモの進化
3. 学会等名 日本植物学会第81回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Tsuyuki, N., Komiya, A., Kanda, N., Tsuchikane, Y., Nishiyama, T., Sekimoto, H.
2. 発表標題 CpMinus1, mating-type minus genome specific gene of Closterium peracerosum-strigosum-littorale complex, promotes mt_ phenotype
3. 学会等名 The 65th NIBB Conference Marchantia Workshop 2017 (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Sekimoto, H.
2. 発表標題 New insights into the sexual reproduction in unicellular zygnematophycean alga, Closterium peracerosum-strigosum-littorale complex
3. 学会等名 The 65th NIBB Conference Marchantia Workshop 2017 (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 板野英美・齋藤真衣・関本弘之・土金勇樹
2. 発表標題 CpMinus1N遺伝子の過剰発現から明らかにするヒメミカツキモの姉妹接合
3. 学会等名 日本植物分類学会第17回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小林弘佳・関本弘之・土金勇樹
2. 発表標題 ヒメミカツキモの失われた交配群とその再発見
3. 学会等名 日本植物分類学会第17回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 村田隆, 川井絢子, 関本弘之, 長谷部光泰
2. 発表標題 ヒメミカツキモの細胞分裂における微小管再編成過程の可視化
3. 学会等名 日本植物生理学会第59回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Sekimoto, H., Komiya, A., Nishiyama, T.
2. 発表標題 The CpMinus1 gene, specifically localized on the mating-type minus genome, is responsible for the sex determination of heterothallic <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex
3. 学会等名 EMBO Workshop: New model systems for early land plant evolution (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 関本弘之
2. 発表標題 シャジクモ藻類ヒメミカツキモの性決定機構の解析
3. 学会等名 日本植物学会第80回大会 (招待講演)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 神田奈保, 関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモの受容体型タンパク質CpRLP1の逆遺伝学的解析
3. 学会等名 日本植物学会第80回大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 川井絢子、金澤愛樹、早川靖彦、関本弘之
2. 発表標題 エレクトロポーレーションによるシャジクモ藻類ヒメミカツキモの安定形質転換系の確立
3. 学会等名 日本植物学会第80回大会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 小林弘佳、加藤万智、関本弘之、土金勇樹
2. 発表標題 接合藻ヒメミカツキモの性フェロモンによる生殖隔離と生殖干渉
3. 学会等名 日本植物分類学会第16回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 神田奈保、西山智明、土金勇樹、関本弘之
2. 発表標題 CRISPR/Cas9 システムを利用したヒメミカツキモのマイナス型細胞特異的受容体型タンパク質 CpRLP1 の機能解析
3. 学会等名 日本植物生理学会第58回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 今詩織、神田奈保、藤原安理、市川真知子、関本弘之
2. 発表標題 CRISPR/Cas9 システムを利用したヒメミカツキモのマイナス型細胞特異的受容体型キナーゼ遺伝子 CpRLK2 の機能解析
3. 学会等名 日本植物生理学会第58回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 露木奈津美、神田奈保、小宮あゆみ、川井絢子、土金勇樹、西山智明、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモの CpMinus1 遺伝子の逆遺伝学的解析
3. 学会等名 日本植物生理学会第58回大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 川口也和子、土金勇樹、田中啓介、太治輝昭、豊田敦、西山智明、関本弘之、土松隆志
2. 発表標題 接合藻ヒメミカツキモにおける生殖様式の平行進化:全ゲノムデータから探る
3. 学会等名 日本進化学会第21回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 関本弘之、露木奈津美、小宮あゆみ、西山智明
2. 発表標題 ヒメミカツキモの遺伝子アノテーションとCpMinus1形質転換体の比較トランスクリプトーム解析
3. 学会等名 日本植物学会第83回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 川口也和子、土金勇樹、田中啓介、太治輝昭、豊田敦、西山智明、関本弘之、土松隆志
2. 発表標題 全ゲノムデータからみたヒメミカツキモの自殖系統におけるホメオログ間組み換え
3. 学会等名 日本植物学会第84回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山口里帆子、福島早貴、今詩織、神田奈保、関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモのPR-IP1は、性フェロモンであるが有性生殖に必須ではない
3. 学会等名 日本植物学会第84回大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡辺実咲, 村田隆, 堤元佐, 大友康平, 根本知己, 西山智明, 土金勇樹, 関本弘之
2. 発表標題 ヒメミカツキモにおける蛍光標識CenH3タンパク質の発現による染色体可視化
3. 学会等名 日本藻類学会第45回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Sekimoto, H., Tsuyuki, N., Komiya, A., Nishiyama, T.
2. 発表標題 The mechanism of mating type determination in heterothallic strains of <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex, a new model organism to study sexual reproduction in streptophytes
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Nishiyama, T., Kamada, H., Miyata, D., Kasahara, M., Sakayama, H., Tsuchikane, Y., Sekimoto, H.
2. 発表標題 Progress in Streptophyte Algae Genomics and Genetics
3. 学会等名 Plant and animal genome conference XXVII (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Takahashi, K., Yamashita, S., Yamamoto, K., Kawai-Toyooka, H., Tsuchikane, Y., Sekimoto, H., Nozaki, H.
2. 発表標題 Three sexes in the anisogamous volvocine alga <i>Pleodorina starrii</i>
3. 学会等名 The 5th International Volvox Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sekimoto, H.
2. 発表標題 The mating type determination in heterothallic strains of <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex, a new model organism to study sexual reproduction in charophycean algae
3. 学会等名 The 5th International Volvox Conference (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sekimoto, H., Tsuyuki, N., Komiya, A., Nishiyama, T.
2. 発表標題 The mechanism of mating type determination in heterothallic strains of <i>Closterium peracerosum-strigosum-littorale</i> complex, a new model organism to study sexual reproduction in streptophytes
3. 学会等名 The SEB satellite meeting "Algal model systems on the rise: understanding and exploiting the algae to land plant transition" (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

<p>日本女子大学理学部物質生物科学科・関本研究室 http://mcm-www.jwu.ac.jp/~sekimoto/Site/Home.html</p>
--

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	西山 智明 (NISHIYAMA Tomoaki) (50390688)	金沢大学・学際科学実験センター・助教 (13301)	

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 協力者	露木 奈津美 (TSUYUKI Natsumi)		
研究 協力者	川口 也和子 (KAWAGUCHI Yawako)		
研究 協力者	神田 奈保 (KANDA Naho)		
研究 協力者	小宮 あゆみ (KOMIYA Ayumi)		
研究 協力者	小林 弘佳 (KOBAYASHI Hiroka)		
研究 協力者	山口 里帆子 (YAMAGUCHI Rihoko)		

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	渡辺 実咲 (WATANABE Misaki)		
研究協力者	齋藤 真衣 (SAITO Mai)		
研究協力者	板野 芙美 (ITANO Fumi)		
研究協力者	澤田 和可子 (SAWADA Wakako)		
研究協力者	井上 恵美子 (INOUE Emiko)		
研究協力者	横山 佳菜 (YOKOYAMA Kana)		
研究協力者	辻谷 甘寧 (TSUJITANI Amane)		
研究協力者	大高 きぬ香 (OTAKA Kinuka)		

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	蔭山 奈恵 (KAGEYAMA Nae)		
連携研究者	土金 勇樹 (TSUCHIKANE Yuki) (20434152)	日本女子大学・理学部・助教 (32670)	
連携研究者	川井 絢子 (KAWAI Junko) (30727673)	日本女子大学・理学部・学術研究員 (32670)	
連携研究者	笠原 雅弘 (KASAHARA Masahiro) (60376605)	東京大学・新領域創成科学研究科・准教授 (12601)	
連携研究者	土松 隆志 (TSUCHIMATSU Takashi) (60740107)	東京大学・理学系研究科・准教授 (12601)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関