

平成23年5月30日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2005～2009

課題番号：17018020

研究課題名（和文） 下等植物の進化・多様性に関するゲノム研究

研究課題名（英文） Comparative genome study on evolution and diversity of lower plants

研究代表者

福澤 秀哉 (FUKUZAWA HIDEYA)

京都大学・大学院生命科学研究科・教授

研究者番号：30183924

研究成果の概要（和文）：

緑藻クラミドモナス染色体の雄特異的ゲノム領域の構造を決定し、新たな性特異的遺伝子を同定した。完全長 cDNA・EST・遺伝子モデル・SOLEXA データの統合データベースを構築した。CO<sub>2</sub> 環境に応答する遺伝子を網羅的に同定し、一部その機能を解明した。ゼニゴケ EST 情報と多型マーカーを取得した。ヒメツリガネゴケの EST・5' SAGE、3' UTR 配列・SOLiD 発現データ、ChIP-seq データを統合したデータベースを構築し、陸上植物の発生遺伝子の進化を推定した。

研究成果の概要（英文）：

By determining sequences of newly established genomic libraries (BAC and FOSMID) of *Chlamydomonas reinhardtii*, we have identified new genes on the genomic R-domain regions responsible to the sex determination. We have developed genome viewers which display the detail information on locations of EST, BAC, FOSMID clones as well as the Illumina or SOLiD short reads (36-76 nucleotide) on the chromosomes of *Chlamydomonas reinhardtii* as well as of a moss, *Physcomitrella patens* was. Functions of CO<sub>2</sub>-responsive proteins and CO<sub>2</sub>-signal transduction pathway was. EST and SNPs/SSRs markers were isolated from a liverwort, *Marchantia polymorpha*. Genes for morphogenesis were phylogenetically analyzed, revealed the evolution of land plants.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005年度	24,900,000	0	24,900,000
2006年度	24,600,000	0	24,600,000
2007年度	22,900,000	0	22,900,000
2008年度	20,000,000	0	20,000,000
2009年度	20,000,000	0	20,000,000
総計	112,400,000	0	112,400,000

研究分野：複合領域

科研費の分科・細目：ゲノム科学・ゲノム生物学

キーワード：光合成 環境応答 生殖 緑藻 苔類 鮮類 ゲノム 次世代シーケンサー

## 1. 研究開始当初の背景

生物の進化・多様性のメカニズムを解明する

為に有用な進化上ユニークな位置にある生物やモデル生物の近縁種のゲノム配列や遺

伝子発現・機能の比較を行うことにより、細胞レベルの進化や生物の多様化機構、動植物の進化・多様化についての大きな手がかりを得ることが当面の課題である。また環境とゲノムの相互作用といった地球規模の視点での研究の展開が必要となっていた。

## 2. 研究の目的

植物に特徴的な諸機能（光合成環境応答／生殖／形態形成）の進化と多様性を理解する為には、ゲノムの視点から複数のモデル植物を比較解析する。本研究では、ゲノム解読が進んだシアノバクテリアと高等植物との間の進化上の橋渡しをするキー生物種として、緑藻クラミドモナス（遺伝学が可能な単細胞真核光合成生物）・苔類ゼニゴケ（性染色体をもつ最初の陸上植物）・蘚類ヒメツリガネゴケ（植物で最も遺伝子ターゲティングが容易）に着目した。これらのモデル生物3種の完全長cDNA（発現領域情報）とゲノム情報を取得し、ゲノム比較を行う。また、遺伝子の網羅的発現情報を得ることで、植物の進化と多様性を決定づける下記の機構を理解する。光合成環境応答関連遺伝子のゲノム進化と多様性、生殖機能の進化と多様性、植物のボディープランの進化と多様性。

## 3. 研究の方法

(1) 完全長cDNAライブラリーの構築：クラミドモナス・ゼニゴケ・ヒメツリガネゴケで、これまでにEST解析が行われていない各種培養条件ならびに成長過程の細胞から完全長cDNAライブラリーを作製し、両末端から配列決定する。(2) 得られたEST情報を、既存の配列データとともにアッセンブルし、発現遺伝子のカタログ化とクラスタリングを行う。各生物特異的データベースにデータを統合し、その配列情報を公開する。(3) 代表遺伝子ごとに分子系統樹作製し、発現遺伝子の共通性、多様性の起源を推定する。(4) 3つの植物種についてゲノム配列を取得連結し、ドラフト配列をデータベース化する。(5) マイクロアレイを作製し、各種培養条件での発現プロファイルを得る。(6) ゲノム進化上重要な遺伝子について、そのゲノム領域の配列情報を決定し、植物種間で比較し、ゲノム構造レベルでの進化情報を得る。

## 4. 研究成果

### ●緑藻クラミドモナス

(1) JGIで推定された15,143遺伝子モデルについてアノテーションを行い、ホームページで公開した。(2) cDNAアレイを用いて、

強光と環境CO<sub>2</sub>濃度変動に対する遺伝子発現プロファイルを取得し、シアノバクテリアとシロイヌナズナのトランスクリプトームとの比較から光応答性遺伝子とCO<sub>2</sub>濃縮特異的遺伝子との関連を明らかにした。(3) ピノレン酸を生合成する $\omega$ 13不飽和化酵素の遺伝子を同定した。高等植物や酵母には存在しない油脂成分の生産が緑藻ゲノム情報の利用によって可能となった。(4) 炭素源となる酢酸の有無、CO<sub>2</sub>濃度変化、光条件の変化、無機栄養源の欠乏条件の細胞、配偶子誘導に伴う発現遺伝子を完全長cDNAの末端配列決定により推定した。全ライブラリーの5'末端と3'末端の配列を合わせて107,970配列をアセンブルしたところ、3,135個のclusterと1,519個のsingletonが得られた。既知遺伝子についてmRNAの5'末端の位置を調べたところ、140配列中95配列(68%)が既報のmRNA開始点より上流に位置しており、完全長cDNAの有効性が示された。(5) Mating type(-)型の野生株C-9について、 $\times 8$ 倍のBACゲノムライブラリーと、 $\times 7$ 倍のFOSMIDライブラリーを作製した。10,000個のBACクローンならびに23,000個のFOSMIDクローンについて両末端配列を決定し、ゲノム配列と比較することで、ドラフト配列(17本の染色体)にアセンブルされなかった71個のScaffold中22個のScaffoldが染色体に組み込まれた。C-9株のゲノム配列を再構築した。(6) Mating Type(-)型株に特異的な染色体領域R-domainを含む292,988bpについて配列を決定し、R-domainが209,839bpで、その内部に新奇遺伝子を12個推定した。(7) 酢酸および無機塩類含有培地で光照射して培養した細胞と、無機栄養源を欠乏させたストレス条件で培養した細胞から完全長cDNAライブラリーを構築し、Illumina Genome analyzer IIxを用いて短リード配列(75塩基)を取得した。混合栄養及びGNS由来の短配列は、それぞれおよそ2,150万リード、2,300万リードがドラフトゲノム配列上にマッピングされた。また異なるCO<sub>2</sub>環境で生育させた細胞由来のRNAを用いて、RNA-seq法により短リード配列(36塩基)を合計1億1,700万リード取得し、CO<sub>2</sub>ストレスがゲノム上の遺伝子発現に及ぼす影響を網羅的に評価した。(8) 完全長cDNA・EST・遺伝子モデル、既知配列(遺伝子、mRNA配列、SNPマーカー、microRNA)、発現配列データを使い統合データベースKyoto Chlamydomonas Genome Database(KCGD) ver. 2.0を構築し、クラミドモナス研究者コミュニティーに一部公開した。EST配列が得られていなかった領域のエクソン、イントロン構造についての情報

を公開した。(10) 葉緑体の起源を探る上で進化的に重要な位置にあるシアノフォラならびにボルボックスについて、CO<sub>2</sub> 欠乏条件での生理学的特性と網羅的遺伝子発現データを比較し、緑藻との共通点を見出した。(11) 環境応答の中でも、光合成炭酸固定系を補助する無機炭素濃縮系が、二酸化炭素の濃度の条件を設定することで、強光ストレスと低 CO<sub>2</sub> ストレスの相互作用に依存することをトランスクリプトーム解析により初めて示した。(12) クラミドモナス生殖サイクルにおける雌雄配偶子間の細胞認識及び接合子形成時の遺伝子発現プロファイルを取得し、新奇接合子特異的遺伝子を見出した。また、接合子形成不全を起こす突然変異株を用いることで、細胞間認識によって誘導される遺伝子群及び細胞融合によって誘導される遺伝子群を明らかにした。

#### ●苔類ゼニゴケ

(1) ゼニゴケ Y 染色体のドラフト塩基配列を獲得し、64 個の遺伝子を見出した。20 個は生殖器官である雄器托のみで発現していたが、40 個は栄養器官である葉状体および雄器托の両方で発現していた。X 染色体由来 PAC クローン pMF28-62F12 の塩基配列には、葉状体および雄器托の両方で発現している Y 染色体遺伝子 *MIO4E4.1* のホモログが見いだされた。以上の結果より、同一の祖先染色体から分化したゼニゴケの X 染色体と Y 染色体が、その進化の過程を経ても生存に必須な遺伝子を維持してきたことが示唆された。ゼニゴケ Y 染色体は Y 染色体特異的な反復配列を蓄積し、かつ常染色体よりも遺伝子密度が低くなっているため、その分化から長い進化過程を経ていると考えられている。それでもなお生存に必須と考えられる遺伝子が維持されているのは、半数体ゲノムにおいて性染色体の必須遺伝子は退化しにくいという説を支持する。(2) 完全長 cDNA クローンの両末端配列 265,792 を取得した。既知の 34,565 配列と共にアセンブルし、29,775 の独立した配列を得た。これらのうち、19,188 は既知配列に対して相同性を示した。完全長 cDNA クローン由来の配列は約 17,000 クラスターを形成したので、全体として約 17,000 個の遺伝子をカバーすると推定した。(4) 全ゲノム解析の予備実験として、JGI と 30 個の PAC クローンの配列を決定し合計 3.3 Mb の配列を得た。GC 含量約 42% のこの領域に 235 個のタンパク質遺伝子と 6 個の tRNA 遺伝子を推定した。1/5 は EST 情報に基づいて推定できた。遺伝子密度は 0.7 個/10 kb と見積もられた。レトロトランスポゾン等の転位因子の数は 100 kb に 1 個程度と少なかった。また、アセンブル時に問題となる反復配列は無かった。

#### ●藓類ヒメツリガネゴケ

(1) 造卵器造精器誘導前後の茎葉体頂端部 (ppaa)、減数分裂期頃の胞子体 (ppgs) の完全長 cDNA ライブラリーを構築し、これまで構築した完全長 cDNA ライブラリーとあわせ、合計 7 つの異なる発生段階の完全長 cDNA ライブラリーを用いて合計約 24 万 EST のデータを公開し、クローンを理研 BRC を通じて研究者コミュニティに配布している。(2) 国際コンソーシアム・米国 JGI と共同で、Gransden2004 株の約 510 Mb のゲノムについて 8×ゲノム配列決定・アセンブルを行い 2106 scaffold 計 480 Mb のドラフト配列を得た。このドラフト配列とアノテーション結果を JGI ブラウザにおいて公開した。この際、pph、pphb、pphf、ppsp、ppls の約 20 万 EST データを提供した。その結果、35,938 遺伝子モデルを推定した。(3) 完全長 cDNA クローン 7,811 個について全長配列決定した。(4) 新たに BAC ライブラリーを構築し、その末端配列を決定した。標準株 Gransden と Villersexel エコタイプ間の交雑由来の分離系統約 200 ラインの大量配列決定から SNPs を収集し、SSR/ AFLP データと統合して遺伝地図を作成した。合計 7 つの発生段階から抽出した RNA を用いて 5' SAGE ライブラリーを作成し、合計約 112 万タグ配列を得た。RNA の 3' 末端配列を約 190 万配列取得し、30 万配列は EST が得られていないゲノム領域に対応する断片であった。以上の配列データを統合し、22,130 遺伝子を推定した。さらに、SOLiD を用いた DGE 法を開発し、3 億 6400 万タグをマップした。また、平均化した cDNA を鋳型に whole transcriptome ライブラリーを作成し、SOLiD でシーケンスした。その結果、EST 配列が得られていなかった領域のエクソン、イントロン構造についての実験的証拠を得た。SOLiD を用いた低分子 RNA の解析、修飾ヒストンに対する抗体を用いた ChIP-seq 解析を行った。ヒストン H3 に対する ChIP-seq 解析の結果、ドラフトゲノム配列に混入していたバクテリア由来配列を効率的に除外することが可能となった。(5) 陸上植物特有の 3 次元体制に関わる形態形成、1 倍体優占から 2 倍体優占への世代交代の進化にポリコーム抑制コンプレックス 2 遺伝子に関わることを明らかにした。(6) JGI と共同で小葉類イヌカタヒバのドラフトゲノム解析を行い、被子植物、イヌカタヒバ、ヒメツリガネゴケ、クラミドモナスのゲノム配列比較を行い、発生に関わる約 700 発生遺伝子の遺伝子系統解析を行った。その結果、発生に関わる遺伝子は陸上植物の間でよく保存されており、また系統ごとに遺伝子数の増減が激しく起きていることが

分かった。この分子系統樹及びもととなる配列のアラインメントは<http://moss.nibb.ac.jp/treedb>を通して、公開した。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 (計 31 件)

1. Yamano T, Fujita A, Fukuzawa H: Photosynthetic characteristics of a multicellular green alga *Volvox carteri* in response to external CO<sub>2</sub> levels possibly regulated by CCM1/CIA5 ortholog. *Photosynth Res*. DOI 10.1007/s11120-010-9614-0 (2011)
2. Matsuo M, Hachisu R, Tabata S, Fukuzawa H and Obokata J: Transcriptome analysis of respiration-responsive genes in *Chlamydomonas reinhardtii*: Mitochondrial retrograde signalling coordinates the genes for cell proliferation with energy-producing metabolisms. *Plant Cell Physiol*. 52: 333-343 (2011)
3. Ohnishi N, 他 Fukuzawa H: Expression of a low-CO<sub>2</sub>-inducible protein, LCII, increases inorganic carbon uptake in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell* 22: 3105-3117 (2010)
4. Yamano T, 他 Fukuzawa H: Light and low-CO<sub>2</sub> dependent LCIB/LCIC complex localization in the chloroplast supports the carbon-concentrating mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol*. 51: 1453-1468 (2010)
5. Kubo T, Kaida S, Abe J, Saito T, Fukuzawa H and Matsuda Y: The *Chlamydomonas* hatching enzyme, sporangin, is expressed in specific phases of the cell cycle and is localized to the flagella of daughter cells within the sporangial cell wall. *Plant Cell Physiol*. 50: 572-583 (2009)
6. Uchida H, 他 Yamato KT, Muranaka T, Fukuzawa H, 他: Cloning and characterization of a squalene synthase gene from a petroleum plant, *Euphorbia tirucalli* L. *Planta* 229: 1243-1252 (2009)
7. Yamano T, and Fukuzawa H: Carbon-concentrating mechanism in a green alga, *Chlamydomonas reinhardtii*, revealed by transcriptome analyses. *J Basic Microbiol*. 49: 42-51 (2009)
8. Kubo T, 他 Fukuzawa H, and Matsuda Y: The *Chlamydomonas* hatching enzyme, Sporangin, is expressed in specific phases of the cell cycle and is localized to the flagella of daughter cells within the sporangial cell wall. *Plant Cell Physiol*. 50: 572 - 583 (2009)
9. Ohyama K, Takemura M, Oda K, Fukuzawa H, Kohchi T, 他 Yamato K: Gene content, organization and molecular evolution of plant organellar genomes and sex chromosomes: Insights from the case of the liverwort *Marchantia polymorpha*. *Proc. Jpn. Acad. Ser. B. Phys. Biol. Sci.* 85: 108-124 (2009)
10. Okano Y, Aono N, Hiwatashi Y, 他, Hasebe M: A polycomb repressive complex 2 gene regulates apogamy and gives evolutionary insights into early land plant evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106: 16321-16326 (2009)
11. Fathinejad S, Steiner JM, Reipert S, Marchetti M, Allmaier G, Burey SC, Ohnishi N, Fukuzawa H, Löffelhardt W, and Bohnert HJ.: A carboxysomal carbon-concentrating mechanism in the cyanelles of the ‘coelacanth’ of the algal world, *Cyanophora paradoxa*? *Physiol. Plantarum* 133: 27-32 (2008)
12. Kajikawa M, 他 Yamato KT, Ohyama K, Fukuzawa H, Kohchi T: Production of arachidonic and eicosapentaenoic acids in plants using bryophyte fatty acid delta6-desaturase, delta6-elongase, and delta5-desaturase genes. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* 72: 435-444 (2008)
13. Yamano T, Miura K, and Fukuzawa H: Expression analysis of genes associated with the induction of the carbon-concentrating mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Physiol*. 147: 340-354 (2008)
14. Kohinata T, Nishino H, and Fukuzawa H: Significance of zinc in a regulatory protein, CCM1, which regulates the carbon-concentrating mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol*. 49: 273-283 (2008)
15. Kubo T, 他 Fukuzawa H, 他: Characterization of novel genes induced by sexual adhesion and gamete fusion and of their transcriptional regulation in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Cell Physiol*. 49: 981-993 (2008)
16. Ishizaki K, Chiyoda S, Yamato KT and Kohchi T: *Agrobacterium*-mediated transformation of the haploid liverwort *Marchantia polymorpha* L., an emerging model for plant biology. *Plant Cell Physiol*. 49: 1084-1091 (2008)
17. Chiyoda S, Ishizaki K, Kataoka H, Yamato

- KT and Kohchi T: Direct transformation of the liverwort *Marchantia polymorpha* L. by particle bombardment using immature thalli developing from spores. *Plant Cell Rep.* 27: 1467-1473 (2008)
18. Merchant SS, 他 Fukuzawa H, 他 Grossman AR.: The *Chlamydomonas* genome reveals the evolution of key animal and plant functions. *Science* 318: 245-250 (2007)
  19. Rensing SA, 他 Tanahashi T, 他 Hasebe M, 他 Boore JL: The *Physcomitrella* genome reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319: 64-69 (2008)
  20. Burey SC, 他 Fukuzawa H, Bohnert HJ, and Löffelhardt W: Acclimation to low [CO<sub>2</sub>] by an inorganic carbon-concentrating mechanism in *Cyanophora paradoxa*. *Plant Cell & Environment* 30: 1422-1435 (2007)
  21. Chiyoda S, Linley PJ, Yamato KT, Fukuzawa H, Yokota A, Kohchi T: Simple and efficient plastid transformation system for the liverwort *Marchantia polymorpha* L. suspension-culture cells. *Transgenic Res.* 16: 41-49 (2007)
  22. Yamato KT, 他 Kohchi T, Fukuzawa H, Ohyama K.: Gene organization of the liverwort Y chromosome reveals distinct sex chromosome evolution in a haploid system. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 104: 6472-6477 (2007)
  23. Ozaki H, 他 Fukuzawa H and Sonoike K: Large Scale Analysis of Chlorophyll Fluorescence Kinetics in *Synechocystis* sp. PCC 6803: Identification of the Factors Involved in the Modulation of Photosystem Stoichiometry. *Plant Cell Physiol.* 48: 451-458 (2007)
  24. Hanawa Y, 他 Fukuzawa H, Shiraiwa Y: Induction of a high-CO<sub>2</sub> inducible, periplasmic protein, H43, and its application as a high-CO<sub>2</sub> responsive marker for study on high-CO<sub>2</sub> sensing mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii* *Plant Cell Physiol.* 48:299-309 (2007)
  25. Shigyo M, Hasebe M, Ito M.: Molecular evolution of the AP2 subfamily. *GENE* 366: 256-265 (2006)
  26. Machida M, 他, Hasebe M, and Takano T: Genes for the peptidoglycan synthesis pathway are essential for chloroplast division in moss. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103: 6753-6758 (2006)
  27. Kajikawa M, Yamato KT, Kohzu Y, Shoji S, Sakai Y, and Fukuzawa H: A front-end desaturase from the green alga *Chlamydomonas reinhardtii* produces pinolenic and coniferonic acids by ω13 desaturation. *Plant Cell Physiology* 47: 64-73 (2006)
  28. Kucho K, Okamoto K, Tabata S, Fukuzawa H and Ishiura M: Identification of novel clock-controlled genes by cDNA macroarray analysis in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Plant Molecular Biology* 57: 889-906 (2005)
  29. Maizel A, Bush MA, Tanahashi T, Perkovic J, Kato M, Hasebe M, and Weigel D: The floral regulator LEAFY evolves by substitutions in the DNA binding domain. *Science* 308: 260-263 (2005)
  30. Hayashida A, 他 Hiwatashi Y, Hasebe M, and Takano H : Isolation of mutant lines with decreased number of chloroplasts per cell from tagged mutant library of moss *Physcomitrella patens*. *Plant Biology* 54, 300-306 (2005)
  31. Tanabe Y, Hasebe M, 他: Characterization of MADS-box genes in charophycean green alga and its implication for the evolution of MADS-box genes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 102, 2436-2441 (2005)
- 〔学会発表〕(計 86 件)
- 【国内学会発表】
- |           |      |
|-----------|------|
| 緑藻クラミドモナス | 21 件 |
| ゼニゴケ      | 6 件  |
| ヒメツリガネゴケ  | 46件  |
- 【国際学会発表】
- |           |     |
|-----------|-----|
| 緑藻クラミドモナス | 11件 |
|-----------|-----|
1. Fukuzawa H: Regulation of CCM through the CCM1 complex in the green algae, *Chlamydomonas reinhardtii*. VIIth International Symposium on Inorganic Carbon Utilization by Aquatic Photosynthetic Organisms August 2010, Japan
  2. Yamano T, 他, Fukuzawa H: Light and low-CO<sub>2</sub> dependent LCIB/LCIC complex localization in the chloroplast supports the carbon-concentrating mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii*. VIIth International Symposium on Inorganic Carbon Utilization by Aquatic Photosynthetic Organisms August 2010, Japan
  3. Fukuzawa H: Genes associated with the induction of the carbon concentrating

mechanism in *Chlamydomonas reinhardtii*.  
EMBO workshop "Cell and Molecular  
Biology of *Chlamydomonas*" May, 2008,  
Hyères, France

4. Kubo T, Satake T, Yamato K, Yamano T, 他  
Fukuzawa H: Construction and  
characterization of a full-length cDNA  
library in *Chlamydomonas reinhardtii*. The  
13th International Conference on the Cell  
and Molecular Biology of Chlamydomonas.  
June 2008. Hyeres, France.

#### 苔類ゼニゴケ 1件

1. Yamato KT: The liverwort *Marchantia  
polymorpha* L.: an emerging model plant for  
comparative genomics with molecular and  
genetic tools. Japanese-German Symposium  
on Evolution and Development, August 25,  
2009, Cologne, Germany.

#### 蘚類ヒメツリガネゴケ 1件

1. Hasebe M: Evolution of Genome, Body Plan,  
and Life Cycle in Land Plants. International  
Meeting of Systematics "SYSTEMATICS",  
Keynote speaker, August 13, 2009, Leiden,  
Netherland

#### 〔図書〕(計4件)

1. Fukuzawa H, Ogawa T, Kaplan A: The  
Uptake of CO<sub>2</sub> by Cyanobacteria and  
Microalgae. Photosynthesis. Ed. JJ  
Eaton-Rye and BC Tripathy. In press
2. Kofuji R, Yoshimura T, Inoue H, Sakakibara  
K, Hiwatashi Y, Kurata T, Aoyama T, Ueda  
K, and Hasebe M: Gametangia development  
in the moss *Physcomitrella patens*. In D  
Cove, F Perroud, C Knight eds. "The moss  
*Physcomitrella*". Black Well. pp. 167-181  
(2009)
3. 福澤秀哉、久保雄昭、山野隆志: 緑藻ク  
ラミドモナスのゲノムから植物と動物  
の機能を探る, 蛋白質核酸酵素, (共立  
出版) Vol.53(9), pp.1133-1143(2008)
4. 福澤秀哉、長谷部光泰: 植物の比較ゲノ  
ム: 緑藻とコケ植物のゲノムから植物の  
成り立ちを明らかにする。ゲノムから読  
み解く生命システム--比較ゲノムから  
のアプローチ (監修: 藤山秋佐夫) 細胞  
工学 (秀潤社) Vol. 25(6), pp. 677-682  
(2006)

#### 〔その他〕

ホームページ等  
データベース/ソフトウェア  
・ヒメツリガネゴケ統合データベース

PHYSCObase (<http://moss.nibb.ac.jp>)

・クラミドモナス統合データベース  
ChlomyBase (Kyoto Chlamydomonas Genome  
Database, KCGD)

(<http://chlomy.pmb.lif.kyoto-u.ac.jp/>)

新聞発表、その他

- ・「ヒトゲノムマップ」2006年3月25日発  
行 (文部科学省科学研究費補助金・特定領  
域研究「ゲノム」4領域・広報委員会委員  
として制作協力)
- ・「ヒメツリガネゴケゲノム解読」2007年12  
月14日に、新聞に掲載
- ・「遺伝子組換えで生きた化石を作る ~陸  
上植物の起源に新仮説を提唱~」2009年9月  
11日新聞に掲載

#### 6. 研究組織

##### (1) 研究代表者

福澤 秀哉 (FUKUZAWA HIDEYA)  
京都大学・大学院生命科学研究科・教授  
研究者番号: 30183924

##### (2) 研究分担者

長谷部 光康 (HASEBE MITSUYASU)  
基礎生物学研究所・生物進化研究部門・  
教授  
研究者番号: 40237996  
河内 孝之 KOUCHI TAKAYUKI)  
京都大学・大学院生命科学研究科・教授  
研究者番号: 40202056  
大和 勝幸 (YAMATO KATSUYUKI)  
近畿大学・生物理工学部・准教授  
研究者番号: 50293915  
棚橋 貴子 (Tanahashi Takako)  
基礎生物学研究所・生物進化研究部門・  
助教  
研究者番号: 40414015 分担 (2005-2007)  
日渡 祐二 (HIWATASHI YUUJI)  
基礎生物学研究所・生物進化研究部門・  
助教  
研究者番号: 10373193 分担 (2008-2009)

##### (3) 連携研究者

該当なし