

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成25年5月30日現在

機関番号： 14301  
 研究種目： 基盤研究（B）  
 研究期間： 2010 ～ 2012  
 課題番号： 22380059  
 研究課題名（和文） デジタル遺伝子発現解析による微細藻類 CO<sub>2</sub> 濃縮・水素発生関連  
 遺伝子の同定と利用  
 研究課題名（英文） Identification and utilization of genes for carbon-concentrating  
 mechanism and hydrogen production in microalga by digital expression analyses.  
 研究代表者 福澤 秀哉（FUKUZAWA HIDEYA）  
 京都大学・大学院生命科学研究所・教授  
 研究者番号： 30183924

## 研究成果の概要（和文）：

微細藻類における物質生産の基盤である光合成は、CO<sub>2</sub>濃縮機構によって支えられている。異なる CO<sub>2</sub>環境で培養した細胞から mRNA 発現情報を次世代シーケンサーで取得し、ゲノム発現データベースを構築した。CO<sub>2</sub>濃度の低下に伴って誘導される遺伝子、ならびに水素発生の培養環境である嫌氣的イオウ欠乏時に誘導される遺伝子を網羅的に同定した。CO<sub>2</sub>欠乏誘導性遺伝子の中には無機炭素輸送体や炭酸脱水酵素をコードする遺伝子が含まれていた。無機炭素輸送体候補遺伝子の過剰発現によって光合成特性の有意なレベルでの向上が認められた。

## 研究成果の概要（英文）：

Algal photosynthesis, which is base for production of bio-materials, is supported by carbon-concentrating mechanism (CCM). To identify CCM-related genes, RNA-seq analyses using different RNA samples prepared from cells cultured in various stress conditions including low-CO<sub>2</sub> or nitrogen starved conditions. Using RNA-seq data and genomic sequence data, we have developed a new expression database for green alga, *Chlamydomonas reinhardtii*. Genes which are induced in low-CO<sub>2</sub> stress conditions, nitrogen-starved conditions, and anaerobic conditions were identified by comparing the RNA expression profiles. Several CCM-related genes were artificially overexpressed in transgenic *Chlamydomonas* cells and the photosynthetic characteristics were show to be significantly improved than wild type cells.

## 交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2010年度	5,100,000	1,530,000	6,630,000
2011年度	4,300,000	1,290,000	5,590,000
2012年度	4,300,000	1,290,000	5,590,000
年度			
年度			
総計	13,700,000	4,110,000	17,810,000

研究分野： 農学

科研費の分科・細目： 境界農学・応用分子細胞生物学

キーワード： 二酸化炭素、緑藻、エネルギー、光合成、トランスクリプトーム

## 1. 研究開始当初の背景

微細藻類を用いるバイオ燃料や有用物質の生産が世界的に注目を集めている。この物

質生産の基盤となっている光合成効率を微細藻類で向上させることができる可能性が議論されているが、炭素固定反応を支える CO<sub>2</sub>

濃縮や水素発生に関わる遺伝子は、未だに多くが未同定であり、両者のメカニズムの解明ならびにその調節機構を解明することは、生物を理解し、利用する観点から重要である。本研究では、デンプンや脂肪酸の合成を律速する最大の要因であるCO<sub>2</sub> 輸送と、水素生産を律速する細胞内環境に注目した。

## 2. 研究の目的

微細藻類の代表的なモデル生物である緑藻クラミドモナスを用いて、CO<sub>2</sub> 濃縮と水素発生に関わる遺伝子の同定とメカニズム、ならびにその調節機構を解明するとともに、これを利用して物質生産効率を増強する基盤技術を開発する。

<課題1>CO<sub>2</sub> 応答の網羅的測定系を確立し環境順化に関わるCO<sub>2</sub> 輸送体を含む無機炭素濃縮機構(CCM)関連遺伝子を同定する。

<課題2>CO<sub>2</sub> 濃縮の制御に関わる因子の同定を目的として、ルシフェラーゼをレポーターとして用いた遺伝子発現モニタリング系を開発する。

<課題3>CO<sub>2</sub> 応答を制御するCCM1複合体の構成因子ならびに相互作用因子を明らかにし、CO<sub>2</sub> 濃縮の制御機構を解明する。制御を解除した時の光合成特性を評価する。

<課題4>水素発生条件において発現する遺伝子(イオウ欠乏・嫌気条件下で発現誘導される遺伝子)を網羅的に同定し、水素発生能と関連のある遺伝子を推定する。

## 3. 研究の方法

ゲノム上の網羅的遺伝子発現情報は、次世代シーケンサーの配列情報の内、遺伝子候補配列にマッピングされたリード数からRPKM (Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads) を算出して比較した。

CO<sub>2</sub> 環境変化に応答した遺伝子発現の変化を *in vivo* でモニターするために、ルシフェラーゼ遺伝子とCO<sub>2</sub> 応答性を示す炭酸脱水酵素遺伝子 *Cah4* のプロモーター領域を融合した合成遺伝子を作製し、クラミドモナスに形質転換して株を取得し、CO<sub>2</sub> 応答性プロモーターの発現をルミノメーターで測定した。本来、5%CO<sub>2</sub> を含む空気を通気するとシフェラーゼ活性が抑制されるが、タグ遺伝子の染色体への挿入変異によって抑制が解除され、レポーター遺伝子を発現するように変異した株を取得した。

## 4. 研究成果

米国 JGI によりクラミドモナスのゲノム解析に用いられた CC-503 株は、複数の挿入・欠失変異が含まれている事が判明している。例えば、高 CO<sub>2</sub> 濃度 (5% CO<sub>2</sub>; HC) 条件では発現が抑制され、大気条件の低 CO<sub>2</sub> 濃度 (0.04% CO<sub>2</sub>; LC) では発現が強く誘導される炭酸脱水酵素 *CAH1* の上流領域配列において違いがみられた。具体的には、他の野生株の *CAH1* 上流域では 7-8 個の AGGGGC リピートが存在するが、CC-503 株ではこのリピートが 85 個存在しており、CC-503 株における *CAH1* の低 CO<sub>2</sub> 条件での発現誘導を阻害している。一方、野生株 C9 は変異の報告はまだ無く、野生型の生理学的諸性質の内、ほぼすべてを保持していると考えられる。そこで C9 株ゲノムを、次世代シーケンサーHi-seq で再シーケンスし、CC-503 株をレファレンスゲノムとしてアセンブルを行い、その配列解析を進めた。

また、CO<sub>2</sub> 濃度変化に関わる 17 種類の培養条件から RNA を抽出し、RNA-seq 法により網羅的な転写応答を調べた。クラミドモナスは低 CO<sub>2</sub> 濃度条件で無機炭素濃縮機構 (Carbon-Concentrating Mechanisms: CCM) を誘導する。そこで野生株に加えて、この CCM のマスターレギュレーターである CCM1 が欠損した C16 変異株と、その相補株の CO<sub>2</sub> 濃度変化に関わる発現プロファイルも取得した。合計で 384,233,715 リードの配列を取得し、マッピングソフト bowtie を用いてクラミドモナスの 19,529 種類の転写産物配列にマッピングした。

まず HC 条件に比べて LC 条件で 2 倍以上の発現量比を示す遺伝子を調べると、959 個の遺伝子が抽出された。このうち、451 個が CCM1 依存的な発現誘導を示し、残りの 508 個は CCM1 非依存的な発現誘導を示した。一方、発現量比を 30 倍以上に限定すると、61 個の遺伝子が抽出され、これらの全ての遺伝子が CCM1 依存的な発現誘導を示した。この 61 個の強く誘導される遺伝子群は、大きく分けて 2 種類の発現パターンを示すことが分かった。タイプ 1 は LC 条件に移して 20 分以内に誘導される早い応答を示し、タイプ 2 は 4 時間後以降に発現量が最大となる応答を示した。

タイプ 1 に属する遺伝子群では、CCM1 に変異をもつ C16 株では 20 分以内の発現誘導が顕著に減少し、4 時間後における発現量を維持できない。このことから、CCM1 は 20 分以

内の素早い転写誘導に関与し、またそこで誘導される因子が、4 時間後の転写量の維持に関与することが示唆された。LC 誘導性の MYB 転写因子をコードする LCR1 は、複数の LC 誘導性遺伝子の発現量維持に関与する (Yoshioka et al. 2004) が、実際に LCR1 の発現は CCM1 に依存して誘導されていた。また、タイプ 2 の遺伝子群については、C16 株の発現パターンは野生株のものと同様であり、20 分以内に発現誘導を示し 4 時間後には減少するような発現パターンを示した。タイプ 2 に属する遺伝子は、そのほとんどが機能未知であった。

30 倍以上の発現量比を示す 61 個の遺伝子のうち 47 個の遺伝子がタイプ 1 に属していた。そのうち 13 個の遺伝子が膜タンパク質をコードしていた。これまでの発現解析で同定された既知の 6 個の膜タンパク質をコードする遺伝子 (*LCIA*, *LCI1*, *CCP1*, *CCP2*, *HLA3*, *LCI20*) はすべてこの中に含まれており、7 個の遺伝子については本研究で RNA-seq 解析を行うことで初めて見出された遺伝子であった。例えば、LC 条件に移して 20 分以内に 70 倍以上の発現誘導を示す遺伝子は、アニオンチャネルであるベストロフィンと相同性を示すタンパク質をコードしていた。ベストロフィンは、ヒトの網膜色素上皮細胞の細胞膜に発現し、塩化物イオンと重炭酸イオンを輸送することが報告されており (Qu and Hartzell 2008)、クラミドモナスの CCM において機能する新規な無機炭素輸送体である可能性が示唆された。

次に LC 条件で抑制される遺伝子群について調べた。誘導性遺伝子群の抽出と同様にして、全ての遺伝子について HC 条件と LC 条件の発現量の比を計算し、LC 条件において HC 条件の 0.5 倍以下の発現量を示す 651 個の遺伝子を抽出した。また C16 株と相補株の発現量情報を加味し、CCM1 依存的に抑制される 250 個の遺伝子、CCM1 非依存的に抑制される 401 個の遺伝子に分類した。CCM1 依存的に抑制される 250 個の遺伝子群の中には、光化学系 (光化学系 II、電子伝達鎖、光化学系 I、ATP 合成酵素の構成因子) に関わる 33 個の遺伝子、カルビンサイクルに関わる 9 個の遺伝子、クロロフィル合成に関わる 6 個の遺伝子が含まれていたことから、LC 条件においては光合成に関わる多くの遺伝子が抑制されることが判明した。

光化学系に関わる遺伝子群の発現パターンは、LC 条件に移行後 20 分以内に素早く抑制され、4 時間後に最も抑制されるような発現パターンを示した。一方で C16 株においては、LC 条件に移行後、野生株と同様に 20 分以内に発現抑制が観察されたが、4 時間後は逆に発現抑制が解除される発現パターンを示した。カルビンサイクルを構成する遺伝子群についても同様であり、LC 移行後 20 分以内に抑制され、多くの遺伝子で 4 時間後に最も抑制されるような発現パターンを示した。また C16 株においては、LC 条件に移行後 20 分以内の抑制は観察されたが、4 時間後は逆に発現抑制が解除されるような発現パターンを示した。

以上の CO<sub>2</sub> 応答性遺伝子の発現プロファイルから、CCM1 は CO<sub>2</sub> に応答し、CCM の誘導と光合成の抑制の二重制御に関わるマスターレギュレーターであることが明らかになった。

LC-MS/MS 解析により、CO<sub>2</sub> 欠乏ストレス応答に必須な因子 CCM1 は、少なくとも 3ヶ所リン酸化を受けていることが判明した。そこで、それらの部位について変異を導入した変異型タンパク質を *ccm1* 変異株に導入したところ、変異を相補したことから、これらのリン酸化部位は、機能的に重要ではないことが判明した。今後は、CCM1 と相互作用する因子の解析を進めるとともに、CCM1 がどのように CO<sub>2</sub> 濃度変化を感知しているかのセンサー分子としての機能の解析を進めることが必要である。

野生型に複数の低 CO<sub>2</sub> 誘導性の膜タンパク質を誘導型プロモーターの元で発現させることに成功し、単独で発現誘導する株では認められなかった光合成の無機炭素に対する親和性が向上した (論文投稿準備中)。ただし、誘導した条件では、他の輸送体を含む CCM 関連遺伝子の発現が抑えられている条件での過剰発現株であり、今後、更に複数の無機炭素輸送体を過剰発現する株を作製する事で、多様な CO<sub>2</sub> 環境でも光合成を維持できる株を作出できる可能性が示唆された。

緑藻野生株 C9 を嫌氣的でイオウ欠乏培地に移すと、水素ガスを発生することを確認した。この水素生産誘導の前後でヒドロゲナーゼ遺伝子 *HYD1* の発現をノザンプロット法で比較したところ、転写レベルでは発現誘導は起こっていないことが判明した。クラミドモ

ナスは嫌気条件下で水素を産生し、窒素や硫黄欠乏条件下では中性脂質を細胞内の油滴に蓄積することが報告されている。これらの性質は他の多くの微細藻類にも共通して見られるものであり、藻類の代謝物がバイオ燃料源となる可能性を示すものである。モデル藻類のクラミドモナスを用いて、水素や脂質生産に関する代謝経路上の重要な酵素遺伝子や調節遺伝子を明らかにする試みがなされているが、これらの環境ストレス応答を担う分子機構についてはまだ不明な点が多いのが現状である。我々はこれらのストレス応答と下流の代謝経路における重要な因子を明らかにするために、RNA-seq 法による網羅的遺伝子発現解析アプローチにより、これらの環境ストレス下で発現レベルが大きく変動する遺伝子群のリスト化を試みた。CO<sub>2</sub> 通気培養 (5% CO<sub>2</sub>) による独立栄養条件で野生株 C9 を培養後に、培地交換により窒素欠乏条件にして 20 分および 4 時間、硫黄欠乏条件にして 24 時間、嫌気条件にして 24 時間における RNA をそれぞれ調製した。さらに、培地交換時の細胞からも RNA を抽出し、0 時間のコントロールとした。これらを前項の CO<sub>2</sub> 濃度変化に関する RNA-seq 解析と同様に、次世代シーケンス解析に供した。更に、得られた配列データを bowtie を用いてクラミドモナスの 19,529 種類の転写産物配列にマッピングした。マッピングされたリード数から RPKM 値を算出し、窒素欠乏、硫黄欠乏、嫌気条件に応答する遺伝子群を同定した。

まず 0 時間目コントロールに比べて 20 分および 4 時間のいずれかの窒素欠乏条件で 4 倍以上の発現量比を示す遺伝子を調べると、964 個の遺伝子が抽出された。同様に硫黄欠乏では 912 個、嫌気条件では 390 個の遺伝子が変動していた。このうち、窒素欠乏条件と硫黄欠乏条件で共通して発現変動を示すものは 200 個、窒素欠乏と嫌気条件では 114 個、硫黄欠乏と嫌気条件では 247 個が共通して発現変動を示す遺伝子群としてグループ化された。3 条件全てで発現変動するものは 71 個あった。窒素欠乏で強く発現変動する遺伝子群には、これまで窒素欠乏応答遺伝子として報告されたアンモニウムトランスポーター、L-アミノ酸酸化酵素、硝酸還元酵素、グルタミン合成酵素などをコードする遺伝子が含まれていた。同様に、硫黄欠乏で発現変動する遺伝子群には、既知の応答性遺伝子である

アリルスルファターゼ (ARS) 遺伝子や硫酸-アニオントランスポーター遺伝子が、嫌気条件では Cytochrome c6 や Apoferrredoxin 遺伝子などが含まれていた。窒素欠乏と硫黄欠乏ではどちらも脂質蓄積が誘導されることから、共通して発現変動する遺伝子群には、2 つの栄養欠乏に共通して働く脂質蓄積に関わる制御因子が含まれることが期待される。

クラミドモナスは炭素源として酢酸を与えた場合、これを資化し半独立栄養的に生育する。これまでの栄養欠乏による脂質蓄積誘導の分子機構に関する解析の多くは、この半独立栄養条件で生育した細胞を用いて行われてきた。しかし、バイオ燃料生産に向けて野外での大量培養を想定した場合、独立栄養条件での脂質蓄積機構を明らかにすることが求められる。そこで、半独立栄養と独立栄養での窒素/硫黄欠乏時に働く分子メカニズムの共通性と異なる点を明らかにすることを目指した。酢酸添加による半独立栄養条件で培養した野生型 C9 系統を培地置換により窒素欠乏条件と硫黄欠乏条件にして 6 時間の細胞を回収して RNA を抽出し、RNA-seq 解析に供した。また、通常培地で培養を継続したものを同じ経過時間で回収し、RNA を抽出してコントロールとした。前項までと同様に RPKM 値による遺伝子発現レベルを算出して、半独立栄養条件での窒素欠乏および硫黄欠乏条件での発現変動遺伝子をリスト化した。窒素欠乏条件で 4 倍以上の発現量比を示す遺伝子を調べると、1494 個の遺伝子が抽出された。同様に硫黄欠乏では 1141 個の遺伝子が変動していた。このうち、窒素欠乏条件と硫黄欠乏条件で共通して発現変動を示すものは 495 個あった。先に得られていた独立栄養時の発現変動遺伝子群と比較すると、既知の代表的な発現変動遺伝子の多くは半独立栄養と独立栄養の場合で共通していた。一方で、窒素栄養欠乏条件での発現変動遺伝子のうち独立栄養時に特異的なものは 770 個、硫黄栄養欠乏条件での発現変動遺伝子のうち独立栄養時に特異的なものは 697 個、窒素/硫黄栄養欠乏条件で共通する発現変動遺伝子のうち独立栄養時に特異的なものは 159 個存在した。これらの中には独立栄養条件で特異的な栄養欠乏応答の分子機構を構成する因子を含むと考えられる。以上のように RNA-seq 法によって、独立栄養条件および半独立栄養条件で複数の栄養欠乏下 (窒素、硫

黄、嫌気) に置いた場合の発現変動遺伝子を網羅的に解析し、独立栄養条件で特異的な窒素/硫黄欠乏応答機構に關与する可能性の高い遺伝子群を同定した。

## 5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計7件)

- (1) Yamano T, Iguchi H, Fukuzawa H: "Rapid transformation of *Chlamydomonas reinhardtii* without cell-wall removal", *J Biosci Bioeng.* 115: 691-694, 2013 (査読有)
- (2) Fukuzawa H, Ogawa T, Kaplan A: "The Uptake of CO<sub>2</sub> by Cyanobacteria and Microalgae." in *Photosynthesis "Plastid Biology, Energy Conversion and Carbon Assimilation"* (Ed. by Eaton-rye J.J., Tripathy B. C., and Sharkey T.D.), *Advances in Photosynthesis and Respiration*, pp.625-650, 2012 (査読有)
- (3) 福澤秀哉、山野隆志、梶川昌孝「緑藻クラミドモナスにおける無機炭素濃縮機構と脂質代謝」*光合成研究*, 22: 174-184, 2012 (査読有)
- (4) 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.* 109:151-159, 2011 (査読有)
- (5) Yamano T, Tsujikawa T, Hatano K, Ozawa S, Takahashi Y, 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.* 50:572-583, 2010 (査読有)
- (6) Ohnishi N, Mukherjee B, Tsujikawa T, Yanase M, Nakano H, Moroney JV, Fukuzawa H: "Expression of a low-CO<sub>2</sub>-inducible protein, LCI1, increases inorganic carbon uptake in the green alga *Chlamydomonas reinhardtii*." *Plant Cell* 22: 3105-3117, 2010 (査読有)
- (7) Matsuo M, Hachisu R, Tabata S, Fukuzawa H, Obokata J.: "Transcriptome Analysis of respiration responsive genes in *Chlamydomonas reinhardtii*." *Plant Cell Physiol.* 52:333-343, 2010 (査読有)

[学会発表] (計2件)

- (1) Yamano T, Sato E, Fukuzawa H, "Low-CO<sub>2</sub> inducible Ci transport system in a green alga, *Chlamydomonas reinhardtii*", *International Workshop on Plant Membrane Biology XVI*

- IWPMB", 倉敷芸文館、倉敷 2013.5.26-31
- (2) 山野隆志、井口ひろ、佐藤江美、渡辺新太郎、舟津尚子、福澤秀哉「細胞壁溶解が不要なクラミドモナス形質転換法を用いた挿入変異株 Index ライブラリーの作成」第54回日本植物生理学会年会、岡山大学、岡山県、2013.3
- (3) Yamano T, Taniguchi T, Kubo T, Yanase M, Suzuki Y, Sugano S, Itoh T, Fujiyama A, Kohara Y, Toyoda A, Shin-i T, Fukuzawa H: "Genome-wide response to CO<sub>2</sub> deficiency in *Chlamydomonas reinhardtii* revealed by RNA-seq analysis", *International Symposium on Genome Science – Expanding Frontiers of Genome Science*, University of Tokyo, Tokyo, 2013.1.9
- (4) 浅田温子、山野隆志、福澤秀哉「CO<sub>2</sub>濃縮に必須なタンパク質 LCIB の葉緑体内局在性異常変位株の解析」第85回日本生化学会大会、京都国際会館、2012.12.15
- (5) Asada A, Yamano T, Fukuzawa H: "Photosynthetic carbon assimilation is dependent on the pyrenoid-localized protein complex LCIB/LCIC, which responds to CO<sub>2</sub> and light", *Okayama University International Symposium - Structure and Dynamics of Photosynthetic Systems*, Okayama university, Okayama, Japan, October 2012.10.22
- (6) 佐藤江美、山野隆志、福澤秀哉「緑藻クラミドモナスにおける低CO<sub>2</sub>誘導性無機炭素輸送体の解析」日本植物学会第76回大会、兵庫県立大学 姫路書写キャンパス、兵庫県、2012.9.
- (7) 山野隆志、谷口丈晃、舟津尚子、中田光隆、柳瀬麻里、鈴木穰、菅野純夫、福澤秀哉「緑藻クラミドモナスにおける CCM1 複合体を介した CO<sub>2</sub> 応答性遺伝子の転写調節機構」日本植物学会第76回大会、兵庫県立大学 姫路書写キャンパス、兵庫県、2012.9.
- (8) Yamano T, Taniguchi T, Kubo T, Yanase M, Suzuki Y, Sugano S, Itoh T, Fujiyama A, Kohara Y, Toyoda A, Shin-i T, Fukuzawa H: "Genome-wide response to CO<sub>2</sub> deficiency in *Chlamydomonas reinhardtii* revealed by RNA-seq analysis", *15th International Conference on the Cell and Molecular Biology of Chlamydomonas*, Potsdam, Germany, 2012.6.5
- (9) 山野隆志、浅田温子、舟津尚子、佐藤江美、中田光隆、福澤秀哉「CO<sub>2</sub>濃縮を担う無

機炭素輸送体と CCM1 複合体による転写調節機構」、第 3 回日本光合成学会年会、東京工業大学 すすかけキャンパス、2012.6.1

(10) 福澤秀哉「緑藻クラミドモナスにおける CO<sub>2</sub> の濃縮とセンシングならびに代謝変換」第 3 回日本光合成学会年会、東京工業大学 すすかけキャンパス、2012.6.1

(11) 浅田温子、山野隆志、福澤秀哉、「光と CO<sub>2</sub> に依存して局在を変化させる葉緑体タンパク質 LCIB-LCIC 複合体の局在解析」、第 53 回日本植物生理学会年会、京都産業大学、2012.3.16-18

(12) Yamano T, Kubo T, Taniguchi T, Yanase M, Suzuki Y, Sugano S, Itoh T, Fujiyama A, Kohara Y, Toyoda A, Shin-i T, Kuroki Y, Fukuzawa H: Genome-wide response to CO<sub>2</sub> deficiency in *Chlamydomonas reinhardtii* revealed by RNA-seq analysis, The 1st International Symposium on Plant Environmental Sensing, 東大寺総合文化センター、2012.3.19

(13) 山野隆志、浅田温子、福澤秀哉、「緑藻の CO<sub>2</sub> 濃縮機構の制御因子とピレノイド局在因子の解析」、第 27 回ユーグレナ研究集会、中部大学春日井キャンパス、2011.11.12

(14) 浅田温子、山野隆志、辻川友紀、福澤秀哉「光と CO<sub>2</sub> に依存して葉緑体内局在を変化させるクラミドモナス LCIB-LCIC 複合体の局在解析」第 84 回日本生化学会大会、京都国際会館、2011.9.22

(15) 山野隆志、山原洋佑、中野博文、佐々木優、福澤秀哉「緑藻クラミドモナスの CO<sub>2</sub> 濃縮を制御する CCM1 複合体」第 84 回日本生化学会大会、京都国際会館、2011.9.23

(16) 福澤秀哉「緑藻における CO<sub>2</sub> 感知機構と光合成の調節」第 84 回日本生化学会大会、京都国際会館、2011.9.21

(17) 福澤秀哉、大西紀和、山野隆志、柳瀬麻理、Bratani Mukherjee, James Moroney「微細藻類における CO<sub>2</sub> 濃縮機構を担う新しい膜タンパク質 LCII とその制御」日本農芸化学会 2011 年度大会、京都女子大学、2011.3.27

(18) 浅田温子、鈴木穰、菅野純夫、谷口丈晃、福澤秀哉「緑藻クラミドモナスのゲノム発現データベース KCGD を用いた水素発生関連遺伝子の探索」日本植物生理学会年会、東北大学、2011.3.20

(19) 柳瀬麻里、久保雄昭、鈴木穰、菅野純夫、谷口丈晃、福澤秀哉「RNA-seq 法による新たな無機炭素濃縮関連遺伝子の探索」日本植物

生理学会年会、東北大学、2011.3.22

(20) 福澤秀哉「緑藻における CO<sub>2</sub> 輸送機構とゲノム応答」日本植物生理学会年会、東北大学、2011.3.22

(21) 福澤秀哉「モデル緑藻クラミドモナスにおける物質生産の可能性」日本生物工学会シンポジウム「物質生産ツールとしての微細藻」、宮崎シーガイア、2010.10.29

(22) Fukuzawa H "Visualization of digital expression profiles on the nuclear genome of the mating-type minus strain by Kyoto Chlamydomonas Genome Database (KCGD): Expression from the mating-type locus and CO<sub>2</sub>-limiting stress responses." 14th International Conference on the Cell and Molecular Biology of *Chlamydomonas*. Norton, USA 2010.7.6, 2010

[図書] (計 3 件)

- (1)福澤秀哉「微細藻類における CO<sub>2</sub> 濃縮機構と物質生産」学術の動向 15(12):70-71 (2010)
- (2) 山野隆志、福澤秀哉 「微細藻類の CO<sub>2</sub> 濃縮機構 -モデル緑藻におけるゲノム発現情報の利用-」微細藻類によるエネルギー生産と事業展望 シーエムシー出版 (2012)
- (3) 山野隆志、福澤秀哉、「藻類の核酸 (DNA と RNA) - 遺伝子の特徴と解析法」藻類ハンドブック エヌ・ティイー・エス出版 (2012)

[その他]

ホームページ

<http://www.lif.kyoto-u.ac.jp/labs/molecule/>

## 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

山野 隆志 (YAMANO TAKASHI)

京都大学・大学院生命科学研究科・助教

研究者番号：70570167

(3) 研究協力者

梶川 昌孝 (KAJIKAWA MASATAKA)

京都大学・大学院生命科学研究科・助教

研究者番号：40594437