

平成 28 年 6 月 3 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2013～2015

課題番号：25291070

研究課題名(和文)免疫サブトラクション法による藻類の雌雄非対称性の成立に関与する形態と構造の探索

研究課題名(英文) Genomic and structural studies on asymmetrical formation of male and female gametes in the gametogenesis of the macroalgae *Ulva* by using immune-subtraction

研究代表者

河野 重行 (Shigeyuki, Kawano)

東京大学・新領域創成科学研究科・教授

研究者番号：70161338

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,700,000円

研究成果の概要(和文)：アオノリは雌雄配偶子が同形から異形へわずかに進化した種で、株によっては雌雄の大きさが逆転していたりもする。大きさという変動しやすい量的形質から、左右の非対称性という空間的で一義的な形質に目を転ずると、サイズに差が生じる前から雌雄に非対称性があったことになる。本研究課題では、配偶子が同形から異形への進化の途上にあるアオノリを用いて、雌雄の非対称性がどうやって生じ、お互いがそれをどう認識するのかを、「免疫サブトラクション法」と「ゲノム支援で得られるゲノムやトランスクリプトーム情報」を用いて明らかにする。

研究成果の概要(英文)：The genus *Ulva* is a green macroalga which has a haploid-diploid isomorphic life cycle. Its gametes show asymmetric positions of a mating structure and an eyespot between the opposite mating types. We analyzed whole genome sequences of two strains with opposite mating types (mt- and mt+) in *Ulva* to find that identical genomic regions homologous with GCS1. Immunofluorescence observations using an antibody against GCS1 demonstrated that its products localized to the cellular surface between the two flagella at a potential site for an mt- mating structure. Comprehensive comparison of a total of 12.0 Gbp and 16.6 Gbp of the sequencing read data for mt- and mt+ genomes identified MT loci of 1.0 and 1.5 Mbp in size containing 46 and 67 genes, respectively. The MT loci of these mating types shared 23 genes. These provide a new model that sheds light on the evolution of the mating locus with ancestral traits in multicellular organisms exhibiting haploid selection and low complexity.

研究分野：分子細胞遺伝学

キーワード：性染色体 微生物 藻類形態 雌雄性 サブトラクション アオノリ 同形配偶子 非対称性

## 1. 研究開始当初の背景

雌雄が異なっているのは、動物においてはほとんど当たり前であるし、その配偶子に至っては卵と精子で大きさに極端な相違がある。興味深いのは藻類で、同形から異形、異形から卵生殖へといった進化の中間体が生存している。アオサ藻綱に属するアオノリの雌雄配偶子は同形から異形へわずかに進化した種で、株によっては雌雄の大きさが逆転していたりもする。大きさという変動しやすい量的形質から、左右の非対称性という空間的で一義的な形質に目を転ずると、眼点と接合装置の位置が雌雄で逆転していて、雌雄の個体サイズの差が生じる前から雌雄に左右の非対称性があることが分かってきている。

この非対称性を可能にした雌雄の細胞表面の構造の相違と遺伝子に注目して、同形配偶子にあってなお異なる雌雄の差異を明らかにしたい。動物の場合、現存する種はほぼ例外なく卵と精子による受精で、同形配偶子接合や異形配偶子接合といった進化的中間体は見られない。一方、藻類には、褐藻綱、黄緑藻綱、緑藻綱、アオサ藻綱など、同形配偶子接合から異形配偶子接合を経てそれぞれ独立に卵生殖に連なるグループがある。この多様性は生殖細胞の進化の歴史を彷彿とさせる。

同形配偶子生殖のクラミドモナスが2つの交配型(mt+, mt-)をもつことはよく知られている。アオサ藻綱でもその交配型は雌雄の2つしかない。雌( )が大きくなり雄( )は小さくなったのであって、大きい配偶子が雌( )に小さい配偶子が雄( )になったのではないことがわかる。原始的な同形配偶子接合においてすら、2つの配偶子間には雌雄の差異があったと考えられるから、お互いにその差異を認識する機構があって、そのどちらかが雌( )となり雄( )となったとすれば、雌雄の運命はすでに決まっていたのだろうか？

## 2. 研究の目的

本研究課題では、アオサ藻綱のなかでも配偶子が同形から異形への進化の途上にあるアオノリを用いて、雌雄の個体サイズの差が生じる前から存在する雌雄の非対称性がどうやって生じ、如何にして認識されるかを、アオノリの雌雄配偶子を用いた「免疫サブトラクション法」と「RNAseq/MS サブトラクション法」で明らかにしたい。雌雄それぞれの接合装置に特異的な蛋白質に対する抗体を作成しその遺伝子を同定するとともに、それらが接合装置として雌雄で異なった配位で細胞表面に提示されるダイナミズムをFE-SEM(電界放射型走査電顕)や免疫電顕、連続切片法によるTEM(透過電顕)で明らかにする。

雌雄の細胞構造の非対称性は、原初の生物の性と生殖行動に強い相関があったことを想起させる。例えば、眼点が潰れないようにするために接合装置が雌雄で逆向きに付く

といったようなことが、最初の雌雄だったと考えると特に違和感はない。藻類学は、こうしたユニークな視点を形態と構造の研究に導入できるし、さまざまな進化的中間体に関する情報を提供することも可能である。こうした知見に、FE-SEMや免疫電顕、三次元立体構築といった電顕技術を加えることで、分子的な差異と形態の差異を結びつけた新たな視点をこの分野に提供できる。今回の課題名となっている「免疫サブトラクション法」は、配偶子細胞をそのまま抗原として抗体を作製し、それを異なる交配型の配偶子で吸着する処理を行うことで、簡単に雌( )あるいは雄( )に特異的な表面蛋白質に対する抗体を調製できる。これに加えオームクス的な「RNAseq/MS サブトラクション法」を実施することで、雌雄性の起源と進化研究に極めて大きなブレイクスルーをもたらす。

アオサ藻綱のなかでも同形から異形への進化の途上にあるアオノリを用いて、配偶子に大小が生じる前にある雌雄とは何か？を明らかにしたい。雌雄が大小の前にならぬとすると、コンピューターシミュレーションなどとは違って、雌は大きくなり雄は小さくなるのが進化的に運命付けられていたことになる。大小に進化することが運命づけられた雌雄とは一体何だろうか？

(1)「免疫サブトラクション法」で雌雄の表面あるいはそれぞれの接合装置に特異的に反応する抗体を作成し、(2)「RNAseq/MS サブトラクション法」でそれらの遺伝子を同定するとともに、(3)「FE-SEM(電界放射型走査電顕)」、「免疫電顕」、「連続切片法によるTEM(透過電顕)」でそれらが接合装置として雌雄で異なった配位で細胞表面に提示されるダイナミズムを明らかにする。

同形から異形を経て卵生殖へ至る進化は動物でも同じであったと思われるが、同形や異形という進化的中間体が一つの綱や目で系統的に生き延びているのは藻類において他にない。アオサ藻綱や褐藻綱でも同形から異形への進化が見られるが、これらは全く異なる分類群に属することから、同形から異形へというのは一種の収斂であり、雌雄性そのものが収斂進化の結果とも考えられる。

本研究課題は雌雄の進化により根源的な進化の視点を提供できる。藻類で解かれた雌雄性の謎は動物にも収斂していると考えられるからだ。また、雌雄の起源を探る進化研究に、「細胞構造の雌雄非対称性」という概念を導入することも見逃せない。雌雄配偶子の接合の向きに注目すると、互いが完全に相同な細胞が接合する場合、接合面にある構造は互いに融合して相殺されてしまう。眼点などは2つあっても全く機能しなくなる恐れがある。雌雄の進化の比較的早い段階で、細胞内配向の雌雄非対称性を獲得したのではなからうか。そうすることで接合後も2つの眼点が見えるようになる。最初の雌雄が眼点に対して非対称な位置にある接合装置の

認証だったとしても何ら不思議ではない。こうした新たな視点は植物や動物の雌雄性や生殖行動の謎を明らかにする上で大いに貢献するだろう。

### 3. 研究の方法

アオノリの雌雄配偶子の非対称性は如何にして形作られるか？ 雌雄で異なる蛋白質が接合装置として細胞表層に配位される発生メカニズムとは何か？ それらを可能にする遺伝子と性決定領域（性染色体）との関係を明らかにする。そのために新たに考案されたのが「免疫サブトラクション法」で、これによって雌( )と雄( )それぞれに特異的な抗血清の精製が可能となる。この抗血清はそのまま組織化学的手法に用いることもできるが、ゲノミクスやプロテオームの手法を積極的に取り入れた「RNAseq/MS サブトラクション法」を実施することで、免疫沈降反応物をマス解析（質量分析）することが可能となる。雌( )と雄( )の接合装置に関わる遺伝子が同定されることで、遺伝子産物に対する抗体精製も容易になり、免疫電顕などによる解析が可能となる。

(1) 免疫サブトラクション法で雄( )と雌( )の接合装置特異的抗体を作成し、雌( )特異的な2種類の蛋白質(250kDaと80kDa)が同定されていることから、免疫サブトラクション法は同種異個体で差異のある表層蛋白質に対する網羅的な抗体作成に極めて有効な手段となる。この抗体を用いて、免疫沈降法による抗原蛋白質の濃縮、MS解析やアミノ酸配列の決定などによって、接合装置の蛋白質とその遺伝子を同定することで、「免疫サブトラクション法」が今回の研究課題に極めて有用な手法であることを実証する。

(2) 雌雄ゲノム解析と雌雄の配偶子でリード数66-69万規模のRNAseqをし、RNAseqによる遺伝子発現パターン解析とMSによるプロテオーム解析(RNAseq/MSサブトラクション法)によって、雌雄配偶子に特異的な遺伝子や蛋白質の同定は勿論のこと、免疫サブトラクション法で得られた抗体で標識される雌雄の接合装置の蛋白質とその遺伝子の同定を試みる。RNAseq/MSサブトラクション法によって提起された諸問題(発現量ゼロ遺伝子の存在、GCS1遺伝子など雌雄で発現量に差異のある遺伝子の有無など)を解決する。予備実験でRNAseqを雌雄でサブトラクションすると一方ではリード数が数十から数百あっても他方ではリード数ゼロという遺伝子がそれぞれ数十あり、性染色体の存在を示唆している。しかし、一方では雄( )配偶子のRNAseqにGCS1など雄( )で発現が見込まれる遺伝子の発現が見つかっていなかったりする。RNAseqのさらなる拡充に加えゲノム情報の取得が必要となる。

(3) アオノリの形質転換系の開発は同定した雌雄配偶子に特異的な遺伝子を確定するのに絶対に必要になる技術である。先行論文

はあるが、形質転換効率が低く再現性が十分確かめられた事例もほとんどない。雌雄配偶子の非対称性を、GFPラベルした遺伝子を用いて調べられるような簡便な形質転換系を開発する。

(4) アオサ属の他の種とアオノリ4系統8株の配偶子を比べると、アオノリの場合は交配型による大きさの差はわずかで、この種が同形配偶子から異形配偶子への進化の極初期にあることがわかる。アオノリ胞子体に加え、近縁な別種スジアオノリの有性株と2種類の無性株でRNAseqを実施し、アオサ藻綱に保存された雌雄の決定機構と、動植物を問わず広い系統で見られる有性生殖から無性生殖への転換にまで視野を広げ、生物における非対称性と性の収斂進化を総合的に明らかにする。FE-SEMを用いて接合装置の雌雄の形態な差異(性的二形性)を検出する方法を考案する。雌雄の非対称性に関わる鞭毛根、眼点顆粒、接合装置の配偶子形成期のダイナミクスをFE-SEMだけでなく、連続切片法を用いたTEMの三次元立体構築も試みる。

### 4. 研究成果

(1) 免疫サブトラクション法:雌雄の表層あるいはそれぞれの接合装置に特異的に反応する抗体を作成し、「FE-SEM(電界放射型走査電顕)」、「免疫電顕」、「連続切片法によるTEM(透過電顕)」でそれらが接合装置として雌雄で異なった配位で細胞表層に提示されるダイナミクスを調査した。また、雌雄性に関連する因子の中から真核生物の接合装置に局在するGCS1、眼点の構成物タンパク質であるChR1、EYE3に着目し、それらの特異抗体を作成し、配偶子形成過程における発現と局在を解析した。

特に、緑藻クラミドモナスの雄( )配偶子接合装置に局在するGCS1に関しては、アオノリの雄( )配偶子でも接合装置に局在し、配偶子の接合に直接関わっていることを明らかにした。特に興味深いのは、この抗体で雄( )配偶子処理してから雌( )配偶子と接合できないが、雌( )配偶子を抗体で処理しても接合は阻害されないことである。これはGCS1も免疫サブトラクション雄( )抗原と同じく配偶子表層に局在することを意味している。

(2) 雌雄ゲノム解析と雌雄の配偶子でリード数66-69万規模のRNAseq:新学術領域研究の「ゲノム支援」で、雌雄配偶体のゲノムシーケンスとトランスクリプトームを実施し、雌( )で117Mb、雄( )で114Mbと推定されたゲノム領域のシーケンスデータが得られ、スカフォールド数は雌( )で1521、雄( )で2279である。最長のスカフォールドの長さ及びN50値は雌( )で15.4Mbと2.7Mb、雄( )で10.6Mbと1.7Mbとなり、同じ緑色藻類であるクラミドモナスやボルボックスと比べても遜色のない精度のゲノム情報を得ることができた。そのほとんどが雌雄相同

なゲノム領域であるがその一部に雄側で 1.2Mb、雌側で 1.5Mb の雌雄特異的(MT)領域が同定されている。

この雌雄特異的領域内において、性決定と性分化に関わる遺伝子を探索するために、配偶子誘導開始後 0、24、48 時間目の雌雄の葉状体と配偶子の RNA-Seq を実施し MT 領域の遺伝子の発現量を調べた。まず注目したのは RWP1 で、雄( )MT 領域のみにあるこの遺伝子は、クラミドモナスなどの雄の性決定遺伝子 MID と同じように窒素飢餓にตอบสนองする RWP-RK ドメインをもっていて、配偶子誘導開始前の葉状体や配偶子で発現していた。分子系統解析では RWP1 は MID とは異なる系統群に属していた。CKK-CNB1 は雄特異的な RWP1 とは異なり雌雄共通の遺伝子だが、第 2 イントロンに逆向きに転写される領域(isotig)があり、3' 側の一部が第 2 エキソンと重複していた。CKK-CNB1 の発現は雌雄どちらも配偶体と配偶子で一定であったが、逆鎖の isotig は配偶子形成過程で発現が上昇していた。LOG1 も雌雄共通遺伝子だが、雌雄で異なるスプライシングバリエーションをもっていた。異なるプライマーセットを用いた RT-PCR で確認したところ、雄のスプライシングバリエーションのうち 2 つが配偶子で発現上昇していた。

(3) アオノリの形質転換系の開発：アオサ藻綱の形質転換に関する報告例はこれまでに 2 例のみで、1%以上の形質転換効率を得られる方法は開発されていない。アオノリは配偶子からの単為発生が可能で、その配偶子は細胞壁をもたない。ポリエチレングリコール(PEG)を用いてアオサ藻綱の *rbcS* プロモーターの下流に GFP をコードするプラスミドを配偶子に導入した。その結果、9~15%程度の形質転換効率で GFP 蛍光を発する個体が観察された。アオノリ細胞内でミトコンドリア移行シグナルを付加した GFP を発現させたところ、単細胞期の細胞内ではミトコンドリアが細長く繋がっており、多細胞期では粒子状であることがわかった。

他のアオサ属の形質転換系の開発も進展しており、アオノリのゲノムとトランスクリプトームデータから得られた遺伝子と GFP の融合タンパク質を用いたオルガネラ動態の観察に成功している。問題は、雄性決定遺伝子の同定や性転換実験には、一過的な形質転換系だけでなく恒久的な組換え方の形質転換系が必要なことで、これに関しては今後ドイツなどの海外共同研究を考えている。

(4) アオサ属の他の種とアオノリ 4 系統 8 株の配偶子：アオノリでは雌雄ゲノムに特異的な性染色体領域が存在するこの雌雄で非対称性のあるゲノム領域では雌雄に特異的な遺伝子の他に、雌( )型と雄( )型にそれぞれ分化したホモログ(ガメトログ)が複数存在している。複数のガメトログを、スジアオノリを始めとする他アオノリ類の雌雄株から単離し、系統樹を構築したところ雌型と雄

型のクレードに 2 分されることを示し、少なくともアオサ属が分岐したときには、相同組換えが抑制された性染色体領域が存在したことが示唆されている。

スジアオノリでは有性株の他に、それぞれ性を失った配偶体世代と考えられる 2 本鞭毛の遊走細胞を持つ無性個体群と、胞子体世代が減数分裂を起こせなくなった結果生じたと思われる 4 本鞭毛の遊走細胞をもつ無性個体群が存在している。これまでの研究から両無性個体は 2N 世代であること、また上述のガメトログの遺伝子型を調べたところ、雌雄の遺伝子型を共有しており、雌雄ゲノムが揃った状態であることもわかっている。

近縁なスジアオノリとの比較ゲノムおよび比較トランスクリプトームにより多細胞性植物における雌雄性の決定に関わる遺伝子や雌雄の非対称性を生み出す分子機構の解明を進める。さらに、スジアオノリでは有性株の他に、それぞれ「性」を失った配偶体世代と考えられる 2 本鞭毛の遊走細胞をもつ無性個体群と、胞子体世代が減数分裂を起こせなくなった結果生じたと思われる 4 本鞭毛の遊走細胞を持つ無性個体群が存在している。これまでの研究から両無性個体は 2N 世代であること、また、上述のガメトログの遺伝子型を調べたところ、雌雄の遺伝子型を共有しており、雌雄ゲノムが揃った状態であることもわかっている。この生殖様式の多様性に「免疫サブトラクション法」を加え、雌雄の非対称性形成のダイナミクスと雌雄性を与える遺伝子を明らかにしたい。

## 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 32 件)

Suzuki, R., Ota, S., Yamazaki, T., Toyoda, A., Nonaka, S., Matsukura, C., Kuwano, K., and Kawano, S.: Morphological changes of giant mitochondria in the unicellular to multicellular phase during parthenogenesis of *Ulva partita* (Ulvophyceae) revealed by expression of mitochondrial targeting GFP and PEG transformation. *Phycol. Res.* 64, xxx-xxxx (2016) in press. 査読有  
Kazama, Y., Ishii, K., Aonuma, W., Ikeda, T., Kawamoto, H., Koizumi, A., Filatov, D. A., Chibalina, M., Bergero, R., Charlesworth, D., Abe, T., and Kawano, S.: A new physical mapping approach refines the sex-determining gene positions on the *Silene latifolia* Y-chromosome. *Sci. Rep.* 6, 18917 (2016) 査読有 DOI: 10.1038/srep18917  
Miyamura, S., Nagumo, T., Maegawa, M. & Hori, T.: Rearrangement of the

flagellar apparatuses and eyespots of isogametes during the fertilization of the marine green alga, *Monostroma nitidum* (Ulvophyceae, Chlorophyta). *Phycol. Res.* 63: 284-299 (2015). 査読有 DOI: 10.1111/pre.12108

Vítová, M., Bišová, K., Kawano, S. and Zachleder, S.: Accumulation of energy reserves in algae: From cell cycles to biotechnological applications. *Biotechnol. Adv.* 33, 1204-1218 (2015). 査読有 DOI: 10.1016/j.biotechadv.2015.04.012.

Ichihara, K., Suzuki, R., Yamazaki, T., Ota, S., Mogi, Y., Kagami, K., Kuwano, K. and Kawano, S.: *Ulva partita* sp. nov., a novel Enteromorpha-like *Ulva* species from Japanese coastal areas. *Cytologia* 80, 261-270 (2015). 査読有 DOI: 10.1508/cytologia.80.261

Yamazaki, T., Endo, M., Ito, K., Suzuki, R., Ota, S., Kuwano, K., Miyamura, S., Toyoda, A. and Kawano, S.: HAP2/GCS1 is involved in the sexual reproduction system of the marine macroalga *Ulva compressa*. *Cytologia* 79, 575-584 (2014). 査読有 DOI: 10.1508/cytologia.79.575

Suzuki, R., Yamazaki, T., Toyoda, A. and Kawano, S.: Technical note: A Transformation system using rbcS N-terminal region fused with GFP demonstrates pyrenoid targeting of the small subunit of RubisCO in *Ulva compressa*. *Cytologia* 79, 427-428 (2014). 査読有 DOI: 10.1508/cytologia.79.427

Yamazaki, T., Hirai, C., Ota, S., Kuwano, K. and Kawano, S.: Use of FM1-43, a membrane-specific fluorescent dye, to estimate plasma membrane integrity in the cryopreservation of green algae. *Cryo Letters*, 35, 180-187 (2014). 査読有 PMID: 24997835

Jiang, S., Kuwano, K., Ishikawa, N., Yano, M., Takatani, T., Arakawa, O. Production of domoic acid by laboratory culture of the red alga *Chondria armata*. *Toxicon* 92: 1-5 (2014). 査読有 doi:10.1016/j.toxicon.2014.09.003

Kuwano, K., Abe, N., Nishi, Y., Seno, H., Nishihara, N.G., Iima, M., and Zachleder, V.: Growth and cell cycle of *Ulva compressa* (Ulvophyceae) under LED illumination. *Journal of Phycology* 50: 744-752 (2014). 査読有 DOI: 10.1111/jpy.12207

Imoto, Y., Kuroiwa, H., Yoshida, Y., Ohnuma, M., Fujiwara, T., Yoshida, M., Nishida, K., Yagisawa, F., Hirooka, S., Miyagishima, SY., Misumi, O., Kawano,

S. and Kuroiwa, T.: Single membrane bounded peroxisome division revealed by isolation of dynamin based machinery. *Proc Natl Acad Sci USA.* 110, 9583-9588. (2013). 査読有 DOI: 10.1073/pnas.1303483110.

Yamazaki, T., Owari, S., Ota, S., Sumiya, N., Yamamoto, M., Watanabe, K., Nagumo, T., Miyamura, S. and Kawano, S.: Localization and evolution of septins in algae. *Plant J.* 74, 605-614 (2013). 査読有 DOI: 10.1111/tpj.12147

Wayama, M., Ota, S., Matsuura, M., Nango, N., Hirata, A., and Kawano, S.: Three-dimensional ultrastructural study of oil and astaxanthin accumulation during encystment in the green alga *Haematococcus pluvialis*. *PLoS ONE*, 8(1): e53618 (2013). 査読有 DOI: 10.1371/journal.pone.0053618

Choi, Y.H., Nam, T.J., and Kuwano, K.: Cryopreservation of gametophytic thalli of *Porphyra yezoensis* (Rhodophyceae) by one-step fast cooling. *Journal of Applied Phycology* 25:531-535 (2013). 査読有 DOI 10.1007/s10811-012-9887-0

[学会発表](計 58 件)

市原健介、宮村新一、平岡雅規、河野重行: 緑藻スジアオノリに見られるアポミクシスの解析、日本藻類学会第 40 回大会、日本歯科大学生命歯学部(東京都千代田区) 2016 年 3 月 20 日

清水恭夫、山崎誠和、大田修平、市原健介、鈴木亮吾、宮村新一、桑野和可、河野重行: *Ulva partita* ゲノムの雌雄特異的領域にある遺伝子遺伝子とその発現パターン、日本藻類学会第 40 回大会、日本歯科大学生命歯学部(東京都千代田区)2016 年 3 月 20 日

河野重行: 1929 年創刊 CYTOLOGIA の細胞遺伝学に果たした役割と今、日本遺伝学会第 87 回大会、東北大学川内北キャンパス(宮城県、仙台市) 2015 年 9 月 25 日

風間裕介、石井公太郎、阿部知子、河野重行: 問題を用いた植物型巨大 Y 染色体のマッピング、日本遺伝学会第 87 回大会、東北大学川内北キャンパス(宮城県、仙台市) 2015 年 9 月 25 日

風間裕介、石井公太郎、池田時浩、Dmitry Filatov、Margarita Chibalina、Roberta Bergero、Deborah Charlesworth、河野重行、阿部知子: ヒロハノマンテマ Y 染色体の構造解析と組み換え抑制領域の欠失マッピングプログラム DelMapper の開発、日本植物学会第 79 回大会、朱鷺メッセ:新潟コンベンションセンター(新潟県、新潟市) 2015 年 9 月 8 日

川元寛章、山中香、平田愛子、河野重行:

ヒロハノマンテマの雌雄の花器管形成にかかわるプログラム細胞死とそれを攪拌する黒穂菌、日本植物学会第 79 回大会、朱鷺メッセ:新潟コンベンションセンター(新潟県、新潟市)2015年9月8日  
市原健介、鈴木亮吾、山崎誠和、桑野和可、河野重行:九州・四国沿岸域のアオサ属の種多様性と一新種の発見、日本藻類学会第 39 回大会、九州大学箱崎キャンパス(福岡県、福岡市)2015年3月22日  
山崎誠和、鈴木亮吾、市原健介、豊田敦、桑野和可、鈴木穰、河野重行:アオサ藻綱アオノリのゲノム解読と雌雄ゲノムの比較による性決定領域の探索、日本藻類学会第 39 回大会、九州大学箱崎キャンパス(福岡県、福岡市)2015年3月22日  
河野重行:藻類の雌雄非対称性の成立ゲノム支援公開シンポジウム、東京国際フォーラム(東京都、千代田区)2014年12月12日  
河野重行:植物のオスとメスはどのようにできたか? 染色体学会第 65 回年会、市民公開講座、倉敷市芸文館アイシアター(岡山県、倉敷市)2014年10月25日  
河野重行:国際細胞学雑誌キトロギアの歴史、日本植物学会第 78 回大会、明治大学、生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月13日  
大田修平、河野重行:藻類バイオと電顕3D、日本植物学会第 78 回大会、明治大学、生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月13日  
石井公太郎、風間裕介、川元寛章、河野重行、阿部知子: Y 染色体遺伝子アレイを用いたヒロハノマンテマ性分化ステージの発現プロファイリング、日本植物学会第 78 回大会、明治大学、生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月12日  
風間裕介、石井公太郎、池田時浩、川元寛章、河野重行、阿部知子: 巡回セールスマン問題を応用したヒロハノマンテマ雄性決定領域の欠失マッピング、日本植物学会第 78 回大会、明治大学、生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月12日  
鈴木亮吾、清水恭夫、市原健介、山崎誠和、桑野和可、河野重行:アオノリの一過的形質転系を用いて観察した単為生殖過程のオルガネラと細胞の動態、日本植物学会第 78 回大会、明治大学、生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月12日  
鈴木亮吾、清水恭夫、市原健介、山崎誠和、桑野和可、河野重行:アオノリ配偶子の単為発生過程における葉緑体とミトコンドリアの動態の可視化、日本植物形態学会第 26 回総会・大会 明治大学 生田キャンパス(神奈川県、川崎市)2014年9月11日  
鈴木亮吾、伊藤寛、尾関海、余哲、山崎

誠和、豊田敦、桑野和可、河野重行:アオノリ配偶子の一過的形質転換系による葉緑体とミトコンドリアの可視化とその動態、日本藻類学会第 38 回大会、東邦大学、習志野キャンパス(千葉県、船橋市)2014年3月16日

河野重行:有性生殖と生活環制御が切り拓く藻類バイオの新戦略、日本植物学会第 77 回大会、北海道大学、高等教育推進機構、(北海道、札幌市)2013年9月15日  
青沼航、川元寛、石井公太郎、風間裕介、阿部知子、河野重行:ヒロハノマンテマ XY 性染色体にある B クラス遺伝子 SIAP3X/Y の欠失変異、日本植物学会第 77 回大会、北海道大学、高等教育推進機構、(北海道、札幌市)2013年9月15日  
河野重行:藻類バイオとは何か、第 13 回東京大学生命科学シンポジウム、伊藤国際学術研究センター、東京大学(東京都、文京区)2013年6月8日

#### 〔図書〕(計 5 件)

大田修平・河野重行:藻類バイオと電顕3D、Plant Morphology 27, 3-7 (2015).  
河野重行:藻類バイオとは何か - 微細藻類の物質生産 - 増補新訂版 サイエンスビュー 生物総合資料、長野敬・牛木達男監修、実証出版、pp. 280-281 (2014).  
Noguchi, T., Kawano, S., Tsukaya, H., Matsunaga, S., Sakai, A., Karahara, I., Hyashi, Y., (eds): Atlas of Plant cell Structure, Springer, pp1- 202 (2014).  
河野重行:同形配偶子生殖から卵精子生殖への進化、「動植物の受精学:共通機構と多様性(澤田均編)」、化学同人、pp. 267-285 (2014).  
桑野和可:植物・植物組織の冷凍保存、藻類・冷凍空調便覧第 6 版、巻食品生物編、日本冷凍空調学会、pp.353-356 (2013).

#### 〔その他〕

ホームページ等  
<http://park.itc.u-tokyo.ac.jp/pls/index.html>

#### 6. 研究組織

##### (1)研究代表者

河野 重行 (KAWANO SHIGEYUKI)  
東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授  
研究者番号:70161338

##### (2)研究分担者

宮村 新一 (MIYAMURA SHINICHI)  
筑波大学・生命環境科学研究科・准教授  
研究者番号:00192766

桑野 和可 (KUWANO KAZUYOSHI)  
長崎大学・大学院水産・環境科学総合研究科・教授  
研究者番号:60301363