



緑藻メダカモの発見とその特徴

加藤 翔一¹・松永 幸大^{2*}¹東京理科大学理工学研究科応用生物科学専攻 (〒 278-8510 千葉県野田市山崎 2641)²東京大学大学院新領域創成科学研究科先端生命科学専攻 (〒 277-8562 千葉県柏市柏の葉 5-1-5)Shoichi Kato¹ and Sachihiko Matsunaga^{2*}: Discovery and characterization of a novel species of green algae *Medakamo*. Jpn. J. Phycol. (Sôru) 71: 173–178, November 10, 2023

A novel unicellular green alga, *Medakamo hakoo*, has been recently discovered from a freshwater household ornamental fish tank. This alga was registered internationally as a new species of Trebouxiophyceae. The discovery of *M. hakoo* suggests that unknown algae may be growing in our everyday-living environment. Genome sequencing of *M. hakoo* revealed 7,629 protein-coding genes in the 15.8 Mbp nuclear genome. This is one of the fewest number of genes of any freshwater algal genome ever found. The genome of this organism showed the absence of highly conserved genes such as light-harvesting complex (LHC)-like proteins and histone H1. The genome also had a very high GC content and contained many consensus sequences of G-quadruplex structure. *M. hakoo* has other distinctive features such as tiny cells and the ability to produce oil. This small genome will contribute to the identification of a core gene cluster in microalgae.

Key Index Words: Medakamo hakoo, minimum genome, microalgae, oil production, GC content

¹Department of Applied Biological Science, Faculty of Science and Technology, Tokyo University of Science, Noda, Chiba 278-8510, Japan²Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo, Kashiwa, Chiba 277-8562, Japan

* Author for correspondence: sachi@edu.k.u-tokyo.ac.jp

はじめに

微細藻類は水界生態系における主要な生産者として、CO₂を有機物に変える極めて重要な役割を担うものの、その中で3万種程度がいまだに未記載であると推定されている (Guiry 2012)。そのため、ヒトの生活圏を含む地球の多くの地域から新たな微細藻類が発見できる可能性がある。著者を含むグループは最近、メダカを飼育する水槽から新種の単細胞性の緑藻 *Medakamo hakoo* (メダカモ) を発見し記載したとともに、そのゲノム解読を行った (Kuroiwa *et al.* 2015, 2016, Takusagawa *et al.* 2021, Kato *et al.* 2023)。これらの一連の研究から、メダカモは極めて小さい細胞を有し、保有する遺伝子数も少ないこと、ゲノムのGC含量が極めて高いこと、油脂を産生する能力があること等、基礎研究と応用研究の両面から見て興味深い性質を持つことが分かった。本稿では、メダカモの細胞生物学およびゲノム科学的な特徴を紹介するとともに、他の微細藻類とのゲノム比較の結果に関して議論したい。

メダカモの発見と細胞生物学的特徴

メダカモは黒岩常祥博士の自宅の水槽から発見され、2015年に初めて報告された (Kuroiwa *et al.* 2015)。メダカモは長径の平均が 0.98 μm、短径の平均が 0.73 μm 程度の大変小さ

い細胞核をもっており、4',6-diamidino-2-phenylindole (DAPI) を用いた DNA 染色により、メダカモのゲノムサイズは 9.2 Mbp 程度と想定された (Kuroiwa *et al.* 2015)。このゲノムサイズは、今までに報告された緑色植物のゲノムサイズとしては最小レベルであった。また、透過型電子顕微鏡を用いた解析により、メダカモは細胞内にミトコンドリアと葉緑体を1つずつ持つ、非常にシンプルな細胞形態を有することが分かった (図1) (Kuroiwa *et al.* 2016)。メダカモのTEM像の特徴として、核の辺縁部に存在する電子密度の高い領域 (図1の矢頭) や、厚い細胞壁、葉緑体の中に蓄積したデンプンの凝集体などが挙げられた (Kato *et al.* 2023)。メダカモを培養する際に12時間ごとの明暗サイクルを採用することで、細胞分裂を同調化することができた。細胞分裂が同調化されたメダカモ細胞群を観察することで、メダカモは細胞壁の中で2回分裂を行い、4細胞の状態になってから単細胞に戻る細胞周期を経ることが分かった (Kato *et al.* 2023)。また、薄層クロマトグラフィーを用いた色素の解析により、メダカモはクロロフィル *a* やクロロフィル *b*、β-カロテン、ネオキサンチン、デオキササンチンを有していることが明らかになり、緑藻の特徴を有することが判明した (Kuroiwa *et al.* 2015)。

メダカモゲノム解析の意義

核 DNA 量が少なく、限られた数のオルガネラを持つ微細藻類として、高温強酸泉に生息する紅藻 *Cyanidioschyzon merolae* や、海洋に生息するプラシノ藻 *Ostreococcus* 等の複数の藻類がすでに知られており、そのゲノムが解読されている (Matsuzaki *et al.* 2004, Derelle *et al.* 2006, Palenik *et al.* 2007)。一方で、メダカモのように一般的な淡水の環境で生息する藻類で、シンプルな細胞構造を持つ種の研究はあまり進んでいなかった。メダカモのゲノムを解読し解析することで、メダカモの系統学的な立ち位置や、生物としての特徴、他の環境に生息するシンプルな微細藻類との類似性などが明らかになる。また、微細藻類のコア遺伝子の同定に、メダカモのゲノム情報が活用できる。つまり、様々な微細藻類で共有されている遺伝子ファミリーを同定することで、微細藻類におけるコア遺伝子群を推測できる。今まで研究が進んでいなかった淡水性で小さなゲノムを持つ緑藻であるメダカモのゲノム情報を利用することで、より必要最小限なコア遺伝子の理解に近づけると考えられた。コア遺伝子群の推測は、藻類の遺伝子改変において有用な情報となる可能性があり、応用研究への貢献も期待された。そこで、Kato *et al.* (2023) では、メダカモゲノムを解読し、その特徴の解析を進めた。

メダカモゲノム解読の手順と結果

画線培養によって単離されたメダカモから抽出された DNA より作製されたライブラリを、PacBio RS II system を使用してロングリードシーケンスすることでゲノムを解読した。得られたシーケンスを用いて、SMRT analysis software を用いた de novo アセンブルを行うことで、ドラフトゲノム配列が構築された。得られたドラフトゲノム配列に対するリードのカバレッジは 246.8× であった。得られたドラフトゲノム配列は 5'-TTAGGG-3' の繰り返しから成るテロメア配列を末端に有する 16 個のコンティグと、末端が重複する 2 つの環状オルガネラゲノムを含んでいた。オルガネラゲノムの大きさは 90.8 kb と 36.5 kb であり、遺伝子群の特徴から、それぞれ葉緑体ゲノムとミトコンドリアゲノムであることがわかった (Takusagawa *et al.* 2021)。葉緑体ゲノムには 31 個の光合成関連遺伝子 (光化学系 I および II, チトクロム b_6/f 複合体, および ATP 合成酵素サブユニットなど) を含む 80 個のタンパク質コード遺伝子や、29 個の rRNA 遺伝子と 2 個の rRNA 遺伝子などが存在していた。また、ミトコンドリアゲノムには 18 個の呼吸鎖複合体遺伝子を含む 33 個のタンパク質コード遺伝子や、25 個の rRNA 遺伝子, および 3 個の rRNA 遺伝子が存在していた。ミトコンドリアゲノムの特徴として、ほとんどすべての遺伝子が、片側の DNA 鎖に存在

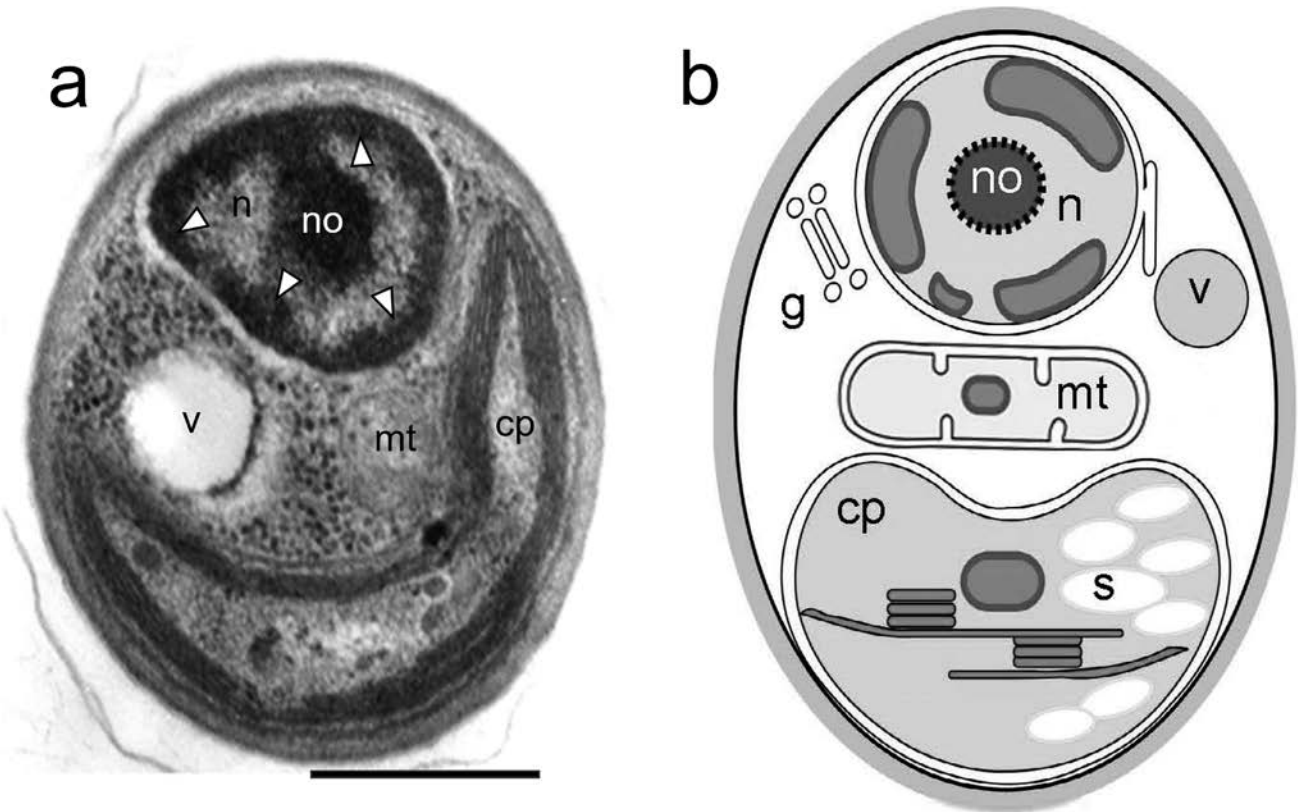


図1. メダカモの細胞構造. a. メダカモの透過型電子顕微鏡像. no, n, v, mt, cp はそれぞれ核小体, 核, 液胞, ミトコンドリア, 葉緑体を示す. 矢頭は電子密度の高い領域を示す. スケールバー: 500 nm. b. メダカモ細胞構造の模式図. no, n, g, mt, v, s, cp はそれぞれ, 核小体, 核, ゴルジ体, ミトコンドリア, 液胞, デンプン, 葉緑体を示す. Kato *et al.* (2023) を改変して作成した.

していることがあげられる。この特徴は、Trebouxiophyceae sp. MX-AZ01 (Servín-Garcidueñas & Martínez-Romero 2012) や、*Coccomyxa subellipsoidea* C-169 (Smith *et al.* 2011), *Botryococcus braunii* (Blifernez-Klassen *et al.* 2016) といったトレボウクシア藻綱の生物でみられる特徴である。

メダカモの系統学および分類学的な立ち位置

メダカモの系統学的な立ち位置を解析するため、葉緑体ゲノムに含まれる 79 遺伝子がコードするアミノ酸配列を用いて最尤法によりメダカモと 62 種の緑藻の系統解析が行われた。その結果、メダカモはトレボウクシア藻綱に含まれることがわかった。この系統解析の結果、メダカモは *Choricystis* 属とクレードを形成していた。さらにメダカモと *Choricystis* 属との関係性を明らかにするため、*Choricystis* 属の 57 系統の *rbcl* 遺伝子配列 (Pröschold & Darienko 2020) を用いた系統解析が実施された。その結果、2つの姉妹群が再現性高く分離され、メダカモが属する群には、*M. limnetica* (= *Choricystis limnetica*) も含まれていた。この2種が有する細胞形態は *Choricystis* 属と明確に区別できることから、本群はトレボウクシア藻綱の新属であると考えられた。

Botryococcus との類似性

系統解析の結果、トレボウクシア藻綱のクレードの中で、*Botryococcus* 属、*Choricystis* 属、および *Medakamo* 属は小さなクレードを形成しており、*Botryococcus* 属が最初に分岐したあとで残りの2属が分岐したことが示唆された。*Botryococcus* は炭化水素のオイルを産生することから、燃料生産の観点から近年着目されている緑藻である (Metzger & Largeau 2005, Banerjee *et al.* 2002)。メダカモと *Botryococcus* は系統的に近縁であることから、メダカモもまた高い油脂生産能を持つ可能性があると考えられ、Kato *et al.* (2023) ではその検証も行われた。メダカモおよび *Botryococcus braunii* の細胞内の油滴をナイルレッドによって染色し、蛍光顕微鏡による観察を行ったところ、メダカモは *B. braunii* と同様に窒素欠乏培地において高い油脂生産能を持つことが明らかになった。この結果は、メダカモには基礎研究における利用価値だけでなく、応用研究や産業化研究の分野においても高い利用価値があることを示唆する。

核ゲノムの特徴

メダカモ由来の DNA から得られた合計 15.8 Mbp の線形のコンティグの両末端には、テロメアと思われる繰り返し配列が存在していたことから、得られたコンティグ配列はそれぞれが1つの染色体であると考えられた (Kato *et al.* 2023)。得られた配列がどの程度全ゲノムを網羅しているか確認するために、Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs (BUSCO) 解析 (Simão *et al.* 2015, Waterhouse *et al.* 2018) が実施され、その結果 89.5% の完全長のコア遺伝子が検出された。また、mRNA-seq によって得られたリードのドラフトゲノムへのマッピングでは、98.6% のリードがマップされる結果が示された。これらの結果から、得られたドラフトゲノムは完全長のゲノムに近いものであることが示唆された。BRAKER2 (Brúna *et al.* 2021) による遺伝子予測からは、7,629 個のタンパク質コーディング遺伝子が得られたことが示されている。メダカモの持つ遺伝子数や、ゲノムサイズは、これまでに解読されてきた緑藻ゲノムと比べて最小クラスであった (表 1)。また、そのうち淡水に生息する緑藻に限れば、最小のゲノムサイズであった。

ゲノムサイズが小さく遺伝子数が少ないという特徴に加えて、メダカモ核ゲノムの GC 含量は 72.7% であり、他の生物と比較して非常に高いという特徴があった。GC 含量はコーディング領域の有無に関わらず高く保たれていた。そのため、GC の比率が高いコドンで指定されるアラニンやグリシン、プロリンなどのアミノ酸の比率が、他種の藻類と比較して高くなっていった。メダカモから全タンパク質を抽出し、質量分析によるプロテオーム解析を行うことで、メダカモが一般的なコドンテーブルに従って翻訳を行っていることが明らかになった。これにより偏ったアミノ酸組成のタンパク質が実際に発現していることが示唆された。一方で、RNA-seq 解析の結果、高発現であった遺伝子群、つまりハウスキーピング遺伝子が多く含まれる遺伝子群において GC 含量が低い傾向が観察された。この結果から、GC 含量が高まる淘汰圧はメダカモゲノム全体にかかっているものの、生存にとって重要な遺伝子に対しては、GC 含量を高める淘汰圧が掛かりづらくなっていることが示唆された。

メダカモゲノムの高 GC 含量化の意義を推測するために、G4 構造のコンセンサス配列の解析が行われた。G4 はグアニンリッチな領域が四重鎖を形成することで生じるゲノム内構造である (Maizels 2006)。G4 は DNA の複製や翻訳など、広

表 1. メダカモと他種の微細藻類のゲノム情報.

生物種名	ゲノムサイズ (Mb)	染色体数	遺伝子数	GC 含量 (%)
<i>Cyanidioschyzon merolae</i>	16.5	20	5,010	55
<i>Medakamo hakoo</i>	15.8	16	7,857	73
<i>Ostreococcus tauri</i>	12.6	20	7,765	58
<i>Chlorella variabilis</i>	46.2	12	9,892	67
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	121	17	14,415	64

範な生命現象に影響を与える構造であり、高い GC 含量を持つメダカモゲノムにおいて、大きな機能を果たしている可能性があると考えられた。そこで、pqsfinder (Hon *et al.* 2017) を用いてメダカモゲノムに含まれる G4 コンセンサス配列の計測が行われた。その結果、同等の GC 含量を有する放線菌 *Streptomyces coelicolor* よりも高い頻度で、ゲノム内に G4 コンセンサス配列が存在することがわかった。以上の結果から、G4 コンセンサス配列の頻度が高いことがメダカモゲノムの特徴であることが分かった。この G4 に関連した生物学的プロセスが、進化の過程でこの種のゲノムの GC 含量の上昇に寄与したことが推測された。

遺伝子の保存性

メダカモゲノムの予測遺伝子を eggNOG-mapper (Cantalapiedra *et al.* 2021) でアノテーションし、遺伝子セットの特徴を調べたところ、他の生物種において保存されている遺伝子の消失が見られた。光合成関連の遺伝子群は保存されていたが、stress-related light-harvesting complex (LHC)-like proteins (LHCSR) の遺伝子は検出されなかった。LHCSR と PsbS は、非光化学的消光 non-photochemical quenching に関わり、光化学系の保護に働く (Pinnola 2019)。緑藻 *Chlamydomonas reinhardtii* およびヒメツリガネゴケでは LHCSR と PsbS の両

方の遺伝子が保存されている。一方、メダカモから系統的にさらに遠いシロイヌナズナでは、メダカモと同様に PsbS のみが保存されている。したがって、LHCSR を失い PsbS を利用するように進化する現象は、緑色植物界で何度か生じている可能性がある。

もう一つの興味深いこととして、ヒストン H1 遺伝子が検出されなかった。ヒストン H1 は、winged-helix を有する球状ドメインである H15 ドメインを持つリンカーヒストンである。これまで多くの微細藻類において、ヒストン H1 オルソログまたは H15 ドメインを含むタンパク質の保存性が報告されていた (Arriola *et al.* 2018, Morimoto *et al.* 2020, Matsuzaki *et al.* 2004)。一方でメダカモと同様に極めて小さい細胞とゲノムを有する *Ostreococcus tauri* においては、H15 ドメインを有するタンパク質は見つかっていない (Derelle *et al.* 2006)。これらの一部の微細藻類においては、ヒストン H1 の機能を肩代わりするような遺伝子が存在するか、ヒストン H1 を必要としない特殊なクロマチンの構造が存在している可能性がある。

他種の微細藻類との共有遺伝子の解析と、ミニマムゲノムの考察

メダカモゲノムと他の微細藻類の間での遺伝子の保存性を

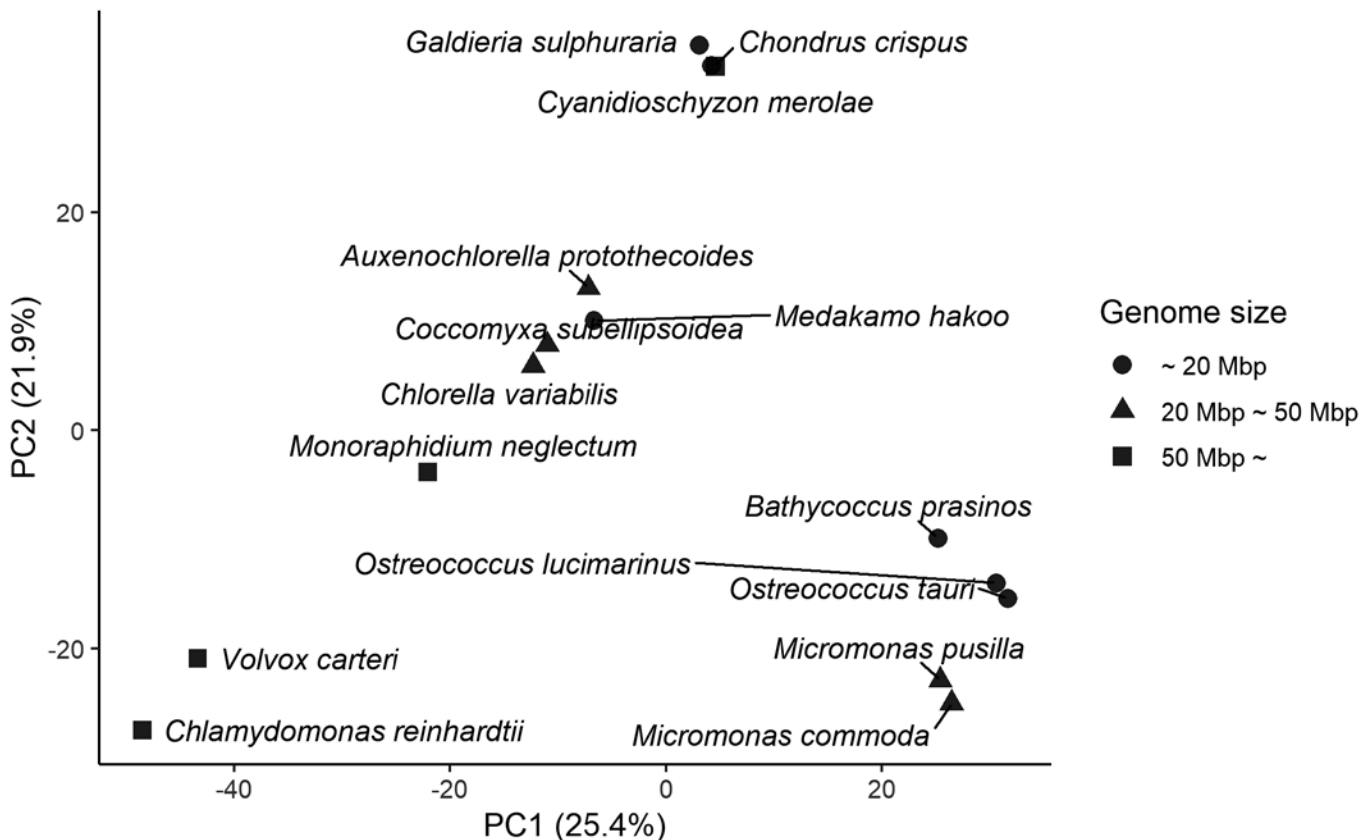


図2. 微細藻類のオルソグループ保有パターンの主成分分析. 微細藻類の保有するオルソグループの種類のパターンを主成分分析し、PC1とPC2をプロットした。Kato *et al.* (2023) Fig. 5a の元データを使用し作成した。

概観するために、Orthofinder (Emms & Kelly 2015, 2019) によりメダカモを含む 15 種類の微細藻類のオルソグループ解析が行われた。オルソグループは、解析に用いた生物種の共通祖先の単一遺伝子から派生した進化してきた遺伝子を 1 グループとして定義する。15 種類の微細藻類が保有するオルソグループのパターンを主成分分析し第一主成分 (PC1) と第二主成分 (PC2) をプロットしたところ、メダカモを含む淡水に生息するトレボウクシア藻のグループ、*Ostreococcus* を含む海洋に生息するプラシノ藻のグループ、および *C. merolae* 等の紅藻のグループが分かれてプロットされた (図 2)。それぞれのグループにおいて、ゲノムサイズや細胞サイズが極めて小さい生物種が存在していた。この結果から、微細藻類が持つオルソログの組成パターンは、それぞれのゲノムサイズよりも、系統特異的な遺伝子の増減の影響を受けることが示唆された。

微細藻類におけるコア遺伝子の同定

メダカモを含む微細藻類のオルソグループの情報を活用し、すべての微細藻類で共有されているオルソグループを同定することで、微細藻類のコア遺伝子候補を絞り込むことが期待された。微細藻類のコア遺伝子群を同定できれば、藻類の育種や生物工学的な改変などの研究に有用な情報になる。コア遺伝子群を絞り込むために、すべての藻類で共有されているオルソグループのフィルタリングしたところ、1,268 個の遺伝子からなるオルソグループが同定された。その中で、出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae* には共有されていない 279 個の遺伝子群が藻類特異的なコアオルソグループとして同定された。このコアオルソグループの特徴を調べるために、メダカモにおいてコア遺伝子群の発現量解析やパスウェイ解析が行われた。コア遺伝子群の発現量は、メダカモが独自に有する遺伝子群と比べて高い傾向があった。コア遺伝子の中には高い比率でハウスキープ遺伝子などの高発現遺伝子が含まれていた。また、エンリッチメント解析の結果から、メダカモにおける藻類特異的なコア遺伝子群の中には、代謝パスウェイに関連した遺伝子が多く含まれていた。

まとめ

本稿では、緑藻メダカモが一般家庭の水槽から発見され、形態解析やゲノム解析を経て新種として同定された経緯や、メダカモゲノムの特徴的な性質を紹介した。これらの研究結果は、人間が日常生活を送る環境においても、生物学の理解を広げられるような未知の生物が存在している可能性を示唆する。メタゲノム解析やロングリードシーケンシング技術の発展に伴い、未知の藻類が今後も発見されることで、藻類生物学の知見がより広がっていくことが期待される。

謝辞

本稿の内容は、黒岩常祥博士 (日本学士院)、黒岩晴子博士 (日本女子大学)、丸山真一郎・野崎久義・乾弥生・松永

朋子博士 (東京大学)、三角修己博士 (山口大学)、田草川真理博士 (京都大学)、鈴木重勝・山口晴代・河地正伸博士 (国立環境研) 等との共同研究成果である。また、本稿の内容は JST-CREST 「ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出」(JPMJCR20S6)、JST-OPERA 「低 CO₂ と低環境負荷を実現する微細藻バイオリファインリーの創出」(JPMJOP1832)、JST-GteX 「先端的植物バイオものづくり基盤の構築」などの支援を受けた。

引用文献

- Arriola, M. B., Velmurugan, N., Zhang, Y., Plunkett, M. H., Hondzo, H. & Barney, B. M. 2018. Genome sequences of *Chlorella sorokiniana* UTEX 1602 and *Micractinium conductrix* SAG 241.80: implications to maltose excretion by a green alga. *Plant J.* 93: 566–586.
- Banerjee, A., Sharma, R., Chisti, Y. & Banerjee, U. C. 2002. *Botryococcus braunii*: a renewable source of hydrocarbons and other chemicals. *Crit. Rev. Biotechnol.* 22: 245–279.
- Blifernez-Klassen, O., Wibberg, D., Winkler, A. *et al.* 2016. Complete chloroplast and mitochondrial genome sequences of the hydrocarbon oil-producing green microalga *Botryococcus braunii* race B (Showa). *Genome Announc.* 4: e00524-16. doi.org/10.1128/genomeA.00524-16
- Brúna, T., Hoff, K. J., Lomsadze, A., Stanke, M. & Borodovsky, M. 2021. BRAKER2: automatic eukaryotic genome annotation with GeneMark-EP+ and AUGUSTUS supported by a protein database. *NAR Genome Bioinform.* 3: lqaa108.
- Cantalapiedra, C. P., Hernández-Plaza, A., Letunic, I., Bork, P. & Huerta-Cepas, J. 2021. EggNOG-mapper v2: Functional annotation, orthology assignments, and domain prediction at the metagenomic scale. *Mol. Biol. Evol.* 38: 5825–5829.
- Derelle, E., Ferraz, C., Rombauts, S. *et al.* 2006. Genome analysis of the smallest free-living eukaryote *Ostreococcus tauri* unveils many unique features. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 103: 11647–11652.
- Emms, D. M. & Kelly, S. 2015. OrthoFinder: solving fundamental biases in whole genome comparisons dramatically improves orthogroup inference accuracy. *Genome Biol.* 16: 157.
- Emms, D. M. & Kelly, S. 2019. OrthoFinder: phylogenetic orthology inference for comparative genomics. *Genome Biol.* 20: 238.
- Guiry, M. D. 2012. How many species of algae are there?. *J. Phycol.* 48: 1057–1063.
- Hon, J., Martinek, T., Zendulka, J. & Lexa, M. 2017. pqsfinder: an exhaustive and imperfection-tolerant search tool for potential quadruplex-forming sequences in R. *Bioinformatics* 33: 3373–3379.
- Kato, S., Misumi, O., Maruyama, S. *et al.* 2023. Genomic analysis of an ultrasmall freshwater green alga, *Medakamo hakoo*. *Commun. Biol.* 6: 89.
- Kuroiwa, T., Ohnuma, M., Imoto, Y. *et al.* 2016. Genome size of the ultrasmall unicellular freshwater green alga, *Medakamo hakoo* 311, as determined by staining with 4',6-diamidino-2-phenylindole after microwave oven treatments: II. Comparison with *Cyanidioschyzon merolae*, *Saccharomyces cerevisiae* (*n*, *2n*), and *Chlorella variabilis*. *Cytologia* 81: 69–76.
- Kuroiwa, T., Ohnuma, M., Nozaki, H., Imoto, Y., Misumi, O. & Kuroiwa, H. 2015. Cytological evidence of cell-nuclear genome size of a new ultra-small unicellular freshwater green alga, "*Medakamo hakoo*" strain M-hakoo 311 I. Comparison with *Cyanidioschyzon merolae* and *Ostreococcus tauri*. *Cytologia* 80: 143–150.

- Maizels, N. 2006. Dynamic roles for G4 DNA in the biology of eukaryotic cells. *Nat. Struct. Mol. Biol.* 13: 1055–1059.
- Matsuzaki, M., Misumi, O., Shin-I, T. *et al.* 2004. Genome sequence of the ultrasmall unicellular red alga *Cyanidioschyzon merolae* 10D. *Nature* 428: 653–657.
- Metzger, P. & Largeau, C. 2005. *Botryococcus braunii*: a rich source for hydrocarbons and related ether lipids. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 66: 486–496.
- Morimoto, D., Yoshida, T. & Sawayama, S. 2020. Draft genome sequence of the astaxanthin-producing microalga *Haematococcus lacustris* strain NIES-144. *Microbiol Resour. Announc.* 9: e00128-20. doi.org/10.1128/MRA.00128-20
- Palenik, B., Grimwood, J., Aerts, A. *et al.* (2007) The tiny eukaryote *Ostreococcus* provides genomic insights into the paradox of plankton speciation. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 104: 7705–7710.
- Pinnola, A. 2019. The rise and fall of Light-Harvesting Complex Stress-Related proteins as photoprotection agents during evolution. *J. Exp. Bot.* 70: 5527–5535.
- Pröschold, T. & Darienko, T. 2020. *Choricystis* and *Lewiniosphaera* gen. nov. (Trebouxiophyceae Chlorophyta), two different green algal endosymbionts in freshwater sponges. *Symbiosis* 82: 175–188.
- Servín-Garcidueñas, L. E. & Martínez-Romero, E. 2012. Complete mitochondrial and plastid genomes of the green microalga *Trebouxiophyceae* sp. strain MXAZ01 isolated from a highly acidic geothermal lake. *Eukaryot. Cell* 11: 1417–1418.
- Simão, F. A., Waterhouse, R. M., Ioannidis, P., Kriventseva, E. V. & Zdobnov, E. M. 2015. BUSCO: assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. *Bioinformatics* 31: 3210–3212.
- Smith, D. R., Burki, F., Yamada, T. *et al.* 2011. The GC-rich mitochondrial and plastid genomes of the green alga *Coccomyxa* give insight into the evolution of organelle DNA nucleotide landscape. *PLoS ONE* 6: e23624.
- Takusagawa, M., Kato, S., Matsunaga, S. *et al.* 2021. Complete mitochondrial and plastid DNA sequences of the freshwater green microalga *Medakamo hakoo*. *bioRxiv* doi.org/10.1101/2021.07.27.453968
- Waterhouse, R. M., Seppey, M., Simão, F. A. *et al.* 2018. BUSCO applications from quality assessments to gene prediction and phylogenomics. *Mol. Biol. Evol.* 35: 543–548.

(2023年8月28日受付, 2023年10月5日受理)

通信担当編集委員: 矢吹 彬憲

学会・シンポジウム情報

2023年11月18日(土)～11月19日(日)
第7回大会(京都) SYMBIO2023 (日本共生生物学会)
(京都大学北部構内農学部総合館3階)
<https://sites.google.com/site/japansymbiosis/home/第7回大会京都symbio2023>

2023年11月25日(土), 12月1日(金)～12月3日(日)
第55回種生物学シンポジウム
(11月25日:ポスターセッション・オンライン, 12月1～3日:シンポジウム・愛知県青年の家)
<https://sites.google.com/view/sssb55symposium/> ホーム

2023年11月27日(月)～12月1日(金),
12月6日(水)～12月8日(金)
第46回日本分子生物学会年会
(11月27日～12月1日:オンライン, 12月6～8日:神戸ポートアイランド)
<https://www2.aeplan.co.jp/mbsj2023/>

2023年12月12日(火)～12月15日(金)
ALGAEUROPE2023
(PRAGUE)
<https://algaeurope.org/>

2024年3月16日(土)～3月21日(木)
第71回日本生態学会大会(ESJ71)
(3月16～17日:オンライン, 3月18日:ハイブリッド 関内ホール, 3月19～21日:ハイブリッド 横浜国立大学)
<https://esj-meeting.net/>

2024年3月22日(金)～3月25日(月)
日本藻類学会第48回大会
(3月22～24日:神戸大学六甲台第2キャンパス, 3月25

日:マリンサイト)
http://www.sourui.org/annual_meeting/JSP_48th/ (予定)

2024年3月27日(水)～3月30日(土)
令和6年度公益社団法人日本水産学会春季大会
(東京海洋大学品川キャンパス 予定)
<http://jsfs.jp>

2024年4月14日(日)～4月18日(木)
The 9th Asian Pacific Phycological Forum (APPF2024)
(北海道大学学術交流会館)
<https://ec-mice.com/APPF2024/>

2024年5月25日(土)～5月26日(日)
第24回マリンバイオテクノロジー学会大会
(筑波大学春日キャンパス)
<http://marinebiotechnology.jp/mbt2024/>

2024年6月10日(月)～6月12日(水)
International Conference on Algal Biomass, Biofuels and Bioproducts (AlgalBBB 2024)
(Hilton Clearwater Beach, Florida)
<https://www.elsevier.com/events/conferences/international-conference-on-algal-biomass-biofuels-and-bioproducts>

2024年6月16日(日)～6月21日(金)
8th Congress of the International Society for Applied Phycology-2024
(Porto, Portugal)
<https://www.appliedphycologysoc.org/event-4857371>

(学会・シンポジウム情報に掲載希望の情報をお持ちの会員は編集長と芹澤(松山)和世までご一報下さい)