

日本進化学会 第18回東京大会

18th Annual Meeting of the Society of
Evolutionary Studies, Japan

超学際領域としての進化学
—ゲノムから銀河まで—



プログラム・講演要旨集

2016年8月25日(木)～28日(日)
東京工業大学大岡山キャンパス

日本進化学会第18回東京大会

18th Annual Meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan

プログラム・講演要旨集

大会案内	2
会場案内	3
お知らせ	6
日程表	8
オーガナイザー・座長一覧	10
2016年度日本進化学会賞受賞者	12

講演一覧

国際プレナリーシンポジウム	14
特別講義	16
シンポジウム	17
ワークショップ	26
ポスター発表一覧	35
「第11回 みんなのジュニア進化学」発表一覧	42
進化学夏の学校	46
市民公開講座	46
生き物グッズ展示・販売	47

プログラム

第1日目	50
第2日目	58
第3日目	66
第4日目	71

講演要旨

シンポジウム	74
ワークショップ	87
一般口頭発表	102
ポスター発表	118
進化夏の学校	139

第18回東京大会参加者一覧	140
高校生「第11回 みんなのジュニア進化学」参加者一覧	148
日本進化学会第18回大会委員会／企業展示／協賛企業	152

大会案内

国際プレナリーシンポジウム

8月26日(金) 9:00 ~ 11:00 70周年記念講堂

Reconstructing human history from ancient DNA

○Martin Sikora (Centre for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen)

The Genomic Tag Hypothesis for the Origin of tRNA and Genomic RNA Replication in the RNA World

○Alan Weiner (Department of Biochemistry, University of Washington School of Medicine)

特別講義

8月26日(金) 11:00 ~ 12:00 70周年記念講堂

Cell wall deficient (L-form) bacteria: from bacterial physiology to the origins of life

○Jeff Errington (The Centre for Bacterial Cell Biology, Medical School, Newcastle University)

シンポジウム・ワークショップ

8月25日(木)~27日(土) 西5号館、西6号館

一般口頭発表

8月25日(木)~26日(金) 西5号館、西6号館

一般ポスター発表

8月25日(木)~27日(土) 蔵前会館くらまえホール

高校生ポスター発表

8月27日(土) 13:00 ~ 15:20 蔵前会館くらまえホール(表彰式 15:40 ~ 16:10 70周年記念講堂)

進化学夏の学校「次世代シークエンスデータからの変異抽出をもう一度見直してみよう」

8月28日(日) 9:00 ~ 12:00 蔵前会館くらまえホール

市民公開講座「進化を表現する人々」

8月28日(日) 13:00 ~ 15:00 蔵前会館くらまえホール

評議員会

8月25日(木) 9:00 ~ 12:00 手島精一会議室(S)

懇親会

8月27日(土) 18:40 ~ 21:00 第一食堂2階

総会・授賞式・受賞講演

8月27日(土) 70周年記念講堂

15:40 ~ 16:10 高校生ポスター表彰式

16:20 ~ 16:50 総会

16:50 ~ 17:00 授賞式

17:10 ~ 18:10 受賞講演

企業展示

8月25日(木)~27日(土) 蔵前会館ギャラリー

生き物グッズ展示・販売「東工大驚異の部屋」

8月25日(木)~28日(日) 本館H103

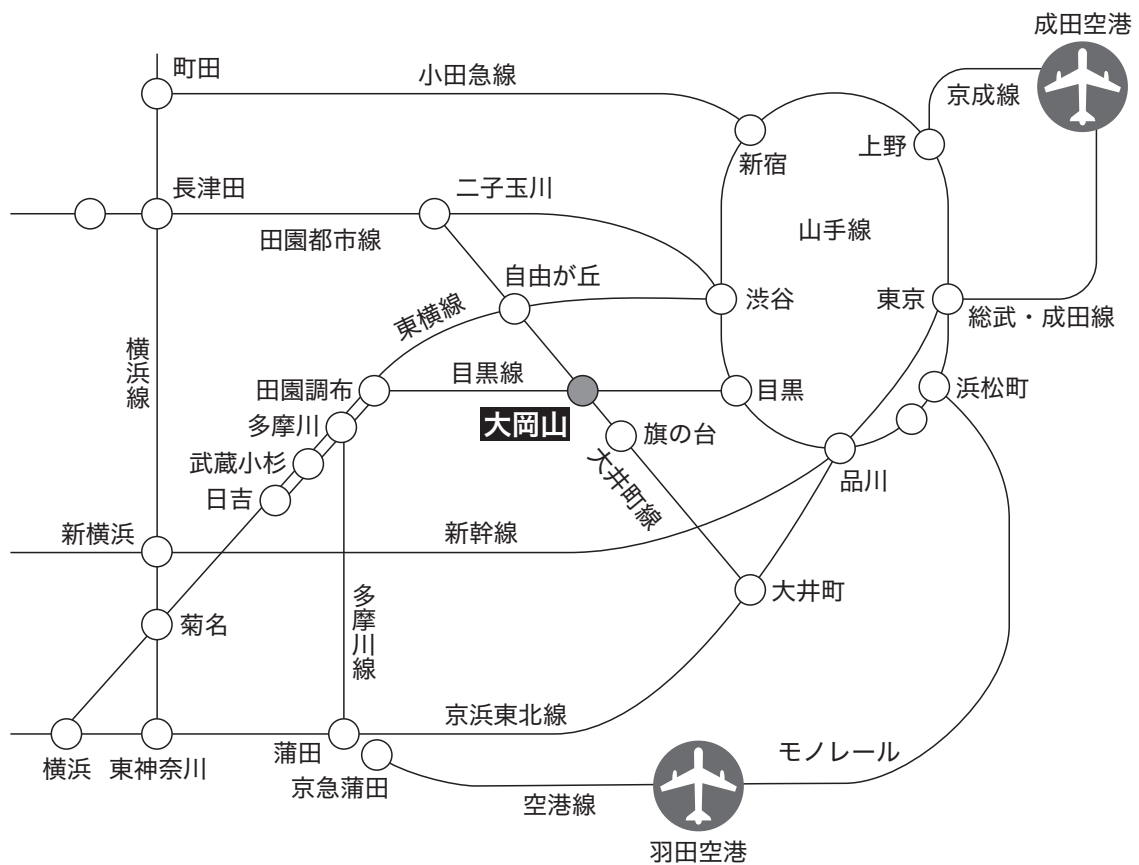
会場案内

東京工業大学 大岡山キャンパス

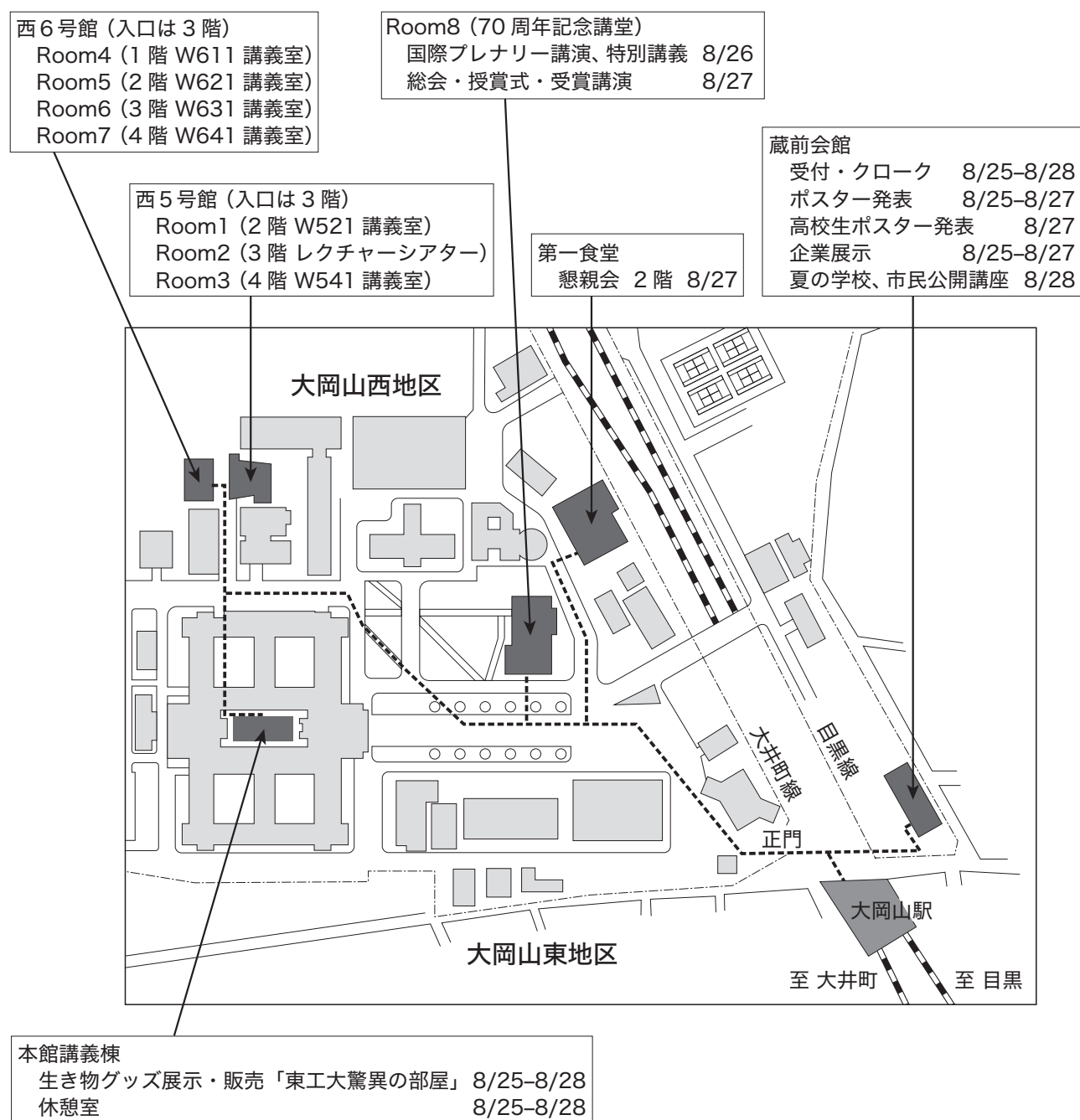
〒152-8550 東京都目黒区大岡山2-12-1

東急大井町線・目黒線『大岡山駅』正門まで徒歩1分

交通アクセス

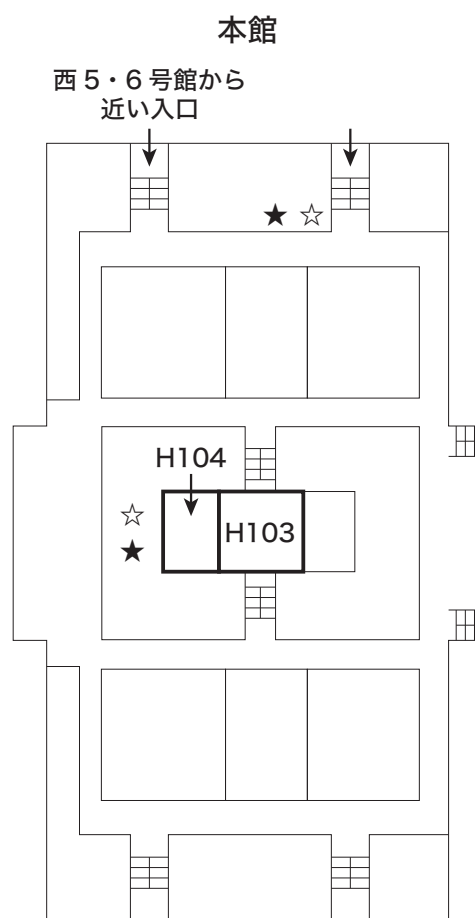
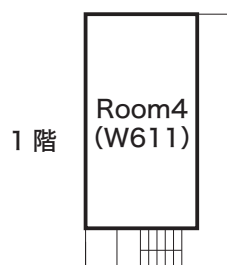
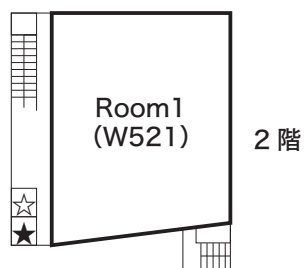
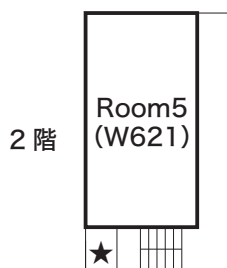
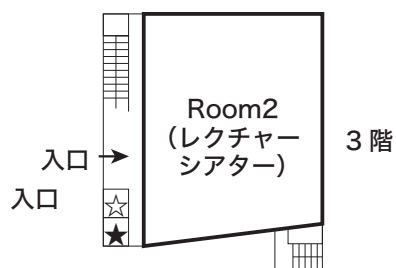
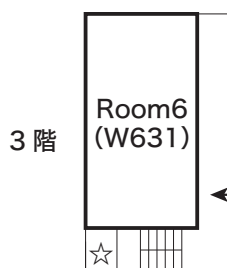
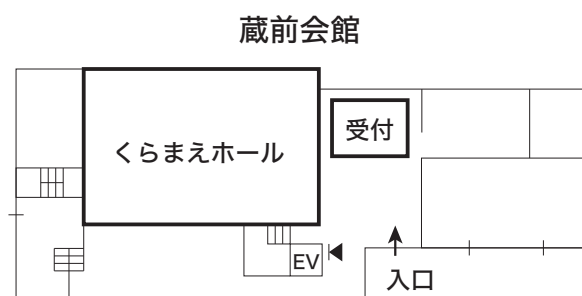
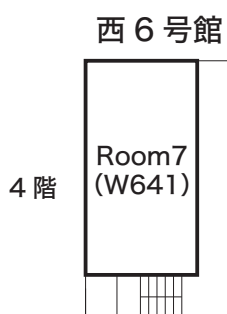


会場マップ



フロアマップ

★ 男子トイレ
☆ 女子トイレ



お知らせ

一般注意事項

- ・大岡山キャンパスに一般車両は入構できません。公共交通機関を利用してお越しください。
- ・会場では必ず名札を付けてください。名札は受付でお渡しします。
- ・発表中の写真撮影、録画、録音、ポスターの撮影などはご遠慮ください。また発表内容は多くの未公表データを含んでいます。学会外へ公表することはご遠慮ください。
- ・大岡山キャンパスでは指定の喫煙コーナー以外の全ての場所で禁煙です。喫煙コーナーは、西8号館(E)前、本館西側、百年記念館裏などにございます。
- ・発表会場・講義室内での飲食はご遠慮ください。食事には、生協食堂および近隣の飲食店やコンビニ等をご利用ください。
- ・休憩室は、本館講義棟のH104講義室をご利用下さい。

受付・クローク

場所：蔵前会館1階

時間：

日 付	受 付	クローク
8月25日(木)	10:00～19:30	
8月26日(金)	8:30～19:30	
8月27日(土)	8:30～19:00	
8月28日(日)	8:30～15:30	なし

- ・参加者は必ず受付を済ませてから会場にお入りください。受付で名札、要旨集をお渡しします。
- ・8月27日(土)は懇親会が始まる前にクロークの荷物をお受け取りください。
- ・8月28日(日)はクロークがございません。荷物を持って会場にお入りください。
- ・クロークに日をまたいで荷物を預けることはご遠慮ください。
- ・落し物・忘れ物等については受付にお問い合わせください。

昼食

- ・大岡山キャンパスでは生協食堂がご利用になれます。
第一食堂：平日11:00～13:30営業、土曜と日曜は休業
第二食堂：平日11:00～14:00営業、土曜と日曜は休業
- ・キャンパスの外では、商店街をはじめ駅周辺に多数の飲食店がございます。

懇親会

- ・懇親会は8月27日(土)18:40～21:00に大岡山キャンパス第一食堂2階で行います。
- ・定員に達していない場合、当日参加も受け付けますので受付にお問い合わせください。
- ・懇親会の際も必ず名札を付けてください。

講演者への注意事項

- ・講演者はパソコンを持参し、ご自身による操作をお願いします。プロジェクターにはD-Sub15ピンケーブルで接続しますので、変換コネクタが必要な場合は必ずご持参下さい。
- ・持参したパソコンの接続確認と試写は、セッション開始前に各発表会場で済ませてください。
- ・各会場には Windows パソコン一台を用意しますのでPowerPoint ファイル、PDFファイルをお持ちいただいても構いません。その場合、セッション開始前に会場スタッフへお声をお掛けください。ただし表示内容が崩れる場合がありますが、ご容赦願います。
- ・シンポジウム、ワークショップの進行は企画者の方々に委ねております。企画者は決められた時間を厳守するようお願い致します。ベルを鳴らすタイミングはセッションが始まる前に企画者から会場のタイムキーパーへお伝え下さい。
- ・一般口頭発表の座長は大会本部から数名の方にお問い合わせしております。講演者は座長の指示に従って発表を行って下さい。
- ・一般口頭発表の持ち時間は発表12分、質疑応答3分です。一鈴10分、二鈴12分、三鈴14分30秒です。時間は厳守して下さい。
- ・一般口頭発表では、前の講演者の発表終了までに次の講演者は次演者席へ移動し、パソコンを接続してください。セッションの円滑な進行にご協力お願いいたします。

ポスター発表

- ・ポスターはA0相当のサイズが貼付け可能です。画鋏はポスター会場で用意致します。
- ・ポスターは大会初日8月25日（木）の12：00から掲示可能です。
- ・一般ポスター発表者は、次のコアタイムの時間帯にポスターの前に立ち、説明をおこなってください。

日 付	奇数番号コアタイム	偶数番号コアタイム
8月25日（木）	18：15～19：15	—
8月26日（金）	—	18：15～19：15
8月27日（土）	13：00～14：10	14：10～15：20

- ・ポスターは8月27日（土）15：20までに必ず撤去してください。

インターネット接続

- ・大会期間中に限り、以下のアカウントで東京工業大学の無線LANが利用できます。
ESSID：shinka2016
パスワード：evolution
※ IPアドレス、DNSサーバなどは自動取得に設定してください。
- ・利用可能な場所
蔵前会館（くらまえホール）、西5・6号館（Room1～7）、70周年記念講堂（Room8）、本館講義棟H103およびH104講義室
- ・ご利用にあたっては以下の利用規約を遵守してください。
<http://www.noc.titech.ac.jp/event/agreement.html>

日程表

8月25日(木) 第1日目

07月28日(水) 第1日目

		13:10 ~ 16:10		16:30 ~ 18:00	
西5号館	Room1 (W521)	S1：脳創生のゲノムイノベーション		一般口頭発表 O-1A-1 ～ O-1A-6	
	Room2 (レクチャー シアター)	S2：RNAと進化		一般口頭発表 O-1B-1 ～ O-1B-6	
	Room3 (W541)	S3：地球の進化と生物進化		一般口頭発表 O-1C-1 ～ O-1C-6	
西6号館	Room4 (W611)				
	Room5 (W621)	W1：超学際領域としての進化言語学		一般口頭発表 O-1E-1 ～ O-1E-6	
	Room6 (W631)	W2：昆虫の社会性進化を実現・ 加速させた至近要因		一般口頭発表 O-1F-1 ～ O-1F-6	
	Room7 (W641)	W3：再構築型進化学研究 ー人工細胞から原始生物までー		一般口頭発表 O-1G-1 ～ O-1G-6	
蔵前会館	くらまえ ホール	12:00 ～ 13:00 ポスター 貼付	18:15 ～ 19:15 一般ポスター 発表 (奇数コ アタイム)		
	ギャラリー	13:00 ～ 17:00 企業展示			
	手島精一 会議室(S)	9:00 ～ 12:00 評議員会			
本館	H103	10:00 ～ 16:00 生き物グッズ展示・販売「東工大驚異の部屋」			

8月26日(金) 第2日目

		9:00 ~ 12:00		13:40 ~ 16:40		17:00 ~ 18:00	
西5号館	Room1 (W521)	Room8 (70周年記念講堂)		S4：進化における発生の役割	一般口頭発表 O-2A-1 ~ O-2A-4		
	Room2 (レクチャー シアター)			S5：天文学の発展と生物進化	一般口頭発表 O-2B-1 ~ O-2B-4		
	Room3 (W541)			S6：植物の進化	一般口頭発表 O-2C-1 ~ O-2C-4		
Room4 (W611)	9:00 ~ 11:00 国際プレナリーシンポジウム Martin Sikora (University of Copenhagen)			一般口頭発表 O-2D-1 ~ O-2D-4			
Room5 (W621)	Alan Weiner (University of Washington)		W4：利己的な遺伝因子の進化学	一般口頭発表 O-2E-1 ~ O-2E-4			
Room6 (W631)	11:00 ~ 12:00 特別講義 Jeff Errington (Newcastle University)		W5：Power of Symbiosis: 無脊椎動物における 内部共生研究の今	一般口頭発表 O-2F-1 ~ O-2F-4			
Room7 (W641)			W6：ヒトのゲノム進化	一般口頭発表 O-2G-1 ~ O-2G-4			
蔵前会館	くらまえ ホール	ポスター掲示				18:15 ~ 19:15 一般ポスター 発表 (偶数コ アタイム)	
	ギャラリー	9:00 ~ 17:00 企業展示					
本館	H103	10:00 ~ 16:00 生き物グッズ展示・販売「東工大驚異の部屋」					

8月27日(土) 第3日目

9:00 ~ 12:00				15:40 ~ 18:10	
西5号館	Room1 (W521)	S7：NGSを取り入れた古代動物のゲノム決定と系統		Room8 (70周年記念講堂) 15:40 ~ 16:10 高校生ポスター表彰式 16:20 ~ 16:50 総会 16:50 ~ 17:00 授賞式 17:10 ~ 18:10 受賞講演	
	Room2 (レクチャーシアター)	S8：進化可能性と方向性：実験と理論からのアプローチ			
	Room3 (W541)	S9：初期バクテリアからの代謝系の進化			
西6号館	Room4 (W611)				
	Room5 (W621)	W7：生物進化に伴うDNA複製のDynamics			
	Room6 (W631)	W8：プロティストワールド～アプローチの多様性がもたらすもの～			
	Room7 (W641)	W9：Ancestral States: Current Conceptions and Their Limitations			
蔵前会館	くらまえホール	ポスター掲示	10:00 ~ 12:50 高校生ポスター貼付	13:00 ~ 15:20 ポスター発表 13:00 ~ 14:10 一般ポスター 奇数コアタイム 14:10 ~ 15:20 一般ポスター 偶数コアタイム 13:00 ~ 15:20 高校生ポスター発表 ～15:20 ポスター撤去	
	ギャラリー	9:00 ~ 15:30 企業展示			
第一食堂 2階					18:40 ～21:00 懇親会
本館	H103	10:00 ~ 16:00 生き物グッズ展示・販売「東工大驚異の部屋」			

8月28日(日) 第4日目

9:00 ~ 12:00			13:00 ~ 15:00		
蔵前会館	くらまえホール	進化学夏の学校「次世代シーケンスデータからの変異抽出をもう一度見直してみよう」	市民公開講座「進化を表現する人々」		
本館	H103	10:00 ~ 16:00 生き物グッズ展示・販売「東工大驚異の部屋」			

オーガナイザー・座長一覧

8月25日(木) 第1日目

	午前	午後1	午後2
Room1 (W521)		S1 二階堂雅人	O-1A 石川麻乃
Room2 (レクチャーシアター)		S2 岡田典弘 木賀大介	O-1B 細将貴
Room3 (W541)		S3 丸山茂徳	O-1C 川島武士
Room5 (W621)		W1 藤田耕司 橋本敬 岡ノ谷一夫	O-1E 牧野能士
Room6 (W631)		W2 北條優 佐々木謙	O-1F 野澤昌文
Room7 (W641)		W3 車兪澈 大島拓	O-1G 本郷裕一

8月26日(金) 第2日目

	午前	午後1	午後2
Room1 (W521)		S4 平沢達矢	O-2A 北野潤
Room2 (レクチャーシアター)		S5 戎崎俊一	O-2B 長田直樹
Room3 (W541)		S6 長谷部光泰	O-2C 高橋文
Room4 (W611)			O-2D 藤田耕司
Room5 (W621)		W4 小島健司	O-2E 入江直樹
Room6 (W631)		W5 本郷裕一 菊池義智	O-2F 荒木仁志
Room7 (W641)		W6 斎藤成也	O-2G 大田竜也

8月27日(土) 第3日目

	午前	午後1	午後2
Room1 (W521)	S7 森宙史		
Room2 (レクチャーシアター)	S8 古澤力 入江直樹 倉谷滋		
Room3 (W541)	S9 黒川顕		
Room5 (W621)	W7 神崎秀嗣		
Room6 (W631)	W8 奈良武司 谷藤吾朗		
Room7 (W641)	W9 Shawn McGlynn		

8月28日(日) 第4日目

	午前	午後1	午後2
くらまえホール	進化学夏の学校 伊藤武彦	市民公開講座	

2016年度日本進化学会賞受賞者

日本進化学会学会賞 (Eminent Evolutionalist Award)

「日本進化学会学会賞」は、進化学や関連する分野において学術上非常に重要な貢献をした者に、故木村資生博士の当分野における世界的な業績を記念して授与されます。

受賞者

- ・長谷部光泰（基礎生物学研究所）
「陸上植物の発生進化研究の推進」

長谷部光泰氏には公益信託進化学振興木村資生基金「木村賞」も授与されます。

研究奨励賞 (Young Scientist Initiative Award, SESJ)

「研究奨励賞」は、進化学や関連する分野において、研究業績上大きな発展が期待される若手の学会員に授与されます。毎年それぞれ若干名に授与され、受賞者には学会からの賞状が送られます。

受賞者

- ・井上潤（沖縄科学技術大学院大学）
「魚類の系統進化とゲノム進化」
- ・越川滋行（京都大学白眉センター）
「昆虫の新奇形質に関する発現機構の解明」
- ・小島健司（米国 Genetic Information Research Institute）
「利己的な遺伝子の進化学」



講演一覽

国際プレナリーシンポジウム

日時・会場 8月26日(金) 9:00-11:00 Room8 (70周年記念講堂)

Reconstructing human history from ancient DNA

○Martin Sikora

(Centre for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen)

Over the past decade, the advent of next-generation DNA sequencing technologies has enabled a revolution in the field of paleogenomics – the study of the genomes of ancient organisms. The reconstruction of the evolutionary history of our own species in particular has been transformed by a wealth of new data, often yielding surprising and unexpected insights into our past.

In this talk I will discuss some of our recent results into human population history through analyses of hundreds of ancient genomes, covering 45,000 years of human evolution from the Upper Paleolithic to the Eurasian Bronze Age.

Key Reference:

Allentoft ME, Sikora M, et al. (2015) Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522 167–172.

The Genomic Tag Hypothesis for the Origin of tRNA and Genomic RNA Replication in the RNA World

○Alan Weiner and Nancy Maizels

(Department of Biochemistry, University of Washington School of Medicine)

Following the discovery of catalytic RNA in 1982 by Tom Cech, Sid Altman, and Norm Pace, most molecular biologists concluded without hesitation that RNA (or something like RNA) was the first “living” molecule on earth. The discovery of catalytic RNA liberated molecular biologists from asking whether DNA (an informational molecule) or protein (a catalytic molecule) came first (the famous “chicken and egg question”). Instead, RNA could be both catalytic and informational, and thus capable of both replication and evolution.

The more we learn about molecular biology and evolution, the more plausible this deceptively simple scenario becomes; however, many difficult problems remain. Two of the most important problems are: How did RNA first arise from prebiotic chemical reactions? And if RNA was the first “living” molecule capable of replication and evolution, how did protein synthesis evolve? In recent breakthroughs, Powner et al. (1) and Becker et al. (2) may have solved the first problem by exploiting the power of what Szostak calls “systems chemistry” (3). We originally addressed the second problem in 1987 with our “Genomic Tag Hypothesis” for the origin of protein synthesis (4) and subsequently extended our model in 1999 (5).

The basic idea of the Genomic Tag Hypothesis is that tRNA first evolved as a 3' terminal structure on linear RNA genomes that enabled the RNA replicase to copy the genomic template from the very 3' end. Thus tRNA would have evolved initially to facilitate replication in the RNA World, and only later have been adapted (or “exapted”) as the central component of protein synthesis in the emerging RNP (ribonucleoprotein) World. As evidence for this hypothesis, we describe many “molecular fossils” - RNA viruses, retroplasmids, retroviruses, and modern telomerase that can be arranged in a plausible line of Darwinian “descent with modification.” As corollaries, we argue that (a) some RNA viruses are survivors from the RNA World; (b) retroviruses and related pararetroviruses are survivors from a world in transition from RNA to DNA genomes; (c) the CCA-adding enzyme (also known as tRNA nucleotidyltransferase) original-

ly functioned as an RNA telomerase in the RNA World; and (d) modern DNA telomerase activity originated as abortive initiation by a retroelement reverse transcriptase repeatedly copying the 3' end of its genomic RNA.

References:

1. Powner, Gerland, Sutherland (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* 459, 239.
2. Becker, Thoma, Deutsch, Gehrke, Mayer, Zipse, Carell (2016) A high-yielding, strictly regioselective prebiotic purine nucleoside formation pathway. *Science* 352, 833.
3. Szostak (2009) Origins of life: Systems chemistry on early Earth. *Nature* 459, 171.
4. Weiner and Maizels (1987) 3' terminal tRNA-like structures tag genomic RNA molecules for replication: Implications for the origin of protein synthesis. *PNAS* 84, 7383
5. Maizels and Weiner (1999) The genomic tag hypothesis: What molecular fossils tell us about the evolution of tRNA. Chapter 3, in *The RNA World II*, Gesteland, Cech, and Atkins, eds. Cold Spring Harbor Press.

特別講義		
日時・会場	8月26日(金) 11:00-12:00	Room8 (70周年記念講堂)

Cell wall deficient (L-form) bacteria: from bacterial physiology to the origins of life

Yoshikazu Kawai, Ling Juan Wu, Seoungjun Lee, Katia Mickiewicz and [○]Jeff Errington
(The Centre for Bacterial Cell Biology, Medical School, Newcastle University)

The peptidoglycan cell wall is a defining structure of the bacteria. It is the target for our best antibiotics and fragments of the wall trigger powerful innate immune responses against infection. Surprisingly, many bacteria can switch almost effortlessly into a cell wall deficient “L-form” state. These cells become completely resistant to many antibiotics and may be able to pass under the radar screen of our immune systems. Studies of L-forms have provided surprising insights into various aspects of bacterial cell physiology and biochemistry, as well as providing a model illuminating how the earliest true cells on the planet might have proliferated. Recent studies have revealed that rapid growth of L-forms, as well as accurate chromosome segregation and assembly of components of the division machinery, can occur in the absence of a cell wall, provided that the L-forms are artificially constrained into a cylindrical shape of appropriate dimensions.

Key Reference:

Leaver et al. 2009 (Nature 457, 849-853); Mercier et al. 2013 (Cell 152, 997-1007); Errington 2013 (Open Biology 3, 120143); Mercier et al. 2014 (eLife 04629); Kawai et al. 2015 (Current Biology 25, 1613-1618); Mercier et al. 2016 (Nature Microbiology 1, 16091).

シンポジウム S1：脳創生のゲノムイノベーション	
日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room1（西5号館2階 W521講義室）
企画者	二階堂雅人（東京工業大学）
使用言語	日本語
企画概要 脳は生命活動の中枢を担い高度に保存された器官である一方で、実際には機能や形態において驚くほどの種多様性が観察される。本シンポジウムでは、脳や行動の多様性を進化的な側面から俯瞰しながら、その多様性創出のメカニズムをゲノムレベルで解き明かすための最先端の実験的アプローチを紹介し議論する。そして、進化やゲノムを切り口として脳という巨大な中枢システムの総合的な理解に挑戦しうる、あらたな学問分野の創出につなげたい。	
講演時間	演題
13:10-13:40	脊椎動物の脳の起源と多様化：円口類と顎口類を用いた進化発生学的研究 ○村上安則 愛媛大・院理工
13:40-14:10	霊長類の脳はいかにして大きくなったか？ ○畠山淳 ¹ 、佐藤晴香 ¹ 、松下理香 ¹ 、影山龍一郎 ² 、斎藤通紀 ³ 、土屋英明 ⁴ 、嶋村健児 ¹ ¹ 熊大・発生研、 ² 京大・ウイルス研、 ³ 京大大学院・医学研究科、 ⁴ 滋賀医大・動物生命センター
14:10-14:40	ゼブラフィッシュの扁桃体、海馬に相当する機能的脳神経回路の遺伝学的解析 ○川上浩一、田辺英幸、Pradeep Lal 国立遺伝学研究所初期発生研究部門
14:40-15:10	真骨魚類から見た小脳の発生と進化 ○日比正彦 ^{1,2} 、竹内未紀 ¹ 、松田光司 ² 、原雄一郎 ³ 、榊原考将 ² 、種子島千春 ³ 、山口信悟 ² 、吉田将之 ⁴ 、工樂樹洋 ³ 、清水貴史 ^{1,2} ¹ 名古屋大・生物センター、 ² 名古屋大・院理学、 ³ 理研・CLST、 ⁴ 広島大・院生物圏科学
15:10-15:40	硬骨魚類の外套（パリウム）の区画化構造を生み出す機構とその進化的考察 磯江泰子、○竹内秀明 岡大・院自然
15:40-16:10	転写因子の比較機能解析による大脳皮質進化過程の解明 ○野村真 京都府立医大・院神経発生

シンポジウム S2：RNAと進化	
日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room2（西5号館3階 レクチャーシアター）
企画者	岡田典弘（国際科学振興財団）、木賀大介（早稲田大学）
使用言語	日本語
企画概要 生命はRNAとして発祥したと考えられているが、その後どのようなプロセスを経て蛋白合成系が成立し、現在見られるようなDNA worldが成立したのかは依然として未知のままである。このプロセスを考察するには現在の生命現象でRNAがどのように関与しているかを詳細に検討し、それを分子化石として、RNA Worldからのプロセスを再構成するほかはない。ここではこのテーマに関わるRNAにまつわる幾つかのテーマを紹介し、討論する予定である。	
講演時間	演題
13:10-13:20	イントロダクション：RNAワールドと他のワールドとの相互作用の開始と遷移 ○木賀大介（早稲田大・理工）
13:20-13:54	RNA分子とその進化に関わる幾つかの事象と遺伝暗号について ○金井昭夫 ^{1,2} ¹ 慶應大・先端生命研、 ² 慶應大・環境情報
13:54-14:28	大量RNAウイルスゲノム配列のビッグデータ解析が可能にする新規性の高い分子進化学 和田佳子 ^{1,2} 、和田健之介 ¹ 、岩崎裕貴 ¹ 、金谷重彦 ² 、○池村淑道 ¹ ¹ 長浜バイオ大・バイオサイエンス学部、 ² 奈良先端大・情報
14:28-15:02	分子化石としてのtRNA ○岡田典弘 ^{1,2} ¹ 国際科学振興財団、 ² 台湾国立成功大学
15:02-15:36	アシル化リボザイム：進化とRNAワールド ○菅裕明 ^{1,2} ¹ 東大・院理、 ² CREST
15:36-16:10	非コードRNAの配列と機能の連関 ○廣瀬哲郎 北大・遺制研

シンポジウム S3：地球の進化と生物進化	
日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room3（西5号館4階 W541講義室）
企画者	丸山茂徳（東京工業大学）
使用言語	日本語
企画概要 このシンポジウムでは、生命の起源と進化の最前線をわかりやすく解説します。生命の起源については、太陽系誕生時に遡り Habitable Trinity 条件が準備された背景を解説します。そして、その環境場が時代とともに変遷し、生物が自ら表層環境を支配するようになりますが、その過程で、文明を持つにいたる人類の誕生を招きました。そのような生物進化の歴史を紹介すると同時に、生命の起源から進化にいたる宇宙と生命体内部のみかけの共進化を解説します。シンポジウムは、起源と進化の概要（丸山）と、大量絶滅と短期間における革命的な生態系の変化（澤木・佐藤、磯崎、二村）の代表的な例を取りあげます。	
講演時間	演題
13:10-13:25	オープニング ○丸山茂徳、西原秀典
13:25-13:55	カンブリア爆発 ○佐藤友彦 ¹ 、澤木佑介 ² ¹ 東工大・ELSI、 ² 東工大・院理
13:55-14:25	古生代－中生代境界での大量絶滅と大進化の原因 ○磯崎行雄 東大・総合文化
14:25-14:55	宇宙からのフォーシング（KT問題も含む） ○二村徳宏 ^{1,2} 、戎崎俊一 ² 、片岡龍峰 ³ 、丸山茂徳 ⁴ ¹ 日本スペースガード協会、 ² 理研、 ³ 極地研、 ⁴ 東工大・ELSI
14:55-15:40	生命進化の起源と進化の大統一理論 ○丸山茂徳 ¹ 、戎崎俊一 ² ¹ 東京工業大学地球生命研究所、 ² 理研
15:40-16:10	総合討論

シンポジウム S4：進化における発生の役割	
日時・会場	8月26日（金）13:40-16:40 Room1（西5号館2階 W521 講義室）
企画者	平沢達矢（理化学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 進化発生学は、様々な派生形質の進化的起源を同定し、新規形質獲得の背後にあった発生機構の変化を明らかにすることに成功してきた。しかし、それでも、進化がどのように駆動されてきたのかについてはよく分かっていない。これから進化の駆動力について探っていくためには、発生機構だけでなく、化石記録に見られる進化パターンやゲノム上の変化について今まで以上に目を向けていくべきだろう。そこで本シンポジウムでは、古生物学、進化発生学、ゲノム進化学の専門家を招き、自身の研究をベースにそれぞれが考える「進化における発生の役割」に関して話していただき、異分野交流の促進と新たな研究アイデアの発想をねらう。	
講演時間	演題
13:40-13:55	イントロダクション ○平沢達矢（理研）
13:55-14:20	羊膜類における縫合閉鎖と頭蓋構成の進化 ○小藪大輔 東大・博物館
14:20-14:55	中耳の形態進化を発生学的に理解する ○武智正樹 東京医科歯科大・院医歯学総合
14:55-15:05	休憩
15:05-15:30	貝殻形成メカニズムから探る貝殻の起源 ○清水啓介 海洋研究開発機構 海洋生命理工学研究開発センター
15:30-15:55	ボルボックス系列緑藻のゲノム進化学で追う多細胞性と雌雄性の起源 ○浜地貴志 東大・院理・生科
15:55-16:20	EvoDevoを豊かにする大局観：脊椎動物の発生制御遺伝子ファイロームの視点から ○工樂樹洋 理研 CLST 分子配列比較解析ユニット
16:20-16:40	総合討論

シンポジウム

S5：天文学の発展と生物進化

日時・会場	8月26日（金）13:40-16:40 Room2（西5号館3階 レクチャーシアター）
企画者	戎崎 俊一（理化学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 1995年以来、2000個を超える太陽系外惑星が発見された。その中には液体の水が存在する惑星も見つかっている。また、火星におけるローバー探査が継続的に行われ、土星の衛星の内部海での生命の可能性が議論されるようになった。このような状況を俯瞰して整理し、地球外生命体の存在可能性と探査の方向性について討論する。	
講演時間	演題
13:40-14:05	系外惑星研究の最前線：観測の立場から ○田村元秀^{1,2,3} ¹東京大学大学院理学系研究科、²自然科学研究機構・アストロバイオロジーセンター、³自然科学研究機構・国立天文台
14:05-14:30	火星生命探査 ○山岸明彦 東薬大・生命
14:30-14:55	宇宙における化学進化 ○小林憲正 横浜国大・院工
14:55-15:20	Galactic habitable zone —銀河進化研究の観点から— ○馬場淳一 愛媛大学宇宙進化研究センター
15:20-15:45	知的生命とSETI ○鳴沢真也 兵庫県立大学・天文科学センター（西はりま天文台）
15:45-16:10	アストロバイオロジーのフレームワーク ○戎崎俊一¹、丸山茂徳^{2,3} ¹理化学研究所、²東京工業大学、³国際科学振興財団
16:10-16:40	ディスカッション

シンポジウム S6：植物の進化	
日時・会場	8月26日（金）13:40-16:40 Room3（西5号館4階 W541 講義室）
企画者	長谷部光泰（基礎生物学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 植物の初期進化は地球環境を大きく変えるとともに、地球環境の変化が初期植物細胞の進化に影響を与えてきた。地史を専門とする丸山茂徳教授と植物を専門とする5名の講演者によって地史変動と植物進化の間にどのような解決すべき問題があるのかを検討する。	
講演時間	演題
13:40-14:05	地球史における植物の進化 ○丸山茂徳 東工大・地球生命研究所
14:05-14:30	一次共生、二次共生に伴う藻類の細胞進化 ○石田健一郎 ¹ 、塚越智夏 ² 、中村篤史 ² 、野村真未 ² 、萩野恭子 ³ 、中山卓郎 ^{1,4} ¹ 筑波大・生命環境、 ² 筑波大・院生命環境、 ³ 高知大・理地球、 ⁴ 筑波大・計算セ
14:30-14:55	地球誌の中でのシアノバクテリアと一次植物の光合成色素と光合成の進化 田中歩 北大・低温研
14:55-15:20	細胞を構成する脂質の合成系から見た光合成生物の進化 ○太田啓之 ^{1,2,3} 、近藤智 ² 、堀孝一 ¹ 、佐々木結子 ¹ 、大高きぬ香 ² 、下嶋美恵 ^{1,2} ¹ 東工大・生命理工院、 ² 東工大・院生命理工、 ³ 東工大・地球生命研
15:20-15:45	シアノバクテリアから葉緑体へ：共生進化を光環境応答から見る ○田中寛 ^{1,2} ¹ 東工大・研究院化生研、 ² JST-CREST
15:45-16:10	地球環境の変遷と種子植物の進化 ○山田敏弘 金沢大・理工・自然システム
16:10-16:40	総合討論

シンポジウム S7：NGSを取り入れた古代動物のゲノム決定と系統	
日時・会場	8月27日（土）9:00-12:00 Room1（西5号館2階 W521 講義室）
企画者	森 宙史（東京工業大学）
使用言語	日本語
企画概要 既に絶滅した生物についての進化・系統学的な研究は、長らく古生物学の領域であり化石の形態学的な特徴に基づいた研究が主流であった。しかしながら、完全には石化していない生物の遺体には、DNAが残っている可能性がある。新型シーケンサー（NGS）の普及と種々の解析技術の発展により、この10年ほどで爆発的な勢いで古代の生物遺体からのDNA配列の決定と系統解析の研究が進んでいる。本シンポジウムでは、数万年前から数十年前までの幅広い年代で、進化・系統学的な視点で絶滅した大型動物の古代DNA研究を行っている研究者の方々に、その実例を紹介していただき、古代DNA研究が進化生物学に与えるインパクト等について議論したい。	
講演時間	演題
9:00-9:25	古代DNAサンプル・データの特徴と問題点 ○森宙史 東工大・院生命理工
9:25-10:00	形態と遺伝子から見えてくるニホンオオカミの正体とは？ ○石黒直隆 岐阜大・応生・獣医
10:00-10:35	mtDNAゲノム解析によるニホンカワウソの進化史 ○佐々木剛 ¹ 、和久大介 ¹ 、瀬川高弘 ² 、米澤隆弘 ³ 、石毛太郎 ⁴ 、小川博 ¹ 、佐々木浩 ⁵ 、安藤元一 ⁶ 、甲能直樹 ⁷ ¹ 東農大・農、 ² 山梨大・総合分析、 ³ 復旦大・生命、 ⁴ 東農大・ゲノムセンター、 ⁵ 筑紫女大、 ⁶ ヤマザキ学園、 ⁷ 国立科博
10:35-11:10	絶滅古顎類のゲノム系統学と形態が解き明かす走鳥類の起源と進化 ○呉佳斎 ¹ 、瀬川高弘 ^{2,3} 、森宙史 ⁴ 、Eske Willerslev ⁵ 、長谷川政美 ^{6,7} 、米澤隆弘 ^{6,7} ¹ 東京大・院農学生命、 ² 山梨大・総合研究部、 ³ 極地研、 ⁴ 東工大・院生命理工、 ⁵ コペンハーゲン大・地質遺伝研、 ⁶ 復旦大・生命科学、 ⁷ 統数研
11:10-11:45	古代DNAで初めて描かれるナウマンゾウの進化と放散そして絶滅 ○甲能直樹 ^{1,2} ¹ 国立科博・地学、 ² 筑波大・院生命環境科学
11:45-12:00	ディスカッション

シンポジウム S8：進化可能性と方向性：実験と理論からのアプローチ	
日時・会場	8月27日（土）9:00-12:00 Room2（西5号館3階 レクチャーシアター）
企画者	古澤力（理化学研究所）、入江直樹（東京大学）、倉谷滋（理化学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 これまでの進化理論が取り入れることに成功していない重要な要素として、進化可能性の問題がある。言い換えれば、表現型進化の方向性、すなわち進化が必ずしもランダムにおこるのではなく、変化しやすい方向と変化しにくい方向がある（あるようにみえる？）という現象が挙げられる。本ワークショップでは、蓄積されてきた実験データや、統計物理を背景とした論的な解析などにより、この進化の制約と方向性を決めるメカニズムがどのように理解できるかを議論する。	
講演時間	演題
9:00-9:35	表現型進化の方向性：揺らぎ－応答－安定性理論 ○金子邦彦 東大・総合文化研究科
9:35-10:00	大腸菌進化実験による進化可能性の構成的理解に向けて ○古澤力 ^{1,2} ¹ 理研・QBiC、 ² 東大・院理学
10:00-10:25	なぜ動物ボディプラン進化は保守的なのか Haiyang Hu ¹ 、Song Guo ¹ 、上坂将弘 ² 、内田唯 ² 、島井光太郎 ³ 、Tsai-Ming Lu ⁴ 、Fang Li ⁵ 、藤本聡子 ⁶ 、石川雅人 ⁹ 、Shiping Liu ⁵ 、笹川洋平 ⁷ 、Guojie Zhang ^{5,8} 、倉谷滋 ⁶ 、Jr-Kai Yu ⁴ 、日下部岳広 ³ 、Philipp Khaitovich ¹ 、○入江直樹 ² ；EXPANDE Consortium ¹ 中国中央研究院・MaxPlancパートナーシップ研究所、 ² 東大・院理・生物科学専攻、 ³ 甲南大・理工、 ⁴ 台湾中央研究院、 ⁵ BGI、 ⁶ 理研・CDB、 ⁷ 理研・情報基盤、 ⁸ コペンハーゲン大・生物学部、 ⁹ 東大・教養学部
10:25-10:50	陸上植物の進化可能性と制約 ○長谷部光泰 基礎生物学研究所
10:50-11:15	昆虫－微生物共生可能性の探索と分子基盤の解明 ○深津武馬 ^{1,2,3} ¹ 産総研・生物プロセス、 ² 東大院理・生物科学、 ³ 筑波大院・生命環境
11:15-11:40	脊椎動物の比較形態学と進化発生学 ○倉谷滋 理化学研究所 倉谷形態進化研究室
11:40-12:00	ディスカッション

シンポジウム

S9：初期バクテリアからの代謝系の進化

日時・会場	8月27日（土）9:00-12:00 Room3（西5号館4階 W541 講義室）
企画者	黒川顕（国立遺伝学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 原始的生命体は、地球誕生から約6億年間（46～40億年前）の「冥王代」に誕生したと考えられている。原始生命体は、当時の地球環境の物理・化学的制約下で変化を続け、冥王代後期には、加速度的な進化を経て全生物共通祖先（LUCAs）の誕生に至った。では、このLUCAsはどのような生物であったのだろうか。本シンポジウムでは、現生の微生物から得られる断片的な情報をもとに、特に代謝系の進化に焦点を絞ってLUCAsの特徴を議論したい。	
講演時間	演題
9:00-9:10	イントロダクション ○黒川顕 遺伝研
9:10-9:35	L-formと必須パスウェイから細胞増殖に必要な代謝経路を再考する ○大島拓 奈良先端大・バイオ
9:35-10:00	絶対嫌気性微生物のC1代謝から読み解く微生物初期進化 ○鎌形洋一 産業技術総合研究所
10:00-10:25	ゲノムから見た初期生命に近いバクテリアの代謝機能 ○高見英人 海洋機構・資源
10:25-10:50	第三の生物アーキアの特異な代謝様式 ○跡見晴幸^{1,2} ¹京大・院工・合成・生化、²JST, CREST
10:50-11:15	Hfq結合型small RNAの機能構造の解析 ○森田鉄兵 鈴鹿医療科学大・薬
11:15-11:40	テトラピロール色素の生合成系の進化 ○塚谷祐介 東工大・地球生命研
11:40-12:00	総合討論

ワークショップ W1：超学際領域としての進化言語学	
日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room5（西6号館2階 W621 講義室）
企画者	藤田耕司（京都大学）、橋本敬（北陸先端科学技術大学院大学）、岡ノ谷一夫（東京大学）
使用言語	日本語
企画概要 人間言語の起源・進化を対象とする進化言語学は多数の異分野の協働によってのみ可能となる超学際領域である。我々はこのテーマでのワークショップを過去に数回開催してきたが、今回は新たに知能ロボティクス、エビジェネティクス、進化人類学、言語発達心理学の各分野で活躍する研究者に最新研究成果とその言語進化研究とのつながりについて話していただき、進化言語学の一層の拡がりと深まりを確認する機会とする。各講演には指定討論者が解説を加えるとともに、全体討論を通じて各分野を結ぶ可能性について検討する。	
講演時間	演題
13:10-13:12	超学際領域としての進化言語学—企画主旨説明 ○藤田耕司 京大・人環
13:12-13:42	身体性と言語創発の関係について—海馬エピソード記銘における分節化からの検討 ○我妻広明 九工大・院生命体
13:42-13:52	我妻講演の解説と検討：「出来事」としての原意味と構造化された言語的意味の関係 ○橋本敬 JAIST・知識
13:52-14:22	発声による脳内遺伝子発現コントロール：行動と進化を結ぶエビジェネティクス ○和多和宏 北大・院理学・生物科学
14:22-14:32	和多講演の解説と検討：エビジェネティクスと進化を結ぶボールドウィン効果 ○岡ノ谷一夫 東京大・院総合文化
14:32-15:02	言語能力進化の歴史的側面 ○井原泰雄 東京大・院理学系
15:02-15:12	井原講演の解説と検討：先史の象徴思考と言語能力の進化 ○内田亮子 早稲田大・国際教養
15:12-15:42	乳児音声発達と言語進化 ○馬塚れい子 ^{1,2} ¹ 理化学研究所 BSI 言語発達研究チーム、 ² Duke University, Department of Psychology & Neuroscience
15:42-15:52	馬塚講演の解説と検討：直示につながる音声発達と言語進化への示唆 ○小林春美 東京電機大学理工学部
15:52-16:10	全体討論

ワークショップ

W2：昆虫の社会性進化を実現・加速させた至近要因

日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room6（西6号館3階 W631講義室）
企画者	北條優（台湾国立成功大学）、佐々木謙（玉川大学）
使用言語	日本語
企画概要 最も多様化した動物である昆虫の中には「真社会性」と呼ばれる極めて高度な社会組織を形成して生活するグループがいる。それら集団生活の様式は系統により多様であり、その進化には様々な至近要因が関わってきた。本ワークショップでは、各種系統の昆虫において、様々な視点からの社会性進化に関わる至近要因を追求した研究を紹介し、どのような至近要因が昆虫の社会性進化に影響を与えたか議論したい。	
講演時間	演題
13:10-13:15	企画説明 北條優
13:15-13:40	シロアリの特殊な防衛物質「ジテルペン」の合成経路の進化 ○北條優 ^{1,5} 、重信秀治 ² 、前川清人 ³ 、三浦徹 ⁴ 、徳田岳 ⁵ ¹ 台湾国立成功大・生命科学、 ² 基生研・生物機能解析、 ³ 富山大院・理工、 ⁴ 北海道大院・地球環境、 ⁵ 琉球大・熱生研
13:40-14:10	異なる2つの社会を1つのゲノムからどう進化・維持するか：社会性アブラムシの場合 ○植松圭吾 産総研・生物プロセス
14:10-14:40	社会性膜翅目における嗅覚受容体の進化 ○北條賢 神戸大・院・理
14:40-15:00	NGS解析で得られたシロアリの兵隊特異的に発現する遺伝子の機能解析 ○増岡裕大 ¹ 、矢口甫 ¹ 、重信秀治 ² 、前川清人 ¹ ¹ 富山大・理工、 ² 基生研
15:00-15:20	オオシロアリにおける性特異的な繁殖虫分化制御メカニズム ○小口晃平 ¹ 、杉目康広 ¹ 、下地博之 ² 、林良信 ¹ 、三浦徹 ¹ ¹ 北大・環境科学、 ² 琉大・農学部
15:20-15:50	真社会性の中に組み込まれた単独性種の生理機構 ○佐々木謙 玉川大・農
15:50-16:10	総合討論 佐々木謙

ワークショップ W3：再構築型進化学研究－人工細胞から原始生物まで－	
日時・会場	8月25日（木）13:10-16:10 Room7（西6号館4階 W641 講義室）
企画者	車兪澈（東京工業大学）、大島拓（奈良先端科学技術大学院大学）
使用言語	日本語
企画概要 生体分子を組み合わせ、細胞機能を人工的に構築し、生命現象のプロセスを考察することはOrigin of Life研究の肝にあたるとともに、現存する生物の進化の起点を探る重要な研究である。必須遺伝子の決定とそこから創発される代謝系を駆動させることで、擬似細胞の構築と、進化過程の再現が可能になるかもしれない。本WSでは若手研究者をメインとして、細胞必須機能の再構築についての現状と、そこから想起される生命誕生・進化のストーリーについて議論する。	
講演時間	演題
13:10-13:15	はじめに 車兪澈
13:15-13:38	耐熱性酵素を用いた in vitro 人工代謝経路の構築 ○本田孝祐 阪大・院工・生命先端
13:38-14:01	ゲノム複製サイクル試験管内再構成系における変異誘発と分子進化 ○末次正幸、徳永翼、高田啓、辻本寛子 立教大・理・生命理
14:01-14:24	タンパク質合成の再構成 ○清水義宏 理研・QBiC
14:24-14:47	バクテリアリボソームの試験管内再構成 ○網蔵和晃 ¹ 、田丸大知 ¹ 、青山遼 ¹ 、清水義宏 ² 、上田卓也 ¹ ¹ 東大・新領域、 ² 理研・QBiC
14:47-14:57	休憩
14:57-15:20	近代的なバクテリアを原始細胞に戻す ○川合良和、Romain Mercier、Jeff Errington Centre for Bacteria Cell Biology, Newcastle Univ.
15:20-15:43	脂質合成代謝をもった人工細胞の構築 ○車兪澈 東工大・地球生命研究所
15:43-16:06	人工物の中に細胞を創る ○田端和仁 ^{1,2,3} 、森泉芳樹 ¹ 、芦川裕樹 ¹ 、渡邊力也 ¹ 、野地博行 ^{1,3} ¹ 東大院・工学系、 ² JST・さきがけ、 ³ 内閣府・ImPACT

ワークショップ

W4：利己的な遺伝因子の進化学

日時・会場	8月26日（金）13:40-16:40 Room5（西6号館2階 W621 講義室）
企画者	小島健司（Genetic Information Research Institute）
使用言語	日本語
企画概要 ウイルスや転移因子などの可動性遺伝因子は典型的な「利己的な遺伝子」である。これらの遺伝因子の増殖は、宿主に部分的に依存しつつ、部分的に独立している。自然界には、依存の程度、種類により多様な遺伝因子が存在している。近年これらの遺伝因子が新規遺伝子や新規転写制御因子として生物進化に大きな貢献をしていることが報告されてきている。本ワークショップでは、多様な利己的遺伝因子とその生存戦略を紹介し、細胞生物の進化との関わりを議論する場としたい。	
講演時間	演題
13:40-13:45	イントロダクション 小島健司
13:45-14:10	Replibaseに見る真核転移因子の多様性 ○小島健司 ^{1,2,3,4} ¹ 米国 Genetic Information Research Institute、 ² 東大・院新領域、 ³ 国際科学振興財団、 ⁴ 東大・医科研
14:10-14:35	転移因子 SINE が持つ起源の古い共通配列の進化的意義を探る ○西原秀典 東工大・生命理工
14:35-15:00	レトロソーム～細菌のレトロエレメントの構造と機能～ ○島本整 広島大・院生物圏科学・食品衛生
15:00-15:25	プラスミド宿主域の情報学的予測 ○鈴木治夫 ¹ 、矢野大和 ² 、曾田匡洋 ³ 、Celeste Brown ³ 、Eva Top ³ ¹ 慶應義塾大学 先端生命科学研究所、 ² 筑波大学 生命環境系、 ³ Department of Biological Sciences, University of Idaho
15:25-15:50	塩基切り出し制限酵素～利己的な遺伝子の新たな可能性～ ○福世真樹 ^{1,2,3} 、中野敏彰 ⁴ 、小島健司 ¹ 、Yingbiao Zhang ¹ 、松坂智幸 ⁴ 、古田芳一 ¹ 、石川健 ¹ 、松井（渡部）美紀 ¹ 、矢野大和 ¹ 、濱川剛士 ⁴ 、高橋規子 ¹ 、井出博 ⁴ 、小林一三 ¹ ¹ 東大院・新領域、 ² 総研大・先端科学、 ³ 千葉大院・医、 ⁴ 広大院・理
15:50-16:15	バイオフィームとトキシノーアンチトキシン遺伝子から見る微生物コミュニティ ○中島信孝 ¹ 、中村祐哉 ² 、山元奈緒 ¹ 、木野裕太 ¹ ¹ 東工大・生命理工
16:15-16:40	バキュロウイルスはいかにして宿主を制御するのか ○勝間進 東大・院農学生命

ワークショップ W5 : Power of Symbiosis: 無脊椎動物における内部共生研究の今	
日時・会場	8月26日(金) 13:40-16:40 Room6 (西6号館3階 W631 講義室)
企画者	本郷裕一(東京工業大学)、菊池義智(産業技術総合研究所)
使用言語	日本語
企画概要 微生物の多様な代謝系をまるごと体内に取り込む「内部共生」は多くの動植物に見られる普遍的な現象であり、生物進化の強力な駆動源となってきた。特に無脊椎動物は内部共生の宝庫ともいわれ、その多様化と繁栄を微生物が支えているといっても過言ではない。本企画では、最新鋭のオミクスのみならず、博物学的視点から内部共生研究に新たな息吹をもたらす気鋭の研究者6名を招き、その最新知見を紹介する。	
講演時間	演題
13:40-14:10	チャバネアオカメムシの必須共生細菌の種内多型とその起源 ○細川貴弘 九大・理
14:10-14:40	節足動物腸管内に棲む真菌類の謎を解く ○出川洋介 筑波大・菅平
14:40-15:10	深海底熱水活動域に優占する化学合成共生微生物の多様性と進化 ○中川聡 京大・院・農
15:10-15:35	カメムシと Burkholderia 細菌を結ぶ共生戦略とは？ ○大林翼 ¹ 、菊池義智 ^{1,2} ¹ 北大・農、 ² 産総研・生物プロセス
15:35-16:00	内部共生細菌ゲノムにおける非適応的性質の進化駆動原理 ○金城幸宏 ^{1,2} ¹ 東工大・院生命理工、 ² 理研BRC・JCM
16:00-16:30	シロアリ腸内多重共生系の進化 ○本郷裕一 東工大・生命理工

ワークショップ W6：ヒトのゲノム進化	
日時・会場	8月26日（金）13:40-16:40 Room7（西6号館4階 W641 講義室）
企画者	斎藤成也（国立遺伝学研究所）
使用言語	日本語
企画概要 生物進化は、ゲノム配列の変化がその根底にある。現在多個体のゲノム配列が決定されているヒトの進化は、ゲノムから進化を研究するモデルと考えられるだろう。そこで、ヒトゲノムを研究している6名の講演者が、さまざまな観点からのヒトゲノムの解析研究を紹介する。	
講演時間	演題
13:40-14:10	がんゲノム解析と進化研究への応用 ○藤本明洋 京都大学医学研究科
14:10-14:40	The preliminary report for the NGS analyses of the Jomon genome from the western part of the Japanese archipelago ○太田博樹 Department of Anatomy, Kitasato University School of Medicine
14:40-15:10	日本人ゲノムの多様性解析 ○河合洋介、三澤計治、三森隆広、小島要、山口由美、柴田朋子、勝岡史城、山本雅之、長崎正朗 東北大・東北メディカル・メガバンク機構
15:10-15:40	Rh式血液型遺伝子ゲノム領域の解析 ○北野誉 茨城大・工・生体分子
15:40-16:10	日本列島人のHLAゲノム多様性 ○中岡博史 ¹ 、Waleed H Omer ¹ 、細道一善 ² 、井ノ上逸朗 ¹ ¹ 国立遺伝学研・人類遺伝、 ² 金沢大・医薬保健研究域
16:10-16:40	東ユーラシア人のゲノムワイド SNP 解析 ○斎藤成也 ^{1,2,3} 、Timothy A. Jinam ^{1,2} ¹ 国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門、 ² 総合研究大学院大学・遺伝学専攻、 ³ 東京大学大学院理学系研究科・生物科学専攻

ワークショップ W7：生物進化に伴うDNA複製装置のDynamics	
日時・会場	8月27日（土）9:00-12:00 Room5（西6号館2階 W621 講義室）
企画者	神崎秀嗣（秀明大学／三重大学）
使用言語	日本語
企画概要 生物界は、真正細菌、古細菌、真核生物に分けられているが、遺伝情報は保存され、次世代に受け継がれていく。それは病原微生物も同様である。真正細菌ではDnaA が遺伝情報の複製の最初の分子である。真核生物はCdc6/cdc18が必要とされる。古細菌はOrc1 と Cdc6/cdc18が同一分子中にその役割を担う。一方、病原微生物も同様である。本ワークショップでは生物種を問わず、遺伝情報の複製の開始に注目して、最新の状況を討論したい。	
講演時間	演題
9:00-9:10	はじめ 神崎秀嗣
9:10-9:50	大腸菌の第二の複製システムから考える複製システムの進化 ○正井久雄 公益財団法人 東京都医学総合研究所 ゲノム医科学研究分野
9:50-10:30	大腸菌の染色体複製起点 <i>oriC</i> におけるDnaA複合体のダイナミクス ○片山勉 九大・院薬・分子生物薬学
10:30-11:10	出芽酵母とショウジョウバエの発生に必要な複製開始のメカニズム ○神崎秀嗣 ^{1,2} ¹ 秀明大学、 ² 三重大学
11:10-11:50	MCMヘリカーゼの保存性と多様性 ○石見幸男 茨城大学・理学部
11:50-12:00	まとめ 神崎秀嗣

ワークショップ W8：プロティストワールド～アプローチの多様化がもたらすもの～	
日時・会場	8月27日(土) 9:00-12:00 Room6 (西6号館3階 W631 講義室)
企画者	奈良 武司(順天堂大学)、谷藤 吾朗(国立科学博物館)
使用言語	日本語
企画概要 真核生物の“生命の樹”は単細胞生物(プロティスト)が大部分を占める。プロティストの豊かな多様性はいわば“進化のレシピ”の淘汰産物であり、その一般則を抽出するための格好の材料である。一方、非モデルプロティストのゲノム解読が急速に進み、ゲノム情報を組み合わせて多様な視点から進化を俯瞰することが可能となった。本ワークショップでは、“プロティスト研究の多様性”を紹介し、新たな研究戦略の方向性を探りたい。	
講演時間	演題
9:00-9:20	企画説明：プロティストワールドへの招待 谷藤 吾朗
9:20-9:45	真核生物進化の空白を埋める！分子系統解析が解き明かすプロティストの系統関係 ○矢崎裕規 ¹ 、白鳥峻志 ¹ 、久米慶太郎 ¹ 、橋本哲男 ¹ 、石田健一郎 ¹ 、稲垣祐司 ^{1,2} ¹ 筑波大・院生命環境科学、 ² 筑波大・計算科学研究センター
9:45-10:10	細胞に広がる小宇宙：原生生物の多様な細胞構造 ○矢吹彬憲 海洋研究開発機構・海洋生物多様性研究分野
10:10-10:35	窒素固定ははじめました—Rhopalodia科珪藻に見る細胞内共生進化 ○中山卓郎 ¹ 、神川龍馬 ² 、谷藤吾朗 ³ 、稲垣祐司 ¹ ¹ 筑波大・計算科学研究センター、 ² 京都大・地球環境学堂/人間環境学研究科、 ³ 国立科学博物館・動物研究部
10:35-11:00	インビジブル：色を捨てた“藻類”たち ○神川龍馬 ^{1,2} ¹ 京大・院地球環境、 ² 京大・院人環
11:00-11:25	クロロフィルを制する者が光環境を征した—クロロフィルの分解代謝と二次植物の進化 ○柏山祐一郎 ^{1,2} 、横山亜紀子 ³ 、民秋均 ² ¹ 福井工大・応用理工、 ² 立命館大・生命科学、 ³ 国立環境研
11:25-11:50	ディプロネマ、解糖やめるってよ ○奈良武司 順天堂大・院医
11:50-12:00	総合討論

ワークショップ W9 : Ancestral States: Current Conceptions and Their Limitations	
日時・会場	8月27日(土) 9:00-12:00 Room7 (西6号館4階 W641 講義室)
企画者	Shawn McGlynn (Tokyo Institute of Technology)
使用言語	English
企画概要 Phylogenetics allows the possibility of inferring ancestral states. But how accurately this can be done is a reflection of model assumptions and the breadth of data at hand. This workshop focusses on current conceptions of ancestral states, with an emphasis - but not limited to - those states which occurred in deep time. Example questions to be considered include: What are the appropriate tools to consider ancestral states in deep time? What are the central features of contemporary biology that can be traced to their origin(s)? When can we be certain that enough data is present to justify a claim of ancestral status?	
講演時間	演題
9:00-9:30	Estimation of evolutionary probability of current genomic state reveals nonneutral evolution in human proteins ○Koichiro Tamura¹, Li Liu^{2,3}, Maxwell Sanderford², Vanessa E. Gray⁴ and Sudhir Kumar^{2,5} ¹Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., ²Inst. Genom. Evol. Med., Temple Univ., ³Dept. Biomed. Info., Arizona State Univ., ⁴Dept. Genom. Sci., Univ. Washington, ⁵Dept. Biol., Temple Univ.
9:30-9:55	Experimental evidence for thermophilic ancestral life ○Satoshi Akanuma Faculty of Hum. Sci., Waseda Univ.
9:55-10:20	The Evolution of Photosynthesis and the Rise of Oxygen ○Lewis M. Ward¹, James Hemp¹, Patrick Shih², Jena Johnson¹, Joseph Kirschvink¹, Woodward W. Fischer¹ ¹California Institute of Technology, Division of Geological and Planetary Science, ²Lawrence Berkeley National Laboratory, Physical Sciences Division
10:20-10:30	Break
10:30-10:55	Carbon fixation pathway in the early evolution of life ○Masafumi Kameya Earth-Life Sci. Inst., Tokyo Inst. Tech.
10:55-11:20	The evolution of Nitrogen Fixation Metabolism ○Manabu Nishizawa Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology
11:20-11:45	The origin of parasites and their roles in the evolution of early life forms ○Norikazu Ichihashi^{1,2} ¹Grad. Sch. Info. Sci. Tech., Osaka Univ., ²Grad. Sch. Fro. Sci., Osaka Univ.
11:45-12:00	Summary and group discussion.

ポスター発表一覧

- P-01 Repbase: a comprehensive database of eukaryotic repeat sequences
○Kenji Kojima^{1,2,3,4}, Weidong Bao¹, Oleksiy Kohany¹ (¹Genetic Information Research Institute, ²Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo, ³Foundation for the Advancement of International Science, ⁴Inst. Med. Sci., Univ. Tokyo)
- P-02 A novel phylogenetic comparative method incorporating a flexible link between discrete and continuous traits
○Yuki Haba¹, Nobuyuki Kutsukake² (¹Dept. Ecology, Evolution and Environmental Biology, Columbia University, ²Department of Evolutionary Studies of Biosystems, SOKENDAI)
- P-03 Poet Lord George Gordon Byron's poems analysis in parts of speech which leads contemporary music lyrics in his impact and trace
○Jun Nishimura (詩人)
- P-04 Evolution of Life through viral diversity
○Tomohiro Mochizuki^{1,2} (¹ELSI (Earth-Life Science Institute), Tokyo Inst. Tech., ²JAMSTEC)
- P-05 アブラナ科植物 *Brassica rapa* におけるゲノムインプリンティング
○吉田貴徳、薄伊納、河邊昭 (京都産業大学総合生命科学部生命資源環境学科)
- P-06 4[^]20 1兆通りの中の“使われていない”配列
○大槻涼^{1,2}、関本弘之¹ (¹日本女子大 理、²駒澤大学 総合教育)
- P-07 角を有する真反芻亜目動物のI型コラーゲン $\alpha 1$ 鎖の進化
村上勝彦¹、○大波純一²、高木利久² (¹東京工科大・応用生物、²JST・NBDC)
- P-08 グリーンヒドラークロレラ共生系における分子相互作用とゲノム共進化
○濱田麻友子^{1,2}、Katja Schroeder³、Konstantin Khalturin²、新里宙也²、Thomas C.G. Bosch³、佐藤矩行² (¹岡山大・臨海実験所、²沖縄科学技術大学院大・マリンゲノミックスユニット、³Zoological Institute, Kiel University)
- P-09 交雑起源の無性生殖種のゲノムワイドなアリル発現パターン：遺伝的不和合の補償との関連性
○三品達平¹、橋口康之²、武島弘彦³、川原玲香⁴、佐々木剛⁴、遠藤未来美⁵、西田睦⁶、渡辺勝敏¹
(¹京大院理、²大阪医大、³地球研、⁴東農大、⁵静岡災害医研、⁶琉球大)
- P-10 対ファージ防衛機構が示す Endomicrobium 属細胞内共生細菌の適応進化
○伊澤和輝¹、麦島雄太¹、桑原宏和¹、河合幹彦¹、木原久美子^{1,2}、Nathan Lo³、雪真弘⁴、伊藤武彦¹、大熊盛也^{4,5}、本郷裕一^{1,5} (¹東京工業大学 大学院生命理工学研究科、²熊本高等専門学校生物化学システム工学科、³The University of Sydney School of Biological Science、⁴理化学研究所 CSRS BMEP バイオマス研究基盤チーム、⁵理化学研究所 BRC JCM)
- P-11 多様な生物種におけるタンパク質間相互作用ネットワーク構造の差異とその進化
○長谷武志¹、新村芳人² (¹理化学研究所・統合生命医科学研究センター・疾患システムモデリング研究グループ、²東京大学大学院・農学生命科学研究科)

- P-12 中学校理科の教科書における脊椎動物の進化の取り扱い
○佐藤綾、江積翔太（群馬大・教育）
- P-13 色素化合物から見た軟体動物の色彩の多様性
○石川牧子^{1,2}・鍵裕之²・佐々木猛智³・遠藤一佳²（¹ヤマザキ学園大・動物看護、²東大・院理、³東大・総合研究博物館）
- P-14 シロアリ腸内原生生物核内共生細菌の多様性と進化
○名倉有一¹、原田真実¹、伊澤和輝¹、村上匠¹、大熊盛也²、桑原宏和¹、本郷裕一^{1,2}（¹東工大・院生命理工、²理研・JCM）
- P-15 スナメリ（*Neophocaena phocaenoides*）に認められた複根性の上顎歯
○小寺稜¹、植草康浩²、小寺春人²、笹川一郎³（¹無所属、²鶴見大・歯学部、³日本歯科大・新潟生命歯学部）
- P-16 食肉類における咀嚼筋の比較機能形態学的検討
○伊藤海^{1,2}、遠藤秀紀^{1,2}（¹東大・院農、²東大・総合研究博物館）
- P-17 *Drosophila suzukii*における雌雄交尾器の共進化：食性変化による産卵管形態変化の影響
○武藤れおな¹、上村佳孝²、田中健太郎¹、高橋文^{1,3}（¹首都大・院理工、²慶應大・生物、³首都大・生命情報センター）
- P-18 ショウジョウバエの種特異的な求愛歌選択性の進化の神経基盤
○大橋拓朗¹、米山祐輔²、石川由希²、森本奈央^{2,3}、上川内あづさ²（¹名大・理、²名大・院理、³名大・高等研究院）
- P-19 ヒラタシデムシにおける配偶者選択のメカニズム
○菅野宗嗣¹、廣田忠雄²（¹山形大・院理工、²山形大・理）
- P-20 ネコの家畜化の痕跡？：ネコ科におけるAVPR1A遺伝子の分子進化
○荒堀みのり¹、井上-村山美穂^{2,3}、藤田和生¹（¹京都大・文学研究科、²京都大・野生動物研究センター、³国立環境研究所・野生動物ゲノム連携研究グループ）
- P-21 協力をめぐる競争？ 真社会性ハダカデバネズミにおける集団的意思決定と労働の妨害
○沓掛展之^{1,2}、稲田正幸²、坂本信介³、岡ノ谷一夫^{2,4}（¹総研大・先導研、²理研・BSI、³宮崎大・農、⁴東大・総合文化）
- P-22 原始膜タンパク質の実験室内創出を指向したribosome displayの開発
○堀江史博、上田卓也（東大・院・新領域・メディカル情報生命）
- P-23 実験進化による複製可能な人工RNAの開発
○祐村実旺¹、市橋伯一^{1,2}（¹阪大院・情報科学研究科、²阪大院・生命機能研究科）
- P-24 人工RNA自己複製システムの複数の翻訳阻害環境への適応進化と多様化
○水内良¹、市橋伯一^{1,2}（¹阪大・院情報、²阪大・院生命機能）
- P-25 人工RNA複製系を用いて試験管内で宿主と寄生体の進化的軍拡競争を観察する
○古林太郎¹、番所洋輔¹、市橋伯一^{1,2}（¹阪大・生命機能、²阪大・情報科学）

- P-26 ゲノム DNA をもった人工進化システム
○酒谷佳寛¹、市橋伯一^{1,2} (¹阪大・情報、²阪大・生命)
- P-27 大腸菌高温適応進化における進化能力の解析
○大村真優子、成澤大、花神彩香、四方哲也、岸本利彦 (東邦大・理)
- P-28 多重変異導入による遺伝子機能破壊技術の検討
○寺井亮平、成澤大、四方哲也、岸本利彦 (東邦大学・院理生物分子)
- P-29 $Q\beta$ ファージ感染に依存する宿主増殖系の確立
○柏木明子 (弘前大・農学生命)
- P-30 Genome-wide association study for flowering time in *Lotus japonicus*
○若林智美¹、Stig U. Andersen²、川口正代司³、佐藤修正⁴、瀬戸口浩彰¹ (¹京都大学大学院人間・環境学研究科、²Department of molecular biology and genetics, Aarhus university、³基礎生物学研究所 共生研究システム部門、⁴東北大学大学院 生命科学研究科)
- P-31 人為選択下で多様化したアワ (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) の穂の形態関連遺伝子の単離に向けた研究
○福永健二¹、向成洋平¹、榎本尚人¹、大瀧香澄¹、高木宏樹^{2,4}、寺内良平^{3,4} (¹県立広島大学生命環境学部、²石川県立大学生物資源環境学部、³京都大学農学研究科、⁴岩手生物工学研究センター)
- P-32 遺伝子重複によるコピー数多型がもたらすシロイヌナズナ生態株間の2次代謝産物の多様性
○白井一正¹、中林亮²、松田史生³、岡本昌憲⁴、田中真帆²、藤本明洋⁵、森哲哉²、清水みなみ²、篠崎一雄²、関原明²、斎藤和季²、花田耕介^{1,2} (¹九工大、²理研・CSRS、³大阪大大学院・情報科学研究科、⁴鳥取大・乾地研、⁵京大・医学研究科)
- P-33 塩基配列多型に基づく集団サイズの周期的変動の検出
○中村遥奈¹、手島康介²、館田英典² (¹九大・システム生命科学府、²九大・理学研究院)
- P-34 アンブリコンシーケンス解析による針葉樹ヌマスギの集団構造解析
○池崎由佳¹、陶山佳久²、ミドルトン ベス A.³、津村義彦⁴、手島康介⁵、館田英典⁵、楠見淳子⁶
(¹九州大学大学院・システム生命科学府・生命理学講座・進化遺伝学研究室、²東北大学大学院農学研究科附属複合生態フィールド教育研究センター、³米国USGS National Wetlands Research Center、⁴森林総合研究所森林遺伝研究領域、⁵九州大学大学院理学院生物科学部門、⁶九州大学大学院比較社会文化研究院環境変動部門生物多様性講座)
- P-35 モーリシャス島産カニクイザルの24個体の全ゲノム配列の解析
○櫻井聡一、遠藤俊徳、長田直樹 (北海道大・院情報科学)
- P-36 ギボシムシゲノムからみる新口動物の進化
○川島武士¹、シマコフ オーレグ² (¹国立遺伝学研究所、²沖縄科学技術大学院大学)
- P-37 *Pou3f2* の哺乳類固有の分子構造は脳細胞数に影響を与える
○橋詰晃一、那須信、植田信太郎 (東大・院理)
- P-38 *Drosophila subobscura* における *fruitless* 変異体の作製と遺伝学的ツールの適用～行動の種間差を生み出す神経基盤を探る
○田中良弥、村上日向、佐藤耕世、山元大輔 (東北大・生命)

- P-39 哺乳類・鳥類の飛翔能力獲得・喪失に伴う最大寿命の進化的変化に関わる遺伝子の検出
○池本篤史、佐藤大気、牧野能士、河田雅圭（東北大・生命）
- P-40 キイロタマホコリカビ *Dictyostelium discoideum* の有性生殖に伴う協力
○柴崎祥太、城川祐香、嶋田正和（東大・院総合文化）
- P-41 キイロショウジョウバエの体色変異と環境ストレス耐性の関連性の解析
○秋山礼良¹、宮城竜太郎¹、高橋文^{1,2}（¹首都大・院理工、²首都大・生命情報研究センター）
- P-42 アオモンイトトンボにおける性的二型と雌多型に関連する遺伝子の探索
○高橋迪彦¹、高橋佑磨²、牧野能士¹、河田雅圭¹（¹東北大・生命、²東北大・学際研）
- P-43 死にまねをする系統としない系統で発現が異なる遺伝子群の解析
○内山博允¹、佐々木謙²、矢嶋俊介¹、松村健太郎³、宮竹貴久³（¹東京農大生物資源ゲノム解析センター、²玉川大学、³岡山大学）
- P-44 定性トランスクリプトーム解析を用いた琵琶湖固有魚種の湖沼適応遺伝子の探索
○伊藤僚祐¹、三品達平¹、橋口康之²、小北智之³、武島弘彦⁴、渡辺勝敏¹（¹京大院理、²大阪医大、³福井県大、⁴地球研）
- P-45 沖縄の移入グッピー集団における色覚の遺伝的分化
○酒井祐輔¹、稲田垂穂¹、青木翔子¹、鶴井香織²、満行知花³、陶山佳久³、辻和希⁴、河田雅圭¹（¹東北大・生命科学、²琉球大・戦略的研究セ、³東北大・農、⁴琉球大・農）
- P-46 雑種形成が種を多様化させるのはどんな時か？—進化シミュレーションによる研究—
○香川幸太郎（統計数理研究所 統計思考院）
- P-47 モデルスウィッチの観測による進化的背景の考察
○加藤三歩¹、立田晴記²、辻和希²（¹鹿大・連合農学、²琉大・農）
- P-48 巨大弾性蛋白質コネクチンを指標とした脊椎動物心臓進化解析
○花島章、橋本謙、氏原嘉洋、本田威、呼元知子、児玉彩、毛利聡（川崎医大・生理学）
- P-49 ヒトの社会的認知機能の進化に寄与したアミノ酸変異の検出
○佐藤大気、牧野能士、河田雅圭（東北大・院・生命）
- P-50 日本人特異的な遺伝的適応を示す遺伝子群のゲノムワイドな探索
○岩崎理紗、颯田葉子（総研大・先導科学研究科）
- P-51 高温乾燥地帯に適応したアノールトカゲ集団の遺伝的構造と適応遺伝子
○石井悠¹、A. Cádiz Díaz²、L. M. Díaz³、K. Janusevicius¹、赤司寛司¹、丸山真一郎¹、河田雅圭¹（¹東北大・生命、²ハバナ大、³キューバ自然史博物館）
- P-52 開放高温環境へ適応進化したキューバのアノールトカゲにおいて正の選択を受けた遺伝子の検出
○金森駿介¹、赤司寛司¹、Cádiz Díaz²、L. M. Díaz³、佐藤大気¹、牧野能士¹、河田雅圭¹（¹東北大学生命科学研究科、²ハバナ大学、³キューバ自然史博物館）

- P-53 パレート最適性が花形質にもたらす進化的制約の検証
○三上智之、岩崎渉（東大・生物科学）
- P-54 単細胞生物が持つ「多細胞的な」遺伝子の機能
○菅 裕、中田あずさ、矢ヶ崎怜、小出尚史、福原光海、甲斐隆哲、時安鴻二郎（県立広島大学・生命環境）
- P-55 ヤマアカガエルの消化管の変態に関する発生進化学的研究
○岸本溪、林文男（首都大・生命）
- P-56 アカショウジョウバエの低温耐性に関する比較transcriptome解析
○木村友彦¹、田村浩一郎^{1,2}（¹首都大学東京・院理工・生命科学、²首都大学東京・生命情報研究センター）
- P-57 生後の神経新生を介したメダカ終脳構築機構の解析から探る、硬骨魚類の終脳進化機構
○磯江泰子^{1,2}、中村遼平¹、奥山輝大¹、保木昌仁¹、末廣勇司¹、山岸元記¹、成瀬清³、木下政人⁴、亀井保博³、野中茂紀³、清水厚志⁵、久保健雄¹、武田洋幸¹、竹内秀明^{1,2}（¹東大・院理、²岡山大・院自然科学、³基生研、⁴京大・院農、⁵慶応大・医）
- P-58 発生で遅く変化する変数と進化可能性
○香曾我部隆裕、金子邦彦（東大院 総合文化研究科）
- P-59 真骨魚類におけるヘテロクロニー解析
○伊藤史博（総研大・院生命・遺伝学）
- P-60 四肢動物の仙椎と後肢の形成位置の統合と多様化を司るシステム
○松原由幸、黒岩厚、鈴木孝幸（名古屋大・院理学）
- P-61 軟骨魚類から対鰭筋形成機構の進化を探索
○岡本恵里¹、日下部りえ²、工樂樹洋³、兵藤晋⁴、鬼丸洸^{1,3}、倉谷滋²、田中幹子¹（¹東工大・院生命理工、²理研・倉谷形態進化研究室、³理研・ライフサイエンス技術基盤研究センター、⁴東大・大気海洋研究所）
- P-62 真骨魚類の腹鰭の形成位置を多様にしたメカニズムの解明
○渡邊昂也¹、金子皓輝¹、中谷友紀¹、湯玲子¹、藤村衡至²、田中幹子¹（¹東工大 生命理工学研究科、²新潟大学 理学部）
- P-63 ゼブラフィッシュ胚の発生過程における腹鰭細胞の位置情報の記憶のメカニズム
○Hilda Mardiana Pratiwi、植田翔悟、田中幹子（東工大・院生命理工）
- P-64 脊椎動物の四肢におけるプログラム細胞死システムの進化
○柊嶋佳央梨¹、Ingrid Cordeiro¹、宗像啓司郎¹、越智陽城²、田中幹子¹（¹東工大・院生命理工、²山形大・医）
- P-65 円口類ヤツメウナギ、ヌタウナギ両系統の比較から見えてきた脊椎動物の脳の初期進化
○菅原文昭^{1,2}、Juan Pascual-Anaya²、大石康博³、工樂樹洋⁴、青田伸一²、足立礼孝²、高木互²、平井珠美²、佐藤昇⁵、村上安則⁶、倉谷滋²（¹兵庫医大・生物、²理研・倉谷形態進化研究室、³マックスプランク・フロリダ研究所、⁴理研 CLST・分子配列比較解析ユニット、⁵新潟大・医・解剖、⁶愛媛大・理工）

- P-66 哺乳類ゲノムに内在化するウイルス由来の比較トランスクリプトーム解析
○中川草^{1,2}、高橋上田真保子² (¹東海大・医、²東海大・マイクロ・ナノ)
- P-67 *Aspergillus section Versicolores* の系統分類とステリグマトシスチン産生能の検討
○小林直樹^{1,2}、渡辺麻衣子³、吉成知也³、矢内美幸⁴、杉浦義紹²、高橋治男³、寺嶋淳³、小西良子^{1,2}
(¹麻布大・院環境保健、²麻布大・生命環境、³国立衛研・衛微、⁴(財)日本食品分析セ)
- P-68 トランスクリプトーム情報を用いて推定した多足亜門の系統関係
和智伸是¹、南紘彰²、○蘇智慧^{1,2} (¹JT生命誌研究館、²大阪大・院理・生物)
- P-69 Y染色体DNA多型に基づく北海道およびユーラシア大陸ヒグマの父系集団構造
○平田大祐¹、間野勉²、Alexei V. Abramov³、Gennady F. Baryshnikov³、Pavel A. Kosintsev³、村田浩一⁴、増田隆一¹ (¹北大・院理、²道環科研、³Rus. Acad. of Sci.、⁴日大・生資)
- P-70 哺乳類TETファミリー遺伝子の分子進化
○赤堀洋道¹、武藤吉徳^{1,2} (¹岐阜大学大学院連合創薬医療情報研究科、²岐阜大学医学部生命機能学)
- P-71 植物重複遺伝子の機能分化機構(全ゲノム重複VS直列重複、発現パターン変化VSアミノ酸変化)
○江副晃洋、白井一正、花田耕介(九州工業大学若手フロンティア研究アカデミー 生命情報工学科)
- P-72 真骨魚類卵膜遺伝子の進化
○佐野香織¹、島田将¹、川口眞理²、安増茂樹² (¹城西大・理・化学、²上智大・理工・物質生命理工)
- P-73 ウミヘビ類の視覚における段階的な海棲適応
○清古貴¹、岸田拓土²、戸田守³、颯田葉子¹、寺井洋平¹ (¹総合研究大学院大学・先導科学研究科、²京都大学・野生動物研究センター、³琉球大学・熱帯生物圏研究センター)
- P-74 人工細胞膜を用いた抗菌性ペプチドの分子進化研究
○西郷直記¹、關谷悠介²、渡辺寛和²、川野竜司³ (¹東京農工大学工学部生命工学科、²東京農工大学工学府生命工学専攻、³東京農工大学工学研究院生命機能科学部門)
- P-75 味覚受容体遺伝子から探るタテハチョウ類のホストレンジの進化
○鈴木啓¹、尾崎克久²、牧野能士¹、内山博允³、矢嶋俊介³、河田雅圭¹ (¹東北大・生命、²JT生命誌研究館、³東農大・ゲノム)
- P-76 担子菌類における隔壁孔キャップの平行進化の原因遺伝子予測
○飯塚朋代¹、野澤昌文²、池尾一穂^{1,3} (¹総研大・遺伝学、²首都大・理工、³遺伝研・生命情報)
- P-77 生殖系列ゲノムに生じた超微小逆位をとらえる
○原雄一郎¹、種子島千春¹、作見邦彦²、Nona Abolhassani²、中別府雄作²、今西規³ (¹理研・CLST、²九大・生医研、³東海大・医)
- P-78 イヌビワコバチとその近縁種の寄主適応の遺伝的基盤の解明
○和智伸是、蘇智慧 (JT生命誌研究館)
- P-79 キイロショウジョウバエ種群におけるカビ感染時の腸内細菌叢の変動
○清野健司、瀬戸陽介、田村浩一郎(首都大学東京大学院理工学研究科生命科学専攻)

- P-80 タバココナジラミ内部共生系の成立に関わる菌細胞特異的高発現遺伝子の解析
○宇津野寿仁¹、吉武和敏²、重信秀治³、藤原亜希子^{1,4}、土田努¹ (¹富山大・院・理工、²JSM、³基生研・生物機能、⁴理研・CSRS)
- P-81 *Rickettsiella* 感染による体色への影響が異なるアブラムシ系統を用いた比較解析
○大西浩平¹、土田努² (¹富山大・理工学教育部、²富山大・理工学研究部)
- P-82 The origin of genes by spontaneous symmetry breaking
○Nobuto Takeuchi^{1,2}, Kunihiro Kaneko¹, Paulien Hogeweg² (¹東大・総合文化、²Faculty of Science, Utrecht Univ.)
- P-83 A mathematical model of genetic evolution under irregularly changing environments: increases of dispensable genes and the number of genes.
○森秀人^{1,3}、内藤泰宏^{1,2,3}、富田勝^{1,2,3} (¹慶大・院・政策・メディア、²慶大・先端生命研、³慶大・環境情報)

「第11回 みんなのジュニア進化学」発表一覧

- H-01 効率よく光合成できる透明な植物!? ～ハオルチア・オブツーサ～
田中美花（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-02 家庭で飲まれる嗜好性飲料の摂取によるハツカネズミの血糖値上昇の違い
渡辺葵乃（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-03 ラットは飼育下で自給自足生活をしてくれるか
中武泰成（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-04 成分変化からみるトマトの生存戦略
小原澤紗季（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-05 コケの生存戦略 ～汚染された地域でのパイオニア植物～
矢島茜音、千葉恒慶（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-06 光量変化によるアントシアニン増加植物の開発
小澤晃弘（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）
- H-07 動物類の違いによるメントールの光学異性体と麻酔作用の相関
射矢龍静、高園颯馬、永瀬翼、星島拓真、吉原究（岡山理科大学附属高等学校）
- H-08 岡山県石灰岩地のアテツヤクシソウ（新交雑種）の生育環境と類縁関係の分析
矢吹直之、近藤蒼真、山崎穂（岡山理科大学附属高等学校）
- H-09 岡山県高梁川流域のスギ樹皮生粘菌の分布
山崎裕弥、南耕太郎、矢吹直之（岡山理科大学附属高等学校）
- H-10 メダカのトランスポゾンTol2はコイ目に広く存在する
山下大介、栗原史弥、山崎健太郎、星野直樹、草野侑巳、久米鳳大（埼玉県立松山高等学校）
- H-11 両性遺伝するドブガイ類の雄ミトコンドリアの分子系統解析
砂村遥平、石川春樹、倉澤鷹（埼玉県立松山高等学校）
- H-12 日本産トンガリササノハガイ属は2種存在する
倉澤鷹、石川春樹、砂村遥平、長瀬憲示、米澤克弥（埼玉県立松山高等学校）
- H-13 クロメの抗菌物質による環境適応
アゲセ祥広アリオグン、上田克弥（埼玉県立川口北高等学校）
- H-14 褐虫藻共生イソギンチャクの高温条件への順化
宮澤奏太、飯田創太（埼玉県立川口北高等学校）
- H-15 食虫植物タヌキモの形態変化
大川真輝、鯨井陽平、眞田駿（埼玉県立川口北高等学校）

- H-16 マウス腸内フローラから観察したマヌカハニーの機能性
高野美穂（山村学園 山村国際高等学校）
- H-17 除菌スプレーと合成洗剤による食中毒菌におよぼす除菌効果
中島彩香、北堀隼人（山村学園 山村国際高等学校）
- H-18 香辛料の食中毒原因菌におよぼす抗菌効果
上坂朋之（山村学園 山村国際高等学校）
- H-19 ミントタブレットの口腔細菌におよぼす抗菌効果
小林湧弥（山村学園 山村国際高等学校）
- H-20 ペットボトル飲料の保存法
新井倭愛、芹澤俊哉、小倉壮太（山村学園 山村国際高等学校）
- H-21 蕪崎市のセイヨウタンポポは本当に西洋種なのか
大柴万由子、小澤ひとみ、松岡亜実（山梨県立蕪崎高等学校）
- H-22 アセチルサリチル酸は血流を促進するのか？
足立実結、白倉美雨、小澤夕里菜（山梨県立蕪崎高等学校）
- H-23 魚類のオプシン遺伝子にみる適応
浅岡秀輔、和久井隆光、坂本裕樹、梅田菜の香、高橋啓太（私立 清真学園高等学校）
- H-24 ガラパゴスゾウガメのDNA解析による亜種の識別
岩田瑛美子、遠峰伽織、小野将輝（私立 清真学園高等学校）
- H-25 カケガワザクラの起源を探る
三澤恒汰、岡本海、山下拓海、近藤有輝、神田毬央（静岡県立掛川西高等学校）
- H-26 ヒトmtDNA多型から見た 静岡県における生活習慣病患者数推移の予測
薄田隼弥、丸山海成、夏目翔太郎、藤野朗（静岡県立掛川西高等学校）
- H-27 掛川市周辺におけるゲンジボタルのmtDNA多型の調査
杉山亮太、井上遥翔、早川魁人、後藤竜弘、杉山慶、塚沢祐太、山下英紀、横井佑美
（静岡県立掛川西高等学校）
- H-28 粘菌によるエサの摂取について
人見樹（東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-29 カエルの採餌行動実験
岸野紘大（東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-30 動かない生物の環境適応能力
加賀三鈴（東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-31 ハツカネズミに仲間意識はあるのか
大友沙羅、西林伶華（東京大学教育学部附属中等教育学校）

- H-32 *Adiantum* spp.の前葉体の植物ホルモンに対する反応
小川潤一郎、古谷葉摘（大阪府立園芸高等学校）
- H-33 池田ミカンのDNA分析
橋本英和（大阪府立園芸高等学校）
- H-34 アブラナ科植物の化学生態
田部瑞貴、中井星奈、中川実香（大阪府立住吉高等学校）
- H-35 スピロストマムにおける再生～単細胞生物を切ってみたら再生した～
島田真帆、上前優（大阪府立豊中高等学校）
- H-36 酸性河川に生息するカワゲラ類の生態について
今野海杜、遠藤拓光、會田浩史、大場麻未、佐藤颯星、高橋結菜、寺嶋恵梨、伊藤優奈、浦山賢、黒田涼（山形県立上山明新館高等学校）
- H-37 30数億年前の翻訳伸長因子に刻まれた挿入配列が明らかにする真核生物とアーキアの進化の物語
岡部晴子（山形県立鶴岡南高等学校）
- H-38 食品の調理・加工の違いによるタンパク質の変化について
大塚萌絵、篠原綾香、関谷藍后、玉井文望（岐阜県立岐阜農林高等学校）
- H-39 在来アリを守ろう！ ～アルゼンチンアリの侵入経路と防除法の研究
水野珠那、野村真愛（岐阜県立八百津高等学校）
- H-40 プラナリアの条件反射
羽田茉莉乃、宮元大輝、尾白淳（佐野日本大学高等学校）
- H-41 市民参加として取り組んだ江戸川河口に住むヒヌマイトトンボの生態調査
横塚匠、中村隆哉、今井あやめ、佐藤海、竹村凌、中田敦也、安藤大耀、畑俊吉、小林柊斗（千葉県立国府台高等学校）
- H-42 アカハライモリの個体識別と食性
伊藤広大、長瀬一真、内澤晃太、佐々木亮太（千葉県立市原八幡高等学校）
- H-43 千葉県のアリのミトコンドリアDNA分析による系統樹作成
松田大樹、渡部維真（千葉県立松戸南高等学校）
- H-44 国分寺高校 カラスバト研究の現在・過去・未来
林部真奈、澤薫子、丸田光希（東京都立国分寺高等学校）
- H-45 突然変異抑制効果を持つ物質の探索
畠山千晴、森山優海、櫻田洸介、東海林紬、田中美月、加藤祐樹（秋田県立秋田高等学校）
- H-46 画像分析によるイモリの初期発生研究
青山航大、小林凌也、佐伯和紀、工藤大迪（富山第一高等学校）

- H-47 キスゲとハマカンゾウのサーカディアンリズムに迫る!?
～キスゲとハマカンゾウの開花における明暗周期と温度の影響～
森川愛結、園田卓也、磯部慧、辻智代、樽野光貴(福岡県立小倉高等学校)
- H-48 クモ卵における胚発生過程の研究
辻涼、岩畑実玖(愛知県立名古屋南高等学校)
- H-49 新説「房総半島南部型」ゲンジボタルは存在する
市川創大、羽田龍史、王翔宇、早川真央、土原千佳、大矢朱里、海崎紘平、沖永大征
(茗溪学園中学校高等学校)
- H-50 南日本における港のアリの地域間比較ー 外来アリのモニタリング
佐々木菜緒、後飯塚裕葵(池田学園池田中学・高等学校)
- H-51 関東のフナムシの形態的差異
津島彰悟(武蔵高等学校中学校)

公開イベント

進化学夏の学校 「次世代シーケンスデータからの変異抽出をもう一度見直してみよう」

日時・会場	平成28年8月28日(日) 9:00-12:00 蔵前会館1階 くらまえホール
司会	伊藤武彦
次世代シーケンサー(NGS)はゲノムワイド・多数サンプルの変異情報を収集する上で欠かせないものとなっている。しかしながら、得られるデータ量の大きさゆえにすべての結果を目視確認することは困難であり、精度評価や統計解析をブラックボックス化したツールにゆだねて重大な過誤を見逃す恐れが存在する。本企画では、解析ツールの使用のみならず開発段階にも深く携わる研究者達の講演を通して、NGS変異解析の落とし穴と更なる可能性について理解を深めていきたい。	
講演時間	演題
9:00-9:45	ゲノム解析における「ヘテロ」な変異の影響 伊藤武彦(東京工業大学)
9:45-10:30	定番の変異検出手法からde novoアセンブリの応用まで 一面白い変異見逃していませんか？ 梶谷嶺(東京工業大学)
10:30-11:15	遺伝子型の複合的影響と表現型の関係を結びつける多重検定補正法 寺田愛花(JST さきがけ、東京大学)
11:15-12:00	進化の理解に向けたNGS利用ー発現解析、大規模構造変異 瀬々潤(産業技術総合研究所)

市民公開講座 「進化を表現する人々」

日時・会場	平成28年8月28日(日) 13:00-15:00 蔵前会館1階 くらまえホール
進化学は、我々の住むこの地球における生物多様性を理解するための学問分野ではありますが、そこには生き物の美しさをあらゆる視点から表現しうる芸術的な側面も多分に見え隠れしています。今年の公開講座では、生き物のかたちや進化を独特な方法で表現している3人の先生に登壇していただき、芸術の域にまで達するかれらの進化表現を存分に堪能していただきたいと思います。	
講演時間	演題
13:00-13:40	進化を表現する曼荼羅 長谷川政美(復旦大学、統計数理研究所)
13:40-14:20	「シマウマは、縞模様を得たウマ、ではなく均一中間色を失ったウマ、である」 というお話し。 近藤滋(大阪大学)
14:20-15:00	生命を表現するイラストレーション 小田隆(成安造形大学)

生き物グッズ展示・販売 「東工大驚異の部屋」

日時・会場 平成28年8月25日(木)～28日(日) 10:00-16:00 本館講義棟 H103 講義室

今年は「東工大驚異の部屋」と題した、生き物グッズや鉱物の展示販売会(細密画、剥製、はがき、文房具など)をおこないたいと考えています。この夏はぜひ、お小遣いを少し多めに持って「東工大驚異の部屋」に足をお運びください。きっと、お気に入りの生き物グッズが見つかることでしょう。ちなみに、驚異の部屋という名称は、古い時代のヨーロッパで貴族や文人が珍品を集めた展示室「ブンダーカンマー」に対応する邦訳です。

出店予定

- ・はくらボ「認定NPO法人 大阪自然史センター」
- ・科学バー(キウイラボ)
- ・STUDIO D'ARTE CORVO
- ・パイライトスマイル
- ・エンウィット
- ・RC GEAR
- ・あまのじゃくとへそまがり
- ・エーアンドゼット
- ・バクテロイゴ
- ・工房うむき



プログラム

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room1 (W521) S1 脳創生の ゲノムイノベーション	Room2 (レクチャーシアター) S2 RNAと進化	Room3 (W541) S3 地球の進化と 生物進化
13:10	13:10-13:40 S1-1 脊椎動物の脳の起源と多様化；円口類と顎口類を用いた進化発生学的研究 ○村上安則	13:10-13:20 イントロダクション：RNAワールドと他のワールドとの相互作用の開始と遷移 ○木賀大介 13:20-13:54 S2-1 RNA分子とその進化に関わる幾つかの事象と遺伝暗号について ○金井昭夫	13:10-13:25 オープニング ○丸山茂徳、西原秀典 13:25-13:55 S3-1 カンブリア爆発 ○佐藤友彦、澤木佑介
13:40	13:40-14:10 S1-2 霊長類の脳はいかにして大きくなったか？ ○畠山淳、佐藤晴香、松下理香、影山龍一郎、斎藤通紀、土屋英明、嶋村健児	13:54-14:28 S2-2 大量RNAウイルスゲノム配列のビッグデータ解析が可能にする新規性の高い分子進化学 和田佳子、和田健之介、岩崎裕貴、金谷重彦、○池村淑道	13:55-14:25 S3-2 古生代-中生代境界での大量絶滅と大進化の原因 ○磯崎行雄
14:10	14:10-14:40 S1-3 ゼブラフィッシュの扁桃体、海馬に相当する機能的脳神経回路の遺伝学的解析 ○川上浩一、田辺英幸、Pradeep Lal	14:28-15:02 S2-3 分子化石としてのtRNA ○岡田典弘	14:25-14:55 S3-3 宇宙からのフォーシング(KT問題も含む) ○二村徳宏、戎崎俊一、片岡龍峰、丸山茂徳

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room5 (W621) W1 超学際領域としての 進化言語学	Room6 (W631) W2 昆虫の社会性進化を 実現・加速させた至近要因	Room7 (W641) W3 再構築型進化学研究 ー人工細胞から原始生物までー
13:10	13:10-13:12 W1-1 超学際領域としての進化言語学ー企画主旨説明 ○藤田耕司 13:12-13:42 W1-2 身体性と言語創発の関係について-海馬エピソード記銘における分節化からの検討 ○我妻広明	13:10-13:15 企画説明 北條優 13:15-13:40 W2-1 シロアリの特殊な防衛物質「ジテルペン」の合成経路の進化 ○北條優、重信秀治、前川清人、三浦徹、徳田岳	13:10-13:15 はじめに 車兪澈 13:15-13:38 W3-1 耐熱性酵素を用いた in vitro 人工代謝経路の構築 ○本田孝祐
13:40	13:42-13:52 W1-3 我妻講演の解説と検討：「出来事」としての原意味と構造化された言語的意味の関係 ○橋本敬 13:52-14:22 W1-4 発声による脳内遺伝子発現コントロール：行動と進化を結ぶエピジェネティクス ○和多和宏	13:40-14:10 W2-2 異なる2つの社会を1つのゲノムからどう進化・維持するか：社会性アブラムシの場合 ○植松圭吾	13:38-14:01 W3-2 ゲノム複製サイクル試験管内再構成系における変異誘発と分子進化 ○末次正幸、徳永翼、高田啓、辻本寛子 14:01-14:24 W3-3 タンパク質合成の再構成 ○清水義宏
14:10	14:22-14:32 W1-5 和多講演の解説と検討：エピジェネティクスと進化を結ぶボールドウィン効果 ○岡ノ谷一夫 14:32-15:02 W1-6 言語能力進化の歴史的側面 ○井原泰雄	14:10-14:40 W2-3 社会性膜翅目における嗅覚受容体の進化 ○北條賢	14:24-14:47 W3-4 バクテリアリボソームの試験管内再構成 ○網蔵和晃、田丸大知、青山遼、清水義宏、上田卓也

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room1 (W521) S1 脳創生の ゲノムイノベーション	Room2 (レクチャーシアター) S2 RNAと進化	Room3 (W541) S3 地球の進化と 生物進化
14:40	14:40-15:10 S1-4 真骨魚類から見た小脳の 発生と進化 ○日比正彦、竹内未紀、松田光 司、原雄一郎、榊原考将、種子 島千春、山口信悟、吉田将之、 工樂樹洋、清水貴史		
15:10	15:10-15:40 S1-5 硬骨魚類の外套(パリウ ム)の区画化構造を生み出す機 構とその進化的考察 磯江泰子、○竹内秀明	15:02-15:36 S2-4 アシル化リボザイム：進 化とRNAワールド ○菅裕明	14:55-15:40 S3-4 生命進化の起源と進化の 大統一理論 ○丸山茂徳、戎崎俊一
15:40	15:40-16:10 S1-6 転写因子の比較機能解析 による大脳皮質進化過程の解明 ○野村真	15:36-16:10 S2-5 非コードRNAの配列と 機能の連関 ○廣瀬哲郎	15:40-16:10 総合討論
16:10			

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room5 (W621) W1 超学際領域としての 進化言語学	Room6 (W631) W2 昆虫の社会性進化を 実現・加速させた至近要因	Room7 (W641) W3 再構築型進化学研究 ー人工細胞から原始生物までー
14:40		14:40-15:00 W2-4 NGS解析で得られたシロアリの兵隊特異的に発現する遺伝子の機能解析 ○増岡裕大、矢口甫、重信秀治、前川清人	14:47-14:57 休憩
15:10	15:02-15:12 W1-7 井原講演の解説と検討：先史の象徴思考と言語能力の進化 ○内田亮子	15:00-15:20 W2-5 オオシロアリにおける性特異的な繁殖虫分化制御メカニズム ○小口晃平、杉目康広、下地博之、林良信、三浦徹	14:57-15:20 W3-5 近代的なバクテリアを原始細胞に戻す ○川合良和、Romain Mercier、Jeff Errington
15:40	15:12-15:42 W1-8 乳児音声発達と言語進化 ○馬塚れい子	15:20-15:50 W2-6 真社会性の中に組み込まれた単独性種の生理機構 ○佐々木謙	15:20-15:43 W3-6 脂質合成代謝をもった人工細胞の構築 ○車兪澈
16:10	15:42-15:52 W1-9 馬塚講演の解説と検討：直示につながる音声発達と言語進化への示唆 ○小林春美	15:50-16:10 総合討論 佐々木謙	15:43-16:06 W3-7 人工物の中に細胞を創る ○田端和仁、森泉芳樹、芦川裕樹、渡邊力也、野地博行

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room1 (W521) 一般口頭発表 O-1A	Room2 (レクチャーシアター) 一般口頭発表 O-1B	Room3 (W541) 一般口頭発表 O-1C
16:30	O-1A-1 新世界ザル類におけるL/Mオプシンのアリアル頻度構成の偏りとその成因 ○河村正二、松下裕香	O-1B-1 Patterns of archaic human introgression in Southeast Asian populations ○Timothy Jinam, Naruya Saitou	O-1C-1 ショウジョウバエ雄交尾器にみられる形態進化の遺伝的基盤 ○田中健太郎、高橋文
16:45	O-1A-2 広範な脊椎動物に共有される新規V1R受容体遺伝子 鈴木彦有、依田涼太、中山叶子、岩田哲郎、村田健、東原和成、廣田順二、○二階堂雅人	O-1B-2 取り消し	O-1C-2 双翅目昆虫における雄生殖器回転と交尾体位の進化的協調性 ○稲富桃子、佐久間知佐子、嘉糠洋隆、松野健治
17:00	O-1A-3 ゼブラフィッシュ孵化酵素遺伝子のエンハンサー解析 ○長澤竜樹、矢野十織、川口真理、安増茂樹、岡部正隆	O-1B-3 類人猿と比較したヒト特異的皮膚形質の獲得について ○荒川那海、寺井洋平、今井啓雄、颯田葉子	O-1C-3 刺胞動物の神経発生機構の解析：中枢神経系の初期進化過程の理解に向けて ○渡邉寛、ホルスタイン トーマス
17:15	O-1A-4 腹足類殻形態の形態空間における発生的制約 ○野下浩司	O-1B-4 哺乳類の乳腺において転移因子がもたらした発現制御配列の進化 ○西原秀典	O-1C-4 bHLH-WRPW型転写因子Hesの遺伝子ファミリーの多様性と進化 ○呉谷文、安岡有理、平良真規

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room5 (W621) 一般口頭発表 O-1E	Room6 (W631) 一般口頭発表 O-1F	Room7 (W641) 一般口頭発表 O-1G
16:30	O-1E-1 環境DNAを用いた生物フロンティアの開拓 ○荒木仁志、神戸崇、鎌田頌子、宮正樹、佐土哲也、池田実、佐藤行人、峰岸有紀、永野優季、矢部衛	O-1F-1 異型花型自家不和合性を示すソバにおけるトランスクリプトーム解析 相井城太郎、安井康夫、佐藤真吾、田巻茜、中野絢菜、森正之、田中宥司、○大田竜也	O-1G-1 Functional mutations in spike glycoprotein of Zaire ebolavirus associated with an increase in infection efficiency ○Mahoko Ueda, Yohei Kurosaki, Taisuke Izumi, Yosuke Nakano, Olamide K. Oloniniyi, Jiro Yasuda, Yoshio Koyanagi, Kei Sato, and So Nakagawa
16:45	O-1E-2 新たなゲノム構成を有する交雑集団の形成：アゴハゼのRAD-seq解析 ○平瀬祥太郎、手塚あゆみ、永野惇、岩崎渉	O-1F-2 Alanine to serine replacement at Q _B binding site of photosystem II triggered photosynthesis efficiency and photoprotection. ○平山知歌子、岸野洋久	O-1G-2 GenomeSync and Genome Search Toolkit ○Kirill Kryukov, Tadashi Imanishi
17:00	O-1E-3 メダカ属は淡水型と塩水型の2種類の孵化酵素をもつのか？ ○福岡明子、竹花佑介、豊田敦、成瀬清、安増茂樹、川口真理	O-1F-3 微好気性鞭毛虫 <i>Dysnectes brevis</i> のゲノムデータから推定するミトコンドリア関連オルガネラの機能 ○井上貴史、高林舜、久米慶太郎、谷藤吾朗、稲垣祐司、橋本哲男	O-1G-3 大酸化イベントに伴うシアノバクテリア SOD (Superoxide dismutase) 発現量の地球史的変動：祖先型プロモーター配列からの推定 ○原田真理子、古川龍太郎、横堀伸一、田近英一、山岸明彦
17:15	O-1E-4 心筋バネ分子コネクチンによる肺呼吸脊椎動物における冠循環心臓進化の検討 ○毛利聡、花島章、氏原嘉洋、橋本謙	O-1F-4 食性の異なるショウジョウバエにおける抗真菌免疫システムの分子進化 ○瀬戸陽介、田村浩一郎	O-1G-4 嫌気的環境に生息する真核微生物メタモナス類におけるATP合成系の進化 ○西村祐貴、小田切正人、守屋繁春、大熊盛也

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room1 (W521) 一般口頭発表 O-1A	Room2 (レクチャーシアター) 一般口頭発表 O-1B	Room3 (W541) 一般口頭発表 O-1C
17:30	O-1A-5 琉球—本土間における三次元顔面形態比較：F _{ST} -Q _{ST} 解析による中立性検定 ○木村亮介、渡辺千晶、宮里絵理、山口今日子、佐藤丈寛、川口亮、山本健、石田肇	O-1B-5 <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ゲノムにおける <i>de novo</i> 遺伝子誕生の過程 ○矢田哲士、谷口丈晃	O-1C-5 迷走神経心臓枝から導かれる、頭部—体幹境界の初期進化 ○東山大毅、平沢達矢、大石康弘、菅原文昭、金井克晃、倉谷滋
17:45	O-1A-6 昆虫の翅多型における密度依存性の進化の理論研究 ○上岡駿宏、巖佐庸	O-1B-6 The landscape of realized homologous recombination in pathogenic bacteria ○矢原耕史、Xavier Didelot、Keith A Jolley、小林一三、Martin C. J. Maiden、Samuel K. Sheppard and Daniel Falush	O-1C-6 哺乳類における歯の増加、減少、そして消失に関わる要因：食肉目とカモノハシを事例に ○浅原正和
18:00			
18:15 } 19:15	蔵前会館 くらまえホール 一般ポスター発表(奇数コアタイム)		

8月25日(木) 第1日目 プログラム

	Room5 (W621) 一般口頭発表 O-1E	Room6 (W631) 一般口頭発表 O-1F	Room7 (W641) 一般口頭発表 O-1G
17:30	O-1E-5 地質学的時間スケールでの貝形虫の性的二型とオスへの選択圧の変動 ○山口龍彦、本田理恵、松井浩紀、西弘嗣	O-1F-5 配列データのパーティショニングおよびフィルタリングによる分子系統解析精度の向上 ○岩本栄介、田村浩一郎	O-1G-5 Lineage dynamics of human influenza B viruses in Japan ○大森亮介、Mayumbo Nyirenda
17:45	O-1E-6 藻類・細菌・繊毛虫からなる人工生態系における細菌の適応放散と生存/繁殖戦略 ○中島敏幸、藤井陽介、松浦正幸、松本沙千	O-1F-6 Ortholog-Finder：系統解析用オーソログデータセット作成プログラム ○堀池徳祐、薬袋良一、宮田大輔、中村洋路、館野義男	O-1G-6 生殖細胞を介さずに次世代へと伝わる菌細胞ゲノム 倉田歩・阿部真明・藤原亜希子、○土田努
18:00			
18:15 ~ 19:15	蔵前会館 くらまえホール 一般ポスター発表(奇数コアタイム)		

8月26日(金) 第2日目 プログラム

9:00 ~ 12:00	Room8 (70周年記念講堂) 9:00 ~ 11:00 国際プレナリーシンポジウム Martin Sikora (University of Copenhagen) Alan Weiner (University of Washington) 11:00 ~ 12:00 特別講義 Jeff Errington (Newcastle University)		
	Room1 (W521) S4 進化における発生の役割	Room2 (レクチャーシアター) S5 天文学の発展と生物進化	Room3 (W541) S6 植物の進化
13:40	13:40-13:55 イントロダクション ○平沢達矢 13:55-14:20 S4-1 羊膜類における縫合閉鎖と頭蓋構成の進化 ○小藪大輔	13:40-14:05 S5-1 系外惑星研究の最前線：観測の立場から ○田村元秀 14:05-14:30 S5-2 火星生命探査 ○山岸明彦 14:30-14:55 S5-3 宇宙における化学進化 ○小林憲正	13:40-14:05 S6-1 地球史における植物の進化 ○丸山茂徳 14:05-14:30 S6-2 一次共生、二次共生に伴う藻類の細胞進化 ○石田健一郎、塚越智夏、中村篤史、野村真未、萩野恭子、中山卓郎 14:30-14:55 S6-3 地球誌の中でのシアノバクテリアと一次植物の光合成色素と光合成の進化 田中歩
14:10	14:20-14:55 S4-2 中耳の形態進化を発生学的に理解する ○武智正樹		
14:40	14:55-15:05 休憩	14:55-15:20 S5-4 Galactic habitable zone — 銀河進化研究の観点から — ○馬場淳一	14:55-15:20 S6-4 細胞を構成する脂質の合成系から見た光合成生物の進化 ○太田啓之、近藤智、堀孝一、佐々木結子、大高きぬ香、下嶋美恵

8月26日(金) 第2日目 プログラム

9:00 ~ 12:00	Room8 (70周年記念講堂) 9:00 ~ 11:00 国際プレナリーシンポジウム Martin Sikora (University of Copenhagen) Alan Weiner (University of Washington) 11:00 ~ 12:00 特別講義 Jeff Errington (Newcastle University)		
	Room5 (W621) W4 利己的な遺伝因子の進化学	Room6 (W631) W5 Power of Symbiosis: 無脊椎動物における内部共生研究の今	Room7 (W641) W6 ヒトのゲノム進化
13:40	13:40-13:45 イントロダクション 小島健司 13:45-14:10 W4-1 Repbaseに見る真核転移因子の多様性 ○小島健司	13:40-14:10 W5-1 チャバネアオカメムシの必須共生細菌の種内多型とその起源 ○細川貴弘	13:40-14:10 W6-1 がんゲノム解析と進化研究への応用 ○藤本明洋
14:10	14:10-14:35 W4-2 転移因子SINEが持つ起源の古い共通配列の進化的意義を探る ○西原秀典	14:10-14:40 W5-2 節足動物腸管内に棲む真菌類の謎を解く ○出川洋介	14:10-14:40 W6-2 The preliminary report for the NGS analyses of the Jomon genome from the western part of the Japanese archipelago ○太田博樹
14:40	14:35-15:00 W4-3 レトロソーム～細菌のレトロエレメントの構造と機能～ ○島本整 15:00-15:25 W4-4 プラスミド宿主域の情報学的予測 ○鈴木治夫、矢野大和、曾田匡洋、Celeste Brown、Eva Top	14:40-15:10 W5-3 深海底熱水活動域に優占する化学合成共生微生物の多様性と進化 ○中川聡	14:40-15:10 W6-3 日本人ゲノムの多様性解析 ○河合洋介、三澤計治、三森隆広、小島要、山口由美、柴田朋子、勝岡史城、山本雅之、長崎正朗

8月26日（金） 第2日目 プログラム

	Room1 (W521) S4 進化における発生の役割	Room2 (レクチャーシアター) S5 天文学の発展と生物進化	Room3 (W541) S6 植物の進化
15:10	15:05-15:30 S4-3 貝殻形成メカニズムから 探る貝殻の起源 ○清水啓介	15:20-15:45 S5-5 知的生命とSETI ○鳴沢真也	15:20-15:45 S6-5 シアノバクテリアから葉 緑体へ：共生進化を光環境応答 から見る ○田中寛
15:40	15:30-15:55 S4-4 ボルボックス系列緑藻の ゲノム進化学で追う多細胞性と 雌雄性の起源 ○浜地貴志	15:45-16:10 S5-6 アストロバイオロジーの フレームワーク ○戎崎俊一、丸山茂徳	15:45-16:10 S6-6 地球環境の変遷と種子植 物の進化 ○山田敏弘
16:10	15:55-16:20 S4-5 EvoDevoを豊かにする大 局観：脊椎動物の発生制御遺伝 子ファイロームの視点から ○工樂樹洋	16:10-15:40 ディスカッション	16:10-16:40 総合討論
16:40	16:20-16:40 総合討論		

8月26日(金) 第2日目 プログラム

	Room5 (W621) W4 利己的な遺伝因子の進化学	Room6 (W631) W5 Power of Symbiosis: 無脊椎動物における内部共生研究の今	Room7 (W641) W6 ヒトのゲノム進化
15:10	15:25-15:50 W4-5 塩基切り出し制限酵素 ～利己的な遺伝子の新たな可能性～ ○福世真樹、中野敏彰、小島健司、Yingbiao Zhang、松坂智幸、古田芳一、石川健、松井(渡部)美紀、矢野大和、濱川剛士、高橋規子、井出博、小林一三	15:10-15:35 W5-4 カメムシと Burkholderia細菌を結ぶ共生戦略とは？ ○大林翼、菊池義智	15:10-15:40 W6-4 Rh式血液型遺伝子ゲノム領域の解析 ○北野誉
15:40	15:50-16:15 W4-6 バイオフィルムとトキシノーアチトキシン遺伝子から見る微生物コミュニティ ○中島信孝、中村祐哉、山元奈緒、木野裕太	15:35-16:00 W5-5 内部共生細菌ゲノムにおける非適応的性質の進化駆動原理 ○金城幸宏	15:40-16:10 W6-5 日本列島人のHLAゲノム多様性 ○中岡博史、Waleed H Omer、細道一善、井ノ上逸朗
16:10	16:15-16:40 W4-7 バキュロウイルスはいかにして宿主を制御するのか ○勝間進	16:00-16:30 W5-6 シロアリ腸内多重共生系の進化 ○本郷裕一	16:10-16:40 W6-6 東ユーラシア人のゲノムワイド SNP 解析 ○斎藤成也、Timothy A. Jinam
16:40			

8月26日(金) 第2日目 プログラム

	Room1 (W521) 一般口頭発表 O-2A	Room2 (レクチャーシアター) 一般口頭発表 O-2B	Room3 (W541) 一般口頭発表 O-2C
17:00	O-2A-1 コロンブス後の南米におけるピロリ菌・mtDNA・Y ○鈴木留美子、小野孝明、塩田星児、山岡吉生	O-2B-1 性染色体の退化過程の解明：ORFの破損？それとも転写の停止？ ○野澤昌文	O-2C-1 幼獣が移動する動物は、分散がオスに偏りやすい ○廣田忠雄
17:15	O-2A-2 出アフリカと精神疾患：シアル酸転移酵素STXの低活性化による適応 ○藤戸尚子、颯田葉子、羽根正弥、松井淳、八島健太、北島健、佐藤ちひろ、高畑尚之、早川敏之	O-2B-2 核型進化の確率モデル ○吉田恒太、北野潤	O-2C-2 ショウジョウバエのフェロモン選好性の急速な進化をもたらす神経基盤 ○石川由希、前田直希、上川内あづさ、山元大輔
17:30	O-2A-3 ショウジョウバエのヒストン遺伝子の構造と進化：H3, H3.3A, H3.3B 遺伝子 ○松尾義則、角林則和	O-2B-3 トランスクリプトーム進化の遺伝基盤とその制約 ○石川麻乃、日下部誠、吉田恒太、Mark Ravinet、牧野能士、豊田敦、藤山秋佐夫、北野潤	O-2C-3 集団適応度で繋ぐ進化と生態—ショウジョウバエの行動多型を用いた実証 ○高橋佑磨、田中良弥、鈴木紀之、山元大輔、河田雅圭
17:45	O-2A-4 1個体全ゲノム配列に基づいたミンクジラの個体数変動推定と種分化 ○岸田拓士	O-2B-4 スラウェシ島固有のマカクにおける適応と種分化に関する遺伝子 ○寺井洋平、今井啓雄、Laurentia Henrieta Purba、Kanthi Arum Widayati、Bambang Suryobroto	O-2C-4 Brn-2/Pou3f2は社会性に重要である ○矢田紗織、恩田美紀、那須信、須藤伝悦、秋山佳代、吉田進昭、植田信太郎
18:00			

8月26日(金) 第2日目 プログラム

	Room4 (W621) 一般口頭発表 O-2D	Room5 (W621) 一般口頭発表 O-2E	Room6 (W631) 一般口頭発表 O-2F	Room7 (W641) 一般口頭発表 O-2G
17:00	O-2D-1 統語能力の適応的進化 は想定可能か：行動多 様性の推進力 ○外谷弦太、橋本敬	O-2E-1 リスクへの態度の血縁 選択に基づく解釈 — 進化的マルチエージェ ントシミュレーション およびアンケートデー タ解析に基づく分析— ○小松秀徳、田中伸幸、 大橋弘忠	O-2F-1 分子系統と地誌から見 る淡水魚の大陸から日 本への侵入パターンと 国内での拡散・置き換 り ○岡崎登志夫、谷口昇 志、田祥麟、岸野洋久	O-2G-1 平板動物ミトコンドリ アゲノムの進化 ○宮澤秀幸、中野裕昭
17:15	O-2D-2 進化言語ゲームにおけ る中立安定戦略の均衡 選択 ○内田誠吾、宮下春樹、 福住多一	O-2E-2 プラスミド宿主域拡張 への進化的道筋 ○矢野大和、Wesley Loftie-Eaton、Eva M Top	O-2F-2 淡水魚の侵入、拡散、 置き換りの推定：ベイ ズ法及びシミュレー ションをベースとした アプローチ ○谷口昇志、岡崎登志 夫、Sang-Rin Jeon、 Johanna Bertl、Andreas Futschik、岸野洋久	O-2G-2 尾索動物 <i>Rhopalaea</i> sp. ミトコンドリアゲノム の解析に基づく尾索動 物とそのミトコンドリ アゲノムの進化 ○横堀伸一、広瀬裕一、 倉林敦、山岸明彦
17:30	O-2D-3 ヒト言語の構造依存性 とその進化 ○藤田耕司	O-2E-3 エージェントモデルに よる周期(素数)ゼミの 周期性進化メカニズム の解明 ○伊東啓、柿嶋聡、上原 隆司、守田智、小山卓 也、曾田貞滋、John R. Cooley、吉村仁	O-2F-3 アゲハチョウ食草選択 に関わる化学感覚受容 体遺伝子のスプライシ ングと機能 ○尾崎克久・小寺正明・ 武藤愛・吉川寛	O-2G-3 環境勾配の発達による 熱帯・外洋域のプラン クトンの進化 ○氏家由利香、石谷佳之
17:45	O-2D-4 進化はなぜ「進歩」だと 理解されるのか：人文 諸科学における「進化」 の語の由来と発展 ○藤井修平	O-2E-4 種における排他的優占 モードとカオスマード の識別 ○足立隼	O-2F-4 単為生殖化してフェロ モンを出すのをやめた カイガラムシ ○田端純	O-2G-4 祖先配列の再構築によ るツメガエル高温セン サーの機能進化過程の 推定 ○齋藤茂、齋藤くれあ、 太田利男、富永真琴
18:00				

8月26日（金） 第2日目 プログラム

18:15 ～ 19:15	蔵前会館 くらまえホール 一般ポスター発表（偶数コアタイム）
---------------------	---------------------------------------

8月26日（金） 第2日目 プログラム

18:15 〜 19:15	蔵前会館　くらまえホール 一般ポスター発表（偶数コアタイム）
---------------------	---------------------------------------

8月27日(土) 第3日目 プログラム

	Room1 (W521) S7 NGSを取り入れた 古代動物のゲノム決定と系統	Room2 (レクチャーシアター) S8 進化可能性と方向性： 実験と理論からのアプローチ	Room3 (W541) S9 初期バクテリアからの 代謝系の進化
9:00	9:00-9:25 S7-1 古代DNAサンプル・データの特徴と問題点 ○森宙史	9:00-9:35 S8-1 表現型進化の方向性：揺らぎ-応答-安定性理論 ○金子邦彦	9:00-9:10 イントロダクション ○黒川顕 9:10-9:35 S9-1 L-formと必須パスウェイから細胞増殖に必要な代謝経路を再考する ○大島拓
9:30	9:25-10:00 S7-2 形態と遺伝子から見えてくるニホンオオカミの正体とは？ ○石黒直隆	9:35-10:00 S8-2 大腸菌進化実験による進化可能性の構成的理解に向けて ○古澤力	9:35-10:00 S9-2 絶対嫌気性微生物のC1代謝から読み解く微生物初期進化 ○鎌形洋一
10:00	10:00-10:35 S7-3 mtDNAゲノム解析によるニホンカワウソの進化史 ○佐々木剛、和久大介、瀬川高弘、米澤隆弘、石毛太一郎、小川博、佐々木浩、安藤元一、甲能直樹	10:00-10:25 S8-3 なぜ動物ボディプラン進化は保守的なのか Haiyang Hu、Song Guo、上坂将弘、内田唯、島井光太郎、Tsai-Ming Lu、Fang Li、藤本聡子、石川雅人、Shiping Liu、笹川洋平、Guojie Zhang、倉谷滋、Jr-Kai Yu、日下部岳広、Philipp Khaitovich、○入江直樹；EXPANDE Consortium	10:00-10:25 S9-3 ゲノムから見た初期生命に近いバクテリアの代謝機能 ○高見英人

8月27日(土) 第3日目 プログラム

	Room5 (W621) W7 生物進化に伴う DNA複製装置のDynamics	Room6 (W631) W8 プロテISTワールド ~アプローチの多様化がもたらすもの~	Room7 (W641) W9 Ancestral States: Current Conceptions and Their Limitations
9:00	9:00-9:10 はじめ 神崎秀嗣 9:10-9:50 W7-1 大腸菌の第二の複製システムから考える複製システムの進化 ○正井久雄	9:00-9:20 企画説明：プロテISTワールドへの招待 谷藤吾朗 9:20-9:45 W8-1 真核生物進化の空白を埋める！分子系統解析が解き明かすプロテISTの系統関係 ○矢崎裕規、白鳥峻志、久米慶太郎、橋本哲男、石田健一郎、稲垣祐司 9:45-10:10 W8-2 細胞に広がる小宇宙：原生生物の多様な細胞構造 ○矢吹彬憲	9:00-9:30 W9-1 Estimation of evolutionary probability of current genomic state reveals nonneutral evolution in human proteins ○Koichiro Tamura, Li Liu, Maxwell Sanderford, Vanessa E. Gray and Sudhir Kumar 9:30-9:55 W9-2 Experimental evidence for thermophilic ancestral life ○Satoshi Akanuma 9:55-10:20 W9-3 The Evolution of Photosynthesis and the Rise of Oxygen ○Lewis M. Ward, James Hemp, Patrick Shih, Jena Johnson, Joseph Kirschvink, Woodward W. Fischer
9:30	9:50-10:30 W7-2 大腸菌の染色体複製起点 <i>oriC</i> における DnaA 複合体のダイナミクス ○片山勉	10:10-10:35 W8-3 窒素固定ははじめました—Rhopalodia 科珪藻に見る細胞内共生進化 ○中山卓郎、神川龍馬、谷藤吾朗、稲垣祐司	10:20-10:30 Break
10:00			

8月27日(土) 第3日目 プログラム

	Room1 (W521) S7 NGSを取り入れた 古代動物のゲノム決定と系統	Room2 (レクチャーシアター) S8 進化可能性と方向性： 実験と理論からのアプローチ	Room3 (W541) S9 初期バクテリアからの 代謝系の進化
10:30	10:35-11:10 S7-4 絶滅古顎類のゲノム系統 学と形態が解き明かす走鳥類の 起源と進化 ○呉佳斎、瀬川高弘、森宙史、 Eske Willerslev、長谷川政美、 米澤隆弘	10:25-10:50 S8-4 陸上植物の進化可能性と 制約 ○長谷部光泰	10:25-10:50 S9-4 第三の生物アーキアの特 異な代謝様式 ○跡見晴幸
11:00	11:10-11:45 S7-5 古代DNAで初めて描か れるナウマンゾウの進化と放散 そして絶滅 ○甲能直樹	10:50-11:15 S8-5 昆虫－微生物共生可能性 の探索と分子基盤の解明 ○深津武馬	10:50-11:15 S9-5 Hfq 結合型 small RNA の 機能構造の解析 ○森田鉄兵
11:30		11:15-11:40 S8-6 脊椎動物の比較形態学と 進化発生学 ○倉谷滋 理化学研究所 倉谷形態進化研 究室 11:40-12:00 ディスカッション	11:15-11:40 S9-6 テトラピロール色素の生 合成系の進化 ○塚谷祐介
	11:45-12:00 ディスカッション		11:40-12:00 総合討論
12:00			

8月27日(土) 第3日目 プログラム

	Room5 (W621) W7 生物進化に伴う DNA複製装置のDynamics	Room6 (W631) W8 プロティストワールド ~アプローチの多様化がもたらすもの~	Room7 (W641) W9 Ancestral States: Current Conceptions and Their Limitations
10:30	10:30-11:10 W7-3 出芽酵母とショウジョウバエの発生に必要な複製開始のメカニズム ○神崎秀嗣	10:35-11:00 W8-4 インビジブル：色を捨てた“藻類”たち ○神川龍馬	10:30-10:55 W9-4 Carbon fixation pathway in the early evolution of life ○Masafumi Kameya
11:00	11:10-11:50 W7-4 MCMヘリカーゼの保存性と多様性 ○石見幸男	11:00-11:25 W8-5 クロロフィルを制する者が光環境を征したークロロフィルの分解代謝と二次植物の進化 ○柏山祐一郎、横山亜紀子、民秋均	10:55-11:20 W9-5 The evolution of Nitrogen Fixation Metabolism ○Manabu Nishizawa
11:30		11:25-11:50 W8-6 ディプロネマ、解糖やめるってよ ○奈良武司	11:20-11:45 W9-6 The origin of parasites and their roles in the evolution of early life forms ○Norikazu Ichihashi
12:00	11:50-12:00 まとめ 神崎秀嗣	11:50-12:00 総合討論	11:45-12:00 Summary and group discussion.

8月27日(土) 第3日目 プログラム

13:00 ~ 15:20	蔵前会館 くらまえホール ポスター発表 13:00 ~ 14:10 一般ポスター 奇数コアタイム 14:10 ~ 15:20 一般ポスター 偶数コアタイム 13:00 ~ 15:20 高校生ポスター発表 ~ 15:20 ポスター撤去
15:40 ~ 18:10	Room8 (70周年記念講堂) 15:40 ~ 16:10 高校生ポスター表彰式 16:20 ~ 16:50 総会 16:50 ~ 17:00 授賞式 17:10 ~ 18:10 受賞講演
18:40 ~ 21:00	第一食堂 2階 懇親会

8月28日（日） 第4日目 プログラム

9:00 ~ 12:00	蔵前会館　くらまえホール 進化学夏の学校 「次世代シーケンスデータからの変異抽出をもう一度見直してみよう」
13:00 ~ 15:00	蔵前会館　くらまえホール 市民公開講座 「進化を表現する人々」



講演要旨

S1-1

脊椎動物の脳の起源と多様化； 円口類と顎口類を用いた進化発生学的研究

○村上安則

愛媛大・院理工

脊椎動物の脳は進化の過程でその基本要素を保持しながらも、系統毎に多様な形態を示す。その要因として脊椎動物の黎明期に脳の発生機構が確立した後、系統毎に独自の改変が生じた可能性が考えられる。本研究では脊椎動物の進化の初期に分岐した系統である円口類のヤツメウナギを用いて、終脳の領域形成に関わる発生機構について解析した。調べた遺伝子の多くは顎口類の相同遺伝子とよく似た発現様式を示しており、終脳形成システムの起源は脊椎動物の共通祖先の段階にまで遡ることが判明した。ただし、いくつかの遺伝子については円口類と顎口類でその発現が異なっていたため、終脳形成機構の一部は円口類と顎口類の祖先が分岐した後それぞれの系統で独自の改変がなされてきたと考えられる。さらに、脊椎動物の脳の多様化の背景にある分子機構を探るため、菱脳に独自の統合中枢である顔面葉をもつナマズ類を用いて、いくつかの遺伝子に注目してその発現や機能を調べた結果、FGFやSHHが顔面葉の形成に関わることが判明した。これらの結果は、神経領域のパターニングや神経回路形成に関わる遺伝子の発現制御機構の変化が脳の多様化に関わっている可能性を示唆している。

S1-3

ゼブラフィッシュの扁桃体、海馬に相当する 機能的脳神経回路の遺伝学的解析

○川上浩一、田辺英幸、Pradeep Lal

国立遺伝学研究所初期発生研究部門

真骨魚類の終脳の背内側部領域(Dm)および背側部領域(Dl)は形態学的な解析、およびキンギョを用いた切除実験等で、それぞれ哺乳動物脳の扁桃体および海馬に相当すると考えられてきた。しかしながら、これらは終脳内の広い領域であり、そこに存在する機能的神経回路に関する知見はこれまで得られていなかった。今回我々は、モデル脊椎動物ゼブラフィッシュを用いた大規模遺伝子トラップスクリーニングを実施し、作製されたトランスジェニックフィッシュの中から、Dm内あるいはDl内の特定の神経細胞で酵母転写因子Gal4を発現する系統を見出した。これらの系統をGal4の認識配列であるUASの下流に神経毒素遺伝子をもつトランスジェニックフィッシュとかけあわせ、Dm内あるいはDl内の特定の神経細胞の機能を障害したところ、それぞれの二重トランスジェニックフィッシュは扁桃体の機能に依存する学習行動(恐怖条件付け)、海馬の機能に依存する学習行動(空間学習)に欠損を示した。このことから我々は、今回遺伝学的に同定した真骨魚類終脳の神経細胞・神経回路が、脊椎動物に共通する基本的な学習行動を遂行するために重要であると結論づけた。この研究は、扁桃体・海馬機能を担う神経細胞・神経回路の進化学的な研究の新しい道を拓くものである。

S1-2

霊長類の脳はいかにして大きくなったか？

○島山淳¹、佐藤晴香¹、松下理香¹、影山龍一郎²、斎藤通紀³、土屋英明⁴、嶋村健児¹

¹熊大・発生研、²京大・ウイルス研、³京大大学院・医学研究科、⁴滋賀医大・動物生命センター

ヒトは高度な知能を持っており、この他の動物との明らかな違いは脳に起因する。高度な知能をもつヒトに代表される霊長類は、他の哺乳類と比較して際立って大きい大脳皮質を獲得し、神経回路の発達やシワ(脳溝)の形成もみらる。一方、マウスの大脳は、小さく脳溝が全くない。神経発生の基本原理は、ほ乳類間でほぼ同じと考えられているが、種間の脳の「違い」はどうやって形成されるのか？その機構はまだほとんどわかっていない。我々は、霊長類が大きな脳を獲得した機構を解明するために、マウスとカンクイザルを比較し、カンクイザル胚の脳に特異的に発現する分泌因子を複数同定した。これらの因子は、機能解析においてヒト神経幹細胞の増殖を促進することが明らかになり、霊長類の脳が大きくなることに貢献していることが示唆される。これらの因子が霊長類の発生期の脳で発現することが、脳の大きさの違いをもたらす1つの仕組みかもしれない。

S1-4

真骨魚類から見た小脳の発生と進化

○日比正彦^{1,2}、竹内未紀¹、松田光司²、原雄一郎³、榊原考将²、種子島千春³、山口信悟²、吉田将之⁴、工藤樹洋³、清水貴史^{1,2}

¹名古屋大・生物センター、²名古屋大・院理学、³理研・CLST、⁴広島大・院生物圏科学

小脳は、後脳の背側前端部から発生する神経組織であり、協調運動・運動学習・恐怖応答学習において重要な役割を演じている。小脳の顆粒細胞とプルキンエ細胞は、小脳外から二種類の入力線維を受ける。二つの情報はプルキンエ細胞で統合され、投射ニューロンを介して出力される。この神経回路構造は真骨魚類から哺乳類まで保存されている。一方真骨魚類の小脳では、哺乳類とは異なる神経回路構造も有している。真骨魚類の小脳の後部には、尾葉や顆粒隆起と呼ばれる小葉があり、その顆粒細胞はプルキンエ細胞と背側後脳に存在するCrest細胞に投射し、前庭神経情報を処理している。また弱電気魚モルモルスは、電気受容器の情報処理のため、巨大な小脳を有している。脊椎動物小脳の保存された構造と、種特異的に獲得した構造が、どのようなメカニズムによって作られたかは未だ不明である。私達は、小脳神経回路特異的に遺伝子を発現するゼブラフィッシュを用いて、小脳神経回路の構造とその発生機構の解析を行ってきた。本学会では、真骨魚類小脳ニューロンの遺伝子プロファイリングと変異体解析から見出した、神経回路形成機構および小脳多様性創出の進化原理を議論したい。

S1-5

硬骨魚類の外套（パリウム）の区画化構造を生み出す機構とその進化的考察

磯江泰子、○竹内秀明

岡大・院自然

脊椎動物の終脳（大脳）は、脳を外から覆う外套（哺乳類の大脳皮質・海馬に対応）と、その下部にある外套下部（大脳基底核に対応）に大別される。外套は区画毎に機能分化していると考えられており（「機能局在論」）、区画数の増加と脳進化との関連が指摘されている。外套区画化は魚類から哺乳類まで広く観察され、魚類（真骨類）内でも区画数に顕著な種差がある。しかし「外套区画化や区画数の種差を生み出す機構」はどの種においても不明であった。私たちはメダカ（真骨類）の成長段階における終脳の新生ニューロンの細胞系譜解析を行った結果、外套下部は細胞系譜単位同士が混在して複雑に絡み合っていたが、外套では細胞系譜単位（一つの神経幹細胞から発生した細胞群）がブロック化しており、古典的に同定された解剖学的区画を構成していることを発見した。よって脳発達期の外套では新生ニューロンの細胞系譜単位が自律的に発生して排他的な区画構造を構築すると考えられる。また真骨類では成長過程に生じる新生ニューロンの細胞系譜の違いが外套区画数の種差を創出した可能性があり、進化的な考察をするためには区画構造が異なる他の魚類との比較解剖学的な解析が今後必要になると考えられる。

S2-1

RNA分子とその進化に関わる幾つかの事象と遺伝暗号について

○金井昭夫^{1,2}

¹慶應大・先端生命研、²慶應大・環境情報

DNAに格納された遺伝情報は、タンパク質をコードするcoding RNA (mRNA) と、機能性RNAであるnon-coding RNA (ncRNA) の形として発現される。「遺伝暗号」は文字通りcoding RNAであるが、遺伝暗号の翻訳には古典的ncRNAと総称されるtRNAやrRNAが必須となる。この意味で、遺伝暗号の成立過程を明らかにするためには、ncRNAの進化研究が避けて通れない。ここで、原核生物の様々な低分子RNAは、進化的に限定された種間のみに保存される傾向がある。これは、真核生物の多くのmicroRNAについても同じである。すなわち、ncRNA遺伝子はタンパク質をコードする遺伝子に比べて、その保存性が低く、進化速度が早いように思われる。一方tRNAやrRNAは、生物の3つのドメインである、バクテリア、アーキア及び真核生物という極めて大きな進化的系統を通して、酷似したRNAの2次構造を呈し、その機能に根源的な差異を見出せない。本発表では、幾つかの具体例を出しながら、以上の各事象について議論する。

S1-6

転写因子の比較機能解析による大脳皮質進化過程の解明

○野村真

京都府立医大・院神経発生

大脳皮質は現存するすべての哺乳類において普遍的に存在する脳領域である。哺乳類大脳皮質は胎生期の細胞分裂によってその表面積を拡大し、かつ多種類の神経細胞から構成される層構造を形成する。こうした特徴的な脳構造が進化の過程でどのようにして獲得されたのかは、未だ大きな謎に包まれている。我々は、大脳皮質とその相同領域（背側外套）の神経前駆細胞に発現する転写因子Pax6に着目し、その比較機能解析を行っている。興味深いことに、神経前駆細胞の増殖と分化におけるPax6の機能は羊膜類の系統で異なっている。さらに、鳥類胚でPax6の発現を人為的に操作した場合、哺乳類外套に特異的な遺伝子の発現が強力に誘導されることを見出している。また、大脳皮質層構造の形成に必要な転写因子Ctip2とSatb2の発現制御機構についても解析を行っており、これらの転写因子の発現制御機構が哺乳類、爬虫類および鳥類の間で異なっていることを明らかにしている。こうした解析結果から、羊膜類の共通祖先で獲得されていたと推測される脳の発生機構、さらに哺乳類の大脳皮質構造の獲得に寄与したと考えられる細胞増殖・分化機構について議論したい。

S2-2

大量RNAウイルスゲノム配列のビッグデータ解析が可能にする新規性の高い分子進化学

和田佳子^{1,2}、和田健之介¹、岩崎裕貴¹、金谷重彦²、
○池村淑道¹

¹長浜バイオ大・バイオサイエンス学部、²奈良先端大・情報

エボラやMERSやインフルエンザウイルスはゲノムがRNAであり進化速度が速く診断や治療法の開発に困難さを齎す。自然宿主動物に感染する際には病態を示さず地球上から撲滅することは不可能であり、人類は常にその危険に曝されている。社会的重要性から大量株のゲノムが解読されており、それらの全体について2～20連塩基組成の時系列解析を行ったところ、自然宿主からヒトへと侵入した際に再現性を持って繰り返す方向性のある変化を見出した。自然宿主で増殖していたウイルスに対してヒト細胞は最適な増殖環境を提供しておらず、再現性のある変化が起きると考えられる。進化速度が速いが故に大量株を解析することで再現性のある変化を特定でき、裏に潜む分子機構を研究する手掛かりが得られた。例えば、20連塩基組成（約1兆1千億次元の変数）について、インフルエンザA型の異なった亜型についてヒト内流行の開始時からの変化を解析したところ、亜型に依存せずに定方向的に変化していた20-merの例はウイルスsiRNAの配列に対応していた。進化速度が速いが故に大量配列を解析すれば月（可能性としては週）単位で定方向な変化が特定できる。

S2-3**分子化石としてのtRNA**○岡田典弘^{1,2}¹国際科学振興財団、²台湾国立成功大学

1987年にAlan Weinerはgenomic tag modelを発表している。この仮説はtRNA様構造がRNA worldにおいて複製の開始のシグナルとして最初に進化したという仮説である。この仮説はタンパク質合成系の各パートが順次必然性をもって進化の過程で出現をしなければならないという進化のプロセスを良く説明するものになっている。またCCA配列及びtRNA遺伝子が遺伝子と遺伝子の境界を示すという良く観察される事実と合致する。今回我々はCTCF結合サイトがCCAに富む配列を持っていて、RNA WorldにおけるtRNAの役割の分子化石という可能性について報告する。また現在のtRNA遺伝子そのものがinsulatorの可能性があり、CTCF結合サイトを持つということを報告する。

S2-5**非コードRNAの配列と機能の連関**

○廣瀬哲郎

北大・遺制研

ポストゲノム時代に見いだされた多数の非コードRNAには、多彩な生体制御機能が備わっていることが徐々に明らかになっている。一方で、非コードRNAの作用機構については、未だベールに包まれたままである。特に非コードRNA機能を支える特定のRNA配列(=作動エレメント)の情報はほとんど存在せず、現時点では、非コードRNA配列からそのRNAの機能を予測することは困難である。我々は、以前非コードRNAの新機能として見いだした核内構造体の「アーキテクチャル機能」を担うNEAT1非コードRNAの作動エレメントを、CRISPR-Cas9ゲノム編集技術を用いて網羅的に解析し、複数の作動エレメント領域を同定することに成功した。また、これらの作動エレメントには特定のRNA結合タンパク質が結合し、この領域を起点として非コードRNAのアーキテクチャル機能が獲得されている可能性が明らかになってきた。その一方で、ヒトとマウスのNEAT1には、同様のアーキテクチャル機能が備わっているにも関わらず、そのRNA配列は驚くほど保存されていない。本講演では、単なる配列の相同性では説明できない非コードRNAの機能獲得を支える配列ルールの研究の現状を紹介したい。

S2-4**アシル化リボザイム：進化とRNAワールド**○菅裕明^{1,2}¹東大・院理、²CREST

本講演では、アシル化リボザイムの試験管内進化についてRNAワールドと関連づけながら議論する。

S3-1**カンブリア爆発**○佐藤友彦¹、澤木佑介²¹東工大・ELSI、²東工大・院理

46億年の地球史の中で、カンブリア紀の始まり(5.4億年前～)の約2500万年間に全ての後生動物門が出揃ったことは、「カンブリア爆発」と呼ばれ、生物進化を考える上で最も重要視されてきた。近年、新たな化石の発見および詳細な年代測定が推し進められ、エディアカラ紀末～カンブリア紀初期の間に、段階的に生物進化・多様化が起こった事が明らかになった。最初の硬骨格化石群集small shelly fossilsや、カンブリア爆発最盛期のバージェス頁岩型大型動物化石群集は、いずれも世界各地で産出するが、ともに南中国で先んじて多様化する事から、カンブリア爆発の「進化のホットスポット」は南中国であった可能性が指摘されてきた。我々の研究グループは、南中国が「進化のホットスポット」となりえた要因が、その当時の生物生息場における海水環境にあったと考え、化石を多産する南中国において地層の調査および岩石試料の採取を行い、化学分析を通じて当時の海水環境復元を試みてきた。その結果、エディアカラ紀に地球史を通じて最も大陸風化が強まっていたことや、陸棚内部の閉鎖的海域においてリンに富む海水が硬骨格化石の進化を育んだことが明らかになった。

S3-2

古生代-中生代境界での大量絶滅と大進化の原因

○磯崎行雄

東大・総合文化

約2.5億年前の古生代／中生代境界において史上最大規模の大量絶滅が起きた。この絶滅事件は、ペルム紀中期／後期（G-L）境界と、その約800万年後のペルム／トリアス紀（P-T）境界でおきた2回の絶滅イベントからなる。カンブリア紀以来多様化した古生代型海棲動物の多くが絶滅し、陸上動物も多様性を減じた。その直後に現世動物に繋がる中生代型群集が出現し、急速に多様化した。化石記録が豊富な最近の5億年間（顕生代）の中で、最大の生物群の入れ替わりが起きた背景に、未曾有のグローバル環境変動が推定されている。しかし、その原因についてこれまでに諸説が提案されてきたが、いずれの説も絶滅に関わる観察事実の一部を説明するものの、その時期に起きた多様な表層環境のすべてを説明できていない。本講演では、古生代末の大量絶滅の概要と諸説を紹介した上で、新たに日本から提案された新仮説、太陽系と暗黒星雲との衝突によるグローバル寒冷化と大量絶滅を紹介し、その検証可能性を議論する。

S3-4

生命進化の起源と進化の大統一理論

○丸山茂徳¹、戎崎俊一²

¹東京工業大学地球生命研究所、²理研

生命の誕生は冥王代（46-44億年前）に遡ると考えられている。冥王代地球の中でも生命誕生場として最も可能性が高いのは自然原子炉間欠泉である。その理由は、地下のウラン鉱床を主体とする自然原子炉は、還元場である間欠泉内部で無限に近い種類の有機物を合成するための非熱的エネルギーを連続供給する。そして、それらの物質を周期的に、酸化場である地表に噴出する。このようなエネルギー・物質循環系で、生命誕生への過程は、おそらく、3段階で進行した。自然原子炉間欠泉内部で生まれた第一次生命体に始まり、やがて地表で太陽エネルギーを利用する第二次生命体へ進化し、その後、猛毒海洋に適応した第三次生命体（最初の原核生物）が生まれた。こうして誕生した生命はその後、約40億年をかけて進化を繰り返すが、進化の形態は、茎進化と冠進化の2つに分けられる。茎進化は放射性元素による突然変異によって駆動される進化であり、大陸が分裂するリフト帯で特徴的である。冠進化は、既存の生物種が交雑することによって生物種が爆発的に増加する進化で、大陸移動によって支配される。これらの進化は大量絶滅と組み合わせ、新たな生物種の繁栄を導いた。

S3-3

宇宙からのフォーシング（KT問題も含む）

○二村徳宏^{1,2}、戎崎俊一²、片岡龍峰³、丸山茂徳⁴

¹日本スペースガード協会、²理研、³極地研、⁴東工大・ELSI

地球は約46億年の間、地球全球凍結および寒冷化による大量絶滅など多くの大規模な環境変動を経験してきた。Maruyama and Santosh (2008) は、いくつかの大規模環境変動は、地球外、太陽系外、または銀河系外からの影響によるものであると提唱した。

Kataoka et al., (2013, 2014) は、星雲の遭遇により、大量の宇宙塵および宇宙線が地球に供給されることにより、大規模寒冷化が長期間続き、これにより地球全球凍結および寒冷化による大量絶滅を引き起こす「星雲の冬仮説」を提唱した。

Nimura et al. (2016) は、北太平洋の白亜紀末に相当する深海底掘削コア試料から巨大隕石衝突によるイリジウムピークの他に5m以上のイリジウムの幅広い（長期間の）分布を発見した。この解析からイリジウムは地球外起源であることを明らかにし、太陽系は白亜紀末の800万年間、密度が2000 protons/cm³以上の星雲に遭遇し、大規模な寒冷化を引き起こしたと結論付けた。

本講演では、宇宙からのフォーシングによるこれらの地球環境変動について発表する。

S4-1

羊膜類における縫合閉鎖と頭蓋構成の進化

○小薮大輔

東大・博物館

羊膜類の祖先とされる化石魚類ユーステノプテロンの頭蓋は約140個もの骨パーツによって構成されていたとされる。四肢動物の基盤的な祖先種は約90個、基盤的羊膜類では約80個、爬虫類では約40個とされる。そして哺乳類が哺乳類型爬虫類の一群から起源した過程で、哺乳類では28個の構成骨に減少したことが知られている。これら10数個の骨は哺乳類に至る系統で完全に進化的に喪失したと考えられてきた。哺乳類進化において段階的に頭蓋の構成骨数が減少していったこの進化的傾向はシカゴ大学の古生物学者Samuel Willistonが初めて注目し、優生学の信奉者としても知られたアメリカ自然史博物館の比較解剖学者William Gregoryがこの現象をしてWilliston's Lawと命名した。しかし発表者の研究によって、哺乳類進化において失われたと従来考えられてきたいくつかの骨は果たして本当に失われたのかが疑わしくなってきた。特に頭蓋構成骨同士の縫合閉鎖が「失われたとされてきた骨」を隠蔽してきた可能性がでてきた。本発表では、哺乳類の頭蓋構造の進化についての新知見を振り返りながら、縫合閉鎖という発生の一側面が駆動してきた形態進化について議論したい。

S4-2

中耳の形態進化を発生学的に理解する

○武智正樹

東京医科歯科大・院医歯学総合

哺乳類は中耳にツチ骨、キヌタ骨、アブミ骨の3つの耳小骨を有するが、爬虫類―鳥類はアブミ骨に相当する1つの骨要素のみを有する。哺乳類のツチ骨とキヌタ骨は爬虫類―鳥類の顎関節を構成する関節骨と方形骨に相同とされる。羊膜類の進化過程で咀嚼器官から聴覚器官への転用が起こった中耳の形態進化の発生学的背景を理解するため、マウスとニワトリをモデルとした比較発生学的解析を行った。下顎の形態アイデンティティを決定するEndothelinシグナル伝達を両者で抑制したところ、マウスでは鼓膜が消失するのに対し、ニワトリでは鼓膜が重複した。このことは、鼓膜が哺乳類系統では下顎の一部として、爬虫類―鳥類系統では上顎の一部として、異なる発生プログラムにより形成されることを示し、鼓膜を伴う中耳が両系統で独立に進化したことを強く示唆する。また鼓膜が異なる骨要素と関係を持った背景には、発生過程における顎関節の形成位置の違いがあることが示唆された。さらに現在、マウスとニワトリの鼓膜形成メカニズムの相違を詳細に調べている。本発表では、これまでの研究結果から見えてきた、羊膜類の聴覚器官における平行進化の発生学的背景について総合的に議論したい。

S4-4

ボルボックス系列緑藻のゲノム進化学で追う多細胞性と雌雄性の起源

○浜地貴志

東大・院理・生科

真核生物の多細胞性や、両性配偶子の形態に顕著な差異の生じる雌雄性の出現は、無性生殖・有性生殖という違いはあれ、ともに「細胞間での協調的機能の獲得・分化」という大きな進化的生物学的問題として共通にとらえうるだろう。ボルボックス系列緑藻は、その多様性から無性・有性生殖過程の進化の「モデル系統群」といえる。無性生殖では細胞数にして単細胞から5,000細胞以上の群体が見られ、一部では生殖細胞と非生殖細胞（体細胞）の分化もある。有性生殖では同型配偶・異型配偶・卵生殖が見られる。ゲノムの公開されているクラミドモナスやボルボックスでは、無性または有性生殖にかかわる遺伝子が複数報告されており、トランスクリプトーム解析が進められてきた。系統内の非モデル生物でも国際コンソーシアムが立ち上がり *de novo* ゲノム配列が産生されつつあり、細胞周期関連遺伝子の重複・多様化や分子進化が見られる。またこれまでにクラミドモナスとボルボックスで、トランスクリプトーム解析を通じた遺伝子制御ネットワークの探索も進んでいる。これらの取り組みと知見をベースに、本発表では多細胞性と雌雄性の獲得をもたらした分子基盤の可能性を議論する。

S4-3

貝殻形成メカニズムから探る貝殻の起源

○清水啓介

海洋研究開発機構海洋生命理工学研究開発センター

カンブリア紀（5億4500万年～4億9000万年前）の化石を調べると現生のほぼすべての分類群の祖先を見つけることができる。特に石灰化した外骨格は化石として残りやすく、その獲得時期の推定は他の形質に比べて比較的容易である。分子系統解析と化石記録の知見を組み合わせることで外骨格の獲得がそれぞれの系統で独立に起こったと考えられている。また、貝類やウニ、サンゴなどの無脊椎動物の外骨格に含まれる基質タンパク質の同定と分類群間での比較から、その大部分が分類群で特有のタンパク質であることが近年明らかとなった。しかしその一方で、基質タンパク質の上流で機能し、骨格形成の場や分泌細胞の分化に重要と考えられる転写因子やシグナル分子は分類群を越えて共通性がみられる。本講演では軟体動物と腕足動物の貝殻形成に着目し、その基質タンパク質の多様性とツールキット遺伝子の発現の共通性について紹介し、新規形質の起源を紐解く上での「発生」の役割について議論したい。

S4-5

EvoDevoを豊かにする大局観：脊椎動物の発生制御遺伝子ファイロームの視点から

○工樂樹洋

理研 CLST 分子配列比較解析ユニット

非モデル生物におけるオミクス解析の可能性が大きく広がったことも相まって、ゲノムワイドな視点とデータ駆動型アプローチを取り入れて、より大局的に形態進化のメカニズムを論じることが可能となったはずである。私は、分子系統学やゲノム情報学の視点から、脊椎動物の発生制御遺伝子のレパートリーの種間比較を行ってきた。その過程で、いわゆる「ツールキット遺伝子」の保存性などのEvoDevoの基礎知識の中に、極度に単純化されて広まってしまったと思わざるを得ない事例をいくつか見出した。たとえば、ショウジョウバエの *eyeless* 遺伝子に対する脊椎動物のオースログとされる *Pax6* 遺伝子には、いわゆる2Rゲノム倍化で重複した *Pax4* および *Pax10* という忘れられた姉妹遺伝子があり、単なる1対1の関係ではない (Feiner et al., 2014 Genome Biol. Evol. 6:1635-)。こういった事例について議論するとともに、自身の研究室で進行中の軟骨魚類板鰓類のゲノム解析について紹介し、一部の生物についての情報の欠如が進化シナリオの再構築にどういった影響を及ぼすのかについても触れる。

S5-1

系外惑星研究の最前線：観測の立場から

○田村元秀^{1,2,3}

¹東京大学大学院理学系研究科、²自然科学研究機構・アストロバイオロジーセンター、³自然科学研究機構・国立天文台

1995年の発見をきっかけに、3000個以上の系外惑星が発見・確認されている。単に発見数が急増しただけでなく、太陽系の惑星とは似ても似つかない新種の惑星の姿も明らかになってきた。系外惑星の発見方法もこの20年で大きな進歩を遂げた。惑星からの光を直接に捉えるのではない、間接観測が最初に成功した。しかし、間接法は惑星からの光を直接検出するわけではなく、検出バイアスがある。いっぽう直接観測では惑星の温度・大気などさまざまな物理的情報を得られるため、究極の観測方法と考えられる。口径8メートルのすばる望遠鏡などでは、いわば第2の木星が撮影できるようになった。

最近では、地球型惑星の観測に関心が高まっている。米国のケプラー衛星は宇宙からの大気揺らぎの無いトランジット観測を実現し、地球型惑星の観測に迫った。また、すばる望遠鏡ではドップラー法を赤外線波長に展開し、軽い恒星のまわりの地球型惑星を検出し、赤色矮星という異環境下での生命の議論にまで至ることが計画されている。

本講演では、これら間接法・直接法の最新の観測と今後の計画を紹介する。

S5-3

宇宙における化学進化

○小林憲正

横浜国大・院工

1950年代以来、生命の起源にいたる化学進化を探るための模擬実験が多数行われてきた。初期の実験では、原始地球大気が強還元型であるという仮定のもとでの実験により、そこでのアミノ酸等の生成が可能とされてきたが、後に新たな原始大気モデルからは有機物生成が限定的である可能性が示された。これに代わって注目されたのが地球外有機物である。隕石や彗星中にアミノ酸前駆体を含む多様な複雑な有機物の存在が確認されており、それらは原始地球に供給されたはずである。それらの起源としては、分子雲、原始太陽系星雲、小天体内などが候補に上がり、それぞれの模擬実験が行われている。本講演ではまず、それらについて紹介する。また、有機物から生命への進化に関して、地球上にはその痕跡はほとんど遺されていない。この無生物と生命を結ぶ化学進化のミッシングリンクに関しても、太陽系天体（火星、エウロパ、タイタン、エンケラドゥスなど）の有機物・生命探査による知見が大いに役立つことが期待できる。本講演では、これらを踏まえて生命の起源までの新たなシナリオと、地球外生命の存在可能性について論じる。

S5-2

火星生命探査

○山岸明彦

東葉大・生命

近年の火星探査結果を反映して、火星における微生物存在の可能性が再検討されている。第一に、40億年前の火星に生命が誕生していたかも知れないという可能性が浮上している。第二に、現在も微生物生存可能環境が保たれている。第三に、Vikingの結果の見直しが進み、Vikingの有機物検出感度は究めて悪く、1g土壤中に10⁷個の細胞が検出できる程度でしかなかった。我々は、火星土壌表面数cmに今も細胞が生存している可能性が十分あると予測し、現存する細胞を検出する装置の開発を進めている。装置は採集した土壌標品を蛍光色素で染色して、顕微鏡観察、画像解析の後、地球に転送する。我々は、火星での生物が地球型の細胞でない場合でも検出できるシステムとして開発を行っている。火星での生命探査の意義と装置開発の現状を報告する。

S5-4

Galactic habitable zone —銀河進化研究の観点から—

○馬場淳一

愛媛大学宇宙進化研究センター

近年、系外惑星や星間分子の天文観測や有機物合成実験、惑星系形成理論などの様々な取り組みにより、銀河系生物学の機運が急速に高まりつつある現状にある。それに伴い、「銀河系生命居住可能領域 (Galactic Habitable Zone; GHZ)」という概念も提唱されるようになった (Gonzalez et al. 2001)。このGHZでは、動径方向の物質混合のない軸対称な銀河の化学進化モデルに基づき、銀河の内側は超新星爆発の影響により生命環境に適さず、外側は化学進化（重元素汚染）が十分に進んでおらず地球型惑星が形成されていないとしている (Lineweaver et al. 2004)。本講演では、近年の天の川銀河の大規模観測や大規模銀河形成シミュレーションから明らかになりつつある、天の川銀河の形成過程や化学動力学進化、及び物質循環に関するレビューを行い、GHZの議論を行う。

S5-5

知的生命とSETI

○鳴沢真也

兵庫県立大学・天文科学センター(西はりま天文台)

地球外知的生命探査 (SETI) の概要について述べる。SETI の原理、歴史、手法 (主に電波と可視光域) などについて説明する。知的生命への進化と発見の可能性についても議論したい。

S5-6

アストロバイオロジーのフレームワーク

○戎崎俊一¹、丸山茂徳^{2,3}¹理化学研究所、²東京工業大学、³国際科学振興財団

大陸 (固体)、海洋 (液体)、大気 (気体) の三要素「Habitable Trinity」が共存し、その間を物質が定常的に循環することが、生命誕生の条件であるとする Habitable Trinity 仮説 [1] のもとに、アストロバイオロジーのフレームワークを構築する。生命を育む Habitable Trinity 条件は、

H1: 適切な量の水がある

H2: 適切な量の大気がある

H3: 大陸が存在し、P、K、遷移金属元素を供給する

H4: 物質を恒常的に循環させるエネルギー源が存在する

の4つの条件に分解できることが分かった。それを成立させる生命惑星の誕生には、

P: 惑星に関する7つの条件

S: 中心星に関する1つの条件

G: ガス惑星に関する2つの条件

の合計10個の条件の成立が必要である。これらは最終的には、その惑星系を生むことになる母星雲の質量、角運動量、磁気フラックス、電離率、そして化学組成などに関する条件に集約できる可能性がある。これを惑星形成論の立場から議論する [2]。

[1] Dohm, J.M. and Maruyama S. 2015, *Geoscience Frontiers*, 6, 95-101.

[2] Imaeda, Y. and Ebisuzaki, T. 2016, *Geoscience Frontiers*, in press.

S6-1

地球史における植物の進化

○丸山茂徳

東工大・地球生命研究所

Cambrian Explosionといわれる約5億4200万年前に始まった生物の爆発的進化によって、地球上には多種多様な大型生物が現れ始めた。このような古生代の動物進化に先行して、植物はすでに陸上に進出し、そのことによって動物も進化を遂げた。植物の出現した時期を、近年急速に進んだ化石証拠に基づいてまとめると、シアノバクテリアは、先カンブリア時代から湖沼や河川に沿って棲息していたことがわかっている。その後、原生代後期のエディアカラ紀ごろまでに多細胞植物である藻類が誕生した。そして、そこからコケ植物、地衣類が分化し、陸上に出現した。シダ植物の最初の出現はシルル紀が確実だが、小動物の陸上への出現時期の解明によってカンブリア紀に遡ると推測されている。

地質学的に見ると、古生代は、広大な陸地が初めて地球上に出現した時代で、大陸分裂と移動を繰り返した。大陸の裂け目では、放射性元素に富むマグマによって新種が誕生 (茎進化) し、分裂した大陸が移動すると、それぞれの種は環境に適応しながら進化した。大陸衝突によって様々な動植物が交雑すると、一気に新種が誕生 (冠進化) し、動植物はさらに繁栄していったと考えられる。

S6-2

一次共生、二次共生に伴う藻類の細胞進化

○石田健一郎¹、塚越智夏²、中村篤史²、野村真未²、萩野恭子³、中山卓郎^{1,4}¹筑波大・生命環境、²筑波大・院生命環境、³高知大・理地球、⁴筑波大・計算セ

光合成真核細胞は、細胞内共生による葉緑体の獲得によって形成された。この葉緑体獲得に伴う細胞進化を理解することが、植物細胞の初期進化を知る上で重要である。陸上植物や緑藻類、紅藻類、灰色藻類の細胞は、1つのシアノバクテリアを共生者とする、一次共生によって葉緑体を獲得した祖先植物細胞から進化したと考えられる。他の光合成真核生物 (不等毛藻類、ハプト藻類、クロララクニオン藻類など) は、紅藻類や緑藻類を共生者とする二次共生によって葉緑体を獲得した。つまり葉緑体は、もとを辿れば一度の一次共生に由来するのである。しかし近年、シアノバクテリアを共生者とする一次共生由来オルガネラは“葉緑体”だけではなくさそうだということがわかってきた。本講演では、そのような“オルガネラ?”をもつ生物であるポーリネラ (*Paulinella chromatophora*)、ロパロディア科珪藻、ハプト藻 *Chrysochromulina parkeae/Braarudosphaera bigelowii* に関する最近の研究を概観したい。これらの生物は、今ではわからない一次共生の初期進化を代表する存在として重要な知見を提供してくれる可能性がある。

S6-3

地球誌の中でのシアノバクテリアと一次植物の光合成色素と光合成の進化

○田中歩

北大・低温研

光合成は膨大な酸素と化学エネルギーを供給する唯一の仕組みであり、その誕生と進化は地球環境の形成と生物の進化を支えてきた。これらの歴史のなかで、特に重要な出来事は光合成に伴い酸素を発生するシアノバクテリアの誕生である。その後、シアノバクテリアは多くのグループに多様化し地球上の様々な場所で生育するとともに、一次共生を通じて、緑藻、紅藻、灰色植物などの真核光合成生物を誕生させた。真核光合成生物の中で緑色植物のあるグループが陸上への進出に成功した。このような光合成生物の進化において中心的な役割を担ったのが、クロロフィルやカロテノイド、フィコビルンなどの光合成色素の多様化である。バクテリアクロロフィルからクロロフィルへの転換は酸素発生を可能にし、クロロフィルbの獲得は、深い海での生育を可能にしたと同時に、陸上に上がることも実現させた。本シンポジウムにおいては、光合成生物の進化を概観すると同時に、クロロフィルなどの光合成色素の代謝経路がどのような機構で誕生したのか、また緑藻の多様化と陸上への進出をクロロフィルbの獲得を通じて議論したい。

S6-5

シアノバクテリアから葉緑体へ：共生進化を光環境応答から見る

○田中寛^{1,2}

¹東工大・研究院化生研、²JST-CREST

酸素発生型の光合成プロセスはシアノバクテリアにおいて進化し、細胞共生を経た葉緑体機能として光合成真核生物に引き継がれてきた。光環境変化に満ちた地球上でこの光合成プロセスを維持するため、光合成生物は遺伝子発現を介した様々な光環境応答のメカニズムを進化させている。シアノバクテリアは典型的なバクテリアであり、二成分制御系とシグマ因子がその転写応答の主役である。これに対して、葉緑体では共生後に多くのシアノバクテリア由来遺伝子が核ゲノムに移行し、タンパク質として葉緑体に供給されるような複合遺伝系が構築されている。さらに、新規に進化した因子も付け加えられることで、葉緑体内はバクテリアと真核細胞という二つ制御系がクロスオーバーする不思議な空間に進化してきた。今回の演題では遺伝子発現を介した応答系を中心に、シアノバクテリアから維管束植物に至る進化の流れを概観したい。

S6-4

細胞を構成する脂質の合成系から見た光合成生物の進化

○太田啓之^{1,2,3}、近藤智²、堀孝一¹、佐々木結子¹、大高きぬ香²、下嶋美恵^{1,2}

¹東工大・生命理工院、²東工大・院生命理工、³東工大・地球生命研

細胞の主要構成成分として、脂質は細胞の膜を形成して細胞の区画化と形づくりに関して決定的な役割を持つ。また脂質は、クチクラの構成成分として細胞外にも存在し、細胞膜のさらに外側で細胞の保護などにも役立っている。光合成生物の進化を考えると、特に陸上植物がそのアイデンティティを獲得する過程において、主要構成要素としての脂質成分の獲得が大きな意味を持つ場面が幾つかあったと考えられる。その一つは、光合成膜主要脂質としての糖脂質の獲得、もう一つは植物の陸上化におけるクチクラ脂質の獲得である。本発表では、この2つの主要な細胞構成脂質の合成系の進化に関する我々の研究から、光合成生物の進化について考えてみたい。

S6-6

地球環境の変遷と種子植物の進化

○山田敏弘

金沢大・理工・自然システム

維管束植物の祖先はデボン紀の初頭に出現した。その体は、二分枝する軸状の器官とその先端に付く胞子嚢からできており、根、葉、種皮（種子の大胞子嚢を包む皮）をもたなかった。デボン紀の終わり頃になると、葉や種子をもつ植物が出現する。デボン紀は、堆積物が赤色岩相で特徴づけられることが古くから知られるように、概して温暖で乾燥した時代であった。ところが、デボン紀の終わり頃になると、大気中の二酸化炭素濃度が減少しはじめた。すると、祖先的維管束植物では体表面の気孔密度が増加し、ガス交換効率が上昇した。その結果、軸よりも表面積の大きい器官（＝葉）で太陽エネルギーを受け止めても体温を維持できるようになり、葉が起源したと考えられている。葉は複数の軸状器官が癒合するか、単独の軸状器官が扁平化することで生じた。一方、葉を起源させた責任遺伝子経路は胞子嚢の周囲にあった軸状器官の扁平化を同時に引き起こし、種皮も起源させた。デボン紀の終わり頃には造山運動が活発化し、削られた土砂は広大な低地帯を形成したことが知られている。種子の獲得はこの攪乱環境に進出する上で大いに役立ち、その後の種子植物の繁栄に寄与したかもしれない。

S7-1

古代DNAサンプル・データの特徴と問題点

○森宙史

東工大・院生命理工

過去の生物の遺体からDNAを抽出し、その配列を解析しその生物の系統や遺伝子機能等を解析する古代DNA研究は、新型シーケンサーの普及と種々の解析技術の発展により、この10年ほどで爆発的な勢いで研究が進んでいる。古代DNA研究で得られた配列データは、その生物が現生の生物の直接の祖先の場合や既に絶滅した姉妹群の場合があるため、現生の生物を研究している進化生物学の研究者にとっても、非常に重要なデータになりうる。しかしながら、目的生物のDNAがどの程度サンプル中に保存されているかは、サンプルの状態や見つかった環境等の様々な要因によって大きく変動する。また、通常の場合、目的生物のDNAはごく少量しか残されていないため、サンプリング過程や実験の過程でのヒトやその他の生物由来のDNAのコンタミネーションが、大きな問題になる。さらに、得られた塩基配列データもDNAの断片化や塩基の置換等がしばしば生じている等の理由により、情報解析を行う上で様々な注意が必要になる。本発表では、古代DNAサンプルとデータの特徴及び問題点を演者が解析している実際のデータ等を例に紹介したい。

S7-3

mtDNAゲノム解析によるニホンカワウソの進化史

○佐々木剛¹、和久大介¹、瀬川高弘²、米澤隆弘³、石毛太郎⁴、小川博¹、佐々木浩⁵、安藤元一⁶、甲能直樹⁷¹東農大・農、²山梨大・総合分析、³復旦大・生命、⁴東農大・ゲノムセンター、⁵筑紫女大、⁶ヤマザキ学園、⁷国立科博

ニホンカワウソはかつて沖縄や離島を除く日本全国の水辺に生息していたが2012年環境省により絶滅が宣言された。本種の本州・四国個体群は日本固有種 *Lutra nippon* と分類されたが、国際自然保護連合は独立種であることを認めず、その分類は現在も論争の最中である。本研究は神奈川県産 (JO1) と高知県産 (JO2) 各1個体の博物館標本からミトコンドリアゲノム配列を決定し、近縁種とともに系統関係と分子分岐年代の推定を行った。神奈川県産JO1個体はユーラシアカワウソ単系統群の内群に含まれユーラシアカワウソと同種であることが示された。一方、高知県産JO2個体はユーラシアカワウソ単系統群とは異なる独立した系統として示され、日本固有の亜種もしくは種として分類することが妥当と考えられた。さらにJO2系統の分子分岐年代を推定したところ、約127万年前に分岐したことが示された。この時期は前期更新世に相当し、日本列島と大陸は陸橋で地続きになっていたことが地質学的にも示唆されている。これによりJO2の系統は前期更新世に陸橋を渡って日本列島に侵入し、その後日本で独自の進化を遂げた系統の子孫と考えられる。

S7-2

形態と遺伝子から見えてくるニホンオオカミの正体とは？

○石黒直隆

岐阜大・応生・獣医

ニホンオオカミは、明治38年に奈良県東吉野村鷲家口で捕獲されたのが最後とされている。明治中期ごろまで、北海道にはエゾオオカミが、本州、四国、九州にはニホンオオカミが生息していたが、今では絶滅しており、博物館等で剥製や骨を見るのみである。残されている資料から推測されるニホンオオカミは、大陸のハイイロオオカミに比べて小さく、特有な形質を有するオオカミであることが推測される。その一方で、形態が小さいこともあり、以前より日本在来犬との区別が課題となっていた。ニホンオオカミの頭骨の特徴として、①額段が浅い、②外矢状稜が発達しているなどが挙げられているが、最終的には、DNA分析に頼らざるをえない。私どもは、四国のニホンオオカミの骨のミトコンドリアDNA分析を行って以来、これまでに14検体を分析した。また、最近、ニホンオオカミ集団は、8塩基の欠失・挿入により2群に分かれることを報告した。その後、ミトコンドリアDNAゲノム解析からニホンオオカミの系統解析を行った。本シンポジウムでは、形態と遺伝子の両面から絶滅したニホンオオカミの正体を説明したい。

S7-4

絶滅古顎類のゲノム系統学と形態が解き明かす走鳥類の起源と進化

○呉佳斎¹、瀬川高弘^{2,3}、森宙史⁴、Eske Willerslev⁵、長谷川政美^{6,7}、米澤隆弘^{6,7}¹東京大・院農学生命、²山梨大・総合研究部、³極地研、⁴東工大・院生命理工、⁵コペンハーゲン大・地質遺伝研、⁶復旦大・生命科学、⁷統数研

古顎類は、新顎類とともに現生鳥綱を形成し、飛翔能力を持つシギダチョウ類と飛翔能力を失った走鳥類から構成される。現生古顎類はすべて南半球に分布するため古顎類は一般的に Gondwana 大陸起源と考えられている。しかしながら古顎類の初期の化石 (暁新世～始新世) の大部分は北半球から産すること、これらの初期の化石種は多くの祖先形質を持つことから、Gondwana 大陸起源説には疑問もある。古顎類の起源と進化を巡る問題の難しさは、分岐年代推定の不安定性と形態レベルでの著しい収斂進化に由来していると思われる。我々は本研究で絶滅した象鳥 (エビオルニス科) 2種の核ゲノム配列を決定し、このデータから極めて安定性の高い分岐年代を推定することが出来た。また分子系統樹に基づき、古顎類の形態形質から収斂進化を起こしやすい形態形質を同定し、それらの形質を除外後、化石種も含めたうえで系統樹推定を行った。従来までの定説と異なり、北半球から産する化石種はすべて古顎類の基底タクサとして位置づけられた。我々はこの系統樹と安定性の高い分岐年代推定値をもとに以下のような古顎類の進化のシナリオを構築した。古顎類の祖先は分子進化速度から飛翔能力を持っていたと考えられるが、彼らは白亜紀後期の北半球に起源を持つと思われる。彼らは白亜紀-古第三紀の境界付近で、パナマ海峡を越えて北半球から南半球一度だけ移動し、短期間に種分化を起こしたと考えられる。その後、当時まだ陸続きだった南米・南極・オーストラリア大陸全体に分布域を拡大し、そこから偶発的に海をこえマダガスカルやニュージーランドに渡り、それぞれの地域で走鳥類化したと思われる。

S7-5

古代DNAで初めて描かれるナウマンゾウの進化と放散そして絶滅

○甲能直樹^{1,2}

¹国立科博・地学、²筑波大・院生命環境科学

日本列島には、更新世中期～後期（およそ30～2万年前）にかけて、ナウマンゾウと呼ばれる長鼻類が生息していた。ナウマンゾウは、アジアゾウと共にエレファス属に含まれるとされ、鮮新世（5.3-2.6 Ma）の間にアジアゾウが含まれるエレファス亜属から分岐して、パレオロクソドン亜属の中の日本列島の固有種として進化したと考えられている。一方で、その分岐年代や適応放散に関しては、未だに多くの異なる見解と未解決の問題が山積しており、古代DNAを用いた研究に大きな期待が寄せられている。これまで絶滅した系統群に古代DNAを用いる上で大きな問題となってきたことは、得られるシーケンスの長さもさることながら、利用できる現生種が必ずしも近縁ではないということ、長鼻類の場合も現生種の分岐が深いだけでなく、その外群も海牛類あるいは岩狸類になってしまうことから、より近い内群、すなわち近縁な他の化石種からも同等の情報が得られるか否かが大きな課題であった。近年、NGSを用いることでこうした問題が解決されつつある一事例として、日本列島のナウマンゾウの系統進化と地理的放散、そして絶滅に関する諸課題へのアプローチを紹介する。

S8-2

大腸菌進化実験による進化可能性の構成的理解に向けて

○古澤力^{1,2}

¹理研・QBiC、²東大・院理学

進化過程を構成的に理解する手法として、世代時間が短い微生物の進化実験がある。我々のグループの近年の研究により、同一のストレス環境下で独立に継代された大腸菌系列の間で、ゲノム配列の変化は多様であるにもかかわらず、表現型変化には高い類似性があることが示されている（Suzuki et al., 2014 Nature Comm. 5, 5792 など）。こうした結果は、進化過程に制約と方向性があることを明確に示しているが、それをどのように記述すべきか、またどのようなメカニズムによって出現するかが明らかになったとは言いがたい。本講演では、現在行っている培養ロボットを用いた様々な環境下での大腸菌進化実験の解析などにより、どのように進化過程の制約と方向性が理解され得るか、理論的な背景も含めて議論する。

S8-1

表現型進化の方向性：揺らぎ－応答－安定性理論

○金子邦彦

東大・総合文化研究科

たとえ遺伝子変化がランダムに起こったとしても、表現型の進化しやすさには方向性がある。これまで非遺伝的環境応答や揺らぎと進化の方向性を実験、理論、シミュレーションで明らかにしてきた。まず、進化しやすさが遺伝的变化によらない表現型揺らぎと連関していることを大腸菌進化実験で見出し、それを安定性の理論で定式化、さらに触媒反応ネットや遺伝子制御ネットの進化シミュレーションで確認した。ついで発現量の環境変動に対する変化と遺伝的変異による変化が数千成分にわたって比例していることをこれも3つのアプローチで示した。これらはワディントンがcanalizationそしてgenetic assimilationとして構想していたことの定量化、敷衍化につながる。その理論的定式化、そして進化可能性と制約への意義を議論したい。

S8-3

なぜ動物ボディプラン進化は保守的なのか

Haiyang Hu¹, Song Guo¹, 上坂将弘², 内田唯², 島井光太郎³, Tsai-Ming Lu⁴, Fang Li⁵, 藤本聡子⁶, 石川雅人⁹, Shiping Liu³, 笹川洋平⁷, Guojie Zhang^{5,8}, 倉谷滋⁶, Jr-Kai Yu⁴, 日下部岳広³, Philipp Khaitovich¹, ○入江直樹²; EXPANDE Consortium

¹中国中央研究院・MaxPlanckパートナーシップ研究所、²東大・院理・生物科学専攻、³甲南大・理工、⁴台湾中央研究院、⁵BGI、⁶理研・CDB、⁷理研・情報基盤、⁸コペンハーゲン大・生物学部、⁹東大・教養学部

カンブリア爆発以降、動物のボディプラン進化は非常に保守的だったが、その理由は明らかではない。近年の研究により、ボディプラン成立に相当する器官形成期の分子発生システムが保存されているらしいことはみえてきた（発生砂時計モデル）。しかし、なぜ器官形成期が保存されているかについてはいまだ明らかではない。

これまで、この器官形成期の保存のメカニズムとして、当該発生システムの脆弱性（容易に致死に至る）が原因であるとする説が有力視されてきた。今回、その仮説の検証を実験的に行い、否定的な結果を得たことを報告する。また、脊索動物8種の初期胚から後期胚を用いて器官形成期の分子発生プログラムをRNAseqにより同定、その性質を詳しく調べたところ、器官形成期の保存がもたらされる別の可能性が浮上した。環境要因等、他の可能性を排除するものではないが、発生システムの性質そのものがボディプラン進化に制約を与えている可能性について報告するとともに、進化可能性にまつわる問題と本研究結果について、広く議論したい。

S8-4

陸上植物の進化可能性と制約

○長谷部光泰

基礎生物学研究所

陸上植物は後生動物と異なり生涯を通じて幹細胞が器官を形成し続ける。異なった種類の幹細胞は、同じゲノムを持ちながらも、異なったボディプランを生み出し、異なった体制を築く。特定の幹細胞は別な幹細胞にならないような抑制機構を持っており、その機構は個々の体制のモジュラリティーを強化する機構でもあり、その結果、進化可能性の増大へと繋がると考えられる。どのような分子機構によって異なった幹細胞を作り、それがどのように進化してきたのかを議論する。

陸上植物も後生動物と同じように形態進化に制約があるが、時に、新奇形質が進化する場合もある。どうして制約が生じ、どうやって制約を破れるのかを葉の進化を例に考えてみたい。

S8-5

昆虫—微生物共生可能性の探索と分子基盤の解明

○深津武馬^{1,2,3}¹産総研・生物プロセス、²東大院理・生物科学、³筑波大院・生命環境

従来の共生研究はすでに高度に確立された共生関係を対象としてきたが、我々の近年の研究により、環境中には特定の宿主生物（例えば半翅目昆虫のカメムシ類など）に潜在的な共生能力を有する自由生活性細菌が普遍的に存在することがわかってきた（Hosokawa et al., 2016 Nature Microbiol 1, 15011）。このような「潜在的共生細菌 potential symbionts」の全貌を把握するとともに、既知の「必須共生細菌 obligate symbionts」や「任意共生細菌 facultative symbionts」と比較解析することにより、共生進化の条件や可能性、さらには共生進化を促進する要因や制約拘束する機構をさぐり、共生進化ダイナミクスの本質的な理解を目指そうという試みおよび展望について議論する。

S8-6

脊椎動物の比較形態学と進化発生学

○倉谷滋

理化学研究所倉谷形態進化研究室

脊椎動物の頭部は認識論として生まれた形態学の黎明より数々の問題を提示し、分節性、相同性、ボディプランなどの概念や、比較発生学の誕生を促した。さらに頭部研究は、Hox コードや、位置的特異化に関わる多くの遺伝子の発現と機能の解明により、進化発生学の誕生へと至った。このような研究発展の図式は、西洋に起源をもつ形而上学とともにあり、その顕著な現れを反復説や胚葉説に見ることができる。しかし、抜本的な形態変化を伴う新規パターンの獲得は、本来祖先的動物のボディプランに存在していた規則性を打ち破ることがあり、多くの実験発生学や解剖学的検索は、例外的ルールの誕生や、それによる体性の複雑化を知らず知らずのうちに記述してきた。ここでは、進化に見る形態の規則の破棄と、それを扱う方法論について展望する。

S9-1

L-formと必須パスウェイから細胞増殖に必要な代謝経路を再考する

○大島拓

奈良先端大・バイオ

近年、枯草菌や大腸菌などの様々な細菌で、L-formと呼ばれる細胞壁を必要としない細胞増殖形態の分子生物学的解析が進み、細菌細胞が細胞壁を持たずにどのように分裂し、増殖するかが明らかになってきた。興味深いことに、L-formは、合成したリン脂質が増えるにつれて、細胞形態が不安定化し、“自然”に細胞分裂が起こる。その際、通常の細胞分裂装置は必要とされない。加えて、L-formの細胞増殖は、酸化ストレスにより阻害されるため、その増殖は、嫌気条件でより安定である。これらの特徴から、L-formの増殖形態は、原始細胞の増殖モデルになるのではないかと期待されている。本シンポジウムでは、これまで明らかにされてきた通常の細菌細胞の増殖に必須な遺伝子を、L-formの増殖形態等を元に再検討し、原始的な細胞分裂に最低限必要な細胞機能について議論したい。

S9-2

絶対嫌気性微生物のC1代謝から読み解く微生物初期進化

○鎌形洋一

産業技術総合研究所

現存の微生物は長い進化の果ての生命体であり、初期生命体の面影を残しているものはもはや存在していない、と考えるのが自然である。それでもなお、現存の洗練された様々な微生物の代謝様式から、過去の何らかの手がかりが得られないかを多くの進化学者・生物学者が模索し続けている。こうした中、我々はC1代謝の最も有名なWood-Ljungdahl pathway (= acetyl-CoA pathway) を一つの材料として解析している。WL pathwayは二分子のCO₂を還元力によって縮合しacetyl-CoAを生成する経路である。還元力の給源の多くは水素であることからH₂とCO₂という究極のガス分子からあらゆる生体物質の源であるacetyl-CoAを作る経路であると言える。この経路は逆方向にも進む。WL pathwayはホモ酢酸菌、メタン菌、酢酸酸化菌、硫酸還元菌など多様な微生物が保有している。保有する微生物種、還元的TCA回路との違い、本経路における中間物質、co-factor、金属原子団は生命進化にとって極めて示唆に富むものである。本講演ではこうした点について概観したい。

S9-4

第三の生物アーキアの特異な代謝様式

○跡見晴幸^{1,2}

¹京大・院工・合成・生化、²JST, CREST

アーキアは系統学的に真核生物や細菌とは異なる第3の生物ドメインを構成し、メタン生成・イソプレノイド型膜脂質など特徴的な代謝機能・生体分子を数多く有する。我々は超好熱性アーキアの1種*Thermococcus kodakarensis*に焦点を当て、本菌ゲノム上に存在する機能未知遺伝子の機能同定を通じてアーキアの様々な生命機能（エネルギー代謝・生合成・転写制御等）のメカニズム解明を目指している。代謝解析のストラテジーの1つとして、我々はゲノム情報から推定される酵素・代謝経路の有無と*T. kodakarensis*の実際の形質・代謝特性との違いに着目して、新しい代謝酵素・経路の探索を進めている。いままでに解糖・糖新生・ペントース合成・核酸分解・アミノ酸代謝・補酵素合成について検討し、構造的に新規な酵素、新しい活性を示す酵素、新規代謝経路を同定してきた。ここではアーキアの特徴的な代謝機構の一部を紹介し、代謝経路の進化について考察したい。

S9-3

ゲノムから見た初期生命に近いバクテリアの代謝機能

○高見英人

海洋機構・資源

初期生命誕生の可能性の高い場所の一つとして、深海などの熱水環境が有力と考えられ、初期生命は好熱菌であったとする説が普遍的ではないにしろ、一般的に受け入れられている。実際、16S rRNA遺伝子に基づく進化系統樹において、原核生物の共通祖先系に近いバクテリアの多くは好熱菌である。一方、原核生物の共通祖先はアセチルCoAパスウェイをエネルギー獲得と細胞を構成する炭素固定の基本代謝パスウェイとして用い、これを経由した酢酸生成によるエネルギー獲得系がバクテリア、メタン生成による系がアーキアへ進化したという説が初期生命進化のシナリオとして提唱されている。我々は、これまで未知であったアセチルCoAパスウェイを有する共通祖先系に近い好熱性バクテリア（*Ca. Acetothermus autotrophicum*）のゲノムを地下鉱山の熱水環境に繁茂する微生物マットからメタゲノム的手法を用いて概ね再構築し、情報学的な解析からその生き様を推測した。本シンポジウムでは、本菌のゲノムから見える生理代謝・機能ポテンシャルから初期生命の姿を議論したい。

S9-5

Hfq結合型small RNAの機能構造の解析

○森田鉄兵

鈴鹿医療科学大・薬

small RNA（以下；sRNA）は、標的にするmRNAと部分的に塩基対を形成することによりmRNAを制御する。大腸菌においては、RNAシャペロン活性を有するHfqの作用により、sRNA、及び標的mRNA間の塩基対形成が促進される。標的mRNAを抑制するsRNAの多くは、翻訳開始領域と塩基対を形成することにより標的mRNAの翻訳を阻害する。また、Hfqとの結合により標的mRNAにリクルートされるRNase Eにより、sRNAにより標的化されたmRNAは速やかに分解される。近年の研究により、sRNA/Hfq、及びmRNA/Hfqの結合様式が示され、sRNA制御の根幹を為すHfqによるsRNA/mRNA間の塩基対形成促進の作用メカニズムが明らかになりつつある。今回の発表では、これまでに本研究室で行ってきたsRNAの研究、特にsRNA機能構造の研究に焦点を当て、大腸菌を中心にグラム陰性菌におけるsRNA制御系を紹介する。

テトラピロール色素の生合成系の進化

○塚谷祐介

東工大・地球生命研

植物が持つクロロフィル (Chl) や、光合成細菌が持つバクテリオクロロフィル (BChl) は、生物が光エネルギーを利用して独立栄養的に生育するために必須の色素である。ひとえに Chl や BChl といっても、テトラピロール骨格の構造や側鎖の官能基の違いによって様々な分子種が存在し、それぞれ異なる光波長を吸収する。つまり各種光合成生物は棲息するニッチ・光環境条件によって、それぞれに特徴ある色素分子種を生合成して光エネルギーを利用している。例えば BChl-*b* は、天然に存在する色素分子種の中で最も長波長帯の光 (近赤外光) を吸収できる。初期生命が誕生したころの光環境を考えると、当時は近赤外光が優占したという説や、可視光のみの状態から徐々に長波長の光が地表に到達したという説まで諸説様々である。我々の研究グループはこれまでに BChl 分子種 (BChl-*a* ~ BChl-*g*) の生合成経路とそこで機能する酵素群を明らかとしてきた。本発表では、それらの研究から考察される色素合成系代謝の進化を初期地球環境と絡めながら紹介したい。

W1-1

超学際領域としての進化言語学—企画主旨説明

○藤田耕司

京大・人環

人間言語の起源・進化を対象とする進化言語学は、多数の異分野の協働によってのみ可能となる超学際領域であって、これまでも我々は数回にわたってワークショップを開催してきている。今回は知能ロボティクス、エビジェネティクス、進化人類学、言語発達心理学の各分野で活躍する研究者から最新研究成果とその言語進化研究とのつながりについてうかがい、進化言語学の一層の拡がりや深まりを確認する機会とする。各講演には指定討論者が解説を加えるとともに、全体討論を通じて各分野を結ぶ可能性について検討する。

学際研究の難しさの1つは、背景の異なる研究者間に基本概念や問題設定方法が共有されにくいことであるが、言語進化研究においても、そこでいう言語や進化が何を指し、どのような研究方法が望ましいのかを巡ってこれまで異なる見解の衝突があった。しかし我々は長年に渡る異分野交流の成果として、共通の問題意識を形成するに至っており、それがこのワークショップの基盤ともなっている。その経緯について簡単に述べ、各講演を有機的に結びつけるための手掛かりとしたい。

W1-3

我妻講演の解説と検討：「出来事」としての原意味と構造化された言語的意味の関係

○橋本敬

JAIST・知識

我妻講演では、全体性、自他分離、身体性や感情を含む文脈依存性・時間性に基づく意味が、海馬におけるエピソード記録からいかにして構成されるかが紹介されるだろう。一方、意味と音を媒介する統語のような計算システムの存在が人間言語の特徴と考えると、この計算システムの作動は「出来事」のエピソード記録から生じる意味（ここではこれを原意味と称する）を言語的に構造化された概念（言語的意味と呼ぶ）システムへと変換することになるだろう。この原意味から、音と意味を媒介する計算システムがいかに生じたか、そして、原意味あるいは言語的意味に対応する発話や思考などの言語使用を通じて、計算システムが原意味の構成にどのような影響を与えたかということが、言語起源・進化、すなわち、言語の生物進化と文化進化、および、その間の相互作用に関する一つの問題である。本講演ではこのような観点から我妻講演を論じることを通じて、言語の起源・進化に関する問題提起を行う。

W1-2

身体性と言語創発の関係について—海馬エピソード記録における分節化からの検討

○我妻広明

九工大・院生命体

海馬のエピソード記憶記録の不思議は、「私」という一人称が記録する行為における、生の体験から「出来事」という単位に切り出し意味付けをする機能である。「出来事」という単位は、均一な時間粒度の問題には還元できず、常に何を目的とした行動であったか、「私」と「誰」が会ったか、どのような喜怒哀楽を得たか、という全体性、自他分離、自己の感情を含む文脈依存であるという観点から、言語記述における重要な課題を含んでいるといえる。このような脳の情報処理の問題を、身体性、時間性に注目して探求するアプローチの一つに、脳神経科学の知見や生物から学ぶ力学系記述を用いた脳型ロボット研究がある。脳を複雑系として捉え、時間発展と情報生成装置としての原理記述を明らかにすることは、海馬の神経回路に見られる振動同期現象といった非線形力学の可能性のみならず、「人」の主体性や社会性を、単なる要素分解や機械論に還元しない科学—工学融合研究として成立させる展望がある。

W1-4

発声による脳内遺伝子発現コントロール：行動と進化を結ぶエビジェネティクス

○和多和宏

北大・院理学・生物科学

ヒトの言語や鳴禽類ソングバードがさえずる歌は、生まれもつゲノム情報と生育環境の両方の影響を受け、学習過程を経て獲得される。けれども、その学習過程で、脳内の関係する領野部位において、その神経機能を発達させ、実装する遺伝子群が「いつ」・「どのように」表象されているのか、全貌は明らかにされていない。

ソングバードは世界中に3,500種以上存在し、その各々の歌パターンに種特異性がある。脳内にはソングシステムと呼ばれる囀り学習とその生成に特化した神経回路が同定されており、発声学習に適した学習臨界期が個体発達過程で存在する。種を超えて保存されている神経回路から多様な種特異的な発声パターンがいかにして、学習獲得されるのか。発声学習の神経メカニズムの理解には、遺伝・環境要因のみならず、その個体自身が自ら生成する行動、つまり「行動要因」が重要であると考え、我々の研究室では研究を進めている。本発表では、ソングバードの発声学習感受性期に時期特異的、かつ脳部位特異的にみられる発声行動依存的なエビジェネティクス制御と種特異的学習行動発達との関わりに関して、我々の研究室で得てきた知見を紹介する。

W1-5

和多講演の解説と検討：エピジェネティクスと進化を結ぶボールドウィン効果

○岡ノ谷一夫

東京大・院総合文化

和多講演では、自己の行動を含む環境とゲノムとの相互作用としてのエピジェネティクスについて、鳴禽類の歌学習の実証的データにより紹介されるであろう。鳴禽類の発声学習とヒトの言語獲得は、発達過程の類似性と関連する脳神経系の類似性から、相互にモデルシステムとして働く可能性が高い。もし和多が鳴禽類の発声学習で得た知見と類似した過程がヒトの言語獲得時にも生起しているとすれば、言語を司る形質の急激な進化について、分子遺伝学的な説明が可能になる。和多が説明するのは、ゲノム→行動→エピジェネティクス→遺伝子発現→行動変容の道筋だが、これを進化に適応するためには、行動からゲノムの変異に至る道筋が必要である。本討論では、発声学習システムにエピジェネティクスの起こりやすさを調整する遺伝子があると仮定し、これがボールドウィン効果によりゲノムに固定される道筋があり得るのではないかという仮説を検討する。

W1-7

井原講演の解説と検討：先史の象徴思考と言語能力の進化

○内田亮子

早稲田大・国際教養

井原講演では、言語能力の進化について先史人類学的な研究の最近の知見が紹介される。従来的人类学および考古学では、言語能力を示唆する過去の証拠として、さまざまな人工物の「象徴性」が曖昧な定義のまま議論されてきた。超学際領域的進化言語学の発展には、言語に関わる主要認知能力の明確な定義と領域間での共有が必要である。本講演では、発達心理学や人工知能など、象徴の創発を探索する分野で注目されるC. Peirceの記号論的シンボルの考え方について、先史時代の象徴思考の検討における有効性を考察する。

W1-6

言語能力進化の歴史的側面

○井原泰雄

東京大・院理学系

現生の動物の中で言語能力をもつのはヒトだけである。およそ700万年の人類進化の歴史において、いつ、どのようにして言語能力が派生したのか、またなぜ人類以外ではこれと類似したことが起こらなかったのかは、依然として謎のままである。昨今の先史人類学的研究により、過去の人類の行動・認知に関する歴史的変遷の解明につながるような新しい知見が、徐々に蓄積している。言語能力の進化を説明するためのモデルは、これらの知見と矛盾しないものであることが求められる。石器製作、化石脳、古代ゲノムなどのキーワードを中心に、最近の知見を紹介する。

W1-8

乳児音声発達と言語進化

○馬塚れい子^{1,2}¹理化学研究所BSI言語発達研究チーム、²Duke University, Department of Psychology & Neuroscience

言語の進化を考える上で、乳児の音声発達はヒトとヒト以外の種の言語の発達比較するのに最適な研究対象である。特に、乳児にとって初期の音声は音声で意味を表現する抽象的な意味での言語ではなく、音声自体の特性が意味を持つものであるという点で、動物やトリの声との共通性があると言える。

本講演では、日本人乳児が日本語の音声を獲得していく過程を調べた実験的研究を紹介しながら乳児の音声発達研究の知見が言語進化にどのような貢献ができるかを議論する。特に、乳児が生後間もなくはどの言語の音声も同じように処理しているのに生後一年ほどの間に母語の音韻体系に特化した知覚をする過程に注目し、対乳児音声の音響解析、乳児の行動実験、脳活動測定実験を言語の進化という枠組みから考える。

W1-9

馬塚講演の解説と検討： 直示につながる音声発達と言語進化への示唆

○小林春美

東京電機大学理工学部

人間のコミュニケーションの特徴として、ostensive（直示的）であることが挙げられる。Ostensive communication は子どもにおいて音声と身体運動によって、語や文に先行して発現する。言語進化においても、音声と身体運動がどのようにostensive communicationを可能とし、語や文の出現につながったのか、発達心理学の知見を援用し明らかとできる可能性がある。馬塚は環境からの入力特に他者による音韻やプロソディーの使用が、乳児の音声知覚発達に与える影響を明らかとしている。言語音声知覚がヒトの種特异的、言語特异的な相互作用を介して方向づけられることを示すと言える。

W2-2

異なる2つの社会を1つのゲノムからどう進化・維持するか：社会性アブラムシの場合

○植松圭吾

産総研・生物プロセス

社会性アブラムシは、春から夏にかけては木本上のゴール（虫こぶ）という閉鎖的環境に生息し、夏から秋にかけてはゴールから移動した草本上でオープンコロニーを形成する。ゴール・オープンコロニーの2つの世代は別種に間隔されるほど形態が異なり、それぞれの世代で独立に進化した兵隊階級の役割も異なるが、単一のゲノムから生じる複数の表現型・社会性がどのように進化し維持されるか、そのメカニズムは分かっていない。演者らは、形態・遺伝子発現の情報から、独立に進化した2種類の兵隊の遺伝的・進化的関連について調べた。まず、外部形態を計測し、分子系統樹上で種間比較を行った結果、2種類の兵隊の形態に相関進化のパターンが検出された。また、RNA-seq解析によって種間で共通する遺伝子を抽出し、発現量の比較を行った結果、2種類の兵隊で発現量が異なる遺伝子は、ランダムに期待されるよりも有意に高い共通性を示したことから、異なる社会で機能する2種類の兵隊の間に遺伝的な相関が存在することが示唆された。以上の結果を踏まえ、アブラムシにおける社会性の進化プロセスについて考察する。

W2-1

シロアリの特殊な防衛物質「ジテルペン」の合成経路の進化

○北條優^{1,5}、重信秀治²、前川清人³、三浦徹⁴、徳田岳⁵

¹台湾国立成功大・生命科学、²基生研・生物機能解析、³富山大院・理工、⁴北海道大院・地球環境、⁵琉球大・熱生研

真社会性昆虫であるシロアリには様々なカーストが存在する。兵隊カーストの攻撃方法は種により多様で、進化的に派生的なシロアリの兵隊では、頭部に「額腺」という攻撃行動に特化した外分泌器官が発達し、そこで合成された特殊なジテルペンを捕食者に対して放出する。構造が複雑なジテルペンを合成できる動物はほとんどおらず、いかにして合成経路が進化してきたのか大変興味深い。そこで日本に生息する様々な系統のシロアリを用いて、兵隊カーストのトランスクリプトーム解析（RNA-seq）を行った。その結果、ジテルペン合成に関わる遺伝子の中でも、ジテルペンの前駆物質であるゲラニルゲラニル二リン酸の合成に関わる遺伝子（GGPP合成酵素）が派生的なグループのみで重複していることが明らかになった。この酵素は生体内での様々な機能にも用いられるが、派生的なグループでは攻撃物質の合成に関連して進化してきたことが示唆された。GGPP合成酵素遺伝子の分子進化解析から、シロアリにおけるジテルペン合成獲得の進化について考察する。

W2-3

社会性膜翅目における嗅覚受容体の進化

○北條賢

神戸大・院・理

社会性昆虫は化学物質を介した個体間コミュニケーションを軸に高度に組織化された社会を形成する。社会性の膜翅目昆虫において、体表面を覆う炭化水素の混合物は巣仲間・繁殖状態・タスク・カーストといった様々な個体情報をコードし、社会組織の構築に重要な役割を担うことが明らかにされてきた。また近年、触角上のメス特異的な化学感覚毛が体表炭化水素の受容に関わることを示されている。しかしながら体表炭化水素の受容にどのような遺伝子が関与し、それらがどのような進化的起源を持つのか、その詳細は不明な点が多い。今回我々はクロオオアリのゲノムから化学受容体遺伝子のアノテーションを行い、480個の化学受容体遺伝子を同定した。触角のトランスクリプトーム解析・分子系統解析の結果、多くの嗅覚受容体遺伝子（ORs）がメス（労働個体）特異的に発現しており、それらは社会性膜翅目で多様化していた。電気生理実験の結果、その一部は体表炭化水素の受容に関わることを示唆された。上記の結果を踏まえて、社会性昆虫における嗅覚受容体の性質とその進化について議論したい。

W2-4

NGS解析で得られたシロアリの兵隊特異的に発現する遺伝子の機能解析

○増岡裕大¹、矢口甫¹、重信秀治²、前川清人¹¹富山大・理工、²基生研

真社会性昆虫であるシロアリにおいて、兵隊は最初に出現した不妊カーストである。そのため、兵隊の獲得は社会性進化において重要イベントであったと考えられる。兵隊分化には、幼若ホルモン (JH) が中枢因子として働くことが知られており、職蟻へのJH処理は兵隊への分化を誘導する。一方で、兵隊分化に関わるJHの下流経路は不明であり、進化的な考察は進んでいない。そのためには、カーストを持たない近縁種との比較解析が有効になる。そこでまず、近縁のゴキブリ類の若虫に対するJH処理実験を行った。その結果、シロアリの姉妹群であるキゴキブリ (*Cryptocercus punctulatus*) のみで、加齢脱皮が誘導された。したがって、シロアリにおける兵隊の進化には、JHへの応答性の変化が重要であることが示唆された。次に、シロアリで兵隊分化を可能にするJHの下流経路に迫るため、ゲノム配列が解読済みの祖先的な種 (ネバダオオシロアリ: *Zootermopsis nevadensis*) において、JHシグナル経路遺伝子の機能解析を行い、さらに次世代シーケンサー (NGS) を用いて兵隊分化時に特異的に発現する遺伝子の探索を試みた。

W2-6

真社会性の中に組み込まれた単独性種の生理機構

○佐々木謙

玉川大・農

真社会性昆虫の行動は一見複雑に見えるが、その行動を構成する要素を分解していくと単独性昆虫で見られる行動の組み合わせであると考えられる。もしそうであれば、複雑な社会行動の発現や制御機構も単独性昆虫が備える行動制御機構の組み合わせや小さな変更で説明できるかもしれない。我々の研究グループでは、行動発現の調節や行動修飾に関わる神経作用性物質、特に生体アミン類に着目し、社会性昆虫の行動や繁殖制御との関係について研究してきた。例えば、多雌創設のアリでは巣の創設期に女王間の協力行動が見られるが、巣の成長に伴って協力行動は消失し、攻撃性が高まる。女王間の協力行動の消失にはオクトパミンが関与するが、オクトパミンは単独性種では同種内の闘争行動を促進することが知られている。また、ミツバチの不妊ワーカーが産卵個体に転換する際にはドーパミンとチラミンが関与するが、単独性種ではドーパミンは卵巣発達や性行動を促進し、チラミンは飛翔活性を抑制することが知られている。このように生体アミンによる社会行動の制御は、単独性種が持つ行動制御機構のいくつかを組み合わせている可能性がある。

W2-5

オオシロアリにおける性特異的な繁殖虫分化制御メカニズム

○小口晃平¹、杉目康広¹、下地博之²、林良信¹、三浦徹¹¹北大・環境科学、²琉大・農学部

真社会性昆虫であるシロアリでは、雌雄の繁殖虫が共存して繁殖を行い、繁殖虫不在時には、ワーカーや幼虫個体から補充生殖虫が分化する。この際には、単に同性による分化の抑制がなくなることだけでなく、異性の繁殖虫が繁殖虫分化を促進すると考えられている (例えば、メス繁殖虫不在時にはオス繁殖虫はメス繁殖虫分化を促進)。シロアリのカースト分化運命は体液中の幼若ホルモン (JH) 濃度により決定されることが知られるが、異性による繁殖虫分化促進の生理機構については未知である。本研究では、オオシロアリ *Hodotermopsis sjostedti* において、オスの補充生殖虫が、擬職蟻 (ワーカー) からメス補充生殖虫の分化をどのように促進するのかを、「①分化までに必要な期間」と「②体液中のJH濃度の変動」について実験・分析を行った。その結果、補充生殖虫がオスのみの場合、①補充生殖虫への分化 (脱皮) までの期間が有意に短縮されることと、②メスワーカーのJH濃度が低くなることが示された。これにより、雌雄間の個体間相互作用が、内分泌因子を介して繁殖虫分化を制御していることが示唆された。

W3-1

耐熱性酵素を用いたin vitro人工代謝経路の構築

○本田孝祐

阪大・院工・生命先端

微生物発酵による有用物質生産の力価向上を目指す上で、代謝工学は極めて強力な研究開発戦略として成熟しつつある。一方、生きた微生物を触媒として用いる発酵生産の動作原理上、微生物の生育・生存と特定の代謝物の増産を両立することは必ずしも容易ではなく、例えば細胞毒性の高い代謝産物の生産などに代謝工学を適用することは難しい。この問題を解決するため、演者らは好熱菌に由来する耐熱性酵素をin vitroで組み合わせ、有用物質生産に特化した人工代謝経路を試験管内で再構成する技術 (in vitro代謝工学) の開発と高度化を進めている。In vitro代謝工学では、様々な (超) 好熱菌細菌やアーキアより得られた補酵素要求性や被阻害特性の異なる耐熱性酵素をモジュールとする。これらを合理的に組み合わせることで、補酵素収支がバランス化された経路やフィードバック阻害を回避した人工代謝経路を構築することが可能となる。本講演では、演者らがこれまでに構築した人工代謝経路の具体例を示すとともに、in vitro代謝工学の実用可能性を高めるために開発してきた各種の要素技術について解説する。

W3-2

ゲノム複製サイクル試験管内再構成系における変異誘発と分子進化

○末次正幸、徳永翼、高田啓、辻本寛子

立教大・理・生命理

ゲノム情報の複製は生命が増殖し継承されていく上で重要なイベントであり、正確に行われなければならない。一方で、生命が持つDNAの複製システムは必ずしも完璧ではなく、ごくわずかであるが一定の頻度で複製エラーを引き起こす。複製エラーによって生じる遺伝情報の多様性は、環境に応じた淘汰をへて、進化の要因となりうる。我々は、大腸菌の環状ゲノムの複製サイクルを試験管内に再現した複製サイクル再構成系の構築を進めている。この反応系では、等温で複製サイクルが何度も繰り返し、複製開始点*oriC*を持つ環状DNAが指数的に増殖される。複製サイクル再構成系は複製正確性が高いという特徴を持つ一方で、人為的に複製エラーを誘発することも可能である。増殖中に生じる複製エラーによって、多様な塩基配列を有する環状DNAの変異種が生じる。その中で、増殖に有利な配列を獲得した分子種があれば、これは増幅反応液中でより優先的に繁殖してくる可能性がある。本ワークショップでは、このような複製サイクル再構成系を利用した環状DNA分子の進化実験について紹介させていただきたい。

W3-4

バクテリアリボソームの試験管内再構成

○網蔵和晃¹、田丸大知¹、青山遼¹、清水義宏²、上田卓也¹

¹東大・新領域、²理研・QBiC

生命の進化および起源の追究には、地球生命が普遍的に有する分子およびシステムについての理解をより深めることが重要であるだろう。そこで本研究では、生命が普遍的に有している翻訳系に着目した。生命が普遍的に有する翻訳系は、セントラルドグマを構成する転写や複製といった他の系と比較すると構成因子が多く複雑である。中でも、翻訳系において中心的な役割を担っているリボソームは、その立体構造こそ解明されたが、その形成過程および機能については不明瞭な部分が多く、生命の起源および進化の洞察にはその全容をより仔細に明らかにする必要があるだろう。

本研究発表では、個々に精製したrecombinantなりボソームタンパク質と生合成因子群をin vitroで混合することで、ポリペプチド合成活性を有する30Sサブユニットを生理的条件下で再構成することに成功したことを報告する。また、我々が開発した試験管内再構成系が、リボソーム研究さらには生命の起源および進化の研究にとって有用なツールとなるであろうことについて本発表で議論したい。

W3-3

タンパク質合成の再構成

○清水義宏

理研・QBiC

私たち生命は有機物および無機物から構成されている。これら非生命的な分子群から生命がどのようにして生まれるのかを探るためには、生命の基本単位である細胞を、なるべくそれに似せた形で構築し、その挙動や、構成原理などを観察していくのが効果的であると考えられる。特に、セントラルドグマに記述されるプロセスは、開始点であるDNAの情報が自己複製や進化と密接な関わりを持ち、また、最終産物であるタンパク質が多様な生命活動の基盤として活躍することから、細胞や細胞機能の再構築において、非常に重要な役割を果たす。本講演では、セントラルドグマの最終プロセスである、リボソームによるタンパク質合成に焦点を当て、それらの再構成や、それによって生じる様々な技術的付加価値について紹介する。

W3-5

近代的なバクテリアを原始細胞に戻す

○川合良和、Romain Mercier、Jeff Errington

Centre for Bacteria Cell Biology, Newcastle Univ.

バクテリアはペプチドグリカン細胞壁に覆われている。細胞壁の合成を担う分子装置はバクテリアの形態形成および分裂・増殖に必要不可欠であり、それはバクテリアの共通祖先でも同様であったと考えられる。一方、バクテリアが細胞壁を獲得する以前の細胞、すなわち30億年以上前の原始的な細胞は、高度で複雑な分子機構を必要としない、より単純な方法で分裂・増殖していたと思われる。興味深いことに、バクテリアは特定の条件下において、細胞壁を失ってもL-formと呼ばれる状態に変化することで、再び増殖可能になることが知られている。このL-formの増殖は、細胞壁を必要としないことと一致して、通常バクテリアの増殖に必須である細胞壁合成と分裂に必要な分子装置を必要としない。

私たちはL-formにおける細胞分裂の分子メカニズムを明らかにすることを目的に研究を行い、それが膜表面積/細胞体積比の増大のみを必要とする、膜の性質に依存した物理的な現象であることを明らかにした。現在を生きる私たちは原始細胞が近代的なバクテリアへと進化した過程をみることはできないが、L-formはその謎を知るためのモデル生物になるかもしれない。

W3-6

脂質合成代謝をもった人工細胞の構築

○車兪澈

東工大・地球生命研究所

初期地球環境における生命誕生のプロセスとその進化過程を理解するため、細胞機能を人工的に再構築し、生命現象を再現することは重要である。中でも、自己複製こそが最も生命らしい特徴であり、また人工系での再現が難しい最難関の課題である。最小限の代謝とそれを保証する遺伝子セットを、リン脂質からなる膜小胞内部で駆動させることで、ミニマルセルと呼ばれる細胞が構築できる。このミニマルセルに自己複製能を実装するためにはどうすればいいのか。そのためには、モデル細胞外殻である脂質膜小胞の内部で、脂質分子を生産しなければならない。脂質合成はまず油の部分である脂肪酸を合成し、その後より安定な膜の形成が可能ナリン脂質へと構造が変化される。これら代謝反応に必須な酵素を全て精製し、膜内で再構築することで自己複製現象を人工的に再現することを試みる。そしてこのような構成的アプローチから、原始生物が形成された過程をイメージし、どのような地球表層環境で生命が誕生したのかを説明するストーリーを構築していきたい。

W4-1

Rebaseに見る真核転移因子の多様性

○小島健司^{1,2,3,4}¹米国Genetic Information Research Institute、²東大・院新領域、³国際科学振興財団、⁴東大・医科研

我々のグループは1992年にヒトの反復配列データベースRebase (<http://www.girinst.org/repbase/>) をスタートし、現在では様々な真核生物から得られた4000を超える反復配列の情報を公開している。真核生物の反復配列の多くは転移因子に由来するため、Rebaseは現時点で最も網羅的な真核生物の転移因子のデータベースでもある。真核転移因子はレトロトランスポゾンとDNAトランスポゾンに大別され、更に多数のスーパーファミリー・クレード等と呼ばれるグループに分かれている。近年のゲノム研究は新しいグループの発見につながるとともに既存のグループの再融合を促す結果ともなっている。我々の報告してきたHelitron, Polinton, Crypton, Dada, ERV4などを通して、Rebaseから知ることの出来る真核転移因子の多様性の一端を紹介する。

W3-7

人工物の中に細胞を創る

○田端和仁^{1,2,3}、森泉芳樹¹、芦川裕樹¹、渡邊力也¹、野地博行^{1,3}¹東大院・工学系、²JST・さきがけ、³内閣府・ImPACT

近年の生命化学の進歩によって、細胞の機能や構造の理解は大きく進んだが、最も単純な生命の一つであるバクテリアですら、創ることができていない。また、一度壊した細胞を再度再生させることすらできていない。この理由として、一度壊した細胞のタンパク質濃度が10倍以上下がってしまうことと、機能的な細胞膜が失われてしまうことが考えられる。そこで我々はこれらの問題を克服するため、マイクロ加工技術を使った実験方法を考案した。これは、大腸菌と同程度の体積を持つチャンバーに脂質二重膜を再構成し、そこへ大腸菌を融合させるシステムである。融合後のチャンバーでのタンパク質合成活性などを確認し、大腸菌が人工物と融合した状態でも生物としての活性を持つことを示す。本発表ではこれらの報告と共に、人工的な状態の大腸菌が元に戻れるかも検証し報告する。

W4-2

転移因子SINEが持つ起源の古い共通配列の進化的意義を探る

○西原秀典

東工大・生命理工

転移因子の中でもSINEは、生物群ごとに異なる種類のSINEファミリーが独立に生じることが知られている。そのため多くのSINEは、一部の構造的特徴は共通しているものの、その配列は基本的に種類ごとに大きく異なっている。ただし例外としてSINE superfamilyと呼ばれるグループでは、異なる種類のSINEであるにもかかわらず中央領域に類似した配列を共有する。しかしその類似配列が持つ役割については、例えばSINEの転写促進、SINE RNAの安定性、宿主に対する有益な機能を持つなど様々な可能性が提唱されているものの、まったく明らかにされていない。そこで本発表では、現在知られている4種類のSINE superfamilyの特徴を概観し、SINEが類似配列を共有することにどのような進化的意義があるのかについて広く議論したい。特に最近、転移因子の一部が発現調節配列として宿主細胞において重要な役割を担うことが報告されてきている。この知見を踏まえ、SINE superfamilyの共有配列にも何らかの共通因子が結合できる可能性についても考察したい。

W4-3

レトロン ～細菌のレトロエレメントの構造と機能～

○島本 整

広島大・院生物圏科学・食品衛生

細菌が保有する逆転写酵素には複数の種類があるが、中でもレトロン型の逆転写酵素は multicopy single-stranded DNA (msDNA) と呼ばれる RNA-DNA 複合体の合成を行う酵素として知られている。また、細菌ゲノム上で msDNA 合成に必要な領域は msDNA の RNA と DNA をコードする *msr-msd* と逆転写酵素遺伝子 (*ret*) がオペロンを形成しており、レトロンと呼ばれる一種のレトロエレメントであると考えられてきた。レトロン型の逆転写酵素は、msDNA の RNA と DNA の間の 2', 5'-phosphodiester 結合の形成を行う特徴的な酵素である。

これまで、レトロンの機能については明らかになっていなかったが、近年 *Salmonella* Typhimurium のレトロン (retron-St85) が *Salmonella* の病原性に関与している可能性が報告されている。我々は、これまでに *Vibrio cholerae* O1/O139 血清型株 (コレラ菌) のレトロンが病原性と密接な関係にあることを示唆する結果を得ている。本ワークショップでは、レトロンと逆転写酵素の特徴および病原細菌における機能との関係について紹介する。

W4-5

塩基切り出し制限酵素 ～利己的な遺伝子の新たな可能性～

○福世真樹^{1,2,3}、中野敏彰⁴、小島健司¹、Yingbiao Zhang¹、松坂智幸⁴、古田芳一¹、石川健¹、松井 (渡部) 美紀¹、矢野大和¹、濱川剛士⁴、高橋規子¹、井出博⁴、小林一三¹

¹東大院・新領域、²総研大・先端科学、³千葉大院・医、⁴広大院・理

分子生物学で使われる制限酵素は、調べられた限りではすべて DNA のリン酸ジエステル結合を加水分解することによって DNA を切断する。制限酵素は、同じ配列を認識しその塩基にメチル基をつける修飾酵素と対になって制限修飾系を構成し、メチル化された「自己」DNA は切断しない。II 型の制限修飾系は分離後宿主殺しによって宿主細胞に自身の存続を強制する利己的な遺伝子である。これまで私達は、新規基本立体構造 (fold) である half pipe 構造を有する PabI 制限酵素の (R.PabI) スーパーファミリーを発見し (Ishikawa et al. 2005 Nucleic Acids Research; Miyazono, Watanabe et al. 2007 NAR), R.PabI-DNA 共結晶解析から、R.PabI が認識配列中の非メチル塩基を切り出す DNA グリコシラーゼ活性を持つことを報告した (Miyazono et al. 2014 Nature Communications)。今回私たちは、PabI の制限作用の本体がこの塩基切り出し活性であることを発見した (Fukuyo, Nakano et al. 2015 NAR)。さらに、中温菌からのホモログを大腸菌で発現・精製し、このファミリーの制限作用は、この酵素自身のもつ AP リアーゼ活性、あるいはホストの持つ AP エンドヌクレアーゼ活性によって促進されることを示した (Zhang et al. 投稿準備中)。

PabI ファミリーについて分子進化系統解析を行った結果、Campylobacter 属に長期存続してきたこと、動く遺伝子として振舞うことがわかった。ピロリ菌の PabI ホモログの分布が人間の移動と対応することが分かった (Kojima et al. 2015 BMC Genomics)、本発表ではさらに、この塩基切り出し型制限酵素の発見を踏まえて、制限修飾系という概念の一般化について考察する。

W4-4

プラスミド宿主域の情報学的予測

○鈴木治夫¹、矢野大和²、曾田匡洋³、Celeste Brown³、Eva Top³

¹慶應義塾大学 先端生命科学研究、²筑波大学 生命環境系、³Department of Biological Sciences, University of Idaho

細菌間を移動する染色体外 DNA、すなわちプラスミドは、細菌の機能 (薬剤耐性、病原性、物質代謝能など) の獲得に関与することが知られ、遺伝子工学ツールとしても必要不可欠なものになっている。遺伝子水平伝播の制御とゲノム工学ツールとしての有効活用には、プラスミドの宿主域の予測が不可欠である。様々な細菌で染色体とプラスミドの塩基組成 (オリゴマーの出現頻度) は類似していることから、プラスミドは宿主の塩基組成を獲得したことが示唆された。プラスミドは複製装置の種類に基づき複数の不和合性 (Inc) 群に分類されている。我々は、不和合性群間で「プラスミドが滞在した宿主細菌の多様性」に違いが認められるかどうかを検証するため、染色体とプラスミドの塩基組成の類似度に基づいて、各プラスミドの宿主域を予測する手法を開発した。すなわち、塩基組成に関する非類似度 (マハラノビス距離) の小さい細菌をプラスミドの宿主候補とした。狭宿主域不和合性群のプラスミドは、広宿主域不和合性群のプラスミドと比較して、宿主候補の多様性が低かった。この結果は、ゲノム塩基組成の解析がプラスミドの宿主域の予測に有効であることを示唆する。

W4-6

バイオフィームとトキシン-アンチトキシン 遺伝子から見る微生物コミュニティ

○中島信孝¹、中村祐哉²、山元奈緒¹、木野裕太¹

¹東工大・生命理工

バイオフィームは、微生物が細胞外多糖や細胞外 DNA などと共に、界面や固体物表面に高密度に存在している構造体である。近年、細菌のトキシン-アンチトキシン遺伝子 (TA 遺伝子) がバイオフィーム形成に重要な役割を果たしている可能性が示唆されており、注目されている。TA 遺伝子とは、細菌が天然にゲノム上に持つもので、ほとんどの場合で T 遺伝子と A 遺伝子が隣接して存在している。T 遺伝子はその名の通り、細胞に毒性のあるタンパク質 (以下、pT とする) をコードし、A 遺伝子は pT を中和する抗毒素タンパク質 (以下、pA とする) か、T 遺伝子 mRNA に対するごく短いアンチセンス RNA をコードしている。TA 遺伝子の存在は細胞にとって、ある種の「時限爆弾」を抱えているようにも見える。しかし驚くべきことに、大腸菌 K12 株はゲノム上に少なくとも 36 対もの TA 遺伝子を持つ。本発表では、バイオフィームと TA 遺伝子の関係について、大腸菌を用いて解析した結果を報告する。さらに、これとは別に多種細菌から構成されるバイオフィームについて、バイオフィームが進化の「揺りかご」となっている可能性が示唆されたので、併せて報告する。

W4-7

バキュロウイルスはいかにして宿主を制御するのか

○勝間進

東大・院農学生命

大型のDNAウイルスは進化の過程で宿主から遺伝子を獲得し、自身の増殖に積極的に利用することが知られている。私が研究に用いているバキュロウイルスは昆虫を宿主とする2本鎖環状DNAウイルスであり、80-180 kbpのゲノム上に100個以上のタンパク質遺伝子をコードする。バキュロウイルスとその主たる宿主であるチョウ目昆虫の比較ゲノム解析から、バキュロウイルスの遺伝子のうち1割程度は宿主から水平移動した「宿主ホモログ」であることがわかっていて、本ワークショップでは、バキュロウイルスゲノム上に存在する宿主ホモログの機能解析例を紹介し、バキュロウイルスが宿主ホモログを利用して、どのように宿主を制御しているのかを発表する予定である。

W5-2

節足動物腸管内に棲む真菌類の謎を解く

○出川洋介

筑波大・菅平

動物と単系統をなすオピストコンタの一員、真菌類の祖先は、現生のツボカビのように動物の精子に似た遊走子で増える水中生活者だったのだろう。やがて動植物と共に、菌類にも鞭毛を捨て陸に上がるものが現れた。上陸後間もない頃の姿を今によく留めるのが“生きる化石”接合菌類だ。接合菌類は生態的に多様で、腐生菌、植物共生菌、動物共生菌、そして、恐らく共生性の動物腸内菌を含む。腸内生の接合菌は従来、水生の昆虫や甲殻類から知られていたが、近年、類縁な菌が陸生昆虫からも発見された。これらの菌は胞子に奇妙な修飾構造を伴う。胞子が宿主に取り込まれると、修飾構造により腸管壁に固着し、嫌気、富栄養などの条件が揃うと発芽し、“腸内胞子”を生じる。腸内胞子は離脱して排泄されると糞上で発芽し再び胞子を作る。このように腸管内外双方で繁殖する「腸内外両生菌」をバタ目・ハサミムシ目より認めた。いずれの昆虫も陸上進出直後に放散した多新翅群の一員である。また、系統解析により陸生昆虫腸内菌は水生昆虫腸内菌から派生的に生じたことが示された。つまり、これらの菌は宿主昆虫とともに陸上進出を果たしつつある過渡的な菌群と解釈される。

W5-1

チャバネアオカメムシの必須共生細菌の種内多型とその起源

○細川貴弘

九大・理

成長や繁殖に必須な体内共生微生物を垂直伝播によって維持している昆虫は数多く知られている。このような共生系では宿主昆虫と共生微生物の間の共種分化と共進化が進み、各宿主において種特異的な共生微生物が進化しているのが一般的である。ところが演者らは、チャバネアオカメムシの成長に必須で垂直伝播される腸内共生細菌には著しい種内多型が存在しているという前代未聞の現象を発見した。この必須共生細菌の多型の形成過程を解明するために網羅的な野外サンプリング・分子系統解析・操作実験をおこなったところ、チャバネアオカメムシの本来の共生細菌と同等の生物学的機能を持つ自由生活細菌が環境中に複数種存在しており、それらがカメムシ体内の共生細菌と繰り返し置き換わることで多型が生じたと考えられた。また、宿主昆虫にとって必須な共生関係が進化した後であっても共生細菌の置き換わりが生じうることが実証された。さらに興味深いことに、日本においては共生細菌の置き換わりは南西諸島でのみ生じており、本土地域では生じていない。この理由についても議論したい。

W5-3

深海底熱水活動域に優占する化学合成共生微生物の多様性と進化

○中川聡

京大・院・農

深海底熱水活動域は暗黒・高圧かつ高温の熱水が噴出する極限環境にありながら、熱帯雨林に匹敵するほど豊かな生態系を育んでいる。現場に固有の無脊椎動物の多くは特定の化学合成微生物と共生関係を築いている。共生微生物は噴出熱水中の硫黄化合物等をエネルギー源とし、宿主のほぼ全栄養を賄っているが、その系統や共生形態は多様である。多様かつ強固な微生物-無脊椎動物の共生が見られる深海底熱水活動域は、微生物共生系の成立原理や進化史における意義を探るのに適した貴重なフィールドである。しかし、昆虫やマメ科植物等のモデル共生系と比べると、深海共生系への理解は大きく遅れていると言わざるをえない。近年、深海の共生系を対象とするオミクス解析が活発に進められ、共生微生物の系統や棲息環境に対応した代謝レパートリーや発現制御に関する分子機構が解明されつつある。即ち、様々な化学合成共生系同士さらには化学合成共生系とモデル共生系等を比較し、微生物—大型生物の相互作用を様々な観点から包括的に理解することが可能となってきた。本発表では、深海底熱水活動域に見られる化学合成共生微生物について、その多様性や進化を議論したい。

W5-4

カメムシと *Burkholderia* 細菌を結ぶ共生戦略とは？○大林翼¹、菊池義智^{1,2}¹北大・農、²産総研・生物プロセス

多くの植食性カメムシは消化管の後方に盲嚢と呼ばれる袋状組織を多数発達させ、その内腔中に共生細菌を保持している。ほとんどのカメムシは細菌と1対1の特異的な共生関係を築いているが、雑菌が侵入しやすい「腸内共生」においてどのように共生特異性が維持されているのか、そのメカニズムは現在のところほとんど分かっていない。大豆の害虫として知られるホソヘリカメムシは、幼虫期に環境土壌中から *Burkholderia* 属の共生細菌を獲得し盲嚢に保持することが知られている。本研究では、ホソヘリカメムシを対象に①食紅を用いた消化管の流路観察、および②雑菌（大腸菌）と共生細菌（*Burkholderia* 属細菌）の共感染実験を行い、ホソヘリカメムシが消化管盲嚢部の手前に発達する「狭窄部」において細菌を選別することを明らかにしたので報告する。さらに共生細菌の遺伝子変異株作成と共生不全株のスクリーニングにより、べん毛を持たない運動不全株は狭窄部を越えられず盲嚢に感染できないことが明らかになった。これらの結果は、カメムシと *Burkholderia* の共生特異性が、宿主および共生細菌の双方の機構により支えられていることを示している。

W5-6

シロアリ腸内多重共生系の進化

○本郷裕一

東工大・生命理工

シロアリは植物枯死体のみを餌とする社会性昆虫で、陸上炭素循環に大きく貢献している。シロアリは腸内微生物と共生することで、高効率な木質分解能力を発揮しているが、その共生微生物群集の大部分が培養不能なため、詳細な共生機構は未知の部分が多い。

我々は、培養を介さない分子生態学的手法によって、シロアリ腸内共生系の解明に取り組んできた。MiSeqを用いた、16S rRNA 配列に基づく細菌群集構造解析によると、シロアリ腸内細菌は20以上の門に分類され、その細菌種のほとんどはシロアリ腸内に特異的な系統群に属していた。60種類以上のシロアリと（シロアリに近縁な）ゴキブリを用いて比較解析を行ったところ、腸内細菌群集は基本的には垂直伝播されるが、シロアリの食性によって、各細菌系統群の存在比が大きく異なることなどを明らかにした。

また、シロアリには腸内原生生物（単細胞真核生物）も共生し、その原生生物細胞に複数種の細菌がさらに共生するという、多重共生構造を持つ。我々は、全ゲノム増幅法を用いて各共生細菌種のゲノムを解読することで、原生生物と共生細菌の複合体がどのように宿主シロアリに貢献しているのかを解明しつつあり、その成果を報告したい。

W5-5

内部共生細菌ゲノムにおける非適応的性質の進化駆動原理

○金城幸宏^{1,2}¹東工大・院生命理工、²理研BRC・JCM

内部共生細菌には進化の過程でゲノムに大きな変化が生じる。これらを駆動する原理については諸説あるが、大まかにわけると選択によるものと浮動効果によるものとする2つの仮説がある。しかし、それらの多くはおよそ内部性の進化であり、共生における宿主との関係性が駆動する進化とは独立なのかもしれない。それでは、内部共生という種間の関係性により駆動されるゲノム進化にはどのようなものがあるだろうか？ 本講演では、偏性相利共生細菌ゲノムに見られる特性について、それらを駆動する進化原理について議論する。特に、当該細菌ゲノムに高頻度で分布するHPT (Homopolymeric tract) を主な題材に、近年演者が行ってきた検証結果を紹介する。これまで、HPTは転写エラーを引き起こしやすいことから、浮動効果の蓄積によるものだと考えられてきた。しかし実際には、HPT頻度の増加は浮動効果には説明されず、むしろ遺伝子発現の基本効率を変化させるという機能的側面を持つことが示唆された。これらの結果を踏まえ、HPTのような一見非適応的な形質でさえ、相利共生という関係性がもたらす選択により適応的に進化しうる可能性について議論する。

W6-1

がんゲノム解析と進化研究への応用

○藤本明洋

京都大学医学研究科

突然変異や多型の解析は、進化生物学にとって最も基礎的であり、重要なトピックの一つである。近年のDNAシーケンシング技術の著しい発展により、全ゲノムや全エクソンを対象とした変異探索が可能となった。特に、体細胞変異が原因となるがんについては、発がんメカニズム解明と治療標的の発見を目指した網羅的変異解析が行われている。これらの研究において、変異を検出する手法、検出した変異の生物学的意義の推定、塩基置換パターンの解析など、様々な方法論が構築され、大量の変異データが解析され新たな知見が得られている。本講演では、がんゲノム解析の方法論や最近の知見について述べる。また、講演者らが、国際がんゲノムコンソーシアムに参加し解析した300例の肝癌の全ゲノムシーケンシング解析により明らかになった肝癌の変異の全体像についても発表する。

W6-2

The preliminary report for the NGS analyses of the Jomon genome from the western part of the Japanese archipelago

○太田博樹

Department of Anatomy, Kitasato University School of Medicine

The dual structure model for peopling history of modern Japanese has been proposed that the immigrants came to north Kyushu in the Yayoi period (3,000 ~ 2,500 years ago) and gradually admixed with the indigenous people, Jomon. Our recent study based on computer simulation using genome-wide SNP data from modern Chinese and Hokkaido Ainu, however, estimated that the admixture between the Jomon and the immigrants occurred 5 ~ 6,000 years ago that was twice older than the estimates based on the archaeological evidences, suggesting a possibility of gene flow from the East Asian continent before the Yayoi culture started.

To resolve the discrepancy, we started the whole genome sequencing of the Jomon specimens by using the next generation sequencer (NGS). The states of preservation of DNAs from the specimens in the Japanese archipelago were commonly even worse than those in Europe and America, because of acid soils, and warm and high humid climate. But, a couple of specimens showed >1.0 % mapping ratio. Here we present the results of preliminary analyses, and discuss about feasibility of the NGS analyses of the Jomon remains from the western part of Japanese archipelago.

W6-4

Rh式血液型遺伝子ゲノム領域の解析

○北野誉

茨城大・工・生体分子

ヒトのRh式血液型遺伝子は、直列重複したRHD遺伝子とRHCE遺伝子が、第1番染色体の短腕に位置している。この直列重複は、ヒト、チンパンジー、ゴリラの共通祖先で起こったと考えられている。ヒトのRh式血液型遺伝子の進化過程を理解する上で、チンパンジーのRh式血液型遺伝子のゲノム構造の知見が必要であるが、それは未だ明らかにはなっていなかった。そこで、本研究では、チンパンジーのRh式血液型遺伝子領域のゲノム配列を決定し、ヒトとの比較解析を行った。チンパンジーからは、3つの遺伝子座(RH α 、RH β 、RH γ)のゲノム配列を決定することができ、RH α はヒトのRHDに、RH β はヒトのRHCEに相当する領域に位置しており、RH γ はRH β のすぐ隣に位置していた。しかしながら、系統解析では、ヒトの2つの遺伝子座どうしがクラスターを形成する結果が得られ、また配列比較解析からは、ヒトのRHDに最も類似しているのはRH α ではなくRH γ であるということが示された。これは、ヒトとチンパンジーのRh式血液型遺伝子領域において、遺伝子変換などのリアレンジメントが、オルソログの関係が不明瞭になるほど多量に生じている、ということを示すものであった。

W6-3

日本人ゲノムの多様性解析

○河合洋介、三澤計治、三森隆広、小島要、山口由美、柴田朋子、勝岡史城、山本雅之、長崎正朗

東北大・東北メディカル・メガバンク機構

現在、SNPアレイを使ったゲノムワイド解析によって全世界のあらゆる人類集団の遺伝的多様性の研究が行われている。日本列島の人類集団は東アジアの他の集団から遺伝的に孤立しており、さらに日本列島内では本州と沖縄の住民の間で明確な集団構造があることが分かっている。現在、本州は1億人を超える人口はあるにも関わらず詳細な集団構造は十分に明らかになっていない。次世代シーケンス技術の普及やそのハイスループット化、ハプロタイプ推定精度の向上によって局所的な地域の集団構造を高精細に行うことが可能になりつつある。本発表では日本人2,049人の全ゲノムシーケンスの解析結果を使った集団遺伝解析の結果を報告する。

W6-5

日本列島人のHLAゲノム多様性

○中岡博史¹、Waleed H Omer¹、細道一善²、井ノ上逸朗¹¹国立遺伝学研・人類遺伝、²金沢大・医薬保健研究域

HLA領域はヒト第6染色体短腕の3.6Mbにわたる主要組織適合遺伝子複合体に相当する領域であり、免疫機能に関わる多数の遺伝子を有し、ヒトゲノムで最も多型性に富む領域である。HLA領域の遺伝子多型は自己免疫系疾患、感染症、薬剤副作用と関連することが知られている。また、ヒトの集団遺伝学において、HLA領域は、移住、混合、自然選択や遺伝的適応といったヒトの進化過程を推測する重要なツールとして用いられている。

本演題では、我々の研究グループが取り組んでいる次世代シーケンサーを用いたHLAシーケンス決定法およびHLA遺伝子型を用いた集団遺伝学解析について紹介する。集団遺伝学的解析では、日本10地域から収集した2,005検体について、HLA-A, B, C, DRB1, DPB1の遺伝子型情報を用い、日本地域集団の構造化に寄与するHLAアレルの連鎖不平衡解析から日本人と祖先を共有する集団について検討した。これらは、日本人が北アジアからアメリカに移住した古代アジア人系統と、最近に朝鮮半島から移住した系統を併せ持っていることを示しており、日本人集団形成における混合モデルを支持するものと推察される。

W6-6

東ユーラシア人のゲノムワイドSNP解析

○斎藤成也^{1,2,3}、Timothy A. Jinam^{1,2}

¹国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門、²総合研究大学院大学・遺伝学専攻、³東京大学大学院理学系研究科・生物科学専攻

最近十数年のあいだに現代人のゲノム多様性が急速に調べられるようになり、われわれの先祖の拡散と分岐の様相がかなりわかってきた。現代人は、約20万年前にアフリカのどこかに出現し、10万～6万年前にユーラシア大陸に進出したと推定されている。当時中近東周辺に居住していたネアンデルタール人と交配した後、東西に分岐した。東ユーラシアでは、先住者であるデニソワ人と混血があったあと、サフルランドに最初の移動があり、現在のパプアニューギニア人、オーストラリア人、メラネシア人に分岐していった。これらサフルランドへの拡散とほぼ同時期（約4万年前）にインド洋のアンダマン諸島およびスダラランドへの移動があった。スダラランドでは、祖先型の皮膚色が黒い集団と、西ユーラシア人とは独立に皮膚色がうすくなった集団が2万年ほど前に分岐した。前者は東西に集団が分岐し、現在のマレー半島とフィリピン諸島のネグリトの系統が誕生した。後者は稲作農耕の開始と伝播に伴って9千年前以降に、東アジアと東南アジアで拡散と分岐がはじまった。日本列島には4万年前には人間が居住していたが、彼らとは遺伝的に少し異なるその後の渡来民によって、多様な現代日本列島人が形成されていった。

W7-2

大腸菌の染色体複製起点 *oriC* における DnaA 複合体のダイナミクス

○片山勉

九大・院薬・分子生物薬学

γ -proteobacteriaを代表する大腸菌の染色体複製起点 *oriC* 上では、AAA+タンパク質 DnaA の多量体、DnaA 多量体化促進タンパク質 DiaA、および、DNA 屈曲タンパク質 IHF からなる高次な動的複合体が形成される (Katayama et al., Nat Rev Microbiol, 2010)。真正細菌では DnaA タンパク質は、その結合配列 (DnaA box) まで含めて非常に高度に保存されている。DiaA も広く保存されていると考えられており、進化上離れた ϵ -proteobacteria であるピロリ菌 (*Helicobacter pylori*) では1次配列では相同性が見出されないが立体構造では高度に保存された DiaA 機能ホモログ (HobA タンパク質) が報告されている。一方、IHF の保存性は高くないが、DNA 屈曲因子は複数あり、それにより代替されているのかもしれない。実際、大腸菌内でも IHF に代わりに HU タンパク質が *oriC* 上で機能できる。あるいは、この因子の重要性は複製開始メカニズムの種間多様性と関連があるのかもしれない。実際、多種の細菌の *oriC* 上での DnaA box の配置には多様性がある。大腸菌で解明されつつある複製開始メカニズムを基にこの点も考察に含めてみたい。

W7-1

大腸菌の第二の複製システムから考える複製システムの進化

○正井久雄

公益財団法人東京都医学総合研究所ゲノム医科学研究分野

Jacob, Brenner, Cuzin らが1963年に発表したレプリコン仮説では、複製のユニットとしてイニシエーターとレプリケーターの存在を想定した。この仮説はその後の大腸菌染色体複製を担う DnaA と *oriC* の発見により見事に証明され、複製の Golden Rule となった。実際、1992年に Bell, Stillman により Orc が発見され、レプリコンモデルは真核細胞の染色体複製も説明できるものと考えられている。しかし、原核細胞と真核細胞の複製様式は大きな違いも存在する。真核細胞の染色体複製起点は数多く存在するが実際に使用されるものはその一部であり、どれをどのくらいの頻度で選択するかは stochastic に決定されるように見える。また通常の複製起点の大部分を喪失しても別の場所から複製を開始し生存できるという可塑性を有する。このような柔軟性、可塑性の高い複製システムは大腸菌も有する。RNase H 欠損株で観察される安定 DNA 複製は、DnaA-*oriC* を必要としない複製様式で、ゲノム上に存在する RNA-DNA hybrid から開始すると想定されていた。この第二の複製様式に依存した大腸菌の生育や、BrdU の取り込みなどを指標に、複製開始に重要な役割が *terC* 領域内に存在することを見出した。一方、第二の複製様式は LB 培地では、第一の複製様式に比較して効率が低いが、最小培地においては、むしろ第一様式より高いようにみえる。本講演では大腸菌の第二の複製様式メカニズムについて私たちの知見を紹介するとともに、その知見に基づき始原細胞から現在の真核細胞、原核細胞へと複製様式がどのように継承され、進化してきたかについて考察する。

W7-3

出芽酵母とショウジョウバエの発生に必要な複製開始のメカニズム

○神崎秀嗣^{1,2}

¹秀明大学、²三重大学

演者はポリオーマウイルスと出芽酵母ゲノム複製の解析から転写因子が染色体複製に強く関与することを明らかにしてきた。その様式は様々で直接 initiator をリクルートする形式や複製開始点付近のクロマチン構造を変化させる形式などであった。ヒトとほぼ同じ遺伝子を有するショウジョウバエでも同様な形式が明らかになったので紹介する。CDC6/Cdc18 は真核生物の key player である。演者はショウジョウバエの発生において、initiator である Orc1 との機能相同性を明らかにした。この現象は古細菌でも見られることから、発生初期など特殊な状況では、真核生物でも保存されているメカニズムであることが示唆された。

W7-4

MCMヘリカーゼの保存性と多様性

○石見幸男

茨城大学・理学部

古細菌と真核生物において、DNA複製でのDNA巻き戻しに機能するのは、MCMヘリカーゼである。MCMヘリカーゼは、ATP加水分解による構造変化によって、一本鎖DNA上を移動する分子モーターである。古細菌では、1種のMCM分子がホモ6量体を形成して機能する場合が多いが、真核生物では、MCM2-7タンパク質がヘテロ6量体を形成して機能する。

本発表では、古細菌のMCMヘリカーゼの構造と機能について紹介した後、真核生物のMCM2-7ヘリカーゼについて、近年に発表された他研究室の成果に基づいて紹介する。次に、真核生物のMCM2-7タンパク質間の役割分担について、ヘリカーゼ機能における一本鎖DNA結合性やヒストンとの結合の観点から概説する。MCM2-7ヘリカーゼ機能は、様々なゲノムストレスにより制御され、DNA複製の停止などがもたらされる。その制御の主な標的はMCMである。最後に、そのような制御に関わるMCM相互作用因子のMCM6内結合部位について述べ、加えて、ヒトがん細胞で検出された、進化的に保存されたアミノ酸でのMCM4点変異について、ヘリカーゼ機能への影響という点から調べた結果を紹介する。

W8-2

細胞に広がる小宇宙：原生生物の多様な細胞構造

○矢吹彬憲

海洋研究開発機構・海洋生物多様性研究分野

光学・電子顕微鏡を用いた観察によって得られる形態形質は、生物の系統分岐関係を考察するためのほぼ唯一の情報として長い間絶対的地位を誇ってきた。また、それによって数々の仮説や分類体系が構築され、生物学の目覚ましい発展があったのは言うまでもない。しかし今、世はまさに分子生物学全盛の時代！形態形質に基づき提唱された様々な仮説や分類体系は、分子生物学的アプローチによる検証を受け、あるものはより頑健に、またあるものは忘却の彼方へと去っていった。真核生物の系統分岐関係やそこで起こった様々な細胞レベルでの進化もその例外ではなく、現在では分子系統解析を含む様々な分子生物学的解析の結果にサポートされるアイデアについて活発な議論が進められている。本発表では、真核微生物の細胞構造多様性を紹介するとともに、大胆そして果敢にも分子情報から系統的所屬が未だ明確にされていない幾つかの真核微生物について微細構造学的特徴を基にその系統的位置とそれに関わる細胞進化について推論させていただく。真核細胞の成り立ちや進化を考察する上で、微細構造の多様性理解が今なお重要であることを改めてお示ししたい。

W8-1

真核生物進化の空白を埋める！分子系統解析が解き明かすプロティストの系統関係

○矢崎裕規¹、白鳥峻志¹、久米慶太郎¹、橋本哲男¹、石田健一郎¹、稲垣祐司^{1,2}¹筑波大・院生命環境科学、²筑波大・計算科学研究センター

古細菌の一群を起源とする原始真核生物が現存する真核生物群へ多様化した過程の解明は、生物学における重要な未解明課題の一つである。この真核生物の大系統という“パズル”を完成するには、真核生物の真の多様性、つまり“パズルのピース”がどのくらい存在するかを把握する必要がある。真核生物の多様性の大部分を原生生物（プロティスト）が占めることは認識されつつあるが、近年盛んな環境サンプルから抽出した核酸サンプルを対象にしたメタゲノム解析では、これまで我々が実態を把握していない多数の新奇プロティスト系統の存在が示唆されている。つまり真核生物の大系統というパズルを構成する多数のピースが、未知のプロティスト系統として自然環境中に手つかずのまま放置されているのである。近年、大規模な遺伝子データを迅速かつ安価に入手することが可能となり、真核生物系統（パズル）のどこに新奇プロティスト（パズルのピース）が“嵌る”のかを精度よく推測することができる。今回はパラオ共和国の環境サンプルから単離された新奇プロティストの解析結果を中心に、真核生物大系統の解明に向けた我々の研究成果の一部を紹介する。

W8-3

窒素固定はじめました
—Rhopalodia科珪藻に見る細胞内共生進化○中山卓郎¹、神川龍馬²、谷藤吾朗³、稲垣祐司¹¹筑波大・計算科学研究センター、²京都大・地球環境学
堂/人間環境学研究科、³国立科学博物館・動物研究部

炭素固定能（光合成能）および窒素固定能は、生態系に炭素・窒素を取り込む上で重要な代謝反応であるが、もともとはいずれも原核生物に限られた能力である。真核生物の祖先はこれらの能力を持たなかったと考えられるが、細胞内共生を通じた葉緑体の獲得によって、真核生物の系統にも炭素固定能がもたらされた。一方、細菌との共生を通じて間接的に窒素固定を行なう例は知られるものの、窒素固定能を細胞機能として定着させた真核生物は報告されていなかった。

Rhopalodia科に属する珪藻は、葉緑体とは別に窒素固定性のシアノバクテリアに由来する構造を細胞内に持ち、窒素固定を行なう。この構造はカルチャー内の全ての細胞に見られ、宿主が分裂する際には2つの娘細胞に受け継がれる。我々はRhopalodia科珪藻が、窒素固定シアノバクテリアとの細胞内共生の末、細胞の一部として定着させた“窒素固定を行なう真核生物”であると考え、その細胞内共生進化の解明を試みている。本発表ではバクテリアを取り込むことによって新たに“窒素固定をはじめた”本生物のユニークな進化について、ゲノム研究結果を交えて紹介する。

W8-4

インビジブル：色を捨てた“藻類”たち

○神川龍馬^{1,2}

¹京大・院地球環境、²京大・院人環

藻類とは、シダ植物、コケ植物、被子植物を除くすべての酸素発生型光合成性生物の総称である。藻類はそれゆえ多様な分類群に存在し、藻類の近縁種は捕食性や寄生性であることも多い。藻類と非藻類の近縁関係は、真核藻類＋捕食性真核生物の細胞内共生による葉緑体の水平移動で説明されている。このように真核藻類における多様性は、複数回の独立した葉緑体の獲得によって形成されてきたと言っても過言ではない。その一方、藻類が光合成能を喪失させ、従属栄養性へと進化したケースも知られている。そのような“藻類”において、葉緑体そのものを喪失したことが証明された例は稀有であり、多くの場合非光合成性葉緑体を未だ保持している。本発表では、どのような“藻類”が光合成能を喪失させたのか、そのような非光合成性葉緑体がどのような性質を有し、ホストに対してどのような役割を果たしているのかについて、概説する。最終的には、非光合成性となった葉緑体がなぜ簡単に消失しないのかについて、非光合成性葉緑体で機能する代謝系を軸に議論を展開する。

W8-6

ディプロネマ、解糖やめるってよ

○奈良武司

順天堂大・院医

解糖は、10段階の酵素反応によってグルコースからATP、NADHおよびピルビン酸を生じる代謝経路であり、基本的に細胞質で行なわれる。一方、重要熱帯病の病原体トリパノソーマを含むキネトプラスチダ類では、解糖系の初段7酵素は例外的にグリコソームと呼ばれる特殊化したペルオキシソームに局在する。必須代謝経路の二次的なオルガネラ移行は進化上非常にまれであり、その進化過程はこれまで不明であった。我々は、キネトプラスチダ類を含むユーグレノゾア生物群におけるペルオキシソームの詳細な比較生理生化学解析を行ない、キネトプラスチダ類の姉妹群に属するディプロネマ *Diplonema papillatum* が解糖系初段7酵素をペルオキシソームに移行させる一方で、これら酵素を解糖ではなく糖新生に利用していることを明らかにした。ディプロネマ類や非寄生性のキネトプラスチダ類はどちらも捕食性でアミノ酸をエネルギーおよび炭素源とすることから、ペルオキシソームのリモデリングは補食という生活様式への代謝適応に伴い起きたことが類推された。これは、解糖を行なわない真核生物の初めての発見であり、プロティストの生命基盤の多様性の一端を示すものである。

W8-5

クロロフィルを制する者が光環境を征した ークロロフィルの分解代謝と二次植物の進化

○柏山祐一郎^{1,2}、横山亜紀子³、民秋均²

¹福井工大・応用理工、²立命館大・生命科学、³国立環境研

酸素発生型光合成の登場は生命史上の最初の革命であり、太陽光に依存して地球生命圏が駆動される状態へシフトした。次の変革は7～6億年前に大気酸素分圧が大きく上昇し、真核生物の細胞呼吸に必要なレベルにまで達した現象だが、その背景に何があったのか。鍵となるのは光合成に必須なクロロフィルの光毒性である。藻類食プロティストがクロロフィルを光無毒性の分子（CPEあるいはシクロエノール）に分解するCPE代謝は、現在の水圏環境で普遍的である。CPE代謝はほぼ全ての真核生物の大系統に共有され、これを獲得した祖先的な真核生物が光環境でシアノバクテリアの直接捕食を可能にし、物質循環を大転換させ、結果として大規模な大気酸化イベントに至ったのかもしれない。続いて、こうしたプロティストの中から、シアノバクテリアの細胞内共生を経て一次植物が進化し、さらには二次植物が進化して現在のような効率的な基礎生産システムが確立した。ユーグレナ植物などの二次植物では、実際に自己のクロロフィルの分解系としてCPE代謝が保存されており、CPE代謝が細胞内に危険なクロロフィルを保有するという葉緑体獲得進化に重要な役割を果たしてきたと考えられる。

W9-1

Estimation of evolutionary probability of current genomic state reveals nonneutral evolution in human proteins

○Koichiro Tamura¹, Li Liu^{2,3}, Maxwell Sanderford², Vanessa E. Gray⁴ and Sudhir Kumar^{2,5}

¹Dept. Biol. Sci., Tokyo Metropolitan Univ., ²Inst. Genom. Evol. Med., Temple Univ., ³Dept. Biomed. Info., Arizona State Univ.,

⁴Dept. Genom. Sci., Univ. Washington, ⁵Dept. Biol., Temple Univ.

Widespread sequencing efforts are revealing unprecedented amount of genomic variation in populations. Such information is routinely used to derive consensus reference sequences and to infer positions subject to natural selection. Here, we present a new molecular evolutionary method for estimating neutral evolutionary probabilities (EPs) of each amino acid, or nucleotide state at a genomic position without using intraspecific polymorphism data. Because EPs are derived independently of population-level information, they serve as null expectations that can be used to evaluate selective forces on alleles at both polymorphic and monomorphic positions in populations. We applied this method to coding sequences in the human genome and produced a comprehensive evolutionary variome reference for all human proteins. We found that EPs accurately predict neutral and disease-associated alleles. Through an analysis of discordance between allelic EPs and their observed population frequencies, we discovered thousands of novel candidate sites for nonneutral evolution in human proteins. Many of these were validated in a joint analysis of disease-associated variants and population data. The EP method is also directly applicable to the analysis of noncoding sequences and genomic analyses of nonmodel species.

W9-2

Experimental evidence for thermophilic ancestral life

○Satoshi Akanuma

Faculty of Hum. Sci., Waseda Univ.

The environmental temperature of the earliest life has been a long-running controversy among evolutionary biologists. We tried to approach this issue in a novel manner; computationally reconstructing ancestral amino acid sequences of a protein followed by experimentally resurrecting the ancestral proteins. In some cases, ancestral amino acid sequences can be inferred using a phylogenetic tree that can be built by comparing the homologous amino acid sequences of modern proteins. In addition, the inferred protein sequence can be experimentally reconstructed by synthesizing and expressing the gene encoding the inferred sequence. We computed and experimentally resurrected several ancestral amino acid sequences of nucleoside diphosphate kinases (NDKs) that might have been possessed by the last common ancestors of archaea and bacteria, and by the universal ancestor. Temperature-induced unfolding experiment showed that all of the resurrected NDKs were extremely thermally stable. The observation was robust to the uncertainties associated with the predictions of the ancestral sequences, to the topologies of the phylogenetic trees, and to the algorithm used to infer the ancestral amino acid sequences (1,2). Thus, the ancestral organisms were most likely thermophilic and flourished at very high temperatures.

(1) Akanuma et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **110**, 11067-11672 (2013)(2) Akanuma et al., *Evolution* **69**, 2954-2962 (2015)

W9-4

Carbon fixation pathway in the early evolution of life

○Masafumi Kameya

Earth-Life Sci. Inst., Tokyo Inst. Tech.

Proto-metabolism, which provides key metabolites leading to the emergence of life, is one of the fundamental questions of the origin-of-life problem. Especially, elucidation of ancestral carbon fixation pathways, which provided organic molecules from CO₂, is necessary to understand the origin and the early evolution of life. However, neither their emergence nor evolutionary processes have been yet clarified by experimental studies. In this session, I will introduce approaches to infer ancestral states of a carbon fixation pathway by coupling phylogenetic and biochemical analyses.

W9-3

The Evolution of Photosynthesis and the Rise of Oxygen○Lewis M. Ward¹, James Hemp¹, Patrick Shih², Jena Johnson¹, Joseph Kirschvink¹, Woodward W. Fischer¹¹California Institute of Technology, Division of Geological and Planetary Science, ²Lawrence Berkeley National Laboratory, Physical Sciences Division

Oxygenic photosynthesis is one of the most important innovations in the history of life on Earth, responsible for most primary productivity as well as providing molecular oxygen for aerobic respiration. It is widely accepted that Cyanobacteria invented oxygenic photosynthesis, and that this was a necessary precondition for the rise of oxygen by ~2.3 Gya, but it is debated whether this occurred immediately following the evolution of Cyanobacteria or whether they originated far earlier in Archean time. To address this question, we have utilized a combination of disparate approaches including geological, geochemical, evolutionary, and biochemical analyses bridging the ancient rock record and modern photosynthetic organisms. Taken together, results from these investigations support a scenario in which Cyanobacteria evolved oxygenic photosynthesis via a manganese-oxidizing intermediate shortly before 2.3 Gya, triggering the rapid oxygenation of the atmosphere.

W9-5

The evolution of Nitrogen Fixation Metabolism

○Manabu Nishizawa

Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology

Nitrogen is essential for life as it is a major element of protein and nucleic acid. However, many of the living organisms cannot assimilate N₂, the most abundant nitrogen compound in the atmosphere-hydrosphere. Primary production of marine ecosystem is thus limited by the availability of fixed nitrogen ultimately originated from nitrogen fixation, the process that converts N₂ to ammonia, catalyzed by a limited member of prokaryote that expresses nitrogenase enzyme with iron-molybdenum cofactor. Based on the phylogenetic analyses of nitrogenase sequences, two possible hypotheses for the origin of nitrogen fixation have been proposed (LUCA origin model and methanogen origin model). To constrain the time and place of the onset of nitrogen fixation from biogeochemical and geological perspectives, our research team has determined physiological properties and isotopic characteristics of nitrogen fixation by methanogenic archaea commonly found in deep-sea hydrothermal environments (Nishizawa et al., 2014 GCA) - one of the most likely hatchery for early life. The results demonstrate that hyperthermophilic methanogens can assimilate N₂ actively under simulated Archean oceanic conditions (i.e., Mo-depleted and Fe-enriched conditions). Further, ancient microbial ecosystems supported by nitrogen fixation in hyperthermophilic methanogens are consistent with the nitrogen isotopic records of the 3.5 billion-year-old hydrothermal deposits, which also preserve chemical fossils of methanogenesis. These results imply the emergence and function of diazotrophy, coupled with methanogenesis in the early hydrothermal environments. This hypothesis is testable through geochemical and geological studies that aim to understand the global nitrogen cycling on the early earth.

The origin of parasites and their roles in the evolution of early life forms

○Norikazu Ichihashi^{1,2}

¹Grad. Sch. Info. Sci. Tech., Osaka Univ., ²Grad. Sch. Fro. Sci., Osaka Univ.

Parasites are ubiquitous in nature and play an important role in the evolution of living things. To provide insights into the origin of parasites, we reconstituted a simple RNA replication system, which mimics a primitive life form. We found that a parasitic RNA species emerged in this system and selfishly replicated by using the RNA polymerase produced by a host RNA. The parasite exterminates the host RNA in the usual bulk solution, whereas the two RNA species continued to replicate showing a typical host-parasite oscillation when encapsulated in cell-like compartments. After a long cultivation, we observed evolution of both the host and parasitic RNAs and apparently they continued arms race. Comparison of the host evolutions with or without parasite suggests that the existence of parasite enhances the rate of evolution and also changes the direction of evolution. Based on these result, I believe that the origin of parasite might date back to very early life-forms and parasite has been playing an important role in host evolution.

O-1A-1

新世界ザル類におけるL/Mオプシンのアリール頻度構成の偏りとその成因

○河村正二、松下裕香

東京大・院新領域

中南米に生息する新世界ザル類には大きな色覚多型がある。それはX染色体性1座位のL/Mオプシンにおける、吸収波長を異にするアリール多型が主な原因である。オスとホモ接合のメスは2色型色覚となり、ヘテロ接合のメスは3色型色覚となる。アリールの種類数とそれぞれの吸収波長は亜科によって大まかに異なり、種による違いもみられる。3色型が単純に2色型より有利であれば、3色型の個体数を最大化するようにアリールが等頻度に近づくことが期待できる。しかし、実際のアリール頻度構成と頻度構成の多様性及び成因の理解には、多数の野生集団由来の試料の解析を待たねばならなかった。我々は、オマキザル、クモザル、ウーリーモンキーの野生集団を対象とした糞試料の収集を長年行っており、L/Mオプシンの頻度構成の知見を蓄積してきた。種と地域の違いに関わらず、これらはほぼ共通に最長波長のアリールが6-7割を占めていた。一方、文献からはリスザルとマーモセット科の種ではその傾向はみられなかった。色覚型による各アリールの色識別への貢献の違い、アリール間の吸収波長の相違の程度、体の大きさによる食性の違いなどからアリール頻度構成の多様性の成因を考察する。

O-1A-3

ゼブラフィッシュ孵化酵素遺伝子のエンハンサー解析

○長澤竜樹¹、矢野十織¹、川口眞理²、安増茂樹²、岡部正隆¹¹慈恵医大・解剖、²上智大・理工

真骨魚類の孵化時には孵化酵素が胚体の孵化腺細胞より放出され、卵膜を軟化させることで孵化を補助している。孵化酵素遺伝子は真骨魚類で相同であり、また孵化腺細胞はいずれも胚盤葉下層の先端の細胞群 (polster) より分化することが知られている。ところが孵化酵素とその周辺の遺伝子のゲノムシンテニーを比較した結果、孵化酵素遺伝子は真骨魚類の進化過程でゲノム上の位置を頻繁に変化させてきたことが分かった。真骨魚類の孵化酵素上流領域を比較した結果、転写開始点から200 bp上流までにいくつかの保存配列が存在した。ゼブラフィッシュを用いて、孵化酵素遺伝子の上流192 bpをGFPにつなげたコンストラクトを受精卵に顕微注入した結果、孵化腺細胞で蛍光が観察され、メダカの孵化酵素遺伝子の上流でも同様の蛍光が見られた。このことから、進化過程で孵化酵素遺伝子は、ごく近傍のエンハンサー領域を伴ってゲノム上の位置を変化させてきたと考えられる。本研究では孵化酵素遺伝子のエンハンサー領域をさらに絞り込み、孵化酵素遺伝子の発現に関与する直上の転写因子を推定する。

O-1A-2

広範な脊椎動物に共有される新規V1R受容体遺伝子

鈴木彦有^{1,2}、依田涼太¹、中山叶子¹、岩田哲郎¹、村田健³、東原和成³、廣田順二¹、○二階堂雅人¹¹東工大・生命理工、²日本バイオデータ、³東大・農

脊椎動物において古くから存在するフェロモン感覚は、生殖システムの中心的役割を果たす。我々は、哺乳類においてフェロモンを受容することが分かっているI型鋤鼻受容体 (V1R) ファミリーについて、その遺伝子群を様々な脊椎動物ゲノムを対象に探索した。その結果、古代魚から陸生哺乳類まで、広範な脊椎動物に共通するオーソログ的なV1R遺伝子がただ1つだけ存在することを発見した (未同定遺伝子: ancV1R と名付けた)。これは、4億年以上に渡る脊椎動物の進化過程で、共通のフェロモン受容システムが保持されてきた可能性を示唆している。我々は *in situ* ハイブリダイゼーションにより、ancV1R 遺伝子がマウス、ヤギ、ネコ、カエルの鋤鼻上皮全体に渡って発現していることを確認した。また、いくつかの種で起きている鋤鼻器官の退化と ancV1R 遺伝子の偽遺伝子化イベントが強く相関していることも明らかとなり、ancV1R が脊椎動物のフェロモン受容に不可欠な機能をもつと予想される。本発表では上記内容に加えて、ancV1R ノックアウト個体の解析や培養細胞中での ancV1R の発現解析を含めた将来的な研究展望を含めて発表する。

O-1A-4

腹足類殻形態の形態空間における発生的制約

○野下浩司

東京大・院農学生命

有殻腹足類は殻口辺縁部に炭酸カルシウムを付加させることで殻を成長させる。そのため腹足類の殻には成長の履歴、例えば成長線など、が残っている。また多くの腹足類では外唇部で内唇部より大きく成長するため、らせん状の殻をもつ。つまり殻口辺縁部での成長勾配のパターンが殻の形態を決定するとみなすことができる。近年の発生生物学的研究により殻の成長勾配パターンは成長因子である Dpp の発現レベルと対応づけることが示唆されている。本研究では、腹足類のマクロな殻形態とミクロな成長勾配の対応関係から形態空間中における発生的な制約の存在とその適切な表現方法を提案する。殻の成長勾配は Growth Vector Model または Map (GVM) により記述される (Hammer and Bucher, 2005)。また、殻形態は成長管モデル (Okamoto, 1988) と呼ばれるあらゆる巻きパターンを記述できる低自由度の形態モデルを利用する。成長管モデルのパラメータと殻口形状から GVM への変換式を導出し、これを形態空間の対応関係のみなし、殻形成の多様性を記述する上で適切な座標系を与える。

O-1A-5

琉球ー本土間における三次元顔面形態比較： F_{ST}-Q_{ST}解析による中立性検定

○木村亮介¹、渡辺千晶¹、宮里絵理¹、山口今日子¹、佐藤丈寛¹、川口亮¹、山本健²、石田肇¹

¹琉球大・院医、²久留米大・医

現生人類にみられる顔面形態の集団間分化は、遺伝的浮動で説明できるのだろうか、それとも何らかの選択圧によるものなのだろうか。本研究ではこの問いに答えるため、琉球ー本土間において三次元顔面形態を比較し、F_{ST}-Q_{ST}解析による中立性検定を行った。対象は沖縄在住の若年成人734名で、各々の出身地は、1) 祖父母の出身地および、2) ゲノムワイドSNP解析データを主成分分析した結果から、琉球または本土に分類した。形態解析では、三次元デジタルスキャナーを用いて顔面の三次元画像を得た後、2,596点からなるポリゴンモデルを用いて、全ての顔面画像について相同モデル化を行った。ポリゴンの頂点のXYZ座標をデータとして主成分分析を行うことで、形態データの約90%を説明する上位17個の主成分を抽出した。各主成分における琉球ー本土間のQ_{ST}値を算出し、SNPデータから得たF_{ST}値と比較したところ、いくつかの形態成分が有意な集団間分化を示し、上位17個の主成分におけるQ_{ST}値の平均値も有意に大きいという結果が得られた。つまり、琉球ー本土間の顔面形態の分化は、遺伝的浮動だけでは説明できないことが示唆された。

O-1B-1

Patterns of archaic human introgression in Southeast Asian populations

○Timothy Jinam, Naruya Saitou

Division of Population Genetics, National Institute of Genetics

Recent genomic analyses have provided evidence for admixture events between anatomically modern humans and archaic humans. These studies have shown that all non-African human populations carry some Neanderthal ancestry. However, admixture with Denisovans, a sister group of Neanderthals, was only detected in Papuans, Melanesians and Australian Aborigines. We estimated archaic human introgression using genome-wide SNP data in 14 Southeast Asian populations, including nine Negrito groups from the Andaman Islands, Malaysia and Philippines. We found that the Philippine Negritos carry substantial proportions of Denisovan ancestry, particularly in groups called the Aeta. A closer look at these introgressed Denisovan regions showed differences between the Aeta and Papuans. These results suggest multiple episodes of archaic human admixture in the history of human evolution.

O-1A-6

昆虫の翅多型における密度依存性の進化の理論研究

○上岡駿宏¹、巖佐庸²

¹九州大学大学院システム生命科学府、²九州大学理学部生物学科

翅多型昆虫は、成虫時に長翅・短翅や有翅・無翅など、移動可能な個体（移動型）と移動不可能だが繁殖力の大きい個体（繁殖型）を生じる。この翅型は経験した密度により決定されるが、翅型決定における密度の効果は種や個体群により異なる。これらの違いの解明は、生物の移動を理解する上で重要である。

そこで、本研究では、それぞれのパッチの資源の変動と昆虫の成長過程を取り入れたモデルにより密度依存的な翅型決定が進化する条件について調べた。仮定は：集団が多数のパッチからなる。成虫は移動型と繁殖型を持つ。翅型は幼虫時の密度により決まる。幼虫は繁殖型として生まれ、高密度を感知すると移動型に変わる。2つの環境収容力の大きさの差を環境変動の大きさとする。繁殖型から移動型へのシフトは密度の関数に従うと仮定し、その中のパラメータを進化させることで、密度と翅型決定の関係を解析した。

(1) 変動が大きい環境では、高密度による移動型の生産が促進され、安定した環境では移動型を生じない。成長率が小さいと移動型が生産されやすい。資源の回復が速いと移動型が生産されにくい。

本講演では、幼若ホルモン制御を組み込んだ進化モデルについても議論する。

O-1B-2

取り消し

O-1B-3

類人猿と比較したヒト特異的皮膚形質の獲得について

○荒川那海¹、寺井洋平¹、今井啓雄²、颯田葉子¹¹総研大・先端研、²京大・霊長研

ヒト特異的な形質は多く知られており、皮膚での体毛の減少や汗腺の増大はその例として挙げられる。本研究では、ヒト特異的な皮膚の形態的および生理的な表現型がどのような遺伝的基盤によって生み出されているのか、ヒトと類人猿間の皮膚での遺伝子発現量比較から明らかにすることを目的としている。ヒト特異的な皮膚形質に関係している遺伝子を網羅的に把握するために、ヒト、チンパンジー、ゴリラ、オランウータン各種3個体ずつの皮膚サンプルを用いたRNA発現量解析 (RNA-Seq) を行った。ヒトの全遺伝子のゲノム配列を参照配列として、全ての遺伝子の発現量をそれぞれの個体ごとに算出し、ヒト3個体と類人猿9個体の間で統計的に有意に発現量差のある遺伝子を抽出した。その結果、類人猿と比較して有意に高く、もしくは低く、ヒトで発現している遺伝子はそれぞれ68個と53個であった。

O-1B-5

Saccharomyces cerevisiae ゲノムにおける *de novo* 遺伝子誕生の過程○矢田哲士¹、谷口丈晃²¹九工大・院情報工、²(株)三菱総研

これまで、新しい遺伝子は、既にある遺伝子の重複や混成によって生み出され、*de novo* に生み出されること(突然変異の蓄積により、非遺伝子領域に新しい遺伝子が生まれること)はほとんどないと考えられてきた。ところが、RNA-seq やリボゾームプロファイリングのデータが蓄積されると、これまで考えられていたよりずっと多くの遺伝子が *de novo* に生まれていることが明らかになった。しかし、その誕生の過程はほとんど分かっていない。そこで、遺伝子が *de novo* に誕生した前後の祖先配列を推定し、それらの祖先配列の間の変化を観察することで、その過程を明らかにすることを試みた。そして、*Saccharomyces cerevisiae* に至る系統における観察から、次のような遺伝子の *de novo* 誕生の過程が明らかになった。(1) はじめに高GC含量のゲノム領域ありき、(2) そのゲノム領域に中立な突然変異が蓄積する。そして、(3) ORF長の伸長が起り、続いて、(4) 翻訳開始シグナルが生成される。この研究により、遺伝子の *de novo* 誕生の過程の一端が初めて明らかになった。

O-1B-4

哺乳類の乳腺において転移因子がもたらした発現制御配列の進化

○西原秀典

東工大・生命理工

哺乳類ゲノムの大きな割合を占める転移因子の中には、進化の過程で偶発的にエンハンサー機能を獲得し、生物の形態進化に関与したものが存在することが報告されている。一方、ある種類の転移因子では多くのコピー配列に同一種類のタンパク質が結合し、細胞内で重要な機能を担っている例も報告されている。しかしこうした転移因子を介した大規模な発現制御システムが形態進化に影響を及ぼしたという例はこれまでになく、転移因子が生物進化に及ぼした影響について、その全体像は未だほとんど明らかにされていない。本研究では、哺乳類の乳腺の発生に必要なエストロゲン受容体とそれに伴って働く転写因子群の結合サイトを網羅的に解析した。その結果、これらタンパク質が様々な転移因子配列の内部に偏って結合することが明らかとなった。またこれら転移因子の多くは遠位エンハンサーとして機能し、哺乳類の進化の過程で2段階の転移増幅期を経て獲得されたことが示された。このことから、哺乳類の進化の過程で様々なタンパク質結合サイトを持つ転移因子がゲノム中に拡散され、その多くが発現制御機能を獲得したことによって、哺乳類の乳腺の進化に大きく貢献したと考えられる。

O-1B-6

The landscape of realized homologous recombination in pathogenic bacteria

○矢原耕史^{1,2}、Xavier Didelot³、Keith A Jolley⁴、小林一三⁵、Martin C. J. Maiden⁴、Samuel K. Sheppard⁶ and Daniel Falush⁶¹国立感染症研究所細菌第二部、²久留米大学バイオ統計センター、³Dept. Infectious Dis. Epi., Imperial College London、⁴Dept. Zoology, University of Oxford、⁵東京大メディカルゲノム、⁶Institute of Life Science, Swansea Univ.

Recombination enhances the adaptive potential of organisms by allowing genetic variants to be tested on multiple genomic backgrounds. Its distribution in the genome can provide insight into the evolutionary forces that underlie traits such as the emergence of pathogenicity. Here we examined landscapes of realized homologous recombination of 500 genomes from ten bacterial species, and found all species have 'hot' regions with elevated rates relative to the genome average, which is realized at population genetic level and indicates a signature of selection. We examined the size, gene content and chromosomal features associated with these regions and the correlations between closely related species. The recombination landscape is variable and evolves rapidly. For example in *Salmonella*, only short regions of around 1kb in length are hot while in the closely related species *Escherichia coli*, some hot regions exceed 100kb, spanning many genes. Genes with function related to the cell surface/membrane are often found in recombination hot regions but *E. coli* is the only species where genes annotated as "virulence associated" are consistently hotter. There is also evidence that some genes with "housekeeping" functions (e.g., ribosomal proteins) tend to be overrepresented in cold regions (Mol. Bio. Evol., 2015).

O-1C-1

ショウジョウバエ雄交尾器にみられる形態進化の遺伝的基盤

○田中健太郎¹、高橋文^{1,2}

¹首都大・院理工、²首都大・生命情報センター

雄の交尾器形態は強い性選択の標的となるため、近縁種間でも異なる形態を示す。オナジショウジョウバエとモーリシャスショウジョウバエもその例に漏れず、例えば、交尾器の一部である雄の肛板はサイズと剛毛数に種間差がみられる。交尾器形態の違いは生殖的隔離の一因であり、その遺伝的基盤を明らかにすることは種分化過程の理解を深めるうえで重要である。先行研究において肛板の形態差に関与する主要なQTL領域が第2染色体上に推定されたが、遺伝子を同定するまでには至っていなかった。そこで本研究では遺伝子同定に向け、イントログレッションシステムを用いたアプローチからQTL領域の絞込みをおこなった。これまでのところ、1) 肛板のサイズと剛毛数に寄与するQTL領域はそれぞれ独立に存在すること、2) サイズの違いには複数のQTL領域が関与しており、これらの領域は非相加的な相互作用を示すことが示唆された。これらの結果に加え、RNA-seqによる種間の遺伝子発現量比較から、QTL領域中の候補遺伝子の発現パターンについても報告する。

O-1C-3

刺胞動物の神経発生機構の解析：中枢神経系の初期進化過程の理解に向けて

○渡邊寛¹、ホルスタイン トーマス²

¹OIST・進化神経生物学ユニット、²ハイデルベルグ大・COS・分子進化ゲノム

後生動物の初期進化過程において、複数の体軸からなる体制や神経などの細胞が、どのように進化したのかについては不明な点が多い。我々は左右相称動物の最も近縁な姉妹群である刺胞動物を用いて、2次体軸の形成や神経系の発生を制御する分子機構を解析してきた。本発表ではまず、刺胞動物の体軸に沿って領域化されている神経系（準中枢神経系）の特徴と、準中枢神経系の発生におけるbeta-catenin及びBmpシグナルの関与について明らかにしたので報告したい。また、これらのシグナル経路による刺胞動物神経系の発生制御機構は、左右相称動物の中枢神経系の発生制御機構を想起させるものであり、これらの系統の分岐以前において神経系の中枢化に必要な分子機構が確立していた可能性を示唆する。発表では、中枢神経系の初期進化過程のさらなる理解に必要な、新たな解析についても紹介したい。

O-1C-2

双翅目昆虫における雄生殖器回転と交尾体位の進化的協調性

○稲富桃子¹、佐久間知佐子²、嘉糠洋隆²、松野健治¹

¹大阪大・院理、²慈恵医大・熱帯医学

進化の過程において、動物の形態と行動は協調的に進化してきたはずだが、その協調的進化のメカニズムはまだよくわかっていない。例えば、双翅目昆虫には少なくとも2種類の交尾体位（雄上位型と反向型）がある。これらの交尾体位では、雌生殖器に対する雄生殖器の背腹軸方向の向きが逆転している。しかし、この生殖器結合の不和は、雄生殖器の回転によって解消されている可能性がある。本研究では、双翅目昆虫の進化における生殖器回転と交尾体位の協調性について調べる。キイロショウジョウバエでは、*Myo31DF*の変異が生殖器回転に影響を与えることが知られている。生殖器回転が異常な*Myo31DF*変異体のオスを用いた実験より、雄生殖器の適切な向きが交尾成功の前提条件であることがわかった。これは生殖器回転と交尾体位の間の協調的進化を示唆している。現在、生殖器回転が反向型体位にもたらす影響を調べるために、CRISPR-Cas9法を用いて*Myo31DF*変異体ネットアイシマカを作製している。この変異体雄は生殖器回転が異常になると予想している。ショウジョウバエ、ネットアイシマカ、他の双翅目昆虫を比較することで、器官形態と行動の協調的進化における重要な洞察が得られると考えられる。

O-1C-4

bHLH-WRPW型転写因子Hesの遺伝子ファミリーの多様性と進化

○呉谷文¹、安岡有理²、平良眞規¹

¹東大・院理、²MGU・OIST

hes 遺伝子はNotchシグナルターゲットとして神経発生に関わるなど、様々な発生における機能を担う。しかし*hes* 遺伝子にはパラログが数多く存在し、オーソログ関係も不明瞭であり、脊椎動物の発生における*hes* 遺伝子ファミリーの統一的理解を難しくしていた。しかし、最近明らかになったアフリカツメガエル (*Xenopus laevis*) のゲノム解析と、既に報告されているネットイツメガエル (*X. tropicalis*)、ゼブラフィッシュ、メダカ、ガー (spotted gar) およびヒトとマウスのゲノム配列を比較し、syntenyを解析することで、我々は初めて*hes* ファミリーのオーソログとパラログ関係の全てを明らかにした。結果、異質4倍体の*X. laevis* の*hes* 遺伝子は、2倍体の*X. tropicalis* のほぼ倍あり、重複後も良く保持されていた。*hes5* パラログは9～10個存在し、同一染色体上に“*hes5-1 cluster*”と“*hes5-3 cluster*”の2つに分かれていた。条鰭類では*hes5 cluster*は1箇所だけで、synteny的には*hes5-1 cluster*に対応した。哺乳類では*hes5* 遺伝子は1個のみであることから、*hes5 cluster*は脊椎動物の共通祖先で獲得され、*Xenopus* 属では2つのclusterに分離し、哺乳類で遺伝子が1個に減少したと考えられる。これらの知見は、*hes* 遺伝子ファミリーの機能的進化を考える上で重要である。

O-1C-5

迷走神経心臓枝から導かれる、
頭部一体幹境界の初期進化

○東山大毅¹、平沢達矢²、大石康弘³、菅原文昭⁴、金井克晃¹、倉谷滋²

¹東京大・農生命・獣医解剖学、²理研・形態進化、
³マックスプランクフロリダ研究所、⁴兵庫医大・生物

現生顎口類は頭部一体幹境界において明瞭な頸部をもつことで特徴づけられるが、その進化の背景にある発生過程の変化は不詳である。頭部一体幹は胚において特徴的な間葉（神経堤細胞や中胚葉）によって明確に分かれ、羊膜類ではこれらの境界が心臓の静脈極（尾側）の総主静脈に沿うことが知られる。そこで本研究では顎口類の成立過程で頭部一体幹境界の変遷が生じたならば総主静脈の周囲構造に変化が現れるはずだと考え、円口類のヤツメウナギ、現生顎口類のゾウギンザメやマウスについて頭部の最後方に分布する迷走神経堤細胞に関連した迷走神経の心臓枝の形成を中心に観察・比較をおこなった。結果、ゾウギンザメやマウスでは心臓の動脈（頭側）－静脈極に迷走神経が一對ずつ分布するパターンが共通して見られたものの、ヤツメウナギでは総主静脈に分布する迷走神経が発生を通じて現れないことがわかった。舌下神経や原腎の位置をも踏まえると、円口類の頭部一体幹境界は現生顎口類とは異なり、心臓の頭側に位置すると言える。以上のデータを化石記録をも踏まえて系統的に解釈すると、現生顎口類の成立過程で頭部一体幹境界の尾側への位置的シフトが起こったと推察される。

O-1E-1

環境DNAを用いた生物フロンティアの開拓

○荒木仁志¹、神戸崇¹、鎌田頌子¹、宮正樹²、佐土哲也²、池田実³、佐藤行人⁴、峰岸有紀⁵、永野優季⁶、矢部衛⁶

¹北大・農、²千葉中央博、³東北大・農、⁴東北大・メ
ディカル、⁵東大・大海研、⁶北大・水産

生物の野外生息環境媒体（水や土など）からDNAをサンプリングして周辺の生物を探索する「環境DNA技術」は近年、日本の研究チームの活躍もあって急速な成長を遂げている。その成果は陸水域において特に顕著となっているが、最近では沿岸域への応用も模索されている。本発表ではこの技術を水圏、殊に海洋域での生物相推定に応用した先進的研究について具体例を示しながら紹介し、生物フロンティアにおける本技術の発展性と将来性について議論する。

O-1C-6

哺乳類における歯の増加、減少、そして消失に
関わる要因：食肉目とカモノハシを事例に

○浅原正和

三重大・教養

陸生哺乳類において、歯の数は一般的に減少する方向に進化してきた。しかし、中には食肉目のオオミミギツネのように、複雑な臼歯形態を保ちながら歯数が増加しているという例外的な例もある。また、歯を完全に失った哺乳類も存在するが、主としてアリクイやハリモグラなど、アリ食適応によって歯による咀嚼の必要性を失った分類群である。ところが、食物の咀嚼を行うにも関わらず、歯を失った分類群がいる。それが単孔類のカモノハシである。しかし、カモノハシの祖先であり、また形態的にも非常に似通っているオブドゥロドンは700万年前まで歯を保持しており、その臼歯が失われた位置にカモノハシが咀嚼に用いる角質板が位置している。カモノハシがなぜ急に歯を失ったのか、このことはこれまで不明であった。本発表では、発表者がこれまで行ってきた、哺乳類食肉目を中心とした歯の減少と増加の発生学的・適応的要因を発生モデル Inhibitory cascade model と食性適応によって説明する試みと、カモノハシにおける歯の消失の適応的要因と制約要因とを単孔類の系統における Electoreception の発達とからめて説明する試みについて発表を行う。

O-1E-2

新たなゲノム構成を有する交雑集団の形成：
アゴハゼの RAD-seq 解析

○平瀬祥太郎¹、手塚あゆみ²、永野惇^{2,3,4}、岩崎渉⁵

¹東大・水実、²龍谷大・農、³JST・CREST、⁴京大・生態研、⁵東大院・理

異所的に進化した集団間の交雑は、遺伝的変異の新たな組み合わせを生み出す重要な進化プロセスである。日本列島沿岸に生息するアゴハゼには、更新世の日本海の隔離で生じた2つの遺伝的グループ（太平洋グループと日本海グループ）が存在し、分布境界にあたる岩手県田老周辺に2次的接触帯が形成されている。しかし、グループ間の遺伝子浸透は進行しておらず、F2以降の交雑個体のみで構成された集団が田老に存在することが示唆された。本研究では、太平洋グループと日本海グループ、田老周辺の集団の RAD-seq 解析を行い、接触帯の集団構造ならびに田老の交雑集団のゲノム構成を調査した。クラスタリング解析を行った結果、田老の交雑個体は約50%の混合比で各グループ由来のゲノムを有していることが示唆され、クラスター数を3と仮定した場合、田老の交雑集団は第3の独立したクラスターに帰属された。田老の交雑集団に2グループのゲノムがランダムに浸透しているかどうかを調べたところ、60%の座で一方のグループに偏ったゲノムの浸透が生じていた。これらの結果は、2グループの交雑によって新たなゲノム構成を有するグループが生まれたことを示唆している。

O-1E-3

メダカ属は淡水型と塩水型の2種類の孵化酵素をもつのか？

○福岡明子¹、竹花佑介²、豊田敦³、成瀬清²、安増茂樹⁴、川口眞理⁴

¹上智大・院・理工、²基生研、³遺伝研、⁴上智大・理工

メダカは主に淡水に生息するが、孵化時に卵膜を分解する孵化酵素HCEは、至適塩濃度が異なる2種類のアイソザイムMHCE23（淡水型酵素）とMHCE21（塩水型酵素）が存在する。まず両HCE遺伝子の発現量についてリアルタイムPCRを用いて調べたところ、いずれの発生段階においてもMHCE23の方がMHCE21よりも発現量が多いことが分かった。次に飼育条件を変えて発現量を比較すると、胚を淡水で飼育した時と比べて海水中で飼育すると両遺伝子の発現量が増大していた。このことから塩水中では孵化酵素遺伝子の発現量が増すことで孵化を助けていると考えられる。メダカ属は生息環境が多様で、汽水や海水などに生息している。それらは系統学的に3つのグループに分けられている。メダカのゲノム上には3コピーのMHCE23と1コピーのMHCE21がクラスターを形成している。このクラスター構造がメダカ属内で保存されているのかを明らかにするために5種類のメダカ属魚類のBACライブラリーからHCE遺伝子のスクリーニングを行った。その結果、クラスター構造は3つのグループ内でよく保存されていることがわかった。メダカ属各種HCEの配列と生息域とを比較し、メダカ属における孵化酵素の進化過程について考察する。

O-1E-5

地質学的時間スケールでの貝形虫の性的二型とオスへの選択圧の変動

○山口龍彦¹、本田理恵²、松井浩紀³、西弘嗣⁴

¹高知大・海洋コア、²高知大・理、³東北大・院理学、⁴東北大・学術資源

化石標本は性的二型を示すことがあるが、化石を利用した性の進化の研究例は少ない。微小甲殻類である貝形虫（Ostracoda）の化石は、成体の殻の形態に性的二型が現れる。メスの殻高／殻長比はオスに比べて大きい。この性的二型が地質学的時間スケールで変化したかどうかは研究例がない。この性的二型は選択圧によって変化するという仮説があるが、検証されていない。貝形虫の個体群の成体の性比（メス比）はオスの死亡率によって変化するため、性比はオスへの選択圧を反映している。そこでメスおよびオスの殻高／殻長比の10万年～100万年のオーダーでの変動とメス比との関連性を明らかにするため、海洋コアIODP Site U1407産の暁新世（6100～5400万年前）の化石標本を検討した。標本の殻高と殻長を測定し、移動ブロックブートストラップ法と混合ガウスモデルを利用して、殻高／殻長比の平均値とメス比の時系列変化を調べた。殻高／殻長比の平均値とメス比は変動を示した。メス比が高くなる（オスの死亡率が高くなる）とオスの殻高／殻長比が小さくなる有意な負の相関があり、この性的二型はオスへの選択圧と関連がある。

O-1E-4

心筋バネ分子コネクチンによる肺呼吸脊椎動物における冠循環心臓進化の検討

○毛利聡、花島章、氏原嘉洋、橋本謙

川崎医科大学・生理学

脊椎動物の心臓組織は、冠循環を持つ緻密心筋組織と類洞構造により血液を供給されるスポンジ状心筋組織に大別され、活動性が高くエネルギー消費の多い哺乳類や鳥類は発達した冠循環心臓を有している。冠循環の出現は脊椎動物の進化に大きな影響を及ぼしたと考えられるが、心臓は化石として残らず、分子的検討を行うために必要な冠循環形成の分子メカニズムの解明も十分でない。我々は冠循環心臓（哺乳類ラット）では拡張期のみに血液が流れるという特徴から過度な心臓の伸展は血流が阻害されるため、非冠循環心臓（両生類カエル）に比べ伸びにくい性質を有することを確認した。この機械的特性はコネクチンと呼ばれる心筋細胞のバネ分子が関与しているが、弾性特性を有するコネクチン内のPEVK領域（プロリン、グルタミン酸、バリン、リシンを多く含む）を検討したところ、哺乳類・鳥類では両生類と比べ短く心臓の低伸展性を反映していた。遺伝子レベルでは両生類の持つPEVKの巨大エクソンが鳥類では保存され、哺乳類では失われていた。これらの結果より、哺乳類・鳥類の心臓は発達した冠循環を有し心房・心室構造を同じくするが、収斂進化による結果であると考えた。

O-1E-6

藻類・細菌・繊毛虫からなる人工生態系における細菌の適応放散と生存/繁殖戦略

○中島敏幸¹、藤井陽介¹、松浦正幸¹、松本沙千²

¹愛媛大・院理工、²愛媛大学・理生物

演者らは、藻類（*Micractinium* sp. Ehime）・細菌（*Escherichia coli*）・繊毛虫（*Tetrahymena thermophila*）の3種で構成される人工生態系（以下、CETマイクロコズム）を用いて、生態系の動態と構成種の進化との関係を解析してきた。本発表では、6年間培養したCETマイクロコズムから分離された藻類と細菌のそれぞれ30の分離株を用いて、*E. coli*の進化を解析した。*E. coli*祖先株には見られない特徴として、細胞が長くイソロイシン要求性を持つグループ、の祖先株が利用できない資源（クエン酸やラフィノース）の利用能があるグループ等が存在した。これらの代表株を選び、同時期に分離した藻類株との共培養、藻類代謝物の解析、*E. coli*の全ゲノムの解読を行った。それらの解析結果を、細菌－藻類間の共生関係および繊毛虫との被食・捕食関係の視点から考察し、*E. coli*祖先株が藻類や捕食者との関係においてどのような適応放散をしたか、そしてそれぞれの分化の方向にどのような生存・繁殖戦略があるのかを明らかにする。

O-1F-1

異型花型自家不和合性を示すソバにおける
トランスクリプトーム解析相井城太郎¹、安井康夫²、佐藤真吾¹、田巻茜¹、中野絢
菜¹、森正之³、田中宥司¹、[○]大田竜也⁴¹新潟県立大学・応用生命科学、²京大・農、³石川県立
大・生物資源工学研究所、⁴総研大・先端科学

ソバ *Fagopyrum esculentum* には短柱花と長柱花の二つの花型が存在し、同じ花型から花粉を受粉しても受精に至らない異型花型自家不和合性を示す。ソバの異型花型自家不和合性は遺伝的にS遺伝子座で決定されており、優性対立遺伝子と劣性対立遺伝子のヘテロ接合体が短柱花を、劣性対立遺伝子のホモ接合体が長柱花を形成する。このS遺伝子座は複数の遺伝子から成る supergene complex で構成されることが示唆されているが詳細は明らかになっていない。我々はこのソバの異型花型自家不和合性の分子機構を解明するために次世代シーケンサーを用い花器官で発現する遺伝子のRNA-seq解析を行った。その結果、雌蕊と雄蕊のトランスクリプトーム解析からS遺伝子座あるいはその近傍に存在する *S-ELF3* (*S-LOCUS EARLY FLOWERING 3*) が短柱花に特異的に発現していることが示された。また最近公開されたソバのドラフト・ゲノムを参照することで、雄蕊において短柱花特異的に発現する領域を同定した。これらの進化学的意義を考察する。

O-1F-3

微好気性鞭毛虫 *Dysnectes brevis* のゲノムデータから推定するミトコンドリア関連オルガネラの機能[○]井上貴史¹、高林舜¹、久米慶太郎¹、谷藤吾朗²、稲垣祐司¹、橋本哲男¹¹筑波大・院生命環境、²国立科学博物館

フォルニカータ生物群は、嫌気・微好気性の単細胞生物で構成され、ミトコンドリアが機能的に縮退したと考えられるミトコンドリア関連オルガネラ (MRO) を保持している。この生物群に属するヒト寄生虫 *G. intestinalis* のMROであるマイトソームは非常に縮退しており、寄生生活に適応していく中で、TCA回路や酸化的リン酸化によるATP合成系を失ったものと考えられている。しかしミトコンドリアからマイトソームへの縮退過程はいまだ解明されておらず、その解明にはミトコンドリアとマイトソームの中間段階にあるMROの解析が必要である。そこで本研究では、フォルニカータに属する *Dysnectes brevis* という微好気性で自由生活性の鞭毛虫に注目した。*D. brevis* は、フォルニカータの系統樹上で *G. intestinalis* よりも早期に分岐しており、形態的にもマイトソームとミトコンドリアの中間程度の大きさのMROを保持している。今回は *D. brevis* のゲノム、トランスクリプトームデータからMRO機能を推定し、ミトコンドリアおよび既存のデータのある近縁生物のMRO機能と比較した。その結果MROの縮退過程において水素産生型ATP合成機能がMROから細胞質へと局在を変えた可能性が示唆された。

O-1F-2

Alanine to serine replacement at Q_B binding site of photosystem II triggered photosynthesis efficiency and photoprotection.[○]平山知歌子、岸野洋久

東大・院農

Photosystem II (PS II) uses light-driven water oxidation to uptake electrons toward the second plastoquinone (Q_B) reduction. Plastoquinone is a quinone molecule involved in electron and proton transfer process of oxygenic photosynthesis. Q_B accepts two electrons and two protons to form Q_BH_2 . In this course, the potential energy of amino acid site 264 (s264) binding Q_B in *psbA* family lowered according to the investigation. By reconstructing ancestral states of the sequences, we found that this site was alanine at the root of cyanobacterial tree, and was replaced by serine at early time of diversification. We also found coevolution of fourteen amino acid sites. Some are located around Q_B binding sites. Some belong to the oxygen-evolving complex. The others are pheophytin D2 and cytochrome b559 binding sites on the side-path for the photoprotection. The resultant set of coevolution was conserved throughout the succeeding evolutionary history. This implies that the s264's acquisition of hydroxyl group increased the efficiency to facilitate and to stabilize electron transfer and proton transfer. Coevolution on the side-path may be related with the resistance to photoinhibition.

O-1F-4

食性の異なるショウジョウバエにおける
抗真菌免疫システムの分子進化[○]瀬戸陽介¹、田村浩一郎^{1,2}¹首都大・理工、²首都大・生命情報研究センター

ショウジョウバエは様々な食性を示し、発酵した果実や樹液、キノコなどを利用している。これらの食物にはバクテリアや真菌といった様々な微生物が存在しており、摂食とともに体内に侵入してくる微生物に対する免疫システムは生存上重要なものである。例えば、酵母によって発酵した果実を利用するキイロショウジョウバエは、カビの経口感染に対して抗真菌ペプチドであるDrosomycinの産生を中心とした免疫応答を示す。しかし、この遺伝子はキイロショウジョウバエ種群以外の種には存在しておらず、このような種の中には樹液やキノコなどを利用するものが多く存在する。これらの種がどのような免疫システムでカビの感染から自己防御しているのかを調べるため、キイロショウジョウバエとの間でアオカビの経口感染に応答する遺伝子の比較発現解析を行った。本研究では、経口感染に重要な役割を果たす唾液腺や腸管などの局所的な免疫応答と脂肪体を介した全身性免疫応答それぞれについて解析を行ったので、その結果について報告したい。

O-1F-5

配列データのパーティショニングおよびフィルタリングによる分子系統解析精度の向上

○岩本栄介¹、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大学東京理工学研究科生命科学専攻、²首都大学東京 生命情報研究センター

多くの分子系統樹推定法では、全ての配列の進化過程で置換パターンは同一であったと仮定される。そのため、一部の配列の置換パターンが異なる場合、系統推定の精度が低下する場合がある。近年、シーケンシング技術の飛躍的な発展により、大量の配列データが容易に取得可能となった。このため、取得した配列データセットから一部の好ましくない領域を除外しても、系統解析に十分なデータ量が得られるようになった。

本研究では、遺伝子配列データから計算した進化距離行列を用い、遺伝子間の修正ユークリッド距離を求め、それを元に均一な置換パターンで進化した遺伝子配列データのサブセットを構築することを試みた。得られたデータサブセットについては、実際に配列から計算される観察進化距離行列と、それを用いて構築された系統樹から逆算される期待進化距離行列を比較し、データサブセットの持つ歪みを評価した。最終的に、その評価によって系統解析に有害な異質な置換パターンの領域を特定、除外した。

コンピュータシミュレーションとミツバチ科のデータセット (Woodard et al. 2011) を用いて検証した結果、この方法による系統解析精度の向上が示された。

O-1G-1

Functional mutations in spike glycoprotein of Zaire ebolavirus associated with an increase in infection efficiency

○Mahoko Ueda, Yohei Kurosaki², Taisuke Izumi³, Yosuke Nakano³, Olamide K. Oloniniyi^{2,4}, Jiro Yasuda^{2,4}, Yoshio Koyanagi³, Kei Sato³, and So Nakagawa^{1,5}

¹Micro/Nano Technology Center, Tokai Univ., ²Instit. Tropical Medicine, Nagasaki Univ., ³Inst. Virus Research, Kyoto Univ., ⁴Grad. Sch. Biomed. Sciences & Prog. Nurturing Global Leaders, Nagasaki Univ., ⁵Tokai Univ. Sch. Medicine

Ebola virus (EBOV) is extremely virulent, and its glycoprotein is necessary for viral entry. EBOV may adapt to its new host humans during outbreaks by acquiring mutations especially in glycoprotein, which allows EBOV to spread more efficiently. To identify these evolutionary selected mutations and examine their effects on viral infectivity, we adopted experimental-phylogenetic-structural interdisciplinary approaches. In evolutionary analysis of all available Zaire ebolavirus glycoprotein sequences, we detected two codon sites under positive selection, which are located near/within the region critical for the host-viral membrane fusion, namely alanine-to-valine and threonine-to-isoleucine mutations at 82 (A82V) and 544 (T544I), respectively. The fine-scale transmission dynamics of EBOV Makona variants that caused the 2014-2015 outbreak revealed that A82V mutant was fixed in the population while T544I was not. Further pseudotype assays for the Makona glycoprotein demonstrated that the A82V mutation caused a small increase in viral infectivity compared with the T544I mutation. These findings suggest that mutation fixation in EBOV glycoprotein is closely associated with their increased infectivity levels; the mutant with a moderate increase in infectivity will fix. Our findings may contribute to predicting the potentially 43 causative mutations within EBOV glycoprotein, resulting in increased virulence in future outbreaks.

O-1F-6

Ortholog-Finder : 系統解析用オーソログデータセット作成プログラム

○堀池徳祐¹、葉袋良一²、宮田大輔³、中村洋路⁴、館野義男⁵

¹静岡大・農、²がん研究会、³千葉商大・商経、⁴水産総合研究セ・中央水産研、⁵DGIST

現在、高速DNAシーケンサーの普及により完全長ゲノム配列が決定されている生物は4000種を越えた。これらの生物ではゲノム上のパラログの有無を把握できるため、PCRの増幅に頼ったオーソログ配列収集よりも信頼性の高いオーソログデータを作成できると期待される。全ORF比較によって得られる大量のオーソログを用いた系統解析の手法として配列連結系統樹があげられるが、これにより推定される系統樹の樹形はオーソログデータセットの質に大きく依存する。そこで我々は種の系統推定に利用するためのより良いオーソログデータ作成を目的とし、Ortholog-Finderを開発した。このプログラムはオーソログ候補について系統樹を作成し、その樹形情報とアウトグループの情報を元に自動でアウトパラログを検出し、オーソログ候補から削除する。また、水平伝播によりゲノムにもたらされた遺伝子をあらかじめ予測し、オーソログ候補に含まないようにしている。その為、従来よりも精度良く種の系統を解析できると期待される。本発表では最近加えた改良などについても紹介する。(Horiike et al., Genome Biol. Evol. 2016)

O-1G-2

GenomeSync and Genome Search Toolkit

○Kirill Kryukov, Tadashi Imanishi

Tokai University School of Medicine

We present a database and a set of tools for analyzing metagenomics sequence datasets: GenomeSync is a continuously synchronizing database of complete genome sequences. Currently the database includes over 78,000 complete genomes, including eukaryotes, bacteria and viruses. Over 2,800 genomes are eukaryotic. The total size of sequence is about 1200 Gbp. Although the genome sequences are obtained from public databases, downloading such data and keeping it up-to-date manually would be a challenging task. With GenomeSync the synchronization occurs automatically (only new or updated genomes are downloaded).

Genome Search Toolkit is a set of tools for conducting large-scale homology searches and summarizing the results of such searches. It includes tools for preparing the database, dividing the search into subsets, submitting search jobs on a PC cluster, merging and filtering the search output, and summarizing search results in textual and visual forms. It supports incremental search - automatic updating the search results after adding new database genomes. Together these tools and database allow users to perform detailed analysis of metagenomic sequence datasets. We use these tools and database in various projects ranging from contamination detection to diagnosis of infectious diseases.

O-1G-3

大酸化イベントに伴うシアノバクテリアSOD (Superoxide dismutase) 発現量の地球史的変動：祖先型プロモーター配列からの推定

○原田真理子¹、古川龍太郎¹、横堀伸一¹、田近英一²、山岸明彦¹¹東薬大・生命科学、²東大院・理学系

地球大気中の酸素濃度は地球誕生直後にはほぼゼロであったが、約20億年前に急上昇したことが地質学的証拠から知られている。これは『大酸化イベント』とよばれ、生命の代謝系の進化に重大な影響を与えたはずであるが、その直接的な証拠はなかった。本研究では、大酸化イベントが生物進化に与えた影響を読み解く手がかりとして、シアノバクテリアの抗酸化酵素SOD (Superoxide dismutase) の発現量の地球史的変動を推定した。シアノバクテリアは光合成を行うために光の届く水圏に生育している。シアノバクテリアは酸素濃度上昇の主役であると同時に、シアノバクテリア自身も大気酸素濃度の変動に大きな影響を受けたはずである。タンパク質の発現量は、上流に存在するプロモーター領域の塩基配列によって制御される。そこで、シアノバクテリアSODの祖先型プロモーター配列を分子系統解析により推定し、過去約30億年間のSODの発現量の変化を推定した。その結果、SODはシアノバクテリア誕生時には低発現であったが、大酸化イベントと同時期に大量発現したと推定された。これは大酸化イベントへの生命の代謝系の適応進化を示す初めての証拠である。

O-1G-5

Lineage dynamics of human influenza B viruses in Japan

○大森亮介¹、Mayumbo Nyirenda²¹Research Center for Zoonosis Control, Hokkaido University, ²Graduate School of Information Science and Technology, Hokkaido University

The prediction of the lineage dynamics of influenza B for the next season is one of the biggest obstacles for constructing an appropriate influenza trivalent vaccine. Here we construct a parsimonious model describing the lineage dynamics while taking into account seasonal fluctuation of transmissibility and epidemiological interference. Using this model we estimated the epidemiological and evolutionary parameters with the time-series data of the lineage specific isolates in Japan from the 2010-2011 season to the 2014-2015 season. Estimated basic reproduction number is similar between Victoria lineage and Yamagata lineage. Meanwhile the duration for which the acquired immunity is effective against the Yamagata infection is shorter than Victoria, (424.1days, 29.0days). The reduction rate of susceptibility due to immune cross reaction is 0.51 for the immunity obtained from the infection with Yamagata against the infection with Victoria and 0.62 for the immunity obtained from the infection with Victoria against the infection with Yamagata. The estimation results regarding the duration for the immunity suggests that this immunity may persist temporarily and wane rapidly, which is consistent with the results of phylogenetic analysis, Victoria lineage is under stronger selection pressure due to host immunity, and the antigenicity of Victoria changes faster than that of Yamagata.

O-1G-4

嫌気的環境に生息する真核微生物メタモナス類におけるATP合成系の進化

○西村祐貴¹、小田切正人²、守屋繁春²、大熊盛也¹¹理化学研究所・バイオリソースセンター、²理化学研究所・環境資源科学研究センター

メタモナス類は嫌気的環境に生息する真核微生物からなる生物群で、フォルニカタ類、パラバサリア類、プレアクソステイラ類に大別される。本生物群は酸素呼吸を行う典型的なミトコンドリアをもたず、嫌気的にATP合成を行う。メタモナス類の解糖系では通常の実核生物とは起源が異なる遺伝子が機能しており、嫌気環境下で効率よくATPを合成できるように適応した結果だと考えられている。また解糖系に加えてその最終産物であるピルビン酸からATPを合成し、副産物として有機酸や水素を産出しているが、これらの反応を触媒する遺伝子も水平伝播により獲得した可能性が示されている。しかしメタモナス類で研究が進んでいるのはヒトや哺乳類に寄生する一部の生物のみであり、本生物群のATP合成経路の全容が理解されているとは言い難い。そこでイエシロアリの後腸内に生息し、未だ培養株が確立していない3種のパラバサリア類の単一細胞からトランスクリプトームデータを取得した。得られたデータからATP合成に関わる遺伝子を探索し、それぞれについて系統解析を行った。その結果に基づき、メタモナス類におけるATP合成の進化・多様性を議論する。

O-1G-6

生殖細胞を介さず次世代へと伝わる菌細胞ゲノム

倉田歩¹・阿部真明¹・藤原亜希子^{1,2}、○土田努¹¹富山大・院・理工、²理研・CSRS

多細胞生物の体は、単一の生殖細胞に由来する細胞の集合体であると、常識的には考えられている。しかし、我々はタバココナジラミ *Bemisia tabaci* を対象とした解析を行い、その必須の共生細菌を収納する細胞である“菌細胞”が、生殖細胞とは独立した遺伝機構を持ち、他の体組織の細胞とはゲノム組成が異なっていることを明らかにした。従来からコナジラミ科昆虫では、菌細胞が母体内で胚に丸ごと取り込まれるという伝達様式を示すことが報告されてきた。我々は、共焦点顕微鏡を用いて詳細な観察を行い、母体内へと伝えられた菌細胞はそのまま増殖を続け、成虫になるとその一部が再び次世代へと伝えられることを確認した。複数世代に渡る交配実験およびマイクロサテライトマーカーを用いた解析により、菌細胞ゲノムは、確実に母親からのみ伝えられており、別組織の細胞とはゲノム組成も異なっていることを明らかにした。本研究結果は、従来の多細胞生物に対する概念を大きく覆す可能性があるものと考えられる。

O-2A-1

コロンブス後の南米における ピロリ菌・mtDNA・Y

○鈴木留美子、小野孝明、塩田星児、山岡吉生

大分大学・医学部

ピロリ菌は世界人口の約半数が保菌し、消化器疾患のリスクを上げる要因として知られている。しかし実際にガンにまで発展するのは感染者の1パーセント程度である。多くの場合、感染は免疫の弱い幼児期に保菌者との密接な接触によって成立し、重篤な症状なしに持続する。このような伝播様式のため、ピロリ菌集団間の系統関係と宿主である人類集団の系統関係はよく一致する。

しかし、ピロリ菌ゲノムは容易に組み替えを起こすため、異なる民族の接触などによってもともと持っている菌株と異なる系統の菌株が多重感染した場合、ハイブリッド株が生じたり、後から感染した菌株が優勢となる場合もある。コロンブス後にヨーロッパからの人口流入を受けた南米では、先住民が持っていたモンゴロイド系統のピロリ菌株の消失と、ヨーロッパ系統の株の優占がよく見られる。このような入植地での菌の交代現象を、宿主であるヒト側の系統と合わせて検討するため、我々はコロンブスが最初に上陸したドミニカ共和国のイスパニョーラ島住民から採取したピロリ菌の系統解析を行うとともに、宿主の胃組織からmtDNA及びY染色体のハプロタイプを決定し、ピロリ菌・mtDNA・Yの比較を行ったので結果を報告する。

O-2A-3

ショウジョウバエのヒストン遺伝子の構造と 進化：H3, H3.3A, H3.3B 遺伝子

○松尾義則^{1,2}、角林則和¹

¹徳島大学大学院SAS研究部、²徳島大学理工学研究部

ヒストンの修飾とバリエーションタイプへの置き換えはヌクレオソームの再構築を起こし、エピジェネティクスにおいて重要な役割を果たしていることがわかってきた。エピジェネティクス機構の進化を明らかにするために、ヒストンバリエーションであるH3.3AとH3.3B遺伝子の進化をゲノム解析が終了している12種のDrosophilaについて詳しく解析した。

H3.3A 遺伝子の5'上流にはロイシンジッパーをコードする遺伝子が12種すべてに配置しており、2つの遺伝子はco-regulationを受けている可能性があるが、遺伝子間に強く保存された配列はみられなかった。H3.3B 遺伝子の5'上流側には、遺伝子配置の保存性は観察されなかった。ただし、関連性のありそうなSer/Thr protein kinase-likeの遺伝子がD. ananassaeの5'上流側に、Lys methyltransferase 遺伝子がD. virilisとD. mojavensisの5'下流側に配置していた。5'上流や5'下流に強く保存された配列はみられず、第一イントロンおよび第5エクソンのコード領域の外側にやや保存的な配列がみられた。コード領域では、H3, H3.3A, H3.3B 遺伝子の間に遺伝子特異的および置き換え型に特徴的なコドンバイアスがみられた。ヒストン修飾を受けるアミノ酸部位での強いコドンバイアスも観察された。

O-2A-2

出アフリカと精神疾患： シアル酸転移酵素STXの低活性化による適応

○藤戸尚子¹、颯田葉子¹、羽根正弥²、松井淳³、八島健太¹、北島健²、佐藤ちひろ²、高畑尚之¹、早川敏之⁴

¹総研大・先端研、²名大・生物機能センター、³京大・霊長類研、⁴九大・システム生命

シアル酸転移酵素STXは、脳内の神経細胞接着分子上にポリシアル酸を合成し、神経細胞上のポリシアル酸の量を介して間接的に神経細胞間の細胞接着の度合いを決定する。STXは統合失調症や自閉症など様々な精神疾患との関連が報告されており、ヒトの高次脳機能に関わると考えられる。現生人類のSTX 遺伝子に見られる4つのプロモータータイプの活性測定結果は、そのうちの一つが他より有意に低いプロモーター活性をもつことを示した。本研究ではこれらのプロモータータイプについて、クローニングにより決定した民族集団サンプル63個体のハプロタイプ配列(10kb)及び、1,000人ゲノムプロジェクトからの2,504個体のSNPデータを用いて集団ゲノミクスの視点から解析を行った。その結果、プロモータータイプは約60万年前のアフリカで分岐し、低活性タイプの拡散は約10万年前に起こったことが明らかになった。又、低活性タイプは、その頻度に比して多様性の程度が低く、正の自然選択が働いた可能性が示された。東アジア、南アジア、アメリカで高頻度に存在すること等から、この自然選択は現生人類のユーラシアへの移動と関連することが示唆される。

O-2A-4

1個体全ゲノム配列に基づいたミンククジラの 個体数変動推定と種分化

○岸田拓士

京都大・野生動物研究センター

大洋における種分化に関しては従来から多くの研究がおこなわれてきた。だが、例えばクジラのような移動能力の高い動物の集団が、明瞭な地理的分断の存在しない開けた空間においてどのように分化するのか、そのメカニズムは未だによく分かっていない。ミンククジラ *Balaenoptera acutorostrata* は世界中に分布する大型のヒゲクジラ類であり、南半球にのみ生息するクロミンククジラ *B. bonaerensis* と、およそ470万年前に分岐した。近年、北西太平洋個体群に属するミンククジラのゲノム配列が解読され、また発表者らのグループはクロミンククジラのゲノムを報告した。本研究では、これらのゲノムデータを元に、ミンククジラとクロミンククジラの個体数変動をPSMC法を用いて推定した。クロミンククジラの有効集団サイズは種分岐後に単調増加した一方でミンククジラではそのような増加傾向が見られなかった。だがその一方で、種分化後も種間の遺伝子流動が存在することが示唆された。こうした結果を報告する。

O-2B-1

性染色体の退化過程の解明：
ORFの破損？それとも転写の停止？

○野澤昌文

首都大・院理工

一对の常染色体から性染色体が生じると、Y染色体は組換えの機会を失う。そのため、Y染色体からは多くの遺伝子が失われることが知られている。しかし、どのようにしてY染色体から遺伝子が失われていくのかについては不明な点が多い。私は、約100万年前に新たに性染色体 (Neo性染色体) が生じたミランダショウジョウバエ (*D. miranda*) を用いてこの問題に取り組んでいる。これまでに、1) Neo-Yの半分以上の遺伝子が既に偽遺伝子化していること、2) Neo-Y遺伝子の偽遺伝子化に伴い、Neo-X上の相同遺伝子が発現上昇すること、3) Neo-YのみならずNeo-X上の遺伝子も常染色体上の遺伝子に比べて偽遺伝子化の速度が上昇していること、を明らかにした。本発表では、Neo性染色体上の遺伝子の偽遺伝子化が、主に「ORFの破損」と「転写の停止」のいずれによって引き起こされているのかを報告する。また、最近 *D. miranda* とは独立にNeo性染色体を獲得したアカショウジョウバエ (*D. albomicans*) のゲノム配列、トランスクリプトーム配列を決定したので、このNeo性染色体の偽遺伝子化についても簡単に紹介する。

O-2B-3

トランスクリプトーム進化の遺伝基盤とその制約

○石川麻乃¹、日下部誠²、吉田恒太¹、Mark Ravinet¹、牧野能士³、豊田敦⁴、藤山秋佐夫⁴、北野潤¹¹国立遺伝学研究所・生態遺伝、²静岡大学・理、³東北大学・生命科学、⁴国立遺伝学研究所・生命情報

適応進化の多くは、遺伝子発現の変化を介して生じる。これまで明らかにされた適応進化をもたらす遺伝子発現の変化の多くは、その遺伝子の近傍にあるシス制御領域の変異によるものであった。一方で、近年、モデル生物では、全ての遺伝子発現量 (トランスクリプトーム) についてQTL解析を行う全ゲノム expression QTL (eQTL) 解析により、遠位から数十個以上もの遺伝子の発現量を一気に変える遺伝子座が存在が示されている。では、自然集団で生じたトランスクリプトーム進化に、このような近傍の変異と遠位の変異はどう寄与するのか？ 私たちはトゲウオ科魚類イトヨをモデルにこの問題に取り込んだ。海型と淡水型の全脳トランスクリプトームは大きく異なった。そこで、全ゲノム eQTL 解析を行うと、近傍と遠位の遺伝子発現を制御する eQTL と共に、多数の遺伝子発現に影響する eQTL ホットスポットが検出された。この標的遺伝子群の解析と、海型／淡水型間で高い遺伝的分化を示すゲノム領域との共局在解析から、近傍の変異はトランスクリプトームの適応進化に強く寄与する一方、遠位の変異はその制約となっていることが示唆された。

O-2B-2

核型進化の確率モデル

○吉田恒太、北野潤

遺伝研・生態遺伝

染色体の数と形態、いわゆる核型の進化の理解は、進化遺伝学において重要な課題である。しかしながら、その一般的な進化的要因を明らかにするための、十分な解析力をもつ確率モデルはこれまで提唱されてこなかった。本発表でわれわれは三つのメジャーな核型の変化、動原体融合、動原体分裂、動原体を含む逆位からなる核型進化の確率モデルを提唱する。われわれはこのモデルをもとに系統種間比較を行い、魚類の二つの大きな単系分類群 Eurypterygii と series Otophysi (それぞれ57%、31%の魚種を含む) についてその進化パラメータの推定と進化史の再構成を行った。その結果、二つの分類群間の進化パラメータの違い、動原体を含む逆位の方向性のバイアス、Otophysi内における核型の平行進化、Eurypterygiiにおける核型進化にともなう絶滅率の上昇など多くの興味深い結果が得られたので報告する。

O-2B-4

スラウェシ島固有のマカクにおける適応と
種分化に関与する遺伝子○寺井洋平¹、今井啓雄²、Laurentia Henrieta Purba³、Kanthi Arum Widayati³、Bambang Suryobroto³¹総研大・先導研、²京大・霊長研、³ボゴール農科大学

近年、魚類、昆虫、鳥類の極めて近縁な種のペアを用いたゲノム集団解析により、適応と種分化に関与すると予想される2種間で分化した領域の特定が行われてきた。本研究ではスラウェシ島固有のマカク種を用いて2種間で分化した領域と、その領域に存在する適応と種分化に関与する遺伝子を明らかにすることを目的としている。インドネシア、スラウェシ島にはこの島に固有の遺伝的に近縁な7種のマカクが生息している。それぞれの種の分布は異なり、分布の境界では交雑帯を形成している。本研究では *Macaca tonkeana* と *M. hecki* に着目し、これら2種の交雑帯近くでそれぞれ9個体と10個体のDNAを収集した。次世代シーケンズライブラリ構築、エキソンキャプチャ後、それぞれの個体で5 Gb以上の配列を決定し多型座位を抽出した。2種間で多くの多型座位は共有されており、分化した座位は共有している座位の0.3%程度であった。分化した座位が存在する遺伝子は種特異的な形質に関連すると予想され、実際に遺伝子を調べると自然免疫、肥満、発育、体毛などに関連する遺伝子であった。これらの遺伝子と2種の適応や種分化の関連を明らかにするために研究を進めている。

O-2C-1

幼獣が移動する動物は、分散がオスに偏りやすい

○廣田忠雄

山形大・理

すべての生物は何らかの形で移動分散するが、距離・時期・手段は種によって様々。種内にも、分散多型や性的二型が存在する場合も少なくない。一般的に、哺乳類では主にオスが、鳥類ではメスが分散する傾向がある。性特異的分散の進化は、近親交配の回避や、資源保持の性的役割などによって説明されているが、未だ考慮されていない生態学的要因がある。本報では、分散を行う発育段階が、性特異的分散の進化に与える影響を調査した。雌雄の分散率が異なる遺伝子座で決定されている生物を仮定し、メタ個体での挙動を個体ベースモデルで解析した結果、パッチ内の個体数が負の密度効果の影響を受ける前に移動する場合、オス特異的な分散が生じやすいことが分かった。この効果は、一夫一妻では生じないため、オスが複数のメスと交尾できる条件が重要であることが分かった。本モデルの予測は、哺乳類でみられる現象と一致する。

O-2C-3

集団適応度で繋ぐ進化と生態 —ショウジョウバエの行動多型を用いた実証

○高橋佑磨^{1,2}、田中良弥²、鈴木紀之³、山元大輔²、河田雅圭²

¹東北大・学際研、²東北大・生命、³カリフォルニア大

相対適応度の高い個体を選択することで生じる適応進化は、集団の平均絶対適応度（集団適応度）を増加、あるいは減少させることで、個体群の人口学的動態に影響を及ぼしうる。集団内の遺伝的多型は、その進化が確率的過程ではなく選択による場合にのみ、単型状態よりも集団適応度を増加させると予測されている。本研究では、キイロショウジョウバエの *for* 遺伝子の変異に基づく採餌行動の多型（*Rover* 型と *sitter* 型）を用い、多型の成立過程と集団適応度の関係を解明することを目的とした。本種の多型は、資源競争に関連した負の頻度依存選択によって維持されており、資源競争の弱くなる高栄養状態では当該選択圧が働かないことが知られている。そこで、低～高栄養の3つの栄養状態において、2型の卵を1:0か1:1、0:1の比率で導入し、羽化時の集団重量を測定した。低栄養条件では、多型状態の集団適応度が、いずれの単型状態、あるいは2つの単型状態の平均よりも高くなった。しかし、高栄養条件では同様の傾向は認められなかった。これらの結果は、多型が積極的に維持される条件でのみ、種内多型が集団適応度を高める効果をもつことを示唆している。

O-2C-2

ショウジョウバエのフェロモン選好性の 急速な進化をもたらす神経基盤

○石川由希¹、前田直希¹、上川内あづさ¹、山元大輔²

¹名古屋大・院理、²東北大・院生命

同種の異性を好み、他種を嫌う選好性は、異種交配の回避に寄与している。この配偶者選好性は種分化の過程で急速に進化する。この神経基盤を解明するため、私たちはショウジョウバエのフェロモン選好性に着目した。キイロショウジョウバエ（以下キイロ）のフェロモン 7,11-heptacosadiene (7,11-HD) は同種オスの求愛を促進する一方、近縁種の求愛を抑制する。私たちはこの 7,11-HD 選好性の種差に、キイロにおいて 7,11-HD を受容する *ppk25* ニューロンが関与するという仮説をたて、近縁種と同じく 7,11-HD に負の選好性を示す雑種を用いてこれを検証した。雑種の *ppk25* ニューロンの数や分布はキイロと同等であり、またこれらを機能抑制してもキイロへの求愛は促進されなかった。さらに雑種の *ppk25* ニューロンの感受性はキイロよりも低いことが示唆された。これらのことから、雑種や近縁種の負の 7,11-HD 選好性は、*ppk25* 以外のニューロンが 7,11-HD を抑制シグナルとして感受することと、7,11-HD を促進シグナルとして感受する *ppk25* ニューロンの感受性が低下することで成立すると示唆される。

O-2C-4

Brn-2/Pou3f2は社会性に重要である

○矢田紗織²、恩田美紀¹、那須信⁵、須藤伝悦¹、秋山佳代⁴、吉田進昭³、植田信太郎¹

¹東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻、²東北大学大学院農学研究科応用生命科学専攻、³東京大学医科学研究所システム疾患モデル研究センター、⁴筑波大学大学院医学医療系、⁵熊本大学大学院生命科学研究部脳回路構造学分野

Brn-2/Pou3f2は全ての脊椎動物の脳で発現している転写因子である。哺乳類Brn-2には単一アミノ酸反復配列が含まれているが、魚類・両生類のBrn-2ホモログではリピートが欠失していることから、これは進化の過程で挿入・保存されてきた構造であると推測される。我々はBrn-2が脊椎動物の脳の進化に寄与してきたと考え、先祖返り動物として両生類（*Xenopus tropicalis*）型ホモログを挿入した xBrn-2 ノックインマウス（tro/tro）を作製し、解析してきた。その結果、まず tro/tro マウスのメスで子育て能力の低下が見出された。野生型の場合は仔の生存率は約 80% だが、tro/tro の場合は約 20% であった（ $p < 0.001$ ）。これは脳内のモノアミン系神経伝達物質（ドーパミン、セロトニン）の発現低下によって仔への興味・関心が低くなったことが原因であることが示唆された。またオスでもメス同様に神経伝達物質が低下しており、攻撃性の低下や不安様行動の増加が見出された。本研究により、哺乳類のBrn-2は他者への関心や攻撃性などの社会性行動に重要であることが明らかになった。

O-2D-1

統語能力の適応的進化は想定可能か：
行動多様性の推進力

○外谷弦太、橋本敬

北陸先端科学技術大・知識科学系

言語をはじめとするヒトの行動多様性の説明には、生得的な能力が原因であるとする立場と、ヒトが暮らす多様な環境が原因であるとする立場の二種類がある。しかし、ヒトの行動は環境が同一であっても多様化していくし、どちらの立場も行動を多様化することの適応性が何であるのかという点については説明がない。

ヒトは道具製作によって身体と環境の関係を調整することで、遺伝的進化を介さず新たな生存・生殖資源へのアクセスが可能になっている。この事実を前提として道具製作エージェントの進化シミュレーションを行った結果、新奇な資源の獲得方法を開拓すること、すなわち行動多様性を促進することが、他個体との資源獲得競争における競争を回避する手段として現れることがわかった。さらに、行動の多様化を効率化する能力として、既存の道具の再帰的な組み合わせ操作が出現することがわかった。

以上から、ヒトの行動は技術開発競争を推進力として多様化したことが考えられる。それは単なる軍拡競争ではなく、他者との競争を回避するイノベーションの連発である。発表では、そのような環境で再帰的な統語能力の適応的進化が想定可能であるかも議論する。

O-2D-3

ヒト言語の構造依存性とその進化

○藤田耕司

京大・人環

Suzuki et al. (2016, *Nat. Commun.* 7) は、シジュウカラが鳴き声を組み合わせて複雑な表現を作る能力を持っていると報告した。ヒト以外で初めて合成的統語能力 compositional syntax が見つかったケースとされ、進化言語学的にも注目されている。ところが実際には、これはシジュウカラの鳴き声が一定の線形順序以外では意味をなさなくなるという観察でしかなく、ヒト言語の統語が持つ性質とはまったく異なる。ヒト言語の生物学上の最大の特徴は、階層構造に基づく構造依存性にある。言語進化的には、シジュウカラの線形文法はヒト言語の階層文法が出現する以前にあったと想定される原型言語の特徴と考えるべきであって、それがいかにして階層文法に推移したかが進化言語学上の大きな問いの1つである。この発表では、構造依存性とはどういったものであり、線形文法から階層文法への進化がどのようにして生じ得たかについて解説する。なおこの発表は、ワークショップW1『超学際領域としての進化言語学』とも連動しており、その補足を兼ねるものである。

O-2D-2

進化言語ゲームにおける中立安定戦略の均衡選択

○内田誠吾、宮下春樹、福住多一

筑波大学・大学院人文社会科学研究所・国際日本研究専攻

動物や人間間における、コミュニケーションシステムの進化的安定性について考察する。pawlowitsch (2008) を参考に、情報の送り手としてのセnderと情報の受け手としてのレシーバーからなるセnderレシーバーゲームを定式化し、中立安定戦略 (NSS) どうしのマッチングを分析する。セnderが観察した事象と、レシーバーがメッセージを受けて対応させた事象が一致したときのみ、両プレイヤーは等しい大きさの利得を得るとする。研究では、事象の集合とメッセージの集合が異なる場合のNSSに関心を絞る。

淘汰プロセスは、Nowak et al (2004)、Nowak (2004)、Pawlowitsch (2007) に準拠し、頻度依存の出生死亡過程における固定確率と、中立的浮動での固定確率との比較によって導出する。前者の固定確率が、後者の固定確率より高い戦略を淘汰において有利であると考ええる。

2事象・3メッセージの場合のNSS どうしのマッチングにおいて、以下のことが判明する。使われないメッセージがあるNSS どうしがマッチングする場合、いずれの戦略も有利とはいえない場合がある。また、あいまいな記号をもつ言語は、もたない言語よりも淘汰において有利になることがある。以上の内容で発表を行いたい。

O-2D-4

進化はなぜ「進歩」だと理解されるのか：
人文諸科学における「進化」の語の由来と発展

○藤井修平

東大・人文社会・宗教学

「進化」という言葉は、生物学の外ではしばしば全く異なった意味で用いられている。他の分野や日常生活における「進化」は、製品の進化や技術の進化といった、より良い形態への段階的發展という意味が含まれ、遺伝や自然選択によって分岐的・漸進的に進行する「変化を伴う由来」の意味ではほとんど用いられない。こうした状況は、生物学の概念としての進化を理解する際の妨げとなっていると思われる。

本発表では、進歩や発展という意味を持つ「進化」の語がどのように生まれ、広まってきたのかということを、社会学や人類学といった分野での「進化」の用いられ方に目を向けることによって明らかにする。これらの人文諸科学は、「進化」とはより良い形態への段階的發展だと考え、生物学とは異なった「進化論」を独自に提唱してきたという歴史を有している。このような進歩的・發展的「進化」概念の広まりを把握することは同時に、進化心理学や認知科学が進化学の成果を用いて人文諸科学にアプローチする際に誤解が生まれることを防ぐためにも役立つはずである。

O-2E-1

リスクへの態度の血縁選択に基づく解釈 —進化的マルチエージェントシミュレーション およびアンケートデータ解析に基づく分析—

○小松秀徳¹、田中伸幸¹、大橋弘忠²

¹電中研、²東大・院工

リスクに近づけば近づくほど生存確率が低くなるが、リスクを生き延びればより多くの繁殖機会を得られる環境において、リスクへの態度と血縁個体への利他行動の戦略を進化させる、血縁選択を考慮したマルチエージェントシミュレーションモデルを構築した。このモデルを用いて、利他性を持つ個体と持たない個体のリスクへの態度を比較した。その結果、個体数が増加できる穏やかな環境下では、個体群平均はリスク忌避的に、個体数が低減する厳しい環境下では、個体群平均はリスク選好的になる傾向が観察された。これに加え、環境が厳しい場合と穏やかな場合のいずれにおいても、個体群平均がリスク忌避的・選好的のいずれであるかに関わらず、血縁個体から多くの援助を受け取っている個体ほど、リスクに近づこうとする傾向が見られた。さらに、このシミュレーションモデルが示す傾向が、現実世界においても観察されるかどうかを、アンケートデータ解析によって検証したところ、親族からの援助を示唆する変数が、実際にリスク選好的な態度に寄与する傾向が確認された。

O-2E-3

エージェントモデルによる周期(素数)ゼミの 周期性進化メカニズムの解明

○伊東啓¹、柿嶋聡²、上原隆司³、守田智^{4,5}、小山卓也⁶、曾田貞滋⁶、John R. Cooley⁷、吉村仁^{5,4}

¹長崎大・熱研、²科博・植物、³名古屋短期大・保育、⁴静岡大・院工、⁵静岡大・創造院、⁶京都大・院理、⁷Dept. Ecol. & Evol. Biol., Univ. of Connecticut

北米には、13年もしくは17年に一度、同時羽化によって大発生するセミが生息している。このように、このセミは素数周期で発生することから、「周期ゼミ・素数ゼミ」と呼ばれており、なぜ現在のようなセミが誕生したのかは未だに大きな謎である。これまでの研究から、いくつかの羽化周期が混在したときに、交雑の観点から素数周期のセミだけが生き残ることが数値計算によって導かれている。しかし、その前段階である周期性そのものの進化は再現されていなかった。

本研究では、個体ベースのシミュレーションモデルを構築し、氷河期(平均気温の低下)という環境下でセミの周期性が進化する様子を再現することに成功した。さらにシミュレーション上では、設定する平均気温を変化させてみると、そこに生息するセミが獲得することのできる周期の長さも変化する様子が再現された。これにより、氷河期による成長スピードの低下というセミにとっての危機的状況が周期性進化に大きく関係していることが示唆された。本結果は、環境変動によって進化が引き起こされることを明確に示したものである。

O-2E-2

プラスミド宿主域拡張への進化的道筋

○矢野大和^{1,2}、Wesley Loftie-Eaton²、Eva M Top²

¹筑波大学・生命環境、²University of Idaho・IBEST

耐性プラスミドと宿主細菌は抗生物質などの選択圧がある状況で共進化し、選択圧が亡くなった後も、プラスミドが集団内で安定して存続できるようになる。その機構の一つは、複製タンパク質と宿主DNAヘリカーゼの親和性の低下による宿主適応度の改善(Yano et al., 2016. Mol. Microbiol.)であったが、共進化を実現する機構として、幾つのパターンがあるのか不明であった。それを明らかにするため、IncP-1プラスミドと*Pseudomonas*宿主の共進化実験で構築したフリーザー・アーカイブから得た複数の進化型クローンを対象に、プラスミド安定性のダイナミクスを数理解析によって評価し、リシーケンシングと分子遺伝学実験により各ダイナミクスに寄与する変異を同定した。プラスミドと染色体の変異いずれかのみの場合、プラスミドの安定性はわずかに上昇するだけであったが、プラスミドと染色体の両変異が組み合わさった場合、安定性が顕著に向上していた。プラスミド安定性に寄与する因子としては、元々宿主内にあったトランスポゾン(の転移によって挿入された毒—抗毒系遺伝子の獲得が最も重要で、本トランスポゾンを次々)の挿入したプラスミドは、他の細菌種集団内でも向上した安定性を示した(Loftie-Eaton and Yano et al., 2016. Mol. Bio. Evol.)。

O-2E-4

種における排他的優占モードとカオスモードの 識別

○足立孝

京大・院医

個体群と種は生物科学の基礎概念だが、その区別は容易ではない。私はここでプライス方程式と数論や物理学における超対称性と時間の関係などを用い、独自に考案した新規複素計量'small s'を導出することにより、細胞性粘菌などの野外調査のデータにおいて個体数頻度が対数的分布をする中立的個体群とそうでない適応的な種がsの実部が2を越えるかどうかで容易に区別出来ることを見出した。この計量は適応状態においてしばしば量子化していた。私はこの計量を用い、さらに素数に対応するリーマンゼータ関数の零点が種分化に、セルバーグゼータ関数の素閉測地線が個体群に対応していることを見出した。その結果、相互作用のなくなった適応的種の見られる系は素閉測地線の絶対値が2/3、相互作用の見られる非適応的種や中立的個体群の系は素閉測地線の絶対値が1という値をとることで明瞭に区別出来た。さらに種が適応状態にあるかどうかはsの虚部に対応する素数のmod 4を考慮することにより明瞭に区別出来た。この新規モデルは観察系における個体数の密度の情報のタイムコースのみで計算が可能である。

O-2F-1

分子系統と地誌から見る淡水魚の大陸から日本への侵入パターンと国内での拡散・置き換え

○岡崎登志夫¹、谷口昇志¹、田祥麟²、岸野洋久¹¹東大・院農学生命科学、²祥明大学

アジア大陸の東に位置し、およそ16～1800万年前に大陸から分離した後、地殻変動や氷期の海面低下により一時的に大陸との接続が繰り返された日本列島は、生物地理学にとって格好の研究素材を提供する。これらの地域に共通して分布し、海水を通じての分散が不可能な純淡水魚から得られたmt-DNAの分子系統樹に基づき、ベイズの枠組みで交流・拡散の過程を検討した。その結果、最初に大陸から分離された際に列島に取り残された集団が、その後再度の接続時に侵入した大陸の同一種に置き換えられつつあるという現象が認められた。このことは、分類学的には同種とされている集団の間にも優劣の関係があることを示すものである。さらに、多くの魚種で集団の主要な分化は大陸側で起こり、その一部のみが接続時に日本に侵入したことが確認され、日本列島は東アジア地域における淡水魚の拡散のいわばデッドエンドに当たっていると考えられる。以上の結果を踏まえ、各魚種に共通する大陸から日本への侵入パターンとその影響を受けた日本列島における淡水魚類相の形成過程を考察する。

O-2F-3

アゲハチョウ食草選択に関わる化学感覚受容体遺伝子のスプライシングと機能

○尾崎克久¹・小寺正明²・武藤愛³・吉川寛¹¹JT生命誌研究館、²東工大・院生命理工、³奈良先端大・バイオサイエンス

鱗翅目昆虫の大多数が植食性で、その多くが特定の植物のみを餌として利用する。アゲハチョウの仲間も狭い範囲の植物種のみを食草とするが、食性の変化と種分化の間に相関が見られる。食草選択は化学感覚によって支えられており、アゲハチョウの場合はメス成虫が前脚ふ節で認識する味覚情報を主な手がかりとして産卵場所を選択している。この味を感じる仕組みに変化が生じた場合には選択する植物が変わり、食性進化の出発点となるだろう。我々はこれまでに、ナミアゲハの産卵行動を誘導する刺激物質のひとつであるシネフリンを特異的に認識し、食草の認識に関与する味覚受容体遺伝子と、産卵行動が起きる必須条件となる神経プロファイルとを同定している。食草選択に関与する分子機構の全体像解明を目標としてNGSを利用した遺伝子探索に取り組み、数種アゲハチョウから味覚受容体遺伝子を検出し、種間で類似性を比較することにより、植物化合物の刺激を“味”の情報に変換する仕組みに独特な発現制御が行われている可能性を発見した。食草認識の神経プロファイルと組み合わせ、味覚受容体遺伝子の発現制御と機能について考察する。

O-2F-2

淡水魚の侵入、拡散、置き換りの推定；ベイズ法及びシミュレーションをベースとしたアプローチ

○谷口昇志¹、岡崎登志夫¹、Sang-Rin Jeon²、Johanna Bertl³、Andreas Futschik⁴、岸野洋久¹¹東大・院農学生命科学、²祥明大学、³Department of Molecular Medicine, Aarhus University、⁴Department of Applied Statistics, Johannes Kepler University Linz

岡崎は、日本産淡水魚のほぼ全て約80種を日本の主要河川から、またその対応種を東アジアの各地域から採集し、mtDNA分子系統樹を得た。これを総合し、東アジアにおける移動・交流・拡散とデッドエンドにあたる日本列島における侵入個体群による在来個体群の置き換えに関する仮説を構築した。そこで演者らは、この仮説を統計的枠組みで定式化し、関連する諸パラメータを定量的に推定する手法の開発を試みた。各配列についてサンプリング地点の情報を形質データとして付加し、ベイズの枠組みで統合解析することにより、各魚種について東アジアにおける移動のパターンを推定した。これを魚種間で総合することにより、平均的な移動パターンと固有性を推定した。日本列島における置き換えについては、カワムツをモデルに、置き換え率・移動率・侵入時点の3つをパラメータとし、分布形成の過程を再現するシミュレーションを開発した。侵入個体群と在来個体群の地理分布の要約統計量を観測データと突き合わせ、確率傾斜法でパラメータを最尤推定した。侵入個体群が在来個体群を置き換える場合とそうでない場合の説明力は、前者において適合度が有意に勝るという結果が得られた。

O-2F-4

単為生殖化してフェロモンを出すのをやめたカイガラムシ

○田端純

農研機構

性的二型を示す昆虫は少なくないが、特にカイガラムシの仲間では雌雄の形態・生態が極端に異なる。メスは幼形成熟し、翅をもたず、寄主植物に固着して過ごす。一方、オスは触角・脚・翅が発達するが、体サイズが小さく口器も退化しているため、羽化後は長期間生存できない。そこで、自ら動けないメスがフェロモンを放出して短命なオスをナビゲートし、交尾に至る。このようにカイガラムシはフェロモンに強く依存した繁殖様式を採用しているが、一部には生殖システム自体を変え、脆弱なオスを排除してメスだけで単為生殖する種もみられる。パイナップルコナカイガラムシは、旧態依然としたオスありきの有性生殖をする系統と、ごく近縁でありながらメスだけで単為生殖する進化的な系統が混在する珍しい分類群である。この虫のフェロモン物質を特定するとともに構造決定し、その生産性を系統間で比較したところ、オスを必要としない単為生殖系統ではフェロモン生産性が完全に失われていた。絶対に必要な「女性の武器」として獲得したはずのフェロモンであるが、交尾相手がいなければ無用の長物であり、積極的に放棄したものと考えられた。

O-2G-1

平板動物ミトコンドリアゲノムの進化

○宮澤秀幸、中野裕昭

筑波大・下田臨海

後生動物の基部で分岐した系統の一つである平板動物は、形態的な多様性が小さいために「1動物門 (Phylum Placozoa) に1種 (*Trichoplax adhaerens*)」とされてきた。しかし近年、遺伝的には多様であることが判明し、16S rRNAの塩基配列に基づき現在までにH1-H19の19のグループが存在することが報告されている。このうち、H1、H3、H4、H8、H15についてそのミトコンドリアゲノムが解読され、グループ間でゲノムサイズや遺伝子の配置が異なることが明らかにされている。しかし、これらの違いが生じた進化上のメカニズムはほとんど研究されていない。本研究では、平板動物ミトコンドリアゲノムの遺伝子間領域に着目し、既知の5グループのミトコンドリアゲノムを用いて解析を行った。現在までに、平板動物ミトコンドリアゲノム上に反復配列が散在していること、および各グループ間で反復配列の種類や数が異なることが明らかになっている。新たに解読を進めている他のグループのミトコンドリアゲノムの解析結果も含め、平板動物全体でミトコンドリアゲノムがどのように進化してきたのか考察したい。

O-2G-3

環境勾配の発達による熱帯・外洋域のプランクトンの進化

○氏家由利香¹、石谷佳之²

¹高知大学・海洋コア総合研究センター、²東京大学・大気海洋研究所

外洋域は物理的障壁が少ないため、遊泳能力を持たない単細胞プランクトンである浮遊性有孔虫は、海流によって受動的に移住していると考えられてきた。しかし、熱帯～亜熱帯に生息する種群について、同気候帯内つまり外的環境差が小さい海流系で分子系統地理の研究を行った結果、(1) 遺伝的に異なる種 (遺伝子型) が見つかり、(2) それらの頻度は海洋間で異なることがわかった。先の予想に反し、海流による移住が効果的でないということが実証されたのである。それでは、外洋域の中でも特に物理的障壁が少なく過去の環境変化が乏しい熱帯～亜熱帯で、これらの種群はどのように進化したのか？そこで本研究では、高精度で分岐年代推定を行い、対象とする浮遊性有孔虫種が熱帯海域の拡大・縮小が起きた鮮新世末期と更新世中期に分化したことを突き止めた。熱帯域を中心に生息する浮遊性有孔虫にとって、熱帯海域の拡大は生息域を広げることができたが、その後の縮小によって環境勾配が発達し、生息域の中心部 (熱帯) と縁辺部 (亜熱帯) で異なる生態適応をしたと考えられる。こうした生態適応が、熱帯・外洋域のプランクトンの種分化につながった可能性が本研究で示唆された。

O-2G-2

尾索動物 *Rhopalaea* sp. ミトコンドリアゲノムの解析に基づく尾索動物とそのミトコンドリアゲノムの進化

○横堀伸一¹、広瀬裕一²、倉林敦³、山岸明彦¹

¹東京薬大・生命、²琉球大学・理、³広島大学・院理

尾索動物の18S rRNA 遺伝子やミトコンドリア (mt) 遺伝子に基づく分子系統解析では、尾索動物は、オタマボヤ綱、ホヤ綱壁性 (マボヤ) 目、とホヤ綱腸性 (マメボヤ) 目+タリヤ綱の3つのグループに分けられる。しかし、これら3者の系統学的な関係は明確ではない。また、腸性目+タリヤ綱グループ内の系統関係も、腸性目のユウレイボヤ科が研究者によって管鰓 (マメボヤ) 亜目に位置付けられる場合と無管 (マンジュウボヤ) 亜目に位置付けられる場合があるなど、議論が多い。本発表では、ディアゾナ科 (またはユウレイボヤ科ディアゾナ亜科) の *Rhopalaea* sp. のミトコンドリアゲノムの全塩基配列を決定し、ミトコンドリアゲノムに基づいた分子系統解析を行った。ディアゾナ科は、無管亜目に含まれ、ユウレイボヤ科との近縁性は認められなかった。また、*Rhopalaea* sp. ミトコンドリアゲノムのゲノム構造は大きく他の尾索動物ミトコンドリアゲノムのゲノム構造と異なっていた。尾索動物ミトコンドリアゲノム構造の進化とそれと密接に関連するtRNA 遺伝子の進化についても報告する。

O-2G-4

祖先配列の再構築によるツメガエル高温センサーの機能進化過程の推定

○齋藤茂^{1,2}、齋藤くれあ¹、太田利男³、富永真琴^{1,2}

¹岡崎統合バイオ (生理研・細胞生理)、²総研大・生理科学、³鳥取大・農・獣医薬理

環境適応に関連した温度感覚の進化的な変化、また、その分子基盤を解明するため、温度受容のシグナル伝達の初期過程を担うセンサー分子の比較解析を進めている。これまで、異なる温度環境に適応した2種のツメガエルから高温センサーとして働く TRPV1 および TRPA1 を単離して電気生理学的手法で温度応答特性を比較してきた。その結果、両チャネルにおいて行動や感覚神経の温度応答特性と矛盾しない明瞭な種間差を検出した。また、TRPV1 において2種間のキメラチャネルや突然変異体チャネルを用いた解析を行い、温度応答特性の変化に関わる3つのアミノ酸置換を特定した。しかし、これまでの解析は2種のみであったため、TRPV1 の温度応答特性の進化過程は未解明であった。そこで、本研究では、新たに3種のツメガエル近縁種から TRPV1 を単離し、温度応答特性を比較した。更に、祖先 TRPV1 配列を復元し、その機能を調べ、TRPV1 の温度応答特性が変化した時期を実証的に推定した。これらの結果を基に、先行研究で同定した TRPV1 の温度応答特性の種間差に関わる3つのアミノ酸置換が、進化過程でどの様に貢献したのかを検討した。

P-01

Repbase: a comprehensive database of eukaryotic repeat sequences○Kenji Kojima^{1,2,3,4}, Weidong Bao¹, Oleksiy Kohany¹¹Genetic Information Research Institute, ²Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo, ³Foundation for the Advancement of International Science, ⁴Inst. Med. Sci., Univ. Tokyo

Repbase is a comprehensive collection of representative repeat sequences in eukaryotic genomes. Since its first development in 1992, Repbase has been serving as a well-curated reference database fundamental for almost all eukaryotic genome sequence analyses. Because most of the repetitive sequences originated from various transposons, Repbase is also a fundamental source for the studies of transposons and their impact on the genome evolution. Repbase can be accessed at <http://www.girinst.org/repbase/>.

P-02

A novel phylogenetic comparative method incorporating a flexible link between discrete and continuous traits○Yuki Haba¹, Nobuyuki Kutsukake²¹Dept. Ecology, Evolution and Environmental Biology, Columbia University, ²Department of Evolutionary Studies of Biosystems, SOKENDAI

In evolutionary studies analysing inter-specific variation of traits, data often include both discrete and continuous variables, interrelated with each other. Here, we developed a novel phylogenetic comparative method (PCM) - a simulation-based PCM with approximate Bayesian computation (ABC) - that enabled us to analyse a complex evolutionary process. In this framework, trait simulations on a phylogeny can incorporate various types of a link such as non-linear relationship between discrete and continuous traits. As an example, we analysed interspecific variation in group size among 10 species of African subterranean rodents that have social systems ranging from solitary to eusocial. We successfully estimated (1) the evolutionary probability function that links different social states, (2) the ancestral state of sociality and group size in African mole rats, and (3) the presence/absence of directional selections on the branches leading to eusocial species. This study is the first to provide a framework for complex evolution with both discrete and continuous traits, and it also demonstrates the flexibility of the simulation-based approach in PCMs.

P-03

Poet Lord George Gordon Byron's poems analysis in person of grammar which leads contemporary music lyrics in his impact and trace

○Jun Nishimura

詩人

Poems which poets have created shows that words installation and arrangement is the result of progress with evolution in imagination and inspiration and intuition. I take up Lord George Gordon Byron's poems and its impact to contemporary music lyrics in principle spirit of poetry process. It can be analysis of person of grammar and system of sentence, words arrangement, otherwise words as vocabulary's characteristics of poets' spirits.

Byron's poems can be defined as very philologic and narrative and individual with symbolization. This diversity impacted very many contemporary music tunes with lyrics for example jazz or rock. This trace should be analyzed by words arrangement and its reason which can be poetic contents of each descendants of Byron spirit. I address with its research.

P-04

Evolution of Life through viral diversity○Tomohiro Mochizuki^{1,2}¹ELSI (Earth-Life Science Institute), Tokyo Inst. Tech., ²JAMSTEC

Viruses are the most abundant biological entity on this planet, and are found from all three cellular domains; Archaea, Bacteria and Eukarya. When comparing the "virophere" among prokaryotes, bacterial viruses (bacteriophages) are significantly dominated by head-tail structured viruses with double-stranded (ds)DNA, and small population with other morphotypes or genotypes including RNA viruses are also found. In contrast, archaeal viruses show surprisingly diverse morphology, such as lemon-shaped, bottle-shaped, coil-shaped, etc. Although, the genotype of isolated archaeal viruses found so far are exclusively limited to DNA. The current lack of archaeal RNA virus is whether representing its true nature or not, is still an open question. Nonetheless, the distinctive difference between the bacterial and archaeal virosphere is ought to be a clear reflection of the cellular evolution. Despite the enormous amount of viral particles in the environment, due to the lack of universal genes, viruses were often neglected from the discussion on origin and evolution of life. However the recent analytical advance has given some insights on the historical relation of different viral lineages infecting host cells of different domains. Along with the various hyperthermophilic archaeal viruses isolated by myself, this poster will present an introduction to origin and evolution of life studies in relation with the viruses of the three domains.

アブラナ科植物 *Brassica rapa* における ゲノムインプリンティング

○吉田貴徳、薄伊納、河邊昭

京都産業大学総合生命科学部生命資源環境学科

ゲノムインプリンティングは、遺伝子の塩基配列が同一にもかかわらず父母のどちらから由来したかで対立遺伝子の発現が決まる現象である。植物においては、主に高等植物の胚乳でインプリント遺伝子が報告されている。このような発現様式は、DNAメチル化やヒストン修飾といったエピジェネティックな機構により制御されている。ゲノムインプリンティングの生物学的意義や、新たなインプリント遺伝子が成立する機構については、いまだ十分に明らかにされていない。本研究ではゲノム三倍化した *Brassica rapa* を用い、倍数体化といった「エピゲノム・ショック」をとりうるゲノム進化がゲノムインプリンティングに与える影響の解明をめざした。今回の発表では、胚乳から抽出したRNAの大規模シーケンシング解析によりゲノムインプリンティングの候補遺伝子を網羅的に解析した結果について報告する。

角を有する真反芻亜目動物の I型コラーゲン $\alpha 1$ 鎖の進化

村上勝彦¹、○大波純一²、高木利久²

¹東京工科大・応用生物、²JST・NBDC

真反芻亜目 (pecoran ruminant) を構成する6科の内、4科(ウシ科、シカ科、キリン科、プロングホーン科)に含まれる現生動物の多くは頭部に角を形成する。この角の構造は解剖学的には多様であるものの、硬組織の成分は骨成分とケラチン、コラーゲンなどの上皮組織成分から構成されている。日本脊椎動物化石標本データベース (JAFOV) に登録されている17045件の標本中、1435件がウシ科及びシカ科に分類されており、シカの角 (ANTLER) は395件に上る。I型コラーゲン $\alpha 1$ 鎖 (COL1A1) はシカ科の角からも検出されており、過去の研究でノロジカやウシ、ヒツジ、真反芻亜目の近縁種(ブタ、ヒトコブラクダ)を比較した結果、特にノロシカのコラーゲンの系統的位置は種の系統を反映せず、何らかの淘汰圧が関与していることが予想された。そこで今回新たにキリン科キリン (*Giraffa camelopardalis*) とキリン科オカピ (*Okapia johnstoni*) のゲノムを解析に加え、コラーゲン前駆体コード領域の解析をおこなった。コラーゲンの科ごとの特徴的な領域を見分け、古代タンパク質や組織サンプルからの種判別のための有用なマーカー情報を取得することを目的として分析をおこなった。

4⁺20 1兆通りの中の“使われていない”配列

○大槻涼^{1,2}、関本弘之¹

¹日本女子大 理、²駒澤大学 総合教育

de novo アセンブルにおいては、大量のデータを一括してアセンブルし、その後、アノテーションをつけることが行なわれている。しかし、高次倍数体などゲノムサイズが大きい場合においては大規模な計算資源が必要になる。もし、次世代シーケンサー (NGS) から得られたリードの段階で、核・ミトコンドリア・葉緑体のどこの由来の配列かを分けることができれば、研究目的によってはより少ない計算資源でも解析ができるのではないかと考えた。そこで注目したものがDNAの塩基配列のそもそもの組み合わせである。

DNAの塩基は4種類 (A,G,C,T) ある。その組み合わせは1塩基では4通り、3塩基では64通り…と、長さnの配列では4のn乗通り考えられる。生物はこの存在しうる全ての組み合わせを使い尽くしているのだろうか。本研究では、核・葉緑体・ミトコンドリアそれぞれで使われている組み合わせに偏りや重複が存在するかを、全ての組み合わせに相当する仮想的な配列を作成し、マッピングすることで検証した。検証はモデル植物シロイヌナズナを用いた。すでに登録されているシロイヌナズナのゲノム配列を対象に、20残基の配列がとりうる全て組み合わせ (約1兆配列) をマッピングすることにより検証した。

これまでの予備的に行った15残基 (約10億通り) での解析では、約86%の配列は核・葉緑体・ミトコンドリアいずれにもマップされなかった。一方で約5000配列では核・葉緑体・ミトコンドリアいずれにもマップされた。

グリーンヒドラ・クロレラ共生系における 分子相互作用とゲノム共進化

○濱田麻友子^{1,2}、Katja Schroeder³、Konstantin Khalturin²、新里宙也²、Thomas C.G. Bosch³、佐藤矩行²

¹岡山大学・臨海実験所、²沖縄科学技術大学院大学・マリンゲノミクスユニット、³Zoological Institute, Kiel University

藻類と動物の共生は様々な生物において頻繁に見られる生命現象であり、栄養や生活環境の面で互いの生存に有利に働くような依存関係を築いている。特に刺胞動物では、サンゴ、ヒドラ、クラゲ、イソギンチャクなど多くの種でこのような藻類との相利関係が観察される。グリーンヒドラは特定の緑藻類クロレラを内胚葉細胞内に共生させており、栄養のやりとり等の相互作用が示唆されている。

本研究では藻類共生におけるホスト共生体の分子相互作用とゲノム共進化を理解するため、グリーンヒドラとその共生クロレラのゲノム・トランスクリプトーム解析を行った。その結果、クロレラの光合成により窒素代謝やリン輸送に関わるヒドラ遺伝子の発現が上昇したことから、ヒドラ・クロレラ間の栄養のやりとりは協調的な相互作用によって遺伝子レベルで調節されていると示唆される。また、共生クロレラのゲノムでは硝酸同化に関わる遺伝子の一部とそのクラスター構造が欠失しており、共生クロレラはヒドラからの窒素源の供給に依存し、ゲノムから硝酸同化システムは失われたと考えられる。このような栄養の相互依存とその代謝経路の縮小は共生進化における普遍的な現象であろう。

P-09

交雑起源の無性生殖種のゲノムワイドなアレル発現パターン：遺伝的不和合の補償との関連性

○三品達平¹、橋口康之²、武島弘彦³、川原玲香⁴、佐々木剛⁴、遠藤未来美⁵、西田睦⁶、渡辺勝敏¹

¹京大院理、²大阪医大、³地球研、⁴東農大、⁵静岡災害医研、⁶琉球大

遺伝的に分化した系統が交雑すると、系統間に蓄積した変異が原因となって生じる遺伝的不和合が表現型に影響を及ぼし、交雑個体の適応度の低下をもたらす。脊椎動物の無性生殖種は、その大半が交雑起源であり、同様にして遺伝的不和合によるコストを被ると考えられるが、健全に繁栄している。我々は、こうした交雑起源の無性生殖種が効果的に一方の祖先親種のアレル発現を制御することで遺伝的不和合の問題を解消していると仮説を立て、交雑を伴った無性生殖への進化が複数回生じているフナ属魚類を用いて検証した。複数系統の無性生殖（雌性発生）の3倍体フナ類について、その祖先親種と考えられるユーラシア大陸系フナおよび日本列島系フナとともにゲノムワイドに発現遺伝子の配列を取得し、アレルの発現パターンを調べた。その結果、複数の系統の3倍体フナ類で共通して、リボソームのような複雑なタンパク質構造をつくる遺伝子機能群で顕著に一方の祖先親種のアレル発現が抑制されていることが明らかとなった。こうしたアレルレベルでの発現制御による遺伝的不和合の解消が、無性生殖種の繁栄に寄与している可能性がある。

P-11

多様な生物種におけるタンパク質間相互作用ネットワーク構造の差異とその進化

○長谷武志¹、新村芳人²

¹理化学研究所・統合生命医科学研究センター・疾患システムモデリング研究グループ、²東京大学大学院・農学生命科学研究科

近年のハイスループットな実験技術の発展により、多様な真核および原核生物の、網羅的なタンパク質間相互作用ネットワーク（PIN）の情報が蓄積されつつある。これらのPINは、遺伝子間の関係性を記述したものであり、生物種間におけるPINの構造の比較は、生物の進化をシステムの観点から理解するのに有用なリソースである。例えば、原核生物には寄生性の種が多く、多様な宿主の環境に対応するためにPINの構造を変化させるため、構造に多様性があると考えられる。しかし、モデル生物である酵母以外の生物種、特に原核生物については、PINの構造は詳しく調べられていない。

以前、我々は、マラリア原虫のPINの構造が、酵母等と異なることを発見した。また、その差異は、遺伝子重複のし易さの相互作用数に対する依存性が、これらの生物種間で異なることにより生じることを示した。そこで、我々は、特に原核生物に着目し、多様な生物種のPINについて詳細な比較解析を行い、生物種間でのPINの構造の差異について調べた。本発表では、生物種によるPINの構造の多様性について報告するとともに、構造の違いを生成した進化メカニズムについて考察を行う。

P-10

対ファージ防衛機構が示す *Endomicrobium* 属細胞内共生細菌の適応進化

○伊澤和輝¹、麦島雄太¹、桑原宏和¹、河合幹彦¹、木原久美子^{1,2}、Nathan Lo³、雪真弘⁴、伊藤武彦¹、大熊盛也^{4,5}、本郷裕一^{1,5}

¹東京工業大学 大学院生命理工学研究科、²熊本高等専門学校生物化学システム工学科、³The University of Sydney School of Biological Science、⁴理化学研究所 CSRS BMEP バイオマス研究基盤チーム、⁵理化学研究所 BRC JCM

“*Ca. Endomicrobium trichonymphae*” phylotype Rs-D17は、シロアリ腸内原生生物 *Trichonympha* の細胞内共生細菌である。Rs-D17細菌はゲノム縮小過程にある絶対共生体であるにもかかわらず、外来DNAに対する防御機構である制限修飾系とCRISPR/Casシステムをゲノム上に持つ。しかし、これらが機能的かは不明であった。

本研究において、Rs-D17細菌の極めて近縁な2系統のゲノム（98.6%の染色体配列相同性）を解析したところ、CRISPR内に100個以上ある（外来DNA断片由来の）スペーサー配列が全て異なっていた。これは、CRISPR/Casシステムが現在も機能していることを示唆する。また、異なる3種の *Endomicrobium* 属細胞内共生細菌のゲノム配列を取得・解析したところ、いずれも複数のCRISPR/Casシステムと偽遺伝子を含む多数の制限修飾系を保持していた。分子系統解析から、これらの遺伝子には自由生活型 *Endomicrobium* 属細菌との共通祖先から受け継いだものと、水平伝播により獲得したものが存在することが明らかとなった。さらに、*Endomicrobium* 属細菌のCRISPRスペーサー配列の多くは、シロアリ腸内ファージメタゲノム解析で取得したファージ様配列と高い相同性を示した。

以上のことから、シロアリ腸内原生生物の細胞内共生細菌は、ファージの攻撃に晒されており、防御機構を保持する必要があると考えられる。

P-12

中学校理科の教科書における脊椎動物の進化の取り扱い

○佐藤綾、江積翔太

群馬大・教育

中学校の理科においては、2年生の「生物の変遷と進化」の単元で脊椎動物の移り変わりを例に、「現存している生物は過去の生物が変化して生じてきたものである」と学ぶ。この内容は昭和52年、平成元年、平成10年の学習指導要領では取り扱いがなく、平成20年の学習指導要領で新しく取り扱われるようになったものである。それ以前においては昭和44年の中学校理科の学習指導要領で「生物の分類と系統」という単元で生物の進化についての取り扱いが記述されている。中学校で進化の取り扱いがなかった約30年の間に脊椎動物の移り変わりについては解釈も変化しており、教える事実も変わっていると考えられる。そこで本研究では、昭和44年の学習指導要領に準拠した教科書と現学習指導要領に準拠した教科書を調査し、比較検討を行った。また、現学習指導要領に準拠した教科書のうち、平成24年度、および平成28年度から使用されている各社の教科書を精査し、系統樹取り扱いや進化の証拠として示される中間的な生物の取り扱い、実験や観察についての記述に着目し、生物の変遷についてどのようにまとめられているか、教科書会社間での比較を行った。その結果について発表を行う。

色素化合物から見た軟体動物の色彩の多様性

○石川牧子^{1,2}・鍵裕之²・佐々木猛智³・遠藤一佳²¹ヤマザキ学園大・動物看護、²東大・院理、³東大・総合研究博物館

軟体動物は様々な色彩の貝殻をもち、その中には隠蔽的擬態などの生態的な役割が知られているものも少なくない。こうした殻色は視覚に頼る捕食者による淘汰圧を受けてきたと考えられる。

貝殻の色彩パターンには、分類群によって異なる化合物が関与していることが明らかになってきた。著者らによるラマン分光を用いた分析では、多くの種の貝殻色素としてポリエン化合物が検出される一方、古腹足類など特定の分類群では、ポリエン化合物には見られない特徴的なスペクトルが検出されている。このスペクトルが見られるのは、先行研究において貝殻色素としてポルフィリンが抽出されている分類群と一致しており、ポルフィリン由来の可能性はある。また、色素化合物のスペクトルは化石貝殻からも検出でき、色彩進化の過程を追う事も可能である。こうした色素は一次生産者に起源する。本研究では、貝殻色素化合物への、貝類の食性と代謝の関与について議論する。

スナメリ (*Neophocaena phocaenoides*) に認められた複根性の上顎歯○小寺稜¹・植草康浩²・小寺春人²・笹川一郎³¹無所属、²鶴見大・歯学部、³日本歯科大・新潟生命歯学部

現生ハクジラ類の歯冠形態は多様であり、種差ならびに個体差が顕著に見られる。一方、歯根形態は基本的に単根性である。今回、伊勢湾で混獲されたスナメリ *Neophocaena phocaenoides* の上顎歯に複根歯が認められたので、肉眼ならびにマイクロCTによる観察をおこなった。

多くの哺乳類の臼歯は複根性である。そしてヒトやラットなど、多くの種における臼歯の発生過程で、歯根が分岐する際、分岐中心部に石灰化点が歯冠とは独立して現れることが知られる。この石灰化点の出現は歯根分岐を補足していると考えられる。完成した歯においても、CT像で石灰化度の相違から象牙質島由来の部分を同定することができる。

ハクジラ類の祖先と考えられる化石種では複根歯が見られることから、ハクジラ類は他の多くの哺乳類と同様に複根歯を持っていた祖先から、進化の過程で単根歯を持つようになったことが推察される。これより、スナメリで観察された複根歯は、先祖返りの一例である可能性が考えられる。また、象牙質島の有無を観察することで、ハクジラ類における複根歯の発生過程が推察できると期待される。

シロアリ腸内原生生物核内共生細菌の多様性と進化

○名倉有一¹・原田真実¹・伊澤和輝¹・村上匠¹・大熊盛也²・桑原宏和¹・本郷裕一^{1,2}¹東工大・院生命理工、²理研・JCM

シロアリ腸内原生生物の核内には、Verrucomicrobia門に属する真正細菌が日和見的に共生する (Sato et al. 2014, ISME J 8; 1008-19)。今回我々は、同細菌の宿主特異性と局在の詳細を解明するために、16S rRNA 遺伝子配列に基づく分子系統解析と FISH 解析を行った。その結果、Verrucomicrobia 門細菌は原生生物の核内のみならず、細胞質、細胞表面、さらにはシロアリの腸上皮表面にも共生していた。その局在は同細菌の系統群に依存し、さらに原生生物に共生する種には明確な宿主特異性があつた。原生生物細胞表面と腸上皮表面に共生する系統は、水圏など他環境由来の配列と単系統群を形成し、原生生物細胞質共生体と核内共生体で形成する単系統群と姉妹群になった。系統関係より、腸上皮共生型から原生生物細胞質共生体が進化し、後に核内共生体への進化が2回以上独立して起きた可能性が高い。さらに、複数の原生生物種において、核内共生体のゲノムの一部が宿主原生生物の核ゲノムに水平伝播しており、核内共生体の出現は、宿主原生生物のゲノム進化にも影響を与えてきた可能性がある。

食肉類における咀嚼筋の比較機能形態学的検討

○伊藤海^{1,2}・遠藤秀紀^{1,2}¹東大・院農、²東大・総合研究博物館

哺乳類の咀嚼は食物資源から効率よくエネルギーを抽出する重要な運動であり、多様化した食肉類の咀嚼機構には形態学的変異がみられる。咀嚼の動力は複数の筋から構成される咀嚼筋であり、これらが発揮する力は筋の生理学的断面積 (PCSA) と比例することが知られている。そこで、咀嚼筋 PCSA の定量的検討により、食肉類各系統における咀嚼筋の機能形態学的戦略を明らかにすることを目的とし解析を行った。

その結果、各咀嚼筋の PCSA 値は、系統に関わらず体サイズに相関して大きくなるという、多様化した食肉類における一般性が観察された。また、ネコ科では咬筋浅層の PCSA 値が、イタチ科では側頭筋の PCSA 値が、他の系統と比較して大きいことが確認された。ネコ科は、外側方向に下顎をスライドさせる咬筋浅層を用いて、発達した鋭い裂肉歯を擦り合わせて咀嚼をしていることが示唆された。また、イタチ科は下顎頭が関節窩に嵌り込んだ強固な顎関節をもつ。そのため、側頭筋の背側方向に引き上げる力が強い場合でも、脱臼することなく咀嚼ができると示唆された。これらの科における高い PCSA 値を示した筋肉は、歯や顎関節の特性に合った機能を果たす筋肉であることが示唆された。

P-17

Drosophila suzukiiにおける雌雄交尾器の共進化：食性変化による産卵管形態変化の影響○武藤れおな¹、上村佳孝²、田中健太郎¹、高橋文^{1,3}¹首都大・院理工、²慶應大・生物、³首都大・生命情報センター

オウトウショウジョウバエ (*Drosophila suzukii*) は落下前の新鮮な果実にも産卵する性質があるため、固い果皮にも産卵可能な特異的に硬化した産卵管を持つ。近縁種である *D. subpulchrella* との産卵管の形態比較から、*D. suzukii* の産卵管は太く発達した剛毛の数が多く、全体的に細長く直線的な形状をしていることがわかった。また、産卵管は交尾の際に雄の交尾器である把握器によって把握されることから、その形態変化が交尾中の雌雄交尾器のカップリングに与える影響を検証した。外皮の透明化手法を用いた交尾中ペアの詳細な観察から、両種とも雄の把握器が雌の産卵管の先端を把握していることが確認できた。産卵管が細長い *D. suzukii* では雄の把握器も細長く直線状になっている。一方、*D. subpulchrella* では雌の体に突き刺して把握を助けるための鉤状の構造が、*D. suzukii* では雌の体に届かず、機能を喪失した可能性が示唆された。このように *D. suzukii* では食性変化に伴う雌の産卵管形態の変化に主導される形で雌雄交尾器の共進化が起こってきた可能性が示唆された。

P-19

ヒラタシデムシにおける配偶者選択のメカニズム○菅野宗嗣¹、廣田忠雄²¹山形大・院理工、²山形大・理

ヒラタシデムシ (*Silpha perforata*) は、オスが既存の交尾相手より、新たに遭遇した交尾相手を選好する傾向がある(クーリッジ効果)。本種のオスは、交尾後メス分泌物を塗布する。この分泌物を除去すると、選択が無作為になることから、オスはマーキングしたメスとの再交尾を避けていると考えられる。一方、他のオスが分泌物を残マーキングしたメスを提示しても、オスはそのメスを避けない。この現象は、分泌物に個体変異があることで生じうるが、一定期間交尾しないことで、オスがマーキングを無視するようになることで生じうる。どちらが主たる要因が明らかにするために、オスに2匹のメスを提示し、一方のメスとの交尾が完了した5分後に、同時期に交尾終了した他のオスと提示したメスのペアを交換、再選択させる実験を行った。その結果、オスの2度目の選択は、他のオスの分泌物の有無にかかわらず無作為だった。この結果は本種のオスがメスに塗布するマーキングには個体変異があり、最近の交尾経験の有無にかかわらず、自分のマーキングを判別してメスを選好する可能性を示唆する。

P-18

ショウジョウバエの種特異的な求愛歌選択性の進化の神経基盤○大橋拓朗¹、米山祐輔²、石川由希²、森本奈央^{2,3}、上川内あづさ²¹名大・理、²名大・院理、³名大・高等研究院

行動がどのように進化してきたかということは、進化学の中で重要な問題の一つである。多くの動物は同種の異性を配偶相手として選ぶ。この配偶者選択性は、種間の多様性が特に顕著な行動形質である。ショウジョウバエの求愛歌は種間で多様であり、キイロショウジョウバエやその近縁種はそれぞれ同種の求愛歌に対し選択的に応答する。しかし、この種特異的な選択性の進化がどのような神経回路の変化により引き起こされたのかは全くわかっていない。これを明らかにするため、私たちはキイロショウジョウバエと近縁3種に注目し、求愛歌を模した人工パルス音に対する応答行動を種間比較した。その結果、これら4種は同種に近いパルス間隔をもつ音にそれぞれ選択的に応答した。さらに、この応答行動の種特異性に寄与する神経基盤を明らかにするため、音や風、重力に応じて活動して脳へ情報を伝える機械感覚神経細胞であるジョンストン神経細胞に着目し、その細胞数や投射パターンを種間比較した。その結果、ジョンストン神経細胞の投射パターンは種間でよく似ているが、細胞数が異なっていた。この細胞数の違いや未同定の聴覚システムの違いが、種特異的な選択性の進化に関与しているのかもしれない。

P-20

ネコの家畜化の痕跡? : **ネコ科**におけるAVPR1A遺伝子の分子進化○荒堀みのり¹、井上-村山美穂^{2,3}、藤田和生¹¹京都大・文学研究科、²京都大・野生動物研究センター、³国立環境研究所・野生動物ゲノム連携研究グループ

多くの先行研究では、ペプチドホルモンであるバソプレシン (AVP) とその受容体のアルギニン・バソプレシン受容体1A (AVPR1A) は、哺乳類の社会行動や配偶選択に重要な役割を果たしていることが示唆されている。本研究では、様々なネコ科動物を対象に、AVPおよびAVPR1A遺伝子のコーディング領域の塩基配列を決定し、イエネコと比較した。AVPでは、非同義置換は見られず、ネコ科動物は他の哺乳類と同じアミノ酸配列を有していた。一方、AVPR1Aにおいてsliding window analysis (イエネコ vs. その他のネコ科) を行なったところ、イエネコAVPR1AのGタンパク結合領域であるN末端と細胞内第3ループは、霊長類での先行研究と同様に、正の選択を受けていた。また、イエネコの種内で、G28A、G29A、T808Cの多型が見つかった。特に、T808C (細胞内第3ループに位置) はネコの「ヒトへの慣れやすさ」と有意に関連しており、Tアレルを持つネコはよりヒトから逃げず、ネコ科ではTアレルを持つ個体はほとんどいなかった。以上のことから、ネコの家畜化によりAVPR1Aが変化した可能性が示唆された。

P-21

協力をめぐる競争？ 真社会性ハダカデバネズミにおける集団的意思決定と労働の妨害

○沓掛展之^{1,2}、稲田正幸²、坂本信介³、岡ノ谷一夫^{2,4}

¹総研大・先導研、²理研・BSI、³宮崎大・農、⁴東大・総合文化

協力的社会を形成する脊椎動物において、個体が他個体の協力行動を妨害する事がある。妨害行動は協力によって生じる利益を減少させるため、その適応的意義を理解することは難しい。真社会性哺乳類であるハダカデバネズミは、個体が他の個体の尾を口でくわえて、他の場所へ引っ張り連れていく妨害行動 (tail-tugging) を行う。本研究では、4匹の個体がトンネル内で巣材を運搬する集団的意思決定に関する行動実験を行い、実験中に観察された妨害行動のパターン、機能を調べた。三つのコロニーを観察した結果、138回の妨害行動を記録した。ひとつのコロニーの女王が全行動の72.5%を行っていたものの、すべてのカースト個体が妨害行動を行っていた。妨害行動は、休息中の個体よりも、労働中の個体に対して高頻度で行われた。また、妨害行動は行為者がもっともよく働く場所で頻繁に行われていた。これらの結果から、妨害行動には、特定の場所における労働機会を独占する機能があることが推測された。本研究は、協力的社会における妨害行動の数少ない報告例であり、真社会性のコロニー内において労働という協力機会をめぐる競争が存在する可能性を示している。

P-23

実験進化による複製可能な人工RNAの開発

○祐村実旺¹、市橋伯一^{1,2}

¹阪大院・情報科学研究科、²阪大院・生命機能研究科

現存生命はその生命を維持するため複雑な遺伝子ネットワークを内包している。しかし、原始の地球環境でこのような複雑性が突然発生したとは考え難く、簡素な原始生命から進化の過程で複雑性を獲得したと推測される。そこで我々は、簡素な生命システムを人工的に構築し、そのシステムの実験的進化を観測することで、生命が持つ普遍的性質の理解を目指している。上記目的のために、まず遺伝子複製系の構築が必要となる。先行研究にて、複製酵素の一部の遺伝情報を持ち、自身から生成した複製酵素により増殖するRNAを構築した。しかしこの複製酵素は、上記の遺伝子以外を持つRNAの複製効率が非常に低い。この問題がボトルネックとなり、多数の遺伝子を内包した遺伝子複製系の構築は実現されていない。そこで我々は、高い複製能力と新たなタンパク質機能を持つRNAの構築を目指した。そしてこれまでに、ラクトース分解酵素の遺伝子を持つRNAの複製能力を、実験進化により2倍に向上させることに成功した。その際に使用した進化系を応用し、現在は生体反応に必須な全ての遺伝子の複製能力を向上させる進化系の構築を目指している。その一例に、ARS遺伝子の一つを持つRNAの進化系を紹介する。

P-22

原始膜タンパク質の実験室内創出を指向したribosome displayの開発

○堀江史博、上田卓也

東大・院・新領域・メディカル情報生命

膜タンパク質が有する物質輸送や細胞接着などの機能は、生命が誕生するまでの過程やその後の進化において不可欠であると考えられるにも関わらず、その起源と進化について包括的な検証を行った報告は、発表者の知る限りこれまでにない。

本研究では、膜タンパク質の起源・進化を、実験室内でボトムアップに再現し、時間軸に沿って理解することを目指す。試験管内進化法によって、脂質と相互作用する短いペプチドをランダムな配列のライブラリーの中から選抜して、原始膜タンパク質をde novoに創出する。得られたペプチドの配列をサイクル数ごとに解析することで、膜タンパク質として必要な条件を導き出したい。

試験管内進化法として、無細胞タンパク質合成系PURE systemを利用したRibosome Displayに着目した。現在は、モデルとなる膜タンパク質を用いて実験系の確立を目指している。

P-24

人工RNA自己複製システムの複数の翻訳阻害環境への適応進化と多様化

○水内良¹、市橋伯一^{1,2}

¹阪大・院情報、²阪大・院生命機能

適応進化は生物の重要な特徴の一つである。生物は様々な環境で適応進化でき、また異なる環境での長期的な進化は種の分化へ繋がる。このような特徴は現存する複雑な生物に固有のものだろうか？それとも、単純な化学システム、例えば原始的な自己複製体でも達成できるのだろうか？本研究では、この問いに答えるため、単純な人工RNA自己複製システムを複数の環境で実験的に進化させた。本システムは遺伝子として複製酵素ただ一つをコードしたRNAゲノムと、その翻訳を促す再構成型無細胞翻訳系を組み合わせたものである。今回、翻訳開始や翻訳終結などに関わる、異なる翻訳タンパク質を減らした5つの条件を用意し、RNA複製反応を繰り返した。その結果、全ての条件で複製効率は上昇し、さらに、進化したRNAゲノムには、減らした翻訳タンパク質の種類や阻害された翻訳ステップに応じた異なる変異が固定されていた。以上から、たった一つの遺伝子しかもたない単純な人工自己複製システムでも複数の環境への適応進化能力を有するとわかった。初期地球に存在したであろう原始的な自己複製体も、このような適応進化能力をもって過酷な環境で生き延びていたのかもしれない。

P-25

人工RNA複製系を用いて試験管内で宿主と寄生体の進化的軍拡競争を観察する

○古林太郎¹、番所洋輔¹、市橋伯一^{1,2}¹阪大・生命機能、²阪大・情報科学

宿主生物の資源を利用して増殖するウイルス等の寄生体は、太古の昔から宿主と進化的軍拡競争を繰り返し生物進化の大きな駆動力となってきたとされている。しかし、適切な実験モデルの不足から宿主と寄生体の進化的軍拡競争を実験的に観察した例は未だ存在しない。

本研究では、人工RNA複製系を単純化実験モデルとして、試験管内で宿主と寄生体の進化的軍拡競争を起こすことを試みる。人工RNA複製系は無細胞翻訳系、宿主RNA、寄生体RNAからなる。宿主RNAにコードされたRNA複製酵素が無細胞翻訳系中で翻訳され、宿主RNAと寄生体RNAは限られたRNA複製酵素を奪い合い競合する。宿主・寄生体RNAには複製の過程で変異が導入され、一定間隔で行われる人為的な希釈のプロセスで淘汰されてダーウィン進化する。我々はこの人工RNA複製系を微小区画に封入して長期継代し、宿主・寄生体RNAを共進化させた。

我々は進化実験中に宿主と寄生体の個体数が振動する状態と、共存する状態の間を遷移するダイナミクスを見出した。また進化途中の配列を解析した結果、時間経過と共に宿主RNAには多数の変異が固定されていること、配列長の大きく異なる寄生体RNAが多数出現していることを確認した。

P-27

大腸菌高温適応進化における進化能力の解析

○大村真優子、成澤大、花神彩香、四方哲也、岸本利彦
東邦大・理

生物の進化能力は複数の要素が複雑に相関し、発揮されることが考えられ、代表的な要素として1) 変異供給速度となる変異率、2) 有害変異緩衝作用などが知られている。我々の大腸菌高温適応進化系では、45℃の高い選択圧下でシャペロン遺伝子 *groL* の Promoter, ORF と修復系遺伝子 *mutH* に変異が生じ、高変異率・高速進化が観察された。この系において高変異率で蓄積した58個の変異は *groL* 野生型で有害となり、*groL* 変異型では有害変異効果が緩衝され有益となった。本研究では *groL* 変異による有害変異緩衝作用と *mutH* 変異による高変異率化が進化能力にどのように関与するか解析した。*mutH* と *groL* に関し、野生型・変異型全ての組み合わせ8株を構築し、45℃での増殖速度測定と進化を行った。その結果、*groL* 変異の遺伝子型に関わらず、*mutH* 変異型の増殖速度は野生型より有意に低く、*mutH* 変異による高変異率化が有害であることが示唆された。また、45℃ 14日進化を行った結果、8株の中で最も適応度が上昇し、進化能力が高くなるのは *groL* 二重変異を持つ *mutH* 変異型個体であった。以上のことから *groL* 変異と *mutH* 変異の相互作用が進化能力を向上させることが示唆された。

P-26

ゲノムDNAをもった人工進化システム

○酒谷佳寛¹、市橋伯一^{1,2}¹阪大・情報、²阪大・生命

生物の進化の過程を人工的に再現することは可能だろうか。生化学分子を組み合わせることで自発的に進化するシステムをつくれば、進化して現存の生物のようになるだろうか。我々はゲノムRNAをもった進化システムをつくったが、その進化は次第に停止した。生物と同様にDNAに遺伝情報をもつことが重要かもしれないと考え、DNAをもった進化システムをつくることを試みている。これまでに、人工ゲノムDNAと無細胞翻訳系を組み合わせ、DNA上のphi29DNA合成酵素遺伝子によってDNA自身が「増幅」する系を確立した。この系では環状DNAから直鎖状DNAが増幅されるため再帰的でなく、「複製」としては不完全である。ここにCre組換え酵素というDNAを直鎖状から環状に組換えする酵素を追加すれば、環状DNAが完全に複製されるようになる考えた。しかし、Cre組換え酵素はphi29DNA合成酵素のDNA増幅反応を阻害するため、完全な複製を達成するには、この阻害効果を解消する必要があった。我々は、進化工学的手法によって、この阻害効果に耐性をもつ変異型phi29DNA合成酵素をつくりだすことを試みた。変異型酵素の遺伝子を載せたDNAと、無細胞翻訳系とCre組換え酵素を組み合わせられれば、DNAをもった進化システムの構築が期待できる。

P-28

多重変異導入による遺伝子機能破壊技術の検討

○寺井亮平、成澤大、四方哲也、岸本利彦
東邦大学・院理生物分子

本研究では、ゲノム縮小進化が可能かを検証するために複数遺伝子を同時にかつ効率的に破壊する技術の確立・検証を目的とし、MAGE (Multiplex Automated Genome Engineering) による複数遺伝子へのナンセンス変異及びフレームシフト変異の導入を試みた。最小ゲノム大腸菌MDS42株では6遺伝子同時組換えにおいても、1遺伝子 (*trpC*) のみをターゲットとしても目的とする遺伝子変異株は得られなかった。MDS42株の元株であるMG1655株では *trpC* に対するMAGE操作により、変異株を0.2% (2/921) 取得できた。一方、MG1655株由来でMAGE用に開発されたEcNR2株では *trpC* 変異株を2.3% (7/299) 取得した。以上のことから本研究のMAGE操作で遺伝子機能破壊が可能であるがMDS42株では困難であることが示唆された。現在、高変異率進化を可能としている遺伝子バックグラウンドを持つMDS42組換え株を作製し、ターゲットとなる遺伝子数を増やしてMAGEによる遺伝子機能破壊を行うことを検討中である。

Q β ファージ感染に依存する宿主増殖系の確立

○柏木明子

弘前大・農学生命

寄生関係から共生関係へと生物間相互作用が移行する時、両者はどのような変化を伴い安定な共存状態となるのだろうか。この問題に答えるためには実験室内での移行過程を解析することが重要である。この過程を解析可能とする第一段階は寄生者の生産物が宿主の増殖に必須となるシステムを構築することである。

我々は大腸菌に対する寄生者である溶菌性RNAバクテリオファージQ β (Q β) の遺伝子産物やQ β の感染が大腸菌の増殖に必須となるシステムを構築している。今までの年会において、Q β のRNAゲノムを複製するRNA複製酵素の1つのサブユニット (β サブユニット) が大腸菌内で発現された場合のみ大腸菌が増殖可能となる系やQ β のRNAゲノム全長に対するcDNAを β サブユニットの供給源としてF-の大腸菌に導入した系において、Q β 由来 β サブユニット供給依存的に大腸菌が増殖可能となることを示した。本発表では、溶菌性Q β が感染した場合に大腸菌が増殖する系について報告する。

人為選択下で多様化したアワ (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) の穂の形態関連遺伝子の単離に向けた研究○福永健二¹、向成洋平¹、榎本尚人¹、大瀧香澄¹、高木宏樹^{2,4}、寺内良平^{3,4}¹県立広島大学生命環境学部、²石川県立大学生物資源環境学部、³京都大学農学研究科、⁴岩手生物工学研究センター

栽培植物の在来品種は、長い年月をかけ人間の選択下で多様化してきた。アワ (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) は、穀類の中でも歴史的に古く、黄河文明の主食であったと考えられており、形態的にもきわめて多様であることが知られている。中でも穂の形質は非常に多様であり、人為選択の結果を反映しているものであろう。また、近年、アワのゲノムシーケンシングが決定され、遺伝学的な研究基盤が整備されつつある。現在、われわれは、多様な穂の形質のうち、2つの形質に着目して遺伝子の単離を試みている。2つの形質のうち、ひとつは、穂の刺毛が穎花になっている spikelet-tipped bristles という形質であり、劣性1遺伝子支配の形質でありもうひとつは穂の先が枝分かれするネコデ (ネコアシ) という形質であり、優性1遺伝子支配の形質である。今回は、SSR マーカー及び次世代シーケンサーを用いた手法 (QTL-seq) による遺伝子のマッピングについて報告し、候補遺伝子の絞り込みについての展望を述べたい。

Genome-wide association study for flowering time in *Lotus japonicus*○若林智美¹、Stig U. Andersen²、川口正代司³、佐藤修正⁴、瀬戸口浩彰¹¹京都大学大学院人間・環境学研究科、²Department of molecular biology and genetics, Aarhus university、³基礎生物学研究所 共生研究システム部門、⁴東北大学大学院 生命科学研究所

種子植物において、開花のタイミングは生産する種子の質や量に関わる重要な要素である。開花時期制御に関わる遺伝的背景は、主にシロイヌナズナなどで徐々に明らかにされてきており、他の植物においても解明が進行している。ミヤコグサは日本列島に広く分布するマメ科の植物で、同一条件下で播種して育成すると、開花時期が産地ごとに異なることが知られていた。本研究では、まず野生の131系統の開花時期を共通圃場栽培により計測した。その結果、産地の緯度上昇に沿って開花時期が遅延するという結果を得た。次にその開花時期計測結果を用いて、全ゲノム関連解析を行い、開花時期の種内多型に関連する、幾つかの有意な変異を挙げた。

遺伝子重複によるコピー数多型がもたらすシロイヌナズナ生態株間の2次代謝産物の多様性

○白井一正¹、中林亮²、松田史生³、岡本昌憲⁴、田中真帆²、藤本明洋⁵、森哲哉²、清水みなみ²、篠崎一雄²、関原明²、斎藤和季²、花田耕介^{1,2}¹九工大、²理研・CSRS、³大阪大大学院・情報科学研究科、⁴鳥取大・乾地研、⁵京大・医学研究科

植物は多様な機能を持つ二次代謝産物を作り出すことで、様々な環境への適応を可能にしている。この二次代謝産物には種間・種内で多様性があり、遺伝子重複がその一因と考えられている。しかし、重複による遺伝子の『コピー数変化』と重複遺伝子間の『機能変化』のどちらが多様性に重要かはわかっていない。そこで、私たちは世界の幅広い環境に適応したシロイヌナズナ生態株においてこの疑問の解明に挑んだ。私たちはLC-QTOF/MSを用いた網羅的解析により、53生態株の1335の二次代謝産物の定量に成功し、生態株間での多様性を明らかにした。そこで、多様性の原因遺伝子をゲノム関連解析と発現量解析を組み合わせることで偽陽性率を低減する新手法により推定した。推定された6082の候補遺伝子には、生態株間でコピー数多型のない重複遺伝子に対してコピー数多型のある重複遺伝子が有意に多く含まれていた。また、コピー数多型のある重複遺伝子では強い選択の一掃の形跡が見られた。これらの結果から、重複による『コピー数変化』が二次代謝産物の多様性を生み出し、環境適応を可能にするために重要であると示唆された。

P-33

塩基配列多型に基づく集団サイズの周期的変動の検出

○中村遥奈¹、手島康介²、館田英典²¹九大・システム生命科学府、²九大・理学研究院

生物集団では集団サイズの周期的変動がしばしば見られる。弱い淘汰が働く遺伝子座では集団サイズの変動が遺伝子進化に大きく影響することが知られており、配列多型データから集団サイズの周期的変動の有無を検出することは進化機構を理解する上で重要である。本研究では、中立遺伝子座を仮定し、変動の幅・周期長・サンプル時点の位相等を変え、遺伝子系図シミュレーションを行い、集団サイズの周期的変動が中立統計量に与える効果を調べた。その結果、周期長が非常に短いまたは長い変動を検出することはできないが、中程度の変動は検出可能であることがわかった。また、中立統計量が単純な集団サイズの拡大では説明できない高い分散を表す場合があることから、単純な集団サイズの変動では説明できなかった配列多型データも周期的変動を考慮することで説明できる可能性があることがわかった。さらに、用いる遺伝子座数や配列の塩基多様度の違いが変動の検出に与える影響も調べたため、その結果についても報告する。

P-35

モーリシャス島産カニクイザルの24個体の全ゲノム配列の解析

○櫻井聡一、遠藤俊徳、長田直樹

北海道大・院情報科学

カニクイザル (*Macaca fascicularis*) は東南アジアに広く分布する旧世界ザルである。インド洋に位置するモーリシャス島にも16世紀ごろ導入されたと考えられており、これらの個体はボトルネックと呼ばれる現象がゲノムの多様性にどのような影響を与えるかについての良い研究対象となる。本研究では、これまでの研究によって用いられた24体のモーリシャス島産のカニクイザルの全ゲノム配列を用いて集団遺伝学解析を行った。約2700万個のSNPデータを用いて集団の構造を調べたところ、単一の集団である確率が最も高かった。したがって、集団の分化が起きていないことが示唆された。また、ゲノム全体において頻度の低いSNPが極端に少なかったこと、同義多型に対する非同義多型の割合が東南アジアの個体より大きかったことから、ボトルネック効果による遺伝的浮動が強く働いたことが示唆された。サイト頻度スペクトラムと連鎖不平衡に基づいて、selective sweep が強く働いている領域を探索したところ、候補となる領域が10か所程特定された。今後これらの候補領域がボトルネック効果によるものなのか、自然選択によるものなのかを明らかにしていく計画である。

P-34

アンブリコンシーケンス解析による針葉樹ヌマスギの集団構造解析

○池崎由佳¹、陶山佳久²、ミドルトン ベス A³、津村義彦⁴、手島康介⁵、館田英典⁵、楠見淳子⁶¹九州大学大学院・システム生命科学府・生命理学講座・進化遺伝学研究室、²東北大学大学院農学研究科附属複合生態フィールド教育研究センター、³米国USGS National Wetlands Research Center、⁴森林総合研究所森林遺伝研究領域、⁵九州大学大学院理学研究院生物科学部門、⁶九州大学大学院比較社会文化研究院環境変動部門生物多様性講座

ヌマスギは沼や河川域に生息する湿地性針葉樹である。ヌマスギの3変種のうちbald-cypressとpond-cypressは北アメリカ南東部において分布が重なっており、形態や生育環境に違いはあるものの遺伝的分化の程度は低いとされてきた。一方、bald-cypressは先行研究(SSR解析)によりミシシッピ川沿岸部とフロリダとの間で地域間分化が示唆されている。本研究では、2変種(bald-cypress, pond-cypress)を含む、3地域(Texas, Mississippi River, Florida)、12集団96個体を用い、47核遺伝子座の塩基配列多型から変種間、地域間分化の程度を推定した。STRUCTUREプログラムによる集団構造解析から、ヌマスギは3つの遺伝的グループ(Bald_Mississippi&Texas, Bald_Florida, Pond_Florida)に分かれることが示された。AMOVAを使い分化の程度を調べたところ、平均的には変種間が地域間よりも高い固定指数値(F_{CT})を示した。これは、変種間では5つの遺伝子座で F_{CT} が0.2を超える値を持つことによる。また、分化に貢献する適応候補遺伝子を探すため、Arlequin及びBayescanプログラムを用いた F_{ST} のoutlier検出を行ったところ、地域間・変種間でそれぞれ4つの候補遺伝子が検出された。

P-36

ギボシムシゲノムからみる新口動物の進化

○川島武士¹、シマコフ オーレグ²¹国立遺伝学研究所、²沖縄科学技術大学院大学

新口動物は、脊索動物、棘皮動物、そして半索動物の三つの動物門で主に構成される生物分類群であり、ヒトや脊椎動物を含むことから生物学の研究対象としてもよく研究されていると言えるが、その分類群がいかんして地球上に登場したかについては、謎が多い。我々は新口動物の共通祖先生物の持っていた特徴を復元するため、半索動物ギボシムシ2種のゲノムを解読し、他の動物のゲノムと比較した。その結果、新口動物のゲノム上にある共通保存領域を見出し、これを咽頭部形成遺伝子クラスター(Pharyngeal Cluster)と命名した。Pax1/9遺伝子を中心とした4つの転写因子をコードする遺伝子を含むこの遺伝子クラスターは、新口動物の鰓裂形成に深く関与していることが示唆されるほか、脊椎動物では脳神経等の形成に関与していることがわかっている。ゲノムの比較解析からは、鰓裂の獲得と同時に新口動物の祖先が獲得した遺伝子により、ろ過摂食に必要な繊毛および粘液の進化も進んだことなども明らかになってきている。これまでの比較解析から明らかになりつつある新口動物の祖先生物とその後の進化のシナリオについて説明する。

P-37

Pou3f2の哺乳類固有の分子構造は脳細胞数に影響を与える

○橋詰晃一、那須信、植田信太郎

東大・院理

哺乳類ゲノム中のコーディング領域には一種類のアミノ酸が連続した反復配列（単一アミノ酸反復配列、HPAAs）が蓄積していることが知られている。HPAAsの挿入はタンパク質間相互作用、転写制御、表現型の多様性に影響を与え、哺乳類への進化に寄与してきたことが示唆されている。しかし、実際に遺伝子内のHPAAsと進化との関わりについて多くは解明されておらず、特に実証的研究はこれまでほとんど行われていない。*Pou3f2/Brn-2*は神経発生において重要な役割を果たす転写因子だが、脊椎動物間で哺乳類のみ*Pou3f2*のコーディング領域に複数のHPAAsを内包している。これらHPAAsが及ぼす影響を明らかにするため、我々はHPAAsを欠失した*Pou3f2*を本来の*Pou3f2*と置き換えた遺伝子組み換えマウスを作出した。野生型と比較し、*Pou3f2*内HPAAs欠失型のマウスでは神経前駆細胞の細胞周期脱出が低下しており、さらにIsotropic fractionatorという脳細胞計測法により、新生仔および成体の脳細胞数が減少していることが明らかとなった。この結果は、進化の過程で*Pou3f2*にHPAAsが挿入されることで、哺乳類に脳の拡大がもたらされた可能性を示唆し、HPAAsの生物学的意義を示すものである。

P-39

哺乳類・鳥類の飛行能力獲得・喪失に伴う最大寿命の進化的変化に関わる遺伝子の検出

○池本篤史、佐藤大気、牧野能士、河田雅圭

東北大・生命

脊椎動物の最大寿命は種により大きく異なり、体重が重いほど最大寿命は長くなるという傾向がみられる。また、同じ体重の種においても最大寿命は様々であり、飛行能力を有する種は比較的長い最大寿命を持つことが知られている。同様の傾向は哺乳類の中のみにおいてもみられ、飛行能力を有するコウモリは他の哺乳類より最大寿命が長いとされる。一方、鳥類では飛行能力を喪失した種が存在するが、飛行能力の喪失と最大寿命の関連についてはあまり調べられていない。また、飛行能力の獲得・喪失によって、どのような生体内の進化が生じ最大寿命が変化したのかも不明である。そこで本研究では、1. 鳥類内における飛行能力の有無による最大寿命の差異を解析し、2. 次に、哺乳類と鳥類において飛行能力の獲得・喪失に伴い進化した最大寿命と関連する遺伝子を検出し、その遺伝子が各系統で共通するかを調べることを目的とした。全ゲノムが解読されている哺乳類21種と鳥類24種を用い、飛行能力の獲得・喪失の過程で正の選択を受けた遺伝子の検出を行った。本発表では、これらの結果と各系統での比較、飛行能力との関連についての考察を行う。

P-38

*Drosophila subobscura*におけるfruitless変異体の作製と遺伝学的ツールの適用～行動の種間差を生み出す神経基盤を探る

○田中良弥、村上日向、佐藤耕世、山元大輔

東北大・生命

キイロショウジョウバエの雄ではfruitless (*fru*) と呼ばれる遺伝子の働きが求愛行動の実現のために重要な働きをしていることが知られている。一方で、ショウジョウバエ属における求愛行動の種間差を生み出すメカニズムについてはほとんど理解が進んでいない。我々はショウジョウバエ属でありながらキイロショウジョウバエとは著しく異なる求愛行動を示す*Drosophila subobscura* (*D. subobscura*) を用いることで、求愛行動の種間差を生み出す神経基盤の解明を目指している。*D. subobscura*における*fru*の機能を調べるために、CRISPR/Cas9システムを用いて*fru*変異体を作製した。この変異体の求愛行動を観察した結果、変異体の雄は雌に対して求愛行動を示さないことがわかった。これは、キイロショウジョウバエとは著しく異なる求愛行動を示す*D. subobscura*においても、*fru*が求愛行動の実現に関与していることを示している。

P-40

キイロタマホコリカビ*Dictyostelium discoideum*の有性生殖に伴う協力

○柴崎祥太、城川祐香、嶋田正和

東大・院総合文化

生物界でなぜ協力が維持されるのかは重要な問題である。キイロタマホコリカビはこの問題に対する単細胞性のモデル生物とされている。この生物の生活環には、分裂サイクルのほかに二つの休眠サイクルがある。それは多数の細胞が集合して子実体を形成する無性的なものと、マクロシストを形成する有性的なものである。子実体は、次世代まで生存する胞子とそれを支えて死ぬ柄細胞の協力関係からなる。異なる系統が混在するキメラ子実体では、胞子に占める各系統の割合が異なることが報告されており、キメラ子実体における協力和裏切りについて研究がなされてきた。一方、マクロシスト形成時は一部の細胞が配偶子となり、異性の配偶子と接合子を作る。この接合子は周囲の細胞を集合させて共食いをし、自身のエネルギーとする。接合子と集合する細胞との間に高い血縁度がある時、この共食いは協力だと考えることができる。この二つの生活環は、cAMP というシグナルを用いて集合するという点で共通する。本研究は、まず子実体とマクロシストが共存することを示した。また、二つの協力が共存する場合、マクロシストでの協力が維持される理由を、理論と実証の双方から検証する。

P-41

キイロショウジョウバエの体色変異と環境ストレス耐性の関連性の解析

○秋山礼良¹、宮城竜太郎¹、高橋文^{1,2}¹首都大・院理工、²首都大・生命情報研究センター

キイロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) の体色には多型があり、その濃淡は生息場所の緯度や標高に対しクラインを形成する。このことからこの形質は、何らかの環境要因に対する適応に関わると考えられているが、そのような環境要因の特定や背景にあるメカニズムは未解明である。そこで本研究では、本種の体色多型と環境ストレス耐性の関連性について解析を行った。北米自然集団由来のDGRP25系統を用いて、色の濃さや腹部の黒色帯の幅など複数の体色形質を測定した。これらと低温、乾燥、飢餓耐性の強さそれぞれとの相関解析を行った結果、いくつかの体色形質と耐性の強さとの間に有意な関連性が検出された。また羽化直後の体色形成時期に定量したメラニン生合成系遺伝子の発現量との比較解析から、ストレス耐性と有意な関連性のある遺伝子が見つかった。これらの関連解析に加え、自然集団における体色多型の主要な原因遺伝子である *ebony* について、遺伝学的操作により発現量を変化させた個体を用いてストレス耐性を比較する実験を行った。これらの結果について報告する。

P-43

死にまねをする系統としない系統で発現が異なる遺伝子群の解析

○内山博允¹、佐々木謙²、矢嶋俊介¹、松村健太郎³、宮竹貴久³¹東京農大生物資源ゲノム解析センター、²玉川大学、³岡山大学

生物が生存していくために重要なことは「食う・食われる」の関係と、どう向き合うかである。「死んだふり」をすることで天敵と向き合う生物もいる。多くの分類群の動物に見られる「死にまね行動」は、敵である捕食者に食われないための戦略として進化してきたと考えられている。わたしたちは、死にまねを制御する分子生物学的メカニズムを解明する目的でコクヌストモドキ（甲虫）を材料として、死にまねをする系統としない系統を人為的に育種した。20世代以上に及ぶ選抜の結果、刺激を与えると数10分以上も死んだふりを持続するロング系統（L系統）と、いくら刺激を与えても死にまねをしないショート系統（S系統）を確立できた。そこで系統間の遺伝子発現を次世代シーケンサー HiSeq 2500 による RNA sequence（RNA Seq.）法で比較し、さらにリシーケンスにより系統間の遺伝子の変異解析を行った。発現に有意な差の見られた遺伝子群と非同義置換を伴う変異のあった遺伝子群について報告する。

P-42

アオモンイトトンボにおける性的二型と雌多型に関連する遺伝子の探索

○高橋迪彦¹、高橋佑磨²、牧野能士¹、河田雅圭¹¹東北大・生命、²東北大・学際研

性的二型は様々な生物種において見られる現象であり、その遺伝的基盤の解明は進化学の重要なトピックの一つである。雌雄間の遺伝子発現比較を行うことで、性的二型を支配する遺伝的基盤を探索することは可能であるが、その場合、性差を生み出す遺伝子との区別が困難である。トンボ目では、体色や翅の色において性的二型性を獲得しており、その一部の種では雌に多型が出現し、雄と似た色彩をもつ雄型雌が存在する。本研究では、雌に体色の多型を有するアオモンイトトンボを用いて、雄と典型的な雌の間で有意に発現量の異なり、雄と雄型雌では発現量に差がない転写産物を探索することで、性的二型の遺伝的基盤を推定することを目的とした。RNA-seqを用いて、雄と雄型雌と典型的な雌の発現比較をした結果、条件を満たす遺伝子として性決定のカスケード上の最末端の遺伝子である *doublesex* 遺伝子 (*dsx*) の転写産物が検出された。この *dsx* の転写産物をPCRで増幅させたところ、性間及び型間で異なる長さのPCR産物が得られたので、*dsx* の転写産物の雌雄間や型間での配列比較や発現量差の結果について発表する。

P-44

定性トランスクリプトーム解析を用いた琵琶湖固有魚種の湖沼適応遺伝子の探索

○伊藤僚祐¹、三品達平¹、橋口康之²、小北智之³、武島弘彦⁴、渡辺勝敏¹¹京大院理、²大阪医大、³福井県大、⁴地球研

琵琶湖は世界有数の古代湖であり、約40万年前以降に形成された広く深い淡水環境が、多様な固有種を生んだ要因のひとつであると考えられている。琵琶湖固有魚ホンモロコとゲンゴロウブナは独立にプランクトン食や回遊性・機能的な形態を獲得しており、これらは沖合域への適応だと考えられている。したがって、ホンモロコやゲンゴロウブナの生活史や形態の進化は、新たなハビタットへの進出に伴う適応進化のモデルケースとなりうる。本研究では、2種でそれぞれ発現している遺伝子における適応進化を検出し、さらに種群間の分子収斂進化の可能性を探るために、RNA-seqを用いた定性トランスクリプトーム解析を行った。ホンモロコ、ゲンゴロウブナとそれらの近縁種の約5000～8000コンティグについて非同義置換率と同義置換率との比 ($\omega = d_N/d_S$) を推定した。その結果、正の自然選択を受けた可能性のある約100の遺伝子が見いだされ、その中には消化酵素をはじめとする湖沼適応と関係しうるものも少数含まれていた。しかし、固有種間で共通して正の選択を受けている遺伝子は存在しなかった。これらの結果は、両種の沖合適応が異なる発現形質や遺伝的基盤によることを示唆する。

沖縄の移入グッピー集団における色覚の遺伝的分化

○酒井祐輔¹、稲田垂穂¹、青木翔子¹、鶴井香織²、満行知花³、陶山佳久³、辻和希⁴、河田雅圭¹

¹東北大・生命科学、²琉球大・戦略的研究セ、³東北大・農、⁴琉球大・農

視覚や聴覚などの感覚は、個体がどのように外部環境を知覚するかに影響する。したがって、生物の感覚の特性の理解は、外部刺激に応じた個体の行動パターンや個体間相互作用の理解につながる可能性がある。我々は、色覚に種内多様性がある小型魚グッピーを用いて、色覚の多様性の維持機構と色覚が個体の行動、特にオスの婚姻色に対するメスの選好性に与える影響を解明することを目的とし、研究を進めている。グッピーには、緑～赤の光感受を担う長波長感受オプシン (LWS-1) に吸収波長が異なる2つの対立遺伝子が存在しており、これらの多型は自然選択によって維持されていることが示されている。多型を生み出す選択圧となっているのは生息地の光環境の差異であると考えられているが、直接的な実証には至っていない。そこで、沖縄本島に定着したグッピーの野生化集団を対象に、LWS-1の対立遺伝子頻度と光環境を含む生息地の環境データの関係を調査した。その結果、環境中の長波長光の割合が多いほどより長波長に感受性が高い対立遺伝子の頻度が増加することが示された。このことから、環境光の波長構成が色覚の遺伝的分化を引き起こしている可能性が示唆された。

モデルスイッチの観測による進化的背景の考察

○加藤三步¹、立田晴記²、辻和希²

¹鹿大・連合農学、²琉大・農

アジアに広域分布するシロオビアゲハには、雌の翅に多型 (form *cyrus*, f. *polytes*, f. *theseus*, f. *romulus*) が存在する。沖縄島には後翅に赤斑紋と白斑紋を持つが生息し、大きな白斑紋を持つベニモンアゲハにベイツ擬態していることが実証されている。しかし、沖縄島のベニモンアゲハは1993年に定着した侵入種である。沖縄島の *polytes* の翅斑紋はモデルの定着後それにより似るよう捕食による淘汰で迅速進化した可能性がある。そこで *polytes* の翅斑紋の過去54年間の推移を調査すると、モデルの定着後、白斑紋が大型化していることが示された。しかし、予測に反しモデルの定着後に個体変異は一層拡大していた。この結果は、沖縄島の *polytes* が、ベニモンアゲハ定着以前には白斑紋を持たない在来種のジャコウアゲハに擬態していた可能性を提示する。従来、ジャコウアゲハに対する擬態型は *theseus* や *romulus* だといわれてきたが、本発表では沖縄島ではなぜ *polytes* の一部がジャコウアゲハに擬態したのか、その進化要因を議論する。

雑種形成が種を多様化させるのはどんな時か？—進化シミュレーションによる研究—

○香川幸太郎

統計数理研究所 統計思考院

近年、雑種の形成が種分化や適応放散を促進した例が複数の動物・植物で報告され、注目を集めている。そのような例では、雑種形成によって個体群が持つ遺伝的多様性が増加し、新たな環境への適応が促進されたと考えられる。しかしながら、雑種形成は常に種の多様化を引き起こすわけではない。多くの場合、雑種形成の結果2種の親種が1種の雑種へと融合する。また、雑種形成が個体群の崩壊や片方の親種の排除を引き起こしたケースも複数報告されている。本研究では、雑種形成が多様性の進化を導く条件を調べるために、雑種形成を介した進化のコンピューター・シミュレーションを行った。シミュレーションでは、共通祖先に由来する2系統が一定期間別々の個体群で過ごし、その後雑種を形成するシナリオを想定した。シミュレーションの結果、雑種形成後に (1) 種分化、(2) 種の融合、(3) 片方の親種の排除、(4) 個体群の崩壊の4パターンの進化動態が見られた。環境条件や親系統の生物学的特性を様々に変化させてシミュレーションを行った結果、親系統間の遺伝的分化の程度、適応度地形、交配隔離の成立様式が、雑種形成後の進化動態を決定付けること示唆された。

巨大弾性蛋白質コネクチンを指標とした脊椎動物心臓進化解析

○花鳥章、橋本謙、氏原嘉洋、本田威、呼元知子、児玉彩、毛利聡

川崎医大・生理学

活動性が高くエネルギー消費の大きな脊椎動物の特徴として、発達した冠循環心臓が挙げられる。心臓は自らの収縮のため収縮時には血流が途絶し、拡張期にのみ血液が流れることから、拡張期の過度な伸展を防ぐために非冠循環心臓に比べて伸展しにくい性質を持つ。この心室伸展制限の分子レベルでのメカニズムとして、心筋細胞のサルコメアのZ線からM線までを1分子で繋ぎ、心室拡張時に受動的張力を発生させ伸展性を規定する筋弾性蛋白質コネクチンに着目した。冠循環心臓を持つ哺乳類・鳥類、非冠循環心臓を持つ両生類の各2種類存在する心筋コネクチンの構造を解析した結果、弾性特性を有するPEVK領域 (プロリン、グルタミン酸、バリン、リシンの割合が70%以上の領域) の長さが、カエルでは最大808aa, 1471aaと長かったのに対し、マウスでは178aaと463aa、ニワトリでは299aaと527aaと非常に短くなっていた。また、同様に弾性特性を有するN2B領域の長さも冠循環心臓では非常に短かった。心臓におけるコネクチン弾性領域の極度の短縮は、冠循環の出現により心筋細胞の伸展性を抑制する新たな淘汰圧に適応したものであると考える。

P-49

ヒトの社会的認知機能の進化に寄与した
アミノ酸変異の検出

○佐藤大気、牧野能士、河田雅圭

東北大・院・生命

ヒトの高度な社会的認知機能における進化遺伝学的基盤の解明は、進化生物学における長年の課題である。いくつかの遺伝子では、ヒト特異的に生じたアミノ酸置換が社会的認知機能の進化に重要であったことが示唆されているが、包括的な理解は得られていない。一方、このような社会的認知機能の欠損は精神疾患との関連が強く、精神疾患の関連遺伝子にその遺伝基盤を探る手がかりがあると考えられる。今回我々は精神疾患の関連遺伝子に着目し、種間での配列比較により、ヒトの社会的認知機能の進化に寄与した可能性のあるアミノ酸変異の検出を試みた。まず、哺乳類15種の間での配列比較から、ヒトで特異的に生じたアミノ酸置換を網羅的に探索した。それらのうち、種間の配列保存性とアミノ酸間の生化学的距離を考慮し、特に生物学的影響の大きなアミノ酸置換を推定したところ、セロトニン伝達経路に関わる複数の遺伝子が検出された。その中でも特に、小胞モノアミントランスポーターである *SLC18A1* においてはヒトの系統で正の選択を受けた傾向が見られた。本発表では、神経伝達物質の伝達経路に生じたアミノ酸変異がヒトの社会的認知機能の進化に与えた影響を考察する。

P-51

高温乾燥地帯に適応したアノールトカゲ集団の
遺伝的構造と適応遺伝子○石井悠¹、A. Cádiz Díaz²、L. M. Díaz³、K. Janusevicius¹、赤司寛司¹、丸山真一郎¹、河田雅圭¹¹東北大・生命、²ハバナ大、³キューバ自然史博物館

キューバに生息する *Anolis homolechis* は、平均気温30度前後の森林の林縁部に生息しているが、キューバ南東部の半砂漠地帯には森林部より気温が約5度高い環境に生息する集団が存在する。この集団の個体では高温での活動能力が森林に生息する集団よりも高いことが確認されている (Kishibe et al. in prep.)。本研究では、ddRAD法を用いて検出したSNPにより、半砂漠地帯とその近隣の森林、山岳地帯に生息する *A. homolechis* 集団と、近隣に生息する近縁種の *A. jubar* の集団について遺伝的集団構造を解析した。その結果、各種はそれぞれ大きく2つのグループに分かれることが明らかとなった。半砂漠地帯と近隣の森林の集団を含むグループには両種が含まれることから、このグループに含まれる *A. homolechis* と *A. jubar* は同種であると示唆される。また、このグループの中でも、遺伝的構造の差異が比較的大きい半砂漠地帯と森林の集団に着目し、集団間で選択を受けた遺伝子座の検出を試みることで、高温環境への適応を可能にする遺伝的基盤と進化機構について考察したい。

P-50

日本人特異的な遺伝的適応を示す遺伝子群の
ゲノムワイドな探索

○岩崎理紗、颯田葉子

総研大・先端科学研究科

現生人類は出アフリカ以降、自ら作り出した文化を含む、さまざまな環境に対する遺伝的な適応を経験してきた。このような局所的な遺伝的適応の探索は世界中の各人類集団で進んでいるが、ゲノムワイド解析によって、日本人集団に特異的な遺伝的適応と、その環境要因との関係を明らかにした研究はまだ知られていない。

本研究では、1,000人ゲノムプロジェクトデータベースより、血縁関係のない2,504人を用いて、世界中の各集団（日本人及び東アジアの各集団、南アジア、ヨーロッパ、アフリカ、アメリカの集団）での全ゲノムのSNPの頻度情報より、各SNPに対してWright's F_{st} を算出し、日本人集団特異的に分化した領域の探索を行った。また、1番、21番、22番の染色体上の各SNPの F_{st} の平均値から、各集団の平均的な距離を調べた。この結果、日本人集団と最も距離が近かったのは、東アジアの2集団（北京の漢族・ホーチミン市のベトナムの集団）であった。これらの集団と日本人集団のSNP頻度の比較を行い、集団分化の進んだSNPを探索した。その他の染色体に対しても現在解析を行っている。今後は、日本人特異的な頻度を持つSNPの存在するハプロブロックを決定し、自然選択の痕跡の探索を行う。

P-52

開放高温環境へ適応進化したキューバのアノールトカゲにおいて正の選択を受けた遺伝子の検出

○金森駿介¹、赤司寛司¹、Cádiz Díaz²、L. M. Díaz³、佐藤大気¹、牧野能士¹、河田雅圭¹¹東北大学生命科学研究科、²ハバナ大学、³キューバ自然史博物館

西インド諸島のアノールトカゲは、利用する樹木の各構造部位に適応した形態や行動を進化させ、多様化している。さらに、同じ樹木の構造部位を利用している種の間では、異なる温度環境へ適応することで、同所的な共存が可能となっている。キューバ内においては、Mesquiteを用いた解析によって、森林内部の低温環境側から開放高温環境側への適応進化が4つのクレードで独立に起きていることが推定された。今回、このキューバのアノールトカゲの高温環境への適応進化を可能にした遺伝的変化を解明するために、高温環境へ進出した種において、共通して正の自然選択を受けた遺伝子の推定を試みた。まず、4つのうち2つのクレードで、高温環境と低温環境のそれぞれに生息する種（高温種2種、低温種5種）のコード領域の配列をゲノムリシーケンス、あるいはRNA-seqにより決定した。その後のPAMLによる高温環境へ適応した種で共通に正の選択を受けた遺伝子の推定結果を示し、アノールトカゲの高温適応の遺伝的基盤について考察する。

P-53

パレート最適性が花形質にもたらす進化的制約の検証

○三上智之、岩崎渉

東大・生物科学

送粉生態学の分野では、複数の送粉者間で花に対する選好性が異なる場合、花の表現型にトレードオフが生じる可能性が指摘されている。他方では近年、複数の機能間でトレードオフが生じるとき、生物の表現型をパレート理論と呼ばれる枠組みで説明する試みがなされている。この理論は、自然淘汰によって残る表現型が、表現型空間上で、個別の機能に特化した極端な表現型を頂点とした単体（線分、三角形、四面体などの図形）状の領域に限られると予測する。

これらをふまえ本研究では、送粉生態学における表現型データはパレート理論の予測に従うのではないかと考えた。これを検証するためには、(1) 花の表現型の分布が単体に近いのか統計的な検定と、(2) 単体の頂点が特定の送粉者に特化しているかの生態学的な確認が必要である。統計的な検定に関しては、先行研究により t-ratio test と呼ばれる検定法が提案されているが、この手法は系統関係を考慮せず、第一種の過誤を引き起こしやすいとの指摘がある。そこで本研究では、系統関係を考慮した検定手法を新たに開発し、これを用いて送粉生態学のデータにおいてパレート理論を検証した。

P-55

ヤマアカガエルの消化管の変態に関する発生進化的研究

○岸本溪、林文男

首都大・生命

小腸は、一般的に、肉食性の種では短く、植物食性の種では長いとされている。また、雑食性の種では、食性に応じて小腸の長さに違いが生じるということも知られている。ヤマアカガエル (*Rana ornativentris*) の幼生は雑食性であるが、成体であるカエルになると肉食性になる。本研究では、異なる餌で飼育したヤマアカガエル幼生において、摂食を開始する発生段階から、仔ガエルに変態するまでを10区分し、腸の長さを計測した。また、小腸を胃側・中央部・大腸側の3カ所で切り、その切片をヘマトキシリン・エオシンで染色し、微細構造の比較を行った。その結果、小腸の長さは、変態期の前後で1/10程度まで短縮すること、変態期には非常に細くなり、形態が大きく変化していくことが分かった。また、同じ発生段階であっても、植物性の餌を与えた場合の方が小腸は長くなり、動物性の餌を与えた方が小腸の中央部が太くなることなど、腸の形態に関する表現型可塑性の存在が示唆された。

P-54

単細胞生物が持つ「多細胞的な」遺伝子の機能

○菅 裕、中田あずさ、矢ヶ崎怜、小出尚史、
福原光海、甲斐隆哲、時安鴻二郎

県立広島大学・生命環境

動物の多細胞体制はどのように進化したのだろうか？我々は、動物に近縁な単細胞モデル生物、カブサスボラとクレオリマックスを用いて、この問題に迫ろうとしている。ゲノム塩基配列解析から、カブサスボラやクレオリマックスは、動物で多細胞体制の構築や維持に使用される「多細胞的な」遺伝子を多数持つことが判明している。しかしこれらの遺伝子が、単細胞体制でどのような機能を果たしているのかは全く分かっていない。我々はカブサスボラとクレオリマックスにおいて、遺伝子導入技術を開発、改良し、そうした遺伝子の機能を探る試みを始めている。各種細胞内ライブマーカーやゲノム編集技術の導入、また細胞増殖に関わるシグナル伝達遺伝子や細胞外マトリクス遺伝子の解析など、最新の成果を報告する。

P-56

アカショウジョウバエの低温耐性に関する比較transcriptome解析

○木村友彦¹、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大学東京・院理工・生命科学、²首都大学東京・生命情報研究センター

近年、アカショウジョウバエは分布域を熱帯から温帯へと拡大してきた。それに伴い、本種の低温耐性が向上したことが分かっている。この低温耐性の向上には、低温順化による遺伝子発現量の変化が大きな要因であることが分かっている。さらに、先行研究により、低温耐性の向上には系統間変異があること、また、低温順化によって呼吸量も増加する傾向があるが、低温耐性の向上とは直接関係ないことが分かっている。すなわち、低温順化によって発現量に変化する遺伝子を網羅的に調べると、その中には低温耐性向上に加え、呼吸量増加の原因遺伝子も含まれることになる。そこで、低温耐性と呼吸量に対する低温順化の効果が異なる複数の系統を用い、低温順化によるトランスクリプトームの変化をRNA-Seqによって調べることで、低温耐性向上にのみ関わる遺伝子を見つけることを試みた。その結果を報告する。

P-57

生後の神経新生を介したメダカ終脳構築機構の解析から探る、硬骨魚類の終脳進化機構

○磯江泰子^{1,2}、中村遼平¹、奥山輝大¹、保木昌仁¹、末廣勇司¹、山岸元記¹、成瀬清³、木下政人⁴、亀井保博³、野中茂紀³、清水厚志⁵、久保健雄¹、武田洋幸¹、竹内秀明^{1,2}

¹東大・院理、²岡山大・院自然科学、³基生研、⁴京大・院農、⁵慶応大・医

終脳（哺乳類では大脳に対応）は脊椎動物に共通した脳構造であり、成体では様々な感覚情報を統合し、記憶・学習、生得的な行動の制御を行なう高次中枢として機能する。終脳は神経管の背側から発生する「外套」と腹側から発生する「外套下部」に分けられ、両者は構造と機能が大きく異なる。「外套」は内部が多くの区画化された解剖学的領域に分かれ機能分化し、構造と機能が脊椎動物間で大きく異なっている一方で、「外套下部」は脊椎動物間で構造と機能が比較的保存されているが、このような成体の終脳の種多様性や保存性が生じる機構は不明であった。本研究生後の成長過程における終脳構築機構に着目し、硬骨魚類のモデル動物であるメダカを用いた。発生初期の神経幹細胞由来の新生細胞の細胞系譜解析の結果、終脳を構築する細胞系譜単位の構造が「外套」と「外套下部」で大きく異なることがわかった。また遺伝子発現制御解析の結果、機能する軸索ガイダンスカスケードの違いに起因することが推測された。本研究で少なくとも硬骨魚類の種間多様性を説明する機構の解明につながることを期待される。

P-59

真骨魚類におけるヘテロクロニー解析

○伊藤史博

総研大・院生命・遺伝学

形態の特徴に基づいた入れ子式の種分類は、進化的な系統関係を反映する。このことは、各グループを特徴付ける形質は進化の過程で保持しつつ、各々の生息環境に適した種特異的な形態進化が起こったことを示唆する。このため、たったひとつの卵から始まる多細胞生物の一連の発生シークエンスには、進化の過程において可変的な部分と不可変的な部分が存在すると考えられる。この変化のうち、発生シークエンスのタイミングに変化をもたらすヘテロクロニーは、形態的多様性を創り出す原動力の一つと考えられている。そこで、ヘテロクロニーと形態的多様化の関係を明らかにするため、脊椎動物で最も種数が多く、形態的多様性を示す真骨魚類に着目した。本研究では、18種の真骨魚類の胚発生ステージ表をもとに、event-pair法を用いることで、系統ごとに生じたヘテロクロニーの検出を行い、さらに各系統の形態的特徴を加味した上で、ヘテロクロニーと形態的多様化の関係の考察を行った。今後は、個体発生における発生シークエンスの解析を行い、系統発生上、可変的／不可変的な発生シークエンスの個体発生における特性を明らかにし、形態進化の進化可能性を明らかにしたい。

P-58

発生で遅く変化する変数と進化可能性

○香曾我部隆裕、金子邦彦

東大院 総合文化研究科

多細胞生物の発生は発生は段階を踏んで進行する。発生の進化を考える上で、それら段階の連鎖がどのように制御されているかは重要な問いである。なぜならば、その制御のされ方如何で進化で新たな段階が挿入されやすい段階、順序が保存されやすい段階が決まるからである。

このような問題意識のもと、発生における段階の制御の仕組みと進化との関係を調べるため計算機進化実験を行った。進化実験では遺伝子制御ネットワークを、できるだけ多くの細胞状態を変遷するように進化させ、細胞状態の遷移を発生段階の変遷を段階に見立てた。

その結果、発生での段階は多くの場合、遅い遺伝子発現ダイナミクスによって制御されていることが判明した。遅い遺伝子発現ダイナミクスは、進化途中で自然に生じて発生を制御する。細胞の状態遷移は遅い遺伝子発現を分岐パラメーターとした、力学系における分岐として説明することができた。更に、遅い遺伝子発現ダイナミクスを生じにくくする条件のもとで進化実験を行ったところ、進化シミュレーションでの課題達成率が大きく下がることを発見した。発表では以上のことから発生で遅く変化する変数と進化可能性との関係、進化-発生関係への影響について議論する。

P-60

四肢動物の仙椎と後肢の形成位置の統合と多様化を司るシステム

○松原由幸、黒岩厚、鈴木孝幸

名古屋大・院理学

四肢動物の骨格のうち、脊椎は中軸中胚葉に由来し、一方四肢骨は中軸の側方の側板中胚葉につくられる。脊椎と四肢は独立した原基から発生するが、四肢は必ず胸腰椎の前後につくられる。また、進化の過程で脊椎の数や椎式が大きく変化しても、その基本構造は守られている。このことから発表者は、発生中に中軸中胚葉と側板中胚葉の両方の前後軸パターン形成に働きかけ、椎式と四肢の位置を同調させる「インテグレーター」が存在すると考えた。そして仙椎と後肢の位置の同調に、分泌因子 *Gdf11* が「インテグレーター」として関与していることを発生学的な解析から明らかにした。また、後肢の位置の異なる動物8種の初期胚で *Gdf11* が発現を開始する発生段階を比較したところ、そのタイミングと後肢の位置の間に強い相関関係があった。更に、ニワトリ胚で *GDF11* の作用タイミングを人為的に変化させることで、後肢の位置を前後軸方向に変化させることができた。*Gdf11* は、仙椎と後肢の位置を同調させて四肢動物の骨格の基本構造を維持すると共に、その発現タイミングの変化によって後肢を体の様々な位置につくることを可能にしている。

P-61

軟骨魚類から対鰭筋形成機構の進化を探索

○岡本恵里¹、日下部りえ²、工藤樹洋³、兵藤晋⁴、鬼丸洗^{1,3}、倉谷滋²、田中幹子¹

¹東工大・院生命理工、²理研・倉谷形態進化研究室、³理研・ライフサイエンス技術基盤研究センター、⁴東大・大気海洋研究所

脊椎動物の進化の過程において、遊離筋とよばれる移動性筋芽細胞は多様な形質を獲得させてきた。四肢動物の四肢筋は、皮筋節から脱上皮化した遊離筋が肢芽へと遊走することで形成される。一方、軟骨魚類では、対鰭筋は遊離筋由来ではなく、皮筋節の伸長により形成されるという説が半世紀以上にわたり支持されてきた。本研究では、軟骨魚類トラザメ胚における遊離筋の筋形成への寄与を再検証した。その結果、トラザメ胚の対鰭筋および鰓下筋（舌下筋の祖先形質）が、遊離筋のマーカー遺伝子Lbx1陽性な筋芽細胞に由来すること、胸鰭へ侵入する筋芽細胞は皮筋節から分離し、遊走していることを明らかにした。これらの結果より、Lbx1陽性な遊離筋が対鰭筋/四肢筋を形成するシステムは、進化の過程で軟骨魚類が他の顎口類と分岐する前に獲得されたものであることが示唆された。

P-63

ゼブラフィッシュ胚の発生過程における腹鰭細胞の位置情報の記憶のメカニズム

○Hilda Mardiana Pratiwi、植田翔梧、田中幹子
東工大・院生命理工

ゼブラフィッシュの腹鰭になる細胞は、体幹部後方から位置情報を受け取ることで、受精16時間胚までには腹鰭になることが決定されるが、腹鰭の形成を誘導する転写因子をコードした遺伝子（腹鰭形成誘導遺伝子）が発現するのは、仔魚から稚魚への移行がおこる受精3週間後になって腹鰭原基が出現する直前になってからである。本研究では、ゼブラフィッシュの腹鰭細胞をモデルに、腹鰭形成誘導遺伝子のエンハンサーのpoised状態として、位置情報を記憶している可能性を検証することとした。この目的で、ゼブラフィッシュの腹鰭形成誘導遺伝子の腹鰭特異的エンハンサーの同定を試みたところ、腹鰭での発現を制御する837bpの配列を得た。また、この配列には、HoxとそのコファクターのMeis/Pbxの結合配列、及び、稚魚への移行を促す甲状腺ホルモン受容体の結合配列が含まれていた。現在、腹鰭誘導遺伝子が発現していない受精2週間後の仔魚の予定腹鰭細胞と、腹鰭誘導遺伝子が発現している受精3週間後の稚魚の腹鰭原基細胞において、腹鰭特異的エンハンサーのエピジェネティック状態を検証しているところである。

P-62

真骨魚類の腹鰭の形成位置を多様にしたメカニズムの解明

○渡邊昂也¹、金子皓輝¹、中谷友紀¹、湯玲子¹、藤村衛至²、田中幹子¹

¹東工大 生命理工学研究科、²新潟大学 理学部

真骨魚類の腹鰭は、進化的に新しいグループになるほど頭部側に形成される傾向にある。腹鰭の位置の進化は、魚類の動作制御能力を向上させ、生活圏の多様化をもたらした。真骨魚類の予定腹鰭細胞は、予定排泄孔付近の卵黄上にある側板中胚葉に由来する。本研究では、腹鰭が腹位にあるメダカと胸位にあるティラピアを用いて、腹鰭の形成位置の違いを生み出している原因の解明を試みた。組織学的解析により、メダカとティラピアでは側板中胚葉が卵黄を覆い込むタイミングと腹鰭原基の出現タイミングに大きな違いがあることが明らかとなった。そこで、この過程で働く因子の中から、原因遺伝子の候補を探索したところ、メダカとティラピアにおいて、発現パターンにはほとんど違いがないものの、発現量に顕著な差がある候補遺伝子を得られた。次に候補遺伝子の発現量の違いが腹鰭の位置の多様化を引き起こす可能性を検討するために、メダカ胚において機能阻害実験を行ったところ、腹鰭が前側へシフトする表現型が得られた。現在、メダカとティラピア間で候補遺伝子の発現を制御するエンハンサー候補領域の機能を検証しているところである。

P-64

脊椎動物の四肢におけるプログラム細胞死システムの進化

○柊嶋佳央梨¹、Ingrid Cordeiro¹、宗像啓司郎¹、越智陽城²、田中幹子¹

¹東工大・院生命理工、²山形大・医

羊膜類では、肢芽の形成過程において、細胞死により余分な細胞が削り取られる。ニワトリの肢芽においては、外胚葉性頂堤AERや、間充織の指間領域等で細胞死が観察される。一方、羊膜類よりも古くに分岐した両生類のアフリカツメガエルの肢芽では、これまでに細胞死は報告されていない。このことから、肢芽における細胞死システムは、羊膜類になって獲得されたメカニズムであると考えられている。近年、我々はニワトリ胚の肢芽において、細胞死領域特異的なBMPの下流でAP-1転写因子*MaqB*が活性化されること、さらに*MaqB*/cJun二量体は、*p73*を活性化して、間充織での細胞死を誘導していることを示した。そこで、本研究では、アフリカツメガエルを用いて、四肢での細胞死経路の確立過程を検証することとした。その結果、アフリカツメガエルの肢芽では、AERでの細胞死が検出されるものの、指間領域では検出されないこと、それにもかかわらず、*Bmp4*、*MaqB*、*cJun*、*p73*が指間領域で発現していることが示された。本発表では、これらの結果をもとに、脊椎動物の四肢において細胞死経路が確立するまでの進化の過程について、議論したい。

P-65

円口類ヤツメウナギ、ヌタウナギ両系統の比較から見てきた脊椎動物の脳の初期進化

○菅原文昭^{1,2}、Juan Pascual-Anaya²、大石康博³、工藤樹洋⁴、青田伸一²、足立礼孝²、高木互²、平井珠美²、佐藤昇⁵、村上安則⁶、倉谷滋²

¹兵庫医大・生物、²理研・倉谷形態進化研究室、³マックスプランク・フロリダ研究所、⁴理研 CLST・分子配列比較解析ユニット、⁵新潟大・医・解剖、⁶愛媛大・理工

脊椎動物の脳は、複雑かつ精密に領域化された器官であり、各領域が進化の過程でいつ獲得されたのかについて不明な点が多い。今回われわれは、現生の脊椎動物のうち最初に分岐した、顎のない円口類ヌタウナギの脳の発生過程を世界で初めて詳細に観察し、特に脳室形態、神経線維の走行、遺伝子発現パターンから脳の各領域の同定を試みた。円口類のもう一つの系統ヤツメウナギも同時に解析した結果、これまで円口類にないとされてきた大脳基底核の一部と、小脳が発生する領域が、実は存在するという事を明らかにした。これにより、脊椎動物の基本的な領域をつくるしくみは、円口類が分岐してから軟骨魚類の分岐までに獲得されたとするこれまでの考えとは異なり、円口類の分岐以前、すなわち脊椎動物が初めて誕生した頃（5億年以上前）に成立したことがわかった。

P-67

Aspergillus section *Versicolores* の系統分類とステリグマトシスチン産生能の検討

○小林直樹^{1,2}、渡辺麻衣子³、吉成知也³、矢内美幸⁴、杉浦義紹²、高橋治男³、寺嶋淳³、小西良子^{1,2}

¹麻布大・院環境保健、²麻布大・生命環境、³国立衛研・衛微、⁴(財)日本食品分析セ

Aspergillus section *Versicolores* は国内外において、食品や環境中に広く分布する真菌である。食品や室内環境中で生育した場合にマイコトキシンであるステリグマトシスチンを産生することが知られ、経口や吸入摂取によってヒトに健康影響を及ぼすと言われている。近年、本菌群について分子系統学的解析結果に基づいた新たな分類体系が提唱され、従来は3～5菌種に分類されるものとされていたが新菌種を含む14菌種に細分化される可能性が報告された。これら14菌種は互いに形態学的な差違を持つとされるが、その他の生態学的な特徴やステリグマトシスチン産生能の有無については十分に検討されておらず、詳細は不明である。本研究では、様々な由来から分離された *Aspergillus* section *Versicolores* 複数株を分子系統解析によって細分化された菌種レベルまで分類した後、これら菌種それぞれにおけるステリグマトシスチン産生性を比較した。さらにステリグマトシスチン産生に関与する遺伝子の有無を検討した。これらの情報について、系統学的に考察し、新菌種それぞれにおける分布やステリグマトシスチン産生性に関する知見を得たので、報告する。

P-66

哺乳類ゲノムに内在化するウイルス由来の比較トランスクリプトーム解析

○中川草^{1,2}、高橋上田真保子²

¹東海大・医、²東海大・マイクロ・ナノ

哺乳類のゲノムの10%前後はウイルス由来の配列 (EVE) である。EVEの多くは宿主で機能しないが、その一部には胎盤の発生やウイルス感染の抵抗／促進に働くなど様々な機能を持つ遺伝子が存在することが明らかになってきた。我々は19種の哺乳類のゲノム配列を対象として、80アミノ酸以上をコードするEVEを網羅的に同定し、データベースとして公開した (gEVE, <http://geve.med.u-tokai.ac.jp>)。本データベースは80アミノ酸配列よりも長く、かつウイルスがもつ機能モチーフ配列を有するORF、全736,771配列を収集したものである。このデータベースを基に、胎盤、脳、筋肉など、様々な臓器を構成する細胞由来のRNA-seqデータを組み合わせて解析することにより、各細胞で機能するEVEを網羅的に探索している。そのような発現していると示唆される転写物についての生物種感での比較解析の結果をいくつか発表する。

P-68

トランスクリプトーム情報を用いて推定した多足亜門の系統関係

和智伸是¹、南紘彰²、○蘇智慧^{1,2}

¹JT生命誌研究館、²大阪大・院理・生物

多足亜門にはムカデ綱・ヤスデ綱・コムカデ綱・エダヒゲムシ綱の4綱が含まれる。多足亜門の綱間の系統関係について、これまで様々な仮説が提唱されてきた。本研究では、網羅的発現遺伝子解析により得られたトランスクリプトーム情報を用い、多足亜門の綱間の系統関係の解明を試みた。新規の配列決定により得られた情報・公開情報を合わせて、ムカデ綱10種・ヤスデ綱15種・コムカデ綱2種・エダヒゲムシ綱1種・鉗角亜門3種・甲殻亜門1種・六脚亜門3種、外群として環形動物門1種・有爪動物門1種の計37種の遺伝子配列情報 (1,301遺伝子座、約27万アミノ酸) を用いて系統解析を行った。推定された系統関係から、これまで提唱されていた仮説とは異なり、一つはコムカデ綱・エダヒゲムシ綱、もう一つはムカデ綱・ヤスデ綱からなる二つの系統に多足亜門が分かれることが示唆された。進化速度の違い・系統情報の量・欠測値の割合を考慮して選別した遺伝子座で推定した場合でも、多足亜門内でムカデ綱・ヤスデ綱が姉妹群になる傾向は安定していた。

Y染色体DNA多型に基づく北海道およびユーラシア大陸ヒグマの父系集団構造

○平田大祐¹、間野勉²、Alexei V. Abramov³、Gennady F. Baryshnikov³、Pavel A. Kosintsev³、村田浩一⁴、増田隆一¹

¹北大・院理、²道環科研、³Rus. Acad. of Sci.、⁴日大・生資

哺乳類の多くはオスの移動性とメスの定住性を示し、なかでもヒグマ (*Ursus arctos*) では顕著な差がみられる。ヒグマ母系集団では地域ごとに分集団構造がみられ、特に北海道ヒグマは異所的な三集団からなり大陸から北海道への三回の移入によって形成されたと考えられている。母系集団構造はメスの保守的な行動様式を反映した結果とされるため、ヒグマ集団史の包括的な理解には雌雄で異なる行動様式を考慮した推定が不可欠である。そこで、オスの行動様式を反映した父系集団構造を明らかにするために、北海道とユーラシア大陸ヒグマ集団のY染色体DNA塩基配列およびY染色体上のマイクロサテライト多型を分析した。大陸集団は父系ハプロタイプの構成に地理的に明瞭なパターンを示さなかったが、北海道集団は大陸集団から遺伝的に分化していた。北海道にヒグマ集団が移入した後に道内の分集団間でオスの頻繁な移動が生じ、母系三集団構造は父系集団では攪乱されたことが示唆された。また、隣接する南千島の国後島ヒグマは北海道ヒグマとハプロタイプを共有したのに対し、択捉島ヒグマは大陸ヒグマに近縁な関係を示し、北海道と南千島の島嶼集団ごとに異なる父系集団史を経ていることが明らかとなった。

植物重複遺伝子の機能分化機構 (全ゲノム重複VS直列重複、発現パターン変化VSアミノ酸変化)

○江副晃洋、白井一正、花田耕介

九州工業大学若手フロンティア研究アカデミー 生命情報工学科

植物ゲノムは真核生物の中でも重複遺伝子の割合が高いが、異なる機能と冗長な機能をもつ重複遺伝子が混在する。植物が様々な環境に適応する重複によって新たな機能を獲得する機構を明らかにすることは重要である。しかし、重複遺伝子の機能分化の程度を把握することは困難であるため、どのような重複遺伝子が、どのような分子的变化によって、機能分化するかは明らかではない。そこで、シロイヌナズナの発現パターンと重複遺伝子間のアミノ酸配列の変化から、重複遺伝子の機能分化を推定する数理モデルを構築した。このモデルを用いて、遺伝子重複の主な原因である全ゲノム重複と直列重複のどちらが、また、発現パターンとアミノ酸配列の変化のどちらが機能分化を引き起こす主要な変化であるかを調べた。その結果、全ゲノム重複より直列重複が機能分化に寄与していることが示された。さらに、比較的最近に機能分化した直列重複遺伝子は、アミノ酸変化を引き起こすが、発現パターンの変化がほとんどないことを明らかにした。これらの結果は、小さい単位の直列重複後のアミノ酸配列の変化が、重複遺伝子の機能分化に強く影響することを示している。

哺乳類TETファミリー遺伝子の分子進化

○赤堀洋道¹、武藤吉徳^{1,2}

¹岐阜大学大学院連合創薬医療情報研究科、²岐阜大学医学部生命機能学

TET 遺伝子がコードする TET タンパク質は、2価鉄と 2 オキソグルタル酸依存性のジオキシゲナーゼ (2 原子酸素添加酵素) である。本酵素は、DNA の脱メチル化を介して様々な細胞機能の調節に関与している。ヒトでは、3 つの TET パラログ (TET1、TET2、TET3) が同定されている。本研究では、哺乳類の TET 遺伝子の進化に注目し、コドンに基づいた正の選択に関する解析を行った。その結果、TET1 及び TET2 が、TET3 よりも頻繁に正の選択の影響を受けていることが分かった。また、大部分のコドンサイトは強い負の選択のもとに進化したことが示されたが、TET3 では特に負の選択圧が強く、多くのアミノ酸サイトの保存性が高かった。正の選択を受けたアミノ酸サイトを TET2 立体構造上の触媒領域にマッピングすると、正の選択を受けた 5 つのアミノ酸の全てが、このタンパク質の外側表面に位置した。これら正の選択下のアミノ酸サイトの適応変化は、TET タンパク質と他のタンパク質との相互作用に影響し、TET 酵素機能の制御様式の進化に寄与していると予想される。

真骨魚類卵膜遺伝子の進化

○佐野香織¹、島田将¹、川口眞理²、安増茂樹²

¹城西大・理・化学、²上智大・理工・物質生命理工

真骨魚類の卵膜は zona pellucida (ZP) タンパク質と呼ばれる保存されたタンパク質群で構成されている。真骨魚類は、早くに分岐したアロワナ類、カライワシ類、その後、側系統的に分岐するニシン・骨鰈類と正真骨類の 4 つの主なグループに分類される。このうち正真骨類の ZP 遺伝子は肝臓で発現し、合成された卵膜の前駆体が血流により卵巣に運ばれることが知られている。また、ニシン・骨鰈類のうちニシン目に属する魚種の卵膜も主に肝臓で合成されていることが近年明らかとなっている。一方、カライワシ類の魚種は卵細胞で ZP タンパク質を合成する。このことから、カライワシ類以降の進化過程で卵巣から肝臓への卵膜タンパク質合成場所の転換が起きたことが示唆される。今回初めて、アロワナ類に属するバタフライフィッシュから ZP 遺伝子をクローン化し、発現解析を行った。それらの結果を含めて真骨魚類の 4 つのグループ間における ZP 遺伝子の発現場所や、それぞれの特徴的な配列を比較し、真骨魚類の ZP 遺伝子の進化過程を推察した。

P-73

ウミヘビ類の視覚における段階的な海棲適応

○清古貴¹、岸田拓士²、戸田守³、颯田葉子¹、寺井洋平¹¹総合研究大学院大学・先端科学研究科、²京都大学・野生動物研究センター、³琉球大学・熱帯生物圏研究センター

ウミヘビ類は海に生息するコブラ科のヘビ類であり、胎生を獲得した完全な海棲種と産卵に陸地を必要とする両棲種に加え同じ科に陸棲の近縁種が現存する。そのため陸棲から海棲への適応進化を段階的に研究することが可能な生物である。本研究はウミヘビ類の視覚の段階的な適応進化を解明することを目的とした。7種の陸棲種・両棲種・海棲種のゲノムDNAおよび網膜由来のRNAから合成したcDNAから、長波長域に吸収のあるLWSと薄明視を担うRH1オプシン遺伝子(視物質のタンパク質成分)の塩基配列を決定した。翻訳したアミノ酸配列を陸棲、両棲、海棲種間で比較した結果、脊椎動物において視物質の吸収波長の調節に重要である既知の5つのアミノ酸位置のうち、海棲種のLWSに3つの位置、両棲種のRH1に1つの位置でアミノ酸置換が見られた。これらの結果から、両棲種と海棲種では陸棲種に比べ視物質の吸収波長が変化していることが予想された。このためウミヘビの視覚に関して、両棲種と海棲種で異なるオプシン遺伝子の機能変化による海棲適応の可能性が示唆された。

P-75

味覚受容体遺伝子から探るタテハチョウ類のホストレンジの進化

○鈴木啓¹、尾崎克久²、牧野能士¹、内山博允³、矢嶋俊介³、河田雅圭¹¹東北大・生命、²JT生命誌研究館、³東農大・ゲノム

植食性昆虫は、一部の植物種のみを寄主とするスペシャリスト種と、多様な植物種を寄主とするジェネラリスト種からなる。このホストレンジの進化過程の解明は、種多様化機構の理解につながるため重要である。しかし、ホストレンジを決定する遺伝基盤については未だに不明な点が多い。多くの植食性昆虫の幼虫は移動能力が低いいため、雌親は産卵場所として適切な寄主植物を選択する必要がある。このとき、雌親は主に植物表面の二次代謝産物の組成によって寄主を識別する。そのため、産卵時の化学受容を司る遺伝子が、ホストレンジに関連している可能性がある。本研究では、鱗翅目タテハチョウ科に属するジェネラリスト1種とスペシャリスト2種を対象に、雌成虫脚部で発現する化学感覚遺伝子ファミリーを検出し、そのレパートリーを種間で比較した。その結果、ジェネラリスト種において、スペシャリスト種よりも多様な味覚受容体遺伝子(GR)が発現していることがわかった。このことは、ジェネラリスト種が様々な植物種の多様な二次代謝産物に応答することを示唆している。本発表では、GRの遺伝子重複がホストレンジの進化を介して種多様化を促進した可能性についても議論する。

P-74

人工細胞膜を用いた抗菌性ペプチドの分子進化研究

○西郷直記¹、關谷悠介²、渡辺寛和²、川野竜司³¹東京農工大学工学部生命工学科、²東京農工大学工学府生命工学専攻、³東京農工大学工学研究院生命機能科学部門

抗菌性ペプチドは外敵となる菌類に対する生体防御機構として、多くの生物種が産生している。中でも標的の細胞膜にポアを形成することで傷害を引き起こす抗菌性ペプチドは、菌類が耐性を獲得しづらいことからスーパー抗菌薬として期待される。これまで我々は、マイクロ微細加工・流体技術を用い人工細胞膜(平面脂質二分子膜)を安定にかつ大量に形成するシステムを開発し、それを用いて抗菌性ペプチドの膜中における分子機構に関する研究を展開してきた。本研究では進化系統樹の中で分岐の位置が異なり生活環境の異なる三種の生物種、尾索動物(ホヤ)、両生類(カエル)、哺乳類(ヒト)に関し新しい抗菌薬の開発に利用するためにこれらの分泌する抗菌性ペプチドの構造機能的活性相関を明らかにすることを目的とした。平面脂質二分子膜に抗菌性ペプチドのポアを再構成し、ポアを通るイオンの流量を電気化学的手法で観測することで膜に形成したポアの直径を測定した。その結果、高等な生物になるに伴いペプチドが形成するポアの直径は増大した。これは α ヘリックス構造中の親水性アミノ酸の領域が増大していることと相関があると考えた。

P-76

担子菌類における隔壁孔キャップの平行進化の原因遺伝子予測

○飯塚朋代¹、野澤昌文²、池尾一穂^{1,3}¹総研大・遺伝学、²首都大・理工、³遺伝研・生命情報

担子菌類ハラタケ綱の菌糸は、動植物のような細胞分裂を行わず、隔壁を形成することで細胞様の区画を保持している。細胞間連絡の開閉を担う隔壁孔キャップ(SPC)には複数の形態形質が存在しており、このうち孔のあるSPC(Perforate SPC)は孔のないSPCから複数回独立に出現したことが知られている。このことは、Perforate SPCにおける形態形質レベルの平行進化の可能性を示唆するものの、その遺伝子基盤は未解明である。

本研究では、Perforate SPCの平行進化に関与した可能性のある遺伝子をゲノム配列から検出することを試みた。担子菌類12種のオルソログを用いた比較解析を行い、種の系統関係ではなくSPCの形態形質でクラスタリングする遺伝子を抽出した。その結果、SPCの構成タンパク質をコードする遺伝子spc33を候補遺伝子として検出した。spc33のアミノ酸配列を種間で調べた結果、SPC形態の違いに相関のあるアミノ酸置換を3ヶ所検出した。これらのアミノ酸の置換パターンは、系統の離れた種同士であっても同じパターンを示した。このことから、独立に起きたPerforate SPCの出現にはspc33のアミノ酸配列の平行置換が関与している可能性が示唆された。

生殖系列ゲノムに生じた超微小逆位をとらえる

○原雄一郎¹、種子島千春¹、作見邦彦²、Nona Abolhassani²、中別府雄作²、今西規³

¹理研・CLST、²九大・生医研、³東海大・医

我々は、近縁種のゲノムアラインメントを精査することにより、最小でわずか5塩基対からなる微小な逆位がゲノム中に多数起きていることを発見し、さらにその多くが減数分裂に伴う相同組換えにより生じた可能性を示した (Hara and Imanishi, 2011)。一方で、数百万年前に分岐した生物種のゲノム比較では、複数の塩基置換や欠失挿入によって見かけ上逆位となった可能性を完全に排除することは難しい。そこで本研究では、1世代で新規に生じた超微小逆位をとらえるべく、相同組換え頻度の上昇を示す変異マウスの精子ゲノムに起こった超微小逆位を探索した。マウスリファレンスゲノム、マウス17系統およびマウスがんゲノムを用いたアラインメントに基づき93ヶ所の超微小逆位のホットスポット候補領域を同定し、これらの領域のアンブリコンを超並列シーケンサにより配列決定した。この結果、3領域に超微小逆位を起こしたと考えられる配列を発見し、それらは全てDNAステムループ構造のループ部分に存在した。また、1領域の逆位は複数個体のサンプルに同定された。加えて、これらの超微小逆位のさらなる検証と頻度の推定について議論する。

キロショウジョウバエ種群におけるカビ感染時の腸内細菌叢の変動

○清野健司、瀬戸陽介、田村浩一郎

首都大学東京大学院理工学研究科生命科学専攻

ショウジョウバエは、種ごとに様々な微生物が存在する環境に適応した結果、種間で微生物耐性に差が生じていると考えられる。実際に細菌やカビが多い環境に生息する *D. virilis* と酵母菌が多い環境に生息する *D. melanogaster* についてアオカビ摂食時の生存状況を比較すると、*D. virilis* の方が生存時間が長いことが知られている。一方、ショウジョウバエの微生物耐性には抗菌ペプチドが重要な役割をはたすが、腸管で抗菌ペプチドが過剰に生産されると腸内細菌の組成が変化し短命になることが知られている。このことから、種によるアオカビ耐性の違いは、アオカビ摂食時の腸内細菌叢の安定性による可能性が考えられる。本研究は、微生物耐性と腸内細菌叢の関係を明らかにするため、アオカビ摂食前後の腸内細菌叢の組成を16S rRNA遺伝子の配列解析により調べた。カビ耐性に重要な役割を持つ *Drosomycin* をコードする遺伝子の数に差がある *D. melanogaster*, *D. takahashii*, *D. ficusphila*, *D. luteus* を用いることにより、*Drosomycin* 遺伝子の影響も検討する。*D. melanogaster* 以外の3種においては、カビ摂食後の腸内細菌叢に同様の変動が見られ、*D. melanogaster* は変動が見られなかった。現在、腸内細菌叢の変動とアオカビ耐性の相関を知るため、4種におけるアオカビ耐性を測定している。

イヌビワコバチとその近縁種の寄主適応の遺伝的基盤の解明

○和智伸是、蘇智慧

JT生命誌研究館

イチジクコバチは寄主植物であるイチジクと絶対的共生関係にあり、お互いに適応進化しているはずである。しかし、どのような遺伝的変化によって、イチジクコバチがイチジクへ適応をしているかという遺伝的基盤は明らかになっていない。本研究では、イヌビワコバチ *Blastophaga nipponica* (日本集団32個体・台湾集団33個体) とその近縁種 *B. taiwanensis* (台湾集団30個体) を材料に、ゲノム規模の情報をを用いた比較により、イヌビワコバチとその近縁種の寄主適応の遺伝的基盤を明らかにしようとした。他の近縁種 *B. tannoensis*・*B. yeni* を合わせたddRAD-seq法による解析で得られた99,424遺伝子座のうち、欠測値50%未満のもの・2対立遺伝子座のものを選抜した結果、3,322遺伝子座が得られた。これらの遺伝子座の種間・集団間での遺伝的分化の程度を調べた。その結果、中立な条件のもとで期待される遺伝的分化とは異なり、種間で特に大きな遺伝的分化を示す領域が複数見出された。これらの領域の近傍には、イチジクコバチのイチジクへの適応に影響するゲノム領域が位置している可能性がある。

タバココナジラミ内部共生系の成立に関わる菌細胞特異的高発現遺伝子の解析

○宇津野寿仁¹、吉武和敏²、重信秀治³、藤原亜希子^{1,4}、土田努¹

¹富山大・院・理工、²JSM、³基生研・生物機能、⁴理研・CSRS

昆虫の内部共生現象を理解する上で、微生物との相互作用の場である共生器官の分子機構の解明は極めて重要である。タバココナジラミの腹部には、必須共生細菌を保持する巨大な“菌細胞”が存在する。我々は、先行研究でRNA-seq解析を行い、タバココナジラミの菌細胞で特異的に高発現する遺伝子群を検出した。これらの遺伝子は菌細胞で特異的に機能している可能性が高く、共生系の成立に関与する候補遺伝子として有望である。本研究ではそれらの遺伝子のうち、中心小体の倍加を阻害する *E3 ubiquitin-protein ligase TRIM37* (以下 *TRIM37*)、細胞骨格形成や小胞輸送に関与する *ADP-ribosylation factor 6* (以下 *ARF6*) と相同性が高い2つの遺伝子の解析を行った。全長配列の取得・解析の結果、*TRIM37* はアミノ酸変異が顕著に見られる2種のアイソフォームが検出された。定量PCRによる発現解析の結果、*TRIM37* アイソフォーム2種、および *ARF6* が菌細胞で高発現していることが確認された。今後、これらの遺伝子の生体内での機能を探るため、RNAiによる機能解析等を行う。

P-81

***Rickettsiella* 感染による体色への影響が異なる
アブラムシ系統を用いた比較解析**○大西浩平¹、土田努²¹富山大・理工学教育部、²富山大・理工学研究部

エンドウヒゲナガアブラムシには、捕食者や寄生者からの逃れやすさが異なる赤色型と緑色型が存在することが知られている。先行研究により、緑色型の一部は、共生細菌 *Rickettsiella* の感染によって赤色型が緑色型へと体色変化した個体であることが明らかにされている。我々は、共生細菌による体色変化現象の機構解明に向けた研究を進めており、その一環として *Rickettsiella* への体色変化応答が異なるアブラムシ系統を用いた解析を行ってきた。本会では、これらのアブラムシ系統間で、体色変化応答に違いが生じる時期や *Rickettsiella* 存在量の変化、*Rickettsiella* 体内局在の比較結果について報告する。また、先行研究では、*Rickettsiella* 感染による緑色化には、宿主の幼若ホルモンの減少が関与している可能性が示唆されている。幼若ホルモンと *Rickettsiella* の体内動態との関係を明らかにするために、定量PCR解析を行った結果についても報告する。

P-82

The origin of genes by spontaneous symmetry breaking○Nobuto Takeuchi^{1,2}, Kunihiko Kaneko¹, Paulien Hogeweg²¹東大・総合文化、²Faculty of Science, Utrecht Univ.

The heredity of a modern cell is provided by a small number of non-catalytic template molecules, the gene. How did genes originate? In the previous meeting, we demonstrated the possibility that gene-like molecules emerge through spontaneous symmetry breaking between the complementary strands of self-replicating molecules. In this meeting, we present the mechanism of this symmetry breaking. We investigated an individual-based model that assumes a population of protocells, each containing a population of replicating catalytic molecules. Protocells are selected towards maximizing the catalytic activities of intracellular molecules, whereas molecules tend to evolve towards minimizing it. Consequently, the catalytic activities of molecules evolve so as to achieve a balance between these conflicting evolutionary tendencies. As the mutation rate increases, this balance shifts from one extreme where both strands are catalytic to the other extreme where both strands are non-catalytic. Between these extremes lie a symmetry-broken state, in which only one strand is catalytic. This state achieves a stable balance between the conflicting evolutionary tendencies, because molecules having catalytic activity only in one strand are more robust against mutations than those having catalytic activity in both strands.

P-83

A mathematical model of genetic evolution under irregularly changing environments: increases of dispensable genes and the number of genes.○森秀人^{1,3}、内藤泰宏^{1,2,3}、富田勝^{1,2,3}¹慶大・院・政策・メディア、²慶大・先端生命研、³慶大・環境情報

Dynamics of gene essentiality and dispensability remains unclear while huge amount of genomic information has been accumulated in this decade. Large scale gene knock-out studies and genome analyses showed the some genes are mostly dispensable at least under the laboratory conditions in some bacterial species, yeast and human cell lines. These results suggest that dispensable genes are not rare. How these dispensable genes can be generated in evolutionary process? Two distinct mechanisms for this question are suggested. One is mutational robustness, and the other is environmental change. As evidence for the former, many redundant or backup genes are detected using experimental and/or theoretical approaches. On the other hand, there are few investigations for the later. To verify whether the environmental change accelerates the accumulation of dispensable genes, We developed a mathematical model of an evolving population in randomly changing environment. Each individual in the model has its own network between genotype and phenotype which determines its fitness. Our results show that frequent environmental change enhances generation of dispensable genes and increase of the number of genes are stimulated. Furthermore, gene inactivation rather than gene duplication is the initial step for rise of the number of genes.

SS-1

ゲノム解析における「ヘテロ」な変異の影響

○伊藤武彦

東工大・院生命理工

近年の次世代シーケンサ普及に伴い、様々な研究にゲノムシーケンサデータが用いられる場合が増加している。シーケンサ単価の低下に伴い、ゲノムサイズが小さな生物種では、数十から数百個体のゲノム配列をシーケンスし、それらの比較解析から新たな知見を得ようとする様な研究も多く見受けられる。これらの研究では、個体間に認められるSNV情報を用いた解析を行うことが一般的であり、SNV情報は参照配列へのマッピングやde novoアセンブル結果の比較により得られることが多い。

この際に今まであまり留意されてこなかったのが、diploid以上のゲノムを持つ生物種における相同染色体間の配列の差異である。ヘテロ接合度として表される相同染色体間の配列の差異は、近交化された生物種を除いて高いものが多く、多いものでは数%もの違いとなっている。従来はこの違いを「無視」して解析することも多かったが、ヘテロ接合度に注目して解析することで新たな知見が得られてくるケースも増えてきている。本発表では、主な題材としてビール酵母ゲノムを取り上げ、ヘテロ接合度に注目することで初めて見えてくる研究の展開などを紹介する。

SS-3

遺伝子型の複合的影響と表現型の関係を結びつける多重検定補正法

○寺田愛花

¹JST さきがけ、²東大・新領域

機能獲得などの表現型に違いが生じる原因には、単一のSNPや遺伝子に起きた変異だけではなく、複数のSNPs/遺伝子に起きた変異の複合的な影響も大きく関与している。表現型とその関連因子を紐づけるためには、複数の因子の複合的な影響を考慮した解析が重要である一方で、3個以上の因子を含む高次の組み合わせを網羅的に調べることは統計学的にも計算機科学的にも難しく、有効な解析方法がなかった。この原因の一つは、Bonferroni補正をはじめとする既存の多重検定補正を組み合わせの解析に応用すると、その検出力が著しく低下することであったが、近年、無限次数多重検定法(LAMP)が開発されたことにより、その解決策が見いだされつつある。LAMPは、偽陽性の生起確率の上限がBonferroni補正と同じ水準であることを理論的に保証しつつ、その検出力はBonferroni補正に比べると格段に高い多重検定補正法である。本講演では、まずこのLAMPを紹介し、次にゲノムワイド関連解析への応用例を用いてその有用性を議論する。

SS-2

定番の変異検出手法からde novoアセンブリの応用まで 一面白い変異見逃していませんか？

○梶谷嶺

東工大・生命理工学院

次世代DNAシーケンサの普及により、ゲノム全域での変異検出は増々頻繁に実施されるようになった。現在主流になっている解析方法は、参照ゲノム配列へのDNAシーケンサの読み取り結果(リード)のマッピングに基づき、ストレージと時間さえあればパソコン上で行うこともできる手軽さも、変異解析普及の要因となっている。しかしながらこの方法では、参照ゲノムと配列が大きく異なるサンプルや繰り返し配列などによりリードマッピングが困難な領域の変異を見逃してしまう可能性が存在しており、ヒトゲノムではそのような変異の割合が実に25%にも達するという報告もされている。サンプルゲノムと参照ゲノムが大きく異なる場合、変異が集中的に蓄積して種分化の兆候や表現型の大きな変化の要因となっているかもしれず、極めて「面白い」変異を含んでいる可能性がある。本発表ではまずマッピングに基づく「定番」の手法を具体的なツールの使い方とともに紹介した後、その手法では検出困難な変異を例示する。また、配列の新規構築(de novoアセンブリ)を応用した解決策を示し、次世代シーケンサによる変異検出の更なる可能性について議論する。

SS-4

進化の理解に向けたNGS利用 一発現解析、大規模構造変異

○瀬々潤

産総研・人工知能

進化学において、超並列シーケンサ(以下NGS)の利用は強力な武器である。染色体の差異を種間で調べることや、遺伝子発現解析もNGSも可能である。本講演では、NGSを利用した配列解析として、(1)染色体上の数塩基の変異を同定する手法、(2)染色体の大規模(>100bp)構造変異を同定する手法、(3)交雑種の様なゲノムが複雑な種から、ゲノム配列や遺伝子発現解析を実現する手法を導入する。特に、多くのツールがモデル生物のゲノム解析を念頭に置き作成されており、モデル生物から外れると、適用が難しくなるケースが散見されるため、単純に配列解析ツールを利用するだけでなく、その背後にある考え方を導入することで、現状のツールの問題点を示し、非モデル生物でも導入可能な場合があることを紹介する。

日本進化学会第18回大会委員会

大会委員長	丸山茂徳（東京工業大学）	
大会名誉委員長	岡田典弘（国際科学振興財団）	
大会準備委員長	黒川顕（国立遺伝学研究所、東京工業大学）	
大会準備委員	伊藤武彦（東京工業大学）	太田啓之（東京工業大学）
	梶谷嶺（東京工業大学）	木賀大介（早稲田大学、東京工業大学）
	澤木佑介（東京工業大学）	田中幹子（東京工業大学）
	二階堂雅人（東京工業大学）	西原秀典（東京工業大学）
	堀孝一（東京工業大学）	本郷裕一（東京工業大学）
	増田真二（東京工業大学）	森宙史（東京工業大学）
	山田拓司（東京工業大学）	

企業展示

- ・株式会社エヌ・ティー・エス
- ・英文校正エナゴ
- ・株式会社生物技研
- ・サイエンス・アイ株式会社

協賛企業

- ・株式会社池田理化

日本進化学会第18回大会 プログラム・要旨集

2016年8月25日（木）～8月28日（日）

〒152-8550 東京都目黒区大岡山2-12-1 東京工業大学 大岡山キャンパス

The Society of Evolutionary Studies, Japan

The 18th Annual Meeting in Tokyo

Programs and Abstracts

25 – 28 August, 2016

Copy right© 2016 The Society of Evolutionary Studies, Japan

All rights reserved（無断転載不可）

出 版：2016年8月25日

発 行：日本進化学会第18回大会委員会

〒102-0072 東京都千代田区飯田橋3-11-15 UEDAビル6F 株式会社クバプロ内

表 紙：株式会社トライス

印刷所：株式会社大應 〒101-0047 東京都千代田区内神田1-7-5

デモ機のご依頼は
info@eppendorf.jp まで



Quick and Quiet

サーマルサイクラー Mastercycler pro シリーズ

論文や学会発表前の追い込み時に、PCRの順番待ちはしたくない!

エッペンドルフのサーマルサイクラーは優れた温度制御機構により温度変化のオーバーシュート・アンダーシュートが小さいため、ランニングタイムを最小限に抑えられます。

同じプログラムでの総運転時間を比較すると、Mastercycler pro は最も短時間で完了します。

> 動作音が極めて静かで、作業の妨げになりません

> vapo.protect™: 流動クッションを用いた柔軟なヒートリッドにより、様々な消耗品にフィットしてサンプルの蒸発を反応液量のわずか 0~3% に抑えます

> 加熱速度 約 6°C / 秒
(シルバーブロックモデル)

> 384 ウェル PCR プレート対応モデルもあります

希望小売価格*

> Mastercycler pro シリーズ

¥1,100,000 ~

> Mastercycler pro 384

¥1,280,000 ~

* 価格は税別です



◆わかりやすく親しみやすい信頼できる本格的辞典◆



行動生物学辞典

上田恵介・岡ノ谷一夫・菊水健史・坂上貴之・辻 和希
友永雅己・中島定彦・長谷川寿一・松島俊也 編

A5 判上製箱入 650 ページ 本体 9500 円

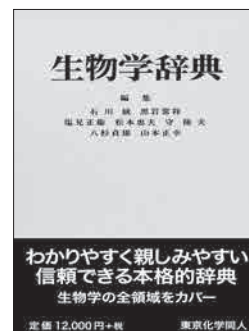
昆虫から哺乳類まで、動物の行動学、生態学、心理学、神経生理学など隣接する
関連分野の基本用語を網羅した本研究分野初の本格的辞典。

生物学辞典

石川 統・黒岩常祥・塩見正衛・松本忠夫
守 隆夫・八杉貞雄・山本正幸 編

A5 判特上製箱入 1634 ページ 本体 12000 円

正確かつ平易な記述と多数の精密イラストにより、専門家から初学者まで役立つ
信頼できる本格的辞典。生物学、関連諸領域を網羅した見出し語 20000 語を収
録。欧文索引語数 30000。生物分類表や生物学者歴史年表など便利な付録付。



生態学入門 第2版

日本生態学会 編

A5 判 2色刷 304 ページ 本体 2800 円



日本生態学会が総力を挙げて編集した入門
教科書の改訂版。生態学の理解に必要な最
低限の知識から応用まで、また、地球環境
問題に対する考え方までわかりやすく解説。
「21世紀の生態学の指針」となるものを目指
して編集されている。

スター生物学

C. Starr, C. A. Evers, L. Starr 著
八杉貞雄 監訳

B5 変型判 カラー 360 ページ 本体 2900 円



世界各国で好評の標準的入門教科書。分子細
胞生物学、遺伝学、進化系統学、生態学、動
物および植物生理学が過不足なく取上げられ
ている。魅力的な写真や図版、明解な記述で
基礎知識をバランスよく習得できる。

ケイン生物学 第5版

A. Singh-Cundy, M. L. Cain 著 / 上村慎治 監訳

A4 変型判 カラー
720 ページ 本体 8600 円



美しく豊富な写真、わかりやすい図版を
使い、また、実社会にかかわるテーマを
多数取り上げることで、生物学を身近に感
じさせてくれる教科書の最新改訂版。細
胞から遺伝、進化、形態と機能、環境ま
で、現代生物学を一望する。

ケイン基礎生物学

M. Cain ほか著 / 上村慎治 監訳

A4 変型判 カラー
504 ページ 本体 6100 円



細胞から遺伝、進化、環境まで、現代生
物学を一望し、定評のある教科書「ケイン
生物学」をコンパクトにまとめた最新版。
正確な記述とわかりやすい図版を多用し、
大学の生命科学系の導入本として使える
ように構成されている。

カープ 分子細胞生物学 第7版

G. Karp 著 / 山本正幸・渡辺雄一郎・
大杉美穂・児玉有希 訳

A4 変型判 カラー
736 ページ 本体 8000 円



分子細胞生物学の基本概念を実験的背景
と併せて学ぶことで研究者の思考法を育
む入門教科書。疾患の分子機構の記述を
増やし、近年の研究成果を盛り込んだ改訂版。

分子細胞生物学 第7版

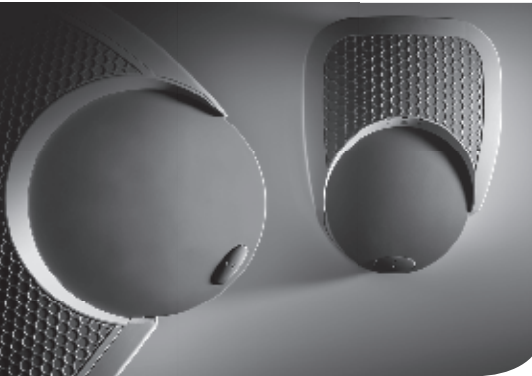
H. Lodish ほか著 / 石浦章一・榎森康文・堅田利明 訳
須藤和夫・仁科博史・山本啓一

A4 変型判 カラー
1080 ページ 本体 8300 円



分子細胞生物学の標準的教科書として世
界的に読まれている“Molecular Cell Biology”の
第7版。革新的技術を起爆剤として著し
く進歩している生命科学の最近の知見を
随所に取入れ、読者の理解を助けるため
に再編された。

Every Droplet tells a story...
...and ends in discovery.



第3世代高精度・高感度絶対定量デジタル PCR の決定版

QX200™ AutoDG™ Droplet Digital™ PCR システム

バイオ・ラッドの Droplet Digital PCR システムは、日本での販売開始後 4 年が経過し、現在では数多くのお客様で好評をいただいております。また Cell や Nature などへの掲載実績も 400 報を超え、絶対定量による CNV 解析や変異検出、次世代シーケンサー (NGS) のバリデーションなど数多くのアプリケーションが使用され、認知度が急速に高まっています。

高精度、高感度定量

20,000 個の均一な微小区画 (ドロップレット) を使用し、
0.01% オーダーでの絶対定量を実現

最高のスループット

1 回の実験で 96 サンプルの定量が約 6 時間で完了

より簡便で安定な実験系

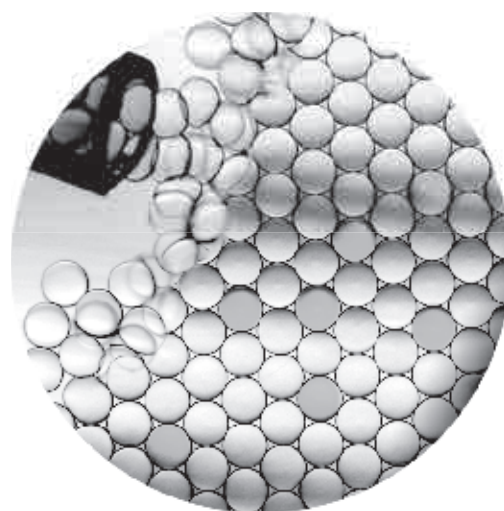
AutoDG を用いることにより、実験間の誤差を最小限に抑え、
安定したドロップレット作成が可能

多彩な検出色素

プローブ法 [FAM、HEX (VIC)] に加え、インターカレーション法の
EvaGreen 色素も検出可能

豊富な実績

Cell や Nature などに 400 報以上掲載されております。



主なアプリケーション

- Rare Mutation 検出
- CNV 解析
- NGS データのバリデーション
- 微量遺伝子定量等



QX200 AutoDG Droplet Digital PCR システム

BIO-RAD

バイオ・ラッド ラボラトリーズ株式会社
ライフサイエンス TEL: 03-6361-7000

www.bio-rad.com

Z10793L 1607a

(株)グライナー・ジャパンはオールマイティー(研究用器材、小型機器、試薬)の製品群でお客様の研究推進を支えます


greiner bio-one
Your Power for Health

プラスチック製品



低残留チップ、遠心チューブ、ピペット、HTSプレート、保存用チューブなど

プラスチック製品につきましては、
サンプルのご提供が可能となっております
お近くの弊社代理店またはグライナー
・ジャパンまでお問い合わせください

分子生物用試薬



DNAポリメラーゼ、核酸精製kit

小型機器



ボルテックス、小型遠心機、プレート用シェーカーなど

株式会社グライナー・ジャパン
〒107-0052 東京都港区赤坂2-17-44
TEL : 03-3505-8875 FAX : 03-3505-8945
https://www.gbo.com/ja_JP

TOMY

TOMYのオートクレーブ&遠心機



LSX-700

省エネ性能を高めた
微量高速冷却遠心機「MX」シリーズ

MX-307・207・107

待機(予備冷却)中の消費電力量を削減する
『省電力[ECO]モード』を搭載。 特許取得済

スタイリッシュボディに高性能を兼ね備えた
オートクレーブ「LSX」シリーズ

LSX-700・500・300

簡単操作の上下開閉ドア。
69ℓ・50ℓ・36ℓと容量で選べるラインアップ。



MX-307

販売元 **株式会社 トミー精工**

<http://bio.tomys.co.jp>

本社 東京都練馬区田柄 3-14-17 TEL.03-5987-3111 事業所 札幌・仙台・つくば・神奈川・名古屋・大阪・福岡