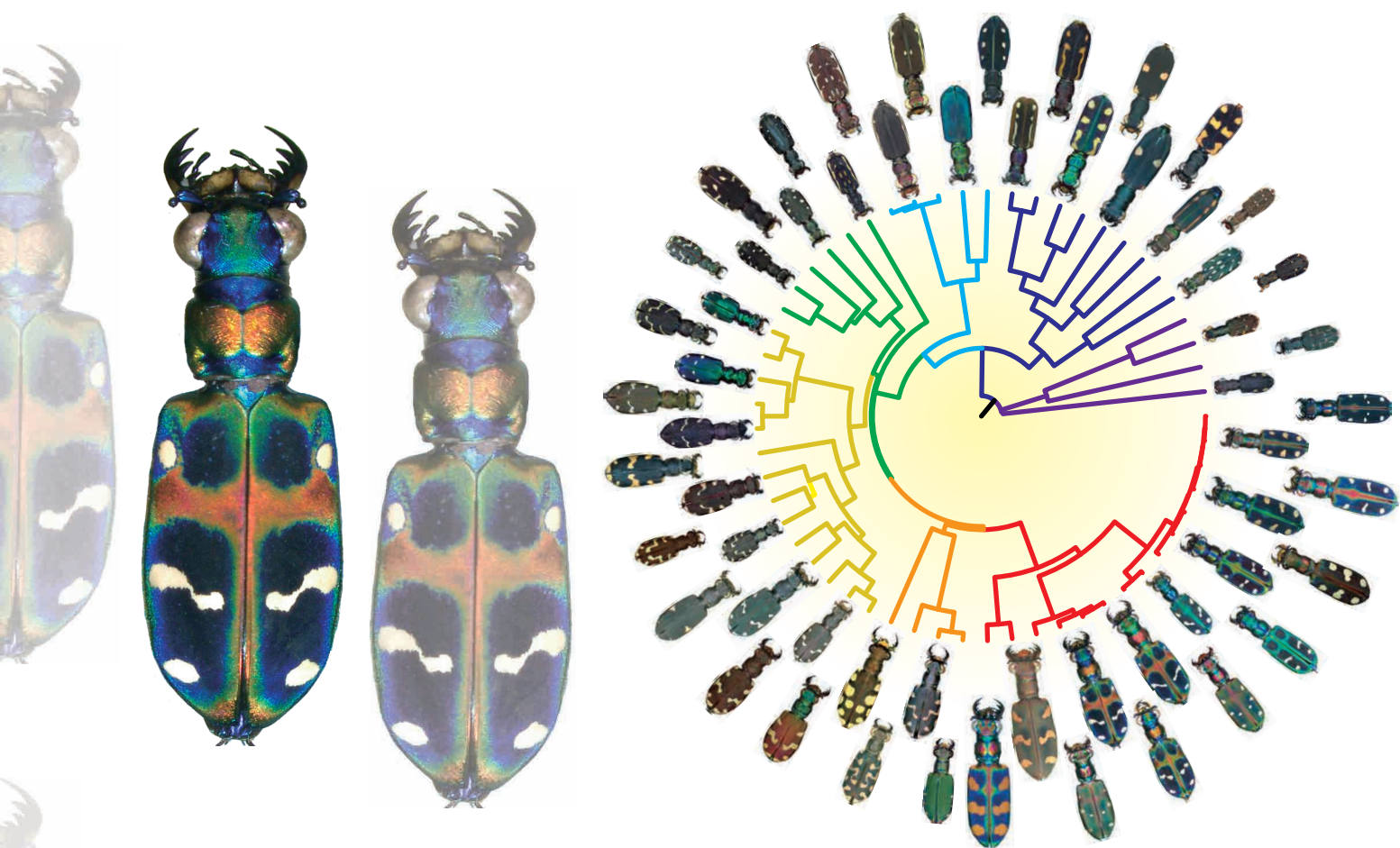


日本進化学会

第 19 回大会 *in* 京都

なぜ多くの生物種が存在するのか？

—種多様性をうみだす進化・生態過程をさぐる—



プログラム・講演要旨集

2017 年 8 月 24 日 (木)～26 日 (土)

京都大学吉田キャンパス (吉田南構内講義棟・本部構内百周年時計台記念館)

日本進化学会第19回大会

19th 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	7
日程表	9
オーガナイザー・座長一覧	11
2017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
シンポジウム	16
ポスター発表一覧	28
「第12回 みんなのジュニア進化学」発表一覧	35
進化学夏の学校	37
市民公開講座	38

プログラム

8月24日(木) 第1日目	40
8月25日(金) 第2日目	48
8月26日(土) 第3日目	55

講演要旨

シンポジウム	58
一般口頭発表	74
ポスター発表	93
進化夏の学校	115

第19回大会参加者一覧	116
高校生「第12回 みんなのジュニア進化学」参加者一覧	123
日本進化学会第19回大会委員会／企業展示／協賛企業	125

大会案内

国際プレナリーシンポジウム

「なぜ多くの甲虫種がいるのか？ 分子系統学と進化発生生物学から解き明かす」

8月25日（金）15:15～17:50 本部構内 百周年時計台記念館 百周年記念ホール

1. Studying beetle diversity with metagenomics: will novel sequencing techniques solve the 'inordinate fondness' problem?

Alfried P. Vogler (Imperial College London/Natural History Museum)

2. The evolution & development of the weapons of sexual selection: insights from the beetles

Laura Lavine (Washington State University)

シンポジウム

8月24日（木）～8月25日（金） 吉田南構内 講義棟

一般口頭発表

8月24日（木）～8月25日（金） 吉田南構内 講義棟

一般ポスター発表

8月25日（金）～8月26日（金） 本部構内 百周年時計台記念館 国際交流ホール

高校生ポスター発表

8月26日（土）12:30～16:00 本部構内 百周年時計台記念館 国際交流ホール

進化学夏の学校「加速する分類学と系統学」

8月24日（木）18:15～20:15 吉田南構内 総合人間学部棟

市民公開講座

「進化の不思議にふれる：シロアリ家族のひみつ、けったいな植物の生き様」

8月26日（土）13:00～15:00 本部構内 百周年時計台記念館 百周年記念ホール

評議員会

8月24日（木）9:30～12:00 吉田南構内 講義棟

懇親会

8月25日（金）18:00～20:00 本部構内 百周年時計台記念館 国際交流ホール

総会・授賞式・受賞記念講演

8月26日（土） 本部構内 百周年時計台記念館 百周年記念ホール

15:30～16:00 高校生ポスター表彰式

16:00～16:50 総会

17:00～17:10 学会賞授賞式

17:10～18:00 受賞講演

18:00～18:10 ポスター賞授賞式

企業展示

8月24日（木）12:00～25日（金）17:00 吉田南構内 講義棟

8月25日（金）12:00～26日（土）15:00 本部構内 百周年時計台記念館 国際交流ホール

〒606-8501 京都市左京区吉田本町

```

graph LR
    A[各地] -- JR(新幹線) --> D[京都駅]
    B[伊丹空港] -- リムジンバス(55分) --> D
    C[関西国際空港] -- JR(特急はるか 75分) --> D
    E[京阪沿線] -- 京阪本線 --> F[出町柳]
    G[阪急沿線] -- 阪急京都線 --> H[河原町]
    D -- 京都市営地下鉄 国際会館行き(10分) --> I[今出川]
    D -- バス(35分) --> J[吉田キャンパス]
    I -- バス(10分) --> J
    F -- 徒歩(20分) --> J
    H -- バス(25分) --> J
  
```

各地

伊丹空港

関西国際空港

京阪沿線

阪急沿線

京都駅

京都市営地下鉄
国際会館行き(10分)

今出川

出町柳

河原町

吉田キャンパス

JR(新幹線)

リムジンバス(55分)

JR(特急はるか 75分)

京阪本線

阪急京都線

バス(35分)

バス(10分)

徒歩(20分)

バス(25分)

京都駅から：

今出川から(バス停：烏丸今出川)：

河原町から(バス停：四条河原町)：

17 系統(出町柳駅 百万遍 銀閣寺行)、3 系統(北白川仕伏町行)

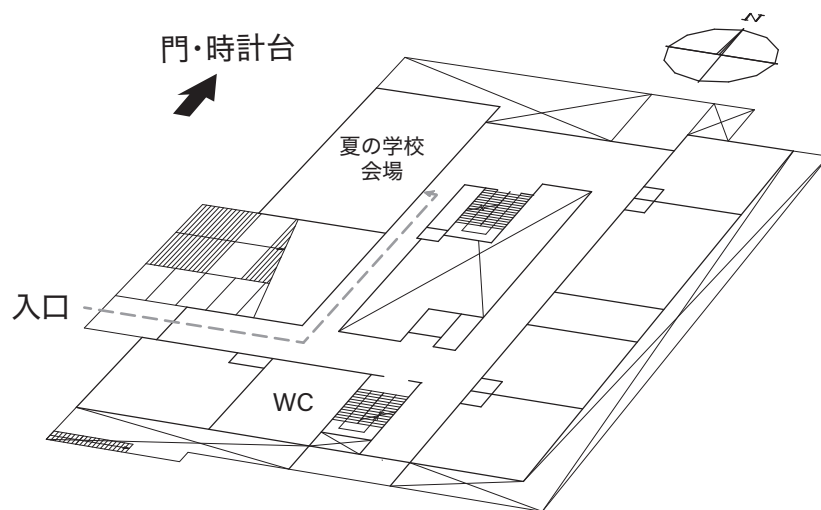
百万遍
京大正門前
近衛通



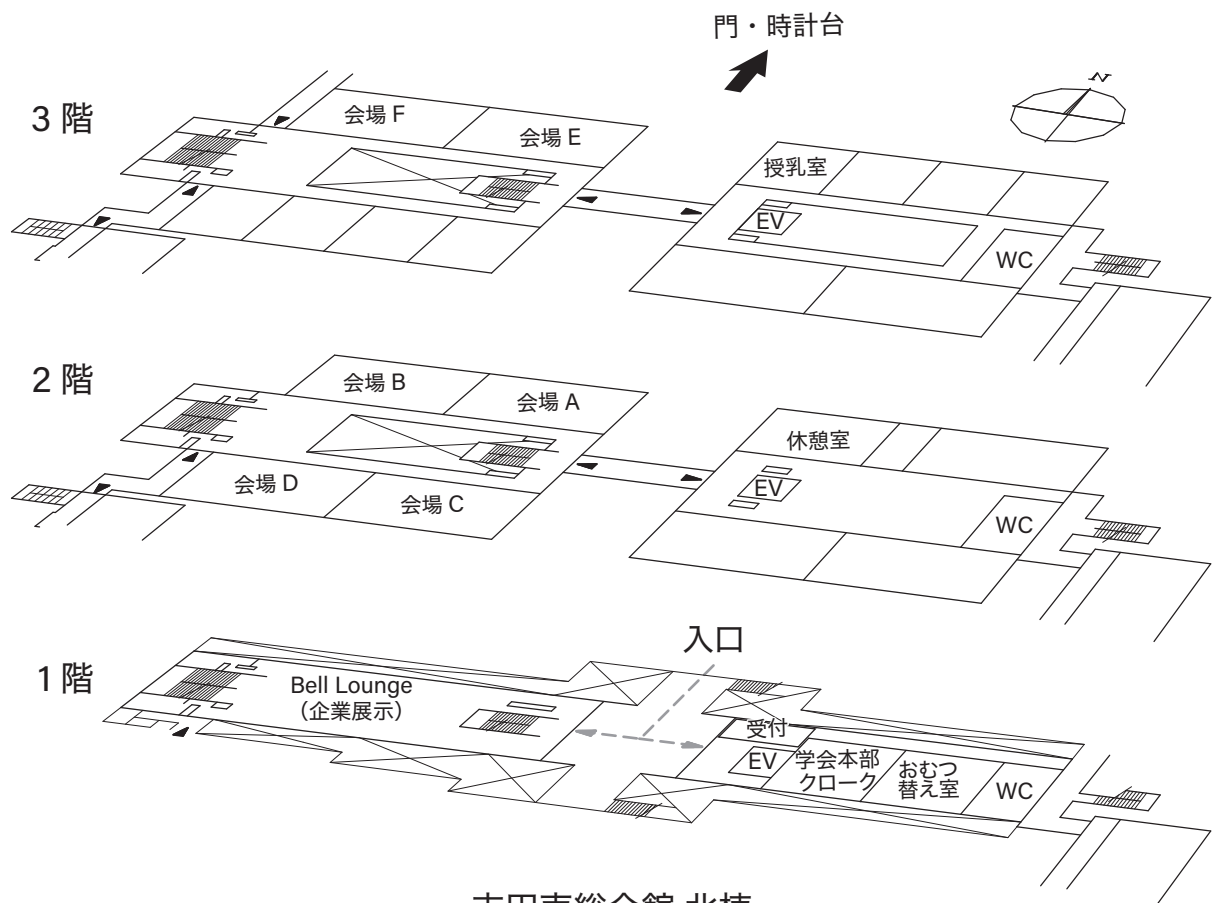
会場マップ



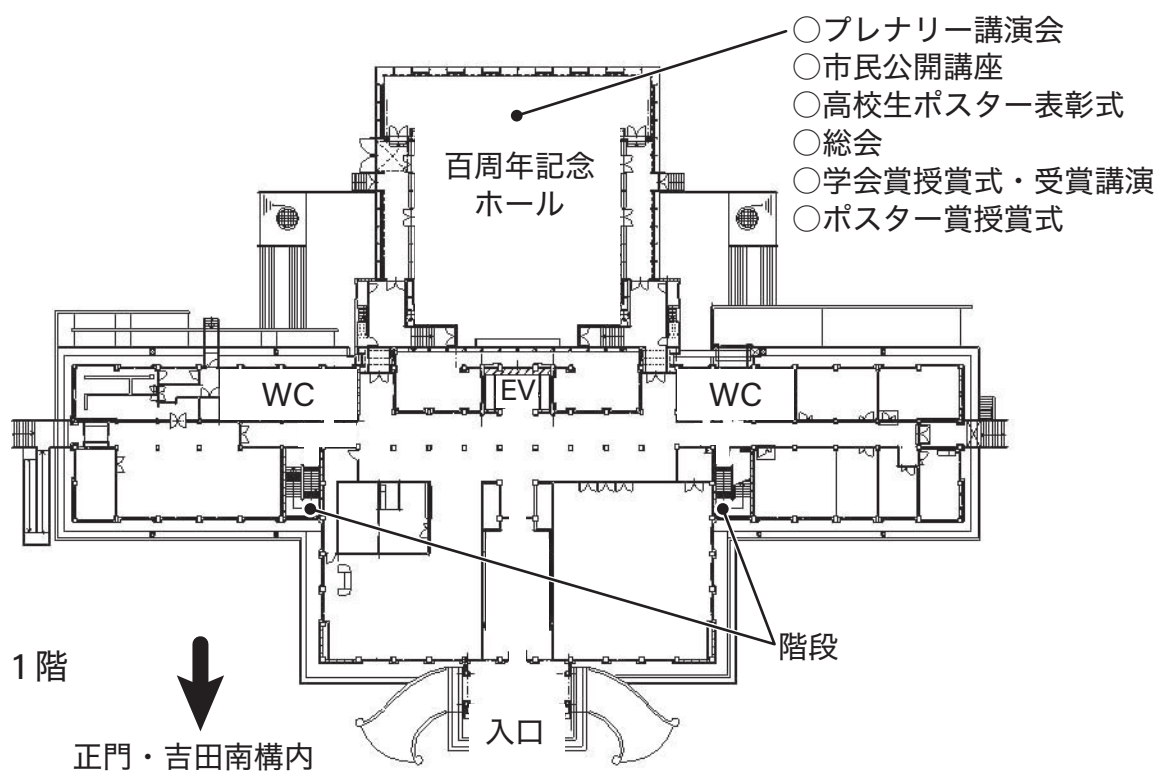
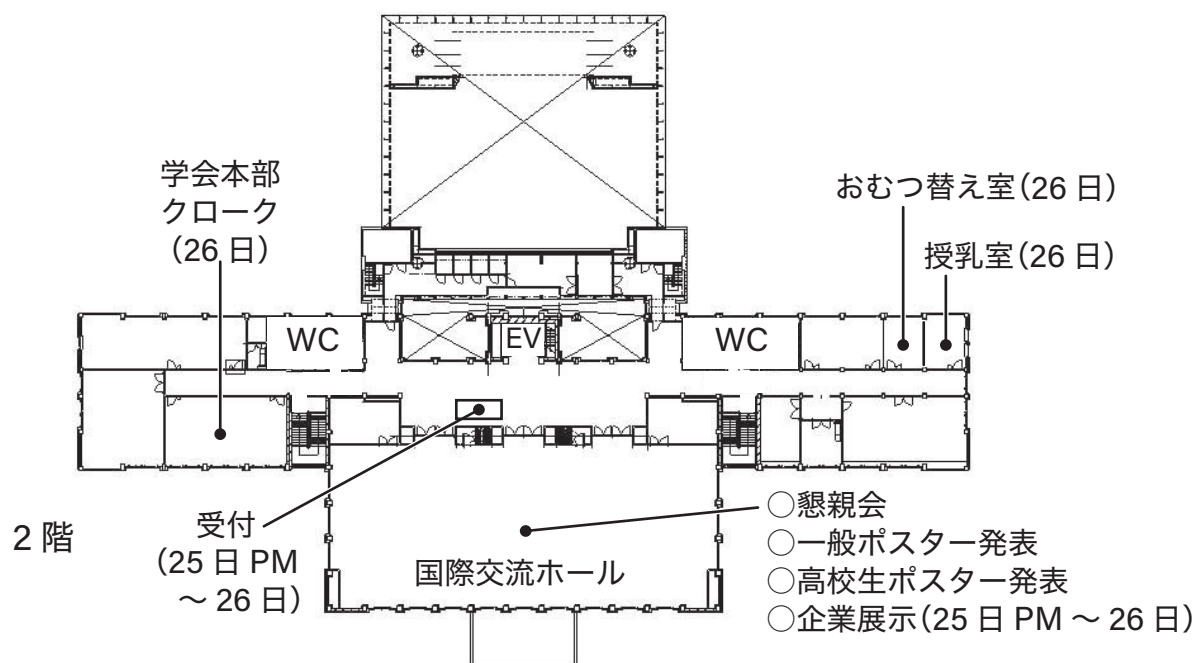
フロアマップ



総合人間学部棟1階



吉田南総合館 北棟



百周年時計台記念館

一般注意事項

- ・吉田南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。
- ・キャンパス内では指定の喫煙コーナー以外の全ての場所で禁煙です。
- ・発表会場・講義室内での飲食はご遠慮ください。とくに時計台記念館内では、国際交流ホールの休憩場所、会議室（授乳室）以外での飲食はご遠慮下さい。

受 付

	開設時間帯	場所
8月24日（木）	12:00 ～ 18:00	吉田南構内 総合館 1F
8月25日（金）	8:30 ～ 15:00 15:00 ～ 18:00	吉田南構内 総合館 1F 時計台 2F
8月26日（土）	8:30 ～ 18:30	時計台 2F

- ・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。
- ・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。

クローク・おむつ替え室・授乳室

	開設時間帯	クローク	おむつ替え室	授乳室
8月24日（木）	12:00 ～ 18:00	吉田南構内総合館 1F	吉田南構内総合館 1F	吉田南構内総合館 3F
8月25日（金）	8:30 ～ 15:00	吉田南構内総合館 1F	吉田南構内総合館 1F	吉田南構内総合館 3F
8月26日（土）	9:00 ～ 18:30	時計台 2F	時計台 2F	時計台 2F

- ・8月25日（金）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。
- ・日をまたいでクロークに荷物を預けることはご遠慮ください。

昼食など

- ・学内の食堂・購買の営業時間は下記の通りです。各店舗の場所・構内の自販機の位置は、構内地図をご参照ください。

		24日・25日	26日
食堂	西部構内 カフェテリアルネ	11:00 ～ 19:30	11:00 ～ 19:30
	本部構内 中央生協食堂	11:00 ～ 14:00	閉店
	本部構内 タリーズコーヒー京大時計台店	9:00 ～ 19:00	
	本部構内 フレンチレストラン ラトゥール	11:00 ～ 15:00、17:00 ～ 22:00	
	本部構内 カフェレストランカンフォーラ	11:00 ～ 20:00	11:00 ～ 15:00
購買	本部構内 時計台生協ショップ	10:00 ～ 17:00	11:00 ～ 15:00
	吉田南構内 吉田ショップ	10:00 ～ 17:00	閉店

- ・周辺に飲食店・コンビニがあります。

懇親会

- ・懇親会は8月25日（金）18:00～20:00に、本部構内 百周年時計台記念館2F国際交流ホールで行います。
- ・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。
- ・パソコンの持ち込みができない方は、講演用のPDFもしくはPowerPoint ファイルをUSB等でご持参いただき、セッション開始前に発表会場係へお申し出ください。
- ・シンポジウム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をお願いしております。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。

一般ポスター発表・高校生ポスター発表

- ・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。
- ・一般ポスターは、8月25日（金）の11:00から26日（土）15:00まで掲示可能です。
- ・高校生ポスターは、8月26日（土）の10:00～12:30の間に貼り付けてください。
- ・次のコアタイム（いずれも8月26日）にポスターの前に立ち、発表を行ってください。

	一般ポスター発表	高校生ポスター発表
奇数番号	10:00～11:00	12:30～13:30
偶数番号	11:00～12:00	13:30～14:30

インターネット接続

- ・会場内ではeduroamによる無線LANが利用できますので、eduroam加盟機関の方は、あらかじめ所属機関でアカウントを取得されることをお勧めします。eduroamのアカウントを取得されなかった方で、とくに希望される場合はゲストアカウントを発行いたします。詳細については受付にてお尋ねください。

京都大学総合博物館に無料入館できます

- ・本大会参加者の方は大会期間中、京都大学総合博物館に無料で入館できます。博物館受付にて大会の名札をお見せいただき、記帳の上でご入館いただけます。なお、期間中は特別展『標本からみる京都大学動物学のはじまり』が開催されています。

8月24日(木) 第1日目

		9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
		13:00 ~ 14:15 ~ 15:00 ~ 16:00 ~ 18:00											
吉田南総合館 吉田南構内	会場A (25講義室)					□頭発表 O-1A-1 } O-1A-4	□頭発表 O-2A-1 } O-2A-3	□頭発表 O-3A-1 } O-3A-3	S1: それは原生生物から始まった—真核生物の誕生から多細胞性進化前夜まで				
	会場B (26講義室)					□頭発表 O-1B-1 } O-1B-4	□頭発表 O-2B-1 } O-2B-3	□頭発表 O-3B-1 } O-3B-3	S2: 多様なウイルスと進化の世界				
	会場C (27講義室)					□頭発表 O-1C-1 } O-1C-3	□頭発表 O-2C-1 } O-2C-3	□頭発表 O-3C-1 } O-3C-3	S3: 温度適応機構～生態から分子まで～				
	会場D (28講義室)					□頭発表 O-1D-1 } O-1D-4	□頭発表 O-2D-1 } O-2D-3	□頭発表 O-3D-1 } O-3D-3	S4: 比較ゲノムから幹細胞人類学へ: ヒト表現型進化のゲノム基盤解明に向けた新たな取り組み				
	会場E (31講義室)					□頭発表 O-1E-1 } O-1E-4	□頭発表 O-2E-1 } O-2E-3	□頭発表 O-3E-1 } O-3E-4					
	会場F (32講義室)					□頭発表 O-1F-1 } O-1F-4	□頭発表 O-2F-1 } O-2F-3	□頭発表 O-3F-1 } O-3F-4					
	Bell Lounge					13:00 ~ 18:00 企業展示							
	受付					12:00 ~ 18:00 開設							
	クローク・休憩室・授乳室・おむつ替え室					12:00 ~ 18:00 開設							
	総合人間学部棟 1102講義室											18:15 ~ 20:15 進化学夏の学校 「加速する分類学と系統学」	

8月25日（金） 第2日目

		9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20		
		9:00 ~	10:00 ~ 12:00			13:00 ~ 15:00									
吉田南構内	吉田南総合館	会場A (25講義室)	口頭発表 O-4A-1 } O-4A-3	S5: RNAワールド を取り巻く未解決課題ー核酸合成からRNA-タンパク質ワールドへの移行まで			S9: 生命誕生の謎に迫る実験科学 ～多様性の起源はどこだ?～								
		会場B (26講義室)	口頭発表 O-4B-1 } O-4B-4	S6: エボデボから見る非モデル生物研究の魅力			S10: 繁殖行動の進化をもたらす神経基盤								
		会場C (27講義室)	口頭発表 O-4C-1 } O-4C-4	S7: 系統関係推定研究の現在			S11: 地質学的時間スケールでの多様性変動								
		会場D (28講義室)	口頭発表 O-4D-1 } O-4D-4	S8: 霊長類の反復配列			S12: Ecology and evolution of Batesian mimicry polymorphism								
	Bell Lounge	9:00 ~ 17:00 企業展示													
	受付	8:30 ~ 15:00 開設													
	クローク・休憩室・授乳室・おむつ替え室	8:30 ~ 15:00 開設													
本部構内時計台	国際交流ホール (2F)				11:00 ~ 一般ポスター発表掲示						懇親会				
					企業展示										
	百周年記念ホール (1F)							15:15 ~ 17:50 プレナリー講演会「なぜ多くの甲虫種がいるのか? 分子系統学と進化発生生物学から解き明かす」							
	受付 (2F)							15:00 ~ 18:00 開設							

8月26日（土） 第3日目

		9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
本部 構内 時計 台	国際交流 ホール (2F)	9:00 ～ 14:00 一般ポスター発表掲示 (15:00 までに片付け) 10:00 ～ 11:00 奇数コアタイム 11:00 ～ 12:00 偶数コアタイム												
		9:00 ～ 15:00 企業展示												
			10:00 ～ 14:30 高校生ポスター発表掲示 12:30 ～ 13:30 奇数コアタイム 13:30 ～ 14:30 偶数コアタイム											
	百周年記念 ホール (1F)					13:00 ～ 15:00 市民公開講座「進化 の不思議にふれる： シロアリ家族のひみ つ、けったいな植物 の生き様」		15:30 ～ 16:00 高校生ポスター表 彰式 16:00 ～ 16:50 総会 17:00 ～ 17:10 学会賞授賞式 17:10 ～ 18:00 受賞講演 18:00 ～ 18:10 ポスター賞授賞式						
	受付 (2F)	9:00 ～ 18:30 開設												
	クローク・ 休憩室・授乳室・ おむつ替え室	9:00 ～ 18:30 開設												

8月24日(木) 第1日目

	13:00 ~ 14:00	14:00 ~ 15:00	15:00 ~ 16:00	16:00 ~ 18:00
会場A 25講義室	O-1A 池尾一穂	O-2A 香曾我部隆裕	O-3A 香曾我部隆裕	S1 神川龍馬
会場B 26講義室	O-1B 竹崎直子	O-2B 川島武士	O-3B 川島武士	S2 中川 草
会場C 27講義室	O-1C 小島健司	O-2C 行弘研司	O-3C 二河成男	S3 齋藤 茂
会場D 28講義室	O-1D 瀬戸陽介	O-2D 松浦 優	O-3D 松浦 優	S4 河村正二 今井啓雄
会場E 31講義室	O-1E 石川由希	O-2E 古賀章彦	O-3E 斎藤成也	
会場F 32講義室	O-1F 岡田泰和	O-2F 浅原正和	O-3F 浅原正和	

8月25日(金) 第2日目

	9:00 ~ 10:00	10:00 ~ 12:00	13:00 ~ 15:00
会場A 25講義室	O-4A 野澤昌文	S5 赤沼哲史 山岸明彦	S9 市橋伯一
会場B 26講義室	O-4B 田中健太郎	S6 新美輝幸 後藤寛貴	S10 石川由希
会場C 27講義室	O-4C 増岡裕大	S7 斎藤成也	S11 生形貴男
会場D 28講義室	O-4D 吉田勝彦	S8 平井啓久 古賀章彦	S12 Shinya Komata Teiji Sota

2017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

・河田雅圭（東北大学）

「個体間の相互作用と遺伝子を単位とした進化生態学研究の推進」

河田 雅圭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。

受賞講演

「個体間の変異と進化のポテンシャル：今後の進化学の展望も交えて」

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。

受賞者

・伊東啓（東京大学）

「協力の進化ゲームおよび変動環境での意思決定と生活史進化のモデル解析の新展開」

・中川草（東海大学）

「生命情報学の手法を用いたダイナミックなゲノム進化の機構解明」

・米澤隆弘（中国 復旦大学）

「脊椎動物の生物系統学」

教育啓発賞 (The Award for Education and Enlightenment, SESJ)

「教育啓発賞」は、進化学や関連する分野において、教育啓発に大きな功勞のあった者に授与されます。

受賞者

・斎藤成也（国立遺伝学研究所）

「ゲノム進化学を踏まえた人類の進化と歴史に関する著作活動」

講演一覽



国際プレナリーシンポジウム	
日時・会場	8月25日 15:15 ~ 17:50 京都大学百周年時計台記念館・百周年記念ホール
時間割	15:15 ~ 15:20 はじめに／ 15:20 ~ 17:20 招待講演／ 17:20 ~ 17:50 総合討論

なぜ多くの甲虫種がいるのか？ 分子系統学と進化発生生物学から解き明かす

「なぜ地球上にこんなにたくさんの生物種がいるのか？」という問いに答えることは容易ではありませんが、近年の進化生物学の発展により、種分化、種の多様化のプロセスや、形態を始めとする諸特性の多様化に関わる遺伝的基盤が次第に明らかになりつつあります。生物種の半分以上を占める昆虫の中でも、甲虫類は全生物種の5分の1を占め、ホールデンの言葉、“The creator has an inordinate fondness for beetles.” に代表されるように、生物多様性の象徴的分類群です。この講演会では、甲虫をこよなく愛する(?) 分子系統学・マクロ生態学者と進化発生学者にお越しいただき、これまでに解き明かされてきた甲虫多様化の過程と要因についてお話しいただきます。(企画：京都大学・曾田貞滋)

International symposium:

Can “inordinate fondness for beetles” be explained? Perspectives from molecular phylogenetics and evo-devo

Invited lecture 1:

Studying beetle diversity with metagenomics: will novel sequencing techniques solve the ‘inordinate fondness’ problem?

Alfried P. Vogler (Imperial College London/Natural History Museum)

We still only know a fraction of the species of beetles on Earth, and this hampers our understanding of what drives the diversity of this most species rich of lineages. While taxonomic descriptions are ongoing, the process is slow and frequently divorced from its ultimate uses, e.g. in ecological and biodiversity research that relies on taxonomic identifications and knowledge of evolutionary history. This lecture will look at the prospect for high-throughput DNA sequencing to accelerate the taxonomic process while being fully integrated with our attempts to understand the evolution of species richness. We use a metagenomics approach to assemble full mitochondrial genomes from specimen mixtures, for tree building and the analysis of diversity patterns on multiple hierarchical levels. Applicable to any kind of local community, including the poorly known biotic frontiers, and including all the minute species that frequently are intractable to taxonomy, these approaches are providing an increasingly dense taxon sampling and can be used for extrapolations of species richness, based on measure of diversity and species turnover at clade, species and genetic levels.

Invited lecture 2:

The evolution & development of the weapons of sexual selection: insights from the beetles

Laura Lavine (Washington State University)

The exaggerated weapons and ornaments of sexual selection are condition dependent traits that often grow to exaggerated proportions. The horns of male rhinoceros beetles are extremely sensitive to the larval nutritional environment and are used by rival males in combat over access to females. In contrast to horns, oth-

er body parts, such as wings, eyes, and legs, scale proportionally with body size, while others, such as male external genitalia, are invariant with body size, regardless of nutrition. Body parts of the Asian rhinoceros beetle, *Trypoxylus dichotomus*, exhibit plasticity and constraint in response to condition. Known developmental and genetic mechanisms of plasticity and constraint in other insects are discussed and provide a developmental framework for future studies on trait growth in response to selection.

シンポジウム S1：それは原生生物から始まった －真核生物の誕生から多細胞性進化前夜まで	
日時・会場	8月24日 16:00 ～ 18:00 Room A (吉田南講義棟・共北25講義室)
企画者	神川龍馬 (京都大学)
使用言語	日本語
企画概要 真核生物は、複数の細胞がキメラ化する事で進化・多様化してきた生物群である。1+1=1という進化プロセスが原動力となって、機能を複雑に分担しあう多細胞生物誕生のへ道を開いた。本シンポジウムでは、この一連の進化を①単細胞真核生物の誕生、②共生体のコントロール、③共生による単細胞真核生物の多様化、④多細胞化、というステップに分けて議論する。最終的に、真核生物大進化の解明にむけた研究の方向性について討論したい。	
講演時間	演題
16:00 ～ 16:10	イントロダクションー現存真核生物の多様性 ○神川龍馬 京都大学
16:10 ～ 16:35	LECA素描：現存真核生物の共通祖先とは、何時、何処で、何する者たりきや？ ○柏山祐一郎 福井工業大学
16:35 ～ 17:00	真核宿主細胞と細胞内共生オルガネラの協調増殖機構 ○宮城島進也 国立遺伝学研究所
17:00 ～ 17:25	Web of life, 真核-真核の細胞内共生がもたらした生物多様性 ○谷藤吾朗 国立科学博物館
17:25 ～ 17:50	多細胞システムの胎動ーモデル生物としての単細胞ホロゾア ○菅裕 県立広島大学
17:50 ～ 18:00	総合討論

シンポジウム（共催：新学術研究領域「ネオウイルス学」） S2：多様なウイルスと進化の世界

日時・会場	8月24日 16:00 ～ 18:00 Room B（吉田南講義棟・共北26講義室）
企画者	中川草（東海大学医学部）
使用言語	日本語
企画概要 近年、様々な環境・生物からのウイルスの発見が相次ぎ、従来考えられていたよりも、多様なウイルスの存在が明らかになりつつある。加えて、ウイルスの病原性のみならず、宿主や生態系などにウイルスが与える影響についても知見が広がっている。本シンポジウムでは多様なウイルスと進化の関係を解明する研究者の方々にご講演いただき、ウイルスと宿主の相互作用、そして生命進化に関する最新の研究を紹介したい。	
講演時間	演題
16:00 ～ 16:12	ウイルスが形作る生物進化 ○中川草 東海大学・医学部
16:12 ～ 16:36	温泉ウイルスハンティングから探る生命進化史 ○望月智弘 東京工業大学・ELSI
16:36 ～ 17:00	マルチオミクス解析が明らかにする海洋ウイルスの多様性と存在意義 ○緒方博之 京都大学・化学研究所
17:00 ～ 17:24	植物ラブドウイルスの分節化と進化 ○近藤秀樹 岡山大学・資源植物科学研究所
17:24 ～ 17:48	タンパク質間相互作用から紐解くウイルスと宿主の進化的軍拡競争のダイナミズム ○佐藤佳 京都大学・ウイルス・再生医科学研究所
17:48 ～ 18:00	アフリカ獣上目ゲノムに内在化した非レトロウイルス由来エレメントの進化と機能 ○小林由紀 日本大学・生物資源科学部

シンポジウム S3：温度適応機構 ～生態から分子まで～	
日時・会場	8月24日 16:00～18:00 Room C（吉田南講義棟・共北27講義室）
企画者	齋藤 茂（岡崎統合バイオサイエンスセンター（生理学研究所）・細胞生理研究部門） 颯田葉子（総合研究大学院大学・先端科学研究科）
使用言語	日本語
企画概要 温度は時に生存をも左右し得る環境要因であり、生物が地球上の多様な環境に生息域を広げる過程において温度適応は重要な役割を担ってきたと考えられる。本シンポジウムでは、フィールドレベルの生態的な研究から生体内の分子機構に関する研究まで多面的なアプローチで温度適応機構の解明に取り組んでいる研究者の講演を通して、温度に関連した多様な生命現象を紹介し、また、それらの基盤となる分子メカニズムの理解を深めることを目的とする。	
講演時間	演題
16:00～16:20	生息環境に応じた温度感覚の進化:分子から生態までの統合的理解を目指して ○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（生理所）、²総研大、生理科学、³鳥取大、獣医薬理
16:20～16:40	リュウキュウカジカガエルの温泉旅 ○小巻翔平¹、井川武² ¹岩手医科大学、²広島大学
16:40～17:00	キューバのアノールトカゲにおける異なる温度への適応と温度感受性の関連 ○赤司寛志¹、Antonio Cádiz Díaz²、齋藤茂³、富永真琴³、牧野能士¹、河田雅圭¹ ¹東北大、²ハバナ大学、³岡崎統合バイオ（生理研）
17:00～17:20	16S rRNA 遺伝子の GC 含量に着目した原核生物の温度適応メカニズム 佐藤悠¹、○木村浩之² ¹静岡大学創造科学技術大学院、²静岡大学グリーン科学技術研究所
17:20～17:40	霊長類における鼻腔の形態進化と温度・湿度調節機能の適応 ○西村剛 京都大学霊長類研究所
17:40～18:00	ヒトデ幼生の正の温度走性と TRPA ー分子・行動・進化・生理にわたる多面的なアプローチによる解析ー ○濱中玄¹、齋藤茂^{2,3}、河合成道⁴、古川亮平⁴、五條堀淳⁵、富永真琴^{2,3}、金子洋之⁴、 颯田葉子⁵ ¹Neuroprotection Research laboratory, Massachusetts General Hospital/ Harvard Medical School、²岡崎統合バイオ（生理研）、³総研大、生理科学、⁴慶應大、生物、 ⁵総研大 生命共生体進化学

シンポジウム

S4：比較ゲノムから幹細胞人類学へ：

ヒト表現型進化のゲノム基盤解明に向けた新たな取り組み

日時・会場	8月24日 16:00 ～ 18:00 Room D（吉田南講義棟・共北28講義室）
企画者	河村正二・今井啓雄
使用言語	日本語

企画概要

ヒト表現型の正常な多様性や他の霊長類との相違をもたらしたゲノム・エピゲノム変化の本質を解明するための実験的検証は、大きく立ち遅れている。本シンポジウムは、ヒトと非ヒト霊長類の比較ゲノム、古人骨を含むヒトゲノム集団多様性、エピゲノム、ゲノム編集、幹細胞をテーマとする研究者を集め、それぞれの立場から研究の現状と展望を示し、ヒト表現型の進化多様性をもたらしたゲノム・エピゲノム変化の実験的検証という新たなヒト進化学の創成に向けた情報・意見交換を行いたい。

講演時間	演題
16:00 ～ 16:05	趣旨説明 ○河村正二 東京大学・新領域創成科学研究科
16:05 ～ 16:25	ヒトの表現型を規定するゲノム変異の進化的起源を探る ○今西規 東海大学・医学部
16:25 ～ 16:45	古代ゲノム学の現状とキャッチアップに向けての試行 ○太田博樹 北里大学・医学部
16:45 ～ 17:05	霊長類エピゲノム多様性と進化（インプリンティング制御領域を中心に） ○中林一彦 国立成育医療研究センター研究所
17:05 ～ 17:25	ゲノムヒト化動物作製にむけた効率的ゲノム編集技術の開発 ○吉見一人 大阪大学・医学系研究科附属共同研ゲノム編集センター
17:25 ～ 17:45	幹細胞から見た脳の発生進化 ○津山淳 東京都医学総合研究所
17:45 ～ 18:00	総合討論進行と結語 ○今井啓雄 京都大学・霊長類研究所

シンポジウム S5：RNAワールドを取り巻く未解決課題 ー核酸合成からRNA-タンパク質ワールドへの移行まで	
日時・会場	8月25日 10:00 ～ 12:00 Room A（吉田南講義棟・共北25講義室）
企画者	赤沼哲史（早稲田大学） 山岸明彦（東京薬科大学）
使用言語	日本語
企画概要 生命の起源に関する諸問題のうち、鶏と卵の関係にあるRNAが先か？タンパク質が先か？についてはRNAワールド仮説が支持を得てきた。しかし、RNAワールド前後、すなわち、RNAワールドが成立する以前の核酸合成や、RNAワールドからRNA-タンパク質ワールドへの移行については多くの疑問が残っている。本シンポジウムでは、RNAワールドを取り巻く未解決課題を改めて整理し、講演者の最新の研究成果をもとに活発な討論をおこなう。	
講演時間	演題
10:00 ～ 10:10	RNAワールドを取り巻く未解決課題 ○赤沼哲史 早稲田大学
10:10 ～ 10:35	粘土鉱物存在下でのアデニンとリボースからのアデノシンの合成 ○橋爪秀夫 ¹ 、B.K.G Theng ² 、S. van der Gaast ³ 、藤井和子 ¹ ¹ 物質・材料研究機構、 ² Landcare Research、 ³ Royal Netherlands Institute for Sea Research
10:35 ～ 11:00	初期地球におけるRNA構成分子の生成と供給 ○古川善博 東北大学
11:00 ～ 11:25	リボソームの試験管内再構成系から考える生命進化 ○網藏和晃 東京大学
11:25 ～ 11:50	アミノアシルtRNA合成酵素の分子系統解析に基づく初期翻訳系の進化 ○古川龍太郎、横堀伸一、山岸明彦 東京薬科大学
11:50 ～ 12:00	RNAワールドを取り巻く課題のまとめ ○山岸明彦 東京薬科大学

シンポジウム S6：エボデボから見る非モデル生物研究の魅力	
日時・会場	8月25日 10:00 ～ 12:00 Room B（吉田南講義棟・共北26講義室）
企画者	新美輝幸（基礎生物学研究所） 後藤寛貴（名古屋大学）
使用言語	日本語
企画概要 形態や行動、生活史と様々なレベルで、独特で魅力的な形質を有する生物は枚挙にいとまがない。しかし、逆に言えばそのような特徴的な形質は実験生物学で主に使われるモデル生物がそもそも有していない形質であり、その実験的な解析には困難を伴うことが多いのもまた事実である。しかし、近年の次世代シーケンサーやゲノム編集技術に代表される様々な新技術の登場、そして研究者自身のチャレンジ精神により、これらの生物種を最先端の実験生物学の俎上に載せることが可能になってきた。 本シンポジウムでは、そのようなユニークで魅力的な生物形質について、主にエボデボ的観点から研究を進めている研究者6名に話題を提供していただき、生物が生み出した形質の数々が如何にして発生し、進化してきたのかを紹介することを通して、非モデル生物研究の魅力を発信したい。	
講演時間	演題
10:00 ～ 10:10	はじめに ○新美輝幸 基生研・進化発生、総研大・生命科学
10:10 ～ 10:30	非モデル昆虫のエボデボ研究 ○新美輝幸 基生研・進化発生、総研大・生命科学
10:30 ～ 10:50	タツノオトシゴの育児嚢の形成と雄性ホルモンによる誘導 ○川口眞理 上智大・理工
10:50 ～ 11:10	寄生蜂はいかにして寄主を乗っ取るのか？ 島田-丹羽裕子 ¹ 、竹股ひとみ ² 、片山南美 ² 、福田瑠利子 ³ 、谷口友梨 ³ 、○丹羽隆介 ⁴ ¹ 筑波大・TARAセ、 ² 筑波大・院生命環境、 ³ 筑波大・生物学類、 ⁴ 筑波大・生命環境系
11:10 ～ 11:30	四肢動物における後肢の位置の多様性を生み出す発生メカニズム ○鈴木孝幸 ¹ 、松原由幸 ¹ 、平沢達矢 ² 、江川史朗 ³ 、服部亜由美 ⁴ 、菅沼貴也 ¹ 、小原裕平 ¹ 、永井達也 ¹ 、田村宏治 ³ 、倉谷滋 ² 、黒岩厚 ¹ ¹ 名大・理、 ² 理研、 ³ 東北大・理、 ⁴ 東北大・加齢研
11:30 ～ 11:50	昆虫の脱皮を介した成長と形態形成を可能にする皺構造形成について ○後藤寛貴 ¹ 、松田佳祐 ² 、足立晴彦 ³ 、近藤滋 ³ ¹ 名大・院生命農、 ² 阪大・医、 ³ 阪大・院生命機能
11:50 ～ 12:00	終わりに 後藤寛貴 名大・院生命農

シンポジウム S7：系統関係推定研究の現在	
日時・会場	8月25日 10:00 ～ 12:00 Room C（吉田南講義棟・共北27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 系統関係の推定は、進化学においてきわめて重要である。かつての少ない分子データから系統樹を作成していた牧歌的な時代とおおきくさまがわりして、現在急速に他種類の生物のゲノムデータが生成されている。introgression, gene flowを含めた生物集団間の系統樹や、組換えなどを含む遺伝子・ハプロタイプの系統関係の推定は、混沌としている。そこで、系統樹や系統ネットワーク推定の専門家5名が、さまざまな観点から系統関係の推定の現状についての紹介をおこなう。	
講演時間	演題
10:00 ～ 10:24	分岐学的最節約法の系統推定法としての位置づけと今後の可能性 ○三中信宏 農研機構農業環境変動研究センター
10:24 ～ 10:48	シーラカンスの系統位置 ○竹崎直子 ¹ 、西原秀典 ² ¹ 香川大学・総合生命科学研究センター、 ² 東京工業大学・大学院生命理工学研究科
10:48 ～ 11:12	RelTime：進化速度の変化を考慮した分岐年代測定法 —その理論的基盤と分岐年代測定の実際— ○田村浩一郎 首都大学東京
11:12 ～ 11:36	系統樹の拡張としての系統ネットワーク ○北野誉 茨城大学工学部・生体分子機能工学科
11:36 ～ 12:00	距離行列法も捨てたもんじゃない ○斎藤成也 国立遺伝学研究所

シンポジウム

S8：霊長類の反復配列

日時・会場	8月25日 10:00 ～ 12:00 Room D（吉田南講義棟・共北28講義室）
企画者	平井啓久、古賀章彦（京都大・霊長類研究所）
使用言語	日本語・英語
企画概要 反復配列は長らくガラクタDNAとみなされていた。近年、解析法の発達に伴い、霊長類においても、反復配列が進化に貢献することが次々と明らかにされている。ヘテロクロマチンの変化がおよぼす染色体の進化、メガサテライトDNAが可能にする行動の変化、嗅覚や味覚に関する遺伝子群の多様化がもたらす適応など、例は多い。その意義は、霊長類の特性である高度な知能や認知にまでおよぶ。その情報を提供し反復配列の進化的議論を深めたい。	
講演時間	演題
10:00 ～ 10:20	染色体末端ヘテロクロマチン塊の進化的意義 ○平井啓久 京都大・霊長類研究所
10:20 ～ 10:45	Molecular Evolution and Transcriptional Regulation of ERV elements Hee-Eun Lee, Ara Jo and ○Heui-Soo Kim College of Natural Sciences and Genetic Engineering Institute, Pusan National University
10:45 ～ 11:00	夜猿が昼行性から夜行性に戻ったことの分子レベルでの証拠 ○古賀章彦 京都大・霊長類研究所
11:00 ～ 11:25	夜猿の視細胞の核内構造形成に関与したメガサテライトDNAの進化的起源 ○西原秀典 東京工大・生命理工
11:25 ～ 11:50	哺乳類のレトロトランスポゾンに由来する遺伝子群の機能 ○石野史敏 東京医歯大・難治疾患研究所
11:50 ～ 12:00	総合討論

シンポジウム S9：生命誕生の謎に迫る実験科学～多様性の起源はどこだ？～	
日時・会場	8月25日 13:00 ～ 15:00 Room A（吉田南講義棟・共北25講義室）
企画者	市橋伯一（大阪大学）
使用言語	日本語
企画概要 生命の誕生は謎に満ちている。どうやって誕生したのか？いつ進化する能力を獲得したのか？膜構造は？20アミノ酸は？利己的な複製体をどうやって克服したのか？などわからないことばかりである。これらの謎を実験的に解き明かす試みは、近年、再構成システムやマイクロタスと融合し新しい展開を見せている。本シンポジウムでは、若手からベテランまで当該分野で活躍中の実験科学者を集め、生命の起源研究の最新状況と生命多様性へと至る起源について議論したい。	
講演時間	演題
13:00 ～ 13:20	原始生命システムにいかにして多様性が生まれうるのか？ 人工RNA自己複製系を使って解明する ○市橋伯一 大阪大学
13:20 ～ 13:40	ドロップ・マイクロフルイディクスによるRNA実験進化：区画化による多様性の創発 ○松村茂祥 富山大・院理工
13:40 ～ 14:00	Antibiotic cyclingによる抗生物質耐性菌の抑制と数理モデル予測による耐性制御 ○津田宗一郎 グラスゴー大学
14:00 ～ 14:20	化学的人工細胞モデルで探る生命起源 ○栗原顕輔 ¹ 、松尾宗征 ² ¹ 自然科学研究機構・岡崎統合バイオサイエンスセンター・分子科学研究所、 ² 東京大学大学院総合文化研究科
14:20 ～ 14:40	試験管内RNAワールドからペプチドの多様な機能を探る ○根本直人 ¹ 、熊地重文 ² ¹ 埼玉大学大学院・理工学研究科、 ² Epsilon Molecular Engineering
14:40 ～ 15:00	自律的に増殖するミニマルセルの構築 ○車兪澈 東京工業大学・地球生命研究所

シンポジウム S10：繁殖行動の進化をもたらす神経基盤	
日時・会場	8月25日 13:00 ～ 15:00 Room B (吉田南講義棟・共北26講義室)
企画者	石川由希 (名古屋大学)
使用言語	日本語
企画概要 繁殖行動 (reproductive behavior) の進化は、生殖的隔離や性選択を介して、動物の進化の方向性に大きな影響を与える。行動遺伝学や神経生理学の発展により、動物の生得的な繁殖行動がどのように神経回路にコードされているのかが徐々に明らかになってきた。近年、これらの神経回路を種間で比較することにより、繁殖行動の多様性や進化を神経回路や神経生理の言葉で説明しようとする試みが始まっている。本企画ではこの最前線に立つ研究者に最新の成果を紹介いただきつつ、行動進化の神経基盤を解き明かすための課題や方向性を議論したい。	
講演時間	演題
13:00 ～ 13:30	ショウジョウバエのフェロモン選好性の進化をもたらす神経基盤 ○石川由希・前田直希・野村岳民・上川内あづさ・山元大輔 名古屋大学・大学院理学研究科
13:30 ～ 14:00	新規な求愛行動形質の獲得を実現する神経メカニズムの探求 ～ショウジョウバエを用いた取り組み～ ○田中良弥・樋口智大・古波津創・佐藤耕世・山元大輔 東北大学・生命科学研究科 脳機能遺伝分野
14:00 ～ 14:30	ガルのフェロモン選好性を決める神経回路 ○並木重宏、菰澤拓也、加沢知毅、神崎亮平 東京大学・先端科学技術研究センター
14:30 ～ 15:00	鳴禽類ソングバードの種特異的発声パターン生成の神経分子基盤 (どうやって他種ではなく、同種の囀りを学習するのか?) ○和多和宏 北海道大学・理学研究院・生物科学部門

シンポジウム S11：地質学的時間スケールでの多様性変動	
日時・会場	8月25日 13:00～15:00 Room C（吉田南講義棟・共北27講義室）
企画者	生形貴男（京都大学）
使用言語	日本語
企画概要 地質時代を通じた生物多様性変動の研究は、今日の地球生命科学のパラダイムの一つである。近年では、世界中の化石記録を収録した大規模データベースが構築され、ウェブで公開されている。また、化石記録の不完全性や偏りを評価して多様性を補正する方法も長足の進歩を遂げつつある。一方、復元された多様性変動パターンを支配する共通要因についてもかねてより議論されてきた。本シンポジウムでは、地質学的時間スケールでの多様性変動研究について、最近の研究成果をいくつか紹介するとともに、今後の展望について議論したい。	
講演時間	演題
13:00～13:10	趣旨説明 ○生形貴男 京都大学・理学研究科・地球惑星科学
13:10～13:35	生物の行動記録の多様性をどう評価すべきか？：生痕多様性の評価方法とその応用 ○菊地一輝 京都大学・理学研究科・地球惑星科学
13:35～14:00	古生物の形態的多様性変動史をいかにして復元するか：アンモノイドの例 ○生形貴男 京都大学・理学研究科・地球惑星科学
14:00～14:25	系統樹の位相的性質から見た生物進化と多様性：Horton解析に基づくアプローチ ○石井友一郎 神戸大学・理学研究科・惑星学
14:25～14:50	多様性減少期における生き残りプロセス ○吉田勝彦 国立環境研究所・生物・生態系環境研究センター
14:50～15:00	総合討論

シンポジウム S12 : Ecology and evolution of Batesian mimicry polymorphism	
日時・会場	8月25日 13:00 ~ 15:00 Room D (吉田南講義棟・共北28講義室)
企画者	Shinya Komata, Teiji Sota (Kyoto University)
使用言語	英語
企画概要 近年、ゲノム解析技術の進歩により、擬態の斑紋パターンを決める遺伝子や遺伝的機構があきらかになり、新たな展開が生まれつつある。このシンポジウムでは、ベイツ型擬態を制御する近接遺伝子群（スーパーゼーン）の構造、野外における進化動態や生態プロセス、さらには捕食者の視点からベイツ型擬態の進化・生態に関する最新の研究を紹介する。	
講演時間	演題
13:00 ~ 13:05	Introduction ○Shinya Komata and Teiji Sota Kyoto University
13:05 ~ 13:28	Molecular mechanisms and evolution of female-limited and polymorphic Batesian mimicry in <i>Papilio polytes</i> ○Haruhiko Fujiwara ¹ , Hideki Nishikawa ¹ , Takuro Iijima ¹ , Rei Kajitani ² and Takehiko Ito ² ¹ University of Tokyo, ² Tokyo Institute of Technology
13:28 ~ 13:51	The genomics of mimetic colour polymorphs in <i>Papilio dardanus</i> Martijn Timmermans ^{1,2} and ○Alfried P. Vogler ¹ ¹ Imperial College London/ Natural History Museum, ² Middlesex University
13:51 ~ 14:14	The role of predator behaviour in the evolution and maintenance of Batesian mimicry ○Craig Barnett Kyoto University
14:14 ~ 14:37	Temporal dynamics of the mimetic allele frequency at the doublesex locus, which controls polymorphic Batesian mimicry in <i>Papilio memnon</i> butterflies ○Shinya Komata ¹ , Chung-Ping Lin ² and Teiji Sota ¹ ¹ Kyoto University, ² National Taiwan Normal University
14:37 ~ 15:00	Evolutionary ecology of a Batesian mimic butterfly focusing on time-series data ○Mitsuho Katoh ^{1,2} , Masayuki Ushio ³ , Atsushi Honma ² , Haruki Tatsuta ^{1,2} , Michio Kondoh ⁴ and Kazuki Tsuji ^{1,2} ¹ Kagoshima University, ² University of the Ryukyus, ³ Kyoto University, ⁴ Ryukoku University)

ポスター発表一覧

- P-01 凍結融解によるリボソーム融合を介した人工細胞への栄養供給法の確立
○辻岳志^{1,3}、角南武志³、藤井聡志¹、市橋伯一^{1,2} (¹大阪大・院情報科学、²大阪大・院生命機能、³大阪大・未来戦略機構)
- P-02 DNA-RNA-タンパク質ワールドの初期進化を模擬する
○酒谷佳寛¹、市橋伯一^{1,2} (¹阪大・情報、²阪大・生命)
- P-03 異なる遺伝子をもつ二種類の協力的RNA複製子のダーヴィン進化
○水内良²、市橋伯一^{1,2} (¹阪大・院情報、²阪大・院生命機能)
- P-04 ネコ科動物由来APOBEC3とネコ免疫不全ウイルスの進化的軍拡競争の解析
○長岡峻平^{1,2}、山本啓輔^{1,3}、麻生啓文^{1,5}、木村出海^{1,4}、今野順介^{1,2}、中野雄介¹、佐藤圭^{1,6}、小柳義夫¹
(¹京都大学ウイルス・再生医科学研究所システムウイルス学分野、²京都大学大学院生命科学研究所高次生命科学専攻、³京都大学大学院医学研究科医科学専攻、⁴京都大学大学院薬学研究科薬科学専攻、⁵京都大学薬学部薬科学科、⁶CREST・JST・埼玉)
- P-05 雑種発生種*Squalius alburnoides*は有害変異の蓄積を有性ホスト由来のアリルを利用して補償する
○三品達平¹、橋口康之² (¹京大院理、²大阪医大)
- P-06 化合物応答スプライシング変動の種間比較に基づくスプライシング制御配列の保存性の解析
○飯田慶、豊島裕美、佐久間真紀、出縄政嗣、萩原正敏 (京都大学大学院 医学研究科)
- P-07 タンパク質進化を潜在的に支配する安定性
○倉橋亮、佐野智、高野和文 (京府大院・生命環境)
- P-08 アカショウジョウバエの低温耐性に関する比較トランスクリプトーム解析
○木村友彦¹、田村浩一郎^{1,2}、磯部琴葉¹ (¹首都大・院理工・生命科学、²首都大・生命情報研究センター)
- P-09 テングショウジョウバエ亜群の2種におけるアキアズミーの進化
○犬山愛莉香¹、田村浩一郎^{1,2} (¹首都大・院理工、²首都大・生命情報研究セ)
- P-10 *Toxoplasma gondii*における正の選択を受けた遺伝子の検出
○赤堀洋道¹、吉崎純夫⁴、梅村俊彰⁵、高島康弘³、武藤吉徳^{1,2} (¹岐阜大・医、²岐阜大・連合創薬、³岐阜大・獣医、⁴平成医療短大、⁵富山大・医)
- P-11 鳥類δ-クリスタリン遺伝子の分子進化
○高橋慶祐¹、赤土碧²、加藤和貴³、岩部直之¹ (¹京都大学 大学院理学研究科 生物科学専攻 生物物理学教室、²京都大学 理学部、³大阪大学 免疫学フロンティア研究センター)
- P-12 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¹、寺井亮平¹、郡駿介¹、成澤大¹、四方哲也²、岸本利彦¹ (¹東邦大・院理、²East China Normal Univ.)

- P-13 高温適応大腸菌における変異率と進化速度の相関解析
○郡駿介¹、大村真優子¹、寺井亮平¹、成澤大¹、四方哲也²、岸本利彦¹ (¹東邦大・理、²East China Normal Univ)
- P-14 *Caenorhabditis* 属における体サイズの進化：RNA-seq を用いた候補遺伝子探索
○稲田垂穂、津山研二、牧野能士、杉本亜砂子、河田雅圭 (東北大・生命)
- P-15 カプトムシN-アセチルラクトサミン特異的レクチン遺伝子の進化
○田畑光敏¹、梅津和夫²、北野誉¹ (¹茨大・院理工、²山形大・医)
- P-16 真獣下綱におけるABO式血液型遺伝子の進化
○小野久志、北野誉 (茨大・院理工)
- P-17 ミランダショウジョウバエにおけるNeo-X染色体の退化
○野澤昌文 (首都大・院理工・生命科学)
- P-18 ウニのミトゲノミクス：分類レベルと遺伝的距離の指標
○金城その子¹、平塚悠治²、新垣裕治³、池尾一穂^{1,4} (¹遺伝研、²沖電開発、³名桜大、⁴総研大)
- P-19 遠縁種間における平行進化メカニズムの理解に向けたアミノ酸配列比較—担子菌類を例として—
○飯塚朋代^{1,2}、池尾一穂^{1,2} (¹総研大・遺伝学、²遺伝研・生命情報)
- P-20 全ゲノム重複に伴う魚類OMPの進化解析
○小郷卓博¹、鈴木彦有^{1,2}、二階堂雅人¹ (¹東工大・生命理工、²日本バイオデータ)
- P-21 真骨魚類の進化過程において孵化酵素遺伝子はintronを失いながら、頻繁にretrotranslocationを起こした
○長澤竜樹^{1,2}、川口真理³、矢野十織²、安増茂樹³、岡部正隆² (¹学振・PD、²慈恵医・解剖、³上智大・理工)
- P-22 トランスクリプトームデータを利用した天然化合物注釈方法の開発
○川島武士^{1,2,3} (¹国立遺伝学研究所、²DNA Data Bank of Japan、³総合研究大学院大学)
- P-23 精神遅滞原因候補遺伝子cereblonの分子進化速度解析による機能的サイトの解明
○小野寺航¹、朝日透^{1,2}、澤村直哉² (¹早大・先進理工、²早大・ナノ・ライフ創新研究機構)
- P-24 ショートリード、合成ロングリード、一分子ロングリードシーケンスを使ったニホンミツバチの全ゲノム配列の決定と免疫関連遺伝子解析
○横井翔¹、内山博允²、若宮健³、高橋純一³、芳山三喜雄⁴、古川力⁵、野村哲郎³、矢嶋俊介^{2,5}、木村澄^{4,6} (¹農研機構・生物機能、²東農大・ゲノムセンター、³京産大・院生命科学、⁴農研機構・畜産、⁵東農大・バイオサイエンス、⁶筑波大・院生命環境)
- P-25 Variation of daily locomotor activity and sleep in a natural population of *Drosophila melanogaster*
○Mai Miura¹、Aya Takahashi^{1,2} (¹Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University、²Research Center for Genomics and Bioinformatics)
- P-26 キイロショウジョウバエ体色多型の謎：体色変異と表皮形質の関連性
○秋山礼良¹、宮城竜太郎¹、高橋文^{1,2} (¹首都大・院理工・生命科学、²首都大・生命情報研究センター)

- P-27 Population structure and local adaptation of MAC lung disease agent *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis*
 ○Hirokazu Yano^{1,2}, Tomotada Iwamoto³, Yukiko Nishiuchi⁴, Chie Nakajima⁵, Daria A. Starkova⁶, Igor Mokrousov⁶, Olga Narvskaya⁶, Shiomi Yoshida⁷, Kentaro Arikawa³, Noriko Nakanishi³, Ken Osaki⁹, Ichiro Nakagawa¹⁰, Manabu Ato⁸, Yasuhiko Suzuki⁵, Fumito Maruyama¹⁰ (¹Fac. Life Environ. Sci., Univ. Tsukuba, ²Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ., ³Kobe Inst. Health, ⁴Osaka City Univ. Med. Sch., ⁵Hokkaido Univ., ⁶St. Petersburg Pasteur Inst., ⁷Kinki-Chuo Chest Medical Center, ⁸Ntl. Inst. Infect. Dis., ⁹TOMY Digital Biology Co. Ltd, ¹⁰Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.)
- P-28 世界のダイコンの栽培化の起源の推定
 ○白井一正¹、石塚航²、手塚あゆみ³、豊田敦⁴、藤山秋佐夫⁴、清水みなみ⁵、鈴木稜⁶、彦坂幸毅⁷、森長真一⁸、花田耕介^{1,5} (¹九工大、²道総研、³龍谷大・農、⁴遺伝研、⁵理研 CSRS、⁶東大・新領域、⁷東北大・生命、⁸日大・生物資源)
- P-29 サラブレッドの毛色遺伝子の再検証
 ○坂本貴洋¹、ジェフリー フォーセット²、印南秀樹² (¹東大・農、²総研大・先端研)
- P-30 *doublesex* はウメマツアリにおける複数化した性決定初期シグナルを統合するか？
 宮川（岡本）美里¹、土田浩治²、○宮川一志¹ (¹宇都宮大・バイオ、²岐阜大・応用生物科学)
- P-31 絶滅危惧植物における遺伝的多様性の低下と有害変異の蓄積
 ○浜端朋子、牧野能士（東北大・生命科学）
- P-32 リス科における冬眠特異的タンパク質の種間および種内変異の進化的背景
 ○鎌田泰斗¹、石庭寛子²、関島恒夫³ (¹新潟大・院・自然科学、²福島大・環境放射能研究所、³新潟大・農)
- P-33 有袋類に着目した哺乳類の進化過程で失われた非視覚系光受容タンパク質の機能解析
 ○小柳光正¹、富田和志¹、清成寛²、寺北明久¹ (¹大阪市大・院理、²理研・CLST)
- P-34 単細胞ホロゾア *Capsaspora owczarzaki* が持つ細胞外マトリクス様遺伝子の機能解析
 福原光海¹、傳保聖太郎²、青野克俊²、國村尚人²、佐藤香帆²、菅裕² (¹県立広島大学大学院 総合学術研究科生命システム科学専攻、²県立広島大学 生命環境学部生命科学科)
- P-35 単細胞ホロゾアにおける Hippo Pathway の機能解析
 甲斐隆哲¹、菅裕² (¹県立広島大・院総合学術研究科生命システム科学専攻、²県立広島大学生命環境学部生命科学科)
- P-36 VMAT1 遺伝子型と生活環境・震災体験の相互作用がヒトの精神に与える影響
 ○佐藤大気、牧野能士、河田雅圭（東北大院・生命）
- P-37 ヒトゲノム中の重複配列における非コード配列の進化
 ○堀泰輔、佐藤大気、牧野能士、河田雅圭（東北大・生命）
- P-38 肝臓における窒素代謝 zonation の進化シミュレーション
 ○内藤泰宏^{1,2,3}、富田勝^{1,2,3} (¹慶大・環境情報、²慶大・先端生命研、³慶大・政メ・先端生命科学プログラム)

- P-39 変異型シャペロニンが進化能力に与える影響の解析
○寺井亮平¹、成澤大¹、四方哲也²、岸本利彦¹ (¹東邦大学・理、²East China Normal University)
- P-40 RNAバクテリオファージQ β の適応進化実験で見られた複数経路での適応
○柏木明子、角谷珠実、熊坂直也、熊谷知史、對馬(佐野)文恵(弘前大・農学生命)
- P-41 大腸菌進化実験による進化的制約の解析
○古澤力^{1,2}、前田智也¹、堀之内貴明¹ (¹理研・生命システム、²東大・生物普遍性)
- P-42 だけじゃない共生微生物：シロアリ腸内微生物による巣内微生物環境の制御
○稲垣辰哉、松浦健二(京大院・昆虫生態)
- P-43 近縁な菌食性甲虫種間における寄主利用の分化
○小林卓也、曾田貞滋(京大・院理)
- P-44 2系統の *Wolbachia* が2種のキチョウの宿主ミトコンドリアへ及ぼす影響
○宮田真衣¹、野村昌史¹、陰山大輔² (¹千葉大院・園芸、²農研機構)
- P-45 絵描き虫の天敵回避戦略：潜葉パターンの変化は寄生蜂からの回避に有効か？
○青山悠、大島一正(京都府立大・院生命環境科学)
- P-46 双方向性転換魚の迅速な性転換にともなう脳内の遺伝子発現変化の検出
○玉川克典¹、須之部友基²、小林靖尚³、牧野能士¹、河田雅圭¹ (¹東北大・院生命、²東京海洋大・海洋、³近畿大・農)
- P-47 双翅目昆虫の雄生殖器回転と交尾体位の進化的協調性における *Myo* の機能
○稲富桃子¹、佐久間知佐子²、嘉糠洋隆²、松野健治¹ (¹阪大・院理・生物、²慈恵医大・熱帯医学)
- P-48 ショウジョウバエの求愛歌情報処理システムの進化の理解に向けて
○大橋拓朗¹、栗崎健²、石川由希¹、森本奈央³、上川内あづさ¹ (¹名大・院理、²杏林大・医、³名大・高等研究院)
- P-49 ショウジョウバエにおける異種交配を抑制する神経回路の進化
○望月香里、野村岳民、前田直希、上川内あづさ、石川由希(名古屋大・院理・生命)
- P-50 協力的行動の進化における meta-population レベルでの選択はゲノム上にどう現れるか？
○吉川武文¹、岩崎渉^{1,2,3} (¹東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻、²東京大学 大学院新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻、³東京大学 大気海洋研究所 地球表層圏変動研究センター)
- P-51 イチジク属植物の花囊の位置と地域集団間の遺伝的分化の関係性
○星野朱音^{1,2}、曾喜育³、蘇智慧^{1,2} (¹阪大・理、²JT生命誌研究館、³台湾国立中興大学・農資学院)
- P-52 森林から半砂漠環境への適応進化の遺伝的基盤の解明：キューバアノールトカゲを用いて
○石井悠¹、A. Cádiz²、L. M. Díaz³、K. Janusevicius¹、赤司寛志¹、丸山真一郎¹、河田雅圭¹
(¹東北大・生命、²ハバナ大学、³キューバ自然史博物館)

- P-53 異なる温度環境に生息するアノールトカゲにおける概日リズム
 ○金森駿介¹、Antonio Cádiz²、L. M. Díaz³、河田雅圭¹ (¹東北大・院生命、²ハバナ大学、³キューバ自然史博物館)
- P-54 種特異的交尾器形態をもつオオオサムシ亜属における遺伝子発現比較
 ○野村翔太、曾田貞滋 (京大・院理)
- P-55 オタマジャクシにおける「同種」識別能についての可塑性の検証
 ○長谷和子 (総研大・先端科学)
- P-56 トミヨ属のQTL解析によるトゲウオ科における形態の収斂進化の遺伝基盤の解明
 ○柿岡諒¹、北野潤¹、石川麻乃¹、永野惇^{2,3}、八杉公基^{2,4}、高橋洋⁵
 (¹遺伝研、²京都大・生態研、³龍谷大・農、⁴基生研、⁵水産大学校)
- P-57 ニホンミツバチにおける熱殺蜂球形成の遺伝的基盤の解明
 ○上岡駿宏¹、鈴木啓¹、宇賀神篤³、山口悠太²、小野正人²、河田雅圭¹
 (¹東北大学生命科学研究科、²玉川大学大学院農学研究科、³JT生命誌研究館)
- P-58 雌多型をもつアオモンイトトンボにおける性的擬態の遺伝的基盤
 ○高橋迪彦¹、高橋佑磨²、牧野能士¹、河田雅圭¹ (¹東北大・生命科学、²千葉大・理学部)
- P-59 複製速度と複製の正確さのトレードオフ存在下における突然変異率の進化
 ～シミュレーションによる解析～
 ○青柳優太、酒井聡樹 (東北大・院・生命)
- P-60 全ゲノム関連解析によるミヤコグサの地域適応遺伝子の探索
 ○若林智美¹、田中幸子²、Stig U. Andersen³、佐藤修正⁴、川口正代司²、瀬戸口浩彰¹ (¹京大・院・人環、²基生研・共生、³Mol. Biol. and Genet. Aarhus Univ.、⁴東北大・院・生命)
- P-61 細胞性粘菌における温度適応の系統進化および分布形成
 ○橋村秀典^{1,2,3}、井上敬³ (¹理研・QBiC、²大阪大・院理学、³京都大・理学)
- P-62 自家和合性の獲得による定着能力の上昇は、進化可能性の低下を乗り越えられるのか
 ○佐藤雄亮、瀧本岳 (東京大・院農学生命科学)
- P-63 シクリッドにおけるフェロモン受容体候補V1R2遺伝子の発現解析
 ○清水翔子、河村理輝、二階堂雅人 (東工大・生命理工)
- P-64 脊椎動物の発生中期はなぜ保存されるか？致死性によらない可能性と揺らぎに基づくアプローチ
 ○内田唯、入江直樹 (東大 院理 生物科学専攻)
- P-65 真骨魚類の腹鰭の位置を多様にした背景にある位置情報の長期記憶のメカニズム
 ○Hilda Mardiana、植田翔悟、田中幹子 (東工大・院生命理工)
- P-66 霊長類子供期に特有な生殖細胞の運命決定と分子機構
 ○岡田佐和子、伊藤達矢、黒木康太、今村公紀 (京都大学 霊長類研究所)

- P-67 Molecular mechanisms underlying the postnatal testis development in non-human primates
○黒木康太、今村公紀（京都大・霊長類研究所）
- P-68 遅い遺伝子発現による発生時間制御と進化可能性
○香曾我部隆裕、金子邦彦（東大院 総合文化）
- P-69 チンパンジー iPS細胞を用いた神経幹細胞の分化誘導と発生動態の解明
○仲井理沙子¹、北島龍之介¹、平井啓久¹、今井啓雄¹、岡野栄之²、今村公紀¹
（¹京都大学霊長類研究所ゲノム細胞研究部門、²慶応義塾大学医学部生理学教室）
- P-70 羊膜類終脳形態の多様性を創出する神経幹細胞制御システムの解明
○山下航、野村真（京府医大・神経発生）
- P-71 Identification of regeneration related genes in animals by transcriptome analyses and comparative genomics
○PINGLIN CAO, Takashi MAKINO (Grad. Sch. Life Sci. Tohoku Univ.)
- P-72 脊椎動物心臓進化とコネクチン弾性構造
○花島章、橋本謙、氏原嘉洋、本田威、児玉彩、呼元知子、杉野充希、毛利聡
（川崎医大・生理1）
- P-73 昆虫卵における精子の侵入孔は、いつ獲得されたのか：イシノミ目における受精様式の解明
○真下雄太^{1,2}、塘忠顕³、町田龍一郎⁴（¹福島大・院共生システム理工、²学振・特別研究員PD、³福島大・共生システム理工、⁴筑波大・山岳科学センター菅平高原実験所）
- P-74 オオツノコクヌストモドキの武器形質の形成における CARM1 の機能解析
○大塚宏樹¹、新美輝幸²、太田邦史³、岡田泰和³、小澤高嶺³、新政隆³（¹東京大学大学院理学系研究科、²基礎生物学研究所・進化発生研究部門、³東京大学大学院総合文化研究科）
- P-75 雌雄交尾器の共進化：雌の変化に追いつききれない雄交尾器
○武藤れおな¹、高橋佳乃子¹、上村佳孝²、田中健太郎¹、高橋文^{1,3}（¹首都大・生命、²慶應大・生物、³首都大・生命情報センター）
- P-76 Insights from Fisher's geometric model: different environmental scenarios for their chances of leading to speciation
○Ryo Yamaguchi¹, Sarah P. Otto²（¹Tokyo Metropolitan University, ²University of British Columbia）
- P-77 全北区において隔離分布するダイセツタカネヒカゲ *Oeneis melissa* の種分化過程に関する研究
○富岡駿¹、井上望太郎²、小柳香奈子¹、渡邊日出海¹（¹北大・院情報科学、²北星学園女子中学高等学校）
- P-78 日本産イヌビロコバチに寄生するコバチ2種の系統的位置と形態的差異
○有本晃一、蘇智慧（JT生命誌研究館）
- P-79 日本各地の野生ミヤコグサに共生する根粒菌の単離と系統解析
○番場大¹、青木誠志郎²、梶田忠³、瀬戸口浩彰⁴、綿野泰行⁵、佐藤修正⁶、土松隆志⁵
（¹千葉大・院・理、²東京大学・院・総合分化、³琉大・熱生研・西表、⁴京都大・院・人環、⁵千葉大・理、⁶東北大・院・生命）

- P-80 山岳棲「翅退化」昆虫トワダカワゲラの分子系統地理学的研究：
東北地方における遺伝的分化要因の解明
○小池花苗¹、吉井幸²、東城幸治² (¹信州大・総合理工、²信州大・理)
- P-81 更新世の気候変動によるアオダイショウ (有鱗目：ナミヘビ科) への影響：
日本列島北部と南西部で異なる分布域変動パターン
○森山純¹、竹内寛彦²、片山亮³、疋田努¹ (¹京都大学・理学研究科、²日本大学・生物資源科学部、³青森県産業技術センター)
- P-82 新第三紀後半のミャンマーの陸棲哺乳類相の変化
○高井正成¹、タウンタイ²、ジンマウンマウンテイン³、西岡佑一郎⁴ (¹京都大・霊長研、²メイッティエーラ大、³マグウェー大、⁴早稲田大・高等研)
- P-83 日本先史時代における戦争の進化：人口動態との関係
○中尾央¹、中川朋美² (¹山口大・国際総合、²岡山大・社会文化科学研究科)
- P-84 脊椎動物の進化の道筋と学校教育：中学理科教科書の記載と大学生の認識
○佐藤綾¹、江積翔太² (¹群馬大・教育、²高崎商科大学附属高等学校)
- P-85 進化生物学と子ども学の学際研究：京都地域におけるエコチル調査を例に
○森田理仁¹、呉東進¹、平林今日子¹、金谷久美子¹、渡部基信²、川西康之²、小西行郎²、中山健夫¹
(¹京都大学大学院 医学研究科、²同志社大学 赤ちゃん学研究センター)

「第12回みんなのジュニア進化学」発表一覧

- H-01 兵庫県沿岸の海産魚のエラに寄生する *Microcotyle* 属単生類の形態解析および分子解析による系統分類学的研究
小野夏実、尾野晏菜、松本里菜（学校法人三木学園白陵高等学校）
- H-02 淡水魚類の腸管に寄生する *Coitococum plagiorchis* の分子学的手法を用いた中間宿主探索の試み
上月太久真、上原萌瑚、鈴木大登（学校法人三木学園白陵高等学校）
- H-03 葉緑体DNAを用いたスミレ属の分子系統解析
大谷素司、小林史佳、湯浅公太、桑村風花、藤田基樹（兵庫県立小野高等学校）
- H-04 ミナミメダカ (*Oryzias latipes*) の色覚 一色の学習と行動への応用—
奥戸舞、長手千尋、丸山麻由花、三宅舞（兵庫県立神戸高等学校）
- H-05 ラン科植物エンシュウムヨウランと寄生者の謎
田中元、山本果歩、前田悠貴、中村美南（学校法人奈良学園 奈良学園中学校・高等学校）
- H-06 発表取消
- H-07 ガスマトグラフィーによるアルゼンチンアリの体表炭化水素の多変量解析
奥田翔太、長谷川雄登（岐阜県立加茂高等学校）
- H-08 静かなる侵入者アルゼンチンアリ 一分布拡大への考察と行動学的研究—
水野珠那、藤本千夢（岐阜県立八百津高等学校）
- H-09 クモ卵における胚発生過程の研究
阪野亜美、濱田亮、山中ひいろ（愛知県立名古屋南高等学校）
- H-10 発生進行に伴うアカハライモリの胚表面の変化について
入江悠斗、定廣莉央、浦田歩実、志村侑祐、丸本悠、山口瑤平（富山第一高等学校）
- H-11 環境DNAから紐解くヤリタナゴの生息状況
橋爪健汰、岡本優真、富田敦幹、杉山寛晃、杉山晴哉、小原弘聖、須山杏友莉、竹山遥香、大石沙也加、丸山海成、薄田隼弥（静岡県立掛川西高等学校）
- H-12 ゲンジボタルの分布境界域付近の生態
横井佑美、鈴木虹宇、中山敬斗（静岡県立掛川西高等学校）
- H-13 学校周辺におけるカワトンボの系統解析
杉山 慶、後藤竜弘、杉山亮太、塚澤祐太、井上遥翔、山下英紀（静岡県立掛川西高等学校）
- H-14 マイクロサテライトを用いたサクラの系統解析
三澤恒汰、岡本 海、山下拓海（静岡県立掛川西高等学校）
- H-15 マウスは教え、学ぶのか
大友沙羅（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）

- H-16 ニホンアマガエルの採餌行動における視覚刺激の効果
岸野紘大（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-17 視界環境の違う魚は視覚に違いは出るのか
小笠原帆香（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-18 奇形胚の骨格から見る発生条件
西城亜里（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-19 粘菌は三次元の迷路が解けるのか ～粘菌の移動時間と上下運動～
小林千紘（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-20 ゼニゴケの葉状体の中での植物ホルモンの役割
西林伶華（国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校）
- H-21 ムササビの食性の季節変化と樹葉嗜好性
加来祐子、老川希美、原嶋亜由美（私立中央大学附属高等学校）
- H-22 マウス腸内フローラから健康食品の機能性を探る
新井倭愛（山村学園 山村国際高等学校）
- H-23 会津メダカからみる遺伝的攪乱の研究
横山思実、横山慶汰（福島県立会津工業高等学校）
- H-24 宮川の浄化力に関する研究 ～地元の河川生態系からみる浄化作用～
矢澤宗一郎（福島県立会津学鳳中学校）
- H-25 ヨロイイソギンチャクと褐虫藻の共生関係について
濱野斗真、乙供真澄、佐藤広樹、小山西音（宮城県仙台第三高等学校）
- H-26 仙台市沿岸部マツの菌根の観察
中川朔未、伊藤亜珠希（宮城県仙台第三高等学校）

公開イベント

進化学夏の学校 「加速する分類学と系統学」

日時・会場	平成29年8月24日（木）18:15 ～ 20:15 吉田南構内 総合人間学部棟 1F	
司会	越川滋行	
分類学と系統学は進化生物学の基盤をなす分野で、生物多様性の理解に欠かせない知識の枠組みを与えてくれます。近年、高スループットシーケンサ（次世代シーケンサ、NGSと呼ばれてきたもの）の普及や大規模なデータの取り扱いが容易になるにつれ、それらの技術が分類学と系統学に新たな展開をもたらそうとしています。今年の進化学夏の学校では、そのような研究の最前線にいる研究者に講演していただきます。		
演題		
『高スループットシーケンサのコモディティ化が変えた分類学と系統学の研究サイクル』 田辺晶史（神戸大学・大学院理学研究科）		
『高スループットシーケンサを用いた分子系統推定—大型菌類を用いた実践—』 佐藤博俊（龍谷大学・理工学部）		
『大規模データを使ったDNA分類の手法：多遺伝子座を用いた種発見とその問題点』 藤澤知親（Pasteur Institute & LIRMM, CNRS）		
『DNAバーコードの情報システムと分類学者の関わり』 神保宇嗣（国立科学博物館）		

市民公開講座 「進化の不思議にふれる： シロアリ家族のひみつ、けったいな植物の生き様」	
日時・会場	平成29年8月26日（土）13:00～15:00 本部構内 百周年時計台記念館 百周年記念ホール
地球上には1000万種に近いとされる多様な生物が住んでいます。この多様性は絶え間ない「進化」によりもたらされたものですが、「進化」は姿形という見た目の多様性だけでなく、生き様の多様性もたらしました。この講座では、気鋭の研究者お二人に、昆虫と植物の興味深い生き様について、その進化の道筋を含めて分かりやすくお話しいたします。	
講演時間	演題
13:00～14:00	『あなたの知らないシロアリの秘密』 松浦健二（京都大学大学院農学研究科・教授） 家を食べてしまう害虫としてお馴染みのシロアリですが、彼らの生態や進化にはまだまだ多くの謎が残されています。最新のフェロモン研究や繁殖システムの研究から明らかになった彼らの驚きの生態を紹介します。「彼らの世界を支配する力」がどのようなものか、その進化の力学を読み解く面白さを味わって下さい。
14:00～15:00	『キノコを食べる植物の不思議な生活』 末次健司（神戸大学大学院理学研究科・特命講師） 皆さんは「植物の特徴は？」と聞かれた場合、どのように答えるでしょうか。多くの人が「葉緑素を持ち、光合成を行うこと」を挙げるのではないのでしょうか。しかし、植物の中には光合成をやめ、キノコの菌糸を「食べて」生きているものが存在します。こうした光合成をやめた植物は、花粉を運ぶ昆虫や種子を運ぶ動物といった他の生物との共生関係を変化させ「驚くべき生活」をしていることがわかってきました。その生活の一端をご紹介します。

プログラム



8月24日(木) 第1日目 プログラム

	会場A (25講義室) 一般口頭発表 O-1A	会場B (26講義室) 一般口頭発表 O-1B	会場C (27講義室) 一般口頭発表 O-1C
13:00	O-1A-1 内在性レトロウイルスを指標とした日本国内への欧米ネコ流入の評価 ○下出紗弓、中川草、金村優香、宮沢孝幸	O-1B-1 On the origin of translation: Simple peptides enhance function of RNA poly-merase ribozyme ○Shunsuke Tagami, James Attwater, Philipp Holliger	O-1C-1 セスジアカムカデ消化管内寄生虫の網羅的mRNAデータに基づくアピコンプレクサの初期進化に関する一考察 ○宮田凌佑、松尾恵梨子、中山卓郎、谷藤吾朗、千頭康彦、八畑謙介、稲垣祐司
13:15	O-1A-2 AIに導かれた病原性RNAウイルスの分子進化研究 和田健之介、和田佳子、岩崎裕貴、○池村淑道	O-1B-2 The standardized plant genome repository: a cornerstone for alternative approaches to dissect plant genome sequences ○Park Jongsun, Hong Xi, Yongsung Kim, Chanh Park	O-1C-2 短鎖レトロポゾンにおける新奇な挿入特性の高次分類群を超えた共通性 西山えり、○大島一彦
13:30	O-1A-3 ユビナガコウモリ属コウモリのゲノムに内在化しているボルナウイルス由来配列の生物学的意義の探索 ○向井八尋、堀江真行、小林由紀、小嶋将平、前田健、朝長啓造	O-1B-3 細胞の増殖能力は変異に対してどれほど頑強か 芝井厚、石澤裕佳、高橋祐輔、元岡大祐、中村昇太、○津留三良	O-1C-3 エゾアカガエルの脳内RNA-Seqによる捕食者特異的表現型可塑性の解析 ○嶺井隆平、森司、小倉淳
13:45	O-1A-4 A scenario of endogenization process of gammaretroviruses in the koala genome Koichi Kitao, Yuki Nakaya, Shigeki Hoshino, ○Takayuki Miyazawa	O-1B-4 人工RNA複製系を用いて試験管内で宿主・寄生体の進化的軍拡競争を観察する ○古林太郎、番所洋輔、市橋伯一	

	会場 D (28 講義室) 一般口頭発表 O-1D	会場 E (31 講義室) 一般口頭発表 O-1E	会場 F (32 講義室) 一般口頭発表 O-1F
13:00	O-1D-1 スラウェシ島固有のマカクにおける種分化と二次的接触 ○寺井洋平、宅野将平、Laurentia Henrieta Purba、Kanthi Arum Widayati、今井啓雄、Bambang Suryobroto	O-1E-1 アブラムシ細胞内共生における新規抗菌ペプチド様遺伝子の発現と機能 ○重信秀治	O-1F-1 花器官配置の制約された揺らぎ：花器官数の多様化との相関 ○藤本仰一、北沢美帆
13:15	O-1D-2 ゲノム断片の部分的置換から迫る交尾器の接合不適合性 ○田中健太郎、高橋文	O-1E-2 冬虫夏草はどのようにセミの共生真菌へと進化したのか？ ○松浦優、森山 実、棚橋薫彦、孟憲英、Lukasik Piotr、Vanderpool Dan、菊池義智、McCutcheon John、深津武馬	O-1F-2 複合適応形質の起源について：ダーウィンとマイヴァートの議論からの進展 ○鈴木誉保
13:30	O-1D-3 アカサビザトウムシ（クモガタ綱）におけるヘテロ接合核型が高適応度を示す染色体交雑帯 ○鶴崎展巨、井上健人、松本文哉	O-1E-3 宿主昆虫の体色変化を引き起こす細胞内共生細菌 <i>Rickettsiella viridis</i> の比較ゲノム解析 ○二河成男、土田 努、前田太郎、山口勝司、重信秀治、古賀隆一、深津武馬	O-1F-3 ミズタマショウジョウバエの翅の着色過程の解明と模様形成遺伝子の同定法 ○福富雄一、松本圭司、船山典子、越川滋行
13:45	O-1D-4 広範な脊椎動物が共有する新規フェロモン受容体の進化と機能 鈴木彦有、岩田哲郎、依田涼太、廣田順二、○二階堂雅人	O-1E-4 今こそ改訂すべき色素体の細胞内共生説 ○佐藤直樹	O-1F-4 シロアリとキゴキブリにおけるホルモンシグナル経路の比較解析 ○増岡裕大、前川清人

	会場A (25 講義室) 一般口頭発表 O-2A	会場B (26 講義室) 一般口頭発表 O-2B	会場C (27 講義室) 一般口頭発表 O-2C
14:00			
14:15	O-2A-1 Relationships between models of antagonistic coevolution: Genetic architecture and interaction types ○Masato Yamamichi, Kelsey Lyberger, Swati Patel	O-2B-1 TFIIIC を基礎とした転写因子群の特徴抽出及びinsulator活性を含む遺伝子発現調節機構メカニズム ○岩崎裕貴、池村淑道、黒川顕、岡田典弘	O-2C-1 レトロトランスポソンの増幅がもたらしたシス制御システムの多様性 ○西原秀典
14:30	O-2A-2 The Central Dogma is no longer a dogma: Explaining the fundamental principle of molecular biology through multilevel evolution ○Nobuto Takeuchi	O-2B-2 SINE 領域によるクロマチンの高次構造の構築による遺伝子発現調節機構 岩崎裕貴、池村淑道、黒川顕、 ○岡田典弘	O-2C-2 染色体末端の Short Tandem Repeat の進化的起源 ○三澤計治
14:45	O-2A-3 Tajima's D during an infectious disease outbreak ○大森亮介	O-2B-3 ハイブリッドゲノム形成後の大規模な遺伝子進化速度の低下 ○岩崎 渉、Sira Sriswasdi、高島昌子、眞鍋理一郎、大熊盛、杉田 隆	O-2C-3 Human repeat sequences in Repbase: how to trace the origins of ancient repeats ○Kenji Kojima, Weidong Bao

	会場D (28講義室) 一般口頭発表 O-2D	会場E (31講義室) 一般口頭発表 O-2E-	会場F (32講義室) 一般口頭発表 O-2F
14:00			
14:15	O-2D-1 捕食能をもつ新奇バクテリア の報告 ○白鳥峻志、鈴木重勝、石田健 一郎	O-2E-1 沖縄特異的なヘリコバクター・ ピロリの由来を探る ○鈴木留美子、松成修、斎藤成 也、山岡吉生	O-2F-1 羊膜類顔面の発生と進化 ○東山大毅、栗原裕基
14:30	O-2D-2 太平洋北西部地域の島嶼にお ける <i>Meimuna</i> 属の分化 ○長太伸章、大林隆司、戸田守、 曾田貞滋	O-2E-2 日本人の集団分化のゲノムワ イド探索 ○岩崎理紗、颯田葉子	O-2F-2 恐竜型股関節の獲得過程の復 元：実験発生学的観点から ○江川史朗、阿部玄武、齋藤大 介、田村宏治
14:45	O-2D-3 同一種内の淡水魚の個体群間の 置き換わりで生じる地理的分 断の検出 ○谷口昇志、岡崎登夫 志、Johanna Bertl、Andreas Futschik、岸野洋久	O-2E-3 霊長類進化における嗅覚受容体 遺伝子消失速度の上昇：感覚 器の構造および食性との関連 ○新村芳人、松井淳、東原和成	O-2F-3 Dlx4 遺伝子の進化的解析と ゲノム編集による実験検証 ○隅山健太

	会場A (25講義室) 一般口頭発表 O-3A	会場B (26講義室) 一般口頭発表 O-3B	会場C (27講義室) 一般口頭発表 O-3C
15:00	O-3A-1 リシーケンスデータから探る シロイヌナズナ自家不和合性 遺伝子座の進化過程 ○土松隆志、Pauline Goubet、 Magnus Nordborg、Xavier Vekemans、Vincent Castric	O-3B-1 ソメワケササクレヤモリゲノム から探るゲノム領域に依存す る不均等な遺伝子進化 ○原雄一郎、竹内未紀、景山優 花、辰見香織、日比正彦、清 成寛、工樂樹洋	O-3C-1 新奇ヘテロロボサ生物SRT213 における縮退的ミトコンドリア 機能の推測 ○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
15:15	O-3A-2 単一集団からのサンプリング による進化モデルの選択 ○家入雄樹	O-3B-2 ウミヘビゲノムに探る羊膜類 の海洋環境適応と嗅覚の進化 ○岸田拓士、工樂樹洋、辰見香 織、戸田守	O-3C-2 尾索動物オタマボヤ綱ミトコ ンドリアゲノムの進化 ○横堀伸一、笠原享祐、大塚玄 航、西野敦雄、小沼健、西田 宏紀、山岸明
15:30	O-3A-3 Natural history of life history traits and a post-K- Pg nocturnal bottleneck of Placentals: Implications from neutral theory 呉佳齊、米澤隆弘、岸野洋久	O-3B-3 ロングリード型NGSを用いた ニホンザル新規ゲノム配列決定 ○郷康広、辰本将司、石川裕恵	O-3C-3 脊椎動物ミトコンドリア mRNAにおけるポリアデニル 化サイトの網羅的探索と分子 進化 ○孫垚、栗崎政希、橋口康之、 熊澤慶伯
15:45			

	会場 D (28 講義室) 一般口頭発表 O-3D	会場 E (31 講義室) 一般口頭発表 O-3E	会場 F (32 講義室) 一般口頭発表 O-3F
15:00	O-3D-1 複雑形質の単純な進化プロセス：シロアリの特異な繁殖様式における前適応 ○野崎友成、矢代敏久、松浦健二	O-3E-1 現生人類での精神活動関連遺伝子の進化：シアル酸転移酵素 STX の低活性化による東アジア集団での適応 ○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-3F-1 転写因子 POU3F2 にみられる哺乳類特徴的分子構造の脳皮質発生における役割 ○橋詰晃一、那須 信、植田信太郎
15:15	O-3D-2 オオシロアリにおける補充生殖分化を制御する生理機構 ○小口晃平、杉目康広、下地博之、林良信	O-3E-2 進化的マルチエージェントモデルによるリスクへの態度の分析とアンケートデータセットによる多面的な検証 ○小松秀徳、田中伸幸、大橋弘忠	O-3F-2 ヒト-類人猿間の皮膚での遺伝子発現比較とヒト特異的形質について ○荒川那海、寺井洋平、今井啓雄、颯田葉子
15:30	O-3D-3 相互探索の効率化が駆動するオスとメスの動き方の共進化 ○水元惟暁、阿部真人、土畑重人	O-3E-3 何が旧人文化を制約したのか：負傷仮説の検証 ○中橋渉	O-3F-3 2つのルシフェラーゼの遺伝子発現プロファイルの比較 ○別所学、小西花織、大場裕一
15:45		O-3E-4 言語にはなぜ語彙的要素と機能的要素が存在するのか ○藤田遥	O-3F-4 サングの蛍光タンパク質遺伝子族の異なる発現とその機能 ○飯屋園（高橋）志帆、寺井洋平

	会場 A (25 講義室) S1 それは原生生物から始まった - 真核生物の誕生から多細胞性進化前夜まで	会場 B (26 講義室) S2 多様なウイルスと進化の世界
16:00	16:00–16:10 S1-1 イントロダクションー現存真核生物の多様性 神川龍馬 16:10–16:35 S1-2 LECA素描：現存真核生物の共通祖先とは、何時、何処で、何する者たりきや？ 柏山祐一郎 16:35–17:00 S1-3 真核宿主細胞と細胞内共生オルガネラの協調増殖機構 宮城島 進也	16:00–16:12 S2-1 ウイルスが形作る生物進化 中川草 16:12–16:36 S2-2 温泉ウイルスハンティングから探る生命進化史 望月智弘 16:36–17:00 S2-3 マルチオミクス解析が明らかにする海洋ウイルスの多様性と存在意義 緒方博之
17:00	17:00–17:25 S1-4 Web of life, 真核-真核の細胞内共生がもたらした生物多様性 谷藤吾朗 17:25–17:50 S1-5 多細胞システムの胎動ーモデル生物としての単細胞ホロゾア 菅裕 17:50–18:00 総合討論	17:00–17:24 S2-4 植物ラプトウイルスの分節化と進化 近藤秀樹 17:24–17:48 S2-5 タンパク質間相互作用から紐解くウイルスと宿主の進化的軍拡競争のダイナミズム 佐藤佳 17:48–18:00 S2-6 アフリカ獣上目ゲノムに内在化した非レトロウイルス由来エレメントの進化と機能 小林由紀
18:15 ~ 20:15	総合人間学部棟 進化学夏の学校 「加速する分類学と系統学」	

	会場C (27 講義室) S3 温度適応機構 ～生態から分子まで～	会場D (28 講義室) S4 比較ゲノムから幹細胞人類学へ：ヒト表現型 進化のゲノム基盤解明に向けた新たな取り組み
16:00	16:00–16:20 S3-1 生息環境に応じた温度感覚の進化：分子から生態までの統合的理解を目指して ○齋藤茂、齋藤くれあ、太田利男、富永真琴 16:20–16:40 S3-2 リュウキュウカジカガエルの温泉旅 ○小巻翔平、井川武 16:40–17:00 S3-3 キューバのアノールトカゲにおける異なる温度への適応と温度感受性の関連 ○赤司寛志、Antonio Cádiz Díaz、齋藤 茂、富永真琴、牧野能士、河田雅圭	16:00–16:05 趣旨説明 河村正二 16:05–16:25 S4-1 ヒトの表現型を規定するゲノム変異の進化的起源を探る 今西規 16:25–16:45 S4-2 古代ゲノム学の現状とキャッチアップに向けての試行 太田博樹 16:45–17:05 S4-3 霊長類エピゲノム多様性と進化（インプリンティング制御領域を中心に） 中林一彦
17:00	17:00–17:20 S3-4 16S rRNA 遺伝子の GC 含量に着目した原核生物の温度適応メカニズム 佐藤悠、○木村浩之 17:20–17:40 S3-5 霊長類における鼻腔の形態進化と温度・湿度調節機能の適応 西村剛 17:40–18:00 S3-6 ヒトデ幼生の正の温度走性と TRPA ー分子・行動・進化・生理にわたる多面的なアプローチによる解析ー ○濱中玄、齋藤茂、河合成道、古川亮平、五條堀淳、富永真琴、金子洋之、颯田葉子	17:05–17:25 S4-4 ゲノムヒト化動物作製にむけた効率的ゲノム編集技術の開発 吉見一人 17:25–17:45 S4-5 幹細胞から見た脳の発生進化 津山淳 17:45–18:00 総合討論進行と結語 今井啓雄

8月25日（金） 第2日目 プログラム

	会場A (25講義室) 一般口頭発表 O-4A	会場B (26講義室) 一般口頭発表 O-4B
9:00	O-4A-1 ゲノム規模系統解析のための高速で汎用的な系統誤差軽減法の開発 ○岩本栄介、田村浩一郎	O-4B-1 シアノバクテリアにおける窒素固定能の起源 ○堀池徳祐、下山祐紀、渡邊知輝
9:15	O-4A-2 ツールとしての祖先型配列：キメラ解析への応用 ○湯浅創	O-4B-2 ショウジョウバエにおける抗カビ免疫システムの分子進化メカニズムの解明 ○瀬戸陽介、田村浩一郎
9:30	O-4A-3 PHYLIPにおけるbootstrap解析・consensus系統樹推定における不具合の解消と機能強化 ○嶋田誠、西田恒俊	O-4B-3 メダカ性決定遺伝子 <i>dmy</i> のDNA結合性と多量体化に関わるコード領域の分子進化 ○荻田悠作、中迫啓、回渕修治、田村 啓、高松信彦、伊藤道彦
9:45		O-4B-4 原生生物・有孔虫の殻は当てにならないのか？ ○氏家由利香、石谷佳之

	会場C (27 講義室) 一般口頭発表 O-4C	会場D (28 講義室) 一般口頭発表 O-4D
9:00	O-4C-1 ヒト歯列の「形態と構造と機能」・その進化と変化 ○松島正和	O-4D-1 相利共生系における多様性の維持メカニズム ○江副日出夫
9:15	O-4C-2 Function and dynamics of insulin-like peptides during weapon formation in horned flour beetle: the nature of honest signal ○Yasukazu Okada, Takene Ozawa, Masako Katsuki, Kensuke Okada	O-4D-2 Some effects of locality in random matching on equilibrium selection of games ○宮下春樹、福住多一
9:30	O-4C-3 アメフラシに寄生する扁形動物 <i>Urastoma</i> sp. の多産系統 ○吉田渉、田中議顕、須藤耕佑	O-4D-3 グッピーにおいて錐体オプシン遺伝子の多型が色覚およびメスの配偶者選好性に与える影響 ○酒井祐輔、河村正二、河田雅圭
9:45	O-4C-4 ミドリシリスの繁殖パターン ○三浦徹、小口晃平	O-4D-4 シロオビアゲハにおける擬態と配偶者選択の適応的共進化 ○辻和希、畑野俊貴、加藤絵美、加藤三歩、鶴井香織、佐藤行人、立田晴記、木村亮介

	会場 A (25 講義室) S5 RNA ワールドを取り巻く未解決課題 ー核酸合成から RNA-タンパク質ワールドへの移行まで	会場 B (26 講義室) S6 エボデボから見る非モデル生物研究の魅力
10:00	10:00–10:10 S5-1 RNA ワールドを取り巻く未解決課題 赤沼哲史 10:10–10:35 S5-2 粘土鉱物存在下でのアデニンとリボースからのアデノシンの合成 ○橋爪秀夫、B.K.G Theng、S. van der Gaast、藤井和子 10:35–11:00 S5-3 初期地球における RNA 構成分子の生成と供給 古川善博	10:00–10:10 はじめに 新美輝幸 10:10–10:30 S6-1 非モデル昆虫のエボデボ研究 新美輝幸 10:30–10:50 S6-2 タツノオトシゴの育児嚢の形成と雄性ホルモンによる誘導 川口眞理 10:50–11:10 S6-3 寄生蜂はいかにして寄主を乗っ取るのか？ 島田-丹羽裕子、竹股ひとみ、片山南美、福田瑠利子、谷口友梨、○丹羽隆介 11:10–11:30 S6-4 四肢動物における後肢の位置の多様性を生み出す発生メカニズム ○鈴木孝幸、松原由幸、平沢達矢、江川史朗、服部亜由美、菅沼貴也、小原裕平、永井達也、田村宏治、倉谷滋、黒岩厚 11:30–11:50 S6-5 昆虫の脱皮を介した成長と形態形成を可能にする「皺構造」形成 ○後藤寛貴、松田佳祐、足立晴彦、近藤滋 11:50–12:00 おわりに 後藤寛貴
11:00	11:00–11:25 S5-4 リボソームの試験管内再構成系から考える生命進化 網藏和晃 11:25–11:50 S5-5 アミノアシル tRNA 合成酵素の分子系統解析に基づく初期翻訳系の進化 ○古川龍太郎、横堀伸一、山岸明彦 11:50–12:00 S5-6 RNA ワールドを取り巻く課題のまとめ 山岸明彦	

	会場 C (27 講義室) S7 系統関係推定研究の現在	会場 D (28 講義室) S8 霊長類の反復配列
10:00	10:00–10:24 S7-1 分岐学的最節約法の系統推定法としての位置づけと今後の可能性 三中信宏 10:24–10:48 S7-2 シーラカンスの系統位置 ○竹崎直子、西原秀典 10:48–11:12 S7-3 RelTime：進化速度の変化を考慮した分岐年代測定法—その理論的基盤と進化年代測定の実際— 田村浩一郎	10:00–10:20 S8-1 染色体末端ヘテロクロマチン塊の進化的意義 平井啓久 10:20–10:45 S8-2 Molecular Evolution and Transcriptional Regulation of ERV elements Kim Heui-Soo 10:45–11:00 S8-3 夜猿が昼行性から夜行性に戻ったことの分子レベルでの証拠 古賀章彦
11:00	11:12–11:36 S7-4 系統樹の拡張としての系統ネットワーク 北野誉 11:36–12:00 S7-5 距離行列法も捨てたもんじゃない 斎藤成也	11:00–11:25 S8-4 夜猿の視細胞の核内構造形成に関与したメガサテライト DNA の進化的起源 西原秀典 11:25–11:50 S8-5 哺乳類のレトロトランスポゾンに由来する遺伝子の機能 石野史敏 11:50–12:00 総合討論

	会場 A (25 講義室) S9 生命誕生の謎に迫る実験科学 ～多様性の起源はどこだ?～	会場 B (26 講義室) S10 繁殖行動の進化をもたらす神経基盤
13:00	13:00–13:20 S9-1 原始生命システムにいかにして多様性が生まれうるのか? 人工 RNA 自己複製系を使って解明する 市橋伯一 13:20–13:40 S9-2 ドロップ・マイクロフルイディクスによる RNA 実験進化: 区画化による多様性の創発 松村茂祥 13:40–14:00 S9-3 Antibiotic cycling による抗生物質耐性菌の抑制と数理モデル予測による耐性制御 津田宗一郎	13:00–13:30 S10-1 ショウジョウバエのフェロモン選好性の進化をもたらす神経基盤 ○石川由希、前田直希、野村岳民、上川内あづさ、山元大輔 13:30–14:00 S10-2 新規な求愛行動形質の獲得を実現する神経メカニズムの探求 ～ショウジョウバエを用いた取り組み～ ○田中良弥、樋口智大、古波津創、佐藤耕世、山元大輔
14:00	14:00–14:20 S9-4 化学的人工細胞モデルで探る生命起源 ○栗原顕輔、松尾宗征 14:20–14:40 S9-5 試験管内 RNA ワールドからペプチドの多様な機能を探る ○根本直人、熊地重文 14:40–15:00 S9-6 自律的に増殖するミニマルセルの構築 車兪澈	14:00–14:30 S10-3 ガ類のフェロモン選好性を決める神経回路 ○並木重宏、菰澤拓也、加沢知毅、神崎亮平 14:30–15:00 S10-4 鳴禽類ソングバードの種特異的発声パターン生成の神経分子基盤 (どうやって他種ではなく、同種の囀りを学習するのか?) 和多和宏

	会場 C (27 講義室) S11 地質学的時間スケールでの 多様性変動	会場 D (28 講義室) S12 Ecology and evolution of Batesian mimicry polymorphism
13:00	13:00–13:10 趣旨説明 生形貴男 13:10–13:35 S11-1 生物の行動記録の多様性をどう評価すべきか？：生痕多様性の評価方法とその応用 菊地一輝 13:35–14:00 S11-2 古生物の形態的多様性変動史をいかにして復元するか：アンモノイドの例 生形貴男	13:00–13:05 Introduction ○Shinya Komata and Teiji Sota 13:05–13:28 S12-1 Molecular mechanisms and evolution of female-limited and polymorphic Batesian mimicry in <i>Papilio polytes</i>. ○Haruhiko Fujiwara, Hideki Nishikawa, Takuro Iijima, Rei Kajitani and Takehiko Ito 13:28–13:51 S12-2 The genomics of mimetic colour polymorphs in <i>Papilio dardanus</i> Martijn Timmermans and ○Alfried P. Vogler 13:51–14:14 S12-3 The role of predator behaviour in the evolution and maintenance of Batesian mimicry Craig Barnett
14:00	14:00–14:25 S11-3 系統樹の位相的性質から見た生物進化と多様性：Horton解析に基づくアプローチ 石井友一朗 14:25–14:50 S11-4 多様性減少期における生き残りプロセス 吉田勝彦 14:50–15:00 総合討論	14:14–14:37 S12-4 Negative frequency-dependent selection on the <i>doublesex locus</i> that controls Batesian mimicry polymorphism in the butterfly <i>Papilio memnon</i> ○Shinya Komata, Chung-Ping Lin and Teiji Sota 14:37–15:00 S12-5 Evolutionary ecology of a Batesian mimic butterfly focusing on time-series data ○Mitsuho Katoh, Masayuki Ushio, Atsushi Honma, Haruki Tatsuta, Michio Kondoh and Kazuki Tsuji

15:15 ~ 17:50	百周年時計台記念館 百周年記念ホール プレナリー講演会 「なぜ多くの甲虫種がいるのか？」 分子系統学と進化発生生物学から解き明かす」
18:00 ~ 20:00	百周年時計台記念館 国際交流ホール 懇親会

8月26日（土） 第3日目 プログラム

9:00 ~ 15:00	百周年時計台記念館 国際交流ホール 一般ポスター発表 (9:00 ~) 10:00 ~ 11:00 奇数コアタイム 11:00 ~ 12:00 偶数コアタイム 高校生ポスター発表 (12:30 ~) 12:30 ~ 13:30 奇数コアタイム 13:30 ~ 14:30 偶数コアタイム ~ 15:00 ポスター撤去
15:30 ~ 18:10	百周年時計台記念館 百周年記念ホール 15:30 ~ 16:00 高校生ポスター表彰式 16:00 ~ 16:50 総会 17:00 ~ 17:10 学会賞授賞式 17:10 ~ 18:00 受賞講演 18:00 ~ 18:10 ポスター賞授賞式

講演要旨



S1-1

イントロダクションー現存真核生物の多様性

○神川龍馬^{1,2}

¹京大・院人環、²京大・院地環

真核生物の多様性とその系統関係は、近年150以上のタンパク質配列を用いたPhylogenomicsにより徐々に明らかになりつつあり、大きく3つのグループが認識されている。ヒトなどの動物を含むオピストコンタはアメーボゾアや多数の原生生物とともにAmorpheaと呼ばれる単系統群となる。また、ランブルベン毛虫やミドリムシ、トリパノソーマを含むExcavata、そして陸上植物を含めたその他の生物群からなる単系統群をDiaphoretickesと呼ぶ。しかし、Excavataに含まれるとされる一部の系統はその分類学的・系統学的位置は疑問視されており、未だ真核生物系統樹のディープな部分の理解は進んでいない。さらに、真核生物系統樹のルートの位置も解決したとは言えず、真核生物の系統関係とその進化は未だブラックボックスである。また、バクテリア由来細胞小器官をもつことから明らかなように、真核生物は細胞内共生を通じて誕生したキメラであるが、細胞内共生の詳細なプロセスや起源生物は解明されていない。本シンポジウムのイントロダクションである本講演では、真核生物進化において現在までに分かっていることと、未解決問題を改めて浮き彫りにする。

keyword：真核生物、Phylogenomics、細胞内共生

S1-3

真核宿主細胞と細胞内共生オルガネラの協調増殖機構

○宮城島進也

遺伝研・細胞遺伝

真核細胞内のエネルギー変換器、ミトコンドリアと葉緑体は、10億年以上前にバクテリア細胞が真核細胞内に共生して誕生した。その他、真核細胞が別の細胞を取り込み、新機能を獲得する例は様々な真核生物の系統で見受けられる。真核生物は、ミトコンドリアや葉緑体をもつことで、環境中に豊富にある酸化還元電位の高い酸素や水を用いた高効率のエネルギー変換を行えるようになり、その生息域を拡大していった。

我々は、細胞内共生関係の成立及び維持機構に興味を持ち、宿主細胞は成長・分裂が、葉緑体・ミトコンドリアによるエネルギー生産に依存するとともにどのようにしてその酸化ストレスを回避しているのか解析を進めている。これまでに、単細胞真核藻類を用いて、葉緑体・ミトコンドリアにおける電子伝達の活性が概日リズムにより制御され、電子伝達が弱まり、代わりに解糖系が昂進する時間帯、つまり活性酸素種の発生が抑えられる時間帯に宿主の細胞周期進行および細胞分裂がおこることを解明しつつある。本発表では、これらの研究結果を紹介すると共に、細胞内共生系における、宿主と共生体間での対立回避機構の存在について議論したい。

keyword：細胞内共生

S1-2

LECA素描：現存真核生物の共通祖先とは、何時、何処で、何する者たりきや？

○柏山祐一郎

福井工大・院応用理工

現存真核生物の本質を考える上で、最終共通祖先「LECA (Last Eukaryotic Common Ancestor)」の理解は極めて重要である。例えば、真核生物の全ての系統でミトコンドリアが共有されるため、LECAはミトコンドリアによる酸素呼吸生物であったことが示唆される。また、食胞による補食能も普遍性が高く、LECAは食作用栄養生物であった可能性が高い。このための「柔軟で高機能な生体膜」を実現している、ステロイドやスフィンゴ脂質が構成する脂質ラフトなどの進化の研究は重要である。さらに、クロロフィルと分子酸素が関与する光毒性に抗する「クロロフィルの分解代謝」が、真核生物に広範に共有されることが明らかになり、LECAがシアノバクテリア捕食性の生物であった可能性もある。以上から、「何処で」、すなわちLECAが自然選択された環境因子として「分子酸素」が炙り出され、その成立が分子酸素に富む環境であったことが示唆される。ところが、過去のグローバルな酸素分圧の復元では、呼吸に必要な条件は23-20億年前か8億年以降に限定され、これは「何時」の問題、すなわち分子時計による推定(20-16億年前)と見事に矛盾する。LECAにまつわる過去の大環境の問題は、他にも、8.5-6.5億年前の地球凍結が挙げられる。

keyword：LECA、分子酸素、クロロフィル分解代謝

S1-4

Web of life, 真核-真核の細胞内共生がもたらした生物多様性

○谷藤吾朗

科博・動物

オルガネラ化を伴う細胞内共生は生物多様性拡大の原動力の一つである。細胞内共生の中でも、 α -プロテオバクテリアを起源とするミトコンドリアや、シアノバクテリアを起源とする(一次)葉緑体のオルガネラ化のような真核-原核の細胞内共生は比較的レアケースであるのに比べ、真核-真核の細胞内共生は生物進化史で独立に何度も起こっている。異なる生物が統合し一つの生物に成立する様は、「生命の樹」ならぬ「生命の網」とも表され、今日みられるさまざまな生物を生み出した。本発表の前半では、光合成機能獲得を伴う真核-真核の細胞内共生がもたらした生物多様性の概観を紹介する。後半のトピックとして、光合成能力獲得を伴わない真核-真核の細胞内共生として唯一知られている、キネトプラスチダ類Perkinsela sp.を共生させているアメーバ類Paramoebaのゲノム研究の成果を紹介する。

keyword：比較ゲノム、原生生物、細胞内共生

S1-5

多細胞システムの胎動—モデル生物としての単細胞ホロゾア

○菅裕

県立広島大学・生命環境

長い単細胞時代を経て、原生生物の中には多細胞体制を取るものが出現し始める。特に動物の多細胞システムは、それを構成する細胞の多様性や細胞間の連絡の複雑さなどの点で、植物や菌類などの多細胞システムとは一線を画するものであると言ってもよいだろう。動物の多細胞システムの起源を知るには、動物に近縁な単細胞生物を調べることが有効である。現在知られている中で最も動物に近縁な原生生物は立襟鞭毛虫である。立襟鞭毛虫にはモデル生物としての長い歴史と知見の積み重ねがあるが、細胞への遺伝子導入ができないことが難点であった。では立襟鞭毛虫以外に、動物に近縁な原生生物はいないのだろうか？この十数年で、いくつかの原生生物の系統が発見（或いは再発見）され、これらは立襟鞭毛虫と共に、動物に近縁な多系統原生生物群「単細胞ホロゾア」を形成していることが分かってきた。単細胞ホロゾアのいくつかは無菌的培養が可能であり、遺伝子導入の技術も最近確立されつつある。単細胞ホロゾアのゲノムやトランスクリプトーム、遺伝子導入実験などから、動物の多細胞システムの進化についてどのようなことが分かってきたのか、話題を提供し議論したい。

keyword：原生生物、単細胞ホロゾア、多細胞性

S2-2

温泉ウイルスハンティングから探る生命進化史

○望月智弘^{1,2}

¹東工大・地球生命研究所、²海洋研究開発機構

地球上の全ての（細胞性）生物は、古細菌（Archaea）、細菌（Bacteria）、真核生物（Eukarya）の3つのドメインに大別される。また、全てのドメインにおいてそれらを宿主とするウイルスが存在するが、ウイルスには16S rRNAのような共通遺伝子が存在しないために全生命の系統樹に表記されず、長らく生命の起源と初期進化の議論においては忘れられた存在であった。しかし近年、ウイルスは自然環境において細胞の少なくとも10倍以上存在していると明らかとなり「地球上最大の生物界構成要因（biological entity）」とも言われるに至るなど、ウイルスは微生物生態学のみならず生命史上における役割についても大きな注目を集めている。

生物界第3のドメインとも称される古細菌は、核を持たない原核生物という点では細菌と大差ないようにも思われるが、系統解析において両者は明確に異なる微生物群である。多くの古細菌は熱水、深海熱水噴出孔や塩が析出した塩湖などの極限環境を好んで生息しており、既にこのような環境から多数の分離培養株が得られて多くの研究がなされている。一般的な土壌・水圏などで優占している細菌を宿主とするウイルスは頭部・尾部構造から成る典型的な「ファージ型」のウイルスがほとんどであるのに対し、温泉や塩湖などに生息する古細菌から見つかった古細菌ウイルスは、レモン型・ボトル型・パネ型など、多種多様な形のものが見つかった。

発表者は、日本を含め世界各地の熱水環境（温泉）から、超好熱古細菌を宿主とする6科6種のウイルスを発見している。本発表ではそれら古細菌ウイルスの紹介とともに、RNAワールド説、DNA分子の起源、3ドメインの成り立ちなど、ウイルスから観た生命進化の仮説などとともに紹介する。

keyword：古細菌、ウイルス、生命の起源・進化

S2-1

ウイルスが形作る生物進化

○中川草^{1,2}、上田真保子²、Kryukov Kirill¹、今西規¹

¹東海大・医、²東海大・マイクロ・ナノ

生物はウイルスによる進化的な淘汰を受けて変化し、同時にウイルスも宿主の免疫によって進化し続けている。生物のゲノムには、ウイルスの影響によって引き起こされた塩基置換や重複遺伝子の固定のみならず、ウイルスが宿主のゲノムに内在化することもある。そのような配列の多くは宿主で機能しないジャンクDNAであるみなされているが、その一部には胎盤や筋肉などの組織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獲得したなどの報告が相次いでいる。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配列を網羅的に同定し、データベースとして公開した（gEVE, <http://geve.med.u-tokai.ac.jp>）。本データベースは大規模転写配列データと合わせて解析することによりゲノムワイドに宿主で機能獲得した配列を解析することを可能にした。我々は本研究結果を更に発展させ、真核生物3,641ゲノム配列に対してGenBankデータベースにあるウイルス（レトロウイルスを除く）19,200ゲノム配列を総当りで探索し、その結果を公開するデータベースを構築した。本シンポジウムではそれらの研究成果を報告し、ゲノムに内在化したウイルス由来の配列と進化について議論する。

keyword：レトロトランスポゾン、内性ウイルス、データベース

S2-3

マルチオミクス解析が明らかにする海洋ウイルスの多様性と存在意義

○緒方博之¹、Romain Blanc-Mathieu¹、Pascal Hingamp²、西村陽介³、李岩沢¹、吉田天士⁴

¹京大・化研、²Mediterranean Institute of Oceanography, Aix-Marseille Univ.、³東工大・生命理工学院、⁴京大・院農学研究科

ウイルスは海洋生態系でプランクトン群集組成の動態を駆動し、物質循環にも大きな影響を及ぼしていると考えられる。しかし、海洋ウイルスに関する具体的な知見は限られており、様々な推測を支持するデータは少ない。我々は、こうした知識のギャップを埋めるべく、マルチオミクスデータを生成し、海洋ウイルスについて研究を行っている。本講演では、いくつかの解析結果について紹介する。第一に、日本近海で得た時系列メタゲノム・メタトランスクリプトーム解析から、天然環境においてウイルス増殖が原核生物の概日周期に深く関わっていることを示すデータを得た。第二に、真核生物由来メタトランスクリプトームデータから、巨大ウイルスを含む真核ウイルスが、生物炭素ポンプの測定値と強い相関を示すことを明らかにした。このことは、ウイルスが炭素循環に影響を及ぼすことを支持する。最後に、新規設計した高度縮退PCRプライマー（「メガプライマー」）を利用し、日本近海の海水サンプルに数千規模の遺伝子型を示すメガウイルス科の存在を明らかにした事例を紹介する。

keyword：海洋ウイルス、生物炭素ポンプ、ゲノム多様性

S2-4

植物ラブドウイルスの分節化と進化

○近藤秀樹、鈴木信弘

岡山大学・植物研

マイナス鎖RNAウイルスは分節型ゲノムと非分節ゲノムを持つタイプに大別される。後者はモノネガウイルスと呼ばれ、そのうちの一群であるラブドウイルスはヒト(狂犬病)・家畜・魚類・昆虫類・植物など多様な生物種に感染する種を包含している。植物ラブドウイルスは、アブラムシ、ウンカ、ヨコバイなどの吸汁性昆虫により特異的に媒介され、一部では昆虫体内での増殖も確認されている。近年になり、節足動物(ハダニ)や菌類(ツボカビ類)媒介性の新規植物ラブドウイルスが相次いで解析され、それらがモノネガウイルスではじめての二分節型RNAゲノムを持つことが判明した。それらの分子系統解析から、植物ラブドウイルスの起源種ではかつて異なる分節化イベントが生じたことが示唆された。さらに最近になり、分節型ラブドウイルスの系統間でゲノム分節の再集合(リアソートメント)が見いだされたことから、ゲノムの分節化はラブドウイルスの配列多様性に貢献すると考えられた。本発表では、植物ラブドウイルスのゲノム分節化の意義を議論したい。

keyword: ウイルス、植物、分節化

S2-6

アフリカ獣上目ゲノムに内在化した非レトロウイルス由来エレメントの進化と機能

○小林由紀¹、鈴木善幸²¹日本大・生物資源、²名古屋市大・システム自然科学

ウイルスは宿主に病気を起こす一方で、宿主の進化に寄与してきた。例えば、ウイルスは稀に宿主ゲノムに内在化し、新規の機能獲得を起こすことがある。これまでに様々な種類の内在化ウイルス由来エレメント(EVE)が多様な宿主ゲノムで同定されてきた。しかし、機能が解明されたEVEは一部であり、生物進化におけるウイルスの役割を理解するためには、EVEの機能を明らかにする必要がある。我々は、アフリカ獣上目ゲノムに同定されたEVEの機能解析を行っている。アフリカ獣上目は8千万年以上昔にアフリカ大陸に存在した共通祖先から進化した哺乳動物で、ゾウやマナティなどが属する。アフリカ獣上目のゲノムにはレトロウイルス以外にも、ボルナウイルスの核蛋白質遺伝子やアデノ随伴性ウイルスのNS1遺伝子と相同なEVEが同定されており、これらのEVEは内在化してから現在に至るまでORFが維持され続けている。さらに、dN/dS解析の結果、負の自然選択圧が検出されることから、宿主体内で蛋白質としての機能獲得を起こした可能性がある。そこで本シンポジウムでは、現在解析を進めているアフリカ獣上目のEVE研究を紹介したい。

keyword: 内在化ウイルス由来エレメント、アフリカ獣上目、機能獲得

S2-5

タンパク質間相互作用から紐解くウイルスと宿主の進化的軍拡競争のダイナミズム

○佐藤佳^{1,2}、木村出海¹、今野順介¹、長岡峻平¹、山本啓輔¹、麻生啓文¹、中野雄介¹、小柳義夫¹¹京大ウイルス再生研・システムウイルス学、²CREST, JST

レンチウイルスの宿主であるほ乳類は、「宿主防御因子」と呼ばれる、ウイルスの増殖を抑制する遺伝子をコードしている。一方で、レンチウイルスは、進化の過程において「ウイルス因子」を自身のゲノム中に獲得することで、ほ乳類の「宿主防御因子」を拮抗阻害し、自身の増殖を可能にしていることも明らかとなっている。さらに、分子系統学に基づいた研究から、ほ乳類の「宿主防御因子」は進化的選択圧(正の淘汰)を受けており、それがレンチウイルスの「ウイルス因子」との共進化によるものであることが示唆されている。すなわち、ほ乳類の「宿主防御因子」はレンチウイルスの「ウイルス因子」から逃れるために、一方でレンチウイルスの「ウイルス因子」は、逃避変異したほ乳類の「宿主防御因子」を再び拮抗阻害するために、それぞれ進化を繰り返してきたと考えられる。このような概念は「赤の女王仮説(Red Queen hypothesis)」と称される。本演題では、「赤の女王仮説」に基づいたレンチウイルスとほ乳類の進化的軍拡競争について概説すると共に、我々が現在展開している学際研究「システムウイルス学」によって得られた研究成果についても紹介する。

keyword: ウイルス学、レトロウイルス、進化的軍拡競争

S3-1

生息環境に応じた温度感覚の進化：分子から生態までの統合的理解を目指して

○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)、²総研大・生理科学、³鳥取大・獣医薬理

温度感覚は外界の温度の変化に応じて生理的・行動的に応答するために欠かせない。動物が異なる温度条件の生息地に適応する進化過程において様々な生理機構を獲得するのに伴い、温度感覚も変化してきたと推察される。そのような温度感覚の進化機構を分子レベルで理解するために、異なる温度環境に適応した2種のツメガエルの温度応答特性を行動、感覚神経、温度センサーのレベルで比較した。その結果、高温刺激に対する感受性が行動および感覚神経のレベルで異なることが分かった。更に、2つの高温センサー(TRPV1とTRPA1)の機能特性にも一貫した種間差が存在し、末梢で働く温度センサーの機能変化が個体レベルの感覚や行動応答の進化的な変化を生み出したことが示唆された。次に、高温耐性を持ち、幼生が40℃を越える温泉にも生息できるリュウキュウカジガエルのTRPV1の機能解析を行った。TRPV1の高温に対する活性は多くの脊椎動物種で維持されているにも関わらず、本種ではその活性が著しく減弱していた。一方、TRPA1の高温活性は維持されていた。発表ではこれらの高温センサーの機能特性と本種の特徴的な生態との関連性について考察する。

keyword: 環境適応、温度感覚、無尾両生類

S3-2

リュウキュウカジカガエルの温泉旅

○小巻翔平¹、井川武²

¹岩手医大、²広島大

汽水域から山林までの多様な環境に生息するリュウキュウカジカガエルは、温泉をも生息地として利用する。温泉での生息は現在のところ、分布最南端の台湾と最北端の口之島、2つの島で観察されている。このうち口之島のセラマ温泉では40度を超える温水中にオタマジャクシが生息しており、おそらく両生類の生息水温としては最高である。また、セラマ温泉は数百メートルの範囲で70度～30度前後まで、劇的に水温が変化しており、オタマジャクシは致死温度に晒されやすい極限環境に生息していることが明らかになった。一方で本種の死体はほとんど発見されず、オタマジャクシがセラマ温泉の特徴的な環境にうまく対応していると考えられた。さらに、トカラ列島に自然分布する唯一の両生類であることも、本種の大きな特徴である。集団遺伝学的解析から、本種は奄美大島からトカラ列島の島々を経由し、口之島へたどり着いたことが示された。トカラ列島の島々は火山活動に由来する小さな島で、安定した淡水資源が乏しい。トカラ列島へ分布拡大するうえで、本種の温泉を利用する性質やそれを可能にする優れた高温耐性は重要な役割を果たしたのかもしれない。

keyword：リュウキュウカジカガエル、温泉、洋上分散

S3-4

16S rRNA 遺伝子の GC 含量に着目した原核生物の温度適応メカニズム

佐藤悠¹、○木村浩之^{1,2,3}

¹静岡大・創造大学院、²静岡大・グリーン研、³静岡大・理

16S rRNA 遺伝子のグアニンとシトシンの割合 (GC 含量) は、原核生物の生育温度と高い相関を示す。つまり、低温および中温環境に生息する好冷菌や中温菌は 50-60% の GC 含量の 16S rRNA 遺伝子を有するのに対して、高温環境に生息する好熱菌や超好熱菌は 60-70% の高い GC 含量の 16S rRNA 遺伝子を有する。16S rRNA 遺伝子の GC 含量は、原核生物の生育温度を決定する重要な要素である可能性がある。そこで、ゲノム上に塩基配列が異なり、且つ、GC 含量が異なる複数種の 16S rRNA 遺伝子を有する好塩性アーキアをモデル菌株として選定し、最低生育温度から最高生育温度まで様々な温度にて培養した。そして、各 16S rRNA 遺伝子の発現量を測定した。さらに、各リボソーム RNA オペロンを欠損させたミュータント菌株を作製し、様々な温度での増殖速度を測定した。その結果、最高生育温度に近い高温での増殖において、高い GC 含量の 16S rRNA を含むリボソームが重要な役割を担うことを明らかにした。本発表では、16S rRNA 遺伝子の GC 含量に着目して、原核生物の新たな温度適応メカニズムについて考察する。

keyword：16S rRNA 遺伝子、原核生物、温度適応

S3-3

キューバのアノールトカゲにおける異なる温度への適応と温度感受性の関連

○赤司寛志¹、Antonio Cadiz Diaz²、齋藤茂³、富永真琴³、牧野能士¹、河田雅圭¹

¹東北大・生命、²ハバナ大、³岡崎統合バイオ・細胞生理

温度は生物の生存や繁殖を左右する重要な環境要因であり、温度適応は生物の多様性や分布を理解する上で重要な機構である。私たちは、生物の温度に対する適応進化を明らかにするため、キューバに生息するアノールトカゲを用いて研究を進めている。キューバには、同所的に生息しつつも、微環境の温度差を利用することで異なる温度ニッチを獲得しているアノールトカゲが存在する。中でも、アノールトカゲ3種 (*Anolis allogus*, *A. homolechis*, *A. sagrei*) は野外において異なる体温を行動的に維持していることがわかっており、温度適応機構を理解する上で有用なモデル生物である。これまでに、上記3種について、温度刺激に対する応答を網羅的遺伝子発現解析により比較し、異なる温度環境へ遺伝的に適応していることを示唆する結果を得ている。また、生体の熱センサーの一つである TRPA1 に着目し、電気生理学的解析を用いて3種の TRPA1 の機能解析を行ない、活性化温度の種間差を見いだした。本講演では、アノールトカゲ3種の温度感受性を多角的に比較した結果を紹介し、異なる温度に適応する3種の比較から、温度環境に対する適応機構について議論したい。

keyword：アノールトカゲ、温度適応、温度感受性

S3-5

霊長類における鼻腔の形態進化と温度・湿度調節機能の適応

○西村剛

京大・霊長研

鼻腔は、吸った外気の温度や湿度を調整する機能を有している。嗅上皮は全鼻腔壁面の数パーセントしか占めていないが、呼吸上皮はその他すべてを占める。吸気が鼻腔内を流れる過程で、粘膜と空気の間で熱と水が交換され、吸気の温度は体温近くに、(相対)湿度は100%へと調節される。哺乳類の鼻腔形態の変異は、その温度・湿度調節能力に関する機能適応の結果として論じられることが多い。しかし、鼻腔は、アプローチが困難で、気流はもとより温度や湿度の実測が技術的に困難である。ヒトでは、鼻腔のデジタル形態データをもとに、数値流体力学的計算により、形状依存の気流と温度や湿度分布をシミュレーションする研究が進んでいる。チンパンジーやマカクザル等におけるシミュレーションを試みたところ、サル類はヒトよりも機能的に優れており、厳しい条件の外気であっても鼻腔前半部でほぼ調整を終えていた。副鼻腔の寄与はほとんどない。この機能的余裕は、鼻腔形態の変異が、鼻腔周辺の骨構造の形態進化の結果をより強く受けて形成されると示唆する。今後、他の哺乳類における研究の展開は、鼻腔の形態進化の適応的意義を明らかにするのに大きく貢献するだろう。

keyword：数値流体力学、サル類、シミュレーション

S3-6

ヒトデ幼生の正の温度走性と TRPA 一分子・行動・進化・生理にわたる多面的なアプローチによる解析ー

濱中玄¹、齋藤茂^{2,3}、河合正道⁴、古川亮平⁴、五條堀淳⁵、富永真琴^{2,3}、金子洋之⁴、○颯田葉子⁵

¹Neuroprotection Research laboratory, Massachusetts General Hospital/ Harvard Me、²岡崎統合バイオ (生理研)、³総研大・生理科学、⁴慶應大・生物、⁵総研大・生命共生体進化学

温度は、海洋を漂う動物性プランクトンにとって重要な環境情報の一つである。20度から25度の温度勾配のチャンバーの中にイトマキヒトデ (*Patiria pectinifera*) のビピンナリア幼生を放すと、30分程度でおよそ80%の個体が高温領域 (22.7度以上) に移動する。この行動に関与する候補分子として、我々は広く動物界で高温の温度感受に関わるとされる TRPA に着目した。まず、ゲノム配列と RNA-seq の解析から TRPA の2種類の相同遺伝子 TRPA1 と TRPA basal を単離した。さらに、TRPA1 のモルフォリノオリゴを用いたノックダウン実験では正の温度走性の行動が消失すること、この消失は TRPA1 RNA でレスキューできることを示した。また、TRPA1 はヒトデ幼生の運動に関わる繊毛帯で発現しており、電気生理学的な手法で 34.1 ± 0.5 度で陽イオンのチャンネルが開くことがわかった。一方、TRPAbasal は、消化管で強く発現しているものの、温度には無反応であった。最後に、TRPA1 と TRPAbasal の進化学的な位置付けと、ヒトデ幼生 TRPA1 の海洋における機能について進化学の立場から議論する。

keyword: 温度走性、温度感受性受容体、ヒトデ ビピンナリア幼生

S4-2

古代ゲノム学の現状とキャッチアップに向けての試行

○太田博樹¹、覚張隆史²、若林賢¹、ライアン・シュミット³

¹北里大学 医学部 解剖学、²金沢大学 人間社会研究域 附属国際文化資源学研究中心、³ダブリン大学 コンウェイ研究所 考古学部

次世代型シーケンサー (NGS) の一般化にともない、ネアンデルタール人をはじめ古代ゲノム学の発展がめざましい。PCR を基礎とした従来の古代 DNA 分析と異なる点は、核 DNA の大規模で精度の高い情報が得られることで、絶滅した人類 (古代型ヒト族) の系統的議論だけでなく、集団サイズや現生人類 (ホモ・サピエンス) との交雑に関して詳細な解析がなされてきている。こうした絶滅人類の骨や歯など標本そのもののゲノム解析に加え、彼らの糞石 (排泄物の化石) や歯石のメタゲノム解析がこころみられ、食性、生活環境、衛生状態などが明らかになりつつある。本発表では昨今の国外での研究成果をレビューするとともに、私達の研究グループの取り組みについて紹介する。

keyword: 次世代型シーケンサー、古代型ヒト族、ホモ・サピエンス

S4-1

ヒトの表現型を規定するゲノム変異の進化的起源を探る

○今西規

東海大学医学部

ヒトと霊長類の全ゲノム情報を使い、その比較ゲノム解析からヒト固有の形質の進化をもたらしたゲノム変化を特定しようとする研究が行われてきた。また、化石人類であるネアンデルタール人やデニソワ人のゲノム解析がなされ、現生人類との比較解析からヒト集団進化の歴史が大幅に塗り替えられてきた。一方で、多くのゲノムワイド関連解析 (GWAS) が行われ、ヒトの疾患をはじめとする各種表現型と関連するゲノム多型が多数特定されてきた。これらの新知見を総合的に活用することで、人類進化学の大きな展開がこれから期待できる。例えば、ヒトの最も重要な特徴である直立二足歩行や大脳化をもたらしたゲノム変化が解明される日も、そう遠くはないだろう。これらはおそらくヒトに至る系統で固定されたゲノム変化であり、しかも、身長を決めるゲノム多型の場合と同様に、表現型への効果が小さなゲノム変化が非常に多数関与したものと予想される。

本講演では、ヒトを含む霊長類の比較ゲノム解析やさまざまな表現型に関わるヒトゲノム多型についてわれわれの行ってきた研究を紹介しつつ、これからのヒト表現型進化の研究への展望について議論したい。

keyword:

S4-3

霊長類エピゲノム多様性と進化 (インプリンティング制御領域を中心に)

○中林一彦

国立成育医療研究センター研究所・周産期病態研究部

次世代シーケンス技術の普及・コストダウンによりヒト・モデル生物のエピゲノム情報 (DNA メチル化・ヒストン修飾) をゲノムワイドに取得することのハードルが格段に低くなったことが、最近の進化エピゲノミクス研究の活発化の背景にある。エピゲノム解析技術の現状ならびに霊長類を対象とした種間・集団内エピゲノム比較研究におけるトピックを紹介する。

演者はヒトを対象とした網羅的エピゲノム解析から、霊長類進化の過程で新規に獲得されたと考えられるゲノムインプリンティング制御領域 (アレル特異的 DNA メチル化領域) を複数箇所同定している。インプリンティング制御領域におけるエピゲノム多様性・進化に関する知見を紹介し、進化におけるエピゲノム変化の分子機構を考察したい。

keyword: エピゲノム、ゲノムインプリンティング、霊長類

S4-4

ゲノムヒト化動物作製にむけた効率的ゲノム編集技術の開発

○吉見一人^{1,2}

¹阪大・医・ゲノム編集センター、

²阪大・医・動物実験施設

遺伝子やゲノム領域の生体機能を解析するうえで、遺伝子改変動物は欠かすことのできないツールである。特に、モデル動物の遺伝子をヒト由来配列やヒト特異的変異に置き換えたゲノムヒト化動物は、ヒト体内での反応やヒト疾患等をより正確に評価するために有用であると考えられる。近年、ゲノム編集技術を利用することで、従来に比べて簡単かつ迅速に遺伝子改変モデル動物を作製できるようになった。実際に我々は、マウス・ラットを対象にCRISPR/Cas9を用いた効率的な遺伝子改変法を開発し、様々な遺伝子改変パターンを有するマウス・ラットを作製してきた。こうした方法を利用することで、これまで大規模なゲノム・エピゲノム情報の比較解析などにより多数同定されてきたヒト進化に関連するゲノム領域について、生体を用いて実証することがシームレスに実施できるようになりつつある。そこで本シンポジウムでは、これまで開発してきた効率的ノックイン動物の作製法とゲノムヒト化動物への応用例について紹介したい。

keyword: ゲノム編集、ゲノムヒト化、動物モデル

S4-5

幹細胞から見た脳の発生進化

○津山淳

東京都医学総合研究所 生体分子先端研究分野

大脳新皮質は高次脳機能を司っており、その拡大はヒト特有の高い認知能力や言語能力の基盤となっている。その飛躍的な拡大には、発生過程において神経幹細胞から産生されるニューロンの数が増大されなければならない。ヒトではマウスとは異なりbasal radial glia (bRG) と呼ばれる神経幹細胞の亜種が多数存在していることが近年報告され、これらの差異が大脳皮質の拡大に重要であると考えられている。このような発生期の神経幹細胞の種間差に着目した脳進化研究が成果を挙げはじめている。しかしながら、進化を理解するためには、ゲノム配列の種間差から表現型の種間差を説明できることが重要であるにも関わらず、大脳皮質の拡大に貢献したと思われるゲノム配列の差異はほとんど分かっていない。本シンポジウムでは神経幹細胞の進化研究の現状と、我々が取り組んでいるオープンクロマチン領域を用いた種間比較によりゲノムの進化領域を同定する試みについて紹介する。

keyword: 神経幹細胞、エピゲノム解析

S5-1

RNAワールドを取り巻く未解決課題

○赤沼哲史

早大・人科

地球上の生物では、遺伝情報を持つ核酸がタンパク質のアミノ酸配列を指定し、機能を司る分子であるタンパク質が核酸の複製に関わる。したがって、生命の起源の解明に向けては、「鶏と卵」の関係にある「核酸が先か、タンパク質が先か？」の解決が長年の課題であった。しかし、遺伝情報を持つだけでなく機能分子としても働く、RNA触媒であるリボザイムの発見に始まり、非生物的反リボヌクレオチド合成と非生物的反リボヌクレオチド重合、リボザイムによるRNA複製、自身の鏡像異性体の合成を触媒するリボザイムに関する報告から、タンパク質誕生に先んじたRNAワールド仮説が支持を得てきた。しかし、RNAワールドを仮定しても、RNAワールドが成立する以前の核酸合成や、RNAワールドからRNA-タンパク質ワールドへの移行については多くの疑問が残っている。本シンポジウムでは、RNAワールドを取り巻く未解決課題のうち、核酸合成の化学進化と翻訳系の起源に焦点を当て、講演者の最新の研究成果をもとに討論をおこなう。

keyword: RNAワールド、化学進化、翻訳系

S5-2

粘土鉱物存在下でのアデニンとリボースからのアデノシンの合成

○橋爪秀夫¹、Benny K.G. Theng²、Sjerry van der Gaast³、藤井和子¹

¹物・材機構・カーボンG、²Landcare Research、

³Royal Netherlands Institute for Sea Research

生命の起原研究において遺伝情報をもつ核酸や機能をもつタンパク質の無生物的合成は重要な研究の一つである。核酸は核酸塩基とリボースまたはデオキシリボースが結合((デオキシ)ヌクレオシド)し、さらにリン酸が反応してヌクレオチドを合成する。ヌクレオチドが高分子化し、RNAまたはDNA様物質になる。核酸の無生物合成は複雑である。そのため、最近では各成分からの合成ではなく、シアン化合物やアルデヒド化合物、リン酸塩からヌクレオチドが合成されたという説が有力になっている。我々は各成分からのヌクレオチド合成を目的とし、まずヌクレオシド合成を粘土鉱物が共存した条件で、室温から50℃の低い温度で試料の蒸発と乾燥を繰り返すことにより合成を試みた。核酸塩基はアデニンを、DまたはL-リボースとの反応を行った。分析は主にLC-MSを用いて行った。結果としては蒸発と乾燥を20回程度繰り返すことにより粘土鉱物が存在する、しないに関わらずアデノシンは合成された。しかしながら粘土鉱物特にカオリナイトが存在した場合に、アデノシンの合成は促進することがわかった。

keyword: アデノシン合成、生命の起原、粘土鉱物

S5-3

初期地球におけるRNA構成分子の生成と供給

○古川善博

東北大学理学研究科地学専攻

核酸の材料となる核酸塩基や糖は進化を担う根本的な物質であり、生命誕生前の地球に、このような分子がどのように生成したのかは、進化可能な生命誕生の第一段階とも考えられる。本講演では、初期地球における核酸塩基と糖の供給過程についてこれまでに知られているものと、講演者のグループで新たに提案している過程について紹介をする。初期地球におけるリボースの起源は、アルデヒドの縮合反応であるホルモース反応が知られている。しかし、この反応ではリボースの収率が低いために、ホウ酸やケイ酸などの安定化物質の重要性が提案されている。特に、ホウ酸はリボースの安定性を選択的に向上させることが明らかになってきた。また、核酸塩基の起源に関しては隕石などによって地球外から運び込まれる宇宙起源の核酸塩基を、隕石衝突の際に地球上で生成される核酸塩基の両方が提案されている。このようにして地球上に蓄積した材料物質から、核酸が生成するためにはそれらが適切に重合する必要がある。この過程に関するこれまでの研究も紹介する。

keyword：隕石、ホルモース反応、リボース

S5-5

アミノアシルtRNA合成酵素の分子系統解析に基づく初期翻訳系の進化

○古川龍太郎、横堀伸一、山岸明彦

東薬大・生命科学

アミノアシルtRNA合成酵素(ARS)は、翻訳において種々のアミノ酸を対応したtRNAに結合させる酵素である。現存する生物は、20種類程度のARSを持ち、それらが正確なアミノアシルtRNAの合成を触媒している。このことから全生物共通祖先の時点では20種類程度のアミノ酸をタンパク質合成に使用していたと推定される。全生物共通祖先以前の初期生命は、より少ない種類のアミノ酸をタンパク質合成に使用していたと推定されているが、どのような過程を経て20種のアミノ酸を使用するに至ったのかは不明である。

そこで我々は、ARSの多様化がアミノ酸種の増加に関与していると考え、ARSの進化経路を明らかにすることにした。ARSのアミノ酸配列は相同性があり、2つのクラスに分類され、それぞれの共通祖先まで遡ることができると考えられる。また、ARSの進化系統樹から祖先ARSを復元し、そのアミノ酸特異性を調べることで、どのような順番でアミノ酸がタンパク質合成に使用されてきたのかを遡ることができると考えられる。本公演では、分子系統解析でわかってきたARSの進化経路と、系統樹に基づいて復元された祖先ARSについて報告する。

keyword：分子系統解析、アミノアシルtRNA合成酵素、初期翻訳系

S5-4

リボソームの試験管内再構成系から考える生命進化

○網藏和晃

東大・新領域

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。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、30Sサブユニットをrecombinantなりボソームタンパク質と16S rRNAとリボソーム生合成因子を用いて、生理的条件下で、in vitro再構成することに成功したことを報告する。また、本研究室で進めている新しい実験結果も交えて、我々が開発したリボソームのin vitro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。

keyword：リボソーム、合成生物学、無細胞翻訳系

S5-6

RNAワールドを取り巻く課題のまとめ

○山岸明彦

東薬大・生命

分子生物学および生化学の知識から、セントラルドグマをもつ生命誕生の前にRNAワールドがあったことはかなり確からしい。しかし、RNAワールドに至る過程にはまだ不明の点が多くある。また、RNAワールドが誕生後、どのように翻訳系が誕生したのかは新たな「タマゴとニワトリのパラドックス」として残っている。今回のシンポジウムの講演を踏まえて、今後の研究課題をまとめる。

keyword：初期進化、RNAワールド、全生物共通祖先

S6-1

非モデル昆虫のエボデボ研究

○新美輝幸^{1,2}

¹基生研・進化発生、²総研大・生命科学

最も多様性に富む生物群である昆虫は、モデル生物では見られない興味深い生物現象の宝庫である。これまでゲノム情報のない非モデル生物からの遺伝子クローニングは手間のかかる作業であったが、次世代シーケンサーの登場により膨大な遺伝子情報を得ることが極めて容易になった。一方、in vivoにおける遺伝子の機能解析系はますます重要になってきている。これまでRNAi法は非モデル昆虫における主要な遺伝子機能解析法であったが、ゲノム編集技術の進展により多岐にわたる機能解析法が可能になってきた。

keyword：非モデル昆虫、エボデボ

S6-3

寄生蜂はいかにして寄主を乗っ取るのか？

島田・丹羽裕子¹、竹股ひとみ²、片山南美²、
福田瑠利子³、谷口友梨³、○丹羽隆介⁴

¹筑波大・TARAセ、²筑波大・院生命環境、
³筑波大・生物学類、⁴筑波大・生命環境系

地球上には、ある種の個体を寄主としてその体内に侵入し、寄主から得られる栄養を資源として成長する捕食寄生者が存在する。特に昆虫では、捕食寄生者として多種多様な寄生蜂が進化しており、その種数は全動物種の10%以上を占めるとの試算もある。この寄生蜂の生活戦略の共通性と多様性を理解するためには、寄生蜂がどのようにして寄主を乗っ取るのか、またその際にどのような遺伝子の働きが関与するのかを解明することが重要である。しかし、寄生蜂には特異な寄主に依存した特徴的な生活史を有するものが多く、分子生物学や遺伝学の適用が可能なモデル研究系が確立されているとはいえない。

そのような中で我々は、分子遺伝学的研究技術の発達したモデル昆虫であるキイロショウジョウバエ *Drosophila melanogaster* の利便性を生かして、ショウジョウバエを寄主とする寄生蜂 *Asobara japonica* の生活戦略を分子・細胞レベルで理解することを目指している。本講演では、寄生蜂の感染依存的に誘導されるショウジョウバエ組織の再編成過程に注目した研究成果を紹介する。

keyword：寄生蜂、ショウジョウバエ

S6-2

タツノオトシゴの育児嚢の形成と 雄性ホルモンによる誘導

○川口真理

上智大・理工

タツノオトシゴのオスはメスから受け取った卵を育児嚢内で保護し、その後出産する。オスの成長過程で育児嚢がどのように形成されるのかを観察した。出生後約1ヶ月ごろの個体で、腹側の両側の真皮が隆起して育児嚢の原基が形成された。その後さらに真皮層が正中線に向かって隆起していき、開口部を残して袋状の育児嚢が形成された。組織切片を観察すると、形成初期の育児嚢は1層の真皮層のみから構成されているが、出生後3ヶ月ごろに真皮層は2層に分かれ、胎盤様構造と呼ばれる組織が育児嚢の背側から形成され始めた。胎盤様構造はその後、内腔全体を覆うようになり、厚みが増していった。卵を保育中の出生後7～8ヶ月ごろの個体では、胎盤様構造が卵を1つずつ包みこんでいた。胎盤様構造には毛細血管が多数観察され、これは保育中の育児嚢の環境を一定に保つ役割を担っていると考えられる。次に、飼育水に32 nM 17 α -メチルテストステロンを加えて出生後1ヶ月ごろのメスを飼育したところ、処理後約9日で腹側部の真皮層が隆起し始め、処理後17日で袋状の育児嚢様構造が形成された。このことから育児嚢の形成は雄性ホルモンによって誘導されることが示唆された。

keyword：育児嚢、タツノオトシゴ、メチルテストステロン

S6-4

四肢動物における後肢の位置の多様性を生み出す 発生メカニズム

○鈴木孝幸¹、松原由幸¹、平沢達矢²、江川史朗³、
服部亜由美⁴、菅沼貴也¹、小原裕平¹、永井達也¹、
田村宏治³、倉谷滋²、黒岩厚¹

¹名大、理、²理研、³東北大、理、⁴東北大、加齢研

脊椎動物の体幹に位置する脊柱は、形態的に頭側から頸椎-胸腰椎-仙椎-尾椎に分けられます。私たちヒトを含む四肢動物の後肢はこの中の仙椎に骨盤を介して接続しており、この位置関係は進化の過程で保存されています。この位置関係の保存性から、私たちは体の前後軸に沿って仙椎の位置に必ず後肢を発生させる共通の発生メカニズムがあるのではないかと考えました。ニワトリ胚を用いた発生学的な解析により、TGF- β スーパーファミリーの分泌因子であるGDF11が、将来の仙椎を形成する場所に発現し、隣接する後肢の前駆組織である側板中胚葉にも同時に作用することで、仙椎と後肢が同調して同じ位置に発生することが分かりました。さらに、後肢の位置の異なる四肢動物種8種(カエル、スッポン、ヤモリ、マウス、ニワトリ、ウズラ、エミュー、シマヘビ)におけるGDF11の作用メカニズムを調べた結果、後肢の位置が頭から遠い種(エミューやシマヘビなど)ほど、*Gdf11*の発現開始タイミングが遅いことが分かりました。この結果は、四肢動物の進化過程において*Gdf11*のヘテロクロニーが、ヘテロトピックな後肢の位置の多様性を生み出したことを示唆しています(Nature Eco&Evol, in press)。

keyword：ヘテロクロニー、Hox 遺伝子、骨格パターン

S6-5

昆虫の脱皮を介した成長と形態形成を可能にする「皺構造」形成

○後藤寛貴¹、松田佳祐²、足立晴彦³、近藤滋³¹名大・院生命農、²阪大・医、³阪大・院生命機能

昆虫に代表される節足動物は脱皮を介して成長する。脱皮に先立ち古い外皮の下に新しい外皮が「折り畳まれた」状態で形成され、この皺が脱皮の際に展開されることで、脱皮前より成長することが可能になっている

特に幼虫から蛹への脱皮の際には、一回の脱皮で大きく異なる姿へと変化するため、この時新しく作られる構造では非常に複雑な折り畳み（皺構造）が見られる。このような新しい外皮の皺構造は、「展開して始めて最終形態となるように」「古い外皮の内側という狭い空間で」「二次元の細胞シートから」作られているが、このような複雑な形態形成を可能にしている発生原理はわかっていない。

本発表では、カブトムシの角原基をモデルとして解明に取り組んでいる、「二次元細胞シートの折り畳み&展開」による三次元形態形成機構についての話題を提供する。

keyword：形態形成、脱皮、カブトムシ

S7-1

分岐学的最節約法の系統推定法としての位置づけと今後の可能性

○三中信宏

農研機構・農業環境変動研究センター

分子系統学における最節約法は、第二次世界大戦に昆虫学者ヴィリ・ヘニックによって理論体系がつくられた系統体系学がルーツです。1960年代後半からの体系学論争のなかで、ヘニックの系統体系学は分岐学派（cladistics）として進化分類学派および数量表形学派との対立しました。その過程で、系統推定法としての最節約法が登場し、ヘニックの主張する共有派生形質に基づく最節約的な系統樹（分岐図）を構築するアルゴリズムがつけられました。離散構造としてのグラフ最適化の観点からみたとき、最節約法は広い適用分野をもつ汎用性のきわめて高い手法とみなせます。発展分岐学（transformed cladistics）を数理系統学の理論と考えるなら、形状状態変化の確率モデルを仮定する分子系統学の最尤法（ベイズ法も？）は最節約法の自然な延長線上にあると私は考えます。系統推定論の科学史的研究がそろそろ必要なのかもしれません。

keyword：系統学、体系学、系統推定論

S7-2

シーラカンスの系統位置

○竹崎直子¹、西原秀典²¹香川大学総合生命科学研究センター、²東京工業大学大学院生命理工学研究科

シーラカンスは肺魚と共に総鰭類に属し、他の硬骨魚のグループである条鰭類よりも四足動物に近縁である。シーラカンス、肺魚、四足動物の系統関係はミトコンドリア、核の遺伝子を用いた分子系統学的研究では明らかでなかったが、シーラカンスのゲノム配列を用いた最近の2つの研究ではシーラカンスよりも肺魚が四足動物に近縁であることが高い統計学的支持により示された。私達はこれら2つの研究で用いたデータ及び、独自に収集したデータの解析を行ったところ、アウトグループとして、軟骨魚と条鰭類または軟骨魚を用いた場合には、肺魚と四足動物の姉妹関係が強く支持されるが、条鰭類を用いた場合は、シーラカンスと四足動物の姉妹関係が支持される傾向があった。条鰭類は系統学的には軟骨魚よりもシーラカンス、肺魚、四足動物に近縁であるが、私達の解析では進化速度が軟骨魚よりも速いため、アウトグループとして適当でないことが示唆された。このことは、これまでの解析で用いたデータ中の条鰭類は進化速度が速い真骨魚類であったが、進化速度の遅い条鰭類 gar, bowfin をアウトグループとして用いると肺魚と四足動物の姉妹関係が強く支持され、確証を得ることができた。

keyword：分子系統、シーラカンス、肺魚

S7-3

RelTime：進化速度の変化を考慮した分岐年代測定法—その理論的基盤と進化年代測定の実際—

○田村浩一郎^{1,2}、Qiqing Tao³、Sudhir Kumar^{2,3}¹首都大・院理工、²首都大・生命情報研究センター、³Institute for Genomics and Evolutionary Medicine, Temple University

分子系統樹において各分岐点について分岐時間を推定するためには、一般に進化速度の一定性（分子時計）または分布を仮定する必要がある。ベイズ法では、進化速度のバリエーションを考慮するため、事前分布として対数正規分布のような確率分布が用いられる。一方、我々は、そのような仮定を必要としない新たな方法、RelTimeを開発した（Tamura et al. 2012）。コンピューター・シミュレーションおよび実際の配列データ解析を用いて比較した結果、RelTimeは計算時間がはるかに長くかかるベイズ法と比較して同等以上の精度があることが分かった。そこで最近、RelTimeの理論的基盤を研究した結果、系統樹上の各分岐点の分岐時間を説明するために必要な進化過程における進化速度の変化を最小にすることによって、進化速度の一定性や分布を仮定することなく分岐時間の推定ができることを突き止めた。本講演では、RelTimeの理論的基盤を紹介するとともに、実際のデータ解析における推定精度やメリットについて、特にベイズ法との比較を通して紹介する。

keyword：分岐時間推定、分子系統解析

S7-4

系統樹の拡張としての系統ネットワーク

○北野 誉

茨城大・工・生体

系統樹は、無根系統樹と有根系統樹のどちらであっても、枝分かれした図として示される。一方、系統ネットワークは、枝分かれ構造だけではなく、ループ（回路）構造も含むことができる図として示される。解析に用いるデータに、ある情報を持つサイトと矛盾するような別のパターンの情報を持つサイトが含まれている場合、系統樹はどちらかの情報のみを利用して作成されるが、系統ネットワークは両方の情報を用いて1つの図として表すことができる。逆に、もし、互いに矛盾するサイトが解析データに含まれていなければ、系統ネットワークは系統樹として示されることになる。そのため、系統ネットワークは、異なるパターンの情報を持つサイトを含むデータの解析に有効である。相同組換えや遺伝子変換といった現象は、そのようなデータをしばしば生じさせる。本発表では、霊長類のABO式血液型遺伝子などを例に用いて、系統ネットワークの利用方法について紹介する。

keyword：系統樹、系統ネットワーク、組換え

S8-1

染色体末端ヘテロクロマチン塊の進化的意義

○平井啓久

京都大・霊長研

アフリカ大型類人猿 (AFGA) (チンパンジー、ボノボ、ゴリラ) は大量の染色体末端構成ヘテロクロマチン (TCH) をもつことが1980年代から知られている。しかしヒトにはそれがまったく存在しない。我々はTCHの形成機序ならびにその意義について解析してきた。チンパンジーのTCHはいくつかの転移反復配列から構成されていることが明らかになり、RCRO (retrotransposable compound repeat DNA organization) と命名した (Hirai et al. 2005)。RCROはサブターミナルサテライト (StSat) を主要構成要素としたTCH塊 (SSH) であり、その進化はヒトとAFGAの共通祖先から出現し、ヒト化の途上で消失したことが推測されている (Koga et al. 2011)。一方、Traskらの先行研究において、ヒトのサブテロメアは染色体間の組換えや分節重複の起こりやすい領域であることが明らかになっている (Linardopoulou et al. 2005)。しかし、チンパンジーにはこれが見られない。最近、我々は43個体のチンパンジーの染色体を比較解析したところ、SSHの局在性に変異があり、その変異機構と減数分裂の染色体行動からヒトとチンパンジーのサブテロメア領域に大きな進化的相違が存在することを推測した (Hirai et al. 投稿中)。これらの内容を報告し反復配列の進化について議論したい。

keyword：ヒト上科、サブテロメアの進化、サブターミナルサテライト

S7-5

距離行列法も捨てたもんじゃない

○斎藤成也

国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門

系統樹作成法は多数存在するが、データ型からは距離行列法と形質状態法に、樹形探索型からは段階的樹形探索法と完全二分岐樹探索法に分類できる。距離行列法は進化距離を、形質状態法は多重整列された塩基配列やアミノ酸配列を用いるが、進化距離はN配列に対してN (N-1) /2個の距離を計算する必要があるため、配列数Nが大きくなると、距離の計算だけで時間がかかるという問題点がある。形質状態法は配列の長さが長くなるとそれだけ計算が長くなる問題点がある。距離行列法の多くは段階的樹形探索法であり、計算時間は短い。形質状態法の多くは完全二分岐樹探索であり、Nが増加すると計算時間は爆発的に増加する。多くの生物種・個体のゲノムが急速に決定されている現在、これらの大規模配列から正しい系統樹を短時間のうちに決定することが求められている。完全二分岐樹探索をする形質状態法である最尤法やベイズ法が最近ではひろく用いられているが、データの巨大化にともない、段階的樹形探索をおこなう距離行列法に比べると計算時間はかなり長くなる。そこで、計算時間を抑えつつ正しい系統樹を得る確率が高いことが期待される、あたらしい距離行列法のアルゴリズムを紹介する。

keyword：近隣結合法

S8-2

Molecular Evolution and Transcriptional Regulation of ERV elements

Hee-Eun Lee^{1,2}, Ara Jo^{1,2} and ○Heui-Soo Kim^{1,2}

¹College of Natural Sciences, Pusan National University, Korea, ²Genetic Engineering Institute, Pusan National University, Korea

Endogenous retroviruses (ERVs) mediate structural variation and genomic instability based on their multiple copy number, inherent ability to mobilize via reverse transcriptase, and high sequence similarity. Moreover, they undergo multiple amplification and retrotransposition events, resulting in the widespread distribution of complete or partial retroviral sequences throughout the whole chromosomes. As such, ERV elements have played important biological roles in genome evolution, and their long terminal repeat (LTR) elements contain numerous regulatory sequences, including effective promoters, enhancers, polyadenylation signals, and transcription factor binding sites. ERV elements are capable of influencing the expression of neighboring genes, a process that also contributed to genomic evolution and biodiversity.

keyword：endogenous retrovirus, retrotransposition, biodiversity

S8-3

夜猿が昼行性から夜行性に戻ったことの分子レベルでの証拠

○古賀章彦

京都大・霊長類研究所

夜行性の哺乳類の多く（猫、鼠、鹿など）で、視細胞のうちの桿体細胞に、夜間視力を増強する仕組みが備わっている。ドイツのグループが10年ほど前に発見したもので、核の中央部に反復配列DNAが集まり、これが光を集めるレンズとしてはたらく。

霊長類のうち、ヒト、ゴリラ、アカゲザル、マーモセットなどを含む真猿類は、例外が1つあるだけですべて昼行性である。初期の哺乳類は夜行性であったと考えられるので、真猿類の共通祖先のどこかで昼行性に移行したことになる。例外は夜猿（ヨザル、*Aotus*属）であり、夜行性に戻ったとされている。戻ったこと（対立仮説としては、ずっと夜行性のまま）の分子レベルでの証明は、なされていない。夜猿の桿体細胞には、不完全ではあるが反復配列DNAのレンズがある。この反復配列の構成を調べた。主成分はOwlRepとよばれる反復配列であった。OwlRepは夜猿以外にはみられない。すなわち夜猿が他の猿と分岐した後に、夜猿の系統で生じたものである。したがって、夜猿の桿体細胞のレンズは、夜猿が新規に獲得したものである。これは、夜猿が夜行性に戻ったことの分子レベルの証拠とみなすことができる。

keyword：視細胞、夜行性、反復配列

S8-5

哺乳類のレトロトランスポゾンに由来する遺伝子の機能

○石野史敏¹、入江将仁^{1,2}、古賀章彦³、金児一石野知子²¹東京医歯大・難治研、²東海大学・健康科学部、³京大・霊長類研

ヒトを含む哺乳類のゲノムにはLTRレトロトランスポゾン由来の内在性遺伝子（獲得遺伝子）が30以上知られている。ノックアウトマウスを用いた体系的機能解析から、これらの多くが胎盤形成や脳機能に関係していることが明らかになっている。その中の一つ *Sirb11/Zcchc16* はCCHC RNA結合ドメインをもつタンパク質をコードし、大脳内でノルアドレナリン量の制御に関係し、注意・衝動性・新奇性など認識に関わる機能を果たしている。比較ゲノム解析の結果、1) *SIRB11/ZCCHC16* は真獣類の共通祖先で獲得された後、南米に生息する異類類（アルマジロやナマケモノ）では偽遺伝子化、2) 他の系統でも遺伝子構造に大きな変化が見られ、霊長類では、ヒト上科に属するテナガザルでCCHCドメインの欠失や遺伝子欠失、南米の新世界ザル（広鼻猿類）でN末側半分の欠失が明らかとなった。タンパク質の同義／非同義置換の率からは、系統内で大きな構造変化に続き、種特異的な機能的変化が示唆された。脳機能に関係する獲得遺伝子は、真獣類の共通祖先で獲得された以降、種のおかれた環境により機能変化をし、系統や種の分岐に関与した可能性がある。

keyword：LTRレトロトランスポゾン、獲得遺伝子、脳機能

S8-4

夜猿の視細胞の核内構造形成に関与したメガサテライトDNAの進化的起源

○西原秀典

¹東工大・院生命理工

ヨザル（*Aotus*属）は新世界ザルで唯一、夜行性へ進化した霊長類である。最近、ヨザルの桿体細胞の核内でOwlRepメガサテライトDNAが集積していることが明らかにされ、光透過の際にこの反復配列に富むヘテロクロマチンがレンズの役割を果たす可能性が示された。そこで本研究ではOwlRep配列の進化的起源を明らかにするため、霊長類15種のゲノム情報に基づいた解析をおこなった。その結果、OwlRepはHSAT6と呼ばれる反復配列と高い配列相同性および配列構造の類似性を示すことが分かった。HSAT6はヒトで報告されたサテライトDNAであったが、その起源は霊長類の共通祖先まで遡り、新世界ザルと旧世界ザルが分岐するまでは1 locusのみ存在したこと、また新世界ザルの系統ではHSAT6とその周辺配列を含む領域が複数回の重複を起こしたことを明らかにした。そのうちいずれかのHSAT6配列が元となりタンデムリピートとして増幅を繰り返した結果、現在のOwlRepメガサテライトDNAが形成されたと考えられる。この結果は、ヨザルゲノムにおけるOwlRepの爆発的増幅がどのような過程で起こり、それがどのように視細胞の核内構造の進化に繋がったのかを分子レベルで知るための大きな手掛かりとなる。

keyword：反復配列

S9-1

原始生命システムにいかにして多様性が生まれうるのか？
人工RNA自己複製系を使って解明する○市橋伯一^{1,2}¹阪大・情報、²阪大・生命機能

多様性は進化の原動力である。進化が持続するためには常に集団内の多様性を保つ必要がある。おそらく単純な分子の集合体であった原始生命システムは、如何にして多様性を生み出し、保ち、現在見られるような生物へと進化し得たのだろうか？ 私たちは人工RNA自己複製システムを原始生命のモデルとして用いて、この質問に答えることを試みた。まず進化している集団中のRNAの遺伝的、および表現型（適応度）の多様性ダイナミクスを調べた。その結果、どちらの多様性も進化中に変動しながらもある程度の値を保っていることを見出した。これらの多様性が維持されるしくみは、集団内に同程度に適応的な変異が複数存在するためということも見出した。しかし、進化中の多様性は一時的なものであり、最終的には失われてほぼ遺伝的に均一のRNA集団に収束し進化は停止した。私たちはさらに、寄生体の存在が多様性を生み出し持続的な進化を可能にすることを明らかにした。以上の知見は、原始生命のような単純なシステムであっても、1. 同程度に適応的な多数の変異の存在、および2. 寄生体の存在により、多様性が維持され持続的な進化が達成されうることを示す知見である。

keyword：実験進化、寄生体、多様性

S9-2

ドロップ・マイクロフルイディクスによるRNA実験進化：区画化による多様性の創発

○松村茂祥

富山大・院理工

核酸のような、自己複製の可能な高分子（レプリケーター）の成立は、生命の起源においてきわめて重要な過程であったであろう。「RNAワールド仮説」によれば、その中からさまざまなリボザイム（触媒RNA）が出現し、生命の誕生につながったとされている。しかし、より速く複製する寄生体分子がリボザイムを駆逐してしまうため、レプリケーターからどのように新しい機能が創発しえたのかは、長らく議論されてきた。その結果、レプリケーターは自己複製するプロト細胞のなかに区画化される必要があったと考えられている。しかし、プロト細胞が適切に複製されるためには、高度に進化したレプリケーターが内部に必要であるという矛盾が生じる。われわれは、マイクロ流体システムを用いて微小液滴内でRNAの実験進化を行い、レプリケーターが安定な原始細胞に封入されなくとも、一時的にさえ区画化され淘汰をうければそこから新しい機能が進化しうること示した。さまざまな自然現象がもたらす原始的な区画化により、複数のRNAの複製速度が同調し、そのことによりRNAの多様性が増大することが、生命の初期進化の源泉になったのではないかと考えられる。

keyword：RNAワールド、区画化、マイクロ流体システム

S9-4

化学的人工細胞モデルで探る生命起源

○栗原顕輔^{1,2}、松尾宗征³

¹岡崎統合バイオ・生命動秩序形成、²分子研・生命錯体、³東大院・総合文化

我々は生命に必要な要素を探索するために、機能性分子を化学合成し、“やや進化した”人工細胞の構築を目標としている。これまでは人工細胞の境界として、ベシクルと呼ばれる両親媒性分子の集合体を用いていたが、ベシクルには複雑な分子ほど取り込みにくいという課題があった。そこで本研究では、単純な疎水性分子であるオクチルアニリンで油滴を生成し、反応系を取り込み、ベシクルへと変換することを着想した。

オクチルアニリン油滴に、イミダゾリウム塩酸塩をもつ水溶性のアルデヒドを添加して、アニリンとアルデヒドが反応しイミン結合を形成すると、さらにオクチルアニリンを取り込みながら水中に分散して大量の自己再生産する油滴を形成した。さらにコリン基をもつ別のアルデヒドを持つ膜分子前駆体を添加すると、油滴内部のオクチルアニリンと反応し新しい両親媒性分子が合成され、油滴から薄膜のベシクルが大量に形成した。

シンポジウムでは内部にペプチド合成システムを取り込んだ、膜タンパク質の起源として紹介したい。

keyword：人工細胞、ベシクル

S9-3

Antibiotic cyclingによる抗生物質耐性菌の抑制と数理モデル予測による耐性制御

○津田宗一郎¹、吉田真理¹、Sabrina Galinanes Reyes¹、堀之内貴明²、古澤力^{2,3}、Leroy Cronin¹

¹School of Chemistry, University of Glasgow, UK、

²理化学研究所 生命システム研究センター、

³東京大学 理学系研究科 物理学専攻

現在世界的な医療問題となっている薬剤耐性菌の出現に対し、複数の既存の薬剤を同時または交互に投与する手法がこれまで試みられてきたが、その進化的な挙動は未だ多くの部分が未知である。そこで、morbidityとと呼ばれる連続的な細胞培養システムを用い、複数の抗生物質を交互に投与するAntibiotic Cycling環境下での進化ダイナミクスを調べた。その結果、特定の抗生物質の組合せにおいて投与された薬剤のうち一方に対する耐性の発生を完全に抑制する現象を見出した。このデータに基づき、我々はこのシステムにおける多剤耐性進化が単純な数理モデルで記述できることを示す。さらにモデル予測に基づき、抗生物質選択ストレスを調節することにより、確立された薬剤耐性を逆転することが可能であることを示す。我々の結果は、抗生物質耐性の進化が薬剤の連続的な切り替えによって制御され得る可能性を示唆するものであると考える。

keyword：薬剤耐性進化、数理モデル

S9-5

試験管内RNAワールドからペプチドの多様な機能を探る

○根本直人^{1,2}、熊地重文^{1,2}

¹埼玉大・院理工、²(株) Epsilon Molecular Engineering

私たちはペプチドやタンパク質の試験管内進化を主に行っている。人工的な試験管という環境の中ではむしろ特定の機能を進化させることが多く工学的な側面が強い研究である。しかしながら、ここにRNAという性質の異なる生体高分子を試験管内に共存させるとどのようなことが生じるであろうか。もともと生命の起源に興味があった演者は、特にRNAワールドからRNPワールドに移行する駆動力に長年興味をもってきた。「なぜ素晴らしいRNAワールドからアミノ酸を利用したRNPワールドに移行したのか?」、「なぜ細胞にはRNAのみからできたRNA細胞がないのか?」。そこで、RNAワールドと共存していたであろうペプチドはどのようにRNAと相互作用し、どのような進化をするかを実験的に確かめたいと思い、種類の異なるRNAに対しランダムなペプチドライブラリと共存させた。はたして、RNAとポリペプチドはどのような関係が作れるのであろうか、それによりRNAはどのような多様性を獲得できるのであろうか? 私たちの今までの実験から議論したい。

keyword：リボザイム、RNA-ペプチド相互作用、試験管内進化

S9-6

自律的に増殖するミニマルセルの構築

○車兪澈、江藤澄江、藤見麻衣

東工大・地球生命研究所

生命の起源・進化におけるきわめて初期段階の原始細胞は、現代のモダン細胞と比べてよりシンプルで複雑性の低いものであったと推察される。しかしそれでもなお、自己保存性や自己増殖性という生命の基本的な特徴は早い段階から保持されていなければならない。何が最も基本的な細胞機能であり、どのような代謝系が確保されていれば生命現象が成立するのかを知ることは、生命の基本的なシステムを理解することにつながるため重要である。我々はこのような背景のもと、最小限の因子や遺伝子を用いて生きた細胞を再構築する試みをおこなっている。特に細胞の持つ顕著な特徴の一つである自己複製について膜の視点から考え、自律的に成長と分裂を行う人工膜系を、脂質合成代謝系を再構築することに取り組んでいる。膜の中で脂質が合成されることでどのようなダイナミズムが発生し、膜分裂という大きなイベントまでたどり着くのかを、物理的・物理化学的に考察することで、原始細胞における分裂様式の仕組みについて考えたい。

keyword：ミニマルセル、プロトセル、生命の起源

S10-2

新規な求愛行動形質の獲得を実現する
神経メカニズムの探求
～ショウジョウバエを用いた取り組み～○田中良弥、樋口智大、古波津創、佐藤耕世、山元大輔
東北大・院生命科学

モデル種であるキイロショウジョウバエではfruitless (fru) と呼ばれる遺伝子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、ショウジョウバエ属は種によって異なる求愛行動を示すが、求愛行動の種間差を生み出す神経メカニズムについてはほとんど理解が進んでいない。キイロショウジョウバエと同属である *Drosophila subobscura* (*D. subobscura*) のオスは交尾に至るまでの過程で消化管の内容物を吐き戻し、メスに婚礼ギフトとして与える。このような行動は同属他種の求愛行動では見られないことから、*D. subobscura* において新規に獲得された行動要素であると考えられる。本発表では、ゲノム編集技術を用いて *D. subobscura* にキイロショウジョウバエで利用されている遺伝学ツールを導入することで fru 発現神経回路を操作する取り組みについて紹介し、新規な行動要素の獲得に関わる神経メカニズムについて議論したい。

keyword：求愛行動の進化、ショウジョウバエ

S10-1

ショウジョウバエのフェロモン選好性の進化を
もたらす神経基盤○石川由希¹、前田直希¹、野村岳民¹、上川内あづさ¹、
山元大輔²¹名古屋大学・院理、²東北大学・院生命

7,11-heptacosadiene (7,11-HD) はキイロショウジョウバエ (キイロ) 雌のもつフェロモンであり、同種雄による求愛を促進する。一方、オナジショウジョウバエ (オナジ) は 7,11-HD を持たず、7,11-HD はオナジの雄による求愛を抑制する。この2種が 7,11-HD に対して相反的な選好性を持つに至った神経基盤の進化を解明するために、私たちはオナジと似た 7,11-HD 選好性を示す両種の種間雑種を用いた。まず、7,11-HD を検知して求愛を抑制する経路 (7,11-HD 求愛抑制経路) を探索し、Gr39a (a) 受容体を発現する感覚ニューロンの関与を見出した。さらに、7,11-HD を検知して求愛を促進する神経経路 (7,11-HD 求愛促進経路) を解析し、7,11-HD を受容する ppk25 ニューロンの機能がキイロと雑種で異なることを明らかにした。さらに ppk25 ニューロンと下流との接続が雑種で失われている可能性が示唆された。このことから、7,11-HD 選好性の進化には、7,11-HD 求愛抑制経路の獲得と、7,11-HD 求愛促進経路の不活化という2つの神経機構が寄与したと考えられる。

keyword：フェロモン、配偶者選好性、行動進化

S10-3

ガ類のフェロモン選好性を決める神経回路

○並木重宏、神崎亮平

東大・先端研

ガ類は種に固有のフェロモンを用いてコミュニケーションを行う。さまざまな種類のフェロモン化合物を発達させることで、種の顕著な多様化を実現している。フェロモンの識別は、感覚器におけるフェロモンの受容および中枢における信号の処理によって決まり、いずれかのプロセスを変更することによって、フェロモンの選好性が変化し、種分化が起こると考えられている。これまでに、感覚器であるフェロモンの受容体に注目する研究が多く取り組まれている。本研究では、フェロモンの性質が明らかにされているカイコガ上科のガ類を用い、神経系を構成する個々の神経細胞の応答性、それぞれの形状を解析し、脳におけるフェロモン情報の流れを明らかにした。中枢の神経回路の変化に依存するフェロモン選好性の変化のメカニズムを提案し、種分化のプロセスを考察する。

keyword：神経回路、匂い、ガラス微小電極

S10-4

鳴禽類ソングバードの種特異的発声パターン生成の神経分子基盤（どうやって他種ではなく、同種の轉りを学習するのか？）

○和多和宏^{1,2}、澤井梓²、WANG Hongdi²

¹北海道大・理学研究院・生物科学、³北海道大・生命科学
院・システム科学

音声コミュニケーションは多くの動物種の求愛行動で重要な役割をもつ。鳴禽類スズメ目ソングバードの轉（さえず）りは、発達過程における音声発声学習により獲得される。その轉りパターンは、種特異性情報を含む個体識別シグナルとなる。つまり、種特異的な拘束性と個体差を生成する自由度をもつ。一方で脳内では、全てのソングバードの種において、ソングシステムと呼ばれる歌神経核によって構成される神経回路が存在している。いかにして、この種間で保存されている神経回路から、種特異的かつ個体差をもつ行動パターンが学習発達するか、十分に明らかにされていない。これまでの仮親実験による轉り行動発達解析からソングバードの轉り学習が、神経可塑性と種特異的拘束性とのバランスシフトの過程で進むことが明らかになってきた。また、異種間hybrid個体とその親種のソングシステム内の神経核における発現解析研究から、cis-、trans-発現またその両方の制御を受ける種特異的発現制御を受ける遺伝子群の同定が現在進んでいる。これらの知見を示しながら、求愛行動の進化研究において、動物モデルとしてソングバードのもつ可能性を紹介したい。

keyword：発声学習、種特異的行動、ハイブリッド

S11-2

古生物の形態的多様性変動史をいかにして復元するか：アンモノイドの例

○生形貴男

京都大学・院理

顕生累代を通じた分類群多様性変動の復元は、現代古生物学における研究規範の一つである。化石記録の不完全性の程度が地質時代や地域によって著しく異なることから、サンプルサイズ効果や記録の偏りを補正する方法が模索されてきた。一方、分類群数だけでなく、形態的多様性の変動も併せて復元し、大量絶滅事変とその後の回復期における選択圧の様式を評価する試みがなされてきた。従来、形態的多様度は、形質値がどれだけばらついているかによって評価されてきた。しかながら、分散などのばらつきの指標は、どれだけ豊富な形質状態が見られるかを評価する指標ではない。本研究では、形質状態数に相当する指標を間隔比尺度変数に拡張し、形態的豊富度の尺度を提案する。形態的豊富度は、種毎の産出頻度を考慮して定義する。種毎の産出頻度には、Paleobiology Databaseに登録されている種毎の化石産出記録数を用いる。サンプルサイズ効果は、抽出サンプルの記録の完全性に基づく希釈法によって補正する。形態的豊富度をを用いた事例研究として、絶滅頭足類であるアンモノイド類に適用した結果についても紹介する。

keyword：形態的多様性、アンモノイド

S11-1

生物の行動記録の多様性をどう評価すべきか？：生痕多様性の評価方法とその応用

○菊地一輝

京大・院理学

海洋底生動物の行動の記録は、生痕化石として地層中に保存される。近年の生痕多様性（生痕化石群集に含まれる生痕分類群数）の検討によって、生物多様性変動史に新たな知見が加えられつつある。しかし、露頭において観察される生痕分類群数はサンプルサイズ効果の一種である露頭面積バイアスによって大きく変化するものの、これを補正して普遍的に生痕多様性を記述する方法は確立されていない。その背景には、特定の形態をもつ生痕分類群の個体数を計数できないため、既存の多様性尺度を適用できないという問題がある。本研究では、定足率充足法 (Alroy, 2010) を応用し、各サンプルの被覆率（化石記録の完全性）を揃えて生痕多様性を比較する方法を考案した。露頭画像のリサンプリングによって露頭面積と期待分類群数の関係を推定してその近似曲線を希釈曲線と見なし、被覆率を見積もった。人工的に作成した露頭画像データに対してこの手法を適用して数値実験を行った結果、露頭面積バイアスに依存せず一定の生痕多様性が推定された。また、フィールドデータへの適用から、堆積環境に対する従来の生痕多様性変動モデルは露頭面積バイアスに強く影響されていることが示唆された。

keyword：生痕化石、生痕多様性、露頭面積バイアス

S11-3

系統樹の位相的性質から見た生物進化と多様性：Horton解析に基づくアプローチ

○石井友一朗、山崎和仁

神戸大・院・理

本研究は、系統樹を生物進化と多様化パターンを視覚的に表現したグラフとして認識し、その位相的性質を、遺伝データと中立的な確率過程のシミュレーションにより考察する。ここでいう「中立」とは、どの時間・枝においても分岐する条件が同一であることを意味する。最初にHortonの第一法則に関するHorton解析を利用して位相的性質の定量化をおこない、分岐比、一次枝本数、最大次数を見積もった。解析対象としたのは脊椎動物の分子系統樹6種類であり、いずれについてもHortonの第一法則は成立した。また、一次枝本数及び最大次数は系統樹により様々な値をとったが、分岐比の値は約3となった。次に、分岐形（系統樹）がどのような過程によって作られたかを考察する。本研究では分岐確率と時間の2パラメタをもつ中立的な確率モデルによって作られる分岐形と、実際の系統樹の位相的性質を三次元空間（分岐比、一次枝本数、最大次数を軸とする）で比較する。その結果、両者は同様の位相的性質を有していることが明らかになった。この結果は、脊椎動物の系統樹の位相的性質は中立的な確率モデルによって説明可能であることを示す。

keyword：系統樹、位相的性質、Horton解析

S11-4

多様性減少期における生き残りプロセス

○吉田勝彦

国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター

化石記録には過去の生物の多様性変動が記録されている。その中には多様性を大きく増加させるクレードがあるが、その繁栄は永遠ではなく、クレード内の多様性はその後減少に転じる場合が多い。多様性が減少しても、哺乳類や両生類などのように、そのまま絶滅せず、低い多様性を保ったまま長期間細々と生き延びるクレードがある。そこで本研究では食物網進化のコンピュータシミュレーションを行い、上記のような変動パターンを示すクレードを抽出し、多様性減少期にどのような性質を持つ種が生き延びるのか、そしてそれがその後の多様性変動パターンにどのように影響するのかを解析した。その結果、多様性が減少するステージでは、進化速度が大きい種が絶滅しやすい傾向が見られた。生き残った種は進化速度が小さいので、例えば種分化しても食物網上で新たなニッチを開拓して生き延びることが難しい。そのため、このようなクレードは多様性を増加させることが出来ず、多様性が低いまま細々と生き延びているという可能性が示唆された。

keyword : 多様性変動、食物網進化、コンピュータシミュレーション

S12-2

The genomics of mimetic colour polymorphs in *Papilio dardanus*Martijn Timmermans^{1,2,3}, ○Alfried P. Vogler^{1,2}¹Natural History Museum London, ²Imperial College London, ³Middle Sex University London

The African Mocker Swallowtail, *Papilio dardanus*, is a Batesian mimic that expresses multiple colour morphs each resembling a different chemically defended model. This study tests the hypothesis of Clarke & Sheppard who mapped the genetic variation to a single Mendelian locus, termed *H*, and postulated a 'supergene' composed of multiple tightly linked genes to determine the different morphs. Molecular genetics and phylogenetic inference have shown that *H* corresponds to the engrailed locus, a transcription factor involved in early embryogenesis. Genome scans are now revealing the exact nature of the mutations and the mechanisms causing the lack of recombination. The genomic analysis corroborates several elements of the supergene hypothesis, in the context of modern evolutionary developmental biology.

keyword : Batesian mimicry, female-limited polymorphism, supergene

S12-1

Molecular mechanisms and evolution of female-limited and polymorphic Batesian mimicry in *Papilio polytes*.○Haruhiko Fujiwara¹, Hideki Nishikawa¹, Takuro Iijima¹, Rei Kajitani², Takehiko Ito²¹Grad. Sch. Front. Sci., Univ. Tokyo, ²Dept Biological Information., Tokyo Inst. Tech

Some palatable butterflies resemble the unpalatable model to protect them from predators, which is called Batesian mimicry. In a swallowtail butterfly, *Papilio polytes*, only mimetic form females mimic the conspicuous wing pattern of a model *Pachliopta aristolochiae*, while males and non-mimetic females have a different pattern. This female-limited polymorphic Batesian mimicry is known to be controlled by a single autosomal locus *H*, which is suggested to be "supergene". However, the molecular bases of the mimicry and supergene have been largely unknown. Recently, we determined whole genome sequences of *P. polytes*, which revealed a single chromosomal inversion outside *doublesex* (*dsx*) between mimetic (*H*) and non-mimetic (*h*) chromosomes. The inverted region was linked to the mimicry locus *H* and included three genes, *dsx*, *UXT* and *U3X*. The novel functional analyses clarified that *dsx* from *H*-chromosome induced mimetic patterns and simultaneously repressed non-mimetic patterns on female wings. We propose a hypothesis that both mimetic and non-mimetic coloration patterns are predetermined in female wings and switched by *dsx* and that female-limited polymorphism is tightly kept by chromosomal inversion during evolution.

keyword : mimicry, supergene, doublesex

S12-3

The role of predator behaviour in the evolution and maintenance of Batesian mimicry

○Craig Barnett

Graduate School of Science, Kyoto University

Batesian mimicry is when a harmless species (the mimic) resembles a species that contains chemical defences which is advertised with bright and conspicuous colouration (the model). The relationship between models and mimics is considered to be parasitic because the mimics are thought to reduce the predation by models. Although the importance of predators has been acknowledged, the role of predator behaviour in shaping the evolution of Batesian mimicry is often neglected. In this talk, I will explore some of the ways in which predator behaviour can affect the evolution of Batesian mimicry. First, I will show that educated predators will continue to attack chemically defended prey, which emphasizes their role in the selection of models and their mimics. Second, I will demonstrate that predators can learn the difference between different types of chemically defended prey quickly. Finally, I will show that when increased mimic frequency increases predator uncertainty, predators respond by seeking information from other sources and change their information gathering strategies about what prey they should eat. I conclude by discussing the strength of interactions between predators and prey and the strength of resemblance between predators and prey.

keyword : Predation, Batesian Mimicry, Aposematism

S12-4

Temporal dynamics of the mimetic allele frequency at the *doublesex* locus, which controls polymorphic Batesian mimicry in the butterfly *Papilio memnon*

○Shinya Komata¹, Chung-Ping Lin² and Teiji Sota¹

¹Kyoto University, ²National Taiwan Normal University

Tracking allele frequencies is essential for understanding how polymorphisms of adaptive traits are maintained. In *Papilio memnon* butterflies, which exhibit a female-limited Batesian mimicry polymorphism (wing-pattern polymorphism), two alleles at the *doublesex* (*dsx*) locus correspond to mimetic and non-mimetic forms in females; males carry both *dsx* alleles but display only the non-mimetic form. This polymorphism is thought to be maintained by a negative frequency dependent selection. By tracking *dsx* allele frequencies in both sexes at a Taiwanese site over four years, we found that the mimetic allele persists at intermediate frequencies even when the model was very rare or absent. The rates of male mate choice did not differ between the two female forms; neither did insemination number nor age composition, suggesting equivalent reproductive performance of the two forms over time. Our results characterised the temporal dynamics of the mimetic allele frequency in the field for the first time and give insights into underlying processes involved in the persistence of the female-limited Batesian mimicry polymorphism.

keyword : ベイツ型擬態、擬態アリル頻度、負の頻度依存淘汰

S12-5

Evolutionary ecology of a Batesian mimic butterfly focusing on time-series data

○Mitsuho Katoh^{1,2}, Masayuki Ushio³, Atsushi Honma², Haruki Tatsuta^{1,2}, Michio Kondoh⁴, Kazuki Tsuji^{1,2}

¹Kagoshima Univ., ²Univ. of the Ryukyus, ³Kyoto Univ., ⁴Ryukoku Univ.

Batesian mimicry was first proposed with morphological evidence in biogeography, and its anti-predatory effect was tested by laboratory experiments using predators in some cases. However, it is extremely difficult to test benefit of mimicry in complex fields. *Papilio polytes* (putative mimic) has a conspicuous large white spot in the center of the hind wings, similarly to a poisonous butterfly, *Pachliopta aristolochiae* (putative model). The putative model was not distributed until 1960's but has recently established its populations in many islands of the Ryukyu Archipelago. By investigating for 3-years time-series data using convergent cross mapping, that can be useful for detecting causality between two nonlinear time-series data, we found that the presence of the putative model reduces predation pressure on the putative mimic in the field. Furthermore, using specimens in museum and private collections, we analyzed the quantitative change of the white spot size in the field populations of Okinawa Island and other islands of the Ryukyus. Rapid evolution of the white spot size toward the direction more resembling to the model's pattern was detected after model's settlement repeatedly in different islands, supporting the adaptive evolution hypothesis of the mimetic trait. Time-series data analyses can breakthrough study of mimicry.

keyword : time-series analysis, rapid evolution, Okinawa

O-1A-1

内在性レトロウイルスを指標とした
日本国内への欧米ネコ流入の評価○下出紗弓^{1,2}、中川草³、金村優香²、宮沢孝幸²¹神戸大・科学技術イノベーション・先端医療学、²京都大・ウイルス再生研・ウイルス共進化、³東海大・医

内在性レトロウイルス (ERV) は宿主ゲノムの一部となったレトロウイルス由来配列である。我々はRDRSというイエネコのERV群を同定したが、各座位におけるRDRSの有無には個体・系統差がみられた。イエネコは約1万年前に中東で生まれ、世界各地へと生息域を拡大したとされる。本研究ではRDRSを指標としてイエネコの移動歴解明を試みた。

イエネコ341匹のゲノムについて、RDRSの有無を調査した。すべてのネコが保有するRDRS C2aは特異的な15bpの配列をもち、その他のRDRS (新しいRDRSと総称) はこれをもたない。この違いを利用しPCRによる調査を行った。

欧米由来の品種では約半数が新しいRDRS陽性であったが、中東では16%、アジアでは36%の陽性率であった。雑種では日本19%、ベトナム6%、モンゴル31%と国間で陽性率に差があり、日本国内でも関西12%、中国地方や沖縄で約30%と地域差がみられた。イエネコは中東から欧米およびアジアへ向かう二集団に分かれたとされるが、日本の雑種ネコにおいても欧米原産の系統で保持されるRDRS E3陽性個体がみられ、欧米ネコの流入が示唆された。

keyword: 内在性レトロウイルス、ネコ、ゲノム

O-1A-3

ユビナガコウモリ属コウモリのゲノムに内在化している
ボルナウイルス由来配列の生物学的意義の探索○向井八尋^{1,2}、堀江真行^{1,3}、小林由紀⁴、小嶋将平^{1,2}、前田健⁵、
朝長啓造^{1,2}¹京都大学ウイルス・再生医科学研究所RNAウイルス分野、²京都大学大学院生命科学研究科生体動態制御学、³京都大学白眉センター、⁴日本大学生物資源科学部動物医科学研究センター、⁵山口大学共同獣医学部獣医微生物学分野

様々な哺乳動物のゲノムには、ボルナウイルスに由来する遺伝子配列 (内在性ボルナウイルス様配列: EBL) が存在する。しかし、宿主生物におけるEBLの生物学的意義は未だ不明である。我々は、*Miniopterus natalensis* のゲノムに存在するボルナウイルスのN遺伝子由来の遺伝子配列 (miEBLN-1) が、N遺伝子と同程度の長さのORF (376コドン) を持つことを発見した。さらに同属の2種のコウモリゲノムにおけるmiEBLN-1のオーソログを同定した。このことから、miEBLN-1は少なくとも1230万年前に内在化したと推定された。さらに、miEBLN-1に負の自然選択が働いていることが示唆された。生体内においてmiEBLN-1は上記のORFを含むmRNAとして転写されており、肝臓、腎臓、生殖器官などで発現が見られた。臓器間における発現比較では、腎臓で最も高発現であった。これらのことからmiEBLN-1は*Miniopterus* 属コウモリにおいて何らかの機能を持つことが強く示唆された。本研究において得られた知見は、ウイルスと哺乳動物の共進化の解明に有用である。

keyword: 内在性ウイルス様配列、共進化

O-1A-2

AIに導かれた病原性RNAウイルスの
分子進化研究和田健之介¹、和田佳子¹、岩崎裕貴^{1,2}、○池村淑道¹¹長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部、²国立遺伝学研究所

エボラやインフルエンザウイルス等の病原性RNAウイルスは進化速度が速く、持続性のある治療法の開発を困難にしているが、それらの社会的な重要性から大量な株のゲノム配列が集積している。このような大量情報から、想定外の新知識を得る方法としてAIが考えられる。我々は十数年前より「教師なしの機械学習: BLSOM」でオリゴヌクレオチド頻度を解析して、ゲノム配列に潜む多様な特徴を見い出して来た。病原性RNAウイルスの場合には、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、方向性のある時系列変化を見出した (Iwasaki et al. BMC Infectious Diseases 13: 386, 2013; Wada et al. Scientific Reports 6: 36197, 2016)。大量な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。20塩基組成 (約1兆1千億次元の変数) について、変化をもたらす分子機構を解析すると、原因の一つが宿主miRNAであることが判明した。核酸医薬の開発に有用な知見を与えている。

keyword: 人工知能、病原性RNAウイルス、機械学習

O-1A-4

A scenario of endogenization process of
gammaretroviruses in the koala genome

Koichi Kitao, Yuki Nakaya, Shigeki Hoshino,

○Takayuki Miyazawa

Inst. Frontier Life and Med. Sci.

The koala retrovirus (KoRV), which is found in koalas (*Phascolarctus cinereus*), is a gammaretrovirus which is currently endogenizing into its host, thus providing us with a rare opportunity to investigate the mechanisms involved in retrovirus endogenization. We investigated the infection status of KoRV in koalas in Japanese zoos by PCR. We found that all Queensland koalas and four out of 11 Victorian koalas harbored KoRV proviruses. Seven out of 11 Victorian koalas did not have the entire genome of KoRV; however, we also found that these "KoRV-free" koalas (determined by PCR using primers targeting pol region) harbored LTR which was nearly identical to that of the KoRV. Then, we cloned and sequenced the whole viral genome in "KoRV-free" koalas by long range PCR. By sequencing analyses, we found that, in addition to LTR, 5'-gag sequence and 3'-env sequence were nearly identical to those of KoRV-A. We termed the sequence as KoRV-related sequence (KRRS). KRRS is found in all koalas of both northern and southern koalas reared in Japanese zoos. We also identified an inactive endogenous KoRV-A in Victorian koalas. From these data, we propose a multiple invasion scenario of KoRV-related gammaretroviruses in koalas.

keyword: コアラ、内在性レトロウイルス、ゲノム

O-1B-1

On the origin of translation: Simple peptides enhance function of RNA poly-merase ribozyme

○Shunsuke Tagami^{1,2}, James Attwater², Philipp Holliger^{1,2}

¹RIKEN CLST, ²MRC Laboratory of Molecular Biology

Protein synthesis in modern biology depends on multiple elaborate machineries (eg. ribosomes). However, at the early stage of the evolution of life the translation system must have emerged as a much simpler system. Therefore, the peptides synthesized at that time were probably simple non-coded peptides. It is still elusive how such simple peptides could be functional. To answer this question we tested if simple non-coded peptides have any benefit on function and survival of an RNA polymerase ribozyme (RPR).

RPRs have been engineered in several laboratories and perform RNA synthesis in high Mg²⁺ condition (200 mM). However, RPR itself is unstable in such high Mg²⁺ condition. Here, we describe oligo-lysine and its analogues stimulate RPR function in low Mg²⁺ condition by promoting docking between RPR and substrate RNAs (primer and template). Furthermore, oligo-lysine could accelerate in vitro evolution of RPR in low Mg²⁺ conditions. The newly engineered RPR could perform RNA synthesis at near physiological Mg²⁺ concentration.

Considering RNA has strong negative charges, positively charged peptides like oligo-lysine probably enhanced interaction between RNA molecules in the RNA world and helped them to evolve into more complicated cellular systems.

Reference: Tagami S et al. (2017) Nat. Chem. 9:325_332.

keyword : RNA world, Origin of life, translation

O-1B-3

細胞の増殖能力は変異に対してどれほど頑強か

芝井厚¹、石澤裕佳¹、高橋祐輔¹、元岡大祐¹、
中村昇太²、○津留三良³

¹阪大・情報、²阪大・微研、³東大・理学 (生物普遍性研究機構)

突然変異は、生物の多様性を広げる原動力であるが、生物個体にとっては必ずしも有益なものばかりではない。近年の計測技術の発達により、特定の遺伝子に変異を導入し、突然変異が個体の増殖能力にどのような作用を与えるかが調べられてきている。こうした実験から、有害に作用する変異の割合が非常に多いことが確認され、分子進化の集団遺伝学的研究からの予測と合致する結果が得られている。しかしながら、しかしながら、これらの理解は少数個の遺伝子に限られており、数千の遺伝子で構成されるゲノムレベルでは不明な点が残されている。つまり、ゲノムレベルで生じるランダムな変異に対して、細胞の増殖能力はどの程度頑強なのだろうか？この問題を明らかにするため、我々の研究グループでは、変異修復関連遺伝子の欠損や紫外線照射を用いて変異率を増加させ、大腸菌のゲノムにランダム変異を導入する実験を行った。これらの実験結果に基づいて明らかとした、増殖能力の変異に対する頑強性を紹介する。

keyword : 変異率、実験室内進化、大腸菌

O-1B-2

The standardized plant genome repository: a cornerstone for alternative approaches to dissect plant genome sequences

○Park Jongsun^{1,2}, Hong Xi^{1,2}, Yongsung Kim^{1,2}, and Chanho Park³

¹InfoBoss Co. Ltd., ²InfoBoss Research Center, ³National Institute of Biological Resources

Genome contains a lot of information including genes, regulatory elements, repeat sequences occasionally used as molecular markers, and etc. Owing to the fast development of next generation sequencing technologies (NGS), costs of whole genome sequencing has been reduced. Till now, at least 181 plants (151 species) whole genome sequences have been published or available online. NCBI, Phytome, and JGI are major plant genome databases; however, not all plant genomes are deposited in those databases. In addition, data format and versions are slightly different from each other, requiring additional processes to store them into the same format. To manage these genomes systematically, we constructed web-based plant genome database (Plant Comparative Genome Database; PGCD; <http://www.plantgenome.info/>) containing 181 plant genome sequences. Total size of these genomes is 240.98 Gbp (1.30 Gbp on average) and total numbers of genes and proteins are 4,958,795 and 6,308,893, respectively, from 151 plant genomes. 126 species of Angiosperm plant genomes are distributed into 25 orders and 27 families. Based on the standardized genome database, PGCD presents various features calculated from these genomes without prior knowledge, such as distribution of functional domains, simple sequence repeats (SSRs), k-mer distribution, basic properties of plant genomes. These features will provide characteristics of plant genomes in different view from conventional comparative genomic analyses, leading us to know more about plant genomes.

keyword : Plant genomes, Database

O-1B-4

人工RNA複製系を用いて試験管内で 宿主・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・院生命機能、²阪大・院情報科学

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、宿主生物と絶え間なき進化的軍拡競争を繰り広げ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進化的軍拡競争の過程を実験的に詳細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争する。宿主・寄生体RNAには複製過程で変異が導入され、周期的な希釈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、配列解析により宿主の進化が寄生体の存在下で加速していることや、配列長の異なる寄生体が生じたことを見出した。また、配列長の異なる寄生体が生じたことを見出した。また、配列長の異なる寄生体が生じたことを見出した。また、配列長の異なる寄生体が生じたことを見出した。

keyword : 人工細胞、実験室内進化、生命の起源

O-1C-1

セシアカムカデ消化管内寄生虫の
網羅的mRNAデータに基づくアピコンプレクサの
初期進化に関する一考察

○宮田凌佑¹、松尾恵梨子¹、中山卓郎²、谷藤吾朗³、千頭康彦⁴、
八畑謙介⁵、稲垣祐司^{1,6}

¹筑波大・院生命環境、²東北大・生命科学、³科博・動物、
⁴総研大・生命科学、⁵筑波大・生命環境系、⁶筑波大・計算科学セ

アピコンプレクサは寄生性原生生物であり、一部の例外を除き非光合成性色素体を保持する。これは光合成性色素体が機能的に縮退した結果だと考えられるが、アピコンプレクサ早期分岐系統の色素体に関する情報が不足している。本研究ではアピコンプレクサの早期分岐系統だと考えられるグレガリナ類に着目し、その系統学的位置を頑健に推定した。さらに色素体関連遺伝子の探索によって、グレガリナ類が非光合成性色素体を保持するか検討した。グレガリナ類は無脊椎動物に寄生するが、今のところ実験室内で単独培養できない。そこで我々はセシアカムカデからグレガリナ様寄生虫細胞を収集し、網羅的mRNAデータを取得した。これを基盤に66遺伝子の配列に基づく系統解析を行った結果、グレガリナ様寄生虫を含むグレガリナ類の単系統性及び他のアピコンプレクサとの姉妹群関係が強く支持された。さらにmRNAデータ中から色素体に局在する代謝系に関わるタンパク質コード配列が検出され、非光合成性色素体の存在が示唆された。以上の結果からグレガリナ類がアピコンプレクサの早期分岐系統であることが強く示唆され、その共通祖先は色素体を保持するものの光合成能を失っていたと推測された。

keyword：アピコンプレクサ、色素体進化、グレガリナ

O-1C-3

エゾアカガエルの脳内RNA-Seqによる
捕食者特異的表現型可塑性の解析

○嶺井隆平¹、森司²、小倉淳¹

¹長浜バイオ大学 コンピューターバイオサイエンス学科、
²日本大学 生物資源科学部 海洋生物資源科学科

同一の遺伝子型をもつ個体が、環境の変化に応じて表現型を変化させる表現型可塑性の代表例に、捕食者によって誘導される防御形態変化がある。両生類において、ヤゴなどの捕食者により尾部が高くなるという防御形態変化が誘導されることが知られている。北海道に生息するエゾアカガエル (*Rana pirica*) の幼生は、捕食者特異的な防御形態変化を示し、ヤゴによる尾部が高くなる変化に加えて、サンショウウオの丸呑みを防ぐ為の頭胴部膨満化という非常にユニークな防御形態変化を示す。そして、それぞれの捕食者に対する防御形態変化は、捕食者を除くと元の形態に戻る。*R. pirica* の捕食者特異的な形態変化の制御には、脳で捕食を認識し、特異的な形態変化の指令をだす必要があると考えられるが、脳内のどのような遺伝子が関わっているかは明らかになっていない。そこで本研究では、*R. pirica* 幼生にそれぞれの捕食者ストレスを与え、捕食者認識から特異的な形態変化、そして捕食者除去による元の形態へもどる過程で脳内トランスクリプトームがどのように変化するかをRNA-Seqにより網羅的に解析した。その結果、脳下垂体から放出されるプロラクチンが、*R. pirica* 固有の、サンショウウオ特異的な防御形態変化の開始と維持に関与していることを明らかにした。

keyword：表現型可塑性、RNA-Seq、両生類

O-1C-2

短鎖レトロポゾンにおける新奇な挿入特性の
高次分類群を超えた共通性

西山えり、○大島一彦

長浜バイオ大学

遺伝情報の水平伝播は、多細胞生物では一般に、レトロウイルスやDNAトランスポゾンを除けばほとんど起こらないと考えられてきた。ところが近年、一部のLINE (非LTR型レトロトランスポゾン) で予想外に頻繁な水平伝播が報告された。本研究では、多様な被子植物のゲノムに存在する一群のSINEファミリー (非自律性短鎖レトロポゾン) の挿入座位の配列傾向を分析した。挿入座位重複に新規で顕著な傾向が見出され、その傾向は特定のLINEにも共通に見られた。興味深いことに、同一の傾向を示すSINEが爬虫類や哺乳類のゲノムからも見つかった。これらの結果に基づき、この種類のレトロポゾンがゲノムへ挿入される際のメカニズムを提案する。このモデルは、何故この種類のレトロポゾンが頻繁に水平伝播するのか理解する手掛かりを我々に与えるかもしれない。

keyword：SINE、LINE、遺伝子水平伝播

O-1D-1

スラウェシ島固有のマカクにおける種分化と
二次的接触

○寺井洋平¹、宅野将平¹、Laurentia Henrieta Purba²、
Kanthi Arum Widayati²、今井啓雄³、
Bambang Suryobroto²

¹総研大・先端研、²ボゴール農科大学、³京大・霊長研

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おり、この島で種分化を起こしたと考えられている。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。しかし交雑帯が広がることはなく、何らかの要因がそれぞれの種を分けていると予想されている。本研究では7種のうち、分布の境界で交雑個体が観察されている *Macaca tonkeana* と *M. hecki* に着目し、種を分けている遺伝的な要因を明らかにすることを目的としている。これら2種の交雑帯近くでDNAサンプルを採集し、それぞれ11個体ずつの次世代シーケン斯拉イブラリを構築した。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DNA多型座位を抽出した。2種間で共有されているDNA多型は、多型サイト全体の10%程度であり、この2種は遺伝的に明確に分化していた。しかし、STRUCTURE解析と二次元頻度スペクトルの解析から、ごく最近の *M. tonkeana* から *M. hecki* への admixture event が検出された。2種間で完全に分化した遺伝領域に交雑帯の広がりを妨げる遺伝的要因があると予想して解析を進めている。

keyword：浸透交雑、雑種形成

O-1D-2

ゲノム断片の部分的置換から迫る交尾器の接合不適合性

○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

交尾器形態の不適合は生殖的隔離の一端を担うと考えられるため、その進化過程の解明は種分化の理解を深めるうえで重要である。形態の違いが交尾器接合に与える影響を調べるために外科処理による交尾器の改変が行われてきたが、この手法で種間形態差を再現するには限界があった。そこで本研究では、ゲノムの一部を異種由来のものに置換する手法（イントログレーション）を用い、交尾器形態の違いが交尾器接合に与える影響を検証した。雑種が妊性を示すオナジショウジョウバエ（*D. sim*）とモーリシャスショウジョウバエ（*D. mau*）を用い、イントログレーション系統のオスと *D. sim* メスの接合開始から終了まで接合時の行動パターンを解析したところ、*D. sim* に比べ交尾器構造の一部が *D. mau* 様に肥大化したオスでは最大で通常の4倍も接合が継続した。この時、接解除に要する時間の増加が原因であることも分かった。イントログレーションによって交尾器構造の一部を改変した個体を作成したことにより、従来は解析困難であった構造が交尾器接合の不適合性に関与することが示唆された。

keyword：形態進化、交尾器、ショウジョウバエ

O-1D-4

広範な脊椎動物が共有する新規フェロモン受容体の進化と機能

鈴木彦有^{1,2}、岩田哲郎¹、依田涼太¹、廣田順二¹、
○二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工学院、²日本バイオデータ

脊椎動物において古くから存在するフェロモン感覚は、同種認知や生殖活動に不可欠である。そして、そのフェロモン受容体の1つであるV1Rファミリーは多重遺伝子族を形成することで、それぞれの種に特異的な受容体レパートリーを作り出してきた事が知られている。しかし我々は、古代魚から哺乳類に至る広範な脊椎動物が、あるV1R遺伝子をただ1つだけ共有していることを発見し、これをancV1R（新規遺伝子）と名付けた。これは脊椎動物の進化過程において、1つのフェロモン受容体が4億年以上もの間、種間で保持されてきたことを示唆しており、極めて興味深い。また、115種にのぼる脊椎動物種についてancV1R配列の詳細な比較解析をおこなったところ、フェロモン受容を担う鋤鼻器官の退化とancV1Rの偽遺伝子化に強い相関性（クジラ・高等霊長類・トリなど）があることが明らかとなった。さらに、このancV1Rは鋤鼻器官の全体に渡って発現していることが明らかとなり、嗅神経細胞で古くから知られている“1 neuron-one receptor rule”とは異なる新たな発現様式を持つ事も明らかとなった。既存のV1Rとは異なり、種間での共通性が高く、また鋤鼻神経細胞における基盤的な役割が予想される新たなフェロモン受容体の発見は、今後のフェロモン受容機構のさらなる理解に大きく貢献するものと考えている。

keyword：フェロモン受容体、脊椎動物

O-1D-3

アカサビザトウムシ（クモガタ綱）におけるヘテロ接合核型が高適応度を示す染色体交雑帯

○鶴崎展巨^{1,2}、井上健人²、松本文哉²

¹鳥取大・農、²鳥取大・地域

アカサビザトウムシ *Gagrellula ferruginea*（大山型）（カワザトウムシ科）の染色体数は中国地方では鳥取県西部の日野川と岡山県旭川を結ぶラインを境に、西から東に $2n = 12$ から 14 へと変化する。今回、日野川付近で詳細な調査をおこない、日野川右岸側の集団はすべて $2n = 14$ だが、左岸側の小松谷川と日野川に挟まれた幅約3kmの地域には $2n = 12/13/14$ で多型を示す交雑帯があることを確認した。交雑帯内の1集団内の各核型の出現頻度について、Hardy-Weinberg検定をおこなったところ、ヘテロ接合核型（ $2n = 13$ ）の割合は期待値よりも有意に高く、逆に両ホモ接合（ $2n = 12, 14$ ）の個体の頻度は期待値よりも低かった。核型の地理的分布パターンと核型分析により、染色体数の変化は $2n = 14 \rightarrow 12$ に進行し、 $2n = 12$ 核型は $2n = 14$ 核型の小型の2対の非相同な次中部動原体型染色体のタンデム融合で派生したと推測された。染色体交雑帯ではヘテロ接合核型個体の減数分裂で不可避の染色体不分離のため、観察頻度が期待値よりも低くなるのが通例で、今回の結果は非常に珍しい。

keyword：染色体交雑帯、種分化、環状重複

O-1E-1

アブラムシ細胞内共生における新規抗菌ペプチド様遺伝子の発現と機能

○重信秀治

基生研・機能解析セ

半翅目昆虫アブラムシと共生細菌ブフネラは、お互い相手なしでは生存が不可能なほど緊密な相互依存関係にある。アブラムシは共生微生物ブフネラを格納するための特別な共生器官を持ち、その細胞内にブフネラを棲まわせている。われわれは、共生器官のRNA-seq解析から、共生器官に選択的に発現する新規分泌タンパク質遺伝子群BCRファミリーを同定した。これらは100アミノ酸残基以下の短いペプチドをコードし、分泌シグナルをN末にもち、C末側にシステイン残基を6個もしくは8個持つ特徴的な一次構造を有している。われわれは、BCRのいくつかは、大腸菌に対して抗菌活性を有することを明らかにした。つまり、BCRは新規の抗菌ペプチドである。BCRはアブラムシの体内では共生器官に特異的に発現し、さらに、翻訳されたペプチドは共生細菌にターゲティングされることを明らかにした。BCRはアブラムシ系統に特異的な遺伝子であり、他の生物種には類似の配列を持つ遺伝子は存在しないが、複数のアブラムシの比較トランスクリプトームおよび分子進化解析の結果、BCRは進化速度の速い遺伝子であることが明らかになった。

keyword：共生、アブラムシ、抗菌ペプチド

O-1E-2

冬虫夏草はどのようにセミの共生真菌へと進化したのか？

○松浦優^{1,2}、森山実²、棚橋薫彦²、孟憲英²、Lukasik Piotr³、Vanderpool Dan³、菊池義智²、McCutcheon John³、深津武馬²

¹琉大・熱生研、²産総研・生物プロセス、³Univ. Montana

冬虫夏草とは主に昆虫などの節足動物に寄生して体内を菌糸で埋め尽くし、珍妙な形態の子実体を形成して繁殖する子囊菌類の総称である。ガの1種の冬虫夏草は漢方として古くから重宝され、近年ではアリの行動を操作する冬虫夏草も注目されている。これまで特に日本で多くの冬虫夏草が同定されてきたが、子実体の発生域や時期が限られており一般的には希少な存在と考えられている。ところが、そのような冬虫夏草の常識を覆す事実がセミ類の研究により明らかになりつつあるので報告する。セミ類の多くは必須アミノ酸を供給するサルシアとホジキニアという2種の共生細菌の働きにより貧栄養な植物液食に適応している。しかし先行研究によると一部のセミ類ではホジキニアのゲノム分断化が進み、その存続が危うくなっているという。そこでわれわれは日本に生息するクマゼミなどのセミ類24種の共生微生物を網羅的に調査したところ、半数以上のセミ種からホジキニアが失われ、代わりに未同定の共生真菌が見つかった。共生真菌と宿主の詳細な分子系統解析の結果、共生真菌はセミ寄生性の冬虫夏草から進化したこと、またセミ類の進化過程で何度も共生真菌が進化してきたことが示唆された。

keyword：共生微生物、冬虫夏草、セミ

O-1E-4

今こそ改訂すべき色素体の細胞内共生説

○佐藤直樹

東京大・院総合文化

いまや当たり前のように思われている色素体の細胞内共生説を疑うことを提案する。当初、共生説を支持するとして提示されたさまざまな証拠が、最近の研究によって、不適切であることがわかったためである。一つは光合成膜のガラクト脂質である。これはシアノバクテリアにも葉緑体にもあるが、その合成系は両者で根本的に異なる。第二はペプチドグリカンである。シアネラにはペプチドグリカンが存在するため、シアノバクテリア共生体と見られていた。最近、コケやシダに存在するペプチドグリカン合成系の10種類の酵素について、原核・真核生物を含めた系統解析を行ったところ、ポーリネラを除き、植物の酵素はいずれも単系統であるものの、8種類の酵素がシアノバクテリア起源ではないことがわかった。その他、膜脂質合成系のアシルトランスフェラーゼも完全に別系統であることが判明した。これらのデータはまだ断片的であるものの、葉緑体とシアノバクテリアとの関係が想定されるほど単純ではないことを示している。酸素発生型光合成と遺伝子発現系は確かに両者で共通起源と見なせるが、これを機会に共生説とは何なのかを改めて再検討すべきと考える。

keyword：細胞小器官、細胞内共生説、シアノバクテリア

O-1E-3

宿主昆虫の体色変化を引き起こす細胞内共生細菌 *Rickettsiella viridis* の比較ゲノム解析

○二河成男¹、土田努²、前田太郎³、山口勝司³、重信秀治³、古賀隆一⁴、深津武馬⁴

¹放送大・教養、²富山大・院理工、³基生研、⁴産総研

Rickettsiella 属の細菌は昆虫類などの節足動物の病原細菌として知られている。系統的には *Coxiella burnetii* や *Legionella pneumophila* などの人の病原細菌と近縁であり、これらと同様に宿主細胞の細胞内での生活に特化している。本研究では、宿主昆虫であるエンドウヒゲナガアブラムシの赤から緑への体色変化を引き起こす任意細胞内共生細菌として発見された *R. viridis* の全ゲノム配列 (1.6 Mb) を決定した。そのゲノムサイズは *C. burnetii* (2.0 Mb) や *L. pneumophila* (3.4 Mb) より縮退しており、既報の同属の *R. grylli* (1.6 Mb) や *R. isopodorum* (1.5 Mb) と同等であった。*R. viridis* のゲノム中には、IV型分泌機構や *Legionella* では effector タンパク質としてこの分泌機構を介して宿主細胞内に放出されるタンパク質と相同性を示すタンパク質が複数コードされていた。一方、緑色素の合成に直接関わる遺伝子は見つからなかった。これらの結果は、*R. viridis* が分泌機構を利用して宿主の代謝に影響を与えることにより、宿主の緑色素の合成に関与している可能性を示唆する。

keyword：細胞内共生、ゲノム進化、細菌ゲノム

O-1F-1

花器官配置の制約された揺らぎ：花器官数の多様化との相関

○藤本仰一¹、北沢美帆²

¹阪大・院理、²阪大・CELAS

器官の数と配置は動植物の系統群を特徴づける形態要素の一つである。真正双子葉植物では花器官の基本数が4 (四数性) または5 (五数性) である種が多いが、単子葉植物の多くは三数性を示す。これらの数性は、花の中心からほぼ等距離にある花器官の数で決定し、この時に見られる同心円状の配置を輪生型と呼ぶ。一方、花器官の数が厳密に決まらないらせん葉序に近い配置を示す系統群もある。輪生型とらせん型は進化上複数回入れ替わったと考えられているが、いずれが祖先的な配置なのか、進化上どのように遷移したのかはわかっていない。キンボウゲ科イチリンソウ (*Anemone*) 属では、種間および種内で花器官の数と配置がばらつく。我々は複数種の野外集団について様々な萼片数の花の形態観察を行い、らせん型と二～六数性の輪生型の配置は見られるが、それ以外の配置はほぼ現れないことを見出した。らせん型の器官配置を再現する数理モデルでは、三数性と五数性の輪生は出現するが、四数性の輪生は出現しなかった。これらの結果は、花器官数の揺らぎによりらせん型から三・五数性の花へ多様化が生じる一方で、四数性の花が生じるには付加的な仕組みが必要であることを示唆する。

keyword：数理モデル、揺らぎ、制約

O-1F-2

複合適応形質の起源について： ダーウィンとマイヴァートの議論からの進展

○鈴木 誉保

農研機構・カイコユニット

複雑なかたちや模様がどのように進化してきたのかは、進化生物学の最大の謎のひとつである。ダーウィン以来、複雑な形質は徐々に進化してきた（漸進進化）と主張される一方で、複雑な形質は突然進化した（跳躍進化）とする主張も絶えない。特に、マイヴァートが「種の創生」で著した、キリンの長い首、ヒラメの片側に寄った眼、歯クジラと髭クジラ、枯葉擬態の蝶、動物の眼などは徐々に進化したはずはない、なぜなら進化の初期での中途半端な構造では機能的に働かないからだとした主張は根強く引用される。果たして、複雑な形質はどのように進化してきたのか？本発表では、まず先行研究により上記の多くの形質の漸進進化が既に証明されていることを報告する。次に、これまでの議論では、初期機能性と構造複雑性の問題が混同されてきたことを指摘し、両者は別個に解決可能であることを提案する。さらに、構造複雑性の背景には「還元できる複雑性」と「組立性」があり、そのため漸進進化が可能になることを提案する。最後に、複雑な形質が組み上がってきた進化パスを推定する数理手法について、枯葉擬態の蝶の進化を例に解説する。

Suzuki (2017) J Exp Zool B 328:304-320.

keyword：系統比較法、蝶と蛾の翅模様、還元できる複雑性

O-1F-4

シロアリとキゴキブリにおけるホルモンシグナル 経路の比較解析

○増岡裕大¹、前川清人²

¹農研機構・生物機能、²富山大・理工

シロアリの社会性進化において、兵隊の進化は最重要イベントであったと考えられるが、その進化機構については全く不明である。兵隊への分化には昆虫一般に変態などに関わる幼若ホルモン（JH）と脱皮ホルモン（エクダイソン）が関与する。そのため、兵隊進化の過程ではJHのシグナル経路の改変や、それに伴うエクダイソンや形態形成遺伝子群との関係性の変化が生じたと予想される。そこで、シロアリの姉妹群のキゴキブリ（*Cryptocercus punctulatus*）とネバダオオシロアリ（*Zootermopsis nevadensis*）において、JHのシグナル経路やエクダイソン関連遺伝子、さらにはJHの応答遺伝子群について比較解析を行った。まず、両種においてJHによる脱皮誘導効果をJH受容体であるMethoprene tolerant (Met) が介在することが示された。一方で、エクダイソンシグナル経路の遺伝子は両種でMetによって異なる制御を受けることが示唆された。本発表では両種のJHA処理個体におけるRNA-seq解析の結果を踏まえ、シロアリにおける兵隊の進化機構についてホルモンシグナルの観点から考察する。

keyword：シロアリ、兵隊、幼若ホルモン

O-1F-3

ミスタマショウジョウバエの翅の着色過程の解明 と模様形成遺伝子の同定法

○福富雄一¹、松本圭司^{1,2}、船山典子¹、越川滋行¹

¹京大・院理、²大阪市大・院理

動物の模様には多様なパターンがあり、様々な分類群で進化してきた。どのように模様のパターンの多様性が生じてきたかという問いを解決すべく、ショウジョウバエ（*Drosophila biarmipes*, *Drosophila guttifera*）の翅の模様を用いた進化発生学的研究が進展してきたが、模様形成に必要なすべての要素を明らかにするには至っていない。そこで、本研究では翅の模様形成メカニズムの全容の解明を目指し、モデルとして飼育が容易で遺伝子操作のできるミスタマショウジョウバエ（*D. guttifera*）を用いる。メカニズム解明のためには、まず、蛹期に起こる現象を時系列に沿って記述して翅の模様形成のプロセスを明らかにする必要がある。私たちは、翅の模様がでる部位において翅の着色への関与が想定される *yellow* 遺伝子の発現が始まるタイミングを推定した。また、模様形成部位でメラニンによる着色が始まり、完了するタイミングを特定した。さらに、模様がでる部位にある細胞を標識した系統を用い、その挙動を解析することでメラニン合成に関わる細胞がなくても着色が進むことを示した (Fukutomi et al. 2017 *Dev. Genes Evol.*)。これらのデータ並びに、それを基盤とした模様形成に関与する遺伝子群の網羅的な同定の方法について報告する。

keyword：ミスタマショウジョウバエ、wing cell clearance、トランスクリプトーム解析

O-2A-1

Relationships between models of antagonistic coevolution: Genetic architecture and interaction types

○Masato Yamamichi¹, Kelsey Lyberger², and Swati Patel³

¹Hakubi Center/Center Ecol. Res., Kyoto Univ., ²Dept. Evol. Ecol., UC Davis, ³Faculty Math., Univ. Vienna

Antagonistic coevolution is relentlessly creating and maintaining variation, and thus it has been intensively studied in evolutionary biology. However, the relationships between different types of genetic architecture and those of antagonistic interactions were not clearly recognized. Recently, Ashby and Boots (2017) showed that coevolutionary cycles between specialists (matching allele) are a subset of cycles between specialists and generalists (gene-for-gene) in multidimensional Mendelian traits. Here we generalize their findings to multidimensional quantitative traits and show, analogously, that the bidirectional framework is a subset of the unidirectional framework. Our finding suggests the importance of comparing coevolution mediated by a single trait and multiple traits to generalize results obtained in previous studies assuming a single trait space for fluctuating selection and evolutionary branching.

keyword：Coevolution, Red Queen, fluctuating selection

O-2A-2

**The Central Dogma is no longer a dogma:
Explaining the fundamental principle of
molecular biology through multilevel evolution**

○Nobuto Takeuchi

Grad. Sch. Arts and Sciences, UTokyo

At the core of all living systems lies the functional and informatic differentiation. Genes provide information for producing proteins, whereas proteins serve different functions such as providing catalysis. Moreover, once information gets into a protein, it never gets back to a gene (i.e. the Central Dogma of molecular biology). How did such functional and informatic differentiation originate? Here, we demonstrate the possibility that such differentiation spontaneously arises as a consequence of conflicting multilevel evolution. Our model assumes a population of protocells, each containing a population of self-replicating catalytic molecules. The protocells evolve towards maximizing the catalytic activities of the molecules to increase their growth rates. Conversely, the molecules evolve towards minimizing their catalytic activities to increase their intracellular relative fitness. These conflicting tendencies induce both the division of labor between templates and catalysts and the irreversible flow of information from templates to catalysts.

keyword : 分子生物学のセントラルドグマ、遺伝情報の起源、多階層進化

O-2B-1

**TFIIICを基礎とした転写因子群の特徴抽出及び
insulator活性を含む遺伝子発現調節機構メカニズム**○岩崎裕貴¹、池村淑道²、黒川顕¹、岡田典弘³¹国立遺伝学研究所、²長浜バイオ大学、³公益財団法人国際科学振興財団

tRNAは全ての生物種に共通したRNA遺伝子であり、遺伝子がコードされているtDNA領域はinsulator活性を持つことが知られている。tDNA領域がinsulator活性を示すためには、TFIIICの結合が必要であるが、その具体的なメカニズムは明らかにされていない。このTFIIICは、RNA polymerase IIIが結合しない領域にも結合することが知られており、その領域はExtra TFIIIC (ETC) と呼ばれている。tDNA領域及び、ETC領域に共通の特徴を調べることで、TFIIICに依存したinsulator活性を含む遺伝子発現調節機構メカニズム解明につながると考えられる。本研究では、tDNA領域及び、ETC領域におけるTFIIICに依存した遺伝子発現調節機構を調べるために、tDNA領域及びETC領域近傍に結合する転写因子の特徴抽出を行った。tDNA領域及びETC領域近傍に様々な転写因子が結合することが見られた。これらがTFIIICに依存したinsulator活性に重要な役割を果たしている可能性が考えられる。

keyword : tDNA、TFIIIC、転写因子複合体

O-2A-3

**Tajima's D during an infectious disease
outbreak**○大森亮介^{1,2}¹北大・人獣センター、²JST・さきがけ

Tajima's D measures the difference between two estimates of genetic diversity in a given sample set of nucleic acid sequences. Here we show how Tajima's D can be calculated/estimated by developing an inductive algorithm for calculating the site-specific nucleotide frequencies from a standard multi-strain susceptible-infective-removed model (both deterministic and stochastic). We show that these frequencies are fully determined by the mutation rate and the initial condition of the frequencies. We prove that the sign of Tajima's D is independent of the disease population dynamics and the negative sign does not imply the expansion of infected population in the deterministic model. We also show using individual-based simulations that the stochasticity in the transmission and evolution dynamics induces the dependency of Tajima's D and genetic diversity of pathogen on the disease transmission dynamics.

keyword : Tajima's D、数理モデル、感染症

O-2B-2

**SINE領域によるクロマチンの高次構造の
構築による遺伝子発現調節機構**岩崎裕貴¹、池村淑道²、黒川顕¹、○岡田典弘³¹国立遺伝学研究所、²長浜バイオ大学、³公益財団法人国際科学振興財団

Short Interspersed Repetitive Element (SINE) はヒトゲノムの約10%を占める反復配列の一種であり、多細胞真核生物に広く存在する。哺乳類のSINEの一部は哺乳類特異的CNEを構成し、哺乳類に特異的形質の発現に関与したことが知られているが、ヒトゲノム中に存在するSINEがヒトの発生分化や広範囲な遺伝子発現調節に関与している例は報告されていない。本研究では、SINE領域の遺伝子発現制御機構への関与の可能性の検証及び、その詳細メカニズムの解明を目的として、SINE領域近傍に結合する転写因子の特徴抽出を行った。

ENCODEデータベースに登録されている転写因子結合領域の情報を用いて、SINE領域近傍に結合する転写因子を調べた。結果として、大量の転写因子が結合している多くのSINE領域が発見された。幾つかのSINE領域では、培養細胞ごとに転写因子の集中度合いが大きく異なる例が見いだされた。これらの事実からSINE領域が細胞分化に関与している可能性が示唆されたので、そのモデルを提出したい。

keyword : SINE、転写因子、遺伝子発現調節

O-2B-3

ハイブリッドゲノム形成後の 大規模な遺伝子進化速度の低下

○岩崎渉^{1,2,3}、Sira Sriswasdi¹、高島昌子⁴、真鍋理一郎⁵、大熊盛也⁴、杉田隆⁶

¹東大・院理、²東大・院新領域、³東大・大気海洋研、
⁴理研・バイオリソースセ、⁵理研・ライフサイエンス技術基盤
研究セ、⁶明治薬科大・院薬

生物が持つ遺伝情報の全体であるゲノムは、生命活動を支える最も重要な基盤であり、それぞれの生物種において通常はほぼ安定した形で世代を越えて受け継がれる。一方で時に、異なる生物種の交雑によって、それぞれの生物種のゲノムが合わさってほぼ倍加した「ハイブリッドゲノム」が形作られることがある。ハイブリッドゲノムは生命の設計図であるゲノムを大幅に変化させ、生命進化の可能性を大きく広げる潜在力を持つが、ハイブリッドゲノムが新たな生物種のゲノムとして受け継がれていくまでに安定化する仕組みは良くわかっていない。本研究では、近縁種で2度独立にハイブリッドゲノムが生じたトリコスボロン属酵母のゲノム解析を行い、その安定化に遺伝子の進化速度の低下や転写・翻訳に関わる遺伝子の欠失が関わっていることを明らかにしたので、これについて報告する (Sriswasdi et al., *Genome Res*, 2016)。

keyword: 異質倍数体ゲノム、遺伝子進化速度、バイオインフォマティクス

O-2C-2

染色体末端の Short Tandem Repeat の 進化的起源

○三澤計治

東北大学・東北メディカル・メガバンク機構

Tandem repeat とは、あるDNA配列が一つの単位となり、それが直列に繰り返り、並んでいる配列のことです。繰り返り単位が短いものを、short tandem repeat (STR) と言います。様々な生物のゲノム中にSTRが多数存在していることが確認されています。STRはゲノム配列決定が難しくなる原因の一つです。2013年に、ゲノム中からSTRを見つける方法を開発しました (Misawa, 2013, *Genomics* **102**: 35-)。この方法を用い、ゲノムを解析したところ、ヒト、マウス、ウシ、ニワトリ、トカゲの5種では、染色体末端にSTRが多く見られることが分かりました (Misawa, 2016, *Gene Reports* **4**: 280-)。分岐年代から考えると、3億年前からSTRは染色体末端に多く存在していたと考えられます。染色体末端の起源を探索するため、硬骨魚類、昆虫、線虫など、より古い時代にヒトの祖先と分岐した生物についてもSTRの解析を行いました。

keyword: Tandem Repeat、染色体、分子進化

O-2C-1

レトロトランスポゾンの増幅がもたらした シス制御システムの多様性

○西原秀典

東工大・院生命理工

ゲノム中に散在する転移因子は、一般には機能を持たない寄生因子として認識されている。しかし一部の転移因子については、特定のタンパク質の結合サイトが偏って存在することが近年報告されてきた。すなわち、特にレトロトランスポゾンの転移増幅によってタンパク質結合サイトの源泉となる配列がゲノム中で拡散増幅し、類似機能を持ったシス調節配列を増大させてきた可能性がある。このことは生物の形態進化においても多大な影響を及ぼしてきたと考えられるが、実際にどの程度寄与してきたのかはほとんど明らかになっていない。本研究では、哺乳類の乳腺の発生に関わる4種類の転写活性化因子の結合配列を網羅的に解析した。その結果、数万ヶ所の結合サイトのうち30%前後が転移因子由来であることが明らかになった。その多くは遠位エンハンサーとして機能すると考えられ、特に乳腺形成遺伝子の周辺に密集していることが分かった。また、実際に一部の配列は乳腺由来細胞においてエンハンサー活性を持つことが示された。このようにレトロトランスポゾンは哺乳類の発現制御システムの形成に深く寄与しており、その特有の形態進化に多大な影響を及ぼしてきたと考えられる。

keyword: 転移因子、哺乳類、シス制御システム

O-2C-3

Human repeat sequences in Repbase: how to trace the origins of ancient repeats

○Kenji Kojima^{1,2}, Weidong Bao²

¹National Cheng Kung University, Taiwan、²Genetic Information Research Institute, USA

Repbase is a comprehensive database of eukaryotic transposable elements (TEs) and repeat sequences, and contains 1,355 human repeat sequences. Recent analyses of repeat sequences have accumulated evidences for the contribution of repeat sequences to the human evolution through becoming functional elements such as protein-coding regions or binding sites of transcriptional regulators. However, resolving the origins of these repeat sequences is a challenge because of their age, divergence and degradation. We have been continuously classifying ancient repeats as TEs by characterizing similar TEs from other organisms. Here we present the most comprehensive picture of human repeat sequences. Human genome contains traces of 10 clades (L1, CR1, L2, Crack, RTE, RTEX, R4, Vingi, Tx1 and Penelope) of non-long terminal repeat (non-LTR) retrotransposons (long interspersed elements, LINEs), 3 types (SINE1/7SL, SINE2/tRNA, and SINE3/5S) of short interspersed elements (SINEs), 4 classes (ERV1, ERV2, ERV3 and Gypsy) of LTR retrotransposons, and 7 superfamilies (hAT, Helitron, Kolobok, Mariner, Merlin, MuDR and piggyBack) of DNA transposons. We also show how we classify ancient repeats as TEs with several examples.

keyword: 転移因子、反復配列、ゲノム進化

O-2D-1

捕食能をもつ新奇バクテリアの報告

○白鳥峻志¹、鈴木重勝²、石田健一郎¹

¹筑波大学生命環境系、²国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター

本発表では、2015年にパラオ共和国の海水中から発見された新奇バクテリアについて報告する。本生物は他の自由生活性のバクテリアとの共培養によって維持されている。細胞は直径4-5 μm の柔軟な円盤状であり、基質上を変形しながら移動する。加えて他のバクテリアや小型の真核生物を包み込んで捕食する等、真核生物によく似た特徴が見られた。透過型電子顕微鏡観察では、本生物が真核生物のような発達した細胞骨格様構造や、捕食された生物が消化されていることが明らかとなった。その一方で、本生物は核やミトコンドリアといった真核生物がもつ一般的な細胞小器官を欠くことが示された。16S rRNA 遺伝子配列を用いた分子系統解析の結果、本生物はバクテリアの一群である Planctomycetes に属することが明らかとなったが、その配列は最も近縁なバクテリアと比較しても20%以上の差異が見られた。分子系統解析の結果から、本生物は真核生物とは独立に様々な真核生物様の形質を獲得したと考えられる。今後近縁のバクテリアとの比較ゲノム解析等を行うことで、本生物の特異な進化の過程を明らかにする予定である。

keyword : Planctomycetes、捕食、真核生物

O-2D-3

同一種内の淡水魚の個体群間の置き換わりで生じる地理的分断の検出

○谷口昇志¹、岡崎登夫志¹、Johanna Bertl²、Andreas Futschik³、岸野洋久¹

¹東京大・院農学生命科学、²Department of Molecular Medicine, Aarhus University、³Department of Applied Statistics, Johannes Kepler University Linz

純淡水魚は、海水を通じての分散が不可能なため、陸地の分断、さらには水系の変遷によっても分散が規定されるという特徴をもつ。淡水魚のミトコンドリア分子系統樹と分布図を詳細に検討したところ、一つの個体群の分布が同一種内の他の個体群によって分断される現象が確認された。この現象は、「同一種内の個体群間にも優劣関係があり、優勢個体群が劣勢個体群を置き換えることで劣勢個体群の分布に分断が生じる」という仮説を導入することで容易に説明できる。

演者は、淡水魚の採集地間の交流を表現するグラフを作成し、優勢個体群の分布と劣勢個体群の分布をグラフ上で比較することで、ある個体群が他の個体群によって地理的に分断されている度合いを定量化する手法を検討した。さらに、実際のサンプリングで得られたデータだけでなく、シミュレーションを作成しそれによって得られるデータについても地理的分断を検証した。

以上を踏まえ、淡水魚類相の形成過程について優勢個体群による劣勢個体群の置き換わりという観点から考察する。

keyword : 淡水魚、東アジア、置き換わり

O-2D-2

太平洋北西部地域の島嶼における Meimuna 属の分化

○長太伸章¹、大林隆司²、戸田守³、曾田貞滋⁴

¹科博・標本資料セ、²首都大・院理工、³琉球大・熱生研、⁴京都大・院理

太平洋北西部地域には大陸島である日本列島や琉球列島、海洋島である小笠原諸島など様々な島々が存在する。また、亜熱帯から亜寒帯までの気候帯に位置するため、生物多様性の高い地域の一つである。ツクツクボウシ属 *Meimuna* のセミは東アジアに分布するが、西部太平洋の島々に複数の種が分布する。そのため、本地域の生物相の成立を解明する上で好適な分類群である。本研究では日本を中心に分布する *Meimuna* 属5種について、核とミトコンドリアの複数の遺伝子を用いて種間および種内の系統関係を解明した。その結果、それぞれの種で地域ごとに明瞭な分化が見られ、特に琉球列島内で種内で大きな分化が見られることが明らかになった。また、小笠原諸島に固有のオガサワラセミは沖縄諸島のクロイワツクツクに近縁であり、琉球列島を経由して小笠原諸島に分布を広げたと推定された。またこれら以外の種内の地域間でも数十万年単位での分岐がみられ、異所的な分化が進んでいることが明らかになった。

keyword : 分子系統樹、地域分化、分岐年代推定

O-2E-1

沖縄特異的なヘリコバクター・ピロリの由来を探る

○鈴木留美子¹、松成修¹、斎藤成也^{2,3}、山岡吉生¹

¹大分大学、²総研大、³遺伝研

ヘリコバクター・ピロリ（ピロリ菌）は世界人口の約半数が保菌しており、菌の系統関係や病原因子に地理的多様性が見られる。感染は主に小児期に家族内から伝播するため、ピロリ菌の系統関係と宿主である人間の系統関係は並行的であり、ピロリ菌の系統解析から人類集団の歴史を推測することができる。これまでの我々の研究では、沖縄には本州のピロリ菌より分岐年代が古い菌集団が2グループ存在することがわかっていたが、近隣の東アジア型の菌と大きく異なっているため、それぞれの菌集団の由来は不明であった。今回は完全ゲノムを用いた系統解析、およびハウスキーピング遺伝子配列を用いた集団解析により、沖縄特有なピロリ菌がどこからやってきたのかを推定し、先史時代の琉球列島への人口流入について考えた。

keyword : ピロリ菌、琉球列島、人類移動

O-2E-2

日本人の集団分化のゲノムワイド探索

○岩崎理紗、颯田菓子

総研大・院先導科学

本研究は、遺伝的に近縁な集団との比較を通して、日本人で集団分化した領域をゲノムワイドに探索し、表現型との関連や、集団の歴史、環境要因との関連について議論することを目的とする。

1000 genomes projectのSNPを用いて、Hudson's Fstで各集団間の距離を比較したところ、北京の漢族が日本人と最も遺伝的に近縁であった。この2集団で、遺伝的浮動の影響が最も小さいと考え、強く分化した領域を探索した。最も強く分化を示した10個のSNP群は、8番染色体の、PSCA遺伝子の近傍約14 kbに集中していた。これらのSNPが作るハプロタイプは、びまん性胃がんの発症と関連するSNPのリスクアレル(T)とも強く連鎖しており、日本人では、このハプロタイプが他の集団より高頻度(日本人:0.63、他の集団:0.24~0.50)で蓄積していた。SFSからは、強く分化したSNPを含む観測値のピークは、任意交配集団での中立を仮定した推定値より優位に高く、他の集団で同様のピークは観察されなかった。しかし、各種の中立性の検定からは、この領域で自然選択を強く示唆するシグナルは検出されなかった。このことは、これらのアレルの振る舞いについては、日本人の集団が経験した集団動態を考慮する必要があることを示唆している。

keyword: 集団分化、集団遺伝

O-2F-1

羊膜類顔面の発生と進化

○東山大毅、栗原裕基

東京大・医・代謝生理化学

羊膜類の顔面は、顔面原基の同様の組み合わせによって発生するとされている。ところが哺乳類と双弓類の間では、神経や鼻涙管など構造の位置関係が異なり、この形態的差異を生む発生メカニズムはいまだ説明されていない。また顔面原基どうしが結合しない口唇口蓋裂モデルにおいて、ニワトリでは前上顎骨-上顎骨の間が裂けるのに対し、マウスでは前上顎骨(切歯骨)と呼ばれる骨要素が正中・側面の2部位に分かれるなど、上アゴを構成する原基の組み合わせと構造の関係が厳密には両者で異なる可能性がある。上記の差はどのような発生現象によって生まれ、いかに進化してきたのか。我々は、主にマウスやニワトリの頭部の組織切片を発生過程を通じて作成し、三次元的に再構成することで、各構造の発生を網羅的に比較した。また一過的に咽頭弓に発現するDlx1に着目してDlx1-CreERT2マウスを導入し、第一咽頭弓から派生する上顎突起を特定の時期で標識することによる、顔面発生の系譜追跡を中心とした研究を計画している。

keyword: 脊椎動物、形態、発生

O-2E-3

霊長類進化における嗅覚受容体遺伝子消失速度の上昇: 感覚器の構造および食性との関連

○新村芳人^{1,2}、松井淳^{1,2}、東原和成^{1,2}

¹東京大学大学院農学生命科学研究科、²ERATO東原化学感覚シグナルプロジェクト

環境中の匂い分子は嗅覚受容体(olfactory receptor, OR)により検出される。一般に、霊長類は高度な視覚系の獲得と引き替えに嗅覚系を退化させたと考えられているが、霊長類は昼行性・夜行性の種を含み、色覚系や鼻の形態も多様であることから、嗅覚系の退化を引き起こした主要な要因は明らかになっていない。そこで本研究では、生態的・系統的に多様な24種の霊長類の全ゲノム配列からOR遺伝子を同定し、比較解析を行った。霊長類の進化過程におけるOR遺伝子の欠失を解析するため、オーソログス遺伝子群(OGG)の同定を行い、系統樹の各枝におけるOGGの欠失速度を推定した。その結果、(1)直鼻猿類の共通祖先、(2)コロブス類の共通祖先、および(3)ホミノイドの各系統においてOGG欠失速度の大幅な上昇が見出された。(1)、(2)の枝ではそれぞれ、中心窩の獲得による高精度の視覚系の発達および果実食から葉食への食性の変化が起きたことから、感覚器の解剖学的構造および食性の変化との関連性が示唆された。本研究は、霊長類の進化過程における嗅覚系の退化には様々な要因が寄与してきたことを示している。

keyword: 霊長類の進化、化学感覚、遺伝子ファミリー

O-2F-2

恐竜型股関節の獲得過程の復元: 実験発生学的観点から

○江川史朗¹、阿部玄武¹、齋藤大介^{1,2}、田村宏治¹

¹東北大・院生命、²東北大・FRIS

恐竜の繁栄の鍵として、古くから派生的な後ろ足の姿勢が目目されてきた。これは主に特殊化した股関節(骨盤+大腿骨)形態に帰することができ、恐竜・鳥に至る系統での股関節形態の進化的変遷も記載されている。しかしながら、形態進化の実態が形態形成の変化である以上、この恐竜型股関節の獲得の機構論に迫るためには、祖先型股関節の形態形成がどのように変化して恐竜型股関節が獲得されたのかを理解する必要がある。本研究では骨盤側の構造(寛骨臼:大腿骨がはまる部分)の進化に焦点を絞り、祖先型・恐竜型の寛骨臼を持つ現生動物の胚を用い、実験発生学的手法で股関節周辺の組織間相互作用を解析することによって、恐竜型股関節の獲得に係る発生学的メカニズムを推論した。

上記の解析により、(1)祖先型寛骨臼(ソケット)は大腿骨から及ぼされる機械刺激により形成されていること、(2)“爬虫類”から鳥類に至る過程で、骨盤原基が大腿骨原基もしくは胚期の関節内間充織(interzone)からの分泌物へ応答しやすくなり、結果として恐竜型寛骨臼(孔)の獲得に繋がったこと、が示唆された。このような発生学的変化が、恐竜型股関節の獲得、更には恐竜型の姿勢の鍵となったと考えている。

keyword: 恐竜、骨格、形態形成

O-2F-3

Dlx4 遺伝子の進化学的解析とゲノム編集による実験検証

○隅山健太

理研・QBiC

ホメオボックス転写調節遺伝子 Dlx 遺伝子は進化的に新しく獲得された形質の発生に関わることが多く、動物の発生進化を考える上で非常に興味深い遺伝子である。哺乳類 Dlx4 遺伝子は Dlx3 遺伝子とゲノム上で高度に保存されたペアクラスターを組んでいる。Dlx3、Dlx4 遺伝子は同所に発現することが多く、発現制御メカニズムの一部を共有していると考えられている。Dlx3 遺伝子はこれまでのノックアウトマウス解析等から、胎盤や毛包発生などにおいて重要な役割を持つことが示されているのに対して、Dlx4 遺伝子の *in vivo* での機能解析はこれまで報告がなく、なぜこの遺伝子が進化的に失われることなく保存されているのか、その機能的な理由がまだわかっていない。さらに、分子進化解析から胎盤を持つ哺乳類に特異的なアミノ酸進化が Dlx4 遺伝子に生じ固定していることが示されているが、この理由も不明のままである。私たちは未知の機能の同定とその進化過程を明らかにするため、ゲノム編集技術を用いてマウス Dlx3-4 クラスターのコード領域・非コード領域の書き換えを行うことにより *in vivo* での機能解析を現在進めており、これまでに得られた機能解析の結果とその考察を報告する。

keyword: ゲノム編集マウス、分子進化、発生進化

O-3A-2

単一集団からのサンプリングによる進化モデルの選択

○家入雄樹

Grad. Sch. Sys. Life Sci., Kyushu University

生物の進化を理解する上で、その人口動態の構造や変化を理解することが重要である。なぜなら、分集団の存在や、集団分化の歴史を把握することと、これら人口動態の変化に影響される遺伝的多様性を測ることが進化の理解につながるからだ。このため、生物の人口動態を推定した研究は広く報告されている。これらが用いる方法の多くは、仮定された進化モデルの下で、そのパラメーターの推定をしているものの、同時に、どの進化モデルが適切かといった点もまた議論の対象となる。また、サンプリング上の制約で、必ずしも複数集団から DNA を取得できない場合もある。本研究では、単一集団から DNA が取得された時に、適切な進化モデルを選択する方法を提案する。単一集団、二集団、三集団、分岐、融合という進化モデルの下で、疑似観察データを作成し、これらについて、適切なモデルが選択されるかテストする。そして、我々の方法によって、単一集団とそれ以外を区別でき、また構造のあるモデルと時間的変化を経験したモデルを判別できることを示す。最後に、北米に生息するヌマスギに対して、我々の方法を適用し、先行研究と矛盾しない進化モデルが得られたことを示す。

keyword: 集団遺伝学、進化史の推定、モデル選択

O-3A-1

リシーケンスデータから探るシロイヌナズナ自家不和合性遺伝子座の進化過程

○土松隆志^{1,2}、Pauline Goubet³、Magnus Nordborg²、Xavier Vekemans³、Vincent Castric³¹千葉大学大学院理学研究院、²Gregor Mendel Institute、³University of Lille

自家不和合性の不活性化に伴う他家受精から自家受精への進化は、被子植物で何度も繰り返し起きたことが知られている。自家不和合性は、多くの場合自家不和合性遺伝子座 (S 遺伝子座) 上にコードされた雄遺伝子と雌遺伝子の特異的な相互作用によって成立している。モデル植物シロイヌナズナは自殖性であり、自家不和合性の不活化に関わる S 遺伝子座上の突然変異についてこれまでさまざまな機能解析・多型解析が行われてきたものの、S 遺伝子座不活化の詳細な過程は依然として不明な点が多かった。本研究では、計 1083 野生系統のリシーケンスデータを利用することで、種の分布を網羅するサンプルについて S 遺伝子座の多型を明らかにし、その進化過程を推定した。構造変異に基づく計 12 種類のハプロタイプを同定し、その分布を調べたところ、最終氷期以降他の系統と遺伝的交流のない「遺存系統」と呼ばれる一部の系統でも、機能的に重要な変異が他の系統と共有されていることが明らかになった。この事実は、自殖性の進化が最終氷期より昔に遡ることを示唆する。より基部で分岐した野生系統のデータも交え、シロイヌナズナにおける自殖の進化の初期過程を議論する。

keyword: 自家不和合性、リシーケンス、集団ゲノミクス

O-3A-3

Natural history of life history traits and a post-K-Pg nocturnal bottleneck of Placentals: Implications from neutral theory

呉佳齊¹、米澤隆弘²、岸野洋久¹¹東京大学農学生命科学研究科生物測定研究室、²復旦大学

Life history and behavioural traits are often difficult to discern from the fossil record, but evolutionary rates of genes and their changes over time can be inferred from extant genomic data. Under the neutral theory, molecular evolutionary rate is a product of mutation rate and the proportion of the neutral mutations. Mutation rates may be shared across the genome, whereas proportions of neutral mutations vary among genes because functional constraints vary among genes. By analysing evolutionary rates of 1,185 single-copy genes on a phylogeny of 89 mammals, we extracted historical profiles of functional constraints in the form of gene-branch interactions. By applying a novel statistical approach to these profiles, we reconstructed the history of 10 discrete traits related to activity, diet and social behaviours. Our results indicate that the ancestor of placental mammals was solitary, seasonally breeding, insectivorous and likely nocturnal. The results suggest that placental diversification began 10-20 million years before the K-Pg boundary (66Mya), with some ancestors of extant placental mammals becoming diurnal and adapted to different diets. However, from the Paleocene to the Eocene-Oligocene transition (EOT, 33.9Mya), we detect a post-K-Pg nocturnal bottleneck where all ancestral lineages of extant placentals were nocturnal.

keyword: phylogenomic association of traits and genes, nocturnal bottleneck hypothesis, rate-based ancestral state reconstruction

O-3B-1

ソメワケササクレヤモリゲノムから探る ゲノム領域に依存する不均等な遺伝子進化

○原雄一郎¹、竹内未紀²、景山優花³、辰見香織¹、
日比正彦^{2,4}、清成寛¹、工樂樹洋¹

¹理研・CLST、²名大・生物機能開発利用研究セ、³関西学
院大・院理工、⁴名大・院理

多様な脊椎動物のゲノム配列が決定され、遺伝子レパート
リーの進化を詳細かつ網羅的に知ることができるように
なった。しかし、ゲノム解析においてよく注目される重複
が頻繁に起きた遺伝子とは異なり、欠失が頻繁に起きた遺
伝子について我々は未だに多くを知らないままである。こ
の問いに答えるべく、我々が配列決定したソメワケササ
クレヤモリ (*Paroedura picta*) および8種の爬虫類を含む羊膜
類の遺伝子系統樹を網羅的に推定し、哺乳類と鳥類で独立
に失われたが爬虫類では保持されている遺伝子を同定した。
これらの欠失しやすい遺伝子を、欠失がほぼ起きずに進化
したパラログと比較すると、欠失しやすい遺伝子には多く
のアミノ酸置換が蓄積してきた傾向が見られた。それにと
どまらず、欠失しやすい遺伝子は高い同義置換率をもち、
遺伝子密度、GC含量、リピート密度が高いゲノム領域に
偏って存在することがわかった。本研究の結果から、コード
されるタンパクの機能的制約に支配されていると考えら
れていた、数億年にわたる脊椎動物の重複遺伝子の不均等
な進化は、ゲノム領域がもつ特徴にも起因している可能性
が示された。

keyword : 遺伝子欠失、Phyloome、ヤモリ

O-3B-3

ロングリード型NGSを用いた ニホンザル新規ゲノム配列決定

○郷康広^{1,2,3}、辰本将司¹、石川裕恵¹

¹自然科学研究機構・新分野創成センター・ブレインサイエ
ンス研究分野、²自然科学研究機構・生理学研究所・認知行動発
達機構研究部門、³総合研究大学院大学・生命科学研究科

高品質の新規ゲノム配列決定には、長い配列 (ロングリー
ド) を効率よく取得する必要がある。10xGenomics社
Chromiumシステムは、一本鎖DNA分子ごとに固有の分子
タグを付加、ライブラリーの作成を行うことで、同一分
子タグを持つリードごとにアセンブルし擬似ロングリード
を得ることができる構成になっている。Chromiumシス
テムを用いてヒト以外の霊長類で日本に唯一生息し、日
本の固有種であるニホンザルの新規全ゲノム配列の決定
を行った。予備的な解析の結果、公開されている参照配
列よりも数倍長いscaffold N50長が得られ、アセンブル
の正確性も既存の参照配列と同等であった。実験コスト
なども考慮した、Chromiumシステムの使い方・活かし
方、さらに長鎖型一分子ポータブルシーケンサー (Oxford
Nanopore) を用いたアセンブル精度向上に向けた取り組
みについても紹介する予定である。

keyword : NGS、ゲノムアセンブル、霊長類

O-3B-2

ウミヘビゲノムに探る羊膜類の海洋環境適応と 嗅覚の進化

○岸田拓士¹、工樂樹洋²、辰見香織²、戸田守³

¹京大・野生研、²理研・CLST、³琉球大・熱生研

羊膜類の嗅覚受容体は、空气中に揮発する化学物質をリガ
ンドとするため、海洋環境への適応進化に際して失われる
ことが予測される。実際、海棲の鯨類は陸棲哺乳類と比べ
て嗅覚受容体の多くを失っており、種によっては嗅神経さ
え持たない。だが、哺乳類以外の海棲羊膜類でもこの傾向
が見られるのかどうか、そして生活史の一部を陸に依存す
る両棲的な種の場合はどうかは知られていない。本研
究では、生涯を海中で過ごす海棲のクロガシラウミヘビ
Hydrophis melanocephalus、および卵生で産卵のために陸を必
要とする両棲のヒロオウミヘビ *Laticauda laticaudata* のゲノ
ムを解読して嗅覚関連の受容体遺伝子 (OR, TAAR, V1R,
V2R) のレパートリーを明らかにして、彼らと近縁な陸棲
ヘビ類との比較を行った。どちらのウミヘビも、陸棲ヘビ
類と比べると受容体遺伝子を大幅に失っており、鯨類との
収斂進化が確認された。海棲種と両棲種を比較すると、海
棲種の方がより多くの遺伝子を失っているが、その差は陸
棲種との差ほど顕著ではない。こうした結果から、羊膜類
の海洋環境への適応進化について考察したい。

keyword : 化学感覚、GPCR、de novo アセンブル

O-3C-1

新奇ヘテロロボサ生物SRT213における 縮退的ミトコンドリア機能の推測

○矢崎裕規¹、白鳥峻志¹、久米慶太郎²、橋本哲男^{1,2,3}、
石田健一郎^{1,2}、稲垣祐司^{2,3}

¹筑波大学生命環境系、²筑波大学大学院生命環境科学研究
科、³筑波大学計算科学研究センター

パラオ共和国のマングローブ底泥嫌気サンプルから真核微生物
SRT213株が単離された。SRT213は典型的なミトコンドリアの
代わりに嫌気・微好気環境生物に特異な縮退的ミトコンドリア
(mitochondrion-related organelle ; MRO) をもつことが電子
顕微鏡観察によって示唆された。また、SRT213はSSU rDNA系
統解析で嫌気性ヘテロロボサ生物 *Creneis carolina* (Panek et al.,
2014) と強い近縁性を示したため、MROをもつ新奇嫌気性ヘ
テロロボサ生物であると考えられる。これまでにMROに関す
る研究が行われたヘテロロボサ生物は *Psalteriomonas lanterna* (de
Graaf et al., 2009) と *Sawyeria marylandensis* (Barbera et al., 2010)
のみであり、この生物群におけるミトコンドリア縮退進化の全
体像を俯瞰するのに十分とは言えない。本研究では、ヘテロロ
ボサ生物におけるMRO縮退進化の理解を目指して、トランス
クリプトームデータを基盤にSRT213のMRO機能を推測した。
その結果、水素発生型ATP合成系関連遺伝子群を検出し、それ
らの一部のMROへの局在が示唆されたことから、SRT213は水
素発生型MROを保持しているものと考えられた。さらに、こ
れまでに解析された嫌気性ヘテロロボサ生物2種では検出され
ていないコハク酸脱水素酵素、F₀F₁ ATP合成酵素群、TCAサ
イクル関連遺伝子が検出された。以上の結果をもとにSRT213
を含む嫌氣的ヘテロロボサ生物におけるMRO機能の進化を議
論したい。

keyword : 縮退型ミトコンドリア、ヘテロロボサ生物、嫌気環
境適応

O-3C-2

尾索動物オタマボヤ綱ミトコンドリアゲノムの進化

○横堀伸一¹、笠原享祐¹、大塚玄航^{2,3}、西野敦雄³、小沼健⁴、西田宏紀⁴、山岸明彦¹

¹東葉大・生命科学、²岩手大・院連合農学・生物資源、³弘前大・農学生命科学・生物、⁴大阪大・院理・生物

尾索動物（亜門）はオタマボヤ綱、ホヤ綱、タリヤ綱に分類され、オタマボヤ綱には3科（オタマボヤ科、サイズチボヤ科、カサオタマボヤ科）が知られている。オタマボヤ科の *Oikopleura dioica* ミトコンドリア (mt) ゲノムが少なくとも9種のmtタンパク質遺伝子をコードしていることが報告されているが、mt tRNA並びにrRNA遺伝子は見いだされていない (Denoeud et al. 2010. Science 330:1381)。また、公開されている *O. dioica* ゲノムドラフトにはmtゲノムにコードされた遺伝子の配列は含まれていない。そこで、*O. dioica* のRNAseq解析 (Wang et al. Dev. Genes Evol. 2015. 225: 149) から得られたcDNA配列中にmtゲノム由来の配列を探索したところ、8種のmtタンパク質遺伝子のmRNAの配列が見いだされた。現在、これら等の配列に基づき、*O. dioica* のmtゲノムの配列決定を進めている。また、サイズチボヤ科の *Fritillaria haplostoma* からは、2種の環状mtゲノム配列が得られ、*O. dioica* のRNAseq解析で見いだされた8種のタンパク質遺伝子を見いだした。*O. dioica* と *F. haplostoma* 以外のオタマボヤ綱の複数種のmtゲノムの解析も行っており、これらの解析結果とあわせて、オタマボヤ綱におけるmtゲノムの進化について考察する。
keyword: オタマボヤ綱、ミトコンドリアゲノム

O-3D-1

複雑形質の単純な進化プロセス：シロアリの特殊な繁殖様式における前適応

○野崎友成、矢代敏久、松浦健二

京都大院・農・昆虫生態

社会性昆虫は多様な繁殖様式を進化させており、一部では有性生殖と単為生殖の両方の利点享受着しているものが存在する。ヤマトシロアリを含む複数のシロアリ種では、女王は有性生殖によって巣の構成員の大部分を生産する一方で、単為生殖によって後継女王を生産する。この繁殖様式が成立するには単為生殖能力だけでなく、単為生殖によって生産された個体の分化が後継女王へとバイアスする機構が必要である。複数の要素を同時に必要とする繁殖様式はどのような進化過程を経たのだろうか。今回我々は、シロアリの単為生殖による女王継承システムが、単為生殖能力の獲得だけで進化しうることを見出した。ヤマトシロアリに近縁で、特殊な繁殖様式を持たないオキナワヤマトシロアリの単為生殖能力は極めて低かったが、孵化個体は有性生殖の娘よりも後継女王へと分化しやすかった。また、遺伝子型解析の結果、偶発的単為生殖によって生産された個体はヤマトシロアリと同じく母親の片側の遺伝子型をホモ接合で有していることが分かった。これらの結果は単為生殖による女王継承システムが起源する以前に、母方ゲノムのみをもつ娘の分化バイアスが存在していたことを示唆している。

keyword: 繁殖様式の進化、単為生殖、シロアリ

O-3C-3

脊椎動物ミトコンドリアmRNAにおけるポリアデニル化サイトの網羅的探索と分子進化

○孫垚¹、栗崎政希¹、橋口康之²、熊澤慶伯¹

¹名市大・院システム自然科学、²大阪医大・医

ヒト・ミトコンドリアDNA (mtDNA) の転写は、制御領域から両方向にmtDNAをほぼ一周するように進む。生成したポリシストロニックRNAは、散在する22個のtRNAの5'及び3'末端において切断を受け、mRNAの3'末端には約45bpのpolyA配列が付加される。しかし、こうした機構が、少数の哺乳類以外の脊椎動物一般において、どの程度保存されているかは十分検証されていない。我々は、ニホンカナヘビを題材として、RNA-SeqデータからミトコンドリアmRNA (mt-mRNA) のポリアデニル化サイトを網羅的に同定する系を確立した。この手法を用いて、竜弓類 (爬虫類及び鳥類) の様々な種におけるポリアデニル化プロファイルと比較したところ、ヒトmt-mRNAのプロファイルと異なる事例をいくつか発見した。これらのpolyA付加サイトの変動には、特定の分類群の共通祖先で一回だけ生じたと考えられるものもあったが、独立して複数回生じたと考えられるものもあった。本発表では、脊椎動物mt-mRNAのポリアデニル化プロファイルの分子進化を探索するために、さらに種数を増やした解析を行った結果について報告する予定である。

keyword: ポリアデニル化、遺伝子配置変動、分子進化

O-3D-2

オオシロアリにおける補充生殖虫分化を制御する生理機構

○小口晃平¹、杉目康広²、下地博之³、林良信⁴

¹東京大・理・附属臨海、²北大・環境、³関西学院大・理工、⁴慶応大・生物

真社会性昆虫であるシロアリでは、雌雄の生殖虫が他個体のカースト分化を制御し、コロニー内の生殖虫の数を適切に維持している。祖先的な特徴を持つ多くのシロアリ種では、生殖虫の不在下では労働を担う老齢幼虫 (ワーカー) が補充生殖虫へと分化する。オオシロアリ *Hodotermopsis sjostedti* では、この補充生殖虫分化は同性の生殖虫により抑制され、異性の生殖虫により促進される。これまでにシロアリでは、体内の幼若ホルモン (JH) の濃度変動がカースト分化運命を決定することが知られる。これらのことから雌雄の生殖虫がワーカーの生理状態を変化させ補充生殖虫分化を制御することが予想されるため、雌雄の生殖虫存在下での「①補充生殖虫分化に要する期間」および「②体液中のJHの濃度変動」を解析した。その結果、雌雄の生殖虫分化では非対称性が見られ、特に、オス生殖虫のみ存在する場合、メスワーカーのJH濃度が低くなり、脱皮までの期間が短縮された。一方メス生殖虫は、メスワーカーのJH濃度を高め、脱皮までの期間を延ばすことが明らかとなり、雌雄の生殖虫はワーカーのJH濃度を操作して補充生殖虫分化を制御していることが示唆された。

keyword: 繁殖分業、カースト分化、幼若ホルモン

O-3D-3

相互探索の効率化が駆動するオスとメスの動き方の共進化

○水元惟暁¹、阿部真人^{2,3}、土畑重人¹

¹京大院・農、²国立情報学研究所、³JST, ERATO

有性生殖における重要なプロセスの一つは、オスとメスが出会うことである。探索相手の位置情報がない場合には、動きのパターンにより遭遇効率が決まるが、配偶者探索において、オスとメスはそれぞれどのような動き方をすれば、効率よくパートナーと出会うことができるだろうか。本研究では、オスとメスが互いに探索しあう状況を想定した理論モデルを構築し、探索時間が限られている時には、オスとメスで異なる動き方をすることが双方にとって最適であることを発見した。シミュレーションから、一方の性が直進的に、他方がその場に留まるように動く場合に、性間での遭遇確率が上昇することが明らかとなった。また、生物進化を模倣したシミュレーションを行うことで、オスとメスが同じ動き方をする祖先状態から、相互探索の効率化の結果、動き方に性差が生まれることを示した。以上から、動きのパターン以外の形質がすべて同じだと仮定しても、オスとメスが異なる動き方をすることが最適な探索戦略になり得るという新規の理論を確立した。本発表では、この動き方の性的二型が相互探索の効率を上げている系について、シロアリの配偶者探索を例に議論する。

keyword : Levy walk、性的二型、シミュレーション

O-3E-2

進化的マルチエージェントモデルによる リスクへの態度の分析と アンケートデータセットによる多面的な検証

○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モデルを構築した。このモデルによるシミュレーションから、未来の世代に影響を与えると認知されるリスクへの態度に影響を与えるのは、エージェントの年齢や、血縁者からの支援の大きさ、性別などの属性であることが示唆される。さらに、これらの属性が現実世界においても実際に影響を与え得るかを検証するため、複数のアンケートデータセットを用いた分析を行う。アンケートデータセットには、日本国内の社会調査で得られたものだけでなく、アメリカのデータも含めることで、異なる文化において同様の傾向が観察されるかについても検証を試みる。

keyword : 血縁選択、マルチエージェント、アンケート解析

O-3E-1

現生人類での精神活動関連遺伝子の進化： シアル酸転移酵素STXの低活性化による 東アジア集団での適応

○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・先導研、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は脳内の神経細胞間の細胞接着の程度を決定する。STXは統合失調症や自閉症などの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遺伝子の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活性をもつことを示した。本研究ではこれらのタイプについて、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、1000人ゲノムプロジェクトの2504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。Site frequency spectrum、relative EHH、及びhomozygosity tract lengthを用いた解析の結果、低活性タイプに正の自然選択が働いた可能性が示された。また、4つのプロモータータイプは約50万年前のアフリカで分岐し、低活性タイプへの自然選択は約1.7～2.1万年前に始まったことが示唆された。低活性タイプは東アジアで最も高頻度に見られることから、東アジアで起きたとされる異文化をもつ集団同士の出会いと、この自然選択は関連する可能性がある。

keyword : 適応進化、出アフリカ、精神疾患

O-3E-3

何が旧人文化を制約したのか：負傷仮説の検証

○中橋渉

総研大・先導研

旧人(ネアンデルタール人)は数十万年に渡ってユーラシアで繁栄したが、新人(ホモ・サピエンス)の出現に伴って3万年前頃に絶滅した。その一因として考えられるのが両者の文化差であり、旧人の文化は新人の文化に比べて単純で多様性に乏しい。例えば、新人の行っていたような飛び道具を用いた小型動物の狩猟や細かな社会的分業は、旧人文化にはほとんど見られない。

複雑な文化技術には身体技能の熟練が必要なため、身体機能が低下するような負傷をすると、その技術を失うと考えられる。そこで旧人化石データを調べ、身体機能を低下させるような負傷の頻度を求めた。その結果、成人個体の8割以上に何らかの負傷が見られ、その半分以上はかなりの重症であったことが分かった。次に、この高い負傷頻度が旧人社会における文化技術の維持に及ぼした影響を、数理モデルによって見積もった。その結果、旧人の狭い社会交流範囲では、全身の高度な身体機能が必要とされるような複雑な文化技術を維持することが困難であったことが明らかになった。新人旧人の文化差の要因に関しては様々な仮説が存在したが、本研究は定量的に仮説検証を行った初めての研究になる。

keyword : 文化進化、ネアンデルタール人、数理モデル

O-3E-4

言語にはなぜ語彙的要素と
機能的要素が存在するのか

○藤田 遥

京都大学大学院人間・環境学研究所

人間言語を構成する語彙項目は、名詞や動詞といった語彙的意味を担う要素（語彙範疇）と補文標示や時制表現といった文法的な役割を担う要素（機能範疇）に分類される。本研究の目的は、こうした2つの範疇が人間言語に存在する背景を進化的観点から説明することである。具体的内容を表象しているという点で、語彙範疇は機能範疇よりも原初的であると思われるが、初期の言語における要素には、意味内容と不可分の状態で文脈を指示する表象も付随していたと考えられる（Fujita and Fujita 2016）。本研究では、こうした状態から機能範疇が独立して生じたプロセスとして以下の2つを提案する。（1）生物進化的プロセス：思考を中心とする内的言語において、各要素に共通する文法的表象がカテゴリー化などの認知能力により分離した。（2）文化進化的プロセス：コミュニケーションを中心とする外的言語において、内的言語をそのまま外在化したのでは伝達し難い関係性を標示する手段として文法的マーカーが発達した。前者は語彙の数を抑えつつ言語表現の幅を広げるという点で、後者は情報伝達を向上させるという点でそれぞれ適応的であったと考えられる。

keyword：言語進化、語彙範疇、機能範疇

O-3F-2

ヒト・類人猿間の皮膚での遺伝子発現比較と
ヒト特異的形質について○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

類人猿と比較してヒトの皮膚は表皮と真皮が厚く、それらを結合している基底膜の構造も特徴的な波型であり表皮と真皮の結合の強度を高めていると考えられる。また、ヒトの皮膚は高い伸縮性を持つことも知られている。これらはヒトで減少した体毛の代わりに皮膚の強度を増し外部の物理的な刺激から体内部を保護していると考えられている。本研究では、このようなヒト特異的皮膚形質が進化の過程でどのような遺伝的基盤によって獲得されてきたのか、発現量に焦点を当てた類人猿との種間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5個体、チンパンジー、ゴリラ、オランウータン各種3個体ずつの皮膚を用いたRNA発現量解析（RNA-seq）を行った。ヒトと類人猿のゲノム配列を参照配列として各々に各個体のRNA-seq配列をマッピングし、どの参照配列でもヒト5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、皮膚の伸縮性や基底膜に関わる複数の遺伝子の発現量がヒトで増加しており、これらのヒト特異的発現が上記で述べたヒト特異的皮膚形質に繋がっている可能性が示唆された。

keyword：ヒト特異的皮膚形質、類人猿、遺伝子発現量

O-3F-1

転写因子POU3F2にみられる
哺乳類特徴的分子構造の脳皮質発生における役割

○橋詰晃一、那須信、植田信太郎

東大・院理

真核生物ゲノム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（単一アミノ酸リピート）が蓄積していることが知られている。特に転写因子への単一アミノ酸リピートの挿入は、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、進化の原動力となることが示唆されている。しかし、その実証的研究はほとんど行われていない。このようなリピートの意義を実験的に明らかにするために、転写因子POU3F2/BRN2に着目した。POU3F2は神経発生において重要な役割を果たすことが知られているが、その配列内にはよく保存された複数の単一アミノ酸リピートが哺乳類特異的に挿入されている。本研究により、このリピートがPOU3F2の活性を変化させることが示された。さらに、POU3F2のリピートを完全に欠失した遺伝子組み換えマウスを作出したところ、脳の発生に変化がみられ、大脳皮質におけるアストロサイトが減少した。以上の結果は、進化の過程でPOU3F2に挿入された単一アミノ酸リピートが、哺乳類におけるアストロサイト増大に寄与した可能性を示唆し、単一アミノ酸リピートの生物学的意義を示すものである。

keyword：単一アミノ酸リピート、アストロサイト、哺乳類

O-3F-3

2つのルシフェラーゼの
遺伝子発現プロファイルの比較○別所学^{1,2}、小西花織¹、大場裕一²¹名古屋大・院生命農学、²中部大・環境生物

ホタルの発光は酵素反応であり、ルシフェリン（発光基質）がルシフェラーゼ（酵素）によって酸化されることで、ホタルの光が放出される。ホタルルシフェラーゼは1種につき1つ持つと考えられていたが、近年、ゲンジボタルが2つのルシフェラーゼを持つことが明らかとなった（Oba et al., 2010）。ホタルは、成虫だけでなく卵や幼虫、蛹も発光する。従来知られていたルシフェラーゼであるLuc1は成虫や幼虫の発光器で発現していると考えられていたが、一方で、新しく見つかったLuc2がいつ、どこで発現しているのかについては明らかとなっていなかった。本発表は、ホタル科におけるルシフェラーゼの進化を明らかにするため、マドボタル亜科ヤエヤママドボタル（Lampyrinae: Pyrocoelia atripennis）とホタル亜科ヒメボタル（Luciolinae: Luciola parvula）のホタルを用いて、Luc1とLuc2の酵素的性質と、遺伝子発現プロファイルを比較した。

keyword：生物発光、ホタル、遺伝子発現

O-3F-4

サンゴの蛍光タンパク質遺伝子族の異なる発現とその機能

○仮屋園（高橋）志帆、寺井洋平

総研大・先導研

蛍光タンパク質（FP）は、短波長の光を長波長に変換し蛍光として放射する性質から、イメージングマーカーとして応用されています。しかし自然界での役割は未解明です。これまでの研究で、サンゴ礁をつくるサンゴの一種であるコユビミドリイシは、約31-35遺伝子からなる多重FP遺伝子族を持つことが、定量PCRによる遺伝子数推定で示されました。またこの多重遺伝子族が同じ科のサンゴで維持されていることから、その重要な役割が予想されました。本研究の目的はFPの役割解明への第一段階として、個々のFP遺伝子の塩基およびアミノ酸配列と発現量の違いを明らかにすることです。次世代シーケンシングのリード（250 bp）からFP遺伝子の1つのエクソン（約200 bp）の配列のバリエーションを決定しました。これらのエクソン配列とRNAseqの情報から、個々のFP配列の発現を調べると、高発現のFP配列を持つ個体と持たない個体が存在し、その違いがFPの総発現量の個体差を作っていました。また成体と幼生で、機能の異なるFP配列が発現していることから、FPが生活史の異なる段階で特異的な役割をもつ可能性が示唆されました。

keyword：多重遺伝子族

O-4A-2

ツールとしての祖先型配列：キメラ解析への応用

○湯浅創

高知大・理工・生化学

パラログな遺伝子（産物）の間に見られる活性の違いは、それらのアミノ酸配列の違いに起因することは明らかであるが、多くの中立な変異の中から、活性に関わる残基を特定することは意外に難しい。活性に重要な残基を効率的に絞り込む手法として、キメラ酵素の解析が考えられるが、実際にキメラ酵素を作成してみると、一部のキメラが不溶化するなどのケースが散見された。原因は「一方の系統で中立な変異が、異なる（中立な）変異を蓄積してきた別の系統でも中立だとは限らない」からだと考えられる。この問題を可能な限り回避するには、活性は異なるものの、出来るだけアミノ酸一致率の高い配列ペア間でキメラを作ることが望ましい。（予想）祖先型配列は、遺伝子重複からの時間経過が短い分、互いに高いアミノ酸一致率を保っており、キメラ酵素における不溶化などの不具合も起きにくいと予想される。

今回、トリプトファン分解酵素であるインドールアミン2,3-ジオキシゲナーゼ（IDO）の分子進化を例に、祖先型配列を用いたキメラ解析により、高い基質親和性や酵素活性に重要な残基を特定できたケースを紹介する。

keyword：トリプトファン分解酵素、キメラ解析、祖先型配列

O-4A-1

ゲノム規模系統解析のための高速で汎用的な系統誤差軽減法の開発

○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 進化遺伝学研究室、²首都大学東京 理工学研究科附属 生命情報研究センター

シーケンシング技術の急速な発展によりゲノム規模の配列データが取得可能となったことで、系統解析における現在の主要な問題は、少ない座位数による確率誤差（stochastic error）によるものから、既存の置換モデルへの適合が不完全なことによる系統誤差（systematic error）によるものへ移行している。この問題に対処するため、置換モデルの改良や置換モデルに適合しないデータの排除など、様々なアプローチが考案されてきた。しかしながら、これまでの方法では、対応できる系統誤差が限られたり、効果が指定されたパラメーター値に依存したり、長大な計算時間が必要であったりと多くの課題が残されている。本研究では、配列間の観察距離と推定系統樹上での枝長を比較することで、多様な系統誤差に対応し、入力するパラメーター値の影響を可能な限り排した高速な方法の開発を試みた。コンピューターシミュレーションによって生成されたデータと、実在の配列データを用いて本方法の検証を行った。

keyword：ゲノム規模系統解析、系統誤差

O-4A-3

PHYLIPにおけるbootstrap解析・consensus系統樹推定における不具合の解消と機能強化

○嶋田誠¹、西田恒俊^{1,2}

¹藤田保健衛生大学・総合医科学研究所、²西田コンピューティングサービス

分子進化解析パッケージPHYLIPはフリーソフトウェアとして1980年に先駆けて公開されて以来、世界中で愛用され続け、今なお多くの共用コンピュータで定番ツールの1つとして装備されている。我々は、四半世紀もの間放置されていた、bootstrap解析における不具合の原因を突き止め修正した。これまで時折、OTU数が多い等の条件が重なると、特定のclusterにおけるbootstrap値が複数に分割されて出力される事案が発生していた。さらに、最後に出力されたbootstrap値のみを当該clusterのbootstrap値として、consensus系統樹の推定を行うため、誤ったconsensus系統樹を導くことがあった。我々はその原因が、演算順序の違いで生じた、本来同一clusterを表す数値が、近似計算を経る過程で別の数値となることで、別clusterとして認識され、複数に分割されることによることを突き止め、修正コードを公開した。さらに、大量の配列を用いた複数座位の系統樹解析を、配列アライメントの段階から自動化できるよう、既存ツールと連携させた補強プログラムとともに公開した。

keyword：PHYLIP、bootstrap、解析ツール

O-4B-1

シアノバクテリアにおける窒素固定能の起源

○堀池徳祐¹、下山祐紀²、渡邊知輝¹¹静岡大・農、²静岡大・院総合

一般的に窒素固定する細菌としては β プロテオバクテリアに属するリゾビウム属細菌、放線菌のフランキア属細菌が広く知られているが、各種シアノバクテリアも窒素固定をおこなう。シアノバクテリアの場合、窒素固定能力を持たないものも多いため、窒素固定能の起源については諸説存在する。一つはシアノバクテリアの共通祖先から窒素固定能が受け継がれてきたとする説で、もう一つはシアノバクテリアの特定の系統で獲得したとする説である。

我々の研究室ではある系統における遺伝子の増減をDTL (Duplication, Transfer and Loss) モデルに基づき網羅的に調べるためのプログラムを開発してきた。DTLモデルは確率論的モデルとは異なり、再節約法を採用しているが、遺伝子水平伝播の多い原核生物では高い頻度で水平伝播が起こることが知られているため、原核生物を対象とした場合、水平伝播を想定したDTLモデルのほうがよく当てはまると考えられる。このプログラムでは各遺伝子のGO情報に基づき、任意の系統的位置における任意の機能(GO情報)を持つ遺伝子の有意な増減を求めることができる。本発表ではこのプログラムを用いて、シアノバクテリアの窒素固定能力を持つ遺伝子に対して解析した結果を報告する。

keyword: 系統解析、窒素固定、シアノバクテリア

O-4B-3

メダカ性決定遺伝子*dmy*のDNA結合性と多量体化に関わるコード領域の分子進化

○萩田悠作、中迫啓、回測修治、田村啓、高松信彦、伊藤道彦

北里大・院理学研究科

メダカの性決定遺伝子*dmy*はY染色体に座位し、未分化生殖巣をオス化に方向付ける。*dmy*は、メダカの祖先種においてオス化誘導に関わる転写因子遺伝子*dmrt1*の重複進化により誕生し、性決定遺伝子として分子進化してきたが、その機能進化に関わる分子機構の知見は少ない。我々は以前DMYの分子進化において、DNA結合能を高める変異アミノ酸を同定し、その正選択を示唆した(第17回大会)。興味深いことに最近、DMRT1のDNA結合配列を*in vitro*選択法により調べた。その結果DMRT1では3量体、DMYでは2量体用の結合配列の濃縮が認められた。次にゲルシフト法によってDNA結合性と多量体化形成との関連性を検討したところ、DMRT1は3/4量体でDNA結合する能力を有するのに対し、DMYはその能力が極端に低下していることがわかった。これらから、DMYは標的配列の特殊化によって多量体化形成能を喪失した可能性が考えられた。現在、その喪失に関わるアミノ酸変異の同定と解析を行っている。

keyword: 性決定、メダカ、分子進化

O-4B-2

ショウジョウバエにおける抗カビ免疫システムの分子進化メカニズムの解明

○瀬戸陽介¹、田村浩一郎^{1,2}¹首都大・理工・生命、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微生物の作用によって発酵、腐敗した食物を利用しており、摂食の過程で様々な微生物に感染している。そのため、免疫システムはショウジョウバエが様々な微生物環境へ適応するために必要不可欠な要素である。これまでに、樹液や朽木を餌とし、真菌が多い環境で生息しているクロショウジョウバエは、発酵した果実を餌とするキイロショウジョウバエよりもアオカビの感染に対して強い耐性を示すことが明らかとなっている。そこで、本研究では、真菌の多い環境への適応進化メカニズムを分子レベルで解明するために、樹液食やキノコ食など真菌が多い環境に生息するショウジョウバエ数種を用い、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。経口感染に対する宿主免疫において重要な役割を果たす腸管での局所的な免疫応答と脂肪体を介した全身性の免疫応答に着目して解析を行った結果、腸管においては種間で共通して活性酸素の生成を中心とした免疫応答が観察された。一方で、脂肪体では抗菌ペプチドの産生を中心とした免疫応答が見られ、その発現パターンは種間で大きく異なっていることが明らかとなった。

keyword: 免疫、アオカビ感染、ショウジョウバエ

O-4B-4

原生動物・有孔虫の殻は当てにならないのか?

○氏家由利香¹、石谷佳之²¹高知大学・海洋コア総合研究センター、²筑波大学・計算科学研究センター

真核生物の1大スーパーグループであるリザリアを代表する有孔虫は、炭酸塩をはじめとする様々な素材で外骨格の殻を形成することから、殻の形態的特徴に基づいて種分類が行われてきた。しかしリボソーム遺伝子解析によって、殻の形態種内での隠蔽種の存在が認められ、殻の材質ごとの単系統性が示唆されてきた。つまり「殻」の特徴だけでは、本来の系統進化を過小評価してきたと考えられる。一方、有孔虫は成長した細胞の外側に殻を形成するため、殻と細胞の外形はほぼ一致する。そこで本研究は、主要な細胞骨格である微小管に関連する β チューブリン遺伝子を用いて、異なる形・殻材質をもつ有孔虫種の系統解析を行い、本来の「形」に関する系統進化を調べた。その結果、有孔虫は殻の材質に関係なく、大きく2つのグループに分かれる事が明確になった。これらは直線的に細胞を成長させるものと、扇形状に成長させるグループと一致した。本結果は、有孔虫が細胞の形と関連して進化してきたことを示唆した。

keyword: リザリア、 β チューブリン遺伝子、細胞形態

O-4C-1

ヒト歯列の「形態と構造と機能」・その進化と変化

○松島正和^{1,2}

¹ 神田歯科医院、² 日本歯科大学新潟生命歯学部第1補綴学講座

顎の獲得は脊椎動物にとって、一大革命だった。顎の獲得により栄養源を積極的に捕獲することが可能となった。やがて、口腔と鼻腔を隔てる構造と頬を獲得し、栄養源の摂取は捕食から咀嚼へと劇的な展開を遂げる。すなわち、顎の獲得こそ、鋭い感覚器官と、強靱な運動能力の発達に大いに貢献したといえる。また、それと呼応するように、歯牙・歯列は形態を整え、栄養源の消化吸収における効率化に成功し、恒温動物の恒常性維持に貢献した。今回、ヒトの歯列形態の特徴と、ライフステージから捉えた形態変化について、巨視的観点から考察したい。

keyword：顎の獲得、栄養源の消化吸収における効率化、ヒトの歯列形態

O-4C-3

アメフラシに寄生する扁形動物 *Urastoma* sp. の多産系統

○吉田渉¹、田中議顕²、須藤耕佑³

¹ 弘前大・農学生命科学・生物、² しまね海洋館、³ 国立科学博物館

種内変異は遺伝的に繋がった個体の集団としての個々の種がもつ属性と理解されている。これがいわゆる個体群的思考である。マイアは「種とは互いに交配しうる自然集団で、それは他のそのような集団から生殖の面で隔離されている」と定義した。*Urastoma cyprinae* は、寄生体から離れると繭（コクーン）を形成し、その中には多数の卵をもつ卵嚢を2～3個産み落とす。そして卵嚢内で発生が進み、20日程度で孵化し、繭から出て行く。2枚貝に寄生する *U. cyprinae* は一属一種とされ、そのライフサイクルは依然として不明瞭である。今回報告する *Urastoma* sp. はアメフラシの鰓に寄生し、成熟個体は宿主から離れると数日後に繭を形成した。繭内に産み落とされた卵嚢数は2～4個で、一つの卵嚢から孵化した仔虫数は平均25.8で、ヨーロッパのムール貝に寄生する *U. cyprinae* の3.9 (embryos/ egg capsules) より多産であった。これら *Urastoma* sp. の系統性は、異なる宿主及び産地の個体毎の18S rDNA配列により比較検討され、併せて寄生性扁形動物 Fecampiidae 科内の種との系統縁関係が推定された。

keyword：寄生、扁形動物、系統分類

O-4C-2

Function and dynamics of insulin-like peptides during weapon formation in horned flour beetle: the nature of honest signal

○Yasukazu Okada¹, Takene Ozawa¹, Masako Katsuki¹, Kensuke Okada²

¹ Grad. Sch. Arts & Sciences, Univ. Tokyo., ² Grad. Sch. Env. Life., Okayama Univ.

Sexually selected animal ornaments are known to be nutrition-sensitive during development. Nutrient-sensing mechanisms such as insulin signaling, are considered to play roles in transmitting the individual “condition” to phenotypic outcomes. So far, there is evidence that gene-knockdown (RNAi) of insulin receptor (InR) diminishes the weapon growth in horned beetle. However, thus far, the molecular nature that actually transmits nutritional state to growth is unclear. For example, transcript level of InR is unlikely to respond to nutritional condition and therefore, detection of other molecules that indeed respond to nutritional condition is the important next step.

We here focused insulin-like peptides that are predicted to link nutritional state to phenotype. By using transcriptome, we identified several insulin-like peptides (ILPs) in broad-horned flour beetle *Gnatocerus cornutus*. RNAi-mediated gene-knockdown and qPCR revealed that 1) one specific type of ILP had clear morphogenetic effect on weapon size, 2) transcript level of this peptide exhibited a clear peak during development in high condition individuals. We will summarize tissue-, stage- and condition- specificities of ILP expression, and then discuss their developmental function on the growth of sexually selected male weapons.

keyword：phenotypic plasticity, animal weapon, insulin

O-4C-4

ミドリシリスの繁殖パターン

○三浦徹、小口晃平

東大・理・臨海

環形動物門、多毛綱に属すシリス科の多くの種では、生殖腺が発達した個体の尾部がストロンと呼ばれる個体へと分化し、親個体から分離・遊泳し、放卵・放精を行う。この様式は種により多様化しており、ストロンが複数連結したり、体の途中から個体が分岐して出現するなど、通常の動物種ではあり得ない増殖様式を示す。後生動物において受精卵を出発点としない発生様式は進化発生学的に興味深く、繁殖様式に種間多様性が見られる点は、進化生態学的にみても極めて興味深い。しかしながらシリス類の繁殖様式については、少数の記載的な先行研究のみに留まっており、生理機構や発生制御機構については全く研究されていない。我々は、日本の沿岸部に広く棲息するミドリシリス *Megasyllis nipponica* について、神奈川県三浦市および北海道小樽市の沿岸部で採集した系統の飼育と繁殖を試み、モデル実験動物化を目指している。本発表では、ミドリシリスの興味深い生活史と生態とともに、我々の開発した飼育・維持・繁殖の方法についても紹介し、定期野外採集と室内飼育から見てきたミドリシリスの繁殖パターンについての結果を報告する。

keyword：生活史、ストロナイゼーション、シリス

O-4D-1

相利共生系における多様性の維持メカニズム

○江副日出夫

大阪府大・院理

多種対多種の相利共生系においては、パートナー間ではたらく正のフィードバックのために系内の多様性が保たれにくいという理論的な予測がある。これが正しければ、相利共生関係が進化してパートナー選択が強くなるにつれ、系全体の多様性が減少していくと考えられる。本研究では、マメ根粒菌系を基にした2宿主系統-2共生者系統の相利共生系に関する数理モデルをたて、宿主によるパートナー選択の強さが系の動態に及ぼす効果を調べた。共生者1, 2はそれぞれ宿主1, 2に対しては相利的だが、もう片方の宿主に対しては寄生的である。宿主は環境中から共生者を無作為に選ぶが、パートナー選択が強いほど寄生的な共生者に渡す資源が少ないとする。相利的な共生者は、受け取った資源の一部を宿主に渡す有用物の生産に費やすが、寄生的な共生者はそれを全部自分の増殖に用いるとする。解析の結果、宿主の系統内競争が強く、共生者の数を宿主が適応的に調節できる場合は、パートナー選択が弱いときと強いときの両方で4種安定共存解が存在することがわかった。今回の結果は、多種対多種の相利共生系の多様性の変化の方向に対する新しい示唆を与える。

keyword : 相利共生、数理生態学

O-4D-3

グッピーにおいて錐体オブシン遺伝子の多型が色覚およびメスの配偶者選好性に与える影響

○酒井祐輔¹、河村正二²、河田雅圭¹¹東北大・生命、²東京大・新領域

グッピーのオスにおける体色の種内多様性の進化には、メスが示す多様な配偶者選好性が関与していると考えられている。この多様な配偶者選好性を産み出す要因として、体色の知覚に関わる色覚の多様性が注目されてきた。しかし、色覚の多様性が生じるメカニズムや色覚の変化がメスの配偶者選好性に与える影響は全く分かっていない。本研究では、視物質を構成するオブシタンパク質に注目し、オブシン遺伝子の配列多型および発現量の変化が、個体レベルで色覚やメスの配偶者選好性に与える影響を検証した。遺伝子発現量解析の結果、オブシンの遺伝子型と発育時の光環境の両方の影響を受けてオブシンの遺伝子発現量が変化することが示された。また、こうしたオブシン遺伝子の発現量変化は個体の光感受性に影響を与えていた。さらに、複数のオブシン遺伝子の発現量が高いメスほど、面積の大きなオレンジ斑をもつオスに対して強い反応を示すことが明らかとなった。これら一連の研究から、遺伝的および光環境応答的に生じるオブシン遺伝子の発現量変化が多様な色覚を実現させ、さらにそれがメスの配偶者選好性の多様性を生み出している可能性が示唆された。

keyword : 色覚、配偶者選好性、種内多様性

O-4D-2

Some effects of locality in random matching on equilibrium selection of games

○宮下春樹、福住多一

筑波大 院・人文社会科学

We discuss the effects of differences in the matching structure among players in the evolutionary game theory on equilibrium selection.

Referring to Hilbe (2011) Kandori, Mailath and Rob (1993) and Young (1993), we formulate adaptive dynamics when each player's opponent is part of a randomly chosen group.

We apply this adaptive dynamics to the stag hunt game and prisoner dilemma game with sanction strategy (Weibull and Salomonsson, 2006) and examine the characteristics indicated by the stable state of the player group by numerical examples.

In the case of former, it is assumed that the whole population is ten, and three players are chosen from among them. The result will show that the cooperative action is promoted as the number of randomly picked players is growing.

In the case of latter, it is assumed that the whole population consists of eight players and analyze the case where three random players are picked and compete against each other. As a result, it will show that the only stable condition is when all players decide to choose strategy D.

keyword : Finite population, Random matching, The evolution of cooperation

O-4D-4

シロオビアゲハにおける擬態と配偶者選択の適応的共進化

○辻和希^{1,2}、畑野俊貴¹、加藤絵美²、加藤三步¹、鶴井香織³、佐藤行人³、立田晴記^{1,2}、木村亮介⁴¹鹿児島大学連合大学院、²琉球大学農学部、³琉球大学戦略的研究プロジェクトセンター、⁴琉球大学医学部

シロオビアゲハは雌だけがベイツ擬態を示すアジア熱帯広域分布種である。雌には、雄と同じ表現型を示す非擬態型もあり、興味深いことにどの集団でも擬態型と共存する多型を示す。この擬態はdoublesexという常染色体上のスーパーゾーンに支配され擬態型は非擬態型に対して優性である。シロオビアゲハの生息地である琉球列島には、かつて擬態のモデルである有毒種ベニモアゲハが分布しなかった。しかし、ここ50年の間に多くの島でモデルが定着した。それによる自然淘汰圧の変化で、シロオビアゲハの翅模様のパターンと配偶者選択行動における迅速な進化が生じた事実を、島間の表現型比較、飼育下での実験、mtDNAによる島間遺伝的分化などのデータで総合的に明らかにする。

keyword : mimicry, mate choice, rapid evolution

P-01

凍結融解によるリボソーム融合を介した人工細胞への栄養供給法の確立

○辻岳志^{1,3}、角南武志³、藤井聡志¹、市橋伯一^{1,2}

¹大阪大・院情報科学、²大阪大・院生命機能、
³大阪大・未来戦略機構

脂質二重膜小胞（リボソーム）は、細胞膜のモデルにも使われ、膜小胞内部で生化学反応を進行させる区画として機能する。しかし、細胞が膜タンパク質などを通して、外部の環境から基質を取り込むことができるのに対して、リボソームはそのような機構を持っておらず、リボソーム内における継続的な生化学反応は困難である。この問題を解決するために、本研究では一方のリボソーム内に基質を封入し、他方の反応系リボソームと融合させることで基質を供給することを目的とした。我々はリボソームを遠心により凝集させ、リボソーム溶液を凍結後、融解させることでリボソーム同士が融合し、内部溶液および脂質膜の混合が見られることを発見した。この方法を用いて、RNA複製反応に必要な基質を十回供給することに成功した。更に、凍結融解によるリボソーム融合を介して、タンパク質の合成反応に必要な再構成無細胞翻訳系の供給と、それを繰り返すことでRNA自己複製反応に対して基質を3回供給することに成功した。以上の結果より、原始地球であり得た「凍結」という刺激によって栄養を獲得し生化学反応を継続する人工細胞の構築に成功した。

keyword：リボソーム融合、遺伝子複製、人工細胞

P-03

異なる遺伝子をもつ二種類の協力的RNA複製子のダーウィン進化

○水内良²、市橋伯一^{1,2}

¹阪大・院情報、²阪大・院生命機能

原始生命は単純な自己複製体として誕生した後、いかにして複雑化したのだろうか？これまでに理論研究から、原始RNA複製子は、異なる遺伝子をもつ協力的なRNAを獲得することで、機能を拡張し複雑化したと考えられている。しかしそれは利己的な複製体の出現に弱く、複雑性が進化的に安定であるかは明らかでなかった。そこで我々は、複製と代謝に関わる異なる遺伝子（複製酵素、NTP合成酵素）をもつ二種類のRNAが協力的に自己複製する複雑システムを構築し、その進化的安定性を調べた。本システムを繰り返し複製させたところ、利己的な複製体の出現に耐えてシステムが安定的に維持可能なRNA濃度領域が存在することを見出した。その領域では二種類のRNAの複製は150世代以上に渡って同期した。さらに長期複製後のRNAはいずれも協力を維持したまま複製能力を向上させ、システム全体としてより自己複製するように進化した。興味深いことに、進化したRNAはいずれも元のパートナーRNAには利己的な性質を示し、すなわち共進化によってRNA間の相性が変化した。本発表では原始複雑システムの安定性、進化、それらの関係性について議論したい。

keyword：実験進化、人工RNA、共進化

P-02

DNA-RNA-タンパク質ワールドの初期進化を模擬する

○酒谷佳寛¹、市橋伯一^{1,2}

¹阪大・情報、²阪大・生命

全ての生物はDNAゲノムを持つ。この事実は、生命が進化の初期の段階でDNAを獲得し、複雑化したことを示唆する。このような初期の生命の進化過程はいかにして理解すればよいのだろうか。本研究では、DNA、RNA、タンパク質からなる初期生命モデルを構成して、実際に進化させることで、DNA獲得以降の生命の進化過程を模擬体験したい。このような初期生命モデルのDNA自己複製系を構成するために、phi29DNAポリメラーゼ（以下、Pol）のローリングサークル型増幅とCreリコンビナーゼ（以下、Rec）の相同組換えを組み合わせた方法が約10年前から提案されているが、いまだに達成されていなかった。まず、RecがPolのローリングサークル型増幅を阻害するという問題があった。そこで、我々は、人為進化によってRecの存在下でもDNA阻害されないPolの遺伝子を得た。人為進化後のPol遺伝子をコードした環状DNAを、T7RNAポリメラーゼ、無細胞タンパク質合成系、Recと反応させると、転写・翻訳を通してDNAが複製した。つまり、RNAとタンパク質を介してDNAが自己複製系する初期生命モデルを構築できた。今後は、このモデルが進化できる条件と、どのように進化するのかを検証する。

keyword：初期生命、DNA複製、再構成アプローチ

P-04

ネコ科動物由来APOBEC3とネコ免疫不全ウイルスの進化的軍拡競争の解析

○長岡峻平^{1,2}、山本啓輔^{1,3}、麻生啓文^{1,5}、木村出海^{1,4}、今野順介^{1,2}、中野雄介¹、佐藤圭^{1,6}、小柳義夫¹

¹京都大学ウイルス・再生医科学研究科システムウイルス学分野、²京都大学大学院生命科学研究科高次生命科学専攻、³京都大学大学院医学研究科医科学専攻、⁴京都大学大学院薬学研究科薬科学専攻、⁵京都大学薬学部薬科学科、⁶CREST・JST・埼玉

APOBEC3 (A3) はシチジン脱アミノ化酵素であり、ネコ科動物のA3はネコ免疫不全ウイルス (FIV) へのゲノム変異導入によりウイルス複製を強力に抑制する。一方、FIVは、A3に結合してユビキチン・プロテアソーム依存性の分解を誘導してA3の抗ウイルス活性を拮抗阻害するviral infectivity factor (Vif) というタンパク質をコードする遺伝子をその進化の過程で獲得した。これまでの研究から、アフリカ大陸に生息する霊長類のA3とアフリカの霊長類レンチウイルスのVifとの相互作用については詳細な研究事例があり、その解析結果は宿主とウイルスの進化的軍拡競争の道筋を解明するひとつの手がかりになると考えられている。しかし、世界中に生息域を広めているネコ科動物とそのレンチウイルスの進化的軍拡競争の原理についてはほとんど明らかとなっていない。本研究では、19種のネコ科動物由来A3と8種のFIVのVifとの相互作用をまず実験ウイルス学的に検証し、相互作用に必須なアミノ酸を同定することを目的とした。次に、これらウイルス学的実験の結果と分子系統学的解析の統合化を行い、ネコ科動物におけるA3とVifの進化的軍拡競争の特徴を議論したい。

keyword：APOBEC3、レンチウイルス、進化的軍拡競争

P-05

雑種発生種 *Squalius alburnoides* は有害変異の蓄積を有性ホスト由来のアリルを利用して補償する○三品達平¹、橋口康之²¹京大院理、²大阪医大

欧州産コイ科魚類 *Squalius alburnoides* には無性生殖の一種である雑種発生をする雌が知られる。その起源は *Anaocypris* 属の絶滅種と *S. pyrenaicus* の交雑とされ、この雑種個体は、*Anaocypris* 属由来の「Aゲノム」のみを含む卵を形成し、*S. pyrenaicus* の雄（有性ホスト）と交配して再び雑種の子孫を残す。無性生殖種は組換えを欠くため進化的に短命とされるが、本種には数十万年の歴史が示唆され謎である。本研究は、この長期存続に重要と提唱される2つの仮説「*S. pyrenaicus* 由来のアリル（Pゲノム）を利用した有害アリルの補償」と「A-Pゲノム間の組換えなどによる遺伝子流動」を、近縁種を含む登録RNA-seqデータを用いて系統・分子進化・アリル発現解析を行い検証した。その結果、AゲノムにはPゲノムの遺伝子流動の痕跡が見出されず、一方、有害変異の蓄積を支持するコドンバイアスの低下とアミノ酸変異の蓄積がみられた。またPゲノムは、ほぼすべての遺伝子で発現していた。以上の結果は、*S. alburnoides* には父性Pゲノムを排除する厳密な機構が存在し、蓄積した有害変異の緩和には、遺伝子流動よりもPゲノムのアリルを体細胞で発現・利用することが重要であることを示す。

keyword：無性生殖、分子進化、アリル発現解析

P-07

タンパク質進化を潜在的に支配する安定性

○倉橋亮、佐野智、高野和文

京府大院・生命環境

タンパク質は遺伝的変異によって機能改変や活性向上などの影響を受けるため、進化研究のモデルとして有用である。ほとんどの変異はそのタンパク質を不安定化させる。そのため、変異に耐えうるタンパク質が進化にとって重要であると考えられ、様々な研究がなされてきたが、進化過程におけるタンパク質安定性の詳細は不明である。そこで本研究では、タンパク質安定性の役割を探究するために、*Sulforobus tokodaii* 由来エステラーゼを用いてランダム変異体ライブラリを作製し、活性と安定性の関係をシンプルかつ直接的に試験する方法を確立した。第一世代では、20%の変異体が野生型（WT）よりも高い活性を示した（進化率：20%）。この中から、安定性が損失した変異体と保持した変異体をテンプレートとしてそれぞれ第二世代・第三世代へと進めた。各ライブラリにおける進化率はその親の安定性に依存した。これは進化が安定性によって潜在的に支配されることを意味する。さらに、酵素は一定の安定性を保持すると、活性減少を回復することがわかった。タンパク質は機能と安定性におけるほぼ中立進化（弱有害変異）を通して、より良い機能を発揮する配列空間を探索しているということを示唆した。

keyword：stability, esterase, neutral evolution

P-06

化合物応答スプライシング変動の種間比較に基づくスプライシング制御配列の保存性の解析

○飯田慶、豊島裕美、佐久間真紀、出縄政嗣、萩原正敏

¹京都大学大学院 医学研究科

ヒトとモデル動物である *mus musculus* はほとんどの protein coding gene について相同遺伝子を持ち、それらのエキソン-イントロン構造も一致しているケースが多いことが知られている。高等動物において、エキソンはいくつものシス配列とRNA結合タンパク質の共同によって認識されると考えられているが、その認識様式が種間での程度保存されているかについて知見が少ない。我々は、研究室で開発されたエキソンスキッピングを促進する化合物であるTG003を用いて、ヒトとマウスそれぞれにおいてスプライシング変動が生じるエキソンを調べ、それらの塩基配列の比較解析を行った（Sakuma, IIDA, Hagiwara. 2015）。ヒトでは250個、マウスでは287個のスプライシング変動エキソンが見つかり、このうち111個は相同エキソンであった。化合物への応答性が異なっていたケースを調べたところ、スプライシングファクターの結合配列やポリピリミジントラクト配列などが変化しているケースが見つかった。この結果は、進化の過程においてエキソン認識を成立させる要素は別の要素で代替可能であることを示唆している。

keyword：ゲノム進化、スプライシング制御、ケミカルバイオロジー

P-08

アカショウジョウバエの低温耐性に関する比較トランスクリプトーム解析

○木村友彦¹、田村浩一郎^{1,2}、磯部琴葉¹¹首都大・院理工・生命科学、²首都大・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。さらに、この低温耐性の向上には低温順化の影響が大きい、低温順化によって呼吸量も増加する傾向があることが分かっている。すなわち低温順化によって発現量が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3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、比較することにより、低温耐性向上にのみ関わる遺伝子を探索した。その結果から本種の低温耐性獲得の遺伝機構の解明を試みた。その解析結果を報告する。

keyword：発現量解析、低温適応、ショウジョウバエ

P-09

テングショウジョウバエ亜群の2種における
アキアズミーの進化○犬山愛莉香¹、田村浩一郎^{1,2}¹首都大・院理工、²首都大・生命情報研究セ

多くの生物種では減数分裂における組換え率に性差があり、この現象はヘテロキアズミーと呼ばれている。ヘテロキアズミーの中でも、片方の性において組換えが全く起こらない現象はアキアズミーと呼ばれる。これらの現象は多くの生物種で見られるが、そのメカニズムは未だ解明されていない。先行研究より、アカショウジョウバエで雄では組換えが起こらないが、姉妹種のテングショウジョウバエでは雄でも組換えが起こることが分かっている。そこでこれら2種を交雑し、そのF1では雄で減数分裂組換えが生じるかどうかを調べてみた。戻し交配第1世代(BC₁)12個体について第2、第3染色体上それぞれ2遺伝子の塩基配列を決定し、それぞれの遺伝子型を調べた結果、F₁の雄における減数分裂組換えは見られなかった。現在、BC₁の個体数および遺伝子数を増やし、組換えの有無を染色体の広範囲について調べている。その結果を報告する。

keyword: 組換え、ショウジョウバエ

P-11

鳥類δ-クリスタリン遺伝子の分子進化

○高橋慶祐¹、赤土碧²、加藤和貴³、岩部直之¹¹京都大学 大学院理学研究科 生物科学専攻 生物物理学教室、²京都大学 理学部、³大阪大学 免疫学フロンティア研究センター

脊椎動物のレンズクリスタリン遺伝子は、そのクラスによって異なる遺伝子族に属している。α-およびβ-クリスタリンは脊椎動物すべてに存在する一方で、他のクラスのクリスタリンは特定の種・系統にのみ存在する。各クラスのクリスタリンの遺伝子の由来はそれぞれ異なり、クリスタリン遺伝子の進化は遺伝子転用の典型例と考えられている。本研究では、鳥類のδ1-クリスタリン遺伝子およびアルギニノコハク酸リアーゼ(ASL: δ2-クリスタリン)遺伝子を中心に、これら各クラスのクリスタリン遺伝子について比較配列解析と分子系統樹推定を行った。その結果、(1)鳥類のδ1とδ2の間で複数回遺伝子変換が生じていた、(2)脊椎動物の他のグループの種のASLではほとんど見られない特異的なアミノ酸置換がニワトリ・シチメンチョウおよびカモの系統のδ1の遺伝子で独立に蓄積していた可能性が高い、(3)ニワトリ・シチメンチョウの系統におけるこれらアミノ酸置換の中には正の自然選択を受けた可能性が強く示唆されるものがあることが分かった。鳥類のδ-クリスタリンの水晶体タンパク質としての機能とこれらアミノ酸置換の関連性について、その立体構造上の位置にも着目して考察する。

keyword: 分子進化、鳥類、δ-クリスタリン

P-10

Toxoplasma gondiiにおける
正の選択を受けた遺伝子の検出○赤堀洋道¹、吉崎純夫⁴、梅村俊彰⁵、高島康弘³、武藤吉徳^{1,2}¹岐阜大・医、²岐阜大・連合創薬、³岐阜大・獣医、⁴平成医療短大、⁵富山大・医

Toxoplasma gondiiは、胞子虫類に属する細胞内寄生性原生物である。中間宿主であるヒトに対しては、経胎盤感染や日和見感染症を誘発することから、その病原性について多くの研究がなされてきた。宿主との相互作用に関わる多くのタンパク質の存在も明らかにされており、これらを獲得する進化過程はToxoplasmaの病原性と密接に関わると考えられる。

本研究ではToxoplasma gondiiのタンパク質をコードする遺伝子について、ゲノムワイドな自然選択の検出を試みた。解析に用いた全遺伝子配列はToxoplasmaの9系統に由来し、正の選択の解析はPAMLによるdN/dS法で行った。系統特異的モデルに基づいて、各系統について2~20の遺伝子が正の選択を受けたことが明らかになった。これらの遺伝子の中には、宿主との相互作用に関わることが知られている遺伝子が多く含まれていた。また、正の選択が同定された遺伝子の一部については、選択を受けた特定のアミノ酸サイトを推定することができた。今後は、こうしたアミノ酸サイトとタンパク質の構造との関連についても考察したい。

keyword: 分子進化、病原性、Toxoplasma gondii

P-12

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¹、寺井亮平¹、郡駿介¹、成澤大¹、四方哲也²、岸本利彦¹¹東邦大・院理、²East China Normal Univ.

生物の進化能力は、変異供給速度となる変異率、シャペロン等による有害変異緩衝作用など複数の要素が複雑に相関し、発揮されることが知られている。われわれの大腸菌高温適応進化系45℃において、シャペロン遺伝子groLのプロモーター、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。本研究では、この系を用いてgroL変異とmutH変異が進化能力にどのように関与するか解析することを目的とした。そこで、mutH変異固定直前の45℃適応大腸菌のgroLとmutHに関し、野生型・変異型全ての組み合わせ8株を構築した。先行研究により、この系において、①各groL変異株によって有害変異緩衝の程度が異なり、groL二重変異株においては有害変異が有益に変換されること、②groL変異の有無に関わらず、mutH変異が有害であることがわかっている。本研究では、これらの8株を14日45℃で進化させ、進化能力を求めた。その結果、全株14日継続して培養が可能であったが、groL野生型mutH変異型においては途中で死滅する株が存在した。進化能力に関しては、groL二重変異、mutH変異型の株が8株中最高であった。現在、groL、mutH変異と発現タンパク質の性質について相関解析を行っている。

keyword: 実験室進化、大腸菌、進化能力

P-13

高温適応大腸菌における変異率と進化速度の
相関解析

○郡駿介¹、大村真優子¹、寺井亮平¹、成澤大¹、
四方哲也²、岸本利彦¹

¹東邦大・理、²East China Normal Univ

生物の進化には変異の供給(変異率)が重要である。しかし、変異のほとんどは有害であり、変異率の上昇はゲノム機能破綻の可能性を高める。これを防ぐ作用として、シャペロニン等による有害変異緩衝作用が知られている。我々が構築した大腸菌高温適応進化系では、44.8℃適応段階でシャペロニン遺伝子groLの2カ所(promotor,ORF)の変異による変異型シャペロニンgroELの高発現、修復系遺伝子mutHの変異による高変異率高温適応進化が生じた。本研究では、この高温適応進化大腸菌を用い進化と変異率、有害変異緩衝作用の関係を解析した。高変異率になる直前の44.8℃適応株からscarless法によりmutH,groL(promotor,ORF)野生型・変異型の8つの組合せの株を作製し、増殖速度測定、14日間の進化速度測定、自然突然変異率の測定を行った。その結果、mutHによる変異率の上昇は短期的な増殖には不利だが、進化速度(長期的な増殖)には有利に働くことが示唆された。また、変異型groELの高発現による有害変異緩衝作用があると変異率はさらに上昇し、進化速度はさらに加速する可能性も示唆された。

keyword: 実験室進化、変異率、有害変異緩衝

P-15

カブトムシN-アセチラクトサミン特異的
レクチン遺伝子の進化

○田畑光敏¹、梅津和夫²、北野誉¹

¹茨大・院理工、²山形大・医

日本産のカブトムシ(*Trypoxylus dichotomus*, Coleoptera: Scarabaeidae)には、allo A (*Allomyrina dichotoma* Agglutinin)というレクチンが存在する。このレクチンは、主に哺乳類で広くみられるN-アセチラクトサミンを含む糖鎖と特異的に結合するものであり、今のところ日本産カブトムシ体液中だけで確認されている。しかしながら、その遺伝子は未だ詳しく調べられていない。そこで本研究では、日本産カブトムシおよびその近縁種のトランスクリプトーム(RNA-seq)データを用いて、allo Aおよびその相同遺伝子の塩基配列を決定し、系統解析を行った。その結果、日本産カブトムシでは3つのallo A遺伝子が存在するという可能性が示唆された。一方、近縁の東南アジア産カブトムシからは単一の遺伝子のみが得られた。そのため、日本産カブトムシの系統における3つの遺伝子は、東南アジア産のカブトムシを含む他の分類群から日本産カブトムシの系統が分岐した後に、遺伝子重複によって形成されたと考えられた。また、同義置換率と非同義置換率を比較したところ、いくつかの枝で非同義置換率の方が高い値を示した。これは、日本産カブトムシの系統において、allo Aが正の自然淘汰、もしくは機能的制約の緩和を受けた可能性を示唆しているものであった。

keyword: レクチン、カブトムシ、自然淘汰

P-14

Caenorhabditis属における体サイズの進化：
RNA-seqを用いた候補遺伝子探索

○稲田垂穂、津山研二、牧野能士、杉本亜砂子、河田雅圭
東北大・生命

分子遺伝学におけるモデル生物の*Caenorhabditis elegans*は、2000年以降、野外個体を用いた生態学的な研究も増えており、遺伝学的知見を前提とした進化生態学への応用が期待されている。近年、日本の南西諸島にて発見された*Caenorhabditis inopinata*は、*C.elegans*と非常に近縁であり、同属の他種より成虫の体サイズが大きいことが知られている。一般に、動物の体サイズは、寿命や代謝率などの相関が知られており、生態学的に重要な形質である。そこで、本研究では*C.inopinata*における体サイズの進化がどのような遺伝的な変異に起因するのかを解明することを目的とした。先行研究により、*C.elegans*と*C.inopinata*の体サイズの違いが幼虫期の最終発生ステージであるL4期から成虫期にかけての成長率の違いに起因する可能性が示された。この結果をもとに、両種でL4幼虫期と成虫期の遺伝子発現パターンの違いを比較し、両種の体サイズの違い関わる候補遺伝子を探索した。発表では以上の結果を報告し、体サイズの進化に関わる遺伝基盤について考察する。

keyword: 線虫、RNA-seq、体サイズ

P-16

真獣下綱におけるABO式血液型遺伝子の進化

○小野久志、北野誉

茨大・院理工

ABO式血液型の抗原は糖鎖であり、H抗原(O型抗原)を基礎として、その末端にN-アセチラクトサミンを付加したものがA型抗原であり、一方、D-ガラクトースを付加したものがB型抗原である。これらの糖を付加させる糖転移酵素をコードしているのがABO式血液型遺伝子である。ヒトや他の霊長目では、それぞれの糖を付加させる遺伝子が単一の遺伝子座に対立遺伝子として存在している。一方、霊長目以外の真獣下綱においては、ABO式血液型遺伝子の存在様式は様々であり、その進化機構を理解するためには、更なる解析が必要である。そこで本研究では、霊長目以外の様々な真獣下綱を用いて、ABO式血液型遺伝子の解析を行った。ゲノム配列情報と系統解析から、遺伝子座の数は分類群によって大きく異なることが示唆された。また、それぞれの分類群におけるA型とB型の遺伝子の分岐時期も様々で、最も分岐時期が古いのは奇蹄目であった。以上の結果は、A型とB型という多型性は、形成時期は異なるものの、様々な分類群において、比較的よく保持されているということを示唆している。

keyword: ABO式血液型、真獣下綱、系統樹

P-17

ミランダショウジョウバエにおける Neo-X染色体の退化

○野澤昌文

首都大・院理工・生命科学

性染色体は代表的な性決定機構の1つである。一对の常染色体が性決定遺伝子の獲得によって性染色体になると、Y染色体は多くの場合転移因子の蓄積などにより退化する(多くの遺伝子が偽遺伝子化する)。一方、X染色体の初期進化については不明な点が多い。そこで私は、約100万年前に生じた新しい性染色体(Neo性染色体)を持つミランダショウジョウバエ(*Drosophila miranda*)に着目し、性染色体の初期進化動態を明らかにすべく研究を行ってきた。ミランダショウジョウバエのNeo性染色体の相同染色体が近縁種ウスグロショウジョウバエ(*D. pseudoobscura*)では常染色体であることを利用し、この両種を比較ゲノムと比較トランスクリプトームの手法を用いて解析した。その結果、①Neo-Xでは常染色体に比べて急速に偽遺伝子化が生じる、②オスに偏った発現を示す遺伝子はNeo-X上で退化しやすい(メス化)、③メスに有利/オスに不利な遺伝子はNeo-X上で偽遺伝子化する傾向にある(オス化)、ことを見出した。このことは、性染色体化はYだけでなくXの退化も引き起こすこと、これまでに考えられていた以上に性染色体に潜在的なリスクがあることを示唆する。

keyword: 性染色体、ショウジョウバエ、遺伝子発現

P-19

遠縁種間における平行進化メカニズムの理解に向けたアミノ酸配列比較-担子菌類を例として-

○飯塚朋代^{1,2}、池尾一穂^{1,2}

¹総研大・遺伝学、²遺伝研・生命情報

ゲノム配列の進化を理解することは、着目する表現型進化の遺伝基盤を知ることにつながる。中でも平行進化に伴うアミノ酸置換は、表現型進化の共通性を知るために注目されている。近年、アミノ酸の平行置換は、少数でも表現型の平行進化の原動力になりうることも、近縁種間の研究で示唆されている。しかしながら、遺伝的背景が大きく異なる遠縁種間においては研究例がほとんど無い。そこで本研究では、遠縁種間における表現型の平行進化をゲノム配列レベルで知ることを目的として、担子菌門ハラタケ綱の菌糸隔壁部にみられる微細構造「隔壁孔キャップ(Septal pore cap; SPC)」の形態形質に着目した。SPCは、ハラタケ綱に広く見られる構造であり、その形態形質には平行進化が起きていることから、遠縁種間における平行進化メカニズムを知るために適している。本学会では、遠縁種間においてどのくらい多くの遺伝子が平行進化に関与している可能性があるか議論する。

keyword: 平行進化、分子進化、担子菌類

P-18

ウニのミトゲノミクス: 分類レベルと遺伝的距離の指標

○金城その子¹、平塚悠治²、新垣裕治³、池尾一穂^{1,4}

¹遺伝研、²沖電開発、³名桜大、⁴総研大

ミトコンドリア遺伝子の配列情報は、種や分類体系の議論にも考慮されるようになってきた。遺伝的距離は遺伝子ごと、系統ごとに異なることが予想され、それらの情報は生物種の進化研究において有用となることが期待される。我々は、ごく最近種分化したことが知られているEchinometra属の4種を含むウニ類についてミトコンドリアゲノム全長を新規に解読した。また、既に解読されている他種を含めて遺伝的距離を推定することにより、ウニ類における分類レベルと遺伝的距離の関係について調べた。ミトコンドリア全遺伝子配列に基づく系統樹は、Echinometra属4種の単系統性およびそれぞれが別種であることを強く支持した。遺伝的距離の比較からは、種内の遺伝的距離が4種間でも大きく異なることが明らかとなった。本発表では、Echinometra属を中心に、種内、姉妹種レベルから目レベルまで、ウニ類における様々な分類群レベルの遺伝的距離について述べる。また、各分類レベルにおける遺伝的距離の指標およびその有用性について議論する。

keyword: ミトコンドリアゲノム、ウニ、系統解析

P-20

全ゲノム重複に伴う魚類OMPの進化解析

○小郷卓博¹、鈴木彦有^{1,2}、二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工、²日本バイオデータ

脊椎動物はその共通祖先において、全てのゲノムが重複する現象(WGD)を二度経験している。そして、魚類はさらに三度目の重複(3R)を経験している。WGDに伴う遺伝子機能の変化は、多様性創出の原動力になっている可能性がある。我々は嗅神経細胞のマーカーとして用いられるOMP(Olfactory Marker Protein)が、3Rを経験した真骨魚類には二種類(OMP1・OMP2)が存在しており、ゼブラフィッシュにおいてはそれぞれの発現場所が異なっていることを発見した。この結果から、OMPは3R後に機能分化を起こしたことが示唆された。本研究においては魚類を網羅的に研究対象としてOMP遺伝子の発現を比較し、WGDに伴う遺伝子機能の変化のメカニズムを解明することを目指している。そのため、ゼブラフィッシュで得られた結果に加えて、祖先状態におけるOMPの発現を確かめるため、3Rを経験していない種であるポリプテルスやスポッテッド・ガー、3Rを経験したにも関わらずOMPを一つしか持たないウナギにおいて、OMPの発現比較解析をおこない、遺伝子発現の変化について調べたので、その結果を発表する。

keyword: 魚類、全ゲノム重複、Olfactory Marker Protein

P-21

真骨魚類の進化過程において
孵化酵素遺伝子はintronを失いながら、
頻繁にretrotranslocationを起こした○長澤竜樹^{1,2}、川口真理³、矢野十織²、安増茂樹³、
岡部正隆²¹学振・PD、²慈恵医・解剖、³上智大・理工

真核生物の進化過程において、相同遺伝子間では一般的にintronの数は保存的であるものの、例外的にintronを消失させた遺伝子もいくつか知られている。しかし、intron消失メカニズムには依然不明瞭な点が多い。我々はこのintron消失メカニズムの解明のために真骨魚類の孵化酵素遺伝子(HE)に着目した。

通常intron-less遺伝子はretrotransposonによって生じると考えられているが、レポーター配列を維持できないために本来の働きを失ってしまう。ところがHEは真骨魚類の進化過程で頻繁かつ独立にintronを失っているにもかかわらず、発現する細胞や時期が維持され続けている。そこで我々はHEがどのようにしてintronを失いながらも発現を維持しているのかを調べることにした。

我々の解析の結果、HEは転写開始点上流近傍のプロモーターを伴ったままretrotransposonで移動することによって、intronを失いながらも発現を維持している可能性が示唆された。本発表では上流の配列ごとretrotransposonで移動するメカニズムについて、我々の持つ結果と併せて仮説を報告する。

keyword: retrotranslocation, intron-loss, promoter

P-23

精神遅滞原因候補遺伝子cereblonの
分子進化速度解析による機能的サイトの解明○小野寺航¹、朝日透^{1,2}、澤村直哉²¹早大・先進理工、²早大・ナノ・ライフ創新研究機構

精神遅滞の原因遺伝子の一つとしてcereblon (crbn) が2004年に新規に同定されており、植物から哺乳類まで広く保存されている。先行研究よりヒトCRBNはユビキチン・プロテアソーム系のE3ユビキチンリガーゼの構成因子として基質に直接結合するタンパク質であることが知られており、細胞内での不要なタンパク質を基質として認識し分解する機能を持つ。本研究ではCRBNの機能的なサイトの同定のためにヒトCRBNを基に哺乳類CRBNのコーディング領域の分子進化速度を算出した。その結果ヒトCRBNにおいて基質に結合する上で重要なドメインにおいて有意に正の選択を受けていることが明らかになった。更に分子生物学・生化学的な実験によってその解析結果を検証した。哺乳類CRBNに存在する正の選択を受けている部位のアミノ酸配列の違いに注目し、ヒトCRBNに細菌類CRBN様の配列を導入、E3ユビキチンリガーゼとしての活性を検証することで分子進化的な意義を考察する。本発表ではヒトCRBN正の選択サイトの重要性や精神遅滞への関与の可能性を含めて報告する。

keyword: 精神遅滞、正の選択、分子進化速度

P-22

トランスクリプトームデータを利用した
天然化合物注釈方法の開発○川島武士^{1,2,3}¹国立遺伝学研究所、²DNA Data Bank of Japan、³総合研究大学院大学

質量分析機器の発達により、天然化合物の解析がハイスループットで行えるようになってきた。しかしながら天然物試料の質量分析から得られるのは、含まれる化合物の質量を示すピークデータのみであり、化合物の構造をピークデータから同定することは、ほとんどの場合まだできない。このように、メタボロミクスデータに対する情報解析の現状は、データベース整備と解析手法の双方について、ごく基本的な問題への対応に手がつけられ始めたところである。発表者は、トランスクリプトームデータを利用することで、質量分析データからの化合物同定を実現すべくその方法を開発中である。まず注目したのは、質量分析データのレポジトリが開発され、自由に利用できる公開データが増加してきたことである。同様にトランスクリプトームについても、DRAにおけるデータ登録数が増えている。そこで質量分析とトランスクリプトームの双方について同一実験条件でのデータが得られるものを調べ、その発現の相関をみることで、代謝酵素とその反応生成物の対応付けができると考えた。現在公開されているのデータは植物に偏っており、今回は農作物種に限った解析結果を示す。

keyword: トランスクリプトーム、メタボローム、代謝

P-24

ショートリード、合成ロングリード、一分子ロング
リードシーケンスを使ったニホンミツバチの
全ゲノム配列の決定と免疫関連遺伝子解析○横井翔¹、内山博允²、若宮健³、高橋純一³、芳山三喜雄⁴、古川力³、
野村哲郎³、矢嶋俊介^{2,5}、木村澄^{4,6}¹農研機構・生物機能、²東農大・ゲノムセンター、³京産大・院生命科学、
⁴農研機構・畜産、⁵東農大・バイオサイエンス、⁶筑波大・院生命環境

ニホンミツバチ (*Apis cerana japonica*) が日本在来のトウヨウミツバチの亜種であり、セイヨウミツバチ (*Apis mellifera*) とは異なる特質を有している。これらの特質を理解するために演者らはショートリード、合成ロングリード、一分子ロングリードのデータを併用してSpades (v3.6.1) によってアセンブルを行いドラフトの全ゲノム配列を決定した。決定したゲノムのcontig数は3315であり、N50は約180 kbpと良好な評価値を得た。このゲノム配列を用いて遺伝子予測をAGUSTUSで行ったところ13222遺伝子が予測された。予測された遺伝子セットをBUSCO (v3) によりハチ目の遺伝子セット対象に評価したところ9割以上のorthologueが確認された。続いて免疫に関連する重要なシグナル伝達経路であるToll経路、IMD経路を構成する遺伝子についてショウジョウバエとセイヨウミツバチのゲノムでとの比較で解析した結果大きな差は見出されなかった。この結果からニホンミツバチは、セイヨウミツバチ同様にショウジョウバエの免疫機能を有していることを示唆している。

keyword: ニホンミツバチ、次世代シーケンサー、免疫

Variation of daily locomotor activity and sleep in a natural population of *Drosophila melanogaster*

○Mai Miura¹, Aya Takahashi^{1,2}

¹Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan University, ²Research Center for Genomics and Bioinformatics

D. melanogaster shows regular daily locomotor activity and sleep. Sleep of *D. melanogaster* is mammalian sleep-like state and affects physiological and behavioral functions. A wide diversity of daily locomotor activity and sleep has been reported in a previous study on a natural population of *D. melanogaster* from North Carolina. We collected *D. melanogaster* from Katsunuma, Yamanashi prefecture, Japan, established isofemale lines and measured locomotor activities using *Drosophila* Activity Monitors. North Carolina flies slept more in dark period than in light period, but almost half of Katsunuma lines did not show a higher rate of sleep in the dark period than in the light period. Sleep pattern may vary between different natural populations. We also measured and analyzed locomotor activity and sleep under starved condition. In most of the lines, total locomotor activity counts were higher under starved condition than under fed condition. This was due to lower rate of sleep and higher wake-time activity under the former condition than the latter. We found a large variation of locomotor activity, sleep and response to starvation within a natural population from Katsunuma.

keyword : *Drosophila melanogaster*, starvation, sleep

Population structure and local adaptation of MAC lung disease agent *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis*

○Hirokazu Yano^{1,2}, Tomotada Iwamoto³, Yukiko Nishiuchi⁴, Chie Nakajima⁵, Daria A. Starkova⁶, Igor Mokrousov⁷, Olga Narvskaya⁸, Shiomi Yoshida⁹, Kentaro Arikawa¹, Noriko Nakanishi¹, Ken Osaki¹, Ichiro Nakagawa¹⁰, Manabu Ato¹, Yasuhiko Suzuki¹, Fumito Maruyama¹⁰

¹Fac. Life Environ. Sci., Univ. Tsukuba, ²Grad. Sch. Life Sci., Tohoku Univ., ³Kobe Inst. Health, ⁴Osaka City Univ. Med. Sch., ⁵Hokkaido Univ., ⁶St. Petersburg Pasteur Inst., ⁷Kinki-Chuo Chest Medical Center, ⁸Ntl. Inst. Infect. Dis., ⁹TOMY Digital Biology Co. Ltd., ¹⁰Grad. Sch. Med., Kyoto Univ.

Mycobacterium avium subsp. *hominissuis* (MAH) is one of the most common nontuberculous mycobacterial species responsible for chronic lung disease in humans. Despite increasing worldwide incidence, little is known about the genetic mechanisms behind the population evolution of MAH. To elucidate the local adaptation mechanisms of MAH, we assessed genetic population structure, the mutual homologous recombination and gene content for 36 global MAH isolates, including 12 Japanese isolates sequenced in the present study. We identified major MAH lineages and found that extensive mutual homologous recombination occurs among them. Two lineages (MahEastAsia1 and MahEastAsia2) were predominant in the Japanese isolates. We identified alleles unique to these two East Asian lineages in the loci responsible for trehalose biosynthesis (*treS* and *mak*) and in one mammalian cell entry (MCE) operon, both of which can influence lineage-specific cell surface structure, and thus, virulence. Another trehalose biosynthesis-associated locus, *otsA*, and another MCE operon were identified as recombination hot regions. Several genes and alleles unique to East Asian strains were located in the fragments brought by recombinations between members of two East Asian lineages. These results suggest that trehalose biosynthesis and MCE proteins are key clinical markers of *M. avium* and that sexual reproduction plays a critical role in the local adaption of MAH.

keyword : genetic population structure, recombination, mycobacterium

キイロショウジョウバエ体色多型の謎：体色変異と表皮形質の関連性

○秋山礼良¹、宮城竜太郎¹、高橋文^{1,2}

¹首都大・院理工・生命科学、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の体色の濃淡には多型があり、緯度や標高と連続変異することから何らかの環境ストレスに対する適応に関わると考えられている。環境ストレスの一つとして乾燥に注目した先行研究はいくつかあるが、用いた集団によって乾燥耐性との関連性の有無が異なっている。その為体色の乾燥耐性への関与については議論が分かれており、加えて体色の変化に伴って増減する生理学的形質についても明確な報告はない。そこで本研究では水分の透過性に関与すると考えられている生理学的なクチクラの要素であるクチクラ炭化水素 (CHC) に注目した。北米由来のDGRP系統を用いて体色とCHC成分の関連性を調べた結果、体色が濃いほど炭素鎖長が短いCHCは減少、長いCHCは増加し、体色とCHCの比率に明確な関連性が見出された。この関連が見られた部位の体色には本種の体色多型に関与する遺伝子である*ebony*が関与しており、この発現量とCHCの間にも関連性が認められた。一方で乾燥耐性と体色やCHCとの間には有意な相関は見られず、これらと乾燥耐性には直接的な関連性がない可能性も示唆された。

keyword : キイロショウジョウバエ、CHC、体色多型

世界のダイコンの栽培化の起源の推定

○白井一正¹、石塚航²、手塚あゆみ³、豊田敦⁴、藤山秋佐夫⁴、清水みなみ⁵、鈴木稔⁶、彦坂幸毅⁷、森長真一⁸、花田耕介^{1,5}

¹九工大、²道総研、³龍谷大・農、⁴遺伝研、⁵理研 CSRS、⁶東大・新領域、⁷東北大・生命、⁸日大・生物資源

ダイコンには世界中に様々な栽培品種が存在し、根や葉の形や大きさ、重さ、色の多様性は他の作物種を大きく凌ぐ。ダイコン栽培化の起源には様々な説が存在し、ヨーロッパを発端とする単一起源説、ヨーロッパとアジアで独立に栽培化された複数起源説が有力とされている。私たちはダイコン栽培化の起源を明らかにするため、世界の栽培品種と野生品種において大規模なゲノム解析を行った。私たちは、栽培品種1種と日本の野生品種1個体において新規にゲノムを構築した。この結果、現在公開されているものと比較し、より高精度なゲノムの構築に成功した。そしてこれをリファレンスとし、世界の栽培品種52品種と日本在来の野生品種80個体においてゲノムワイドにSNPを同定した。このデータを用い系統解析を行った結果、世界の栽培品種はヨーロッパ系統とアジア系統に大きく分類された。一方、日本在来の野生品種はアジア系統に近縁な、別の単一グループを形成した。そして、日本の栽培品種の大部分が、この野生品種のグループの中に含まれた。この結果は日本の栽培品種がヨーロッパ、アジアの栽培品種とは独立に栽培化されたことを示唆する。

keyword : 集団遺伝、ゲノム、栽培化

P-29

サラブレッドの毛色遺伝子の再検証

○坂本貴洋¹、ジェフリー フォーセット²、印南秀樹²¹東大・農、²総研大・先導研

ウマの毛色決定遺伝子については、メカニズムを含め、比較的良好に研究されている。サラブレッドでは、毛色は8種類に分類される。先行研究で遺伝子の働きが明確にされているものとしては、①芦毛の遺伝子STX17、②栗毛の遺伝子MC1R、③青毛の遺伝子ASIPなどがあり、これらの遺伝子は単純なメンデルの法則に従っていると考えられている。しかしいずれも少頭数のサンプルに対しゲノムデータと表現型の比較により明らかにされたものであり、集団全体を対象にした仮説の検証は行われていない。また、鹿毛、黒鹿毛、青鹿毛という3つの濃さが異なる毛色について、その遺伝的背景はあまり明らかにされていない。本研究では、JBISのデータベースに登録されている153,758トリオ(父-母-子)のデータを解析することにより、①～③の毛色決定遺伝子の働きを再検証した。その結果、①芦毛と②栗毛に関しては、メンデルの法則に非常に良く当てはまることが確認された。③青毛に関しては頭数が少なく、十分な検討ができなかった。さらに、両親の組み合わせごとの子どもの毛色の分離比を比較することで、②MC1Rおよび③ASIPが、鹿毛、黒鹿毛、青鹿毛という毛色の濃さにも影響することが強く示唆された。

keyword: サラブレッド、毛色、遺伝

P-31

絶滅危惧植物における遺伝的多様性の低下と有害変異の蓄積

○浜端朋子、牧野能士

東北大・生命科学

遺伝的多様性の消失は種の絶滅リスクを高める。これまで、有効集団サイズを反映する中立な座位の遺伝的多様性が、絶滅危惧種の遺伝的多様性の評価に活用されてきた。しかし、中立な座位の多様性が、種の存続に影響する適応度を表すかは十分に解明されていない。本研究では、小笠原諸島の絶滅危惧植物と同属普通種のRNA-seqにより得られたゲノムワイドな転写産物の情報から、機能的な遺伝子のコード領域の配列を抽出し、遺伝的多様性と有害アミノ酸変異の蓄積を比較した。その結果、絶滅危惧種では、ヘテロ接合の一塩基変異に占める非同義変異率、非同義変異における有害アミノ酸変異の割合、進化過程で種特異的生じた有害アミノ酸変異の割合が、同属の普通種に比べて高い傾向があった。これらの特徴は、絶滅危惧種が小集団で維持されてきたために、自然選択が十分に機能せず、有害変異が集団中に蓄積していったと考えられる。また、生育環境多様性の指標となる重複遺伝子の割合も絶滅危惧種で低い傾向にあり、環境変化に対する潜在的な脆弱性も示唆された。本研究の結果は、ゲノムワイドな遺伝子コード領域によって、絶滅危惧種の適応度を評価できる可能性を示す。

keyword: 絶滅危惧種、適応度

P-30

doublesexはウメマツアリにおける複数化した性決定初期シグナルを統合するか?

宮川(岡本)美里¹、土田浩治²、○宮川一志¹¹宇都宮大・バイオ、²岐阜大・応用生物科学

膜翅目昆虫で特徴的な単数倍数性の性決定様式は真社会性の進化を促す重要な要素の一つである。ミツバチでは個体の発生過程において、単一のCSDと呼ばれる性決定遺伝子座のアリルパターンによって性が決まる。CSDによる性決定初期シグナルの下流では、単数倍数性ではない多くの他の昆虫類と同様に、doublesex (dsx) のスプライシングの雌雄特異的な制御を介して最終的な性分化に至る。我々は近年、ウメマツアリにおいてCSDが2つの独立した染色体上に存在し、両方のアリルパターンが性決定に寄与することを明らかにした。これは本種が2つの独立した性決定初期シグナル経路、およびそれらを最終的な個体の性分化へ統合する機構を持つことを示唆しており、性決定機構の進化を理解する上で興味深いモデルである。本研究ではこのウメマツアリの特異的な性決定の背景にある分子機構を明らかにすべく、dsxのスプライシングパターンと2つのCSDのアリルパターンおよび表現型の雌雄との関連を解析し、得られた結果よりdsxが性決定初期シグナルの統合に果たす役割について考察した。

keyword: 単数倍数性、性決定遺伝子座の複数化、doublesex

P-32

リス科における冬眠特異的タンパク質の種間および種内変異の進化的背景

○鎌田泰斗¹、石庭寛子²、関島恒夫³¹新潟大・院・自然科学、²福島大・環境放射能研究所、³新潟大・農

これまでに多くの哺乳類において、冬眠や休眠といった異温性が確認されているが、異温性の有無に関わる遺伝子機能に基づいた進化的理解は殆どされていない。本研究では、シマリスの概年的な冬眠調節において重要な役割を持つ冬眠特異的タンパク質(以下、HP)を分子指標とし、HP発現機構の種間比較を通して、リス科系統における冬眠とHPの関係性を明らかにした。さらに、種内変異として冬眠が認められない個体が存在するチョウセンシマリスにおいて、HP調節の多型間比較を行うことに加え、冬眠多型の系統学的背景を明らかにした。

リス科非冬眠種においては、HP遺伝子プロモーター配列の変異由来の発現抑制が認められ、その変異は分岐年代が古いクレードに属する非冬眠種に広く共有されていた。また、シマリス冬眠多型間においては、HPの季節的および概年の調節に変異が認められ、冬眠多型は複数のミトコンドリアDNAハプロタイプに跨って存在していた。本研究により、HPの異なった変異メカニズムに由来する冬眠の進化が少なくともリス科において2度起きていたことが明らかとなった。

keyword: 冬眠、冬眠特異的タンパク質、分子進化

P-33

有袋類に着目した哺乳類の進化過程で失われた非視覚系光受容タンパク質の機能解析

○小柳光正¹、富田和志¹、清成寛²、寺北明久¹

¹大阪市大・院理、²理研・CLST

哺乳類が持つ光受容タンパク質（オプシン）遺伝子の数は、哺乳類以外の脊椎動物に比べて非常に少ない。これは、哺乳類の祖先が夜行性に適応する過程で、多数のオプシン遺伝子を失ったためだと考えられている。動物の光受容能とオプシン遺伝子のレパートリーは密接に関わっており、例えば、霊長類以外の哺乳類が2色性色覚であることは、元々4種類あった色覚を支えるオプシンのうち2種類が哺乳類の初期進化において失われたことに起因する。最近私たちは、一般的な哺乳類である真獣類には存在しない非視覚系オプシン遺伝子の1種が、真獣類の出現前に分岐した有袋類のゲノム中に存在することを見出した。このことは、有袋類には真獣類で失われた光受容能がまだ残っている可能性を示唆しており興味深い。今回私たちは、有袋類オポッサムを用いて、この非視覚系オプシンの発現組織や光受容タンパク質としての機能性を解析し、他の非視覚系オプシンとの比較を試みたので結果を報告する。

keyword：オプシン、光受容、視覚

P-35

単細胞ホロゾアにおけるHippo Pathwayの機能解析

甲斐隆哲¹、菅裕²

¹県立広島大・院総合学術研究科生命システム科学専攻、

²県立広島大学生命環境学部生命科学科

Hippo Pathwayは、臓器のサイズを決定するシグナル伝達系としてショウジョウバエで見出された。細胞接着、細胞極性決定と密接に関わっており、哺乳動物においては腫瘍抑制系として機能している。Hippo Pathwayは進化の過程でいつ出現したのだろうか。本研究では、動物に近縁な原生生物、*Creolimax fragrantissima*をモデル生物とし、単細胞生物におけるHippo Pathwayの機能解析を通して、多細胞性進化のプロセスに迫ることを目的とした。

解析するにあたって、*C. fragrantissima*が保有しているHippo Pathway構成因子であるHippo、mob1、TEADの3つの遺伝子を過剰発現させることで、それらの遺伝子および経路の機能の解析を行った。

Hippo Pathwayは、動物細胞においてアクチンフィラメントの形成および細胞分裂を制御していることが示されている。そこで、更に*C. fragrantissima*の各成長ステージにおけるアクチンフィラメント形成の様子を抗体染色で詳細に調べ、Hippo遺伝子過剰発現の表現型との関連を調べた。

keyword：原生生物、Hippo Pathway、actin

P-34

単細胞ホロゾア*Capsaspora owczarzaki*が持つ細胞外マトリクス様遺伝子の機能解析

福原光海¹、傅保聖太郎²、青野克俊²、國村尚人²、佐藤香帆²、菅裕²

¹県立広島大学大学院 総合学術研究科生命システム科学専攻、²県立広島大学 生命環境学部生命科学科

単細胞生物から多細胞生物に進化した際に分子レベルでどのような変化があったのか？近年の研究によって、多細胞生物に近縁な単細胞生物から、多細胞システムを構成するために必要な遺伝子が数多く見つかっている。これらの遺伝子の単細胞生物における機能を調べることで、単細胞から多細胞への進化の謎に迫ることができると考えられる。我々は動物に近縁な単細胞生物の一種である*Capsaspora owczarzaki*を材料にLaminin Gドメインなど動物の細胞外マトリクスを構築するドメインをもつタンパク質を網羅的に解析している。本研究では1. バイオインフォマティクスを用いた単細胞ホロゾアが持つ細胞外マトリクス様遺伝子の探索、及び、2. それらの遺伝子の*Capsaspora*細胞における過剰発現の表現形解析の結果を報告したい。

keyword：単細胞ホロゾア、細胞外マトリクス、ラミニン

P-36

VMAT1 遺伝子型と生活環境・震災体験の相互作用がヒトの精神に与える影響

○佐藤大気、牧野能士、河田雅圭

東北大院・生命

行動における個体間の差異は進化の重要な原動力である。近年の遺伝学の発展とともに、ヒトの行動特性に関連する多くの遺伝子が特定されてきたが、人類と他の霊長類を隔てる精神的特徴や、それを担保する遺伝的多様性の人類進化への貢献については、あまり理解が進んでいない。これまでに我々は、*VMAT1*（小胞モノアミントランスポーター）遺伝子にヒト系統で正の選択が生じていること、また、136番目のアミノ酸座位には他の哺乳類（136Asn）とは異なるヒト特異的な非同義多型（Thr136Ile）が存在しており、これが平衡選択によって保たれていることを示した。*VMAT1*はセロトニンやドーパミンといったモノアミンをシナプス小胞に取り込む働きをしており、このアミノ酸座位の変化が、不安などのヒトの情動回路に影響を与えることが先行研究により示唆されている。本研究は、東北メディカル・メガバンク機構の大規模データバンクを用いて、*VMAT1*の遺伝子型の違いが、生活環境や震災体験の有無によって、精神状態にどのような影響を与えるか推定することを目的とする。これにより、ヒトの進化過程で自然選択を受けてきた精神的特徴や平衡選択のメカニズムが明らかになることが期待される。

keyword：VMAT1、人類進化、東北メディカル・メガバンク機構

P-37

ヒトゲノム中の重複配列における
非コード配列の進化

○堀泰輔、佐藤大気、牧野能士、河田雅生

東北大・生命

ヒトは他の大型類人猿と相同性の高いゲノムを持つが、直立二足歩行や高度な認知能力に代表されるような特異的な形質を有する。このような系統特異的な形質の進化を説明する遺伝的基盤として、系統特異的に加速進化した非コード配列は重要であると考えられる。これまでの非コード配列の研究では、比較対象種と正確なアライメントを行う必要があることから、解析対象はゲノム上のユニークな領域に限定されていた。ヒトゲノムの約5%を占める部分的重複配列 (Segmental Duplication, 1 kb 以上の相同性の高い領域) については、大型類人猿の進化やヒトの疾患に関連していることや、ヒトで特異的に生じた配列を多く含むこと等の理由から重要性が指摘されているが、ヒトの進化に対しどの程度寄与しているかは解明されていない。本研究ではヒトゲノム中のSDの中、遺伝子に付随して重複したと考えられる非コード配列に着目した。そして、従来のオーソログ配列の比較からヒト系統で特異的に加速進化している領域を推定するのではなく、ヒトを含めた霊長類が持つ重複コピー間の比較を行うことで、中立の指標であるイントロンに対し、変異を過剰に蓄積している非コード配列を推定した。

keyword: ヒト、Segmental Duplication、非コード領域

P-39

変異型シャペロニンが進化能力に与える
影響の解析○寺井亮平¹、成澤大¹、四方哲也²、岸本利彦¹¹東邦大学・理、²East China Normal University

ゲノム変異の蓄積は進化の重要な原動力の一つである。また、一般的に分子シャペロニンの機能によるロバストネスは生物の多様性創出に大きく影響していると考えられている。ゲノム変異の蓄積と分子シャペロニンの機能を組み合わせることで進化が加速されるのだろうか。我々の大腸菌高温適応進化系では、45℃適応過程において高変異率進化が観察された。先行研究により高変異率進化を起こす直前に固定される変異である変異修復系遺伝子 mutH 変異、変異緩衝効果が報告されているシャペロニン遺伝子 groL 変異に着目し、高変異率進化を可能とする分子基盤の検証が行われた。その結果、修復系変異によって高変異率化し有害変異が生じた細胞は、シャペロニン変異によって有害変異効果が緩和され、高変異率進化可能となることが確認された。本研究ではこのシャペロニン変異が進化能力に与える影響は高温適応進化株特有のものか、普遍的な作用であるかを検証するため、最小ゲノム大腸菌 MDS42 株を用いて groL 変異部位の特異的組換え株を Scarless 法により作製し、解析を行った。その結果、mutH 変異が MDS42 株では有益変異である可能性が示唆された。現在、進化能力の検証を行っている。

keyword: シャペロニン、進化能力、大腸菌

P-38

肝臓における窒素代謝 zonation の
進化シミュレーション○内藤泰宏^{1,2,3}、富田勝^{1,2,3}¹慶大・環境情報、²慶大・先端生命研、³慶大・政メ・先端生命科学プログラム

肝臓内での様々な代謝に空間的な不均質性 (metabolic zonation) が観察されているが、その機能的意義の多くは未解明である。本研究では、数理生物学的アプローチを用い、窒素代謝を対象に肝内の metabolic zonation の意義の解明、ならびに進化的成立過程の推定を試みた。哺乳類は窒素の大部分を尿素として腎臓から排泄する。尿素回路をはじめとする窒素代謝関連遺伝子は、肝内で空間的発現制御を受けている。窒素を尿酸として排泄する爬虫類、鳥類では類似する空間的不均質性は見られないことから、尿素による窒素排泄に適応するために metabolic zonation が進化した可能性がある。その蓋然性を検討するために、全身の窒素恒常性を考慮した数理モデルを構築し、爬虫類、鳥類などと同様に空間的不均質性のない平坦な肝窒素代謝モデルを祖先モデルとし、数理モデルの進化シミュレーションを行った。その結果、哺乳類に観察される metabolic zonation に類似する空間的発現調節が、エネルギー論的に効率的な窒素恒常性の維持に寄与することが示唆された。

keyword: metabolic zonation、窒素代謝、シミュレーション

P-40

RNA バクテリオファージ Q β の
適応進化実験で見られた複数経路での適応

○柏木明子、角谷珠実、熊坂直也、熊谷知史、

對馬 (佐野) 文恵

弘前大・農学生命

同一集団がある環境に適応する時、適応経路と適応した状態は一つなのか、それとも複数取り得るのであろうか。実験室内進化系では独立複数系列の適応進化を行い上記の問題に取り組んできた。酵母や大腸菌では同じ遺伝子やオペロンの変異による適応が見られ、ウイルスでは同じ点変異を伴う適応が見られたこと等が報告されてきた。しかし、全系列で共通して固定された変異 (コンセンサス変異) と各系列でのみ固定された変異 (系特異的変異) の適応度上昇への定量的な評価は十分ではない。我々は独立3系列で Q β ファージの高温適応進化実験を行い、全系列最終集団の適応度が上昇したこと、ゲノム解析から8箇所のコンセンサス変異、それ以外に5~10箇所の系特異的変異が固定されたことを年会で報告してきた。本研究では、適応進化開始時の株、コンセンサス配列だけをもつ変異体、3系列の最終集団で固定した変異を持つ3種類の変異体を用い、それらの生活環を定量的に比較した。その結果、Q β が高温環境に適応する際、異なる遺伝子型と表現型を示したこと、つまり、複数の経路があると考えられることを報告する。

keyword: 高温適応、RNA ウィルス

P-41

大腸菌進化実験による進化的制約の解析

○古澤力^{1,2}、前田智也¹、堀之内貴明¹

¹理研・生命システム、²東大・生物普遍性

生物システムは適応・進化の過程を通じて表現型を多様に変化させるが、任意の変化が可能なのではない。この表現型変化における制約がどのようなメカニズムで生じるかを理解することは、進化過程の理解と制御につながると考えられる。この表現型進化の制約を理解することを目的として、本研究では96種類の様々なストレス環境下において大腸菌の進化実験を行い、そこで得られたストレス耐性株の表現型と遺伝子型の変化を定量した。結果として、ある一つのストレス環境に対して耐性を上昇させた株が、他の様々なストレス環境に対して耐性・感受性を変化させる現象が広く観察された。この耐性・感受性のネットワークは、可能な表現型変化に制約が存在することを示している。こうした制約をどのように理解し得るか、特に短い時間スケールでの表現型ゆらぎとの関係について議論する。

keyword：大腸菌、進化実験、進化的制約

P-43

近縁な菌食性甲虫種間における寄主利用の分化

○小林卓也、曾田貞滋

京大・院理

菌食性は昆虫の重要な食性のひとつであるにもかかわらず、寄主特異性およびその進化に関する知見は極めて少ない。本研究では、多孔菌類を寄主とするツヤツツキノコムシ *Octotemnus laminifrons* (Coleoptera: Ciidae) とその隠蔽種間における寄主利用の分化を明らかにし、系統関係の推定を行った。ツヤツツキノコムシは前胸背板に光沢があり、体長2mm程度、オスは発達した大顎を持つといった形態的特徴から他種と区別される。演者らはまず北海道から南西諸島にかけて上記の形態的特徴を有する個体をサンプリングし、分子系統解析とオス交尾器の形態観察を行った。その結果、ミトコンドリアDNAのCOI領域の配列では分化の大きな4つの系統が認められ、オス交尾器の形態も各系統間で異なっていた。またこれらの各系統は寄主として利用する多孔菌類の種類、範囲にも違いがみられた。分子系統、形態、寄主利用パターンは同所的に分布する個体群のサンプルでも一貫して異なっており、系統間では生殖隔離の成立した隠蔽種であると考えられた。さらにRAD-seqを用いた系統解析に基づく寄主利用の祖先形質推定からは、一部の系統で寄主利用の特殊化が生じていたことが示唆された。

keyword：食性進化、祖先形質推定、RAD-seq

P-42

だけじゃない共生微生物： シロアリ腸内微生物による巣内微生物環境の制御

○稲垣辰哉、松浦健二

京大院・昆虫生態

動物の腸内に生息する多様な微生物が、餌の消化や栄養の生産を行うだけでなく行動や免疫にも影響することが明らかになってきている。シロアリの腸内にも多くの原生動物やバクテリアが生息し、木材の消化による酢酸の生成や窒素固定を行うことで宿主に必須である炭素源・窒素源を供給している。これまでシロアリと腸内微生物の関係は、消化共生の側面のみ焦点が当てられてきた。今回我々は、その全く新しい一面として、シロアリ腸内微生物が巣内微生物環境の制御を担うことを明らかにした。ネバダオオシロアリは、環境中の常在菌でありシロアリへの感染が知られるセラチア菌の体外での増殖を抑制できる。だが腸内微生物を除去した個体はその増殖を抑制できなかった。また、一定濃度以上の酢酸が培地でのセラチア菌の増殖を抑制することが分かった。シロアリの腸内にはセラチア菌を抑制できる濃度の酢酸が存在したが、腸内微生物の除去により抑制できない濃度まで減少していた。以上より腸内微生物の生産する酢酸が宿主体外のバクテリアの増殖を抑制することが分かった。今回シロアリと腸内微生物にみられた、多機能な微生物との共生は宿主にとって合理的であると考えられる。

keyword：相利共生、シロアリ、腸内微生物

P-44

2系統の *Wolbachia* が2種のキチョウの宿主ミトコンドリアへ及ぼす影響

○宮田真衣¹、野村昌史¹、陰山大輔²

¹千葉大院・園芸、²農研機構

Wolbachia は様々な節足動物の細胞内に共生しており、宿主の生殖を操作することが知られている。キタキチョウとミナミキチョウでは2系統の *Wolbachia* (wCIとwFem) に感染していることが知られており、wCIにのみ感染している個体では細胞質不和合、wCIとwFemに重複して感染している個体ではメス化がみられる。キタキチョウのミトコンドリアDNA (mtDNA) を解析した先行研究によると、細胞質不和合を引き起こすwCIに感染したミナミキチョウと非感染のキタキチョウが交雑したことで、ミナミキチョウ由来のmtDNAがキタキチョウに遺伝子浸透したと考えられている。そこで、wCIのみでなく、wFemの感染が2種のキチョウのミトコンドリアに及ぼす影響についても明らかにするために、2種のキチョウのmtDNAの分子系統解析を行った。本講演では、*Wolbachia* がキチョウ2種のmtDNAの多様性に及ぼす影響を解析することにより、2種のキチョウに *Wolbachia* 2系統がどのように侵入したのかについて考察する。

keyword：Wolbachia、共生細菌

P-45

絵描き虫の天敵回避戦略：潜葉パターンの変化は寄生蜂からの回避に有効か？

○青山悠、大島一正

京都府立大・院生命環境科学

植物を食べる昆虫の一部は、幼虫時に寄主植物の葉内に潜り込んで摂食する潜葉性を獲得しており、摂食した葉には線状や面状といった様々な潜り跡（マイン）が見られる。マインの多様化は、天敵である寄生蜂からの回避に有効であると考えられているが、実際にどの程度寄生回避に役立っているのかはほぼ未解明である。そこで本研究では、幼虫が発育の過程で潜り方を変えるクルミホソガとその天敵であるワタナベコマユバチを用いた室内寄生実験を行い、マインの形状の違いが寄生成功率へ与える影響を調べた。線状に潜る1～2齢、マインを円形に広げる3齢、葉肉組織を摂食する4～5齢の各ホソガ幼虫への寄生率を比較した結果、4～5齢ではマイン内にできた空間によって幼虫がハチから逃げやすくなり、他の齢期より有意に寄生率が低くなった。また、有意差はなかったものの、3～5齢のマインでは1～2齢と比べ、ハチの探索時間が長くなる傾向が見られた。以上より、マインの形状の変化は寄主幼虫に逃げ場を提供し、ハチの探索時間を長引かせることで寄生蜂からの回避に役立っていることが示唆される。

keyword：潜葉性昆虫、寄生蜂、天敵回避戦略

P-46

双方向性転換魚の迅速な性転換にともなう脳内の遺伝子発現変化の検出

○玉川克典¹、須之部友基²、小林靖尚³、牧野能士¹、河田雅圭¹¹東北大・院生命、²東京海洋大・海洋、³近畿大・農

雌雄はゲノムの大部分を共有していることから、性的二型の形成には遺伝子発現の調節が重要な役割を果たすと考えられる。さらに魚類には生涯の内に性転換する種が多く存在しており、完全に同一のゲノムから行動や形態に性的二型をもつ雌雄が生み出される。日本近海に生息するオキナワベニハゼ (*Trimma okinawae*) は社会的順位の視覚による認識により、オスからメス、メスからオスの双方向に性転換することが知られている。このとき、行動の性転換は生殖腺に先行して迅速に生じることから、脳内における変化が性的二型の形成を駆動することが予想される。そこで本研究ではオキナワベニハゼの脳における遺伝子発現の変化を解析し、迅速な性転換に関与する遺伝子の特定を試みた。はじめに我々は性的二型の形成に重要であると考えられる性ホルモン受容体遺伝子の発現を定量し、脳内での発現量が性転換時に変化することを明らかにした。さらに網羅的な遺伝子発現解析により、迅速な性転換に関与することが予想される複数の遺伝子を検出した。

keyword：性転換、行動、遺伝子発現

P-47

双翅目昆虫の雄生殖器回転と交尾体位の進化的協調性におけるMyo31DFの機能

○稲富桃子¹、佐久間知佐子²、嘉穂洋隆²、松野健治¹¹阪大・院理・生物、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、この生殖器の結合向きの不和は、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た。

キイロショウジョウバエでは、Myo31DF遺伝子の突然変異が雄生殖器回転に影響を与える。生殖器回転が異常なMyo31DF突然変異体の雄を用いた実験より、雄生殖器の適切な向きが交尾成功の前提条件であり、また、多少の生殖器回転異常は、行動を融通させて克服できることが分かった。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。

生殖器回転が反型体位にもたらす影響を調べるため、CRISPR-Cas9法を用いてMyo31DF突然変異体ネットアイシマカを作製した。今後、ネットアイシマカとショウジョウバエを比較することで、器官形態と行動の協調的進化に関する知見を得る。

keyword：生殖器回転、双翅目昆虫、交尾体位

P-48

ショウジョウバエの求愛歌情報処理システムの進化の理解に向けて

○大橋拓朗¹、栗崎健²、石川由希¹、森本奈央³、上川内あづさ¹¹名大・院理、²杏林大・医、³名大・高等研究院

音コミュニケーションにおいて、“receiver”の聴覚システムは、“sender”の音シグナルと共進化し、同種のシグナルを抽出しやすくなると考えられる。しかし、聴覚システムのどのような変化が同種のシグナルの抽出を実現するかは明らかになっていない。私たちはキイロショウジョウバエ（以下キイロ）と近縁種を用いてこれに迫ろうと試みている。ショウジョウバエは種間で異なる音シグナル（求愛歌）を生成し、また同種の求愛歌に対して選択的に応答する。この種特異的なシグナル選択性を実現する機構に迫るため、私たちは近縁種であるオナジショウジョウバエ（以下オナジ）の聴覚システムの応答特性をキイロと比較しようと考えた。オナジではこの聴覚システムを構成するニューロン群を標識する系統が確立されていないため、まずnanchung遺伝子のプロモーターを用いて一次聴覚ニューロンを標識する系統の確立を試みた。キイロのプロモーター配列を導入して作製した系統は一次聴覚ニューロンの一部を標識していた。この部分的な標識はプロモーター配列の種間差が原因である可能性があるため、オナジのプロモーターを用いて標識系統を作成中である。

keyword：配偶行動、神経、ショウジョウバエ

P-49

ショウジョウバエにおける異種交配を抑制する神経回路の進化

○望月香里、野村岳民、前田直希、上川内あづさ、石川由希

名古屋大・院理・生命

生物は種分化に伴い、異種を拒絶し同種を受容するような配偶者選好性を分化させ、同種選択的に交配する。しかしこのような配偶者選好性の進化の神経基盤はほとんどわかっていない。本研究ではこれを解明するため、キイロショウジョウバエ（キイロ）と姉妹種オナジショウジョウバエ（オナジ）に注目した。キイロ雄はキイロの雌フェロモン7,11-heptacosadiene (7,11-HD) に応答し、このフェロモンを持つ雌への求愛活性を上昇させるのに対し、オナジ雄は求愛活性を低下させる。これは単一化合物に対する選好性が進化的に逆転した興味深い例であるが、その神経基盤は分かっていない。本研究では、オナジと同様に7,11-HDにより求愛を低下させる雑種を用いて、キイロ雌への求愛抑制に関与する味覚ニューロンをスクリーニングした。その結果、Gr39a.aニューロンがキイロへの求愛抑制に必要であることがわかった。さらに雑種のGr39a.aニューロンは、求愛を抑制するmALニューロンに接続していた。これらのことから、雑種のGr39a.aニューロンはキイロ雌の体表フェロモンを感知し、mALを活性化させることで、キイロ雌への求愛を抑制していると考えられる。

keyword: 配偶者選好性、フェロモン、ショウジョウバエ

P-51

イチジク属植物の花囊の位置と地域集団間の遺伝的分化の関係性

○星野朱音^{1,2}、曾喜育³、蘇智慧^{1,2}

¹阪大・理、²JT生命誌研究館、³台湾国立中興大学・農資学院

イチジク属植物は花囊と呼ばれる閉じた器官に花をつけるため、花囊の中に産卵しに来るイチジクコバチが唯一の送粉者となる。花粉の分散はコバチの分散に依存することになるが、コバチの飛翔能力は低く、長距離移動するには風に乗る必要がある。林冠に近いほど障害物が少なくなり風も強いので、より高い位置の花囊から飛び立つことがコバチの長距離移動に繋がると想定される。本研究では、花囊の位置が異なるイチジク属植物（樹幹ないし根本に花囊をつけるアカメイヌビワ *Ficus benguetensis* と、先端の小枝に花囊をつける他2種）の地域集団間の遺伝的分化を解析し、花囊の位置との関連性を調べた。

沖縄から台湾にかけての島々からサンプルを採集し、葉緑体DNAとマイクロサテライトマーカー (SSR) を用いて、集団間の遺伝的分化を調べた。その結果、葉緑体DNAの解析ではどの種も低い多様性を示したが、SSRによる解析では、アカメイヌビワの集団間の遺伝的分化が、他2種と比べて大きいことが示された。この結果は、イチジク属植物の花囊の位置がコバチと花粉の分散に影響を与え、結果的に集団間の遺伝的分化に影響していることを示唆した。

keyword: イチジク属植物、マイクロサテライト、葉緑体ハプロタイプ

P-50

協力行動の進化における meta-population レベルでの選択はゲノム上にどう現れるか？

○吉川武文¹、岩崎渉^{1,2,3}

¹東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻、²東京大学 大学院新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻、³東京大学 大気海洋研究所 地球表層圏変動研究センター

協力行動の進化において問題となるのは、協力行動を示さない、すなわちコストを払わずにその恩恵を受ける defector の存在である。協力行動は生物において広くみられるが、個体レベルでは defector の方が有利であるように考えられるというジレンマを解消する考えとして、集団レベルでは協力行動を示す集団の方が defector の集団よりも有利であるという multilevel selection が提唱されてきた。この機構を前提として、もし defector の出現頻度を下げようとする機構があれば、協力行動の進化において有利に働くと考えられる。協力行動の集団において塩基変異が defector の出現に繋がると考え、本研究ではメタ集団レベルでの選択が塩基変異速度を低下させる方向に働くという仮説を立てた。具体的には、真社会性昆虫8種のトランスクリプトームデータを用いた分子進化解析を行い、昆虫の系統樹上で真社会性の種の枝長が短くなっているかを確認することでこれを検証した。

keyword: 協力行動、真社会性昆虫、multilevel selection

P-52

森林から半砂漠環境への適応進化の遺伝的基盤の解明：キューバアノールトカゲを用いて

○石井悠¹、A. Cádiz Díaz²、L. M. Díaz³、K. Janusevicius¹、赤司寛志¹、丸山真一郎¹、河田雅圭¹

¹東北大・生命、²ハバナ大学、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。この集団の個体は森林に生息する集団よりも高温での活動能力が高いことが確認されている (Kishibe et al. in prep.)。本研究では、半砂漠集団および近縁な2つの森林集団をもちいて、ddRAD法により得た SNP から半砂漠集団で自然選択を受けた遺伝子を探索した。さらに半砂漠集団と1つの森林集団の個体の温度環境を変化させ RNAseq を行い、遺伝子領域の配列比較と発現量解析を行った。半砂漠集団で自然選択を受けたと予想される遺伝子候補を検出し、遺伝子領域の配列の分化度 (F_{ST}) を比較したところ、グリコシレーション反応に関与する *b4galnt4* は集団間で分化度が高いことが示された。また、半砂漠集団と森林集団では温度環境の変化に対して異なる代謝経路を利用していることが示唆された。遺伝子の機能及び発現量変化に着目し、半砂漠集団の高温環境への適応を可能にした遺伝的基盤と進化機構について考察する。

keyword: アノールトカゲ、高温適応、集団分化

P-53

異なる温度環境に生息するアノールトカゲにおける概日リズム

○金森駿介¹、Antonio Cádiz²、L. M. Díaz³、河田雅圭¹¹東北大・院生命、²ハバナ大学、³キューバ自然史博物館

外温性動物であるトカゲの生理機能や活動レベルは、一日の中で変動する気温や日照の影響を強く受けるため、概日リズムが制御する日中の行動や温度耐性は、生存にとって重要であると考えられる。しかし、異なる温度環境への適応を可能にする概日リズムの進化機構についてはほとんど解明されていない。キューバのアノールトカゲでは、複数種が生息温度環境を変えることで同所的に共存しており、森林内部低温環境から開放部高温環境に生息する種が進化したと考えられる。これまでに、先行研究 (Akashi et al., 2016) によって概日リズムと代謝に関わる遺伝子の発現が生息温度環境の異なる種間で変化していることが示されている。本研究では、開放部高温環境 (*A. sagrei*) と森林内部低温環境 (*A. allogus*) に生息するアノールトカゲを用い、歩行活動の概日リズムパターンの両種の違いを実験室内において検証した。その結果、日照が強く気温変動の激しい高温環境に生息する種は、日中の特定の時間帯に活動レベルを上げるようなパターンを示した。高温環境では、限られた時間に効率よく活動を行えるように適応してきたと考えられる。

keyword : 温度適応、概日リズム

P-55

オタマジャクシにおける「同種」識別能についての可塑性の検証

○長谷和子

総研大・先導科学

動物の同属(種)識別能力、あるいは社会グループへの帰属意識というのは、どのようにして獲得され、社会性の進化に関わってきたのだろうか。

本研究では、「他種の中で育ったオタマジャクシは、自分の種を認識できるのだろうか?」という問いを発端に、同所的に分布する2種の両生類の幼生ーニホンヒキガエル (*Bufo japonicus*) とヤマアカガエル (*Rana ornativentris*) ーを用いて、個体の同種識別能力・社会的選好性の生得性および可塑性について検証した。

*Bufo*の幼生は血縁認識能をもち、集合性や群泳など、その行動において社会性を示すことが知られている。他方、*Rana*の幼生では、群泳などの社会性を示すことはほとんどない。2種とも生態的背景により、幼生は血縁者を多く含む集団の中で成長する。発表者は、個体間相互作用が幼生の個体のアイデンティティーに与える影響、また集団生活が同属意識を高めるのかどうかを検証するため、養子実験と混成グループ実験を行った。養子実験では、*Rana* (または*Bufo*) の幼生の中で育った*Bufo* (または*Rana*) 個体の同種への選好性について、同種の中で育った個体との差異を比較し、混成グループ実験では、他種と混ざって育った集団とそうでない集団において、同種への選好性に違いが見られるのか、比較した。

keyword : 社会性、両生類、可塑性

P-54

種特異的交尾器形態をもつオオオサムシ亜属における遺伝子発現比較

○野村翔太、曾田貞滋

京大・院理

体内受精を行う動物の多くは種特異的な交尾器の形態を持っており、近縁種間において性的隔離に役立っている。日本に生息するオオオサムシ亜属において、近縁種間における生殖器の形態は極めて異なっていることが知られており、これらの種間においては雄の生殖片形態に対して、雌の膈盲嚢が対応する構造を持つ。オオオサムシ亜属における多様な交尾器形態の遺伝基盤を調べるために、近縁種であるマヤサンオサムシ (*Carabus maiyasanus*)、ドウキョウオサムシ (*C. uenoi*) について、RNA-seqを用いて発現量解析を行った。まず、ショウジョウバエにおいて蛹化促進ホルモンであるエクジソン関連遺伝子群や、交尾器の分化を促進する *Doublesex*、*Abdominal-B* について、三令幼虫から蛹期後期における時系列発現量変動を調べたところ、蛹化プロセス、交尾器分化の開始の証拠となる発現変動が確認された。次に、ショウジョウバエにおいて器官のサイズ調節に関与する遺伝子群であるIGFシグナル経路、Hippo経路について、蛹化に伴う形態形成期の複数ステージにおいて二種間で比較した。その結果、Hippo経路内において細胞増殖抑制遺伝子群が交尾片の大きな種であるドウキョウオサムシにおいて有意に発現抑制していることが確認された。

keyword : 交尾器、遺伝的基盤、遺伝子発現解析

P-56

トミヨ属のQTL解析によるトゲウオ科における形態の収斂進化の遺伝基盤の解明

○柿岡諒¹、北野潤¹、石川麻乃¹、永野惇^{2,3}、八杉公基^{2,4}、高橋洋⁵¹遺伝研、²京都大・生態研、³龍谷大・農、⁴基生研、⁵水産大学校

独立した分類群において類似した形態分化が生じる収斂現象の遺伝基盤の解明は、進化生物学における主要な課題の一つである。遊泳や対捕食者防御など生態適応にも関わる形態進化の収斂の例が多くみられるトゲウオ科魚類は、収斂進化の遺伝基盤を研究するのに適した系である。北東アジアには多様なトゲウオ科トミヨ属魚類 *Pungitius* spp. が生息しており、種内に限らず種内でも形態の多様化が見られる。その形態進化のパターンには、近縁のイトヨ属内でみられる進化と類似した部分が多い。しかし、北東アジアのトミヨ属魚類の形態の遺伝解析はいまだなされていない。本研究ではまず、トミヨ属汽水型 *Pungitius pungitius* とトミヨ属淡水型 *Pungitius sinensis* の間でみられる形態分化の遺伝基盤を探索するため、2種間の戻し交配家系でRAD-seqによるSNPマーカーを利用したQTL解析を行った。その結果、2種間で分化した形態形質に関わるQTLを検出することができた。さらに、トゲウオ科魚類における形態の収斂進化の遺伝基盤を解明するために、他のトゲウオ科魚類でこれまでに実施されてきたQTL解析の結果との比較を行った。

keyword : 魚類、形態、収斂

ニホンミツバチにおける熱殺蜂球形成の遺伝的基盤の解明

○上岡駿宏¹、鈴木啓¹、宇賀神篤³、山口悠太²、小野正人²、河田雅圭¹

¹東北大学生命科学研究科、²玉川大学大学院農学研究科、³JT生命誌研究館

ミツバチ類は飛翔筋による発熱調節能力を獲得したことにより、寒冷な気候への分布拡大を果たした。また、ニホンミツバチ *Apis cerana japonica* はオオスズメバチなどの捕食者を46℃の蜂球形成により熱殺することが知られている。しかし、どのような遺伝的变化によって蜂球形成の進化が生じたのかについては、よく分かっていない。本研究ではニホンミツバチの蜂球形成時、実験的温上昇時(46℃)、そして蜂球形成前の個体の遺伝子発現をRNA-seq法により比較し、蜂球形成時のみ特異的に発現が変動する候補遺伝子を探索した。脳、飛翔筋、そして脂肪体の全てにおいて、蜂球形成時においてのみ発現が上昇している遺伝子にロドプシンが検出された。また、ロドプシン遺伝子の系統解析により、本研究で明らかになったロドプシン遺伝子はショウジョウバエのロドプシン6 (Rh6) と相同性が高いことが示された。ショウジョウバエにおいてRh6は温度指向性のスイッチとして働くGタンパク結合受容体として報告されている。ニホンミツバチでは、蜂球形成による高温の調節に関与していることが考えられる。

keyword: ニホンミツバチ、熱殺蜂球形成、RNA-seq

複製速度と複製の正確さのトレードオフ存在下における突然変異率の進化～シミュレーションによる解析～

○青柳優太、酒井聡樹

東北大・院・生命

突然変異の多くは有害である。しかし、正確に複製するためにエラーの修復を厳密に行うと複製速度が遅くなる。本研究では、複製速度と複製の正確さのトレードオフの下で、突然変異率がどのように進化するかをシミュレーションにより解析する。

モデルでは、2分裂する単細胞生物を仮定した。個体毎に競争力遺伝子と修復力遺伝子を定めた。競争力遺伝子は個体間競争の強さに関わる。修復力遺伝子はエラー修復力と分裂間隔に関わる。分裂間隔が小さいもの程増殖速度が速い。分裂時に一定割合で競争力遺伝子及び修復力遺伝子に突然変異を起こし、競争力・修復力の値を増加又は減少させた。ただし、個体の修復力の大きさに応じて変異の一部を修復することができる。この過程を繰り返し、集団中で形質がどのように変化していくのかを見た。

増殖速度が速いことが有利なため、通常は、突然変異率が高くなろうとも、分裂間隔が短くなるように進化する。しかし、有益変異よりも有害変異の数・効果が大きく、競争力が著しく減少する条件では、競争力の減少を抑えるために修復力を上げる選択と、増殖速度を速くする選択の両方が働き、両形質の集団平均が周期的に振動する。

keyword: 突然変異率、進化、シミュレーション

雌多型をもつアオモンイトトンボにおける性的擬態の遺伝的基盤

○高橋迪彦¹、高橋佑磨²、牧野能士¹、河田雅圭¹

¹東北大・生命科学、²千葉大・理学部

トンボ目昆虫は、一般に著しい性的二型を示すが、一部の種では雄と異なる体色を示す雌型雌と雄に体色や形態、行動などの複数の形質が似る雄型雌が雌特異的多型としてみられる。これまでに一遺伝子座の対立遺伝子が雌多型を決定していることが知られているが、性的擬態は、複数の形質が関与しており、その遺伝的基盤は明らかになっていない。そこで、本研究では、雌に雄型が高い頻度で出現するアオモンイトトンボを用い、性的擬態の遺伝的基盤を解明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シロオビアゲハの雌多型を支配する *doublesex* (*dsx*) とショウジョウバエの体色に関連する *black* と *ebony* 遺伝子が検出された。これらの3遺伝子に関してRT-PCRを用いた発現量比較を行ったところ、RNA-seqの結果と概ね一致する結果が得られた。*black* と *ebony* は、メラニン沈着に関わる遺伝子であるため、体色の発現に関わっている可能性が高い。一方、*dsx* は、多くの形質の性差を司る転写因子である。したがって、*dsx* が *black* や *ebony* の発現を含むいくつかの遺伝子発現が変化し、雄型雌はさまざまな形質を同時に雄に似せることを実現している可能性がある。

keyword: 多型、性的擬態、遺伝子

全ゲノム関連解析によるミヤコグサの地域適応遺伝子の探索

○若林智美¹、田中幸子²、Stig U. ANDERSEN³、佐藤修正⁴、川口正代司²、瀬戸口浩彰¹

¹京大・院・人環、²基生研・共生、³Mol. Biol. and Genet. Aarhus Univ.、⁴東北大・院・生命

開花のタイミングは、植物の適応度を維持するための重要な要素の1つである。開花時期の種内多型に関わる遺伝的要因を明らかにすることは、植物の地域適応機構の解明に貢献する重要なテーマである。これまでに種内の開花多型の遺伝的基盤については、様々な種で研究がなされてきているが、多くの遺伝的要因が関わっていることや、経路の複雑さが明らかにされてきている。次世代シーケンサーの発展により、全ゲノム関連解析などを使った候補遺伝子の探索が可能になってきており、開花時期のような複数の遺伝的要因が関与する形質には、ゲノム網羅的に探索が可能という点や、野生系統が持つ塩基多型を用いられるという点において有効な手段である。本研究で対象としているミヤコグサは、日本国内に広く分布し、種内に幅広い開花時期の多型を持つ。本研究では、122の国内野生系統を用いた全ゲノム関連解析を利用し、この開花時期多型に関わる遺伝的要因の探索を行なった。解析には2つのモデルを用いて、重複した候補を得ることで、信頼度の高い複数の候補遺伝子を得られた。これらの候補には、AP2などの既知の開花関連遺伝子の相同遺伝子を6つ含む22遺伝子が挙げられた。

keyword: 全ゲノム関連解析、地域適応、ミヤコグサ

P-61

細胞性粘菌における温度適応の系統進化および分布形成

○橋村秀典^{1,2,3}、井上敬³¹理研・QBiC、²大阪大・院理学、³京都大・理学

土壌アメーバである細胞性粘菌の近縁種は世界各地に生息し、熱帯または寒冷地域からよく単離される系統群が存在する。これは系統間で異なる温度適応の進化が起きた可能性を示唆するが、細胞性粘菌の温度適応の種間比較研究例は殆ど無く実態は不明である。本研究では細胞性粘菌の全系統群を含む36種の活動温度域を同一条件下の培養により調べ、種および系統間で比較した。活動温度域や生育最適温度などの温度特性は種間で異なり、高温嗜好性や低温耐性を示す種が見られた。この多様な活動温度域は各株の単離地域の気候に適応的なことが確かめられた。温度特性をSSU rDNA配列に基づく分子系統樹に当てはめると、温度特性と系統関係に有意な相関が見られた。さらに最尤法による祖先型の推定から、一部の系統群内の共通祖先が低温耐性を獲得した後に種が多様化したことが推察された。以上の結果から、渡り鳥などによる拡散で地理的制限を受けずに生息域を拡大するとされる細胞性粘菌において、系統と温度特性の関係が現在の分布形成の主要因である可能性が示唆される。

keyword：温度適応、分布形成

P-63

シクリッドにおけるフェロモン受容体候補V1R2遺伝子の発現解析

○清水翔子、河村理輝、二階堂雅人

東工大・生命理工

東アフリカに位置するヴィクトリア湖のシクリッドはここ1万5千年の間に500種以上に種分化してきたと考えられている。これらのシクリッドは遺伝的に近縁であるにもかかわらず、表現型に多様性がみられるため、適応進化のメカニズムを解明する上でのモデルとされている。我々は、遺伝的に近縁なヴィクトリア湖産シクリッドにおいて、魚類のフェロモン受容体候補遺伝子であるV1R2遺伝子に、アミノ酸配列で10残基以上異なる、clade I・clade IIの2種類のアレルが存在することを発見した。本研究ではこのV1R2の多様化がシクリッドの種分化にどのように貢献してきたのかを明らかにするためにまず、V1R2の嗅上皮での発現量を比較した。その結果、雌雄間・同一個体の左右の嗅上皮間ではその発現量に差はみられなかった。ただし、clade I・clade IIのアレル間で発現量に6.6倍の差があり、これは統計的に有意であった。また、シス領域にclade I・clade IIと連鎖する数bpの変異が数ヶ所存在しており、これらがV1R2の発現量を調節していることが予想される。今後、野生個体でのサンプル数を増やして解析を行うことに加え、嗅上皮上のV1R2発現細胞数にclade間での違いがあるのかを調べる予定である。

keyword：シクリッド、V1R、フェロモン

P-62

自家和合性の獲得による定着能力の上昇は、進化可能性の低下を乗り越えられるのか

○佐藤雄亮、瀧本岳

東京大・院農学生命科学

長距離分散を経た種では自家和合性の種が多くなるという傾向が知られている。一方、自家和合性の獲得が進化的な袋小路であるという仮説も存在する。この理由の一つとして、自家和合性が、個体群レベルでは有利となるが、進化的スケールでは不利となっていることが挙げられる。そこで本研究では、自家不和合性の種から自家和合性の種が分岐し、空間的、系統的にどのように広がっていくのかをコンピュータを用いた空間明示的進化シミュレーションで検証した。自家和合性は、個体群レベルでは繁殖機会の保証となり、新たな繁殖地への定着に有利に働くと仮定した。その一方で、自家和合性の獲得は進化的スケールでは個体群内の遺伝的多様性を減少させ、進化可能性を低下させると仮定した。シミュレーションの結果、空間全体での環境傾度が小さい時には自家和合性種が優占し、自家不和合性種をほぼ絶滅させてしまう結果も見られた。反対に、環境傾度が大きい時には自家和合性種が侵入しても広がらず、絶滅してしまった。こうした結果から、自家和合性種が個体群レベルでの有利さを活かし、進化スケールでの不利を乗り越えるには、環境傾度が緩やかであることが重要だとわかった。

keyword：自家和合性、進化

P-64

脊椎動物の発生中期はなぜ保存されるか？致死性によらない可能性と揺らぎに基づくアプローチ

○内田唯、入江直樹

東大 院理 生物科学専攻

発生システムの進化的な変更は、脊椎動物の形態的多様性を生む主要な原動力であるが、なぜか胚発生の中期（咽頭胚期）は変更が少なく、保存されてきたことが近年の研究から明らかになっている。系統内における発生中期の保存性は他の分類群（線虫、昆虫、植物、菌類）でも示唆されており、進化上の一般的な傾向である可能性もあるが、保存性の原因は未だ明確にはなっていない。

なぜ脊椎動物の咽頭胚期は保存されているのか？これまで有力視されてきた説では、この時期の発生システムが変異や外乱に弱く胚が致死に至りやすいからだと言われてきた。本研究ではこの説の実験的な検証として、(1) 発生時期ごとに阻害剤等で攪乱を与え、胚致死率への影響を比較(2) 発生初期に変異誘発性の紫外線を照射し、発生時期ごとに死亡リスクの高さを比較の2つの実験を行った。結果は使用した生物種（魚類、両生類、鳥類）でいずれも従来の仮説に否定的であった。

現在我々は、咽頭胚期の保存を説明しうる新たな可能性として、発生過程の“ゆらぎやすさ”に注目し検証を進めている。得られた傾向の報告とともに、進化に制約を与える背後のメカニズムについて議論したい。

keyword：発生砂時計モデル、発生拘束、進化可能性

P-65

真骨魚類の腹鰭の位置を多様にした背景にある位置情報の長期記憶のメカニズム

○Hilda Mardiana、植田翔悟、田中幹子
東工大・院生命理工

真骨魚類の腹鰭は、腹位から喉位にあるものまで多様な位置に存在し、その行動や生活圏の多様化をもたらした。これまでに我々は、真骨魚類の腹鰭の位置の多様化の背景には、予定腹鰭細胞がその運命を数週間もの長期にわたり記憶し続けているという特殊な発生様式にあることを明らかにしてきた。しかしながら、予定腹鰭細胞が遺伝子の発現を伴わずに、位置情報の記憶を数週間もの長期間維持しているメカニズムは全くわかっていない。そこで、本研究では、ゼブラフィッシュの腹鰭細胞をモデルに、位置情報がエンハンサーのpoised状態として、長期間記憶されている可能性を検証することとした。この目的で、私たちはゼブラフィッシュの腹鰭形成誘導遺伝子*Pitx1*のエンハンサーを同定し、このエンハンサーについて、*Pitx1*の発現前の予定腹鰭細胞と発現後の腹鰭原基細胞におけるエピジェネティック状態を検証した。その結果、*Pitx1*の発現していない受精2週間後の仔魚の予定腹鰭細胞では、*Pitx1*エンハンサーがpoised状態にあることが明らかとなった。
keyword: 位置情報の記憶、Poisedエンハンサー、腹鰭

P-67

Molecular mechanisms underlying the postnatal testis development in non-human primates

○黒木康太、今村公紀
京都大・霊長類研究所

Among mammalian species, primates have unique life history. One of the characteristics unique to primates is a prolonged 'juvenile' period after weaned. Because of this physiological property, primates are likely to have gonadal developmental programs different from other mammals with shorter juvenile period. The postnatal testis development undergoes two distinct processes; structural development and functional maturation. Whereas a numerous number of studies have focused on germ cell development, the molecular mechanisms underlying whole testis development have not been well investigated. Especially, developmental events during long-term juvenile period in primates are poorly understood. Thus, we are aiming to elucidate the molecular basis of postnatal testis development in primates. Focusing on neonatal, juvenile and adult tissues of rhesus macaques, we examined the expression of developmentally-regulated genes by RT-PCR and immunofluorescence. Our data showed that postnatal testis development in rhesus macaque is clearly associated with tissue-specific cell cycle regulation, including CYCLIN family and its positive/negative regulators. Considering the physiological and developmental characteristics in primates, simple extrapolation of mouse studies to primates is not appropriate. Postnatal developmental events in primates remain largely to be revealed, therefore much more effort by many researchers is needed.
keyword: 霊長類、生後発育、精巣

P-66

霊長類子供期に特有な生殖細胞の運命決定と分子機構

○岡田佐和子、伊藤達矢、黒木康太、今村公紀
京都大学 霊長類研究所

霊長類は出生後から性成熟までの性的未成熟期間が長期化する発育様式をもつ。しかし、従来実験動物として扱われてきたマウスやラットは生後発育期間が短く、その発育システムについて知見は少ない。そこで我々はコモンマーマセットを用いて、霊長類特有の生後発育における、精子形成過程と分子メカニズムに注目し研究を行っている。これまでに精子形成細胞の分子特性や遺伝子発現動態の解明に取り組んできた。その中で、子供期にのみ精細管内腔に存在する特徴的な生殖細胞Luminal Germ Cell (LGC)を発見した。そしてLGCは新生仔期の精巣に存在する未熟な生殖細胞であるゴノサイトが起源であり、子供期には減数分裂様イベントを伴うプログラム細胞死Meiosis-like event-associated cell death (MAD)を引き起こすことを明らかにした。現在は、免疫組織化学的手法によりMADを司る分子機構の解明に努めている。更に、マーマセットで確認された現象を他の哺乳類と比較し進化的保存性を確かめるために、フェレットにおける解析も進めている。今後は、精原細胞の培養系や精巣の器官培養系を立ち上げ、in vitroでMADの誘導と抑制の理解を深め、発生生物学の新たな領域に寄与していきたい。
keyword: 生後発育、精子形成、アポトーシス

P-68

遅い遺伝子発現による発生時間制御と進化可能性

○香曾我部隆裕、金子邦彦
東大院 総合文化

本ポスターでは発生の時間スケールを決める遺伝子発現と進化可能性の関係についての研究結果を発表する。発生はゲノムにコードされた胚の時間変化と捉えることができる。発生は幾つかの段階に分かれており、それぞれの段階で異なる発生プログラムが調和して機能していると考えられている。しかし、その時間的制御の仕組みはあまり明らかにされてこなかった。また、発生が段階的に進行することの進化的な理由についても不明であった。このような背景のもと、コンピュータ上で1次元縞パターンの発生を制御する遺伝子ネットワークを進化させることで、発生の時間制御の仕組み及びその進化的意義について研究した。その結果、発生は他の遺伝子と比べて遅い発現時間スケールをもつ遺伝子によって制御されていること、そのような遅い遺伝子発現の出現と進化における適応度の上昇とに強い相関が見られることを発見した。遅い遺伝子発現を獲得し、発生を段階的に進行させることは進化にとって重要であることが示唆される。
keyword: シミュレーション、進化発生、進化可能性

P-69

チンパンジー iPS 細胞を用いた神経幹細胞の分化誘導と発生動態の解明

○仲井理沙子¹、北島龍之介¹、平井啓久¹、今井啓雄¹、岡野栄之²、今村公紀¹¹京都大学霊長類研究所ゲノム細胞研究部門、
²慶応義塾大学医学部生理学教室

大脳皮質の肥大化はヒト進化上の特徴的なイベントの一つであるが、その発生進化動態および分子基盤の解析は生体試料や実験手法の制限から困難である。そこで、我々はヒトと最も近縁なチンパンジーに注目し、iPS細胞を用いた神経発生の再現に取り組んでいる。まず、チンパンジー iPS 細胞を樹立し、ニューロスフェア形成による神経幹細胞の分化誘導系を確立した。この分化誘導系において、神経幹細胞の遺伝子発現や産生ニューロンサブタイプの継時的変化、さらにはヒト特異的遺伝子の導入によるニューロンの形態的变化を観察している。ヒト/チンパンジー iPS 細胞の神経誘導系の比較解析により、ヒト大脳形成の発生進化に迫っていききたい。

keyword : チンパンジー、iPS細胞、神経発生

P-71

Identification of regeneration related genes in animals by transcriptome analyses and comparative genomics

○PINGLIN CAO, Takashi MAKINO

Grad. Sch. Life Sci. Tohoku Univ.

Understanding regeneration, which is a complicated biological process, still remains a major challenge in biology. In particular, a common molecular basis among species with high regeneration is still unclear, if any. We hypothesized that losses of regeneration related genes during evolution have reduced regeneration ability. In order to test our hypothesis, we identified 6,346 differentially expressed genes (DEGs) in regenerated individuals of *Nematostella vectensis* (high regeneration ability species; Schaffer et al., 2016) using RNAseq data. In addition, we classified 128 fully sequenced animals into 3 groups which were high ability group, middle ability group and low ability group, based on research of Bely and Nybery (2009), and downloaded their whole protein sequences. We examined a loss of orthologs for 6,346 DEGs of *N. vectensis* in 128 species. We found 4 DEGs containing JmjC domain conserved in genomes of species only in high ability group. Namely, the orthologs lost in middle and low ability groups during evolution. Furthermore, we found many researches of JmjC domain genes which were regulated gene expression by epigenetic mechanism. These results suggested that these JmjC genes maintained only in high regeneration ability group are related to regeneration function.

keyword : regeneration, JmjC domain, epigenetics

P-70

羊膜類終脳形態の多様性を創出する神経幹細胞制御システムの解明

○山下航、野村真

京府医大・神経発生

哺乳類の大脳新皮質は胎生期の終脳背側 (Pallium) に由来し、神経幹細胞から産生された神経細胞が層構造を形成する。大脳新皮質は哺乳類特有の形質であり、哺乳類と同じ羊膜類に属する鳥類・爬虫類ではPalliumから異なる構造の組織が形成される。こうした動物群特有の脳構造が形成される背景には、神経幹細胞の増殖・分化のタイミングや神経サブタイプの特異化など、発生プログラムの時空間的な制御機構の変化が存在すると推測される。我々は、羊膜類終脳の分子発生機構を比較することで、哺乳類の大脳新皮質の層構造獲得と領域拡大をもたらした分子機構の解明を目指している。本研究では、哺乳類終脳において神経幹細胞制御に関わる転写因子であるPax6遺伝子に着目し、哺乳類と鳥類とでPax6遺伝子下流の神経発生プログラムの機能比較解析を行った。遺伝子ノックアウト・過剰発現解析を通し、Pax6による脳パターンニング機構および細胞増殖制御機構は種間で高度に保存されていることが明らかとなった。一方で、Pax6によるNotchシグナル制御の違いにより、神経産生様式が種間で異なることが明らかとなった。本研究から、Pax6下流神経発生プログラムの進化が、哺乳類大脳新皮質の獲得につながったことが示唆された。

keyword : 神経発生、大脳新皮質、脊椎動物

P-72

脊椎動物心臓進化とコネクチン弾性構造

○花島章、橋本謙、氏原嘉洋、本田威、児玉彩、呼元知子、杉野充希、毛利聡

川崎医大・生理1

脊椎動物の心臓は大きめに、心臓に血管が生えている冠循環心臓と、血管が生えていない類洞循環心臓に分けられる。哺乳類や鳥類などが持つ冠循環心臓は、血液中の酸素や栄養を張り巡らされた血管を介して心筋内に取り込めることで、心筋細胞が緻密に配列された高ポンプ機能心臓である。冠循環心臓の出現は脊椎動物の進化に大きな影響を果たしたと考えられるが、その時期と理由については、心臓が化石として残らないため、現生動物の遺伝情報などから推定して解明を進める必要がある。私たちは冠循環心臓の出現時期と理由を、心筋伸展性を制限している弾性蛋白質コネクチンの弾性領域の短縮として検出できるのではないかと考え、冠循環心臓と類洞循環心臓のコネクチンI帯弾性領域の一次構造を決定し、比較を行った。その結果、哺乳類・鳥類の冠循環心臓は両生類・爬虫類の類洞循環心臓と比べ非常に伸展しにくい性質を有しており、コネクチンI帯弾性領域のPEVK領域とN2B領域の長さが短縮していた。哺乳類・鳥類におけるコネクチンの短縮は、冠循環の出現による心筋細胞の伸展抑制という制約に適応して起こった可能性が考えられた。

keyword : 心臓進化、冠循環、弾性蛋白質コネクチン

昆虫卵における精子の侵入孔は、いつ獲得されたのか：イシノミ目における受精様式の解明

○真下雄太^{1,2}、塘忠顕³、町田龍一郎⁴

¹福島大・院共生システム理工、²学振・特別研究員PD、
³福島大・共生システム理工、⁴筑波大・山岳科学センター
菅平高原実験所

昆虫類の卵は、濾胞上皮から分泌・形成される卵殻によって包まれており、精子が侵入するための卵門と呼ばれる小孔が分類群によって様々な配置パターンで卵殻に開口している。昆虫類の受精は、排卵から産卵までのごく短い時間に、受精嚢から放出された精子が卵門を通して卵内に侵入することによって起こることが知られており、この様式が一般的なものとされてきた。しかしながら、昆虫類（狭義）の最原始系統群であるイシノミ目では、これまで卵門が報告されておらず、その他の昆虫類とは異なる受精様式を採用しているものと推測される。

本講演では、ヤマトイシノミ *Pedetontus nipponicus* のメス後腹部の組織学的観察およびTEMによる卵膜の微細構造観察をもとに、イシノミ目が実際にどのような受精様式をとっているのかについて報告する。また、甲殻類から昆虫類に至る過程で、陸上進出に伴って卵構造や受精様式がどのような変遷をたどってきたのかについて考察する。

keyword：卵膜、卵門、陸上進出

雌雄交尾器の共進化：雌の変化に追いつききれない雄交尾器

○武藤れおな¹、高橋佳乃子¹、上村佳孝²、田中健太郎¹、高橋文^{1,3}

¹首都大・生命、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*) の産卵管は、近縁種の *D. subpulchella* と比べて、特異的に硬化した細長い形態へと独自の進化を遂げており、落下前の固い果実にも産卵可能である。また、この産卵管は交尾の際に雄の交尾器と接合する器官であるため、産卵管の形態変化が雌雄の交尾器のカップリング様式に影響を与えていることが予想される。そこで外皮の透明化手法によりカップリングの様子を観察した結果、両種ともに雄の把握器 (*D. suzukii* では産卵管と同様により直線状) は産卵管の先端部を把握していることが分かった。一方で把握を補助するための鉤状の構造は、*D. subpulchella* では雌の腹部に刺さっているのに対し *D. suzukii* では雌の体に届いていなかった。両種の野外集団を系統化し鉤状構造の形態を解析したところ、*D. suzukii* で種内変異が大きいことが分かった。これらの結果から、*D. suzukii* では交尾器形態の共進化過程において鉤状構造の機能的制約が緩和していることが考えられた。

また今回、雑種の作成にも成功したため、雑種個体の交尾器形態についても報告する。

keyword：ショウジョウバエ、食性変化、共進化

オオツノコクヌストモドキの武器形質の形成における CARM1 の機能解析

○大塚宏樹¹、○新美輝幸²、太田邦史³、岡田泰和³、小澤高嶺³、新政隆³

¹東京大学大学院理学系研究科、²基礎生物学研究所・進化発生研究部門、³東京大学大学院総合文化研究科

角や大顎といった武器形質は、雄同士の闘争や雌の好みといった性選択を原動力に、子孫を残すために有利な形質が極端な表現型として進化した結果だと考えられています。しかし、この進化を起こした至近メカニズムはあまり明らかになっていません。そこで、武器形質形成遺伝子の解析を行うことで性的な形質の進化のメカニズムの理解ができると考えています。

大顎をはじめ他にも雄特有の形質を持つオオツノコクヌストモドキでは、エピジェネティックな修飾を行う HDAC や PcG などの因子が、大顎特異的に働き大きさを調節するとわかっています (Ozawa et al., 2016)。今実験では、ヒストンやクロマチン関連タンパク質のメチル化を触媒する酵素をコードしている CARM1 に注目し、RNAi でノックダウンすることで機能解析を行いました。

結果、雄では大顎の拡大傾向が見られ、雌からは短い大顎や拡大した頭部の張り出しといった、雌雄中間的な特徴を持つ個体が現れました。この結果より、CARM1 は雄の大顎の発達を阻害する働き、及び雌に雄の形質の発達を阻害する機能を持つと考えられ、ヒストン修飾が性形質の発現に関与している可能性が示唆されました。

keyword：オオツノコクヌストモドキ、RNAi、性的二型

Insights from Fisher's geometric model: different environmental scenarios for their chances of leading to speciation

○Ryo Yamaguchi¹ and Sarah P. Otto²

¹Tokyo Metropolitan University, ²University of British Columbia

New species often arise as a result of ecologically-based divergent natural selection. Under this process, natural selection acts in contrasting directions between environments and finally results in reproductive isolation. Alternatively, under mutation-order speciation, populations diverge as populations accumulate different mutations under similar selection pressures. There is growing evidence in support of both ecological speciation and mutation-order speciation in nature, but how different environmental scenarios affect the rate of species formation remains underexplored. Our current study uses "Fisher's geometric model", which derives predictions about the fitness effects of mutations using a simple model of optimizing selection on multiple traits, to explore speciation in the face of environmental change. We find that genetic incompatibilities are likely to accumulate in isolated populations adapting to different environments. In addition, incompatibilities arise even in populations facing similar environments, particularly when the environment changes rapidly and favors the accumulation of large-effect mutations. We also show that our model can generate many of the major findings of speciation studies, including F1 or F2 fitness reduction, heterosis and beneficial introgressions etc. In light of these results, we discuss how the quality of reproductive isolation is affected by the manner in which populations diverge.

keyword：Adaptation, Reproductive isolation, Mathematical model

P-77

全北区において隔離分布する
ダイセツタカネヒカゲ *Oeneis melissa* の
種分化過程に関する研究○富岡駿¹、井上望太郎²、小柳香奈子¹、渡邊日出海¹¹北大・院情報科学、²北星学園女子中学高等学校

Oeneis (タカネヒカゲ) 属は旧北区と新北区の両区(全北区)に広く分布しているが、種レベルで両区に生息するのは *Oeneis* 属全32種中5種のみである。その中で *O. melissa* は全北区に点在する高山帯の岩場に適応しているという特殊性を有している。この *O. melissa* の特殊な分布に関しこれまで、旧北区のアルタイ・サヤン地域の高地から氷河期に低地を移動可能になり分布域を新北区へ拡大していった、という説が提唱されている。しかし岩場に適応した蝶が低地の森林や草原を移動できたとは考えにくい。本研究では *O. melissa* と近縁な *O. jutta* 等の全北区に生息し低地の森林を移動できる種が拡散し各地で高山帯に適応し平行進化したことで *O. melissa* が隔離分布するようになったという仮説を立てた。この仮説を検証するために全北区の *O. melissa* 及び近縁種のCOI配列をデータベースから取得するとともに、モンゴルと大雪山において *Oeneis* 属の蝶をそれぞれ152頭、5頭採集し、内27頭、5頭のCOI配列を決定した。これらを用いて分子系統解析を行った結果、*O. melissa* と *O. jutta* の同所的種分化とともに、*Oeneis* 属内の分類に多くの問題が存在する可能性が示唆された。

keyword: 系統解析、平行進化、*Oeneis melissa*

P-79

日本各地の野生ミヤコグサに共生する
根粒菌の単離と系統解析○番場大¹、青木誠志郎²、梶田忠³、瀬戸口浩彰⁴、綿野泰行⁵、佐藤修正⁶、土松隆志⁵¹千葉大・院・理、²東京大学・院・総合分化、³琉大・熱生研・西表、⁴京都大・院・人環、⁵千葉大・理、⁶東北大・院・生命

マメ科植物と共生する根粒菌は α および β プロテオバクテリア綱の約14属にも及び、このような多様な共生菌は、宿主認識や窒素固定に関わる遺伝子(共生関連遺伝子)の水平伝播によりそれぞれ共生能を獲得してきたと考えられている。これまでのマメ科植物-根粒菌共生関係と遺伝子水平伝播に関する研究は、宿主と共生者の共種分化解析等、大進化プロセスに着目したものが主であり、同じ植物種に共生する根粒菌間で水平伝播がどのように起きているのかは、いまだ詳細に明らかになっていない。

本研究では、同じ植物種に共生する根粒菌間の遺伝的変異と水平伝播の過程を明らかにするために、日本各地からミヤコグサを採集し、各自生地で共生している根粒菌を調査した。13地点より計92株の根粒菌を単離し、4つのハウスキーピング遺伝子および4つの共生関連遺伝子の塩基配列を決定した。その結果、ミヤコグサは自生地ごとに異なる多様な *Mesorhizobium* 属根粒菌種と共生していたが、その一方でそれらのもつ共生関連遺伝子は極めて類似性が高かった。このことから各自生地に生息する根粒菌は、ミヤコグサとの共生に必要な共通の共生関連遺伝子を水平伝播によって獲得した可能性が示唆された。

keyword: ミヤコグサ、根粒菌、遺伝子水平伝播

P-78

日本産イヌビワコバチに寄生する
コバチ2種の系統的位置と形態的差異

○有本晃一、蘇智慧

JT生命誌研究館

イチジク属植物はイチジクコバチ(以下、送粉コバチ)に餌と住処を提供する代わりに送粉を担わせており、両者の関係は共進化の一例としてよく知られている。この関係は絶対送粉共生系と呼ばれ、種特異性が高い。また、送粉コバチに種特異的な寄生コバチがあり、イチジク属植物と合わせて種特異的な三者系を形成している。著者らは日本で最も普通に見られるイヌビワ *Ficus erecta* - イヌビワコバチ *Blastophaga nipponica* 共生系を観察する中で、既知の寄生コバチ(イヌビワオナガコバチ *Sycosapter inubiae*)以外にも1種の寄生コバチの存在を確認した。本研究ではイヌビワ共生系より新たに見つかった寄生コバチの系統的位置やイヌビワオナガコバチとの形態的な違いについて調べた。系統解析の結果、新寄生コバチは日本未記録の *Sycosapteridea* 属に含まれる未記載種であることが判明し、イヌビワオナガコバチに比して産卵管が短く、体下面が黄色を呈することで容易に識別できた。また、このコバチは沖縄島と南大東島、薩摩半島、紀伊半島から見つかっており、それらの地域ではイヌビワオナガコバチと同所的に生息している。同じ花囊中から両種が見つかる事もあり、両種は競争関係にあると示唆された。

keyword: イチジクコバチ、寄生蜂、未記載種

P-80

山岳棲「翅退化」昆虫トワダカワゲラの分子系統
地理学的研究: 東北地方における遺伝的分化要因
の解明○小池花苗¹、吉井幸²、東城幸治²¹信州大・総合理工、²信州大・理

生物種群の分布域は、その系統進化史や生理的・生態的特性などの生物学的要因、地史や環境要因に加え、偶然性なども含めた複合的な結果として決定される。これらの要因により強い制約を受け、特定の条件下に生息域が制定される種群は「ハビタット・スペシャリスト種」と呼ばれる。トワダカワゲラ科はカワゲラ目内最小の科であり、日本列島と朝鮮半島に各4種ずつが記載されている東アジア固有の分類群である。各種の分布域は平野や海峡などの地理的障壁により分断される。山岳源流域に局所散在的に分布するハビタット・スペシャリスト種で、翅が退化した成虫は飛翔できないことから、本種群の遺伝構造は地史の影響を強く反映している。トワダカワゲラ *Scopura longa* は北限を青森、南限を福島・茨城周辺とする日本列島の東北地域に分布する。分子系統解析の結果、遺伝的に大きく分化した2系統から構成されることが示された。この2系統は種の分布域の北部と南部に位置づけられるものの、この分布境界に地理的な障壁はなく、交雑地域も確認されている。このトワダカワゲラ種内の2系統がどのようにして現在の分布域をもつに至ったか、東北地域の地史と関連付けた考察を試みた。

keyword: 系統地理、遺伝的分化要因、地史

P-81

更新世の気候変動によるアオダイショウ (有鱗目：ナミヘビ科) への影響：日本列島北部と 南西部で異なる分布域変動パターン

○森山純¹、竹内寛彦²、片山亮³、疋田努¹

¹京都大学・理学研究科、²日本大学・生物資源科学部、³青森県産業技術センター

発表者らは、更新世の水期-間水期サイクルがアオダイショウ *Elaphe climacophora* の集団サイズおよび分布域にもたらした影響を明らかにすることを目的として本研究を行った。北日本（北海道・東北地方）はその他の地域と比較して、本研究で使用した3遺伝子座すべてで明らかに遺伝的多様性が低くなっており、mtDNAデータに基づく集団遺伝学的解析からも最近の集団サイズの急激な拡大が支持された。特に北海道で水期の影響によって強いボトルネックを経験したことが示唆されたが、北海道にも固有のmtDNAハプロタイプが存在することから、少なくとも最終水期に絶滅せずに生き残ったと考えられる。一方、日本列島南西部（東北地方以南）では全体的に高い遺伝的多様性が維持されており、最終水期に集団サイズが大きく縮小した地域はなかったと考えられる。日本列島や周辺島嶼の間で長期にわたる地理的隔離が生じていた証拠はないことから、日本列島南西部のアオダイショウの分布域は水期の寒冷気候や植生の変化より海水準変動に大きく影響を受けており、多くの島々が地理的に接続していた水期にはむしろ分布域を広げていたと考えられる。

keyword：水期-間水期サイクル、海水準変動、遺伝子流動

P-83

日本先史時代における戦争の進化： 人口動態との関係

○中尾央¹、中川朋美²

¹山口大・国際総合、²岡山大学・社会文化科学研究科

本発表は縄文時代、弥生時代、古墳時代における古人骨データをもとにして、日本先史時代における戦争の進化について検討する。具体的には各時代の遺跡発掘報告書をもとにして集めた古人骨データの中で、戦争や暴力によって傷を受けたと考えられる人骨（受傷人骨）がどの程度出土するかを明らかにし、戦争の頻度を考察する。次に、戦争・暴力の原因を推測するため、特に受傷人骨が多く出土する弥生時代中期の北部九州の数地域に関して、甕棺と呼ばれる埋葬具から当時の人口動態を推測し、人口動態と戦争の関係を考察する。

keyword：人類進化、日本考古学、戦争

P-82

新第三紀後半のミャンマーの陸棲哺乳類相の変化

○高井正成¹、タウンタイ²、ジンマウンマウンテイン³、西岡佑一郎⁴

¹京都大・霊長研、²メイッティエラ大、³マグウェー大、⁴早稲田大・高等研

ミャンマー中央部を南北に流れるイラワジ河流域には、第三紀の陸成層が広範囲に分布しており、陸棲動物化石を豊富に産出することが知られている。京都大学霊長類研究所では新第三紀後半（中期中新世～鮮新世）の複数の地点での発掘調査を継続し、大量の脊椎動物化石を採取している。本発表では、中期中新世末、後期中新世前半、後期中新世末～鮮新世初頭、後期鮮新世の4つの年代（6地域）から見つかった化石動物相の比較を行い、ミャンマーにおける新第三紀後半の動物相の変遷に関して検討した。

ミャンマーでは後期中新世前半までの動物相は、古いタイプの南アジア地域と類似する哺乳類相で特徴付けられるが、後期中新世後半からより現代的で東アジア地域と共通する哺乳類が出現する。こういった哺乳類相の変化は、後期に始まったチベット高原・ヒマラヤ山脈の上昇と、それにもなうアジアモンスーン気候の成立と草原化に対応した現象と考えられる。また南アジアと東南アジアを分けるブラマプートラ河の流路変更も大きな要因である可能性が高い。キリン科やカバ科など現在東南アジア地域に生息していない動物群の絶滅要因などと共に動物相の変遷について検討する。

keyword：哺乳類、化石動物相、環境変化

P-84

脊椎動物の進化の道筋と学校教育： 中学理科教科書の記載と大学生の認識

○佐藤綾¹、江積翔太²

¹群馬大・教育、²高崎商科大学附属高等学校

学校教育において、生物進化の概念をはじめて学習するのは中学校第2学年の「脊椎動物の変遷と進化」という単元である。この単元で中学生は、魚類、両生類、爬虫類、鳥類、哺乳類の脊椎動物は、過去にいた生物が少しずつ変化して地球上に現れたこと、そのように生物が長い時間をかけて徐々に変化することを進化と呼ぶことを学習する。新しい事実の蓄積により、従来考えられていた生物の系統関係は書き換えられる。それに伴い、中学校理科の教科書における脊椎動物の進化の道筋もこの数年で変化している。しかしながら、教員の知識が書き換えられなければ、教科書の記載が変化しても学習者の理解には影響がないことが予測される。そこで本研究では、教科書における記載とその教科書で学んだ学生の理解は一致しているのか調査することを目的とした。そのため、過去10年に遡り、中学校理科の教科書で脊椎動物の進化の道筋の扱いがどのように変化しているのか調査した。また、大学生が脊椎動物の進化の道筋をどのように理解しているかアンケート調査を行った。本発表では、教科書の記載が変化した年代ごとに大学生の理解度がどのように異なるのか調査結果を報告する。

keyword：脊椎動物、系統関係、中学校

進化生物学と子ども学の学際研究：京都地域におけるエコチル調査を例に

○森田理仁¹、呉東進¹、平林今日子¹、金谷久美子¹、渡部基信²、川西康之²、小西行郎²、中山健夫¹

¹京都大学大学院 医学研究科、²同志社大学 赤ちゃん学研究センター

子ども学の研究の多くは、心理、発達、健康、保健、疫学、医学等の分野で進められることが主流であり、現象の至近要因 (mechanism, development) の解明に特に焦点を当ててきた。一方、現象をよりよく理解するためには、究極要因 (function, evolution) の探求も相補的に求められ、進化学、行動学、生態学との学際研究が待たれる (森田, 2017, チャイルド・サイエンス)。本発表では、子どもの健康と環境に関する全国調査「エコチル調査」における京都ユニットセンターの取り組みを例に、今後の研究の展望を議論する。エコチル調査は、全国約10万組の親子を対象とした出生コホート調査である (<http://www.env.go.jp/chemi/ceh/index.html>)。調査は2011年から本格的に始動し、母親の妊娠時から子どもが13歳になるまで継続してデータを収集する。京都地域では、京都市、木津川市、長浜市の三拠点で調査を進めており、生物学、人類学、社会学、小児科学、アレルギー学等、複数の視点から研究を行っている。各研究の概要を、調査の進捗状況とともに紹介したい。

keyword：出生コホート研究、究極要因、子どもの健康と環境に関する全国調査「エコチル調査」

SS-1

高スループットシーケンサのコモディティ化が変えた分類学と系統学の研究サイクル

田辺晶史

神戸大・院・理学研究科

分類学における新種探索には、「記載が進むほどに必要な労力が増大する」という重大な問題がある。そのため、超高速に新種を走査する技術は、新種探索・記載を加速し、地球上の全生物の記載という分類学の一つのゴールを大きく近づけるものと期待できる。近年、まさにそのような技術としてメタバーコーディング法が普及しつつある。メタバーコーディング法は、メタゲノムまたは環境DNAを鋳型として一部領域を増幅し、高スループットシーケンサで網羅的に解読、群集構成種全種の分子同定を行うものである。このとき、適切な参照配列データベースと分子同定法を用いれば、「既知の科の新種」を見つけることができる。また、分類体系の改善には系統関係の解明が不可欠である。これまで、高スループットシーケンサを用いた大規模な系統樹推定用データの取得にはもっぱらRNA-seqが使われてきたが、この方法は取得したデータの一部しか利用できず無駄が大きい。そこで、系統樹推定に適した領域に絞って解読することで、高精度な大規模系統樹推定を小さなコストで行うことが可能となった。本講演では、このような新時代の分類学と系統学の研究サイクルの概要を紹介する。

SS-3

大規模データを使ったDNA分類の手法：多遺伝子座を用いた種発見とその問題点

藤澤知親

Pasteur Institute & LIRMM, CNRS

高スループットシーケンサーの普及により、非モデル生物においても比較的容易に大量の複数遺伝子座のマーカーを得ることができるようになってきた。これらの多遺伝子座のデータは高解像度の系統解析を可能にするだけでなく、高解像度のDNA配列データに基づく種発見も可能にすると考えられている。本発表では、複数遺伝子座を用いた種発見の統計的手法を紹介し、その大規模データへの適用例を示す。高スループットシーケンサーのデータは従来のマーカー遺伝子のデータに比べ不均一で多くの（場合によっては未知の）エラーの原因を含んでいる。また高解像度な種発見が求められる生物集団の多くは地理的構造や遺伝子流動といったモデルに仮定されていないプロセスのもとにある。このようなデータに対して従来の種発見のための統計モデルを適用するときの注意点について議論する。また不均一なデータから有用な情報を含んだマーカーを発見する手法の可能性についても紹介する。

SS-2

高スループットシーケンサを用いた分子系統推定—大型菌類を用いた実践—

佐藤博俊

龍谷大学・理工学部

一般的に、分子系統推定は、利便性の観点から、少数の遺伝子の配列情報に基づいて行われることが多い。しかし、こういった従来の手法では、必然的に遺伝子情報の不足や偏りが生じてしまうため、互いに遠縁の種を多く含んだ大規模なデータセットでは、生物の系統関係を正確に推定することは難しかった。このような問題について対処する方法として、近年、発達・普及してきた高スループットシーケンサを活用する方法が挙げられる。しかし、高スループットシーケンサを活用して大規模な系統群に対して分子系統推定を行った研究例は限られており、その方法論が確立しているとも言いがたいのが現状である。ここでは、高スループットシーケンサを使用して、多数のシングルコピー遺伝子の塩基配列を同時並列的に解読することによって、比較的安価で簡潔に、高解像度の分子系統樹を得る手法について紹介する。また、この手法を適用した実践例として、大型菌類（いわゆるキノコ類）の系統関係を推定した研究について紹介する。

SS-4

DNAバーコードの情報システムと分類学者の関わり

神保宇嗣

国立科学博物館

DNAバーコーディング技術を種同定に利用するためには、様々な種の塩基配列情報を網羅的に蓄積したデータベースが必要である。Barcode of Life Data Systems (BOLD) は、DNAバーコーディングの公式データベースであり、550万件以上（2017年7月現在）のDNAバーコード塩基配列と証拠標本の情報が登録されている。一方で、BOLDに登録されている証拠標本の同定結果には、明らかな誤同定のほか、分類の見解の違いや古い学名の利用など、様々な不統一も含まれる。BOLDの標本情報は、DNAバーコード塩基配列を基準にしたクラスターである Barcode Index Number (BIN) によっても整理されており、これとあわせて解釈することも必要な場合がある。BOLDの網羅的なDNAバーコード情報は分類学者の研究にとっても有用であり、BOLDの精度向上には分類学的研究のフィードバックが重要である。情報技術・バイオインフォマティクス・生物多様性情報学の進展を背景としつつ、DNAバーコードと分類学者のコミュニティ間での連携を深めていくことが、今後さらに重要になると考える。

第19回大会参加者一覧

	名前	所属	発表番号	懇親会
B	Barnett, Craig	Kyoto University		○
K	Kim, Heui-Soo	Pusan National University, Korea		○
L	Lavine, Laura	Washington State University	プレナリー講演	○
M	Mardiana, Hilda	東京工業大学生命理工学院生命理工学系	P-65	○
P	Park, Jongsun	InfoBoss Co. Ltd.	O-1B-2	○
V	Vogler, Alfried P.	Imperial College London/Natural History Museum	プレナリー講演, S12-2	○
あ	青柳優太	東北大学生命科学研究科	P-59	
	青山悠	京都府立大学大学院生命環境科学研究科応用生命科学専攻	P-45	○
	赤司寛志	総合研究大学院大学先導科学研究科	S3-3	○
	赤沼哲史	早稲田大学人間科学学術院人間環境科学科	S5-1	
	赤堀洋道	岐阜大学医学部看護学科	P-10	
	秋山礼良	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P-26	○
	浅原正和	愛知学院大学教養部生物学教室		○
	足立直樹	浜松医科大学光先端医学教育研究センター先進機器共用推進部		
	網藏和晃	東京大学大学院新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻	S5-4	○
	荒川那海	総合研究大学院大学先導科学研究科	O-3F-2	
	荒木仁志	北海道大学大学院農学研究院		○
	有本晃一	JT生命誌研究館	P-78	
い	飯田慶	京都大学大学院医学研究科	P-06	
	飯塚朋代	総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻	P-19	○
	家入雄樹	九州大学システム生命科学府	O-3A-2	○
	池尾一穂	国立遺伝学研究所生命情報研究センター	P-18, P-19	○
	池村淑道	長浜バイオ大学バイオサイエンス学部	O-1A-2, O-2B-1, O-2B-2	○
	石井悠	東北大学大学院生命科学研究科生物多様性進化分野	P-52	
	石井友一朗	神戸大学大学院理学研究科惑星学専攻	S11-3	○
	石川由希	名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻	S10-1, P-48, P-49	○
	石野史敏	東京医科歯科大学難治疾患研究所	S8-5	○
	市橋伯一	大阪大学情報科学研究科	S9-1, O-1B-4, P-01, P-02, P-03	○
	伊藤剛	農研機構・高度解析センター・ゲノム情報		○
	伊東啓	東京大学総合文化研究科広域システム科学系		○
	伊藤元己	東京大学大学院総合文化研究科・広域システム科学系		
	稲垣辰哉	京都大学大学院農学研究科応用生物科学専攻昆虫生態学研究室	P-42	○
	稲田垂穂	東北大学生命科学研究科	P-14	○
	稲富桃子	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-47	○
	犬山愛莉香	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P-09	○
	今西規	東海大学医学部	S2-1, S4-1	
	入江直樹	東京大学理学部生物学科	P-64	
	岩崎裕貴	国立遺伝学研究所	O-2B-1	
	岩崎理紗	総合研究大学院大学先導科学研究科	O-2E-2	
	岩崎渉	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	O-2B-3, P-50	○
	岩部直之	京都大学大学院理学研究科生物物理学教室	P-11	

	名前	所属	発表番号	懇親会
	岩本栄介	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻進化遺伝学研究室	O-4A-1	○
う	呉佳齊	東京大学農学生命科学研究科生物測定研究室	O-3A-3	○
	上田恵介	立教大学		
	上原重之	無所属		
	氏家由利香	高知大学海洋コア総合研究センター	O-4B-4	
	内田唯	東大 院理 生物学専攻	P-64	
	生形貴男	京都大学大学院理学研究科地球惑星科学専攻	S11-2	○
え	江川史朗	東北大学生命科学研究科	S6-4, O-2F-2	○
	江副日出夫	大阪府立大学大学院理学系研究科生物科学専攻	O-4D-1	○
お	大泉祐介	大阪大学理学部生物科学科		
	大島一彦	長浜バイオ大学バイオサイエンス学部	O-1C-2	
	大田竜也	総合研究大学院大学先端科学研究科		○
	太田博樹	北里大学医学部解剖学	S4-2	○
	大塚宏樹	東京大学理学系研究科生物科学専攻		
	大音チカラ	トヨタ自動車株式会社未来研究部		
	大野翔平	静岡大学農学部		
	大橋拓朗	名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻	P-48	○
	大堀兼男	静岡産業大経営学部		
	大村真優子	東邦大学大学院理学研究科生物分子科学専攻	P-12, P-13	
	大森亮介	北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター	O-2A-3	
	岡田佐和子	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-66	○
	岡田典弘	国際科学振興財団	O-2B-1, O-2B-2	○
	緒方博之	京都大学化学研究所	S2-3	○
	岡田泰和	東京大学大学院総合文化研究科広域システム科学系	P-74	○
	岡本卓	京都大学大学院理学研究科動物学教室		○
	荻田悠作	北里大学理学研究科生物科学専攻	O-4B-3	
	奥平卓司	-		
	小口晃平	東京大学大学院・理学系研究科・附属臨海実験所	O-3D-2	○
	小郷卓博	東京工業大学生命理工学院生命理工学系生命理工学コース	P-20	
	小澤元希	株式会社テクノスルガ・ラボ		
	小野久志	茨城大学大学院理工学研究科	P-16	○
	小野寺航	早稲田大学先進理工学部生命医科学科生物物性科学研究室	P-23	
	恩田義彦	理化学研究所		
か	甲斐隆哲	県立広島大学総合学術研究科生命システム科学専攻菅研究室	P-35	○
	柿岡諒	国立遺伝学研究所生態遺伝学研究部門	P-56	○
	柿嶋聡	国立科学博物館植物研究部		○
	風見奈穂子	東京大学大学院農学生命科学研究科農学国際専攻		
	柏山祐一郎	福井工業大学環境情報学部環境・食品科学科	S1-2	○
	柏木明子	弘前大学農学生命科学部	P-40	
	加藤三步	鹿児島大学連合農学研究科	O-4D-4	
	金森駿介	東北大学大学院生命科学研究科	P-53	○
	金村優香	京都大学ウイルス・再生医科学研究所ウイルス共進化分野	O-1A-1	
	加納純子	大阪大学蛋白質研究所細胞核ネットワーク研究室		

	名前	所属	発表番号	懇親会
	鎌田泰斗	新潟大学大学院自然科学研究科	P-32	
	上岡駿宏	東北大学生命科学研究科	P-57	
	神川龍馬	京都大学大学院人間環境学研究科	S1-1	
	川口眞理	上智大学理工学部物質生命理工学科	S6-2, O-1C-4, P-21	
	川島武士	国立遺伝学研究所	P-22	○
	河村正二	東京大学・大学院新領域創成科学研究科・先端生命科学専攻	O-4D-3	○
き	菊地一輝	京都大学大学院理学研究科地球惑星科学専攻	S11-1	
	岸田拓士	京都大学野生動物研究センター	O-3B-2	○
	岸本利彦	東邦大学理学部生物分子科学科	P-12, P-13, P-39	
	北尾晃一	京都大学医学研究科医科学専攻		
	北野誉	茨城大学工学部生体分子機能工学科	S7-4, P-15, P-16	○
	木下豪太	京都大学農学研究科森林科学専攻		
	木下みほこ	Spiber株式会社		
	木村葉菜	藤田保健衛生大学大学院保健学研究科臨床検査学領域遺伝カウンセ リング分野		
	木村友彦	首都大学東京大学院理工学研究科生命科学専攻	P-08	○
	木村浩之	静岡大学グリーン科学技術研究所	S3-4	
	金城その子	国立遺伝学研究所生命情報センター	P-18	
く	楠見淳子	九州大学大学院比較社会文化研究院		○
	倉谷滋	理化学研究所倉谷形態進化研究室	S6-4	○
	倉橋亮	京都府立大学生命環境科学研究科応用生命科学専攻生体物質化学研 究室	P-07	
	栗田和紀	京都大学大学院農学研究科		
	栗原顕輔	自然科学研究機構岡崎統合バイオサイエンスセンター・分子科学研 究所	S9-4	○
	車兪澈	東京工業大学地球生命研究所	S9-6	
	黒木康太	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-66, P-67	○
こ	呉恵子	大阪大学理学生命科学科		
	小池花苗	信州大学総合理工学研究科	P-80	○
	小出りえ	京都大学ウイルス・再生医科学研究所		
	郷康広	自然科学研究機構新分野創成センターブレインサイエンス研究分野	O-3B-3	○
	香曾我部隆裕	東京大学大学院総合文化研究科	P-68	○
	郡駿介	東邦大学大学院理学研究科生物分子科学専攻	P-12, P-13	
	古賀章彦	京都大学霊長類研究所	S8-3, S8-5	○
	越川滋行	京都大学白眉センター／大学院理学研究科	O-1F-3	○
	小島健司	臺灣國立成功大學・米国 GIRI		○
	後藤萌	東北大学農学研究科		
	後藤寛貴	名古屋大学大学院生命農学研究科	S6-5	○
	小林卓也	京都大学大学院理学研究科	P-43	○
	小林由紀	日本大學生物資源科学部獣医学科	S2-6, O-1A-3	
	小巻翔平	岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構	S3-2	○
	古俣慎也	京都大学大学院理学研究科		○
	小松秀徳	(一財)電力中央研究所エネルギーイノベーション創発センター	O-3E-2	
	小柳光正	大阪市立大学大学院理学研究科生物地球系専攻	P-33	○

	名前	所属	発表番号	懇親会
	近藤秀樹	岡山大学資源植物科学研究所	S2-4	
さ	齋藤くれあ	岡崎統合バイオサイエンスセンター(生理学研究所)	S3-1	○
	齋藤茂	岡崎統合バイオサイエンスセンター(生理学研究所)・細胞生理	S3-1, S3-3, S3-6	○
	斎藤成也	国立遺伝学研究所集団遺伝研究部門	S7-5	○
	斉藤洋克	東北大学大学院農学研究科		
	酒井祐輔	基礎生物学研究所	O-4D-3	○
	酒谷佳寛	大阪大学情報科学研究科	P-02	
	坂本貴洋	東京大学農学部フィールド科学専修	P-29	
	佐久間夢	東京農業大学大学院		○
	颯田葉子	総合研究大学院大学先導科学研究科生命共生体進化学専攻	S3-6, O-3E-1, O-2E-2, O-3F-2	○
	佐藤綾	群馬大学教育学部	P-84	
	佐藤佳	京都大学ウイルス・再生医科学研究所システムウイルス学分野	S2-5	
	佐藤大気	東北大学大学院生命科学研究科	P-36, P-37	○
	佐藤雄亮	東京大学大学院農学生命科学研究科生圏システム学専攻	P-62	○
	佐藤直樹	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻生命環境科学系	O-1E-4	○
し	重信秀治	基礎生物学研究所生物機能解析センター	O-1E-1, O-1E-3	○
	嶋田誠	藤田保健衛生大学総合医科学研究所	O-4A-3	○
	嶋田正和	東京大学・大学院総合文化研究科・広域システム科学系		○
	清水翔子	東京工業大学生命理工学院	P-63	
	下出紗弓	神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科	O-1A-1	
	白井一正	九州工業大学情報工学部生命情報工学科	P-28	○
	白鳥峻志	筑波大学生命環境系	O-2D-1, O-3C-1	○
	神保宇嗣	国立科学博物館動物研究部	SS-4	
す	菅裕	県立広島大学生命環境学部	S1-5, P-34, P-35	○
	鈴木誉保	農研機構・カイコ機能改変技術開発ユニット	O-1F-2	○
	鈴木孝幸	名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻	S6-4	○
	鈴木留美子	大分大学医学部	O-2E-1	○
	隅山健太	理化学研究所QBiC	O-2F-3	○
せ	瀬戸陽介	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	O-4B-2	○
そ	蘇智慧	JT生命誌研究館	P-51, P-78	○
	曹萍麟	東北大学大学院生命科学研究科		
	曾田貞滋	京都大学大学院理学研究科	O-2D-2, P-43, P-54	○
	孫垚	名古屋市立大学システム自然科学研究科	O-3C-3	
た	高井正成	京都大学霊長類研究所	P-82	○
	高橋文	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	O-1D-2, P-75	○
	高橋慶祐	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻生物物理学教室		○
	高橋志帆	総合研究大学院大学先導科学研究科	O-3F-4	
	高橋奏太	北海道大学理学部生物科学科高分子機能学専修		○
	高橋望	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻生命環境科学系		
	高橋迪彦	東北大学生命科学研究科	P-58	
	田上俊輔	理化学研究所CLST		○
	竹内信人	東京大学総合文化研究科		
	竹崎直子	香川大学総合生命科学研究センター	S7-2	○

	名前	所属	発表番号	懇親会
	田中健太郎	首都大学東京理工学研究科生命科学先行	O-1D-2, P-75	○
	田中幹子	東京工業大学生命理工学院	P-65	○
	田中良弥	東北大学生命科学研究科脳機能遺伝分野	S10-2	○
	谷口昇志	東京大学大学院農学生命科学研究科	O-2D-3	○
	谷藤吾朗	国立科学博物館動物研究部	S1-4, O-1C-1	○
	田畑光敏	茨城大学大学院理工学研究科量子線科学専攻	P-15	○
	玉川克典	東北大学大学院生命科学研究科生物多様性進化分野	P-46	○
	田村浩一郎	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	S7-3, O-4A-1, O-4B-2, P-08, P-09	○
つ	辻岳志	大阪大学情報科学研究科	P-01	○
	辻和希	琉球大学農学部亜熱帯農林環境科学科	O-4D-4	○
	辻英明	環境生物研究会		○
	津田宗一郎	グラスゴー大学化学科	S9-3	
	土松隆志	千葉大学大学院理学院	O-3A-1, P-79	○
	津山淳	東京都医学総合研究所生体分子先端研究分野	S4-5	○
	津留三良	東京大学理学系研究科附属生物普遍性研究機構	O-1B-3	○
	鶴崎展巨	鳥取大学農学部	O-1D-3	○
て	寺井洋平	総合研究大学院大学先端科学研究科生命共生体進化学専攻	O-1D-1, O-3F-2, O-3F-4	
	寺井亮平	東邦大学理学研究科生物分子科学専攻	P-12, P-13, P-39	
と	東樹宏和	京大大学生態学研究センター		
	土畑重人	京都大学大学院農学研究科	O-3D-3	○
	富岡駿	北海道大学大学院情報科学研究科生命人間情報科学専攻ゲノム情報 科学研究室	P-77	
	朝長啓造	京都大学ウイルス・再生医科学研究所	O-1A-3	
な	内藤泰宏	慶應義塾大学環境情報学部	P-38	
	仲井理沙子	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-69	○
	中尾央	山口大学国際総合科学部	P-83	
	長岡峻平	京都大学大学院生命科学研究科高次生命科学専攻	S2-5, P-04	
	中川草	東海大学医学部分子生命科学	S2-1, O-1A-1	○
	仲澤剛史	国立成功大学(台湾)生命科学系		
	長澤竜樹	東京慈恵会医科大学解剖学講座	O-1C-4, P-21	○
	永田隼平	京大大学生態学研究センター		○
	長太伸章	国立科学博物館標本資料センター	O-2D-2	
	中橋渉	総合研究大学院大学先端科学研究科	O-3E-3	
	中林一彦	国立成育医療研究センター研究所・周産期病態研究部	S4-3	○
	並木重宏	東京大学先端科学技術研究センター	S10-3	○
に	新美輝幸	基礎生物学研究所進化発生研究部門	S6-1	○
	新村芳人	東京大学大学院農学生命科学研究科／ERATO 東原化学感覚シグナル プロジェクト	O-2E-3	○
	二階堂雅人	東京工業大学生命理工学院	O-1D-4, P-20, P-63	○
	二河成男	放送大学教養学部	O-1E-3	○
	西原秀典	東京工業大学生命理工学院	S7-2, S8-4, O-2C-1	○
	西村剛	京都大学霊長類研究所	S3-5	○
	丹羽隆介	筑波大学生命環境系	S6-3	○

	名前	所属	発表番号	懇親会
ね	根本直人	埼玉大学大学院理工学研究科	S9-5	
の	野崎友成	京都大学大学院農学研究科応用生物科学専攻昆虫生態学研究室	S10-1	○
	野澤昌文	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P-17	○
	野村翔太	京都大学理学研究科生物科学専攻	P-54	○
は	橋詰晃一	東京大学理学系研究科生物科学専攻	O-3F-1	
	橋爪秀夫	国立研究開発法人物質・材料研究機構機能性材料拠点カーボン複合材料グループ	S5-2	
	橋村秀典	大阪大学大学院理学研究科	P-61	
	橋本暁	京都大学ウイルス・再生医科学研究所		
	長谷和子	総合研究大学院大学先端科学研究科	P-55	○
	花島章	川崎医科大学生理学1教室	P-72	
	浜端朋子	東北大学大学院生命科学研究科	P-31	○
	原雄一郎	理研・CLST分子配列比較解析ユニット	O-3B-1	○
	原田幸子	東京都健康安全研究センター		
	番場大	千葉大学大学院融合理工学府	P-79	○
ひ	東山大毅	東京大学医学系研究科代謝生理化学	O-2F-1	○
	平井啓久	京都大学霊長類研究所	P-69	○
ふ	深津武馬	産業技術総合研究所生物プロセス研究部門	O-1E-2, O-1E-3	○
	福富雄一	京都大学理学研究科	O-1F-3	○
	福原光海	県立広島大学総合学術研究科生命システム科学専攻	P-34	○
	藤田遥	京都大学大学院人間・環境学研究科	O-3E-4	
	藤戸尚子	総合研究大学院大学先端科学研究科	O-3E-1	○
	藤本仰一	大阪大学理学研究科生物科学専攻	O-1F-1	
	藤原晴彦	東京大学大学院新領域創成科学研究科先端生命科学専攻		○
	古川善博	東北大学理学研究科	S5-3	
	古川龍太郎	東京薬科大学生命科学部	S5-5	○
	古澤力	理化学研究所生命システム研究センター	S9-3, P-41	○
	古林太郎	大阪大学大学院生命機能研究科	O-1B-4	○
へ	別所学	名古屋大学大学院生命農学研究科	O-3F-3	○
ほ	星野朱音	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-51	
	細将貴	京都大学白眉センター		○
	堀泰輔	東北大学生命科学研究科	P-37	
	堀池徳祐	静岡大学農学部	O-4B-1	○
ま	牧野弘和	静岡大学総合科学技術研究科農学専攻		
	真下雄太	福島大学大学院共生システム理工学研究科	P-73	○
	増岡裕大	農研機構生物機能利用研究部門	O-1F-4	○
	松浦優	琉球大学熱帯生物圏研究センター	O-1E-2	○
	松島正和	神田歯科医院・日本歯科大学新潟生命歯学部第1補綴学教室	O-4C-1	
	松村茂祥	富山大学大学院理工学研究部(理学)	S9-2	○
	松本俊吉	東海大学現代教養センター		○
み	三浦徹	東京大学大学院理学系研究科・附属臨海実験所	O-4C-4	○
	三浦麻衣	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻		○
	三澤計治	東北大学東北メディカル・メガバンク機構	O-2C-2	○
	三品達平	京都大学大学院理学研究科	P-05	○

	名前	所属	発表番号	懇親会
	水内良	大阪大学情報科学研究科バイオ情報工学専攻	P-03	
	水元惟暁	京都大学大学院農学研究科応用生物科学専攻昆虫生態学分野	O-3D-3	○
	三中信宏	農研機構農業環境変動研究センター環境情報基盤研究領域	S7-1	○
	嶺井隆平	長浜バイオ大学コンピューターバイオサイエンス学科	O-1C-3	○
	宮川一志	宇都宮大学バイオサイエンス教育研究センター	P-30	○
	宮城島進也	国立遺伝学研究所細胞遺伝研究系	S1-3	○
	宮沢孝幸	京都大学ウイルス・再生医科学研究所ウイルス共進化分野	O-1A-1	
	宮下春樹	筑波大学人文社会科学研究科国際日本研究専攻	O-4D-2	○
	宮田真衣	千葉大学大学院園芸学研究科応用昆虫学研究室	P-44	
	宮田凌佑	筑波大学大学院生命環境科学研究科生物科学専攻	O-1C-1	○
	宮穂里江	京都大学ウイルス・再生医科学研究所		
む	向井正哉	東京大学教養学部統合自然科学科		
	向井八尋	京都大学大学院生命科学研究科生体動態制御学	O-1A-3	○
	武藤吉徳	岐阜大学医学部・連合創薬	P-10	
	武藤れおな	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P-75	○
	村瀬佳乃	長浜バイオ大学バイオサイエンス学部バイオサイエンス学科		○
も	望月香里	名古屋大学理学部生命学科	P-49	○
	望月智弘	東京工業大学・地球生命研究所	S2-2	○
	森田理仁	京都大学大学院医学研究科エコチル調査京都ユニットセンター	P-85	
	森山純	京都大学理学研究科	P-81	○
や	矢崎裕規	筑波大学生命環境系	O-3C-1	○
	安河内彦輝	三重大学地域イノベーション推進機構先端科学研究支援センター		○
	矢野大和	東北大学大学院生命科学研究科		
	山岸明彦	東京薬科大学生命科学部応用生命科学科	S5-5, S5-6, O-3C-2	
	山口諒	首都大学東京理工学研究科		○
	山下翔大	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻		○
	山下永香	総合研究大学院大学生命科学研究科遺伝学専攻		○
	山下航	京都府立医科大学神経発生生物学教室	P-70	○
	山道真人	京都大学白眉センター／生態学研究センター		○
ゆ	湯浅創	高知大学理工学部化学生命理工学科生化学研究室	O-4A-2	○
	行弘研司	農研機構生物機能利用研究部門		
よ	横井翔	農研機構・生物機能利用研究部門	P-24	
	横堀伸一	東京薬科大学生命科学部応用生命科学科	S5-5, O-3C-2	○
	吉川武文	東京大学理学系研究科生物科学専攻	P-50	○
	吉田勝彦	国立環境研究所生物・生態系環境研究センター	S11-4	
	吉田渉	弘前大学農学生命科学部生物学科	O-4C-3	○
	吉見一人	大阪大学大学院医学系研究科ゲノム編集センター	S4-4	
	吉村仁	静岡大学創造科学技術大学院		○
わ	若林智美	京都大学大学院人間・環境学研究科	P-60	○
	和多和宏	北海道大学大学院理学院生物科学部門	S10-4	
	渡辺勝敏	京都大学大学院理学研究科動物生態		○
	渡邊知輝	静岡大学農学部	O-4B-1	

高校生「第12回 みんなのジュニア進化学」参加者一覧

名前	所属	ポスター番号
小野夏実	学校法人三木学園白陵高等学校	H-01
松本里菜	学校法人三木学園白陵高等学校	H-01
尾野晏菜	学校法人三木学園白陵高等学校	H-01
上月太久真	学校法人三木学園白陵高等学校	H-02
上原萌瑚	学校法人三木学園白陵高等学校	H-02
鈴木大登	学校法人三木学園白陵高等学校	H-02
桑村風花	兵庫県立小野高等学校	H-03
小林史佳	兵庫県立小野高等学校	H-03
大谷素司	兵庫県立小野高等学校	H-03
湯浅公太	兵庫県立小野高等学校	H-03
藤田基樹	兵庫県立小野高等学校	H-03
奥戸舞	兵庫県立神戸高等学校	H-04
丸山麻由花	兵庫県立神戸高等学校	H-04
三宅舞	兵庫県立神戸高等学校	H-04
長手千尋	兵庫県立神戸高等学校	H-04
山本果歩	学校法人奈良学園奈良学園中学校・高等学校	H-05
前田悠貴	学校法人奈良学園奈良学園中学校・高等学校	H-05
中村美南	学校法人奈良学園奈良学園中学校・高等学校	H-05
田中元	学校法人奈良学園奈良学園中学校・高等学校	H-05
奥田翔太	岐阜県立加茂高等学校	H-07
長谷川雄登	岐阜県立加茂高等学校	H-07
水野珠那	岐阜県立八百津高等学校	H-08
藤本千夢	岐阜県立八百津高等学校	H-08
阪野亜美	愛知県立名古屋南高等学校	H-09
山中ひいろ	愛知県立名古屋南高等学校	H-09
濱田亮	愛知県立名古屋南高等学校	H-09
浦田歩実	富山第一高等学校	H-10
丸本悠	富山第一高等学校	H-10
山口瑤平	富山第一高等学校	H-10
志村侑祐	富山第一高等学校	H-10
定廣莉央	富山第一高等学校	H-10
入江悠斗	富山第一高等学校	H-10
岡本優真	静岡県立掛川西高等学校	H-11
丸山海成	静岡県立掛川西高等学校	H-11
橋爪健汰	静岡県立掛川西高等学校	H-11
小原弘聖	静岡県立掛川西高等学校	H-11
須山杏友莉	静岡県立掛川西高等学校	H-11
杉山寛晃	静岡県立掛川西高等学校	H-11
杉山晴哉	静岡県立掛川西高等学校	H-11
大石沙也加	静岡県立掛川西高等学校	H-11
竹山遥香	静岡県立掛川西高等学校	H-11
薄田隼弥	静岡県立掛川西高等学校	H-11
富田敦幹	静岡県立掛川西高等学校	H-11
横井佑美	静岡県立掛川西高等学校	H-12
中山敬斗	静岡県立掛川西高等学校	H-12
鈴木虹宇	静岡県立掛川西高等学校	H-12

名前	所属	ポスター番号
井上遥翔	静岡県立掛川西高等学校	H-13
後藤竜弘	静岡県立掛川西高等学校	H-13
山下英紀	静岡県立掛川西高等学校	H-13
杉山慶	静岡県立掛川西高等学校	H-13
杉山亮太	静岡県立掛川西高等学校	H-13
塚澤祐太	静岡県立掛川西高等学校	H-13
岡本海	静岡県立掛川西高等学校	H-14
三澤恒汰	静岡県立掛川西高等学校	H-14
山下拓海	静岡県立掛川西高等学校	H-14
大友沙羅	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-15
岸野紘大	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-16
小笠原帆香	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-17
西城亜里	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-18
小林千紘	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-19
西林伶華	国立大学法人東京大学教育学部附属中等教育学校	H-20
加来祐子	私立中央大学附属高等学校	H-21
原嶋亜由美	私立中央大学附属高等学校	H-21
老川希美	私立中央大学附属高等学校	H-21
新井倭愛	山村学園山村国際高等学校	H-22
横山慶汰	福島県立会津工業高等学校	H-23
横山思実	福島県立会津工業高等学校	H-23
矢澤宗一郎	福島県立会津学鳳中学校	H-24
乙供真澄	宮城県仙台第三高等学校	H-25
佐藤広樹	宮城県仙台第三高等学校	H-25
小山西音	宮城県仙台第三高等学校	H-25
濱野斗真	宮城県仙台第三高等学校	H-25
伊藤亜珠希	宮城県仙台第三高等学校	H-26
中川朔未	宮城県仙台第三高等学校	H-26

日本進化学会第19回大会委員会

大会実行委員長 曾田貞滋（京都大学）
大会実行委員 岩部直之 生形貴男 岡本卓 神川龍馬 岸田拓士 越川滋行
東樹宏和 土畑重人 細将貴 渡辺勝敏 （以上、京都大学）（五十音順）

企業展示

- ・ ネイチャー・ジャパン株式会社
- ・ 大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構
- ・ 株式会社マクロジェン・ジャパン
- ・ 株式会社生物技研
- ・ 株式会社勁草書房
- ・ 株式会社羊土社
- ・ 公益社団法人日本動物学会

協賛企業

- ・ 有限会社ウラヤマ
- ・ 株式会社生物技研

日本進化学会第19回大会 プログラム・要旨集

2017年8月24日（木）～8月26日（土）

〒606-8501 京都市左京区吉田本町 京都大学 吉田キャンパス

The Society of Evolutionary Studies, Japan

The 19th Annual Meeting in Kyoto

Programs and Abstracts

24 - 26 August, 2017

Copy right© 2017 The Society of Evolutionary Studies, Japan

All rights reserved（無断転載不可）

出 版：2017年8月24日

発 行：日本進化学会第19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：写真・堀道雄／デザイン・曾田貞滋

印刷所：株式会社大應 〒101-0047 東京都千代田区内神田1-7-5

nature ecology & evolution

Nature Ecology & Evolution は、生態学および進化生物学の全領域に目を向け、分子、生物個体、集団、群集および生態系のレベルでの研究に加えて、社会科学の関連領域も対象とします。

日本人著者の皆様に、今回の研究成果、工夫や苦労、今後の展望などインタビュー形式でご紹介しています。



食虫植物の進化がゲノム解読から明らかに

長谷部 光泰（礎生物学研究所）、福島 健児（コロラド大学）

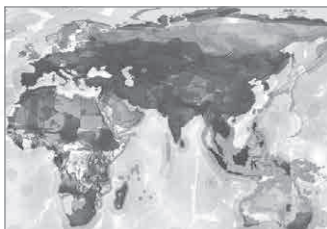
植物なのに、虫を捕らえ、食べる食虫植物。この不思議な生き物は、いったいどのように進化してきたのだろうか。このほど、食虫植物フクロユキノシタのゲノム配列を明らかにし、さらに捕らえた虫を分解する消化酵素の進化について解明した。



多種生物種ネットワークを基に生態学と進化学をつなぐ

東樹 宏和（京都大学生態学研究センター）

植物とその根に共生する真菌類の相互作用に着目し、地下生態系の全体像把握に挑んでいる。東樹さんがその先に見ているものは、森林の再生や農業生態系の設計だ。今回、多数の生物種で構成されるネットワーク構造を解析し、多種系の生態・進化動態の解明を目指す論文が掲載された。



消費・生産活動が絶滅危惧種に及ぼす影響の視覚化に成功

金本 圭一郎（信州大学）

世界 187 カ国におけるサプライチェーンによって、どれくらいの生物種が絶滅の危機にさらされているかの度合いを地域別に地図上に表示することに成功した。今回の成果は、特定国のサプライチェーンが生物多様性に及ぼす影響も視覚化でき、環境にやさしい経済活動、消費活動を考える上で役に立つ。

Nature Ecology & Evolution では投稿論文を募集しています。

Illumina 次世代シーケンス解析

ddRAD-Seq 解析

- ・ 2 種類の制限酵素を使用
- ・ 制限酵素認識部位近傍をシーケンス
- ・ 遺伝子多型を効率良く探索
- ・ ゲノム情報がない生物種でも実施可能

<解析条件> Illumina HiSeq 100 bp ペアエンド

<データ量> 1 レーン (36Gb)

<制限酵素> EcoRI・MspI

<価格例：96 検体のご依頼の場合（ライブラリ調製～次世代シーケンスデータ取得まで）>

ddRAD-Seq 21,000 円（税別） / 検体

サンプル必要量

ddRAD-Seq

ゲノム DNA

2 µg 以上

(40 ng/µl 以上)

検体数や生物種に応じて最適なプランをご提案いたします。
データ解析も承ります！お気軽にお問い合わせください。

【引用】

Peterson, Brant K., et al. "Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for De Novo SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. PLoS ONE 7(5): e37135.

ライブラリ作製から次世代シーケンス
データ取得までのお得なセットプラン！
サンプルをご準備いただくだけで
次世代シーケンス解析が可能です！

あいのり パッケージプラン

サンプル QC

サンプル調製

次世代 Seq
RUN

Raw データ
お届け

オプションで
データ解析
承ります！！

<解析条件> Illumina HiSeq 100 bp ペアエンド

<データ量> 4Gb / 検体（2000 万リードペア / 検体）

<パッケージプラン 価格例>

DNA-Seq 135,000 円（税別） / 検体
(PCR Free 対応可能)

mRNA-Seq 140,000 円（税別） / 検体
(stranded 対応可能)

サンプル必要量	DNA-Seq (PCR-Plus)	ゲノム DNA	1 µg 以上 (40 ng/µl 以上)
	DNA-Seq (PCR-Free)	ゲノム DNA	5 µg 以上 (40 ng/µl 以上)
	mRNA-Seq	Total RNA	5 µg 以上 (40 ng/µl 以上)
		mRNA	200ng 以上 (10 ng/µl 以上)

※ 納期はあいのりでの解析となるため弊社解析スケジュールとなります。お急ぎの方はお問い合わせください。
※ サンプル発送の際、弊社専用サンプル送付 BOX にて発送をご希望の場合はご連絡ください。

その他の価格例については弊社 HP にてご案内しています。

HSS キャンペーン



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL:011-768-5903 FAX:011-768-5951

Email:hss-ngs@hssnet.co.jp

URL:http://www.hssnet.co.jp

研究機器オンラインに続き 「受託オンライン」をオープン!!

気になる
ワードで検索!

キャンペーン情報も
チェックできます。

研究用途に合わせた検索もラクラク!

遺伝子発現解析や抗体作製からスクリーニング、
標本作製まで幅広い受託サービスを掲載。

特 徴

- 研究用途から受託サービス検索
…遺伝子工学、シーケンス解析、タンパク質工学などの
カテゴリ検索!
- あのメーカーのサービスを
…フリーワード検索やメーカーの絞り込み検索も可能!
- 製品情報の充実
…随時、受託サービスの追加・更新を行っております。

まずは! アクセス



和研薬受託オンライン

和研薬の受託オンラインは、PC、
スマートフォンやタブレット端末からアクセス!

ウェブサイト <http://www.wakenyaku.co.jp/jtk/>

WEBサイト 随時更新中

和研薬 受託



ワケンくん



技術と信頼でライフサイエンスの明日を担う
和研薬株式会社
WAKENYAKU CO., LTD.

本社営業部 〒606-8171 京都市左京区一乗寺西水干町17番地
TEL(075)721-8111/FAX(075)721-8189
京阪奈営業部 〒610-0343 京都府京田辺市大住池ノ端6番地5
TEL(0774)65-2521/FAX(0774)65-2557
滋賀営業部 〒525-0029 滋賀県草津市下笠町945番地1
TEL(077)568-2481/FAX(077)568-2410

神戸営業部 〒650-0047 兵庫県神戸市中央区港島南町5丁目2番5
TEL(078)306-6060/FAX(078)306-6070
大阪営業部 〒562-0035 大阪府箕面市船場東1丁目12-8
TEL(072)749-5200/FAX(072)749-5230

Home page :<http://www.wakenhd.co.jp/>