

# ベストポスター賞 11件

## P-007】

シクリッドGDF 5遺伝子の進化

藤村衛至(1)、寺井洋平(1)、宮正樹(2)、西田睦(3)、岡田典弘(1)

(1)東京工業大学大学院生命理工学研究科 (2)千葉県立中央博物館 (3)東京大学海洋研究所

アフリカ大陸の大地溝帯にはマラウイ湖・ヴィクトリア湖・タンガニカ湖があり、そこに生息するシクリッドは形態学的、生態学的に極めて多様化している。シクリッドの外部形態のうち特に多様化しているのは頭部、特に歯と顎の形態である。歯と顎の形態は採餌行動に大きく影響しシクリッドの種の同定に広く用いられるように種特異性を示している。これらの形態はどのような遺伝的メカニズムで形成され多様性を獲得しているのだろうか？一般的に魚類の進化の過程で、咽頭骨格を機能的に変形し適応したと考えられている。その過程で、咽頭骨格における関節の獲得が非常に重要であったと考えられている。我々は、軟骨分化と関節の形成に関わる遺伝子であるGDF5に着目し、解析をおこなってきた。今大会では、魚類の進化の過程でのGDF5の進化について報告する予定である。

魚類の進化史上大きな革新の一つとなった顎の形態形成に対して、遺伝子のレベルからアプローチし、GDF 5遺伝子の3'末端に見られる固有の配列の分布が、新真骨と一致していることを見出した。魚類において、形態形成と進化を結びつける大きなきっかけとなる画期的な研究である。

## P-034】

哺乳類の中耳骨の進化の分子的背景を探る研究

中澤真澄、倉谷滋 (理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター、形態進化研究チーム)

比較形態学的知見より哺乳類の中耳骨のうちキヌタ骨とソチ骨は、祖先的羊膜類から哺乳類が分岐する過程で、顎関節から変化したと考えられている。我々は哺乳類の耳小骨が生まれた背景を、分子発生学的レベルで明らかにすることを目的に研究を進めている。哺乳類と他の羊膜類では鼓膜に別の骨が接することから、我々はこれが進化上の新規形成物と考え、まずマウスとニワトリの鼓膜の発生過程の比較観察を行った。その結果、発生途中では相同な形態をとりながら、マウスの第1咽頭溝の貫入はニワトリよりも前方、かつ下側に進行し、その位置関係から鳥類の下顎腔が哺乳類の耳管と相同である可能性が示唆された。またgooseoid、HoxA2の発現領域を比較したところ、由来する細胞系譜の特質は残したまま、位置関係のみが変わっていることがわかった。現在マウス-ニワトリ間での移植による解析をすすめており、この結果についても報告する。

研究の発想と成果に分子発生学の将来に向けたスケールの大きさが感じられる。哺乳類において新たに歯骨から下顎関節が構成され、古い顎関節が中耳に取り込まれるという古くからの説に対して、著者らは哺乳類胚と鳥類胚の遺伝子発現の比較から、位置情報の相同性に関する客観的データを提供してきた。このデータは、それ以前の脊椎動物に対して哺乳類の耳管と鼓膜の相同性を否定する根拠としてきわめて強力であり、脊椎動物胚が細胞の系譜を保存したまま位置情報の変遷をかなり容易に経過する可能性を明確に示している。進化史において基本体制への修飾が如何に進むかを議論した意義深い研究である。

## P-049】

シロアリ腸内共生原生生物におけるセルロース分解機構の分子進化学的解析

戸高眠 (1)、守屋繁春 (1)(2)(3)、工藤俊章 (1)(2)(3)

(1)横市院 総合理学 (2)科技団 ICORP (3)理研 生物基盤

下等シロアリは後腸内に共生している原生生物の働きにより植物枯死体の結晶性セルロースをほぼ完全に分化、資化することが知られている。その過程には複数の cellulase、hemi-cellulase が協調的に働いていると考えられている。しかし、これら様々な cellulase、hemi-cellulase 遺伝子の進化学的な由来は従来からの大きな謎の1つである。シロアリに共生する原生生物に近縁の鞭毛虫の中に cellulase をもつ生物は知られていない。

そのため、我々はヤマトシロアリの腸内共生原生生物内で発現している GHF5 に分類されるセルラーゼに注目し、分子系統学的解析を行った結果、GHF5 の endoglucanase は土壌性の線虫と同様にバクテリアから遺伝子が水平伝播した可能性が示唆され、また、cellobiohydrolase においてもバクテリアから遺伝子が水平伝播した可能性が示された。

下等シロアリに共生する原生生物の出すセルラーゼ (バクテリアからの遺伝子水平移動)と、原生生物本来の遺伝子として合成されているセルラーゼの2タイプ (合計3遺伝子)が協調的に作用していることがよく解明されている。原核生物から真核生物への遺伝子水平移動の可能性は興味深い。

**P-054】** 自己組織化法に基づいた生物種固有のオリゴヌクレオチド組成によるゲノム多様性の解明

阿部貴志 (遺伝研、ザナジェン)、金谷重彦 (奈良先端大)、木ノ内誠 (山形大)、上月登喜男、中川智 (ザナジェン)、福島敦史、小坂洋子、池村淑道 (遺伝研)

ゲノム配列決定が進むにつれ、多様なゲノムのオリゴヌクレオチド組成について種固有の特徴が明らかとなりつつある。ゲノム配列に見られる生物種ごとの特徴を解明することにより、ゲノム進化の過程やその機構に関する基礎知識を得ることができる。我々は、自己組織化法(SOM)によりオリゴヌクレオチド組成に基づいた遺伝子/ゲノム断片の高精度な分類に成功している。SOM を用いて全ゲノム配列が決定されている全バクテリアを対象に総計で200Mb のゲノム配列についてのオリゴヌクレオチド組成について自己組織化地図を作成した。この地図をもとに種固有の特徴を抽出し、ゲノム断片の水平移動の様式を推定した。また、培養が困難な環境微生物類の混合試料に由来する塩基配列の系統推定や分類にも有効性が示された。結果の一部は、以下の論文に発表している。Abe et al (2003) Genome Res. 13, 693-702.

自己組織化法というユニークな解析法を用いて、ゲノムのオリゴヌクレオチド組成に見られる多様性について、明快な結果を出している。点描画風のグラフィックアウトプットも美しかった。

**P-070】**

Individual-based model of sex-ratio meiotic drive and meiotic drive suppressor in stalk-eyed flies  
Yukari Suzuki (Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba)

Artificial selection experiments on male eye span in stalk-eyed flies demonstrated that short eye span lines have female-biased offspring and females usually prefer long eye span lines to short eye span lines. The source of female-biased sex ratio is considered as X-linked meiotic drive. Lande and Wilkinson (1999) proposed a model that sexual selection for X-linked male character reduced meiotic drive in X chromosome. In that model, meiotic drive suppression in Y chromosome was not incorporated. Genetic analysis showed that offspring were male-biased when a drive resistant Y chromosome paired with a driving X chromosome. The frequency of a meiotic drive suppression increased in long eye span lines. To investigate the effect of meiotic drive suppression, we construct an individual-based model of stalk-eyed flies incorporating the suppression, and discuss the correlation between long eye stalk and the meiotic drive suppressor.

性淘汰に関する実験的研究で注目されているシュモクバエのマイオティックドライブ系を個体ベースモデルの手法を用いてモデル化した。多数の遺伝子座を持つ非常に複雑な系の有限集団における進化をうまく取り扱っている。Mate preference, meiotic drive, cost などすべての要素を取り入れ、さらにこれまで無視されてきた suppressor を取り入れてモデル化に成功している。

**P-074】**

オオシロアリの兵隊分化に伴う形態形成と遺伝子発現の解析  
越川滋行 (東大院 理) Richard Cornette 松本忠夫 三浦徹 (東大院 総合文化)

シロアリのカースト分化は、同一の遺伝的背景をもつコロニーメンバーが形態的多型を生じて分業を行なう表現型多型 polyphenism の最も興味深い例のひとつである。オオシロアリ *Hodotermopsis sjoestedti* の兵隊分化において、特に顕著な変化は大顎の伸長である。大顎の伸長に関与している遺伝子を同定するため、幼若ホルモン類似体を用いた兵隊分化誘導系を用いて分化を誘導し、蛍光ディファレンシャルディスプレイ法によって分化の途中の大顎で特異的に発現する遺伝子をスクリーニングした。得られた84の遺伝子配列について、BLASTによって既知遺伝子と相同性が認められたものが13遺伝子あり、そのうちPCRによる簡易的な発現量の定量で差が見られたものが7遺伝子あった。ショウジョウバエで神経系の形成に関する *Ciboulot* のホモログなど、現在解析中のいくつかの興味深い遺伝子配列について報告する。

表現型多型発生機構にかかわる遺伝子を実験的発生操作遺伝子スクリーニングにより特定し、PCRにより検証した。興味深い問題に対してすぐれた研究方針で迫り、遺伝子の特定に成功している。

**P-075】**

アミノ酸配列選択による立体構造変化とフォールディング過程における立体構造変化の比較 計算機シミュレーション  
長尾知生子 (名大院 情報科学)、寺田智樹 (名大院 情報科学)、笹井理生 (名大院 情報科学)、四方哲也 (阪大院 工、阪大 情報科学、阪大 生命機能、東大 総合文化、科技団 さきがけ21)

タンパク質は、ほどけた構造から特定の立体構造へ自発的にフォールトする。これはランダムアミノ酸配列のポリペプチドにはない性質であり、進化を通じて獲得された能力である。もし、ランダムポリペプチドからタンパク質が進化してきたなら、進化による構造形成と、フォールトによる構造形成の間に相関はないだろうか？ これまでに我々は、「活性中心の数アミノ酸残基が活性に必要な立体配置をとる」という局所構造に関する配列の選択基準で、ポリペプチド鎖全体がフォールト能力を獲得するように進化する可能性を計算機実験によって示した。そこでこのシミュレーションにおいて、選択過程とその最終世代の配列のフォールディング過程の各々で、秩序ある構造が徐々に現れる様子を比較した結果、アミノ酸残基が接触する順序に有意な相関が見いだされた。近似的に分子版ヘッケル則「タンパク質フォールディングは構造進化を繰り返す」が成立している可能性がある。

「タンパク分子のヘッケル則」というアイデアを検証しようという試みであり、着想は新鮮である。証拠はまだ完全ではないが、オリジナリティの高い研究である。

**\*\* P-091】**

リストラされない偽遺伝子 : ブダイ科魚類のミトゲノムにおける tRNA 偽遺伝子の進化  
馬淵浩司 (東大海洋研) 宮正樹 (千葉中央博) 佐藤崇 (東大海洋研) M. W. Westneat (Field Museum of Natural History) 西田 睦(東大海洋研)

脊椎動物のミトコンドリアゲノム (ミトゲノム) は非常にコンパクトに構成されており、遺伝子や調節領域など何らか

の機能を持つ領域が、ほとんど隙間なく配列している。遺伝子に重複が起きた場合には、偽遺伝子化した配列は速やかに脱落し、無駄な部分は早急に取り除かれる。以上のような一般的な傾向に反して、少なくとも1千万年以上にわたって維持されていると考えられる tRNA-Met の偽遺伝子が、ブダイ科魚類のミトゲノムにおいて発見された。この tRNA 偽遺伝子は、タンパク質の ND2 遺伝子の 5' 末端に接し、かつクロバー葉型二次構造の“上半分”を維持していることから、ND2 遺伝子の mRNA がミトゲノムの一次転写産物から正しく切り出されるための“punctuation mark”として働いていると推察された。この偽遺伝子は、このような機能的な役割を担うことで、ミトゲノムからの“リストラ”を免れていると考えられた。

研究例の多いミトコンドリア DNA に関して、偽遺伝子を活用してユニークな知見を得た。将来の展開が期待できる。発表の流れも非常によく整理されていた。

#### 【P-099】

高等脊椎動物に見られる分子進化速度の低下  
星山大介、宮田隆 (京大 院理)

ゲノム配列が決定された6種の生物種、酵母、ショウジョウバエ、ハマダラカ、ユウレイボヤ、フグ、ヒトのアミノ酸配列を用い、1531 組のオーソロガスな遺伝子について新口動物の系統での進化速度の変化を調べた。その結果、遺伝子の機能や遺伝子産物がどこに局在するかによって、進化速度の変化の傾向が異なった。アルコール代謝系の酵素や、産物がミトコンドリアに輸送される遺伝子は、新口動物内で進化速度があまり変化せず、分子時計的な振る舞いを見せた。一方で、細胞質リボソーム、転写制御因子、プロテアソームの遺伝子では高等脊椎動物で進化速度の急激な低下が見られた。また、リボソームタンパクについて進化速度が低下しはじめた時期を詳しく調べたところ、円口類・有顎類の分岐周辺であることがわかった。遺伝子種による変化の傾向の違いから、高等脊椎動物での進化速度低下の理由を推察する。

脊椎動物においてアミノ酸置換速度が低下している遺伝子群の特徴を調べた研究。派手さはないが、地道にデータをつみあげ、アミノ酸置換という進化的に重要な要素について、着実に研究を進めた。

#### \* 【P-118】

フグの捕食が進化させる潮間帯貝類の色彩多型  
繁宮悠介 (京大 人環)

潮間帯には色彩多型を見せる生物が多い。本研究ではアマオブネ科巻貝類における色彩多型と単型の進化が、魚類(フグ)の頻度依存的捕食によって起こったという仮説を検証する。多数派を食べる頻度依存的捕食が色彩多型の進化要因としてよく知られている一方で、餌が高密度あるいは密集して分布するときには少数派が食べられるという現象はあまり知られていない。今回の発表では、(1)フグが餌の分布パターンの変化に応じて、頻度依存的捕食を多数派食いから少数派食いに逆転させるか、(2)アマオブネ科貝類の分布パターンは、フグの見せる頻度依存的捕食の変化から予測される結果と合うか、の二点について、どちらも支持する結果が得られたことを報告する。

捕食者を用いての実験、および被食者の野生状態における集合性の変異に着目した一般性の高い検証は、高い水準の洞察力のなせる業である。プレゼンテーションもわかりやすくする工夫がこらされていた。

【P-162】

雌性先熟・雄性先熟個体をもつオニグルミの繁殖生態

木村 恵 (東北大 院・農)・陶山佳久 (東北大 院・農)・清和研二 (東北大 院・農)・上野直人 (新潟大 院・自)・後藤 晋 (東大 演)・松井理生 (東大 演)・高橋康夫 (東大 演)・Keith Woeste (USDA Forest Service)

雌雄異花同株植物のオニグルミ *Juglans ailanthifolia* は1つの集団内に雌性先熟個体と雄性先熟個体の2つの開花タイプが存在する heterodichogamy である。開花フェノロジーの調査から雌性先熟・雄性先熟タイプそれぞれの雌花の開花時期が他方のタイプの雄花の開花時期と同調することが明らかとなっており、両タイプ間で相補的に交配しているものと考えられる。

本研究では結実量 (雌としての繁殖成功率) の評価といった野外における生態的な調査のみならず、マイクロサテライトマーカーを用いた種子の父性解析を行うことにより、各開花タイプが花粉親としてどれだけ種子を生産したか (雄としての繁殖成功率) を評価した。この雌としての繁殖成功と雄としての繁殖成功を2つのタイプ間で比較することにより、オニグルミにおける heterodichogamy の生態的意義について検討した。

花の咲き方に関して、雌性先熟個体と雄性先熟個体の多型が見られるオニグルミを材料として、分子マーカーによる父性解析と野外調査を組み合わせ、2つの交配型が相補的な機能を持つことを実証した。データの質・量ともに申し分なく、データ解析もしっかりしている。