

3日本進化学会福岡大会 2003 企画リスト

8月 1日 (金) 公開講演会 「生物多様性研究－世界のフィールドから」(日本分類学会連合との共催企画)

8月 2日 (土)

公開講座 「進化生物学・夏の学校」(生物教師・学部生向けの入門コース)

公開シンポジウム 「中学・高校でどのように進化を教えるか？」

- 2 A1 大気・海洋と生物の共進化 (1)
- 2 B1 ゲノム比較から進化ダイナミクスへ
- 2 C1 発生進化学と進化発生学の諸問題
- 2 D1 昆虫社会内の「裏切り」に端を発する同所的種分化 - Emery's rule の直接検証
- 2 E1 全生物共通の祖先(生命の起源)に対する実験的なアプローチ
- 2 G1 パラサイト・エスケープ --- 病原体の進化と分子疫学
- 2 M1 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(1)
- 2 A2 大気・海洋と生物の共進化 (2)
- 2 B2 進化を動かす、ゲノム複製、損傷修復、変異生成
- 2 C2 Eco-Devo-Evo (生態 - 発生 - 進化) - 進化学の新たなトレンド-
- 2 D2 人間行動の生物学的基礎
- 2 E2 適応放散の進化生態学
- 2 G2 分子の進化から生理機能の進化へ - “見る”という機能の進化 -
- 2 M2 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(2)
- 2 A3 進化学一般 (1)
- 2 B3 バイオインフォマティクスからのゲノム機能 進化の解析
- 2 C3 分化・死の起源
- 2 D3 種分化の生態学
- 2 E3 生物間相互作用による共進化 - 植物と微生物を中心に -
- 2 G3 進化分子工学によるタンパク質の機能改変
- 2 M3 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(3)
- 2 B4 ポストゲノムシーケンス時代の進化多様性研究
- 2 C4 左右非対称性の進化
- 2 D4 種形成の分子機構 :分子から生態へ
- 2 E4 微生物における「種」とは何か
- 2 G4 MHC の分子進化
- 2 M4 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(4)

8月3日(日)

- 3 A1 古細菌研究から見えてくる生命初期進化の道筋、遺伝子進化と水平伝播
- 3 B1 エピジェネティクスとゲノムの進化
- 3 C1 構造ゲノミクスの時代は分子進化研究にどのようなインパクトを与えるか？
- 3 D1 生物多様性の保全と復元
- 3 E1 進化する系統推定法の最前線はココ！ -多く・正しく軽やかに-
- 3 F1 求愛行動様式の進化 :様々な種で
- 3 G1 遺伝的多様性の維持機構(1)
- 3 A2 進化学一般(2)
- 3 B2 病原細菌の適応戦略
- 3 C2 ナチュラルヒストリー :物集めと解析と
- 3 D2 森林の分子生態学
- 3 E2 昆虫の分子系統と進化
- 3 F2 魚類の進化多様性理解の比較ゲノム学
- 3 G2 遺伝的多様性の維持機構(2)
- 3 A3 非生命体の進化理論
- 3 B3 ヒト疾患関連遺伝子の解析戦略 :進化医学の方法論
- 3 C3 形態形成研究から表現型進化を考える
- 3 D3 希少動物の過去・現在・未来
- 3 E3 光合成の進化とゲノム
- 3 F3 Theoretical evolutionary biology
- 3 G3 進化の原動力としての分子多様性獲得機構 :その調節と破綻
- 3 A4 進化論革命へ！ 第2回新今西進化論とネオダ・ウィニズムの対話
- 3 B4 自然免疫の起源と分子進化
- 3 C4 分子から見た生物の系統と進化
- 3 D4 自殖をめぐる植物の進化
- 3 E4 生物学的実体とその階層構造
- 3 G4 トランスポゾンと宿主の関わり

8月4日(月) 国際シンポジウム 実験的アプローチによる進化学

企画一覧

生物多様性研究 - 世界のフィールドから -

公開講演会

企画：

日本進化学会・日本分類学会連合共催

企画の意図：

現在の地球上には 200 万種の生物が生存すると認められ、未知種を含めると 2 億種にのぼるといふ推計もある。このような生物多様性は、生命の誕生以来 40 億年にわたって連綿と続けられた生物進化の現時点での断面である。長い進化の歴史の中で、原核生物が起源し、それから真核生物が現れ、さらに陸上生物が進化し、現在に至った。その結果、ヒトを含む多様な生物はさまざまな生物圏で、環境と多様なかわりをもちながら生息・生育するようになった。今日の生物多様性はどのように形づくられたのか、そして維持されているのか。一方、人間活動からくる人為的影響によって生物多様性が急速に損なわれつつあり、生物多様性研究は緊急を要する分野でもある。生物多様性の研究は日本を含む世界の各地で進められている。本講演会では、地球上の陸域、水域で進化した生物について、いくつかの地域で行われているフィールド研究を紹介する。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 堀田 満 (鹿児島県立短期大学)「生態環境と地理的分化と多様性 - 熱帯での生物多様性の諸側面 -」
2. 堀道雄 (京都大学理学研究科生物科学専攻)「タンガニイカ湖の魚類生態調査」
3. 加藤雅啓 (東京大学大学院理学系研究科)「変わった姿の植物の進化と多様性 : カワゴケソウ科」
4. 市岡孝朗 (名古屋大学大学院生命農学研究科)「ボルネオの熱帯雨林における昆虫群集動態調査」

進化生物学・夏の学校

公開講座 (生物教師・学部生向けの入門コース)

企画責任者：

嶋田正和 (東大) 矢原徹一 (九大) 石川 統 (放送大)

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 嶋田正和 (東大) 「もう進化論」ではない：事実としての自然淘汰」
2. 斉藤成也 (国立遺伝学研究所) 「千鳥足の分子進化：中立理論の示すもの」
3. 村上哲明 (京大) 「DNA が語る生物の進化史：分子系統解析」

中学高校でどのように進化を教えるか？

公開シンポジウム

企画責任者：

嶋田正和 (東大 総合文化) 矢原徹一 (九大 理学研究院) 池田 博明 (足柄高校)

趣旨：

2002年度から中学で施行され、2003年度から高校で施行されようとしている新・学習指導要領は、生物進化の教育に多大な悪影響をもたらす懸念がある。例えば、中学の理科2分野では、進化の説明が教科書から完全に消え、代わりに、高校の理科総合Bにその一部(地質年代史など)が上げられた。本格的には、高校生物Ⅱに第3編「生物の多様性」として、分類・系統・進化が解説される。しかし今回の学習指導要領改定は、以下のような不備な点が多々あり、社会にさまざまな波紋をもたらした。

- (1)理科総合Bは、従来は中学で教えていたレベルなので、内容に深みがない。
- (2)生物Ⅰでは、理科総合B・生物Ⅱとの役割分担を明確化するため、進化を匂わせる一切の記述が検定で削除された。
- (3)センター共通試験の範囲は生物Ⅰまで。生物Ⅱはその範囲ではないため、生物で受験する理科系の生徒ですら、その一部しか生物Ⅱを履修しない。
- (4)生物Ⅱの中では、第3編「生物の多様性」は第4編「生物の集団と環境」との選択性になっており、進化か生態のどちらか履修すれば、それでよい制度になっている。生態と進化は、自然界の生き物を見る際の車の両輪であり、どちらが欠けても、自然の生き物に対する理解は十全には形成されない。
- (5)理科総合Bの履修者数は、文部科学省の当初の見積もりよりも大幅に下回る様相で、このままでは、生物進化を全く学ばないまま、大学に進学する/社会に出る若者が溢れることになる。

このような状況にあって、いま中学理科では、検定外教科書「新しい科学の教科書(3分冊)」(文一総合出版)が注目を浴びている。新・学習指導要領の枠組みを取り外して、中学で教える必要のある自然科学の知識体系は、進化も含めてしっかり教えるべきだとする主張である。では、中学・高校を通じて、進化をどのように教えればよいのか? そのあるべき姿を探ってみたい。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 嶋田正和(東大)「シンポの趣旨説明、中等教育における進化教育のつながり」
2. 桐生尊義(長野県飯田市立飯田東中学)「中学理科・検定外教科書「新しい科学の教科書1~3」での進化の扱い」
3. 早崎博之(都立墨田川高校)鍋田修身(都立中野工業高校)「高校現場での進化教育の取り組み」
4. 石川統(放送大)「私ならこう教える - 高校生物での進化教育」

Experimental approaches of evolution

国際シンポジウム

予定講演者の氏名(所属)：

1. John Endler (U.C. Santa Barbara) 「Interaction between ambient light, visual backgrounds, signaling behavior and vision in setting the direction of sexual selection of color patterns」
2. Andrew Pomiankowski (University College London) 「Condition-dependent signaling in stalk-eyed flies」
3. Tim Cooper (Michigan State U) 「Parallel changes in gene expression after 20,000 generations of evolution in Escherichia coli」
4. 四方哲也 (大阪大学) 「Experimental molecular evolutions with and without cellular interaction」

2 A1 大気・海洋と生物の共進化 (1)

シンポジウム

世話人：

西 弘嗣 (九州大学大学院比較社会文化研究院)

趣旨：

地球の大気や海洋システムの変化に応じて、地球の生物系がどのように変化していったかを地球史を通して概観する。また、逆に地球史の中で大気や海洋のシステムを生物が変革させていった事件も取り上げて、生物と地球の共進化を総合的に考察する。講演予定者は5～6人

予定講演者の氏名 (所属)タイトル：

1. 松岡数充 (長崎大) 「植物プランクトン・アクリターク・渦鞭毛藻 - と海洋環境の変遷」
2. 北里洋 (海洋科学技術センター固体地球統合フロンティア研究システム) 「海洋生物と海洋物質循環のカップリングと地質時代を通じた進化」
3. 遠藤一佳 (筑波大) 「海洋組成の変遷と生物進化 炭酸塩骨格の形成との関連」
4. Johann Hohenegger (University of Vienna) 「Larger foraminifera and symbionts, markers of paleo-oceanographic conditions in tropical shallow water」

2 B1 ゲノム比較から進化ダイナミクスへ

ワークショップ

提案者：

小林一三 (東京大学医科学研究所)

企画の意図：

多くの生物でのゲノム解読の爆発的進展は、進化研究にあらたな地平をもたらしつつある。幾つかの細菌とヒトについては、同種内の複数個体で全ゲノム配列が解読され、それらの比較から、ゲノム進化の素過程のダイナミックな動きが読みとられようとしている。また、少し遠いゲノムの比較からは、進化の過程で生き残ってきた遺伝子機能が浮き上がってくるばかりでなく、ゲノムにどこからか現れ、変異によって壊され、欠落していく遺伝子の一生も見えてくる。本ワークショップでは、ゲノム比較を要素とする様々な進化機構解析研究を紹介する。一部の講演を公募から採択する可能性がある。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル :

1. 小林一三 (東大医科研) 「近縁ゲノム比較から見えてくるゲノム再編機構」
2. 関崎 勉 (動物衛生研究所) 「細菌ゲノムの進化と制限酵素修飾酵素遺伝子」
3. 馬場理・平松恵一 (順天堂大医細菌学) 「同種内 7株の全ゲノム比較による病原細菌の進化機構の解明」
4. 喜多恵子 (京大農応用生命科学) 「ウイルスに乗った制限修飾酵素遺伝子」

2 C1 発生進化学と進化発生学の諸問題

ワークショップ

提案者 :

長谷部光泰 (基礎生物学研究所) 倉谷滋 (理化学研究所発生・再生科学総合研究センター [理研 CDB])

企画の意図 :

発生と進化を結び付けた研究はモデル生物での詳細な発生機構の解明と非モデル生物を用いた広範な知見の蓄積に伴い急速に進展している。そんな中で本分野が生み出した新たなコンセプトとは何か、今後解決すべき問題点とは何かについて、異なった研究材料を用いて異なったコンセプトで発生進化・進化発生研究をすすめている5人の演者に提言してもらうことによりブレインストーミングするワークショップとしたい。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル :

1. 小笠原 道生 (千葉大学 理学部 生物学科) 「多検体遺伝子発現解析による器官特異的遺伝子の探索 : 内臓・甲状腺の起源と進化の理解をめざして」
2. 塚谷裕一 (基礎生物学研究所 統合バイオサイエンスセンター) 「葉形制御遺伝子と葉における表現型可塑性 - 形態進化の理解に向けて」
3. 長谷部光泰 (基礎生物学研究所) 「平行進化と収斂進化の分子機構」
4. 秋山-小田 康子 (科技団・さがけ/JT生命誌研究館)・山崎 一憲 (JT生命誌研究館)・小田 広樹 (JT生命誌研究館) 「ハエとクモの比較胚発生学」
5. 倉谷 滋 (理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター) 「相同性と発生拘束から見た形態の進化」

2 D1 昆虫社会内の「裏切り」に端を発する同所的種分化 - Emery's rule の直接検証シンポジウム (すべて英語)

企画責任者 :

辻和希 (琉球大)

企画の意図 :

社会を蝕む利己的突然変異個体の蔓延がいかに阻止されているのかは、動物の社会行動に関する進化生物学上の1大トピックです。でも実は、「裏切り者」は排除されず利己者と同所的に共存したまま、生殖的に隔離されやがて別個の社会寄生種になることがあるのでは？ 一見、荒唐無稽に思えるこのストーリーだが、アリやハチの社会寄生種 (2次的にワーカーをなくした種) は宿主からの同所的種分化の産物である可能性が

高い (Emery's rule) として古くより教科書にも書かれているのです。このシンポでは、この話が真実だということをミツバチとアリの明白な実例で示します。予定の演者は以下の3人。

1. PLENARY TALK:

Peter Neumann (Universitat Halle, Germany) 「The evolution of social parasitism by workers: Emery's rule in Cape honeybees?」

2.辻 和希 (琉球大) 「Direct observation of altruists-cheater evolutionary dynamics in the parthenogenetic ant, *Pristomyrmex pungens*.」

3.長谷川英祐 (北海道大学大学院農学研究科生物生態学体系学講座) 「真社会性昆虫の寄主・宿主間での同所的種分化 - Emery の法則の系統学的検証 -」

Neumann 氏には、セイヨウミツバチの1亜種では、人為による環境変化が原因でこの数十年の間に社会寄生種が進化してしまったという、すごい話をさせていただく予定。なお、このシンポは、目新しい手法やアプローチにスポット当てた教育的なものではありません。問題を解くため使える方法を総動員するそんなプラグマテックなシンポです。

2 E1 全生物共通の祖先 (生命の起源) に対する実験的なアプローチ ワークショップ

提案者:

本多元 (長岡技術科学大学)

企画の意図:

全生物共通の祖先(LUCA)は進化系統樹の根であります。この'根'が、いわゆる生命の起源とどのような関係にあるかについて議論に足る具体的な事実はあるのか? 実験的なアプローチができないか、実験科学として成立するか? そんなことを議論したい。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル:

1. 池原健二 (奈良女大) 「生命の起源に関する[GADV]-タンパク質ワールド仮説と[GADV]-ペプチドによる触媒活性」
2. 本多元 (長岡技大) 「生命誕生以前にアミノ酸重合による自然選択がなされた」
3. 渡辺敬子、横堀伸一、山岸明彦 (東薬大 生命科学) 「進化系統樹をもとにした高度好熱菌 *Thermus thermophilus* 3-イソプロピルリンゴ酸脱水素酵素(IPMDH)の祖先型化とその耐熱性」
4. 飯田一浩 (総合研究大学院大学 教育研究交流センター) 「物質の進化系統樹から共通祖先を考える」

2 G1 パラサイト・エスケープ - 病原体の進化と分子疫学 ワークショップ

提案者:

佐々木顕 (九大 院理)

企画の意図：

伝染病の予防・根絶と治療を目指す人類の試みは、病原体の進化によってしばしば頓挫してきた。インフルエンザやエイズウイルスに対するワクチン開発が困難なのは、そのエピトープが急速に予測不可能な方向に進化するためであるし、抗生物質や抗ウイルス剤の投与は短期間にうちに薬剤抵抗性を進化させ、異なる薬剤の併用は多剤耐性菌を進化させる。これらの困難を克服するためには、病原体の進化の方向性を見極める分子疫学理論の開発と実証研究が不可欠である。

本ワークショップでは、ポリオ根絶計画とワクチン由来株の出現、HIV の宿主体内におけるエスケープ、マラリア原虫の抗原エピトープ多型と進化、インフルエンザの抗原連続変異 / 不連続変異など、伝染病の予防と根絶政策の前に「私たちはだかる 病原体の進化と多様性」の実態解明に焦点をあてた講演をつうじて、「パラサイトの進化ダイナミクスの理解と「進化を見越した防除」の方向性について探る。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 吉田弘 (国立感染症センター) 「ポリオ根絶への長く困難な道 --- エジプト、ハイチではじまったワクチン由来株再流行」
2. 佐々木顕 (九大 院理) 「ポリオウイルスは根絶できるのか --- 確率論的進化疫学モデルから」
3. 山口由美 (産総研 生物情報解析) 「HIV-1の表面タンパク質の変異と進化」
4. 田辺和裕 (阪工大・工 生物) 「マラリア原虫の抗原多型とその進化-- ワクチン開発への道」
5. 中島捷久 (名古屋市立大 医) 「インフルエンザの抗原連続変異 / 不連続変異」
6. 溝上雅史 (名古屋市立大学大学院医学研究科臨床分子情報医学) 「C型肝炎ウイルスの起源と進化」
7. 花田耕介 (国立遺伝学研究所、生命情報・DDBJ研究センター) 「豚繁殖呼吸器障害症候群ウイルスの起源と進化」

2M1 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる！「かたち」の数理(1)

企画責任者 (校長)：

三中信宏 (農業環境技術研究所) minaka@affrc.go.jp

趣旨：

生物の「かたち」は長年にわたって数値化と定量化をはばんできた。ひとつには、「かたち」の幾何学的特徴を記述するための数学理論が従来の枠組では対応しきれなかったからである。さらに、「かたち」の变量をあつかう統計学は伝統的な線形統計学だけでは足りないからである。もうひとつ、多くの生物学者が「かたち」の数理を論じるだけの数学的素養を育んでこなかったからである。1980年代以降の形態測定学

(morphometrics) の方法論の長足の進歩は、生物の「かたち」がようやく数学的・統計学的に扱える見通しを与えた。形態測定理論は多くの研究事例の蓄積により比較形態学・発生生物学・系統学・生態学に用いられるツールとしてその威力を示しつつある。しかし、今も進展し続けるこの分野に入ることは多くの生物学者にとってハードルが高い

ようだ。今回の「形態測定学・夏の学校」では、できるだけビジュアルに数式ではなく図表により形態測定学の基本である幾何学と統計学の枠組を与え、そこで用いられるさまざまな数学的方法（アフィン変形のテンソル解析、非アフィン変形の薄板スプライン解析、フーリエ記述子による輪郭曲線解析、形態成長の数理モデリングなど）とその応用についてハンズオン講義をする。ビジュアル性を重視するためにコンピュータデモンストレーションを中心に講義を進める。また、できれば受講生は各自ノートパソコン（Windows）を持参し、事前にダウンロードした形態測定ソフトウェア（フリー）を用いて講義中に実習することが望ましい。もちろん、聞くだけでも得るものはあるだろうが、手を動かすことによりはじめて体得できることはきっとある。必要な数学的知識はミニマムにするので心配することはないが、高校までの初等幾何学、線形代数（ベクトルと行列）そして初等統計学の知識（ないし関心）があれば言うことなし。

【参加条件】

事前申込制 開校前に参考情報を流したり質問を受け付けるメーリングリストを開設しますので、参加希望者は「氏名 / 所属 / メールアドレス」を三中信宏（minaka@affrc.go.jp）まで事前にお知らせください。もちろん、大会当日の飛び入り参加も可能です。

持参するもの 参加希望者は Windows ノートパソコンを持参してください。事前にインストールしていただきたいフリーソフトウェアは下記の通り：

1) 形態測定プログラム。ニューヨーク州立大学のダウンロードサイト：

<<http://life.bio.sunysb.edu/morph/soft-tps.html>> 形態測定ソフト5つ [tpsTree, tpsRegr, tpsSpln, tpsRelw, tpsPLS]

<<http://life.bio.sunysb.edu/morph/soft-utility.html>> ユーティリティソフト1つ [tpsUtil]

<<http://life.bio.sunysb.edu/morph/soft-super.html>> ユーティリティソフト1つ [tpsSuper]

<<http://life.bio.sunysb.edu/morph/soft-tutorial.html>> チュートリアルソフト2つ [tpsTri, tpsPower]

2) 統計解析プログラム。CRANのダウンロードサイト：

<<http://cran.at.r-project.org/>> 統計言語「R」プログラム（Windows版）をダウンロード（インストール方法に関しては<<http://datamining.tama.ac.jp/~yama/R/install.html>>を参照のこと）

なお、学会会場では電源が確保できない可能性がありますので、予備のバッテリーをお忘れなく。

講義ではビデオプロジェクタを利用しますので、ノートパソコンがなくてもエンジョイできるでしょう。ご心配なく。

講義 1 形態測定学 その歴史と概論

講師：三中信宏（農業環境技術研究所）

生物形態学の歴史の中で、比較形態における形状比較の定量化の試みを振り返る。まずはじめに、かたちの構成要素としてのサイズとシェイプの定義とその幾何学的性質を

論じ、かたちの数理への導入とする。かたちのもつさまざまな情報ソース(座標・輪郭・色彩・テクスチャなど)を概観した上で、座標データに基づく幾何学的形態測定学(geometric morphometrics)の理論を解説する。とくに、D'Arcy Thompson 以来の形状数学の理論が、統計学としての生物測定学の知的系譜の中でどのような位置づけを与えられるかがポイントとなる。かたちの定量化をめぐる過去の試行錯誤を振り返ることにより、今日の形態測定学を生み出した動機がはじめて理解できる。形態測定学に必要な統計学的な「ものの考え方」についてもすこし触れたい。

2 A2 大気・海洋と生物の共進化(2)

シンポジウム 2A1 の続き。

予定講演者の氏名、所属、タイトル：

1. 西弘嗣(九州大)「過去1億年にみられる海洋と微化石の相互作用」
2. 高井正成・鏑本武久(京都大・霊長研)・江木直子(京都大・理学部)「始新世末の陸上性哺乳類化石相の変遷について」
3. 北村晃寿(静岡大)「氷期-間氷期サイクルとそれが日本海の浅海貝類相に及ぼす影響:生態学的・進化学的検討」

2 B2 進化を動かす、ゲノム複製、損傷修復、変異生成

ワークショップ

提案者：

草野好司(九州工業大学大学院生命体工学研究科)

企画の意図：

ゲノム複製、損傷修復、変異生成は、進化を引き起こす基本機構であると考えられる。それらのメカニズムの解明は進化の素過程を明らかにすることに等しく、ゲノム進化の未来予測を可能にすると考えられる。この狙いを持って、DNA複製、修復・組換え、突然変異誘起機構解明に向けた最前線の研究テーマを紹介する。

予定講演者の氏名(所属)タイトル:未定

1. 阿部貴志(遺伝研、ザナジエン)、金谷重彦(奈良先端大)、木ノ内誠(山形大)、上月登喜男、中川智(ザナジエン)、小坂洋子、池村淑道(遺伝研)「ゲノム配列に潜む生物種の個性に着目したゲノム進化の素過程の研究」
2. 松林宏、山本雅敏(京都工芸繊維大学ショウジョウバエ遺伝資源センター)「ショウジョウバエの減数分裂組換えに必須なrec 遺伝子はMCM 関連タンパクをコードしている」
3. 梅津桂子、吉田純平、安島潤、真木寿治(奈良先端大・バイオ)「ゲノムを安定に維持する制御機構」
4. 草野好司(九工大 院・生命体工学)「染色体切断修復機構とRecQ ヘリカーゼファミリーの共進化」
5. 中別府雄作(九州大学生体防御医学研究所)「哺乳動物ゲノムにおける酸化損傷とその防御機構の生物学的意義」

2 C2 Eco-Devo-Evo (生態 - 発生 - 進化) - 進化学の新たなトレンド-

Ecology, Development and Evolution - New trends in Evolutionary Biology -

ワークショップ

企画責任者：

三浦徹・青木誠志郎 (東大 総合文化)

cmiu@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp, saoki@bio.c.u-tokyo.ac.jp

企画の意図：

近年、進化発生学 (Devo-Evo) はあ進化学の大きなトレンドとして発展し、幾つかの新しいジャーナルも出来、研究者数も増加している。発生上のマーカーを用いた比較によりボディプランの進化など、多くの生物群での研究が行われつつある。また一方で、これまでショウジョウバエやマウスなどの実験生物でしか行われることのなかった分子生物学的研究を幅広い生物群に応用する研究者が現れてきた。そして、ミクロ生物学では研究対象として扱われて来なかった生態学的に重要な形質 (適応形質) の発生メカニズムなどの研究も行われてきている。また逆に、適応形質を形成する至近メカニズムの進化こそが、形質進化の本質と言うことも可能であろう。ゲノムプロジェクトが多くの生物種で行われつつあることとも相まって、今後こういった幅広い生物現象を視野に入れた研究分野がよりいっそう盛んになり、また重要視されてくるものと予想される。本ワークショップでは、このような視点で研究を行っている数名の講演者に話題を提供してもらい、研究者間の情報交換と、この分野の進展について議論を行いたい。

予定講演者の氏名、所属、タイトル：

1. 更科功、三戸太郎、大内淑代、野地澄晴(徳島大学)「昆虫におけるボディプランとその形成メカニズムの進化」
2. 三浦徹 (東京大学)「生態的要因によるボディプラン改変機構の進化 - 社会性昆虫における表現型多型」
3. Laura S. Corley (Washington State University)「寄生蜂における多胚生殖とカースト分化」
4. 青木誠志郎 (東京大学)「祖先復元：遺伝子配列、機能そして形態」
5. 荒木崇 (京都大学大学院理学研究科生物科学専攻)「一回繁殖性一年生草本植物における花成制御：シロイヌナズナとイネの研究からわかること」

2 D2 人間行動の生物学的基礎

ワークショップ

企画責任者：

長谷川真理子 (早稲田大学)、長谷川寿一 (東京大学総合文化研究科)

企画の意図：

しばらく前には黎明期にあった人間行動進化学 (Human Behavior & Evolution Studies) も、関連の研究大会が、米国では今年ですでに第15回年会を数え、日本でも第5回の年会を迎えるほどに着実に発展しつつある。進化生物学の理論と方法は、旧来の

人文・社会科学に新たな研究パラダイムを提供し、多様な研究分野を開拓している。本ワークショップでは、1)ヒトの協力行動の進化と深く関わる社会科学研究、2)人間行動や心理の遺伝/環境要因の定量的解析を目指す双生児法を用いた人間行動遺伝学研究、3)ヒトの死亡率性差の生物学的、社会的要因の分析、について、それぞれの分野を代表する研究者に近年の成果を紹介していただく

予定講演者の氏名、所属、タイトル：

1. 長谷川真理子 (早稲田大学) 「ヒトの死亡率性差の生物学的、社会的要因の分析」
2. 大槻久 (九州大学大学院理学府生物科学専攻数理生物学研究室) 「間接的互恵性における 'discriminating strategy' の役割」
3. 石浦章一 (東大 院総合文化研究科・生命) 「ヒトの行動形質の遺伝的基盤」
4. 亀田達也 (北大) 「感情の社会性をめぐって」

2E2 適応放散の進化生態学

ワークショップ

企画責任者：

田中嘉成 (中央大)

企画の意図：

内容は、狭義の適応放散現象だけでなく、生態的種分化過程の要因である適応による形質の分化にも焦点を当てたいと思います。3名ほどの演者が内定していますが、もし種内における生態的な適応による表現型分岐と種分化に関係のある講演を希望する方がいらしたら歓迎いたします。

予定講演者の氏名 (所属)：

1. 田中嘉成 (中央大 経済) 「はじめに - 適応放散をめぐる集団生物学」
2. 中村 雅彦 (上越教大・自然系理科生物) 「マダガスカル特産オオハシモズ類の種分化と適応放散」
3. 米倉竜次 (国立環境研) 「新たな環境に対する外来魚ブルーギルの表現型適応」
4. 伊藤洋 嶋田正和 池上高志 (東京大学広域システム) 「マクロな進化動態の構成論的解析 適応放散と生態系進化の再現」

2G2 分子の進化から生理機能の進化へ - “見る”という機能の進化 -

シンポジウム

提案者：

久富 修 (阪大 院理)

企画の意図：

近年、ゲノムプロジェクトの進行等に伴い膨大な配列データが蓄積し、それに基づいて遺伝子やタンパク質の進化が議論されている。しかし、個々のタンパク質の進化が理解できたとしても、それらが生命現象の進化の理解に直接結びつく例は限られている。本ワークショップでは、最もよく理解されている情報受容システムである“視覚”を取り上げ、分子の進化と生理機能の進化の関連性を考えていきたい。これまで、視物質を始

めとした視覚に關与するタンパク質の研究は、他の G タンパク質共役型情報受容システムを理解する上でも、数多くの有益な知見をもたらしてきた。そこで、近年の視覚研究により得られた分子レベルでの知見をもとに、「見る」という生理機能の進化を議論していきたい。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル

1. 久富修、山本慎太郎、徳永史生 (阪大 院理) 脊椎動物の視覚と光情報伝達系タンパク質のアイソフォーム」
2. 河村正二 (東大 新領域) 視物質遺伝子の多様な進化 : 霊長類と魚類から」
3. 寺北明久 (京大 院理) 蛋白質からみたロドプシン類 光シグナル伝達系の多様性」
4. 日下部岳広 (姫工大 院理) 赤ヤの光受容システムと脊椎動物の眼の起源」

2M2 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(2)

講義 2 : 見てわかる幾何学的形態測定学

講師 : 田辺力 (徳島県立博物館)・三中信宏 (農業環境技術研究所)

幾何学的形態測定学では、標識点座標の組によって代表されるかたちの幾何学的変換に対する不変量 (シェイプ) の性質を論じる。アフィン変換はかたちの大域的な線形変換 (拡大 縮小 傾斜) をあらわす。そして、アフィン変換の結果は歪みテンソルとして数値化される。しかし、形状に関わる局所的な変形は非アフィン変換によってはじめて視覚化される。この非線形変形は薄板スプライン関数を用いて、形態間の仮想変形として近似される。この変形に伴う屈曲エネルギーは非アフィン変換によって生じ、その仮想屈曲を固有値分解することにより、非アフィン変形は互いに直交する変形成分 (主歪み) に分割される。百聞は一見にしかず この講義では、パソコンを用いたデモンストレーションといくつかの事例を通して、できるだけ視覚的かつ実習的に話を進める予定である。

2A3 進化学一般 (1)

ワークショップ

責任者:

矢原徹一 (九大理生物) tyahascb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

企画の意図:

テーマを特定せずに、最大 8 名の口頭発表を公募します。同時開催のシンポジウム・ワークショップ 形態測定学講座に対抗できる、意欲的で魅力的な発表の申し込みを期待しています。申し込みが 8 名をこえた場合、プログラム委員会により 8 名を選定します。なお、発表者には、次の発表の司会をお願いします。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル:

1. 富樫辰也 (千葉大海洋バイオシステム研究センター) 海産緑藻類にみられる配偶子の特異的な行動と異型配偶子接合の進化について」
2. 中村征史、松野健治 (東京理科大 基礎工 生物工) ショウジョウバエ卵殻形態の進化的多様性を生み出す EGFR シグナル伝達経路の種特異的な活性化様式」

3. 世古智一 (近中四農研)・中筋房夫 (岡山大農)「イチモンジセセリにおける体サイズ・卵サイズの表現型可塑性に関する量的遺伝学的解析」
4. 牧野能士, 鈴木善幸, 五條掘孝 (遺伝研・生命情報・DDBJセンター)「重複遺伝子の進化機構」
5. 二階堂雅人 (統数研・東工大院生命), 牧野瞳 (東工大院生命), 後藤睦夫 (日鯨研), 上田真久 (日鯨研), Pastene Luis (日鯨研), 曹纓 (統数研), 長谷川政美 (統数研), 岡田典弘 (東工大院生命)「SINE法によって明らかとなったヒゲ鯨類の系統関係と過去の急速な種分化」
6. 岡林喬久, 北添康弘, 渡部輝明, 奥原義保, 栗原幸夫(高知医科大学医学情報センター)、吾妻健(高知医科大学医学部看護学科)、富永明(高知医科大学医学部医学科)、鈴木智彦(高知大学理学部生物学科)、岸野洋久(東京大学大学院農学部生命科学研究所)「多次元ベクトル空間表示法を用いた種間の Bias の評価 -- 哺乳類の系統樹作成への応用 --」
7. 北添康弘, 渡部輝明, 岡林喬久, 奥原義保, 栗原幸夫(高知医科大学医学情報センター)、吾妻健(高知医科大学医学部看護学科)、富永明(高知医科大学医学部医学科)、鈴木智彦(高知大学理学部生物学科)、岸野洋久(東京大学大学院農学部生命科学研究所)「哺乳類における現代目(modern orders)の放散は6500万年より以前か以後か？」
8. 中島典昭, 岡林喬久, 北添康弘, 渡部輝明, 栗原幸夫, 奥原義保 (高知医科大学・医学情報センター), 岸野洋久 (東京大学大学院農学生命科学研究科・農学部)「HIVの分子進化過程を推定する新しい方法」

2 B3 バイオインフォマティクスからのゲノム機能・進化の解析 シンポジウム

企画責任者：

久原哲 (九大大学院農学研究院)

企画の意図：

既に100種を超える生物のゲノム構造が明らかにされ、さらに400種を超えるゲノム構造解明が進行している現状をふまえ、ゲノムの機能・進化の解析におけるバイオインフォマティクスの重要性は今まで以上に重要となってきた。機能・進化解析の基礎となる遺伝子配列データベースから解析ツール、今後の解析の基盤となる分子間相互作用データから細胞シミュレーションにいたるひろい分野の基盤技術となっているのがバイオインフォマティクスである。本シンポジウムでは、比較ゲノムにおけるバイオインフォマティクスの基盤技術とそれを用いた比較ゲノムを中心として、ゲノム比較を意識して研究をおこない始めた研究者の方々に講演をお願いし、「バイオインフォマティクスからのゲノム機能・進化の解析」の方向性を議論する。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 内山郁夫 (基礎生物学研究所)「ゲノムデータベースに基づく比較ゲノム解析」

2. 五斗 進 (京都大学化学研究所 バイオインフォマティクスセンター)「ゲノムデータベースに基づくパスウェイ解析」
3. 久原哲 (九州大学大学院農学研究院)「マイクロアレイデータからのネットワーク解析」
4. 渡辺日出海 (奈良先端科学技術大学院大学)「比較ゲノム解析に基づくゲノム進化研究 - 大祖先からヒトへ」

2 C3 分化・死の起源

シンポジウム

提案者：

水之江義充 (九大 院医 細菌) 小林一三 (東大 医科研)

企画の意図：

細胞の死は、細胞の分化・生物の進化にとって非常に重要な役割を果たして来たと考えられる。分化・進化の起源を細菌のプログラム死に焦点をあて討議する。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル：

1. 水之江義充 (九大 院医 細菌)「細菌の飢餓状態における生存戦略 (VNC:viable but nonculturable への移行およびバイオフィルム形成)」
2. 佐藤勉 (東京農工大 農学研究科)「粘草菌の孢子形成と母細胞の死」
3. 木暮一啓 (東大 海洋研)「海洋での細菌の死滅プロセス」
4. 鎌田勝彦 (理研 細胞生理)「バクテリアの細胞死に関する蛋白質複合体構造」
5. 石浜明 (日本生物科学研)「大腸菌の分化と死 :自然界での生存機構を知るための試み」

2 D3 種分化の生態学

ワークショップ

提案者：

曾田貞滋 (京都大学大学院理学研究科)

企画の意図：

今日種分化を分子進化の観点から解明しようとする研究がさかんになりつつあるが、その一方で、新たな題材が生態学的な研究から次々ともたらされてきている。種分化研究の上で、分子的・生態的アプローチは相補的な役割を果たすものである。このワークショップでは、種分化を促進する生態的要因、自然選択・性選択過程の解明を広く扱うが、とくに生物間相互作用と種分化の関係に焦点をあて、相利関係における共種分化、植食性昆虫における寄主転換を通じた種分化の研究から得られた最近の成果を紹介する。5名の講演が内定しているが、公募による講演も含める。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル：

1. 川北篤・加藤真 (京大)「カンコノキとホソガの絶対送粉共生系における共種分化」
2. 横山潤 (東北大)「小笠原諸島におけるイチジク属植物とイチジクコバチ類の共種分化」

3. 中野進 (広島修道大) 「インドネシアのマダラテントウ類におけるホストレース形成と種分化」
4. 片倉晴雄 (北大) 「オオニジュウヤホシテントウ種群における食草選択と生殖隔離」
1. 野口順子 (京大院理植物) \ Jeson P Sexton and Jim Andre (UC. Riverside) 「カリフォルニア Mojave 砂漠に生育する *Camissonia refracta* (Onagraceae, Myrtales) にみられる分化」

2 E3 生物間相互作用による共進化 - 植物と微生物を中心に - ワークショップ

提案者：

青木誠志郎 (東大院総合文化)

企画の意図

生物間相互作用はどのようにして個々の生物に影響を与え共進化をうながしているの
であろうか？本ワークショップでは植物と微生物の関係を中心にこの問題について議論
したいと考えている。自ら移動することのできない植物にとって環境からの影響は重要
な意味を持つ。中でも病原菌に対する防御や根粒菌との共生など微生物との相互作用
はその生存を左右する問題と考えられ、古くから生態的・病理的な観点より盛んに研究
がなされてきた。そして近年の分子的手法の進展により生物のもつ相互作用に関わる
遺伝子が数多く見つかリ、その生理的機構が明らかになりつつある。一方で数理生物
学・複雑系研究など生物間相互作用の根本を理論的に解明する動きもますます活発に
なっている。最新の研究と問題を提起いただくことにより専門分野を越えた新たな共進
化研究の土台となることを期待したい。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 田畑哲之 (かずさDNA 研究所) 「ゲノミクスから探るマメ科植物 - 根粒菌共生系の進
化」
2. 横山正 (東京農工大・農) 「タイの *Vigna* 属近縁野生種や栽培種に根粒を形成する
根粒菌の系統と宿主植物との関係」
3. 青木誠志郎 (東大院 総合分化・広域科学) 「マメ科植物 - 根粒菌共生系で宿主特
異性が進化したのはなぜか？」
4. 佐々木顕 (九州大学理学部) 「共進化サイクルと多様化選択 --- 宿主・病原体相互
作用とネットワークの進化」
5. 岩永亜紀子 (九大 院理) \ 城間建二 (東大 院理) \ 佐々木顕 (九大 院理) 「植物ウ
イルスに対する宿主防御戦略」
6. 谷藤吾朗 (山形大 院 理工) \ 恵良田眞由美 (財) 地球・人間環境フォーラム) \ 石
田健一郎 (金沢大 理 生物) \ 原慶明 (山形大 理 生物) 「アクチン遺伝子をマーカ
ーとした二次共生生物クリプト藻における symbiotic replacement の解析」

2 G3 進化分子工学によるタンパク質の機能改変 ワークショップ

提案者：

宮崎健太郎 (産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門)

企画の意図：

生物進化の基本アルゴリズム 変異と選択 を利用した分子の機能改変技術 (進化分子工学) が盛んである。本分野は、変異 PCR・DNA シャプリング・ファージディスプレイ等の遺伝子工学技術やハイスループットスクリーニング等の技術開発により発展し、今や産業として成り立ちつつある。一方で「進化」という名を冠してはいるものの、実際には割と素朴な変異・選択を繰り返しているにすぎないことも事実である。本ワークショップでは、進化分子工学が実際にどのように産業利用されているかについて紹介するとともに、再度「進化」の原点に立ち返り、進化のもつさまざまな側面をいかに工学として利用するか・できるかについて考えてみたい。とくに、変異バイアスと進化速度の関係、非定方向進化 (中立進化) の利用可能性についての演題を取り入れたい。

予定講演者の氏名、タイトル：

1. 新海暁男 (理化学研究所、播磨研究所) 「大腸菌 DNA polymerase I の構造と機能：活性中心 Motif A へのランダム変異の導入」
1. 相田拓洋 (独立行政法人産業技術総合研究所 生命情報科学研究センター) 「アミノ酸置換効果の累積性を利用した進化タンパク質工学」
1. 宮崎健太郎 (産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門) 「蛋白質の加速進化」

2M3 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる！「かたち」の数理(3)

講義 3 輪郭曲線のフーリエ解析

講師 岩田洋佳 (中央農研センター)

フーリエ解析は生物形態の輪郭形状の特徴を比較するのに適した方法である。輪郭曲線上の標識点のサンプリングとフーリエ級数による近似、係数ベクトルの統計的解析と多変量データの視覚化、QTLマッピングへの利用など、フーリエ解析の A to Z を知るための講義。演習用に、自作のフーリエ形状解析プログラム「SHAPE」を配布する予定。

2 B4 ポストゲノムシーケンス時代の進化多様性研究

シンポジウム

提案者：

五條堀 孝 (遺伝研)

企画の意図：

2002年4月にヒトゲノム配列の完全終了宣言がおこなわれる。一方、すでに米国では、DNAチップによって25人50ゲノムの全ゲノム配列決定によるSNP (Single Nucleotide Polymorphism) の特定が終わり、チンパンジー1個体の全ゲノムのSNPも約1週間程度ですでに同定されている。さらに、どのような生物のゲノム配列決定もわずか1000ドルでおこなうための技術開発プロジェクトが真剣に議論されている。また、遺伝子の同定やその機能の特定を大規模な確認実験によって遂行する動きも活発化してきている。これらは、明確な目的をもったデータベースの生物学的構築を前提に、「比較ゲノム」と

機能ゲノム」を有機的にとりまぜながら、ゲノム情報にどこまで高次の表現形や形質を mapping できるかという研究パラダイムが確立しつつあることを意味する。たとえば、米英が中心になって準備している「ENCODE」という新規の巨大プロジェクトも、明らかにこのパラダイムの上に設計されている。言い換えれば、この「研究パラダイム」は、ゲノム情報を基盤とする「進化学」そのものであり、「ゲノム進化学」という通常の「ゲノムの進化学」概念を超えるものである。つまり、この研究パラダイムに従えば、SNPに基づく表現形としての疾病の責任遺伝子の追求から、遺伝子制御や遺伝子相互作用に基づく比較発生過程や種分化の解明まで、生命現象を動的な情報の流れとして時間的・空間的に理解しようとする思想的インセンティブとして一括的に捉えることが可能となる。この思想的なインセンティブこそ、生命現象の統合化理解であり、現代進化学のもつ大きなインセンティブそのものである。このような「研究パラダイム」を明示的に意識して研究をおこない始めた研究者の方々に講演をお願いし、「ポストゲノムシーケンシング時代の進化学」のあり方を議論する。

予定講演者の氏名(所属)タイトル:

1. Takashi Gojobori (National Institute of Genetics) "Comparative and functional genomics - evolutionary studies as the backbone of new integrative biology"
2. Roberto Barrero (Japan Biological Information Research Center) "A new direction of human gene studies: the integrative database of human full-length cDNA clones"
3. Yasuyuki Fukumaki (Kyushu University) "Medical science in the post-genome era"
4. Paul Horton (Computational Biology Research Center) "Tsukuba BB and other Algorithms for Sequence Motif Discovery: Promise and Limitations"
5. Jung Shan Hwang (Japan Science and Technology Corporation) "Comparative studies of gene expression for the evolution of a brain"
6. Ichizo Kobayashi (Tokyo University) "Genetic addiction: a principle of gene symbiosis in a genome"

2 C4 左右非対称性の進化

シンポジウム

提案者:

浅見崇比呂(信州大)、松隈明彦(九州大)

企画の意図:

体軸の左右極性および左右非対称な形態の分子機構、適応進化機構、系統に特異なねじれ構造の地史的進化、左右対称な形質における左右反転進化、遺伝システムの多様性にもみる、生物の形態進化における左右非対称性にユニークな進化・遺伝・生態・古生物学の現在を鳥瞰し、学際領域ならではの進化学の特質を抽出する。

予定講演者の氏名(所属):

予定講演者の氏名(所属)タイトル:

1. 横山尚彦(京都府立医科大学)「脊椎動物にみられる左右非対称性とその決定機構」

2. 堀道雄 (京都大) 水生動物の左右性の動態と進化」
3. 猪田利夫 (希少水生昆虫研究会、東大 総合文化・生命環境)、平田善之 (希少水生昆虫研究会)、上村慎治 (東大 総合文化・生命環境) ガムシ幼生大顎非対称構造と右巻貝捕食行動の効率との関係」
4. 松隈明彦 (九州大学総合研究博物館) 「二枚貝貝殻における逆転について」
5. 浅見崇比呂 (信州大学理学部生物科学科)、関啓一 (東邦大学理学部生物科学科) 巻貝の鏡像体は発生拘束されているか」

2D4 種形成の分子機構 :分子から生態へ

ワークショップ

企画責任者 :

岡田典弘 (東工大)、河田雅圭 (東北大)

企画の意図 :

生物の種が多様化してきたメカニズムを探る研究は、進化生物学の中で最も主要なテーマである。生物の多様性を促進する種分化に関する研究は古くから行われてきたが、特に近年、種分化に関する多くの研究が発表され、注目されるようになった。それは、種分化に関する理論の進展がみられたこと、多くの種分化には生態学的要因が関与していることが示されたことなどの他に、特に、分子レベルから生殖隔離に関わる遺伝子の研究が進められていることなどが主な理由である。本ワークショップは昨年度のシンポジウム「種分化 :分子から生態へ」に引き続いて、特に、分子生物学、分子発生学における種分化のメカニズムの解明、あるいは分子レベルの研究と生態学的研究を結びつけるような研究をとりあげる。

予定講演者の氏名、所属、タイトル :

1. 渡邊正勝 (東工大)、雉本禎哉 (東工大)、小林直樹 (東工大)、藤村衡至 (東工大)、村上安則 (理研)、中澤真澄 (理研 遺伝研)、倉谷滋 (理研)、五條堀孝 (遺伝研)、藤山秋佐夫 (情報研)、小原雄治 (遺伝研)、岡田典弘 (東工大) 「シクリッドの形態的多様化の分子メカニズム」
2. 河田雅圭 (東北大・生命科学)、林岳彦 (Univ. Tennessee) 「交配後隔離に関わる遺伝子の有害性と種分化」
3. 都丸雅敏 (京都工芸繊維大学 ショウジョウバエ 遺伝資源センター) 「ショウジョウバエにおける求愛歌の役割と性的隔離」
4. 澤村京一、山田博万、小熊 譲 (筑波大)、松田宗男 (杏林大) 「アナナスシュジョウバエ類における種分化遺伝子を探して」

2 E4 微生物における「種」とは何か

ワークショップ

企画責任者 :

西田洋巳 (東大分生研)

企画の意図 :

微生物のゲノム情報が急増し、株間の全ゲノム塩基配列比較が可能な細菌も存在しています。また、「種」レベルにおいて微生物（菌や細菌や古細菌の類）の90%以上が未知であると複数の研究者によって見積もられています。そのような状況下、細菌分類学においては、細菌間のゲノムDNAのハイブリ度（配列の類似度とは異なります）が70%以上を同一種であるとみなし、それに基づき次々と新種が発表されています。多くの微生物は、ただ単に分裂増殖し、自らのクローン生産のみを行っているように見えます。微生物における「種」とは何を意味しているのでしょうか、あるいは何も意味していないのでしょうか。ゲノムの構造、遺伝子の発現、タンパク質の構造を比較することから微生物の「種」と呼ぶる集団を示すことができるでしょうか。

予定講演者の氏名（所属）:

1. 久富泰資・兒玉拓也・村山真彦・杉原千紗・壺井基夫（福山大 生命工学）
「Saccharomyces 属酵母における種のアイデンティティ」
2. 梶谷泰秀・岸野洋久（東京大学農学生命科学研究科）「ゲノムレパートリーの推移と微生物マクロ進化」
3. 板谷光泰（三菱化学生命科学研究所）「遺伝子と表現型」vs「ゲノムと表現型」
4. 田中寛（東京大学分子細胞生物学研究所）「バクテリアにおける転写装置の多様性」

2 G4 MHC の分子進化

ワークショップ

提案者:

颯田 葉子（総研大）

企画の意図:

MHC遺伝子群は、かつてヒトやマウスを中心に集団内の多型性やその保有機構が調べられ、さらには分子の立体構造などの情報を得て、平衡選択の働いている遺伝子であることが明らかになった。また最近では、様々な生物でのMHC領域の塩基配列が数メガ塩基対にわたり決定され、これらの領域を比較することで、MHC遺伝子群の起原や進化過程を明らかにしようとする試みが積極的に行われている。

MHCの機能がウイルス等の微生物感染に対する防御であることを考えると、MHC遺伝子が各々の生物固有の環境と調和して、進化してきたことは容易に推測される。ヒトとその他の霊長類の間でもMHC遺伝子群の遺伝子座構成が異なっているのはその一例と言えよう。現在のMHC遺伝子群にみられる各生物での特性は、それぞれの生物の歴史の違いを反映している。本ワークショップでは、MHC遺伝子群というシステムの生物特異性とその特異性がどのように形成されていったかという問題に焦点をあて、MHCの遺伝子進化を通して生物の進化を考える。

予定講演者の氏名（所属）/タイトル:

1. 郷康広（総研大）「霊長類 MHC 遺伝子 ~ 原猿を通して分かったこと分からなかったこと ~」
2. 澤井裕美 1、川本芳 2、高畑尚之 1、颯田葉子 1（1総研大 先端科学 生命体科学、2京大 霊長類研究所）「新世界猿 MHC クラス I 遺伝子の進化」

3. 安西達也、椎名隆、猪子英俊 (東海大学 医学部)「ゲノム配列からみたチンパンジーとヒトMHC 遺伝子群の比較解析」
4. 椎名隆 (東海大学医学部基礎医学系)「シーケンシングによる MHC 領域の比較ゲノム解析」

2M4 形態測定学夏の学校 - 見ればわかる! 「かたち」の数理(4)

講義 4 :モデルベースの理論形態学 / 総括

講師 :生形貴男 (静岡大学理学部)+ 三中信宏 (農業環境技術研究所)

1960年代に古生物学で生まれた理論形態学 (theoretical morphology)は、明示的な数理モデルに基づく形態の記述と比較のための方法論として発展してきた。理論形態モデルは、単純な数学的規則性を有した形態の解析に有用で、実際に見られる形態のみならず、発見されていない形態変異をも解析の対象に含めることが出来る。講義では、まず、理論形態モデルの一般的性質と限界、パラメータの設定に関する諸問題、理論形態パラメータの統計的性質などを論じる。その上で、具体的なモデルを取り上げてその方法について解説し、パソコンを用いたデモンストレーションや実習を通じてパラメータの値とモデルの形状との関係を見る。最後に、計測からのパラメータ推定とその誤差評価について触れる。この講義では、モデルの定義の数学的厳密さには拘らず、むしろモデルを描く手続きを視覚的に示す。なお、デモ用のプログラムを当日配布する予定。

最後に、「夏の学校」全体の締めくくりとして、ツールとしての形態測定学との付き合い方、今後の修業のあり方について総括したい。

3 A1 古細菌研究から見えてくる生命初期進化の道筋、遺伝子進化と水平伝播シンポジウム

提案者:

河原林 裕 (独・産総研) 山岸 明彦 (東京薬科大学・生命科学)

企画の意図:

古細菌 (アーキア)は細菌と真核生物の特徴を併せ持つことから、各微生物間の進化系統を考える場合に非常にユニークな存在である。さらに古細菌の中には好熱性を有するものが幾つも存在する事から、個々の遺伝子・酵素・蛋白質の進化過程を研究する上で貴重な材料だと思われる。さらに幾つかの古細菌に関しては、ゲノムの全塩基配列が既に決定されている。それらのゲノム情報の比較解析から、個々の遺伝子の進化の他に遺伝子の水平伝播も現在地球上に存在する古細菌を形作る上で重要な役割を果たして来ていたことが判ってきている。そこで、本シンポジウムでは、ゲノム情報に基づく複製系・耐熱性・系統関係に関する話題と遺伝子の水平伝播による進化への寄与に関する話題を、それぞれの専門家の方から提供して貰うことで、今後の進化研究に寄与していきたい。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル:

1. 千浦 康至 (国際基督教大学)「広範囲に遺伝子を伝播するウイルス様粒子とその役割」

2. 大島 敏久 (徳島大学工学部生物工学科) 「超好熱アーキアのエネルギー代謝系とその酵素の進化」
3. 山岸 明彦 (東京薬科大学、生命科学部) 「酵素の耐熱性と遺伝子進化」
4. 河原林 裕 (独立行政法人産業技術総合研究所、糖鎖工学研究センター) 「ゲノムから見えてくる古細菌の系統関係と進化」

3 B1 エピジェネティクスとゲノムの進化

ワークショップ

提案者：

佐々木裕之 (国立遺伝研) 佐野 浩 (奈良先端大)

企画の意図：

エピジェネティクスは、動植物の発生過程においてゲノム配列の変化を伴わずに遺伝子活性を調節する機構をいい、その実体はDNAやクロマチンの修飾と構造変換である。DNA中のシトシンのメチル化は起源の古いエピジェネティックな機構だが、進化の上では便利屋的に使われ、その重要性も機能も生物種によって様々である。一方、エピジェネティクスは発生関連遺伝子の調節だけでなく、外来遺伝子の抑制、染色体の安定化にも利用されてきたので、その変化や破綻はゲノムのダイナミックな進化に寄与する。また、一旦変化したエピジェネティックな状態がそのまま次世代へ伝達される例が知られており、配列変化を伴わない進化・多様性の生成機構として注目されている。このワークショップでは、エピジェネティクスと進化の問題を様々な角度から眺めてみたい。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 坂本尚昭, 本田直大, 流水千紗, 霜鳥太信, 光永-中坪敬子, 山本卓, 赤坂甲治 (広島大 院理 数理分子) 「ウニ初期胚発生過程におけるDNAメチルトランスフェラーゼの機能」
2. 佐々木裕之 (国立遺伝研) 「脊椎動物におけるDNAメチル化システムの進化」
3. 福井希一 (大阪大学) 「ヒストンコードDNAにコードされていない情報」
4. 角谷徹仁 (国立遺伝研) 「植物におけるエピジェネティックな遺伝」
5. 佐野 浩 (奈良先端大) 「DNAメチル化とラマルク遺伝」

3 C1 構造ゲノミクスの時代は分子進化研究にどのようなインパクトを与えるか？

ワークショップ

提案者：

白井 剛 (生物分子工学研究所 生命情報) 小川智久 (東北大 生命科学)

企画の意図：

分子生物学の発展による塩基配列の迅速大量決定が、進化研究に革命的な変化を与えたことに異論のある進化研究者はいないと思われる。だが、より高次の構造であるタンパク質立体構造については、意見が分かれるだろう。基本的にデジタルな配列情報にくらべて、情報量はより大きいがアナログ情報である立体構造は、たとえば進化距離の推定には向いていない。また、配列に比べて圧倒的に解析例が少ないことも難点で

あった。しかし、構造ゲノミクスによるフォールト空間の網羅的探索が始まった現在、大量に蓄積された構造情報が進化研究にどう使われうるか整理してみる時に来ている。このワークショップは、立体構造に興味を持って進化研究を行っている研究者、あるいは進化に興味を持って構造ゲノミクス、プロテオミクスに携わる研究者に、大量の構造情報が手に入るであろう5-10年の後に、それをどの様に進化研究に利用できるかを討論してもらいたいと考えている。立体構造による進化トレース、大規模構造比較による分子機能進化の解析、超分子複合体進化の解析、およびそのための方法論開発などを話題として考えている。3-4名の講演者を公募する。

予定講演者：

1. 白井剛 (生物分子工学研・生命情報) 「構造ゲノミクスの時代は分子進化研究にどのようなインパクトを与えるか？」
2. 岩館満雄 (北里大・薬) 「ハイスループットモデリングの実行とデータベース」
3. 長野希美 (産業技術総合研究所・CBRC 兼 JST-PRESTO) 「配列・立体構造・機能に基づくTIM バレル・フォールトの系統的解析」
4. 川端 猛 (奈良先端・情報) 「蛋白質の立体構造比較法の開発と分子進化・機能推定への応用」
5. 田辺 秀之(国立医薬品食品衛生研究所 変異遺伝部 細胞バンク) 「染色体テリトリーの核内配置からみた構造ゲノミクスとしてのゲノム進化」

3 D1 生物多様性の保全と復元

ワークショップ

企画責任者：

矢原徹一 (九大理生物) tyahascb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

企画の意図：

保全生物学・復元生物学に関する発表を、最大7名まで公募します。地域の生物多様性は、どのような仕組みで維持されているか？ それはどのようにすれば保全できるのか？ 生物多様性の復元は可能なのか？ といった問題について検討したいと思います。したがって、生物多様性の維持機構についての基礎的研究発表も歓迎します。また、生物多様性のパターンを説明する理論 (ロツタリーモデル、群集の中立モデルなど) についての発表も歓迎します。

予定講演者：

1. 時田恵一郎 (大阪大学サイバーメディアセンター大規模計算科学研究部門) 「ランダム群集モデルにおける多種共存解と種の豊富さのパターン」
2. 横溝裕行(九州大学大学院理学府生物科学専攻)・Patsy Haccou (Leiden University) 巖佐庸 (九州大学大学院理学研究院) 「変動環境下での保全戦略・最適保全努力と最適調査努力」
3. 中村浩二 (金沢大理) 「生物多様性の研究・保全・復元 金沢大学角間キャンパス里山ゾーンにおける取り組み」
4. 矢原徹一 (九大理生物) 「生物多様性の保全戦略 九大新キャンパスでの保全事業」

を例に」

3 E1 進化する系統推定法の最前線はココ！ -多く・正しく・軽やかに- シンポジウム

企画責任者：

長谷川英祐 (北大院・農・生物生態体系) 三中信宏 (農環研・地球環境・環境統計)
minaka@affrc.go.jp

企画の意図：

塩基配列データが系統解析に普通に用いられるようになり、様々な配列データとその挙動に関する情報の蓄積が進みつつある現在、ベイズ法など新たな解析法の出現や、既存の主要な方法が抱える問題点もあらわになるといった、系統推定をめぐる様々な話題には事欠かない。一方、形態形質からいかにより合理的な系統推定を行うかについての検討も不十分なまま残されている。このシンポジウムでは、塩基配列・形態データから系統推定を実行するにあたり、研究者が頻繁に直面するいくつかの問題とその対応、より正確な系統推定のための新たなアプローチについて、最新的话题を提供し、進化学の研究上不可欠になりつつある系統推定を、いかに早く、正確に行うかについて議論したい。

講演予定者と講演タイトル

1. 下平英寿 (東工大) 「マルチスケールブートストラップ法による系統推定の信頼性評価」
2. 三中信宏 (農環研) 「巨大系統樹の推定のために 最節約法に基づくスタイナー樹の高速計算アルゴリズム」
3. 長谷川英祐・吉澤和徳 (北大) 「データの価値を最高に！ -最高法 新たな樹形推定アルゴリズム-」

3 F1 求愛行動様式の進化 :様々な種で ワークショップ

提案者：

首藤絵美、加茂将史 (二人とも九州大学 理・生物)

企画の意図：

様々な種において、求愛行動から交尾に至るまでの過程に注目すると、雄間競争によるものや、シグナルを介した雌による選択、さらにはヒトのように雌雄双方が求愛し選択しあうなど様々である。現実的に情報は不完全であり、探索範囲や時間が限られてといるときにはどのように配偶者を選択するのだろうか。求愛に長い時間を費やした雄は求愛成功率が高かったり、魅力的な雄のほうが求愛成功率が高かったりする。求愛戦略は、各求愛様式や個体の魅力にどのように依存するのだろうか。配偶者獲得に至るまでの過程をシグナルの進化、最適探索の問題として様々な種について議論したい。

本ワークショップでは企画者 1 名が、双方が選択を行いつつある場合の理論的研究の紹介を行います。数名の講演者を招待し、その他の講演者を公募する予定です。求愛行

動について話題を提供して下さる方々の講演を希望します。

予定講演のタイトル

1. 首藤絵美・吉田功・佐々木顕 (九大・理) 「個体の魅力の違いは最適ガード努力を変えるか」
2. 正路章子・河田雅圭 (東北大・生命科学) 「グッピーのメスは相対的、かつ非線形にオスを好んでいる」
3. 中秀司 (農環研・昆虫研究グループ) 「性フェロモンを介した蛾類の配偶行動システム」
4. 池田譲 (理研・脳科学総合研究センター)・滋野修一 (理研・発生再生科学総合研究センター) 「頭足類における生殖行動様式と脳・神経基盤」
5. 1 河野かつら 2 山口典之 3 粕谷英一 4 矢原徹一 (1,3,4 九州大学・理・生物、2 立教大学・理・生命理学) 「一夫一妻鳥類であるシジュウカラのオスの遺伝的生存力 :ヘテロ接合度を用いた解析」

3 G1 遺伝的多様性の維持機構 (1)

ワークショップ

提案者 :

高橋亮 (理研ゲノム科学総合研究センター) 舘田英典 (九大・理)

企画の意図 :

進化は種内の遺伝的変異が種間変異に変換されることによって起こる。このため種内の遺伝的変異がどのように維持されているかを理解することは、生物進化を考える上で最も基本的な課題の一つであると言える。このワークショップではDNA多型から表現型のレベルまで含めて、遺伝的多様性がどのような機構で維持されているかについての講演を公募し、ゲノム時代の様々な手法を用いて、この古典的な問題にどのようにアプローチできるかを議論する。

予定講演のタイトル

1. Thawalama Gamage Dayananda, Alfred E. Szmidt, Yamazaki Tsuneyuki (Kyushu Univ.) 「Phylogenetic relationships of Sri Lankan Dipterocarpaceae to other Dipterocarpaceae based on Chloroplast DNA sequence data」
2. 石山廣子(九大), 角友之(九大), 岩崎まゆみ(九大), Nor Aini Ab, Shukor(Univ. Putra Malaysia), Alfred E. Szmidt(九大), 山崎常行(九大) 「熱帯雨林樹種フタバガキ科 Shorea 属 4 種における GapC 領域遺伝的多様性の解析と種間雑種」
3. 河邊昭 (阪大院・工) 宮下直彦 (京大院・農) 「ラクサンハタザオを用いた分子集団遺伝学的研究」
4. 金子聡子・高橋亮 (理化学研究所ゲノム科学総合研究センター 個体遺伝情報研究チーム) 「エゾヤチネズミ自然集団の DNA 多型解析」
5. 藤本明洋 (九大・院理) 角友之 (九大・院理) 吉丸博志 (森林総研) 津村義彦 (森林総研) 舘田英典 (九大・院理) 「スギ種内 DNA 多型の維持機構に関する研究」

6. 神田芳郎、副島美貴子 (久留米大学医学部法医学・人類遺伝学) 館田英典 (九州大学大学院 理学研究院 生物科学部門) 「ABO 式血液型分泌型遺伝子 FUT2 多型と分子進化」
7. 岩瀬峰代 (総研大 生命体科学専攻) 颯田葉子 (総研大 生命体科学専攻) 平井啓久 (京大 霊長研) 平井百合子 (京大 霊長研) 今井弘民 (遺伝研) 高畑尚之 (総研大 生命体科学専攻) 「性染色体分化と相同組み換え抑制」

3 A2 進化学一般 (2)

ワークショップ

責任者：

矢原徹一 (九大理生物) tyahascb@mbox.nc.kyushu-u.ac.jp

企画の意図：

テーマを特定せずに、最大 8名の口頭発表を公募します。同時開催のシンポジウム・ワークショップ 形態測定学講座に対抗できる、意欲的で魅力的な発表の申し込みを期待しています。申し込みが 8名をこえた場合、プログラム委員会により 8名を選定します。なお、発表者には、次の発表の司会をお願いします。

予定講演のタイトル

1. 和田康彦 (佐賀大学農学部 BIRD JST) 山田義之 (佐賀大学農学部) 西堀正英 (広島大学大学院生物圏科学) 安江 博 (農業生物資源研ゲノム研究グループ) 「脊椎動物におけるミトコンドリア遺伝子のアミノ酸サイト別進化速度」
2. 渡部輝明 (高知医科大学) 岸野洋久 (東京大学) 岡林喬久 (高知医科大学) 北添康弘 (高知医科大学) 「安定した系統推定法と真獣類ミトコンドリアへの応用」
3. 田中剛、池尾一穂、五條堀孝 (国立遺伝学研究所、総合研究大学院大学) 「機能獲得と消失からみた代謝経路進化の解析」
4. 小見山智義、池尾一穂、五條堀孝 (国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ 研究センター) 「mtDNA からみる長鳴鶏の成立について」
5. 野口順子 (京大院理植物)、洪徳元 (北京中国科学院) 「夜咲性植物ユウスゲ (*Hemerocallis citrina* var. *vespertina*, *Hemerocallidaceae*, *Asparagales*) の適応進化」
6. 河宮信郎 (中京大学経済学部) 「急速な種分化を種社会分岐として考察する - ヴィクトリア湖のシクリッドその他の事例を検討」
7. 荻島創一 (東京医科歯科大学大学院システム情報生物学/生命情報学) 田中博 (東京医科歯科大学大学院システム情報生物学/生命情報学) 「発生制御関連遺伝子に対するシステム進化生物学的アプローチ」
8. 渡辺麻衣子 (東工大) 二階堂雅人 (東工大 統計数理研究所) 津田とみ (徳島文理大 東海大) 小林敬典 (水産庁養殖研究所) David P. Mindell (ミシガン大) 曹櫻 (統計数理研究所) 長谷川政美 (統計数理研究所) 岡田典弘 (東工大) 「mtDNA 全長配列を指標とした鳥類におけるペンギン目の系統解析」

3 B2 病原細菌の適応戦略

シンポジウム

企画責任者：

林 哲也 (宮崎医科大学フロンティア科学実験総合センター)

企画の意図：

新しい感染症の出現や薬剤耐性菌の蔓延などによって感染症への社会的関心が高まるとともに、病原細菌の研究も著しい進展を見せている。特に、ここ数年の爆発的なゲノム解析の進展により、多くの病原細菌の生物学的特性や病原体としての特性が明らかとなりつつあり、同時に各細菌が実にダイナミックにゲノムを変化させて、各々独自の病原体としてのライフスタイルを確立してきた様子が見えてきたように思える。本企画では、いくつかの異なったタイプの病原細菌の適応戦略を紹介していただき、宿主の生体内 (または表層) というある意味では特殊な環境への適応という観点から、細菌の進化・多様化のメカニズムを考えてみたい。

予定講演のタイトル

1. 清水徹(筑波大学 基礎医学系) 「ウエルシュ菌の適応戦略」
2. 桑原知巳(徳島大学大学院医学研究科分子細菌学) 「バクテロイデスの適応戦略」
3. 黒川顕 (大阪大学 遺伝情報実験センター) 「ゲノム比較からみる病原細菌の適応戦略」
4. 後藤直正 (京都薬科大学 微生物学) 「適応戦略としてみた細菌の薬剤耐性」

3 C2 ナチュラルヒストリー :物集めと解析と

シンポジウム

提案者：

自然史学会連合

担当者：

遠藤秀紀 (国立科学博物館)

企画の意図：

一次資料 (剥製標本やフィールド) から材料や情報を抽出して、それを解析していく一連の流れとその魅力をフロアと分かち合いたいと思う。データの提示だけでなく、研究者のナチュラルヒストリー的な日々の努力に進化学研究の魅力を感じてもらえれば幸いである。例えば動物遺体を前にした解剖学の思索、壊れた DNA を読んでいく遺伝学の苦心、化石を掘りながら太古の真実を読み取っていく古生物学の愉しみに、触れることにしたい。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 遠藤秀紀 (国立科学博物館 動物) 「遺体科学の可能性・ジャイアントパンダの掌に語る」
2. 真鍋 真 (国立科学博物館 古生物) 「化石を追う生態系はどこまでわかるのか？」
3. 舘 鄰 (三菱化学生命研) 「ancient genomic DNA を求めて・ニホンオオカミのゲノム遺伝子解析プレリユード」

3 D2 森林の分子生態学

シンポジウム

提案者：

陶山佳久 (東北大院・農) 舘田英典 (九大院・理)

企画の意図：

近年の分子生物学的分析技術の急速な進歩に支えられ、現在では様々な生物集団について比較的容易に DNA レベルの情報を得ることができるようになってきた。例えば個体間の遺伝的な違いや、花粉・種子による遺伝子の動き、集団内の遺伝的構造、集団間・種間の分化の程度などを高い精度で検出することができるようになってきたのである。すでに「分子マーカーを使ってみました」という時代は終わり、現在では様々な生態学的・進化学的仮説の検証や、従来測定不可能と考えられていたデータの実測が行われるようになってきた。そこで本シンポジウムでは、森林植物の研究にいち早く分子マーカーを取り入れてこの分野の第一線で活躍している講演者を招き、「ここまで進んだ森林分子生態学」を概観したいと考えている。分子生物学的な分析技術のノウハウから、その応用方法、個々の研究対象・データ自体のおもしろさに至るまで、得るものの多い機会になることを目指し、我が国におけるこの分野の研究を発展させるきっかけにしたいと考えている。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 井鷲祐司 (広島大 総合科学部) 「遺伝マーカーで探る地史的イベントによる遺伝構造の形成プロセス」
2. 角友之 (九州大学理学府)・吉丸博志 (森林総合研究所)・津村義彦 (森林総合研究所) 舘田英典 (九州大学理学研究院) 「スギおよび近縁種の塩基配列多型」
3. 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) 「雌性先熟・雄性先熟個体をもつオニグルミの繁殖生態」
4. 陶山佳久・丸山薫・清和研二 (東北大院・農) 富田瑞樹 (横浜国立大院 環境情報)・高橋淳子 (スウェーデン農科大) 高橋誠 (林木育種センター)・上野直人 (新潟大・農・フィールドセ) 「ブナ林における種子と花粉の動き・果皮と子葉の DNA 分析による正確な親個体特定」
5. 津村義彦 (森林総合研究所) 岩田洋佳 (中央農業研究センター) 谷 尚樹 (森林総合研究所) 松本麻子 (森林総合研究所) 伊原徳子 (森林総合研究所) 内田煌二 (筑波大学) 「ゲノムワイドな解析によるスギ及びヒノキの天然集団の遺伝的分化」

3 E2 昆虫の分子系統と進化

ワークショップ

提案者：

野村昌史 (千葉大学 園芸 <http://www.h.chiba-u.ac.jp/insect/>) 森中定治 (日本生物地理学会) 連絡先は森中

趣旨：

昆虫は、地球上に知られている全生物、つまり記載された生物の50%以上を占める。このことは、環境問題など人類にとって重要な問題に対処しようとするとき、昆虫類が重要な位置を占めることを意味する。このワークショップは、昆虫の分子データに基づいた系統研究から見えてきた進化にかかわる興味深い問題点について、第一線の研究者が最新的话题を提供し、それに基づき討議によって、生物の進化にかかわる理解を深めるといふ意図で企画した。分子データを系統研究のみに用いるのではなく、それを土台とした「一歩先」を見るこの企画は、参加者に生物の進化を考える大変有用なインパクトを与える。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 吉澤和徳(北大・農), Kevin P. Johnson (Illinois Natural History Survey, USA) 「シラミのミトコンドリア DNA 徹底解剖 : 分子系統解析と分子形態解析」
2. 野村昌史・平野 大(千葉大・園芸) 新垣則男(沖縄農試) 「翅のない蛾、コシロモンドクガの mtDNA には琉球列島の地史が刻み込まれている」
3. 前川清人(富山大 理・生物) Nathan Lo (農生資研) 「オオゴキブリ類の系統解析ー腐朽材の穿孔生活から地中生活への進化ー」
4. 森中定治(日本生物地理学会) 「トリバネチヨウの系統解析から」

3F2 魚類の進化多様性理解の比較ゲノム学

ワークショップ

提案者：

西田 睦(東大海洋研)

企画の意図：

脊椎動物は、よく発達した骨格系、筋肉系、神経系、循環系などに特徴づけられる非常に組織化された体制をもっており、著しく高い活動性を有する生き物である。脊椎動物の主要な系統はいずれも“魚型”の動物であるが、そのひとつがわれわれヒトを含む四肢動物となっている。この高度に組織化された活動的な動物の進化を明らかにするには、基礎にある魚型の動物の多様性をしっかりとおさえ、その土台の上に、鍵となる遺伝的变化がどのようなものであったのかを解明することが必要である。21世紀に入り、フグ、メダカ、ゼブラフィッシュという3種の魚類のゲノムシーケンシングが急速に進みつつあり、比較ゲノム学的な側面からこの課題にアプローチする条件が現実のものとなりつつある。一方、魚類のミトコンドリアゲノムの全塩基対解読も急速に進展しており、400種を超える解析から魚型動物の主要な系統間の関係に新たな光が当てられ、比較研究のために不可欠な信頼に足る系統枠が構築されつつある。さらに、脊椎動物とともに脊索動物門を構成する尾索動物(ホヤ類)や頭索動物(ナメクジウオ類)についての研究も、ゲノム解析を含めて大きく展開しており、これらとの比較はさらに立体的な脊椎動物進化の理解をもたらすこと間違いない。本ワークショップでは、これらの新しい研究がどこまで進展しているかを何人かの研究者に提示していただき、より総合的・本格的な比較研究の展望について議論する。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル :

1. 宮 正樹 (千葉中央博) 「ミトコンドリア全ゲノム解析による魚類の新しい系統像構築」
2. 堀 寛、黒沢仁、高橋昌義、高松尚文、佐中笑、住友万里子、猪熊亮一、堤真紀子、* 浅川修一、* 清水信義、# 新井理、# 小原雄治 (名古屋大学大学院生命理学、* 慶應義塾大学医学部、# 国立遺伝学研究所生物遺伝資源情報総合センター) 「硬骨魚類 Hox クラスターの進化」
3. B.Venkatesh (Institute of Molecular and Cell Biology, Singapore) 「Fugu genome: a compact vertebrate reference genome」
4. 三谷啓志 (東大院新領域先端生命)、成瀬清 (東大院理学系生物科学)、田中実 (北大院理学系生物科学)、三田和英 (農業生物資源研究所)、嶋昭紘 (東大院新領域先端生命) 「メダカ遺伝子地図にみられる魚類ゲノム倍加の痕跡」

3 G2 遺伝的多様性の維持機構 (2)

ワークショップ

提案者 :

高橋亮 (理研ゲノム科学総合研究センター)、館田英典 (九大 理)

企画の意図 :

[3G1]の続き。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル :

1. 松尾義則 (徳島大学総合科学部) 「ショウジョウバエ遺伝子のコドン 3 番目における GC 含量の進化と genome-wide な要因の影響 ヒストン遺伝子の解析を中心として」
2. 猪股伸幸、山崎常行 (九大 理院・生物) 「トラフショウジョウバエにおける重複アミラーゼ遺伝子の分子進化」
3. 二河成男, April Duty, Greg Gibson (North Carolina State University) 「集団間の遺伝的構造と遺伝的多様性の関連」
4. 後藤大輝、猪股伸幸、Alfred E. Szmidt、山崎常行 (九大 理・生物) 「トラフショウジョウバエの宮古集団における種内変異」
5. 高野敏行 (国立遺伝学研究所)、河邊昭 (国立遺伝学研究所)、猪股伸幸 (九州大学)、難波紀子 (京都工芸繊維大学)、近藤るみ (お茶の水女子大学)、伊藤雅信 (京都工芸繊維大学)、井上寛 (大阪外国語大) 「遺伝的組換え荷重のゲノムワイド解析」
6. 飯塚勝 (九州歯科大学)、角友之 (九州大学)、一ノ瀬元史 (筑紫女学園短期大学) 「二倍体生物集団における互助的中立突然変異による分子進化」
7. 佐野彰紀、館田英典 (九大 院理)、清水昭信 (名市大・システム自然科学)、飯塚勝 (九歯大 数学) 「個体数の変動を伴う遺伝子系図学モデルと集団の遺伝的多様性」

3 A3 非生命体の進化理論

ワークショップ

提案者：

佐倉統 (東京大学情報学環) 三中信宏 (農業環境技術研究所) minaka@affrc.go.jp

企画の意図：

進化するものは、生命体だけではない。言語や写本あるいはミームのような「非生命体」もまた 変化を伴う由来 という意味で進化をし、跡に系統を残す。基本情報の複製が系統を形成し、環境との相互作用を通して変化が累積していけば、生命体でなくても「進化」が生じる。したがって、それらの変化をたどることにより、非生命体の系統を復元し、その進化を論じることができるだろう。歴史的に見ても、進化の概念や理論を写本や言語などの非生命体に適用する試みは、むしろ進化生物学より長い過去をもっている。非生命体の進化のプロセスやメカニズムを生物体の進化と比較しつつ、その共通点と相違点を探求することは、進化現象についての理解を深める有効な手段になるはずである。また、非生命体の系統復元は、目的・手法・解釈が生命体の系統復元と深いレベルで共有されており、自然科学と人文・社会科学の壁をすでに乗り越えていると考えられる。しかしその一方で、社会進化論や文化進化論は自然科学の一分野として確固たる認知を得たことはなく、通俗科学と厳密科学の境目をさまよい続けてきた。進化理論を安易に非生命体に適用することの社会的な悪影響を懸念する批判も、常に存在する。このワークショップでは、非生命体の進化と生物体の進化とを比較して理論的に検討すると同時に、言語や茶道所作の系統進化の研究を報告し、生命体 / 非生命体の系統進化研究の密接な学問的関係を理解した上で、さらに発展させるために必要な作業を検討する。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 佐倉統 (東京大学情報学環) 「ミーム論の現状と展望 非生命体進化論の問題点」
2. 三中信宏 (農業環境技術研究所) 「進化子 (evolver) の一般化 普遍系統学の視点から」
3. 山内肇 (エジンバラ大学言語学学部) 「進化言語学のこの 15年」
4. 眞岡哲夫 (北海道農業研究センター) 「茶の湯点前の形質コード化と系統推定」
5. 大西耕二 (新潟大学理学部生物教室) 「厳密科学としてのマクロ比較言語学の構築とその進化生物学的意義 朝鮮語、アイヌ語、ソケ語 (Mexico) 等のマラヨポリネシア語 亜族由来の解析を巡って」

3 B3 ヒト疾患関連遺伝子の解析戦略 : 進化医学の方法論

シンポジウム

企画責任者：

服巻保幸 (九大 生医研) yfukumak@gen.kyushu-u.ac.jp

企画の意図：

2003年4月14日にヒトゲノム配列解読完了宣言が行われ、文字通りポストゲノム (新ゲノム) 時代に突入した。豊富なゲノム情報をいかに社会に還元するか、多くの試みが行われている。特に医学においては複数の遺伝子と環境因子とが複合的に作用して発症すると考えられる多因子病の解明が、その罹患率が高いことから注目を集めている。ま

た多因子病は単に診断や治療、予防といった臨床医学の面だけでなく、多型の維持機構や遺伝子間相互作用、遺伝子環境因子間相互作用など進化学のフレームワークで捉えるべき高次生命現象と言える。その解明には遺伝統計学的手法が不可欠であるが、まだ確立されているとは言い難い。本シンポジウムでは多因子病の疾患感受性遺伝子同定の理論的側面とともに、解析の現状を紹介することにより、今後のブレークスルーを目指した野心的な方法論の開発を促したい。

講演者：

1. 高橋亮 (理化学研究所ゲノム科学総合研究センター 個体遺伝情報研究チーム) 「疾患関連遺伝子同定の基礎理論」
2. 塩澤俊一 (神戸大学医学部保健学科膠原病学講座/医学系研究科) 「免疫系多因子病の解析現状」
3. 堀川幸男 (群馬大学生体調節研究所) 「カルパイン 10 (NIDDM1) の儉約遺伝子仮説」
4. 柴田弘紀、服巻保幸 (九大 生医研 遺伝情報) 「統合失調症の遺伝解析の現状」
5. Hiroki Shibata, Yasuyuki Fukumaki (Res. Ctr. Genet. Info., Med Inst. Bioreg., Kyushu University) 「Progress in genetic analyses of schizophrenia」
6. 颯田葉子、高畑尚之 (総合研究大学院大学先導科学研究科) 「痛風、壊血病と進化」

3 C3 形態形成研究から表現型進化を考える

シンポジウム

提案者：

望月敦史 (基礎生物学研究所)

企画の意図：

遺伝子進化と表現型進化とをつなぐ事は進化生物学上の主要なテーマのひとつであるが、形態形成の機構を理解することで、この問題は解決できると思われる。形態形成の基本原則は、現在まさに明らかにされようとしている。すなわち、発生において形態形成制御のために繰り返し使われる基本的な分子セットが存在すること、つまり形態制御のメカニズムとして基本的な機構が幾つか存在することが明らかになりつつある。それらメカニズムについて実験的或いは理論的に、構成要素の性質 (分子 or パラメータ) と形態との関係を調べる研究が進んでいる。特に、数理モデルを用いた研究は、現実には存在しない形態や過去の生物の形態形成についての考察を可能にする。このシンポジウムでは、形態形成の分子機構の研究、数理モデルによる形態形成や体制の進化の研究について、それぞれの研究者が紹介する。これらの研究が連携することで、遺伝子の変化とそれによる表現型の変化との関連が明らかになるだろう。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル：

1. 上野直人 (基礎生物学研究所) 「形態形成を制御する細胞増殖因子」
2. 望月敦史 (基礎生物学研究所) 「近接細胞間相互作用と形態多様性」
3. 近藤滋 (理研 発生再生研究センター) 「等間隔パターンを生むシステムと表現型」

4. 宇佐美義之 (神奈川大学工学部物理学教室)「コンピューターの中で生物の形の進化を再現する」

3 D3 希少動物の過去・現在・未来

ワークショップ

提案者:

小池裕子 (九大大学院比較文化研究院)

企画の意図:

1993年に日本が加盟した生物多様性条約には、生態系レベルの多様性、種レベルの多様性と並んで遺伝子レベルの多様性が含まれている。この遺伝子レベルの多様性には、有効個体群サイズが急速に拡大すると多様性が増大し、逆にボトルネックなど個体数の減少がおこると多様性が減少するという現象がみられる。この遺伝的多様性を指標にして、過去の個体群サイズの変動、その背景にある環境変動を考えていこうとするのが、このシンポジウムのねらいである。また AncientDNA など過去の遺伝的多様性を直接検証するアプローチについても議論したい。

予定講演者の氏名 (所属)タイトル:

1. 山本義弘 (兵庫医科大学遺伝学講座)「サベツル自然集団における遺伝的多様性」
2. 長谷川理・東典子・阿部周一 (北海道大学・地球環境)「北海道のタンチョウにおける遺伝的多様性の消失」
3. 坂梨仁彦 (熊本県企画振興部文化企画課)、川路則友 (森林総合研究所)、時田賢一 (我孫子市鳥の博物館)、馬場芳之 (九州大学比較社会文化研究院)、小池裕子 (九州大学比較社会文化学府)「日本固有種ヤマドリ(Syrmaticus soemmerringii)の分子系統地理」
4. 後藤睦夫 (財)日本鯨類研究所)・金場根 (韓国・国立水産科学院)・上田真久・石川創・ライス A. パステネ (財)日本鯨類研究所)「日本周辺海域に分布するミンククジラの遺伝構造 - 特にJ系群を例として - 」
5. 西田伸(九大・比文)、曾根恵海(九大・比文)、梅崎和宏(九大・比文)、小池裕子 (九大・比文)「遺伝的多様度マーカーとしてのMHC 遺伝子 = 鯨類を例として=」
6. 坂平文博・新美倫子 (名古屋大学大学院情報科学研究科)「考古遺跡出土ニホンアシカ遺体の Ancient DNA 分析 :予備的研究」
7. 江田真毅 (東大・農)、小池裕子 (九大・比文)、黒尾正樹 (弘大・農生)、三原正三 (九大・比文)、長谷川博 (東邦大・理)、樋口広芳 (東大・農)「アホウドリの集団構造の過去・現在・未来」

3 E3 光合成の進化とゲノム

シンポジウム

企画責任者:

池内昌彦 (東京大学・大学院総合文化研究科)

企画の意図:

光合成は植物だけでなく、光合成細菌やシアノバクテリア (ラン藻) の基本的なエネルギー - 供給機能として重要であるとともに、地球環境へも大きな影響を及ぼしています。このような光合成と光合成生物固有の機能の進化を解析することは、その働きと地球環境との相互作用を理解するうえで必要不可欠です。さらに、昨今のゲノム生物学の研究の進展は、貴重な遺伝情報を提供しており、これまで容易ではなかった新しい試みが可能になりつつあります。本シンポジウムでは、このような最近のゲノム研究の展開を軸として、今後の光合成の進化の研究における問題点やブレイクスルーの可能性などを討論します。

予定講演者の氏名 (所属) 演題名 :

1. 三室守 (京大、院人間環境) 「ゲノムと機能から見た光合成系の進化」
2. 池内昌彦 (東大、院総合文化) 「光合成生物の遺伝子の進化の検証」
3. 田中歩 (北大、低温科学研究所) 「光合成の進化の実験的検証」
4. 板谷光泰 (三菱化学生命科学研究所) 「光合成微生物ゲノムのメガクローニング」

3 F3 Theoretical evolutionary biology

ワークショップ (すべて英語)

企画責任者 :

佐々木顕 (九大理生物)

企画の意図 :

国際シンポジウムの招待講演者 (A. Pomiankowski, J. Endler) を招いて、大会参加者による英語発表をもとに、数理モデルを使った進化理論の研究成果について討論を行う最大 8名までの講演を公募する。

予定講演者の氏名 (所属) 演題名 :

1. 高橋亮 (理研ゲノム科学総合研究センター 個体遺伝情報研究チーム) 「Y ファミリー DNA ポリメラーゼの作る分子多様性」
2. 巖佐庸 (九大理生物)、Franziska Michor (Harvard Univ.)、Martin A. Nowak (IAS, Princeton)、Steve A. Frank (U.C. Irvine) 「体内での進化としての発ガン過程: 染色体不安定性の役割に関する数理的解析」
3. 加茂将史 (佐々木顕 (九大理生物)) 「進化は複数年周期へ向かう」
4. 岸野洋久 (東京大学)、徐泰健 (ノースカロライナ州立大学)、ジェフリー ソーン (ノースカロライナ州立大学) 「適応進化の検出の手がかりとしての進化速度変化」

3 G3 進化の原動力としての分子多様性獲得機構 : その調節と破綻

シンポジウム

提案者 :

能美健彦 (国立医薬品食品衛生研究所 変異遺伝部)

企画の意図 :

ゲノムの安定性は生物にとって重要であり、がんの発生に代表されるように、その破綻は時に生物にとって致命的ですらあります。一方、進化の過程において、生物は突然変

異や遺伝的組換えにより新しい形質を作り、自然淘汰に打ち勝とうとして来ました。生殖細胞や孢子形成の過程では、多様な分子種を獲得するために、複製エラーや二重鎖DNA切断を介した組換えが起こります。しかし無原則な複製エラーや組換えは「百害あって一利なし」と考えられ、そこには自ずと場所と時間をわきまえた「多様性獲得の制御機構がある」と考えられます。また体細胞と生殖細胞の区別がない微生物では、多細胞生物にはない遺伝的安定性と不安定の調節様式があると予見されます。放射線や化学変異原に暴露された生殖細胞では、どのような事象が起こるのでしょうか。本シンポジウムでは、さまざまな生物で見られる分子多様性獲得機構について最新の知見を報告し、その進化における意義について討論します。

予定講演者の氏名(所属)演題名:

1. 能美健彦(国立医薬品食品衛生研究所)「YファミリーDNAポリメラーゼの作る分子多様性」
2. 鳴海一成(原子力研究所、高崎研究所)「放射線耐性から見た微生物進化」
3. 太田邦史(理化学研究所)「遺伝的組換えの分子多様性制御機構」
4. 嶋昭紘(東大大学院新領域)「生殖細胞突然変異に対するセーフガード:メダカでの戦略」
5. 権藤洋一(理研)「哺乳動物ゲノムの変動性と進化」

3 A4 進化論革命へ！第2回新今西進化論とネオダ-ウィニズムの対話

ワ-クショップ

提案者:

水幡正蔵(在野の研究者)

企画の意図:

水幡は『新今西進化論』(発売/星雲社)刊行後、矢原徹一氏や岸由二氏ら進化学者とメル論議を重ね、その進化理論としての合理性を検討してきた。その成果を持ち寄り、日高敏隆氏との直接対談も実現した。この対談で両者は「クジャクの雄尾羽は「適応」ではない」という事実認識で合致し、「適応」ではない進化があるなら「遺伝子コピー率=適応度」と呼ぶこと自体に、重大な問題があることを浮き彫りにした。これは社会生物学の根本に対する疑問と言っている。ちなみに新今西進化論では、「棲みわけ」で種社会が分裂する際には、近縁種との差異化をもたらす「種社会求心進化」が起こると説明する。「種社会求心進化」は、いわば種社会が分裂する際に必要な「種社会の旗」を進化させるものであり、クジャクの雄尾羽はこれにあたる。また、ネオダ-ウィニズムでは配偶者選択を行う主体を「脳モデル」ではなく、事実上「より好み遺伝子」に設定しているが、これも新今西進化論との重大な争点となる。そもそも脳神経系の発達した一部鳥類(例えばコトドリ)や大半の哺乳動物では、配偶者への「より好み」が、種社会における学習によるものであることは明白である。また昆虫も含めて脳神経系を持つ動物では、あらゆる行動は、脳メモリ-に取り込まれた行動プログラムが起こしている。そこで新今西進化論は、学習とは別に昆虫に顕著な「ダウンロード」と呼ぶべき自己プログラミングがあることを指摘し、学習・ダウンロードによって種社会の構成員たちが共有する行動プログ

ラム総体を、「種社会ソフトウェア」と規定した。そしてこれを情報処理システムの「脳モデル」として提唱する。はたして進化論は遺伝子モデルのみに還元したネオダ・ウニズムで足りるのか。それとも遺伝子モデルと脳モデル（種社会ソフトウェア）の相互作用で説明する新今西進化論を必要としているのか。

予定講演者の氏名

1. 水幡正蔵 (在野の研究者) 河宮信郎 (中京大学) 「新今西進化論オリエンテ - ション」
2. 河宮信郎 (中京大学教授) シクリットが実証する「種社会求心進化」と「種社会の分裂」
3. 水幡正蔵 (在野の研究者) 「種社会の制服」はどのように進化したか・・・進化と配偶システムの関係論」

3 B4 自然免疫の起源と分子進化

シンポジウム

企画責任者：

川畑俊一郎 (九州大学院理学研究院)

企画の意図：

近年のさまざまな生物のゲノムや蛋白質の構造に関する情報が蓄積するにつれて、感染微生物に対する生体防御の研究がこれまでの哺乳類中心的な獲得免疫研究に加えて、広く多細胞生物一般で見られる自然免疫による異物認識と排除の分子基盤の解明が急速に進展している。本企画は、感染微生物に対する認識蛋白質の分子基盤、免疫細胞の活性化の分子機構、自然免疫システムの分子進化的考察等を総合的に討論しようとするものである。

予定講演者氏名、所属、題：

1. 野中 勝 (東京大学大学院 理学系研究科) 「輔体系の起源と進化」
2. 安住 薫 (北海道大学大学院 薬学研究科) 「DNA マイクロアレイを用いたホヤの免疫遺伝子の網羅的解析」
3. 牟田達史 (九州大学大学院 医学研究院) 「異なる種間でみられる Toll-like receptor を介した自然免疫機構の共通性」
4. Adriana Maria Montano Suarez, 颯田葉子 (総合研究大学院大学 先端科学研究科) 「ペプチドグリカン認識蛋白質の分子進化」
5. 伊達敦子 (お茶の水大学大学院 人間文化研究科) 「昆虫抗菌タンパクの適応進化」

3 C4 分子から見た生物の系統と進化

シンポジウム

提案者：

岩部 直之 (京都大学大学院理学研究科)

企画の意図：

生物の系統関係を正しくとらえることは、形態レベルの進化と遺伝子レベルの多様化の関係を理解する上での、最も基本的かつ重要なことのひとつであろう。遺伝子の塩基配列やタンパク質のアミノ酸配列に基づく分子系統樹推定法」が普及し、形態の比較や化石に基づく解析からのみではうかがい知ることの難しかった様々な系統関係が、現在解明されつつある。本シンポジウムでは、哺乳類（真獣類）、脊椎動物（有顎類）、真核光合成生物（様々な藻類）、三超生物界（真正細菌、古細菌、真核生物）の系統関係および進化の過程で起きた興味深い出来事について、4名の講演者に研究の最前線のお話をして頂く。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 曹纓(統計数理研究所)「真獣類の系統関係と年代の推定」
2. 加藤和貴(京都大学大学院理学研究科)「核にコードされたタンパク質による脊椎動物の系統関係の推定」
3. 井上勲(筑波大学生物科学系)「真核光合成生物の多様性と系統 過去現在、未来」
4. 隈啓一(京都大学化学研究所 BIC)「三超生物界の系統樹 - 遺伝子水平伝達と真核生物の起源を中心に - 」

3 D4 自殖をめぐる植物の進化

ワークショップ

提案者：

小林史郎(高知県立牧野植物園、kobayashi@makino.or.jp)

趣旨説明：

多くの植物は雌雄同体であり自殖が可能である。自殖には近交弱勢というコストがある一方、他殖には媒介者誘引や不確実性というコストが存在する。そのため自殖/他殖という選択肢の存在は、植物の繁殖システムの進化において様々な側面に影響を及ぼしている。このワークショップでは、自殖/他殖と関連して資源分配・種子散布・花器官・性的二型・自殖率自体などの進化についての話題を提供する。1~数名の発表を公募する。

予定講演者の氏名(所属)タイトル：

1. 富松裕・竹中宏平・大原雅(北海道大・地球環境)「オオバナノエンレイソウ集団の交配システムと花のディスプレイ戦略の進化」
2. 寺西眞(京大・生態研センター)、藤原直・白神万祐子・山岡亮平(京都工繊大・繊維・応用生物)、鈴木信彦(佐賀大・農・応用生物科学)、湯本貴和(総合地球環境学研究所)「ホトケノザの開放花・閉鎖花由来種子のアリを介した散布戦略」
3. 大塚愛子、小林史郎、粕谷英一、矢原徹一(九大・理)「中間的他殖率は安定か? 種間比較によって、中間的形質の安定性を検証するためには、どんな統計的手法をつかえば、いいのか?」
4. 小野晶子・堂園いくみ(都立大・理・牧野標本館)「バイカツツジの仮雄薬による自殖の回避」
5. 川越哲博(神戸大・理・生物)、鈴木信彦(佐賀大・農)「自家不和合性雌雄同株にお

ける自家受粉のコスト」

3 E4 生物学的実体とその階層構造

ワークショップ

企画責任者：

中島敏幸 (愛媛大学理学部生物地球圏科学科)

企画の意図：

生物学には、細胞、個体、個体群、群集 (生態系) 或いは、遺伝子、集団、ディーム、種といった様々な実体概念が存在する。これら生物学的実体の意味を明確にし、その階層構造 (空間的 時間的スケール) を理解することは、進化を研究するうえで欠かせない。しかし、そもそも生物界がどのような階層構造を持っているのかということは理論生物学者の間でも統一されていない。本ワークショップでは、これら様々な生物学的実体概念が一体何を意味しており、それらがどのような階層的組織を形成しているのか、またそれがいかに進化したのか、等の問題に焦点を当てる。以下の話題及びそれに関連する広範な問題について議論するラウンドテーブルとして、ワークショップを提案する。

(1)基礎論 :生命システム、或いは生物学的実体とはいったい何か、それが階層構造を作るとは一体どういうことかという問題を、オートポイエーシス等の生命システム論からアプローチする。(2)従来から議論の多い問題として、種の実在性と生態系の階層性等の問題に関して、具体的事例を取り上げて議論する。

予定講演者の氏名 (所属)

1. 河本英夫 (東洋大学文学部) 「階層形成とオートポイエーシス」
2. 三中信宏 (農業環境技術研究所) 「ヒトが【種】をつくる 種概念の認知的起源」
3. 高林純示 (京大大学生態学研究センター) 「生態系における生物間相互作用ネットワークの階層性」
4. 中島敏幸 (愛媛大学理学部) 「生命システムにおける2種類の階層構造 :共時的階層と通時的階層」
5. 大西耕二 (新潟大学理学部生物学教室) 「階層社会の形成と上位個体性の進化における記号系創成の進化的意義」

3 G4 トランスポゾンと宿主の関わり

ワークショップ

提案者：

仁田坂英二 (九大院理) 、古賀章彦 (名大院理)

企画の意図：

トランスポゾンはほとんど全ての生物に存在しているが、多くは既存の遺伝子機能を破壊するために宿主に対して有害だと考えられる。また、様々な生命現象に関与することが明らかになってきた RNA 干渉も、本来はトランスポゾン等、多コピー存在する寄生 DNA への宿主側の対抗手段の一つであると言われている。逆に、宿主がトランスポゾンを積極的に利用している例はまだ数は少ないものが見つかってきている。

本ワークショップではトランスポゾンが宿主の進化に対してどのような影響を与えているか考えるための素材となるような話題を提供したい。提案者の1人である仁田坂は、アサガオで主に突然変異を誘発しているトランスポゾンである Tpn1 ファミリーのほとんどのコピーは内部にアサガオの遺伝子を持った不思議な構造を持つことを見いだしており、アサガオ類の進化に対する影響について講演する。また、古賀はメダカにおいて、脊椎動物を通じて唯一転移している DNA 型のトランスポゾン Tol2 を発見しその転移機構だけでなく進化機構についても研究している。他にも、様々な生物種のトランスポゾンと宿主の関わりや、トランスポゾン自身の進化に関する話題を広く公募する。

予定講演者の氏名 (所属) タイトル :

1. 古賀章彦 (名大院理) 「メダカには動くDNA型トランスポゾンが多い」
2. 中島裕美子¹、藤本浩文^{2,3,4}、中村隆⁵、伴野豊⁵、橋戸和夫^{2,6}、椎野禎一郎⁷、土田耕三²、高田直子²、前川秀彰² (琉大 遺伝子実験センター、² 感染研・放射能、³ 東大院・農、⁴ 原研、⁵ 九大院・遺伝子資源開発研究センター、⁶ 国立精神・神経センター、⁷ 感染研・感染情報) 鱗翅目昆虫ゲノムにおける水平伝播型トランスポゾン mariner 」
3. 土本卓¹、大沢勇久¹、津田賢一²、山崎健一²、大坪久子¹、大坪栄一¹ (東大・分生研、² 北大・地球環境) 「イネのレトロポゾン p-SINE1 の転写と進化」
4. ¹ 吉村康秀、² 稲葉一男、³ 安永照雄 (九州大学大学院医学研究院、² 東北大学大学院理学研究科附属臨海実験所、³ 大阪大学 遺伝情報実験センター) 哺乳動物におけるレトロポゾンの特徴」
5. 彦坂暁、河原明 (広島大学総合科学部) Xenopus のトランスポゾン Xmix に由来する高頻度タンデムリピート配列」
6. 行弘研司・河本夏雄 (生物研) カイコ (Bomby mori) で新に確認された MITE 様トランスポゾン Organdy の特性」
7. 仁田坂英二・川寄明 (九大院理) 「アサガオの遺伝子を内部に取り込んだトランスポゾン Tpn1 ファミリー」