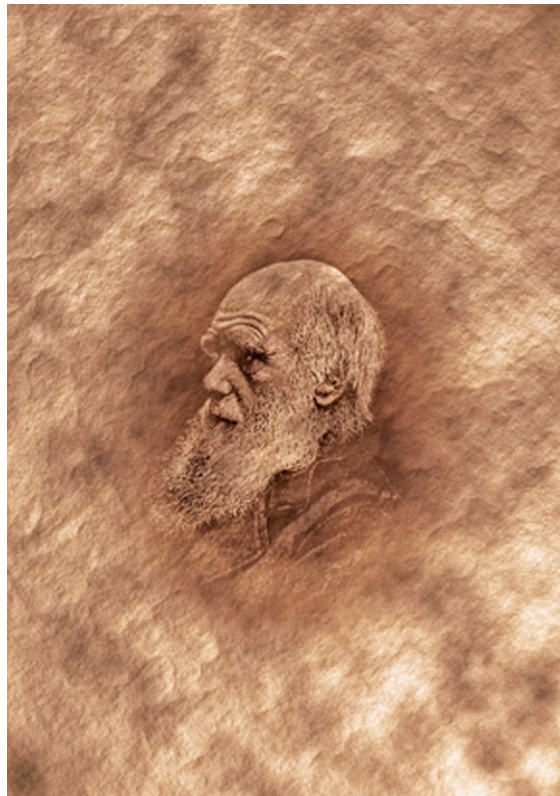


# 第10回 日本進化学会大会 プログラム・要旨集

会期：2008年8月22日（金）～24日（日）  
会場：東京大学駒場キャンパス



## 日本進化学会第10回大会実施委員会

〒240-0193 神奈川県三浦郡葉山町湘南国際村  
総合研究大学院大学・葉山高等研究センター  
email: esj2008@ml.soken.ac.jp

〒153-8902 東京都目黒区駒場3-8-1  
東京大学・総合文化研究科

## 日本進化学会第10回大会実施委員会

大会委員長：高畑尚之

大会副委員長：佐々木顕・長谷川寿一

井川武（総研大・葉山） 庶務  
伊藤元己（東大・総合文化） 博物館  
岩瀬峰代（総研大・葉山） ワークショップ・サテライトシンポジウム葉山・懇親会・会計  
大田竜也（総研大・葉山） 大会ホームページ・ポスター賞  
大槻亜紀子（総研大・葉山） 大会ポスター製作  
金慧琳（総研大・葉山） シンポジウム・夏の学校  
沓掛展之（総研大・葉山） 会場／機器・ブース／企業  
斎藤慈子（東大・総合文化） 会場／機器  
佐々木顕（総研大・葉山） 要旨集・口頭発表プログラム  
颯田葉子（総研大・葉山） シンポジウム・夏の学校・会計  
嶋田正和（東大・総合文化） 会場／機器  
相馬雅代（総研大・葉山） アルバイト手配  
高畑尚之（総研大・葉山） シンポジウム・サテライトシンポジウム葉山  
田辺秀之（総研大・葉山） ポスター発表プログラム・ポスター賞  
田村浩一郎（首都大） WEB登録  
中林潤（総研大・葉山） プログラム・予稿集  
西岡輔 会場／機器  
長谷川寿一（東大・総合文化） 会場／機器  
長谷川真理子（総研大・葉山） 公開講演会・サテライトシンポジウム葉山  
吉田丈人（東大・総合文化） 博物館

## 目次

大会日程概略 .....	2
注意事項.....	3
会場案内図.....	5
大会日程一覧表 .....	7
セッション一覧 .....	8
公開講演・シンポジウム・ワークショップ・夏の学校プログラム.....	11
一般講演・口頭発表プログラム .....	22
一般講演・ポスター講演リスト .....	29
一般講演・ <b>口頭発表要旨</b> .....	37
一般講演・ <b>ポスター発表要旨</b> .....	61
<b>公開講演会要旨</b> .....	105
<b>シンポジウム講演要旨</b> .....	107
<b>ワークショップ講演要旨</b> .....	133
<b>夏の学校講演要旨</b> .....	177
<b>高校生ポスター発表要旨</b> .....	181
参加者名簿.....	185

## 大会日程概略

会場：東京大学駒場キャンパス

評議員会 8月22日(金) 12:00-14:00 15号館409室

公開講演会 8月23日(土) 13:00-16:00 13号館1323号室(D会場)

日本進化学会10周年記念公開講演会  
「進化で日本を考える」

総会・受賞講演 8月23日(土) 16:20-17:50 13号館1323号室

総会  
学会賞(日本進化学会賞・研究奨励賞・教育啓蒙賞)授賞式  
木村賞授賞式  
日本進化学会賞・受賞講演

一般講演・シンポジウム・ワークショップ(12号館, 13号館)

シンポジウム(S1-13) 8月22日(金), 8月24日(日)  
ワークショップ(WS1-20) 8月22日(金), 8月23日(土), 8月24日(日)  
一般講演(口頭発表1-4) 8月22日(金)  
一般講演(ポスター発表) 8月22日(金)  
駒場コミュニティープラザ2階 Dining 銀杏

夏の学校

進化学・夏の学校(SSE1-4) 8月23日(土), 8月24日(日)  
13号館1331号室 E会場

高校生ポスター発表「みんなのジュニア進化学」

8月22日(金)  
駒場コミュニティープラザ2階 Dining 銀杏

懇親会 8月23日(土) 18:00-20:00

駒場コミュニティープラザ2階 Dining 銀杏

\*進化学・夏の学校および公開講演会は一般の方も参加できます(入場無料)。

## 注意事項

### 一般注意事項

- 駒場キャンパスの構内では、指定喫煙場所以外の全ての場所で禁煙です。
- 駒場キャンパスの駐車場は限られています。車での御来場はお控えください。
- 発表中の写真撮影・録画・録音、ポスターの撮影等をご遠慮ください。

### 受付

- 8月22日（金）9時から受付を開始します。
- 受付は東京大学駒場キャンパス12号館1階で行います。
- 会場では必ず名札を付けてください。
- ウェブでの参加申込みは<http://www.sendou.soken.ac.jp/esb/esj2008/>で7月31日まで引き続き受け付けています。当日受付（一般6000円、学生4000円）も可能ですが、できる限り事前の申込みと振込をお願いします。なお、8月8日（金）以降に振り込まれた方は、必ず“郵便振込の受領書”をご持参 ください。
- ポスター発表および懇親会は駒場キャンパス内の駒場コミュニティープラザ2階Dining 銀杏で行います。ほかのすべての講演会場は13号館および12号館にあります。

### クローク

- クロークは12号館1212号室にあります。利用時間は8時30分～18時（24日は17時30分まで）です。

### 一般講演（口頭発表）注意事項

- 8月22日（13:30～17:40）に、A会場(1311号室)、B会場(1313号室)、D会場(1323号室)、F会場(12号館:1213号室)の4会場で開催します。
- 一般講演（口頭発表）は原則としてコンピューターをプロジェクターにつないで投影する方法で行います。発表ファイルは事前に投影用パソコンにインストールしますので、以下の点に注意して下さい。
- 発表ファイルには、「OP000-name.pptx」や「OP000-name.ppt」のように講演番号と筆頭著者の名前をアルファベットでつけて下さい。
- 口頭発表において用いるパソコンのOSは、Window XPとMac OS X Leopardです。使用アプリケーションは、PowerPoint 2007 (Win) か、PowerPoint 2008 (Mac)、もしくはAdobe Reader 9 (PDF) です。発表ファイルには使用するアプリケーションにあった拡張子を必ずつけて下さい。持ち込みのコンピューターは使用できません。
- Window にはWindow Media Player、MacにはQuick timeが装備されています。発表において映像を用いることもできますが、会場でのコンピューターへのファイルのコピー以外の操作は行いませんので、適切に設定されていない場合写らないなどのトラブルが起きる可能性がありますのでご注意ください。
- 発表ファイル作成後、発表時と同じバージョンのOSとアプリケーションでファイルを開き、問題がないか確認してください。特に旧バージョンのソフトで作成された場合には文字化け等のトラブルやリンク切れなどのトラブルが予想されますので、ご注意ください。発表ファイルは試写室（12号館:1212号室）にて確認することができますが、確認および短時間の微修正以外の使用はお断りします。
- 口頭発表の方は事前に発表に用いるファイルを12号館1階（受付横）までお持ち下さい。

口頭発表前半（13:30～15:30）に発表される方は10:00～12:30の間に、また口頭発表後半（15:40～17:40）で発表される方は10:00～13:30の間にお持ち下さい。また近年、USBメモリーを介したコンピューターウィルスの感染が頻繁に観察されております。多くの方が大会で使用するコンピューターに接続することとなりますので、持ち込まれるUSBメモリーがウイルスに感染することも考えられます。こちらではアンチウイルスソフトウェアなどでチェックはする予定ですが、大会としてはウイルス感染等に対する保障は行いません。安全のためには発表ファイルは使い捨てのCDなどで持ち込まれることをお勧めします。

- 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。ファイルの立ち上げまでは係が行いますが、以後のパソコンの操作は各自でお願いします。また質疑応答中に次の方のファイルの立ち上げを行いますのでご協力をお願いします。
- 座長：各講演者が次の講演の座長をしてください。最初の座長は、大会実行委員会に対応します。

### 一般講演（ポスター発表）注意事項

- 8月22日17:40より駒場コミュニケーションプラザ2階 Dining 銀杏にて行います。
- ポスター会場は8月22日9:30頃に開場します。17:40までには展示を完了して下さい。また20:45までに撤去して下さい。
- ポスター展示ボードの大きさは横90 cm×縦180 cmです。貼り付け用のピンは会場に用意してあります。
- ポスター発表のコアタイムは奇数の講演番号のポスターが17:50-18:40、偶数の講演番号のポスターが18:40-19:30になります。発表者はコアタイムには必ずポスターの前にいてください。

### 公開講演会、シンポジウム、ワークショップでの注意事項

- 個人のコンピューターを接続することも可能ですが、大会の用意するコンピューターも使用することができます（ただし22日のシンポジウムを除く）。大会の用意するコンピューターを利用される場合、企画者が取りまとめて8月19日までに実施委員会にご連絡をお願いします。大会の用意するコンピューターを利用される場合は、口頭発表の注意書きをよくお読みください。

### 懇親会

- 懇親会は8月23日（土）18時から、駒場コミュニティープラザ2階Dining銀杏にて行います。
- 大会開始時点において懇親会の定員に達していない場合のみ当日参加可能となります。早めの申し込みをお奨めします。

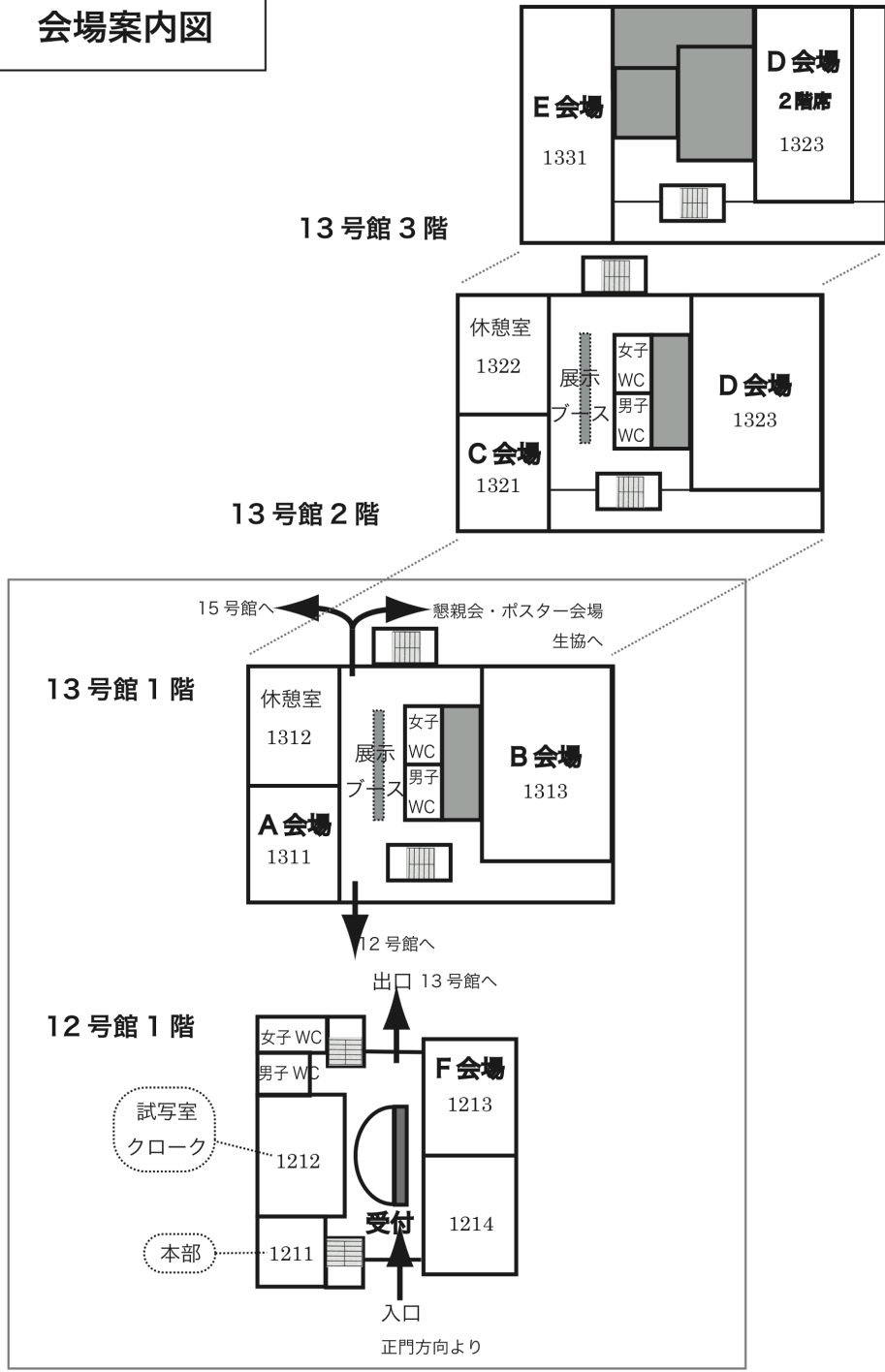
### 会場での飲食等

- 休憩室にはお茶などを用意します。会場内には飲料などの自動販売機もあります。
- 土～日曜はキャンパス内のカフェテリアが閉店します。キャンパス内ではレストラン「ルヴェ・ソン・ベール」と「イタリアントマト」は営業しますが、どちらもあまり広い店ではありませんので（合計100席程度）、会場近くの他の飲食店（飲食店情報をご覧ください）やコンビニ弁当等のご利用もご検討ください。

### 要旨集

- 大会に参加できない方で講演要旨集をご希望の方は、大会実行委員会にお申し込み下さい。一冊1500円（送料込）で承ります。

# 会場案内図



# 大会会場案内図



注意点：駒場キャンパスの正門・坂下門・梅林門・裏門は開いていますが、北門・西門は（おそらく）施錠されています

## 駒場キャンパス周辺の食事処情報

営業時間・営業内容等は、記載の情報から変更になることがあります。

駒場キャンパス内			
名称	場所	営業時間	食事内容と値段の目安
1 ルヴェ・ソン・ヴェール	ファカルティハウス1F	11:00~14:30, 17:00~21:00	お手頃フレンチレストラン, ランチ: ¥800~1000, ディナー: 1800~2500
1 橄欖(かんらん)	ファカルティハウス2F	11:00~14:30, 18:00~21:30	ルヴェ・ソン・ヴェールよりやや高いフレンチ, ランチ: ¥1800~3000, ディナー: ¥4000
2 イタリアントマト	生協食堂となり	平日10:00~19:00, 土日祝10:00~17:00	サンドイッチ, パスタなどの軽食
3 Cafeteria 若葉	生協食堂1F	平日11:00~14:00, 土日休	リーズナブルな学食
駒場キャンパス裏 (北側)			
名称	場所	営業時間	食事内容と値段の目安
4 トラットリア・アマポーラ	富ヶ谷2-21-8	平土11:30~23:00, 日休	イタリアン, ランチ1000円
5 山手ラーメン	富ヶ谷2-21-7	11:00~翌1:00	東大生御用達ラーメン
6 フレッシュネス・バーガー	富ヶ谷2-23	平日10:00~23:00, 日10:00~21:00	ファーストフード・チェーン「フレッシュネス・バーガー」の1号店
駒場キャンパス下 (南側)			
名称	場所	営業時間	食事内容と値段の目安
M マクドナルド	駒場2-1-6 (駅西口改札前)	8:00~20:00	ファーストフード店
7 PIYOKO (ピヨコ)	駒場3-11-14	11:00~19:00, 月休	カフェ, キッシュ, シフォンケーキ
8 Le Ressort (ル・ルソール)	駒場3-11-14	8:00~19:00, 月・第3火休	パン屋, イートインスペースなし
9 満留賀	駒場3-11-6 1F	9:30-21:30, 日休	そば屋
9 楓	駒場3-11-6 2F	11:00~21:30, 日休	お好み焼き・鉄板焼き
10 富くら	駒場2-1-7	11:30~14:00, 17:00~0:00	お好み焼き・鉄板焼き, 飲み屋
11 LUCY	駒場1-32-15	11:00~24:00	カレー屋, 500~600円
12 みしま	駒場1-33-6	平土11:00~14:30, 16:00~19:00, 日休	たこ焼き, 主に持ち帰りだが席もあり, 300~450円
13 菱田屋	駒場1-27-11	11:30~14:00, 18:00~23:00, 土夜のみ, 日休	和食系定食屋, 700円~
14 Lisblanc (リスブラン)	駒場1-27-1	11:00~20:00	ケーキ屋, 軽食ランチあり
15 囃矢 (ごうし)	駒場2-4-6	11:30~14:00 17:00~21:00, 水木定休	ラーメン屋



## 大会日程一覧表

### 8月22日 (金)

	9:30-12:00	13:30-15:30	15:40-17:40	17:40-20:30
A	S1 協力の進化・脳・ゲーム	口頭発表 1 (疫学・共進化)		ポスター発表  コアタイム： 奇数講演番号： 17:50-18:40 偶数講演番号： 18:40-19:30  (駒場コミュニケーションプラザ2階 Dining 銀杏)
B	S2 Coevolution Experiment	口頭発表 2 (分子進化・集団遺伝)		
C	S3 Phylogenetic network	WS1 オルガネラ	WS3 動態と行動	
D	S4 40 <sup>th</sup> Anniversary of Neutral Theory	口頭発表 3 (分子・系統/知覚)		
E	S5 ヒトの生活史	WS2 DNA分類	WS4 ゲノム・トランスクリプトーム	
F		口頭発表 4 (生態・行動)		

### 8月23日 (土)

	9:00-11:30	12:00-14:00	14:10-16:10	16:20-17:50	18:00-20:00
A	WS5 ゲノム解析から自然選択	WS9 タンパク質再構築	WS13 微生物の実験生態・進化	総会 学会賞授賞式 受賞講演  D会場	懇親会  (駒場コミュニケーションプラザ2階 Dining 銀杏)
B	WS6 動物のデザイン	WS10 ロボティクス	WS14 適応遺伝子探索		
C	WS7 哲学からみた進化学	WS11 統合データベース	WS15 系統地理と集団遺伝		
D	WS8 Evolution of Leaves		13:00-16:00 公開講演会 進化で日本を考える		
E	SSE1 メダカの生物学	WS12 人為的環境下の進化	WS16 言語の起源と進化		

### 8月24日 (日)

	9:00-11:30	13:00-15:00	15:15-17:15
A	S6 ゲノム進化のダイナミクス	S10 大進化・論	WS18 進化医学
B	S7 Neo-mutationism	WS17 地球の歴史と生命の進化	S13 バイオミネラリーゼーション
C	S8 Human Evolution	S11 細胞感覚	WS19 速い進化と遅い進化
D	S9 適応進化の遺伝基盤	S12 Evolution of Social Behaviour	WS20 意識の起源と進化
E	SSE2 地球環境変化と進化学	SSE3 分子系統解析	SSE4 植物の生態学

A会場：1311号室 B会場：1313号室 C会場：1321号室  
 D会場：1323号室 E会場：1331号室 F会場：1213号室

## セッション一覧

### 8月22日 (金)

#### シンポジウム 9:30-12:00

会場

S1	協力の進化：社会・脳・ゲーム .....	A
S2	Experimental Coevolution and Theories .....	B
S3	Phylogenetic Networks for Evolutionary Studies .....	C
S4	The 40th anniversary of the neutral theory .....	D
S5	ヒトの生活史 .....	E

#### 一般講演・ワークショップ 13:30-15:30

OP1-4	一般講演（口頭発表）1-4 .....	A, B, D, F
WS1	オルガネラの進化のダイナミズム .....	C
WS2	DNA分類が解き明かす知らされる生物多様性の姿 .....	E

#### 一般講演・ワークショップ 15:40-17:40

OP1-4	一般講演（口頭発表）1-4 .....	A, B, D, F
WS3	個体群動態と行動生態の相互作用がもたらす適応進化 .....	C
WS4	ゲノム・トランスクリプトーム情報から植物の進化に迫る .....	E

#### ポスター発表 17:40-20:30

P	一般講演（ポスター発表） .....	駒場コミュニティープラザ
HP	高校生ポスター発表 .....	駒場コミュニティープラザ

### 8月23日 (土)

#### ワークショップ・夏の学校 9:00-11:30

WS5	ゲノム解析から見える自然選択 .....	A
WS6	動物のデザインの進化をめぐる多元的ダイナミクス .....	B
WS7	哲学はなぜ進化学の問題になるのか（パート3）： 哲学的観点からみた進化生物学の諸問題 .....	C
WS8	Evolution of leaves .....	D
SSE1	メダカの生物学-発生、遺伝、進化から環境科学まで .....	E

#### ワークショップ 12:00-14:00

WS9	祖先型遺伝子、タンパク質再構築による進化史研究 .....	A
WS10	ロボティクスとバイオロジーの連携による 超個体の適応的行動の研究 .....	B
WS11	統合データベースの活用法： ゲノム情報などを使いこなした効率的な研究のために .....	C
WS12	人為的環境下における進化のメカニズム、及び、保全策への応用 .....	E

#### 公開講演会 13:00-16:00

	進化で日本を考える .....	D
--	-----------------	---

### ワークショップ 14:10-16:10

WS13	微生物を使った実験生態学・進化学の展開 .....	A
WS14	適応遺伝子探索の新展開：ゲノム情報を用いたアプローチ .....	B
WS15	ゲノムの多様性から探る生物集団の構造と歴史（2） 系統地理学と集団遺伝学の接点を探る.....	C
WS16	言語の起源と進化.....	E

### 8月24日（日）

#### シンポジウム・夏の学校 9:00-11:30

S6	近縁全ゲノム配列比較から明らかになるゲノム進化のダイナミクス	A
S7	Neo-mutationism and phenotypic evolution .....	B
S8	Natural selection and human evolution.....	C
S9	適応進化を支えた遺伝基盤 .....	D
SSE2	地球環境変化と進化学 .....	E

#### シンポジウム・ワークショップ・夏の学校 13:00-15:00

S10	大進化・論 .....	A
S11	細胞感覚.....	C
S12	Evolution of social behaviour .....	D
WS17	地球の歴史と生命の進化.....	B
SSE3	MEGA4による分子系統解析.....	E

#### シンポジウム・ワークショップ・夏の学校 15:15-17:15

S13	バイオミネラルリゼーションとゲノム進化： 海洋環境から形態形成へ.....	B
WS18	進化医学：分子進化の立場から見た疾病 .....	A
WS19	速い進化と遅い進化：進化の加速機構.....	C
WS20	意識の起源と進化.....	D
SSE4	植物の生態学 .....	E



## 公開講演・シンポジウム・ワークショップ・夏の学校プログラム

### 日本進化学会10周年記念公開講演会「進化で日本を考える」

8月23日 13:00-16:00 D会場

- 【PUB-1】日本の進化学史：極東の岸辺にダーウィンの波紋は広がった 三中信宏（農環研／東大・院・農生）
- 【PUB-2】自然人類学が描く「日本人」のなりたち 篠田謙一（国立科学博物館人類研究部）
- 【PUB-3】方言から日本語のルーツを探る 大西拓一郎（国立国語研究所）
- 【PUB-4】文化と制度から見た日本人の心理 山岸俊男（北海道大学社会科学実験研究センター）

### S1 協力の進化：社会・脳・ゲーム

企画：巖佐庸（九大・院理）

8月22日, 9:30-12:00, A会場

- 【S01-1】協力の進化：社会・脳・ゲーム. 巖佐 庸 (九大・院理)
- 【S01-2】罰の反応関数型の進化と協力レベルについて. ○中丸麻由子<sup>1</sup>, Ulf Dieckmann<sup>2</sup> (1 東工大・社理工, 2 IIASA)
- 【S01-3】空間構造による協力の進化則. ○大槻久<sup>1</sup>, Christoph Hauert<sup>2</sup>, Erez Lieberman<sup>3</sup>, Martin Nowak<sup>4</sup> (1 東工大・社会理工, 2 34ハーバード大・PED)
- 【S01-4】互恵的協力行動の脳神経基盤. ○鈴木真介 (理研・BSI)
- 【S01-5】社会科学における「協力の進化」. ○渡部 幹 (早大・高研)

### S2 Experimental Coevolution and Theories

Organizers: Akira Sasaki (The Graduate University for Advanced Studies) and Takehito Yoshida (Tokyo University)

August 22, 9:30-12:00, Room B

- 【S02-1】Host-parasite arms race in space: theoretical perspective and implication. Akira Sasaki (Department of Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI))
- 【S02-2】Coevolution in space: Effects of spatial structure on a bacteria-phage arms-race. \*Michael Brockhurst<sup>1</sup>, Tom Vogwill<sup>1</sup>, Angus Buckling<sup>2</sup> (1 School of Biological Sciences, Liverpool Univ.; 2 Dept. Zoology, Oxford Univ.)
- 【S02-3】Evolutionary community assembly experiments. Tadashi Fukami (Dept. Zoology, Univ. Hawaii at Manoa)
- 【S02-4】Evolutionary and ecological dynamics of predator-prey systems in microcosms. Takehito Yoshida (University of Tokyo)

### S3 Phylogenetic Networks for Evolutionary Studies

Organizer: Naruya Saitou (National Institute of Genetics)

August 22, 9:30-12:00, Room C

- 【S03-1】Welcome to World of Phylogenetic Network! Saitou Naruya (National Institute of Genetics)
- 【S03-2】Phylogenetic Supernetworks. Stefan Grunewald (Chinese Academy of Sciences & Max Planck Partner Institute for Computational Biology)
- 【S03-3】Identification of phylogenetic networks under model misspecification. Hidetoshi Shimodaira (Tokyo Institute of Technology)
- 【S03-4】Relic of ancient recombinations deciphered through phylogenetic network analysis. ○Takashi Kitano<sup>1</sup> (1 Ibaraki Univ.・College of Engineering)

## S4 The 40th anniversary of the neutral theory

Organizer: Naoyuki Takahata (The Graduate University for Advanced Studies)

**August 22, 9:30-12:00, Room D**

- [S04-1] **THE IMPORTANCE OF KIMURA'S NEUTRAL THEORY IN MOLECULAR EVOLUTION TODAY.** William Provine (Dep Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University)
- [S04-2] **The Nearly Neutral Theory in Genome Era.** Tomoko Ohta (National Institute of Genetics)
- [S04-3] **The neutral theory of molecular evolution: Origins, growth, and current status.** Masatoshi Nei (The Pennsylvania State University)

## S5 ヒトの生活史

企画者：颯田 葉子（総研大・葉山高等研究センター）

**8月22日 9:30-12:00 E会場**

- [S05-1] **ヒトの生活史とヒト固有の性質の進化.** 長谷川眞理子（総研大・先導研）
- [S05-2] **ヒトの生活史におけるビタミンD—今日の高齢社会の視点から—** 鈴木隆雄（東京都老人研・副所長）
- [S05-3] **ヒトの成長・加齢パターンの進化.** ○濱田 穰（京大・霊研）
- [S05-4] **ネオテニー仮説の再検討.** 尾本恵市（総研大・シニア上級研究員）

## S6 近縁全ゲノム配列比較から明らかになるゲノム進化のダイナミックス

企画者：小林 一三（東大・メディカルゲノム）

**8月24日 9:00-11:30 A会場**

- [S06-1] **近縁多数系列の全ゲノム配列比較解析の展望.** ○小林一三、河合幹彦、鶴剛史（東大・メディカルゲノム）
- [S06-2] **ヒト腸内常在菌のゲノム及びメタゲノム解析.** ○服部正平<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大院・新領域）
- [S06-3] **ゲノム進化過程の解明に向けた近縁細菌ゲノム比較のインフォマティクス.** ○内山郁夫（基生研）
- [S06-4] **全ゲノム配列比較で解明するブドウ球菌属の病原性と薬剤耐性.** ○馬場 理<sup>1</sup>、平松啓一<sup>1</sup>（<sup>1</sup>順天堂大・医・細菌）
- [S06-5] **レンサ球菌のゲノム解析に基づく進化と多様性獲得機構の解析.** 中川一路（東大・医科研・感染症国際研究センター）

## S7 Neo-mutationism and phenotypic evolution

Organizers: Naoko Takezaki (Kagawa University) and Tatsuya Ota (The Graduate University for Advanced Studies)

**August 24, 9:00-11:30, Room B**

- [S07-1] **The new mutation theory of phenotypic evolution.** Masatoshi Nei (The Pennsylvania State University)
- [S07-2] **Elucidation of phenotypic adaptations: molecular analyses of dim-light vision proteins.** Shozo Yokoyama (Department of Biology, Emory University)
- [S07-3] **SINEの挿入によって哺乳動物の脳は作られた？** 岡田典弘（東工大、生命理工）
- [S07-4] **頭部形成におけるOtxシス配列のevolution.** 相沢慎一（CDB、理研神戸）
- [S07-5] **The evolution of the central nervous system from viewpoint of comparative genomics.** Takashi Gojobori (National Institute of Genetics)

## S8 Natural selection and human evolution

Organizer: Ituro Inoue (Tokai University)

August 24, 9:00-11:30, Room C

- [S08-1] **Natural selection in bitter taste receptor genes.** Stephen Wooding (The McDermott Center for Human Growth and Development University of Texas)
- [S08-2] **ゲノムワイドSNP解析で同定されたヒト集団の自然選択の痕跡.** 木村 亮介 (東海大学医学部)
- [S08-3] **Deleterious Mutations and Human Diseases: Genomic Perspective.** 長田 直樹 (独立行政法人 医薬基盤研究所)
- [S08-4] **ヒト疾患へのダーウィン医学的アプローチ.** 井ノ上 逸朗 (東海大学総合医学研究所)

## S9 適応進化を支えた遺伝基盤

企画者: 大島 一正、長谷部 光泰 (基生研・生物進化)

8月24日 9:00-11:30 D会場

- [S09-1] **鱗翅目昆虫の擬態紋様形成の遺伝的基盤.** ○藤原晴彦1、山口淳一1、二橋亮1・2、岡本俊1、三田和英2、山本公子2 (1東大・院新領域、2農業生物資源研)
- [S09-2] **昼咲きから夜咲きへの進化: F2雑種を使った野外実験とESTによる候補遺伝子探索.** ○矢原 徹一・廣田 峻・新田 梢・安元 暁子 (九大・院理)
- [S09-3] **異生態タイプ間異質倍数体 (IETA: Inter-ecological-type allopolyploid) 形成を介した適応放散.** 工藤洋 (京大・生態研)
- [S09-4] **トゲウオの種分化とその遺伝的基盤.** ○北野潤1、Joseph Ross1、森誠一2、久米学3、Catherine L. Peichel1 (1Fred Hutchinson Cancer Res Center、2岐阜経済大、3自然共生研究センター)
- [S09-5] **複合形質の遺伝基盤: 植食性昆虫における寄主転換のメカニズム.** ○大島一正、長谷部光泰 (基生研・生物進化)

## S10 大進化・論

企画者: 五條堀 孝 (遺伝研/総研大)

8月24日 13:00-15:00 A会場

- [S10-1] **形態進化と分子進化の関連-カンブリア爆発と遺伝子の多様化を中心に-** 宮田 隆 (生命誌研究館)
- [S10-2] **Evolutionary conserved non-coding sequence 1Mb away from the Shh coding region acts as limb bud-specific Shh enhancer.** Toshihiko Shiroishi (National Institute of Genetics)
- [S10-3] **大進化を論じるためのオミックス的基盤を考える.** 五條堀 孝 (国立遺伝学研究所・総合研究大学院大学)

## S11 細胞感覚

企画者: 富永 真琴 (生理学研究所・細胞生理部門)

8月24日 13:00-15:00 C会場

- [S11-1] **TRPチャンネルを介した温度受容の多様性: 哺乳類とショウジョウバエの比較から.** 富永真琴 (岡崎統合バイオサイエンスセンター (生理学研究所) 細胞生理部門)
- [S11-2] **電位センサー蛋白の多様性から見た細胞膜電位シグナル伝達機構の進化.** 岡村康司1、Thomas McCormack 2、黒川竜紀1、斎藤成也3 (1 大阪大学大学院医学系研究科、2 生理学研究所、3 国立遺伝学研究所)
- [S11-3] **嗅覚メカニズムの進化的変遷: 昆虫と哺乳類の匂い受容体をモデルに.** 東原和成 (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)

## S12 Evolution of social behaviour

Organizer: Mariko Hasegawa (The Graduate University for Advanced Studies)

**August 24, 13:00-15:00, Room D**

- [S12-1] **The evolution of menopause in humans and cetaceans: new insights into an enduring puzzle.** \*Michael Cant<sup>1</sup>, Rufus Johnstone<sup>2</sup> (1. Centre for Ecology and Conservation, Exeter Univ; 2. Dept Zoology, Cambridge Univ.)
- [S12-2] **The cuckoo fungus manipulates termite behavior by the sophisticated egg mimicry.** ○Kenji Matsuura (Okayama University)
- [S12-3] **How (not) to build consensus in eusocial naked mole-rats.** \*Nobuyuki Kutsukake<sup>1,2</sup>, Masayuki Inada<sup>2</sup>, Kazuo Okanoya<sup>2</sup> (1 Dept. Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies; 2 RIKEN BSI)

## S13 バイオミネラリゼーションとゲノム進化：海洋環境から形態形成へ

企画者：岩瀬 峰代 (総研大・葉山高等研究センター)

**8月24日 15:15-17:15 B会場**

- [S13-1] **過去、現在、未来における海洋化学環境と炭酸カルシウム合成生物の進化.** 栗原晴子 (長崎大学・海セ)
- [S13-2] **貝殻基質タンパク質に見られるダイナミックな適応進化.** ○遠藤一佳, 更科功 (筑波大・生命環境)
- [S13-3] **ゲノムが新しい構造を生み出すロジック：脊椎動物の軟骨進化から.** ○和田 洋 (筑波大・院生命環境)
- [S13-4] **脊椎動物における硬組織の起源と多様性の進化：ゲノム重複と縦列遺伝子重複.** ○川崎和彦 (ペンシルバニア州立大・人類学)

## WS1 オルガネラの進化のダイナミズム

企画者：早川 敏之 (大阪大)

**8月22日 13:30-15:30 C会場**

- [WS01-1] **細胞内共生の終着駅？：貝類寄生虫パーキンサスの色素体** ○松崎素道 (東大・院医・生物医化学)
- [WS01-2] **原虫におけるメンブレントラフィックの多様性** ○中野由美子<sup>1</sup>、中野賢太郎<sup>2</sup>、野崎智義<sup>1</sup> (1国立感染研・寄生動物、2筑波大学・院・生命環境・構造生物学)
- [WS01-3] **赤痢アメーバ原虫のミトコンドリア残存オルガネラmitosomeの特殊性～その機能と役割～** ○見市 文香<sup>1</sup>、野崎智義<sup>2</sup> (1群大・医、2国立感染症研究所・寄生動物部)
- [WS01-4] **ミトコンドリアタンパク質合成系の進化：線形動物を中心に** ○渡邊洋一 (東大・院医)

## WS2 DNA分類が解き明かす知らざれる生物多様性の姿

企画者：奥山 雄大 (岩手生物工学研究センター)、村上 哲明 (首都大)

**8月22日 13:30-15:30 E会場**

- [WS02-1] **被子植物における種概念とDNA分類 ～東アジア産チャルメルソウ属をモデルとして～** ○奥山雄大<sup>1</sup> (1岩手生物工学研究センター)
- [WS02-2] **シダ植物の配偶体フロラ ～分子同定で見えてきたもう一つの世界～** 海老原淳 (科博・植物)
- [WS02-3] **菌根性キノコ類オニグチ属における隠蔽種の識別と宿主特異性の解析～DNA情報を用いて～** ○佐藤博俊<sup>1</sup> (首都大・院理工)
- [WS02-4] **好蟻性昆虫の形態進化の可塑性と寄主への適応.** 丸山宗利 (九大博)
- [WS02-5] **真洞窟性陸貝ホラアナゴマオカチグサの驚くべき多様性.** ○亀田勇一<sup>1</sup>、福田宏<sup>2</sup>、加藤真<sup>1</sup> (1京大・院人環、2岡山大・農)



### WS3 個体群動態と行動生態の相互作用がもたらす適応進化

企画者：中桐 斉之（兵庫県立大）、向坂 幸雄（茨城県立医療大）

8月22日 15:40-17:40 C会場

- 【WS03-1】なぜみんなが働かないのか？ -アリの社会における無駄の意味- ○長谷川英祐、石井康規（北大・院農）
- 【WS03-2】配偶子の行動と異型性の進化. ○富樫辰也<sup>1</sup>、宮崎龍雄<sup>1</sup>（<sup>1</sup>千葉大学海洋バイオシステム研究センター）
- 【WS03-3】同時雌雄同体の種間対称な交尾前隔離と種間非対称な交尾中隔離. ○浅見崇比呂<sup>1</sup>、Amporn Wiwegweaw<sup>1</sup>、杉 緑<sup>1</sup>、関 啓一<sup>2</sup>（<sup>1</sup>信州大・理、<sup>2</sup>東邦大・理）
- 【WS03-4】雄と雌の出会いから見た進化. ○吉村 仁（静大・院創造）
- 【WS03-5】絶滅するESS性比. ○小林和也（北大・農・動物生態）

### WS4 ゲノム・トランスクリプトーム情報から植物の進化に迫る

企画者：伊藤 剛（農業生物資源研究所）、花田 耕介（理研）、長谷部 光泰（基生研）

8月22日 15:40-17:40 E会場

- 【WS04-1】マメ科植物の比較ゲノム解析 ○佐藤 修正、中村 保一、金子 貴一、浅水 恵理香、加藤 友彦、田畑 哲之（かずさDNA研究所）
- 【WS04-2】次世代シーケンサーによるイネゲノム解読とSNP検出 ○長崎 英樹、中嶋 舞子、堀 清純、江花 薫子、矢野 昌裕（(独) 農業生物資源研究所 QTLゲノム育種研究センター）
- 【WS04-3】タイリングアレイを用いた環境ストレス応答に関するトランスクリプトーム解析 ○関原 明<sup>1,2</sup>、松井章浩<sup>1</sup>、石田順子<sup>1</sup>、諸澤妙子<sup>1</sup>、金鍾明<sup>1</sup>、栗原志夫<sup>1</sup>、岡本昌憲<sup>1</sup>、中南健太郎<sup>1</sup>、藤泰子<sup>1</sup>、川嶋真貴子<sup>1</sup>、田中真帆<sup>1</sup>、神沼英里<sup>3</sup>、遠藤高帆<sup>3</sup>、望月芳樹<sup>3</sup>、小林 紀郎<sup>3</sup>、花田耕介<sup>4</sup>、豊田哲郎<sup>3</sup>、篠崎一雄<sup>4</sup>（<sup>1</sup>理研PSC・植物ゲノム発現研究チーム、<sup>2</sup>横浜市立大・木原生物学研・植物ゲノム発現制御システム、<sup>3</sup>理研・生命情報基盤研究部門、<sup>4</sup>理研PSC・機能開発研究グループ）
- 【WS04-4】体細胞から幹細胞への分化転換における動物と植物の違い ○倉田 哲也<sup>1</sup>、西山 智明<sup>1,2</sup>、長谷部 光泰<sup>1,3,4</sup>（<sup>1</sup>JST・ERATO、<sup>2</sup>金沢大・学際・ゲノム機能、<sup>3</sup>基生研・生物進化、<sup>4</sup>総研大）
- 【WS04-5】シロイヌナズナ重複遺伝子が持つ冗長性機能とその役割 ○花田耕介、篠崎一雄（理化学研究所 植物科学研究センター）
- 【WS04-6】ゲノムデータに基づくオルガネラ移行シグナル配列の獲得過程の予測 ○堀孝一、関根靖彦（立教大学・理）

### WS5 ゲノム解析から見える自然選択

企画者：鈴木 善幸（遺伝研）

8月23日 9:00-11:30 A会場

- 【WS05-1】 False-positive results obtained from the branch-site test of positive selection ○鈴木善幸<sup>1</sup>（<sup>1</sup>遺伝研・生命情報DDBJ）
- 【WS05-2】負の選択圧を受けている新規の小さい遺伝子の機能探索 ○花田耕介、篠崎一雄（理化学研究所 植物科学研究センター）
- 【WS05-3】ヒト系統におけるシアル酸関連分子の進化 早川敏之（阪大・微研）
- 【WS05-4】ゲノム解析から見える自然選択は本当か？ 田村浩一郎（首都大・院理工）
- 【WS05-5】嗅覚受容体遺伝子ファミリーの進化：自然選択とゲノム浮動 野澤昌文（ペンシルバニア州立大・分子進化遺伝学研究所）
- 【WS05-6】霊長類における精子競争とY染色体の進化 後藤大輝（ペンシルバニア州立大学 比較ゲノム・バイオインフォマティクスセンター）

## WS6 動物のデザインの進化をめぐる多元的ダイナミクス

企画者：鈴木 誉保（理研）、三浦 徹（北海道大）

8月23日 9:00-11:30 B会場

- 【WS06-1】 発生の可塑性は、進化可能性となりうるか？ ○三浦徹（北大・地球環境）
- 【WS06-2】 ショウジョウバエ模様の種内多型について。○高橋文（遺伝研・集団遺伝）
- 【WS06-3】 シクリッドの進化発生学：適応進化した東アフリカ湖産シクリッドの形態進化を調べるための発生学的基盤。○藤村衛至、岡田典弘（東工大・院生命理工）
- 【WS06-4】 数理モデルで繋ぐ形態とネットワーク：節足動物の体節形成の進化。○藤本仰一（JST・複雑系生命）
- 【WS06-5】 拘束と変形が生み出す形態デザイン：隠蔽擬態した蛾の枯葉模様の進化。○鈴木誉保、倉谷滋（理研・CDB）

## WS7 哲学はなぜ進化学の問題になるのか（パート3）：哲学的観点からみた進化生物学の諸問題

企画者：森元 良太（慶応大）

8月23日 9:00-11:30 C会場

- 【WS07-1】 【種】に楯突けば角が立つ：種問題の光と闇 ○三中信宏（農業環境技術研究所／東大・院・農学生命科学）
- 【WS07-2】 知識としての進化学 ○森元良太（慶応大・非常勤講師）
- 【WS07-3】 遺伝情報を考える—発生のもたらす階層性— ○石田知子（慶大・院文）
- 【WS07-4】 文化進化理論における哲学的諸問題 ○中尾央（京大・院文）
- 【WS07-5】 進化心理学の論理の批判的考察 ○松本俊吉（東海大・准教授）
- 【WS07-6】 生物学における「個体」と階層性 ○田中泉吏（京大・院文）

## WS8 Evolution of leaves

Organizer: Hirokazu Tsukaya (Tokyo Univ., NIBB)

August 23, 9:00-11:30 Room D

- 【WS08-1】 **Overview: Evolution of leaves** Hirokazu Tsukaya (1 Graduate School of Science, the University of Tokyo; 2NIBB)
- 【WS08-2】 **Towards Understanding Evolutionary Diversification in Leaf Form** \*Miltos Tsiantis, Angela Hay, Michalis Barkoulas, Alex Tattersall, Paolo Piazza, Evangeia Kouyoumoutzi, Huw Jenkins, Gemma Bilsborough and Carla Galinha (Dept. of Plant Sciences, University of Oxford)
- 【WS08-3】 **Coordination of leaf development by KNOX1 genes via evolutionarily conserved regulation.** ○Naoyuki Uchida<sup>1</sup>、Neelima Sinha<sup>2</sup> (1奈良先端大・バイオ、2UC-Davis・Plant Biology)
- 【WS08-4】 **Genetic Framework for Development and Evolution of Unifacial Leaves in Monocots** Takahiro Yamaguchi<sup>1</sup>\* and Hirokazu Tsukaya<sup>2</sup> (1. National Institute for Basic Biology.; 2. Grad. Sch. Sci, U. Tokyo)
- 【WS08-5】 **The origin and evolution of shoot system in land plants** Mitsuyasu Hasebe (National Institute for Basic Biology)

## WS9 祖先型遺伝子、タンパク質再構築による進化史研究

企画者：小川 智久（東北大）、山岸 明彦（東京薬科大）

8月23日 12:00-14:00 A会場

- 【WS09-1】 全生物の共通の祖先超好熱菌仮説の実験的検証 ○山岸明彦（東薬大・生命）
- 【WS09-2】 祖先型タンパク質再構築による魚類ガレクチンの加速的適応進化過程の解析 ○小川智久

- 1、今野 歩<sup>1</sup>、村本光二<sup>1</sup>、白井 剛<sup>2</sup> (1東北大・院生命、2長浜バイオ大)
- 【WS09-3】 祖先型推定によるアルカリ適応進化の解析 ○白井 剛 (長浜バイオ・バイオサイエンス)
- 【WS09-4】 祖先配列推定によるオプシン吸収波長の進化的推移の復元 ○河村正二、松本圭史、知念秋人 (東大・院新領域)
- 【WS09-5】 祖先配列の最尤推定に基づく PGI および ALD タンパク質電荷の進化解析 ○佐藤行人、西田睦 (東京大学海洋研究所)

## WS10 ロボティックスとバイオロジーの連携による超個体の適応的行動の研究

企画者：辻 和希 (琉球大)

8月23日 12:00-14:00 B会場

- 【WS10-1】 移動知と社会適応 ○浅間 一 (東大・人工物)
- 【WS10-2】 アリのコロニー帰属性と社会的攻撃行動に関する神経基盤 ○尾崎まみこ<sup>1</sup>、城所碧<sup>1</sup>、岩野正晃<sup>1</sup>、花井一光<sup>2</sup> (1)
- 【WS10-3】 8の字ダンスによるミツバチコロニーの採餌戦略 岡田龍一 (徳島文理大学香川薬学部)
- 【WS10-4】 アリロボットが示す適応的行動と自律分散制御 ○菅原研 (東北学院大・教養)
- 【WS10-5】 アリのコロニーサイズ依存的自律分散制御機構の進化とポリシング ○辻 和希<sup>1</sup>、菊地友則<sup>1</sup>、大西一志<sup>1</sup>、大槻 久<sup>2</sup> (1.琉球大・農、2東工大・院社会理工学)

## WS11 統合データベースの活用法:ゲノム情報などを使いこなした効率的な研究のために

企画者：金子 聡子 (お茶の水女子大学・生命情報学教育研究センター)

8月23日 12:00-14:00 C会場

- 【WS11-1】 統合データベースプロジェクトとライフサイエンス統合データベースセンター ○坊農秀雅 (大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)
- 【WS11-2】 統合TV: 動画によるデータベースの使い方講座 ○河野 信 (大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)
- 【WS11-3】 統合データベースプロジェクトにおける人材育成活動の紹介 金子聡子 (お茶の水女子大学 生命情報学教育研究センター)
- 【WS11-4】 KazusaAnnotation Suite : 植物関連生物ゲノム情報統合の試み ○岡本 忍、中尾光輝、藤澤貴智、中村保一 (かずさDNA研究所)

## WS12 人為的環境下における進化のメカニズム、及び、保全策への応用

企画者：北野 潤 (Fred Hutchinson Cancer Research Center)、森 誠一 (岐阜経済大)

8月23日 12:00-14:00 E会場

- 【WS12-1】 環境変化に伴う急速適応のメカニズム及び保全策への応用 ○北野潤<sup>1</sup>・森誠一<sup>2</sup>・久米学<sup>3</sup> (1Fred Hutchinson Cancer Research Center、2岐阜経済大、3土木研・自然共生研究センター)
- 【WS12-2】 硬骨魚イトヨにおける逆行進化のメカニズム ○北野潤<sup>1</sup>、Dan Bolnick<sup>2</sup>、David Beauchamp<sup>3</sup>、Michael Mazur<sup>3</sup>、森誠一<sup>4</sup>、中野孝教<sup>5</sup>、Catherine L. Peichel<sup>1</sup> (1Fred Hutch、2テキサス大、3USGS・ワシントン大、4岐阜経済大、5総合地球環境研)
- 【WS12-3】 環境攪乱下における遺伝的緩衝作用と表現型可塑性の果たす役割 ○平手良和<sup>1</sup>、Wyming Lee Pang<sup>2</sup>、Jeff Hasty<sup>2</sup>、Suzannah Rutherford<sup>1</sup> (1フレッドハッチンソンがん研究センター、2カリフォルニア大学サンディエゴ校)
- 【WS12-4】 地球温暖化に伴うメダカ的生活史の可塑的变化と適応進化 山平寿智 (新潟大・理)
- 【WS12-5】 海洋環境変化と生物の小進化：日本海から学ぶ ○小北智之 (福井県大・生物資源)

## WS13 微生物を使った実験生態学・進化学の展開

企画者：岸本 利彦 (東邦大)、森 光太郎 (大阪大)

8月23日 14:10-16:10 A会場

- 【WS13-1】大腸菌を使った耐熱化実験進化系の中で出現した相互作用を中心とした現象の解析 ○岸本利彦<sup>1</sup>、四方哲也<sup>2</sup> (1東邦大・理、2大阪大・院・情報科学)
- 【WS13-2】実験的に細胞内共生系の構築を目指す ○森光太郎<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2,3</sup> (1阪大・院生命機能、2阪大・院情報、3ERATO・JST)
- 【WS13-3】大腸菌を用いた共存系の構築 柏木 明子 (弘大・農学生命)
- 【WS13-4】自立型マイクロコズムを用いた細胞内共生の進化と生態系のモジュール化の解析 中島敏幸 (愛媛大・院理工)
- 【WS13-5】マイクロコズムを用いた実験から見えてくるもの：細胞外DNAとメタトランスクリプトーム解析 ○石井伸昌<sup>1</sup>、府馬正一<sup>1</sup>、中森泰三<sup>1</sup>、川端善一郎<sup>2</sup> (1独立行政法人 放射線医学総合研究所 環境放射線影響研究グループ、2大学共同利用機関法人 人間文化研究機構 総合地球環境学研究所)

## WS14 適応遺伝子探索の新展開：ゲノム情報を用いたアプローチ

企画者：橋口 康之 (東大)、西田 睦 (東大)

8月23日 14:10-16:10 B会場

- 【WS14-1】イトヨ嗅覚受容体遺伝子群における適応進化の網羅的探索 ○橋口康之<sup>1</sup>・西田 睦<sup>1</sup> (1東大・海洋研)
- 【WS14-2】ゲノムワイドSNPタイピングチップを用いたオセアニア人類集団における自然選択の探索 木村 亮介 (東海大・助教)
- 【WS14-3】ヒトとメダカの集団比較ゲノム学 太田博樹 (東大・院新領域)
- 【WS14-4】高山寒冷適応のゲノム基盤：シロイヌナズナ近縁種を用いたタイリングアレイ解析 森長真一 (九大・院理)
- 【WS14-5】ゲノムワイドSNPデータベースを用いた毛髪の状態決定遺伝子の探索 ○藤本明洋<sup>1</sup>・<sup>2</sup>、木村亮介<sup>3</sup>、大橋順<sup>1</sup>、角田達彦<sup>2</sup>、徳永勝士<sup>1</sup> (1東大・医学部、2理研・ゲノム医科学研究センター、3東海大・医学部)

## WS15 ゲノムの多様性から探る生物集団の構造と歴史(2) 系統地理学と集団遺伝学の接点を探る

企画者：館田 英典 (九州大)、高橋 亮 (遺伝研)

8月23日 14:10-16:10 C会場

- 【WS15-1】DNA 配列の多様性から探る種分化の機構：ヒトーチンパンジーの分岐を例に 高橋亮 (遺伝研)
- 【WS15-2】塩基配列データに自然選択の痕跡を探る ○手島康介 (総研大)
- 【WS15-3】汎熱帯海流散布植物の系統地理：全球レベルのDNA多型解析 高山浩司<sup>1,2</sup>○ (1JSPS 特別研究員、2千葉大・院理)
- 【WS15-4】DNA多型の解析方法と集団遺伝学的背景 ○角友之 (総研大・葉山)

## WS16 言語の起源と進化

企画者：橋本 敬 (北陸先端科学技術大)、岡ノ谷 一夫 (理研)

8月23日 14:10-16:10 E会場

- 【WS16-1】イントロダクション：言語を支える能力の進化からなにが見えるか ○橋本敬<sup>1</sup>、岡ノ谷一夫<sup>2</sup> (1JAIST・知識、2理研BSI)

- 【WS16-2】 コミュニケーション能力の進化において繰り返し生じるボールドウィン効果 ○鈴木麗  
 壘、有田隆也 (名大・院情報科学)
- 【WS16-3】 言語と社会性の起源 ～自閉症治療からの示唆～ 北澤茂 (順天堂大学医学部)
- 【WS16-4】 胎児・新生児における知覚—運動マッチング能力とその進化的基盤 明和政子 (京都大  
 学大学院教育学研究科)
- 【WS16-5】 認知考古学からみた心の進化 時津裕子 (産業技術総合研究所 認知行動システム研究グ  
 ループ)

## WS17 地球の歴史と生命の進化

企画者：岡田 典弘 (東工大)、丸山 茂徳 (東工大)

8月24日 13:00-15:00 B会場

- 【WS17-1】 河からゲノムまでを包含する新しい生命進化論の提唱 丸山茂徳 (東京工業大学)
- 【WS17-3】 全球凍結からカンブリア紀初期の環境変動とその生命進化への役割の解明 小宮剛 (東  
 工大・院理工)
- 【WS17-4】 レトロポゾンを指標とした有胎盤類の初期系統進化 ○西原秀典1、丸山茂徳2、岡田典  
 弘1 (1東工大・院生命理工、2東工大・院理工)

## WS18 進化医学：分子進化の立場から見た疾病

企画者：藤 博幸 (九州大)、由良 敬 (お茶の水女子大)

8月24日 15:15-17:15 A会場

- 【WS18-1】 霊長類におけるToll-like receptor(TLR)関連遺伝子の分子進化と自然選択 ○中島敏晶  
 1、2、大谷仁志2、 颯田葉子3、 宇野泰広4、 明里宏文5、 石田貴文6、 木村彰  
 方1、2 (1東医歯大・難研、2東医歯大・院疾生、3総研大、4新日本科学、5医薬基盤研、  
 6東大・院理)
- 【WS18-2】 著しい集団分化を示す可視的形態形質の表現型と関連する遺伝子多型の探索 藤本明洋  
 1、木村亮介2、○大橋順3 (1理研・ゲノム医科学研究センター、2東海大・医・法医、3  
 筑波大・人間総合科学・生命システム医学)
- 【WS18-3】 統合失調症関連遺伝子としてのグルタミン酸受容体遺伝子群の分子進化的解析 ○柴田  
 弘紀 (九大・生医研)
- 【WS18-4】 核内受容体-リガンド相互作用の進化的解析 ○白井 剛 (長浜バイオ・バイオサイエン  
 ス)
- 【WS18-5】 ヒト精神活動関連遺伝子<math>ASAH1</math>における正の自然選択 ○金慧琳1、高畑尚之1、  
 颯田葉子1 (1総合研究大学院大学・葉山高等研究センター)

## WS19 速い進化と遅い進化：進化の加速機構

企画者：林 文男 (首都大)

8月24日 15:15-17:15 C会場

- 【WS19-1】 軍拡競争：ゾウムシの口吻とツバキ果実の共進化 ○東樹宏和 (産総研)
- 【WS19-2】 形質置換：カワトンボの種間交雑と種内多型 林文男 (首都大・生命)
- 【WS19-3】 機能転移：ショウジョウバエの交尾器の数の進化 ○上村佳孝 (慶大・商)
- 【WS19-4】 前適応：ショウジョウバエの味覚変異と食草転換 ○松尾隆嗣 (首大・理工)
- 【WS19-5】 多面発現：アゲハチョウ幼虫の発色機構と紋様形成 ○二橋亮1,2・藤原晴彦1 (1東大  
 ・新領域・先端生命、2生物研)

## WS20 意識の起源と進化

企画者：池上 高志（東大・総合文化研究科）

8月24日 15:15-17:15 D会場

【WS20-1】 Coupling/Decoupling dynamicsとしての意識 池上 高志（東大・総合文化研究科）

【WS20-2】 意識における相互作用同時性 茂木 健一郎（ソニーコンピュータサイエンス研究所）

【WS20-3】 時間と時計 郡司ベギオ-幸夫（神戸大・理学研究科）

【WS20-4】 意識的な記号的計算の背後にある非記号的なダイナミクス ○杉田祐也 谷淳（理化学研究所 脳科学総合研究センター）

【WS20-5】 意識の進化 岡ノ谷一夫（理研・脳センター）

【WS20-6】 2匹のサル of 相互作用にみる意識起源の考察 ○藤井 直敬<sup>1</sup>（1理研）

## SSE1 メダカの生物学 ---発生、遺伝、進化から環境科学まで---

企画者：成瀬 清（基生研・バイオリソース）

8月23日 9:30-12:00 E会場

【SSE1-1】 誰でも性は変わりうる？～性分化に影響を与える生殖細胞 田中実（基礎生物学研究所・生殖遺伝学研究室）

【SSE1-2】 メダカ属魚類を用いたアジアの環境モニタリングの試み ○木下政人<sup>1</sup>、○井上広滋<sup>2</sup>（1京大・院農、2東大・海洋研）

【SSE1-3】 メダカの量的形質とその遺伝学的解析 ○新屋みのり<sup>1</sup>、<sup>2</sup>（1遺伝研・系統生物研究センター、2総研大）

【SSE1-4】 フグとメダカの比較から見える魚類ゲノムの進化 ○菊池潔（東大・水実）

## SSE2 地球環境変化と進化学

企画者：河田 雅圭（東北大・生命科学）

8月24日 9:00-11:30 E会場

【SSE2-1】 温暖期地球の生物はどうなったか？—地球史から温暖化世界をみる— 鈴木紀毅（東北大・院理）

【SSE2-2】 地球温暖化による生物進化と生物多様性の変化 河田雅圭（東北大・生命科学）

## SSE3 MEGA4による分子系統解析

企画者：田村 浩一郎（首都大・院理工）

8月24日 13:00-15:00 E会場

【SSE3】 MEGA4による分子系統解析 田村浩一郎（首都大・院理工）

## SSE4 植物の生態学

企画者：矢原徹一（九大・院理）

8月24日 15:15-17:15 E会場

【SSE4】 植物の生態学 矢原徹一（九大・院理）



## 口頭発表 8月22日

### A 会場

13:30 【OP1-01】イチジク属送粉コバチの宿主転換の可能性について。○蘇 智慧<sup>1</sup>、東 浩司<sup>2</sup> (1JT 生命誌研究館、2京大・院理)

13:45 【OP1-02】 数理モデルによるマツノザイセンチュウ病の流行解析—抵抗性マツ導入の影響について—。○井碓直行<sup>1</sup>、佐々木顕<sup>2</sup> (1九大・院理、2総研大・生命共生体進化)

14:00 【OP1-03】 細胞内共生細菌スピロプラズマによるヒメトビウカの性比偏向。○真田幸代<sup>1</sup>、松村正哉<sup>1</sup>、野田博明<sup>2</sup> (1九州農研、2農生研)

14:15 【OP1-04】 昆虫の植物適応を変化させる共生細菌の生理機構の解析。○1土'田努、2松山茂、3古賀隆一、4服部誠、1松本正吾、3深津武馬 (1理研、2筑波大、3産総研、4生物資源研)

14:30 【OP1-05】 ミトコンドリアかボルバキアか? :細胞内共生体の2つの戦略の進化。○山内淳<sup>1,2</sup>、Arndt Telschow<sup>1,3</sup> (1京大・生態研センター、2JST・さががけ、3ミューンスター大学・進化、生物多様性研究所)

14:45 【OP1-06】 トコジラミと Wolbachia の相利共生。○細川貴弘、古賀隆一、孟憲英、菊池義智、深津武馬 (産総研・生物機能工学)

### B 会場

【OP2-01】 大量遺伝子情報を用いた原核生物の系統解析。○堀池徳祐<sup>1</sup>、宮田大輔<sup>2</sup>、館野義男<sup>3</sup> (1 国立遺伝研・総合遺伝、2 千葉商科大・商経、3 国立遺伝研・生命情報)

【OP2-02】 脊椎動物のトランスポゾン:ToI1 因子の転移酵素遺伝子はメダカ自然集団で完全な消滅に至っていない。○古賀 章彦<sup>1</sup>、濱口 哲<sup>2</sup>、酒泉 満<sup>2</sup> (1 名古屋大・理、2 新潟大・理)

【OP2-03】 硬骨魚類孵化酵素の卵膜分解機構における機能進化。○佐野香織<sup>1</sup>、川口眞理<sup>2</sup>、井内一郎<sup>3</sup>、安増茂樹<sup>3</sup> (1上智大・理工・生物科学、2東大・海洋研、3上智大・理工・物質生命)

【OP2-04】 パラオ諸島海水湖におけるトウゴロウイワシ科魚類の進化の初期過程。○後藤亮<sup>1</sup>、千葉悟<sup>1</sup>、後藤禎補<sup>1</sup>、半澤直人<sup>2</sup> (1山大・院理工、2山大・理)

【OP2-05】 遺伝子変換の偏りと多重遺伝子族の協調進化速度。○間野修平 (名市大・院システム自然科学)

【OP2-06】 CDSの劇的な進化を可能にするプロセス型遺伝子重複。○佐藤慶治<sup>1</sup>、坂手龍一<sup>1</sup>、武田淳一<sup>1</sup>、五條堀孝<sup>1,2</sup>、今西規<sup>1</sup> (1. 産総研 バイオメディシナル情報研究センター 分子システム情報統合チーム 2. 遺伝研 生命情報・DDBJ研究センター)



**D 会場**

- 13:30 **【OP3-01】** ギャップ符号化問題再考：ページアン系統推定における四つの符号化アルゴリズムと三つのモデルの比較. ○田辺晶史 1 (1 北大・院生命科学)
- 13:45 **【OP3-02】** 地理的隔離を引き起こした大陸分断の年代情報に基づく種分岐年代の推定. ○竹下和貴 1、小柳香奈子 1、渡邊日出海 1 (1 北大・院情報科学)
- 14:00 **【OP3-03】** 巨大系統樹推定のための最尤法の適用. 田村浩一郎 (首都大・院理工・生命科学)
- 14:15 **【OP3-04】** 核遺伝子による鰐脚類の系統解析. ○魚住太郎 1、佐々木剛 2\*、石渡啓介 1、宮田隆 1,2、蘇智慧 1,2 (1 阪大・院理、2JT 生命誌研究館、\*現所属：京大・院理)
- 14:30 **【OP3-05】** 同所的に生息するヴィクトリア湖シクリッドにおける視覚の多様性. ○宮城竜太郎 1、寺井洋平 1、相原光人 1、溝入真治 1、和智仲是 2、舘田英典 2、今井啓雄 3、岡田典弘 1 (1 東工大・院生命理工、2 九大・院理、3 京大・霊長研)
- 14:45 **【OP3-06】** シクリッド嗅覚受容体V1R2 遺伝子において観察された大規模な種間多型. ○二階堂雅人 1、平田直 1、相原光人 1、溝入真治 1、山岸公子 2、岡田典弘 1 (1 東工大・院生命、2 東京都臨床医学研究所)

**F 会場**

- 【OP4-01】** The meerkat market: sex difference in social strategies within cooperatively breeding groups. Nobuyuki Kutsukake (Large Animal Research Group, the University of Cambridge; Dept. Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies )
- 【OP4-02】** Experimental evolution of a sexually selected trait in yeast. \*Dr Duncan Greig<sup>1</sup> and Dr David William Rogers<sup>2</sup> (1 University College London; 2 Imperial College London)
- 【OP4-03】** ミカワオサムシにおける交尾器形態の分化過程. ○長太伸章 1、久保田耕平 2、高見泰興 1、曾田貞滋 1 (1 京大・院理、2 東京大・院農)
- 【OP4-04】** クロテンフユシャクの生態学的種分化：季節適応が生殖隔離をもたらす. ○山本哲史 1、曾田貞滋 1 (1 京大・院理)
- 【OP4-05】** エンドウヒゲナガアブラムシの繁殖様式と遺伝的多様性. ○神戸 崇、秋元信一 (北大・院農)
- 【OP4-06】** 性的対立が精液物質の複雑な機能を進化させる. 高見泰興 (京大・理・動物生態)

**A 会場**

- 15:00 **【OP1-07】吸血性昆虫類の内部共生細菌：多様性、起源、並行進化.** ○ 深津武馬 (産総研・生物機能工学)
- 15:15 **【OP1-08】gene-for-gene 宿主病原体間相互作用に基づくイネいもち病菌レース長期変動予測モデル.** ○中林潤1 佐々木顕1 (総研大・葉山高等研究センター・生命共生体進化学専攻)
- 15:40 **【OP1-09】植物病原糸状菌における寄生性と腐生性の進化.** ○鈴木清樹1、佐々木顕2 (1 九大・理・生物、2 総研大・生命共生体進化)
- 15:55 **【OP1-10】シクエストレート担子菌類ジャガイモタケおよびホシミノタマタケ属菌の収斂進化と属内系統.** ○折原貴道1、池田枝穂2、大和政秀3、霜村典宏4、田中千尋5、岩瀬剛二4 (1鳥取大・院農、2林業科学技術振興所、3環境総合テクノス環境部、4鳥取大・農、5京大・院農)
- 16:10 **【OP1-11】利己的制限修飾遺伝子間に起きる、ゲノム上のメチル化サイトの取り合いが、宿主殺しをもたらす.** Marat Sadykov1、半田直史1、○鶴剛史1,2、小林一三1,2 (1東大・院新領域、2東大・院理)
- 16:25 **【OP1-12】制御性 T 細胞の進化的意義に関する理論的研究.** ○佐伯晃一、巖佐庸 (九州大・数理生物学)

**B 会場**

- 【OP2-07】ヒトゲノム中の霊長類特異的重複遺伝子間に起きた遺伝子変換の探索.** ○江澤 潔 1、河合洋介 2、斎藤成也 1,3 (1 遺伝研・集団、2 立命大・生命、3 総研大・遺伝)
- 【OP2-08】MISHIMA -- a new heuristic method of multiple sequence alignment.** ○Kirill Kryukov1, Naruya Saitou1, Kazuho Ikeo2, Takashi Gojobori2 (1Division of Population Genetics, National Institute of Genetics; 2DNA Data Analysis Laboratory, National Institute of Genetics)
- 【OP2-09】Effect of Hsp genes on fitness and developmental stability under thermal stresses .** ○高橋一男 12、高野敏行 1、Ary A. Hoffmann2 (1 国立遺伝学研究所、2 メルボルン大学)
- 【OP2-10】Brn-2 の哺乳類特異的な単一アミノ酸リピートとマウスの養育行動.** ○那須 信 1、阿部 由紀子 1、阿南 圭一 1、片岡 由起 2、佐藤 充治 2、市瀬 広武 2、吉田 進昭 2、植田 信太郎 1 (1 東大・院理、2 東大・医科研)
- 【OP2-11】流体骨格から循環器官へ：刺胞動物における反口側組織の生理機能進化.** 清水裕 1、小林設郎 2、並河洋 3 (1 国立遺伝学研究所、2 三島北高等学校、3 国立科学博物館)
- 【OP2-12】貝形虫における筋肉と関節の機能的相関の発生過程における保存.** 梶智就 (静大・創造科学技術大学院)

**D 会場**

- 15:00 **【OP3-07】野生新世界ザル集団における色覚多様性を維持する自然選択の検出とL-Mオプシン新規対立遺伝子の同定.** ○河村正二 1、樋渡智秀 1、岡部友吾 1、筒井登子 1、平松千尋 1、松本圭史 1、小澤範宏 1、印南秀樹 2 (1 東大・院新領域、2 総研大・先端科学)
- 15:15 **【OP3-08】ゼブラフィッシュを用いた錐体オプシン遺伝子発現制御領域の同定とその進化多様性.** ○辻村太郎 1、武智正樹 1,2、知念秋人 1、細谷知広 1、瀬野究理 1、増田亮子 1、河村正二 1 (1 東京大・院新領域、2 理研・CDB)
- 15:40 **【OP3-09】カメレオン類ミトコンドリアゲノムの構造的特徴と系統解析.** ○岡島 泰久 1,2、熊澤 慶伯 1,2 (名大・院理 1、名市大・システム自然科学 2)
- 15:55 **【OP3-10】Molecular phylogenetic and dating analyses using mitochondrial DNA sequences of eyelid geckos.** ○Jonniaux Pierre 1,2、熊澤 慶伯 1,2 (名大・院理 1、名市大・システム自然科学 2)
- 16:10 **【OP3-11】植物における物質生産系と自己耐性機構の適応進化—カンプトテシン生産植物について—.** ○山崎真巳 1,2、スパアツ・シリカントラマス 1、斉藤和季 1,3 (1 千葉大・院薬、2CREST・JST、3 理研・PSC)
- 16:25 **【OP3-12】植物の転写開始点に見られる種間保存性と相対位置による多様性.** ○田中剛 1、小柳香奈子 2、伊藤剛 1 (1 農業生物資源研究所、2 北海道大学)

**F 会場**

- 【OP4-07】チョウの擬態：モデルとミミックの翅模様の共進化.** ○川平清香、佐々木颯 (総研大・生命共生体進化)
- 【OP4-08】共進化による種分化と、右も左もわからないヘビ.** ○細 将貴 1 (1 東北大・院生命科学)
- 【OP4-09】Sensory drive: 感覚器の適応が引き起こす種分化の起きる条件.** ○寺井洋平 1、Ole Seehausen2、宮城龍太郎 1、今井啓雄 3、館田英典 4、岡田典弘 1 (1 東工大・院生命理工、2 スイス・Bern大学、3 京大・霊長研、4 九大・院理)
- 【OP4-10】野生クモザル果実採食における視覚及び嗅覚の役割.** ○平松千尋 1・2、河村正二 1、Amanda Melin3、Filippo Aureli4、Colleen M. Schaffner5、Misha Vorobyev6 (1 東京大・新領域、2 生理学研究所、3University of Calgary、4Liverpool John Moores University、5University of Chester、6University of Auckland)
- 【OP4-11】抵抗的表現型可塑性が導く安定な捕食被食関係.** 舞木昭彦 (九大・特別研究員)
- 【OP4-12】表現型可塑性と急速な進化が個体群動態に与える影響.** ○山道真人 1、吉田丈人 2、佐々木颯 1 (1 総研大・生命共生体進化化学、2 東大・総合文化)

**A 会場**

- 16:40 **【OP1-13】インフルエンザウイルスにおける系統樹分岐の季節変動性.** ○大森亮介 1、大槻亜紀子 2、佐々木顕 2 (1 九大・院理、2 総研大・葉山高等研・生命共生体進化)
- 16:55 **【OP1-14】インフルエンザの疫学モデルと流行予測の可能性.** ○大槻亜紀子 1、大森亮介 2、佐々木顕 1 (1 総研大・葉山高等研・生命共生体進化、2 九大・院理)
- 17:10 **【OP1-15】近年の海産ウイルスに関する研究はウイルス進化の理解を深めつつある.** ○長崎慶三 1、外丸裕司 1、白井葉子 1、高尾祥丈 2、本多大輔 3、Valerian Dolja 4 (1 水産総合研究セ、2 福井県大・生物資源、3 甲南大・理工、4 オレゴン州立大)
- 17:25 **【OP1-16】構造データベースに基づく複合体結合能の予測とウイルス適応度マップの構成.** ○渡部輝明 1、岸野洋久 2 (1 高知大・医、2 東大・院農学生命科学)

**B 会場**

- 【OP2-13】系統フットプリント法を応用した遺伝子間領域cis-elementの進化速度解析の試み.** ○隅山健太 (国立遺伝研)
- 【OP2-14】ヤツメウナギ咽頭弓の背腹軸形成とEdnrAのかかわり.** 姚托雅 1、大谷馨 1、工楽樹洋 2、瀧尾陽子 3、倉谷滋 3、和田洋 1 (1 筑波大・院生命環境、2 University of Konstanz、3 理研・CDB)
- 【OP2-15】ヌタウナギ胚からみる円口類の単系統性.** ○太田欽也 1、倉谷滋 2 (1 CDB・研究員、2 CDB・GD)
- 【OP2-16】哺乳類とは何か？ 中耳の形態進化を分子発生的に理解する.** ○武智正樹、倉谷滋 (理研CDB)

**D 会場**

16:40 【OP3-13】栽培イネと野生イネの比較ゲノム解析で明らかになった栽培イネのゲノム進化. ○坂井寛章、伊藤剛 (生物研)

16:55 【OP3-14】 AMEVA: Analysis of Metagenomic Variance. ○小谷野 仁 1、岸野洋久 1 (1 東大・院農)

17:10 【OP3-15】 ヴィクトリア湖産シクリッドにおける染色体の急速な進化. ○吉田 恒太 1、黒岩 麻里 2、寺井 洋平 1、溝入 真治 1、相原 光人 1、小林 直樹 1、松田 洋一 2、岡田 典弘 1 (1 東工大・院生命理工、2 北大・創成機構・動物染色体)

17:25 【OP3-16】 高密度オリゴレイCGH法によるヒトとチンパンジーのゲノム比較. 肥田 宗友 1, 2、数藤由美子 3、石田貴文 4、平井百樹 1 (1 東京女子医大・IREIIMS、2 秋田・大館鳳鳴高、3 日赤・中央血液研、4 東京大・理・生物科学)

**F 会場**

【OP4-13】 ESSからの脱却—"大きな"突然変異を含んだ進化モデル. ○上原隆司、巖佐庸 (九大・理)

【OP4-14】 マスティングの進化に対する森林の更新動態の役割. ○立木佑弥、巖佐庸 (九大・院理)

【OP4-15】 Inside-Cave Evolution Hypothesis of Modern Human. Kimiaki TOKUMARU (Natural Philosopher)

【OP4-16】 「科学的進化論 (新今西総合説)」の時代的意義. 水幡正蔵



## ポスター発表講演リスト

- [P-001]** 化石記録の酔歩検定に関する各種手法の性能評価. 生形貴男 (静大・理)
- [P-002]** 幼形進化に隠された多様性: サンゴ礁性シラスウオ属魚類に発見された多くの隠蔽種. ○ 昆 健志1, 吉野哲夫2, 向井貴彦3, 西田 睦1 (1東大海洋研, 2琉大理, 3岐大地域)
- [P-003]** 広塩性紅藻*Caloglossa leprieurii*の無配生殖集団の起源. ○神谷充伸1、John A. West2、(1福井県立大・生物資源、2メルボルン大)
- [P-004]** 中心珪藻(*Cyclotella meneghiniana*)の殻形態おける表現型可塑性. ○城川祐香1、狩野賢治2、真山茂樹2 (1東大・理、2東京学芸大・生物)
- [P-005]** 戻し交配で戻らない!?—アイナメ属の種間交雑におけるHybridogenesis (雑種発生)の可能性—. ○木村幹子1、河田雅圭2、宗原弘幸3 (1北大院・環境科学、2東北大院・生命科学、3北大・FSC)
- [P-006]** Parapolycope属 (甲殻類: 貝形虫類) の性的二型と生殖的隔離. ○田中隼人1、塚越哲2 (1静大・院理、2静大・理)
- [P-007]** 多女王化は寒さへの適応か? ナワヨツとヤマヨツの耐寒性. 白戸亮吉1、佐藤俊幸2、○廣田忠雄1 (1山形大・理・生物、2農工大・獣医)
- [P-008]** ニホンホビロコメツキモドキの左右非対称な頭部は産卵行動に適応的な形態である. ○土岐和多瑠、富樫一巳 (東大・院農)
- [P-009]** オキナワコキクガシラコウモリの超音波音声の地域間変異の維持機構の解明: 母子伝播仮説の検証. ○吉野 元1、Kyle Armstrong2、伊澤雅子3、横山潤4、河田雅圭1 (1東北大・院・生命科学、2京大・博、3琉大・理、4山形大・理)
- [P-010]** 異型交配はどうして進化したのか? あるシクリッドでの場合. ○高橋鉄美 (京大・院理)
- [P-011]** ゲンジボタル複眼に存在する紫外線受容細胞の役割. ○堀口弘子、弘中満太郎、針山孝彦 (浜松医大・生物)
- [P-012]** ホタル脳内に存在する眼外光受容器の起源. ○針山孝彦、弘中満太郎、堀口弘子 (浜松医大・生物)
- [P-013]** Population genetics of Lake Victoria slender body Haplochromine Cichlids. ○Semvua Isa Mzighani1, Masato Nikaido1, Miyuki Takeda2, Mitsuto Aibara1, Mitsuto Aibara1, Hidenori Tachida2, Norihiro Okada1 (1Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology, 2Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University)
- [P-014]** 兵隊シロアリの行動を決める遺伝子とは?. ○石川由希1、三浦徹2 (1, 2 北大・環境科学)
- [P-015]** トカゲ類の体表物質について ---オスを誘惑するメスの油 ---. ○大淵希郷1、岡本卓1、疋田努1 (京大・院理)
- [P-016]** クロコオロギの喧嘩における社会階層の形成と体重成長のモデル. ○矢野史朗1、池本有助2、青沼仁志3、浅間一2 (1東大・院工、2東大・人工物、3北大・電子研)
- [P-017]** 社会性アブラムシの兵隊階級はいかにして齢差分業をおこなうのか? ~兵隊による化学シグナルの認識と社会行動の変容メカニズム~. ○柴尾晴信・奥村友佳子・植松圭吾1、高梨琢磨・中牟田潔2、松山茂3、沓掛磨也子・深津武馬4、嶋田正和1 (1東大院・総合文化、2森林総研、3筑波大院・生命環境、4産総研)
- [P-018]** 新大陸産マメゾウムシ*Mimosestes*属の寄主利用進化についての系統学的解析. ○加藤俊英1、吉武啓2、神保宇嗣1、Arturo Bonet3、Jesus Romero4、嶋田正和1、伊藤元己1 (1東大・広域システム、2農業環境技術研究所、3Instituto de Ecologia・A.C. Mexico、4Colegio de Postgraduates, Instituto de Fitosanidad, Mexico)
- [P-019]** 日本各地におけるシルビアシジミの遺伝的多様性とWolbachia感染との関係. ○坂本佳子

1、平井規央1、矢後勝也2、石井 実1 (1大阪府大院・生命、2東大院・理)

**[P-020] ヒメハナカメムシ類と Wolbachia の共進化：種内・種間における Wolbachia 水平感染と組換えの可能性.** ○渡部真也1、 田上陽介2、 三浦一芸1,3 (1広島大・院・生物圏、 2静岡大・農、 3近中試農研)

**[P-021] ツノカメムシ類における宿主－腸内細菌間の共種分化と新規な共生細菌伝達器官 (lubrication organ) の発達.** ○菊池義智1、細川貴弘1、二河成男2、孟憲英1、鎌形洋一3、深津武馬1 (1産総研・生物機能工学、2放送大・自然の理解、3産総研・ゲノムファクトリー)

**[P-022] 大腸菌と細胞性粘菌の液体培養共生系の構築.** ○久保勲生1、木原久美子2、森光太郎2、四方哲也1,2,3 (1阪大院・情報科学、2阪大院・生命機能、3JST ERATO複雑系生命プロジェクト)

**[P-023] 絶対送粉共生系の進化的安定性：ハナホソガによる種子過剰搾取に対するカンコノキの制裁.** ○後藤龍太郎1、岡本朋子2、川北篤3、加藤真4 (1京大・人環、2京大・人環、3京大・人環、4京大・人環)

**[P-024] チャルメルソウ節に見られる花の匂いの送粉シンドローム.** ○岡本朋子1、奥山雄大2、加藤真1 (1京大院・人環、2(財)岩手生工研)

**[P-025] 共生褐虫藻から探るムカデミノウミウシの共生藻獲得方法の進化.** ○依藤実樹子1、渡邊俊樹2 (1東大・院理、2東大・海洋研)

**[P-026] 海藻における同形世代交代と異形世代交代の進化：数理モデルでとらえる海藻の季節的適応.** ○別所和博、巖佐庸 (1九大・院シス生、2九大・教授)

**[P-027] 樹木の性比配分戦略の進化が結実動態に及ぼす影響.** ○秋田鉄也、松田裕之 (横浜国大・環境情報)

**[P-028] クローン繁殖と環境不均一性に対する可塑性の進化.** ○福井眞、荒木希和子 (京大・生態研センター)

**[P-029] 協調行動と共有語彙の発現に環境が及ぼす影響.** ○橋爪 善光、西井 淳 (山口大学大学院・理工学研究科)

**[P-030] 群集進化は停止しない.** ○伊藤洋 (東大・総合文化)

**[P-031] 社会性アブラムシにおける繁殖終了後の成虫による利他行動.** ○植松圭吾1、沓掛磨也子2、深津武馬2、柴尾晴信1、嶋田正和1 (1東大・院広域システム、2産総研・生物機能工学)

**[P-032] 適応放散の進化シミュレーション.** ○横山典侑1、泰中啓一2、吉村仁3 (1静岡大学大学院工学研究科システム工学専攻、2静岡大学教授、3静岡大学教授)

**[P-033] 開花時間が異なる2植物間での遺伝子流動のモデル化.** ○松本知高1、安元暁子2、矢原徹一2、舘田英典2 (1九大・システム生命、2九大・院理)

**[P-034] 捕食者の餌利用の進化と移動分散が捕食-被食系の複雑性-安定性関係に与える影響.** ○山口和香子1、近藤倫生2、河田雅圭1 (1東北大・院生命科学、2龍谷大・理工)

**[P-035] 口腔内に形成されるバイオフィルムの変遷の数理モデル化.** ○吉田信介1 (1阪大・歯)

**[P-036] Scale-free Prior Specification in Graphical Modeling with Applications to Gene Network Inference.** \*Paul Sheridan1, Takeshi Kamimura, Hidetoshi Shimodaira (1Ph.D. candidate, 2Grad MSc. 3Assistant prof. All affiliated with Dept. of Math. and Comp. Sci. @ Tokyo Inst. of Tech.)

**[P-037] 左右極性が示す maternal fluctuating asymmetry の遺伝的変異.** ○宇津野宏樹1、浅見崇比呂1 (1信大・理)

**[P-038] グッピー(Poecilia reticulata)における LWS オプシン遺伝子座の多型維持機構.** ○手塚あゆみ1、笠木聡2、河村正二2、C. van Oosterhout3、河田雅圭1 (1東北大・院生命科学)



学、2東大・院新領域、3University of Hull)

- [P-039] キスゲにおける花色の進化：雑種F2世代の表現型とESTを用いた候補遺伝子の探索.** ○新田梢1、坂口祐美2、安元暁子1、矢原徹一1 (1九大・院理、2九大・院・生物資源環境科学)
- [P-040] ユーラシア広域分布種タルホコムギの開花変異と系統地理.** ○松岡由浩1、宅見薫雄2、河原太八3 (1福井県立大・生物資源、2京大・院農、3神戸大・院農)
- [P-041] Single-locus selection問題について.** ○三浦千明1 (1東大・院理)
- [P-042] シロイヌナズナ属自然集団の生育地環境と隠蔽変異.** ○山口正樹1、工藤洋2 (1神戸大・院理、2京大生態研センター)
- [P-043] 東南アジアの樹上性リス2種内の頭骨形態に見られる地理的変異.** ○林田明子1、小藪大輔1、遠藤秀紀1 (1東大・総合研究博物館)
- [P-044] コロブス亜科霊長類の顔面頭蓋における形態的多様性と食性適応：三次元形態測定学的解析.** ○小藪大輔1,2、遠藤秀紀2 (1東大・院理、2東大・総合研究博物館)
- [P-045] 幾何学的形態測定法によるカナヘビ属の頭骨の比較.** ○菊川信人1、疋田努1 (1京大・院理)
- [P-046] 左右極性変異のEco-Devo-Evo.** ○清水啓介1、浅見崇比呂1、Edmund Gittenberger2 (1信州大・理・生物、2Leiden Univ.)
- [P-047] 左右非対称な外部形態を持つ昆虫における器官間での非対称性の逆転.** ○土畑重人1、土岐和多瑠2 (1東大院・総合文化、2東大院・農学生命科学)
- [P-048] 脊椎動物における新奇血中カルシウム濃度調節器官の獲得機構.** ○庄野孝範1、野田彰子2、三宅力1、岡部正隆1 (1慈恵医大 2産総研)
- [P-049] Kinematic and electromyographic analysis of limb movement during aquatic and terrestrial locomotion in the salamander (*Ambystoma mexicanum* and *Ambystoma tigrinum*).** 和田慎太郎、○和田直己 (山口大学・獣医システム科学)
- [P-050] ポリプテルス類の分子系統 -ボディープランの進化を探る-.** ○鈴木大、土岐田昌和 (京大・院理・生物科学)
- [P-051] 卵膜タンパク質と孵化酵素の“分子共進化”？：孵化酵素LCEの魚種特異的卵膜分解.** ○川口眞理1・清水昭男2・廣井準也3・井内一郎4・安増茂樹4・西田睦1 (1東大・海洋研、2中央水研、3聖マリアンナ医大・解剖、4上智大・理工・物質生命)
- [P-052] ショウジョウバエ属卵殻突起形成過程における細胞挙動の進化的多様化.** ○西川穰1、影沢達夫1、中村征史1、松野健治1 (1東理大・基礎工・生物工)
- [P-053] ショウジョウバエ卵殻形態のホモブラシーは発生機構の異なった変化に起因する.** ○影沢達夫1、中村征史1、西川穰1、松野健治1 (1理科大・基礎工・生物工)
- [P-054] アブラムシの表現型多型を制御する遺伝子群の網羅的解析.** ○石川麻乃、三浦徹 (北大・環境科学)
- [P-055] オオミノガにおける翅の退化：性的二型の進化とその内分泌制御.** 新津修平 (首都大・院理工)
- [P-056] カイコ幼虫における新規斑紋獲得の分子メカニズム.** ○山口淳一1、山本公子2、生川潤子2、伴野豊3、三田和英2、藤原晴彦1 (1東大・院新領域、2生物研、3九大・院農)
- [P-057] 拘束と変形が生み出す形態デザイン：隠蔽擬態した蛾の枯葉模様の進化.** ○鈴木誉保1、倉谷滋1 (1理研・CDB)
- [P-058] 交雑と体表模様.** ○宮澤清太1、近藤滋1 (1名大・院理)
- [P-059] SINE由来高度保存配列の機能解析から探る哺乳類の進化.** ○佐々木剛1、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工)

- [P-060]** 真猿類におけるミトコンドリア蛋白質の膜貫通領域でのスレオニンの増加と寿命の関係。○北添康弘、岸野洋久、長谷川政美、中島典昭、Jefferey Thorne、田中雅嗣 (高知大・名誉教授)
- [P-061]** 鯨偶蹄類1型鋤鼻受容体の進化。○大原 海1・2、二階堂 雅人3、伊藤 敦子1・2、茂木 一孝2・4・5、岡村 裕昭4、岡田 典弘3、森 裕司2、山岸 公子1 (1臨床研、2東大・生命農、3東工大・理工生命、4生物資源研、5麻布大・獣医)
- [P-062]** 脊椎動物嗅覚受容体遺伝子ファミリーの起源と進化。新村芳人 (東京医科歯科大・難治疾患研究所)
- [P-063]** 霊長目における嗅覚受容体遺伝子ファミリーの進化。○松井 淳1、郷 康広2、新村 芳人3 (1京大・霊長研、2京大・院理、3東京医歯大・難治疾患研)
- [P-064]** 著しい集団分化を示す遺伝子多型が表現型に与える影響。○大橋 順 (筑波大学大学院人間総合科学研究科生命システム医学専攻)
- [P-065]**
- [P-066]** Evolutionary dynamics of microsatellite loci in the human and chimpanzee lineages. ○竹崎 直子 (香川大学・総合生命科学研究センター)
- [P-067]** ヒト特異的偽遺伝子の探索と進化研究。○新倉太郎、高畑尚之、颯田葉子 (総研大・葉山高等研)
- [P-068]** ヒト特異的偽遺伝子の起源と進化における意義。○井川 武1、高畑 尚之2、颯田 葉子3 (1総研大・葉山高等研究センター、2総研大、3総研大・先導研)
- [P-069]** ヒトにおける隣接遺伝子の位置関係の保存と配列保存との関連。○坂手龍一1、今西規1 (1産総研・バイオメディシナル情報研究センター)
- [P-070]** Positional Overrepresentation and Inter-motif Distance Preferences Identify Known Functional Motifs and Novel Regulatory Sequence Candidates. ○Ken Daigoro Yokoyama, Uwe Ohler, Gregory A. Wray (Department of Biology, Computational Biology and Bioinformatics, Duke University)
- [P-071]** 単一アミノ酸リピートの進化とタンパク質の立体構造。○五條堀淳1、植田信太郎2 (1総研大・葉山、2東大・院理)
- [P-072]** ツチガエルにおけるZ染色体およびY性染色体の起源と進化。○尾形光昭1、三浦郁夫2 (1横浜市繁殖センター、2広大・両生類研)
- [P-073]** ニシツメガエル (*Xenopus tropicalis*) においてコピー数を増加させ多様化した感覚受容体TRPV4遺伝子の適応進化。○齋藤 茂1、新貝柳蔵1、2 (1岩手大・COEプログラム、2岩手大・工)
- [P-074]** 哺乳類の非震え熱産生に関するUncoupling protein (UCP) 1遺伝子の進化：両生類のUCP1遺伝子の転写解析。○齋藤くれあ1、新貝柳蔵12、齋藤茂1 (1岩手大・COE、2岩手大・工)
- [P-075]** 魚類特異的ゲノム倍化に由来する多数の重複遺伝子の“sub-neofunctionalization”による存続。○佐藤行人、橋口康之、西田睦 (東京大学海洋研究所)
- [P-076]** 生殖細胞系列の維持に関わる遺伝子zenzaiの魚類特異的な進化の過程。○斉藤大助1、森永千佳子2、三谷 啓志3、古谷一清木 誠2,4、近藤寿人2,5、田中実1 (1基生研生殖遺伝、2JST・SORST近藤チーム、3東大・新領域、4University of Bath, UK、5阪大・院生命機能)
- [P-077]** mtDNAを用いた軟骨魚類の網羅的分子進化系統樹解析。○河野 あづみ1、椎名 隆1、田中 彰2、猪子 英俊1 (東海大・医1、東海大・海洋2)
- [P-078]** 硬骨魚類の分岐年代推定におけるシクリッド系統地理の有効性。○東陽一郎1、熊澤慶伯2、宮正樹3、馬淵浩司1、西田睦1 (1東大・海洋研、2千葉中央博、3名市大・システ

ム自然科学)

- 【P-079】硬骨魚類におけるOMPの進化的解析。○鈴木彦有1、二階堂雅人1、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工)
- 【P-080】「ありふれた魚」に隠されていた大きな集団分化：東アジアのフナの子系統地理。○高田未来美1、立原一憲1、昆健志2、山本軍次2、西田睦2 (1琉球大・理、2東大・海洋研)
- 【P-081】近縁種間系統関係推定の新手法。○小林直樹1 渡邊正勝2 浅川順一3 岡田典弘1 (1東工大・院生命、2名大・院理、3放影研・遺伝)
- 【P-082】キンギョの進化的起源。○小見山智義 1・小林広幸1・舘野義男 2・猪子英俊 1・五條堀孝 2・池尾一穂 2 (1東海大学医学部・2国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター)
- 【P-083】メダカ属における免疫プロテアソームサブユニット遺伝子の二型性。塚本 健太郎1、野中 勝1 (1東大・院理・生物科学)
- 【P-084】ハブスメダカW染色体ヘテロクロマチンを構成する反復配列の同定。○竹花佑介1、成瀬清1、濱口哲2、酒泉満2 (1基生研・バイオリソース、2新潟大・理・自然環境)
- 【P-085】貝形虫類シセラ科における間隙性分類群の系統的位置と形態進化。東亮一 (静大・創造科学技術大学院)
- 【P-086】ウミウシの葉緑体保持現象 チドリミドリガイ(*Plakobranchus ocellatus*)が保持する葉緑体は複数種の藻類に由来する。○前田太郎1,2、広瀬裕一3、河戸勝4、瀧下清貴5、丸山正6,7、(1 海洋大・院応用生命科学、2 海洋研究開発機構・研究生、3 琉球大・教授、4 海洋研究開発機構・技術研究副主任、5 海洋研究開発機構・研究員、6 海洋研究開発機構・プロジェクトディレクター、7 海洋大・客員教授)
- 【P-087】複数の核遺伝子による昆虫類の系統解析。○石渡啓介1、佐々木剛2,3、宮田隆1,2、蘇智慧1,2 (1 阪大・院理、2 JT生命誌研究館、3 現所属 京大・院理)
- 【P-088】核・ミトコンドリアのゲノム進化に及ぼす交配様式の影響。○河崎 祐樹、梶村 恒 (名大院・生命農)
- 【P-089】Urbilateria遺伝子Umbapの維持による昆虫と冠輪動物脳中のキノコ体の進化。樋口望、河野景吾、○門脇辰彦 (名大・院生命農)
- 【P-090】非発光性コメツキムシからのルシフェラーゼオーソログ遺伝子のクローニングと機能解析。飯田幸一郎1、大場裕一1、小鹿一1、井上敏2 (1名大院・生命農、2チッソ横浜研)
- 【P-091】ミトコンドリアDNAの解析からみた日本産ナナフシ目昆虫の系統関係。河本夏男1、○行弘研司1、富田秀一郎1、上田恭一郎2 (1 独立行政法人農業生物資源研究所、2 北九州市立いのちのたび博物館)
- 【P-092】昼行性ガ類・オキナワリチラシの子系統と進化。○矢後勝也1、角田恒雄2、大和田守2、上島 励1 (1東大・院理、2国立科博)
- 【P-093】日本産ウラギンヒョウモンの既存分類と分子系統分類。○新川勉1・野中勝1・松本忠雄2 (1東大・院理、2放送大)
- 【P-094】アリ植物-アリーカイガラムシ3者共生系の共多様化。○上田昇平1、Quek, S.-P.2、市岡孝朗3、村瀬香4、Kondo, T.5、Gullan, P. J.6、市野隆雄7 (1信大院・総工、2FAS Center for Systems Biology, Harvard Univ., 3京大院・人環、4東大院・生命、5 CORPOICA, 6 Department of Entomology, Univ. of California, 7信大・理)
- 【P-095】アブラムシが水平転移により獲得した細胞内共生に関連する遺伝子について。二河成男1、中鉢淳2 (1放送大・自然の理解、2理研・基幹研究所)
- 【P-096】ショウジョウバエ嗅覚・味覚受容体の2次構造に着目した進化速度の比較解析。吳宮恵理1、島田光代2、福本彩子2、○近藤るみ1 (1お茶大・院人間文化創成科学・ライフサイエン

ス、2)

- [P-097]** ショウジョウバエ近縁種における遺伝子発現の可塑性と進化. ○郷康広<sup>1,2</sup>, Pierre Fontanillas<sup>2</sup>, Daniel L. Hartl<sup>2</sup> (1京大・院理、2ハーバード大・進化生物学部)
- [P-098]** 出芽酵母における接合前隔離と性分化遺伝子の進化. ○松浦健太郎<sup>1</sup>、久富泰資<sup>1</sup> (1福山大・生命工)
- [P-099]** *Saccharomyces*属酵母における近縁種間の生殖隔離. ○杉原千紗<sup>1</sup>、中野圭介<sup>1</sup>、大野雄之<sup>1</sup>、大和宏一郎<sup>1</sup>、石橋修一<sup>1</sup>、久富泰資<sup>1</sup> (1福山大・生命工)
- [P-100]** グリーンヒドラにおける細胞内共生の分子進化的解析. ○川井田眸<sup>1</sup>、清水裕<sup>2</sup>、舘田英典<sup>3</sup>、小早川義尚<sup>3</sup> (1九大・院理、2遺伝研・発生遺伝、3九大院・理)
- [P-101]** 形態変化を伴う誘導防衛は複数回進化したか?. ○吉田祐樹<sup>1</sup>、高林純示<sup>2</sup>、岡田清孝<sup>3</sup> (1京都大・院理、2京都大・生態研センター、3基生研)
- [P-102]** クレプトクロプラストを持つ新規渦鞭毛藻の共生体の起源を探る. ○山口晴代<sup>1,2</sup>、甲斐厚<sup>1</sup>、中山剛<sup>1</sup>、井上勲<sup>1</sup> (1筑波大・院生命環境、2日本学術振興会特別研究員(DC1))
- [P-103]** 小笠原産ムラサキシキブ属の遺伝構造と集団分化の解明. ○森啓悟、村上哲明、加藤英寿 (首都大・院理工)
- [P-104]** 小笠原産タブノキ属植物の遺伝的実態はどうなっているのか?. ○常木静河<sup>1</sup>、村上哲明<sup>1</sup>、加藤英寿<sup>1</sup> (1首都大・院理工)
- [P-105]** シロイヌナズナ属多年草におけるフェノロジー調節の分子的基盤. ○相川慎一郎<sup>1</sup>、工藤洋<sup>2</sup>、清水健太郎<sup>3</sup> (1神戸大院・理、2京大生態研センター、3チューリッヒ大・理)
- [P-106]** 高山植物ミヤマキンバイのハビタットに応じたエコタイプ分化の起源. 平尾章<sup>1</sup>、下野嘉子<sup>2</sup>、池田啓<sup>3</sup>、和田直也<sup>4</sup>、工藤岳<sup>5</sup> (1信大・山岳、2農環研、3京大・人環、4富山大・理工、5北大・地球環境)
- [P-107]** ミヤマタネツケバナ (*Cardamine nipponica*)におけるフィトクロム遺伝子の進化. ○池田啓<sup>1</sup>、藤井紀行<sup>2</sup>、瀬戸口浩彰<sup>1</sup> (1京大・院人間環境、2熊大・院自然科学)
- [P-108]** 植物オルガネラにおけるRNAエディティングの部位とタンパク質立体構造の関係. ○郷通子<sup>1,2,3</sup>、由良敬<sup>4</sup> (1. お茶大、2. 長浜バイオ大・バイオサイエンス、3. 東京医科歯科大、4. お茶大・院人間文化創成科学)
- [P-109]** 植物の受容体型キナーゼ(RLK)遺伝子族の重複とシャフリングによる多様化. ○佐々木剛<sup>1</sup>、加藤和貴<sup>2</sup>、廣瀬希<sup>1</sup>、隈啓一<sup>3</sup>、岩部直之<sup>1</sup>、蘇智慧<sup>4,5</sup>、宮田隆<sup>4,5</sup> (1京大・院理、2九大・デジタルメディスンイニシアティブ、3国立情報学研究所、4JT生命誌研究館、5阪大・院理)
- [P-110]** ESU策定のための汎用分子マーカー開発の試み –ニホンヤマネをモデルとして–. ○安田俊平<sup>1</sup>、岩淵真奈美<sup>2</sup>、湊秋作<sup>2</sup>、土屋公幸<sup>3</sup>、鈴木仁<sup>1</sup> (1北大・院・地球環境・生態遺伝、2キープやまねミュージアム、3(株) 応用生物)
- [P-111]** 遺伝子制御ネットワークの進化による新規形質獲得機構. ○岩寄航<sup>1</sup>、津田真樹<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup> (1東北大・院生命科学)
- [P-112]** Species Leverage: assessing species-induced incongruities in phylogenetic inference. ○Mahendra Mariadassou<sup>1</sup>, Avner Bar-Hen<sup>2</sup>, 岸野洋久<sup>3</sup> (1東大・院農、2パリ大・教授、3東大・教授)
- [P-113]** Statistical comparison of nucleotide-, amino acid-, and codon-substitution models. ○Tae-Kun Seo<sup>1</sup>、Hirohisa Kishino<sup>2</sup> (1. Professional Programme for Agricultural Bioinformatics, University of Tokyo, 2. Laboratory of Biometrics and Bioinformatics, University of Tokyo)
- [P-114]** 蛋白質間相互作用ネットワークを再現する進化モデルの構築. ○長谷武志<sup>1</sup>、新村芳人<sup>1</sup>、神沼二真<sup>1</sup>、田中博<sup>1</sup> (1東京医科歯科・院生命情報)

- [P-115] アミノ酸の増減のUniversal trendはCpG hypermutabilityで引き起こされる.** ○三沢計治1、鎌谷直之2、菊野玲子3 (1理研、2情報解析研究所、3かずさDNA研究所)
- [P-116] 28S rDNA特異的LINE・R2の標的特異性の進化.** ○瀬戸陽介、木村奈津子、藤原晴彦 (東大・院新領域)
- [P-117] スプライセオソーム型イントロンと機能性RNAの進化.** 吉浜麻生1、岩切淳一1、有江力2、比嘉三代美1、剣持直哉1 (1宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター、2東京農工大学 農学部)
- [P-118] 逆位を伴ったmRNA転移が新しい遺伝子を創る?.** ○小島健司1、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工)
- [P-119] Rh式血液型遺伝子スーパーファミリーの進化.** ○北野誉1 (1茨大・工)
- [P-120] X-family DNAポリメラーゼの分化に基づく生物進化の考察.** ○小寺啓文1、武内亮1、半澤直人2、内山幸伸1、美和秀胤3、長谷川政美4,5、金井良博1、坂口謙吾1 (1東京理大・院理工、2山形大・院理、3東京理大・ゲノム創薬、4School of Life Sciences Fudan Univ.、5統数研・予測発見戦略)
- [P-121] Comparative evolutionary analysis of the sequences upstream of the translation initiation codon in prokaryotes.** ○So Nakagawa1、Yoshihito Niimura2、Kin-ichiro Miura3、Takashi Gojobori1 (1NIG・CBI DDBJ、2TMDU・Bioinfo、3Univ. Tokyo・Med. Genome)
- [P-122] 位置プロファイル法に基づくゲノム構造進化の解析.** ○佐々木 直文1、佐藤 直樹1 (1東京大・院総文)
- [P-123] 遺伝子グループによる同義置換の違い.** ○鈴木留美子(1)、斎藤成也(2)、江澤潔(2) (1総合研究大学院大学、2遺伝学研究所)
- [P-124] マラリア原虫表面抗原遺伝子msp1における時期特異的・種特異的な正の自然選択.** ○澤井裕美、大谷寛人、田邊和裕 (阪大・微研・マラリア学)
- [P-125] HIV-1 env遺伝子の多様性進化と選択圧に関する解析.** ○吉田いづみ1、任鳳蓉1、柴田潤子1、杉浦互2、岩谷靖雅2、田中博1 (1東京医科歯科大学大学院・生命情報科学教育部、2名古屋医療センター・臨床研究センター)
- [P-126] 脊椎動物ゲノムのタンパク質非コード領域からのDNAモチーフ配列の探索.** ○大里直樹、Martin Frith (産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター)
- [P-127] TRPM6/7における進化的特性の解析.** ○西岡輔1、高畑尚之2、颯田葉子3 (1総研大・葉山高等研究センター、2総研大、3総研大・先導研)

## 高校生ポスター発表 講演リスト

- 【HP-01】 フナムシの地域傾向性について. 近藤 大介, 田村 勇二, 清水 円, 大戸 敦也 (埼玉県立蕨高等学校・生物部)
- 【HP-02】 進化の実験室 ガラパゴス島探訪. 佐藤 隆太郎, 門井 悠, 大野谷 成美, 根本 奈緒, 佐藤 敬近, 金子 桃子, 渡邊 峻 (清真学園高等学校)
- 【HP-03】 外的環境の変化におけるミドリムシの反応. 山本 理 (兵庫県立神戸高等学校)
- 【HP-04】 生分解性プラスチックの土壌菌類による分解. 秋山 浩輝, 榊原 真悟, 田中 慎也 (埼玉県立蕨高等学校・生物部)
- 【HP-05】 tRNAのイントロンとエンドヌクレアーゼの共進化. 松原 拓哉 (東邦大学付属東邦高校)
- 【HP-06】 Venter、Watson両者のSNP解析からみる変異の有無と発病との関連性. 西岡 英智 (安田学園)
- 【HP-07】 ミシマバイカモ(*Ranunculus nipponicus* (Makino) Nakai var. *japonicus* (Nakai) Hara)の系統分類上の位置づけ. 石井 将仁 (日本大学三島高等学校)
- 【HP-08】 WatsonとVenterの個人ゲノムを用いたSNP解析による変異の特定とその考察. 石黒 宗 (暁星国際学園ヨハネ研究の森コース)
- 【HP-09】 メタボローム比較による大腸菌酵素欠損株の代謝解析. 大野 瞳 (東京都立戸山高校)
- 【HP-10】 ガムシ亜科3属3種の生態と系統. 堀口 智博 (埼玉県立熊谷西高等学校・自然科学部)
- 【HP-11】 ヒトはどうしてヒトなのか? 木村 舞子, 齋藤 勇佑 (秋田県立大館鳳鳴高等学校・生物部)

# 口頭発表1 (A会場)

8月22日 13:30-17:40

# Oral Presentation 1 (Room A)

August 22, 13:30-17:40

## 【OP1-01】 イチジク属送粉コバチの宿主転換の可能性について

○蘇 智慧<sup>1</sup>、東 浩司<sup>2</sup> (1JT生命誌研究館、2京大・院理)

イチジク属植物とイチジクコバチとの関係は種特異性の最も高い共生関係の一つで、「1種対1種」であるとも言われ、昆虫と植物との共進化と共種分化を研究するためのモデルシステムにもなっている。この種特異性関係の厳密性を調べるために、我々はイチジク属とイチジクコバチの分子系統解析を緻密に行っている。メキシコ産とパナマ産のイチジクコバチの系統関係を解析したところ、イチジク属とコバチとの「1種対1種」関係が崩壊している可能性があり、宿主転換が頻繁に起きている可能性もあると示唆された。ところが、日本産のイチジク属とイチジクコバチとの「1種対1種」関係はほぼ厳密に維持されていることが判明し、共種分化についても一部確認された。今回はこれらの解析結果を示し、コバチの宿主転換による「1種対1種」関係の崩壊の可能性について考えてみたい。

## 【OP1-02】 数理モデルによるマツノザイセンチュウ病の流行解析—抵抗性マツ導入の影響について—

○井磧直行<sup>1</sup>、佐々木顕<sup>2</sup> (1九大・院理、2総研大・生命共生体進化)

マツノザイセンチュウ病はマツノザイセンチュウによって引き起こされるマツ枯れ病で日本国内では毎年数十万平方メートルのマツ林がこの害虫によって枯死されている。マツは木材資源、防砂林として重要であるほか、景観林として文化的価値も高いため、マツ枯病の病理動態や防除法の研究は高い関心を集めている。現在、環境への影響が小さいなどの利点から、抵抗性マツを用いた防除法が期待されている。しかし、人工的に導入された抵抗性マツが線虫の毒性にどのような影響を与えるかは定かではなく、導入したマツが強毒な線虫の進化を促進する可能性も否定できない。本研究では、このような抵抗性マツの導入の影響を調べるため、線虫の毒性に種内変異を仮定したモデルを構築し、毒性の進化動態を解析した。その結果、抵抗性マツの頻度に関して、線虫毒性の相転移と枯死マツ被害量の急激な上昇をもたらす閾値が存在することがわかった。これより高い頻度では、枯死マツの量は逆に高くなってしまい逆効果になる。抵抗性マツの数はコストや自然マツの保護の面からも重要な要素であり、本研究の結果をもとに最適な抵抗性マツの導入方法について議論を行う。

## 【OP1-03】 細胞内共生細菌スピロプラズマによるヒメトビウンカの性比偏向

○真田幸代<sup>1</sup>、松村正哉<sup>1</sup>、野田博明<sup>2</sup> (1九州農研、2農生研)

昆虫類に感染する細胞内共生細菌の一部には寄主の性比をメスに偏らせるものがある。東アジアに広く分布するヒメトビウンカにはウォルバキアが高率に感染し、細胞質不和合性にかかわっているが、この感染による性比の偏りはない。今回、台湾集団の一部(台東系統)で性比がメスに偏っていること(オス:メス=1:2.6)、また、この系統にはウォルバキアの他にスピロプラズマが高率に二重感染していることを明らかにした。この台東系統メスの仔の性比を個体ごとに調査したところ、メスのみを産出する系統(FB)と、オス・メス両方を産出する系統(NB)を確立できた。FBでは3世代にわたってほぼ全ての仔がメスとなり、この形質が母系遺伝することが示された。さらにFBではウォルバキアとスピロプラズマ、NBではウォルバキアのみが感染していた。これらの共生細菌を除去するためテトラサイクリン処理したイネ芽出しをFBの1齢幼虫に与え、成虫になるまで飼育したところ、オス・メス両方の成虫が産出され、メス成虫はその後、オス・メス両方の仔を産出した。以上の結果から、スピロプラズマの二重感染がヒメトビウンカの性比をメスに偏らせることが示唆された。これはウンカ類で初めての報告例である。

#### 【OP1-04】 昆虫の植物適応を変化させる共生細菌の生理機構の解析

○1土田努、2松山茂、3古賀隆一、4服部誠、1松本正吾、3深津武馬（1理研、2筑波大、3産総研、4生物資源研）

寄主植物特異性は、植食性昆虫の餌や住処を規定するなど、生態的にも大きな影響を与える重要な性質である。従来、本性質は昆虫自身の遺伝型によって規定されると当然のように考えられてきた。しかし我々は、エンドウヒゲナガアブラムシのシロツメクサへの適応が、体内に住む共生細菌*Regiella*の感染によって大きく改善されることを見だし、その機構の解明に取り組んでいる。*Regiella*の機能としては、宿主アブラムシにとって利用しにくいシロツメクサの篩管液成分（欠乏する必須アミノ酸、防御物質である青酸配糖体）を改変し宿主に供給していることが予想される。これまでに、必須アミノ酸濃度を変化させた完全合成人工飼料飼育系やHPLCによる排泄物の分析、トレーサー実験などの解析を行い、*Regiella*が宿主アブラムシの排泄するグルタミンをリサイクルすることで、餌に不足する必須アミノ酸を合成・供給していることが示唆された。本講演では、これに加えて、*Regiella*がシロツメクサの毒物質を解毒する可能性についても触れ、共生細菌が賦与する植物適応機構について考察する。

#### 【OP1-05】 ミトコンドリアかボルバキアか？：細胞内共生体の2つの戦略の進化

○山内淳<sup>1,2</sup>、Arndt Telschow<sup>1,3</sup>（1京大・生態研センター、2JST・さきがけ、3ミュンスター大学・進化、生物多様性研究所）

ミトコンドリアは $\alpha$ -プロテオバクテリアと近縁であると考えられてきたが、近年、それらの中でもリケッチアやボルバキアを含むリケッチア目に近いことが明らかになってきた。ミトコンドリア、リケッチア、ボルバキアはいずれも真核生物の細胞内に共生し、細胞質を通じた垂直感染によってホストとの共生関係を持続する細胞内共生体である。系統的な近さと細胞内共生という共通性にも関わらず、ミトコンドリアと他の共生体の性質は大きく異なっている。リケッチアとボルバキアは、垂直感染を確実にするためにホストの性発現を制御する能力（SRD: Sex Ratio Distortion）を進化させているのに対し、動物のミトコンドリアはSRDを持たないかわりにゲノムサイズを著しく小型化する方向へ進化している。このような細胞内共生体の2つの戦略は、どのような過程を経て進化・維持されてきたのだろうか。本発表では、細胞質の遺伝様式に注目しながら、細胞内共生体の戦略の進化過程を理論的に解析する。

#### 【OP1-06】 トコジラミと*Wolbachia*の相利共生

○細川貴弘、古賀隆一、孟憲英、菊池義智、深津武馬（産総研・生物機能工学）

*Wolbachia*は節足動物とフィラリア線虫の体内のみに見られる細胞内共生細菌である。節足動物においては宿主の体全体の細胞に蔓延し、細胞質不和合などの生殖操作によって宿主個体群中に感染を広げていく寄生者として知られている。本研究ではまず、トコジラミ*Cimex lectularius*（カメムシ亜目）における*Wolbachia*感染は菌細胞と呼ばれる特別な細胞だけに見られることを明らかにした。次にこの*Wolbachia*の生物学的機能を解明するために抗生物質投与によって宿主体内の*Wolbachia*を除去したところ、幼虫期の生存率や卵の孵化率などの適応度成分に著しい低下が見られた。トコジラミは脊椎動物の血液というビタミンB類が乏しいエサ資源を利用しているため*Wolbachia*がビタミンB類を合成し宿主に供給しているのかもしれない。この仮説を検証するために、*Wolbachia*を除去した宿主個体のエサにビタミンB類を添加したところ、各適応度成分はほぼ完全に回復した。したがってこの*Wolbachia*はトコジラミの成長・繁殖に必要なビタミンB類を合成・供給する相利共生者であると考えられる。



## 【OP1-07】 吸血性昆虫類の内部共生細菌：多様性、起源、並行進化

○ 深津武馬（産総研・生物機能工学）

木質、植物汁液、脊椎動物の血液や角質など、消化が困難であったり栄養的にきわめて偏っていたりする資源を専食する昆虫類の多くは、体内に高度に発達した微生物との内部共生系を有する。今回は吸血性という生活様式と共生細菌の獲得の関連に焦点をあて、古くからその存在が組織学的に記載されながら、今日に至るまで微生物学的実体が明らかでなかったシラミ類、トコジラミ類、クモバエ類などの脊椎動物吸血性昆虫類について、その内部共生細菌の実体と起源について明らかにした最新の知見について紹介し、さらに今後の展望について概観する。

## 【OP1-08】 gene-for-gene宿主病原体間相互作用に基づくイネいもち病菌レース長期変動予測モデル

○中林潤<sup>1</sup> 佐々木顕<sup>1</sup>（総合研究大学院大学・葉山高等研究センター・生命共生体進化）

いもち病は糸状菌の一種であるイネいもち病菌の感染によって引き起こされるイネの病害である。冷害時に大きな被害をもたらすこともあるため、イネの安定した収穫のためには効率的な防除が重要である。現在用いられているいもち病防除方の一つに、抵抗性品種による耕種的防除がある。しかし抵抗性品種の導入は一方でイネいもち病菌のエスケープ変異体出現を促すという側面を併せ持ち、宿主-病原体間の進化的相互作用のためイネの抵抗性は永続できない。長期にわたって抵抗性品種を使い続けるためには、いもち病菌レースの進化的な変化を勘案し、抵抗性品種の作付けを適切に制御する必要がある。今回我々はgene-for-gene宿主病原体間相互作用に基づき、いもち病菌レース頻度が感受性イネ作付け面積に応じて増加するとする決定論的モデルと、胞子の越冬が確率的に起こるとする確率論的モデルとを組み合わせ、イネいもち病菌レース長期変動予測モデルを構築することを試みた。まずいもち病菌レースおよび抵抗性品種作付け面積に関する過去40年分の実測データをもとに、各パラメータをMCMC法により推定し、モデルの妥当性を検証したので報告する。

## 【OP1-09】 植物病原糸状菌における寄生性と腐生性の進化

○鈴木清樹<sup>1</sup>、佐々木顕<sup>2</sup>（<sup>1</sup>九大・理・生物、<sup>2</sup>総研大・生命共生体進化）

糸状菌は、腐植を分解吸収する腐生性だけでなく、植物の主要な病原体としての寄生性を有する。栄養摂取の手段で分類した場合、生きた植物でしか繁殖できない絶対寄生菌、病原性を示さない真正腐生菌、特定の環境下で寄生性を発揮する条件寄生菌といった幅広いラインナップが存在する。そこで本研究では、植物病原糸状菌の寄生性・腐生性を反映させた疫学モデルを構築し、宿主集団内での糸状菌の存続条件を求めた。宿主植物の状態を、未感染個体（S）と感染個体（I）からなる寄生レイヤー、健全枯死体（W）と汚染枯死体（D）からなる腐生レイヤーに二分した。病原菌の状態を示すIおよびDの増加プロセスは両レイヤーの単独および交差からなる4経路であり、各状態推移に対応する4種類の基本増殖率（ $R_0$ ）についてモデル式から定義できる。中でも絶対寄生と真正腐生の二形質からみた $R_0$ を基準とするよこにより、単独レイヤーでの生存可能性や両ステージの交差に依存したカテゴリーなど、新たな糸状菌の分類が可能となった。さらに、これらの結果をもとに、寄生性・腐生性の形質にトレードオフを持たせ、各形質の進化動態について考察する。

**【OP1-10】 シクエストレート担子菌類ジャガイモタケおよびホシミノタマタケ属菌の収斂進化と属内系統**

○折原貴道1、池田枝穂2、大和政秀3、霜村典宏4、田中千尋5、岩瀬剛二4（1鳥取大・院農、2林業科学技術振興所、3環境総合テクノス環境部、4鳥取大・農、5京大・院農）

シクエストレート菌 (sequestrate fungi) は、孢子形成部 (子実層) が露出せず、孢子を射出する構造が失われた子実体 (きのこ) を形成する菌類の総称で、それらの大半は外生菌根を形成し樹木と共生関係にある。これらの菌は、担子菌類および子嚢菌類の様々な系統において分化しており、菌類の系統進化を考える上で重要なグループである。ジャガイモタケ *Octaviania columellifera* は、日本固有のシクエストレート菌であるが、本種が含まれるホシミノタマタケ属 *Octaviania* 内では特異な形態的特徴を複数有している。演者らは、ジャガイモタケおよび他のホシミノタマタケ属菌について、核rDNAのLSUおよびITS領域の系統解析を行った。その結果、他のホシミノタマタケ属菌はヤマイグチ属に近縁であったのに対し、ジャガイモタケは同じイグチ科のアワタケ属の一系統に近縁であった。このことから、ジャガイモタケの系統は、イグチ科内で他のホシミノタマタケ属菌とは独立して収斂進化した系統であると考えられる。また、各系統内での分化は、宿主樹木の違いと対応しており、宿主特異性がこれらの系統の種分化に影響を与えている可能性が示唆された。

**【OP1-11】 利己的制限修飾遺伝子間に起きる、ゲノム上のメチル化サイトの取り合いが、宿主殺しをもたらす**

Marat Sadykov1、半田直史1、○鶴剛史1, 2、小林一三1, 2（1東大・院新領域、2東大・院理）

配列特異的DNAメチル化酵素は、細菌では、しばしば同じ配列を認識し切断する制限酵素と対になり、制限修飾遺伝子単位を作っている。私たちは、制限修飾遺伝子がライバル遺伝子によって宿主から追い出されると宿主を殺すこと、それによって自己の維持を宿主に強制する事を発見し、以来それらが「利己的な動く遺伝子」である証拠を蓄積してきた。今回、制限修飾遺伝子の中で起きる同じく宿主殺しをもたらす競争を発見した。「ある配列の制限修飾系によるメチル化によって、別の制限修飾系によるメチル化が阻害されるが制限切断は阻害されない」場合があることが *in vitro* で知られていた。例えば、HpaII によるメチル化はBamHI によるメチル化を阻害するが制限は阻害しない。そこで、BamHI系を持つ大腸菌でHpaIIメチル化酵素を誘導したところ、細胞死が引き起こされた。メチル化酵素間のサイトの取り合いによって生じた制限酵素感受性配列を、制限酵素が切断して細胞死を引き起こしている事が、ゲノムDNAの解析からも支持された。このような宿主殺し型競争がエピジェネティックなメチル化系の水平伝達を左右しているかを考察する。

**【OP1-12】 制御性T細胞の進化的意義に関する理論的研究**

○佐伯晃一、巖佐庸（九州大・数理生物学）

獲得免疫を持つ生物は、多様な外来抗原に対しリンパ球の多様性を高めることによって対応しているが、このリンパ球レパトワには自己抗原を攻撃するようなものも含まれておりそれらを完全に除去することはできない。そのため、自分の体を自分の免疫系から守ることが必要で、自己攻撃性のT細胞の働きを抑える「制御性T細胞」が存在する。しかし、この制御性T細胞は外来抗原への防御に有益なT細胞の働きまで抑制してしまうという不利益がある。本研究では、T細胞が外来抗原を排除する利益と自己抗原を攻撃する不利益を考慮して適応度を定義し、T細胞のうちどの程度をエフェクターT細胞に分化させどの程度を制御性T細胞にするべきかを考えた。その結果、T細胞の集団が完全に混ざり合う場合には制御性T細胞は進化できず、その抑制機能が局所的にしか働かない場合には進化できることが分かった。また、その進化すべき頻度は抑制機能の強さや自己抗原の頻度、自分の体を攻撃することの重大さ等によって決まることが分かった。

### 【OP1-13】 インフルエンザウイルスにおける系統樹分岐の季節変動性

○大森亮介<sup>1</sup>、大槻亜紀子<sup>2</sup>、佐々木顕<sup>2</sup>（<sup>1</sup>九大・院理、<sup>2</sup>総研大・葉山高等研・生命共生体進化）

インフルエンザウイルスの将来大流行を起こす系統を流行初期段階で抑制する為には、系統分岐が起こる時期（新系統の誕生時期）の解明が重要である。これを理論的に解明する為には、抗原決定座位の突然変異と宿主免疫の交差反応を取り入れた感染者動態モデルを解析した。ここでは抗原決定座位内で一定の変異率で突然変異を起こす有限個の塩基配列を考え、感染率は一年周期の季節変動性を持つとする。この場合、ウイルスの多系統間での流行動態の同期が見られ、新系統の誕生時期は感染者が最大になる時期より前になることがわかった。これはインフルエンザ流行シーズン初期に来シーズンに優勢的に流行する系統が誕生する事を意味する。この誕生時期のずれはウイルスの基本増殖率や、免疫を持つ系統と感染を試みる系統での、抗原決定座位の相違数による宿主獲得免疫の交差反応の強さの関数形により変化する。また、インフルエンザウイルスは新系統の多くが系統分岐を起こさずに絶滅する。ある系統が大流行を起こさずとも、系統分岐を起こし亜系統が将来的に大流行を起こす危険性がある。系統分岐を起こす系統の誕生時期は新系統の誕生時期からさらにずれる事についても議論する。

### 【OP1-14】 インフルエンザの疫学モデルと流行予測の可能性

○大槻亜紀子<sup>1</sup>、大森亮介<sup>2</sup>、佐々木顕<sup>1</sup>（<sup>1</sup>総研大・葉山高等研・進化、<sup>2</sup>九大・院理）

インフルエンザの流行は毎年異なる抗原タイプによって引き起こされる。インフルエンザに特異的な流行パターンは、通常の SIRモデルに季節による感染力の変動と交差免疫（類似性の高い抗原に対する免疫）の効果を加えることでウイルスの突然変異体の多様性が制限され、再現できる。宿主集団中の各個体の免疫状態は感染履歴に依存し、その履歴は新たな感染によって更新されるとする個体ベースのシミュレーションを行い、突然変異によって出現しうる病原体のうち大きな流行を引き起こす抗原タイプの傾向を探った。本研究では宿主集団の病原体への平均的な感受性に注目し、抗原タイプ毎に測定したところ、高い集団感受性を持つ抗原タイプほど大きな流行を引き起こすことがわかった。また、流行している全ての抗原タイプから出現した突然変異体は将来の流行株となる可能性があり、さらにその突然変異体の集団感受性が高ければ大規模な流行を引き起こすおそれがある。従って、流行している抗原タイプと出現しうる突然変異体の集団感受性との関連性についても調べ、この二つの要素によって将来流行する抗原タイプの予測が可能であるかについて議論する。

### 【OP1-15】 近年の海産ウイルスに関する研究はウイルス進化の理解を深めつつある

○長崎慶三<sup>1</sup>、外丸裕司<sup>1</sup>、白井葉子<sup>1</sup>、高尾祥丈<sup>2</sup>、本多大輔<sup>3</sup>、Valerian Dolja<sup>4</sup>  
（<sup>1</sup>水産総合研究セ、<sup>2</sup>福井県大・生物資源、<sup>3</sup>甲南大・理工、<sup>4</sup>オレゴン州立大）

近年、珪藻・ラフィド藻・ラビリンチュラ（ストラメノパイルズ生物群）および渦鞭毛藻（アルベオラータ生物群）などの『クロムアルベオラータ類』を宿主とするピコルナ様RNAウイルスが立て続けに単離された。海産の珪藻および渦鞭毛藻をそれぞれ宿主とするウイルスRsRNAVとHcRNAVのゲノムは、鎖長、3'末端構造、および構造タンパク質遺伝子が複数の分子をコードするかどうかという点で異なった。また、既知のピコルナ様ウイルスに上述の新規ウイルスを加え、RNA依存性RNAポリメラーゼ配列に基づく系統解析を行った結果、ピコルナ様ウイルスは6大系統群から成り、RsRNAVとHcRNAVはそれぞれ異なる大系統群に属することが示された。このうち3つの大系統群では、宿主域がユニコンタ類・プランタ類・クロムアルベオラータ類の3つの真核スーパーグループに跨っており、ウイルスと真核生物との関係が、現在の真核スーパーグループが形作られる以前に成立した可能性を示唆した。今後の海産ウイルスに関する研究は、RNAウイルスと真核性宿主の関係をめぐる進化の歴史を紐解く上で、きわめて重要な情報を提供するものと期待される。

**【OP1-16】 構造データベースに基づく複合体結合能の予測とウイルス適応度マップの構成**

○渡部輝明<sup>1</sup>、岸野洋久<sup>2</sup>（<sup>1</sup>高知大・医、<sup>2</sup>東大・院農学生命科学）

近年多発している新興感染症の病因となるRNAウイルスはヒト以外の動物を自然宿主としており、ウイルスの変異やヒトの活動などによりヒトに偶然感染したことでヒトの病原体となった。ヒトの細胞受容体への結合を可能としヒトへ適応したウイルスは細胞受容体への結合能を維持しつつ生体防御機構からの攻撃をかわしていかなければならない。このような感染現象におけるウイルス変異の予測を行うため、タンパク質構造データベースの情報を基に、ウイルスゲノムの突然変異による宿主免疫系への適応株の誕生を確率予測するモデルを構築する。ウイルスの宿主内動態は、正常細胞、感染細胞、ウイルス、免疫グロブリンからなる動態方程式により記述される。構造データベースに基づく経験尤度比により複合体の結合能を評価することで、ウイルス粒子と細胞受容体との結合能、及びウイルス粒子と免疫グロブリンとの結合能のバランスが突然変異によりいかに変化するかを予測する。SARSコロナウイルスについて抗原性の変異したウイルスが適応度マップ上をどの様に移動するのかを明らかにしたところ、抗体の結合部位の特質によりウイルスの適応進化速度に違いが出る事が判明した。

## 口頭発表2 (B会場) 8月22日 13:30-17:40

## Oral Presentation 2 (Room B) August 22, 13:30-17:40

### 【OP2-01】 大量遺伝子情報を用いた原核生物の系統解析

○堀池徳祐1、宮田大輔2、舘野義男3 (1国立遺伝研・総合遺伝、2千葉商科大・商経、3国立遺伝研・生命情報)

分子進化学において原核生物全体の系統関係を理解することは、様々な進化的現象を理解する上で大変重要である。しかし、多数の遺伝子水平伝達やアウトパラログの欠失の影響により、正しい系統樹を作成するのは困難だった。我々はこの問題を克服すべく、独自の方法でオーソログ配列データセットを作成し、大量遺伝子情報を用いた系統樹を作成した。まず、全ての生物種を含むランダムな樹形を持つ初期系統樹を作成した。これを各オーソログの系統樹と比較し、各結節において分岐パターンが矛盾しない系統樹の数を集計した。そして、この集計値を比較可能な結節を持つ系統樹の数で割り、「結節の支持率」を計算した。平均支持率が大きくなっていくまで、最小の支持率を持つ結節の枝の移動と平均支持率の計算を繰り返した。ここで得られる系統樹の支持率は極大値であるため、同様の計算を1000回行い、最大値を持つ系統樹を種の系統樹とした。遺伝子水平伝達などの個々の進化的イベントで生じた樹形の変化は多数のオーソログによって共有されないため、これらのイベントが起こっていない樹形が相対的に支持されやすいと考えられる。

### 【OP2-02】 脊椎動物のトランスポゾン：*Tol1* 因子の転移酵素遺伝子はメダカ自然集団で完全な消滅に至っていない

○古賀 章彦 1、濱口 哲 2、酒泉 満 2 (1 名古屋大・理、2 新潟大・理)

DNA型トランスポゾンの生活環はつぎのようなものであると、ひろく考えられている。「(1) 自律的因子の新しいホストへの侵入 → (2) 自律的因子の増幅 → (3) 非自律的因子の生成 → (4) 自律的因子の割合の低下 → (5) 自律的因子の消滅 → (6) 非自律的因子の崩壊」。ここで、自律的因子とは機能する転移酵素遺伝子をもつ因子、非自律的因子は転移酵素を作れなくなった因子を指す。ショウジョウバエの *P* 因子では (1)-(5) が50年ほどの短期間で観察されている。ホストのゲノムに突然変異を供給するのは (2)-(4) の期間である。脊椎動物のゲノムにもDNA型トランスポゾンは多数存在するが、少数の例外を除き、(5)以降の段階にある。少数の例外、すなわち自律的因子がみついているものは、メダカの *Tol1* 因子と *Tol2* 因子である。今回、*Tol1* 因子についてメダカ自然集団での構造の変異を調べ、(4)の段階にあることを明確に示す結果を得た。*Tol1* 因子は自然突然変異の供給源として機能していることが、推察される。

### 【OP2-03】 硬骨魚類孵化酵素の卵膜分解機構における機能進化

○佐野香織 1、川口真理 2、井内一郎 3、安増茂樹 3 (1 上智大・理工・生物科学、2 東大・海洋研、3 上智大・理工・物質生命)

硬骨魚類孵化酵素遺伝子の分子系統樹を俯瞰すると、1種類の酵素が遺伝子の重複によって2種の酵素系に進化してきたことが見て取れる。ゼブラフィッシュは単一の孵化酵素系でZHE1のみで孵化する。一方、メダカの孵化は2種類の孵化酵素MHCEとMLCEの共同作用により行われる。この2魚種より孵化酵素の卵膜分解機構を調べ、タンパク質の機能の進化を考察した。メダカとゼブラフィッシュの卵膜と孵化酵素を交換して分解させると、MHCEとZHE1は互いの卵膜に対して同じ切断点を切断する。メダカが属する正真骨類とゼブラフィッシュが属する骨鰈類は1億4000万年前に分岐しているにもかかわらず、HCEとZHE1が卵膜分解において同様の特異性を示すことから、両者の孵化酵素と卵膜タンパク質が一定のルールを維持しつつ進化したことが予想される。一方、MLCEは、他の2つとは異なった卵膜分解特異性を示すことより、正真骨類への進化過程でMLCEが出現して新たな分解機能を獲得したと考えられる。更に2億3000万年前に分岐したとされる、正真骨類と骨鰈類の共通祖先と、カライワシ上目(ウナギ)の孵化酵素の卵膜分解機構を加えて考察した。

#### 【OP2-04】 パラオ諸島海水湖におけるトウゴロウイワシ科魚類の進化の初期過程

○後藤亮1、千葉悟1、後藤禎補1、半澤直人2（1 山大・院理工、 2 山大・理）

海洋生物の地理的隔離による進化過程は、これまでほとんど研究がなされてこなかった。本研究では、パラオ諸島に存在する海水湖群に着目した。海水湖に生息する生物は、約10,000年前の海水湖形成時に閉じ込められた生物の子孫であると考えられ、海洋生物の地理的隔離による進化過程を調べるのに適している。本研究では、トウゴロウイワシ科魚類の*Atherinomorus endrachtensis*を材料として用いた。パラオ諸島の3ヶ所の海水湖と4ヶ所のラグーンで採集した161個体とインドネシアのスラウエシで採集された3個体の計164個体のミトコンドリアDNA cytochrome b 遺伝子と調節領域の全塩基配列を決定し、集団遺伝学的解析を行った。その結果、海水湖集団の進化は、(1)ごく少数の個体からなる創始者集団が海水湖形成時に隔離される。(2)それとともに遺伝的浮動が強く作用し、一つのハプロタイプに固定する。(3)その後集団の拡大と共に集団ごとに新しいハプロタイプが派生、蓄積し、現在の集団の遺伝的構造が形成される。以上のような段階を経たことが示唆された。

#### 【OP2-05】 遺伝子変換の偏りと多重遺伝子族の協調進化速度

○間野修平（名市大・院システム自然科学）

哺乳類のゲノムにおいてGC含量が高い領域に遺伝子が多いことは、淘汰が関与することを示唆するかもしれないが、遺伝子変換の偏りで説明できるかもしれない。実際、協調進化する多重遺伝子族はGC含量が高く、コピー数とGC含量に強い相関があることが指摘されている。そこで、偏りのある遺伝子変換により中立に協調進化する重複遺伝子の進化速度を考察するため、変異がすべてのコピーにおいて固定する確率をn座位拡散模型によって解析的に導出した。変換率が大きいとき、固定確率はコピー数の2乗に比例することが示された。

#### 【OP2-06】 CDSの劇的な進化を可能にするプロセス型遺伝子重複

○佐藤慶治1, 坂手龍一1, 武田淳一1, 五條堀孝1, 2, 今西規1（1. 産総研 バイオメディシナル情報研究センター 分子システム情報統合チーム 2. 遺伝研 生命情報・DDBJ研究センター）

逆転写によるプロセス型遺伝子重複が遺伝子進化に与える影響を解明することを目的として、ヒトを含む10種の脊椎動物の全ゲノム比較解析を行い、分節型およびプロセス型遺伝子重複を同定した。結果として、プロセス型遺伝子重複に特異的な2つの特徴が見出された。一つはイントロンの消失によりNMDの制御から免れ、CDSの劇的な変化が許容されるという特徴である。例えば、ヒトATXN7L3遺伝子の子遺伝子はヒト-マウスの共通祖先において62番目のアミノ酸の位置にフレームシフトを起こし、親遺伝子であればNMDによって制御されるはずの位置に終止コドンが現れるという劇的なCDSの変化を起こしている。二つ目は遺伝子のUTRやイントロンに寄生し、遺伝子のフェージョンを引き起こす性質であり、65のヒト遺伝子座がこのケースであると判定された。例えば、KRT5遺伝子のmRNAが逆転写によりヒトTTBK2遺伝子のイントロンに挿入された後に、挿入配列のエキソン化が起こり、TTBK2遺伝子の選択的エキソンとして機能している。これらの結果は、これまで考えられてきた以上にプロセス型の遺伝子重複が遺伝子の進化に大きな影響を与えていることを示している。

**【OP2-07】 ヒトゲノム中の霊長類特異的重複遺伝子間に起きた遺伝子変換の探索**

○江澤 潔1、河合洋介2、斎藤成也1,3 (1 遺伝研・集団、2 立命大・生命、3 総研大・遺伝)

遺伝子座間遺伝子変換はある遺伝子の領域が重複遺伝子の相同な遺伝子領域を上書きする現象であり、協調進化や対立遺伝子多様性などを生じ、重複遺伝子進化の一要因になっていると考えられている。我々はゲノム規模で集めたヒト/アカゲザルの遺伝子四つ組を用いて遺伝子変換を探した。「四つ組」とは、霊長類/齧歯類分岐後に起こった遺伝子重複とそれに続くヒト/アカゲザル分岐により生じた互いに傍系相同(paralogous)な2組のヒト/アカゲザル順系相同(orthologous)遺伝子対である。解析の結果、約14%(103/730)の四つ組が遺伝子変換を生じていた。これは我々が以前解析したマウス/ラットの率(約29%)の半分程であった。遺伝子変換が生じやすい遺伝子の種類も霊長類と齧歯類でかなり異なっていた。これは両系統での異なる自然淘汰の歴史を反映しているのかもしれない。一方、齧歯類・霊長類ともに、変換率は物理的距離と負の相関、転写方向とは無相関を示した。イントロンで起きた遺伝子変換や多重遺伝子族での遺伝子変換についてのゲノム規模解析の結果も発表する。

**【OP2-08】 MISHIMA -- a new heuristic method of multiple sequence alignment**

○Kirill Kryukov1, Naruya Saitou1, Kazuho Ikeo2, Takashi Gojobori2  
(1 Division of Population Genetics, National Institute of Genetics; 2 DNA Data Analysis Laboratory, National Institute of Genetics)

Conventional multiple alignment methods are based on pairwise alignment and/or on progressive alignment technique. These approaches have performance problems when the number of sequences is large and with genomic scale sequences. We developed a new heuristic approach to multiple sequence alignment. We use information about the frequency of short (1-12 bp) sequence motif occurrences in the sequences to be aligned. This information is gathered quickly and it allows to find the potential similarities, which are then examined to detect the real high similarity regions. These regions are then used to "anchor" the alignment. The procedure is applied recursively until the regions between the two anchors are short enough for conventional alignment procedure, or until no further similarities can be found. ClustalW is used to align the short final regions between the anchors. We successfully applied MISHIMA to align datasets such as: 100 HIV genomes of about 10 kb (1 hour), 50 complete mammalian mtDNA genomes of about 17 kb (1 hour), 4 complete Streptococcus pyogenes genomes of about 2 Mb (6 hours). MISHIMA will be available as an online server as well as downloadable standalone software.

**【OP2-09】 Effect of Hsp genes on fitness and developmental stability under thermal stresses**

○高橋一男<sup>1,2</sup>、高野敏行<sup>1</sup>、Ary A. Hoffmann<sup>2</sup> (1国立遺伝学研究所、2メルボルン大学)

Waddington (1942) defined the term canalization as a measure of the ability of a genotype to produce the same phenotype regardless of variability of its environment. Molecular chaperons such as heat shock proteins (HSPs) are considered to be one of the molecular machineries of the canalization. Rutherford and Lindquist (1998) showed developmental abnormalities associated with deficits of *Hsp90*, one of the most abundantly expressed HSPs in eukaryotic cells, and suggested the role of *Hsp90* as an evolutionary capacitor. However, other Hsp genes such as *Hsp70*, *Hsp68*, *Hsp22* etc. have also been known to increase their expressions under various environmental stresses, and may play important roles in developmental buffering as well as *Hsp90*. In this study, we used *Drosophila melanogaster* to investigate the effect of Hsp genes on fitness and developmental buffering. We constructed deletions of different Hsp genes with isogenic deficiency kit from DrosDel project. For these deletion lines and RNAi knockdown ones, we examined fluctuating asymmetry (FA), an index of developmental instability, of bristle number and wing morphology under thermal stresses.

**【OP2-10】 Brn-2の哺乳類特異的な単一アミノ酸リピートとマウスの養育行動**

○那須 信<sup>1</sup>、阿部 由紀子<sup>1</sup>、阿南 圭一<sup>1</sup>、片岡 由起<sup>2</sup>、佐藤 充治<sup>2</sup>、市瀬 広武<sup>2</sup>、吉田 進昭<sup>2</sup>、植田 信太郎<sup>1</sup> (1東大・院理、2東大・医科研)

系統特異的な特性は、系統特異的なDNA配列が決められているはずである。逆に、系統特異的な配列は、系統特異的な特性を担っている可能性があると言える。単一アミノ酸リピートは、哺乳類では数%の遺伝子に少なくとも一つ含まれる一方、両生類・魚類では、わずかにしか存在しない哺乳類特異性の高い配列である。本研究では、単一アミノ酸リピートが哺乳類に豊富に存在することの意義を探るため、*Brn-2*において、単一アミノ酸リピートのみを欠失したノックインマウス (*Brn-2Δ*マウス) を作製した。*Brn-2Δ*マウスは、大人まで正常に発育し、妊性も正常であったが、*Brn-2Δ*マウスから生まれた仔において生存率の低下が見られた。仔の遺伝子型がすべてヘテロとなるような組み合わせの比較から仔の生存率の低下は、仔ではなく母親に原因があることが示唆された。母性行動の一つ、仔の回収行動に関する行動学的解析から、*Brn-2Δ*マウスは回収に時間がかかる、または回収する仔の数が少ないことが確かめられた。*Brn-2*における単一アミノ酸リピートの哺乳類特異的な獲得は、養育行動の変化をもたらした可能性が考えられる。

**【OP2-11】 流体骨格から循環器官へ：刺胞動物における反口側組織の生理機能進化**

清水裕<sup>1</sup>、小林設郎<sup>2</sup>、並河洋<sup>3</sup> (1国立遺伝学研究所、2三島北高等学校、3国立科学博物館)

刺胞動物ゲノムはその基本構造が後口動物、特に脊椎動物と非常に高い類似性を持つことが最近明らかになり、非常に注目を集めている。発表者はヒドラ生理機能発現機構の解析を行ってきたが、研究範囲を祖先型であるイソギンチャクに拡張した。その結果の報告を行う。ヒドラの反口側の柄部は、遺伝子発現パターンなどから脊椎動物の心臓原基と共通起源であると考えられる。本研究では、イソギンチャクの該当部位が行う運動を観察、解析した。その結果、運動では移動手段としての流体骨格の役割が認められた。これは軟体動物でも認められる性質である。一方、ヒドラでは循環機能的な役割が従来の研究から示唆されているが、進化の過程で、流体骨格から循環器官へと機能変化が起こったと考えられる。一方、消化機能では、イソギンチャクの消化器官は生殖器と重複した場所にあって管状構造をとらないのに対し、ヒドラでは構造、運動機能面では哺乳類消化管とよく似た消化管が発達している。このように、ヒドラはその生理機能発現機構が脊椎動物と非常に似かよっている。この類似性は、並行進化の典型とみなすことができるが、他の可能性にも注目している。



## 【OP2-12】 貝形虫における筋肉と関節の機能的相関の発生過程における保存

梶智就（静大・創造科学技術大学院）

節足動物の付属肢の運動は、関節とそれを動かす筋肉の相関した配置によって決定される。逆に、ひとたび相関が崩れれば、付属肢の機能は破綻すると考えられる。甲殻類の付属肢は、機能的／形態的な多様化が著しいことで知られる。このことは、進化の過程で付属肢の関節配置が変更された時、筋肉配置も同時に相関した変更を受けていることを意味する。形態同士の相関した進化的変更は、いかにしてなされるのか？本研究では、貝形虫の第二触角を用い、関節と筋肉の相関した進化的変更の事例を、比較発生学的な視点から調査した。Candonidae(Cypridoidea)及びその祖先とされるPontocypridoideaの第二触角では、脱皮の際に関節が追加されると同時に相関した筋肉が生じることにより、その機能的な運動を可能とする。この筋肉の発生プロセスを両分類群において比較したところ、後者において筋肉配置が成立するまでの段階的なプロセスが、前者では筋肉形成時において時間的に短縮された形で成立することがわかった。この事例は、「筋肉－関節」相関の機構が何らかの形で発生過程に潜在している可能性を示唆する。

## 【OP2-13】 系統フットプリント法を応用した遺伝子間領域cis-elementの進化速度解析の試み

○隅山健太（国立遺伝研）

動物の発生制御の進化には遺伝子発現制御の進化が重要であるが、その理解はあまり進んでいない。進化的に新しい調節機能を獲得したcis-elementを同定するには、その進化速度を知ることが手がかりの一つになると考えられる。アミノ酸をコードする領域では非同義置換と同義置換を区別することによって機能的制約の進化を解析できるが、遺伝子間領域のcis-elementについてはこれまで有効な方法がなかった。Blastのスコアをcis-element全体の保存度の指標として用いる方法では機能的にそれほど重要でない塩基も含む可能性があり明快な結果が得にくい。本研究では機能的に重要と思われるモチーフのみを系統フットプリント法を応用して抽出し、これを系統グループごとに比較することを試みた。これにより、ある遺伝子周辺のcis-elementごとの相対的な進化速度のばらつきがわかりやすくなった。さらに、各cis-elementの進化速度の相対的な一定性が評価しやすくなり、進化的な制約の強さが進化に沿ってどのように変化したかがわかる。哺乳類を中心とした脊椎動物の進化系統に応用した結果を議論する。

## 【OP2-14】 ヤツメウナギ咽頭弓の背腹軸形成とEdnrAのかかわり

姚托雅1、大谷馨1、工楽樹洋2、瀧尾陽子3、倉谷滋3、和田洋1（1筑波大・院生命環境、2University of Konstanz、3理研・CDB）

有顎の脊椎動物において、第一咽頭弓の顎骨弓が背腹軸に沿ってパターン形成し、顎を形作る。このパターン形成は顎を獲得するまでに必要不可欠なプロセスの一つである。無顎類のヤツメウナギの顎骨弓は顎の代わりに下唇や縁膜などを形作る。第二咽頭弓より後方の鰓弓では、軟骨が形成され、その軟骨たちは背腹で対称しているように見える。我々は無顎から有顎への進化の解明を目指し、無顎類のヤツメウナギの咽頭弓の背腹の軸性を調査した。ヤツメウナギ胚の咽頭弓軟骨を染色し、三次元的に発生を記述した結果、一見して対称しているように見えるヤツメウナギの咽頭弓軟骨最上端のsubchordal rodと最下端のhypobranchial barには発生時の時間的・形態的な相違があったことが分かった。また有顎類において咽頭弓の背腹のパターン形成に中心的な役割を果たしているEdnrAが、ヤツメウナギ胚の唇、縁膜、鰓弓軟骨など強く発現していることを確認した。発生が進むと、hypobranchial barで発現するがsubchordal rodにおいての発現を確認することは出来なかった。このように、ヤツメウナギの咽頭弓の背腹の軸性の存在と、それにEdnrAが何らかの影響を及ぼしていることが示唆された。

## 【OP2-15】 ヌタウナギ胚からみる円口類の単系統性

○太田欽也 1、 倉谷滋 2 (1CDB・研究員、2CDB・GD)

現生の無顎類であるヌタウナギ類とヤツメウナギ類は古くから脊椎動物の進化研究において重要であるとみなされ、系統関係について研究が進められてきた。近年の分子進化学的研究では、これらの無顎類を単系統群として扱う「円口類説」が支持されているが、一方で、古生物学研究の分野ではヤツメウナギ類と顎口類を姉妹群とし、ヌタウナギ類を外群に置く「有頭動物説」が支持されており、分子進化学者と古生物学者の間に意見の一致が見られない。この理由として、ヌタウナギ類の神経堤細胞、脊椎骨、半規管などが著しく原始的な形態を有することが考えられる。我々はこれらの原始的と考えられている形質をより詳しく研究するため、2005年よりヌタウナギの発生学的研究を進めてきた。本発表では、まず、2006年に得られたヌタウナギ胚体幹部の組織学および遺伝子発現の観察に基づき、神経堤細胞の分化の様子について報告する。また、文献調査ならびに2007年に得られた胚の研究結果から脊椎骨や半規管の発生過程について考察し、円口類の単系統性について論じる。

## 【OP2-16】 哺乳類とは何か？ 中耳の形態進化を分子発生学的に理解する

○武智正樹、 倉谷滋 (理研CDB)

「哺乳類とは何か？」ということを進化系統的に定義すると、「中耳に3つの耳小骨をもつこと」だといえる。爬虫類の中耳には1つの耳小柱しかないが、哺乳類にはツチ骨、キヌタ骨、アブミ骨の3耳小骨がある。実はツチ骨、キヌタ骨は、爬虫類では関節骨、方形骨という顎関節を形成する骨であった。この咀嚼器官から聴覚器官への形態進化は19世紀より多くの研究者を魅了し、爬虫類から哺乳類にいたる多くの化石記録や比較解剖学的知見が蓄積されてきた。我々は中耳の形態進化研究の最終段階としてマウスとニワトリをモデルとして分子発生学的に理解したいと考えた。両者における中耳の発生過程を3次元再構築により比較したところ、顎関節の位置が大きく異なり、結果として鼓膜が哺乳類において新規に形成されたと考えられた。そこで第1咽頭弓において顎関節の位置を決定する *dHand*, *Gooseoid*, *Bapx1* の発現パターンを比較した結果、これらの発現ドメインのシフトにより顎関節の位置が変化したことが示唆された。さらにニワトリの鼓膜形成には *Msx1* が関与するが、マウスでは上述の発現ドメインシフトにより *Gooseoid* が新規に鼓膜を形成するようになったと考えられた。以上の結果は過去の知見とよく整合するものであった。

## 口頭発表3 (D会場) 8月22日 13:30-17:40

## Oral Presentation 3 (Room D) August 22, 13:30-17:40

### 【OP3-01】 ギャップ符号化問題再考：ベイジアン系統推定における四つの符号化アルゴリズムと三つのモデルの比較

○田辺晶史<sup>1</sup> (1東北大・院生命科学)

挿入・欠失によって生じるギャップの情報を系統推定に応用することは分子系統学において長く研究されてきた問題の一つである。しかし、ギャップ情報を用いることができれば推定精度を改善できそうなデータはたくさんあるにもかかわらず、これまでの多くの研究では、ギャップ情報は除去して解析がなされてきた。これは、ギャップ情報を用いる方法が十分に成熟しておらず、また一般に普及していないためであると思われる。2000年代以降になって、ギャップ情報を符号化するいくつかの方法が開発・実用化されてきたが、ほとんどは最節約法での利用を前提としたものであった。そのため、最尤法やベイズ法などのモデルベースの系統推定法にギャップ情報を用いる方法は未だ確立されていない。今回、シミュレーションで生成したデータを用いることで、既存の二つと新たに開発した二つのギャップ情報符号化アルゴリズムの比較を行った。また、当てはめるモデルも挿入・欠失を区別しないJC69様モデル、ギャップ頻度から挿入・欠失確率を区別するF81様モデル、座位間での挿入・欠失確率の不均質性を許容するモデルの三つを用い、その効果を検証した。

### 【OP3-02】 地理的隔離を引き起こした大陸分断の年代情報に基づく種分岐年代の推定

○竹下和貴<sup>1</sup>、小柳香奈子<sup>1</sup>、渡邊日出海<sup>1</sup> (1北大・院情報科学)

分子系統解析による種分岐年代の推定には、分子データとは独立に得られる既知の分岐年代情報を制約条件として課す必要がある。多くの場合、これは化石情報から得られる。しかし化石情報は、それが種分岐に対応したものである保証がないため大きな誤差を含んだ分岐年代情報しか与えない、といったいくつかの問題点を含むことが知られている。そこで本研究では、上述のとおり問題点の多い化石記録の代わりに、生物種の地理的隔離を引き起こしたと考えられる地殻変動イベントの情報を用いて種分岐年代の推定精度の向上を目指す。我々は、地殻変動イベントによる地理的隔離が多数の生物種に対して起こり、様々な系統で種分化を同時に引き起こすことに着目した。南アメリカ大陸とアフリカ大陸に現在棲息する淡水魚を対象に、12個の核内非重複遺伝子領域での分子系統解析を行い、両大陸の大陸分断に対応すると考えられる種分岐が、複数の系統で一致することを確認した。そして、それらの種分岐年代が両大陸の大陸分断年代に一致すると仮定することで分岐年代情報を獲得した。こうして得られた分岐年代情報をもとに推定された種分岐年代の推定結果について報告する。

### 【OP3-03】 巨大系統樹推定のための最尤法の適用

田村浩一郎 (首都大・院理工・生命科学)

最尤法を用いた系統樹推定は確率モデルを柔軟に利用できる、系統樹推定の精度がよいなどの利点がある一方、計算時間が非常に長いことが大規模なコンピュータシミュレーションによる検証や巨大系統樹推定への応用を妨げてきた。今回、新たに高速アルゴリズムを開発し、コンピュータシミュレーションを用いてこれらの問題を検証してみた。その結果、簡便な樹形探索アルゴリズムでも十分に有効であること、巨大系統樹推定においては、近隣結合法に比べて計算時間の差は縮まること、樹形評価のためにはDNAの塩基置換モデルの選択は大きな問題ではないことなどが分かった。

#### 【OP3-04】 核遺伝子による鰓脚類の系統解析

○魚住太郎1、佐々木剛2\*、石渡啓介1、宮田隆1,2、蘇智慧1,2（1阪大・院理、2JT生命誌研究館、\*現所属：京大・院理）

鰓脚類はハウネンエビ目 Anostraca、カプトエビ目 Notostraca、ミジンコ目 Diplostraca に分類され、ミジンコ目はさらにタマカイエビ亜目 Laevicaudata、カイエビ亜目 Spinicaudata、キクレステリア亜目 Cyclestherida、ミジンコ亜目 Cladocera に分けられている。これらの分類群間の系統関係について、これまで核 28S rRNA 遺伝子、ミトコンドリア 12S と 16S rRNA 遺伝子、EF1- $\alpha$  などの分子情報による解析が行われていたが、信頼性の高い系統樹は得られていない。今回、我々は4つのタンパク質遺伝子 RPB1、RPB2、DPD1、DPLZ（合計約 4000 アミノ酸サイト）を用いて鰓脚類の系統解析を行った。その結果、鰓脚類の中で、ハウネンエビ目が最初に分かれ、その後カプトエビ目とタマカイエビ亜目が順番に分岐し、最後に分かれたのはカイエビ亜目とミジンコ亜目であることが判明した。この系統関係は統計的に有意に支持され、形態による系統分類ともほぼ一致した。

#### 【OP3-05】 同所的に生息するヴィクトリア湖シクリッドにおける視覚の多様性

○宮城竜太郎1、寺井洋平1、相原光人1、溝入真治1、和智仲是2、舘田英典2、今井啓雄3、岡田典弘1（1東工大・院生命理工、2九大・院理、3京大・霊長研）

東アフリカのヴィクトリア湖には数百種に及ぶ固有のカワスズメ科魚類（シクリッド）が生息している。これらのシクリッドは短期間で爆発的かつ同所的に種分化を起こしてきたと考えられており、近年急速な種の多様化の機構として視覚を介した種分化機構が提唱されている。これはオプシン遺伝子の異なる光環境への適応とそれに伴う婚姻色の進化が生殖的隔離を誘導し種分化を引き起こしたというものである。我々はヴィクトリア湖シクリッドにおける視覚適応の全体像を解明するため、光条件に差異の無い同所的に生息する種間でのオプシン遺伝子の解析を行った。その結果、光環境が同じでも長波長に吸収帯を持つLWS遺伝子と薄明視に関わるRH1遺伝子にアミノ酸置換を伴う種特異性が見つかり、中立的な配列よりも両遺伝子は種間で高く分化していた。さらに一部の種ではこれら種特異的なアミノ酸置換が自然選択により生じてきたことが明らかになった。これらの結果から同所的に生息するシクリッドでも種毎に視覚を適応させてきた事が予測され、光環境以外にも食性や生殖行動など生態的特徴を含むマイクロハビタットへ視覚が適応してきたのではないかと推察された。

#### 【OP3-06】 シクリッド嗅覚受容体V1R2遺伝子において観察された大規模な種間多型

○二階堂雅人1、平田直1、相原光人1、溝入真治1、山岸公子2、岡田典弘1（1東工大院・生命、2東京都臨床医学研究所）

硬骨魚V1R嗅覚受容体は、モデル魚種間におけるレパートリーが高度に保存され、各魚種に6種類ずつの相同遺伝子が存在する。そのため、硬骨魚V1Rは進化的に保存された特定の化学物質（例えば Hormonal Pheromoneなど）を受容し、魚類における重要な生理機能を司っていると予想されている。本研究では東アフリカ産シクリッドV1R遺伝子の中でも特に多様化の大きかったV1R2遺伝子に着目して解析を進めた。シクリッドV1R2遺伝子は配列の大きく異なる2つのアリル型に大別され、それぞれのアリル型が系統関係を反映せず、種を超えて、さらには異なる湖間においても共有されるという大規模な種間多型が観察された。またV1R2系統樹のいくつかの枝においては高い $\omega$ 値を示し、正の淘汰を受けた可能性も示唆された。この事はシクリッド集団中において2つのV1R2アリル型が、長期間に渡って平衡淘汰を受けながら混在し、さらに正の淘汰も組み合わせることでV1R2遺伝子が大きく多様化を遂げたと考えられ、V1R嗅覚系がシクリッドの性成熟タイミングや配偶者選択における多様性を生み出す原動力の一端となったといえそうである。

**【OP3-07】 野生新世界ザル集団における色覚多様性を維持する自然選択の検出とL-Mオプシン新規対立遺伝子の同定**

○河村正二1、樋渡智秀1、岡部友吾1、筒井登子1、平松千尋1、松本圭史1、小澤範宏1、印南秀樹2（1東大・院新領域、2総研大・先端科学）

新世界ザルにはX染色体のL-Mオプシン対立遺伝子多型に基づく色覚の種内多型が存在する。我々はコスタリカ・サンタロサ国立公園に生息するシロガオオマキザルとチュウベイクモザルの野生群を対象に、糞DNAからL-Mオプシン遺伝子を単離解析している。現在までにオマキザル4群56頭X染色体85本分、クモザル1群36頭X染色体60本分の対立遺伝子型を、配列と再構成視物質の吸光測定により確定させた。オマキザルには3種類、クモザルには2種類の対立遺伝子が存在し、両種とも遺伝子型の存在比率はハーディ・ワインバーグ平衡に従った。クモザルにおいては2つの対立遺伝子の最大吸収波長の差が配列からの予測値より拡大しており、これにより色識別能を向上させていると考えられた。変異導入実験によりこれは213番と294番のアミノ酸変異によることを突き止め、これらが新規な対立遺伝子であることを示した。さらにコアレッセンスシミュレーションにより、両種ともL-Mオプシン遺伝子領域の塩基多様度及びTajima's D値は、他の中立的なゲノム領域より有意に高く、この対立遺伝子多型が平衡選択により維持されていることを示した。

**【OP3-08】 ゼブラフィッシュを用いた錐体オプシン遺伝子発現制御領域の同定とその進化多様性**

○辻村太郎1、武智正樹1,2、知念秋人1、細谷知広1、瀬野究理1、増田亮子1、河村正二1（1東京大・院新領域、2理研・CDB）

錐体オプシン遺伝子の網膜視細胞特異的な発現は色覚を規定し、そのメカニズムの保存性と多様性を明らかにすることは色覚進化の理解に極めて重要である。ゼブラフィッシュはそのための優れた研究モデルである。ゼブラフィッシュは脊椎動物に見られる4タイプすべての錐体オプシン遺伝子（UV型、青型、緑型、赤型）を持ち、それぞれを異なる錐体視細胞で特異的に発現させている。さらに、その緑型と赤型には遺伝子重複により生じたサブタイプがそれぞれ4つおよび2つ存在し、それらは吸収波長に応じて網膜における発現領域を異にしている。本研究で我々はトランスジェニックフィッシュの生体内レポーターアッセイにより錐体オプシン遺伝子の発現制御領域を探索し、青視細胞特異的に発現する青型オプシン遺伝子の制御領域中に他の細胞（UV視細胞及び松果体細胞）での発現を抑制する配列因子を、錐体オプシン遺伝子として初めて発見した。また、緑型と赤型それぞれについて、すべてのサブタイプ遺伝子の発現を統括的に制御する単一の領域を発見した。これらの制御領域の発見は、今後魚類間及び四足動物との比較を通じて、脊椎動物の色覚進化の理解に大きく貢献すると考える。

**【OP3-09】 カメレオン類ミトコンドリアゲノムの構造的特徴と系統解析**

○岡島 泰久1,2、熊澤 慶伯1,2（名大・院理1、名市大・システム自然科学2）

脊椎動物のミトコンドリアDNA（mtDNA）は、約17 kbpの環状二本鎖DNAであり、37個の遺伝子と非コード領域（制御領域）を含んでいる。これまで我々は爬虫類の様々なグループからmtDNA全塩基配列を決定し、その構造的特徴を明らかにするとともに系統解析を行ってきた。現生のカメレオン科は、カルンマカメレオン属（*Calumma*）、フサエカメレオン属（*Furcifer*）、ヒメカメレオン属（*Brookesia*）、カメレオン属（*Chamaeleo*）、ハチノスカメレオン（*Bradypodion*）属、カレハカメレオン（*Rhampholeon*）属から、約176種を含み、マダガスカル・アフリカを中心に、北は地中海沿岸、東はインド・スリランカにまで生息域を広げている。カメレオン類の起源と放散様式についてはマダガスカルから海洋分散したとする説と Gondwana大陸の分裂に起因するという説が存在するが、未だ決定的な結論は示されていない。今回我々は上記の各属の代表種からmtDNA全塩基配列を決定し、分子系統樹の作成と分岐年代の推定を行い、カメレオン科を含むイグアナ下目の起源と放散様式についての考察した結果を報告する。

**【OP3-10】 Molecular phylogenetic and dating analyses using mitochondrial DNA sequences of eyelid geckos**

○Jonniaux Pierre 1,2、熊澤慶伯 1,2 (名大・院理1、名市大・システム自然科学2)

We sequenced mitochondrial DNA (~2.3 kbp) for several eublepharid geckos. Genes studied were ND2, the 8 flanking tRNA genes, and fragments of 12S and 16S rRNA gene. Phylogenetic analysis showed a closer affinity between the Eublepharidae and the Gekkonidae clade, while the Australian pygopodids were presented as the first divergent family within the infraorder Gekkota. This contradicts with all previous morphology-based hypothesis that regarded the Eublepharidae as the most ancient lineage of geckos. We discuss the morphological implications of this hypothesis. All the relationships inside the Eublepharidae family are well-resolved, while the family itself is clearly monophyletic. *Aeluroscalobotes felinus* is the first species to diverge inside the Eublepharidae. Then the American genus *Coleonyx* branches off. The African genera *Hemitheconyx* and *Holodactylus* form a monophyletic group and are late divergent taxa. Those results are congruent with the hypothesis postulating Laurasian origin for eublepharid geckos and we used time divergence analysis without assuming molecular clock to build a biogeographic scenario accounting for the present distribution of Eublepharidae. Apparition of Eublepharidae was estimated at ~180 million years ago.

**【OP3-11】 植物における物質生産系と自己耐性機構の適応進化—カンプトテシン生産植物について—**

○山崎真巳1,2、スパアツ・シリカンタラマス1、斉藤和季1,3 (1千葉大・院薬、2CREST・JST、3理研・PSC)

植物は二次代謝により有毒化合物を産生するものがある。これらの植物はどのように自己の生産する物質の毒性を回避するのかは古くからの謎であった。本研究では、トポイソメラーゼI(TOP1)の強力な阻害剤であるカンプトテシンを生産する植物と非生産植物について、カンプトテシンの標的タンパク質であるTOP1のカンプトテシン耐性とアミノ酸配列を比較した。その結果、カンプトテシンを生産するキジユ (ヌマミズキ科)、チャボイナモリ (アカネ科)、リュウキュウイナモリ (アカネ科) のTOP1は特異的なアミノ酸置換によりカンプトテシン耐性を獲得していることが明らかになった。このうち1つはカンプトテシン耐性を獲得したヒトがん細胞にみられるアミノ酸置換と同一であった。また、チャボイナモリ近縁種でカンプトテシン非生産植物であるが関連化合物を生産するリュウキュウイナモリのTOP1は弱いカンプトテシン耐性を有し、耐性獲得の中間形質を有することが示された。これらのことからカンプトテシン生産系とTOP1のカンプトテシン耐性が適応進化したこと、ならびに異なる種においてTOP1が平行進化したことが示された。

**【OP3-12】 植物の転写開始点に見られる種間保存性と相対位置による多様性**

○田中剛1、小柳香奈子2、伊藤剛1 (1農業生物資源研究所, 2北海道大学)

ひとつの遺伝子座で複数の転写開始点(TSS)を使い分けることは、真核生物において遺伝子の多様性や、その発現の多様性を生み出すための重要なメカニズムである。今回、我々はイネとシロイヌナズナのゲノム上でTSSを決め、TSS多様化と遺伝子進化の関係を明らかにするために種間比較解析を実行した。まず完全長cDNAとその端読み配列をゲノムに対応させ、イネでは23,445遺伝子座で45,917のTSSを、シロイヌナズナでは16,964遺伝子座で35,313のTSSを同定した。次に、TSSを遺伝子座ごとに最上流とそれ以外の下流に区別してTSS周辺の塩基構成を比べたところ、CG-skewやAT-skew、相対塩基出現頻度に違いが見られ、TATA-boxと思われるシグナルは最上流でしか確認されなかった。この傾向は2種間で高度に保存されており、TATA-boxが関与する一般的な転写制御は特に上流TSSが受け、下流は異なる制御下にある可能性が示唆された。また、保存された遺伝子ほどTSS数が多い傾向が観察され、進化過程で配列の変化が小さい遺伝子ではむしろTSSが多様化したことが分かった。

### 【OP3-13】 栽培イネと野生イネの比較ゲノム解析で明らかになった栽培イネのゲノム進化

○坂井寛章、伊藤剛（生物研）

栽培イネと野生イネがどのようなゲノム進化をたどってきたのかを明らかにするため、公共データベースに蓄積されている野生イネ(*Oryza nivara*, *O. rufipogon*)とアフリカ栽培イネ(*O. glaberrima*)のBAC端配列を利用し、アジア栽培イネ(日本晴)との比較ゲノム解析を行った。まず、BAC端配列を日本晴ゲノム配列にマッピングした結果、野生イネの4~5%、*O. glaberrima*の約7%がマッピングされなかったことから、進化の過程で日本晴のゲノムに大規模な欠失が起きたことが示唆された。我々の推定の結果、野生イネのゲノムには、日本晴には存在しない千以上の特異的な遺伝子が存在することが分かった。さらに、マッピングされなかったBAC端配列をnrデータベースに対して相同性検索を行った結果、野生イネに特異的な遺伝子には、耐病性関連遺伝子が有意に多く含まれていることが明らかになった。本研究により、栽培イネの進化の過程で起こった遺伝子の欠失には機能的な偏りが見られ、野生イネのゲノムにはそれらの遺伝子が現在も保持されていることが示唆された。

### 【OP3-14】 AMEVA: Analysis of Metagenomic Variance

○小谷野 仁1、岸野洋久1（1東大・院農）

微生物生態学によって、全多様性をつかむには絶望的なほど多くの微生物が自然界に存在することが分かってきた。この研究の主要な目的は、1つの環境下の微生物全体からなる母集団の多様性を、それらのゲノム全体からなるメタゲノム母集団の配列レベルの多様性を通して定量的に明らかにすることである。微生物ゲノムでは遺伝子の水平伝播が起こるため、私達はある環境下のメタゲノム母集団の配列多様性を、その環境下の配列全体がなす群集の多様性として定式化した。そうして、1つの環境下の配列の部分集合である環境標本から、その環境下の配列全体の多様性を高精度に推定する統計的方法を開発した。この方法を用いて極限環境や消化器官を比較することにより、私達は南極のメタゲノム母集団が著しく低い多様性を持つことや、サルガッソー海とヒト腸は南極のおよそ2倍の多様性を持つことを発見した。また配列の群集の生態学的分析から、海底熱水孔域の固有配列は異化的亜硫酸塩還元という機能を持つものであることや、ヒト口腔と胃及びウシルーメンは南極や深海と驚くほど多くの共通配列を持つことも明らかにした。

### 【OP3-15】 ヴィクトリア湖産シクリッドにおける染色体の急速な進化

○吉田 恒太1、黒岩 麻里2、寺井 洋平1、溝入 真治1、相原 光人1、小林 直樹1、松田 洋一2、岡田 典弘1（1東工大・院生命理工、2北大・創成機構・動物染色体）

東アフリカに存在するヴィクトリア湖には生態的、形態的に多様な500種に及ぶシクリッドの固有種が生息している。湖の成立年代から、それらのシクリッドは15,000年前という非常に最近に、短期間に種分化したと考えられている。そのためヴィクトリア湖産シクリッドはDNAレベルではほとんど種間の多様性が見られない。一方、染色体レベルの進化が生殖的隔離を生じさせた報告もあることから、短期間の種分化に染色体進化が関係している可能性が考えられる。しかしながら、これまでヴィクトリア湖産シクリッドでは核型は調べられていなかった。本研究では染色体進化と種分化との関係を調べることを目的に、ヴィクトリア湖産シクリッド11種、マラウイ湖産シクリッド5種の核型を決定し、その比較解析を行った。その結果、ヴィクトリア湖産シクリッドでは基本の常染色体に加えて、個体や種によって異なる0~3本の過剰染色体が存在し、染色体数の多様化が明らかになった。さらに、この過剰染色体は種間によって形態が異なり、少なくとも6種類存在することが確認された。これは、この染色体が短期間の種分化において急速に進化してきたことを示していた。

## 【OP3-16】 高密度オリゴアレイCGH法によるヒトとチンパンジーのゲノム比較

肥田宗友<sup>1, 2</sup>、数藤由美子<sup>3</sup>、石田貴文<sup>4</sup>、平井百樹<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東京女子医大・IREIIMS、<sup>2</sup>秋田・大館鳳鳴高、<sup>3</sup>日赤・中央血液研、<sup>4</sup>東京大・理・生物科学）

種間でゲノム領域のコピー数の違いを知ることは、種の進化を研究する上で重要である。重複遺伝子の一方が機能的制約から解放されて新たな機能の獲得が可能となったり、遺伝子の機能に変化がなくてもコピー数の違いにより発現量の差異につながったりした結果、種の形成に影響を及ぼす変化を生じる可能性があると考えられるからである。近年、アレイ技術の進展に伴い、高精度かつゲノムワイドにコピー数の違いが検出できるようになった。これまでヒトと他の霊長類間のアレイを利用したCGH（アレイCGH）研究は、主としてBACやcDNAクローンをプローブにしたものである。本研究では、より高密度にオリゴヌクレオチド・プローブを搭載した市販のCGH用アレイを用いて、ヒトとチンパンジーのゲノム間のコピー数の比較解析を行った。チンパンジーにおける種内コピー数多型（CNV）も考慮しなければならないが、今回は対象とした6頭のコモンチンパンジー全個体で共通にみられたヒトと異なるコピー数の領域を調べることにした。その結果、141領域におけるコピー数変化（そのうち71領域は単一あるいは複数のRefSeq遺伝子領域に当たる）を検出した。



**口頭発表4 (F会場)**  
**8月22日 13:30-17:40**

**Oral Presentation 4 (Room F)**  
**August 22, 13:30-17:40**

**[OP4-01] The meerkat market: sex difference in social strategies within cooperatively breeding groups**

Nobuyuki Kutsukake (Large Animal Research Group, the University of Cambridge; Dept. Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies )

In cooperatively breeding vertebrates, subordinates can be regarded as important social resources for dominant individuals because a large number of subordinates is positively related to the reproductive success of the dominant individuals. The biological market theory predicts that when there are only a small number of subordinates in a group, the value of each subordinate to the dominant individual is high and the dominant individuals are tolerant to the subordinates. To test this idea, we investigated factors affecting social interactions between dominant and subordinates for a cooperatively breeding mammal, meerkats *Suricata suricatta*. We found a clear sex difference in social strategies by dominant individuals. The number of subordinates within a group positively correlated with the degree of agonism between dominant male and subordinates but not between dominant female and subordinates. These results suggest that the biological market theory holds in males but not in females, and may mirror the sex differences in other behaviours, such as the severe intrasexual conflict and intensive pup care for females relative to males.

**[OP4-02] Experimental evolution of a sexually selected trait in yeast**

○Dr Duncan Greig<sup>1</sup> and Dr David William Rogers<sup>2</sup> (1 University College London; 2 Imperial College London)

The fundamental principle underlying sexual selection theory is that an allele conferring an advantage in the competition for mates will spread through a population. Remarkably, this has never been demonstrated empirically. We have developed an experimental system using yeast for testing genetic models of sexual selection. Yeast signal to potential partners by producing an attractive pheromone; stronger signallers are preferred as mates. We tested the effect of high and low levels of sexual selection on the evolution of a gene determining the strength of this signal. Under high sexual selection an allele encoding a stronger signal was able to invade a population of weak signallers and we observed a corresponding increase in the amount of pheromone produced. In contrast, the strong signalling allele failed to invade under low sexual selection. Our yeast system is a powerful tool for investigating the genetics of sexual selection. We show for the first time that mate choice alone can result in rapid evolution at a locus encoding an exaggerated sexual display.

#### 【OP4-03】 ミカワオサムシにおける交尾器形態の分化過程

○長太伸章<sup>1</sup>、久保田耕平<sup>2</sup>、高見泰興<sup>1</sup>、曾田貞滋<sup>1</sup>（<sup>1</sup>京都大・院理、<sup>2</sup>東京大・院農）

交尾器形態に著しい種間変異がみられるオオオサムシ亜属では、雌雄の交尾器形態のミスマッチによる機械的生殖隔離が生じ、交尾器形態には強い選択圧が働いていると考えられる。そのため、多様な交尾器の分化過程の解明は本亜属の多様化の解明する上でとくに重要である。中部地方に分布するミカワオサムシは種内の地域集団間で体サイズや交尾器形態に大きな変異が見られるため、形態の分化過程の推定に適している。そこで、本種を対象に地理的集団の形態解析と系統地理解析を行った。本種はサイズの違いから、LargeとSmallの2つのグループに分けることができ、それぞれのグループで体サイズが気温と相関していた。しかし、交尾器に関しては、Largeグループでは体サイズと相関していたが、Smallグループでは相関は見られなかった。系統地理解析からはグループ間の分岐は約13万年前で、分布域の東側に位置する天竜川流域が祖先的な地域であると推定された。さらにグループ間の遺伝子流動は非常に少ないと推定された。以上のことから、2つのグループは後期更新世に天竜川流域で分化し、グループごとに異なる淘汰圧が働いて形態分化が起こった後に、現在の分布域に広がったと考えられる。

#### 【OP4-04】 クロテンフユシャクの生態学的種分化：季節適応が生殖隔離をもたらす

○山本哲史<sup>1</sup>、曾田貞滋<sup>1</sup>（<sup>1</sup>京大・院理）

温帯には季節ごとに環境が明瞭に変化し、この変化は毎年同じ様に繰り返される。四季の中でも冬季は生物の活動に厳しい季節である。そのため温帯の生物にとって一年のうちいつ成長し、休眠し、繁殖するかは非常に重要な問題である。毎年決まったサイクルで繰り返される季節変化に対応した生活史タイミングの適応的進化は季節適応と呼ばれる。季節適応は生理学や生態学の中心的なテーマのひとつだが、進化学のテーマとしても非常に興味深い。なぜなら季節適応による生活史の進化は、結果として集団間に繁殖タイミングのずれをもたらし、これが異時的隔離として集団間の生殖隔離を生じさせ種分化へとつながる可能性があるためである。しかし、これまで季節適応がもたらす種分化や遺伝的隔離についてはほとんど注目されてこなかった。鱗翅目、シャクガ科の1種であるクロテンフユシャクは同所的に遺伝的基盤をもつ2つの生活史がある。2つの生活史は成虫期が異なっており、この違いは冬季気候に対応した季節適応である。本研究では2つ生活史間の隔離が異時的隔離のみであることを示しており、これは季節適応が生態的種分化の原動力となったことを示唆している。

#### 【OP4-05】 エンドウヒゲナガアブラムシの繁殖様式と遺伝的多様性

○神戸 崇、秋元信一（北大・院農）

アブラムシ科昆虫（Insecta, Hemiptera, Aphididae）の多くは春から夏にかけて単為生殖によって増殖したあと、秋に1回の有性生殖を行う（周期的単為生殖）。アブラムシの単為生殖はapomixisと呼ばれ、無性生殖と同様に遺伝的に同一な子孫が生まれる。さらに、生活環には地理的な種内変異が見られ、気候や寄主植物の分布によって有性生殖が行われない集団も存在する。こうした特徴からアブラムシは、性の進化とその維持機構の問題を考えるのに最適な材料の一つである。今回は7つのマイクロサテライト遺伝子を使って、エンドウヒゲナガアブラムシ *Acyrtosiphon pisum* の有性生殖集団と無性生殖集団の遺伝子型及び対立遺伝子の多様性を比較した。集団遺伝学的解析と系統解析、飼育実験から、調査した7つの地域集団はそれぞれ有性生殖タイプのみまたは無性生殖タイプのみで構成され、両タイプ間にはほとんど遺伝的交流がないことが確認された。有性生殖集団からは非常に多様な遺伝型が見出されたが、無性生殖集団からは調査した292個体の中に14の遺伝子型しか見つけられなかった。一方、無性生殖集団は有意に多くの対立遺伝子を保持し、高いヘテロ接合性を示した。

#### 【OP4-06】 性的対立が精液物質の複雑な機能を進化させる

高見泰興（京大・理・動物生態）

雄の精液に含まれる物質は、雌の産卵を促進したり、再交尾を抑制したりなど、雌の繁殖行動を操作する様々な機能をもつ。しかし、そのような複雑な機能の進化機構は明らかでない。本研究ではまず、クロナガオサムシ（甲虫目、オサムシ科）の精液物質に二通りの再交尾抑制機能があることを示す。一つめは精液物質が凝固した交尾栓であり、交尾直後の雌交尾器をふさぐことで、ライバル雄との再交尾を物理的に阻害する。二つめは雌の交尾拒否行動を誘導する生理活性であり、精液物質を注射された未交尾雌は高頻度で交尾を拒否するようになる。興味深いことに、交尾栓は交尾直後には有効に機能するが、24時間後には多くが雌によって排除されてしまう。一方、交尾拒否行動は交尾直後には誘導されないが、24時間後には高頻度で誘導される。結果として、交尾後24時間にわたり、雌の再交尾は一貫して抑制される。このような二つの再交尾抑制機能の相互補完的な発現は、雌による操作や制限（交尾栓の排除、拒否行動の発現の遅れ）に対する雄の対抗進化であると考えられる。つまり、精液物質の複雑な機能の進化には、雌雄の対立が重要な要因であることが示唆される。

#### 【OP4-07】 チョウの擬態：モデルとミミックの翅模様の共進化

○川平清香、佐々木顕（総研大・生命共生体進化）

チョウの擬態には、毒チョウであるモデル種と、毒チョウに擬態するミミック種が存在する。ミミック種の毒性が低い場合、一般的には寄生的な関係であると言われているが、この様な二種の関係性は擬態の進化にどんな影響を与えたのだろうか。本研究ではどのような進化プロセスを経て擬態が進化してきたのかについて調べた。両者の関係性を知る為には捕食率を求める必要がある。チョウの毒性（食味）と天敵からの捕食率を扱ったSpeed(1992)の数理モデルがある。本研究では、更にモデルとミミックの類似度を考慮した新たな数理モデルを構築した。この数理モデルは、捕食者がチョウの毒性と模様を記憶し忘却する過程を表現している。類似度の効果によって捕食者が間違えて記憶する効果があるため、類似度は捕食率に大きく影響する。研究の結果、双方の模様の進化の追いつきを見ることができた。ベーツ型擬態が生じる条件として、1) 初期の類似度が高ければミミックの擬態の進化がモデルに追いつくこと。2) モデルに対してミミックの割合が少ない場合、モデルがミミックの存在を許容して擬態が可能となることなどが分かった。

#### 【OP4-08】 共進化による種分化と、右も左もわからないヘビ

○細 将貴（東北大・院生命科学）

巻き逆転によって達成されるカタツムリの種分化には、適応度のpeak shiftが不可避である。この制約のために逆巻きの種は滅多に進化できず、カタツムリの種の大多数は右巻きのままで維持されてきた。この右巻きの優占に対応して、カタツムリ食のヘビ類には右巻きの捕食に特化したものが知られている。私はこれまでに、カタツムリ食ヘビへの対抗進化がカタツムリの左巻きへの種分化を促進したという仮説をたて、それを支持する結果を得た。もしこのまま共進化が進行すれば、次には捕食者の側に左巻きへの対抗進化が生じることが予測される。しかしながら今回、ヘビの側には左巻きへの適応的な対応がほぼ見られないことを報告する。このことは、対抗進化を促進する遺伝的、生態的な状況が捕食者と被食者の間で不均衡があることが、エサ動物側の一方向的な多様化をもたらした可能性を示唆する。

#### 【OP4-09】 **Sensory drive: 感覚器の適応が引き起こす種分化の起きる条件**

○寺井洋平<sup>1</sup>、Ole Seehausen<sup>2</sup>、宮城龍太郎<sup>1</sup>、今井啓雄<sup>3</sup>、館田英典<sup>4</sup>、岡田典弘<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東工大・院生命理工、<sup>2</sup>スイス・Bern大学、<sup>3</sup>京大・霊長研、<sup>4</sup>九大・院理）

アフリカのヴィクトリア湖には500種もの固有のカワスズメ科魚類(シクリッド)が生息しており、極めて短期間に種分化を起こしてきたと考えられている。シクリッドの視覚は生息する光環境への適応と、婚姻色の認識を介した性選択に重要であると報告されている。近年、視覚の適応とそれに伴う婚姻色の進化が種の分化を引き起こすことを報告してきた。本研究では、この視覚(感覚器)の適応が引き起こす種分化(Sensory drive)がどのような条件のときに起こるのかを明らかにすることを目的として研究を行った。生息する水深の異なるシクリッドの2種を透明度の異なる岩場から採集し、オプシン遺伝子と婚姻色の解析を行った。その結果、水深が深くなるとともに急激に光環境が変化するような透明度の地点ではオプシンの適応は起きず、ある程度なだらかに光環境が変化する透明度の地点ではオプシンが種間で適応的に分化していた。それに伴い婚姻色も適応的に分化したオプシンに感度よく吸収される光を反射する色に分化していることが明らかになった。このことから種がなだらかな環境変化に分布域を持つ場合に、感覚器の適応が種分化を引き起こすことが示された。

#### 【OP4-10】 **野生クモザル果実採食における視覚及び嗅覚の役割**

○平松千尋<sup>1・2</sup>、河村正二<sup>1</sup>、Amanda Melin<sup>3</sup>、Filippo Aureli<sup>4</sup>、Colleen M. Schaffner<sup>5</sup>、Misha Vorobyev<sup>6</sup>（<sup>1</sup>東京大・新領域、<sup>2</sup>生理学研究所、<sup>3</sup>University of Calgary、<sup>4</sup>Liverpool John Moores University、<sup>5</sup>University of Chester、<sup>6</sup>University of Auckland）

霊長類の自然集団を対象に3色型色覚の優位性を行動観察により証明した報告はない。我々はコスタリカ・サンタロサ国立公園において2色型と3色型個体が混在する野生チュウベイクモザル群を調査対象とし、これまでに2色型と3色型個体間で近距離での果実検出行動の指標（頻度、正確性、効率）に有意差がないことを報告してきた。本研究で我々は果実vs葉の視覚コントラスト（赤緑、青黄、明度）と果実検出指標との相関を再検討し、さらに検出後の果実査定段階における匂い嗅ぎ行動の頻度と視覚コントラストの相関を検討した。その結果、2色型、3色型とも明度コントラストは果実検出指標と顕著な正の相関を示し、そのために色覚型間で果実検出指標に差が出ないこと、及び匂い嗅ぎ頻度と視覚コントラストは有意な負の相関を示すこと、を明らかにした。これらのことから、クモザルは明度を含めた視覚シグナルの強い果実はほとんど匂いを嗅がずに食べてしまうが、視覚シグナルの弱い果実は検出後に匂いで食べられるかを決めていることがわかった。よって3色型色覚の進化的意義ははまだ明確でなく、遠距離からの食物探索や個体認識などの観点から今後さらなる検討を要する。

#### 【OP4-11】 **抵抗的表現型可塑性が導く安定な捕食被食関係**

舞木昭彦（九大・特別研究員）

捕食-被食相互作用は、双方にとって強力な淘汰圧となりえるゆえに、巧みな戦略の共進化を促進してきた。我々が眼にする時間スケールでもまた、共進化的な形質のダイナミクスが生じている。誘導防御はよく知られる被食者の戦略であり、一方、それに対抗すべく捕食者も誘導攻撃を現す。こうした対抗的な表現型可塑性は行動や形態形質に見られる一般的な現象であり、短時間で生じる共進化的相互作用と捉えることができる。これら形質が進化し、維持されている理由を探りたい。1つのアプローチは、適応形質と相互作用系の安定性の関係を調べることである。本研究では、対抗的な表現型可塑性と捕食-被食系の安定性の関係を数理モデルにより分析した。誘導防御は一般に系を安定化することは知られているが、誘導攻撃の存在はそれ以上に安定な系を導くことが、ある条件下で可能であることがわかる（それ以外では極端に不安定化する）。その条件とは、被食者が捕食者に勝っているということ、つまり誘導攻撃は誘導防御を打ち砕けないというものである。最近では、そのような条件に合うと思われる具体的な捕食-被食系が幾つか報告されている。

#### 【OP4-12】 表現型可塑性と急速な進化が個体群動態に与える影響

○山道真人<sup>1</sup>、吉田丈人<sup>2</sup>、佐々木顕<sup>1</sup>（<sup>1</sup>総研大・生命共生体進化学、<sup>2</sup>東大・総合文化）

本研究ではワムシとイカダモという動物プランクトンと植物プランクトンの捕食者-被食者系をモデルに、表現型可塑性と急速な進化、個体群動態の関係について調べた。イカダモはワムシなどの捕食者の存在下では、それらの出すカイロモンという化学物質をシグナルにして可塑的にコロニーを形成することで捕食者の口に入らない大きさになり、補食を免れることが知られている。まず表現型可塑性が存在するときに個体群動態へ与える影響を調べた。さらに、成長速度と対捕食者防御形質にトレードオフのある複数の遺伝子型が存在する場合、捕食者の密度が変動することで急速な進化が起こることが知られているが、これら可塑性のない遺伝子型と可塑性のある遺伝子型がいるときに、どちらが競争に強いかが調べ、可塑性がどのように進化していくのかということについて考察した。近年、植物プランクトンの増殖と水中の酸素不足を引き起こすために富栄養化が大きな問題になっている。また、被食者の環境収容力が増大するにもかかわらず系が不安定化し捕食者が絶滅しやすくなる「富栄養化のパラドックス」も大きな関心を集めてきたが、本研究はこれらを解決する糸口になると考えられる。

#### 【OP4-13】 ESSからの脱却—"大きな"突然変異を含んだ進化モデル

○上原隆司、巖佐庸（九大・理）

現在の進化ゲーム理論では連続形質に突然変異が起こった場合には変異体の形質は親の形質との距離の違いがそれほどないという"小さな突然変異"が前提とされている。本研究では親と全く異なる突然変異体が生じるとした時に、そのような"大きな突然変異"が進化の結果に与える影響について考える。あるプレイヤーが2つのうちの一方の手を取る確率をそのプレイヤー戦略とした一般化された2x2の非対称ゲームを用いて、この連続的な戦略の集団内での分布の進化を調べた。"大きな"突然変異が起こるとして、突然変異体の形質がその取り得る範囲内から均等な確率で選ばれるとすると、突然変異率が非常に小さい場合には集団は利得行列から計算されるESS、あるいはESSではないNash均衡に近い値を形質の平均とする平衡分布を持つ。しかし突然変異率がある程度高くなると、平衡状態での形質の平均値はそのような値から離れていき、低い突然変異率では安定であった平衡分布が現れなくなることもあった。このような結果は"小さな突然変異"のモデルでは見られないことから、"大きな突然変異"を含んだモデルの重要性について考えたい。

#### 【OP4-14】 マスティングの進化に対する森林の更新動態の役割

○立木佑弥、巖佐庸（九大・院理）

多くの森林で一斉開花結実現象（マスティング）が知られている。豊作年には、林内のほとんどの樹木が開花、結実し、多くの種子ができるが、不作年にはほとんど実りが見られない。私たちはどのような条件下でマスティングが進化できるのかを数理的に研究した。樹木は光合成によって生産した資源を蓄積し、その資源量が閾値を超えたときに繁殖を行うとした。生産された種子は樹木が枯死してできたギャップでのみ定着し、成長できるとした。樹木にとっての繁殖成功を考えると、種子を生産するところまででなく、定着するところまで考慮する必要がある。私たちはギャップの更新動態をふまえて種子間の競争に勝って定着する確率を考えた。毎年、枯死によって作られたギャップがすべて更新される場合、マスティングは進化しない。それは豊作年に作られた種子間のギャップをめぐる競争が激しくなるためである。これに対して、ギャップが埋まりにくく、翌年以降に持ち越されるときにはマスティングが進化できる。このことから、どのように森林のギャップが埋められるかがマスティングの進化にとって重要であることがわかった。

## 【OP4-15】 Inside-Cave Evolution Hypothesis of Modern Human

Kimiaki TOKUMARU (Natural Philosopher)

It seems reasonable to suppose that (1) erect-bipedalism, (2) loss of canine teeth, (3) opposable thumb structure are traits common to all hominids, which have been acquired several MYA through predation in savannah. On the other hand, features such as (4) near hairlessness with extremely thin and ecto-thermal skin, (5) huge brain with large neo-cortex for language and visual image processing using Vocal-Code Language (VCL), (6) physical altriciality (=helplessness) and mental precociality in newly born infants, (7) concealed ovulation (= loss of oestrus) and face-to-face sexual position, and (8) eusociality, kinship altruism and xenophobic aggressiveness, seem to be traits acquired relatively recently (140-70KYA) and unique to modern human. It seems possible to interpret and explain the above traits (4)-(8), if we hypothesize that humans evolved inside safe, warm and dark environment, notably in weather shielded caves. To try and find some relevant facts, the author made a visit to the Klasies River Mouth Cave 3 in Eastern Cape Province of South Africa which consists of an impressive wide open space at 20m above sea-level in the middle of uplifted Sandstone cliff with its narrow entrance facing directly to the Indian Ocean. At its midden, Middle Stone Age (130 - 60 KYA) human settlement has been confirmed by archaeologists.

## 【OP4-16】 「科学的進化論（新今西総合説）」の時代的意義

水幡正蔵

「科学的進化論」とは、科学的ヒト定義（ヒトゲノムの表現型の総合）を前提とした、ゲノム生物学に適合する進化理論である。これに対して従来のダーウィニズムは、非科学的人間定義（理性ある動物）を前提とした非科学理論である。ダーウィニズムの「人為選択に対する自然選択」という人為を特別視した立論も、ヒト起源とヒトゲノム起源が一致しない誤りも、すべてこの非科学的前提に原因がある。さて、このようなダーウィニズムは雌雄関係ない個体間の生存競争で捉える為、ヒト種を一つの共同体（ヒト種社会）とみなすことができない。それゆえダーウィニズムを正しいとしている限り、国家や宗教を超えた「人類社会（ヒト種社会）」は、言葉として誤りでしかない。これに対して「種＝交配集団＝種社会」と定義して構築する「科学的進化論」は、ヒト種をヒト種社会、すなわち「人類社会」と捉えることができる。近代理性思想が「近代国家」と「近代国家の時代」を切り開いたように、「科学的進化論」には、「人類社会」と「人類社会の時代」を切り開く方向性がある。これは生命共同体保全や核廃絶といった時代要請に、ずばり答える思想となりうる。

# ポスター発表

8月22日 17:40-20:30

# Poster Presentation

August 22, 17:40-20:30

【P-001】 化石記録の酔歩検定に関する各種手法の性能評価

生形貴男（静大・理）

生物進化は累積的变化である。従って、化石記録に見られる形態進化の変化パターンに見られる傾向について、単純に解釈することはできない。浮動のようなランダムウォーク（酔歩）によっても一見意味ありげな“趨勢”や“停滞”様のパターンがしばしば現れるからである。そこで、有意な趨勢や停滞を統計的に検出するために、様々なランダムウォークテストが提案されてきた。しかしながら、化石記録の不完全性や、同一試料に異なる時期の化石が混合する時間的平均化の作用によって、趨勢などの検出力が低下することが指摘されている。こうした知見を生んだシミュレーション研究では、検出力を低下させる要因の単独の作用が評価されてきた。本研究では、記録の不完全性、個体群の平均値の推定誤差、生物擾乱による混合層の厚さ、1試料に含まれる層序間隔の四つの要因を考え、検定（ブックスティン検定、最尤法）の結果に対するそれらの交互作用を評価した。その結果、記録の不完全性、平均値の推定誤差、生物擾乱が趨勢の検出力を低下させる向きに作用する場合でも、多くの層準の試料を1試料にまとめることによる分析的時間平均化の作用がそれらと打ち消し合うことがわかった。

【P-002】 幼形進化に隠された多様性：サンゴ礁性シラスウオ属魚類に発見された多くの隠蔽種

○昆 健志<sup>1</sup>、吉野哲夫<sup>2</sup>、向井貴彦<sup>3</sup>、西田 睦<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大海洋研、<sup>2</sup>琉大理、<sup>3</sup>岐大地域）

地球上の生物多様性の形成プロセスを理解することは、進化生物学の最大の問題の一つであるばかりでなく、合理的な自然保全・管理を考える上での重要な基礎となる。近年、分子系統解析の発展と普及によって、幅広い動物分類群（海綿から哺乳類まで）に多くの隠蔽種の存在が知られるようになった。これらは生物多様性に見積に大きな影響を与えると予測されている。このような隠蔽種が多く含まれるグループとして、未発達な形態を示す幼形進化的な分類群があげられる。今回、脊椎動物の中でも極端な幼形進化を示すハゼ亜目シラスウオ属魚類を対象として、分子系統解析による隠蔽種の探索を行った。シラスウオ類はインドー太平洋のサンゴ礁域に幅広く分布する世界最小クラスの脊椎動物であり（体長6-20mm、重さ2mg以下）、最も早熟な脊椎動物でもある（平均成熟齢37日=世代交代10回/年）。ミトコンドリアDNAを用いた解析の結果、本分類群には少なくとも23種におよぶ隠蔽種が存在していた。このような幼形進化的な分類群は、熱帯・亜熱帯域を中心に数多くのグループが知られ、特にこの地域における生物多様性を理解する上で無視できない存在であると言えよう。

【P-003】 広塩性紅藻 *Caloglossa leprieurii* の無配生殖集団の起源

○神谷充伸<sup>1</sup>、John A. West<sup>2</sup>、（<sup>1</sup>福井県立大・生物資源、<sup>2</sup>メルボルン大）

孢子体のみで生活史を完結する無配生殖種は、紅藻類の様々な分類群で観察されており、大きなニッチを占めている種もいる。我々は、広塩性紅藻アヤギヌ類の培養株を用いた交配実験により、遺伝的に分化した株間の交雑によって無配生殖化が誘導されることを明らかにした（Kamiya & West 2008）。これまでに世界各地でアヤギヌ類の無配生殖株が単離されており、進化の過程で何度も無配生殖化が起こったことが示唆されているが（West *et al.* 2001）、天然においても、遺伝的に分化が進んだ個体間の交雑によって無配生殖化が起きているとすれば、無配生殖化した個体はヘテロ接合体となっているはずである。そこで、*Caloglossa leprieurii* 9株の無配生殖株について、アクチンの遺伝子型を調べたところ、フロリダ株とオーストラリア株において、互いに配列が大きく異なる3つの遺伝子型が検出された。分子系統解析の結果、フロリダ株の3つの遺伝子型は、それぞれフロリダ、ペルー、メキシコ/マダガスカルの有性生殖集団と近縁であったことから、異なる集団間における交雑によって無配生殖化が起こったことが示唆された。

【P-004】 **中心珪藻(*Cyclotella meneghiniana*)の殻形態における表現型可塑性**

○城川祐香1、狩野賢治2、真山茂樹2 (1東大・理、2東京学芸大・生物)

遺伝子型が同一であっても、環境条件によって表現型が変化する能力を表現型可塑性といい、多くの生物で事例が知られている。淡水域から汽水域まで幅広い環境に生育する浮遊性の中心珪藻 *Cyclotella meneghiniana* は、珪酸質の殻上に有基突起と呼ばれる粘液糸を放出する器官を持つが、その数は0~7個と大幅な種内変異が知られている。有基突起はコロニーや細胞集塊形成に関与しており、有性生殖との関連が指摘されている器官だが、その変異が表現型可塑性をもつかどうかは明らかではない。そこで、複数産地から確立したクローン株を用いた培養実験を行い、表現型可塑性の有無とその性質(経日変化、誘発要因、クローン株ごとの反応規範の違い)を調査した。その結果、海水濃度が高くなると有基突起数が増加するという表現型可塑性が認められた。また、感潮河川の中流域から河口にかけて調査した結果、海水濃度の高い河口で、有性生殖にともなった有基突起数変化を示唆する結果がえられた。これらの結果をもとにして、海水濃度変化による有基突起数の表現型可塑性の適応的意義について議論したい。

【P-005】 **戻し交配で戻らない！？—アイナメ属の種間交雑におけるHybridogenesis (雑種発生) の可能性—**

○木村幹子1、河田雅圭2、宗原弘幸3 (1北大院・環境科学、2東北大院・生命科学、3北大・FSC)

アイナメ属魚類では、スジアイナメを母親、クジメやアイナメを父親とする一方向性の交雑が生じている。雑種は全てメスとなるが、正常な繁殖力を有し、父方の親種との戻し交配も生じている。しかし、交雑帯ではF1雑種のみが見られ、遺伝的な浸透は生じていない。戻し交配により浸透が生じない理由としてHybridogenesis (雑種発生) が考えられる。雑種発生はカダヤシなどで知られ、卵形成の際に母方の種の染色体のみが卵に伝わり、父方の種の染色体が排除されるという現象である。受精には精子の染色体も用いられるので、体細胞の核型はヘテロとなるが、雑種の生産する卵はすべて母方の種のクローンとなるため、戻し交配では再びF1が生じることとなる。そこで、アイナメ属で雑種発生が生じている可能性を検証するために、人工受精により戻し交配雑種を作りAFLP法によりその遺伝子型を両親と比較した。その結果、戻し交配雑種の遺伝子型は母親 (F1) とほぼ一致し、スジアイナメとクジメやアイナメの中間的な遺伝子型を示したことから、雑種発生の可能性が示唆された。F1のみの集団構造、高い雑種頻度、雑種のメスに偏った性比などは雑種発生によって説明できるかもしれない。

【P-006】 ***Parapolycope*属 (甲殻類：貝形虫類) の性的二型と生殖的隔離**

○田中隼人1、塚越哲2 (1静大・院理、2静大・理)

*Parapolycope*属貝形虫は、雄の第一触角に先端が吸盤となった剛毛をもち、第二触角の内肢には鉤爪をもつ点で特異である。行動観察の結果、(1) 第一触角の吸盤で雌を捕らえる、(2) 第二触角の鉤爪を雌の背甲内側へ入れ背甲を開ける、という行動が認められた。つまり、これらの性的二型は交尾の際に雌を捕握するために使われるといえる。しかし異種の雌や未成熟個体などに対しても同様の行動が観察され、捕握行動以降に生殖的隔離をもたらす機構があることが示唆される。第一、第二触角以外には、上唇に明瞭な性的二型が見られ、その形態差は交尾器の形態から判断した種とよく対応する。これは種特異的配偶者認識システムに関係していると考えられる。また、本属の種の雄交尾器にあるダクト(精子を雌の体内に導く)の形状は、螺旋状に伸びるもの、長く緩い曲線を描くもの、短い曲線状のもの3パターンに分けることができた。それぞれについて同種の雌交尾器の形態観察から、雌雄交尾器の間に「錠と鍵」の関係があることが示唆される。



**【P-007】 多女王化は寒さへの適応か？ ナワヨツとヤマヨツの耐寒性**

白戸亮吉1、佐藤俊幸2、○廣田忠雄1（1山形大・理・生物、2農工大・獣医）

アリは全種が真社会性だが、その社会体制には様々な変異がある。繁殖を担う女王の数も、その一例である。近年、種や地域間の変異ばかりでなく、同所的に存在するコロニーの間にも、女王数に大きなバラツキが発見されている。系統解析から単女王制が祖先的で、多女王制が派生形質であることに疑いはないが、どのような環境要因が多女王制の進化を促したのか、まだ理解されていない。本報では、比較的最近種分化した2種、**単女王**のナワヨツボシオオアリ(*Camponotus nawai*)と**多女王**のヤマヨツボシオオアリ(*C.yamaoka*)を比較することで、この課題を検討する。両種は本州南岸線を境に分布を異にし、単女王のナワヨツは南、多女王のヤマヨツは北に分布する。同緯度で観察される場合でも、ナワヨツは低い標高、ヤマヨツは高い標高に存在することから、寒冷な環境が多女王制の進化を促した可能性が高い。結婚飛行後、新女王が単独で越冬するナワヨツに比べ、単に居残った複数の女王が越冬するヤマヨツの方が、越冬時の生存や越冬後の増殖に優ると予想される。そこで、野外で採集した両種のコロニーを低温環境で飼育した結果、ヤマヨツに高い耐寒性が観察された。

**【P-008】 ニホンホホビロコメツキモドキの左右非対称な頭部は産卵行動に適応的な形態である**

○土岐和多瑠、富樫一巳（東大・院農）

ニホンホホビロコメツキモドキ（コウチュウ目：コメツキモドキ科、以下ホホビロと略記）は、オスは左右対称な外部形態であるのに対し、メス成虫の頭部左側及び左顎が著しく発達し、左右非対称な外部形態であることが知られている。ホホビロのメス特異的な頭部非対称性の適応的意義を明らかにするために、メス特有の行動である産卵行動に着目した。ホホビロは枯れたメダケ（イネ科）に大顎を用いて孔を穿ち、竹内部に産卵する。孵化した幼虫は、産卵された節間内で成長発育し、一つの節間内で成虫となる。ホホビロの産卵行動を特に左右大顎の使われ方に注目して観察したところ、産卵行動の経過とともに、左顎で竹を削る割合が高くなり、右顎に比して重要性が増大することが明らかとなった。モデルによって非対称性の程度と産卵の際に削るのに必要な材の厚さとの関係を調べた結果、材が薄い場合は左右対称な頭部・大顎形態が最適であるが、材が厚い場合は非対称な形態が最適となった。これは左右対称な他種が草本などに産卵することとよく適合していた。これらの結果から、ホホビロのメス特異的な頭部形態の非対称性は、厚い竹（太い節間ほど材部が厚い）に産卵するための適応的な形態であることが考察された。

**【P-009】 オキナワコキクガシラコウモリの超音波音声の地域間変異の維持機構の解明：母子伝播仮説の検証**

○吉野 元1、Kyle Armstrong2、伊澤雅子3、横山潤4、河田雅圭1（1東北大・院・生命科学、2京大・博、3琉大・理、4山形大・理）

キクガシラコウモリ類は長時間一定の周波数(CF)を含むエコーロケーションコールを発する。CFは個体や集団間で変異が見られ、集団間で10kHz以上の変異は、生態的・形態学的、さらには遺伝的分化を引き起こすことが指摘され、彼らの多様化を理解する上で重要な現象である。では、この変異はどのような要因で生成維持され、どのように親から子へと伝わるのだろうか。沖縄島のオキナワコキクガシラコウモリは地域集団間でCF変異（5-8kHz）が生じており、集団遺伝学的解析から地域集団間では雌の移動分散が極端に制限されている一方、雄を介する遺伝子流動が十分に起こっていることが示唆された。また、超音波の性質から、本種の集団間の違いは、認識する餌サイズ等の生態的差異が生じるほど大きいものではないことも予測された。個体のCFの決定には母の音声も影響を与えることから、集団間の変異は、音声の母子間伝播と雌の移動分散の制限によって維持されていることが考えられる。そこで、本研究では、マイクロサテライトマーカーにより集団内外の個体の血縁関係を推定し、個体間の血縁度とCF類似性との関係を調べ、この母子伝播仮説について検証した。

**【P-010】 異型交配はどうして進化したのか？あるシクリッドでの場合**

○高橋鉄美（京大・院理）

異型交配は、異なる表現型の個体同士が高い頻度で交配することである。この交配様式はヒトやマウスなどで知られており、自分と異なる匂いの相手を好む。異型交配の適応的意義は二つ考えられている。一つ目は、近親交配を避けること。二つ目は、子供のある遺伝子が高い確率でヘテロになるため、ヘテロ接合体の有利性が期待されることである。しかし、これらの適応的意義が考えにくい場合もありそうだ。タンガニイカ湖の鱗食魚ペリソダスには個体によって「右利き」と「左利き」があり、異なる利き同士の繁殖ペアが多い。異なる利き同士のペアの子供は、右：左＝1：1となることが知られており、環境中の比率と同じである。このことから、この魚の異型交配が近親交配を避ける働きを持つとは考えにくい。また、一遺伝子座二アレルのメンデル遺伝を仮定したモデルでは、異型交配下では右利きでホモが、左利きでヘテロが多くなった。利きで適応度が異なる証拠もなく、ヘテロ接合体の有利性も考えにくい。この魚はペアで子育てを行い、稚魚食者が接近すると追い払う行動をする。この魚の異型交配は、子供の適応度をあげるためよりも、むしろ行動と関係があるのかも知れない。

**【P-011】 ゲンジボタル複眼に存在する紫外線受容細胞の役割**

○堀口弘子、弘中満太郎、針山孝彦（浜松医大・生物）

ゲンジボタル(*Luciola cruciata*)では、一定間隔の光の明滅が信号として働いていることが知られている。この明滅は尾部にある発光器によるものであるが、その発光スペクトルは570nm付近にある。種々のホタルにおいて、複眼の波長特性が同種の発光スペクトルに一致していることが知られているが、ゲンジボタルでも最大波長応答が細胞内記録法およびERG法によって570nm付近にあり、発光スペクトルによく一致していることがわかった。一方、特定波長による明順応を引き起こした状態でスペクトル応答を記録する「選択光順応実験」を用いたERG測定から、紫外光である390nm付近の光に応答する細胞の存在が強く示唆された。紫外線受容細胞の持つ役割を検証するため、活動期の夜間にそれぞれの波長を照射してホタルの行動を観察した結果、570nmの光はホタルの行動を活性化し、390nmの光は行動を抑制することが明らかになった。

**【P-012】 ホタル脳内に存在する眼外光受容体の起源**

○針山孝彦、弘中満太郎、堀口弘子（浜松医大・生物）

我々はゲンジボタル(*Luciola cruciata*)の成虫脳内に存在する眼外光受容器 (Brain Photoreceptor : BP) を発見した。BPは複眼に隣接する脳の後側部に一対存在していた。このBPは、マイクロビライの配列の仕方や、マイクロビライと色素顆粒細胞の位置などの形態学的特徴が幼虫側単眼のそれによく似ていた。また電気生理学的手法によりスペクトル光に対する応答からBP細胞の波長特性を測定したところ、そのスペクトル応答極大が複眼視細胞では570nmであるのに対し、BP細胞では530nm付近に応答極大をもつことがわかった。これは幼虫側単眼のスペクトル応答極大と一致したものであった。BPの形態学的特徴とスペクトル応答特性が幼虫側単眼に酷似していることから、幼虫側単眼が成虫のBPの起源であるという仮説をたてた。そこで、幼虫側単眼を除去し蛹化させ、同個体が成虫脱皮した後にBPの有無を観察するという実験を行った。この結果、幼虫側単眼片側除去個体ではBPが脳の片側のみに、幼虫側単眼両側除去個体では一対のBPが消失することがわかり、幼虫側単眼が成虫BPの起源であることが明らかになった。

**【P-013】 Population genetics of Lake Victoria slender body Haplochromine Cichlids**

○Semvua Isa Mzighani<sup>1</sup>, Masato Nikaido<sup>1</sup>, Miyuki Takeda<sup>2</sup>, Mitsuto Aibara<sup>1</sup>, Mitsuto Aibara<sup>1</sup>, Hidenori Tachida<sup>2</sup>, Norihiro Okada<sup>1</sup> (1Graduate School of Bioscience and Biotechnology, Tokyo Institute of Technology, 2Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University)

Within the haplochromines, > 500 species inhabit Lake Victoria and mostly are endemic, quite limited genetic information are available. The cichlid fishes are examples of explosive adaptive radiation, which considered taking place in a short period (~14,000 years). The present study examines the population structure of three slender bodies pelagic cichlid species, *Haplochromis laparogramma*, *H. pyrrhocephalus* and *H. sp. "glaucocephalus"* from Lake Victoria, these species are morphologically looking the same but differ on its nuptial colourations. An investigation was based on mitochondrial DNA control region sequences and short interspersed elements (SINEs) insertion patterns. A total of 561 individuals were studied. When all samples are pooled together for interspecific comparison, there was a significant population differentiation ( $p < 0.001$ ) among all species. Haplotypes, pairwise comparison and migration rates suggest that *H. pyrrhocephalus* are closely related to *H. sp. "glaucocephalus"*. Moreover, this study genetically supports the population expansion of these three species under a model of sudden population expansion. The study clearly shows that the three species are genetically differentiated from each other.

**【P-014】 兵隊シロアリの行動を決める遺伝子とは？**

○石川由希<sup>1</sup>、三浦徹<sup>2</sup> (1, 2 北大・環境科学)

ヒトとは異なる方向で、社会性の頂点を極めた生物が社会性昆虫である。社会性昆虫はカースト毎に分業することでコロニー全体の適応度を最大限に高めている。これらのカーストはほぼ同一のゲノム情報から分化し、それぞれ異なった行動を示す。彼らはどのようにしてカースト特異的な行動を獲得するのであるか？ シロアリは、膜翅目昆虫（アリ、ハチ）とは独立に、高度な社会性を獲得した不完全変態昆虫である。なかでも特徴的なのは防衛に特化した兵隊カーストである。兵隊は発達した大顎や額腺をもち、高い攻撃性でコロニーを防衛する。これは、外敵から逃げるのみのワーカーとは対照的である。この行動の差異をもたらすものは何か？ 近年我々は、シロアリの中枢神経系で兵隊特異的な改変が起こっていることが明らかにした。現在、この改変をもたらす分子的基盤について解析中である。本発表では、オオシロアリ *Hodotermopsis sjostedti* の神経系において兵隊分化特異的に発現する遺伝子のスクリーニング結果を報告し、兵隊特異的な行動の分子的基盤について考察する。

**【P-015】 トカゲ類の体表物質について --オスを誘惑するメスの油 --**

○大淵希郷<sup>1</sup>、岡本卓<sup>1</sup>、疋田努<sup>1</sup> (京大・院理)

本州にはニホントカゲ (*Plestiodon japonicus*) とオカダトカゲ (*P. latiscutatus*) が伊豆半島周辺において側所的に分布する。前年度の大会において、演者らは、これらのトカゲがお互いの体表脂質の組成を嗅ぎ分けることで種認知を行い、生殖隔離が生じているのではないかと報告した。繁殖期のトカゲの体表脂質をヘキサン抽出しGC-MS分析（ガスクロマトグラフ質量分析）を行った。結果、2種間で体表脂質の組成に違いはみられなかったものの、組成比に違いがある可能性を見出した。今回は、それらの脂質が種認知・性認知に関与しているかどうかを確かめるため、繁殖期のニホントカゲの雌雄から抽出した脂質を繁殖期のニホントカゲのオスに嗅がせた。その結果、有意な反応がみられ、特にメスの脂質に対する反応は非常に高いものであった。また、シリカゲルカラムを用いて、脂質を分離すると活性は微極性分子分画にある可能性を見出した。これはヘビにおける知見と一致する。また非繁殖期の体表脂質をGC-MS分析すると、これらは検出されなかった。したがって、これらの脂質がトカゲの繁殖行動に大きく関与していると思われる。

**[P-016] クロコオロギの喧嘩における社会階層の形成と体重成長のモデル**

○矢野史朗1、池本有助2、青沼仁志3、浅間一2（1東大・院工、2東大・人工物、3北大・電子研）

クロコオロギの雄同士の喧嘩の敗者は、喧嘩から一時間内であれば、勝者に対し明らかな逃避行動を示すことが知られている。このような勝敗の結果によって個体間の関係に順位が発生することは多くの生物に見られることである。金銭・権力・能力などの社会的階層の発生要因を「力」と呼ぶとして、一般的な議論として力に関する数理的研究が進んでいる。その結果から、・遭遇個体同士の喧嘩で、勝者が力を増し、敗者は力を減ずる・力は時間と共に減退するの2条件により社会的階層が相転移的に発生することが知られている。本発表ではこのモデルに、「体重の大きい者が喧嘩に勝ちやすい」「社会的階層が高い者がより効率的に採餌可能」という条件を加え数理モデルを構築した。更に具体的にクロコオロギを対象として、隔離飼育時の体重成長をLogistic関数で記述し、社会的階層の効果を加味した場合について体重成長を計算した。これらは実世界における隔離飼育と集団飼育に相当するが、後者の計算で集団の体重分布の平均値低下・分散値増大を確認した。実際のクロコオロギにおける込み合い効果と比較し報告する。

**[P-017] 社会性アブラムシの兵隊階級はいかにして齢差分業をおこなうのか？～兵隊による化学シグナルの認識と社会行動の変容メカニズム～**

○柴尾晴信・奥村友佳子・植松圭吾1、高梨琢磨・中牟田潔2、松山茂3、沓掛磨也子・深津武馬4、嶋田正和1（1東大院・総合文化、2森林総研、3筑波大院・生命環境、4産総研）

ハクウンボクハナフシアブラムシは、不妊の兵隊階級を産出するゴール形成性の社会性アブラムシである。本種の兵隊は、若いうちは巣内で清掃をおこない、老齢になると巣外で攻撃に専念するという齢差分業をしめす。前大会までに、兵隊はフェロモンなどの化学シグナルを用いて巣仲間を動員すること、化学シグナルに対する兵隊の行動反応は日齢によって変化することなどを報告した。今回我々は、兵隊による化学シグナルの認識と社会行動の変容メカニズムを明らかにするため、神経ホルモンとして脳で作用する生体アミン等の薬理処理法と触角電図法を併用することにより、環境-内分泌-神経-行動の各要因間の複合実験をおこなった。その結果、(1)兵隊の触角の受容能は日齢によって大きく変化すること、(2)生体アミン処理により、兵隊は社会行動を変容させること、(3)しかし、生体アミン処理により触角の受容能は変化しないことなどが明らかになった。兵隊による分業や社会行動の変化には、末梢レベルの触角における受容能と中枢レベルの脳における行動の意志決定の両方が重要であることが示唆された。

**[P-018] 新大陸産マメゾウムシ *Mimosestes* 属の寄主利用進化についての系統学的解析**

○加藤俊英1、吉武啓2、神保宇嗣1、Arturo Bonet3、Jesus Romero4、嶋田正和1、伊藤元己1（1東大・広域システム、2農業環境技術研究所、3Instituto de Ecologia・A.C. Mexico、4Colegio de Postgraduados, Instituto de Fitosanidad, Mexico）

*Mimosestes*属（ハムシ科・マメゾウムシ亜科）は、新大陸から17種が知られる種子食性昆虫である。本属には高い寄主特異性を示す種が多く、10種はネムノキ亜科アカシア属の特定種群の植物のみを寄主とするスペシャリスト種であるが、複数種群のアカシア属およびネムノキ亜科の *Prosopis* 属、ジャケツイバラ亜科を共に利用するジェネラリスト種が3種存在し、さらにアカシア属以外の寄主植物を専門的に利用するスペシャリスト種も4種が知られている。今回我々はアメリカ合衆国とメキシコに分布する *Mimosestes* 属13種についてCOI遺伝子の全長とrRNAスモールサブユニット領域の一部を用いて分子系統解析を行い、本属の寄主利用の進化過程について推定を試みた。ベイズ法に基づく分子系統解析の結果、本属ではジェネラリスト種が派生的であること、アカシア属の一部種群とジャケツイバラ亜科の利用はスペシャリストとジェネラリストで独立に起こっていることが示唆された。この結果に基づき、本講演では *Mimosestes* 属における寄主利用ならびにジェネラリスト種の進化過程について考察する。

**【P-019】 日本各地におけるシルビアシジミの遺伝的多様性と *Wolbachia*感染との関係**

○坂本佳子<sup>1</sup>、平井規央<sup>1</sup>、矢後勝也<sup>2</sup>、石井 実<sup>1</sup> (1大阪府大院・生命、2東大院・理)

環境省絶滅危惧Ⅰ類のシルビアシジミ *Zizina emelina* は、本州、四国、九州に分布する。大阪府豊中市では、2系統 (B1、B2) の *Wolbachia* 属の細胞内共生細菌による感染個体と非感染個体が混在し、このうちB2系統に感染した個体の次世代は性比異常を起こすことが明らかになっている。本研究では、日本国内の5カ所の生息地 (千葉県鴨川市、大阪府豊中市・吹田市、兵庫県社町・相生市) で採集された本種についてmtDNA (*ND5・COI*) と核DNA (*Tpi*) の塩基配列および *Wolbachia* 感染について調査した。その結果、mtDNAは、2つの領域を合わせて4つのハプロタイプ (I~IV) が確認され、豊中が3ハプロタイプと最も多く、吹田、社、相生と共通のハプロタイプが見られた。*Wolbachia* 感染は、鴨川、豊中、吹田で見られ、B1感染個体はmtDNAハプロタイプIVに、B2感染個体はmtDNAハプロタイプIまたはIIにそれぞれ対応していた。核DNAは、相生が4ハプロタイプと最も多く、全体では5ハプロタイプが確認されたが、*Wolbachia* の感染とは明確な関係は認められなかった。

**【P-020】 ヒメハナカメムシ類と *Wolbachia* の共進化：種内・種間における *Wolbachia* 水平感染と組換えの可能性**

○渡部真也<sup>1</sup>、田上陽介<sup>2</sup>、三浦一芸<sup>1,3</sup> (1広島大・院・生物圏、2静岡大・農、3近中試農研)

細胞内共生細菌 *Wolbachia* は昆虫を含む多くの節足動物に感染し、経卵伝播により母から子へ垂直感染する。これにより宿主と *Wolbachia* の系統関係は一致するはずである。しかし、異なった宿主から検出される *Wolbachia* の系統関係は、宿主の系統関係と一致しない場合がある。これは感染経路として宿主間で *Wolbachia* の水平感染が生じている、あるいは *Wolbachia* 自身の組換えによる系統推定の誤りによるものと指摘されているが、判断が難しいのが現状である。そこで、現在有用な生物防除因子として利用され、同一の *Wolbachia* 系統に感染しているとされる日本在来のヒメハナカメムシ類4種 (*Orius minutus*、*O. strigicollis*、*O. sauteri* および *O. nagaii*) について、multilocus sequence typing (MLST) 法を用いた *Wolbachia* の系統解析およびヒメハナカメムシ類の系統解析をおこない、*Wolbachia* の感染経路を検討した。その結果、MLST解析により *Wolbachia* の組換えによる系統推定の誤りはないと考えられた。水平感染は捕食や傷ついた部分からの感染などから起こると考えられている。また、複数のヒメハナカメムシ種は同所的に存在しており、種内・種間でカニバリズムが起こることが知られている。これらのことから同一の *Wolbachia* 系統が、種間でのカニバリズムにより水平感染した可能性が示唆された。

**【P-021】 ツノカメムシ類における宿主-腸内細菌間の共種分化と新規な共生細菌伝達器官 (lubrication organ) の発達**

○菊池義智<sup>1</sup>、細川貴弘<sup>1</sup>、二河成男<sup>2</sup>、孟憲英<sup>1</sup>、鎌形洋一<sup>3</sup>、深津武馬<sup>1</sup> (1産総研・生物機能工学、2放送大・自然の理解、3産総研・ゲノムファクトリー)

陸生カメムシ類の多くは消化管に盲嚢と呼ばれる袋状組織を発達させ、その内腔中に共生細菌を保持している。盲嚢内腔は消化管につながっており、そこから共生細菌が排泄されることにより、卵や若虫への垂直感染がおこなわれる。一方で、盲嚢開口部からは共生器官内への雑菌侵入の可能性があり、共生系が不安定化する一因ともなりうる。ツノカメムシ類では例外的に、内腔が腸管から隔離された閉鎖盲嚢を持つという古い組織学的記載がある (Rosenkranz 1939)。そこで我々が詳しく調査したところ、ツノカメムシ類の共生細菌はゲノムサイズの縮小、遺伝子のGC含量低下、進化速度の上昇といった、他昆虫類の高度内部共生細菌にみられる一般的特徴を示した。分子系統解析の結果、宿主と共生細菌の分岐パターンは高度に一致した。さらに、共生細菌の伝達様式を精査することにより、(1) 共生細菌は卵表面への塗布により垂直伝達され、(2) メス特異的な細菌塗布器官 (lubricating organ) が産道付近に発達していることが判明した。ツノカメムシ類は共生細菌の新規伝達法を獲得することで、安定的な閉鎖盲嚢の進化に至った可能性がある。

**【P-022】 大腸菌と細胞性粘菌の液体培養共生系の構築**

○久保勲生1、木原久美子2、森光太郎2、四方哲也123（1阪大院・情報科学、2阪大院・生命機能、3JST ERATO複雑系生命プロジェクト）

自然界に共生関係は広くみられ、何度も進化してきた重要な現象だと考えられる。自然界の共生関係は構成員がお互いに利益を供与し合って成立していると考えられるが、これを量的に理解することは、自然環境が複雑なため難しく、またその関係の変遷過程を追跡することは困難である。この問題に対して実験室内で生態系を構築し、観察する構成的手法がある。共生関係にない大腸菌と細胞性粘菌（被食者と捕食者）を最少寒天培地上で共培養すると内部に両者が安定して共存する粘質の特殊なコロニーを作ることが知られている。本研究で我々は、この2種を使った液体培養系で栄養成分相互補完による新しい共生系の構築を目的とした。粘菌用液体最少合成培地であるSIH培地から培地成分を一つずつ抜いた培地で培養し、両者の必須成分を明らかにし、栄養成分相互補完共生系の培地を構築した。この培地条件下で両者の初期濃度を変化させて共培養し、互いに増殖できる初期条件を探索した。

**【P-023】 絶対送粉共生系の進化的安定性：ハナホソガによる種子過剰搾取に対するカンコノキの制裁**

○後藤龍太郎1、岡本朋子2、川北篤3、加藤真4（1京大・人環、2京大・人環、3京大・人環、4京大・人環）

相互に利益を提供しあう生物どうしの関係を相利共生という。相利共生において、一方が利益を享受しながらも相手に利益を返さないようなふるまいが許されるならば、共生系はやがて崩壊に向かうだろう。しかし、他方が制裁を加えることによってそのような一方的な搾取を抑えることができれば、共生系は安定に維持されると理論的に予測されてきた。しかし、その実証例はごく稀である。筆者たちは、カンコノキ属の樹木とその送粉を排他的に担うハナホソガ属の蛾との絶対送粉共生系において、カンコノキがホソガによる種子の過剰搾取に対して制裁を行っていることを発見した。ホソガの雌は、カンコノキの唯一の送粉者であり、雌花へ授粉と同時に産卵を行い、孵化した幼虫は通常6個ある種子のうち1匹当たり2個を食べて成長する。そのため、ホソガが種子の食い尽くしが起こるほど雌花に産卵を行うと、植物に送粉による利益を残さないことになる。カンコノキ属の1種ウラジロカンコノキでは、授粉された雌花のうち、産卵数の多い雌花ほど落花率が高かった。この結果は、ウラジロカンコノキがホソガの過剰産卵に対する制裁を行っていることを示唆している。

**【P-024】 チャルメルソウ節に見られる花の匂いの送粉シンドローム**

○岡本朋子1、奥山雄大2、加藤真1（1京大院・人環、2(財)岩手生工研）

陸上植物の多くは動物によって花粉の運搬が行われている。このような植物は色とりどりの花を咲かせ香りを放ち、送粉者を誘っている。系統的に離れた植物同士でも、同じ分類群の送粉者を共有することにより、花の形や色等の特徴を共有することが知られており、これらのパターンを送粉シンドロームと呼ぶ。送粉シンドロームの研究は、これまで視覚情報、すなわち形、色に注目されてきた。「匂い」という嗅覚情報は、送粉者にとって植物の位置を知る重要な手がかりとなっているにも関わらず、送粉者と匂いの対応は未だ知られていない。本研究では、日本に生育するユキノシタ科チャルメルソウ節12種を対象に、花の匂いの送粉シンドロームの検出を試みた。日本産チャルメルソウ節植物は、キノコバエ科の昆虫によって送粉されている。送粉様式は、1.ミカドシギキノコバエ(以下ミカドシギ)1種にのみ送粉されるもの、2.ミカドシギ以外のキノコバエ数種に送粉されるもの、3.その両方に送粉されるもの、の3タイプに分けられる。花の匂いの採集・分析を行ったところ、花の匂いは植物の系統関係を反映せず、送粉様式と明確な対応関係(送粉シンドローム)が見られた。

**【P-025】 共生褐虫藻から探るムカデミノウミウシの共生藻獲得方法の進化**

○依藤実樹子1、渡邊俊樹2（1東大・院理、2東大・海洋研）

ムカデミノウミウシは肉食でありながら、その体細胞内に共生する褐虫藻の光合成産物に多くを依存して生活している。多くの内共生系において、共生者の獲得方法は一通りと考えられている。しかし本種の、水平伝播により獲得される褐虫藻は、褐虫藻を持つ餌生物の補食と、海水中などに存在する自由生活型の褐虫藻の直接取り込みという、二通りの方法により獲得される。日本において、亜熱帯域の沖縄には褐虫藻を持つ餌ヒドロ虫が知られるが、温帯域の関東には褐虫藻を持つ餌生物がおらず、生息環境に応じて二つの獲得方法を使い分けていることが示唆されている。本種はインド・太平洋の熱帯から暖温帯に広く分布する種であるため、その熱帯から温帯に向かう地理的分布拡大に伴い、褐虫藻の獲得方法も変わったと考えられる。沖縄と関東（千葉・神奈川）より得られたムカデミノウミウシと、沖縄の褐虫藻を持つ餌生物、ミナミエダウミヒドラについて褐虫藻のタイプを調べ、二つの獲得方法の進化について考察する。

**【P-026】 海藻における同形世代交代と異形世代交代の進化：数理モデルでとらえる海藻の季節的適応**

○別所和博、巖佐庸（1九大・院シス生、2九大・教授）

海藻には、半数体世代（配偶体）と2倍体世代（胞子体）をもち減数分裂と接合で交代するものがある。さらに、2つの世代が同じ形と大きさをもつ同形世代交代と、片方の世代が大きな藻体になりもう片方の世代が小型になる異形世代交代があり、ともに緑藻、褐藻、紅藻の各グループに見られる。我々は、これらを季節的環境への適応の結果として理解する数理的研究を行った。多くの海藻は現存量が夏季に低下する。大きな藻体をもつ生活形は多量の資源を要求し捕食者や物理的攪乱を受けやすいため季節性が強く、小さな体の生活形は成長が遅いが安定した生存が見込めるとする。その結果環境に応じて、第1世代が大きな藻体をもち、第2世代が小型で季節変化を受けない異形世代交代と、配偶体と胞子体とがともに藻体をもつ同形世代交代の生活環が、進化的に安定になる。環境ストレスの大きい潮間帯においては、藻体の成長が速く耐久性が大きい種は同形世代交代のものが有利になり、藻体の成長が遅く耐久性が低い種は異形世代交代のものが有利になる。漸深帯のように、環境ストレスが低く個体間の光を巡る競争が激しいと異形世代交代が有利である。

**【P-027】 樹木の性比配分戦略の進化が結実動態に及ぼす影響**

○秋田鉄也、松田裕之（横浜国大・環境情報）

豊凶とは、植物の開花量および結実量に年変動や個体間同調が生じる現象を指し、その要因は未解明である。本発表では、豊凶を引き起こす機構として知られている資源収支および花粉制限が、進化的要因となり得るかについて、理論的な検討をした。資源貯蔵動態および花粉媒介による個体間結実同調を表現した資源収支モデル(Satake & Iwasa 2000)に、雄花と雌花への資源投資比を進化形質として加え、その進化動態を解析した。このモデルでは、有限集団中の各樹木個体は毎年資源を貯蔵し、貯蔵量がある閾値を超えると、開花・結実へと投資する。結実量は、雌花への投資量と集団の花粉密度、および雌花と堅果の投資量比 $R_c$ との積とした。送受粉過程は集団内のランダム交配を仮定した。各樹木個体の繁殖貢献度から適応度を算出し、性比の進化動態を調べた。 $R_c$ が高く花粉制限が強い場合の進化的安定な状態では、一定量結実をする集団(高い性比)と複雑な年変動をする集団(低い性比)とが共存した。その他の場合では、一定量結実をする性比のみが進化的安定となった。これらの結果は、豊凶のような結実動態の維持には多型の性比の共存が必要であることを示唆する。

**【P-028】 クローン繁殖と環境不均一性に対する可塑性の進化**

○福井眞、荒木希和子（京大・生態研センター）

クローナル植物は、クローン繁殖により新たなラメットを生産することでジェネット（個体）が空間的に広がることができる。そのため、ジェネットは最初に定着した場所の環境の時間的変異に加え、空間的に不均一な変化にも遭遇する。したがって、より旺盛にクローン繁殖を行うほどジェネットの可塑性を高めることが適応的であると考えられる。また、クローン繁殖による分散範囲は種子散布の程度より限られており、クローン繁殖によるジェネットの拡大には、局所スケールでの環境変異が大きく影響する。詳細なスケールでの環境はある程度連続的に変化すると捉えることができ、このスケールでの時空間的变化に柔軟に対応することが個々のジェネットの適応度を高める上で重要であると考えられる。そこでこの研究では、格子状モデルを用いてシミュレーションを行い、クローン繁殖の程度とモザイク状の環境不均一性に対する表現型可塑性の適応的進化について考察した。

**【P-029】 協調行動と共有語彙の発現に環境が及ぼす影響**

○橋爪 善光, 西井 淳（山口大学大学院・理工学研究科）

なぜ生物は利他的な行動を行い、その為の共有語彙を持っているのだろうか。これまでに協調行動発現の説明として血縁淘汰説や群淘汰説、マルチレベル選択などの仮説が提唱され、今なお議論が続いている。本研究では餌採り行動を行うエージェントが共有語彙を獲得し、協調行動を行うようになる環境条件を進化シミュレーション実験によって検討した。その結果、エージェントにとって死に易い、すなわち淘汰圧の高い環境下では個体の寿命が短くなり、他個体と接触する確率も低くなる為に協調行動や共有語彙は獲得されなかった。また、エージェントにとって死に難い、すなわち淘汰圧の低い環境では、エージェントは互いに協調しなくても生き残る事が出来るため、この場合も協調行動や共有語彙が生じることは少なかった。一方で両者の境界のやや狭い領域においては利他行動を含む協調行動及び共有語彙が安定に発現する事がわかった。本結果は共有語彙と協調行動の発現に環境のダイナミクスが大きく影響する可能性を示唆している。

**【P-030】 群集進化は停止しない**

○伊藤洋（東大・総合文化）

複雑な食物網を持つ群集が、1種からの適応放散によって成長する数理モデルを構築した。このモデルにおいて、群集の種組成は、群集レベルの表現型として解釈できる。さらに群集の個体数動態は、この群集表現型の方向進化として解釈できることを、解析的に導いた。その結果、突然変異の自由度が十分に高い場合には、進化的安定状態は局所的にも存在せず、捕食戦略と捕食回避戦略の軍拡競争が永久に続くことが示唆された。



**[P-031] 社会性アブラムシにおける繁殖終了後の成虫による利他行動**

○植松圭吾1、沓掛磨也子2、深津武馬2、柴尾晴信1、嶋田正和1 (1東大・院広域システム、2産総研・生物機能工学)

親が繁殖能力を失った後も長く生存し、血縁個体に対して利他行動を行うことはヒトなどの社会性動物で見られるが、社会性昆虫ではまったく知られていなかった。ゴール（虫こぶ）を形成するアブラムシは、その内部で単為生殖により増殖するため、コロニーメンバー間の血縁度が高いことが期待され、実際に様々な社会行動が見つかっている。本研究では、イスノキにゴールを形成するヨシノミヤアブラムシの一次宿主世代において、無翅成虫が行う自己犠牲的な防衛行動に着目した。本種の無翅成虫は、繁殖を終了した後も一定期間生存する。繁殖を終えた無翅成虫は外敵の攻撃に対して、角状管から大量の固着性分泌物を放出することで付着し、外敵の動きを阻害することが野外で確認された。また、組織切片を作成し内部形態を調べた結果、繁殖を終了した無翅成虫の腹部は、脂肪を含む分泌物で埋め尽くされていることが判明した。無翅成虫は、外敵の侵入口となるゴール入口付近に高頻度で分布しており、入口付近の無翅成虫を取り除いたゴールでは、外敵の侵入率が高くなっていた。以上の結果から、繁殖を終了した無翅成虫がコロニーの防衛に貢献していると考えられる。

**[P-032] 適応放散の進化シミュレーション**

○横山典侑1、泰中啓一2、吉村仁3 (1静岡大学大学院工学研究科システム工学専攻、2静岡大学教授、3静岡大学教授)

生物の進化は一様ではなく、急速に進化が起きる場合と、ほとんど進化ができない場合がある。進化が急速に起きる場合（たくさんのニッチがある場合）、適応放散という。今回、1種の生物からはじまる場合と2種（餌と捕食者）からはじまる場合について、適応放散の進化シミュレーションを行った。1種の生物から捕食者なしで進化がはじまる場合、種の多様性が適応放散中の過渡的段階で最大になることが分かった。適応放散によって種の多様化が急速に起きるが、やがて収束する。適応度の高い生物だけに収束する。2種（餌と捕食者）の生物からはじまる場合、同じような多様性の変化が起こった。ただし、適応度の進化速度は、捕食者がいた方がより早くなることが分かった。

**[P-033] 開花時間が異なる2植物間での遺伝子流動のモデル化**

○松本知高1、安元暁子2、矢原徹一2、舘田英典2 (1九大・システム生命、2九大・院理)

交雑可能な植物種は、様々な要因によって生殖的に隔離されている。この要因には、ポリネーターを誘引する花形質の違いや、開花時間の違い等が知られている。中でも開花時間の違いは、交雑の機会を大きく制限する可能性がある。しかし、開花時間の違いが種間の花粉流動にどのような影響を与えているのかは不明である。本研究では開花時間が異なる2種間の花粉流動についてモデル化を行った。ポリネーターの活動時間を片方の花しか咲いていないphase1と2種の花が咲いているphase2の2つに分類し、phase1の後にphase2がくる場合とphase2の後にphase1がくる場合の2つについて考えた。まずポリネーターは常に単位時間あたり一定の割合で花間を移動し、phase2では花数の相対頻度の比でどちらの花に移動するかが決まるとした。さらに、ポリネーターに付着している花粉は直前に訪れた花の花粉によって全て置き換えられるとし、またそれぞれの花粉を付着しているポリネーターの比で単位時間あたりにどちらの花粉で受粉されるかが決まるとした。その結果、どちらの場合でも植物の花数の相対頻度と、先行するphaseでどれだけの花が受粉されるかが種間交雑の発生頻度に大きな影響を与えることが分かった。

**【P-034】 捕食者の餌利用の進化と移動分散が捕食-被食系の複雑性-安定性関係に与える影響**

○山口和香子1、近藤倫生2、河田雅圭1（1東北大・院生命科学、2龍谷大・理工）

「食物網の複雑性-安定性関係」は生態学における重要なテーマである。しかし、捕食者や餌の性質の進化によって食物網構造が変化する場合の「複雑性-安定性」関係はよくわかっていない。進化が集団や群集の安定性に与える影響に関する研究が、単純な食物網を考慮したものに限定されているためである。また、これまでの多くの進化モデルは適応度の傾度に沿った形質の変化を仮定し、集団内の遺伝子頻度の変化による進化プロセスを明確に考慮していないことが多い。さらに局所群集では、他の群集からの移入と群集外への移出が生じており、移動分散は群集の進化生態学的動態に大きな影響を与えると予測される。移動分散にともなう遺伝子流動は、遺伝的変異を維持することで適応進化を促進する場合と、移住荷重により適応を阻害する場合がある。不適応な遺伝子の流入は絶滅リスクを増大させるが、同時に、競争劣位種の共存を可能とすることも予測される。本研究では、捕食者の移動分散を考慮し、捕食者の餌利用の進化が捕食-被食系の複雑性-安定性関係にどのような影響を与えるのかを、集団内で生じる遺伝子頻度の変化プロセスを明確に仮定した個体ベースモデルを用いて調べる。

**【P-035】 口腔内に形成されるバイオフィームの変遷の数理モデル化**

○吉田信介（阪大・歯）

口腔内には700種を越える多くの細菌が存在し、複雑な細菌叢からなるバイオフィームを形成していることが知られている。その中には歯科の2大疾患と言われる齲蝕、歯周病の病原因子を持つとされる細菌が存在し、個別に分離培養してその生理的動態を調査する研究がこれまで多くなされてきた。しかしながらKuramitsu et al., 2007でも述べられているように、生体内での動態を考える上では細菌間相互作用も重要であり、2種の細菌を共培養した研究や、罹患患者と健常者の細菌叢の違いというマクロなデータを調査した研究結果も報告されている。細菌の多様性に対するモデルと実験によるアプローチの先行研究としてはKerr et al., 2002等があげられる。本研究は、複数の細菌により構成されるバイオフィームの変遷を、これまでの分子生物学的研究により蓄積されてきた知見を基に数理モデル化する試みである。In vitroで求められた代表的と思われる細菌間の相克関係と共利関係のみを考慮した単純なモデルから開始し、空間分布も考慮することによりin vivoでのバイオフィームの変遷が説明できるか検討した結果を報告する。

**【P-036】 Scale-free Prior Specification in Graphical Modeling with Applications to Gene Network Inference**

○Paul Sheridan1, Takeshi Kamimura, Hidetoshi Shimodaira (1Ph.D. candidate, 2Grad MSc. 3Assistant prof. All affiliated with Dept. of Math. and Comp. Sci. @ Tokyo Inst. of Tech.)

Recent studies have revealed the degree distributions of many real-world, large-scale networks in nature and technology follow a power-law so that the majority of nodes have only a few edges, while some nodes, often called hubs, are highly connected. A wide variety of scale-free network models have been proposed in the literature to explain the pervasiveness of power-laws. In our previous work, we implemented various scale-free models as prior distributions over network structures in the context of Gaussian graphical models, for use in Markov chain Monte Carlo; which we then used to estimate a gene association network for *S. Cerevisiae* from expression data for 32 genes related to cell cycle. Computational limitations prevented us from applying this methodology to infer gene association networks larger than, say, 100 genes. In this poster, we address this limitation by restricting our attention to the space of decomposable Gaussian graphical models where inference is more tractable. As our main contribution, we provide the results of a simulation study over networks of 1000 nodes: networks an order of magnitude larger than in our previous work.

**【P-037】 左右極性が示すmaternal fluctuating asymmetryの遺伝的変異**

○宇津野宏樹<sup>1</sup>、浅見崇比呂<sup>1</sup>（1信大・理）

平均して左右対称な形質でも、個体の右側と左側の差は個体間でランダムにばらつき、正規分布する。このゆらぎ左右性（fluctuating asymmetry; FA）の平均値ゼロには遺伝的変異が存在せず、特定の方向に形がずれた個体を人為的に選抜しても平均値は変化しない。オナジマイマイのラセミ変異体が産む卵塊からは右巻と左巻きが孵化する。螺旋卵割の8細胞期には、らせん度（大割球と小割球のずれる角度）がゼロ（左右対称な状態）を中心に正規分布していた。この正規分布は母親が同じ兄弟姉妹のらせん度が示す母性ゆらぎ左右性（maternal FA）であり、集団の属性である従来のFAとは異なる。兄弟姉妹のらせん度の平均値は、調べた母親の間で異なっていた。しかも、この平均値は、孵化時の右巻の比率（D/S）と有意に相関する。D/Sを選抜実験すると、らせん度の平均値も同調して増大した。以上の結果は、母性ゆらぎ左右性には遺伝的変異があり、淘汰圧しだいで螺旋卵割の左右極性が進化しうること示す。

**【P-038】 グッピー(Poecilia reticulata)における LWSオブシン遺伝子座の多型維持機構**

○手塚あゆみ<sup>1</sup>、笠木聡<sup>2</sup>、河村正二<sup>2</sup>、C. van Oosterhout<sup>3</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>（1東北大・院生命科学、2東大・院新領域、3University of Hull）

これまでの笠木ら（未発表）の研究から、グッピーには5つのLWS遺伝子座があり、そのうちの2つで高頻度の集団内多型を示していることが明らかになった。雄のカラーパターンの変異の維持機構を説明する仮説として、光環境の異質性が関係しているとする仮説がある。LWSの多型に関しても同様にbalancing selectionが働いている可能性がある。本研究では、この可能性を確かめるために、グッピーの原産国であるトリニダットの河川において、光環境（被度の大小）の類似した地点と異なる地点から採集されたグッピーのLWS遺伝子の集団間の分化と中立遺伝子であるマイクロサテライトの分化の程度を比較した。光環境の類似した集団でのLWSの分化の程度がマイクロサテライトの分化の程度よりも低く、集団間で同じLWS対立遺伝子による多型が維持されているとき、balancing selectionが働いていることが予測される。

**【P-039】 キスゲにおける花色の進化：雑種F2世代の表現型とESTを用いた候補遺伝子の探索**

○新田梢<sup>1</sup>、坂口祐美<sup>2</sup>、安元暁子<sup>1</sup>、矢原徹一<sup>1</sup>（1九大・院理、2九大・院・生物資源環境科学）

花色は送粉者に対するシグナルとしての機能があり、異なるタイプの送粉者によって送粉される植物種は花色が異なることが多い。キスゲ属のハマカンゾウは昼咲きのチョウ媒花であり、キスゲは夜咲きでスズメガ媒花である。ハマカンゾウの花弁は赤い模様の入ったオレンジ色、キスゲの花弁はレモン色である。そのため、チョウ媒からスズメガ媒の送粉適応に伴い、アントシアニンの欠失が起こったと予想される。本研究では、アントシアニンの有無を決定する遺伝的基礎を明らかにするため、雑種世代の表現型解析とESTの候補遺伝子探索を行った。アントシアニンについては、F1雑種の表現型は、アントシアニン欠失が微量であった。F2雑種では、欠失：中間：赤＝ほぼ11：4：1という結果であった。雑種の表現型から、アントシアニンは調節遺伝子と酵素遺伝子の2遺伝子座支配による可能性が考えられる。また、ESTからアントシアニン合成経路のほぼすべての酵素遺伝子の配列とアントシアニンに関連がある可能性のある調節遺伝子が見つかった。これらの結果をもとに、どの遺伝子がアントシアニン欠失に関与するか考察する。

**【P-040】 ユーラシア広域分布種タルホコムギの開花変異と系統地理**

○松岡由浩<sup>1</sup>、宅見薫雄<sup>2</sup>、河原太八<sup>3</sup>（<sup>1</sup>福井県立大・生物資源、<sup>2</sup>京大・院農、<sup>3</sup>神戸大・院農）

近年、モデル植物を用いた研究により、開花期を決定する遺伝機構の解明が進展した。しかし、種内の自然集団間でみられる開花期の違い（開花変異）を生み出す、集団・生態遺伝学的機構についての実証的な研究は少ない。本研究では、分布域全体をカバーする200系統を用いて、ユーラシア大陸中央部に広く分布する野生種、タルホコムギ (*Aegilops tauschii* Coss.) の開花変異の系統地理構造を解析した。共通圃場実験では、発芽から開花に至る日数には大きな変異がみられ、最も早い系統は144.0日、最も遅い系統は190.0日で開花した（平均161.3日）。また、開花変異データと葉緑体ハプロタイプ、及び系統最終地点の気候データを合わせて解析したところ、以下のことが明らかとなった：（1）開花変異には、緯度勾配、経度勾配がある。（2）早生系統は比較的少数の種内系統群で進化した。（3）アジアにおいては、冬の気温が緯度勾配の形成に影響した。（4）トランスコーカサス・中東においては、冬の気温以外の要因（例えば日長）が緯度勾配の形成に影響した。これらの結果から、タルホコムギの開花変異形成の系統地理的背景を考察する。

**【P-041】 Single-locus selection問題について**

○三浦千明<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大・院理）

シングルロカスにおいてセレクションがかかっている場合のアレルの頻度分布についてはシミュレーションなどによってほとんど理解されている。しかしながら解析的な表示の問題は幾つか残されていた。今回は定常状態における分布の正規化項の表示と一般のセレクションの場合の推移確率密度関数の近似について考察した。

**【P-042】 シロイヌナズナ属自然集団の生育地環境と隠蔽変異**

○山口正樹<sup>1</sup>、工藤洋<sup>2</sup>（<sup>1</sup>神戸大・院理、<sup>2</sup>京大生態研センター）

隠蔽変異(cryptic variation)とは、普段表現型に現れないが、ストレス環境など特殊な条件下でのみ表現型として現れる遺伝的変異である。シロイヌナズナにおいては阻害剤や熱ショックなどによって分子シャペロンHSP90の働きを低下させると、隠蔽変異が現れることが明らかになっている。これは、HSP90が変異の発現を抑制する効果を持つことを示しており、この効果が変異の蓄積を介して進化に寄与する可能性がある。シロイヌナズナ属のタチスズシロソウとミヤマハタザオは同種でありながら砂浜と高山という大きく異なる環境に生育している。野外の様々な生育地環境における隠蔽変異量を調べるためにこの2亜種を材料とした。実験では実生定着に重要な胚軸伸長反応に着目し、暗黒下の胚軸長における通常の変異と隠蔽変異の量を測定した。隠蔽変異はHSP90阻害剤であるゲルダナマイシンを用いて表出させた。さらに、ミヤマハタザオの1集団において、広域からサンプリングした場合と局所からサンプリングした場合を比較した。広範囲で安定化淘汰が働いている状況下では、通常の変異がサンプリング範囲に関わらず一定の値をとるのに対して、隠蔽変異は中立であるために、サンプリング範囲を広げると変異の量が增大すると予測した。今回の発表ではこの2つの実験の結果について報告する。

**【P-043】 東南アジアの樹上性リス2種内の頭骨形態に見られる地理的変異**

○林田明子<sup>1</sup>、小藪大輔<sup>1</sup>、遠藤秀紀<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大・総合研究博物館）

東南アジアに棲息する樹上性のハイガシラリス(*Callosciurus caniceps*)、クリハラリス(*C. erythraeus*)の頭骨標本を用いて、各種内における地理的差異による形態学的変異を明らかにした。ハイガシラリスのオスの頭骨計測における主成分分析(PCA)の結果、カンチャナブリーから北側の産地の主成分得点はナラシウトから南側の産地の得点と分かれた。メスではカンチャナブリーから北側の産地の主成分得点はパタニから南側の産地の得点と混ざり合わなかった。クリハラリス雌雄のPCAの結果、チェンダオからマエホンソンまでの北側の産地とプラチュアアップキリカンからセラングールまでの南側の産地間の主成分得点は完全に分かれた。ハイガシラリスの頭骨の形態学的な変異の要因として、クラ地峡による地理的障壁、クラ地峡の北側における湿潤な低地常緑雨林からモンスーン林への推移、タイ・マレーシア国境付近における非常に湿潤な低地常緑雨林から湿潤な低地常緑雨林への推移が影響していると示唆される。クリハラリスの頭骨の形態学的変異の要因として、チャオプラヤ川による地理的障壁や南北間の植生環境の違いが考えられる。

**【P-044】 コロブス亜科霊長類の顔面頭蓋における形態的多様性と食性適応：三次元形態測定学的解析**

○小藪大輔<sup>1,2</sup>、遠藤秀紀<sup>2</sup>（<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>東大・総合研究博物館）

ヒトを含む霊長類の顔面頭蓋形態には顕著な種間変異が存在する。顔面頭蓋における変異はこれまで系統分類の際の指標として重用されてきたがその形態的多様性の適応的意義と進化要因は未だ十分に解明されていない。近年の生態学的研究によって霊長類の各系統群は異なる食性ニッチを獲得しつつ適応放散してきたことが明らかになってきた。我々は、各食性への適応進化が霊長類の頭蓋における形態的多様性を生む重要な要因であったとの仮説をたて、多様な食性を有するコロブス亜科をモデルに形態変異と食性変異のパターンを検証した。コロブス亜科43種の頭蓋骨及び下顎骨の形態学的特徴点92点の三次元座標を取得し、形態測定学的手法による三次元形態変異解析と食性変異解析を行った。その結果、若葉食者、成熟葉食者、種子食者、果実食者、雑食者それぞれに特徴的な形態パターンが多系統で検出され、系統的に近縁でなくとも食性が類似する種間では収斂的に形態が類似する傾向が認められた。また、系統的に近縁でも食性が相違する種間では形態差が大きい傾向にあった。コロブス亜科の顔面頭蓋形態は各食物資源への適応進化との強い関連のもとに多様化した可能性が示唆された。

**【P-045】 幾何学的形態測定法によるカナヘビ属の頭骨の比較**

○菊川信人<sup>1</sup>、疋田努<sup>1</sup>（<sup>1</sup>京大・院理）

幾何学的形態測定法は、形態の詳細な変異を定量的に分析可能な方法であり、形態進化を探るには非常に有効である。この幾何学的形態測定法を用いることによって、形態情報を系統関係から解釈し、形態進化を明らかにすることができる。本研究では、既に分子データによって系統関係がほぼ明らかになっているカナヘビ属 *Takydromus* を用いて、幾何学的形態測定法によって、頭骨形態の定量的な解析を行い、カナヘビ属の頭骨の形態進化を明らかにした。形状変数に対する主成分分析の結果、(*T. tachydromoides*, *T. hsuehshanensis*, *T. formosanus*, *T. stejnegeri*) < (*T. smaragdinus*, *T. toyamai*, *T. sexlineatus*, *T. kuehnei*) < (*T. dorsalis*, *T. sauteri*) の順にPC1が大きくなる傾向がみられた。PC1の値が大きくなるにつれ、相対的に、鼻先が伸長し、後部が細くなり、眼窩部が縮小する。また、形状変数に対する正準判別分析の結果、ほぼ種ごとにクラスターが形成され、種間でよく判別されることが明らかとなった。このことから、カナヘビ属の種では、頭骨形態は種間でよく分化しており、種特異的な形態をしていることが示唆された。さらに、カナヘビ属の頭骨形態は、生活様式によって異なっており、生態的要因を強く反映していることが示唆された。

**【P-046】 左右極性変異のEco-Devo-Evo**

○清水啓介<sup>1</sup>、浅見崇比呂<sup>1</sup>、Edmund Gittenberger<sup>2</sup> (1信州大・理・生物、2Leiden Univ.)

発生学あるいは進化発生学では、個体間の遺伝的変異はノイズとして無視されてきた。しかし、集団内に遺伝的変異がなければ生物は進化しない。発生システムの進化プロセスを追究するには、個体変異に着目したEco-Devo-Evoのアプローチが不可欠である。巻貝では、発生の左右極性が反転した鏡像体が繰り返し進化した。本研究は、巻貝の鏡像体の発生プロセスと進化プロセスを理解するために、鏡像体の形態形成を左右する遺伝的変異を検出することを目的として行った。巻貝に特徴的ならせん卵割の左右極性は、8細胞期に小割球がずれる方向により識別されてきた。ところが、たとえ左巻の卵割であっても、そのずれる角度（らせん度）には著しい遺伝的変異が実在することがわかった。しかも、らせん度は断続的に変化するため、時間軸を無視すると、その著しい遺伝的変異を容易に見逃すことがわかった。発生プロセスの遺伝的変異に着目することによって得られた、従来の知見と相反する本結果の生態進化発生学的な意味について議論する。

**【P-047】 左右非対称な外部形態を持つ昆虫における器官間での非対称性の逆転**

○土畑重人<sup>1</sup>、土岐和多瑠<sup>2</sup> (1東大院・総合文化、2東大院・農学生命科学)

一般に、発生過程において同じ資源を共有する個々の器官のサイズにはトレードオフの関係が存在する。この種の発生制約は、個々の器官の適応進化可能性を決定する重要な要因となりうる。完全変態昆虫においては、成虫の器官サイズは前蛹までの間に獲得した資源量に依存して決定されるので、トレードオフ関係は顕在化しやすく、甲虫における角と複眼サイズの関係など顕著な例が知られている。われわれは、甲虫の一種ニホンホホビロコメツキモドキ*Doubledaya bucculental*において、複数の成虫器官サイズを測定することで、このトレードオフ関係の存在を検討した。本種成虫はメス特異的に、頭部左側が発達するという特異な形態的特徴を持つ。この左右非対称性は、当該器官と資源利用を共有する他の器官サイズに、当該器官とは逆の左右非対称性をもたらすことが期待された。測定の結果、メス成虫特異的に、複眼領域の表面積は右側が左側よりも相対的に大きくなっていることが判明した。その他の部位の測定結果と併せて、このパターンが生じた原因について議論する。

**【P-048】 脊椎動物における新奇血中カルシウム濃度調節器官の獲得機構**

○庄野孝範<sup>1</sup>、野田彰子<sup>2</sup>、三宅力<sup>1</sup>、岡部正隆<sup>1</sup> (1慈恵医大 2産総研)

脊椎動物は生育環境の違いに応じた血中カルシウム濃度調節器官を進化させたが、その新奇器官獲得の分子機構は明らかでない。血中カルシウム濃度は副甲状腺を含むエラの相同器官によって調節されるが、真骨魚類では独自に獲得した体表の塩類細胞によっても調節されている。進化の過程で体表の塩類細胞はどのような機構によって獲得されたのか？我々は、脊椎動物で血中カルシウム濃度の調節を行うエラ相同器官に発現するGcm2遺伝子が、ゼブラフィッシュにおいては体表の塩類細胞でも発現し、その発生に必須であることを見出した。そこで、Gcm2が体表の塩類細胞で発現する機構を明らかにするために、Gcm2周辺領域のゲノム配列とレポーター遺伝子を導入したゼブラフィッシュを作成し、エンハンサー解析を行った。その結果、体表の塩類細胞でGcm2を誘導させるエンハンサー領域を2ヶ所同定した。この2つのエンハンサー領域を四足動物のGcm2遺伝子周囲の配列と比較解析したが、保存配列を見出せなかった。以上の結果から、Gcm2の体表発現エンハンサーの獲得が塩類細胞の出現に寄与した可能性を示唆する。

**[P-049] Kinematic and electromyographic analysis of limb movement during aquatic and terrestrial locomotion in the salamander (*Ambystoma mexicanum* and *Ambystoma tigrinum*)**

和田慎太郎、○和田 直己 (山口大学・獣医システム科学)

陸上を歩行するシステムに関して有尾両生類を用いて研究を行った。実験には自然界では一生を水中で送るMexican axolotlのPaedomorphic Adult (PA)、Mexican axolotl のTerrestrial metamorphosed adults (MA)、そして Tiger salamanders (TS; *Ambystoma tigrinum*)もちいた。PAは床で体を支えることができないが、MAは支え移動することができる。しかし、MAの歩行は著しい上下運動を伴い、安定性が欠如している。TSはより安定した歩行を行う、これらの事実は歩行における推進力制御と安定制御の発達の違いを示唆している。PA、MA、TSの四肢の協調運動は同様である。よって歩行制御は各肢の運動制御の違いによるものである。PA、MA、TSの前肢、後肢の運動について運動学的、筋電図学的研究結果を報告する。

**[P-050] ポリプテルス類の分子系統 -ボディープランの進化を探る-**

○鈴木大、土岐田昌和 (京大・院理・生物科学)

ポリプテルス科(Polypteridae)はアフリカ大陸に広く分布し、条鰭類の中で最も初期に分岐したグループであると考えられている。本科はアミメウナギ属(*Erpetoichthys*) 1種とポリプテルス属(*Polypterus*) 11種(6亜種)より構成されているが、科内の系統関係については形態形質に基づく報告があるのみで未だ不明な点が多い。条鰭類における“腹鰭の消失”や“顎顔面形態の変化”“体幹の伸長”は複数の系統で並行的に生じたとされるが、これら3つの形態形質の変化が同時に観察される本科は硬骨魚類の形態進化を考察するための材料として魅力的である。著者らはポリプテルス類における形態進化プロセスを明らかにするため、本科各種のミトコンドリアDNAの16SrRNAおよび*cytb*遺伝子、核DNAのRAG1およびRAG2遺伝子の部分塩基配列を決定し、それらの配列情報に基づき分子系統解析を行った。その結果、2属の姉妹群関係が強く支持され、ポリプテルス属内には4つのクレードが認められた。腹鰭の消失と体幹の極度な伸長はアミメウナギ属で1回、下顎の突出は*Polypterus endlicheri*-*P. bichir*から構成されるクレードで1回起きたことが示唆された。

**[P-051] 卵膜タンパク質と孵化酵素の“分子共進化”?: 孵化酵素LCEの魚種特異的卵膜分解**

○川口眞理<sup>1</sup>・清水昭男<sup>2</sup>・廣井準也<sup>3</sup>・井内一郎<sup>4</sup>・安増茂樹<sup>4</sup>・西田睦<sup>1</sup> (1東大・海洋研、2中央水研、3聖マリアンナ医大・解剖、4上智大・理工・物質生命)

孵化酵素は、卵膜を分解する酵素である。*Fundulus*とメダカの孵化酵素は互いの卵膜を完全分解できず、卵膜分解において種特異性があることを見出した。この結果は孵化酵素遺伝子と卵膜遺伝子の“分子共進化”を示唆しており、興味深い題材である。両種の孵化酵素は共にHCEとLCEから成り、2つの酵素が協同して卵膜を分解する。相互に卵膜を交換して分解実験を行うと、どちらのHCEでも両卵膜を分解・膨潤するが、LCEは自種の膨潤卵膜のみを分解し、他種の卵膜には作用しない。LCEの卵膜切断部位近傍のアミノ酸配列を比較すると、*Fundulus*のLCE (FLCE) はLeu-X-Y-Pro、メダカのLCE (MLCE) はPro-X-Y-Proの真ん中の領域を切断する。これらの切断領域の配列から作製した合成ペプチドを用いて孵化酵素の分解活性を調べると、FLCEは切断点から-2のアミノ酸残基をLeuからProに変えると全く切断しなくなった。このことは、卵膜のLCE切断部位近傍の1つのアミノ酸置換が種特異性に関与していることが示唆される。孵化酵素遺伝子と卵膜タンパク質遺伝子の進化的解析も行ったのであわせて報告する。

**[P-052] ショウジョウバエ属卵殻突起形成過程における細胞挙動の進化的多様化**

○西川穰1、影沢達夫1、中村征史1、松野健治1（1東理大・基礎工・生物工）

ショウジョウバエ卵殻の背側前方部には、卵殻突起が存在する。卵殻の本数は進化上多様である。例えば、本研究で扱う *D. melanogaster* は2本、*D. phalerata* は3本、*D. virilis* は4本の卵殻突起をもつ。卵殻突起の形成機構は、*D. melanogaster* で詳細に研究されている。卵殻突起は、floor 細胞とroof 細胞よりなる管状構造の内腔に卵膜が分泌されて形成される。*rhomboid (rho)* を発現している細胞がfloor 細胞を、*Broad-Complex (BR-C)* を発現している細胞がroof 細胞を形成する。私たちは、卵殻突起の本数の多様化をもたらした発生メカニズムの進化を理解するため、*BR-C* を発現しているroof 細胞の挙動をこれら3種間で比較した。その結果、管状構造を形成する際のroof 細胞の挙動は3種間で保存されているにもかかわらず、卵殻突起を形成する管状構造の数と位置は、それぞれの種の卵殻突起の本数と位置に対応し、異なっていた。このことから、卵殻突起の進化的多様化は、管状構造形成にかかわるシグナルの位置情報の多様化に起因すると推測された。

**[P-053] ショウジョウバエ卵殻形態のホモブラシーは発生機構の異なった変化に起因する**

○影沢達夫1、中村征史1、西川穰1、松野健治1（1理科大・基礎工・生物工）

ホモブラシーとは、互いに異なった分類群に属する種が、類似の形質を独立に進化させる現象である。ショウジョウバエ種の卵殻にある卵殻突起の本数は、進化上多様である。*Drosophila* 属は、全ての種が2本の卵殻突起を持つ *Sophophora* 亜属と、ほとんどの種が4本の卵殻突起を持つ *Drosophila* 亜属を含んでいる。*D. melanica* は、*Drosophila* 亜属に属するが、2本の卵殻突起を持っている。よって、*D. melanica* と *Sophophora* 亜属の種は、独立に2本の卵殻突起を進化させており、これはホモブラシーの一例である。卵殻突起の数は、濾胞細胞において上皮増殖因子受容体 (EGFR) シグナルが活性化される領域の数と一致する。そこで私は、*Sophophora* 亜属と *Drosophila* 亜属のEGFRシグナル活性化パターンを比較した。その結果、独立に2本型へと進化した、*D. melanica* と *Sophophora* 亜属の種のEGFRシグナル活性化パターンは大きく異なっていた。このことから、卵殻突起数のホモブラシーは、発生機構の異なった変化に起因することが示唆された。

**[P-054] アブラムシの表現型多型を制御する遺伝子群の網羅的解析**

○石川麻乃、三浦徹（北大・環境科学）

アブラムシは「表現型多型」を示す代表的な昆虫である。彼らは一年のライフサイクルの中で、同一の遺伝子型から、形態や行動、繁殖戦略の異なる多種多様な表現型（有性生殖世代、単為生殖世代、有翅型、無翅型、幹母、兵隊など）を産出する。このようなアブラムシの表現型多型の分子基盤を明らかにするために、我々は単為生殖世代における翅多型に注目し、研究を進めてきた。本研究で用いたソラマメヒゲナガアブラムシ *Megoura crassicauda* では、子虫の翅型が母虫の感受密度によって決定されることが知られている。では、どのような因子が翅多型を制御しているのだろうか？近年、我々は短時間（48時間）の高密度処理により、高い確率で有翅型の産出を誘導する方法を確立した。これにより、翅型制御カスケードのより上流にアプローチできる。現在、この翅型誘導系を用いて、母虫とその胚で密度依存的に発現する遺伝子を網羅的に探索し、翅型決定に関わる候補遺伝子の同定を行っている。本発表ではその結果と形態形成や内分泌に関わる候補遺伝子の発現解析について併せて報告する。



## 【P-055】 オオミノガにおける翅の退化：性的二型の進化とその内分泌制御

新津修平（首都大・院理工）

鱗翅目昆虫ミノガ科は、独特な蓑を持つことによって、その雌成虫の外部形態が配偶・産卵行動と密接に結びついて進化した昆虫である。ミノガ科内の多くの種では、雌成虫は翅が退化し、飛翔能力を欠く。本研究では、ミノガ科の中でも翅の退化状態が最も派生的なオオミノガをモデルに、発生学的な視点から翅の退化機構を解明することを目的とした。そこで、オオミノガの雌雄における、幼虫期から蛹期までの後胚発生の過程を組織学的に観察すると共に、翅原基の脱皮ホルモン応答性について、組織培養系による内分泌学的な実験を行った。その結果、雌の翅原基の発育は終齢幼虫期でも低調で、前蛹期に入ると原基は完全に消失した。また、組織培養による実験の結果、雄の翅原基は脱皮ホルモン（エクジステロイド）によって分化・増殖したが、雌の翅原基ではエクジステロイドを添加しても未分化な状態のままで、一部の細胞にアポトーシスが誘導された。以上の結果からオオミノガの雌では、その発生プロセスにおいて、翅原基の形成が中断され、エクジステロイドによる翅原基の分化・誘導能が消失することにより発生プロセスが変更され、その結果、退行進化が生じた事が示唆された。

## 【P-056】 カイコ幼虫における新規斑紋獲得の分子メカニズム

○山口淳一1、山本公子2、生川潤子2、伴野豊3、三田和英2、藤原晴彦1（1東大・院新領域、2生物研、3九大・院農）

カイコの幼虫斑紋突然変異系統褐円(L)は各体節に特有な斑紋を持つ。この斑紋はカイコの先祖クワコにも存在しないため、養蚕での大量飼育と人為選択による速い進化によって獲得した新たな遺伝形質であると考えられる。連鎖解析をベースとしたポジショナルクローニングの結果、Lの原因領域は *wnt1* 遺伝子近傍に絞り込まれた。転写産物に変異はないこと、斑紋予定領域の真皮細胞で特異的に発現していること、さらに、その転写産物はL染色体由来であることが明らかになったため、新規の斑紋が出現した原因は *wnt1* の cis 調節領域への自然突然変異であると結論付けた。一方で、真皮細胞以外の組織における発現は野生型と同等であったことから、正常な *wnt1* の多面的な発現とは独立した、斑紋形成に特化した発現調節であることがわかった。WNTは最もよく研究されているシグナル伝達経路の一つであるが、今回初めて、その主要なリガンドである *wnt1* が、新規の紋様が発現する原因になっていることが示された。対立遺伝形質をもつ系統間の比較解析と合わせて、他の昆虫においても同様に、紋様の多様化の原動力となりうるか、について議論したい。

## 【P-057】 拘束と変形が生み出す形態デザイン：隠蔽擬態した蛾の枯葉模様の進化

○鈴木誉保1、倉谷滋1（1理研・CDB）

蝶や蛾の翅の模様は、環境に適応するために巧妙なデザインを獲得している。一方で、相同な模様要素の集合であるグラウンドプランにより支配されており、そのデザインには任意のものが許されていないことも知られている。今回、我々は、形態測定法 (morphometrics) を用いて定量的な解析を行い、蛾の枯葉模様がどのように統合されているか (形態の統合: Morphological Integration) について調べた。六甲山系にて蛾を採集した後、採卵・生育・交配条件を検討し、また人工飼料の開発も試みた。結果、アカエグリバ (*Oraesia excavata*) の実験室内飼育を確立した。アカエグリバの前翅は、主脈や側脈を含む葉脈をもつ詳細に摸した枯葉模様により隠蔽擬態をしていると推察された。また、グラウンドプランを構成するすべての相同な模様要素が同定され、この支配下にあると考えられた。枯葉を形成している模様要素では、それ以外の模様要素と比較して、10倍から100倍小さな分散値を示した。このことから、枯葉模様には安定化淘汰 (Stabilizing Selection) が作用してきたことが示唆された。また、互いに密にかつ大きな相関を示し合う模様要素群が同定され、モジュール構造を形成していることがわかった。このモジュール構造はそれぞれ枯葉模様の主脈と2つの側脈に相当しており、機能的なモジュールを形成していた。さらに、こうしたモジュール構造は、進化的に保存された関係を利用しているだけでなく、進化的には保存されていない新規の相関関係を作り出したり (integration)、あるいは既にある相関関係を解消したり (percellation) することで作り出されていることがわかった。これらは、形態要素間の関係やその配置について可変性 (flexibility) に富む一方で、形態要素のアイデンティティには強い拘束 (constraint) の存在を示唆している。形態要素がもつ性質ごとに異なる拘束の強さが、適応的な進化の促進に貢献しているのかもしれない。

**【P-058】 交雑と体表模様**

○宮澤清太1、近藤滋1 (1名大・院理)

水玉模様、シマシマ、網目模様などなど、動物の体表にはさまざまなパターンが見られる。これら多彩な模様を「混ぜる」とどうなるのだろうか？ たとえば、黒地に白い水玉模様の動物と、白地に黒い斑点の動物を考える。両者が交雑可能だとすると、その交雑個体にはどのような模様パターンが出現するのか？ また逆に、ある（複雑な）模様パターンが与えられたとき、それを他の（単純な）パターンの「混ぜ合わせ」で表現することはできるだろうか？ 本研究では、反応拡散モデルを用いた模様パターン形成過程のシミュレーションにより、交雑個体における模様パターンの予測を行った。実際の交雑個体で生じる模様パターンとの比較を、魚類を例にとって紹介する。これらの結果をもとに、複雑な模様パターンの形成メカニズムについて発生的および進化的な考察が可能かどうか議論したい。

**【P-059】 SINE由来高度保存配列の機能解析から探る哺乳類の進化**

○佐々木剛1、岡田典弘1 (1東工大・院生命理工)

Nishiharaら (2006, Genome Res., 16:864-874) は哺乳類の共通祖先で挿入されたAmnSINE1が現在もなおゲノムノンコーディング領域で哺乳類全般に保存されている遺伝子座を多数発見した。このことからAmnSINE1が進化の過程で機能を獲得した可能性が強く示唆された。そこで我々はAmnSINE1の機能について実験的に検証するため哺乳類種間で保存されているSINE挿入遺伝子座を124個見出し、レポーター遺伝子(lacZ)を導入したトランスジェニックマウスによるエンハンサー解析を行った。解析の結果、AS071遺伝子座はFGF8遺伝子の終脳間脳境界における発現を制御するエンハンサーとして機能していることが示され、さらにこの部位でのFGF8タンパクの機能を解析したところ視床のパターニングに関与していることが判明した。加えてAS021遺伝子座でも大脳皮質形成に関与すると思われるエンハンサー活性を見出すことができた。我々はこのような網羅的探索を行いSINE挿入により獲得された哺乳類特有の遺伝子発現調節機構を明らかにしていきたいと考えている。

**【P-060】 真猿類におけるミトコンドリア蛋白質の膜貫通領域でのスレオニンの増加と寿命の関係**

○北添康弘、岸野洋久、長谷川政美、中島典昭、Jefferey Thorne,田中雅嗣 (高知大・名誉教授)

研究目的は、哺乳類の系統樹解析から適応進化を検出し、ミトコンドリアの持つ機能を明らかにすることである。哺乳類のミトコンドリア系統樹の特徴は、霊長類のbranch lengthsが非常に長いことである。この特徴は、霊長類の進化の歴史に於ける特別な出来事を強く示唆する。その原因として、DNAレベルでのdirectional mutation pressure説と、amino acid レベルでの適応進化説、との2案が存在する。今回の解析では、特に適応進化として、ミトコンドリア膜内を貫通する蛋白質におけるthreonine増加の大きな“流れ”が検出された。Threonineは、ミトコンドリア膜内で“helix-helix水素結合”により、蛋白質の安定性に寄与する。ATP合成などミトコンドリア活性があるとき、膜内の様々なチャンネルの開閉により蛋白質が大きく動き、またfree radicalの攻撃で蛋白質が損傷する。それ故に、頭脳が発達し多くのエネルギーを必要とするhigher primatesにとって、蛋白質の安定性を高める必要があり、安定性の増進は動物の寿命を長くしたかも知れない。事実、Threonine含有率と寿命との間に有意な相関があり、cysteine含有率（最近free radicalの観点から指摘された）とを合わせた重相関解析では $R=0.8$  ( $p=5.0 \times 10^{-5}$ )となり、この2つのアミノ酸が直接マクロレベルの寿命と強い相関があることを明らかにした。

## 【P-061】 鯨偶蹄類1型鋤鼻受容体の進化

○大原 海<sup>1,2</sup>、二階堂 雅人<sup>3</sup>、伊藤 敦子<sup>1,2</sup>、茂木 一孝<sup>2,4,5</sup>、岡村 裕昭<sup>4</sup>、岡田 典弘<sup>3</sup>、森 裕司<sup>2</sup>、山岸 公子<sup>1</sup> (1臨床研、2東大・生命農、3東工大・理工生命、4生物資源研、5麻布大・獣医)

フェロモンは同種の他個体へ特異的に作用すると考えられてきた。さらに、哺乳類におけるフェロモン受容体候補である1型鋤鼻受容体 (V1R) は、種によって全く異なるレパートリーをもち、このことが生殖にかかわるフェロモン認識の違いを生じさせているものと考えられてきた。しかしながら、鯨偶蹄類であるヤギとヒツジのフェロモンは、種を超えて互いに作用するという報告がある。そこで、我々はヤギとヒツジそしてその近縁種であるウシのV1R遺伝子を比較して分子進化的解析を行った。その結果、これまでに報告されてきた結果とは異なり、ヤギ/ヒツジ/ウシのV1R遺伝子は種間で非常に高い相同性をもつことが示唆された。今回は、ウシとヤギ/ヒツジのグループが種分岐した時代とほぼ同時期に種分岐したと考えられているマウスとラットの知見との相違を挙げながら、鯨偶蹄目におけるV1R遺伝子の進化を考察する。

## 【P-062】 脊椎動物嗅覚受容体遺伝子ファミリーの起源と進化

新村 芳人 (東京医科歯科大・難治疾患研究所)

環境中の多様な匂い物質は、嗅覚受容体 (olfactory receptor, OR) によって検出される。哺乳類ゲノム中には約1,000のOR遺伝子が存在し、OR遺伝子は脊椎動物最大の多重遺伝子ファミリーを形成している。一方、魚類のもつOR遺伝子数は約100であるが、その配列の多様性は哺乳類よりも大きいことが知られている。魚類はアミノ酸、胆汁酸などの水溶性分子を匂いとして受容する。脊椎動物の初期進化におけるOR遺伝子ファミリーの進化過程を明らかにするために、ナメクジウオ、ヤツメウナギ、ゾウギンザメ、5種の硬骨魚、西洋ツメガエル、トカゲ、ニワトリの各ゲノム配列から全OR遺伝子を同定し、分子進化的解析を行った。ナメクジウオの化学受容機構はよく分かっていないが、ゲノム配列から多数のOR遺伝子様の配列が見出された。脊椎動物のOR遺伝子はタイプ1・タイプ2の二つの型に分類される。ナメクジウオのOR様配列は系統樹上でタイプ1・2の外側に位置し、脊椎動物OR遺伝子の起源はナメクジウオまで遡れることが示された。また、タイプ2には無顎・有顎脊椎動物の分岐以前に分かれたいくつかのグループが含まれるが、進化パターンの比較により、その多くは嗅覚受容以外の機能を担っていることが示唆された。

## 【P-063】 霊長目における嗅覚受容体遺伝子ファミリーの進化

○松井 淳<sup>1</sup>、郷 康広<sup>2</sup>、新村 芳人<sup>3</sup> (1京大・霊長研、2京大・院理、3東京医歯大・難治疾患研)

嗅覚受容は、7回膜貫通型の嗅覚受容体が環境中のおい物質を分子認識することにより開始される。多様な構造をもつおい物質に対応するために、ゲノム中には多数の嗅覚受容体遺伝子が存在し、嗅覚受容体遺伝子は哺乳類最大の多重遺伝子族を形成している。霊長目の嗅覚は、進化の過程で視覚・色覚の発達と引き換えに相対的な重要性が低下し、機能を失ってきたという仮説がある。この仮説によれば、完全な三色色覚をもつ狭鼻猿類は、そうでない新世界ザルに比べ嗅覚が退化している。嗅覚機能の進化の道筋やヒト嗅覚の特異性を理解するためには、様々な霊長目について遺伝子を同定し、比較解析することが重要である。本研究では、オランウータン、マーモセット、オオガラゴ、ネズミキツネザル、ツパイのドラフトゲノム配列から、嗅覚受容体機能遺伝子・偽遺伝子の同定を行った。それらの遺伝子を用い、これまでに同定されたヒト、チンパンジー、アカゲザルの遺伝子と共に比較解析を行った。その結果、種ごとに機能遺伝子のレパートリーは極めて多様であることが示された。本学会においては、色覚と嗅覚に関する上記仮説の妥当性について検証した結果についても報告する。

**【P-064】 著しい集団分化を示す遺伝子多型が表現型に与える影響**

○大橋 順（筑波大学大学院人間総合科学研究科生命システム医学専攻）

ヒトの病気や薬に対する反応性に関わる遺伝子を発見するための基盤情報の整備を目的として始まった国際HapMapプロジェクトのおかげで、ヒト集団間（アフリカ系集団、ヨーロッパ系集団、アジア系集団）で、対立遺伝子頻度が著しく異なる単一塩基多型（SNP）を探索することが可能となった。高い集団分化を示すSNPが存在する理由として、各集団が分岐した後に起こった、偶然による中立多型の頻度変化と自然選択による頻度変化とが考えられる。もし、集団分化が強い自然選択によってもたらされたのであれば、自然選択を受けた多型の対立遺伝子間に機能的差異が存在するはずである。本ワークショップでは、高い集団分化を示す多型と、その多型によってもたらされる（と思われる）表現型との関連の例をいくつか紹介するとともに、進化医学研究における、集団遺伝学的アプローチの今後の可能性について論じる。

**【P-066】 Evolutionary dynamics of microsatellite loci in the human and chimpanzee lineages**

○竹崎 直子（香川大学・総合生命科学研究センター）

Microsatellite loci are useful for studying evolutionary relationships of closely related populations or species because of the high mutation rate and abundance in eukaryotic genomes. It is important to investigate the evolutionary dynamics of the microsatellite loci in order to know to how distantly related populations or species can be studied by microsatellite loci and the details of pattern of change in microsatellite loci might help development of methods to study microsatellite data. In this study, I investigate the extent of conservation of microsatellite loci with different repeat unit sizes (1-5 bp) in chromosome 21 of human and chimpanzee. The result shows that the proportion of orthologous loci in human and chimpanzee in all the loci found and the proportion of loci with the same number of repeats in the two species within the orthologous loci are higher for loci with shorter repeat unit size, though the difference of the number of repeats in the orthologous loci with repeat number change tend to be larger for loci with shorter repeat unit size. When orangutan sequence was used as an outgroup, the numbers of gained loci and lost loci with repeat unit of 1-3 bp were larger for human and for chimpanzee lineage, respectively. Further, the total numbers of repeats gained were larger for human than for chimpanzee and those lost were larger for chimpanzee than for human for loci with all the repeat unit size.

**[P-067] ヒト特異的偽遺伝子の探索と進化研究**

○新倉太郎、高畑尚之、颯田葉子（総研大・葉山高等研）

ヒトとチンパンジーは、ゲノムの塩基配列に約1.2%の違いがあるが、形態学的には直立二足歩行、脳容量など大きな差異がある。このようなヒト特異的な形質の遺伝的基盤として、既存の遺伝子の偽遺伝子化に注目した。Vertebrate Genome Annotation Database (VEGA)を用いて偽遺伝子を網羅的に探索した。検出できた偽遺伝子候補のひとつSEC22Bは、殆どの真核生物にorthologが存在し、哺乳類ではアミノ酸配列が非常によく保存されている。さらに、チンパンジーゲノム(NCBI)には2コピー存在し、一方が偽遺伝子化していることが示唆された。しかし、ヒトゲノム(NCBI)中には1コピーしか見つからず、チンパンジーの偽遺伝子と同じ変異によって偽遺伝子化していた。この変異は、ヒト集団では多型であることを確認した。チンパンジーの2コピーとヒトの偽遺伝子を比較したところ、塩基配列の前半と後半で系統関係が異なることが示された。SEC22Bはヒトchr1q21.1上に存在し、ヒト特異的なpericentric inversionのbreakpointのすぐ内側にある。ゲノムの再構成が頻発している領域にあることを踏まえ、この遺伝子の複雑な系統進化と偽遺伝子化の時期を、実際に塩基配列を決定することにより解明する。

**[P-068] ヒト特異的偽遺伝子の起源と進化における意義**

○井川 武<sup>1</sup>、高畑 尚之<sup>2</sup>、颯田 葉子<sup>3</sup>（<sup>1</sup>総研大・葉山高等研究センター、<sup>2</sup>総研大、<sup>3</sup>総研大・先導研）

ヒトとそれ以外の動物の生物学的違いをもたらす要因の一つとして、ヒトに至る系統において機能のなくなった遺伝子、すなわちヒト特異的偽遺伝子が注目され、近年数多く報告されている。我々は、これらヒト特異的偽遺伝子の進化的意義を明らかにすることを目的として、これまでに報告されている偽遺伝子について、ゲノムデータベースを網羅的に探索し、他の霊長類における機能遺伝子との比較により、偽遺伝子化が起きた年代の推定を行っている。本発表では、チンパンジーとの共通祖先からヒトに至る系統における、それぞれの偽遺伝子化の時間軸における前後関係、および環境との相関について議論する。

**[P-069] ヒトにおける隣接遺伝子の位置関係の保存と配列保存との関連**

○坂手龍一<sup>1</sup>、今西規<sup>1</sup>（<sup>1</sup>産総研・バイオメディシナル情報研究センター）

ヒトに至る哺乳類の進化の過程で、ゲノム上で互いに隣接する遺伝子の位置関係が保存されている場合、それらの遺伝子の配列もより保存されているのではないかという仮説を検証した。ヒト-チンパンジー-マウスについて現在入手可能な全転写産物のゲノム上の位置を決定し、タンパク質コード遺伝子のオルソログセット(データベース"H-InvDB Evola"で公開)を作成した。ヒトゲノムを基準として隣接する2遺伝子の位置関係を網羅的に調べた結果、これら3生物種間でオルソログが得られた12,877遺伝子のうち3,697遺伝子が位置関係の保存された2遺伝子以上から成る遺伝子クラスターを形成していた(計1,602クラスター)。各遺伝子のアミノ酸配列を比較したところ、ヒト-マウス種間においては遺伝子クラスターに属している遺伝子はそうでない遺伝子よりも全体として有意に配列保存度が低いという、仮説とは逆の結果が得られた。この結果は、隣接する遺伝子の位置関係の保存性がゲノムの機能領域とどう関わるかについての知見を与えるものと考えられる。

**[P-070] Positional Overrepresentation and Inter-motif Distance Preferences Identify Known Functional Motifs and Novel Regulatory Sequence Candidates**

○Ken Daigoro Yokoyama, Uwe Ohler, Gregory A. Wray (Department of Biology, Computational Biology and Bioinformatics, Duke University)

Transcriptional regulation is mediated by proteins called transcription factors (TFs) which collectively bind to cis-regulatory elements in the promoter. Positional enrichment is found to be a distinguishing characteristic of many known regulatory motifs, and allows for a genome-wide prediction of new functional motifs. We introduce a novel method that predicts candidate regulatory sequences based upon position-specific overrepresentation relative to the transcription start site (TSS). We then extend the model to analyze inter-motif distances, predicting functional motifs according to distance preferences between potentially interacting sequence elements. We introduce the 'motif positional function' (MPF) model which estimates the underlying frequency of motif occurrence at high resolution according to its position relative to a given reference point. We predict nine known regulatory elements to have positional enrichment within human promoters as well as eleven novel regulatory motif candidates with significant amounts of location-specific overrepresentation. The inter-motif distance analysis shows that interacting binding sites exhibit multi-modal overrepresentation signals characteristically separated ~10-12 bps apart, corresponding to a single turn of the DNA double-helix. This finding indicates that cooperative TF binding requires the corresponding proteins to be positioned in a particular orientation relative to the turn of the DNA molecule, and offers a new method used to predict interacting cis-regulatory motifs. The evolutionary significance of our results will be discussed.

**[P-071] 単一アミノ酸リピートの進化とタンパク質の立体構造**

○五條堀淳<sup>1</sup>、植田信太郎<sup>2</sup> (1 総研大・葉山、2 東大・院理)

ヒトゲノム中には単一アミノ酸リピート (7個以上の同じアミノ酸が連続する配列) を含むタンパク質をコードしている遺伝子が約700個存在し、その数はヒト遺伝子の3%に相当する。これらの遺伝子は転写調節因子やその関連遺伝子である事が多い。また、このようなリピートはタンパク質の立体構造におけるdisorder領域を形成する事が多い。脊椎動物間で遺伝子に含まれる単一アミノ酸リピート数を比べると、種によってリピート数が異なる遺伝子があり、脊椎動物の進化の過程で遺伝子に含まれる単一アミノ酸リピートの数が変化していることが示唆される。本研究では、単一アミノ酸リピートを持つヒトの遺伝子について、それぞれのほ乳類におけるオルソログ遺伝子を推定し、リピートの長さを比較した。その結果、ほ乳類ではdisorder領域においてリピート数の変化が多く、このようなリピート数の進化がほ乳類の種分化につながる可能性が示唆された。しかし、霊長類ではリピート数の変化はorder領域において多く観察されたため、非霊長類のほ乳類における場合とは異なる選択圧によってリピート数が変化している事が示された。

**[P-072] ツチガエルにおけるZ染色体およびY性染色体の起源と進化**

○尾形光昭<sup>1</sup>、三浦郁夫<sup>2</sup> (1 横浜市繁殖センター、2 広大・両生類研)

日本産ツチガエルには5つの地域集団 (関東、西日本、XY、ZW、Neo-ZW) が存在する。性染色体の特徴や性連鎖遺伝子ADP/ATPトランスロケース (AAT) の塩基配列から、ZWとXY集団は関東と西日本の集団間交雑を系統発生の起源とし、ZとY染色体は西日本の第7染色体 ( $7^N$ ) に、そしてXとW染色体は関東の第7染色体 ( $7^K$ ) に由来することが知られている。一方、Neo-ZWはXY集団に極めて近縁で、XYと西日本との再交雑により生じたと考えられている。そのため、Neo-Z染色体はYもしくは $7^N$ に由来すると予想される。本研究ではNeo-Z染色体の起源を解明するため、AATイントロン配列の系統解析を行った。その結果、Neo-Z、Yおよび $7^N$ は一つのクラスターを形成した。更にこのクラスターには2つのサブクラスターが含まれ、どちらのサブクラスターにも $7^N$ 、YとNeoZのハプロタイプがセットに含まれていた。この結果からNeo-ZはYと $7^N$ の双方に由来することが示唆された。一方で、Y染色体には由来の異なる2つのハプロタイプが確認されたことから、XY集団のY染色体は単一起源ではない可能性が新たに示唆された。

**【P-073】 ニシツメガエル (*Xenopus tropicalis*) においてコピー数を増加させ多様化した感覚受容体TRPV4遺伝子の適応進化**

○齋藤 茂1、新貝鉦蔵1、2 (1岩手大・COEプログラム、2岩手大・工)

TRPV4イオンチャンネルは哺乳類において暖かい温度、浸透圧、機械的刺激、脂質などの物理的、化学的な刺激の受容に関与する。我々は、TRPV4遺伝子がニシツメガエルに至る進化系統で1コピーから6コピー(TRPV4a-f)に増幅したことを、TRPV4b-fの系統では機能的制約が変化し非同義塩基置換率/同義塩基置換率が上昇したことを見出した。そこで、TRPV4a、b、fについてcDNAの塩基配列を決定したところ、TRPV4b、fのアミノ酸配列はTRPV4aと同様に他の脊椎動物のTRPV4に保存されたドメイン構造を保持しており偽遺伝子でないことが示唆された。次に、ニシツメガエルTRPV4遺伝子の機能的な差異を検討するために各コピーが転写される組織を半定量的RT-PCR法により調べた。TRPV4aは全身の複数の組織で転写されており、他の脊椎動物のTRPV4と転写プロファイルが類似していた。一方、TRPV4b、fは転写される組織が限定されていた。これらの結果は、ニシツメガエルTRPV4aが元の機能を維持し、遺伝子重複により増幅したTRPV4b-fにアミノ酸置換が蓄積し機能が変化したこと示唆している。

**【P-074】 哺乳類の非震え熱産生に関するUncoupling protein (UCP) 1 遺伝子の進化：両生類のUCP1 遺伝子の転写解析**

○齋藤くれあ1、新貝鉦蔵12、齋藤茂1 (1岩手大・COE、2岩手大・工)

恒温動物である有胎盤哺乳類は低温条件に曝された時に体温を維持するための非ふるえ熱産生機構を有しており、発熱組織である褐色脂肪細胞に特異的に発現するUCP1 遺伝子は熱産生の中心的な役割を担う。褐色脂肪細胞は有胎盤哺乳類にのみ存在することからUCP1 遺伝子は有胎盤哺乳類に固有な遺伝子であると考えられてきた。しかし、我々は比較ゲノム解析によりUCP1 遺伝子が哺乳類、両生類、魚類に広く存在すること、鳥類では欠失していること、有胎盤哺乳類の共通祖先で正の自然選択により機能を変化させたことを明らかにした。魚類ではUCP1 遺伝子の発現組織が哺乳類とは異なること、また哺乳類とは逆に低温条件化で転写が低下することが報告され、魚類と哺乳類ではUCP1 遺伝子の生理的な役割が異なることが示唆された。本研究の目的は、脊椎動物UCP1 遺伝子の転写パターンを進化的な変化を解明することである。爬虫類ゲノムにはUCP1 遺伝子が存在せず、鳥類・爬虫類の共通祖先でUCP1 遺伝子の欠失が起こったことが示唆された。そこで、哺乳類のUCP1 遺伝子に最も近縁となる両生類のUCP1 遺伝子の転写パターンを調べ、他の脊椎動物と比較した。

**【P-075】 魚類特異的ゲノム倍化に由来する多数の重複遺伝子の“sub-neofunctionalization”による存続**

○佐藤行人、橋口康之、西田睦 (東京大学海洋研究所)

脊椎動物はその進化過程で2回ないし3回のゲノム倍化(WGD)を経験した。WGDによる遺伝子の大量重複は、脊椎動物の複雑な体制や行動特性などの進化に重要だったと考えられるものの、WGDで重複した遺伝子の存続/欠失過程や、その系統特異性については、ほとんどわかっていない。そこで我々は、魚類(真骨類)の祖先で起きた3度目のWGD(3R)に着目した。3Rは、有顎類が経験した1Rと2Rよりも後に起きたことから、真骨類ゲノムはWGDで重複した遺伝子の進化の痕跡を多く保持すると予想される。真骨類4種の全ゲノム配列に基づき、記憶と学習、知覚、基礎代謝に関与する130個の遺伝子の最尤系統推定を行い、その結果を種間の分岐年代とあわせて検討したところ、3R後に遺伝子の多くが急速に失われた一方、残った重複遺伝子座は調べた4種の共通祖先のゲノムの57%を占めていたことが示唆された。遺伝子産物のサイズと相互作用パートナー数の分析から、これらのうち61%が系統特異的なsub-neofunctionalizationを経て約3億年存続し、系統間での遺伝子機能の違い、ひいては真骨類の多様性に寄与したことが推察された。

**【P-076】 生殖細胞系列の維持に関わる遺伝子zenzaiの魚類特異的な進化の過程**

○齊藤大助<sup>1</sup>、森永千佳子<sup>2</sup>、三谷 啓志<sup>3</sup>、古谷一清木 誠<sup>2,4</sup>、近藤寿人<sup>2,5</sup>、田中実<sup>1</sup> (1 基生研生殖遺伝、2JST・SORST近藤チーム、3東大・新領域、4University of Bath, UK、5阪大・院生命機能)

ゲノム情報の解析により種や系統に特異的な遺伝子が多数存在することが明らかになっているが、そうした遺伝子の適応的な意義について考える上で、その機能に関する知見が不可欠である。我々は生殖腺形成期に生殖細胞が消失するメダカ突然変異体の原因遺伝子として、魚類特異的な新規遺伝子 zenzai を同定した。生殖細胞の維持に必要なはずの遺伝子がなぜ四足動物には存在しないのかという疑問から、zenzai 遺伝子の系統特異的な進化の過程について、真骨魚類、ニワトリ、ヒト間でのシントニープロックの比較および分子系統樹解析による検討を行った。その結果、①魚類祖先種でリソソーム膜蛋白質 LIMP-2 がタンデム重複しさらに逆位などの染色体再編によって二つの座位が引き離された、②元の LIMP-2 座位で zenzai が進化した、③真骨魚類祖先種での全ゲノム重複により zenzai パラログが生じた、というシナリオが推定された。また zenzai 蛋白質はリソソームではなく細胞膜上に局在が見られたが、これは LIMP-2 遺伝子の C 末端にあるリソソーム局在配列が zenzai で失われたことによると考えられる。生殖系列の維持という重要な機能を持つ遺伝子が特定の系統群でのみ進化したことは、こうした遺伝子の進化が必ずしも適応だけでは説明できないことを示唆している。

**【P-077】 mtDNAを用いた軟骨魚類の網羅的分子進化系統樹解析**

○河野 あづみ<sup>1</sup>、椎名 隆<sup>1</sup>、田中 彰<sup>2</sup>、猪子 英俊<sup>1</sup> (東海大・医<sup>1</sup>、東海大・海洋<sup>2</sup>)

他の脊椎動物と4.4億年前に種分岐した軟骨魚類はこれまでに特定の上目について塩基配列を用いた研究はなされてきたが、ツノザメ上目ならびにカスザメ上目を含めた包括的な研究報告はほとんど無い。本研究では、これらの上目を含む軟骨魚類の網羅的な進化系統樹を作製し、従来の形態学的分類と比較することを目的とし、ミトコンドリアDNAにおけるシトクロムb遺伝子 (Cytb) を用いた分子進化系統樹を作成した。その結果、カグラザメ目は軟骨魚類で最も早い時期に分岐し、以降の分岐についてはNelsonが提唱するサメ・エイ類二分岐説と一致することが示唆された。また、本研究で作成された系統樹はサメ・エイ類の系統類縁関係を目・科・属単位まで、ほぼ正確に推定することが可能であり、種査定における指標の一つとして適当な遺伝子であることが示唆された。本研究において、サメ・エイ類全般に適用しうるプライマーの設計に成功したことから、より多くの種について分子進化学的解析への応用が期待される。今後の展望として分子進化学的観点のみならず、食性、行動、形態等をふまえた総合的な軟骨魚類の系統樹を作成し、進化過程の考察を進めたいと考えている。

**【P-078】 硬骨魚類の分岐年代推定におけるシクリッド系統地理の有効性**

○東陽一郎<sup>1</sup>、熊澤慶伯<sup>2</sup>、宮正樹<sup>3</sup>、馬淵浩司<sup>1</sup>、西田睦<sup>1</sup> (1東大・海洋研、2千葉中央博、3名市大・システム自然科学)

現在、分子データを用いた分岐年代推定では、分子時計を仮定せず、同じ系統樹内の複数の分岐点に化石記録等による時間的制約を加えてベイズ推定する方法が多く用いられている。しかし、硬骨魚類においては、有効な時間的制約となる化石記録が中生代から新生代にかけて特に少ない可能性が危惧されており、信頼のおける分岐年代推定の大きな阻害要因となっている。そこで本研究では、化石記録に依存しない、シクリッド科魚類とゴンドワナ大陸の系統地理的關係が、新たな時間的制約として利用できるかを検証した。新たにシクリッド6種の全ミトコンドリアゲノムの塩基配列を決定し、既存の配列と合わせて系統解析し、さらに化石記録の制約のみで分岐年代推定したところ、大陸間のシクリッドの分岐順序は、既知の大陸の分離順序と一致し、分岐の時期も、地質データから割り出されている大陸分離の年代とほぼ一致した。この結果は、大陸の分離年代をシクリッドの分岐年代に時間的制約として与えることが妥当であり、硬骨魚類の分岐年代を推定する際に有効な時間的制約となりうることを示している。実際に試したところ、推定された分岐年代の信頼区間は既報より縮小された。



**【P-079】 硬骨魚類におけるOMPの進化的解析**

○鈴木彦有1、二階堂雅人1、岡田典弘1（1東工大・院生命理工）

Olfactory Marker Protein(OMP)は脊椎動物の成熟した嗅神経細胞に特異的に発現している遺伝子である。これまで多くの脊椎動物においてOMPはイントロンのない単一の遺伝子であると考えられてきたが、我々は各種脊椎動物のゲノムデータベースの探索を行い、硬骨魚類(ゼブラフィッシュ、メダカ、トゲウオ、トラフグ、ミドリフグ)において新たに一つOMPのホモログを発見した。また我々はアフリカ産カワスズメ科魚類の一種Haplochromis chilotesのBACライブラリーから既知及び新規のOMPをそれぞれ単離した。今回発見された硬骨魚類新規OMP(OMP2)は二つのエキソンから成る構造をしており、ゼブラフィッシュ、メダカ、トゲウオのESTデータベースからもその配列が見いだされた。次に我々はOMP周辺のゲノム領域の解析を行い、同遺伝子が別の遺伝子(CAPN5)の第三イントロン中に存在することを発見した。さらにこのゲノム構造は全ての脊椎動物で保存されており、硬骨魚類においてはOMPとともにCAPN5も重複していることが明らかになった。以上より硬骨魚類OMPは既知のゲノム重複に伴い重複したと考えられ、その後の進化の過程で機能分化した可能性が示唆された。

**【P-080】 「ありふれた魚」に隠されていた大きな集団分化：東アジアのフナの分子系統地理**

○高田 未来美1、立原 一憲1、昆 健志2、山本 軍次2、西田 睦2（1琉球大・理、2東大・海洋研）

フナ（ここでは*Carassius auratus*を指す）は、ユーラシア大陸を中心に広く分布する一次性純淡水魚である。我々は、東アジア各地から採集した770個体のフナについてミトコンドリアDNAのND4, ND5, *cyt b*遺伝子およびCRの合計4500 bpを超える塩基配列を解析した。その結果、約20万年前にほぼ一斉に分岐したと推定される7つの古い系統の存在が初めて明らかになった。7系統とはそれぞれ日本の本州、本州+四国、九州、琉球列島、台湾、中国、ヨーロッパ+ロシアの7地域に分布する、独自のハプロタイプを持つ地域固有系統である。さらに、ゲンゴロウブナやヨーロッパブナのデータを含めた解析を行うことにより、フナ属魚類の全体像も明らかになった。琉球列島は安定した陸水域が極めて少なく、確認されている一次性純淡水魚類（外来種を除く）はわずか5種に過ぎない。この島嶼にも他の地域と同様な起源の古い固有個体群が分布することが明らかになったが、この個体群は今や急速に減少しつつあり、残された個体群も中国や台湾からのフナの人為移植の影響を強く受けている。この系統の遺伝的独自性の保全が求められる。

**【P-081】 近縁種間系統関係推定の新手法**

○小林直樹1 渡邊正勝2 浅川順一3 岡田典弘1（1東工大・院生命、2名大・院理、3放影研・遺伝）

アフリカ大陸東部には三つの巨大湖、タンガニカ湖・マラウイ湖・ヴィクトリア湖が存在する。それぞれの湖には数百種に及ぶ形態的・生態的に多様なシクリッドが生息している。それぞれ、湖が成立後に少数の種から種分化を起し現在に至ると考えられている。特にヴィクトリア湖は、成立して一万数千年しか経っておらず、この湖に生息する数百種のシクリッドはこの短期間に爆発的な種分化により成立したと考えられ、進化の研究材料として非常に興味深い。シクリッドの最も興味深くまた難しい問題の一つは、その系統関係推定である。これまで、様々な手法で系統関係の推定が試みられ、東アフリカ産シクリッドの大まかな系統関係は明らかになりつつあるが、ヴィクトリア湖産シクリッド種間の系統関係は全く明らかになっていない。我々は、Restriction Landmark Genome Scanning (RLGS) というゲノム2次元電気泳動法を用い、ヴィクトリア湖産シクリッド種間系統関係推定の新たな試みをおこなった。結果、これまで全く明らかにできなかったヴィクトリア湖産シクリッド種間の系統関係推定の足がかりを得た。この方法は、ヴィクトリア湖産シクリッド種間のような非常に近縁な類縁関係の推定に有効であると考えられる。

**【P-082】 キンギョの進化的起源**

○小見山智義 1・小林広幸1・館野義男 2・猪子英俊 1・五條堀孝 2・池尾一穂 2 (1東海大学医学部・2国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター)

キンギョは、その形態的多様性において、他の魚類では見ることのできないような際立った体色・体形・尾びれや背びれなどのユニークな形質を備えている。これらの形態的多様性については、人間の趣味によって強い人為的淘汰をかけて作出されたことは言うまでもない。そこで、本研究ではキンギョの分子進化的解析を行って、その進化的起源と形態的特徴の作出過程を解明することを目的とした。まず、キンギョの多様な形態的特徴をもつ品種を集め、これらのmtDNAの配列11,180bpsを決定し、形態的特徴との比較を行った。その結果、キンギョの進化的起源は“Giberio”と呼ばれる中国産フナの1グループであり、作出には背びれの有無を中心に強い人為淘汰が行われたことが明らかになった。さらに本研究から、出目金の眼の形状の違いが、それぞれ異なる時期に独立に作出されていることも判った。このようにキンギョは、人々の趣味趣向と時代の変遷に従って、強い人為淘汰により、さまざまな特徴が独自に作出され、現在の鑑賞用キンギョの形態的多様性が創出されたと考えられる。

**【P-083】 メダカ属における免疫プロテアソームサブユニット遺伝子の二型性**

塚本 健太郎1、野中 勝1 (1東大・院理・生物科学)

メダカ *Oryzias latipes* の主要組織適合性抗原複合体 (MHC) クラスI領域には、著しい塩基配列の違いを示す約100kbの亜領域が存在する。野生集団での解析から、この亜領域に存在する免疫プロテアソームサブユニット遺伝子 *PSMB10* と *PSMB8* はハプロタイプを形成して二型性 (Nタイプとdタイプ) を示し、集団内でdタイプが高頻度 (73-100%) で存在することが明らかとなっている。また *PSMB8* では切断特異性に関与するS1ポケットを形成するアミノ残基に二型が認められた。本研究はこのハプロタイプの二型性がメダカ近縁種にも存在し、頻度に偏りがみられるのかどうか明らかにするため、インドネシア・スラウェシ島に生息する *O. celebensis*、*O. matanensis*、*O. marmoratus* の野生集団について解析を行った。この結果、全ての種でハプロタイプの二型性が確認され、1つを除く集団ではメダカ同様にdタイプが高頻度 (74%) であった。また *PSMB8* のS1ポケットを形成するアミノ残基の二型も認められた。以上のことから、二型性が平衡選択により集団中に維持され、抗原提示されるペプチドの多様性を生み出していると考えられた。

**【P-084】 ハブスメダカW染色体ヘテロクロマチンを構成する反復配列の同定**

○竹花佑介1, 成瀬清1, 濱口哲2, 酒泉満2 (1基生研・バイオリソース, 2新潟大・理・自然環境)

多くのメダカ属魚類における性染色体構成はXX/XY型であるが、ハブスメダカとジャワメダカはZZ/ZW型である。両種とも異形のZW染色体をもち、W染色体にはヘテロクロマチンが蓄積している。しかし、性染色体はそれぞれ異なるメダカ常染色体 (5番染色体および16番染色体) と相同であり、それらの起源は異なると考えられている。今回我々は、ハブスメダカのW染色体ヘテロクロマチンを構成している反復配列を含むfosmidクローンを単離した。ハブスメダカではW染色体以外に2対の常染色体上のヘテロクロマチン領域にも分布したが、ジャワメダカでは1対の染色体上のみ存在した。このことから、この反復配列はハブスメダカの種分化後に増幅し、W染色体の組換え抑制領域に蓄積したと考えられた。また、この2種における18S-28SrRNA遺伝子の分布を調べたところ、ハブスメダカでもジャワメダカでも1対の常染色体とW染色体にその存在が認められた。これらの結果から、W染色体上の性決定遺伝子を含む領域の転座によって、近縁種間で異なる性染色体が生じた可能性が示唆された。

**【P-085】 貝形虫類シセレ上科における間隙性分類群の系統的位置と形態進化**

東亮一（静大・創造科学技術大学院）

堆積物粒子の間隙を満たす水中には多様な動物が生活しており、間隙性動物群と呼ばれる。二枚貝様の背甲に体全体が包まれている微小甲殻類の一群である貝形虫類は、多くの間隙性分類群を擁し、間隙性動物としての進化過程を解明するためのモデル生物としてのポテンシャルをもつ。間隙性貝形虫類において、背甲が扁平であり、付属肢の剛毛数が少ないなどの共通した形態的特徴が報告されているが、その高次分類の系統関係はこれまでほとんど明らかにされていない。本研究では貝形虫類の一群であるシセレ上科において、間隙性分類群3科4属5種から18S rDNAの塩基配列を決定し、INSDに登録されている表在性種のデータと共に系統解析を行なった。この系統解析によって推定された間隙性種と表在性種が混在するクレード内において、両者の間で背甲および付属肢の形態を比較した結果、系統とは無関係に間隙性種において背甲形態が扁平になる傾向が現れる一方、付属肢形態は各クレードにおいて安定していた。これは間隙環境への進出に対して、外形を規定する背甲は適応的な形態に変化し、移動や摂餌等に関わる付属肢の形態は系統で保持されていることを示している。

**【P-086】 ウミウシの葉緑体保持現象 チドリミドリガイ(*Plakobranchus ocellatus*)が保持する葉緑体は複数種の藻類に由来する**

○前田太郎<sup>1,2</sup>、広瀬裕一<sup>3</sup>、河戸勝<sup>4</sup>、瀧下清貴<sup>5</sup>、丸山正<sup>6,7</sup>、（1 海洋大・院応用生命科学、2 海洋研究開発機構・研究生、3 琉球大・教授、4 海洋研究開発機構・技術研究副主任、5 海洋研究開発機構・研究員、6 海洋研究開発機構・プロジェクトディレクター、7 海洋大・客員教授）

葉緑体は独自のゲノムを持つが、進化的に、光合成に必要な遺伝子のほとんどは細胞核に移動しており、葉緑体のみでは光合成を維持出来ない。しかし、海産の巻貝の仲間であるウミウシの内、チドリミドリガイなどの一部の種は、餌として食べた藻類の葉緑体を消化管の細胞に取り込み、その光合成産物を利用する。藻類の核が存在しない動物細胞内で光合成能がどのように維持されているかは大変興味深い。その機構解明には、葉緑体の由来する藻類の解明が重要だが、自然状態でのチドリミドリガイの食性は未だ不明確であり、葉緑体の由来藻類は明らかでない。そこで我々は、チドリミドリガイの葉緑体の由来藻類を明らかにする目的で、葉緑体ゲノム上の*rbcL*遺伝子に注目し、葉緑体を含むチドリミドリガイ組織を用いて、クローンシーケンシングとt-RFLP法による多様性解析を行った。その結果、由来藻類はイワズタ目に属する複数種の藻類から構成され、チドリミドリガイの同一個体内に複数種の藻類に由来する葉緑体が保持されていること、またその種構成には個体差が認められることを明らかにした。

**【P-087】 複数の核遺伝子による昆虫類の系統解析**

○石渡啓介<sup>1</sup>、佐々木剛<sup>2,3</sup>、宮田隆<sup>1,2</sup>、蘇智慧<sup>1,2</sup>（1 阪大・院理、2 JT生命誌研究館、3 現所属 京大・院理）

六脚類は内顎類と外顎類（狭義の昆虫類）とにわけられる。昆虫類は翅を持たない昆虫類（イシノミ目とシミ目）と28目に分類される翅を持つ昆虫類（有翅昆虫類）からなる。有翅昆虫類は旧翅類と新翅類にわけられ、新翅類はさらに多新翅類、準新翅類、完全変態類にわけられている。昆虫類の各目間の系統関係については、これまでに化石等の古生物学的な証拠や形態形質等の観察から推定がなされてきているが、結論に達していない。一方で、近年の18S rRNAなどの分子情報からの推定も行われているが、解決していない。その理由として、使われた遺伝子は昆虫類の高次分類群間の解析には適していないと考えられる。そこで我々は複数の核遺伝子を用いて解析を試みた。その結果、イシノミ目の分岐後、シミ目、トンボ目、カゲロウ目と新翅類とに分岐することは支持されたが、これら3目の分岐順序ははっきりしなかった。新翅類および多新翅類と完全変態類はそれぞれ単系統群となったが、準新翅類は単系統群にならず、カメムシ目+アザミウマ目、チャタテムシ目+シラミ目の2系統にわかれた。グループ内部については、完全変態類でほとんどの目間の関係が明らかになった。

**【P-088】 核・ミトコンドリアのゲノム進化に及ぼす交配様式の影響**

○河崎 祐樹、梶村 恒（名大院・生命農）

生物の交配様式は大きく、類縁関係の遠い個体間での「異系交配」と、近い個体間（もしくは兄弟姉妹間）での「同系交配」にわけられる。異系交配下では核ゲノムは母親由来のものと父親由来のもの両方を持つためヘテロ接合度は維持されるが、同系交配下では核ゲノムのヘテロ接合度は著しく低下する。したがって恒常的に同系交配を行う種では近交弱勢を防ぐようなゲノム進化が起こっている可能性がある。一方、ミトコンドリアや葉緑体といったオルガネラゲノムの場合、母系遺伝のみによって次世代に伝播されるため、交配様式の違いは影響しないかもしれない。そこで本研究では、交配様式の違いが核ゲノムとミトコンドリアゲノムの進化に及ぼす影響を明らかにすることを目的とした。対象としたのはククイムシ亜科Scolytinaeに属す11種である。ククイムシ亜科には異系交配種と同系交配種の両方が存在する。各ククイムシの核遺伝子EF1 $\alpha$ とミトコンドリア遺伝子CO1のシーケンスを元に、分子系統やdN/dS、ヘテロ接合度などを明らかにし、考察を行う。

**【P-089】 Urbilateria遺伝子Umbapの維持による昆虫と冠輪動物脳中のキノコ体の進化**

樋口望、河野景吾、○門脇辰彦（名大・院生命農）

我々は、比較ゲノム解析により、昆虫と貝の1種である*Lottia gigantea*のゲノムには存在するが、刺胞動物、新口動物、および線虫ゲノムには存在しないUmbap遺伝子を同定した。ショウジョウバエUmbapは、選択的スプライシングにより、C2とPDZドメインのみを持つ短いタンパク質と、C2、PDZ、およびRhoGEFドメインを持つ長いタンパク質をコードする。しかし、ミジンコのゲノムでは、RhoGEFドメインをコードするエクソンが特異的に欠失しており、ミジンコには短いUmbapタンパク質のみが存在する。したがって、動物界における長いUmbapタンパク質の分布は、昆虫と冠輪動物の脳に特異的であり、記憶、学習などに機能するキノコ体の存在と一致する。事実、ショウジョウバエUmbapは、キノコ体で発現し、RhoGEFドメインを介してRacを活性化することにより、キノコ体軸索の形態形成に機能する。以上の結果は、左右相称動物の起源となったUrbilateriaが、キノコ体様の脳構造を持っていたこと、昆虫と冠輪動物は特異的にUmbapをゲノムに維持することにより現在のキノコ体を進化させたことを示唆する。

**【P-090】 非発光性コメツキムシからのルシフェラーゼオーソログ遺伝子のクローニングと機能解析**

飯田幸一郎<sup>1</sup>、大場裕一<sup>1</sup>、小鹿一<sup>1</sup>、井上敏<sup>2</sup>（<sup>1</sup>名大院・生命農、<sup>2</sup>チッソ横浜研）

発光する甲虫は、ホタル科、コメツキムシ科、フェンゴデス科にみられる。これらの発光メカニズムは共通で、発光反応を触媒する酵素（ルシフェラーゼ）は脂肪酸CoA合成酵素から進化したと考えられている。また、分子系統解析の結果から、コメツキムシ科とホタル科でルシフェラーゼは独立に進化したと推察されている。今回われわれは、ルシフェラーゼ進化の分子機構を明らかにするために、発光性コメツキムシに近縁な非発光性コメツキムシであるサビキコリ*Agrypnus binodulus*に注目した。サビキコリからルシフェラーゼオーソログ遺伝子AbLLをクローニングし、その機能解析を行った。その結果、AbLLは発光反応触媒活性を有さない脂肪酸CoA合成酵素であることが明らかとなった。ホモロジーモデリング法によるAbLLの立体構造予測の結果、ルシフェラーゼにおいてルシフェリン結合に重要とされている極性アミノ酸が、AbLLにおいては非極性アミノ酸となっていることが示唆された。これらの結果は、甲虫目ルシフェラーゼの分子進化を考える上で大きな手がかりを与えるものである。

**【P-091】 ミトコンドリアDNAの解析からみた日本産ナナフシ目昆虫の系統関係**

河本夏男<sup>1</sup>、○行弘研司<sup>1</sup>、富田秀一郎<sup>1</sup>、上田恭一郎<sup>2</sup>（<sup>1</sup>独立行政法人農業生物資源研究所、<sup>2</sup>北九州市立いのちのたび博物館）

ナナフシ目の昆虫は、比較的近縁な種間で無翅のものと有翅のものが存在する。さらに、同種内での単為生殖タイプと有性生殖タイプの共存が、広く知られている。これらの進化機構を解明するためには、ナナフシ目昆虫の系統関係をすることが不可欠である。このため、我々は、日本産ナナフシ類7種についてミトコンドリアDNAのほぼ全長を解読し、アミノ酸配列を推定・比較した。その結果、トゲナナフシが同じ亜科のエダナナフシより別の亜科に属するニホントビナナフシやタイワントビナナフシに近いことや、コブナナフシ（コノハムシ上科）が他のナナフシ類（ナナフシ上科）のクレードに含まれるなど、従来分類と異なる部分が認められた。コノハムシについても解析を進めており合わせて報告する。

**【P-092】 昼行性ガ類・オキナワリチラシの分子系統と進化**

○矢後勝也<sup>1</sup>、角田恒雄<sup>2</sup>、大和田守<sup>2</sup>、上島 励<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>国立科博）

マダラガ科のオキナワリチラシは、東洋区大陸部から日本列島にかけて広く分布し、多様な斑紋の地理的変異から計13亜種に区分されている。また、成虫の生態は特異で、探雌行動が一般に夜行性である本種のうち、奄美以南の琉球のみで昼行性の個体群が知られることや、日本本土のみ1化性であることなど、進化的にも興味深い側面を持つ。そこで、日本産を中心とした世界各地の本種を材料としてmtDNAによる分子系統解析を行い、亜種の分類学的再検討、個体群の成立過程の推測、探雌行動および発生周期の進化的考察を行なった。その結果、1) 現行の亜種分類は必ずしも系統関係を反映していないことから、多様な形態変異は短期間でのボトルネックにより形成された可能性が高いこと、2) 日本産個体群は大陸から日本列島への少なくとも3回の進入により形成されたこと、3) 雄の探雌行動の進化は、祖先的な行動様式が昼行性が夜行性が決定できなかったが、共通祖先がいずれの場合でも独立に少なくとも3回の進化が起こっていること、4) 発生周期の進化は、系統に関係なく、むしろ生息地の緯度への適応により成立していること、などが明らかとなった。

**【P-093】 日本産ウラギンヒョウモンの既存分類と分子系統分類**

○新川勉<sup>1</sup>・野中勝<sup>1</sup>・松本忠雄<sup>2</sup>（<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>放送大）

鱗翅目Argynnis属の日本産ウラギンヒョウモンは1873年に種Argynnis adippe palescensとして記載された。その後つまり現在まで130数年もの間、疑うことなく日本産ウラギンヒョウモンは1種とされてきた。今回はこの日本産ウラギンヒョウモンが3種から構成されているという可能性が分子系統解析から明らかにされてきたので、形態的な面からも種とされる違いがあるのか、についてもいろいろな調査や研究を進めていることから、それについて発表したい。形態的な見地からの分類に適さない（分類の限界）種類があることを示したい。形態的には変異が多く、安定していないことが知られていたが分子系統分析の結果違う系統の2種を1種として混同していたことがはっきりしてきた。蝶類においては斑紋などの形態が主な分類基準であるが、多くの蝶からの識別は匂いによる同種認知であり、分子系統関係はそれを示す。

**【P-094】 アリ植物-アリーカイガラムシ3者共生系の共多様化**

○上田昇平<sup>1</sup>, Quek, S.-P.<sup>2</sup>, 市岡孝朗<sup>3</sup>, 村瀬香<sup>4</sup>, Kondo, T.<sup>5</sup>, Gullan, P. J.<sup>6</sup>, 市野隆雄<sup>7</sup> (1信大院・総工, 2FAS Center for Systems Biology, Harvard Univ., 3京大院・人環, 4東大院・生命, 5CORPOICA, 6 Department of Entomology, Univ. of California, 7信大・理)

東南アジア熱帯雨林のアリ植物オオバギは、幹内に絶対共生者であるアリとカイガラムシをすまわせており、それぞれ特定の分類グループのみがこの系に関与し、共進化してきたとされている。本研究では、東南アジア熱帯雨林から網羅的に採集した共生カイガラムシの分子系統解析をおこない、1) オオバギ、アリ、カイガラムシの3者が、いつ絶対的な共生関係を結ぶようになったのか(共生の起源)、2) カイガラムシとアリの生物地理学的な歴史は同様の経緯をたどってきたのか(地理的な歴史)、を明らかにした。共生カイガラムシの起源年代は約800万年前となり、植物およびアリの起源年代(約2000万年前)とは一致しないことが明らかになった。この結果は、カイガラムシが植物-アリの共生関係に少し遅れて参加し、3者絶対共生関係を確立したことを示している。また、系統地理学的な解析から、カイガラムシとアリは、新生代第三紀にボルネオ島で起源し、その後マレー半島へと分散したこと、多様性の中心地および氷期レフュジアはボルネオ北西部の山地帯にあったことなど、多くの歴史地理プロセスを共有していることが明らかになった。

**【P-095】 アブラムシが水平転移により獲得した細胞内共生に関連する遺伝子について**

二河成男<sup>1</sup>、中鉢淳<sup>2</sup> (1放送大・自然の理解、2理研・基幹研究所)

アブラムシの体内には菌細胞という細胞内共生細菌**ブフネラ**を収納する細胞がある。エンドウヒゲナガアブラムシ菌細胞のEST解析により、菌細胞特異的に発現する遺伝子が多数明らかになっており、これらは**ブフネラ**との共生に関連すると予想される。そのような遺伝子の中に他の昆虫や真核生物の遺伝子ではなく、真正細菌の遺伝子と高い相同性を示す遺伝子が2つ見つかっている。この2つの遺伝子について、そのゲノムDNA配列の解析、コードするタンパク質のドメイン構造の詳細な解析、および分子系統解析を行い、これら遺伝子の機能、由来、およびその分子進化を明らかにした。興味深いことに、1つの遺伝子はLD-carboxypeptidaseという真正細菌の細胞壁を構成するペプチドグリカンの再利用に関わっている遺伝子と高い相同性を示した。さらに、この遺伝子は、共生細菌である**ボルバキア**の祖先に由来し、水平転移によりアブラムシゲノムに取り込まれたことが明らかとなった。これらのことは、アブラムシは、水平転移により獲得した遺伝子を、何らかの形で共生細菌**ブフネラ**の維持に利用していることを示唆している。

**【P-096】 ショウジョウバエ嗅覚・味覚受容体の2次構造に着目した進化速度の比較解析**

呉宮恵理<sup>1</sup>、島田光代<sup>2</sup>、福本彩子<sup>2</sup>、○近藤るみ<sup>1</sup> (1お茶大・院人間文化創成科学・ライフサイエンス、2)

嗅覚受容体(OR)、味覚受容体(GR)は7回膜貫通型タンパク質の大きな割合を占め、超多重遺伝子群を形成している。ショウジョウバエ近縁5種間でアミノ酸配列長に違いがない、OR(41遺伝子)、GR(21遺伝子)、GPCR(20遺伝子)について、細胞外(EC)、細胞質側(CP)、膜貫通(TM)の3領域に分けて、領域間での進化速度とアミノ酸置換の方向性を比較し、7回膜貫通型タンパク質で共通な特徴と各群特異的な特徴について検討した。各領域に生じたアミノ酸置換の方向を疎水性・親水性で分類して比較した結果、遺伝子群によらず、領域ごとで同じアミノ酸の極性を保つ制約が見られた。一方、進化速度は、遺伝子群間で有意に異なり、GRとORはGPCRより高い非同義置換数( $d_N$ および $d_N/d_S$ )を示し、また、GRとOR群間でも領域ごとの非同義置換数の分布に顕著な違いが見られた。遺伝子全体の置換数における相対比として、領域間のアミノ酸置換数の比較を行った結果、OR、GPCRではTM領域、CP領域の保存性が有意に高いが、GRでは逆にCP領域の保存性が低くなっていた。これらの結果は、GRがORより弱い自然選択を受けていることを示している。

**[P-097] ショウジョウバエ近縁種における遺伝子発現の可塑性と進化**

○郷康広<sup>1,2</sup>、Pierre Fontanillas<sup>2</sup>、Daniel L. Hartl<sup>2</sup>（<sup>1</sup>京大・院理、<sup>2</sup>ハーバード大・進化生物学部）

種や性などの表現型の違いを生み出すひとつの要因として、遺伝子発現の多様化や遺伝子発現ネットワークの変化が重要であると考えられる。我々はエクソン特異的なcDNAマイクロアレイを作成し、ショウジョウバエ近縁3種における種間・性間における遺伝子発現変化を調べた。その結果、調べた遺伝子の約半数（~6,550遺伝子）が、少なくとも1種以上においてどちらかの性に偏った遺伝子発現パターンを示し、ゲノムワイドな発現パターンの多様化は種間より性間においてより顕著であった。この傾向は、性特異的な組織（精巣、卵巣など）に特異的もしくは優先的に発現している遺伝子群をのぞいても変わらなかった。このことは、ショウジョウバエにおけるトランス要因の遺伝子発現ネットワークにおける重要性を示すものであった。また、種間比較において数百の遺伝子発現が変動した遺伝子を抽出した。それらの遺伝子は免疫や代謝機能に関わるものが多かった。さらに、一般化線形解析の結果、遺伝子長、発現の絶対量、コアプロモータ配列であるTATA配列の有無などが遺伝子発現の可塑性を規定する主要な要因であることを明らかにした。

**[P-098] 出芽酵母における接合前隔離と性分化遺伝子の進化**

○松浦健太郎<sup>1</sup>、久富泰資<sup>1</sup>（<sup>1</sup>福山大・生命工）

エタノール発酵に用いられる *Saccharomyces cerevisiae* はポストゲノム解析のモデルともなっている。*Saccharomyces* 属に系統的に最も近縁な *Kazachstania*属の1種 *K. naganishii* では当研究室でヘテロタリック株を単離した。両種間では $\alpha$ フェロモンの交叉活性があるが、性的凝集や接合子形成が起こらない接合前隔離が生じている。つまり、性的細胞認識を支配している性分化遺伝子の進化により、細胞間のコミュニケーションが途絶えたと考えられた。そこで、この接合前隔離の機構を明らかにするため、両種間で性分化遺伝子の機能の相違を調べた。*S. cerevisiae* の $\alpha$ 接合型決定遺伝子は、*K. naganishii* の $\alpha$ 型細胞の接合能を有意に低下させることが明らかとなり、より詳細な解析を進めた。それと平行して、*K. naganishii* のゲノムDNAライブラリーから性分化遺伝子をクローニングをする実験を進めた。現在、35の候補クローンが得られており、その中には接合型遺伝子候補が2クローン、ホモタリズム遺伝子候補が4クローン取得できている。

**[P-099] *Saccharomyces*属酵母における近縁種間の生殖隔離**

○杉原千紗<sup>1</sup>、中野圭介<sup>1</sup>、大野雄之<sup>1</sup>、大和宏一郎<sup>1</sup>、石橋修一<sup>1</sup>、久富泰資<sup>1</sup>（<sup>1</sup>福山大・生命工）

パン酵母 *Saccharomyces cerevisiae* は発酵産業に古くから用いられ、ゲノムの全塩基配列もすでに解読されて、データベースが広く公開されている。*Saccharomyces*属酵母の中で高い発酵能を持ち、比較的高い孢子形成率を示す2種の酵母 *S. cerevisiae* と *S. paradoxus* は系統的に近縁な関係にあるが、その生殖的な隔離については未知な点が多い。私たちはこれらのヘテロタリック株を交雑させて、接合をするか、孢子形成能をもつか、孢子形成した場合孢子が発芽するかどうか注目して解析を進めた。その結果、雑種を形成し、孢子形成を行うことが確認出来たが、孢子の発芽がほとんど見られない接合後隔離が両種間に存在することが分かった。そこで、種間雑種株における染色体編成を調べてみると、親株由来の染色体に異常な体細胞組換えや欠失が生じていることが明らかとなり、染色体の不和合性によって生殖隔離が生起することが示唆された。特に、*S. cerevisiae* の第10番染色体及び *S. paradoxus* の第11番染色体に異常が生じると孢子の不稔に繋がることが示唆された。

**[P-100] グリーンヒドラにおける細胞内共生の分子進化的解析**

○川井田眸<sup>1</sup>、清水裕<sup>2</sup>、館田英典<sup>3</sup>、小早川義尚<sup>3</sup>（<sup>1</sup>九大・院理、<sup>2</sup>遺伝研・発生遺伝、<sup>3</sup>九大院・理）

ヒドラは大きく4つのグループに分類される。その中の*viridissima*グループは、内胚葉上皮細胞内に緑藻を共生させているが、*vulgaris*グループの一部のヒドラにおいても同様の共生が観察される。このような緑藻を共生させているヒドラ（グリーンヒドラ）の共生現象について、宿主特異性に注目した研究がなされている。しかし、宿主のヒドラと共生藻の両方を同時に対象とした分子系統学的な解析はこれまで報告がない。そこで我々は、遺伝学研究所に維持されているグリーンヒドラ9系統とその共生藻について、ヒドラはmtDNA (*COI*, *COII*, *rRNA*, *tRNA*)の、共生藻はncDNA (*18SrDNA*)とcpDNA (*rbcL*)の塩基配列を用いて系統関係を推定した。その結果、宿主のヒドラと共生藻は共に4つのクレードに分岐し、そのトポロジーも一致した。しかし、他の緑藻も含めた共生藻の*18SrDNA*, *rbcL*による分子系統樹においてヒドラの共生藻は単系統ではなく、他の緑藻と入れ子状になった。これらの結果を基に、グリーンヒドラの細胞内共生の進化について検討し、その結果を報告する。

**[P-101] 形態変化を伴う誘導防衛は複数回進化したか？**

○吉田祐樹<sup>1</sup>、高林純示<sup>2</sup>、岡田清孝<sup>3</sup>（<sup>1</sup>京都大・院理、<sup>2</sup>京都大・生態研センター、<sup>3</sup>基生研）

植物のトライコーム（毛細胞）の機能として、植食性昆虫に対する物理的なバリアとなることが知られている。また多くの植物種で、食害や傷害を受けるとトライコーム密度の高い葉を形成するようになることも知られている。このように形態変化を伴う誘導防衛には複雑な制御メカニズムが必要と予想されるが、その進化的起源は明らかでない。私達はシロイヌナズナ（アブラナ科）におけるトライコーム増加メカニズムを分子遺伝学的に解析しており、系統的に離れたトマト（ナス科）との種間比較につなげたいと考えている。本発表ではこれまでに明らかにしてきた、傷害ストレスがジャスモン酸の生合成を活性化し、ジャスモン酸シグナル伝達の下流でbHLH転写因子GL3の発現が誘導され、GL3がGL1、TTG1と共にマスター制御因子としてトライコーム増加を実行する、という一連の流れを紹介する。ナス科における傷害応答やトライコーム形成について報告されている知見と合わせ、考察したい。

**[P-102] クレプトクロロプラストを持つ新規渦鞭毛藻の共生体の起源を探る**

○山口晴代<sup>1,2</sup>、甲斐厚<sup>1</sup>、中山剛<sup>1</sup>、井上勲<sup>1</sup>（<sup>1</sup>筑波大・院生命環境、<sup>2</sup>日本学術振興会特別研究員(DC1)）

渦鞭毛藻の一部は、葉緑体ではなく、「盗んだ葉緑体：クレプトクロロプラスト」を持つ。クレプトクロロプラストは、細胞内に取り込まれた真核藻類が消化されずに短期間保持されているもので、葉緑体獲得の中間段階と考えられている。我々はクレプトクロロプラストを持つ新規渦鞭毛藻 *Gymnodinium multipyrenoidosum*を対象に、微細構造の観察と葉緑体コード*psbA*及びSSU rDNAによる分子系統解析を行い、以下の結果を得た。1)本種のクレプトクロロプラストの起源はクリプト藻 *Chroomonas*属藻類であった。2)ピレノイドには、複数の2重チラコイドが真っ直ぐに陥入していた。3)系統樹からクレプトクロロプラストに近縁と示唆された複数の *Chroomonas*株では、ピレノイドに2重チラコイドが1本だけ真っ直ぐに陥入し、他の微細構造はクレプトクロロプラストのそれに類似していた。以上の結果から、本種のクレプトクロロプラストの起源が特定の *Chroomonas*である事が分子および微細構造の両方から示唆された。



【P-103】 小笠原産ムラサキシキブ属の遺伝構造と集団分化の解明

○森啓悟、村上哲明、加藤英寿（首都大・院理工）

海洋島である小笠原諸島に生育するムラサキシキブ属3種は、形態変異と生育環境のパターンから適応放散的種分化をとげたと言われている。シマムラサキ *Callicarpa glabra* とウラジロコムラサキ *C. nishimurae* は父島列島の限られた生育地のみに存在するのに対し、オオバシマムラサキ *C. subpubescens* は小笠原諸島に広く分布する。オオバシマムラサキは主に湿性高木林に生育するが、母島列島では湿性高木林から乾性矮低木林にも生育しており、それとともなって形態的分化を起している。本研究では、開発した15個のマイクロサテライトマーカーを用いて小笠原産ムラサキシキブ属の遺伝構造を明らかにし、集団分化の維持機構を推測することを目的とする。集団遺伝学的解析の結果、母島列島のオオバシマムラサキの集団間で高程度の遺伝的分化が見られ、いくつかの集団は父島列島の3種間よりも大きく分化していることがわかった。特に大きく分化している集団は特異な環境に生育していた。また、地理的距離が小さい集団間でも高い遺伝的分化が見られることから、地理的な距離以外に遺伝的分化を維持する機構があることが示唆された。

【P-104】 小笠原産タブノキ属植物の遺伝的実態はどうなっているのか？

○常木静河1、村上哲明1、加藤英寿1（1首都大・院理工）

小笠原産タブノキ属植物 (*Machilus*) は、小笠原諸島で適応放散的にいくつかの種に分化したと考えられてきたが、連続的な形態変異を示すことから種分類が混乱し、生物学的種概念上どのような実態があるのか明らかにされていない。そこで、本研究では小笠原諸島内の父島と母島に自生しているタブノキ属植物について、各島の全域7~8地域で30個体ずつサンプリングを行い、10遺伝子座のマイクロサテライトマーカーを用いて、各個体の遺伝子型を決定した。その結果をもとに、遺伝的なまとまり (集団) を明らかにし、小笠原で適応放散したといわれているタブノキ属植物の遺伝的な実態がどのようになっているのかを考察する予定である。

【P-105】 シロイヌナズナ属多年草におけるフェノロジー調節の分子的基盤

○相川慎一郎1、工藤洋2、清水健太郎3（1神戸大院・理、2京大生態研センター、3チューリッヒ大・理）

開花タイミングは適応度に影響する形質であり、植物は環境の変化をシグナルとして特定の季節に開花する。温度はそのシグナルの一つであるが、温度の季節変化は長期的な傾向であり、短期的に見ると数時間、数日単位でも大きく変動する。特定の季節に開花するためには、短期の変動を無視して長期的傾向にのみ反応する必要がある。それはどのような分子機構で行われるのだろうか？シロイヌナズナでは開花制御の中核を担う *FLC* 遺伝子の発現が開花タイミングを量的に制御することが報告されている。本研究では *FLC* を季節に応じて開花調節するメカニズムの候補として着目し、年間を通じた環境変動を経験する多年草ハクサンハタザオを対象に、発現の季節変動を調べた。2006年9月より1年間にわたって、1週間毎にハクサンハタザオ *FLC* (*AhgFLC*) の発現量を測定した結果、開花フェノロジーと相関した発現変動が見られた。さらに、気温変化と *AhgFLC* の関係を調べると過去5週間の気温の移動平均と高い相関が見られ、*AhgFLC* 遺伝子が温度変化の長期的傾向に応じて発現調節されており、季節的な環境変動への応答を担っていることが示唆された。今後は温度環境が異なる集団間で *FLC* 発現を調べることで、適応進化の遺伝的基盤を調べたい。

**【P-106】 高山植物ミヤマキンバイのハビタットに応じたエコタイプ分化の起源**

平尾章1、下野嘉子2、池田啓3、和田直也4、工藤岳5（1信大・山岳、2農環研、3京大・人環、4富山大・理工、5北大・地球環境）

日本の高山帯では、世界的にも稀な強風と多雪環境によって、風衝地と雪田という対照的なハビタットが成立する。高山植物であるミヤマキンバイ (*Potentilla matsumurae*) は、これらのハビタットに適応して、風衝地型と雪田型エコタイプに遺伝的分化していることが明らかになっている。本研究では、系統地理学的手法を用いてエコタイプ分化の起源を明らかにしようと試みた。ミヤマキンバイは、本州（中部～東北）・北海道・サハリン・千島列島で分布が確認されている。文献および現地調査から、ミヤマキンバイのエコタイプの分布をまとめたところ、風衝地型は分布全域にわたって認められたが、雪田型は北海道および本州中部の日本海側に分布が限られていた。東北地方では雪田植生があるにも関わらず、その雪田にはミヤマキンバイの分布は認められなかった。葉緑体DNAの塩基配列 (rpl20-rps12およびtrnTL領域の約1500bp) を用いて、各山岳地域の系統関係を解析したところ、エコタイプの分化は単起源ではなく、多起源的に生じたことが明らかになった。今後、Genomic scanを用いた適応的遺伝子の探索を試みる。

**【P-107】 ミヤマタネツケバナ (*Cardamine nipponica*)におけるフィトクロム遺伝子の進化**

○池田啓1、藤井紀行2、瀬戸口浩彰1（1京大・院人間環境、2熊大・院自然科学）

植物にとって、環境の変化をモニターすることや地域環境へ適応した形質を獲得するは非常に重要である。そのため、光環境の変化を感受し、発生プロセスをコントロールする分子であるフィトクロムは、地域環境に合わせて非常に強く自然選択を受けてきた可能性がある。本研究では、フィトクロムが地域環境へと適応進化したことを検証するため、ミヤマタネツケバナのフィトクロム遺伝子群 (*PHYA,B,C,E*) コード領域全長の塩基配列を決定し、ハプロタイプの地理的広がり进行を明らかにした。*PHYA/E*ではこれまで分断分布が知られていた南北間で遺伝的分化が見られたが、*PHYB/C*では地理的構造が見られなかった。特に、*PHYB*では種内多型が非常に制限されていた。さらにアミノ酸置換の分布から、*PHYA/E*では保存的なサイトに南北間での変異が見られ、特に*PHYE*では光センサーに関わるドメインに地域分化が集中していた。一方、*PHYB*では1地域限定の保存的なサイトにおけるアミノ酸置換が多いことから、致命的でない変異が小集団化に伴う遺伝的浮動のなかで固定されたと考えられる。これらのことから、ミヤマタネツケバナのフィトクロム遺伝子群は、遺伝子ごとに異なる選択圧のもとで進化してきたことが示唆された。

**【P-108】 植物オルガネラにおけるRNAエディティングの部位とタンパク質立体構造の関係**

○郷通子1,2,3、由良敬4（1. お茶大、2. 長浜バイオ大・バイオサイエンス、3. 東京医科歯科大、4. お茶大・院人間文化創成科学）

植物オルガネラでは、転写されたmRNAの塩基が酵素によって部位特異的に変換される場合が多々ある。RNAエディティングとよばれるこの現象ではおもにコドン2文字目が編集されるため、コードされているタンパク質のアミノ酸配列がDNAから予測されるアミノ酸配列とは異なってくる。エディティングが正しく行われず、mRNAから翻訳されたタンパク質が正しく機能しない例はいくつか報告されているが、エディティングがタンパク質の機能とどのように関わっているのか、また植物オルガネラのエディティングの起源は明らかでない。そこで我々は、RNAエディティング部位がタンパク質のどのような位置にあるアミノ酸残基を置換するのかを調べた。その結果、エディティングによって変化するアミノ酸残基は、タンパク質立体構造形成に重要な構造を構成する場合が非常に多いことがわかった。このことは、エディティングがタンパク質の立体構造形成を通して機能に影響をもたらしていることを意味する。また、エディティングを受ける塩基の5'側にはUが圧倒的に多いことも判明した。これらのことが、エディティングの起源に何らかの示唆を与えると考えられる。

**【P-109】 植物の受容体型キナーゼ(RLK)遺伝子族の重複とシャフリングによる多様化**

○佐々木剛1、加藤和貴2、廣瀬希1、隈啓一3、岩部直之1、蘇智慧4,5、宮田隆4,5  
(1京大・院理、2九大・デジタルメディスンイニシアティブ、3国立情報学研究所、  
4JT生命誌研究館、5阪大・院理)

植物の受容体型キナーゼ(RLK)は被子植物において数百を超えるメンバーを有する大きな遺伝子族である。RLK遺伝子族は、他の生物では動物と原生生物の *Plasmodium* においてわずかな数の非受容体型メンバーが存在するのみであり、植物において多様化したと考えられる。われわれは、植物のRLK遺伝子族が遺伝子重複により多様化した時期を知るために、コケ植物のゼニゴケ (*Marchantia polymorpha*)、シャジクモ類のミカヅキモ (*Closterium ehrenbergii*)とジュズフラスコモ (*Nitella axillaris*)よりRLK遺伝子のcDNA単離および分子系統進化的解析を行ってきた。その結果、RLK遺伝子族のサブファミリーを作り出した遺伝子重複の多くが、ミカヅキモやジュズフラスコモと陸上植物との分岐以前であることが明らかとなった。さらにドメインシャフリングにより現在のドメイン構成を獲得した時期についても詳細な解析を行った。

**【P-110】 ESU策定のための汎用分子マーカー開発の試みーニホンヤマネをモデルとしてー**

○安田俊平1、岩淵真奈美2、湊秋作2、土屋公幸3、鈴木仁1 (1北大・院・地球環境・生態遺伝、2キープやまねミュージアム、3 (株) 応用生物)

希少種においてESU (Evolutionarily Significant Unit) を策定することは保全生物学的に重要である。ESUは、一般的にはミトコンドリアゲノムおよびマイクロサテライトマーカーによる集団の遺伝的分化の解析により策定されることが多い。しかし、マイクロサテライトマーカーの解析には多数のサンプルが必要であり、希少種においては研究に困難を伴う場合がある。そこで、核ゲノムの分化度を少ないサンプルで把握するために、協調進化をする5S rDNAスペーサー領域に注目した。スペーサー領域の変異は進化的に早い速度でゲノム内の全コピーに伝搬し、さらに同一の交配集団の全個体で共有することが期待される。日本固有種であり準絶滅危惧種であるニホンヤマネ (*Glirulus japonicus*) において解析を行った結果、PCR断片長やインデルの挿入位置などに多様性と協調性が確認され、地域集団の識別が可能であった。そして、この結果とミトコンドリアのデータとあわせ、一部集団においてESUを策定が可能であった。

**【P-111】 遺伝子制御ネットワークの進化による新規形質獲得機構**

○岩寄航1、津田真樹1、河田雅圭1 (1東北大・院生命科学)

生物が新しい形態や機能をどのように獲得するかを明らかにすることは、進化生物学における主要な問題のひとつである。特に複数の要素が組み合わされており、中間段階として個々の要素を持つことが何の役にも立たないか有害であるような形質の場合、漸進的な進化のみによってそれを説明するのは難しい。突然変異による制御ネットワークの構造変化は、遺伝子が発現する場所・時期・組み合わせを変化させることで不連続な表現型変異をもたらすことがあるが、有益な突然変異が起こることはまれである。大部分を占める有害変異は自然選択により排除され、中立変異はある割合で集団中・集団間に保持される。新規形質獲得の進化を説明する仮説として、通常は表現型に影響を与えないまま保持される中立変異が、少しの遺伝的・環境的变化を受けて多くの表現型多型を生み出すことで、適応的な新規形質を生じる可能性が高まるという考えがある。本研究では、個体ベースモデルを用いてその仮説の妥当性を検証した。

**[P-112] Species Leverage: assessing species-induced incongruities in phylogenetic inference**

○Mahendra Mariadassou<sup>1</sup>, Avner Bar-Hen<sup>2</sup>, 岸野洋久<sup>3</sup> (1 東大・院農、2 パリ大・教授、3 東大・教授)

Understanding the evolutionary history of species is at the heart of molecular evolution and is done using several inference methods. The critical issue is to quantify the uncertainty of the inference. The posterior probabilities in the Bayesian phylogenetic inference and the bootstrap procedures in the frequentist approaches measure the variability of the estimates due to the sampling of sites from genes and the sampling of genes from genomes. However, they do not measure the uncertainty due to the incompleteness of the statistical models of evolutionary processes. Species that experienced molecular homoplasy, recent selection, long branches and so forth may disrupt the inference and cause incongruities in the estimated phylogeny. We define a Species Leverage Index to assess the leverage of each species of the phylogeny. We found that although most species have a small leverage, a small fraction of species with high leverage strongly alter the phylogeny, even in clades only loosely related to them. We conclude that more species is not always the best scheme.

**[P-113] Statistical comparison of nucleotide-, amino acid-, and codon-substitution models**

○Tae-Kun Seo<sup>1</sup>, Hirohisa Kishino<sup>2</sup> (1. Professional Programme for Agricultural Bioinformatics, University of Tokyo, 2. Laboratory of Biometrics and Bioinformatics, University of Tokyo)

Statistical models for the evolution of molecular sequences play an important role in the study of evolutionary processes. For the evolutionary analysis of protein-coding sequences, 3 categories of evolutionary models are available: (1) nucleotide-, (2) amino acid-, and (3) codon-substitution models. Selecting appropriate models can greatly improve the estimation of phylogenies and divergence times, and the detection of positive selection. Although much attention has been paid to the comparison of various models within each category, relatively little attention has been paid to the comparison of models from different categories. Additionally, because such models have different data structures, comparison of those models using conventional model selection criteria such as Akaike's information criterion (AIC) or Bayesian information criterion (BIC), remains unclear. Here, we suggest new procedures to convert models of the above mentioned 3 categories to 64-dimensional models with a nucleotide triplet substitution. These conversion procedures render it possible to statistically compare the models of these 3 categories by using AIC or BIC. By analyzing divergent and conserved inter-specific mammalian sequences and intra-specific human population data, we show the superiority of the codon-substitution models and discuss the advantages and disadvantages of the models of the 3 categories.

**[P-114] 蛋白質間相互作用ネットワークを再現する進化モデルの構築**

○長谷武志<sup>1</sup>、新村芳人<sup>1</sup>、神沼二真<sup>1</sup>、田中博<sup>1</sup> (1東京医科歯科・院生命情報)

蛋白質間相互作用ネットワーク(Protein-protein interaction network, PIN)では、蛋白質をノード、蛋白質間の相互作用をリンクで表す。PINはスモールワールド性を有するスケールフリーネットワークであり、リンク数の多いノードとリンク数の少ないノードの間に多くのリンクが存在するという非同類結合性を示す。PINの進化メカニズムの解明を目的として、ネットワーク成長モデルに基づいたシミュレーションが行われている。Heterodimerization (HD) モデルでは、遺伝子重複で生成された相同な2ノード間にランダムにリンクが張られるが、このモデルは最も良くPINの特徴を再現できると考えられている。しかし、本研究において、PINはHDモデルでは再現できないいくつかの特徴を有することを示す。これらの特徴は、HDモデルを修正したNon-uniform heterodimerization (NHD) モデルによってうまく再現できる。NHDモデルでは、遺伝子重複で生成された相同な2ノードが多数の隣接ノードを共有する時に、相同な2ノード間に優先的にリンクが形成される。また、リンク数が少ないノードほど遺伝子重複が起こりやすいと仮定し、NHDモデルを修正すると、PINのもつ非同類結合性もうまく再現できることを明らかにした。酵母の近縁種間でプロテオームを比較することにより、このモデルが実際のPINの進化過程を反映していることが示唆された。

**【P-115】 アミノ酸の増減のUniversal trendはCpG hypermutabilityで引き起こされる**

○三沢計治1、鎌谷直之2、菊野玲子3（1理研、2情報解析研究所、3かずさDNA研究所）

2005年に、Jordanらは、多くの生き物で遺伝子配列中のアミノ酸組成の増減に共通した傾向があることを見つけ、これをUniversal trendと名付けた。これに対し、Universal trendはMP法のbiasによる見かけ上の傾向だという批判が多くなされた。まず、我々はMP法のbiasを理論的に解析し、Universal trendがbiasとは無関係であることを示した。さらに、我々は、Universal trendの原因はCpG hypermutabilityであると結論付けた。CpG hypermutabilityとは、CとGのdinucleotideのCがDNMT酵素によりメチル化され、さらに脱アミノ化することによりTへと化学変化してしまう突然変異であり、通常の突然変異に比べると数倍から数十倍の突然変異率を持つ。我々の結論は次の2つの証拠から支持される。(1)CとGのdinucleotideを含むcodonはそうでないcodonよりも減少傾向にある。(2)DNMTを持たない生物のアミノ酸増減はUniversal trendに従わない。この研究はJME誌で公表される。

**【P-116】 28S rDNA特異的LINE・R2の標的特異性の進化**

○瀬戸陽介、木村奈津子、藤原晴彦（東大・院新領域）

R2は28S rDNAに特異的に転移するLINEの一つである。R2はショウジョウバエ、カイコ、など多くの節足動物から棘皮動物、脊椎動物にわたる幅広い生物種に存在することが最近明らかとなった。当研究室で行った魚類におけるR2のスクリーニングの過程で、3種の魚類ゲノムから、R2の標的サイトから上流80bpへ挿入された新しいLINEが見つかった。これら新規LINEの系統解析の結果、全てR2クレードに属したことや、同一魚類種でこのような新規LINEと通常のR2の両方を持つものがいたことから、得られた新規LINEはR2が標的配列を80bp上流へ変化させたものであることが示唆された。しかし、この新規LINEでは、R2標的サイト下流の28S rDNA配列は高度に保存されていたが、その上流80bpの領域では多くの塩基置換が見られた。この領域は生物種間で高度に保存されている領域であるため、R2の標的の認識の変化とは別にDNAの切断部位の変化の可能性が示唆された。

**【P-117】 スプライセオソーム型イントロンと機能性RNAの進化**

吉浜麻生1、岩切淳一1、有江力2、比嘉三代美1、剣持直哉1（1宮崎大学・フロンティア科学実験総合センター、2東京農工大学 農学部）

真核生物の核ゲノムの遺伝子には、スプライセオソーム型イントロンが存在する。イントロンは、これまでゲノム解析の進んだほとんどの真核生物に見つかっている。最近では、後生動物の多くの機能性RNAがイントロン中にコードされている（イントロン内在型）こと明らかになり、私達は、真核生物のイントロンは機能性RNAのキャリアとして働いていると考えている。そこで、イントロン内在型機能性RNAが誕生した経緯を明らかにするために、菌類のsmall nucleolar RNA (snoRNA)に着目した情報解析を行ない、実験系を構築した。【結果】イネいもち病菌および近縁の子囊菌9種では、6種類のsnoRNAが宿主遺伝子の各イントロンに1個ずつコードされていると予測された。そこでRT-PCRによりエキソンとsnoRNAの発現を確認し、snoRNA遺伝子がイントロン内在型であることを確認した。一方、出芽酵母では、オーソログのsnoRNA遺伝子が、イントロン内在型と同じ順序でゲノム上に並んでいたが、ポリシストロニックな発現をしていた。今回、発現が確認されたエキソンの起源については、イネいもち病菌の近縁種の共通祖先で獲得されたものか、逆に、既に存在していたエキソンが、これら近縁種以外の生物で消失したのか2つの可能性が考えられた。

## 【P-118】 逆位を伴ったmRNA転移が新しい遺伝子を創る？

○小島健司<sup>1</sup>、岡田典弘<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東工大・院生命理工）

転移因子L1はしばしばmRNAを逆転写し転移させる。転移後の配列retrocopyの多くは偽遺伝子(processed pseudogene)化するが、一部は遺伝子(retrogene)として機能する。今回我々はゲノム比較により種特異的な挿入を解析する過程で、retrocopyの一部が5'側の逆位を伴うことを発見した。挿入と逆位の境界を正確に決定したところ、この逆位は転移と同時に起こっていることが明らかとなった。また、L1で見られる逆位と特徴が一致するので、L1で提唱されているtwin primingと同じ機構で起こると考えられる。5'側の逆位を伴うretrocopyはヒトゲノム中に多数存在し、遺伝子としてアノテーションされ、転写されているものも含まれていた。我々はこの結果を基に、「mRNAの5'側の逆位を伴う転移が蛋白質の新しいN末構造を産む原動力になる」という仮説を提唱し、その遺伝子候補を提示する。

## 【P-119】 Rh式血液型遺伝子スーパーファミリーの進化

○北野誉<sup>1</sup>（<sup>1</sup>茨大・工）

Rh式血液型遺伝子スーパーファミリーは、本来の血液型遺伝子であるRh式血液型遺伝子以外に、RhAG遺伝子、RhBG遺伝子、RhCG遺伝子によって構成されている。このうちRh式血液型遺伝子とRhAG遺伝子は血球系に、一方RhBG遺伝子とRhCG遺伝子は主に腎臓などで発現している。これらのアミノ酸配列の相同性はヒトにおいておよそ30~60%ほどである。最尤法とベイズ法を用いた系統樹解析から、これら4つのRh遺伝子スーパーファミリーは脊椎動物の分岐以前にゲノム重複によって形成されたということが示唆された。また、それぞれの枝のアミノ酸置換数を比較したところ、重複直後の枝において、比較的より多くのラジカルなアミノ酸置換がみられるような傾向があった。また、それぞれの遺伝子クラスターのアミノ酸の進化速度はRhAG遺伝子、RhBG遺伝子、RhCG遺伝子の3つはほぼ同じであったのに対し、Rh式血液型遺伝子のクラスターは他よりも3~4倍速く進化しているということが示唆された。

## 【P-120】 X-family DNAポリメラーゼの分化に基づく生物進化の考察

○小寺啓文<sup>1</sup>、武内亮<sup>1</sup>、半澤直人<sup>2</sup>、内山幸伸<sup>1</sup>、美和秀胤<sup>3</sup>、長谷川政美<sup>4,5</sup>、金井良博<sup>1</sup>、坂口謙吾<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東京理大・院理工、<sup>2</sup>山形大・院理、<sup>3</sup>東京理大・ゲノム創薬、<sup>4</sup>School of Life Sciences Fudan Univ.、<sup>5</sup>統数研・予測発見戦略）

DNAポリメラーゼはDNA合成酵素であり、 $pol\beta$ や $pol\lambda$ 、 $pol\mu$ 、TdTが属するX-familyは、主にDNA修復系に関わっている。特に新口動物のマウスにおいて $pol\beta$ はノックアウトすると致死となり、生命活動において重要な役割を担っている。進化系統樹上で、節足動物を代表とする原口動物と哺乳類を代表とする新口動物は比較的近年に分岐しているが、新口動物は $pol\beta$ をもっており、原口動物は $pol\beta$ を持っていないことがわかった。そこで本研究では、新口動物と原口動物との分岐点に位置する生物の、X-familyの進化上の分布を解明する為、クラゲ(*Aurelia aurita*)を材料としたcDNAの解析を試みた。その結果、クラゲ $pol\beta$ のcDNAの単離・同定に成功した。私たちは、X-familyの祖先型は $pol\lambda$ であり、生物の進化に伴いTdT、 $pol\beta$ 、 $pol\mu$ へ分化した可能性を考えている。ゲノムプロジェクト等による公開データを活用して、X-familyの分化について分子進化学的な考察を行なった。

**[P-121] Comparative evolutionary analysis of the sequences upstream of the translation initiation codon in prokaryotes**

○So Nakagawa<sup>1</sup>、Yoshihito Niimura<sup>2</sup>、Kin-ichiro Miura<sup>3</sup>、Takashi Gojobori<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>NIG・CBI DDBJ、<sup>2</sup>TMDU・Bioinfo、<sup>3</sup>Univ. Tokyo・Med. Genome)

In prokaryotes, translation initiates by interacting 16S ribosomal RNA with the Shine-Dalgarno (SD) sequence, a purine-rich sequence located upstream of the translation initiation codon. However, some studies showed that the fraction of the genes having an SD sequence was quite different in different species. In eukaryotes, we reported that preferred sequences around the initiation codon are diverse among species, which implies the presence of multiple molecular mechanisms of translation initiation (Nakagawa et al. 2008 *NAR*. 36: 861-871). Therefore, we predicted that there exist translation mechanisms different from the 16S RNA - SD interaction in prokaryotes. To examine our prediction, we conducted comparative analyses of SD sequences among species using the genome sequences of 283 prokaryote species. As a result, we have also found that the fraction of the genes having the SD sequence is highly diverse, ranging from 97.8% (*Listeria innocua*) to 20.0% (*Mycoplasma genitalium*). For the genes without the SD sequence, we identified unique sequences, CCAug (aug represents the initiation codon) in cyanobacteria, AAUUn...nCCAUG (n...n represents about seven bases of any nucleotides) in archaea, and UUUAAAUUUn...nUaug in some taxonomies of eubacteria. These findings support our prediction that other (non-SD) mechanisms are used for translation initiation in prokaryotes.

**[P-122] 位置プロファイル法に基づくゲノム構造進化の解析**

○佐々木 直文<sup>1</sup>、佐藤 直樹<sup>1</sup> (1東京大・院総文)

2つのゲノム間において複数のオルソログ遺伝子が同じ順序で並んでいる領域は、高等真核生物ではシンテニーと呼ばれている。シンテニー構造は、ゲノムの一部の領域が別の領域と入れ替わるゲノム再編成により変化するため、ゲノムの構造的進化を反映している。バクテリアにおいても近縁種間ではゲノムのシンテニーが確認できる。本研究では、シンテニー探索の新規手法として、グラフ探索とは異なったアプローチである「位置プロファイル法」を開発した。本手法を単系統でありながら多様性に富むシアノバクテリアに適用し、生物種間におけるゲノム再編成を可視化した結果、海洋性のグループにおいて明瞭なシンテニーが抽出された。さらに、得られたシンテニーマップを16S-23S rRNAに基づく分子系統樹に対応させて比較検討したところ、海洋性シアノバクテリアにおいて、進化的距離とシンテニーマップの断片化の度合いに相関が認められた。また、この断片化にはゲノム再編成だけでなく、シンテニー内にゲノムの他領域から割り込んだ遺伝子がシンテニー内にギャップを形成することも関わっていることが示唆された。

**[P-123] 遺伝子グループによる同義置換の違い**

○鈴木留美子<sup>(1)</sup>、斎藤成也<sup>(2)</sup>、江澤潔<sup>(2)</sup> (1総合研究大学院大学、2遺伝学研究所)

同義置換の大部分は淘汰上中立だと考えられているが、その一部は転写～翻訳過程で以下の制約を受けることが知られている：翻訳効率に関連したコドンバイアス、CpGの易変異性、RNA二次構造、エクソン内のスプライシングシグナル (enhancer/silencer)、miRNA。われわれはこれら以外の制約要因を探索するために、近縁種のゲノムデータを用いて同義置換を大規模に解析した。哺乳類6種、魚類2種、ショウジョウバエ12種のオーソログの比較から、どの系統でも低い同義置換値を示す遺伝子グループを抽出し、上記5種類の既知制約要因と同義置換値との関係を調べた。コドンバイアスを生じるGC含量と同義置換に正の相関が見られ、CpGが同義置換を高める傾向が確認されたが、置換を高めるような要因が存在するにもかかわらず低い同義置換値を示す遺伝子グループがあった。これらについての詳細な解析から、パンドローム配列がオーバーラップしている部分を見いだした。このような配列の機能は不明だが、塩基配列自体が何らかの機能をもつために同義置換が抑制されている可能性が考えられる。

**【P-124】 マラリア原虫表面抗原遺伝子 *msp1* における時期特異的・種特異的な正の自然選択**

○澤井裕美、大谷寛人、田邊和裕（阪大・微研・マラリア学）

マラリア原虫MSP-1 (merozoite surface protein 1)は原虫の生存に必須なタンパクで、メロゾイトの赤血球侵入に重要な役割を果たす。MSP-1は免疫標的タンパクで、ワクチン候補となっている。MSP-1の特徴の一つは遺伝的多様度が高いことで、これは宿主免疫による正の自然選択の結果と考えられる。本研究では、*msp1*に正の選択が働いた時期及びその領域を推定した。三日熱マラリア原虫 (*P. vivax*)及び近縁サルマラリア原虫9種を用いて、*msp1*同義置換サイトで系統樹を作成し、各枝での同義置換率に対する非同義置換率の割合( $d_n/d_s$ )を推定した。その結果、*P. vivax*とそれに最も近縁な種の共通祖先の枝など3箇所では $d_n/d_s \gg 1$ が観察された。ミトコンドリアゲノムを用いた推定から、*msp1*で正の選択が強く働いたのは310~640万年の間である事が示唆された。これは宿主のアジアマカク類の適応放散の時期と一致する。一方、*P. vivax*を含め多型情報を得た4種で正の選択が働く領域を比較すると、4種で共通に選択が働く領域がある一方で、種特異的な領域も多く見られた。以上から、*msp1*は共通祖先において正の自然選択により生じた多型を保持しつつ、種ごとに独自の進化を遂げてきたと考えられる。

**【P-125】 HIV-1 env遺伝子の多様性進化と選択圧に関する解析**

○吉田いづみ1、任鳳蓉1、柴田潤子1、杉浦互2、岩谷靖雅2、田中博1（1東京医科歯科大学大学院・生命情報科学教育部、2名古屋医療センター・臨床研究センター）

HIVの表面を覆うEnvは、易変異性と宿主免疫から受ける淘汰圧により、多様性に富んだタンパク質である。我々はenv遺伝子のヒトにおける進化の傾向について明らかにすることを目的に、日本で採取した1980年代と2000年代のHIV-1検体について比較解析を行った。1988~9年に採取された6検体と2005~6年に採取された10検体を用いてenv全長（約2.8kbp）のシーケンシングを行った。検体は全て感染経路が明確な未治療患者のものである。1検体あたり2~13個の塩基配列データを採取し、近隣結合法による系統関係の推定、年代別の多様性の計算、PAMLによる淘汰圧の推定等を行った。結果、患者個体内より個体間の遺伝距離の方が大きいこと、個体内のウイルス多様性はこの十数年では変化していないことが分かった。PAMLにより、個体間の淘汰圧は個体内の淘汰圧より明らかに強いことや1980年代より2000年代の個体に働く淘汰圧が弱いことが示され、gp120の高可変領域に正の淘汰を受けたサイトを多数検出された。このような解析はHIVのワクチンや新規薬剤の開発に新たな知見を提供するだろう。

**【P-126】 脊椎動物ゲノムのタンパク質非コード領域からのDNAモチーフ配列の探索**

○大里直樹、Martin Frith（産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター）

DNAモチーフ配列が、プロモーター領域以外のタンパク質非コード領域にも存在することが報告されているが、ゲノム全体にどのようなDNAモチーフ配列が存在するのかはよくわかっていない。そのためヒトと他の脊椎動物において保存されたタンパク質非コード領域から、過剰に存在するDNAモチーフ配列(Overrepresented DNA motifs, ODM)を探索した。その結果、プロモーター領域以外にもODMが存在し、既知の転写因子結合配列を含むことがわかった。また脊椎動物間において、タンパク質の機能の違いに比べ、ODMと一致した結合部位をもつ転写因子の機能の違いが大きく、脊椎動物の進化において、転写因子による遺伝子発現制御が大きく変化したことを示唆した。



**【P-127】 TRPM6/7における進化的特性の解析**

○西岡輔1, 高畑尚之2, 颯田葉子3 (1総研大・葉山高等研究センター、2総研大、3総研大・先導研)

生物は環境の変化を細胞表面あるいは細胞内部のセルセンサーと呼ばれるタンパク質によって検知し、シグナルが脳に伝わることで感覚情報を得ている。様々なセルセンサータンパク質のうち、TRPスーパーファミリーは7つのサブファミリー (TRPC, TRPN, TRPM, TRPV, TRPA, TRPP, TRPML) が知られており、生理学的な研究が進んでいる。ヒトTRPMサブファミリーのうちTRPM6とTRPM7は両者のアミノ酸配列の一致性が高く、特徴的なキナーゼドメインを持ち、発現部位も重複していることが知られている。セルセンサーに関係する遺伝子のDNAあるいはアミノ酸配列には生物が環境変化に適応してきたという歴史的な情報が含まれていると考えられる。そこで我々は進化史における両遺伝子の起源やその変容を知るためにヒトのTRPM6/7をクエリとしてデータベース検索を行った。その結果ゲノム上にTRPM6/7の全長を持つ生物学種は脊椎動物のみ (13種) であった。また、TRPM6/7は同じ生物学種のゲノム上でも遺伝子の有無が異なっていた。これらのことは種分化の過程においてTRPM6/7は個別に遺伝子全体 (あるいは機能ドメイン) の獲得・欠失という歴史を経た可能性を示している。



# 日本進化学会10周年記念公開講演会 進化で日本を考える

8月23日 13:00-16:00 D会場

## 【PUB-1】 日本の進化学史：極東の岸辺にダーウィンの波紋は広がった

三中信宏（農環研／東大・院・農生）

来年2009年に生誕200年を迎えるチャールズ・ダーウィンの進化思想とその系譜は、現代にいまなおそのインパクトを及ぼしている。最近のゲノム情報に基づく新しい進化的知見が生物多様性の進化的理解を大きく推進させていくようすは、単に科学者コミュニティだけではなく、一般社会にも強くアピールする。生物進化という歴史の理解は、系統類縁関係によって結びつけられた生物多様性のパターンを縦糸とし、自然淘汰などの進化プロセスの説明仮説を横糸とするタペストリーとみなすことができる。進化研究を通じて一般的な意味での歴史が経験科学の対象であることを証明したことがダーウィンの最大の功績だった。その一方で、『種の起源』（1859年出版）以降の一世紀半の間に、進化学は国境を越え、研究分野をまたいで浸透してきた。イギリスから見て地球の裏側の極東に位置するわが日本にも“ダーウィン進化論”の波は幾度も到達してきた。東アジアに固有の本草学思想が根付いていたこの地域に、ダーウィンの進化思想はどのように上陸したのだろうか。自然物の体系化とその説明に関する東西思想のちがいに焦点を当てて、この問題をいまいちど考察してみたい。

## 【PUB-2】 自然人類学が描く「日本人」のなりたち

篠田謙一（国立科学博物館人類研究部）

10年ほど前までは、現生人類は100万年以上前にアフリカを出て旧大陸に広がった原人の子孫だと考えられていたが、近年の分子生物学の発展が、DNAに刻まれた過去の歴史の解読を可能にした結果、われわれ現代人は、およそ15万年前にアフリカで誕生し、6万年ほど前にアフリカから出て世界に広がった人々の子孫であると考えられるようになった。この学説の変化は、原人段階まで遡る長いタイムスパンの中で考えられてきた日本人の起源についても、大きな変更を迫ることになった。最初の「日本人」の出現は従来よりもはるかに新しい時代に設定され、日本人の成立を6万年前以降に起こったアジアにおける新人の拡散と移動の一部に位置づけることになったのである。

本発表では、明治以来100年以上に渡って続いている日本人起源論の系譜を概観し、現在ほぼ定説として受け入れられている在来の縄文人集団と大陸から渡来した弥生人が混血して日本人が成立したと考える「二重構造説」と、最近のDNA分析が描き出す「日本人の起源」の関係について概説する。

### 【PUB-3】 方言から日本語のルーツを探る

大西拓一郎（国立国語研究所）

東西対立型と呼ばれる分布類型は、日本語方言の分布研究において、その成立が未解明なまま残されている。東西対立型以外の分布に対しては、柳田国男の方言圏論を嚆矢とする中心地からの放射拡散に依拠する原理で説明がなされてきた。しかし、東西対立型は、大きな二種類のかたまりが平行して存在する分布であるために、中央一点からの放射に基づく成立論を受け付けない。以上のような事情から、東西対立型は有名な分布類型でありながら、正面からの取り組みが避けられてきたきらいがある。一方で、少ないながらも東西対立型に挑戦した場合に想定されたのは、原初から東西は異なっていたとする案である。これは、第一に東西対立型を示す項目は音韻や文法など言語にとっての根幹的分野に属するものが多いこと、第二に分布の経年比較から東西の境界線が固定的であることがかなり以前に検証されたこと、以上の二点をその根拠とする。原初から境界が存在することを前提にすることで算定される東西対立の成立年代、またその境界線の固定性についての再検討などの紹介を通して、方言から見た有史以前の日本語のありかたについて考えたい。

### 【PUB-4】 文化と制度から見た日本人の心理

山岸俊男（北海道大学社会科学実験研究センター）

文化心理学や比較文化心理学の研究によれば、日本人をはじめとする東アジアの人々は、アメリカ人やカナダ人などの北米の人々、また西ヨーロッパの人々とは異なった心理プロセスを、自己、認知、知覚、感情など、さまざまな側面で示すことが知られている。こうした心理プロセスの文化特定性を強調する文化心理学者たちは、文化は共有された意味のシステムであり、人間や社会についての理解のための枠組みを提供するものだとしている。そうした枠組みを通して人間や社会を解釈する中で、人々は自分自身を定義し、他者の行動を理解し、あるいは特定の感情を生起させる際の“くせ”を身につけるようになるというのが、ニスベット、マーカス、北山らをはじめとする文化心理学者による、心理プロセスの文化特定性に対する説明である。今回の発表の目的は、こうした心理プロセスの文化特定性として理解されてきた現象を、制度特定の「デフォルト戦略」としてとらえ直す可能性について紹介することにある。このアプローチで用いられる「制度」概念は、比較制度経済学者青木の概念を援用したものであり、「自己維持的な共有信念体系」として定義される。ある共有された信念体系が自己維持的となるということは、その信念体系を前提として人々がとる行動が社会的ニッチを構成し、その中でその行動自身が適応的となることを意味する。つまり、ある信念体系を前提とした適応行動が、個々の個体にとってその行動を適応的とする誘因構造を集合的に構成するとき、その信念を持つこと自体が個体の適応にとって有利に働くようになる。そうした場合に、その信念体系は多くの人々に採用され続けるだろう。本発表では、この観点から文化特定の心理プロセスを再解釈するために行った、多数派への同調行動と自己卑下的行動に関する一連の実験研究について報告する。

# S1 協力の進化：社会・脳・ゲーム

巖佐庸（九大・院理）

8月22日, 9:30-12:00, A会場

協力の進化は生物学にとって基本的課題である。群れ生活をする動物や社会性昆虫にとどまらず、多細胞生物の成立や生命の起源なども協力進化の問題である。従来から協力の進化機構として認められてきた血縁淘汰や互恵の利他主義に加えて、たとえば評判を共有することによるものなど新しい機構がわかってきた。シンポジウムでは協力成立条件に関する理論的研究と脳神経活動を探る研究、社会科学での協力の維持と成立の総説を行って今後を展望する。

## 【S01-1】 企画の意図

巖佐庸（九州大学）

協力の進化は生物学にとって基本的課題である。群れ生活をする動物や社会性昆虫にとどまらず、多細胞生物の成立や生命の起源なども協力進化の問題といえる。従来から協力の進化機構として広く認められている血縁淘汰および互恵の利他主義に加えて、ここ数年、新しい機構が研究され、進化生物学だけでなく脳科学や社会科学とも関連して精力的に進められていた。たとえばヒトの社会では、ヒト以外の生物よりも遥かに高いレベルの協力がみられるが、その原因として、評判といった社会的情報を共有することによって互いに協力行動を成立させる機構「間接互恵」が重要であることがわかり、数理的研究や実証研究が進められている。本シンポジウムでは、協力成立条件に関する理論的研究として、プレイヤーの相互関係がネットワーク構造をもつことによる協力の成立（大槻）、コストのかかる処罰による協力の成立（中丸）、をとりあげる。つづいて評判にもとづいた協力成立の基盤を脳神経活動に探る研究（鈴木）、さらには社会科学において協力の維持と成立がどのように扱われているかの総説（渡部）をしてもらい、今後の進展について集中的に討議する。

## 【S01-2】 罰の反応関数型の進化と協力レベルについて

○中丸麻由子<sup>1</sup>, Ulf Dieckmann<sup>2</sup>（<sup>1</sup>東工大・社理工, <sup>2</sup>IIASA）

協力の進化を促進するメカニズムの一つに罰がある。非協力者に罰をすることで、非協力者はコストを被り、協力が進化しやすくなるという。が、罰実行にもコストがかかってしまう。そこで罰実行者が協力者であるときにはこのコストを穴埋めできることに着目して、協力と罰の共進化条件に関する進化ゲーム解析や、実験社会科学では罰による協力の促進について研究が行われている。人間は罰を行う時に、相手の協力レベルに対してどのような反応関数を下に罰を返しているのだろうか。相手が協力者かどうか判断する基準は何なのか、相手からの協力レベルが下がると徐々に罰レベルを上げるのか、それともステップ型関数のように閾値を境目に一気に罰レベルを上げるタイプなのだろうか。これらを調べるために、罰の反応関数型と協力レベルの進化について、数理モデルやコンピュータシミュレーションによる個体ベースモデル解析を行った。すると、非協力者+罰不実行者ばかりの初期集団から、協力レベルと罰の反応関数が共進化するための、協力コストや罰コスト条件を明らかにした。この時、ステップ型の罰反応関数であるほど協力レベルが上昇する事が分かった。

### 【S01-3】 空間構造による協力の進化則

○大槻久<sup>1</sup>、Christoph Hauert<sup>2</sup>、Erez Lieberman<sup>3</sup>、Martin Nowak<sup>4</sup>（<sup>1</sup>東工大・社会理工、<sup>2</sup>234ハーバード大・PED）

利他行動の進化は進化生物学の主要な問題の一つである。Nowak & May (1992)の研究以降、空間構造が協力の進化に及ぼす影響は勢力的に調べられてきた。一般に、空間構造は局所的な分散をもたらし、協力者が協力者とより出合いやすくなり (assortment)、その結果協力の進化が促進される。分布の2次モーメントを記述するペア近似法や、coalescenceを基礎とした集団遺伝学的手法の整備により、協力の進化の条件が定量的に得られたので紹介する。協力のコストを $c$ 、利益を $b$ とおく時、次数が $k$ であるグラフ（すなわち各頂点が $k$ 本の辺を持つグラフ）での協力の進化条件は $b/c > k$ で与えられる。この条件は必ずしも次数が均一でないグラフでも、 $k$ の代わりにその平均次数 $k_{\text{bar}}$ を用いればよく成立するが、スケールフリーネットワークのような次数の分散が大きなグラフ上では、この条件はさらに厳しくなることが判明した。

### 【S01-4】 互恵的協力行動の脳神経基盤

○鈴木真介（理研・BSI）

我々はなぜ非血縁者に協力するのか？近年の実験・理論研究の蓄積により、人間が「協力者にのみ協力する（互恵的協力）」性質を持ち、その性質が「非血縁者間の協力の形成・維持」に大きく寄与していることが明らかになってきた。しかし一方で、互恵的協力の背後にある脳神経メカニズムについては、ほとんど研究されていない。本研究では、17名の被験者に機能的磁気共鳴画像装置(fMRI)中で囚人のジレンマ・ゲームを、協力者、非協力者とそれぞれ行わせた。その結果、ゲームでの利得に応じて脳の報酬系（線条体、前頭葉内側部）が活動することが分かった。また、非協力者とゲームを行っている際に特に、右前頭葉外背側部(rDLPFC)、右前島皮質(rAI)が活動した（rDLPFCは認知的抑制、rAIはネガティブな感情処理にそれぞれ関連があると考えられている）。これらの結果は、互恵的協力行動の脳神経基盤として以下のようなメカニズムを示唆する：(1)我々は報酬系の活動によって、「基本的には他者に対して協力した方が得である」と学ぶ；(2)しかし、非協力者と出会った場合のみ、上記の協力的動機を抑制し（rDLPFC）、非協力行動を行う。

### 【S01-5】 社会科学における「協力の進化」

○渡部 幹（早大・高研）

ヒトが他の生物と異なり、大規模な協力社会を実現できている主要な説明原理として、現在最も有力な説は間接互恵性である。間接互恵性が成り立つための要件は数理生物学を中心に議論が進められてきたが、社会科学では、それとは異なる観点からの研究が進められている。本発表ではこれら一連の研究を、おもに数理生物学で用いられている「戦略アプローチ」と、社会科学で用いられている「ゲーム連結アプローチ」に分けて整理・概観し、両者の特長、相違点について議論したい。

## S2 Experimental Coevolution and Theories

**Akira Sasaki (The Graduate University for Advanced Studies)  
and Takehito Yoshida (Tokyo University)**

**August 22, 9:30-12:00, Room B**

宿主と病原体の軍拡競走、競争種の形質置換についての共進化培養実験系の分野で世界をリードする研究を行ってきた Michael Brockhurst (Liverpool U), Tadashi Fukami (U. Hawaii), 吉田丈人(東京大)の3氏に、それぞれ「バクテリア抵抗性とファージ病原性の軍拡競走」、「バクテリア群集のビルドアップ」、「捕食・被食関係にあるクロレラとワムシの急速な進化」についての話題を提供していただき、佐々木(総研大)が軍拡競走のダイナミクスと終着点、および空間的非均一性が共進化に与える影響について理論的な検討を行う。

### **[S02-1] Host-parasite arms race in space: theoretical perspective and implication**

Akira Sasaki (Department of Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI))

Mutual adaptation of a host and a parasite often leads them to engage in an evolutionary arms race. Here I introduce theoretical models for coupled demographic and genetic dynamics for arms races, and the effect of spatial structure in their consequences. I discuss the conditions for different evolutionary outcomes, which include 1) endless coevolutionary cycles made up of the period of mutual escalation of costly traits, interrupted by their collapse, 2) unilateral disarmament by the host, and 3) mutual compromise at intermediate traits with accelerating costs. The models I discuss are for i) the coevolution of multiple plant resistance genes and the corresponding pathogen virulence genes, ii) the coevolution of host investment in resistance and parasitoid investment in countermeasures, iii) the coevolution of camellia pericarp thickness and the rostrum length of obligate seed predator weevil, in which the boring success depends on the difference in rostrum length and pericarp thickness. I discuss the geographical mosaic of coevolving traits and the role of spatial structure on the genetic diversity. Breakthroughs, made by gene-for-gene arms race model, in the pest/disease managements in human, agricultural and wild life populations (e.g. multiline control of rice blast disease in Japan) are also introduced.

### **[S02-2] Coevolution in space: Effects of spatial structure on a bacteria-phage arms-race**

○Michael Brockhurst<sup>1</sup>, Tom Vogwill<sup>1</sup>, Angus Buckling<sup>2</sup> (1 School of Biological Sciences, Liverpool Univ.; 2 Dept. Zoology, Oxford Univ.)

Parasites are ubiquitous in biological systems and coevolution between hosts and their parasites is thought to be a major ecological and evolutionary force. Experiments using laboratory populations of bacteria and their parasitic viruses, phage, have provided some of the best empirical evidence of coevolution in action. Laboratory populations of *Pseudomonas fluorescens* and the phage Phi2 undergo an extensive coevolutionary arms-race with directional selection for increased resistance and infectivity range through time. Spatial population structure has emerged as a key determinant of the dynamics and outcomes of this coevolutionary process. At small spatial scales, within population mixing accelerates coevolution leading to the evolution of more infectious parasites and more resistant hosts. At larger spatial scales, between population dispersal of hosts and / or parasites increases the rate of coevolution through introducing novel genetic variation, however, if rates of dispersal are too high, this acts to homogenize genetic variation between patches thereby decelerating coevolution.

**[S02-3] Evolutionary community assembly experiments**

Tadashi Fukami (Dept. Zoology, Univ. Hawaii at Manoa)

Biological communities are historical products of immigration, diversification and extinction, but the combined effect of these processes is poorly understood. In this talk, I will present a series of experimental evidence showing that the history of immigration influences the extent of diversification and extinction. In an experiment where an ancestral bacterial genotype was introduced into a spatially structured habitat, it rapidly diversified into multiple niche-specialist types. However, diversification was suppressed when a niche-specialist type was introduced before, or shortly after, introduction of the ancestral genotype. In contrast, little suppression occurred when the same niche specialist was introduced relatively late. The negative impact of early arriving immigrants was attributable to the historically sensitive outcome of interactions involving competitive neutrality and indirect facilitation. Ultimately, the entire boom-and-bust dynamics of adaptive radiation by diversification and extinction were altered by immigration history. Further, in another set of experiments, the resistance of communities to invaders was influenced by the evolutionary age of the community being assembled relative to that of the community in which invaders originated. Such age effect occurs because the relative importance of immigration versus diversification in ecological niche filling varies with community age. Overall, these results demonstrate that immigration, diversification and extinction are tightly linked processes, with small differences in immigration history greatly affecting the evolutionary emergence of diversity in biological communities.

**[S02-4] Evolutionary and ecological dynamics of predator-prey systems in microcosms**

Takehito Yoshida (University of Tokyo)

Compared to species diversity, our understanding of how genetic diversity influences ecological interactions and dynamics is limited and inconclusive. The presence of genetic variation is expected to lead to natural selection and thus microevolution. Previous theoretical studies have shown that microevolution can influence population dynamics, although their predictions were sometimes mixed. Microcosm experiments provide a useful empirical arena to test the theoretical predictions. My colleagues and I use a rotifer-alga system cultured in chemostats (continuous flow-through system) as a model predator-prey system. In this talk, I review our previous studies and show how genetic diversity and genetic composition of a prey population can influence population dynamics of a predator and their prey. The presence or absence of algal genetic diversity dramatically changed population dynamics of the system: cycle periods became longer and unusual phase relationship appeared when the algal population consisted of multiple clones. Moreover, the clonal (genetic) composition of algae was attributed to change population cycles to "cryptic cycles", in which prey density stayed almost constant whereas predator density fluctuated largely. Theoretical analysis suggested that the distribution of algal traits is important in understanding different patterns of population cycles we observed in our microcosms.



# **S3 Phylogenetic Networks for Evolutionary Studies**

**Naruya Saitou (National Institute of Genetics)**

**August 22, 9:30-12:00, Room C**

**[S03-1] Welcome to World of Phylogenetic Network!**

Saitou Naruya (National Institute of Genetics)

Phylogenetic network as generalization of phylogenetic tree is becoming routine for many evolutionary studies such as human mitochondrial DNA relationship. Yet this new concept seems to be not fully appreciated in Japan. I therefore organized this symposium. We have three speakers (Drs. Grunewald, Shimodaira, and Kitano) from different fields. I will give introductory talk on phylogenetic network.

**[S03-2] Phylogenetic Supernetworks**

Stefan Grunewald (Chinese Academy of Sciences & Max Planck Partner Institute for Computational Biology)

In phylogenetics it is common practice to summarize collections of partial phylogenetic trees in the form of supertrees. Recently it has been proposed to construct phylogenetic supernetworks as an alternative to supertrees as these allow the representation of conflicting information in the trees, information that may not be representable in a single tree. I will present three methods to construct supernetworks (Z-closure, Q\_Imputation, and SuperQ), and compare the resulting networks for several data sets. Further, I will discuss limitations of supernetwork methods and some ideas how reticulate evolution might be distinguished from noise or too little information in the input data.

**[S03-3] Identification of phylogenetic networks under model misspecification**

Hidetoshi Shimodaira (Tokyo Institute of Technology)

We consider maximum likelihood method for estimating phylogenetic networks. Assuming that the history of evolution at each site is represented as a tree, a parametric model of the network is specified as a linear combination of probability distributions (i.e., mixture distribution) of trees. The weights of linear combination is proportional to the frequencies of the trees. This network model is also represented as a mixture of splits with some approximation. For a specified number of taxa (say 5), the number of splits (10) is smaller than the number of trees (15), indicating that the frequencies of trees are unable to estimate (i.e., unidentifiable) unless the dependence along the sequence is properly handled. The situation complicates further in reality, since model misspecification of the substitution process of molecules leads also to the network model. We finally discuss what are appropriate tree-testing methods under this situation.

**[S03-4] Relic of ancient recombinations deciphered through phylogenetic network analysis**

○Takashi Kitano 1 (1 Ibaraki Univ. · College of Engineering)

The primate ABO blood group gene encodes a glycosyl transferase (either A or B type), and is known to have large coalescence times among the allelic lineages in human. We determined nucleotide sequences of ca. 2.2 kb of this gene of three gibbon species (agile gibbon, white-handed gibbon, and siamang), and found relics of ancient intragenic recombinations, occurred during ca. 2~7 million years ago, through a phylogenetic network analysis. This establishes the coexistence of divergent allelic lineages of the ABO blood group gene for a long period in the ancestral gibbon species, and strengthens the non-neutral evolution for this gene.

## **S4 The 40th anniversary of the neutral theory**

**Naoyuki Takahata (The Graduate University for Advanced Studies)**

**August 22, 9:30-12:00, Room D**

**[S04-1] THE IMPORTANCE OF KIMURA'S NEUTRAL THEORY IN MOLECULAR EVOLUTION TODAY**

William Provine (Dep Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University)

Molecular biology applied to evolutionary biology revealed a series of molecular levels that at each step, revealed more genetic variation. The protein level came in the 1960s, in which genetic variation was much greater than could be deduced from any previous way using cytology or genetic experiments. Theodosius Dobzhansky and his students predicted much genetic variation in natural populations but never had he predicted this much variation. In the 1980s, DNA sequence variation revealed even greater genetic variation at the base level than might ever be deduced from protein variation. For evolutionists, the question was: from where does all this genetic variation come from? Why is this variation preserved over evolutionary times in natural populations?

Motoo Kimura quickly deduced in the fall of 1967 that neutral or nearly neutral mutations were being pumped into natural populations at rates known to occur. In his opinion, random genetic drift balanced this influx of neutral mutations by elimination of some neutral mutations. His neutral mutation–random drift theory constitutes his neutral theory of molecular evolution.

Kimura's fundamental insight was that neutral mutation was a basic component of molecular evolution. I doubt that random genetic drift balances this influx of neutral mutations. I suspect that enormous fluctuations in population size and selective sweeps are prime suspects. In no way does this revision of Kimura's neutral mutation–random drift theory take away from his insight that neutral mutation is the fundamental fact for understanding molecular evolution.

Neutral evolution has become the null hypothesis for measuring selection in populations of organisms. This may be true, but the primary impact of Kimura's theory is not its use in measuring selection, but in understanding that neutral mutations are being pumped into natural populations, and lead to a reservoir of neutral or nearly neutral mutations balanced against factors that limit that reservoir.

**[S04-2] The Nearly Neutral Theory in Genome Era**

Tomoko Ohta (National Institute of Genetics)

With rapidly increasing genome data, the applicability of the nearly neutral theory to those new data is expanding. Significant fractions of almost all types of mutations (nucleotide substitutions at coding and non-coding regions, duplications and deletions) belong to the nearly neutral class. In my talk, recent progress on the applicability of the nearly neutral theory is reviewed in relation to the newly available genome analyses. Another notable improvement of the nearly neutral theory is the recognition that, at the equilibrium stage among mutation, drift and selection, the number of slightly deleterious mutant substitutions and that of slightly advantageous substitutions become same. Various evidence on protein evolution supporting the nearly neutral theory is presented. A most interesting question is now concerned with the evolution of complex systems at various levels in relation to drift and selection. Evolution of gene regulatory systems needs particular attention, because it directly relates to morphological changes. Evolutionary adjustment of cooption of transcription factors and signal transducers in organismal development is thought to occur mostly under drift and weak selection. However, there seem to be some differences in the patterns of differentiation between proteins and regulatory elements.

**[S04-3] The neutral theory of molecular evolution: Origins, growth, and current status.**

Masatoshi Nei (The Pennsylvania State University)

It is generally believed that Motoo Kimura (1968) originated the idea of neutral evolution of protein molecules. This is not true because Freese (1962), Sueoka (1962), Zuckerkandl and Pauling (1965), and Margoliash and Smith (1965) had essentially the same idea before him. Yet, Kimura can claim a lion's share for the neutral theory, because he is the person who formalized the theory mathematically and defended it against various criticisms. He received these criticisms partly because of misunderstandings and partly because his definition of neutrality was too strict or often ambiguous. His neutral theory did not demand that a set of alleles at a locus are strictly neutral as was often interpreted by theoreticians. In the early days of study of molecular evolution most investigators used the term "neutral or nearly neutral mutations", but when Kimura presented a mathematical definition of neutrality, the definition was too strict. However, most biologists did not care about minor details and accepted the neutral theory by the early 1980's. The observation that synonymous nucleotide substitution occurs faster than nonsynonymous substitution and pseudogenes evolve faster than functional genes also helped for acceptance of the theory. In recent years, however, the neutral theory is again being questioned. The new criticisms are based on various statistical tests of neutral polymorphisms or neutral nucleotide substitution. The statistical tests are often based on faulty assumptions and may generate false positive results. These recent studies will be briefly reviewed.

## S5 ヒトの生活史

颯田 葉子（総研大・葉山高等研究センター）

8月22日 9:30-12:00 E会場

ヒトと他の霊長類とで異なる表現形の一つが、生活史である。霊長類の生活史は、主に幼児期・子ども期・思春期・オトナ期・老齢期で構成されている。ヒトでは幼児期/子ども期および老齢期が他の霊長類と比べて長い。ヒトの長い幼児期/子ども期および老齢期はヒトの生物学的特性や文化的特性の獲得と大きく関連している。本シンポジウムではこのようなヒトの生活史の特性についての最新の知見を紹介いただき、その特性の生物学的意義を議論したい。

### 【S05-1】 ヒトの生活史とヒト固有の性質の進化

長谷川眞理子（総研大・葉山高等研究センター）

ヒトとはどんな特徴を持った動物だろうか？

ヒトにもっとも近縁なチンパンジーを初めとする類人猿とヒトとは、最初にどんな遺伝的違いが生じて、その後の違いが導かれるようになったのだろうか？

その鍵の一つが、脳の大きさと生活史パターンの違いであろう。ヒトは脳が大きいために、体重から予測されるよりも早く妊娠期間が終了する。こうして産まれてきた赤ん坊は無力である。しかも、ヒトには体毛がないので、赤ん坊は母親のからだにつかまることができない。さらに、離乳が終わっても子どもが独立できず、おとなからの世話を要する子ども期が長く続く。そのために、母親一人で子育てすることは不可能で、共同繁殖になる。そして、生業活動の全体が共同作業となり、ヒトは単独で生きていくことは出来ない。言語の起源、女性の発情期の消失、閉経後の長寿命、愛と憎しみなどはすべて、互いに密接に関連しながら、生活史パターンの変化に伴って、ヒト固有の性質を形成してきたと考えられる。

### 【S05-2】 ヒトの生活史におけるビタミンD—今日の高齢社会の視点から—

鈴木隆雄（東京都老人研・副所長）

ビタミンDは人類の進化にとって大きな影響を及ぼしている栄養素のひとつです。ビタミンDはカルシウム吸収や骨代謝に直接かわり、骨粗鬆症の予防と最も深く関連した不可欠な栄養素です。長い人類進化の中でも皮膚の色を決めた物質でもあります。日光の紫外線によって皮下で合成されるビタミンDは、骨の成長の最も盛んな小児期に日光にあたる量が極端に少ないと、クル病という著しい骨の変形をもたらす病気になります。特にイギリス産業革命時代は、ロンドンでは空気が汚染され、スラムに暮らす子供たちには煤煙のために太陽の光は少なくクル病が多発し、「英国病」とさえいわれました。ビタミンDは、最近骨だけではなく筋肉にもビタミンD受容体（VDR）が分布していることが確認され、加齢に伴う骨格筋肉量の低下や生活機能の低下との関連性で、新たな研究が国内外で進展しています。一般に加齢に伴い、ビタミンDを含む栄養摂取量の低下、皮膚でのビタミンD産生能の低下、および外出時間（日光曝露時間）の減少、腸管からのカルシウム吸収能の低下、腎におけるビタミンD活性化能の減弱などが相乗的に影響し、筋肉量減少症や骨粗鬆症が進行すると考えられています。骨や筋肉の老化を防ぎ、健康な高齢期を過ごすための大事な栄養素としてビタミンDが再び脚光を浴びているのです。

### 【S05-3】 ヒトの成長・加齢パターンの進化

○濱田 穰（京大・霊研）

ヒトは寿命・成長期間・閉経後寿命がいずれも長いという、他の哺乳類にない生活史特徴を有している。この特徴進化の謎を解くカギは「エネルギー・時間経済学」にある。究極的要因では、ヒト以外の霊長類が樹上生活を営み、高度な社会を作り上げたことを素因として、「時間戦略」を採用したことにある。一般の哺乳類は「エネルギー戦略」を採り、エネルギー獲得に努力を費やし、それを成長・繁殖へ回すため、体サイズで標準化した場合、成長が早く、寿命は短い。この二つの戦略の違いは、成体の瞬間死亡率にあり、生態の違いが根本にある。ヒトは「時間戦略」に、途切れなく多くのエネルギーを供給することを加え、子への時間的・エネルギー的投資を拡大・効率化させている。その表れが、20歳代から30歳代に出産率が高いこと（高い卵の品質と扶養能力）、家族（夫による子・妻の扶養貢献）、および元気な老齢期の創出による食料獲得と親族への分配である。至近要因としては、多くのエネルギーを取入れ、消費することによる弊害（ミトコンドリア等への酸化的障害）を防ぐこと（身体維持への投資）、およびエネルギー供給・消費のバッファである高い体脂肪蓄積（標準で15-25%）である。

### 【S05-4】 ネオテニー仮説の再検討

尾本恵市（総研大・シニア上級研究員）

ヒトが幼児の特徴を残しながら成長して成人となる、とのネオテニー（幼形成熟）仮説は、決め手となる証拠に欠けるきらいはあるが、ヒトの特異性を理解する上で検討に値する。ヒトの成長の特性としてネオテニーに対立する概念はハイパーモルフォーシス（過形成）である。ネオテニーが身体発育の停滞によって引き起こされるのに対し、過形成は成長時期の延長によって個体発生の新たな時期が付加され、発達した子孫を生ずる。言語の発達に代表されるヒトの特異性は、主として3-7才の「子ども期」に形成されるが、この時期はヒトの個体発生に特有と考えられる。ネオテニー説では、この時期はそれ以前の「幼児期」の延長であるが、過形成説では、新たに付加される発育過程と考えられる。問題は、ヒトの個体発生のゲノム上の基礎および成長・発育過程に含まれる遺伝的制御の性質についてのわれわれの知識が乏しいことにある。一方、A.モンターギュが指摘したように、ネオテニー仮説によるヒトの特異性は、形態的特徴のほか幼児の心理的特徴が大人にまで保持される点にある。これによれば、大人に見られるさまざまな行動や心理的特徴の原点が幼児に存在した特徴にあることが理解される。

## S6 近縁全ゲノム配列比較から明らかになるゲノム進化のダイナミクス

小林 一三 (東大・メディカルゲノム)

8月24日 9:00-11:30 A会場

1995年以来、細菌と古細菌の解読全ゲノム配列数は指数関数的な増加を続けている。細菌での倍化時間は1年半、古細菌での倍化時間は3年である。この増加は、シーケンス技術と情報技術のイノベーションに支えられて、止まる気配が無い。さらに、爆発的に増加しているメタゲノム情報のうち、原核ゲノムが大きな部分を占める。この膨大な情報塊を比較解析すれば、遺伝子とゲノムの進化の素過程とその生物学的意義を、きわめて高い分解能と信頼度で明らかにすることができるだろう。最先端での試みを紹介する。

### 【S06-1】 近縁多数系列の全ゲノム配列比較解析の展望

○小林一三、河合幹彦、鶴剛史 (東大・メディカルゲノム)

「全ゲノム配列は、ゲノムの一つのスナップショットに過ぎない」とは、誰が言ったのか、名言ではある。そのスナップショットを多数繋げる「コマ落とし」手法によってはじめて、ゲノムのダイナミックな動きは現れてくるだろう。それは、メカニスティックな実験的解析と相補して、ゲノム進化の素過程を詳細に明らかにするパワフルな方法になるだろう。この夢が、シーケンス決定技術の革新による加速・低コスト化によって、遂に現実になった。とくに、細菌の種内属内のゲノム配列比較によって、進化についての理解が画期的に深まろうとしている。ここでは、10株を超える種内比較による「遺伝子重複による遺伝子の誕生はどう起きるのか」「ゲノム進化の単位は遺伝子か」という問題へのアプローチを紹介する。さらに、より網羅的なゲノム配列比較によって「まったく新しい基本立体構造を持つDNA結合タンパク質を探し尽くす」試みを紹介する。

### 【S06-2】 ヒト腸内常在菌のゲノム及びメタゲノム解析

○服部正平 (東大院・新領域)

ヒト一人の腸管内には数にして100兆個以上、種類にして1000種類以上の常在細菌群が棲息し、複雑な細菌社会(腸内細菌叢)を構成している。この腸内細菌叢は、善玉菌や悪玉菌として知られているように、食事成分からのエネルギーやビタミン等の生産、腸管免疫系の成熟化、病原菌の感染に対するバリアー等の健康への関与、一方で、炎症性腸疾患や肥満等のさまざまな疾患と関連している。しかしながら、細菌組成の複雑さと個人間の多様性などの理由によって、腸内細菌の実体及びヒト細胞への分子レベルでの機能機序の詳細解明は今後の課題となっている。演者らは、腸内由来の常在菌の個別ゲノム解析と腸内細菌叢メタゲノム解析(培養性、難培養性に関係なく、細菌叢のゲノム及び遺伝子情報を広範囲に見つける手法)を行い、個々の腸内細菌のもつ機能実体や細菌叢の機能及び菌種組成解析等を通して腸内細菌叢の包括的な解明(ヒト細胞との相互作用も含めた)を進めている。このような常在菌研究は、ヒトはヒトゲノムとヒト常在菌ゲノムからなる“超有機体”であるという新しい概念をベースにした生命科学研究の将来展開に繋がると期待される。

## 【S06-3】 ゲノム進化過程の解明に向けた近縁細菌ゲノム比較のインフォマティクス

○内山郁夫（基生研）

配列決定技術の進展により、様々な類縁度の多様なゲノムを用いた大規模な比較解析が可能になってきた。細菌ゲノム解析では、遺伝子を5000弱のオーソロググループに分類したCOGが比較基盤としてよく用いられるが、背景には細菌ゲノムは本質的にすべて共通の基盤からなるとの認識があるように思われる。しかし、一方で細菌では「同種」に分類されるごく近縁の株間でさえも、しばしば著しいゲノム多型が見られ、進化における水平伝搬の重要性と合わせて、この多様性とダイナミズムこそが細菌ゲノムの重要な特徴であるともいえる。そこで、我々は様々な類縁度の近縁ゲノム比較を通じて、その進化プロセスをとらえることを目指している。ごく近縁のゲノムを多数比較する際は、まずゲノム間で共通の「コア構造」を抽出し、それと対比させる形で各ゲノム多型を解析するのが有効である。我々は、より遠縁のゲノム間比較にもこの考えを適用するため、あらかじめ作成したオーソロググループを基に、各ゲノム上での並び順の保存性に基づいて並べ替えることにより、系統群ごとのコア構造を構築する手法を開発した。そのような構造は、その系統群の共通祖先から主に垂直に伝搬され、保存されてきたと考えられる。従って、この手法を様々な系統群に適用することにより、微生物ゲノムの多様性と進化を解析するための有力な基盤が確立できると考えている。

## 【S06-4】 全ゲノム配列比較で解明するブドウ球菌属の病原性と薬剤耐性

○馬場 理、平松啓一（順天堂大・医・細菌）

黄色ブドウ球菌 *Staphylococcus aureus* は、3割ほどの健康人に常在するが、その一方で食中毒、毒素性ショック、軟部組織感染症、敗血症、骨髄炎、関節炎、肺炎などの多様な症状をもたらす病原性菌であり、今日における主要な院内感染菌である。近年では、メチシリン耐性黄色ブドウ球菌（MRSA）の蔓延、さらに壊死性肺炎のような致死性の症状をもたらす市中感染MRSA株の流行も問題になっている。すでに黄色ブドウ球菌14株・その他のブドウ球菌属3種4株の全ゲノム配列が公開されており、相互の比較解析が可能となっている。黄色ブドウ球菌の病原性遺伝子・薬剤耐性遺伝子は、動く遺伝子『ゲノムアイランド』上にコードされている例が多く、そこに存在する遺伝子は株間で多型性を示すことが明らかとなった。それに従い、株によって保持する病原性遺伝子の組み合わせが異なることとなり、それが多様な症状をもたらす原因のようだ。ゲノムアイランドには制限修飾系の修飾装置をコードするものもあり、その配列特異性が当該のゲノムアイランドの型別を規定しているが、黄色ブドウ球菌がこの系を獲得した理由も考察したい。

## 【S06-5】 レンサ球菌のゲノム解析に基づく進化と多様性獲得機構の解析

中川一路（東大・医科研・感染症国際研究センター）

レンサ球菌（Genus *Streptococcus*）は、ヒトでは皮膚の炎症から致死に至る感染症を引き起こす重要な病原性細菌である。そこで、基準種であるA群レンサ球菌 (*S. pyogenes*) と口腔レンサ球菌の *S. mutans* のゲノム解析から比較ゲノムを行うことでレンサ球菌におけるゲノムの多様性獲得機構の解析を行った。同一種内での比較では、*S. pyogenes*, *S. mutans* とも複製軸を中心として全ゲノムの3/4に及ぶ大規模な逆位が認められたが、近縁種での比較では、この逆位に起因するsymmetricalな構造が認められた。すなわち、レンサ球菌では複製軸を対称とするゲノムの再構成が進化の過程で高頻度に行われていることを意味している。さらに、外来性遺伝子の獲得機構では、*S. pyogenes* では主にファージにより外来性遺伝子を獲得しているが、*S. mutans* ではCRISPRや制限酵素系を介してファージの感染を排除していることが明らかとなった。このように、レンサ球菌では染色体の構造変化と共に外来性遺伝子獲得機構を変化させることで、異なる環境への適応を果たしていると考えられる。



# S7 Neo-mutationism and phenotypic evolution

**Naoko Takezaki (Kagawa University) and Tatsuya Ota (The Graduate University for Advanced Studies)**

**August 24, 9:00-11:30, Room B**

自然選択が進化を推進し、突然変異は自然選択の働く材料を提供するにすぎないとする neo-Darwinism に対して、neo-mutationism は、分子レベルの進化だけでなく、表現型の進化においても突然変異の重要性を説くものである。本シンポジウムでは、分子データによる表現型進化の遺伝的基盤に関する研究を紹介し、表現型進化における自然選択と突然変異の役割について考察する

## **【S07-1】 The new mutation theory of phenotypic evolution**

Masatoshi Nei (The Pennsylvania State University)

Gene duplication has played important roles in the evolution of complex organisms. One of the extreme cases where the number of gene copies has increased enormously is that of the olfactory receptor (OR) genes in vertebrates. The number of OR genes in zebrafish is about 100, but it is more than 1,000 in opossum and mouse. Furthermore, the gene copy number varies extensively among mammalian species. This variation can be often related to the environmental conditions, but some portion of the variation is apparently caused by random events of gene duplication and deletion (genomic drift). In humans this proportion of copy number variation due to genomic drift is as large as the variation between humans and chimpanzees. However, because the fitness is determined by many physiological and morphological characters, the number of OR genes may not be directly related to natural selection. By contrast, it is clear that mutation in the form of gene duplication and deletion is an important factor for determining the copy number variation of OR genes. Recent progress of developmental biology has shown that there are many genetic elements (cis-elements, small RNAs, DNA methylation, regulatory genetic networks, epi-genesis) that are involved in the formation of phenotypic characters. These new findings indicate that mutation is the primary source of innovation of phenotypic characters and natural selection is merely for eliminating less fit genotypes. Therefore, the driving force of phenotypic evolution is mutation, and natural selection is of secondary importance (see Nei, M., PNAS 104: 12235-12242, 2007 for details).

## **【S07-2】 Elucidation of phenotypic adaptations: molecular analyses of dim-light vision proteins**

Shozo Yokoyama (Department of Biology, Emory University)

Vertebrate ancestor appeared in a uniform shallow water environment, but modern species flourish in highly variable niches. A striking array of phenotypes exhibited by contemporary animals is assumed to have evolved by accumulating a series of selectively advantageous mutations. However, the experimental test of such adaptive events at the molecular level is remarkably difficult. One testable phenotype, dim-light vision, is mediated by rhodopsins. Here we engineer 11 ancestral rhodopsins and show that those in early ancestors absorbed light maximally ( $\lambda$  max) at 500 nanometer (nm), from which contemporary rhodopsins with variable  $\lambda$  max's of 480-525 nm evolved on at least 18 separate occasions. These highly environment-specific adaptations occurred largely by amino acid replacements at 12 residues and most of those at the remaining 191 (~94%) residues have undergone neutral evolution. Our findings demonstrate that statistical tests of positive selection can be misleading without experimental support and that the molecular basis of spectral tuning in rhodopsins should be elucidated by mutagenesis analyses using ancestral pigments.

**[S07-3] Possible involvement of SINEs in mammalian-specific brain formation**

Norihiro Okada (Department of Biological Sciences, Tokyo Institute of Technology)

哺乳類が如何にして作られたか？といった問いはこれまで問う事が出来なかったが、近年の比較ゲノムの進展によりこのような大進化の分子機構を解明する事が可能になりつつ有る。それは、CNE (conserved non-coding elements) の発見である。哺乳動物のゲノム全体を比較すると遺伝子がコードされている領域は1.5%なのにも関わらず、非コード (non-coding) で保存されている領域 (CNE) が3-4%をも占める事が明らかになった。保存されているのは機能が有るからで、このCNEの機能を解明する事が、大進化の分子機構を解明する唯一の道である。我々は、CNEのなかにSINE由来のものが有る事を発見し、しかもその内の幾つかが哺乳動物に特異的な脳の形成に関わっている事を明かにする事に成功した。例えば、あるSINEは間脳に発現するFgf8のエンハンサーとして働くが、ここでのFgf8の発現は視床の体性感覚野の形成に関わっている事が示された。また、他のSINEはSatb2の脳皮質での発現のエンハンサーになっているが、この遺伝子のここでの発現は脳皮質の6層構造の形成に必要である事が知られている。体性感覚野や皮質の層構造は哺乳動物の脳に特異的であるので、哺乳動物の共通祖先で挿入されたSINEが機能を獲得し、哺乳動物特異的な脳の形成に関わったと考えられる。

**[S07-4] Otx2 cis-sequence evolution for head development in vertebrates**

Shinichi Aizawa (CDB, RIKEN)

Otx はマウス胚体外内胚葉で前後軸形成と頭部誘導に必須の役割を果たす。前後軸形成、頭部誘導は脊椎動物胚発生の根幹過程であるが、胚体外内胚葉は卵黄を捨て母体にたよることとしたほ乳動物に特異的な構造である。どのようにして体造りの根幹過程が進化的に新規な構造によって担われることになったか。マウスで同定した胚体外内胚葉でのOtx2発現のシスエレメントと上流・下流の遺伝子カスケードを各脊椎動物で比較解析した結果について述べる。硬骨魚は肉鰭類と条鰭類の2系統で進化し、真骨魚は全ゲノムの倍加(WGD)を経て大放散した。Otxは吻側神経外胚葉でも発現し、マウスでは前体節期までの発現と、5体節期以降の発現は異なるエンハンサーによって担われ、それぞれの段階で脳形成に必須の役割を果たす。この2つのエンハンサーは四足動物で保存され、シーラカンス・エイでも保存されている。他方新骨魚はOtx2の吻側神経外胚葉での発現を1つのエンハンサーで制御する。この違いは真骨魚に限られるか、条鰭類に共通か。肉鰭類との分岐後、条鰭類でWGD以前に最初に分岐したポリプテルスでの解析結果を報告する。

**[S07-5] The evolution of the central nervous system from viewpoint of comparative genomics**

Takashi Gojobori (National Institute of Genetics)

Planarian is said to have the most primitive brain, whereas hydra does not seem to have any central nervous system and only to have the dispersed neural cells. Comparing the genes expressed specifically in the planarian brain and the hydra neural cells, we examined what proportion of those genes is shared between two organisms. Moreover, we compared those genes with the genes expressed specifically in a human brain. The results obtained indicate that about a half of the genes expressed in either the hydra neural cells or the planarian brain is totally anew, implying that they are lineage-specific genes. The remaining half of them is shown to have a certain degree of homologies with the corresponding genes in the human brain. From those results, we think that the evolution of the CNS and brain at the gene and genome levels is much more complex than we have previously thought. It suggests that the emergence of new genes in addition to the conservation of the basic core genes may have played a key role in the formation of the CNS and brain.

# S8 Natural selection and human evolution

Ituro Inoue (Tokai University)

August 24, 9:00-11:30, Room C

## 【S08-1】 Natural selection in bitter taste receptor genes

Stephen Wooding (The McDermott Center for Human Growth and Development University of Texas)

Plants are an important source of food to primates. However, most plants produce toxins to protect themselves. A key method used by animals to detect these toxins, and avoid eating too much, is by detecting them with bitter taste receptors. The role of bitter taste receptors as "toxin detectors", suggests that natural selection might have affected patterns of variation in bitter-taste receptor (TAS2R) genes. To investigate these patterns, we sequenced the TAS2R38 gene in humans and primates, and tested for signs of natural selection using population genetic and phylogenetic analyses. These analyses revealed that natural selection has had strong effects on the TAS2R38 gene within humans, but selective pressures on the gene vary among primates. Overall, TAS2R38 is quite variable, and has even been pseudogenized in some species, but it has not been evolving neutrally. Genomic evidence for variation in the number of TAS2R genes within humans and among primate species suggest that signatures of natural selection in these genes are complex.

## 【S08-2】 ゲノムワイドSNP解析で同定されたヒト集団の自然選択の痕跡

木村 亮介 (東海大学医学部)

近年のDNA解析技術の向上による、ヒト集団における1塩基多型 (SNP) データの蓄積は目覚ましいものであり、国際HapMapプロジェクトのデータベースには400万のSNPジェノタイプデータが公開されている。また、一度に数十万~数百万SNPのタイピングを可能にするマイクロアレイ技術も既に汎用化されている。こうしたデータの蓄積により、ヒト集団における自然選択の痕跡をゲノムワイドに探索することが可能となり、その統計手法も数多く開発されている。さらに、自然選択の痕跡を残す遺伝子を候補として、集団特異的な表現型を担う遺伝子が同定されつつある。今後、ラクトース耐性形質に続く、文化と関連する遺伝適応の発見も期待される。次世代シーケンサの登場により、他の生物においてもゲノムワイド集団解析が夢ではなくなり、ヒトをモデルとして得られた知見は育種研究などの分野においても大いに役立つに違いない。

**【S08-3】 Deleterious Mutations and Human Diseases: Genomic Perspective.**

長田 直樹（独立行政法人 医薬基盤研究所）

生物に起こる突然変異を自然選択に対する効果によって分類すると、有利な突然変異、中立な突然変異、有害な突然変異にわけることができるが、その境界は曖昧である。また、その効果は生物の複雑さや交配集団の有効サイズによって異なるとされている。本講演では、近年目を見張る勢いで蓄積されているヒトゲノムの多型情報をもとに、ヒトの集団にどのような淘汰圧がかかってゲノムが形成されているかを、特に有害な突然変異に対する負の自然選択に焦点を絞って解説する。また、有害な突然変異とヒトの疾患遺伝子との関係についても考察を行う。疾患は生物学上とても重要な概念であるが、その定義は曖昧である。これまでの人類遺伝学的研究で、そこで起こった突然変異が遺伝病を引き起こす1000~1500個のヒト疾患遺伝子が同定されている。ヒトゲノムにみられる種内および種間の遺伝的変異を調べることにより、これらのヒト疾患遺伝子の特徴について述べ、ヒトの疾患を突然変異の視点から定義しようとする。

**【S08-4】 ヒト疾患へのダーウィン医学的アプローチ**

井ノ上 逸朗（東海大学総合医学研究所）

全ゲノムアソシエーション・スタディにより、数多くの疾患関連遺伝子が明らかになり、網羅的遺伝子発現プロファイル解析により細胞、組織レベルでなにがおこっているか推測することが可能な時代となった。一方、進化医学の視点からヒト疾患を再考しようという試みが、世界中でなされ始めている。従来の「WHAT & HOW (何がどのようにして病気をおこすのか)」という要因のみならず、「WHY (なぜ病気になるのか)」要因までも、医学・医療の場で考慮すべきであるということであろう。個人ごとに疾患の「WHAT & HOW」要因が明らかになっていく個別医療時代において、進化医学的な考え方が臨床医学をどのように変えていくかは不明なところがある。本シンポジウムでは、高血圧遺伝子としてのアンギオテンシノーゲンが環境の変化に応じてどのように進化してきたのか、を中心にヒト疾患と遺伝子多型、その進化について考察してみたい。

## S9 適応進化を支えた遺伝基盤

大島 一正、長谷部 光泰（基生研・生物進化）

8月24日 9:00-11:30 D会場

### 【S09-1】 鱗翅目昆虫の擬態紋様形成の遺伝的基盤

○藤原晴彦1、山口淳一1、二橋亮1・2、岡本俊1、三田和英2、山本公子2（1東大・院新領域、2農業生物資源研）

昆虫の多くは、紋様や形を何かに似せて捕食者から逃れる「擬態」を発達させている。蝶や蛾の翅や幼虫体表にも様々な紋様が見られるがその形成機構はよくわかっていない。我々はアゲハ幼虫の擬態紋様に着目し、紋様形成に直接関わる多数の遺伝子が領域特異的に発現し、昆虫ホルモンの制御下で紋様が切り替わる実体を明らかにしてきた。しかし、遺伝情報が限られたアゲハでは上位の紋様制御遺伝子を探索するのは難しい。一方、カイコには幼虫の紋様変異系統が数十種類知られており、紋様形成の遺伝的基盤を探るのに適している。またゲノム配列の解読により個々の紋様を作り出す原因遺伝子を網羅的に同定することが可能となった。我々はメラニン合成関連遺伝子などを染色体上にマップしてカイコの既知遺伝子座に対応するかを調べる一方、4種類の幼虫紋様変異体の原因遺伝子をポジショナルクローニングしようとして試みている。その結果、2種類の幼虫体色変異体と1種類の幼虫紋様変異体（褐円L）の原因遺伝子を同定した。各体節に特有な紋様を生じるLの原因はwnt1 (wingless) のシス調節領域の変異と考えられた。鱗翅目昆虫の擬態紋様形成機構を探る策略を紹介する。

### 【S09-2】 昼咲きから夜咲きへの進化：F2雑種を使った野外実験とESTによる候補遺伝子探索

○矢原 徹一・廣田 峻・新田 梢・安元 暁子（九大・院理）

植物の中には、夜にだけ開花する種がある。ユウスゲはその例である。その花には、夜行性の蛾による送受粉に適応した形質（甘い花香、黄色の花など）が見られる。一方、ユウスゲの近縁種であるハマカンゾウは、昼にだけ開花し、昼行性の昆虫（チョウ・ハナバチなど）に適応した形質（微弱な花香、赤色の花など）を持つ。昼咲き種から夜咲き種への進化の過程では、花香・花色など複数形質の協調系がシフトしたと考えられる。私たちは、ハマカンゾウとユウスゲを、複数形質の協調系の進化を研究するうえでのモデルと位置づけ、研究を進めている。これまでに、種差の遺伝的背景を調べるために、ユウスゲとハマカンゾウのF1・F2雑種を育成した。また、F1のつぼみからESTを作成し、花香・花色の候補遺伝子を探索した。さらに、ハマカンゾウとF1/F2雑種からなる実験集団にアゲハチョウ類やスズメガ類を訪花させ、両者の花香・花色に対する選好性を調べた。これらの研究から、開花時間・花香・花色には、少数の主要遺伝子の変化が関わっており、これらの形質の進化は不連続的であったと考えられる。アゲハチョウ類は赤色を、スズメガ類は黄色を強く好み、花色への淘汰圧をもたらすが、花香に対する選好性は高くない。これらの結果をもとに、昼咲きから夜咲きへの進化の過程を推論する。

**【S09-3】 異生態タイプ間異質倍数体 (IETA : Inter-ecological-type allopolyploid) 形成を介した適応放散**

工藤洋 (京大・生態研)

倍数化は植物における主要な種分化様式の一つである。特に異質倍数化では、複数セットのゲノムが組み合わせにより、新たな種がこれまで近縁種が利用できなかったニッチに進出する可能性がある。アブラナ科タネツケバナ属は200種以上から構成されており、水辺環境で多様化している。2倍体種のなかに、根茎部が常に水没する恒常的湿地条件に生育するグループと、非湿地条件に生育するグループとがあることがわかった。さらに、異質倍異数体種は、この生態的なグループ間の交雑由来であるものが多く、それらは水辺の変動環境に生育していた。これらの異質倍数体を特にIETA(Inter ecological-type allopolyploid: 異生態タイプ間異質倍数体)と呼び、IETA形成が変動環境への進出を可能にし、多様化をもたらしたという仮説を立てた。2倍体種の系統解析の結果は、非湿地から湿地環境への適応が一度だけ起きたことを示唆しており、この適応がIETA形成を介した多様化のきっかけとなった可能性が高い。4倍体IETAとその推定両親種を用いて、IETAが両親種に比べて変動環境に適応していることを示した。IETAが変動環境下で高い適応度を示すことを可能にする遺伝基盤を明らかにすることが今後の課題である。

**【S09-4】 トゲウオの種分化とその遺伝的基盤**

○北野潤<sup>1</sup>、Joseph Ross<sup>1</sup>、森誠一<sup>2</sup>、久米学<sup>3</sup>、Catherine L. Peichel<sup>1</sup> (1Fred Hutchinson Cancer Res Center、2岐阜経済大、3自然共生研究センター)

「如何にして、遺伝型や表現型が多様化して新たな種ができるのか？」という種分化のメカニズムについて、トゲウオ科に属するイトヨという魚を用いて解明することを目指している。イトヨとは、過去200万年の間に北半球の各地で急速に多様化を遂げた魚であり、異なる生息地のイトヨは、別種として高度に分化している。そこで、イトヨを世界各地から採集し、実験室内にて、それぞれの種がどのように異なった行動や形態を示すのか、また、雑種個体がどのような異常を示すのかを調べるとともに、異なる種間での連鎖解析を用いて、どのような遺伝子がその原因となったのかを追求している。本発表では、イトヨやその類縁種が、驚くほど急速に性染色体を変化させたこと、また、そのような性染色体転座が生殖隔離における重要な役割を果たしているという研究成果を報告する。最後に、生殖隔離の重要な要因である行動の分化の遺伝メカニズムを理解することを目的として、行動を制御することが知られているホルモンに着目した内分泌遺伝学の新たな試みについて紹介する。

**【S09-5】 複合形質の遺伝基盤：植食性昆虫における寄主転換のメカニズム**

○大島一正、長谷部光泰 (基生研・生物進化)

生物の進化において、複数の形質が進化して初めて適応的となる例が多く知られている。我々は植物を餌とする昆虫類が新たな寄主植物へ進出するメカニズムに注目し、こうした複合形質の進化を可能にした遺伝基盤の解明を目指している。植物を餌とする昆虫類では、雌成虫が寄主植物を認識して産卵する能力(産卵選好性)と、幼虫が寄主植物を食べて成長できる能力(寄主利用能力)の両方が進化しないと寄主転換が起こらない。研究に用いている鱗翅目のクルミホソガは、クルミ科植物のみを寄主とする祖先的なレース(クルミレース)と、ツツジ科のネジキのみを寄主とする派生的なレース(ネジキレース)からなる。そこで、雌成虫の産卵選好性と幼虫の寄主利用能力の遺伝様式を調べたところ、ネジキに産卵する能力は優性であるが、ネジキを食べる能力は劣性であることが示唆された。また、クルミレースの幼虫はネジキを食べると死亡するが、ネジキレースはクルミ上でも生育できることが判明した。これらの結果は、ネジキへの寄主転換に先立ち、祖先集団であるクルミレース内にネジキ食の突然変異が生じて、それらは排除されることなく維持されつづけることを示している。

# S10 大進化・論

五條堀 孝 (遺伝研/総研大)

8月24日 13:00-15:00 A会場

生物の進化において、大きな形態変化を伴う進化を特に「大進化」という。現在、ゲノム重複の時期や関係する遺伝子セットの出現時期が、大きな形態変化が起きている進化的時期と必ずしも一致しないことが、だんだん明らかになってきた。また、異なる多くの生物種間でゲノム上非常に保存されている領域と、ある特定グループにおいては保存されているがそのグループ以外の生物間では大きく変異が蓄積しているゲノム領域も、つぎつぎと明らかになってきた。このようなゲノムや分子のレベルの知見を考慮しつつ、生物の大進化の進化機構を推測も含めて大胆に仮説を議論しあうことを目的とする。この議論において、ゲノム制御領域や遺伝子ネットワークが大進化の主要因という説やそれ以外の意表をつくような仮説も含めて、自由な議論をしていただく。

## 【S10-1】 形態進化と分子進化の関連-カンブリア爆発と遺伝子の多様化を中心にー

宮田 隆 (生命誌研究館)

形態進化と分子進化はどう関連しているか。この問題は分子進化学誕生当初からの問題で、多くの生物学者が興味を持つ未解決の問題である。実際に研究を進めていくためには具体的な問題設定が重要である。その第一歩として、「生物の進化に伴って、遺伝子の多様化はどう進んだか」と、問い直すと具体的に研究を進めることが可能になる。およそ6億年前、様々な形態の動物が爆発的に多様化し、現在の主要な動物門が進化したとされている（カンブリア爆発）。この形態の爆発的多様化に呼応して新しい機能を持った遺伝子が一斉に作られたのか？この問に答えるため、我々は遺伝子族の分子系統学的解析を行った。

原始的なカイメンをはじめとして、さまざまな動物から細胞間シグナル伝達や形態形成に関与する遺伝子を取り出し、分子系統学的解析を行ってみると、当初の予想とずいぶん違った結果が得られた。すなわち、カンブリア爆発当時、新しい機能を持つ遺伝子はほとんど作られていなかった。それよりはるか以前、カイメンとそれ以外の動物が分岐した以前に、おそらく単細胞の時代に、多細胞動物特有の遺伝子が爆発的に作られ、1億年足らずで現在の多細胞動物にみられる多様な基本的遺伝子（遺伝子族のサブファミリーに対応）の創造が完了していた。さらに、四足動物へ至る脊椎動物の系統で見ると、さらに無顎類と有顎類が分岐したおよそ5億年前に（カンブリア爆発から～1億年も後に）もう一回爆発的な遺伝子多様化が起きていた。ここでは組織特異的に発現する遺伝子が多様化していた。

この遺伝子多様化パターンが示唆する重要な点は、遺伝子の爆発的多様化はカンブリア爆発の直接の引き金ではなかったということである。カンブリア爆発と遺伝子爆発の時間的ずれは、カンブリア爆発の分子機構を考える上で、新しい遺伝子を作るという「ハード」の視点ではなく、すでにある遺伝子をいかに利用してカンブリア爆発を達成したかという「ソフト」の視点が必要であるということを示唆している（ソフトモデル）。

形態レベルでは、しばしば、既存の器官、組織のリクルートで新たな形質が進化することが知られている（前適応）。最近、分子においても、レンズクリスタリンに見られるように、既存の遺伝子を別の目的に再利用していることが多数報告されている。これらは、既存の遺伝子の“利用”という点でソフトモデルとよく似た現象と思われる。

本講演では、多細胞動物に最も近縁とされている単細胞の立襟鞭毛虫の解析も含めて、上記の多様化パターンを述べるとともに、大進化における分子・形態レベルでのソフトモデルの重要性を考察する。

## 【S10-2】 Evolutionary conserved non-coding sequence 1Mb away from the Shh coding region acts as limb bud-specific Shh enhancer

Toshihiko Shiroishi (National Institute of Genetics)

Paired fins of teleost fishes and tetrapod limbs have evolved from a common ancestral appendage. An intronic sequence of the mouse *Lmbr1* gene, localized in 1Mb upstream of the *Shh* coding sequence, is highly conserved among tetrapods and teleost fishes. Single

base substitutions in many mouse mutants exhibit preaxial polydactyly with ectopic expression of Shh in anterior limb bud mesenchyme, suggesting that the sequence is cis-regulator of Shh. We generated a knockout (KO) mouse to eliminate the sequence by means of gene targeting, which exhibited a complete loss of Shh expression in the limb buds and severe amputation of the distal limb elements (see Figure below). All data indicated that the conserved sequence contains enhancer for limb-specific Shh expression. Notably, this sequence has been lost in two independent lineages of limbless species, limbless newt and snakes. Thus, the conserved sequence contains a major enhancer for limb-specific Shh expression, and is indispensable for the development of distal limb structures. Loss of this conserved sequence might be involved in evolution of the limbless species.

To understand how the long-range enhancer regulates the Shh expression, we analyzed change of chromosome conformation around the Shh locus along anteroposterior (A-P) axis of limb buds. Long distance between the enhancer and promoter enabled us to visualize their physical interaction in cell nuclei by 3D-FISH. Reconstructed 3D images showed that the enhancer-promoter interaction and looping out of the Shh locus from chromosomal territory (CT) occur specifically in the posterior limb bud named ZPA that actively expresses Shh, but not in other portions of limb bud. Our study showed that difference in chromosome conformation of the Shh locus along the A-P axis in limb bud causes tissue-specificity of the Shh expression in developing limb buds.

### 【S10-3】 大進化を論じるためのオミックス的基盤を考える

五條堀 孝（国立遺伝学研究所・総合研究大学院大学）

生物進化において、種内の遺伝子頻度の増減による表現形の変化や種分化における比較的微小な形質変化の過程を「小進化」というとすれば、種や属などが出現したり絶滅したりして大きな形態変化を伴う過程を「大進化」と一般的にいう。この大進化の分子レベルにおける解明が、現在進化学の大きな課題のひとつであることに大きな異論はないであろう。

大進化を詳細に論じようとするならば、生命の起原から人類の誕生までの進化的な大きな出来事ごとに、その時代の地球環境を考慮しながら、丁寧に検討して議論する必要があるように思われる。たとえば、思いつくままにその進化的な大きな出来事のいくつかを並べてみると、原核生物の誕生・アーキアおよび単細胞真核生物の誕生と進化・多細胞生物の誕生と進化・二胚葉性生物と三胚葉性生物の分岐・旧口動物と後口動物の分岐・脊椎動物の起原などがあり、これに植物の進化が加わる。

たしかに、上記の進化的な出来事だけでも、それぞれの個別事情があり、形態変化だけに注目するとすれば、それらを一律に論じることはかなり無謀のように思われる。一方、ウイルスを除けば全生物の遺伝情報はゲノムDNAに刻まれており、むしろそのゲノム比較を通して、ある程度共通的にその進化過程を議論することが可能となる。

たとえば、そのような観点で神経系の進化を見てみると、多細胞生物の誕生以前から存在しており現存の脊椎動物のゲノムにも保存的に存在して中枢神経系や脳に発現する「共通コア遺伝子セット」があるように思われる。一方、ある生物系統の神経細胞には、その系統だけにしか存在しないような「系統特異的な遺伝子セット」も存在する。この系統特異的な遺伝子セットは、全く新規にその系統にだけ出現したものか、あるいは以前から存在していた遺伝子セットが他の多くの系統で欠失してその注目する系統だけに取り残されたものなのかは、詳細な検討をしないと容易には分からない。

しかしながら、この2種類の遺伝子セットが巧妙に遺伝子発現ネットワークを構築し、タンパク間の相互作用やネットワークを介して、DNAゲノムとの相互作用を誘発して、生体システムを稼働させ神経系などの生体機能を動かしているとすると、まさにその分子ネットワークに基づく生体システムの進化的過程を解明することが、大進化の分子レベルでの理解に必須であることは言うまでもない。

幸い、ゲノム科学の発展は、これらの生体システムをgenomeはもちろんのことtranscriptomeやproteome, metabolome, regulome, physiomeといったいわゆるオミックス (Omics) として解明する方向に進んできている。とりわけ、次世代シーケンサーという技術革新は、塩基配列決定を通して上述したオミックスをさらに加速させるものと思われる。このオミックス基盤をうまく活用することが、大進化の分子レベルでの解明に決定的な役割を果たすものと考えられる。



# S11 細胞感覚

富永 真琴 (生理学研究所・細胞生理部門)

8月24日 13:00-15:00 C会場

細胞は常に細胞外環境刺激を感知しながらそれに適応して生存している。その細胞外環境刺激を感知する蛋白質をセルセンサーと称し、その構造と機能はダイナミックに変化（モーダルシフト）して効率的な環境適応をもたらしている。進化の過程でそれぞれの種は最も環境に適応しやすいセンサーの構造と機能を備えてきたとみなすことができる。本シンポジウムでは、温度センサー、電位センサー、匂い・フェロモンセンサーに焦点をあてて議論したい。

## 【S11-1】 TRPチャンネルを介した温度受容の多様性：哺乳類とショウジョウバエの比較から

富永真琴 (岡崎統合バイオサイエンスセンター (生理学研究所) 細胞生理部門)

生物にとって正しく温度を感知することは環境に適応する上で非常に重要である。特に、小さな生物にとっては、極端な温度から逃避し、至適温度域に身をおくことが生存へとつながる。1997年に遺伝子クローニングされたカプサイシン受容体TRPV1は哺乳類において初めて分子実体の明らかになった温度センサーであり、これまでに9つの温度感受性TRPチャンネルが明らかになっている。高温刺激を感知するTRPV1, TRPV2、低温刺激を感知するTRPM8, TRPA1、体温近傍の温かい温度によって活性化するTRPV3, TRPV4, TRPM2, TRPM4, TRPM5である。生体に痛み感覚を惹起する温度域で活性化するTRPV1, TRPV2, TRPA1は侵害刺激受容体として捉えることもできる。こうした温度感受性TRPチャンネルの活性化温度閾値は種によって異なり（種間のモーダルシフト）、それはその種がどのように進化してきたかによるであろう。19-27度を至適温度域とするショウジョウバエでは、TRPAサブファミリーに属する複数のチャンネルが温度感受性を有することが明らかになっており、種によって温度センサーが異なるという別のモーダルシフトが存在する。このように、進化の過程で生物はTRPチャンネルを介した特異的な温度センシングメカニズムをもつに至ったと考えることができる。

## 【S11-2】 電位センサー蛋白の多様性から見た細胞膜電位シグナル伝達機構の進化

岡村康司<sup>1</sup>、Thomas McCormack<sup>2</sup>、黒川竜紀<sup>1</sup>、齋藤成也<sup>3</sup>

(1 大阪大学大学院医学系研究科, 2 生理学研究所, 3 国立遺伝学研究所)

膜電位シグナル伝達は、細胞の電氣的活動に重要であり、バクテリアからヒトに到るまで普く見られる。典型的には活動電位に代表される神経活動の電気シグナルに重要であるが、魚類などでは、個体間のコミュニケーションに使われたり、外的からの逃避に使われるなど、生物の進化の過程で多様に変化してきたと考えられる。これまで膜電位シグナル伝達を担う分子として電位依存性イオンチャネルが良く知られて来たが、我々はホヤのゲノム情報から電位センサーをもつ新規分子を同定した。電位センサー蛋白VSPは、イオンチャネル様の電位センサードメインとホスファターゼ領域を併せ持つ分子で、後口動物に幅広く存在する。系統樹解析を行ったところ、オポッサム以降の系統樹で進化速度が速いという知見が得られた。膜電位依存性を動物種間で比較すると、ホヤ<ゼブラフィッシュ<カエルの順で、閾値がプラス側にシフトしていることがわかった。ほ乳類由来のVSPはゲート電流が確認できないことと併せて考えると、進化の過程でVSPの生理機能が大きく変更された可能性がある。

一方、VSOPは、電位センサードメインのみをもち、電位感知のセンサー機能に加え、プロトン透過機能を有するタンパクで、貪食機能において活性酸素産生過程に関わる分子である。ウニ、珊瑚、ホヤ、マウス由来のVSOP間で電気生理学的特性の比較を行うと、同じ温度でマウス<ホヤ<珊瑚<ウニの順番で活性化速度が速く、最大値の半値に達するまでの時間でマウスとウニでは、20倍以上の速度の違いが見られた。VSOPを発現する貪食細胞が異なる温度でも生物種に適した効率での活性酸素産生を担えるよう環境適応をしているのかもしれない。

動物進化の過程でこれらの膜電位シグナル分子を獲得したことが、生理機能の変遷とどのように対応しているのかを明らかにしたい。

## 【S11-3】 嗅覚メカニズムの進化的変遷：昆虫と哺乳類の匂い受容体をモデルに

東原和成（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）

哺乳類においては、匂いやフェロモンは、七回膜貫通型Gタンパク質共役型受容体によって受容される。一方、昆虫における匂いやフェロモンの受容体は、七回膜貫通型のタンパク質であるにも関わらず、驚いたことに、リガンド作動性のイオンチャネルであることがわかった。昆虫類での進化史と、脊椎動物における進化系統樹で、違った祖先をもつ遺伝子が、同じ匂い受容機能をもつタンパク質として分子進化して機能収束してきたことを示している。つまり、それぞれの生物種が生息環境に適応し、効率のよい生殖活動方法を獲得していく過程で、化学コミュニケーションの一番適切な嗅覚受容方式を分子レベルで選択してきた結果であると考えられる。逆に、このような感覚系におけるセンサーの構造と機能の種間モーダルシフトは、生物がどのようにして進化してきたかをも物語る。

## **S12 Evolution of social behaviour**

**Mariko Hasegawa (The Graduate University for Advanced Studies)**

**August 24, 13:00-15:00, Room D**

Research on the social behaviour in animals has been a central issue in the evolutionary biology. Recent studies offer novel perspectives on social evolution by incorporating its molecular biological backgrounds, life history, interspecific relationships, and cognition. In this symposium, three invited speakers will present new findings on sociality in different animals, ranging from invertebrates to vertebrates, and discuss the similarities and differences in animal social behaviour.

**[S12-1] The evolution of menopause in humans and cetaceans: new insights into an enduring puzzle**

○Michael A Cant<sup>1</sup>, Rufus A Johnstone<sup>2</sup> (1. Centre for Ecology and Conservation, Exeter Univ; 2. Dept Zoology, Cambridge Univ.)

Human females stop reproducing long before they die. Among other mammals, only pilot and killer whales exhibit a comparable period of post-reproductive life. The grandmother hypothesis suggests that kin selection can favour post-reproductive survival when older females can help their offspring to reproduce. Quantitative analyses, however, suggest that these grandmother effects are insufficient to account for early reproductive cessation in humans. Moreover, it remains puzzling why menopause should be restricted to great apes and toothed whales. Here I present new theory and data which suggests that the answers to both problems lie in the unusual demography of these species.

**[S12-2] The cuckoo fungus manipulates termite behavior by the sophisticated egg mimicry**

○Kenji Matsuura (Okayama University)

Mimicry has evolved in a wide range of organisms encompassing diverse tactics for defense, foraging, pollination, and social parasitism. Here we report an extraordinary case of egg mimicry by a sclerotium-forming fungus *Athelia* sp., whereby the fungus gains competitor-free habitat in termite nests. Egg protection is one of the most fundamental social behaviours in social insects. When termite workers recognize the eggs laid by queens, they bring the eggs together and heap them up in nursery cells to take care of them. We found that the fungus fakes termite eggs by perfect morphological and chemical camouflage so as to be tended by termites. The discovery of the chemical camouflage by the egg-mimicking fungus indicated that termites can be manipulated by using the termite egg recognition pheromone (TERP), which strongly evokes the egg-carrying and -grooming behaviours of workers. We identified the antibacterial protein lysozyme as the TERP. This novel function of lysozyme as a termite pheromone illuminates the profound influence of microbes on the evolution of social behaviour in termites. In addition to the mechanism of egg mimicry, we discuss the evolutionary processes of this novel insect-fungus interaction.

**[S12-3] How (not) to build consensus in eusocial naked mole-rats**

○Nobuyuki Kutsukake<sup>1,2</sup>, Masayuki Inada<sup>2</sup>, Kazuo Okanoya<sup>2</sup> (1 Dept. Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies; 2 RIKEN BSI)

Group-living animals are routinely faced with selecting one option from several available choices to reach a consensus decision. The mechanisms underlying these group decisions are well understood for eusocial insects. However, research on vertebrate systems is lacking. We study consensus-making in a eusocial subterranean rodent, the naked mole-rat *Heterocephalus glaber* when faced with a decision on the location of a new nest site. This species have a complex social structure in which only one female (the queen) and one to three males reproduce, while the rest of the members of the colony function as workers. Groups of four captive individuals were released in four connected rooms with the equal number of nest materials in each room. After 90 minutes, the distribution of nest material among rooms was significantly skewed. Examination of individual contributions toward moving nest materials showed that reproductive individuals contributed little, and did not affect the degree of the skewed distribution of the nest materials. In contrast, worker individuals contributed relatively more. Moreover, individual working frequency correlated to the weigh loss of individual, suggesting that the accomplishment of consensus-making incur costs for the actors. We suggest that for naked mole-rats, nest site selection is achieved by way of a quorum response. This result suggests that common rules may guide consensus-making of highly co-operative species across a variety of taxa.

# S13 バイオミネラリゼーションとゲノム進化： 海洋環境から形態形成へ

岩瀬 峰代 (総研大・葉山高等研究センター)

8月24日 15:15-17:15 B会場

絶え間なく変化する地球環境の中で生物は進化し、生物もまた環境に影響を及ぼしている。カルシウムの動きはこれらの変化を探る上で重要な指標となる。このセッションでは海洋化学環境と生物進化の相互作用という地球化学的視点を踏まえた上で、「バイオミネラルの結晶型の制御機構」、「ドメイン シャッフリングや遺伝子重複によって生み出される新しい遺伝子」そして「それを含む遺伝子ネットワークの発現制御機構」の研究からバイオミネラリゼーションの起源と適応進化のメカニズムについて考察する

## 【S13-1】 過去、現在、未来における海洋化学環境と炭酸カルシウム合成生物の進化

栗原晴子 (長崎大学・海セ)

地球の物理的、化学的環境は常にダイナミックに変化し続けており、生物の進化を促して来た。さらに近年は人為活動により地球環境はこれまでに類を見ないスピードで変化しつつある。従って環境と生物の関係を明らかにすることは生物の進化を理解し、将来の地球生態系を予測する上で欠かせない。本発表では過去、現在及び未来における海洋の化学環境の変化が、炭酸カルシウム( $\text{CaCO}_3$ )合成生物に対してどのような影響を与え得るか探る。過去大気 $\text{CO}_2$ 濃度や地殻の変動に伴い、海水のpH,  $[\text{CO}_3^{2-}]$ ,  $[\text{Ca}^{2+}]$ ,  $[\text{Mg}^{2+}]$  は大きく変化してきた。一方近年、人間の活動に伴う大気 $\text{CO}_2$ 濃度の増加に伴い、海水中のpHおよび  $[\text{CO}_3^{2-}]$  は急速に変化しつつある。海水中のpH,  $[\text{CO}_3^{2-}]$  及び  $[\text{Ca}^{2+}]$  は海水中の $\text{CaCO}_3$ 飽和度を決定する。さらに $[\text{Ca}^{2+}] / [\text{Mg}^{2+}]$  比は $\text{CaCO}_3$ のミネラル構造に影響するため、 $\text{CaCO}_3$ 合成生物はこれら因子の変化に大きく影響されると考えられる。本発表では過去先カンブリア紀まで遡り、これら海洋化学環境の変化が実際 $\text{CaCO}_3$ 合成生物の進化にどのような影響を与えてきたかを紹介すると共に、将来予測される海洋化学環境による $\text{CaCO}_3$ 合成生物への影響に関する研究成果を紹介し、進化的、生態学的、地球化学的視点から考察する。

## 【S13-2】 貝殻基質タンパク質に見られるダイナミックな適応進化

○遠藤一佳, 更科功 (筑波大・生命環境)

動物の硬骨格は約5.4億年前の「カンブリア紀の爆発」でほぼ一斉に進化した。硬骨格の系統学的分布から硬骨格は様々な系統で独立に進化したと推察される。このことは近年解明された刺胞、軟体、節足、棘皮、脊索各動物門の硬骨格に含まれる基質タンパク質の一次構造の比較からも支持され、硬骨格の起源の背後にあった適応的要請の強さを覗わせる。また軟体動物の中でも、NacreinやDermatopontinなどの貝殻基質タンパク質において、繰り返し構造の進化や、遺伝子重複とその後の基質タンパク質への機能分化が別々の系統で独立に起きたことがアミノ酸配列の比較や遺伝子の系統解析から推定された。さらに、おそらくCaイオンとの相互作用という機能的制約から、酸性の基質タンパク質が脊椎動物と軟体動物の硬組織の間で収斂進化している。これらのことは、基質タンパク質による硬骨格形成の制御システムがカンブリア紀に「完成されたもの」ではなく、環境変化に応じて臨機応変に適応進化してきたことを強く示唆する。

### 【S13-3】 脊椎動物における硬組織の起源と多様性の進化：ゲノム重複と縦列遺伝子重複

○川崎和彦（ペンシルバニア州立大・人類学）

脊椎動物がもつ最も重要な形質の一つは、石灰化した骨格である。この骨格は絶滅した無顎類の皮膚骨格として進化し、これを形成する各組織は、今日、われわれの歯に受け継がれている。私はこれまでに四肢動物および真骨魚類の歯の石灰化には、SCPP遺伝子族を形成する数多くの遺伝子が重要な役割を果たすことを明らかにしてきた。SCPP遺伝子族は、初期の脊椎動物で起きたことが知られている全ゲノム重複で生じた遺伝子を共通の祖先とし、この祖先遺伝子から縦列重複により生じた。四肢動物と真骨魚類のゲノム上でのSCPP遺伝子群の並び方を比較すると、これらの共通祖先では、骨、象牙質、エナメル様組織、およびエナメル質で用いられるSCPP遺伝子が、この順序でゲノム上に並んでいたことが示唆された。これは、これらの組織がその起源よりSCPP遺伝子を用い、その多様化には、重複により生じた新しいSCPP遺伝子が次々と用いられてきたことを示している。これらの祖先型SCPP遺伝子は、その後の縦列重複により生じた新しい遺伝子に置き換わって行き、今日では系統特異的なSCPP遺伝子が相動的な硬組織の石灰化を調節している。

### 【S13-4】 ゲノムが新しい構造を生み出すロジック：脊椎動物の軟骨進化から

○和田 洋（筑波大・院生命環境）

エボデボのミッションの一つは、遺伝子レベルの進化と表現型の進化を結びつけることにある。多様な形態が共通の遺伝子セットを使った形態形成過程によって作り出されていくことが明らかになって以来、形態の多様性はシスエレメントの進化が大切な役割を果たしたことが共通の理解になりつつある。ただし脊椎動物の軟骨や骨の進化を見ると、遺伝子重複やドメインシャッフリングなどを介した新しい遺伝子が生み出されることが重要な役割を果たしてきたことも明らかになってきた。軟骨の主要な基質の一つアグレカンは、無脊椎動物には全く見られない遺伝子によってコードされている。このようにして創成された遺伝子が基質として利用されるには、これらの遺伝子を秩序立てて発現させる制御機構の進化もなくてはならない。環境の変化に対応する際、選択の対象となる形態的な特徴は、遺伝子の変化によってもたらされなければならない。つまり環境は直接形態に影響を与えることはできず、遺伝子を介してしか表現型に影響を与えることはできない。遺伝子がどのようなストラテジーで新規の形質をもたらしているかをたどることで、環境と遺伝子のもどかしい関係について考えてみたい。

# WS1 オルガネラの進化のダイナミズム

早川 敏之 (大阪大)

8月22日 13:30-15:30 C会場

各種オルガネラは真核生物全てで均一ではなく、それぞれが多様な進化をとげてきている。オルガネラの進化の解明は、真核生物の多様性の理解に欠かせない。本ワークショップでは、ミトコンドリア・色素体・膜輸送系をとりあげ、そのユニークな進化を紹介し、それぞれの進化を引き起こしてきた背景について議論する。

## 【WS01-1】 細胞内共生の終着駅？：貝類寄生虫パーキンサスの色素体

○松崎素道 (東大・院医・生物医化学)

色素体はシアノバクテリアが細胞内共生することで成立し、さらに二次共生によって多様な原生生物へと分布を広げたと考えられている。シアノバクテリアが持っていた遺伝子の大半は進化の過程で細胞核へ移行するか失われたと考えられるが、現在も色素体は独自のゲノムを維持し続けている。しかし近年、色素体を持つ新規生物群の発見が相次いでおり、色素体進化の全容が十分理解されているとは言い難い。二枚貝に寄生するパーキンサス(*Perkinsus marinus*)は、渦鞭毛藻やマラリア原虫などに近縁な無色原生生物である。我々が行ったイソプレノイド生合成に関わるMEP経路遺伝子群を用いた解析から、パーキンサスには二次共生色素体が存在することが示された。しかし蛍光顕微鏡やPCRではこの色素体にDNAを検出することができず、暫定ゲノムデータベース中にも色素体ゲノムの存在を示唆する情報は見あたらない。したがってパーキンサスの色素体は独自のゲノムを完全に失っていると考えられる。細胞核へと遺伝子を吸い尽くされた色素体は、その後どうなる運命なのだろうか？本ワークショップでは最近の知見を紹介しつつ試論を提起したい。

## 【WS01-2】 原虫におけるメンブレントラフィックの多様性

○中野由美子<sup>1</sup>、中野賢太郎<sup>2</sup>、野崎智義<sup>1</sup> (1国立感染研・寄生動物、2筑波大学・院・生命環境・構造生物科学)

メンブレントラフィックとは、真核生物における細胞内の膜を介する輸送系の総称である。ゲノムにコードされるメンブレントラフィックに関与する遺伝子の数は、個体の複雑さと相関する。つまり個体が多細胞化すると、組織特異的、細胞特異的な輸送系が必要になるからである。メンブレントラフィックの機構は専らモデル生物で解明されてきたが、現在、様々な原生生物においてゲノム情報が解読され、モデル生物に限定されない特殊かつ多彩な機構が明らかになってきた。まず、膜融合を調節する低分子量GTPaseであるRabの数をゲノムから検索したところ、単細胞の原生生物ではモデル生物である出芽酵母とほぼ同等の数のRabをコードしていた。そしてRabの細胞内局在を推定したところ、寄生性生物では輸送経路に単純化が起きていることが推測された。一方で貪食能がある原生生物では、ヒトや高等植物よりもはるかに多いRabをコードしていた。これらの原虫ではRabだけでなく、細胞内輸送に関与する遺伝子全体が増幅していた。貪食という膜のダイナミクスを要する現象には、メンブレントラフィック全体の遺伝子の数が増幅する必要であったと考えられる。

**【WS01-3】 赤痢アメーバ原虫のミトコンドリア残存オルガネラmitosomeの特殊性～その機能と役割～**

○見市 文香1、野崎智義2（1群大・医、2国立感染症研究所・寄生動物部）

赤痢アメーバ症は赤痢アメーバ原虫の腸管感染によって起こり世界全人口の1%が罹患する感染症である。赤痢アメーバ原虫は真核生物であるがミトコンドリアを持たない。そのためミトコンドリアの細胞内共生が起こる以前から生存し続けている非常に原始的な真核生物であると考えられてきた。しかしながら赤痢アメーバ原虫ゲノム中に、4種類のミトコンドリアを起源とする遺伝子が同定され、現在は、ミトコンドリアを進化の過程で二次的に欠失したと考えられ、残存オルガネラとしてmitosomeを持つとされている。赤痢アメーバ原虫のmitosomeの主たる機能は不明である。これまで同定された4種類の蛋白質は分子シャペロンやATP/ADP・H<sup>+</sup>輸送体であり、mitosomeの生理的意義を議論することは難しい。今回我々はmitosomeのマーカー分子Cpn60を指標にしてPercollを用いたmitosome精製方法を確立した。得られたmitosome画分の、質量分析によるプロテオーム解析を行った結果、131個のmitosome蛋白質候補を得た。この候補リストには、4種類の既知のmitosome蛋白質および100近いhypothetical proteinが含まれていた。さらに他種生物では細胞質に存在する硫黄代謝系酵素も含まれており、mitosomeの本来の生理的機能を明らかに出来るのでは、と考えている。

**【WS01-4】 ミトコンドリアタンパク質合成系の進化：線形動物を中心に**

○渡邊洋一（東大・院医）

ミトコンドリア(mt)にはゲノムDNAが存在し、その遺伝子発現のためのタンパク質合成系（翻訳系）が存在する。mt翻訳系においては、真核生物の細胞質やプラスチドあるいは原核生物の翻訳系と比べて、mtゲノムにコードされているtRNAが縮小化している場合がある。我々のグループは、tRNAの縮小化とそれに関連する因子に興味を持ち、すべてのtRNAにおいて、縮小化の著しい線形動物を中心に解析を進めてきた。その結果、1) 縮小化したtRNAは残存する領域間の立体的相互作用により、一般的なtRNAと同様の立体構造を維持していること、2) 線形動物は、ミトコンドリア用の翻訳伸長因子EF-Tuを二つ持ち、これらを独自に進化させることによってtRNAの多様な構造変化に対応していることを明らかにしてきた。さらに最近、EF-Tuの遺伝子重複は、線形動物と節足動物の共通祖先にまで遡ることができ、この遺伝子重複がtRNAの構造変化を促している可能性を示唆する結果を得た。これらの結果は、mtゲノムにコードされた機能性RNAと核ゲノムにコードされている因子の共進化の結果、mt翻訳系の機能が維持されていることを示唆している。



# WS2 DNA分類が解き明かす知らされる生物多様性の姿

奥山 雄大（岩手生物工学研究センター）、村上 哲明（首都大）

8月22日 13:30-15:30 E会場

近年盛んになっているDNA配列をもとにした生物分類の試みは、我々の生物多様性への理解に再考を促すような大きな発見のきっかけにもなっている。植物、動物、菌類といった幅広い生物群におけるDNA分類の試みから明らかになった知見とその発見の興奮を研究者間で共有することで、新しい分類学の楽しさと広がりを見直しを再認識する機会としたい。

## 【WS02-1】 被子植物における種概念とDNA分類 ～東アジア産チャルメルソウ属をモデルとして～

○奥山雄大（岩手生物工学研究センター）

塩基配列をもとにした分類の試み(DNA分類)は近年活発になってきているが、被子植物においては適切な方法論が未だ確立していない現状にある。この問題の背景としては、被子植物における種の単系統性や種間交雑の問題、適切なマーカー領域の選択などいくつかの事項が未だに解決されず残されていることが挙げられる。本発表では、東アジア固有の単系統群チャルメルソウ属における網羅的解析から、核リボゾームRNA遺伝子の塩基配列を用いることで種はおおむね不連続な単系統群として認識できること、一方で近年DNAバーコーディングのマーカーとして提案されている葉緑体DNAからは適切な種認識が難しいことを示す。さらに、チャルメルソウ属における43通りの人工交配F1系統の解析から、両親間の遺伝距離から正確にその雑種稔性を予測することが出来るのは核DNAの塩基配列を用いた場合のみであることを示す。本研究は、相互に生殖隔離が存在する種を認識するのに、どのマーカー領域がより有用であるかを比較した類似稀な例だが、より信頼性の高いDNA分類の方法論を確立するためには、類似のデータを様々な系統群で蓄積することが必要不可欠だと言えるだろう。

## 【WS02-2】 シダ植物の配偶体フロラ ～分子同定で見えてきたもう一つの世界～

海老原淳（科博・植物）

シダ植物は、大型の孢子体(2n)世代と微小な配偶体(n)世代が互いに独立に生活が可能であるという生活環上の特徴によって定義される植物群である。陸上植物のうち、コケ植物と種子植物では、いずれも小型の世代は大型の世代に寄生しており、単独で生活ができない。ところがシダ植物では小型の配偶体は、大型の孢子体から独立して生活が可能である。一般に、植物の分布は大型の世代を指標にして議論され、シダ植物でも「分布」＝“孢子体の分布”を指すのが普通である。しかし、孢子体の分布から遠く離れた地点に、配偶体の“分布”が存在しても不思議はない。シダ植物の配偶体を形態のみで種レベルまで同定するのは困難なため、分子同定はきわめて有効な手法と考えられる。実際に野外の配偶体集団を対象に、葉緑体*rbcL*遺伝子を用いた分子同定を行ったところ、孢子体と同所的に生育していない配偶体が存在するという結果が、特に寿命の長いリボン状配偶体で得られた。孢子体と配偶体の分布の差異の程度は様々であるが、最寄りの孢子体産地から100km以上離れて生育する配偶体も見出された。

**【WS02-3】 菌根性キノコ類オニグチ属における隠蔽種の識別と宿主特異性の解析～DNA情報を用いて～**

○佐藤博俊（首都大・院理工）

植物と相利共生する菌類（キノコ類）である外生菌根菌では、1）隠蔽種、すなわち形態的な差異は見られないが互いに生殖的に隔離されている種が多く種の識別が困難であること、2）地上部の子実体（キノコ）の観察からはどの植物種と共生しているかが分からないことから、従来の外生菌根菌の宿主植物に対する特異性を調べた研究は必ずしも洗練されたものではなかった。本研究では、外生菌根菌オニグチ属菌の子実体のDNA塩基配列情報を活用することでその隠蔽種を識別するとともに、菌糸と植物根の融合体である菌根のDNA塩基配列情報を調べることで宿主樹種を同定を行った。これらの情報に基づいて、オニグチ属菌の宿主特異性について調べた。同所的に複数の外生菌根性樹種が共存する京都吉田山集団において、オニグチ属菌の種間で宿主樹種構成について違いが見られるかについて検討したところ、オニグチ属菌はブナ科樹種に特異性をもつ種と、アカマツに対して選好性をもつ種の二つに分けられることが示された。本研究のDNA解析から、これまで宿主特異性はかなり低いとされてきたオニグチ属菌は実際には宿主樹種を選択していることが明らかになった。

**【WS02-4】 好蟻性昆虫の形態進化の可塑性と寄主への適応**

丸山宗利（九大博）

生活史の一部あるいはすべてをアリの社会に依存する昆虫、ひらたく言えばアリと共生する昆虫を好蟻性昆虫という。アリの種多様性と生物量の大きさは古くから注目を集めてきたが、そのアリに依存する好蟻性昆虫の存在が注目を集めることは少なかった。近年、演者らの調査により、好蟻性昆虫の多くが強い寄主特異性を持ち、アリの種数の多い温帯域から熱帯域ではきわめて高い種多様性を持つことが明らかになりつつある。本講演では、ハネカクシ科甲虫、アリヅカコオロギ、社会寄生性アリ等を題材とし、形態学的研究、分子系統学的研究の結果から、好蟻性昆虫の種多様性の実態について報告するとともに、形態進化、形態の可塑性、寄主への形態的、化学的適応について考察する。また、そのような研究が、ときに副産物として、分類体系の構築へ寄与する例を紹介する。ハネカクシ科の好蟻性種では形態的な特殊化が著しく、形態形質による系統解析結果と、分子系統に基づくより信頼性の高い結果が大きく異なる場合が少なくなく、分類体系の大きな変更が必要な分類群が多い。

**【WS02-5】 真洞窟性陸貝ホラアナゴマオカチグサの驚くべき多様性**

○亀田勇一1、福田宏2、加藤真1（1京大・院人環、2岡山大・農）

陸貝の分類を行うにあたり、伝統的に重視されてきたのは殻の形態である。そのため特徴的な殻形態を持つグループでは過剰に種が細分化される傾向にあるのに対し、そうでないものでは殆ど分類が進んでいないケースも少なくなく、近年のDNAや軟体部の形態を併せた解析から、種の分け方には著しい偏りがあることが明らかになってきている。本発表では、真洞窟性陸貝であるホラアナゴマオカチグサにおけるDNA塩基配列の解析を通じて、後者のケースに相当する陸貝の分類においてもDNAの解析が非常に有用であることを示す。ホラアナゴマオカチグサはカワザンショウ科に属する微小な巻貝で、東北から八重山にかけての多くの石灰洞窟に生息している。しかし採集が容易ではない上、形態的特徴に乏しいためこれまで分類学的な検討は殆ど行われてこなかった。発表者らは全国の20以上の洞窟から本種を採集し、ミトコンドリアと核のDNA塩基配列を解析した。その結果、殆どの個体群間において、それぞれが別種といえるレベルの遺伝的分化が生じていることが明らかになった。本発表ではこの結果を踏まえ、本種群の多様性をどのように認識し直すべきかを包括的に考察する。

# WS3 個体群動態と行動生態の相互作用がもたらす適応進化

中桐 齊之 (兵庫県立大)、向坂 幸雄 (茨城県立医療大)

8月22日 15:40-17:40 C会場

個体の行動は個体群のダイナミクスに多大な影響を及ぼしています。また個体群の構成により個体の行動の最適性は変化します。適応進化のプロセスはこの様な行動と個体群ダイナミクスとの相互作用に大きく依存していると考えられます。この相互作用に着目して個体群動態及び適応進化の実態を追究している方々からオリジナルの話題を提供していただきます。

## 【WS03-1】 なぜみんなが働かないのか？ -アリの社会における無駄の意味-

○長谷川英祐、石井康規 (北大・院農)

社会性昆虫はコロニーを単位に生活しており、複数の仕事をワーカー間で分け合う「分業」をおこなう。また、コロニー内の労働生産性を高めるように進化が起きている。コロニーの生産性はすべてのワーカーが常に労働する事で最大化されるが、実際にはほとんど働かないワーカーが存在する。シワクシケアリでは、約20%のワーカーが労働行動の頻度10%以下でほとんど働かない。また、働かない個体のみでコロニーを作ると一部が働くようになり、逆によく働く個体のみでコロニーを作ると一部が働かなくなった。これらの観察結果は、労働刺激に対する反応性に個体間変異が存在するという「反応閾値モデル」の予測と一致した。しかし、コロニー生産性の最大化が選択されているにもかかわらず、なぜ「働かない個体がつねに存在する」というシステムが採用されているのだろうか？この疑問に答えるため、反応閾値の分布パターンとコロニーの生産性の関係をシミュレーションにより解析した。その結果、「働かないハタラクアリ」という無駄には進化的な意義があると考えられたので、それについて報告し議論したい。

## 【WS03-2】 配偶子の行動と異型性の進化

○富樫辰也、宮崎龍雄 (千葉大学海洋バイオシステム研究センター)

雌雄の配偶子のサイズ異型性は、動物・植物を問わず、広く多くの生物群に見られる。ダーウィンが述べたように、このことは、大型で少数しか生産することができない雌性配偶子をめぐって小型で多数生産される雄性配偶子間の競争を生み出し、性淘汰によって生物の行動的もしくは形態的な性的二型を進化させる究極的な原因となっている。配偶子が同型から異型へと進化したメカニズムに関する理論的枠組みはこれまでにいくつか提案されているが、実在の生物を対象にそれを検証した研究は限定的なものに留まっている。その理由のひとつは、多くの生物で卵配偶をはじめとする極端な異型配偶がすでに進化してしまっていることが挙げられよう。これに対して、本研究では、同型から極端な異型までさまざまな配偶システムを現生種の中に見ることのできる海産緑藻を対象にすることによってこれを可能にした。その結果、同型から異型に進化する過程で、配偶子のサイズのみならず行動にも分化が起きることが明らかになった。したがって、本発表では、運動を伴う配偶子の接合子形成過程に着目して進化モデルを構築し、特に、mating typeが進化する以前の配偶子サイズの進化について議論したい。

### 【WS03-3】 同時雌雄同体の種間対称な交尾前隔離と種間非対称な交尾中隔離

○浅見崇比呂1、Amporn Wiwegweaw1、杉 緑1、関 啓一2 (1信州大・理、2東邦大・理)

生殖隔離が不完全な場合、種間のメスとオスの組み合わせしだいで、種間交雑の成功率が大きく変わることが多い。受精前に生じるなら、それは、自他種の識別力が種間で異なるか、または同種のメスとオスの間で自他種の識別力が異なるからだ。この種間で非対称な受精前隔離は、同時雌雄同体の動物でも進化するだろうか。雌雄二役の正逆交尾を同時に行いながら精子を交換する動物では、もし交尾前隔離が非対称なら、同時かつ正逆の行為を進行できないから、求愛・交尾そのものが成立しない。ゆえに、その非対称性は検出できないだろう。もし検出できるとしたら、種間で対称に正逆交尾が同時に物理的に成立した後で、かつ終了（精子の授受）前に種間で非対称な雌雄の相互作用が生じる場合である。ゆえに、種間で非対称な隔離が同時雌雄同体で検出できるとしたら、いわゆる隠蔽隔離の刹那にかぎられる。だからだろう、ほとんど実例がない。とすれば、それはまれだからではなく、見逃してきただけであることになる。本講演では、分子系統地理解析で推定した浸透交雑の頻度や方向性が、種間非対称な生殖隔離の現実とは正反対の誤ちである実例を紹介し、その原因を追究する。

### 【WS03-4】 雄と雌の出会いから見た進化

○吉村 仁（静大・院創造）

オス・メスの出会いは、生物の生活史の進化でも重要である。それは、オスメスの出会いが制限されたときに絶滅するというアリー効果をもたらすからである。これは、有限個体群の問題で、個体数を直接考える必要がある。ところが、従来の進化生態学で用いられた適応度の概念は、個体数を直接考えることが難しく、しばしば、この問題を見過ごしてきた。ここでは、2-3の事例を挙げて、オスメスの出会いの問題がもたらす進化問題を話す。まず、オスのメス探索行動における進化の事例で、昆虫の山頂集中行動について紹介する。そして、性比の最適性が、なぜ2分の1近傍になるか、出会いの問題から論じる。最後に、島における動物の交尾行動の進化など、生物における出会いの問題の重要性を論じたい。

### 【WS03-5】 絶滅するESS性比

○小林和也（北大・農・動物生態）

自然選択による進化の結果、多くの場合に集団サイズは増加するが、時には集団を絶滅に追い込む事もある。今回、生存率や産子数が少ないときには1:1性比が必ずしも集団全体に広まらない事を発見したので報告する。雄の数は次世代の個体数に影響を与えないが、雌の数は集団の増殖率に直結しているため、性比が雌に偏る時には集団の増殖率が相対的に増加する。強い選択圧を受けている集団で増殖率を担保するためには、雌に偏った性比(ここではFRSと呼ぶ)が集団の存続に必要とされる。しかし、そのような条件下でも1:1のESS性比は適応度が他の戦略より高いため、性比が偏った集団に侵入可能である。その結果、ESS性比が侵入し、かつ強い選択圧をうけている集団では増殖率が減少し絶滅してしまう。ESSは集団内の競争では必ず勝つが、増殖率が低いために集団が存在しない空きパッチに侵入するfounderにはなれない。一方、FRSならば空きパッチに侵入し増殖することが可能である。シミュレーションの結果、この2つの戦略が共存可能なパラメータ領域が存在し、その時集団全体での平均性比は雌に偏っていることが分かった。

## WS4 ゲノム・トランスクリプトーム情報から 植物の進化に迫る

伊藤 剛 (農業生物資源研究所)、花田 耕介 (理研)、長谷部 光泰 (基生研)  
8月22日 15:40-17:40 E会場

次世代型シーケンサーの登場に代表されるように、過去には考えられなかった超大規模解析が実現し、植物においても極めて多様な種でゲノムやトランスクリプトームの情報が爆発的に増加した。これらを利用した比較解析からどのような植物進化像が得られているのか、第一線の研究者達の講演を通してその研究の最前線に迫る。

### 【WS04-1】 マメ科植物の比較ゲノム解析

○佐藤 修正, 中村 保一, 金子 貴一, 浅水 恵理香, 加藤 友彦, 田畑 哲之 (かずさDNA研究所)

我々は、共生系のメカニズムやマメ科植物の多様性・有用性を解明するための基盤整備を目的として、マメ科のモデル植物ミヤコグサ(*Lotus japonicus*)のゲノム構造解析プロジェクトを進めている。

これまでに、2189のゲノムクローンを解析することにより192Mbpのゲノム配列情報が得られており、併用しているwhole genome shotgun 法で得られた情報と合わせて、ミヤコグサESTの9割をカバーするゲノム配列情報が蓄積されている。これらの配列情報を基に遺伝子予測を行った結果、31000の遺伝子領域が予測され、シロイヌナズナに比べて微生物との相互作用に関わる受容体キナーゼファミリーなどで遺伝子数の増加が認められた。また、蓄積したミヤコグサのゲノム情報を利用して進めているマメ科植物の比較ゲノム解析では、ゲノム配列解析が進行しているタルウマゴヤシ(*Medicago truncatula*)や、ダイズ(*Glycine max*)との間に、高いレベルのシンテニーが検出されている。本講演では、ミヤコグサのゲノム構造、遺伝子構成の特徴を紹介するとともに、マメ科植物の比較ゲノム解析の状況を紹介します。

### 【WS04-2】 次世代シーケンサーによるイネゲノム解読とSNP検出

○長崎 英樹、中嶋 舞子、堀 清純、江花 薫子、矢野 昌裕 ((独) 農業生物資源研究所 QTLゲノム育種研究センター)

次世代シーケンサーが開発され、大量の配列データを安価に解析できるようになった。演者らは、これまで遺伝的に近縁であるため、ゲノム上にDNAマーカー作成が容易ではなかった日本型イネ品種間のゲノム塩基配列多型を検出するために、日本の品種コシヒカリのゲノム配列をゲノムアナライザー(illumina社)で解析し、公開されている日本晴のゲノム配列と比較した。解析した58億塩基のコシヒカリリード配列(33bp)を日本晴ゲノムの相同領域に位置づけた。位置づけられたコシヒカリの配列は日本晴ゲノムの約80%に対応した。さらに、5回以上解析され、かつすべて同じ変異を示した配列を一塩基多型(SNP)として認定したところ、67000のSNPsを検出することができた。これらのSNPsは12種類の染色体上に散在するものの、その分布には偏りが認められた。この偏りは、日本晴とコシヒカリのゲノム配列の類似性を反映したものと考えられ、SNPが検出されにくい領域は、同じゲノム断片を保持していると推定した。検出されたSNPsは、SNP検出アレイに活用することで、日本のイネ品種が有する有用形質の遺伝解析に貢献すると期待される。

#### 【WS04-3】 タイリングアレイを用いた環境ストレス応答に関するトランスクリプトーム解析

○関原明1,2、松井章浩1、石田順子1、諸澤妙子1、金鍾明1、栗原志夫1、岡本昌憲1、中南健太郎1、藤泰子1、川嶋真貴子1、田中真帆1、神沼英里3、遠藤高帆3、望月芳樹3、小林 紀郎3、花田耕介4、豊田哲郎3、篠崎一雄4 (1理研PSC・植物ゲノム発現研究チーム、2 横浜市立大・木原生物学研・植物ゲノム発現制御システム、3理研・生命情報基盤研究部門、4理研PSC・機能開発研究グループ)

植物は移動の自由がないため、乾燥、低温、塩などのストレスに対する独自の適応機構を備えている。これまでにDNAアレイ法などを用いて乾燥、低温、塩などのストレスに対して応答する植物遺伝子が多数単離され、それらの機能が同定されつつある。しかしながら、non-coding RNAのストレス応答における役割に関しては多くの点が不明なままである。

シロイヌナズナタイリングアレイを用いて、乾燥、低温、塩などのストレスやABA処理したサンプルを用いて解析したところ、応答性の新規な転写産物やアンチセンスRNAが多数存在することが明らかになった。新規な転写単位の大半は既知のタンパク質をコードしないものであり、80%以上はAGIコード遺伝子の反対鎖に存在していた。AGIコード遺伝子と新規な転写単位からなるセンス・アンチセンス転写産物ペアにおいて、センス鎖とアンチセンス鎖転写産物のストレス応答性に高い相関性が観察された。ストレス応答性のアンチセンスRNAの生成メカニズムについて研究を進め、あるストレス応答性遺伝子において、センス鎖の転写産物の発現がアンチセンス鎖転写産物の発現に必要な事を明らかにした。

#### 【WS04-4】 体細胞から幹細胞への分化転換における動物と植物の違い

○倉田 哲也1、西山 智明1,2、長谷部 光泰1,3,4 (1 JST・ERATO、2 金沢大・学際・ゲノム機能、3 基生研・生物進化、4 総研大)

分化した体細胞を初期化(リプログラミング)して幹細胞へと分化転換させることは動物、植物の両方で可能である。しかしながら、ほとんどの動物細胞では初期化に核移植、細胞融合や複数の転写因子の導入が必要であるのに対して、植物では複雑な操作をすることなく植物ホルモン処理や、組織の切り出しのみで容易に分化転換させることができる。そこで、私たちは、ヒメツリガネゴケ体細胞の幹細胞への分化転換過程をモデルに、植物が何故このように高い分化転換能をもつのかの解明を目指している。

ヒメツリガネゴケの茎葉体を構成している体細胞は植物体の切断後、明条件下で容易に幹細胞へと分化転換する。現在、この過程に関与する遺伝子を同定するためのトランスクリプトーム解析をマイクロアレイと次世代シーケンサーSOLiDを用いて行っている。マイクロアレイ解析で発現上昇する遺伝子を183個選抜し、順次、過剰発現株を作製し、分化転換促進因子の候補を同定した。また、クロマチン免疫沈降産物のシーケンシングによるプロファイリング技術を確認し分化転換過程におけるクロマチンの動態解析をヒストン修飾に着目し行っている。

#### 【WS04-5】 シロイヌナズナ重複遺伝子が持つ冗長性機能とその役割

○花田耕介、篠崎一雄（理化学研究所 植物科学研究センター）

重複直後の遺伝子対が保有する冗長性機能は、生物にとって有益でないと考えられるため、どちらか一方の重複遺伝子が、進化の過程で早期に消失すると考えられている。しかし、生体内で遺伝子機能がうまく働かなくなるエラーが頻繁にあるとすると、重複遺伝子の相補性機能が生物に有利に働く可能性も挙げられる。そこで、本研究ではシロイヌナズナの遺伝子を網羅的に欠損させた表現型を調べ、重複遺伝子が示す相補性の進化的役割を検討した。その結果、一つの遺伝子を欠損させたことにより表現型を示す遺伝子は、その表現型が重篤であるほど、古くに遺伝子重複が起きている一方で、複数のパラログスな遺伝子を欠損させたことにより表現型を示す遺伝子は、その表現型が重篤であるほど、最近に遺伝子重複が起きていることを明らかにした。この結果は、重篤な表現型に関係する遺伝子は、頻繁に重複を起こす一方で、重複後も長期にわたってその相補的な機能を保存する傾向があることを示唆していた。しかし、遺伝子機能が消失したときに有効だと考えられる相補的機構は重複遺伝子だけでなく、遺伝子ネットワークによって全く関係のない遺伝子産物による相補機能があることが知られている。そこで、我々は代謝ネットワークに着目し、迂回路が数多くある重要な代謝産物と迂回路が少ないが比較的重要ではない代謝産物に関する遺伝子を同定し、二つの異なる代謝産物間で、遺伝子重複による相補機能を検討した。その結果、迂回路が数多くある代謝産物には、重要な代謝産物でも重複遺伝子による相補機能が認められなかった。一方で、迂回路が少ないと考えられる代謝産物には、比較的重要ではないにも関わらず重複遺伝子による相補機能が認められた。これらの結果は、遺伝重複は迂回路が少ない重篤な表現型の相補性に重要な役割を果たしていることを示唆していた。

#### 【WS04-6】 ゲノムデータに基づくオルガネラ移行シグナル配列の獲得過程の予測

○堀孝一、関根靖彦（立教大学・理）

オルガネラゲノムDNAにコードされる遺伝子は80~200種類と非常に少ない。オルガネラで働くタンパク質の多くは核ゲノムにコードされており、翻訳後に移行シグナル配列によってオルガネラへ輸送される。このような核コード遺伝子はオルガネラで機能するために移行シグナル配列を獲得したと考えられるが、その獲得過程の全体像はいまだ明らかではない。

我々は種々の生物ゲノムの配列解析から、その獲得過程の予測を試みた。まず、「生物のゲノム中にはオルガネラへの移行シグナルとなり得る配列が潜在的にコードされている」という仮説をたてた。種々のゲノム配列から、細胞内局在の予測プログラムによる潜在的オルガネラ移行シグナルの探索と実験的な実証を行った結果、上記の仮説を支持する結果が得られた。潜在的な移行シグナルが利用されるためには、移行シグナルの下流に遺伝子が転移し、融合タンパク質として翻訳される必要がある。このような過程を想定した上で、原核生物と真核生物のタンパク質配列の比較を行った。その結果に基づき、「原核生物と真核生物では翻訳開始機構が異なることが、潜在的な移行シグナルの利用につながった」という仮説を提唱する。

# WS5 ゲノム解析から見える自然選択

鈴木 善幸 (遺伝研)

8月23日 9:00-11:30 A会場

さまざまな生物種についてゲノムが解読され、アノテーションがなされていくにしたがい、ほぼ完全な遺伝子セットを用いた、遺伝子数の進化研究ができるようになった。また、ある生物学的現象に關与する候補遺伝子を網羅的に同定することが可能となり、その進化解析もできるようになった。さらに、非コード領域の大部分が転写されていることも明らかにされ、機能性RNAの発見とともに、その進化的意義が研究されるようになってきている。本ワークショップにおいては、このようなゲノム解析を基盤とした新たな分子進化学研究について、最新の知見と今後の展望を議論する。

## 【WS05-1】 False-positive results obtained from the branch-site test of positive selection

○鈴木善幸 (遺伝研・生命情報DDBJ)

The branch-site test has been developed for detecting positive selection. Here the performance of the test was examined by computer simulation. False-positive rate inflated when assumptions were violated. False-positive results were obtained with correction for multiple testing. Existence of a site with multiple nonsynonymous substitutions caused false-positive results. In the analysis of humans, chimpanzees, and macaques, most of positively selected genes contained such a site, suggesting that a significant fraction of these genes are false-positives.

## 【WS05-2】 負の選択圧を受けている新規の小さい遺伝子の機能探索

○花田耕介、篠崎一雄 (理化学研究所 植物科学研究センター)

様々な真核生物ゲノムにおいて、遺伝子が存在しないとされている領域で、poly (A) を持つmRNA様転写物の発現が大量に報告されている。ゲノムが決定されているシロイヌナズナにおいては、遺伝子の多くが既に同定されていると考えられているため、これらの未知のmRNA様転写産物の多くは、蛋白に翻訳されないnon-coding遺伝子が由来であると一般的に考えられている。しかし、短い蛋白をコードする遺伝子の同定を怠ってきた歴史的背景があるため、これらのmRNA様転写産物の多くが未同定の短い遺伝子が由来である可能性は否定できない。特に植物においては、短いペプチドをコードする遺伝子が植物の発生や形態に重要な役割を担っていることが明らかされてきているため、植物ゲノムに存在する短い遺伝子を新たに探索することが要求されている背景があった。そこで、本研究者は、未同定の100アミノ酸残基以内の遺伝子をシロイヌナズナゲノムで遺伝子とされていない領域で探索し、負の選択圧を受けている約2000個の短い遺伝子を新規に同定した。これらの短い遺伝子が、ゲノム全体の転写を調べることができるタイリングアレイを通じて、様々なストレス条件下や植物組織の発現を調べている。この発現パターンから、生理活性に重要な働きがあると予想される同定された遺伝子について簡単に紹介する。



### 【WS05-3】 ヒト系統におけるシアル酸関連分子の進化

早川敏之（阪大・微研）

シアル酸は、細胞膜表面の糖鎖の末端にある酸性単糖であり、このシアル酸に関わるシアル酸関連分子には、シアル酸の変換、生合成、転移、分解、再利用をおこなう酵素群や、シアル酸を認識し細胞内シグナル伝達をおこなう受容体が含まれる。シアル酸関連分子は、ヒトにおいて55種類以上同定されており、細胞間認識機構や宿主-病原体相互作用に携わることで、神経活動、発生、分化、免疫といった幅広い生命現象において重要な役割を果たしている。われわれはこれまで、シアル酸受容体をはじめとする複数のシアル酸関連分子において、ゲノム配列、発現、機能のヒト特異的な変化を検出してきている。このように、多くのヒト特異的な変化がシアル酸関連分子群にみられることは、シアル酸に関わる生命現象が、自然選択のもとヒト系統で独自の進化を遂げてきていることを示唆している。本講演では、これまでに見つかったシアル酸関連分子のヒト特異的な変化を紹介し、シアル酸の関わる生命現象のヒト独自化とそのヒト進化での役割について考察する。

### 【WS05-4】 ゲノム解析から見える自然選択は本当か？

田村浩一郎（首都大・院理工）

DNA塩基配列データから同義・非同義塩基置換率を推定し、その比較によって正の自然選択を検出する方法は一般によく用いられ、 $d_N/d_S$ テスト」と呼ばれる。しかし、この方法は、(1)同義置換率は中立突然変異率に等しい、(2)中立突然変異率は全ての塩基座で等しい、の少なくとも2つの仮定の上に成り立っている。近年、この2つの仮定は必ずしも成り立たないことが明らかになってきた。例えば、同義コドンの使用頻度が負の自然選択の対象となり、結果として同義置換率が中立突然変異率より低くなる場合や、CpG二塩基座においてシトシン塩基がメチル化されると脱アミノ化の修復がなされず、結果として他の塩基座よりも高い突然変異率を示す場合などである。このような場合、それらを考慮することなく  $d_N/d_S$  テストを行うと間違った結論に至る可能性がある。本講演では、 $d_N/d_S$  テストが誤った結論を導く場合の具体例を示し、 $d_N/d_S$  テストを適切に行うためのデータ解析法について議論したい。

### 【WS05-5】 嗅覚受容体遺伝子ファミリーの進化：自然選択とゲノム浮動

野澤昌文（ペンシルバニア州立大・分子進化遺伝学研究所）

嗅覚受容体（Olfactory Receptor: OR）遺伝子ファミリーは脊椎動物最大の遺伝子ファミリーであり、環境中の匂い物質の認識に関わっているため、外部環境と遺伝子ファミリーの進化の関係を調べる格好の研究対象である。これまでの研究から、OR遺伝子の数は四足動物（陸上脊椎動物）の進化過程で著しく増加したことが分かっており、これは陸上生活への適応進化の結果であると考えられている。しかしながら、例えばイヌは非常に発達した嗅覚を持つにもかかわらず、他の哺乳類と比べてそれほど多くのOR遺伝子を持たない。このことは、環境の要求性と遺伝子数が必ずしも対応していないことを意味している。そこで、OR遺伝子数進化における自然選択とゲノム浮動（ランダムな遺伝子数変動）の役割を明らかにするため、様々なゲノム配列データ及びゲノム構造変異データを用いて進化的解析を行なった。本発表では、これらの解析結果とそこから推測されるOR遺伝子数進化の要因について紹介したい。

## 【WS05-6】 霊長類における精子競争とY染色体の進化

後藤大輝（ペンシルバニア州立大学 比較ゲノム・バイオインフォマティクスセンター）

哺乳類のY染色体はX染色体と相同染色体であったが、オスの性決定に関わる遺伝子を多く持つようになるにしたがい、Xとの間での組み換えが抑制され独自に進化を遂げた。その結果、Y染色体のサイズは小さくなり、多くの遺伝子を失った。これまでに、Y染色体の進化に関するいくつかのモデルが提唱されているが、未だ結論に至っていない。そこで本研究では、霊長類におけるY染色体の進化機構を解明するため、新たにゴリラのY染色体の塩基配列を決定し、これまでに報告されているヒトとチンパンジーのY染色体との比較解析を行った。さらに、Y染色体上には精子形成に関わる重要な遺伝子が多く存在することから、メスの乱婚による精子競争がY染色体の進化に影響を与えるという仮説を提唱し、これら3種の乱婚の度合いとY染色体の進化について考察する。

# WS6 動物のデザインの進化をめぐる 多元的ダイナミクス

鈴木 誉保 (理研)、三浦 徹 (北海道大)

8月23日 9:00-11:30 B会場

動物の体のデザイン（形態）を領域横断的に理解する試みが始まりつつある。本シンポジウムでは、『形態進化』を軸として、集団遺伝・生態・進化発生・比較形態・数理生物学などの様々な立場から、興味深い生物現象を対象に研究を行っている若手の研究者を中心に話題を提供してもらい、今後にもむべき進化研究の方向性への足がかりを提案したい。

## 【WS06-1】 発生の可塑性は、進化可能性となりうるか？

○三浦徹 (北大・地球環境)

昨今のエボデボ研究により、いかなるゲノム上の違いが生物の多様性をもたらすのか、詳しく解析されつつある。これまでの見解では、突然変異により生じた遺伝的変異が集団中に広がることで、表現型進化は起こるとされる。一方、表現型可塑性が表現型進化を促進したのではないか、という議論も古くからなされている。世代を超えずとも環境変化に対応して可塑的に表現型を変えること

(phenotypic accommodation) が表現型進化を促進するという説である。この過程では、「環境に対して表現型を変化させる発生過程」に遺伝的変異があり、「可塑性の遺伝的変異」に選択がかかることで (genetic accommodation)、滑らかに表現型進化が起こるというシナリオである。私はこれまで、いくつかの節足動物種を用いて、表現型多型の発生機構に関する研究を行ってきた。これらの動物は、変動するヘテロな環境の中で、alternativeな適応形質を巧みに切り替えている。本講演ではこれまでの研究の概要を振り返るとともに、「可塑性の進化可能性」を解明するには、今後どのような研究を行っていくべきかを考えてみたい。

## 【WS06-2】 ショウジョウバエ模様の種内多型について

○高橋文 (遺伝研・集団遺伝)

ショウジョウバエには他の昆虫と同様種間で様々な模様の違いがあり、モデル生物であるキイロショウジョウバエの種内においても胸部三叉の色素沈着パターンの多型が存在する。またこの表現型の多型は、非ランダムな同類交配に関与していることを示唆する報告もあることから、模様の進化と交尾相手選好性の変化による生殖的隔離との関係を調べる上でよいシステムであると考えた。まずはその遺伝的基盤を調べるため、三叉のパターンが顕著な系統とパターンが見られない系統間の組み換え体を用いた遺伝子マッピングを行ったところ原因遺伝子として *ebony* が同定された。この遺伝子は、メラニン代謝系の酵素であるとともに神経系での発現も見られる多面発現性の遺伝子である点が興味深い。次に、この表現型の集団内多型が観察される西表の集団についてこの遺伝子領域の塩基配列を比較した結果、遺伝子上流領域の一部と表現型変異の間に強い相関が見られることがわかった。この領域についてエンハンサー活性の有無を調べる実験を進めている。またこの領域は種内変異量の高い領域であり、その塩基配列情報からその進化的特長について議論したい。

**【WS06-3】 シクリッドの進化発生学：適応進化した東アフリカ湖産シクリッドの形態進化を調べるための発生的基盤**

○藤村衡至、岡田典弘（東工大・院生命理工）

アフリカ三大湖（ヴィクトリア湖・マラウィ湖・タンガニカ湖）に生息するカワスズメ科魚類（シクリッド）は、爆発的な適応放散を遂げたことで知られている。その適応過程で、採餌器官である顎部形態はさまざまな食性に適応して進化したと考えられている。その顎部形態の多様化を引き起こした分子機構を明らかにすることを最終目標とし、我々はシクリッドの顎部形態がどのように形成されるのかという包括的な発生的基盤情報を収集した。サンプル確保が容易な河川種であるナイルティラピア *Oreochromis niloticus* を用いて発生段階を記述し、それに即して骨格形成を記述した。また、下顎骨を例に、成長における形態変化を解析した。これらに基づいて、今後シクリッドの進化発生学をいかに発展させることができるかについて議論できればと考えている。

**【WS06-4】 数理モデルで繋ぐ形態とネットワーク：節足動物の体節形成の進化**

○藤本仰一（JST・複雑系生命）

多様かつ複雑な生き物の形態は、遺伝子ネットワークによりデザインされる。分子遺伝学的解析の進展に加えて、(1)どんなネットワーク構造に着目すべきか、(2)その構造は形態形成にどんな機能を生み出し、さらに、(3)進化にどんな影響を与えるかについて、遺伝子種や生物種を超えた視点が必要である。節足動物の胚発生では、遺伝子発現のストライプ状空間パターンが前後軸方向に現れて体節形成を導く。2通りの形成様式(長/短胚型)が知られ、調節遺伝子の相同性よりネットワーク構造が違いの要因と考えられる。我々は、転写因子のネットワークが空間パターン形成する過程を反応拡散方程式でモデル化し、約千のネットワークを計算機上で進化させた結果、ネットワーク構造とパターン形成様式を対応づけた。長/短胚型に特徴的なパターン形成を示すネットワークには、それぞれ feed-forward / feed-back loop という部品が必須であった。この部品の機能の数理的理解に基づき、現実の遺伝子発現パターンとその欠損変異体からその遺伝子周縁のネットワーク構造が、さらに、各発生過程に付随する拘束と進化に適した淘汰圧が推定できる。

**【WS06-5】 拘束と変形が生み出す形態デザイン：隠蔽擬態した蛾の枯葉模様の進化**

○鈴木誉保、倉谷滋（理研・CDB）

動物がもつデザインは、環境に適応するために巧妙な設計を獲得している。つまり、形態デザインは、生態的な適応戦略性を満たす必要がある。一方で、動物の形態は、複数の種にわたって見られる‘同じ’形態要素の集合体系である相同性により支配され、許されるデザインとそうでないデザインが存在していることが知られている。つまり、形態デザインは、歴史的な拘束性を満たす必要がある。果たして、形態デザインは、合理的な設計が達成されているのであろうか。あるいは、妥協の産物なのであろうか。今回、我々は、形態測定法 (morphometrics) を用いて定量的な解析を行い、蛾の枯葉模様がどのように統合されているか (形態の統合: Morphological Integration) について調べた。六甲山系にて採集した後、アカエグリバ (*Oraesia excavata*) の実験室内飼育を確立した。アカエグリバの前翅は、主脈や側脈を含む葉脈を詳細に摸した枯葉模様を呈していた。一方、その枯葉模様には種間で保存された模様要素が同定され、相同な仕組みの支配下にあると考えられた。枯葉を形成している模様要素では、互いに密にかつ大きな相関を示し合う模様要素群が同定され、モジュール構造を形成していることがわかった。このモジュール構造はそれぞれ枯葉模様の主脈と2つの側脈に相当しており、機能的なモジュールを形成していた。さらに、こうしたモジュール構造は、進化的に保存された関係を利用しているだけでなく、進化的には保存されていない新規の相関関係を作り出したり (integration)、あるいは既にある相関関係を解消したり (percellation) することで作り出されていることがわかった。これらは、形態要素間の関係やその配置について可変性 (flexibility) に富む一方で、形態要素のアイデンティティには強い拘束の存在を示唆している。形態要素がもつ性質ごとに異なる拘束の強さが、適応的な進化の促進に貢献しているのかもしれない。

# WS7 哲学はなぜ進化学の問題になるのか（パート3）： 哲学的観点からみた進化生物学の諸問題

森元 良太（慶応大）

8月23日 9:00-11:30 C会場

生物学の哲学関連のワークショップも今年で3回目となる。生物学の哲学は、現代哲学のなかで最も活気に満ちた分野のひとつである。哲学は、生物学から多くの知見を獲得するとともに、生物学に様々な疑問を投げかける。本ワークショップでは、種問題、文化進化、進化心理学、道徳性をテーマに哲学的観点から議論する。

## 【WS07-1】 【種】に楯突けば角が立つ：種問題の光と闇

○三中信宏（農業環境技術研究所／東大・院・農学生命科学）

Ernst Mayr の生物学的種概念の提唱以来すでに70年が経とうというのに、「種 (species)」をめぐる論争はいまだに終わりが見えない。「種」が生物学的な実体であるかどうかは生物学者にとって重要な問題とみなされている。他方、その「種」が形而上学的にどのような存在であり得るのかという論議は生物学哲学者にとっても関心がある。生物・非生物を問わず対象物の認知カテゴリー化はヒトが生きていく上で切実な問題であるから、「種問題」もまた体系学や進化学よりももっと広い視野のもとに論議されるべきだろう。それは生物学哲学よりもさらに裾野の広がる問題に連なるからである。データが足りないからであるというのは苦しい弁明にすぎない。もっとはっきりと「種問題」は生物学者だけで解決できる問題ではないと認めることが先決ではないか。たとえ“分類学者”ならずとも、われわれは誰もが“分類者”であり、だからこそ「種問題」は解かれることのないまま一生ついてまわる宿命と覚悟しよう。そのとき、たとえ「種」がなくとも、「いかにして種問題とともにずっと生きていくか？」をじっくり考える必要があるにちがいない。

## 【WS07-2】 知識としての進化学

森元良太（慶応大・非常勤講師）

哲学は「知識(ソフィア)を愛する(フィロ)こと」を語源とし、あらゆるものを疑い、それが知識と呼びうるかを思惟してきた。ときには神の存在を疑い、自分自身の存在も疑ってきた。もちろん、進化論や進化学の諸領域の主張もその例外ではない。はたして、生物進化に関連する主張は知識と呼びうるのだろうか。プラトン以来、知識には正当化が必要であるとされてきた。科学理論を正当化する手法には、それがテストできることや、反証される可能性を示すことなどがある。だが、これらの手法を用いるには注意が必要である。なぜなら、正当化の手法が複数存在するので、どの手法が使えるのかをはっきりさせなければならぬからである。また、理論が正当化されると言うためには、理論の構造を明示する必要があることも理由として考えられる。本発表ではこれらの考察を踏まえ、生物進化に関連する主張がどういう意味で知識と呼びうるか、またどういう意味で知識とは呼べないのかを明らかにしたい。

### 【WS07-3】 遺伝情報を考える—発生のもたらす階層性—

石田知子（慶大・院文）

生物学において使用されている遺伝情報は多岐にわたる。しかしそれらが情報と呼ばれる理由は明示的ではなく、単なる比喩ではないかという懸念も存在している。ゆえに生物学的情報概念とはいかなるものかを問う必要がある。まずそれは情報内容を扱えるものでなければならない。そのような情報概念に適していると考えられるものに、情報の使用者が情報内容を決めるというある種の目的意味論がある。それによれば情報の解釈システムという適応的なシステム（情報の使用者という）が、情報の担い手であるものを解釈つまり使用することで情報内容が決まる。本発表では、このような情報概念の下で遺伝子やゲノムの持つ遺伝情報の内容について論じる。自然選択が働く対象は主に表現型であるため、とりわけ進化を論じる際は、表現型が世代間でいかに再生産されているのかが遺伝情報という観点から考察されねばならない。ゆえに世代間での情報伝達の場面、世代交代にまず焦点を当てる。さらに発生を行う生物とそうでない生物を分け、それぞれの遺伝情報の使用のされ方を考察する。このとき、発生の有無つまり情報の使用のされ方の違いは遺伝情報の内容に影響を与えることを論じる。

### 【WS07-4】 文化進化理論における哲学的諸問題

中尾央（京大・院文）

人間行動を進化的に研究する際、大きな争点の一つになってきたのが文化の取り扱いであり、この文化をいかに説明するかが、これまでに提出されてきた諸研究プログラム間においては大きく異なっている。本発表では、そういった研究プログラムの中でも、模倣による文化の社会的学習を重視する文化と遺伝子の共進化理論（Gene-Culture Coevolutionary Theory）について哲学的考察を行う。この文化と遺伝子の共進化理論には、現在いくつかの立場（もしくは方法論）が存在する。例えば、特に有名な立場として、ミーム論（memetics）や二重継承説（Dual Inheritance Theory）などを挙げることができるだろう。これらの立場は、他生物の行動と人間行動を大きく隔てる要因として模倣に基づく社会的学習を挙げながらも、いくつかの点で相違・対立が生じている。今回は、これら諸立場の概念的・理論的な構造を明らかにしながら、それらの間に見られる相違や対立の整理と解決について議論を行う。

### 【WS07-5】 進化心理学の論理の批判的考察

○松本俊吉（東海大・准教授）

本報告では、進化心理学の論理を批判的に検討する。具体的には、以下の論点を取り上げる予定である。1) グールドは、社会生物学批判に用いた「適応主義」の論点を、ほぼそのまま進化心理学批判にも適用した。彼の議論には若干の問題があり、また彼は社会生物学と進化心理学の重要な相違を看過していたが、彼の進化心理学批判には本質的に正鵠を射た部分もある。2) 「進化的機能分析」と呼ばれる進化心理学の推論パターンは、しばしば科学的推論の範型とも言える「仮説演繹法」に相当するものとして正当化されるが、推論パターンが一定の形式に則っているという事実だけからは、その「科学性」は担保されない。3) 更新世のいわゆるEEA（進化的適応環境）における「適応問題」の同定の手続きにおいて、ある種の論理的循環を回避できない。4) 「現代人の心の進化的起源は石器時代にある」というコズミデス、トゥービー、ピンカー等に見られる想定は、更新世以後のわれわれ人間の置かれた生態学的環境の安定性という前提に立脚しているが、心理学的形質の進化は、単に生態学的環境だけでなく社会的環境の変化にも大きく規定されるため、この前提は必ずしも有効でない。

【WS07-6】 生物学における「個体」と階層性

○田中泉吏（京大・院文）

生物世界の興味深い特徴の一つは、遺伝物質・細胞・個体・集団・種…という階層性の存在である。個々の生物学者はこの階層の一部を研究対象としているが、共時的に見たときの階層性も通時的に見れば進化の産物であることから、進化の視点が生物学に統一性をもたらすと言われる。本発表では、階層性の進化の観点から、「個体」の方法論的・形而上学的位置付けについて考察する。しかし、我々が普段目にするヤモリやバッタのような生物の「個体」はあまりに日常的かつ馴染み深い存在で、その定義や位置付けに関しては議論の必要すら感じられないかもしれない。だが、何をもって「個体」とするのかについて、明確な合意は存在しない。むしろ、「選択の単位」に関する議論などを煮詰めていくと、「個体とは何か」という問題が争点として再三浮かび上がってくるのである。例えば、高次階層の実体は選択の単位として認めるべきではないという遺伝子選択説の主張に対しては、集団や種も「個体」とみなしうるのだという反論が提出されている。こうした議論の分析を通じて「個体」の定義について考察し、「個体」を説明の中心に据えるべきだという個体主義の主張の是非を検討したい。

# WS8 Evolution of leaves

Hirokazu Tsukaya (Tokyo Univ., NIBB)

August 23, 9:00-11:30 Room D

エボデボ研究はしばらく動物の分野の独壇場であった。しかし近年、ようやく植物の葉においても、エボデボ研究が可能な時代となってきた。コケの葉のシステムと種子植物の葉のシステムの違い、種子植物に普遍と思われていたKNOXのシステムの多様性、単子葉植物にしか進化しなかった単面葉のメカニズム、複葉の形成に関わる諸因子の解明など、ここでは最近めざましい研究成果を挙げつつある研究者を国内外から一堂に集め、その全貌を紹介すると共に、今後の方針を会場と共に考えていきたい。

## 【WS08-1】 Overview: Evolution of leaves

Hirokazu Tsukaya 1,2 (1 Graduate School of Science, the University of Tokyo; 2NIBB)

Plant leaves display tremendous variations in shape and size. How have such variations in leaf shape/size evolved? We have been able to solve the above issue thanks to recent progress in understanding leaf shape/size control in model plants, by the isolation and characterization of key genes that control leaf shape (reviewed in Tsukaya, 2006). For example, as we frequently encounter in natural populations, leaf shape varies in terms of leaf index, the ratio of leaf length vs. leaf width. Concerning the leaf index regulation, two-dimensional genetic controls of leaf shape can be divided into two axes: longitudinal and lateral, which govern polar cell expansion and polar cell proliferation. In the model plant, *Arabidopsis thaliana*, we identified genes responsible for all the four axes combinations. Furthermore, we accumulated knowledge on the genetic mechanisms for determination of dorsoventral, longitudinal, and lateral axes polarities around a leaf. By adopting such knowledge on various plants, excellent studies have recently been launched to identify the genetic factors responsible for natural variation and evolution of leaf shape. Here we invite four representative researchers of this research field. I expect active discussions that will promote this research furthermore.

## 【WS08-2】 Towards Understanding Evolutionary Diversification in Leaf Form

○Miltos Tsiantis, Angela Hay, Michalis Barkoulas, Alex Tattersall, Paolo Piazza, Evangeia Kouyoumoutzi, Huw Jenkins, Gemma Bilborough and Carla Galinha (Dept. of Plant Sciences, University of Oxford)

A key problem in biology is to understand how variation in organismal form is generated. The basis for phenotypic diversification of reproductively isolated species has been difficult to study because of the paucity of experimental systems where the developmental genetic changes underlying such variation can be accurately identified. To investigate this problem we study the genetic mechanisms underlying variation in form of the predominant photosynthetic organ of plants, the leaf. Leaf form can be classified as simple, where the leaf blade is entire as in the model organism *Arabidopsis thaliana*, or dissected where the blade is divided into distinct units called leaflets. Mechanisms that determine specification of dissected versus entire leaf shape and regulate the number, position and timing of leaflet production are poorly understood. To obtain an in-depth and unbiased understanding of these mechanisms we established *Cardamine hirsuta* - dissected leaf relative of *A.thaliana* - as a versatile experimental system where both forward and genetics, and stable genetic transformation can be deployed for studying diversification of leaf morphology. Here I will discuss how comparisons between *A.thaliana* and *C.hirsuta* have illuminated our understanding of processes underlying evolution of form.



**[WS08-3] Coordination of leaf development by KNOX1 genes via evolutionarily conserved regulation.**

○Naoyuki Uchida<sup>1</sup>, Neelima Sinha<sup>2</sup> (1Nara Institute of Science and Technology, 2UC-Davis · Plant Biology)

The leaves of seed plants are classified as being simple or compound. One of the most well-known genes involved in the control of leaf shape is KNOX1 genes and their expression patterns differ between simple- and compound-leaf development. We identified an evolutionarily conserved element within the 5' region of STM gene, a KNOX1 member, in various plant species. The analysis of this element suggests its role in the conversion of STM expression pattern between simple- and compound-leaf development. This regulation may have been involved in elaborating a variety of leaf shapes in nature.

**[WS08-4] Genetic Framework for Development and Evolution of Unifacial Leaves in Monocots**

○Takahiro Yamaguchi<sup>1</sup> and Hirokazu Tsukaya<sup>2</sup> (1. National Institute for Basic Biology.; 2. Grad. Sch. Sci, U. Tokyo)

A central question in biology concerns how differences in organismal form arise and are established during evolution. In angiosperms, leaves generally develop as bifacial structure with distinct adaxial and abaxial identities. The juxtaposition between adaxial and abaxial identities promotes the lateral outgrowth of the bifacial leaf blade, leading to the dorsoventrally flattened structure. In monocots, however, unusual leaf type called unifacial leaf, in which leaf blade consists only of abaxial identity, is found in a number of divergent taxa. Unifacial leaves provide very unique system to study the leaf axes formation, because leaf polarities in unifacial leaves are abnormal compared to those in bifacial leaves. In addition, the mechanism of repeated evolution of such drastic change in leaf polarity is of interest from an evolutionary viewpoint. To reveal the mechanism of unifacial leaf development and evolution, we focused on *Juncus* (Juncaceae) as a model system. We revealed that unifacial leaves evolved by a small number of irreversible events in *Juncus*. Expression studies showed that the development of the unifacial leaf blade correlates with the ectopic expressions of abaxial promoting factors. Interestingly, many unifacial leaf species evolved flat leaf blade, although their leaf blade lacks adaxial<sup>紡</sup>abaxial polarity. We identified a regulatory change in a class of transcription factor, which is responsible for the differences in transverse symmetry of unifacial leaves in *Juncus*

**[WS08-5] The origin and evolution of shoot system in land plants**

Mitsuyasu Hasebe (National Institute for Basic Biology)

Green plants landed more than 450 million years ago, and the basic body plan of land plants, the shoot system composed of a stem and leaves, was established in their early stage of evolution. To trace the origin and evolution of the molecular mechanisms of shoot system, homologues of the SHOOTMERISTEM LESS (STM) gene, which is a major regulator of shoot initiation and maintenance in angiosperms, were characterized in the fern *Ceratopteris richardii* and the moss *Physcomitrella patens* in addition to the assessment of polar auxin transport in the moss. Basic functions of STM and polar auxin transport are preserved among their diploid generation, although the moss does not form shoot-like structure in its diploid generation. This suggests that basal genetic tools for shoot system were established in the shoot-less common ancestor of land plants. On the other hand, STM expression and polar auxin transport were not detected in the haploid leafy-shoots of the moss, suggesting that diploid shoot systems of the vascular plants and haploid shoot systems of mosses evolved in parallel with different molecular mechanisms and that diploid shoots evolved with a de novo developmental system in stead of recruiting preexisted haploid shoot system.

# WS9 祖先型遺伝子、タンパク質再構築による進化史研究

小川 智久 (東北大)、山岸 明彦 (東京薬科大)

8月23日 12:00-14:00 A会場

タンパク質がどのように進化して多様な構造と機能を獲得して来たのか？また、共通の祖先はどのような性質をもっていたのか？近年、現存するタンパク質の分子系統樹を辿り、祖先型タンパク質をよみがえらせて、その立体構造や機能を実験的に検証し、進化を明らかにする手法が報告されている。ワークショップでは、この新たな手法の有用性と問題点を議論する。

## 【WS09-1】 全生物の共通の祖先超好熱菌仮説の実験的検証

○山岸明彦 (東薬大・生命)

全生物の系統樹から、全生物の共通の祖先(コモノート)が超好熱菌であるという仮説が以前より提出されていた。しかし、それに対する反論も多く見られた。我々は、全生物の共通の祖先超好熱菌説の実験的検証を行った。一つの方法は、全生物の共通の祖先のもっていた祖先遺伝子配列を推定し、そのアミノ酸配列を現存する好熱菌や超好熱菌の遺伝子に変異として導入する方法である。祖先配列を変異導入された変異型好熱菌タンパク質は、耐熱性を上昇する傾向を示した。もう一つは、共通の祖先の遺伝子を全合成するという方法である。この方法で真正細菌の共通の祖先および古細菌の共通の祖先の遺伝子を作成し、そのタンパク質を発現精製した。これらのタンパク質は非常に高い耐熱性を示した。これらの実験結果を紹介する。

## 【WS09-2】 祖先型タンパク質再構築による魚類ガレクチンの加速的適応進化過程の解析

○小川智久<sup>1</sup>、今野 歩<sup>1</sup>、村本光二<sup>1</sup>、白井 剛<sup>2</sup> (1東北大・院生命、2長浜バイオ大)

タンパク質は、どのように進化して多様な構造と機能を獲得したのか？精密な機能性ナノマシンであるタンパク質の多様な分子デザインの過程である分子進化過程を明らかにすることは、タンパク質の複雑な機能を理解する上でも、また、新たな機能タンパク質を創出する上でも重要である。マアナゴガレクチン、コンジェリンIおよびIIは、加速進化により異なる糖鎖認識能の獲得やドメインスワップ構造での2量体安定化など興味深い特徴を示す。今回現存するタンパク質の分子系統樹を辿り、コンジェリンIおよびIIの加速進化の直前に位置する祖先型タンパク質をよみがえらせ、その立体構造や機能を実験的に検証することで、加速進化の過程の解明を試みた。系統樹にもちいた配列データにより祖先型タンパク質の配列は異ってくるため、推定した祖先配列がどのくらい確からしいのかという疑問もでてくる。今回異なる系統樹で作成した2種の祖先タンパク質および現存型コンジェリンへと進化させた変異体の構造と機能の相関を中心に、祖先型タンパク質再構築による進化研究の有用性と問題点を議論したい。

### 【WS09-3】 祖先型推定によるアルカリ適応進化の解析

○白井 剛（長浜バイオ・バイオサイエンス）

遺伝子(タンパク質)の祖先型推定法の発達は、現物を現在に蘇らせる事を可能にし、分子進化研究に大きな変革をもたらす。しかし、この方法は生体分子の情報解析手法としても有用である。洗剤に添加される酵素は好アルカリ性(至適pH 9~12)であり、世界的にタンパク質製品売り上げの40%(約20億ドル)を占める。応用的に重要でありながら、タンパク質のアルカリ適応過程は、耐熱化過程などと比較すると説明が遅れている。我々はいくつかの洗剤添加酵素(プロテアーゼ、セルラーゼ、アミラーゼ)の構造解析と平行して、これらの酵素のアルカリ適応進化過程を祖先型配列の推定により詳細に解析してきた。その結果として、Arg/Glu残基数の増加およびLys/Asp残基数の減少(-KD+REスキーム)がアルカリ適応に重要であることを提唱した。これは静電相互作用の改変によるアルカリ環境下でのタンパク質構造の安定化に寄与すると考えられ、事実、タンパク質工学データの総合から、この-KD+REスキームの有意性が示された。これは同時に、祖先型推定が有効な分子情報解析手法であることも示している。

### 【WS09-4】 祖先配列推定によるオブシン吸収波長の進化的推移の復元

○河村正二、松本圭史、知念秋人（東大・院新領域）

脊椎動物の視物質オブシンは、培養細胞を使って再構築させることが比較的容易であるため、進化の過程で生じた（吸収波長に代表される）機能の変化を実験室で再現させ検証することに適している。進化の過程で生じてきたアミノ酸変化は現在の配列の比較から最尤法により推定でき、その信頼度はベイズの事後確率で評価できる。しかし、経験的には綱のレベルを超えるほどの遠縁の比較では、祖先配列の作成に多くの変異の導入が必要となる上、推定の信頼性も低下するため、祖先型遺伝子再構築の意義は薄くなると考えられる。したがって比較的近縁なグループに焦点をあて、外群と豊富な内群比較配列を用意できれば、詳細で信頼性も高い推定ができると考えられる。このような場合でもアミノ酸変化の適応度への貢献の評価はdN/dS値などを指標とした統計学的信頼性に頼らざるを得ず、その信頼性の解釈は、機能変化をもたらしたアミノ酸変化が少数の場合ほどtrickyになる危険性を孕んでいることを忘れてはならない。本発表では、これまでに我々が取り組んできたゼブラフィッシュ、メダカ、クモザルのオブシンでの研究例を紹介したい。

### 【WS09-5】 祖先配列の最尤推定に基づく PGI および ALD タンパク質電荷の進化解析

○佐藤行人、西田睦（東京大学海洋研究所）

タンパク質の立体構造的特性の進化メカニズムを探求することは、生理的適応の理解、さらにはタンパク質工学への応用に重要である。そうした研究を行うモデルとして我々は、タンパク質の熱安定性や耐塩性などに影響する特性である電荷に注目した。脊椎動物で重複しているグルコースリン酸イソメラーゼ (PGI) およびアルドラーゼ (ALD) のアイソフォームの間では、活性中心が保存されている一方、発現する組織および電荷が明確に異なる。アイソフォームに特有の電荷は、それらが発現する組織に特有な細胞内環境に応じて進化したものと考えられる。そこで脊椎動物の系統樹に立脚した祖先配列の最尤推定を活用することで、電荷の進化過程の強力な解析が可能となる。推定された各ノードの祖先配列と、タンパク質の立体構造情報とを照らし合わせた検討から、電荷の進化を促した選択圧は、少数で特定のアミノ酸サイトに強く作用してきたのではなく、分子表面の多数のアミノ酸サイトに対して、個々のサイトには比較的穏やかに作用してきたことが示唆された。配列レベルでのこうした選択様式が、タンパク質全体としての電荷の着実な進化と維持をもたらしてきたものと考えられる。

# WS10 ロボティクスとバイオロジーの連携による 超個体の適応的行動の研究

辻 和希 (琉球大)

8月23日 12:00-14:00 B会場

超個体としての昆虫のコロニーの進化は進化生物学の基本的問いの1つです。同時に、アリなどの超個体はユニットが共同で働く自律分散ロボットの「生きたモデル」として工学でも注目されています。そこで、本ワークショップでは生物学と工学の連携を通して「超個体」の新たな理解を目指します。なお、本ワークショップは特定領域研究「身体・脳・環境の相互作用による適応的運動機能の発現-移動知の構成 論的理解」の成果の一部です。

## 【WS10-1】 移動知と社会適応

○浅間 一 (東大・人工物)

人間、動物、昆虫など、あらゆる生物は、様々な環境において適応的に行動することができる。この適応的行動能力は、脳や身体の損傷によって損なわれるが、そのメカニズムはまだ明らかになっていない。平成17年に発足した文部科学省科学研究費補助金特定領域研究「身体・脳・環境の相互作用による適応的運動機能の発現-移動知の構成論的理解」(略称：移動知)では、このような適応的行動能力は、生物が動くことで生じる脳、身体、環境の動的な相互作用によって発現するものと考え、その概念を「移動知」と呼んでいる。本特定領域では、神経生理学、生態学などの生物学の方法論と、システム工学、ロボティクスなどの工学の方法論を融合させ、動的な生体システムモデルを構成するという、構成論的・システム論的アプローチによって、そのメカニズムを解明することを目標としている。本講演では、移動知の概念や研究概要について解説を行うとともに、特に「社会適応」と呼んでいる、他者ならびにその集合体としての社会に適応させるメカニズムに関する研究の枠組み、および具体的研究成果の例について述べる。

## 【WS10-2】 アリのコロニー帰属性と社会的攻撃行動に関する神経基盤

○尾崎まみこ1、城所碧1、岩野正晃1、花井一光2 (1神戸大・理・生物, 2京都府立医科大・精神機能)

ミツバチやアリなどの社会性昆虫は、コロニーとよばれる集団を作って生活している。クロオオアリの外勤ワーカーは確固としてコロニー帰属性を保有しており、巣外で出会ったとき相手の出自が同巣であった場合は寛容に振舞うが、異巣であった場合は攻撃行動をとる。相手に対して味方が敵かの判定を下す前には、必ず相手の体を触角で探る。「クロオオアリは触角を使った接触化学感覚に頼って仲間の識別をする」とした場合に明らかにすべき問題は次の3つである。1) 仲間識別のよりどころとなる化学情報の正体 2) その化学情報を捉える感覚器の構造と機能 3) 仲間識別におけるその感覚器の役割 クチクラ外骨格に覆われた昆虫の体が、炭化水素など脂溶性の分泌物によって保護されていることは以前から知られていたが、アリの体表炭化水素の混合比がコロニーごとに決まっており、このことの化学生態学的意義が取りざたされ、仲間識別のよりどころとなる化学情報の正体がコロニースペシャルの体表炭化水素ブレンドであるという仮説が提唱されたのは、1980年ごろからであった。私たちは、クロオオアリの触角上に特殊な鐘状感覚子を見出した。そのセンサーに、敵とみなされる異巣のアリから抽出した体表炭化水素を与えると、複数種の活動電位を含む神経応答が記録された、驚くべくことに、味方とみなされる同巣のアリから得た体表炭化水素に対しては、応答が見られなかった。このことは、アリの仲間識別が、この小さな感覚子レベルで実現されているということの意味していた。しかし、クロオオアリで証明されたこのセンサーの厳格な巣仲間判別能力が、スーパーコロニーを形成する営巣形態の異なるアリ種においては、必ずしも高く保たれていないことが分かってきた。

### 【WS10-3】 8の字ダンスによるミツバチコロニーの採餌戦略

岡田龍一（徳島文理大学香川薬学部）

ミツバチは訪れた花の位置（情報）を8の字ダンスによって巣内の他のミツバチに伝える。われわれはこの行動を社会性維持のための「情報の伝搬と共有」のモデルとしてとらえ、8の字ダンスのコロニーへの効果を、行動観察の結果を盛り込んだ数理モデルによるコンピュータシミュレーションを用いて調べている。数理モデルの基礎となる巣内状態や個体行動データを得るために、巣内のミツバチの行動をビデオ画像から解析したところ、8の字ダンスのダンス情報は、方向に関して約±15度、距離に関して約±15%の誤差が含まれていることがわかった。採餌範囲が1 km以上にもおよぶミツバチの場合、この誤差に含まれる餌場の範囲は無視できないほど広い。さらに、ダンスを聴いている追従バチのほとんどは高々2回しかダンスを聴いていなかった。さらに、巣内での歩行軌跡を解析したところ、巣内のほとんどのミツバチは歩行していないことがわかった。これらのパラメータをモデルとシミュレーションに組み込むことにより、ダンス行動によるコロニー維持の効果や情報の伝搬様式のさらに深い理解につながると期待される。

### 【WS10-4】 アリロボットが示す適応的行動と自律分散制御

○菅原研（東北学院大・教養）

これまで多くの研究者によって、複数台のロボットが協調し機能する群ロボットシステムの研究が進められてきている。効率的に機能する群ロボットシステムでは、ロボット間のコミュニケーションが不可欠であるが、一般的にロボット間のコミュニケーションには電波、光、音などのいわゆる物理的なメディアが用いられている。一方、生物の個体間コミュニケーションに目を向けると、物理的なメディアの他に、アリに代表されるように化学的なメディアも積極的に用いられている。化学的なメディアを用いる情報伝達の最大の特徴として、場を介した個体間の情報授受が可能となる点があげられる。場を介した低次元なコミュニケーション手段を有する群ロボットシステムの可能性について論じた研究はあまり多くない。本研究では、アリにヒントを得た群ロボットシステムのひとつの可能性を論じる。具体例として、餌集め行動や分業などに注目し、その有効性について議論する。

### 【WS10-5】 アリのコロニーサイズ依存的自律分散制御機構の進化とポリシング

○辻 和希<sup>1</sup>、菊地友則<sup>1</sup>、大西一志<sup>1</sup>、大槻 久<sup>2</sup>（<sup>1</sup>琉球大・農、<sup>2</sup>東工大・院社会理工学）

個体としては非力なアリが集団として高い機能を発揮するのはなぜか。超個体としてのアリのコロニーには個体の脳・神経ネットワークに相当する固定的な情報伝達処理システムは存在しない。かわりに、コロニーを構成する個体が移動しながら局所的情報に対し単純なルールに従い反応しているだけである。にもかかわらず適切に制御されるのは、これまでの研究によれば、ルールに内在するフィードバック機構が社会全体を「適応的状态」へと自己組織化するからである。この講演では、まずトゲオオハリアリがコロニーサイズに依存し適切に行動を切り替える自律分散制御機構の概要を実験データとロボットアリを想定したシミュレーションから説明し、つぎにそのようなシステムを自然発生させた進化的機構を血縁者間のコンフリクトの理論から考察する。そして、実アリの社会の制御システムとロボットアリの制御システムを比較し、社会的行動進化させる「自然の設計原理」の解明を目指す。

# WS11 統合データベースの活用法:ゲノム情報などを使いこなした効率的な研究のために

金子 聡子 (お茶の水女子大学・生命情報学教育研究センター)

8月23日 12:00-14:00 C会場

近年、ゲノム情報など様々な情報がウェブ上に記載されている。それらの効率的な利用のために文科省「統合データベースプロジェクト」では国内外の生命科学分野のデータベースの統合化を行っている。本ワークショップでは、動画によるデータベースの使い方講座や、より実体に即したアノテーションの試みについて紹介し、生命科学および進化学における今後の活用法について議論したい。

## 【WS11-1】 統合データベースプロジェクトとライフサイエンス統合データベースセンター

○坊農秀雅 (大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)

ライフサイエンス分野では高性能なDNAシーケンサーや高度に集積されたマイクロアレイといった大量にデータを産生する実験装置の普及によって、DNA塩基配列や遺伝子発現プロファイル情報は簡単に得られるようになってきている。その一方でそういったデータを解釈して医学生物学的に新たな知見を得ることが、そのデータの大量さ故に困難になってきている。文部科学省による統合データベースプロジェクトが平成19年度より本格的に立ち上がり、大学共同利用機関法人情報・システム研究機構にライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS:Database Center for Life Science)が平成19年4月に設立され、研究を支えるインフラとして機能しつつある。本講演では皆さんにこのプロジェクトに関心を持っていただき、統合データベースを使い倒してそれぞれの研究に役立ててもらうために、プロジェクトの概要を紹介する。参考ウェブページ:「統合ホームページ」  
<http://lifesciencedb.jp/>

## 【WS11-2】 統合TV: 動画によるデータベースの使い方講座

○河野 信 (大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)

ライフサイエンス分野で産出されるデータの量や種類が爆発的に増加したことに伴い、多種多様なデータベースやツールが構築・開発されている。このような状況の中、自分に必要なデータベースやツールが「どこにあるのかわからない」、「使い方がわからない」などの声が聞かれるようになった。このような問題を解決する試みとして、我々が行っているデータベース・ツールの使い方を動画で説明する「統合TV」について紹介したい (<http://togotv.dbcls.jp/>)。また、データベースを使いこなせる人材、データベースのマスター (Master of the DataBases: <http://motdb.dbcls.jp/>) を養成するためにライフサイエンス統合データベースセンターが定期的開催している講習会など、人材育成の試みについてもあわせて紹介したい。

### 【WS11-3】 統合データベースプロジェクトにおける人材育成活動の紹介

金子聡子（お茶の水女子大学・生命情報学教育研究センター）

さまざまな実験により膨大なデータが次々と蓄積されていく現状において、信頼性の高いデータを作成・更新し、より利便性の高いデータベースを構築し継続的に維持していくことが必要になってきています。統合データベースプロジェクトでは、このようなデータベースを運用できる情報科学の素養と生命科学の先見性を持った人材を育成するため、データベース構築者、キュレータ・アナレータ、データベース高度利用者の養成をそれぞれ東大、長浜バイオ大、お茶大で受託して行っています。本講演では、まず、統合データベースプロジェクトにおける人材育成の概要を紹介し、その後、お茶大で受託しているデータベース高度利用者の養成について紹介します。具体的には、プログラミングやウェブサービスを利用して、大規模なデータベースから必要なデータを抽出、編集、蓄積し、解析する技術などについてです。各人材育成活動についての講義資料は、MotDB (<http://motdb.dbcls.jp/?MotDB>)を通じて公開しています。

### 【WS11-4】 KazusaAnnotation Suite：植物関連生物ゲノム情報統合の試み

○岡本 忍、中尾光輝、藤澤貴智、中村保一（かずさDNA研究所）

ゲノム配列はDNAのつらなりであり、位置情報をもっており地理情報システム（GIS）のように、生物の多角的な情報を結びつけ、統合的に格納、整理するためのプラットフォームとして利用することができる。我々は、ゲノムの位置情報上に文献情報やタンパク質機能アノテーションなどを、蓄積、統合、編集、共有、表示することができるKazusaAnnotation (<http://a.kazusa.or.jp/>) システムを開発した。予備実験として、このシステムを用い、ラン藻Synechocystisの関連論文うち入手可能な1200報の全文から遺伝子情報を抽出、蓄積した。今回の発表ではその詳細を報告する。このシステムは、実験研究者からのアノテーションへのフィードバックや、ユーザ同士の集合知の利用、個人の実験メモとしての利用も可能であると考えている。さらに、研究者間のコミュニケーションや知識共有を支援するシステムKazusaNavigationも公開している。これらのシステムは発見的な仮説デザイン、オミクス実験や個別の生物現象の解析を行う際の情報の統合、分析の助けになると考えている。

# WS12 人為的環境下における進化のメカニズム、及び、保全策への応用

北野 潤 (Fred Hutchinson Cancer Research Center)、森 誠一 (岐阜経済大)

8月23日 12:00-14:00 E会場

人為的な自然開発によって、従来経験しなかったような選択圧に多くの生物が曝されている。このような環境変化が生物進化に与える影響、及び、その際に生じる急速適応進化のメカニズムについて、野外、室内、理論など様々な面から行った研究を報告するとともに、それらを踏まえた保全策について考察する。

## 【WS12-1】 環境変化に伴う急速適応のメカニズム及び保全策への応用

○北野潤1・森誠一2・久米学3 (1Fred Hutchinson Cancer Research Center、2岐阜経済大、3土木研・自然共生研究センター)

近年の人間活動に伴う環境変化に際して、ある生物は環境変化に適応して生き延びることができるのに対して、別の生き物は絶滅への道を辿る。このような背景を踏まえ、希少生物の保全における進化生態学の果たす役割を議論したい。トゲウオ科魚類には、生態や遺伝的背景の異なる集団が複数存在するが、その多くは絶滅の危機に瀕している。その原因を分類すると、埋め立て、開発に伴う湧水枯渇、外来魚の移植、産卵遡上の阻害、種間交雑に大きく分類できる。例えば、冷水を好むハリヨは、開発に伴う湧水の枯渇により大幅にその数を減少させ、温暖化が進めばその影響を受けることも危惧される。また、北海道には、日本海型と太平洋型の2型のイトヨが生息するが、2型の共存には、生態学的に多様な繁殖場所の存在が重要であり、安易な河川改修は2型の共存にとって必須な地理的隔離を消失されることに繋がりがかねない。このような、未だ「種」と分類記載されていない集団は、保全対象としてのランクが下がり、安易な放流活動や保全軽視に繋がることが行われている現状において、保全単位を何とするかを議論すると共に、それらの維持共存機構を解明することは急務であろう。

## 【WS12-2】 硬骨魚イトヨにおける逆行進化のメカニズム

○北野潤1、Dan Bolnick2、David Beauchamp3、Michael Mazur3、森誠一4、中野孝教5、Catherine L. Peichel1 (1Fred Hutch、2テキサス大、3USGS・ワシントン大、4岐阜経済大、5総合地球環境研)

自然開発によって、多くの生物は、従来経験しなかった選択圧に曝されている。このような環境変化に際して、表現型を変化させることによってうまく適応できた生物のみが、絶滅の道を逃れることができる。従って、急速適応のメカニズムを理解することは、生物進化の解明のみならず、生態保全の上でも必須である。本発表では、米国シアトルの中心に存在する淡水湖（ワシントン湖）において、トゲウオ科に属するイトヨの鱗板の数が、わずか40年の間に急激に増加した例を報告する。淡水湖に生息するイトヨでは鱗板が退縮することが一般的であり、ワシントン湖の例は「逆行進化」である。遺伝的解析やシミュレーションなどによって、1970年代前半における湖水の透明度の上昇に伴う捕食圧の上昇が、この進化の原因であると推定された。また、鱗板の形質は、単一主動遺伝子Edaによって決定されることが既に知られているが、我々の遺伝的データによると、海産イトヨからの遺伝子流動による湖内イトヨの遺伝的多様性の上昇も、この逆行進化に関与したということが示唆された。このように、イトヨをモデル系として、人為環境下での急速進化のメカニズムを理解することを目指している。



### 【WS12-3】 環境攪乱下における遺伝的緩衝作用と表現型可塑性の果たす役割

○平手良和<sup>1</sup>、Wyming Lee Pang<sup>2</sup>、Jeff Hasty<sup>2</sup>、Suzannah Rutherford<sup>1</sup>（<sup>1</sup>フレッドハッチンソンがん研究センター、<sup>2</sup>カリフォルニア大学サンディエゴ校）

至適条件下で培養される実験室酵母と異なり、野生酵母は野外の棲息環境において、浸透圧、温度、栄養レベル、pH、紫外線、化学物質などの環境ストレスに曝される。これらのストレスの急激かつ甚大な増加に対しては、遺伝子レベルでの変化（＝進化）を待つ時間的余裕はなく、個体レベルでの生理的適応（＝表現型可塑性）によって生存を模索することになる。我々は急激で非連続的な変化が起こりうるストレスの例として浸透圧ストレスに注目し、48種の野生酵母についてストレス応答シグナル(HOG経路)の強さと生存率の関連を調べ、各野生株とも対数増殖期より静止期において高いストレス耐性を示すことや、生理的適応限界が株によって異なることを明らかにした。また、マイルドな浸透圧ストレス下における株間の差異は僅かで、ほぼ同等のHOGシグナル強度と高い生存率を示すのに対し、生理的適応限界近くのシビアな浸透圧ストレス下においては、株によって異なるシグナル強度と生存率を示し、両者の間に相関が見られるようになった。このことは、遺伝的多様性は酵母がシビアな環境に置かれた時にのみ表現型の多様性として顕在化することを示唆している。

### 【WS12-4】 地球温暖化に伴うメダカ的生活史の可塑的变化と適応進化

山平寿智（新潟大・理）

近年、多くの変温動物種で、ローカルな温度環境への適応進化の結果として、生活史形質の温度特性が地域集団間で遺伝的に異なることが明らかになってきた。この事実は、地球温暖化に伴う生活史の可塑的变化のあり方が地域特異的であること、そして、温暖化に対して生活史が進化するを意味している。こうした生活史の変化は、各地域集団の個体群特性の変化を介して、その種の地理的分布域の変化をもたらすだろう。本講演では、地理的分布域北限（青森）のメダカ地域集団をモデルに、その考察を行う。野外調査ならびに室内飼育実験の結果、仮想温暖化環境下では、当歳魚の成長の加速と成長期間の延長によって、当歳魚の繁殖への参加機会が増大し、また冬季のサイズ依存的死亡率が減少すると予測された。こうした変化は個体数の季節的消長を小さくし、集団の確率論的絶滅リスクを下げると考えられる。また、低緯度の集団ほど、繁殖開始サイズが遺伝的に小さいことも明らかになった。温暖化に伴って同様の進化が起きるならば、当歳魚の繁殖への参加が促進され、個体数の季節的消長はさらに小さくなる。講演では、こうした進化に対する遺伝的制約についても触れてみたい。

### 【WS12-5】 海洋環境変化と生物の小進化：日本海から学ぶ

○小北智之（福井県大・生物資源）

海洋に生息する魚類では、漁業や遊漁のための水産資源として利用されている種類も少なくない。近年、漁獲や放流が人為的な淘汰圧となって、生物の表現型を変化させていることが指摘されている。水産資源の増大を目的とした様々なレベルでの放流活動には、生物の適応的分化の崩壊や家魚化に伴う自然集団の適応的形質の劣化をもたらす潜在性が存在し、これは一種の人為淘汰となる。しかし、海産魚類では種内の適応的分化に関する情報は極めて少なく、人為的な資源増大策の（小）進化的影響については不明な点が多い。

遡河回遊魚シロウオは古くから踊り食いの対象として珍重されており、春の風物詩ともなっている。本種の個体数は近年各地で激減しており、資源増大を目的とした人為移植が行われたケースも存在する。しかし、本種には、諸形質に対照的な表現型分化が存在する日本海型・太平洋型という地理的集団が存在している。本発表では、シロウオ2型間の適応的分化の痕跡を、ゲノムスキャンを用いた集団ゲノム学的解析で探索するとともに、資源増大を目的とした人為移植がもたらす表現型の進化を交雑実験等によって検討した結果を紹介する。

# WS13 微生物を使った実験生態学・進化学の展開

岸本 利彦 (東邦大)、森 光太郎 (大阪大)

8月23日 14:10-16:10 A会場

微生物を使った実験生態学・進化学が行われ始めて久しい。これまでの研究はミニ生態系を構築し、出来上がった現象の表現型の観察が主であったように思える。このような従来のアプローチに加え、昨今発達した分析技術を使って、これからどんな展開ができるだろうか。本ワークショップではこのような観点でいくつかの研究を紹介していただき、今後の展望を議論したい。

## 【WS13-1】 大腸菌を使った耐熱化実験進化系の中で出現した相互作用を中心とした現象の解析

○岸本利彦<sup>1</sup>, 四方哲也<sup>2</sup> (1東邦大・理、2大阪大・院・情報科学)

大腸菌を用い耐熱進化を行い、その高温適応過程で見られる興味深い現象について報告する。大腸菌の生育上限温度は、通常42.3°C程度で最高でも45°Cを越えないとされている。本研究では45°C以上で生育可能な耐熱性大腸菌の創出を目指し、その適応過程を解析した。37°Cより2°C刻みで培養温度を上昇させた結果、41°Cまでは新たな環境への適応が可能であったが、43°C以上では大腸菌を高温で培養するだけでは死滅した。そこで新たに適応進化させたい高温環境に1~数日さらした後、生育可能温度(37°C等)で増殖させるという温度環境変動サイクルを数回くりかえすことで、目的通り43°Cおよび45°Cで培養可能な大腸菌株が取得できた。45°C適応直後では、高菌濃度(10<sup>8</sup>/ml)で植菌すると増殖するが、10<sup>7</sup>/mlでは10<sup>8</sup>/ml植菌時の1/6程度の比増殖速度しか示さないという大腸菌濃度依存的な増殖が観察された。この高菌濃度での増殖誘導は培地中の増殖誘導因子によるものであった。45°Cでさらに大腸菌を培養すると、低細胞濃度からでも増殖可能になった。このことから、細胞間の相互作用が適応時に重要な機能をしている可能性が示唆された。

## 【WS13-2】 大腸菌を用いた共存系の構築

柏木 明子 (弘大・農学生命)

原核生物である大腸菌を使い、実験室内で共存系を構築してきた。大腸菌は単細胞生物であり、また分子生物学的実験手法が確立しているため、遺伝子操作によって、実験の目的に応じて遺伝子改変することが可能である。今までに大腸菌を用いて構築した実験室内共存系について紹介する。まず、大腸菌内の1つの遺伝子配列だけが違う競争関係にある複数の大腸菌集団が、大腸菌からの漏出物質を通じた相互作用を行い、一定環境内で共存する系を構築した。次に、大腸菌間の相互作用物質を明確化するために、大腸菌内の1つの遺伝子を破壊した結果、栄養要求性を示す一遺伝子破壊株を複数の遺伝子に対して作製した。この中から色々な組み合わせで2種類ずつ混ぜ合わせたところ、多くの組み合わせで、一方が漏出する物質を他方が受け取り、2種類の一遺伝子破壊株が共存する系を構築した。それらの共存系では、両者の細胞濃度のバランスが共存に重要だということが分かった。実験室の中でのモデル実験系に大腸菌を使うことは、共存にとって重要な相互作用物質の数や量をコントロールできるという利点がある紹介する。

### 【WS13-3】 実験的に細胞内共生系の構築を目指す

○森光太郎<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2,3</sup>（<sup>1</sup>阪大・院生命機能、<sup>2</sup>阪大・院情報、<sup>3</sup>ERATO・JST）

我々は自然界に多く見られる共生ひいては細胞内共生を、モデル生物であるテトラヒメナ（捕食者）と大腸菌（被食者）を使い構築して理解しようとしている。細胞内共生は、元々持っていない機能を丸ごと手に入れるユニークな進化様式であり興味深い。どのようにして相互作用、形態、遺伝子が変化して細胞内共生は生じるのか？細胞内共生の成立がどのくらい難しいことなのか？これらの疑問に答えるため、セルソータを使いテトラヒメナ個体を直接選択することによって（選択過程を生物に依存しないことにより曖昧さが減る）、共生系を積極的に作るようとしている。我々は、①自然界で共生していない生物を用いること、②研究の進んだモデル生物を用いること、③既知成分の合成培地を用いて相互作用を明確（定量可能）にすることを満たした実験系で、テトラヒメナと大腸菌が必須アミノ酸の欠如により単独では増殖できない培地で共培養を行うと、始めはほとんど増殖しないが、セルソータによる選択を繰り返すと相利共生関係が強くなり、共に増殖できる状態へ変化することを観察した。本WSではテトラヒメナと大腸菌を使った共生系構築についてこれらの結果と更なる展望を紹介したい。

### 【WS13-4】 自立型マイクロコズムを用いた細胞内共生の進化と生態系のモジュール化の解析

中島敏幸（愛媛大・院理工）

いかなる生態学的な条件下で単細胞の独立-従属栄養生物間の細胞内共生の原型が生まれ、それがいかに進化するのかについてはよくわかっていない。これを明らかにするには、共生関係がまだ成立していない生物を用いて実験的に直接その進化過程を解析することが有効な手段となる。我々の研究室では、構成種が自立的に安定維持されるマイクロコズム（無機物質からなる培養液で緑藻 [Chlorella vulgaris]、細菌 [Escherichia coli]、織毛虫 [Tetrahymena thermophila] を光照射下で培養）を作成し、細胞内共生を中心とする構成種間の関係性の進化過程を解析した。その結果、構成種の直接/間接の相互作用を通じた複雑な因果的過程が宿主（T. thermophila）のエサの欠乏と溶存酸素濃度の低下を生じ、これが選択圧として働いて藻類と織毛虫間の細胞内共生関係を進化させたことが明らかになった。さらに、藻類と細菌間の共生関係の進化も観察された。当初は単純な生態系が2種間共生という生態学的なモジュールを進化させ、より複雑な相互作用構造を持つ生態系へと組織化していくことも明らかとなった。

### 【WS13-5】 マイクロコズムを用いた実験から見えてくるもの：細胞外DNAとメタトランスクリプトーム解析

○石井伸昌<sup>1</sup>、府馬正一<sup>1</sup>、中森泰三<sup>1</sup>、川端善一郎<sup>2</sup>（<sup>1</sup>独立行政法人 放射線医学総合研究所 環境放射線影響研究グループ、<sup>2</sup>大学共同利用機関法人 人間文化研究機構 総合地球環境学研究所）

フラスコサイズの容器に生物個体群や群集を閉じこめたバッチ培養系をマイクロコズムと呼ぶ。マイクロコズムは単なる培養系ではなく、生態系における物理・化学・生物的要素に加え、これらの相互作用を含むシステムとして捉えることができる。つまり、フラスコサイズのミニ生態系である。これまでに、3種生物で構成されたマイクロコズムを用いて様々な研究を行ってきた。例えば、遺伝子組み換え微生物の野外放出影響評価、細胞外DNAの生産機構、放射線影響評価などである。細胞外DNAに関する研究では、マイクロコズム実験の結果が野外でも確認することができた。これは、野外で起こりうる現象をマイクロコズムで観察できる可能性を示唆している。マイクロコズムがいつも単純な生物種で構成されているとは限らない。例えば、土壌を湛水したマイクロコズムでは、全ての構成生物種を明らかにすることは不可能である。個々の生物種を対象とするのではなくマイクロコズムを一つの生命と捉え、現在、High Coverage Expression Profiling (HiCEP) 法によるメタトランスクリプトーム解析を行っている。本講演ではこれまでに得られた成果を基に、マイクロコズムの可能性および進化学への応用について議論したい。

# WS14 適応遺伝子探索の新展開：ゲノム情報を用いたアプローチ

橋口 康之 (東大)、西田 睦 (東大)

8月23日 14:10-16:10 B会場

生物の適応進化に関わる遺伝子の特定は、進化生物学における主要課題の一つである。現在では、多くの生物種でゲノム配列が公開されており、そのデータを用いて適応候補遺伝子に対する選択圧を効率的に調べることが可能になっている。本企画では、人類、魚類、植物による、集団遺伝学的手法を用いたゲノムスキャンなどの成果を取り上げ、適応遺伝子の探索における新しいアプローチの有効性について議論したい。

## 【WS14-1】 イトヨ嗅覚受容体遺伝子群における適応進化の網羅的探索

○橋口康之・西田 睦 (東大・海洋研)

嗅覚は、摂餌・移動・繁殖などさまざまな適応的行動に関わる重要な感覚である。魚類を含む脊椎動物は、「匂いセンサー」である嗅覚受容体を多数持つことによって、多様な匂い物質を識別し、外界を認識している。脊椎動物の嗅覚受容体遺伝子ファミリーは種ごとにレパートリーが大きく異なっており、多様な環境への適応を反映していると考えられる。しかし、野外の生物集団で嗅覚受容体遺伝子群が実際にどのような選択を受けて進化しているのかを調べた研究は少ない。そこで本研究では、日本に分布するイトヨ自然集団における生活史2型（遡河型・陸封型）に着目して、嗅覚受容体遺伝子群の適応進化を調べた。まず、イトヨゲノム中に存在するすべての嗅覚受容体遺伝子(OR, TAAR, V1R, V2R)を特定したところ、約160種類の遺伝子が染色体上の14箇所に存在していることがわかった。それらの遺伝子が存在するゲノム領域に20-50kbの間隔で複数のマイクロサテライトマーカーを作成し、遺伝的に分化した遡河型-陸封型集団間で遺伝的多型性を比較することで、イトヨ自然集団における嗅覚受容体遺伝子に対する自然選択の検出を試みた。

## 【WS14-2】 ゲノムワイドSNPタイピングチップを用いたオセアニア人類集団における自然選択の探索

木村 亮介 (東海大・医)

オセアニア地域の人類集団は、言語学的にノンオーストロネシアン (NAN) とオーストロネシアン (AN) に分類され、人類学的にはオーストラロイドとモンゴロイドに分類される。本研究では、ニューギニアのギデラ族 (NAN) およびポリネシアのトンガ人 (AN) において、アフィメトリックス社のGeneChip Mapping 500K Assayを用いてゲノムワイド SNPタイピングを行い、公開されているアフリカ人、ヨーロッパ人およびアジア人のSNPタイピングデータと併せて集団遺伝学的解析をおこなった。これらのオセアニア集団において、連鎖不平衡に基づいてゲノム中に存在する集団特異的な自然選択の痕跡を探索したところ、複数の候補遺伝子が浮かび上がった。次世代シーケンサの登場により、ゲノムワイドな多様性解析が他の生物種においても可能となり、同様の手法を用いて集団特異的な自然選択や人為選択を受けた遺伝子の同定ができるようになった。本例を示すことで、その方法論および注意点を議論したい。

### 【WS14-3】 ヒトとメダカの集団比較ゲノム学

太田博樹（東大・院新領域）

自然人類学者にとってヒト集団に観られる遺伝的多様性はもっとも大きな関心事の一つである。特に、近年の国際HapMapやHuman Genome Diversityプロジェクトから報告される相次ぐ膨大なDNA多型データは、ヒトの多様な形質を分子レベルで解析しうる重要な手がかりを提供する。

しかし対象がヒトである場合、遺伝的なバリエーションの生体機能解析は実質的に不可能である。そこでモデル生物の必要が生じる。私達のグループでは、ヒト集団のアナログとして『野生メダカ集団』に着目している。集団遺伝学のモデル生物として、従来ショウジョウバエが最もメジャーであったが、ヒト多型の機能解析には脊椎動物で種内変異を簡便に観察できる生物種が望ましい。全ゲノム配列が公開され、しかもゼブラフィッシュ以上に分子生物学の実験系が確立されているメダカは、『集団遺伝学モデル脊椎動物』の有力な候補である。本ワークショップでは、私達がメダカの種内遺伝的多様性について検討した結果について報告し、ミュータジェネシスではなく『自然に既に存在する多型』を用いた集団比較ゲノム学的アプローチの重要性について言及する。

### 【WS14-4】 高山寒冷適応のゲノム基盤：シロイヌナズナ近縁種を用いたタイリングアレイ解析

森長真一（九大・院理）

生物の分布域拡大や新規環境への適応には、どのような形質進化が関与しているのか？近年のゲノム学の隆盛は、環境適応に関与する生態形質を遺伝子レベルで網羅的に解析することを可能にした。そこで本研究では、モデル植物シロイヌナズナに近縁なハクサンハタザオとその派生系統であるイブキハタザオを材料に、シロイヌナズナ用のタイリングアレイを用いて、高山寒冷適応のゲノム基盤を明らかにすることを試みた。

伊吹山は標高1377mであるにも関わらず、強風と土壌の影響から山頂付近には亜高山草原が広がっている。上部にはイブキハタザオが、下部にはハクサンハタザオが生育し、表現型は標高傾度に沿って緩やかに変異する。しかしながら、両系統は完全に混じり合うことはなく、分断選択が働いていると考えられる。そこで、イブキハタザオの分布拡大と環境適応に関わったゲノム領域を明らかにするために、シロイヌナズナで開発されたタイリングアレイを用いて、イブキハタザオとハクサンハタザオの複数個体間でのゲノム多型解析を行なった。発表では、分化の見られたゲノム領域の機能について触れながら、分布域拡大と環境適応のゲノム基盤に関して議論する。

### 【WS14-5】 ゲノムワイドSNPデータベースを用いた毛髪の形態決定遺伝子の探索

○藤本明洋<sup>1・2</sup>、木村亮介<sup>3</sup>、大橋順<sup>1</sup>、角田達彦<sup>2</sup>、徳永勝士<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東大・医学部、<sup>2</sup>理研・ゲノム医科学研究センター、<sup>3</sup>東海大・医学部）

近年の著しい公開データの増大により、データ解析から効率的に遺伝子探索を行うことが可能になったと考えられる。我々は、データベース解析から人類集団の表現型の差異に関する遺伝子を同定することを目的として研究を行った。毛髪の形態は人類集団間で最も分化している形質の一つである。アジア系、アフリカ系、ヨーロッパ系の集団間で、縮れの程度や太さに大きな違いが観察されている。しかし、毛髪の形態決定遺伝子は同定されていない。また、毛髪の形態の進化史も明らかでない。我々は、HapMap データベースを解析し、集団間で高い遺伝的分化を示す遺伝子を候補として、インドネシア、タイおよび日本人集団の毛髪の形態（太さ、断面の形状）と関連解析を行った。その結果、*EDAR* (*ectodysplasin A receptor*)上のアジア人集団特異的なSNPにおいて、毛髪の太さとの強い関連が観察された。さらに、周辺領域の連鎖不平衡を解析した結果、*EDAR*はアジア集団特異的な自然選択によって進化したことが示唆された。以上の結果より、アジア系集団の太い毛髪は、自然選択によって進化したと考えられる。

# WS15 ゲノムの多様性から探る生物集団の構造と歴史

## (2) 系統地理学と集団遺伝学の接点を探る

館田 英典 (九州大)、高橋 亮 (遺伝研)

8月23日 14:10-16:10 C会場

DNA 多型は生物集団の進化史を解き明かす上で欠かすことのできない有用な情報をもたらすが、多型情報に基づく進化的な推定の信頼性は明確ではない。本企画は、系統地理学と集団遺伝学との接点を主たる題材に、多型解析の土台となる集団遺伝学の理論的な背景を踏まえ、集団研究における DNA 多型情報の有効活用法を議論する。

### 【WS15-1】 DNA 配列の多様性から探る種分化の機構：ヒトーチンパンジーの分岐を例に

高橋亮 (遺伝研)

集団の歴史と遺伝子の歴史は 1 vs. 1 に対応付けられるものではない。ある集団史の下で実現可能な遺伝子の系図には無数のパターンが存在し、その逆に、ある遺伝子系図を生成せしめる集団の歴史にも無数の可能性が存在する。従って、集団史の推定には、独立に進化した複数のゲノム領域から導かれる各領域固有の歴史情報を統合し、そこから一つの集団史を描き出す作業が必須となる。このことを系図理論の初歩を踏まえて概説し、集団の進化史と遺伝子の系図とを定量的に関連付ける解析手法を考える。具体例として、生殖隔離の成立過程における遺伝子流動が DNA 配列の多様性に及ぼす影響を概観し、領域毎の多様性の違いから、瞬間的に生殖隔離が成立する異所的な種分化のシナリオと、遺伝子流動を伴いつつ徐々に隔離障壁が形成される同所的・側所的な種分化のシナリオとを峻別する手法を紹介する。

### 【WS15-2】 塩基配列データに自然選択の痕跡を探す

○手島康介 (総研大)

生物の塩基配列データには遺伝的変異が蓄積されている。これらの違いはいわば塩基レベルの個人差のようなものであり、生物進化の途上で蓄積されてきたものである。各個体が持っている遺伝子配列は遺伝的に結びついており、系図を用いることによってその系統関係を表現することが出来る。我々が観察することのできる遺伝子配列データは、必然的に、この系統関係とその生物の過去におこった様々な進化的イベントの影響を反映している。したがって塩基配列データを解析することは、その配列間の系統関係及びそこでおこった進化的イベントを明らかにすることと同じである。一方、生物の歴史上でおこった進化的イベントは、その生物の系図を特徴的に変形させる。配列データを解析することは、背後にある遺伝子系図を通してその生物に働いた進化的イベントを考察することに繋がる。したがって進化的イベントとその結果もたらされる遺伝子系図の関係について理解することが非常に重要である。本発表では、様々な進化的イベントと対応する系図について直感的に理解することを最初の目的とする。そして次に自然選択と他の要因の効果とを区別するという問題について考察する。

### 【WS15-3】 汎熱帯海流散布植物の系統地理：全球レベルのDNA多型解析

○高山浩司<sup>1,2</sup> (1JSPS特別研究員、2千葉大・院理)

成体自身が移動することができない陸上植物は、種子や果実などの散布体を様々な方法で散布させることで分布域を広げてきた。しかし、散布体の分散距離には様々な制限があるため、ほとんどの植物はごく限られた大きさの分布域しかもっていない。分散を妨げる最大の要因は海であり、大洋を挟んだ大陸間で同一種が分布することは比較的希である。ところが、オオハマボウやグンバイヒルガオなどの汎熱帯海流散布植物は、単一種あるいはごく近縁の数種が熱帯域を中心に地球を帯状に取り囲むように分布している。私たちの研究グループでは、汎熱帯海流散布植物がどのようにして全球的な分布を獲得し、維持しているのかを明らかにするため、複数種を対象に全球レベルでのDNA多型解析を進めてきた。本発表では、主に葉緑体遺伝子を用いた分子系統学的解析と、マイクロサテライトマーカーやAFLP法を用いた集団遺伝学的解析の結果を紹介し、遺伝的構造と地史との関わりや分布域の維持における長距離種子散布の役割について議論する。

### 【WS15-4】 DNA多型の解析方法と集団遺伝学的背景

○角友之 (総研大・葉山)

生物種内のDNA多型を調べることは、手法や分類群にもよるが、比較的容易な作業になってきた。また、DNA多型の解析ソフトも様々なものが公開されており、ヘテロ接合度や塩基多様度やFst, Tajima's Dのような様々な統計量の計算自体は容易である。しかし、統計量の値についての集団遺伝学的解釈は簡単ではない。直感的な解釈が間違いである可能性が指摘される例もある。また、モデルと尤度に基づいて、集団構造などの集団遺伝学的パラメータ推定を行なう方法も提案されてきているが、モデルの仮定が満たされないときの推定結果を信頼できるのかは未知である。例えば、実際のデータを扱う場合には、開発したマイクロサテライトマーカーのヌルアレル頻度が高いことや単純なステップワイズ変異モデルに合わないことなどが推定の結果に与える影響などをどのように評価すべきかについて悩むことも多い。ひとつの解決策として、Coalescent simulationを用いて、様々な可能性を検証してみるというのは、有効な手段である。実験データを扱う研究者の視点でCoalescent theoryについて議論したい。

# WS16 言語の起源と進化

橋本 敬 (北陸先端科学技術大)、岡ノ谷 一夫 (理研)

8月23日 14:10-16:10 E会場

言語の起源と進化は進化学に関連する多くの分野にまたがる問題であり、この進化プロセスの探求は生物進化、文化進化、学習が相関する複雑な進化メカニズムの解明にも繋がる。本ワークショップでは、前回のワークショップでの議論を引き継ぎ、「再帰性」を越えた視点を持った言語起源・進化の研究について議論する。

## 【WS16-1】 イントロダクション：言語を支える能力の進化からなにが見えるか

○橋本敬1, 岡ノ谷一夫2 (1 JAIST・知識, 2 理研BS1)

言語の起源と進化は進化学に関連する多くの分野にまたがる問題であり、この進化プロセスの探求は生物進化、文化進化、学習が相関する複雑な進化メカニズムの解明にも繋がる。これまでの4回にわたるワークショップでは、再帰性や超越性など、主に言語そのものの能力・構造の起源・進化に焦点を当てた議論を行ってきた。その議論を引き継ぎ、本ワークショップでは言語を支える能力に焦点を当てる。たとえば、心、(前言語的)コミュニケーション、社会性、模倣、知覚・運動マッチングなどを取り上げる。それらの発達、生得性、進化についてさまざまなアプローチからの考察を行うことで、言語の起源と進化に対してどのような知見をもたらすことができるかを議論する。

## 【WS16-2】 コミュニケーション能力の進化において繰り返し生じるボールドウィン効果

○鈴木麗壘, 有田隆也 (名大・院情報科学)

個体が生涯の学習を経て獲得する形質が、学習のメリットとコストのバランスによって次第に先天的形質へ進化していく現象は一般にボールドウィン効果と呼ばれ、その過程で先天的形質の進化が促進・抑制されることが知られている。本講演では、個体間相互作用に起因する動的環境としてコミュニケーション能力とその学習可能性(可塑性)の進化を取り上げ、個体ベースモデルによる進化実験に基づいて、ヒトの言語能力に代表されるような複雑かつ適応的なコミュニケーション能力の進化可能性に学習が果たす役割について論ずる。具体的には、シグナルの送信(生成)または受信(解釈)が成功した際の適応性を表すレベルが個別の形質によって決まるが、高いレベルを持つ形質ほどその発現の遺伝的制約が大きい状況を考える。コミュニケーションは送受信のレベルが一致した場合に成功し、個体は可塑性に基づいた試行錯誤的な学習によって高いレベルでのコミュニケーションを成立可能である。個体が学習しない比較実験ではコミュニケーションレベルは増加しなかったが、学習する場合ではボールドウィン効果が繰り返し生じ、集団が段階的に高いレベルを獲得していったことを示す。

## 【WS16-3】 言語と社会性の起源 ~自閉症治療からの示唆~

北澤茂 (順天堂大学医学部)

自閉症は言語の遅れと社会性の障害を主症状として3歳以前に発症する。予後不良とされてきたが、3歳から5-6歳まで週40時間の教育を行うと、約半数で社会性と言語機能が回復するという。しかし、残りの半数には著効を示さない。2群の差は最初のプログラムである動作模倣の段階で現れるという。また、英語圏では、所有代名詞myとyourの受容と表出のプログラムが難関になるという。模倣の成立と自他の視点の転換が、言語と社会性の回復の鍵となることを示唆するだろう。これらを支える神経基盤は何だろうか。サルの運動前野でRizzolattiらが発見した「ミラーニューロン」は一つの候補である。しかし、欧米の定説ではサルは模倣しないとされるし、サルの動作模倣課題の学習には自閉症児非著効群の数十倍の時間を要することを我々も経験した。サルのミラーニューロンは模倣成立の十分条件ではない。また、他者と自己のいずれの運動にも反応するミラーニューロンは、自他の区別にも役立たないだろう。「ミラーニューロン」に加えて、何が模倣と自他の視点移動に必要なかを追求することが、言語と社会性の起源の解明に手がかりを与えるだろう。



#### 【WS16-4】 胎児・新生児における知覚—運動マッチング能力とその進化的基盤

明和政子（京都大学大学院教育学研究科）

ヒトは生まれながらにヒトらしい刺激を選択的に検出し、それを自己の身体運動イメージへ対応づけて反応する（マッチング行動）。生後数日の新生児でも、他者の表情を見て模倣し（visual-motor matching, Meltzoff & Moore, 1977）、他者の音声と一致した口の形や動きを再現する（auditory—motor matching, Chen, Striano, & Rakoczy, 2004）。従来、こうしたマッチング能力の起源については、「生得的」という表現でしか説明されてこなかった。しかし、エコーや心拍計測などの医療技術を用いた最近の胎児研究は、出生前からの学習・記憶能力の発達の可能性を示している。たとえば私たちは、妊娠中期の胎児が母親の声を聞くと口唇部を活発に動かすことを見出した。見知らぬ他の女性の声を聞かせてもこうした反応はみられない。ヒトのマッチング能力の発達には、胎内での経験が関与していることが示唆されている。本ワークショップでは、胎児期・新生児期のマッチング能力を発達の、進化的な観点から捉えることにより、ヒト特有の知性の成り立ちについて議論したい。

#### 【WS16-5】 認知考古学からみた心の進化

時津裕子（産業技術総合研究所 認知行動システム研究グループ）

考古学はこれまで、生物学や人類学、比較行動学などの諸領域と共に進化研究の一翼を担ってきたが、認知考古学という新たな潮流の台頭以来、「心の進化」過程を解き明かす領域としても、急速に成長を遂げつつある。考古学的アプローチの独自性は「物質文化研究」という別称が指し示すように、モノ（物質資料）から人間行動とその認知的背景をたどるところにある。そこでは、過去の人びとが製作・使用した人工物はもちろん、人骨、動植物の遺存体、土壌に残る足跡や活動の痕跡など、実に幅広いデータが分析対象となる。認知考古学界をリードするS. Mithenは、物質資料を生み出す「領域固有の心／認知的流動性」をキーワードとして、宗教や芸術の誕生、農耕の開始など、人類史上のきわめて重要な転換点がなぜ、どのように訪れたのかという難問の解釈に挑んでいる。本WSでは、Mithenの説を中心に、認知考古学がこれまで人類の心の進化について何を明らかにしたのかを紹介したい。また考古学的アプローチの可能性と限界について示し、心の進化に与する一領域としての立ち位置を明確にすることで、他領域との有機的な連携の道を探りたい。

# WS17 地球の歴史と生命の進化

岡田 典弘 (東工大)、丸山 茂徳 (東工大)

8月24日 13:00-15:00 B会場

生命進化は地球環境の変遷に大きく左右される。したがって生命の爆発的進化あるいは大絶滅といった地球規模イベントの過程と要因を解明するためには、現生生物のみならず古生物進化と地球環境史を同時に考慮しなければならない。本ワークショップでは地質学、古環境学、生物進化学を踏まえ、生命進化を地球生命史として理解することを目指す。

## 【WS17-1】 河からゲノムまでを包含する新しい生命進化論の提唱

丸山茂徳 (東京工業大学)

8-5.4億年前におきた原生代末期の全球凍結事件と直後の生物大進化との関係について、地上に残された記録の解釈の現状を紹介し、これまでの学説とは異なる新たな仮説を提案する。

全球凍結は地球史の中で、23億年前と8-6億年前の2回おきたことが知られている。その直後には真核生物の出現(約20億年前)と、動物の誕生と大進化(6-5億年前)が起きた。両者の因果関係の有無や、そのメカニズムについては諸説がある。全球凍結と解凍の原因については、これまで固体地球内部と表層の間の温暖化ガスのやり取りが主流であったが、凍結の原因と大氷河が繰り返した原因については温暖化ガス説には説得力がない。今回、宇宙のシステム変動、すなわち、スターバースト(約1億年継続; 46、23、8-6億年前に起きた)によって増加した宇宙線照射量が雲形成を伴い全球凍結の原因になると共に、ゲノムを急速に進化させたと考える新説を提唱する。これには、地球磁場が現在の値の約1/2に減少することも必要な条件である。更に栄養塩に満ちた特殊な物理化学的表層環境が準備されると、原生代末期のカンブリア紀の生物大爆発のように、短期間に形態上の大変異が加速度的に進行する。

### 【WS17-3】 全球凍結からカンブリア紀初期の環境変動とその生命進化への役割の解明

小宮剛（東工大・院理工）

マリノアン全球凍結(630Ma)からカンブリア紀初期の掘削試料の炭酸塩のC(生物活動)、O(海水温)、Sr同位体比(大陸浸食量や海水栄養分濃度)、MnやFe量とCe異常(海水酸素濃度)、 $\delta 88\text{Sr}$ と $\delta 44\text{Ca}$ ペア(化学沈殿と生物鉱化作用のバランス)や有機物のC同位体(生物種の変化)のデータを組み合わせ、以下の環境変動を解読した。この間に3回の温暖化と1回の寒冷化が起きた。全球凍結直後の超温暖化に伴う海水の富栄養化が後生動物を出現させた。寒冷化の最古の定量的な証拠(O同位体比の上昇)を発見した。580Maの寒冷化により生物活動が一時的に低下するが、さらなる寒冷化による氷床の発達が海退を引き起こし、地殻の浸食を促進させた為、海水が富栄養化し、エディアカラ生物群が出現した。550Maに再び温暖になり生物活動が極大になるが、さらなる温暖化が海水酸素を欠乏させ最古の動物絶滅を招いた。540Maの海退によりエディアカラ生物群が絶滅するが、浸食量の増加が海水を富栄養化させ、硬骨格後生動物を出現させた。以上から、環境変動に伴う海洋栄養塩濃度変化が生物進化に強く影響し、動物を進化させたことが分かった。

### 【WS17-4】 レトロポゾンを指標とした有胎盤類の初期系統進化

○西原秀典<sup>1</sup>、丸山茂徳<sup>2</sup>、岡田典弘<sup>1</sup>（<sup>1</sup>東工大・院生命理工、<sup>2</sup>東工大・院理工）

哺乳類の中でも胎盤を持つ有胎盤類は、アフリカ獣類、貧歯類、北方獣類の3グループに分類され、それぞれアフリカ大陸、南米大陸、ローラシア（ユーラシア+北米）大陸が起源である。しかしながらこれら3グループ間の系統関係が未だ明らかにされていないため、これら哺乳類の分岐と大陸分断との関連性が解明されていない。そこで、ゲノム中に散在する反復配列レトロポゾンの一種であるL1の挿入パターンを指標とし、この3グループ間の系統解析をおこなった。その結果、アフリカ獣類が最初に分岐した仮説、貧歯類が最初に分岐した仮説、北方獣類が最初に分岐した仮説がそれぞれ23、27、21遺伝子座によって支持された。このことはこの3グループの分岐が極めて短期間に起こったことを示している。従来は、超大陸から最初にローラシア大陸が分断され、その後アフリカ大陸と南米大陸が1億500万年前に分断されたと考えられており、今回の結果と大陸移動の関連性は一見考えにくい。しかし最近の地質学的証拠を再検証したところ、南米大陸とアフリカ大陸の分断がこれまで考えられていたよりも1千万年以上遡ることが明らかになった。このことから、大陸の分断と有胎盤類の分岐に因果関係がある可能性が示唆された。

# WS18 進化医学：分子進化の立場から見た疾病

藤 博幸 (九州大)、由良 敬 (お茶の水女子大)

8月24日 15:15-17:15 A会場

進化医学(evolutionary medicine)とは、病気という状態を進化的視点から捉えなおすことでヒトの進化を考える方法である。進化医学は、集団遺伝学、発生学、人類学、心理学など様々な分野からのアプローチがとられる学際的分野であるが、今回は分子進化学の観点から進化医学への取り組みについて議論する。

## 【WS18-1】 霊長類におけるToll-like receptor(TLR)関連遺伝子の分子進化と自然選択

○中島敏晶1、2、 大谷仁志2、 颯田葉子3、 宇野泰広4、 明里宏文5、 石田貴文6、 木村彰方1、2 (1東医歯大・難研、2東医歯大・院疾生、3総研大、4新日本科学、5医薬基盤研、6東大・院理)

微生物への感染感受性は霊長類の種ごとに異なるため、種間の感受性の違いを規定する遺伝子を明らかにすることは、ヒトの感染症感受性遺伝子解明への大きな手がかりとなる。本研究は、霊長類進化の過程で自然選択の影響下にある遺伝子を明らかにし、ヒトの感染症感受性遺伝子の有力な候補遺伝子にしようとするものである。まず手始めに、自然免疫において重要な役割を担うTLR関連遺伝子の分子進化を解析した。7種類の霊長類において、TLR関連遺伝子群のcoding領域塩基配列を決定し、非同義および同義領域の塩基置換率の解析により、負の自然選択の関わりが示唆される2つの領域、正の自然選択の関わりが示唆される1つの領域を同定した。アミノ酸置換が認められない負の自然選択が示唆される2つの領域は、情報伝達に関わるTIRドメインをコードする領域であった。一方、TLR4の細胞外ドメインにはアミノ酸置換率の高い領域が存在し、LPSが結合する領域と一致していた。18種の霊長類の塩基配列解析により、TLR4の自然選択は狭鼻類の分岐以降に認められた。霊長類の進化において、TLR関連遺伝子群と自然選択圧の関わりが示唆された。

## 【WS18-2】 著しい集団分化を示す可視的形態形質の表現型と関連する遺伝子多型の探索

藤本明洋1、木村亮介2、○大橋順3 (1理研・ゲノム医科学研究センター、2東海大・医・法医、3筑波大・人間総合科学・生命システム医学)

ヒトの可視的形態形質には大きな個人差があるが、親と子は一般的に似ていることや、一卵性双生児が極めて似た表現型を示すことから、ヒトの可視的形態は親から子へ遺伝し、形態形成に対する遺伝子の寄与は大きいと思われる。しかし、ヒトの可視的形態の中で、その表現型と遺伝子多型との関連が明らかにされているものは少ない。そこで、我々は、可視的形態形質の表現型を決めている主要な遺伝子多型を同定すべく、(1)ゲノム多様性データを利用し、着目する可視的形態形質の表現型と強く関連しそうな候補遺伝子および候補多型を効率的に絞り込む統計的手法の開発、(2)候補多型アプローチに基づく関連解析によって、アジア人に特徴的な毛髪形態の表現型と関連する遺伝子多型や、オセアニア集団において肥満と関連する遺伝子多型の探索を行ってきた。さらに、ヒトゲノム多様性情報(連鎖不平衡構造など)を利用して、これらの関連多型の進化的意義(自然選択の作用の有無など)についても考察してきた。本ワークショップでは、以上の成果を紹介するとともに、進化医学研究における、集団遺伝学のアプローチの可能性についても論じてみたい。

### 【WS18-3】 統合失調症関連遺伝子としてのグルタミン酸受容体遺伝子群の分子進化学的解析

○柴田弘紀（九大・生医研）

高次脳機能関連遺伝子のヒト系譜での進化と、統合失調症感受性遺伝子変異の集団中での維持機構を解明するため、グルタミン酸受容体 (GluR) 遺伝子群の分子進化学的解析を行った。チンパンジーの GluR 遺伝子群全 26 個の全翻訳領域の塩基配列を独自に決定し、ヒト・チンパンジー間の非同義置換を 77 個確認した。さらに他の霊長類 9 種と世界各地の 7 集団由来のヒト 80 検体の解析からヒト特異的かつヒト全体で固定している非同義置換を 30 個同定した。このうち 2 つはタンパク質産物に重要な機能変化をもたらしたと考えられた。一方、統合失調症感受性遺伝子変異の平衡選択の可能性を検討するため、イオン調節型 GluR 遺伝子群全 14 個の上流領域を対象として、ヒト 72 検体、チンパンジー 50 検体の全変異検出による中立性の検定を行った。その結果 *GRIN2B* の転写開始点上流 1.5 kb 付近に、ヒト特異的な平衡選択を検出した。近傍の領域には *GRIN2B* の発現に影響を与える統合失調症感受性 SNP (rs1019385) が存在しており、この感受性アレルが統合失調症及びヒトの高次脳機能に関連した平衡選択により維持されていると考えられた。

### 【WS18-4】 核内受容体-リガンド相互作用の進化的解析

○白井 剛（長浜バイオ・バイオサイエンス）

核内受容体 (NR) ファミリーは脂質代謝や脂肪細胞分化を調節する脂肪酸・コレステロール依存性の転写因子であり、いわゆるメタボリックシンドローム医療の鍵を握る創薬ターゲットである。大部分の NR リガンドは不溶性であり、細胞膜から NR への輸送は脂肪酸結合タンパク質 (FABP) ファミリーが担う。同じ脂質分子に対しても、輸送 (FABP)-標的 (NR) の組み合わせにより細胞の応答は大きく異なる。生体分子研究の焦点は、超分子システムの解析に移行しつつある。FABP-NR はリガンドを仲介した超分子複合体システムであり、2 つのファミリー間の共進化現象は興味のある問題である。そこで、既知の NR、FABP の立体構造から、これらのタンパク質の多様なリガンドに対する構造モチーフを探索し、それらモチーフの進化的な成立過程を両者の間で比較した。結果として、下流の NR では比較的明確な構造モチーフが同定され、さらにそれらのモチーフは NR ファミリーの分化過程に対応して獲得されていた。対して上流の FABP は構造モチーフがより大きなパラエティエーを示し、分化過程との対応も明瞭ではないという、極めて対照的な結果が得られた。

### 【WS18-5】 ヒト精神活動関連遺伝子 *ASAH1* における正の自然選択

○金慧琳、高畑尚之、颯田葉子（総合研究大学院大学・葉山高等研究センター）

ヒト特異的な精神活動の遺伝的基盤を支える遺伝子を解明するために Lipid Storage Disease (LSD) 関連遺伝子に注目した。LSD は神経細胞の発生を調節する sphingolipid 代謝系関連遺伝子の欠損による遺伝病で典型的に精神遅滞の症状を表す。8 つの LSD 関連遺伝子においてヒト集団内の変異のパターンを解析したところ、*ASAH1* 遺伝子で正の自然選択の可能性を見つけた。そのことを検証するために *ASAH1* の ~11 kb 領域を様々な民族集団の 60 染色体の塩基配列を決めた。塩基配列の解析から ~4.4 kb 領域で  $2.4 \pm 0.4$  my 間ヒト集団中に維持された二つの系統 (V と M) が観察された。二つの系統が長い時間維持されたことは集団構造があることを支持している。そして系統内の遺伝的多様度から V 系統に正の自然選択が働いたことをシミュレーション解析などから検証した。V 系統にはヒト特異的なアミノ酸変異 (M72V) があるのでその Val は自然選択のターゲットである可能性がある。以上の解析結果から V 系統が M 系統に対して正の自然選択によって現在もヒト集団中に拡散していることが分かった。

# WS19 速い進化と遅い進化：進化の加速機構

林 文男 (首都大)

8月24日 15:15-17:15 C会場

進化は徐々に起こるが、進化速度は一定ではない。速い進化と遅い進化がある。進化のしくみとして、変異と選択の両面に着目すると、形質（形態的・生理的特性）の変異速度と、それに対する選択圧の強度が進化速度の増大に寄与するだろう。そこで、選択圧が強化され、変異の生産が加速される具体的機構について議論したい。

## 【WS19-1】 軍拡競走：ゾウムシの口吻とツバキ果実の共進化

○東樹宏和 (産総研)

捕食者と被食者の関係では、武器と防御の「軍拡競走」がエスカレートすることがある。ツバキシギゾウムシは、ヤブツバキ果実内の種子に産卵するため、極めて長い口吻で果実を穿孔する。一方、ツバキは種子を守る厚い果皮を進化させることで、進化的に対抗している。ゾウムシのmtDNAの集団遺伝学的解析から、口吻長が大きく異なるゾウムシ集団（9~21mm）がわずか14,000年の間に分化したことが示唆された。集団間にみられるゾウムシ口吻長とツバキ果皮厚の集団間変異をもとに、この14,000年間における両者の進化速度を「haldanes」という指標で推定した。さらに、各世代でゾウムシ口吻とツバキ果皮に働いたと推定される「平均的」な自然選択の強さ（haldanes/遺伝率）を計算した。その結果、14,000年間に働いたとされる平均的な自然選択は、実験室で観察された自然選択よりもはるかに弱いことがわかった。これは、口吻長や果皮厚に働く自然選択の方向がたびたび入れ替わったか、すでに（共）進化的な平衡に達していることを示唆する。後者の仮説が正しいとすれば、野外において軍拡競走が非常に急速に起こっていることになる。

## 【WS19-2】 形質置換：カワトンボの種間交雑と種内多型

林文男 (首都大・生命)

日本では、オオカワトンボとカワトンボが異所的に生息する地域と同所的に生息する地域がある。両種の翅の色彩には多型があり、オオカワトンボでは部分有色型オス、無色型オス、全体有色型オス、無色型メス、全体有色型メスが、カワトンボでは部分有色型オス、無色型オス、無色型メスが存在する。これらの翅の色彩型の組み合わせは地域ごとにモザイク状に変化する。各地域の翅の色彩型の組み合わせは、2種間で全く異なる場合（形質置換あり）から全く同じ場合（形質置換なし）まで様々である。核DNAによって2種を判定し、外部形態の種間差の程度とミトコンドリアDNAの共有度から種間交雑の程度を比較した結果、種間交雑が促進されて外部形態の種差が小さくなっている地域と、種間交雑が抑制されて外部形態の種差が維持されている地域が認められた。前者では形質置換が不十分である場合が多く、後者では形質置換が完全であるか、あるいは全ての翅の色彩多型が存在するかのどちらかであった。形質置換は形態的種間差を急速に増大させ、その後種分化がさらに進むと、種間で類似の形態的個体の共存も可能になるのではないかと考えられる。

### 【WS19-3】 機能転移：ショウジョウバエの交尾器の数の進化

○上村佳孝（慶大・商）

昆虫類の（特に雄の）交尾器形態は進化の速い形態形質であり、種間の差異が明瞭に現れることが多く、記載・同定の際に広く利用されている。しかし、あまりにも進化速度が速いため、近縁な種間においても交尾器パーツの相同性の推定が難しい場合もある。その速い進化をもたらす選択圧として、雌雄間の性的対立を含む性選択の役割が重視されるが、複数のパーツが複雑に組み合わせられた昆虫の交尾器の構造自体にも、速い進化を可能とする原因が隠されていると考えられる。今回の発表では、ある生態・行動・生理的機能を担う器官が、ある器官から別の器官へと変更される進化を『機能転移』とし、以下の事例を紹介しながら、交尾器の多様化における役割を考察する。1) キイロショウジョウバエ種群の多くの種において、オスの交尾器の一部がメスの体を傷つける現象が生じているが、創傷を担当する器官は多様である。2) アナナスショウジョウバエ種亜群内において、フタクシショウジョウバエ種複合体を形成する4種では、精子を渡す機能がaedeagusから創傷器官である一對のbasal processへと転移している。結果として傷口を通しての移精が生じている。

### 【WS19-4】 前適応：ショウジョウバエの味覚変異と食草転換

○松尾隆嗣（首大・理工）

セイシェルショウジョウバエは、モデル生物であるキイロショウジョウバエから見て最も近縁な種の一つであるが、生息地においては「タヒチアン・ノニ」の果実のみを繁殖場所としている。ノニの熟果は、節足動物に対して広く毒性を持つオクタン酸を高濃度で含んでおり、セイシェルショウジョウバエ以外のショウジョウバエはこれを忌避する。我々は遺伝学的な解析により、オクタン酸に対する忌避行動に匂い物質結合蛋白質が関与していることを明らかにした。セイシェルショウジョウバエと最も近縁なオナジショウジョウバエとの分岐は数十万年前と推定されている一方、生息地であるセイシェル諸島へのノニの移入は人為的なもので、高々数千年以内の出来事であるという説も提唱されている。我々の得た結果と、オクタン酸抵抗性に関わる遺伝子座についての先行研究を合わせると、セイシェルショウジョウバエの食草転換がごく短期間に完了したというシナリオも成立し得ることを示す。また、ショウジョウバエの味覚・嗅覚受容体遺伝子についてのゲノムレベル解析の結果と照らしあわせて、そのようなシナリオによる短期間での食草転換がどれほどの一般性を持ち得るかについて論じる。

### 【WS19-5】 多面発現：アゲハチョウ幼虫の発色機構と紋様形成

○二橋亮1,2・藤原晴彦1（1東大・新領域・先端生命、2生物研）

アゲハの幼虫は4 齢までは全身の大部分を黒色部が占め、鳥のフンに擬態している。しかし、5 齢になると全身が緑色になって周囲の草木に紛れ込む。これは、鱗翅目昆虫のモデル生物であるカイコなどとは、大きく異なる特徴である。演者らは、アゲハ幼虫の特徴を分子レベルで探るために、アゲハ、シロオビアゲハ、カイコの3種で幼虫皮膚のcDNA libraryを作製して、ESTデータベースを構築し、種間比較を行った。その結果、黒い紋様に関わるメラニン合成酵素遺伝子は、発現の変化が重要であるのに対して、青や黄色の紋様に関わる色素結合蛋白質は、3種間で遺伝子のパラログ数が異なっており、種間で機能が変化していることが示唆された。また、外骨格を作るクチクラ蛋白質も種間の多様性が高く、アゲハに特徴的な形質に関わっている遺伝子も複数見出された。さらに、紋様に関わる遺伝子の中には、カイコや他の生物に相同遺伝子の存在しない例も確認された。アゲハの幼虫を材料に、紋様に関わる遺伝子の進化について考察したい。

# WS20 意識の起源と進化

池上 高志 (東大・総合文化研究科)

8月24日 15:15-17:15 D会場

進化のダイナミクスでどのように意識が生まれ発展しうるか、それを理論および実験科学の立場から議論する。理論として、茂木、郡司、の時間論、脳科学実験として、藤井、岡ノ谷の相互作用している脳のデータ、シミュレーションから谷、池上の力学系モデルとして、総合的に議論を深める。

## 【WS20-1】 Coupling/Decoupling dynamicsとしての意識

池上 高志 (東大・総合文化研究科)

## 【WS20-2】 意識における相互作用同時性

茂木 健一郎 (ソニーコンピュータサイエンス研究所)

## 【WS20-3】 時間と時計

郡司ペギオ-幸夫 (神戸大・理学研究科)

生命とは、「X」と「Xであること」の両義性がもたらす自己言及的構造を、外界との接続によって意味論的に絶えず解体するシステムと言えるだろう。本講演では、この構造に関して、時間および分子時計を論じる。時間は、客観的時空（順序構造）とその解釈（時間様相）の相対運動が織り成す自己言及的構造を絶えず解体する動的構造として構想することができる。このような時間論は、デジャブや因果知覚の逆転などを理解する認知的時間のモデル足り得る。いわゆる時間が、客観的時空とその（主観的）解釈の両者を包摂するのに対し、時計は、この種の両義性をもたない、きわめて単純な機械的装置に思える。しかし近年明らかになりつつあるKaïCの概日周期メカニズムは、マイクロレベルとマクロレベルの相互規定（自己言及）と、これを絶えず解体する機構を示唆するものである。すなわち分子時計レベルに、時間同様の構造が発見できる。ここではマイクロレベルの確率的反応計算とマクロレベルの反応速度方程式の動的調整が、広義のモノマーシャフリングによって絶えず脱構築され、頑健なリズムをもたらす可能性について論じ、時間と時計の意味を捉えなおす。



## 【WS20-4】 意識的な記号的計算の背後にある非記号的なダイナミクス

○杉田祐也、谷淳（理化学研究所・脳科学総合研究センター）

組み合わせ的な構造を持つ複雑な行動を学習する際に、意識的なプロセスと無意識的なプロセスの双方を協調的に用いることが観察できる。例えば、自動車の運転の学習の初期には要素的な操作の明示的な組み合わせとして運転操作を捉えるが、習熟後には各要素の明確な区切りは忘れ去られてしまう。部分要素の合成としての全体と区切れが意識されない統一的な全体のそれぞれの背後のメカニズムはどのようなものなのだろうか？ 本発表では、両方を連続的に説明する理論的枠組みを示し、それに基づいた計算モデル実験の結果をもとに議論する。

## 【WS20-5】 意識の進化

岡ノ谷一夫（理研・脳センター）

言葉は嘘をつくのに表情は嘘をつきにくいのはなぜか 言語は思考にもコミュニケーションにも使われるが、(内的にも外的にも) 表出される内容の多くは事実と対応しているわけではない。いっぽう、言語表出にともなう表情(発話の高さや強さの変動、いわゆるプロソディも含む)には、発話内容には表れない情動状態が反映されやすい。これはなぜだろうか。表情は形態記号(アイコン)だが、発話内容は象徴記号(シンボル)であるからであろう。表情は情動状態を正しく反映することで進化してきた。おそらく、養育者と幼若個体との情動伝達が、表情を進化させたもっとも強い淘汰圧なのではないか。それに対して、発話内容は社会操作の効率と形式的な複雑さを淘汰圧としたのであろう。結論として、表情は即時的にも正直な信号である必要があるが、発話内容は即時的には虚偽でも長期的な信頼の積み重ねの結果として正直な信号となればよいのである。以上の考察より、社会的効率を最大化させながら情動状態を充足させるための情報整理装置として自己意識が生じたとの見解を提案する。この見解は、物理的世界と内的世界との「ずれ」として意識が生じたとの見解にも通じる。

## 【WS20-6】 2匹のサルの相互作用にみる意識起源の考察

○藤井 直敬(理研)

今回我々は、ニホンザルの個体間相互作用を通じて、意識の起源について考察を行った。ニホンザルは自然状態では道具使用を行う事はあまりないが、人工的な実験環境でトレーニングをすることでその能力を身につける事が可能である。そのような能力を身につけた複数のサルをテーブル周辺に配置し、個体間にエサを巡る競合関係が生ずるようにした。すると、道具が存在しない場合、サル間には明瞭な社会的上下関係が構築され、下位のサルは上位サルの取るうとするエサには手を伸ばさないという行動抑制が見られた。しかし、そのような環境内に一本の道具を導入する事で、道具のない時には働いていた下位サルの行動抑制が破綻し、個体間に解決困難な新しい緊張が生まれることを観察した。この社会的破綻を解決するには、下位のサルが上位のサルの視点を獲得することが必要であるが、ニホンザルではそれは見られなかった。今回の実験は、道具による身体性の拡張が我々にも同様な社会的問題を引き起こし、その社会適応的圧力が我々の視点移動能力の獲得へ繋がった可能性を示唆する。



# 日本進化学会夏の学校

8月23日 9:00-11:30 E会場	メダカの生物学---発生、遺伝、進化から環境科学まで---
8月24日 9:00-11:30 E会場	地球環境変化と進化学
8月24日 13:00-15:00 E会場	MEGA4による分子系統解析
8月24日 15:15-17:15 E会場	植物の生態学

## 夏の学校1

### SSE1 メダカの生物学 --発生、遺伝、進化から環境科学まで-- 成瀬 清 (基生研・バイオリソース) 8月23日 9:30-12:00 E会場

メダカの生物学は20世紀初頭からの古い歴史をもつ。脊椎動物初のメンデル遺伝の確認、限性遺伝の発見、完全に機能的な性転換個体の人為的作出など様々な研究がおこなわれてきた。これらの研究に基づいて2000年前後から大規模な転写産物の解析、ENUをもちいたゲノムワイドな突然変異体の同定、そしてゲノム塩基配列の決定とメダカを用いた研究を加速させる大規模なリソース開発がおこなわれた。現在ではこれらのリソースは誰でも自由に利用できる体制が整いつつある。今回のワークショップではメダカを用いた研究の過去をふりかえるとともに、このような現状をふまえ、どのような研究が可能なのかということについて講演者の方々とともに考えてみたい。

#### 【SSE1-1】 誰でも性は変わりうる？～性分化に影響を与える生殖細胞

田中実 (基礎生物学研究所・生殖遺伝学研究室)

脊椎動物の発生において性が最初に決まる組織は生殖腺である。未分化な生殖腺の原基では体細胞側の性がまず決定し、配偶子へと分化する生殖細胞がその影響を受けて性分化を行ない、最終的に卵巣と精巣が分化すると考えられている。日本のメダカ(*Oryzias latipes*)の性はY染色体上の遺伝子によって決定されることが知られているが、生殖腺を構成する多数の細胞種がどのようにして性分化を行ない、機能的な卵巣・精巣を形成するのか、その詳細は知られていない。我々は、生殖細胞を全く欠いたメダカの作出を行ない、このメダカが遺伝的性がメスにも関わらず雄型第二性徴を示すことを見いだした。また逆に生殖細胞が過形成するメダカ突然変異体 *hotei*では遺伝的性が雄のメダカが機能的な雌に性転換していた。さらに組織学的、遺伝学的、内分泌学的解析を行なうことにより、今まで性分化には関与しないと言われていた生殖細胞が性分化に深く関与し、生殖細胞がない状態では体細胞が遺伝的性にも関わらず雄様の細胞に分化することが明らかとなった。以上の結果をもとに、遺伝的性決定を行なう動物の性的可塑性の機構について議論したい。

## 【SSE1-2】 メダカ属魚類を用いたアジアの環境モニタリングの試み

○木下政人1、○井上広滋2（1京大・院農、2東大・海洋研）

メダカ（*Oryzias*）属魚類はこれまでに約20種が報告されており、そのすべてがアジア域に分布している。我々は、急速に経済発展するアジア域における自然環境の変化を把握するためのモデルとして、メダカ属魚類の活用を提案したい。現在の具体的活動として、1）海水中で飼育できるジャワメダカやインドメダカのモデル海水魚としての活用、2）メダカ属魚類各種の分布域の記録の集積、3）トランスジェニックメダカを用いた内分泌攪乱物質など水質汚染のモニタリング、を日本学術振興会多国間拠点大学交流事業「沿岸海洋学」の支援のもとに開始している。これらの研究は、メダカ属魚類の持つ幅広い環境条件への適応能力や、遺伝的多様性などの特徴を生かしたものであるうえ、基本的に特殊な機器や大きな予算を必要とせず、地元の魚を用いて研究できるアジアの研究者にアドバンテージがあるため、アジア地域の科学の発展にも寄与できることを期待している。

## 【SSE1-3】 メダカの量的形質とその遺伝学的解析

○新屋みのり1、2（1遺伝研・系統生物研究センター、2総研大）

多岐に亘る研究者の惜しめない努力により、メンデル遺伝に従う形質の原因遺伝子同定の方法論は、この十年程度の間には確固として確立された。こうした流れを受け、次なる課題として注目を集めているのが、メンデル遺伝には従わない、複雑な遺伝様式を示す形質のマッピングおよび遺伝子同定の手法である。形質が連続的に変化する量的形質は、その多くが複雑な遺伝様式を示し、その形成には複数の遺伝要因に加えて環境要因も関わると考えられている。このような形質の遺伝学的解析には遺伝的背景が均一な近交系集団の利用が望ましい。小型魚類であるメダカ（*Oryzias latipes*）では多数の近交系が樹立され、国内の研究室で維持されている。さらに、近年にはゲノムの解読やESTなどゲノム情報の蓄積が著しく、量的形質の解析を行うのに適したモデル動物となりつつある。ここでは、そうしたメダカにおける量的形質の紹介と、近交系を利用した量的形質の遺伝学的解析についてお話ししたい。

## 【SSE1-4】 フグとメダカの比較から見える魚類ゲノムの進化

○菊池潔（東大・水実）

「フグとメダカのゲノムは似ている。」と言われたら、ゲノムのどういう面が似ていると思ひ浮かべますか？まず、遺伝子の数やレパートリーが似ていると考えるのではないのでしょうか。また、塩基配列が似通っていると思う人も多いと思います。でもゲノムを比べる観点はまだあります。例えば、遺伝子の並び順や染色体の数などです。これらの視点からゲノムを比較することで、祖先生物のゲノムの構造を推定することができます。この作業はゲノム考古学と呼ばれていたりします。昨年公開されたメダカのゲノム配列情報は、脊椎動物の祖先から魚やヒトにいたるまでゲノム構造がどう進化（変化）してきたかを解き明かすのに大変役立ちました。また、メダカの他にもフグなど4種の魚のゲノム配列が公開されていて、魚が進化する過程でゲノムがどう変化してきたかという点も詳細にわかってきました。本講義では、まず、フグとメダカのデータを中心として、魚のゲノム進化の概要を解説したいと思います。また、「フグとメダカのゲノムは似ている。」ことを利用して、ゲノムが解析されていない多くの魚の研究にメダカのゲノム情報を利用する方向性について紹介したいと思います。

夏の学校2

## **SSE2 地球環境変化と進化学**

河田 雅圭 (東北大・生命科学)

8月24日 9:00-11:30 E会場

地球温暖化などの急激な地球環境変化は生態系に直接影響をおよぼすだけでなく、生物の進化的な変化を引き起こすことが予想される。地球温暖化による生態系の影響を考える上で生物進化が重要であることがすでに指摘されている。講義では、今後確実に生じる地球環境変化への対応において進化学が果たす役割について考察する。

### **【SSE2-1】 I. 過去の地球環境変化と進化**

#### **温暖期地球の生物はどうなったか？—地球史から温暖化世界をみる—**

鈴木紀毅 (東北大・院理)

過去の地球には、北極の夏の気温15度くらいになり生物相が大きく変わった時代がある。しかし、それは生物多様性の変遷や進化という観点から見た場合に最悪のシナリオだったのだろうか？地球史の記録から温暖化が生物に与えた影響を紹介したい。

### **【SSE2-2】 II. 現在から未来への影響**

#### **地球温暖化による生物進化と生物多様性の変化**

河田雅圭 (東北大・生命科学)

今後、地球温暖化により2度から4度温度が上昇すると予測される。このような温度上昇に対して、移動や生理的順応だけでなく、進化的に反応することが予測される。過去に地球上で温度上昇がみられたとき、生物が移動あるいは進化によって生物多様性の減少が免れたという研究もある。今後、地球温暖化による地球上の生態系や生物多様性の影響を予測し、その影響を緩和することが必要である。そのような影響予測や影響緩和に対して、進化学はどのように貢献できるのだろうか？本講義では、今後の温度上昇に対する生態系や生物多様性の変化に生物の進化はどのように関わるのかについて、現在の進化学の理論や実証研究をもとに考察をしたい。

## 夏の学校3

### **SSE3** MEGA4による分子系統解析

田村 浩一郎 (首都大・院理工)

8月24日 13:00-15:00 E会場

【SSE3】 MEGA4による分子系統解析

田村浩一郎 (首都大・院理工)

MEGA4はDNA塩基配列、タンパク質アミノ酸配列データを分子系統解析するためのWindowsパソコン上で動作するコンピュータプログラムです。配列データの準備、多重アライメント、系統樹推定など、系統解析に必要な機能を一通り備えています。この夏の学校では、開発者自身によってMEGA4による分子系統解析を実演・解説します。初心者には基本的な使い方を、使用経験のある中級者には正しい使い方を、パワーユーザにはあまり知られていない裏技を披露したいと思っています。後半は参加者からの質疑応答やMEGAの将来についての議論など、インタラクティブな形式で進めたいと思っています。

## 夏の学校4

### **SSE4** 植物の生態学

矢原徹一 (九大・院理)

8月24日 15:15-17:15 E会場

【SSE4】 植物の生態学

矢原徹一 (九大・院理)

全世界には、25万種の陸上植物が記載されています。この数字は、昆虫（75万種）に次ぐ値です。昆虫の多くは、特定の陸上植物を食草として利用します。したがって、陸上の生態系の多様性は、陸上植物によって支えられていると言っても過言ではないでしょう。では、植物はなぜこんなにも多様なのでしょうか？昆虫がさまざまな植物に適応することによって多様化しているのに対して、陸上植物が利用する資源（光・水・栄養素）は共通性が高く、これらの資源を利用する方法の多様性だけでは、25万種もの種多様性はとても説明できません。陸上植物に見られるめざましい多様性を説明するために、たくさんの仮説が提唱されてきました。主要なものをあげると、以下のとおりです。（1）ニッチ分化説：微地形などに適応して多様化した。（2）中規模かく乱説：中程度のかく乱が種の多様性を高める。（3）ジャンセン・コンネル説：天敵や病原体によって優勢な種が不利になる。（4）中立説：中立的な種分化、移住、絶滅のバランスの下で多様性が保たれる。どの仮説にもそれを支持する証拠があるので、植物多様性の進化と維持には複数の要因が関わっていると見るべきでしょう。では、どの要因がどの程度重要なのでしょうか。この問に答えるためには、系統樹の情報が必要です。「種多様性の維持機構」という植物生態学の基本問題は、実は進化生物学の問題にほかならないことを説明します。そのうえで、どの要因がどの程度重要かについて、私の研究成果を紹介します。

# 高校生ポスター発表

## 【HP-01】 フナムシの地域傾向性について

近藤 大介, 田村 勇二, 清水 円, 大戸 敦也 (埼玉県立蕨高等学校・生物部)

フナムシはその動きと集団で群がることから敬遠されがちな生物だが、磯の掃除役として生態系の維持には欠かせない生物であり、形態を見れば見るほどに愛らしさを感じる。このフナムシの魅力を広めることを目標に研究をしている。今回はまず環境個体差が出るのか調べることにした。日本では地域により4系統知られているが、その1系統が生息する地域にて、同系統ながら生息する環境の違いで形態に差が生じるのか調べている。

## 【HP-02】 進化の実験室 ガラパゴス島探訪

佐藤 隆太郎, 門井 悠, 大野谷 成美, 根本 奈緒, 佐藤 敬近, 金子 桃子, 渡邊 峻  
(清真学園高等学校)

清真学園高校では、SSHの海外研修で、7月20日～7月26日にエクアドルのガラパゴス諸島を訪れます。そこで目にする事の出来る、ゾウガメ・イグアナ・フィンチ等の貴重な固有種を写真に収め、その生態や進化について学習した成果を発表します。

また現在のガラパゴスは、外来種の侵入対策、海洋資源の乱獲、ゴミ処理等の課題を抱えています。世界遺産にも指定されているこの島を守るために、ダーウィン研究所や国立公園局がどのような対策を講じているかを報告します

## 【HP-03】 外的環境の変化におけるミドリムシの反応

山本 理 (兵庫県立神戸高等学校)

名前はよく知られているが、教科書等でもあまり詳しく紹介されないミドリムシに以下の実験を行った。

- ・ミドリムシへの赤、青、緑、黄の単色光の照射と培養液の吸光スペクトルの測定
- ・薄層クロマトグラフィーを用いたミドリムシと緑色植物との光合成色素の比較
- ・ソーダ水を加えたり排気ガスを吹き込んだりした色々な培養液を使ったミドリムシの培養・観察
- ・水素イオン濃度を変えた培養液を使ったミドリムシの培養・観察

以上の実験を通して、ミドリムシと緑色植物それぞれがもつ様々な光合成色素に関しては、種類こそ同じものを含んではいるがその割合は大きく異なると推測することができた。

#### 【HP-04】 生分解性プラスチックの土壌菌類による分解

秋山 浩輝, 榊原 真悟, 田中 慎也 (埼玉県立蕨高等学校・生物部)

環境にやさしいとされ、コンビニ弁当ケースなどに使われている生分解性プラスチックだが、これを分解する微生物の力を調べることにした。生分解性プラスチックのうちポリ乳酸 (PLA) の微生物による分解について次の4段階で調べることにした。①PLAを作成。これは市販のPLAではコーティング剤が塗布されているので、これを除いた値を出すためである。次に②PLAの各種土壌による分解速度の測定をした。畑や花壇などの土壌にて、分解量が多い土壌を探した。実験中のPLAにいくつかの色素沈着を見つけ、これは土壌菌類によるものではないかという予想の下、各色素沈着を単離培養した。この観察により、③PLAを分解する土壌微生物の同定の試みを行った。その結果、菌類だと分かり、④土壌菌類による分解速度の測定し、各菌類で分解速度に違いがあることが分かった。

現在は、非常に分かりにくい土壌菌類の同定だが、PLAへの色素沈着の色で同定が可能かを調べているところである。

#### 【HP-05】 tRNAのイントロンとエンドヌクレアーゼの共進化

松原 拓哉 (東邦大学付属東邦高校)

生物の持つtRNAの起源や進化はこれまで広く議論されてきた。原始生命に近いとされる古細菌には幾つかtRNAが同定されていなかったが、慶應義塾大学の研究チームは、tRNA予測ソフトSPLITSを開発し未発見のtRNAがイントロンを持つものであることを明らかにした。

この発見から我々は、初期tRNAは短い塩基数のイントロンを多く介在していたが、進化の過程で失ったのではないかと仮定し研究を行った。SPLITSのデータベースSPLITSdbから、イントロンの塩基数などのデータを取得し、スプライシングを行うエンドヌクレアーゼとの関係性を数値整理などにより解析した。なお、エンドヌクレアーゼは、ヘテロテトラマー、ホモダイマー、ホモテトラマー(以下、 $\alpha 2\beta 2$ 、 $\alpha 2$ 、 $\alpha 4$ )の3つの型が発見されている。

解析の結果、 $\alpha 2\beta 2$ をコードする種のtRNAは、比較的多くのイントロンを介在し、それらの長さは短い傾向にあった。一般的に、他と比べて $\alpha 2\beta 2$ が最も初期の型であると考えられていることから、初期tRNAは短いイントロンを複数介在していたが、エンドヌクレアーゼとの共進化により失われていったのではないかと考察する。

#### 【HP-06】 Venter、Watson両者のSNP解析からみる変異の有無と発病との関連性

西岡 英智 (安田学園)

2007年5月James Watson、2007年9月Craig Venterの全ゲノム配列公開、さらには2008年5月クリークの初の女性のゲノム配列が読み取るなど個人のゲノム配列が注目され始めている。そして次の段階として、オーダーメイド医療など個人間での0.1%の配列の差を考慮する時代に突入してきている。私は、今回同じ環境下でも個人差によって病気に発病する人、しない人がいることに興味をもったため塩基配列の変異の代表例であるSNPに着目し、一塩基変異と発病との関連性を探るためNCBIで発病との関連性が明らかになっているSNPについてBLASTを使い、Watson,Venterそれぞれの配列について変異の有無を調べた。SNPの制限として病名がわかっているものに絞り解析した結果、総解析数761中Watsonで10個、Venterで7個の変異が見つかった。その中で特にwatsonでは腫瘍抑制因子のTSC2の変異が、Venterでは大腸がんの一種である家族性大腸腺腫 (FAP) の発病に関連するAPC遺伝子についての変異が見つかった。このAPCはFAPの初期のポリープ形成に関与し、がんの進行に多分に関わっている。本研究では、主にがんにおける実際の発病とSNPの有無の関連性について考察する。



**【HP-07】 ミシマバイカモ(*Ranunculus nipponicus* (Makino) Nakai var. *japonicus* (Nakai) Hara)の系統分類上の位置づけ**

石井 将仁 (日本大学三島高等学校)

絶滅危惧植物であるミシマバイカモ(*Ranunculus nipponicus* (Makino) Nakai var. *japonicus* (Nakai) Hara)は、キンボウゲ科の多年生沈水植物である。水温約15°Cの清流に生育し、直径1~1.5 cmのウメに似た白い可憐な花を咲かせる。一方で、ミシマバイカモの遺伝情報はほとんどなく、分類学的な扱いが明確にできていない。本研究ではミシマバイカモの分類上の位置づけを遺伝子レベルで解析することにより明確にし、保全に関する基礎情報を得ることを目的とした。そのため、ミシマバイカモ、ミシマバイカモに分類学上もっとも近いとされているオオイチョウバイカモ(*R. nipponicus* (Makino) Nakai var. *major* Hara)、全国に広く分布するバイカモ(*R. nipponicus* (Makino) Nakai var. *submersus* Hara)からの10集団18個体を用い、*PhyC*、*GapC*、*AGL1*の3遺伝子について配列情報を得た。結果、ミシマバイカモ、オオイチョウバイカモ、バイカモ間の遺伝的な違いはいずれも小さかった。これら3種は分類学的にはひとつのグループに入れられるものかもしれない

**【HP-08】 WatsonとVenterの個人ゲノムを用いたSNP解析による変異の特定とその考察**

石黒 宗 (暁星国際学園ヨハネ研究の森コース)

2003年のヒトゲノム解読終了を皮切りに07年にはJames Watson、Craig Venterのゲノム配列が公開された。ゲノムの公開は、ゲノムレベルでの個人差の研究への幕開けを意味する。遺伝性疾患の有無、遺伝子の発現と疾患の関連性、複数のSNP同士の相互作用への理解など、重要な意味を持ち、臨床への応用も期待されている。本研究では、WatsonとVenterの先天性QT症候群(LQTS)関連SNPを網羅的に解析し、両者間における疾患の有無を探った。NCBIのdbSNPを使用し、アミノ酸置換又はプロモーター領域で起こる一塩基置換、rSNPとcSNPを解析対象とし、その結果、1809個のSNPを選出、Mega-Blastを用いて解析を行った。解析の結果、1809個中15個の変異を特定し、そのうちLQTSに関する変異は2個、2型と3型(SCN5A,KCNH2)のものであり、どちらもWatsonに変異が起きていた。このLQTSは1型から6型までに分類され、突然死を招く心臓疾患として知られる。心筋細胞のNaイオンチャネルをコードする遺伝子の変異によって、不活性化障害が起こり、心筋活動電位およびQT時間が延長されることでQTLSが発症すると言われている。このLQTS関連SNPの網羅的解析からWatsonに見つかった変異の考察を報告する。

**【HP-09】 メタボローム比較による大腸菌酵素欠損株の代謝解析**

大野 瞳 (東京都立戸山高校)

本研究では、大腸菌の代謝メカニズムを解明するために、解糖系の酵素欠損株の細胞内代謝物量を野生株の代謝物量と網羅的に比較した。CE-MS(キャピラリー電気泳動質量分析装置)によって計測された大腸菌メタボロームの生データを、JDUMPとMasterhandsという二つのソフトウェアを駆使して解析し、数千のピークの中から、*pfkB*欠損株と野生株間において有意に差があるピークを選別した。次に、有意に差があったピークの分子量と電気泳動時間からKEGGデータベースを用いて物質を推定した。もっとも大きく差があった物質はL-Histidinol Phosphateで、代謝経路上で*pfkB*より前に位置する。欠損させた酵素より経路上前に位置する物質は、通常増えると予想していたが、今回の解析結果では逆に減少が見られた。そこで私は、*pfkB*の欠損に伴いなんらかの代替経路が活性化した、という仮説を立てた。そこでこの仮説を検証するために、代謝が促進されたと予測される経路上の物質の増減を解析し、考察した。

## 【HP-10】 ガムシ亜科3属3種の生態と系統

堀口 智博 (埼玉県立熊谷西高等学校・自然科学部)

ガムシ科の中でも、水田や池など止水系に住む一般的なものは、ガムシ亜科の3属3種である。最も一般的であったガムシ属ガムシは、ここ数十年で急速に姿を消しつつある。コガムシ属コガムシとヒメガムシ属ヒメガムシは、まだ県内でもよく見かけられる。このガムシ亜科3属3種は体の大きさ以外は、形態や生態がよく似ている。これらの間に生存競争は起こらないのだろうか？ また、系統関係は、どうなっているのだろうか？

これまでの研究から、ガムシ亜科3属3種の系統は、生活史、生態戦略の面からはガムシとコガムシが近縁のように見えたが、腹部にあるいわゆる「牙」の形態を見るとガムシとヒメガムシが近縁に見える。。

## 【HP-11】 ヒトはどうしてヒトなのか？

木村 舞子, 齋藤 勇佑 (秋田県立大館鳳鳴高等学校・生物部)

シーケンシングで得られたゲノム配列の比較解析により、ヒトとチンパンジーの間にはおよそ1,2%の違いがあることがわかった。しかし、遺伝情報の何がヒトを特徴付けているのかは謎のままである。近年、アレイを利用した比較ゲノムハイブリダイゼーション (comparative genomic hybridization; CGH) により、これまで明らかになったものとは異なる差異がヒトと他の霊長類の間に存在することがわかってきた。それは、1箇所が数Kbp以上にも及ぶ大きな変化で、染色体領域のコピー数の違いを生じる。遺伝子の重複は、遺伝子の新機能獲得に関与すると考えられていることから、これらは種分化に関連している可能性もある。

そこで、我々はアレイCGHによってヒトとチンパンジーで差異が検出された染色体領域について調べてみることにした。今回は、これまでに報告されている領域がどのような領域かデータベースを利用して調べた成果を中心に紹介する。

## 参加者名簿

	氏名	所属	発表番号	懇親会
B	Brockhurst, Michael	University of Liverpool	S02-2	○
C	Cant, Michael	University of Exeter, UK	S12-1	○
F	Fukami, Tadashi	Department of Zoology, University of Hawaii at Manoa	S02-3	○
G	Greig, Duncan	University College London	OP4-02	○
	Grunewald, Stefan	The McDermott Center for Human Growth and Development University of Texas	S03-2	
J	Jonniaux, Pierre	名古屋大学大学院 理学研究科 生命理学専攻 博士後 期課程3年、名古屋市立大学大学院 システム自然科学 研究科 研究員		
K	Kryukov, Kirill	Division of Population Genetics, National Institute of Genetics	OP2-08	
	Kutsukake, Nobuyuki	Dept. Evolutionary Studies of Biosystems, The Graduate University for Advanced Studies	OP4-01, S12-3	○
M	Mariadassou, Mahendra	東京大学農学生命科学研究科生物測定学研究室	P-112	○
	Mzighani, Semvua	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P-013	○
N	Nei, Masatoshi	The Pennsylvania State University	S07-1, S04-3	○
O	Olinski, Robert	Department of Biological Sciences, Graduate School of Biotechnology, Okada Laboratory of Molecular Evolution		
P	Provine, William B.	Department of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell University	S04-1	○
S	Sheridan, Paul	Tokyo Institute of Technology	P-036	
T	Tsiantis, Miltos	University of Oxford	WS08-2	○
W	Wooding, Stephen	The McDermott Center for Human Growth and Development University of Texas Southwestern Medical center	S08-1	
Y	Yamaguchi, Takahiro	National Institute for Basic Biology	WS08-4	
	Yokoyama, Ken-Daigoro	Duke University	P-070	○
	Yokoyama, Shozo	Emory University	S07-2	○
あ	相川 慎一郎	神戸大学大学院理学研究科生物学専攻	P-105	
	相沢 慎一	CDB、理研神戸	S07-4	
	秋田 鉄也	横浜国立大学大学院環境情報学府 環境リスクマネジメント 専攻	P-027	○
	浅間 一	東京大学 人工物工学研究センター	WS10-1, P-016	

氏名	所属	発表番号	懇親会
浅見 崇比呂	信州大学理学部	P-037, P-046, WS03-3	○
東 陽一郎	東京大学海洋研究所 海洋生命科学部門 分子海洋科学分野	P-078	
足立 直樹	理化学研究所 ASI システム計算生物学研究グループ		○
天野 典英	サントリー (株)		
荒木 希和子	京都大学・生態学研究センター	P-028	
荒木 仁志	Eawag, Swiss Federal Institute of Aquatic Science and Technology		○
安房田 智司	北海道大学北方生物圏フィールド科学センター白尻水産実験所		
い 飯田 幸一郎	名古屋大学大学院生命農学研究科	P-090	
井川 武	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	P-068	○
池内 桃子	東京大学理学系研究科生物科学専攻進化多様性生物学大講座		
池尾 一穂	国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター		
池田 啓	京都大学 大学院 人間・環境学研究科	P-107, P-106	○
池田 紘士	京大・院理・動物		
池谷 祐幸	農業・食品産業技術総合研究機構果樹研究所		
石井 伸昌	独立行政法人 放射線医学総合研究所 環境放射線影響研究グループ	WS13-5	○
石川 麻乃	北大・環境科学	P-054	○
石川 由希	北海道大学 大学院環境科学院	P-014	○
石黒 潔	農研機構・中央農研		○
石田 知子	慶應義塾大学文学研究科修士2年	WS07-3	
石渡 啓介	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-087, OP3-04	○
井磧 直行	九州大学理学府	OP1-02	
磯崎 行雄	東京大学大学院総合文化研究科		
板井 章浩	鳥取大学農学部		
市橋 泰範	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻		
伊藤 剛	農業生物資源研究所	OP3-13, OP3-12	○
伊藤 洋	東京大学 総合文化研究科 広域科学専攻 池上研究室	P-030	
伊藤 元己	東京大学・総合文化・広域システム	P-018	○
伊藤 優	東京大学大学院理学系研究科附属植物園		
井ノ上 逸朗	東海大学総合医学研究所	S08-4	
井上 広滋	東京大学海洋研究所	SSE1-2,	
今井 正巳	相模原市立旭中学校		
今西 規	産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター	P-069, OP2-06	
巖佐 庸	九州大学大学院理学研究院生物科学部門	S01-1, OP4-13, OP1-12, OP4-14, P-026	○
岩寄 航	東北大学大学院生命科学研究科	P-111	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
岩瀬 峰代	総合研究大学院大学		○
岩田 浩明	京都大学大学院情報学研究科知能情報学専攻生命情報学講座		
う 上田 昇平	信州大学大学院総合工学系研究科	P-094	○
上田 千晶	大阪大学大学院 理学研究科 生物科学専攻 生命誌学研究室		○
上原 隆司	九大・理	OP4-13	○
植松 圭吾	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻広域システム科学系嶋田研究室	P-031, P-017	
魚住 太郎	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻生命誌学研究室	OP3-04	○
宇佐見 健	基礎生物学研究所		
打田 直行	奈良先端科学技術大学院大学 バイオサイエンス研究科	WS08-4	
内山 郁夫	自然科学研究機構基礎生物学研究所	S06-3	○
宇津野 宏樹	信州大学・理学部	P-037	○
生形 貴男	静岡大学理学部地球科学科	P-001	○
え 江澤 潔	情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門 斎藤研究室	OP2-07, P-123	
海老原 淳	国立科学博物館 植物研究部	WS02-2	
遠藤 一佳	筑波大学大学院生命環境科学研究科地球進化科学専攻	S13-2	○
お 王丸 哲文	日本大学大学院		
大里 直樹	産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター	P-126	
大島 一正	基礎生物学研究所 生物進化研究部門	S09-5	○
太田 欽也	理研 発生再生科学総合研究センター 形態進化研究グループ	OP2-15	○
大田 竜也	総合研究大学院大学先導科学研究科		○
太田 朋子	国立遺伝学研究所	S04-2	
太田 博樹	東大・院新領域	WS14-3	
大槻 亜紀子	総合研究大学院大学	OP1-14, OP1-13	○
大槻 久	東京工業大学・大学院社会理工学研究科	S01-3, WS10-5	○
大音 徳	トヨタ自動車FP部バイオ・ラボ		
大西 拓一郎	国立国語研究所	PUB-3	
大野 ゆかり	東北大学生命科学研究科生物多様性進化		
大橋 順	筑波大学大学院人間総合科学研究科生命システム医学専攻	WS18-2, WS14-5, P-064	
大原 海	東京大学農学生命科学	P-061	
大淵 希郷	京都大学大学院 理学研究科 動物学教室	P-015	○
大森 亮介	九州大学理学府数理生物学研究室	OP1-14, OP1-13	○
岡島 泰久	名古屋大学大学院 理学研究科 生命理学専攻 博士後期課程3年、名古屋市立大学大学院 システム自然科学研究科 研究員	OP3-09	

氏名	所属	発表番号	懇親会
岡田 典弘	東京工業大学大学院 生命理工学研究科 生体システム 専攻	P-061, S07-3, P-118, P-081, P-059, P-079, OP4-09, OP3- 06, WS17-4, WS06-3, OP3- 05, OP3-15	○
岡田 龍一	徳島文理大学香川薬学部	WS10-3	
尾形 光昭	横浜市環境創造局繁殖センター	P-072	
岡ノ谷 一夫	理化学研究所脳科学総合研究センター	WS20-5, WS16-1	
岡本 忍	かずさDNA研究所	WS11-4	
岡本 朋子	京都大学大学院 人間・環境学研究科	P-024, P-023	○
岡本 治子	基礎生物学研究所 ゲノム動態研究部門		
小川 智久	東北大学大学院生命科学研究所	WS09-2	○
小川 陽平	岐阜大学応用生物科学部多様性保全研究室		
荻村 英雄	東京大学統括プロジェクト機構		○
奥山 雄大	(財)岩手生物工学研究センター	P-024, WS02-1	○
尾崎 まみこ	神戸大学大学院理学研究科生物学専攻	WS10-2	○
尾崎 有紀	奈良女子大学大学院 人間文化研究科 共生自然科学専 攻		
長田 直樹	独立行政法人 医薬基盤研究所	S08-3	
尾本 恵市	総合研究大学院大学・葉山高等研究センター	S05-4	○
折原 貴道	鳥取大学大学院農学研究科生物生産科学専攻	OP1-10	
か 影沢 達夫	東京理科大学基礎工学部生物工学科松野研究室	P-053, P-052	
覚正 信徳	理化学研究所		
懸樋 潤一	岡山大学大学院		
梶 智就	静岡大学創造科学技術大学院	OP2-12	○
柏木 明子	弘前大学農学生命科学部	WS13-2	○
角 友之	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	WS15-4	○
加藤 徹	首都大学東京 都市教養学部理工学系		○
加藤 俊英	東京大学大学院・総合文化研究科	P-018	○
門脇 辰彦	名古屋大学大学院生命農学研究科	P-089	
兼井 麻利	東京大学大学院理学系研究科		
金子 聡子	お茶の水女子大学 生命情報学教育研究センター	WS11-3	
上村 佳孝	慶應義塾大学・商学部	WS19-3	
神谷 充伸	福井県立大学 生物資源学部 海洋生物資源学科	P-003	
亀田 勇一	京都大学大学院人間・環境学研究科	WS02-5	○
川井田 眸	九州大学大学院理学府生物科学	P-100	○
川口 眞理	東京大学海洋研究所	P-051, OP2-03	
川崎 和彦	ペンシルバニア州立大学	S13-4	○
河崎 祐樹	名古屋大学大学院 生命農学研究科	P-088	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
河田 雅圭	東北大学大学院生命科学研究科	P-111, SSE2-2, P-005, P-038, P-034, P-009	○
河野 信	大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター	WS11-2	
川平 清香	総研大・先導科学	OP4-07	○
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	WS09-4, OP3-08, P-038, OP4-10, OP3-07	○
神戸 崇	北海道大学大学院農学研究科 生物生態体系学講座 昆虫体系学研究室	OP4-05	
き 菊川 信人	京都大学理学研究科動物学教室	P-045	○
菊池 潔	東京大学大学院農学生命科学研究科附属水産実験所	SSE1-4	
菊池 義智	産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門	P-021, OP1-06	
岸本 利彦	東邦大学理学部	WS13-1	○
北澤 茂	順天堂大学医学部	WS16-3	
北添 康弘	高知大学	P-060	
北野 潤	Fred Hutchinson Cancer Research Center	WS12-2, S09-4, WS12-1	○
北野 誉	茨城大学 工学部 生体分子機能工学科	P-119, S03-4	○
木下 政人	京都大学大学院農学研究科応用生物科学専攻	SSE1-2,	
金 慧琳	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	WS18-5	○
木村 光伸	名古屋学院大学人間健康学部		
木村 幹子	北海道大学大学院環境科学院	P-005	○
木村 亮介	東海大学医学部	WS18-2, WS14-2, S08-2, WS14-5	○
く 楠見 淳子	JT生命誌研究館		○
工藤 洋	京大大学生態学研究センター	P-105, S09-3, P-042	○
久保 勲生	大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻共生ネットワークデザイン学講座	P-022	○
倉田 哲也	科学技術振興機構ERATO長谷部分化全能性進化プロジェクト	WS04-4	
倉谷 滋	理化学研究所 発生・再生科学総合研究センター 形態進化研究グループ	OP2-15, WS06-5, OP2-16, OP2-14, P-057	○
栗岩 薫	国立科学博物館		
栗原 晴子	長崎大学 環東シナ海海洋環境資源研究センター	S13-1	○
黒島 麻衣	名大・院情報科学		
ぐ 郡司 ベギオ-幸夫	神戸大学理学研究科	WS20-3	
こ 河野 あづみ	東海大学医学部基礎医学系分子生命科学	P-077	
古賀 章彦	名古屋大学・理学部	OP2-02	○
小北 智之	福井県立大学生物資源学部	WS12-5	

氏名	所属	発表番号	懇親会
小島 健司	東京工業大学大学院生命理工学研究科生体システム専攻	P-118	
小島 瞳	岐阜大学多様性保全学研究室		
小寺 啓文	東京理科大学 理工学部 応用生物科学科 坂口研究室	P-120	
小西 繭	信州大学SVBL		○
小林 一三	東京大学新領域創成科学研究科メディカルゲノム専攻	S06-1, OP1-11	
小林 和也	北海道大学農学部動物生態	WS03-5	○
小林 直樹	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P-081, OP3-15	○
小宮 剛	東京工業大学地球惑星科学専攻	WS17-3	
小見山 智義	東海大学 医学部	P-082	○
小森 敏	東京大学 理学系研究科 生物科学専攻		
小谷野 仁	東京大学大学院農学生命科学研究科	OP3-14	○
小藪 大輔	東京大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-044, P-043	○
昆 健志	東京大学 海洋研究所 分子海洋科学分野	P-002, P-080	○
近藤 公乗			
近藤 るみ	お茶の水女子大学大学院 人間文化創成科学研究科 自然・応用科学系	P-096	○
こ 郷 通子	お茶の水女子大学	P-108	
郷 康広	京都大学大学院理学研究科グローバルCOE特別講座	P-097, P-063	○
五條堀 淳	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	P-071	○
五條堀 孝	国立遺伝学研究所	P-082, OP2-06, S07-5, S10-3, P-121	○
後藤 大輝	Center for Comparative Genomics and Bioinformatics, The Pennsylvania State University	WS05-6	○
後藤 龍太郎	京都大学 人間・環境学研究科 相関環境学専攻 加藤真研究室	P-023	○
後藤 亮	山形大学大学院理工学研究科地球共生圏科学専攻	OP2-04	
さ 齋藤 くれあ	岩手大学 21世紀COEプログラム	P-074	○
齋藤 茂	岩手大学	P-074, P-073	○
齊藤 大助	基礎生物学研究所生殖遺伝学研究室	P-076	
齋藤 成也	国立遺伝学研究所	OP2-07, P-123, S03-1	
佐伯 晃一	九州大・数理生物学	OP1-12	○
坂井 寛章	独立行政法人農業生物資源研究所	OP3-13	○
坂口 菊恵	お茶の水女子大学大学院 人間文化創成科学研究科		
坂手 龍一	産業技術総合研究所 バイオメディシナル情報研究センター	P-069, OP2-06	
坂本 佳子	大阪府大院 生命 昆虫	P-019	
笹川 一郎	日本歯科大学新潟生命歯学部先端研究センター		
佐々木 顕	総合研究大学院大学・葉山高等研究センター・生命共生体進化学専攻	S02-2, OP1-02, OP1-14, OP1-13, OP1-09, OP1-08, OP4-12	○



氏名	所属	発表番号	懇親会
佐々木 剛	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	P-087, OP3-04, P-109	○
佐々木 剛	東京工業大学生命理工学研究科生体システム	P-059	○
佐々木 直文	東京大学大学院 総合文化研究科 広域科学専攻	P-122	○
颯田 葉子	総合研究大学院大学先導科学研究科	P-068, WS18-5, WS18-1, P-067, P-127	○
佐藤 一憲	静岡大学工学部		○
佐藤 修正	かずさDNA研究所	WS04-1	
佐藤 剛	グロービス経営大学院大学		
佐藤 博俊	首都大学東京牧野標本館	WS02-3	
佐藤 匡浩	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		○
佐藤 正純	サセックス大学		
佐藤 行人	東京大学海洋研究所 分子海洋科学分野	WS09-5, P-075	○
佐藤 慶治	産総研 バイオメディシナル情報研究センター 分子システム情報統合チーム	OP2-06	
佐藤 佳史	名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科		
佐藤 行人		WS09-5, P-075	
真田 幸代	九州沖縄農業研究センター	OP1-03	○
佐野 明子	愛媛大学大学院理工学研究科		○
佐野 香織	上智大学 理工学研究科 生物科学領域	OP2-03	
澤井 裕美	大阪大学 微生物病研究所	P-124	
し 篠原 明男	宮崎大学フロンティア科学実験総合センター実験支援部門生物資源分野		
篠田 謙一	国立科学博物館人類研究部	PUB-2	
柴尾 晴信	東京大学 大学院総合文化研究科	P-031, P-017	
柴田 弘紀	九州大学 生体防御研究所	WS18-3	
嶋田 正和	東大・総合文化・広域科学	P-031, P-018, P-017	○
清水 啓介	信州大・理・生物	P-046	○
清水 裕	国立遺伝学研究所	P-100, OP2-11	
下平 英寿	東京工業大学 情報理工	S03-3	
下野 綾子	独立行政法人国立環境研究所		
庄野 孝範	東京慈恵会医科大学 博士課程	P-048	○
白井 剛	長浜バイオ大バイオサイエンス学部	WS09-2, WS18-4, WS09-3	○
城川 祐香	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻進化系統学研究室	P-004	○
白谷 嘉朗	三重大院生資		
新川 勉	東京大学大学院理学研究科野中研	P-093	○
新屋 みのり	国立遺伝学研究所系統生物研究センター	SSE1-3	
す 菅原 研	東北学院大学	WS10-4	

氏名	所属	発表番号	懇親会
杉田 祐也	理化学研究所 脳科学総合研究センター	WS20-4	
杉原 千紗	福山大学生命工学部生物工学科	P-099	
鈴木 清樹	九州大学理学府生物科学	OP1-09	○
鈴木 真介	理化学研究所脳科学総合研究センター	S01-4	○
鈴木 大	京都大学大学院理学研究科動物学教室動物系統学研究室	P-050	○
鈴木 隆雄	東京都老人総合研究所	S05-2	
鈴木 誉保	理研・CDB・形態進化	WS06-5, P-057	○
鈴木 紀毅	東北大学 大学院理学研究科 地学専攻	SSE2-1	○
鈴木 彦有	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P-079	○
鈴木 善幸	国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ研究センター	WS05-1	○
鈴木 留美子	総合研究大学院大学	P-123	
鈴木 麗璽	名古屋大学 大学院情報科学研究科	WS16-2,	○
須島 充昭	東大・総合文化		
住田 朋久	東京大学大学院 総合文化研究科		○
隅山 健太	国立遺伝学研究所・集団遺伝研究部門	OP2-13	
せ 徐 泰健	東京大学農学生命科学研究科アグリバイオインフォマテイクス人材養成ユニット	P-113	○
関 原明	理化学研究所 植物科学研究センター 植物ゲノム発現研究チーム	WS04-3	
世古 智一	(独) 近畿中国四国農業研究センター		
瀬戸 陽介	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	P-116	○
そ 蘇 智慧	JT生命誌研究館	P-087, OP3-04, P-109, OP1-01	○
た 泰中 啓一	静岡大学創造科学技術大学院	P-032	
高瀬 将映	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻発生進化研究室		
高田 未来美	琉球大学 理工学研究科 海洋環境学専攻	P-080	○
高野 敏行	国立遺伝学研究所	OP2-09	
高野 信夫			
高橋 文	国立遺伝学研究所 集団遺伝研究部門	WS06-2	○
高橋 一男	国立遺伝学研究所	OP2-09	○
高橋 明香	福井県立大学大学院 生物資源学研究科		
高橋 鉄美	京都大学大学院理学研究科動物生態学研究室	P-010	
高橋 幸雄	盛岡大学文学部		
高橋 亮	遺伝学研究所	WS15-1	○
高畑 尚之	総合研究大学院大学	P-068, WS18-5, P-067, P-127	○
高見 泰興	京都大学大学院理学研究科動物学教室動物生態学研究室	OP4-06, OP4-03	○
高山 浩司	千葉大学大学院理学研究科	WS15-3	
竹内 啓一	大阪府立大学学部生		
竹崎 直子	香川大学総合生命科学研究センター	P-066	○
竹下 和貴	北海道大学 大学院情報科学研究科	OP3-02	

氏名	所属	発表番号	懇親会
武田 深幸	九州大学 大学院 理学府 生物科学専攻 細胞機能学講座	P-013	○
武智 正樹	理研CDB 形態進化研究グループ	OP2-16, OP3-08	
竹花 佑介	基礎生物学研究所バイオリソース研究室	P-084	○
立木 佑弥	九州大学大学院 システム生命科学府	OP4-14	○
舘田 英典	九州大学大学院理学研究院	P-100, P-033, OP3-05, P-013	○
田中 絢子	九州大学大学院システム生命科学府システム生命科学専攻		○
田中 泉吏	京都大学	WS07-6	
田中 剛	農業生物資源研究所	OP3-12	○
田中 隼人	静岡大学大学院理学研究科地球科学専攻	P-006	○
田中 実	基礎生物学研究所 生殖遺伝学研究室	P-076, SSE1-1	
田中 裕美	兵庫県立大学		○
田辺 晶史	東北大学大学院生命科学研究科	OP3-01	
田村 浩一郎	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	OP3-03, SSE3, WS05-4	○
つ 塚本 健太郎	東大・院理・生物科学	P-083	○
塚谷 裕一	東京大学大学院理学系研究科；基礎生物学研究所	WS08-1	
辻 和希	琉球大学農学部生産環境学科	WS10-5	○
辻 英明	環境生物研究会		
辻村 太郎	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	OP3-08	○
津田 真樹	東北大学大学院生命科学研究科生態システム生命科学	P-111	○
土田 努	理化学研究所 松本分子昆虫学研究室	OP1-04	○
常木 静河	首都大学東京理工学研究科牧野標本館	P-104	○
椿 玲未	京都大学大学院人間・環境学研究科		○
坪山 佳織	北海道大学農学部生物資源科学科動物生態学研究室		○
鶴 剛史	東京大学大学院 新領域創成科学研究科 メディカルゲノム専攻	S06-1, OP1-11	○
て 手島 康介	総合研究大学院大学	WS15-2	
手塚 あゆみ	東北大学大学院 生命科学研究科 河田研究室	P-038	○
寺井 洋平	東京工業大学 生命理工学研究科	OP4-09, OP3-05, OP3-15	○
と 藤 博幸	九州大学 生体防御医学研究所		
東樹 宏和	産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門	WS19-1	○
富樫 辰也	千葉大学海洋バイオシステム研究センター	WS03-2	
土岐 和多瑠	東京大学大学院農学生命科学研究科	P-008, P-047	○
土岐田 昌和	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-050	○
時津 裕子	産業技術総合研究所 認知行動システム研究グループ	WS16-5	
得丸 公明	自然思想家	OP4-15	
苔名 充	日本大学生物資源科学部		
富田 勝	慶應義塾大学環境情報学部		
富田 基史	東北大学大学院農学研究科		○

	氏名	所属	発表番号	懇親会
ど	土畑 重人	東京大学 大学院総合文化研究科 広域科学専攻	P-047	○
な	中井 静子	東北大学大学院 生命科学研究科		○
	永居 寿子	九州大学大学院理学府生物科学専攻		
	中尾 央	京都大学文学研究科科学哲学科学史専攻	WS07-4	○
	中川 一路	東京大学医科学研究所感染症国際研究センター感染制御部門細菌学分野	S06-5	
	中川 草	国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター	P-121	○
	中桐 斉之	兵庫県立大学環境人間学部	WS03-0	○
	長崎 慶三	(独) 水産総合研究センター 瀬戸内海区水産研究所	OP1-15	○
	長崎 英樹	(独) 農業生物資源研究所 QTLゲノム育種研究センター	WS04-2	
	中島 常安	名寄市立大学短期大学部		
	中島 敏晶	東京医科歯科大学 大学院疾患生命科学研究部	WS18-1	
	中島 敏幸	愛媛大学理工学研究科	WS13-4	○
	長太 伸章	京都大・院理・動物生態	OP4-03	○
	中寺 由美	信州大・理・生物		
	中野 由美子	国立感染症研究所	WS01-2	
	中林 潤	総合研究大学院大学	OP1-08	
	中丸 麻由子	東京工業大学	S01-2	
	中村 雄祐	東京大学大学院人文社会系研究科		
	永山 葉子	普連土学園高等学校		
	那須 信	東京大学	OP2-10	○
	成田 悠輔	東京大学経済学部		○
	成瀬 清	基礎生物学研究所・バイオリソース研究室	P-084, SSE1-0	○
に	新倉 太郎	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	P-067	
	新津 修平	首都大学東京生命科学コース	P-055	○
	新村 芳人	東京医科歯科大学 難治疾患研究所 生命情報学分野	P-062, P-114, P-063, P-121	○
	二階堂 雅人	東京工業大学大学院生命理工学研究科	P-061, P-079, OP3-06, P013	○
	二河 成男	放送大学・教養学部	P-021, P-095	
	西岡 輔	総合研究大学院大学 葉山高等研究センター	P-127	○
	西川 穰	東京理科大学大学院基礎工学研究科生物工学専攻	P-053, P-052	
	西田 睦	東京大学海洋研究所	P-078, P-051, P-002, WS09-5, P-075, P-080, WS14-1	○
	西原 秀典	東京工業大学 大学院 生命理工学研究科	WS17-4	○
	西山 智明	金沢大学学際科学実験センターゲノム機能解析分野	WS04-4	○
	新田 梢	九州大学理学府生物科学専攻生態科学研究室	P-039, S09-2	○
の	野澤 昌文	ペンシルバニア州立大学分子進化遺伝学研究所	WS05-5	○
	能登原 盛弘	名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科		
	野間野 史明	北海道大学大学院環境科学院生態遺伝		○
は	橋口 康之	東京大学 海洋研究所	P-075, WS14-1	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
橋爪 善光	山口大学大学院 理工学研究科	P-029	○
橋本 敬	北陸先端科学技術大学院大学知識科学研究科	WS16-1	
長谷 武志	東京医科歯科大学大学院生命情報学	P-114	○
長谷川 英祐	北海道大学大学院 農学研究院 生物生態学・体系学分野	WS03-1	
長谷川 真理子	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	S05-1	○
長谷部 光泰	基礎生物学研究所	S09-5, WS04-4, WS08-5	○
服部 正平	東京大学大学院	S06-2	
服部 充	信州大学理学部生物科学科		○
花田 耕介	理化学研究所 植物科学研究センター	WS04-3, WS04-5, WS05-2	
幅 拓哉	信州大・理・進化生物学講座		○
濱田 穰	京都大学霊長類研究所形態進化分野	S05-3	
浜名 徳明	横浜国立大学大学院		
早川 敏之	大阪大学 微生物病研究所	WS05-3	○
林 文男	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	WS19-2	
林田 明子	東京大学総合研究博物館	P-043	
針山 孝彦	浜松医科大学生物学	P-012, P-011	
半澤 直人	山形大学理学部生物学科	P-120, OP2-04	○
ば 馬場 理	順天堂大学医学部細菌学教室	S06-4	
ひ 東 亮一	静岡大学・創造科学技術大学院	P-085	○
久富 泰資	福山大学生命工学部生物工学科	P-099, P-098	
肥田 宗友	秋田県立大館鳳鳴高等学校	OP3-16	
平尾 章	信州大学山岳科学総合研究所	P-106	
平木 愛子	独立行政法人 産業技術総合研究所 生命情報工学研究センター		
平手 良和	フレッドハッチンソンがん研究センター	WS12-3	○
平松 千尋	生理学研究所	OP4-10, OP3-07	○
廣田 峻	九州大学システム生命学府システム生命科学専攻生態科学研究室	S09-2	○
廣田 忠雄	山形大学 理学部 生物学科	P-007	
ふ 深津 武馬	産業技術総合研究所 生物機能工学研究部門	P-031, P-021, P-017, OP1-04, OP1-07, OP1-06	○
福井 眞	京都大学生態学研究センター	P-028	○
藤井 直敬	理化学研究所 脳科学総合研究センター 適応知性研究チーム	WS20-6	
藤田 純太	京都大学フィールド科学教育研究センター		
藤村 衡至	東京工業大学大学院生命理工学研究科	WS06-3	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
藤本 明洋	理化学研究所 ゲノム医科学研究センター	WS18-2, WS14-5	○
藤本 仰一	JST, 複雑系生命プロジェクト	WS06-4	○
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	P-116, S09-1, WS19-5, P-056	
二橋 亮	東大・新領域・先端生命	S09-1, WS19-5	○
布山 喜章	首都大院・理工・生命科学		
古川園 智樹	慶應義塾大学環境情報学部		
べ 別所 和博	九州大学システム生命学府	P-026	○
ほ 細 将貴	東北大学大学院 生命科学研究科	OP4-08	○
細川 貴弘	産総研・生物機能工学	P-021, OP1-06	○
細道 一善	東海大学 医学部 基礎医学系 分子生命科学		
堀 孝一	立教大学 理学部	WS04-6	
堀池 徳祐	国立遺伝学研究所	OP2-01	
堀口 吾朗	東京大学・理学系研究科・生物科学専攻		
堀口 弘子	浜松医科大学生物学	P-012, P-011	
堀部 直人	東京大学大学院総合文化研究科		
ぼ 坊農 秀雅	大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター	WS11-1	
ま 前田 太郎	東京海洋大学 院 博士課程	P-086	○
松井 淳	京都大学 霊長類研究所 遺伝子情報分野	P-063	○
松浦 健二	岡山大学大学院環境学研究科	S12-2	
松浦 健太郎	福山大学大学院博士前期課程工学研究科生命工学専攻	P-098	
松尾 隆嗣	首都大学東京 理工学研究科	WS19-4	○
松岡 由浩	福井県立大学 生物資源学部	P-040	
松崎 素道	東京大学大学院医学系研究科生物医化学教室	WS01-1	○
松村 正哉	九州沖縄農業研究センター	OP1-03	○
松本 俊吉	東海大学総合教育センター	WS07-5	○
松本 知高	九州大学大学院システム生命科学府生命理学専攻	P-033	○
的場 知之	東京大学総合文化研究科		
間野 修平	名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科	OP2-05	○
馬淵 浩司	東京大学海洋研究所	P-078	
丸山 茂徳	東京工業大学	WS17-4, WS17-1	
丸山 宗利	九州大学総合研究博物館	WS02-4	
み 見市 文香	群馬大学大学院医学系研究科国際寄生虫病学	WS01-3	
三浦 千明	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	P-041	
三浦 徹	北海道大学・大学院地球環境科学研究院	P-054, P-014, WS06-1	○
三笠 建次	明海大学歯学部基礎生物学分野		
三沢 計治	独立行政法人 理化学研究所 次世代計算科学研究開発プログラム	P-115	○
水野 寿朗	大阪市立大学理学部発生学研究室		

氏名	所属	発表番号	懇親会
水幡 正蔵	在野の研究者	OP4-16	
三中 信宏	農業環境技術研究所	WS07-1, PUB-1	○
南澤 直子	東京大学理学系研究科生物科学専攻		
宮川 一志	北海道大学大学院環境科学院生物圏科学専攻生態遺伝学講座		○
宮城 竜太郎	東京工業大学生命理工学研究科生体システム専攻	OP3-05	○
三宅 力	東京慈恵会医科大学解剖学講座	P-048	○
宮澤 清太	名古屋大学大学院理学研究科	P-058	
宮田 隆	JT生命誌研究館	P-087, OP3-04, P-109, S10-1	○
明和 政子	京都大学大学院教育学研究科	WS16-4	
美和 秀胤	東京理科大学 ゲノム創薬研究センター 分子設計創薬部門	P-120	
む 村上 哲明	首都大学東京 牧野標本館	P-104, P-103	○
も 舞木 昭彦	九州大学理学研究院	OP4-11	○
毛利 聡	岡山大学大学院医歯薬学総合研究科システム生理学		
森 啓悟	首都大学東京大学院 理工学研究科 生命科学専攻 植物系統分類学研究室	P-103	
森 光太郎	大阪大学大学院生命機能研究科	P-022, WS13-3	○
森 誠一	岐阜経済大学 生物科学	WS12-2, S09-4, WS12-1	
森長 真一	九大・院理	WS14-4	○
森元 良太	慶應義塾大学	WS07-2	○
や 矢後 勝也	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	P-019, P-092	○
安田 俊平	北大・院・地球環境・生態遺伝	P-110	○
矢野 史朗	東京大学大学院工学系研究科精密機械工学専攻	P-016	○
矢原 徹一	九州大学大学院理学研究院	P-039, P-033, S09-2	○
山内 淳	京都大学生態学研究センター	OP1-05	○
山岸 明彦	東京薬科大学生命学部	WS09-1	○
山岸 公子	東京都臨床医学総合研究所	P-061, OP3-06	
山岸 俊男	北海道大学社会科学実験研究センター	PUB-4	
山口 淳一	東大・院新領域・先端生命	S09-1, P-056	
山口 晴代	筑波大学 生命環境科学研究科	P-102	
山口 正樹	神戸大学大学院理学研究科	P-042	
山口 和香子	東北大学大学院生命科学研究所生態システム生命科学専攻河田研究室	P-034	
山崎 真巳	千葉大学大学院薬学研究院遺伝子資源応用研究室	OP3-11	
山田 洋介	いであ株式会社		
山根 京子	大阪府立大学生命環境科学研究科		
山平 寿智	新潟大学理学部自然環境科学科	WS12-4	
山道 真人	総合研究大学院大学生命共生体進化学専攻	OP4-12	○
山本 哲史	京都大学大学院理学研究科	OP4-04	○
ゆ 行弘 研司	独立行政法人農業生物資源研究所	P-091	○

氏名	所属	発表番号	懇親会
由良 敬	お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科	P-108	
よ 姚 托雅	筑波大学 生命環境	OP2-14	○
横山 典侑	静岡大学大学院工学研究科システム工学専攻	P-032	
吉田 いづみ	東京医科歯科大学大学院 生命情報科学教育部	P-125	
吉田 恒太	東京工業大学大学院生命理工学研究科生体システム専攻	OP3-15	○
吉田 聡子	理化学研究所 植物科学研究センター		
吉田 信介	大阪大学歯学部	P-035	
吉田 丈人	東京大学総合文化研究科広域システム科学系	OP4-12, S02-4	○
吉田 祐樹	京都大学大学院理学研究科	P-101	
吉野 元	東北大・院・生命科学	P-009	
吉浜 麻生	宮崎大学 フロンティア科学実験総合センター	P-117	
吉村 仁	静岡大学	P-032, WS03-4	○
吉村 麗子			
依藤 実樹子	東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻	P-025	○
わ 和田 直己	山口大学農学部獣医学科システム科学	P-049	
和田 洋	筑波大学生命環境科学研究科	OP2-14, S13-3	
渡辺 格	千葉県立船橋二和高等学校		
渡邊 日出海	北海道大学大学院情報科学研究科	OP3-02	○
渡部 真也	広島大学大学院生物圏科学研究科	P-020	○
渡邊 洋一	東京大学大学院医学系研究科生物医化学教室	WS01-4	○
渡部 輝明	高知大学医学部	OP1-16	
渡部 幹	早稲田大学高等研究所	S01-5	