第17回大会 東京

17th Annual Meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan

日本進化学会

New Technologyが拓く進化学の新地平

2015年 8月20日(木)～23日(日)
中央大学後楽園キャンパス

プログラム・講演要旨集

日本進化学会第17回大会

The 17th Annual Meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan

プログラム・要旨集

大会案内 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 2
会場案内 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 4
建物案内 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 5
お知らせ ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 8
2015年度日本進化学会賞受賞者・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 10
大会日程表 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 11
オーガナイザー・座長一覧 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 12
シンポジウム・ワークショップ一覧・・・・・・・・・・・・・・・・ 13
アウトリーチ企画・公開企画一覧・・・・・・・・・・・・・・・・・ 43

プログラム

8月20日（木）大会1日目 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 52
8月21日（金）大会2日目 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 60
8月22日（土）大会3日目（表彰式・総会・懇親会） ・・・・・ 72
8月23日（日）大会4日目 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 77
一般ポスター発表一覧 (P1~89)・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 78
「第10回みんなのジュニア進化学」発表一覧 (H1~36)・・・・・ 85

要旨

シンポジウム ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 88
ワークショップ ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 101
一般口頭発表 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 124
一般ポスター発表・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 137
進化学夏の学校 (SS1~4)・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 160
市民公開講演会 (OL1~4)・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 161
アウトリーチ企画 (OR1~3)・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 162

参加者名簿 ・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 163
高校生「第10回みんなのジュニア進化学」参加者名簿・・・・・ 171
日本進化学会第17回大会委員会・・・・・・・・・・・・・・・・・・ 175

大会案内

国際プレナリーシンポジウム

8月20日（木）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

徐 星 (Xing Xu: Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences, Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing)

The Evolution of Feathers: Insights from Recent Paleontological and Neontological Data

8月21日（金）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

李 文雄 (Wen-Hsiung Li: Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei/ Department of Ecology and Evolution, University of Chicago, Chicago)

Genetic Basis of Feather Diversity in Birds

8月22日（土）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

工藤 洋 (京都大学生態学研究センター)

分子フェノロジー：植物における遺伝子発現の季節変化

シンポジウム・ワークショップ

8月20日（木）～ 22日（土）中央大学5号館2、3、4･5階

一般口頭発表

8月20日（木）～ 21日（金）中央大学5号館2、3階

一般ポスター発表

8月20日（木）～ 22日（土）中央大学6号館3階

ミキサー：8月20日（木）18:15～20:30 中央大学6号館3階

ランチョンセミナー　（トミーデジタルバイオロジー）

8月21日（金）13:00～14:00　中央大学5号館4・5階 Room 9（5533）

アウトリーチ企画

「進化の見方・見せ方を考える－進化研究者の伝えたいこと、進化研究者が求められていること」

8月22日（土）9:00～12:00　中央大学5号館3階 Room 6 (5334)

高校生ポスター発表「第10回 みんなのジュニア進化学」

8月22日（土）13:10～15:20　中央大学6号館3階

市民公開イベント（共催：東京大学総合研究博物館）

8月20日（木）～ 23日（日）「企画展：マクロ先端的博物学の世界と創生」
10:00～16:00　中央大学6号館3階 6301号室

8月22日（土）「Hands On 6 : 博物学でふれあうハンズオン・ギャラリー@進化学会」
10:30～16:00　中央大学6号館3階 6301号室

進化学夏の学校（公開）：「次世代データの系統解析New Technology」

8月23日（日）9:00～12:00　中央大学5号館4・5階 Room 9（5533）

市民公開講座：「恐竜、昆虫、サル、コケ…　進化に挑戦する学者たち」

8月23日（日）13:00～15:00　中央大学5号館4・5階 Room 9（5533）

懇 親 会

8 月 22 日（土）18:30～20:30　中央大学 5 号館 B1 の生協食堂

評議員会

8月20日（木）　9:00～12:00　中央大学5号館2階 Room 2 (5234)

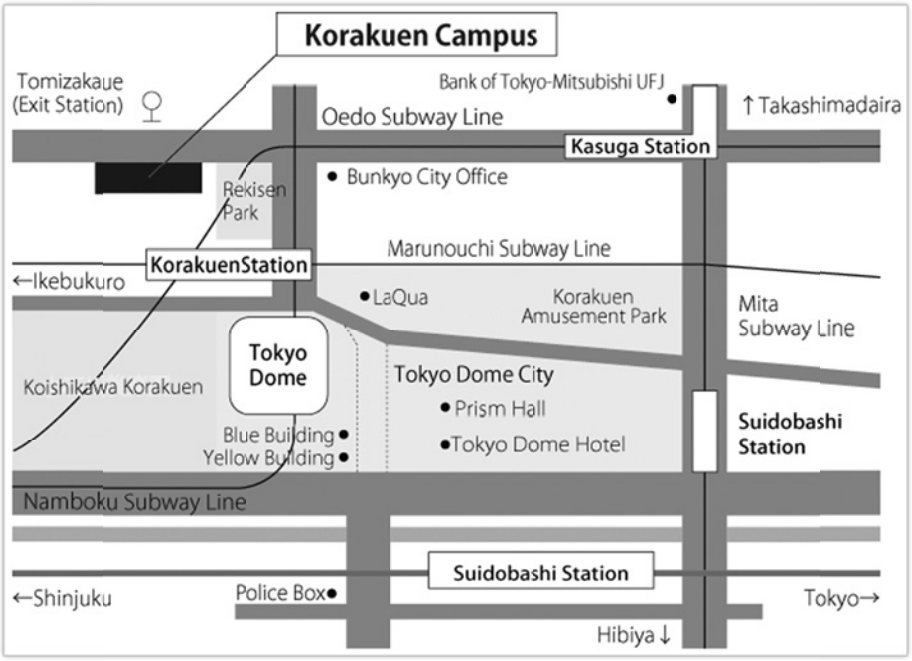
表彰式・総会・受賞講演

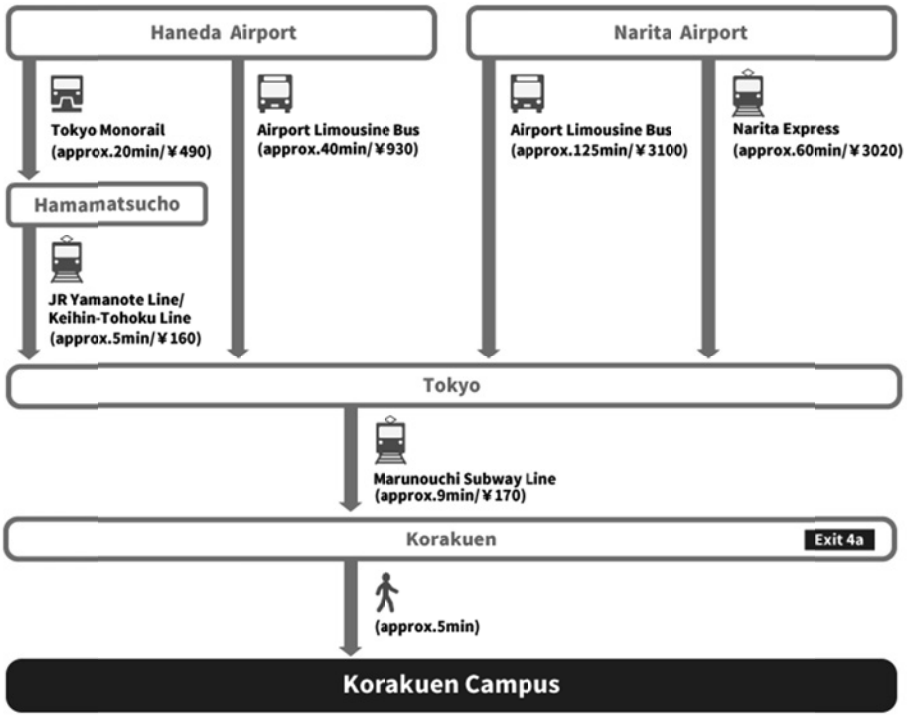
8月22日（土）　15:40～18:10　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）
高校生ポスター表彰式
総会
学会各賞（日本進化学会・学会賞、研究奨励賞）授賞式
木村賞授賞式
日本進化学会・学会賞 受賞講演

会場案内

会場　中央大学　後楽園キャンパス

〒112-8551　東京都文京区春日1-13-27　TEL 03-3817-1711



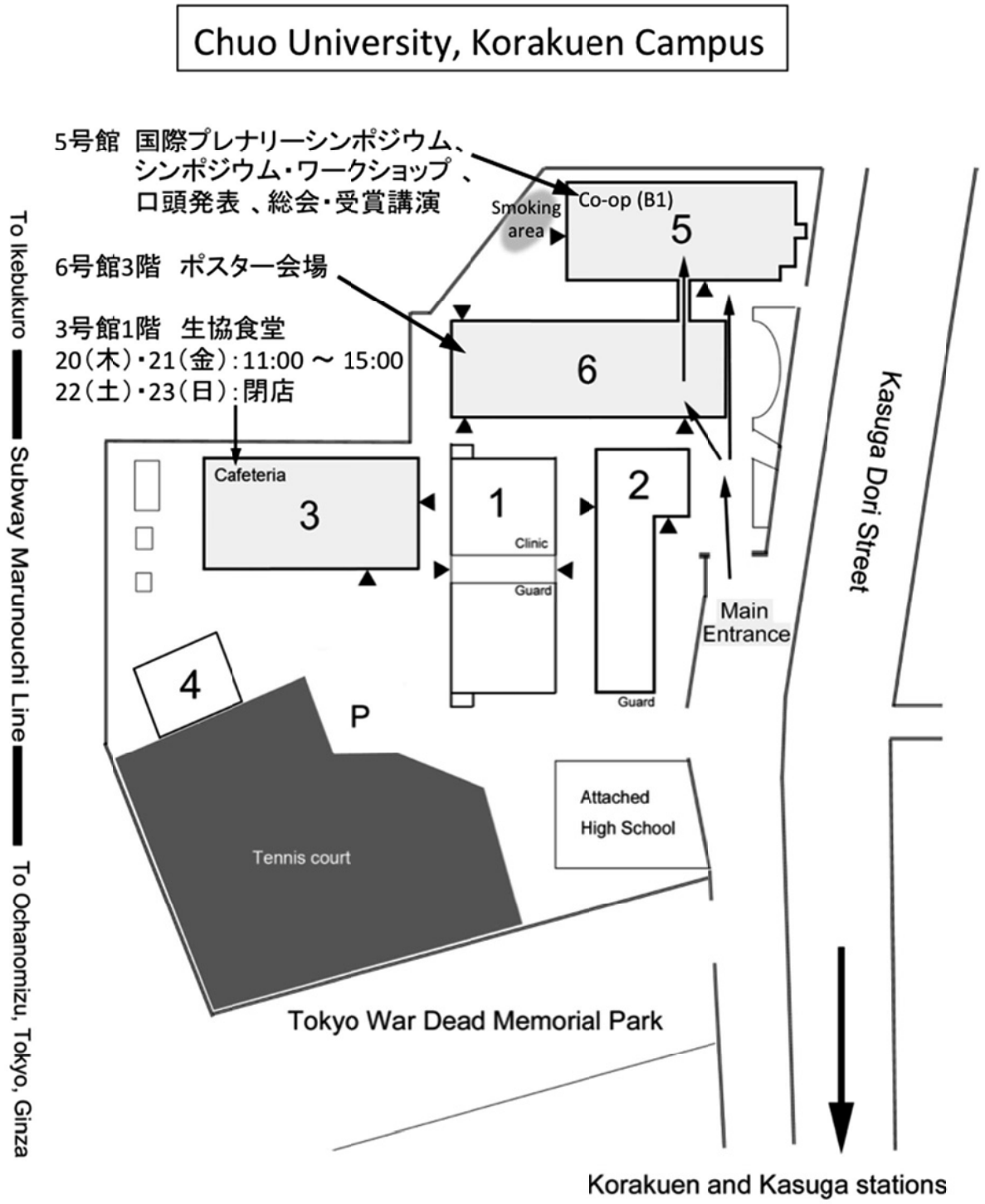


アクセス　・東京メトロ丸ノ内線・南北線『後楽園駅』から徒歩5分

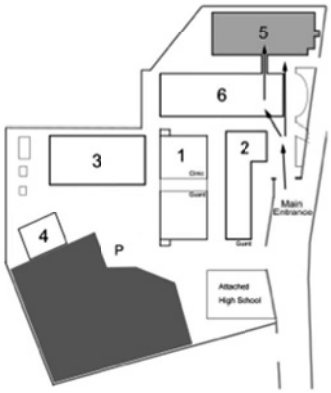
・都営三田線・大江戸線『春日駅』から徒歩7分

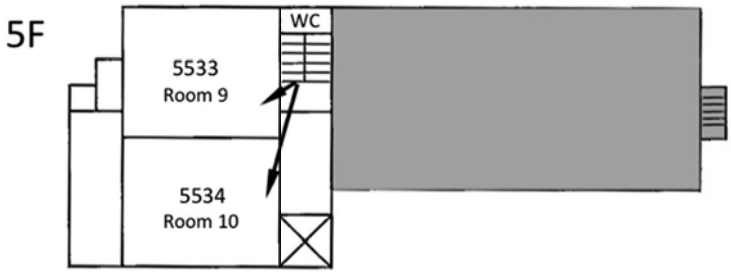
・JR総武線『水道橋駅』から徒歩15分

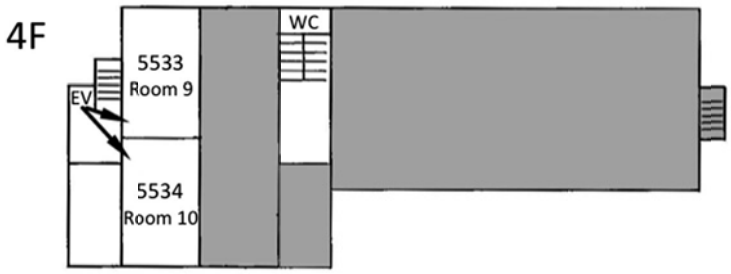
建物案内

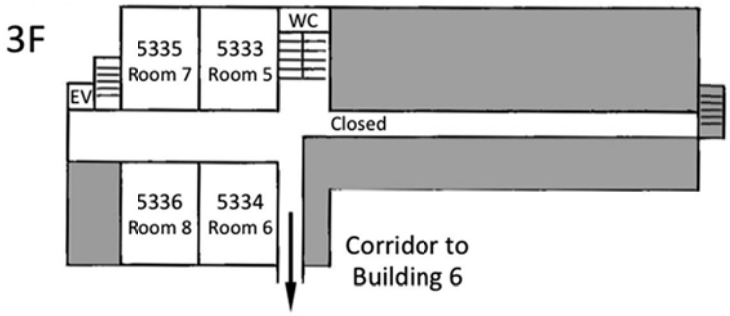

Chuo University, Korakuen Campus
5号館 国際プレナリーシンポジウム、
シンポジウム・ワークショップ 、
口頭発表 、総会・受賞講演
6号館3階 ポスター会場
3号館1階 生協食堂
20(木)・21(金):11:00 ～ 15:00
22(土)・23(日):閉店
Smoking area
Co-op (B1)
5
6
Cafeteria
3
1
Clinic
Guard
2
Guard
Main Entrance
Kasuga Dori Street
4
P
Tennis court
Attached High School
Tokyo War Dead Memorial Park
Korakuen and Kasuga stations
To Ikebukuro
Subway Marunouchi Line
To Ochanomizu, Tokyo, Ginza

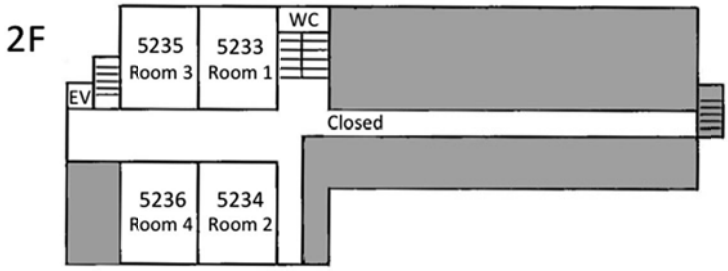
Building 5

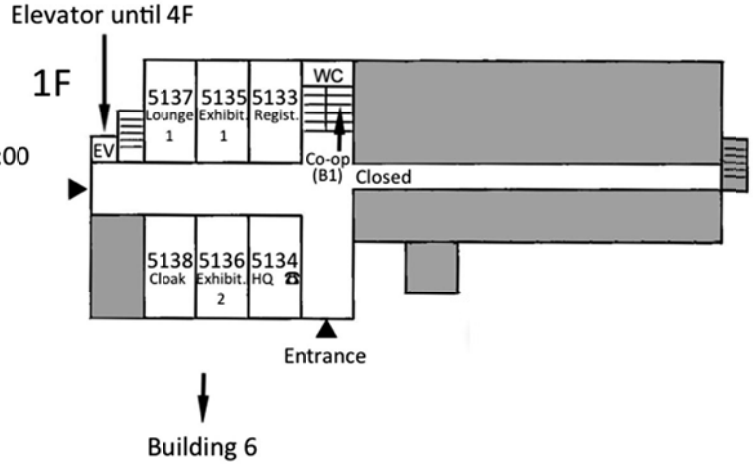






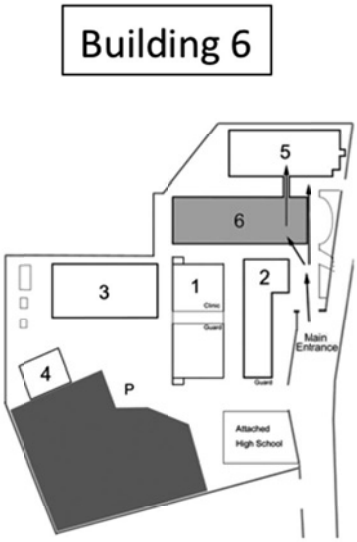


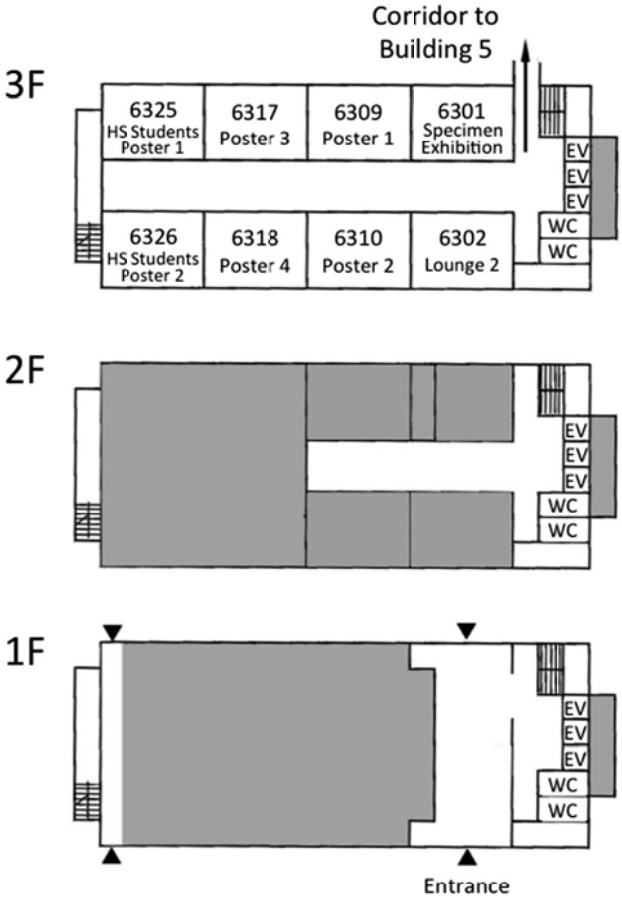




5号館B1
生協店舗
20(木)・21(金):11:00 ～ 16:00
22(土)・23(日):閉店

懇親会(生協食堂)
22(土):18:30 ～ 20:30





8月20日（木）
18:15 ～ 20:30　ミキサー・ポスター発表

8月22日（土）
13:00 ～ 15:30　ポスター発表
13:10 ～ 15:20　高校生ポスター発表

お知らせ

一般注意事項

- 後楽園キャンパスの構内では、指定の喫煙コーナー以外の全ての場所で禁煙です。なお、指定の喫煙コーナーは、5号館南側のみです。
- 後楽園キャンパス内の駐車場は限られています。車でのご来場はご遠慮ください。
- 発表中の写真撮影、録画、録音、ポスターの撮影などはご遠慮ください。
- 発表内容は多くの未公表データを含んでいます。学会外への公表はご遠慮ください。

受付

- 8月20日（木）9:00から受付を開始します。
- 受付は5号館1階5133号室で行います。
- 受付で名札をお渡しいたしますので、会場では必ず名札を付けてください。

クローク

- クロークは 5 号館 1 階 5138 号室にあります。
- 利用時間は 9:00 ～ 18:00（23 日は 17:00 まで）です。

昼食

- 後楽園キャンパス内では、3 号館 1 階の生協食堂がご利用できます。
  営業時間： 20（木）・21（金）：11:00 ～ 15:00
  22（土）・23（日）：閉店
- 5 号館 B 1 の生協食堂（懇親会会場）は休暇で閉店です。
- 理工学部生協店舗（5 号館 B 1 ）にはサンドウィッチとインスタント食品があります。
  営業時間： 20（木）・21（金）：11:00 ～ 16:00
  22（土）・23（日）：閉店
- 後楽園キャンパス周辺のレストランや店舗の地図は受付に用意いたします。

懇親会

- 懇親会は 8 月 22 日（土）18:30 ～ 20:30、5 号館 B1 生協食堂で行います。
- 定員に達していない場合、当日参加も受け付けますので、受付にお問い合わせください。
- 懇親会の際は必ず名札を付けてください。

シンポジウム、ワークショップ

- シンポジウム、ワークショップの進行は企画者の方々に委ねております。企画者は、決められた時間を厳守するようにして下さい。
- 発表者はパソコンを持参し、ご自身によるセッティングおよび操作をお願いします。プロジェクターへの接続はD-Sub15ピンケーブルを用いますので、変換コネクターが必要な場合は必ずご持参下さい。
- 受付（5号館1階5133号室）で前もって表示内容を確認することが可能です。

- 各会場には Windows パソコン一台を用意いたしますのでPowerPoint ファイル、PDF ファイルをお持ちいただいても構いません。ただし、表示内容が崩れる場合がありますが、ご容赦願います。

一般口頭発表

- 座長は大会本部から数名の方にお願いしております。講演者は座長の指示に従って発表を行って下さい。
- 発表者はパソコンを持参し、ご自身によるセッティングおよび操作をお願いします。プロジェクターへの接続はD-Sub15ピンケーブルを用いますので、変換コネクターが必要な場合は必ずご持参下さい。
- 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。
- セッションを円滑に進めるため、1時間ごとに5分間の接続時間を設けています。その間に次の1時間の発表者は接続を行って下さい。
- 受付（5号館1階5133号室）で前もって表示内容を確認することが可能です。
- 各会場には Windows パソコン一台を用意いたしますのでPowerPoint ファイル、PDF ファイルをお持ちいただくことも可能です。ただし、表示内容が崩れる場合がありますが、ご容赦願います。

ポスター発表

- ポスターは横850mm×縦1200mm (A0) に入る大きさでお願いします。貼り付け用の両面テープはポスター会場で用意いたします。
- ポスターは大会初日の8月20日（木）11:10から大会4日目の12:10まで掲示することができます。
- 大会初日の18:15 ～ 20:30まで、6号館3階のポスター会場でミキサーを行います。会場にビール、ソフトドリンク、オードブルを用意しますので、ポスター発表をみながら懇親・交流をお楽しみ下さい。
- 大会3日目の13:00 ～ 15:30がポスター発表のコア・タイムです。前半（13:00 ～ 14:15）は奇数番号、後半（14:15 ～ 15:30）は偶数番号の発表者が、内容の説明ができるようにポスターの前に待機して下さい。

インターネット接続

- 会場で無線 LAN による接続が可能です。
- 接続にはゲストアカウントによるログインが必要です。受付に操作マニュアルを用意いたしますので、接続を希望する方はお申し出ください。

2015 年度日本進化学会賞受賞者

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

受賞者

岸野洋久（東京大学）
「統計学的手法による分子系統解析法の開発」

岸野洋久氏には公益信託進化学振興木村資生基金「木村賞」も授与されます。

日本進化学会研究奨励賞 (Young Scientist Initiative Award, Society of Evolutionary Studies, Japan)
「研究奨励賞」は，進化学や関連する分野において，研究業績上大きな発展が期待される若手の学会員に授与されます。

受賞者

野澤昌文（国立遺伝学研究所）
「マイクロ RNA の進化に関する研究」

平沢達矢（理化学研究所）
「進化発生学と古生物学の統合による脊椎動物進化研究の開拓」

山口　幸（神奈川大学）
「海洋生物の性表現・性決定システムの進化に関する数理的研究」

大会日程表

8月20日（木）　大会第１日目

		12:10-12:50	14:10 16:10	16:30 18:00
Room 1 (5233)	9:00 12:00	国際シンポジウム1 プレナリー Room 10	**W-01[EJ]** Evolution of modern humans after "Out of Africa"	**一般口頭発表 O-1A**
Room 2 (5234)	評議員会		**W-02[J]** 大規模配列解析が明らかにするウイルスと進化	**一般口頭発表 O-1B**
Room 3 (5235)			**W-03[J]** 日本の考古遺物を中心とした文化進化的考察	**一般口頭発表 O-1C**
Room 4 (5236)			**W-04[J]** 嗅覚の多様性と進化～哺乳類から植物まで～	**一般口頭発表 O-1D**
Room 5 (5333)			**W-05[J]** 核酸の制御系の進化と合成の分子生物学	**一般口頭発表 O-1E**
Room 6 (5334)			**W-06[J]** 環境DNA：NGSがもたらす生態情報を進化学にどう活かすか	**一般口頭発表 O-1F**
Room 7 (5335)			**W-07[J]** 性行動・社会行動の神経・内分泌・分子基盤からその進化機構を考える	
Room 8 (5336)			**W-08[EJ]** 珪藻の進化・繁栄の謎を握る未知の藻類：パルマ藻の生物学	
Room 10 (5534)	11:10 12:00		18:15 20:30	
Poster rooms	ポスター貼付		ミキサー・一般ポスター発表	

8月21日（金）　大会第２日目

	9:00 12:00	12:10-12:50	14:10 16:10	16:30 18:30
Room 1 (5233)	**S-01[E]** Sensory genetics, ecology and evolution of primates	国際シンポジウム2 プレナリー Room 10	**W-09[E]** International activities and collaborations on the evolutionary researches	
Room 2 (5234)			**W-10[J]** 国立自然史博物館の設立を推進する	
Room 3 (5235)	**S-02[J]** 転写制御と遺伝的変異の発生と進化－ゲノム情報、ゲノム編集、エンハンサー解析－		**W-11[J]** 恐竜類における形態と機能の進化	**一般口頭発表 O-2A**
Room 4 (5236)			**W-12[J]** ゲノム情報から野生植物の適応現象に迫る	**一般口頭発表 O-2B**
Room 5 (5333)	**S-03[E]** Genome duplication: integrating comparative genomics, population genetics, and experimentally synthesised polyploids		**W-13[EJ]** Endosymbiosis and organellogenesis	**W-16[J]** 共生―進化―発生
Room 6 (5334)	**S-04[J]** 進化研究の最先端：病原体を対象として		**W-14[J]** 構成生物学的進化実験	**W-17[J]** 蛋白質合成系の進化
Room 7 (5335)			**W-15[J]** 「飼う！」進化学	**W-18[EJ]** 南極の陸上生物圏の適応進化
Room 8 (5336)			13:00 14:00	
Room 9 (5533)			ランチョンセミナー	**W-19[J]** 「NHKスペシャル：生命大躍進」を制作しました。
Room 10 (5534)				

8月22日（土）　大会第３日目

	9:00 12:00	12:10-12:50		
Room 1 (5233)	**S-05[J]** 博物館が拓く進化史学の現在	国際シンポジウム3 プレナリー Room 10		
Room 3 (5235)	**S-06[J]** 複合適応形質進化の遺伝子基盤解明			
Room 4 (5236)	**S-07[J]** 進化生態学を『上の階層』から捉えなおす			
Room 6 (5334)	**アウトリーチ企画：**進化の見方・見せ方を考える－進化研究者の伝えたいこと、進化研究者が求められていること			
Room 8 (5336)	**S-08[J]** DNA損傷・突然変異・がん: 生死の学としての進化学		15:40 18:10	
Room 10 (5534)			13:00 15:30 高校生ポスター表彰・総会・授賞式・受賞講演	
Poster rooms	高校生ポスター貼付		一般ポスター発表 / 高校生ポスター発表	18:30 20:30
生協食堂 (5号館B1)	10:00 12:50		13:10 15:20	懇親会

8月23日（日）　大会第４日目

	9:00 12:00	12:10-12:50	13:00 15:00
Room 9 (5533)	**進化学夏の学校（公開）：**次世代データの系統解析New Technology		**市民公開講座：**恐竜、昆虫、サル、コケ… 進化に挑戦する学者たち
Poster rooms		ポスター取外し	

オーガナイザー・座長一覧

8月20日（木）　大会第1日目

	午前	午後1	午後2
Room 1 (5233)		W-01 斎藤 成也	O-1A 加藤 俊英
Room 2 (5234)		W-02 中川 草 鈴木 善幸	O-1B 越川 滋行 藤田 祥彦
Room 3 (5235)		W-03 田村 光平 中尾 央 三中 信宏	O-1C 矢後 勝也
Room 4 (5236)		W-04 新村 芳人 二階堂 雅人	O-1D 入江 直樹 石川 麻乃
Room 5 (5333)		W-05 金井 昭夫	O-1E 土松 隆志
Room 6 (5334)		W-06 荒木 仁志 佐藤 行人	O-1F 斎藤 成也
Room 7 (5335)		W-07 岡田 泰和 石川 由希	
Room 8 (5336)		W-08 桑田 晃	

8月21日（金）　大会第2日目

	午前	午後1	午後2
Room 1 (5233)	S-01 Shoji Kawamura Hiroo Imai	W-09 峯田 克彦 荒木 仁志	
Room 2 (5234)		W-10 馬渡 駿介	
Room 3 (5235)	S-02 鈴木 誉保 越川 滋行	W-11 真鍋 真 對比地 孝亘	O-2A 塚谷 裕一
Room 4 (5236)		W-12 伊藤 元己 岩崎 貴也	O-2B 田村 浩一郎
Room 5 (5333)	S-03 Kentaro Shimizu Jun Sese	W-13 中鉢 淳	W-16 松浦 優 菊池 義智
Room 6 (5334)	S-04 小林 一三 佐々木 顕	W-14 山岸 明彦 長谷部 光泰	W-17 横堀 伸一 赤沼 哲史
Room 7 (5335)		W-15 石川 麻乃 大島 一正	W-18 馬場 知哉
Room 9 (5533)			W-19 入江 直樹 植田 和貴

8月22日（土）　大会第3日目

	午前	午後1	午後2
Room 1 (5233)	S-05 遠藤 秀紀		
Room 3 (5235)	S-06 長谷部 光泰		
Room 4 (5236)	S-07 山道 真人 笠田 実		
Room 6 (5334)	アウトリーチ企画 加藤 俊英		
Room 8 (5336)	S-08 三谷 啓志 小林 一三		

8月23日（日）　大会第4日目

	午前	午後1	午後2
Room 9 (5533)	進化学夏の学校 田村 浩一郎	市民公開講座 遠藤 秀紀	

シンポジウム・ワークショップ一覧

国際プレナリーシンポジウム

The Evolution of Feathers: Insights from Recent Paleontological and Neontological Data

徐 星 (Xing Xu)

Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences, Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing; Email: xuxing@ivpp.ac.cn

8月20日（木）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

Feathers are the most complex integumentary structures and their evolution has been one of most attended topics in evolutionary biology and paleontology. Until recently feathers have been considered to be unique to birds, though their presence was inferred in several theropod dinosaurs based on both their close phylogenetic relationships with birds and some osteological correlates, e.g., quill knobs and pygostyles. Since the discovery of the feathered compsognathid theropod *Sinosauropteryx* in 1996, numerous fossils of many theropod groups and even three ornithischian groups preserving feathers have been recovered from the Jurassic and Cretaceous deposits of northeastern China, Russia, Germany, and Canada. These fossils demonstrate that feathers of various morphotypes have a wide distribution among dinosaurs, and in particular, the presence of monofilamentous integumentary structures in some relatively basal dinosaurs and several pterosaurs led to the hypothesis that the first feathers might have appeared approximately 2.3 million years ago. The phylogenetic distribution of various dinosaur feathers shows an evolutionary trend of increasing complexity closer to birds, concurring with the predictions from a developmental model of living birds, but some of these morphotypes are absent in living birds. Importantly, recent developmental and genomic studies have discovered some feather-specific genes, revealed some molecular mechanisms regulating feather development and regeneration, and provided new comparative data on integumentary structures, which can be combined with fossil data to understand feather evolution. A better understanding of feather evolution requires multifaceted and integrative approaches, yet fossils necessarily provide the final test of any evolutionary model.

Genetic Basis of Feather Diversity in Birds

李 文雄 (Wen-Hsiung Li)

Biodiversity Research Center, Academia Sinica, Taipei; Email: whli@gate.sinica.edu.tw

Department of Ecology and Evolution, University of Chicago, Chicago

8月21日（金）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

Feathers have diverse forms with hierarchical branching patterns and are an excellent model for studying the development and evolution of morphological traits. The complex structure of feathers allows for various types of morphological changes to occur. The genetic basis of the structural differences between different parts of a feather and between different types of feather is a fundamental question in the study of feather diversity, yet there is only limited relevant genetic or molecular data on feather development. In the past few years we have conducted (1) studies of the transcriptomes from various parts of feathers, (2) *in situ* hybridization studies of specific keratin genes, (3) ectopic expression of mutant keratin genes, and (4) studies of the effect of knock-down expression of beta keratin genes on feather development. These studies provided abundant data for understanding the genetic basis of feather diversity. In my talk, I shall present a summary of our studies.

分子フェノロジー：植物における遺伝子発現の季節変化

工藤 洋
京都大学生態学研究センター; Email: kudoh@ecology.kyoto-u.ac.jp
8月22日（土）12:10～12:50　中央大学5号館4・5階 Room 10（5534）

フェノロジーとは、季節に応じて見られる生物現象の研究であり、植物では開花・結実・展葉などが対象とされる。例えば、季節的な繁殖同調は個体間の交配に必須であり、実際、どのようなメカニズムで繁殖の同調がなされているかについての野外研究が欠かせない。私達は、アブラナ科の多年草ハクサンハタザオを対象に分子フェノロジーの研究を進めている。季節応答を遺伝子発現などの分子遺伝学的手法を用いて研究するのが分子フェノロジーである。例えば、植物種の多くは、気温の季節変化に応答して一定の時期に花を咲かせる。ところが、気温の季節変化はあくまで長期的な傾向であり、その実態は大きいノイズを含んだ情報である。高解像度分子フェノロジー（HMP: high-resolution molecular phenology）データを得ることにより、花成抑制遺伝子 FLC（FLOWERING LOCUS C）が過去6週間の低温を記憶するかのように調節されることが示された。さらに、全遺伝子を対象としたトランスクリプトーム、ヒストン修飾解析の結果を紹介する。最後に、分子フェノロジー研究の展望について議論したい。

S-01: Sensory genetics, ecology and evolution of primates

8/21 9:00-12:00　会場：Room 1

企画者：Shoji Kawamura (The University of Tokyo), Hiroo Imai (Kyoto University)

使用言語：英語

Primates are generally regarded as visually-oriented mammals, trading a sense of smell for good sight. However, recent studies have questioned this simplistic view and it is not well understood the extent to which senses have evolved interactively, independently or in concert in primates, including humans. For example, the number of olfactory receptor genes is not as clearly differentiated between species with different color vision as once asserted. Among senses, receptors of stimuli for vision, olfaction and bitter/sweet/umami tastes all belong to the G-protein coupled receptor (GPCR) family, for which the genetic mechanism of signal perception is well understood. Thus, it is now possible to explore the evolutionary correlation among different senses in primates by studying these receptor groups. In this symposium, we invite investigators on the cutting edge of the sensory genetics, ecology and evolutionary study on primates to exchange newest findings and discuss the future directions of studies on sensory evolution of humans and other primates.

9:00-9:05　Shoji Kawamura (University of Tokyo): General introduction

9:05-9:30　Shoji Kawamura (University of Tokyo)

Significance of color vision diversity in primates inferred from genetic and field studies

9:30-9:55　Amanda D. Melin[1], Mika Shirasu[2,3], Yuka Matsushita[4], Vivek Venkataraman[5], Jessica, M. Rothman[6], Kazushige Touhara[2,3] and Shoji Kawamura[4] ([1]Washington University in St. Louis, [2]University of Tokyo,[3]ERATO, JST, [4]University of Tokyo, [5]Dartmouth College, [6]City University of New York)

Sensory ecology of wild capuchin monkeys (*Cebus capucinus*): Examining the links among fruit signals, nutrition, and primate foraging behavior

9:55-10:20　Yoshihito Niimura (University of Tokyo; ERATO, JST)

Evolution of olfactory receptor genes in primates and other mammals

10:20-10:45 Takashi Hayakawa (Kyoto University; Japan Monkey Centre)

Dietary adaptation and bitter taste receptor gene evolution in primates

10:45-11:10 Yasuka Toda (Kikkoman Corporation; University of Tokyo)

Evolution of the umami taste perception in primates

11:10-11:35 Hiroo Imai (Kyoto University)

Functional analysis of bitter and sweet receptors of primates by cellular and behavioral experiments

11:35-11:55 Discussion (Chaired by Kawamura and Imai)

11:55-12:00 Hiroo Imai (Kyoto University): Concluding remarks

S-02: 転写制御と遺伝的変異の発生と進化
ーゲノム情報、ゲノム編集、エンハンサー解析ー

8/21 9:00-12:00　会場：Room 3

企画者：鈴木誉保（農業生物資源研究所）・越川滋行（京都大学）

使用言語：日本語

進化生物学の研究が新たな局面を迎えている。次世代シークエンサーの登場やゲノム編集技術の進展は、個体レベルの全ゲノム塩基配列解読を可能にし、あるいは、シス調節制御の進化などへのアプローチを可能にしつつある。本シンポジウムでは、ゲノム情報、ゲノム編集、それらを利用した遺伝子制御機構の研究に取り組んでいる若手の研究者に話題を提供していただく。今後にらむべき進化研究の方向性への足がかりを提案したい。

9:00-9:10　鈴木誉保（農業生物資源研究所）企画趣旨

9:10-9:40　◯土松隆志 1,2,3, 角井宏行 2, 山﨑美紗子 2, Cindy Marona4, Dazhe Meng3, 金岡雅浩 5, Thomas Stadler6, Michael Lenhard4, Magnus Nordborg3, 清水健太郎 2 （1 東大，　2 チューリッヒ大，3 グレゴール・メンデル研究所，4 ポツダム大，5 名古屋大，6ETH　チューリッヒ校）

ゲノムワイド関連解析から探る量的形質の進化：シロイヌナズナを例に

9:40-10:10　◯中村遼平、塚原達也、宇野絢子、森下真一、武田洋幸（東大・院理）

発生関連遺伝子の DNA 低メチル化領域によるエピジェネティックな転写制御機構

10:10-10:40　坪田拓也（農業生物資源研究所）

PITCh(ピッチ)法：ゲノム編集を利用した簡便かつ効率的な新規ノックイン技術

10:40-11:10　◯鈴木誉保、小林功、内野恵郎、瀬筒秀樹（農生研・組換えカイコ）

カイコ幼虫での黒色形成遺伝子 *yellow* にみられるシス調節制御のモジュール性

11:10-11:40　越川滋行（京大・白眉セ／院理）

模様の進化を引き起こした遺伝的変化

11:40-12:00　総合討論　司会：越川滋行（京大・白眉セ／院理）

S-03: Genome duplication: integrating comparative genomics, population genetics, and experimentally synthesised polyploids

8/21 9:00-12:00　会場：Room 5

企画者：Kentaro Shimizu (University of Zurich), Jun Sese (AIST)

使用言語：英語

大野乾以来、ゲノム重複は動物・植物・菌類の多様化の主要な原動力であると考えられてきた。過去 150 年に倍数化によって種分化した新種も知られており、多くの穀物も倍数体である。しかしながら、重複遺伝子の解析の困難さなどから、倍数体種のゲノム解析は遅れてきた。このシンポジウムでは、別々の手法やタイムスケールを用いてすすめられてきたゲノム重複研究を概観し、統合的な研究への展望を目指す。比較ゲノム的手法からは、歴史的なゲノム重複と、生物多様化・環境変動との関係が論じられてきた。バイオインフォーマティクスの進展により、次世代シークエンサーを用いて重複遺伝子を区別した RNA-seq や多型解析が可能になり、組み合わさったゲノムのネットワーク進化によって新たな生態学的ニッチェを獲得することが見えつつある。また、現代に起きた倍数体種分化や実験室での人工倍数体作成は、種分化をリアルタイムで研究するまたとない機会を提供する。

9:00-9:20　Kentaro Shimizu1, Tim Paape1, Masaomi Hatakeyama1,2, Reiko Akiyama1, Rie Shimizu-Inatsugi1, Satoru Akama3, Jun Sese3, Tanaka Kenta4, Yoshihiko Onda5 (1Univ. Zurich; 2Functional Genomics Center Zurich; 3AIST; 4Univ. Tsukuba; 5RIKEN)

Introduction to genome duplication and the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica* and *Cardamine* spp. as model polyploid species to study ecological speciation

9:20-9:40　◯Takashi Makino1、Aoife McLysaght2 (1Tohoku University、2Trinity College)

Ohnologs in the human genome are dosage balanced and frequently associated with disease

9:40-10:00　Jeffery Fawcett (SOKENDAI)

Significance of polyploidization in the evolution of angiosperms

10:00-10:20　◯小林正樹１、Kevin Kit Sion Ng２、Jeffrey A. Fawcett３、Soon Leong Lee２、瀬々　潤１、清水健太郎４（１産総研・創薬基盤、２FRIM・遺伝、３総研大・先導科学、４チューリヒ大・理)

Ancient whole-genome duplication in a tropical tree family, Dipterocarpaceae

10:20-10:40　◯Haruki Ochi、Hajime Ogino (Yamagata University)

Genome duplications and evolution of gene expression - What can artificial genome duplicated vertebrate embryos tell us about WGDs? –

10:40-11:00　◯塚谷　裕一１,２、澤田有司３、川出健介２,４、及川彰３,５、平井優美３（１東大・院・理、２岡崎統合バイオ、３理研・環境資源科学研究セ、４基生研、５山形大・農)

Metabolomics analyses of autopolyploids: Do genome duplications directly affect metabolic pathways?

11:00-11:20　Tetsu Kinoshita (KIBR, Yokohama City Univ.)

Mechanism of hybridization bBarrier in plant endosperm

11:20-11:40　◯Masahiro Kanaoka1, Yuri Aoki1, Reiko Akiyama2, RIe Shimizu-Inatsugi2, Kentaro Shimizu2 (1Nagoya University, 2University of Zurich)

Phenotypic plasticity in relation to water environment in allotetraploid *Cardamine flexuosa*

11:40-12:00　赤間 悟 1,2、清水(稲継) 理恵 3、清水健太郎 3、◯瀬々潤 1 (1.産総研・BRD、2. 東工大・ELSI、3. チューリッヒ大・理)

Silencing and ratio changes of homeologs of the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica* studied by new bioinformatic workflows HomeoRoq and SIGN

S-04: 進化研究の最先端：病原体を対象として

8/21 9:00-12:00 会場：Room 6

企画者：小林一三（東京大）・佐々木顕（総研大）

使用言語：日本語

もし、今、ダーウィンが蘇ったら、研究対象に選ぶのは微生物に違いない。一世代の長さは、ものによっては数年間ではなく数十分と小さく、進化過程を追い、仮説を実験で検証できる。ホスト生物との相互作用によって、進化が速く多様である。多数の検体の収集が容易であり、小さな全ゲノムと全エピゲノムは容易に解読できる。メタゲノム解読からは膨大な情報が得られる。例えば、ヒト大腸内のマイクロバイオームについては、おそらく既に熱帯雨林をしのぐ生態学的情報がある。進化学のさまざまな根本問題への、微生物を使っての最先端の探索を紹介する。

9:00-9:30　西浦博、○斎藤正也（東大・医）

エボラ出血熱の数理モデル研究

9:30-10:00　◯佐々木顕、三浦千明、八島健太（総研大・先導研）

インフルエンザウイルスの抗原変異を数理的にとらえる

10:00-10:30　〇泉　泰輔 1,2, 佐藤　佳 1,2, 小柳　義夫 1 （1 京大　ウイルス研、2 CREST）

宿主因子 APOBEC3 の多様化に伴うレトロウイルスの適応進化

10:30-11:00　中川一路（京大医）

CRISPR による細菌の進化と生存戦略

11:00-11:30　小林一三（東大・新領域）

「エピジェネティックスに基づく進化」の細菌での検証

11:30-12:00　服部正平 1、◯西島傑 2（1 早稲田大・理工、2 東大・新領域）

ヒトマイクロバイオームの生態と進化

S-05: 博物館が拓く進化史学の現在

8/22 9:00-12:00　会場：Room 1

企画者：遠藤秀紀（東京大学）

使用言語：日本語

比較・総合を旨とする科学哲学は、博物館そして自然誌学を育み、進化史研究に貢献してきた。ときにそれは自然現象に対するマクロ的視野を養い、還元主義と異なる角度から進化史の全体性を論議している。今日、博物館が関連をもつ進化学は、具体的にどのように展開しているのだろうか。研究対象にとらわれることなく、標本、ナチュラルヒストリー、比較・総合を切り口に、進化史研究のいまを論じる。

9:00-9:05　導入

9:05-9:40　甲能直樹（国立科学博物館・地学研究部、筑波大院・生命環境科学）

100 年のコレク ションが語るデスモスチルス（アフリカ獣類）の歯の形の意味

9:40-10:15　佐々木猛智（東京大学総合研究博物館）

進化史学における博物館の役割：標本に基づく研究の新しい展開

10:25-11:00　篠原現人（国立科学博物館動物研究部）

魚類標本は語り、そして異分野をつなぐ

11:00-11:35　長谷川政美（復旦大学生命科学学院）

博物館試料と古代 DNA 解析

11:35-12:00 総合討論

S-06: 複合適応形質進化の遺伝子基盤解明

8/22 9:00-12:00　場所：Room 3

企画者:長谷部光泰（基礎生物学研究所）

使用言語：日本語

複合適応形質、すなわち、複数の形質進化が積み重なることによりはじめて適応的となり、未完成な段階では適応的でなく、かえって生存に不利な形質はどのように進化するのでしょうか。近年、ゲノム生物学の進展に伴い、複合適応形質を制御する遺伝子系が明らかとなり、複合適応形質がどのように進化するのかが少しずつわかってきました。さまざまな生物で見られる複合適応形質進化の分子機構の最新の成果を聞きながら、どんな共通のメカニズムが存在するのかを考えていきたいと思います。

9:00-9:18　長谷部光泰（基礎生物学研究所）

はじめに・食虫植物はどのように進化しえたか

9:18-9:36　倉谷滋（理化学研究所　倉谷形態進化研究室）

カメの甲はどうやって出来たか

9:36-9:54　◯嶋田透 1、木内隆史 1、王華兵 1,4、山野峻 1、平松佑介 1、川本宗孝 1、勝間進 1、門田幸二 1、藤井告 2、鈴木穣 3、菅野純夫 3（1 東大・院農、2 九大・院農、3 東大・ 院新領域、4 現浙江大）

カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化

9:54-10:12　深津武馬（産業技術総合研究所）

昆虫―微生物共生の分子機構およびゲノム基盤の解明

10:12-10:30　◯藤田浩徳 1、青木誠志郎 2、川口正代司 13（1 基生研、2 東大院総合文化、院理、3 総研大）

根粒共生系における進化ダイナミクスモデル

10:30-10:48　黄川田隆洋（生物研・昆虫機能）

ネムリユスリカのゲノム解析：極限乾燥耐性はどのように進化してきたのか

10:48-11:06　新美輝幸（基生研・進化発生）

doublesex 遺伝子で探る甲虫の形態的雌雄差

11:06-11:24　◯藤原晴彦、飯島択郎、西川英輝（東大・院新領域）

シロオビアゲハのベイツ型擬態の分子メカニズムと進化

11:24-11:42　◯二階堂雅人１、岡田典弘２（１東工大・院生命、２国際科学振興財団）

収斂進化の分子機構：シクリッドを題材にして

11:42-12:00　長谷部光泰（基礎生物学研究所）

複合適応形質進化の共通性と多様性

S-07: 進化生態学を『上の階層』から捉えなおす

8/22 9:00-12:00　会場：Room 4

企画者：山道真人（京都大）・笠田実（東京大）

使用言語：日本語

さまざまな生物の個体レベルの適応（究極要因）を調べる進化生態学は、20 世紀後半から爆発的な発展を遂げてきた。現生の生物の適応は、より時間的・空間的・生物学的に上の階層である、マクロ進化、メタ群集や生態系と深く結びついている。本シンポジウムでは、今後の進化生態学が、これら『上の階層』をどのように取り入れて行くか、という観点から、これからの進化学会における生態と進化の統合について考えていきたい。

9:00-9:10　Introduction

9:10-9:35　沓掛展之（総研大・葉山）

多様性のパターンから進化プロセスを探る系統種間比較

9:35-10:00　辻和希（琉球大・農）

血縁選択と群集および種多様性

10:00-10:25　深野祐也（農工大・学振 PD）

外来種の進化に注目して、生態学的なプロセスとマクロ進化のパターンをつなぐ

10:25-10:50　岸田治（北大・北方圏 FSC）

表現型可塑性の生態系機能～エゾサンショウウオ幼生の大顎化の意味を探る～

10:50-11:15　佐藤拓哉（神戸大・理）

寄生者－宿主関係の多様性からせまる群集動態の一般理解

11:15-11:40　東樹宏和（京大・人環）

フロンティアを失った世代の逆襲：微生物の超多様性に生命進化の本質を見いだす

11:40-12:00 General Discussion

S-08: DNA 損傷・突然変異・がん：生死の学としての進化学

8/22 9:00-12:00　会場：Room 8

企画者：三谷啓志・小林一三（東京大）

使用言語：日本語

進化の研究は、生活とかけ離れた趣味の世界に属するというイメージが、未だに根強い。しかし、様々な要因が突然変異を引き起こし、その蓄積によりがんが成立するのであって、日本人の半分は、自らの体内のがんの進化と戦いながら死を迎えるとも言える。本シンポジウムでは、突然変異生成の分子機構から、生殖系列への寄与、がん細胞の成立と、そのゲノムレベル細胞集団レベルの変化を進化の視点から捉える。

9:00-9:05　　小林一三（東大・新領域）はじめに

9:05-9:30　　◯Masaki Fukuyo1,2,3,†, Toshiaki Nakano4,†, Kenji K. Kojima1, Yingbiao Zhang1, Yoshikazu Furuta1, Ken Ishikawa1, Miki Watanabe-Matsui1, Hirokazu Yano1, Takeshi Hamakawa4, Hiroshi Ide4 and Ichizo Kobayashi1（1University of Tokyo; 2The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI); 3Chiba University; 4Hiroshima University † equal contribution）

塩基切り出し型制限酵素という驚き

9:30-9:55　　能美健彦（国立医薬品食品衛生研究所）

生殖細胞における DNA 損傷と突然変異

9:55-10:20　◯中別府雄作 1，岡素雅子 1，盛子敬 1，大野みずき 2、土本大介 1，作見邦彦 1（1 九大・生医研・脳機能制御、２九大・院・医）

活性酸素による DNA 損傷が引起こすさまざまな生命現象：　突然変異から神経変性まで

10:20-10:45　三谷啓志（東大・新領域）

がん遺伝子の創生と進化

10:45-11:10　◯入江拓磨・鈴木穣（東大・新領域）

次世代シークエンサーを用いた変異ヒトプロモーターの網羅的解析

11:10-11:35　柴田龍弘（東大・医科研　ゲノム医科学分野）

がんゲノム進化

11:35-12:00　金田篤志（千葉大・医）

エピジェネティクスとがん進化

W-01: Evolution of Modern Humans after “Out of Africa”

8/20 14:10-16:10　会場：Room 1

企画者:斎藤成也（国立遺伝学研究所）

使用言語：英語・日本語

およそ 10 万年前にアフリカから拡散した現代人の進化を、骨と DNA データから論じる。近藤は人骨資料について、木村は肉眼的表現型と DNA の対応について、河合は東北 1000 人ゲノムデータの解析について、 縄文人の核 DNA ゲノムデータについて、Jinam はネグリトと他の東南アジア人類集団の DNA 解析について、それぞれ論じる。これらの講演から、主として現代人が東ユーラシアに拡散していった様子を浮かび上がらせることがねらいである。

14:10-14:34　Osamu Kondo（Univ of Tokyo）

Evolution of modern humans after "Out of Africa" viewed from hard evidence

14:34-14:58　Ryosuke Kimura（Univ. Ryukyus）

Genetic basis of human phenotypic diversity

14:58-15:22　◯Yosuke Kawai1, Naoki Nariai1, Kaname Kojima1, Yumi Yamaguchi-Kabata1, Yukuto Sato1, Takahiro Mimoro1, Masao Nagasaki1（1Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University）

High precession whole genome sequences of 1,070 Japanese individuals

15:22-15:46　◯神澤秀明 1、Kirill Kryukov2、Timothy A. Jinam3,4、細道一善 5、佐宗亜衣子 6,7、諏訪元 7、植田信太郎 6、米田穣 7、田嶋敦 5、井ノ上逸朗 8,4、篠田謙一 1、斎藤成也 3,4（1 科博・人類、2 東海大・医、3 遺伝研・集団、4 総研大・遺伝、5 金沢大・医、6 東大・理、7 東大・博、8 遺伝研・人遺）

縄文人核ゲノム分析から見た日本列島人の成立史

15:46-16:10 ◯Timothy Jinam, Naruya Saitou（Division of Population Genetics, National Institute of Genetics）

Tracing human migrations in Southeast Asia using genome-wide Single Nucleotide Polymorphisms

W-02: 大規模配列解析が明らかにするウイルスと進化

8/20 14:10-16:10　会場：Room 2

企画者：中川草（東海大学）・鈴木善幸（名古屋市立大学）

使用言語：日本語

近年のシーケンス技術の大規模な発展はウイルス進化研究にも大きな影響を与え続けている。様々なウイルスのゲノム・トランスクリプトームシーケンスが進み、宿主免疫系との相互作用によるエスケープ変異や、その一方で進化的に全く変化しないアミノ酸サイトの同定などが大規模配列を用いて精緻に解析 ES/iPS 細胞の分化への関与が明らかになった。加えて集団を解析するマーカーとしての応用の可能性も示唆された。本シンポジウムではウイルスと進化の関係を解明する研究者の方々に講演いただき、その知見をふまえてウイルスと進化の関係について参加者と議論していきたい。

14:10-14:30　小島健司 1,2,3（1 東大・院新領域、2 東大・医科研、3GIRI）

ワニゲノム解読から　明らかになった内在性レトロウイルスの多様性

14:30-14:50　下出紗弓（京大・ウイルス研）

ネコの旅路を内在性レトロウイルスから探る

14:50-15:10 ◯上田真保子 1、中川草 1,2（1 東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター、2 東海大学医学部 基礎医学系）

内在性ウイルス由来の配列のゲノム進化解析

15:10-15:30　小林由紀（1 日大・生物資源）

ボルナウイルス由来エレメントの機能獲得メカニズム

15:30-15:50　◯吉川禄助 1、泉泰輔 1、山田英里 1、中野雄介 1、任鳳蓉 2、宮沢孝幸 1、佐藤佳 1、小柳義夫 1（1 京大・ウイルス研、2 東京医科歯科大）

動物レンチウイルスからみるウイルスと宿主の共進化

15:50-16:10　和田佳子 1,2、岩崎裕貴 1、磯田大典 3、金谷重彦 2、和田健之介 1, ◯池村淑道 1（1 長浜バイオ大・バイオサイエンス、 2 奈良先端大・情報、 3 日本ヒューレットパッカード）

エボラ、インフルエンザ等の人獣共通感染症ウイルスゲノムの方向性のある配列変化とその治療・診断薬デザインにおける意味

W-03: 日本の考古遺物を中心とした文化進化的考察

8/20 14:10-16:10　会場：Room 3

企画者:田村光平（Bristol 大学）・中尾央（山口大学）・三中信宏（農業環境技術研究所/東京大学）

使用言語：日本語

近年文化進化研究が各国で盛んになっているが，考古遺物に関する文化進化的アプローチはまだそれほど多くない．しかも日本の場合，考古遺物に関してはまったくと言っていいほど，進化的考察はなされてこなかった．本ワークショップでは，特に日本の考古遺物や歴史動態を中心として，文化進化的アプローチから考察し，進化学の人文・社会科学への展開を示すとともに，両者のあるべき関係を探る．

14:10-14:35　中尾央（山口大・国総）

日本先史時代の文化進化

14:35-15:00　田村光平（Bristol 大学）

考古遺物への幾何学的形態測定学の応用

15:00-15:25　野下浩司（東大・農学生命科学）

形態測定学の進化生物学における活用：細胞から個体，人工物まで

15:25-15:50　松本直子（岡山大学大学院社会文化科学研究科）

農耕文化拡散過程における人口動態と文化伝播

15:55-16:00　三中信宏（農業環境技術研究所/東京大学）

16:00-16:10　全体

W-04: 嗅覚の多様性と進化 ~哺乳類から植物まで~

8/20 14:10-16:10　会場：Room 4

企画者:新村芳人（東京大学/ERATO）・二階堂雅人（東京工業大学）

使用言語：日本語

外界の化学物質を検出するための嗅覚（化学感覚）は、「最も原始的な感覚」などとも呼ばれ、生物の生存にとって必須の感覚である。にもかかわらず、遺伝子レベルで見るとそのメカニズムは多様で、生物の系統によって受容体遺伝子の進化的起源も異なっている。本ワークショップでは、脊椎動物・昆虫・線虫・植物など、多様な生物を用いて嗅覚研究を行っている気鋭の若手研究者を招き、「受容体遺伝子」を縦糸として、嗅覚の多様性と進化について俯瞰したい。

14:10-14:20　新村芳人（東京大学/ERATO）

遺伝子で読み解く嗅覚の進化

14:20-14:35　◯白須未香１、佐藤成見１、東原和成１（１東大・院農、JST　ERATO　東原化学 感覚シグナルプロジェクト）

ムスク（じゃ香）の香り～マウスから霊長類まで保存されたその認識メカニズム～

14:35-14:45　二階堂雅人（東工大・生命）

シクリッドのフェロモン受容を介した種分化の可能性

14:45-15:10　◯尾崎克久 1、龍田勝輔 2、武藤愛 3、小寺正明 4、吉川寛 1（1JT 生命誌研究館、2佐賀大学、3 奈良先端大、4 東工大）

アゲハチョウの食草選択に関わる化学感覚受容体遺伝子

15:10-15:35　広津崇亮（九大・院理）

線虫の嗅覚とその利用

15:35-16:00　有村源一郎（東京理科大・基礎工）

植物の嗅覚受容

16:00-16:10 総合討論

W-05: 核酸の制御系の進化と合成の分子生物学

8/20 14:10-16:10　会場：Room 5

企画者：金井 昭夫（慶應義塾大学）

使用言語：日本語

ゲノムの完全長塩基配列が多様な生物種で決定されたことで、特定の生命現象を担う遺伝子の相互比較が簡単に行なえる時代になった。ここで、遺伝情報の維持や発現に関与する核酸の制御系が如何に成立したかという問題は、進化学に於いても極めて中心的な議題である。一方、制御系を担う分子が明らかになったとすれば、それを人工的にデザインして新たな生命システムへと展開することが可能となる。本ワークショップでは、遺伝子発現系の要となる rRNA や tRNA、人工的な遺伝子発現系、人工キメラゲノム等において挑戦的な研究を展開してきた演者を迎えその最前線を議論する。

14:10-14:34　板谷光泰　（慶應大・先端生命研）

合理的なゲノムデザインに向けて

14:34-14:58　梅野大輔　（千葉大院・工）

遺伝子発現制御系とその集積回路の進化分子工学

14:58-15:22　◯藤田祥彦、齊藤博英（京大、iPS 細胞研究所）

人工 RNA システムを利用した遺伝子操作と細胞運命制御

15:22-15:46　宮崎健太郎　（産業技術総合研究所）

リボソーム改変によるバクテリア細胞工学

15:46-16:10　金井昭夫　（慶應大・先端生命研）

真核生物における V アーム含有型の変則的 tRNA の進化

W-06: 環境 DNA：NGS がもたらす生態情報を進化学にどう活かすか

8/20 14:10-16:10　会場：Room 6

企画者:荒木仁志（北海道大学）・佐藤行人（東北大学）

使用言語：日本語

次世代シーケンサー（NGS）が様々な科学分野に用いられるようになって久しい。生態進化学分野においても例外ではなく、エコゲノミクスと呼ばれるようなゲノムレベルでの生態学は既に標準化しつつある。本ワークショップでは、「水、土」といった生物環境媒体そのものからNGSを使ったDNA解析を行い、対象生物の在・不在や生態進化的特性、バイオマスに至るまでを非侵襲的に探ろうとする最新の研究を紹介し、その進化学的展望について議論する。

14:10-14:15　荒木仁志（北海道大）　企画紹介

14:15-14:35　岩崎渉（東大・院理）

NGS メタバーコーディングからより多くの情報を得るために

14:35-14:55　◯荒木仁志１、宮正樹２、池田実３、矢部衛４、永野優季４、神戸崇１、鎌田頌子１、佐土哲也２、峰岸有紀３、佐藤行人５、佐藤俊平６、Katherine Maslenikov７（１北大・院農、２千葉中央博、３東北大・院農、４北大・水産、５東北大・医、６北水 研、７ワシントン大）

北の海に未知なる生命と生物多様性を探る

14:55-15:15　◯佐藤行人１、荒木仁志２、宮正樹３、佐土哲也３、峰岸有紀４、岩崎渉５（１東北大・メディカルメガバンク、２北大・院農、３千葉中央博、４東北大・院農、５東　大・院理）

環境 DNA メタバーコーディング解析のためのパイプライン開発

15:15-15:35　◯土居秀幸１、高原輝彦２、内井喜美子３、源利文４（1 兵庫県立大院・シミュレーション、２島根大・生物資源、３大阪大谷大・薬、４神戸大院・人間環境）

環境 DNA を用いた水域生態系での生物分布・生物量の推定：進化学への応用可能性について

15:35-15:55　東樹宏和（京大・人環）

魑魅魍魎はびこる土壌微生物圏に秩序は見いだせるのか？環境 DNA データをネットワーク理論で料理する

15:55-16:10　総合討論　司会：佐藤行人

W-07: 性行動・社会行動の神経・内分泌・分子基盤からその進化機構を考える

8/20 14:10-16:10　会場：Room 7

企画者：岡田泰和（東京大学）・石川由希（名古屋大学）

使用言語：日本語

動物の行動は可塑的であると同時に，ある種を特徴づけるのに有用な形質のひとつである．特に性行動や社会行動の多くは種特異性を示し，この特異性が生殖隔離やさらなる形態進化の一因となっている．性行動や社会行動がどのように進化・多様化したのかを明らかにするには，行動の基盤となる分子・生理機構の理解が不可欠である．本ワークショップでは，鳥類，魚類，昆虫類における性行動や社会行動の神経・内分 泌・分子遺伝基盤を紹介しながら，どのような行動基盤の変化がこれらの進化をもたらしたのかを考えたい．

14:10-14:30　岡田泰和（東大・総合文化）

カースト特異的遺伝子の異時的発現が駆動する社会形態の進化

14:30-14:50　小林靖尚（岡山大学　理学部附属臨海実験所/共同利用拠点(UMI)）

性を換える魚の生理学的研究

14:50-15:10　◯戸張靖子 1、筒井和義 2（1 東大・院総合文化、2 早大・教育）

鳥類ウズラにおける社会的な刺激への行動と生殖内分泌応答のメカニズム

15:10-15:30　◯小橋 常彦 1,2、Bruce A. Carlson2（１名大・院理　２ワシントン大・生物）

弱電気魚におけるコミュニケーション信号の時間構造を分析する神経回路機構とその進化

15:30-15:50　◯石川由希 1、上川内あづさ 1、山元大輔 2（1 名大・院理、2 東北大・生命理学）

異性への「好み」の急速な進化をもたらす神経基盤

W-08: 珪藻の進化・繁栄の謎を握る未知の藻類：パルマ藻の生物学

8/20 14:10-16:10　会場：Room 8

企画者：桑田 晃（水産総合研究センター）

使用言語：日本語・英語

珪藻は、微細藻類ながら熱帯雨林と同等の炭酸固定を行う海洋で最も重要な一次生産者であるが、その起源・繁栄機構は依然不明である。最近我々は、極地・亜寒帯域に主に生息し、珪藻同様に珪酸質の殻を持つ極微小なパルマ藻が、珪藻と共通祖先を持ち珪藻進化の解明にとって鍵となるグループであることを発見した。そこで我々は、パルマ藻を対象にゲノミクス・生理生態学・形態学・生物地球化学的解析を行い、珪藻の出現から現在の繁栄に到った進化過程の解明を両藻間の比較により進めている。本ワークショップでは最近の研究成果を紹介し、今後の展望を議論したい。

14:10-14:30　◯桑田晃１、佐藤晋也２（１東北水研、２福井県立大）

パルマ藻から珪藻の進化の秘密を探る

14:30-14:45　◯一宮睦雄 1、桑田晃 2（1 熊本県大、2 水研セ・東北水研）

親潮および親潮-黒潮混合域におけるパルマ藻の分布と季節変化

14:45-15:05　山田和正１ ◯吉川伸哉２（１北大・北方セ　２福井県大・海洋）

パルマ藻と珪藻の細胞壁の進化

15:05-15:25　◯Mary-Helene Noel Kawachi1、Masanobu Kawachi1（国立環境研）

Characteristics of *Triparma laevis* f. *longispina* NIES-3699 with insights to its life cycle

15:25-15:40　◯沢田健 1、加納千紗都 1、阿部涼平 1、吉川伸哉 2、桑田晃 3（1 北大・院理、2　福井県大・海洋生物資源、3 東北水研）

パルマ藻の脂質バイオマーカーの探索

15:40-15:50　◯中村洋路 1、斉藤憲治 1、吉川伸哉 2、桑田 晃 3（1 水研セ中央水研、2 福井県大 海 洋 、3 水研セ東北水研）

パルマ藻のドラフトゲノム

15:50-16:00　◯佐藤直樹 1、田島直幸 1,2（1 東京大・院総合文化、2 日大・生物資源）

パルマ藻 *Triparma laevis* のゲノム解析

16:00-16:10 総合討論

W-09: International activities and collaborations on the evolutionary researches

8/21 14:10-16:10　会場：Room 1

企画者：峯田克彦（KAUST サウジアラビア）・荒木仁志（北海道大学）

使用言語：英語

進化研究のネットワークは世界中に広がっている。本ワークショップでは、海外で活躍中のシニアと若手 PI に講演いただき、海外での進化研究の現状や国際的なネットワークなどについての最新の情報を提供する。特に、国際的な研究協力の構築を考えている方や、将来海外での研究を考えている若手、学生にとって有用な情報交換の機会となるようにしたい。

14:10-14:15　Introduction

14:15-14:40　Masato Yamamichi（1Hakubi Center/Center for Ecological Research, Kyoto Univ., 2Dept. of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell Univ.）

My postdoc life in Ithaca, or how to survive the long winter

14:40-15:05　Kentaro Shimizu（University of Zurich）

“Internationalization” of the universities, and studying evolution in Japan, USA and Switzerland

15:05-15:30　Takahiro Yonezawa（School of Life Sciences, Fudan University）

Looking for the Lost World in China

15:30-15:55　Takashi Gojobori, Katsuhiko Mineta（CBRC, KAUST）

Arabia Felix!: Expect the unexpected in evolutionary genomics from a scientific community of international heterogeneity

15:55-16:10　General Discussion

W-10: 国立自然史博物館の設立を推進する

8/21 14:10-16:10　会場：Room 2

企画者：馬渡駿介

使用言語：日本語

今日、我々の暮らしをこれまで支えてきた科学技術の将来に赤信号がともり、自然資源の枯渇は目前に迫り、人類の持続可能性を保証してきた生物多様性が失われつつある。このような現状から脱却するには、30 億年の歴史を持つ生物進化を規範として我々の暮らしを立て直す必要がある。生物進化を証拠立てるのは自然環境から収集した自然史標本であり、それを研究する学問が自然史科学である。自然史標本を時間軸で比較すれば生物多様性の変遷が明らかになる。自然史標本を研究することで、人類に利用可能な自然資源を見つけることができるし、進化の結果である生物の形態と機能の関係を科学技術に応用できる。ところが、自然史標本を収集・保全して研究する施設が貧弱なため、日本の自然史科学は世界に大きく後れをとっている。科学技術の将来に光明を見いだし、自然史資源を探索し、日本と世界の持続可能性を保証するためには、自然史標本を収集・保全して研究する自然史研究の拠点、すなわち「国立自然史博物館」が必須であることを論議する。

14:10-14:20　浅島誠（日本学術会議連携会員、独立行政法人日本学術振興会理事、東京大学名　　誉教授）

開催挨拶と趣旨説明

14:20-14:40　岸本健雄（日本学術会議会員、お茶の水女子大学サイエンス＆エデュケーション　　センター客員教授、東京工業大学名誉教授）

「国立自然史博物館」設立へ向けての日本学術会議の取り組み

14:40-15:00　久保田康裕（琉球大学理学部生物系教授）

生物多様性の変遷を明らかにする「国立自然史博物館」

15:00-15:20　下村政嗣（千歳科学技術大学・教授）

バイオミメティクスのメッカとしての「国立自然史博物館」

15:20-15:40　佐藤矩行（日本学術会議連携会員、沖縄科学技術大学院大学教授）

生物資源の宝庫と「国立自然史博物館」

15:40-16:10　総合討論 司会：馬渡駿介（日本学術会議連携会員、北海道大学名誉教授）

W-11: 恐竜類における形態と機能の進化

8/21 14:10-16:10　会場：Room 3

企画者:真鍋真（国立科学博物館）、對比地孝亘（東京大学）

使用言語：日本語

現在でも続々と続く新種の発見により、中生代の恐竜類の形態的・系統学的多様性の大きさは再認識されている。このような大きな多様性から、恐竜類は化石脊椎動物のなかで、その進化形態学・機能形態学的研究がもっとも進んでいる分類群の 1 つになっている。本ワークショップでは、恐竜の鳥類への進化へのレビューにくわえ、分類群や部位ごとの恐竜類の進化・機能形態学的研究の新たな研究結果を紹介したい。

14:10-14:15　對比地孝亘（東京大）

General Introduction

14:15-14:40　真鍋真（国立科学博物館）

鳥類の起源を考察するための形態進化

14:40-15:05　久保泰（福井県立恐竜博物館）

恐竜は小さくなれなかった？　指行性による体サイズへの制約

15:05-15:30　服部創紀（東京大）

獣脚類の足における形態と機能の進化

15:30-15:55　○對比地孝亘１、Lawrence M. Witmer２、渡部真人３、Khishigjav Tsogtbaatar４（1 東大・院理、２Ohio University、３大阪市立大・理、４Mongolian Institute of Paleontology and Geology）

獣脚類恐竜 *Avimimus portentosus* における現生鳥類との収斂形質の再検討

15:55-16:10　質疑等

W-12: ゲノム情報から野生植物の適応現象に迫る

8/21 14:10-16:10　会場：Room 4

企画者:伊藤元己（東京大学）・岩崎貴也（京都大学）

使用言語：日本語

生物は野外の様々な環境に適応して生活をしている。次世代シークエンサーの発達により、野生種でもゲノムレベルでの解析可能になってきた。本ワークショップでは、野生植物における適応現象を、ゲノム・遺伝子情報を用いたアプローチにより解析する研究を紹介し、野生植物のエコゲノム研究の今後の展開についての議論を行う。

伊藤元己（東大・総合文化）はじめに

◯奥山雄大 1、岡本朋子 2（1 科博・植物園、2 岐阜大・応用生物）

植物種分化の鍵となる花の香りの進化遺伝学

◯阪口翔太 1, 堀江健二 2, 石川直子 1, 永野惇 3, 4, 5, 本庄三恵 4, 工藤洋 4, 伊藤元己 1（1 東大・総合文化, 2 旭川市北邦野草園, 3 龍谷大・農, 4 京大・生態研, 5JST・さきがけ）

キク科植物における土壌エコタイプの形成過程

久保田渉誠（東大・総合文化／日大・生物資源）

様々なスケールでのゲノム比較からハクサンハタザオの適応遺伝子に迫る

内藤 健 （農業生物資源研）

***Vigna* 属野生種の多様性と環境適応**

岩崎貴也（京大・生態研）コメント

W-13: Endosymbiosis and organellogenesis

8/21 14:10-16:10　会場：Room 5

企画者:中鉢淳（豊橋技術科学大学）

使用言語：日本語・英語

ミトコンドリアや葉緑体といったオルガネラは、太古、真核性単細胞生物に取込まれた細菌の末裔である。細胞内共生に基づく異系統生物間の融合として究極の例と言えるが、近年、これに匹敵する緊密な関係を築いた共生系が次々と見つかりつつある。本ワークショップでは、細胞内共生由来オルガネラの進化過程を振り返るとともに、「新規オルガネラ進化」が進行しつつある、より歴史の浅い共生系について、最新の知見を共有したい。

14:10-14:40　Kyungtaek Lim（BRD, AIST）

Transitions in rRNA-mRNA interaction during endosymbiosis

14:40-15:10　皿井千裕 1、谷藤吾朗 2、中山卓郎 3、神川龍馬 4,5、高橋和也 1、石田健一郎 2、岩滝光儀 6、○稲垣祐司 2,3（1 山形大・院理工、2 筑波大・生命環境、3 筑波大・計算科学研究セ、4 京大・院人間環境、5 京大・院地球環境、6 東大・アジア生物資源　環境）

ヌクレオモルフをもつ 2 種の未記載渦鞭毛藻：真核藻の細胞内共生を介した葉緑体成立過程を解き明かす新たなモデルとして

15:10-15:40　大熊盛也（理研 BRC JCM）

シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化

15:40-16:10　中鉢淳（豊橋技術科学大学・EIIRIS）

動物界のオルガネラ進化

W-14: 構成生物学的進化実験

8/21 14:10-16:10　会場：Room 6

企画者:山岸明彦（東京薬科大）・長谷部光泰（基礎生物学研究所）

使用言語：日本語

進化学は分子系統進化学、古生物学、比較生物学等の研究により大きな進展を見せている。これに加えるに、個々の分析にとどまらず、進化を実験的に再現したり、過去の進化過程を再構成することによって、進化を研究する「構成生物学的進化実験」手法が台頭してきている。この方法は、タンパク質レベル、植物、動物、微生物や合成生物学的手法という様ざまなレベルで可能になって来ている。この手法を先駆的に実施している各分野の研究者に今後の発展可能性も含めて紹介を依頼し、進化学の次の研究段階を探る。

14:10-14:15　長谷部光泰（基礎生物学研究所）

はじめに

14:15-14:37　◯市橋伯一 1、番所洋介 2、古林太郎 2、四方哲也 1,2（1 阪大・情報、２阪大・生　命）

人工 RNA 複製システムの構築と寄生体との共進化

14:37-14:59　◯鈴木真吾、古澤力（理研・生命システム研究センター）

大腸菌の実験進化による適応進化ダイナミクスの解析

14:59-15:21　山岸明彦（東京薬大・生命）

40 億年前の祖先タンパクの再生実験

15:21-15:43　長谷部光泰（基礎生物学研究所）

遺伝子組換えによる祖先化石種の復元と形態進化

15:43-16:05　古賀隆一（産総研・生物プロセス）

昆虫―大腸菌人工共生系

16:05-16:10　山岸明彦（東京薬大・生命）

まとめ

W-15: 「飼う！」進化学

8/21 14:10-16:10　会場：Room 7

企画者:石川麻乃（国立遺伝学研究所）・大島一正（京都府立大）

使用言語：日本語

生物が地球上のあまねく環境で見せる多種多様な形質は、長らく進化生物学者の興味を引いてきた。近年の次世代シークエンサーやゲノム編集技術の発展は、このような野生生物における摩訶不思議な形質の創出機構に、遺伝的変異や発生生理機構の改変といった切り口を与えてくれている。しかし、いくら解析技術が進歩しようとも、やはり大きな壁として立ちはだかるのが「飼えない、採れない、見つからない」といった得体の知れない生物特有の事情である。そこで本ワークショップでは、さまざまな野外環境から野生生物を採取し、「飼ってみる」段階までたどり着いて初めて見えてきた研究成果を聞きながら、「飼う」という非常に素朴なプロセスの重要性と、その先に広がる多様性生物学の可能性を議論したい。

14:10-14:15　企画説明

14:15-14:35　大島一正（京都府立大）

飼えない虫を累代飼育する：リーフマイナーとアメンボを例に

14:35-14:55　宮本教生（海洋研究開発機構）

『飼う！』深海生物学

14:55-15:15　◯石川麻乃、北野潤（国立遺伝学研究所）

DHA が担う新規環境への適応放散

15:15-15:35　◯古賀皓之、塚谷裕一（東京大学）

水草の可塑的な葉の形態形成機構にせまる

15:35-15:55　中井亮佑（国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員）

極小細菌から探る微生物の進化

15:55-16:10　総合討論

W-16: 共生—進化—発生

8/21 16:30-18:30　会場：Room 5

企画者:松浦 優（北大・地環研）菊池 義智（産総研・生物プロセス）

使用言語：日本語

この世界は共生に満ちあふれている。中でも微生物を体に取り込み自らが持たない新規代謝系をまるごと獲得する「内部共生」は、動植物の進化において極めて重要な役割を果たして来た。このように、共生微生物から多分な恩恵を受けとる宿主には、多くの場合微生物を保持するための細胞や器官といった特殊な形質が進化している。本ワークショップでは、昆虫や植物が獲得した共生細胞や器官、またその形成機構に焦点をあて、共生の進化を発生の観点から理解することを提案する。この分野の勃興を目指す新進気鋭の研究者たちを演者に迎え、最新の成果を共有するとともに、今後の展開を議論したい。

16:30-16:35　イントロダクション

16:35-17:00　松浦　優 (北大・地環研)

***Hox* 遺伝子が司る共生器官の発生　–ナガカメムシにおける菌細胞の進化–**

17:00-17:25　菊池　義智（産総研・北海道センター）

微生物が引き起こす昆虫消化管のダイナミックな形態変化

17:25-17:50　◯寿崎拓哉１、川口正代司２（１筑波大・生命環境、２基生研・共生システム）

根粒形成に着目したマメ科植物-根粒菌の共生メカニズム

17:50-18:15　小八重 善裕（北農研）

アーバスキュラー菌根共生の進化–細胞生物学的視点から

18:15-18:30　討論・総括

W-17: 蛋白質合成系の進化

8/21 16:30-18:30　会場：Room 6

企画者:横堀伸一（東京薬科大学）・赤沼哲史（早稲田大学）

使用言語：日本語

地球生命を特徴づけるものの一つとして蛋白質合成系（翻訳系）が挙げられます。生命現象の多くを担う蛋白質を作り出すこの複雑なシステムがどのように成立し、進化してきたかを問うことは、生命の本質や定義に直結する問いでしょう。本ワークショップでは、翻訳に関わる様々な要素を対象とした独創的なアプローチによって蛋白質合成系の進化に迫る研究者のご講演を通じて、蛋白質合成系の過去、現在、そして未来について議論を深めたいと思います。

16:30-16:50　〇横堀伸一 1、渡辺公綱 1,2（1 東薬大・生命、2 東大・院農）

後生動物ミトコンドリア遺伝暗号からみた遺伝暗号の進化

16:50-17:10　〇網蔵和晃 1、木賀大介 12（1 東京工業大学・地球生命研究所、2 東京工業大学　知能システム科学専攻）

単純化遺伝暗号：限られたアミノ酸セットで構成されるタンパク質配列空間を探索するための進化分子工学的ツール

17:10-17:35　宮崎健太郎（産総研・生物プロセス）

大腸菌リボソームの変異耐性

17:35-18:05　横山茂之（理研・構造生物学）

アミノアシル tRNA 合成酵素の構造と進化

18:05-18:25　赤沼哲史（早大・人科）

タンパク質に必要な最少アミノ酸レパートリーの実験的検証

18:25-18:30　総合討論

W-18: 南極の陸上生物圏の適応進化

8/21 16:30-18:30　会場：Room 7

企画者:馬場知哉（情報・システム研究機構、新領域融合研究センター）

使用言語：日本語・英語

情報･システム研究機構における融合研究プロジェクト「地球環境変動の解析と地球生命システム学の構築」を通じて、南極の陸上生物圏の適応進化に関する理解が進みつつある。分類学、生物地理学、生態学、ゲノム科学、進化遺伝学、生化学などの分野横断的な研究から、その重要性についての議論を行う。

16:30-16:35　はじめに

16:35-16:53　伊村 智 (極地研、総研大)

南極陸上生物の起源

16:53-17:11　中澤 文男 (融合センター、情報・システム)

南極へ輸送されるバイオエアロゾル

17:11-17:29　中井 亮佑 (遺伝研、学振)

南極のコケ坊主生物圏

17:29-17:47　馬場 知哉 (融合センター、情報・システム)

南極湖沼における遺伝子の水平伝播ワールド

17:47-18:05　明石 裕 (遺伝研、総研大)

北極および南極細菌系統におけるゲノム進化

18:05-18:23　鹿児島 浩 (融合センター、情報・システム)

南極線虫の環境耐性遺伝子

18:23-18:30　終わりに

W-19: 「NHK スペシャル：生命大躍進」を制作しました。

8/21 16:30-18:30　会場：Room 9

企画者:入江直樹（東京大学）、植田和貴（NHK）

使用言語：日本語

「古代生物たちの大進化の痕跡はいまも我々の体に残っている」というコンセプトのもと、DNA 情報から明らかになった進化の物語を紹介した NHK スペシャル「生命大躍進」「第 1 集 そして”目”が生まれた」の部分上映（50 分前後）を行う。

上映後、担当ディレクターである植田が制作の舞台裏を含めどのように番組が企画され、制作されていき、最終的に科学者以外の方々に届いていくのか、そのプロセスや制作意図を紹介する。この NHK スペシャルと上野・国立科学博物館のコラボレーションにより実現した特別展「生命大躍進」も学会期間中に開催されている。是非一度ご覧願いたい。

16:30-16:40　趣旨説明

16:40-17:30　**「NHK スペシャル:生命大躍進」第一集　ダイジェスト版　上映**

17:30-18:30　植田和貴（NHK エンタープライズ）

そして“生命大躍進”が生まれた

アウトリーチ企画・公開企画一覧

アウトリーチ企画

「進化の見方・見せ方を考える－進化研究者の伝えたいこと、進化研究者が求められていること」

8/22 9:00-12:00　会場：Room 6
企画者：加藤俊英

企画の概要と狙い
研究者が研究者以外の人々を対象に、自身の研究分野への理解を進めるために実施するアウトリーチ活動はここ 10 年程の間に進化学の分野でも盛んに実施されるようになった。これに加え、中等教育など教育の場でも様々な形で進化研究者が関与する機会が増えている。しかしながら研究者の活動が受け手にどのように捉えられているか、議論される機会はほとんど無かった。本企画では特に中等教育での進化教育を対象として、進化研究者が考えていることと、進化研究者に求められているもの、その違いや共通点について議論したい。

1）趣旨説明
加藤俊英（東京大学教養学部）

2）**中等教育の生徒と教員のために進化研究者に求めること**
中井咲織（立命館宇治高等学校，東京大学大学院総合文化研究科）

3）**高校で進化をどのように教えるか**
山崎一憲（静岡県立榛原高等学校）

4）**これから研究を始める高校生と指導教員のために**
酒井聡樹（東北大学大学院・生命科学研究科）

市民公開イベント

企画モバイル展：マクロ先端的博物学の世界と創生

8/20（木）～8/23（日）10:00～16:00
6 号館 3 階 6301 号室
共催：東京大学総合研究博物館

学術標本のような知覚的・体感的に接することのできるマクロレベルの事象を扱った先端研究、すなわち「マクロ先端」サイエンスの成果とその公開発信を目的とした東京大学総合研究博物館マクロ先端研究発信グループが中心となって、学問の場で用いられる標本や資料をモバイル展示します。ほ乳類、蝶、貝、魚、植物、化石、隕石、投槍器、石像、年代測定器などの標本や資料が見られます。

Hands On 6：博物学でふれあうハンズオン・ギャラリー@進化学会

8/22（土）10:30～16:00
6 号館 3 階 6301 号室

研究機関で行われている先端科学の研究では、さまざまな標本や資料が取り扱われています。そして、そこから新しい学術知を導き出すためにさまざまな道具や手法が用いられます。普段触れることのできない標本や資料を通して、先端科学を体感してみませんか？

展示内容

モバイル 1 （ハンズオン参加企画）
ブータンシボリアゲハとその近縁種の系統地理と進化史
矢後勝也（東京大学総合研究博物館／昆虫自然史学）

約 80 年ぶりの再発見後、国賓で来日されたブータン国王陛下から東大総合研究博物館に寄贈された幻の大蝶（ブータンシボリアゲハ）の実物標本を展示し、その調査史を紹介する。合わせて近縁種も展示しながら、このグループの系統地理や進化史についても概説する。

モバイル 2 （ハンズオン参加企画）
胎児の進化
小薮大輔（東京大学総合研究博物館／比較解剖学）

様々な哺乳類の胎児や胎盤の標本を展示し、これらの比較から分かる形態進化の歴史と成長の自然史について概説する。「胎児は万有進化の実況とも題すべき、数億年、乃至、数百億年に亘る恐るべき長尺の夢を見る」と夢野久作が空想したように、我々も胎児を手にとり深淵な進化の歴史を幻視したい。

モバイル 3 （ハンズオン参加企画）
絶滅腕足動物の機能デザイン
椎野勇太（新潟大学教育研究院自然科学系／進化形態学）

絶滅した化石生物の多くは、現在の生物と比較できない不思議な形をしている。太古の海洋底を占有していた二枚貝様の生物、腕足動物の化石標本を展示し、形の役割が実現した巧みな生存戦略について概説する。

モバイル 4 （ハンズオン参加企画）

獣脚類恐竜に見られる足形態の進化

服部創紀（東京大学大学院理学系研究科／古脊椎動物学）

獣脚類恐竜 *Velociraptor mongoliensis* の足骨格（複製）を、把握時の姿勢を再現した状態で展示する。また、主竜類の祖先的な状態を保持しているワニ類や、より派生的な特徴を示す鳥類の足骨格と比較しながら、獣脚類の進化とともに足の形態がどのように移り変わってきたかを概説する。

モバイル 5 （ハンズオン参加企画）

シーラカンス *Axelrodichthys araripensis* の化石史

黒木真理（東京大学大学院農学生命科学研究科／魚類生態学）

シーラカンス類は古生代デボン紀以降から知られており、これまでに現生種を含み約 120 種が報告されている。本化石の産地であるセアラ州セリエ・アラリペはブラジルの北東部に位置し、淡水域か浅い海に生息していたと考えられており、古生物地理学と種分化の面から注目されている。

モバイル 6

植物の上陸と進化

西田治文（中央大学理工学部・東京大学大学院／古植物学）

約 5 億年前に陸上に進出した植物の進化を証拠づける、さまざまな時代と保存状態の植物化石を展示する。3 億 9 千万年前の”根も葉も無い”植物、2 億 5 千万年前のゴンドワナ大陸の植物、白亜紀の花化石、5 千万年前のパタゴニアの植物化石などを紹介する。

モバイル 7 （ハンズオン参加企画）

植物散布体の多様性

髙山浩司（ふじのくに地球環境史ミュージアム／植物系統進化学）

固着性の植物は、種子や果実等の散布体を分散することで次世代に命をつないでいる。東大総合研究博物館が所蔵する種子果実標本のうち、世界最大級のオオミヤシ、最小級のタシロラン、奇妙な形のネジレモダマを展示し、散布体の著しい多様性とその進化史について議論する。

モバイル 8 （ハンズオン参加企画）

ミクロの世界を観る —X 線マイクロ CT と走査型電子顕微鏡

前川　優（東京大学総合研究博物館／X 線 CT・電子顕微鏡）

微小な物や見慣れた物も、ミクロのレベルで観察すれば様々な形を見出すことができる。X 線マイクロ CT と走査型電子顕微鏡を使って貝などの微細な構造を二次元的、三次元的に捉え、その観察データをもとに各機器の特徴と可能性、また博物学との親和性について紹介する。

モバイル 9 （ハンズオン参加企画）

炭素 14 で年代を測る加速器質量分析計

尾嵜大真（東京大学総合研究博物館／年代学）

東大総合研究博物館に導入された加速器質量分析計（AMS）はコンパクトに設計された炭素 14 測定に特化した装置である。このコンパクトな AMS の 1/10 模型や写真、いくつかの部品を展示し、AMS 装置や炭素 14 年代法などについて解説する。

モバイル 10 （ハンズオン参加企画）

初期太陽系の物質進化

新原隆史（東京大学総合研究博物館／隕石学）

宇宙から地球へと落下してくる隕石。これらには、地球には残されていない初期太陽系の出来事が記録されている。東大総合研究博物館が所蔵する非南極隕石のうち、太陽系の誕生直後に形成したと考えられている隕石を展示し、そこに記録されている初期太陽系の物質進化を概説する。

モバイル 11

アンデス文明の宗教美術に見る南米大陸の生物相

鶴見英成（東京大学総合研究博物館／アンデス考古学）

紀元前 800 年頃、クントゥル・ワシ神殿に建てられていた石像（1/5 縮小模型）。ジャガー、蛇、毒グモなど危険生物が融合した両面の獣人で、片側では槍を、片側では切断した人頭を抱えている。暴力的な死を司るとともに、その先に豊かな生命の再生をもたらす存在である。

モバイル 12

鹿の彫刻が施された投槍器

佐野勝宏（東京大学総合研究博物館／先史考古学）

フランス、マス＝ダズィル遺跡（1 万 5000 年前）から出土した鹿の彫刻が施された投槍器（複製）を展示する。投槍器で得られる大きな推進力により、人類は初めて遠隔射撃を可能にした。写実的芸術表現が極致に達するこの頃、人類は実用品である狩猟具にも精巧な装飾を施す。

進化学夏の学校（公開）

次世代データの系統解析 New Technology

8/23 9:00～12:00
会場：Room9
企画：田村浩一郎（首都大・生命科学）

次世代 DNA シーケンサーの出現により、今までとは比較にならない量の分子配列データが容易に手に入るようになった。分子系統解析も次世代データを活用する段階に突入しつつある。しかし、同時に次世代データによる新たな問題も顕わになり、それらを解決するための系統解析技術の開発も喫緊の課題となっている。今回の進化学夏の学校では、次世代データを活用するための“New Technology”開発の最前線を紹介し、次世代系統解析をいかに行うべきかについて考えてみたい。

9:00-9:40　田村浩一郎（首都大・生命科学）
プロローグ：次世代系統解析の問題点と課題

9:40-10:20　奥山雄大（科博・植物研究）
RAD-seq 法を用いた超高解像度系統解析

10:20-11:00　井上潤（OIST・数理生物）
全ゲノム重複と種の系統樹を考慮した系統解析マーカ遺伝子の選定」

11:00-11:40　加藤和貴（阪大・免疫学フロンティア研）
MAFFT による巨大アラインメントの計算、配列の対話的な選択などについて

11:40-12:00　総合討論

市民公開講演会

恐竜、昆虫、サル、コケ…　進化に挑戦する学者たち

8/23 13:10～15:10
会場：Room9
司会・企画：遠藤秀紀（東京大学）

進化学は面白い。なぜなら、それに携わる人間が面白いから。今年はどう見ても品行方正とは思われない4名の喋り手に声をかけました。彼らが日ごろ見せるのは、博物学に向ける狂気。あるときは地の果てでのたうちまわり、あるときは小難しいデータと闘い、あるときは標本を担ぎ上げ、またあるときは書物に埋もれる、彼ら。学者たちの生の姿から、「知」の力強さと怪しさを覗き見たいと思います。

13:10-13:15　導入

13:15-13:40 真鍋　真（国立科学博物館）
恐竜から鳥類へのモデルチェンジ

13:40-14:05　矢後勝也（東京大学）
アゲハチョウ類の系統地理と進化史 ―シボリアゲハの仲間を例として―

14:05-14:30　島　泰三　（日本アイアイファンド）
マダガスカル原猿類の多様性と霊長類の起源

14:30-14:55　大石善隆（北海道大学）
コケにできないコケの生き方

14:55-15:10　総合討論

プログラム

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

12:10 ～ 12:50	**Room 10 国際プレナリー1** **The Origin and Early Evolution of Feathers: Insights from Recent Paleontological and Neontological Data** Xing Xu (Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences)			
	Room 1 W-01 [EJ] **Evolution of Modern Humans after "Out of Africa"**	**Room 2** W-02 [J] **大規模配列解析が明らかにするウイルスと進化**	**Room 3** W-03 [J] **日本の考古遺物を中心とした文化進化的考察**	**Room 4** W-04 [J] **嗅覚の多様性と進化 ~哺乳類から植物まで~**
14:10	**W1-1 (14:10~14:34)** **Evolution of modern humans after "Out of Africa" viewed from hard evidence** Osamu Kondo (Univ. Tokyo)	**W2-1 (14:10~14:30)** **ワニゲノム解読から明らかになった内在性レトロウイルスの多様性** 小島健司[1,2,3]（[1]東大・院新領域、[2]東大・医科研、[3]GIRI）	**W3-1 (14:10~14:35)** **日本先史時代の文化進化** 中尾央（山口大・国総）	**W4-1 (14:10~14:20)** **遺伝子で読み解く嗅覚の進化** 新村芳人（東京大学/ERATO） **W4-2 (14:20~14:35)** **ムスク（じゃ香）の香り～マウスから霊長類まで保存されたその認識メカニズム～** 〇白須未香、佐藤成見、東原和成（東大・院農、JST　ERATO　東原化学感覚シグナルプロジェクト）
14:40	**W1-2 (14:34~14:58)** **Genetic basis of human phenotypic diversity** Ryosuke Kimura (Univ. Ryukyus) **W1-3 (14:58~15:22)** **High precession whole genome sequences of 1,070 Japanese individuals** 〇Yosuke Kawai, Naoki Nariai, Kaname Kojima, Yumi Yamaguchi-Kabata, Yukuto Sato, Takahiro Mimoro, Masao Nagasaki (Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University)	**W2-2 (14:30-14:50)** **ネコの旅路を内在性レトロウイルスから探る** 下出紗弓（京大・ウイルス研） **W2-3 (14:50-15:10)** **内在性ウイルス由来の配列のゲノム進化解析** 〇上田真保子[1]、中川草[1,2]（[1]東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター、[2]東海大学 医学部 基礎医学系）	**W3-2 (14:35~15:00)** **考古遺物への幾何学的形態測定学の応用** 田村光平（Bristol 大学） **W3-3 (15:00~15:25)** **形態測定学の進化生物学における活用：細胞から個体，人工物まで** 野下浩司（東大・農学生命科学）	**W4-3(14:35~14:45)** **シクリッドのフェロモン受容を介した種分化の可能性** 二階堂雅人（東工大・生命） **W4-4 (14:45~15:10)** **アゲハチョウの食草選択に関わる化学感覚受容体遺伝子** 〇尾崎克久[1]、龍田勝輔[2]、武藤愛[3]、小寺正明[4]、吉川寛[1]（[1]JT 生命誌研究館、[2]佐賀大学、[3]奈良先端大、[4]東工大）

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

12:10 ～ 12:50	**Room 10 国際プレナリー1** **The Origin and Early Evolution of Feathers: Insights from Recent Paleontological and Neontological Data** Xing Xu (Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences)			
	Room 5 W-05 [J] **核酸の制御系の進化と合成の分子生物学**	**Room 6** W-06 [J] **環境 DNA : NGS がもたらす生態情報を進化学にどう活かすか**	**Room 7** W-07 [J] **性行動・社会行動の神経・内分泌・分子基盤からその進化機構を考える**	**Room 8** W-08 [J] **珪藻の進化・繁栄の謎を握る未知の藻類：パルマ藻の生物学**
14:10	**W5-1 (14:10~14:34)** **合理的なゲノムデザインに向けて** 板谷光泰　（慶應大・先端生命研）	**企画紹介 (14:10-14:15)** 荒木仁志（北海道大） **W6-1 (14:15-14:35)** **NGS メタバーコーディングからより多くの情報を得るために** 岩崎渉（東大・院理）	**W7-1 (14:10~14:30)** **カースト特異的遺伝子の異時的発現が駆動する社会形態の進化** 岡田泰和（東大・総合文化）	**W8-1 (14:10~14:30)** **パルマ藻から珪藻の進化の秘密を探る** ◯桑田晃[1]、佐藤晋也[2]（[1]東北水研、[2]福井県立大）
14:40	**W5-2 (14:34~14:58)** **遺伝子発現制御系とその集積回路の進化分子工学** 梅野大輔　（千葉大院・工） **W5-3 (14:58~15:22)** **人工 RNA システムを利用した遺伝子操作と細胞運命制御** ◯藤田祥彦、齊藤博英（京	**W6-2 (14:35-14:55)** **北の海に未知なる生命と生物多様性を探る** 〇荒木仁志[1]、宮正樹[2]、池田実[3]、矢部衛[4]、永野優季[4]、神戸崇[1]、鎌田頌子[1]、佐土哲也[2]、峰岸有紀[3]、佐藤行人[5]、佐藤俊平[6]、Katherine Maslenikov[7]（[1]北大・院農、[2]千葉中央博、[3]東北大・院農、[4]北大・水産、[5]東北大・医、[6]北水研、７ワシントン大） **W6-3 (14:55-15:15)** **環境 DNA メタバーコーディング解析のためのパイプライン開発** 〇佐藤行人[1]、荒木仁志[2]、宮正樹[3]、佐土哲也[3]	**W7-2 (14:30-14:50)** **性を換える魚の生理学的研究** 小林靖尚（岡山大　理臨海実験所/共同利用拠点(UMI)） **W7-3 (14:50-15:10)** **鳥類ウズラにおける社会的な刺激への行動と生殖内分泌応答のメカニズム** ◯戸張靖子[1]、筒井和義[2]（[1]東大・院総合文化、[2]早大・教育）	**W8-2 (14:30-14:45)** **親潮および親潮-黒潮混合域におけるパルマ藻の分布と季節変化** ◯一宮睦雄[1]、桑田晃[2]（[1]熊本県大、[2]水研セ・東北水研） **W8-3 (14:45-15:05)** **パルマ藻と珪藻の細胞壁の進化** 山田和正[1]、◯吉川伸哉[2]（[1]北大・北方セ、[2]福井県大・海洋） **W8-4 (15:05-15:25)** **Characteristics of**

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 1 W-01 [EJ] **Evolution of Modern Humans after "Out of Africa"**	Room 2 W-02 [J] **大規模配列解析が明らかにするウイルスと進化**	Room 3 W-03 [J] **日本の考古遺物を中心とした文化進化的考察**	Room 4 W-04 [J] **嗅覚の多様性と進化 ~哺乳類から植物まで~**
15:10		**W2-4 (15:10-15:30)** **ボルナウイルス由来エレメントの機能獲得メカニズム** 小林由紀（日大・生物資源）		**W4-5 (15:10-15:35)** **線虫の嗅覚とその利用** 広津崇亮（九大・院理）
	W1-4 (15:22~15:46) **縄文人核ゲノム分析から見た日本列島人の成立史** 〇神澤秀明[1]、Kirill Kryukov[2]、Timothy A. Jinam[3,4]、細道一善[5]、佐宗亜衣子[6,7]、諏訪元[7]、植田信太郎[6]、米田穣[7]、田嶋敦[5]、井ノ上逸朗[8,4]、篠田謙一[1]、斎藤成也[3,4] ([1]科博・人類、[2]東海大・医、[3]遺伝研・集団、[4]総研大・遺伝、[5]金沢大・医、[6]東大・理、[7]東大・博、[8]遺伝研・人遺)		**W3-4 (15:25~15:50)** **農耕文化拡散過程における人口動態と文化伝播** 松本直子（岡山大学大学院社会文化科学研究科）	
15:40		**W2-5 (15:30-15:50** **動物レンチウイルスからみるウイルスと宿主の共進化** 〇吉川禄助1、泉泰輔1、山田英里1、中野雄介1、任鳳蓉2、宮沢孝幸1、佐藤佳1、小柳義夫1（1京大・ウイルス研、2東京医科歯科大）		**W4-6 (15:35-16:00)** **植物の嗅覚受容** 有村源一郎（東京理科大・基礎工）
	W1-5 (15:46~16:10) **Tracing human migrations in Southeast Asia using genome-wide Single Nucleotide Polymorphisms** 〇Timothy Jinam, Naruya Saitou (Division of Population Genetics, National Institute of Genetics)	**W2-6 (15:50-16:10)** **エボラ、インフルエンザ等の人獣共通感染症ウイルスゲノムの方向性のある配列変化とその治療・診断薬デザインにおける意味** 和田佳子1,2、岩崎裕貴1、磯田大典3、金谷重彦2、和田健之介1, 〇池村淑道1（1長浜バイオ大・バイオサイエンス、 2奈良先端大・情報、 3日本ヒューレットパッカード）	**15:55-16:00** 三中信宏（農業環境技術研究所/東京大学）	
16:10			**全体討論 (16:00-16:10)**	**総合討論 (16:00-16:10)**

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 5 W-05 [J] 核酸の制御系の進化と合成の分子生物学	Room 6 W-06 [J] 環境 DNA : NGS がもたらす生態情報を進化学にどう活かすか	Room 7 W-07 [J] 性行動・社会行動の神経・内分泌・分子基盤からその進化機構を考える	Room 8 W-08 [J] 珪藻の進化・繁栄の謎を握る未知の藻類:パルマ藻の生物学
15:10	大、iPS 細胞研究所） **W5-4 (15:22~15:46)** **リボソーム改変によるバクテリア細胞工学** 宮崎健太郎 （産業技術総合研究所） **W5-5 (15:46~16:10)** **真核生物における V アーム含有型の変則的 tRNA の進化** 金井昭夫 （慶應大・先端生命研）	峰岸有紀[4]、岩崎渉[5]（[1]東北大・メディカルメガバンク、[2]北大・院農、[3]千葉中央博、[4]東北大・院農、[5]東大・院理） **W6-4 (15:15-15:35)** **環境 DNA を用いた水域生態系での生物分布・生物量の推定：進化学への応用可能性について** ○土居秀幸[1]、高原輝彦[2]、内井喜美子[3]、源利文[4]（[1]兵庫県立大院・シミュレーション、[2]島根大・生物資源、[3]大阪大谷大・薬、[4]神戸大院・人間環境） **W6-5 (15:35-15:55)** **魑魅魍魎はびこる土壌微生物圏に秩序は見いだせるのか？環境 DNA データをネットワーク理論で料理する** 東樹宏和（京大・人環） **総合討論 (15:55-16:10)** 司会:佐藤行人（東北大学）	**W7-4 (15:10-15:30)** **弱電気魚におけるコミュニケーション信号の時間構造を分析する神経回路機構とその進化** ○小橋 常彦[1,2]、Bruce A. Carlson[2]（[1]名大・院理、[2]ワシントン大・生物） **W7-5 (15:30-15:50)** **異性への「好み」の急速な進化をもたらす神経基盤** ○石川由希[1]、上川内あづさ[1]、山元大輔[2]（[1]名大・院理、[2]東北大・生命理学） **総合討論 (15:50-16:10)**	***Triparma laevis* f. *longispina* NIES-3699 with insights to its life cycle** ○Mary-Helene Noel Kawachi、Masanobu Kawachi（国立環境研） **W8-5 (15:25-15:40)** **パルマ藻の脂質バイオマーカーの探索** ○沢田健[1]、加納千紗都[1]、阿部涼平[1]、吉川伸哉[2]、桑田晃[3]（[1]北大・院理、[2]福井県大・海洋生物資源、[3]東北水研）
15:40				**W8-6 (15:40-15:50)** **パルマ藻のドラフトゲノム** ○中村洋路[1]、斉藤憲治[1]、吉川伸哉[2]、桑田 晃[3]（[1]水研セ中央水研、[2]福井県大海洋、[3]水研セ東北水研） **W8-7 (15:50-16:00)** **パルマ藻 *Triparma laevis* のゲノム解析** ○佐藤直樹[1]、田島直幸[1,2]（[1]東京大・院総合文化、[2]日大・生物資源） **総合討論 (16:00-16:10)**
16:10				

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 1 一般口頭発表 O-1A	Room 2 一般口頭発表 O-1B	Room 3 一般口頭発表 O-1C	Room 4 一般口頭発表 O-1D
16:30	**1A-1** **メタゲノムアンプリコンシーケンスのノイズ除去法とベンチマーク** 田辺晶史（水研セ・中央水研）	**1B-1** **アカショウジョウバエのNeo-Y 染色体の進化における組換えの影響** ○里村和浩[1]、田村浩一郎[1,2]（[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター）	**1C-1** **モンシロチョウ雌における交尾拒否行動の生理・分子メカニズム** ○佐々木謙[1]、巣籠瑛[1]、内山博允[2]、矢嶋俊介[2 3]（[1]玉川大・生物資源、[2]東農大・ゲノムセンター、[3]東農大・バイオ）	**1D-1** **生命進化の統一理論（1）：星雲遭遇、放射性火山灰降下、大絶滅** ○戎崎俊一[1]、丸山茂徳[2]（[1]理研　[2]東工大）
16:45	**1A-2** **進化パターンの変化による分子系統解析の歪みとデータフィルタリングによるその抑制（２）** ○岩本栄介[1]、田村浩一郎[1,2]（[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター）	**1B-2** **抗真菌耐性の異なるショウジョウバエ種間における比較トランスクリプトーム解析** ○瀬戸陽介[1]、田村浩一郎[1,2]（[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター）	**1C-2** **テントウムシにおけるメールキラー感染と生活史形質の関係** 鈴木紀之（立正大）	**1D-2** **冥王代における生命誕生場：間欠泉モデル** ○丸山茂徳[1]、戎崎俊一[2]（[1]東工大・地球生命研究所・特命教授、[2]理研・主任研究員）
17:00	**1A-3** **トランスクリプトームデータを基盤とした大規模分子系統解析による新奇嫌気性真核微生物PAP020株の系統的位置の解明** ○矢崎 裕規[1]、白鳥 隆志[1]、久米 慶太郎[1]、橋本 哲男[2]、石田 健一郎[2]、稲垣 祐司[34]（[1]筑波大学・院生命環境、[2]筑波大学・生命環境・教授、[3]筑波大学・生命環境・准教授、[4]筑波大学・計算科学センター）	**1B-3** ***Lordiphosa collinella* と *Lordiphosa* sp. aff. *collinella* の遺伝的分化** ○三ツ橋圭[1]、福田洋之[1]、戸田正憲[2]、加藤徹[1]（[1]北大・院理、[2]北大・総合博物館	**1C-3** **父親と母親の性的対立と少子化：子育てのコスト・欲しい子どもの数・意思決定の優先権** ○森田理仁[1,2]、大槻久[1]、長谷川眞理子[1] [1]総研大・先導科学、[2]日本学術振興会	**1D-3** **大量絶滅事変における分類学的・形態学的入れ替わりの尺度** 生形貴男（京大・院理）

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 5 一般口頭発表 O-1E	Room 6 一般口頭発表 O-1F		
16:30	**1E-1** **Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes** ○Koji Yahara[1], Xavier Didelot[2], M. Azim Ansari[3], Samuel K. Sheppard[4], Daniel Falush[5] ([1]Univ. Tokyo (Kurume Univ.), [2]Imperial College London, [3]Univ. Oxford, [4]Swansea Univ., [5]Max Planck Institute)	**1F-1** **Graph Splitting 法：トワイライトゾーンを越える新たな系統解析手法** ○松井求[1,2]、岩崎渉[1]（[1]東大・院理、[2]日本学術振興会）		
16:45	**1E-2** **珍奇な水生植物カワゴケソウ科における分子進化速度の上昇** 片山なつ[1,2,]西山智明[3,]厚井 聡[4,]倉田哲也[5,]今市涼子[1,]加藤雅啓[6]（[1]日本女子大・理，[2]日本学術振興会特別研究員，[3]金沢大・学際，[4]大阪市大・植物園，[5]東北大学・生命科学，[6]国立科博・植物）	**1F-2** **トリプトファン分解酵素にみる分子進化** 湯浅創（高知大・理）		
17:00	**1E-3** **ヴィクトリア湖産シクリッドの種間の違いを生み出す遺伝領域の機能とその起源** 寺井洋平[1]、宮城竜太郎[2]、佐藤秋絵[3]、宅野将平[1]（[1]総研大・先導研、[2]首都大・生命、[3]鶴見大・歯学）	**1F-3** **変異組換えタンパク質を用いた真骨魚類孵化酵素の新規機能獲得過程の推察** ○佐野香織[1]、出羽哲理[1]、川口真理[2]、安増茂樹[2]（[1]城西大・理・化学、[2]上智大・理工・物質生命）		

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 1 一般口頭発表 O-1A	Room 2 一般口頭発表 O-1B	Room 3 一般口頭発表 O-1C	Room 4 一般口頭発表 O-1D
17:15	**1A-4** **DNA 修復遺伝子 NBS1にみられる日本メダカ（Oryzias latipes）地域集団間の一塩基多型について** ○五十嵐健人[1]、小林純也[2]、三谷啓志[1]（[1]東大院・新領域、[2]京大・放生研）	**1B-4** **microRNA 標的遺伝子の進化的特性** 野澤昌文[1,2]（[1]遺伝研・生命情報、[2]総研大・遺伝学）	**1C-4** **カタツムリの陰茎内壁はなぜ進化率が高いのか** ○秋山佳央[1]、青山到[1]、髙橋美樹[1]、氏家百合香[1]、冨山清升[2]、浅見崇比呂[1]（[1]信州大・理、[2]鹿児島大・理）	**1D-4** **The origin of genes by means of conflicting multilevel evolution** 竹内信人（東大・総合文化）
17:30	**1A-5** **日本産爬虫類相の地理的分布パタンと形成過程** 岡本卓（京大・理・動物）	**1B-5** **マイクロ RNA の生起時期と臓器別発現量** ○岩間久和[1]、藤田浩二[2]、井町仁美[3]、村尾孝児[3]、正木 勉[2]（[1]香川大・総合生命科学研究センター、[2]香川大･医・消化器神経内科、[3]香川大･医・内分泌代謝内科）	**1C-5** **利他性がリスクへの態度に与える影響の進化的マルチエージェントモデルによる分析** ○小松秀徳[1]、田中伸幸[1]、大橋弘忠[2]（[1]電中研、[2]東大・院工）	**1D-5** **こどもは進化して羽ばたき飛行できるようになる。** 六車義方（NPO 法人発明大学校理事）
17:45 18:00	**1A-6** **ミトコンドリアゲノム配列に基づくニホンカワウソの系統進化** ○和久大介[1]、瀬川高弘[2,3]、米澤隆弘[4,5,6]、秋好歩美[2,3]、石毛太一郎[7]、小川博[1]、佐々木浩[8]、安藤元一[9]、甲能直樹[10,11]、佐々木剛[1]（[1]東農大・院農、[2]極地研、[3]新領域統合研究センター、[4]復旦大・生命、[5]総研大、[6]統数研、[7]東農大・総研、[8]筑女大・現社、[9]ヤマザキ学園大、[10]科博・地学、[11]筑波大・生命環境）	**1B-6** **古代魚ポリプテルスの比較染色体解析により明らかになった脊椎動物におけるマイクロ染色体の進化過程** ○宇野好宣[1]、西田千鶴子[2]、豊田敦[3]、藤山秋佐夫[3]、岡部正隆[4]、松田洋一[1]（[1]名古屋大学 大学院生命農学研究科 動物遺伝制御学研究室、[2]北海道大学理学研究院 生物科学部門、[3]国立遺伝学研究所 生命情報研究センター 比較ゲノム解析研究室、[4]東京慈恵会医科大学 解剖学講座）	**1C-6** **パイナップルコナカイガラムシの両性生殖系統と単為生殖系統の系統分類—何故オスは必要なのか？ー** 田端　純（農環研）	**1D-6** **人工生態系における藻類の分化と共生進化の生態学的機構** ○中島敏幸、藤川佳之、松原俊行（愛媛大・院理工）
18:15 ～ 20:30	**Poster Rooms** **ミキサー・一般ポスター発表**			

8月20日（木）　大会第1日目　プログラム

	Room 5 一般口頭発表 O-1E	Room 6 一般口頭発表 O-1F		
17:15	**1E-4** **側所的種分化への復帰不能点: 不和合性が遺伝的距離とともに増大する場合** ○山口諒[1]、Sergey Gavrilets[2]、巌佐庸[1]（[1]九大・院理、[2]Univ. Tennessee）	**1F-4** **トゲウオ科魚類近縁種間の雑種不稔とクロマチン結合タンパク質の機能的分化** ○吉田恒太[1]、石川麻乃[1]、牧野能士[2]、北野潤[1] [1]遺伝研・生態遺伝、[2]東北大・院生命科		
17:30	**1E-5** **ミドリイシ属サンゴ生体が放射する蛍光の遺伝的基盤とその進化** ○仮屋園(高橋)志帆、五條堀淳、颯田葉子、寺井洋平（総研大・先導研）	**1F-5** **遺伝子重複・GC 含量変化・分子進化加速・水平伝播による根粒菌共生遺伝子 nodIJ の誕生と進化** 青木誠志郎[1,2]、伊藤元己[1]、岩崎渉[2]（[1]東大・院総合文化、[2]東大・院理）		
17:45 18:00	**1E-6** **ウミホタルを食べて発光する魚キンメモドキの発光能力の進化** ○別所学[1]、重信秀治[2]、山口勝司[2]、山本直之[1]、大場裕一[1]（[1]名大・院生命農、[2]基生研）	**1F-6** **カエルの W 染色体の若返り** ○三浦郁夫[1]、尾形光昭[2]（[1]広島大・院理、[2]横浜市繁殖センター）		
18:15 ～ 20:30	**Poster Rooms** **ミキサー・一般ポスター発表**			

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 1 S-01 [E] **Sensory genetics, ecology and evolution of primates**	Room 3 S-02 [J] **転写制御と遺伝的変異の発生と進化－ゲノム情報、ゲノム編集、エンハンサー解析－**
9:00	**General introduction (9:00-9:05)** Shoji Kawamura (University of Tokyo) **S1-1 (9:05-9:30)** **Significance of color vision diversity in primates inferred from genetic and field studies** Shoji Kawamura (University of Tokyo)	**企画趣旨 (9:00-9:10)** 鈴木誉保（農業生物資源研究所） **S2-1 (9:10-9:40)** **ゲノムワイド関連解析から探る量的形質の進化 : シロイヌナズナを例に** ◯土松隆志1,2,3，角井宏行2，山﨑美紗子2, Cindy Marona4, Dazhe Meng3，金岡雅浩5, Thomas Stadler6, Michael Lenhard4, Magnus Nordborg3，清水健太郎2 （1東大，2チューリッヒ大，3グレゴール・メンデル研究所，4ポツダム大，5名古屋大，6ETH チューリッヒ校）
9:30	**S1-2 (9:30-9:55)** **Sensory ecology of wild capuchin monkeys (*Cebus capucinus*): Examining the links among fruit signals, nutrition, and primate foraging behavior** Amanda D. Melin[1], Mika Shirasu[2,3], Yuka Matsushita[4], Vivek Venkataraman[5], Jessica M. Rothman[6], Kazushige Touhara[2,3] and Shoji Kawamura[4] ([1]Washington University in St. Louis, [2]University of Tokyo,[3]ERATO, JST, [4]University of Tokyo, [5]Dartmouth College, [6]City University of New York)	**S2-2 (9:40-10:10)** **発生関連遺伝子の DNA 低メチル化領域によるエピジェネティックな転写制御機構** ◯中村遼平、塚原達也、宇野絢子、森下真一、武田洋幸（東大・院理）
10:00	**S1-3 (9:55-10:20)** **Evolution of olfactory receptor genes in primates and other mammals** Yoshihito Niimura (University of Tokyo; ERATO, JST) **S1-4 (10:20-10:45)** **Dietary adaptation and bitter taste receptor gene evolution in primates** Takashi Hayakawa (Kyoto University; Japan Monkey Centre)	**S2-3 (10:10-10:40)** **PITCh(ピッチ)法：ゲノム編集を利用した簡便かつ効率的な新規ノックイン技術** 坪田拓也（農業生物資源研究所）

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 5 S-03 [E] **Genome duplication: integrating comparative genomics, population genetics, and experimentally synthesised polyploids**	Room 6 S-04 [J] **進化研究の最先端：病原体を対象として**
9:00	**S3-1 (9:00-9:20)** **Introduction to genome duplication and the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica* and *Cardamine* spp. as model polyploid species to study ecological speciation** Kentaro Shimizu1, Tim Paape1, Masaomi Hatakeyama1,2, Reiko Akiyama1, Rie Shimizu-Inatsugi1, Satoru Akama3, Jun Sese3, Tanaka Kenta4, Yoshihiko Onda5 (1Univ. Zurich; 2Functional Genomics Center Zurich; 3AIST; 4Univ. Tsukuba; 5RIKEN)	**S4-1 (9:00-9:30)** **エボラ出血熱の数理モデル研究** 西浦博、〇斎藤正也（東大・医）
9:30	**S3-2 (9:20-9:40)** **Ohnologs in the human genome are dosage balanced and frequently associated with disease** 〇Takashi Makino1、Aoife McLysaght2 (1Tohoku University、2Trinity College) **S3-3 (9:40-10:00)** **Significance of polyploidization in the evolution of angiosperms** Jeffery Fawcett (SOKENDAI)	**S4-2 (9:30-10:00)** **インフルエンザウイルスの抗原変異を数理的にとらえる** 〇佐々木顕、三浦千明、八島健太（総研大・先導研）
10:00	**S3-4 (10:00-10:20)** **Ancient whole-genome duplication in a tropical tree family, Dipterocarpaceae** 〇小林正樹１、Kevin Kit Sion Ng２、Jeffrey A. Fawcett３、Soon Leong Lee２、瀬々潤１、清水健太郎４（１産総研・創薬基盤、２FRIM・遺伝、３総研大・先導科学、４チューリヒ大・理) **S3-5 (10:20-10:40)** **Genome duplications and evolution of gene expression - What can artificial genome duplicated vertebrate embryos tell us about WGDs? -** 〇Haruki Ochi、Hajime Ogino (Yamagata University)	**S4-3 (10:00-10:30)** **宿主因子 APOBEC3 の多様化に伴うレトロウイルスの適応進化** 〇泉　泰輔1,2, 佐藤　佳1,2, 小柳　義夫1 （1 京大ウイルス研、2 CREST）

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 1 S-01 [E] **Sensory genetics, ecology and evolution of primates**	Room 3 S-02 [J] **転写制御と遺伝的変異の発生と進化－ゲノム情報、ゲノム編集、エンハンサー解析－**
10:30		**S2-4 (10:40-11:10)** **カイコ幼虫での黒色形成遺伝子 yellow にみられるシス調節制御のモジュール性** ◯鈴木誉保、小林功、内野恵郎、瀬筒秀樹（農生研・組換えカイコ）
	S1-5 (10:45-11:10) **Evolution of the umami taste perception in primates** Yasuka Toda (Kikkoman Corporation; University of Tokyo)	
11:00		**S2-5 (11:10-11:40)** **模様の進化を引き起こした遺伝的変化** 越川滋行（京大・白眉セ／院理）
	S1-6 (11:10-11:35) **Functional analysis of bitter and sweet receptors of primates by cellular and behavioral experiments** Hiroo Imai (Kyoto University)	
11:30		
	Discussion (11:35-11:55) Chaired by Kawamura and Imai	**総合討論(11:40-12:00)** 司会：越川滋行（京大・白眉セ／院理）
	Concluding remarks (11:55-12:00) Hiroo Imai (Kyoto University)	
12:00		

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 5 S-03 [E] **Genome duplication: integrating comparative genomics, population genetics, and experimentally synthesised polyploids**	Room 6 S-04 [J] **進化研究の最先端：病原体を対象として**
10:30	**S3-6 (10:40-11:00)** **Metabolomics analyses of autopolyploids: Do genome duplications directly affect metabolic pathways?** 〇塚谷　裕一１,２、澤田有司３、川出健介２,４、及川彰３,５、平井優美３（１東大･院･理、２岡崎統合バイオ、３理研・環境資源科学研究セ、4基生研、５山形大・農)	**S4-4 (10:30-11:00)** **CRISPR による細菌の進化と生存戦略** 中川一路（京大医）
11:00	**S3-7 (11:00-11:20)** **Mechanism of hybridization bBarrier in plant endosperm** Tetsu Kinoshita (KIBR, Yokohama City Univ.)	**S4-5 (11:00-11:30)** **「エピジェネティックスに基づく進化」の細菌での検証** 小林一三（東大・新領域）
	S3-8 (11:20-11:40) **Phenotypic plasticity in relation to water environment in allotetraploid *Cardamine flexuosa*** 〇Masahiro Kanaoka1, Yuri Aoki1, Reiko Akiyama2, RIe Shimizu-Inatsugi2, Kentaro Shimizu2 (1Nagoya University, 2University of Zurich)	
11:30	**S3-9 (11:40-12:00)** **Silencing and ratio changes of homeologs of the allopolyploid *Arabidopsis kamchatica* studied by new bioinformatic workflows HomeoRoq and SIGN** 赤間 悟1,2、清水(稲継) 理恵3、清水健太郎3、〇瀬々潤1 (1.産総研・BRD、2. 東工大・ELSI、3. チューリッヒ大・理)	**S4-6 (11:30-12:00)** **ヒトマイクロバイオームの生態と進化** 服部正平1、〇西島傑2（1早稲田大・理工、2東大・新領域）
12:00		

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

12:10 ～ 12:50	**Room 10 国際プレナリー2** **Genetic Basis of Feather Diversity in Birds** Wen-Hsiung Li (Biodiversity Research Center, Academia Sinica)			
13:00 ～ 14:00	**Room 9** **ランチョンセミナー**			
	Room 1 W-09 [E] **International activities and collaborations on the evolutionary researches**	**Room 2** W-10 [J] **国立自然史博物館の設立を推進する**	**Room 3** W-11 [J] **恐竜類における形態と機能の進化**	**Room 4** W-12 [J] **ゲノム情報から野生植物の適応現象に迫る**
14:10	**Introduction (14:10-14:15)** **W9-1 (14:15-14:40)** **My postdoc life in Ithaca, or how to survive the long winter** Masato Yamamichi （1Hakubi Center/Center for Ecological Research, Kyoto Univ., 2Dept. of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell Univ.）	**W10-1 (14:10-14:20)** **沖縄国立自然史博物館の設立に向けて** 浅島誠（日本学術振興会理事/東京大学　名誉教授） **W10-2 (14:20-14:40)** **「国立自然史博物館」設立へ向けての日本学術会議の取り組み** 岸本健雄（お茶大・客員教授、東工大・名誉教授）	**General introduction (14:10-14:15)** 對比地孝亘（東京大） **W11-1 (14:15-14:40)** **鳥類の起源を考察するための形態進化** 真鍋真（国立科学博物館）	**はじめに** 伊藤元己（東大・総合文化） **W12-1** **植物種分化の鍵となる花の香りの進化遺伝学** 〇奥山雄大1、岡本朋子2（1科博・植物園、2岐阜大・応用生物）
14:40	**W9-2 (14:40-15:05)** **“Internationalization” of the universities, and studying evolution in Japan, USA and Switzerland** Kentaro Shimizu （University of Zurich） **W9-3 (15:05-15:30)** **Looking for the Lost World in China** Takahiro Yonezawa （School of Life	**W10-3 (14:40-15:00)** **生物多様性の変遷を明らかにする「国立自然史博物館」** 久保田康裕（琉大・理） **W10-4 (15:00-15:20)** **バイオミメティクスのメッカとしての「国立自然史博物館」** 下村政（千歳科学技術大学）	**W11-2 (14:40-15:05)** **恐竜は小さくなれなかった？　指行性による体サイズへの制約** 久保泰（福井県立恐竜博物館） **W11-3 (15:05-15:30)** **獣脚類の足における形態と機能の進化** 服部創紀（東京大）	**W12-2** **キク科植物における土壌エコタイプの形成過程** 〇阪口翔太1，堀江健二2，石川直子1，永野惇3，4，5，本庄三恵4，工藤洋4，伊藤元己1（1東大・総合文化, 2旭川市北邦野草園, 3龍谷大・農，4京大・生態研，5JST・さきがけ） **W12-3** **様々なスケールでのゲノム比較からハクサンハタザオの適応遺伝子に迫る** 久保田渉誠（東大・総合

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

12:10 ～ 12:50	**Room 10 国際プレナリー2** **Genetic Basis of Feather Diversity in Birds** Wen-Hsiung Li (Biodiversity Research Center, Academia Sinica)			
13:00 ～ 14:00	**Room 9** **ランチョンセミナー**			
	Room 5 W-13 [EJ] **Endosymbiosis and organellogenesis**	**Room 6** W-14 [J] **構成生物学的進化実験**	**Room 7** W-15 [J] **「飼う！」進化学**	
14:10	**W13-1 (14:10-14:40)** **Transitions in rRNA-mRNA interaction during endosymbiosis** Kyungtaek Lim（BRD, AIST）	**はじめに (14:10-14:15)** 長谷部光泰（基礎生物学研究所） **W14-1 (14:15-14:37)** **人工 RNA 複製システムの構築と寄生体との共進化** ◯市橋伯一1、番所洋介2、古林太郎2、四方哲也1,2（1阪大・情報、２阪大・生命）	**企画説明 (14:10-14:15)** **W15-1 (14:15-14:35)** **飼えない虫を累代飼育する：リーフマイナーとアメンボを例に** 大島一正（京都府立大）	
14:40	**W13-2 (14:40-15:10)** **ヌクレオモルフをもつ2種の未記載渦鞭毛藻：真核藻の細胞内共生を介した葉緑体成立過程を解き明かす新たなモデルとして** 皿井千裕1、谷藤吾朗2、中山卓郎3、神川龍馬4,5、高橋和也1、石田健一郎2、岩滝光儀6、〇稲垣祐司2,3（1山形大・院理工、2筑波大・生命環境、3筑波大・計算科学研究セ、4京大・院人間環境、5京大・院地球環境、6東大・アジア生物資源環境）	**W14-2 (14:37-14:59)** **大腸菌の実験進化による適応進化ダイナミクスの解析** ◯鈴木真吾、古澤力（理研・生命システム研究センター） **W14-3 (14:59-15:21)** **40億年前の祖先タンパクの再生実験** 山岸明彦（東京薬大・生命）	**W15-2 (14:35-14:55)** **『飼う！』深海生物学** 宮本教生（海洋研究開発機構） **W15-3 (14:55-15:15)** **DHA が担う新規環境への適応放散** ◯石川麻乃、北野潤（国立遺伝学研究所）	

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 1 W-09 [E] **International activities and collaborations on the evolutionary researches**	Room 2 W-10 [J] **国立自然史博物館の設立を推進する**	Room 3 W-11 [J] **恐竜類における形態と機能の進化**	Room 4 W-12 [J] **ゲノム情報から野生植物の適応現象に迫る**
15:10	Sciences, Fudan University）			文化／日大・生物資源）
		W10-5 (15:20-15:40) **生物資源の宝庫と「国立自然史博物館」** 佐藤矩行（OIST・マリンゲノミックユニット）		
	W9-4 (15:30-15:55) **Arabia Felix!: Expect the unexpected in evolutionary genomics from a scientific community of international heterogeneity** Takashi Gojobori, Katsuhiko Mineta（CBRC, KAUST）		**W11-4 (15:30-15:55)** **獣脚類恐竜 *Avimimus portentosus* における現生鳥類との収斂形質の再検討** 〇對比地孝亘１、Lawrence M. Witmer２、渡部真人３、Khishigjav Tsogtbaatar４（1東大・院理、２Ohio University、３大阪市立大・理、４Mongolian Institute of Paleontology and Geology）	**W12-4** ***Vigna* 属野生種の多様性と環境適応** 内藤 健 （農業生物資源研）
15:40		**総合討論 (15:40-16:10)** **生物資源の宝庫と「国立自然史博物館」** 司会：馬渡駿介（日本学術会議連携会員、北海道大学名誉教授）		
16:10	**General Discussion (15:55-16:10)**		**質疑等 (15:55-16:10)**	**コメント** 岩崎貴也（京大・生態研）

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 5 W-13 [EJ] **Endosymbiosis and organellogenesis**	Room 6 W-14 [J] **構成生物学的進化実験**	Room 7 W-15 [J] **「飼う！」進化学**	
15:10	**W13-3 (15:10-15:40)** **シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化** 大熊盛也（理研 BRC JCM）	**W14-4 (15:21-15:43)** **遺伝子組換えによる祖先化石種の復元と形態進化** 長谷部光泰（基礎生物学研究所）	**W15-4 (15:15-15:35)** **水草の可塑的な葉の形態形成機構にせまる** 〇古賀皓之、塚谷裕一（東京大学）	
15:40	**W13-4 (15:40-16:10)** **動物界のオルガネラ進化** 中鉢淳（豊橋技術科学大学・EIIRIS）	**W14-5 (15:43-16:05)** **昆虫−大腸菌人工共生系** 古賀隆一（産総研・生物プロセス）	**W15-5 (15:35-15:55)** **極小細菌から探る微生物の進化** 中井亮佑（国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員）	
16:10		**まとめ (16:05-16:10)** 山岸明彦（東京薬大・生命）	**総合討論 (15:55-16:10)**	

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

			Room 3 一般口頭発表 O-2A	Room 4 一般口頭発表 O-2B
16:30			**2A-1** **KNOX 遺伝子の遺伝子重複と新規機能獲得によってもたらされた陸上植物の世代交代の制御の分子機構** 〇榊原恵子[1]、西山智明[1]、塚谷裕一[2]（[1]金沢大学　学際科学実験センター、[2]東京大学大学院　理学系研究科　生物科学専攻）	**2B-1** **Experimental analysis on isochore evolution by using raw mutation data** 〇Satoshi Oota, Ryutaro Fukumura, and Yoichi Gondo (RIKEN BioResource Center)
16:45			**2A-2** **動物多細胞体制の進化に原生生物から迫る (Protists shed light on the evolution of animal multicellularity)** 菅裕[1]、時安鴻二郎[1]、中田あずさ[1]、小出尚史[1]、Iñaki Ruiz-Trillo[2]（[1]県立広島大・生命環境、[2]Institute of Evolutionary Biology, Spain）	**2B-2** **Importance of the genomic locations of conserved noncoding sequences in gene regulation** 〇Babarinde Isaac Adeyemi[1,2], Saitou Naruya[1,2,3] ([1]National Institute of Genetics, Mishima; [2]The Graduate University for Advanced Studies; [3]Univ. Tokyo)
17:00			**2A-3** **皮筋節から付属肢へ侵入する遊離筋動態の進化** 〇岡本恵里[1]、工樂樹洋[2]、鬼丸洸[3]、田中幹子[1]（[1]東工大・院・生命理工、[2]理化学研究所、[3]Centre for Genomic Regulation）	**2B-3** **Global discovery of Hominidae-specific unique genomic elements in human genome** 〇Morteza Mahmoudi Saber, Naruya Saitou (Dept. Biological Science, Univ. Tokyo)
17:15			**2A-4** **脊椎動物胚における中胚葉遺伝子 Brachyury は二胚葉動物ミドリイシサンゴの胚発生において外胚葉と内胚葉の分離に働く** 〇安岡有理、小柳亮、安岡由貴、新里宙也、佐藤矩行（OIST）	**2B-4** **塩基切り出し型制限酵素修飾酵素系の進化と人類移動史** 〇小島健司[1,2,3]、小林一三[1,2]（[1]東大・院新領域、[2]東大・医科研、[3]GIRI）

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 5 W-16 [J] 共生–進化–発生	Room 6 W-17 [J] 蛋白質合成系の進化	Room 7 W-18 [EJ] 南極の陸上生物圏の適応進化	Room 9 W-19 [J] 「NHK スペシャル：生命大躍進」を制作しました。
16:30	**イントロダクション (16:30-16:35)** **W16-1 (16:35-17:00)** ***Hox* 遺伝子が司る共生器官の発生–ナガカメムシにおける菌細胞の進化–** 松浦優 (北大・地環研)	**W17-1 (16:30-16:50)** **後生動物ミトコンドリア遺伝暗号からみた遺伝暗号の進化** 〇横堀伸一1、渡辺公綱1,2（1東薬大・生命、2東大・院農）	**はじめに (16:30-16:35)** **W18-1 (16:35-16:53)** **南極陸上生物の起源** 伊村智 (極地研、総研大)	**W19** **「NHK スペシャル：生命大躍進」を制作しました。** 植田和貴（NHK エンタープライズ）
17:00	**W16-2 (17:00-17:25)** **微生物が引き起こす昆虫消化管のダイナミックな形態変化** 菊池義智（産総研・北海道センター） **W16-3 (17:25-17:50)** **根粒形成に着目したマメ科植物-根粒菌の共生メカニズム** 〇寿崎拓哉１、川口正代司２（１筑波大・生命環境、２基生研・共生システム）	**W17-2 (16:50-17:10)** **単純化遺伝暗号：限られたアミノ酸セットで構成されるタンパク質配列空間を探索するための進化分子工学的ツール** 〇網蔵和晃1、木賀大介12（1東京工業大学・地球生命研究所、2東京工業大学知能システム科学専攻） **W17-3 (17:10-17:35)** **大腸菌リボソームの変異耐性** 宮崎健太郎（産総研・生物プロセス）	**W18-2 (16:53-17:11)** **南極へ輸送されるバイオエアロゾル** 中澤文男 (融合センター、情報・システム) **W18-3 (17:11-17:29)** **南極のコケ坊主生物圏** 中井亮佑 (遺伝研、学振)	

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

			Room 3 一般口頭発表 O-2A	Room 4 一般口頭発表 O-2B
17:30			**2A-5** **脊椎動物孵化腺細胞の発生進化学的解析** ○長澤竜樹[1]、川口眞理[2]、矢野十織[3]、岡部正隆[3]、安増茂樹[2]（[1]上智大･院理工、[2]上智大・理工、[3]慈恵医・解剖）	**2B-5** **霊長類におけるヒトの皮膚の表現型の特性について** ○荒川那海[1]、寺井洋平[1]、今井啓雄[2]、颯田葉子[1]（[1]総研大・先導研、[2]京大・霊長研）
17:45			**2A-6** **被食者・捕食者によって引き起こされるエゾサンショウウオ幼生の表現型可塑性についてのトランスクリプトーム解析** ○松波雅俊[1]、北野潤[2]、岸田治[3]、道前洋史[4]、三浦徹[1]、西村欣也[5]（[1]北大・地球環境、[2]遺伝研・生態遺伝、[3]北大･FSC、[4]北里大・薬、[5]北大・水産）	**2B-6** **シアル酸転移酵素ST8Sia2にみる現生人類のユーラシアへの移動での精神適応** 藤戸尚子[1]、颯田葉子[1]、羽根正弥[2]、松井淳[3]、北島健[2]、佐藤ちひろ[2]、○早川敏之[4]（[1]総研大・先導研、[2]名大・生物機能センター、[3]京大・霊長類研、[4]九大・システム生命）
18:00			**2A-7** **哺乳類と双弓類は異なる発生機構によって独立に鼓膜を獲得した** ○武智正樹[1]、北沢太郎[2]、栗原由紀子[2]、井関祥子[1]、栗原裕基[2]、倉谷滋[3]（[1]医科歯科大・院医歯学、[2]東大・院医、[3]理研）	**2B-7** ***Helicobacter pylori* から推定する先史アジアの人類移動** ○鈴木留美子[1]、山岡吉生[1]、斎藤成也[2]、平野隆[3]、佐藤万仁[3]（[1]大分大学、[2]遺伝研、[3]沖縄綜合科学研究所）
18:15			**2A-8** **タバココナジラミで独自進化した“菌細胞内棲み分け”による複合共生系** 藤原亜希子[1, 2]、倉田歩[2]、前田太郎[3]、重信秀治[3]、孟憲英[4]、鎌形洋一[4]、土`田努[2]（[1]理研・CSRS、[2]富山大院・理工、[3]基生研・生物機能、[4]産総研・生物プロセス）	**2B-8** **熱帯熟マラリア原虫の赤血球結合分子 EBA-175の *Fseg*/*Cseg* 二型の進化** ○安河内彦輝[1]、中伊津美[1]、Hathairad Hananantachai[2]、Jintana Patarapotikul[2]、大橋順[1]（[1]東大・院理、マヒドン大・熱帯学研究所）

大会2日目

8月21日（金）　大会第2日目　プログラム

	Room 5 W-16 [J] 共生–進化–発生	Room 6 W-17 [J] 蛋白質合成系の進化	Room 7 W-18 [EJ] 南極の陸上生物圏の適応進化	Room 9 W-19 [J] 「NHK スペシャル : 生命大躍進」を制作しました。
17:30		**W17-4 (17:35-18:05)** **アミノアシル tRNA 合成酵素の構造と進化** 横山茂之（理研・構造生物学）	**W18-4 (17:29-17:47)** **南極湖沼における遺伝子の水平伝播ワールド** 馬場知哉 (融合センター、情報・システム)	
	W16-4 (17:50-18:15) **アーバスキュラー菌根共生の進化–細胞生物学的視点から** 小八重 善裕（北農研）		**W18-5 (17:47-18:05)** **北極および南極細菌系統におけるゲノム進化** 明石 裕 (遺伝研、総研大)	
18:00		**W17-5 (18:05-18:25)** **タンパク質に必要な最少アミノ酸レパートリーの実験的検証** 赤沼哲史（早大・人科）	**W18-6 (18:05-18:23)** **南極線虫の環境耐性遺伝子** 鹿児島 浩 (融合センター、情報・システム)	
	討論・総括 (18:15-18:30)			
18:30		**総合討論 (18:25-18:30)**	**終わりに (18:23-18:30)**	

大会2日目

8月22日（土）　大会第3日目　プログラム

	Room 1 S-05 [J] 博物館が拓く進化史学の現在	Room 3 S-06 [J] 複合適応形質進化の遺伝子基盤解明	Room 4 S-07 [J] 進化生態学を『上の階層』から捉えなおす
9:00	**導入 (9:00-9:05)** **S5-1 (9:05-9:40)** **100年のコレク ションが語るデスモスチルス（アフリカ獣類）の歯の形の意味** 甲能直樹（国立科学博物館・地学研究部、筑波大院・生命環境科学）	**S6-1 (9:00-9:18)** **はじめに・食虫植物はどのように進化しえたか** 長谷部光泰（基礎生物学研究所） **S6-2 (9:18-9:36)** **カメの甲はどうやって出来たか** 倉谷滋（理化学研究所　倉谷形態進化研究室）	**Introduction (9:00-9:10)** **S7-1 (9:10-9:35)** **多様性のパターンから進化プロセスを探る系統種間比較** 沓掛展之（総研大・葉山）
9:30	**S5-2 (9:40-10:15)** **進化史学における博物館の役割：標本に基づく研究の新しい展開** 佐々木猛智（東京大学総合研究博物館）	**S6-3 (9:36-9:54)** **カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化** 〇嶋田透1、木内隆史1、王華兵1,4、山野峻1、平松佑介1、川本宗孝1、勝間進1、門田幸二1、藤井告2、鈴木穣3、菅野純夫3（1東大・院農、2九大・院農、3東大・院新領域、4現浙江大） **S6-4 (9:54-10:12)** **昆虫—微生物共生の分子機構およびゲノム基盤の解明** 深津武馬（産業技術総合研究所）	**S7-2 (9:35-10:00)** **血縁選択と群集および種多様性** 辻和希（琉球大・農）
10:00	**S5-3 (10:25-11:00)** **魚類標本は語り、そして異分野をつなぐ** 篠原現人（国立科学博物館動物研究部）	**S6-5 (10:12-10:30)** **根粒共生系における進化ダイナミクスモデル** 〇藤田浩徳1、青木誠志郎2、川口正代司13（1基生研、2東大院総合文化、院理、3総研大）	**S7-3 (10:00-10:25)** **外来種の進化に注目して、生態学的なプロセスとマクロ進化のパターンをつなぐ** 深野祐也（農工大・学振 PD） **S7-4 (10:25-10:50)** **表現型可塑性の生態系機能～エゾサンショウウオ幼生の大顎化の意味を探る～** 岸田治（北大・北方圏 FSC）

大会3日目

8月22日（土）　大会第3日目　プログラム

	Room 6 アウトリーチ企画 **進化の見方・見せ方を考える－進化研究者の伝えたいこと、進化研究者が求められていること**	Room 8 S-08 [J] **損傷・突然変異・がん：生死の学としての進化学**	
9:00	**趣旨説明** 加藤俊英（東京大学教養学部）	**はじめに (9:00-9:05)** 小林一三（東大・新領域） **S8-1 (9:05-9:30)** **塩基切り出し型制限酵素という驚き** ◯Masaki Fukuyo1,2,3, Toshiaki Nakano4, Kenji K. Kojima1, Yingbiao Zhang1, Yoshikazu Furuta1, Ken Ishikawa1, Miki Watanabe-Matsui1, Hirokazu Yano1, Takeshi Hamakawa4, Hiroshi Ide4, Ichizo Kobayashi1（1University of Tokyo; 2SOKENDAI; 3Chiba University; 4Hiroshima University）	
9:30	**高校の進化で研究者に触れて欲しいこと** 中井咲織（立命館宇治高等学校，東京大学大学院総合文化研究科）	**S8-2 (9:30-9:55)** **生殖細胞における DNA 損傷と突然変異** 能美健彦（国立医薬品食品衛生研究所）	
10:00	**高校で進化をどのように教えるか** 山崎一憲（静岡県立榛原高等学校）	**S8-3 (9:55-10:20)** **活性酸素による DNA 損傷が引起こすさまざまな生命現象： 突然変異から神経変性まで** ◯中別府雄作1，岡素雅子1，盛子敬1，大野みずき2、土本大介1，作見邦彦1（1九大・生医研・脳機能制御、２九大・院・医） **S8-4 (10:20-10:45)** **がん遺伝子の創生と進化** 三谷啓志（東大・新領域）	

大会３日目

8月22日（土）　大会第3日目　プログラム

	Room 1 S-05 [J] 博物館が拓く進化史学の現在	Room 3 S-06 [J] 複合適応形質進化の遺伝子基盤解明	Room 4 S-07 [J] 進化生態学を『上の階層』から捉えなおす
10:30		**S6-6 (10:30-10:48)** **ネムリユスリカのゲノム解析：極限乾燥耐性はどのように進化してきたのか** 黄川田隆洋（生物研・昆虫機能）	
11:00	**S5-4 (11:00-11:35)** **博物館試料と古代ＤＮＡ解析** 長谷川政美（復旦大学生命科学学院）	**S6-7 (10:48-11:06)** **doublesex 遺伝子で探る甲虫の形態的雌雄差** 新美輝幸（基生研・進化発生） **S6-8 (11:06-11:24)** **シロオビアゲハのベイツ型擬態の分子メカニズムと進化** 〇藤原晴彦、飯島択郎、西川英輝（東大・院新領域）	**S7-5 (10:50-11:15)** **寄生者ー宿主関係の多様性からせまる群集動態の一般理解** 佐藤拓哉（神戸大・理） **S7-6 (11:15-11:40** **フロンティアを失った世代の逆襲：微生物の超多様性に生命進化の本質を見いだす** 東樹宏和（京大・人環）
11:30	**総合討論 (11:35-12:00)**	**S6-9 (11:24-11:42)** **収斂進化の分子機構：シクリッドを題材にして** 〇二階堂雅人１、岡田典弘２（１東工大・院生命、２国際科学振興財団） **おわりに (11:42-12:00)** **複合適応形質進化の共通性と多様性** 長谷部光泰（基礎生物学研究所）	**General Discussion** **(11:40-12:00)**
12:00			

大会３日目

8月22日（土）　大会第3日目　プログラム

	Room 6 アウトリーチ企画 **進化の見方・見せ方を考える－進化研究者の伝えたいこと、進化研究者が求められていること**	Room 8 S-08 [J] **損傷・突然変異・がん：生死の学としての進化学**	
10:30		**S8-5 (10:45-11:10)** **次世代シークエンサーを用いた変異ヒトプロモーターの網羅的解析** ◯入江拓磨・鈴木穣（東大・新領域）	
11:00	**これから研究を始める高校生と指導教員のために** 酒井聡樹（東北大学）	**S8-6 (11:10-11:35)** **がんゲノム進化** 柴田龍弘（東大・医科研　ゲノム医科学分野）	
11:30		**S8-7 (11:35-12:00)** **エピジェネティクスとがん進化** 金田篤志（千葉大・医）	
12:00			

大会3日目

8月22日（土）　大会第3日目　プログラム

12:10 ～ 12:50	**Room 10 国際プレナリー3** **分子フェノロジー：植物における遺伝子発現の季節変化** 工藤 洋 (京都大学生態学研究センター)
13:00 ～ 15:30	**Poster Rooms** **ミキサー・一般ポスター発表** **高校生ポスター発表「第10回 みんなのジュニア進化学」**（13:10~15:20）
15:40 ～ 18:10	**Room 10** **高校生ポスター表彰** **総会** **学会各賞授賞式** **木村賞授賞式** **日本進化学会学会賞受賞講演**
18:30 ～ 20:30	**生協食堂** **懇親会**

大会3日目

8月23日（日）　大会第4日目　プログラム

9:00 ～ 12:00	**Room 9** **進化学夏の学校（公開）** 次世代データの系統解析 New Technology
13:00 ～ 15:00	**Room 9** **市民公開講座** 恐竜、昆虫、サル、コケ… 進化に挑戦する学者たち

ポスター発表一覧

P-01 Heterogeneous characteritics of Conserved noncoding sequences in Eukaryote
◯Nilmini Hettiarachchi1,3 and Naruya Saitou1,2,3
1School of Life Science, Graduate University for Advance Studies,2 University of Tokyo,3 National Institute of Genetics

P-02 ドーパミン D1 様受容体のリン酸化部位とパルミトイル化部位の脊椎動物における保存性
◯足立透真 1、星野幹雄 1、林　崇 1,2
1 国立精神セ・神経研、2 東大・院医

P-03 乳腺由来細胞における転移因子由来のシス制御配列の進化学的解析
○西原秀典 1
1 東工大・院・生命理工

P-04 gEVE, an endogenous viral elements (EVEs) database, facilitates the evolutionary studies of functional EVEs in various mammalian species.
○中川草 1,2、上田真保子 2
1 東海大・医、2 東海大・マイクロナノセンター

P-05 真反芻亜目内部における I 型コラーゲン α1 鎖（COL1A1）の情報学的解析
村上勝彦 1、○大波純一 2、高木利久 2
1 工科大・応用生物、2JST・NBDC

P-06 鯨類の嗅覚受容体遺伝子レパートリーの解析～ヒゲクジラの嗅覚能力を分子から探る～
○岸田拓士 1
1 京大・野生動物研究センター

P-07 ヒト ABO 式血液型ハプロタイプの進化
伊藤　正哉 1、斎藤　成也 2、○北野　誉 1
1 茨大院・理工、2 遺伝研・集団

P-08 日本人の精密な遺伝的構造の検討：アジア人の中での遺伝的由来及び遺伝的差異の起源の推定
○竹内史比古 1、勝谷友宏 2、木村亮介 3、並河徹 4、大久保孝義 5、田原康 6、山本健 7、横田充弘 8、SAW, Woei-Yuh 9、TEO, Yik-Ying 9、加藤規弘 1
1 国際医療研究センター、2 阪大・院医、3 琉球大・院医、4 島根大・医、5 帝京大・医、6 京大・院医、7 久留米大・医、8 愛知学院大・歯、9 シンガポール大

P-09 ヒト脳と類人猿脳における時空間的比較トランスクリプトーム解析
◯郷康広 1,2、辰本将司 1、Qian Li3、Liu He3、大石高生 4、鵜殿俊史 5、重信秀治 6、柿田明美 7、那波宏之 7、Philipp Khaitovich3
1 自然科学研究機構･新分野創成センター､2 生理学研究所､3The Chinese Academy of Sciences and German Max Planck Society Partner Institute for Computational Biology、4 京大・霊長研、5 京大・野生動物研究センター、6 基礎生物学研究所、7 新潟大・脳研

P-10 タバココナジラミと細菌の共生を可能にする宿主の分子機構の探索
○瀧沢美翔 1、若林もなみ 1、吉武和敏 2、重信秀治 3、前川清人 1、藤原亜希子 1, 4、土`田努 1
1 富山大・院・理工、2 JSM、3 基生研・生物機能、4 理研・CSRS

P-11 原生生物細胞内共生細菌の系統間多型からみるゲノム縮小進化過程
◯伊澤和輝、桑原宏和、伊藤武彦、本郷裕一
東工大・院生命理工

P-12 ピロリ菌の適応形質を支配する DNA メチル化系ネットワークの発見
◯矢野大和 1,2、Zobaidul M. Alam1、林原絵美子 3、古田芳一 1,2、鈴木穣 1、菅野純夫 1, 2、柴山

恵吾 3、小林一三 1,2
1 東大・新領域、2 東大・医科研、3 国立感染研

P-13 枯草菌における 3'→5' エキソヌクレアーゼドメインを持つ新規遺伝子の変異解析
◯明石基洋 1、吉川博文 1
1 東京農大・応生科・バイオ

P-14 担子菌類における隔壁孔キャップの形態進化
◯飯塚朋代１、野澤昌文１２、池尾一穂１２
１総研大・遺伝学、２遺伝研・生命情報

P-15 B 群レンサ球菌のシアル酸分解酵素の分子系統解析と病原性に果たす役割の解析
◯山口 雅也 1，中田 匡宣 1，広瀬 雄二郎 1, 2，後藤 花奈 1，住友 倫子 1，川端 重忠 1
1 阪大院・歯・口腔細菌，2 名大院・医・泌尿器

P-16 塩基の挿入／欠失を考慮した遺伝的差異
◯西巻拓真、佐藤圭子
東理大・院理工

P-17 転写開始点周辺の CpG が性特異的な遺伝子発現に与える効果の推測
◯玉川克典１、牧野能士１、河田雅圭１
１東北大・生命

P-18 不完全変態昆虫脳で発現する性決定因子の解析
◯渡邊崇之、青沼仁志
北大・電子研

P-19 性決定遺伝子 Dmy、Dm-W の平行進化
◯中迫啓１、回渕修治１、高松信彦１、伊藤道彦１
１北里大・理

P-20 常染色体が転座したオキナワトゲネズミの Y 染色体における遺伝子群の重複と機能保持
◯村田知慧 1、黒木陽子 2、井本逸勢 1、黒岩麻里 3
1 徳島大・院医歯薬、2 成育医療セ・ゲノム医療、3 北大・院理

P-21 性染色体初期進化の実験モデルとしてのブリ類の有用性
◯小山喬 1、吉田一範 2、尾崎照遵 3、青木純哉 3、荒木和男 3、細谷将 1、菊池潔 1、坂本崇 4
1 東大・水実、2 水研セ・西海水研、3 水研セ・増養殖研、4 海洋大

P-22 性拮抗的な自然選択によって促進される性染色体融合の進化
◯松本知高 1、北野潤 2
1 国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門、2 国立遺伝学研究所・生態遺伝研究部門

P-23 pooled-RNAseq を用いたアカショウジョウバエ適応進化の検出
◯中村遥 1、田村浩一郎 2
1 首都大・院理、2 首都大・教授

P-24 ショウジョウバエ自然集団における体色多型を生み出すメラニン合成系遺伝子群の cis 発現量解析
◯宮城竜太郎 1、秋山礼良 1、長田直樹 1、高橋文 1,3
1 首都大・院理工、2 北大・院情報科学、3 首都大・生命情報センター

P-25 キハダショウジョウバエ種内における抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子の分子進化
◯市川里紗、瀬戸陽介、田村浩一郎
首都大学東京　院理工　生命科学

P-26 チョウ類のホストレンジと味覚受容体遺伝子の関係
◯鈴木啓 1、尾崎克久 2、牧野能士 1、河田雅圭 1

1 東北大・生命、2JT 生命誌研究館

P-27 カブトムシレクチン遺伝子の進化
〇田畑　光敏１、梅津　和夫２、北野　誉１
１茨大・院理工、２山形大・医

P-28 生息環境に応じた温度感覚を生み出す分子基盤：ツメガエル近縁種間の比較解析を例にして
齋藤　茂 1,3、大北真嗣 2、齋藤くれあ 1、太田利男 2、富永真琴 1,3
1 岡崎統合バイオ (生理研)・細胞生理、2 鳥取大・農・獣医薬理、3 総研大・生理科学

P-29 Duplication and diversification of amphibian hatching enzyme genes
◯Momo H Carlos1、 Tatsuki Nagasawa2、Mari Kawaguchi2、Shigeki Yasumasu2
1National University of Sao Carlos, Brazil、 2Sophia University, Japan

P-30 全ゲノム配列を使った日本産ミヤコグサの開花時期多型にかかわる遺伝的背景の比較
◯若林智美１、Stig Andersen２、佐藤修正３、川口正代司４、半田佳宏４、瀬戸口浩彰
１京大・院・人環、２Aarhus 大学、３東北大・院・生命、４基生研・共生

P-31 南西諸島のカメムシ類における必須共生細菌の種内多型はどのようにして生じたか
◯細川貴弘 1、石井佳子 2、深津武馬 2
1 九大・理、2 産総研

P-32 ミドリゾウリムシの細胞内共生における共生藻の単純な維持機構モデル
◯岩井草介、藤原憲示、田村琢郎
弘前大・教育

P-33 全ゲノム SNP データを用いた沖縄のサンゴの集団ゲノム学解析
◯新里宙也１、Sutada Mungpakdee１、新垣奈々、佐藤矩行１
１OIST・マリンゲノミクスユニット、２OIST・DNA シーケンシングセクション

P-34 パラオ諸島に生息する Cassiopea 属クラゲ類の系統的・形態的多様性
◯新井泰葉 1、後等亮 2、半澤直人 3
1 山形大・院理工、2 千葉県立中央博物館、3 山形大・理生物

P-35 有櫛動物種間のミトコンドリアゲノムにおける遺伝子再配置
◯斎藤貴彦 1、後藤亮 2、望月翔太 1、奥泉和也 3、半澤直人 4
1 山形大・院理工、2 千葉中央博、3 加茂水族館、4 山形大・理・生物

P-36 トランスクリプトーム情報を用いた多足亜門の分子系統学的研究
◯南紘彰１、和智仲是２、蘇 智慧 1,２
1 阪大・院理、2 JT 生命誌研究館

P-37 Genetic diversity of Kazakhstan camel population and its evolutionary relationship with the Arabian camel breed
◯XIAOKAITI XIAYIRE1,2; Saitou Naruya1,2,3
1. National Institute of Genetics; 2.SOKENDAI; 3.University of Tokyo

P-38 リュウキュウイノシシおよびタイワンイノシシ亜種間の分岐年代推定
◯吉川佐樺 1、　三村真紀子 2、　溝口康 3
1 明大・院農、2 玉大・准教、3 明大・専任講師

P-39 クロヌタウナギ 2 集団の遺伝的分化
◯加瀬　幹大 1、神野　圭太 2、小又　秀朗 2、杉山　秀樹 3、梅津　和夫 4、北野　誉 1、2
1 茨大院・理工、2 茨大・工、3 秋田県立大・生物資源、4 山大・医

P-40 Unveiling the relationships and traits evolution within the species of the fern genus Pyrrosia Mirbel (Polypodiaceae)
◯VASQUES, D.T. 1、海老原淳２、伊藤元己３

１東京大学大学院・博士課程２年生、２国立科学博物館・植物研究部　陸上植物研究グループ、３東京大学大学院・教授

P-41 菌食性ショウジョウバエの系統関係と菌食性の起源の推定
◯福田洋之 1、戸田正憲 2、加藤　徹 1
1 北大・院理、2 北大・名誉教授

P-42 キクイムシ Limnoria segnoides コンプレックスにおける食い分けと異所的分化
◯吉野広軌 1、朝川毅守 2
1 東大・院農、2 千葉大・助教

P-43 ミトコンドリア DNA 塩基配列を用いたマルシラホシカメムシの地理的変異
◯山路拓也 1、山下結子 2、石川 忠 2、野村昌史 1
1 千葉大・院園芸、2 東京農大・農

P-44 関東地方で採集されたマダラノミバッタの近縁種について
〇佐藤理絵、野村昌史
千葉大・院・園芸

P-45 花（バラ）と果実（ブドウ）に棲息する野生酵母の解析とその実用性
◯杉原千紗、亀川裕生、西川賢一、吉川成美、花岡拓哉、久冨泰資
福山大・生命工

P-46 キノコを栽培するシロアリ類と関係を持つデオキノコムシ類（コウチュウ目、ハネカクシ科）の進化史
◯小川　遼 1、前藤　薫 1、金尾太輔 2
1 神戸大院・農、2 京大院・人環

P-47 形容詞のタイプの進化と楽器の進化から考える言語への音楽文化からの対応関係に就いて
西村純
無所属　職業・詩人

P-48 源氏物語「帚木」写本群の系統解析
◯菅野諒 1、矢野　環 2、遠藤一佳 3
1 東大・地球惑星科学専攻、2 同志社大・文化情報学部文化情報学科、3 東大・地球惑星科学専攻

P-49 恐竜の股関節形態形成機構の推論
◯江川史朗１、阿部玄武１、田村宏治１
１東北大・生命

P-50 ワニ類の咬合パターンは吻部形態に由来する
◯飯島正也、小林快次
北大・院理

P-51 Gdf11 の発現開始タイミングのヘテロクロニーが脊椎動物の腹鰭・後肢の位置の多様性を生み出す
◯松原由幸１、黒岩厚１、鈴木孝幸１
１名大・院理

P-52 イヌ科頭骨の形態進化に関するヘテロクロニー仮説の検討
◯浅原正和１
1 三重大・教養

P-53 食肉類における咀嚼筋 PCSA の比較機能形態学的検討
◯伊藤海 1、2　遠藤秀紀 1、2
１東大・院農、2 東大・総合研究博物館

P-54 脊椎動物における胆嚢の進化傾向
◯東山大毅 1
1 東京大・獣医解剖学・特任研究員

P-55 ヒストン修飾情報の系統解析による細胞分化過程の推定　ーヒト血球系細胞をモデルとして
◯小柳香奈子
北大・院情

P-56 鳥類四肢骨格の個体発生，種内および種間におけるアロメトリーと相関
渡辺順也
京大・院理

P-57 Cranial shape evolution in adaptive radiation of birds
Masayoshi Tokita1, Wataru Yano2, Helen James3, Arhat Abzhanov1
1 Department of Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, 2 Department of Oral Anatomy, Asahi University School of Dentistry, 3 Department of Vertebrate Zoology, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution

P58 キイロショウジョウバエ種内体色変異の適応的意義と関与する分子機構の解明
◯秋山礼良 1、宮城竜太郎 1、高橋文 1,2
1 首都大学東京・院理工・生命科学、2 首都大学東京・生命情報研究センター

P-59 双翅目昆虫における生殖行動と雄生殖器の回転の間の進化的な関連
◯稲富桃子 1、佐久間知佐子 2、嘉糠洋陸 2、松野健治 1
1 阪大・院理、2 慈恵医大・熱医

P-60 発生で遅く変化する変数と進化可能性
○香曽我部隆裕、金子邦彦
東大院・総合文化

P-61 イチジクコバチ科昆虫の網羅的遺伝子発現解析と系統関係の推定
◯和智仲是 1、橋口康之 2、蘇 智慧 1
1 JT 生命誌研究館、2 大阪医大・医・生物

P-62 トゲオオハリアリの概日リズムと社会的相互作用
◯藤岡春菜１、阿部真人２３、嶋田正和１、岡田泰和１
１東大・院総合文化、２国立情報学研究所、３JST, ERATO 河原林巨大グラフプロジェクト

P-63 なぜ同種を避けるアリと避けないアリがいるのか?
◯木村大地 1、廣田忠雄 2
1 山形大・院理工、2 山形大・理・生物

P-64 クロスズメバチ属の姉妹種（シダクロスズメバチ、クロスズメバチ）２種間における社会寄生の発見とその進化背景
◯佐賀達矢 1、金井實 2、嶋田正和 1
1 東大・院総合文化、2 諏訪郡富士見町

P-65 小笠原諸島に侵入したグリーンアノールの進化的変化の検出と集団ゲノミクス解析
◯玉手智史１、森　英章２、Kenneth L. Krysko３、牧野能士１、河田雅圭１
１東北大・院・生命、２自然環境研究センター、３University of Florida

P-66 イモリ科における体幹部筋形態と環境との関係について
◯大村文乃
海洋大・海洋科学

P-67 南西諸島におけるウスエダミドリイシ個体群の遺伝的構造
◯座安佑奈 1、中島祐一２、西辻淑恵１、安岡由貴１、酒井一彦３、鈴木豪４、佐藤矩行１、新里宙也１

１OIST マリンゲノミックス、２OIST 海洋物理生態、３琉大熱生研、４西海区水研

P-68 オオモモブトシデムシ (Necrodes littoralis) の後脚腿節と精巣サイズのトレードオフ
◯今田弘樹、廣田忠雄
山形大・院理工

P-69 分散を促す頻度依存選択、抑制する組み換え、抑制を緩和する母性効果
◯廣田忠雄、大渡隼斗
山形大・理

P-70 ヒラタシデムシにおけるクーリッジ効果の検証
◯菅野宗嗣 1、廣田忠雄 2
1 山大・院理、2 山大・准教授

P-71 ドウケツエビはどうして雄と雌なのか？：遺伝的進化では適応度最大が実現できないが可塑性は実現させる
◯山口幸１、巌佐庸２
１神奈川大・工、２九大・院理

P-72 利他行動の進化のメカニズム
◯黒川瞬１、井原泰雄２
１無所属、２東大・院理

P-73 ギスカジカ属 4 種の不凍タンパク質アイソフォーム多型と不凍活性
◯山崎彩 1、津田栄 2、西宮佳志 2、宗原弘幸
1 北大・院環、2 産総研、3 北大・FSC

P-74 野生メダカ集団にみられる季節変動を示す消化管長多型の進化生態学的意義の解明とその出現時期推定の試み
◯勝村啓史 1，山下佳那 2，覚張隆史 1，尾田正二 3，今井正 4，吉浦康寿 4，太田博樹 1
1 北里大・医，2 北里大・理，3 東大・院新領域，4 水総研・瀬戸内

P-75 グッピーにおける遺伝子改変技術の開発
◯稲田垂穂、俵山寛司、河田雅圭
東北大・生命

P-76 風媒花ブタクサにおける「草丈の効果」はオス繁殖成功を増加させるのか？
◯中原亨 1、深野祐也 2、廣田峻 1、矢原徹一 1
1 九大・生態、2 農工大・農

P-77 疑似一年生クローン植物のラメット生産における資源分配のジェネット間差異
◯辻本典顯 1、荒木希和子 2、工藤洋 1
1 京大・生態研、2 立命館大・生命科学

P-78 オオバタネツケバナ渓畔/潮汐集団の冠水および非冠水下における遺伝的差異
◯曽我江里、才木真太朗、石田厚、工藤洋
京大・生態研

P-79 キツネノカミソリにおける特殊送粉様式と近縁種間の関係
◯山路風太 1、朝川毅守 1
1 千葉大・理

P-80 大腸菌高温適応進化におけるシャペロニン GroEL 遺伝子変異の機能解析
◯岸本利彦１，松浦梨恵１，成澤大１，宇都真菜１，大村真優子１，四方哲也２
１東邦大・理、２阪大・院情報科学

P-81 大腸菌高温適応進化系における高変異率進化機構の解析
◯成澤大 1、 岸本利彦 1、 四方哲也 2

1 東邦大・理、　2.阪大・院情報科学

P-82 細菌における進化を通じた増殖収率の最適化に関する研究
◯小森隆弘 1、津留三良 2、四方哲也 3
1,2,3 阪大・院情

P-83 Qβ ファージの RNA 複製酵素に依存する宿主増殖系の確立
◯柏木　明子 1、塚田　幸治 2、四方　哲也 3,4
1 弘前大・農学生命科学、2 阪大・院工、3 阪大・院情報科学、4 阪大・生命機能

P-84 安定な L-form 大腸菌の構築
〇齊藤紘美 1、津留三良 1、四方哲也 1
1 阪大・情報

P-85 人工 DNA ゲノム複製システムの実験進化
◯酒谷佳寛 1、市橋伯一 1、四方哲也 1,2
1 阪大・情報、2 阪大・生命

P-86 実験進化による複製可能な人工 RNA の開発
◯祐村実旺 1、市橋伯一 1、四方哲也 1,2
1 阪大・情報　2 阪大・生命

P-87 tRNA の抗レトロウィルス作用の可能性について
◯荻村英雄 1
フリー

P-88 細胞壁を欠いた大腸菌細胞（Ｌ型細胞）による電気融合
◯村上由衣１、津留三良１、四方哲也１２
１阪大・院情報、２阪大・院生命

P-89 二枚貝原鰓亜綱における貝殻微細構造の進化
◯佐藤圭１、佐々木猛智２
１東大総合博・学振 PD、２東大総合博・准教授

「第 10 回みんなのジュニア進化学」発表一覧

H-1 千葉県北総台地のトウキョウサンショウウオ個体群のルーツを探る　ミトコンドリア遺伝子の遺伝子変異の解析
市原八幡高等学校理科部（千葉県立市原八幡高等学校）

H-2 コウベマイマイの新たな分類の可能性を考える～神戸を模式産地とする 3 種を中心としたマイマイの遺伝子解析から～
飛鳥 未歩，桐谷 茉那，桐谷 有香，土田 仁美，前田 聖和（兵庫県立神戸高等学校）

H-3 国内のアルゼンチンアリの行動学的分類および侵入経路･スーパーコロニー分化に関する研究（Ⅱ）
大竹 優也，石原 朋弥（岐阜県立賀茂高等学校）

H-4 PCR 法によるニッポンバラタナゴと タイリクバラタナゴの判別
柳 凌太郎，池田 亘，本間 優志，南沢 誠，藤澤 孝仁，岸 優佑，村田 英和（埼玉県立松山高等学校）

H-5 PCR - RFLP 法による日本産イシガイ類の鑑定
澄川 智紀，伝田 直晃（埼玉県立松山高等学校）

H-6 ハクジラ類における後頭顆・環椎の形態比較
岡村 太路（東京学芸大学附属高等学校）

H-7 クマムシのボディープラン
北澤 美天（京都府立木津高等学校）

H-8 カジキのオプシン遺伝子にみる適応進化
関口 東亜，北村 旭，林 美羽（清真学園高等学校・中学校）

H-9 脊椎動物の進化と性ホルモンの関係について
志濟 真優，岡部 真琴（山形県立山形西高等学校）

H-10 固着動物はなぜ海産なのか？―動物進化の過程における移動性喪失の原因を探る試み―
青山学院高等部ライフ・サイエンス部（青山学院高等部）

H-11 ソードテールフィッシュの性転換
向井 千晴，石﨑 雅絵，須田 雄大，斎藤 会飛（埼玉県立川口北高等学校）

H-12 ヨロイイソギンチャクの白化について
飯田 創太，宮澤 奏太（埼玉県立川口北高等学校）

H-13 海藻の護身術
上田 克弥，アゲセ 祥広（埼玉県立川口北高等学校）

H-14 プラナリアの生殖法と生息環境
宮田 穂月，上野 まりな，山本 雅之，木村 裕花，宇田 駿介，羽生 もも，市川 和人，大里 優介，海原 百合子，稲葉 直登，牧野 夏椰，園家 結，中島 瑠南，海東 武，木村 遼，板谷 優花，栗山 智光（茨城県立竹園高等学校）

H-15 コノハムシの興味深い産卵様式について (Curious Oviposition Behavior in the Leaf Insect *Phyllium westwoodii*)
新井 麻由子（白百合学園中学校）

H-16 ヨモギに虫えいを形成するタマバエの生活史
千葉 汀，深堀 宗一郎，佐藤 杏香（宮城県立仙台第三高等学校）

H-17 ゴキブリの行動

仲川 翼，橋口 真侑，藤ヶ﨑 敬大（茨城県立土浦第三高等学校）

H-18 ゴキブリの「同種の集合フェロモン」と「他種の集合フェロモン」に対する反応の違い
吉野 雄一郎（東京大学附属中等教育学校）

H-19 オオマルハナバチの死体排除行動 ～特に，死体認識フェロモンの存在の可能性について～
澤田　恭佑（安田学園中学校高等学校）

H-20 マルハナバチの雄蜂は複数回交尾できるのか？
古田　行雄（安田学園中学校高等学校）

H-21 ムササビの活動時間の研究 －野外調査とセンサー機器を用いた検証－
田邉 萌，山崎 慎之助，池谷 友佑（中央大学附属高等学校）

H-22 カヤネズミの食物選択に関する研究
居駒 すみれ，海野 菜々香，奥山 いろは，黒沢 美里，齋藤 史季，星野 凪沙，長島 彩夏，山本 美裕，若林 英璃奈（文化学園大学杉並中学・高等学校）

H-23 黒目川・柳瀬川における釣果から考察するカワムツの生態
玉木 仁（東京大学附属中等教育学校）

H-24 動物の光に対する反応について
小林 雛子，佐藤 涼乃（山形県立山形西高等学校）

H-25 気孔開閉運動から見る植物の環境適応
加賀 三鈴，西林 伶華，大友 さら，富樫 朋美（東京大学附属中等教育学校）

H-26 種差海岸のサクラソウ自生地に関する研究
坂野 友祐，福田 将大（青森県立名久井農業高校）

H-27 伊豆諸島における，ガクアジサイとヤマトフキバッタの共進化
角田 時生，小野 将輝，小日向 潤紀，岩瀬 萌子，岩田 瑛美子，遠峰 伽織（清真学園高等学校・中学校）

H-28 グルコシノレートをめぐる共進化
鈴木 悠太，伊藤 悠揮，阿部 正浩（大阪府立住吉高等学校）

H-29 エゾイソアイナメの発光器と細菌の共生のしくみに迫る
青木 雄一，伊藤 青空，佐々木 隼，安齋 音哉，中野 龍太（宮城県立仙台第三高等学校）

H-30 食虫植物タヌキモと細菌
大川 真輝，鯨井 陽平，眞田 駿（埼玉県立川口北高等学校）

H-31 コムギの進化と環境適応力は地球にどのような可能性をもたらすか
元川 知歩（横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校）

H-32 食品の調理・加工の違いによるタンパク質量の変化について
三嶋 彩夏，吉田 伊織（岐阜県立岐阜農林高等学校）

H-33 食品保存料ナイシンの有効的な利用方法に関する研究
長谷川 水輝（秋田県立秋田南高等学校）

H-34 香料の突然変異抑制効果に関する研究
土佐 龍馬（秋田県立秋田南高等学校）

H-35 生物による水質浄化研究
市沢 憲慎，嶋守 雄大，久保沢 翔太（青森県立名久井農業高校）

H-36 室内花の研究
井戸上 真衣（青森県立名久井農業高校）

講演要旨

S1-1

Significance of color vision diversity in primates inferred from genetic and field studies

Shoji Kawamura

Department of Integrated Biosciences, Graduate School of Frontier Sciences, The University of Tokyo

Primate color vision is unique, consisting of trichromacy, dichromacy and monochromacy. Trichromacy was generated from ancestral dichromacy via allelic differentiation (e.g. in most New World monkeys) or gene juxtaposition (e.g. in Old World primates) of the L/M opsin gene. The allelic differentiation results in extensive color vision variability in New World monkeys, where trichromats and dichromats are found in the same breeding population. We showed that the ateline New World monkeys renovated the L/M opsin polymorphism by amino acid mutations unique to their lineage so that the spectral separation between the longest-wave and middle-wave alleles was widened, improving chromatic contrast. Contrary to the extensive color vision polymorphism in New World monkeys, Old World primates are less variable. We showed that gibbons (lessor apes) retained uniform trichromacy by the action of natural selection to purge gene conversions between the L and M opsin genes. Overall, our molecular studies reveal the importance of trichromatic vision However, our field behavioral studies do not suggest a uniform advantage of trichromatic color vision. In foraging efficiency for fruits and figs, we have found no apparent superiority of trichromacy over dichromacy in feeding rate. Furthermore, trichromatic capuchin monkeys do not have higher fitness than dichromats based on long-term (26 years) survival and fertility data of a wild population. Together this suggests mixed advantages to dichromats and trichromats. Further interdisciplinary studies on not only opsin genes but also other sensory genes will provide a wealth of data for increasing our understanding of the evolution of primate senses and will generate important advances in the near future.

S1-2

Sensory ecology of wild capuchin monkeys (Cebus capucinus): Examining the links among fruit signals, nutrition, and primate foraging behavior

○AMANDA D. MELIN[1], MIKA SHIRASU[2,3], YUKA MATSUSHITA[4], VIVEK VENKATARAMAN[5], JESSICA M. ROTHMAN[6], KAZUSHIGE TOUHARA[2,3] and SHOJI KAWAMURA[4]

[1]Department of Anthropology, Washington University in St. Louis, [2]Department of Applied Biological Chemistry, University of Tokyo,[3]ERATO Touhara Chemosensory Project, JST, [4]Department of Integrated Biosciences, University of Tokyo, [5]Department of Biological Sciences, Dartmouth College, [6]Department of Anthropology, Hunter College, City University of New York

Through their senses, animals interface with the environment to detect and evaluate food. Yet, our understanding of the sensory ecology of primates is largely limited to the visual system, making us rather blind to the role of the other senses. Although primates are typically viewed as 砺isual･animals, they routinely sniff and squeeze fruit during assessment before consumption. We present data from a 12-month behavioral study of the foraging behavior of white-faced capuchins (Cebus capucinus), along with olfactory (volatile organic compounds 坊 OCs), haptic (force resistance), visual (spectral reflectance), and nutritional measurements of fruit ripeness of dietary species. We find: 1) differences in the number, diversity and total amount of VOCs in fruits at different stages of mechanical ripeness; 2) that haptic (mechanical) and olfactory (VOC) changes in fruits are significantly related to nutritional ripening (n=7, p=0.0042); and 3) that olfactory and mechanical cues are a better indicator of ripeness than visual (color and size) changes are for some fruit species. Specifically, color changes occur prior to fruit softening, asynchronously with odorant shifts, and before the fruit is nutritionally ripe. These results suggest, for at least some plant species, that color may be used as a long-distance signal to attract frugivores to trees with fruits in stages of advanced ripening, but that foragers must rely on other senses for close-range assessment (touching and sniffing) of individual fruits. This study contributes to our knowledge about the foraging cues available to primates and other frugivores, and how multiple sensory modalities can inform food assessment and selection.

We thank NSERC, Sigma Xi, The Leakey Foundation, The Wenner-Gren Foundation, the Animal Behavior Society, the Japanese Society for the Promotion of Science, ERATO Touhara Chemosensory Project, JST, and Alberta Innovates for funding.

S1-3

Evolution of olfactory receptor genes in primates and other mammals

○Yoshihito Niimura

Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo / ERATO Touhara Chemosensory Signal Project, JST

Olfaction is essential for the survival of mammals. Diverse odor molecules in the environment are detected by olfactory receptors (ORs) expressed in the olfactory epithelium of the nasal cavity. OR genes constitute the largest multigene family in mammals, and the numbers of OR genes vary greatly among species, reflecting the respective species' lifestyles. For example, higher primates generally have a reduced OR gene repertoires compared with other mammals, reflecting their heavy reliance on vision rather than olfaction. Primates have adapted to various environments, and consequently, structures of their noses, color vision systems, and nocturnal/diurnal habits are diversified. We have previously reported that the reduction of OR gene repertories in primates is not directly linked with the acquisition of trichromatic vision. By comparing OR gene repertories from various primate species, we can infer what factors mainly caused the reduction of OR genes in primate evolution. The OR gene family is also characterized by frequent gene gains and losses during evolution. Recently we have analyzed the diversity in the evolutionary dynamics of individual OR genes using >10,000 OR genes identified from 13 placental mammals. We found that African elephants had a surprisingly large repertoire (~2000) of functional OR genes encoded in enlarged gene clusters. Identification of orthologous gene groups (OGGs) by a newly developed phylogeny-based computational method revealed that some OGGs were highly expanded in a lineage-specific manner, while OGGs showing one-to-one orthology among the 13 species without any gene gains/losses are very rare. These studies provide a basis for inferring OR functions from evolutionary trajectory.

S1-4

Dietary adaptation and bitter taste receptor gene evolution in primates

○Takashi Hayakawa[1,2]

[1]Primate Research Institute, Kyoto University、[2]Japan Monkey Centre

Vertebrate bitter taste receptors are encoded by *TAS2R* genes. *TAS2R* genes in vertebrate genomes drastically vary in number among species of vertebrates. For example, humans have 26 *TAS2R* genes and mice have 40 *TAS2R* genes. Since each bitter taste receptor has the different bitter ligand spectrum, a large number of *TAS2R* genes allow an individual to recognize many more bitter compounds. Using whole-genome sequences of ~20 species of primates, I showed that duplications of *TAS2R* genes are particularly evident in the ancestral branches of anthropoids, which may have promoted the adaptive evolution of anthropoid characteristics such as the development of herbivorous characteristics. Population genetics analysis of hominoids (humans, chimpanzees and orangutans) revealed that these anthropoid-specific duplicated *TAS2R* genes have different forms of natural selection from other *TAS2R* genes. For example, diversification of *TAS2R* genes in the western subspecies of chimpanzees may have resulted from balancing selection, whereas purifying selection dominates as the evolutionary form of diversification of the anthropoid-specific *TAS2R* genes in the eastern subspecies of chimpanzees and the other *TAS2R* genes were under no obvious selection as a whole. These results suggested that lineage-specific *TAS2R* repertoire expansions facilitate the recognition of novel toxins in plants during the adaptive radiation of primates.

S1-5

Evolution of the umami taste perception in primates

Yasuka Toda

[1]Kikkoman Corporation, [2]Dept. Appl. Biol. Chem., The Univ. Tokyo

Among the five basic tastes, umami is sensed by a heteromeric complex of class C GPCRs termed T1R1 and T1R3. T1R1/T1R3 has been considered to be a sensor of protein sources, because the known natural ligands of this receptor are only L-amino acids. T1R1/T1R3 exhibits species-dependent differences in amino acid selectivity. Human T1R1/T1R3 specifically responds to L-Glu, whereas rodent T1R1/T1R3 responds more strongly to other L-amino acids than to L-Glu. We previously revealed the critical mutations that confer the human-type L-Glu specific responses by analyzing the human and mouse chimeric receptors. Among key residues we identified, the electrostatic properties of two residues, which interact with the distal carboxylate side chain of L-Glu, critically affected L-Glu binding. By analyzing the sequences and functional properties of T1R1/T1R3 from three nonhuman primate species, we revealed that macaque and baboon T1R1/T1R3, in which two residues that are critical to L-Glu binding are identical or similar to those in the human receptor, showed high L-Glu activity. On the other hand, squirrel monkey T1R1/T1R3, in which one of two key residues is identical to that in mouse receptor, showed low L-Glu activity. Further analyses of nonhuman primate receptors should reveal when and why the differentiated L-Glu activity was obtained in primates.

S1-6

Functional analysis of bitter and sweet receptors of primates by cellular and behavioral experiments.

Hiroo Imai

Department of Cellular and Molecular Biology, Primate Research Institute, Kyoto University

Most animals avoid bitter compounds and prefer sweet compounds. However, some primates ingest food items which are bitter to humans and/or not sweet to humans, suggesting a species-specific sense of taste. To reveal the mechanism of specific taste phenotypes, we conducted functional analysis of taste receptors in cultured cells and behavioral analysis by a two-bottle test. We found species-specific sensitivities of bitter taste receptors, some of which are supported by the behavioral test. For example, Japanese macaques are less sensitive to salicin, a bitter compound in the bark of willow tree, than are humans, due to the change in some amino acid residues that are situated in the putative ligand binding and intracellular regions. On the other hand, the behavioral experiment suggested increased sensitivity of Japanese macaques relative to humans for sweet compounds. These differences in receptor sensitivities highlight the relevant tastes of compounds in the habitat of primates and contribute to their survival and adaptation.

S2-1

ゲノムワイド関連解析から探る量的形質の進化：シロイヌナズナを例に

○土松隆志[1,2,3]、角井宏行[2]、山﨑美紗子[2]、Cindy Marona[4]、Dazhe Meng[3]、金岡雅浩[5]、Thomas Stadler[6]、Michael Lenhard[4]、Magnus Nordborg[3]、清水健太郎[2]

[1]東大，[2]チューリッヒ大，[3]グレゴール・メンデル研究所，[4]ポツダム大，[5]名古屋大，[6]ETH チューリッヒ校

体サイズ，色彩，開花時期など，生物の示す形質多型の多くは量的である．自然集団における量的多型の遺伝的基盤を解明することは進化生物学の重要課題のひとつだが，原因遺伝子の特定に至った例は依然として限られている．近年，ゲノムワイドな多型情報が容易に得られるようになったことで，以前はヒトの疾患研究で利用されるのみだったゲノムワイド関連解析（GWAS）が，様々な生物に適用され始めている．GWAS は表現型と遺伝子型の相関関係をゲノムワイドに探索することで原因遺伝子を特定するマッピング法である．本講演では GWAS の原理，長所や短所に触れた上で，モデル植物シロイヌナズナにおいて花形質の GWAS を行い，自然多型の遺伝子同定に至った研究例を紹介する．多型情報を用いた自然選択の検出と GWAS を組み合わせて花形質の進化史を解き明かす試みにも触れ，量的形質の進化の解明にゲノム多型情報の利用がもたらす可能性について議論したい．

S2-2

発生関連遺伝子の DNA 低メチル化領域によるエピジェネティックな転写制御機構

○中村遼平[1]、塚原達也[1]、宇野絢子[1]、森下真一[1]、武田洋幸[1]

[1]東大・院理

DNA のメチル化は生物のゲノムにおける基本的な修飾のひとつであり、一般的には転写に対して抑制的に働くと考えられてきた。しかし、DNA メチル化が転写を促進する例も報告されており、種間でもメチル化パターンは大きく異なることから、その機能の体系的な理解には未だ至っていない。我々は、メダカの未分化細胞（胞胚期）および成魚の組織において DNA メチル化およびヒストン修飾をゲノムワイドに解析した。その結果、DNA 低メチル化領域のサイズと転写抑制の強さが相関することが明らかになった。特に、発生に重要な転写因子をコードする遺伝子は未分化細胞の時点で巨大な DNA 低メチル化領域によって標識され発現が強力に抑制されており、分化後に低メチル化領域のサイズが縮小することで発現が長期的に維持されることが示唆された。さらに、メダカとヒトの未分化細胞の比較によって低メチル化領域のサイズが種間で保存されていることが明らかになった。以上の結果はクロマチン修飾領域のサイズが転写制御に寄与することを示唆している。本講演では、昆虫など脊椎動物以外の生物におけるエピゲノムについても紹介し、転写制御機構の進化について考察を加える。

S2-3

PITCh(ピッチ)法：ゲノム編集を利用した簡便かつ効率的な新規ノックイン技術

坪田拓也

生物研・組換えカイコ

TALEN や CRISPR といったゲノム編集技術は、遺伝子を自在に編集し改変できる画期的なツールであり、近年大きな注目を浴びている。ゲノム編集技術を用いることにより、様々な生物で標的遺伝子の破壊を効率よく行うことが可能になってきている。その一方で、外来遺伝子をゲノムの狙った位置に導入する「ノックイン」については、多くの生物においていまだ困難である。演者らは、マイクロホモロジー媒介末端結合を利用した新規ノックイン技術である PITCh (Precise Integration into Target Chromosome)法を開発した。従来チョウ目昆虫カイコではノックインを起こすことはきわめて困難であったが、TALEN をベースとした PITCh 法を利用することで、皮膚の尿酸顆粒蓄積等に関わる *BLOS2*遺伝子座にドナーベクターを正確かつ高効率で導入することに成功した。また、カエルやヒト培養細胞でも PITCh 法を用いることで効率よくノックインを起こすことに成功し、本手法は様々な生物においてノックインを行うための基盤ツールとして利用可能であることが示唆された。本講演では様々な生物におけるゲノム編集研究の現状を合わせて紹介し、本技術の進化研究への応用の可能性について議論したい。

S2-4

カイコ幼虫での黒色形成遺伝子 *yellow* にみられるシス調節制御のモジュール性

○鈴木誉保[1]、小林功[1]、内野恵郎[1]、瀬筒秀樹[1]

[1]農生研・組換えカイコ

蛾や蝶はさまざまな体色や模様を呈している。この多様な色彩はどのような発生メカニズムによりもたされているのだろうか？最近、ハエ（双翅目）を利用した研究において、体の黒色形成にかかわる *yellow* 遺伝子のシス調節制御がモジュール性をもつことにより、種ごとに異なる体色をもつことが可能になっていることがわかってきた。しかし、*yellow* 遺伝子のシス調節制御のモジュール性はハエでしか見つかっておらず、他の昆虫にも共通する設計方式なのか、特に多様な模様をみせる鱗翅目昆虫でも利用されているのか明らかではない。本研究では、カイコを用いて *yellow* 遺伝子のシス調節制御にモジュール性がみられるかどうかを検証した。*yellow* 遺伝子の5'領域およびイントロン領域の併せて22kb を探索したところ、遺伝子発現をしめす3つの領域の単離に成功した。それぞれの領域は、幼虫期における刺毛部位、胸脚部位、トラキア部位の異なる組織で遺伝子発現誘導をしていた。このことから、カイコ幼虫の様々な部位での黒色形成にはシス調節制御のモジュール性が関与していることが示唆された。最後に、蛾や蝶の多様な模様はパターンと色をどのように制御することで生み出されているのかについても議論したい。

S2-5

模様の進化を引き起こした遺伝的変化

○越川滋行[1]

[1]京大・白眉セ／院理

私は、翅に水玉模様をもつミズタマショウジョウバエ *Drosophila guttifera* を用いて、模様形成のメカニズムと、模様の進化を可能にした遺伝的変化について研究してきた。メラニン合成に関係する *yellow* 遺伝子の cis 制御領域の解析から、水玉状の発現を駆動するエンハンサーを同定した。このエンハンサーに情報入力している因子を探索し、*wingless* 遺伝子が模様形成を誘導している上流の因子であると結論した。

では *wingless* 遺伝子はどのようにして新しい発現パターンを獲得したのだろうか？cis 制御因子の変化が原因であるとの仮説をたて、キイロショウジョウバエとミズタマショウジョウバエの *wingless* 近傍の領域にあるエンハンサーをトランスジェニックレポーターアッセイにより探索した。ミズタマショウジョウバエに特有のエンハンサーが3つ見つかり、これらが *wingless* の発現パターンの進化に寄与していることが明らかになった。

Koshikawa et al. (2015) PNAS 112: 7524-7529

S3-1

Introduction to genome duplication and the allopolyploid Arabidopsis kamchatica and Cardamine spp. as model polyploid species to study ecological speciation

○Kentaro Shimizu[1], Tim Paape[1], Masaomi Hatakeyama[1,2], Reiko Akiyama[1], Rie Shimizu-Inatsugi[1], Satoru Akama[3], Jun Sese[3], Tanaka Kenta[4], Yoshihiko Onda[5]

[1]Inst. Evol. Biol. Env. Studies, Univ. Zurich; [2]Functional Genomics Center Zurich; [3]AIST; [4]Univ. Tsukuba; [5]RIKEN

Genome duplication, or polyploidization, occurs in animals and fungi, and plants including many crop species. In addition to the critical role of ancient genome duplication in diversification, genome duplication is responsible for up to 15% of the speciation events of flowering plants. Several examples of contemporary polyploid speciation during the past 150 years are described. For example, in Switzerland, a new polyploid Cardamine insueta exploited the man-made meadow habitat with fluctuating water availability. We have developed a novel bioinformatic workflow for polyploid transcriptome named HomeoRoq (Homeolog Ratio and quantification) by using next-generation sequencers. We focus on Arabidopsis kamchatica as an allopolyploid model, which is the allotetraploid derived from A. lyrata and A. halleri, and has a much broader distribution and climatic niche compared to the parental species. We have reported that cold treatment changed the ratio of many homeologous pairs, implying abundant cis-regulatory differences. A. halleri is known as a hyperaccumulator of zinc and other metal ions and survives in contaminated soils. We found that A. kamchatica also accumulated high amount of zinc in the leaves. Many genes known to function in hyperaccumulation showed high expression of halleri-derived homeologs. These data suggest that environmental responses specific for parental species would be safeguarded in the allopolyploid owing to cis-differences, and confer broader environmental responses of allopolyploids.

S3-2

Ohnologs in the human genome are dosage balanced and frequently associated with disease

○Takashi Makino[1]、Aoife McLysaght[2]

[1]Tohoku University、[2]Trinity College

About 30% of protein-coding genes in the human genome are related through two whole genome duplication (WGD) events. Although WGD is often credited with great evolutionary importance, the processes governing the retention of these genes and their biological significance remain unclear. One increasingly popular hypothesis is that dosage balance constraints are a major determinant of duplicate gene retention. We test the dosage balance hypothesis and show that WGD-duplicated genes (ohnologs) have rarely experienced subsequent duplication and are also refractory to copy number variation (CNV) in human populations and are thus likely to be sensitive to relative quantities. This supports the hypothesis of biased retention of dosage-balanced genes after WGD. We also show that ohnologs have a strong association with human disease. In particular, Down Syndrome caused by trisomy 21 is widely assumed to be caused by dosage effects, and 75% of previously reported candidate genes for this syndrome are ohnologs which experienced no other copy number changes. These observations clearly show a persistent resistance to dose changes in genes duplicated by WGD. Dosage balance constraints simultaneously explain gene essentiality and duplicate gene retention after WGD.

S3-3

Significance of polyploidization in the evolution of angiosperms

Jeffrey Fawcett

SOKENDAI

Although polyploids were once considered "evolutionary dead-ends", it is now clear that they have played a crucial role in the evolution of plants. Most, if not all angiosperms are derived from a polyploid ancestor, and many lineages have subsequently experienced additional rounds of polyploidization. However, despite the huge contribution of polyploids to plant evolution, it is still highly questionable whether polyploids, in general, have higher adaptability or higher fitness compared to diploids. Indeed, it has been suggested that polyploids are "rarely successful" in evolution. This brings up the following question: why then were certain polyploids successful? What enabled the long-term evolutionary success of certain polyploids? In this talk, I will first give an overview of the history of polyploid research in plants. I will then introduce our previous findings and discuss how periods of unstable environmental and ecological conditions, such as around the Cretaceous-Paleogene extinction event, might have been instrumental in enabling the success of polyploids in the evolution of angiosperms.

S3-4

Ancient whole-genome duplication in a tropical tree family, Dipterocarpaceae

○小林正樹[1]、Kevin Kit Sion Ng[2]、Jeffrey A. Fawcett[3]、Soon Leong Lee[2]、瀬々潤[1]、清水健太郎[4]

[1]産総研・創薬基盤、[2]FRIM・遺伝、[3]総研大・先導科学、[4]チューリヒ大・理

Dipterocarpaceae, which consists of more than 500 species, is a dominant tree family in the Southeast Asian tropical rainforest. To understand the diversification of this family, we sequenced the genome of one of the ecologically and economically important species, *Shorea leprosula*. The genome assembly showed that the draft genome contained >40,000 protein-coding genes. Many of these protein-coding genes had similar paralogous genes, and the Ks distribution for the paralogous gene pairs suggested a whole-genome duplication event. Transcriptome data from seven different genera of the same family independently showed the pattern of whole-genome duplication, suggesting that the whole-genome duplication occurred in the ancestor of these dipterocarps. The GO enrichment test showed that a large number of drought response genes retained their paralogous pairs after the duplication event. The large number of drought response genes observed might contribute to the adaptation of dipterocarps in different water availability conditions from aseasonal to seasonal tropics. Our findings suggest that drought has been an important environmental factor for the dipterocarps in the Southeast Asian tropical rainforests where the amount of rainfall is relatively high.

S3-5

Genome duplications and evolution of gene expression – What can artificial genome duplicated vertebrate embryos tell us about WGDs? –

○Haruki Ochi、Hajime Ogino

Faculty of Medicine, Yamagata University

It is widely accepted that two rounds of whole-genome duplications (WGDs) occurred in the stem lineage of extant modern vertebrates, followed by a third round in the teleoset lineage. These WGD events have provided many duplicated gene pairs from the set of ancestral genes and also many duplicated cis-regulatory elements (CREs). Many studies have suggested that evolution of genes and CREs after these WGD events has contributed to morphological innovations in vertebrates. Although the significance of WGDs for vertebrate evolution has extensively been recognized, we still do not know what happened immediately after the WGD. Late cold shock gynogenesis in Xenopus tropicalis, a diploid frog, prevents the first mitotic cell division and creates an artificial tetraploid embryo. To investigate what happened after the WGD, we used an artificially genome duplicated vertebrate embryo of X. tropicalis. This provided us with the unique opportunity to understand the initial state of vertebrate evolution. We would like to discuss about features of the genome duplicated vertebrate embryos and the evolution of gene expression following WGDs.

S3-6

同質倍数体のメタボローム解析：ゲノム倍加は代謝経路に直接影響するのか

○塚谷　裕一[1,2]、澤田有司[3]、川出健介[2,4]、及川彰[3,5]、平井優美[3]

[1]東大・院・理、[2]岡崎統合バイオ、[3]理研・環境資源科学研究セ、[4]基生研、[5]山形大・農

In plants, autopolyploidy is often seen in natural populations. Some autopolyploid strains are known to exhibit enhanced tolerance against environmental or biotic stresses; this feature has been speculatively attributed to increased amounts of secondary metabolites. Indeed some autopolyploid cultivars have been cherished by their high contents of metabolites.

But there are only few studies that have directly compared the metabolite levels between diploids and autopolyploids. Even in such rare studies, comparisons were often carried out for individuals selected from natural populations; thus it is unclear whether the detected differences are reflecting the direct effects of autopolyploidy or a mere result of additional secondary selections under diverse habitats.

Here we compared the metabolic profiles and amounts between diploids and newly generated autotetraploids of a model species, *Arabidopsis thaliana* to exclude the effects of any secondary selection. As a result, although we could detect some metabolic differences between diploids and autotetraploids, such differences were significantly influenced by genetic background and growth conditions. Thus the formerly reported metabolic differences between diploids and autopolyploids were very likely acquired by secondary selections after establishment of polyploidy.

S3-7

Mechanism of Hybridization Barrier in Plant Endosperm

Tetsu Kinoshita

KIBR, Yokohama City Univ.

Species hybridization is a potential source for phenotypic variation and speciation in plants. However, many angiosperm genera have an effective post-zygotic barrier in the endosperm that results in seed abortion. Based on classical genetic analyses and recent studies, it is hypothesized that post-hybridization barrier involves epigenetic mechanisms in the endosperm. To elucidate the molecular basis of this mechanism, we have investigated and compared two types of crosses, i.e. interspecies and interploidy, in *Oryza* species. We found that those hybridizations induced similar phenotypic abnormalities and altered patterns of the imprinted gene expressions in the endosperm (Plant J. 2011, 2013). Although many characters are similar in each type of cross, an index of rate of nuclear divisions in the syncytial stage of endosperm is different; the nuclear division rates are varied in the interploidy crosses, while change in nuclear division rates are not observed in any interspecific crosses. In addition to this finding, we overcome species hybridization barrier between *O. sativa* and *O. longistaminata* by manipulation of ploidy level.

S3-8

Phenotypic plasticity in relation to water environment in allotetraploid Cardamine flexuosa

○Masahiro Kanaoka[1], Yuri Aoki[1], Reiko Akiyama[2], RIe Shimizu-Inatsugi[2], Kentaro Shimizu[2]

[1] Graduate School of Science, Nagoya University, [2] Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, University of Zurich

Allotetraploid species possess two sets of genomes from different parental species. It is thought that high plasticity of gene expression in allotetraploid species allows them to show unique and variable phenotypes, however, the relationship between phenotypic plasticity and gene expression pattern is not well understood. In Brassicaceae family, *Cardamine flexuosa* is a known allotetraploid whose parental species are *C. amara* and *C. hirsuta*. In natural environments, *C. amara* inhabits in a wet environment, whereas *C. hirsuta* in a dry environment. *C. flexuosa* inhabits in wide range of environments encompassing wet and dry habitsts. To understand the relationship between adaptation to the environment and gene expression pattern in *C. amara*, *C. flexuosa* and *C. hirsuta*, we investigated phenotypic plasticity of these species grown in different water-related environments, both in field sites and laboratory conditions. We found that stomatal development differed between parental species, and *C. floexuosa* showed both developmental phenotypes. The plasticity of transpiration rates in *C. flexuosa* was the biggest among the three species. These data suggest that *C. flexuosa* dynamically regulates stomatal behavior. In addition, we are analyzing genes expression profiles of three species in different environments.

S3-9

Silencing and ratio changes of homeologs of the allopolyploid Arabidopsis kamchatica studied by new bioinformatic workflows HomeoRoq and SIGN

赤間　悟[1,2]、清水(稲継)　理恵[3]、清水健太郎[3]、○瀬々潤[1]

[1]産総研・BRD、[2]東工大・ELSI、[3]チューリッヒ大・理

Genome duplication with hybridization, or allopolyploidization, occurs commonly in wild and crop plants, and is considered to be a strong force for generating new species. However, genome-wide quantification of homeolog expression ratios was technically difficult because of the high homology between homeologous gene pairs. We have focused on the allotetraploid Arabidopsis kamchatica derived from A. halleri and A. lyrata, which has one of the widest climatic niches in the genus Arabidopsis encompassing lowland hot sandy shores to alpine regions. We first assembled the two diploid parental genomes of A. halleri and A. lyrata, then generated a synthetic allotetraploid, mimicking the natural allopolyploid A. kamchatica. To quantify the homeolog expression ratio using RNA-seq obtained from polyploids, we have developed a new bioinformatic workflow named HomeoRoq. Our new statistical test identified 226 homeologs (1.11% of 20 369 expressed homeologs) with significant ratio changes after cold treatment including RD29B and COR15A. Next, we have developed a method to detect silenced genes based on the distribution of ratio, which does not require arbitrary threshold values. Although polyploidization has been thought to induce silencing, we found that about a quarte of silenced genes in parental diploid were de-silenced in synthetic polyploid A. kamchatica. These methods detected a large number of silenced genes also in polyploid crop species.

S4-1

エボラ出血熱の数理モデル研究

西浦博、○斎藤正也

東大・医

エボラウイルス病(またはエボラ出血熱)は，エボラウイルスに感染することで惹き起こされる致命度の高い感染症である．1976年にコンゴ民主共和国のエボラ川付近で発見されて以降，2013年までは，散発的な集団発生が中央アフリカ地域で起ってきた．2014年に爆発的に拡大した西アフリカのギニア，シエラレオネ，リベリアを中心とする流行は，過去の中央アフリカの集団発生に比してはるかに大規模であった．本講演では，数理モデルを用いてエボラウイルスの感染動態が時刻と共にどう変化したかを捉えるとともに，感染者の隔離の効果を評価したリアルタイム研究に関しても紹介する．感染動向を捉える指標として，実効再生産定数 R_t を推定する．これは，特定の時刻において，ひとりの一次感染者が生み出した二次感染者数の平均値であり，実効再生産定数を通して感染者数時系列を観察することにより，ウイルスの感染性や必要とされる介入の内容と量を推定することができる．隔離の効果の評価については，隔離の実施によって臨床症状が顕著になるまでの間しか感染させることができなくなるため，二次感染者の発生間隔が短くなる現象に注目する．

S4-2

インフルエンザウイルスの抗原変異の進化を数理的にとらえる

○佐々木顕、三浦千明、八島健太

総研大・先導研

伝染病に対する政策決定において最も基本的で重要な課題は病原体の基本再生産数 R0を推定する事である。インフルエンザウイルスのように抗原を急速に変えて持続的流行を行う病原体において推定される R0は、たまたまエスケープに成功した抗原をもつウイルス変異体が、宿主集団に広がり、宿主集団免疫が上昇するまでの間の一時的な増加率であるが、抗原を連続的に変異させて宿主免疫から逃げ続けるウイルスのサブタイプの進化的な長期的な動向は、この R0では決まらない。ここでは、抗原の多様性を包括するウイルスのサブタイプ（インフルエンザ A 香港型(A/H3N2)など）を単位とした「サブタイプ基本再生産数」（メタ R0）を理論的に再定義し、その疫学パラメータ・遺伝学的パラメータへの依存性を明らかにする。これをもとに、抗原連続変異で急速に進化するウイルスに対する長期的な対抗戦略（ワクチン政策、突然変異率介入等）と、公衆衛生政策への応用について議論する。

S4-3

宿主因子 APOBEC3 の多様化に伴うレトロウイルスの適応進化

○泉　泰輔[1,2]，佐藤　佳[1,2]，小柳　義夫[1]

[1] 京大　ウイルス研、[2] CREST

シチジン脱アミノ化酵素である APOBEC3 はレトロウイル複製過程の一つである逆転写過程において、ウイルス DNA に変異を導入する事でウイルスの感染性を強力に抑制する事が知られている。マウスでは *APOBEC3* はそのゲノム中に単一遺伝子として見つかるが、ヒトを含む霊長類では同一染色体上に 7つの重複遺伝子として見つかる。すなわち、APOBEC3 は哺乳類の進化の過程ででダイナミックに多様化してきたと考えられる。一方、レトロウイルスは APOBEC3 の抗ウイルス活性から逃避する機能の獲得により、その感染性を維持している。レトロウイルス科の中で、馬伝染性貧血ウイルス（EIAV）を除くレンチウイルス亜科では多様化した APOBEC3 蛋白質に特異的に対抗するために、APOBEC3 をプロテアソーム依存的に分解誘導する蛋白質として Vif が見いだされた。一方、レンチウイルスの祖先と考えられているウサギ内在性レンチウイルス（RELIK）は Vif 様蛋白質を保持していないことから、ヒト免疫不全ウイルス（HIV）を含めレンチウイルスの進化の過程で APOBEC3 の多様性も相まって、Vif を獲得してきたと考えられる。本演題では、 APOBEC3 分子群の哺乳類での多様化とそれに伴うレトロウイルスの適応進化について現在までに明らかになっている事を紹介したい。

S4-4

CRISPR による細菌の進化と生存戦略

中川一路

京大・院医

細菌の進化は、ごくわずかな変異の蓄積により数百万年という時間をかけて少しずつ進行している．このような細菌の変化は、種々の変異の集積と新規の病原性遺伝子が外来性遺伝子として取り込まれることによって起きる．近年、バクテリオファージに対する宿主側の対抗システムとして CRISPR/Cas システムの解析が進んでいるが，このシステムは、極めて強力な排除システムであり、単に侵入した外来性遺伝子を分解するだけでなく侵入した遺伝子断片を染色体内に取りこみ，次にその配列をもった核酸が侵入した場合には分解することにより排除するという、いわば細菌の免疫機構として機能することが明らかとなった．これまで CRISPR/Cas システムは、外来性遺伝子の排除機構として注目されてきたが、NGS による多株のゲノム比較が可能となってきたことから，様々な菌がどのような進化戦略を辿ってきたのかを解析することができる．本発表では，CRISPR/Cas システムが，単なる排除機能ではなく、菌に入り込む外来性遺伝子の分別やゲノムの再構成そのものの制御を行い細菌の進化そのものにも関与していることについての知見を紹介する．

S4-5

「エピジェネティックスに基づく進化」の細菌での検証

○小林一三

東大・新領域

適応進化の仕組みについての現在主流の考え方は、「多様なゲノム配列からの選択」というものである。それは，「多様な生き物の系列からの自然選択」というダーウィン進化論，「遺伝子という粒子」を仮定するメンデル遺伝学を経て，分子生物学によって核酸の塩基配列（A，T，G，C）という分子の言葉で表現され，広く受け入れられるようになった。しかし，その普遍性の証拠は無かった。

これと対照的なのは，進化の単位を，ゲノム配列でなくエピゲノム状態とする考えである。（ゲノムの複製に伴って伝達される塩基配列（ATGC）以外の情報をエピゲノム情報，その伝達と形質への影響の過程をエピジェネティクスと定義しよう。）

ほとんど同じゲノム配列に，多数のエピゲノム状態が対応していれば，それらからの選択によって適応進化が進むだろう。そして内外の環境変化がエピゲノムを作り替えるきっかけとなるなら、「環境に応じて生物が自分を作り替える」というラマルク進化論が思い出される。このような「エピジェネティックス駆動進化モデル」の、細菌を対象としての、検証の試みを紹介する。

S4-6

ヒトマイクロバイオームの生態と進化

服部正平[1]、○西島傑[2]

[1]早稲田大・理工、[2]東大・新領域

人体には数百兆個の細菌が生息しており、その大多数は腸内において複雑な細菌集団を形成している腸内細菌叢である。腸内細菌叢の集合ゲノムである腸内マイクロバイオームはヒトゲノムの約1000倍数の遺伝子をコードしており、病気を含む様々なヒト生理に密接に関係している。このヒト腸内マイクロバイオームの解析は近年における次世代シークエンス（NGS）技術の著しい進歩によりかなり現実的となった。
最近、私たちは106人の日本人の腸内細菌叢から NGS を用いてメタゲノムシークエンスデータを収集し、そこに約500万の遺伝子を同定した。この日本人データを中国やアメリカ等の数カ国の合計1000人以上のメタゲノムデータと比較解析を行った。その結果、これらの国間で、腸内マイクロバイオームの全体構造が大きく多様化していることが分かった。本シンポジウムでは、メタゲノム情報に基づいた腸内マイクロバイオームの生態と進化、ならびにその多様性に大きく寄与する因子についての解析結果を紹介する。

S5-1

100年のコレク ションが語るデスモスチルス（アフリカ獣類）の歯の形の意味

甲能直樹

国立科学博物館・地学研究部、筑波大院・生命環境科学

日本の中部中新統（およそ2300～1200万年前）の海成層からは，この時期の北太平洋沿岸域だけに生息した絶滅海生哺乳類のデスモスチルスがしばしば発見される．デスモスチルスとはギリシャ語で「束ねた柱」を意味し，この動物の臼歯の形が円柱を束ねたような形をしていたことに因んでいる．ところが，彼らの歯が何故そのような形に進化したのか，合理的な説明がなされないまま現在に至っている．この特異な化石を博物館が100年以上の年月をかけて集積し，多分野の研究者が肉眼による外部形態の観察，岩石カッターやX線CTを用いた内部構造の解析，酸素や炭素の安定同位体を用いた地球化学的分析，デジタル顕微鏡を用いた歯の表面の微小摩耗痕の検索など多面な研究の素材として共有した結果，近年になってデスモスチルスは餌を噛むことなく堅く閉じた口先から丸のみにして食べていたらしいことが明らかとなってきた．また，デスモスチルスの特異な歯の形は，顎を頑丈に支えるための「ものを食べるためではない歯」の形の必然だったことが推察された．そして，これらの研究が博物館を担う研究者と技術者の総力に支えられてきたことも，敢えて特筆しておきたい．

S5-2

進化史学における博物館の役割：標本に基づく研究の新しい展開

○佐々木猛智

東京大学総合研究博物館

進化学の主要な目的のひとつは生物の進化の歴史を明らかにすることである。歴史は直接観察することができず、従って、地層やゲノムの中に残された痕跡的な情報から過去を推定する。この目的を達成するためには2つのアプローチがある。(1)現在生き残っている生物を調べることにより、生物が辿ってきた進化の道筋を推定する。(2)化石から過去の時間変化を追跡する。ここで難しいのは(1)と(2)を融合させることである。特に日本では現生生物学と古生物学の間にしばしばギャップが存在する。しかし、博物館は現生種を研究する傍らで化石標本を比較することができる好適な環境にある。近年は標本の形状の3次元データ化、DNA の大規模シーケンス等により、膨大なデジタル情報が標本から生まれつつあり、進化の証拠を発見し統合するシステムとして博物館が機能するものと期待される。そして、研究成果の検証可能性を保証するためには証拠標本の蓄積が重要であり、博物館はその機能をさらに強化する必要がある。

S5-3

魚類標本は語り、そして異分野をつなぐ

○篠原現人

国立科学博物館動物研究部

生物多様性を直接的に扱う体系学は、分類学、系統学、生物地理学そして機能形態学を包括する学問分野で、進化学とも関係が深い。そして標本が重要であるという特色をもつ。特に魚類体系学は、水産学、保全生物学などの他分野にも大きな影響を与えている。現生の魚類は地球上のほとんどの水域に生息し、約3万種と推定されているが、現在においてさえ毎年300種を超える新種が発見されている。魚類をとりまく物理環境も多様であり、水中での適応進化を考える上でも興味深い。また食性に関してもプランクトン食、植物食、肉食等多岐に渡り、摂食器官の形態的な多様性も著しい。魚類液浸標本はこのような適応や多様性を知る上でも欠くことのできない貴重な資料である。その一方で魚類液浸標本は生物学の範疇を超えて、異分野連携を支える存在になりつつある。国立科学博物館では「生物から学ぶ」、「生物をまねた有用材料の開発」等を合言葉に、国内の工学系研究者と一緒に生物規範工学（バイオミメティクス）という分野で共同研究を始めている。現在進めている研究とあわせて、工学から吸収しようとしていることについても紹介する。

S5-4

博物館試料と古代DNA解析

○長谷川政美

復旦大学生命科学学院

次世代シークエンサーを用いた古代DNA解析技術の近年の進歩には目覚ましいものがある。70万年前のウマの化石からのDNA解析がこれまでの一番古い記録とされているが、本講演では、この分野の最近の研究をレヴューする。また、われわれのグループが行っているマダガスカルの絶滅した巨鳥エピオルニス（象鳥）のDNA解析についても紹介する。6600万年前に絶滅した恐竜（非鳥恐竜）のDNAは残っていないとされているが、恐竜の骨格化石を用いてコラーゲンなどの蛋白質のアミノ酸配列が解析できる可能性が示唆されている。古代DNAや古代蛋白質の解析がどのくらいまで地質学的時間をさかのぼることができるかについて考察する。

S6-1

食虫植物はどのように進化しえたか

○長谷部光泰[1]

[1]基礎生物学研究所

食虫植物の捕虫葉は通常の植物が持つ平面葉と大きく形態が異なっており、どのように複合的な発生過程を変化させたのかが謎である。また、捕虫葉は非食虫植物の平面葉と較べ光合成効率が悪いことから、消化と吸収ができない段階で葉形態が変化すると適応度が低くなり進化できない点も謎である。捕虫葉のような複合的な形質はどのように進化しうるのだろうか。前者については、少数遺伝子の変化で大きな形態変化を引き起こすことが可能である、すなわち、特定の組織で細胞分裂方向を変えるだけで大きな形態変化を引き起こしうることがわかった（Fukushima et al. 2015 Nat. Commun. 6: 6450）。また、後者についても、フクロユキノシタのゲノム解読を通した消化酵素の起源に関する研究から概要がわかってきたので発表する。

S6-2

カメの甲はどうやって出来たか

倉谷　滋

理化学研究所　倉谷形態進化研究室

カメ類の甲は進化的新規形態（evolutionary novelty）の一つとして知られる。とりわけ背甲（carapace）は脊柱と肋骨の変化したものであることが分かっている。発生中、他の羊膜類とは異なり、カメの肋骨は外側体壁に入り込むことがなく、側方へ伸長すると同時に外側体壁は内側へ折れ込みその際肩帯を胸郭の中に取り込む。この過程を可能にしているのが、新しい「折れ線」の獲得であり、これまでスッポン *Pelodiscus sinensis* の研究を通じ、「甲稜（carapacial ridge = CR）」と呼ばれるカメ胚独特のこの折れ線に、他の羊膜類にはない遺伝子発現が見られることが分かっていた。今回、ゲノムプロジェクトの完了と、新たなトランスクリプトーム解析の結果として、カメ胚の体幹部が他の羊膜類と異なる遺伝子発現の様相を持つことが分かった。CR 特異的に発現する幾つかの遺伝子は、Wnt シグナリング経路関連遺伝子のセットを含み、カメ独特の形態形成運動にこのシグナル経路が関わることが示唆された。

S6-3

カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化

○嶋田透[1]、木内隆史[1]、王華兵[1,4]、山野峻[1]、平松佑介[1]、川本宗孝[1]、勝間進[1]、門田幸二[1]、藤井告[2]、鈴木穣[3]、菅野純夫[3]

[1]東大・院農、[2]九大・院農、[3]東大・院新領域、[4]現浙江大

カイコはクワの葉のみを摂食する。カイコに近縁のウスバクワコなどは同様にクワ食だが、カイコガ科でも少し遠縁のイチジクカサンなどはイチジク属の植物を寄主としている。私たちは、カイコ近縁種における食性の進化をゲノム科学的手法で解明しようとしている。カイコにはクワ以外の餌でも摂食する「広食性」の変異体が複数存在する。そのうち、*Bt* および *spli* の原因が転写因子 Bmacj6をコードする遺伝子であることを突き止めた。変異体の RNA-seq 解析の結果、嗅覚受容体遺伝子の発現低下などが判明し、それが形質の原因であることが示唆された。一方、クワの葉は DNJ などの糖類似アルカロイドを多量に含んでおり、それらが消化酵素を阻害することで多くの昆虫に毒性を示す。なぜカイコがそれらの毒性を回避できるのかを知るために、クワ食の種と非クワ食の種の幼虫中腸を RNA-seq で比較した。その結果、カイコなどクワ食の種では複数のスクラーゼ遺伝子の mRNA が非クワ食の種よりも多かった。さらに、カイコのスクラーゼは、非クワ食の種よりも糖類似アルカロイドへの抵抗性が強かった。以上より、化学感覚の変化と消化酵素遺伝子の適応進化によってクワへ適応してきたことが推察される。

S6-4

昆虫—微生物共生の分子機構およびゲノム基盤の解明

深津武馬

産総研

生物の体色や紋様は一般に重要かつ多彩な生物機能を有する。種内および種間の個体間認識に影響し，性選択や捕食—被食関係を通じて婚姻色，装飾、隠蔽色，警告色，擬態などのさまざまな興味深い生物現象に関わる。一方、多くの動物は体内にさまざまな共生細菌を保有しており、あるものは宿主の生存に必須であり，他のものは宿主に新規生物機能を賦与する。我々はこのような生物の体色と共生の予想外の関わりを発見した。エンドウヒゲナガアブラムシのヨーロッパ集団で発見された新規共生細菌 “Candidatus Rickettsiella viridis” は、宿主アブラムシの体色を赤色から緑色に変化させる活性を示すのである。本講演では、共生細菌による体色変化に関わる色素の分析，この共生細菌のゲノム解析，共生細菌の感染にともなう宿主アブラムシの網羅的遺伝子発現解析、関連候補遺伝子の機能解析、共生細菌感染及び体色変化がアブラムシの生理や生態に与える影響の解析などにより，この現象の分子機構およびゲノム基盤を徹底的に解明し、理解しようという取り組みについて紹介する。

S6-5

根粒共生系における進化ダイナミクスモデル

○藤田浩徳[1]、青木誠志郎[2]、川口正代司[13]

[1]基生研、[2]東大院総合文化、院理、[3]総研大

マメ科植物と根粒菌の根粒共生系において、植物は栄養源を、根粒菌は窒素固定産物を与え合うことによりその共生関係が成立している。しかし植物から栄養（Benefit）を得る一方で窒素固定（Cost）をほとんど負担しない根粒菌が自然界には広く存在しており、このような「裏切り菌」の存在は共生関係を不安定化すると考えられている。しかしながら根粒共生系は進化的に維持され続けており、この問題は未だ解決されていない問題である。

そこで我々は根粒菌の窒素固定能に関する進化ダイナミクスモデルを構築しその解析を行った。モデルにおいて、この共生系の進化的振舞いは Benefit と Cost のバランスに大きく依存しており、両者の効果が拮抗する状況においては、窒素固定菌と裏切り菌との安定的共存が起こりうることが分かった。この結果は、裏切り菌の出現が直ちに共生系の崩壊につながる訳ではないことを示唆するのと同時に、自然界に広く裏切り菌が分布している事に対しての理論的な説明をも与えている。さらには裏切り菌の存在により共生関係が安定化することもあり、裏切り菌の存在は我々が思っているよりもずっと複雑である可能性が示唆された。

S6-6

ネムリユスリカのゲノム解析：極限乾燥耐性はどのように進化してきたのか

黄川田隆洋

生物研・昆虫機能

アフリカの半乾燥地帯に生息するネムリユスリカ（*Polypedilum vandeplanki*）は、8ヶ月もの長く続く乾季を、アンヒドロビオシスと呼ぶ特殊な無代謝休眠状態に変化することで、体内の水分をほぼ完全に失いながらも蘇生可能なまま乗り越える。乾燥無代謝休眠（anhydrobiosis）と呼ばれるこの不思議な生命現象の進化を理解するために、乾燥耐性をもつネムリユスリカと乾燥耐性がないヤモンユスリカ（*Polypedilum nubifer*）という同属異種のユスリカのゲノム構造を比較した。その結果、ネムリユスリカ特有の遺伝子クラスター領域を発見した。ARId（anhydrobiosis-related gene island)と命名したこの領域には、LEA タンパク質やチオレドキシンのような乾燥耐性に関連した生体成分保護・修復機能をもつ遺伝子がタンデムに多重化した状態で存在していた。乾燥による遺伝子発現パターンを二種のユスリカの間で比較した結果、ネムリユスリカに特徴的な乾燥応答性の遺伝子発現調節機構が存在する事がわかった。多重化した遺伝子が乾燥時特異的に機能することが、干からびても死なないという特殊な乾燥耐性機構を実現の一因となっている事が示唆された。また、乾燥耐性に必須な遺伝子の一つである LEA タンパク質遺伝子は、細菌からの水平伝播によってネムリユスリカが獲得した可能性が示唆された。本講演では、約2500万年前に他のユスリカから分岐したネムリユスリカが、どのようにして極限的な乾燥耐性を進化の過程で獲得してきたのかを考察したい。

S6-7

doublesex 遺伝子で探る甲虫の形態的雌雄差

○新美輝幸

基生研・進化発生

圧倒的な種数を誇る甲虫には、様々な性的二型形質が存在する。その中で、雄のみで顕著に発達する角は、古くより多くの人々を魅了してきた。角は、形・大きさ・数・形成部位などにおいて近縁種間で異なるだけでなく、全く異なる系統において何回も独立に獲得されてきた。角の獲得と多様化の進化メカニズムの分子基盤を解明するため、カブトムシ（*Trypoxylus dichotomus*）をモデルに様々な方法を駆使して角形成の分子メカニズムの解明に取り組んでいる。本シンポジウムでは、進化的に保存性の高い性的二型形質を支配する遺伝子 *doublesex*（*dsx*）に関してカブトムシを用いて行った解析結果を中心に報告する。さらに、他の甲虫における dsx の解析結果も踏まえ、角の進化における *dsx* の役割について議論したい。

S6-8

シロオビアゲハのベイツ型擬態の分子メカニズムと進化

○藤原晴彦、飯島択郎、西川英輝

東大・院新領域

ダーウィンとともに進化論を提唱したウォレスは、ナガサキアゲハでは雌だけが毒蝶に擬態すると報告した。このような雌に限定されるベイツ型擬態の詳細なメカニズムはこれまで不明だった。沖縄などに生息するシロオビアゲハも一部の雌（擬態型）のみが毒蝶ベニモンアゲハに紋様や飛翔行動を似せ、その擬態形質は1遺伝子座 H に起因することが知られている。我々はシロオビアゲハの全ゲノムを解析し、25番染色体の H 原因領域で、擬態型と非擬態型では染色体逆位が生じていることを発見した。この領域内では性分化を制御する dsx 遺伝子と他の2遺伝子が超遺伝子構造をとり、いずれも擬態型雌の翅で高く発現していた。擬態型染色体の Dsx(H)のアミノ酸配列は非擬態型染色体の Dsx(h)と十数箇所異なっており、こられの変異が擬態形質に関与している可能性が考えられた。そこで新規手法により遺伝子機能を解析したところ、dsx(H)が擬態型の紋様形成を誘導し同時に非擬態型の紋様形成を抑制すること、dsx(h)は紋様形成に関与しないことが判明した。逆位部分では相同組換えが抑制され、H 遺伝子座の超遺伝子は長期に亘り安定に維持されてきたと考えられる。

S6-9

収斂進化の分子機構：シクリッドを題材にして

○二階堂雅人[1]、岡田典弘[2]

[1]東工大・院生命、[2]国際科学振興財団

東アフリカの三大湖で収斂的に進化した「肥大化した唇」は、真皮の肥厚に起因しており、食性適応に深く関わっていると考えられている。しかし、その「肥大化した唇」の進化過程における自然選択の有無や遺伝的な基盤（原因遺伝子）は明らかにされておらず、研究者の間では興味が持たれている。私は、唇の厚さが顕著に異なるビクトリア湖産シクリッドの異種間雑種 F2系統を用いて唇の肥大化に関わる QTL 解析をおこなった。その結果、連鎖群22において LOD 値が10を超える領域が検出され、このマーカー近傍に MAGP4遺伝子群が存在することが明らかとなった。MAGP4は弾性繊維（エラスチン）の形成に関与し、MAGP4遺伝子を含むゲノム領域の欠損はスミス・マゲニス症候群（SMS）を引き起こすことが知られているが、その SMS の特徴の1つが唇の肥厚であることが記載されている。つまりエラスチン形成の不全による唇皮下組織の張力の緩みが、唇の肥大化につながったと予想している。これから、唇の肥大化と MAGP4の関連について、さらなる詳細な解析を進めていく予定であり、その内容を含めて発表する。

S7-1

多様性のパターンから進化プロセスを探る系統種間比較

○沓掛展之

総研大・葉山

種間の系統関係を考慮したうえで、形質の進化パターン・プロセスを探るアプローチは、系統種間比較(phylogenetic comparative method: PCM)と呼ばれている。様々な分類群において系統関係が推定され、高度な計算機が多くの研究者に利用可能な現在、PCM が果たす役割はますます大きくなってきている。本講演では、PCM の開始点である Felsenstein (1985, Am Nat)からこれまでの発展を概観し、現時点での到達点と未解決の問題を解説したい。

S7-2

血縁選択と群集および種多様性

辻　和希

琉球大・農

私は近年、生物階層間に働く相互作用の実態を明らかにしたいと考え研究を進めている。行動生態学・進化生態学は集団遺伝学に理論的な基盤を置き、そこでは集団（個体群）内で働く力学に注目した研究が主になされてきた。その裏には進化の主な駆動力は個体選択・遺伝子選択であるところの集団内の力学であり、それに対して集団より上の階層で働く力学（たとえば種間競争などの生態学的なプロセス）の形質進化に与える重要性は低いとする G. C. Williams 以来の考えがある。しかし、近年、進化と生態のダイナミクスは同じ時間スケールで働き相互作用し得るという「迅速な進化」「進化生態フィードバック」という考えが台頭し、これまでの常識を再考する動きがある。このある意味、進化生態学がやっと「生態学化」しようとする動きの中で、私は行動生態学の中心トピックのひとつだった血縁選択が働くことで、上位階層である群集の種多様性が上昇し得るという仮説（Tsuji 2013 Biol. Lett. 9 (6) 20130491）を提出している。この考えの背景となる先行研究や状況証拠について概観する。

S7-3

外来種の進化に注目して、生態学的なプロセスとマクロ進化のパターンをつなぐ

○深野祐也[1]

[1]農工大・学振 PD

原産地とは異なる環境で過ごしている外来生物では、時として、短い期間で進化的変化を生じさせることがある。そのため、外来生物に注目することで、重要な進化現象の原因やそのプロセスを、野外で直接検証できる。

植食性昆虫は食草転換を通じて膨大な多様性を獲得したと考えられており、特に分布域の変遷に伴う移動分散が食草転換を引き起こし、多様化を促してきたというマクロな進化パターンが古くから提唱されてきた。しかし、移動分散という生態的なプロセスと食草転換という進化的なプロセスの関連を直接検証するのは難しかった。われわれは、ブタクサ・オオブタクサ・ブタクサハムシの3種に注目し、どのように、食草と植食性昆虫の分布域の変遷が食草と植食性昆虫の双方の進化を促し食草転換が達成されるのか、ということを上記3種の原産・侵入地集団を用いて検証した。また、食草転換においては、植食性昆虫の行動（選好性）・生理（代謝能力）・形態形質など複数の形質セットが進化すると予測される。本発表では、20年前に侵入し新たな食草を獲得したブタクサハムシが、どのように形質セットを急速に変化させているのかも紹介したい。

S7-4

表現型可塑性の生態系機能～エゾサンショウウオ幼生の大顎化の意味を探る～

○岸田治

北大・北方圏 FSC

動物個体は餌条件や捕食者条件に応じて、成長や生存確率を高めるべく可塑的に形質を変える。これらの可塑的応答がいかなる文脈のもとで生じ、どのような効果をもつのかを知ることは、表現型可塑性の進化・維持機構の理解だけでなく、生物間相互作用や群集組成の時間的・空間的な異質性の創出機構と生態学的帰結の理解につながる。本講演では、演者らが進めてきたエゾサンショウウオ幼生の表現型可塑性に焦点を当てた生態学的研究を紹介する。エゾサンショウウオ幼生は孵化後まもなく同種の幼生やカエル幼生を捕食すると急激に成長する。そのような個体は、体全体が大きくなるだけでなく顎幅の相対成長が通常の個体よりも著しく大きくなる。大顎化したサンショウウオ幼生はその後、両生類幼生を貪欲に捕食しながら劇的に成長することから、大顎個体の出現が2種の両生類の個体数変化や生活史、被食者となるカエル幼生の防御応答の発現、さらには池生態系の生物群集の組成や栄養動態などといった多様な事象に強く関与する。一連の結果は、サンショウウオ幼生の大顎化を誘発する発生初期の生態学的な文脈によって池生態系の運命が決まることを示唆する。

S7-5

寄生者－宿主関係の多様性からせまる群集動態の一般理解

佐藤拓哉

神戸大・理

寄生生物は自然界に普遍的に存在し、食物網内を流れるエネルギー流やその複雑さを改変する可能性が指摘されている。しかしながら、野外の生態系において寄生者の役割を実証した例はほとんどなく、寄生者を取り入れた群集理論は十分には構築されていない。成熟したハリガネムシ類（類線形虫類）に寄生・行動操作されたカマドウマ・キリギリス類は、山地河川に大量に飛び込み、河川の高次捕食者であるサケ科魚類の餌資源となっている（以下、寄生者介在型エネルギー流）。寄生者介在型エネルギー流は、河川の栄養カスケードを改変し、生態系の機能を改変しうる。寄生者介在型エネルギー流の季節性を広範囲の地域で調べたところ、本州・九州と北海道の間で大きく異なるパターンが見られた。すなわち、両地域ではハリガネムシ類の優占種が大きく異なり、本州・九州ではカマドウマ類・キリギリス類が8－10月に河川へ誘導されているのに対して、北海道ではゴミムシ類・シデムシ類が6－7月に河川へと誘導されていることが明らかになった。寄生者－宿主関係の多様化と生物群集の動態の関係の理解について、進化学と生態学の視点を融合した研究展開の可能性について議論を深めたい。

S7-6

フロンティアを失った世代の逆襲： 微生物の超多様性に生命進化の本質を見いだす

○東樹宏和

京大・人環

進化生態学が大きな発展を遂げた1970~1980年代の香りがまだ残る時代に多感な学生時代を過ごした者にとって、進化生態学の現状は多面的である。自然選択圧の推定、分子系統樹、系統地理学、分子遺伝学等、データをもとにして定量的に進化史の考察が行えるようになり、私たちの知識は飛躍的にひろがった。その一方で、「変異・選択・遺伝」という進化機構の中枢部は揺らぐことなく、非生物の工学的改良（リボザイムの進化や遺伝アルゴリズムによるプログラム進化）において必要最小限の進化機構が何度も確認された。どこまでいっても釈迦の手ならぬダーウィンの手の内にあるかのような目眩を感じつつ、気がつけば集団遺伝学的に洗練された記載的研究分野へと潮が向かっているしかし、超「種」多様な微生物群集を真剣に覗こうとした途端に、マクロ生物の進化生態学がもたらす秩序感は損なわれ、生命進化の何も理解した気になれない感覚に苛まれる。本発表では、この心地よいまでの圧倒的な無力感の一端を紹介する。その上で、動物や植物で頻繁に持ち出される生殖隔離やニッチ分化といった進化機構の修飾的説明について、それが本当に生命多様化を本質的に理解する上での鍵となり得るのかどうか、問いかけたい

S8-1

塩基切り出し型制限酵素という驚き

○Masaki Fukuyo[1,2,3,]†, Toshiaki Nakano[4,]†, Kenji K. Kojima[1], Yingbiao Zhang[1], Yoshikazu Furuta[1], Ken Ishikawa[1], Miki Watanabe-Matsui[1], Hirokazu Yano[1], Takeshi Hamakawa[4], Hiroshi Ide[4] and Ichizo Kobayashi[1]

[1]University of Tokyo; [2]The Graduate University for Advanced Studies (SOKENDAI); [3]Chiba University; [4]Hiroshima University († equal contribution)

制限酵素は、細菌のある株で増殖したファージが、別のある株で増殖を制限されるという現象から発見された。一般に、制限酵素はDNAのリン酸ジエステル結合を加水分解することによってDNAを切断する。特に、II 型の制限酵素は特定の塩基配列を認識し、そこに同じ塩基配列を認識する修飾酵素による塩基のメチル化修飾が無い限り、その認識配列あるいは、その周辺で DNA を切断するという特性から遺伝子研究に利用されている。

私達は、制限修飾系が「動く遺伝子」であるという発見に基づき、新規の基本立体構造（フォールド）である half pipe 構造を有するPabI 制限酵素(R.PabI)スーパーファミリーを発見した(Ishikawa et al. 2005 NAR; Miyazono, Watanabe et al. 2007 NAR)。さらに、R.PabI とDNA との共結晶による立体構造解析から、R.PabI が、認識配列中の塩基を切り出す DNA グリコシラーゼ活性を持つことを発見した(Miyazono et al. 2014 Nature Communications)。

今回私達は、この塩基切り出しが、切り出されるべき塩基のメチル化によって阻害されることを証明した。さらに、プラスミド DNA にこの制限酵素を反応させると、DNA 鎖切断を伴わなくても、そのトランスフォーメーション活性が損なわれることを示した。これらは、この塩基切り出し活性が、制限作用の本体であることを示す。さらに、私達は、この酵素が、塩基切り出しの結果として作られる脱塩基サイトに作用して DNA 鎖切断を起こす「AP リアーゼ活性」をも持つことを証明した (Fukuyo, Nakano et al. 2015 NAR)。

また、PabI ファミリーについて分子進化系統解析を行った結果、他のII型制限修飾系と同様に利己的な動く遺伝子として振舞うこと、ピロリ菌での分布が人類の移動と対応することが分かった。

この発見は制限修飾系の概念を変えるものであり、今後、制限酵素は既知の「制限フォスフォジエステラーゼ」と、今回新たに発見された「制限グリコシラーゼ」の、2つのクラスに分類されることになる。塩基切り出しの果たす、DNA の破壊と修復という二つの役割の関係について、考察する。

S8-2

生殖細胞における DNA 損傷と突然変異

能美健彦

国立医薬品食品衛生研究所

ヒトのゲノムは、内因性、外因性の遺伝毒性物質により恒常的に損傷を受けており、損傷したゲノムを鋳型にした DNA 複製は、必然的に一定頻度の突然変異や染色体異常を誘発する。化学物質の遺伝毒性を検討するため、我々は個体で突然変異を検出するgpt deltaトランスジェニックマウスとラットを開発した。精巣の自然突然変異頻度は肝臓よりも低く、生殖細胞は内因性の変異原（例えば活性酸素種）に対して体細胞よりも、より良く防御されていることが示唆された。実際、加齢に伴い肝臓の自然突然変異頻度は上昇するが、精巣の自然突然変異頻度は上昇しない。しかし、ディーゼル排ガスは、肝臓に対しては変異原性を示さないが、精巣に対しては突然変異（G:C→T:A、1塩基欠失）を誘発する。フライドポテトなどに含まれるアクリルアミドは、幼弱ラットの精巣に突然変異を誘発するが、成獣のラットには突然変異を誘発しない。これらの結果は、ヒトの生殖細胞に対して変異原性を示す環境化学物質が存在する可能性を示唆している。生殖細胞を含む多臓器に対する化学物質の遺伝毒性試験ガイドラインの最新案を紹介する。

S8-3

活性酸素による DNA 損傷が引起こすさまざまな生命現象：突然変異から神経変性まで

○中別府雄作[1]，岡素雅子[1]，盛子敬[1]，大野みずき[2]，土本大介[1]，作見邦彦[1]

[1]九大・生医研・脳機能制御、[2]九大・院・医

生物にとって、その遺伝情報を担うゲノム DNA を細胞から細胞へ、親から子へと正確に伝え維持することは最も基本的な生物学的機能であるが、ゲノム情報はその複製過程で生じる突然変異により変化する可能性がある。突然変異、すなわちゲノムの可変性は、生物にとって2つの大きな意義を持っている。ゲノムの変化は生物種の多様性には不可欠であり、突然変異は生物進化の原動力となる。一方で、ゲノムの変化は個体の存続や子孫の維持の破綻の原因ともなる。ゲノム DNA やその前駆体であるヌクレオチドは、酸素呼吸の過程で必然的に発生する活性酸素や生体防御のために生体が能動的に産生する活性酸素によって酸化される危険に常に曝されている。活性酸素に曝されたDNA やヌクレオチドは様々な酸化的化学修飾を受けるが、このような酸化損傷は修復・除去されないと突然変異を引き起こすことで先天性異常やがん化の原因となり、あるいは細胞死を引き起こすことで多くの変性疾患の原因となることが明らかになってきた。本シンポジウムでは、活性酸素による核酸の酸化に起因する「突然変異」と「細胞死」の生物学的帰着について、我々のこれまでの研究成果を紹介する。

S8-4

がん遺伝子の創生と進化

○三谷　啓志

東大・院新領域

皮膚がんの発症には、太陽光紫外線等の環境因子が大きく関与するが、遺伝的要因も大きく寄与することが知られている。古くから、熱帯魚である Xiphophorus 属のプラティフィッシュには、遺伝子重複により生じたリガンド非依存性活性型変異をもつ EGFR (Epidermal growth factor receptor) 遺伝子 Xmrk (Xiphophorus Melanoma Receptor Kinase)が存在する。通常、プラティフィッシュでは、黒色腫が生じないが、他地域集団や Xiphophorus 属内の他種と交配を行うと、体色の多様化が見られ、組み合わせによっては、高頻度で良性から悪性度の高いメラノーマが誘導される。ヒトでも活性化 EGFR は多くのがんの進行を助け、がん治療の重要な標的でもあり、Xiphophorus 属は、遺伝的メラノーマ形成モデルとして古くから研究されてきた。本発表では、この遺伝子が Xiphophorus 属に保存されたことの意義についての最近の議論を紹介し、Xmrk 導入メダカを用いた色素細胞腫形成における p53の機能的関与についての我々の知見を発表する。

S8-5

次世代シークエンサーを用いた変異プロモーターの網羅的解析

○入江拓磨[1]、鈴木穣[1]

[1]東大・新領域

プロモーターは転写開始の制御に関わる遺伝子上流の領域である．プロモーター領域における突然変異は，遺伝子の発現量に影響を与え，その結果として，疾患の原因となる可能性が考えられる．例えば TERT 遺伝子プロモーターにおける突然変異とがんの関連が報告されており，プロモーター領域における配列の変化とその活性への影響の関係を明らかにすることは重要であるといえる．我々はこれまで次世代シークエンサーを用いてプロモーター活性を大規模に測定する実験系の構築を行った．エラープローン PCR によって約2%のランダムな突然変異を起こしたヒトプロモーターを材料に，HiSeq2500を用いて突然変異箇所の同定及び活性の測定を行った．本手法により，数万種類の変異プロモーターのレポーターアッセイが可能であった．プロモーター上の変異と活性の相関を解析したところ，プロモーター活性に大きく関わる塩基が特定でき，ここから転写因子結合配列の抽出や任意の活性を持つプロモーター配列のデザインが可能になると期待される．本手法により，一塩基単位の解像度でプロモーターと活性の関係についての詳細な情報の取得が可能になったと考えている．

S8-6

がんゲノム進化

○柴田　龍弘

東大・医科研　ゲノム医科学分野

Clonal evolution is the general feature of cancer to explain how cancer cells are generated in a step-wise manner (a.k.a. multi-step carcinogenesis). This concept was originally proposed by the pathological observation of precancerous lesions, early and advanced cancer, but a simple selective sweep model cannot fully explain cancer evolution and would be replaced by more complex ones (e.g. a big bang model or branched evolution model). Recent multi-regional or single cell sequencings have prompted us to regard each tumor not as a simple collection of clonal cells but as a mixture of genetically distinctive sub-populations. By these intrinsic complexities cancer cells can adapt to harsh environmental changes including anti-cancer drugs, which is an inevitable source of therapeutic resistance and should be conquered for better cancer treatment. In this presentation, next-generation sequencing analysis of multi-regional liver cancer tissues will be demonstrated to uncover cancer genome evolution.

S8-7

エピジェネティクスとがん進化

金田篤志

千葉大・院医

がんはジェネティック異常とエピジェネティック異常が蓄積して発生する。増殖するがん細胞も選択により残った進化であり、そこに蓄積しているゲノム模様・エピゲノム模様も選択された進化の表現形と言えるが、エピゲノム模様には癌を大きく層別化する独特の蓄積模様が存在する。例えば大腸癌は蓄積した DNA メチル化模様により高・中・低メチル化の3群に大別化されるが、高メチル化の標的はミスマッチ修復遺伝子 MLH1を含み、マイクロサテライト不安定性や高頻度な遺伝子変異を獲得して発癌する。胃癌も、ピロリ菌による慢性胃炎で蓄積した異常メチル化など、3～4群のメチル化形質に層別化される。最も高メチル化を示すサブタイプは全例が EB ウィルス陽性胃癌であり、この高メチル化形質は胃細胞への EB ウィルス in vitro 感染により誘導できる。誘導される異常メチル化の標的遺伝子は、多くの癌抑制遺伝子を含めてゲノム広範囲に渡るが非常に再現性が高い。癌の原因となる環境因子が誘導するエピゲノム異常が、一部はドライバーとして選択に寄与し、他はパッセンジャーとして高い再現性で引き継がれ、独特のエピゲノム模様となってがん細胞で提示されている。

W1-1

Evolution of modern humans after "Out of Africa" viewed from hard evidence

Osamu Kondo

Dept. Biological Sciences, Univ of Tokyo

The sequencing of Neanderthal and Denisovan genomes evidenced that these archaic fossil members genetically contributed at least in part to the origins or formation of modern humans after their "Out of Africa." In contrast to the well-documented dispersals of modern humans into Europe and West Asia, those into eastern Eurasia have remained far from an understanding. This is mainly due to the lack of hard evidence such as archaeological and paleoanthropological records with firm chronological contexts. Recent efforts to excavate new data as well as technical developments for chronological dating enable us to make inferences by gathering and scrutinizing such kind of information. Several lines of inferences, including a more complex population history, possible admixture with local archaic hominins, and variable patterns of modern human behavioral expressions, are reviewed on a few regional units such as South/East Asia, Sahul and Australia, Siberia and Mongolia.

W1-2

Genetic basis of human phenotypic diversity

Ryosuke Kimura

Univ. Ryukyus

We have innate differences between individuals in physical and physiological characteristics. Biological characteristics are also diversified between populations. To understand how the global patterns of biological diversity in humans have generated, it is indispensable to reveal 1) how humans dispersed all over the world, 2) how humans genetically adapted to their environment, and 3) how phenotypes are associated with genotypes. Especially, our research team is working to better understand genetic and phenotypic characteristics of Japanese with special focus on Ryukyu people. We are also tackling studies to identify genetic factors associated with the variation in human visible traits including craniofacial morphology. The final goal of our project is to clarify why and how people acquired their characteristics through their population history. Recent advances in genome technologies and establishments of dense catalogs of the genomic variation have dramatically changed research strategies, enabling us to perform genome-wide association studies (GWAS) and population genomics studies. In this workshop, I will introduce our efforts to understand human phenotypic diversity.

W1-3

High precession whole genome sequences of 1,070 Japanese individuals

○Yosuke Kawai[1], Naoki Nariai[1], Kaname Kojima[1], Yumi Yamaguchi-Kabata[1], Yukuto Sato[1], Takahiro Mimoro[1], Masao Nagasaki[1]

[1]Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University

Tohoku Medical Megabank Organization (ToMMo) has conducted the whole genome sequencing of 1,070 participants of the prospective genome cohort study in Miyagi Prefecture. We discovered 12 million novel single nucleotide variants (SNVs) out of 21.2 millions SNVs detected in this study. In addition, 3.4 millions of insertions and deletions and 25 thousands of genic copy number variations were identified. Population genetic analysis of these variants data provide insights into demographic history of Japanese individuals as well as the impact of weak deleterious selection acting on noncoding segments of human genome.

W1-4

縄文人核ゲノム分析から見た日本列島人の成立史

○神澤秀明[1]、Kirill Kryukov[2]、Timothy A. Jinam[3,4]、細道一善[5]、佐宗亜衣子[6,7]、諏訪元[7]、植田信太郎[6]、米田穣[7]、田嶋敦[5]、井ノ上逸朗[8,4]、篠田謙一[1]、斎藤成也[3,4]

[1]科博・人類、[2]東海大・医、[3]遺伝研・集団、[4]総研大・遺伝、[5]金沢大・医、[6]東大・理、[7]東大・博、[8]遺伝研・人遺

縄文人は1万数千年前から2千5百年ほど前まで日本列島に居住した狩猟採集民である。縄文人は現代日本人の基層集団とこれまで考えられているが、その起源や現代東ユーラシア人との遺伝関係についての詳細は不明である。発表者らはこれまで次世代シーケンサーを用いて縄文人のミトコンドリアゲノムおよび核ゲノムの分析し、現代東ユーラシア人のゲノムとの比較から、両者の遺伝関係を分析してきた。これまでの縄文人ゲノム部分配列に基づいた分析の結果、縄文人は東ユーラシア人と最も遺伝的に近縁である一方、系統的には他の東ユーラシア人集団とかなり古い段階で分岐していることが示された。また、縄文人の DNA は現在の日本列島人に受け継がれていることも明らかとなり、その程度は特にアイヌで高いことが示された。本発表ではこれらの結果を踏まえて、ホモ・サピエンスがどのようにして東ユーラシアに拡散し、どのような遺伝的変遷をたどってきたのかを考察する。

W1-5

Tracing human migrations in Southeast Asia using genome-wide Single Nucleotide Polymorphisms

○Timothy Jinam, Naruya Saitou

Divison of Population Genetics, National Institute of Genetics

Anatomically modern humans has been present in the Southeast Asian region (SEA) since at least 40,000 years ago (YBP). Archaeological evidence has suggested that the earliest settlers of the region migrated out of Africa via a southern coastal route. The majority of current SEA populations are thought to have originated from an Out-of-Taiwan expansion approximately 5,000 YBP based on linguistic and archaeological data. Genetic data has been used to support these two migration events. Here we utilized both mitochondrial and autosomal SNP markers to infer demographic events that may have occurred within the long time period between these two migrations and to elucidate the evolutionary forces that has shaped the genetic diversity of current human populations in SEA.

W2-1

ワニゲノム解読から明らかになった内在性レトロウイルスの多様性

小島健司[1,2,3]

[1]東大・院新領域、[2]東大・医科研、[3]GIRI

過去のウイルスの姿を知ることは難しい。レトロウイルスはゲノムへの組み込みを生活環に含み、過去のウイルスの姿が分子化石として見られる特異なグループである。実際レトロウイルスの多様性情報は感染性ウイルスではなく、ゲノムに挿入された内在性レトロウイルス(ERV)から得られている。レトロウイルスは現在7属に分類されており、デルタレトロウイルスを除く属では内在性レトロウイルスが報告されている。一方で内在性レトロウイルスの多くは、ERV1、ERV2、ERV3に分類され、ERV3に近縁な感染性レトロウイルスは知られていない。最近解読された3種のワニゲノムからは、新規の内在性レトロウイルスのグループ、ERV4が発見された。ERV4は構造上 ERV3とよく似ているが、逆転写酵素の系統上独立したグループを構成する。ERV4に近縁な感染性レトロウイルスは見つかっていないが、エンベロープタンパク質をコードすることから、感染性ウイルスがたびたびワニに感染し内在化したことが示唆された。ERV4の2つの系統では、宿主の遺伝子を取り込んだ例が観察された。これらの発見を踏まえてレトロウイルスの進化と脊椎動物の進化の関係について考察したい。

W2-2

ネコの旅路を内在性レトロウイルスから探る

下出紗弓

京大・ウイルス研

内在性レトロウイルス(ERV)は過去に生殖細胞に感染したレトロウイルスの痕跡であり、哺乳類ゲノムの約10%を占めている。我々はネコの ERV の一つである RD-114ウイルス関連配列(RD-114 related sequences, RDRS)がすべてのイエネコの C2染色体に保持されていることを明らかにした(Shimode *et al.*, Sci Rep., 2015)。さらに一部のイエネコはC2染色体以外にも RDRS を保有しており、その保有の有無には品種・生息地域による傾向がみられた。イエネコは約1万年前に中東で人間と暮らすようになり、その後世界各地へと移動したとされる(Driscoll *et al.*, Science, 2007)。完全に家畜化されることなく自由に行動してきたネコたちの旅路には文献に残っていない部分も多くその詳細は明らかにされていない。本研究により RDRS を指標として遺伝学的にイエネコの移動の歴史を明らかにできることがわかった。

W2-3

内在性ウイルス由来の配列のゲノム進化解析

○上田真保子[1]、中川草[1,2]

[1]東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター、[2]東海大学 医学部 基礎医学系

ウイルスが生殖細胞に感染することにより、宿主のゲノムにウイルスの塩基配列が内在化して子孫に伝播することがある。そのような配列 EVE(Endogenous Viral Elements)は、哺乳類の各生物のゲノム配列のおよそ10%前後を占める。近年 EVE の一部が胎盤の発生、ウイルス感染の抵抗／促進、細胞の分化など、宿主内で様々な機能を持つことが明らかになってきた。この EVE は、宿主で機能をもつ場合でも進化的に保存されていないことが多い。我々は EVE のダイナミックな進化を網羅的に解析するため、19種の哺乳類の全ゲノム配列から80アミノ酸以上をコードする EVE を同定し、データベースとして公開した。我々は gEVE データベースを活用した EVE 配列の比較ゲノム解析を行っている。特に、1) EVE がどのようなウイルスに起源を持つ配列であり、その種類に系統間でどのような違いがあるのか、2) 一部の系統で発見されている胎盤形成に関与する EVE 遺伝子が各系統でどのように進化しているのかなどの結果を本ワークショップで報告する。

W2-4

ボルナウイルス由来エレメントの機能獲得メカニズム

○小林由紀[1]

[1]日大・生物資源

内在性のレトロウイルス由来の遺伝子は、哺乳動物の胎盤形成など宿主の進化に影響を与えてきた。近年の大規模配列の解析によって、真核生物のゲノムにはレトロウイルス以外のウイルス由来の遺伝子も数多く存在することが明らかになり、これらのウイルス由来の遺伝子が宿主の進化に与えて来た影響について注目されている。ボルナウイルスは非分節型の RNA ウイルスで、広範囲の動物ゲノムで内在化が確認されている。発表者の研究グループはその中で、アフリカ獣上目ゲノムに内在化したボルナウイルス核蛋白質(N)由来エレメント(EBLN)に注目をした研究を行っている。アフリカ獣上目ゲノムにはおよそ8千万年前に内在化したEBLNが長いORF を保持した状態で現在も存在しており、この EBLN からは負の自然選択が検出される。そこで、ゾウに内在化したEBLN(laEBLN)を調べたところ、laEBLN は splice variants としてゾウの複数の細胞・組織で発現しており、その発現には宿主プロモーターと転写開始サイトの獲得が重要な役割を果たしていることが明らかになった。

W2-5

動物レンチウイルスからみるウイルスと宿主の共進化

○吉川　禄助[1]、泉　泰輔[1]、山田　英里[1]、中野　雄介[1]、任　鳳蓉[2]、宮沢　孝幸[1]、佐藤　佳[1]、小柳　義夫[1]

[1]京大・ウイルス研、[2]東京医科歯科大

多くのレンチウイルス(LV)は、宿主の抗ウイルス因子を無効化あるいは破壊する蛋白質をその進化過程で獲得してきた。ヒト免疫不全ウイルス(HIV)の起源となったサル免疫不全ウイルス(SIV)は、種々の旧世界サル種に見出されており、それぞれのサル種ごとに独自の SIV として進化している。特に LV の Vif 蛋白質は強力な宿主抗ウイルス因子である APOBEC3(A3)の分解を惹起する分子であり、それぞれの Vif とその宿主の A3には遺伝的ならびに機能的相違性が見出されている。すなわち、各サル“種間”でウイルスと宿主の進化的軍拡競争が生じたと推測されている。一方、霊長類以外にも LV は見いだされており、Vif と A3間には進化的軍拡競争が起きてきたと考えられる。本研究では、イエネコの LV であるネコ免疫不全ウイルス(FIV)の Vif とその自然宿主の A3の関係性を明らかにするために、A3の分子系統学的解析及び細胞生物学的実験を行い、“種内”(種間ではなく)においてA3の機能的な遺伝子多型が存在することがわかった。そして、ある遺伝子多型はFIV(様) Vifによって数万年以内に生じたと推測される。

W2-6

エボラ、インフルエンザ等の人獣共通感染症ウイルスゲノムの方向性のある配列変化とその治療・診断薬デザインにおける意味

和田佳子[1,2]、岩崎裕貴[1]、磯田大典[3]、金谷重彦[2]、和田健之介[1,]　○池村淑道[1]

[1]長浜バイオ大・バイオサイエンス、[2]奈良先端大・情報、[3]日本ヒューレットパッカード

エボラやインフルエンザやマーズ類の人獣共通感染症は、我々の生活に多大な影響を与えている。人獣共通感染症には自然宿主が存在し、そこでは顕著な症状が出ない例が多く、対応するウイルス等を地球上から撲滅することは不可能と考えられる。治療法の一つとして期待されている核酸医薬や診断用の RT-PCR 等においてはオリゴヌクレオチドが重要となるが、RNA をゲノムに持つウイルスでは分子進化速度が極端に高いが故に、オリゴヌクレオチド配列のデザインに十分な注意が必要となる。エボラとインフルエンザウイルスの全ゲノム配列を解析したところ、一群のオリゴヌクレオチド類について、時系列的に方向性のある変化を見出した。治療や診断薬のデザインにおいて基盤情報を与えている。副作用の少ない核酸医薬のデザインにおいては、例えば20連塩基のオリゴヌクレオチドについても、構成する全ての10連やそれより短い7連等の要素オリゴヌクレオチドがヒト RNA ではほとんど使われていないことが重要である。大量のヒト RNA 全体やウイルス株全体の RNA 類についてオリゴヌクレオチド頻度を解析する必要があり、大量で高次元なビックデータ解析となっている。

W3-1

日本先史時代の文化進化

○中尾央[1]

[1]山大・国総

本ワークショップは，日本の考古学的データ・歴史的変遷を対象とし，どのようにして，あるいはどのような文化進化的研究が可能であるかを考察する．本発表はその導入として，まずは文化進化研究の現状を簡単に概観する，その後，本発表では日本における文化進化プロセスの一つとして，縄文時代から弥生時代に至る初期農耕文化拡散をめぐる議論・仮説を紹介し，その打開策を考察する．より具体的には，この拡散過程に伴って見られる特徴的な土器（遠賀川式土器）の起源・変遷過程をめぐる諸仮説を検討し，いかにしてこれらの仮説を定量的に評価していくのか，その方法を提示する．

W3-2

考古遺物への幾何学的形態測定学の応用

田村光平

University of Bristol

文化は，「非遺伝的手段を用いて伝達される情報」として捉えることができる．集団中の遺伝的構成の時間変化を進化とよぶが，これになぞらえて，集団中の文化的構成の時間変化を文化進化とよぶ．文化進化研究は，1980年代から人類学者を中心として行われてきたが，その多くは集団内の個体間の文化伝達に注目した理論研究であり，実データを用いた研究が始まったのは比較的最近のことである．近年，生物学で発展してきた手法を考古遺物に応用することで，その拡散・変化過程についての知見を得ようとする試みが始まっている．幾何学的形態測定学は，「かたち」を定量的に解析する手法であり，生物のみならず無生物にも適用可能である．本発表では，日本の遠賀川土器と古墳に対して，幾何学的形態測定学の手法を適用した研究を紹介する．幾何学的形態測定学によって，これまでの考古学の手法のどのような弱点が克服され，どのような示唆が得られたかについても議論する．

W3-3

形態測定学の進化生物学における活用：細胞から個体，人工物まで

○野下浩司

東大・農学生命科学

かたちを定量化する目的は様々である．進化生物学においては，かたちを定量化し量的形質とみなすことで集団遺伝学的・量的遺伝学的解析が可能になる．また，生物のかたちは非線形な効果をともなう発生プロセスを経てつくられるため，かたちと制御ネットワークの関連は epistasis や pleiotropy の量的遺伝学的効果を理解するための好例となることが期待される．

かたちの定量化に関する理論は数多く提唱されてきたが，現在最も汎用的で広く用いられているのは，幾何学的形態測定学よばれる手法群である．これらの手法はかたちを純粋な幾何学的対象としてモデル化するため，生物のみならずあらゆるかたちに適用できる．例えば，考古学における遺物の解析や工業デザインの官能評価に応用されている．

本講演では，幾何学的形態測定学の基礎と実際のかたちの解析事例を紹介する．標識点に基づく手法の理論的基礎である shape theory と輪郭に基づく手法としてよく用いられる楕円フーリエ解析について簡単に解説し，ミクロスケール（細胞，組織），マクロスケール（器官，個体），人工物（遺物など）のかたちへの応用例を紹介したい．

W3-4

農耕文化拡散過程における人口動態と文化伝播

松本直子

岡山大学大学院社会文化科学研究科

農耕はホモ・サピエンス特有の知能を基盤として生み出された革新的な生業様式であり、その成立および拡散の過程には、環境適応、人口増加といった一般的要因とともに、文化学習や社会構造など人類特有の要因も深く関わっている。農耕文化の成立と拡散については、ヨーロッパの事例を中心に活発な研究がなされており、農耕民の人口増加による周辺地域への移住による拡散（demic diffusion）と、狩猟採集民が農耕を導入することによる文化伝播（cultural diffusion）が主たるモデルとして検討が進められている。本発表では、農耕文化の成立・拡散に関する進化的視点からの研究動向を整理したうえで、日本列島における農耕文化拡散過程における文化伝達と遺伝子拡散について、エージェントベースシミュレーションによって得られる知見を交えて検討する。

W4-1

遺伝子で読み解く嗅覚の進化

新村芳人

東京大学大学院農学生命科学研究科 応用生命化学専攻 生物化学研究室／ERATO 東原化学感覚シグナルプロジェクト

嗅覚は、食べ物や交配相手を見つけたり、捕食者から逃れたりするために不可欠で、生存に直接関わる重要な感覚である。環境中の多様な匂い物質は、鼻腔の嗅上皮で発現している嗅覚受容体（olfactory receptor, OR）によって検出される。OR 遺伝子は哺乳類最大の遺伝子ファミリーを形成しており、その数はヒトで約400個、アフリカゾウでは約2,000個にもおよぶ。OR 遺伝子ファミリーは、種によって遺伝子数が大きく異なること、進化過程での重複や欠失が極めて多いことによって特徴づけられる。すべての脊椎動物が OR 遺伝子をもち、そのレパートリーは陸棲か水棲かによって大きく異なる。ナメクジウオのゲノムからも脊椎動物型の OR 遺伝子が見出されることから、脊椎動物 OR 遺伝子の起源は脊索動物門の共通祖先にまで遡ることがわかる。昆虫や線虫も OR 遺伝子と呼ばれる遺伝子ファミリーをもつが、脊椎動物・昆虫・線虫三者の OR 遺伝子間では配列の相同性を示さず、それらの進化的起源は異なると考えられる。嗅覚はしばしば「最も原始的な感覚」などと呼ばれるが、匂い分子を検出するための遺伝子群は進化の過程で何度も独立に進化してきたのである。本講演では、脊椎動物 OR 遺伝子を中心とした最近の知見を紹介するとともに、様々な生物系統における OR 遺伝子ファミリーの進化を概観し、各演者の講演への導入としたい。

W4-2

ムスク(じゃ香)の香り～マウスから霊長類まで保存されたその認識メカニズム～

○白須未香[1]、佐藤成見[1]、東原和成[1]

[1]東大・院農、JST ERATO 東原化学感覚シグナルプロジェクト

動物が外界にむけて放つ「体臭」の中には、個体間コミュニケーションに関わる匂い成分が多く含まれる。たとえば、ジャコウジカのオスの臭腺から見出されたムスコン(ムスク、じゃ香)は同種のメスを誘引するだけでなく、ヒトに対しても性フェロモン様の作用を有する。また、その類まれで官能的な香気ゆえに香粧品に広く用いられているが、その認識メカニズムは永らく未知であった。

最近、我々は、マウスを用いた嗅球匂い応答イメージングや培養細胞での匂い応答再構成実験から、マウスにおいて、ムスコンが MOR215-1を含むごく少数の嗅覚受容体(OR)で認識されることを示した。さらに、ヒト OR 約400種を用いた網羅的な匂い応答スクリーニングの結果から、ヒト OR の中でマウス MOR215-1と最も高いアミノ酸配列の相同性を示す OR5AN1が、ヒトのムスク香の認識に中心的な役割を果たすことも明らかになった。また、マウスおよびヒトを含む霊長類5種における MOR215-1、OR5AN1のオーソログを同定し、機能解析を行った結果、それらの OR はすべてムスコンに応答することも確認された。本講演では、これらの知見に基づき、マウスから霊長類に至るまでよく保存されているムスク香の認識メカニズムについて、進化的な意味も踏まえて迫りたい。

W4-3

シクリッドのフェロモン受容を介した種分化の可能性

二階堂雅人

東工大・院生命

東アフリカの三大湖には、それぞれの湖に固有なシクリッドが数百種を超えて生息しており、これらは種分化のモデル生物として注目されている。このシクリッドは種間において体色が多様化しているため、その配偶者選択は、視覚に依存して達成されていると考えられてきた。しかし、実験的に嗅覚情報の遮断された環境下では、同種認知の成功率が有意に低下することが示されている。我々は、シクリッドの嗅覚について研究を続けるなかで、魚類のフェロモン受容体候補遺伝子 V1R が、予想を超えて大きく種多様化していることを発見している。具体的には、6コピー存在する V1R 遺伝子のうち4つについて、過去に急激なアミノ酸置換速度の上昇(つまり正の選択)が起きた事が確認され、それらは統計的に有意であった。近年の研究結果では、シクリッドはくつかのステロイド類をフェロモンとして受容し生殖行動を誘起させていることも分かってきた。つまり V1R 受容体の多様化がステロイド類の選択的受容、ひいては選択的交配にも関わっている可能性が出てきている。今回は上記の結果を踏まえた上で、フェロモンを介したシクリッドの種分化に関する今後の展望を発表する。

W4-4

アゲハチョウの食草選択に関わる化学感覚受容体遺伝子

○尾崎克久[1]、龍田勝輔[2]、武藤愛[3]、小寺正明[4]、吉川寛[1]

[1]JT 生命誌研究館、[2]佐賀大学、[3]奈良先端大、[4]東工大

鱗翅目昆虫の多くは植食性で、特定の植物のみを餌として利用する。アゲハチョウの仲間も狭い範囲の植物種のみを食草としており、食性の変化が種分化の出発点になったと考えられている。食草選択は化学感覚によって支えられており、アゲハチョウの場合はメス成虫が前脚ふ節で認識する味覚情報を主な手がかりとして食草を認識している。この味を感じる仕組みに変化が生じた場合、産卵場所として選択する植物が変わり、食性進化の原動力となるだろう。

我々はこれまでに、ナミアゲハの産卵行動を誘発する刺激物質のひとつであるシネフリンを特異的に認識し、食草の認識に関与する味覚受容体遺伝子と、産卵行動が起きる必須条件となる神経プロファイルを同定している。化学感覚の仕組みのより詳細な解明を目指し、次世代型シークエンサー illumina MiSeq を使ってRNA-seqを行い、数種のアゲハチョウで感覚器官に発現する遺伝子群を発見した。

本講演では、化学感覚と種分化の仕組みについて議論したい。

W4-5

線虫の嗅覚とその利用

広津崇亮

九大・院理

線虫 *C. elegans* は犬以上の1200個の嗅覚受容体遺伝子をゲノム上に有している。哺乳類と同様の7回膜貫通型 G タンパク質共役型受容体で、下流のシグナル伝達経路も哺乳類と類似している。嗅覚神経はわずか10個程度しかなく観察が容易である。以上のことから、線虫は嗅覚研究に有用なモデル生物として、主に基礎研究分野で用いられてきた。我々は最近、線虫が匂いセンサとしても活用できることを見出した。線虫はがん患者の尿を好み、健常者の尿を忌避する。この行動は嗅覚神経を破壊すると見られなくなることから、線虫は尿中のがんの匂いを検知していることがわかった。242検体を用いた中規模試験により精度を調べたところ、感度(がん患者をがんと見分ける確率)は95.8%、特異度(健常者を健常と見分ける確率)は95.0%であった。現在のところ本技術ではがんの有無しかわからないが、がん種を特定するためにはがん種特異的な受容体の同定が重要である。線虫は匂いとの対応関係がわかっている受容体が数個しかないが、我々はその対応関係を網羅的に調べる解析を行っており、新規受容体の同定に成功している。

W4-6

植物の嗅覚受容

○有村源一郎

東京理科大・基礎工

植物が生産する香気成分（香り・匂い）は、植物が自身の免疫力を高め、環境に適応するための重要な二次代謝化合物である。また、高度に進化した植物は、様々な匂い成分のブレンドを大気中に放出することで、自身を取り巻く動物、昆虫、微生物と複雑にコミュニケーションする。一方、害虫に食害された植物が放出する匂いは、近くの植物に作用して害虫の脅威を警告することもできる。警告を受けた植物では、匂いが高濃度の場合（近傍で激しい食害が生じている場合）は、直ちに防御遺伝子を発現するなどの防御策がとられる。しかし、匂いの濃度が低濃度の場合（匂いの放出量が乏しい場合、もしくは遠方からの匂いが拡散してしまった場合）は、匂いの刺激を「記録・記憶」として留め、次に来る食害や病気の感染に対する防御誘導を高めることができる。

本発表では、植物の防御応答を誘発することができる匂いの受容メカニズムと生理・生態機能および、植物間コミュニケーションを活用した農作物生産システムの開発ベースの構築について議論したい。

W5-1

合理的なゲノムデザインに向けて

板谷光泰

慶應大・先端生命研

すべての生命はゲノムを保持する。最近大きく展開している遺伝子合成手法は、ゲノムを丸ごと合成できるレベルに到達しており、現存のゲノムだけでなく全く新しい塩基配列を持つゲノムを新たに設計し、それを全合成することも可能な時代になっている。我々は枯草菌を宿主とするゲノム全合成手法に長年取り組んでおり、3Mb 程度のゲノムサイズまで可能であることを示している(1)。しかし全合成されたゲノムで生育する細胞を作りだすまでには克服しなければならない技術的なハードルがある。本 WS では、我々が構想しているゲノム合成から細胞創製までの一貫したシステムを紹介し（2）、それに向けた取り組みとして枯草菌をベースとした現在の手法を洗練、拡張している現状を紹介したい。

(1) Itaya, et. al., PNAS 102, 15971-15976 (2005).
(2) Itaya, M. In Synthetic Biology tools and applications (ed. Zhao, H), Academic Press, Elsevier Inc. pp. 225-242 (2013).

W5-2

遺伝子発現制御系とその集積回路の進化分子工学

梅野太輔

千葉大院・工

[1]核酸制御系の進化工学法:
核酸制御系、とくに遺伝子の転写や翻訳の調節に関わる分子群は，人工の遺伝子発現ネットワークを形成する「スイッチ素子」として重要な基本ツールとなる。ただし，自然界の核酸調節分子は，それらが関わる生理応答機能に適したデバイス特性が与えられている。人工の制御ネットワークを我々が使う際には，都度，そのコンテキストにおいて適切なスペックのものに作り替える必要がある。私たちは，核酸制御分子の機能の進化工学操作を，「はやく」「うまく」「切れ味よく」行うために手法開発を行ってきた。我々の数年の経験から，遺伝子スイッチの進化デザインの成否を決めるものは何か、我々が学んだことをまとめて報告したい。

[2] 制御回路の集積化:
多入力ゲートやタイミング回路，そしてこれらを多層化した様々な制御ネットワーク試作されつつあるが，この5年、その「集積度」はあまり進歩していない。これは，遺伝子制御ネットワークの機能が，いわゆる「互いに相互作用する3つ以上の因子」の振る舞いの所産であることと無関係ではないだろう。一方で、どんな複雑な制御系も，究極的には目的遺伝子の発現をon/ off変換するのみである。つまり、適当な選抜技術が確立していれば、簡単に進化デザインできる。本講演では，我々が日頃行っている遺伝子回路の進化デザイン～立式しない「進化」計算の例を幾つか紹介したい。

[3] 遺伝子制御回路部品の進化工学:
核酸制御系の分子は，部品レベルにおいても高い「進化能」をもつようである。このことは，同じファミリに属する転写因子群の機能多様性をみれば明らかである。実際に実験室内で多様化と淘汰を繰り返すことによって，驚くべき頻度で，転写因子としての「新機能」が創発することがわかってきた。本講演では，機能の大きな変化がどのようにしておこり「得る」のか，我々が学んだことを中心に議論したい。

W5-3

人工 RNA システムを利用した遺伝子操作と細胞運命制御

○藤田祥彦、齊藤博英

京大、iPS 細胞研究所

RNA や RNA-タンパク質相互作用を人工的にデザインすることで、新たな生命システム制御系を構築することが可能になると考えられる。我々は、遺伝子の発現を制御する「RNA スイッチ」や空間的な配置を制御する「RNA ナノ構造体」を作製し、これらを用いて細胞の挙動や運命をコントロールする方法を開発してきた．最近、人工 mRNA にタンパク質結合配列を導入することでタンパク質応答型のスイッチを作製し、これらを統合することにより翻訳ベースの人工遺伝子回路を構築し、細胞の生死を制御するシステムの構築に成功した．また、マイクロ RNA 応答型のスイッチも作製し、iPS 細胞から分化した目的の細胞を精密に選別できる新技術の開発にも成功した．さらに、RNA ナノ構造体を利用し、タンパク質の空間制御を利用したシグナル伝達制御システムを構築した．これらの人工 RNA を基盤とするシステムを元に、細胞内の RNA に関連する様々な現象の再構築や RNA システム実験進化法の開発が今後期待される．

W5-4

リボソーム改変によるバクテリア細胞工学

○宮崎健太郎

産業技術総合研究所

バクテリアのリボソームは、3つの RNA(16S, 23S, 5S)と50余りの蛋白質からなる超分子複合体である。従来リボソームは、立体構造の複雑性や機能的な重要性から、積極的に「改変」するというよりも、「解析」を主体とした研究がなされてきた。これに対し我々は、リボソームの中核因子である16S rRNA を異種生物のものと入れ替えるという手法により、リボソームの意外な頑強性を見出した。すなわち、大腸菌16S rRNA 遺伝子の欠損株を用いた機能相補実験により、大腸菌16S rRNA との配列相同性が80%程度の16S rRNA であっても、生育を相補可能であることを明らかにした(Kitahara & Miyazaki, Nat. Commun., 2011; Kitahara et al., PNAS, 2012)。リボソーム改変に伴う翻訳様式の変化は、ゲノムにコードされる遺伝子全体の発現変動や代謝フラックスも変化させると考えられ、微生物育種の新たな方法論になりうるのではないかと考えた。本講演では、リボソーム機能改変によりもたらされる大腸菌変異株の性質について紹介する。

W5-5

真核生物におけるＶアーム含有型の変則的 tRNA の進化

○金井昭夫

慶應大・先端生命研

tRNA はその構造的な特徴から大きく二つのクラスに分類される。すなわち、多くの tRNA はクラスＩ tRNA と呼ばれ、クローバー葉状の2次構造を形成するが、$tRNA^{Leu}$ と $tRNA^{Ser}$(原核生物では $tRNA^{Tyr}$ も)は V-アームと呼ばれる長く伸びた構造を持ち、クラス II tRNA として分類される。我々は、線虫においてクラスＩのアンチコドンを持ちながらクラス II の特徴である V-アーム構造を有した tRNA が、自身のアンチコドンが規定するアミノ酸(グリシンやイソロイシン)とは別のアミノ酸であるロイシンをチャージすることを見出した。この tRNA は、少なくとも試験管内の翻訳系において、自身が持つアンチコドンによらずにロイシンをペプチド鎖の中に組み込むことができた。一方、これらの tRNA が生体内で発現しているのにも関わらず、線虫の網羅的なプロテオーム解析からは、アミノ酸の変換が予想された箇所にロイシンが入ったようなペプチドは一つとして検出されなかった。真核生物69種のゲノム配列を詳細に調べた結果、このような tRNA は線虫の他、脊椎動物や植物の一部に独立に進化する形で存在していることを明らかにした。

W6-1

NGS メタバーコーディングからより多くの情報を得るために

○岩崎渉

東大・院理

いわゆる次世代シーケンサ(NGS)を用いたメタバーコーディングによって、環境中の生物群集組成に関する多くのデータが得られるようになった。NGS が市場に登場して以来、原核生物を対象としたアンプリコンシーケンシングやショットガンシーケンシングは特に幅広い研究グループによって行われてきており、膨大なデータが公共データベースに蓄積され続けている。また、微生物以外の生物についても、水や土といったサンプル中に存在する環境 DNA をアンプリコンシーケンシングにより解析することが可能になり、世界的に激しい競争が行われつつある。本講演では、データベースに蓄積されつつある膨大な NGS メタバーコーディングデータからどのように進化学的な情報を得るか、また、どのようにより多くの情報を得るためのプライマーを設計するかなどについて、微生物 NGS メタバーコーディングデータベース MetaMetaDB や魚類メタバーコーディングプライマーMiFish などを紹介しつつ、議論を行う。

W6-2

北の海に未知なる生命と生物多様性を探る

○荒木仁志[1]、宮正樹[2]、池田実[3]、矢部衞[4]、永野優季[4]、神戸崇[1]、鎌田頌子[1]、佐土哲也[2]、峰岸有紀[3]、佐藤行人[5]、佐藤俊平[6]、Katherine Maslenikov[7]

[1]北大・院農、[2]千葉中央博、[3]東北大・院農、[4]北大・水産、[5]東北大・医、[6]北水研、[7]ワシントン大

生物多様性の重要性が叫ばれる一方、野生生物種の網羅的把握は困難を極めている。特に海洋生物の実態解明は難しく、その生態・進化には多くの謎が残されている。本研究では生物個体の捕獲に依存しない「環境 DNA」を用いた海洋生物、特に魚類の網羅的把握を目指す。全魚類をカバーするスーパー・ユニバーサルプライマーの開発や次世代シーケンサーによる超並列 DNA 解析といった技術革新がもたらす知見をもとに、一般に多様性が低いと言われる北方海洋域を対象とした生命探索の最前線について紹介する。また、この技術の現状における限界についても情報を共有しつつ、今後の進化学への応用可能性について議論したい。

W6-3

環境DNAメタバーコーディング解析のためのパイプライン開発

○佐藤行人[1]、荒木仁志[2]、宮正樹[3]、佐土哲也[3]、峰岸有紀[4]、岩崎渉[5]

[1]東北大・メディカルメガバンク、[2]北大・院農、[3]千葉中央博、[4]東北大・院農、[5]東大・院理

次世代シークエンサーの普及により、土壌・水などの環境媒質が含むDNAを網羅的に読み取ることで、生物の存在や多様性をモニタリングする『環境DNA(eDNA)』分野が急発展した。我々は分子系統学研究の蓄積を活かし、魚類／脊椎動物を検出する高感度・高汎用プライマー「MiFish」を開発、美ら海水族館水槽水を用いたテストで最大95種、正答率91~100%の検出力を示した。本発表では、MiFish による高感度 eDNA 解析を支えるデータ解析パイプラインを紹介する。1ラン1,000万以上に上る配列は、並列計算機で運用するMiFish パイプラインに供され、クオリティ・フィルタリング等の一次処理、配列類似性検索に基づく由来種推定、多重整列、分子系統解析等が順次実施される。結果は MiFish ポータル html ファイルとして出力され、利用者は、由来種の推定結果やその信頼度、分子系統樹などを、整理された形で閲覧・評価することが出来る。ここでは、配列クラスタリング等の情報損失プロセスを極力使用せず、利用者が、偽陽性やコンタミネーションも含んだ「生データの実態」を評価できるよう留意した工夫点について議論したい。

W6-4

環境 DNA を用いた水域生態系での生物分布・生物量の推定:進化学への応用可能性について

○土居秀幸[1]、高原輝彦[2]、内井喜美子[3]、源利文[4]

[1]兵庫県立大院・シミュレーション、[2]島根大・生物資源、[3]大阪大谷大・薬、[4]神戸大院・人間環境

我々の研究グループでは，水域生態系において魚類など大型生物の分布・生物量を推定する新たな手法として，”環境 DNA”技術の開発を進めている，環境 DNA とは，水中に浮遊している大型生物由来の DNA 断片であり，それらを採集し，定量 PCR 法やシーケンサーによって測定することで，生物の生息状況だけでなく，生物量・個体数をも推定することを目指している。実際に，湖沼，ため池，海洋などの野外環境において，我々は環境 DNA を用いて，生物量や侵入生物の分布を調べる方法の開発に成功しており，以下のいくつかの事例について紹介する。1）湖沼，ため池，海洋などの野外環境における生物分布・生物量の推定，2）メソコズムや水槽実験を用いた，環境 DNA による生物の生物量や個体数の推定法の検討，3）野外でのコイの系統の違いについて，SNP を元にして環境 DNA からその生物量の比率を判別する手法の開発。我々のグループでは，将来的に，環境 DNA 手法による生物量定量法を進化学や生態学の理論を解明する新たなツールとすることを狙っている。環境 DNA などの先端技術を使って進化学を発展させていくには，先端技術によって進化学のどのような側面を明らかにしていくかを検討していくことが重要になってくる。それらの点について，環境 DNA の進化学への応用可能性や，将来の展望について議論したい。

W6-5

魑魅魍魎はびこる土壌微生物圏に秩序は見いだせるのか？　環境DNAデータをネットワーク理論で料理する

○東樹宏和

京大・人環

次世代シーケンサーの登場によって環境 DNA を大規模に解明できるようになったとはいえ、土壌圏は未だに「見てはいけない」超多様な微生物の世界である。群集組成の記載さえ困難を伴う現状にあって、土壌微生物たちの進化過程や群集集合過程を考察するためには工夫を要する。本発表では、次世代シーケンサーが吐き出す厖大なデータを扱うインフォマティクスの工程を紹介しつつ、ネットワーク理論を武器にして進化生態学をいかに展開するか議論する。発表の前半ではまず、どのような生物群であっても適用できる自動DNA バーコーディング・システムに触れ、群集行列データがどのように得られるのか解説する。後半では、群集行列データをネットワーク理論の枠組みで解析する方法を紹介し、一見複雑な微生物群集の全体像から特徴的な構造を抽出できる可能性について言及する。微生物の次世代シーケンシングについては、応用研究上の重要性が表に出ることが多い。しかし、適切なデータ解析技術とそれに見合うサンプリング法を適用して環境微生物 DNA を扱えば、進化や群集動態の意外な側面が見えてくるであろう。研究事例を紹介しながら議論したい。

W7-1

カースト特異的遺伝子の異時的発現が駆動する社会形態の進化

岡田泰和

東大・総合文化

アリ・ハチの仲間などの真社会性の動物の最大の特徴は繁殖個体と育児個体の分化であるが，その社会形態は極めて多様である．ミツバチなどの高度真社会性種では女王とワーカーが形態的に分化し，幼虫期の発生経路の分岐が分業の中心となる．一方，アシナガバチ類や一部のアリではカーストの形態的分化がなく，同型同大の成虫間で女王役とワーカー役が行動レベルで分化する．カースト分化の基盤は，繁殖を司る遺伝子と育児を司る遺伝子が女王とワーカーで発現を分かつことであると考えられており，ミツバチを中心にカースト特異的遺伝子の特定が進んでいる．近年，体内の栄養状態や代謝に関わる遺伝子群が，様々な種のカースト分化に共通する社会性の“ツールキット遺伝子”たりえる，といわれている．しかし，こうした遺伝子群がいかにして社会形態の多様化をもたらすのかはよくわかっていない．我々は形態カーストをもたないトゲオオハリアリを用いて，ツールキット遺伝子が成虫期にカースト特異的発現をすることを示し，遺伝子群のカースト特異的発現が起こる時期が社会形態の多様性をもたらす可能性を議論する．

W7-2

性を換える魚の生理学的研究

○小林靖尚

岡山大学　理学部附属臨海実験所/共同利用拠点(UMI)

我々ヒトを含む多くの生物には、オスとメスの2種類の 性が存在する。通常、個体の性は発生の早期に決定される。一旦決定された個体の性は、生涯を通じて変化しない。しかし魚類の中には周 りの環境変化が刺激となり、決定・機能していた自らの性を換える性転換魚が存在することが知られている。1970年代に性転換する魚が初めて報告されて以降、これまでに約400種の性転換魚が報告されており、その性を換える方向に従って三つのタイプに分類 されている(①雌性先熟:♀→♂ ②雄性先熟:♂→♀ ③両方向性転換:♂→♀→♂→)。性転換魚の扱いが困難である等の理由から性転換の生理機構を解析した研究は少ない。そのため性転換時に「魚の体内で何が おきているのか？」という基本的な問題が未解決のままである。そこで我々は三つのタイプの性転換様式の内、それぞれ実験に最適なモデ ル魚を選別し、飼育設備において計画的に性転換の解析を行うための実験系の確立を行うと共に、性転換における内分泌調節機構の解析を 行ってきた。本講演では最初に魚がどのような状況で性転換するのかを概説し、我々が行ってきた性転換魚の生理学的研究を中心 に紹介する。

W7-3

鳥類ウズラにおける社会的な刺激への行動と生殖内分泌応答のメカニズム

○戸張靖子[1]、 筒井和義[2]

[1]東大・院総合文化、[2]早大・教育

物は自らが置かれた社会的な文脈を正しく読み取り、生理状態をその文脈に合わせて最適な行動を取らなくてはならない。多くの動物において、雄は雌の存在に応答して血中ホルモン分泌が変化することが報告されている。雄ウズラは、雌を視覚的に認知すると瞬時に交尾しようとする。このような生殖行動の変化は、生殖に関わるホルモン分泌の変化により生じると考えられている。我々は、雄ウズラに雌を提示する実験系を用いて、異性の存在が血中ホルモン分泌を変化させる分子機構を調べた。雌を見た雄の視床下部では生殖腺刺激ホルモン放出抑制ホルモン (GnIH)の発現が上昇し、同時に血中の黄体形成ホルモン (LH) 濃度が減少した。GnIH 神経細胞が存在する視床下部では、雌に応答してノルエピネフリン (NE)の一過的な放出が起こった。NE を視床下部に処理すると、GnIH の分泌を促進し、NE を脳室投与した雄の血中 LH レベルは減少した。これらの結果は、雄ウズラが雌をみると、視床下部で NE 分泌が急性的に高まり、NE が GnIH 神経細胞に作用して GnIH の分泌を増やし、下垂体からの LH の分泌を減少させることを示唆する。

W7-4

弱電気魚におけるコミュニケーション信号の時間構造を分析する神経回路機構とその進化

○小橋 常彦[1,2]、Bruce A. Carlson[2]

[1]名大・院理 [2]ワシントン大・生物

カエルやショウジョウバエの求愛歌におけるパルス音の間隔、あるいはヒトの会話の音節・文節の形成や母音・子音の認識などに見られるように、感覚入力信号中にあらわれるミリ秒単位の時間間隔は、動物コミュニケーションにおいてしばしば重要な意味を持つ。私達は、このような時間間隔計算の神経回路機構とその進化を調べる系として、アフリカ産モルミルス科弱電気魚(モルミルス)の電気コミュニケーションを担う神経回路に注目している。モルミルスは、尾で発生させた電気パルス列の時間間隔パターンでコミュニケーションして、闘争や求愛行動を示す。私達は、パルス時間パターンに応答するモルミルスの中脳神経回路の活動を電気生理学的に調べて、時間間隔を計算する神経回路基盤を明らかにしてきた。本発表では、モルミスルの中でも生理学実験の容易な*B. brachyistius*を用いてこれまで得てきた知見を主に紹介しつつ、社会構造の異なる姉妹系統の種から得た先行データを組み合わせて、モルミルスの時間計算回路の機能とコミュニケーション行動の進化について議論したい。

W7-5

異性への「好み」の急速な進化をもたらす神経基盤

○石川由希[1]、上川内あづさ[1]、山元大輔[2]

[1]名大・院理、[2]東北大・生命理学

進化史の中で、行動はどのように変化してきたのだろうか？動物の行動が神経回路に支配されるのであれば、行動進化もそれを支える神経回路の変化として捉えられるはずである。しかし神経回路の複雑さゆえに『どのような神経回路の改変が、行動進化を引き起こすのか』は未だわかっていない。

行動形質の中でも特に種特異性が顕著なのが、異性への好みである。この特異性は分化して間もない近縁種同士においても存在する。この好みの急速な進化は、どのような神経回路の変化によって起こるのだろうか？私たちはこの謎を解くモデルとして、キイロショウジョウバエ(以下キイロ)と姉妹種オナジショウジョウバエ(以下オナジ)のフェロモン選好性に着目した。私たちはこれまで、キイロとオナジが単一のフェロモン成分に対して逆の選好性を示し、2種の雑種がオナジ型のフェロモン選好性を示すことを発見した。現在、この雑種を行動進化の神経基盤研究のモデル系として用い、Gal4/UAS 等の分子遺伝学的ツールを導入し、フェロモン選好性を司る神経回路の形態や性質、機能の詳細な"種間"比較を行っている。本発表ではその成果を紹介し、好みの急速な進化をもたらす神経基盤について議論したい。

W8-1

パルマ藻から珪藻の進化の秘密を探る

○桑田晃[1]、佐藤晋也[2]

[1]東北水研、[2]福井県立大

珪藻は、特徴的なシリカの殻を持つ微細藻類であり、海洋中で最も多様性が富み、海洋における炭酸固定量は地球全体の約1/5におよび海洋生態系全体を支えている。その重要性のため、珪藻の繁栄機構・シリカの殻の形成機構・進化過程の解明を目的とした研究が近年国際的に盛んとなっており、既に珪藻類数種の全ゲノム解読が終了している。しかしながら、その進化過程、繁栄機構は依然不明のままである。一方、約30年前に亜寒帯海域でサイズが数μm と小型ながら珪藻同様シリカの殻を持つパルマ藻が発見され、珪藻と進化的に密接な関係があることが予想されたが、培養が確立できずその実体は全く不明であった。そのような状況下、近年になり我々は親潮域より世界で初めてパルマ藻の単離培養に成功し、この藻類が珪藻と極近縁で共通祖先を持つことを明らかにした。これは、パルマ藻が珪藻の進化機構を探究する上で、格好の比較対象生物であることを意味し、現在我々は、生態学・生理学・ゲノミクス・生物地球化学の多面的な視点によるパルマ藻と珪藻の比較研究プロジェクトを進めている。本ワークショップでは、プロジェクトにより明らかとなったパルマ藻に関する最近の知見を紹介したい。

W8-2

親潮および親潮-黒潮混合域におけるパルマ藻の分布と季節変化

○一宮睦雄[1]、桑田晃[2]

[1]熊本県大、[2]水研セ・東北水研

パルマ藻はシリカのプレートで覆われた海洋ピコ植物プランクトンである。パルマ藻は特に亜寒帯から極域の冷水域で現存量が高く、重要な基礎生産者として認識されている。一方で、現場海洋における現存量の季節変動、生活史および増殖特性などの生態学的な知見はほとんどない。そこで本発表では、親潮域および親潮-黒潮混合域を横切るライン上の定点で観測を行い、パルマ藻群集の現存量と種組成の季節変動を調査した結果を報告する。

パルマ藻は親潮の影響が見られる水温10度以下の定点で多く分布していた。3月および5月に現存量が高くなることから、パルマ藻は主に冬季―春季の低水温期に増殖すると考えられる。一方、7月および10月には成層が発達しており、亜表層(30-50 m)では低水温であるが、表面水温は15度を越える顕著な水温躍層が見られた。パルマ藻の細胞密度は水温躍層以浅で低く、亜表層でピークを形成した。夏季―秋季の成層期にはパルマ藻はほとんど増殖せず、水温躍層以深で個体群を維持していると考えられる。発表では分離に成功したパルマ藻優占種を用いた培養実験による増殖特性を加えて、親潮域に分布するパルマ藻の生活史を考察する。

W8-3

パルマ藻と珪藻の細胞壁の進化

山田和正[1]　○吉川伸哉[2]

[1]北大・北方セ　[2]福井県大・海洋

珪藻の特徴1つはシリカの細胞壁を持つことであり、シリカの細胞壁の獲得は、珪藻の繁栄に寄与したことが示唆されている。しかし、珪藻と近縁な生物で、シリカの細胞壁を持つ種が知られていなかったため、シリカの細胞壁の獲得や進化は未解明であった。我々はパルマ藻の系統解析により、パルマ藻がシリカの細胞壁を持つ生物の中で、最も珪藻に近縁な生物群であることを明らかにした。

珪藻の細胞壁形成機構は、形態・分子生物学的観点から解明されつつある一方で、パルマ藻の細胞壁形成機構の研究はほとんどない。パルマ藻と珪藻における細胞壁の進化を解明するため、パルマ藻の細胞壁形成過程の形態的解析を行った。パルマ藻の細胞壁形成は、リング状の形成中心からシリカの重合が進行する点は珪藻との共通している一方で、リング状の形成中心の形成過程や、細胞内における細胞壁の形成位置、細胞壁形成の及ぼす低シリカ濃度の影響については珪藻の細胞壁形成と異なっていた。パルマ藻で見られた、珪藻の細胞壁形成との相違点の多くは、シリカの細胞壁の形成が見られる生物で共通する性質であったため、珪藻の細胞壁は、パルマ藻型の細胞壁から進化した可能性が示唆された。

W8-4

Characteristics of *Triparma laevis* f. *longispina* NIES-3699 with insights to its life cycle

○Mary-Helene Noel Kawachi[1]、Masanobu Kawachi[1]

[1]国立環境研

Parmales are pico-size siliceous alga mainly found in cold regions, available as culture since 2008. Phylogeny studies revealed their close relationship with *Bolidomonas*, a pico-size naked flagellated alga from warm regions. Both algae have distinctive physiological requirement and the life cycle linking the two is still not elucidated, though highly presumed.

Morphological features of *Triparma laevis* NIES-2565 and *T. laevis* f. *longispina* NIES-3699 grown under different conditions were investigated by light and scanning electron microscopies. Partially silicified cells and naked cells were steadily found in the course of batch culturing of NIES-3699. Non-motile naked cells of about 3μm size could have round shape or displaying unique chloroplast extensions. Large size cells from 6 to 10μm often displayed irregular shapes with multi chloroplasts content. Naked flagellated cells similar to *Bolidomonas* were generated either from the non-motile round cells and the larger cells, with a relative abundance varying according to the culture conditions. Fate and linkage among the different type of NIES-3699 cells were investigated leading to new insights into the Parmales life cycle and opening speculation on the natural population behavior.

W8-5

パルマ藻の脂質バイオマーカーの探索

○沢田健[1]、加納千紗都[1]、阿部涼平[1]、吉川伸哉[2]、桑田晃[3]

[1]北大・院理、[2]福井県大・海洋生物資源、[3]東北水研

パルマ藻は珪質の殻をもつピコプランクトンであり、新生代の海洋における重要な基礎生産者である珪藻と密接な関係をもつことが推測されている。パルマ藻の珪質殻化石の古生物学的研究はこれまでにまったく行われていない。珪藻の珪質殻の化石は堆積岩などの地質学試料に残されているが、それでも堆積後に失われることが多い。なおさら微小なパルマ藻の珪質殻は、堆積岩中に残らず出現時期の推定や生産性変動の復元が極めて困難であると考えられる。そこで演者らは、パルマ藻のバイオマーカーを明らかにして、それを分子化石として利用して進化過程や生産性変動を解明しようと研究を進めている。本研究では、パルマ藻の4つの培養株 Triparma laevis、T.laevis f.longispina、T.strigata、T.verrucosa を用いて固有の脂質バイオマーカー成分を検出し、それら脂質の組成・濃度を検討し、分類における多様性（共通性）を明らかにした。パルマ藻バイオマーカーとして，C21:6 n-アルケンや、C20:5、C22:6脂肪酸、C27-C29ステロイドを同定した。これらは珪藻の培養株の研究においても検出例のある化合物である。とくにステロールにおいてはC29 β-シトステロールが圧倒的に卓越し、珪藻との関連が興味深い。しかし、T. strigata においては C29ステロールよりも C28ステロールがより多量である。この結果は Triparma 属の中でステロール組成が種間で多様であることを示している。それらステロイドが独特の Tripalma バイオマーカーになり得る潜在性が高いと考えている。

W8-6

パルマ藻のドラフトゲノム

○中村洋路[1]、斉藤憲治[1]、吉川伸哉[2]、桑田 晃[3]

[1]水研セ中央水研、[2]福井県大海洋、[3]水研セ東北水研

パルマ藻のゲノム配列は未だ解読されておらず、したがってその構造も遺伝子セットもよく分かっていない。そこで我々は、次世代シーケンサーを用いてパルマ藻 *Triparma laevis* NIES-2565株のゲノム配列を決定することを試みた。Roche 454 GS FLX+のシングルエンドおよび454と Illumina GAIIx のペアエンドライブラリから得られたリード配列をアセンブルしたところ、総塩基長が約62.8Mb、計7,125本のスキャフォルドに集約された。しかしながら、4塩基頻度に基づく主成分分析を行った結果では、アセンブルされたスキャフォルドは由来の異なる少なくとも3つのグループ（パルマ藻核ゲノム、オルガネラゲノム、混入細菌）から構成されていると推測された。パルマ藻の核ゲノムに相当するグループだけでみると総塩基長が約42.6Mb となり、これがパルマ藻のおおよそのゲノムサイズと考えられる。さらに、タンパク質をコードする遺伝子は約1万以上予測され、ゲノムサイズおよび遺伝子数においては既報の珪藻ゲノムと大きく変わらないことが示唆された。

W8-7

パルマ藻 Triparma laevis のゲノム解析

○佐藤直樹[1]、田島直幸[1,2]

[1]東京大・院総合文化、[2]日大・生物資源

パルマ藻は珪藻と同様，ケイ酸からなる殻をもつ海洋性単細胞藻類である。共同研究プロジェクトにおいて，桑田と一宮によって単離された培養株 Triparma laevis のゲノム解読とアノテーションを行い，珪藻や他の不等毛藻との比較を進めてきた。今回の発表ではまず，ミトコンドリアと葉緑体のゲノムを解読した結果について紹介する。それぞれのゲノムにコードされたタンパク質遺伝子の配列情報をもとに，系統解析を行った結果，T. laevis が珪藻と姉妹群となることがわかった。細胞核ゲノムの解析では，約13000個の推定タンパク質配列を他の169種の生物のタンパク質配列ともに Gclust ソフトウェアを用いてクラスタリングを行い，相同なタンパク質についてのアノテーションを行った。他の多くの光合成生物と共通のホモログとして，約3000個あまりのタンパク質が同定され，その他，珪藻とのみ相同なタンパク質なども検出された。これらの比較ゲノム解析の結果についても報告する。

W9-1

My postdoc life in Ithaca, or how to survive the long winter

○Masato Yamamichi[1,2]

[1]Hakubi Center/Center for Ecological Research, Kyoto Univ., [2]Dept. of Ecology and Evolutionary Biology, Cornell Univ.

I would like to introduce my personal experience staying in the United States of America as a postdoc, especially focusing how to survive the long winter. After I received a Ph.D. degree in 2012, I worked at Cornell University, Ithaca, New York as a JSPS postdoctoral fellow for research abroad for 2 years. I am interested in eco-evolutionary feedbacks, where ecological and evolutionary processes are interacting dynamically. As Cornell is one of the great research centers on this topic, I enjoyed my stay in Ithaca. However, the only problem was that winter in Ithaca is long and cold: it lasts for 6 months and can be minus 20 degrees Celsius. In this talk, I provide advices to graduate students who are going to stay in such a cold place as a postdoc.

References

山道真人（2013）サマースクールから海外ポスドクへ．日本生態学会関東地区会会報 61: 22-26

山道真人（2013）イサカ滞在記．日本数理生物学会ニュースレター 71: 8-11

山道真人（2014）エボ・グループセミナー in コーネル大学．日本進化学会ニュース 15(2): 8-9

W9-2

“Internationalization” of the universities, and studying evolution in Japan, USA and Switzerland

Kentaro Shimizu

University of Zurich

Globalization has influenced basic researches and universities in that universities in many countries are aiming at “internationalization” and are recruiting more and more students and researchers from all over the world. For example, in the University of Zurich in Switzerland, a large proportion of PhD students and PIs came from foreign countries, and English is now the common language in research. I have enjoyed research of Evolution in Japan, USA and Switzerland, and would like to discuss the strength of each. International collaboration is becoming more important and feasible. Human Frontier Science Program originated from Japan has been providing a unique support, and I would like to give an example on the project on genome duplication (see Symp-3: Genome duplication: integrating comparative genomics, population genetics, and experimentally synthesised polyploids).

As a former associate editor of the Newsletter of the Society of Evolutionary Studies, Japan, I started the series of the reports from foreign countries, and I am glad to see that it has continued until 20 times. I hope that the society will continue to serve as an important node of international evolutionary studies.

References

Shimizu, Kentaro K (2014). A Japanese PI in Switzerland. HFSP Matters, 4:8-9

清水健太郎　第5回　海外研究室だより ノースカロライナ州立大学遺伝学科　日本進化学会ニュース5:4-5, 2006

清水健太郎　第9回　海外研究室だより スイスが育てた国際的研究環境 チューリヒ大学理学部植物生物学研究所9:10-16, 2008

W9-3

○Takahiro Yonezawa

School of Life Sciences, Fudan University

Looking for the Lost World in China

Takahiro Yonezawa School of Life Sciences, Fudan University

China is an attractive place for the evolutionary biologist due to following reasons. First, the high level of the biodiversity in China: China is the third largest country in the world (9.6 million km2), spanning from tropical to subarctic zones as well as desert and alpine climate zones. The numerous numbers of the wild species are distributed in such diversified environments. The same holds for the fossil species such as Jehol biota or Chengjiang biota. Second, China is a center of the domestication and cultivation: the domestic animals and cultivated plants are result of the artificial selection, and they are good model of the evolution. During the long history of China, many animals and plants have been domesticated, and many breeds established. It is one of the hot topic in evolutionary biology. Third, the geographical position of China: to understand how Japanese fauna and flora established, the data from Chinese fauna and flora is essential. It also holds on the domestic animals and plants because of the long historical relationships between Japan and China.

However, there are few foreign researchers in China, and the academic life in China is little known to Japanese researchers (see also 米澤, 2011). In this workshop, at first, I want to give a talk about my own evolutionary research in China, and then hope to mention about the academic life style in China.

米澤隆弘 (2011) 海外研究室だより【第12回】復旦大学・生命科学学院
日本進化学会ニュース vol. 12. no. 2 pp. 24-26

W9-4

Arabia Felix!: Expect the Unexpected in Evolutionary Genomics from a Scientific Community of International Heterogeneity

Takashi Gojobori (五條堀孝)、Katsuhiko Mineta (峯田克彦)

CBRC, KAUST (アブドラ国王科学技術大学), Saudi Arabia

Spending almost one and half years since we joined KAUST (King Abdullah University of Science and Technology) in Saudi Arabia, we have started a comparative study of marine metagenomics between the sea surrounding Japan and the Red Sea in Saudi Arabia. Because of unique characteristics of the Red Sea such as high temperature and salinity in the seawater, we are obtaining very interesting observations of remarkable differences in microorganismic diversities. Since the KAUST community is now composed of different nationalities from more than 100 different countries, our lab members are naturally very international. Here we present our experiences in conducting evolutionary research in such academic environments of heterogeneous ethnic origins, particularly obtaining a full of unexpected insight through intimate discussion. “Arabia Felix” means “Happy Arabia” that describes the southern part of the Arabian Peninsula, which has long enjoyed more productive fields. We enjoy expecting the unexpected in such an international atmosphere, in the hope of attaining a scientific goal of Arabia Felix. We are so glad if we can share some of our experiences with the audience.

W10-1

沖縄国立自然史博物館の設立に向けて

浅島　誠

(独)日本学術振興会　理事　/東京大学　名誉教授

人類と 自然の持続を保証する「沖縄国立自然史博物館」の設立

-自然と 命の大切さの国民的理解に向けて-

人類はその誕生から今日まで、自然の一員として自然と 調和を保ちつつ生存してきた。しかし21 世 紀に入り過度の人為的活動のために自然環境の破壊が 急速に進み、人類および自然環境の持続性に赤 信号がともりつつある。また先の東日本大震災などの予期せぬ大禍により、貴重な自然とそれを 学問 的に担保する標本類が失われた。今後こうした問題を克服し、自然と調和のとれた人類活動を維持するためには、自然を真から総合的 に理 解しようとする自然史科学研究のさらなる進展が必須である。この目的に沿って自然史科学総合 研究拠点として沖縄国立自然史博物館を設立す る事を主旨とする。

W10-2

「国立自然史博物館」設立へ向けての日本学術会議の取り組み

○岸本健雄

お茶大・客員教授、東工大・名誉教授

自然史博物館は自然史研究の拠点であり、自然史標本を収集・保全し、生物多様性の変遷を明らかにして人類の持続可能性を保証するとともに、自然史資源の探索や新技術の開発に貢献する。日本学術会議としては、半世紀以上前の昭和33年5月に要望書「自然史科学研究センター（仮称）の設立について（要望）」を科学技術庁長官あてに提出したのが、「国立自然史博物館」設立の必要性についての最初の表明である。近年では、平成22年4月に公表の「日本の展望」で国立の自然史博物館の設立をあらためて提唱し、さらに、平成23年3月の東日本大震災によって自然史標本が被災したことを契機に「自然史標本の文化財化分科会」を新設して、自然史標本の継承についての具体的討議を開始した。平成26年3月に公表の日本学術会議「第22期学術大型研究計画・マスタープラン2014」では、「自然史科学のイノベーションを目指す国立自然史博物館の設立」を提案している。本年5月刊の『学術の動向』では、「自然史標本の継承―人類の財産を失わないために今なすべきこと―」が特集されている。本ワークショップでは、往年の懸案の実現を目指す活動を紹介したい。

W10-3

生物多様性のパターン形成を明らかにする：進化生態学的ビッグデータの可能性

○久保田康裕

琉大・理

日本には長年にわたる自然史研究の歴史がある。例えば、各地の博物館には、膨大な生物標本が蓄積され、様々な研究雑誌には、生物の地理分布、古生物（化石）、系統分類、生活史、フェノロジー、機能特性などに関する基礎情報が記載されている。これらの情報は、進化生態学的ビッグデータと捉えることができるだろう。本講演では、日本における自然史研究の蓄積を元にして、日本列島の生物多様性パターンの歴史的形成プロセスを分析した事例を紹介する。今日、基礎的で記載的な自然史研究は軽視されがちである。しかし、マクロ的な生物多様性の起源と維持の理解や、生物多様性の保全を考える場合、地道な自然史研究の継続が不可欠である。進化生態学的ビッグデータの活用を通して、今後の自然史研究を現代的枠組みで発展させることを議論したい。

W10-4

バイオミメティクスのメッカとしての「国立自然史博物館」

下村政嗣

千歳科学技術大学

バイオミメティクス（biomimetics）は、生物模倣と訳される。生物に学ぶという考え方はレオナルド・ダ・ビンチに遡るが、植物の種子の付着性を模倣したマジックテープや絹糸を模倣した繊維ナイロン、コウモリの反響定位を模倣したソナーなどが代表例である。今世紀のナノテクノロジーの飛躍的な発展により、生物表面に形成されるナノ・マイクロ構造に起因する特異な機能が明らかにされ、蓮の葉表面の超撥水性やサメ肌の流体抵抗低減化を模倣して、テフロンを使わない撥水材料、接着物質を使わない粘着テープ、スズ化合物を使わない船底防汚材料などが開発されている。これらの研究開発は、欧米における博物学と工学の連携によってなされたものである。バイオミメティクスの現代的意義は、生物の進化適応の結果である生物多様性の背景にある“生物の生き残り戦略”が、近代科学技術の喫緊の課題である“持続可能性に向けたパラダイムシフト”と技術革新のヒントを与えることにある。膨大な生物学の知識から工学への“技術移転”を行うためには、博物館が所蔵するインベントリーを工学的に利用できるデータベースにする必要があり、情報科学の活用が不可欠である。

W10-5

自然史博物館とゲノム研究

佐藤　矩行

OIST・マリンゲノミックユニット

これからの自然史博物館は、生物の進化・多様性をさまざまな角度から検証する研究を包含すべきである。ゲノムは言うまでもなくある生物のもつ1セットかつ全遺伝情報であり、これからの全ての生物科学研究の基礎をなす。本講演においては、これからの自然史研究におけるゲノム科学の貢献の可能性を議論する。

W11-1

鳥類の起源を考察するための形態進化

真鍋真

国立科学博物館・地学研究部

三畳紀に出現した恐竜は、ヒザを胴体の横に突き出さずに二足歩行することによって、他の爬虫類よりも活発な生態をもつようになった。この姿勢は体重支持にもすぐれているため、恐竜の大型化を可能にした要因でもある。ジュラ紀にさまざまな系統で大型化が起こる中で、獣脚類コエルロサウリア類（コエルロサウルス類）の中では小さな体サイズを維持する傾向が見られる。現生種の鳥類に特徴的な形質である、羽毛、叉骨、3本指の手と水平方向に動く手首、中空度の高い骨などは、すでに非鳥類獣脚類の段階で出現していた。特に羽毛は、羽軸の前後が非対称な大羽で構成される翼が確認されており、四肢に翼もった小型のエウマニラプトラ類（エウマニラプトル類）が木の枝から滑空することで飛翔が始まったと考えられている。大胸筋を発達させられるような大きな胸骨が発達していないと考えられることから、当初は後肢の翼が必要だったが、やがて胸部の筋が発達し、後肢の翼が縮小し、現代の鳥類の形になっていったらしい。2015年4月、飛膜状の組織をもったエウマニラプトラ類の発見が報告され、飛翔の起源の段階には様々な実験があったことも垣間見られるようになってきた。

W11-2

恐竜は小さくなれなかった？　指行性による体サイズへの制約

○久保　泰[1]

[1]福井県立恐竜博物館

北米とアフリカの哺乳類について、しょ行性の種は小型で、踵をつけないで歩く指行性や蹄行性の種は中型から大型であり、およそ1kgを境に足の形態が異なるという研究があります(Lovegrove, and Haines, 2004) 。中生代に指行性だった動物は恐竜形類だけで、他の動物はすべてしょ行性でしたが、足の形態が恐竜の小型化を制限していたという説は提唱されたことがありません。足の形態が陸生動物の体サイズの小型化を制約している可能性を検証するため、指行性と蹄行性の現生陸生哺乳類330種、北米の絶滅した指行性と蹄行性の陸生哺乳類326種、1000平方キロよりも大きな陸塊の飛べない現生鳥類17種、そして飛べない恐竜310種の（推定）体重を調べたところ、それぞれ最も小型の種は32．5g、827g、957g、123gでした。その中で500g以下のものは現生哺乳類ではアフリカにのみ生息するハネジネズミ科の種のみ、恐竜ではアルバレツサウルス上科に属する2種のみでした。体重の最頻値が陸生哺乳類では約180g、鳥類では約40gであることを考えると、指行性および蹄行性の歩き方は分類群や時代を問わず、小型化を制約する要因となっていた可能性があります。

W11-3

獣脚類の足における形態と機能の進化

○服部創紀

東大・院理

二足歩行性の恐竜類である獣脚類にとって、足は唯一の接地部位であり、その形態・機能の変化は、現生鳥類に至る進化史と密接に関連すると予測される。しかし、その内容と過程はごく一部が知られているに過ぎない。獣脚類の足の進化史を明らかにするため、45個体（化石種28・現生種17）の中足骨（5本の長骨からなる足の甲の骨）を中心に、骨格形態および関節位置の進化過程を調査した。卓越した把握能力を示す鳥類の足において、母趾の対向は重要な形質であるが、鳥類を除く獣脚類（非鳥類獣脚類）では他の趾と同様に前方を向いていたと考えられてきた。しかし調査の結果、母趾が内側を向く形質は非鳥類獣脚類の系統で少なくとも2回独立に獲得されていたことが分かり、特に鳥類に近縁なクレードである Paraves では、母趾の基部を構成する第Ｉ中足骨の関節面に可動性の向上を示す特徴が認められ、さらに母趾を前方から内側の範囲で動かすことが可能であったことが、関節状態で保存された化石に基づき推測された。これらのことは、従来考えられていたよりも早い段階で獣脚類の足に把握能力が備わりつつあり、鳥類の出現以前に樹上生活に適応していた可能性を示唆する。

W11-4

獣脚類恐竜 *Avimimus portentosus* における現生鳥類との収斂形質の再検討

○対比地孝亘[1]、Lawrence M. Witmer[2]、渡部真人[3]、Khishigjav Tsogtbaatar[4]

[1]東大・院理、[2]Ohio University、[3]大阪市立大・理、[4]Mongolian Institute of Paleontology and Geology

モンゴル上部白亜系産の獣脚類 *Avimimus portentosus* は、先行研究により、現生鳥類と収斂で獲得された形質を多く持つ事が指摘された。本研究では新規に発見された標本を基に、特に頭骨や脳及び内耳の形態について、鳥類的であるとされる形質の再評価を行なった。まず眼窩とつながっていたと考えられていた下部側頭窓は完全に骨で囲まれていること、鼻骨は派生的なオビラプトロサウルス類に特徴的な形態を持つ事など、頭骨はこれまで考えられていたよりも非鳥類獣脚類型の形態を保持していることがわかった。一方側方半規管の前庭からの出方などの内耳の形態については、現生鳥類と共有される派生的な形質が見つかった。アビアラエ類の起源付近での内耳の進化パターンは不明な部分が多く、今後の詳細な検討を要する。骨格全体では、脳函、手、足の骨が癒合するという派生形質を鳥類と共有している。ヒトにおける骨格形成異常の研究から、これら複数の部位における癒合は単一の小さな遺伝子変異で引き起こされ得ることが判明しており、*Avimimus* と鳥類の間でみられる収斂についても比較的小さな遺伝子変異に起因している可能性が示唆される。

W12-1

植物種分化の鍵となる花の香りの進化遺伝学

○奥山雄大[1]、岡本朋子[2]

[1]科博・植物園、[2]岐阜大・応用生物

被子植物が著しい適応放散を遂げ、陸上生態系にあまねく広がることができた背景には、送粉者との多様な共生関係がある。この共生関係を支配しているのが、花の香りをはじめとする送粉者への信号形質である。今回、被子植物の種分化／多様化メカニズムを明らかにするモデル系として、日本で顕著な多様化を遂げたチャルメルソウ類の研究を紹介する。チャルメルソウ類では繰り返し送粉者の違いによる生殖隔離が生じているが、これには花の香り成分ライラックアルデヒドの獲得／喪失が関与していることが明らかとなった。さらにその生合成を支配している遺伝子群も突き止めた。これにより、送粉者に対する信号として働く形質にどのような進化プロセスが働いたかを明らかにすることができた。同様のパターンが、花の匂いが介在する送粉共生系一般で見られる可能性を検討するため、この研究手法を広く応用する試みについても紹介したい。

W12-2

キク科植物における土壌エコタイプの形成過程

○阪口翔太[1]、堀江健二[2]、石川直子[1]、永野惇[3,4,5]、本庄三恵[4]、工藤洋[4]、伊藤元己[1]

[1]東大・総合文化、[2]旭川市北邦野草園、[3]龍谷大・農、[4]京大・生態研、[5]JST・さきがけ

北海道を南北に走る神居古潭帯には蛇紋岩地帯が分布し，乾燥した疎林・草原の広がる独特の景観が見られる．キク科アキノキリンソウは秋咲きの多年生植物であるが，この蛇紋岩地帯では細長い葉をつける特異な形態の集団が点々と分布する．この蛇紋岩集団には普通型（林床型）集団が隣接して分布しているため，遺伝子流動の下で異なるハビタット間での分断化選択が働いていると考えられる．また一部の蛇紋岩集団では6-7月に開花し，普通型集団と交配前隔離が成立しているものもある．このように，様々な生態的種分化段階にあるアキノキリンソウ集団は，植物の蛇紋岩地への適応進化を研究する上で興味深い．本発表では，ゲノムワイドな遺伝マーカーを利用することで，最近に起きた土壌エコタイプ形成における集団動態の解析結果を紹介する．

W12-3

様々なスケールでのゲノム比較からハクサンハタザオの適応遺伝子に迫る

○久保田渉誠

東大・総合文化／日大・生物資源

次世代シークエンサーの発達により，野生生物でもゲノムレベルでの適応遺伝子の探索が可能になってきた。ゲノム解析の現場が実験室内から野外にも拡大したことにより，現在では野生生物が種内に内包する多様な形質変異と関連した遺伝子の単離・解析に注目が集まりつつある。ここではシロイヌナズナの近縁種であるハクサンハタザオを対象とし，ひとつの山の中の異なる標高集団間の比較，日本全国を網羅する集団間の比較，100年前に採取された標本と現生の植物の比較など，様々な時空間的スケールにおけるゲノム比較から環境適応を担う遺伝子に迫るエコゲノミクス研究を紹介する。

W12-4

Vigna 属野生種の多様性と環境適応

○内藤健[1]

[1]生物研

Vigna 属とはアズキのなかまであるが、最大の特徴は野生種の多様性にある。特に環境適応の幅が非常に広く、砂浜海岸、石灰岩カルスト、酸性火山灰地帯、砂漠や湿地など過酷な環境に生息するものが多数存在する。したがって *Vigna* 属はストレス耐性遺伝子の宝庫として非常に価値のある遺伝資源であると言える。また、ある程度の範囲で種間交雑が可能であるため、交雑集団を使った遺伝解析によってストレス耐性に関与する染色体領域を容易に同定することができる。さらに、ゲノムサイズが450～600Mb と比較的小さく、またほとんどの種が2倍体であることから、ゲノム解析も比較的容易に行える。したがって、我々は *Vigna* 属遺伝資源が環境適応に関するモデル植物にもなり得ると考えている。

我々はこの *Vigna* 属が獲得した適応機構を解明するため、耐性スクリーニングや交雑後代を用いた遺伝解析およびゲノム解読を進めてきた。現在は特に耐塩性および耐乾性について解析を進めているが、今回は *Vigna* 属の耐塩性についてのこれまでの研究成果について紹介したい。

W13-1

Transitions in rRNA-mRNA interaction during endosymbiosis

○Kyungtaek Lim[1]

[1]BRD, AIST

By the process of 'endosymbiosis', many bacterial endosymbionts have emerged and further evolved into organelles such mitochondria and plastids (including chloroplasts). An endosymbiotic lifestyle drives unique genomic evolutionary processes such as facilitated gene loss and radical nucleotide compositional bias. Understanding of such endosymbiotic evolution is central to eukaryotic biology and pathology because the most endosymbionts and endosymbiont-derived organelles are essential for eukaryotic metabolism,

As a new perspective on endosymbiotic evolution, here I introduce collective views on evolutionary changes in rRNA-mRNA interaction for translation initiation, called Shine-Dalgarno (SD) interaction. Although SD interaction is considered essential for bacterial genetic system, it has often been lost or altered during endosymbiosis. For example, mitochondria, that have undergone endosymbiosis for approximately 1.5 billion years, do not possess any SD signals except for a clade that features gigantic genome size. Such loss is much less frequent in plastids and endosymbiotic bacteria probably owing to the much shorter endosymbiotic history. Furthermore, the rRNA-side motif for SD interaction has evolved coordinately with mRNA-side SD signals in several plastid lineages, showing unexpected evolutionary plasticity of genetic system during endosymbiotic evolution

W13-2

ヌクレオモルフをもつ2種の未記載渦鞭毛藻：真核藻の細胞内共生を介した葉緑体成立過程を解き明かす新たなモデルとして

皿井千裕[1]、谷藤吾朗[2]、中山卓郎[3]、神川龍馬[4,5]、高橋和也[1]、石田健一郎[2]、岩滝光儀[6]、○稲垣祐司[2,3]

[1]山形大・院理工、[2]筑波大・生命環境、[3]筑波大・計算科学研究セ、[4]京大・院人間環境、[5]京大・院地球環境、[6]東大・アジア生物資源環境

ヌクレオモルフ（Nm）は二次（細胞内）共生を通じて葉緑体化した真核藻類の退化核であり、独自のゲノムをもつ。Nm とそのゲノムは、葉緑体化に伴うゲノム縮小進化、および宿主と細胞内共生藻間のゲノム再編成を知る上で重要なモデルである。これまで Nm は単細胞真核藻類であるクリプト藻類とクロララクニオン藻類からのみ報告されていたが、我々は未記載渦鞭毛藻類2株（室蘭株、鶴岡株）が Nm をもつことを発見した。

我々の行った葉緑体遺伝子に基づく系統解析と色素解析から、室蘭株・鶴岡株の葉緑体はともに二次共生した緑藻に由来すると考えられる。電子顕微鏡観察では、緑藻共生体の細胞質に当たる区画（PPC）に核様構造が認められ、サイバーグリーン染色により構造内に核酸が検出された。従って、室蘭株・鶴岡株は Nm を PPC 内に保持していると結論できる。さらに2株の渦鞭毛藻細胞内で発現する内部共生体（緑藻）由来遺伝子が多数発見され、緑藻共生体はオルガネラ化していると考えられる。現在室蘭株・鶴岡株の宿主核および Nm ゲノムの解析に取り掛かっており、ここからのデータは二次共生に伴う宿主・共生体ゲノムの進化に関し重要な知見を提供する可能性が高い。

W13-3

シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化

大熊盛也

理研 BRC JCM

シロアリ腸内に生息する原生生物には、細胞内・表層に種特異的な細菌の共生が見られる。これらの共生細菌は、腸内の優占種であり、腸内の代謝に重要な役割を果たすと考えられている。今回、シロアリ腸内の細菌に特徴的な働きである、水素と二酸化炭素からの還元的酢酸生成と窒素固定機能に注目して、腸内での活性に最も寄与する細菌として、セルロース分解性の原生生物の細胞内共生細菌であるスピロヘータの1種を同定した。この細胞内共生細菌のゲノム解析を実施し、宿主原生生物の代謝と協調して2つの機能が効率的に働く共生機構を推定した。細胞内スピロヘータのゲノムは、顕著な縮小化は見られず、これまでにゲノム解読された腸内原生生物の別グループの細胞内共生細菌とは異なっていた。一方、この細胞内共生細菌は、スピロヘータに特徴的な螺旋状の細胞形態ではない桿菌で、形態や運動性に関わる鞭毛遺伝子などが認められず、細胞内共生の比較的初期段階にあるものと考えられた。

W13-4

動物界のオルガネラ進化

中鉢淳

豊橋技術科学大学・EIIRIS

共生由来オルガネラの成立過程では、1）オルガネラ始祖である共生細菌自身や、その他の様々な細菌から多くの遺伝子が宿主ゲノムに移行し、2）移行した原核型遺伝子が真核型プロモーターなどを獲得して、宿主の発現機構によるタンパク質合成が可能となり、3）合成されたタンパク質を、その機能の場である共生細菌に運ぶ輸送系が新たに進化した。中でも、多数の遺伝子の関わる「タンパク質輸送系の進化」が最も困難と考えられ、その有無が、長らく「オルガネラ」をその他の「細菌」から弁別する指標とされてきた。今回我々は、細胞内共生細菌「ブフネラ」と不可分な相利共生関係を築くアブラムシ（昆虫綱・半翅目）が、細菌から水平転移により遺伝子を獲得し、ブフネラを収納する細胞で特異的に発現させ、合成されたタンパク質をブフネラに運ぶ細胞内輸送系を進化させていることを明らかにした。これは、多細胞生物である動物の中でも、太古の単細胞生物内で起きたオルガネラ進化に匹敵する進化が起きていることを示すものである。本ワークショップでは、これに加え、キジラミ（昆虫綱・半翅目）-共生細菌間のゲノムレベルでの融合についても紹介する。

W14-1

人工 RNA 複製システムの構築と寄生体との共進化

○市橋伯一[1]、番所洋介[2]、古林太郎[2]、四方哲也[1,2]

[1]阪大・情報、[2]阪大・生命

生命はどうやって単純な化合物の集まりから、現在見られるような複雑な細胞へと進化しえたのだろうか？　私達は、原始の単純な生命システムを模擬した反応系を構築し実際に進化させてみることで、この質問に答えようとしている。これまでに私達は、人工 RNA ゲノムが自身の遺伝情報に基づいて複製し自発的に進化するシステムを構築した。このシステムを継代すると、RNA ゲノム（宿主 RNA）に寄生して複製する RNA（寄生体 RNA）が発生することを見出した。本研究では、この寄生体 RNA が出現するとゲノム RNA 複製を致命的に阻害するが、反応をマイクロサイズの区画に封入することにより、宿主と寄生体 RNA がその数を振動させながら継代できることを示す。さらにその振動パターンは継代を続けるに従い宿主、寄生体の両方の進化により変化していくことを見出した。本研究結果は、初期進化における細胞のような区画構造の重要性を示すものである。また、この単純なシステムを実験モデルとして使うことにより、寄生体の存在が宿主の進化に及ぼす影響を詳細に明らかにできると期待している。

W14-2

大腸菌の実験進化による適応進化ダイナミクスの解析

○鈴木真吾、古澤力

理研・生命システム研究センター

病原菌の薬剤耐性化が大きな問題となっている。耐性化を抑制するためには、病原菌が耐性菌へと進化する過程の解析が必須である。そこで本研究では、大腸菌の進化実験により耐性化過程を実験室内にて再構成し、その適応進化ダイナミクスを解析した。

様々な抗菌薬に対する進化実験を行うことで耐性大腸菌を創出し、他抗菌薬への耐性能を系統的に調べたところ、様々な耐性菌にて複数の他抗菌薬に対する耐性が観察されるとともに、一部の耐性菌では特定の抗菌薬に対して元株よりも弱くなる超感受性を示すことを発見した。その耐性機構を理解するためにトランスクリプトーム解析を行ったところ、耐性大腸菌では、進化前の状態と比較して多数の遺伝子の発現量が変化しているものの、様々な抗菌薬に対する耐性能は数個の遺伝子の発現量のみで予測できることを示した。つづいてゲノム変異解析を行ったところ、類似した耐性能を示す耐性菌の間で、必ずしも共通した変異が生じているのではなく、様々な変異が類似の遺伝子発現の変化を引き起こし、それが耐性能の獲得につながっていることが判明した。これらの知見は、病原菌の耐性獲得を制御する手法の開発に貢献すると期待できる。

W14-3

40億年前の祖先タンパクの再生実験

○山岸明彦

東京薬大・生命

遺伝子配列に基づく分子進化系統解析は、いわばこの分野の基本的解析手法となっている。また、系統樹上の分岐点での配列を推定できることも以前より知られている。さらに推定された分岐点に相当するタンパク質をタンパク質工学的に作成し、その性質を調べる事から過去の生物やその生育環境の情報を得る研究がいくつか報告されている。

こうした解析には、解析に用いるタンパク質が宿主の系統を反映している事、タンパク質の性質が環境を反映している事、タンパク質を再生するためにはタンパク質の保存性が高く挿入欠失配列が少ない事などが望ましい。こうした要求を満足するタンパク質として NDK(ヌクレオシド二リン酸キナーゼ)を材料として解析を行った。その結果、全生物の共通祖先、我々はコモノートと呼んでいる、が高温で中性付近の pH に棲息していたであろうと推定した。我々の実験例を中心に紹介する。

【文献】Akanumma et al. (2013) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 110 (27), 11067-11072

W14-4

遺伝子組換えによる祖先化石種の復元と形態進化

○長谷部光泰[1]

[1]基礎生物学研究所

胞子化石から、陸上植物の共通祖先は約5億年前に上陸したと推定されている。現生陸上植物の最基部系統はコケ植物であるが、約4億年前の地層から産出される大化石は、コケ植物とは異なり、無限成長する茎が分岐し先端に胞子嚢をつける形態をしている。これらの化石植物（前維管束植物）よりも現生コケ植物の方が単純な形態をしていることから、陸上植物の共通祖先はコケ植物のような形態をしており、何らかの理由で化石に残りにくかったのであろうと考えられてきた。ところが、我々は、ヒメツリガネゴケにおける幹細胞制御機構の研究の過程で、クロマチン修飾因子ポリコーム抑制複合体2（PRC2）を破壊すると、ヒメツリガネゴケが前維管束植物のような形態になってしまったのである。この突然変異体を材料に、陸上植物のボディープランの初期進化について考察してみたい。

W14-5

昆虫ー大腸菌人工共生系

○古賀隆一

産総研・生物プロセス

昆虫類は消化管内腔，組織内あるいは細胞内に共生細菌を保有し，これらの細菌が果たす生物機能を利用し，さらには依存することがある．このような関係においては，共生細菌も宿主体内という栄養的に豊かで物理的に安定した環境に適応・依存する．つまり相利共生関係の成立は，宿主と共生体双方の生理や生活様式そして進化に劇的な変化を引き起こす．しかし任意の昆虫と細菌を組み合わせるだけでそのようなイノベーションが簡単に起こるはずもなく，共生を可能にする適応的な構造，代謝さらには行動をもたらす遺伝子レベルの変化が宿主と共生細菌の双方に必要であるに違いない．チャバネアオカメムシは中腸後部に腸内細菌群に属する必須共生細菌を保有する．この共生細菌は実験的に大腸菌に置換することが可能だが，大腸菌感染カメムシの成長は遅延し繁殖力は減退する．すなわち大腸菌はもとの共生細菌と比較して、カメムシとの正常な共生系の構築に必要な要素を欠いている可能性が高い．今回はカメムシー大腸菌人工共生系において大腸菌の強力な分子遺伝学的手法を駆使することにより，相利共生を可能にする細菌側の因子を探索する計画と，その途中経過について報告する．

W15-1

飼えない虫を累代飼育する:リーフマイナーとアメンボを例に

大島一正

京都府大・院生命環境

野外で見られる様々な種間相互作用に操作実験的な要素を組み込むには，室内実験が必要であり，累代飼育法の確立は避けては通れないステップとなる．また，少なくとも累代飼育ができれば純遺伝学的なアプローチが可能となる．今回の発表では，リーフマイナーとアメンボを例に，累代飼育法の確立過程と，確立後の研究の展開例を紹介する．リーフマイナーとは，幼虫期に葉の内部を摂食しながら成長する昆虫類の総称である．リーフマイナーを累代飼育できるかどうかは，卵が産卵された葉を枯らさずに維持できるかどうか，という点にかかっている．しかしこれさえ突破できれば，ほとんどの種が寄主植物に関してスペシャリストであり，かつ小型で飼育も場所をとらないため，昆虫と植物，そして天敵である寄生蜂を含めた研究の格好のモデル系となる．もう一つの例のアメンボは肉食性の昆虫であり，一般に単一種の餌昆虫のみを与え続けると死亡率が高くなる．しかし，餌条件という環境要因を揃えるためには極力少数の餌昆虫種を用いることが望ましい．そこで，アメンボの死因からヒントを得，餌昆虫であるキイロショウジョウバエの培地を工夫して累代飼育へと漕ぎ着けた例を紹介する．

W15-2

『飼う！』深海生物学

○宮本教生

海洋研究開発機構

深海は低温で光合成に必要な太陽光が届かないため，栄養に乏しく生物にとって過酷な環境であるとされる．しかしながら，このような環境にも適応している生物は存在し，様々な形態・生理機能・生活史などが進化している．生物の深海極限環境進出は進化生物学において興味深い課題であるが，深海生物の研究は大きく立ち後れている．そのシンプルで最も大きな障壁となっているのが，採集と飼育の困難さである．深海生物の採集機会は少なく，また多くの生物が採集後，船上に揚がってくる過程で死んでしまう．生き残った生物も，深海の特殊な環境に適応していたが故に，陸上の飼育環境においては徐々に弱り死んでしまう．そのためこれまでの深海生物の研究は，採集後迅速に固定されたサンプルを用いたものがほとんどであった．我々のグループではこの状況を打開するために様々な深海生物の採集・飼育方法を検討してきた．中でも鯨骨域に生息するホネクイハナムシは，実験室内での継代飼育が可能となり，さらにはその共生細菌も培養することに成功した．本講演では安定した飼育が可能になったことで明らかとなった，ホネクイハナムシの発生と共生について紹介する．

W15-3

DHA が担う新規環境への適応放散

○石川麻乃[1]、北野潤[1]

[1]遺伝研・生態遺伝

生物は新規環境への進出と適応を繰り返し、多様な形質を獲得してきた。一方、全ての生物が等しく新規環境に進出できたわけではない。では、その違いは何によるのか？イトヨは、祖先的な海型が淡水域へ進出し、適応放散を遂げている。日本に生息する海型イトヨは、遺伝的に分化したイトヨ太平洋集団とニホンイトヨに分けられる。近年の研究から、イトヨ太平洋集団は高い淡水域進出能力を持つ一方、ニホンイトヨは淡水に進出していないことが分かってきた。鍵となると考えられたのが DHA 合成能の違いである。ニホンイトヨはイトヨ太平洋集団に比べ、淡水餌飼育下で高い幼魚死亡率を示すが、これは DHA 強化餌の給餌で回復した。また、淡水餌飼育下で、イトヨ太平洋集団は DHA を多く含有する一方、ニホンイトヨでは DHA 含有量が低かった。DHA 合成酵素 Fads2に注目すると、イトヨ太平洋集団は、より多くのコピー数、発現量を示した。更に、ニホンイトヨに Fads2を遺伝子導入すると、死亡率が回復した。このことから、高い Fads2コピー数とその発現量が、餌中に DHA が少ない淡水域での高い幼魚生存率と、その後の適応放散の遺伝基盤となったと示唆された。

W15-4

水草の可塑的な葉の形態形成機構にせまる

○古賀皓之[1]、塚谷裕一[1]

[1]東大・院理

水辺に生育する植物、いわゆる水草の一部には、水中に沈んでしまったときに気中で展開していた葉と大きく異なる形態の葉をつくるものが知られている。このように同一の植物個体が周囲の環境に応じて異なる形の葉をつくることを異形葉性と呼び、特に水草においては、頻発する水位変動に対する適応として、水中での生存に適した葉の形成を可能にする重要な形質であると考えられている。また、異なる形態形成過程について同一の個体を用いて解析できるため、葉の形の進化を理解する上でも、興味深い知見が得られるであろう。しかし、これまで水草の異形葉性の分子発生学的なメカニズムに迫った研究例は乏しく、そういった研究に用いるべき材料も定まっていない状態であった。そこで我々は、日本に自生するオオバコ科の水草ミズハコベ *Callitriche palustris* を発生学的研究のための新規モデルとして立ち上げ、研究を行なっている。発表では、この新たな植物を用いた実験系について紹介するとともに、本実験系をもちいて現在までに得られた成果について報告する。

W15-5

極小細菌から探る微生物の進化

中井 亮佑

国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員

微生物は小さな生物である。生物は一体どこまで小さくなりうるのか？微生物を研究対象とする以上、その最小サイズは本質的な問題である。演者らは、濾過除菌に汎用される孔径0.2マイクロメートルのフィルターを用いて環境試料を濾過し、その濾液から極小細菌を探索してきた。その結果、河川水の濾液から終生を極小サイズ（大腸菌の細胞体積の約30～40分の1）で過ごす細菌の飼育（培養）に成功した。この自由生活性細菌のゲノムサイズは約1.6 Mb と小さく、その近縁グループが3～4 Mb であることから、ゲノム縮小が生じていると考えられる。また一方、砂漠砂礫の懸濁濾液からは、培養後に細胞サイズが10マイクロメートル以上にまで大きくなる糸状細菌が得られた。この細菌は、顕微鏡下で螺旋状や小さい球状の細胞も観察され、生活史の一部に矮小化ステージがある。多様な細胞形態を持つこの細菌は系統学的な新規性が高く、プロテオバクテリア門の新綱 *Oligoflexia* として記載した。このように、一般的な細菌より小さいがウイルスよりは大きい「生物と非生物の間」に存在する極小細菌は、微生物の進化を考える上で一つの端緒を与える。

W16-1

Hox 遺伝子が司る共生器官の発生 －ナガカメムシにおける菌細胞の進化－

○松浦優

北大・地環研

共生はしばしば生物に適応的形質の進化をもたらす.多くの生物種は生存に有利となる共生微生物を体内に「飼って」おり,一部の魚類やイカ類が有する発光器官,マメ科植物に見られる根粒,草食ほ乳類における盲腸など,共生に特化した共生器官を獲得した例も少なくない.私が研究対象とする昆虫類にも,必須共生細菌を保持する菌細胞とよばれる特殊な細胞群からなる共生器官が進化している.しかし,この新規形質の発生学的な基盤はよくわかっておらず,菌細胞がどのような機構で形成されるのかは謎であった.そこで,私は多様な菌細胞を新たに獲得したナガカメムシ類を用いて菌細胞の進化発生学的な研究をおこなってきた.これまでに,ヒメナガカメムシ *Nysius plebeius* などのカメムシ種の胚発生を詳細に観察し,菌細胞原基の位置と共生器官の発生過程を明らかにした.また,動物の形態進化に重要な *Hox* 遺伝子の発現と機能を解析したところ, *Ultrabithorax* が菌細胞に特異的な発現を示し,共生器官の発生に必須であることがわかった.これらの結果から,昆虫における共生と発生をつなぐ制御機構の進化の一端を解明することができた.

W16-2

微生物が引き起こす昆虫消化管のダイナミックな形態変化

菊池義智

産総研・北海道センター

マメ科植物の根粒やミミイカ発光器官の形態変化にみられるように、共生細菌はときに宿主の形態形成を誘導し器官形態を劇的に変える。最近のマウスやゼブラフィッシュにおける研究では、腸内細菌が消化管の上皮形成や血管形成に重要な役割を果たすことが報告されており、微生物による形態変化がより普遍的な現象であることを示唆している。最近我々はホソヘリカメムシ腸内共生系において、共生細菌の感染により宿主消化管の細胞分裂が活性化しこれにより形態が大きく変化することを明らかにした。ホソヘリカメムシは中腸後端部（M4部位）に盲嚢と呼ばれる袋状組織を発達させ、その内腔中に *Burkholderia* 属の共生細菌を保持している。GFP 発現共生細菌を用いてその感染過程を詳細に観察したところ、共生細菌がM4へ到達するとM4前部が急速に閉じることが明らかとなった。また非感染個体との詳細な形態比較から、盲嚢の形成も共生細菌の感染により亢進することが明らかとなった。シンプルかつ逆遺伝学的アプローチが容易なホソヘリカメムシの腸内共生系は、微生物による形態変化の分子基盤を解明するための良いモデル系になるだろう。

W16-3

根粒形成に着目したマメ科植物-根粒菌の共生メカニズム

○寿崎拓哉[1]、川口正代司[2]

[1]筑波大・生命環境、[2]基生研・共生システム

マメ科に代表される一部の植物は、根に「根粒」と呼ばれる器官を形成することにより、土壌細菌である根粒菌との相利共生関係を築いている。根粒の初期発生過程では、根粒菌感染によって根の一部の皮層細胞が脱分化し、細胞分裂が誘導され根粒原基が形成される。この過程では根粒菌の感染プロセスも同調的に進行し、根粒菌は分裂中の皮層細胞に侵入する。その後、根粒菌は根粒内部において細胞内共生し、大気中の窒素を固定し植物に供給する。一方、植物は光合成産物である炭素源を根粒菌へと供給する。

これまでに我々は、マメ科のモデル植物ミヤコグサを用いて根粒発生の遺伝的機構に着目した解析を進め、根粒共生の成立機構の一端を明らかにしてきた。本発表では、最近の研究成果を中心に、根粒原基形成の制御機構や他の器官形成の制御系との関連性を紹介し、根粒共生の進化の遺伝子基盤を議論したい。

W16-4

アーバスキュラー菌根共生の進化-細胞生物学的視点から

小八重善裕

北農研

多くの植物はアーバスキュラー菌根菌(AM 菌)と根で共生しており、この共生を通じて土壌から効率よくリン酸などの養分を吸収している。この共生の歴史は長く、その始まりはコケが陸上に進出した4億5千万年以上前にさかのぼると考えられている。この間、この共生が寄生化した形跡は認められておらず、絶対共生を継続してきたと考えられる。この安定した共生関係にもかかわらず、不思議なことに、AM 菌は植物の根の細胞内に数日しか感染しない。ライブイメージングが明らかにした菌根のダイナミックな細胞内共生の形態について、最新の知見を紹介するとともに、この共生の成り立ちについても考察したい。

W17-1

後生動物ミトコンドリア遺伝暗号からみた遺伝暗号の進化

○横堀伸一[1]、渡辺公綱[1,2]

[1]東薬大・生命、[2]東大・院農

生命の起源を考える上で、どのようにしてコドンとアミノ酸の対応関係が定まったのか、は極めて重要な問題である。遺伝暗号表は真正細菌、古細菌、真核生物の間で共通(標準遺伝暗号表)であるため、現存する地球上の全生物の共通祖先が成立するまでに、標準遺伝暗号表が成立したと考えられる。しかし、遺伝暗号表はすべての生物、すべての遺伝システムで共通ではなく、長い生物の進化の過程で、様々な派生型遺伝暗号表が生まれてきた。ミトコンドリアや一部の寄生性の真正細菌では、tRNA の種類が減ってコドンとtRNA の組み合わせが単純なシステムが二次的に出現している。ミトコンドリアゲノムとミトコンドリア tRNA の解析から、tRNA のアンチコドンとコドンの対合ルール(ウォブルルール)によって後生動物ミトコンドリア等の派生型遺伝暗号表の可塑性とその進化は規定されていることが明らかになった。また、少数のtRNA種から構成される後生動物ミトコンドリア翻訳系は標準遺伝暗号成立過程途上の原始翻訳系の良いモデルであると考えられる。後生動物ミトコンドリア翻訳系遺伝暗号の知見に基づき、初期進化についても考察する。

W17-2

単純化遺伝暗号:限られたアミノ酸セットで構成されるタンパク質配列空間を探索するための進化分子工学的ツール

○網蔵和晃[1]、木賀大介[1,2]

[1]東京工業大学・地球生命研究所、[2]東京工業大学 知能システム科学専攻

共通祖先以前の初期生命は、アミノ酸19種類以下が割り当てられた遺伝暗号を用いてタンパク質を合成していたと考えられている。したがって、アミノ酸の種類が少ない単純なタンパク質配列空間を進化分子工学的に探索して得られたタンパク質群の物理化学的特性を解析することは生命の起源および進化にとって重要な知見を与えてくれると我々は期待している。これまでは進化分子工学的手法を用いてアミノ酸の種類が少ないタンパク質の配列空間を探索するには煩雑な実験を必要であったが、我々が発表したアミノ酸19種類以下がセンスコドンに割り当てられている単純化遺伝暗号を用いれば、これまでよりも効率よく単純なタンパク質の配列空間を探索できるだろう。

我々は、複数種類のアミノ酸が同時に除かれたアミノ酸16種類が全てのセンスコドンに割り当てられている単純化遺伝暗号の構築に昨年成功した。本発表では、これまでに遺伝暗号から除けることを報告していた Trp, Cys, Tyr, Asn, Arg の他にも数種類のアミノ酸を除くことに成功したことを発表する。

W17-3

大腸菌リボソームの変異耐性

○宮崎健太郎

産総研・生物プロセス

バクテリアのリボソームは、3つのRNA(16S, 23S, 5S)と50余りのタンパク質からなる超分子複合体である。リボソームは複雑な立体構造をとり、機能的にも重要であることから、非常に保守的な分子であると考えられてきた。これに対し我々は、以下の実験により、リボソームの意外な頑強性を見出した。すなわち、大腸菌16S rRNA 遺伝子の完全欠損株の生育を、環境ゲノムを鋳型に増幅した16S rRNA 遺伝子により相補させることを試みた結果、大腸菌16S rRNA との配列相同性が80%程度(総置換数では全1542塩基中の約300塩基)、微生物の系統分類上は「綱」のレベルで異なる微生物由来の16S rRNA が生育を相補可能であることを明らかにした(Kitahara et al., PNAS, 2012)。相補株の16S rRNA の解析結果からは、(1) 機能性16S rRNA に特徴的な保存領域があること、(2) 一次配列が多様な場合でも二次構造レベルでは保存されていること、また (3) 分子表面に位置する領域においては挿入・欠失なども許容されることがわかった。本講演では最近取得された門レベルで異なる16S rRNA に置換された変異リボソームやそれを含む大腸菌変異株の性質について紹介する。

W17-4

アミノアシル tRNA 合成酵素の構造と進化

横山茂之

理研・構造生物学

アミノアシル tRNA 合成酵素(aaRS)は、tRNA とアミノ酸を識別して結合させることにより、遺伝暗号を実現している。20種類の標準アミノ酸のそれぞれに特異的な aaRS が存在し、そのアミノアシル化触媒ドメインの構造から、全く異なる起源をもつ2つのクラス(I、II)に分類される。我々は、十数種類の aaRS について結晶構造解析を行い、立体構造の特徴、アミノ酸と tRNA の識別機構等を研究してきた。さらに、「22番目のアミノ酸」であるピロリシンの aaRS、クラス I の LysRS(通常はクラス II)、フォスフォセリンの aaRS などの構造解析も行った。これらの構造から、クラス共通のアミノアシル化触媒ドメインに対し、個別の tRNA 識別ドメイン、アミノ酸校正ドメイン等が付加されて完成したことが分かる。さらに、間接的なアミノアシル tRNA 合成(始めに別のアミノ酸を tRNA に結合し、そのアミノアシル tRNA に変換酵素が働きアミノ酸側鎖を完成)として、「21番目のアミノ酸」セレノシステイン、グルタミン、システインの変換酵素の構造解析も進めた。これらのアミノ酸が遺伝暗号に付け加わった歴史と関係するかもしれない。

W17-5

タンパク質に必要な最少アミノ酸レパートリーの実験的検証

○赤沼哲史

早大・人科

現在の地球に生息する生物のほとんどは、20種類の標準アミノ酸をコードする遺伝暗号システムを用いた翻訳系によってタンパク質を合成している。したがって、現在のタンパク質合成系は全生物共通の祖先生物(コモノート)の段階では既に確立されていたと考えられる。しかし、コモノート以前には20種類に満たないアミノ酸種、あるいは、20種類よりも多いアミノ酸種がタンパク質合成に使われていた可能性を排除できない。

アミノ酸レパートリーの進化は、遺伝暗号表の進化と関連づけて議論することができる。コモノート以前に確立したと考えられる普遍遺伝暗号表の進化についての多くの仮説は、それぞれ内容は異なるが、いずれも初期の遺伝暗号表は20種類未満のアミノ酸をコードしていたとする点では一致する。では、初期の遺伝暗号表は何種類のアミノ酸を指定していたのだろうか？この疑問に対して、古代地球環境に豊富に存在したアミノ酸種の推測、アミノ酸配列の種間比較からの推測がおこなわれてきた。本発表では、これらの先行研究を紹介するとともに、機能を発現するタンパク質を合成するために必要な最小アミノ酸セットの実験による探索についても報告する。

W18-1

The origin of Antarctic terrestrial organisms / 南極陸上生物の起源

Satoshi Imura/伊村智

National Institute of Polar Research, SOKENDAI/国立極地研究所・総合研究大学院大学

Under the extreme low temperature and water availability, quite poor terrestrial ecosystem has been established on the bare ground in Antarctica. The terrestrial biome is quite simple, with some mosses, lichens, algae as primary producers, and mites, springtails and nematodes as consumers, and bacteria. The origin of these staffs has been discusses and the presence of relict species from the age of Gondwana super continent and the immigrants from other continents during the postglacial period were supposed. In the case of an aquatic moss species composing “moss pillar” in Antarctic lakes, results of molecular systematic and sediment analysis showed that the airborne diaspore of the moss from South America had established in lakes at several thousand years ago.

極度の低温、乾燥のため、夏季には砂漠のような荒野が広がる南極の露岩地帯では、コケなどの無維管束植物や線虫などの微小動物が、貧弱な生態系を作っている。南極の陸上生物の起源については、ゴンドワナ大陸からの遺存種と後氷期に進入した種があるとされる。南極湖沼底に見られる「コケ坊主」と呼ばれる特異な植生構造を作るコケの種では、分子系統学的解析によってその起源は南米であることが示され、数千年前に気流に乗った散布体が南極へ到達したであろうことが推測された。

W18-2

Bioaerosols transported toward the Antarctic/南極へ輸送されるバイオエアロゾル

Fumio Nakazawa/中澤文男

Transdisciplinary Research Integration Center, Research Organization of Information and Systems (ROIS)/新領域融合研究センター、情報・システム研究機構

Antarctica is isolated from other continents and is in a closed environment. The Shyowa Station is more than 4000 km away from Africa, being the nearest continent. Some pollen grains have been found in snow and ice collected from the surroundings of the Syowa Station. Also, recent studies on atmospheric aerosol particles have suggested that bioaerosol particles are transported toward the Antarctic away from other continents. This talk will discuss the origin of the airborne pollen grains by analyses using DNA markers.

南極大陸は他の大陸からは隔離された閉鎖的な環境にある。日本の観測基地である昭和基地は、最も近いアフリカ大陸から4,000 km 以上離れている。昭和基地周辺の雪氷中からは、周辺大陸から飛来したと思われる花粉が見つかっており、また近年の大気エアロゾル粒子の研究においても、他の大陸から南極へのバイオエアロゾル粒子の輸送が示唆されてきた。今回、DNA マーカーを用いた解析から、花粉粒子の起源について考察する。

W18-3

Bryosphere within an Antarctic moss pillar / 南極のコケ坊主生物圏

Ryosuke Nakai / 中井 亮佑

National Institute of Genetics, JSPS Postdoctoral Fellow / 国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員

The aquatic moss *Leptobryum wilsonii* forms underwater tower-like structures called “moss pillars” in ultra-oligotrophic Antarctic lakes. Our aim is to understand how such a unique ecosystem succeeds in the extreme environment. Therefore, we used biochemical and molecular methods to elucidate the microflora of aquatic moss pillars, based on fatty acid profile, rDNA genotype, and metagenomic information. The results revealed that eukaryotic organisms, such as algae, fungi, nematodes, and tardigrades were present along with bacterial communities and their functional potential varied in different sections within the pillar. These findings will shed light on the underlying mechanisms involved in maintaining the bryosphere within Antarctic moss pillars.
南極湖底のコケ坊主が現在に至るまでどのようにして維持されてきたのか？演者らは、微生物学的な見地から、脂肪酸組成、16S/18S rRNA 遺伝子および機能遺伝子群の諸解析を進め、この謎に挑んでいる。結果として、コケ坊主内には、コケ類だけではなく、藻類や菌類、さらにクマムシや線虫のような微小動物が存在することと、その内外上下において細菌叢やその潜在機能が異なることを明らかにしてきた。目には見えない微生物たちがコケ生物圏（bryosphere）の存立を担う可能性がある。

W18-4

Horizontal gene transfer world in an Antarctic lake / 南極湖沼における遺伝子の水平伝播ワールド

Tomoya Baba / 馬場知哉

TRIC, ROIS / 融合センター、情報・システム機構

Organisms living on Antarctica have evolved adjusting themselves to the extreme environments and constructed unique biospheres, for example “bio-mat” and “moss pillars” in some of ultraoligotrophic lakes. It has been revealed by our genomics studies of bacteria isolated from an Antarctic lake that a lot of genes were horizontally transferred from distant species. It is suggested that the highest rates of horizontal gene transfers had provided co-evolutions and promoted environmental adaptations of organisms on Antarctica. I will discuss the biospheres of Antarctic lakes as natural laboratories of biological evolutions on the Earth.
南極大陸上の生物は自らを極限環境に適応させながら進化し、例えば、極貧栄養の湖にバイオマットやコケ坊主といった生物圏を成立させることにより生存を可能にしている。我々が南極湖沼から分離した細菌のゲノム解析からは、多くの遺伝子で遠縁種からの水平伝播が明らかにされた。これまでに無い高い割合での水平伝播が南極における生物の共進化と環境適応を促してきた結果と考えられる。地球上における生物進化の実験室としての南極の湖沼生物圏について議論したい。

W18-5

Genome evolution in Arctic and Antarctic bacterial lineages / 北極および南極細菌系統におけるゲノム進化

Hiroshi Akashi

National Institute of Genetics, SOKENDAI

Polar terrestrial environments are major challenges for low temperature survival. The newly isolated Arctic and Antarctic bacteria, Pseudomonas sp. ArSA and HMP1, are well-adapted to polar environments. Phylogenetic analyses show that cold adaptation has occurred relatively recently and in parallel in these lineages. We compare the genomes of these species with their close, mesophilic relatives to identify lineage-specific genome changes in both nucleotide and amino acid composition that may underlie adaptation to extreme environments. Maximum likelihood methods that account for both nucleotide compositional bias and non-stationary evolution are critical for this analysis.
極域（北極・南極）の極限環境では、低温への適応は生物の生存に必須である。近年新たに単離された2つの Pseudomonas 属細菌 ArSA 株及び HMP1株はそれぞれ北極、南極に固有の系統であり、独立に低温耐性を進化させてきたことが示唆されている。我々は、これら2系統に中温域の近縁種を加えて祖先ゲノムの推定を行なうことで、ゲノムレベルでの低温耐性の進化メカニズムを検証している。非定常的かつ系統特異的な塩基組成の進化を考慮したモデルを用い最尤法による推定を行なうことで、各系統でのゲノム進化を詳細に解析することが可能になる。

W18-6

Environmental tolerance genes of Antarctic nematode/南極線虫の環境耐性遺伝子

Hiroshi KAGOSHIMA/鹿児島浩

Transdisciplinary Research Integration Center, Research Organization of Information and Systems (ROIS)/情報・システム研究機構 新領域融合研究センター

The Antarctic nematode, *Panagrolaimus davidi*, tolerates complete water loss and intracellular ice formation. Genome and transcriptome analysis of *P. davidi* revealed that they have a lot of LEA anti-desiccation genes. It is suggested that LEA genes originate from bacteria, and spread into plants and animals which have desiccation tolerance, by horizontal gene transfer. *P. davidi* LEAs are classified into 3 types by their subcellular localization, i.e. cytosolic-, secreted- and membrane bound-LEAs. Unusual excess number of the LEA variants in *P. davidi* implies that LEA genes may rapidly evolve to adapt the extreme environment of Antarctica.
南極線虫*P. davidi*は、体内の水分の完全な喪失や、細胞内の凍結に対する耐性を持つ驚くべき生物である。転写産物解析から、この生物には多様な乾燥耐性関連遺伝子 LEA バリアントが発現していることが判明した。LEA は細菌に起源を持ち、遺伝子の水平伝播によって乾燥耐性を持つ植物、動物などに広がったと考えられている。*P. davidi* の LEA には細胞質型、細胞外分泌型、膜結合型の3種類があり、厳しい南極環境に適応するために、急速な進化を遂げた可能性が高い。

W19

「NHK スペシャル：生命大躍進」を制作しました。

○植田和貴

NHK エンタープライズ

「古代生物たちの大進化の痕跡はいまも我々の体に残っている」というコンセプトのもと、DNA情報から明らかになった進化の物語を紹介した
NHKスペシャル「生命大躍進」「第1集　そして”目”が生まれた」
の部分上映（50分前後）を、上野の国立科学博物館で開催中の特別展「生命大躍進」の広報を兼ねて行う。
上映後、担当ディレクターが制作の舞台裏などを話し、進化学会会員から番組へのフィードバックを得ながら、今後の進化学の展望を議論する場としたい。番組の科学的正確性に関する議論よりも、細分化した専門分野をつないだストーリーをどうやって紡ぎ、進化のおもしろさを広く伝えていくか？など、非科学者との接点などを含めた視点で議論させて頂きたい。

ワークショップ

1A-1

メタゲノムアンプリコンシーケンスのノイズ除去法とベンチマーク

田辺晶史

水研セ・中央水研

超並列シーケンサを利用した研究では、サンガー法に比べて多い読み間違い(ノイズ)の扱いが問題になる。特に、メタゲノムアンプリコンシーケンスデータでは何種サンプル中に存在するのか推定する際に読み間違いが多いと過大評価につながるため、ノイズの除去法の開発がなされている。454のデータに対しては、生データ(フローグラム)を前提にしてベースコールの間違いを修正する方法があったが、計算に長い時間を要していた上、効果も十分でなく、MiSeq などの別のプラットフォームには適用できなかった。そのため、塩基配列クラスタリングに基づく方法が Li et al. (2012)や Edgar (2013)で提案されている。今回、シミュレーションで生成した25本の塩基配列をコンピュータ上で擬似的に PCR (置換あり)・シーケンス(読み間違いあり)し、10万本の塩基配列データを作成し、ノイズ除去法を適用してパフォーマンスを比較した。この方法では、キメラの生成はシミュレーション過程に組み込んでいないため、キメラ除去法の影響を除外して各方法のパフォーマンスを評価することができる。本発表ではこの結果を報告する。

1A-2

進化パターンの変化による分子系統解析の歪みとデータフィルタリングによるその抑制(2)

○岩本栄介[1]、田村浩一郎[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター

多くの分子系統樹推定法では、データに含まれる配列は同一の置換パターンで進化したことが仮定される。そのため、一部の配列に置換パターンが変化した領域が含まれると、系統推定の精度が低下する可能性がある。そこで、そのような領域を判別、除外し系統推定の精度低下を防ぐことを試みた。近年のシークエンシング技術の飛躍的な発展により、大量の配列データが容易に取得可能となったため、除外後も十分なデータ量が確保されると期待できる。

まず本研究では、進化過程で一部の配列の置換パターンの変化によって推定精度が低下するか、コンピュータシミュレーションを用いて検証した。その結果、置換パターンが類似した配列同士が実際より系統的に近く推定され、推定精度が低下した。この問題を解決するため、配列データから得られる進化距離(観察距離)とそれによって推定される系統樹から逆算される進化距離(枝長和距離)を用いて系統解析に有害な領域を見出し、それらを取り除くことによって推定精度を改良する方法を開発した。シミュレーションを用いた検証で、この方法による推定精度の向上が示された。現在は実在の生物データを用いた検証と改良を行っている。

1A-3

トランスクリプトームデータを基盤とした大規模分子系統解析による新奇嫌気性真核微生物 PAP020株の系統的位置の解明

○矢﨑 裕規[1]、白鳥 隆志[1]、久米 慶太郎[1]、橋本 哲男[2]、石田 健一郎[2]、稲垣 祐司[34]

[1]筑波大学・院生命環境、[2]筑波大学・生命環境・教授、[3]筑波大学・生命環境・准教授、[4]筑波大学・計算科学センター

パラオ共和国のマングローブ林底泥サンプルから単離された未記載真核微生物 PAP020株は、嫌気環境下でバクテリアを餌として培養、維持されている。PAP020株は豆状の細胞で、腹部に2本の鞭毛を持つ。予備的な電子顕微鏡観察では、細胞内に典型的なミトコンドリアを持たず、この生物の微好気的培養条件と矛盾しない。PAP020株は、予備的な形態観察および小サブユニットリボソーム DNA(SSU rDNA)を用いた系統解析では系統的位置を推定するには至らなかった。本研究では大規模分子系統解析によって PAP020株の真核生物系統中の位置を明らかにすることを目指した。PAP020株の網羅的 mRNA 配列を基盤に、79タクサ×148タンパク質から成るアライメントデータを作成し、最尤法によって系統解析を行った。その結果、PAP020株、パラバサリア類およびディプロモナス類の単系統性が復元され、BP 値100%で支持された。SSU rDNA 系統解析の結果と併せると、PAP020株はパラバサリア類およびディプロモナス類に近縁な新奇系統であると考えられる。今後 PAP020株とパラバサリア類・ディプロモナス類の代謝機能を比較解析することにより、この系統群の嫌気性ミトコンドリアの機能と進化の新たな側面が明らかになる可能性が高い。

1A-4

DNA 修復遺伝子 NBS1にみられる日本メダカ(Oryzias latipes)地域集団間の一塩基多型について

○五十嵐健人[1]、小林純也[2]、三谷啓志[1]

[1]東大院・新領域、[2]京大・放生研

Nbs1は DNA 二本鎖切断(DSB)修復に必須の因子である。ヒト NBS1の非同義 SNPs である E185Q は霊長類において正の自然選択を受けてきたアミノ酸残基であると示唆されている(Demogines et al., 2010)。我々は種内 SNPs の豊富なニホンメダカ(Oryzias latipes、以下メダカ)を用いて、非同義 SNPs がもたらす Nbs1の機能変化を検証し、個体の生存・繁殖上の利点について考察したいと考えた。

まず National BioResource Project より公開されている近交系メダカ5系統(Hd-rR, HNI/Kaga, HSOK, Nilan)間の SNPs 情報を参照し、アミノ酸配列アライメント上ヒト NBS1 E185Q と対応するアミノ酸に非同義 SNPs(Q170H)を見出だした。次に Hd-rR 系統メダカ胚由来培養細胞に Hd-rR 型 Nbs1-Venus 及び Q170H 型 Nbs1-Venus 発現ベクターを導入し、安定発現株を樹立した。これら細胞株にγ線及び405 nm レーザー光を用いて DSB を生成させ、DSB 部位への Nbs1の集積について解析している。

一般口頭発表

1A-5

日本産爬虫類相の地理的分布パタンと形成過程

岡本卓

京大・理・動物

日本国内に分布する爬虫類について，地理的分布と系統的位置についての情報を整理し，爬虫類相の形成過程を考察した．日本産種の分布情報の解析により，先行研究で指摘されていたのとほぼ同じく，八重山・宮古諸島，沖縄・奄美諸島，日本列島の3地域が多数の固有タクサにより特徴づけられる生物地理要素と認識された．他のタクサは，朝鮮・中国東北系，中国南部系，太平洋島嶼系とみなせるものが多くを占めていた．分子系統データが比較的豊富な日本固有の3要素について，近縁タクサの分布域および日本産タクサとの分岐年代を比較した結果，以下のような爬虫類相の形成過程が示唆された．八重山・宮古のものは，台湾・中国南部との間で鮮新世ごろに隔離が生じたことで形成されたと推定される．沖縄・奄美のものは，中国南部に姉妹群を持ち始新世ごろに起源を持つレリックを少数含むが，主要部は後期中新世頃に周辺地域から隔離されることで形成されたと考えられる．日本列島のものは，中期中新世ごろに日本列島の形成とともにできはじめ，その後中国南部などとの二次的な交流などによって形成されたと推定される．

1A-6

ミトコンドリアゲノム配列に基づくニホンカワウソの系統進化

○和久大介[1]、瀬川高弘[2, 3]、米澤隆弘[4, 5, 6]、秋好歩美[2, 3]、石毛太一郎[7]、小川博[1]、佐々木浩[8]、安藤元一[9]、甲能直樹[10, 11]、佐々木剛[1]

[1]東農大・院農、[2]極地研、[3]新領域統合研究センター、[4]復旦大・生命、[5]総研大、[6]統数研、[7]東農大・総研、[8]筑女大・現社、[9]ヤマザキ学園大、[10]科博・地学、[11]筑波大・生命環境

ニホンカワウソは沖縄や離島を除く日本全国の水辺に生息していた半水生哺乳類であり、2012年環境省により絶滅が宣言されている。本種の本州・四国個体群は形態に基づき日本固有種 *Lutra nippon* と分類され、愛媛県産1個体のミトコンドリア DNA 224 bp を解析した研究もこの分類を支持している。一方、国際自然保護連合は *L. nippon* の分類を認めておらず、本種の分類は現在も論争の最中である。本研究では神奈川県産（JO1）と高知県産（JO2）各1個体の博物館標本からミトコンドリアゲノム配列を決定し、近縁種とともに系統構築と分岐年代推定を行った。その結果、本種はカワウソ亜科7属の中で *Lutra* 属であり、ユーラシアカワウソ *Lutra lutra* と単系統群を形成し、*Lutra sumatrana* と姉妹関係となった。JO1は中国・韓国・サハリンの *L. lutra* が形成する単系統群の内群に位置した。一方で、JO2は JO1を含む *L. lutra* の単系統群と姉妹関係となった。分岐年代推定の結果は、JO2は *L. lutra* との共通祖先から約127万年前に分岐した日本独自の古い系統であった。それに対し、JO1は約10万年前に中国の *L. lutra* から分岐した比較的新しい系統であった。以上より、JO2は日本独自の系統であり、日本固有の種もしくは亜種である可能性が示唆された。

1B-1

アカショウジョウバエの Neo-Y 染色体の進化における組換えの影響

○里村和浩[1]、田村浩一郎[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター

性染色体の進化過程において、X、Y 染色体間の組換えは抑制される。多くの生物において、組換えが抑制されたＹ染色体では、個々の遺伝子に対する自然選択の効果が失われ、ヒッチハイキング効果などの影響で遺伝的多様性が低下するものと考えられている。しかし、ショウジョウバエのように雄で組換えが起こらない生物では、Y 染色体は一度も組換えが起きることなく集団中に固定されるため、遺伝的多様性はその後生じた突然変異のみに由来するはずである。実際、ミランダショウジョウバエの Neo-Y 染色体の遺伝的多様性は、Neo-X 染色体の30分の1程度になっている。本研究では、進化的にミランダショウジョウバエより新しいアカショウジョウバエの Neo-Y 染色体の遺伝的多様性を調べた。雄組換えがなければ、アカショウジョウバエの Neo-Y 染色体の遺伝的多様性はミランダショウジョウバエより小さいはずであるが、実際はNeo-X、Neo-Y染色体間で遺伝的多様性がほぼ同等であった。配列データの解析と交配実験から、アカショウジョウバエの Neo-Y 染色体は祖先集団中で組換えを起こしており、約25万年前に組換えが抑制されたことが示唆された。

1B-2

抗真菌耐性の異なるショウジョウバエ種間における比較トランスクリプトーム解析

○瀬戸陽介[1]、田村浩一郎[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター

ショウジョウバエ種の多くがバクテリアや真菌といった様々な微生物の作用によって発酵、腐敗した食物を利用している。これまでの研究から、樹液や朽木を餌とし、真菌が多い環境で生息しているクロショウジョウバエは、発酵した果実を餌とするキイロショウジョウバエよりもアオカビの感染に対して強い耐性を示すことが明らかとなっている。しかしながら、クロショウジョウバエはキイロショウジョウバエの抗真菌免疫において必須な抗菌ペプチドである Drosomycin を持っておらず、キイロショウジョウバエとは異なる免疫システムによって真菌の多い環境に適応してきたことが考えられる。そこで本研究では、真菌の多い環境への適応進化の分子メカニズムを解明するために、これら2種間についてアオカビの経口感染に応答した免疫関連遺伝子の発現パターンの比較解析を行った。本研究では特に、経口感染に対する宿主免疫において重要な役割を果たす腸管での局所的な免疫応答と脂肪体を介した全身性の免疫応答の両方に着目して解析を行ったので、その結果について報告したい。

1B-3

Lordiphosa collinella と *Lordiphosa* sp. aff. *collinella* の遺伝的分化

○三ツ橋圭[1]、福田洋之[1]、戸田正憲[2]、加藤徹[1]

[1]北大・院理、[2]北大・総合博物館

Lordiphosa collinella は東アジアに広く分布する草本食性のショウジョウバエである．一方，*Lordiphosa* sp. aff. *collinella* は北海道にのみ分布し，形態的に *L. collinella* に酷似するが，生殖器の構造の違いによって区別される．両種の分布は北海道内において重複し，ほぼ同様の季節消長を示すことが知られている．先行研究によると，この2種はほぼ同様の核型を示し，低頻度ながら種間での交尾行動が確認されている一方，種間雑種は生じないことが報告されている．これらの事実から両種は分化してから間もないことが予測されていたが，どの程度の遺伝的分化が2種間に存在するかは知られていなかった．これを明らかにするため北海道および青森県の各地から2種を採集し，mtDNA の一部領域と核遺伝子の配列を決定し，集団遺伝学的解析を行った．その結果，両種には，ハプロタイプの違いのみによって識別できるほどの遺伝的分化は認められなかった．一方、F_{ST} の値は種間で顕著に高く、同一地点で採集した両種集団間において有意となる傾向が認められた。このことは，両種におけるゲノム全体の遺伝分化は途上である一方，生殖隔離に関わる形質の進化は急速だった可能性を示唆する．

1B-4

microRNA 標的遺伝子の進化的特性

野澤昌文[1,2]

[1]遺伝研・生命情報、[2]総研大・遺伝学

microRNA（miRNA）-標的遺伝子ペアが進化過程でどのように変遷していくかを理解することは、miRNA を介した遺伝子制御ネットワークの進化を理解する上で重要である。昨年度の大会では、ショウジョウバエにおいて各 miRNA の標的遺伝子数が進化過程で増加していく傾向にあることを示した。本年度は、ショウジョウバエ12種において保存された miRNA 標的遺伝子（保存標的遺伝子）と、キイロショウジョウバエ特異的な miRNA 標的遺伝子（特異的標的遺伝子）の進化的特性について発表する。まず、miRNA の結合部位が標的遺伝子のどこに位置するかを調べたところ、保存標的遺伝子は特異的標的遺伝子に比べて3’UTR に結合部位を持つ傾向が高いことが分かった。また、保存標的遺伝子は特異的標的遺伝子に比べ、より多くの組織・発生段階において miRNA の制御を受けていることが明らかになった。さらに、保存標的遺伝子の方が特異的標的遺伝子よりも機能的制約が強い傾向にあった。これらの結果から、ショウジョウバエにおける miRNA-標的遺伝子ペアの進化過程を議論するとともに、真核生物に共通する miRNA-標的遺伝子ペアの進化機構について考えてみたい。

1B-5

マイクロ RNA の生起時期と臓器別発現量

○岩間久和[1]、藤田浩二[2]、井町仁美[3]、村尾孝児[3]、正木 勉[2]

[1]香川大・総合生命科学研究センター、[2]香川大・医・消化器神経内科、[3]香川大・医・内分泌代謝内科

成熟マイクロ RNA は約22～25塩基の一本鎖 RNA として転写後抑制に関与する。マイクロ RNA のターゲット遺伝子の傾向を調べることを目的として、ヒトの臓器別のマイクロ RNA 発現強度とターゲット遺伝子発現強度を網羅的な RNA-seq データを元に調べた。また、マイクロ RNA の生起時期により区分した。マイクロ RNA のターゲット選別の傾向の違いはマイクロ RNA の発現強度とターゲット遺伝子の発現強度との双方に関連し、その違いは生起時期の古いマイクロ RNA ほど顕著であった。マイクロ RNA の遺伝子制御網への組み込み過程の観点から考察する。

1B-6

古代魚ポリプテルスの比較染色体解析により明らかになった脊椎動物におけるマイクロ染色体の進化過程

○宇野好宣[1]、西田千鶴子[2]、豊田敦[3]、藤山秋佐夫[3]、岡部正隆[4]、松田洋一[1]

[1]名古屋大学 大学院生命農学研究科 動物遺伝制御学研究室、[2]北海道大学 理学研究院 生物科学部門、[3]国立遺伝学研究所 生命情報研究センター 比較ゲノム解析研究室、[4]東京慈恵会医科大学 解剖学講座

爬虫類や鳥類の核型は哺乳類とは異なり、主に10対以下の大型のマクロ染色体と、微小で形態学的に識別不可能な多数のマイクロ染色体から構成されている。また、系統学的に羊膜類より先に分岐した両生類のほとんどの種や真骨魚類のすべての種は、マイクロ染色体を保有していない。これまでに真骨魚類や四肢動物の多くのモデル動物でゲノム配列が解読され、得られたゲノム情報の比較解析により、脊椎動物におけるゲノム・染色体構造の進化過程が次第に明らかになりつつある。しかし、脊椎動物におけるマイクロ染色体の獲得過程などのゲノム・染色体進化の過程をより正確に推定するには、真骨魚類以外の条鰭類のゲノム・染色体情報が不可欠である。本研究では、真骨魚類以外の条鰭類に属するポリプテルス（ *Polypterus senegalus* ）を用いて、120個を超える機能遺伝子からなる比較染色体地図を作製した。この結果に基づき、他の脊椎動物種との染色体の相同性を明らかにすることによって、比較ゲノム学の視点から脊椎動物4.6億年の進化過程に生じたゲノム・染色体の構造変化、特にマイクロ染色体の獲得の過程について考察を行う。

1C-1

モンシロチョウ雌における交尾拒否行動の生理・分子メカニズム

○佐々木謙[1]、巣籠瑛[1]、内山博允[2]、矢嶋俊介[2 3]

[1]玉川大・生物資源、[2]東農大・ゲノムセンター、[3]東農大・バイオ

モンシロチョウの雌は交尾前後で行動様式の切り替えが起こり，既交尾雌では雄の交尾試行に対して交尾拒否行動を示すようになる。既交尾雌の体液を未交尾雌へ注入することにより，交尾拒否行動が発現することから，交尾拒否ホルモンの存在が推測される。生体アミンの一つであるセロトニンを経口摂取あるいは腹部へ注入することにより，未交尾雌が交尾拒否行動を示すようになることから，セロトニンが交尾拒否ホルモンの候補物質であると考えられる。本研究では次世代シークエンサーを用いた RNAseq 法により，未交尾雌と既交尾雌の脳内・胸部神経節内での遺伝子発現を網羅的に調査し，セロトニン関連遺伝子やその他のホルモン関連遺伝子の発現の違いを調査した。その結果，セロトニン受容体遺伝子やセロトニン合成に関わる酵素遺伝子の発現に違いは見られなかった。一方，幼若ホルモン合成に関わる遺伝子の発現が既交尾雌の脳内で高かった。これらの結果と行動薬理実験結果を踏まえて，交尾拒否行動に関わるセロトニンの作用部位について考察する。

1C-2

テントウムシにおけるメールキラー感染と生活史形質の関係

鈴木紀之

立正大

細胞内共生細菌が宿主の生殖を操作すると、さまざまな生活史形質も付随的に改変されることがある。例えば、宿主オスの胚発生を停止させる「メールキラー」と呼ばれる戦略では、オスの死亡に伴って孵化率が半減し、子あたりの投資量が倍増する。このような状況において、宿主は改変された生活史形質を最適値に近づくよう調整し直すだろう。本研究では、感染したクリサキテントウにおけるクラッチサイズと子あたり投資量の変化を報告する。

1C-3

父親と母親の性的対立と少子化：子育てのコスト・欲しい子どもの数・意思決定の優先権

○森田理仁[1,2]、大槻久[1]、長谷川眞理子[1]

[1]総研大・先導科学、[2]日本学術振興会

出生率の自発的な低下を伴う少子化は，ヒトの行動の進化を理解する上で大きな課題である．これまでの多くの少子化の研究では，男女が共通の利害をもつと暗黙に仮定されており，性的対立の視点を欠いていた．しかし，ヒトにおいても，出産や子育てに伴うコストは男性よりも女性の方が大きいため，父母間で性的対立が生じているに違いない．そして，離婚や死別によって配偶者の変更が可能な配偶システムのもとでは，欲しい子どもの数は男性よりも女性の方が少なくなると予測される．このことから，「女性の社会進出により，少ない子どもを望む女性の意思決定が男性より大きな影響力をもつようになれば，出生率は低下するのではないか」という仮説を立て，アンケート調査により検証した．その結果は，実際に母親は父親よりも子育てに関するコストを多く感じていた．その一方で，多くの場合，父母間で欲しい子どもの数は一致していた．また，子どもをもつことに対して，両親の希望が等しく重視された夫婦が最も多かった．上記の仮説が支持されなかった背景としては，現在の社会では養育費の負担などによって，配偶者の変更に伴う男性のコストが非常に大きいことが考えられる．

1C-4

カタツムリの陰茎内壁はなぜ進化率が高いのか

○秋山佳央[1]、青山到[1]、髙橋美樹[1]、氏家百合香[1]、冨山清升[2]、浅見崇比呂[1]

[1]信州大・理、[2]鹿児島大・理

カタツムリの多くのグループは一回の交尾で配偶子を交換し、両者が産卵する。これは同時雌雄同体ならではの同時正逆交尾には当然のことと思われている。同時に正逆交尾を成功するには、求愛後に交尾器を露出してから相手の生殖口に挿入し精包を交換するまでの一連の雌雄二役を、配偶するどちらの個体もが相手に対して同時に進行しなくてはならない。遭遇した相手のメスとして「および」オスとしての応答に応じ、自分がオスとして「および」メスとしての行動ステップを遂行しなければ、繁殖できない。たとえば、雌雄同体ではない動植物では、近縁種間の正逆交雑（A 種♀×B 種♂とB 種♀×A 種♂）の間で配偶成功率が異なる事例がよくある。しかし、同時雌雄同体では、もし同一体のメス側かオス側の一方が異種との配偶を忌避すれば、求愛の最初から同時正逆交尾の進行条件は満たされず、個体間の配偶行動は開始しないだろう。すなわち同時正逆交尾の配偶行動には、生殖隔離が不完全な初期状態がたとえ進化していても見つからない可能性が高い。この問題を初めて乗り越えた研究成果をもとに、靴下を裏返すように露出する陰茎内壁の微細構造が果たす役割を追究した。

1C-5

利他性がリスクへの態度に与える影響の進化的マルチエージェントモデルによる分析

○小松秀徳[1]、田中伸幸[1]、大橋弘忠[2]

[1]電中研、[2]東大・院工

近年、人間のリスクへの態度を、進化に基づく適応的な反応として解釈する試みがなされている。そこで本発表では、未来の世代に影響を及ぼすと認知されるリスクへの態度に着目し、これがどのような進化的起源を持つ可能性があるかを、包括適応度の理論に基づくマルチエージェントモデルによって検討する。すなわち、リスクに近づけば近づくほど生存確率が低くなるが、リスクを生き延びればより多くの繁殖機会を得られる環境下で、エージェントはリスクへの態度と血縁個体への利他行動の戦略を進化させる。このような枠組みの中で、利他性がリスクへの態度に影響を与えるとの仮定に基づき、利他性を持つエージェントと持たないエージェントのリスクへの態度を比較した。その結果、個体数が増加できる穏やかな環境下ではリスク忌避的に、個体数が低減する厳しい環境下ではリスク選好的に振る舞う傾向が観察された。さらに、リスクへの態度と利他行動の戦略がエージェントの年齢に応じて変化する等、モデルを拡張した場合の挙動についても分析する。

1C-6

パイナップルコナカイガラムシの両性生殖系統と単為生殖系統の系統分類—何故オスは必要なのか？ー

田端　純

農環研

「性」は，特に有性生殖が基本となる動物を扱う研究分野において，最も関心をひく話題のひとつであろう．性的二型や生殖隔離といった性の本質は進化・系統分類学の重要なテーマでもある．昆虫では多くの種で顕著な性的二型が見られるが，中でもカイガラムシ類は形態だけでなく生理・生態的にも極端な性差を示す．メス成虫は厚いワックスで覆われ，生存力が強いが，固着性が高く，移動分散性に乏しい．これに対し，オスは翅を持ち飛翔性を有するが，非常に小さく，口器が退化しており，寿命も数時間から数日と短い．さらに，種によってはオスが存在せず，メスだけで単為生殖によって繁殖する．カイガラムシの単為生殖は脆弱なオスを排除した究極の「性のかたち」であり，その起源を探ることは進化生物学的にたいへん興味深い．パイナップルコナカイガラムシ（半翅目：コナカイガラムシ科）は単為生殖型の種とされているが，オスが存在することも知られていた．この虫を採集・飼育したところ，単為生殖を営む系統と両性生殖を営む系統が混在していることが明らかとなった．本講演ではDNA配列情報に基づいた両者の系統関係等を紹介したい．

1D-1

生命進化の統一理論（1）：星雲遭遇、放射性火山灰降下、大絶滅

○戎崎俊一[1]、丸山茂徳[2]

[1]理研　[2]東工大

ダーウィン型の系統漸進説、エルドリッジ・グールド型断続平衡説を統一する新しい生物進化理論の枠組みを提示する。それは、異所的、同所的、そして側所的分化の三つの種分化を理論内に内包している。我々が構築した数理モデルは、繁殖隔離の成立のためには、高い自然放射線レベルによって突然変異率が高いこと、グループ個体数が少ないこと、そしてグループがほぼ完全に孤立することが同時に成立しなければならないことを示している。この三条件は、超新星遭遇による全球的な災害時における大絶滅イベントや大陸性アルカリマグマによる放射性火山灰の降下による局所的災害時に、満たされる。本講演では、数理モデルの概要を説明し、さらにカンブリアの進化大爆発に適用する。同様の急激な種分化は、現在のアフリカリフト帯で起こっている。ビクトリア湖やタンガニーカ湖におけるシクリッドや現生人類を含む大型類人猿の急速な種分化についても議論する。

1D-2

冥王代における生命誕生場：間欠泉モデル

○丸山茂徳[1]、戎崎俊一[2]

[1]東工大・地球生命研究所・特命教授、[2]理研・主任研究員

生命の誕生は冥王代（46-44億年前）に遡ると考えられている。冥王代地球の中でも生命誕生場として最も可能性が高いのは間欠泉である。その理由は、（1）地下に存在する間欠泉内部の天井には、CO、NH3, CH4, HCN, PO43-などのガスが濃集することが可能だった、（2）間欠泉内では、地表から流れ込む水と壁面との反応によってアミノ酸やペプチドの合成に必須な物質を供給することが可能で、生命のビルディングブロックの合成が進行した、（3）堆積性ウラン鉱床と間欠泉の組み合わせにより、太陽光に代わるエネルギー源となった、（4）間欠泉の周期的な噴出により、地下で合成されたビルディングブロックが表層環境へもたらされ、さらに化学進化が進んだ。これらの要素は、生命合成に必要となる酸化場と還元場の共存の問題、生命合成に必要な物質の濃度の問題、そして厚い大気のために太陽光を利用できなかった地球表層環境におけるエネルギー源の問題など全ての条件を満たすことができる。

1D-3

大量絶滅事変における分類学的・形態学的入れ替わりの尺度

生形貴男

京大・院理

古生物学では，分類群多様性と形態的異質性の変動パターンの比較から，大量絶滅事変とその後の回復期における選択圧の様式を評価する試みがなされてきた．しかしながら，そうした多様度の増減パターンだけから大量絶滅の様式を理解するには多少なりとも無理がある．本研究では，大量絶滅前後での分類群の入れ替わりと形態空間中での形態分布パターンの入れ替わりの尺度をそれぞれ導入し，それらを絶滅事変毎に見積もって互いに比較する方法を提案する．分類群や形態的分布の入れ替わりの尺度は，種毎の産出頻度を考慮して定義する．種毎の産出頻度と分類群の入れ替わりの尺度は，Paleobiology Database に登録されている種毎の化石産出記録に基づいて求める．形態的分布の入れ替わりの尺度を評価するには，形態の計測が必要である．事例研究として，絶滅頭足類であるアンモノイド類の絶滅事変に適用した結果，分類群が大きく入れ替わる割に形態の分布の入れ替わりが大きくないような絶滅事変がある一方で，分類群の入れ替わりは顕著ではないが形態の分布が大きく入れ替わる絶滅事変もあることがわかった．

1D-4

The origin of genes by means of conflicting multilevel evolution

竹内信人

東大・総合文化

In the modern cell, heredity is provided by a small number of template DNA molecules, the gene. How did genes originate? Here, we demonstrate the possibility that gene-like molecules emerge in protocells because of conflicting multilevel evolution. We extended a previous model of protocells that contain replicating catalytic molecules by incorporating strand complementarity. Protocells are selected towards maximizing the catalytic activity of intracellular molecules, whereas molecules tend to evolve towards minimizing it. These conflicting evolutionary tendencies induce spontaneous symmetry breaking between complementary strands of molecules, whereby one strand becomes the majority and serves as catalysts and templates, whereas the other becomes the minority and functions only as templates---like genes. These gene-like molecules substantially increase the evolutionary stability of protocells by reducing an intragenomic conflict. Our results implicates conflicting multilevel evolution in the origin of genetic complexity after the first major evolutionary transition.

1D-5

こどもは進化して羽ばたき飛行できるようになる。

六車義方

NPO 法人発明大学校理事

私たちは子ども羽ばたき飛行機を発明しました。レオナルドダビンチ以来の人類の夢がようやくかなったのです。子どもたちは鳥のように羽ばたいて空を飛べるようになりました。まず、飛行スポーツとしてオリンピックなどに登場させ、一般的には、これを小学校に通学手段として採用してもらい、次第に全国に普及させてゆきたいと考えております。

子ども羽ばたき飛行機は、浪速のエジソンの発明品で、8チャンネルテレビ「ウラマヨ」や、10チャンネルテレビ「ZIP すまたん」でも公表したように、バルーン付の腕力羽ばたき飛行装置であり、鳥が羽ばたき飛行するのを真似して子どもが空を飛ぶ道具です。ペリカンのように飛ぶのか、白鳥のように飛ぶのか、大鷲のように飛ぶのかは、子供の自由です。講演会会場で実演しますから、ぜひ見に来てください。

1D-6

人工生態系における藻類の分化と共生進化の生態学的機構

○中島敏幸、藤川佳之、松原俊行

愛媛大・院理工

藻類が原生動物と細胞内共生を進化させる初期過程は不明である。本研究では、藻類（Micractinium sp.）、細菌（Escherichia coli）、繊毛虫（Tetrahymena thermophila）からなる人工生態系の約5年間の実験を通して、細胞内共生が進化する初期過程を以下の観点から解析した。(1) 共生関係にない藻類祖先株（クローン）から繊毛虫と細胞内共生関係を持つタイプが進化するか？(2)もしそうなら、全てのタイプが細胞内共生の方向に進化するか、或いは細胞外に適応するタイプとに二分化するか？(3)もし二分化なら、細胞外に適応するタイプは細胞内共生進化の選択過程にどのような役割を持つか？藻類の形質と繊毛虫への効果を調べた結果、藻類は形質的に二分化する傾向を示し、液相（繊毛虫細胞外）で細菌と共生するタイプ（集塊形成型）と細胞内共生をするタイプ（集塊非形成型）とに分かれることが示された。また、両タイプ間の競争実験の結果、液相においては細菌と共生するタイプとの競争が強く働き、これが宿主に利益を与え細胞内に留まる方向に選択圧として働いて、細胞内共生の進化が促進されることが示唆された。

1E-1

Efficient inference of recombination hot regions in bacterial genomes

○Koji Yahara [1], Xavier Didelot [2], M. Azim Ansari [3], Samuel K. Sheppard [4], Daniel Falush [5]

[1] Univ. Tokyo (Kurume Univ.), [2] Imperial College London, [3] Univ. Oxford, [4] Swansea Univ., [5] Max Planck Institute

In eukaryotes, detailed surveys of recombination rates have shown variation at multiple genomic scales and the presence of "hotspots" of highly elevated recombination. In bacteria, studies of recombination rate variation are less developed, in part because there are few analysis methods. Here we focus in particular on identifying "hot regions" of the genome where DNA is transferred frequently between isolates. We present a computationally efficient algorithm which for the first time enables to explore recombination hot regions by using more than 100 mutually recombining bacterial genomes. We applied our approach to previously analysed *Escherichia coli* genomes, and revealed that the new method is highly correlated with the number of recombination events affecting each site. We identified three recombination hot regions in *Campylobacter jejuni* genome, which are enriched for genes related to membrane proteins. Our approach and its implementation, which is downloadable from https://github.com/bioprojects/orderedPainting, will help to develop a new phase of population genomic studies of recombination in prokaryotes (*Molecular Biology and Evolution* , 2014).

1E-2

珍奇な水生植物カワゴケソウ科における分子進化速度の上昇

片山なつ[1,2]、西山智明[3]、厚井 聡[4]、倉田哲也[5]、今市涼子[1]、加藤雅啓[6]

[1]日本女子大・理, [2]日本学術振興会特別研究員, [3]金沢大・学際, [4]大阪市大・植物園, [5]東北大学・生命科学, [6]国立科博・植物

水生植物最大の科であるカワゴケソウ科（3亜科約50属300種以上）は、急流河川の岩上という特殊な環境に生育し、通常の被子植物から逸脱した形態を獲得し多様化を遂げた。本科における多様化の要因を探るため、RNA-seq 解析によりカワゴケソウ科3亜科7種の幼植物から遺伝子配列を取得し、近縁科2種とのオーソログループを作成し、1807遺伝子について分子進化学的解析を行なった。相対速度検定の結果、派生的なカワゴケソウ亜科において90%以上の遺伝子で塩基置換率の上昇が検出され、これらの遺伝子は特定の機能に限定されなかった。また、同義置換率が高くなっていたことから、科内における突然変異率の上昇が示唆される。アミノ酸置換率についても約75%の遺伝子で上昇しており、遺伝子進化の促進が示唆される。また、約20%の遺伝子において同義置換率に対する非同義置換率の上昇が確認されたことより、一部の遺伝子には負の選択圧の緩和が起きたと考えられる。以上よりカワゴケソウ科では、特異な環境へ進出後、通常の被子植物が受ける制約からの解放と分子進化速度の上昇により、特異な形態の獲得や多様化が引き起こされたことが示唆される。

1E-3

ヴィクトリア湖産シクリッドの種間の違いを生み出す遺伝領域の機能とその起源

寺井洋平[1]、宮城竜太郎[2]、佐藤秋絵[3]、宅野将平[1]

[1]総研大・先導研、[2]首都大・生命、[3]鶴見大・歯学

アフリカのヴィクトリア湖には極めて短期間に種分化し、遺伝的に非常に近縁な数百種のシクリッドが生息する。このうち2種についてゲノム上の20の領域が種間で分化していることをこれまでに同定してきた。本研究ではこれら分化領域の機能とその起源を明らかにすることを目的としている。20の分化領域には合計で29遺伝子が存在し、そのうち3遺伝子が視覚関連であった。またこの中の1つのオプシン遺伝子は2種間で実際に発現量が有意に異なっていた。また皮膚で発現する、それぞれ別の分化領域に存在する4遺伝子では2種間で発現量が大きく異なっていた。これらの結果から分化領域に存在する遺伝子は、その機能において2種間で異なっていることが明らかになった。このような2種間の違いを作り出す遺伝領域とそこに存在する変異の起源を調べるためにヴィクトリア湖周辺河川種及び、その外群の近縁種より分化領域の配列を決定し系統樹を構築した。その結果、多くの分化領域はヴィクトリア湖の種と周辺河川種との共通祖先、もしくはそれよりさらに古い共通祖先で蓄積された変異を用いて2種間の違いを作り出していることが明らかになった。

1E-4

側所的種分化への復帰不能点: 不和合性が遺伝的距離とともに増大する場合

○山口諒[1]、Sergey Gavrilets[2]、巌佐庸[1]

[1]九大・院理、[2]Univ. Tennessee

側所的種分化では、まず1種からなる集団の地理的分断が起こったのち、形成された2集団が独自の突然変異を蓄積する。集団間に移入と交配が起きると、遺伝子流動によって分化が抑制されるため、この遺伝子流動を乗り越えて生殖隔離に至らなければならない。近年の実証研究から、不和合性は突然変異の蓄積とともに連続的に増大する場合が多く、集団間の交配成功確率が分化とともに低下することで遺伝子流動自体も抑制されていくと推測される。本講演では、変異の蓄積とともに個体間の交配成功確率が低下することを仮定した数理モデルによる種分化ダイナミクスの解析を紹介する。変異に伴う不和合性の増加には、相加的なものからエピスタシスを含むものまで4種類の蓄積様式を取り上げる。分化程度の指標である遺伝的距離は初期において増加し、突然変異と遺伝子流動のバランスで決定される安定平衡点に到達するが、確率的に到達することでさらなる分化を引き起こす不安定平衡点も存在した。これは集団間に移入があってもなお交配確率の低下によって集団の分化が促進されることを示しており、不和合性の蓄積様式および確率的浮動が種分化可能性を大きく変えることを示唆する。

1E-5

ミドリイシ属サンゴ生体が放射する蛍光の遺伝的基盤とその進化

○仮屋園(高橋)志帆、五條堀淳、颯田葉子、寺井洋平

総研大・先導研

造礁サンゴ(イシサンゴ目)は短波長の光で励起し長波長の蛍光を放射する蛍光タンパク質(Fluorescent protein: FP)を持ち、全ゲノム塩基配列が解読された *A. digitifera* では10の *FP* 様遺伝子が報告されていた。しかし *A. digitifera* 生体の蛍光を測定したところ幅広い蛍光(520-620 nm)を放射しており、このような蛍光は少数の FP では作り出せないため、さらに多数の FP の存在が予想された。本研究では、生体の蛍光を作り出している *FP* 遺伝子の遺伝的基盤の解明を目的とした。*A. digitifera* ゲノム上の *FP* 遺伝子領域の推定、ゲノムの次世代シークエンスデータ中の *FP* 配列出現頻度解析、cDNA 配列の決定より少なくとも24以上の *FP* 様遺伝子がゲノム中に存在することが明らかになった。これらの結果から、サンゴの *FP* 遺伝子はこれまで考えられていたよりも大きな多重遺伝子族を形成し、その遺伝子族が幅広い蛍光の放射を担っている可能性が示唆された。現在はこれら遺伝子から産生したタンパク質の蛍光測定を行い、*FP* 遺伝子族の進化とその機能進化の過程を明らかにしようとしている。

1E-6

ウミホタルを食べて発光する魚キンメモドキの発光能力の進化

○別所学[1]、重信秀治[2]、山口勝司[2]、山本直之[1]、大場裕一[1]

[1]名大・院生命農、[2]基生研

発光生物は様々な分類群に存在しており、それぞれ独立に発光能力を進化させてきた。発光反応は一般に分類群特有のルシフェリン(低分子)とルシフェラーゼ(酵素)による酵素基質反応であるが、海洋性発光生物には食物連鎖によりルシフェリンを獲得している種類が多数知られている。浅海性発光魚キンメモドキ *Parapriacanthus ransonneti* もそのうちのひとつである。キンメモドキはウミホタルを捕食することで、ウミホタルルシフェリンを得ていると考えられているが、一方で、ルシフェラーゼについてはほとんど研究が行われてこなかった。発光器は消化管から延長していることより、ウミホタルのルシフェラーゼは分解されると考えられるので、ルシフェラーゼはキンメモドキ自身の酵素であると考えられている。また、他の発光魚においてもルシフェラーゼの同定は行われていない。本研究では、キンメモドキのルシフェラーゼの精製と同定を行った。発表では、ルシフェラーゼ獲得のプロセスについて考察し、発光形質がどのように進化したかについて議論したい。

1F-1

Graph Splitting 法:トワイライトゾーンを越える新たな系統解析手法

○松井求[1,2]、岩崎渉[1]

[1]東大・院理、[2]日本学術振興会

進化学において「進化距離の極めて大きな遺伝子群の系統解析」は依然難問である. 進化距離が大きくなると, ホモログと非ホモログを明確に区別できなくなる領域(トワイライトゾーン)に入り, 従来手法の適用が困難になるためである. そこで, 我々は新たに Graph Splitting 法(GS 法)を考案した. GS 法は再帰的グラフクラスタリングによって系統樹を得る方法であり, 部分配列の類似関係をグラフとして表現することで, トワイライトゾーンにある遺伝子群の系統樹再構築を可能にする.

進化シミュレーションに基づいて GS 法と従来手法(NJ/MP/ML/ベイズ)を比較したところ, 配列距離が十分遠い場合は GS 法が圧倒的に良い精度を示した. さらに実問題への適用例として, 他タンパク質ファミリーと比べ配列距離が顕著に遠い TIM バレルタンパク質群の系統解析を行ったところ, 高い内部枝支持率を持つ GS 系統樹が得られた. タンパク質三次構造の比較解析結果に鑑みて, GS 系統樹は他系統樹よりも確からしい系統関係を推定するものであった. 本発表では GS 法を紹介するとともに, トワイライトゾーンを越えた系統解析の展望について議論したい.

1F-2

トリプトファン分解酵素にみる分子進化

湯浅 創

高知大・理

インドールアミン2,3-ジオキシゲナーゼ(IDO)はトリプトファン(Trp)分解酵素の1つとして知られており, 脊椎動物では IDO1と IDO2の2つのアイソフォームが存在する。IDO1は Trp に対して高い基質親和性を示し, 局所的に Trp 濃度を低下, T 細胞の抑制などの生理作用を導く。IDO2は脊椎動物に広く保存されているが, IDO1と比較して Trp 親和性・触媒効率は一般に低く, 生理的機能も不明である。IDO1は哺乳類に特有の酵素だと考えられてきたが, 最近, 一部の魚類も IDO1を持つことが分かった。魚類の IDO1は, IDO2と哺乳類 IDO1との中間的な基質親和性・触媒効率を示した。低触媒効率 IDO から中触媒効率 IDO への進化には, ヘムの遠位ポケットに位置する1アミノ酸の置換が重要と見られる。その後, 哺乳類において, IDO1は Trp 分解酵素に特化したと考えられる。脊椎動物以外に視点を広げると, 真菌類 IDO においても高い Trp 分解能の獲得が示唆される。即ち, 祖先型 IDO は低触媒効率 IDO で, Trp に対する高い触媒効率は真菌類と哺乳類で2度, 独立に進化したことが伺える。

1F-3

変異組換えタンパク質を用いた真骨魚類孵化酵素の新規機能獲得過程の推察

○佐野香織[1]、出羽哲理[1]、川口真理[2]、安増茂樹[2]

[1]城西大・理・化学、[2]上智大・理工・物質生命

真骨魚類は、進化の過程における孵化酵素遺伝子の重複により単一酵素による卵膜分解系から効率の良い2種の酵素系を獲得したことが示されている。2種の酵素をもつ正真骨類において、2つの酵素(HCE, LCE)はアミノ酸配列で55%の相同性がありよく似た立体構造をしている。しかし、基質特異性はまったく異なり、それぞれ卵膜タンパク質の別の箇所を切断する。さまざまな魚種の卵膜分解実験の結果より、HCE は単一酵素系のそれと同様な卵膜分解活性を示すことから、HCE が祖先型の酵素、LCE が進化過程で誕生した新規機能を獲得した酵素だと考えられる。そこで、どのようなアミノ酸の変異が、新規機能獲得につながったかを推測するため、祖先型機能維持酵素 HCE に変異を入れたリコンビナントタンパク質を作成して、新規機能獲得酵素 LCE 様に基質特異性を変化させることを試みた。

1F-4

トゲウオ科魚類近縁種間の雑種不稔とクロマチン結合タンパク質の機能的分化

○吉田恒太[1]、石川麻乃[1]、牧野能士[2]、北野潤[1]

[1]遺伝研・生態遺伝、[2]東北大・院生命科

雑種不稔は種分化の決定要因となりえるが、その進化の分子基盤の研究は一部の実験動物に限られている。我々は自然環境で同所的に生息し、雄特異的な雑種不稔を示すトゲウオ科魚類イトヨ二種を用い、雑種不稔の原因遺伝子の同定を試みた。マウスやショウジョウバエの研究では原因遺伝子の特徴としてクロマチンに結合する進化速度の速い遺伝子であることがわかっている。我々はイトヨ二種の雑種不稔の QTL 領域内で、精巣に発現し、このような特徴を有する遺伝子を絞り込み、一つの候補遺伝子を発見したので、その遺伝子の機能解析を行った。この遺伝子のクロマチン結合ドメインでは進化的に保存されたアミノ酸が種間で異なっていた。ペプチドアレイを用いた in vitro 解析やゼブラフィッシュ細胞を使った細胞内局在の解析により、二種間でクロマチン結合性や核内局在に違いがあることが明らかになった。また、この遺伝子の精巣での発現量も種間で異なっていた。このように、この候補遺伝子は精巣において種間で機能的に分化しており、現在、CRISPR-Cas9システムを用いたイトヨの遺伝子破壊と遺伝子置換を行い、その雑種不稔への影響を検証している。

1F-5

遺伝子重複・GC 含量変化・分子進化加速・水平伝播による根粒菌共生遺伝子 *nodIJ* の誕生と進化

青木誠志郎[1,2]、伊藤元己[1]、岩崎渉[2]

[1]東大・院総合文化、[2]東大・院理

共生窒素固定に重要な根粒形成(*nod*)遺伝子群は分子遺伝学的に発見されたものの、その誕生と共生機能獲得に至る分子進化については多くが謎とされ、特にマメ科植物への共生の起源は、αプロテオバクテリア説が有力とされているが一部に異論が謳われてきた。我々はまず比較ゲノム解析により、根粒形成についての進化的情報をもつ遺伝子を計算推定し、*nod* 遺伝子群と窒素固定遺伝子群の一部を候補として挙げた。分子系統解析によりこの内、ほぼ全ての根粒菌の持つ共通 *nod*遺伝子群の一部である *nodI*, *nodJ*遺伝子群の起源が、βプロテオバクテリアの ATPase/permease ハウスキーピング遺伝子の遺伝子重複にあることが示された。また分子進化解析により、遺伝子重複後の *nodIJ* 遺伝子群には分子進化加速が引き起こされていることがわかった。最尤法による検定はこの加速が、非同義置換/同義置換速度比や塩基転移/転換速度比の違いではなく、GC 含量の変化に伴うものであることを示した。根粒菌の起源、そして共生・病原性・代謝・抵抗性関連遺伝子群が存在するゲノムアイランドへの、GC 含量変化に関わる適応的分子進化について考察する。

1F-6

カエルの W 染色体の若返り

○三浦郁夫[1]、尾形光昭[2]

[1]広島大・院理、[2]横浜市繁殖センター

Y 染色体および W 染色体は、X 染色体や Z 染色体との間で乗り換えが抑制されると、徐々に遺伝子退化が進み、ヘテロクロマチン化を経て矮小化(ときには巨大化)へ向かう。ヒトの Y 染色体はやがてこの世から消滅するという仮説も提唱されており、事実、Y 染色体を失った哺乳類が存在する。一方、両生類の性染色体は相同対で未だ同型のものが多く、異型対へ進化した種は全体のわずか4%にすぎない。それ故、これらは'ever young' 性染色体と呼ばれている。しかし、その不老維持を説明する進化学的機構はまだ明らかにされていない。私達は、ツチガエルの ZZ-ZW 型と XX-XY 型の集団が境界を接している近畿地方において、両者が交雑した結果、新しい ZW 型へと進化した集団を発見した。そこで、近隣集団を含めた32集団について性連鎖マイクロサテライトを解析し、性染色体の由来を調べると共に、XY 型と ZW 型の交雑を実験室で再現した。その結果、新しい ZW 型集団では、既に遺伝子退化が進行していた元の W 染色体は消失し、その代わり、X 染色体が新たな W 染色体へと進化していることがわかった。性染色体の若返りについて考察する。

一般口頭発表

2A-1

KNOX 遺伝子の遺伝子重複と新規機能獲得によってもたらされた陸上植物の世代交代の制御の分子機構

○榊原恵子[1]、西山智明[1]、塚谷裕一[2]

[1]金沢大学　学際科学実験センター、[2]東京大学大学院　理学系研究科　生物科学専攻

陸上植物は単相と複相の両方に多細胞体制を構築する異型世代交代を行う。陸上植物の世代交代は受精後、減数分裂の開始が遅れ、複相特有の発生プログラムが獲得されたことで誕生したと考えられている。緑色植物特有のホメオボックス型転写因子 KNOX は緑藻類と陸上植物との分岐の後、陸上植物の系統で重複し、KNOX1遺伝子は複相の分裂組織の形成維持に機能し、KNOX2遺伝子は複相で配偶体発生プログラムを抑制する機能を担うようになった。それぞれ、複相での未分化状態の維持と単相の発生プログラムの抑制の両方が獲得され、陸上植物の複相の多細胞体制が成立したと考えられる。

KNOX1遺伝子及び KNOX2遺伝子の標的遺伝子候補を探索するため、ヒメツリガネゴケ野生株、KNOX1変異体及びKNOX2変異体の初期胚の比較トランスクリプトーム解析を行なった。野生株と比較すると、KNOX1変異体胚では601遺伝子、KNOX2変異体胚では2038遺伝子が発現変動していた。そのうち、406遺伝子の発現が両方の変異体で変動しており、そのうち、29遺伝子は転写因子をコードしていた。これらの転写因子の機能解析により、KNOX 遺伝子が重複後、どのように遺伝子ネットワークを変化させてきたかを調べ、世代交代獲得の分子機構を明らかにする試みについて紹介する。

2A-2

動物多細胞体制の進化に原生生物から迫る (Protists shed light on the evolution of animal multicellularity)

菅裕[1]、時安鴻二郎[1]、中田あずさ[1]、小出尚史[1]、Iñaki Ruiz-Trillo[2]

[1]県立広島大・生命環境、[2]Institute of Evolutionary Biology, Spain

How metazoans evolved from a unicellular ancestor? This is one of the most important, yet unanswered questions in evolutionary biology. We aim to elucidate the molecular mechanisms that were responsible for the evolution of metazoan multicellularity, both from a perspective of genome/transcriptome informatics and that of molecular biology and genetics. We use the recently-developed protist models, filastereans and ichthyosporeans, the closest relatives to the metazoans after choanoflagellates. The genome of *Capsaspora*, a filasterean, has revealed that the putative metazoan ancestor before achieving multicellularity had a variety of "multicellularity-relevant" genes that were later co-opted for constructing and maintaining the multicellular system of animals. Similar notion has been obtained from the choanoflagellate genomes. However, choanoflagellates still deny functional analyses including transgenesis despite a decade effort of several groups. We have established the techniques for transforming *Capsaspora* (although still needs an optimization) and the ichthyosporean *Creolimax* cells. In the presentation, we first introduce our organisms, and then show our recent advances in functional analysis of the "multicellularity-relevant genes found in protists".

2A-3

皮筋節から付属肢へ侵入する遊離筋動態の進化

○岡本恵里[1]、工樂樹洋[2]、鬼丸洸[3]、田中幹子[1]

[1]東工大・院・生命理工、[2]理化学研究所、[3]Centre for Genomic Regulation

脊椎動物の進化において、遊離筋とよばれる移動性筋芽細胞は、多様な形質を獲得させた。四肢動物の四肢筋は、皮筋節から脱上皮化した遊離筋が、肢芽へと遊走することによって形成される。一方、対の付属肢をもつ最古の現生脊椎動物である軟骨魚類では、対鰭筋は遊離筋ではなく、上皮状態の皮筋節が胸鰭原基へ伸長するという原始的なシステムによって形成されるという説が半世紀にわたり支持されてきた。本研究では、軟骨魚類 Scyliorhinus canicula 胚における遊離筋の筋形成への寄与について再検証をおこなった。その結果、S. canicula 胚の胸鰭原基へ侵入する筋芽細胞は、皮筋節から分離していることが観察された。さらに、S. canicula では、個々に分離した筋芽細胞が肢芽へ遊走する四肢動物とは異なり、複数の筋芽細胞が密集した状態で皮筋節から分離して胸鰭原基へ侵入するという新たな動態が確認された。これらの結果から、軟骨魚類の胸鰭原基へ侵入する筋芽細胞は皮筋節から脱上皮化した遊離筋由来であるが、遊離筋の脱上皮化レベルは四肢動物と軟骨魚類で異なるという可能性が示唆された。

2A-4

脊椎動物胚における中胚葉遺伝子 Brachyury は二胚葉動物ミドリイシサンゴの胚発生において外胚葉と内胚葉の分離に働く

○安岡有理[1]、小柳亮[1]、安岡由貴[1]、新里宙也[1]、佐藤矩行[1]

[1]OIST

T-box 型転写因子 Brachyury は、ほぼ全ての後生動物胚の原腸形成期に原口周辺で発現する。脊椎動物胚では、Brachyury は原腸形成期の中胚葉形成に必須な役割を担うことが精力的に研究されてきた。しかし、他の動物門における Brachyury の根本的な機能はほとんど明らかにされていない。そこで我々は、ミドリイシサンゴの胚を用いて、二胚葉動物の原腸形成期における Brachyury の役割を解析した。まず発現解析により、*brachyury* の原口周辺での発現が、他の動物と同様に Wnt/β-catenin シグナルによって制御されていることを示した。アンチセンスモルフォリノオリゴの顕微注入による Brachyury の機能阻害実験を行ったところ、原腸形成運動には異常がない一方で、外胚葉の形成が阻害されるという表現型が得られた。さらに機能阻害胚を用いて RNA-seq によるトランスクリプトーム解析を行った結果、Brachyury は外胚葉遺伝子を活性化し、内胚葉遺伝子を抑制していることが示唆された。これらの結果は、Brachyury が原口において胚葉の分離に働くことを示している。これを基に、Brachyury の祖先的機能と中胚葉の進化について考察したい。

2A-5

脊椎動物孵化腺細胞の発生進化学的解析

○長澤竜樹[1]、川口眞理[2]、矢野十織[3]、岡部正隆[3]、安増茂樹[2]

[1]上智大・院理工、[2]上智大・理工、[3]慈恵医・解剖

脊椎動物の胚は卵膜で保護されている。孵化時には胚の孵化腺細胞より分泌された孵化酵素が卵膜を軟化させ、孵化を補助している。孵化腺細胞は真骨魚類では内中胚葉性の細胞、ポルスターより分化する。その一方でカエルでは外胚葉性の細胞から分化する。この同じ機能を有する細胞はいずれもKLF4b/17で分化が調節される。今回この分化する胚葉が変化した時期を明らかにするため、進化的に両者の間に位置する下位条鰭類のチョウザメとポリプテルスを用いて孵化酵素とKLF4b/17の発現を比較した。すると両種はポルスターより分化する孵化腺細胞を有しており、ポリプテルスはそれに加えて外胚葉性の孵化腺細胞も持ち合わせていることが分かった。このことからポリプテルスとチョウザメの間で孵化腺細胞の分化位置に変化が起こったと考えられた。先行研究より、KLF4b/17に加え、カエルでは Pax3、真骨魚類では FoxA3が孵化腺細胞の分化に関与していることが知られている。これらの発現をチョウザメとポリプテルスで比較し、進化過程における孵化腺細胞の由来胚葉の転換要因を考察する。

2A-6

被食者・捕食者によって引き起こされるエゾサンショウウオ幼生の表現型可塑性についてのトランスクリプトーム解析

○松波雅俊[1]、北野潤[2]、岸田治[3]、道前洋史[4]、三浦徹[1]、西村欣也[5]

[1]北大・地球環境、[2]遺伝研・生態遺伝、[3]北大・FSC、[4]北里大・薬、[5]北大・水産

同一のゲノム情報をもつにも関わらず、環境の変化に応じて形質が変化する現象は表現型可塑性と呼ばれる。捕食者・被食者によって引き起こされる表現型可塑性は両生類で広く観察されるが、その分子機構については未だに不明な点が多い。北海道に生息するエゾサンショウウオ(*Hynobius retardatus*)の幼生は、環境に応じてさまざまな表現型可塑性を示す。被食者であるオタマジャクシ存在下では頭部が巨大化し、捕食者であるヤゴの存在下では外鰓・尾高が発達する。本研究では、この異なる2つの表現型可塑性に関係する遺伝子を比較するために、トランスクリプトーム解析をおこなった。道内でサンプリングした卵を捕食者存在下・被食者存在下・それぞれのコントロールの4つの条件で飼育し、その遺伝子発現を比較した。解析の結果，捕食者によって引き起こされる形態変化は，被食者によって引き起こされる形態変化の約5倍の遺伝子の発現変化が起こっていること，異なる形態変化間で異なる遺伝子発現の変化が起こるだけではなく，共通の遺伝子発現の変化も生じていることが明らかになった。

2A-7

哺乳類と双弓類は異なる発生機構によって独立に鼓膜を獲得した

○武智正樹[1]、北沢太郎[2]、栗原由紀子[2]、井関祥子[1]、栗原裕基[2]、倉谷滋[3]

[1]医科歯科大・院医歯学、[2]東大・院医、[3]理研

哺乳類の中耳にはツチ骨、キヌタ骨、アブミ骨の3つの耳小骨が存在するが、双弓類(爬虫類と鳥類)の中耳にはアブミ骨に相同な耳小柱という1つの骨要素しか存在しない。ツチ骨とキヌタ骨は双弓類の顎関節を形成する関節骨と方形骨に相同であるとされる。すなわち哺乳類系統においては本来の顎関節(一次顎関節)が中耳に取り込まれ、二次的に新たな顎関節を進化させた。化石記録から哺乳類と双弓類は独立に中耳を獲得したとされるが、明確な証拠はなく、またどのような契機で2つの異なる中耳が進化したかについても不明であった。我々は、中耳の成立に不可欠な鼓膜が、マウスでは下顎の、ニワトリでは上顎の発生機構によって生じること、また外耳道の前後軸に沿った形成パターンが両者で異なることを明らかにし、哺乳類と双弓類の鼓膜が異なる発生機構によって独立に進化したことを強く示唆する結果を得た。また、鼓膜が両者で異なる骨要素と関係をもった背景には一次顎関節の発生位置の違いがあると考えられた。これらの実験結果は、咽頭弓の骨格要素の繋がり方の違いが形態の多様性の引き金となり、有羊膜類の進化において異なる2つの中耳の成立に至ったことを示唆する。

2A-8

タバココナジラミで独自進化した“菌細胞内棲み分け”による複合共生系

藤原亜希子[1, 2]、倉田歩[2]、前田太郎[3]、重信秀治[3]、孟憲英[4]、鎌形洋一[4]、土`田努[2]

[1]理研・CSRS、[2]富山大院・理工、[3]基生研・生物機能、[4]産総研・生物プロセス

昆虫は微生物との密接な共生関係を築く生物群であり、体内に複数の細菌から成る“複合共生系”を持つものも多い。タバココナジラミもその1つであり、体内の共生器官(菌細胞)には、栄養素の合成・供給を担う必須共生細菌の他、複数種の任意共生細菌が存在する。タバココナジラミは、共生細菌の存在様式や次世代伝達機構が、他の昆虫とは大きく異なっており、複合共生系の一般性や多様性、その進化をひも解く上で大変興味深い研究対象である。我々は、ゲノム解析や RNA-seq 解析、時空間動態解析等を駆使して、菌細胞内の細菌2種が、1)宿主や互いの生存に不可欠な必須アミノ酸の生合成を共同で行うこと、2)同一菌細胞中で宿主小胞膜を介して明確に棲み分けること、3)遺伝的に遠い宿主系統では、異なる共生細菌の組み合わせから成る“菌細胞内棲み分け”が存在すること、を明らかにした。この菌細胞内棲み分けは、必須の共生細菌それぞれのニッチを確保しつつ、細菌同士が近接するため、円滑な代謝産物交換が可能な優れた機構であり、タバココナジラミが独自の進化により辿り着いた複合共生の形であると考えられる。

2B-1

Experimental analysis on isochore evolution by using raw mutation data

○Satoshi Oota[1], Ryutaro Fukumura[2], and Yoichi Gondo[2]

[1]Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center; [2]Mutagenesis and Genomics Team, RIKEN BioResource Center

In the isochore evolution, various analyses were attempted to elucidate its enigmatic mechanism. So far, no clear conclusions were obtained due to contradictory observations against the proposed models.
Many molecular evolutionary studies primarily rely on accumulated mutational and/or substitutional changes in genetic information. This framework is especially powerful to analyze evolutionary characteristics of homologous sequences that independently evolved after their divergence: i.e., their genetic divergence is supposed to directly reflect the real evolutionary process. However, in case of the isochore evolution, this conventional framework often does not work effectively: we have at least two kinds of issues to be considered: (1) the evolutionary signal of interest might be eroded by unknown evolutionary process; (2) we need to handle non-coding regions, to which it is difficult to apply conventional evolutionary models. Especially, (1) is a critical problem because subtle information in non-coding sequences may be easily worn out even during short-term evolution.
Furthermore, we cannot conduct "evolutionary experiments" to validate our models in the conventional framework. An ideal solution would be to observe ongoing evolutionary process by experimentally detecting and collecting raw mutations. Considering the extremely low evolutionary rate, however, this solution is obviously impractical.
Meanwhile, ENU mutagenesis can efficiently produce a rich data set of raw mutations in any species; i.e., in a sense, we can "accelerate" the evolutionary rate and mimic the evolution of the mammalian genome. We analyzed collected raw ENU-induced mutation data in the mouse and found two different mutation pressures, which may explain the isochore evolution in the mammalian genome.

2B-2

Importance of the genomic locations of conserved noncoding sequences in gene regulation

○Babarinde Isaac Adeyemi[1,2] and Saitou Naruya[1,2,3]

[1]National Institute of Genetics, Mishima; [2]The Graduate University for Advanced Studies, Mishima; [3]University of Tokyo

Functional studies have found the involvement of certain Conserved Noncoding Sequences (CNSs) in the regulation of the closest gene. On the other hand, reported cases of long range enhancer activities and inter-chromosomal regulation suggest that the genomic location might not be important. To test the importance of genomic location, we extracted the CNSs conserved among chicken, human, mouse, dog and cattle. We first show that the CNSs are under purifying selection, and not just mutational cold spots. Next, we show that genomic distribution of CNSs is not random and that the intergenic ones are often found far away from protein-coding genes (gene desert). The distribution pattern, ChIP-Seq and RNA-Seq data exclude the possibility of the CNSs being unannotated genes. The ChIP-Seq data show that the CNSs are more likely to be regulatory element. If the genomic location of the CNSs is important, we would expect to find a pattern in the expression of closest genes. Otherwise, no unique expression pattern would be found. We report a high concordance between the closest gene ontology term and tissue expression level. Gene expression patterns suggest that CNSs regulate nearby genes. Importantly, we show that genes with more CNSs have more conserved expression. Our results therefore suggest that the genomic locations of CNSs are important for their regulatory function.

2B-3

Global discovery of Hominidae-specific unique genomic elements in human genome

○Morteza Mahmoudi Saber and Naruya Saitou

Department of Biological Science, University of Tokyo

Family Hominidae, which includes human beings and great apes, is recognized for unique complex social behavior and intellectual abilities. Despite the increasing genome data, however, the genomic origin of its phenotypic uniqueness has remained elusive. Clade-specific protein coding genes and highly conserved noncoding sequences (HCNSs) are among the high-potential evolutionary candidates being involved in driving clade-specific characters and phenotypes. On this premise, we analyzed whole genome sequences along with gene expression and orthology data retrieved from major DNA databases to find Hominidae-specific (HS) protein coding genes and HCNSs. We discovered that Down syndrome critical region 4 is the only experimentally verified gene uniquely present in Hominidae family. The evolution of DSCR4 which has no structural homology to any known protein is estimated to have happened in several steps through LTR/ERV1, LTR/ERVL retrotransposition, and transversion. Using genomic distance as threshold for neutral evolution, we identified 1,852 HS HCNSs. Polymorphism coverage and derived allele frequency analysis of HS HCNSs showed that these HCNSs are under purifying selection, indicating that they may harbor important functions. In this study, HS HCNSs are shown to be under accelerated evolution in Hominidae common ancestor, overrepresented in promoters, untranslated regions and in close proximity of genes involved in sensory perception of sound and developmental process. They also showed a significantly lower nucleosome occupancy probability. Low HS coding protein-coding gene to HS regulatory HCNS ratio suggests regulation alteration of existing protein-coding genes to have played a more significant role in Hominidae evolution than emergence of novel genes.

2B-4

塩基切り出し型制限酵素修飾酵素系の進化と人類移動史

○小島健司[1,2,3]、小林一三[1,2]

[1]東大・院新領域、[2]東大・医科研、[3]GIRI

制限酵素 R.PabI は、認識配列の非修飾塩基を特異的に切り出す DNA グリコシラーゼ活性と、残された脱塩基サイトを切断するAPリアーゼ活性を持つ、新しい型の制限酵素である(福世、今大会 Symp-8)。この制限酵素遺伝子のホモログを原核生物において網羅的に探索した。その結果、R.PabI ホモログは常に同一認識配列のアデニンをメチル化するメチルトランスフェラーゼ(修飾酵素)と対となって、制限修飾酵素系として存在すること、この遺伝子対の形で動く遺伝子単位としてゲノム間を水平伝播すること、その一方で種を超えて同一遺伝子座に保存されている場合があることが観察された。ヒトの胃に持続感染するピロリ菌 Helicobacter pylori のゲノムには、種分化以前に PabI 型制限修飾系が挿入されたが、アメリカ大陸株と一部の東アジア株において機能未知遺伝子 hrgC に置換されていた。マレーシアにおいては、東アジア株由来の hrgC が南アジア株に観察され、中国系移民のもたらした株からインド系移民、マレー先住民由来の株へ移入されたことが推定された。hrgC の生物学的意義についても考察したい。

一般口頭発表

2B-5

霊長類におけるヒトの皮膚の表現型の特性について

○荒川那海[1]、寺井洋平[1]、今井啓雄[2]、颯田葉子[1]

[1]総研大・先導研、[2]京大・霊長研

ヒト特異的な形質は多く知られており、皮膚での体毛の減少や汗腺の増大はその例として挙げられる。本研究では、ヒト特異的な皮膚の形態的および生理的な表現型がどのような遺伝的基盤によって生み出されているのか、ヒトと類人猿間の皮膚での遺伝子発現量比較から明らかにすることを目的としている。ヒト特異的発現をしている遺伝子を単離するために、ヒトとチンパンジーの皮膚を用いたマイクロアレイデータの解析を行い、2種間で発現量差を持つ可能性のある候補遺伝子を抽出した。ヒトとチンパンジーそれぞれ3個体の皮膚サンプルを用いて、いくつかの候補遺伝子について実際の発現量差を定量 PCR(qPCR)により確認したところ、*KRTAP11-1*遺伝子(ケラチン関連タンパク質11-1)においてチンパンジーと比べてヒトで発現量が有意に下がっていることが明らかになった。KRTAP11-1は体毛を形成するケラチンタンパク質と複合体を形成する構造タンパク質であり、この発現量差は2種間での体毛の性質や量の違いに関係している可能性が示唆された。現在、この発現量差を生み出している発現調節領域の変異の特定を進めており、遺伝子発現量の差の進化過程を明らかにする予定である。

2B-6

シアル酸転移酵素 ST8Sia2にみる現生人類のユーラシアへの移動での精神適応

藤戸尚子[1]、颯田葉子[1]、羽根正弥[2]、松井淳[3]、北島健[2]、佐藤ちひろ[2]、○早川敏之[4]

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

シアル酸は糖鎖末端に位置する酸性の九炭糖であり、シアル酸転移酵素 ST8Sia2は、脳においてシアル酸同士を結合させポリシアル酸を合成する酵素である。そして、ポリシアル酸の大半は神経細胞接着分子(NCAM)に付加され、脳機能において重要な役割を果たしている。近年 ST8Sia2と、統合失調症、自閉症、双極性障害、気分障害といった精神疾患との関連が指摘され、ST8Sia2はコミュニケーション能力や社会性といった、ヒトとしての高度な精神活動に関わっていると考えられる。

我々は、ST8Sia2遺伝子のプロモーター多型の機能と進化について、現代人の世界集団を対象に解析を行なった。その結果、ヒト特異的に出現した1つのプロモータータイプが、他のタイプとは有意に低いプロモーター活性を示すとともに、プロモーターの周辺10kb の塩基配列の集団遺伝学的解析から、活性の低いプロモータータイプに、現生人類のアフリカからユーラシアへの移動の際に正の自然選択が働いたことが示された。これらの結果は、現生人類のアフリカからの拡散時に精神的な適応がおこったことを示唆している。

2B-7

*Helicobacter pylori*から推定する先史アジアの人類移動

○鈴木留美子[1]、山岡吉生[1]、斎藤成也[2]、平野隆[3]、佐藤万仁[3]

[1]大分大学、[2]遺伝研、[3]沖縄綜合科学研究所

Helicobacter pylori(ピロリ菌)は主に免疫の弱い小児期に家族内で感染するため、菌と宿主の系統関係が並行的である。これを利用してピロリ菌の系統解析を行うことで人類集団の歴史を追うことができる。我々はアジアから南米に渡る広い地域から採取したピロリ菌24株の完全ゲノムをPacBioシーケンサーによって決定し、これに Genbank に公開されているピロリ菌完全ゲノムデータを合わせて、計70株の系統解析と集団解析を行った。

これまでの研究で、沖縄には分岐年代が3万年以上前と推定される株集団(Oki-a)が存在すること、またそれらが中央～南アジアに見られる hpAsia2グループに近いことがわかっていたが、具体的な近縁株は不明であった。今回の解析でOki-a グループとネパール株の近縁性が明らかになった。さらに HiSeq シーケンサーで読み取ったアジア各地の株を加えて140株の系統解析を行った結果、ネパール-Oki-a クラスターは、ニューギニア～オーストラリア系統の hpSahul より分岐が古いことが確認され、Oki-a が南洋経由ではない可能性も示唆された。

2B-8

熱帯熱マラリア原虫の赤血球結合分子 EBA-175の *Fseg/ Cseg* 二型の進化

○安河内彦輝[1]、中伊津美[1]、Hathairad Hananantachai[2]、Jintana Patarapotikul[2]、大橋順[1]

[1]東大・院理、マヒドン大・熱帯学研究所

ヒトの赤血球への侵入に重要な熱帯熱マラリア原虫のEBA-175は、主に7つの領域(Region Ⅰ - Ⅶ)に区分され、Region III にセグメント二型(*Fseg*と *Cseg*)の存在が報告されている。この *Fseg/ Cseg* 二型に関する研究は多くあるが、その進化の過程は明らかにされていない。そこで本研究では *Fseg/ Cseg* 二型の進化を解明するために、その起源と形成過程を調査した。タイ人熱帯熱マラリア患者131名の末梢血から抽出した原虫 DNA を用いて、*EBA-175*の Region II と III の塩基配列を決定した結果、32対立遺伝子(アリル)が検出された。それらを用いて NCBI の BLAST 検索や系統解析を行ったところ、チンパンジーに感染する *Plasmodium reichenowi* が *Fseg* と *Cseg* 配列双方を含むアリルをもつことがわかり、*Fseg* と *Cseg* アリル系統がそれぞれ独立に誕生したことが示唆された。さらに, ヒトの免疫関連分子 HLA の EBA-175ペプチドへの結合予測を行った結果、ヒトの HLA アリル頻度と原虫のセグメント二型頻度は互いに影響されてきた可能性が示された。

一般口頭発表

P-1

Heterogeneous characteritics of Conserved noncoding sequences in Eukaryotes

○Nilmini Hettiarachchi[1,3] and Naruya Saitou[1,2,3]

[1]School of Life Science, Graduate University for Advance Studies,[2] University of Tokyo,[3] National Institute of Genetics

Conserved noncoding sequences (CNSs) are enriched in regulatory sequence elements. We conducted a whole genome analysis on plant CNSs and identified them to be GC rich (Hettiarachchi et al. 2014). Babarinde and Saitou (2013) reported mammalian CNSs to be GC poor. This heterogeneity in GC content might be related to varying sequence features of regulatory elements in different lineages. Since animals and fungi are sister groups, in order to determine the evolutionary origin of low GC content of mammalian CNSs we investigated the features of fungi lineage common CNSs. This investigation was further extended to discover the sequence features of lineage common CNSs of invertebrates, non-mammalian vertebrates with the intension to answer varying regulatory features of different lineages, Currently we have identified that plant, fungi, invertebrate lineage CNSs are predominantly GC rich whereas vertebrates are GC poor. We also found that this GC content feature is directly related to their location in the genome. High GC CNSs showed a tendency to be found in heterochromatin regions, whereas low GC CNSs shows a tendency to locate in open chromatin. The transition of high GC content of CNSs from the majority of multicellular eukaryotes to low GC content in vertebrates and the structural architecture of CNSs with its function are some of the questions we intend to answer in the future.

P-2

ドーパミン D1様受容体のリン酸化部位とパルミトイル化部位の脊椎動物における保存性

○足立透真[1]、星野幹雄[1]、林　崇[1,2]

[1]国立精神セ・神経研、[2]東大・院医

ドーパミンは中枢神経系の神経伝達物質であり、哺乳類の情動、記憶、注意などの認知機能を含む神経活動およびハンチントン病や統合失調症の様な精神・神経疾患とも深く関わっている。ドーパミン受容体には5つのサブタイプが存在し、その機能からD1様受容体(D1、D5)とD2様受容体(D2、D3、D4)に大別される。これらの受容体のリン酸化やパルミトイル化といったタンパク質翻訳後修飾は、ドーパミン受容体が関わる神経活動を制御している。本研究では、哺乳綱でのみ報告されていたドーパミン D1様受容体のリン酸化部位とパルミトイル化部位に関し、動物全般での保存性をBLAST 検索によって調べた。その結果、パルミトイル化部位は少数の例外を除き全ての動物種で保存されていた。PKAとGRKのリン酸化部位は全脊椎動物種で保存され、PKCによるリン酸化部位は脊椎動物の特定の綱のみで見られた。無脊椎動物には該当する標的配列は存在しなかった。従って、無脊椎動物から脊椎動物が分岐して以降、リン酸化による制御機構は段階的に獲得され複雑化したものと考えられた。以上から、脊椎動物のD1様受容体における翻訳後修飾の重要性が示唆された。

P-3

乳腺由来細胞における転移因子由来のシス制御配列の進化学的解析

○西原秀典[1]

[1]東工大・院・生命理工

すべての哺乳類はその名の通り、出産後の一定期間、仔にミルクを授乳することによって育児をおこなうが、その際に必要となる乳腺は哺乳類特異的に進化した器官である。このような哺乳類特有の細胞の形成には多くのゲノム機能領域が関与していると考えられるが、そこにはどのような哺乳類特異的な特徴があり、それらはどのような過程を経て獲得されたのだろうか？ 例えば近年の ENCODE プロジェクトではMCF7などの乳腺由来細胞における発現制御領域が明らかにされてきたが、多くは乳がんの増殖機構の解明を目的としたものであり、それを進化的観点から解析した研究は少ない。そこで本研究ではこれまでに報告された ChIP-seq データを利用して様々なタンパク質の結合サイトの特徴を解析した。その結果、エンハンサーに結合するコアクチベーターp300などの結合サイトが数種類の転移因子の内部に多く存在することが明らかになった。特に一部の転移因子については特定のタンパク質の結合モチーフを内部に保有することも示された。このように数多くの転移因子が発現制御に関与していることから、それらが哺乳類の乳腺の獲得に大きく寄与してきた可能性が考えられる。

P-4

gEVE, an endogenous viral elements (EVEs) database, facilitates the evolutionary studies of functional EVEs in various mammalian species.

○中川草[1,2]、上田真保子[2]

[1]東海大・医、[2]東海大・マイクロナノセンター

In mammals, it is widely accepted that approximately 10% of genome sequences correspond to endogenous viral elements (EVEs) including endogenous retroviruses (ERVs), which are thought to be derived from ancient viral infections of germ cells. A few open reading frames (ORFs) of EVEs are still active and express viral proteins in the hosts. Indeed, several genes derived from EVEs were found to be functional for host species, such as syncytins (envelope proteins of retroviruses) for placenta development in various mammals. However, no databases of EVE ORFs are available, and therefore evolutionary pathways of EVEs have not yet been understood comprehensively. Hereby, we developed EVE ORF databases for 20 genomes of 19 mammalian species. We first identified EVE candidates using RetroTector and Repeat Masker, and then translated the nucleotide sequences. For each EVE sequence (> 80aa), functional viral motif sequences were searched. Then all obtained EVE sequences as well as exogenous and endogenous viral sequences were searched against every genome sequence. Then, comprehensive EVE ORFs identified for each mammalian species are summarized as a database (gEVE,

P-5

真反芻亜目内部におけるⅠ型コラーゲンα1鎖（COL1A1）の情報学的解析

村上勝彦[1]、○大波純一[2]、高木利久[2]

[1]工科大・応用生物、[2]JST・NBDC

Ⅰ型コラーゲンは、多くの生物が有する主要な細胞外マトリクス構成タンパク質として知られている。近年、化石に残存するⅠ型コラーゲンのα1及びα2鎖のアミノ酸配列から系統推定が可能となった。また、ウシやシカのコラーゲンは古くから膠（にかわ）として利用され、考古学における発掘遺物の由来を判断する指標としても注目されている。このため、真反芻亜目（pecoran ruminant：ウシ、シカ、キリン等）におけるコラーゲンの遺伝情報は、今後の多様な研究のレファレンス情報として重要である。しかし、これまでシカやキリンのゲノム情報をベースとした解析はおこなわれていなかった。今回、本研究ではノロジカ（学名：*Capreolus capreolus*、英名：Western roe deer）のゲノムデータベースから、新たにⅠ型コラーゲンα1鎖（COL1A1）のコード領域（14,716bp）を確認し、真反芻亜目内部における比較解析をおこなった。その結果、ノロジカゲノムに特異的なアミノ酸変異が集中する領域を発見した。今後はデータベースから確認できなかった種についても解析を継続したい。

P-6

鯨類の嗅覚受容体遺伝子レパートリーの解析～ヒゲクジラの嗅覚能力を分子から探る～

○岸田拓士[1]

[1]京大・野生動物研究センター

鯨類（クジラ目）は哺乳類の目の一つであり、始新世の初期に偶蹄目から分岐した。現在生きている全ての鯨類は、二つの亜目―ハクジラ亜目・ヒゲクジラ亜目―のいずれかに分類される。従来、海洋性である鯨類は嗅覚能力を持たないと考えられてきた。事実、ハクジラ類は嗅球や第Ⅰ脳神経を持たない。だが、ヒゲクジラ類はそうした神経系を保持しており、呼気に含まれる空気中の化学物質をにおいとして知覚している可能性を、発表者らはこれまでに報告してきた。では、ヒゲクジラ類はどのような物質をにおいとして知覚しているのだろうか。ヒゲクジラ類は飼育可能な施設が存在しないため、行動実験によってこの問いに答えることは難しい。本研究では、ゲノムが解読された複数種の鯨類から嗅覚受容体遺伝子レパートリーを同定して比較解析を行い、①全ての鯨類で保存されている受容体・②全てのヒゲクジラ類で保存されている受容体　を特定した。①の受容体は嗅細胞以外で使われている可能性が強い。②の受容体のリガンド特定が、ヒゲクジラ類の嗅覚能力を把握する鍵となるだろう。

P-7

ヒトABO式血液型ハプロタイプの進化

伊藤　正哉[1]、斎藤　成也[2]、○北野　誉[1]

[1]茨大院・理工、[2]遺伝研・集団

ABO 式血液型は、細胞表面の特定の糖鎖の構造的差異によって型が分類されている。A 型は N-アセチル-D-ガラクトサミンが、B 型は D-ガラクトースが、その末端に付加しており、一方、どちらの糖も付加していないのが O 型として認識されている。これらの糖を付加させる働きを持つ酵素をコードしているのが、ABO 式血液型遺伝子であり、エクソン7にある2つのアミノ酸の違いによって、A 型（266L、268G）と B 型（266M、268A）とで付加させる糖が異なる。一方、エクソン6における1塩基の欠失（delta261）によるフレームシフトによって、どちらの糖の付加もさせないものが O 型対立遺伝子であり、主要なハプロタイプとして O01と O02が存在する。本研究では、delta261を持たない O 型ハプロタイプである O03のエクソン2～7の領域の塩基配列を決定して、各ハプロタイプの進化に関する解析を行った。O03は、G268R の置換によって糖を付加させる働きのない酵素をコードするハプロタイプであり、ヒト集団に古くから低頻度で存在しているということが示唆された。

P-8

日本人の精密な遺伝的構造の検討：アジア人の中での遺伝的由来及び遺伝的差異の起源の推定

○竹内史比古[1]、勝谷友宏[2]、木村亮介[3]、並河徹[4]、大久保孝義[5]、田原康玄[6]、山本健[7]、横田充弘[8]、SAW, Woei-Yuh [9]、TEO, Yik-Ying [9]、加藤規弘[1]

[1]国際医療研究センター、[2]阪大・院医、[3]琉球大・院医、[4]島根大・医、[5]帝京大・医、[6]京大・院医、[7]久留米大・医、[8]愛知学院大・歯、[9]シンガポール大

【背景】日本人は縄文人と弥生人が混合して形成されたと推定されているが、その詳細は明らかではない。日本人の精密な遺伝的構造をゲノムワイドな SNP データにより解明する。

【方法】日本の8地域集団（花巻、東京、北名古屋、尼崎、島根、愛媛、福岡、沖縄）の被験者を対象にし、精密な人口構造を同定するための統計学的手法―fineSTRUCTURE―を用いて遺伝的クラスターを計算した。アジア人の中での遺伝的由来を検討すべく、Asian Diversity Project のデータも解析に組み入れた。

【結果】SNP データのみに基づく遺伝的クラスターは、日本の8地域集団を区別できた。日本人の祖先型プロフィールは韓国・中国・東南アジアの集団により構成されていた。地域間の遺伝的差異は、ゲノム全体に渡って弱く存在する一方、自然選択を受けた遺伝子座で強調されている場合もあった。

【結論】本州ないしその近傍の7地域は、沖縄と比べた場合、遺伝的均一性が高いものの、大きく2グループ―花巻、東京と福岡が一つ、これら以外の4地域がもう一つ―に分類される。調査対象地域の遺伝的差異の起源は、主として遺伝的浮動によるものと推定される。

P-9

ヒト脳と類人猿脳における時空間的比較トランスクリプトーム解析

○郷康広[1,2]、辰本将司[1]、Qian Li[3]、Liu He[3]、大石高生[4]、鵜殿俊史[5]、重信秀治[6]、柿田明美[7]、那波宏之[7]、Philipp Khaitovich[3]

[1]自然科学研究機構・新分野創成センター、[2]生理学研究所、[3]The Chinese Academy of Sciences and German Max Planck Society Partner Institute for Computational Biology、[4]京大・霊長研、[5]京大・野生動物研究センター、[6]基礎生物学研究所、[7]新潟大・脳研

高速シーケンサーの技術革新により、「ヒトとは何か？ヒトはどこから来たのか？」という命題に対して、生物学緻密性と定量性をもったアプローチが可能になりつつある。上記の命題に対するひとつのアプローチとして、ゲノム科学と脳科学の融合領域である認知ゲノム科学的アプローチがある。脳神経系の構造や機能がゲノムを構成要素とするトランスクリプトーム、エピゲノム、メタボローム、プロテオームとどうのように結びつくかを解き明かすことを目標とする認知ゲノム科学的視点に加えて、比較認知ゲノム科学はその進化的背景をも研究の視座に含む。個体や集団としてのヒトやヒト集団がそうであるのと同様に、ヒトの脳神経系も進化の産物である以上、その動作原理は進化的な制約下にあり、よって、進化的な視点で上記の命題に取り組むことが極めて重要になってくる。本研究では、ヒトと類人猿（合計14個体）の死後脳の8領域における比較トランスクリプトーム解析を行い、霊長類の進化の過程で獲得されたヒト時空間的遺伝子発現の特殊性に関する考察を行った。

P-10

タバココナジラミと細菌の共生を可能にする宿主の分子機構の探索

○瀧沢美翔[1]、若林もなみ[1]、吉武和敏[2]、重信秀治[3]、前川清人[1]、藤原亜希子[1, 4]、土`田努[1]

[1]富山大・院・理工、[2] JSM、[3]基生研・生物機能、[4]理研・CSRS

栄養的に偏った食餌に依存する昆虫の中には、体内に“菌細胞”と呼ばれる、自身の生存・繁殖に必須の細菌を収容するための特殊な細胞を発達させているものが多く存在する。菌細胞は昆虫と細菌の複雑な相互作用の場であり、その分子機構の解明は、進化生物学の観点からもきわめて興味深い。我々は、菌細胞を持つ代表的な昆虫であるタバココナジラミ *Bemisia tabaci* を材料に RNA-seq 解析を行い、菌細胞で有意に高発現する遺伝子群を特定した。そのうち、微生物に対する応答性が知られているペルオキシダーゼの相同性遺伝子（1）と、突出して高い発現を示す機能未知の遺伝子（2）に着目し、RACE 法によりそれぞれの全長配列を取得した。その結果、（1）はペルオキシネクチンと高い相同性が確認された。本遺伝子では、ドメイン内に変異のある複数のバリアントが得られており、その一部が菌細胞内共生に何らかの役割を担っていることが示唆された。（2）については、FISH により菌細胞で特異的に高発現していることを確認した。今後は、RNAi による機能解析を行い、共生系における各遺伝子の機能を解明する。

P-11

原生生物細胞内共生細菌の系統間多型からみるゲノム縮小進化過程

○伊澤和輝、桑原宏和、伊藤武彦、本郷裕一

東工大・院生命理工

Rs-D17（*Candidatus* Endomicrobium trichonymphae）はヤマトシロアリ腸内原生生物 *Trichonympha agilis* の細胞内共生細菌であり、ゲノム縮小進化過程にあると考えられている（Hongoh et al., 2008）。本研究では、Rs-D17のゲノム完全長を新たに取得し（IZ 系統）、2系統間での比較解析を行った。IZ 系統の16S rRNA配列は以前の系統と同一であったが、その環状染色体は14 kb ほど短く、約200 kb の領域の逆位がみられた。また以前の系統では5種類の遺伝子が重複していたが、IZ 系統ではそのうちの2種類のみが重複していた。次にゲノム全体で変異頻度を比較したところ、偽遺伝子と推定される領域は遺伝子間領域と同等の変異頻度を示し、タンパク質コード領域に比べ変異頻度が有意に高かった。さらに Rs-D17の共生機能として重要な、アミノ酸とビタミン類の合成に関わる遺伝子の変異頻度は他のタンパク質コード領域に比べて低い傾向にあった。

これらの結果から、Rs-D17ではゲノム縮小に伴うゲノム構造の改変が起きており、同種内でもゲノムの構成が安定していないものの、窒素化合物の合成機能は保存されていることが示唆された。

P-12

ピロリ菌の適応形質を支配するDNAメチル化系ネットワークの発見

○矢野大和[1,2]、Zobaidul M. Alam[1]、林原絵美子[3]、古田芳一[1,2]、鈴木穣[1]、菅野純夫[1, 2]、柴山恵吾[3]、小林一三[1,2]

[1] 東大・新領域、[2]東大・医科研、[3] 国立感染研

ピロリ菌のゲノムおよびメチローム解析から、ゲノム変異でなくメチローム状態の変化がピロリ菌進化の原動力である可能性が示唆されてきた（Furuta et al., PLoS Genetics 2014）。特定のメチローム状態がピロリ菌の形質発現に果たす役割を調べるため、私たちは異なるタイプのメチル化系の欠損変異体を3種類作成し、それら変異体のトランスクリプトームと基本的な形質を解析した。変異体はそれぞれ特有のトランスクリプトーム変化を示し、増殖パターンもそれぞれ異なっていた。ある変異体は、野生株と比較して、活性酸素に対して高い感受性を示し、さらに酸に対しても高い感受性を示した。驚いたことに、あるメチル化系は他7種類のメチル化系の発現に影響を与えていた。このメチル化系ネットワークの存在が特定のメチル化系による複数の形質の支配につながっている可能性がある。これらの発見は総じて、メチル化酵素遺伝子の獲得、不活化、または組換えによるメチローム状態の変化が自然選択の対象になることを強く示唆する。

P-13

枯草菌における3'→5' エキソヌクレアーゼドメインを持つ新規遺伝子の変異解析

○明石基洋[1]、吉川博文[1]

[1]東京農大・応生科・バイオ

DNA 複製/修復時に生じる複製エラーは、全ての生物が内在的に有する変異源であり、複製時に3'→5'エキソヌクレアーゼによる校正を受ける。大腸菌の DNA 複製因子は DnaE であり、DnaQ(3'→5'エキソヌクレアーゼ)が複製時に校正活性を賦与している。一方、枯草菌は PolC と DnaE 二種類の因子により複製を行う。PolC は校正活性ドメインを持つのに対し、DnaE の校正能は不明であった。そこで、大腸菌の DnaQ 配列を用い、枯草菌ゲノムを BLAST 検索したところ、検索配列と相同性の高い *dinG*、*kapD* が見出された。本研究では、リファンピシンを用いた耐性菌の出現頻度および耐性獲得に伴う *rpoB* の変異点を比較、枯草菌 *dinG* および *kapD* の校正機能の有無を検証した。その結果、*dinG*、*kapD* の破壊株/校正活性失活株の *rpoB* における変異点は野生型と異なることが分かった。更に、*dinG* の破壊株/校正活性失活株を胞子形成させ、胞子から発芽した菌の変異頻度を測定すると、校正活性失活株の変異頻度が増加した。以上から、*dinG*、*kapD* は *in vivo* において校正能を有することが示唆された。

P-14

担子菌類における隔壁孔キャップの形態進化

○飯塚朋代[1]、野澤昌文[1,2]、池尾一穂[1,2]

[1]総研大・遺伝学、[2]遺伝研・生命情報

担子菌類の菌糸は隔壁を形成することによって細胞様の区画を保持している。隔壁中央部は隔壁孔と呼ばれる間隙と、それらを覆う隔壁孔キャップ(SPC)で構成されており、特に SPC の形態は高次分類群の推定に重要であるとされてきた。なかでも孔のあいたタイプ(Perforate SPC)は、隔壁孔をすき間なく覆うタイプから進化したことが知られている。また、SPC の形態と種の系統との比較より、Perforate SPC の出現は異なる分類群のあいだで少なくとも独立に3回起きていることが示唆されている。したがってPerforate SPC の獲得は菌糸構造の進化に大きく寄与したと考えられるが、その分子基盤はほとんどわかっていない。

そこで本研究では独立に生じた Perforate SPC の獲得にどのような遺伝子が関与したのかを検証した。まず、担子菌類12種類のゲノムからオルソログを同定し、2560遺伝子を得た。そして各遺伝子について系統解析を行ったところ、8個の遺伝子系統樹において独立に生じたはずの Perforate SPC をもつ種が1つのクラスターを形成した。これらの遺伝子の中には SPC 形成に関与することが知られている spc33遺伝子が含まれていた。このことから、Perforate SPC はオルソログとして抽出された遺伝子の独立な進化が関与して出現したと考えられた。

P-15

B 群レンサ球菌のシアル酸分解酵素の分子系統解析と病原性に果たす役割の解析

○山口 雅也[1,]中田 匡宣[1,]広瀬 雄二郎[1, 2,]後藤 花奈[1,]住友倫子[1,]川端 重忠[1]

[1]阪大院・歯・口腔細菌, [2]名大院・医・泌尿器

細菌性髄膜炎において、新生児では B 群レンサ球菌が、2歳以下の幼児では肺炎球菌が主要な原因菌として分離される。肺炎球菌のシアル酸分解酵素 NanA は、宿主の免疫系からの回避に働くとともに中枢神経系への主要な侵入因子として機能する。B 群レンサ球菌は *nanA* のオルソログである *nonA* を持つが、その機能は不明である。本研究では、レンサ球菌における *nanA* 遺伝子群について分子系統解析を行うとともに、B 群レンサ球菌の NonA の役割と NanA の導入がその病原性におよぼす影響を解析した。

遺伝子配列を用いた分子系統解析から、NonA は NanA から分岐したことが示唆された。また、B 群レンサ球菌の NonA を肺炎球菌の NanA と置換した菌株において、ヒト脳血管内皮細胞への侵入率が増加した一方で、自身の莢膜に存在するシアル酸の分解が認められ、ヒト血中ならびにマウス感染時における菌の生存率は大きく減弱することが示された。一方、 *nonA* 欠失株ではそれらの表現型に影響は認められなかった。これらの結果から、B 群レンサ球菌の NonA はシアル酸分解活性を失っていることが示された。さらに、B 群レンサ球菌における NonA と NanA の置換は生体内での同菌の生存を抑制することが示唆された。

P-16

塩基の挿入／欠失を考慮した遺伝的差異

○西巻拓真、佐藤圭子

東理大・院理工

系統解析において、塩基の挿入／欠失、即ちアライメントした際に発生したギャップの存在は非常にぞんざいに扱われている印象を受ける。現状、配列データからギャップサイトを取り除くなり、曖昧な塩基として処理してしまうことが主流であるが、これは DNA に刻まれた情報を故意に粗末にしていることに他ならない。我々は、進化の過程で起こった挿入／欠失を考慮し、配列の持つ全情報を有効に情報源として捉えた遺伝的差異を考案した。

そして、その新たな遺伝的差異を基にして、 哺乳類18生物群のミトコンドリアゲノム内全領域の系統樹を NJ 法により作成した。それは既存の方法で作成した系統樹と比べ、その化石情報から得られるものに近い系統樹を描いた。とりわけ、16S rRNA 領域を始めとしたノンコーディング領域において顕著な改善が見受けられた。かつ、コンピュータ・シミュレーションによって10000回発生させた疑似配列を用い、新しい方法で算出した遺伝的差異の計算可能性や分散値は、既存の方法と遜色ない結果を示すことが分かった。

本研究により、塩基配列から推定される系統関係をより正確なものとし、進化の歴史をより鮮明に辿ることができると期待される。

P-17

転写開始点周辺の CpG が性特異的な遺伝子発現に与える効果の推測

○玉川克典[1]、牧野能士[1]、河田雅圭[1]

[1]東北大・生命

雌雄はほぼ同じゲノムを用いて発生することから、遺伝子発現の雌雄差にはエピジェネティックな転写制御が強く影響していると予想される。エピジェネティックな修飾は環境などの外的要因に影響されて動的に変化するものの、制御の潜在的な対象領域は塩基配列に依存していると考えられている。特に脊椎動物におけるDNAメチル化はCGジヌクレオチド(CpG)を主要な標的とすることが明らかになっており、塩基配列から潜在的な制御領域を予測することが可能である。そこで本研究では顕著な性的二型を示し、詳細な発現量の雌雄差とゲノムのドラフトが解読されているグッピー(*Poecilia reticulata*)を対象とし、ゲノム配列中の CpG と遺伝子発現の雌雄差との関係を網羅的に解析することで、DNA メチル化の潜在的な制御領域とその効果の推測を行なった。その結果、発現量に雌雄差のある遺伝子とない遺伝子では転写開始点下流領域で CpG の密度が異なること、また転写開始点下流領域の CpG が低密度に維持されている遺伝子において発現量の雌雄差が大きくなる傾向が存在することが明らかになった。これらの結果は、転写開始点下流領域の DNA メチル化が発現量の雌雄差を生じさせることを示唆していると考えられる。

P-18

不完全変態昆虫脳で発現する性決定因子の解析

○渡邊崇之、青沼仁志

北大・電子研

キイロショウジョウバエ神経系において *transformer* や *fruitless*、*doublesex* などの性決定因子は性特異的な神経回路の形成に関わる。これらの性決定因子には性特異的遺伝子産物が存在する。ハチなどの原始的な完全変態昆虫脳においてもこれらの性決定因子にはショウジョウバエと同様の性特異的転写産物が存在することが明らかとなっているが、より原始的な不完全変態昆虫において *transformer* や *fruitless*、*doublesex* に性特異的遺伝子産物が存在するか、またこれらの遺伝子が性特異的な神経回路の形成に関わるかは明らかにされていない。
本研究では不完全変態昆虫であるコオロギ *Gryllus bimaculatus* DeGeer を材料に、神経系で発現する性決定候補因子群を同定しこれらのに性特異的転写産物が存在するかどうかを調査した。さらに中枢位神経系におけるコオロギ Fruitless タンパク質の発現解析し性特異的な発現パターンを示すかを調査した。本発表では、上記の結果とともに本研究により明らかになったコオロギ性決定因子の構造的特徴について紹介し、昆虫の性決定システムの進化について議論したい。

P-19

性決定遺伝子 Dmy、Dm-W の平行進化

○中迫啓[1]、回渕修治[1]、高松信彦[1]、伊藤道彦[1]

[1]北里大・理

脊椎動物の DNA 結合型(転写因子型)の性決定遺伝子には、現在までに、メダカの Dmy、アフリカツメガエルの Dm-W、ニワトリの Dmrt1、哺乳類(真獣類)の Sry が報告されている。興味深い事に、Dmy および Dm-W は、それぞれの祖先種の Dmrt1オルソログから重複し、種分化過程で新機能を獲得した性決定遺伝子と考えられている。しかし、両者の新機能獲得機構に関する研究はほとんど無い。本研究は、性決定遺伝子としての新機能獲得の分子進化機構を明らかにする事を目的として、同じ Dmrt1を祖先遺伝子にもつ2つの性決定遺伝子 Dmy、Dm-W を用い、分子進化解析を行い、共通の分子進化機構の有無を検討した。その結果、DNA 結合領域のアミノ配列において、平行進化的なアミノ酸置換が認められ、その置換には正の淘汰圧が検出された。DMRT1に性決定遺伝子型のアミノ酸置換を導入し、DNA 結合力への影響を in vitro で調べたところ、DNA 結合力が増大することがわかった。以上より、性決定遺伝子 Dmy、Dm-W に起きた平行進化的なアミノ酸置換は、性決定遺伝子としての新機能を獲得する際に重要な役割を担った可能性が示唆された。

P-20

常染色体が転座したオキナワトゲネズミの Y 染色体における遺伝子群の重複と機能保持

○村田知慧[1]、黒木陽子[2]、井本逸勢[1]、黒岩麻里[3]

[1]徳島大・院医歯薬、[2]成育医療セ・ゲノム医療、[3]北大・院理

オキナワトゲネズミ(*Tokudaia muenninki*)の Y 染色体は常染色体と融合し、多数の *SRY* の偽遺伝子配列をもつ。しかし、本種において他の Y 遺伝子の情報はほとんどなく、Y 染色体が機能的な Y 遺伝子を保持しているかは未解明である。そこで本研究では、オキナワトゲネズミの Y 遺伝子の発現有無と染色体上の位置、ゲノム構造を確認した。3組織の RNA-Seq と *de novo* アセンブリ解析、得られた配列の BLAST 検索により、8遺伝子(*ZFY*、*UBA1Y*、*EIF2S3Y*、*TSPY*、*UTY*、*DDX3Y*、*USP9Y*、*RBMY*)の発現を確認した。また FISH 解析により、6遺伝子が *SRY* と同様に Y 染色体長腕に多数重複していることを明らかにした。3遺伝子(*EIF2S3Y*、*TSPY*、*USP9Y*)の重複前の祖先ゲノム配列は mRNA 配列とは一致せず、祖先配列の代わりに重複コピーが機能していることが示された。このことから、オキナワトゲネズミでは特異的な重複を介して、機能的な Y 遺伝子を Y 染色体上に保持していることが示唆された。

P-21

性染色体初期進化の実験モデルとしてのブリ類の有用性

○小山喬[1]、吉田一範[2]、尾崎照遵[3]、青木純哉[3]、荒木和男[3]、細谷将[1]、菊池潔[1]、坂本崇[4]

[1]東大・水実、[2]水研セ・西海水研、[3]水研セ・増養殖研、[4]海洋大

性は多くの生物で観察される普遍的現象であるが、性染色体は形態、遺伝子構成ともに多様性に富んでいる。現在受入れられている性染色体進化モデルによれば、性染色体は元々常染色体であり、そこに1. 性決定遺伝子の誕生、2. 性拮抗遺伝子との連鎖または性決定遺伝子座の逆位、3. 連鎖不平衡(LD)の成立、4. 反復配列の蓄積、5. 性染色体の退縮、が順に起こり異型化する。異型化した性染色体は最終的に消失し、新たな性染色体の誕生により転換が起こると推測されている。このモデルは性染色体の多様性を良く説明出来るが、1~3の初期進化は実証研究が少ない。
アジ科魚類は32属140種から構成され、13属27種で核型分析が行われている。これらの報告で異型化した性染色体は観察されなかった。従ってアジ科魚類の性染色体は性染色体進化モデルの比較的初期にあると推測された。そこで我々は、アジ科のブリを用いて、性決定遺伝子座の同定とその周辺領域のLD解析を行った。その結果、ブリ性染色体間の遺伝子構成には差が見られなかったが、局所的な LD が観察された。
以上のことから、ブリ類は性染色体の初期進化を観察するのに絶好の材料であると考えられた。

P-22

性拮抗的な自然選択によって促進される性染色体融合の進化

○松本知高[1]、北野潤[2]

[1]国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門、[2]国立遺伝学研究所・生態遺伝研究部門

染色体間の融合による染色体構造の変化は、交雑時に組み替えを抑え遺伝子座間の連鎖を保つメカニズムとして、分岐進化や種分化の過程において重要な役割を持っていた考えられている。特に性染色体は多くの生物において進化的に不安定であり、 魚類や爬虫類では、近縁種間あるいは同種内であっても常染色体との染色体融合によってその構造に違いが見られることが知られている。本研究では 、このような常染色体―性染色体間の融合の進化を引き起こす仕組みを、特に常染色体上の遺伝子にかかる性拮抗的な自然選択の効果に注目をして、コンピューターシミュレーションによって理論的に解析した。2本の性染色体はそれぞれ雄、雌に存在する時間が異なるため、性拮抗的な自然選択は常染色体―性染色体間の融合の進化に大きな影響を与えると考えられる。結果として、特に Y、W 染色体―常染色体間の融合は、性拮抗的な自然選択によってその進化が強く促進されることが分かった。一方で、性拮抗的な自然選択が常染色体―性染色体間の融合の進化に与える影響はパラメーターに強く依存していることも明らかになり、今後自然集団中でのこれらのパラメーター値を明らかにする重要性も示唆された。

P-23

pooled-RNAseq を用いたアカショウジョウバエ適応進化の検出

○中村遥[1]、田村浩一郎[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報センター

近年、熱帯から温帯へ生息域を拡大したアカショウジョウバエ(*Drosophila albomicans*)では、熱帯の集団に比べ温帯の集団で高い低温耐性を持つことがわかっている。本研究では、この低温耐性に関与した遺伝子を pooled RNA-seq を用いて網羅的に探索した。pooled RNA-seq は次世代シークエンサーを用いた RNA-seq を複数の系統を区別せずにまとめて行う方法であり、安価かつ効率的に集団中のエキソン部分の変異情報を得ることができる。しかし、SNP 頻度がアレル間の発現量の違いによって歪む、レアアレルが検出されないなど問題点もある。本研究ではまず12遺伝子座について Sanger 法と pooled RNA-seq によって配列を決定し、得られる SNP 頻度を比較した。その結果、pooled RNA-seq データにおいては、レアアレルが見逃されることによって塩基多様度が過小評価されたが、全体としては Sanger 法で得られた結果との間に SNP 頻度の高い相関が見られた。そこで、次に集団ごとの塩基多様度(θ)と集団間の分化(Fst)を推定した。その結果、集団間で大きく分化している遺伝子を多数発見した。現在、それらの遺伝子について染色体の位置や機能について分析し、低温耐性向上による温帯適応に伴う進化的要因を検討しているので、その結果を発表する。

P-24

ショウジョウバエ自然集団における体色多型を生み出すメラニン合成系遺伝子群の cis 発現量解析

○宮城竜太郎[1]、秋山礼良[1]、長田直樹[2]、高橋文[1,3]

[1]首都大・院理工、[2]北大・院情報科学、[3]首都大・生命情報センター

キイロショウジョウバエの自然集団では適応形質と考えられている体色に明暗の多型が見られる。メラニン合成系遺伝子 *ebony* の表皮での発現量が下がると体色は黒くなるが、これら体色多型の形成には *ebony* の表皮での発現量を調節する約1kb の *cis* 領域が関わることが知られている。一方、体色多型に関わる *ebony* 以外のメラニン合成系遺伝子やこれら遺伝子の発現制御機構の進化については良く分かっていなかった。本研究では、これら体色多型に関わる遺伝子とその *cis* 発現制御領域の進化を明らかにするため、自然集団由来である DGRP 系統のアレルサンプルを用いてメラニン合成系遺伝子群の *cis* 発現量と体色の関係について高精度な定量解析を行った。その結果、*ebony* と *tan* の *cis* 発現量と体色の間に有意な相関が見つかった。また、DNA 塩基配列のアライメント解析や連鎖不平衡解析から、*ebony* の発現変異には既知の *cis* 領域以外にも複数の *cis* 領域が複合的に関与することが示唆された。キイロショウジョウバエ自然集団における体色多型はメラニン合成系遺伝子群の複数の *cis* 領域の協調的な進化によって獲得されてきたと予測される。

ポスター発表

P-25

キハダショウジョウバエ種内における抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子の分子進化

○市川里紗[1]、瀬戸陽介[1]、田村浩一郎[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報センター

抗菌ペプチドは昆虫の主要な自然免疫機構である。キイロショウジョウバエでは、Drosomycin が主要な抗菌ペプチドとして知られており、コードする遺伝子として Drs、Dro2、Dro3、Dro4、Dro5、Dro6、Dro-l の7つが知られている。これらの遺伝子については、発現のパターンが異なることや種間で存在する遺伝子の有無やコピー数の多様性があることがわかっている。このことから Drosomycin 遺伝子は短時間に遺伝子重複を繰り返して進化してきたと考えられる。そこで本研究では、進化的距離が近い種内系統間で配列を比較することで、高頻度で起こった遺伝子重複の原因を推定することを試みた。Drosomycin 遺伝子のコピー数が比較的多く、関東で採集可能なキハダショウジョウバエ(*Drosophila lutescens*)について、長さの変異が観察された Dro3周辺領域の塩基配列の比較解析を行った。その結果、種内でも Dro3のコピー数に多様性があることが分かった。また、反復配列や転移因子と相同性のある配列の挿入も見つかった。現在、これらの配列とコピー数変異との関連を解析中である。

P-26

チョウ類のホストレンジと味覚受容体遺伝子の関係

○鈴木啓[1]、尾崎克久[2]、牧野能士[1]、河田雅圭[1]

[1]東北大・生命、[2]JT 生命誌研究館

チョウ類の大半は限られた分類群の食草しか利用できないスペシャリストであるが、中には非常に多岐にわたる食草を利用できるジェネラリストも存在する。このようなホストレンジの種間差は様々な要因によって生じていると考えられる。中でも、幼虫が食草を食べて成長する能力と、成虫が食草を認識して産卵する能力の有無は特に重要である。しかし、実際にどのような遺伝子が各種のホストレンジを決定しているかについては、未だに不明な点が多い。
チョウ類のメスは、産卵の直前に前脚を使って食草表面の化合物を知覚し、その化合物が一定の条件を満たせば最終的に産卵を行う。そのため、脚における化学受容機構の差異がホストレンジ(産卵選好性)の種間差を生み出している可能性がある。そこで本研究では、ホストレンジを決定する遺伝的基盤の候補として、味覚受容体遺伝子(GR 遺伝子)ファミリーに着目した。現在までに、タテハチョウ科タテハチョウ族の中からホストレンジの異なる5種を選別したのち、RNA-seq を行い、メスの脚で発現する GR 遺伝子を同定した。本発表では、発現する GR 遺伝子の数やレパートリー、発現量と、チョウ各種のホストレンジとの関係について考察する。

P-27

カブトムシレクチン遺伝子の進化

○田畑　光敏[1]、梅津　和夫[2]、北野　誉[1]

[1]茨大・院理工、[2]山形大・医

日本産のカブトムシ(*Trypoxylus dichotomus*)には、2種類の新規レクチンが存在することが知られており、それぞれ ADA および allo A と命名されている。ADA は ABO 式血液型の A 型糖鎖を構成する N-アセチルガラクトサミンとの強い結合性を示し、一方、allo A は N-アセチルラクトサミンとの結合特異性を示す。また、ADA は約16kDa のポリペプチドが4量体を形成しており、一方、allo A は分子量の違いによる2つのアイソレクチン(allo A-Ⅰ、allo A-Ⅱ)が存在し、それぞれ17.5～20kDa のポリペプチドからなる2量体として形成されることが知られている。本研究では、これらの遺伝子の構造解析と系統解析を行った。その結果、ADA は無脊椎動物のガレクチンファミリーに含まれるということが示され、一方、allo A はコクヌストモドキ(*Tribolium castaneum*)の複数の uncharacterized タンパク質との相同性が示された。そのため、これらの糖鎖特異的レクチンをコードする遺伝子は、それぞれ別の種類の遺伝子から進化してきたものと考えられた。

P-28

生息環境に応じた温度感覚を生み出す分子基盤:ツメガエル近縁種間の比較解析を例にして

○齋藤　茂[1,3]、大北真嗣[2]、齋藤くれあ[1]、太田利男[2]、富永真琴[1,3]

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

進化の過程で、それぞれの動物種は生息環境に応じて温度感覚を変化させてきたと考えられる。温度感覚のシグナル伝達には末梢の温度センサーから中枢に亘り様々な分子が働いており、多くの分子の機能変化が温度感覚を変化させる可能性があるが、温度感覚の進化的変化に温度センサー分子は実際に寄与してきたのだろうか。本研究では、近縁種であるが、至適温度が明確に異なるネッタイツメガエルとアフリカツメガエルの温度応答特性を行動から分子レベルまで包括的に比較し、温度感覚の進化的変化の分子基盤の解明を試みた。その結果、アフリカツメガエルはネッタイツメガエルに比べて高温に対する感受性が高いことが行動および感覚神経において示された。そこで、高温センサーとして働く TRPA1と TRPV1チャネル分子を単離し温度応答特性を比較したところ、アフリカツメガエルのほうがネッタイツメガエルに比べて高温に対する活性および感受性が高く、両種のチャネルに生息環境に応じた種間差が生じていることを明らかにした。本研究により、末梢レベルのごく僅かな温度センサー分子の機能変化が温度感覚やそれに基づく行動レベルの進化を駆動してきたことが示唆された。

P-29

Duplication and diversification of amphibian hatching enzyme genes

○Momo H Carlos[1]、 Tatsuki Nagasawa[2]、Mari Kawaguchi[2]、Shigeki Yasumasu[2]

[1]National University of Sao Carlos, Brazil 、 [2]Sophia University, Japan

The hatching enzymes of vertebrates are conserved molecules that belong to astacin family metallo-proteases. Tetrapod hatching enzymes except mammals are composed of astacin protease domain and CUB domain(s), while fish hatching enzymes are only protease domain. In avians, it was reported that the two hatching enzyme gene homologues were found in their genome. However, at least thirteen hatching enzyme gene homologues were found in Xenopus laevis genome, and two of them were expressed in hatching gland cells. In present study, the expression of four Xenopus hatching enzyme gene homologues was investigated by PCR and in situ hybridization methods. Some of their genes were detected expression at the tissues other than hatching gland cells, such as neural tube and cement gland. The results suggest that duplication followed by functional diversification of hatching enzyme genes have occurred in amphibian lineage.

P-30

全ゲノム配列を使った日本産ミヤコグサの開花時期多型にかかわる遺伝的背景の比較

○若林智美[1]、Stig Andersen[2]、佐藤修正[3]、川口正代司[4]、半田佳宏[4]、瀬戸口浩彰[1]

[1]京大・院・人環、[2]Aarhus 大学、[3]東北大・院・生命、[4]基生研・共生

種子植物において、開花のタイミングは子孫の質や量に関わる重要な要素である。開花時期制御に関わる遺伝的背景は、モデル植物で明らかになってきている。ミヤコグサは日本列島に広く分布するマメ科植物で、同一条件下で生育された場合、産地ごとに異なる開花時期を示す。全ゲノム配列が既知であり、NBRP によって保存されている日本各地由来の野生系統が利用できる。本研究では、野生系統131系統の開花時期の多型を調べるとともに、5系統の全ゲノム配列を決定した。その結果、産地の緯度上昇に沿って開花時期の遅延がみられた。また、早咲き10系統と遅咲き9系統の全ゲノム配列の比較から、開花時期決定に関与する可能性のある26SNPs が22の遺伝子上に検出された。BLAST 検索やたんぱく質の構造予測から、これらの遺伝子の機能を推定したところ、開花時期に関与する遺伝子 *Embryonic flower2* (*EMF2*)のオーソログも含まれていた。加えて、野生系統122系統の遺伝子型と、開花所要日数の計測結果、由来地の情報から、これらの遺伝子の多くは、遺伝子型ごとの開花時期と、遺伝子型の地理的分布に傾向が見られた。これらの結果から、*EMF2*を含め、今回のゲノム比較で検出された26の遺伝的変異が開花時期の違いに貢献している可能性が示された。

P-31

南西諸島のカメムシ類における必須共生細菌の種内多型はどのようにして生じたか

○細川貴弘[1]、石井佳子[2]、深津武馬[2]

[1]九大・理、[2]産総研

成長や繁殖に必須な共生微生物を体内に保持し、垂直伝播によって維持している昆虫は多い。このような共生系では宿主昆虫と共生微生物の共種分化と共進化によって、各宿主に種特異的な共生微生物が進化しているのが一般的である。ところが我々は、南西諸島に生息するチャバネアオカメムシの必須共生細菌には著しい種内多型が存在するという前代未聞の現象を発見した。この共生細菌多型の形成過程を解明するために大規模な野外サンプリング、分子系統解析、飼育実験をおこなったところ、チャバネアオカメムシの必須共生細菌と同等の生物機能をもった自由生活細菌が外環境中に複数種存在しており、それらがカメムシ体内の共生細菌と繰り返し置き換わることで多型が生じたと考えられた。加えて、宿主昆虫にとって必須な共生関係が進化した後であっても共生細菌の置き換わりが起こりうることが実証された。似たような必須共生細菌の種内多型が南西諸島に生息するカメムシ科とキンカメムシ科の複数種で見つかっていることから、異なる科・異なる種のカメムシが外環境中の共生細菌ソースを共有している可能性が示唆された。

P-32

ミドリゾウリムシの細胞内共生における共生藻の単純な維持機構モデル

○岩井草介、藤原憲示、田村琢郎

弘前大・教育

藻類の細胞内共生は原生生物から後生動物に至る真核生物で広く見られる現象であるが、宿主の生物がその細胞内の共生藻の数を一定に保つしくみはまだよく分かってない。本研究では、原生動物における細胞内共生藻の維持機構を明らかにするために、単純な培養系を用いて、ミドリゾウリムシ *Paramecium bursaria*とその細胞内におけるクロレラ様共生藻類の個体群動態を同時に調べた。その結果、宿主と共生藻の分裂の同調や、宿主の分裂時における娘細胞への共生藻の分配といった直接的な制御機構がないにも関わらず、ミドリゾウリムシが増殖する際にはその細胞内の共生藻数は変動しながらも結果的に維持されることが分かった。そのようなミドリゾウリムシの間接的な共生藻維持機構を説明するためのモデルとして、宿主細胞内の共生藻数は両者の増殖における栄養量依存性の差によって維持されるという単純なモデルを提案する。そのような両者の増殖特性の差を考慮に入れた数理モデルによって、宿主と共生藻の個体群動態をある程度再現することができた。本会では、ミドリゾウリムシにおける細胞内共生の進化過程も合わせて議論したい。

P-33

全ゲノム SNP データを用いた沖縄のサンゴの集団ゲノム学解析

○新里宙也[1]、Sutada Mungpakdee[1]、新垣奈々、佐藤矩行[1]

[1]OIST・マリンゲノミクスユニット、[2]OIST・DNA シーケンシングセクション

1998年に起こった世界規模でのサンゴの白化現象により、沖縄本島周辺のミドリイシサンゴは大打撃を受けたが、最近は回復しつつある。一方で30km 程度しか離れていない慶良間諸島では比較的健全なサンゴ礁が保たれており、国立公園にも指定された。沖縄周辺のミドリイシサンゴの詳細な集団構造は明らかになっていない。我々はサンゴの集団構造を明らかにするため、全ゲノム SNP データ(約55万 SNPs)を用いたコユビミドリイシ(*Acropora digitifera*)の集団ゲノム学解析を行った。全地点間での遺伝的距離はとても小さかったが、PCA の結果、沖縄本島・慶良間諸島・八重山諸島北・八重山諸島南の4つの sub-population が確認された。地点間の加入パターンを解析したところ、これまで慶良間諸島が沖縄本島へのサンゴの幼生供給源だと信じられていたが、そのような加入の形跡は確認されなかった。逆に沖縄本島や石垣島から慶良間諸島への加入が支持された。近年の沖縄本島でのサンゴの回復は、慶良間からの幼生加入ではなかったことが示唆された。

P-34

パラオ諸島に生息する *Cassiopea* 属クラゲ類の系統的・形態的多様性

○新井泰葉[1]、後等亮[2]、半澤直人[3]

[1]山形大・院理工、[2]千葉県立中央博物館、[3]山形大・理生物

刺胞動物門鉢虫綱根口クラゲ目サカサクラゲ科 *Cassiopea* 属には、太平洋熱帯海域から8種が記載されている。先行研究(Holland et al, 2004)では、COXI 遺伝子配列に基づく系統解析によって、大きく分岐した6系統が報告されたが、このうち3系統はどの形態種にも該当しない。また、西部太平洋のパラオ諸島には外海にも海水湖群にもサカサクラゲ類が生息し、これまで *C. ornata*1種のみが報告されているが、海水湖群を含めてパラオでは詳しい調査は行われていない。そこで本研究では、パラオ諸島外海と海水湖群でサカサクラゲ類の包括的調査を行い、COX I 遺伝子に基づく系統解析と形態観察を行った。その結果、パラオ諸島からは大きく分岐した4系統が確認されたが、このうち2系統はこれまでに報告されていない新しい系統であった。また、パラオ諸島のサカサクラゲ類の形態的形質を比較観察した結果、外海では同じ系統に属する個体でも非常に形態的多様性に富み、一方海水湖群では異なる系統に属する個体でも類似した形態的特徴を示した。

P-35

有櫛動物種間のミトコンドリアゲノムにおける遺伝子再配置

○斎藤貴彦[1]、後藤亮[2]、望月翔太[1]、奥泉和也[3]、半澤直人[4]

[1]山形大・院理工、[2]千葉中央博、[3]加茂水族館、[4]山形大・理・生物

有櫛動物門クラゲ類は組織の性質が他の動物と大きく異なるため DNA 分析が非常に難しく、昨年までカブトクラゲ目 Mnemiopsis leidyi、フウセンクラゲ目 Pleurobrachia bachei の2種のゲノムデータしか報告されていない。これら2種の環状ミトコンドリアゲノムは、動物の標準的サイズ17 kb と比較して10～11 kbと極端に小さいが、tRNAのほとんどが欠損する以外には、通常の動物と共通の遺伝子群があることがわかっている。このような特異なミトコンドリアゲノムの構造的・分子進化学的特徴を明らかにするためには、有櫛動物の主要な分類群で網羅的に解析する必要がある。そこで本研究では、日本産有櫛動物11種のミトコンドリアゲノム配列を決定して、その構造を推定し、また検出できた遺伝子配列に基づいて系統解析をおこなった。その結果、ミトコンドリアゲノムにコードされる遺伝子群の配置は、別属別種間だけでなく、同属姉妹種間でも大きく異なることが推定された。さらに、分子系統解析による系統類縁関係の推定から、このような大規模な遺伝子再配置は、種分化過程の比較的短い進化時間のうちに起こったことが推察された。

P-36

トランスクリプトーム情報を用いた多足亜門の分子系統学的研究

○南紘彰[1]、和智仲是[2]、蘇 智慧[1,2]

[1] 阪大・院理、[2] JT 生命誌研究館

多足亜門に含まれる動物群(多足類)は鋏角亜門・甲殻亜門・六脚亜門とともに節足動物門を構成している。その多足類はムカデ綱・ヤスデ鋼・コムカデ綱・エダヒゲムシ綱の4綱で構成されている。多足類の綱間の系統関係について、これまで形態学的・分子系統学的研究により様々な仮説が提唱されてきた。節足動物門における多足亜門の単系統性については概ね支持されているものの、綱間・目間の系統関係については明らかになっていない。本研究では、網羅的遺伝子発現解析により得られた遺伝子配列情報を用い、多足類の綱間・目間の系統関係の解明を試みた。新規の配列決定により得られた情報・公開情報を合わせて、ムカデ綱13種・ヤスデ鋼10種・コムカデ綱3種・エダヒゲムシ綱1種・鋏角亜門3種・甲殻亜門1種・六脚亜門3種、外群として環形動物門1種・有爪動物門1種の計36種の遺伝子配列情報(約1,500遺伝子座、約45,000アミノ酸)を用いて系統解析を行った。得られた結果をもとに、多足亜門の系統的位置について考察するとともに、特にヤスデ綱の目間の系統関係について議論する。

P-37

Genetic diversity of Kazakhstan camel population and its evolutionary relationship with the Arabian camel breed

○XIAOKAITI XIAYIRE[1,2]; Saitou Naruya[1,2,3]

[1].National Institute of Genetics; [2].SOKENDAI; [3].University of Tokyo

The genus Camelus contains two species: one-hump camel (Camelus dromedary) which inhabits the Arabia and Africa, and two-hump camel (Camelus bacterianus) which inhabits the Central Asia. However one-hump camels are not only found in Afro-Arabia, but are also inhabitants of Kazakhstan in central Asia. Although it is believed that one-hump camels originated in Arabia, there has been no in-depth study on the comparison of one-hump camel in Arabia and central Asia. To investigate the possible origin of one hump camels as well as the evolutionary relationship between Arabian and Central Asian populations, we determined the sequences of mitochondrial D-loop regions of 17 Kazakhstan camels, including 11 one-hump, 3 two-hump, and 3 hybrid camels. The sequences were analyzed together with the available camel sequences. Our phylogenetic study supports that the Arabian one-hump camels were the ancestral population. Also, the phylogenetic tree shows that the Kazakhstan one-hump camels donot form a single cluster, which probably suggests that Kazakhstan one-hump camel populations are not homogenous. In addition, we confirmed that wild camel (camel bactrianus ferus) and domestic two-hump camel (bactrian camel) are separate lineages. Furthermore, previous studies have demonstrated the usefulness of camelid microsatellite loci as a genetic tool for the study of one-hump and two-hump camels. We would like to further study the genetic diversity and relationships among Kazakhstan camel populations using microsatellite DNA markers.

P-38

リュウキュウイノシシおよびタイワンイノシシ亜種間の分岐年代推定

○吉川佐樺[1]、 三村真紀子[2]、 溝口康[3]

[1]明大・院農、[2]玉大・准教、[3]明大・専任講師

イノシシ属はユーラシア大陸に広く分布し、20亜種に分化している。極東には、日本に分布するニホンイノシシとリュウキュウイノシシ（RWB）、台湾に分布するタイワンイノシシ（TWB）の3亜種が生息しているが、RWB の進化的背景は明らかとなっていない。本研究は RWB と TWB を比較し、分布変遷および系統関係の推定を行った。RWB20頭（奄美大島、徳之島、沖縄本島、石垣島、西表島）、TWB4頭（台湾）のミトコンドリア DNA cytochrome b 遺伝子領域1140bp の配列を決定し、さらにGenBankからTWB3頭の配列を加えて比較した。最尤法を用いた系統解析の結果、2亜種はそれぞれ2つのクラスターに分岐し、明らかな集団構造を持つことがわかった。また、コアレセンス解析から、RWB と TWB の分岐年代はおよそ31万年前であり、その後の遺伝子流動はなかったと推定された。これは第四紀中紀（約78万～12万6000年前）の琉球列島と中国大陸の地史的分断とおおよそ一致している。以上のことから、リュウキュウイノシシ（RWB）は第四紀中紀ごろ、中国南部の集団から分岐し、その後独自の集団を形成したと考察した。

P-39

クロヌタウナギ2集団の遺伝的分化

○加瀬 幹大[1]、神野 圭太[2]、小又 秀朗[2]、杉山 秀樹[3]、梅津 和夫[4]、北野 誉[1]、[2]

[1]茨大院・理工、[2]茨大・工、[3]秋田県立大・生物資源、[4]山大・医

ヌタウナギ属（*Eptatretus*）には20種程度が分類されており、日本近海には、ヌタウナギ（*E. burgeri*）、ムラサキヌタウナギ（*E. okinoseanus*）、クロヌタウナギ（*E. atami*）の3種が生息している。このうち、クロヌタウナギにおいては、形態学的知見から、前述の種に加えてさらに2種が分布しているとの報告もあるが、未だに十分な見解は得られていない。そこで本研究では、太平洋の駿河湾沿岸と日本海秋田県沖のクロヌタウナギ2集団の遺伝的多様性の調査を行った。mtDNA の cytochrome oxidase subunit-I 遺伝子（*COI*）と、核 DNA の G protein coupled-receptor 27遺伝子（*GPR27*）の塩基配列を決定した。得られたハプロタイプを用いて最大節約系統ネットワークを作成したところ、どちらの遺伝子においても、2集団はそれぞれ明確なクラスターを形成した。また、2集団の平均の進化距離は、*COI* では0.0430、*GPR27*では0.0203であり、ある程度の遺伝的分化が進んでいることが示された。さらに、2集団の分岐年代は、新生代新第三紀中新世に相当すると概算された。

P-40

Unveiling the relationships and traits evolution within the species of the fern genus Pyrrosia Mirbel (Polypodiaceae)

○VASQUES, D.T. [1]、海老原淳[2]、伊藤元己[3]

[1]東京大学大学院・博士課程[2]年生、[2]国立科学博物館・植物研究部 陸上植物研究グループ、[3]東京大学大学院・教授

Pyrrosia stands for a genus of Paleotropical ferns nested within the Polypodiaceae family and usually with simple and undifferentiated leaves, being found from Central Africa to Southeast Asia, Oceania and New Zealand. Although some represents of Pyrrosia have been explored in other investigations before, a conclusive global phylogeny for the genus is still not available. The main goal of this research was to generate a molecular phylogeny for the genus Pyrrosia, and thus to investigate the evolution of traits within its species. Sequences for three chloroplast genes (rbcL, rps4-trnS intergenic spacer and atpB) from several species of Pyrrosia were analyzed and compiled into a phylogenetic tree. Additionally, morphological data from the different species were gathered through literature and compared to the acquired phylogeny. As a result, infra-generic groupings proposed before by other authors appear to be non-monophyletic. Instead, 3 big lineages emerged in the present analysis, and thus a new infrageneric classification is proposed. Data regarding the morphology of leaves, rhizomes and appendices present in these plants are explored under this phylogenetic hypothesis. Hence, changes in the traits are discussed under the newly proposed classification, some of them being indicated as possible synapomorphies for the discovered groups.

P-41

菌食性ショウジョウバエの系統関係と菌食性の起源の推定

○福田洋之[1]、戸田正憲[2]、加藤　徹[1]

[1]北大・院理、[2]北大・名誉教授

ショウジョウバエは、約5000万年前に双翅目の一群から誕生した小型の昆虫である。現在、ショウジョウバエ科は約4000種が記載されており、その食性として樹液食、果物食、草本食、菌食などが知られている。そのうち、菌食性はショウジョウバエにおいては比較的珍しい食性であり、一部のショウジョウバエ群（*Hirtodrosophila* 属、*Mycodrosophila* 属、*Zygothrica* 属、および *Drosophila* 亜属の *quinaria* 種群）に偏ってみられる食性である。しかしながら、これら菌食性ショウジョウバエの系統関係については研究が進んでおらず、菌食形質がショウジョウバエの進化の過程でどのように獲得されたのかは不明なままである。今回、これら菌食性ショウジョウバエを含む89種を対象に、28S、COI、COII、Adh、Gpdh、Erp60、および Pdi の7遺伝子の塩基配列を用いた supermatirx 解析により、分子系統樹を構築した。その結果、菌食性ショウジョウバエの系統は、1）*Drosophila* 亜属の *quinaria* 種群、2）*Mycodrosophila* 属と *Hirtodrosophila* 属の一部、そして3）*Zygothrica* 属と *Hirtodrosophila* 属の *trilineata* 種亜群の3つに大きくわかれた。そして、この系統樹を基に祖先種の食性推定を行った所、菌食形質は複数回独立に獲得されたであろう事が示唆された。

P-42

キクイムシ Limnoria segnoides コンプレックスにおける食い分けと異所的分化

○吉野広軌[1]、朝川毅守[2]

[1]東大・院農、[2]千葉大・助教

キクイムシ属（甲殻亜門、等脚目）には、大きく分けて木材を食べる種と海藻/海草を食べる種がいる。千葉県内では海藻/海草に見られるキクイムシの報告がないため、千葉県の小湊実験場、銚子実験場で海藻/海草を採集し、発見したキクイムシの形態観察と遺伝解析を行った。その結果、モズミキクイムシ（*Limnoria segnoides*）と、形態的、遺伝的に区別できる未記載種3種が見つかり、それぞれが別種の海藻/海草をホストとしていることがわかった。

発見した未記載のキクイムシのうちの1種が、大型海藻アラメのみを食べることがわかった。アラメは日本沿岸に広く分布する。キクイムシの分散能力が低いことから、種内に高い多様性が見られる可能性がある。本研究では、ミトコンドリア DNA の COI 遺伝子を使って、アラメに穿孔するキクイムシの分子系統解析を行い、遺伝的な分化について調べた。

P-43

ミトコンドリア DNA 塩基配列を用いたマルシラホシカメムシの地理的変異

○山路拓也[1]、山下結子[2]、石川　忠[2]、野村昌史[1]

[1]千葉大・院園芸、[2]東京農大・農

マルシラホシカメムシ *Eysarcoris guttigerus*(カメムシ科シラホシカメムシ属)は、国外では台湾、朝鮮半島、中国、東洋区に、国内では本州から南西諸島まで分布するカメムシで、主にイネ科とキク科の植物体上で見られる。本属の特徴は、小楯板基部両側に黄白色紋を持つことが挙げられるが、石垣島に生息するマルシラホシカメムシではこの紋がしばしば赤くなることが知られ、この変異は他の日本産種には見られない。

そこで、マルシラホシカメムシの赤色紋個体が出現する地域を把握するため、本州、四国、九州、南西諸島、台湾の32地点で調査したところ、紋の赤化は石垣島だけでなく、宮古島、伊良部島、西表島の個体群にも見られた。一方で、沖縄本島以北、与那国島、台湾の個体群に紋の赤化は認められなかった。次に、本種の個体群間の系統関係を明らかにするため、各個体群(合計38個体)のミトコンドリア DNA 塩基配列の CO1領域から最尤法と近隣結合法を用いて系統樹を作製したところ、両系統樹共に本州から沖縄本島までのグループと、先島諸島から台湾までのグループに分かれることを示した。さらに、与那国島と台湾の個体群は宮古島～西表島の個体群から遺伝的に離れた関係であることも示された。

P-44

関東地方で採集されたマダラノミバッタの近縁種について

○佐藤理絵、野村昌史

千葉大・院・園芸

日本産のノミバッタ属は、これまでノミバッタ *Xya japonica*、マダラノミバッタ *X. riparia*（以下マダラ）、ツノジロノミバッタ *X. apicicornis*（ツノジロ）、ニトベノミバッタ *X. nitobei*（ニトベ）の4種が確認されている。このうち、本州で生息が確認されている種はノミバッタおよびマダラの2種であるが、関東地方で確認されているのはノミバッタ1種のみである。しかし演者らは、千葉県内においてノミバッタとは異なる形態形質を持つ個体(以下 *Xya* sp.)を採集した。

Xya sp.の形態形質について実体顕微鏡を用いて観察したところ、オス成体の交尾器の形状はマダラに最も近く、また前脚、中脚、後脚の色、白斑の有無についてもマダラと類似していた。しかしマダラの前翅にある白斑が *Xya* sp.にはみられない等、異なる点もみられた。さらに *Xya* sp.とノミバッタおよび南西諸島のマダラでミトコンドリア DNA の CO1領域を用いた分子系統解析を行ったところ、*Xya* sp.はマダラと同じ系統群に属するが、離れた関係であることが示唆された。そのため、*Xya* sp.はマダラの近縁種であるが別種の可能性があると考えられる。以上に加え、本講演では日本産ノミバッタ属全種の分子系統解析を行い、*Xya* sp.の系統的な位置も示す予定である。

P-45

花（バラ）と果実（ブドウ）に棲息する野生酵母の解析とその実用性

○杉原千紗、亀川裕生、西川賢一、吉川成美、花岡拓哉、久冨泰資

福山大・生命工

広島県福山市のバラとブドウから発酵性を持つ野生酵母の分離を試みた。具体的には YM 液体培地にて集積培養し、これらを5種類の固形培地上で分離して、顕微鏡下で酵母の確認を行った後、グリセロール中で保存した。ダーラム法による発酵性試験を行ったところ、45品種のバラから713株を分離し、そのうち12株(1.7%)が、ブドウ（ニューベリーA）から62株を分離し、そのうち16株(25.8%)が比較的高い発酵性を示した。電気泳動核型解析を行ったところ、バラからは6種類の電気泳動核型が得られ、*Toruraspora* 属、*Lachancea* 属、*Candida* 属、*Wickerhamomyces* 属といったユニークな野生酵母が認められた。一方、ブドウでは少なくとも2種類の異なる核型が存在し、*Saccharomyces* 属が得られ、採取する畑によって電気泳動核型が異なること、また年度をまたいでよく似た核型を示すことが分かった。今後、地域特有の発酵性食品（パン、ワイン、味噌など）の製造において、これらの酵母を利用していきたいと考えている。また、バラとブドウで棲息する発酵性野生酵母の種類が異なることについても議論したい。

P-46

キノコを栽培するシロアリ類と関係を持つデオキノコムシ類（コウチュウ目、ハネカクシ科）の進化史

○小川　遼[1]、前藤　薫[1]、金尾太輔[2]

[1]神戸大院・農、[2]京大院・人環

デオキノコムシ亜科甲虫は、ごく一部に変形菌類を食べるものもあるが、その大半が真菌類（担子菌類・子嚢菌類）を食べる。真菌類を食べるものの大半は、地上部に形成された子実体を利用しているが、ある一群はシロアリ類が地下部で栽培するシロアリタケに集まることが知られている。シロアリの巣に居候する“好白蟻性”のデオキノコムシ類は、キノコシロアリ類の分布系と同じくして、南アフリカ～東南アジアの旧熱帯からのみ知られ、新熱帯区及びオセアニア区の熱帯地域からは知られていない。この好白蟻性デオキノコムシ類の分布は、キノコシロアリ類が栽培共生を開始した後にその拡散に伴って分布を拡大してきた可能性がある。そのため、本発表では、核28S rRNA 遺伝子及び mtDNA COI 遺伝子に基づいて好白蟻性デオキノコムシ類の系統的位置及び分岐年代を推定し、これらのデータをもとに、キノコシロアリ類と好白蟻性デオキノコムシ類の進化史について考察する。

P-47

形容詞のタイプの進化と楽器の進化から考える言語への音楽文化からの対応関係に就いて

西村純

無所属　職業・詩人

形容詞は概ね第一義的な概念（とか意味）があり、その応用として別の概念（とか意味）が派生する。第一義が単純な指示だが第二義以降三以上の多くの概念（意味）へ拡張される語彙 A、第一義と第二義二つがメインの語彙 B（日本語英語はこれが最多）、限定された第一義だけの語彙 C へと分類する。各語でその数はまばらだ。その理由は難しいが、何等かの語彙へのアプローチの仕方に拠ろう（発生論的進化もある）。日本語、英語等数か国語を検討する。或いは楽器の進化と形容詞の進化は類似性が見られるかも知れない。其処で楽器発祥の地に近い言語の形容詞と楽器の進化とを対応させて考える。其処で発見される何等かの関連性から形容詞進化に於ける音楽文化の進化との関係を探りたい。最初に述べた法則性以外一切今の処見出されていないが、試みる価値はあると思われる。何故なら言語とは音とリズムに拠るものだし、楽器はどう演奏するかという事で演奏の様相に対する修飾は不可欠だし、其処で形容詞的詠嘆は付き物と思われるからだ。楽器のタイプと形容詞のタイプの対応も考える。其処から形容詞が音楽文化とどう対応しているかを知る手掛かりがつかめるかも知れない。

P-48

源氏物語「帚木」写本群の系統解析

○菅野諒[1]、矢野　環[2]、遠藤一佳[3]

[1]東大・地球惑星科学専攻、[2]同志社大・文化情報学部文化情報学科、[3]東大・地球惑星科学専攻

生物進化の解析において、系統学的手法は重要かつ効果的な方法として使われてきた。近年、非生物を対象にその歴史を系統学的手法によって研究しようとする文化系統学の分野が盛んになってきている。生物進化においては、その系統樹の枝は基本的に交差することはなく、二分岐的な系統樹となるが、文化的事物は同世代の系統間での交渉や融合、いわゆる混態が頻繁に起こるという点が大きく異なる。結果、その系統樹は枝同士が互いに交差しあうネットワークとなる。本研究では、源氏物語第二帖「帚木」の巻の写本群に対し、ネットワークを前提とした系統学的手法(ソフトウェア T-REX)に基づいた本文の分析を行った。その結果、古文献学で唱えられてきた「青表紙本系」「河内本系」「別本系」の分類体系が概ね妥当であることが確認された。また、これまで分類上の位置づけがはっきりしていなかった伝阿仏尼本については、青表紙本系に近縁であることが今回の解析から示唆された。さらに、河内本系に属する平瀬本と、別本系である国冬本との間に混態が認められた。現在、ネットワークを前提とした別のアルゴリズムを用いた解析を行い、結果の比較検討を進めている。

P-49

恐竜の股関節形態形成機構の推論

○江川史朗[1]、阿部玄武[1]、田村宏治[1]

[1]東北大・生命

恐竜を特徴づける重要な形質のひとつに後肢の直立型姿勢がある。これは祖先形であるトカゲ様の腹這い型姿勢から派生しており、両者の違いは股関節の形態差に因るところが大きい。本研究ではニワトリを恐竜モデル、トカゲ他を恐竜の祖先動物モデルとして扱い、これらの股関節形態に差異をもたらす形態形成機構を調べた。その解析結果をもとに恐竜とその祖先動物における股関節の形態形成機構を推論し、更には恐竜への進化の過程で起きた形態形成機構の変化について議論する。本研究から得られた結果をもとに上記の考察を行うと、系統発生をみる限りでは連続的に変遷してきた形態が、祖先的な形態形成様式の量的な変更では説明ができず、根本的に異なった機構で形成されていることが示唆された。

P-50

ワニ類の咬合パターンは吻部形態に由来する

○飯島正也、小林快次

北大・院理

ワニ類における上顎と下顎の咬合パターンは，クロコダイル上科（インターフィンガリング（IF）咬合）とアリゲーター上科（オーバーバイト（OB）咬合）を特徴づけ，識別する重要な形質である．しかし，咬合パターンの違いの由来についての議論はほとんどされていない．本研究では，現生クロコダイル上科10種を用いて，上顎歯の歯槽間距離と歯槽サイズのばらつきにおける，吻部形態との相関関係を調べた．その結果，より短吻なものほど歯槽間距離が短く，歯槽サイズのばらつきが大きいことが分かった．短吻種の成体においては，前方と後方の上顎歯が大きくより詰まっているため，顎の中でも IF 咬合（中程）と OB 咬合（前方と後方）が混在している．さらに，化石種を観察すると，IF 咬合をもつとされたクロコダイル上科の短吻種においても，完全な OB 咬合を達成している個体が複数確認された．つまり，ワニ類の咬合パターンの違いは，分類群によるというよりも，吻部形態に由来する可能性が高い．また，ワニ類において，咬合パターン以外にも吻部形態と関連している形質が多数あり，食性の適応に伴うこれらの形質の変化が形態進化の原動力となっていたと考えられる．

P-51

*Gdf11*の発現開始タイミングのヘテロクロニーが脊椎動物の腹鰭・後肢の位置の多様性を生み出す

○松原由幸[1]、黒岩厚[1]、鈴木孝幸[1]

[1]名大・院理

脊椎動物の対鰭が形成される位置は種によって様々であるが、その多様性が生まれるメカニズムは不明である。私たちは後方の対鰭の位置決定に関わる分泌因子 *Gdf11*の発現開始タイミングに注目し、腹鰭・後肢の位置が異なる脊椎動物8種（ゼブラフィッシュ、アフリカツメガエル、スッポン、シマヘビ、ニワトリ、ウズラ、エミュー、マウス）の初期胚の発現開始タイミングを調べて比較した。その結果、そのタイミングと後方の対鰭の位置との間に強い相関関係があることが分かった。また、ニワトリ胚において GDF11の作用タイミングを人為的に早めることで、後肢の位置を前後軸方向に変化させることができた。以上の結果から、脊椎動物は *Gdf11*の発現開始タイミングのヘテロクロニーによって、後方の対鰭の位置の多様性を獲得したと考えられる。

P-52

イヌ科頭骨の形態進化に関するヘテロクロニー仮説の検討

○浅原正和[1]

[1]三重大・教養

哺乳類食肉目イヌ科において、肉食性の種は吻が短く、雑食性の種は吻が長いという頭骨形態の違いがみられることが知られている。このような食性を反映した頭骨形態の種間差は、個体発生の過程でいつ、どのように形成されるのだろうか。発表者はイヌ科27種の出生～成体までの頭骨標本424個体を三次元幾何学的形態測定法により比較することで、3つの仮説を検討した（仮説1：種間差は類似した成長曲線のもと成長を終える時点のヘテロクロニーにより形成される／仮説2：種間差は出生後、種毎に異なる成長曲線のもと徐々に獲得される／仮説3：種間差は出生時には獲得されている）。このうち仮説1は、イヌ科において幼体は吻が短いのに対し、成長するとともに吻が相対的に長くなるという個体成長のパターンが種間差と類似することを根拠とする。形状に対する主成分分析の結果について、成長段階と関連していたのは PC1であった。また、成体のみのスコアを用いて食性と関連する主成分を Phylogenetic Anova により探索したところ、PC2が食性と関連していた。PC2スコアは幼体の段階で種間差が生じており、そのため仮説3が支持され、食性を反映した頭骨形態は出生時には形成されていると考えられた。

P-53

食肉類における咀嚼筋 PCSA の比較機能形態学的検討

○伊藤海[1,2]　遠藤秀紀[1,2]

[1]東大・院農、[2]東大・総合研究博物館

哺乳類の咀嚼は食物資源から効率よくエネルギーを抽出する重要な運動であり、多様化した食肉類の咀嚼機構には形態学的変異がみられる。咀嚼の動力は咀嚼筋で、筋肉が発揮する力は筋の生理学的断面積（PCSA）と比例するため、咀嚼筋の力を推定するには PCSA の定量的検討が欠かせない。本研究では、食肉類における咀嚼筋形態と系統との関係を把握するため、6科17属18種における咀嚼筋の PCSA 値を比較した。

種間で、どの咀嚼筋の PCSA 値が大きいかを検証するため、咀嚼筋全体の PCSA 値に対する各咀嚼筋の PCSA 値の割合を調べた。また、下顎長を体サイズの指標として回帰直線を描き、PCSA 値と体サイズとの関係性を検証した。食肉類全体では側頭筋の PCSA 値の割合が大きいが、科の間で比較するとネコ科では咬筋の PCSA 値が大きく、イタチ科では側頭筋の PCSA 値が特に大きかった。また、各筋肉の PCSA 値の大きさは体サイズと高い相関をもって決まることが示された。

食肉類全体では、下顎の単純な開閉に関わる側頭筋の PCSA 値が大きいことが示された。しかし、ネコ科では咬筋の PCSA 値が大きかった。これは、ネコ科の咀嚼では、咬筋による裂肉歯の側方擦り合わせ運動が重要であることを示唆している。

P-54

脊椎動物における胆嚢の進化傾向

○東山大毅[1]

[1]東京大・獣医解剖学・特任研究員

脊椎動物の胆嚢は、肝臓の分泌する胆汁（脂質の分解にかかわる）を一時的に貯蔵し、十二指腸へと分泌する袋状の器官である。胆嚢自体を持たない動物はその食性にかかわらず数多く知られており（ラット、ウマ、シカ、ハト、ハヤブサなど）、胆嚢の消失は古くから比較解剖学上の謎とされてきた。ところが現代までその進化的変遷を系統関係に沿って考察したものはなく、その進化的変遷や傾向は不明のままである。本研究では、約800種の脊椎動物の解剖学的記載を文献から調べ、系統上に沿って考察した。胆嚢は脊椎動物の共通祖先において獲得され、有胎盤類と鳥類のいくつかの系統でのみ頻繁に消失する傾向が見られた。今回は、マウス・ラットを用いた発生学的研究をも交え、今後の取り組みについても議論したい。

P-55

ヒストン修飾情報の系統解析による細胞分化過程の推定　―ヒト血球系細胞をモデルとして

○小柳香奈子

北大・院情

細胞は各組織・器官へと分化する過程において、遺伝子発現状態を変化させながら分化してゆく。この遺伝子発現状態は、ゲノム上のエピジェネティック修飾という形で記録され、細胞分裂後も基本的に継承されることが知られている。この遺伝子発現状態の変遷過程は細胞の多様化過程の理解に重要であるが、全変遷過程を観察することは困難を伴う。そこで本研究では、エピジェネティック情報の系統解析による細胞分化過程推定の妥当性を検証する。昨年度大会において、マウス血球系細胞をモデルとした DNA メチル化情報に基づく系統解析から、細胞系譜の再構築および祖先節にあたる分化途上の細胞のメチル化情報の推定が可能なことを示した。一方でヒストンの化学修飾は、細胞分裂後の継承過程に関する詳細は不明であるものの、修飾の種類や部位により遺伝子発現の活性化/抑制を複雑に制御していることが知られている。本年度は、ヒト血球系細胞をモデルとし、ヒストン修飾情報の系統解析から、細胞系譜の再構築が可能かを検証した。その結果、ヒストン修飾の種類により再構築の精度は異なり、H3K4me1等は既知の細胞系譜をよく反映することがわかったので報告する。

P-56

鳥類四肢骨格の個体発生，種内および種間におけるアロメトリーと相関

渡辺順也

京大・院理

鳥類は四肢を個別の運動様式に特化させることで形態的に多様化し，その進化史を通じて繁栄してきた．多くの鳥類では個体発生において四肢の機能やプロポーションが大きく変化するが，これが鳥類の形態的多様化に与える影響は明らかでない．本研究では鳥類の四肢骨格の個体発生，種内および種間変異におけるアロメトリーと相関のパターンを記載し，その関連を探った．

個体発生の記載のため，野外調査によりオオミズナギドリ（ミズナギドリ科），アオサギ（サギ科），ウミウ（ウ科），ウミネコ（カモメ科），ウトウ（ウミスズメ科）の個体発生シリーズを各種につき10～50個体採集した．またマガモ（カモ科）の個体発生のデータを文献より得た．種内および種間変異の記載のため，これら6科に属する246種2234個体の現生，化石骨格標本の計測を行った．

個体発生における骨長のアロメトリーおよび相関の傾向は対象種間で多様であり，同種内の静的なレベルにおけるそれとは必ずしも一致しなかった．これに対し，一部の科では種間の傾向と個体発生の傾向との間に強い相関が見られ，系統ごとの個体発生過程が形態的多様化に制約を及ぼしている可能性が示唆された．

P-57

Cranial shape evolution in adaptive radiation of birds

Masayoshi Tokita[1], Wataru Yano[2], Helen James[3], Arhat Abzhanov[1]

[1] Department of Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, [2] Department of Oral Anatomy, Asahi University School of Dentistry, [3] Department of Vertebrate Zoology, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution

Adaptive radiation is the rapid evolution of morphologically and ecologically diverse species from a single ancestor. The two classic examples of adaptive radiation are Darwin's finches and Hawaiian honeycreepers, which evolved remarkable levels of adaptive cranial morphological variation. To gain new insights into the nature of their diversification, we performed comparative morphometric analyses supplemented with molecular phylogenies on a multivariate morphospace. We show that cranial shapes in both Hawaiian honeycreepers and Coerebinae (Darwin's finches and their relatives) are much more diverse than in their outgroups but Hawaiian honeycreepers as a group display even higher diversity and disparity than coerebins and all other tested bird groups, most likely due to their significantly lower integration of skull modules. These findings help to better understand the nature of adaptive radiations in general and provide a foundation for future investigations on the molecular mechanisms underlying diversification of these morphologically distinguished groups of birds.

P-58

キイロショウジョウバエ種内体色変異の適応的意義と関与する分子機構の解明

○秋山礼良[1]、宮城竜太郎[1]、高橋文[1,2]

[1]首都大・院理工、[2]首都大・生命情報研究センター

キイロショウジョウバエには体色の多型があり、その濃淡は緯度や標高に対しクラインを形成することから、何らかの環境適応形質であると考えられている。しかし、これらの相関関係の分子基盤は未だよくわかっていない。そこで本研究ではキイロショウジョウバエの体色の濃淡に関わる遺伝子である *ebony* に着目し、遺伝的操作を用いて体色の適応的意義と適応に関与する分子機構を明らかにすることを目的とした。

ebony について GAL4-UAS system を利用した RNAi ノックダウンを行った個体の乾燥耐性をコントロールと比較した。その結果、ノックダウン個体では乾燥耐性が低下することが明らかとなった。また、体色と *ebony* の発現量が異なる自然集団由来4系統において、体色の濃い系統が薄い系統よりも乾燥耐性が低いことが示された。これらノックダウン個体や体色の濃い自然集団由来の系統は、単位時間当たりの脱水速度が高い傾向が見られ、これは乾燥耐性の違いを説明する要因の一つであると考えられた。

ebony は羽化直後の色素沈着に関与する表皮細胞での発現の他に、気管やグリア細胞での発現も見られる。よって、乾燥耐性に関わっている *ebony* の発現部位を明らかにするため、部位ごとにノックダウンを行った結果についても報告する。

P-59

双翅目昆虫における生殖行動と雄生殖器の回転の間の進化的な関連

○稲富桃子[1]、佐久間知佐子[2]、嘉糠洋陸[2]、松野健治[1]

[1]阪大・院理、[2]慈恵医大・熱医

動物の本能行動の進化は、それの裏付けとなる器官形態の変化と協調的に起こってきたはずだが、このような進化上の協調性についてはほとんど理解されていない。ハエやカなどの双翅目昆虫では、雄生殖器が不可逆的に一定方向に一定角度回転することによって、その背腹方向の向きが進化的に多様化している。そこで本研究では、双翅目昆虫における雄上位型、反向型交尾体位の進化と、雄生殖器回転角度の変化の協調性な関連を明らかにすることを目的とする。

ショウジョウバエの雄生殖器は360度回転するが、*Myo31DF* 遺伝子の突然変異体では、その回転が不完全な、「生殖器の向きがずれた雄」が得られた。この雄を用いて、生殖器の向きのずれと生殖成功率の関係を調べたところ、±90度以上のズレは許容されないことがわかった。この結果は、雄生殖器の回転が、雄上位体位の前提となっていることを示唆している。今後、カにおける雄生殖器の180度回転が、反向型交尾体位の前提となっているかどうかを検討する計画である。他の双翅目昆虫についても研究を行うことで、交尾体位の進化が、雄生殖器の回転角度の変化と連動しているかどうかを明らかにする。

P-60

発生で遅く変化する変数と進化可能性

○香曽我部隆裕、金子邦彦

東大院・総合文化

多細胞生物の発生は発生は段階を踏んで進行する。これは時間経過とともに発生プログラムが順序だって遂行されるためと考えられている。発生の進化を考える上で、それらがいかに時間制御されるかを知るのは重要である。なぜならば発生全体を発生プログラムの順序と捉えた時、そこに新たに発生プログラムを追加するには、発生全体の時間軸における他の発生プログラムとの相対的位置を決定し、適当な時間帯に発現するように時間制御することが必要だからである。

このような問題意識のもと、発生の進化と時間制御との関係を調べるため計算機進化実験を行った。進化実験では遺伝子制御ネットワークを、できるだけ多くの細胞状態を変遷するように進化させ、細胞状態の遷移を発生段階の変遷に段階に見立てた。

進化シミュレーションの結果、発生で遅く変化する変数が自然と生まれ、それらが発生プログラムの時間制御を司っていることが明らかになった。細胞の状態遷移は遅く変化する変数を分岐パラメーターとした遺伝子制御ネットワーク力学系における分岐として説明することができた。更に、遅く変化する変数を生じにくくする条件のもとでも進化実験を行ったところ、限られた時間中で進化シミュレーションで課題を達成できる割合が大きく下がることを発見した。発表では以上のことから発生で遅く変化する変数と進化可能性との関係、進化－発生関係への影響について議論する。

P-61

イチジクコバチ科昆虫の網羅的遺伝子発現解析と系統関係の推定

◯和智仲是[1]、橋口康之[2]、蘇 智慧[1]

[1] JT 生命誌研究館、[2] 大阪医大・医・生物

イチジクコバチ科昆虫（膜翅目）は寄主植物であるイチジク属植物と絶対的な共生関係にある。特定の寄主植物という限定された環境に適応したイチジクコバチ科昆虫の遺伝基盤を探るために、日本・台湾に分布する13種のイチジクコバチ科昆虫の網羅的遺伝子発現解析を行った。各種の雌成虫を頭部と胸腹部のそれぞれに由来するトータル RNA を用い、ライブラリ作成を行った。得られたライブラリを次世代シーケンサーにより解析し、遺伝子配列の情報を取得した。その結果、頭部と胸腹部からそれぞれ約4,500遺伝子座からなるアライメントが得られた。得られた配列情報から抽出した種特異的・属特異的な変異が見られた遺伝子配列について紹介する。また、これまでに推定されているイチジクコバチ科昆虫の系統関係では、属レベル・種レベルの系統関係に未解明な部分が多く残されている。これらの問題解決の可能性を探るために、本研究で得られた配列情報を用いて推定したイチジクコバチ科昆虫の系統関係について考察する。

P-62

トゲオオハリアリの概日リズムと社会的相互作用

○藤岡春菜[1]、阿部真人[2,3]、嶋田正和[1]、岡田泰和[1]

[1]東大・院総合文化、[2]国立情報学研究所、[3]JST，ERATO 河原林巨大グラフプロジェクト

概日リズムは、多くの生物が持つ昼夜の環境サイクルに同調した約24時間周期のリズムである。概日リズムは活動恒常性を維持する安定な内在メカニズムとされているが、アリ、ハチなどの社会性昆虫においては、カーストによって概日リズムが柔軟に変化しうることが報告されている。この要因は、タスク（採餌、育児など）の違いや他個体との相互作用によるものだと考えられている。しかし、どのような社会的相互作用が個体の概日リズムをなくすかという実験的検証はほとんど進んでいない。

本研究では、画像処理に基づいた歩行活動トラッキング技術により、トゲオオハリアリの概日リズムの自動計測系を確立し、未成熟個体共存下における内勤ワーカーの概日リズムの変化を解析した。その結果、単独条件ではおおむね概日リズムがあるが、未成熟個体がいる状態では概日リズムが失われていた。

さらに、他個体（女王、ワーカー、未成熟個体）が存在し、タスクがあるといったより自然な社会的環境下でトゲオオハリアリが示す概日リズムについても報告し、社会的環境が概日リズムに与える影響について考察する。

P-63

なぜ同種を避けるアリと避けないアリがいるのか?

○木村大地[1]、廣田忠雄[2]

[1]山形大・院理工、[2]山形大・理・生物

アリの移巣選択には、種間変異がみられる。ムネボソアリ属（*Temnothorax*）やヤマヨツボシオオアリ（*Camponotus yamaokai*）は、同種コロニーやその痕跡を忌避し、離れた場所に営巣する。一方、アミメアリ（*Pristomyrmex punctatus*）やイエヒメアリ（*Monomorium pharaonis*）は、同種コロニーの痕跡を避けず、自コロニーの痕跡と同等に選好する。この種間変異を説明する要素の1つとして、採餌行動の違いに注目した。同種を忌避するアリは行列を作らず、外勤のワーカーが個別に餌を集める。この採餌戦略は、少量ですぐに消費されてしまう餌資源がランダム分布している場合に有効だと考えられる。餌資源の出現場所が予想できない場合、最適な移巣位置の決定には競争者の営巣位置がより重要な情報になりうる。一方、同種を忌避しないアリは行列を作り、集中分布する餌資源に巣仲間を動員する。餌資源の位置の予想性が高く、アミメアリのように定住性が低い場合、競争者の位置より餌資源の位置のほうが重要な情報となりうる。この仮説を検証するため、巣場所選択実験を行った。

P-64

クロスズメバチ属の姉妹種（シダクロスズメバチ、クロスズメバチ）2種間における社会寄生の発見とその進化背景

○佐賀達矢[1]、金井實[2]、嶋田正和[1]

[1]東大・院総合文化、[2]諏訪郡富士見町

社会性ハチ目昆虫では社会寄生性の種が数多く知られている。演者らは、これまで他種への社会寄生が知られていなかったシダクロスズメバチとクロスズメバチの両種が互いに社会寄生することを発見した。両種の社会寄生の様式は、営巣初期段階の巣に別種の女王（寄生者）が単独で侵入して寄生者と宿主の女王どおしが巣内で殺し合い、勝った方が巣の女王になる条件的一時的社会寄生である。寄生者が勝った場合でも、自ら働き蜂を生産し、一時的に宿主と寄生者の働き蜂が混合するコロニーを形成する。クロスズメバチ属の多くの種では種内の条件的一時的社会寄生が知られているが、種間での社会寄生の報告はまだない。

この2種は互いの分布域が重複する地域のみで種間寄生が観察され、分布が重複しない地域では種内寄生のみ行い、他種への社会寄生は行わないと考えられる。両種は形態と行動の系統解析の結果から姉妹種であることが報告されており、両種の種間寄生は、種内寄生の延長の現象であり、種間の認識が確立されてないことに起因すると考えている。これらの事実を基に、両種の社会寄生の進化的起源についても議論したい。

P-65

小笠原諸島に侵入したグリーンアノールの進化的変化の検出と集団ゲノミクス解析

○玉手智史[1]、森　英章[2]、Kenneth L. Krysko[3]、牧野能士[1]、河田雅圭[1]

[1]東北大・院・生命、[2]自然環境研究センター、[3]University of Florida

外来生物の拡大と定着成功には可塑性あるいは進化的変化による応答が重要だが、創始者集団は瓶首効果により著しく遺伝的多様性を欠くため遺伝的変化を伴う進化の効果は過小評価されてきた。しかし近年、外来種において表現型レベルでの適応進化が引き起こされる例が複数報告されており、その急速な適応進化プロセスの解明に注目が集まっている。小笠原諸島に侵入した外来種であるグリーンアノールは1960年代に同島に侵入後、潜伏期間を経て急速に拡大・定着したことが知られている。しかし、その定着過程でどのような進化的変化が生じ新規環境への適応を可能にしたのかは明らかでない。そこで本研究は、侵入元であるフロリダ集団と被侵入地域である小笠原・沖縄集団の全ゲノム配列を解析し、遺伝的集団構造の解明と自然選択を受けた候補遺伝子の検出により、小笠原諸島に侵入したグリーンアノールの適応要因を解明することを目的とした。解析の結果、小笠原集団は遺伝的多様性が著しく減少しているにもかかわらず、侵入後に選択的一掃を受けた領域においてアミノ酸の変化を伴う複数の候補遺伝子が検出された。本発表ではこれら遺伝子の定着過程での影響について考察する。

P-66

イモリ科における体幹部筋形態と環境との関係について

○大村文乃

海洋大・海洋科学

イモリ科は、同一科内において、成体の生息域が水中から陸上まで多様化している動物群である。イモリ科はどの環境においても、体幹部による波動運動を行うため、体幹部は運動の主要な部位であるが、イモリ科内における体幹部形態と環境・運動様式との関係は明らかになっていない。また、雌雄における体幹部の形態差は注目されてこなかった。そこで本研究では、イモリ科における体幹部形態を生息環境別、雌雄間で比較を行うことにより、イモリ科がどのような体幹部形態により適応放散してきたかを明らかにすることを目的とした。

水棲傾向が強い種と陸棲傾向が強い種を用いた。体幹部の各筋を剖出し、各筋重量割合を算出し、種間、雌雄間で比較した。

水棲傾向が強い種は体側の筋が多く、陸棲傾向が強い種は腹直筋が多かった。水棲傾向が強い種は水の粘性に抵抗して波動運動を行う為、体側の筋が多かったと考えられた。一方、陸棲傾向が強い種は、重力に抵抗するため、腹直筋が多かったと推察された。また、雌は雄に比べ腹直筋が発達していた。腹直筋は体重支持のほかに腹圧の保持の機能もあるので、雌は卵を体内に保有し、産卵を行う為、腹直筋が発達していたと推察された。

P-67

南西諸島におけるウスエダミドリイシ個体群の遺伝的構造

○座安佑奈[1]、中島祐一[2]、西辻淑恵[1]、安岡由貴[1]、酒井一彦[3]、鈴木豪[4]、佐藤矩行[1]、新里宙也[1]

[1]OIST マリンゲノミックス、[2]OIST 海洋物理生態、[3]琉大熱生研、[4]西海区水研

イシサンゴ類において最も繁栄しているミドリイシ属は、世界中の暖海に分布し生物多様性の基盤を担っているが、南西諸島でも様々な撹乱により群集の減退が顕著である。サンゴの回復の過程を知り長期的な保全計画を考える上で、個体群間の遺伝的構造と遺伝子流動の把握は不可欠である。ミドリイシ属は初夏に放卵放精により分散し、プラヌラ幼生は数日で岩盤などに定着する。我々は次世代シークエンサーを用いて開発されたミドリイシ属汎用マイクロサテライトマーカーを用いて、本属の集団遺伝学的解析を行っている。今回は亜熱帯海域に普通に分布し、サンゴ礁保全再生においても重要視されているウスエダミドリイシ *Acropora tenuis* (Dana, 1846)の解析結果を発表する。南西諸島の27地点にて調査を行い、対象種が10群体以上生息していた15ヶ所の個体群を対象とし、計298群体から枝片を採取した。DNA を抽出しマイクロサテライトマーカー13座位を用いてフラグメント解析を行った。対象の個体群の遺伝的多様性は同程度であった。また F 統計量や主成分分析による評価では遺伝的分化は低いものの、遺伝的に有意に異なるグループが検出された。

P-68

オオモモブトシデムシ（*Necrodes littoralis*）の後脚腿節と精巣サイズのトレードオフ

○今田弘樹、廣田忠雄

山形大・院理工

性選択は繁殖成功のための形態的・行動的形質の進化を引き起こす。多くの生物ではオスの潜在的繁殖速度が早く、実効性比がオスに偏るためオスに同性間選択が生じる。オス間競争は、交尾前に交尾相手を獲得する配偶競争と、交尾後に受精率を上げる精子競争に大別でき、配偶競争はオス間闘争に有利な武器形質の進化を、精子競争は大きな精巣などの進化を促すと考えられている。一方、成長に対する投資量には上限があるため、それぞれの競争に関わる形質間にはトレードオフが生じている可能性がある。本研究ではオス特異的に後脚腿節が発達したオオモモブトシデムシを対象に、後脚腿節と精巣重量のトレードオフを検証した。同属のモモブトシデムシ *Necrod. nigricornis* では後脚腿節が太いほど交尾相手を他のオスに奪われにくい。オオモモブトシデムシの性的二型は未だ定量的に評価されていないので、外部形態のアロメトリー解析を行い、同亜科に属するオオヒラタシデムシ *Necrophila japonica* およびベッコウヒラタシデムシ *Necrop. brunnicollis* と比較した。更に、オスを解剖して精巣重量を測定し外部形態との相関を調べた。

P-69

分散を促す頻度依存選択、抑制する組み換え、抑制を緩和する母性効果

○廣田忠雄、大渡隼斗

山形大・理

負の頻度依存選択(NFDS)は、重要な多様性維持機構の1つであり、様々な分類群で実証されている。分散は、個体群中の頻度を増した戦略が、局所的には少数派でいる可能性を高める戦略として重要である。そこで、他の遺伝子座に強く作用する NFDS が、分散率を決定する遺伝子座の進化に与える影響を理論的に考察した。分散率を決定する遺伝子座が、NFDS が作用する遺伝子座と完全に連鎖している場合、NFDS によって分散率は大きく高まった。一方、分散前の繁殖で組み換えが生じる場合には、NFDS によって高まる分散率は低下した。更に、分散後に繁殖して組み換えがおきる場合には、NFDS が無い条件と同等の分散率しか生じなかった。しかし、分散前に組み換えが生じるものの、分散率が母親の遺伝子型によって決定される場合には、連鎖する場合に準じた高い分散率が観察された。これらの傾向は、分散コストやメタ個体群構造を変えても維持された。このように、ある遺伝子座に強い NFDS が生じると、分散に関わる遺伝子座も影響されるが、その効果は分散タイミング・繁殖様式・母性効果に大きく依存することが分った。

P-70

ヒラタシデムシにおけるクーリッジ効果の検証

○菅野宗嗣[1]、廣田忠雄[2]

[1]山大・院理、[2]山大・准教授

クーリッジ効果は、オスが既存の交尾相手より、新たに遭遇した交尾相手を選好する傾向を指し、様々な分類群で観察されている。ヒラタシデムシ(*Silpha perforata*)も同様の傾向を示す。オスに2匹のメスを提示し、どちらかのメスとの交尾が完了した5分後、再度同じメスを提示すると、オスは先ほど交尾しなかったメスを有意に選好する。本種のオスは、交尾相手から離れる際に、メスの背に分泌物を塗布する。分泌物を除去すると、2度目の選択が無作為になることから、オスはマーキングしたメスとの再交尾を避けていると考えられる。また、最初の交尾完了から1日経って2度目の選択を行っても、選好性が観察されない。これは、マーキングが短期間で消失する可能性のほかに、一定期間交尾しないことでオスがマーキングを無視するようになる可能性を示す。加えて、他のオスがマーキングしたメスを提示した際も、オスは選好性を示さない。この現象も、一定期間交尾しないことで、オスがマーキングを無視する可能性を示すが、マーキングに大きな個体変異がある可能性も無視できない。これらの疑問を解消するために、新たな交尾実験をデザインし検証を行った。

P-71

ドウケツエビはどうして雄と雌なのか？：遺伝的進化では適応度最大が実現できないが可塑性は実現させる

○山口幸[1]、巌佐庸[2]

[1]神奈川大・工、[2]九大・院理

海洋固着性生物では繁殖集団が小さいとき、同時的雌雄同体性が進化しやすい。しかしカイメンに閉じ込められて住むペアのエビは雌雄異体である。ペア生活生物では繁殖成功は等しく、個体間で利害のコンフリクトがないため、進化で簡単に適応度最大を実現するはずと予想された。そこで閉鎖空間に Player 1と Player 2がいるとして3つの進化力学を考えた。1)Player 1，2とも自らの遺伝子型によって決まった表現型をとり、遺伝的力学に従って適応する。2)Player 1が自らの遺伝子型による挙動をとり、Player 2がそれをみて適応度最大の表現型をとる。3)Player 1が遺伝子型による挙動をとり、Player 2がそれをみて適応度最大の挙動をとり、Player 1はそれをみて取り替える。

その結果、形質が遺伝子だけで決まる力学では、ペアが性機能分業せず雌雄同体になり、最高の適応度には到達できない。他の2つの力学では、プレイヤーが相手の挙動を見て可塑的に適応的表現型をとることができ、最大適応度が必ず進化する。これはゲノムの進化だけでは到達できない適応が、表現型可塑性によって進化できることを示す新しい結果である。

P-72

利他行動の進化のメカニズム

○黒川瞬[1]、井原泰雄[2]

[1]無所属、[2]東大・院理

①利他行動はしばしば観察されるが、利他行動は自分の繁殖成功度を下げる行動であるため、説明を要する。利他行動の進化を説明するため、互恵性やマルチレベルセレクションなど、種々のメカニズムが提起されたが、これらは、アソートメント(自分と同じタイプとの個体との出会いやすさ)を正にするメカニズムであった。利他行動の進化には、アソートメントが正であることが必要であると考えられていたのである。
②本発表では、有限集団における3者間で関わる場合の相互作用について解析したときに得られる進化の式を紹介する。この進化の式は、アソートメントが正であることは、利他行動が進化するために、必ずしも必要ないことを意味する。
③しかし、進化の式は発見したものの、具体的な利他行動の進化のメカニズムを発見したわけではない。利他行動の進化を促進するメカニズムを、この進化の式をひもとくことで、本発表を聞いて下さる皆様と一緒に発見したい。

P-73

ギスカジカ属4種の不凍タンパク質アイソフォーム多型と不凍活性

○山崎彩[1]、津田栄[2]、西宮佳志[2]、宗原弘幸[3]

[1]北大・院環、[2]産総研、[3]北大・FSC

寒冷環境に生息する魚類では，体内の氷結晶の成長を抑制する不凍タンパク質（AFPs）を作り出すことが知られており，主に北太平洋の冷水域に生息するカジカ科魚類においても AFP が確認されている。しかし，寒帯と温帯に生息する種間でAFPの活性に差が生じている可能性がある．そこで，分布範囲の異なるギスカジカ属4種を対象とし，AFPのアイソフォーム多型と不凍活性を分布域間で比較し，活性に違いをもたらす要因を検討した．サンプルは冬季にアラスカと北海道で採集した3種を用い，北極海種は先行研究を引用した．不凍活性は筋肉を用い，氷点と融点の差より評価した。アミノ酸配列は背びれと肝臓から抽出した mRNA より決定した．測定の結果，不凍活性は最南の分布域をもつ，北海道で採集した1種のみが低い活性を示した．アイソフォームは全部で43種類あったが，4種で共通するのは2つのみで，生息地毎に固有のアイソフォームが確認された。ただし，その種類数は北極海とアラスカで少なく，北海道で多かった．また，活性の低かった種のアイソフォームには，氷結晶との結合部位に変異が生じていたことから，不凍活性を失っている可能性が考えられる．

P-74

野生メダカ集団にみられる季節変動を示す消化管長多型の進化生態学的意義の解明とその出現時期推定の試み

○勝村啓史[1,]山下佳那[2,]覚張隆史[1,]尾田正二[3,]今井正[4,]吉浦康寿[4,]太田博樹[1]

[1]北里大・医，[2]北里大・理，[3]東大・院新領域，[4]水総研・瀬戸内

消化器官である腸は、種間・生態間でその長さや腸壁の厚さに違いが観察される。一般に，草食性を示す種では消化管は長く，肉食性を示す種では短い．一方，雑食であるヒトでは，摂取する食物（肉食を好むか or 草食を好むか）により，消化管の長さに違いがあると信じられている．しかしながら，ヒトを含め生態がほぼ同じであると考えられる種内において，そのような証拠を示す研究はほとんどない．そこで私達は，ヒトと同様に雑食性を示すメダカ（*Oryzias latipes*）において，地理的にも遺伝的にも近縁な集団間で消化管の長さを調べるとともに，それら集団間で安定同位体分析による食物リソースの相対評価を行うことで，消化管長の違いと食性の違いとの関係を調べた．その結果，遺伝的に近縁な集団間でも消化管の長さに有意な差がみられ，それら消化管の長さが食性の違いと相関があることを見出した．さらにそれら消化管の長さが季節変動を示すことも見出した．本発表では，季節変動を示す消化管長多型の進化生態学的意義について議論し，その表現型が出現した時期推定の試みについて紹介したい．

P-75

グッピーにおける遺伝子改変技術の開発

○稲田垂穂、俵山寛司、河田雅圭

東北大・生命

グッピーはオスのみで高度に多様な体色がみられ、メスはオスの体色を基準として多様な配偶者選好性を示す。そのため性選択研究のモデル生物として古くから行動生態学的な研究が行われてきた。一方で、グッピーを材料とした遺伝学的な研究は進んでおらず、どのような遺伝子が二次的性形質や配偶者選好行動の多様性に寄与するかはわかっていない。これらの遺伝的基盤の解明は、性選択の理論モデルの実証を通じて、その進化過程の理解へ繋がると期待される。本研究では、グッピーにおいて遺伝子機能解析を可能にするために、遺伝子改変技術を開発することを目的とした。グッピーは卵胎生であり、受精卵に対して顕微注入操作を行うことが出来ないため、これまで遺伝子操作が行われてこなかった。そこで精子を媒介にする SMGT 法（Sperm-mediated gene transfer 法）による遺伝子操作を試みた。GFP プラスミドを精子に導入し、qPCR で検出したところ、精子内に GFP プラスミドが入っていることが確認できた。発表では、この精子をメスに人工授精させることで改変個体が得られたかについても報告する。

P-76

風媒花ブタクサにおける「草丈の効果」はオス繁殖成功を増加させるのか？

○中原亨[1]、深野祐也[2]、廣田峻[1]、矢原徹一[1]

[1]九大・生態、[2]農工大・農

風媒花のサイズ依存的な性配分は、サイズの増加とともにオス機能に偏るという点で、メス機能に偏る多くの虫媒花と対照的である。このような性配分が生じる理由の1つとして、風媒花では草丈の増加に伴うオス機能の適応度曲線の飽和がメス機能よりも遅いことが予測されてきた。これを証明するには、草丈が大きいほど花粉散布範囲が広がり、オス適応度の増加が起こることを示す必要がある。本研究では、サイズが大きいほどオス機能に偏った性配分を示す風媒草本ブタクサ *Ambrosia artemisiifolia* の実験集団において、マイクロサテライトマーカーを用いた父性解析によって、草丈の増加に伴う花粉散布距離の変化を調べた。また重回帰分析によって、繁殖投資の増加による影響を考慮したうえで、草丈の増加がオス繁殖成功と種子生産数に与える影響についても評価した。その結果、草丈が高いほど最大花粉散布距離が伸びること、そしてオス繁殖成功が増加することが明らかになった。その一方で、種子生産数は草丈の影響を受けていないことがわかった。この結果は、草丈の増加がメス機能よりもオス機能に強く作用し、花粉散布範囲の拡大を通してオス繁殖成功の増加を引き起こすことを示唆している。

P-77

疑似一年生クローン植物のラメット生産における資源分配のジェネット間差異

○辻本典顯[1]、荒木希和子[2]、工藤洋[1]

[1]京大・生態研、[2]立命館大・生命科学

クローン植物は、種子繁殖に加えてクローン成長によりラメット(独立な株)を生産する。このような植物では、複数の遺伝的に同一なラメットの集合が一個体(ジェネット)を構成しており、子ラメットの生産様式はそのジェネットのデモグラフィに影響すると考えられる。クローン成長による子ラメットの生産様式は、子ラメットの数、サイズ、ステージおよびラメット間距離といった特性でとらえられ、親ラメットによる子ラメットの特性に対する資源配分の問題とみることができる。しかし、クローン生産様式の違いをジェネットレベルで評価した例は少ない。子ラメット生産に対する資源分配は、親ラメットの持つ資源量と環境および遺伝的要因により決定される。そこで本研究では、疑似一年生クローン植物コンロンソウの集団を対象に、ジェネットごとに資源分配を推定、比較した。北海道陸別町の自然集団において、10ジェネットからラメットを採取し、共通圃場へ移植、2年間栽培した。資源分配がジェネットごとに異なるか、またそれが自然生育地での占有面積の違いを説明するかを評価した。

P-78

オオバタネツケバナ渓畔/潮汐集団の冠水および非冠水下における遺伝的差異

○曽我江里、才木真太朗、石田厚、工藤洋

京大・生態研

新たな環境への適応は、集団間分化や種形成を介して生物多様化に寄与している。本研究は、植物の潮汐リズムで冠水する生育地への適応を、アブラナ科オオバタネツケバナの野生集団を用いて実証的に理解することを目的としている。オオバタネツケバナの木曽川河口域の潮汐集団は、12.4時間の潮汐リズムで冠水する環境に生育し、その環境は一般的な生育地である渓畔とは大きく異なる。そして渓畔集団は複葉を形成するのに対し、潮汐集団は単葉化していることが知られている(芹沢ら, 2002)。

本発表では、木曽川河口域の2つの潮汐集団と付近の2つの渓畔集団について、野外調査、非冠水栽培実験、冠水栽培実験による比較の結果を報告する。主な結果は、①潮汐集団の単葉化は遺伝的であること、②潮汐集団の方が遺伝的にいくつかの伸長関連項目で高い値を示すこと、③冠水環境下では潮汐集団の方がバイオマスが大きくなったこと、④潮汐集団の方が面積あたりの光合成量が大きかったことなどである。本発表では、形質の遺伝的差異の原因を生育地への適応の観点から考察する。

P-79

キツネノカミソリにおける特殊送粉様式と近縁種間の関係

○山路風太[1]、朝川毅守[1]

[1]千葉大・理

植物の進化の歴史の中で、花粉を媒介する送粉者は被子植物の多様化を引き起こした一因であると考えられている。しかし多くの植物では送粉者の特定もされておらず、現在に至るまで新たな発見の尽きない領域でもある。

私たちはヒガンバナ属キツネノカミソリにおいて、ニッポンチビコハナバチによる特殊な送粉方法を発見した。このハチは体長5mm と非常に小型であり、花との間にサイズにおける大きなギャップが存在するため、通常は有効な送粉者となることが難しい。しかしハチの多くは蕾が開き始めた段階に花を訪れることで、花とのサイズのギャップを埋め、有効な送粉者として機能する。このような、蕾が開き始めた直後、葯と柱頭との距離が近いタイミングに行われる送粉は前例がなく、植物と送粉者との知られざる共生系を知る手がかりになりうる。

キツネノカミソリの近縁種ではコハナバチの訪花頻度は低く、また訪花するタイミングも花が完全に開いた後である。訪花時期の違いは訪花者の果たす役割の変化をもたらし、結実率の違いを生み出す。そのため、キツネノカミソリ近縁種間の分化には、訪花者や訪花頻度の違いだけでなく、訪花のタイミングも関係している可能性がある。

P-80

大腸菌高温適応進化におけるシャペロニン GroEL 遺伝子変異の機能解析

○岸本利彦[1,]松浦梨恵[1,]成澤大[1,]宇都真菜[1,]大村真優子[1,]四方哲也[2]

[1]東邦大・理、[2]阪大・院情報科学

我々は、生物の進化メカニズムを解析するために大腸菌の高温適応進化系を構築し、その進化過程における変異解析を行ってきた。本研究では、生存不可能な環境での生育を可能とするメカニズムを解析することを目的とし、45℃適応初期に変異が固定されるシャペロニン GroELをコードする必須遺伝子 groL に注目した。groL 変異はプロモーター領域とORF 領域の2カ所に変異が生じており、45℃適応初期の各段階の細胞株において、Scar-less 法で groL 変異組換え株を構築し groL 機能と高温適応進化の相関解析を行った。その結果、groL プロモーター変異により顕著に適応度が増加し、続く groL ORF 変異により更に適応度は増加した。groL 変異後に固定された mutH 変異により高変異率進化した45℃236日目株で groL の2箇所の変異を野生型に戻すと高変異率下で蓄積された変異は有害に働いた。この結果は、groL 変異による変異効果緩衝作用が示唆した。現在、プラスミドベクターを用いた変異遺伝子発現系を構築し、groL 変異により機能変化が生じる変異遺伝子の探索を行っている。発表では、探索結果についても発表する。

ポスター発表

P-81

大腸菌高温適応進化系における高変異率進化機構の解析

○成澤大[1]、 岸本利彦[1]、 四方哲也[2]

[1]東邦大・理、 [2]阪大・院情報科学

一般的に変異率は遺伝子数の増加に伴い低下する傾向にある。これは変異率を抑制する機構が進化に伴い発達したことを示唆する。我々の大腸菌高温適応進化系において、45℃適応中に高変異率進化が観察された。この機構を解析するため、高変異率進化直前に固定された、修復系遺伝子 mutH 変異、変異緩衝効果が報告されているシャペロニン遺伝子 groL 変異に注目し、各変異の特異的組み換え株を作製し、高変異率進化への影響を解析した。その結果、mutH 変異型株は野生型株より高変異率で増殖速度が低くなり、mutH 変異により有害効果が生じることが示唆された。そこで、高変異率進化に groL 変異が寄与する可能性を考え、mutH, groL 変異を掛け合わせた組み換え株で、45℃継代培養を行った。その結果、groL 変異型個体では mutH 変異の有無による増殖速度変化に大きな差は無く、45℃で培養可能であった。一方 groL 野生型個体では、mutH 野生型株は45℃培養可能であったが、mutH 変異型株は45℃培養不可能であった。以上より、修復系変異により高変異率化した細胞は groL 変異により高変異率進化可能となることが示唆された。

P-82

細菌における進化を通じた増殖収率の最適化に関する研究

○小森隆弘[1]、津留三良[1]、四方哲也[1]

[1]阪大・院情

生物進化の仕組みを理解するため、実験室内で人工的に進化を引き起こしその過程を観察する進化実験が行われてきた。多くは細菌の増殖と希釈を繰り返し、増殖速度の高い個体を選択する系となっており、栄養量あたりに増殖できる生物量、すなわち増殖収率によって選択する進化実験はほとんど行われてこなかった。本研究では増殖収率による選抜を可能とする進化実験系を用い、増殖収率が増加する進化（K 戦略進化）がどのような過程で起こるかを調べた。まずアミノ酸合成酵素欠損大腸菌株を3株用いて継代実験を行った。アミノ酸の栄養制限下で3～4週間継代した後、すべての系列で有意に継代時の濁度が上昇していた。さらに高変異大腸菌株1株の6つのレプリカントを用い、同様にアミノ酸制限下で28日間の進化実験を行ったところ、半数の3系列で継代時の濁度について上記の株を超える大きな増加が見られた。以上の結果から本実験系が K 戦略を誘導する系となっていることが示された。また、高変異率株の進化実験において、2系列で、濁度の測定値の分散が大きくなる現象が見られた。選択圧がかかる形質について集団の多様性が保たれるケースは前例が少なく興味深い。

P-83

Qβファージの RNA 複製酵素に依存する宿主増殖系の確立

○柏木　明子[1]、塚田　幸治[2]、四方　哲也[3,4]

[1]弘前大・農学生命科学、[2]阪大・院工、[3]阪大・院情報科学、[4]阪大・生命機能

寄生関係から共生関係へと生物間相互作用が移行する時、両者はどのような変化を伴い安定な共存状態となるのであろうか。この問題に答えるためには実験室内でこの移行過程を解析することが重要である。この過程を解析可能とする第一段階は寄生者の生産物が宿主の増殖に必須となるシステムを構築することである。そこで、我々は大腸菌に対する寄生者である溶菌性 RNA バクテリオファージ Qβ（Qβ）の遺伝子産物が大腸菌の増殖に必須となるシステムを構築した。昨年の年会においてQβ RNA複製酵素の1つのサブユニット（βサブユニット）を大腸菌に導入し、βサブユニットが発現された場合のみ宿主大腸菌が増殖可能となるシステムを構築したことを報告した。今年はQβのRNAゲノム全長に対する cDNA をβサブユニットの供給源として F^-の大腸菌に導入した。これにより、全長 cDNA からは溶菌性 Qβが放出されるが、全長 cDNA にコードされるβサブユニットは大腸菌の増殖にとって必要となるシステムとなった。この菌体を培養した結果、大腸菌と Qβは共存しながら両者の増殖が観察されたことを報告する。

P-84

安定な L-form 大腸菌の構築

○齊藤紘美[1]、津留三良[1]、四方哲也[1]

[1]阪大・情報

L-form とは細菌にとって必須である細胞壁を失っても増殖が可能となった状態を指す。L-form 細菌は細胞分裂機構を用いず無秩序に分裂しているため、複雑な機構を獲得する以前の細胞に近いと考えられている。つまり通常の細菌にとって必須な細胞壁や細胞分裂機構に関する遺伝子が L-form では非必須であるため、それらの遺伝子に対して変異による遺伝子の不活化が起こり得る。したがって L-form 細菌は必須遺伝子の不活化を伴う大規模なゲノム縮小進化の誘導や観察に貢献できると期待される。

しかし、L-form 化の誘導剤を除去した培地でも L-form を保つ安定な L-form 大腸菌を獲得することは困難である上に、数年単位の長期培養が必要である。そこで本研究では、安定な L-form 大腸菌を短期的に獲得することを目的とする。

本研究では、桿状では生存不可能な変異を加えた大腸菌を L-form に誘導した。着目した遺伝子は、細胞分裂機構に関するタンパク質をコードした遺伝子である。この遺伝子をゲノムから欠損させてプラスミドで補填した大腸菌株を、細胞壁合成阻害剤を添加した浸透圧調整培地で培養した。その結果、プラスミドを欠失し、細胞壁合成阻害剤を除去した環境下でも L-form として増殖を続けられる安定な L-form 大腸菌を獲得できた。

P-85

人工 DNA ゲノム複製システムの実験進化

○酒谷佳寛[1]、市橋伯一[1]、四方哲也[1,2]

[1]阪大・情報、[2]阪大・生命

進化を分子レベルで理解する手段として、天然の生命と同様の進化システムを既知の物質から構成することが考えられる。この手法は、生細胞の利用に比べ、少ない要素でのシステム理解や全反応の活性を測定が可能という利点を持つ。このような in vitro 人工進化システムには、生命の共通基盤である転写・翻訳と共役した DNA ゲノム複製反応が必要と考えられる。我々はこれまでに、その反応を起こす「人工 DNA ゲノム複製システム」を確立した。このシステムでは、phi29 DNA 複製酵素によって環状 DNA から直鎖状 DNA が複製されるが、天然の細胞と同等のゲノム複製システムのように再帰的にはなっていない。反応を再帰させる方法として、Cre リコンビナーゼという直鎖状 DNA を環状に組換える酵素の利用が提案されている。しかし、これまでの実験で Cre リコンビナーゼが phi29 DNA 複製酵素の複製反応を阻害することが分かった。我々は、Creリコンビナーゼ存在下で人工 DNA ゲノム複製システムを進化させることを試みている。これにより、このシステムの反応を再帰的にでき、さらに単純なゲノム複製系が反応の再帰性を獲得する過程を直接観測できると期待される。

P-86

実験進化による複製可能な人工 RNA の開発

○祐村実旺[1]、市橋伯一[1]、四方哲也[1,2]

[1]阪大・情報 [2]阪大・生命

原始的生命が誕生する際、化学物質の集合体からどのようにして生命システムを獲得し得たのだろうか。この問いを探る方法の一つとして、必要最低限の要素で生命システムを駆動する人工細胞を作り出すことが考えられる。そのために我々の研究室では、まず生命システムの特徴の一つである遺伝情報の複製・伝達能力の構築を試みている。先行研究にて、RNA 複製酵素の一部のタンパク質をコードし、自身から作り出した複製酵素により増殖する人工 RNA を構築した。しかし問題は上記のタンパク質以外を RNA 上にコードすると複製酵素による複製が止まってしまうことである。そこで我々は人工細胞の機能拡張を目指して、複製酵素による複製が可能であり新たなタンパク質をコードした人工 RNA を作り出したいと考えた。この目的を達成するために、多少複製可能でタンパク質機能を持った RNA について実験進化を行った。まず複製能力とタンパク質機能の2つの選択を同時に行いつつ植え継ぐことのできる系を構築した。構築した系を適用することで、タンパク質の機能活性を持ち複製能力が向上した RNA を獲得することに成功した。得られた RNA を解析することで複製能力向上への普遍的な条件を見出せるだろう。

P-87

tRNA の抗レトロウィルス作用の可能性について

荻村英雄[1]

フリー

私は数年前無細胞タンパク質合成系 PURESYSTEM を用いて MS2ファージの人工合成に成功している。その際反応系に既存量の1.75倍から2倍の tRNA 量を使用したとき合成されたファージの溶菌作用によるプラークの形成が確認されたが、それ以上の量だとプラークは消失してしまった。このことから必要以上の tRNA は拮抗的にウィルスパーティクルの形成を阻害する可能性が示唆された。よって tRNA 自体が HIV などのレトロウィルスの増殖を阻害する”薬剤”としての効果を示す可能性のあることが考察される。

P-88

細胞壁を欠いた大腸菌細胞（L型細胞）による電気融合

○村上由衣[1]、津留三良[1]、四方哲也[1,2]

[1]阪大・院情報、[2]阪大・院生命

電気融合法は交配の難しい異種細胞間での遺伝操作や、細胞内に人工的に目的分子を導入する方法として広く利用されている。電気融合法は、主に動物細胞や植物細胞のプロトプラストなどの比較的大きく、細胞壁を持たない細胞を対象としており、サイズが小さく、細胞壁などの複雑な膜構造を持つバクテリアでは難しいと考えられてきた。本研究では、これまで難しいと考えられていたバクテリアの中でも、特に膜構造が複雑なグラム陰性細菌である大腸菌を用いた電気融合法を開発した。強固な細胞壁を持つ大腸菌はそのままでは融合せず、また細胞壁をリゾチームなどで処理して除いても、細胞サイズが小さく十分な融合接触面を得ることができない。そこで本研究では、L型状態の大腸菌を用いることでこれらの問題点を解決し、大腸菌の電気融合を可能かつ簡便にした。L型細胞とは、原始細胞モデルとも呼ばれ、浸透圧を調整した培地で細胞壁の合成を阻害することにより誘導される状態のことである。L型状態での細胞は、通常の数十倍の体積を持ち、細胞膜は突出や陥入を繰り返す。L型細胞の柔軟な膜構造により、電気融合が可能になったと考えられる。

P-89

二枚貝原鰓亜綱における貝殻微細構造の進化

○佐藤圭[1]、佐々木猛智[2]

[1]東大総合博・学振 PD、[2]東大総合博・准教授

軟体動物の貝殻は，CaCO3と微量な有機物が作るミクロスケールの規則的な構造単位をもつ（貝殻微細構造）．微細構造は，化石種を含む軟体動物の系統分類を確立するための重要な形質であると考えられてきた．一方，微細構造を機能形態学的な側面から着目することで，軟体動物の進化生態学的側面を明らかに出来る可能性がある．

我々は祖先的二枚貝である原鰓類の現生種を用い，分子系統解析と微細構造記載の結果を対比し，微細構造の系統学的評価を行った．系統解析の結果，従来提唱されていた分類体系は，上科以上で概ね支持された．得られた系統樹と微細構造観察結果を対比すると，各種の微細構造組み合わせは上科オーダーで良く類似した．この結果を先行研究の化石種の微細構造観察結果と対比すると，化石原鰓類は現生種と大きく異なる微細構造をもっていたことがわかる．結晶方位解析の結果，同一の微細構造も，その構造をもつ種によってその結晶方位パターンが異なることが明らかとなった．以上のことから，現生種の微細構造は，収斂進化によるものである可能性がある．本発表では，このような原鰓類の微細構造進化と，適応放散における重要性について議論を行う．

ポスター発表

SS-1

プロローグ：次世代系統解析の問題と課題

田村浩一郎

首都大・生命情報研究センター、首都大・院理工

次世代 DNA シーケンサーの出現により、今までとは比較にならない量の配列データが容易に手に入るようになった。分子系統解析も次世代データを活用する段階に突入しつつある。しかし、同時に次世代データによる新たな問題も顕わになり、それらを解決するための系統解析技術の開発も喫緊の課題となっている。
これまでの系統解析では、あらかじめターゲットとなる遺伝子は決まっていて、PCR によって増幅、配列決定されていた。次世代シーケンサーを使うと、基本的にあらゆる遺伝子の配列が無作為に決定される。そこで、OTU 間で共通する相同部位を効率的に得る工夫や、得られたデータの中から有用な部分を抽出する作業が必要になる。前者には RNA-seq、RAD-seq が含まれ、後者では得られる全てのデータの中からオーソログのみを識別することが必須である。得られた配列データから系統関係を推定するためには、通常、多重配列アライメントを行う。多重配列アライメントは、むしろ樹形推定よりも難しい問題で、特にデータ量が多いと困難を極める。本夏の学校では、これらの問題に挑む最先端の研究を紹介し、これからの系統解析技術について議論したい。

SS-2

RAD-seq 法を用いた超高解像度系統解析

奥山雄大

科博・植物園

サンガー法による DNA 塩基配列決定法が普及し、標準化された手法で簡便に分子系統樹が得られるようになったことで、生物多様性の記述やその進化史の可視化は劇的に進んだ。一方で従来の分子系統学的手法の限界も明らかになって来た。特に、急速に適応放散し、高い種多様性を誇るような生物群はよりその進化プロセスが興味深いにもかかわらず、その系統関係の解明には困難を極めることが多い。しかしこのような従来困難であった系統解析の問題も、大規模並列 DNA シーケンサーの利用によって解決が期待できる。特に、RAD-seq 法はゲノム情報が未知の生物からでも大量の相同な塩基配列を取得できる点で、分子系統学との親和性が高い手法である。本発表では、すでに種の系統関係が既知であるチャルメルソウ属と、日本列島での著しい適応放散の結果としてこれまで種間の系統関係を解明することが困難であったカンアオイ属の2つの植物群で本手法を適用し、劇的に高解像度の系統樹が得られた事例を具体的な解析手法とともに紹介する。今後本手法は標準化し、さらなる技術の進歩も予想されるため、本手法が与える自然史研究へのインパクトと課題についても議論したい。

SS-3

全ゲノム重複と種の系統樹を考慮した系統解析マーカ遺伝子の選定

井上 潤

OIST

ゲノムワイドなデータを用いた系統解析が，未解決の分岐解明に期待されている．しかし，重複遺伝子を多く含むゲノムデータから，種の歴史を反映する系統解析マーカ遺伝子を選択するのは容易ではない．特に脊椎動物の系統解析では，2～3 回生じた太古の全ゲノム重複に由来するペア遺伝子の欠失パターンが遺伝子や種で異なるため，系統的枠組みを考慮したマーカ遺伝子の選定が必須である．そこで我々は，脊椎動物太古のゲノム重複のうち最も若い真骨類根幹で生じたゲノム重複に注目して，遺伝子系統樹を用いたマーカ遺伝子の抽出を試みた．真骨類を中心とした条鰭類 10 種と四足類 4 種の全タンパク質遺伝子配列を種の系統樹と比較解析したところ，約6000遺伝子について信頼性の高い遺伝子系統樹が得られた．このうち約1000遺伝子は，ゲノム重複直後にペア遺伝子の片方を失っただけでなく，全種で共有されるうえに系統特異的な重複遺伝子も持たなかった．これらの遺伝子を条鰭類の系統解析マーカとして報告する．我々の手法はゲノム重複を経験した他の生物の解析にも適用できる．この発表は佐藤，シンクレア，塚本，西田との共同研究に基づく．

SS-4

MAFFT による巨大アラインメントの計算、配列の対話的な選択などについて

○加藤和貴[1]、山田和範[2]、富井健太郎[3]、工樂樹洋[4]

[1]阪大・IFReC、[2]東北大・院情報、[3]産総研・創薬基盤、[4]理研・CLST

配列決定手法の進歩にともなって大量の配列情報が利用可能になってきており、多数の配列からなるアラインメントを計算する必要が生じている。ただ、多重配列アラインメントは必ず相同な配列からなるので、配列の数が増えると配列の間の類似性はたいてい高まる。この性質を利用すると、比較的簡単に大きなアラインメントを計算できる。(1) その計算のための、配列アラインメントプログラム MAFFT の新しいオプションを紹介する。(2) 信頼性の高い既存アラインメントに、個々の新しい配列をマップすることによって大量の配列の比較解析が可能なことが多い。そのためのオプションも紹介する。既存のアラインメントが、相同でかつ充分に多様な配列を含んでいる場合に有用である。(3) 大量の配列データを実際の系統解析に利用するためには、類似性の高い多くの配列から、意味のある配列セットを効率よく選ぶことが必要である。その作業を支援するウェブサービス（http://aleaves.cdb.riken.jp/aleaves/）を紹介する。

OL- 1

恐竜から鳥類へのモデルチェンジ

真鍋真

国立科学博物館

1861年に発見された始祖鳥は、骨格は爬虫類的だが、羽毛でできた翼をもっていたことから鳥類に分類され、その存在は爬虫類と鳥類のミッシングリンクとして知られてきた。1996年以降、羽毛をもった恐竜化石が次々と発見されるようになり、現在ではどこまでが恐竜（非鳥類獣脚類）でどこからが鳥類なのか、境界線を引くことが難しいほど連続的な進化があったことが明らかになっている。おそらく樹上生だった小型のエウマニラプトラ類（エウマニラプトル類）は、前肢だけでなく後肢にも翼をもっていたり、一部は飛膜をもっていたりして、枝から滑空したことが飛翔の起源だったらしい。前肢の羽ばたき能力の向上とともに、後肢の翼や飛膜は縮小していったと考えられている。非鳥類獣脚類は股関節を軸に後肢を前後に動かして歩行するが、鳥類はヒザ関節を軸に歩行する。このことは尾が短縮した鳥類になって起こった変化だと考えられてきたが、重心の位置を推定した研究では、前肢と胸部の相対重量の増加はエウマニラプトラ類で起こっており、ヒザ関節を軸とした歩行は尾がまだ短縮していないエウマニラプトラ類の段階で始まっていた可能性も指摘されるようになった。

OL- 2

アゲハチョウ類の系統地理と進化史 ーシボリアゲハの仲間を例としてー

矢後勝也

東大・総研博

大きく目立つアゲハチョウの仲間は、一般に馴染みの深い昆虫である。中でもシボリアゲハ属は、その名の由来となる絞り染めに似た斑紋を呈し、翅型は横長で、細長い尾状突起を数本備えるなど、異形アゲハとも呼ばれる風変わりな容貌を見せるため、進化を考える上でも面白い生き物である。また、本属はヒマラヤ山麓～中国中部の温帯域に生息し、生物多様性ホットスポットの1つに数えられるヒマラヤ周辺で種分化を遂げたようで、その種分化や分布の形成過程も興味深い。

本属にはシボリアゲハ、シナシボリアゲハ、ウンナンシボリアゲハ、ブータンシボリアゲハの4種が含まれ、幼生期はウマノスズクサ類に依存する稀種である。特にブータンシボリアゲハは2011年に約80年ぶりに再発見されて話題となった他、アゲハチョウ科としては特異な山積み産卵する生態的特性も知られる。

演者らはシボリアゲハ属における翅の翅型・斑紋の計測、CT スキャンを用いた交尾器の精査により形態形質を検討するとともに、ミトコンドリア DNA と核 DNA に基づいた分子系統解析を行った。この解析結果から本属の種分化と分布形成過程を推定しながら、珍奇な形態や生態の進化を考える。

OL- 3

マダガスカル原猿類の多様性と霊長類の起源

島　泰三

日本アイアイファンド

マダガスカルの原猿類（レムール）は、全世界のサル類（13科73属420種）の種数の約四分の一の5科22属99種（絶滅種をいれると7科30属116種）に達し、その体重は最大200キログラム（絶滅種のアーケオインドリス）、最小30グラム（ベルテネズミキツネザル）と真猿類の変異幅に匹敵する。犬歯のない科（アイアイ科）や上顎切歯のない科（イタチキツネザル科）など形態が多様で、7カ月間も休眠する種や昼夜行性の属（キツネザル属など）があり、染色体数は2n＝20（イタチキツネザル）～70（アバヒ）と生理や遺伝子の領域でも、変異の幅はきわめて大きい。そのレムール各科のマダガスカルでの動物地理と系統関係を明らかにして、レムールの多様さの起源を明らかにし、コビトキツネザル的な原種がアフリカ大陸から漂流物に乗ってマダガスカルに流れ着いたという「漂流仮説」を検討して、マダガスカルでの原猿類の起源と霊長類の起源について考える。では、霊長類は、どこで、いつ、どのように誕生したのか？

OL- 4

コケにできないコケの生き方

大石善隆

北海道大学北方生物圏フィールド科学センター

コケと聞くと、「じめっとしたところに生える、何だかよく分からない生き物」というイメージをもつ人が多いのではないでしょうか。しかし、実はコケは非常に乾燥に強く、小さな体を生かして環境に巧みに適応した植物なのです。

長い進化の歴史からみると、コケは海から陸にあがった最初の植物として位置づけられます。そのため、陸上生活に適応した草や木などの維管束植物のように水や栄養分を吸収する根が発達していません。では、どうしているかというと、コケは体の表面から雨や霧に含まれる水などを直接吸収しています。ただ、常に雨や霧があるわけではないので、コケは生育に不利な条件のときは生命活動を休止して乾燥に耐え、水を得る機会をじっと待っています。こうした生存戦略が「乾燥耐性の獲得」へとつながり、コケは乾燥しやすいコンクリートやアスファルトの上にさえ生育できるようになったのです。

木や草ほど進化していないと思われがちなコケですが、別の視点からみると、根やクチクラを発達させることで「乾燥しない能力に磨きをかけた」木や草とは異なり、コケは「乾燥に耐える能力に磨きをかけた」ことで、巧みにニッチを獲得した植物、ともいえるのです。

OR- 1

中等教育の生徒と教員のために進化研究者に求めること

中井咲織

立命館宇治中高／東大・院・総文

現在、中学や高校でも、理科のカリキュラムの中で進化を学べるようになった。ところが、教える側の教員の多くは進化をほとんど学んでおらず、授業で進化を教える際には不安と苦労が伴っている。進化生物学の普及と正しい理解のためには、実力・影響力ともに最強のインタープリターである中高の教員に、進化生物学を正しく理解してもらうことが最優先であると思われる。

そこで、この講演では一般の理解のために進化研究者に望むことを、3点にまとめて話したい。

1つには、進化をきちんと学べる場がほしい。一般普及本は、良書がいくつかあるものの、まだ十分でない。さまざまな研究者による、より多くの進化本が望まれる。2つ目には、授業で提示できる、進化の具体例をより多く紹介していただきたい。研究者の努力によって、様々な進化現象が明らかになっているにもかかわらず、それが一般に広報されていないために、授業で生徒に紹介できない現状がある。3つめには、授業で使える進化学習の教材や実験が足りない。

これらを解決する方法としては、進化研究者によるエクスカーションや講演会の開催、専任のエデュケータ（サイエンスコミュニケータ）の確保などが考えられる。

OR- 2

高校で進化をどのように教えるか

山崎一憲

静岡県立榛原高等学校

高校生は進化にどの程度、興味関心があるのだろうか。本校での予備的な調査では、約半数が興味関心があり、半数は無いとの回答であった。また小学校、中学校、高校での授業で進化を感じたり学んだりしたことがあるかとの問いには、約1/3が無いとの回答であった。以上から、高校生は進化について興味関心や知識があまり高くないとみてとれる。このような高校生に対し、どのような授業を行えば“進化”を理解してもらえ、関心をもたせることができるだろうか。

高校で扱っている生物教科書の多くは、授業展開として後半の単元で進化現象について学ぶように設定されている。これに従って授業をしているだけでは、高校生に“進化”を教える機会があまりにも遅く、学習量としても少ない。その一方で、教科書の所々に進化的学習要素を含められる内容が盛り込まれている。そのような内容のときに、幅広く情報を提供することにより、進化現象に目を向け、興味を持たせることができないかと考えている。今回は、そのような授業展開をいくつか紹介してみたい。

OR- 3

これから研究を始める高校生と指導教員のために

酒井聡樹

東北大学大学院・生命科学研究科

現在、多くの高校で、授業の一環としての課題研究や科学部での自主的な研究が行われている。そしてその成果を、各種発表会において発表している。こうした活動は、これからますます盛んになっていくであろう。

高校生の研究発表を聴いて、残念に思ってしまうことが時々ある。「どうしてそのことを調べるのか？」と訊いても、ちゃんとした答えが返って来ないのだ。せっかくの研究なのに、その研究の意義を自分自身で説明することができない。「研究の意義づけ」の大切さ自体を知らないように感じてしまうこともある。

本講演では、高校生が研究を行う上で、まずもって身につけるべき事は何かを訴える。その研究成果にはどういう意義があるのか。それを正しく理解し、他者に説明できること。何かを調べれば、それで研究になるわけではない。意義のあることを調べてこそ、研究として成り立つのである。こうしたことを、課題研究を通して是非とも身につけて欲しい。

講演では、進化学の研究に限定せず、さまざまな分野の研究を対象として話を進める。本講演の内容は、どんな分野の研究にも当てはまることだからである。

参加者名簿

	氏名	所属	発表番号	懇親会
B	Babarinde, Isaac	National Institute of Genetics	2B-2	
F	Fawcett, Jeffrey	SOKENDAI	S3-3	○
H	Hettiarachchi, Nilmini	National Institute of Genetics	P-1	
J	Jinam, Timothy	National Institute of Genetics	W1-5	○
L	Lim, Kyungtaek	BRD, AIST	W13-1	
M	Mahmoudisaber, Morteza	University of Tokyo	2B-3	
	Melin, Amanda	Washington University in St. Louis	S1-2	○
	Momo, Carlos	上智大学 理工学部 グリーンサイエンス・エンジニアリング領域	P-29	
N	Noel Kawachi, Mary-Helene	国立環境研究所	W8-4	
S	Shimizu, Kentaro	University of Zurich, Institute of Evolutionary Bio	S3-1, W9-2, S3-8	○
T	Tavares Vasques, Diego	東京大学大学院総合文化研究科広域科学専攻	P-40	
X	XIAOKAITI, XIAYIRE	National Institute of Genetics	P-37	
あ	青木 誠志郎	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	1F-5, S6-5	
	明石 裕	国立遺伝学研究所	W18-5	○
	明石 基洋	東京農業大学 大学院 微生物分子遺伝学研究室	P-13	
	赤沼 哲史	早稲田大学人間科学学術院	W17-5	
	秋山 佳央	信州大学	1C-4	○
	秋山 礼良	首都大学東京大学院　理工学研究科　生命科学専攻	P-58, P-24	○
	浅島 誠	（独）日本学術振興会	W10-1	
	浅原 正和	三重大学教養教育機構	P-52	○
	浅見 崇比呂	信州大学理学部	1C-4	○
	足立　透真	国立精神・神経医療研究センター神経研究所病態生化学研究部	P-2	
	足立 直樹	浜松医科大学　実験実習機器センター　中央機器分析室		
	渥美 圭佑	東京大学大気海洋研究所		
	網蔵 和晃	東京工業大学　地球生命研究所	W17-2	○
	新井 泰葉	山形大学大学院　理工学研究科　生物学専攻	P-34	
	荒川 那海	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	2B-5	
	荒木 仁志	北海道大学大学院　農学研究院	W6-2, W6-3	○
	有村 源一郎	東京理科大学基礎工学部生物工学科	W4-6	○
い	飯島 正也	北海道大学大学院理学院　自然史科学専攻	P-50	○
	飯塚 朋代	総合研究大学院大学　生命科学研究科　遺伝学専攻	P-14	○
	五十嵐 健人	東京大学大学院新領域創成科学研究科	1A-4	
	池尾 一穂	国立遺伝学研究所 生命情報研究センター	P-14	○
	池谷 祐幸	農業・食品産業技術総合研究機構果樹研究所		
	池村 淑道	長浜バイオ大・バイオサイエンス学部	W2-6	○
	伊澤 和輝	東京工業大学 生命理工学研究科 生体システム専攻 本郷研究室	P-11	○
	石川 麻乃	国立遺伝学研究所	W15-3, 1F-4	○
	石川 由希	名古屋大学 大学院理学研究科　生命理学専攻　脳回路構造学	W7-5	○
	泉 泰輔	京都大学ウイルス研究所附属ヒトレトロウイルス研究施設	S4-3, W2-5	○
	板谷 光泰	慶應義塾大学先端生命科学研究所	W5-1	○
	市川 里紗	首都大学東京　大学院　理工学研究科　生命科学専攻	P-25	○
	市瀬 裕樹	徳島大学大学院先端技術科学教育部		
	一宮 睦雄	熊本県立大学環境共生学部	W8-2	
	市橋 伯一	大阪大学　情報科学研究科	W14-1, P-85, P-86	
	伊藤 海	東京大学大学院農学生命科学研究科農学国際遺体科学研究室	P-53	○
	伊藤 元己	東京大学大学院総合文化研究科	P-40, 1F-5, W12-2	
	稲垣 祐司	筑波大学計算科学研究センター	W13-2, 1A-3	
	稲田 垂穂	東北大学生命科学研究科	P-75	○

	稲富 桃子	大阪大学大学院理学研究科生物科学専攻	P-59	○
	井上 潤	沖縄科学技術大学院大学	SS-3	○
	今井 啓雄	京都大学霊長類研究所	S1-6, 2B-5	
	伊村 智	国立極地研究所	W18-1	○
	入江 拓磨	東京大学大学院新領域創成科学研究科	S8-5	
	岩井 草介	弘前大学教育学部	P-32	
	岩崎 貴也	京都大学生態学研究センター		○
	岩崎 渉	東京大学 大学院理学系研究科 生物科学専攻	W6-1, 1F-5, W6-3, 1F-1	○
	岩間 久和	香川大学総合生命科学研究センター	1B-5	
	岩本 栄介	首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻 進化遺伝学研究室	1A-2	○
う	植田 和貴	NHK エンタープライズ エグゼクティブ・プロデューサー	W19	
	上田 真保子	東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター	W2-3, P-4	○
	上原 奏子	名古屋大学生物機能開発利用研究センター		○
	内山 博允	東京農業大学　生物資源ゲノム解析センター	1C-1	○
	宇野 好宣	名古屋大学 大学院生命農学研究科 動物遺伝制御学研究室	1B-6	○
	生形 貴男	京都大学大学院理学研究科地球惑星科学専攻	1D-3	○
	梅野 太輔	千葉大学大学院工学研究科　共生応用化学専攻	W5-2	○
え	江川 史朗	東北大学生命科学研究科	P-49	○
	戎崎 俊一	理化学研究所	1D-1, 1D-2	
	遠藤 一佳	東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻	P-48	○
	遠藤 秀紀	東京大学総合研究博物館	P-53	○
	遠藤 瑞輝	東京大学大学院新領域創成科学研究科		○
お	大石　善隆	北海道大学北方生物圏フィールド科学センター	OL-4	○
	大熊 盛也	理化学研究所バイオリソースセンター微生物材料開発室	W13-3	
	大島 一正	京都府立大学　大学院生命環境科学研究科	W15-1	
	太田 聡史	理化学研究所バイオリソースセンター	2B-1	
	太田 博樹	北里大学医学部	P-74	○
	大舘 由香	東京農業大学農学研究科		○
	大槻 久	総合研究大学院大学　先導科学研究科	1C-3	
	大音 徳	トヨタ自動車株式会社 FP 部バイオ・ラボ		
	大波 純一	国立研究開発法人科学技術振興機構	P-5	○
	大村 文乃	東京海洋大学　海洋科学系	P-66	
	岡田 泰和	東大・総合文化	W7-1, P-62	○
	岡本 恵里	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	2A-3	○
	岡本 卓	京都大学大学院 理学研究科 動物学教室	1A-5	○
	小川 遼	神戸大学大学院農学研究科昆虫多様性生態学研究室	P-46	○
	荻村 英雄	フリー	P-87	
	奥平 卓司	–		
	奥山 健太郎	東京農業大学農学研究科		○
	奥山 雄大	国立科学博物館植物研究部筑波実験植物園	W12-1, SS-2	○
	尾崎 克久	JT 生命誌研究館	W4-4, P-26	
	尾嵜 大真	東京大学総合研究博物館	HandsOn6	○
	長田 直樹	北海道大学大学院　情報科学研究科	P-24	○
	越智 陽城	山形大学医学部メディカルサイエンス推進研究所	S3-5	○
	恩田 義彦	理化学研究所		
か	鹿児島 浩	国立遺伝学研究所	W18-6	○
	笠田 実	東京大学大学院農学生命科学研究科		○
	柏木 明子	弘前大学　農学生命科学部	P-83	
	加瀬 幹大	茨城大学	P-39	

	片山 なつ	日本女子大学理学部	1E-2	○
	勝又 亮	立正大学 地球環境科学部 環境システム学科		
	勝村 啓史	北里大学医学部	P-74	○
	葛城 慶子	東京農業大学学術情報課程		○
	加藤 和貴	大阪大学免疫学フロンティア研究センター	SS-4	
	加藤 徹	北海道大学大学院理学研究院生物科学部門多様性生物学分野	P-41, 1B-3	
	加藤 俊英	東京大学教養学部	OutReach	
	金井 昭夫	慶應義塾大学先端生命科学研究所	W5-5	
	金岡 雅浩	名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻	S3-8, S2-1	○
	金田 篤志	千葉大学大学院医学研究院分子腫瘍学	S8-7	
	上田 千晴	基礎生物学研究所		
	亀岡 慎一郎	京都大学大学院　人間・環境学研究科　瀬戸口研究室		○
	河合 洋介	東北大学東北メディカル・メガバンク機構	W1-3	○
	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	S1-1	○
	神澤 秀明	国立科学博物館人類研究部	W1-4	○
	神田 真司	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻		
き	黄川田 隆洋	農業生物資源研究所	S6-6	
	菊池 義智	産業技術総合研究所北海道センター	W16-2	
	岸田 治	北海道大学北方生物圏フィールド科学センター	S7-4, 2A-6	○
	岸田 拓士	京都大学野生動物研究センター	P-6	○
	岸本 健雄	お茶の水女子大学　サイエンス＆エデュケーションセンター	W10-2	○
	岸本 利彦	東邦大学理学部	P-80, P-81	
	北野 誉	茨城大学・工学部・生体分子機能工学科	P-7, P-39, P-27	
	木下 哲	横浜市立大学・木原生物学研究所	S3-7	
	木村 大地	山形大学大学院理工学研究科	P-63	
	木村 友彦	首都大学東京　進化遺伝学研究室		○
	木村 亮介	琉球大学大学院医学研究科人体解剖学講座	W1-2, P-8	○
く	沓掛 展之	総研大	S7-1	
	久保 泰	福井県立恐竜博物館	W11-2	
	久保田 彩加	東京大学新領域創成科学研究科先端生命科学専攻		○
	久保田 渉誠	東京大学大学院総合文化研究科／日本大学生物資源科学部	W12-3	
	久保田 康裕	琉球大学理学部海洋自然科学科生物系	W10-3	○
	倉谷 滋	国立研究開発法人理化学研究所　倉谷形態進化研究室	S6-2, 2A-7	○
	栗原 沙織	東京大学理学部生物情報科学科		
	黒川 瞬	なし	P-72	○
	黒木 真理	東京大学大学院農学生命科学研究科	HandsOn6	○
	桑田 晃	国立研究開発法人水産総合研究センター東北区水産研究所	W8-1, W8-2, W8-5, W8-6	
こ	香曽我部 隆裕	東京大学大学院 総合文化研究科 広域科学専攻 相関基礎化学系	P-60	○
	甲能 直樹	国立科学博物館・地学研究部／筑波大院・生命環境科学	S5-1, 1A-6	
	古賀 皓之	東京大学理学部	W15-4	○
	古賀 隆一	産業技術総合研究所・生物プロセス研究部門	W14-5	
	越川 滋行	京都大学白眉センター／大学院理学研究科	S2-5	○
	小島 健司	東京大学大学院新領域創成科学研究科	W2-1, 2B-4	
	小八重 善裕	農研機構　北海道農業研究センター	W16-4	
	小橋 常彦	名古屋大学大学院理学研究科脳神経回路研究ユニット	W7-4	○
	小林 一三	東京大学・新領域メディカル情報生命および医科学研究所	S4-5, 2B-4, P-12	○
	小林 直樹	麻布大学		○
	小林 正樹	産業技術総合研究所　創薬基盤研究部門	S3-4	
	小林 靖尚	岡山大学　理学部　附属臨海実験所	W7-2	

	小林 由紀	日本大学生物資源科学部	W2-4	
	小松 秀徳	（一財）電力中央研究所	1C-5	
	小森 隆弘	大阪大学情報科学研究科バイオ情報工学専攻	P-82	
	小柳 香奈子	北海道大学　大学院情報科学研究科　ゲノム情報科学研究室	P-55	○
	小薮 大輔	東京大学総合研究博物館	HandsOn6	○
	小山 喬	東京大学大学院農学生命科学研究科附属水産実験所	P-21	○
	今田 弘樹	山形大学大学院理工学研究科	P-68	
	近藤 修	東京大学大学院理学系研究科	W1-1	
ご	郷 康広	自然科学研究機構・新分野創成センター	P-9	○
	五條堀 孝	KAUST (King Abdullah University of Science and technology)	W9-4	
さ	齋藤 くれあ	生理学研究所	P-28	○
	齋藤 茂	岡崎統合バイオサイエンスセンター(生理学研究所)	P-28	○
	齋藤 誠慈	同志社大学		
	斎藤 貴彦	山形大学大学院理工学研究科生物学専攻半澤直人研究室	P-35	
	斎藤 成也	国立遺伝学研究所	W1-4, P-7, 2B-7	○
	齊藤 紘美	大阪大学大学院 情報科学研究科 バイオ情報工学専攻	P-84	
	斎藤 正也	東京大学医学系研究科	S4-1	○
	佐賀 達矢	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正和研究室　博士後期課程	P-64	
	酒井 聡樹	東北大学・大学院・生命科学研究科	OutReach	
	坂井 寛章	農業生物資源研究所		○
	榊原 恵子	金沢大学学際科学実験センター	2A-1	○
	阪口 翔太	東京大学大学院総合文化研究科	W12-2	
	酒谷 佳寛	大阪大学大学院情報科学研究科	P-85	○
	坂本 美佳	お茶の水女子大学大学院人間文化創成科学研究科		
	佐々木 顕	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	S4-2	
	佐々木 謙	玉川大学農学部生物資源学科	1C-1	
	佐々木 剛	東京農業大学農学部バイオセラピー学科	1A-6	○
	佐々木 猛智	東京大学総合研究博物館	S5-2, P-89	○
	佐藤 圭	東京大学総合研究博物館	P-89, P-16	
	佐藤 真	駿台予備学校		
	佐藤 拓哉	神戸大学大学院理学研究科	S7-5	○
	佐藤 直樹	東京大学大学院総合文化研究科	W8-7	○
	佐藤 矩行	沖縄科学技術大学院大学	W10-5, P-67, P-33, 2A-4	
	佐藤 行人	東北大学　東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門	W6-3, W6-2	○
	佐藤 理絵	千葉大学大学院　応用昆虫学研究グループ	P-44	○
	里村 和浩	首都大学東京 理工学研究科 生命科学専攻	1B-1	○
	佐野 香織	城西大学　理学部　化学科	1F-3	
	沢田 健	北海道大学 理学院 自然史科学部門	W8-5	○
ざ	座安 佑奈	沖縄科学技術大学院大学マリンゲノミックスユニット	P-67	
し	椎野 勇太	新潟大学教育研究院自然科学系	HandsOn6	○
	篠原 現人	国立科学博物館　動物研究部	S5-3	○
	柴田 龍弘	東京大学　医科学研究所　ゲノム医科学分野	S8-6	
	島　泰三	日本アイアイファンド	OL-3	○
	嶋田 透	東京大学 大学院農学生命科学研究科 昆虫遺伝研究室	S6-3	
	下出 紗弓	京都大学ウイルス研究所	W2-2	○
	下村 政嗣	千歳科学技術大学	W10-4	
	白須 未香	東京大学大学院農学生命科学研究科応用生命化学専攻	W4-2	
	新里 宙也	沖縄科学技術大学院大学　マリンゲノミクスユニット	P-33, P-67, 2A-4	

す	菅 裕	県立広島大学生命環境学部生命科学科	2A-2	○
	菅野 宗嗣	山形大学大学院理工学研究科	P-70	
	菅野 諒	東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻生命圏科学講座	P-48	○
	杉原　千紗	福山大学生命工学部生物工学科	P-45	
	杉山 裕美子	なし		○
	寿崎 拓哉	筑波大・生命環境	W16-3	
	鈴木 聡	福井市自然史博物館		○
	鈴木 真吾	国立研究開発法人理化学研究所・生命システム研究センター	W14-2	○
	鈴木 誉保	農業生物資源研究所　遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット	S2-4	○
	鈴木 紀之	立正大学・地球環境	1C-2	
	鈴木 啓	東北大学大学院生命科学研究科	P-26	○
	鈴木 悠喜	首都大学東京		○
	鈴木 留美子	大分大学医学部　環境予防医学講座	2B-7	○
せ	清野 健司	首都大学東京大学院　進化遺伝学研究室		○
	瀬々 潤	産業技術総合研究所	S3-9, S3-4	
	瀬戸 陽介	首都大学東京　理工学研究科　生命科学専攻	1B-2, P-25	○
そ	蘇 智慧	JT 生命誌研究館	P-36, P-61	○
	曽我 江里	京都大学・生態学研究センター	P-78	○
た	高瀬 悠太	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻動物学教室		
	高野 和文	京都府立大学		
	高橋 志帆	総合研究大学院大学先導科学研究科	1E-5	
	髙山 浩司	ふじのくに地球環境史ミュージアム	HandsOn6	
	瀧沢 美翔	富山大学大学院理工学教育部	P-10	○
	竹内 信人	東京大学総合文化研究科	1D-4	
	竹内 史比古	国立国際医療研究センター研究所	P-8	
	武智 正樹	東京医科歯科大学・大学院医歯学総合研究科・分子発生学分野	2A-7	○
	竹中 將起	信州大学理工学系研究科		
	竹松 哲男	日本アストロバイオロジーネットワーク		○
	田島 直幸	日本大学生物資源科学部	W8-7	
	田中 健太郎	首都大学東京 理工 進化遺伝研究室		○
	田中 幹子	東京工業大学大学院生命理工学研究科	2A-3	○
	田辺 晶史	水産総合研究センター・中央水産研究所	1A-1	○
	田端 純	国立研究開発法人農業環境技術研究所	1C-6	
	田畑 光敏	茨城大学院理工学研究科物質工学専攻	P-27	
	玉川 克典	東北大学生命科学研究科	P-17	○
	玉手 智史	東北大・院・生命	P-65	
	田村 浩一郎	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	SS-1, P-25, 1A-2, 1B-1, 1B-2, P-23	○
	田村 光平	University of Bristol	W3-2	○
つ	對比地 孝亘	東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻	W11-4	
	塚谷　裕一	東京大学　大学院　理学系研究科	S3-6, W15-4, 2A-1	
	辻 和希	琉球大学農学部	S7-2	
	辻本 典顯	京都大学生態学研究センター	P-77	○
	土`田 努	富山大学大学院理工学研究部（理学）	P-10, 2A-8	○
	土松 隆志	東京大学・総合文化・生命環境	S2-1	○
	坪田 拓也	農業生物資源研究所　遺伝子組換えカイコ研究開発ユニット	S2-3	
て	寺井 洋平	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	1E-3, 2B-5, 1E-5	
と	東島 沙弥佳	京都大学大学院理学研究科生物科学専攻動物学教室		
	東樹 宏和	京都大学人間・環境学研究科	S7-6, W6-5	○
	土岐田 昌和	東邦大学理学部生物学科	P-57	○

	戸田 安香	キッコーマン株式会社　兼　東京大学	S1-5	○
	戸張 靖子	東京大学大学院 総合文化研究科	W7-3	
	外山 祐	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻進化人類学研究室		
	豊岡 この実	北海道大学理学部生物科学科　多様性生物学講座　４年		
ど	土居 秀幸	兵庫県立大学大学院シミュレーション学研究科	W6-4	
な	内藤 健	農業生物資源研究所　遺伝資源センター	W12-4	○
	直井 工	東京大学新領域創成科学先端生命科学専攻人類進化システム分野		○
	中井 咲織	立命館宇治高等学校/東京大学大学院総合文化研究科	OutReach	
	中井 亮佑	国立遺伝学研究所 系統生物研究センター 原核生物遺伝研究室	W15-5, W18-3	○
	中尾 央	山口大学国際総合科学部	W3-1	
	中川 一路	京都大学大学院医学研究科・微生物感染症学分野	S4-4	
	中川 草	東海大学医学部	P-4, W2-3	○
	中迫 啓	北里大学大学院理学研究科生物科学専攻分子生物学講座	P-19	
	中澤 文男	国立極地研究所	W18-2	
	長澤 竜樹	上智大学理工学研究科	2A-5	
	中島 敏幸	愛媛大学大学院理工学研究科	1D-6	
	中鉢 淳	豊橋技術科学大学・エレクトロニクス先端融合研究所	W13-4	
	中原 亨	九州大学大学院システム生命科学府生態科学研究室	P-76	○
	中別府 雄作	九州大学 生体防御医学研究所 脳機能制御学分野	S8-3	
	中村 遥	首都大学東京理工学研究科生命科学専攻	P-23	○
	中村 洋路	国立研究開発法人 水産総合研究センター 中央水産研究所	W8-6	
	中村 遼平	東京大学大学院理学系研究科　生物科学専攻　動物発生学研究室	S2-2	○
	成澤 大	東邦大学大学院 理学研究科 生物分子科学専攻	P-81, P-80	
に	新居 良規	東京大学 大学院新領域創成科学研究科 メディカル情報生命専攻		
	新原 隆史	東京大学総合研究博物館	HandsOn6	○
	新美 輝幸	基礎生物学研究所　進化発生研究部門	S6-7	
	新村 芳人	東京大学大学院農学生命科学研究科	S1-3, W4-1	○
	二階堂 雅人	東京工業大学大学院生命理工学研究科	S6-9, W4-3	○
	西嶋 傑	東京大学 大学院新領域創成科学研究科	S4-6	
	西田 治文	中央大学理工学部		○
	西原 秀典	東京工業大学 大学院生命理工学研究科	P-3	○
	西巻 拓真	東京理科大学理工学部情報科学科	P-16	
	西村 純	無所属　職業・詩人	P-47	○
	新田 梢	横浜国立大学・男女参画センタ / 東京大学・総合文化		
の	能美 健彦	国立医薬品食品衛生研究所　安全性生物試験研究センター	S8-2	
	野澤 昌文	国立遺伝学研究所 生命情報研究センター	1B-4, P-14	○
	野下 浩司	東京大学　農学生命科学研究科	W3-3	○
は	橋口 康之	大阪医科大学	P-61	○
	長谷川 政美	復旦大学　生命科学学院	S5-4	○
	長谷部 光泰	基礎生物学研究所	S6-1, W14-4	○
	服部 創紀	東京大学大学院理学系研究科地球惑星科学専攻	W11-3, HandsOn6	○
	浜田 淳一	北海道大学遺伝子病制御研究所		
	早川 卓志	京都大学霊長類研究所	S1-4	○
	早川 敏之	九州大学基幹教育院	2B-6	
	林 省一	一般		
	林 崇	国立精神・神経医療研究センター　神経研究所	P-2	
	林 真広	東京大学大学院新領域創成科学研究科先端生命科学人類進化システム分野		○
	半澤 直人	山形大学理学部生物学科	P-34, P-35	
ば	馬場 知哉	情報・システム研究機構、新領域融合研究センター	W18-4	○
ひ	東山 大毅	東京大学 農学生命科学研究科 獣医解剖学教室	P-54	○

	久冨 泰資	福山大学・生命工学部・生物工学科	P-45	
	等 百合佳	東京大学大学院 農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻		
	平沢 達矢	理化学研究所　倉谷形態進化研究室		○
	廣田 忠雄	山形大学理学部	P-69, P-63, P-68, P-70	
	広津 崇亮	九州大学大学院理学研究院生物科学部門	W4-5	
ふ	深津 武馬	産業技術総合研究所　生物プロセス研究部門	S6-4, P-31	○
	深野 祐也	東京農工大学	S7-3, P-76	○
	福田 知子	国立科学博物館植物研究部		
	福田 洋之	北海道大学大学院理学院自然史科学専攻多様性生物学講座Ⅰ	P-41, 1B-3	
	福世 真樹	千葉大学大学院　医学研究院	S8-1	
	藤岡 春菜	東京大学	P-62	
	藤田 浩徳	基礎生物学研究所 共生システム研究部門	S6-5	
	藤田 祥彦	京都大学 iPS 細胞研究所未来生命科学開拓部門齊藤博英研究室	W5-3	
	藤戸 尚子	総合研究大学院大学	2B-6	
	藤原 亜希子	理化学研究所　環境資源科学研究センター　ケミカルゲノミクス研究グループ	2A-8, P-10	○
	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	S6-8	
	古川 龍太郎	東京薬科大学生命科学研究科		○
べ	別所 学	名古屋大・生命農学研究科	1E-6	○
ほ	細川 貴弘	九大・理・生物	P-31	
	細谷 将	東京大学大学院農学生命科学研究科附属水産実験所	P-21	
	堀越 日向	東京農業大学農学研究科		○
ま	前川 優	東京大学総合研究博物館	HandsOn6	○
	牧野 能士	東北大学大学院生命科学研究科	S3-2, P-26, P-17, P-65, 1F-4	○
	松井 求	東京大学大学院理学系研究科	1F-1	○
	松浦 優	北大・地環研	W16-1	○
	松尾 隆嗣	東京大学大学院　農学生命科学研究科		
	松波 雅俊	北海道大学大学院地球環境科学院 生態発生研究室	2A-6	○
	松原 和純	水産総合研究センター 中央水産研究所 水産遺伝子解析センター		
	松原 由幸	名古屋大学大学院 理学研究科 生命理学専攻	P-51	○
	松本 知高	国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門	P-22	○
	松本 直子	岡山大学大学院社会文化科学研究科	W3-4	
	真鍋 真	国立科学博物館　地学研究部	W11-1, OL-1	
	丸山 茂徳	東京工業大学　地球生命研究所	1D-2, 1D-1	
み	三浦 郁夫	広島大学　大学院理学研究科　両生類研究施設	1F-6	
	三上 智之	東京大学理学部生物情報科学科		○
	三谷 啓志	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	S8-4, 1A-4	○
	三井 英也	山梨県立中央高等学校		
	三ッ橋 圭	北海道大学大学院理学院自然史科学専攻多様性生物講座Ⅰ	1B-3	
	三中 信宏	（国研）農業環境技術研究所		○
	南 紘彰	大阪大学大学院理学研究科生物学専攻	P-36	
	南島 誠	長野県		
	宮城 竜太郎	首都大学東京大学院理工学研究科生命科学専攻	P-24, P-58, 1E-3	○
	宮崎 健太郎	産業技術総合研究所	W5-4, W17-3	○
	宮澤 裕太郎	東京農業大学農学部バイオセラピー学科野生動物学研究室		○
	宮下 梨菜	東京大学農学生命科学研究科		
	宮本 教生	海洋研究開発機構	W15-2	
む	六車 義方	NPO 法人お子様飛行隊発進プロジェクト	1D-5	○

	武藤 れおな	首都大学東京		○
	村上 勝彦	東京工科大学	P-5	○
	村上 由衣	大阪大学情報科学研究科バイオ情報工学専攻	P-88	
	村田 知慧	徳島大学大学院医歯薬学研究部　人類遺伝学分野	P-20	
も	森田 理仁	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	1C-3	
	森脇 昭	医療法人森脇内科		
	諸橋 拓海	立正大学 地球環境科学部 環境システム学科		
や	矢後 勝也	東京大学総合研究博物館	OL-2, HandsOn6	○
	矢崎 裕規	筑波大学大学院生命環境科学研究科生物科学専攻	1A-3	○
	安岡 有理	沖縄科学技術大学院大学	2A-4	○
	安河内 彦輝	東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻	2B-8	○
	谷野 宏樹	信州大学理学部生物科学科		
	矢野 大和	東京大学 新領域創成科学研究科	P-12	○
	矢原 耕史	久留米大学バイオ統計センター	1E-1	
	山岸 明彦	東京薬科大学　生命科学部	W14-3	○
	山口 幸	神奈川大学工学部	P-71	
	山口 雅也	大阪大学 大学院歯学研究科 口腔細菌学教室	P-15	
	山口 諒	九州大学大学院システム生命科学府	1E-4	○
	山崎 彩	北海道大学大学院環境科学院	P-73	
	山崎 一憲	静岡県立榛原高等学校	OutReach	
	山路 拓也	千葉大学大学院園芸学研究科応用昆虫学研究グループ	P-43	
	山路 風太	千葉大学大学院理学研究科地球生命圏科学専攻	P-79	
	山道 真人	京大・白眉／生態研	W9-1	○
ゆ	湯浅 創	高知大・理・生化学	1F-2	
	祐村 実旺	大阪大学大学院情報科学研究科バイオ情報工学専攻	P-86	○
よ	横堀 伸一	東京薬科大学・生命科学部・応用生命科学科	W17-1	○
	横山 栄二	千葉県衛生研究所		
	横山 茂之	国立研究開発法人　理化学研究所　横山構造生物学研究室	W17-4	
	吉川 佐樺	明治大学院農学研究科農学専攻　動物遺伝資源学研究室	P-38	
	吉川 伸哉	福井県立大学　海洋生物資源学部	W8-3, W8-5, W8-6	
	吉川 禄助	京都大学ウイルス研究所ウイルス病態研究領域	W2-5	
	吉田 恒太	国立遺伝学研究所集団遺伝学研究系生態遺伝学部門	1F-4	
	吉野 花奈美	千葉大学大学院園芸学研究科		○
	吉野 広軌	千葉大学大学院理学研究科地球生命圏科学専攻朝川研究室	P-42	
	米澤 隆弘	復旦大学生命科学学院	W9-3, 1A-6	○
わ	若林 智美	京都大学大学院人間・環境学研究科	P-30	○
	和久 大介	東京農業大学大学院農学研究科バイオセラピー学専攻	1A-6	○
	渡辺 順也	京都大学大学院理学研究科地質学鉱物学教室	P-56	○
	渡邊 崇之	北海道大学電子科学研究所	P-18	
	和智 仲是	JT 生命誌研究館	P-61, P-36	○

高校生「第 10 回 みんなのジュニア進化学」参加者名簿

氏名	所属	発表番号
坂野 友祐	青森県立名久井農業高校	H-26
福田 将大	青森県立名久井農業高校	H-26
市沢 憲慎	青森県立名久井農業高校	H-35
久保沢 翔太	青森県立名久井農業高校	H-35
嶋守 雄大	青森県立名久井農業高校	H-35
井戸上 真衣	青森県立名久井農業高校	H-36
木村 亨	青森県立名久井農業高校 教諭	H-26, H-35, H-36
佐藤 杏香	宮城県立仙台第三高等学校	H-16
千葉 汀	宮城県立仙台第三高等学校	H-16
深堀 宗一郎	宮城県立仙台第三高等学校	H-16
青木 雄一	宮城県立仙台第三高等学校	H-29
安齋 音哉	宮城県立仙台第三高等学校	H-29
伊藤 青空	宮城県立仙台第三高等学校	H-29
佐々木 隼	宮城県立仙台第三高等学校	H-29
中野 龍太	宮城県立仙台第三高等学校	H-29
田中 恵太	宮城県立仙台第三高等学校 教諭	H-29
千葉 美智雄	宮城県立仙台第三高等学校 教諭	H-16
長谷川 水輝	秋田県立秋田南高等学校	H-33
土佐 龍馬	秋田県立秋田南高等学校	H-34
遠藤 金吾	秋田県立秋田南高等学校 教諭	H-33, H-34
岡部 真琴	山形県立山形西高等学校	H-9
志濟 真優	山形県立山形西高等学校	H-9
小林 雛子	山形県立山形西高等学校	H-24
佐藤 涼乃	山形県立山形西高等学校	H-24
佐々木 隆行	山形県立山形西高等学校	H-9, H-24
板谷 優花	茨城県立竹園高等学校	H-14
市川 和人	茨城県立竹園高等学校	H-14
稲葉 直登	茨城県立竹園高等学校	H-14
上野 まりな	茨城県立竹園高等学校	H-14
宇田 駿介	茨城県立竹園高等学校	H-14
海原 百合子	茨城県立竹園高等学校	H-14
園家 結	茨城県立竹園高等学校	H-14
大里 優介	茨城県立竹園高等学校	H-14
海東 武	茨城県立竹園高等学校	H-14
木村 裕花	茨城県立竹園高等学校	H-14
木村 遼	茨城県立竹園高等学校	H-14
栗山 智光	茨城県立竹園高等学校	H-14
中島 瑠南	茨城県立竹園高等学校	H-14
羽生 もも	茨城県立竹園高等学校	H-14
牧野 夏椰	茨城県立竹園高等学校	H-14

宮田 穂月	茨城県立竹園高等学校	H-14
山本 雅之	茨城県立竹園高等学校	H-14
飯田 仁	茨城県立竹園高等学校 教諭	H-14
藤ヶ﨑 敬大	茨城県立土浦第三高等学校	H-17
仲川 翼	茨城県立土浦第三高等学校	H-17
橋口 真侑	茨城県立土浦第三高等学校	H-17
岡村 典夫	茨城県立土浦第三高等学校 教諭	H-17
北村 旭	清真学園高等学校・中学校	H-8
関口 東亜	清真学園高等学校・中学校	H-8
林 美羽	清真学園高等学校・中学校	H-8
岩瀬 萌子	清真学園高等学校・中学校	H-27
岩田 瑛美子	清真学園高等学校・中学校	H-27
小野 将輝	清真学園高等学校・中学校	H-27
小日向 潤紀	清真学園高等学校・中学校	H-27
角田 時生	清真学園高等学校・中学校	H-27
遠峰 伽織	清真学園高等学校・中学校	H-27
十文字 秀行	清真学園高等学校・中学校 教諭	H-8, H-27
大録 貴代美	清真学園高等学校・中学校 教諭	H-8, H-27
石﨑 雅絵	埼玉県立川口北高等学校	H-11
斎藤 会飛	埼玉県立川口北高等学校	H-11
須田 雄大	埼玉県立川口北高等学校	H-11
向井 千晴	埼玉県立川口北高等学校	H-11
飯田 創太	埼玉県立川口北高等学校	H-12
宮澤 奏太	埼玉県立川口北高等学校	H-12
アゲセ 祥広	埼玉県立川口北高等学校	H-13
上田 克弥	埼玉県立川口北高等学校	H-13
大川 真輝	埼玉県立川口北高等学校	H-30
鯨井 陽平	埼玉県立川口北高等学校	H-30
眞田 駿	埼玉県立川口北高等学校	H-30
井口 藍	埼玉県立川口北高等学校 教諭	H-11, H-12, H-13, H-30
斎藤 菊枝	埼玉県立川口北高等学校 教諭	H-11, H-12, H-13, H-30
池田 亘	埼玉県立松山高等学校	H-4
岸 優佑	埼玉県立松山高等学校	H-4
藤澤 孝仁	埼玉県立松山高等学校	H-4
本間 優志	埼玉県立松山高等学校	H-4
南沢 誠	埼玉県立松山高等学校	H-4
村田 英和	埼玉県立松山高等学校	H-4
柳 凌太郎	埼玉県立松山高等学校	H-4
澄川 智紀	埼玉県立松山高等学校	H-5
伝田 直晃	埼玉県立松山高等学校	H-5
田中 暁子	埼玉県立松山高等学校 教諭	H-4, H-5
市原八幡高等学校理科部	千葉県立市原八幡高等学校	H-1

笠原 孝夫	千葉県立市原八幡高等学校 教諭	H-1
青山学院高等部ライフ・サイエンス部	青山学院高等部	H-10
米田 真由美	青山学院高等部 教諭	H-10
田中 祐大	青山学院高等部 教諭	H-10
池谷 友佑	中央大学附属高等学校	H-21
田邉 萌	中央大学附属高等学校	H-21
山崎 慎之助	中央大学附属高等学校	H-21
岡崎 弘幸	中央大学附属高等学校 教諭	H-21
岡村 太路	東京学芸大学附属高等学校	H-6
吉野 雄一郎	東京大学附属中等教育学校	H-18
玉木 仁	東京大学附属中等教育学校	H-23
大友 さら	東京大学附属中等教育学校	H-25
加賀 三鈴	東京大学附属中等教育学校	H-25
西林 伶華	東京大学附属中等教育学校	H-25
富樫 朋美	東京大学附属中等教育学校	H-25
前田 香織	東京大学附属中等教育学校 教諭	H-18, H-23, H-25
西川 翼	東京大学附属中等教育学校 教諭	H-18, H-23, H-25
新井 麻由子	白百合学園中学校	H-15
居駒 すみれ	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
海野 菜々香	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
奥山 いろは	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
黒沢 美里	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
齋藤 史季	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
長島 彩夏	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
星野 凪沙	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
山本 美裕	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
若林 英璃奈	文化学園大学杉並中学・高等学校	H-22
奥津 憲人	文化学園大学杉並中学・高等学校 教諭	H-22
澤田 恭佑	安田学園中学校高等学校	H-19
古田 行雄	安田学園中学校高等学校	H-20
小島 直樹	安田学園中学校高等学校 教諭	H-19, H-20
元川 知歩	横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校	H-31
小島 理明	横浜市立横浜サイエンスフロンティア高等学校 教諭	H-31
石原 朋弥	岐阜県立賀茂高等学校	H-3
大竹 優也	岐阜県立賀茂高等学校	H-3
木澤 慶和	岐阜県立賀茂高等学校 教諭	H-3
河田 雅幸	岐阜県立賀茂高等学校 教諭	H-3
三嶋 彩夏	岐阜県立岐阜農林高等学校	H-32
吉田 伊織	岐阜県立岐阜農林高等学校	H-32
亀山 貴弘	岐阜県立岐阜農林高等学校 教諭	H-32
北澤 美天	京都府立木津高等学校	H-7
那波 和志	京都府立木津高等学校 教諭	H-7

伊勢 昌宏	京都府立木津高等学校 教諭	H-7
阿部 正浩	大阪府立住吉高等学校	H-28
伊藤 悠揮	大阪府立住吉高等学校	H-28
鈴木 悠太	大阪府立住吉高等学校	H-28
小畑 洋一	大阪府立住吉高等学校 教諭	H-28
桐谷 茉那	兵庫県立神戸高等学校	H-2
桐谷 有香	兵庫県立神戸高等学校	H-2
土田 仁美	兵庫県立神戸高等学校	H-2
飛鳥 未歩	兵庫県立神戸高等学校	H-2
前田 聖和	兵庫県立神戸高等学校	H-2
繁戸 克彦	兵庫県立神戸高等学校 教諭	H-2

日本進化学会第17回大会委員会

大会会長：　　西田 治文（中央大学）
大会準備委員長：　遠藤 一佳（東京大学）
大会準備委員：
入江 直樹（東京大学）
遠藤 秀紀（東京大学）
加藤 俊英（東京大学）
河村 正二（東京大学）
小林 一三（東京大学）
斎藤 成也（国立遺伝学研究所）
佐々木 猛智（東京大学）
田村 浩一郎（首都大学東京）
塚谷 裕一（東京大学）
土松 隆志（東京大学）
矢後 勝也（東京大学）
ルグラン ジュリアン（中央大学）
朝川 毅守（千葉大学）

日本進化学会第 17 回大会　プログラム・要旨集

2015 年 8 月 20 日（木）～8 月 23 日（日）

東京都文京区春日 1-13-27　中央大学　後楽園キャンパス

The Society of Evolutionary Studies, Japan

The 17th Annual Meeting in Tokyo

Programs and Abstracts

20 – 23 August, 2015

Copy right© 2015 The Society of Evolutionary Studies, Japan

All rights reserved （無断転載不可）

出　版：2015 年 8 月 20 日

発　行：　日本進化学会第 17 回大会委員会

〒112-8551　東京都文京区春日 1-13-27

中央大学 理工学部 生命科学科

表　紙：　株式会社トライス　〒650-0016 兵庫県神戸市中央区橘通 1-1-9

日本進化学会第 17 回大会委員会

印刷所：　株式会社　杏林舎　〒114-0024 東京都北区西ヶ原 3-46-10

MEMO

日本進化学会第17回大会　プログラム・講演要旨集
日本進化学会 第17回大会委員会
〒112-8551　東京都文京区春日1-13-27
e-mail : sesj2015@biol.se.tmu.ac.jp
HP : http://evolgen.biol.se.tmu.ac.jp/sesj2015/

後援　中央大学