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

水研七•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-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-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-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。

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.

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。

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²、小川博¹、佐々木浩³、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-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、Fst 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-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-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-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²³

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し 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。

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。

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? -

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-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-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-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-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

^OKoji 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 which is implementation, downloadable 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-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-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-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 Gavrilets²、巖佐庸¹

¹九大·院理、²Univ. 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。

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.

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、大場裕一¹¹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 エ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-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-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 nodlJ 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 nodl, 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 nodI/ 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-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-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。

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-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、³Centre 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-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、lñaki Ruiz-Trillo²

¹県立広島大・生命環境、²Institute 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-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 ¹OIST

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。

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 - 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

〇武智正樹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-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-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

^OSatoshi Oota¹, Ryutaro Fukumura², and Yoichi Gondo²

¹Bioresource Information Division, RIKEN BioResource Center; ²Mutagenesis 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-3

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

^OMorteza 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-2

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

^OBabarinde Isaac Adeyemi^{1,2} and Saitou Naruya^{1,2,3}

¹National Institute of Genetics, Mishima; ²The Graduate University for Advanced Studies, Mishima; ³University 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-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、³GIRI

制限酵素 R.Pabl 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 Pabl 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。

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-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³¹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 - 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-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 Hananantachai²、 Jintana Patarapotikul²、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。