

## P-1

### Heterogeneous characteristics of Conserved noncoding sequences in Eukaryotes

○Nilmini Hettiarachchi<sup>1,3</sup> and Naruya Saitou<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>School of Life Science, Graduate University for Advance Studies,<sup>2</sup> University of Tokyo,<sup>3</sup> 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 intention 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-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的解析

○西原秀典<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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-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<sup>1</sup>、星野幹雄<sup>1</sup>、林 崇<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>国立精神セ・神経研、<sup>2</sup>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-4

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

○中川草<sup>1,2</sup>、上田真保子<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東海大・医、<sup>2</sup>東海大・マイクロナソセンター

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 $\alpha 1$ 鎖 (COL1A1) の情報学的解析

村上勝彦<sup>1</sup>、<sup>○</sup>大波純一<sup>2</sup>、高木利久<sup>2</sup>

<sup>1</sup>工科大・応用生物、<sup>2</sup>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  $\alpha 1$  及び  $\alpha 2$  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、本研究ではノゾジカ(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  $\alpha 1$  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、ノゾ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-7

### ヒト ABO 式血液型ハプロタイプの進化

伊藤 正哉<sup>1</sup>、齋藤 成也<sup>2</sup>、<sup>○</sup>北野 誉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>茨大院・理工、<sup>2</sup>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-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~

<sup>○</sup>岸田拓士<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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、二つの亜目一ハクジラ亜目・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-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

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

<sup>1</sup>国際医療研究センター、<sup>2</sup>阪大・院医、<sup>3</sup>琉球大・院医、<sup>4</sup>島根大・医、<sup>5</sup>帝京大・医、<sup>6</sup>京大・院医、<sup>7</sup>久留米大・医、<sup>8</sup>愛知学院大・歯、<sup>9</sup>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—to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<sup>1,2</sup>、辰本将司<sup>1</sup>、Qian Li<sup>3</sup>、Liu He<sup>3</sup>、大石高生<sup>4</sup>、鶴殿俊史<sup>5</sup>、重信秀治<sup>6</sup>、柿田明美<sup>7</sup>、那波宏之<sup>7</sup>、Philipp Khaitovich<sup>3</sup>

<sup>1</sup>自然科学研究機構・新分野創成センター、<sup>2</sup>生理学研究所、<sup>3</sup>The Chinese Academy of Sciences and German Max Planck Society Partner Institute for Computational Biology、<sup>4</sup>京大・霊長研、<sup>5</sup>京大・野生動物研究センター、<sup>6</sup>基礎生物学研究所、<sup>7</sup>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であり、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-11

### 原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-10

### タバ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<sup>1</sup>、若林もなみ<sup>1</sup>、吉武和敏<sup>2</sup>、重信秀治<sup>3</sup>、前川清人<sup>1</sup>、藤原亜希子<sup>1,4</sup>、土田努<sup>1</sup>

<sup>1</sup>富山大・院・理工、<sup>2</sup>JSM、<sup>3</sup>基生研・生物機能、<sup>4</sup>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エーションが得られており、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-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<sup>1,2</sup>、Zobaidul M. Alam<sup>1</sup>、林原絵美子<sup>3</sup>、古田芳一<sup>1,2</sup>、鈴木穰<sup>1</sup>、菅野純夫<sup>1,2</sup>、柴山恵吾<sup>3</sup>、小林一三<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> 東大・新領域、<sup>2</sup>東大・医科研、<sup>3</sup> 国立感染症研

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<sup>1</sup>、吉川博文<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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、検索配列と同一性の高い*dinG*、*kapD*が見出された。本研究では、リファンピシ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/校正活性失活株を孢子形成させ、孢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-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<sup>1</sup>、中田 匡宣<sup>1</sup>、広瀬 雄二郎<sup>1, 2</sup>、後藤 花奈<sup>1</sup>、住友倫子<sup>1</sup>、川端 重忠<sup>1</sup>

<sup>1</sup>阪大院・歯・口腔細菌、<sup>2</sup>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-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<sup>1</sup>、野澤昌文<sup>1,2</sup>、池尾一穂<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>総研大・遺伝学、<sup>2</sup>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*spe33*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-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<sup>1</sup>、牧野能士<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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-19

### 性決定遺伝子 Dmy、Dm-W の平行進化

○中迫啓<sup>1</sup>、回瀨修治<sup>1</sup>、高松信彦<sup>1</sup>、伊藤道彦<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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-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な遺伝子産物が存在する。ハチなどの原始的な不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な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* に性特異的な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なっていない。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に性特異的な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な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-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<sup>1</sup>、黒木陽子<sup>2</sup>、井本逸勢<sup>1</sup>、黒岩麻里<sup>3</sup>

<sup>1</sup>徳島大・院医歯薬、<sup>2</sup>成育医療セ・ゲノム医療、<sup>3</sup>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<sup>1</sup>、吉田一範<sup>2</sup>、尾崎照遵<sup>3</sup>、青木純哉<sup>3</sup>、荒木和男<sup>3</sup>、細谷将<sup>1</sup>、菊池潔<sup>1</sup>、坂本崇<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・水実、<sup>2</sup>水研セ・西海水研、<sup>3</sup>水研セ・増養殖研、<sup>4</sup>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。現在受け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-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<sup>1</sup>、田村浩一郎<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>首都大・院理工、<sup>2</sup>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 は次世代シーケンサーを用いた RNA-seq を複数の系統を区別せずにまとめる方法であり、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 ( $\theta$ ) と集団間の分化 ( $F_{st}$ ) 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ため、その結果を発表する。

## 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<sup>1</sup>、北野潤<sup>2</sup>

<sup>1</sup>国立遺伝学研究所・進化遺伝研究部門、<sup>2</sup>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と考えられている。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-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<sup>1</sup>、秋山礼良<sup>1</sup>、長田直樹<sup>2</sup>、高橋文<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>首都大・院理工、<sup>2</sup>北大・院情報科学、<sup>3</sup>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 領域が関与す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。

## 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<sup>1</sup>、瀬戸陽介<sup>1</sup>、田村浩一郎<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>首都大・院理工、<sup>2</sup>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-1 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-27

### カブトムシレクチン遺伝子の進化

○田畑 光敏<sup>1</sup>、梅津 和夫<sup>2</sup>、北野 誉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>茨大・院理工、<sup>2</sup>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-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<sup>1</sup>、尾崎克久<sup>2</sup>、牧野能士<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・生命、<sup>2</sup>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 (産卵嗜好性) 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-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<sup>1,3</sup>、大北真嗣<sup>2</sup>、齋藤くれあ<sup>1</sup>、太田利男<sup>2</sup>、富永真琴<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>岡崎統合バイオ (生理研)・細胞生理、<sup>2</sup>鳥取大・農・獣医薬理、<sup>3</sup>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<sup>1</sup>、Tatsuki Nagasawa<sup>2</sup>、Mari Kawaguchi<sup>2</sup>、Shigeki Yasumasu<sup>2</sup>

<sup>1</sup>National University of Sao Carlos, Brazil、<sup>2</sup>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-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<sup>1</sup>、石井佳子<sup>2</sup>、深津武馬<sup>2</sup>

<sup>1</sup>九大・理、<sup>2</sup>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事が実証された。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たことから、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-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<sup>1</sup>、Stig Andersen<sup>2</sup>、佐藤修正<sup>3</sup>、川口正代司<sup>4</sup>、半田佳宏<sup>4</sup>、瀬戸口浩彰<sup>1</sup>

<sup>1</sup>京大・院・人環、<sup>2</sup>Aarhus 大学、<sup>3</sup>東北大・院・生命、<sup>4</sup>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 検索やたんば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-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仕組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<sup>1</sup>、Sutada Mungpakdee<sup>1</sup>、新垣奈々、佐藤矩行<sup>1</sup><sup>1</sup>OIST・マリンゲノミクスユニット、<sup>2</sup>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シサンゴは大打撃を受けたが、最近では回復しつつある。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)を用いたユビミドリシ(*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-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<sup>1</sup>、後藤亮<sup>2</sup>、望月翔太<sup>1</sup>、奥泉和也<sup>3</sup>、半澤直人<sup>4</sup><sup>1</sup>山形大・院理工、<sup>2</sup>千葉中央博、<sup>3</sup>加茂水族館、<sup>4</sup>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-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<sup>1</sup>、後等亮<sup>2</sup>、半澤直人<sup>3</sup><sup>1</sup>山形大・院理工、<sup>2</sup>千葉県立中央博物館、<sup>3</sup>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-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<sup>1</sup>、和智仲是<sup>2</sup>、蘇 智慧<sup>1,2</sup><sup>1</sup> 阪大・院理、<sup>2</sup> JT 生命誌研究館

多足亜門に含まれる動物群(多足類)は鉗角亜門・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・ヤスデ綱・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・ヤスデ綱10種・コムカデ綱3種・エダヒゲムシ綱1種・鉗角亜門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相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<sup>1,2</sup>; Saitou Naruya<sup>1,2,3</sup><sup>1</sup>.National Institute of Genetics; <sup>2</sup>.SOKENDAI; <sup>3</sup>.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 bactrianus*) 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 do not form a single cluster, which probably suggests that Kazakhstan one-hump camel populations are not homogenous. In addition, we confirmed that wild camel (*Camelus bactrianus ferus*) and domestic two-hump camel (*bactrianus*) 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-39****クロスタウナギ2集団の遺伝的分化**○加瀬 幹大<sup>1</sup>、神野 圭太<sup>2</sup>、小又 秀朗<sup>2</sup>、杉山 秀樹<sup>3</sup>、梅津 和夫<sup>4</sup>、北野 誉<sup>1,2</sup><sup>1</sup>茨大院・理工、<sup>2</sup>茨大・工、<sup>3</sup>秋田県立大・生物資源、<sup>4</sup>山大・医

スタウナギ属 (*Eptatretus*) には20種程度が分類されており、日本近海には、スタウナギ (*E. burgeri*)、ムラサキスタウナギ (*E. okinoseanus*)、クロスタウナギ (*E. atami*) の3種が生息している。このうち、クロス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スタウナギ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-38****リュウキュウイノシシおよび台湾イノシシ亜種間の分岐年代推定**○吉川佐樺<sup>1</sup>、三村真紀子<sup>2</sup>、溝口康<sup>3</sup><sup>1</sup>明大・院農、<sup>2</sup>玉大・准教、<sup>3</sup>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)、台湾に分布する台湾イノシシ (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-40****Unveiling the relationships and traits evolution within the species of the fern genus *Pyrrosia* Mirbel (Polypodiaceae)**○VASQUES·D.T. <sup>1</sup>、海老原淳<sup>2</sup>、伊藤元己<sup>3</sup><sup>1</sup>東京大学大学院・博士課程<sup>2</sup>年生、<sup>2</sup>国立科学博物館・植物研究部 陸上植物研究グループ、<sup>3</sup>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<sup>1</sup>、戸田正憲<sup>2</sup>、加藤 徹<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北大・院理、<sup>2</sup>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 supermatrix 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-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<sup>1</sup>、山下結子<sup>2</sup>、石川 忠<sup>2</sup>、野村昌史<sup>1</sup>

<sup>1</sup>千葉大・院園芸、<sup>2</sup>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 COI 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-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<sup>1</sup>、朝川毅守<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東大・院農、<sup>2</sup>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-44

### 関東地方で採集されたマダラノミバツタの近縁種について

○佐藤理絵、野村昌史

千葉大・院・園芸

日本産のノミバツタ属は、これまでノミバツタ *Xya japonica*、マダラノミバツタ *X. riparia* (以下マダラ)、ツノジロノミバツタ *X. apicicornis* (ツノジロ)、ニトベノミバツタ *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ツタおよびマダラの2種であるが、関東地方で確認されているのはノミバツタ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ツ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. とノミバツタおよび南西諸島のマダラでミトコンドリア DNA の COI 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ツ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、久富泰資

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、*Torulaspora* 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-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-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<sup>1</sup>、前藤 薫<sup>1</sup>、金尾太輔<sup>2</sup>

<sup>1</sup>神戸大院・農、<sup>2</sup>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・子囊菌類)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から知られている。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-48

### 源氏物語「帯木」写本群の系統解析

○菅野諒<sup>1</sup>、矢野 環<sup>2</sup>、遠藤一佳<sup>3</sup>

<sup>1</sup>東大・地球惑星科学専攻、<sup>2</sup>同志社大・文化情報学部文化情報学科、<sup>3</sup>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える点が大きく異なる。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「帯木」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)に基づいた本文の解析を行った。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。

## 恐竜の股関節形態形成機構の推論

○江川史朗<sup>1</sup>、阿部玄武<sup>1</sup>、田村宏治<sup>1</sup><sup>1</sup>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。

*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<sup>1</sup>、黒岩厚<sup>1</sup>、鈴木孝幸<sup>1</sup><sup>1</sup>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。

## 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。

## 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<sup>1</sup><sup>1</sup>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<sup>1,2</sup> 遠藤秀紀<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>東大・院農、<sup>2</sup>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 値が大きいたことが示された。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-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であることを示した。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-54

### 脊椎動物における胆嚢の進化傾向

○東山大毅<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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-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。

## Cranial shape evolution in adaptive radiation of birds

Masayoshi Tokita<sup>1</sup>, Wataru Yano<sup>2</sup>, Helen James<sup>3</sup>, Arhat Abzhanov<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Department of Organismic and Evolutionary Biology, Harvard University, <sup>2</sup> Department of Oral Anatomy, Asahi University School of Dentistry, <sup>3</sup> 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.

## 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<sup>1</sup>、佐久間知佐子<sup>2</sup>、嘉糠洋陸<sup>2</sup>、松野健治<sup>1</sup>

<sup>1</sup>阪大・院理、<sup>2</sup>慈恵医大・熱医

動物の本能行動の進化は、そ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的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、生殖器の向きが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ることがわかった。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。

## 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<sup>1</sup>、宮城竜太郎<sup>1</sup>、高橋文<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>首都大・院理工、<sup>2</sup>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。

## 発生で遅く変化する変数と進化可能性

○香曾我部隆裕、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て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<sup>1</sup>、橋口康之<sup>2</sup>、蘇 智慧<sup>1</sup>

<sup>1</sup>JT 生命誌研究館、<sup>2</sup> 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-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<sup>1</sup>、廣田忠雄<sup>2</sup>

<sup>1</sup>山形大・院理工、<sup>2</sup>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-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<sup>1</sup>、阿部真人<sup>2,3</sup>、嶋田正和<sup>1</sup>、岡田泰和<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院総合文化、<sup>2</sup>国立情報学研究所、<sup>3</sup>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-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<sup>1</sup>、金井實<sup>2</sup>、嶋田正和<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院総合文化、<sup>2</sup>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。両種は社会寄生の様式は、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な社会寄生である。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な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、両種は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<sup>1</sup>、森 英章<sup>2</sup>、Kenneth L. Krysko<sup>3</sup>、牧野能士<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・院・生命、<sup>2</sup>自然環境研究センター、<sup>3</sup>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-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<sup>1</sup>、中島祐一<sup>2</sup>、西辻淑恵<sup>1</sup>、安岡由貴<sup>1</sup>、酒井一彦<sup>3</sup>、鈴木豪<sup>4</sup>、佐藤矩行<sup>1</sup>、新里宙也<sup>1</sup>

<sup>1</sup>OIST マリングノミクス、<sup>2</sup>OIST 海洋物理生態、<sup>3</sup>琉大熱生研、<sup>4</sup>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攪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。我々は次世代シーケ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-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-68****オオモモトシデムシ (*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、配偶競争はオス間競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あ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かった。

## 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<sup>1</sup>、巖佐庸<sup>2</sup>

<sup>1</sup>神奈川大・工、<sup>2</sup>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がそれを見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がそれを見て適応度最大の挙動をとり、Player 1はそれを見て取り替える。

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-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<sup>1</sup>、廣田忠雄<sup>2</sup>

<sup>1</sup>山大・院理、<sup>2</sup>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-72

### 利他行動の進化のメカニズム

○黒川瞬<sup>1</sup>、井原泰雄<sup>2</sup>

<sup>1</sup>無所属、<sup>2</sup>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、互惠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<sup>1</sup>、津田榮<sup>2</sup>、西宮佳志<sup>2</sup>、宗原弘幸<sup>3</sup>

<sup>1</sup>北大・院環、<sup>2</sup>産総研、<sup>3</sup>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、活性の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-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射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-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<sup>1</sup>、山下佳那<sup>2</sup>、覚張隆史<sup>1</sup>、尾田正二<sup>3</sup>、今井正<sup>4</sup>、吉浦康寿<sup>4</sup>、太田博樹<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北里大・医、<sup>2</sup>北里大・理、<sup>3</sup>東大・院新領域、<sup>4</sup>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-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<sup>1</sup>、深野祐也<sup>2</sup>、廣田峻<sup>1</sup>、矢原徹一<sup>1</sup>

<sup>1</sup>九大・生態、<sup>2</sup>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<sup>1</sup>、荒木希和子<sup>2</sup>、工藤洋<sup>1</sup><sup>1</sup>京大・生態研、<sup>2</sup>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分配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-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<sup>1</sup>、朝川毅守<sup>1</sup><sup>1</sup>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-78****オオバタネツケバナ溪畔/潮汐集団の冠水および非冠水下における遺伝的差異**

○曾我江里、才木真太郎、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曾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溪畔とは大きく異なる。そして溪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、木曾川河口域の2つの潮汐集団と付近の2つの溪畔集団について、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-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<sup>1</sup>、松浦梨恵<sup>1</sup>、成澤大<sup>1</sup>、宇都真菜<sup>1</sup>、大村真優子<sup>1</sup>、四方哲也<sup>2</sup><sup>1</sup>東邦大・理、<sup>2</sup>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°C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°C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°C236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。

## 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<sup>1</sup>、岸本利彦<sup>1</sup>、四方哲也<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東邦大・理、<sup>2</sup>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°C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ン遺伝子 groL 変異に注目し、各変異の特異的組み換え株を複製し、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°C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°C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°C培養可能であったが、mutH 変異型株は45°C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-83

### Q $\beta$ 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<sup>1</sup>、塚田 幸治<sup>2</sup>、四方 哲也<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>弘前大・農学生命科学、<sup>2</sup>阪大・院工、<sup>3</sup>阪大・院情報科学、<sup>4</sup>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 Q $\beta$  (Q $\beta$ ) の遺伝子産物が宿主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 Q $\beta$  RNA 複製酵素の1つのサブユニット( $\beta$  サブユニット)を大腸菌に導入し、 $\beta$  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 Q $\beta$  の RNA ゲノム全長に対する cDNA を  $\beta$  サブユニットの供給源として F<sup>-</sup>の大腸菌に導入した。これにより、全長 cDNA からは溶菌性 Q $\beta$  が放出されるが、全長 cDNA にコードされる  $\beta$  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 Q $\beta$  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-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<sup>1</sup>、津留三良<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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-84

### 安定な L-form 大腸菌の構築

○齊藤結美<sup>1</sup>、津留三良<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1</sup>

<sup>1</sup>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<sup>1</sup>、市橋伯一<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>阪大・情報、<sup>2</sup>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-87

### tRNA の抗レトロウイルス作用の可能性について

荻村英雄<sup>1</sup>

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 フェ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ェ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 などのレトロウイ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-86

### 実験進化による複製可能な人工 RNA の開発

○祐村実旺<sup>1</sup>、市橋伯一<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>阪大・情報 <sup>2</sup>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-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<sup>1</sup>、津留三良<sup>1</sup>、四方哲也<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>阪大・院情報、<sup>2</sup>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。

**二枚貝原鰓亜綱における貝殻微細構造の進化**○佐藤圭<sup>1</sup>、佐々木猛智<sup>2</sup><sup>1</sup>東大総合博・学振 PD、<sup>2</sup>東大総合博・准教授

---

軟体動物の貝殻は、CaCO<sub>3</sub>と微量な有機物を作るマイ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。

---