

W1-1

Evolution of modern humans after “Out of Africa” viewed from hard evidence

Osamu Kondo

Dept. Biological Sciences, Univ of Tokyo

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

W1-3

High precession whole genome sequences of 1,070 Japanese individuals

○ Yosuke Kawai¹, Naoki Nariai¹, Kaname Kojima¹, Yumi Yamaguchi-Kabata¹, Yukuto Sato¹, Takahiro Mimoro¹, Masao Nagasaki¹

¹Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University

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

W1-2

Genetic basis of human phenotypic diversity

Ryosuke Kimura

Univ. Ryukyus

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

W1-4

縄文人ゲノム分析から見た日本列島人の成立史

○神澤秀明¹, Kirill Kryukov², Timothy A. Jinam^{3,4}, 細道一善⁵, 佐宗亜衣子^{6,7}, 諏訪元⁷, 植田信太郎⁶, 米田穰⁷, 田嶋敦⁵, 井ノ上逸朗^{8,4}, 篠田謙一¹, 斎藤成也^{3,4}

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

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

W1-5

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

○Timothy Jinam¹ Naruya Saitou

Division of Population Genetics, National Institute of Genetics

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

W2-2

ネコの旅路を内在性レトロウイルスから探る

下出紗弓

京大・ウイルス研

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

W2-1

ワニゲノム解読から明らかになった内在性レトロウイルスの多様性

小島健司^{1,2,3}

¹東大・院新領域、²東大・医科研、³GIRI

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

W2-3

内在性ウイルス由来の配列のゲノム進化解析

○上田真保子¹、中川草^{1,2}

¹東海大学 マイクロ・ナノ研究開発センター、²東海大学 医学部 基礎医学系

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

W2-4

ボルナウイルス由来エレメントの機能獲得メカニズム

○小林由紀¹

¹日大・生物資源

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

W2-6

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

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

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

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

W2-5

動物レンチウイルスからみるウイルスと宿主の共進化

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

¹京大・ウイルス研、²東京医科歯科大

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

W3-1

日本先史時代の文化進化

○中尾央¹

¹山大・国総

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

W3-2

考古遺物への幾何学的形態測定学の応用

田村光平

University of Bristol

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

W3-4

農耕文化拡散過程における人口動態と文化伝播

松本直子

岡山大学大学院社会文化科学研究科

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

W3-3

形態測定学の進化生物学における活用:細胞から個体,人工物まで

○野下浩司

東大・農学生命科学

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

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

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

W4-1

遺伝子で読み解く嗅覚の進化

新村芳人

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

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

W4-2

ムスク(じゃ香)の香り~マウスから霊長類まで保存されたその認識メカニズム~

○白須未香¹、佐藤成見¹、東原和成¹

¹東大・院農、JST ERATO 東原化学感覚シグナルプロジェクト

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

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

W4-4

アゲハチョウの食草選択に関わる化学感覚受容体遺伝子

○尾崎克久¹、龍田勝輔²、武藤愛³、小寺正明⁴、吉川寛¹

¹JT 生命誌研究館、²佐賀大学、³奈良先端大、⁴東工大

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

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

本講演では、化学感覚と種分化の仕組みについて議論したい。

W4-3

シクリッドのフェロモン受容を介した種分化の可能性

二階堂雅人

東工大・院生命

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

W4-5

線虫の嗅覚とその利用

広津崇亮

九大・院理

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

W4-6

植物の嗅覚受容

○有村源一郎

東京理科大・基礎工

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

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

W5-2

遺伝子発現制御系とその集積回路の進化分子工学

梅野太輔

千葉大院・工

[1] 核酸制御系の進化工学法:

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

[2] 制御回路の集積化:

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

[3] 遺伝子制御回路部品の進化工学:

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

W5-1

合理的なゲノムデザインに向けて

板谷光泰

慶應大・先端生命研

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

(1) Itaya, et. al., PNAS 102, 15971-15976 (2005).

(2) Itaya, M. In Synthetic Biology tools and applications (ed. Zhao, H), Academic Press, Elsevier Inc. pp. 225-242 (2013).

W5-3

人工 RNA システムを利用した遺伝子操作と細胞運命制御

○藤田祥彦、齊藤博英

京大、iPS 細胞研究所

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

W5-4

リボソーム改変によるバクテリア細胞工学

○宮崎健太郎

産業技術総合研究所

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

W6-1

NGS メタバーコーディングからより多くの情報を得るために

○岩崎渉

東大・院理

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

W5-5

真核生物におけるVアーム含有型の変則的 tRNA の進化

○金井昭夫

慶應大・先端生命研

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

W6-2

北の海に未知なる生命と生物多様性を探る

○荒木仁志¹、宮正樹²、池田実³、矢部衛⁴、永野優季⁴、神戸崇¹、鎌田頌子¹、佐土哲也²、峰岸有紀³、佐藤行人⁵、佐藤俊平⁶、Katherine Maslenikov⁷

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

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

W6-3

環境 DNA メタバーコーディング解析のためのパイプライン開発

○佐藤行人¹、荒木仁志²、宮正樹³、佐土哲也³、峰岸有紀⁴、岩崎渉⁵

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

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

W6-5

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

○東樹宏和

京大・人環

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

W6-4

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

○土居秀幸¹、高原輝彦²、内井喜美子³、源利文⁴

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

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

W7-1

カースト特異的遺伝子の異時的発現が駆動する社会形態の進化

岡田泰和

東大・総合文化

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

W7-2

性を換える魚の生理学的研究

○小林靖尚

岡山大学 理学部附属臨海実験所/共同利用拠点(UMI)

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

W7-4

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

○小橋 常彦^{1,2}, Bruce A. Carlson²

¹名大・院理 ²ワシントン大・生物

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

W7-3

鳥類ウズラにおける社会的な刺激への行動と生殖内分泌応答のメカニズム

○戸張靖子¹、筒井和義²

¹東大・院総合文化、²早大・教育

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

W7-5

異性への「好み」の急速な進化をもたらす神経基盤

○石川由希¹、上川内あづさ¹、山元大輔²

¹名大・院理、²東北大・生命理学

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

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

W8-1

パルマ藻から珪藻の進化の秘密を探る

○桑田晃¹、佐藤晋也²

¹東北水研、²福井県立大

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

W8-3

パルマ藻と珪藻の細胞壁の進化

山田和正¹ ○吉川伸哉²

¹北大・北方セ ²福井県大・海洋

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

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

W8-2

親潮および親潮-黒潮混合域におけるパルマ藻の分布と季節変化

○一宮睦雄¹、桑田晃²

¹熊本県大、²水研セ・東北水研

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

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

W8-4

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

○Mary-Helene Noel Kawachi¹、Masanobu Kawachi¹

¹国立環境研

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

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

W8-5

パルマ藻の脂質バイオマーカーの探索

○沢田健¹、加納千紗都¹、阿部涼平¹、吉川伸哉²、桑田晃³

¹北大・院理、²福井県大・海洋生物資源、³東北水研

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

W8-7

パルマ藻 *Triparma laevis* のゲノム解析

○佐藤直樹¹、田島直幸^{1,2}

¹東京大・院総合文化、²日大・生物資源

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

W8-6

パルマ藻のドラフトゲノム

○中村洋路¹、斉藤憲治¹、吉川伸哉²、桑田 晃³

¹水研セ中央水研、²福井県大海洋、³水研セ東北水研

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

W9-1

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

○Masato Yamamichi^{1,2}

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

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

References

- 山道真人 (2013) サマースクールから海外ポスドクへ. 日本生態学会関東地区会報 61: 22-26
山道真人 (2013) イサカ滞在記. 日本数理生物学会ニューズレター 71: 8-11
山道真人 (2014) エボ・グループセミナー in コーネル大学. 日本進化学会ニュース 15(2): 8-9

W9-2

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

Kentaro Shimizu

University of Zurich

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

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

References

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

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

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

W9-4

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

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

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

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

W9-3

○Takahiro Yonezawa

School of Life Sciences, Fudan University

Looking for the Lost World in China

Takahiro Yonezawa School of Life Sciences, Fudan University

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

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

米澤隆弘 (2011) 海外研究室だより【第12回】復旦大学・生命科学学院

日本進化学会ニュース vol. 12. no. 2 pp. 24-26

W10-1

沖縄国立自然史博物館の設立に向けて

浅島 誠

(独)日本学術振興会 理事 / 東京大学 名誉教授

人類と 自然の持続を保証する「沖縄国立自然史博物館」の設立

-自然と 命の大切さの国民的理解に向けて-

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

W10-2

「国立自然史博物館」設立へ向けての日本学術会議の取り組み

○岸本健雄

お茶大・客員教授、東工大・名誉教授

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

W10-4

バイオミメティクスのメッカとしての「国立自然史博物館」

下村政嗣

千歳科学技術大学

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

W10-3

生物多様性のパターン形成を明らかにする:進化生態学的ビッグデータの可能性

○久保田康裕

琉大・理

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

W10-5

自然史博物館とゲノム研究

佐藤 矩行

OIST・マリングノミックユニット

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

W11-1

鳥類の起源を考察するための形態進化

真鍋真

国立科学博物館・地学研究部

三疊紀に出現した恐竜は、ヒザを胴体の横に突き出さずに二足歩行することによって、他の爬虫類よりも活発な生態をもつようになった。この姿勢は体重支持にもすぐれているため、恐竜の大型化を可能にした要因でもある。ジュラ紀にさまざまな系統で大型化が起こる中で、獣脚類コエルロサウリア類(コエルロサウルス類)の中では小さな体サイズを維持する傾向が見られる。現生種の鳥類に特徴的な形質である、羽毛、叉骨、3本指の手と水平方向に動く手首、中空度の高い骨などは、すでに非鳥類獣脚類の段階で出現していた。特に羽毛は、羽軸の前後が非対称な大羽で構成される翼が確認されており、四肢に翼もった小型のエウマニラプトラ類(エウマニラプトル類)が木の枝から滑空することで飛翔が始まったと考えられている。大胸筋を発達させられるような大きな胸骨が発達していないと考えられることから、当初は後肢の翼が必要だったが、やがて胸部の筋が発達し、後肢の翼が縮小し、現代の鳥類の形になっていったらしい。2015年4月、飛膜状の組織をもったエウマニラプトラ類の発見が報告され、飛翔の起源の段階には様々な実験があったことも垣間見られるようになってきた。

W11-3

獣脚類の足における形態と機能の進化

○服部創紀

東大・院理

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

W11-2

恐竜は小さくなれなかった？ 指行性による体サイズへの制約

○久保 泰¹

¹福井県立恐竜博物館

北米とアフリカの哺乳類について、しよ行性の種は小型で、踵をつけないで歩く指行性や蹄行性の種は中型から大型であり、およそ1kgを境に足の形態が異なるという研究があります(Lovegrove, and Haines, 2004)。中生代に指行性だった動物は恐竜形類だけで、他の動物はすべてしよ行性でしたが、足の形態が恐竜の小型化を制限していたという説は提唱されたことはありません。足の形態が陸生動物の体サイズの小型化を制約している可能性を検証するため、指行性と蹄行性の現生陸生哺乳類330種、北米の絶滅した指行性と蹄行性の陸生哺乳類326種、1000平方キロより大きな陸塊の飛べない現生鳥類17種、そして飛べない恐竜310種の(推定)体重を調べたところ、それぞれ最も小型の種は32.5g、827g、957g、123gでした。その中で500g以下のものは現生哺乳類ではアフリカにのみ生息するハネジネズミ科の種のみ、恐竜ではアルバレツサウルス上科に属する2種のみでした。体重の最頻値が陸生哺乳類では約180g、鳥類では約40gであることを考えると、指行性および蹄行性の歩き方は分類群や時代を問わず、小型化を制約する要因となっていた可能性があります。

W11-4

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

○對比地孝亘¹、Lawrence M. Witmer²、渡部真人³、Khishigjav Tsogtbaatar⁴

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

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

W12-1

植物種分化の鍵となる花の香りの進化遺伝学

○奥山雄大¹、岡本朋子²

¹科博・植物園、²岐阜大・応用生物

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

W12-3

様々なスケールでのゲノム比較からハクサンハタザオの適応遺伝子に迫る

○久保田涉誠

東大・総合文化／日大・生物資源

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

W12-2

キク科植物における土壌エコタイプの形成過程

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

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

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

W12-4

Vigna 属野生種の多様性と環境適応

○内藤健¹

¹生物研

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

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

W13-1

Transitions in rRNA-mRNA interaction during endosymbiosis

○Kyungtaek Lim¹

¹BRD, AIST

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

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

W13-3

シロアリ腸内の原生生物細胞内の細菌の共生と進化

大熊盛也

理研 BRC JCM

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

W13-2

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

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

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

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

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

W13-4

動物界のオルガネラ進化

中鉢淳

豊橋技術科学大学・EIIRIS

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

W14-1

人工 RNA 複製システムの構築と寄生体との共進化

○市橋伯一¹、番所洋介²、古林太郎²、四方哲也^{1,2}

¹阪大・情報、²阪大・生命

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

W14-3

40億年前の祖先タンパクの再生実験

○山岸明彦

東京薬大・生命

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

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

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

W14-2

大腸菌の実験進化による適応進化ダイナミクスの解析

○鈴木真吾、古澤力

理研・生命システム研究センター

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

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

W14-4

遺伝子組換えによる祖先化石種の復元と形態進化

○長谷部光泰¹

¹基礎生物学研究所

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

W14-5

昆虫一大腸菌人工共生系

○古賀隆一

産総研・生物プロセス

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

W15-2

『飼う！』深海生物学

○宮本教生

海洋研究開発機構

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

W15-1

飼えない虫を累代飼育する：リーフマイナーとアメンボを例に

大島一正

京都府大・院生命環境

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

W15-3

DHA が担う新規環境への適応放散

○石川麻乃¹、北野潤¹

¹遺伝研・生態遺伝

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

W15-4

水草の可塑的な葉の形態形成機構にせまる

○古賀皓之¹、塚谷裕一¹

¹東大・院理

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

W16-1

Hox 遺伝子が司る共生器官の発生 -ナガカメムシにおける菌細胞の進化-

○松浦優

北大・地環研

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

W15-5

極小細菌から探る微生物の進化

中井 亮佑

国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員

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

W16-2

微生物が引き起こす昆虫消化管のダイナミックな形態変化

菊池義智

産総研・北海道センター

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

W16-3

根粒形成に着目したマメ科植物-根粒菌の共生メカニズム

○寿崎拓哉¹、川口正代司²

¹筑波大・生命環境、²基生研・共生システム

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

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

W17-1

後生動物ミトコンドリア遺伝暗号からみた遺伝暗号の進化

○横堀伸一¹、渡辺公綱^{1,2}

¹東薬大・生命、²東大・院農

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

W16-4

アーバスキュラー菌根共生の進化-細胞生物学的視点から

小八重善裕

北農研

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

W17-2

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

○網蔵和晃¹、木賀大介^{1,2}

¹東京工業大学・地球生命研究所、²東京工業大学 知能システム科学専攻

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

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

W17-3

大腸菌リボソームの変異耐性

○宮崎健太郎

産総研・生物プロセス

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

W17-5

タンパク質に必要な最少アミノ酸レパートリーの実験的検証

○赤沼哲史

早大・人科

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

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

W17-4

アミノアシル tRNA 合成酵素の構造と進化

横山茂之

理研・構造生物学

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

W18-1

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

Satoshi Imura/伊村智

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

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

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

W18-2

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

Fumio Nakazawa/中澤文男

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

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

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

W18-4

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

Tomoya Baba / 馬場知哉

TRIC, ROIS / 融合センター、情報・システム機構

Organisms living on Antarctica have evolved adjusting themselves to the extreme environments and constructed unique biospheres, for example “bio-mat” and “moss pillars” in some of ultraoligotrophic lakes. It has been revealed by our genomics studies of bacteria isolated from an Antarctic lake that a lot of genes were horizontally transferred from distant species. It is suggested that the highest rates of horizontal gene transfers had provided co-evolutions and promoted environmental adaptations of organisms on Antarctica. I will discuss the biospheres of Antarctic lakes as natural laboratories of biological evolutions on the Earth.

南極大陸上の生物は自らを極限環境に適応させながら進化し、例えば、極貧栄養の湖にバイオマットやコケ坊主といった生物圏を成立させることにより生存を可能にしている。我々が南極湖沼から分離した細菌のゲノム解析からは、多くの遺伝子で遠縁種からの水平伝播が明らかにされた。これまでに無い高い割合での水平伝播が南極における生物の共進化と環境適応を促してきた結果と考えられる。地球上における生物進化の実験室としての南極の湖沼生物圏について議論したい。

W18-3

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

Ryosuke Nakai / 中井 亮佑

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

The aquatic moss *Leptobryum wilsonii* forms underwater tower-like structures called “moss pillars” in ultra-oligotrophic Antarctic lakes. Our aim is to understand how such a unique ecosystem succeeds in the extreme environment. Therefore, we used biochemical and molecular methods to elucidate the microflora of aquatic moss pillars, based on fatty acid profile, rDNA genotype, and metagenomic information. The results revealed that eukaryotic organisms, such as algae, fungi, nematodes, and tardigrades were present along with bacterial communities and their functional potential varied in different sections within the pillar. These findings will shed light on the underlying mechanisms involved in maintaining the bryosphere within Antarctic moss pillars.

南極湖底のコケ坊主が現在に至るまでどのようにして維持されてきたのか？ 演者らは、微生物学的な見地から、脂肪酸組成、16S/18S rRNA 遺伝子および機能遺伝子群の諸解析を進め、この謎に挑んでいる。結果として、コケ坊主内には、コケ類だけではなく、藻類や菌類、さらにクマムシや線虫のような微小動物が存在することと、その内外上下において細菌叢やその潜在機能が異なることを明らかにしてきた。目には見えない微生物たちがコケ生物圏 (bryosphere) の存立を担う可能性がある。

W18-5

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

Hiroshi Akashi

National Institute of Genetics, SOKENDAI

Polar terrestrial environments are major challenges for low temperature survival. The newly isolated Arctic and Antarctic bacteria, *Pseudomonas* sp. ArSA and HMP1, are well-adapted to polar environments. Phylogenetic analyses show that cold adaptation has occurred relatively recently and in parallel in these lineages. We compare the genomes of these species with their close, mesophilic relatives to identify lineage-specific genome changes in both nucleotide and amino acid composition that may underlie adaptation to extreme environments. Maximum likelihood methods that account for both nucleotide compositional bias and non-stationary evolution are critical for this analysis.

極域(北極・南極)の極限環境では、低温への適応は生物の生存に必須である。近年新たに単離された2つの *Pseudomonas* 属細菌 ArSA 株及び HMP1 株はそれぞれ北極、南極に固有の系統であり、独立に低温耐性を進化させてきたことが示唆されている。我々は、これら2系統に中温域の近縁種を加えて祖先ゲノムの推定を行なうことで、ゲノムレベルでの低温耐性の進化メカニズムを検証している。非定常的かつ系統特異的な塩基組成の進化を考慮したモデルを用い最尤法による推定を行なうことで、各系統でのゲノム進化を詳細に解析することが可能になる。

W18-6**Environmental tolerance genes of Antarctic nematode/南極線虫の環境耐性遺伝子**

Hiroshi KAGOSHIMA/鹿児島浩

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

The Antarctic nematode, *Panagrolaimus davidi*, tolerates complete water loss and intracellular ice formation. Genome and transcriptome analysis of *P. davidi* revealed that they have a lot of LEA anti-desiccation genes. It is suggested that LEA genes originate from bacteria, and spread into plants and animals which have desiccation tolerance, by horizontal gene transfer. *P. davidi* LEAs are classified into 3 types by their subcellular localization, i.e. cytosolic-, secreted- and membrane bound-LEAs. Unusual excess number of the LEA variants in *P. davidi* implies that LEA genes may rapidly evolve to adapt the extreme environment of Antarctica.

南極線虫 *P. davidi* は、体内の水分の完全な喪失や、細胞内の凍結に対する耐性を持つ驚くべき生物である。転写産物解析から、この生物には多様な乾燥耐性関連遺伝子 LEA バリエントが発現していることが判明した。LEA は細菌に起源を持ち、遺伝子の水平伝播によって乾燥耐性を持つ植物、動物などに広がったと考えられている。*P. davidi* の LEA には細胞質型、細胞外分泌型、膜結合型の3種類があり、厳しい南極環境に適応するために、急速な進化を遂げた可能性が高い。

W19**「NHK スペシャル:生命大躍進」を制作しました。**

○植田和貴

NHK エンタープライズ

「古代生物たちの大進化の痕跡はいまも我々の体に残っている」というコンセプトのもと、DNA情報から明らかになった進化の物語を紹介した

NHKスペシャル「生命大躍進」第1集「そして”目”が生まれた」

の部分上映(50分前後)を、上野の国立科学博物館で開催中の特別展「生命大躍進」の広報を兼ねて行う。

上映後、担当ディレクターが制作の舞台裏などを話し、進化学会会員から番組へのフィードバックを得ながら、今後の進化学の展望を議論する場としたい。番組の科学的正確性に関する議論よりも、細分化した専門分野をつないだストーリーをどうやって紡ぎ、進化のおもしろさを広く伝えていくか? など、非科学者との接点などを含めた視点で議論させて頂きたい。