

講演・ポスター要旨集

O_A は口頭発表審査対象

P_A は学生ポスター発表審査対象

S01-01

Initiatives towards the Establishment of the National Museum of Natural History Okinawa 「国立沖縄自然史博物館」の設立活動報告

岸本健雄

お茶大・客員教授、東工大・名誉教授

「国立沖縄自然史博物館」は、自然史科学の標本維持・研究・展示・大学院大学・共同利用という5つの役割を担う。その設立活動は、日本学術会議から2014年3月に「マスタープラン2014」、2016年5月に提言「国立自然史博物館設立の必要性」を公表したのに始まる。活動母体は、有志で組織した一般社団法人国立沖縄自然史博物館設立準備委員会 (<https://sites.google.com/view/okinawa-natural-history-museum/>) である。提言公表の一ヶ月後に翁長雄志沖縄県知事との会談が実現したのを契機に沖縄県との連携を深め、「沖縄21世紀ビジョン基本計画」への盛り込みを受けて、2018年度県予算で「国立自然史博物館誘致基礎調査」が実施された。目下の課題は、国としての事業化である。こうした設立活動の経緯と現状を紹介し、積極的な支援をお願いしたい。

S01-03

Natural History Museums: their histories and roles with special reference to biodiversity crisis on this planet 自然史博物館の歴史と現代における役割

松浦啓一

国立科学博物館・名誉研究員

自然史博物館の原型は17世紀に誕生したヨーロッパ貴族の「珍品陳列室」に求めることができるが、本格的な自然史博物館が出現したのは18世紀中頃であった。ヨーロッパに設立された自然史博物館は生物や岩石・鉱物の自然史研究の拠点となり、生物多様性研究や自然史研究を推進するとともに、その成果を出版物や展示によって社会に還元してきたのである。このような自然史博物館の活動は20世紀末まで、大きく姿を変えることはなかった。その一方で、20世紀末に自然史コレクションのデータベース化が始まり、21世紀になると生物標本の属性データや画像のデジタル化が急速に進展した。従来、自然史博物館に収蔵されている膨大なコレクションの属性データを解析することは困難であったが、世界的なデータベースプロジェクトによって自然史研究は新たな展開を見せつつある。自然史博物館の変遷とビッグデータ時代の自然史研究の今後を展望する。

S01-02

Taxonomy The Strongest 分類学最強説

馬渡駿介

北大・名誉教授

数ある生物学関連分野の中で、分類学は最近特に軽視されている。分類学は古い、と言うのが理由だそうである。分類学はたしかに古来からある学問であるが、だからと言って古いわけではない。分類学の成果がなければ今日流行の生物学は存在し得ない。

ノーベル賞受賞研究を見てみよう。大村智氏は、アベルメクチンの発見を含む寄生虫感染症治療法の開発を評価されて2015年にノーベル生理学・医学賞を受賞した。駆虫薬イベルメクチンはアベルメクチンを基に合成された。大村智氏の研究は微生物の単離から始まる。その産生物を分析し、その効用を研究するのである。微生物を土の中から単離する技術を発明したのは分類学者である。それを分類したのも分類学者である。

「緑色蛍光タンパク質 (GFP) の発見と生命科学への貢献」で下村脩氏は2008年ノーベル化学賞を受賞した。GFPはオワンクラゲがもつ蛍光性タンパク質で、1960年代に下村脩によってイクオリンとともに発見・分離精製された。オワンクラゲを発見したのは分類学者である。オワンクラゲはどんなクラゲで、他のクラゲと違って光ることを発見したのも分類学者である。

ほぼすべての生物学分野の基礎である故、分類学は最強である。

S02-01

Systematic identification of genes whose overexpression is adaptive 過剰発現が適応的に働く遺伝子の体系的同定

○守屋央朗¹、佐伯望¹

¹岡大・院環境生命

細胞内のタンパク質群の総体、すなわちプロテオームは、細胞種や細胞がおかれた環境により決まった構成比を示す。これを視覚化すると、「プロテオームの形態」ともいえる様相が浮かび上がる。プロテオームの形態にも制約を受けている部分とそうでない部分が存在する。増殖中の出芽酵母では、約2% (100種類) のタンパク質のわずかな過剰が適応度を著しく低下させる (Makane et al., *Genome Res.* 2013)。すなわちこれらのタンパク質の発現量は強い制約を受けている。それでは、様々な環境下や進化的文脈においてもこの制約は変わらず存在するのだろうか、あるいはこの制約を超えて適応や進化が起きるのだろうか？ この疑問に答えるため、様々な環境下で過剰が適応的に働くタンパク質を体系的に取得する実験系の構築を行った。本口演ではこの実験によって得られたタンパク質過剰による適応—進化について議論したい。

S02-02

Developmental basis for the diversification of floral organ arrangements 発生過程からみる花器官配置のゆらぎと多様化

○北沢美帆^{1,2}、藤本仰一²

¹阪大・全学教育、²阪大・院理

陸上植物の地上部の器官配置には、葉序とよばれる一定のパターンがある。葉序パターンは、葉の配置のほか、被子植物の花の配置や花器官の配置にもみられる。種子植物では、葉序パターンは茎頂分裂組織という多細胞組織で形成される。一方、単一の頂端細胞の分裂により器官配置が決定されるコケ植物や、遠く隔たった系統に属する褐藻でも同種のパターンがみられる。よって、種子植物特異的、茎頂分裂組織特異的ではないパターン形成機構の存在が示唆される。このように系統を超えた安定なパターンがみられる一方で、被子植物の花器官の配置には、葉序の定型とは異なるパターンや、同種内でのゆらぎがみられる。これらの例外的なパターンやゆらぎは、通常の葉序パターン形成機構に外的な位置情報やノイズを加えることで再現できることが、葉序パターン形成の数理モデルにより示唆された。本発表では、被子植物の花器官配置が、形態形成の制約の中でいかに多様化してきたかを議論する。

S02-04

Does vertebrate embryogenesis recapitulate the evolutionary history? 脊椎動物の発生過程は進化を反復するのか？

○上坂将弘¹、倉谷滋¹、武田洋幸²、入江直樹²

¹理研、²東大・院理

脊椎動物に見られる形態的多様性の背後には、およそ5億年にわたって変わり続けてきた発生過程がある。しかし、この発生過程の進化は完全に自由だったのだろうか？「発生は進化を繰り返すように進行する」とする反復説がもし正しいならば、発生過程の進化的変更はランダムではなく、新しい進化的変更ほど後の発生段階に反映されると考えられる。しかし、これまで反復説の真偽は決着がつかず、実験的検証もほとんど行われてこなかった。

今回、発生に関わるゲノム領域に着目し、各領域が活性化する発生段階とそのゲノム領域が獲得された進化的時期を推定することで、「発生過程には、進化的に古いゲノム領域が先に、新しい領域が後に活性化される傾向がある」という反復傾向を支持する結果が得られたことを報告する。また、この反復傾向は、発生過程全体を通して見られるわけではなく、遺伝子発現レベルで保存された発生中期以降に限られることもわかってきた。本発表では、これらの研究結果をもとに、反復傾向をもたらした脊椎動物進化とその背後にあるであろう発生機構との関係性を議論したい。

S02-03

Development system that results in the conserved blastomere fate in spiralian development らせん卵割型発生における割球運命の保存をもたらす発生システム

○守野孔明¹、和田洋¹

¹筑波大・生命環境

らせん卵割動物(軟体・環形動物など)は左右相称動物の一群であり、らせん卵割型発生と呼ばれる発生パターンを示す。らせん卵割型発生の特徴として、卵割がらせん状に進むこと(らせん卵割)に加え、卵の動物-植物極軸に沿って特定の位置に特定の発生運命を持った割球群が生み出されることが挙げられる。この発生運命分配パターンは、例外はあるものの、動物門を超えてよく保存されていることが知られている。本発表では、まずこれまでほぼ未知であった割球運命特異化の分子的な背景について、少なくとも軟体動物において系統特異的転写因子群が重要な役割を果たしていることを示す。一方で、それらの遺伝子レパートリーや発現パターンが軟体動物内でも保存されていないことも紹介する。最後に、遺伝子レパートリーや発現パターンの変動にも関わらず割球運命が進化的に保存される仕組みについて、発生システムの冗長性や頑健性という観点から議論したい。

S03-01

Natural and human selection on helical shape change in legume seed pod マメ科植物における捻れる莢の進化と栽培化に伴う人為選択

○内藤健¹: 農研機構

Legumes have evolved a unique manner of seed dispersal in that the seed pods explosively split open by helical force generated by thick sclerenchyma (tissues with dead cells with developed secondary walls) on the endocarp. During domestication, azuki bean (*Vigna angularis*) and yard-long bean (*V. unguiculata* cv-gr. *Sesquipedalis*) have reduced or lost the sclerenchyma by human selection. Our previous studies revealed that this domestication-related trait is controlled by almost single locus in the both species. Here we performed fine-mapping with back-crossed populations and narrowed the candidate region down to 4 kb in azuki bean and 13 kb in yard-long bean. Among the genes located in this region, only MYB26a encoded truncated protein in both the domesticated species. We also found MYB26 is duplicated in legumes and only MYB26a is expressed in seed pods, whereas MYB26b is mainly expressed in stems and flowers. Interestingly, in *Arabidopsis* MYB26 is single copy and is specifically expressed in anther to initiate secondary wall thickening that is required for anther to dehisce and release matured pollen. These facts indicated that, in legumes, one of the duplicated copies of MYB26 sustained the original role and the other has acquired a new role in pod shattering. Although the new function of the duplicated copy is important in seed dispersal, but that is why this gene has been a target of human selection against pod shattering.

S03-02**Adaptive radiation through recurrent polyploidization: Robust speciation mechanism in genus *Cardamine***

Rie Shimizu-Inatsugi

IEU, UZH

Polyploidization is thought to be a motive force for evolution by creating diversity in genome. We use genus *Cardamine*, a close relative of genus *Arabidopsis*, as a model study system to study adaptive radiation through recurrent polyploidization. Among over 200 species in *Cardamine*, more than half species are known to be polyploids, and thus polyploidization seems to be the key for adaptive radiation of this genus. By both of ecological census and transcriptomic analysis, we have shown that the niche differentiation according to soil moisture level is an important factor for the establishment of polyploid species. Polyploidization tend to occur between one diploid progenitor favoring dry habitat and another favoring wet habitat as specialists, and the resultant polyploid is found in the habitat with intermediate soil moisture as a generalist. The phylogeny also suggested that this is a universal pattern in the whole genus and that the combination of contrastive specialist genomes would be the key for adaptive radiation of genus *Cardamine*, as it enables polyploids to avoid the niche conflict against progenitors.

S03-04**Genomic dissection and prediction of transcriptome dynamics of rice under field conditions****イネの野外トランスクリプトームと気象の統合モデリングによる野外環境応答の解明**

○Atsushi J. Nagano

Ryukoku University

Detailed molecular mechanisms of plant environmental responses have been revealed in laboratory. It is not enough to understand plant responses in fields. To bridge between laboratory and field, we developed statistical models using extensive transcriptome data of rice leaves in the field and the corresponding meteorological data. The statistical model predicted field transcriptome dynamics in Nipponbare, a standard cultivar. However, the effect of genomic background on transcriptome dynamics is not known. To establish a method of predicting the transcriptome dynamics in various genomic backgrounds, we performed RNA-Seq of 1,300 field samples of chromosomal substitution lines between Koshihikari and Takanari, and analyzed the transcriptome data with the meteorological and genotype data. We detected 2,911 genes with different expression dynamics between two cultivars by comparing with predicted dynamics. Genomic regions controlling the expressional differences were successfully identified in approximately half of the genes. Our models enable the prediction of field transcriptome dynamics not only in two parental cultivars but also in their progeny lines.

S03-03**Genomics and crop improvement**

○Hiromi Kajiya-Kanegae

NARO

With the decrease of sequence price, new opportunities have been brought for crop genomics research. Genome sequencing is being used to access the genetic variation of crops and their wild relatives and has been applied to the study of wild-crop transition in diverse crop species. These genomic approaches also make possible the identification of genomic regions and genes subjected to selection during the evolution of various crops.

The earliest Japanese reference to the soybean and rice is in the *Kojiki* which was completed in 712 A.D. During the domestication process, preferable traits, such as soybean flowering date and rice seed size, have undergone significant changes. We examined the crop improvement of soybean and rice in Japan by analyzing genomic data.

Development of the 10 million SNP set of 198 soybean accessions revealed population structure and genomic regions under selection. SNP markers also have numerous applications in marker-assisted selection and gene pyramiding.

A comprehensive study of the molecular genetic variation present in rice accessions can provide information on the diversity parameters of germplasm to help breeders to use genetic resources for cultivar development more effectively.

In combination with high-throughput phenotyping and functional genomic studies, genomics is accelerating crop improvement.

S03-05**Genomic basis of neighbor effects in *Arabidopsis* defense against insect herbivores**○Yasuhiro Sato^{1,2}, Rie Shimizu-Inatsugi³, Misako Yamazaki³, Kentaro K. Shimizu³, Atsushi J. Nagano²¹JST PRESTO, ²Ryukoku Univ., ³Univ. of Zurich

Plants are clustered as a population in natural environments. Field studies have shown that herbivory risk to an individual plant depends not only on their own traits but also on those of neighboring plants. Such neighbor effects in anti-herbivore defense may occur through herbivore foraging behaviors or volatile communication between plants; however, genome-wide analyses of the neighbor effects are still lacking. To reveal a genomic basis of neighbor effects in anti-herbivore defense, we considered neighbor genotypic identity into genome-wide association studies (GWAS) of field-grown *Arabidopsis thaliana*. Insect abundance and leaf damage on 200 accessions were surveyed at Japan and Switzerland across two years. Our newly proposed method, neighbor GWAS, revealed that the neighbor effects more largely contributed to phenotypic variation in the leaf damage and insect species richness than self-genotype effects did. We also found a significant GWAS peak at the first chromosome of *A. thaliana* regarding neighbor effects against *Phyllotreta* beetles. These findings suggest that neighbor effects are an overlooked but potentially important source of phenotypic variation in field-grown plants, where the neighbor GWAS may help us discover novel variants underlying plant-plant interactions.

S03-06

Transcriptome Time-course Analysis of Allohexaploid Bread Wheat in Field Growth Condition

野外環境での6倍体パンコムギにおける時系列トランスクリプトーム解析

○Toshiaki Tameshige¹, Jianqiang Sun², Jun Sese³, Kentaro K Shimizu^{1,4}

¹KIBR YCU, ²NARO, ³Humanome Lab, ⁴University of Zurich

異質倍数体においては、異種のゲノムに由来する複数のサブゲノムが同じ核内で機能している。それらのサブゲノム間で環境応答が異なる場合、両方を有する異質倍数体としての環境応答がどのようなアウトプットとなるのかという問題は倍数体生物を理解する上で重要である。

パンコムギは、巨大なゲノムサイズと異質6倍体であることから、重要作物でありながら近年ようやくゲノム情報が整備されてきており、今後ゲノムワイドな研究の進展が期待されている。私たちは、パンコムギでの環境応答をサブゲノムレベルで解明するため、圃場環境でのトランスクリプトームデータを時系列で取得し、サブゲノム別に気象データとの関連を解析している。その際、サブゲノム毎にトランスクリプトームを解析するための技術的な開発も進めており、本発表ではそれらの解析技術と解析結果について紹介したい。

S04-02

Genetic diversity of wild house mice (*Mus musculus*) using whole-genome sequences of multiple samples.

全ゲノム多様性解析によるハツカネズミ(*Mus musculus*)の移住拡散様式の解明

○藤原一道¹, 長田直樹¹, 鈴木仁²

¹北大・情報科学, ²北大地球環境科学

われわれ人類がどのような歴史をたどって日本列島(ヤポネシア)に到達し、発展してきたのかを考えるにあたり、ヒトに付随して移動する野生生物の歴史は重要な手掛かりを与えてくれる。ハツカネズミ(*Mus musculus*)は世界中に広く分布し、主として、*Mus musculus castaneus*, *M. m. domesticus*, *M. m. musculus* の3亜種に分類される。これらの種は、農耕の出現以降、ヒトの移動に付随して大きく生息域を広げたと考えられており、日本列島においても、*musculus* 系統が稲作とともに渡来してきたという説が鈴木らによるミトコンドリアゲノム解析によって提案されている。本研究では、主にユーラシア大陸からサンプルされた100個体以上のハツカネズミの全ゲノム解析に関する解析結果について、遺伝的多様性や遺伝構造など、これまで明らかになったことを紹介したい。

S04-01

The Beginning of cereal cultivation in Japanese Archipelago

日本列島における穀物栽培の開始

藤尾慎一郎

国立歴史民俗博物館・教授

本講演では、縄文前期以降活発化した、朝鮮半島と日本列島との交流の中で、穀物などの植物や、稲作と関係のある動物が、いつ、どのようにしてはいってきたのかについて、現状を報告する。

大陸と日本列島との間の交流が考古学的に明らかになってくるのは約7千年前の縄文前期以降である。特に朝鮮半島南部と九州西北部との間では土器や特定の漁具、黒曜石、玉などを通して、活発な交流が行われていたことを知ることができる。

しかし日本の穀物農耕のはじまりは、朝鮮半島南部でアワ・キビ栽培が始まっても数千年、稲作が始まっても4~5百年にわたって遅れることが知られている。

最終的にこれらの穀物栽培が始まるのは、紀元前10世紀。日本の灌漑式水田稲作のはじまりである。

また日本の農耕の特色の一つに欠畜があるが、縄文・弥生時代の動物考古学は食用動物中心に研究が進んでおり、それ以外の動物についての情報はほとんどない。したがって、本講演では、弥生時代になって初めて出現する弥生犬、弥生ブタ、弥生ネコを中心に、稲作随伴動植物について報告する。

S04-03

Genomic regions of Japanese wolf (*Canis lupus hodophilax*) may have contributed to establishment of Japanese dogs

日本犬の成立に寄与したニホンオオカミのゲノム領域の解明

○寺井洋平

総研大・先端研・生命共生体進化

ニホンオオカミは100年前に絶滅した小型のオオカミである。ミトコンドリアゲノム(mtDNA)の解析から、ニホンオオカミは古い時期に他のオオカミ亜種から分岐した系統であり、日本固有の独自性の高い亜種であることが明らかになっている。このニホンオオカミ独自の mtDNA のハプロタイプが、紀州犬と秋田犬だけから発見されており、それはニホンオオカミとの過去の交雑によってもたらされた可能性が非常に高いと考えられる。そのため、ニホンオオカミのゲノム領域が日本犬の祖先系統に伝わり、オオカミに近いと言われてきた日本犬の成立に寄与したのではないかと予想している。本研究ではニホンオオカミの島嶼適応に関係した領域を特定し、それらの領域の日本犬ゲノムへの浸透と日本犬成立への寄与を解明することを目的とする。本シンポジウムではニホンオオカミ及び日本犬のゲノム配列決定の進捗と予備的な解析について報告を行う。

S04-04

The origin and evolution in Japanese cultivated radishes

日本栽培ダイコンの進化とその起源

○白井一正¹、花田耕介¹¹九工大

日本には地域固有のダイコン栽培品種が100以上存在し、「おほね」、「すずしろ」と呼ばれ古くから栽培されてきた。日本栽培ダイコンの起源は、地中海地域で栽培化されたものがアジアを経由して伝わった、またアジアで独立に栽培化されたものが伝わったなど由来や時期にも諸説がある。また、日本中に分布する在来野生種との関連性についても明らかではない。そこで私たちは、日本野生種ハマダイコンのゲノム配列を新規に構築した。さらに、これをリファレンスとし、世界の栽培品種52品種と日本各地の日本野生種80個体においてゲノムワイドに SNP を同定した。系統解析の結果、世界の栽培品種はまず、ヨーロッパとアジアの系統に大きく二分された。また、日本野生種はアジア系統に近縁な、別の単一グループを形成した。そして、日本の栽培品種は、この日本野生種の中に属し、他の栽培品種とは独立の日本野生種からの栽培化を示唆する結果を示した。

S05-01

The applicability of sedimentary environmental DNA analysis for restoration of past biological information

堆積物環境 DNA 分析の過去復元への応用可能性

○坂田雅之¹、源利文¹¹神戸大・院・発達

マクロ生物を対象にした環境 DNA 分析手法では、DNA を含む環境媒体として多くの研究で水サンプルが用いられている。これまでに水中の環境 DNA を分析することで、ある時点の生物種の在・不在のモニタリングや生物量の推定などが行われてきた。その一方で水中の堆積物を環境媒体として環境 DNA 分析を行っている研究例も少数ある。堆積物中の環境 DNA に関わる知見は少ないが、水中の環境 DNA よりも高濃度であることや生物が離れた後も長期間 DNA が検出可能であるなどの報告例がある。また、堆積物に蓄積した環境 DNA を用いて堆積物コアから過去の生物情報を得ようとする試みも報告されている。本講演では演者らがこれまで行ってきた堆積物中の環境 DNA の残存時間に関する研究例や、堆積物中の環境 DNA 分析に関する海外の研究事例を紹介するとともに堆積物中の環境 DNA 分析を用いた応用可能性について議論したい。

S05-02

Environmental DNA for the ecology of infectious diseases

感染症の生態学的分析における環境 DNA の利用

○源利文

神戸大・院発達

近年急速に発展する環境 DNA 分析では脊椎動物などのマクロ生物への適用が特に注目されている。一方で、環境中の DNA 分析自体は微生物を対象にした分析技術として30年近い歴史を持つ。これらの分析は対象がマクロ生物であろうと微生物であろうと原理的には同じである。つまり、一つの環境サンプルで微生物からマクロ生物まであらゆる生物の情報を同時に得ることが可能である。近年になってこのような環境 DNA 分析の特徴を利用して、病原体と宿主の関係を推定し感染症の生態に迫ろうとする試みが報告されるようになってきた。本講演ではそのような取り組みの例として、演者自身がこれまでに行ってきた、タイ肝吸虫症、住血吸虫症、レプトスピラ症などを対象とした研究例を紹介し、環境 DNA 分析技術の感染症生態学への応用について議論したい。

S05-03

Is environmental DNA analysis useful for detecting spawning events of fishes in ocean?

環境 DNA は外洋における魚類の産卵イベントの検出に使えるか？

○竹内 綾¹、渡邊 俊²、塚本 勝巳³¹日大・院生物資源、²近大・農、³東大・院農

環境 DNA が魚類の産卵イベント探索に使えるか否か検討するため、ウナギを例に室内実験と調査航海を実施した。室内実験では、ウナギの発育段階が進んだり、産卵行動が起きたりすることによって環境 DNA 放出量は急増することが分かった。外洋でも親魚が産卵した場合、その近くで高濃度の環境 DNA が検出されるものと期待された。2017年のウナギ産卵場調査航海で5測点を設け環境 DNA 調査を実施した結果、新月6日前に2測点から環境 DNA (約15copies/ μ l) が検出された。また同日21時42分に、環境 DNA 検出点近くの測点で親ウナギと思われる映像も得られた。さらに産卵ピークの新月3日前には、調査海域中央の測点から高濃度の環境 DNA が検出された。これは、前夜の産卵に参加したあと、明け方に深所へ移動する途中の親魚に由来するものと推測された。以上から環境 DNA はウナギ産卵地点の探索に役立つものと考えられた。

S05-04

Estimating population abundance using environmental DNA

環境 DNA 分析による個体数の推定

○深谷肇¹、村上弘章²、尹錫鎮³、南憲吏⁴、長田穰⁵、山本哲史⁶、益田玲爾²、笠井亮秀³、宮下和志⁷、源利文⁸、近藤倫生⁵

¹国環研生物、²京大フィールド研、³北大水産、⁴島根大エスチュアリー研、⁵東北大生命、⁶京大理、⁷北大北方生物圏、⁸神戸大人間発達環境

環境 DNA は、種の在・不在だけでなく、その個体数や生物量についても手がかりを与える。より多くの個体が存在すれば、環境中に放出される DNA 量が増加して、環境 DNA の濃度が高まるためである。しかし、野外(特に海洋)では、DNA の放出や分解に加えて、環境媒体中の移流や拡散の過程が複雑で、環境 DNA 濃度から単純に個体数を求めることが困難である。本研究では、DNA の放出・輸送・分解の過程の帰結として環境 DNA の空間分布を予測する流体力学モデルを用いて、環境 DNA 濃度の反復計測からマクロ生物の個体数の絶対定量を可能とするアプローチを提案する。舞鶴湾のマアジ個体群を対象にこの手法を適用した結果、魚市場から流入する「外来 DNA」の存在を特定でき、その影響を除去した個体数推定値を得ることができた。その値は、計量魚群探知機によるものとほぼ同等であった。定量環境 DNA 分析の課題と展望について議論したい。

S05-05

SNP-based environmental DNA analysis for estimating intraspecific genetic variation

一塩基多型を利用した環境 DNA 分析による種内変異の検出

○内井喜美子

大阪大谷大・薬

環境 DNA 分析は特定の種や分類群の分布を迅速に推定する手法として急速な発展を遂げている。しかし、個体群の遺伝的構造や遺伝的多様性を推定するため、種内変異の定量的な検出に環境 DNA 分析を適用した事例は未だ極めて限定的である。演者はコイ(*Cyprinus carpio*) 個体群をモデル生物とし、在来コイと外来コイを区別する一塩基の変異(一塩基多型)を指標とすることにより、個体群遺伝構造を迅速に推定する環境 DNA 手法の開発を進めてきた。本講演では、標的をミトコンドリア DNA から核 DNA へと拡張することにより、両親の遺伝情報を反映する個体群遺伝構造を推定する最新の試みについて紹介する。同種の外来遺伝子型の侵入や個体群縮小による遺伝的多様性の低下といった生物多様性保全における難題について、迅速かつ広汎な調査を可能とする手段としての環境 DNA 分析の可能性を提示したい。

S06-01

Graph-based phylogenetic method excavates a hidden and distant evolution

グラフに基づく新たな系統解析手法で隠れた遠距離進化を発掘する

○松井求¹、岩崎渉¹

¹東大・院理

今日の代表的な系統解析手法である近隣結合法、最大節約法、最尤法、ベイズ法はいずれも Multiple sequence alignment (MSA) に基づく手法であり、MSA が良いアライメントである限り良い性能を示す。しかし、タンパク質スーパーファミリーの進化といった進化距離の大きな問題に対しては、MSA から抽出可能な情報量が著しく減少してしまう為、いずれの手法も適用困難であった。そこで我々は、MSA ではなくグラフに基づく新たな系統解析手法「Graph Splitting (GS)法」を開発した。GS 法は1)MSA の代わりに All-to-All pairwise sequence alignment (PSA) を行い、2) 配列類似性グラフ (SSG) を構築し、3) SSG を再帰的に分割して系統樹を推定することで MSA に由来する問題を回避する。本大会では進化シミュレーションにより示された GS 法の優位性と、実データへ適用して得られたタンパク質の初期進化に迫る新規知見について報告する。

S06-02

New features in MAFFT multiple sequence alignment program

多重配列アラインメントプログラム MAFFT の新機能について

○加藤和貴

阪大・微研

多重配列アラインメントプログラム MAFFT の二つの新しい機能を紹介する。(1) タンパク質の立体構造は配列に比べて保存されやすいため、遠縁の配列の多重配列アラインメントやその他の比較解析において、立体構造の考慮が必要であると考えられてきた。私達は、あらゆるタンパク質ドメインの間の構造ペアワイズアラインメントのデータベース DASH を構築し、MAFFT 実行のたびに DASH にアクセスすることによって、立体構造を考慮した多重アラインメントを簡単に計算できるようにした (Rozewicki et al. 2019)。(2) 新型シーケンサーの普及により、エラーの多いリードをそのまま比較する必要が生じている。このような場合いくつかの点に注意が必要である。まず、配列の間の系統的關係は仮定できない。また、シーケンサーによっては、エラーのパターンが強く偏り DNA の両鎖の間で非対称になり得る。このような状況に対応するために、LAST-TRAIN (Hamada et al. 2017) によって推定されたデータ特異的なパラメータを用いた多重配列アラインメントの計算に対応した。

S06-03

ORTHOSCOPE: a web tool for estimating the origins and the functions of bilaterian protein-coding genes by comparing gene and species trees

ORTHOSCOPE: 遺伝子と種の系統樹を比較して、左右相称動物のタンパク質コード遺伝子の起源と機能を推定するウェブツール

○井上潤¹, 佐藤矩行²

¹. 遺伝研・集団遺伝, ². OIST・マリンゲノミクス

ある器官を構成するタンパク質の起源は、遺伝子系統樹を用いて推定できる。しかし非モデル生物では、ほとんどの遺伝子の機能は不明である。そこで、遺伝子の起源と機能を推定するには、複数のモデル生物を含んだ密な分類群選定によって、遺伝子系統樹を精度よく構築する必要がある。

ORTHOSCOPE (<https://www.orthoscope.jp>) は、機能の判明している遺伝子を含めた精度の高い遺伝子系統樹を推定する。同じ機能の遺伝子は、遺伝子と種の系統樹を比較して、複数種のゲノムデータからオーソグループとして判定される。オーソグループとは、解析対象とした種すべての共通祖先に存在した一つの遺伝子から派生した遺伝子のセットと定義される。我々は、遺伝子系統樹に出現する長い枝の分割を可能にするために、左右相称動物の主要系統を網羅する 350 種以上の遺伝子モデルをデータベース化した。さらに、文献調査によって後生動物の種系統樹を作成した。ユーザーは、配列データをアップロードして、比較する種を自由に選ぶことで、注目するタンパク質の起源に迫れる。

S07-01

Competitive exclusion or facilitated coexistence: interspecific consequences of the evolution of intraspecific competition
共存か絶滅か: 種内関係の進化がもたらす種間競争への帰結

土畑重人

京大・院農

適応進化は一般に、その付随的帰結として集団全体の平均適応度を増加させるように作用することが多いが、特に種内関係の進化にあつてはこの限りではない。競争2種のロカ・ヴォルテラ系をもとに、集団全体の平均適応度を減少させるように働く適応進化が当該種、競争種の個体密度にどのように影響するかを検討した。社会関係や性配分の進化など、資源の共有と再配分を伴う利己的競争形質の進化は、一般に増殖率自体の減少から当該種を競争排除による絶滅に導きやすい。いっぽう、干渉型競争による資源獲得など、種内密度に依存した増殖率減少を副産物として伴う形質進化は、2種系の安定共存をもたらすパラメータ領域を増大させる効果を持つ。発表では、形質の個体群動態的な波及効果を明確にモデル化することで、進化的絶滅による特定形質の不在や、群集の多様性への適応進化の貢献などを明確にすることができることを主張する。

S06-04

Detection of natural selection by estimating evolutionary probability
進化確率推定による自然選択の検出

田村浩一郎

首都大・生命情報研究センター

ヒトゲノムには、遺伝病の原因遺伝子やヒトがヒトとして進化するために重要な変化を遂げた遺伝子が含まれている。これらの遺伝子を見つけるための方法として、多数のヒトゲノム配列データを用いたゲノムワイド関連解析 (GWAS) がある。しかし、GWAS はゲノムの1%あまりに過ぎない変異部位しか対象にすることができず、他の大部分のゲノム情報は見過ごされる。そこで、系統樹をベースにしてヒト以外の生物の情報を利用する新たな原因遺伝子予測法、進化確率法、を開発した。この方法では、まずヒト以外の脊椎動物のゲノム情報をもとに期待されるヒトのゲノム配列を予測する。そして、それを実際に観察されるヒトのゲノム配列と比較することにより、ヒトの進化過程で生じたヒト特異的な変化を見つけるというものである。この方法によって、GWAS に基づく方法では見つけられなかった多くの興味深い遺伝子を見つけることができた。

S07-02

Do symbiotic systems dream of eternity?
共生系は永遠の夢を見るか?

○長谷川英祐

北大・准教授

従来の生物の適応進化では、自然選択に基づく瞬間増殖率最大化により、適応が実現すると考えられてきた。瞬間増殖率の高い遺伝タイプが頻度を増すのは論理的に誤謬がなく、事実として報告もされている。しかし一方、近年、直近の増殖効率を犠牲にして存続を優先していると考えられる、不安定環境でのベット・ヘッジング、病原菌の弱毒化、働かないアリの意義などが見つかっている。ゆえに、増殖効率と絶滅確率のトレードオフ下での、存続を優先した進化の存在が示唆される。また全生物が、何らかの有限な資源に依存しており、種内遺伝タイプ、種間関係共に資源枯渇による絶滅を回避可能な生態パラメータしか進化させてはいないだろう。「永続性パラダイム」は、系内の全ての生物関係が、存続観点からの全利共生になると予測する。本講演では、ヨモギヒゲナガアブラムシと随伴アリ、宿主植物、関与する他種からなる小群集での実証例を報告する。

S08-01

Genetic basis of life history evolution in sticklebacks

○石川麻乃 (Asano Ishikawa)¹, 北野潤 (Jun Kitano)¹

¹遺伝研・生態遺伝 (NIG)

The timing of reproduction is a key life history trait determining fitness. Because the optimal timing of reproduction differs between habitats, populations often vary in the timing and duration of breeding in annual life cycle. However, we know little about what genes and mutations underlie the diversity of seasonal reproduction. To address this question, we use the three-spined stickleback fish as a model. Ancestral marine ecotypes show seasonal reproduction, whereas derived freshwater ecotypes exhibit great diversity in both the timing and duration of reproduction. Our laboratory experiments showed that testis development is stimulated by a shift to a long photoperiod in marine ecotypes, but is independent of photoperiod in freshwater ecotypes. Transcriptome analysis showed that thyroid stimulating hormone beta 2 (*TSHb2*) exhibits photoperiodic change in marine ecotypes, but not in multiple freshwater populations. Knockdown of *TSHb2* demonstrated that *TSHb2* has a pleiotropic role in suppressing reproduction, androgen-dependent feedback on gonadotropins, and body size growth, suggesting that different *TSHb2* response may underlie divergence in multiple traits related to reproductive seasonality between ecotypes. Linkage mapping and allele-specific expression analysis of multiple populations revealed a convergent evolution of loss of *TSHb2* response via different mechanisms; cis-regulatory mutations in Canada and trans-regulatory mutations in Japan.

S08-03

Speciation genomics and evolution of reproduction mode in *Pristionchus* nematodes *Pristionchus* 線虫における種分化と生殖システム進化の遺伝基盤

○Kohta Yoshida, Christian Rödelberger, Ralf J. Sommer

Max Planck Institute for Developmental Biology

Although there are various modes of reproduction in the animal kingdom (ex. gonochorism, hermaphroditism and parthenogenesis), gonochorism, the mode with two separate sexes (female or male), is most widespread but the reason for this is not well understood. To address this problem, we are studying a *Pristionchus* nematode system that underwent a recent evolution towards hermaphroditism. *Pristionchus pacificus*, is an androdioecious species that has been studied for more than two decades for comparison with *C. elegans*. *P. pacificus* is easily cultured, has a short generation time, a small genome size and various genetic tools including CRISPR/Cas9 system to analyze genetic mechanism underlying phenotypic evolution. During the last decades we isolated >30 new species of *Pristionchus* from all over the world and found a gonochoristic species that forms partially fertile hybrids with *P. pacificus*. Using this fertility, we conducted a large-scale genetic analysis and identified multiple QTLs for hermaphroditic fertility with different effect sizes. Meanwhile, we analyzed the synteny of the two species based on single-molecule real-time sequencing, which indicated that the evolution of the genomic architecture is linked with the major QTLs for hermaphroditic fertility. Here, we will discuss how genome evolution can explain the exceptional evolution of reproduction modes.

S08-02

Genetic basis underlying the plant fitness variation in a nitrogen-fixing plant-microbe symbiosis

○ Masaru Bamba¹, Seishiro Aoki², Tadashi Kajita³, Hiroaki Setoguchi⁴, Yasuyuki Watano⁵, Shusei Sato⁶, Takashi Tsuchimatsu⁵

¹千葉大・院・理, ²東大・院・理, ³琉大・熱生研・西表, ⁴京大・院・人環, ⁵千葉大・理, ⁶東北大・院・生命

While plant-microbe symbiotic interactions are ubiquitous in many ecosystems, it still remains unclear how specific interactions between plants and microbes have evolved and what genes are responsible. To understand how genetic variations of symbiotic bacteria shape the plant-microbe interactions, we are focusing on the nitrogen-fixing symbiosis between nodule bacteria and the model plant *Lotus japonicus*. Through the sequencing analysis of over one hundred symbiont strains collected from a geographically wide range in Japan, we revealed that *L. japonicus* was associated with diverse lineages of *Mesorhizobium* bacteria, whereas the sequences of symbiotic genes were extremely similar between strains, suggesting the recent horizontal gene transfer of those gene set. Given the high diversity of symbiont strains, we reasoned that there may be an extensive variation in plant fitness depending on which symbionts are associated. To test this, we are performing a cross-inoculation experiment using several rhizobial strains and *L. japonicus* natural accessions. Based on these analyses, we discuss how genomic variations of rhizobial symbionts and plants explain the fitness variation in the legume-rhizobia symbiosis.

S08-04

Molecular phenology and altitudinal differentiation in plants

Hiroshi Kudoh

Center for Ecological Research, Kyoto-University

One of the most attractive challenges in current biology is to understand organismal functions in natural environments by using accumulated knowledge on genes and their functions through laboratory studies. The attempt became easier by the methods of quantitative genomics and epigenomics, such as RNA-Seq and ChIP-Seq. We established and have developed a long-term 'in natura' study sites of a herbaceous plant, *Arabidopsis halleri*, to evaluate gene function in natural environments. Because seasons are the major context in which diverse organisms have evolved, we initiated molecular phenology study to understand plant adaptation to seasonal environments. At the sites, we monitored temperatures and light intensities, recorded plant growth and phenology, and collected weekly/biweekly RNA and chromatin samples to investigate dynamics of transcriptome and epigenetic modifications. Approximately 15%-20% of analyzed genes showed seasonal plasticity in their expressions. In the presentation, I will overview the results of our molecular phenology study, and then, would like to discuss how information of seasonal plasticity can be utilized in the study of altitudinal differentiation of plant populations.

S09-01**A new mouse model sheds light on the evolutionary impact of an ancient deletion polymorphism in the human growth hormone receptor gene**

○MARIE SAITOU, SKYLER D. RESENDEZ, KIRSTEN DEAN, XIUQIAN MU and OMER GOKCUMEN

State University of New York at Buffalo

The growth hormone receptor (GHR) gene is highly conserved among mammals. However, its third exon is polymorphically deleted with 30% allele frequency in the human population. Our lab has previously reported that Neanderthal and Denisovan genomes also carry the deletion allele (GHRd3).

Using population genetics analysis, we first resolved the haplotype architecture of the locus harboring GHRd3. We identified single nucleotide variants that tag the deletion allele. We showed that the haplotype carrying the GHRd3 allele is significantly associated with Standing height.

To investigate the phenotypic impact of GHRd3 at the developmental and molecular level more thoroughly, we constructed a CRISPR-Cas9 based mouse modeling the human polymorphism. Using this model, we showed that there is a differential rate of growth between GHRd3 and wildtype mice. Moreover, comparative RNA-sequencing analyses from liver tissues showed that GHRd3 affects the expression of genes enriched for metabolic processes.

Taken together, our study suggests non-neutral evolution of GHRd3 in humans and verified previous associations with developmental phenotypes. Furthermore, we identified novel biological targets of GHRd3, affecting metabolic pathways in the liver. Our integrative approach sheds new light on the evolutionary impact of ancient exonic structural variants.

S09-03**Inferring demographic history of East Asian populations from length distributions of haplotype sharing****ハプロタイプ共有長の分布から推定する東アジア人の集団史**

河合洋介¹

¹国立国際医療研究センター

ゲノムデータには人類史上イベント(人口変動・移住・混合)を精密に推定するための情報が豊富に含まれている。特に染色体間で共有するハプロタイプの長さの分布からは近年のイベントを世代の時間スケールで推定可能であるとされ、数千年以内の人口動態の推定などの研究に応用されている。日本列島の人々(ヤポネシア人)は縄文時代に日本列島に移住してきた人々と弥生時代に移住してきた人々それぞれの遺伝的影響を受けていると考えられているが、日本列島の周辺の人々との関係などわからないこともまだ残されている。そこで、これまでに収集されてヤポネシア人と日本列島周辺の東アジア人のゲノムデータから、集団間で共有されているハプロタイプ長の分布の調査を行なった。さらに集団サイズの変動や集団分岐などのイベントに関するパラメータを推定する手法を開発し、この分布から推定を行なった。

S09-02**Population genetics inference on the mode, tempo, and origins of natural selection**

Shigeki Nakagome¹

¹School of Medicine, Trinity College Dublin

The impact of natural selection on beneficial alleles can be observed in human genetic variation. However, deciphering the history of local adaptation is made difficult by the vast complexity of human history. We develop a framework of approximate Bayesian computation (ABC) that enables the use of the full site frequency spectrum and haplotype structure to estimate the time of onset of the selective pressure acting on beneficial alleles. Inferring this time, in turn, depends on the mode of natural selection, i.e., selection on new mutations or on standing variation. This selection model becomes complex in an admixed population; which ancestral lineage did a beneficial allele undergo natural selection? Here, we demonstrate the power of our framework using simulation and population genomic data. Our method has sufficient power to distinguish between the two different selection models, as well as between selection and neutral models. To improve the age estimation, we extend our approach to take advantage of ancient DNA data that provides information on the allele frequency path of the beneficial allele. Finally, we apply our method to identify the origins of natural selection by assuming the history of population admixture in modern Japanese.

S09-04**Identification of structural variations and analysis of their functional roles**

藤本明洋¹

¹京大・院医

ヒトゲノムには、様々な種類の遺伝的多様性が存在することが知られている。しかしながら、これまでの解析は、主に一塩基多様性を対象としており、それ以外の多型の検出と機能的意義の推定はほとんど行われていなかった。我々は、中間サイズ欠失(30bp-5kbp)の検出を目的として、第2世代シーケンサーのデータを解析した。また、検出法の改良および検出精度の確認を目的として長鎖シーケンス技術を用いて全ゲノムシーケンスを行った。我々の解析により、日本人174人より4378個の多型的な中間サイズ欠失を検出した。また、遺伝子発現との関わりを調べたところ、181欠失が遺伝子の発現量の個人差に関連しており、それらの欠失はプロモーターやスーパーエンハンサー領域に多かった。CRISPR-Cas9システムを用いて、細胞株に欠失を導入したところ、欠失は遺伝子発現変化を引き起こし、それらが原因多型であることが示唆された。

S09-05

Population genomics study on the Ryukyans 琉球列島人の集団ゲノム研究

木村亮介

琉球大・院医

琉球列島における人類の痕跡は約3万年前の更新世晩期まで遡ることができる。山下町第一洞穴や港川フィッシャー(ともに沖縄島)、ビンザアブ洞穴(宮古島)の他、近年では、白保竿根田原洞穴(石垣島)やサキタリ洞(沖縄島)においても更新世晩期の人骨が発見され、注目を集めている。しかしながら、これら琉球列島の更新世時代人の起源や九州以北にみられる後期旧石器文化との関係、現代琉球列島人との繋がりについては未だによくわかっていない。縄文時代～平安時代の並行期の琉球列島では、沖縄諸島と宮古諸島を隔てるケラマギャップと呼ばれる海峡を境に異なる文化圏を形成されてきたことが知られている。奄美群島と沖縄諸島では、九州地域の縄文文化の影響を受けたとされる貝塚時代が中世まで続く。一方、宮古諸島や八重山諸島では、縄文文化の影響はみられず、下田原文化や無土器文化といった独特の文化が断続的に現れては消えた。これら先島諸島に現れた先史文化の起源も未だ不明である。グスク時代になると日本列島九州以北や大陸からの強い文化的影響が確認され、琉球列島全体が共通した文化圏を形成するようになる。しかしながら、グスク時代において、琉球列島へのヒトの移動がどこからどれくらいの規模でどのように起きたのかについては未だ解明されていない。つまり、琉球列島の集団形成史は未だわからないことだらけなのである。我々の研究グループは現在、琉球列島人の全ゲノム解析を進め、これらの課題を解決すべく、集団遺伝学的手法を用いた研究を進めている。本シンポジウムでは、その経過を報告する。

S10-02

Ecological and molecular mechanisms for evolving imperfect Batesian mimicry in *Papilio memnon*

○古侯慎也¹、林仲平²、曾田貞滋³、藤原晴彦¹

¹東大・院新領域、²台師大・生命科学、³京大・院理

ベイツ型擬態として有名なナガサキアゲハには、メスにのみ擬態型と非擬態型がある。本講演では野外調査や全ゲノム解析の結果からナガサキアゲハの擬態紋様の進化について議論する。台湾での野外調査では、擬態のモデルとしてオオベニモンアゲハなど3種が同所的に生息することがわかったが、モデルが稀な時期であっても擬態型は維持されていた。全ゲノム解析では近縁種のシロオビアゲハ同様、*doublesex* 遺伝子を含む3つの遺伝子がスーパーゼノンとして擬態型の発現を制御していることが示唆された。擬態型はモデルと比較すると、腹部の体色など相違点があり不完全な擬態である。本研究の結果からナガサキアゲハの擬態型は、*doublesex* など擬態を制御する遺伝子下流の限られた遺伝子ネットワークのなかで、不完全ではあるが捕食者をだますには十分な擬態形質を獲得したのではないかと考えられる。

S10-01

Exploration of genes involved in color pattern formation ~transcriptome analysis of *Drosophila guttiera*~ 模様形成遺伝子の探索 ~ミズタマシウジョウバエのトランスクリプトーム解析~

○福富雄一¹、重信秀治²、越川滋行^{1,3}

¹北大・環境科学、²基生研、³北大・地球環境

新奇形質の獲得は、遺伝子ネットワークの変化によって引き起こされるが、その全体像は明らかではない。それは、その形質の形成メカニズムの全体像が未解明であることが多いからである。本研究では、新奇形質であるミズタマシウジョウバエの翅の水玉模様の形成メカニズム解明を目指す。そこで、模様形成への関与が考えられる遺伝子を、トランスクリプトーム解析で明らかにすることを目的とした。

解析には、*yellow* (メラニン合成に関与する遺伝子) エンハンサーに *eGFP* を繋いで導入した系統を使用した。この系統では、模様形成部位で *EGFP* が発現する。そこで、*EGFP* 発現領域と非 *EGFP* 発現領域をメスで切り分け、遺伝子発現を比較した。その結果として、メラニン合成遺伝子だけでなく、シグナル伝達因子や転写因子も発現変動遺伝子として検出された。将来の展望として、これらの遺伝子に対して *CRISPR Cas9* システムを用いた機能解析を行う予定である。

S10-03

The camouflage effect and evolution of color patterns in the tiger beetle *Chaetodera laetescripta* カワラハンミョウにおける模様の隠蔽効果と進化過程

○山本捺由他、曾田貞滋

京大・院理

動物の多様な模様はどのような機能を持ち、どのように進化してきたのかという問いは生態学において古くから中枢をなす問題であるが、斑紋の適応的意義から進化過程までの包括的な解明は一部の分類群に限定されている。そこで、本研究では日本広域の砂地に生息し、地域個体群間で異なる明色の模様(白紋)を上翅に持つカワラハンミョウ(*Chaetodera laetescripta*)に着目し、模様の適応的意義とその進化過程を検証した。デジタル画像解析により砂色が異なる地点から採集した本種の上翅と砂の輝度(明るさ)を算出し、その一致性の程度を推定される捕食者(鳥類)の色覚を考慮して定量的に評価した。また、本種の模型を用いた野外捕食実験により、模様と砂における色の一致性と鳥類による攻撃率の関係性を評価した。これらの結果から、本種における白紋密度によって決定される体色は砂色との一致による隠蔽効果を持つことが示された。また、本種の模様の進化パターンを検証するため、*RAD-seq* を用いて地域個体群間の遺伝的距離を推定し、地理的距離および白紋密度の地点間距離の間の関係性を評価した。その結果、本種の模様は個体群ごとに独立して繰り返し進化したことが示唆された。

S10-04**Bioelectrical signal mediates skin pattern formation of zebrafish**○荒巻敏寛¹、近藤滋¹¹阪大・生命機能

Zebrafish (*Danio rerio*) have a characteristic stripe pattern, which is composed of three types of pigment cells, black melanophores, and yellow xanthophores and silver iridophores. In the pattern formation process, melanophores escape from xanthophore region and then black and yellow regions are clearly separated. Interestingly, this escape behavior is mediated by xanthophore-induced melanophore depolarization. To investigate the spatiotemporal dynamics of skin pattern formation, we developed a simple method for artificially disarranging the placement of pigment cells using a light-gated cation channel Channelrhodopsin-2 (ChR2). ChR2 induced melanophore depolarization and random migration, which resulted in the disarrangement of pigment cells and then destruction of the horizontal stripe pattern. The patterning process immediately resumed when ChR2 was inactivated in the dark. Using this method, we demonstrated that interactions between pigment cells determined stripe width in the absence of any pre-set positional cues, while the initial horizontal alignment of pigment cells in juvenile stage determined directionality of stripes. After disruption of existing horizontal pattern, reconstructed labyrinth-like pattern implicates that a reaction-diffusion system is viable in zebrafish skin pattern formation.

S10-06**Epigenetics controlling flower coloration and transgenerational inheritance in the morning glories****アサガオのエピジェネティクスによる模様形成と経世代伝達**○星野敦¹¹基礎生物学研究所

花の模様は古くから科学者を魅了してきた。アサガオ (*Ipomoea nil*) においても100年前から研究されており、その多様な模様を生み出すものは、江戸後期に選抜された変異にある。花の模様は、花色を決める遺伝子が花卉の一部だけで発現することにより現れる。アサガオの場合、遺伝子重複、トランスポゾン、RNAサイレンシング、エピジェネティクスなどが絡み合って遺伝子の発現を調節し、模様形成に働いている。ここではトランスポゾンとエピジェネティクスが関わる「刷毛目紋(はけめしぼり)」を取り上げる。刷毛目紋は淡色の花卉に濃色のストライプが生じる模様で、アサガオとソライロアサガオ (*I. tricolor*) に存在する。アサガオではストライプのない単色花を咲かせるエピジェネティックな変異体が分離して、その形質が次世代に安定して遺伝する「経世代伝達」も観察できる。このような模様の形成と経世代伝達を説明する、DNAのメチル化を中心としたモデルについて紹介したい。

S10-05**Body stripe and blue tail of lizard – pigment cells producing geographic anti-predator color variation
トカゲのストライプ模様と青い尾 – 異なる捕食者に対応した色素細胞の変化**

栗山 武夫

兵庫県立大・自然研

トカゲは捕食者から襲われたときに、再生可能な尾を切って逃げる。この形質は複数の系統で出現し、捕食者の注意を引き付けるために、胴体よりも派手な青色を進化させたからだと考えられている。胴体のストライプ模様も複数の系統でみられ、隠ぺい色と考えられている。講演では、ストライプ模様と青い尾の至近要因(皮膚の色素細胞の構造と胚発生中の形成過程)と究極要因(捕食者の色覚との関係)を、異なる色覚をもつ捕食者(イタチ、シマヘビ、鳥類)に対応した変異をもつ伊豆半島と伊豆諸島のオカダトカゲを対象にした研究事例を紹介する。捕食者の色覚と尾の色を比較すると、ヘビ・イタチには目立つ青色に、色覚が最も発達した鳥類には目立たない茶色に適応した結果であると考えられた。体色は3種類の色素細胞(黄・虹・黒色素胞)の組合せで作られ、ストライプ模様は胚発生での黒色素胞、青い尾は虹色素胞の出現パターンが重要な要因であると示唆された。

S11-01**Biopsychology of fishes****サカナの行動と心理の比較生物学**

吉田将之

広島大・院統合生命

「こころ」は生物学的な機能のひとつであると考えられる。神経系の働きによってこれがつくり出されるならば、神経活動とこころの状態発現すなわち行動や情動との対応をつきつめることで、こころの基についてなんらかの説明が出来るはずである。私たちは、魚類における情動、特に恐怖の神経機構を調べてきた。これまで、魚類の古典的な恐怖条件付けには、哺乳類同様小脳が必須であること、また小脳の特定のニューロンの可塑的变化が関わることを明らかにした。基本的なこころの機能は、脊椎動物の進化の早い段階で獲得した神経基盤をもつのだろう。小規模な脳をもつ魚類を研究することで、脊椎動物全般に認められる情動や学習の基本的神経機構を明らかにしたい。一方、従来の行動神経科学で考えられていたほど魚類の行動や心理は単純ではない。他の脊椎動物と共通のレパートリーを想定しつつ、多様な環境に適応してきた魚種ごとの違いを考慮した研究を要する。

S11-02

Origin of integrative brain centers in vertebrates 脊椎動物の高次脳中枢の起源

村上安則

愛媛大・准教授

心の進化を理解するには、脳がいかんして進化してきたのかを知ることが極めて重要である。脊椎動物の脳中枢のうち、意識や認知機能を担う領域が終脳(大脳)と小脳について、脊椎動物の進化の初期に分岐した円口類の脳を発生学的な手法で調べた結果、終脳や小脳の形成に関わる遺伝子の発現様式が、円口類と哺乳類で極めてよく似ていることが判明した。このことは、終脳や小脳の基本型が脊椎動物の共通祖先の段階で既に獲得されていたことを意味する。言い換えれば、我々の心を作る神経基盤の起源はおよそ5億年前に遡ることになる。さらに、脊椎動物は進化の過程で脳の形や機能を様々に変化させてきた。その過程でも幾つかの遺伝子が主要な役割を担ってきたことが明らかになりつつある。すなわち、脊椎動物の脳進化では神経発生機構の保守性と柔軟性があり、それによって脊椎動物は地球上の様々な環境に適応放散しつつ、心を進化させてきたと推察される。

S11-04

Statistical argument about whether anthropomorphism is a better scientific research program 擬人主義がましな科学的研究プログラムかどうかを統計学の考え方に基づいて考察する

○森元良太¹

¹北医療大・リハ

動物に心があるとする考え方は日常だけでなく、科学でもよく見受けられる。だが、この考え方は正当化されているのだろうか。ヒトの心の性質をヒト以外の対象に帰属させる立場を擬人主義という。動物に心があるとする考え方も擬人主義の一種である。動物行動学者フランシス・ドゥ・ヴァールは、進化に基づいて擬人主義を擁護する。科学哲学者エリオット・ソーバーは、ドゥ・ヴァールの擬人主義と反擬人主義の比較を統計的仮説検定の2種類の過誤に対応させ、擬人主義擁護の論証を検討している。本発表では、彼らの議論を足がかりに、動物に心があるとする擬人主義の研究プログラムが反擬人主義のプログラムと比べて科学的にましかどうかを検討する。とくに、フィッシャー流の有意性検定とネイマン-ピアソン流の仮説検定の考え方を参考にしながら、科学としての擬人主義プログラムのあり方を考察したい。

S11-03

No Neuron, No Study of Mind? ノー・ニューロン、ノー・スタディ・オブ・マインド?

○網谷祐一¹

¹会津大・上級准教授

本ワークショップの狙いの一つは神経基盤に言及しないでのどのように心の進化について研究するかを議論することである。本発表ではまず哲学的観点から「神経基盤なしの心の進化研究」がどのような形をとるか考える。例えば神経以外の器官の進化が心の進化にかかわる事例がある。また「心」という概念の外延が頭蓋骨を超えていると考えるケースもある(例えばノート等の記憶補助装置の役割を強調する「拡張された心」テーゼ、複数の人が一つの認知主体を構成しうることを主張する「分散化された認知」(distributed cognition)テーゼ)。さらに機能的分析から心の進化を研究する途もある。しかしこの機能に着目した研究については、結局神経基盤に言及しなくては心の進化の説明として欠陥があるのではないかという批判が考えられる。発表の後半ではこの批判があたらないことを二重過程説についての著者の分析から示したい。

S12-01

Virus researches in the massive DNA sequencing era 大規模 DNA シークエンス時代のウイルス進化研究

中川草¹

¹東海大・医

DNAシークエンス技術が発達し、ウイルス感染症の患者のみならず、さまざまな野生動物、そして色々な環境でシークエンスされた配列に様々なウイルスに由来する配列が存在することが明らかになった。最近ではそのようにシークエンスのみで同定されたウイルス種はすでに分離培養されたものの数を大きく上回っている。そのように新規同定されたウイルスにより、分類が現在大きく変化している。そしてウイルスの機能として、何らかの疾患に関係するものだけではなく、様々な環境で働くものも存在することが明らかになった。本発表ではそのようなウイルス研究の現在について報告し、私達の研究グループが進めているウイルスの大規模シークエンス解析の現状を伝える。

S12-02

Comprehensive genomic analysis reveals dynamic evolution of mammalian transposable elements that code for viral-like protein domains 哺乳類ゲノムに存在するウイルス様タンパク質ドメインをコードする配列のダイナミックな進化

○上田真保子¹、Kirill Kryukov¹、三橋里美²、三橋弘明³、今西規¹、中川草¹

¹東海大・医学、²横浜市立大・院医、³東海大・工

哺乳類ゲノムのトランスポゾン、大部分がジャンク DNA とされてきたが、近年、一部の配列が、哺乳類の組織の発生に関わることがわかってきた。中でも、内在性ウイルスや長鎖散在配列といった、ウイルス様タンパク質の読み取り枠を保持する配列 (EVE-ORF: Endogenous Viral Element possessing ORF) が、宿主ゲノムで遺伝子として機能を獲得した例が報告されている。しかし、このような EVE-ORF にはアノテーションがなく、どの程度の EVE-ORF が機能を獲得し、遺伝子として進化してきたのかよくわかっていない。そこで、19種の哺乳類ゲノムから、614,488個の EVE-ORF を HMM 法をもちいて同定し、詳細な比較解析を行った。その結果、EVE-ORF の挿入年代や、保持するタンパク質のドメインが、哺乳類系統により異なること、ヒト・マウスの RNA-seq 解析から、多数の新規 EVE-ORF が遺伝子として発現する可能性があることなどがわかってきた。このことから、EVE-ORF は、各哺乳類に系統特異的な方法で機能を獲得し、哺乳類の進化に関わってきたと考えられる。

S12-03

The diversity and modern and ancient RNA viruses 現代と古代の RNA ウイルスの多様性

○堀江真行^{1,2}

¹京大・白眉、²京大・ウイルス再生研

長期のウイルスの進化を理解するためには、現代、さらには過去のウイルスの多様性を把握することが必須である。しかし、これまでのウイルスの研究対象として病気を起こすウイルスへの偏りがあったためウイルスの多様性は十分に解明されていない。さらにウイルスは生物のように体化石を残さないため、太古のウイルスを直接研究することができない。我々はこれらの問題を解決するため、偏りのない強力なウイルス探索法であるディープシーケンシングを用いて現代のウイルスの多様性を、さらに真核生物ゲノムに存在するウイルス由来の配列である「内在性ウイルス様エレメント (EVE)」の網羅的解析により過去のウイルスの多様性を明らかにしてきた。これらの成果はウイルスの多様性の理解において大きく貢献するとともに、今後のウイルス進化の研究における礎となる。本発表では上記の成果を紹介するとともに今後の方向性について議論したい。

S12-04

Co-evolutionary dynamics of mammals and endogenous retroviruses 内在性レトロウイルスとほ乳類の共進化原理

○佐藤佳¹、伊東潤平¹

¹東大・医科研

内在性レトロウイルス (endogenous retrovirus; ERV) は、ヒトゲノムの約9%を占める。これまで、ERVは機能を持たない進化的ジャンクであるという考えが通説であったが、近年になり、免疫活性化の誘導など、さまざまな生命現象において機能的な役割を担っていることが示唆されている (Roulois et al., Cell, 2015; Chiappinelli et al., Cell, 2015)。一方、レトロウイルスの複製を阻害する機能を持つ APOBEC3ファミリー遺伝子も、ほ乳類の進化の過程において遺伝子重複し、多様化したことが示唆されている (Compton, Malik and Emerman, Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 2013; Nakano et al., Retrovirology, 2017)。「遺伝子重複」とは、進化的選択圧によって引き起こされる事象である。このことから、ほ乳類の進化の過程における ERV の複製・増幅が、APOBEC3ファミリー遺伝子の重複と多様化の選択圧として作用した可能性、また逆に、ERV の複製・増幅を抑制するために、ほ乳類の APOBEC3ファミリー遺伝子の重複と多様化が引き起こされた可能性が考えられる。この可能性を検証するために、研究協力者である Robert Gifford 博士 (グラスゴー大学、英国) が開発した、相同遺伝子配列を網羅的に探索できる DIGS ツールを用い、ゲノムが解読されている164種のほ乳類それぞれにおける APOBEC3ファミリー遺伝子の数を計数した。さらに、DIGS ツールを用い、この164種のほ乳類それぞれがコードする ERV の数を同定した。その結果、それぞれのほ乳類における ERV の数と、APOBEC3ファミリーの遺伝子の数は、強い正の相関関係にあることを明らかにした。この結果は、ERV と APOBEC3ファミリー遺伝子が、ほ乳類の進化の過程において、共進化したことを強く示唆する。本研究では、ERVとAPOBEC3ファミリー遺伝子が、ほ乳類の進化の過程でどのように相互作用し、共進化したのかを、バイオインフォマティクス・ゲノム科学を用いた手法により、網羅的に描出する。本発表では、これまでに得られている知見を紹介すると共に、宿主とウイルスの共進化の原理と意義について議論したい。

S12-05

Revisit Tajima's D to understand evolutionary dynamics of infectious diseases

○大森亮介¹

¹北大・人獣共通感染症リサーチセンター

Tajima's D は中立仮説を検証する統計量として広く使われてきた。もし中立仮説が棄却された場合、セクションや個体群動態について Tajima's D の符号により議論されることがある。しかしながら、これまでセクションや個体群動態が Tajima's D の値に与える影響の理論解析が十分になされていないため、Tajima's D の値からセクションや個体群動態を議論することは困難である。そこで我々は、感染症の短期的な流行に焦点をあて、個体群動態が Tajima's D の値に与える影響の理論解析を行った。感染症の短期的な流行の個体群動態は、SIR モデルと呼ばれる数理モデルで良く近似出来ることが知られている。このモデルに突然変異による中立進化を組み込み、サイト毎のヌクレオチド頻度の時系列の解析解を帰納的に解くことで、個体群動態が Tajima's D の値に与える影響を解析した。これにより、もし個体群動態が決定論的に振る舞う場合、ヌクレオチド頻度は個体群動態と独立であることを証明した。また、個体群動態が確率論的に振る舞う状況を個体ベースモデルを用い解析し、個体群動態の確立性が遺伝的多様性 (Tajima's D の値) と個体群動態が独立ではなくなることが示された。これは、もし中立進化で進化動態が近似できる場合、遺伝子配列の時系列データから個体群動態が推定可能であることを示唆している。

S12-06

Reducing the number of nucleotide sequences in molecular evolutionary analyses

○鈴木善幸¹

¹名市大・院理

塩基配列決定技術の急速な進歩により、ウイルスをはじめとした生物について国際塩基配列データベースに収納されている塩基配列数が指数関数的に増加してきている。ウイルスの分子疫学研究においては、国際塩基配列データベースから特定の遺伝子の塩基配列すべてを抽出して、系統樹を作成したり自然選択を検出したりする分子進化解析がおこなわれているが、配列数の増加にともないこれらの解析が困難になってきている。この問題を解決するための方法のひとつとして、分子進化解析に用いる配列数を減らすことが考えられる。これまでいくつかの方法が提案されてきているが、それらを評価する方法を考えることも重要である。

S12-8

Net-charge evolution of avian influenza A virus hemagglutinin

ヘマグルチニン電荷が関わるトリインフルエンザウイルスの適応進化

○小林由紀¹、五十嵐学²、鈴木善幸³

¹日本大・生物資源、²北大・人獣リサーチ、³名市大・システム自然科学

カモを代表とした水禽はA型インフルエンザウイルス(IAV)の自然宿主であり、IAVは水禽で感染が維持されている間はあまり変化を起こさない。しかし、ニワトリなどの陸棲家禽に感染し流行すると、ダイナミックなゲノム進化が起こる。また表現型の変化として、水禽では腸管に感染し糞便を介した経口感染により感染が維持されていたIAVが、陸棲家禽では気道に感染し、飛沫感染により感染拡大を起こすようになる。このような表現型の変化は、トリIAVが自然宿主である水禽から新規の宿主である陸棲家禽に適応進化した結果起きたと考えられるが、表現型の変化に関わる詳細な進化機構についてはよくわかっていない。IAVはスパイクを構成するヘマグルチニン(HA)が宿主細胞のシアル酸レセプターに結合するところから感染が始まる。本講演では、トリIAVの新規の適応進化機構として、HA電荷の進化が水禽から陸棲鳥類への適応に重要な役割を果たしてきた可能性について議論したい。

S12-07

Coevolutionary phylogenetic analysis between HBV-related hepadnaviruses and hosts

ヘパドナウイルスは宿主進化の選択圧となったか

○竹内(柴田)潤子¹、渡士幸一^{1,2}

¹感染研・ウイルス二部、²東京理科大・理工

B型肝炎ウイルス(HBV)関連ヘパドナウイルスはヒト以外の様々な脊椎動物を宿主とし、共進化の歴史は数億年に及ぶと推定されている。しかしヘパドナウイルスによる宿主進化を示す分子のエビデンスはこれまで報告がなかった。我々は、HBV受容体である胆汁酸輸送体NTCPの様々な哺乳類種の配列をPAML、MEMEで解析した。その結果、NTCPの66.2%のアミノ酸サイトは哺乳類全体で進化的に保存されており(負の選択)、NTCPが宿主生存に有利であることと一致した。一方、NTCPは限られた部位で正の選択を受けており、中でも158番目のアミノ酸がHBVの吸着に関わり、その感染を規定していることを明らかにした。これは、NTCPは本来の機能を保持しながらも、ヘパドナウイルスが進化の選択圧となり、ウイルス結合部位は速く変異してきたことを示唆している。本発表では我々の研究と共に、ヘパドナウイルスと宿主の共進化やウイルス受容体の分子進化について議論したい。

S13-1

Host genetic and environmental determinants of the gut microbiome in wild house mice

野生ハツカネズミの腸内細菌組成における遺伝的・環境的要因

○鈴木太一¹、Megan Phifer-Rixey²、Katya Mack¹、Michael Sheehan³、Dana Lin¹、Ke Bi¹、Michael Nachman¹

¹UC Berkeley、²Monmouth Univ.、³Cornell Univ.

Identifying a common set of genes that mediate host-microbial interactions across populations and species of mammals has implications in evolutionary biology. However, the genetic basis of the gut microbial composition in natural populations remains largely unknown outside of humans. Here, we used wild house mouse populations as a model system to ask three major questions: (1) Does host genetic relatedness explain inter-individual variation in gut microbial composition? (2) Do population differences in the microbiota persist in a common environment? (3) What are the host genes associated with microbial richness and the relative abundance of bacterial genera? We found that host genetic distance is a strong predictor of the gut microbial composition as characterized by 16S amplicon sequencing. Using a common garden approach, we then identified differences in microbial composition between populations that persisted in a shared laboratory environment. Finally, we used exome-sequencing to associate host genetic variants with microbial diversity and relative abundance of microbial taxa in wild mice. Surprisingly, we found a significant overrepresentation of candidate genes that were previously associated with microbial measurements in humans. Gene-bacteria associations identified in both humans and wild mice suggest some commonality to the host genetic determinants of gut microbial composition across mammals.

S13-02**Optimized microbiome for acetate production from wood – local adaptation and speciation of termite gut microorganisms**

大坪和香子

東北大・農

Termites are able to thrive on wood by acquiring acetate produced by their gut microbiota as an end product of cellulose/hemicellulose digestion. Termite gut microbiota consists of a vast and complex community of bacteria, archaea, protozoa, and fungi with various metabolic functions, which synergistically enable the efficient conversion of recalcitrant wood polymer into host-accessible nutrients such as acetate. This highly streamlined gut ecosystem seems to have been optimized in the course of evolution, and molecular phylogenetics and genomic characterization of several termite-gut-specific microorganisms have provided a glimpse into specific metabolic processes and symbiotic relationships, which may play a key role for the host-microbiota coevolution. In this talk, I will present an overview of host-microbiota symbiosis and coevolution of termites, which have been extensively studied over the century.

S13-04**Unravelling the virus diversity and host-virus interaction in wild plants using RNA-Seq
野生植物におけるウイルスの多様性、ウイルス-宿主間相互作用を RNA-Seq で観る**○神谷麻梨^{1,2}、永野惇¹、本庄三恵²、工藤洋²¹龍谷大・農、²京大・生態研

Plant viruses affect host physiology and sometimes cause mass death of the hosts. Therefore, researches had been mainly conducted on crop diseases. However, infection that produces severe symptoms is generally not adaptive for either plants or viruses. In natural plant communities, asymptomatic virus-infection has reported to be frequently observed. Analyzing viruses in their natural habitats is a promising way to understand the diversity, evolution and their unknown ecological-roles. Comprehensive detection of virus species in a plant individual is difficult, because viruses do not share common sequence among species such as rRNA of bacteria or fungi. We developed a method using RNA-Seq to analyze virus species composition and host transcriptome simultaneously. RNA-Seq is a powerful tool for plant virus detection, because most plant viruses have RNA-genome, and DNA-genome viruses produce RNA during their replications. Moreover, by conducting enzymatic depletion of rRNA instead of oligo-dT beads purification, we enabled comprehensive detection of viruses with or without polyA-tail at the end of their genome. In this presentation, we will introduce our survey on wild Brassicaceae plants and discuss the virus-host and virus-virus interaction observed in their natural habitats.

S13-03**Absolute control or dedication? Evolutionary implications of the plant gene-coexpression network for mycorrhizas, the plant-fungal symbiosis**○Tatsuhiko Ezawa¹, Yusaku Sugimura¹, Ai Kawahara² and Hayato Maruyama¹¹Hokkaido University and ²Sumitomo Chemical, Co., Ltd.

More than 400 M years ago, early land plants did not have functional roots and thus employed fungi for acquisition of water and nutrients from the soil, which is the origin of mycorrhizal symbiosis. The fungal symbionts, namely arbuscular mycorrhizal fungi, construct hyphal networks both in the roots and soil, through which the fungi deliver mineral nutrients, particularly phosphate, and in return, receive organic carbon from the host. During the 400-M-year-coevolution, the fungi lost several genes essential for primary metabolism, e.g., those involved in fatty acid biosynthesis, and thus became obligate biotrophs; that is, plants basically control fungal colonization/reproduction. The field-transcriptomics approach was employed to investigate the regulatory mechanism of mycorrhizal formation/functioning under natural conditions. Plants dedicate a large set of genes for fatty acid biosynthesis and hormone metabolism to attract the fungi, and interestingly, the expression of these genes was regulated independently of that of the genes for survival in phosphate-deficient soils. Indeed, plants frequently invest carbon to the fungi even in phosphate-sufficient soils where the cost exceeds the benefit. These observations suggest that the regulation of mycorrhizal formation/functioning may not be interpreted by a simple cost-benefit model. Possible evolutionary implications for the plant-fungal relationship will be discussed.

S13-05**Why host-manipulation matters to evolutionary community ecology: extending the Extended Phenotype**○Ryosuke Iritani^{1,2} & Takuya Sato³

¹: RIKEN iTHEMS; ²: Institute for Frontier Life and Medical Sciences, Kyoto University, Kyoto, ^{606.8507}, Japan; ³: Department of Biology, Graduate School of Science, Kobe University, ^{1-1 Rokkodai, Nada-ku, Kobe 657. 8501}, Japan

Studies on host-manipulation by parasites have long attracted evolutionary biologists for the bizarre changes in phenotypes and behaviors of a manipulated host. Evidence for host manipulation by parasites have been accumulated but its importance in the general context of community, ecology, and evolutionary biology has been poorly understood. The purpose of the presentation is twofold. First, we talk about my recent work on suppression-enhancement of host-manipulation and its impacts upon community dynamics, namely the Switcher-paradigm. Second, we talk about the ongoing work on the evolutionary dynamics of host-manipulation, with the cost of manipulated behaviors enhancing unpreferential predation taken into account.

001-01

Fork tail evolution in aerial insectivores 飛翔昆虫食鳥類における燕尾の進化

○長谷川克¹、新井絵美²、伊藤祥輔³、若松一雅³

¹石川県立大、²総研大・先端科学、³藤田医科大・医療科学

動物の派手な装飾形質は生存選択ではなく性選択によって進化したと仮定されるが、実際の進化プロセスは未検証であることが多い。その代表例がツバメの燕尾であり、燕尾への性選択が実証されたことで性選択が燕尾の発達をもたらす主要因であると考えられてきた。しかしながら、この説明は「航空力学上の利益」仮説によって真っ向から反対されている。この仮説によれば燕尾が深いほうが機敏で効率的な採餌飛翔ができ、生存上有利となって深い燕尾が進化したとしている。両者の議論は20年以上決着がつかず、小進化、大進化両面からの証拠が切望されている。本研究では、1)100年に1度の厳冬下でみられたリュウキュウツバメの小進化パターン、2)飛翔昆虫食鳥類でみられた大進化パターン、の両面から燕尾の進化的理由を調べ、いずれにおいても進化の主要因が性選択であることを示唆する結果を得た。

001-03

How does the swallowtail butterflies dislike their host?

アゲハチョウが食草を嫌いになるしくみとは？

○尾崎克久¹・宇賀神篤¹・龍田勝輔²・吉川寛¹

¹JT 生命誌、²佐賀大・総分センター

植食性昆虫の中でも、アゲハチョウの仲間は厳密な食草選択をしており、食草転換と種分化に相関がみられる。花の蜜を餌とする成虫が、移動能力の低い幼虫に代わって植物種を正確に見分けて産卵場所として選択する。成虫の寿命は短いので、植物の見分け方を練習して上達する時間はなく、生まれながらに知っている行動、つまり「本能」としてプログラムされ正確に受け継がれている。しかし、間違えてはならないはずの本能が変化していることが進化の出発点になっているというパラドックスがある。

食草転換によって種分化が成立するには、成虫にも幼虫にも複数の条件があり、関連する遺伝子群に同時に好都合な突然変異が起きた可能性は極めて低い。我々の取り組みにより、食性転換の出発点は、成虫が元の食草を拒絶することから始まる可能性が示唆されている。食草認識機構にどのような変化が生じたことによって、好みが変わり「嫌い」になったのか考えてみたい。

001-02

Social signatures in echolocation calls of a leaf-roosting bat, *Kerivoula furva*

バナナの葉をねぐらにするコウモリのエコーに見られる社会的な特徴

Kao Mei-Ting^{1,2}、Liu Jian-Nan²、Cheng Hsi-Chi³、○Nakazawa Takefumi¹

¹Natl Cheng Kung Univ、²Natl Chiayi Univ、³Endemic Species Res Inst

Bats may use echolocation for social communication (e.g. group cohesion and individual recognition) although it has evolved primarily for orientation and foraging. This idea has been tested by using bats living in permanent roosts (e.g. caves) in large colonies. Here, we investigated social signatures in echolocation calls of a leaf-roosting bat, *Kerivoula furva*, which forms a small-sized group (2-10 individuals), roosts in furred banana leaves and switches roosts almost every day following foliation, but nevertheless its group membership is largely fixed. We hypothesised that echolocation calls of *K. furva* differ significantly between groups and/or individuals, so that individuals can effectively find roost members, despite frequently changing roosts. Social structural and call analyses supported this hypothesis. Discriminant function analysis provided correct classifications significantly better than random ones, with 34.8% vs. 25% and 26.5% vs. 6.25% for group and individual signatures, respectively. Taken together with previous studies, our results suggest the possibility that, irrespective of the roost type, echolocation calls of bats generally contain enough information to be potentially useful for social communication. Future studies are encouraged to accumulate individual call data for a standardized comparison of context-dependent call signatures and to better understand social communication of bats.

001-04

Mechanism that enables the influenza A virus to evolve in the low-dimensional antigenic space for a long time

季節性インフルエンザウイルスの長期にわたる低次元抗原進化を可能とするメカニズム

○渡部 輝明¹、佐々木 顕²

¹東北医科薬科大、²総研大

A 香港型のインフルエンザウイルスの疫学的特徴の一つは、長期にわたる流行の持続である。一方でその抗原進化においては、各季節で多様性が非常に低いものとなっている。この多様性の低い抗原進化では、長期にわたる頑強な流行の持続は難しいと考えられるが、それを可能とする要因はこれまで不明であった。先行研究においてこの長期持続と低い多様性は、宿主個々における複数株の同時感染を抑制することで両立することが示唆されていた。我々はこの複数株の同時感染抑制をメタ R₀理論に組み込み、インフルエンザウイルスの長期感染流行と低次元抗原進化が如何にして両立するのか、そのメカニズムを探った。本研究では通常と異なり交差免疫は考慮していないが、同時に流行しているウイルス株数と単一株の再生産能力の間に負のフィードバックが存在していることで長期持続と低い多様性の両立が可能であることを示すことができた。

001-05

Measuring the fitness advantage conferred by autotomy in the wild 自切行動の適応的意義を野外で計測する

○細将貴¹、島谷健一郎²¹京大・院理、²統数研

自切行動は幅広い分類群の動物で知られている防御行動だが、その適応価を野外で定量することに成功した事例は報告されていない。これは主に、自切できずに死亡した個体と他の理由で死亡した個体を区別して観測することができないからである。そこで我々は、行動実験と標識再捕から得られるデータを組み合わせることで多くの生活史パラメーターを同時に推定することのできる階層モデルを開発し、問題の解決を試みた。さらに我々は、特定のヘビに対して自切を行うある種のカタツムリを対象に標識再捕を野外で3年間実施し、モデルの有用性を確かめた。解析の結果、ヘビとの遭遇率が毎月3.0%であること、ヘビの捕食が未成熟期における死因の48.2%を占めること、自切する能力による適応度の上昇が8.4%に相当することなどが推定された。本研究はまた、野外における進化生態学的過程の量的な理解に対する、複数手法による階層モデリングの有用性を示している。

001-06

Population Structure of Gene-Environment-Trait and Graphical Representation of Adaptive Evolution 遺伝子・環境・形質の集団構造と適応進化のグラフ表現

○中道礼一郎¹、北田修一²、岸野洋久³¹水産機構・中央水研、²海洋大・名誉教授、³東大・院農

集団は環境のストレスを受けると、関連する遺伝子のアレル頻度に変化をもたらし、適応していく。アレル頻度と環境値を関連付けることで、環境適応にかかわる遺伝子を探索することができる。また集団間でアレル頻度が大きく異なる異常値として、局所集団の適応をもたらした遺伝子を探索することができる。本発表ではこれらを踏まえ、各集団で測られたアレル頻度、形質値、環境値の有意な相関をグラフ表現することで、生物集団の環境への適応・分化と遺伝的背景を総合的にとらえる方法を提案する。この有効性を検証するため、北米西海岸の野生ポプラの公開データの解析を行った。気温と日照が集団分化を形成していること、集団分化には繁殖関連遺伝子の変異がかかわることが浮き彫りとなった。また、環境への適応において気孔密度と葉サビ病罹患の間のトレードオフがあること、そこには気孔形成・制御とストレス・病原抵抗性の遺伝子群が関わることが伺われた。

001-07

Adaptation to a sulfur environment via symbiosis in *Cladonia theiophila* 地衣類・イオウゴケの共生を介した環境適応

河野美恵子、○寺井洋平

総研大・先導研・生命共生体進化

極限環境ではバクテリアなどの適応が知られているが、高等生物でも複数の生物が共生することにより適応が可能となる。このような共生体の1つに藻類と菌類の共生を主軸とした地衣類があり極限環境で生育している。本研究では硫黄が噴出する環境に生育するイオウゴケ(*Cladonia theiophila*)の共生を介した環境適応を解明することを目的としている。硫黄噴出口の直近から影響の少ない離れた地点までイオウゴケの採集を行なった。このうち藻類と菌類では単独培養株を単離し、ゲノム配列を決定した。イオウゴケからDNAを抽出して配列を決定すると、イオウゴケは藻類、菌類、好強酸細菌に近縁なバクテリアの3者からなる基本構成であることが明らかになった。また、窒素固定細菌に近縁なバクテリアが硫黄噴出口から離れるほど少なくなるのが明らかになった。これらの種の共生により硫黄噴出口近くへの適応が可能になったと考えられる。

001-08

Density-dependence in the evolution of parthenogenesis 単為生殖の進化における密度依存性

○山道真人¹、小泉伊知郎¹¹東大・院総合文化

近年、性的対立によって異性に損失を与える形質が進化し、その結果として有性生殖集団への単為生殖個体の侵入が妨げられるという仮説が提唱されている。これまでの研究では、性的対立によって生じる損失が頻度に依存して起こると仮定されてきたが、特に低密度の集団では、密度依存性が重要になる可能性がある。そこで性的対立による損失の密度依存性を考慮した数理モデルを解析した結果、環境収容力が大きい場合には有性生殖が維持されるが、環境収容力が小さい場合には単為生殖個体の侵入を防ぐことはできないことがわかった。さらに、環境収容力が小さくなっていくと、ある閾値から単為生殖に切り替わることで、むしろ個体数が増加することが明らかになった。この結果は、分布の周縁部のような不適な環境で単為生殖個体がよく見られる「地理的単為生殖」という現象を、密度依存的な性的対立の効果から説明し、検証するために役立つと考えられる。

001-09

Analysis of heritability and collective behaviors of *Tetrahymena* based on a long time tracking 長時間トラッキングによるテトラヒメナの遺伝と集団行動の解析

○小島大樹¹、柏木明子²、鈴木宏明³、石川宏輔³、池上高志¹

¹東大・総合文化、²弘前大・農学生命科学、³中央大・理工

テトラヒメナを培地と接触させながら培養することで、長時間にわたり安定した条件で観測をおこなうことができ、1匹のテトラヒメナが数世代に渡って分裂していく様子を動画で記録することを可能にした。

この動画を画像処理によってトラッキングすることで、それぞれの個体の一生の運動を取得するとともに、親子関係を特定することで系統樹の構成をおこなった。

このデータを用いて、各個体の行動を定量的に特徴づけるとともに、世代間で遺伝される形質について解析をおこなった。その結果、各個体の速度分布は世代間で継承されることがわかった。これらの結果をもとに、どのような形質が継承されるか、そして集団の影響によって伝えられるものがどのように変化するかについて議論する。

001-11

The process of host-shift and speciation of fig-pollinating wasps イチジク送粉コバチの寄主転換と種分化の過程

○蘇智慧^{1,2}、曾喜育³、李宏慶⁴

¹JT 生命誌研究館、²阪大・理、³台湾国立中興大学・農資学院、⁴中国華東師範大学・生命科学学院

イチジク属植物 (*Ficus*, Moraceae) と送粉コバチ (Agaonidae) の間では相利共生関係が構築されている。その共生関係は種特異性が高い“1種対1種”の絶対共生関係である。イチジク属は約850種が知られ、送粉コバチも同じかそれ以上の種数がいると考えられている。両者の間には共種分化説が以前から提唱されているが、近年送粉コバチの寄主転換による種分化のプロセスも考えられている。しかし、その種分化プロセスの詳細は分かっていない。本研究は日本、台湾と中国大陸に分布するイチジク属近縁6種とそれらの送粉コバチに対し、MIG-Seq、葉緑体 DNA、マイクロサテライトマーカー、ミトコンドリア DNA 複数の分子情報を用いて、系統関係と集団遺伝構造の解析を行った。その結果、これらの共生関係の成立過程と共に、コバチの寄主転換とそれによる種分化の過程も明らかになった。また、1種の植物に複数種の送粉コバチ (共送粉者 co-pollinator) と複数種の植物に“1種”の送粉コバチ (送粉者共有 pollinator-sharing) という現象もこれらの共生系に生じていることが判明した。

001-10

Phylogenetic position of *Apalopteron familiare* メグロの系統的位置

○長太伸章¹、杉田典正¹、山崎剛史²、川上和人³、西海功¹

¹科博、²山階鳥研、³森林総研

メグロ *Apalopteron familiare* は小笠原諸島固有の鳥で、特別天然記念物および国内希少野生動植物種に指定されている。本種は単独でメグロ属を形成するが、過去にはヒヨドリ科、メジロ科、チメドリ科などに分類されるなど、その分類的位置や系統関係は不明であった。Springer et al. (1995) は分子系統解析によってメグロはメジロ科であるとし、さらにマリアナ諸島に分布する *Cleptornis marchei* に近縁であるとした。一方、Chai et al. (2019) はメグロはメジロ科だが東南アジアに分布する *Heleia* 属に近縁であると指摘するなど、メジロ科内での系統関係は現在でも一致した見解が得られていない。メジロ科は太平洋の島嶼部にも広く進出しており、メグロの系統的位置の解明は小笠原諸島固有である本種の起源やメジロ科の太平洋島嶼部への進出過程を解明する上でも重要である。そこで本研究ではメグロや太平洋島嶼部に分布するメジロ科の標本を対象に系統解析を行い、メグロの系統的位置の解明を試みた。

002-01

Xenacoelomorphs are urbilaterians?: The evolutionary origin of bilaterians 珍無腸動物は Urbilateria か?: 左右相称動物の進化的起源

○三浦徹¹

¹東大・院理・臨海

左右相称動物の出現は後生動物の進化史に大きな影響を与え、多様な左右相称動物が地球上に適応放散している。これまで、モデル実験動物における分子発生的な知見に基づき祖先的左右相称動物“urbilaterian”が想定されている。その一方、左右相称動物の起源を探る上で重要な分類群とされるのが珍無腸動物門 (Xenacoelomorpha) であり、この門の系統的位置については、左右相称動物の中で最も早期に分岐したという説と、後口動物に属するという2説が提唱されている。珍無腸動物門無腸綱 (Acoela) に属するミサキムチョウウズムシ *Hofstenia atroviridis* は、神奈川県三崎周辺の潮間帯・潮下帯に数多く棲息し、通年採集・飼育下での繁殖が比較的容易である。本発表では、本種の体制および初期発生過程や繁殖様式に関する観察結果に基づき、想定されていた urbilaterian との共通点・相違点などについて考察したい。

002-02

Comparative proteomic analysis of chiral shells in the pond snail *Lymnaea stagnalis*
軟体動物 *Lymnaea stagnalis* の右巻と左巻の比較貝殻プロテオーム解析

○石川彰人¹、清水啓介²、磯和幸延³、竹内猛⁴、藤江学⁴、浅見崇比呂⁵、佐藤矩行⁴、遠藤一佳¹

¹東京大・院理、²エクセター大、³名大、⁴OIST、⁵信州大

骨や歯などの硬組織(生体鉱物)はボディプランの主要な構成要素であり、その獲得は生物進化において重要である。生体鉱物形成(バイオミネラリゼーション)には糖やタンパク質などの有機分子が関与する。近年プロテオーム解析による貝殻基質タンパク質(SMP)の網羅解析が進んだが、個々のSMPの機能や生体鉱物形成の分子メカニズムの詳細は未解明である。本研究ではそれらの解明の一環として、巻貝の左右性とSMPとの関係性を明らかにすることを目標とし、同一種内に右巻と左巻の系統が存在する淡水性巻貝 *Lymnaea stagnalis* を用いて、右巻・左巻それぞれの貝殻プロテオーム解析と外套膜発現量の比較解析を行った。その結果、右巻・左巻のそれぞれは、異なる遺伝子発現プロファイルと異なる基質タンパク質プロファイルを示すことが分かった。このことは右巻と左巻の貝殻形成制御機構が単純な鏡像対称の関係にはないことを示唆する。

002-03

Identification of human-specific substitutions that change gene expression levels in skin
皮膚でのヒト特異的遺伝子発現を生み出す塩基置換の特定

○荒川那海¹、今井啓雄²、颯田葉子¹、寺井洋平¹

¹総研大・先導研、²京大・霊長研

発表者らの研究により、皮膚における4つの遺伝子(*COL18A1*, *LAMB2*, *CD151*, *BGN*)のヒト系統での発現量増加が、他の霊長類では見られないヒトの基底膜の波形状と弾性繊維の増加に繋がる可能性が示された。これらの形質は皮膚の強度を増加させた適応形質であると考えられる。また上述の各遺伝子の発現調節領域とその領域中の発現量の増加を生み出す塩基置換を推定した。本研究では推定した塩基置換が実際に発現量の増加を生み出すのかを明らかにすることを目的とする。現在、推定した発現調節領域に関しては皮膚培養細胞を用いたプロモーターアッセイにより発現調節活性を調べている。活性が見られた場合は領域中の候補置換をヒト型から類人猿型に入れ替え、候補置換が発現量を変化させるのかを明らかにする計画である。またゲノム編集技術により皮膚培養細胞に候補塩基置換を導入して目的遺伝子の発現量変化を検証している。本発表ではこれらの進捗について報告する予定である。

002-04

Developmental mechanisms and evolution of heterophylly in an aquatic plant, *Callitriche palustris*

水草ミズハコベにおける異形葉の発生機構とその進化の解析

○古賀皓之¹、ドル有生¹、亀山貴都¹、塚谷裕一¹

¹東大・院理

水辺に生える陸上植物、いわゆる水草には、陸上でも水中でも生育可能な水陸両生種が多く存在する。そのような種では陸生時と水生時で大きく異なる形の葉を作ることができる能力、異形葉性をしばしば備えている。我々は、このような表現型可塑性がどのように実現され、そしてどのように進化してきたのかに興味を持ち、オオバコ科アワゴケ属の水草ミズハコベをモデルとして研究を進めている。本種が陸上と水中で大きく異なる形の葉を作ることができる背景にある発生分子機構や、一般的な陸生種との違いから、異形葉生の進化について議論する。

002-05

Unraveling the molecular mechanisms of development in one-leaf plant, *Monophyllaea*
モノフィレア の一葉性を支える分子機構の解明を目指して

○木下綾華¹、古賀皓之¹、Kim Sujung²、望月伸悦²、長谷あきら²、塚谷裕一^{1,3}

¹東大・院理、²京大・院理、³NINS・ExCELLS

イワタバコ科モノフィレア属の植物では1枚の子葉が無限成長する一方で、茎や本葉が新たに形成されない。これは、典型的な種子植物では子葉も本葉も有限成長すること、葉と茎の繰り返し構造が無限に発生することと比較すると非常に特殊である。このモノフィレアの特殊な発生には2種類の特異な性質を持った分裂組織、溝分裂組織と基部分裂組織が寄与する。前者は典型的な植物の茎頂分裂組織に対応すると考えられているが、栄養成長期に器官形成を行なわない。後者は、葉分裂組織に対応すると考えられているが、細胞分裂活性が無限に保持され、葉身の無限成長に寄与する。これまでのところ、これらの特異な分裂組織の特徴がどのような分子機構で実現されているのかは明らかになっていない。そこで私たちは、分子生物学的実験を行なうための基盤整備を進め、WISH や mRNA-seq を用いて遺伝子発現解析を開始したのでいくつかの遺伝子の結果について報告する。

002-06

Evolution of homeodomain leucine zipper IV genes

藤井 絵実加¹、堀 直樹¹、Chris Zalewski²、John Bowman²、[○]榎原 恵子¹

¹立教・理、²Monash University

HD-Zip IV 遺伝子はシャジクモ藻類と陸上植物に広く存在する転写因子である。被子植物では表皮分化の決定に働くことが知られており、陸上植物の乾燥耐性獲得を考える上で興味深い遺伝子である。コケ植物ヒメツリガネゴケが持つ4個の HD-Zip IV 遺伝子の機能解析を行なった。発現解析ではこれらの遺伝子はいずれも配偶体の茎葉体の茎頂部分及び孢子体の頂端部で発現していた。それぞれの単独遺伝子破壊株を作成したところ、野生株と比較して顕著な表現型はみられず、これらの遺伝子は冗長に機能していると考えられた。発現量の高い PpC4HDZ1 遺伝子についてエストロジェン添加による発現誘導株及び SRDX を付加した配列の発現誘導株を作製し、発現誘導を行ったところ、配偶体の茎頂領域がドーム状に肥大した表現型が観察された。孢子体での過剰発現では表皮の気孔の分布パターンに異常が観察され、PpC4HDZ1 遺伝子が孢子体の表皮細胞の分化様式を制御している可能性が示唆された。

002-08

Subcellular habitat segregation system for co-obligate symbionts in whiteflies コナジラミ類にて進化した菌細胞内の棲み分けシステム

[○]藤原 亜希子^{1,2}、孟 憲英³、鎌形 洋一³、土田 努⁴

¹群馬大・食健康センター、²理研・CSRS、³産総研・生物プロセス、⁴富山大院・理工

タバココナジラミ共生器官(菌細胞)では、栄養素の合成・供給を担う2種の異なる共生細菌が同一細胞内で安定的に維持されるユニークな共生系が存在しており、複合共生系の進化をひも解く上で大変興味深い。

我々は今までの研究でこの棲み分けが宿主小胞膜を介して成立していることを明らかにしてきた。今回さらに詳細な解析を行い、1)棲み分けは老化に伴う小胞膜構造の消失と同時に崩壊し、オスで早期に生じること、2)菌細胞特異的に高発現するアミノ酸トランスポーターが存在し、2種共生細菌の分布境界面にも局在していることが判明した。さらに、菌細胞の形態や保有する共生細菌が異なる同科異属のオンシツコナジラミにおいても棲み分けが維持されていることを確認した。これらの結果は、棲み分け機構がコナジラミの共通祖先にて獲得され、各細菌のニッチを確保しつつ円滑な代謝産物交換を可能にする複合共生システムとして進化・維持されてきたことを示唆する。

002-07

Origin and co-option of pluripotency-related transcriptional networks during deuterostome evolution

後口動物における多能性ネットワークの進化的起源とその変容

関 由行

関学大・理工

非脊椎動物のゲノムには OCT4 (POU5F1)が存在しないため、POU5F1非依存的な多能性ネットワークの存在が想定されている。我々はイソギンチャクのゲノム及び後口動物に広く分布し、また哺乳類の多能性制御因子である PRDM14が多能性ネットワークに組み込まれた進化的経緯とその生物学定義の解明を目指している。PRDM14はマウス ES 細胞の未分化性維持に必須であるため、マウス Prdm14ノックアウト ES 細胞を用いてオルソログによる機能補完実験を行った。その結果、ウニ PRDM14とマウス PRDM14のパートナー分子 CBFA2T2のウニオルソログとの共発現によってマウス PRDM14-CBFA2T2の機能を補完できることを見出した。また、ナメクジウオ胚における Prdm14の発現解析を行ったところ、多能性細胞での発現は観察されず、ゼブラフィッシュと同様に運動ニューロンで発現していることが分かった。このことから、四肢動物の出現前後に Prdm14の発現が多能性細胞で転用されたことで、多能性ネットワークの安定化が起きたのではないかと考えている。

002-09

Neural mechanisms underlying the evolutionary reverse of sex-pheromone preference 性フェロモン選好性の進化的逆転をもたらす神経基盤

[○]石川由希¹、前田直希¹、上川内あづさ¹

¹名大・院理

キイロショウジョウバエの雄は雌特異的な性フェロモン7,11-HD によって求愛を促進させる。一方で近縁種オナジショウジョウバエの求愛活性は7,11-HD によって強く抑制される。このような近縁種間における性フェロモン選好性の進化的逆転はしばしば見られるが、その詳しい神経機構は未知の点が多い。本研究では、オナジショウジョウバエと同様の負の7,11-HD 選好性を示す雑種を用いて、その機構を明らかにする。

キイロショウジョウバエでは7,11-HD 選好性を司る ppk23-P1神経回路が知られている。そこで私たちは7,11-HD 選好性の逆転が ppk23-P1神経回路の変化によると考え、光遺伝学による神経回路の人為的活性化や、再構成 GFP (GRASP) 法を用いた神経接続の可視化により、これを検証した。その結果、7,11-HD 選好性の進化的逆転は特定の神経接続の喪失により起こったことが示唆された。

002-10

When a parasite becomes a beneficial symbiont: An evolutionary case study of cicadas and *Ophiocordyceps* fungi セミ寄生性の冬虫夏草から共生菌への進化

○松浦優¹, Araújo João¹, Vanderpool Dan^{2,3}, McCutcheon John²

¹. 琉大・熱生研 ². Univ. Montana, ³. Indiana Univ.

寄生や相利共生などの生物間の共生は、環境や個体の生理・遺伝的な状態により関係性が変化する。我々が対象とする冬虫夏草は主に昆虫などに寄生して繁殖する子囊菌類の総称であり、一般的に昆虫の天敵と考えられている。ところが最近、セミ類の多くが必須共生細菌を失った代わりに冬虫夏草(*Ophiocordyceps* 属)のセミタケ類に由来する菌と共生していることが判明した。しかもこれらの寄生菌はセミ特異的に何度も共生菌へと進化したと思われる。そこで本研究では、セミタケ類がなぜセミ共生菌に進化しやすいのか、そしてどのような遺伝的変化によって病原性を失い、宿主に有益な表現型が進化したのかを解明するため、ツツクボウシ共生菌と近縁な寄生性セミタケ2種について全ゲノム解析したので、それらの構造や遺伝子について報告する。なお、将来的に形態・分子・ゲノム情報に基づいてセミ共生菌を含む系統群に新属新種を提唱する予定である。

002-11

No laccase, no insects? 外骨格形成の仕組みが昆虫の進化に与えたかもしれない影響

○朝野維起¹, 瀬戸陽介², 橋本晃生³, 久留島宏明¹

¹首都大・生命、²がん化学療法センター、³高崎経済大

Insects are often regarded as the most successful group of animals in the terrestrial environment. Their success can be represented by their huge biomass and large impact on ecosystems. Among the possible factors responsible for their success, we focus on the possibility that the cuticle might have affected the process of insects' evolution. The cuticle of insects, like that of other arthropods, is composed mainly of chitin and structural cuticle proteins. However, insects seem to have evolved a specific system for cuticle formation. Oxidation reaction of catecholamines catalyzed by a copper enzyme, laccase, is the key step in the metabolic pathway for hardening of the insect cuticle. Molecular phylogenetic analysis indicates that laccase functioning in cuticle hardening has evolved only in insects. Here, we discuss a new theory on how the insect-specific "laccase" function has been advantageous for establishing their current ecological position as terrestrial animals.

003-01

Unexpectedly complicated CTCF phylogeny: lessons from lamprey and shark genomics 予想外に複雑な CTCF の分子系統: 円口類と軟骨魚類のゲノム情報を基に

○工樂樹洋¹, 原雄一郎¹, 門田満隆¹

¹理研 BDR

The nuclear protein CCCTC-binding factor (CTCF) contributes as an insulator to chromatin organization in diverse animals. Despite its pivotal role in epigenomic regulation, our knowledge of its binding property is confined mainly to mammals, and its molecular phylogeny has not been thoroughly investigated. Our laboratory has conducted whole genome sequencing and chromosome-scale scaffolding with Hi-C data, followed by superimposition of transcriptomic and epigenomic data onto produced de novo genome assemblies for cartilaginous fishes (Hara et al., 2018. *Nat. Ecol. Evol.* 2, 1761-1771) as well as jawless fishes. These novel resources allowed us to identify CTCF homologs and their binding sites in those non-osteichthyan fishes. Our ChIP-seq analysis suggested that the mode of CTCF binding known from studies on mammals was established in the last common ancestor of extant vertebrates. Moreover, the long-standing chromatin regulator CTCF was shown to have undergone a complex evolutionary history in non-osteichthyan lineages, giving rise to CTCFL (BORIS) and CTCF2 whose duplication timings have been investigated in depth with the latest, enriched sequence data set in our study (Kadota et al., 2017. *Sci. Rep.* 7, 4957).

003-02

Discovering viral genomes by using adaptive immunological memory encoded in CRISPR CRISPR 免疫記憶を使ったメタゲノムからのファージゲノム検出

○杉本竜太、西村瑠佳、井ノ上逸朗

遺伝研・人類遺伝研究室

ウイルスは情報量の多い遺伝物質を持つ有機体であり、およそ 10^{31} 個のウイルスが地球上に存在するとされる。ウイルスは特定の細胞に感染し、その細胞の複製と代謝機構を流用することで増殖する。ウイルスと細胞間では水平伝播と進化的軍拡競争が起こり、これらは進化の重要な要因となっている。ウイルスゲノムを網羅的に解析することで、ウイルスのみならず、細胞性生命の進化についての理解も得られるだろう。既知のウイルスゲノムは特定のモデル生物やヒトに感染するものに限定されていた。メタゲノムデータからウイルスゲノムを検出するために、我々は CRISPR にコードされる免疫記憶を利用する。メタゲノムシーケンスから CRISPR のスペーサー配列を取り出し、それに一致するコンテイングを網羅的に検出する。この方法によって我々は約六千のファージの推定全長ゲノムを検出することに成功した。本発表では検出方法の詳細、および検出されたファージゲノムの特徴について報告する。

003-03

Myodonta-specific 4.5SH gene cluster is essential for mouse development

Myodonta clade 特異的4.5SH 遺伝子クラスタはマウスの発生に必須である

山本育子¹、杉本道彦²、荒木喜美²、鈴木雄³、小林武彦³、○中川真一¹

¹北大・薬、²熊大・IRDA、³東大・定量研

4.5SH は Myodonta clade と呼ばれる短命かつ小型の齧歯類のグループに特異的に見られる90塩基のノンコーディング RNA で、レトロトランスポゾンである SINE B1に高い相同性を示し、その転写産物は細胞核に局在している。4.5SH の生理機能を明らかにするために4.5SH のノックアウトマウスを作製し、その表現型を解析したところ、着床直後に致死になることが明らかとなった。また、4.5SH は mm10ゲノムアセンブリ上では6番染色体上に100 kb のタンデムクラスタを形成しているが、中心部にギャップ配列が存在しているため、正確な長さは不明である。そこで、パルスフィールド電気泳動を用いたサザンブロット解析を行ったところ、4.5SH の配列を含む4.4 kb のリピートユニットが約200コピー並んだ、およそ900 kb の長さの巨大なタンデムクラスタを形成していることが明らかとなった。本発表では、小型齧歯類の進化の過程で巨大4.5SH クラスタが出現し、SINE B1の mRNA 非翻訳領域への挿入によって蓄積されていた潜在的な遺伝的多型が、4.5SH 転写産物との相互作用を介して表現型多型として顕在化したという仮説を提唱したい。

003-05

Population history and genomic admixture of sea snakes in the West Pacific

両棲ウミヘビ類はなぜ8種しかいないのか？ 全ゲノム配列に基づく Laticauda 属ウミヘビ類の系統地理と種間交雑に関する研究

○岸田拓士¹、戸田守²、笹井隆秀³、疋田努⁴

¹京大・野生動物、²琉球大・熱生研、³琉球大・院理工、⁴京大・院理

海産羊膜類は興味深い種分化パターンを示す。ウミガメ類など、生活史の一部を陸に依存する両棲的なグループはあまり種分化しない一方で、鯨類など直接陸地を必要としないグループは著しく種分化する傾向にある。両棲種と海棲種の両方が現存する唯一の海産羊膜類グループであるウミヘビ類においても、産卵のために陸を必要とする両棲エラブウミヘビ類はわずか8種しか記載されないが、胎生で生涯を海中で過ごす海棲ウミヘビ類は60種以上が記載されている。本研究では、エラブウミヘビ類に着目して、彼らの分布北限(沖縄)と南限(バヌアツ)から複数種の複数個体のゲノムを解読して集団ゲノミクス解析を行い、彼らの集団構造を探った。エラブウミヘビ類は基本的に近縁種同士が同所的に分布しないが、唯一の例外がバヌアツに見られる。その同所的な近縁2種間では、著しい遺伝子流動が見られた。こうした交雑のしやすさが、遺伝的隔離を妨げていると考えられる。

003-04

Did the thermosensory system change during the aquatic-terrestrial transition in vertebrate evolution?: insight from frogs

脊椎動物の陸生適応に温度受容システムの変化は必要だったのか？：無尾両生類を用いたアプローチ

○齋藤茂^{1,2,3}、齋藤くれあ^{1,3}、富永真琴^{1,2,3}

¹生理研・細胞生理、²総研大・生理、³生命創成探究センター・温度生物

両生類は発生過程で形態や生理的特性を劇的に変化させて水中から陸上へ生活場所を変える。本研究では、無尾両生類が上陸する過程で温度受容システムに変化が生じるかを検討した。ニホンアカガエルの発生過程において温度感受性が異なる4種類の TRP チャネルの発現時期を調べたところ、胚発生が進むにつれて発現するチャネルの種類が段階的に増加し、幼生が自律的に遊泳し始めるステージではすべてが出揃い、その後の変態期では変化しなかった。つまり、無尾両生類の上陸に関連して温度受容体のレパートリーは変化しないことが示された。分子系統解析の結果からも硬骨魚類と陸上脊椎動物の祖先種ではほとんどの温度感受性 TRP チャネルが獲得されていたことが分かっており、温度受容システムは水中生活を送っていた魚類様の祖先種の段階で基本的には完成し、後の陸生適応の過程では大きな変化を必要としなかったと推察される。

003-06

Molecular analysis for origin and propagation route of the bottle gourd (*Lagenaria siceraria*)

○Dai Watabe¹、Hiroshi Yuasa²、Naoki Osada¹、Kazuhiro Satomura¹、Toshinori Endo¹

¹Hokkaido Univ. ²The Research Institute of Evolutionary Biology

In this study, we aimed at clarifying origin and propagation route of bottle gourds. For this purpose, we analyzed thirty-one Asian, nine American, eight New Guinean and twelve African samples for four nuclear and three plastid DNA sequences. Furthermore, we analyze the genomes of one African, American and Asian bottle gourds and three kinds of wild relatives. By nuclear sequence analysis, samples were classified into three types, Asian, African, and their hybrids. All American samples were hybrids except to a pure Asian type. These results suggested that current American gourds were brought from both Asia and Africa. Interestingly, one Ethiopian sample was also hybrid. By plastid sequences, we identified two characteristic insertions/deletions which can distinguish samples into Asian and African types. These results are congruent with Erickson *et al.* (2005) who suggested that ancient gourds domesticated in Asia were brought to Americas by human. We also attempt to determine the phylogenetic origin of the bottle gourds by the comparative genome analysis.

003-07

Prediction of evolutionary distance using machine learning 機械学習を用いた進化距離の予測

○岩本栄介

産総研・早大 CBBDOIL, 産総研

2本の相同な塩基配列間の進化距離は多くの場合、特定の置換モデルの下で解析的または数値的に推定される。本研究では新しいアプローチとして、配列間の進化距離の機械学習による予測を試みた。

まず置換モデルの下で進化距離を含むパラメーターを様々な設定し、コンピュータを用いて配列進化をシミュレーションすることで、進化距離が既知の配列ペアを多数生成する。次に生成された相同配列ペアの情報と進化距離の関連性を学習器に学習させ、配列ペアを与えることで進化距離を予測する機械学習モデルを作成した。最後に別途コンピュータシミュレーションで生成した配列ペアを用いて、様々な条件下で既存の解析的な手法との比較を行った。学習器による予測は、特に配列のサイト数が少ない場合において優れた結果を示した。

003-09

CRISPR/Cas9 genome editing in the pea aphid CRISPR/Cas9によるエンドウヒゲナガアブラムシのゲノム編集

○重信秀治¹、鈴木みゆず¹

¹基生研・新規モデル

Aphids exhibit unique attributes, such as polyphenisms and specialized cells to house endosymbionts, that make them an interesting system for studies at the interface of ecology, evolution and development. Among approximately 5000 aphid species recorded, the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum*, is widely used in laboratory studies and the 464 Mb draft genome assembly of the pea aphid was published in 2010. However, post-genome studies of the pea aphid has been hampered by a lack of methods for functional assays: no genetic tools are available. RNAi doesn't work well in this insect. Here we report a successful application of CRISPR/Cas9 genome editing to the pea aphid. We established workflow of efficient mutagenesis in the pea aphid by 1) building a systematic breeding system for efficient egg collection and hatching, and 2) optimizing the CRISPR/Cas9 reagents for nuclease-rich environment. We delivered the Cas9 ribonucleoprotein complex into aphid eggs by microinjection. Most of the founders (a.k.a. crispant) exhibited severe phenotypes against each target gene (*Laccase2* and *Distall-less*). We also generated stable germline mutations in these genomic loci. This efficient gene knockout method provides a breakthrough in aphid biology.

003-08

Slow loris genome provides insight into its unique evolution and ecology 全ゲノム解析が示すスローロリスの特殊生態の進化

○早川卓志^{1,2}、辰本将司³、岸田拓士⁴、鈴木彦有⁵、樋口拓人⁶、石川裕恵³、二階堂雅人⁶、郷康広³

¹北大・地球環境、²日本モンキーセンター、³自然科学研究機構・生命創成、⁴京大・野生動物、⁵日本バイオデータ、⁶東工大・生命理工

生息地の森林縮小や野生個体の違法取引などの脅威によって、小型霊長類のスローロリスは絶滅が危惧されている。夜行性、緩慢なロコモーションと低代謝、樹液依存の食性、霊長類で唯一毒腺を持つといった特殊生態のために基礎的な理解が遅れている。種固有の生理・生態に即した保全の障壁となっている。本研究では、レッサースローロリスにおいて合成ロングリードによる全ゲノムアセンブルと、27組織におけるRNAseqをおこない、特殊生態をつかさどる分子メカニズムについて検証した。嗅覚受容体であるORファミリーやV1Rファミリーは、他の曲鼻猿類と同様に多大な遺伝子数を保持しており、夜間における嗅覚依存性を反映していた。毒腺としての機能を持つ上腕臭腺に特異発現するタンパク質も同定でき、臭腺進化的理解の手がかりを得た。スローロリスのゲノム進化の全体像を明らかにし、保全推進を見据えた全ゲノム解析研究の手法的モデルを提示したい。

003-10

Tunable translation error in engineered genetic code circumvents trapping at a local peak in adaptive landscape 遺伝暗号の改変による調節可能な翻訳エラーが適応度地形の局所解へのトラップを回避する

榎本利彦 ○木賀大介

早大・理工

タンパク質の進化は、配列空間上で多峰性を持つ適応度地形の山登りとして理解でき、最大活性よりも低い局所解にトラップされることが多いことが知られている。翻訳の正確性が低いことが想定されている初期の遺伝暗号に基づいた進化の様相は、どのようなものであったらうか。特定のコドンに対して、もともと普遍暗号で指定されたアミノ酸に加えて誤ってアラニンもしくはセリンを混入させる種々の改変暗号を、最近我々は開発した。このような、遺伝子から機能性分子を生産する過程のエラーは、適応度地形をなだらかにすることが想定される。実際、この改変暗号と普遍暗号それぞれから生産した種々のタンパク質変異体の熱耐性を比較したところ、翻訳エラーにより、熱耐性を向上させる進化経路の数が増加していた。さらに、計算機実験により、NK ランドスケープ上の進化を行った場合、翻訳エラーと組換えの効果相加的であることを示すことができた。

003-11

De novo genome assembly of three genera of gibbons and karyotype evolution in the family of Hylobatidae

○郷康広¹, 辰本将司¹, 石川裕恵¹, 平井啓久²

¹自然科学研究機構・生命創成探究センター, ²京都大学・霊長類研究所

合成ロングリードライブラリ作製技術の進歩により、霊長類ゲノムクラス(約3Gb)の新規ゲノム配列を安価に決定できるようになってきた。本研究では、この合成ロングリードライブラリ作製技術を用いて、類人猿の中で属レベルでのゲノム配列の報告がないテナガザル3属(フーロックテナガザル(*Hoolock*)属, テナガザル(*Hylobates*)属, フクロテナガザル(*Symphalangus*)属)の新規ゲノム配列の決定を行った。テナガザル科は属ごとに異なる核型を持ち(*Hoolock*属:2n=38, *Hylobates*属:2n=44, *Symphalangus*属:2n=50, *Nomascus*属:2n=52), 核型進化の解析の良いモデルとなる。解析の結果、ゲノムのつながりの良さを示す scaffold N50 長が、それぞれ27.9 Mb, 38.7 Mb, 36.7 Mbという高品質なゲノム配列を得た。これらの3属のゲノム配列に加えて、すでにゲノム配列の報告があるクロテナガザル(*Nomascus*)属のゲノム配列(scaffold N50 = 52.9 Mb)を用いて、テナガザル科4属の大規模構造変化・核型進化の解析を行った結果を報告する。

0A04-02

The negative selection pressure on autosomal recessive congenital ichthyosis is weaker in African population

東野俊英¹, 長田直樹¹

¹北大・院情報

BACKGROUND: Autosomal recessive congenital ichthyosis (ARCI) encompasses a group of rare inherited disorders of keratinization leading to dry, scaly skin. The majority of ARCI are caused by deleterious mutations of eight genes, namely *ABCA12*, *ALOX12B*, *ALOXE3*, *CYP4F22*, *NIPAL4*, *PNPLA1*, *SLC27A4*, and *TGMI*. Most of the genes play roles in lipid metabolism in human skin, however the pathology of ARCI is mostly unknown.

OBJECTIVE: To clarify ARCI pathology, we compared negative selection pressures on ARCI patients among ethnicities.

METHODS: To estimate the negative selection pressure, we calculated the frequency of individuals with heterozygous variants that can cause ARCI in the homozygous state. Variant frequency data were obtained from gnomAD v2.1.1. Non-synonymous and splice-site variants were annotated with Combined Annotation Dependent Depletion (CADD) v1.4 to predict possible causal variants for ARCI with CADD scores > 30. We totalized the frequencies of individuals with heterozygous causal variants.

RESULTS: The frequency of individuals with heterozygous causal variants for ARCI was significantly higher in African population than in any other populations.

CONCLUSIONS: These findings might show the negative selection pressure on ARCI is weaker in African population, which imply that the skin type or another skin condition of African mitigates the symptoms of ARCI.

0A04-01

Compensatory back mutation in mammalian genome

○Kazuhiro Satomura¹, Naoki Osada¹, Toshinori Endo¹

¹北大・院情報

According to the neutral theory, most of amino acid substitutions are selectively neutral or deleterious. The deleterious substitutions would be removed before fixation by purifying selection, but fortuitously weakly deleterious substitutions are fixed as selectively neutral substitutions, for example in the case of small effective population size. To repair the fixed weakly deleterious substitution, back substitution would arise by higher probability than the expected value because the original state of amino acid is relatively adaptive compared to the current state. To test this hypothesis is the objective of this study. The amino acids substitution has high bias to some amino acids having similar biochemical features. Therefore, the probability of the amino acid back substitution is also not random. However, if the back substitution was slightly adaptive, the fixation should trend to occur earlier. To verify the number of back substitutions and the selective force on it, we examined the time span of multiple substitutions on mammalian homologous genes. The number of multiple substitutions were detected by maximum likelihood method and the time spans were estimated by using branch length. These values were compared to the expected values under selectively neutral.

0A04-03

Distribution of plant-type mitochondrial C-to-U RNA editing in diverse eukaryotes

○西村祐貴¹, 佐藤渚¹, 石谷佳之², 白鳥峻志^{3,4}, 石田健一郎³, 橋本哲男^{2,3}, 稲垣祐司², 大熊盛也¹

¹理研・BRC, ²筑波大・計算七, ³筑波大・生命環境, ⁴JAMSTEC・地球環境

C-to-U RNA editing in land plants converts the specific cytidines in mitochondrial and plastid transcripts into uridines. RNA binding PPR (pentatricopeptide repeat) proteins with DYW motif of probable cytidine deaminase are the key factor of C-to-U RNA editing in land plants. Two heterolobosean protists, which are distantly related to land plants, were also revealed to encode DYW-type PPR proteins and their mitochondrial transcripts undergo C-to-U RNA editing (Rüdinger et al. 2011, Fu et al. 2014). The co-occurrence of mitochondrial RNA editing and DYW-type PPR proteins in the phylogenetically distant groups motivated to survey PPR proteins in various eukaryotes (Schallenberg-Rüdinger et al. 2013), and they suggested that *Malawimonas jakobiformis*, which is distantly related to land plants or heteroloboseans, potentially have plant-type C-to-U RNA editing system. Now that the next generation sequencing data are available in the broader lineages of eukaryotes than in the past, we re-investigated the distribution of DYW-type PPR proteins in eukaryotes. Besides of land plants and heteroloboseans, we identified DYW-type PPR protein genes in Centrohelida, Dinoflagellata, Foraminifera, and *Plasmodiophora brassicae*. In the presentation, we will discuss whether these organisms employ plant-type C-to-U RNA editing on their mitochondrial transcripts.

0A04-04

Does language diversity reflect human population history?

言語の多様性は人類集団史を反映しているか?

○Hiromi Matsumae¹, Patrick E. Savage², Peter Ranacher³, Damián E. Blasi⁴, Thomas E. Currie⁵, Takehiro Sato⁶, Atsushi Tajima⁶, Mark Stoneking⁷, Steven Brown⁸, Kentaro K. Shimizu^{9,10}, Hiroki Oota¹¹, and Balthasar Bickel⁵

¹東海大・医、²慶應大・SFC、³チューリヒ大・地理、⁴チューリヒ大・比較言語、⁵エクセター大、⁶金沢大・院医、⁷マックスプランク・進化人類、⁸マクマスター大・心理神経行動、⁹チューリヒ大・進化環境、¹⁰横浜市大・木原生研、¹¹北里大・医

The use of language is one of the abilities to characterize human whereas language itself is highly-diverged; we speak or sign over 7,000 mutually unintelligible languages which are categorized into approximately 400 language families. Evolutionary history of diversification of language remains a mystery. Researchers have long been interested in reconstructing the history of global migrations and diversification by combining historical and archaeological data with patterns of present-day biological and cultural diversity including language. Going back as far as Darwin, many researchers have argued that cultural evolutionary histories will tend to mirror biological evolutionary histories. Although some linguists propose that grammar remains signals of deep time relationships beyond language families rather than other standardized linguistic markers (lexicon and phonology), statistical analyses were not applied for grammar. Here we report a new statistical analysis comparing cultural (language and music) and genetic data around Northeast Asia beyond language families. After controlling for spatial autocorrelation and recent contact, robust correlations emerge between genetic and grammatical distances. Our results suggest that grammatical structure might be one of the strongest cultural indicators of human population history, while also demonstrating differences among cultural and genetic relationships that highlight the complex nature of human cultural and genetic evolution.

0A05-02

The origin of basement membrane- functional analysis of unicellular holozoan's laminin-like genes

基底膜の起源—単細胞ホロゾアにおけるラミニン様遺伝子の機能解析

○傳保聖太郎¹、福原光海¹、國村尚人²、佐藤香帆³、畑村朱里³、小西博昭³、八木俊樹³、菅裕³

¹県立広島大・院総合学術研究科生命システム科学専攻、²神戸大・院科学技術イノベーション研究科、³県立広島大・生命環境学部生命科学科

Unicellular holozoans are protists closely related to metazoans, including *Capsaspora owczarzaki*, a filastarian. *C. owczarzaki* has multicellularity genes that play important roles in constructing multicellular systems in animals. We presume that the co-option of these genes was responsible for the evolution of animal multicellularity. Here, we study *C. owczarzaki*, a protist closely related to metazoans. The genome of *C. owczarzaki* encodes the six laminin-like genes. Laminin is a protein constituting a part of basement membrane, which functions not only as the cell scaffold, but also as a signaling molecule that induces cell differentiation by interacting with integrin and other extracellular matrix proteins. We report our recent results of functional analyses on the six laminin-like genes of *C. owczarzaki*, and hypothesize the possible function of the premetazoan laminins.

0A05-01

Persistence of massive standing genetic variation in East African cichlids illuminated by genome-wide SINE insertion analyses

ゲノムワイドな SINE 挿入解析から東アフリカ産シクリッドにおける祖先多型の持続性を解明する

○樋口拓人¹、西原秀典¹、梶谷嶺¹、豊田敦²、伊藤武彦¹、岡田典弘³、二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工学院、²国立遺伝学研究所、³国際科学振興財団

Cichlid fishes inhabiting the East African Great Lakes-Victoria, Malawi, and Tanganyika- are textbook examples of adaptive radiation. Although phylogenetic analyses based on the multi-loci sequence data have provided concordant species tree for East African cichlids, some SNPs and insertion of short interspersed nuclear elements (SINEs) were not consistent with the species tree, implying the existence of past standing genetic variations (SGVs) in cichlid genomes. In the present study, we conducted genome-wide SINE insertion analyses among eight representative species of East African cichlids by specially focusing on the origin, the amount, and the duration of SGVs. We obtained 15273 orthologous loci, of which 3545 informative loci were parsimoniously informative to infer the phylogenetic tree. Interestingly, at least 31.5% (1115 loci) out of the informative loci were revealed to be SGVs. We also found that 162 polymorphic loci in Lake Victoria cichlids are derived from the SGVs, which date back to more than 24 MYA, the timing of the divergence of Nile tilapia, the ancestral lineage of East African cichlids. The genome-wide SINE insertion study revealed the existence of large amount of ancient SGVs that may have great impact on the genome evolution and the rapid radiation of East African cichlids.

0A05-03

Genomic-Wide Evolutionary Interaction with The Endogenous Retrovirus Load in Mammals and Birds

○Wanjing Zheng¹、Jun Gojobori¹、Yoko Satta¹

¹Department of Evolutionary Studies of Biosystems, SOKENDAI

The endogenous retrovirus (ERV) is a fossil sequence of the retrovirus that inserted into germline genome of the host. Mammals and birds show differed average load of ERVs in the genome. The relationship between the host and the ERV can be complicated and changeable during evolution. Two sides, conflicts and co-option, exist in this relationship and can be determinants of the level of ERV load. Through genome-wide phylogenetic gene-phenotype association analysis in mammals and birds, we detected genes that evolved in association with ERV loads. We further investigated the shared and/or different features between birds and mammals in aspects including: the distribution of the evolutionary association between gene evolutionary rates and ERV loads; and the role of specific biological processes, which can be potential determinants of ERV loads. Our results provide evidence of differed host-ERV relationships during the evolution of mammals and birds.

0A05-04

Comparative analysis of the relationship between translational efficiency and sequence features of endogenous proteins of multiple organisms using ribosomal profiling data

リボソームプロファイリングデータを用いた複数生物の内 在性タンパク質の翻訳効率と配列特徴量の関係の比較 解析

○田島直幸¹、熊谷俊高²、齋藤裕¹、亀田倫史¹

¹産総研・AIRC、²株式会社ファームラボ

The translational efficiency of protein genes is known to be affected by sequence features. From the results of the latest translational regulation research such as analysis of protein gene introduced from the outside, it has been found that various sequence features such as frequency of codon usage and repetition rate, degree of secondary structure formation of mRNA contribute to translation efficiency. In order to determine whether such a relationship between sequence features and translational efficiency is conserved in the endogenous protein genes of any organism, in this study, we analyzed about the endogenous protein genes of five organisms: *Staphylococcus aureus* (Gram-positive bacteria with low GC content (32.87%)), *Streptomyces coelicolor* (Gram-positive bacteria with high GC content (72.12%)), two strains of *Escherichia coli* (Gram-negative bacteria with middle GC content (50.79% and 50.78%)), and *Saccharomyces cerevisiae* (eukaryotic budding yeast). Based on already registered ribosome profiling data and RNA-Seq data, the translation amount, transcription amount, and translation efficiency were determined, and we investigated the relationship between translation efficiency and sequence features. The analysis results were compared among organisms, and it was found that the most strongly correlated sequence features differ depending on the GC content of the whole genome.

0A06-02

Duox determines insect gut symbiosis by stabilizing respiratory network

○Seonghan Jang¹, Yoshitomo Kikuchi^{1,2}

¹Graduate School of Agriculture, Hokkaido University, ²AIST Hokkaido

Gut symbiosis is omnipresent in nature, which has played a pivotal role in organismal evolution. However, molecular bases underpinning the interspecific interactions are little investigated. In insect gut symbiosis, NADPH dual oxidase (Duox) is one of the critical enzymes that control gut microbiota, wherein two types of functions have been reported well: gut immune signaling and integrity of insect's peritrophic membrane. In this study, we newly discovered the third function of Duox in an insect-microbe gut symbiosis. The bean bug *Riptortus pedestris* harbors a gut symbiont *Burkholderia* in the posterior midgut region. First, we found that Duox is not strongly expressed in the symbiotic organ but highly expressed in trachea that surrounds the gut symbiotic organ. Duox-RNAi showed a collapse of the trachea network followed by dysbiosis of the insect gut, strongly suggesting that reduced oxygen caused by the Duox-RNAi could lead the dysbiosis. The infection of gut symbiont induced tracheal branching of the symbiotic organ and Duox is critical to stabilizing the respiratory system by mediating formation of dityrosine bond in the tracheal cuticle.

0A06-01

Does prenatal development support a single origin of laryngeal echolocation in bats?

胎子期発生は翼手類の喉頭性エコーロケーションの単一 起源仮説を支持するか？

○野尻太郎¹, Ingmar Werneburg², Nguyen Truong Son³, Vuong Tan Tu³, 齊藤 隆⁴, 福井 大¹, 遠藤 秀紀⁵, 小藪 大輔⁶

¹東大・院農, ²チュービンゲン大学, ³ベトナム科学技術アカデミー, ⁴北海道大・FSC, ⁵東大・博物館, ⁶武蔵野美大・造形学部

The bat (Order: Chiroptera) is divided into two suborders: Yangochiroptera and Yinpterochiroptera. The laryngeal echolocation is observed in Rhinolophoidea in Yinpterochiroptera and all species of Yangochiroptera. On the other hand, Pteropodidae in Yinpterochiroptera does not acquire the echolocation with the larynx. So far, it has been enthusiastically discussed whether the laryngeal echolocation has a single origin or multiple origins. The cochlea functions for perceiving the sound frequency in vertebrates. In bats, the cochlea has had enormous attention since it is known that the relative size of the cochlea has a positive correlation with the frequency of the ultrasonic sound. Some researchers suggested that the laryngeal echolocation was lost in the extant pteropodids and thus has a single origin based on the result that the prenatal size growth of the cochlea of the pteropodids is similar to that of the echolocating bats. However, in our study which reconstructed the three-dimensional model of the prenatal cochlea of the various species in bats with micro-CT scanning, we concluded that the cochlear development was differentiated among Pteropodidae, Rhinolophoidea, and Yangochiroptera. We point out that the controversy on the origins of laryngeal echolocation is still open to discussion.

0A06-03

Molecular mechanisms underlying yellow color pattern formation in dragonflies

トンボの黄色い体斑形成に関与する分子基盤

○奥出絃太¹、森山実²、二橋亮²、深津武馬^{1,2}

¹東大・院理、²産総研・生物プロセス

Many dragonflies have yellow-and-black stripe patterns on their bodies, which are thought to function as disruptive coloration for crypsis. However, molecular mechanisms underlying the yellow color patterns in dragonflies remain totally unknown. First, we attempted to identify yellow pigments in several dragonfly species. Solubility assays and LC-MS analyses suggested that the yellow color mainly consists of pteridine pigments. Next, yellow and black epidermal regions dissected from the thorax of several dragonfly species were subjected to transcriptome analysis by RNA sequencing. We obtained many genes specifically expressed in the yellow regions, which contained pigment synthesis genes and pigment transporter genes. Dozens of these genes were consistently detected in the yellow regions across different dragonfly species. By contrast, only a few genes were strongly expressed in the black regions. We further conducted electroporation-mediated RNAi of several yellow region-specific genes. We found that knockdown of pteridine synthesis genes changed the coloration from yellow to white, so did knockdown of ABC transporter genes from yellow to transparent. Our findings demonstrate that region-specific synthesis and transport of the pigment molecules play important roles in formation of yellow color patterns in these dragonflies.

0A06-04

Identification of neurogenic bHLH transcription factor in ctenophore *Bolinopsis Mikado*

日本産カブクラゲにおける神経化 bHLH 転写因子の同定と機能解析

○堀口 理¹, Mei Fang Lin¹, Christine Guzman¹, 早川 英介¹, 重信 秀治², 城倉 圭³, 柴 小菊³, 稲葉 一男³, 渡邊 寛¹; ¹沖縄科学技術大学院大学, ²基礎生物学研究所, ³筑波大・下田臨海

Ctenophora (comb jellies) is the most ancestral animal phylum which has the nervous system. Because ctenophore's nervous system has not been investigated well, its anatomical, physiological, and developmental properties remain largely unknown. Recently, ctenophore genomes were sequenced, but a phylum-wide comparison has suggested that ctenophore lacks a large number of "neural" genes conserved in *Cnidaria/Bilateria*. From this, some researchers hypothesized that the ctenophore nervous system was evolved independently of that of others. Here, we aim to identify ctenophore neurogenic genes and examine their function during embryonic development.

In this research, we focused on the group A bHLH transcription factor (TF) as a neurogenic gene candidate, because the group A bHLH comprises proneural TFs that have specific and evolutionarily conserved neurogenic activities both in *Cnidaria/Bilateria*.

We have so far identified five group A bHLHs from transcriptome of Japanese ctenophore *Bolinopsis mikado* by molecular phylogenetic analysis. Now microinjection of morpholino antisense oligos targeting the ctenophore group A bHLHs is being conducted to experimentally verify their neurogenic function.

In this conference, I will present the result of molecular phylogenetic analysis of ctenophore bHLHs, the ctenophore peptidergic nervous systems, and the effect of bHLH knock down on the development of the peptidergic neurons.

0A07-02

A novel type of mitochondrion-localized DNA polymerase unites orphan eukaryotes into a new 'supergroup'

○Ryo Harada¹, Kentaro Nakano^{1,2}, Akinori Yabuki³, Ensoo Kim⁴, Yuji Inagaki^{1,5}; ¹Graduate School of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba ²Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba ³Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology ⁴American Natural History Museum ⁵Center for Computational Sciences, University of Tsukuba

Mitochondrial genomes are replicated by the nucleus-encoded proteins including DNA polymerase. So far, evolutionarily distinct types of DNA polymerase involved in mitochondrial genome (mtDNApol) have been known. "DNA polymerase Gamma" and "PolIA-D" have been known as mtDNApol in human and yeast, and trypanosomatids, respectively. Separately, "plant and protist organellar DNA polymerase" has been identified as mtDNApol mainly in photosynthetic eukaryotes but also in some heterotrophic species. All of the three mtDNApol types bear sequence similarity to bacterial DNA polymerase I (PolI). In this study, we surveyed PolI-like polymerase (PolI-like pol) in the transcriptome/genomic data from heterotrophic eukaryotes to depict the evolution of mtDNApol. Curiously, we noticed that *Discoba*, *Malawimonadida* and *Ancyromonadida* possess none of the three mtDNApol types but share a previously-undescribed PolI-like pol. The novel PolI-like pol was predicted to bear typical mitochondrial-targeting signal at the N-termini, arguing strongly that this polymerase is localized in mitochondria. The mitochondrion-localized PolI-like pol shared among *Discoba*, *Malawimonadida* and *Ancyromonadida* prompts us to propose a novel 'supergroup' in eukaryotes. If the PolI-like pol reported here was the ancestral type of mtDNApol, *Discoba*, *Malawimonadida* and/or *Ancyromonadida* are significant to root of

0A07-01

Characterization of drug-tolerant EGFR mutation-positive non-small cell lung cancer cells by single-cell RNA-seq

○Yosuke Seto, Ryohei Katayama; Experimental Chemotherapy, Cancer Chemotherapy Center, Japanese Foundation for Cancer Research, Tokyo, Japan

Activating mutation of epidermal growth factor receptor (EGFR) have been identified as one of the driver mutations in non-small cell lung cancers (NSCLCs) and inhibitors against EGFR tyrosine kinase (EGFR-TKIs) dramatically improved the prognosis of EGFR mutation-positive NSCLCs. However, acquired resistance after initial clinical response are widely observed. To date, multiple mechanisms of resistance including secondary mutation and bypass pathway have been reported, yet how emerge drug resistant cancer cells during the therapy is still not fully understood.

Epithelial to mesenchymal transition (EMT), which is morphological transformation from epithelial cells to mesenchymal cells is one of the cancer phenotypes, is suggested to maintain cell viability under anti-cancer treatments. In this study, we established patient derived cells (PDCs) from an EGFR mutation-positive NSCLC patient and found PDCs appeared to be drug-tolerant cells by inducing EMT-like phenotypic change under EGFR-TKI treatment. For further characterizing this observation, we performed single-cell RNA-seq in PDCs with or without EGFR-TKI treatment. We found that surviving PDCs under EGFR-TKI were clustered into 6 groups and that the expression pattern of EMT-related genes, *vim* and *fn1*, were different among the clusters. These results suggest that EMT-state heterogeneity may be important for cancer cells to acquire EGFR-TKI resistance.

0A07-03

演題取り消し

演題取り消し

0A07-04

Evolutionary History of GLIS Genes Illustrates their Fundamental Roles in Cell Reprogramming and Ciliogenesis

進化的起源から探る細胞初期化および繊毛形成におけるGLIS 遺伝子の役割

○安岡有理¹、松本征仁^{1,2}、八木研¹、岡崎康司^{1,2}

¹理研 IMS、²順天堂・院医

The GLIS family transcription factors, GLIS1 and GLIS3, potentiate generation of induced pluripotent stem cells (iPSCs). In contrast, another GLIS family member, GLIS2, suppresses cell reprogramming. To infer their fundamental roles in cell differentiation, we examined the evolutionary history of GLIS genes. Comprehensive phylogenetic analysis shows that Glis1 and Glis3 originated during vertebrate whole genome duplication, whereas Glis2 is a sister group to the Glis1/3 and Gli families. Glis1 evolved faster than Glis3, losing many protein-interacting motifs. This suggests that Glis1 acquired new functions under weakened evolutionary constraints. Transcriptomic data from various animal embryos demonstrate that Glis1 is maternally expressed in tetrapods, whereas vertebrate Glis3 and invertebrate Glis1/3 genes are rarely expressed in oocytes, implying that tetrapod Glis1 acquired a new expression domain and function as a maternal factor. Furthermore, comparative genomic analysis reveals that *glis1/3* is part of a bilaterian-specific gene cluster, together with *rfx3*, *ndc1*, *hspb11*, and *lrrc42*. Because known functions of these genes are related to ciliogenesis, the last common ancestor of bilaterians may have acquired this cluster by shuffling gene order to establish more sophisticated epithelial tissues involving cilia. This evolutionary study highlights the significance of Glis1/3 for cell reprogramming and ciliogenesis.

0A08-02

Ovarian diapause in *Drosophila suzukii* オウトウショウジョウバエにおける卵巣休眠

○Takako Fujichika¹, Aya Takahashi^{1,2}

¹Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan Univ.,
²Research Center for Genomics and Bioinformatics, Tokyo Metropolitan Univ.

Insects adapt to stressful environmental conditions, such as starvation and severe temperatures by adjusting their physiological balance. In *Drosophila*, ovarian diapause is induced to allocate more energy to survival than to reproduction in stressful environments. Wild *D. suzukii* lay eggs onto fresh fruits and are rapidly expanding their habitat as a pest. In this study, we focus on their ability to respond to severe conditions that might have allowed them to colonize regions with different climates. First, we analyzed the light cycle and temperature conditions that induce ovarian diapause using four strains of *D. suzukii* collected in Hachioji, Tokyo. The condition differed to previous research on a population from Shangdong, China. Second, we compared the level of triacylglyceride in individuals that were exposed to the low temperature and short light conditions, under which ovarian diapause was induced, to individuals reared under the long light condition. Third, we investigated the effect of mating on ovarian diapause.

0A08-01

Insights from Fisher's geometric model on the likelihood of speciation under different histories of environmental change

○Ryo Yamaguchi¹, Sarah P. Otto²

¹Tokyo Metropolitan University, ²University of British Columbia

The formation of new species via the accumulation of incompatible genetic changes is thought to result either from ecologically-based divergent natural selection or the order by which mutations happen to arise, leading to different evolutionary trajectories even under similar selection pressures. There is growing evidence in support of both ecological speciation and mutation-order speciation, but how different environmental scenarios affect the rate of species formation remains underexplored. We use a simple model of optimizing selection on multiple traits ("Fisher's geometric model") to determine the conditions that generate genetic incompatibilities in a changing environment. We find that incompatibilities are likely to accumulate in isolated populations adapting to different environments, consistent with ecological speciation. Incompatibilities also arise when isolated populations face a similar novel environment; these cases of mutation-order speciation are particularly likely when the environment changes rapidly and favors the accumulation of large-effect mutations. In addition, we find that homoploid hybrid speciation is likely to occur either when new environments arise in between the parental environments or when parental populations have accumulated large-effect mutations following a period of rapid adaptation. Our results indicate that periods of rapid environmental change are particularly conducive to speciation, especially mutation-order or hybrid speciation.

0A08-03

Strong mothers favor daughters: a case study of the Trivers-Willard hypothesis in a gall-forming aphid with reversed sex roles

○Xin Tong, Shin-ichi Akimoto

北大・農・昆虫体系

The Trivers-Willard hypothesis predicts that mothers in better condition should bias the progeny sex ratios more towards males and invest more in individual males for more marginal fitness returns. However, the hypothesis is specific to polygynous mating systems and based on mammals as model species with difficulty in measurements of parental investment. Here we test the hypothesis quantitatively using one gall-forming aphid, *Tetraneura sorini*, in which fighting is common among females (foundress generation, which hatches from the overwintered egg and fights over the galling sites), whereas male-male competition is moderate. We found that: a. population sex ratios were male-biased (54.8%-58.2% males), but population sex allocation was highly female-biased (68%-72% females); b. the cost of producing one female was 3.0-3.2 times the cost of producing one male; c. larger mothers biased the progeny sex ratios more towards females and produced larger females. We concluded that in *T. sorini* the competition between females leads to female-biased sex allocation, which is contrary to the original Trivers-Willard hypothesis with the reversed sex roles.

0A08-04

Males with more pheomelanin have lower RGSH/GSSG ratio in barn swallows (*Hirundo rustica gutturalis*)

Emi Arai¹, Masaru Hasegawa¹, Kazumasa Wakamatsu², Shosuke Ito²

¹Dept. of Evolutionary Studies of Biosystems, Sokendai, ²Dept. of Chemistry, Fujita Health Univ. School of Health Sciences

Honest signaling theory suggests that a sexual ornamentation have evolved as honest signals of quality by imposing costs for the signaler, by which only high-quality signalers would possess extravagant ornaments. Oxidative stress is proposed (but rarely verified) to be one such cost. Using male barn swallows *Hirundo rustica gutturalis*, we tested whether the pheomelanin pigmentation in the red throat patch, a sexual ornamentation, is associated with current oxidative balance, measured by the ratio between reduced and oxidized glutathione (RGSH/GSSG). The pheomelanin throat patch of subspecies *gutturalis* is twice as large and is highly variable compared to nominate subspecies, which provides a suitable opportunity to examine the association between the pheomelanin pigmentation and oxidative status. We found that males with a higher pheomelanin concentration in their throat feathers had a significantly lower RGSH/GSSG ratio, suggesting higher oxidative stress, but still had a better body condition compared to males with a lower pheomelanin concentration. The total GSH level was not significantly related to the pheomelanin concentration, and thus would not confound the pattern observed above. Pheomelanin ornamentation would accompany the oxidative cost, and more ornamented males might somehow mitigate the cost and maintain good body condition, as predicted by honest signaling theory.

0A09-02

Chromosome pattern heterogeneity among *Entamoeba histolytica* isolates

赤痢アメーバは株ごとに異なる染色体数パターンを示す

○Tetsuro Kawano^{1,2}, Shinji Izumiyama², Yasuaki Yanagawa³, Peni Dwi Kartika¹, Seiki Kobayashi⁴, Tomoyoshi Nozaki¹: ¹東大・院医, ²感染研・寄生動物, ³国立国際医療研究セ・エイズ治療研究開発セ, ⁴慶應大・医

Entamoeba histolytica is the common intestinal parasite worldwide. The draft genome of *E. histolytica* reference strain (HM-1:IMSS) was published in 2005, but the genome information was far from completion as it was fragmented into 1,500 contigs because of its AT-rich and repetitive nature. To improve the *E. histolytica* reference genome, we resequenced and reassemble the new reference genome using PacBio RSII and Hi-C. We obtained an improved genome composed of 38 scaffolds and 1 plasmid, which is consistent with the result of pulse field gel electrophoresis reported in 1999. Furthermore, we also sequenced the genome of a dozen of new clinical isolates. The readmapping patterns of these strains to the reference genome clearly showed heterogeneity of mapping coverage per chromosome and regions of chromosomes, suggestive of extensive inter-chromosome swapping/homologous recombination, and also distinct ploidy per chromosome in the isolates, similar to what was reported for cancer cells. This is the first report of such chromosome-level and isolate-dependent heterogeneity in ploidy, and thus should help us to understand plasticity of the genome of this organisms and potential relationship with the observed spectrum of virulence, disease manifestations, and drug sensitivity.

0A09-01

A new linkage-disequilibrium based method to detect insertion sites of polymorphic duplications

○MARIE SAITOU

State University of New York at Buffalo

Copy number variants (polymorphic deletions and duplications of a genomic region) account for the majority of variable sites between individual human genomes. In this talk, I focus on polymorphic duplications, which are less investigated than deletions due to technical difficulties. We developed a linkage-disequilibrium based method to detect insertion sites of polymorphic duplications, which are not represented in reference genomes. This method also allows the resolution of haplotypes harboring the duplications for downstream evolutionary studies and phenotype investigations. Using this approach, we conducted genome-wide analyses and identified the insertion sites of 22 common polymorphic duplications. We found that the majority of these duplications are intrachromosomal and only one of them is an interchromosomal insertion. Further characterization of these duplications revealed significant associations to blood and skin phenotypes. Based on population genetics analyses, we found that the duplication of a well-characterized pigmentation-related region, including the *HERC2* gene, may be selected against in European populations. We further demonstrated that the haplotype harboring this duplication significantly affects the expression of the *HERC2P9* gene in multiple tissues. Our study sheds light onto the evolutionary impact of understudied polymorphic duplications in human populations and presents methodological insights for future studies.

0A09-03

Genomic signatures for distinct adaptation processes among three cichlid species of Lake Victoria

全ゲノム比較が明らかにしたヴィクトリア湖産シクリッド3種の適応プロセス

○中村遥奈¹、畑島諒¹、豊田敦²、伊藤武彦¹、二階堂雅人¹
¹東工大・生命理工、²国立遺伝学研究所

The cichlids of Lake Victoria are textbook examples of adaptive radiation, since over 500 endemic species arose in just 15,000 years. The low degree of genetic differentiation among species allows us to ascertain highly differentiated genes as strong candidates driving speciation and/or adaptation. Previous studies on comparative genomics analyses of two closely related species with divergent male nuptial colors revealed that vision-related genes were highly differentiated between species, illuminating the speciation processes through visual cues. On the other hand, the processes of adaptation of cichlids to highly diversified lake environment still remain to be investigated. In this study, we conducted a genome-wide comparative analyses of three species (six individuals each), which inhabit the different lake bottom environments by focusing on the population history and the candidate genes of adaptation. As a result, the patterns of changes in population size were quite distinct among species according to lake bottom environment. In addition, we succeeded in characterizing genomic regions that show high level of genetic differentiation between species, providing the candidate genes for adaptation. Interestingly, some of the allele diversity in the candidate genes are shown to be derived from ancient standing genetic variation retained in cichlids of east African great Lakes.

0A09-04

History of a diffuse-type gastric cancer risk allele in Japanese

Diffuse-type 胃がんのリスクアレルの日本人における動態

○Risa L. Iwasaki¹, Jun Gojobori¹, Yoko Satta¹

¹SOKENDAI, ESB

Association studies reported that T at rs2294008 (T/C) is a risk allele of diffuse-type gastric cancer. However, Japanese in Tokyo (JPT) have a higher frequency of the T allele (0.63) than other East Asians (EAS, 0.24~0.28) including Han Chinese in Beijing (CHB). We performed neutrality tests on the SNP site in JPT and CHB, separately and detected a signal of ongoing positive selection on the non-risk allele (C) in CHB since 28 kya; however positive selection on C has apparently ceased in JPT for unknown reasons. To examine if the high T allele frequency in JPT was also influenced by the demographic history, we simulated the dual structure model of Japanese. Simulation suggested that the T allele frequency might have been high in the Jomon people and the divergence time between the Jomon people and CHB (20~40 kya) was no later than the onset time of positive selection in the common ancestral population of the Yayoi people and CHB. It thus appears that relaxed positive selection on the C allele in JPT and high frequency of the T allele in the Jomon people both have caused the high frequency of the T risk allele in the extant modern Japanese.

0A10-02

Influence of signals from other *Drosophila* individuals on oviposition site preferences of *Drosophila suzukii*

他個体の利用痕跡がオウトウショウジョウバエの産卵基質選択性に与える影響

○Airi Sato¹, Joanne Y. Yew², Aya Takahashi^{1,3}

¹Department of Biological Sciences, Tokyo Metropolitan Univ., ²PBRC, Univ. of Hawaii 'i at Mānoa, ³Research Center for Genomics and Bioinformatics, Tokyo Metropolitan Univ.

The majority of *Drosophila* species lay eggs on the ripe and fermented fruits. However, females of *D. suzukii* are able to pierce the skin of fresh fruits and lay eggs into it by using their serrated ovipositors. The chemosensory evolution to sense and respond to attractants from fresh fruits has been investigated previously in this species. However, the chemical properties of repellent substances of fermenting fruits are still not clear. It is expected that fermenting fruits contain microbes brought in by individuals of other *Drosophila* species that have been utilizing the fruit. Therefore, we investigated the effects of traces of other individuals on the oviposition site preferences of *D. suzukii* and *D. melanogaster*. Our results indicated that water-soluble substances on the media pre-inoculated by either species affect the oviposition site preferences of these two species differently.

0A10-01

Genetics and genomics of parallel evolution without gene flow

○Yo Yamasaki¹, Jun Kitano¹

¹遺伝研

The presence and absence of gene flow is one of the factors determining genomic architectures underlying parallel evolution. Gene flow between populations inhabiting similar environments enables them to use the same alleles for parallel evolution. In contrast, without gene flow, each isolated population should wait for new adaptive mutations to arise. Here, we tested these theoretical predictions using three-spined sticklebacks. Ancestral marine sticklebacks have repeatedly colonized freshwater environments during the post-glacial period across the Northern Hemisphere. In Europe and North America, repeated use of freshwater-adaptive alleles often underlies rapid freshwater adaptation. However, genomic architectures of freshwater adaptation in isolated populations have not yet been well investigated. Using isolated freshwater populations in Japan, we first showed that they exhibit parallel evolution similar to European and North American populations at phenotypic levels. Next, using whole genome sequences, we confirmed that both contemporary and historical gene flow among populations is very low. They shared few genomic regions with other Japanese, North American, or European freshwater populations, suggesting that allelic recycling contributed little to parallel evolution. In contrast, we found recent selective sweeps distributed across the genome, consistent with the hypothesis that parallel evolution in isolated populations occur mainly through independent de novo mutations.

0A10-03

Allocation of predator-induced plasticity: A meta-analysis for *Daphnia*

○Mariko Nagano¹, Masaki Sakamoto², Kwang-Hyeon Chang³, Hideyuki Doi¹

¹University of Hyogo, ²Toyama Prefectural University, ³Kyung Hee University

Phenotypic plasticity is the ability of organisms to alter their phenotypes when exposed to a different environment, such as the onset of predation. Despite numerous reports on predator-induced plasticity, it is little known how to evolve and allocate phenotypic plasticity, such as morphological defense and life-history traits. We here report the relationship of predator-induced plasticity of *Daphnia* (Crustacea) group against each predator by a meta-analysis. We used 77 experimental studies including 17 species of *Daphnia* and four predator categories (fish, *Chaoborus* larvae, Notonecta, and the others). Overall, *Daphnia* exhibited the life-history traits shift (smaller size and earlier age at first reproduction and smaller size of neonate) against fish but does not against *Chaoborus* larvae. Morphological defense of *Daphnia* was shown as head spine extension against only *Chaoborus* larvae and tail spine elongation irrespective of predator species. Although high variability of the plasticity makes it difficult to know its trends, the analysis revealed that *Daphnia* has a distinctly different strategy for their phenotypic plasticity depending on predator categories. Finally, we discussed the relationship between the specific defense strategy against predators and phylogeny of *Daphnia* species.

0_A10-04

Phylogeographic Study of the Eurasian otter *Lutra lutra* in the littoral region of East Asia 東アジア沿岸部のユーラシアカワウソ *Lutra lutra* 集団の系統地理

○Daisuke Waku¹, Hyeonjin Kim², Nian-Hong Jang-Liaw³, Chung-Hao Juan³, Ling-Ling Lee³, Sakura Ito⁵, Motokazu Ando⁶, Takeshi Sekiguchi⁷, Hiroshi Sasaki⁸

¹Univ. of Tokyo, ²Regional Env. Planning, Inc., ³Taipei Zoo, ⁴National Taiwan Univ., ⁵Yokohama Zoological Gardens, ⁶Yamazaki Univ. of Animal Health Tech., ⁷Kyushu Univ., ⁸Chikushi Jogakuen Univ.

The Eurasian otter *Lutra lutra* is a semi-aquatic mammal that distributes most of the Eurasian continent. This study focused on the phylogeography of this animal in the littoral region of East Asia. We analyzed total 69 samples as follows: 33 individual samples from Kinmen islands of Taiwan, 26 fecal samples from nine islands of South Korea, and ten fecal samples from Tsushima island of Japan. We also performed phylogenetic analysis with the deposited mitochondrial sequences from Europe and Iraq. As a result, only one haplotype was found from the samples of Kinmen islands, and it was the monophyletic group with the Chinese individuals. Likewise, only one haplotype was found from samples of Tsushima island, and it was the same to that of the southern Korean Peninsula and some islands of South Korea facing the Korean Strait. From some islands of South Korea on the East China sea side, we found other lineage from the peninsula lineage and Chinese lineage. On the other hand, *Lutra lutra* of Europe and Iraq formed only one clade. Hence, from the viewpoint of the mitochondrial diversity, the population of East Asia had higher diversity than that of Europe and Iraq.

0_A11-02

Evolution of Genetic Diversity within Tumors 腫瘍内における遺伝的多様性の進化

○Watal M. Iwasaki¹, Hideki Innan¹

¹SOKENDAI

Cancers consist of heterogeneous subclones rather than a single type of homogeneous clonal cells. This phenomenon, intratumor heterogeneity (ITH), has been a major obstacle to cancer screening and treatment. Thus, understanding how tumors evolve and accumulate mutations is essential for early detection and treatment decisions. We here developed a comprehensive and flexible framework, tumopp, to simulate spatio-temporal development of various solid tumors, and found that different assumptions can produce a huge variety of morphology and ITH patterns even under neutrality. As an application, tumopp was used to search for the optimal biopsy strategy to capture the entire genetic diversity within a tumor conditional on the status of the patient and tumor. The results suggest that FST and physical distance between biopsy samples are informative to determine the minimum required number of biopsy samples.

0_A11-01

Evolution of gall-induction and host-plant associations in Phyllanthaceae-feeding Caloptilia (Lepidoptera: Gracillariidae)

Antoine Guiguet

Department of Life and Environmental Sciences, Kyoto Prefectural University, Kyoto, Japan ; Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte, UMR ⁷²⁶¹, CNRS/Université de Tours, UFR Sciences et Techniques, Tours, France

Gall-induction has repeatedly evolved in different groups of insects. However, most lineages of gall-inducers contain a reduced number of species. Therefore, it is difficult to assess whether gall-induction should be considered as an evolutionary dead-end or a key innovation that contributes to evolutionary success. Insect groups that include species either capable or not capable of inducing galls are good models to infer the transition of feeding habit. They can also be used to study whether the evolution of gall-induction can lead to adaptive radiation. We focused on species of the Caloptilia genus (Lepidoptera: Gracillariidae) associated with Phyllanthaceae and that currently comprises a single species of gall-inducer. However, previous works have suggested the existence of multiple undescribed gall-inducing species of Caloptilia, suggesting the existence of an overlooked adaptive radiation of gall-inducing moths. We sampled nine species of Caloptilia associated with Glochidion (Phyllanthaceae) and inferred phylogenies from five genes commonly used in insect phylogeny as well as Ultra Conserved Elements (UCEs). Both datasets showed that gall-inducers form a well-supported monophyletic group, but the deeper nodes were only resolved in the UCE tree. The UCE phylogeny also strongly supported the monophyly of Caloptilia species associated with Phyllanthaceae and Glochidion.

0_A11-03

Neural centralization in early animal evolution; lessons from cnidarian studies

○Ryo Nakamura, Ryotaro Nakamura, Shinya Komoto, Christine Guzman, Eisuke Hayakawa, Hiroshi Watanabe

Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University (OIST)

The appearance of the central nervous system (CNS) is one of the most prominent events in animal evolution. Previous studies have indicated that *Cnidaria*, the closet sister group to all bilaterians, possess the well-organized nervous system which is comprised of diffuse nerve plexus and, at the oral region, regionalized neuronal aggregation called semi-CNS. *Cnidaria* is thus widely regarded to be a quite valuable model to gain insights into ancestral CNS and for deciphering genetic mechanisms regulating neural centralization. However, genetic architectures of the cnidarian nervous systems are still largely unknown.

Our detailed histological analyses in *Nematostella vectensis* (*Cnidaria*), showed that the oral semi-CNS comprises at least three types of peptidergic neurons, and their oral development become visible at the planula larva stage. We searched for *Nematostella* homologs that are in bilaterians associated with CNS patterning, and have found that *Nematostella* *Otx*, *Otp*, and *Msx* genes are expressed at the oral semi-CNS region, suggesting an evolutionary homology between bilaterian and cnidarian CNSs. Preliminary knockdown experiments of the *Nematostella* CNS genes decreased the expressions of the oral neuropeptides. In the presentation, we will discuss the genetic mechanism of neuronal centralization that already existed in the common *Cnidaria/Bilateria* ancestor.

011-04

Could have “small phenotypic fluctuation” contributed to the evolutionary conservation in vertebrate embryogenesis?

表現型揺らぎの小ささは、脊椎動物発生過程の進化的保存を生じうるか？

○内田唯¹、入江直樹^{1,2}

¹東大・院理、²東大・生物普遍性機構

Morphological diversification often associates with alterations in developmental programs, and thus, understanding the general tendency in embryonic evolution is one of the central issues in the field of Evo-Devo.

Recent comparative transcriptomic studies revealed one intriguing tendency that animal embryos pass through highly conserved mid-embryonic (pharyngula) period, with unknown reasons.

Why has the mid-embryonic period been conserved? One of the major hypotheses attributed this mid-embryonic conservation to strong negative selections by embryonic lethality; however, our previous study did not support this hypothesis. Rather earlier embryos such as gastrula were more prone to show lethal phenotypes than the mid embryos.

Alternatively, being inspired by other independent studies, and theoretical studies, we next hypothesized that the mid-embryonic conservation arises from smaller phenotypic variation than those of earlier and later stages. To test this hypothesis, 1) we quantified phenotypic (transcriptomic) fluctuations among inbred medaka embryos, and further 2) we tested the correlation against micro-evolutionary conservation using different medaka wild populations. The mid-embryonic period showed smaller phenotypic fluctuation and higher micro-evolutionary conservation than the earlier period. This may imply that “smaller phenotypic fluctuation”, generated independently from standing genetic variations, has contributed to the conservation of vertebrate mid-embryonic period on macro-evolutionary scale.

012-02

The Dynamical Emergence of Incest Taboo and Kinship Structure

インセスタブーと親族構造形成のダイナミクス

○板尾健司、金子邦彦：東大・総合文化

家族は社会生活の端緒であり、親族関係は社会関係の基盤である。レヴィ=ストロースはインセスト・タブーにより婚姻が異なる集団間でなされることで集団間が連帯し始めた時に自然から文化への転換が起きたとし、婚姻規則と出自規則から論理的に多様な親族構造が規定されていること、またそれらの構造の文化的帰結を議論した。しかし、それらの多様な親族構造の違いがいかなる条件の違いによっているのかは未だ明らかでなく、生物学的なインセスト・タブーの議論も人類学的な現実を捉えきれていない。本論では婚姻による集団の連帯と配偶者をめぐる競争を考慮した原始社会のモデルを用いて親族構造の進化を議論した。マルチレベル選択の結果として選択圧の厳しい時にインセスト・タブーが自発的に生成すること、また協力の必要性が大きい時に全面交換体系、婚姻競争の激しい時に限定交換体系が発生することが示された。そしてそれによって現実の親族構造の分布が説明された。

012-01

‘Nudge’ based on kin selection: Message design reminding of familial support and the information provision effect

血縁選択に基づく「ナッジ」：血縁者の支援を想起させるメッセージ設計と情報提供の効果

○小松秀徳¹、窪田ひろみ¹、田中伸幸¹、大橋弘忠²

¹電中研、²東大・院工

行動変容方策としての「ナッジ」を実社会に適用するための方法論確立を目的として、進化的マルチエージェントシミュレーションモデルの分析結果に基づき設計した情報提供の効果を検証した。

具体的には、一般市民を対象としたネットアンケート調査(2018/11/29-30, N=3,683)により、工業化による大気汚染リスクを事例とした情報提供を実施し、血縁者から支援を受けているとの認知が極端なリスク忌避を緩和する効果を分析した。血縁者からの支援に関するメッセージは、文字のみで提示するよりも、イラストや写真を併せて提示した方が、血縁者からの支援に関する認知、および未来の世代に与える影響を危険と感じなくなった変化について、統計的に有意な効果が得られた。また、本人が感じる危険性の緩和度合いも増大する傾向があることが確認された。したがって、血縁者からの支援を受けているとの認知が、極端なリスク忌避に有効であることが示唆された。

012-03

Development of Speciation in Intracellular Symbiosis and its Evolutionary Dynamics

細胞内共生による種分化の発生と進化ダイナミクス

○青木さくら、金子邦彦：東大・総合文化

真核生物の起源において重要な鍵となるのが、細胞内共生からオルガネラへの進化である。細胞内共生進化の実験研究は幅広く行われているが、理論的な研究はあまり知られていない。細胞内共生系は共生体が宿主の内部に存在する構造上、共生体は同一宿主内の分布に対して選択がかかるという特徴を持つ。

近年、細胞内共生進化において、同一宿主内での共生細菌の種分化という現象が報告されている。この共生細菌のミトコンドリアゲノムとの類似性などからオルガネラの起源との関連性が期待されている。本研究ではこの細胞内共生系における共生体種分化の進化的性質を明らかにすることを目指す。細胞内共生進化の理論モデルを構築し、その進化ダイナミクスを解析することで、このような細胞内共生体の種分化の性質を調べた。

その結果、種分化が生じるのにかかる時間は変異率、同一宿主内に存在する共生体数、複製の仕方に依存することが分かった。特に、宿主内に存在する細胞内共生体数が多いほど進化にかかる時間が短いという通常の共生進化では見られない性質も見つかっており、このスケーリング則を導いた。学会では本研究に用いたモデルやこれらの解析結果を発表する。

012-04

Transition of biodiversity in mobile populations from the point of view of the small world in local subpopulations

拡散個体群の局所的スモールワールド性からみる生物多様性の変化

○新田宏太¹、山崎和仁²¹神大・院理、²神大・講師

近年、生態学的に中立な種分化がシミュレーションによって研究され(Suzuki and Chiba, 2016)、種数面積関係など自然界で広く成立する法則を再現している(Aguiar et al., 2009)。種分化という地質学的時間スケールの現象では、生物拡散も重要な要因となる。そこで本研究は、個体拡散が生物多様性に及ぼす影響を、多主体系シミュレーションに基づき解析した。種分化は Suzuki and Chiba (2016)に従い Dobzhansky-Muller Model を用いた。結果、2つの法則: 等比級数則と種数面積関係の定量的尺度 (e.g., 元村指数や面積のベキ指数) は拡散能力に依存し、条件によっては法則自体が成立しないことが分かった。また、種多様性と遺伝多様性の関係も質的に変化することが分かった。

多様性尺度が同じでも、個体間の結びつきも同質とは限らない。そこで個体間ネットワークから、システムの質的分類を行い、低拡散の個体が局所的にスモールワールドを形成することを示した。

013-02

Six sex-chromosomes in a frog
6本の性染色体をもつカエル○三浦郁夫¹、桑名知碧²、林思民³、Srikulnath Kornsorn⁴¹広島大・両生類、²広島大・統合生命、³台湾国立師範大・生命、⁴カセサート大・理

性染色体は、形態が雌雄で同形にとどまる場合と異形に変化する場合があります。さらに後者の場合、常染色体との転座を生じることがある。両生類では、雌雄で同形の性染色体を持つ種が圧倒的に多く、全体の9割を占める。しかも異なる性染色体間でターンオーバーを頻繁に繰り返すことが知られている。一方、性染色体と常染色体の転座は非常に稀であり、これまで10例ほどしか報告されていない。今回、染色体数が $2n=26$ 本(13対)を持つ台湾のカエルにおいて複合型性染色体を発見した。オスの3対の染色体間における三つ巴の転座であり、 $X1Y1X2Y2X3Y3$ - ♀ $X1X1X2X2X3X3$ と表すことができる。しかも、相互転座を起こしていない元祖型集団も見つかった。相互転座の詳細と、性染色体の進化、特にターンオーバーとの関連について考察する。

013-01

The presence of the chlorophyll cycle in chlorophyll b-containing cyanobacteria implicated by the in vitro activity assay

○Lim HyunSeok, Ayumi Tanaka, Ryouichi Tanaka, Hisashi Ito
北大・低温研

In plants, chlorophyll a and b are interconvertible by the action of three enzymes, chlorophyllide a oxygenase, chlorophyll b reductase (CBR), and 7-hydroxymethyl chlorophyll a reductase (HCAR). These reactions are collectively referred to as the chlorophyll cycle. In plants, this cyclic pathway ubiquitously exists and plays essential roles in acclimation to different light conditions. In contrast, only a limited number of cyanobacteria species produce chlorophyll b, and these include Prochlorococcus, Prochloron, Prochlorothrix, and Acaryochloris. In this study, we investigated a possible existence of the chlorophyll cycle in chlorophyll-b synthesizing cyanobacteria. First, we selected CBR and HCAR homologues from Prochlorothrix hollandica and Acaryochloris RCC1774 genomes and tested whether their gene products show CBR or HCAR activity in vitro by overexpressing them in Escherichia coli. All of these proteins show CBR and HCAR activity in vitro, respectively, indicating that both cyanobacteria possess the chlorophyll cycle. It is also found that CBR and HCAR homologues exist only in the chlorophyll b-containing cyanobacteria that habitat shallow seas or fresh water, where light conditions change dynamically, while they are not found in Prochlorococcus species that usually habitat environments with fixed lighting. Thus, it is hypothesized the chlorophyll cycle also contributes to light acclimation in cyanobacteria.

013-03

Analysis of evolution of genetic code based on resurrection of ancestral aminoacyl tRNA synthetases

祖先アミノアシル tRNA 合成酵素の復元に基づく遺伝暗号の進化の解析

○横堀伸一¹、馬場 柁¹、笹本峻弘¹、松田直樹¹、橋本ちひろ¹、村松あやか¹、佐藤陸¹、遠藤有紀¹、宮下奈津実¹、丸山真歩¹、横川隆志²、古川龍太郎^{1,3}、山岸明彦¹
¹東薬大・生命科学、²岐阜大・工、³早稲田大・人間科学

すべての生物でほぼ共通の遺伝暗号が使用されており(標準遺伝暗号)、例外はその派生型である。翻訳において、アミノアシル tRNA 合成酵素(ARS)の正確なアミノ酸と tRNA に対する基質認識が、塩基配列とアミノ酸配列の正確な対応を担保している。ARS は触媒ドメインの構造が異なる Class I と Class II に分類される。Class I ARS と Class II ARS は異なる共通祖先を持ち、各 Class の ARS の多様化は、遺伝暗号表の進化に重要な役割を果たしてきたと考えられる。我々は、ARS の複合分子系統樹とそれに基づく祖先配列復元により、どのように現在の標準遺伝暗号表が確立したのかを検討してきた。例えば、IleRS と ValRS の各々の共通祖先、並びに IleRS と ValRS の共通祖先配列の復元を行い、解析を進めている。これらの解析結果に基づき、標準遺伝暗号の成立機構について考察する。

013-04

Experimental study of molecular evolution in the mouse.

○権藤洋一¹

¹東海大・医

バランス染色体など用いることなく、有性生殖種に普遍的に変異を蓄積できる完全遠縁交配法を開発した。この方法で標準近交系マウスに4世代にわたって変異を蓄積した。この蓄積交配はわずか1年で完了した。NGS法を用いてSNV検出を行なった。その結果、ユニーク配列1.3Gbpsのゲノム領域上に、参照配列と異なる固定したSNP1,874を同定した。用いたC57BL/6J系統は、マウス参照配列解読に用いられたC57BL/6J系統から1989年に分岐したとされ、のべ35年の分岐時間内に生じ固定置換したSNPが検出できたことを意味する。また、未固定のSNPも2,606検出し、そのうち455のSNVは、完全遠縁交配に用いたどの初代マウスにも存在しなかったため、4世代の間に新たに生じて蓄積された新規の変異であった。この方法とデータに基づいてこれからの実験進化学の可能性を議論したい。

014-01

Population genomics of the Ryukyu islanders 琉球列島人の集団ゲノム解析

○松波 雅俊¹, 今村 美菜子^{1,2}, 小金淵 佳江³, 木村 亮介¹, 堀越 桃子⁴, 寺尾 知可史⁴, 鎌谷 洋一郎⁴, 石田 肇¹, 前田 士郎^{1,2}

¹琉球大・院医、²琉球大医附属病院、³琉球大・医、⁴理研・生命医科

琉球列島は、日本列島人の起源を考える上で重要な地域である。これまでの研究で琉球列島人と本土日本人は異なる遺伝的背景を持ち、さらに琉球列島内においても先島諸島の人々の遺伝的背景は沖縄本島人とは異なることが知られている。しかし、多数の離島を網羅した解析は未だに行われていない。本研究では、琉球列島人の集団構造を明らかにするために沖縄バイオインフォメーションバンクプロジェクトの一環として、沖縄本島・宮古島・久米島から約4,000人分のDNAを収集し、Asian Screening Array (Illumina, CA)を用いた遺伝多型タイピングと出生地調査をおこなった。主成分分析の結果、沖縄本島と久米島、宮古島の出身者は地域ごとに異なるクラスターを形成し、さらに宮古島島内においても遺伝的な地域差があることが示唆された。このような集団構造は、琉球列島人の過去の移動を反映していると考えられる。

013-05

Odorant receptors tuned to mustard oils マスタードオイルの匂い応答性を持つ嗅覚受容体

○松永光幸¹, Benjamin Goldman-Huertas², Carolina Reisenman¹, 鈴木啓¹, Kevin Miao¹, Marianthi Karageorgi¹, Phillip Brand³, Santiago R. Ramirez³, Noah K. Whiteman¹

¹Department of Integrative Biology, University of California, Berkeley, ²Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Arizona, ³Department of Ecology and Evolution, University of California, Davis

The diversification of plants and the insects that attack them, is likely driven by chemical co-evolution. Chemical cues related to plant defenses are deterrents to non-adapted insects but become co-opted as host-finding cues in specialized insects. However, it remains unclear how the valence of host-plant chemical responses changes in specialized insects. We combine comparative behavioral, physiological and genetic approaches to investigate how the herbivorous drosophilid fly, *Scaptomyza flava*, detects host-plant volatiles known as mustard oils, (isothiocyanates or ITCs), produced by plants in the family Brassicaceae. We show that *S. flava* is attracted to ITCs, in contrast to the closely related species, *S. pallida* and *Drosophila melanogaster*. We identified a triplication event for the odorant receptor Or67b with signatures of positive selection. In an in vivo expression system, two of the Or67b paralogs of *S. flava* respond selectively to ITCs. The homologs of Or67b in closely related species respond to a broad array of odorants but not ITCs. Overall, the results of our study suggest that in insect specialists new odorant receptors, generated through duplication and neofunctionalization, can tune selectively to odorants deterrent in non-adapted insects.

014-02

Is the population of Sado Island genetically close to the population of western Japan?

佐渡の人たちは西日本から渡ってきたのか？

○三澤計治^{1,2,3}, 渡部裕⁴, 横関明男⁴, 若杉三奈子⁴, 小野寺理⁴, 成田一衛⁴, 百都健⁵, 佐藤賢治⁵, 遠藤直人⁴

¹関西医大附属生命医学研究所、²東北大東北メディカル・メガバンク機構、³理研 AIP、⁴新潟大・院医歯学、⁵佐渡総合病院

佐渡島は新潟県にあるにもかかわらず、佐渡方言は西日本方言に近いことが知られています。佐渡島の人達は西日本から来たのでしょうか？この謎を解くため、佐渡島 PROST コホート研究参加者の内、Japonica Array でタイピングされた1,747人の解析を行いました。佐渡島・西日本・東日本のヒト集団について、根井の遺伝的距離を求めました。西日本には長浜の人達、東日本には宮城の人達を用いました。その結果、佐渡島の人々よりも西日本と東日本が遺伝的に近く、佐渡島はどちらに近いとも言えないことがわかりました。佐渡島は本州とは海で隔てられているため、佐渡島内で遺伝的浮動が生じたものと考えられます。遺伝的距離と方言の不一致は、言葉の変化より遺伝子頻度の変化が速いことを示唆しています。この結果は Misawa et al. (2019) Hum. Genome Var. 6: 26にて出版されました。

014-03

Proposal of new continent names following modern human dispersal 新人の拡散にしたがった新しい大陸名の提唱

斎藤成也

国立遺伝学研究所

現在われわれが使っている大陸名は、すべて欧州文明によって名づけられたものである。アフリカ (Africa)は古代ローマ時代に地球海沿岸の北アフリカの一部を指していたのが拡張されたものであるし、ユーラシア (Eurasia)は、ヨーロッパ (Europe)とアジア (Asia)を結合したものだ。ヨーロッパはギリシア神話の女神に由来し、アジアは古代ギリシャ時代、現在のトルコ国のある地域を指していた。オーストラリア (Australia)は、ラテン語で南方を意味する言葉から、アメリカ (America)にいたっては、イタリア人のアメリゴ・ヴェスプッチ由来である。南極大陸 (Antarctica)も、北極の反対を意味する言葉が使われている。これらの大陸名は、もっと客観的な、世界のどの人間でも受け入れることができる名称にすべきであろう。そこで、われわれの祖先が10万年前後に誕生し、他の大陸へ拡散していったことを記念して、アフリカ大陸を Origin Continent (原大陸)、ユーラシア大陸はもっとも大きいので、Great Continent (大大陸)、オーストラリアはもっとも小さく島のようなので、Island Continent (島大陸)、北アメリカ大陸と南アメリカ大陸はそれぞれ North Neocontinent (北新大陸)と South Neocontinent (南新大陸)、そして南極大陸は Pole Continent (極大陸)と命名することを提唱したい。

014-04

Short DNA motif that is not essential for, but may be slightly beneficial to, its host なくてもよいけれど、あれば多少は有利と言えそうな、DNAの短いモチーフ

○古賀章彦

京都大・霊長類

セントロメアは、染色分体の両極への移動を牽引する。細胞にとって必須の装置である。その形成に関与するタンパクの1つである CENP-B は、CENP-B box とよばれる17塩基対のモチーフ (YTTCGTTGGAARCGGGA)を認識して DNA に結合する。ヒトとマウスは、このモチーフを大量にもつ。他にはカンガルーで見つがっている。しかしもたない生物種も多く、生存に必須ではないと推測される。ではなぜ、もつ生物種もいて、系統樹でのその分布は不連続なのか。可能性として、(1)組換えなどで高い頻度で独立に生じる、(2)組換えなどで高い頻度で壊れる、(3)有利な効果を少しホストにもたらず、(4)少しであって中立的な変動に大きく影響するほどではない、という状況が想定できる。霊長類での分布を調べて、これを支持する結果を得た。必須ではないことから分子生物学では軽視されがちであるが、中途半端な有利さは、進化の視点では興味深い。

015-01

Rapid evolution, evolving metacommunities and the distribution of species, traits and genes in the landscape

Luc De Meester

KU Leuven, Belgium

Rapid evolutionary change is receiving increasing attention because it may feedback on ecological dynamics. If evolutionary tracking of environmental change is sufficiently effective, this may strongly influence how communities respond to environmental gradients and change, and thus alter the distribution of species, traits and genes in landscapes. In this lecture I will focus on this evolving metacommunity aspect of eco-evolutionary dynamics. I will first develop the concept of evolution-mediated priority effects and discuss its implications. Drawing on our own data using the water flea *Daphnia magna* and ponds in heterogeneous landscapes as a model system, I will then explore how evolution feeds back on the structure of communities and metacommunities.

015-02

Character displacement in two sibling *Harmonia* ladybird species in the Japanese archipelago ナミテントウ種群における形質置換の検証

Noriyuki Suzuki

Kochi Univ

Character displacement is strong evidence that negative interspecific interactions drive the evolution of niche and resource use traits in nature. However, empirical findings for character displacement are limited than usually expected. Here I examined phenotypic traits of two sibling *Harmonia* ladybird species across the Japanese archipelago. In central Japan, *H. axyridis* is a generalist predator that feeds on a variety of food sources, whereas *H. yedoensis* is a specialist that is confined to pine trees. *H. yedoensis* females produce larger egg size and hatchlings to cope better with its highly elusive prey, the giant pine aphid, which is also nutritionally unfavorable. Interestingly, habitat generalization occurs in *H. yedoensis* in Ryukyu Islands, southern Japan, where *H. axyridis* is not distributed. Therefore, it is expected that divergence of resource use traits occurs between sympatric and allopatric populations of *H. yedoensis*. However, no such clear pattern was detected. I discuss possible reasons why character displacement is unlikely to occur in this system.

015-03

Open and closed economies in ants 巣間分業とアリコロニーの経済

○辻和希¹、WIN Aye Thanda¹、土畑重人²

¹琉球大・農、²京大・院農

アリには1つのコロニーが1つの巣を持つ単巢性と、1つのコロニーが複数の巣を持つ多巢性がある。後者はアルゼンチンアリなどの侵略的外来アリが示す一般的特徴でもある。なぜ多巢性のアリと単巢性のアリがいるのか。多巢性の適応的な意義として、巣間で相補的資源を補完しあうことで異質性の高い環境に適応するとする資源再分配・生理的統合仮説がある。我々は、沖縄にすむ単巢性在来種のオオズアリ *Pheidole noda*、多巢性外来種のツヤオオズアリ *P. megacephala* という近縁2種を用い、環境異質性に対し後者では生理的統合で空間的に適応し、後者は栄養貯蔵と粗食耐性で時間的に適応しているという証拠を得ている。本研究では、多巢性アリは単に巣間で資源をシェアするだけでなく、ローカルな資源特性に応答し積極的に巣間分業をしている証拠を示す。

015-04

Altruistic evolution of workers promotes coexistence of competing ant species ワーカーの利他性進化に伴う競争アリ種の共存促進

○土畑重人¹、辻和希²

¹京大院・農、²琉球大・農

社会性昆虫であるアリのワーカーは一般に、同種非血縁コロニーに対して激しい敵対性を示す。これは種内での資源競争や種内社会寄生の排除における包括適応度上の利益に基づいて進化した血縁選択形質であるとみなされている。言い換えると、自らのコロニーの増殖に貢献するワーカー形質は、多面発現的に同種他コロニーの増殖に悪影響を与える(種内競争の強化)。このことは、群集内における当該種の種間競争能力に影響を及ぼすと期待される。資源競争関係にある2種のコロニー密度を記述するロトカ・ヴォルテラ系の増殖・種内競争パラメータをワーカー形質の関数であるとして、形質進化に伴う系の平衡点の安定性の変化を解析した。その結果、ワーカー形質の進化は一般に、競争2種の安定共存領域を広げる効果を持つことが明らかになった。発表ではさらに、社会性昆虫に限らず種内競争形質の進化一般が群集構成に及ぼす波及効果について議論する。

016-01

Multicomponent structures in camouflage and mimicry in butterfly wing patterns 蝶の翅のカモフラージュや擬態模様は多要素構造である

○鈴木誉保¹、富田秀一郎²、瀬筒秀樹¹

¹農研機構・カイコ、²農研機構・シルク

枯葉などにそっくりに化ける擬態、毒をもった生物種に似せる擬態など、擬態は適応の典型例として知られる。これまでの研究では、擬態の機能的な役割や集団レベルの進化などが明らかにされてきた。しかし、擬態模様がどのような作られ方(構造)をしているのかは、ほとんどわかっていない。演者は、蝶の翅模様に焦点を絞り、様々な擬態模様の構造について調べた。擬態した蝶として、枯葉(*Kallima inachus*; *Memphis philumena*; *Polygonia c-album*)、岩(*Oeneis melissa*)、樹皮を覆う地衣類(*Hamadryas feronia*)などへの擬態、ミュラー擬態(*Danaus plexippus* 等)、ベーツ擬態(*Eresia clio*)など9種を調べた。方法として、比較形態学によるアプローチを利用し、蝶の翅模様をつくとされる相同な要素と同形な要素に注目した。その結果、いずれの模様も要素の集合へと分解できることがわかった。これは、蝶の擬態模様がレゴブロックのようにブロック(模様要素)の組み合わせを変えながら進化してきたことを示唆する(文献)。

文献 Suzuki, Tomita, Sezutsu (2019) J Molphol 280:149-166.

016-02

Genetic architecture underlying convergent evolution of morphology in sticklebacks トゲウオ科魚類における形態の収斂進化の遺伝基盤

○柿岡諒¹、北野潤¹、石川麻乃¹、永野惇^{2,3}、八杉公基²、高橋洋⁴

¹遺伝研、²京都大・生態研、³龍谷大・農、⁴水産大学校

異なる系統で類似した形質が生じる収斂の遺伝基盤の解明は、進化生物学における主要な課題の一つである。トゲウオ科魚類では、対捕食者防御などの生態適応に関わる形態が収斂化する例が多く知られている。トミヨ属魚類 *Pungitius* spp. は北東アジアで種多様化しており、形態も種間に限らず種内でも多様化している。その形態進化には、近縁のイトヨ属 *Gasterosteus* のものと類似したパターンが多くみられる。しかし、北東アジアのトミヨ属魚類では形態分化の遺伝基盤は知られていない。本研究では、まずトミヨ属汽水型 *Pungitius pungitius* とトミヨ属淡水型 *Pungitius sinensis* 間の遺伝的関係を調べた。さらに2種間での形態分化の遺伝基盤を探索するため、2種間の戻し交配家系で QTL 解析を行った。その結果、分化した形態形質に関わる QTL を検出することができた。また、他のトゲウオ科魚類でこれまでに行われた QTL 解析の結果との比較から、トゲウオ科魚類における形態の収斂進化の遺伝基盤について考察する。

016-03

Mammalian nose-tip is ancestral jaw-tip 哺乳類の鼻先は祖先の口先だった

○Hiroki Higashiyaka¹, Hiroki Kurihara¹

¹Grad. Sch. Med., Univ. Tokyo

Traditionally, the upper jaw-tip bone has been termed “premaxilla” and been thought to be homologous among jawed vertebrates. However, our study shows this criteria is wrong in mammals because of the drastic facial primordial shift in the synapsid lineage; namely, jaw-tip of most vertebrates arises from medial nasal prominence (mnp), while mammalian one is from maxillary prominence and mnp derives nose part. This is revealed by the inhibitions of facial primordia (i. e., cleft lip/palate models) of mouse (*Mus musculus*), chicken (*Gallus gallus*), gecko (*Paroedura picta*), and the lineage trace experiment of maxillary prominence by using *Dlx1-CreERT2* / *R26R^{LacZ/LacZ}* mice. These experiments obviously showed the anatomical structures such as the trigeminal nerve patterns tightly coincides with the primordial lineages, and the topographical relationships of the structures clearly reflect the primordial shift. The comparative studies with development of monotreme (Echidna; *Tachyglossus aculeatus*) and fossil records (e. g., *Dicynodontoides nowacki*, *Sauroctonus parringtoni*, *Silphoictidoides ruhuhuensis*) also supports the shift, and suggests the major part of mammalian jaw-tip bone is homologous with the septomaxilla, the tiny bone element of ancestral amniotes. This primordial shift should be a key to evolve the mammalian face, such as the protruded nose, and perhaps the facial muscles.

P_A-001

Transcriptome Analysis to Reveals Candidate Genes for Cold Tolerance in *Drosophila albomicans*

○Shikha Singh¹, Tomohiko Kimura¹, Kotoha Isobe¹, Koichiro Tamura^{1,2}

¹Dept. of Biol. Sci., ²RCGB, Tokyo Metropolitan University

A fruit fly species, *Drosophila albomicans*, is the tropical origin but currently has a wide geographic distribution to the Asian temperate regions. When organisms face a new environmental condition, following climate change or habitat expansion, they must adapt to it in order to survive. As body temperature follows the external environment in ectothermic organisms, the geographic distribution of these species strongly depends on their ability to survive with local environment temperatures. In *Drosophila albomicans*, cold tolerance in terms of survival time at 1°C of adult flies reared at 25°C was substantially improved by cold acclimation at 20°C for several days. Fruit flies are an excellent material to study in-depth the mechanism of cold acclimation with their high diversity and availability of tools for genetic engineering in a model organism species, *D. melanogaster*. Therefore, we used high-throughput RNA sequencing to analyze candidate genes responsible for cold acclimation to know how species adapt to their environmental temperature.

016-04

Phosphorylation of myosin at the intercalating ventral midline epidermis is essential for ventrally curved-shape of tailbud embryo in a chordate ascidian embryo

脊索動物ホヤ尾芽胚の腹側への湾曲した形は細胞挿入時の腹側正中表皮におけるミオシンリン酸化が必須である

○Kohji Hotta¹, Hiromochi Muraoka¹, Benoit Godard², Wataru Koizumi¹, Carl-Philipp Heisenberg², Kotaro Oka¹

¹慶大・理工、²IST オーストリア

尾芽胚期は進化的に保存された脊索動物に共通の発生段階であり、脊索動物における重要な特徴のひとつである。本研究では、カタウレイボヤ尾芽胚における尾部湾曲機構に着目し、関連分子探索とその役割解明を目的とした。尾芽胚期における形態的特徴量を9抽出し主成分分析を行った結果、第二主成分は尾部の曲がりを示す特徴量に分類された。ミオシンリン酸化阻害剤処理胚は第二主成分のみで野生型と比較して有意に差あることがわかった。リン酸化ミオシン抗体染色では、St. 22の前方腹側表皮細胞の前後細胞境界に沿って強いシグナルが観察された。同時期、腹側表皮では収縮伸長が観察された。ミオシンリン酸化阻害剤処理胚では腹側表皮における張力がみられなくなることをレーザーカッターによって確認した。以上より、腹側表皮における局所的なリン酸化ミオシンは、細胞挿入を介し、局所的な尾部湾曲を引き起こす力を生み出していることが示唆された。

P_A-002

Phylogenetic inference of the origins of circadian genes 概日リズム形成機構構成遺伝子の機能獲得進化過程の推定

○佐賀野ひかる¹、小柳香奈子²、渡邊日出海²

¹北大・情報科学研究科、²北大・情報科学研究所

生物が持つ様々なリズムのうち、およそ24時間周期のリズムを概日リズムという。複数の時計遺伝子による何らかのフィードバック制御ループにより概日リズムが形成されている。概日リズムは原核生物から真核生物に至るまでの多くの生物が有しており、その機能的な重要性は明らかであるが、時計遺伝子の種類や制御ループの数等が生物種間で異なり、概日リズムの進化的起源は未解明なままである。そこで本研究では、概日リズムの形成において中心的役割を担う遺伝子の分子系統解析を行うことにより、それらの遺伝子がどの非時計遺伝子から派生してきたのかを推定し、概日リズム形成過程の解明を目指した。その結果、時計遺伝子の中に、光や酸素が関わる遺伝子群から派生したものなどが見つかった。これらの結果に基づき、概日リズムの形成過程について考察する。

PA-003

Parallel evolution of mating system in *Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex explored by whole-genome sequencing

接合藻ヒメカヅキモにおける生殖様式の平行進化:全ゲノムデータから探る

○川口也和子¹、土金勇樹¹、田中啓介²、太治輝昭³、豊田敦⁴、西山智明⁵、関本弘之⁶、土松隆志¹

¹千葉大・理、²東京農大・生物資源ゲノム解析セ、³東京農大・バイオ、⁴国立遺伝学研究所、⁵金沢大・学際セ、⁶日本女子大・理・物質

接合藻ヒメカヅキモ(*Closterium peracerosum-strigosum-littorale* complex)の有性生殖の様式には、+型と-型の異なる交配型同士でのみ接合可能なヘテロリズム(他殖)と、同一クローン間の接合が可能なホモリズム(自殖)の2種類が知られている。本研究は生殖様式がゲノム進化に与える影響を明らかにすることを目的としている。種内21系統のシーケンズデータを用いた解析により、生殖様式の転換が複数回独立に生じており、種内系統間でゲノム構造が非常に多様であることが明らかになった。さらにホモ系統特異的に大規模な重複が多く検出され、その領域に有害な突然変異が蓄積している傾向が見られた。これらの結果は、生殖様式の転換によりゲノム全体に働く自然選択圧に変化が生じている可能性を示唆する。他殖集団より自殖集団の方が自然選択の有効性が低いと予測されるが、今後この予測が実際に当てはまるかを有効集団サイズと連鎖不平衡の推定から検証する予定である。

PA-005

Genomic plasticity mediated by transposable elements in the plant pathogenic fungus

Colletotrichum higginsianum

転移因子がもたらす植物病原真菌 *Colletotrichum higginsianum* ゲノムの可塑性

○Ayako Tsushima^{1,2}、Pamela Gan²、Naoyoshi Kumakura²、Mari Narusaka³、Yoshitaka Takano⁴、Yoshihiro Narusaka³、Ken Shirasu^{1,2}、¹Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo, ²CSRS RIKEN, ³RIBS Okayama, ⁴Grad. Sch. Agric., Kyoto Univ.

Pathogens and hosts exist in an evolutionary arms race, with pathogens constantly evolving small secreted proteins called effectors to manipulate hosts, and hosts evolving the ability to combat pathogens. *Colletotrichum higginsianum* is a fungal phytopathogen that infects Brassicaceae plants including the model plant *Arabidopsis thaliana*. To investigate genetic diversity in this pathogen, we sequenced the genome of *C. higginsianum* MAFF 305635-RFP with PacBio RSII and compared it to the genome of *C. higginsianum* IMI 349063 (Zampounis *et al.* 2016). We found that the genomes of the two strains differ in terms of large-scale rearrangements, the existence of strain-specific regions and variations in their effector candidate gene sets. Further, these variations are often associated with transposable elements (TEs). We show that *C. higginsianum* has a compartmentalized genome consisting of gene-sparse, TE-dense regions with more effector candidate genes and gene-dense, TE-sparse regions with more conserved genes. The conservation patterns of effector candidate genes indicate that *C. higginsianum* may acquire variations in effectors by *de novo* evolution, horizontal gene transfer or gene loss after divergence. Our results provide insights into mechanisms to generate genomic diversity in this pathogen which are of significance in understanding its adaption to hosts.

PA-004

Temporal frequency changes in genes related to personality and dietary adaptation using ancient human genomes

古代人ゲノムを用いた個性・食物適応関連遺伝子の時系列変化

○山田千達、佐藤大気、河田雅圭

東北大・院生命

約1万年前に始まった農耕は人類の生活様式や食習慣を劇的に変えた大きな出来事の一つである。農耕開始に伴う一連の変化は、食生活の変化による身体的な影響だけでなく、定住生活などによる人間関係の変化による精神的な影響を及ぼしていると考えられる。こうした変化に伴う進化的変化について調べるためには、関連遺伝子の時系列的な頻度変化を推定することが重要である。本研究では古代人ゲノム(ancient DNA)を用いて、農耕開始による遺伝的な影響が示唆されたアリル頻度の時系列的なパターンの検出を試みた。はじめに、西ユーラシア地域871サンプルを用いて、農耕開始に関連した集団を遺伝子流動や遺伝的分化の指標である f_3 と F_{ST} 統計量によって祖先的につなぎ、時系列的な集団分類を行った。その後、作成した各時系列集団について、精神的個性に関わる遺伝子とこれまでにヒト集団で自然選択が検出されている食物応答に関連する遺伝子の時系列パターンを推定した。

PA-006

Examining temperature tolerance trade-off in *Drosophila albomicans*

アカショウジョウバエを用いた温度耐性トレードオフの検証

○秋山茉莉¹、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大・院理・生命科学、²首都大・生命情報センター

アカショウジョウバエは、元来東南アジアに生息していたが、日本を含む温帯へと生息範囲を拡大した種である。先行研究により、アカショウジョウバエは、分布拡大に伴って低温耐性を獲得したこと、その大きな要因は低温順化(低温に慣れること)の効果の向上であることが分かっている。低温順化の効果は WLI 系統で最も顕著で、順化による *Sdr* 遺伝子の発現上昇が、脳内のインスリンの働きを阻害し、低温耐性が向上する。インスリンのシグナル伝達による低温耐性向上のメカニズムは線虫でも知られている。しかし、線虫では、低温順化によって低温耐性が向上するのではなく、高温の感知によって低温耐性が下がることが明らかになっている。これらの結果から、低温耐性と高温耐性はトレードオフの関係にあるという仮説を立てた。この仮説を検証するため、低温順化による高温耐性の低下が起こるかどうかを調べた。

PA-007

The evolution of genomic island of divergence in the early stages of ecological speciation

○坂本貴洋¹、印南秀樹¹

¹総研大・先導研

生態的種分化とは、異なる環境に分布する集団が、それぞれの環境に適応することで起こる種分化である。種分化の初期では移住があるため、集団間のゲノムがシャッフルされ、遺伝的分化は進まない。しかし環境への適応に関わる遺伝子座の周囲では、genomic island of divergence と呼ばれる遺伝的分化の程度が特に大きな領域ができる。これは、集団ごとに有利な遺伝子型が異なるため、自然選択により移入者のアレルが淘汰され、ゲノムがシャッフルされにくくなるからである。しかし、genomic island がどのような時間変化を経て形成されるのかは、定量的には分かっていた。このことは、平衡状態に達していない集団で観察される genomic island の解釈を困難にしていた。そこで本研究では、集団遺伝学の拡散近似モデルを用い、genomic island が形成される過程を理論的に記述し、その形状の時間変化を明らかにした。

PA-009

Control of female-limited color polymorphism by doublesex gene in *Ischnura senegalensis* アオモンイトトンボにおける doublesex 遺伝子による雌特異的な色彩多型の制御

○高橋迪彦¹、奥出絃太^{2,3}、二橋亮²、高橋佑磨⁴、河田雅士¹

¹東北大・院生命、²産業技術総合研究所、³東京大・院理、⁴千葉大・院理

トンボ類では、一部の種において雌多型が出現し、雄に体色の似るオス型雌と、雄とは体色の異なるメス型雌が存在している。雌多型をもつアオモンイトトンボにおいて遺伝子発現解析を行なったところ、表現型間で発現量の異なる遺伝子として性分化に関わる *doublesex* (*dsx*) やメラニン合成に関わる *black* と *ebony* が検出された。さらに、*dsx* では雄とメス型雌では性特異的な転写産物を発現する一方、オス型雌では両転写産物を発現していた。本研究では、RNAi による本種における *dsx* の機能解析を目的とした。両転写産物をノックダウンした雄とオス型雌では、メス型の体色が出現した。さらに、体色が変化した雄とオス型雌のノックダウンした領域では、それ以外の領域と比べて、*black* と *ebony* の発現量が高くなっていたため、*dsx* が *black* と *ebony* の発現を制御することで、雌の体色を調節していることが考えられた。

P-008

Original evolution of the muscle elastic protein connectin in Chondrichthyes 筋弾性蛋白質コネクチンの軟骨魚綱における独自進化

○花島章¹、氏原嘉洋²、岩佐真衣¹、多田麻友子¹、大平桃子¹、木元弥咲¹、児玉彩¹、橋本謙¹、毛利聡¹

¹川崎医大・生理、²名工大・医用生体工学

コネクチンは横紋筋に発現する生体内最大の弾性タンパクで骨格筋や心筋の伸展性を規定し、硬骨魚綱において肉鰭類・条鰭類共に多種にわたり報告されている。本研究では、進化速度が非常に遅いことで知られる軟骨魚綱ゾウギンザメのコネクチン遺伝子と骨格筋・心筋に発現するコネクチン分子の一次構造を解析した。コネクチン遺伝子の Middle-Ig ドメインには肉鰭類・条鰭類の共通領域と肉鰭類特異的領域があるが、ゾウギンザメでは共通領域と独自なリピート領域で構成されていた。しかし、心筋コネクチンではこの独自領域がスプライシングで取り除かれて短縮し、この独自進化は骨格筋機能進化の帰結と考えた。更に、心筋コネクチンでは高弾性の PEVK 領域も哺乳類や鳥類と同様に短縮しており、ゾウギンザメの心臓は冠循環を持つ点で両生類よりも哺乳類や鳥類に類似し、拡張期に限局する血流優位維持のため心臓の伸展性抑制する方向に収斂したと考えた。

PA-010

Genomic basis of adaptation to different thermal niches of two closely related species of the Cuban *Anolis* lizards revealed by Chromium genome sequencing

異なる温度環境に生息するキューバアノールトカゲ近縁2種のゲノム比較による温度適応のゲノム基盤の推定

○金森駿介¹、Luis M. Díaz²、Antonio Cádiz³、山口勝司⁴、重信秀治⁴、河田雅士¹

¹東北大学、²キューバ自然史博物館、³ハバナ大学、⁴基礎生物学研究所

温度環境への適応進化に伴う遺伝的変異の解明は、生理・生態の進化機構解明のためだけでなく、地球温暖化などに対する生物の進化的応答の推察のためにも重要である。アノールトカゲは、陸生の外温性脊椎動物の温度適応の研究におけるモデル生物であるが、ゲノム情報の不足から、非コード領域の変異や遺伝子重複などと温度環境への適応との関連はほとんど調べられていない。私たちは、生息温度環境が異なるキューバアノールトカゲの近縁2種 *Anolis allogus* と *Anolis sagrei* のゲノムを、Chromium システムを用いて新規に決定し、遺伝子のコピー数や、遺伝子の上流領域の配列を比較した。その結果、温度適応との関連が示唆されている遺伝子のコピー数や、その上流領域における高温誘発性プロモーターの有無や数、転移因子の活動の違いを検出した。温度環境への適応進化のゲノム基盤解明の足がかりとなると期待できる。

PA-011

Functional analysis of Notch-like genes in *Capsaspora*, a unicellular holozoan 単細胞ホロゾア *Capsaspora owczarazaki* における Notch 様遺伝子の機能解析

○青野克俊¹、小出尚史²、國村尚人³、山原直樹²、畑村朱里²、八木俊樹²、小西博昭²、菅裕²

¹県立広島大学院・生命システム科学、²県立広島大・生命環境、³神大・科学技術イノベーション

我々は動物の多細胞性進化の分子メカニズムに迫るため、動物に最も近縁な単細胞生物の一群(単細胞ホロゾア)の遺伝子機能解析を行っている。Notch シグナル伝達系は動物において細胞間シグナル伝達を担い、細胞分化や形態形成等に密接に関わっている。これまで Notch シグナル伝達系は多細胞生物特有であると考えられてきた。実際に、動物に最も近縁な立襟鞭毛虫のゲノムには Notch 遺伝子は存在しない。また、単細胞ホロゾアの一つ *Capsaspora* のゲノムからは、動物で細胞接着や細胞間連絡に関わる遺伝子が多数見出されているが、Notch 遺伝子は発見されていない。しかしながら、Notch 遺伝子そのものではないが、ドメインの構成に相同性のある遺伝子が存在する。我々はこの遺伝子に、動物の Notch と比較して機能的な相同性があるのかどうかを、遺伝子過剰発現や遺伝子ノックダウン・ノックアウト実験を通じて解析している。本発表では、その成果を報告する。

P-013

Evolutionary origin and functional fluctuation of an amphibian specific splicing variant in heat sensitive TRPA1 高温センサーTRPA1における両生類特異的なスプライシングバリエーションの進化的な起源と機能的なゆらぎ

○齋藤くれあ^{1,2}、齋藤 茂^{1,2,3}、富永真琴^{1,2,3}

¹生理研・細胞生理、²生命創成探究センター・温度生物学、³総研大・生理科学

選択的スプライシングは同一個体内で一遺伝子座からタンパク質の多様性を生み出すメカニズムである。一方、進化的な観点では相同遺伝子の種間多様性を生み出す機構ともなり得る。我々は、高温センサーとして働く TRPA1 遺伝子の新規スプライシングバリエーションを複数の無尾両生類種から同定した。このスプライシングバリエーションと既知の TRPA1 との違いはバリン1残基の挿入のみである。バリエーションの有無とイントロンの塩基配列の比較から、バリン挿入型は派生型であり、アオガエル科とアカガエル科が分岐した約1億5千万年前より古くに生じたことがわかった。更に機能解析を行ったところ、バリン残基の挿入の有無により TRPA1 の温度や化学物質に対する応答性が変化することが分かった。また、その変化の仕方が種によって異なることから、選択的スプライシングが無尾両生類において TRPA1 の機能の多様性を生み出していることが示された。

PA-012

RNA-Seq uncovering the genetic mechanism of achiasmy in the *Drosophila nasuta* subgroup RNA-Seq から迫るテングショウジョウバエ亜群のアカアズミーの遺伝機構

○寺川凌平¹、小川佳孝¹、野澤昌文^{1,2}、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大・院理、²首都大・生命情報研究セ

減数分裂組換え率は雌雄の間で異なる事が多い。極端な場合、片方の性で全く減数分裂組換えが起こらず、この現象はアカアズミーと呼ばれる。アカアズミーは性染色体間の組換えを抑制するため、性染色体進化の初期段階で重要であると考えられている。先行研究より、アカショウジョウバエ(以下、アカ)では雄で組換えが起こらないが、その姉妹種のテングショウジョウバエ(以下、テング)では雄でも組換えが起こることが分かっている。また、2種の雑種第一代(F1)では雄組換えは起こらなかったことから、アカショウジョウバエに組換えを抑制する機構があると予想された。そこで、RNA-Seq を用いて、2種および F1 の雄性生殖細胞系列で発現している遺伝子を網羅的に調べたところ、テングに比べて F1 およびアカで高発現している遺伝子がいくつか発見された。その中には、減数分裂組換えに関わっている可能性がある遺伝子があった。

P-014

Comprehensive sequence analysis of type I collagen coding region 高等動物におけるI型コラーゲンの配列比較解析

○大波純一¹、村上勝彦²、山崎朗子³、高木利久^{1,4}

¹JST・NBDC、²富士通・人工知能研究所、³岩手大・農、⁴富山国際大

コラーゲンファミリーは細胞外マトリクスを構成するタンパク質の一群であり、多くの生物が有している。しかしその構造の特異性(多数の反復領域、長い配列長)から、アノテーションされた遺伝子の情報はあまり公開されていない。そこで本研究では未同定の I 型コラーゲンコード領域を公開されている高等動物のゲノム内から集中的に探索した。この結果、5種から新しく I 型コラーゲンの相同領域を同定することができ、最終的に24種の高等動物のゲノムから情報を収集することができた。この配列同士で比較解析をおこなった所、属内の種によって進化速度が大きく異なり、種の系統樹とは異なった系統関係を示す等、新しい知見を得た。これらの配列はウェブデータベースに集約し独自に公開をおこなった。この変異情報を利用して古代タンパク質や遺物の種同定のためのリファレンスとされることを期待し、今後もデータベースを拡充していく予定である。

P_A-015

Whole genome comparisons of *Drosophila albomicans* populations from Taiwan and Japan

○ LULECIOGLU Sultan¹, OGAWA Yoshitaka¹, TAMURA Koichiro^{1,2}

¹Dept. of Biol. Sci., ²RCGB, Tokyo Metropolitan University

First records on the presence of *Drosophila albomicans* in Japan was in 1984. According to Ohsako et al. (1994), the *D. albomicans* population in Japan originated from Taiwan. This habitat change from warm Taiwan to a colder Japan should pressure *D. albomicans* to adapt to a colder climate. We aim to find genomic signs of the adaptation to the colder environment such as selective sweeps or patterns of SNP frequency change. To achieve the aim, we are currently analyzing whole genome sequences of 50 individuals from Taiwan and 50 individuals from Japan, and searching non-random associations (linkage disequilibrium) among genomic regions throughout these 200 genomes with different statistical-computational tools. Using this approach, we want to elucidate the driving force of distribution expansion of *D. albomicans* population in Japan.

P_A-017

Dynamic evolution of the bitter taste receptor family among dietarily divergent Old World monkeys

食性の多様な旧世界ザルにおける苦味受容体ファミリーの動的進化

○侯旻¹, 林真広¹, Amanda D. Melin³, 河村正二¹: ¹東大・院新領域創成科学、²Department of Anthropology and Archaeology & Department of Medical Genetics, University of Calgary

Taste perception is fundamental in dietary selection for many animals. Bitter taste perception is important not only in dietary selection but also in preventing animals from ingesting potentially toxic compounds. Previous studies have revealed evolutionary divergence of bitter taste receptor gene (TAS2R) repertoire in mammals including primates using publicly available whole genome sequence (WGS) data. Old World monkeys are an excellent subject for studying adaptive evolution of bitter sense because they are dietarily diverged into folivorous colobines and omnivorous cercopithecines within which many genera are further diverged. However, only a few genera with WGS data available have been subjected for evolutionary study of TAS2Rs. Dependence on WGS data is also a matter of concern due to its inherent incompleteness especially for multigene families such as TAS2Rs. In this study, we employed the target capture method specifically probing TAS2Rs followed by massive-parallel sequencing for night species of Old World monkeys (seven cercopithecines: two *Papio*, two *Macaca*, one each of *Cercopithecus*, *Chlorocebus* and *Erythrocebus* species; two colobines: one each of *Semnopithecus* and *Colobus* species). Though still in progress, our preliminary phylogenetic analysis showed evolutionary gain and loss of TAS2Rs in these species, prompting further analyses for possible connection to dietary adaptation.

P_A-016

Rodent-specific cis-elements reorganize transcriptional networks for pluripotent cells during mammalian evolution

げっ歯類特異的なシス領域の獲得と多能性ネットワークの進化的変容

梶原賢太郎¹, 松原和純¹, 弘田正樹¹, 村高有優¹, 関由行¹

¹関学大 理工

近年、ヒト、サル及びマウス胚を用いたトランスクリプトーム解析から、げっ歯類と霊長類の多能性ネットワークが大きく異なることが明らかとなっている。本研究では、マウスエピプラストでは発現がなく、ヒトエピプラストで発現している転写因子 PRDM14に着目し、シス配列の種間比較解析を行った。まず、公開 ChIP-Seq データの解析により、マウス Prdm14の下流領域に4つのエンハンサー候補配列が同定され、そのうち3つはげっ歯類特異的な配列であることが分かった。そこで、ルシフェラーゼアッセイによってエンハンサー活性を調べたところ、げっ歯類特異的なシス領域内の OCT4/SOX2と初期エピプラスト特異的に発現する TFCEP2L1の認識配列がエンハンサー活性に重要なこと、また PRDM14自身がげっ歯類特異的なシス配列を負に制御することが明らかとなった。これらの結果から、げっ歯類の出現過程で新たなシス領域が挿入されたことにより、後期エピプラストでの発現を消失したのではないかと考えている。

P_A-018

Epigenetic landscape and its influence on gene expression differentiation in neo-sex chromosomes of *Drosophila albomicans*

アカショウジョウバエの Neo 性染色体におけるエピジェネティック・ランドスケープとその遺伝子発現への影響

○青木花織¹, 田村浩一郎^{1,2}, 野澤昌文^{1,2}

¹首都大・院理、²首都大・生命情報研究センター

XY 性染色体が生じると、多くの Y 染色体は組換えの機会を失い退化する。しかし、多くの生物で Y 染色体の起源は非常に古いため、その進化過程を明らかにすることは容易ではない。そこでショウジョウバエの進化過程で複数回出現した常染色体と性染色体の融合した Neo 性染色体に着目した。Neo-Y 染色体の起源は比較的新しいため、Y 染色体化の初期状態の解析が可能である。本研究では、ChIP-seq 法を用いて、Neo 性染色体を持つアカショウジョウバエ (*Drosophila albomicans*) とその近縁種で Neo 性染色体を持たないテングショウジョウバエ (*D. nasuta*) のクロマチン修飾の比較を行い、Y 染色体化に伴うクロマチン修飾の変化を検証する。また、クロマチン修飾が Neo 性染色体の遺伝子発現、特に Neo-Y 染色体のサイレンシングやオスの Neo-X 染色体の遺伝子量補償に与える影響についても検証を行っている。本発表ではこれらの解析結果を報告する。

PA-019

A molecular evolutionary method for testing neutrality at an amino acid site level

○蔡宇佳

首都大・理院・生命

Neutral evolutionary probabilities at an amino acid site reveal amino acids expected when the site evolved without selection. Comparing the expected states with the observed states, we can examine whether the natural selection affected these sites. In the original method (Liu et al. 2016), the neutral evolutionary probability estimation depends on a guide phylogenetic tree required in the computation. In this case, when an incorrect tree is employed, the result will be biased. We developed a new molecular evolutionary method for estimating neutral evolutionary probabilities of amino acid states without using a guide phylogenetic tree. To compare the accuracy of two methods, we used the Seq-Gen program to simulate sequences under neutral evolution. The new method predicted the observed amino acid at more sites than the original method.

PA-021

Detection of Jomon-derived variants in modern Japanese genome

現代日本人ゲノム中の縄文人に由来する変異の検出方法の検討

○渡部裕介¹、大橋順²

¹東大・院理、²東大・院理

現代の日本人は、旧石器時代から日本列島に定住していた縄文人と、およそ3,000年前にアジア大陸から日本列島に移住した渡来系弥生人の混血に由来するとされる。大陸系東アジア人と比較して現代の日本人に特異的に見られる変異は、「①縄文人に由来する変異」「②縄文人と渡来系弥生人の混血後の日本人に新たに生じた変異」に大別されると考えられる。本研究は、①・②の変異を区別し、現代日本人の縄文人に由来する変異を検出することを目的とする。そこで、まず合祖シミュレーションによって現代日本人と大陸系東アジア人の仮想塩基配列を生成し、日本人に特異的に見られる変異を検出した。次に、①・②を区別するための指標として、マイナーアレル頻度や連鎖不平衡係数(r^2)などの指標についてその有効性を検証した。本研究で得られる指標により、実際の現代日本人のゲノムから縄文人に由来する変異を抽出し、縄文人の遺伝情報を復元出来ると考えられる。

PA-020

Do neo-sex chromosomes contribute to reduce sexual conflict in *Drosophila albomicans*?

アカシヨウジョウバエの Neo 性染色体は性的拮抗を軽減するか

○ミノヴィッチあに香¹、田村浩一郎^{1,2}、野澤昌文^{1,2}

¹首都大・院理、²首都大・生命情報研究センター

一般に動物の最適な表現型は雌雄で異なると期待されるが、それを実現するには関連遺伝子群の性特異的発現調節によって性的二型を確立する必要がある。性的二型が不完全な状態を性的拮抗とよび、これは性染色体の獲得によって軽減されるという仮説が提唱されている。この仮説は全遺伝子の中で性染色体上の遺伝子の割合が大きい種ほど性的拮抗が弱ければ正しいと言える。そこで我々は、常染色体が性染色体と融合して生じた巨大な性染色体(Neo 性染色体)を持つアカシヨウジョウバエ(*Drosophila albomicans*)と近縁種で Neo 性染色体を持たないテングシヨウジョウバエ(*D. nasuta*)、コーコアシヨウジョウバエ(*D. kohkoa*)を用いて検証を進めている。本発表では、3種のゲノム・トランスクリプトーム配列を解析し、Neo 性染色体と相同な常染色体の間で性特異的遺伝子発現の程度を比較した結果を報告する。

PA-022

Computational analysis of bacterial tRNA gene cluster

バクテリアにおける tRNA 遺伝子クラスターの進化解析

○高橋佑歌^{1,2}、永田祥平^{1,3}、富田勝^{1,2,3}、玉木聡志¹、金井昭夫^{1,2,3}

¹慶大・先端生命研、²慶大・環境情報学部、³慶大院・政策メディア・先端生命

機能の関連した遺伝子はゲノム上で近傍に位置し、遺伝子クラスターとして存在することがある。tRNA 遺伝子についてもクラスターを構成する例が多く報告されているが、その形成過程については明らかになっていない。我々は1000塩基以内に tRNA 遺伝子が連続して見られる領域を tRNA 遺伝子クラスターと定義し、バクテリアゲノムにおける網羅的な解析を行った。その結果、クラスターを構成する tRNA 遺伝子の増加は、進化系統樹上で必ずしも連続しないことより、バクテリアの進化において tRNA 遺伝子のクラスター化は少なくとも生物門レベルでは独立した事象であることが示唆された。さらに、生物種ごとにクラスターの密度を定量化するクラスター指数を設定し、ゲノム上の位置について解析を行ったところ、クラスター指数が一定以上の種において tRNA 遺伝子クラスターが複製開始点付近に集中する傾向があることが明らかになった。

PA-023

Estimation of the genetic basis associated with local adaption of Japanese honeybee ニホンミツバチの局所適応に関わる遺伝的基盤の推定

○若宮健¹、上岡駿宏¹、石井悠¹、高橋純一²、前田太郎³、河田雅圭¹

¹東北大・院生命科学、²京産大・生命科学、³農研機構・生物機能

ニホンミツバチは、越冬行動やスズメバチ類に対する熱殺蜂球の形成など、周囲の温度環境を制御する高度な能力を進化させている。本種は、南北に細長い日本列島に幅広く分布することから、各地域集団の温度調節能力に適応的な分化が生じていることが予想されるが、こうした背景にある遺伝的基盤の大部分は未知である。そこで、本研究では、東北地方、本州中部、九州地方の計60個体の全ゲノムリシーケンスによって得られた配列情報および Chen ら(2018)による中国亜種のデータを用いた比較ゲノム解析を実施している。これまで、東北-九州間の遺伝的な分化を支持する遺伝構造が推定され、東北-九州間で異なる自然選択を受けた遺伝領域を探索したところ、体温調節や越冬能力との関連が示唆される複数の候補遺伝子が検出された。今回の発表では、さらに、対象外となっていた地域のデータを追加した解析結果について報告予定である。

PA-025

QTL mapping of wing morphs in the water strider *Limnogonus fossarum fossarum* using RAD-seq RAD-seqを用いたセシジメンボにおける翅型のQTLマッピング

○杉本倅平¹、青野良亮²、萩塚千鶴²、広岡佑太¹、八杉公基³、川口利奈⁴、永野惇⁴、大島一正¹

¹京都府大・院生命環境、²京都府大・生命環境、³京大・生態研セ、⁴龍谷大・農

翅多型性は有翅昆虫において広く獲得されており、環境要因と遺伝的要因の両方が多型の発現に関与している。本研究では、翅多型決定の遺伝的要因を解明するため、セシジメンボに注目した。まず長翅型、無翅型の純系選抜系統を交配させ戻し交雑世代を作成して RAD-seq 法で個体ごとにジェノタイプングした。無翅系統の F18世代個体を用いたドラフトゲノムを参照配列として連鎖解析及び翅型に関する QTL マッピングを行ったところ、permutation test で5%の有意水準を超えた8個の RAD マーカーが1つの連鎖群のみに見られた。また当該連鎖群では長翅型個体のホモ接合度が高く、特に8個のマーカーに関しては全個体がホモ接合であった。よって、特定できた連鎖群の一部に集中して翅型の決定に関与すると考えられる遺伝子座が存在し、このゲノム領域に無翅系統由来のゲノムが混ざりヘテロ接合になると無翅型が生じることが示唆される。

PA-024

Tetramer Structure, Stability, and Function of Tumor Suppressor Protein p53 in Vertebrate 脊椎動物における癌抑制タンパク質 p53の四量体構造とその安定性および機能

○中川夏美¹、工藤風樹¹、鎌田瑠泉^{1,2}、今川敏明^{1,2}、坂口和靖^{1,2}

¹北大・総合化学院、²北大・院理・化

癌抑制タンパク質 p53は多様な細胞危機ストレスに応答した細胞周期調節シグナルにおいて中心となるタンパク質であり、その機能にはホモ四量体形成が必須である。p53は、初期の脊椎動物において初めて発現がみられ、哺乳類、鳥類に至るまで発現している。ヒト p53遺伝子は悪性腫瘍において最も高頻度に変異が見られる遺伝子であり、p53は細胞癌化の抑制、すなわちゲノムの完全性維持に重要な役割を果たしている。各種の脊椎動物において、四量体形成ドメインは DNA 結合ドメインよりも顕著な多様化がみられた。さらに本研究では、各生物種における p53多量体形成による活性変化を明らかとするため、p53四量体形成ドメインの多量体構造・安定性およびキメラタンパク質の機能解析を行った。初期の脊椎動物は p53四量体構造の安定性および転写活性が低く、魚類から哺乳類への進化の過程で安定性と転写活性が上昇することが示された。

PA-026

Metagenomic analyses of microorganisms from ancient Jomon people's DNAs 縄文人ゲノムデータから得られた微生物の配列解析

○西村瑠佳^{1,2}、杉本竜太²、神澤秀明³、篠田謙一³、井ノ上逸朗²

¹総研大・院生命科学、²遺伝研、³国立科学博物館

古人骨から得られたゲノムデータのうち、ヒト由来の配列は多くても20パーセント程しか含まれておらず、大部分は細菌やウイルスに由来するものと推定される。本研究では古代ゲノムデータのうち、ヒトに由来しない配列が一体どの生物種から生じたものなのかということを調べるために、縄文人の歯髄から抽出された DNA 配列を用いてメタゲノム解析を行った。解析に際してデータベースを参照し、シーケンス比較を行ったところ、エンテロバクター菌やクロストリジウム菌をはじめとするヒトの腸内や口腔内に生息するいくつかの既知の細菌が同定された。これらは縄文人が有していた細菌と推測される。かつデータベース上に登録されている配列と完全に一致する配列が見つかった。しかしながら、由来のわからない配列が多く見られることから、データベースに未だ登録されていない細菌やウイルスなどに由来する遺伝情報も多く含まれている可能性が高い。

PA-027

Comparison of transcripts between gall-inducing and non-inducing micromoths using RNA-seq RNA-seq を用いたゴール形成種-非形成種間での転写産物の比較

○天野泰輔¹, Antoine Guiguet^{1,2}, 濱谷昭寿¹, 坂本 智昭^{3,4}, 木村成介^{3,4}, 大島一正¹

¹京都府大・院生命環境; ²CNRS/Université de Tours・Institut de Recherche sur la Biologie de l'Insecte; ³京都産業大・生命科学; ⁴京都産業大 生態進化発生学研究センター

生物間の相互作用には他種を操作する例が知られており、昆虫と植物の相互作用では、植物の形態や代謝系を改変するゴール形成が例として挙げられる。ゴール形成能は独立に何度も獲得されているが、昆虫側のどのような遺伝的変更がゴール形成能の獲得に繋がったのかはほぼ未解明である。そこで我々は、大部分の種が潜葉性の摂食様式を持つが、一部の種のみでゴール形成能を獲得したホソガ科に着目する。本科のゴール形成種は、幼虫期中の決まった段階から突如ゴールを形成するため、「ゴール形成期」と「ゴール非形成期」という同種内発現比較と、「ゴール形成種」と「ゴールを非形成近縁種」という種間比較との統合解析が可能となる。本発表では、タマホソガとヒサカキホソガという独立にゴール形成能を獲得した種間及び種内幼虫齢期間と、タマホソガの近縁種でゴール非形成種であるリュウキュウハマキホソガとの間で発現比較を行った結果について報告する。

PA-029

Homo- and Hetero-Tetramer Formation of p53 Family in Vertebrate

脊椎動物における p53ファミリーのホモおよびヘテロ四量体形成

○坂口周弥¹, 中川夏美¹, 鎌田瑠泉^{1,2}, 坂口和靖^{1,2}

¹北大・総合化学院, ²北大・院理・化

p53ファミリーは、DNA 損傷を含む多様な細胞危機ストレスに応答しゲノム完全性を維持する癌抑制タンパク質 p53と、四肢や皮膚の発生や神経の分化に関わる p63および p73に大別される。これら p53ファミリーの機能発現には四量体形成が必須である。ヒト p53の四量体形成ドメインはβ-strand, tight turn, α-helix の構造を有し、p63と p73では少し短い1st helix の後に2nd helix を有する。p63と p73はヘテロ多量体を形成して互いの機能を調節するが、p53とはヘテロ多量体を形成しないことが報告されている。本研究では、脊椎動物より選択した生物種の p53および p63四量体形成ドメインの構造安定の進化過程における比較及び p53と p63間のヘテロ多量体形成能について解析した。その結果、興味深いことに初期魚類においては p53-p63ヘテロ多量体が形成されることが示された。

PA-028

Is a neofunctionalization-type gene, *sox15* easy to be convergently lost during amniote evolution? 新機能獲得型遺伝子 *sox15* は収斂的に遺伝子喪失しやすいか?

○荻田悠作, 田村啓, 高松信彦, 伊藤道彦

北里大・理

転写因子をコードする *sox* ファミリーメンバーの *sox15* は、脊椎動物祖先における2R-WGD で生じた遺伝子で、*sox1*, *sox2*, *sox3* とオオノログの関係にある。*sox15* は、魚類や両生類では *sox1/2/3* と同様に神経系の発生を制御するが、真獣哺乳類(有胎盤類)では新機能獲得化され、胎盤や骨格筋の幹細胞機能に関与すると考えられている。我々は以前、有袋類オポッサムにおける *sox15* の偽遺伝子化を示した。本研究では、*sox15* の分子進化を明らかにするため、脊椎動物各種の *sox15* オルソログを、ゲノム・トランスクリプトームから探索し、シンテニーおよび進化解析を行った。非常に興味深いことに *sox15* は、魚類に比べ、無尾両生類、哺乳類、爬虫類で進化速度が高く、また有袋類・爬虫類のいくつかの種で、それぞれ独立に偽遺伝子化・遺伝子欠損がみられ、収斂的な遺伝子喪失が示唆された。

PA-030

Genomic changes associated with morphological evolution of septal pore cap in Agaricomycotina 担子菌門ハラタケ綱における隔壁孔キャップの形態進化に伴うゲノム進化の解明

○飯塚朋代, 池尾一穂

総研大・遺伝学

形態形質進化の遺伝基盤を知ることは、表現型進化のメカニズムを知るために古くから進化学の重要なテーマとして位置付けられてきた。本研究では担子菌類ハラタケ綱の細胞質輸送に重要な構造である隔壁孔キャップ(Septal pore cap; SPC)に着目し、3種類の形態形質進化に伴う遺伝子配列の進化をゲノム比較の手法を用いて調べた。その結果、もっとも祖先的な形態形質 vesiculate SPC から Imperforate SPC への進化では MRCK Ser/Thr プロテインカイネース から SPC 形成遺伝子 *spc33* への変化が起きていることがわかり、Imperforate SPC の出現には新規遺伝子 *spc33* の獲得が関与した可能性が示唆された。本発表では Imperforate SPC から Perforate SPC への複数回にわたる独立な進化(平行進化)における *spc33* の配列進化も含め、SPC の形態進化に伴うゲノム進化について包括的に報告する。

PA-031

Impacts of evolutionary rate patterns on the protein functional properties 分子進化速度パターンとタンパク質の機能特性との関連

○西川萌¹、横井友美¹、赤堀洋道²、寺田知新²、武藤吉徳²

¹岐阜大・院医、²岐阜大・医・連合創薬

分子進化速度やその変化は、タンパク質の機能特性と密接に関わっていることが知られている。本研究では、進化速度の変化パターンとタンパク質の働きとの関連を知るために、Fitmodel プログラム (Guindon et al, 2004) を用いて、ヒト遺伝子を分類した。Fitmodel では、4つの塩基置換モデルが採用されており、霊長類9種類から得られる塩基配列を用いてこれらのモデルへの適合性を尤度比検定で調べた。その結果、サイトと系統間の両方での ω 変化を許容するモデル (M3S1, M3S2) によく適合する遺伝子では、組織選択的遺伝子や疾病関連遺伝子の比率が上昇する傾向が認められた。また、遺伝子の起源についての分布を調べると、M3S1、M3S2のグループには左右相称動物が分岐した時期に出現した遺伝子が多く含まれていた。分類した遺伝子群の生物学的機能やネットワークの特性についても報告する予定である。

PA-033

Temporal Change of Protein Stability in Human Mitochondria during Out-of-Africa Migration 出アフリカ後のヒトミトコンドリアタンパク質複合体 IV のタンパク質熱力学的構造安定性の経時変化

○藤原一道¹、里村和浩¹、遠藤俊徳¹、長田直樹¹

¹北大・院情報

突然変異がどのように生物の適応度に影響を与えるかについて知ることは、進化学における重大な課題の一つである。突然変異の効果を測定する方法として、タンパク質の熱力学的構造安定性を計測する手法がある。本研究ではコンピュータによる構造最適化によって変異の効果を推定することで、熱力学的構造安定性が自然選択を測る指標として有用であるかどうかについて評価を行った。

最初に、ヒトミトコンドリアタンパク質複合体 IV の塩基・アミノ酸配列を用いて、一塩基多型がタンパク質構造安定性にどのような影響を与えるか検証した。次にその結果から、人類集団が進化的時間背景でどのようにタンパク質構造安定性を変化させてきたのか推定した。得られた結果から、ヒトミトコンドリアタンパク質の構造安定性には負の自然選択圧がかかっている事がわかった。またヨーロッパ人集団はタンパク質構造安定性を下げるような変異が比較的最近に生じたことが示唆された。

PA-032

Genetic variation of the response to dietary carbohydrates in a natural population of *Drosophila melanogaster* in Amami Island キイロショウジョウバエ奄美大島集団における餌環境応答の遺伝的変異

○光本彩花、猪股伸幸

福女大・院

生物の進化において、環境応答に関与している遺伝的変異の分子基盤を理解することは重要である。グルコースが豊富な餌環境下では、グルコースの獲得に必要な遺伝子群の発現が抑制される (グルコース抑制)。グルコース抑制を受ける遺伝子のひとつにアミラーゼ遺伝子がある。アミラーゼ酵素は多糖類であるスターチをマルトースとグルコースに分解する消化酵素である。本研究では、島嶼である鹿児島県奄美大島で採集したキイロショウジョウバエの単一メス系統を確立した。系統間の遺伝的変異、及び、グルコース抑制の遺伝的変異を明らかにするために、単一メス系統12系統をスターチとグルコースそれぞれの餌で飼育し、三齢幼虫を回収した。ヨウ素デンプン反応による吸光度測定を行い、アミラーゼ酵素活性を調べた。また、リアルタイム PCR を用いてアミラーゼ遺伝子の相対発現量を調べた。その結果について報告する。

P-034

The evolution of UDP-glucuronosyltransferase 1E (UGT1E) genes in bird lineages is linked to feeding habits 鳥類における UGT1E 遺伝子の進化と食性の関わり

○川合佑典¹、新屋惣²、中山翔太²、池中良徳²、石塚真由美²、久保田彰¹

¹帯広畜産大・獣医、²北大・院獣医

グルクロン酸抱合酵素 (UGT) は、哺乳類の異物代謝においてグルクロン酸抱合反応を行っていることが知られており、食性と UGT1 及び UGT2 ファミリー遺伝子の数に関係があることが報告されている。しかしながら鳥類において UGT 遺伝子と食性との関係は不明であった。本研究では鳥類の食性と UGT 遺伝子の数および遺伝子にかかる淘汰圧の関係、またニワトリなどの肝臓に発現する UGT 遺伝子の mRNA 発現について解析を行った。その結果、UGT1、UGT2 ファミリー遺伝子ともに哺乳類とは独立して遺伝子重複により鳥類特異的に進化したこと、特に UGT1 ファミリー遺伝子は食性によって淘汰圧が異なり、肉食の種で UGT1 遺伝子数が少ない傾向が見られることが明らかとなった。一方で、鳥類の UGT2 ファミリー遺伝子は哺乳類とは異なり食性によって遺伝子数の変化がみられず、哺乳類とは異なった進化をしていることが示唆された。

PA-035

Analyses of genetic factors involved in the asymmetric ohnolog evolution オオノログの非対称な進化に関わる遺伝的要因の解析

○山田実優¹、牧野能士²

¹東北大・理、²東北大・院生命

オオノログは全ゲノム重複による重複遺伝子のペアである。近年、脊椎動物のオオノログペア間では補完的な関係よりもむしろ、一方が保存的な機能を担い、他方は特異的な機能分化を果たすというパターンが一般的であることが発見された。また、オオノログペア間の配列保存性の差異のパターンが脊椎動物全般的な種で共通していることが示され、脊椎動物初期進化において、既にこのような分化が起こったことが示唆されている。本研究では脊椎動物の広範な種を用いてオオノログの配列保存度を算出し、オオノログペアの非対称な配列保存性と関連のあるゲノム上の特徴について調査した。その結果、非保存的なオオノログは保存的なものと比べて有意に遺伝子長が短く、遺伝子密度の高い領域に位置する傾向があることがヒト・ニワトリ・ガーで示された。このような分化は硬骨魚と四足動物の分岐年代と言われる4億5千万年以前に起こっていたと考えられる。

P-037

Intra- and interspecies comparison of *EYS* transcripts highlights its characteristics in the eye

○瀧田真平¹、宮本・松井潔子¹、世古裕子¹

¹国リハ・研究所

Inherited mutations in *EYS* cause retinitis pigmentosa, however, the molecular function of *EYS* in vertebrate photoreceptors is poorly understood. We previously determined that a 3' fragment of *EYS* with an unknown transcription start site is expressed in human dermal fibroblasts (HDF). To obtain insights into the molecular function of *EYS* in vertebrate photoreceptors, we extensively analyzed *EYS* (*eyes*) expression in the human fibroblast cell line HDF-adult (HDF-a), the Y79 retinoblastoma cell line, and in zebrafish eyes using rapid amplification of cDNA end, cap analysis of gene expression, RNA-seq, and RT-PCR. In HDF-a cells, we identified a novel transcript variant (tv), tv5, transcribed from exon 37. In Y79 cells and zebrafish eyes, *EYS* (*eyes*) was predominantly transcribed from exon 1 or 2, whereas it was transcribed exclusively from exon 37 in HDF-a cells. In the zebrafish eye, there were splice variants that introduced stop codons, resulting in complete loss of the 3' portion. These comparative approaches indicate that the 5' portion of the *EYS* (*eyes*) mRNA appears to be photoreceptor-specific and that the compositions of the deduced *EYS* proteins in the eye are well-conserved across vertebrates. Also, *in silico* screening suggests that *EYS* orthologs appear to be conserved in diurnal vertebrates.

PA-036

A study of the origin of important genes for the mammalian pregnancy 哺乳類の胎生において重要な免疫調節遺伝子の由来に関する研究

○網中希羽子¹、小柳香奈子²、渡邊日出海²

¹北大・情報科学院、²北大・情報科学研究院

ほぼ全てのは哺乳類は胎生であり、胎盤という器官を有している。胎盤の機能は胎児発育に必要な物質交換や代謝調節、異なる遺伝子を半分持つ胎児を母親の免疫系から守る免疫系調節等である。本研究ではこの母親と胎児間の免疫調節に注目した。ヒトは妊娠時において、胎盤において母親の細胞と胎児細胞が直接接するようになる。通常ならば母親の細胞により免疫系が働き、胎児細胞が異物として排除されてしまう。このような免疫系を抑制する役割を担う分子の一つがHLA-Gである。HLA-G分子は胸腺や胎盤で発現し、NK細胞やT細胞の免疫抑制を促すことが先行研究で示唆されている。哺乳類が胎生を獲得した際、母子間の免疫調節は重要であるといえる。このことからHLA-Gのような免疫調節遺伝子は胎生の進化と関連があると考えた。HLA-G等の免疫調節遺伝子がコードする分子の系統解析を行うことにより、HLA-G及びHLA-Gと同等の機能を持つ免疫調節遺伝子の進化的経緯の探索を試みた。

PA-038

Chronological changes of genetic and epigenetic effects on allele-specific gene expression in reciprocally-crossed mouse

正逆交雑マウスにおけるアレル特異的遺伝子発現に対する遺伝的、後成遺伝的効果の時系列変化に関する解析

○滝澤紘樹、遠藤俊徳、長田直樹：北大・院情報

生物の表現型を導く遺伝子型と環境の及ぼす影響についての理解は、進化学での重要な課題の一つである。我々は、遺伝的、後成遺伝的要因の遺伝子発現に与える効果を、正逆交雑マウスから得たアレル特異的遺伝子発現から推定し、それらの効果の発生段階における時系列変化について解析を行った。アレル特異的遺伝子発現における効果を、異なる遺伝子型によるシスの遺伝的効果(アレル遺伝子型効果, AG)、由来する親の性別が異なることによるシスの後成遺伝的効果(片親起源効果, PO)、母親が異なることによるトランスの遺伝的、後成遺伝的な複合効果(母系遺伝子型効果, MG)に分解し、これらの効果を公共データベース上の正逆交雑マウスの異なる発生段階を含む13組織を用いて推定した。その結果、AG、POの効果は時系列、各組織で一定であるのに対し、MGは発生が進むにつれ効果が増し、各組織でも異なる効果を持つ傾向が観察された。

P_A-039

Specialization towards neuronal system of APLP1 revealed by molecular evolutionary analysis of APP family

APP ファミリーの分子進化解析により明らかになった APLP1の神経系に特殊化した進化

○小野寺航¹、朝日透^{1,2}、澤村直哉²

¹早大・院先進理工、²早大ナノ・ライフ創新研究機構

APP (Amyloid Precursor Protein)、APLP1/2 (APP-like Protein1/2) を含む APP ファミリーはアルツハイマー病の発症に関わり、その機能の解明は急務である。

APLP1は神経分化を亢進する分子特性が他ファミリーより強いが、その異質性は配列レベルで説明されていない。本研究では APLP1の特殊化した配列の獲得機序を推定した。脊椎動物 APP ファミリーの自然選択圧を推定すると、哺乳類の共通祖先の枝で正の選択が示唆された。正の選択的なサイトはヘパリンという生理活性物質が結合する領域で、シナプス間結合や神経突起伸長に関与する。その領域とヘパリンの結合をシミュレーションにて予測すると、哺乳類 APLP1のみで結合が失われていた。また哺乳類 APLP1の相互作用タンパク質を、共進化解析で推定すると、APP/APLP2とは異なり皮質関連遺伝子群と共進化していた。以上の結果から、哺乳類 APLP1は神経系での働きに特殊化した配列の進化が一部明らかになった。

P_A-041

“Evolve & Resequence” for cold tolerance in *Drosophila albomicans*

アカショウジョウバエの低温適応を明らかにする“Evolve & Resequence”

○近藤朋希¹、田中健太郎¹、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大・院理、²首都大・生命情報セ

アカショウジョウバエは、元来東南アジアに生息していたが、1980年代に生息範囲を北に広げ、現在、日本でも生息が確認されている。先行研究による集団解析の結果、日本の集団と台湾の集団が近縁であったことから、台湾に生息するアカショウジョウバエの一部が日本に移住したと考えられている。また、その際、低温耐性が強化されたことが分かっている。そこで本研究では、台湾由来の系統から実験集団を構築し、1°Cの低温による人為選択を行うことで、実際に低温耐性が向上するか調べる実験を行っている。現在、28世代目に達しているが、13世代目以降、人為選択集団は対照実験集団に比べて低温処理後の生存率が有意に高くなった。そこで、11世代目と21世代目の実験集団について、Pool-seqを用いて全ゲノム配列を決定し、人為選択集団の対立遺伝子頻度の変化をゲノムワイドで分析している。発表ではその結果を報告する。

P-040

Investigation of GPCRs closely related to the opsin family for understanding the origin of opsin

オプシンファミリーに近縁な GPCR に着目したオプシンの起源の探索

○小柳光正^{1,2}、高橋直樹¹、寺北明久^{1,2}

¹大阪市大・院理、²大阪市大・複合先端機構

視覚に代表される動物の光受容の中心分子であるオプシンは G タンパク質共役型受容体 (GPCR) の一種で、発色団であるレチナールを結合することによって光受容タンパク質として機能する。これまでに私たちを含む複数のグループの研究によって、オプシンは刺胞動物の出現時には存在していたことが明らかとなっている。さらに、私たちは刺胞動物の一種であるアンドンクラゲのオプシンの機能解析によって、動物界におけるオプシンの進化・多様性の大枠を明らかにした。一方で、未だ刺胞動物よりも古くに分岐した動物からオプシン遺伝子が見つかっていないため、オプシンの起源に関する研究はその後進んでいない。今回私たちは、オプシンの起源に関する知見を得る目的で、オプシンファミリーに近縁な GPCR の分子特性の解析を行ったので結果を報告する。

P-042

Genome-wide SNP analysis of Japanese Thoroughbred racehorses

○Jeffrey Fawcett¹、Takahiro Sakamoto²、Fumio Sato³、Watal M Iwasaki²、Teruaki Tozaki⁴、Hideki Innan²

¹RIKEN iTHEMS、²SOKENDAI、³Hidaka Training and Research Center, Japan Racing Association、⁴Genetic Analysis Department, Laboratory of Racing Chemistry

The domestication process of plants and animals typically involves intense inbreeding and directional selection for various traits. Here, we genotyped 370 Japanese Thoroughbred horses using the recently developed 670k SNP array and performed various genome-wide analysis also using genotype data of other horse breeds. We identified a number of regions showing interesting patterns of polymorphisms. For instance, the region containing the MC1R locus associated with chestnut coat color may have been targeted by selection for a different mutation much earlier on than the recent selection for chestnut color. We also identified regions that show signatures of selection specific to Thoroughbreds. In addition, we found that intense inbreeding early in the history of the Thoroughbred breed and also before the formation of the breed has a significant impact on the genomic architecture of modern Thoroughbreds. Our study demonstrates that the horse 670k array can be utilized to gain important insight into the domestication process of horses and to understand the genetic basis of the phenotypic diversity in horses.

P_A-043

Relationship between transfer of transposable element and genome evolution 転移因子の転移とゲノム進化の関係

○島野桂伍¹、里村和浩¹、長田直樹¹、遠藤俊徳¹

¹北大・院情報

転移因子はゲノム上を転移できる塩基配列であり、生体の生存には直接関与しないため変異が蓄積しやすく、また転移前と転移後の位置にもともとある配列にも変異をもたらすため、ゲノム配列の多様化を加速させる可能性がある。本研究は、転移因子のゲノム進化への影響の解明を目的とする。材料として、哺乳類のゲノム配列データと RepeatMasker Genomic Datasets にある反復配列データを使用した。方法として、各転移因子が生物系統進化に対して与える影響を調べるため、全ゲノム配列における反復配列の変異率分布に基づいて、生物種間の転移因子の導入時期のピークや、転移因子の全ゲノムにおける割合を推定・比較し、特徴的な転移因子を抜き出した。次に、転移因子の導入に伴うゲノム配列や遺伝子の変化を明らかにするため、転移因子の推定挿入時期ごとに挿入位置周辺の遺伝子を中心に比較ゲノム解析を行った。

P-045

Conservation analysis around ligand binding sites in olfactory receptors 嗅覚受容体におけるリガンド結合部位周辺の保存性

○岩田浩明

京大・院医

ヒトの嗅覚受容体 (Olfactory Receptor: OR) は約400個あり、マウスでは約1,000個あるといわれている。1種類の OR はさまざまな匂い分子によって活性化され、また、1種類の匂い分子は多くの OR を活性化させる。すなわち、匂い分子と OR は多対多の関係であり、香りは OR と匂い分子の組み合わせで表される。一方で、OR は GPCR の一種であることは知られているが、立体構造ははまだ解明されていない。本研究では、まず、ヒトとマウスの OR とリガンドの結合情報を公共データベースから抽出した。次に、OR の立体構造をホモロジーモデリングによって構築し、ドッキングシミュレーションによって既知活性リガンドの結合ポーズを推定した。リガンドとコンタクトしている受容体のアミノ酸を特定し、各生物種のオーソログ間での保存性を解析した。本発表では、嗅覚受容体のリガンド結合部位の保存性について議論したい。

P-044

Prehistoric Warfare in the Middle Phase of the Yayoi Period in Japan 弥生時代中期北部九州における戦争

○中尾央¹、中川朋美²、田村光平³、山口雄治⁴

¹南山大・人文、²岡山大・院社文、³東北大・学際フロンティア、⁴岡山大・埋文

先史時代においていつ、どのように戦争が起きたかについては、世界の様々な時期・地域において各種の仮説が提唱されてきている。特に日本に関していえば、弥生時代中期北部九州において、特に人口増加が一つの原因になったと指摘されてきた。本研究はこの人口動態と戦争の関係について、日本先史時代の定量的なデータにもとづいて検証を試みた。具体的には北部九州、特に福岡平野、早良平野、糸島平野、三国丘陵、筑紫平野東部および中西部で出土した甕棺(埋葬具)から推定された人口動態と、受傷人骨から推定された暴力の頻度の両者の関係を統計的に考察した。結果として、弥生時代中期前半と後半で様相は少し異なるものの、人口増加と暴力の頻度の間に正の相関関係が見られた。

P-046

computability and thinking 計算可能性と思考

○荻村英雄

フリー

計算可能数はコンピュータで扱うことができる。一方で思考はコンピュータで扱えない事象を含む。この両者の関係は機械と生物の違いである意識の問題を想起させる。オントロジーは概念の形式化でありコンピュータ側から生物の認知へのとっかかりになり得るかもしれない。オントロジーは自然言語を扱う。コンピュータと人間の共同作業によって成される。概念と意識の関係。言語と意識の関係。非言語の意識の関係性は端的にはアートとして表現される。しかしほとんどの意識は非言語的と思われるので科学の文脈でどこまで語る事ができるのか議論したい。

PA-047

Evolution of Group Mendelian Dominance in Diploid Gene Regulatory Network 二倍体遺伝子発現制御系における集団的メンデル遺伝の進化

○大窪健児¹、金子邦彦¹

¹東大・総合文化

遺伝子が互いに相関を持つ場合についてのメンデル顕性を調べるために遺伝子発現制御系の進化シミュレーションを二倍体の有性生殖に拡張した結果、ハプロタイプ単位での顕性として、集団的メンデル顕性が生じることがわかった。

さらに、このような集団的メンデル遺伝が生じるためのダイナミクスに着目した我々は二つのネットワークが加算された際に、それぞれのネットワークのダイナミクスからヘテロなネットワークのダイナミクスが推定される機構をノードが二つの場合について解明した。本発表ではこの枠組みと頑健性との関係について議論する。

PA-049

Chromosome dose evaluation by image recognition AI using deep learning 深層学習を用いた画像認識 AI による、染色体線量評価

○弓至¹、数藤由美子²、遠藤俊徳¹、長田直樹¹

¹北大・院情、²量研機構、放医研

染色体異常(二動原体など)の頻度は被ばく線量と相関があり、事前に検量線を作成することで被ばく患者の線量評価が可能である(染色体線量評価)。染色体線量評価のための染色体分析は熟練技術者の目視で行われ、非常に労働集約的であり、評価基準の統一も難しい。本研究では、画像認識 AI を用いて染色体線量評価を自動化することで、作業の高速化や評価基準の統一を試みた。まず、画像分類において高い性能を示す畳み込みニューラルネットワーク(CNN)を用い、ギムザ染色を施した細胞中期画像の染色体異常有/無し分類を試みたが、十分な分類性能が得られなかった。次に、UNet を用いたセマンティックセグメンテーションとトリミングを行い、画像データの最適化を行なった。セグメンテーションは Dice 係数で0.99以上の高い精度で行われ、AI による染色体の形状認識が可能であることが示された。

P-048

Which constraint shaped the metabolic zonation of liver nitrogen metabolism? : a simulation study 肝窒素代謝の空間的不均一性を決めた拘束条件の数理モデルによる探索

○内藤泰宏^{1,2,3}、富田勝^{1,2,3}

¹慶大・環境情報、²慶大・先端生命研、³慶大院・政メ・システムバイオロジー

肝臓の構成単位である肝小葉内には、数多くの代謝経路について血流の上流から下流にかけて、metabolic zonation と呼ばれる酵素活性、代謝物質濃度、代謝動態の不均一性がみられる。近年、これを制御するシグナル伝達経路の解明が進んでいる一方で、それぞれの代謝経路に固有の不均一性が存在する理由は部分的にしか解明されていない。

本研究では、肝臓の窒素代謝を対象に、数理モデルとシミュレーションを用いて様々な空間構成の代謝動態を探索し、野生型の metabolic zonation がいかなる拘束条件に適応しているのかを推定する。哺乳類は排出する窒素の大部分を尿素として尿中に排泄し、尿素産生は専ら肝臓で行われる。はじめに、マウス窒素代謝の『野生型』数理モデルを構築した。この野生型モデルを基盤に、モデルパラメータにランダムな摂動を加え、多数の『変異型』モデルを作成し、そのすべてについてシミュレーションを実行した。その結果の比較解析から、変異型群に対する野生型モデルの利点——野生型が選ばれるような拘束条件を探索した。

P-050

Phylogeny and evolutionary process of the genus Sycoscapteridea (Pteromalidae) キバラコバチの系統的位置と進化過程

○有本晃一¹、蘇智慧^{1,2}

¹JT 生命誌研究館、²阪大・院理

Sycoryctini 族(コガネコバチ科)に含まれる寄生コバチは、イチジク属植物と絶対送粉共生関係にある送粉コバチ(イチジクコバチ科)に捕食寄生する。寄生関係の種特異性は高く、高い種多様性を有すると予想されるが、記載種数は少なく、その進化過程の詳細はわかっていない。演者らは、日本に分布する系統的に遠いイチジク2種から得られた寄生コバチ(仮称:キバラコバチ)が遺伝子的には区別できないが、形態に変異があることを発見した。もしこの寄生コバチが寄主転換の過程にあるなら、種分化機構を実証研究できる好適な材料となる。しかし、現状、分類体系が混乱しており、最近縁種の特定や近縁種間での形態的特徴の比較が全くできない状態にある。そこで、東アジアのイチジク属植物を網羅的に調査し、得られた寄生コバチの遺伝子解析と形態観察によって、キバラコバチの最近縁種の探索を行った。同時に、近縁種を交えてキバラコバチの形態的特徴を再評価した。

P_A-051

Island chronosequence of Hawaiian archipelago and speciation patterns in Drosophilidae ショウジョウバエを用いたハワイ諸島形成史が種分化に及ぼす影響

○綿貫葉¹、山口諒¹、田村浩一郎^{1,2}

¹首都大・院理、²首都大・生命情報研究センター

ハワイ諸島の節足動物の多くにみられる種分化のパターンは、大陸由来の祖先種が新しい島が形成されるたびにその島へ移住し、個体群が形成、隔離されることで新たな種へと分化するというものであるが、島間の移住率などによっても大きな影響を受ける。ハワイ諸島に多数生息するショウジョウバエの固有種の多くは *Drosophila* と *Scaptomyza* の2属に属するが、両属の固有種率には大きな差があることが分かっており、移住率の差を反映していると考えられる。本研究では、移住率が大きく異なるショウジョウバエ属を用いて分子系統地理学的解析をおこない、大陸から移入してきた祖先種のその後の諸島内での種分化のパターンを比較した。その結果、両属ともに島形成の順序と逆行する種分化が複数みられ、他の節足動物とは異なり、島の形成順序だけでは説明できないことが分かった。この結果は、ハワイのショウジョウバエの高い分散能力を示唆しているものと考えられた。

P-053

The nuclear genome phylogeny of Japanese macaques: implications for its morphological variation and evolutionary history 核ゲノムの系統から見直すニホンザルの形態変異と進化史

○伊藤毅¹、早川卓志²、橋戸南美³、田中美希子¹、濱田穰¹、栗原洋介⁴、半谷吾郎¹、兼子明久¹、夏目尊好¹、愛洲星太郎¹、本田剛章¹、谷地森秀二⁵、姉崎智子⁶、新宅勇太^{7,8}、近江俊徳⁹、羽山伸一⁹、今井啓雄¹、若森参¹、川本芳⁹

¹京大・霊長研、²北大・地球環境、³中部大・創発学術院、⁴静岡大・農、⁵四国自然史科学研究センター、⁶群馬県立自然史博物館、⁷京大・野生動物、⁸公益財団法人日本モンキーセンター、⁹日獣生科大・獣医

ニホンザルは屋久島から下北半島に至る多様な環境に生息し、その形態には顕著な地理的変異がみられる。本研究は、核ゲノムの系統との比較に基づいて、頭蓋形態の地理的変異の形成史を検討した。下北、群馬、滋賀、高知、幸島、屋久島の6集団を対象に RADseq に基づくゲノムワイドな一塩基多型を探索し、最尤法に基づいて集団間の分岐と混合を推定したところ、ニホンザルは東(下北と群馬)と西(他4集団)のクラスターに分かれること、東西クラスターの分岐後に滋賀系統と東クラスターの間で遺伝的交流があった可能性が高いことが示された。一方、頭蓋形態は、明瞭な東西分化構造を示さず、屋久島集団が他の集団から大きく異なっていた。ニホンザルの頭蓋形態は、系統的慣性以外の要因に左右されており、地理的・遺伝的に隔離された屋久島集団で急速に変化したと考えられた。

P_A-052

Estimating the evolutionary rate of mitochondrial DNA in terrestrial isopods from northern Japan 北日本産ヒメフナムシ類のミトコンドリア DNA 進化速度の検討

○張替若菜^{1,2}、齊藤彩²、山本正伸¹、鈴木仁¹

¹北大・院環境科学 ²北大・理・地球惑星

ミトコンドリア DNA (mtDNA) は重要な系統地理学的マーカーとして活用されている。mtDNA 塩基配列における進化速度が分岐年代の古さに応じて変化するという進化速度の時間依存性が知られているが、多くの分類群では明らかになっていない。フナムシ科のヒメフナムシ属 (*Ligidium*) も、そうした分類群の一つである。ヒメフナムシ類は森林性土壌生物で、日本列島に広く分布する。本研究では、北海道を中心とする北日本で採集されたヒメフナムシ類の mtDNA CO I 領域を用いて集団動態の解析を行った。その結果、北海道で採集された個体群について、ミスマッチ分布解析と中立検定で一斉放散が示された。この結果を説明する一つの可能性として、第四紀の気候変動である最終氷期の最寒冷期 (LGM) の影響が示唆された。近年では生物地理学的なキャリブレーションポイントを使った進化速度の検討が行われており、LGM を基準としたヒメフナムシ類の mtDNA 進化速度の把握が可能になると考えられる。

P_A-054

Analysis of evolution by gene duplication that influenced the diversity of Hymenoptera 膜翅目の多様性に影響を与えた遺伝子重複進化の解析

○津田康太郎¹、里村和浩¹、長田直樹¹、遠藤俊徳¹

¹北大・院情

膜翅目はハナバチやアリなどが属し、昆虫の中でも多様な分類群である。このような多様性の背景には遺伝的変異の蓄積が挙げられるが、どのような変異が関与しているかは明らかにされていない。近年、ゲノム解読が進むにつれて膜翅目の遺伝子数に偏りが見られた。この要因に遺伝子のコピーを作る遺伝子重複が考えられる。遺伝子重複は機能的制約の緩和により変異を蓄積する機構である。膜翅目の多様性に影響を与えた変異について遺伝子重複の関与を明らかにすることを目的とする。解析には膜翅目40種のゲノムデータを使用した。40種全てを含む系統樹は発表されていなかったため、全種でシングルコピーの相同遺伝子を用いて種の系統樹を作成した。次に、ゲノムデータを用いて全遺伝子を対象とした相同性検索より遺伝子ファミリーを作成し、種の系統樹との比較から重複遺伝子を推定した。膜翅目の分子進化に遺伝子重複がどの程度影響を及ぼしたのかを検証した。

PA-055

Thermal fitness and omics data analysis of thermo-adaptive evolved *Escherichia coli* 大腸菌の高温適応進化に伴う増殖速度の温度依存性の変化とその要因解析

○小西隆介, 菅野暢, 松尾萌, 古倉健嗣, 山内長承, 岸本利彦
東邦大・院理

当研究室では生物の進化メカニズムの解明を目的として大腸菌の高温適応進化を行い、これまでに48.0℃適応進化に成功している。高温適応進化では44.8℃適応後から第1系統と第2系統に分株して進化を行なっている。本研究では先祖株、44.8℃適応株、第2系統の46.0℃適応株、47.0℃適応株、47.4℃適応株を用いて、Thermal niche 解析、ゲノム解析、タンパク質解析を行った。その結果、高温適応進化の進行に伴い高温への適応度の継続的上昇、低温での適応度の継続的低下(トレードオフ)が確認された。加えて、至適増殖温度の45℃付近への上昇が確認されるなど、進化による高温菌に近い特性の獲得が考えられた。また、正の自然選択による進化から純化淘汰への進化様式の変遷が示唆され、変異率の継続的上昇が確認された。現在はタンパク質、RNA、ゲノム解析を通して高温適応進化の要因の模索を行っている。

PA-057

Proteomic Approach to Dissect Ancestral β -Catenin Transcription Machinery プロテオミクスを用いた祖先的ベータカテニン転写因子複合体の解析

○Ivan Mbogo¹, Yuuri Yasuoka², Hiroshi Watanabe¹

¹Evolutionary Neurobiology Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University. ²RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS), Yokohama, Japan

Evolutionarily conserved β -catenin functions in embryonic organizer induction and gastrulation have been shown in cnidarians, indicating that β -catenin signaling has deep evolutionary roots. In bilaterians, several β -catenin-associated transcriptional regulators have been identified. However, the ancestral β -catenin transcriptional machinery that should be intimately linked to the emergence and evolution of animal body organization remains largely unknown.

An answer to this question could be found in identifying β -catenin-interacting proteins that have conserved functions throughout metazoan evolution. In this study, we employ a combined approach with transphylectic assay system and proteomic identification of basal metazoan β -catenin transcriptional machineries. Using a transphylectic expression system involving microinjection of basal metazoan β -catenin mRNA into ventral equatorial zone of 4-cell stage *Xenopus* embryos, we showed that β -catenin's capability to induce a secondary axis is conserved in all metazoans but ctenophora which presented a "tail fin duplication" phenotype. This indicates that ctenophore β -catenin cannot fully activate canonical Wnt/ β -catenin signaling in *Xenopus* embryos possibly due to insufficient interaction with endogenous proteins. We anticipate using our system in combination with LC-MS/MS to compare the similarities and differences in β -catenin-interacting components and to identify the basic β -catenin transcriptional machinery that may explain the ancestral mode of β -catenin-mediated gene expression.

PA-056

Analysis of thermo-adaptive evolutionary mechanism of *Escherichia coli* 実験進化による大腸菌の高温適応進化メカニズム解析

○菅野暢, 小西隆介, 松尾萌, 古倉健嗣, 山内長承, 岸本利彦
東邦大・理

生物はどこまで環境に適応し、進化することができるのだろうか。我々は大腸菌高温適応進化系を構築し、これまでに48.0℃適応進化に成功している。その44.8℃適応過程において groL 変異による有害変異緩衝効果が生まれ高変異率進化が可能となり、進化様式が正の自然選択から純化淘汰へと変化した。本研究では、44.8℃適応株から第1系統と第2系統に分株し、進化させた第1系統の47.3℃適応過程の株を用いて、様々な温度帯での適応度測定、タンパク質、RNA、ゲノム解析による高温適応進化メカニズムの解析を行った。その結果、進化に伴う増殖上限温度の上昇が確認されたことから、高温菌への進化の可能性が示唆され、低温では適応度低下(トレードオフ)が確認された。また適応温度上昇に伴う GroEL の発現量上昇が確認され、GroEL 依存的な内部環境の安定化による高温適応進化が示唆された。さらに変異率の継続的上昇などが確認された。

P-058

Correlation between adaptive evolution, mutation rate and robustness using thermo-adaptive evolved *Escherichia coli* 高温適応進化大腸菌を用いた適応進化と変異率、ロバストネスの相関

○松尾萌, 菅野暢, 小西隆介, 古倉健嗣, 岸本利彦
東邦大・理

進化の過程では、自然選択に対して集団がある一定の多様性を維持しながら適応していくことが重要である。この集団の多様性を生み出す要素の一つとして、変異率とロバストネスの関係があげられる。

当研究室の高温適応進化大腸菌の進化過程において、ロバストネスに関係するシャペロン変異と、変異率に関与する修復系遺伝子の突然変異が生じ、高変異率進化が起こることを見出した(Kishimoto, PLOS Genet, 2010)。

本研究では、上記進化大腸菌を用いて、シャペロン変異と修復系遺伝子変異の機能、および集団の進化能力への関わりを解析した。具体的には、高温に対する適応度、変異率、細胞内タンパク質、進化能力、それぞれの変異の組合せによる集団の適応度分布の変化を解析した。その結果、シャペロン変異により、有害変異が有益変異に転じ、高変異率環境下において進化能力を向上させること。また、変異率の上昇は集団の適応分布を広げることで集団内での多様性を獲得し、シャペロン変異が生じることで集団分布を収束すること(ロバストネスの向上)が示唆された。

P-059

Mutation fixation rate in pseudogene of RNA virus by experimental evolution

実験進化による RNA ウイルスの偽遺伝子への変異固定速度の評価

○柏木明子

弘前大・農学生命

偽遺伝子は、タンパク質機能の制約が無いために、変異蓄積速度が高くなると考えられている。しかし、ゲノムの2次構造に機能的制約がある場合には、変異蓄積速度が高くなることは自明では無い。

本研究では、1本鎖 RNA をゲノムに持つファージ Q β (Q β) において、1つのタンパク質の遺伝子を偽遺伝子化して、変異蓄積速度が高速化するかどうかを示すことを目的とした。

Q β は、1本鎖 RNA ゲノムに4つの遺伝子(A2, coat, A1, β)をコードする。A2遺伝子から数塩基を除き偽遺伝子化し、それ以外のゲノム配列を有する変異体 Q β を作製した。これは、宿主大腸菌から供給された A2で相補すると感染性のある Q β が生じる。約500世代実験進化を行い、RNA ゲノム配列の変化を解析した。偽遺伝子化した A2遺伝子への変異固定率は、他の3遺伝子や非翻訳領域と比べて高くなかった。RNA ゲノムの2次構造予測結果とともに議論する。

P-061

Feedback control of bacterial evolution through dynamic change in fitness landscape

適応度地形の動的変化を通じた細菌進化のフィードバック制御の試み

○芝井厚¹、古澤力^{1,2}

¹理研・BDR、²東大・理

大腸菌を増殖阻害剤などのストレス条件下で継代培養すると、薬剤耐性などの表現型を獲得する進化の過程、つまり適応度地形を登るさまを実験室内で容易に観察することができる。獲得する表現型はストレスの種類や強度によって様々であり、またその進化の起こりやすさも異なる。さらに、ある耐性の獲得が他のストレスへの感受性をもたらすような、ストレス間での耐性獲得の交叉性も見いだされている。これらの性質を考慮したうえでストレス強度間のバランスを操作してやれば、細菌の進化経路の予測や制御が可能となるはずである。これにより、適応システムとしての細菌細胞の理解や、多剤耐性菌の出現抑制のための知見などが得られると期待できる。そこで本研究では、ラボオートメーション技術を用いて、大腸菌の表現型変化をストレス条件の設定に自動的にフィードバックする系を構築した。今回は、その系を用いて進化の制御実験を試みた結果について報告する。

P_A-060

A genetic tool to tune gene-inactivating mutation rate and its application to experimental evolution

遺伝子破壊変異の頻度を調整できる系の構築とその実験室進化への応用

○金井雄樹¹、津留三良¹、古澤力^{1,2}

¹東大・院理、²理研・BDR

ゲノム縮小をはじめとしたゲノム構造の大規模な改変の過程を実験室進化で観測するには、生物の進化は一般的に遅い。本研究ではトランスポゾンを発現させることで、大腸菌の遺伝子が破壊されていく系を作成した。そして高い突然変異率と生存率を維持することを示唆する結果が得られた。作成した系のこのような性質は進化実験に適しており、細胞内共生細菌などで見られるゲノム縮小を始めとしたゲノム進化の現象を実験室進化で分析する足がかりとなると期待される。現在行っている簡易的な進化実験を行っており、学会で結果を共有することを目指している。

P_A-062

An expanded genomic RNA invasion into an unexpanded genomic RNA system

遺伝情報が複雑化した RNA による単純な情報をもつ RNA 集団への侵入

○植田健介¹、水内良²、松田史生¹、市橋伯一^{2,3}

¹阪大・情報科学、²東大・総合文化、³東大・先進科学

生命の起源において遺伝情報が複雑化した RNA が単純な情報を持つ RNA 集団の中に侵入するために必要な条件は何か？我々は本研究室で開発された RNA 自己複製系を用いてこの問いに取り組んでいる。

RNA 自己複製系は、再構成型無細胞タンパク合成系、RNA 複製酵素の遺伝子を持つ Bcta-RNA、RNA 複製の材料(CTP)を合成する酵素の遺伝子を持つ NDK-RNA からなり、これらは、油中に微小水滴(区画)という形で封入されている。それぞれの RNA は、他方の RNA が区画に存在しないと増えることができない。

我々は、Beta 遺伝子と NDK 遺伝子の両方を持つ長鎖 RNA の構築に成功した。この長鎖 RNA は、両方の遺伝子を正常に発現させつつ、RNA 自己複製系内で増えることができる。長鎖 RNA は、Beta-, NDK-RNA とは違い単独で増えることができるが、遺伝情報が複雑化しているため(鎖長が長い)、その複製には時間がかかる。

本研究では、複雑化した長鎖 RNA が上記の欠点に打ち勝ち、Beta-, NDK-RNA の集団に侵入するために必要な条件を明らかにする。

P-063

The evolution of persistence -Analysis in the case where resources for cooperation are occasionally absent-

○黒川瞬

高知工科大学経済・マネジメント学群

協力行動の存在は自然選択の観点から見た場合、不思議であり、説明が必要である。協力行動の進化のメカニズムは先行研究によりこれまでいくつか提案されたが、互恵性はそのうちの一つであり、繰り返し相互作用において協力が進化しうることを説明する。協力をすることを願ったとしても、他者を助けるのに必要な資源はときどき欠けており、その際は他者を助けることはできない。先行研究では、他者を助けるのに必要な資源が時々ない場合に関して調べた。しかし、私が把握している限りでは、相手が協力する資源があったかなかったかに関して知っているような状況を扱った先行研究はない。このポスターではそのような情報にときどきアクセスできる状況を調べる。そして進化ゲーム理論を用いて数理解析を行い、頑固さ(相手に協力する資源がなく前回非協力したことを知っている場合は、自分の前回の手をまねる性質)は協力行動の進化を促進することを明らかにする。

P-065

Genetic basis of species-specific genitalia reveals role in species diversification

○藤澤知親^{1,4}、雀部正毅¹、長太伸章²、高見泰興³、曾田貞滋¹

¹京大・院理、²国立科学博物館、³神大・院人間発達、⁴滋賀大・DSセンター

交尾器形態の変化は種の多様化において重要な役割を果たしていることが知られているが、その遺伝的メカニズムについての研究は少ない。本研究では、顕著な交尾器形態の違いのあるオサムシ3種のゲノム配列を調べることで、交尾器形態に影響を与える遺伝子を探索した。量的遺伝子座(QTL)解析の結果、雌雄の交尾器形態を決定する遺伝子座は同一の連鎖群の異なる場所に存在することがわかった。またリシークエンスの結果、QTL近傍に種間で顕著に分化した領域が存在すること、そして分化した領域の近傍にはクチクラの着色にかかわる遺伝子が複数存在することがわかった。これらの結果は雌雄の交尾器形態の進化が必ずしも強く連鎖した遺伝子座によらないことを示唆している。また発見された候補遺伝子をターゲットにした分子遺伝学的研究が求められる。

P_A-064

Hybridization reduces the variation of male sexual phenotype in F1 hybrids: A Meta-analysis 種間交雑によりF1雑種オスの性的形質は均質化する | メタ解析

○Keisuke Atsumi¹, Malgorzata Lagisz², Shinichi Nakagawa²

¹北大・環境科学院、²New South Wales 大学

As initial bias of genomic composition can shape the evolution of hybrid swarm, it is crucial to understand general characteristics of sexual phenotypes of early-generation hybrids (F1). Specifically, the phenotypic variation of these hybrids is important because larger variance would increase the overlap of phenotypes with parental species and may promote backcrossing. We can expect greater phenotypic variance in F1 compared to parental species for two reasons. First, novel combinations of species-specific alleles may produce novel phenotype via epistasis. Second, since paternal inheritance can have a greater effect on male traits, the mean phenotype may differ between cross directions.

We explored phenotypic variance in male sexual traits among F1 hybrids by a meta-analysis. Our dataset included 23 studies (522 traits) across animals. The phenotypic variation was significantly smaller than in parental species. Meta-regression showed that variation becomes smaller as parental species are evolutionarily more distant from each other, and hybrid mortality increases, suggesting that genetic incompatibility reduces the phenotypic variation of hybrids. Further, mean phenotype did not differ between reciprocal crosses.

F1 hybrids showed intermediate phenotype with small variation, which may facilitate assortative mating among hybrids rather than backcrossing. Although we did not find the evidence for increased variation due to paternal inheritance and epistasis, additive variance resulting from recombination still appears in later generation hybrids. Hence, small phenotypic variation in F1 does not necessarily mean that diversification due to hybridization is unlikely.

P-066

Sapporo Wild Salmon Project

札幌・豊平川の野生サケと市民の持続可能な共存に向けて～市民活動・札幌ワイルドサーモンプロジェクト～

丸山緑¹、○水本寛基²、有賀望²、岡本康寿³、森田健太郎⁴、荒木仁志²

¹明治コンサルタント株式会社、²北大・院農、³札幌市豊平川さけ科学館、⁴北海道区水産研究所

人口196万を擁する大都市、札幌を流れる豊平川では、1979年のカムバックサーモン運動による稚魚放流などが行われ、サケの遡上が大幅に回復した。しかし近年、遡上した親魚のうち自然産卵由来の野生魚が約7割を占めていることが明らかとなっている(有賀ほか 2014)。これを受け、自然産卵で世代交代する野生魚を増やすことを目的に、2014年から有志の市民(行政、学芸員、研究者、建設コンサルタント、マスメディア関係者など)により札幌ワイルドサーモンプロジェクト(SWSP)が設立され、①放流数の順応的管理の導入、②産卵環境の復元、③野生サケ稚魚の降河状況調査や野生魚と放流魚の環境適応力差異の解明など、様々な活動に取り組んでいる。本発表では上記活動の成果報告を行うとともに、アウトリーチ活動の重要性や市民とその身近にある生物とのあり方について議論する。

PA-067

Morphological evolution of spermatozoa effects reproductive ability on tardigrades. クマムシの精子の形態変化が与える生殖への影響

○杉浦健太¹、松本緑¹

¹慶大・院理

発表者らは有性生殖を行うチョウメイムシ科のクマムシ、*Paramacrobiotus* sp. TYO 系統と *Macrobiotus shonaicus* では、環境中に射精された精子が泳いでメスの元へ辿りつき、メスの総排泄孔から体内の貯精嚢へ移動すること、また産卵直後の卵殻内に精子核が明確に観察されたことから、精子がメス体内に貯蔵されるにも関わらず、核の融合は体外にて完了することを報告した。

更なる観察によって、これら2種では核が非常に長く、加えて先体の長さが約10倍異なることを見出した。精子は核と尾部を繋ぐ中片部で折れ曲がり、中片部を先頭にして遊泳していた。さらに両種の貯精嚢内では精子の運動性を支える尾部が欠落した状態で保持されており、産卵直後の卵では精子が先体部を卵殻内に陥入させていた。

これら2種のような精子の核と先体の顕著な伸長はチョウメイムシ科に見られる特徴であり、このような形態進化について生殖における有意性の観点から考察していく。

P-069

Genome-wide RAD-seqencing to quantify the genetic differences between alate and ergatoid queens in *Myrmecina nipponica* RAD-seq を用いたカドフシアリの有翅女王と無翅女王における遺伝的差異の定量

○宮崎智史¹、山口勝司²、重信秀治²

¹玉川大・院農、²基生研

アリ類の系統では有翅女王から無翅女王への進化が独立に複数回起こってきた。日本全国の森林帯に生息するカドフシアリ *Myrmecina nipponica* において、温暖な低地帯には有翅女王が繁殖を担うコロニーが分布する一方で、冷涼な高緯度地域や高山域では無翅女王が有翅女王に置き換わって繁殖を担うコロニーが出現する。この女王多型の決定には遺伝的要因が強く作用すると考えられるが、有翅女王と無翅女王間の遺伝的差異についてはいまだに明らかになっていない。本研究ではそれらの遺伝的差異を明らかにするため、国内の4つの地域集団から採集されたカドフシアリの有翅女王と無翅女王、合計96個体を対象に RAD (restriction-site associated DNA)-seq を行った。その結果、115,795遺伝子座が得られ、そのうち58,654サイトに多型が検出された。それらを元に固定指数 F_{ST} を算出したところ、有翅女王と無翅女王間、そして異なる地域集団由来の無翅女王間では遺伝的分化が比較的小さく、異なる地域集団由来の有翅女王間では遺伝的分化が大きいことが示された。これらの結果から、本種では無翅女王の進化と分布の拡大が比較的短期間で起こったと示唆された。現在、女王多型の決定にかかわるゲノム領域についても解析を進めている。

PA-068

Mutual cannibalism between female and male メスとオスが配偶時に翅を食い合う:リュウキュウクチキゴキブリの翅の食い合い

○大崎遥花、粕谷英一

九大・生態

共食いの中でも配偶相手を食うものを性的共食いと呼ぶ。既知の性的共食いは、いずれも片方の性が相手を一方的に食う例であり、雌雄が互いに食い合う例はなかった。リュウキュウクチキゴキブリの雌雄による翅の食い合いはその唯一の例外である。本種は食材性のゴキブリで、新成虫は長い翅を持ち、繁殖時期には飛翔して分散するが、雌雄が出会うと配偶時に相手の翅を付け根近くまで互いに食い合う。その後ペアは朽ち木に穿孔して繁殖し、両親が子を保護しながら、生涯その相手と繁殖する厳密な一夫一妻であると考えられている。発表者らは、翅の食い合いの意義について検討することを目的として、雌雄どちらかの翅を短くしたペアとそうでないペアを用意し、翅の食い合いの詳細を定量的に解析した。両個体翅のあるペアを観察した結果、翅を食われる個体は静止して相手側に体を傾ける場合と体を激しく揺さぶる場合があることが分かった。また、片方の個体の翅が短いペアでは、交尾が翅の食い合いより先に行われ、切られた翅は十分短かったにもかかわらず、ほとんどのペアでかじられた。これらの結果を踏まえ、翅の食い合いの意義として考えられる仮説を検討した。

P-070

Genetic basis and traits cause the seasonal separation between early- and late-winter types of winter geometrid moths フユシヤク類における初冬繁殖型と晩冬繁殖型の原因となる生活史形質とその遺伝的基盤の探索

○山本哲史¹、工藤誠也²、佐藤臨³、池田紘士²、藤澤知親⁴、曾田貞滋¹

¹京都大・院理、²弘前大・農生、³首都大・都市環境、⁴滋賀大・ゲータサイエンス教育研究センター

冬季活動性蛾類であるクロテンフユシヤクは、冬季環境の厳しい地域において、初冬繁殖型と晩冬繁殖型に分化しており、同所的な初冬型と晩冬型の間には遺伝的隔離がある。このような生活史の分化は本種および同属 (*Inurois* 属) 内で何度も繰り返し生じたことがわかっている。*Inurois* 属で季節性の分裂が繰り返し生じた原因を明らかにすることを目的として、クロテンフユシヤクを材料に、季節性の違いの原因となる生活史形質の解明とその遺伝的基盤にアプローチした。飼育実験では、初冬型と晩冬型には卵から前蛹に至るまでの成長パターンに違いがなく、季節性の違いは蛹期の長さの違いによって生じていることが示唆された。また、遺伝的基盤へアプローチするため、ゲノムアセンブリを行った。遺伝的基盤については未解明であるが、発表では初冬型と晩冬型の間で、歴史人口動態の比較や推定される分化年代についてお話を

PA-071

Reconstruction of population dynamics and adaptation of a *Daphnia pulex* population since its colonization in a new habitat: analysis using varved sediments and dormant eggs

ミジンコ *Daphnia pulex* 個体群定着過程における個体群動態と適応: 年縞堆積物と休眠卵を用いた解析

○ Yurie Otake¹、Hajime Ohtsuki²、Jotaro Urabe²、Shigeko Kimura³、Kazuyoshi Yamada⁴、Takehito Yoshida^{1,5}

¹University of Tokyo, ²Tohoku University, ³University of Shiga Prefecture, ⁴Museum of Natural & Environmental History, ⁵RIHN

During the process of colonization and establishment of a new population, adaptation to a new habitat often occurs and it has been suggested to influence the population dynamics, although direct, contemporary observation of adaptation and population dynamics of a natural population is usually difficult. Here, we examined the population and trait dynamics of a *Daphnia pulex* population since its early colonization and establishment using their subfossils and dormant eggs enclosed in ephippia preserved in the varved sediments of Lake Fukami-ike, Nagano. We collected sediment core samples, and counted ephippia of *D. pulex* and measured some morphological traits, in addition to counting subfossils of other cladocerans and invertebrates. *D. pulex* first appeared in the lake around 1950, established a stable population by 2000 and continued to occur until 2014. The abundance of subfossils of *Chaoborus* indicated temporal changes of predation pressure by fish, supported by separate historical documents. Length of ephippia of *D. pulex* significantly increased in the mid 2000s and decreased in more recent years, whereas length of their post-abdominal claw did not show significant change. This suggests that the size and age to produce dormant eggs of *D. pulex* changed in response to predation pressure by planktivorous fish.

PA-073

Gene flow limits range expansion: sexual and asexual reproduction differ in the effect of gene flow

遺伝子流動による分布制限: 遺伝子流動の影響は有性生殖、無性生殖で異なる

○佐藤雄亮¹、瀧本岳¹

¹東大・院農

局所的な環境適応は、別の場所からの遺伝子流動によって妨げられる。交配によって個体同士の遺伝子が混ざりやすい有性生物では、遺伝子流動が局所適応に及ぼす影響が無性生物よりも大きくなるのではないだろうか。本研究では、環境勾配のある空間明示的シミュレーションモデルを用いて、有性生物が無性生物に比べて局所適応が妨げられやすいのかを調べた。また、それぞれの個体群における局所適応の結果、分布域全体の広さについても差が現れるのかを調べた。その結果、環境勾配のある空間において、有性生物の地理的変異の勾配は、環境勾配との差が無性生物より大きかった。さらに、有性生物の分布域は無性生物よりも狭くなっていた。この結果から、有性生物は遺伝子流動の影響を受けやすく、局所適応が進みにくい個体群が現れやすくなっている可能性が示唆された。

PA-072

Rapid diversification of a foraging trait among new stickleback populations created by an earthquake and tsunamis

地震と津波によって形成された新規トゲウオ集団でみられた急速な採餌形態の多様化

○細木拓也^{1,2}、森誠一³、西田翔太郎³、久米学⁴、永野惇⁵、柿岡諒¹、北野潤^{1,2}

¹国立遺伝学研究所, ²総合研究大学院大学, ³岐阜協立大学, ⁴京都大学フィールド研, ⁵龍谷大学

生物の多様な空きニッチへの進入は、新規集団の形成、さらには形態の多様化を引き起こすことが知られている。一般的に、新規集団はボトルネックを経験することで遺伝的多様性を欠く。したがって、遺伝的多様性を欠く新規集団から形態の分化が生じ、新しい環境に適応する過程は不明な点が多い。我々は、2011年東北地方太平洋沖地震によって形成された、トゲウオ科魚類イトヨ属の新規集団に着目し、採餌形質(鰓耙数)の多様性を記載した上で、鰓耙数の多様化の生態的・遺伝的要因を調べることで、この問題に取り組んでいる。

津波3年後の17地点間の標本の比較から、鰓耙数が急速に多様化していた。集団間の鰓耙数の違いは生息地のベントス密度や環境変数によって説明できたことから、観察された表現型の多様化は適応的な応答であることが示唆された。RAD-seqを用いた集団遺伝解析から、新規集団にはイトヨ(鰓耙が少ない淡水型)とニホンイトヨ(鰓耙が多い海型種)の雑種が含まれていることがわかった。ゲノム組成と鰓耙数の比較から、ニホンイトヨの遺伝子浸透率が高いほど鰓耙数が多く、急速な鰓耙数の分化を可能とした遺伝的変異は種間交雑によって獲得されたことが示唆された。

P-074

Effects of seasonal environments on plant defense responses to a virus infection

季節的な前歴環境が植物のウイルス抵抗性に与える効果

○本庄三恵¹、伊藤佑¹、村中智明¹、西尾治幾¹、榮村奈緒子^{1,2}、工藤洋¹

¹京大・生態研, ²鹿児島大・農

植物は、季節特異的な温度ストレスに対し、温度・日長を利用し事前に抵抗性を高めるような性質を獲得していると考えられ、その例として凍結に対する低温馴化などが知られている。しかし、病害ストレスに対し植物が季節特異的に抵抗性を高める例はほとんど知られていない。本研究では、植物の前歴環境がウイルス抵抗性に与える効果を調べるため、多年生草本ハクサンハタザオに高頻度に感染がみられるカブモザイクウイルスを対象に実験を行った。温度・日長の操作により6つの季節環境を再現し、これらを前歴として植物を2か月間栽培した後に、5日間同一環境下で育て、ウイルスを接種した。RNA-seq と ChIP-seq (ヒストン修飾 H3K4me3, H3K27me3) を行った結果、春型の前歴を持つ植物は接種2日目と8日目のウイルス蓄積量が少なくウイルス抵抗性が高まっており、一部防御遺伝子の応答性向上とヒストン修飾との関係が示唆された。

P-075

Search for genomic regions involved in human novelty seeking behavior using medaka populations

メダカ集団を用いたヒト新奇性追求行動に関わるゲノム領域の探索

○勝村啓史^{1,2}, 尾田正二³, 上岡史享¹, 三谷啓志³, 小川元之², 太田博樹^{2,4}, 竹内秀明¹

¹岡山大学・院自然科学, ²北里大学・医解剖, ³東大・院新領域, ⁴東大・院理

新奇性追求行動の強化がヒトの拡散をドライブした要因の一つと言われているが、実験的検証は未だなされていない。本研究で用いるメダカ (*Oryzias latipes*) では、北部九州から日本各地へ拡散が明らかにされ、それらメダカでは新奇性追求行動が強いことが予備解析により示唆されている。これらヒトとメダカの拡散過程のアナロジーから、メダカとヒトで新奇性追求行動に関わる遺伝子に共通性が期待できると考え、メダカで新奇性追求の強さに関わる遺伝子多型を探索し、それがヒトの拡散にも寄与したかを明らかにすることとした。これまでに、広い生息域を示す集団は狭い生息域を示す集団より新奇性追求行動が強い傾向を見いだした。そして、全脳の遺伝子発現変動解析、および QTL 解析を実施し、207遺伝子の発現変動が新奇性追求行動の強さと有意に相関することを見つけた。本発表では、QTL 解析結果を含めた途中経過について報告する。

PA-077

Diversity of formation of respiratory funnels in Tachinid flies

ヤドリバエにおけるファネル形成の多様性

○駒形森¹, 館卓司²

¹九大・院地社, ²九大・比較社会文化

ヤドリバエは幼虫期に昆虫の内部に捕食寄生するハエの一群である。寄主体内に潜む幼虫は、呼吸を行うため気門のある尾部を寄主に開けた穴に接続する。その際、幼虫はファネルと呼ばれるソケット状の構造物を用いて体を穴に固定する。このファネルは寄主免疫の一つである包圍作用を利用し、幼虫の体を覆うように生成される (Valigurová et al. 2014)。

演者らは、3つの亜科に属するヤドリバエを用いて、ファネル形成の比較を行った。その結果、鱗翅類や甲虫類に寄生する2つの亜科では、侵入後すぐに全身を覆う黒褐色のファネルが形成される事がわかった。一方、カメムシに寄生する亜科では、呼吸に適した位置に移動するまでファネル形成は開始されず、形状も他の亜科と異なり半透明で尾部のみを覆う程度の長さだった。これらの結果を踏まえ、各々の寄主に適応したファネルの形成プロセスについて議論する。

P-076

Evolutionary history and searching for a responsible gene for winter-whiting in hares

ノウサギ属における冬季白化の責任遺伝子の探索と起源

○木下豪太¹, 布目三夫², 郷康広³, 牧野能士⁴, 辰本将司³, 山田文雄⁵, 鈴木仁⁶, 井鷲裕司¹

¹京大・院農, ²名大・生命農, ³自然科学研・生命創生, ⁴東北大・院生命, ⁵森林総研, ⁶北大・院環境

冬季の毛色白化は積雪環境への適応形質として、哺乳類から鳥類まで様々な種で知られている。ノウサギ属は世界に30種ほどが生息し、高緯度地域に生息する数種で冬季白化を示す。本研究では冬季毛色に白化・非白化の二型が見られるニホンノウサギの責任遺伝子と進化的背景を解明するため、全ゲノムシーケンスと SNP 解析、候補遺伝子座の配列解読を行った。先行研究により、同様に二型が見られるカンジキウサギ(北米)では毛色関連遺伝子である *Asip* が責任遺伝子であり、他種との交雑による遺伝子流動で二型が獲得されたと判明している。しかし本研究によって、カンジキウサギで *Asip* 上の責任変異と提案された配列はニホンノウサギの冬季白化の原因ではなく、本種の二型は種内で独立に獲得されたことが示唆された。これらの結果から、冬季白化はノウサギ属内で遺伝子流動や新規突然変異の獲得など異なる起源により収斂的に獲得されたと推測される。

PA-078

Evolutionary ecology of the venom system in spiders

○Audisio Tracy Lynn¹

¹Audisio Tracy Lynn, Okinawa Institute of Science and Technology, 1919-1 Tancha, Onna-son, Okinawa Prefecture

The success of spiders is largely attributed to the evolution of complex biologically active venoms that have enabled them to become ecological specialists. The chemical composition of these venoms is fine-tuned to ecological interactions, yet surprisingly little is known about this process. Investigating venomous traits in an ecological context can provide insight into the adaptive value of the trait, since venoms play a vital role in predator-prey interactions. Applying an eco-evolutionary perspective can advance the understanding of the processes that lead to key changes in venom systems, including venom yield and venom potency. The venom yield and venom potency models can be applied to test hypotheses related to the morphological and ecological constraints on venom system. These models incorporate a range of functional data related to both the morphology and ecology of each species and enable comparisons across a broad taxonomic diversity of spiders. By using a model-based approach, it is possible to determine how venom yield scales in response to morphological and ecological processes and how predator-prey interactions influence potency.

PA-079

The application of eDNA method for bad study 環境 DNA 手法のコウモリ調査への応用

○岩澤大地¹、荒木仁志²

¹北大・院農、²北大・院農

コウモリ類は捕食者および送粉者として生態系の中で重要な役割を担っている。一方、国内で報告のある35種(絶滅した種を除く)のうち21種が環境省のレッドリストに記載されており、絶滅や個体数の減少が危惧されている。そのため、生態や分布情報に基づく適切な保全をおこなう必要がある。

しかし、洞内に侵入しての調査は多大な労力を要するため、洞窟棲コウモリ類を広範囲に調査するのは困難である。そのため、生息個体数の推定や季節の変化による利用洞窟の変化など、洞穴棲コウモリ類の生態や分布に関する情報は貧しいままである。

本研究では洞窟からの流水を濾過し、環境 DNA を分析することによって、洞窟に侵入せず洞内のコウモリ相を把握することを目的とした。解析の結果、洞内に生息するコウモリ類3種が検出され、洞内のコウモリ相を正確に反映していた。このことから洞穴棲コウモリ類の調査に環境 DNA 手法が有用であることが示唆された。

PA-080

Pre-mating isolation caused by acoustic adaptation in the Ryukyu Archipelago 南西諸島の島間で生じている鳥類のさえずりの音響適応 による生殖隔離

○植村慎吾、高木昌興

北大・院理

性選択形質のシグナルが、生息環境中で最も効率よく認識されるように変化する感覚便乗が、音声シグナルでも起こることが多くの生物で示されてきた。一般的に低緯度地域の森林ほどセミやカエルなどによる高い音の環境騒音が大きいと、鳥類は低い周波数でさえずる進化的な制約を受ける。緯度による環境騒音の違いに局所適応したさえずりの変異は生殖隔離の原因となりうる。本研究では、さえずりが生得的か学習で獲得されるかによってさえずりの局所適応が生殖隔離の機構として働くかどうかが決まることを検証した。南西諸島の集団間で、環境騒音の周波数分布とさえずり周波数を調べた。音声再生実験でさえずりへの反応を調べ、生殖前隔離の有無を検討した。mtDNA の COI 領域のハプロタイプとさえずり周波数の違いが対応するかどうかを調べた。さえずりが遺伝的に決まるアカショウビンでは、音響環境への局所適応が生殖隔離の機構として働くことが示唆された。

P-081

De novo SNP discovery and population structure of *Rana ornativentris* by RAD-Seq analysis RAD-Seq を用いたヤマアカガエル (*Rana ornativentris*) の SNP 検出と遺伝構造の解析

○長谷和子¹、野村康之²、永野惇²、寺井洋平¹

¹総研大・先端科学、²龍谷大・農

NGS の普及により、ゲノム情報のない野生種においても迅速に遺伝マーカーの開発が行えるようになった。Restriction-site associated DNA sequencing (RAD-Seq) は制限酵素認識部位の周辺配列を NGS でシーケンスすることにより、大量のデータを得られる方法である。本研究では、神奈川県葉山町のヤマアカガエル (*Rana ornativentris*) 個体群から45個体と outgroup 1個体について、RAD-Seq を行った。同種のドラフトゲノムは HiseqX の raw data から用意し、RAD-Seq のシーケンスデータをプログラム Stacks (ver.1.37) を用いて解析を行った。結果、多型は13361遺伝子座、SNP は11524検出された。発表では解析過程のサマリー、集団遺伝構造等、得られた結果を紹介する。

P-082

Origin of cooperation in co-evolving RNA replicators 宿主・寄生体 RNA の共進化から探る協力の起源

○水内良¹、古林太郎²、市橋伯一¹

¹東大・先端科学、²ESPCI Paris

生命は進化の過程でゲノム・細胞・個体等の複製体間に協力関係を構築することで、徐々に遺伝情報や機能を拡張し、複雑化したと考えられている。この最初期段階は、原始地球で誕生した RNA 等の自己複製分子と、新たな機能をもつ複製分子との協力形成であったと考えられている。しかし、どうやって新しい機能をもつ複製体が出現するのだろうか？本研究では、自己複製時に変異で出現する寄生体分子に対する複製戦略の進化が鍵であるという仮説の基、人工自己複製(宿主)RNA—寄生体 RNA の共進化実験を行った。本実験系では、宿主 RNA が複製酵素をコードしており、それを搾取することで寄生体 RNA は複製する。これまでの解析では、宿主—寄生体 RNA 間に進化的軍拡競争が起こり、その過程で多様な複製戦略が出現し、限定的な条件では異なる宿主 RNA 間の協力関係も示唆された。まだ予備的な知見ではあるが、このような協力の起源について議論したい。

P-083

Quantifying deterministic factors of predation pressures in geologic time

○石川牧子^{1,2}、加瀬友喜^{3,4}、筒井秀和⁵

¹ヤマザキ動物看護大、²東大・院理、³神大・理、⁴科博・地学、⁵北陸先端大

生物進化にとって、捕食は重要な原動力である。被食者に何らかの捕食の痕跡が残る場合、この捕食痕頻度は捕食圧を推定する指標として有用であり、その時空間的変化を追跡することは生物進化における捕食の影響を評価する上で有力な手がかりとなる。一方で、捕食痕頻度は「捕食頻度」「捕食成功率」の2パラメーターの統合となるため、捕食者が多い時も被食者が強い時も増えてしまうというパラドックスが存在した。これを解決すべく、軟体動物の貝殻に穿孔し捕食するタマガイ科巻貝をモデルとして、被食者である腹足類の貝殻に残る捕食痕の頻度分布を満たす2パラメーターの組み合わせ、および結果として得られる捕食圧を、統計モデルにより探す手法を開発した。このアプローチにより、「捕食頻度」と「捕食成功率」それぞれの時空間的変化を定量的に追跡することが可能となった。また、「捕食成功率」の低い被食者は様々な適応戦略を持つことが明らかとなった。

P-085

Morphology and development of complex 3D helmet structures in treehoppers 複雑な三次元構造を有するツノゼミのヘルメットの形態と発生

○後藤寛貴¹、足立晴彦²、松田佳祐³、近藤滋²

¹遺伝研・生態遺伝、²阪大・院生命機能、³阪大・医附属病院

ツノゼミ(半翅目・ツノゼミ科)の成虫は、体の背側に「ヘルメット」と呼ばれる複雑で種ごとに多様な三次元構造を有する。ヘルメットは終齢幼虫の背側にある小さな鞘状構造の内部で「折り畳まれた」状態で形成され、羽化時に一気に「展開」することで現れる。しかし、単純な鞘状構造の中で、複雑な三次元形態へと展開できる折り畳み構造を形成する原理は不明である。本研究ではこれを明らかにするため、大きな笠状のヘルメットを有するヨコトゲツノゼミ *Antianthe expansa* を主な材料に、Micro-CTと組織切片により成虫ヘルメットの構造とその形成過程を時系列に沿って観察した。結果、まず鞘状構造の内部で鞘の上面と下面の上皮が貼り合わさり笠状のヘルメットのミニチュアが形成され、次いで折り畳みが起こることが明らかになった。つまり「ミニチュア形成」により鞘状から笠状への形態変化が実現し、その後の「折り畳み構造の形成」により構造の拡大を実現していると考えられた。

P_A-084

The Mechanism of Diversity Emergence and Persistence in Origin of Life with a Diverse Host vs. Parasite Simulation

原始生命における多様性が発生・維持するメカニズムのシミュレーションを用いた理解

○上浦六十^{1,2}、市橋伯一¹

¹東大・総合文化・先進科学、²阪大・情報

現在までの生命は、進化の長い歴史を経て多様化し、複雑な生態系を形成している。では、RNAワールドなどとして提案される原始環境ではどうであろうか。単純な機能のみを持った初期生命では、進化的な軍拡競争の中、自分こそがより増えようと進歩することが最も単純な想定である。果たして、原始環境において、多様化して生命が同時に且つ安定的に存続することはできるものなのだろうか。

この問いに答えるため、自己複製能を持った複数の宿主と、そこから生じる寄生体が同時に複製されるシミュレーションを構築し、複数の宿主が同時に存続できるパラメータ空間が存在するかを検証した。すると、宿主のみでは複数の宿主が同時に存続できないものの、寄生体が発生することによって初めて同時に存続できる条件が広く存在することが示された。今後は、*in vitro*系での検証実験に加え、より現在に近い条件でも同様の条件が見られるかを検証していく。

P-086

Hypothesis of macrophage evolution focusing on CD163 expression

マウス-ヒト間の CD163発現の違いから考察するマクロファージの進化仮説

○西東洋一^{1,2}、藤原章雄²、菰原義弘²

¹京大・ウ再生研・生体材料学、²熊大・院医・細胞病理学

マクロファージ(M ϕ)には胎児卵黄嚢から組織に定着する組織在来 M ϕ と、骨髄-単球から分化する単球由来 M ϕ が存在しており、系統発生的には前者がより古い細胞であるとされる。現在のところ、両者の明確な解剖学的・機能的な住み分けは不明であり、識別方法も確立していない。CD163は M ϕ に発現するヘモグロビンスカベンジャー受容体として報告された。我々はマウスにおいて CD163が卵黄嚢-組織在来 M ϕ にのみ発現し、単球由来 M ϕ には発現しないことを見出し、卵黄嚢-組織在来 M ϕ のマーカーとして有用と考えている。一方で、ヒトにおいて CD163は単球由来 M ϕ にも発現し、CD163陽性 M ϕ は組織修復・腫瘍発育促進等の M2機能を有する。以上の結果から、CD163は系統発生上古い卵黄嚢-組織在来 M ϕ に本来発現し、個体発生や組織修復に機能していたが、ヒトでは骨髄系である単球由来 M ϕ が CD163発現を獲得し、卵黄嚢-組織在来 M ϕ の機能を代替できるよう進化している可能性があるかと我々は考察している。(進化学・系統発生物学は専門外の研究者ですので、本演題に対して様々なご意見をお願いいたします)

P-087

Enamel and Ganoine: Evolution of teeth in fish EnamelとGanoine; 魚類の歯の進化

○笹川一郎¹、三上正人¹、石山巳喜夫¹

¹日歯大・新潟歯

脊椎動物の歯の進化では、長年の比較解剖学と化石研究による形態進化の概念に加え、近年ゲノム解析などの分子進化学による成果が急速にあがってきており、両者のすり合わせが重要である。顎口類では、外骨格から分化して歯の基本形が形成された。その後、魚類の進化で歯の組織も様々に分化し、その表面を覆う高石灰化層も一様ではない。エナメロイドは上皮と外胚葉性間葉の両方が形成にかかわる硬組織であり、最初の脊椎動物、無顎類の外骨格の表層に出現し、顎口類の歯の組織に引き継がれた。一方、主に上皮に由来する高石灰化組織にはエナメル質とガノインがあり、これらは硬骨魚類で出現したとされる。表現型はきわめて似ているが、関与する遺伝子は異なるので、区別すべきである。エナメル質は肉鱗類に出現し、両生類から哺乳類へ引き継がれ、発達した。ガノインは基幹条鱗類の歯とガノイン鱗の表層を覆うが、真骨類への進化の過程で消失した。

P_A-088

Phenotypic plasticity of the shell morphologies to water currents in the pond snail *Lymnaea stagnalis* 淡水性巻貝ヨーロッパモノアラガイにおける貝殻形態の水流に対する表現型可塑性

○鈴木七海¹、石川彰人¹、遠藤一佳¹

¹東大・院理

淡水性巻貝 *Lymnaea stagnalis* (ヨーロッパモノアラガイ) において、静水環境下では殻は細長く流水環境下では太いという形態の差異は古くから知られ、遺伝的同化のモデルとされてきた。しかし、水流と殻形態の直接的な因果関係は示されていなかった。本研究では *L. stagnalis* を定量可能な水流 (0 cm/s, 25 cm/s, 40 cm/s) を与える飼育装置内で約6か月間飼育し、2か月毎に形質の計測を行った。その結果、水流がある実験区で育った個体は水流がない実験区の個体と比べて殻の形状には有意差を示さなかったが、殻の成長速度の減少と足面積の増大という表現型可塑性を示すことが分かった。また、トランスクリプトーム解析から、本種が DNA メチル化関連酵素遺伝子のうち、*Dmmt1* と *Dmmt2* は持つが、*Dmmt3* は持たないことが推定された。

P_A-089

Extraocular muscles in the context of craniofacial development: insights from the elasmobranch embryos 頭部顔面発生における外眼筋の位置づけ: 板鰓類胚の場合

○黒田春也^{1,2}、足立礼孝³、日下部りえ²、倉谷滋²

¹黒田春也^{1,2}、足立礼孝³、日下部りえ²、倉谷滋²

¹神戸大・院理、²理研・BDR、³Aix-Marseille Université, IBDM

脊椎動物の眼球を動かす骨格筋群である外眼筋は、その発生過程において頭部中胚葉に由来するが、それに付随する腱や筋膜などの結合組織の詳細な由来は不明であり、非常に複雑であると予想される。なぜなら、眼球は顎骨弓、顎前領域、外側鼻隆起など頭部顔面を構成する複数の胚要素と隣接するからである。これまで頭部顔面複合体の各構成要素の分布と、その進化的変遷に関する研究は数多くなされているが、そこに外眼筋の形態形成を位置づけた研究はほとんどなかった。そこで本研究ではサメ胚において、外眼筋原基(上皮性の体腔を形成)と近傍の間葉細胞を個別に細胞標識し、発生運命を追跡した。その結果これまでに(1)外眼筋のうち4つの直筋の起始は、中胚葉性の腱をもつこと(2)外眼筋のうち下斜筋の起始は、上顎と共通の間葉に由来することなどが明らかになった。以上の結果は外眼筋の一部が上顎の発生と密接に関連していることを示唆する。

P_A-090

Evolution of morphology and function of spermatheca in Hymenoptera ハチ目昆虫における受精嚢形態と機能の進化

○鎌田智也¹、後藤彩子²

¹甲南大・自然科学・生物、²甲南大・理工・生物

ハチ目昆虫のメスによる精子貯蔵機能の進化を探るため、メスの受精嚢の形態と機能を調べた。ハチ目昆虫15科44種を調べたところ、受精嚢の形態は非常に多様であり、同じ亜科に属する種でも形態が異なる場合もあった。次に、受精嚢の機能として受精嚢内で貯蔵されている精子の運動に着目した。精子の運動は物理的な損傷や活性酸素の発生を伴うと考えられるため、長期間精子を保存する種では、受精嚢内の精子を不動化させる機能があるのではないかと仮説を立てた。精子貯蔵期間数ヶ月のドロバチ類やツチバチ類では、受精嚢内の精子は運動していた。一方、精子貯蔵期間約一年のセグロアシナガバチでは精子の運動が著しく低下していた。アリやミツバチの先行研究の観察と合わせると、ハチ目昆虫では、精子貯蔵期間が一年以上の種のメスは受精嚢内で精子を不動化させていると考えられる。

P-091

Expression of mouse *Prdm14* gene is regulated by murine-specific *cis* elements

○松原和純、梶原賢太郎、弘田正樹、村高有優、関由行
関学大・理工・生命医化

PRDM14は初期胚において多能性維持や始原生殖細胞の分化などの重要な機能を持つ。ヒトでは胚盤胞、エピブラスト、始原生殖細胞にかけて PRDM14の発現が保たれるのに対して、マウスではエピブラストで一旦その発現が消失する。公開 ChIP-seq データからマウス *Prdm14*の下流域に4つのシス調節候補配列が同定され、そのうち3つはネズミ科特異的な配列であることから、それらがマウス特異的な発現様式を制御することが予想された。そこで、マウス ES 細胞に対して CRISPR/Cas9システムを用いて候補配列のノックアウトを行い、マウス *Prdm14*シス調節配列の同定と機能解析を試みた。その結果、ネズミ科に特異的な配列のうちの1つが主要エンハンサーとして、別の1つがサイレンサーとして機能することが明らかになった。ネズミ科祖先種において *Prdm14*下流域に挿入された配列がシス調節機能を獲得したと推定される。

PA-092

Analysis of cis-regulatory mechanism by CRISPR-Cas9 genome editing CRISPR-Cas9システムによるシス発現調節機構の解析

○秋山礼良¹、高橋文^{1,2}
¹首都大・院理、²首都大・生命情報研究センター

遺伝子のシス発現調節領域には、発現部位ごとにエンハンサーがモジュール状に配置されていると考えられている。しかし最近の研究で多面的な機能を持つエンハンサーの存在が明らかにされ、シス発現調節領域の構造が見直されつつある。キロショウジョウバエの体色形成や日周行動に関わる *ebony* 遺伝子では、表皮エンハンサーとその近傍の配列の変異が種内の体色変異に関わることが示されてきた。しかしより詳細な解析において、表皮の *ebony* 発現量に影響を及ぼす別のシス因子が複数存在する可能性も示唆されている。本研究ではこれらシス因子の存在と機能を明確にするため、ゲノム編集によってゲノム内の本来の位置でシス制御配列を改変し、発現量変化を定量する系を確立した。更に *ebony* 3' 末への蛍光タンパクのノックインによる発現部位と強度の視覚化も可能になった。本発表ではこの手法と得られた結果を発表する。

PA-093

The Molecular Basis for the Diverse Patterns of Stomatal Development in the Genus *Callitriche* アワゴケ属植物でみられる気孔発生様式の多様性とその分子基盤

○ドル有生¹、古賀皓之¹、塚谷裕一^{1,2}
¹東大・院・理、²NINS・生命創成探究センター

植物のガス交換器官である気孔の発生は、幹細胞分化のモデル系として注目されている。また、植物の種間で気孔の発生様式は多様で、気孔は進化発生学的研究にも適した系だといえる。中でも我々は、アワゴケ属 *Callitriche* (オオバコ科) の植物を対象に研究を行なっている。アワゴケ属植物は、水中でも陸上でも生育できる水陸両生の種に加え、祖先的陸生種、二次的陸生種を含む多様な生態を示す。今回我々は、アワゴケ属の両生種と陸生種の間で、気孔幹細胞の分裂様式に違いがみられることを発見した。このような幹細胞分裂様式の多様性は植物の大きな系統間ではよくみられるが、属内でみられる例は他になく、分子基盤や生態的意義も不明である。現在、その分子基盤の解明に向けて、気孔分化の鍵となる転写因子の発現タイミングに注目した解析を行なっている。発表ではその結果も合わせ、多様な気孔発生様式が進化した仕組みについて議論したい。

PA-094

Evolution of smooth muscle development in the liver with aquatic to terrestrial transition of vertebrates 脊椎動物の陸上進出に伴う肝臓内での平滑筋発達部位の進化

○太田考陽^{1,2}、加藤英明³、前田ひかり⁴、廣瀬晴香⁵、池尾一穂⁶、塩尻信義⁵
¹静大・院バイオサイエンス、²学振・特別研究員 DC¹、³静大・教理、⁴国際水研・鯨類、⁵静大・理生 ⁶遺伝研・生命情報

我々は、脊椎動物の共通祖先が獲得した肝臓がどのように形態・機能進化したのかに興味を持ち研究している。肝臓は他の臓器と異なり、動脈に加え肝門脈からの二重の血液を受けている。多くの脊椎動物肝臓では、これらの血管に沿って胆管が配向するが、条鰭類の多くは独立に配向するよう進化している。今回は、これら血管及び胆管にて平滑筋の発達の有無を脊椎動物全体で比較解析を行った。結果、陸上進出をしていない無顎類や軟骨魚類、条鰭類の肝臓では共通して門脈血管壁に平滑筋が発達しないが、両生類以降の四肢動物では門脈に平滑筋を発達させることが明らかになった。このことから、陸上進出に伴い肝臓への血液輸送の仕組みを進化させた可能性があると考えた。また、無顎類では胆管に発達しない平滑筋が、軟骨魚類、条鰭類では発達するが、四肢動物ではカメ類を除き再び発達していないことも明らかとなり、胆汁輸送の仕組みにも変化があると考えられる。

PA-095

Neotenic specific morphogenesis and evolution in termite

シロアリのネオテニック特異的な形態形成と進化

○小口晃平、三浦徹

東大・院理・附属臨海

社会性昆虫のカースト分化では、カーストの役割に特化した形態となるよう体の部位特異的な発達や退縮が見られる。特に、巣内の繁殖虫不在時にワーカーから分化する補充生殖虫(ネオテニック)では、腹板の形態変化や腹板に付随する尾突起の脱落など、繁殖に関わる腹部の形態のみが特異的に変化する。そこで腹部特異的な形態改変では、何らかの位置情報が必要になると推測し、人為的にネオテニック分化が誘導可能なオオシロアリ *Hodotermopsis sjostedti* を用い、体節のアイデンティティーを決める Hox 遺伝子について遺伝子発現・機能解析を行なった。その結果、腹部の領域化に関わる *Abd-A*, *Abd-B* が腹部後端で高発現を示し、RNAi 法により各遺伝子の機能解析を行うと、腹部の形態変化が阻害された。しかし種間でネオテニックの形態を比較したところ上述の形態改変が起こらない種が見られた。本発表では、これらの結果に基づくネオテニック特異的な形態形成機構とその進化過程を考察する。

PA-097

Evolution of brood pouch formation in syngnathid fishes based on morphological observations

組織観察によるヨウジウオ科魚種の進化過程

○原田明里¹、川口眞理²

¹上智大・院理、²上智大・理工

ヨウジウオ科の魚種は、いずれもオスが育児嚢をもち、メスから受けとった卵をオスが保護し、その後出産する。タツノオトシゴの育児嚢は、胎盤様構造と真皮層で主に構成され、胎盤様構造は卵の保育に重要な役割をもつと考えられている。本研究では、育児嚢の進化過程を考察するために、4種のヨウジウオ科魚種(タツノオトシゴ・ヨウジウオ・イシヨウジ・トゲヨウジ)の育児嚢を比較した。それぞれの魚種の育児嚢の組織切片を作製し、種々の組織染色を行った。その結果、4魚種とも抱卵中に胚を包み込む上皮が薄く、血管が多数あるハニカム構造をもっていた。一方、その構成成分はタツノオトシゴとヨウジウオでは胎盤様構造、イシヨウジとトゲヨウジでは真皮で、魚種ごとに異なっていた。このことから、タツノオトシゴやヨウジウオへの進化過程で、ハニカム構造の構成成分が変わり、それに伴って保育機能をもつ胎盤様構造ができたのかもしれない。

PA-096

The finding the origine of vomeronasal organ in ancient fisies

古代魚における鋤鼻上皮の起源の探索

○佐久間敦丈¹、二階堂雅人¹

¹東工大・生命理工学院

四足動物の嗅覚器はフェロモン受容を担う鋤鼻上皮と、匂い物質受容を担う嗅上皮の2つの区画に分割されている。一方で真骨魚類は嗅覚器が受容物質ごとに分割されておらず、嗅上皮のみを持つ。そのため鋤鼻上皮は脊椎動物の陸上化に伴い獲得されたと考えられているが、正確な獲得時期は不明のままである。本研究では系統的に四足動物と真骨魚類の中間に当たり、鋤鼻上皮の存在が明らかになっていない古代魚の嗅覚器において鋤鼻上皮の起源と言えるような鋤鼻上皮様領域を探索し、鋤鼻上皮の正確な獲得時期を特定することを目的としている。今回は古代魚ポリプテルスの嗅覚器を調査し、明瞭に区分けされた鋤鼻上皮様領域は存在しないが、鋤鼻神経細胞様の細胞が存在する可能性が高いことが分かった。この結果から鋤鼻神経細胞は既に四足動物と魚類の共通祖先の嗅覚器に存在していたことが示唆された。

P-098

Developmental and gene expression dynamics underlying rapid morphological evolution of *Drosophila* male genitalia

○Kentaro. M. Tanaka¹, Thomas C. Buckman², John P. Masly²

¹Dept. of Biol. Sci., Tokyo Metropolitan University, ²Dept. of Biol., University of Oklahoma

Male genital structures often evolve faster than other morphological traits among groups of animals with internal fertilization. Sexual selection is thought to be a major driving force for rapid genital divergence, however, little is known about which genes and what cellular features were targeted by sexual selection to shape complex species-specific morphologies. Here, we compared the cellular dynamics of genital morphogenesis and conducted comparative gene expression analysis among the *Drosophila melanogaster* species complex (*D. melanogaster*, *D. simulans*, *D. sechellia* and *D. mauritiana*). These species exhibit striking differences in the overall size of male genital posterior lobe (PL), which varies approximately 6-fold among these species. We found that PL nuclei number decreased at the later stages of morphogenesis in all species. Although both the nuclei number and PL volume were major determinants for morphology in *D. mauritiana*, only PL volume was significantly different in the large PL in *D. simulans*. From gene expression analysis, 1,226 and 2,273 genes showed species-specific expression in at least one species at 30 hours after puparium formation (hAPF) and 45 hAPF, respectively. These results highlight the complexity of genital morphogenesis and provide an important platform for understanding rapid and complex genital diversification.

P_A-099

Unique modification of nervous system in the stolonization in *Megasyllis nipponica* ミドリシリスのストロン形成における特異な神経改変

○中村真悠子¹、小口晃平¹、三浦徹¹

¹東大・院理・臨海

環形動物門多毛綱サシバゴカイ目シリス科に属する種は、繁殖期になると生殖腺が発達した尾部が遊泳繁殖個体(ストロン)として親個体から分離して自律的に遊泳し、放精または放卵を行う「ストロナイゼーション」と呼ばれる特殊な生殖様式をとる。ストロン形成過程では、親個体の体幹部の途中にストロン頭部が形成される。環形動物の脳は一般的に背側に配置するが、体幹部の神経は腹側に配置するため、ストロン形成過程では大幅な神経改変が起こることが予想された。飼育系の確立しているミドリシリス *Megasyllis nipponica* を対象とした組織観察の結果から、ストロンの予定頭部領域では神経節が背側にまで肥大し環状に配置することが明らかになった。本発表では、組織観察および神経マーカーを用いて明らかにした、ストロン形成における神経改変の詳細な過程について報告する。

P_A-101

Articular pattern and distal skeletal morphogenesis in zebrafish pectoral fin that suggest evolutionary process in the teleost pectoral fin morphology ゼブラフィッシュ胸鰭末端部の骨格接続様式の違いから見る真骨魚鰭形態の進化

○田中祥貴¹、植本俊明¹、梅田哲也¹、阿部玄武¹、田村宏治¹

¹東北大・院生命

魚類の胸鰭骨格における末端部は先端担鰭骨 (distal radial: DR) と鰭条 (fin ray: FR) から構成される。この DR と FR は骨化過程が異なることから同時に発生過程を観察することが難しく、また同一種内においても骨数が不定なこともあり、それらの骨の接続様式や発生過程には不明な点が多い。本研究では、真骨魚であるゼブラフィッシュの各種レポーター-Tgラインを用いて、胸鰭骨格末端部における骨格の発生過程、特に DR と FR の接続様式を観察した。その結果、DR と FR の接続様式が胸鰭の前方領域と後方領域でそれぞれ異なることが明らかになった。このうち後方領域では原始的な形態を残すとされる硬骨魚 (basal actinopterygian) の接続様式と類似しているのに対し、前方領域ではシクリッドなどのより派生的な真骨魚と類似していた。この結果をもとに、ゼブラフィッシュの胸鰭に複数の骨格接続様式とそれを生み出す発生様式が混在すること、および真骨魚の胸鰭における形態進化について議論したい。

P-100

The diversity and evolution of fish color patterns 魚類体表模様パターンの多様性と進化

○宮澤清太

阪大・院理

世界にはたくさんの魚がいます(2019年6月現在、35,198種が知られているそうです)。その中には、いろいろな模様をもつものがあります(縦縞、横縞、斑点、目玉模様、ぶち模様などなど...)。どんな模様の魚が、どれくらいいるのか、気になったので調べてみました(18,000種ほど調べました)。さらに、系統情報を参考にして、どんな模様とどんな模様が「近しい」関係にあるのかを探りました。これらのデータと、模様パターン形成のシミュレーションやゲノム解析をもとに、美しく、複雑で、ちょっと奇妙な模様パターンたちがどのようなメカニズムで生じてきたかについて考えてみたいと思います。

P_A-102

Genetic basis of evolution of ovipositor morphology in *Drosophila suzukii* オウトウショウジョウバエ (*Drosophila suzukii*) における産卵管形態進化の遺伝的基盤の解明

○高橋佳乃子¹、田中健太郎¹、上村佳孝²、高橋文^{1,3}

¹首都大・院理、²慶應大・生物、³首都大・生命情報セ

D. suzukii (以降 *suz*) は、同胞種 *D. subpulchrella* (以降 *sub*) と比較して落下前の硬い果実に産卵する傾向がある。また、2種間で産卵管の形態が異なり、例えば *suz* の産卵管は細長く硬い。この形態差の遺伝的基盤を明らかにするため、羽化直後の個体の産卵管を用いた RNA-seq を行った結果、トライコームの形成に関わる *shavenoid* (*sha*) の発現量が *suz* は *sub* に比べ約20倍少なかった。トライコームは産卵管内部の導卵管内壁にもあり、*suz* の方が *sub* よりも小さいことから、この違いに *sha* が関与している可能性が示唆された。キイロショウジョウバエ (*D. melanogaster*) の *sha* 突然変異体の観察により、*sha* がこの部位のトライコームの形態形成に関与することが分かった。*suz* と *sub* の *sha* 発現部位を特定するための *in situ* hybridization 法の結果も示す。

PA-103

Developmental mechanism and diversity of symbiotic organs in beetles 甲虫類における共生器官の発生機構および多様性

○廣田敏¹、森山実²、深津武馬^{1,2}

¹東大・院理 ²産総研

昆虫類は微生物を体内に取り込み維持することにより、多彩な新規生物機能を獲得してきた。一部の種では、菌嚢 (mycangium) や菌細胞塊 (bacteriome) と呼ばれる共生器官が発達し、その内部に大量の真菌あるいは細菌を保有する。共生器官は多様な系統の昆虫から発見され、独立に獲得されたと考えられるが、その進化発生的起源は未解明である。従来、共生器官形成の分子機構に関する研究はカメムシやアブラムシなど半翅目昆虫に限定され、他のグループにおける知見は極めて乏しい。そこで我々は鞘翅目 (甲虫類) に着目し、特に世代交代が早く飼育の容易なホソヒラタムシ科の貯穀害虫ノコギリヒラタムシを中心に研究に取り組み、胚発生における共生器官の形成過程を詳細に記載し、Hox 遺伝子の1つ *abd-A* が共生器官形成に関与することを見出した。並行して他の様々な甲虫類における共生器官の探索も進めており、併せて紹介する。

PA-105

How do pleiotropic genes limit evolutionary diversity? 多面発現遺伝子が進化的拘束をもたらすメカニズム

○長倉和也¹、上坂将弘²、入江直樹³

¹東大・院理、²理研、³東大・院理

動物の発生は、単純な構造から複雑なものへと発生が進んでいく。こうした現象を考えると、発生の初期ほど進化的に保存されると予想できるが、実際は中期 (脊椎動物では器官形成期) の方が進化的に保存されていること (発生砂時計モデル) が近年の全胚トランスクリプトーム比較解析から明らかになっている。では、なぜこうした保存性が生じるのだろうか。我々は、多面的に発現する遺伝子がこの進化的保存性に寄与している可能性 (多面拘束) を報告した (Hu et al., Nat Ecol Evol., 2017) が、具体的なメカニズムは依然として議論の余地がある。本研究では、遺伝子の制御領域の複雑性が進化的保存性をもたらす仕組みになっているのではないかという仮説を立て、マウス、ニワトリ、メダカの RNA-seq と ATAC-seq のデータを用いた解析により仮説を検証した。

P-104

Subcellular niche segregation of co-obligate symbionts in various whitefly species コナジラミ類に見られる菌細胞内棲み分けの一般性の検証

吉崎 茉林¹・藤原 亜希子^{2,3}、上宮 健吉⁴、○土田 努¹

¹富山大院・理工、²群馬大・食健康センター、³理研・CSRS、⁴石原産業

師管液等、栄養の偏った餌を利用する昆虫の多くは、体内に“菌細胞塊”を持ち、その内部に自身の生存に必須の共生細菌を保持している。菌細胞塊には複数種の必須共生細菌が存在することもあるが、各共生細菌は別々の菌細胞内に収納されている。我々は先行研究で、コナジラミでは例外的に、2種類の必須共生細菌が同一菌細胞内で、小胞体膜に隔てられるようにして、棲み分けを行なっていることを明らかにした。続く解析により、菌細胞内棲み分けの機構はタバココナジラミとオンシツコナジラミの共通祖先で確立されており、進化の過程で共生細菌が複数置換されていることが示唆された。そこで本研究では、コナジラミ類における共生細菌の細胞内棲み分けの一般性を検証することを目的として、タバココナジラミ複合種群内の各遺伝型や、系統的に離れたコナジラミ種を対象とした解析を行なった。得られた結果に基づき、本群における内部共生の進化を考察する。

SS-1

Characterizing genetic basis of biological shape using genome-wide association approach ゲノムワイド関連解析で解き明かす「かたち」の遺伝基盤

高橋一男

岡大院・環境生命

生物の形態を評価し、それらに影響を与える DNA 多型を特定するというアプローチは、生命科学分野全般において広く用いられてきた。次世代シーケンサーの発達にともない、多個体のゲノム全体にわたる DNA 多型の検出が容易となり、高精度かつハイスループットな遺伝子型決定が可能になってきた。その一方で、様々な形態の定量化法が提案されており、遺伝子型と表現型の関連付けに活用されている。その中でも幾何学的形態測定学に基づいた手法は、対象物の「かたち」と大きさを分離して定量化することが可能であるため、生態学を含めて幅広い分野で活用されている。解析ソフトウェアの普及とともに、その適用例は増え続けているが、アイデア次第でまだまだ新規性の高い応用が可能である。本講演では、主要な幾何学的形態測定学のアプローチの解説と、実際に解析を行う上での注意点や解析ソフトウェアの使い方等を紹介したい。また、ゲノムワイド関連解析の基礎についても解説を行い、「かたち」の遺伝基盤解明の取り組んだ研究の実例を紹介したい。

SS-2

Environmental DNA analysis for ecological studies: Basic techniques and applications

野外生態系研究のための環境 DNA 分析: 技術的基礎と応用研究の事例

潮雅之

京大・白眉

土壌や水といった野外の環境サンプル中に残存している DNA は環境 DNA と呼ばれている。「環境 DNA」は広義には微生物由来・大型生物由来の DNA を含んでおり、それら进行分析することでその環境中に生息している、もしくは生息していた可能性のある生物を網羅的に検出できる。近年、環境 DNA 分析技術の開発が非常に活発に進んでいる。また、分析技術の開発だけでなく得られたデータの利用方法も広がってきており、生態・進化研究において重要なツールの一つとなりつつある。そこで、本講演では、まず環境 DNA 分析の技術的な基礎について演者自身の研究も含めて解説する。具体的には、環境 DNA サンプルの取得方法・DNA 抽出法・塩基配列決定法について解説する。その後、環境 DNA を利用した生態・進化研究の事例を紹介する。具体的には、淡水・海水域で行われた魚類相モニタリングの研究事例、森林で行われた哺乳類相調査の事例に加えて、演者自身が現在進めている水田の生態群集の網羅的モニタリングに関する研究を紹介する。

SS-3

Genome editing technologies for evolutionary biology

ゲノム編集技術とその進化生物学研究への展開

○安齋賢

基生研・バイオリソース

ゲノム編集とは、標的配列を改変可能なヌクレアーゼを用いて、任意のゲノム領域に様々な配列改変を施す技術の総称である。扱いが容易な CRISPR/Cas システムの登場によって、この数年で急速に普及し、医療や農水産業への応用展開も含め、一般社会とも密接に関わる技術として認知されつつある。本技術は原理的に、ヌクレアーゼの導入(とその後の飼育・培養)が可能な生物であれば全ての生物に導入可能である。このため、これまで一部の古典的実験動物の特権であった生体内での分子機能解析を、進化生物学的に重要な様々な生物種「そのもの」において行うことが可能になってきたのである。本講演では、我々がこれまで行ってきたメダカを中心とした魚類への適用経験を基にして、ゲノム編集技術の基本と、様々な生物種への適用や進化生物学研究への展開を考える際のポイントについて紹介したい。