

# 日本進化学会第22回オンライン大会

— リモートで魅せる進化学の異分野協奏 —

22nd Annual Meeting of the Society of Evolutionary Studies, Japan

2020年9月6日～9日

## プログラム・要旨集

大会概要	2
オンライン大会開催案内	3
2020年度日本進化学会学会賞等受賞者	5
大会日程表	6
講演一覧	
国際プレナリー講演	7
進化学夏の学校	9
企画シンポジウム	10
一般ポスター発表	20
講演・ポスター要旨	
企画シンポジウム (S01-1~S10-3)	36
一般ポスター発表 (PA-1~96, P-97~136)	48
進化学夏の学校 (SS-1~3)	82
日本進化学会第22回オンライン大会委員会	84

# 大会概要

会期：2020年9月6日（日）～9日（水）

会場：オンライン開催

大会テーマ：「リモートで魅せる進化学の異分野協奏」

プログラム：一般発表（LINC Bizプラットフォームでのポスター形式）／国際プレナリー講演／進化学夏の学校／企画シンポジウム／学会各賞授賞式・日本進化学会学会賞受賞講演

今年の日本進化学会大会はオンラインで実施します。参加費は無料とします。発表が業績として認められる正式な大会です。すでにご案内した通り、新型コロナウイルス感染防止のため、予定していた沖縄での開催は見送り、近年中に改めて沖縄で開催することを検討中です。

進化学会は多様な分野から成り立っており、オンラインならではの方法で、研究発表と対話の場を確保したいと思います。「リモートで魅せる進化学の異分野協奏」という大会テーマにはそういった想いを込めました。

急造ながら、学会理事会を中心に大会実行委員会を組織いたしました。大会概要は以下の通りです。

- ・学会各賞授賞式 日本進化学会学会賞受賞講演（9月6日）
- ・進化学夏の学校（9月6日）
- ・国際プレナリー講演（9月7日・8日）
- ・企画シンポジウム（9月7日・8日）
- ・一般発表（オンラインポスター発表）（9月7日・8日・9日）

一般発表では、研究の目的や研究戦略をメインにする発表も歓迎します。皆様、どうか奮ってご参加ください。

日本進化学会会長・大会長 河村正二

# オンライン大会開催案内

- 本大会は会議システムLINC Bizをメインプラットフォームとして開催されます。LINC Bizシステムから届く「招待メール」より大会LINC Bizサイトにアクセスしてください。LINC Bizに他学会等でアカウントを作成したことのある方はすでに設定済みのパスワードでログインできます。それ以外の方はアカウントの作成が必要です。詳細は下記大会ウェブサイト「参加登録手順」を参照してください。  
<https://evolgen.biol.se.tmu.ac.jp/sesj2020online/instruction.html>
- 講演はZoomやWebEx、またはLINC Bizのビデオ会議システムを使って開催されます。Zoom等のアプリは事前に各自でご準備をお願いいたします。
- ポスター・講演内容の録画、複製、保存は厳禁です。

## 受賞講演・国際プレナリー講演について

- 授賞式、受賞講演、国際プレナリー講演は、大会委員会の準備したZoom会議システムによって行ないます。LINC Biz大会サイトの受賞講演・国際プレナリー講演のページよりアクセスしてください。
- 大会登録名をフルネームで表示する設定で入室してください。
- 講演への質問はZoomのチャット機能への書き込みによって行ない、オーガナイザーがピックアップして代理で質問する方式とします。

## 企画シンポジウムについて

- 企画シンポジウムは、それぞれの企画者が準備したWeb会議システムにて行ないます。LINC Biz大会サイトの各シンポジウムのページよりアクセスしてください。
- 企画シンポジウムの進行は、企画者の方々に委ねております。企画者は、決められた時間を厳守して下さい。

## 進化夏の学校について

- 進化学夏の学校の講演は、大会委員会の準備したZoom会議システムによって行ないます。LINC Biz大会サイトの進化学夏の学校のページよりアクセスしてください。
- 大会登録名をフルネームで表示する設定で入室してください。
- 質問は、講義の後に直接質問していただく以外に、zoomのチャットや、講師ごとに分かれたQ&Aセッションでもお受けします（詳細は、当日ご案内します）。

## 一般ポスター発表について

- 一般ポスター発表は、LINC Bizの大会サイトにて行ないます。
- ポスターの掲載は、大会開始前の9月1～4日の間に行ってください。
- 掲載方法、ポスター作成にあたっての注意事項は、下記大会ウェブサイト「発表者のポスター掲示とビデオ懇談会手順」を参照してください。  
<https://evolgen.biol.se.tmu.ac.jp/sesj2020online/instruction.html>
- 質疑はLINC Bizのコメント投稿システムで行なってください。誰かがコメントを投稿すると、発表者のメールアドレスに通知が届く仕組みになっています。したがって、発表者は常時自分のページに待機する必要はありません。
- ポスター発表者には、9月7日-9日のいずれかにコアタイムが割り振られています。質問等にはできるだけコアタイムまでに回答するようにしてください。
- ポスターは9月16日まで掲示できます。その間、LINC Biz上で議論を継続することも可能です。また、ポスターは大会実行委員会で責任をもって撤去・削除いたしますので、発表者自身が削除する必要はありません。

## 自由参加ビデオ懇親会について

- 各ポスターにおいて、LINC Bizビデオ会議システムを使用した懇談会の開催が可能です。開催の場合は、各自のポスターページに設置してあるビデオ会議の入り口からお入りください。詳しい開催方法は下記大会ウェブサイト「発表者のポスター掲示とビデオ懇談会手順」を参照してください。  
<https://evolgen.biol.se.tmu.ac.jp/sesj2020online/instruction.html>
- 進化学夏の学校と各シンポジウムにおいても、自由参加ビデオ懇談会が設定されています。LINC Biz大会サイト内のそれぞれのページよりアクセスしてください。
- 必要であれば、ビデオ懇談会の中でファイルを画面共有することもできます。ただし、ビデオ懇談会は発表の場ではなく、発表をきっかけとした交流の場である点にご注意ください。

# 2020年度日本進化学会学会賞等受賞者

## 日本進化学会学会賞 (Eminent Evolutionalist Award)

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

### 受賞者

金子 邦彦 (東京大学)

「複雑系生命科学による表現型進化の普遍的性質の解明」

## 日本進化学会研究奨励賞 (Young Scientist Initiative Award, Society of Evolutionary Studies, Japan)

「研究奨励賞」は、進化学や関連する分野において、研究業績上大きな発展が期待される若手の学会員に授与されます。

### 受賞者

石川 麻乃 (国立遺伝学研究所)

「生活史進化の分子遺伝機構の解明」

西原 秀典 (東京工業大学)

「哺乳類の転移因子に関するゲノム進化学的研究」

水元 惟暁 (沖縄科学技術大学院大学)

「動物の行動ルールに関する進化生態学的研究」

## 教育啓発賞 (The Award for Education and Enlightenment, SESJ)

「教育啓発賞」は、進化学や関連する分野において、教育啓発に大きな功勞のあった者に授与されます。

### 受賞者

系統樹マンダラポスター制作チーム (総監修・長谷川政美博士)

「系統樹マンダラポスターシリーズの制作を通じた進化学普及への貢献」

# 大会日程表

9月6日 (日)	10:00-10:30	学会各賞授賞式
	11:00-12:00	日本進化学会学会賞受賞講演
	13:00-15:00	進化学夏の学校
	15:15-15:45	夏の学校Q&Aセッション
	16:00-18:00	企画シンポジウム (S01, S02)
	18:00-20:00	自由参加ビデオ懇談会 (進化学夏の学校, 当日の各企画シンポジウム)
	9月7日 (月)	10:00-12:00
13:00-15:00		企画シンポジウム (S05, S06)
15:00-17:00		ポスター発表コアタイム (PA-1~PA-48, ポスター発表賞審査対象)
17:00-18:00		国際プレナリー講演 I
18:00-20:00		自由参加ビデオ懇談会 (当日の各ポスター発表, 各企画シンポジウム)
9月8日 (火)		9:00-10:00
	10:30-12:30	企画シンポジウム (S07, S08)
	13:30-15:30	企画シンポジウム (S09, S10)
	16:00-18:00	ポスター発表コアタイム (PA-49~PA-96, ポスター発表賞審査対象)
	18:00-20:00	自由参加ビデオ懇談会 (当日の各ポスター発表, 各企画シンポジウム)
	9月9日 (水)	16:00-18:00
18:00-20:00		自由参加ビデオ懇談会 (当日の各ポスター発表)

# 講演一覧

※講演の録画、撮影、複製は厳禁です。

※録画公開は行いません。

※国際プレナリー講演および進化学夏の学校の質問は、Zoomのチャットで受け付けます。オーガナイザーがピックアップして代理で質問します。(演者には全ての質問をお伝えします)。

## 国際プレナリー講演 I

9月7日(月) 17:00~18:00

**演題: "Reconstruction of deep-time human evolution using palaeoproteomics"**

演者: Dr. Enrico Cappellini (Associate Professor, Section for Evolutionary Genomics, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Copenhagen)

座長: 太田 博樹(東京大学), 颯田 葉子(総合研究大学院大学)

The sequencing of ancient DNA has enabled the reconstruction of speciation, migration and admixture events for extinct taxa. However, the irreversible post-mortem degradation of ancient DNA has so far limited its recovery—outside permafrost areas—to specimens that are not older than approximately 0.5 million years. It is by now consistently demonstrated that ancient proteins represent a source of genetic information that can last longer than DNA. Very recently we showed that proteins recovered from human and primate fossils up to ~2 million years old can be reliably used to confidently reconstruct the evolutionary relationships between extant species and the extinct ones whose DNA is completely lost. We used this approach to reconstruct the evolutionary history of the enigmatic giant primate *Gigantopithecus blacki* and of the extinct hominin species *Homo antecessor*. We demonstrated that sequencing the proteome of Early Pleistocene dental enamel overcomes the limitations of phylogenetic inference based on ancient DNA. Proteomic investigation of ancient dental enamel, the hardest tissue in vertebrates and highly abundant in the fossil record, can push the reconstruction of molecular evolution further back into the Early Pleistocene epoch.

## 国際プレナリー講演 II

9月8日(火) 9:00~10:00

### 演題:"Evolution and biogeography of butterflies in Asia"

演者:Dr. David Lohman (Associate Professor, Biology Department, City College of New York, CUNY; Graduate Center, CUNY; Philippines National Museum of Natural History)

座長:辻 和希(琉球大学)

I document a novel adaptive radiation in Batesian mimetic *Elymnias* butterflies across mainland Asia and the Indo-Australian Archipelago resulting in rampant morphological convergence and divergence. Many species are morphologically variable, mimicking different models on different islands. Alternatively, distinct species on different islands sometimes mimic the same models and therefore resemble each other. Mimetic variation within females of one widespread species, *E. hypermnestra*, provides the opportunity to study the genomic basis of sexually dimorphic mimicry. In this species, some populations with orange females mimic *Danaus* models, while in others, dark females resemble males and mimic *Euploea* species. We first documented that different populations with orange females have different suites of ommochrome wing pigments, suggesting convergent evolution. After assembling a reference genome, we resequenced genomes from 45 specimens sampled throughout the species' range and performed population genomic, phylogenomic, and GWAS analyses. Oceanic and montane barriers to dispersal limit gene flow between three genetic subpopulations, two of which include both orange and dark mimetic female forms. A phylogenomic tree further suggests that orange females evolved independently multiple times. A genome-wide association analysis identified two SNPs in a non-coding region that are perfectly associated with differences in female color forms. These SNPs are adjacent to a gene known to be associated with color patterns in other butterfly species. It is unclear whether the locus controlling the switch between alternative female mimetic forms evolved via true convergence or by retention of ancestral polymorphism. This study demonstrates that a locus known to be associated with wing patterning seems to be responsible for sexually dimorphic mimicry, and not a locus associated with sexual dimorphism.



## 進化学夏の学校「機能ゲノミクスからせまる進化学研究」

9月6日(日)13:00~15:00

次世代シーケンサーによる全ゲノムや全トランスクリプトーム解読の敷居が下がった昨今、進化学研究は新たな局面を迎えている。むしろ簡単に情報が得られてしまうが故に、まずどのような現象に着目し、大規模配列データを取得するのか、そしてそこからどのように重要な情報を抽出し、機能解析をおこなうのか、研究者の手腕が以前にも増して問われている。今回の進化学夏の学校では、注目を集める研究分野で、情報の波に呑まれることなく目覚ましい成果を挙げている気鋭の若手研究者に講演していただく。霊長類・共生細菌・植物という様々な分類群での最先端の研究に触れることで、ゲノミクスから機能解析へといかに立ち向かうか、その荒波を乗り越えなす力を養いたい。

世話人:松浦 優(琉球大学) 松波 雅俊(琉球大学) 石川 麻乃(国立遺伝学研究所)

会場:Zoom等(大会参加者のみ閲覧可能です 詳細は後日案内します)

### 講演

13:00~13:40 鈴木 郁夫(東京大学・理学系研究科)

「脳発達から人間性の起原を探る」

13:40~14:20 春本 敏之(京都大学・白眉センター)

「昆虫の共生細菌がつくるオスだけを殺す毒素の発見と機能の解明」

14:20~15:00 内藤 健(農業・食品産業技術総合研究機構・遺伝資源センター)

「ナノポアと放射線でベールを剥ぐ:*Vigna*属耐塩性進化の多様性と可能性」

・講演終了後、Zoom等による演者と聴講者の交流会を開催する予定です。(詳細は後日案内します)

## 企画シンポジウム

### S01 ウイルスの多様性と進化研究の最前線

9月6日(日)16:00-18:00

企画者: 中川草、鈴木善幸

使用言語: 日本語

近年ウイルスの多様性と進化についての研究が加速的に進んでいる。現在世界中で流行している新型コロナウイルスについて、ゲノム変異解析によってウイルス伝播を追うことが可能になった。加えて、そのような配列の分子進化解析によりウイルス性状に関連するような変異も同定されたりしている。また、DNAシーケンシングや関連する技術の発展により、現在世界各地の様々な環境・生物に存在する多様なウイルスの存在が明らかになり、また、我々ヒトを含めた様々な生物種のゲノム配列の中にもウイルスが存在していることが明らかになった。本シンポジウムではそのようなウイルス研究の最前線を報告する。

Advances in DNA sequencing technology have accelerated the study of viral diversity and evolution. For example, genome mutation analyses of a novel coronavirus, SARS-CoV-2, reveals their current transmissions around the world. In addition, analysis of the molecular evolution analyses of such viral sequences has identified mutations that are associated with various viral properties. Moreover, development of DNA sequencing and related technologies has also revealed the existence of diverse viruses in various environments and organisms as well as the presence of viruses in the genome sequences of various species including humans. In this symposium, we will report on the frontiers of such virus researches.

中川草(東海大)

「大量シーケンシングデータを活用したウイルス進化研究～新型コロナウイルスを含めて～」

佐藤佳(東大医科研)

「ウイルスと宿主の進化的攻防: エイズウイルス&新型コロナウイルス vs 人類」

布浦拓郎(JAMSTEC)

「二本鎖RNAシーケンシングによるRNAウイルス研究の新展開」

堀江真行(京大ウイルス・再生研)

「公共データベースを利用した現代と古代のRNAウイルス叢の探索」

小嶋将平(理研)

「ヒトゲノムにおけるウイルス配列挿入の歴史: k-mer出現頻度から読み解く」

鈴木善幸(名市大)

「インフルエンザウイルスのヘマグルチニンにおける糖鎖付加の意義」

## S02 進化の流体力学的側面:バクテリアから恐竜まで

9月6日(日)16:00-18:00

企画者:山道真人(クイーンズランド大学 理学部 生物科学科)、石本健太(京都大学 数理解析研究所)

使用言語:日本語

個体の運動にかかわる力学現象と、世代をまたいで起こる個体群動態や進化動態とでは、時間スケールがあまりにもかけ離れているように思われる。しかし、空を飛び水中を泳ぐ生物の進化を理解する際には、流体力学的な制限を考慮することが不可欠となる。本シンポジウムでは、微生物から大型脊椎動物までを対象とする進化と力学の研究者による講演と討論を通して、個体スケールの力学的制限を考慮した進化動態の統一的な理解の可能性を探る。

石本健太(京都大学 数理解析研究所)

「進化生物流体力学? :微生物の運動から考える」

椎野勇太(新潟大学 理学部 地質科学科)

「太古のバイオメカニクス:化石生物の形態から大進化を探る」

加賀谷勝史(東京大学 大学院情報理工学系研究科)

「ばね駆動の超高速運動における神経、筋肉、外骨格、水の相互作用」

菊地デイル万次郎(東京工業大学 工学院機械系)

「鳥類のクチバシに関する進化バイオメカニクス研究」

### S03 表現型進化を制約しうる発生基盤

9月7日(月)10:00-12:00

企画者: 上坂将弘(理研BDR)、内田唯(理研BDR)

使用言語: 日本語

動物の進化では、表現型によって変化しやすさが異なるようだ。この表現型進化のバイアスは、胚発生過程が由来の一端であると考えられるが、どのような性質や条件が原因かまだほとんど明らかでない。本シンポジウムでは、表現型進化を方向付けうる発生現象について、実験から理論解析までの様々なアプローチによる研究について講演を行う。さらに、「いかにして進化を方向付ける要因へ迫りうるか？」という問いに対して、遺伝子制御や細胞間相互作用、組織レベルのダイナミクスなど多様な階層を跨いだ横断的な議論を行う。

阿部 玄武(東北大)

「ゼブラフィッシュ胸ヒレ 鰭条の前後軸パターンと条鰭類胸ヒレ骨格の進化傾向」

東山 大毅(東京大)

「顔は発生原基の組合せ: 哺乳類の鼻は爬虫類の口先」

内田 唯(理研BDR)

「脊椎動物胚の進化を方向付けうる表現型の頑健性」

香曾我部 隆裕(理研BDR)

「計算機実験で探る進化制約のしくみ」

佐藤 匠哉(東京大)

「表現型拘束の進化的起源とその進化に対する制約」

## S04 感覚進化学の異分野協奏

9月7日(月)10:00-12:00

企画者:今井啓雄(京都大学霊長研)、河村正二(東京大学新領域)

使用言語:日本語

感覚の進化については、これまで何度か本学会でもシンポジウムが企画されてきた。本年度の企画では、比較的若い研究者を講演者として、様々な感覚の最新の知見を紹介してもらい、オンラインで討論を行う。分子進化についてはタンパク質の機能や細胞応答、動物の行動等の新知見が蓄積されている。比較的分子レベルの研究が進んでいる視覚だけでなく、味覚や嗅覚、フェロモン受容等、様々な感覚分野から主に刺激に対する受容体の応答や動物の行動について議論したい。

山下 高廣(京都大)

「視物質の分子進化からみた脊椎動物の明所視・暗所視の獲得プロセス」

松下 裕香(東京大)

「ヒトの狭鼻猿型3色型色覚を維持する選択圧の緩みは出アフリカ以前に遡る」

二階堂 雅人(東工大)

「ancV1Rの偽遺伝子化から探る鋤鼻器官の退化」

白須 未香(東京大)

「ワオキツネザルのメスを惹き付けるオスの匂い」

糸井川 壮大(京都大)

「マダガスカル産霊長類における苦味受容体の機能進化:リガンド感受性と食性の関係」

## S05 システム頑健性と進化可能性

9月7日(月)13:00-15:00

企画者:入江直樹(東京大学 生物普遍性研究機構)、古澤力(東京大学 生物普遍性研究機構)

使用言語:日本語

現在の進化学では、主に変異を背景としたバリエーションが自然選択や遺伝的浮動などによって集団内に広がったり消し去られたりすることで進化の過程を説明する。一方で、genetic assimilation に代表されるように変異が生じる前の状態、言い換えれば個々の生物がもつシステムが進化に影響を与えることも知られている。同様に表現型可塑性も、進化に影響を与えることが十分に想定されているが、保存と多様化どちらの進化的結末に寄与するのかを推定するのは難しいのが現状である。一方で、近年の理論研究から非遺伝的な表現型の揺らぎが進化的な多様化と正の相関を示すことが指摘されており、進化に対するバイアスを推定できる可能性がみえてきた。本シンポジウムでは、分子レベルから動物の進化までを対象とし、生物が持つシステム特性、特に揺らぎや頑健性といった観点から進化に与える影響を推定する研究を紹介し、討論を行いたい。

古澤力(理研・東京大)

「進化過程の予測と制御へ向けて:大規模大腸菌進化実験の表現型・遺伝子型解析」

市橋伯一(東京大)

「人工RNA複製システムにおける寄生体と共進化」

守屋央朗(岡山大)

「過剰発現が適応的に働く遺伝子の体系的同定」

入江直樹(東京大)

「動物ボディプランにみられる進化的慣性力の仕組みは？」

細田一史(大阪大)

「生物進化と生態系変化の制約にモデル人工生態系で迫る」

## S06 現生人類進化を考えるー知能の突然変異が生まれた場所

9月7日(月)13:00-15:00

企画者:得丸久文(カラハリプロジェクト)

使用言語:日本語

マダガスカルではアイアイの主食ラミーの実の核と長い中指の関連を発見し、房総半島では台風の中毛皮をつけたニホンザルの子供たちがいつもと同じように遊んでいたことに衝撃を受けて「はだかの起原」のヒントを得た島泰三博士から、現場の大切さ、学際的読書の大切さを伺う。デジタル言語学の得丸は、反アパルトヘイト市民運動に参加していた学生時代の思い出、それが縁でクラシーズ河口洞窟を訪れた話、ゴンドワナ大陸が分裂した断面にある洞窟付近の様子、モヘンジョダロ遺跡ではなぜインダス文字の遺物が少ないのかなどなど、現生人類デジタル進化に関連する場所について話す。

得丸久文(カラハリプロジェクト)

「南アフリカにある最古の現生人類洞窟クラシーズ河口洞窟ー喉頭降下と母音がデジタル進化の引き金をひいた」

島泰三(日本アイアイファンド)

「現代人の進化における転換点について」

## S07 多彩な研究による日本列島人の形成と発展の歴史の解明

9月8日(火)10:30-12:30

企画者:長田直樹(北海道大学大学院情報科学研究院)

使用言語:日本語

アジアの東端に位置する日本列島(ヤポネシア)にどのように人類が移住・拡散し、どのような歴史を経て現代の集団が形成されてきたかということは、さまざまな分野の研究者が長年繰り返してきた問いの一つである。人類学、考古学、歴史学、言語学などさまざまな研究分野がこの問題に挑戦してきたが、近年のゲノム配列解析技術の発展、とくに古人骨のゲノム解析技術や、人類の活動に密接にかかわっている非モデル生物のゲノム解析の発展により、これまで以上に多くの知見が積み重なってきている。これらの新しい知見から、日本列島人の歴史を理解するには、ゲノム科学だけではなくこれまで本問題に取り組んできた他分野との分野横断的な議論が必要である。また、そのためのプラットフォーム構築が必要となっている。本シンポジウムでは、現代人ゲノム、古代人ゲノム、動植物、考古学、言語学など多くの分野の研究者から発表を募り、議論を通して理解を深めていきたい。

長田直樹(北大)

「ゲノム配列データからヤポネシア人の起源について考える」

五條堀淳(総研大)

「Rare allele sharing in Yaponeseans and its surrounding populations」

内藤健(農研機構)

「アズキの起源地はいずこか」

○麻生玲子(国語研)、○中澤光平(国語研)、○セリック ケナン(国語研)

「言語学から迫る日本列島人の形成と発展の歴史」

田村光平(東北大学)

「考古学分野におけるデータベースと定量的解析の現在」



## S08 残りやすい遺伝子と残りにくい遺伝子～2020

9月8日(火)10:30-12:30

企画者:牧野 能士(東北大院・生命科学)、工樂 樹洋(理研BDR)

使用言語:日本語

長期間にわたりゲノム上に維持される遺伝子が存在する一方で、進化過程において消失しやすい遺伝子が数多く存在する。全ゲノム情報に照らして遺伝子の増減の歴史を俯瞰するとき、往々にして機能的な重要性が、遺伝子の残りやすさを決める要因として挙げられてきたが、果たしてそれだけであろうか？本シンポジウムでは、全ゲノム情報を駆使した分子進化学的解析や遺伝子機能の解析を通して、全ゲノム重複が引き起こす遺伝子の増加パターンや、定着したように見える遺伝子の増減に注目することにより、これからのゲノム進化学を展望する。

安岡 有理(理研IMS)

「脊索の発生におけるBrachyury遺伝子の機能分担」

福島 健児(University of Würzburg)

「脊椎動物21種・6器官・1,903個のトランスクリプトームから垣間見る重複遺伝子の発現進化事情」

原 雄一郎(東京都医学総合研究所)

「ゲノムの場の不均一性仮説」

牧野 能士(東北大院・生命科学)

「オオノログの非対称進化に関わるゲノム特性」

## S09 ゲノム概念誕生百周年を記念する

9月8日(火)13:30-15:30

企画者: 斎藤成也(国立遺伝学研究所集団遺伝研究室)

使用言語: 日本語

ゲノム(genome)という単語は、1920年にドイツの植物学者ハンス・ヴィンクラーが刊行した著者において、遺伝子 (gene)と染色体 (chromosome)のそれぞれ前半と後半を融合させて提唱した。今年ちょうどゲノム概念が生まれて百周年である。そこでそれを記念して、日本列島特異的なさまざまなゲノムの研究者5名が、自身の研究を紹介する。山根京子がワサビの葉緑体ゲノムを、菅裕がウルシゲノムを、北野誉がキタホウネンエビのミトコンドリアゲノムを、鈴木留美子がピロリ菌ゲノムを、上田真保子が哺乳類ゲノム内在性ウイルスを、それぞれのゲノムの多様性について進化学的観点から紹介する。

“Genome” was coined by German botanist Hans Winkler in his book published in 1920 by fusing “gene” and “chromosome”. This year is centennial after genome concept was born. To commemorate this, five researchers will talk about their own studies on Japanese Archipelago-specific genomes. Yamane Kyoko will talk about wasabi chromoplast genomes, Suga Hiroshi will talk about urushi genomes, Kitano Takashi will talk about mtDNA genomes of kitahonen ebi, Suzuki Rumiko will talk about H. Pylori genomes, and Ueda Mahoko will talk about virus sequences embedded in mammalian genomes. All of them will talk about these various genome diversity from evolutionary standpoints.

斎藤 成也(国立遺伝学研究所・集団遺伝研究室)

「Introduction of this symposium」

山根 京子(岐阜大学・応用生物科学部)

「葉緑体ゲノムからみたワサビの来た道～100万年の進化と起源の謎に迫る」

菅 裕(広島県立大学・生物資源科学部)

「漆を作る遺伝子を探すーウルシのゲノム解析」

北野 誉(茨城大学・工学部)

「キタホウネンエビのミトコンドリアゲノム」

鈴木 留美子(国立遺伝学研究所・集団遺伝研究室)

「ピロリ菌ゲノムから探るヤポネシア人の由来」

上田 真保子(東京医科歯科大学・難治疾患研究所)

「哺乳類ゲノムに内在するウイルス様配列の進化と機能」

## S10 可動性遺伝因子とその宿主の相互作用

9月8日(火)13:30-15:30

企画者:新谷政己(静岡大学)、鈴木治夫(慶應義塾大学)

使用言語:日本語

可動性遺伝因子は種々の微生物間を移動可能であり、薬剤耐性遺伝子や病原性遺伝子、物質代謝遺伝子等の「運び手」として、微生物の進化・適応に深く寄与している。しかし、こうした因子を維持することは、それをもつ微生物細胞(=宿主)の生存にとって、必ずしも有利になるとは限らず、その存在意義は未だ謎に包まれている。本シンポジウムでは、可動性遺伝因子と宿主が、その進化の過程でどのように共存してきたのか理解することを目指し、実験科学、情報工学の研究者らに講演頂き、最新の研究成果とともに議論する。

Mobile genetic elements (MGEs) can spread among different microbes with antibiotic resistance genes and metabolic genes and promote microbial rapid evolution and adaptation. In the presence of selective force including antibiotics, the hosts harboring these elements show high fitness, but they do not necessarily show high survivability under non-selective conditions. Thus, the reason why MGEs could have coexisted with their hosts is still unclear. The subject of the symposium is focused on relation and interaction between the MGEs and their hosts from the viewpoints of experiments and bioinformatics to understand how they have co-existed for a long time.

新谷政己(静岡大学)

「様々な微生物間におけるプラスミドの伝播現象に影響を及ぼす因子の探索」

鈴木治夫(慶應義塾大学)

「DNA配列データからプラスミドの宿主域を予測する」

按田瑞恵(東京大学)

「必須遺伝子の存在するプラスミドとバクテリアは進化の過程でどのように共存してきたか」

矢野大和(東北大)

「ISのように動く非接合型インテグレートイブ・エレメントの発見」

## ポスター発表一覧

- PA-1** Mechanisms for evolving pathogenicity in the wheat rust fungi suggested by genus-wide comparative genomic analyses  
○Ayako Tsushima, Rebecca Doherty, Sarah Holdgate, Grzegorz Czajowski, Pawel Czembor, Diane G.O. Saunders
- PA-2** Integrative analysis on human structural variants reveals putatively adaptive loci with unusual population differentiation  
○SAITOU, Marie, MASUDA, Naoki, GOKCUMEN, Omer
- PA-3** Detection of Long Branch Attraction in phylogenetic trees using machine learning  
機械学習を用いたLBAの検出  
○呉耀慶、堀池徳祐
- PA-4** Evolutionary mechanisms of temperature adaptation through alternative splicing in circadian rhythmic genes  
Sheetal Agarwal, Koichiro Tamura
- PA-5** Target capture to reveal bitter taste receptor gene repertoire in dietarily divergent cercopithecoid monkey  
食性の多様なオナガザル科に対するターゲットキャプチャーを用いた苦味受容体遺伝子レパートリーの解明  
○Min Hou, Masahiro Hayashi, Ryuichi Ashino, Amanda D. Melin, Shoji Kawamura
- PA-6** Genetic diversity of olfactory receptors among human populations  
ヒト嗅覚受容体遺伝子レパートリーの民族・生業による多様性の検討  
○Muhammad Shoaib Akhtar, Ryuichi Ashino, Yoshihito Niimura, Kazushige Touhara, Amanda D. Melin, and Shoji Kawamura
- PA-7** Development of program for constructing ortholog dataset using taxonomic information  
系統分類情報を利用したオーソログデータセット作成プログラムの開発  
○渡邊知輝、呉耀慶、堀池徳祐
- PA-8** Frequently observed convergent evolution by either protein divergence generated by transcription starting sites (TSS) shifts or by gene duplication under red-light response in three plants  
○江副晃洋、牛島 智一、岡義人、金載旭、Zhang Ping、You-Liang Cheng、Shih-Long Tu、鈴木穰、白井一正、松下 智直、花田耕介

- PA-9** Functional diversity based on the domain evolution of polynucleotide kinase Clp1 revealed by large-scale molecular evolutionary analysis  
大規模分子進化解析によって明らかとなるClp1のドメイン進化に基づく機能の多様性  
○齋藤 元文、佐藤 朝子、冨田 勝、金井 昭夫
- PA-10** Novel plasmids isolated from natural environmental samples using Replication-Cycle Reaction  
Replication-Cycle Reaction法による環境試料中の環状DNAの検出とその塩基配列の解読  
○森光矢、奈良聖亜、末次正幸、金原和秀、新谷政己
- PA-11** Comparisons of complete nucleotide sequences of IncPromA-group plasmids  
異なるIncPromA群プラスミドの全塩基配列比較  
○山本雪絵、早川雅也、森内良太、道羅英夫、新谷政己、金原和秀
- PA-12** Novel IncP-1 plasmids exogenously captured from environmental samples  
環境中からの新規IncP-1群プラスミドの取得  
○金子健成、中道孝一朗、森内良太、道羅英夫、金原和秀、新谷政己
- PA-13** Comparison of Host Range of Plasmids with Different Base Composition Belonging to the Same Incompatibility Group  
同一不和合性群に属する塩基組成の異なるプラスミドの宿主域比較  
○徳田真穂、鈴木治夫、雪真弘、大熊盛也、水口千穂、野尻秀昭、金原和秀、新谷政己
- PA-14** Functional investigation of *trbO* gene in IncP-1 group plasmid  
IncP-1群プラスミドにおける*trbO*遺伝子の機能解析  
○山田亮、金原和秀、新谷政己
- PA-15** Comparisons of transfer frequency between self-transmissible plasmids and mobilizable plasmids  
自己伝達性プラスミドと可動性プラスミドの接合伝達頻度の比較  
○早川雅也、山本雪絵、金原和秀、新谷政己
- PA-16** Comparisons of Behaviors of Plasmids Belonging to the Incompatibility Group IncPromA Under Different Temperature  
不和合性群IncPromA群に属するプラスミドの異なる温度条件下における挙動の比較  
○千葉怜碧、徳田真穂、雪真弘、大熊盛也、金原和秀、新谷政己
- PA-17** History of the domestication of foxtail millet (*Setaria italica*)  
栽培植物アワの系統化の歴史  
○里村和浩、長田直樹、遠藤俊徳

- PA-18** Development of a high-throughput genotyping method for self-incompatibility genes in *Petunia*.  
野生ペチュニアにおける自家不和合性遺伝子座の網羅的配列解析手法の確立  
○前之園大雅、黒沼尊紀、上原浩一、渡辺均、土松隆志
- PA-19** Cycle in integral number  
整数にみられるサイクル  
○荻村英雄
- PA-20** The analyses of ancient microbes from Jomon people's DNA  
縄文人由来DNAを用いた古代微生物の配列解析  
○西村瑠佳、杉本竜太、井上潤、中岡博史、神澤秀明、篠田謙一、井ノ上逸朗
- PA-21** History of a risk allele for diffuse type gastric cancer which attained high allele frequency in the Japanese population  
diffuse typeの胃がんのリスクアレルが日本人で高頻度に至った進化的要因の解明  
○岩崎理紗、石谷孔司、神澤秀明、河合洋介、五條堀淳、颯田葉子
- PA-22** Transcriptomic analysis to reveal evolutionary basis of hermaphroditism in *Caenorhabditis* nematode  
網羅的遺伝子発現解析による*Caenorhabditis*属線虫の雌雄同体への進化基盤の解明  
○玉川克典、稲田垂穂、大村駿、畑中龍平、星優希、春田奈美、河田雅圭、杉本亜砂子、牧野能士
- PA-23** Examining temperature tolerance trade-off in *Drosophila albomicans*  
アカショウジョウバエの低温耐性と高温耐性のトレードオフの検証  
○秋山菜子、田村浩一郎
- PA-24** Evolutionary diversity of *VIR* genes in basal ray-finned fishes  
○西森 みき、張 子聡、二階堂 雅人
- PA-25** Molecular evolution of teleostean omp genes provides an inferring of the molecular evolution of Ohnologous genes  
魚類の全ゲノム重複前後におけるOMP遺伝子の進化解析  
○藤崎花美、二階堂雅人、長澤竜樹
- PA-26** Whole genome sequencing analyses of Lake Victoria cichlid, *Haplochromis chilotes*, demonstrate genomic signatures of local adaptation to subpopulations  
ヴィクトリア湖産シクリッド*Haplochromis chilotes*の全ゲノム配列解析による分集団における適応過程の解明  
○中村遥奈、畑島諒、相原光人、豊田敦、伊藤武彦、二階堂雅人

- PA-27** A mechanism for parallel evolution on lip thickness of cichlid fishes  
シクリッドにおける唇肥大化の平行進化メカニズム  
○畑島諒、豊田敦、梶谷嶺、伊藤武彦、二階堂雅人
- PA-28** Genetic diversity of Lake Victoria cichlid fish *Haplochromis* sp. “matumbi hunter”  
ヴィクトリア湖固有シクリッド*Haplochromis* sp. “matumbi hunter” の遺伝的多様性  
○今本南、中村遥奈、相原光人、伊藤武彦、二階堂雅人
- PA-29** Conserved keratin gene clusters in ancient fishes provides insights for terrestrial adaptation  
古代魚において保存されたケラチン遺伝子クラスターと陸上環境適応の関連  
○木村 優希、二階堂雅人
- PA-30** Transgressive segregations obtained by interspecific cross of salt-tolerant plants  
耐塩性植物の種間交雑で得られた超越分離  
○伊藤海帆、内藤健
- PA-31** Patterns behind evolution of bacterial metabolic systems revealed by predictive modelling  
進化予測モデルで見つけ出すバクテリア代謝系進化の法則性  
○今野直輝、岩崎渉
- PA-32** De novo virus detection and host prediction using CRISPR adaptive immunological memory  
CRISPR免疫記憶を使った新規ウイルス同定  
○杉本竜太、西村瑠佳、井ノ上逸朗
- PA-33** An overlooked key factor of genome evolution: From molecular mechanisms to microbial dispersion  
大規模ゲノム解析で明らかにする遺伝子の「別読み枠」の特徴と進化的意義～分子から生態まで～  
○山内駿、岩崎渉
- PA-34** Construction of novel draft genomes for six Cuban *Anolis* lizards using the Chromium System and detection of genomic variation during adaptive evolution  
Chromiumシステムを用いたキューバアノールトカゲ6種の新規ドラフトゲノムの構築と適応進化過程で起きた遺伝的変異の推定  
○金森駿介、Luis M. Diaz、Antonio Cadiz、山口勝司、重信秀治、河田雅圭
- PA-35** Local adaptation and pseudogenization in Sulawesi macaque species  
スラウェシマカクにおける環境適応と偽遺伝子化  
○荒川那海、Kanthi Arum Widayati、Laurentia Henrieta Permita Sari Purba、Xiaochan Yan、今井啓雄、Bambang Suryobroto、寺井洋平

- PA-36** Comparison of whole genome sequences of Vero cell sub-lines  
全ゲノム配列を用いたVero細胞系列の系統比較  
○小西一弘、里村和浩、遠藤俊徳、花田賢太郎、長田直樹
- PA-37** Whole Genome Sequence analysis of wild house mouse *Mus musculus* subspecies across Eurasia  
ユーラシア産野生ハツカネズミ (*Mus musculus*) 全ゲノム配列を用いた遺伝的多様性の解明と亜種間比較  
○藤原一道、河合洋介、斎藤成也、長田直樹、鈴木仁
- PA-38** Comparative transcriptome Analysis to Reveals Candidate Genes for Cold Tolerance in *Drosophila albomicans* at different climate regions  
○Shikha Singh, Tomohiko Kimura, Kotoha Isobe, Koichiro Tamura
- PA-39** Population Genomic Analysis of *Drosophila albomicans* from Taiwan and Japan  
○SULTAN LULECIOGLU, YOSHITAKA OGAWA, KOICHIRO TAMURA
- PA-40** Identification of factor(s) that reduces the fitness costs of plasmid carriage on the host  
プラスミドの宿主の適応度 (fitness) を変化させる因子の探索と同定  
森光矢、○一瀬拓海、金原和秀、新谷政己
- PA-41** A pattern of genetic divergence in the genomic regions responsible for the flight ability in a water strider  
飛翔能力に関与するゲノム領域にはどのような分化パターンが見られるか？  
田井博登、杉本倅平、大島一正
- PA-42** Rapid evolution of multiple cis-regulatory elements resulting in acquisition of a novel mesoderm specification pathway in euechinoids  
○Nina Levin, Atsuko Yamazaki, Natalia Gogoleva, Shumpei Yamakawa, Yoshiaki Morino, Hiroshi Wada
- PA-43** Pruning of transcription factors and the macroevolution of mammals  
趙新威
- PA-44** Characterization of thermo adapted *Escherichia coli*  
高温適応進化大腸菌の特性解析  
○西広翔、木所恵利佳、菅野暢、小西隆介、松尾萌、古倉健嗣、山内長承、岸本利彦
- PA-45** Common features of bacteria identified in the International Space Station  
渡邊あおい



- PA-46** Quantification for the genetic and epigenetic effects on mouse allele-specific gene expression and evaluation  
マウスのアレル特異的遺伝子発現における遺伝的・後成遺伝的効果に関する推定とその検証  
○滝澤紘樹、里村和浩、遠藤俊徳、長田直樹
- PA-47** A convergent relaxation of *sox15* among its ohnolog family members implicates its symmetric-asymmetric transition during vertebrate evolution.  
脊椎動物進化における *sox15* 遺伝子の収斂的リラクゼーション:オオノログ対称性—非対称性進化  
○荻田 悠作、田村 啓、高松 信彦、伊藤 道彦
- PA-48** Emergence of complexity in RNA replicators through Darwinian evolution  
RNA自己複製体のダーウィン進化による複雑化  
○水内良、古林太郎、市橋伯一
- PA-49** Ancient origin of human L and M opsin genes predating platyrrhine-catarrhine split  
狭鼻猿-広鼻猿分岐前に遡るヒトL-Mオプシン遺伝子分化の起源  
○松下裕香、竹崎直子、Amanda D. Melin、河村正二
- PA-50** Phenotypic Evolution in Host-Parasite Interactions  
ホストパラサイト相互作用での表現型進化  
○西浦直人、金子邦彦
- PA-51** Phylogeography of terrestrial isopods from Japan inferred from mitochondrial DNA (mtDNA) sequences  
日本産ヒメフナムシ属のミトコンドリアDNA分析に基づく系統地理学的考察  
○張替若菜、齊藤彩、善本智佳、鈴木仁、山本正伸
- PA-52** Phylogeographic analysis of hybrid weakness in *Capsicum*  
トウガラシ雑種弱勢における系統地理学的解析  
○白柿薫平、横井修司、手塚孝弘
- PA-53** Island chronosequence of Hawaiian archipelago and speciation patterns in Drosophilinae  
分散能力とハワイ諸島形成過程がショウジョウバエの種分化に及ぼす影響の解明  
○綿貫栞、山口諒、田村浩一郎
- PA-54** Comparison of pelvic morphology of bats  
日本産コウモリの骨盤形態の比較  
○鳥海夏葉、福井大、木村順平、小薮大輔、久保麦野、野尻太郎、鈴木牧

- PA-55** Zoos act like “melting pots” of spider monkeys  
クモザルのるつぼ  
○北山遼、白井温、根本慧、田和優子、綿貫宏史朗、早川卓志
- PA-56** Environmental DNA metabarcoding characterizes the distribution and phylogeography of a primary freshwater fish, Siberian stone loach  
環境DNAにより推定された、純淡水魚フクドジョウの分布傾向と系統地理  
○八柳 哲、神戸 崇、水本寛基、福島路生、中嶋信美、荒木仁志
- PA-57** Development of enzyme function prediction method using deep learning  
深層学習を用いた酵素機能予測法の開発  
○川崎悠二、里村和弘、長田直樹、遠藤俊徳
- PA-58** Mating compatibilities among populations showing distinct barcode sequences and host associations but without morphological differences  
形態差は見られないがバーコーディング領域の配列と寄主植物には明瞭な差異が見られる  
集団間での交配実験  
○田中 康湧、山本 格、大島 一正
- PA-59** Correlation between thermo-adaptive evolved *Escherichia coli* and chaperonin GroEL evolution  
大腸菌の高温適応進化とシャペロニンGroELの進化の相関  
○小西隆介、西広 翔、菅野 暢、松尾萌、古倉健嗣、山内長承、岸本利彦
- PA-60** Investigating a general law of protein evolution from long-term experimental evolution of *E. coli* with highly mutagenic conditions  
高変異率の大腸菌長期実験進化から遺伝子進化速度の一般法則を探る  
○芝井厚、古澤力、津留三良
- PA-61** Measuring and analyzing the mutational robustness of *Escherichia coli* promoter.  
大腸菌プロモーターの変異に対するロバストネスの測定と解析  
○畑中直木、津留 三良、古澤 力
- PA-62** Mutational Analysis of Proteostasis in thermo-adaptive evolution *Escherichia coli*  
高温適応進化大腸菌におけるProteostasisの変異機能解析  
○菅野 暢、西広 翔、小西 隆介、松尾 萌、古倉 健嗣、山内 長承、岸本 利彦

- PA-63** Larval light-response behavior and implications for the depth distribution in the reef-building coral, *Acropora tenuis*  
造礁サンゴ*Acropora tenuis*の幼生における光応答的な遊泳行動と成体の分布パターンへの影響  
○酒井祐輔、加藤輝、小山宏史、Alyson Kuba、高橋弘樹、藤森俊彦、服田昌之、Andrew Negri、Andrew Baird、上野直人
- PA-64** Difference of long-distance detection between color vision types in squirrel monkeys  
リスザルにおける遠距離視条件下での色覚型による物体の発見効率の違い  
○西川真理、早川卓志、Amanda Melin、河村正二
- PA-65** Effects of mitochondrial introgression and temperature on Dolly Varden (*Salvelinus malma*)'s growth  
ミトコンドリア遺伝子浸透と水温がオシロコマの成長に与える影響について  
○Xin SU, Hirokazu URABE, Fumi YAMAGUCHI, Hiroki MIZUMOTO, and Hitoshi ARAKI
- PA-66** Endopolyploidy and endosymbiosis: ploidy dynamics in the aphid cells harboring Buchnera endosymbiont  
○Tomonari Nozaki, Shuji Shigenobu
- PA-67** Discovery of a new tripartite symbiosis : insects-bacteria mutualism determined by fungi  
新たな三者共生系の発見:カビが決める昆虫とバクテリアの相利共生  
○石神広太、Jang Seonghan、伊藤英臣、菊池義智
- PA-68** Characterization of the endosymbionts in the spotted lanternfly, *Lycorma delicatula*, (Hemiptera: Fulgoridae)  
シタバニハゴロモ*Lycorma delicatula* (カメムシ目ビワハゴロモ科) 共生細菌のキャラクターゼーション  
○仲下綾乃、汪亜運、嶋田敬介、土田 努
- PA-69** Experimental examination of the mechanism of male-biased primary sex ratio in the termite, *Neotermes sugioi*, by cross-breeding among populations.  
スギオシロアリはなぜオスを多く産むのか? 個体群間交配による卵性比制御至近メカニズムの解明  
東江あやか、辻和希、立田晴記
- PA-70** Northward Expansion of *Drosophila takahashii* Distribution in Japan  
タカハシショウジョウバエの日本北上  
○新井健太、小沼萌、澤村京一

- PA-71** Evolution of thermal tolerance and its plasticity along an urbanization gradient in *Drosophila suzukii*  
都市のアウトウシヨウジョウバエにおける温度耐性とその表現型可塑性の進化  
○佐藤あやめ、高橋佑磨
- PA-72** Oviposition site preference in *Drosophila suzukii*: Effects of microbes and substrate hardness  
アウトウシヨウジョウバエの産卵基質選好性: 基質上の微生物と硬さの影響  
○佐藤愛莉、田中健太郎、Joanne Y. Yew、高橋文
- PA-73** Evolution of ovarian diapause in *Drosophila*  
シヨウジョウバエの生殖休眠の進化  
○藤近敬子、田中健太郎、高橋文
- PA-74** Assessment strategy as personality? -An approach to the intra-specific variation in *Drosophila prolongata*-  
評価戦略は個性か? ~テナガシヨウジョウバエにおける種内多様性の解明にむけて~  
○網野海、松尾隆嗣
- PA-75** A novel research model for the interactions between multiple organisms: Super-nested symbiotic system of the weevil, *Smicronyx madaranus*  
多種生物間相互作用研究の新モデル: マダラケシツブゾウムシ *Smicronyx madaranus* の超入れ子型共生系  
○鷓嶋 涼、村上 涼生、杉本 凌真、玉置 大介、唐原 一郎、半場 祐子、鈴木 義人、若杉 達也、土田 努
- PA-76** How and under what conditions clades of hybrid origin undergo multiple phylogenetically nested adaptive radiations?  
雑種形成が適応放散の繰り返しを促進する仕組みと条件を探る: シミュレーションによる研究  
○香川 幸太郎、Ole Seehausen
- PA-77** Developing methods for injection against ovipositing females: towards the establishment of a genome editing method for gracillariid moths  
ホソガ科蛾類のゲノム編集技術確立に向けたメス成虫へのインジェクション手法の開発  
○山上七海、天野泰輔、大島一正
- PA-78** Convergent evolution of fork tails in swallows and swifts  
ツバメ類とアマツバメ類にみられる燕尾の収斂進化  
○長谷川克、新井絵美
- PA-79** Genetic basis of orange spots formation in the guppy, *Poecilia reticulata*  
グッピーにおけるオレンジスポット形成の遺伝的基盤  
○川本麻祐子、石井悠、河田雅圭

- PA-80** Environmental Oxygen Induces Interdigital Cell Death  
環境酸素による指間細胞死の誘導  
○小野沙桃実、Ingrid Rosenburg Cordeiro、越智陽城、岸田治、田中幹子
- PA-81** The origin of basement membrane - functional analysis of unicellular holozoan's laminin-like genes  
基底膜の起源—単細胞ホロゾアのラミニン様遺伝子の機能解析  
○傳保聖太郎、福原光海、小西博昭、八木俊樹、菅裕
- PA-82** Molecular evolution of genes controlling mammalian liver development and their expression pattern in the liver of cyclostomes (hagfish and lamprey)  
肝臓形成遺伝子の分子進化と円口類の肝臓における発現パターン  
○太田考陽、加藤英明、山崎裕治、池尾一穂、塩尻信義
- PA-83** Evolution of Genital Morphology in the *Drosophila auraria* Species Complex: Species-Specific Structures Having a Physical Interaction between Sexes.  
カオジロシヨウジョウバエ類における生殖器形態の進化:雌雄で対応している種特異的な構造  
○小沼萌、上村佳孝、澤村京一
- PA-84** The role of mechanical stresses in limb skeletal development  
四肢の骨格パターン形成における力学的ストレスの役割  
○坪井絵里子、Ingrid Rosenburg Cordeiro、小泉誠、岡部正隆、田中幹子
- PA-85** Symmetry of gastric pouch positioning is polymorphic in sea anemone *Diadumene lineata*  
○Sarper Safiye Esra, Hirai Tamami, Kamamoto Naoya, Kuratani Shigeru, Fujimoto Koichi
- PA-86** The finding the origine of vomeronasal organ in ancient fishes  
古代魚における鋤鼻上皮の起源の探索  
○佐久間敦丈、二階堂雅人
- PA-87** Investigation of molecular mechanisms which enable indeterminate growth of compound leaves in genera *Guarea* and *Chisocheton*  
*Guarea*属や*Chisocheton*属における複葉無限成長の分子機構の解析  
○森山安武、塚谷裕一、古賀皓之
- PA-88** Do echinoderms have more derived molecular developmental programs than chordates? -introducing "derivedness index" from transcriptomic data  
○Jason Cheok Kuan Leong, Yongxin Li, Akihito Omori, Masahiro Uesaka, Yui Uchida, Tao Zeng, Luonan Chen, Mariko Kondo, Gary Wessel, R Andrew Cameron, Brian Livingston, Cynthia Bradham, Wen Wang, Naoki Irie

- PA-89** Structure and development of the complex 3D helmet of 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形成  
 足立晴彦、松田佳祐、近藤滋、○後藤寛貴
- PA-90** Uric acid accumulation in the wings of German cockroach *Blattella germanica* and several other cockroach species  
 ゴキブリ類の翅における尿酸顆粒の貯蔵について  
 野田智仁、深津武馬
- PA-91** Molecular mechanisms producing blue spot in blue-tailed damselfly (*Ischnura senegalensis*)  
 アオモンイトンボの腹部「青紋」を作り出す分子基盤  
 ○奥出絃太、森山実、深津武馬、二橋亮
- PA-92** Neural basis associated with the behavioral evolution in Hymenoptera: Comparative physiology of the mushroom bodies between the honey bee and the sawfly, a primitive hymenopteran insect  
 ハチ目昆虫の行動進化の脳基盤～ミツバチと原始的なハチ目昆虫カブラハバチのキノコ体の比較生理学的解析～  
 ○桑原高佳、河野大輝、畠山正統、久保健雄
- PA-93** The effects of transposable elements and the expression of flanking genes in *Caenorhabditis inopinata* with large evolutionary changes from the related species  
 近縁種から大きな進化的変化を生じた*Caenorhabditis inopinata*において、転位因子が近傍遺伝子の発現に与える影響  
 ○河原数馬、稲田垂穂、田中龍聖、Mehmet Dayi, 菊地泰生、杉本亜砂子、河田雅圭
- PA-94** Identification of transposable elements affecting tissue-specific gene expression  
 組織特異的な遺伝子発現に影響を与える転移因子の同定  
 ○島野桂伍、里村和弘、長田直樹、遠藤俊徳
- PA-95** Which cell type of campaniform sensilla expresses the patterning gene *wingless* in pupal wings of *Drosophila guttifera*?  
 ミズタマシヨウジョウバエの模様形成遺伝子*wingless*は、蛹期の翅において鐘状感覚子のどの細胞で発現しているのか？  
 ○古関将斗、越川滋行
- PA-96** Unicellular holozoans elucidate the origin of intercellular communication  
 単細胞ホロゾア解析を通じた動物の細胞間連絡の起源解明  
 ○日野礼仁、小野真実、小西博昭、八木俊樹

- P-97** Genome-wide analysis of the Nivkh people in Sakhalin supported for the relationships between peopling history and linguistic diversity in Northeast Asia.  
サハリン先住民民族ニブフのゲノムワイド解析は、北東アジアにおける集団史と言語多様性の関連を支持する  
○Hiromi Matsumae, Takehiro Sato, Chiara Barbieri, Kae Koganebuchi, Nao Nishida, Eriko Ochiai, Motoki Osawa, Tadashi Imanishi, Ryosuke Kimura, Hideyuki Tanabe, Atsushi Tajima, Hiroki Oota\*, Kentaro K. Shimizu\*
- P-98** Genomic characterization of heteromorphic self-incompatibility locus in buckwheat  
○Tatsuya Ota, Jotaro Aii, Mariko Ueno, Ryo Ohsawa, Hiroki Saito, , Kenta Shirasawa, Ryoma Takeshima, Tetsuya Nakazaki, Kazusa Nishimura, Takashi Hara, Hideki Hirakawa, Jeffrey Fawcett, , Katsuhiko Matsui, Nobuyuki Mizuno, Yasuo Yasui
- P-99** Evolutionary origin and maintenance of an amphibian specific alternative splicing 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ントの進化的な起源と維持機構  
○齋藤くれあ、齋藤 茂、富永真琴
- P-100** The role of thermosensory system in the heat tolerance of Ryukyu kajika frog (*Buergeria japonica*)  
リュウキュウカジカガエルの高温適応における温度受容システムの役割  
○齋藤 茂、齋藤くれあ、井川武、小巻翔平、富永真琴
- P-101** Exogenous capturing of self-transmissible plasmids from natural environment transmitting antibiotic resistance genes.  
薬剤耐性遺伝子の伝播に寄与するプラスミドの収集  
○中道 孝一郎, 金子 健成, 森 光矢, 森内 良太, 道羅 英夫, 金原 和秀, 二又 裕之, 新谷政己
- P-102** 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  
○寺井洋平、五條堀淳、本郷一美、松村秀一、石黒直隆
- P-103** Investigating the signature of selection on a gene associated with dyslexia of Chinese characters  
漢字ディスレクシア関連遺伝子に対する自然選択の痕跡を探る  
○西山久美子、颯田葉子、五條堀淳

- P-104** Molecular evolution of jumping spider rhodopsins that underlie the depth perception from image defocus  
 奥行き知覚を支えるハエトリグモのロドプシンの分子進化  
 ○小柳光正、永田崇、寺北明久
- P-105** Possible new functions related to chromatin organization in human tDNA  
 ○岩崎 裕貴、池村 淑道、黒川 颯、岡田 典弘
- P-106** Possible role of intra-strain variation and evolution in the epidemiology of a quarantine plant virus  
 ○前島健作、橋本将典、薦田(萩原)優香、宮崎彰雄、西川雅展、汲田幸平、丸山紀子、難波成任、山次康幸
- P-107** The effect of low-dose radiation on mutations in M2 generation of *Arabidopsis thaliana*  
 シロイヌナズナにおける低線量放射線照射処理・次世代での突然変異への影響  
 ○平尾章、渡辺嘉人、長谷川陽一、高木俊人、上野真義、兼子伸吾
- P-108** Molecular evolution of chemosensory receptor genes in the egg-laying mammals: echidna and platypus  
 卵を産む哺乳類であるハリモグラとカモノハシにおける化学受容体遺伝子の分子進化  
 ○早川卓志、Yang Zhou、鈴木彦有、二階堂雅人、Frank Grutzner、Guojie Zhang
- P-109** Molecular evolution of two convergent duplication-type sex determining genes, *Xenopus dm-W* and medaka *dmy a*: verification for a “Jump-Corruption evolution” hypothesis  
 収斂重複型性決定遺伝子 ツメガエル*dm-W*とメダカ*dmy*の分子進化: 下剋上進化仮説の検証に向けて  
 ○藤村楓雅、荻田悠作、林舜、塚本大輔、田村啓、高松信彦、伊藤道彦
- P-110** Presence-absence polymorphisms of single-copy genes in the stony coral *Acropora digitifera*.  
 コユビミドリイシサンゴにおける遺伝子有無の多型  
 ○仮屋園志帆・寺井洋平
- P-111** Project for evolutionary mechanism on diversification of polyglutamine repeats in human  
 ○ 嶋田 誠
- P-112** Functional analysis of bacteriocyte-specific amino acid transporter in whiteflies  
 タバココナジラミ菌細胞内で特異的に働くアミノ酸トランスポーターの機能解析  
 川端 大樹、土田 努、○藤原 亜希子



- P-113** A preliminary analysis on adaptiveness of conspicuous consumption using a gene-culture coevolution model  
 顕示的消費行動の適応的意義に関する遺伝子-文化共進化モデルを用いた予備的な分析  
 ○小松秀徳、橋本康弘、田中伸幸、劉広昊、陳昱
- P-114** Role of hybrid genome doubling in polyploid wheat evolution  
 コムギ倍数性進化における雑種ゲノム倍加の重要性  
 ○松岡由浩、森直樹
- P-115** Patterns and Phylogeny of *Arothron* Pufferfish  
 モヨウフグ属魚類の模様と系統  
 ○宮澤清太
- P-116** Comparisons of flower traits and genetic structures in the hybrid zone between *Camellia japonica* and *Camellia rusticana*  
 ヤブツバキとユキツバキの交雑帯における形質と遺伝的構造の比較  
 ○阿部晴恵、蓑和冴文、三浦弘毅
- P-117** Dispersal in eastern Eurasia and hair color variation in House mouse *Mus musculus* inferred from genome sequence analyses  
 ゲノム配列に基づく野生ハツカネズミの東方移動と毛色変異進化  
 鈴木仁、藤原一道、河合洋介、高田豊行、城石俊彦、斎藤成也、長田直樹
- P-118** Resolving the basal relationships of teleost fish using genome-scale data  
 ゲノムスケールデータを用いた真骨類の初期の分岐パターンの推定  
 竹崎直子
- P-119** A *Wolbachia* strain that is no longer able to rescue the modification of cytoplasmic incompatibility  
 細胞質不適合 (CI) の修飾を救済できなくなったボルバキア  
 ○吉田一貴・真田幸代・徳田誠
- P-120** "Evolve & Requence" for the adaptive evolution of *Drosophila albomicans* to coldness  
 アカショウジョウバエの低温適応の実験進化  
 近藤朋希、小川佳孝、田中健太郎、○田村浩一郎
- P-121** Comprehensive behavioral assay of humanized substitutions in *Vmat1* with genome-edited mice  
*Vmat1* ヒト型改変マウスを用いた網羅的行動解析  
 ○佐藤大気、井上-上野由紀子、森本由起、井上高良、服部聡子、Giovanni Sala、宮川剛、河田雅圭

- P-122** Is the mutation of twin-tail goldfish optimal?  
育種で双尾金魚に固定した変異は最適か?  
太田 欽也
- P-123** Complex relationship between tunneling patterns and individual behaviors in termites  
シロアリのトンネル形成の種間差における行動と構造の関係  
○Nobuaki Mizumoto, Paul M. Bardunias, Stephen C. Pratt
- P-124** Comparing life histories of early- and late-winter geometrid moths  
初冬型および晩冬型フコシヤク類の生活史比較: 平行種分化の謎に迫る  
○山本哲史、工藤誠也、佐藤臨、池田紘士、藤澤知親、野村翔太、曾田貞滋
- P-125** The ecological by-products of evolution of polymorphisms in birds  
鳥類における種内多型の進化の生態的副産物  
高橋佑磨、秦 和也、佐藤恵里、鈴木紀之、村上正志
- P-126** Kin selection and reproductive value in social mammals  
哺乳類社会における血縁淘汰: 繁殖価の重要性  
沓掛展之、長谷川克
- P-127** How does a biological population adapt to a new colonized habitat?: case study of a *Daphnia pulex* population colonized in Lake Fukami-ike, Nagano analyzed by dormant eggs preserved in lake sediments.  
生物個体群は移入先の環境にどのように適応するか: 湖沼堆積物と休眠卵を用いた、長野県深見池におけるミジンコ個体群の環境適応の分析  
○大竹裕里恵、大槻朝、占部城太郎、陶山佳久、松尾歩、廣田峻、印南秀樹、木村成子、山田和芳、吉田丈人
- P-128** Host selectivity of the flower-feeding fruit fly *Drosophila elegans*  
花に棲むカザリショウジョウバエの訪花選好性  
○石川由希、林優人、藤井航平、武方宏樹、田中良弥、上川内あづさ
- P-129** A courtship behavior that makes monandrous females polyandrous  
新奇求愛行動獲得による配偶システムの進化  
嶺川一喜、網野 海、○松尾隆嗣
- P-130** Evo-Devo study of hatching gland cells in vertebrates  
椎動物孵化腺細胞の進化発生学的研究  
○長澤竜樹、安増茂樹、矢野十織、岡部正隆

- P-131** Investigation of the developmental process and molecular mechanism of hindwing degeneration of ground beetles  
オサムシの後翅退化の発生過程と分子機構の解明  
蘇智慧、佐々木綾子、新美輝幸、富永修
- P-132** Floral phyllotaxis is polymorphic in basal eudicot species  
花のボディプランの種内多型  
○藤本仰一、北沢美帆
- P-133** The Birth of Linguistic Humans 66,000 Years Ago with Howiesons Poort Industry and Laryngeal Descent  
言語的人類は6万6千年前にホイスンズプールト文化と喉頭降下とともに生まれた  
得丸久文
- P-134** Macroevolutionary patterns of dorsoventral color patterning in birds  
鳥の羽の色の大進化パターン  
○Nicholas Friedman
- P-135** Continuous characteristics in terms of morphology, brain dopamine and aggressive behavior in an intermediate caste in honey bees  
セイヨウミツバチの中間型カーストにおける形態・脳内ドーパミンおよび攻撃行動に関する連続的な形質  
○佐々木謙、原田真理子
- P-136** The origin of Notch signaling and the evolution of multicellularity  
Notchシグナリングの起源と動物多細胞性の進化  
青野克俊、山原直樹、國村直人、小出尚史、○菅裕

## 講演・ポスター要旨

## S01-1

### Massive nucleotide sequence data analysis reveals the nature of viruses 大量シーケンスデータを活用したウイルス進化研究 ～新型コロナウイルスを含めて～

○中川草

東海大・医

大量シーケンスデータの解析により、ヒトを含めた様々な生物のゲノムの中にウイルスに由来する配列が存在し、そのうちの一部は遺伝子となっていること、そしてそのようなウイルス由来の遺伝子がダイナミックに進化していることがわかった。また、様々な環境・生体中からの大量シーケンスデータから、いまだ同定されていない多種多様のウイルスが存在することが明らかになってきた。新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)研究においても、そのような大量シーケンスデータを活用した研究が進んでいる。本講演では、そのような大量シーケンスデータを活用した解析について、新型コロナウイルスの関連研究を中心にレビューし、私達が研究を進めている大量シーケンスデータを活用したウイルス解析システムと、それを活用した研究をいくつか紹介する。

## S01-3

### dsRNA sequencing provides novel insights into diversity of RNA viruses 二本鎖 RNA シーケンシングによる RNA ウイルス研究 の新展開

浦山俊一<sup>1</sup>、○布浦拓郎<sup>2</sup>

<sup>1</sup>筑波大・生命環境、<sup>2</sup>JAMSTEC・生命理工

RNA ウイルスは、ヒト・産業動植物へ影響を及ぼす主要な病原体の一つである。しかし、自然環境における多様性や動態に関する知見は、DNA ウイルスに比べ著しく乏しい。細胞内長鎖二本鎖 RNA は、一般的に二本鎖 RNA ウイルスゲノム、あるいは一本鎖 RNA ウイルスゲノムの複製中間体由来する。演者らは長鎖二本鎖 RNA 全長配列を解析する手法 fragmented and primer ligated dsRNA sequencing (FLDS)を開発し、多様な環境試料等を対象に解析を進めている。本手法は全ての RNA ウイルスが有す RNA-dependent RNA polymerase (RdRp)をコードしないゲノム断片も含めたウイルスゲノム情報を得ることが出来る点において、従来の RNA シーケンシングによる RNA ウイルス探索に優る。本発表では、本手法による RNA ウイルス多様性研究の新しい展開について紹介する。

## S01-2

### Evolutionary arms race of viruses and hosts: AIDS virus & a novel coronavirus versus humans ウイルスと宿主の進化的攻防:エイズウイルス&新 型コロナウイルス vs 人類

○佐藤佳<sup>1</sup>、今野順介<sup>1</sup>、木村出海<sup>1</sup>、瓜生慧也<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・医科研

ウイルスが異なる種の宿主に感染する(異種間伝播する)ためには、さまざまな障壁を乗り越える必要がある。ウイルスはまず、元の宿主から新たな宿主へと「暴露(spillover)」される必要がある。次にウイルスは、新たな宿主で複製する中において、新しい宿主の中で複製するために有利になる変異を獲得し、新たな宿主の個体間で伝播し、新たなウイルスとして適応進化する。しかし、ウイルスが異なる種の宿主への異種間伝播を達成するためには、「種の壁(species barrier)」を乗り越えなければならない。ウイルスはどのようにして「種の壁」を乗り越えるのか? ウイルスの異種間伝播の系譜については、分子系統学的解析からトレースすることができるが、異種間伝播の分子メカニズムについては不明な点が多い。本演題では、エイズウイルスと新型コロナウイルスを例に、我々の最新の研究成果を概説すると共に、ウイルスと宿主の進化的攻防について議論したい。

## S01-4

### RNA virome and paleovirome analyses using publicly available databases 公共データベースを利用した現代と古代の RNA ウ イルス叢の探索

○堀江真行<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>京大・白眉、<sup>2</sup>京大・ウイルス再生研

ウイルスの長期的な進化には未だ謎が多く、その系統樹には多数の大きな「ギャップ」が存在する。上記の謎を解明するためには、ギャップを埋める、つまりウイルスの多様性を徹底的に解明しなくてはならない。しかし、これまでのウイルス学はヒトやヒトと関連の深い動植物に病気を起こすウイルスを主な対象としていたため、その他のウイルスについては十分に解明されていない。また、ウイルスは体化石を残さないため、過去のウイルスを直接解析することは困難である。我々は近年、公共データベースを用いた解析によってこれらの問題の解決を試みており、これまでに①RNA-seq データを網羅的に解析することにより、多数の現代の RNA ウイルスを発見し、②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」を網羅的に検出・解析し、太古の RNA ウイルスの多様性を明らかにしてきた。これらの成果は、今後のウイルス進化の研究における礎となるであろう。

## S01-5

### Detection of virus insertions in human genomes: What we understand from k-mer occurrence ヒトゲノムにおけるウイルス配列挿入の歴史: k-mer 出現頻度から読み解く

○小嶋将平<sup>1</sup>、吉川剛平<sup>2</sup>、伊東潤平<sup>3</sup>、中川草<sup>4</sup>、堀江真行<sup>5,6</sup>、川野秀一<sup>2</sup>、朝長啓造<sup>6,7,8</sup>、Nicholas F. Parrish<sup>1</sup>

<sup>1</sup>理研 IMS、<sup>2</sup>電通大院情理、<sup>3</sup>東大医科研、<sup>4</sup>東海大医、<sup>5</sup>京大白血、<sup>6</sup>京大ウイ再、<sup>7</sup>京大院医科、<sup>8</sup>京大院生命

ヒトゲノムの約8%はウイルス由来配列(EVE)であり、過去数千万年にわたり獲得されてきた。これまでの EVE 検出手法はウイルス配列とリファレンスゲノムとの配列アライメントに依存する。そこで我々は配列アライメントに依存しないEVE検出手法を開発した。比較的古いウイルス挿入を検出するため、k-mer 出現頻度から EVE を特徴づけ、機械学習(SVM)と組み合わせた。本手法をヒトゲノムに応用することで、新規内在性ウイルス様配列を検出した。その中には現在見つかっているウイルスとは配列類似性を持たないものもあった。ヒトゲノムには比較的近年のウイルス配列挿入も存在する。ウイルス挿入に由来する k-mer 出現頻度とゲノムワイド関連解析を組み合わせ、ヒト集団内に存在する内在性レトロウイルス挿入多型の検出手法の開発も行なっている。本研究は数千年前のウイルス配列挿入から比較的近年の挿入まで、幅広い時間スケールにおけるウイルスと宿主の感染の歴史の理解に貢献する。

## S01-6

### Glycosylation of hemagglutinin in influenza A virus インフルエンザウイルスのヘマグルチニンにおける糖鎖付加の意義

○鈴木善幸<sup>1</sup>、西村茉帆<sup>1</sup>、井上達矢<sup>1</sup>、小林由紀<sup>2</sup>

<sup>1</sup>名市大・理、<sup>2</sup>日大・生物資源

インフルエンザウイルスのヘマグルチニンには糖鎖が付加されることが知られており、糖鎖は抗体のヘマグルチニンへの結合を阻害する可能性が考えられている。ヘマグルチニンの配列解析からこの仮説を検証する方法について考える。

## S02-1

### Evolutionary biofluid dynamics?: From the perspective of microbial locomotion 進化生物流体力学?: 微生物の運動から考える

○石本健太

京大・数理研

20世紀の偉大な流体力学者のひとりである James Lighthill は著書 *Mathematical Biofluidynamics* の中で生物流体力学の目指す目標について述べている。ひとつは生物器官の流体力学的な機能を理解すること、もうひとつは流体中の移動あるいは流体そのものの輸送に関する生物の進化を理解することである。この本が出版されて45年が経つ現在、その目標にどれだけ近づくことができたのであろうか。本講演では、特に微生物の運動や輸送に焦点を絞って、進化の流体力学的側面に改めて光を当てることを目指す。微生物の周りの流れは、慣性が無視できる低レイノルズ数流れであり、帆立貝定理に代表されるように生物の運動に対して強い流体力学的な制限がかかる。運動の安定性と効率性をキーワードに、特に精子の運動と受精のダイナミクスに関する自身の研究を紹介しながら、進化生物流体力学の可能性について議論したい。

## S02-2

### Palaeo-biomechanics reveals macro-scale evolution 太古のバイオメカニクス: 化石生物の形態から大進化を探る

○椎野勇太<sup>1</sup>

<sup>1</sup>新潟大・理

およそ5.4億年前にあらゆる生命の基本的な設計が誕生して以来、地球上の生物は劇的な繁栄や絶滅を繰り返しながら進化してきた。その最初期から2.5億年前までの古生代と呼ばれる時代には、現在からは想像できないような奇妙な姿をした生物たちの世界であったことが知られている。中でも、二枚の殻を持つ腕足動物と、節足動物の仲間である三葉虫類は、「古生代の海」を形成した中心的な無脊椎動物であった。しかし古生代の末に、前者はその大半が、後者にいたっては全てが絶滅へと追いやられてしまった。なぜか? 謎を解く鍵は、現存する生物には見られない不思議な形に秘められた生態的な特性にあったのではないかと想像される。本発表では、適応を機械論的に解読するバイオメカニクスを古生物の形態へ応用し、長い時間軸上で起こった形態進化の原動力についてわかってきた成果を紹介する。

### S02-3

#### Nervous, muscle, exoskeleton, water interactions in spring-driven ultrafast movements

#### ばね駆動の超高速運動における神経、筋肉、外骨格、水の相互作用

加賀谷勝史

東大・院情報理工

外骨格に包まれた水棲動物の感覚、運動、中枢神経系は比較的小規模で、その個体を包む水と複雑に相互作用する。とくに外骨格の弾性を活用した運動は、筋収縮の生理学的速度を超えた高速運動を実現する。その一例であるシャコの打撃運動では、筋収縮はばねを圧縮するのに利用されて運動を直接支配することはない。運動を支配するのは「ばね」や「ラッチ」、弾性エネルギーを運動エネルギーに変える「リンケージ」に比喩される身体外骨格系(第二口脚としての捕脚)である。また、その超高速運動は水と相互作用し、キャピテーションという現象を生じさせる。キャピテーション泡は、その破裂が打撃とは別の破壊力を生み出す。シャコの場合、貝殻表面と指節腫の間でのみ生じる。もし運動中に生じて破裂すると打撃する捕脚を痛めてしまう。貝殻を割る、というタスクのために編み出されたこの系の設計を力学、生物学両方の視点から紹介したい。

### S03-1

#### Evolutionary developmental relationship between AP-pattern of pectoral fin ray in zebrafish and transition of the skeletal pattern of pectoral fin in ray-finned fish ゼブラフィッシュ胸ヒレ鰭条の前後軸パターンと条鰭類胸ヒレ骨格の進化傾向

○阿部玄武、田中祥貴、梅田哲也、田村宏治

東北・院生命

硬骨魚のヒレは基部側の担鰭骨と先端側の鰭条によって構成される。骨化の様式が異なるそれらは、しかしながら近年その細胞系譜と発生メカニズムに共通性が認められるようになった。その内鰭条は多様性に富んだ構造で、器官の発生や機能を形態進化に結びつける興味深いモデルとなる。例えば、胸ヒレ鰭条は多くの魚種で個体ごとに本数のゆらぎが見られる。また鰭条は魚類が様々な環境に適応するのに多様な形態も示す。我々は最近、ゼブラフィッシュの胸ヒレ鰭条が本数のゆらぎ方で前後3つの区画に分けられることを報告した(Hamada et al., 2019)。この前後軸パターンにおいて、前側は派生的な、後側は祖先的な条鰭類で見られる鰭条-担鰭骨接続を示していた。つまりゼブラフィッシュの胸ヒレはその変遷途中を示している可能性がある。発表では、この条鰭類胸ヒレ骨格の進化傾向とゼブラフィッシュ胸ヒレ鰭条の前後軸パターンの関係を発生メカニズムの観点から議論したい。

### S02-4

#### Evolutionary biomechanics of bird beaks 鳥類のクチバシに関する進化バイオメカニクス

○菊地デイル万次郎<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東工大・機械系

進化バイオメカニクスというコンセプトが近年注目を集めている。これは、動物の形質がもつ機能と制約の相互作用を力学的に分析し、形態や行動の進化について理解を目指すアプローチである。本発表ではまず、進化バイオメカニクスについて概説する。次に、鳥のクチバシの形を流体力学的な観点から分析した発表者自身の研究を紹介する。ウトウという海鳥は、雌雄ともにクチバシにツノ状の突起を備え、大量の魚を啜えたまま飛んで泳ぐ、特徴的な形態と行動が知られている。突起は一般的に空気と水の抵抗、したがって移動中のエネルギー消費を急激に増加させると考えられる。本研究では実験的に、ツノが飛行と遊泳に及ぼす流体力学的な作用を調べた。予想に反し、ツノは抵抗をほとんど増やさず、魚を啜えている場合はむしろ抵抗をわずかに減らす効果を持つことがわかった。つまり、装飾にも見えるツノが、流体力学的に有用な機能を持つ可能性が示唆された。

### S03-2

#### Vertebrate face as the composition of primordia: mammalian nose is reptilian jaw-tip 顔は発生原基の組合せ:哺乳類の鼻は爬虫類の口先

東山大毅<sup>1</sup>、栗原裕基<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・医

顔の真ん中に鼻がある—これは鼻を独立に動かして「嗅ぐ」ことを可能にした、有胎盤哺乳類の特徴である。では、トカゲやニワトリのように「上あごに鼻孔が開いただけの顔」から哺乳類顔に至るにはどんな変化があったのか? 我々は鼻を持つ”哺乳類顔”が、顎口類に共有される顔面突起の組み方のズレで生じたことを、発生学的な実験や胚、化石を含めた比較から示した。祖先的には上あごの先を構成していた胚原基(内側鼻隆起)が、哺乳類では鼻として顎から独立し、代わりに新規な口先が別の原基(上顎突起)より構成される。この原基の組み方の差は、末梢神経のような解剖学的構造の位置関係とも符合した。上記の通り、顔面形態は、発生モジュールたる顔面突起どうしの曲げ伸ばしと組み方で決定づけられ、これらによる制約を逸脱することはどうも難しいらしい。その背景の機構はまだ定かではないが、本会をきっかけに新たな議論が進めば幸いである。

### S03-3

#### Phenotypic robustness that may bias the evolution of vertebrate embryogenesis 脊椎動物胚の進化を方向付ける表現型の頑健性

○内田唯<sup>1,2</sup>、入江直樹<sup>2</sup>

<sup>1</sup>理研 BDR、<sup>2</sup>東大・院理

動物の胚発生過程は自由に進化してきたわけではない。脊椎動物では発生中期(咽頭胚期)が種間で強く保存されており、またこの時期はボディプラン要素が出揃うことから数億年スケールの形態進化をバイアスする可能性も指摘されている。しかしなぜ咽頭胚期が強く保存されるかは明らかでない。

我々は「咽頭胚期では表現型が頑健であるため進化的多様性が生じづらい」という仮説を立てた。この議論では、表現型の頑健性と表現型の進化的多様性の相関が前提となる。本研究では表現型を遺伝子発現状態とし、同じ遺伝的背景での表現型の差と、表現型の進化的多様性を発生段階ごと計測した。咽頭胚期では頑健性・多様性いずれも小さく、仮説を支持する結果が得られた。ここから、変異によらない表現型の頑健性が長期の進化に影響する可能性が浮上している。このような頑健性の進化的な起源など明らかでないことはまだ多いが、解明に向けて議論をしたい。

### S03-5

#### An evolutionary origin of phenotypic restriction and its constraint on the evolution 表現型拘束の進化的起源とその進化に対する制約

○佐藤匠哉<sup>1</sup>、金子邦彦<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東大総合文化、<sup>2</sup>生物普遍性機構

近年、細胞の環境変化に対する応答・進化におけるトランスクリプトーム変化は、遺伝子の数と比較して非常に少数の方向でしか変化しないことが実験において示唆されている(Kaneko et al. 2015, Horinouchi et al. 2017)。我々はこれまでに、この現象に対する理論的な表現を与え、細胞モデルの進化シミュレーションにおいて、実際にそのような性質(表現型拘束)が獲得されうることを示した。しかしながら、表現型拘束が進化に対してどのような制約をもたらすのかについては議論されてこなかった。

そこで本発表では、細胞モデルの進化シミュレーションにおける表現型拘束の獲得について紹介した後、表現型拘束が細胞のストレス環境進化においてどのような拘束を与えるかについて、現在我々がやっている細胞モデルの進化シミュレーションの結果を通して議論する。

### S03-4

#### Search for mechanism of constraint in evolution from numerical simulation 計算機実験で探る進化制約のしくみ

○香曾我部隆裕<sup>1</sup>、倉谷滋<sup>1</sup>、金子邦彦<sup>2</sup>

<sup>1</sup>理研 BDR、<sup>2</sup>東大・総合文化

発生過程は進化を経てかたちづくられてきたものである。発生過程の進化に制約があることは観察事実から示唆されているが、その仕組みについてはよくわかっていない。祖先種の遺伝子発現制御に関する情報が得られないこと、進化実験に非常に長い時間がかかるということからその解明は困難であると思われる。これを解決する手法として進化シミュレーションが近年注目を得つつある。今回我々は空間パターンを制御する遺伝子ネットワークを計算機上で繰り返し進化させて比較した。並列に進化させた個体同士の発生中の遺伝子発現状態を比較した結果、発生中期が最も類似する、すなわち発生砂時計の様子を観察することができた。その仕組みを調べたところ、発生初期のゆらぎを減減させて発生過程を安定させる仕組みに関係があることがわかった。発表ではこれら結果と先行研究を踏まえ、進化に制約を与える発生のしくみについて議論したい。

### S04-1

#### Molecular evolution of visual pigments led to the acquisition of photopic and scotopic vision in vertebrates 視物質の分子進化からみた脊椎動物の明所視・暗所視の獲得プロセス

山下高廣

京大・院理

脊椎動物は高度に発達した視覚を有し、幅広い光強度でものの形を認識(明所視・暗所視)でき、明るい環境では色識別(色覚)できる。これには、脊椎動物がもつ2種類の視細胞、桿体と錐体、が重要な役割を果たす。桿体は暗所視に、錐体は明所視・色覚に、それぞれ働く。また機能する光受容タンパク質(視物質)も異なっており、一般的には桿体にはロドプシン、錐体には錐体視物質が発現する。これら視物質は円口類を含めた脊椎動物で特異的に多様化しているため、進化的には脊椎動物の最初期に獲得されたと考えられる。そのため、視物質の比較解析から明所視・色覚と暗所視の獲得プロセスについて議論が行われてきた。しかし最近、視物質と分子系統的に近縁な光受容タンパク質を含めて解析を行った結果、従来の議論を修正できる可能性がでてきた。本発表では、光受容タンパク質の分子進化の観点から、脊椎動物の高度な視覚の獲得プロセスについて議論したい。



## S04-2

### Relaxation of selective constraint to maintain catarrhine-type trichromacy in humans predating “Out Of Africa”

#### ヒトの狭鼻猿型3色型色覚を維持する選択圧の緩みは出アフリカ以前に遡る

○松下裕香<sup>1</sup>、竹崎直子<sup>2</sup>、Amanda D. Melin<sup>3,4</sup>、河村正二<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東京大・新領域、<sup>2</sup>香川大・総合生命科学、<sup>3</sup>Dept. Anthropol. Archaeol., Univ. Calgary、<sup>4</sup>Cumming Sch. Med., Univ. Calgary

ヒトを含む狭鼻猿はX染色体に縦列したLとMオプシン遺伝子によって3色型色覚となるが、ヒトは例外的に色覚多型を示す。LとMオプシンは遺伝子変換による塩基配列の同化と自然選択による吸収波長相違の維持という相反した作用を受けるため、L-M間塩基相違は吸収波長相違に関わる領域とその近傍で高くそれ以外で低くなることが期待される。しかしそれを詳細に調べた研究は少ない。そこで多様なヒト集団、旧人ゲノム、ヒト以外の狭鼻猿類に対しそれを調べた。その結果、ヒトでは集団によらずエクソン3での相違は平均値が低く分散が高いという特異性を示した。さらに、エクソン3中の波長相違原因サイトが相違するにも関わらず、エクソン3全体では相違の低下がみられた。これは旧人との分岐後から出アフリカ以前の間には狭鼻猿型3色型色覚を維持する選択圧の緩みが始まり、遺伝子変換を受けたエクソン3が長期にわたり集団中に存続できることを支持する。

## S04-4

### Key Male Glandular Odorants Attracting Female Ring-Tailed Lemurs

#### ワオキツネザルのメスを惹き付けるオスの匂い

○白須未香<sup>1</sup>、伊藤聡美<sup>2</sup>、糸井川壯大<sup>2</sup>、早川卓志<sup>3</sup>、木下こづえ<sup>4</sup>、宗近功<sup>5</sup>、今井啓雄<sup>2</sup>、東原和成<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院農、<sup>2</sup>京大・霊長研、<sup>3</sup>北大・院地球環境、<sup>4</sup>京大・野生動物研究センター、<sup>5</sup>(財)進化研

我々は、今回、特徴的な嗅覚コミュニケーションを行うワオキツネザルに注目し、霊長類で初めて、異性を惹き付ける体臭中の匂い物質同定に成功した。ワオキツネザルのオスは、手首にある臭腺を自身の長い尻尾にこすりつけ尻尾を大きくゆらし、メスへのアピールや他オス個体への威嚇を行う。我々は、まず行動観察より、メスが、繁殖期オスの臭腺分泌液の匂いを長く嗅ぐ一方で、非繁殖期分泌液には興味を示さないことを見出した。次に、分泌液の成分分析より、繁殖期の分泌液中には、体内の男性ホルモン増加に伴う三種類の長鎖アルデヒド群の増加がみられることを示した。また、これらの成分には繁殖期のメスのみが興味を示した。以上より、今回同定されたオスの繁殖期を特徴づける匂い成分が、メスを誘引する匂いシグナルとして機能している可能性が示された。本成果は、野生での絶滅が危惧されるワオキツネザルの繁殖管理や保全に役立つと考えられる。

## S04-3

### Inactivation of ancV1R as a predictive signature for the loss of vomeronasal system ancV1Rの偽遺伝子化から探る鋤鼻器官の退化

○二階堂雅人

東工大・生命理工学院

我々のグループは先行研究において、広範な脊椎動物に共通して存在するI型鋤鼻受容体 ancV1Rを発見した。ancV1Rは、全ての鋤鼻神経細胞に発現し、脊椎動物の進化過程で4億年以上も保存されているため、鋤鼻器官を介したフェロモン受容における中心的機能を持つと予想される。本研究では、データベース上に登録された約300種にのぼる哺乳類の全ゲノム配列を用いて、この ancV1Rが偽遺伝子化している種を探索した。その結果、鋤鼻器官が退化していることがすでに知られている上位の霊長類やクジラ、マナティに加えて、現在も解剖学的な知見の乏しいアザラシ、カワウソ、ヨザル、フォッサ、ハーテビーストにおいて、偽遺伝子化が確認された。今回の発見は、哺乳類における鋤鼻器官の退化に関して新たな知見を与えるだけでなく、これらの種における代替感覚の進化や、未知な部分の多い繁殖生態の解明につながることを期待される。

## S04-5

### Functional evolution of bitter taste receptors in Malagasy primates: the relationship between ligand sensitivity and feeding habit マダガスカル産霊長類における苦味受容体の機能進化:リガンド感受性と食性の関係

糸井川壯大<sup>1</sup>

<sup>1</sup>京大・霊長研

味覚は食物の栄養価や有害性を判断するうえで欠かせない感覚である。その中でもアルカロイドなどの毒物認識に関与する苦味は、苦味受容体 TAS2R がリガンドである苦味物質を受容し、活性化されることでもたらされる。ゲノム中の苦味受容体遺伝子のレパートリーは種間相違が大きく、動物の食性や生活環境に応じて柔軟に変化してきたと考えられている。また、個々の苦味受容体のリガンド感受性にも種間相違があり、食性との関連が示唆されている。これまで私たちは、マダガスカル島で適応放散し、霊長類の全食性を網羅するほどに多様化したキツネザル類に注目し、苦味受容体のリガンド感受性と食性の関係を調べてきた。本発表では、植物の主要な二次代謝産物であるβグルコシド類を特異的に受容する苦味受容体 TAS2R16のリガンド感受性を様々な食性のキツネザルで検証した結果を紹介し、食性との関連を考察する。

## S05-1

### Toward prediction and control of microbial evolution: Analysis of phenotypic constraints in laboratory evolution 進化過程の予測と制御へ向けて:大規模大腸菌進化実験の表現型・遺伝子型解析

古澤力

理研・BDR

生物システムは適応・進化の過程を通じて表現型を多様に変化させるが、任意の変化が可能なのではない。この表現型進化の拘束を理解することを目的として、本研究では自動化システムを用いて多様なストレス環境下での大腸菌進化実験を行った。この多環境・多系列の進化実験で得られたストレス耐性株について、表現型と遺伝子型の変化を網羅的に解析したところ、遺伝子発現プロファイルの変化は、比較的低次元のダイナミクスに拘束されていること示唆された。さらに、動的に選択環境にフィードバック制御を加えることにより、目的とする表現型に向けた進化軌跡を実現する手法を開発した。これらの結果に基づいて、表現型進化の拘束をどのように理解し得るか、そして進化過程の予測と制御がどのように可能となるかを議論する。

## S05-3

### 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、佐伯望

<sup>1</sup>岡大・院環境生命

細胞内のタンパク質の発現量は生物の適応度をもっとも高められるように最適化されていると考えられる。この最適化の進化的原理の一つに「制約」がある。あるタンパク質の発現量が制約を受けていることは、その量を過剰にした際に適応度が下がることを手がかりに知ることができる。出芽酵母を用いたこれまでの私たちの研究から、プロテオームの80%以上はあまり制約を受けていない一方で、2%程度が強い制約を受けていることが分かっている。それでは、この制約は適応-進化過程ではどのように働くのだろうか？ これを知るために、私たちは酵母のプロテオームの中から過剰発現が適応的に働くものを体系的に調査する ADOPT 系を開発した。本講演では ADPOT 系で得られた過剰が適応的に働く遺伝子の性質から制約が適応-進化にどのように影響するかを議論したい。

## S05-2

### Parasites and coevolution in an artificial RNA self-replication system 人工 RNA 複製システムにおける寄生体と共進化

○市橋伯一<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院総文

進化という現象を理解するためには、生物だけではなく、単純でありながら進化する能力をもつ分子システムの進化を調べることが役に立つと考える。これまでに私たちは、栄養となる反応液を定期的に加えるだけで持続的に複製し勝手に進化する自己複製 RNA を開発し、その進化を解析してきた。これまでに単独の RNA を継代した場合には、変異の蓄積は徐々に遅くなり、また RNA は単系統のままだった。これに対し、今回、自然発生する寄生型の RNA との共進化実験を行った。この場合、単独進化とは異なり、変異の蓄積は止まることなくほぼ一定のペースで続き、また RNA の系統は複数に分岐し多様化することを見出した。また宿主となる RNA と寄生体となる RNA の間で進化的な軍拡競争が起きていることも見出している。以上の結果は、寄生体との共進化が宿主の進化と多様化を促進することを示す実験的な証拠である。

## S05-4

### What are the potential mechanisms behind phylogenetic inertia observed for the evolution of animal bodyplan? 動物ボディプランにみられる進化的慣性力の仕組みは？

○入江直樹<sup>1,5</sup>、Hu Haiyan、内田唯<sup>2,5</sup>、上坂将弘<sup>2</sup>、Cynthia Bradham<sup>3</sup>、倉谷滋<sup>2</sup>、Philipp Khaitovich<sup>4</sup>

<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>理研、<sup>3</sup>Boston Univ、<sup>4</sup>Skoltech、<sup>5</sup>東大・生物普遍性

動物のボディプランは進化を通してなぜかわりにくく、系統慣性 (phylogenetic inertia) あるいは系統拘束の好例とされる。ボディプランに限らず、進化を通して変わりにくい (強固に保存される) 形質は数多くあるが、系統慣性の進化的メカニズムはおそらく複合要因によるもので十分に明らかになっていない。これまでボディプランの保守性に関しては、淘汰圧による説明、あるいは単に変異が生じなかったという説明で十分だと想定されてきたが、我々の研究から、発生システムの頑健性が強固な保存に寄与している可能性が浮かび上がった。今回の発見は、変異をベースとした多型・多様性の進化という観点とは異なり、表現型システムの頑健性が進化にバイアスをかけうるという可能性を示しており、現在、詳しい仕組みに取り組んでいる。進化可能性という観点からの質疑応答・議論を楽しみにしています。

## S05-5

### Toward understanding constraints in evolution and ecosystem changes using model synthetic ecosystems

#### 生物進化と生態系変化の制約にモデル人工生態系で迫る

○細田一史<sup>1</sup>、村上なおみ<sup>1</sup>、瀬尾茂人<sup>2</sup>、長田穰<sup>3</sup>、松田秀雄<sup>2</sup>、近藤倫生<sup>4</sup>、古澤力<sup>5,6</sup>

<sup>1</sup>阪大・国共、<sup>2</sup>阪大・院情、<sup>3</sup>水産機構・資源研、

<sup>4</sup>東北大・院生、<sup>5</sup>東大・院理、<sup>6</sup>理研・BDR

もし、過去によらず今の生態系の状態をくまなく見れば、各生物の進化の方向や、それによる生態系全体の変化の方向が予測できてしまうのだとすれば、なんと楽しいことだろうか。そんな無茶な、という気もするが、理論的にはまんざらでもないらしい。これを実験で確かめられないなど有り得ないだろう。そのためにも、モデル生物である大腸菌の培養のように、世界中で再現でき、一度に何千という条件を試験できて、かつ、生態系らしい複雑性をもつ、モデル生態系が必要である。私達はこれを構築し、生態系の確率的挙動などが観察されたので紹介する。そして、まだ明らかではないが、ある時点の生態系の揺らぎの方向と、生物進化の影響かもしれない生態系の長期的変化の方向、および、温度変化による生態系変化の方向の関係の結果も報告する。モデル生態系は今後も改善を続け、誰でも、生物の中も外も全部見える、小さく大量の実験世界として定着させたい。

## S06-2

### On the some turning points in the human evolution

#### 現代人の進化における転換点について

○島 泰三

日本アイアイファンド

現代人(ホモ・サピエンス)の進化を考えるうえでは、いくつかの転換点に焦点をあてることができる。第一は直立二足歩行、第二は裸体化、第三は言語の獲得、第四は農耕の開始、第四は文字の発明、第五は産業革命と通信のデジタル化である。現在進行中の現代人の進化をどのような視点からとらえるべきかについては、過去の重要な進化上の転換点を説明できる原理を援用することによって、一定の仮説を提案できる可能性がある。戦争と抑圧に彩られた現代人のこれまでの歴史は、自身の最終的な破滅を地球上の多くの生物を道連れにして実現して終了する瀬戸際に至っている。人類の歴史を扱う学問領域は、この危機になんらかの有効な発言ができるかどうかを問われている。

## S06-1

### The Oldest Modern Human Site, Klasies River Mouth Caves in South Africa - The Laryngeal Descent and Vowels triggered Digital Evolution

#### 南アフリカにある最古の現生人類洞窟クラシーズ河口洞窟 — 喉頭降下と母音がデジタル進化の引き金をひいた

得丸久文

カラハリプロジェクト

最古の現生人類洞窟、南アフリカのクラシーズ河口洞窟は、人類学では常識であるが、他の分野ではほとんど知られていない。1960年以降、アパルトヘイト政策を理由とした厳格な国際学術ボイコットが実施されたからだ。筆者は、日本人として初めて、2007年と2012年の2回にわたって、この洞窟を訪問した。インド洋と大西洋が交わる、波の荒い海域に面したこの洞窟の中で、現生人類は下顎のお陰で喉頭降下し、母音を発声する声道を獲得し、会話音声中の論理成分「音素」と「モーラ(拍)」によるデジタル進化を始めたのだ。音素とモーラが無限の語彙と文法的修飾を可能にした。そしてそれは「消えない音節」である文字、キーワード検索に対して「対話する音節」である電子情報へと受け継がれ、言語的人類を最終進化へと導く。

## S07-1

### The origin of Yaponesian inferred from genome sequence data

#### ゲノム配列データからヤポネシア人の起源について考える

長田直樹

北大・情報

現在日本列島で生きる人々(ヤポネシア人)がどのような過程を経て成立してきたかを知ることは、人類学のみならず多くの日本人にとって重要な問題である。これまで、形態人類学、文化人類学、考古学、言語学などで用いられる手法を用いて多くの研究が行われてきた。その一方、現代人および古代人のゲノム DNA 解析技術の発展により、これまで提唱された多くの仮説と整合性のある、または新しい視点を提供する発見が数多く行われてきた。ここ数年の研究において、これまで不足していた古代東アジア人のゲノム配列が多数解析され、東アジアにおける人類の興味深い歴史が明らかにされつつある。本講演では、これらの最新のデータを俯瞰し、新たな解析結果を示すことによって、現在得られているゲノム解析の結果からどのようなことがいえ、他の分野の研究結果とどのように関わっているかについて考えていきたい。

## S07-2

### Rare allele sharing in Yaponeseans and its surrounding populations

○五條堀淳<sup>1</sup>

<sup>1</sup>総研大・先導研

The rare alleles are the variants found in a population with very low frequency and these rare alleles should be younger than the common alleles with moderate frequencies. Two closely related populations share more rare alleles than those distantly related. Because of this character of rare allele sharing, the genetic relationship among populations can be investigated by counting the number of shared rare alleles between populations. I applied rare allele sharing in Yaponeseans to get new insights for understanding the origin of them. I used Chinese in Beijing population in 1000 genome project data as a reference population to elucidate the genetic relationship among East Asian including Yaponeseans. Although the known relationship referred from genome-wide  $F_{st}$  values were almost reproduced when rare allele sharing was used, the result of Yaponeseans was different. This is possibly due to the contribution of Jomon components in the Yaponeseans genome. The result of rare allele sharing using Yaponeseans as a reference population will be also discussed.

## S07-4

### The history of people in Japanese archipelago: Approaching from linguistics 言語学から迫る日本列島人の形成と発展の歴史

○麻生玲子<sup>1</sup>、○中澤光平<sup>2</sup>、○セリック ケナン<sup>3</sup>

<sup>1</sup>国語研・特任助教、<sup>2</sup>国語研・非常勤研究員、<sup>3</sup>国語研・非常勤研究員

日本列島にどのように人類が移住・拡散し、どのような歴史を経て現代の集団が形成されてきたか—この問いに対しては、言語学研究の分野でも先人たちによって様々な議論がなされてきた。本発表の目的は、この共通の問いに対する分野横断的な議論の基盤づくりに言語学分野から貢献することである。従って、言語学における歴史研究手法を紹介し、根底にある考え方を共有する。内容は大きく3つである。まずこれまで提唱されている日本語の系統や日本語内の系統関係に関する先行研究を紹介し、これまでの成果や問題点を共有する。次に、言語学における伝統的な歴史研究手法を紹介する。最後に、現在発表者らがやっている八重山方言（沖縄県八重山郡）を対象にした系統樹構築プロジェクトを例に、これまでの成果を報告し、今後の展望を述べる。

## S07-3

### Where is the origin of azuki bean? アズキの起源地はいずこか

○内藤健

農研機構

アズキが最初に栽培化されたのは、日本なのではないか。遺跡から出土するアズキの炭化種子を調べてみると、中国・韓国では約3000年前から大粒化が観測されるのに対し、日本では5000年前にはそれが始まっていたことが示唆されるのだ（那須2018など）。では、ゲノム解析からその仮説に根拠を提示することはできないだろうか。そこで我々は、栽培化形質の QTL マッピング等これまでの知見と、多系統のリシーケンス解析とを組み合わせる形でこの問題に挑むこととした。その結果、少なくとも日本の品種において栽培化に貢献した重要な変異が、韓国品種の一部には見出されないことが明らかとなった。一方で、形質については韓国品種も日本品種と同様に明確に栽培型であることから、韓国品種は別の変異によってこの形質を獲得したと考えられる。つまり、大陸側で日本のものとは異なるアズキが成立していたかも知れないのだ。面白くなってきたところである。

## S07-5

### A Brief Review of Recent Developments in Large Comparative Databases and Quantitative Analyses in Archaeology 考古学分野におけるデータベースと定量的解析の現在

田村光平<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・学際フロンティア

近年、計算機技術の発展を背景の一つとして、社会の複雑化や宗教の起源といった人類史上の画期とされるような現象に、(これまでの人文・社会科学の研究に比して)大規模なデータベース構築と定量的分析から切り込む研究が増えている。また、特に人類の移動の問題に対しては、ゲノムデータの蓄積が進む中で、ゲノムの面から文化史の見直しが進む例や、ゲノムデータと文化データとを対応付ける中で、両者の齟齬が見いだされ、概念的な再検討が行われることもある。本発表では、特に考古学データのデータベースと定量的解析に焦点を当て、こうした「文理融合」的な研究動向について概説する。そうすることで、シンポジウムの目的である「分野横断的なプラットフォーム構築」について、文化研究の側から議論の材料を提供したい。

## S08-1

### Repeated subfunctionalization of *Brachyury* genes for notochord development 脊索の発生における *Brachyury* 遺伝子の機能分担

○安岡有理<sup>1</sup>

<sup>1</sup>理研 IMS

脊索動物の *Brachyury* 遺伝子は中胚葉形成および脊索の形態形成に必須の転写因子である。脊椎動物では、全ゲノム重複によって生じた3つの *brachyury* オオノログ *brachyury/T* (*bra*), *notail* (*ntl*), *tbx19/Tbx1/Tpit* が同定されている。私はこれまで、ゲノム構造と発現プロファイルの比較から、以下のことを明らかにした。(1) *bra* は全系統で保存されている。(2) *ntl* は様々な系統で繰り返し失われてきたが、条鰭類では *bra* と機能分担したため、広く保存されている。(3) *tbx19*は脳下垂体で新規機能を獲得しており、脊椎動物で広く保存されている。(4) 無尾両生類と頭索類では、タンデムに重複した2つの *brachyury* 遺伝子が尾芽と脊索で機能分担している。これらの結果は、機能分担による進化拘束と重複遺伝子の残りやすさの関係性、および脊索という組織の進化的新奇性を表している。

## S08-3

### Genomic field disparity hypothesis ゲノムの場の不均一性仮説

原雄一郎<sup>1,2</sup>、工樂樹洋<sup>2</sup>

<sup>1</sup>都医学研、<sup>2</sup>理研・BAR

我々は、進化の過程で失われやすい遺伝子が、GC 含量、遺伝子密度が高い、塩基置換が起きやすいゲノム領域に存在し、これらのゲノム領域の特徴が進化的に保持されていることを見出した(Hara et al., BMC Biol. 2018)。すなわち、我々が”permissive field”と名付けたこの領域は、配列の変化しやすさと領域としての保存性という一見相反する特徴を併せ持つ。このゲノム領域が保持されてきた意義を解明するには、多様なオミクス情報が蓄積しているヒトゲノムを対象とした解析が適している。そこで、羊膜類における網羅的な分子系統解析から、複数の系統で独立して欠失が起きた遺伝子を同定し、失われやすい遺伝子が存在するヒトゲノム領域を同定したところ、これらの領域にも permissive field の特徴が保持されていた。permissive field を脊椎動物の祖先から現生ヒト集団まで総覧し、ゲノムの場が不均一である進化的意義と遺伝子の運命に与える影響を考察したい。

## S08-2

### Gene expression evolution of duplicated genes revealed by 1,903 RNA-seq data across 6 organs in 21 vertebrate species 脊椎動物21種・6器官・1,903個のトランスクリプトームから垣間見る重複遺伝子の発現進化事情

福島健児

Department of Molecular Plant Physiology and Biophysics,  
University of Würzburg

ゲノムを構成する遺伝子は、その大部分が遺伝子ファミリーに属している。ヒトゲノムには2遺伝子だけが身を寄せるホスホグリセリン酸キナーゼ遺伝子族から、総計400コピーがそれぞれ単独でヒト遺伝子セットのおよそ2%を占めるまでに成長した嗅覚受容体遺伝子族まで、いずれも過去に1コピーだけ存在していた遺伝子が、重複と喪失の動態の末に形作った。重複直後の遺伝子は、多くの場合余剰コピーにすぎない。そのため、2コピー間での機能的な分化が、遺伝子喪失を免れて長期間保持される上での鍵になる。その過程を明らかにするため、本研究では、182件の研究プロジェクトに由来する多種・多器官トランスクリプトームデータセットを生成した。これに量的形質の進化モデルを当てはめ、遺伝子系統樹上での発現進化イベントをおよそ2万件検出した。発表では、遺伝子重複・発現パターン変化・タンパク質配列進化の複雑な関係について紹介したい。

## S08-4

### Genomic features of asymmetric evolution in ohnologs オオノログの非対称進化に関わるゲノム特性

山田実優<sup>1</sup>、○牧野能士<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大院・生命科学

全ゲノム重複(WGD)後、消失せずにゲノム上に維持される重複遺伝子をオオノログという。オオノログは保存的な遺伝子群であるが、オオノログのペアを比較すると片方の遺伝子コピーが祖先的な機能や配列、発現パターンを保持するのに対して、もう一方は変化が大きいという傾向がある。本研究は、オオノログの非対称進化に関与するゲノム特性の解明を目指し、オオノログの保存性と様々なゲノムの特徴の関係について調査を行った。オオノログのペアを保存的・非保存的に分類し、オオノログそれぞれのゲノム上の分布を調べたところ、ゲノム領域ごとに分類したオオノログの分布に偏りが観察された。さらに、当該領域に特徴的な性質を調査した結果、非保存的なオオノログの周辺領域でのみ観察されるゲノム特性を複数見出した。本シンポジウムでは、これらの結果をもとに WGD 後の脊椎動物ゲノム進化について議論したい。

## S09-1

### Introduction of this symposium

斎藤成也

遺伝研・琉球大学医学部

Hans Winkler が1920年にゲノム概念を提唱してから、今年でちょうど百年である。それを記念して、このシンポジウムを企画した。さまざまな生物のゲノムを研究している5人の研究者が、自身の研究成果を発表する。

## S09-3

### The genome of *Toxicodendron vernicifluum*, Japanese lacquer tree, reveals the secret of urushi production 漆を作る遺伝子を探す—ウルシのゲノム解析

菅裕<sup>1</sup>、石崎陽子<sup>2</sup>、椎名隆<sup>2</sup>

<sup>1</sup>県立広島大・生命環境、<sup>2</sup>摂南大・農

漆は日本古来の塗料であり、古くから仕器のコーティングの塗料や接着剤として用いられてきた。縄文時代の遺跡から、お椀や櫛などが往年の姿を保ったまま出土することもあり、その堅牢さと美しさは広く知られている。しかし現在、日本で消費される漆の九割以上は国産ではなく、安価な中国産である。質の良い漆を安定的に利用できるようにするため、国産漆への回帰が叫ばれるようになって久しい。文化庁からは、5年前、国宝・重要文化財建造物の保存修理については全て国産漆を使うという目標が出されているが、今も漆の供給を国外に頼る状況に変化はない。この状況の改善に生命科学が少しでも貢献できないかと考え、ウルシ(*Toxicodendron vernicifluum*)のゲノムとトランスクリプトーム解析を行っている。現在ほぼ解読作業を終え、ウルシが漆を出すのはどのような仕組みによるものなのかという謎に迫ろうとしている。解析計画と現時点での成果を紹介したい。

## S09-2

### Evolutionary history of wasabi based on whole chloroplast genome sequences 葉緑体ゲノムからみたワサビの来た道～100万年の進化と起源の謎に迫る

山根京子

<sup>1</sup>岐大・応生

日本のワサビ属植物が形成された進化的な歴史を明らかにすることを目的として葉緑体ゲノムの全塩基配列を解読した。大陸の近縁野生種との比較解析を行い検証したところ、栽培ワサビを含む日本のワサビ属植物は、少なくとも約130万年前に大陸のワサビ属植物から分化したことがわかった。日本のワサビ属植物は日本列島形成後、氷河期時代に大陸と陸続きになった際移入してきた集団に由来すると考えられ、北方系の祖先種由来ではないことが明らかになった。こうした大陸からの移入は氷河期のタイミングで複数回生じていた可能性が高く、日本列島は東アジアのワサビ属植物におけるデッドエンドにあたると思われる。このようにして、日本列島がワサビ属植物における遺伝的多様性のふきだまりとなっていた可能性と、辛味関連成分の多様性との関係について、最新のデータとともに検証する。

## S09-4

### Mitochondrial genome sequence analysis of fairy shrimp in Japan キタホウネンエビのミトコンドリアゲノム

北野 誉

茨大・院理工

節足動物門鰓脚綱無甲目に属するキタホウネンエビ類は、積雪地において春先の雪解けによってできる一時的な水たまり(融雪プール)の中で孵化し成長して産卵する。融雪プールが干上がった後は、耐久卵の状態で次の季節を待つ。近年まで、日本では、北海道の石狩砂丘と青森県の下北半島の限られた地域においてのみ、キタホウネンエビ(*Eubranchipus uchidai*)の1種の生息が知られていた。2018年に、北海道の知床半島からシレットコホウネンエビ(*E. asanumai*)、山形県の鳥海山麓からチョウカイキタホウネンエビ(*E. hatanakai*)が新たに発見された。本発表では、これらの種のミトコンドリアゲノムおよび核ゲノムの遺伝子を用いた系統解析について紹介する。

## S09-5

### Tracing human migration to Japan using *Helicobacter pylori* ピロリ菌ゲノムから探るヤポネシア人の由来

○鈴木留美子<sup>1,2</sup>、山岡吉生<sup>2</sup>、斉藤成也<sup>1</sup>

<sup>1</sup>遺伝研、<sup>2</sup>大分大学医学部

Infection with *Helicobacter pylori* occurs mainly among family members and transmits vertically. Therefore, this bacterium can work as a marker for tracing the host human migration. We found two distinctive groups of *H. pylori*, hspOkinawa and hpPaleoEAsia, in Okinawa and investigated their origin using the bacterial genome data. HspOkinawa diverged from other East Asian groups about 20,000 years ago, while hpPaleoEAsia had unexpected relatives in Afghanistan, Punjab, and Nepal, and its sub-branch diverged approximately 45,000 years ago. This suggests that Paleolithic migrants traveled from the central area of the Eurasian continent to the east end of Asia, and that the host of hspOkinawa came after that of hpPaleoEAsia but before the Yayoi people, who later spread all over Japan. We also analyzed *H. pylori* isolated from Ainu, northern aboriginal Japanese. The Ainu strains clustered with that of aboriginal North Americans. These results tell us complex history of human migration to Japan.

## S10-1

### Factors affecting the spreading of plasmids among different bacteria 様々な微生物間におけるプラスミドの伝播現象に影響を及ぼす因子の探索

新谷政己

静大・院総合科技、静大・グリーン研、理研・BRC-JCM

プラスミドは微生物間を接合伝達によって移動し、受け取った微生物(=宿主)内で複製されることで、宿主の進化・適応を促す遺伝因子である。従って、どのプラスミドが、どのくらいの頻度で、どの微生物に移動し、複製されるのか、という情報は、微生物の進化機構を理解する上で極めて重要な情報となる。我々は、どのような因子がプラスミドの伝播現象に影響するのか探索している。これまでに、微生物が生息する環境が固体表面か液体内かによって、また液体内に二価の陽イオンが含まれるかどうかによって、プラスミドの接合伝達の可否や頻度が異なることを示してきた。また微生物の種類によっては、プラスミドを受け取った後、それを複製できない場合も見出した。講演では、最近、国内の環境試料から収集した、広宿主域プラスミドとして知られる IncP-1群や IncPromA 群というグループのプラスミドについて、その伝播現象に影響する因子の最新情報についても発表する。

## S09-6

### Evolution and function of retrotransposon derived genes in mammalian genome 哺乳類ゲノムに内在するウイルス様配列の進化と機能

○上田真保子<sup>1</sup>、Kirill Kryukov<sup>2</sup>、三橋里美<sup>3</sup>、三橋弘明<sup>4</sup>、中川草<sup>5</sup>

<sup>1</sup>東京医科歯科・助教、<sup>2</sup>遺伝研・特任准教授、<sup>3</sup>東京医科歯科・准教授、<sup>4</sup>東海大・准教授、<sup>5</sup>東海大・講師

哺乳類ゲノムの約10%はレトロトランスポゾンであり、その大部分はジャンク DNA とされる。しかし近年、一部の配列が組織の発生や疾患発症に関わることや、哺乳類や霊長類に特異的なレトロトランスポゾンに由来する遺伝子の存在が明らかになってきた。これらの遺伝子は、哺乳類進化に寄与してきた可能性があるにもかかわらず、網羅的な特定はほとんどなされてこなかった。そこで、我々はレトロトランスポゾンの一種である内在性レトロウイルスに着目し、様々な大規模機能データと比較することで、遺伝子として機能する可能性のある配列を特定した。また、これらの配列の哺乳類ゲノム間での比較解析や、実際に機能を持つ遺伝子の特定などに取り組んでいる。哺乳類ゲノムで遺伝子になる可能性を持つレトロトランスポゾンの特徴や進化、またその機能の可能性について紹介したい。

## S10-2

### Predicting plasmid host range from DNA sequence data DNA 配列データからプラスミドの宿主域を予測する

○鈴木治夫<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>慶大・環境情報、<sup>2</sup>慶大・先端生命研

細菌の染色体外 DNA であるプラスミドは、宿主細菌に様々な機能(抗菌薬耐性、病原性など)を付与する。プラスミドの宿主域は、細菌の進化と環境適応を理解する上で重要な情報を提供し得る。我々は、公共データベースのゲノム DNA 塩基配列を用いて、様々な細菌のプラスミドと染色体との間の塩基組成(k-mer 頻度)を比較した。プラスミドは、既知の宿主の染色体に塩基組成がより類似する傾向を示したことから、宿主の塩基組成を獲得したこと(amelioration)が示唆された。また、狭宿主域プラスミドに比べ、広宿主域プラスミドは、より多様な細菌の染色体に塩基組成が類似していた。さらに、接合実験により決定された宿主細菌属は、他の細菌属と比較して、プラスミドに染色体の塩基組成がより類似する傾向を示した。以上の結果に基づいて、DNA 配列情報からプラスミドの宿主域を予測することが可能かを議論する。

## S10-3

### How essential plasmids and bacteria have co-existed during evolution 必須遺伝子の存在するプラスミドとバクテリアは進化の過程でどのように共存してきたか

○按田瑞恵<sup>1</sup>、山内駿<sup>1</sup>、岩崎渉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東京大・院理

rRNA オペロン (*rrn*) は、バクテリアゲノムで最大のレプリコンである主染色体に存在することが常識とされてきた。発表者らは近年、そうした従来の常識に従わないバクテリア、すなわち、*rrn* を主染色体に持たずに高コピープラスミド上にのみ持つバクテリアとして、プロテオバクテリア門 *Aureimonas ureilytica* を発見した。この *rrn*-plasmid には、プラスミド複製開始タンパク質をコードする *repA* 遺伝子と tRNA 遺伝子の挿入された *rrn* が存在するものの、プラスミドの分配に関わる遺伝子は見つからず、確率的に分配されることが示唆されている。娘細胞に分配されないリスクを抱えながら、*rrn*-plasmid とバクテリアは進化の過程でどのように共存してきたのだろうか？この問いに答えるために、本発表では、同様のゲノム構成を持つバクテリアとして新たに発見した2つの単系統群の例も併せて紹介し、特にレプリコンと遺伝子のコピー数に着目しながら議論したい。

## PA-1

### Mechanisms for evolving pathogenicity in the wheat rust fungi suggested by genus-wide comparative genomic analyses

○Ayako Tsushima<sup>1</sup>, Rebecca Doherty<sup>1</sup>, Sarah Holdgate<sup>2</sup>, Grzegorz Czajowski<sup>3</sup>, Paweł Czembor<sup>3</sup>, Diane G.O. Saunders<sup>1</sup>

<sup>1</sup>John Innes Centre, <sup>2</sup>National Institute of Agricultural Botany, <sup>3</sup>Plant Breeding and Acclimatization Institute - National Research Institute

Wheat rusts pose one of the greatest threats to global wheat production. Due to the significant damage they cause, the three causal fungal species (*Puccinia graminis*, *P. striiformis*, and *P. triticina*) have been subjected to various analyses to reveal their genetic diversity. However, most studies have only focused on comparisons within individual species. Thus, the genetic diversity across genera has been unclear despite its importance to understanding the differences in their survival strategies. To address this, we analysed single nucleotide polymorphisms (SNPs) across 188 isolates from all three wheat rust pathogens. This revealed that *P. triticina* has notably fewer SNPs than the other wheat rust pathogens, although like the other species it displayed a great deal of variation in pathogenicity. This result suggests that *P. triticina* may evolve pathogenicity via a unique mechanism other than acquiring point mutations. Our study provides new insights into the adaptation of these important phytopathogens that will be useful in developing better informed management strategies.

## S10-4

### Discovery of non-conjugative integrative element moving as if an IS element: bacterial new transposon family IS のように動く非接合型インテグレートイブ・エレメントの発見

Idola Desmila<sup>1</sup>、森宙史<sup>2</sup>、永田裕二<sup>1</sup>、野中里佐<sup>3</sup>、  
○矢野大和<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・院生命、<sup>2</sup>遺伝研、<sup>3</sup>尚絅大・生活科

トランスポゾンとは、細胞が自然に持つ変異原であると同時に、遺伝子水平伝播にも深く関わり、生命進化の原動力となっている。私たちは、ある海洋細菌と大腸菌の接合実験を行ったことがきっかけで、(1)チロシンリコンビナーゼをコードする新しいタイプの非接合型インテグレートイブ・エレメント(トランスポゾン)が細菌の染色体やプラスミドに潜り込んでいること、(2)それらが「自身のコピーを供与レプリコンに残した状態で、その環状分子コピーを作り出し、それを標的レプリコンに挿入する」という、一部の IS が用いる copy-out-paste-in 様式での転移を行うことを発見した (Nonaka et al., PLoS ONE 2018(一部発表))。データベースサーチの結果、本トランスポゾンの宿主は Gammaproteobacteria 綱細菌に限られていることが判明した。本セッションでは、演者が過去に行っていた細菌プラスミドの宿主適応実験の研究成果に加えて、この新しいトランスポゾンファミリーの多様性について得られた知見を報告する。

## PA-2

### Integrative analysis on human structural variants reveals putatively adaptive loci with unusual population differentiation

○SAITOU, Marie.<sup>1,2</sup>, MASUDA, Naoki.<sup>3,4</sup>, GOKCUMEN, Omer.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dept. of Biological Sciences, University at Buffalo, State University of New York, Buffalo, <sup>2</sup>Currently at Dept. of Medicine, University of Chicago, <sup>3</sup>Department of Mathematics University at Buffalo, State University of New York, Buffalo, NY <sup>14260\_2900</sup>, USA <sup>4</sup>Computational and Data-Enabled Science and Engineering Program, University at Buffalo, State University of New York, Buffalo, NY <sup>14260\_5030</sup>, USA

Structural variants have a large impact on human genomic diversity. However, their evolutionary history remains largely unexplored. We developed a new method to identify potentially adaptive variants based on network analysis that incorporates allele frequency data from 26 populations.

Our integrated method identified the 577 structural variants that show high population differentiation. Among them, we found 20 variants were associated with GWAS traits. We also conducted neutrality tests and found several putatively adaptive loci with functional impact.

The highlights from our dataset include an intronic deletion in DAP3 gene, which is common only in African populations, shared with the Denisovan genome, and is significantly associated with abundance of white blood cells. Another interesting variant that we identified is the PCC intronic deletion, which was likely swept to higher allele frequency in East Asian populations and is associated significantly with bilirubin levels as well as Neuroticism.

Overall, our study sheds light on the evolution of structural variants in human populations by providing methodological insights for future studies and identified dozens of putatively adaptive structural variants.



## P<sub>A</sub>-3

### Detection of Long Branch Attraction in phylogenetic trees using machine learning 機械学習を用いたLBAの検出

○呉耀慶<sup>1</sup>、堀池徳祐<sup>2</sup>

<sup>1</sup>静岡大・院総合、<sup>2</sup>静岡大・農

分子系統推定を行った際に誤った樹形が導かれることがあるが、その原因の1つにLong Branch Attraction(LBA, 長枝誘引)がある。しかしLBA系統樹を高い精度で判別する方法はまだ開発されていない。そこで我々は先行研究において長枝の設定値を長く設定したモデル系統樹を基に進化シミュレーションし、得られた配列データを用いて系統樹を推定した。その結果、長枝を長く設定するほどLBAが発生しやすくなることが確認された。しかし、もともと長枝同士が近隣に存在するモデル系統樹から作成した配列データの系統樹と、長枝が離れているモデル系統樹を基に作成した配列の系統樹がLBAによって同じトポロジーの系統樹になった場合との区別がつけられなかった。そこで本研究では、それぞれの条件での進化シミュレーションを行い得られた配列データから系統樹を再構築し、その樹形及び枝長を記録し、教師有学習による機械学習による判別を試みた。現在は使用する特徴量の検討を行い、精度の高い判定ができるよう改良中である。

## P<sub>A</sub>-5

### Target capture to reveal bitter taste receptor gene repertoire in dietarily divergent cercopithecoid monkey

#### 食性の多様なオナガザル科に対するターゲットキャプチャーを用いた苦味受容体遺伝子レパートリーの解明

○Min Hou<sup>1</sup>, Masahiro Hayashi<sup>1</sup>, Ryuichi Ashino<sup>1</sup>, Amanda D. Melin<sup>2</sup>, Shoji Kawamura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grad. Sch. Frontier Sci., Univ. Tokyo <sup>2</sup>Dept. Anthropol. Archaeol. & Depart. Med. Genet., Univ. Calgary

Previous studies have revealed evolutionary divergence of the bitter taste receptor gene (TAS2R) repertoire in mammals, including primates, using publicly available whole genome sequence (WGS) data. Cercopithecoid (African and Asian) monkeys are an excellent subject for studying adaptive evolution of bitter sensation because they have diverged into folivores (colobines) and omnivores (cercopithecines). However, only a few genera have been studied in this context. Dependence on WGS data is also potentially problematic due to its inherent incompleteness especially for multigene families such as TAS2Rs. We employed the target capture (TC) method specifically probing TAS2Rs followed by massive-parallel sequencing for 9 cercopithecoid species. We show that TC is far more effective than WGS in retrieving gene sequence and distinguishing intact and disrupted genes. We find bitter taste gene composition differs among the species. Further studies are required to investigate whether difference of gene composition result in difference of receptor sensitivity and behavioral reactivity to bitter compounds.

## P<sub>A</sub>-4

### Evolutionary mechanisms of temperature adaptation through alternative splicing in circadian rhythmic genes

○Sheetal Agarwal<sup>1</sup>, Koichiro Tamura<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Dept. of Biol. Sci., Tokyo Metropolitan University, <sup>2</sup>RCGB, Tokyo Metropolitan University

Circadian rhythm is the universal process for all living organisms supported by transcriptional and post-translational regulatory processes. Mutation in the gene, timeless (tim), shows arrhythmic behavior, which indicates that tim is necessary for rhythmic behavior. Previous studies showed that different isoforms of tim give different gene expression patterns for circadian rhythm through alternative splicing, which is a temperature-sensitive mechanism. The circadian rhythm should be conserved among *Drosophila* species during their evolution if it is necessary for their survival. In contrast, tropical and temperate adapted *Drosophila* species showed a difference in light and dark activities, suggesting it is environment-dependent. Since *Drosophila albomicans* has expanded its distribution from tropical Southeast Asia towards the temperate region recently, it is interesting to investigate how the expression pattern of tim has undergone evolutionary changes during the distribution expansion of *Drosophila albomicans*. The results will be useful for a better understanding of evolutionary mechanisms of temperature adaptation at the gene level.

## P<sub>A</sub>-6

### Genetic diversity of olfactory receptors among human populations

#### ヒト嗅覚受容体遺伝子レパートリーの民族・生業による多様性の検討

○Muhammad Shoaib Akhtar<sup>1</sup>, Ryuichi Ashino<sup>1</sup>, Yoshihito Niimura<sup>2</sup>, Kazushige Touhara<sup>2</sup>, Amanda D. Melin<sup>3</sup>, and Shoji Kawamura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grad. Sch. Frontier Sci., Univ. Tokyo, <sup>2</sup>Grad. Sch. Agricult. Life Sci., Univ. Tokyo <sup>3</sup>Dept. Anthropol. Archaeol. & Dept. Med. Genet., Univ. Calgary

The human genome contains roughly 400 intact and 440 pseudogenized olfactory receptor genes. The intact/pseudogene composition of the entire OR gene family among human populations remains poorly documented and understood. We employed a target capture approach, probing 554 OR genes followed by massive-parallel sequencing to study 18 ethnic groups from Africa, Europe and Asia, comprising 401 individuals with diverse historical subsistence. 501 intact and pseudogenized OR genes based on human reference genome (hg38) and 53 OR genes from chimpanzee genome (Pantro3.0), absent in the hg38 assembly, were sequenced. We also sequenced 156 sequences as a neutral reference. Mean coverage of ORs sequenced after target capture was 295X, much higher than whole-genome-sequencing and whole-exome-sequencing and target capture improves intact/pseudogene distinction. Similarly, mean variant depth was found to be 103X, statistically significant difference from the 1000 Genomes Project. The current study reveals a diversity of olfactory receptor repertoire among different ethnic groups over the globe and contributes new data to understanding its variation.

## P<sub>A</sub>-7

### Development of program for constructing ortholog dataset using taxonomic information 系統分類情報を利用したオーソログデータセット作成プログラムの開発

○渡邊知輝<sup>1</sup>、吳耀慶<sup>2</sup>、堀池徳祐<sup>3</sup>

<sup>1</sup>岐阜大・院連農、<sup>2</sup>静岡大・院総合、<sup>3</sup>静岡大・農

近年、全配列情報が利用可能な生物種数が急激に増加したことでオーソログの連結配列を用いた種の系統解析が広く行われるようになった。系統解析用のオーソログデータセット作成においては、系統解析の妨げとなるアウトパラログをデータセットから除くことが重要であるが、特に遺伝子重複後に一方の遺伝子が欠失したことで生じる隠れアウトパラログについては自動での除去が困難であった。そこで当研究室の先行研究により、隠れアウトパラログについても除去可能な初のオーソログデータセット作成プログラム「Ortholog Finder」が開発された。本研究では Ortholog Finder の精度を向上させるための各種改良を行った。また配列進化シミュレーションプログラムにより生成した配列を対象に、Ortholog Finder 及び他のオーソログデータセット作成プログラムによるオーソログ推定を行い再現率や適合率等を比較・評価した。

## P<sub>A</sub>-9

### Functional diversity based on the domain evolution of polynucleotide kinase Clp1 revealed by large-scale molecular evolutionary analysis 大規模分子進化解析によって明らかとなる Clp1 のドメイン進化に基づく機能の多様性

○齋藤元文<sup>1</sup>、佐藤朝子<sup>2</sup>、富田勝<sup>1</sup>、金井昭夫<sup>1</sup>

<sup>1</sup>慶大院・政策メディア・先端生命研、<sup>2</sup>慶大・先端生命研

Clp1 is a polyribonucleotide 5'-hydroxyl-kinase (PNK) that is found in eukaryotes. They are known to be involved in pre-tRNA splicing and mRNA 3'-end formation. However, our knowledge of how these Clp1 family proteins evolved and diversified is limited. Recently we detected 3,557 Clp1 family proteins in the three domains of life, Eukarya, Archaea, and Bacteria (Ref). In the orthologous proteins of Clp1, prokaryotes were composed solely of the PNK domain, whereas eukaryotic protists (Alveolata) acquired the N-terminal domain with the PNK domain. In addition, the majority of Clp1 in Viridiplantae, Fungi, and Metazoa acquired the similar N- and C-terminal domains, along with the PNK domain. Some of them acquired either the N-terminal domain or the C-terminal domain in conjunction with the PNK domain. We speculate that the acquisition of the N and C-terminal domains of Clp1 during eukaryotic evolution led to functional diversification and a change in the specificity of the substrate for phosphorylation.

## P<sub>A</sub>-8

### Frequently observed convergent evolution by either protein divergence generated by transcription starting sites (TSS) shifts or by gene duplication under red-light response in three plants

○江副晃洋<sup>1</sup>、牛島 智一<sup>2</sup>、岡義人<sup>3</sup>、金載旭<sup>3</sup>、Zhang Ping<sup>4</sup>、You-Liang Cheng<sup>4</sup>、Shih-Long Tu<sup>4</sup>、鈴木穰<sup>5</sup>、白井一正<sup>1</sup>、松下 智直<sup>3</sup>、花田耕介<sup>1</sup>

<sup>1</sup>九工大・情工、<sup>2</sup>摂南大・農、<sup>3</sup>京大・院理、<sup>4</sup>Academia Sinica・IPMB、<sup>5</sup>東大・院新領域

Transcription starting sites (TSS) shift in a gene locus produce different proteins which play essential roles for red-light response in Arabidopsis. To address the functional conservation by TSS shifts among different plant species, we extensively determined TSS shifts under red-light responses in Arabidopsis, tomato and rice. However, TSS shifts tended to be significantly less conserved than transcriptional changes. In each of species, diversified proteins led by TSS shifts tend to be singleton genes. Nevertheless, singleton genes regulated by TSS shift in a species tend to be duplicated in the other species' orthologs, indicating that the convergent evolution by TSS shift or gene duplication had occurred lineage-specifically in orthologous genes. We furthermore found that divergent protein led by TSS shifts induced the same functional roles led by gene duplication under red-light response among different plant species.

## P<sub>A</sub>-10

### Novel plasmids isolated from natural environmental samples using Replication-Cycle Reaction Replication-Cycle Reaction 法による環境試料中の環状 DNA の検出とその塩基配列の解読

○森光矢<sup>1</sup>、奈良聖亜<sup>2</sup>、末次正幸<sup>2</sup>、金原和秀<sup>1</sup>、新谷政己<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>静大・院総合科技、<sup>2</sup>立教大・院理、<sup>3</sup>静大・グリーン研

プラスミドは微生物の進化・適応に深く寄与する染色体外遺伝子である。実環境中にもどのようなプラスミドが存在するのか明らかにするには、メタゲノム配列を解読する方法がとられるが、既存の配列に大きく依存するため、未だ不明な点が多い。そこで我々は、環境試料中から、プラスミド DNA を網羅的に検出・収集する方法の確立に取り組んでいる。土壌や牛糞堆肥、活性汚泥等の資料から、一般的な全 DNA またはプラスミド DNA 抽出を行った後、Replication-Cycle Reaction 法によって環状 DNA のみを増幅させ、その増幅産物の配列の解読を試みた。その結果、活性汚泥を環境試料として用いた場合、2-40 kb の複数の環状 DNA が検出され、その中には唯一データベース上に登録された pRGRH0632 (accession number: LN853259.1) と類似の配列をもつと推定されるプラスミドが存在した。現在は、活性汚泥より得られた増幅産物の全塩基配列の解読、および他の環境試料からの完全長プラスミド配列の取得を試みている。

## P<sub>A</sub>-11

### Comparisons of complete nucleotide sequences of IncPromA-group plasmids 異なる IncPromA 群プラスミドの全塩基配列比較

○山本雪絵<sup>1</sup>, 早川雅也<sup>1</sup>, 森内良太<sup>2</sup>, 道羅英夫<sup>2</sup>, 新谷政己<sup>1,2</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技 Glad. Sch. Shizuoka Univ.

<sup>2</sup>静大・グリーン研 Shizuoka Univ. RIGST.

プラスミドは、異なる微生物間を水平伝播して微生物の急速な進化・適応を促す遺伝因子である。我々は、従来ほとんど知られていなかった、広宿主域の IncPromA 群プラスミドを、種々の環境試料から複数取得してきた[1]。本研究では、取得した本群のプラスミド28本の全塩基配列を決定し、その遺伝子構成について詳細に比較した。その結果、異なる環境より得られたプラスミドであるにもかかわらず、サイズ、遺伝子構成は極めて類似しており、本群に固有の24の遺伝子の比較から、4種のサブグループに分類できた。また、複製、維持、接合伝達に寄与する以外の既知遺伝子は見出されなかった。ごく最近の研究報告の結果[2]を考慮すると、本群のプラスミドは一過的に遺伝子群を運んでいる可能性がある。現在、異なるサブグループに属するプラスミドの接合伝達頻度を比較するとともに、コピー数も比較している。

1) Yanagiya et al., 2018, Front. Microbiol. 9:2602.

2) Werner et al., 2020, Front. Microbiol. 11:149.

## P<sub>A</sub>-13

### Comparison of Host Range of Plasmids with Different Base Composition Belonging to the Same Incompatibility Group 同一不和合性群に属する塩基組成の異なるプラスミドの宿主域比較

○徳田真穂<sup>1</sup>, 鈴木治夫<sup>2</sup>, 雪真弘<sup>3</sup>, 大熊盛也<sup>3</sup>, 水口千穂<sup>4</sup>, 野尻秀昭<sup>4</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>, 新谷政己<sup>1,3,5</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技, <sup>2</sup>慶大・環境情報, <sup>3</sup>理研・BRC-JCM, <sup>4</sup>東大・生物工学セ, <sup>5</sup>静大・グリーン研

プラスミドは接合伝達によって微生物間を移動し、微生物の進化・適応に寄与する可動性遺伝因子である。近年、宿主染色体とプラスミドの塩基組成が類似するという特徴から、プラスミドが過去に宿主としてきた細菌の種類を予測する試みがなされてきた。本研究では、接合実験で得た宿主の情報を基に、プラスミドの宿主をより高精度に予測する手法の開発を目指している。同一不和合性群に属し、塩基組成(GC 含量, 連続塩基の出現頻度)の異なる2本のプラスミドと、環境試料中の微生物群集との接合実験によって宿主域を決定した。その結果、同じ不和合性群に属するにもかかわらず、各々のプラスミドについて、一部種類(属)の異なる接合完了体が得られた。本発表では、公的データベース上の細菌染色体の完全長ゲノム配列のうち、上記の接合実験で得られた接合完了体と同属のものを選び、その塩基組成を2本のプラスミドの塩基組成と比較した結果について報告する。

## P<sub>A</sub>-12

### Novel IncP-1 plasmids exogenously captured from environmental samples 環境中からの新規 IncP-1 群プラスミドの取得

○金子健成<sup>1</sup>, 中道孝一郎<sup>1</sup>, 森内良太<sup>2</sup>, 道羅英夫<sup>2</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>, 新谷政己<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技 Glad. Sch. Shizuoka Univ. <sup>2</sup>静大・グリーン研 Shizuoka Univ. RIGST.

異なる微生物間を接合伝達によって移動するプラスミドは、宿主に新たな形質を付与し、微生物の進化・適応を促進する。しかし、環境中のどこに、どのような接合伝達性のプラスミドが存在するのかについては不明な点が多い。そこで、本研究では、自己伝達能、または抗生物質耐性を指標としたプラスミドキャプチャリングにより、全国各地の環境試料からプラスミドを収集し、それらの全塩基配列を解読した。その結果、よく研究されている IncP-1 群というプラスミドグループに属するものの、既知のものとは分子系統的に大きく異なる新規 IncP-1 群プラスミドを、河川や湖沼底泥、下水処理場の活性汚泥から8本取得した。そのうち5本は、テトラサイクリンやアミノグリコシド系抗生物質に対する耐性遺伝子を搭載し、その伝播に寄与していることが示唆された。現在、これらのプラスミドについて、PCR-サザンプロット法を用いた種々の環境試料における分布調査を進めている。

## P<sub>A</sub>-14

### Functional investigation of *trbO* gene in IncP-1 group plasmid IncP-1 群プラスミドにおける *trbO* 遺伝子の機能解析

○山田亮<sup>1</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>, 新谷政己<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技, <sup>2</sup>静大・グリーン研

可動性遺伝因子であるプラスミドは、接合伝達によって異なる微生物間を伝達し、微生物の進化・適応に寄与している。IncP-1 群に属するプラスミドには、接合伝達に寄与する遺伝子が *tra* と *trb* オペロン上に存在している。我々は、*trb* オペロンの最下流域に存在する *trbO* 遺伝子の有無により、IncP-1 群プラスミドの維持や接合伝達機構に変化が生じる現象を見出した。本研究では、プラスミドの接合伝達機構の研究において、これまで重要視されていなかった *trbO* の機能解明を目指し、その有無によるプラスミドの安定性および接合伝達頻度の違いについて比較した。その結果、*trbO* の欠損により、選択圧非存在下で4回の継代によりプラスミド保持率が3%以下に低下し、受容菌の種類により $10^{-3}$ から $10^{-9}$ 以下への接合伝達頻度の低下が認められた。発表では、IncP-1 群の中で元来 *trbO* が存在しないプラスミドについての実験結果と合わせ、*trbO* の役割や存在意義についても考察する。

## P<sub>A</sub>-15

### Comparisons of transfer frequency between self-transmissible plasmids and mobilizable plasmids

#### 自己伝達性プラスミドと可動性プラスミドの接合伝達頻度の比較

○早川雅也<sup>1</sup>, 山本雪絵<sup>1</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>, 新谷政己<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技, <sup>2</sup>静大・グリーン研

微生物の進化を促す接合伝達性のプラスミドには、自身のみで伝達可能な自己伝達性プラスミドと、自己伝達性プラスミドの存在下で伝達可能な可動性プラスミドがある。いずれのプラスミドも、微生物の進化の過程で淘汰されず残っているが、その存在意義は不明のままである。我々は、自己伝達性プラスミドと可動性プラスミドが同一細胞内に存在する際、それぞれのプラスミドの伝達頻度を比較することで、互いの生存戦略を明らかにしようと試みている。供与菌と受容菌には大腸菌、自己伝達性プラスミドとして、高頻度で伝達し、広い宿主域をもつ IncP-1群と IncPromA 群プラスミド、可動性プラスミドとして pBBR1MCS-5を使用した。その結果、IncP-1群プラスミドを用いた際には、どちらの伝達頻度も同程度であったが、IncPromA 群プラスミドを用いた場合には、自己伝達性プラスミドのみの伝達頻度が10<sup>2</sup>高かった。現在、この違いの原因を明らかにするために、プラスミドのコピー数を比較している。

## P<sub>A</sub>-17

### History of the domestication of foxtail millet (*Setaria italica*)

#### 栽培植物アワの系統化の歴史

○里村和浩<sup>1</sup>, 長田直樹<sup>1</sup>, 遠藤俊徳<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北大・院情

雑穀は、イネと比べて寒冷な地域や貧栄養で乾燥した土壌でも栽培可能であることから、歴史的に世界各地で重用されてきた。日本においても縄文時代には利用されていたが、雑穀類の伝播ルートや集団動態や環境適応の歴史は未だ定かではない。本研究では、日本で歴史的に重用されてきた雑穀であるアワ (*Setaria italica*) に着目して、日本の雑穀がどの地域で栽培されている系統に由来するものかを調査した。アワは約6,000年前に中央アジア～中国地域で栽培化され、世界に拡散されたと考えられている。エノコログサ (*Setaria viridis*) を原種とし、いまだに交雑可能であることからアワの遺伝的多様性は高い。本研究では、エノコログサからの遺伝子流入や祖先多型の影響を考慮しながら、DNA の変異情報を利用して系統関係や遺伝的多様性を評価することを試みた。日本の栽培品種45系統および日本に自生する近縁野生種147系統の ddRAD-seq 解析を行った結果を報告する。

## P<sub>A</sub>-16

### Comparisons of Behaviors of Plasmids Belonging to the Incompatibility Group IncPromA Under Different Temperature

#### 不和合性群 IncPromA 群に属するプラスミドの異なる温度条件下における挙動の比較

○千葉怜碧<sup>1</sup>, 徳田真穂<sup>1</sup>, 雪真弘<sup>2</sup>, 大熊盛也<sup>2</sup>, 金原和秀<sup>1</sup>, 新谷政己<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>静大院・総合科技, <sup>2</sup>理研・BRC-JCM, <sup>3</sup>静大・グリーン研

プラスミドは微生物の進化・適応を促す染色体外因子である。我々の先行研究で取得したプラスミド pSN1104-11, pSN0729-62は同じ不和合性群 IncPromA 群に属する。それにもかかわらず、プラスミド全体にわたって互いのGC含量が約10%程度異なる。この2つのプラスミドのうち、pSN0729-62をもつ大腸菌を37°Cで培養すると、プラスミドが脱落する現象を発見した。そこで本プラスミドの安定性を、選択圧のない条件下、異なる温度で比較したところ、25°C, 30°Cでは安定に維持されたが、37°Cより高い温度では宿主から脱落した。次に本プラスミドの、温度の違いによる接合伝達の可否やその頻度変化を調べるため、*Pseudomonas* 属細菌を供与菌とし、豚糞堆肥由来の微生物群集を受容菌群として、接合時の温度を変えた接合実験を行った。その結果、37°Cにおける接合伝達頻度は30°Cよりも4倍程度高く、また得られた接合完了体の種類も一部異なっていた。従って、pSN0729-62の接合伝達性も温度によって変化する可能性が示された。

## P<sub>A</sub>-18

### Development of a high-throughput genotyping method for self-incompatibility genes in *Petunia*.

#### 野生ペチュニアにおける自家不和合性遺伝子座の網羅的配列解析手法の確立

○前之園大雅<sup>1,2</sup>, 黒沼尊紀<sup>3</sup>, 上原浩一<sup>4</sup>, 渡辺均<sup>3</sup>, 土松隆志<sup>2</sup>

<sup>1</sup>千葉大・理, <sup>2</sup>東大・理, <sup>3</sup>千葉大・環境健康フィールド科セ, <sup>4</sup>千葉大・国際教養

自家不和合性は、被子植物にみられる自家受精を防ぐメカニズムのひとつである。ナス科ペチュニア属における自家不和合性は、花粉管伸長を阻害する雌側因子 S-RNase (細胞毒) と、非自己の S-RNase を認識し分解 (解毒) する雄側因子 SLF からなる非自己認識型のシステムをとる。近年、非自己認識型システムの進化動態が注目を集めているものの、その解明の基礎となる野生集団における自家不和合性遺伝子の配列情報は依然として極めて限られている。本研究では、野生集団における S-RNase および SLF の多様性を把握することを目的に、まず多検体の効率的なジェノタイピング手法の確立を目指した。ナノポアシーケンサーを用いた RNA-seq により、1集団由来の6個体の S-RNase の配列情報を網羅的に取得した結果、7つのアレルが検出された。今後、この手法を利用して集団内の多数のアレルの S-RNase と SLF の配列情報取得を目指す。

## P<sub>A</sub>-19

### Cycle in integral number 整数にみられるサイクル

○荻村英雄

フリー

I found cycle in integral number in my graph number theory. This is the  $n=4$  graph. The graph group contain super triangle complete graph, then  $n=4$  is the first base of the discussion.

The case that  $n=4$  is base,  $n=5,6,7$  are  $n^*=1,2,3$ . The degree of elliptic curve is 3. the numbers 5,6,7 are congruence.

As  $n=7$  graph group contain linking super complete graph, this is second base of this argument.

11 is also congruence,  $n=11$  is  $n^*=4$ .  $n=4$  is first base, it's cycle.

## P<sub>A</sub>-21

### History of a risk allele for diffuse type gastric cancer which attained high allele frequency in the Japanese population diffuse type の胃がんのリスクアレルが日本人で高頻度に至った進化的要因の解明

○岩崎理紗<sup>1</sup>、石谷孔司<sup>2</sup>、神澤秀明<sup>3</sup>、河合洋介<sup>4</sup>、五條堀淳<sup>1</sup>、颯田葉子<sup>1</sup>

<sup>1</sup>総研大・先端研、<sup>2</sup>産総研・生物プロセス、<sup>3</sup>科博・人類、<sup>4</sup>国際医療・ゲノム医科学

rs2294008には、diffuse type の胃がんの高い関連性を示すリスクアレルが存在することが知られている。このアレルは、日本人と近縁集団間で大きな頻度差がある。日本人でリスクアレルが高頻度化した原因を調べるため、リスク及びノンリスクアレルに対して日本人及び近縁集団で正の自然選択の有無を検討した。

漢族では、縄文系統の分岐以前から、ノンリスクアレルを含むサブハプロタイプ全てに正の自然選択が働いていたことがわかった。一方、日本人にはノンリスクアレルを含む1サブハプロタイプのみで自然選択が働いていた。以上のことは、日本人-漢族間で自然選択のターゲットが変化したことを示唆している。

更に、このリスクアレルは縄文系統では高頻度で、リスクアレルを含むサブハプロタイプは縄文系統より一部が派生したことが示唆された。

今後他の人類集団を加え、自然選択のターゲット変化の詳細について更に検討を行う。

## P<sub>A</sub>-20

### The analyses of ancient microbes from Jomon people's DNA 縄文人由来 DNA を用いた古代微生物の配列解析

○西村瑠佳<sup>1,2</sup>、杉本竜太<sup>2</sup>、井上潤<sup>3</sup>、中岡博史<sup>4</sup>、神澤秀明<sup>5</sup>、篠田謙一<sup>5</sup>、井ノ上逸朗<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>総研大・生命科学、<sup>2</sup>遺伝研・人類遺伝、<sup>3</sup>東大・大気海洋研、<sup>4</sup>佐々木研究所・腫瘍ゲノム、<sup>5</sup>科博・人類

古代人骨由来の DNA には、ヒトの配列の他にも感染していたと思われる細菌やウイルスの配列が多く含まれていることが知られている。これら微生物配列に注目し、古代と現代の配列の違いを調べることによって、古代微生物を特徴付けたり進化過程を推測したりすることが可能となる。本研究では、古代サンプルとして縄文人の歯髄由来の全ゲノムシーケンシングデータを用い、古代微生物配列の探索を行った。これによって縄文人に感染していた微生物を同定し、マイクロバイオームの解析を試みた。また、中でも進化速度が速いウイルスに注目することによって、ウイルスの進化速度の推定や系統関係について考察を行った。例えば健康な現代人の口腔内に存在する Siphovirus contig89と相同なウイルスは完全長に近い配列が得られたため、系統解析を行いその分岐年代の推定を行った。本研究より、縄文人サンプルは古代微生物の情報を得るのに適していることが示唆された。

## P<sub>A</sub>-22

### Transcriptomic analysis to reveal evolutionary basis of hermaphroditism in Caenorhabditis nematode 網羅的遺伝子発現解析による Caenorhabditis 属線虫の雌雄同体への進化基盤の解明

○玉川克典<sup>1</sup>、稲田垂穂<sup>1</sup>、大村駿<sup>1</sup>、畑中龍平<sup>1</sup>、星優希<sup>1</sup>、春田奈美<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>、杉本亜砂子<sup>1</sup>、牧野能士<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・院生命

モデル生物である線虫 *C. elegans* は雌雄同体であり、自身の卵と精子による自家受精が可能である。同属のほとんどの線虫が雌雄異体であることから、雌雄同体は雌雄異体から進化したと考えられる。これまでに雌雄同体の発達に関わる多くの遺伝子が明らかにされてきた一方で、雌雄同体への進化に関わる遺伝的要因は明らかにされていない。そこで我々は *C. elegans* とその近縁種で雌雄異体である *C. inopinata* の遺伝子発現を網羅的に比較することで、雌雄同体への進化に関わる遺伝子を探索した。性別と発達段階に着目した解析の結果、雌雄同体で特異的に発現する複数の遺伝子を見出した。その中には雌雄同体の発達に関わる遺伝子だけでなく、生殖腺での発現が確認されているものの機能未知な遺伝子も含まれていた。これらの発現変化は雌雄異体と雌雄同体の差異に関与しており、雌雄同体への進化にも重要な役割を果たしたと期待される。

**P<sub>A</sub>-23****Examining temperature tolerance trade-off in *Drosophila albomicans*  
アカショウジョウバエの低温耐性と高温耐性のトレード  
オフの検証**○秋山茉莉<sup>1</sup>、田村浩一郎<sup>1,2</sup><sup>1</sup>都立大・院理、<sup>2</sup>都立大・生命情報研究センター

アカショウジョウバエは元来熱帯に生息していたが、1980年以降温帯へと生息範囲を急速に拡大した種で、分布拡大に伴い低温耐性を獲得したことが分かっている。その大きな要因は低温順化の効果の向上であり、少なくとも WLI 系統では、*Sdr* 遺伝子の発現上昇による脳内のインスリン受容体の機能阻害が関与することが明らかになっている。モデル生物であるキロショウジョウバエにおいても、*Sdr* の強制発現により低温耐性が向上することが確認された。また、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。そこで、キロショウジョウバエの *Sdr* 強制発現個体の低温耐性と高温耐性を測定し、トレードオフの有無を検証した。

**P<sub>A</sub>-24****Evolutionary diversity of *V1R* genes in basal ray-finned fishes**○西森 みき<sup>1</sup>、張 子聡<sup>2</sup>、二階堂 雅人<sup>3</sup><sup>1</sup>東工大・院 生命理工、<sup>2</sup>東工大・院 情報理工、<sup>3</sup>東工大・准教授 生命理工

フェロモン受容体ファミリーの一つである *V1R* は、陸生脊椎動物では種ごとに多様でコピー数も異なり (0~300 個)、同種認知に用いられていると考えられている (tetrapod *V1R*: *tV1R*)。一方で真骨魚類は分子系統樹上で *tV1R* と明瞭に区別される、高度に保存された *V1R* 遺伝子を6コピーのみ持つ (fish *V1R*: *fV1R*)。これまで、陸生脊椎動物で多様化した *V1R* 遺伝子は進化過程における陸上進出時に獲得されたと考えられてきた。これに対し、我々は先行研究において、シーラカンスが *fV1R* と *tV1R* の両方を持つことを示し、*V1R* の進化的起源が少なくとも肉鰐類の共通祖先まで遡ることを明らかにした。本研究ではさらなる *tV1R* の起源解明を目的とし、広範な魚類ゲノムデータを対象にした *V1R* 遺伝子の探索と分子系統解析、発現解析を行ったのでその内容を報告する。

**P<sub>A</sub>-25****Molecular evolution of teleostean omp genes provides an inferring of the molecular evolution of Ohnologous genes  
魚類の全ゲノム重複前後における OMP 遺伝子の進化解析**○藤崎花美<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup>、長澤竜樹<sup>1</sup><sup>1</sup>東工大・生命理工

全ゲノム重複 (WGD) は、生物多様化の主要な原動力の一つとして考えられている。しかし、WGD を経て遺伝子がどのような進化のパターンを遂げたか、発現領域を含めて明らかにしている研究は一部にとどまっている。本研究では、真骨魚類に特異的に起きた WGD (3R) で倍加したとされる OMP 遺伝子に着目した。ゼブラフィッシュを用いた先行研究では、倍加した2つの OMP 遺伝子が発現領域をそれぞれ嗅上皮と網膜に分化させた可能性が示唆された。OMP 遺伝子の遺伝子配列と発現領域が3R 前後でどのように変化したか、詳細に調べるために広範な真骨魚類を用いて分子系統解析と発現領域解析を行った。その結果、OMP 遺伝子において3R による倍加だけでなく、その後の二次的な欠損など、予想以上に複雑な進化イベントが起きていることがわかった。さらに、OMP 遺伝子は3R 前にも嗅上皮と網膜の両方に発現していることも明らかとなり、嗅上皮と網膜に分化していないことがわかった。

**P<sub>A</sub>-26****Whole genome sequencing analyses of Lake Victoria cichlid, *Haplochromis chilotes*, demonstrate genomic signatures of local adaptation to subpopulations  
ヴィクトリア湖産シクリッド *Haplochromis chilotes* の全ゲノム配列解析による分集団における適応過程の解明**○中村遥奈<sup>1</sup>、畑島諒<sup>1</sup>、相原光人<sup>1</sup>、豊田敦<sup>2</sup>、伊藤武彦<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup><sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>遺伝研

東アフリカのヴィクトリア湖に生息するシクリッドは短期間で形態学的・生態学的に多様な種が爆発的に生じる適応放散を経験している。その種間の遺伝的分化の程度の低さから、生物進化研究のモデル生物として急速な種分化を可能にした遺伝的基盤の解明が進められている。一方で、シクリッドの種内での分集団間における適応に関する研究はほとんどない。本研究では、これまで地域間での体色等の形態学的違いが報告されている *Haplochromis chilotes* に着目し、種内の分集団ごとの適応過程をゲノムレベルで明らかにするために、集団史推定および集団間分化遺伝子の探索を行なった。その結果、分集団間で遺伝的構造や集団サイズの変動パターンが異なることが分かった。また、分集団間の形態学的な違いを反映していると考えられる遺伝子のアリルタイプが集団間で異なることが示されたため、報告する。

## P<sub>A</sub>-27

### A mechanism for parallel evolution on lip thickness of cichlid fishes シクリッドにおける唇肥大化の平行進化メカニズム

○畑島諒<sup>1</sup>、豊田敦<sup>2</sup>、梶谷嶺<sup>1</sup>、伊藤武彦<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>遺伝研

東アフリカ三大湖(ヴィクトリア湖、マラウイ湖、タンガニカ湖)に生息するシクリッド(カワスズメ科魚類)は適応放散や平行進化のモデル生物である。特に「肥大化した唇」は平行進化の好例であり、異なる湖に生息する遺伝的に遠縁なシクリッド間において共通に唇の肥大化が観察されている。本研究では、ヴィクトリア湖に生息する唇の厚い種と通常の種を用いて QTL 解析および発現量比較(RNA-seq、qPCR)をおこなった。その結果、複数ある MAGP4 遺伝子の唇における発現がすべて消失することで唇が肥大化することが示唆された。さらに、この唇の厚い種に特異的な MAGP4 遺伝子の発現消失は三大湖のすべてに共通であり、唇肥大化の平行進化メカニズムであると考えられる。加えて、MAGP4 遺伝子近傍には多数の構造変異が生じていることがゲノム比較により明らかとなった。こうした不安定なゲノム構造によって MAGP4 遺伝子の発現消失が生じ、唇肥大化の平行進化がもたらされたと予想される。

## P<sub>A</sub>-29

### Conserved keratin gene clusters in ancient fishes provides insights for terrestrial adaptation 古代魚において保存されたケラチン遺伝子クラスターと陸上環境適応の関連

○木村 優希<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東工大・生命理工学院

ケラチンは陸上動物の角質層において水分流出防止等の役割の一端を担う。ケラチン遺伝子はゲノム上でクラスターを形成しているが、真骨魚には存在しない。真骨魚類と陸上脊椎動物との比較から、これまで魚が陸上へと進出する段階で遺伝子数の大幅な増加が起きたことが言われてきたが、クラスターが真骨魚類以前、さらに陸上化前の魚でも存在するかは不明であった。本研究では下位条鰭類を含む、脊索動物から両生類までのゲノムデータを解析した。その結果、1) ケラチン遺伝子クラスターは真骨魚類を除く顎口類で保存されており、真骨魚類特異的に失われている 2) 陸上適応能力を持つアミメウナギで増幅しているケラチン遺伝子は両生類の成体表皮で発現する遺伝子と同じく純化選択が緩んでおり、多様化に寄与していることが示唆された。

## P<sub>A</sub>-28

### Genetic diversity of Lake Victoria cichlid fish *Haplochromis* sp. “matumbi hunter” ヴィクトリア湖固有シクリッド *Haplochromis* sp. “matumbi hunter” の遺伝的多様性

○今本南<sup>1</sup>、中村遥奈<sup>1</sup>、相原光人<sup>1</sup>、伊藤武彦<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東工大・生命理工学院

*Haplochromis* sp. “matumbi hunter” (以下マタンビハンター)は、東アフリカ・ヴィクトリア湖の一部に生息するシクリッドで、他のシクリッドの卵と稚魚を捕食する卵・稚魚食者である。マタンビハンターは1996年に発見されて以来、限られた地域でごく少数の個体が確認されてきた。また当研究室による先行研究から、マタンビハンターのミトコンドリア DNA のハプロタイプが多様度が低いことがわかっている。よって、マタンビハンター集団は過去にボトルネックを経験した可能性がある。このボトルネックの有無を検証するため、本研究では本種6個体を含む野生種4種17個体の全ゲノム解析から、マタンビハンターの遺伝的多様性の評価を行った。その結果、マタンビハンターのゲノム全体での塩基多様度の低下が見られた一方で、他種と同程度の塩基多様度を示す領域が存在することも明らかとなった。解析結果から、マタンビハンター集団が経験したボトルネックについて議論を行う。

## P<sub>A</sub>-30

### Transgressive segregations obtained by interspecific cross of salt-tolerant plants 耐塩性植物の種間交雑で得られた超越分離

○伊藤海帆<sup>1</sup>、内藤健<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東大・院新領域、<sup>2</sup>農研機構

*Vigna nakashimae* と *V. riukiensis* は海浜生のマメ科植物で、交雑可能な近縁種でありながら、互いに異なる耐塩性機構を獲得している。*V. nakashimae* は葉への Na<sup>+</sup>流入を防ぐ排除型耐塩性機構を持つものに対して、*V. riukiensis* は葉に多量の Na<sup>+</sup>を蓄積する蓄積型耐塩性機構を持つ。

2種の交雑集団 F<sub>2</sub>を用いて耐塩性試験を実施した結果、その半数以上が両親より強い耐塩性を持つ正の超越分離個体であった。この結果より、2種類の耐塩性機構は同一個体に集積可能で耐塩性に相乗効果があることが示唆された。

これら F<sub>2</sub>個体群の遺伝子型を決定すれば、QTL 解析によって耐塩性関連遺伝子座を決定できる。まずは *V. nakashimae* について *de novo* アセンブルを実施し、最終的に723コンティグ、総塩基長523 Mbp の *V. nakashimae* 配列を作成した。これをレファレンスゲノムに用い、F<sub>2</sub>個体群の GRAS-Di によるジェノタイプングデータから遺伝子型を決定した。最後に、この遺伝子型と前述の耐塩性試験結果から QTL 解析を実施し、耐塩性関連遺伝子座の領域を同定した。

## P<sub>A</sub>-31

### Patterns behind evolution of bacterial metabolic systems revealed by predictive modelling 進化予測モデルで見つけ出すバクテリア代謝系進化の法則性

今野直輝<sup>1</sup>、岩崎渉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院理

生物は突然変異や水平伝播といった偶発的な現象を原動力として、地球上で多様化し続けている。進化は予測可能なか、という問いはこの多様化の過程に異系統間で共通の法則性がどれだけあるのかを知るという観点で重要である。そこで我々はバクテリアの代謝系の進化について、多様な門に属する3171株の系統樹上で生じた遺伝子の獲得/欠失を網羅的に推定し、それらが直前の遺伝子セットの情報からどれだけ予測可能なかをロジスティック回帰モデルを用いて検証した。その結果、代謝関連遺伝子全体として獲得、欠失ともに予測可能性が示された。例えば芳香族化合物の分解経路については、遺伝子機能の依存関係によって獲得の予測可能性が説明できることが示唆された。どのような場合に、そしてなぜ遺伝子の獲得/欠失が予測できるのか？本発表では、ゲノム進化、実験室進化、進化発生学など各分野の知見とあわせて進化予測可能性に関する議論を行いたい。

## P<sub>A</sub>-33

### An overlooked key factor of genome evolution: From molecular mechanisms to microbial dispersion 大規模ゲノム解析で明らかにする遺伝子の「別読み 枠」の特徴と進化的意義～分子から生態まで～

○山内駿<sup>1</sup>、岩崎渉<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院理

ゲノムのタンパク質コード領域には、正規の読み枠に加えて5通りの"別読み枠"が存在する。従来別読み枠は正規読み枠の進化に依存して変化するとされ、別読み枠自体がゲノム進化に影響を与える可能性はほとんど検討されてこなかった。我々は別読み枠の特徴や進化的意義を明らかにするため、バクテリアゲノムを対象に大規模な進化インフォマティクス解析を行ってきた。現在までに、正規読み枠のアミノ酸配列やコドン使用頻度に対する選択圧では説明できないバイアスが別読み枠に生じており、特に一部の読み枠では終止コドンが現れにくいことを明らかにした。また、このバイアスを生じさせる分子機構の推定や、別読み枠のバイアスとゲノムのGC含量・新規遺伝子の獲得頻度・微生物の環境対応能力との相関解析から、別読み枠がゲノム進化学・微生物生態学における重要な知見をつなぐ鍵となる可能性が見えてきた。

## P<sub>A</sub>-32

### De novo virus detection and host prediction using CRISPR adaptive immunological memory CRISPR 免疫記憶を使った新規ウイルス同定

○杉本竜太<sup>1</sup>、西村瑠佳<sup>1,2</sup>、井ノ上逸朗<sup>1</sup>

<sup>1</sup>国立遺伝学研究所 人類遺伝研究室、

<sup>2</sup>総研大 遺伝学専攻

ウイルスは地球上で最も大量に存在する遺伝物質を持った有機体である。ウイルスの進化を理解するには、様々な環境から広範なウイルスゲノムを収集せねばならない。しかしウイルスゲノムは多様であり、既知のウイルスゲノムに依存する既存のウイルス検出方法では全く新規なウイルスがある場合それを検出できない。我々は CRISPR 免疫記憶を利用して新規ウイルスをメタゲノムから検出する方法を開発した。この方法により、crAssphage 等既知のファージ、200 kb 以上の複数の大型ファージ、多数の小型ウイルスを含むおよそ1万の全長ウイルスゲノムをヒト腸内メタゲノムから同定した。特に小型ウイルスの大部分はいずれのデータベースにも登録されていない新規ゲノムであった。本発表では方法の詳細、検出されたゲノムの解析結果と議論、今後の展開を提供する。

## P<sub>A</sub>-34

### Construction of novel draft genomes for six Cuban *Anolis* lizards using the Chromium System and detection of genomic variation during adaptive evolution Chromium システムを用いたキューバアノールトカ ゲ6種の新規ドラフトゲノムの構築と適応進化過程 で起きた遺伝的変異の推定

○金森駿介<sup>1</sup>、Luis M. Díaz<sup>2</sup>、Antonio Cádiz<sup>3</sup>、山口勝司<sup>4</sup>、  
重信秀治<sup>4</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大学、<sup>2</sup>キューバ自然史博物館、<sup>3</sup>ハバナ大学、

<sup>4</sup>基礎生物学研究所

適応進化過程において、どのように変異が生まれ、蓄積し、ゲノムが形作られてきたのか探ることは、遺伝的制約とそれを打破する機構を解明するために重要である。本研究では、Chromium システムを用いて、エコモルフや生息温度環境の異なるキューバのアノールトカゲ6種のゲノムを新規に構築し、既にゲノムが得られている大陸のアノールトカゲ4種と合わせて、進化可能性と関連する遺伝子重複や転移因子の活動について比較解析を行った。その結果、森林よりも開放部に生息する種において重複遺伝子率が高いことがわかった。さらに、キューバからアメリカに渡り、近年、世界各地に侵入しているグリーンアノールにおいて LTR の拡大が起きたことと、生息温度環境の多様性が高いクレードの祖先において LINE の拡大が起きたことがわかった。今後、特定された遺伝子重複や転移因子の挿入のうち、適応進化と関連するものを推定する必要がある。



**P<sub>A</sub>-35****Local adaptation and pseudogenization in Sulawesi macaque species  
スラウェシマカクにおける環境適応と偽遺伝子化**

○荒川那海<sup>1</sup>, Kanthi Arum Widayati<sup>2</sup>,  
Laurentia Henrieta Permita Sari Purba<sup>2</sup>, Xiaochan Yan<sup>3</sup>,  
今井啓雄<sup>3</sup>, Bambang Suryobroto<sup>2</sup>, 寺井洋平<sup>1</sup>

<sup>1</sup>総研大・先端研、<sup>2</sup>ボゴール農科大学、<sup>3</sup>京大・霊長研

ある特定の地域の環境に適応している生物種ではその環境で生きていくのに必須でない遺伝子は偽遺伝子化していると考えられる。しかしそれらをゲノムワイドに調べた研究は少ない。スラウェシマカクはスラウェシ島(インドネシア)に固有に生息し、形態的に異なる7種に分化している。これら7種は異所的に分布しており、各々の生息環境に適応している可能性が高い。本研究では各スラウェシマカク種で偽遺伝子をゲノムワイドに抽出し、生態情報と合わせることで、環境適応がもたらす偽遺伝子化を明らかにすることを目的としている。これまでにスラウェシマカク5種(*M. nigra/nigrescens/hecki/tonkeana/maura*)のエキソン配列を次世代シーケンシングにより決定し、アカゲザル(*M. mulatta*)のゲノムをリファレンスとしてマッピングを行った。現在、このエキソームデータを用いて premature stop codon やフレームシフトにより偽遺伝子化している遺伝子の抽出を行っている。本発表ではこれらの進捗について報告する予定である。

**P<sub>A</sub>-37****Whole Genome Sequence analysis of wild house mouse *Mus musculus* subspecies across Eurasia  
ユーラシア産野生ハツカネズミ (*Mus musculus*) 全ゲノム配列を用いた遺伝的多様性の解明と亜種間比較**

○藤原一道<sup>1</sup>、河合洋介<sup>2</sup>、斎藤成也<sup>3</sup>、長田直樹<sup>1</sup>、鈴木仁<sup>4</sup>

<sup>1</sup>北大・院情報科学、<sup>2</sup>国際医療研究セ、<sup>3</sup>国立遺伝研、  
<sup>4</sup>北大・地球環境

野生のハツカネズミ (*Mus musculus*) は、インド亜大陸を起源とし、約50万年前の短期間に3つの亜種に分岐したと考えられている。現在では南アジア亜種 (*M. m. castaneus* : CAS)、北ユーラシア亜種 (*M. m. musculus* : MUS)、そして西ヨーロッパ亜種 (*M. m. domesticus* : DOM) の3亜種が世界中に広く分布していると考えられている。野生のハツカネズミに関しては、以前よりミトコンドリアゲノムや限られた数の SNP を用いて系統関係が研究されてきたが、未だ解明されていないことが多い。本研究ではハツカネズミ亜種の野生個体について、新規98個体の全ゲノム解析サンプルを用いてその集団動態、系統関係や遺伝的背景を明らかにした。東アジアサンプルは様々な地域において CAS と MUS の交雑個体が広範囲に分布している事が分かった。また先行研究で報告されてきたミトコンドリアゲノムによる3亜種の系統関係とは異なる系統関係が核ゲノムを用いた解析から見られた。

**P<sub>A</sub>-36****Comparison of whole genome sequences of Vero cell sub-lines  
全ゲノム配列を用いた Vero 細胞系列の系統比較**

○小西一弘<sup>1</sup>、里村和浩<sup>1</sup>、遠藤俊徳<sup>1</sup>、花田賢太郎<sup>2</sup>、  
長田直樹<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北海道大学大学院・情報科学院/情報科学研究所、  
<sup>2</sup>国立感染症研究所・細胞化学部

Vero 細胞はアフリカミドリザルの摘出腎臓から樹立された不死化細胞株であり、様々なウイルスに感受性であることからウイルスの研究目的だけでなくウイルスワクチン産生細胞としても利用されている。Vero 細胞には継代の過程において派生した様々な亜株が存在し、亜株間で SARS-CoV の感染増殖能やコロニー形態などが異なることが知られている。しかしながら、このような差を生じる要因は明らかになっていない。本研究では、Vero 細胞亜株間でウイルス感染増殖能の差を生じる遺伝的要因の候補を見つけ出すために、異なる4系統の全ゲノム配列を決定・比較した。本発表ではとくに SARS-CoV の培養によく用いられる Vero E6に着目し、1,449個所の Vero E6特有の変異を検出した。それらの変異の中から、免疫や抗ウイルス作用に関連する遺伝子に存在する変異を探索し、58の遺伝子に存在する98個所の変異を同定した。

**P<sub>A</sub>-38****Comparative transcriptome Analysis to Reveals Candidate Genes for Cold Tolerance in *Drosophila albomicans* at different climate regions**

○Shikha Singh, Tomohiko Kimura, Kotoha Isobe,  
Koichiro Tamura

Dept. of Biol. Sci., Tokyo Metropolitan University

A fruit fly species, *Drosophila albomicans*, has the tropical origin, but currently has a wide geographic distribution to Asian temperate regions. When organisms face a new environmental condition, following climate change or habitat expansion, they must adapt to it 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 the in-depth mechanisms 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 response to know how species adapt to their environmental temperature.

**P<sub>A</sub>-39****Population Genomic Analysis of *Drosophila albomicans* from Taiwan and Japan**

○Sultan Lulecioglu, Yoshitaka Ogawa, Koichiro Tamura

Tokyo Metropolitan University, Department of Biological Sciences

The first record on the presence of *D. albomicans* in Japan is relatively recent (1984). According to previous research by Ohsako et al. (1994), *D. albomicans* population in Japan is likely to be originated from the Taiwan population. Since Japan has a colder climate than Taiwan, we want to explore how colder climate affected the genomic structure of the population during migration from tropical to temperate regions, by comparing the genomes of these two populations.

We conducted population genomic analyses of natural populations of *D. albomicans* from Taiwan and Japan to see genomic signs of adaptation to the colder climate. Finally, we aim to understand the genetic basis of the cold adaptation and the population expansion of *D. albomicans* in Japan.

**P<sub>A</sub>-40****Identification of factor(s) that reduces the fitness costs of plasmid carriage on the host プラスミドの宿主の適応度 (fitness) を変化させる因子の探索と同定**森光矢<sup>1</sup>、○一瀬拓海<sup>2</sup>、金原和秀<sup>1,2</sup>、新谷政己<sup>1,2,3</sup><sup>1</sup>静大・院総合科技、<sup>2</sup>静大・工、<sup>3</sup>静大・グリーン研

プラスミドはその宿主細菌の生き残りやすさ(適応度, fitness)を変化させる遺伝因子であり, プラスミドと宿主は互いに進化をしながら共存してきたと考えられている. しかし, その共進化の実態は不明な点が多い. 我々は, *Pseudomonas putida* KT2440株とその類縁の PpY101株を, 2種の異なるプラスミド(pBP136または pCAR1)の宿主とした場合, 何も選択圧を与えなくても, PpY101株でのみ fitness が増大する現象を見出した. また両菌株の全ゲノム配列の比較から複数の違いが認められた. 本研究では, 認められた違いのうち, プロフェージ領域の有無, *metZ* という遺伝子内の変異に着目し, 双方を欠損させた KT2440株を作製し, この欠損株にプラスミドを導入して, fitness がどのように変化するかを競合試験により評価した. その結果, 欠損株の fitness は, pBP136を有する場合には変化せず, pCAR1を有する場合に増大した. 従って, プロフェージと *metZ* の双方が, プラスミドと宿主が共存していく上で重要な因子である可能性が示された.

**P<sub>A</sub>-41****A pattern of genetic divergence in the genomic regions responsible for the flight ability in a water strider****飛翔能力に関与するゲノム領域にはどのような分化パターンが見られるか?**

田井博登、杉本倅平、大島一正

京都府大・院生命環境

移動能力に多型が見られる場合, その移動能力を支配しているゲノム領域とその他の領域との間には, 地域個体群間での遺伝的分化のパターンに違いは見られるだろうか. セスジアメンボ *Limnogonus fossarum fossarum* は東洋区の熱帯, 亜熱帯に広く分布し, 日本では奄美大島以南の琉球列島に見られる. 本種には飛翔可能な長翅型と, 飛べない微翅型, 無翅型という翅多型が見られ, RAD マーカーを用いた連鎖解析と QTL マッピングにより, 翅型決定に関与するゲノム領域が特定されつつある. そこで本研究では, 翅型決定に関与している可能性があるゲノム領域とその他の領域の RAD マーカー周辺配列を用いた系統樹を比較することで, 翅多型性がゲノムの分化にどのような影響を与えているかを考察する.

**P<sub>A</sub>-42****Rapid evolution of multiple cis-regulatory elements resulting in acquisition of a novel mesoderm specification pathway in euechinoids**

○Nina Levin, Atsuko Yamazaki, Natalia Gogoleva, Shumpei Yamakawa, Yoshiaki Morino, Hiroshi Wada

筑波大学・生命環境

Euechinoid sea urchins have a derived mesoderm specification pathway within the echinoderm phylum, involving the recruitment of *hesC* gene as a novel upstream regulator binding to multiple downstream genes. Overexpression of ancestral-like starfish *hesC* in euechinoid embryos suggested that the ancestral-like *hesC* is capable of functioning similarly as the euechinoid *hesC*. With addition of computational predictions of cis-elements, we hypothesize that rather than the change in *hesC* transcription factor, a rapid evolution of multiple binding sites in downstream genes occurred for recruitment of *hesC*. From preliminary results we hypothesize the presence of an unknown transcription factor that is functionally similar to that of euechinoid *hesC* in the starfish lineage. Presence of such factor can contribute to buffering numerous changes involved with recruitment of *hesC* into its novel regulator position. Uncovering how this switch of regulator position occurred can be beneficial in understanding how developmental pathways buffer multiple changes until triggering more drastic changes such as phenotype.

## P<sub>A</sub>-43

### Pruning of transcription factors and the macroevolution of mammals

趙新威

東京大学

Whether interspecies-level macroevolution has been promoted by the accumulated fine-tuning of cis-regulatory elements or instead triggered by rare but fortuitous events involving trans-acting elements is currently unknown. We analyzed 140,821 de novo-identified transcription factors (TFs) from 96 mammalian species and found that mammals experienced an early, massive loss of TFs approximately 100 million years ago. Dominant transcription factor pruning, rather than gains, promotes interspecies phenotypic diversity. This loss decelerated the molecular evolutionary rates of TF target genes over the long term, which suggests an increase in functional constraints. Evidence based on target-gene expression profiles and their association with life history traits suggests that loss of TFs is strongly correlated with mammalian macroevolution.

## P<sub>A</sub>-45

### Common features of bacteria identified in the International Space Station

渡邊あおい

慶大・先端生命研

近年宇宙開発が盛んになり、国際宇宙ステーション (ISS) を長期的に利用することが増えた。人間と細菌は相互作用しているため、ISS の細菌叢を理解することは、宇宙飛行士の健康を支えるために重要である。

これまでに ISS の細菌叢に関する研究を統合的に分析し、共通する特徴を明らかにした研究はほとんどない。細菌のゲノム構造は、DNA の突然変異と遺伝的浮動と自然選択のバランスを反映し、その系統関係とライフスタイルの情報を提供しうる。そこで本研究では、公共データベースのゲノム配列を用いて、ISS の細菌の特徴を調査した。

結果は、ISS の細菌は複数の分類群 (門) に属したことから、系統的に遠縁でライフスタイルの類似した細菌が集積した可能性が示唆された。また、ISS の細菌属と他の細菌属の GC 含量は、2 群間で平均に差は認められなかったが、二峰性分布を示したことから分類群毎の解析が必要と考えられた。

## P<sub>A</sub>-44

### Characterization of thermo adapted *Escherichia coli* 高温適応進化大腸菌の特性解析

○西広翔, 木所恵利佳, 菅野暢, 小西隆介, 松尾萌, 古倉健嗣, 山内長承, 岸本利彦

東邦大学院理

生物がどこまで進化できるのかは未だ不明な点が多く、実験室進化において種を超える進化はまだ行われていない。我々の高温適応進化大腸菌を構築し、47.9°C における完全適応株を2系統樹立した。この大腸菌株において、サーマルニッチ解析を行った結果、一つの系統は至適増殖温度が45°C以上である高温菌の要件を備えることを確認した。もう一つの系統もほぼ高温菌という結果であった。47.9°C 適応株を含む高温適応進化過程の大腸菌のゲノム解析結果より、変異率を求めた。47.3°C 適応まではゲノム変異率が継続的に上昇し続ける傾向にあったが、47.9°C までの進化過程で変異率が頭打ちになった。CG 含有量解析の結果、両系統で全ゲノムと CDS どちらにおいても CG 含有量は継続的に下降した。現在、この変化が特定のアミノ酸の使用頻度に依存するかの解析を行っている。

## P<sub>A</sub>-46

### Quantification for the genetic and epigenetic effects on mouse allele-specific gene expression and evaluation マウスのアレル特異的遺伝子発現における遺伝的・後成遺伝的効果に関する推定とその検証

○滝澤紘樹, 里村和浩, 遠藤俊徳, 長田直樹

北大・院情報科学

生物の表現型を導く遺伝子型と環境の及ぼす影響は、生体内では遺伝子発現に影響を与える効果として観察できる。その効果には、遺伝的・後成遺伝的効果、あるいは、シス・トランス因子による効果が存在し、それらが引き起こす、アレル間での遺伝子発現の違いをアレル特異的遺伝子発現 (ASE) と呼ぶ。我々は、近交系2系統間の母親と父親を交互に掛け合わせる正逆交雑のデータを利用し、ASE における効果を、制御配列の違いによるアレル型効果 (AT)、アレルの由来する親の性別の違いによる片親起源効果 (PO)、母親の系統の違いによる母系遺伝子型効果 (MG) に分解し、それぞれの効果量の推定を試みた。Allelome 研究計画の公開済データを取得し、近交系2系統の正逆交雑マウスの異なる13組織、7発生段階を含む23サンプルを用いて、遺伝子ごとの効果量の時系列変化について解析を行った。また、異なる系統の母親への移植胚サンプルを用い、MG の効果量推定の検証を行った。

## P<sub>A</sub>-47

**A convergent relaxation of *sox15* among its ohnolog family members implicates its symmetric-asymmetric transition during vertebrate evolution.**

**脊椎動物進化における *sox15* 遺伝子の収斂的リラクゼーション: オオノログ対称性—非対称性進化**

○荻田 悠作、田村 啓、高松 信彦、伊藤 道彦

北里大・理

全ゲノム重複によって生じた重複遺伝子「オオノログ」の分子進化には、対称性進化(冗長、場合によっては機能分担)、非対称進化(新機能獲得あるいは機能喪失・偽遺伝子化)および遺伝子喪失がある。我々は、昨年度の本大会で、脊椎動物祖先の2R-WGDによって生じたオオノログメンバー *sox1*, *sox2*, *sox3*, *sox15* の中で、*sox15* のみに、新機能獲得、偽遺伝子化あるいは遺伝子喪失が収斂的(独立)に起ったことを報告した。本研究では、*sox15* の非対称性の分子進化の解明を目的として、コード領域の進化解析を行い、サメ類・無尾両生類・有羊膜類の独立した3系統で、*sox15* コード領域に選択圧の緩和を検出した。一方、他の系統では、*sox3* と同程度の選択圧下にあることもわかった。これらのことから、*sox15* の収斂的リラクゼーションが対称性から非対称性への転移を誘導した可能性が考えられた。

## P<sub>A</sub>-49

**Ancient origin of human L and M opsin genes predating platyrrhine-catarrhine split**  
**狭鼻猿-広鼻猿分岐前に遡るヒト L-M オプシン遺伝子分化の起源**

○松下裕香<sup>1</sup>、竹崎直子<sup>2</sup>、Amanda D. Melin<sup>3,4</sup>、河村正二<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東京大・新領域、<sup>2</sup>香川大・総合生命科学、<sup>3</sup>Dept. Anthropol. Archaeol., Univ. Calgary、<sup>4</sup>Cumming Sch. Med., Univ. Calgary

ヒトを含む狭鼻猿の3色型色覚において中長波長感受性を担う L と M オプシンは、遺伝子変換による均一化に晒され、遺伝子領域全体を平均すれば高い塩基配列類似性を示す。そのため、全塩基配列を用いて系統解析を行った場合、L/M オプシン分化は種毎や近縁祖先種毎に生じた樹形を示す。しかし一方で、L と M オプシンの吸収波長の違いは自然選択によって維持されている。そこで、本研究では狭鼻猿の L と M オプシン遺伝子間で配列相違性の高い領域のみを選択し、広鼻猿、メガネザル、曲鼻猿も含めて系統解析を試みた。全エクソン及びイントロン配列を収集するために Target capture 法と大規模並列塩基配列決定を行った。その結果、ヒトを含む狭鼻猿の L と M オプシンへの分岐は遅くとも狭鼻猿と広鼻猿の分岐前であることが支持された。

## P<sub>A</sub>-48

**Emergence of complexity in RNA replicators through Darwinian evolution**

**RNA 自己複製体のダーウィン進化による複雑化**

○水内良<sup>1,2</sup>、古林太郎<sup>3</sup>、市橋伯一<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・先進科学、<sup>2</sup>JST・さきがけ、<sup>3</sup>ESPCI Paris

生命の起源において、単純な RNA の自己複製体はいかにして複雑化し、遺伝情報や機能を拡張したのだろうか？理論的には、進化の過程で異なる情報をもつ RNA が次々に出現し、それらが複製ネットワークを形成することで複雑化したと予想されているが、実験的証拠はない。本研究では進化可能な人工 RNA 自己複製システムの長期継代実験を通して、複雑化の直接観察を試みた。本システムでは RNA が複製酵素をコードしており、翻訳を介して自己複製する。一定時間毎に希釈と栄養供給を繰り返し、約1200時間の長期継代を行った結果、元々クローン集団であった RNA は、異なる変異を蓄積した5-7種類の群に分岐した。これまでに、各分岐群は寄生、協力、また高次の相互作用をもって互いの複製に影響し合い、複雑な複製ネットワークを形成していると示唆されている。本発表では、このような原始的複雑化の過程や特徴について、最新の解析結果を報告する。

## P<sub>A</sub>-50

**Phenotypic Evolution in Host-Parasite Interactions**

**ホストパラサイト相互作用での表現型進化**

○西浦直人、金子邦彦

東大総合文化

生物を理解する上で多様性の起源を解明することは重要であり多様性が生じる要因として生物間の相互作用が挙げられる。その例としてここではホストパラサイトの感染と耐性の進化を扱う。遺伝子制御ネットワークによって遺伝子発現が表現された細胞モデルにおいて進化シミュレーションを行った。ホストは複数の遺伝子を持ち各遺伝子の発現量が細胞状態(表現型)を決めるとし、パラサイトとの表現型の距離が近いほど感染を受けると仮定した。パラサイトとの相互作用の度合いに応じてホストの表現型可塑性に先行する種分化や遺伝的多様性が生じることを述べる。ホストが表現型を多様化していく方法として遺伝的な変異とゆらぎを含んだ表現型の可塑性の2つがある。数値実験の結果、相互作用が大きいときホストは発生過程で生じるノイズを利用して表現型の可塑性を進化させることがわかった。本公演では可塑性自体の性質が進化する意義について議論したい。

## P<sub>A</sub>-51

### Phylogeography of terrestrial isopods from Japan inferred from mitochondrial DNA (mtDNA) sequences

#### 日本産ヒメフナムシ属のミトコンドリア DNA 分析に基づく系統地理学的考察

○張替若菜<sup>1,2</sup>、齊藤彩<sup>2</sup>、善本智佳<sup>2</sup>、鈴木仁<sup>1</sup>、山本正伸<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北大・院環境科学、<sup>2</sup>北大・理・地球惑星

日本列島の各地(北海道・青森・仙台・新潟・静岡・山口・愛媛)の土壌より採取された *Ligidium* 属(373個体)において、mtDNA の COI 領域の変異に基づく系統解析を行った。その結果、列島内で大きく異なる複数系統が認められた。北海道では *L. japonicum* と見られる1系統(Hap-a)のみが存在し、集団動態解析で一斉放散のシグナルが認められた。進化速度8.7% /site/million years を用いると最終氷河期後の温暖化時期に一斉放散したと推定された。Hap-a は本州にも稀に存在し、津軽海峡を越えた移動が示唆された。また、西日本の系統では、アジア大陸系統とは大きく異なるものの、類縁性が認められ、日本には極めて古い固有の系統が存在することが判明した。ヒメフナムシ類は列島形成史の理解や近年の集団形成に影響を及ぼした第四紀の環境変動の把握において有用な生物マーカーであると思われる。

## P<sub>A</sub>-53

### Island chronosequence of Hawaiian archipelago and speciation patterns in Drosophilinae 分散能力とハワイ諸島形成過程がショウジョウバエの種分化に及ぼす影響の解明

○綿貫栞<sup>1</sup>、山口諒<sup>2</sup>、田村浩一郎<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>都立大・院理、<sup>2</sup>北大・院先端生命、<sup>3</sup>都立大・生命情報研究セ

ハワイ諸島に生息する多くの生物の種分化は、新しい島が形成されるとその島へ移住し新たな種へと分化するという、島の形成順序に従ったパターンで起こると言われている。しかし、移動分散などによって影響を受けると、このパターンに従わない種分化が起こることも期待される。ハワイ諸島のショウジョウバエの多くの種は、Hawaiian *Drosophila* と *Scaptomyza* に属する。両分類群の固有種率には大きな差があることが分かっており、これは両者の分散能力の差を反映していると予想される。本研究では、固有種率が大きく異なる上記の2分類群のショウジョウバエ種を用い、諸島内での分布や種分化のパターンの比較解析をおこなった。その結果、分散能力が高いとされる *Scaptomyza* で島形成の順序と逆行する種分化が複数みられ、種分化のパターンが分散能力に影響を受けるという仮説を支持した。

## P<sub>A</sub>-52

### Phylogeographic analysis of hybrid weakness in *Capsicum*

#### トウガラシ雑種弱勢における系統地理学的解析

○白柿薫平<sup>1</sup>、横井修司<sup>1,2,3</sup>、手塚孝弘<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>大阪府大・院生命、<sup>2</sup>大阪府大・附属教育研究フィールド、<sup>3</sup>大阪府大・バイオエコノミー研

雑種弱勢は雑種植物が正常に生育しない現象であり、種分化に重要な役割を担う生殖的隔離機構の一つである。トウガラシ雑種弱勢は、*Capsicum annuum* × *C. chinense* および *C. annuum* × *C. frutescens* の正逆交雑で獲得される F<sub>1</sub>雑種で認められ、植物の生育が途中で停止する現象である。この現象の進化的機構の知見を得るために、本研究では、検定交雑による *C. annuum* が持つ雑種弱勢原因遺伝子の地理的分布の調査と36種類のSSR マーカーを使って *C. annuum* の分子系統解析を行った。雑種弱勢原因遺伝子を持つ *C. annuum* は日本原産の42%、日本を除くアジア原産の12%、中南米原産の6%の系統で見つかった。系統解析の結果より、雑種弱勢原因遺伝子は *C. annuum* の一部の中南米原産系統で獲得され、大航海時代に原因遺伝子を持つ系統および持たない系統の両方が世界中に伝来され、世界各地で育種されてきたことが推測された。

## P<sub>A</sub>-54

### Comparison of pelvic morphology of bats 日本産コウモリの骨盤形態の比較

○鳥海夏葉<sup>1</sup>、福井大<sup>2</sup>、木村順平<sup>3</sup>、小薮大輔<sup>4</sup>、久保麦野<sup>1</sup>、野尻太郎<sup>5</sup>、鈴木牧<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・新領域、<sup>2</sup>東大・演習林、<sup>3</sup>ソウル大・獣医、<sup>4</sup>香港市立大・獣医生命、<sup>5</sup>東大・農学

コウモリは飛翔する唯一の哺乳類であり、骨格も飛翔に適応した形態をとる。一般的な陸生脊椎動物では、骨盤は歩行の支えになっている。一方で、コウモリの主な移動方法は飛翔であり、後肢はぶら下がりに特化している種も多い。したがって、コウモリの骨盤形態は体重支持の機能的制約から解放された結果、他の陸生哺乳類には見られない形態変異が生じていると考えられるが、体系だった比較研究は進められてこなかった。本研究では、日本に生息するコウモリ5科13属のうち4科12属を含む28種81個体の骨盤の形態について、CT による撮影データから3D モデルを作成して比較した。その結果、4つの科では骨盤の形態に大きな差異があることがわかった。また、ヒナコウモリ科では9属18種の比較を行ったが、寛骨の全体的な形態は類似性が高いものの、腸恥隆起や坐骨結節などで種間差が観察された。本発表では、形態学的相同点に基づく定量的比較についても紹介したい。

## P<sub>A</sub>-55

### Zoos act like “melting pots” of spider monkeys クモザルのるつぼ

○北山遼<sup>1</sup>、白井温<sup>2</sup>、根本慧<sup>3</sup>、田和優子<sup>3,4</sup>、綿貫宏史朗<sup>5</sup>、早川卓志<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>北大・院環境科学、<sup>2</sup>埼玉県大宮公園小動物園、<sup>3</sup>公益財団法人日本モンキーセンター、<sup>4</sup>京大・野生動物研究センター、<sup>5</sup>環境省自然環境局野生生物課

クモザル類(霊長目 *Ateles* 属)はメキシコからボリビアまでのアメリカ大陸の熱帯林に広く分布するグループであり、一般に7種に分類される。形態の種差も大きい。日本国内では現在、約30の動物園で約150頭が飼育されている。日本では長らく、7種分類が主流になる以前の形態による3種分類が適用され飼育が行われてきたため、国内の飼育クモザル類の遺伝的背景は不明であった。本研究では国内の飼育クモザル類の遺伝的背景を明らかにすべく、mtDNA と核ゲノムマイクロサテライトを用いた解析を行った。解析結果と飼育園館所蔵の家系情報を比較したところ、多数の雑種個体の存在が推定された。また雑種個体の中には、自然条件下では出会うことのない種間での雑種個体も存在する可能性が示唆された。本報告はクモザル類の種分化過程に新たな洞察をもたらすと共に、野生動物の研究と理解における飼育動物研究の有用性を示すものである。

## P<sub>A</sub>-57

### Development of enzyme function prediction method using deep learning 深層学習を用いた酵素機能予測法の開発

○川崎悠二<sup>1</sup>、里村和弘<sup>2</sup>、長田直樹<sup>3</sup>、遠藤俊徳<sup>4</sup>

<sup>1</sup>北大・院理、<sup>2</sup>北大・特任助教授、<sup>3</sup>北大・准教授、<sup>4</sup>北大・教授

本研究では深層学習によってアミノ酸配列から酵素の機能予測を行う方法を開発した。固有の配列パターンを文脈として捉えるために、配列中に現れる各アミノ酸の共起関係を基に配列のベクトル表現を獲得し、深層学習の入力データとした。酵素のデータベースである BRENDA から EC 番号を基に機能分類された酵素配列を取得し、相同性の高い配列群に対する過学習を避けるためにクラスタリングを行い、相同性が90%以下となるようにした。全生物の酵素データ531,619個を用いて学習を行った結果、91.3%の正解率で分類を行うことができた。正解率の低い分類クラスは、分類クラスの統合や他の基準の導入によって正解率の向上が見込まれる。また、学習済みモデルを用いて340,771個の機能未分類酵素の分類を行った。

## P<sub>A</sub>-56

### Environmental DNA metabarcoding characterizes the distribution and phylogeography of a primary freshwater fish, Siberian stone loach 環境 DNA により推定された、純淡水魚フクドジョウ の分布傾向と系統地理

○八柳 哲<sup>1</sup>、神戸 崇<sup>1</sup>、水本寛基<sup>1</sup>、福島路生<sup>2</sup>、中嶋信美<sup>2</sup>、荒木仁志<sup>1</sup>

<sup>1</sup>北大・院農、<sup>2</sup>国環研

一生を淡水に依存する純淡水魚は、水系をまたいだ分散が制限されるため地理的な分化を生じやすく、遺伝的多様性が分布域形成・多様化の歴史を反映していることが多い。一方でそれを探るための従来の系統地理学的研究では地点ごとに多数の試料収集が求められることから、詳細かつ網羅的な研究展開のためには多大な労力を要する。我々は環境 DNA から淡水性魚類の種多様性・遺伝的多様性双方の地理的パターンを捉えることを目的に、北海道内の計267河川において環境 DNA 調査を実施した。魚類汎用プライマーMiFish-U を用いたメタバーコーディング解析の結果、最も多くの河川で検出された純淡水魚フクドジョウに関して、その分布傾向のみならず地理的な種内変異をも示す結果が同時に得られた。本発表ではこのフクドジョウに注目して北海道における生物地理を俯瞰し、環境 DNA に基づく系統地理推定の可能性について議論する。

## P<sub>A</sub>-58

### Mating compatibilities among populations showing distinct barcode sequences and host associations but without morphological differences 形態差は見られないがバーコーディング領域の配列と寄主植物には明瞭な差異が見られる集団間での交配実験

○田中 康湧、山本 格、大島 一正

京都府大・院生命環境

近年、動物ではミトコンドリア DNA の特定の領域を用いたバーコーディングによる種分類が一般化しつつあり、膨大な未記載種の整理に威力を発揮している。しかし、バーコーディング領域の配列における分化と、形態差や核遺伝子における分化との間に相違が見られることもあり、バーコーディングによる分類がどのような分化段階の集団間を別種として扱う傾向があるのかは、まだ十分に理解されていない。そこで本研究では、利用する寄主植物ごとに mtCOI 遺伝子には分化が見られるが、形態形質を用いた分類において重要視される交尾器形態には分化が見られない鱗翅目ホソガ科の *Psydrocercops* 属内の複数集団を用いて、mtCOI における分化と形態差のどちらが交配能力の分化をより示しているのかを検証した。本発表では、同所的に生息しているフジ上個体群とムクノキ上個体群間の交配能力を中心に、核遺伝子における分化程度と合わせて報告する。

## P<sub>A</sub>-59

### Correlation between thermo-adaptive evolved *Escherichia coli* and chaperonin GroEL evolution

#### 大腸菌の高温適応進化とシャペロニン GroEL の進化の相関

○小西隆介、西広 翔、菅野 暢、松尾萌、古倉健嗣、山内長承、岸本利彦

東邦大・院理

当研究室では大腸菌の高温適応進化系を構築し、最小培地で48.0°C安定増殖可能な2系統の適応進化大腸菌の樹立に成功している。これまでに適応進化大腸菌では、44.8°C適応過程で groL 遺伝子付近に入った変異によって、GroEL の発現量の増大や、有害変異緩衝効果が確認されている。本研究では、先祖株を含む高温適応進化過程の8株の大腸菌について、タンパク質解析とゲノム解析を行った。その結果、シャペロニン GroEL について、Line1の47.3°C適応株では発現量の上昇、Line2の47.4°C適応株では熱安定性の向上とみられる挙動が確認された。また groL 遺伝子に分株後の2つの系統の ORF 領域内で唯一、2系統間で共通する内容の S N P が確認された。この変異は、上記の第2系統の GroEL の熱安定性向上との相関が示唆されたほか、変異後の groL 配列が、高温適応進化の先祖株が持つ配列よりも、大腸菌の系統樹のより祖先に近い配列と一致することから、この変異が先祖返りに当たるものであることが判明した。

## P<sub>A</sub>-61

### Measuring and analyzing the mutational robustness of *Escherichia coli* promoter.

#### 大腸菌プロモーターの変異に対するロバストネスの測定と解析

○畑中直木<sup>1</sup>、津留 三良<sup>1</sup>、古澤 力<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>理研・BDR

プロモーターに遺伝的変異が入っても転写活性が保たれる(変異に対するロバストネスを持つ)例は多く知られているが、ロバストネスを生む分子機構や進化的起源に関しては未知の部分が多く、特にそれは原核生物において顕著である。この問題を議論する前提としてどのようなプロモーターが変異に対して強いロバストネスを持っているかについての知見が必要となる。

本研究ではプラスミド上に乗せた大腸菌の野生型プロモーターにランダムな点突然変異を導入して変異体ライブラリを作成した。そして各プロモーター由来のライブラリの転写活性を測定し、野生型プロモーターからの活性の変化を見ることで変異へのロバストネスの強さを測定した。

ロバストネスの強さとプロモーターの持つその他の性質との関連について現在解析中の結果と、そこから支持される仮説についてここでは発表する。

## P<sub>A</sub>-60

### Investigating a general law of protein evolution from long-term experimental evolution of *E. coli* with highly mutagenic conditions

#### 高変異率の大腸菌長期実験進化から遺伝子進化速度の一般法則を探る

○芝井厚<sup>1</sup>、古澤力<sup>1,2</sup>、津留三良<sup>2</sup>

<sup>1</sup>理研・BDR、<sup>2</sup>東大・理

遺伝子配列の進化速度を理解することは進化生物学における中心的な問題である。これまでの近縁種間の同源性研究では、生命の3つのドメインすべてにおいて、遺伝子発現と遺伝子進化の速度との間に負の相関(E-R 逆相関)が認められている。しかし、過去の種間進化の法則が種内小進化も支配しているかどうか、また、この特性がまだ存在し、*de novo* な小進化においても機能するかどうかは明らかではない。

本研究では、自然界および高変異率化で加速された長期実験進化の両方で大腸菌ゲノムに蓄積された突然変異を解析した。過去の種内進化と *de novo* 進化の両方で E-R 逆相関を見出した。しかし、その相関は種間進化のそれより小さかった。さらに、発現量と同義置換の間の負の相関は、非同義置換のそれと比較して種内進化において大きく緩和された。これらの結果は、同義置換に対する純化選択が種間進化における E-R 逆相関に強い役割を果たすことを示唆する。

## P<sub>A</sub>-62

### Mutational Analysis of Proteostasis in thermo-adaptive evolution *Escherichia coli*

#### 高温適応進化大腸菌における Proteostasis の変異機能解析

○菅野 暢、西広 翔、小西 隆介、松尾 萌、古倉 健嗣、山内 長承、岸本 利彦

東邦大・院理

生物の適応・進化の限界はあるのだろうか。我々は大腸菌の高温適応進化系を構築し、2系統の高温適応進化大腸菌で最少培地での48.0°C適応進化に成功している。高温適応進化大腸菌のゲノム解析から、多くの必須遺伝子への変異蓄積を確認した。本研究では変異必須遺伝子を好熱菌の相同遺伝子と比較し、好熱菌に似る変異の解析を行った。その結果、rho、dnaA、groL、rpoC というグローバルレギュレーターの変異が、特異的に好熱菌と同じアミノ酸に変化していた。そこで、大腸菌で高温適応に重要な groL を含む Proteostasis 系に注目した。Proteostasis 系遺伝子領域は、8遺伝子中4遺伝子が必須遺伝子であるが、その変異率は、ゲノム全体の変異率と比べて3倍以上であった。また Proteostasis 系の全必須遺伝子に変異が蓄積していることが確認された。現在、それぞれの変異について解析を進めている。

**P<sub>A</sub>-63****Larval light-response behavior and implications for the depth distribution in the reef-building coral, *Acropora tenuis***  
**造礁サンゴ *Acropora tenuis* の幼生における光応答的な遊泳行動と成体の分布パターンへの影響**

○酒井祐輔<sup>1,2</sup>、加藤輝<sup>2</sup>、小山宏史<sup>2</sup>、Alyson Kuba<sup>3</sup>、高橋弘樹<sup>2</sup>、藤森俊彦<sup>2</sup>、服田昌之<sup>4</sup>、Andrew Negri<sup>5</sup>、Andrew Baird<sup>3</sup>、上野直人<sup>2</sup>

<sup>1</sup>大阪市大・理、<sup>2</sup>基礎生物学研究所、<sup>3</sup>James Cook University、<sup>4</sup>お茶の水女子大・理、<sup>5</sup>Australian Institute of Marine Science

サンゴ礁を形成する造礁サンゴの固着性群体は、水深や微地形など光環境に応じた分布パターンを示す。この分布形成には、遊泳性をもつ幼生期における光応答的な分散と着底が大きく寄与すると考えられる。しかし、サンゴ幼生の行動をリアルタイムで観察した例は少なく、幼生の光応答性についてはほとんど明らかになっていない。そこで我々は、ウスエダミドリイシ (*Acropora tenuis*) の幼生を用いて、様々な光条件下において遊泳行動を詳細に観察した。その結果、幼生は主に450 nm 付近の青色光の急激な減少に応じて遊泳を一時的に停止する反応を示すことが明らかとなった。また、個体の行動を模した数理シミュレーションにより、こうした単純な光応答が、明環境への集合の素反応となることが推定された。幼生の光応答的な遊泳停止による着生環境の選択性が成体群体の生息環境での生存率に影響し、その結果、幼生の光応答行動が進化した可能性が想定される。

**P<sub>A</sub>-65****Effects of mitochondrial introgression and temperature on Dolly Varden (*Salvelinus malma*)' s growth**  
**ミトコンドリア遺伝子浸透と水温がオシロコマの成長に与える影響について**

○Xin Su<sup>1</sup>、Hirokazu Urabe<sup>2</sup>、Fumi Yamaguchi<sup>2</sup>、Hiroki Mizumoto<sup>3</sup>、and Hitoshi Araki<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Graduate School of Agriculture, Hokkaido University, <sup>2</sup>Salmon and Freshwater Fisheries Research Institute, Hokkaido Research Organization, <sup>3</sup>Research Faculty of Agriculture, Hokkaido University

Introgressive hybridization (introgression) is the gene flow from one species to another species via inter-specific hybridization. It may threaten species by mixing gene pools or benefit species in adaptation. Dolly Varden (*Salvelinus malma krascheninnikova*) is a widespread char species, with a southmost habitat limit as Shiretoko peninsula, Hokkaido. Previous study has proven mitochondrial introgression to *S. malma* from white-spotted char (*S. leucomaenis*), which are mainly found in warmer south-west part of Hokkaido.

To investigate effects of mitochondrial introgression on *S. malma*' s growth at different temperature, we caught *S. malma* from Shiretoko peninsula and tried laboratory crosses. Juveniles were divided into three tank-groups, introgressive, non-introgressive, and mixed, to monitor their growth at different temperature for about five months. Their stamina was also tested to estimate their activeness.

In our study, introgressive *S. malma* is proven to be smaller than non-introgressive *S. malma* in pure population and be at an advantage over non-introgressive *S. malma* in intraspecies competition.

**P<sub>A</sub>-64****Difference of long-distance detection between color vision types in squirrel monkeys**  
**リスザルにおける遠距離視条件下での色覚型による物体の発見効率の違い**

○西川真理<sup>1</sup>、早川卓志<sup>2</sup>、Amanda Melin<sup>3</sup>、河村正二<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院新領域、<sup>2</sup>北大・院地球環境、<sup>3</sup>Univ. Calgary・Dept. Anthropol.

3色型色覚が一般的な霊長類の中で、中南米に生息する広鼻猿類は同一種内に2色型色覚と3色型色覚の個体が混在し、色覚多型が維持されているユニークな存在である。各色覚型が有利または不利になる状況については未解明な点が残されている。そこで本研究では、遠くから物体を検出する状況(遠距離視)に着目し、色覚型間で緑の背景(葉)に対する頭在色(赤)と非頭在色(緑)の物体(餌)の発見効率を比較した。ポリビリスザルの放飼場の植生内に頭在色と非頭在色の物体を設置し、物体から5m圏内に入った個体について、餌を獲得したか否かについて記録した。その結果、頭在色の物体の発見頻度には色覚型による違いはなかったが、非頭在色の物体の発見頻度は3色型色覚の個体の方が低かった(p < 0.01)。このことから、3色型色覚は緑の葉の背景から非頭在色の物体(緑の果実など)を探索する状況で不利になる可能性が示唆された。

**P<sub>A</sub>-66****Endopolyploidy and endosymbiosis: ploidy dynamics in the aphid cells harboring *Buchnera* endosymbiont**

○Tomonari Nozaki, Shuji Shigenobu

NIBB, Lab. of Evolutionary Genomics

Endopolyploidy is frequently observed in metabolically active organs, and related to the cell size and gene expression regulation. Some insects have evolved specialized organs, bacteriomes harboring their symbiotic bacteria. Bacteriome cells have long been suggested to be polyploid, because of their large size of the nuclei. It is possible that such endopolyploidy play critical roles in the endosymbiosis; however, there is little information about endopolyploidy in the bacteriome. Here, we analyzed ploidy levels of bacteriome in the aphid, *Acyrtosiphon pisum*. First, by confocal microscopy we found that bacteriomes of viviparous aphids consisted of large bacteriocytes, containing their endosymbiont *Buchnera*, and flat sheath cells. Then we determined adult bacteriocytes were mainly 128-ploid, while sheath cells were 8- and 16-ploid, using Feulgen densitometry and fluorometry. Moreover, we revealed that high-level polyploidy in bacteriocytes occurs along with ovarian development. Together with the data of oviparous females and transcriptomes from bacteriome, we will discuss the functional significance in the bacteriocyte endopolyploidy in the aphid.



## PA-67

### Discovery of a new tripartite symbiosis : insects-bacteria mutualism determined by fungi 新たな三者共生系の発見:カビが決める昆虫とバクテリアの相利共生

○石神広太<sup>1</sup>、Jang Seonghan<sup>2</sup>、伊藤英臣<sup>3</sup>、菊池義智<sup>4</sup>

<sup>1</sup>産総研北海道センター、<sup>2</sup>産総研北海道センター、

<sup>3</sup>産総研北海道センター、<sup>4</sup>産総研北海道センター

多くの動植物は微生物と共生関係を構築しており、その多くは相利共生であると言われるが、微生物側の適応度を調べた例はほとんどない。ホソヘリカメムシは毎世代環境土壌中から *Burkholderia* 共生細菌を獲得し、腸内に保持する。ホソヘリカメムシは共生により体サイズや卵数が増加するが、共生細菌側の適応度は不明であった。調査の結果、宿主の死亡後に体内の共生細菌数は大きく減少していくが、共生細菌は暫くすると体外に脱出することが分かった。さらに、死骸表面にはカビが生えるが、1、カビが存在すると共生細菌は短い日数で宿主から脱出できること、2、土壌・死骸・カビを使った孵化若虫の飼育実験により、カビが存在しないと共生細菌がカメムシの次世代へ伝播しない可能性が明らかとなってきた。これらは、ホソヘリカメムシ *Burkholderia* 相利共生系の進化において、カビが重要な役割を果たす可能性を強く示唆する。

## PA-69

### Experimental examination of the mechanism of male-biased primary sex ratio in the termite, *Neotermes sugioi*, by cross-breeding among populations.

### スギオシロアリはなぜオスを多く産むのか？個体群間交配による卵性比制御至近メカニズムの解明

東江あやか<sup>1</sup>、辻和希<sup>2</sup>、立田晴記<sup>2</sup>

<sup>1</sup>鹿児島大・院連農、<sup>2</sup>琉大・農

シロアリの性決定様式は XY 型とされ、この場合一次性比は通常1:1になる。しかし、スギオシロアリ *Neotermes sugioi* の沖縄島個体群において、一次性比(オス率)がオスに偏る傾向があることが分かってきた。しかしながら、この現象の至近メカニズムは不明である。本研究では、一次性比をオスに偏らせる要因として Y 染色体上の利己的遺伝子の存在を仮定した。利己的遺伝子が存在する集団では、高確率でそれに対する抵抗性遺伝子が存在するため、個体群内の一次性比は強く偏らない一方で、異なる個体群と交配すると強い偏りが見られることが報告されている(Wood and Newton, 1991)。そこで、本種の沖縄島個体群と石垣島個体群間で雌雄入れ替え交配実験を行い、得られた卵・幼虫の性比を算出した。その結果、個体群間で一次性比が異なることや、沖縄島オスは石垣島オスよりも子の性比をオスに偏らせる力が強いことが示唆された。

## PA-68

### Characterization of the endosymbionts in the spotted lanternfly, *Lycorma delicatula*, (Hemiptera: Fulgoridae)

### シタバニハゴロモ *Lycorma delicatula*(カメムシ目ピワハゴロモ科)共生細菌のキャラクタリゼーション

○仲下綾乃<sup>1</sup>、汪垂運<sup>1</sup>、嶋田敬介<sup>2</sup>、土田 努<sup>3</sup>

<sup>1</sup>富山大・理学部、<sup>2</sup>石川県立自然史資料館、<sup>3</sup>富山大・学術研究部

中国原産のシタバニハゴロモは、アジア諸国やアメリカに侵入し分布を拡大している吸汁性昆虫である。日本では、2009年に石川県小松市で発見されて以降、北陸地方を中心に定着が確認されている。一般に吸汁性昆虫は、体内の菌細胞に共生微生物を保有している。共生微生物は、餌に不足する栄養素を供給する役割を担っており、宿主の生存や繁殖に必須である。シタバニハゴロモ体内からは、先行研究の全ゲノム解析の結果に付随して、*Sulcia* と *Vidania* という2種の共生細菌が検出されている。しかし、保有共生細菌の一般性や体内局在等、不明な点も多い。そこで本研究では、北陸の複数地点から本種昆虫を採集し、16S rRNA 遺伝子のクローニング解析により、保有共生細菌を明らかにすることを試みた。本会では、定期的な採集によって得た、発生段階ごとのサンプルを対象とした、共生細菌の時空間動態の解析結果についても報告する予定である。

## PA-70

### Northward Expansion of *Drosophila takahashii* Distribution in Japan タカハシショウジョウバエの日本北上

○新井健太<sup>1,2</sup>、小沼萌<sup>3</sup>、澤村京一<sup>4</sup>

<sup>1</sup>筑波大・院生命環境、<sup>2</sup>九大・院システム生命、

<sup>3</sup>筑波大・院生命地球、<sup>4</sup>筑波大・生命環境

*D. lutescens* (L)は日本の在来種で、北海道から九州まで広く分布する。Lの近縁種の *D. takahashii* (T)は四国九州以南に棲息するとされてきた。ところが私達の調査により T が本州で多数発見され、分布が北上しているらしいと判った。そこで本研究ではまず、T の最新の分布図を描いた。さて、T の方が少し小型であるものの、両種は外見では明確に判別できず、雑種の作出も可能なほど近縁である。両種の分布が本州で広く重なることで互いに影響はないのだろうか。そこで両種の生態的な差異を調べるために3つの試験を行った。耐寒性は L で高く T で低かったが、T の耐寒性は系統ごとに大きくばらついた。ゆえに、北上の原因は温暖化や突然変異の他に、Lからの遺伝子浸透による耐寒性獲得の可能性もある。飼育瓶中の飽和個体数と、雌一頭あたりの産子数は T の方が大きかった。よって、両種は異なる増殖率を持つと考えられる。

## P<sub>A</sub>-71

### Evolution of thermal tolerance and its plasticity along an urbanization gradient in *Drosophila suzukii*

#### 都市のアウトウショウジョウバエにおける温度耐性とその表現型可塑性の進化

○佐藤あやめ<sup>1</sup>、高橋佑磨<sup>2</sup>

<sup>1</sup>千葉大・院融合、<sup>2</sup>千葉大・院理

都市化に伴った環境変化は、生物に急速な進化をもたらす可能性がある。一般に、都市環境への適応には、高温耐性や高い表現型可塑性の能力の獲得が必要となる。本研究では、果樹害虫のアウトウショウジョウバエを用いて都市化度に沿った温度耐性や表現型可塑性の能力の進化的変化を検証した。都市と郊外の計12地点で採集し、系統化した個体を用いて臨界最低温度 (CT<sub>min</sub>) と臨界最高温度 (CT<sub>max</sub>) を測定したところ、前者は都市部由来の系統ほど高かったが、後者は都市化度に応じた差が見られなかった。つぎに、各臨界温度の可塑性の程度を調べるために、3°Cに2時間曝露した成虫の CT<sub>min</sub> と32°Cに2時間曝露した成虫の CT<sub>max</sub> を25°C曝露処理 (対照区) の成虫と比較した。その結果、各臨界温度に対する曝露温度の影響は、都市部の系統ほど大きいことがわかった。これらの結果は、都市化に伴って温度耐性やその表現型可塑性の程度が進化していることを示唆している。

## P<sub>A</sub>-73

### Evolution of ovarian diapause in *Drosophila* ショウジョウバエの生殖休眠の進化

○藤近敬子<sup>1</sup>、田中健太郎<sup>1</sup>、高橋文<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>都立大・院理、<sup>2</sup>都立大・生命情報研究セ

休眠とは、生物が低温や短日、栄養源の枯渇など生存に不利な環境下で、エネルギー消費を抑えるための生理状態を指す。昆虫では幅広い種で休眠誘導が観察されており、特にショウジョウバエでは複数種で生殖休眠誘導が観察されている。しかし、遺伝基盤がほぼ未解明であるため、その進化過程は未だ明らかでない点が多い。ショウジョウバエの生殖休眠誘導機構がどのように共通祖先で獲得され、進化してきたのかを解明するため、本研究では、アウトウショウジョウバエを用いて、休眠誘導の遺伝基盤を解明することを目指した。発表者らは、実験条件下で休眠を誘導し、RNA-seqを行った結果、休眠誘導時に発現変動する132遺伝子を検出した。これらの遺伝子の中から休眠誘導への関与が予想される遺伝子を複数選抜し、キイロショウジョウバエの GAL4-UAS システムを用いて機能を明らかにするための実験を行った。これらの結果について発表する。

## P<sub>A</sub>-72

### Oviposition site preference in *Drosophila suzukii*: Effects of microbes and substrate hardness

#### アウトウショウジョウバエの産卵基質選好性: 基質上の微生物と硬さの影響

○佐藤愛莉<sup>1</sup>、田中健太郎<sup>1</sup>、Joanne Y. Yew<sup>2</sup>、高橋文<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>都立大・院理・生命、<sup>2</sup>PBRC, Univ. of Hawai'i at Mānoa、<sup>3</sup>都立大・生命情報研究センター

多くの生物は子世代の生存競争を回避するため、他種が利用しない新たな産卵場所を開拓する必要がある。本研究では、多くのショウジョウバエとは異なり、発酵した果実だけでなく新鮮な果実にも産卵することができるアウトウショウジョウバエ (アウトウ) やその近縁種を用いて産卵基質に対する選好性の進化プロセスの解明を目指してきた。産卵場所の発酵状態の感知に関わる「産卵基質上の微生物に対する選好性」と「産卵基質の硬さの選好性」に焦点を当て選好性を調査した結果、アウトウはその近縁種やキイロショウジョウバエが選択する柔らかく微生物が存在する基質では産卵を忌避するのに対し、近縁種が利用しない硬い産卵基質では微生物を忌避せずに産卵場所として利用することが明らかとなった。よって、アウトウは異なる種類の情報を統合し、産卵場所の適正を総合的に感知することで産卵場所を開拓してきたことが示唆された。

## P<sub>A</sub>-74

### Assessment strategy as personality? -An approach to the intra-specific variation in *Drosophila* *prolongata*-

#### 評価戦略は個性か? ~テナガショウジョウバエにおける種内多様性の解明にむけて~

○網野海<sup>1</sup>、松尾隆嗣<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院農

闘争の有利・不利を判断し効率よく撤退できるかどうかは個体の適応度に深く関わる。これまで、相手と自分の資源保持能力 (RHP) の差に基づいて撤退を決める相互評価戦略と、相手の RHP に関わらず自分の体力が限界に達すると撤退する自己評価戦略は、各々の種でどちらかが画一的に採用されると思われていた。ところが近年、闘争の段階や経験によって評価戦略が変化する例が存在し、それにより集団全体の特徴を見誤ってきた可能性が示唆された。評価戦略の違いが個体内だけでなく個体間に存在する場合この問題は深刻であるが、そうした例は報告されていない。演者はテナガショウジョウバエの iso-female 系統を用いて闘争行動と体サイズの関連を解析し、2系統間で採用される評価戦略が異なることを示した。現在は系統間差が遺伝的背景の違いによるのか、個性として異なる評価戦略を有する個体の頻度の違いによるのか、個体ごとの評価戦略を判別する手法によって検証を試みている。

**P<sub>A</sub>-75****A novel research model for the interactions between multiple organisms: Super-nested symbiotic system of the weevil, *Smicronyx madaranus*****多種生物間相互作用研究の新モデル: マダラケシツブゾウムシ *Smicronyx madaranus* の超入れ子型共生系**

○鶴嶋涼<sup>1</sup>、村上涼生<sup>1</sup>、杉本凌真<sup>1</sup>、玉置大介<sup>1</sup>、唐原一郎<sup>1</sup>、半場祐子<sup>2</sup>、鈴木義人<sup>3</sup>、若杉達也<sup>1</sup>、土田努<sup>1</sup>

<sup>1</sup>富山大学、<sup>2</sup>京都工繊、<sup>3</sup>茨城大

虫瘤は昆虫が植物を形態的・生理的に操作することで形成されるが、形成機構の多くは未解明である。我々は、「植物に寄生する植物」アメリカネナシカズラに寄生して虫瘤を形成する、という興味深い生態をもつマダラケシツブゾウムシを実験室で安定維持し、研究を進めている。アメリカネナシカズラはクロロフィルやでんぷんの蓄積が少ないが、虫瘤では CO<sub>2</sub> 吸収が増加し、その中心付近にはこれらの物質が多く蓄積していることが判明した。これらの結果は、本種ゾウムシが光合成を行わせるように寄生植物の組織を改変し、自身の成長に利用していることを示唆する。また、日本各地で採集した本種の全ての個体には共生細菌 *Sodalis* が存在し、重要な役割を担っていることが示唆された。本会では、この植物—寄生植物—昆虫—共生細菌から成る“超入れ子型共生系”を対象に、植物ホルモン解析、共生細菌除去実験や殺虫剤塗布実験の結果等について報告する。

**P<sub>A</sub>-76****How and under what conditions clades of hybrid origin undergo multiple phylogenetically nested adaptive radiations? 雑種形成が適応放散の繰り返しを促進する仕組みと条件を探る: シミュレーションによる研究**

○香川 幸太郎, Ole Seehausen

東北大・院生命

単一系統内で生態的に多様な種が急速に進化する現象は適応放散と呼ばれる。適応放散した系統はしばしば、別の地域や後の時代においても適応放散を繰り返す。そのような高い進化可能性を持つ系統はいかにして生じるのだろうか? 近年、雑種形成が遺伝的多様性を生み出すことで進化可能性を増加させ、適応放散を促進しうることが分かってきた。しかし、雑種形成によって一時的に増加した遺伝的多様性は自然選択や分布拡大過程におけるボトルネック効果によって急速に失われる。そのため、雑種形成が適応放散の繰り返しを促進しうるかどうかは疑問である。本研究では進化シミュレーションを用いて雑種形成が適応放散の繰り返しを促進しうる仕組みと条件を探索した。その結果、地理的・生態的な条件が雑種系統内部における系統の分岐と再交雑を促進する場合に、遺伝的多様性の長期的維持と長距離伝播が促進され、雑種系統が繰り返し適応放散しうることが示唆された。

**P<sub>A</sub>-77****Developing methods for injection against ovipositing females: towards the establishment of a genome editing method for gracillariid moths****ホソガ科蛾類のゲノム編集技術確立に向けたメス成虫へのインジェクション手法の開発**

○山上七海<sup>1</sup>、天野泰輔<sup>2</sup>、大島一正<sup>2</sup>

<sup>1</sup>京都府大・生命環境、<sup>2</sup>京都府大・院生命環境

植食性昆虫には、植物細胞に異常な分化を引き起こし、自らの食料兼シェルターとして利用する「虫こぶ」を誘導する種が見られるが、どのような遺伝基盤が虫こぶ形成という「動物による植物操作」を可能にしたのかについてはほとんど分かっていない。そこで我々は年多次性でかつ室内での累代飼育が可能、というこれまで集中的に研究されてきた虫こぶ形成昆虫にはない研究上の利点を持ったホソガ科蛾類の複数種を用いて研究を行っている。本研究では、累代飼育の容易さを生かして、昆虫側の候補遺伝子をノックアウトする方法を確立するため、メス成虫の腹部に Cas9タンパクとガイド RNA をインジェクションし、卵巣で発達中の卵に取り込ませてゲノムを編集するための予備実験を行った。本発表では、インジェクションダメージの影響と、インジェクション後に注入タンパク質の卵への取り込みがどの程度の頻度で生じるのかを GFP で調べた結果を報告する。

**P<sub>A</sub>-78****Convergent evolution of fork tails in swallows and swifts ツバメ類とアマツバメ類にみられる燕尾の収斂進化**

○長谷川克<sup>1</sup>、新井絵美<sup>2</sup>

<sup>1</sup>石川県立大・環境、<sup>2</sup>総研大・先導研

生物の「装飾」形質が性選択と生存選択のどちらで進化したか、現在の機能から明かすことはできない。本研究では、系統種間比較法を用いて、ツバメ類とアマツバメ類という2つの系統にみられる古典的な装飾形質「燕尾」が、性選択と生存選択のどちらで進化したのか調べた。燕尾は「外側尾羽の伸長」または「内側尾羽の短縮」により形成されるが、飛行性能の低下を招く「内側尾羽の短縮」は性選択でのみ進化的に予測される。実際に進化パターンを調べたところ、(特にアマツバメ類で)燕尾の発達に伴う内側尾羽の短縮がみられた。逆に、単位燕尾あたりの外側尾羽の伸長はツバメ類において顕著であり、燕尾の発達が2つの飛行昆虫食鳥類で異なる進化経路を辿ったことが明らかになった。さらに、性選択が予測した錯視による燕尾進化を支持する結果も得られ、燕尾進化における性選択の重要性が示唆された。

## PA-79

### Genetic basis of orange spots formation in the guppy, *Poecilia reticulata* グッピーにおけるオレンジスポット形成の遺伝的基盤

○川本麻祐子、石井悠、河田雅圭

東北大・院生命

性選択の進化機構を考える上で、配偶者選択の指標となる装飾形質の遺伝的基盤を理解することは重要である。グッピーでは体色が配偶者選択に利用され、メスはオスのオレンジ色のスポット模様を重視する。本研究ではオレンジスポット形成の遺伝的基盤の解明を目的とし、RNA-seq によるオスの皮膚の遺伝子発現解析を行った。まず、異なる皮膚の部位での遺伝子発現比較からオレンジスポット部分で高発現・低発現する遺伝子を検出し、さらに3つの成長段階の皮膚での遺伝子発現比較から体色形成に伴い発現量が変化する遺伝子を検出した。次に、検出された遺伝子の中で、他の生物で体色への関与が知られるものに注目して機能や発現量変化パターンを確認した。その結果、黄色素細胞の分化、増殖や色素に関連する機能をもつ遺伝子がオレンジスポット形成へ関与することが示唆され、オレンジスポットは黄色素細胞の分化に伴う色の変化によって形成されることが予想された。

## PA-81

### The origin of basement membrane - functional analysis of unicellular holozoan's laminin-like genes 基底膜の起源—単細胞ホロゾアのラミニン様遺伝子の機能解析

○傳保聖太郎<sup>1</sup>、福原光海<sup>1</sup>、小西博昭<sup>2</sup>、八木俊樹<sup>3</sup>、菅裕<sup>3</sup>

<sup>1</sup>県広大・院総合学術研究科生命システム科学、<sup>2</sup>信州大・農、<sup>3</sup>県広大・生物資源科学部

単細胞ホロゾアは動物に近縁な単細胞生物の総称である。この生物群は単細胞の生活環をもつにもかかわらず、「多細胞的な遺伝子」すなわち多細胞体制を構築する上で必須だと考えられる遺伝子を多数持っている。我々は単細胞ホロゾアの一つである、カプサスポラが持つラミニンと相同性のある遺伝子の機能を解析している。ラミニンは、動物において基底膜を構成するタンパク質であるが、カプサスポラにおいて基底膜のような構造は観察されていない。このような遺伝子がカプサスポラ細胞においてどのような機能を持ち、どのように利用されているのか知ることは、多細胞性進化のメカニズムを理解する一つの鍵となる。我々は、カプサスポラが持つラミニン様タンパク質に対して抗体を作製した。これを様々な生活ステージにおけるラミニン様タンパク質の局在を解析し、これらの遺伝子の機能推定を試みた。

## PA-80

### Environmental Oxygen Induces Interdigital Cell Death 環境酸素による指間細胞死の誘導

○小野沙桃実<sup>1</sup>、Ingrid Rosenberg Cordeiro<sup>1</sup>、越智陽城<sup>2</sup>、岸田治<sup>3</sup>、田中幹子<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>山形大・医、<sup>3</sup>北大・FSC

羊膜類の形態を多様に進化させることに繋がった指間細胞死による四肢のパターン形成機構は、両生類では確立しておらず、羊膜類になって確立された新しいシステムである。近年、我々は、高濃度酸素に曝されたツメガエルや陸上で発生するコキガエルでは、両生類であるにもかかわらず、指間で細胞死が生じることを明らかにした。これらの結果は、幼生期の環境中の酸素濃度の変化が指間細胞死に重要であることを示唆していた。

そこで本研究では、幼生期の行動様式の違いが指間での酸素濃度を変化させ、細胞死を促す可能性を検証することを目的として実験を行った。その結果、幼生期に水中に留まるツメガエルは指間細胞死が生じないにもかかわらず、水面に口を出す呼吸行動を頻繁に行うエゾアカガエルでは、指間でまばらに細胞死が生じていることが明らかとなった。現在は、呼吸行動の違いが指間の酸素濃度を変化させる可能性を検証しているところである。

## PA-82

### Molecular evolution of genes controlling mammalian liver development and their expression pattern in the liver of cyclostomes (hagfish and lamprey) 肝臓形成遺伝子の分子進化と円口類の肝臓における発現パターン

○太田考陽<sup>1</sup>、加藤英明<sup>2</sup>、山崎裕治<sup>3</sup>、池尾一穂<sup>4</sup>、塩尻信義<sup>5</sup>

<sup>1</sup>静岡大・院バイオサイエンス、<sup>2</sup>静岡大・教育理、<sup>3</sup>富山大・理生、<sup>4</sup>遺伝研・生命情報、<sup>5</sup>静岡大・理生

我々は、脊椎動物が獲得した「肝臓」がどのように誕生し、進化をしたのかに興味を持ち研究を行っている。肝臓は、原索動物には存在しないが、円口類から我々ヒトのような実質臓器として形成される。その円口類は、多くの点で脊椎動物の祖先的な形質を示すことが報告されており、肝臓においても祖先的な形質を示す可能性がある。また円口類は、有顎脊椎動物が経験した全ゲノム重複を経験していないため、哺乳類において肝臓の形成や機能に関わる様々な遺伝子が重複しておらず、その違いは肝臓に影響を与えている可能性がある。そこで本研究では、肝臓の誕生・進化を考察するため、まず肝臓の形成や機能に重要とされる様々な遺伝子の分子進化を、遺伝子重複に注目して解析した。次にそれらの遺伝子の発現パターンを円口類のヌタウナギとヤツメウナギの肝臓で解析し、他の脊椎動物と比較することで円口類の肝臓に見られる祖先的な特徴を明らかにした。

**P<sub>A</sub>-83****Evolution of Genital Morphology in the *Drosophila auraria* Species Complex: Species-Specific Structures Having a Physical Interaction between Sexes.****カオジロショウジョウバエ類における生殖器形態の進化: 雌雄で対応している種特異的な構造**○小沼萌<sup>1</sup>、上村佳孝<sup>2</sup>、澤村京一<sup>3</sup><sup>1</sup>筑波大・院生命地球、<sup>2</sup>慶応大・商、<sup>3</sup>筑波大・生命環境

近縁種における生殖器形態の違いは種間の交尾成功率の低下や精子輸送の失敗につながり、これらの違いは隔離障壁として機能し得る。本研究では、分布に重複がみられるカオジロショウジョウバエ類4種を用いて雌雄の生殖器形態・生殖器のカップリング・メス生殖器にできた交尾時創傷を観察した。その結果、オス生殖器にはエデアグス、前葉(プレゴナイト)、下陰板突起の形態に種間差が認められた。カップリングでは、エデアグスおよび下陰板突起のメスへの接触が種間で異なっていた。また、*D. biauraria*、*D. triauraria*、*D. subauraria* のメスではエデアグスや下陰板突起を受け止めるような特異的な構造が見られた。*D. auraria* を含めた4種の既交尾メスでは、エデアグスや下陰板突起の接触部付近に創傷が確認された。以上のように、生殖器の構造や機能には種特異性があり、それらは雌雄で対応している。メスは体表や生殖管内壁の構造を進化させ、同種オスの生殖器を受け止めている可能性が高い。

**P<sub>A</sub>-85****Symmetry of gastric pouch positioning is polymorphic in sea anemone *Diadumene lineata***○Sarper Safiye Esra<sup>1</sup>、Hirai Tamami<sup>2</sup>、Kamamoto Naoya<sup>1</sup>、Kuratani Shigeru<sup>2</sup>、Fujimoto Koichi<sup>1</sup><sup>1</sup>阪大・院理、<sup>2</sup>RIKEN Center for Biosystems Dynamics

Symmetries in the positional arrangement of body parts are the key to define the animal body plan. Unlike bilaterians that are characterized by the bilateral symmetry, cnidarians often show both radial and bilateral symmetries in different species. In Anthozoa, Cnidaria, the ancestral traits have been suggested to be bilateral symmetry and possession of an anthozoan-specific organ siphonoglyph, whereas some species under the Actiniaria order exhibit the biradial symmetry and two siphonoglyphs. It remains unknown whether and how siphonoglyph number contributes to emerging bilateral and biradial symmetries during anthozoan development. Here we report a polymorphism of the symmetries in orange-striped green intertidal sea anemone species *Diadumene lineata* (Diadumenidae, Actiniaria). Depending on intraspecific variation in the number of gastric pouches, muscles, and siphonoglyphs, their positional arrangement exhibit either bilateral or biradial symmetries by individuals. We found out that bilaterally symmetric individuals always have a single siphonoglyph, whereas the biradial ones always have two, showing a correlation between symmetry and siphonoglyph number common to the interspecific correlation. A mathematical model incorporating the lateral inhibition and activation, which the arrangement of gastric pouches indicated on their fate specification, accounted for the observed symmetry polymorphism depending on the siphonoglyph number and arrangement. The symmetry polymorphism by variation of siphonoglyph number provides an evolutionary scenario in which anthozoan bauplans are diversified to bilateral and biradial symmetries.

**P<sub>A</sub>-84****The role of mechanical stresses in limb skeletal development****四肢の骨格パターン形成における力学的ストレスの役割**○坪井絵里子<sup>1</sup>、Ingrid Rosenburg Cordeiro<sup>1</sup>、小泉誠<sup>2</sup>、岡部正隆<sup>3</sup>、田中幹子<sup>1</sup><sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>慈恵医大・実験動物、<sup>3</sup>慈恵医大・解剖

四肢動物の行動パターンや生息域の多様化に直結する手足の形態パターンは、顕密な遺伝的制御を受けて形成されるが、その一方で、ゲノム配列とは関係のない外的要因によっても手足の形態は大きく変化することがわかっている。たとえば、同腹仔であっても、胎児や新生児の段階で、手足を動かす頻度が低い個体は、手足の長さが短くなることや、関節で骨格要素が融合して関節形成不全が起こることが知られている。本発表では、胚における力学的ストレスが四肢骨格パターンに与える影響を調べるために、筋弛緩薬を用いてニワトリの後期胚の動きを抑制することを試みた。その結果、胚の動きが抑制されると、四肢骨格要素が短くなるだけでなく、関節の融合などの骨格パターンに左右差が生じることが明らかとなった。これらの結果から、力学的ストレスが左右対象な四肢骨格パターンの形成に必須であることが示唆された。

**P<sub>A</sub>-86****The finding the origine of vomeronasal organ in ancient fishes****古代魚における鋤鼻上皮の起源の探索**○佐久間敦丈<sup>1</sup>、二階堂雅人<sup>1</sup><sup>1</sup>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、その起源は不明である。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、鋤鼻上皮の存在が定かでない古代魚の嗅覚器において鋤鼻上皮様領域を探索することで鋤鼻上皮の起源に迫った。本研究によりポリプテルスの嗅覚器に区別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散在することが分かり、先行研究で鋤鼻上皮様領域であると示唆されていたハイギョの嗅覚器領域に鋤鼻神経細胞様の細胞が存在する証拠も新たに追加された。これらの結果から鋤鼻神経細胞は陸上化以前の脊椎動物の嗅覚器に散在しており、それらが進化の過程で局在化し鋤鼻上皮が形成されていった可能性が示唆された。

**P<sub>A</sub>-87****Investigation of molecular mechanisms which enable indeterminate growth of compound leaves in genera *Guarea* and *Chisocheton***  
***Guarea* 属や *Chisocheton* 属における複葉無限成長の分子機構の解析**○森山安武<sup>1</sup>、塚谷裕一<sup>1</sup>、古賀皓之<sup>1</sup><sup>1</sup>東大・院理

センダン科の *Guarea* 属や *Chisocheton* 属の植物は、複葉の先端が数年にわたって小葉を作り続ける、無限葉という特異な葉をもつ。一般的に、植物の地上部の組織のうち、茎頂のみが幹細胞を維持し、無限成長する。一方、葉は有限成長である。しかし無限葉の葉頂では例外的に幹細胞が維持され、それにより一枚の複葉が無限に小葉対を形成できる。近年の分子系統解析により、無限葉は *Guarea* 属と *Chisocheton* 属の各系統で独立に生じた可能性が示唆された。我々は、*Guarea* 属の1種の茎頂と葉頂、小葉原基を用いて RNA-seq を行い、各組織での発現遺伝子を比較した。その結果、茎頂の無限性に重要な遺伝子ファミリーの遺伝子が、*Guarea* の葉頂でも発現していることが明らかとなった。当発表では、葉に無限性を与える機構や、各系統での無限性の獲得について、研究戦略を中心に紹介する。

**P<sub>A</sub>-89****Structure and development of the complex 3D helmet of 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形成**足立晴彦<sup>1</sup>、松田佳祐<sup>1</sup>、近藤滋<sup>1</sup>、○後藤寛貴<sup>2</sup><sup>1</sup>阪大・院生命機能、<sup>2</sup>遺伝研・生態遺伝

ツノゼミ(半翅目・ツノゼミ科)のヘルメットは成虫で見られる前胸背板由来の構造であり、その形状は非常に顕著な多様性を示す。これらのヘルメット構造は、幼虫の間は見られず、終齢幼虫でさえ体の背側に小さな鞘状の構造(Helmet-bud)が存在するに過ぎない。ヘルメットはこの小さい鞘状構造の内部で「折り畳まれた」状態で形成され、羽化時に一気に「展開」することで形成される。しかし、どのように鞘状の Helmet-bud の内部で成虫のヘルメットが形成されるのかはわかっていなかった。

本研究では、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 scan 及びパラフィン組織切片を用いて成虫ヘルメットの構造および、その終齢幼虫時における形成過程について時系列に沿って観察し、ヘルメットの形成過程を記載した。

**P<sub>A</sub>-88****Do echinoderms have more derived molecular developmental programs than chordates? -introducing "derivedness index" from transcriptomic data**○ Jason Cheok Kuan Leong<sup>1</sup>, Yongxin Li<sup>2</sup>, Akihito Omori<sup>3</sup>, Masahiro Uesaka<sup>4</sup>, Yui Uchida<sup>1,5</sup>, Tao Zeng<sup>6</sup>, Luonan Chen<sup>6</sup>, Mariko Kondo<sup>1</sup>, Gary Wessel<sup>7</sup>, R Andrew Cameron<sup>8</sup>, Brian Livingston<sup>9</sup>, Cynthia Bradham<sup>10</sup>, Wen Wang<sup>2</sup>, Naoki Irie<sup>1,5</sup><sup>1</sup>東大・院理・生科、<sup>2</sup>中国科学院・昆明動物研究所、<sup>3</sup>新潟大学、<sup>4</sup>理研 BDR、<sup>5</sup>東大・生物普遍性研究機構、<sup>6</sup>中国科学院、<sup>7</sup>Brown University、<sup>8</sup>California Institute of Technology、<sup>9</sup>California State University、<sup>10</sup>Brown University

Which species and embryos are more derived? Species retaining ancestral features, such as living fossils, are often regarded less derived than others, but such discussions usually end up in qualitative enumeration of individual traits, and no consensus has been made toward quantifying degree of evolution of biological systems. Of particular interest are the vertebrate pharyngula embryos as they were suggested to be highly evolutionarily conserved as a whole, but these previous studies have yet to reveal which specific clade retains more ancestral developmental systems than others. We propose that derivedness, or degree of evolution, of embryos could be quantitatively estimated by utilizing their gross embryonic transcriptomic profiles, and that this index could potentially show how much derived each developmental stage of each species is from the putative common ancestor as embryos are mapped on a dendrogram. We hypothesized that embryos of echinoderms may have more derived molecular developmental programs than their bilateral relatives, chordates, because the echinoderm pentaradial body plan implies that they had undergone drastic changes during body plan evolution. We developed a method to compute the proposed derivedness index of embryos and anticipate that this index would encourage biologists to study evolvability, such as a quantitative guide to investigating mechanisms how constraints in body plan evolution were imposed in lowly-derived developmental phases and species.

**P<sub>A</sub>-90****Uric acid accumulation in the wings of German cockroach *Blattella germanica* and several other cockroach species**  
**ゴキブリ類の翅における尿酸顆粒の貯蔵について**野田智仁<sup>1,2</sup>、深津武馬<sup>1,2</sup><sup>1</sup>東京大学大学院 理学系研究科 生物科学専攻  
<sup>2</sup>産業技術総合研究所

ゴキブリ類は尿酸顆粒を蓄積することに特化した尿酸細胞(urocyte)を脂肪体中に保有し、窒素不足時に尿酸を窒素源として活用すると考えられている。今回、チャバネゴキブリ(*Blattella germanica*)において、翅の組織にも尿酸顆粒が蓄積していることを見出した。この翅の尿酸顆粒も低窒素・飢餓条件にตอบสนองして消失することから、色素ではなく窒素貯蔵に関わる可能性が高い。モリチャバネゴキブリ(*Blattella nipponica*)など飛翔する種でも、飼育下で同様に尿酸顆粒が翅に蓄積することを確認した。本来、飛翔のための組織である翅における物質貯蔵は、寡聞にして他に報告例を知らない。尿酸貯蔵に関わる具体的な生理機構や、貯蔵に伴う飛翔能力との進化的トレード・オフなどについて考察し、今後の展望について述べる。

## PA-91

### Molecular mechanisms producing blue spot in blue-tailed damselfly (*Ischnura senegalensis*). アオモンイトトンボの腹部「青紋」を作り出す分子基盤

奥出絃太<sup>1</sup>、森山実<sup>2</sup>、深津武馬<sup>1,2</sup>、二橋亮<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東大・院理・生物、<sup>2</sup>産総研・生物プロセス

トンボは、赤・青・黄など多彩な体色・斑紋を持つ種が多いが、斑紋形成に関わる分子基盤はほとんど不明である。演者らは、近年アオモンイトトンボ(*Ischnura senegalensis*)において、実験室内での個別飼育系と RNAi による遺伝子機能解析系を確立した。アオモンイトトンボは和名が示す通りオスの腹部第8節に青い斑紋がある。今回、アオモンイトトンボの羽化直後の個体から腹部第8節(青紋部分)と腹部第4・5節(青紋なし)を切り出し、RNAseq 法による網羅的な遺伝子発現解析を行った。その結果、青紋部分では、オモクローム色素やプテリジン色素の合成・輸送に関与する遺伝子などが特異的に発現していることを見出した。これらの青紋特異的遺伝子について局所的な遺伝子機能阻害を行ったところ、機能未知遺伝子を含む複数の遺伝子の RNAi 部位において青紋の形成が阻害されたので、色素分析の結果と併せて紹介したい。

## PA-93

### The effects of transposable elements and the expression of flanking genes in *Caenorhabditis inopinata* with large evolutionary changes from the related species

#### 近縁種から大きな進化的変化を生じた *Caenorhabditis inopinata* において、転位因子が近傍遺伝子の発現に与える影響

○河原数馬<sup>1</sup>、稲田垂穂<sup>1</sup>、田中龍聖<sup>2</sup>、Mehmet Dayi<sup>2</sup>、菊地泰生<sup>2</sup>、杉本亜砂子<sup>1</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・院生命、<sup>2</sup>宮崎大・医

近年発見された線虫 *C. inopinata* は、姉妹種である *C. elegans* と複数の形質で異なる。このような大きな進化を起こす要因は未だ解明されていない。本種のゲノムの特徴に転位因子(TE)の増加がある。TE とは自律的に複製・転位する塩基配列であり、近傍遺伝子の発現を変化させることなどで進化を促進する可能性が示唆されている。本研究では、本種で特に大きく変化した体サイズに着目し、その進化における TE の役割の解明を目的とした。

これまで TE と近傍遺伝子の発現との関係を調べ、「*C. inopinata* に TE がある遺伝子群は *C. inopinata* でも *C. elegans* でも発現が低い傾向にある」と「TE がある遺伝子に対する種間の発現変動遺伝子のエンリッチメントはない」ことが分かった。TE の多くが発現に影響を与えている可能性は低いと考えられるため、今後は TE の種類などで場合分けした解析を行っていく。

## PA-92

### Neural basis associated with the behavioral evolution in Hymenoptera: Comparative physiology of the mushroom bodies between the honey bee and the sawfly, a primitive hymenopteran insect

#### ハチ目昆虫の行動進化の脳基盤～ミツバチと原始的なハチ目昆虫カブラハバチのキノコ体の比較生理学的解析～

○桑原高佳<sup>1</sup>、河野大輝<sup>1</sup>、畠山正統<sup>2</sup>、久保健雄<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院理、<sup>2</sup>農研機構・生物研

社会性昆虫であるミツバチの脳高次中枢キノコ体は、固有の遺伝子発現特性をもつ3種類のケニオン細胞サブタイプから構成される。ハチ目昆虫では、このサブタイプの数が行動の複雑化と相関して増加した可能性が指摘されているが、増加に伴うキノコ体の機能の変化は不明である。本研究では、原始的なハチ目昆虫であり、1種類のケニオン細胞をもつハバチ亜目のカブラハバチ(*Athalia rosae*)に着目し、キノコ体の遺伝子発現特性をミツバチと比較した。その結果、ミツバチの「大型」サブタイプ特異的に発現する *CaMK II* がキノコ体全体で発現亢進しており、カブラハバチのケニオン細胞はミツバチの大型サブタイプと類似した機能を持つ可能性が考えられた。ミツバチの大型サブタイプは記憶学習への関与が示唆されていることから、現在、カブラハバチにおける連合学習系の確立と、カブラハバチのキノコ体選択的に発現する遺伝子の機能解析を進めている。

## PA-94

### Identification of transposable elements affecting tissue-specific gene expression 組織特異的な遺伝子発現に影響を与える転移因子の同定

○島野桂伍<sup>1</sup>、里村和弘<sup>2</sup>、長田直樹<sup>3</sup>、遠藤俊徳<sup>4</sup>

<sup>1</sup>北大・院理、<sup>2</sup>北大・特任助教授、<sup>3</sup>北大・准教授、<sup>4</sup>北大・教授

本研究は組織特異的な遺伝子発現に影響を与える転移因子の同定を目的とする。哺乳類19種の、33種の転移因子データ計71,260,578個を材料として使用し、生物種間の転移因子の変異速度の平均値や転移因子の全ゲノムにおける割合の推定・比較を行った。その結果、生物特異的な変異速度をもつ転移因子が6種、生物特異的に存在する転移因子が12種見つかった。また、遺伝子周辺の転移因子の数による遺伝子発現への影響を明らかにするため、11種の哺乳類のゲノムデータから遺伝子領域付近の転移因子を同定し、発現プロファイルを用いて組織特異的な遺伝子発現との相関を調べた。その結果、特定の転移因子について組織特異的な遺伝子発現と高い相関が見られた。

**P<sub>A</sub>-95**

**Which cell type of campaniform sensilla expresses the patterning gene *wingless* in pupal wings of *Drosophila guttifera*?  
ミズタマシウジョウバエの模様形成遺伝子 *wingless* は、蛹期の翅において鐘状感覚子のどの細胞で発現しているのか?**

○古関将斗<sup>1</sup>、越川滋行<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>北大・環科院、<sup>2</sup>北大・地環研

昆虫の模様形成は生物進化を理解する上で重要な研究題材として用いられてきた。本研究では、ミズタマシウジョウバエの翅における模様の形成過程を題材として、新しい遺伝子発現パターンが獲得される条件を解明することを目的としている。この模様の形成は蛹期の新奇な *wingless* 遺伝子の発現により制御されるようだが、発現の上流過程は分かっていない。そこで本研究では、鐘状感覚子という神経組織の付近における *wingless* の発現に着目し、この発現の上流過程解明の手がかりを得るため、鐘状感覚子のどの細胞で発現するのか特定しようと試みている。これまでに、蛹期の鐘状感覚子の可視化方法の模索、*wingless* の発現の局在の確認を行ってきた。これらの結果を踏まえ、鐘状感覚子と *wingless* の発現の可視化を同時に行い、*wingless* を発現する細胞を特定する予定である。

**P-97**

**Genome-wide analysis of the Nivkh people in Sakhalin supported for the relationships between peopling history and linguistic diversity in Northeast Asia.**

**サハリン先住民族ニブフのゲノムワイド解析は、北東アジアにおける集団史と言語多様性の関連を支持する**

○Hiromi Matsumae<sup>1</sup>, Takehiro Sato<sup>2</sup>, Chiara Barbieri<sup>3</sup>, Kae Koganebuchi<sup>4</sup>, Nao Nishida<sup>5</sup>, Eriko Ochiai<sup>1</sup>, Motoki Osawa<sup>1</sup>, Tadashi Imanishi<sup>1</sup>, Ryosuke Kimura<sup>6</sup>, Hideyuki Tanabe<sup>7</sup>, Atsushi Tajima<sup>2</sup>, Hiroki Oota<sup>8\*</sup>, Kentaro K. Shimizu<sup>3,9\*</sup>.

<sup>1</sup>Sch. of Med., Tokai Univ., <sup>2</sup>Grad. Sch. of Adv. Prev. Med. Sci., Kanazawa Univ., <sup>3</sup>Dept. Evol. Biol. and Env. Studies, Univ. of Zurich, <sup>4</sup>The Kitasato Univ. Grad. Sch. of Med. Sci., <sup>5</sup>Res. Cent. for Hepatitis and Immunol., Nat. Cent. for Global Health and Med., <sup>6</sup>Grad. Sch. of Med., Univ. of the Ryukyus, <sup>7</sup>SOKENDAI, <sup>8</sup>Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo, <sup>9</sup>The Kihara Inst. for Biol. Res., Yokohama City Univ.

Recent studies have revealed that Northeast Asia is a crucial crossroad in the human peopling of East Asia. Our preliminary study of Northeast Asian populations revealed a significant correlation between genetic and linguistic relationships beyond language families, as we presented last year. Still relationships between language isolates remain unknown in Northeast Asia, here we focus on the Nivkh, an indigenous people who speak an isolated language in Sakhalin. Using the DNA collection of Dr. Satoshi Horai, SOKENDAI, we genotyped 2.5M genome-wide SNPs for 32 Nivkh individuals, and 15 Y-STR loci for 50 males of Northeast Asians (including 18 Nivkh). Phylogenetic analysis shows the Nivkh are related to other Northeast Asians. We also find remarkable gene flows between the Nivkh and the Hokkaido Ainu, absent in the Y chromosome, which might be explained by sex-biased admixture. Our study suggests that such genetic affinities between Nivkh and other language families support for the correlation between genetic and linguistic relationships of Northeast Asia.

**P<sub>A</sub>-96**

**Unicellular holozoans elucidate the origin of intercellular communication  
単細胞ホロゾア解析を通じた動物の細胞間連絡の起源解明**

○日野礼仁、小野真実、小西博昭、八木俊樹

県立広島大・生命システム専攻

多細胞性進化の分子メカニズムを解明するために、動物に近縁な単細胞生物群(単細胞ホロゾア)の持つ多細胞的な遺伝子の機能解析を行っている。細胞間連絡は動物において、形態形成や恒常性の維持に関わる重要な役割を果たしている。動物の細胞間連絡のメカニズムのうち、最も重要なものの一つにチロシンキナーゼ(TK)がある。単細胞ホロゾアの一つカブサスポラのゲノムからは、90個の受容体型 TK が見つかったが、どのような情報を受け取っているのか分かっていない。そこで我々は、こうした受容体型のタンパク質が、周囲の環境の変化を感知したり他の細胞が放出するタンパク質を受容したりしているのではないかと考え、分泌タンパク質の過剰発現による細胞の挙動の変化や、環境変化によるチロシンキナーゼカスケードのリン酸化レベルの変化を調べた。

**P-98**

**Genomic characterization of heteromorphic self-incompatibility locus in buckwheat**

○Tatsuya Ota<sup>1</sup>, Jotaro Aii<sup>2</sup>, Mariko Ueno<sup>3</sup>, Ryo Ohsawa<sup>4</sup>, Hiroki Saito<sup>3, 5</sup>, Kenta Shirasawa<sup>6</sup>, Ryoma Takeshima<sup>7</sup>, Tetsuya Nakazaki<sup>3</sup>, Kazusa Nishimura<sup>3</sup>, Takashi Hara<sup>4, 7</sup>, Hideki Hirakawa<sup>6</sup>, Jeffrey Fawcett<sup>6, 8</sup>, Katsuhiko Matsui<sup>7</sup>, Nobuyuki Mizuno<sup>3</sup>, Yasuo Yasui<sup>3</sup>

<sup>1</sup>SOKENDAI, <sup>2</sup>Niigata University of Pharmacy and Applied Life Sciences, <sup>3</sup>Kyoto University, <sup>4</sup>University of Tsukuba, <sup>5</sup>Japan International Research Center for Agricultural Sciences, <sup>6</sup>Kazusa DNA Research Institute, <sup>7</sup>The National Agriculture and Food Research Organization, <sup>8</sup>Kyoto University, Kizugawa, <sup>8</sup>RIKEN

Common buckwheat, *Fagopyrum esculentum*, exhibits heteromorphic self-incompatibility. *S* locus regulates the phenotype, where two types of alleles, i.e., dominant *S* and recessive *s* alleles, are present. To elucidate its genetic basis, we have characterized the locus with utilizing newly constructed genomic sequences of self-compatible line, 'Norin-PL1' (formerly known as 'Kyushu PL4') (3,097 scaffolds, 1.27 Gbp, N50:28.8 Mbp) and of short styled plants derived from 92FE1-F4 population (42,256 scaffolds, 2.32 Gb, N50:2.8Mbp for phased assembly). Detail characterization of the draft genomes have provided distinguished nucleotide sequences for *S* and *s* alleles, where a more than 2 Mbp region, containing *S-ELF3* gene found earlier by transcriptome analyses, is uniquely present in the *S* allele. The results are discussed in light of genetic bases of heteromorphic self-incompatibility observed among evolutionary independent lineages of angiosperms; it seems that the hemizygous state of *S* locus is a key feature to maintain the tight linkage of genes of different function.



**P-99****Evolutionary origin and maintenance of an amphibian specific alternative splicing 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維持機構**○齋藤くれあ<sup>1,2</sup>、齋藤 茂<sup>1,2,3</sup>、富永真琴<sup>1,2,3</sup><sup>1</sup>生理研・細胞生理、<sup>2</sup>生命創成探究センター・温度生物学、<sup>3</sup>総研大・生理科学

高温センサー分子である TRPA1において、バリンが1残基挿入された新規スプライシングバリエーション TRPA1(V+)を無尾両生類から発見した。現生する複数の無尾両生類種で TRPA1(V+)と既知のバリエーション TRPA1(V-)の両方が転写されていること、バリン残基の挿入の有無によりTRPA1の温度応答特性が変化することを報告してきた。TRPA1(V+)は高度に保存されていることから適応的な役割を持つと考えられる。TRPA1(V-)の第6イントロンの5'末端部位は無尾両生類ではGTAGTであり、(V+)型では4番目のGからスプライスされるためバリンが挿入される。2つのバリエーションが共存する状態が進化的に保存されてきた理由として、1)2種類あることが有利に働く、2)(V+)型は適応的に有利であるが代償的に(V-)型も発現する、という2つの仮説が考えられる。今後、これらの仮説を検討していきたい。

**P-100****The role of thermosensory system in the heat tolerance of Ryukyu kajika frog (*Buergeria japonica*)****リュウキュウカジカガエルの高温適応における温度受容システムの役割**○齋藤 茂<sup>1,2,3</sup>、齋藤くれあ<sup>1,3</sup>、井川武<sup>4</sup>、小巻翔平<sup>5</sup>、富永真琴<sup>1,2,3</sup><sup>1</sup>生理研・細胞生理、<sup>2</sup>総研大・生理科学、<sup>3</sup>生命創成探究センター・温度生物、<sup>4</sup>広島大・両生研、<sup>5</sup>いわて東北メディカル・メガバンク

高温耐性を増強させることにより、他の種が利用できないニッチを占有し、繁栄する種が存在する。温度を感じとり、行動により環境を選択できる動物においては、高温環境への適応進化において温度感覚の変化も必要であったと考えられる。本研究では、高温適応における温度受容システムの進化過程を解明するため、リュウキュウカジカガエルを対象に研究を行った。本種の幼生は著しい高温耐性を持ち、一部の地域では温泉が流れる水場でも成育できる。温度選択行動を調べたところ、幼生の忌避温度は経験依存的に変化し、暖かい温度で飼育した場合に40℃程度まで忌避温度が上昇することが分かった。また、高温の忌避応答に関与する温度センサー分子である TRPA1の温度感受性が著しく低下していた。更に、近縁種のカジカガエルとの比較により、温度応答行動や TRPA1の特性の変化はリュウキュウカジカガエルの進化系統で生じたことが明らかとなった。

**P-101****Exogenous capturing of self-transmissible plasmids from natural environment transmitting antibiotic resistance genes.****薬剤耐性遺伝子の伝播に寄与するプラスミドの収集**○中道 孝一朗<sup>1</sup>、金子 健成<sup>1</sup>、森 光矢<sup>1</sup>、森内 良太<sup>2</sup>、道羅 英夫<sup>2</sup>、金原 和秀<sup>1</sup>、二又 裕之<sup>1,2</sup>、新谷政己<sup>1,2</sup><sup>1</sup>静岡大・院総合科技、<sup>2</sup>静岡大・グリーン研

プラスミドは、異なる細菌間を接合伝達によって伝播し、宿主の形質を変化させることが可能な染色体外遺伝因子である。プラスミドの伝播現象は、多剤耐性菌の出現や蔓延にも寄与するため、世界各国で深刻な問題を引き起こしている。本研究では、こうした問題の解決に必須な情報となる、薬剤耐性遺伝子の伝播を担うプラスミドを臨床現場の外の環境から収集し、その種類の同定を試みた。その結果、β-ラクタム系やアミノグリコシド系の抗生物質耐性遺伝子(群)を搭載する IncN、IncA または IncC、IncP 群プラスミドが、活性汚泥および川、湖などの底泥試料から得られた。また、複数の薬剤耐性遺伝子が、トランスポゾンや class 1 integron に挟まれる形で存在することが判明した。現在、得られたプラスミドについて、他の環境試料中にはどの程度分布しているのかを調べるとともに、接合伝達頻度等の性質について比較している。

**P-102****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**○寺井洋平<sup>1</sup>、五條堀淳<sup>1</sup>、本郷一美<sup>1</sup>、松村秀一<sup>2</sup>、石黒直隆<sup>1,2</sup><sup>1</sup>総研大・生命共生、<sup>2</sup>岐阜大・応用生物

ニホンオオカミは100年前に絶滅した日本の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、ニホンオオカミは独自性の高いハイロオオカミの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特有の mtDNA のハプロタイプが、紀州犬と秋田犬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影響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7個体と日本犬9個体の高カバレッジのゲノム配列を決定し、解析を進めている。本発表ではニホンオオカミと日本犬のゲノムを、世界のハイロオオカミや各種犬種と比較し、ニホンオオカミから日本犬に浸透したと思われるゲノム領域について報告する。

## P-103

### Investigating the signature of selection on a gene associated with dyslexia of Chinese characters

#### 漢字ディスレクシア関連遺伝子に対する自然選択の痕跡を探る

○西山久美子<sup>1</sup>、颯田葉子<sup>1</sup>、五條堀淳<sup>1</sup>

<sup>1</sup>総研大・先導研

様々な表記体系において、識字障害(ディスレクシア)を伴う人々がいる。この障害には遺伝的要因があり、多くの関連遺伝子が報告されている。ヒトの進化史上、ほとんどの人々は最近まで文字を使わず生活していたため、個人の読み書き能力に自然選択が働いたとは考えにくく、選択がかかっていたとしても、その対象は識字そのものとは関係ない機能だと推測される。本研究は、中国の先行研究で漢字識字能力と関連がみられた SNP に対して中立性の検定を実施した。その結果、GNPTAB 上の SNP を含む連鎖不平衡領域に自然選択の痕跡がみられた。この領域内には他に二つの遺伝子が含まれる。当該領域を詳しく解析した結果、GNPTAB の外にあるオープンクロマチンに位置するサイトが自然選択の標的である可能性が示唆された。このサイトの変異は GNPTAB 以外の遺伝子発現に関わる可能性もあり、このサイトの進化的背景は上記の推測に沿うと考えられる。

## P-104

### Molecular evolution of jumping spider rhodopsins that underlie the depth perception from image defocus

#### 奥行き知覚を支えるハエトリグモのロドプシンの分子進化

○小柳光正<sup>1,2</sup>、永田崇<sup>1</sup>、寺北明久<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>大阪市大・院理、<sup>2</sup>大阪市大・複合先端

標的までの距離を正確に測る、すなわち奥行き知覚は、動物にとって重要な視覚機能である。これまでに私たちは、視覚に依存したクモであるハエトリグモに着目した研究を行い、ハエトリグモの主眼網膜で機能するロドプシンの吸収スペクトルと網膜内分布の解析および詳細な行動実験から、ハエトリグモは主眼網膜の一部に生じる“ピンぼけ像”にもとづいて距離を測定していることを明らかにした。さらに最近、ハエトリグモのロドプシンの吸収スペクトルは、他のクモ類のロドプシンには見られない特徴的なものであることを明らかにし、ハエトリグモのロドプシンの吸収スペクトルとピンぼけ像にもとづく奥行き知覚との密接な関係が示唆された。今回私たちは、このハエトリグモロドプシンの特徴的な吸収スペクトルがどのようなアミノ酸置換によって獲得されたのかを明らかにする目的で、ハエトリグモロドプシンの変異体解析を行ったので、その結果について報告する。

## P-105

### Possible new functions related to chromatin organization in human tDNA

○岩崎 裕貴<sup>1</sup>、池村 淑道<sup>1</sup>、黒川 顕<sup>2</sup>、岡田 典弘<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>長浜バイオ大学、<sup>2</sup>国立遺伝学研究所、<sup>3</sup>北里大学

tRNA は全ての生物種に共通した RNA であり、その遺伝子がコードされている tDNA 領域はクロマチン構造の調節など、タンパク合成以外の機能にも関与していることが示唆されている。本研究では、ENCODE データベースに登録されている転写因子の結合プロファイル情報を用いて、ヒトゲノム中の489の tDNA 領域に結合する転写因子の特徴抽出を行った。その結果、調べられた6種の細胞のいずれでも様々な転写因子が結合している多くの tDNA (134遺伝子)があることが見出された。Group1と名付けられたこれらの tDNA 領域は synteny が進化的に保存され、DNaseI の感受性領域に相当している。これらの tDNA 領域に結合する転写因子にはクロマチン構造の形成に関与する転写因子も多数含まれており、それらの転写因子を tethering することでクロマチン構造のダイナミックな変換に関与する可能性が示唆された。

## P-106

### Possible role of intra-strain variation and evolution in the epidemiology of a quarantine plant virus

○前島健作<sup>1</sup>、橋本将典<sup>1</sup>、薦田(萩原)優香<sup>2</sup>、宮崎彰雄<sup>1</sup>、西川雅展<sup>1</sup>、汲田幸平<sup>1</sup>、丸山紀子<sup>1</sup>、難波成任<sup>1</sup>、山次康幸<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大・院農、<sup>2</sup>酪農大・農食環境

系統内つまり極めて近縁なウイルス間に生じる性状の多様性とその分子機構の理解は、疫学上重要な視点をもたらす。本研究では、国際的に侵入が警戒される果樹ウイルス plum pox virus (PPV) を代表する D 系統について、国内外の全ゲノム配列情報を用いて適応進化を解析し、強い正の選択を受けるアミノ酸部位5箇所を特定した。中でも複製酵素の活性中心近傍の2635番目のアミノ酸(aa2635)の多型はウイルス蓄積量と当該アミノ酸変異株間の競争に影響しており、症状の強さや媒介効率を制御すると示唆された。aa2635の祖先塩基種推定により、系統内では Cys 型が標準だが、関西に侵入した PPV は弱毒性の Arg 型で、その後の感染拡大の過程で Cys 型への復帰変異を主とする多様化が起きたことが示された。このような一時的弱毒化とその後の復帰変異等による病原性回復や多様性獲得は、病原体が検疫等の人為的な選択圧下で感染拡大する際に有利に働く可能性がある。

**P-107****The effect of low-dose radiation on mutations in M2 generation of *Arabidopsis thaliana*  
シロイヌナズナにおける低線量放射線照射処理・次世代での突然変異への影響**

○平尾章<sup>1</sup>、渡辺嘉人<sup>2</sup>、長谷川陽一<sup>3</sup>、高木俊人<sup>1</sup>、上野真義<sup>3</sup>、兼子伸吾<sup>1</sup>

<sup>1</sup>福大・理工、<sup>2</sup>量研・放医研、<sup>3</sup>森林総研

放射線が生物の塩基配列に与える影響については、モデル生物や細胞を用いた照射実験等によって一定の知見が蓄積されている。しかしながら、低線量放射線の長期暴露によって、どのような塩基配列突然変異が生じるのかについては、まだ未解決の課題となっている。本研究では、シロイヌナズナを材料として、低線量率ガンマ線長期照射試験を実施し、処理次世代での突然変異の数や種類を全ゲノムリシーケンスによって検討した。その結果、点突然変異が放射線強度に応じて増加し、その関係性が負の二項分布を仮定した一般化線形モデルで説明されることが明らかになった。また短い挿入欠失突然変異についても同様の放射線強度に応じた増加傾向が認められ、挿入ではなく欠失の増加が寄与していることが示唆された。本発表では、低線量被曝による突然変異リスク評価への展望とともに、生物進化の多様性の源としての突然変異の発生パターンについて議論したい。

**P-109****Molecular evolution of two convergent duplication-type sex determining genes, *Xenopus dm-W* and medaka *dmy a*: verification for a “Jump-Corruption evolution” hypothesis  
収斂重複型性決定遺伝子 ツメガエル *dm-W* とメダカ *dmy* の分子進化：下剋上進化仮説の検証に向けて**

○藤村楓雅<sup>1</sup>、荻田悠作<sup>1</sup>、林舜<sup>1</sup>、塚本大輔<sup>2</sup>、田村啓<sup>3</sup>、高松信彦<sup>4</sup>、伊藤道彦<sup>5</sup>

<sup>1</sup>北里大・院理、<sup>2</sup>北里大・助教、<sup>3</sup>北里大・講師、<sup>4</sup>北里大・教授、<sup>5</sup>北里大・准教授

性決定カスケードのトップに座する性決定遺伝子は、一般的に進化的保存性に乏しい。本研究は、この珍しいタイプの性決定遺伝子の誕生と分子進化における自説【栄枯盛衰型の性決定遺伝子の下剋上進化仮説】(本大会2018; 遺伝子医学2019)を検証することが大きな目的である。我々は以前、アフリカツメガエルより性決定遺伝子 *dm-W* を発見し、種分化過程での誕生、速い進化速度、収斂重複のメダカ性決定遺伝子 *dmy* との平行進化を報告した(PNAS 2008; Chromosome Res 2012; Dev Biol 2017; iScience 2020)。本研究では、DNA 結合能という観点から、種分化における *DM-W* および *DMY* の塩基配列特異性の解析を行い、「性決定遺伝子は、集団内で確立後、弱有害進化の蓄積により、性決定遺伝子候補に下剋上されやすい」とする自説の検証を行っており、その途中経過を報告する。

**P-108****Molecular evolution of chemosensory receptor genes in the egg-laying mammals: echidna and platypus  
卵を産む哺乳類であるハリモグラとカモノハシにおける化学受容体遺伝子の分子進化**

○早川卓志<sup>1,2</sup>、Yang Zhou<sup>3,4</sup>、鈴木彦有<sup>5</sup>、二階堂雅人<sup>6</sup>、Frank Grutzner<sup>7</sup>、Guojie Zhang<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup>北大・院地球環境、<sup>2</sup>日本モンキーセンター、<sup>3</sup>University of Copenhagen、<sup>4</sup>BGI-Shenzhen、<sup>5</sup>日本バイオデータ、<sup>6</sup>東工大・生命理工、<sup>7</sup>The University of Adelaide

卵を産む哺乳類(単孔類)であるハリモグラとカモノハシの全ゲノムデータから、3種の化学受容体遺伝子ファミリー *TAS2R*、*OR*、*VIR* を決定した(Zhou et al. *Nature* in press)。苦味受容体遺伝子(*TAS2R*)ファミリーは両種とも5個前後しかなかった。無脊椎動物食者である単孔類はあまり苦味感覚を必要していないと考えられる。カモノハシの *VIR* (副嗅覚系嗅覚受容体)の個数は哺乳類で最大級であることが知られていた(本研究では262個と判定)が、ハリモグラは28個しかなかった。一方、*OR* (主嗅覚系嗅覚受容体)の個数はハリモグラ(693個)の方が多かった(カモノハシは299個)。ハリモグラでは主嗅球が発達しているのに対し、カモノハシは副嗅球が発達していることを関係していると考えられる。今後、脊椎動物全体での比較ゲノム解析や、遺伝子発現・機能解析等によって、原始哺乳類がどのような化学感覚系を持っているかの重要な手がかりを得ることができるだろう。

**P-110****Presence-absence polymorphisms of single-copy genes in the stony coral *Acropora digitifera*.  
ココビミドリイシサンゴにおける遺伝子有無の多型**

○仮屋園志帆、寺井洋平

総合研究大学院大学先導科学研究科

サンゴ礁をつくるミドリイシ属サンゴ(以下サンゴ)は水温の上昇等の環境ストレスにより減少している。同種のサンゴ内で環境ストレスへの耐性が異なることが知られており、高温耐性に関連するゲノム領域が示されている。そこでサンゴ種内の遺伝的な違いの理解を深めることを目的に研究している。

これまでの研究で、ココビミドリイシというサンゴにおいて一部の遺伝子が、その遺伝子を持つ個体と持たない個体が存在するという「遺伝子有無の多型」であることを明らかにした。そこで、ココビミドリイシゲノム全体での遺伝子有無の多型を示す遺伝子を探索した。自身で決定したゲノムDNA配列のショートリードと公共データベースに登録されているデータの計33個体分のデータを用いて、全ての機能的制約下の単一コピー遺伝子を調べたところ、約5%が遺伝子の遺伝子有無の多型であった。遺伝子の有無の多型を示す遺伝子の半数で遺伝子の発現が見られた。

## P-111

### Project for evolutionary mechanism on diversification of polyglutamine repeats in human

○ 嶋田 誠

藤田医科大学・総医研

ヒトの単一アミノ酸反復のうち、反復多型のあるポリグルタミン配列は、最も長い傾向があり、しかも、類人猿と比べヒトでは反復長の分散が顕著に大きい。人類進化の過程でこれらの反復多型が多様化したことで、一部の座位ではトリプレット反復病発症リスクのある長い反復アレルが出現したと考え、人類に特徴的の形質との関連が示唆されている[Shimada et al. 2016]。そこで、人類進化過程のいつ頃、どこで、ポリグルタミン反復多型の多様化が増加したのかを明らかにすることで、人類集団が経験した進化イベントとポリグルタミン配列との関係を明らかにする目的で、実験操作による反復回数エラーや相推定の入らない long-read シークエンサーを用いた方法により、反復配列とその近傍配列の広域ハプロタイプを世界中の大陸の現代人より決定することを計画中である。本研究では特定のアレルに対する選択圧の変化というより、多様性を増加させる進化機構や多様性の維持機構に迫る解析法を目指している。

## P-113

### A preliminary analysis on adaptiveness of conspicuous consumption using a gene-culture coevolution model

#### 顕示的消費行動の適応的意義に関する遺伝子-文化共進化モデルを用いた予備的な分析

○小松秀徳<sup>1</sup>、橋本康弘<sup>2</sup>、田中伸幸<sup>3</sup>、劉広昊<sup>4</sup>、陳昱<sup>4</sup>

<sup>1</sup>電中研・ENIC、<sup>2</sup>会津大・コンピュータ理工、  
<sup>3</sup>電中研・環境科学、<sup>4</sup>東大・院新領域

実用的な価値が高くないにも関わらず高額な商品を購入する顕示的消費行動には、堅実性、開放性、利他性といった各種パーソナリティ指標を誇示するシグナルとしての機能があることが定性的に指摘されてきた。一方で、これらのシグナルが定量的にどのようなメカニズムで進化し、適応的意義をもたらすかは明らかではない。そこで、パーソナリティ指標として Big-5 のパラメータを持ち、これに従って行動するエージェントが、生存率を補正したり各パーソナリティ指標を見かけ上補正したりする機能を持った各種製品を購入し、補正された Big-5 を元に相互作用と繁殖を繰り返す、さらに製品自体もエージェント同士の相互作用を通じて進化を繰り返す、遺伝子-文化共進化シミュレーションの基礎的なモデルを構築する。このモデルを用いた予備的な分析の結果を紹介し、併せてモデル改良の方向性についても議論する。

## P-112

### Functional analysis of bacteriocyte-specific amino acid transporter in whiteflies タバココナジラミ菌細胞内で特異的に働くアミノ酸トランスポーターの機能解析

川端 大樹<sup>1,2</sup>、土田 努<sup>3</sup>、○藤原 亜希子<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup>群馬大・食健康センター、<sup>2</sup>群馬大・理工学部、  
<sup>3</sup>富山大・学術研究部、<sup>4</sup>理研・CSRS

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。我々のこれまでの研究において、菌細胞で特異的に高発現しているアミノ酸トランスポーター(Btslif)の存在が明らかとなっており、菌細胞による栄養共生システムにおいて重要な役割を担っていることが推測された。そこで詳細な解析を行ったところ、1) Btslif は菌細胞膜表面に加えて核周辺にも存在し、それらの局在パターンは幼虫と成虫(若齢・老齢)では変化すること、2) 電気生理学的解析から、グルタミン酸とアスパラギン酸を取り込み基質とする可能性が高いことが判明した。これらの結果は、Btslif が菌細胞内外でのアミノ酸輸送に加えて菌細胞内の共生細菌間の物質輸送にも関与し、また、宿主成長段階によってその働きにも変化が生じる可能性を示唆している。

## P-114

### Role of hybrid genome doubling in polyploid wheat evolution

#### コムギ倍数性進化における雑種ゲノム倍加の重要性

○松岡由浩<sup>1</sup>、森直樹<sup>2</sup>

<sup>1</sup>福井県立大・生物資源、<sup>2</sup>神戸大・院農

パンコムギを含む普通系コムギ(AABBDD ゲノム)は、栽培型の二粒系コムギ(AABB ゲノム、雌親)が野生種タルホコムギ(DDゲノム、花粉親)と自然交雑して誕生したと考えられている。このプロセスの遺伝的メカニズムをより良く理解することを目指して、パンコムギ D ゲノムと遺伝的に近いタルホコムギ(1系統)を花粉親テスターとして人為交配実験を行った。この実験では、二粒系コムギ77系統(栽培型46系統、野生型31系統)とテスターを交配し、交雑着粒率および、この交配で得られた F<sub>1</sub>雑種(3倍体、ABDゲノム)(33雑種)の自然ゲノム倍加率を調査した。交雑着粒率は、栽培型と野生型の間で大きな違いは見られなかった。一方、自然ゲノム倍加率は、栽培型由来の F<sub>1</sub>雑種の方が、野生型由来の F<sub>1</sub>雑種よりも高かった。これらことから、パンコムギの進化においては、雑種ゲノム倍加が重要な働きをしたことが示唆された。

## P-115

### Patterns and Phylogeny of *Arothron* Pufferfish モヨウフグ属魚類の模様と系統

○宮澤清太<sup>1</sup>

<sup>1</sup>阪大・院生命機能

モヨウフグ属の魚種は多彩な体表模様をもつことで知られる。模様パターンと系統との関係を調べる目的で、モヨウフグ属魚種の体表模様パターン定量解析と比較ゲノム解析を行った。9種120個体について模様パターンの複雑度・明度を定量したところ、反応拡散モデルにもとづくシミュレーションとよく一致する結果が得られた。このうち迷宮状の模様をもつ一部の種については、モデルの予測から、斑点模様をもつ種間の交雑に由来する可能性が示唆された。これらの種を含む12種21個体について全ゲノムシーケンスを行い、うち1種ホシフグ *Arothron firmamentum* について de novo ドラフトゲノムアセンブリを作成した。これをリファレンスとして残る11種についてマッピングを行い、多型解析、祖先集団解析を行ったところ、モデルの予測のとおり、迷宮模様をもつ2種が暗色斑種と淡色斑種との交雑に由来していたことが明らかとなった。

## P-117

### Dispersal in eastern Eurasia and hair color variation in House mouse *Mus musculus* inferred from genome sequence analyses ゲノム配列に基づく野生ハツカネズミの東方移動と毛色変異進化

鈴木仁<sup>1</sup>、藤原一道<sup>2</sup>、河合洋介<sup>3</sup>、高田豊行<sup>4</sup>、城石俊彦<sup>4</sup>、齋藤成也<sup>5</sup>、長田直樹<sup>2</sup>

<sup>1</sup>北大・地球環境、<sup>2</sup>北大・院情報科学、<sup>3</sup> 国際医療研究セ、<sup>4</sup>理研 BRC、<sup>5</sup>国立遺伝研

野生ハツカネズミ由来個体110匹において、ミトコンドリア DNA ゲノム16 kb 配列データを用い、先史時代のユーラシアの日本列島を終着とする東方移動を解析し、さらに腹部毛色関連核遺伝子の *Asip* 遺伝子150kb の変異に基づいて日本列島産ハツカネズミの標準的毛色パターンである腹部白色性の進化的位置付けを行ったので速報として紹介したい。まず、ミトコンドリア DNA 変異より時空間動態を解析すると、日本列島へ移入した系統の源流は中国西部であることが示された。一方、腹部の毛色の明度の地域性と *Asip* 遺伝子の系統樹で示されたクラスターとの強い関連性があった。日本列島のハツカネズミの持つ *Asip* 配列は、中国西部のハツカネズミが持つ *Asip* 配列と同じクラスターに属した。これよりタクマラカン砂漠などを擁する乾燥地帯で環境適応して生じた毛色変異が農耕の発展とともに東方移動し、最終的に日本列島に移入した可能性が示された。

## P-116

### Comparisons of flower traits and genetic structures in the hybrid zone between *Camellia japonica* and *Camellia rusticana* ヤブツバキとユキツバキの交雑帯における形質と遺伝的構造の比較

○阿部晴恵<sup>1</sup>、藁和冨文<sup>2</sup>、三浦弘毅<sup>3</sup>

<sup>1</sup>新大・佐渡セ、<sup>2</sup>新大・農卒、<sup>3</sup>浅虫水族館

日本にはヤブツバキ(*Camellia japonica*)とユキツバキ(*Camellia rusticana*)の2種のツバキ節が自生しており、この2種の分布境界ではユキバタツバキという形質多型が大きい個体が生育する。しかしながら、これらの形質多型がどのような遺伝的基盤により成立したのかは明らかになっていない。このため本研究では、ヤブツバキとユキツバキ交雑帯成立の由来を明らかにすることを目的とした。

交雑帯の分析には、岐阜県大間見、滋賀県山門水源、滋賀県椿坂、新潟県佐渡市の計4地点で採取したサンプルを用いた。その他、遺伝解析により明らかになっているヤブツバキおよびユキツバキ集団を用いた。花形質として、花弁長、花弁幅、花高、花幅、花糸長、花糸幅、雌蕊長の7部位の長さを計測し、また合着率を合着長/花糸長から、花弁比を花弁長/花弁幅から、平開率を花幅/(2×花弁縦長)から算出した。蜜量、花蜜の屈折率糖度、花弁の RGB、花糸の RGB を計測し、花弁と花糸の色相、明度、彩度を算出した。遺伝的構造については、葉緑体 SSR および核 EST-SSR について Structure による解析を行った。

その結果、岐阜県の交雑帯は、花形質はヤブツバキに近く、遺伝的構造はユキツバキとヤブツバキの中間的な核 DNA、ヤブツバキに近い葉緑体 DNA であった。滋賀県の交雑帯ではユキツバキとヤブツバキの中間的な花形質をもち、ユキツバキに近い核 DNA を持ち、ユキツバキに近い葉緑体 DNA であった。滋賀県の交雑帯は、ヤブツバキに近い花形態と核 DNA と葉緑体 DNA であった。以上から、遺伝的構造と花形態の特徴は必ずしも一致しないことが明らかになった。

## P-118

### Resolving the basal relationships of teleost fish using genome-scale data ゲノムスケールデータを用いた真骨類の初期の分岐パターンの推定

竹崎直子

香川大学

The phylogenetic relationships of three basal groups of teleost fish, Osteoglossomorpha (bonytongues and others), Elopomorpha (eels and relatives), Clupeocephala (the remaining teleost fish), are controversial. Previous molecular studies supported all possible relationships among these groups. This study analyzed genome-scale data of protein-coding genes from three previous studies: (1) 412 genes from 12 species, (2) 772 genes from 15 species, and (3) 760 genes from a variable number of species (average  $192.2 \pm 46.4$ , 305 species total). The effects of the species, genes, and models used were investigated. In the analyses of the three datasets, although the first divergence of Clupeocephala that left the other two groups in a sister relationship was supported using species and/or genes with a large divergence, the first divergence of Elopomorpha among the three groups was supported using species and/or genes with small divergences in concatenated sequences and gene trees. The increase in accuracy of the phylogenetic construction by using species and genes with small divergence was confirmed by computer simulation and by a phylogenetic informativeness approach. These results indicated that Elopomorpha was the first basal group of teleost fish to have diverged, consistent with recent morphological studies.

## P-119

### A *Wolbachia* strain that is no longer able to rescue the modification of cytoplasmic incompatibility 細胞質不和合(CI)の修飾を救済できなくなったボルバキア

○吉田一貴<sup>1,2</sup>、真田幸代<sup>3</sup>、徳田誠<sup>2</sup>

<sup>1</sup>鹿大院・連合農、<sup>2</sup>佐大・農、<sup>3</sup>農研機構・九州農研

ヒメビウンカには細胞質不和合(CI)を引き起こす共生細菌ボルバキアが感染している。CIは感染オスと非感染メスが交配した場合に卵が孵化しない現象であり、感染オスの精子に修飾が施されており、非感染卵はこれを解除できずに致死となると考えられている。ヒメビウンカのボルバキアにはCIの原因遺伝子 *cifA-cifB* が4対存在することが判明している。発表者らは、ボルバキア感染メスと非感染オスとの交配によって継代してきた系統で、他系統の感染オスとの交配によってCIが起こる事例を発見した。そこで4対の *cifA-cifB* に特異的なプライマーを設計して確認したところ、この系統は1対の *cifA-cifB* を欠損していた。本来、CI 遺伝子の欠損は速やかに淘汰されると考えられるが、本系統はCIを救済する機会がない条件で継代したことにより、この変異が淘汰されることなく飼育系統内で維持されたものと考えられる。

## P-121

### Comprehensive behavioral assay of humanized substitutions in *Vmat1* with genome-edited mice Vmat1ヒト型改変マウスを用いた網羅的行動解析

○佐藤大気<sup>1</sup>、井上-上野由紀子<sup>2</sup>、森本由起<sup>2</sup>、井上高良<sup>2</sup>、服部聡子<sup>3</sup>、Giovanni Sala<sup>3</sup>、宮川剛<sup>3</sup>、河田雅圭<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東北大・院生命、<sup>2</sup>NCNP、<sup>3</sup>藤田医科大

近年のゲノム・表現型データベースの充実や解析技術の進展により、精神疾患や性格を含めたヒトの精神的傾向を規定する遺伝基盤の解明が進んでいる。一方で、それらの遺伝子がどのように進化し、私たちの表現型にどう影響してきたのかは不明な点が多い。これまでに我々は、*VMAT1* (小胞モノアミントランスポーター1) 遺伝子に生じたアミノ酸置換が人類の進化過程で自然選択を受けてきたことを見出し、ヒトの情動機能の進化に寄与した可能性を示した(Sato & Kawata 2018; Sato et al. 2019)。本研究ではさらに、ゲノム編集により上述のアミノ酸をヒト型に置換したマウスを作製し、分子/神経/行動といった複数の視点から *Vmat1* 遺伝子変異が生体に及ぼす影響の解明を目指す。現在までに網羅的な行動実験による各遺伝子型の行動表現型の定量が一部完了しており、本発表ではその結果について議論したい。

## P-120

### "Evolve & Requence" for the adaptive evolution of *Drosophila albomicans* to coldness アカショウジョウバエの低温適応の実験進化

近藤朋希<sup>1</sup>、小川佳孝<sup>1</sup>、田中健太郎<sup>1</sup>、○田村浩一郎<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>都立大・院理、<sup>2</sup>都立大・生命情報研究セ

東南アジアの熱帯に分布していたアカショウジョウバエ (*Drosophila albomicans*) は、現在、温帯である西日本でも生息が確認されている。先行研究の結果から、日本の集団は台湾から移住する際に低温耐性が向上し、低温順化への応答の強化がその大きな要因であることが分かっている。本研究では、*D. albomicans* の低温耐性向上の遺伝基盤を明らかにするため、台湾産の系統から10の実験集団を構築し、その中5集団は毎世代低温による人為選択を行い、実際に低温耐性が向上するか検証した。そして、11、21、31世代目の実験集団については、Pool-seqによって全ゲノム配列を決定し、人為選択によって遺伝的構成がどのように変化したか調べた。その結果、対照実験集団では遺伝的浮動による集団間の分化が見られたが、人為選択集団では選択の効果により集団の遺伝的構成の収斂が見られた。

## P-122

### Is the mutation of twin-tail goldfish optimal? 育種で双尾金魚に固定した変異は最適か？

太田 欽也

台湾中央研究院

育種の過程で固定された遺伝子型は表現型を通じた人為選択の結果であると理解される。しかしながら、現在、固定されている対立遺伝子が育種家にとって最適なものであったのかどうかは、すでに消えてしまった対立遺伝子との詳細な比較があって、はじめて明らかになるのではなかろうか？ そう考えると育種の過程で何が起きたかを回顧的な方法だけで解き明かすことは原理的に限界がある。よって、我々の研究室では金魚に二又した尾びれを作り出す *chdA* 遺伝子に注目し、『育種由来 *chdA* 変異対立遺伝子』とゲノム編集技術によって作られた『合成由来 *chdA* 変異対立遺伝子』を異形接合型で保持する金魚を作出し、その次世代の表現型を解析、進化発生的考察を行っている。本発表ではその研究の進捗を解説する。

**P-123****Complex relationship between tunneling patterns and individual behaviors in termites  
シロアリのトンネル形成の種間差における行動と構造の関係**○Nobuaki Mizumoto<sup>1</sup>, Paul M. Bardunias<sup>2</sup>, Stephen C. Pratt<sup>3</sup><sup>1</sup>Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, <sup>2</sup>Florida Atlantic University, <sup>3</sup>Arizona State University

The nest structures built by social insects are complex group-level patterns that emerge from interactions among individuals following simple behavioral rules. Because of the complex relationship between variation in collective patterns and variation in individual behaviors, it is essential to know how actual behavior evolves to change pattern formation. Here we study the interspecific variation of termite tunneling at both collective and individual levels. First, we showed that two closely related species share the same behavioral repertoire but build tunnels with distinct branching patterns. We confirmed that this variation in pattern is explained by a difference in the probability of sidewall excavation in the two species. Second, we discovered that two species that evolved tunneling independently produce similar tunneling patterns with distinct behavioral repertoires. These results demonstrate that collective characteristics diverge via quantitative tuning of shared behavioral rules, rather than the acquisition of novel behaviors.

**P-125****The ecological by-products of evolution of polymorphisms in birds  
鳥類における種内多型の進化の生態的副産物**高橋佑磨<sup>1</sup>、秦 和也<sup>2</sup>、佐藤恵里<sup>2</sup>、鈴木紀之<sup>3</sup>、村上正志<sup>1</sup><sup>1</sup>千葉大・院理、<sup>2</sup>千葉大・院融合、<sup>3</sup>高知大・農

集団内の色彩多型の進化は、ニッチ分化を通じて資源競争や捕食リスクなどを緩和することで分布域の拡大や絶滅リスクの低減、すなわち、集団の繁栄をもたらすことが示唆されている。ただし、色彩多型と分布域の広さや絶滅リスクとの関係についての解析の多くは、特定の地域の生物種のみを対象にしていたり、色彩多型以外の形質や系統の影響を考慮していないものばかりであった。本研究では、系統関係や多型の有無が既知の約6000種の陸生鳥類を対象に、全球スケールでの系統種間比較を行ない、色彩多型が分布面積や絶滅リスクに与える影響を検証した。その結果、種の分布の面積や生物地理区分数、環境幅は、多型種のほうが単型種よりも大きいことがわかった。また、最近数十年で個体数が安定している種の割合や絶滅リスクの低い種の割合は、多型種のほうが単型種より高かった。これらの結果は、種内多型の進化が種の繁栄を促すことを示している。

**P-124****Comparing life histories of early- and late-winter geometrid moths  
初冬型および晩冬型フユシャク類の生活史比較：平行種分化の謎に迫る**○山本哲史<sup>1</sup>、工藤誠也<sup>2</sup>、佐藤臨<sup>3</sup>、池田紘士<sup>2</sup>、藤澤知親<sup>4</sup>、野村翔太<sup>1</sup>、曾田貞滋<sup>1</sup><sup>1</sup>京大・院理、<sup>2</sup>弘前大・農生、<sup>3</sup>首都大・院理、<sup>4</sup>滋賀大・データサイエンス教育研究センター

羽化時期の平行進化によって多様化したと考えられる冬季活動性蛾類 *Inurois* 属の飼育実験およびゲノム解析を行った。飼育では、系統解析をもとに、独立に初冬型生活史を獲得した3種の初冬型種と、同じく独立に晩冬型生活史を獲得した2種の晩冬型種を用い、羽化に必要な環境刺激が初冬型どうし、晩冬型どうしでそれぞれ類似することを明らかにした。特に、晩冬型は日周温度変化が羽化を促進するが、初冬型は羽化にそのような日周温度変化を必要としないことが明らかとなった。また、初冬型1種と晩冬型2種のゲノムを読み、時計遺伝子群の比較を行った。その結果、初冬型1種では、主要な時計遺伝子の一つが断片化していることが示唆された。この時計遺伝子は、他の蛾類においても羽化時期の違いに関与していることが示唆され、また日周温度変化は概日リズムの維持にも必要である。これらの知見を合わせると時計遺伝子の断片化が羽化様式に関与しているかもしれない。

**P-126****Kin selection and reproductive value in social mammals  
哺乳類社会における血縁淘汰：繁殖値の重要性**杓掛展之<sup>1</sup>、長谷川克<sup>2</sup><sup>1</sup>総研大・先端科学、<sup>2</sup>石川県立大・環境

多くの実証的研究によって、血縁度と利他性が正の関連を示すという血縁淘汰(包括適応度)理論の予測が支持されてきた。その一方、血縁淘汰理論から予測される、個体の繁殖値(reproductive value; ある状態変数を持つ個体が将来の遺伝子プールに寄与する度合い)が利他性に与える影響については、これまでに注目されてこなかった。本研究では、哺乳類を対象にした実証研究を総説し、繁殖値に関する予測を検証した。その結果、ほぼ半数の研究において、理論的に予測される(1)行為個体の繁殖値と利他性の負の関係、(2)受け手個体の繁殖値と利他性の正の関係が見つかった。これらの結果は、血縁淘汰における繁殖値の重要性を支持するものであるが、血縁淘汰理論から導かれる、血縁度と受け手個体の繁殖値の積が利他性と正の関連を示すという予測は、一例を除いて検証されていなかった。これらの結果を踏まえて、本発表では、血縁淘汰のより精度の高い検証方法を提案する(Hasegawa & Kutsukake, 2019, J Ethol)。

## P-127

**How does a biological population adapt to a new colonized habitat?: case study of a *Daphnia pulex* population colonized in Lake Fukami-ike, Nagano analyzed by dormant eggs preserved in lake sediments.**

**生物個体群は移入先の環境にどのように適応するか: 湖沼堆積物と休眠卵を用いた、長野県深見池におけるミジンコ個体群の環境適応の分析**

○大竹裕里恵<sup>1</sup>、大槻朝<sup>2</sup>、占部城太郎<sup>2</sup>、陶山佳久<sup>3</sup>、松尾歩<sup>3</sup>、廣田峻<sup>3</sup>、印南秀樹<sup>4</sup>、木村成子<sup>5</sup>、山田和芳<sup>6</sup>、吉田丈人<sup>7,1</sup>

<sup>1</sup>東大・総合文化、<sup>2</sup>東北大・生命、<sup>3</sup>東北大・農、  
<sup>4</sup>総研大・先導研、<sup>5</sup>滋賀県大・環境、  
<sup>6</sup>ふじのくに地球環境史ミュージアム、<sup>7</sup>地球研

新たな生息環境へ生物個体群がどのように定着するかは生態学で広く取り組まれてきた課題である。本研究では、湖沼に保存された年縞堆積物の各年代層に残存するミジンコ (*Daphnia pulex*) の休眠卵と遺骸を用いることで、通常は困難である生物個体群定着初期からの遺伝的構造と形質の時系列変動の観察を実現し、新たな生息環境への生物個体群の適応機構について考察を試みた。

ミトコンドリアマーカを用いた休眠卵の遺伝解析の結果、深見池のミジンコ個体群において、2003年頃の定着初期から現在まで、単一の遺伝子型が優占してきたと示された。一方で、卵鞘と尾爪の形態測定から、魚類群集の変動に対し成熟個体の体サイズや防御形質が変動したと示唆された。遺伝的多様性が限られていたことから、この応答は遺伝子型の交代ではなく可塑性によると考えられる。以上より、深見池のミジンコは環境変化に応じた可塑性を有しており、これが定着成功を促した可能性が示唆された。

## P-129

**A courtship behavior that makes monandrous females polyandrous  
新奇求愛行動獲得による配偶システムの進化**

嶺川一喜、網野 海、○松尾隆嗣

東大・院農

多くの動物ではメスは生涯に複数のオスと交尾する(多婚性)が、たった一度しか交尾しない種もある(単婚性)。異なる配偶システムが進化するメカニズムについてはほとんど分かっていない。テナガショウジョウバエ *Drosophila prolongata* のメスは多婚性であり、最初の交尾の翌日には別のオスとの再交尾を受け入れる。ところが、本種に特徴的な求愛行動である leg vibration (LV) を封じたオスとは再交尾を受け入れない(初回交尾であれば受け入れる)。これは、再交尾抑制(交尾後数日のあいだメスの受容性が低下する現象: remating suppression, RS) を LV が打破し、結果として再交尾抑制が隠蔽されている (cryptic RS) ことを示している。今回、この cryptic RS がどれくらい持続するのかを調べたところ、驚いたことに初回交尾のあと2週間たってもメスの再交尾率は回復しなかった。これらの結果は、本種のメスは本来単婚性であり、LV によって多婚性に転換したことを示唆している。

## P-128

**Host selectivity of the flower-feeding fruit fly *Drosophila elegans*  
花に棲むカザリショウジョウバエの訪花選好性**

石川由希<sup>1</sup>○、林優人<sup>1</sup>、藤井航平<sup>1</sup>、武方宏樹<sup>2</sup>、  
田中良弥<sup>1</sup>、上川内あづさ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>名大・院理、<sup>2</sup>琉大・戦略的研究プロジェクトセンター

訪花行動は哺乳類や鳥、昆虫などさまざまな動物で見られる。訪花行動には、自然環境下で特定の花を認識し定位するための複雑な情報処理が必要であるが、どのような神経機構がこのような行動進化を実現したのかは未知である。カザリショウジョウバエはショウジョウバエの中でも珍しく訪花行動を示す種である。本種は飼育や継代が容易であり、キイロショウジョウバエと近縁であることから、訪花行動の進化の神経機構を探る良いモデルである。本種は、野外ではアサガオ類とゲットウに訪花、産卵することが報告されているが、その選好性は定量的に調べられていない。そこで本研究では、琉球大学西原キャンパスに咲く6種の花における本種の訪花頻度を調べた。その結果、本種はノアサガオ > ゲットウ ≧ テッポウユリ > ベンガルヤハズカズラの順に頻繁に訪花しており、アリアケカズラとニンニクカズラでは訪花が確認できなかった。このことから、本種は系統的にも形態的にも多様な花に訪花し、またその訪花性には選好性があることがわかった。

## P-130

**Evo-Devo study of hatching gland cells in vertebrates  
椎動物孵化腺細胞の進化発生学的研究**

○長澤竜樹<sup>1,2</sup>、安増茂樹<sup>3</sup>、矢野十織<sup>2</sup>、岡部正隆<sup>2</sup>

<sup>1</sup>東工大・生命理工、<sup>2</sup>慈恵医大・解剖、<sup>3</sup>上智大・理工

魚類と両生類は、孵化時に胚体表面の孵化腺細胞より、卵膜を特異的に分解するプロテアーゼ(孵化酵素)を放出することによって、孵化を可能にしている。この孵化酵素をコードする遺伝子は脊椎動物間で相同であるにもかかわらず、真骨魚類と両生類では、孵化腺細胞の発生の起源が異なることが知られている。我々はこれまでの解析から、真骨魚類の系統的外群に位置する下位条鰭類が真骨魚類型孵化腺細胞を持つことを示し、真骨魚類型の孵化腺細胞が全ゲノム重複によって生じた可能性を否定した。本研究ではさらに、孵化腺細胞の分化に必須である因子を欠失させたゼブラフィッシュを作製し、これを用いた解析から真骨魚類型と両生類型の孵化腺細胞の分化メカニズムの違いを考察した。さらに、広範な脊椎動物におけるゲノム比較解析や一細胞 RNA シーケンシングの再解析などを行い、これらを進化的に考察する。



**P-131****Investigation of the developmental process and molecular mechanism of hindwing degeneration of ground beetles  
オサムシの後翅退化の発生過程と分子機構の解明**蘇智慧<sup>1,2</sup>、佐々木綾子<sup>1</sup>、新美輝幸<sup>3,4</sup>、富永修<sup>5</sup><sup>1</sup>JT 生命誌研究館、<sup>2</sup>阪大・理、<sup>3</sup>基生研、<sup>4</sup>総研大・生命科学、<sup>5</sup>奈良市

昆虫類は地球上で最も多様化した動物群である。その多様化をもたらした様々な要因の中でも、翅の獲得は昆虫の進化・多様化の過程において最重要なイベントである。一方、現存の昆虫類では翅をなくしたものも少なくない。翅の退化も種の多様性を促進していると考えられており、つまり翅の獲得と退化はどちらも昆虫の種多様性に寄与している、実に興味深い現象である。オサムシは後翅退化の代表的昆虫群であり、これまでの我々の研究では、後翅が完全に消失した分類群と、様々な形態に退化した分類群があることが判明している。本研究の目的は、代表的な分類群のオサムシを用いて、後翅退化の進化的分子機構を明らかにすることである。今回はヤコンオサムシの後翅退化の発生プロセスと翅形成に関わる重要遺伝子の発現パターンについて報告する。

**P-132****Floral phyllotaxis is polymorphic in basal eudicot species.  
花のボディプランの種内多型**○藤本仰一<sup>1</sup>、北沢美帆<sup>2</sup><sup>1</sup>阪大・理、<sup>2</sup>阪大・CELAS

Floral organs are clade-specifically arranged to either spiral or whorled (concentric circles) phyllotaxis. The basic number of perianth organs within a whorl is limited to three in monocots and to four or five in eudicots. The evolutionary relationship between the whorled and spiral phyllotaxis remains unclear. Here, we showed that the positional arrangement of perianth organs was intra-specifically variable but constrained to spiral and whorled in floral populations of several *Anemone* and *Eranthis* species (Ranunculaceae). We determined mathematically that most of these constrained arrangements emerge upon the spiral phyllotaxis with an angle between subsequent organs. Incorporating the post-meristematic organ displacement into the model, double whorls can work as templates to form multiple whorls, the basic number of which is stabilized to three, four, or five depending on the angle. These results demonstrate spiral phyllotaxis promotes the polymorphism of whorl and spiral, providing an evolutionary scenario in which the floral bauplans could be differentiated into tri-, tetra- and penta-radial symmetries.

**P-133****The Birth of Linguistic Humans 66,000 Years Ago with Howiesons Poort Industry and Laryngeal Descent  
言語的人類は6万6千年前にホイスンズプールト文化と喉頭降下とともに生まれた**

得丸久文

カラハリプロジェクト

筆者は、最古の現生人類洞窟クラシーズ河口洞窟を2007年に訪問して以来、言語の獲得、脳内処理、物理層三段階進化について研究を重ねてきた。言語進化は、喉頭降下による母音を発声する声道の獲得にある。論理成分である音素と拍の獲得によって、ヒトの知能はデジタル進化を始めた。脳内では、脊髄反射を司る脳室内の免疫細胞ネットワークが言語処理と知能構築を司る。

**P-134****Macroevolutionary patterns of dorsoventral color patterning in birds  
鳥の羽の色の大進化パターン**

○Nicholas Friedman

沖縄科学技術大学院大学

Many animals exhibit contrast between their dorsal and ventral coloration, often called dorsoventral patterning or “countershading”. Theory predicts that when selection acts differently on dorsal versus ventral coloration, ancestral covariance between these traits should break down, leading eventually to independent modules of trait evolution. Here, I compare the evolution of feather color across 14 body regions for Australian songbirds (Meliphagoidea). I estimate evolutionary rate for each, and evolutionary integration (r-PLS) among pairs. I find evidence for two dorsal modules and one ventral module of covarying color regions. My results show that among these modules, evolutionary rates are lowest for flight feathers, followed by dorsal plumage and then ventral plumage. I use phylogenetic regression to explain the different functions of dorsal and ventral plumage, and why they are able to evolve as independent modules.

## P-135

### Continuous characteristics in terms of morphology, brain dopamine and aggressive behavior in an intermediate caste in honey bees セイウミツバチの中間型カーストにおける形態・脳内ドーパミンおよび攻撃行動に関する連続的な形質

○佐々木謙、原田真理子

玉川大・農

ハチ目の高次真社会性種のカースト特異的な形態形質は不連続的で、その違いに対応して行動や脳内生理もカースト間で異なる。セイウミツバチでは人工飼育条件下で幼虫の餌量を操作し、ワーカーと女王の中間型を育成することができる。これらの中間型を用いて、カースト差の見られる脳内ドーパミン量が形態形質の違いと一致して連続的に変化するかを調査した。その結果、中間型の雌の脳内ドーパミン量やその代謝物質量はワーカーと女王の中間の値を示した。また、脳内ドーパミン量は外部・内部形態の測定値と有意な正の相関を示した。中間型同士のケンカ実験では、勝者のドーパミン量が敗者よりも有意に多く、ドーパミンと攻撃性との関係が示唆された。さらに脳内ドーパミン量はその前駆物質であり餌にも含まれるチロシン量と正の相関があり、カースト分化を引き起こす栄養代謝系が脳内ドーパミン量にも影響を与えている可能性が示唆された。

## SS-1

### Origin of humanity; human-specific developmental mechanisms leading to the massive expansion of the cerebral cortex 脳発達から人間性の起原を探る

鈴木郁夫

東大・院理

ヒトを他の動物とわかつ特徴の中でも言語などの認知機能は特筆すべきものがある。ヒトに特徴的な認知機能の多くは、著しく拡大・発達した大脳皮質の神経回路がもたらしている。ヒト大脳皮質の拡大と関連する分子メカニズムが近年発見され始めているが、全体像を理解するにはほど遠い。我々は比較ゲノム解析により、重複によりヒトが固有に獲得した遺伝子のリストを明らかにし、その中からヒト胎児の大脳皮質発達の様々な段階に機能的に関与する遺伝子を複数発見した。特に胎児の神経幹細胞において発現し、ニューロン産生数を増加させる機能を持つヒト固有 NOTCH2NL 遺伝子については、細胞内での機能メカニズムや遺伝子進化の詳細が明らかになりつつある。個別のヒト固有遺伝子の研究を出発点に、より網羅的にヒト脳進化の背景にある遺伝学的、発生物学的メカニズムを理解する研究の今後の方針についても議論したい。

## P-136

### The origin of Notch signaling and the evolution of multicellularity Notch シグナリングの起源と動物多細胞性の進化

青野克俊、山原直樹、國村直人、小出尚史、○菅裕

県立広島大学生命環境学科

Notch シグナリングは、動物において、細胞間の物理的な接触を感知するためのメカニズムであり、発生過程における形態形成を中心に様々な重要な役割を果たしている。Notch シグナリングの進化は、動物の多細胞体制進化に重要な役割を果たしたと予想される。我々が研究対象としている単細胞ホロゾアの一つ、*Capsaspora owczarzaki* のゲノムは、Notch に似たドメイン構成を持つタンパク質をコードする。このタンパク質の機能について、過剰発現実験や、阻害剤や抗体を用いた実験を行った結果、動物の Notch とよく似た分子機能を持つことが明らかとなった。発現解析などの結果から、この *Capsaspora* の Notch 様タンパク質は、細胞の外界に対するセンサーの役割を果たしていると予想される。

## SS-2

### Reproductive manipulators in insects 昆虫の生殖を操る共生微生物たち

春本 敏之

京大・白眉

私たちの身の回りにいる昆虫の約半数は、何らかの微生物を体内に宿している。宿主昆虫と共生微生物は、互いの生存率を高めるために多様な手法で環境適応してきた。一方、共生微生物のなかには利己的なものも知られており、宿主昆虫の生殖を勝手に操作することで自身の感染拡大をねらう。ショウジョウバエ (*Drosophila*) の共生細菌スピロプラズマ (*Spiroplasma*) は、メスが産む次世代のうちオスだけを殺してしまう。これは「オス殺し (male killing)」と呼ばれる生殖操作の一種で、1950年代に初めて報告されて以来、その分子機構は謎のままであった。本講演では、これまでのオミックス研究から明らかになったオス殺しの仕組み、すなわち、1) オス選択的な致死の分子機構と、2) 共生細菌が産生するオス殺し毒素の発見について概説する。最後に、これまでに得られた知見を他の生殖操作の分子機構解明に適用するための、私なりのストラテジーについても議論したい。

**Diversity and evolution of salt tolerance in the genus *Vigna*****ナノポアと放射線でペールを剥ぐ。Vigna 属耐塩性進化の多様性と可能性**

内藤健

農研機構

---

*Vigna* 属はヤバい。海岸、石灰岩地帯、砂漠や湿地など、全く異なる環境に適応した種がいるからだ。10年前に *Vigna* と出会い、私は学生時代の夢を思い出してしまった。スーパークロップを作って食糧問題を解決したいなどという青臭い夢を、だ。だってそうだろう。この植物なら、ドストレートの遺伝解析で勝負できてしまうのだから。そして今の世の中は、何と言っても塩害や、灌漑による地下水の過剰消費が深刻だ。しかし *Vigna* 属では独立に何度も耐塩性進化が起きていて、しかもそれぞれがユニークな耐塩性機構を獲得しているのだ。そんな彼ら(あえて人称で呼ぼう)に魅せられた私は、ゲノムを解読し、交雑集団を育成し、そして放射性物質にも手を出した。今回は、そんな私と *Vigna* を巡る、愛と憎しみの物語をお話しさせて頂こう。

---

# 日本進化学会第22回オンライン大会委員会

大会長	河村 正二 (東京大学)
大会副会長	深津 武馬 (産業技術総合研究所)
大会委員	荒木 仁志 (北海道大学)
(五十音順)	石川 麻乃 (国立遺伝学研究所)
	石川 由希 (名古屋大学)
	入江 直樹 (東京大学)
	岩崎 渉 (東京大学)
	大島 一正 (京都府立大学)
	大田 竜也 (総合研究大学院大学)
	太田 博樹 (東京大学)
	長田 直樹 (北海道大学)
	古賀 皓之 (東京大学)
	榊原 恵子 (立教大学)
	颯田 葉子 (総合研究大学院大学)
	田中 幹子 (東京工業大学)
	田村 浩一郎 (東京都立大学)
	辻 和希 (琉球大学)
	野澤 昌文 (東京都立大学)
	松浦 優 (琉球大学)
	松波 雅俊 (琉球大学)
	三中 信宏 (農業環境技術研究所)

## お問い合わせ先

日本進化学会第22回オンライン大会実行委員会

電子メール：SESJ2020online[at]gmail.com

(受信の確認メールがない場合は ota[at]soken.ac.jp)